

BASE DE DATOS DE ADN Y PANEL SNP'S OBTENIDOS A TRAVÉS DE NEXT GENERATION SEQUENCING (NGS)



Tecnología desarrollada

Consiste en una base de datos desarrollada para conocer la variabilidad genética de la especie *Mytilus Galloprovincialis*. Para ello, se realizó una secuenciación masiva del genoma completo de esta especie, utilizando tecnologías NGS (Next Generation Sequencing) a través de la plataforma Ilimuna (DNA-Seq). A partir de lo anterior, se lograron reconocer 6.382 sitios variables candidatos dentro de la especie, de los cuales 1.621 marcadores tipo SNP's lograron ser descritos con alta confiabilidad estadística.



Beneficios / Ventajas

- El análisis de secuencias genéticas masivas a través de NGS favorece la identificación de marcadores tipo SNP's, propiciando programas de selección artificial de mejora a la productividad de la especie estudiada.



Usos / Aplicaciones

Permite acceder a información relativa a diversidad genética de la especie *Mytilus Galloprovincialis*, siendo útil para la identificación de individuos o poblaciones (stock) de esta especie.



Oferta tecnológica

Disponible para licenciamiento.



Propiedad intelectual

Registro Derecho de Autor: 310.246



Investigador principal

Víctor Faúndez Apablaza, Facultad de Ingeniería.