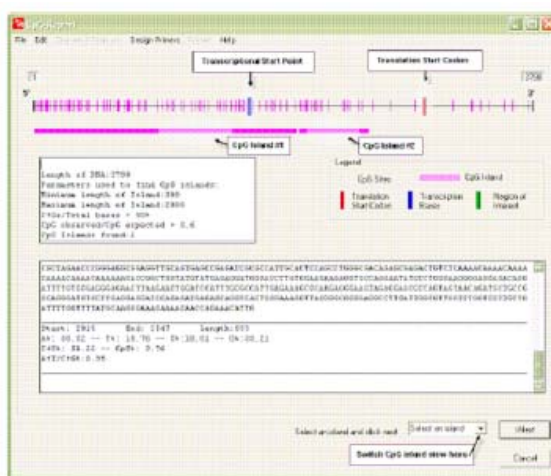


### 3.1 Aplicaciones basadas en secuenciación: Donde distinguimos

- Estudio de genes con una **elevada tasa de mutación** mediante el empleo de primers optimizados.
- Estudio de **ADN mitocondrial**.
- Identificación de **microorganismos** mediante secuenciación del 16S ribosomal.
- **Genotipado de virus** con elevada tasa de mutación.
- Detección de **bases metiladas** mediante el empleo del Methyl Primer Express.



- Detección de **SNPs**.

### Aplicaciones basadas en el análisis de fragmentos:

- **STR** (short tandem repeats): Método para genotipado que se basa en la repetición de microsatélites.
- Detección de **SNPs**: Tanto por SnapShot (extensión del primer en un solo nucleótido marcado) como por SNplex.
- Análisis de pérdida de heterocigosidad (**LOH**): que consiste en el empleo de microsatélites para detectar la pérdida de la copia silvestre de un gen supresor de tumor en muestras de tumor.