

La primera modificación se realizó con la Mezcla L. En la segunda, se adicionó una mezcla comercial con proporciones equimolares y DMSO al 5% (p/p) como coadyuvante. Para la tercera, se empleó la Mezcla L junto con el DMSO al 5% (p/p). Posteriormente, la secuenciación de los productos poliméricos obtenidos del proceso anterior se realizó de acuerdo al Manual Sequencing GS Junior + Series - XL+ Kit¹¹.

Como se puede observar en la Tabla 5, la inclusión de la Mezcla L en la emulsión cambió radicalmente la secuenciación de tercera generación en comparación con la mezcla comercial, puesto que la calidad de la polimerización a nivel de su fidelidad, respecto al genoma de referencia, fue muy alta. Con la inclusión de DMSO en la Mezcla comercial se triplicó el número de nucleótidos totales (Mb) y se duplicó el número de lecturas y la longitud promedio; mientras que, la inclusión de DMSO en la Mezcla L genera productos pequeños pero de una muy alta fidelidad.

Tabla 5

Mezcla de dNTPs	Mb totales	Longitud promedio de pares de bases	Read de mayor tamaño.	No. Reads
¹ Mezcla Comercial	24	311	970	77713
² Mezcla L	13	289	708	47439
¹ Mezcla Comercial + DMSO 5%	88	513	982	171231
² Mezcla L + DMSO 5%	6	183	606	35695

¹ Mezcla Comercial con cantidades equimolares de nucleótidos.

² Mezcla L A-T<<G-C con proporción de nucleótidos A-T 15,0%: G-C 35,0%.

Estos resultados confirman que la presencia de DMSO en la polimerización, mejora significativamente la secuenciación de polímeros nucleotídicos por procedimientos de tercera generación y genera resultados más confiables en cuanto a la calidad del polímero obtenido.

¹¹http://454.com/downloads/my454/documentation/gs-flx-plus/GS-FLXPlus_Sequencing_Method-Manual_XLPlusKit_May2011.pdf