**Tabla 2. Plataformas empleadas en la Secuenciación de Siguiente Generación (NGS).**

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| PLATAFORMA | MÉTODO EMPLEADO | LONGITUD DE LECTURA | \*ADQUISICIÓN(Q)  | LECTURAS POR CORRIDA | COSTO POR 1 MILLÓN DE BASES (\*\*$) | VENTAJAS  | DESVENTAJAS |
| 454 GS FLX (Roche) | Pirosencuenciación | 700 pb | Q > 30 | 1 millón | $ 10 | Es rápido y buena capacidad de lectura | Corridas caras, errores por homopolímeros y bajo rendimiento |
| HiSeq 2000 (Illumina) | Secuenciación por síntesis | 50-250 pb | 20 < Q > 30 | Más de 3 millones | $ 0.05-0-15 | Alto rendimiento | Es caro, requiere altas concentraciones de DNA y lecturas cortas |
| SOLiDv4 (Applied Biosystems) | Secueciación por ligación | 35-50 pb | Q > 30 | 1.2 -1.4 billones | $ 0.13 | Bajo costo por base y buena adquisición | Método lento, errores por secuencias palindrómicas y lecturas cortas |
| Ion torrent (Life Technologies) | Semiconductor de iones | 400 pb | Q = 20 | Más de 80 millones | $ 1 | Es rápido y equipo económico  | Errores por homopolímeros  |

\*Por arriba de 20 es adecuado; \*\* Dolares