Dreamgenics®

NGS ANALYSIS EXPERTS

Análisis Multiómico

Transcriptómica I Proteómica I Metabolómica

Análisis multiómico

Descripción

Llevamos a cabo un análisis integrativo supervisado de diferentes datos ómicos (transcriptómica, proteómica y metabolómica). En primer lugar, se selecciona el número de componentes, se calculan los coeficientes de correlación entre los diferentes sets de datos y se realiza un análisis independiente de cada uno, previo al análisis integrado.

Archivos de partida

» Excel curado de valores cuantitativos para cada ómica

Plazo de entrega

» Estimado: 15 días laborables

Servicios incluidos

» Asesoramiento personalizado, tanto en el diseño experimental como en la interpretación de resultados.
» Lectura y preprocesamiento de los datos, incluyendo la asignación de nombres a las columnas, filtrado de datos irrelevantes y reordenamiento según criterios específicos.
» Transformación y normalización de los datos para asegurar su comparabilidad y prepararlos para análisis posteriores.
» Evaluación de la calidad de los datos mediante análisis exploratorios, como el análisis de componentes principales (PCA), para identificar posibles patrones o problemas.
» Integración de datos de diferentes plataformas ómicas para realizar un análisis conjunto que permita obtener una visión global y coherente de los mismos.
» Análisis de enriquecimiento funcional para identificar rutas metabólicas y términos biológicos significativos, proporcionando contexto biológico a los resultados observados, tanto en las ómicas individualmente como en el análisis integrado.
» Identificación y anotación de metabolitos, facilitando la interpretación y la conexión con bases de datos públicas para su caracterización.

Resultados

Entregamos los resultados a través de nuestra plataforma Genome One Reports.

Preparation and Independent Analysis

Fig 1. Determinación del número de componentes a utilizar y de los coeficientes de correlación entre ómicas. Se incluye un análisis individual para cada una de ellas.

Realizamos el **análisis integrativo supervisado** de datos transcriptómicos, proteómicos y metabolómicos

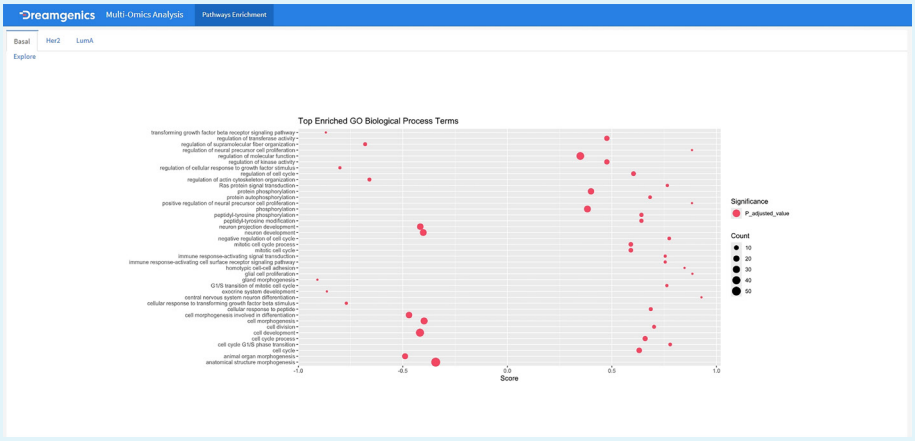

Fig 2. Detalle del análisis *Pathways Enrichment* para cada técnica ómica y grupo experimental.

Integrated Analysis

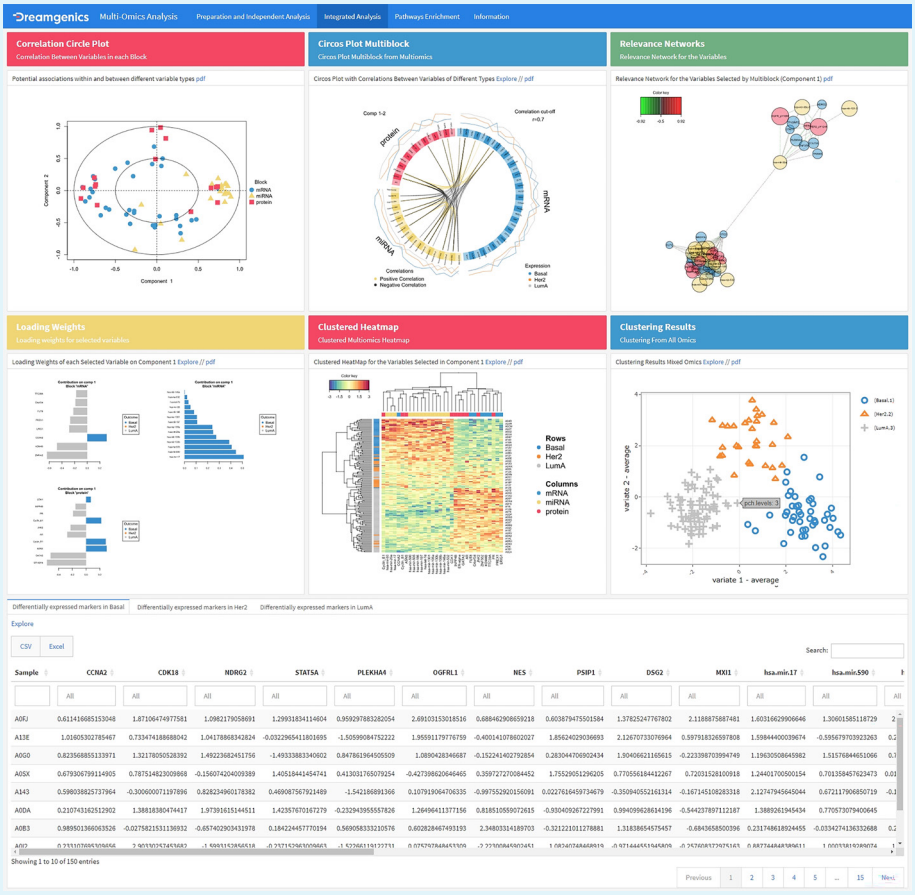

Fig 3. Pantalla principal del análisis integrado incluyendo:

- Correlation Circle Plot
- Circos Plot Multiblock
- Relevance Networks
- Loading Weights
- Clustered Heatmap
- Clustering Results

Los gráficos son interactivos y **pueden descargarse fácilmente en pdf** de alta calidad

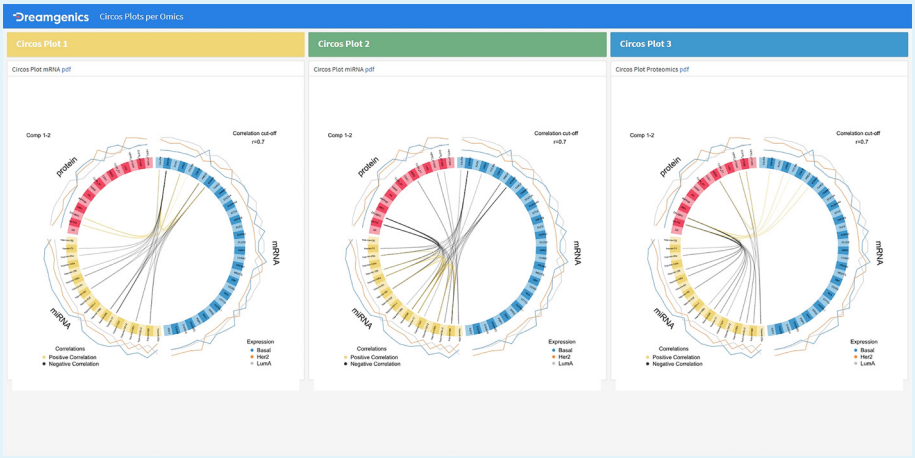

Fig 4. Explorando el gráfico *Circos Plot* se obtiene uno individual para cada ómica empleada.

Fig 5. Detalle del gráfico *Loading Weights* para cada componente, técnica ómica y grupo experimental.

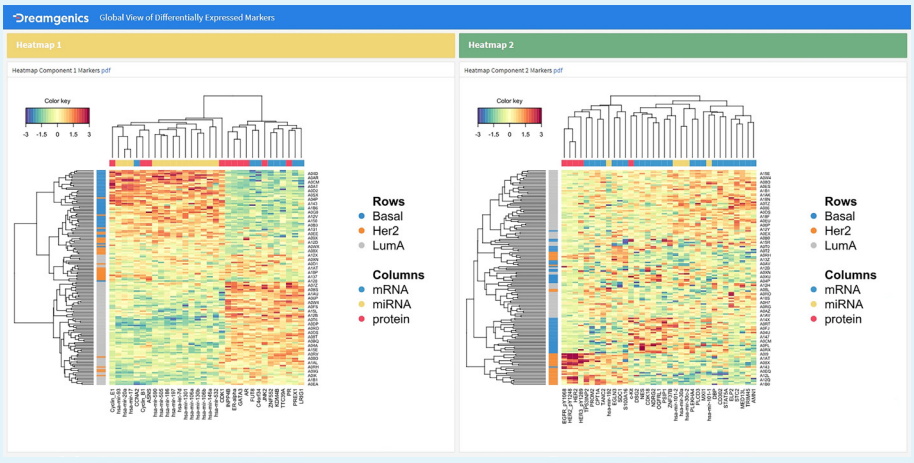

Fig 6. Explorando el gráfico *Cluestered Heatmap* se accede a una nueva pestaña con heatmaps para cada componente utilizada en el análisis.

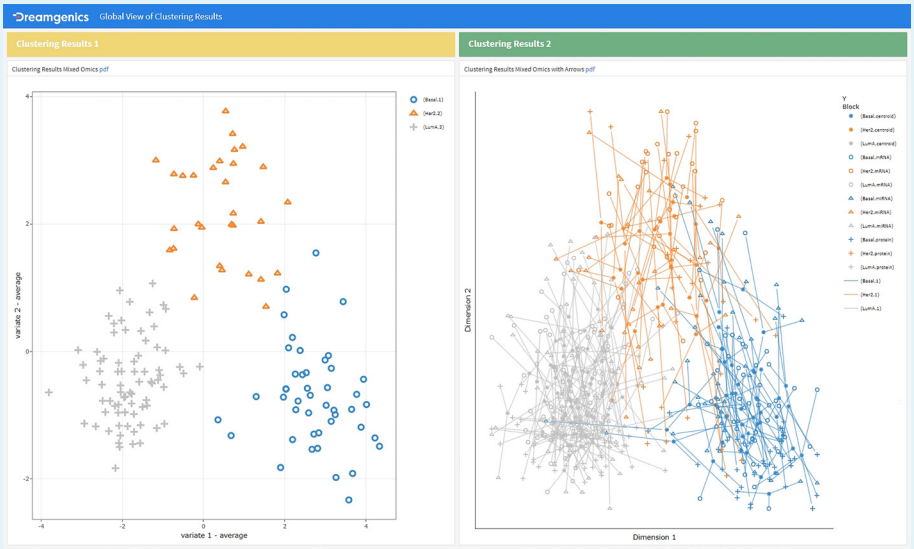

Fig 7. Detalle del gráfico editable *Clustering Results* incluyendo las contribuciones de todas las ómicas empleadas para la clusterización de cada muestra.

Pathways Enrichment

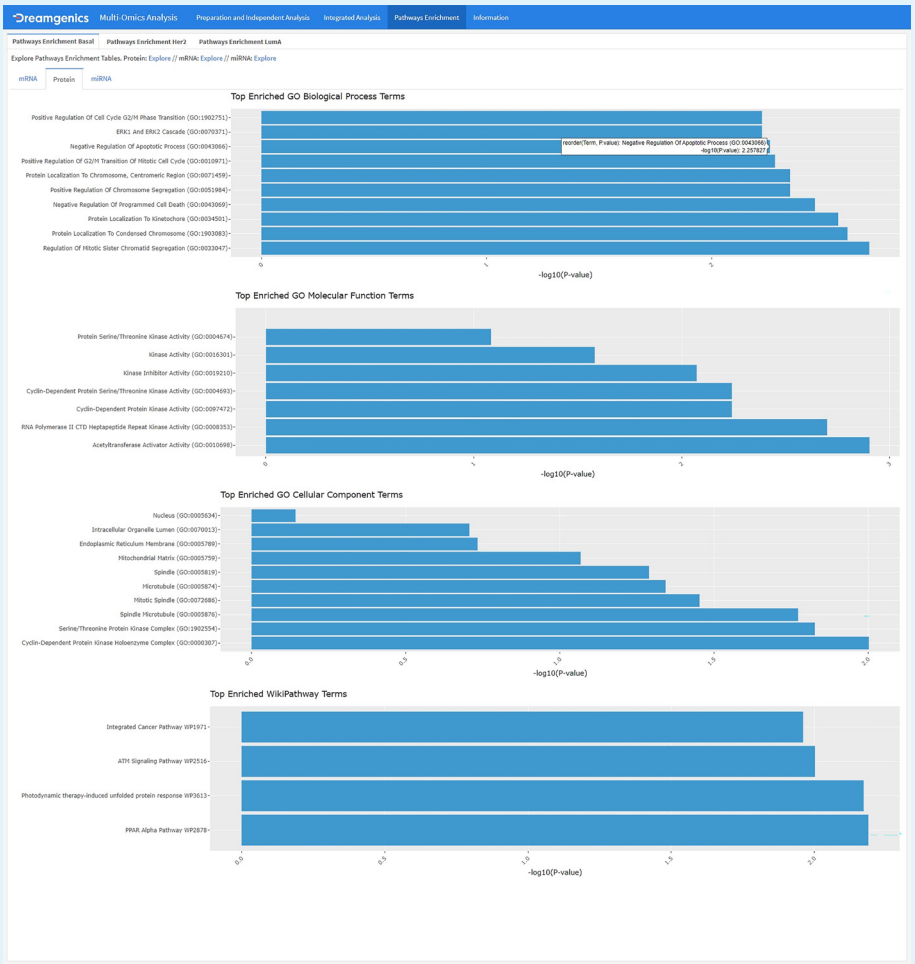

Fig 8. Estudio de enriquecimiento de rutas y términos GO para cada ómica y grupo experimental:

- WikiPathway Enrichment
- GO-MF
- GO-BP
- GO-CC

Análisis de datos NGS disponibles

Entregamos los resultados de los análisis bioinformáticos a través de nuestra plataforma Genome One Reports, una intuitiva interfaz web capaz de manejar grandes conjuntos de datos permitiendo la revisión y visualización de los resultados de una manera sencilla.

Genómica

Estamos especializados en el análisis de genomas, exomas, tríos de exoma y paneles de genes para la identificación de variantes de alta calidad (SNVs, Indels y CNVs) en los que ofrecemos diferentes posibilidades, como análisis individual, multisample, trios hereditarios y análisis somático. Para llevarlos a cabo podemos partir de archivos FASTQ, BAM y VCF de Illumina y MGI, o archivos VCF de Ion Torrent.

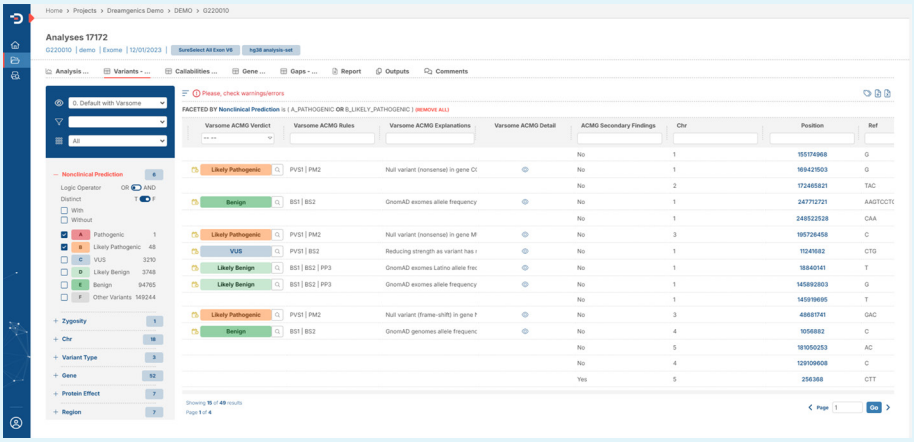

Fig 9. Detalle del listado de variantes anotadas mostrando su patogenicidad siguiendo criterios ACMG.

Transcriptómica

Realizamos cuantificación de la expresión génica, análisis de expresión diferencial y el estudio de enriquecimiento de rutas (GSEA) y términos Gene Ontologies (WikiPathways, GO-MF, GO-BP y GO-CC) para totalRNA, mRNA y miRNA.

Fig 10. Pantalla principal del *Differential Analysis*. Todos los gráficos están disponibles con *p-valor* y *p-valor* ajustado:

- PCA Plot
- Histogram
- MA Plot
- Volcano Plot
- Heatmap
- Correlation Heatmap

Single cell RNA-Seq

Ofrecemos dos paquetes de análisis (Estándar y Ampliado) a partir de datos de secuenciación Illumina, así como la posibilidad de realizar un análisis completamente personalizado.

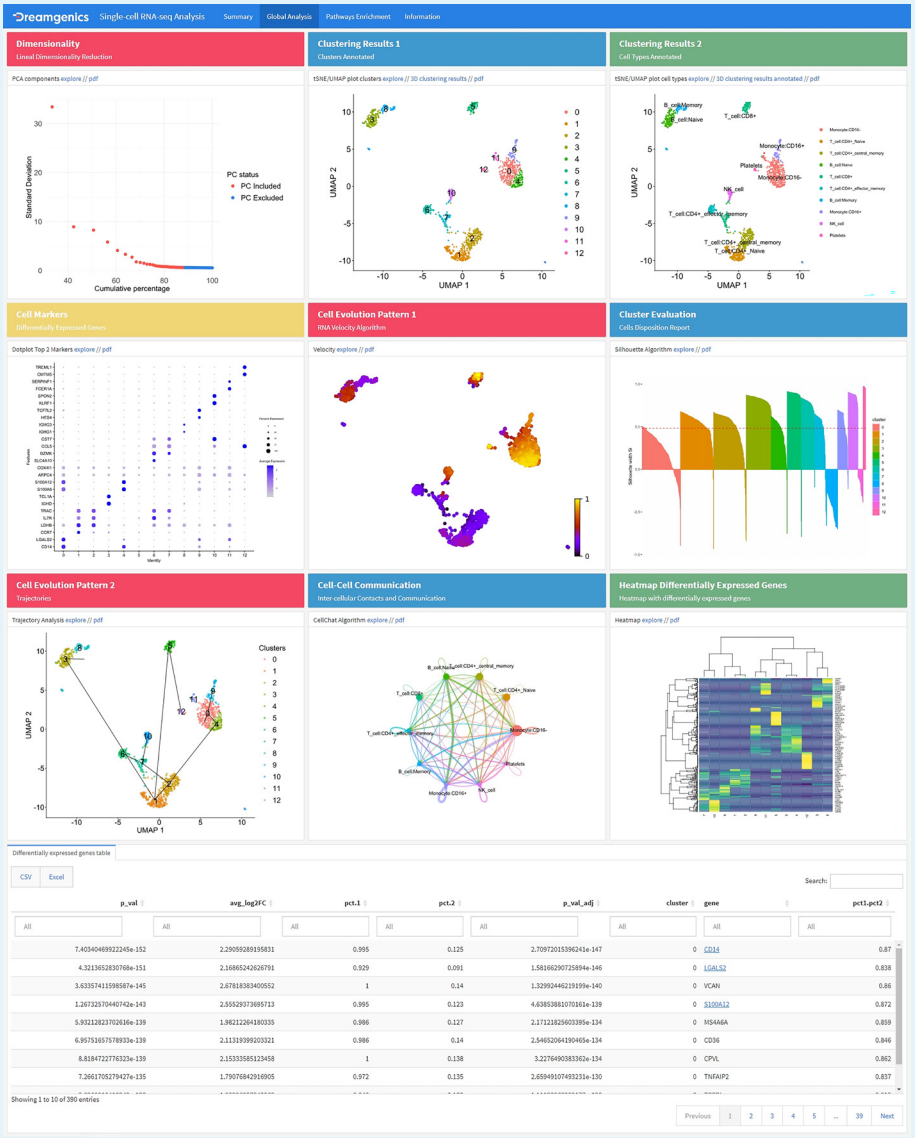

Fig 11. Pantalla principal del *Global Analysis* para un análisis ampliado, incluyendo:

- PCA components
- tSNE/UMAP plot clusters
- tSNE/UMAP plot cell types
- Dotplot Top 2 Markers
- Velocity
- Silhouette Algorithm
- Trajectory Analysis
- CellChat
- Heatmap
- Differentially Expressed genes table

Información y presupuestos

Tlf. 985 088 180 / 613 038 948
info@dreamgenics.com

Dreamgenics, S.L.
C/ Finlandia, 2 1º
33010 Oviedo

Esta publicación pertenece a Dreamgenics, S.L. La información mostrada en este documento puede estar sujeta a modificaciones sin previo aviso. Se prohíbe la reproducción total o parcial de su contenido sin el consentimiento expreso del autor. Dreamgenics, S.L. no asume ninguna responsabilidad por cualquier error u omisión en el contenido del mismo.

© Dreamgenics, S.L. All Rights Reserved.

www.dreamgenics.com