Dreamgenics®
NGS ANALYSIS EXPERTS

Servicio de Análisis Bioinformático

Genómica · Transcriptómica
Single cell · Spatial · Multiómica


Genómica


Transcriptómica


Single cell RNA-Seq


Spatial Transcriptomics


Análisis Multiómico

CONTACTO
985 088 180 · 613 038 948
info@dreamgenics.com
www.dreamgenics.com

Análisis Bioinformático

El análisis de datos procedentes de secuenciación masiva es un proceso complejo que exige un elevado conocimiento bioinformático y una gran capacidad de procesamiento y almacenamiento. En Dreamgenics lo resolvemos con software y pipelines propios, **asesoramiento técnico en cada fase del proyecto** y la entrega de resultados en una plataforma web interactiva.

>15 años

Experiencia en NGS

Desde 2011 hemos realizado más de 3.000 servicios y 12.000 análisis.

5 áreas

Análisis especializados

Genómica, Transcriptómica, Single cell, Spatial y Multiómica con un único interlocutor.

Flexibilidad

Datos de diferente origen

Podemos partir de FASTQ, BAM y VCF generados en plataformas Illumina y MGI.

100 %

Resultados interactivos

Todos los análisis se entregan a través de nuestra plataforma interactiva Genome One Reports.

ACOMPAÑAMIENTO EXPERTO

Te asesoramos para elegir el mejor diseño experimental para tu proyecto

Revisamos contigo los resultados para facilitar su interpretación y maximizar su utilidad

Confían en nosotros

Múltiples hospitales, universidades e institutos de investigación confían en Dreamgenics para sus proyectos de investigación, avalando la calidad y fiabilidad de nuestro servicio.

Hospital Universitario de La Princesa · Hospital Universitario Ramón y Cajal · Hospital Clínico San Carlos · Hospital Universitario 12 de Octubre · Hospital Universitario Puerta de Hierro Majadahonda · Clínica Universidad de Navarra · cima Centro de Investigación Médica Aplicada Universidad de Navarra · IIS FJD Instituto de Investigación Sanitaria Fundación Jiménez Díaz · Hospital Universitario de Salamanca · Son Espases hospital universitari · CBM Severo Ochoa · cnic · idis Instituto de Investigación Sanitaria Santiago de Compostela · CiMUS Center for Research in Molecular Medicine and Chronic Diseases · Navarrabiomed Centro de Investigación Biomédica · Centro Nacional de Biotecnología · cnio Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas · cic Centro de Investigación del Cáncer · IdiPAZ Instituto de Investigación Hospital Universitario La Paz · Universidad Complutense Madrid

Analizamos datos de genomas, exomas, tríos de exoma y paneles de genes mediante herramientas bioinformáticas especializadas para detectar, anotar y priorizar variantes de alta calidad, facilitando su interpretación y aportando información clínica relevante para diagnóstico e investigación. El análisis incluye:

01 Control de calidad de las secuencias.
02 Alineamiento frente al genoma de referencia.
03 Detección de variantes: SNVs, Indels y CNVs.*
04 Filtrado de variantes comunes en la población.
05 Anotación con bases de datos y predictores.
06 Comparación y variantes recurrentes entre muestras.

Resultados en Genome One Reports

Nuestra plataforma interactiva Genome One Reports te ofrece múltiples ventajas a la hora de trabajar con datos genómicos:

Calidad de secuencias

Acceso a todos los análisis de calidad de las secuencias obtenidas.

Filtros personalizables

Configura filtros de variantes y vistas a tu medida.

Preclasificación ACMG

Preclasifica las variantes según los criterios de patogenicidad que elijas.

Bases de datos propias

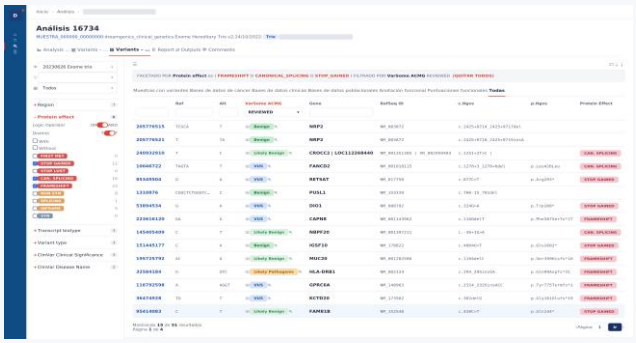
Créalas mediante la revisión de variantes o la recurrencia de análisis.

Informes personalizados

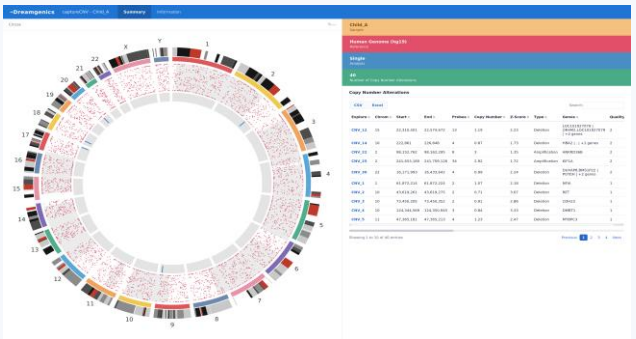
Genera informes a medida con los resultados de tu análisis.

Exportación a PDF

Descarga tablas y figuras con calidad de publicación.



Listado de variantes anotadas con su clasificación ACMG



Circos plot y listado de CNVs potenciales identificadas

*Cuando el diseño experimental y la cobertura lo permitan.

Transcriptómica

Cuantificamos la expresión génica mediante un flujo bioinformático estructurado en varias etapas clave, diseñado para obtener resultados fiables y biológicamente relevantes. El análisis incluye:

01 Control de calidad de las secuencias.
02 Alineamiento frente a secuencias de referencia.
03 Cuantificación de la expresión génica.
04 Expresión diferencial con p-valor ajustado.
05 Enriquecimiento de ontologías y pathways.
06 Isoformas de splicing alternativo.
07 Otros RNAs: smallRNA y ncRNA.

Opciones disponibles

mRNA & Total RNA-Seq

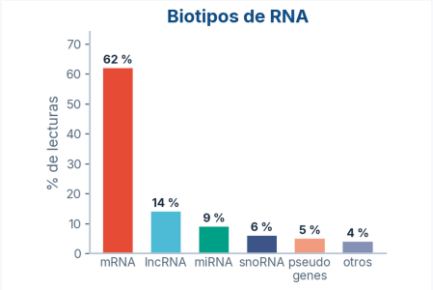
Recomendado

- ✓ Librería MGIEasy Fast RNA Library
- ✓ >500 ng de RNA total con RIN >7
- ✓ 40-60 M lecturas por muestra
- ✓ Mínimo 3 muestras por condición
- ✓ Expresión diferencial y pathways

miRNA-Seq

- ✓ Librería MGIEasy Small RNA Library
- ✓ >500 ng de RNA total con RIN >7
- ✓ 20 M lecturas por muestra
- ✓ Mínimo 3 muestras por condición
- ✓ Expresión diferencial y pathways

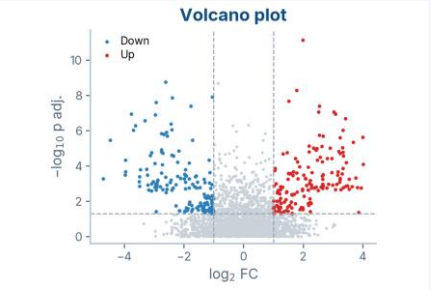
Gráficos incluidos



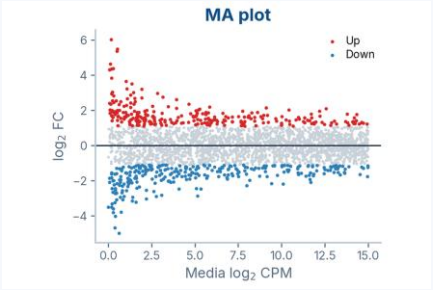
Composición del RNA secuenciado



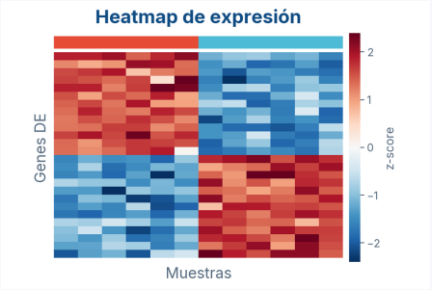
Agrupación global de las muestras



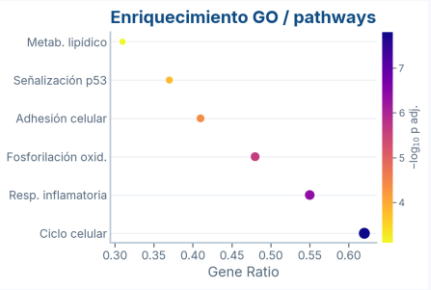
Significación frente a cambio



Cambio según la abundancia



Perfiles de los genes DE



Rutas sobrerrepresentadas

Puedes conocer el resto de gráficos generados en este análisis en nuestra página web o solicitando una demo en Genome One Reports.

Analizamos el transcriptoma de cada célula de manera individual, revelando procesos biológicos y mecanismos moleculares que pasan desapercibidos a nivel de tejido. El análisis ampliado incluye:

01 Control de calidad y mapeado.
02 Alineamiento frente al genoma de referencia.
03 Cuantificación a nivel de célula única.
04 Filtrado de células por criterios de calidad.
05 Integración de réplicas biológicas.
06 Reducción de la dimensionalidad.
07 Clustering de las células en grupos.
08 Anotación de tipo celular con marcadores.
09 Identificación de marcadores de clúster.
10 Velocidad y trayectoria de maduración.
11 Estudio de comunicación intercelular.

Elige el paquete de análisis

Paquete estándar

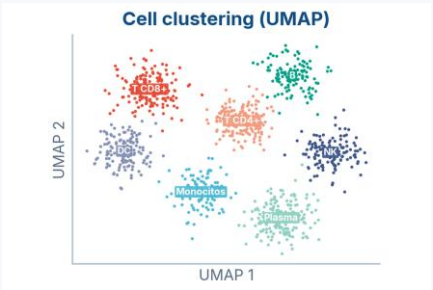
- ✓ Calidad e integración de muestras
- ✓ Dimensionalidad y clustering (2D y 3D)
- ✓ Tipo celular y marcadores de clúster
- ✓ Análisis de velocidad

Paquete ampliado

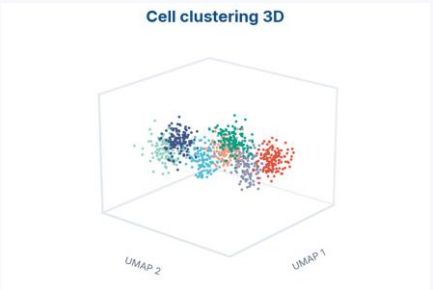
Completo

- ✓ Todo lo del paquete estándar
- ✓ Análisis de trayectoria
- ✓ Comunicación intercelular (CellChat)
- ✓ Análisis totalmente personalizado

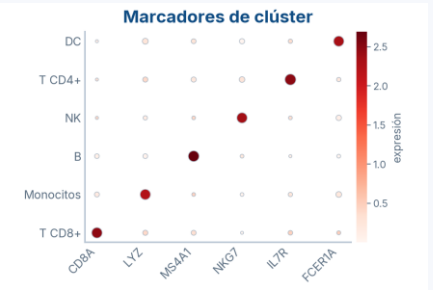
Gráficos incluidos



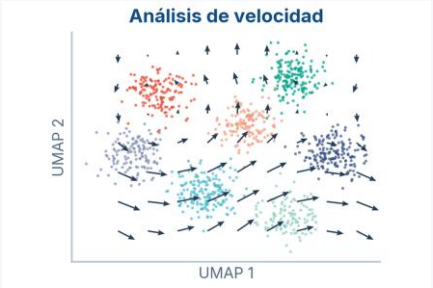
Agrupación y anotación celular



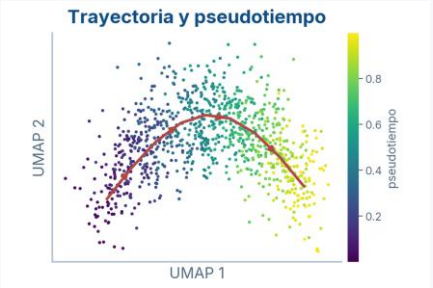
Proyección 3D de los clústeres



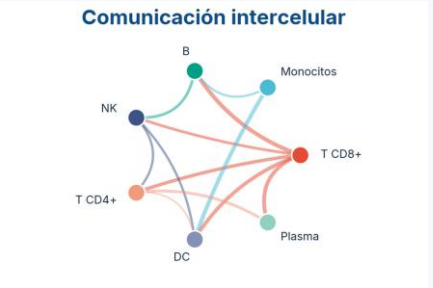
Genes marcadores por tipo celular



Dirección del cambio transcripcional



Orden de maduración celular



Interacciones entre clústeres

Puedes conocer el resto de gráficos generados en este análisis en nuestra página web o solicitando una demo en Genome One Reports.

Con esta técnica medimos expresión génica sin perder su localización en el tejido, vinculando estructura y actividad celular en su contexto espacial nativo. El análisis incluye:

01 Control de calidad, mapeado y alineamiento.
02 Cuantificación a nivel de spot.
03 Clustering en 2D, 3D y espacial.
04 Expresión diferencial global y espacial.
05 Trayectorias globales y espaciales.
06 Comunicación celular y enriquecimiento.

Qué incluye el paquete completo

Análisis celular

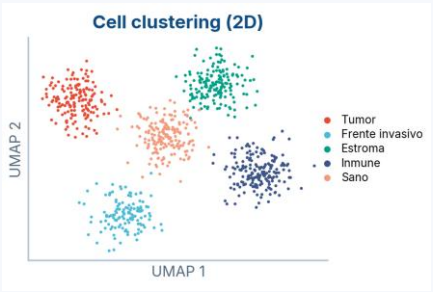
- ✓ Cell clustering en 2D y 3D
- ✓ Clustering espacial sobre el tejido
- ✓ Genes diferencialmente expresados
- ✓ TOP genes globales y espaciales

Análisis avanzado

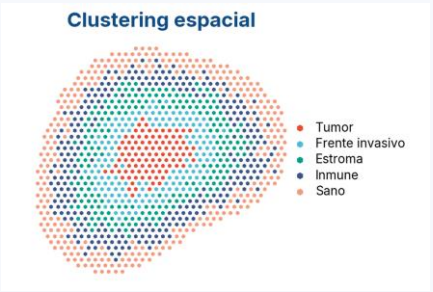
Completo

- ✓ Trayectorias globales y espaciales
- ✓ Comunicación intercelular (CellChat)
- ✓ Enriquecimiento GSEA
- ✓ Términos de ontología génica (GO)

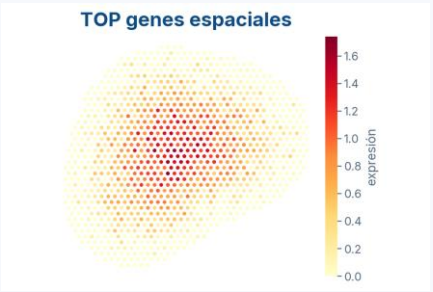
Gráficos incluidos



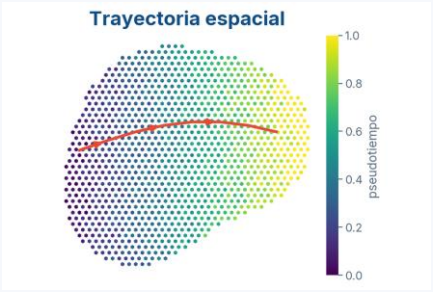
Clústeres celulares del tejido



Dominios sobre la muestra



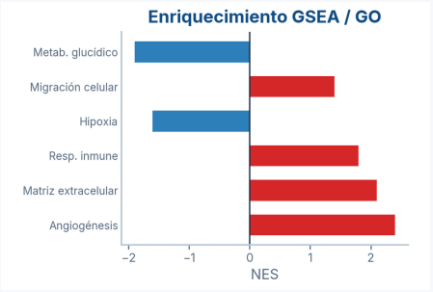
Expresión de TOP genes en el tejido



Maduración celular en el espacio



Comunicación entre dominios



Rutas enriquecidas por dominio

Puedes conocer el resto de gráficos generados en este análisis en nuestra página web o solicitando una demo en Genome One Reports.

Análisis Multiómico

Integramos de forma supervisada distintos conjuntos de datos ómicos para identificar los biomarcadores que más influyen en la clusterización de las muestras y explicar los mecanismos subyacentes. El análisis incluye:

01 Asesoramiento en diseño e interpretación.

02 Lectura, preprocesamiento y filtrado.

03 Transformación y normalización de datos.

04 Análisis exploratorio de calidad (PCA).

05 Integración de los datos de diferentes plataformas ómicas.

06 Enriquecimiento funcional por ómica.

07 Identificación y anotación de metabolitos.

Qué obtienes

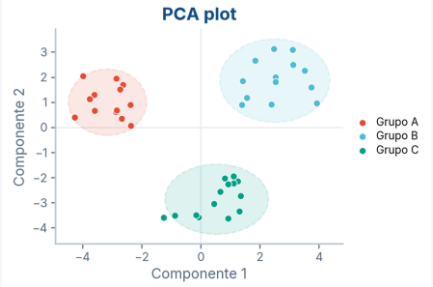
Biomarcadores priorizados

- ✓ Variables clave en la separación de grupos
- ✓ Correlaciones entre ómicas distintas
- ✓ Firmas moleculares candidatas
- ✓ Metabolitos identificados y anotados

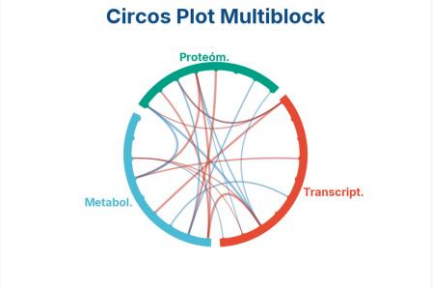
Lectura biológica

- ✓ Enriquecimiento por cada ómica
- ✓ Enriquecimiento del modelo integrado
- ✓ Interpretación conjunta con el equipo
- ✓ Resultados listos para publicación

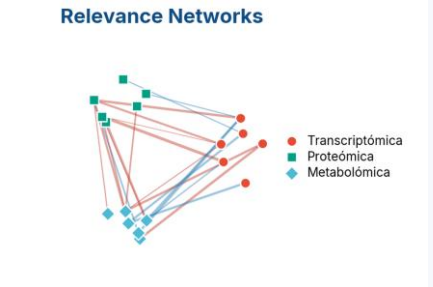
Gráficos incluidos



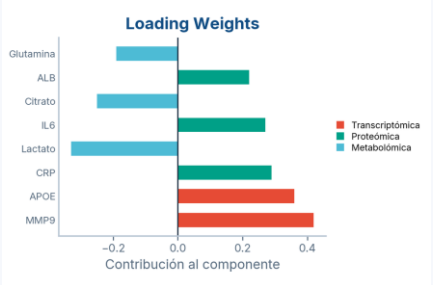
Calidad y agrupación de las muestras



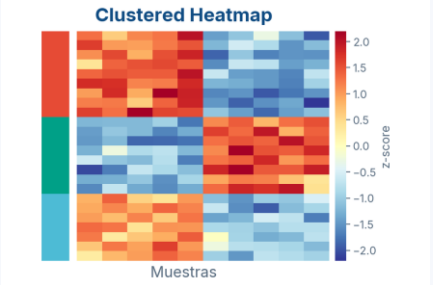
Conexiones entre bloques ómicos



Relaciones entre variables



Peso en el componente



Perfiles integrados agrupados



Separación tras la integración

Puedes conocer el resto de gráficos generados en este análisis en nuestra página web o solicitando una demo en Genome One Reports.

Hablemos de tu proyecto

Nuestro equipo de expertos en análisis NGS está disponible para asesorarte en el diseño experimental, elegir el análisis que mejor se ajusta a tus objetivos y acompañarte en la interpretación de los resultados.

TELÉFONO
985 088 180 · 613 038 948

EMAIL
info@dreamgenics.com

WEB
www.dreamgenics.com

DIRECCIÓN
C/ Finlandia, 2 · 1º · 33010 Oviedo


Genómica


Transcriptómica


Single cell RNA-Seq


Spatial Transcriptomics


Análisis Multiómico

Dreamgenics®
NGS ANALYSIS EXPERTS

Esta publicación pertenece a Dreamgenics, S.L.U. La información mostrada 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.U. no asume ninguna responsabilidad por cualquier error u omisión en el contenido del mismo.

© 2027 Dreamgenics, S.L.U. All Rights Reserved.