Dreamgenics®
NGS ANALYSIS EXPERTS

Whole Genome Sequencing

Whole Exome Sequencing

RNA-Seq

Small RNA-Seq

Análisis Bioinformático

Servicio de Secuenciación NGS

WGS · WES · RNA-Seq

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

Ofrecemos un servicio NGS integral que cubre todo el flujo de trabajo: desde la extracción de ácidos nucleicos y la preparación automatizada de librerías hasta la secuenciación de alto rendimiento y, opcionalmente, el análisis bioinformático experto. Todo ello utilizando **equipamiento con marcado IVD** y respaldado por un riguroso control de calidad en cada etapa del proceso.

IVD

Equipamiento para diagnóstico

Plataformas MGISP-100, MGISP-960, MagnisDx y secuenciador DNBSEQ-G400, con marcado IVD.

>90%

Calidad de datos excepcional

>90% de bases con Q30, superando ampliamente los criterios habituales del sector en la mayoría de aplicaciones.

15-20 días

Plazos de entrega definidos

Entrega estimada en 15-20 días laborables. Los archivos FASTQ se entregan a través del servidor propio de Dreamgenics o mediante disco duro.

1,44 Tb

Alto rendimiento por run

Output máximo de 1,44 Tb con dos flow cells independientes en paralelo, optimizando coste por muestra y escalabilidad.

CALIDAD EN CADA ETAPA

Preparación de la muestra
QC de muestras

›

Generación de librerías
QC de librerías

›

Secuenciación DNBSEQ™
QC de secuenciación

›

Raw Data & Bioinformática
QC FASTQ

Confían en nosotros

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

Whole Genome Sequencing

Secuenciación de genoma completo mediante tecnología DNBSEQ™ para la detección de variantes germinales y somáticas, variantes estructurales y CNVs en humanos y modelos animales.

- Librerías con PCR y PCR-Free.
- Longitud de lectura PE150.
- Cobertura a elección (recomendada 30x).
- Muestra: sangre EDTA, saliva o gDNA.

Whole Exome Sequencing

Secuenciación mediante tecnología DNBSEQ™ y sondas SureSelect de Agilent para la identificación de variantes puntuales, InDels y CNVs con una elevada profundidad de cobertura.

- SureSelect Human All Exon V8 y SureSelect CRE V4.
- Longitud de lectura PE150.
- Cobertura on-target recomendada >100x.
- Muestra: sangre EDTA, saliva o gDNA.

APLICACIONES

Enfermedades raras
Oncología de precisión
Genómica de poblaciones

Enfermedades mendelianas
Variantes asociadas a fenotipos
Farmacogenómica y medicina de precisión

Diferentes librerías WGS

Ofrecemos librerías con amplificación PCR y librerías PCR-Free, además de diferentes opciones de secuenciación en función del origen de las muestras y las características del proyecto.

Humano, animales, bacterias y plantas | PE150

Cerrando la brecha exoma-genoma

La sonda SureSelect CRE V4 incorpora minigenomas en 41 genes frecuentemente mutados y alcanza una cobertura teórica del 100% de las regiones CCDS, GENCODE y RefSeq.

Humano | PE150 | >100x

Servicio	Librería / Sonda	Output	Long. lectura	Cobertura
WGS	MGIEasy Fast PCR-FREE FS V2.0	90 Gb	PE150	30x
WGS	MGIEasy Fast FS V2.0	90 Gb	PE150	30x
WES	Agilent SureSelect Human All Exon V8	12 Gb	PE150	>100x
WES	Agilent SureSelect Clinical Research Exome V4	14 Gb	PE150	>100x

*Outputs recomendados y datos de referencia para humano. En el caso de rata y ratón, una cobertura 30x supone un output de entre 75-90 Gb.

Secuenciación de ARN

Secuenciación de ARN con tecnología DNBSEQ™ para analizar la expresión génica, descubrir nuevos transcritos e isoformas y estudiar la regulación transcripcional con máxima precisión.

- Total RNA.
- Total RNA deplecionado.
- mRNA enriquecido.
- Small RNA / miRNA.

Secuenciación Stranded

La secuenciación stranded permite identificar la orientación de cada transcrito. Esto mejora la alineación con el transcriptoma y la precisión en estudios de expresión génica y análisis funcional.

- Plataformas MGISP-100 y MGISP-960 (IVD).
- Secuenciador DNBSEQ-G400 (IVD).
- >90% de bases con Q30 con SE50/SE100.
- >85% de bases con Q30 con PE150.

APLICACIONES

Expresión génica
Análisis transcriptómico global
Isoformas y splicing

ARN no codificante
Biomarcadores moleculares
Genómica del cáncer

Requerimientos de muestra

RNA: ≥500 ng con RIN≥7.
FFPE: ≥500 ng con DV200≥70%.
Pureza A260/280 = 1.8-2.0.
Muestra: Total RNA de sangre, saliva, tejido, FFPE, etc.

Humano, animales, bacterias y plantas **RIN ≥7**

Asesoramiento técnico

Te acompañamos en todo el proceso, desde el diseño experimental y la elección de librerías hasta la entrega de los datos brutos.

Stranded **PE150** **40-60 M**

Librería	Aplicación	Output	Long. lectura
MGIEasy Fast RNA Library	Total RNA-Seq	60 M reads	PE150
MGIEasy Fast RNA Library	mRNA-Seq	40 M reads	PE150
MGIEasy Small RNA Library	miRNA-Seq	20 M reads	SE50

*Outputs recomendados y datos de referencia para humano. Para cada especie y tipo de secuenciación se pueden elegir diferentes condiciones, en función de cuál sea la muestra de partida y los biotipos de RNA que se deseen estudiar.

IVD

MGISP-100 y MGISP-960

Plataformas automatizadas para la preparación de librerías y la extracción de ácidos nucleicos. Reducen el procesamiento manual y las tareas repetitivas, mejorando la reproducibilidad, la estabilidad de las librerías y la eficiencia del laboratorio.

IVD

Agilent MagnisDx

Sistema automatizado para la preparación de librerías de WES. Optimiza y estandariza el procesamiento de muestras, minimiza la intervención manual y proporciona un flujo de trabajo reproducible, eficiente y escalable.

RUO

TapeStation 4200 y Bioanalyzer 2100

Sistemas de análisis y control de calidad de ácidos nucleicos. Permiten evaluar la integridad, el tamaño y la concentración de ADN y ARN, proporcionando un control rápido y preciso de las muestras antes de la preparación de librerías y la secuenciación.

IVD

DNBSEQ-G400

Plataforma de secuenciación de alto rendimiento basada en tecnología DNBSEQ™. Ofrece una solución versátil y escalable para aplicaciones de genómica y transcriptómica, incluyendo WGS, WES, RNA-Seq y secuenciación dirigida.

*IVD: In Vitro Diagnostic. RUO: Research Use Only.

UN FLUJO NGS INTEGRAL

Recepción & QC
Sangre EDTA · Saliva · Tejido · gDNA · RNA

›

Extracción & librerías
Plataformas automatizadas y reactivos IVD

›

Secuenciación DNBSEQ™
DNBSEQ-G400 con marcado IVD

›

Datos & análisis
FASTQ + Análisis bioinformático experto

Hablemos de tu proyecto

Nuestro equipo de expertos en análisis NGS está disponible para asesorarte y preparar un presupuesto a medida para tu proyecto de secuenciación, desde la muestra hasta la interpretación de los datos.

TELÉFONO
985 088 180 · 613 038 948

EMAIL
info@dreamgenics.com

WEB
www.dreamgenics.com

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

- Whole Genome Sequencing
- Whole Exome Sequencing
- RNA-Seq
- Small RNA-Seq
- Análisis Bioinformático

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.

B_01.02_v1