Omica Labs

SECUENCIACIÓN GENÉTICA DE NUEVA GENERACIÓN (NGS)

El equipo de OmicaLabs está especializado en genética desde el año 1998. Desde entonces hemos trabajado para desarrollar nuevas técnicas e integrar los últimos avances en este campo.

Nuestro equipo ha optimizado la preparación de librerías, captura, híbridación y procesos de secuenciación para lograr la máxima eficiencia, permitiéndonos abordar con éxito proyectos de cualquier tamaño y con costes contenidos.

Proporcionamos soporte y apoyo personalizado para cada uno de nuestros clientes, independientemente de la escala del proyecto, y nos comprometemos a entregar datos de la máxima calidad que se traduzcan, inmediatamente, en resultados publicables.

SERVICIOS Y BENEFICIOS

Sistema probado—resultados consistentes en librerías de alta complejidad con secuenciación de última generación.

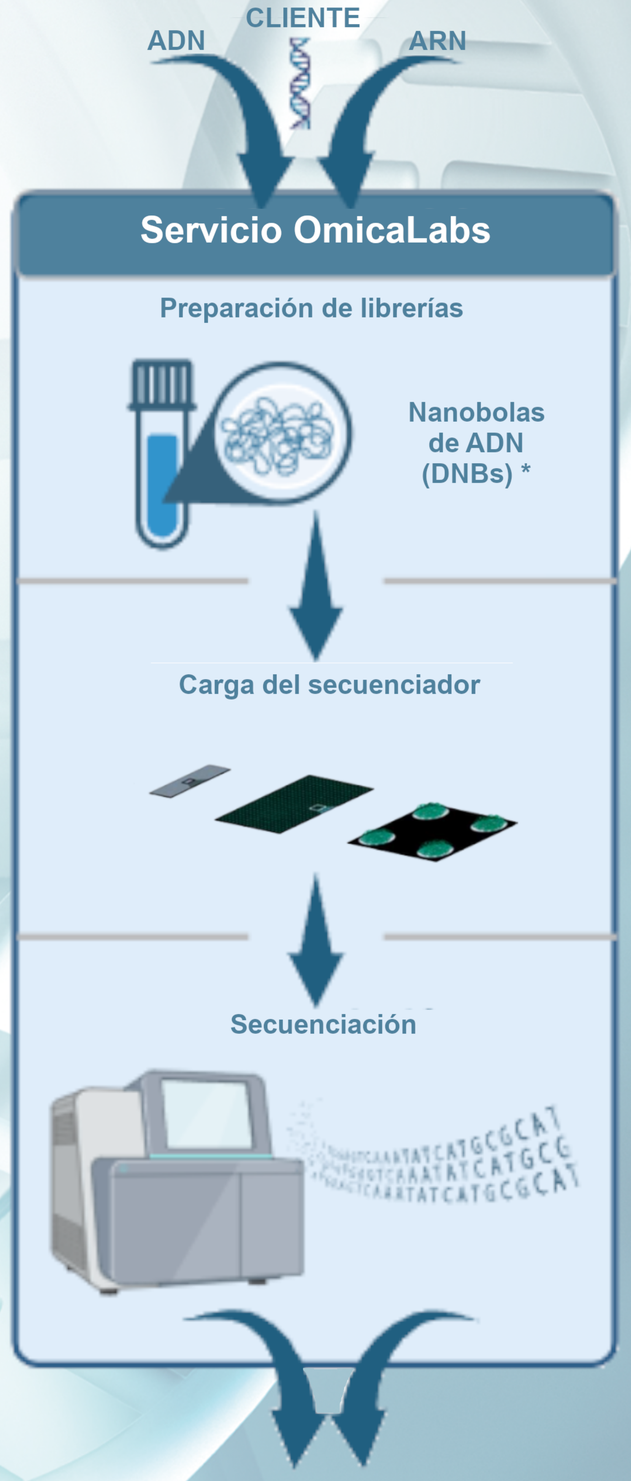
Proceso optimizado—de ADN o ARN a la secuenciación, en semanas.

Apoyo y colaboración—consulta de diseño para conseguir objetivos y ajustarse al presupuesto del proyecto.

Descuentos por volumen—planes de precios para proyectos con gran volumen de muestras.

Plantaforma de secuenciación—MGI, con tecnología DNBSEQ™.

Tipo de muestra— consultar el tipo de muestra que se puede enviar.



NUESTROS SERVICIOS

- Secuenciación NGS.
- Secuenciación dirigida por captura híbrida.
- Secuencación de ADN y ARN.
- Secuenciación completa de genoma o exoma.
- Secuenciación de transcriptoma.
- Plataformas de lectura corta (DNBSEQ™)

Teléfono: 91 364 58 35
Calle Puerto Linera 14, 28935, Madrid

Email: genetica@omicalabs.es
www.omicalabs.es

SERVICIOS COLABORATIVOS Y FLEXIBLES PARA ALCANZAR TUS METAS EXPERIMENTALES

SERVICIOS

Te ayudaremos a diseñar un proyecto que cumpla todas las necesidades de tu investigación, ya necesites preparar librerías, captura híbrida, secuenciación o todas a la vez.

El equipo de OmicaLabs ofrece una gran variedad de preparación de librerías para adaptarnos a tu tipo de muestras y los objetivos de tu investigación.

Tu proyecto estará tan estandarizado o tan personalizado como necesites, ya sea para optimizar la eficiencia como el coste de tu proyecto.

PREPARACIÓN DE LIBRERÍAS

-Librerías de ARN o de DNA.
- ssADN o dsADN.

TARGET ENRICHMENT

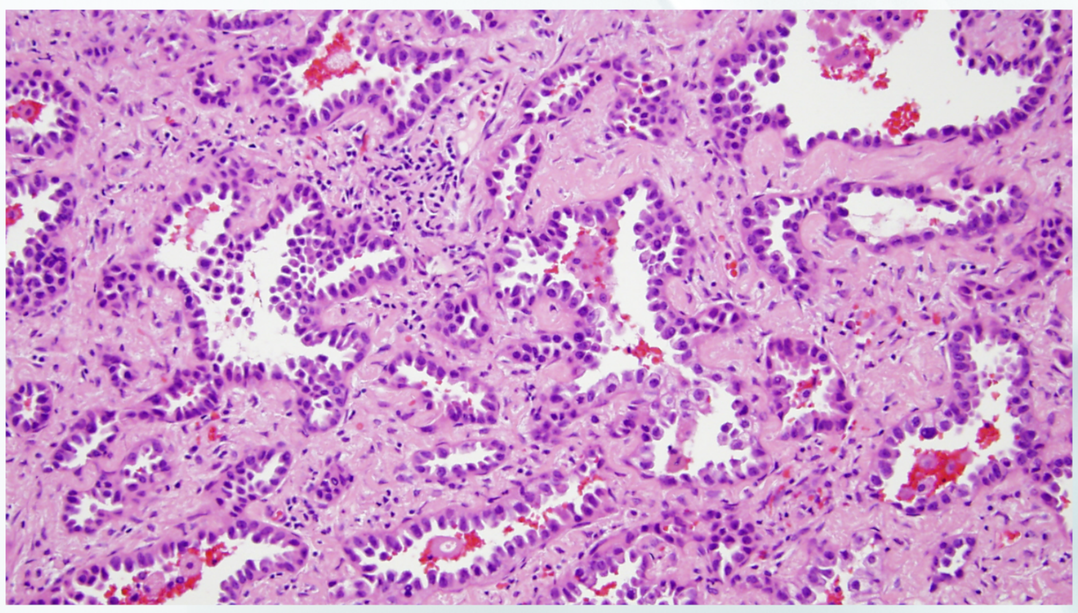
-Nuevos paneles personalizados con ayuda para diseñarlos.
-Paneles prediseñados para aplicaciones especiales.

SECUENCIACIÓN LECTURAS CORTAS

-Tecnología de DNA nanoballs DNBSEQ™

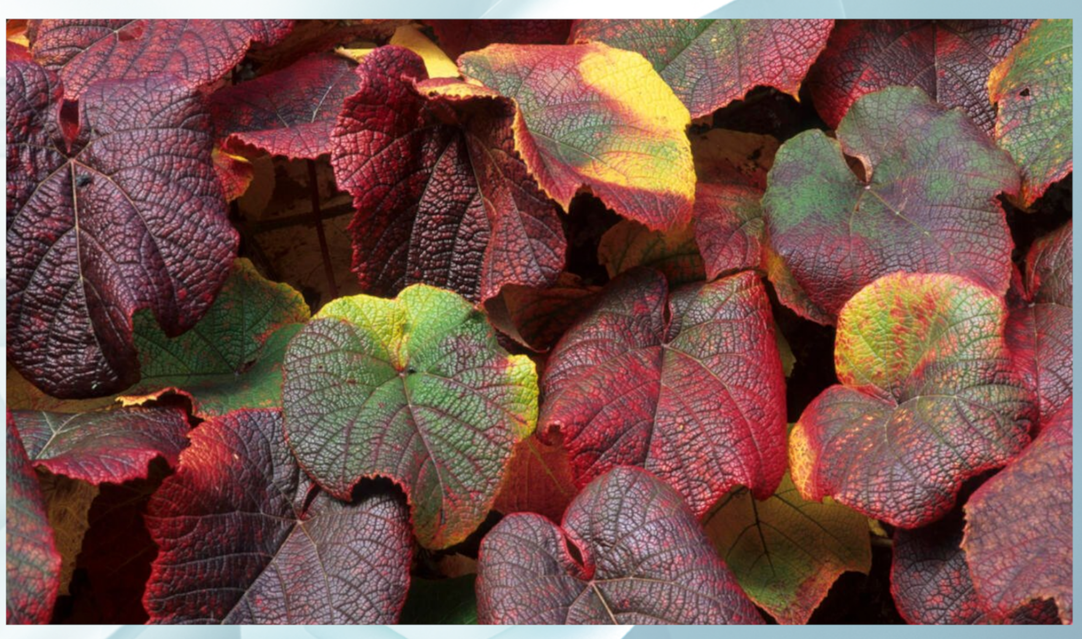
CASOS DE ESTUDIO

Yuan Qui et al. (2022) se propusieron caracterizar la heterogeneidad genética en distintos tipos de lesiones pulmonares causadas por cáncer. Para ello usaron secuenciación dirigida con la plataforma de secuenciación DNBSEQ™ en 508 genes, obteniendo mutaciones en 224 de ellos. Por lo que se centraron en investigar las mutaciones de los genes ‘drivers’ que caracterizan al adenocarcinoma pulmonar, el cáncer más común. Identificaron mutaciones en el gen EGFR, en los codones p.L858R y una del en el exón 19. Además, encontraron mutaciones en los genes ‘drivers’ TP53, BRAF, ERBB2, MET y PIK3CA.



Qiu Yuan et al. (2022). ***Intratumor heterogeneity of driver mutations and TMB distribution in 30 early-stage LUAD patients with multiple lesions.*** *Frontiers in Oncology, Volume 12.*

Abe, J., Nabeshima, T. (2021) se centraron en inve stigar si el virus GPGV, ya presente en regiones vitivinícolas, se había trasladado a Hokkaido,Japón. A través de la secuenciación del ARN utilizando la plataforma DNBSEQ-G400 ™, se obtuvieron dos ‘contigs’ que cubrían casi en su totalidad el genoma completo del virus GPGV. La confirmación de la infección por el virus GPGV se realizó mediante la amplificación del gen completo de la proteína de la cápside (CP) utilizando el par de cebadores diseñados. Esto corroboró la infección por el virus GPGV en dos de las quince muestras de plantas Vitis Coignetiae.



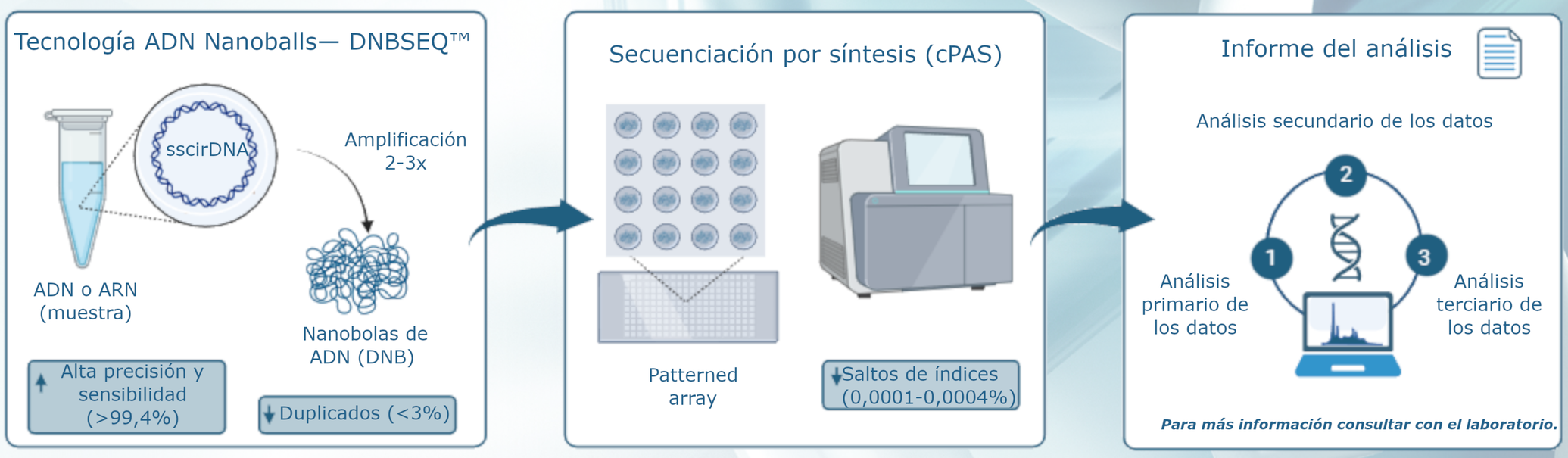
Abe, J., Nabeshima, T. (2021). ***First report of grapevine Pinot gris virus in wild grapevines (Vitis coignetiae) in Japan.*** *J Plant Pathol 103, 725.*

Teléfono: 91 364 58 35
Calle Puerto Linera 14, 28935, Madrid

Email: genetica@omicalabs.es
www.omicalabs.es

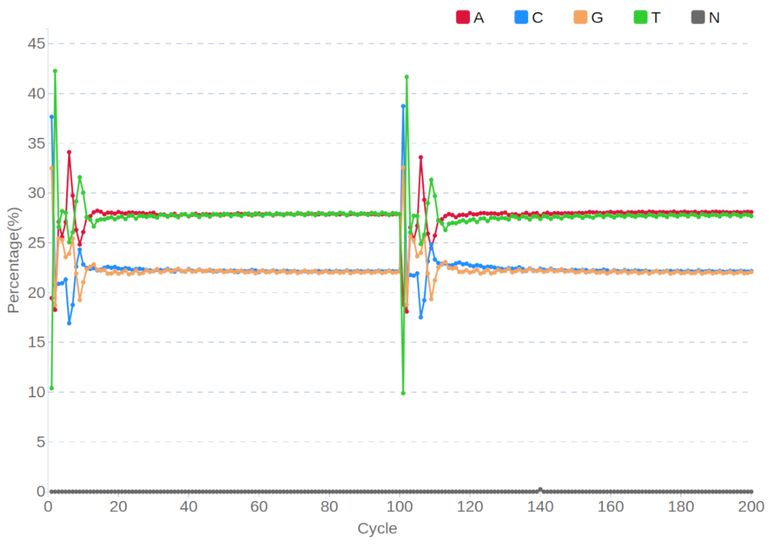
SERVICIOS COLABORATIVOS Y FLEXIBLES PARA ALCANZAR TUS METAS EXPERIMENTALES

Tecnología DNA Nanoballs— DNBSEQ™

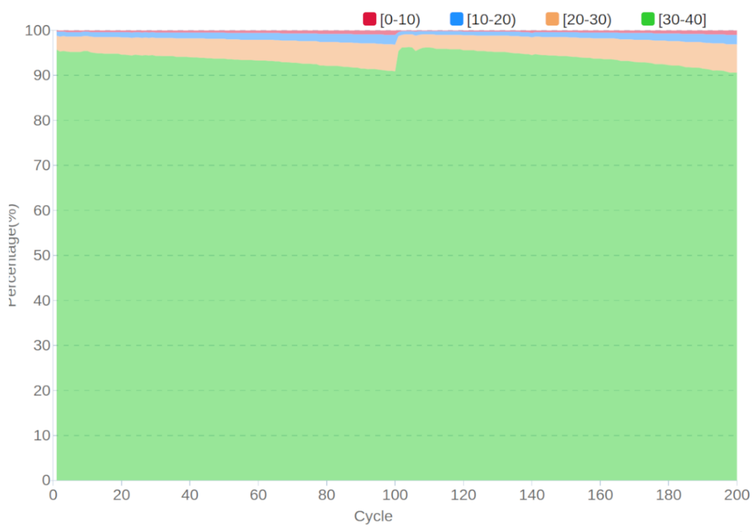


RESULTADOS *(basados en un control de calidad del secuenciador)*

Distribución de bases



Calidad de las lecturas < 90%



Productividad del array

Q30 >90%

Parámetros de error de lectura

Category	Value
SoftwareVersion	1.5.0.323
TemplateVersion	0.8.0
Reference	Ecoli
CycleNumber	210
ChipProductivity(%)	71.93
ImageArea	432
TotalReads(M)	427.07
Q30(%)	93.70
SplitRate(%)	97.61
Runon1(%)	0.06
Runon2(%)	0.07
Lag1(%)	0.08
Lag2(%)	0.12

Estadísticas del fichero FASTQ

Category	PhredQual	ReadNum	BaseNum	N%	GC%	Q10%	Q20%	Q30%	EstErr%
read1	33	427074996	42707499600	0.00	44.55	99.41	97.94	93.48	0.30
read2	33	427074996	42707499600	0.00	44.72	99.51	98.26	93.93	0.26
read total	33	427074996	85414999200	0.00	44.63	99.46	98.10	93.70	0.28

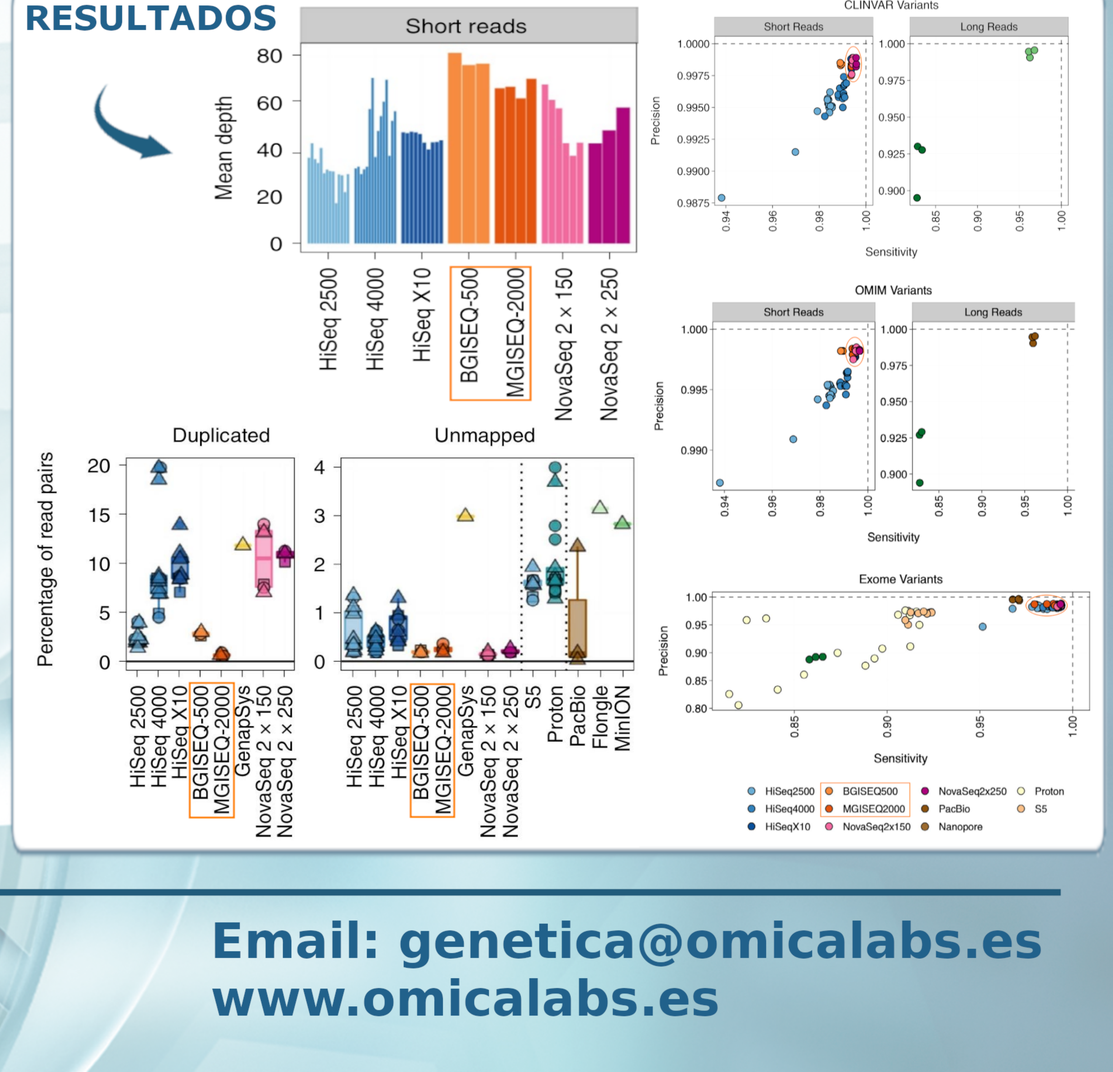
ESTUDIOS COMPARATIVOS DE LA TECNOLOGÍA DNBSEQ™

Rao, J. et al. evaluaron la eficacia para detectar variaciones en el número de copias (CNV) utilizando la secuenciación completa del genoma con la plataforma DNBSEQ™. En estudios previos, en los resultados, habían comprobado la eficacia de la plataforma para detectar variantes de nucleótido único (SNVs) e inserciones/delecciones, este estudio se centró en la detección de CNVs. Los resultados indican que la capacidad de detección de CNVs en DNBSEQ™ es comparable a otras plataformas en términos de cantidad, longitud, distribución, sensibilidad y precisión en el genoma. Además, se destaca que las plataformas DNBSEQ™ ofrecen una visión más precisa de las CNVs de menor tamaño.

Rao, J., Peng, L., Liang, X. et al. (2020). ***Performance of copy number variants detection based on whole-genome sequencing by DNBSEQ platforms.*** *BMC Bioinformatics 21, 518.*

La ABRF realizó un estudio comparativo para evaluar la reproducibilidad, precisión y utilidad de varias plataformas de secuenciación NGS. Entre ellas se encontraban los instrumentos con tecnología DNBSEQ ™, que mostraron las tasas de error de secuenciación y de duplicados de lectura más bajas entre todos los instrumentos evaluados. Las muestras utilizadas fueron tanto de ADN humano como bacteriano, en las que dichos instrumentos DNBSEQ™ tuvieron una alta calidad de los datos y amplia cobertura. Además, el análisis de variantes reveló una mayor detección en cantidad de SNPs e INDELS con tasas de error muy bajas, siendo especialmente precisas en las regiones exómicas. También, tuvieron mayor precisión y sensibilidad, presentando así el menor número de falsos positivos y la mayor detección de inconsistencias mendelianas.

YFoox, J.et al. ***Performance assessment of DNA sequencing platforms in the ABRF Next-Generation Sequencing Study.*** *Nat Biotechnol 39, 1129–1140 (2021).*



Teléfono: 91 364 58 35
Calle Puerto Linera 14, 28935, Madrid

Email: genetica@omicalabs.es
www.omicalabs.es

¿POR QUÉ TRABAJAR CON OMICALABS?

Precios ajustados.
Equipo científico dedicado.
Experiencia con una gran variedad de tipos de muestras.
Opciones flexibles para cualquier aplicación y presupuesto.
Resultados probados.

EJEMPLOS DE PRECIOS PARA PROYECTOS

Exoma humano 69Mb 100x

207€/MUESTRA
Basado en 12 muestras.

Genoma humano 30x

500€/MUESTRA
Basado en 4 muestras.

Panel oncogenoma 0.21MB 200x

124€/MUESTRA
Basado en 192 muestras.

GENÓMICA HUMANA

Con OmicaLabs tu proyecto es TU PROYECTO.
Tú decides:
• Longitud del inserto de librería
•Número de muestras agrupadas por captura
•Plataforma de secuenciación y profundidad

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO
Consultar precios.

Omica Labs

**Consultar con el Laboratorio su caso particular y precios con análisis bioinformático.*

GENÓMICA NO HUMANA

Panel de exoma de organismos modelo

desde*
172€/ MUESTRA
Basado en 192 muestras

Exoma del trigo

172€/ MUESTRA
Basado en 192 muestras

SECUENCIACIÓN PERSONALIZADA
No incluye ni las librerías ni la captura

Personalización 10k SNPs/0.5 Mb 100x

50€/ MUESTRA
Basado en 192 muestras

Secuenciación por lane completa

900€
400 millones de lecturas aprox.

Ejemplos de precios para proyectos (IVA no incluído)

¿Cómo funcionamos?

1. Contacta con nuestro equipo para personalizar tu proyecto
2. Proporcionanos las secuencias para hacer el diseño personalizado (si se requiere)
3. Envía las muestras ADN/ARN siguiendo nuestro protocolo de preparación y envío
4. Consulta el informe a través de la página web

Teléfono: 91 364 58 35
Calle Puerto Linera 14, 28935, Madrid

Email: genetica@omicalabs.es
www.omicalabs.es