



**Servicio de Genómica y
Secuenciación Masiva (NGS)
(GENGS) del Centro de Biología
Molecular (CBM) Severo Ochoa**

Begoña Aguado Orea

EL EQUIPO

Supervisora Científica
Begoña Aguado



GENOMICS

Responsable Técnica
Laura Tabera



NGS

Responsable Técnica
Sandra González



GENGS

Especialista Genómica
Gabriela Atencia



Analista Datos María Santos

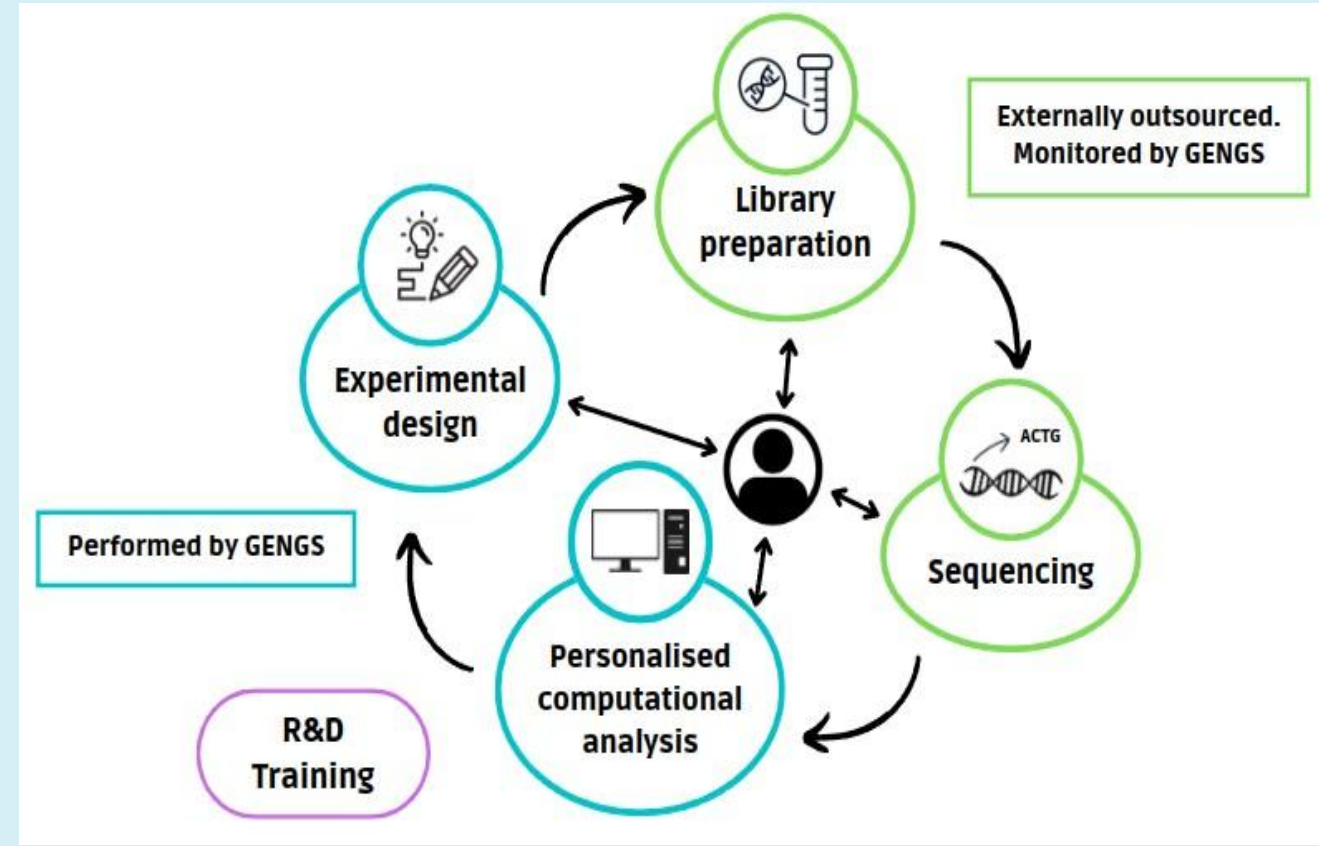
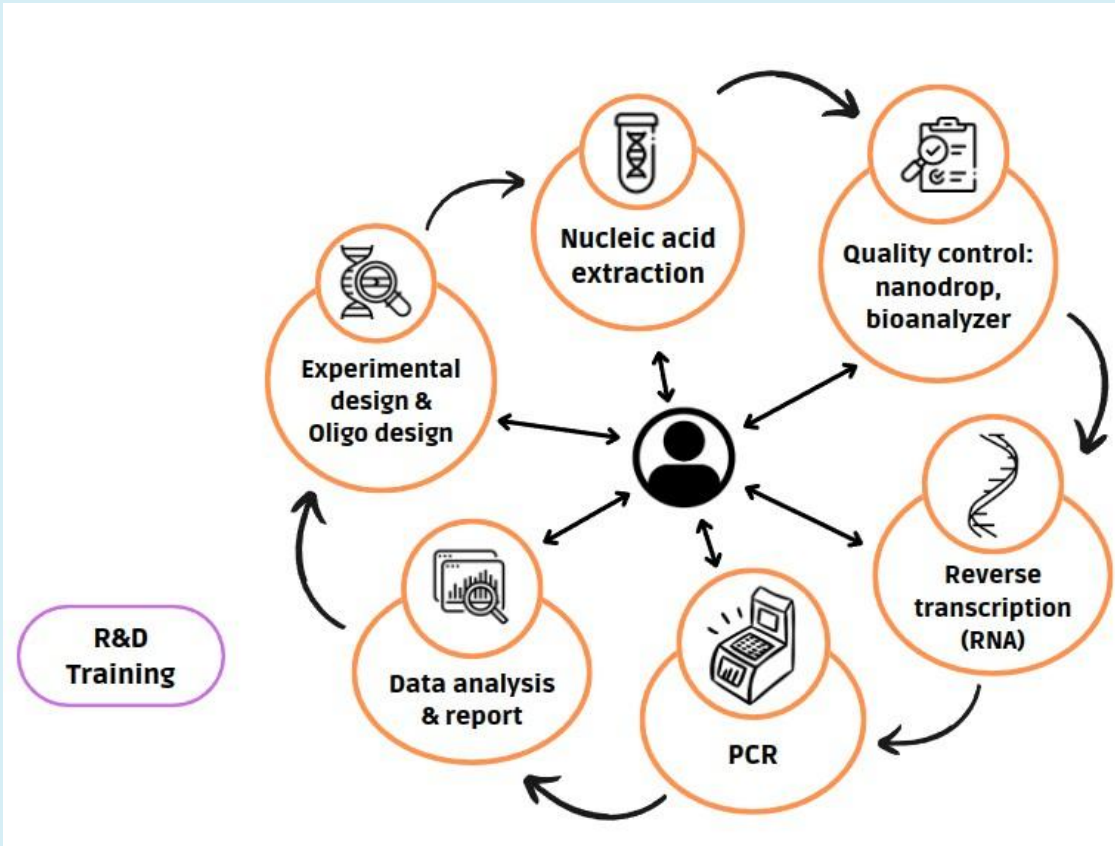


Analista Datos Iván Lorca



Analista Datos Paula Marínez





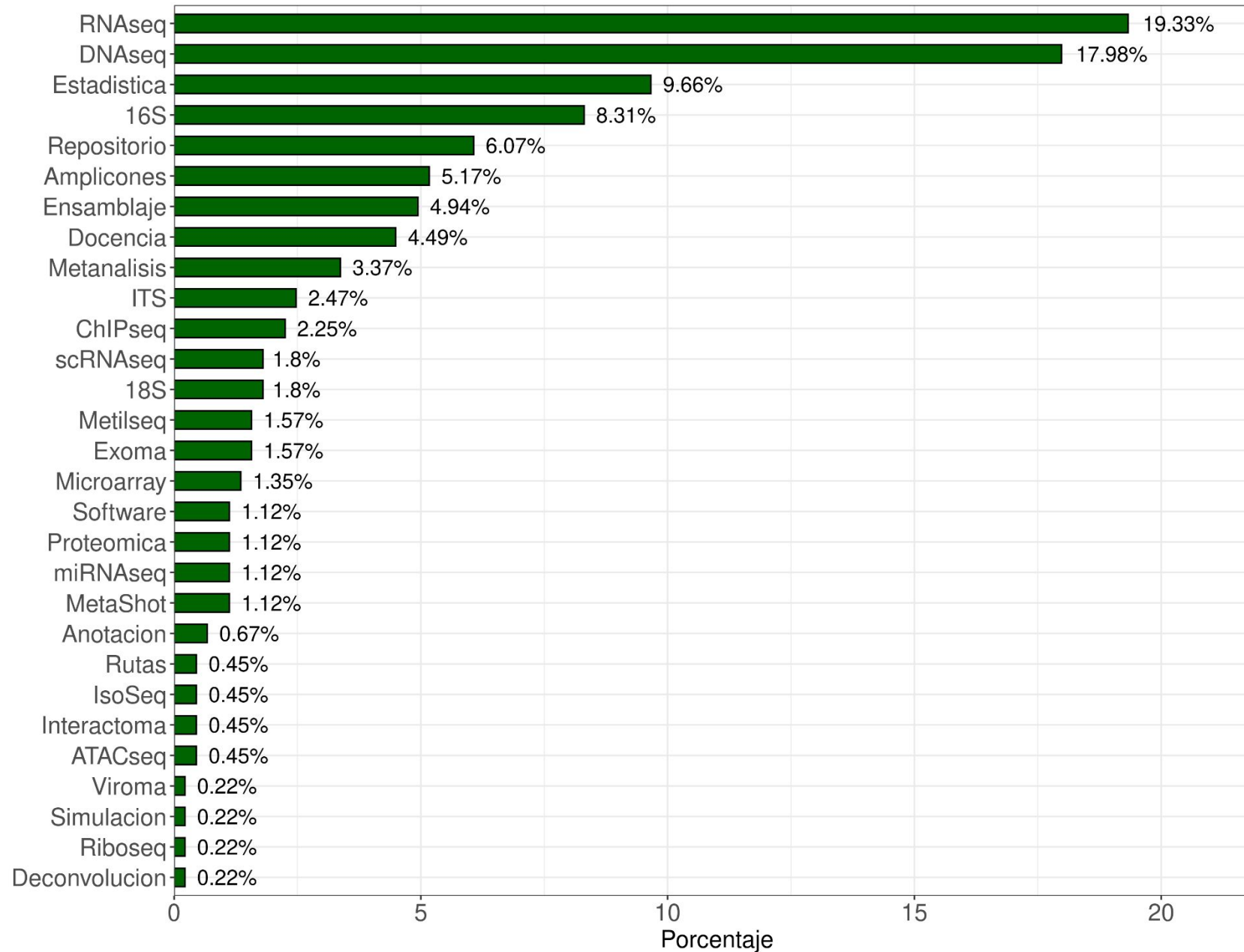
GENOMICS

Servicio Personalizado

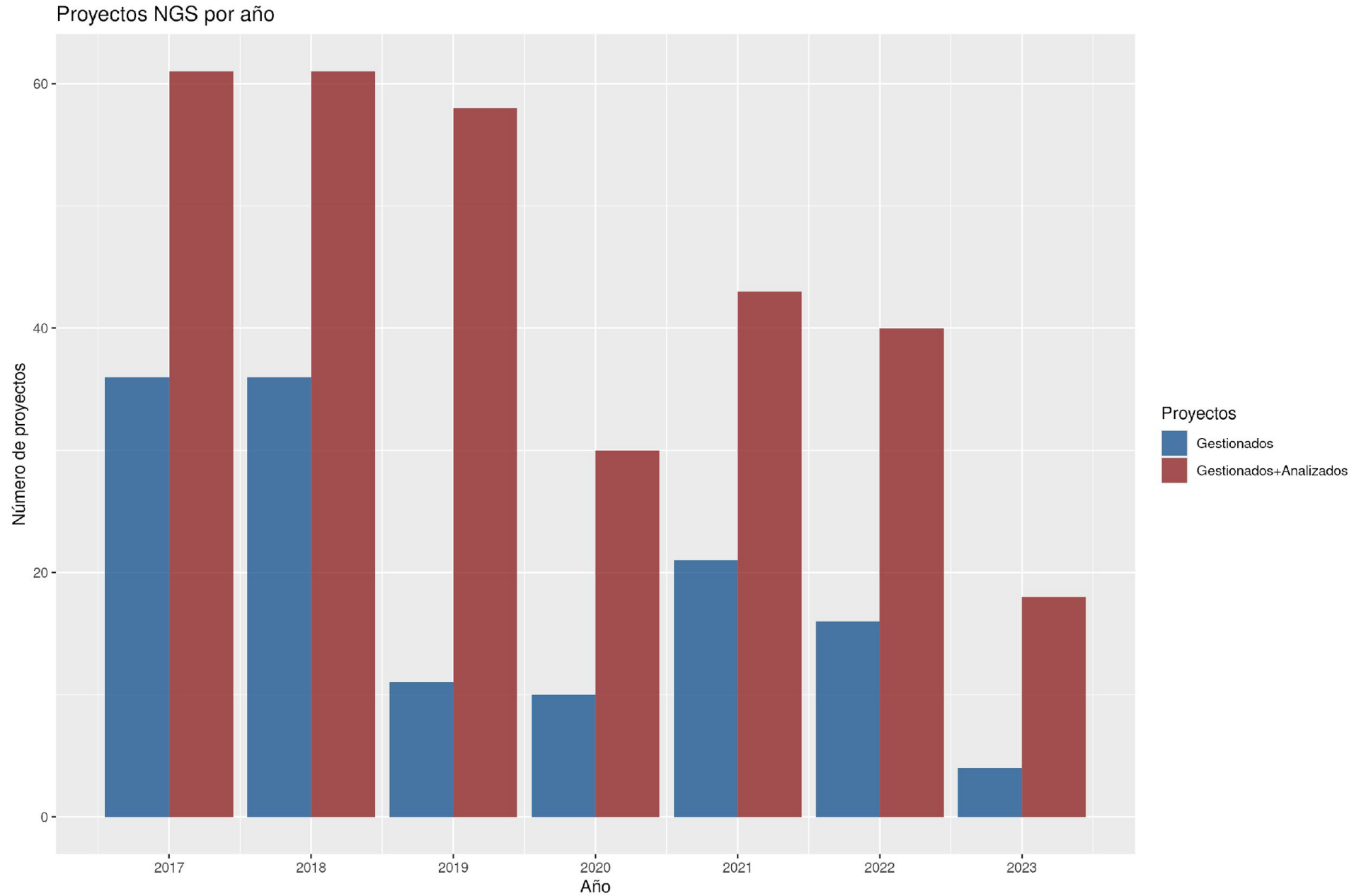
NGS

GENGS

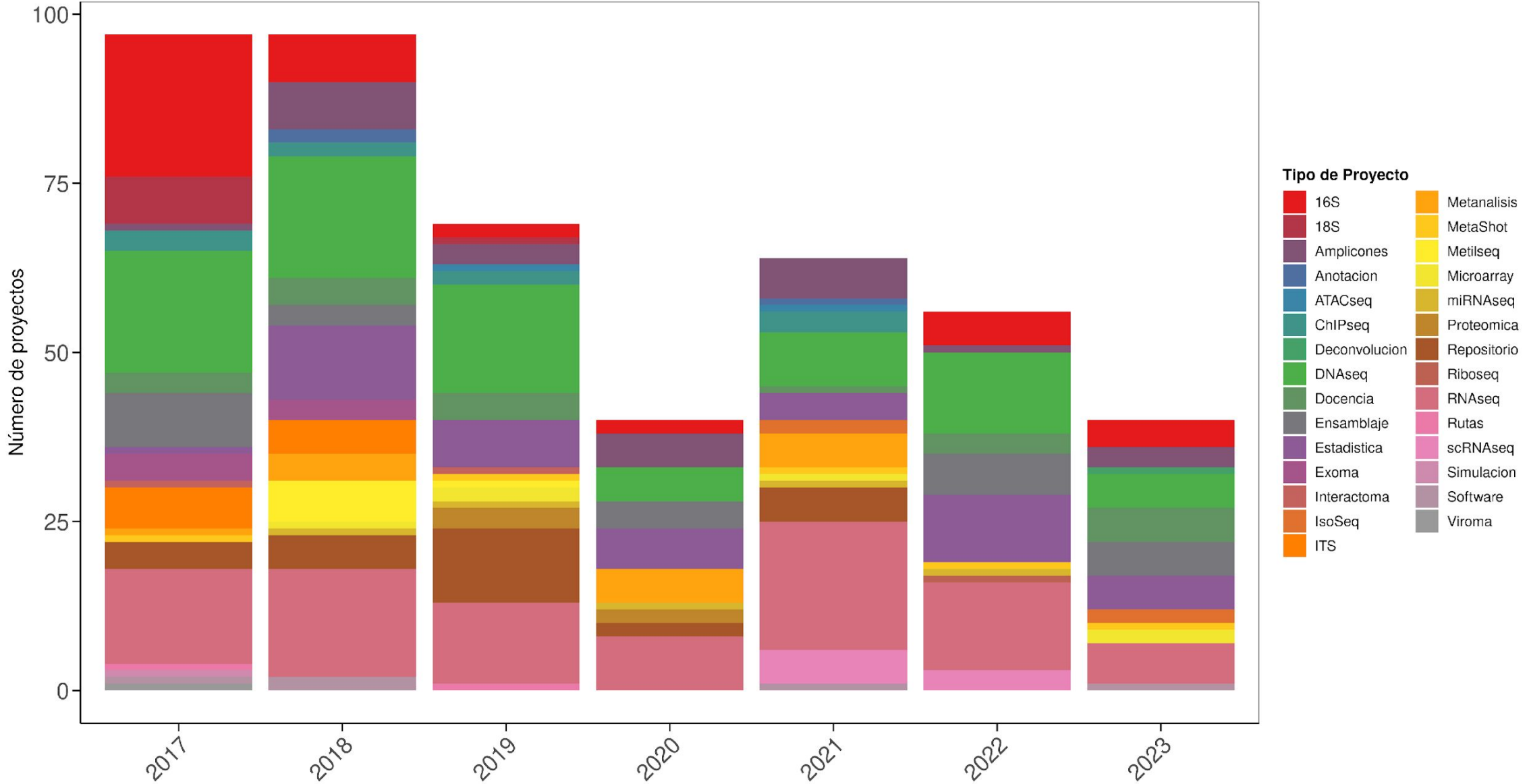
Proyectos por Tipo



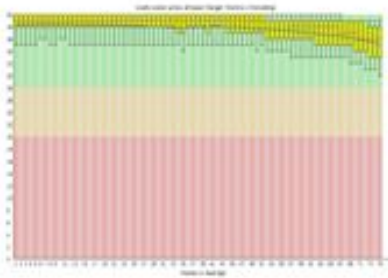
Proyectos por Año



Proyectos por Año y Tipo



Análisis Personalizado: **primario/común**



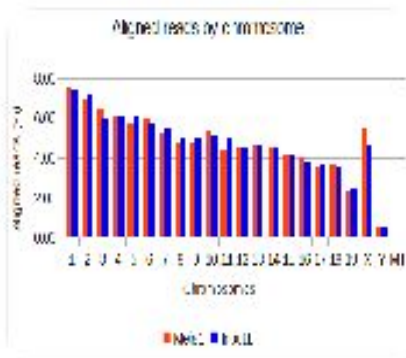
Quality

- **Reads quality analysis and trimming:** (software and *In-house* scripts)



Alignment

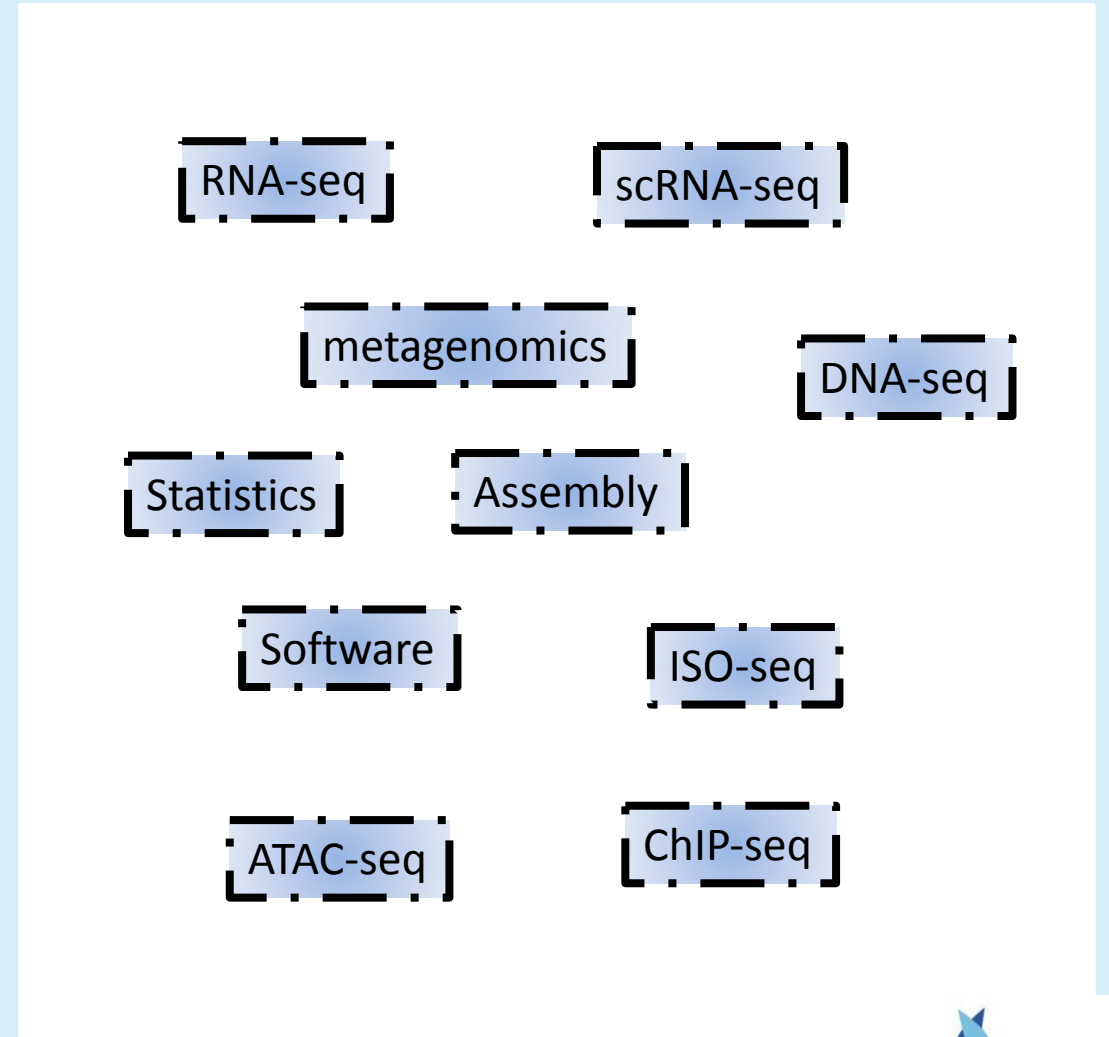
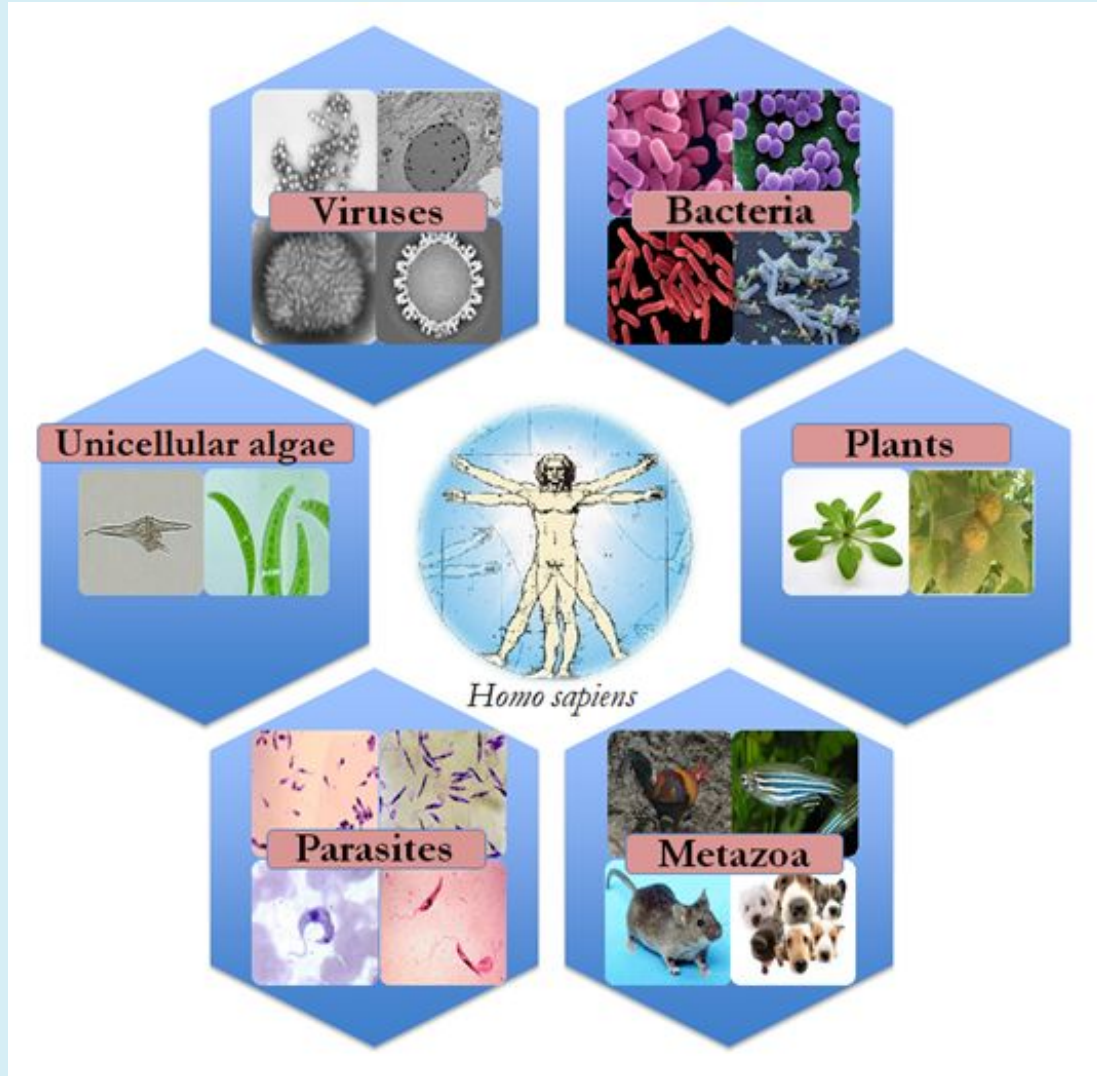
- **Alignments of reads and visualitation:** (Bowtie, Bowtie2, Bwa/ IGV, IGB)



Statistics

- **Statistics:** (*In-house* scripts)

Análisis Personalizado: primario/"menos" común



Análisis Personalizado: entrega/común



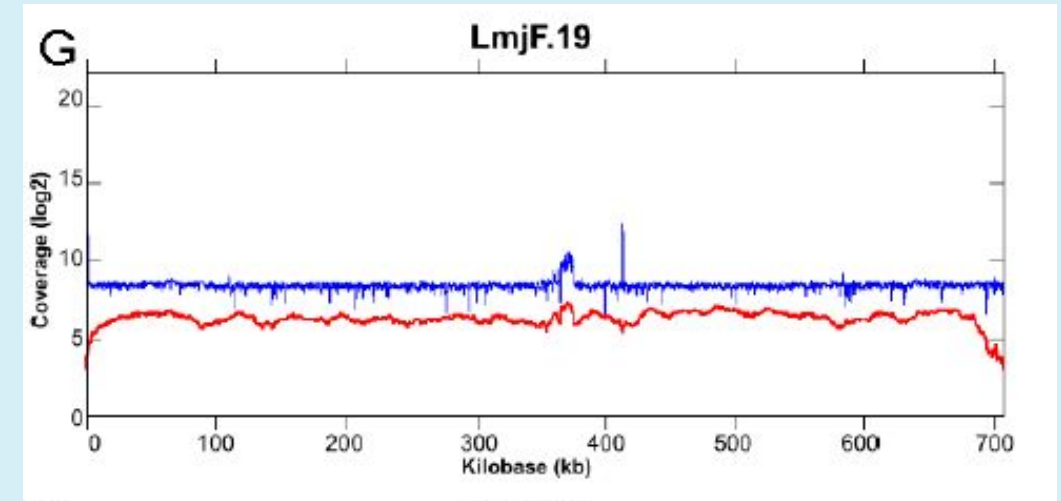
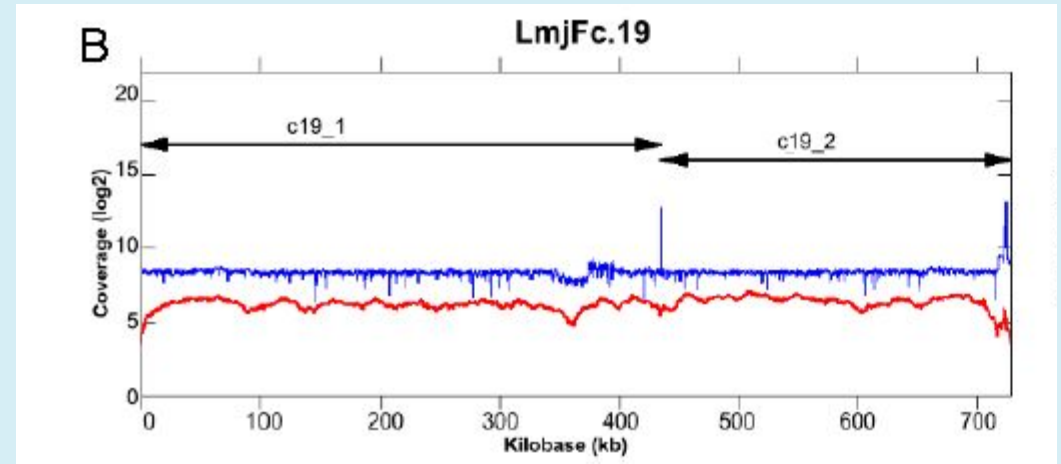
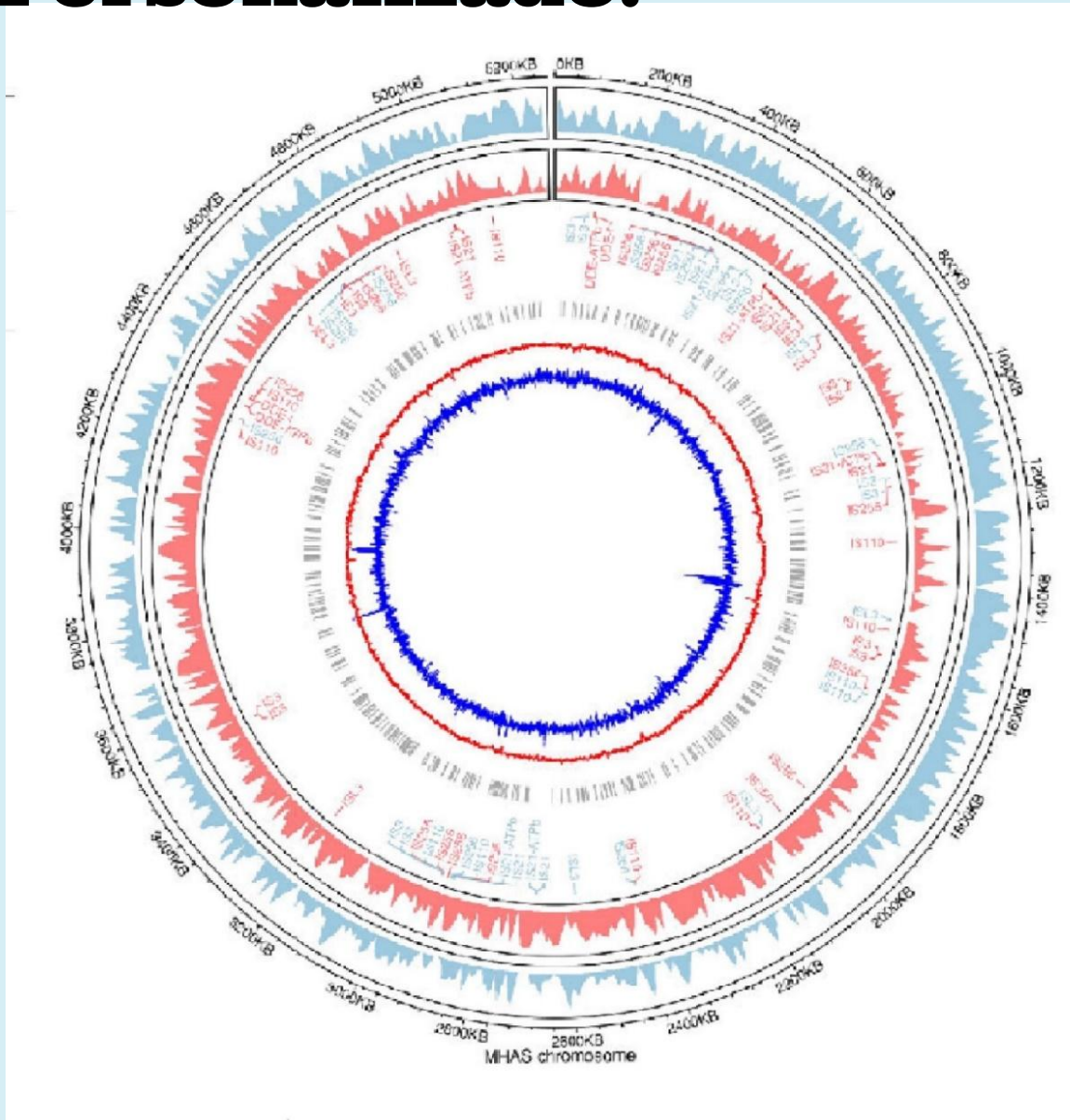
- **Submission to international repositories**

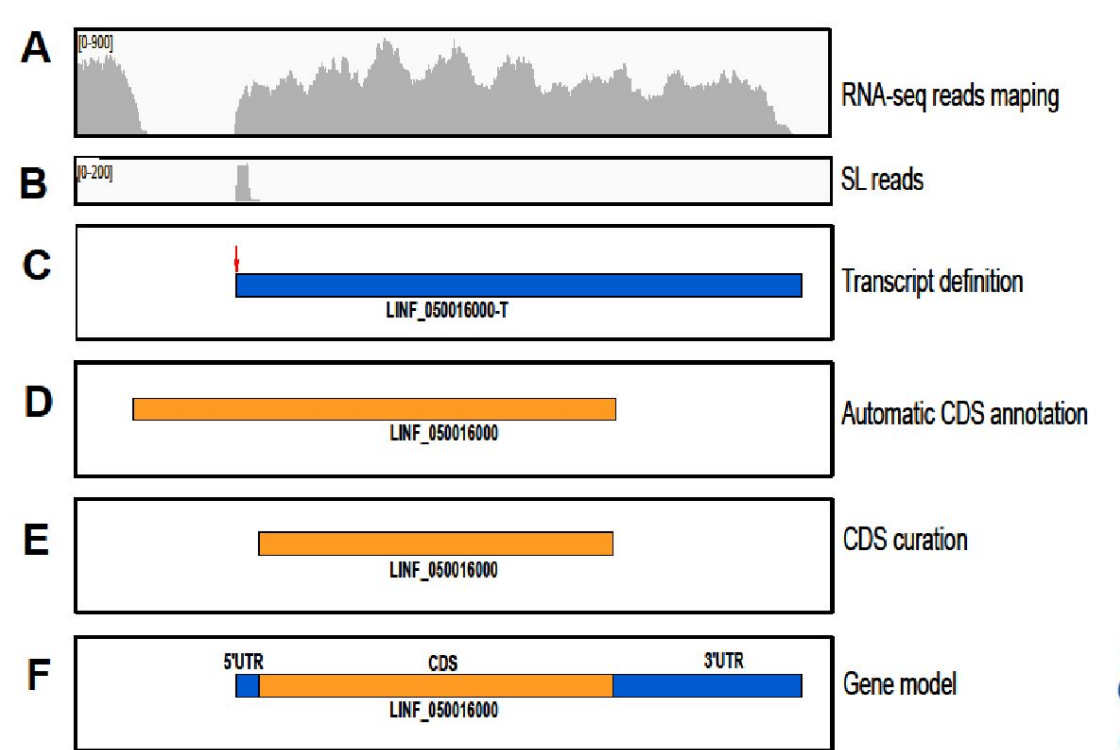
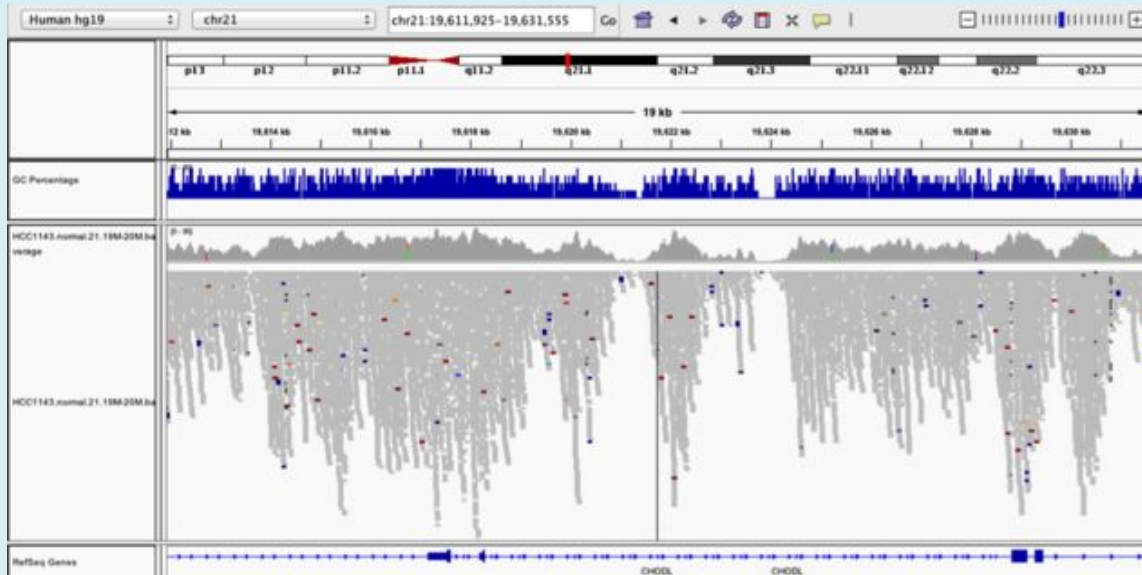
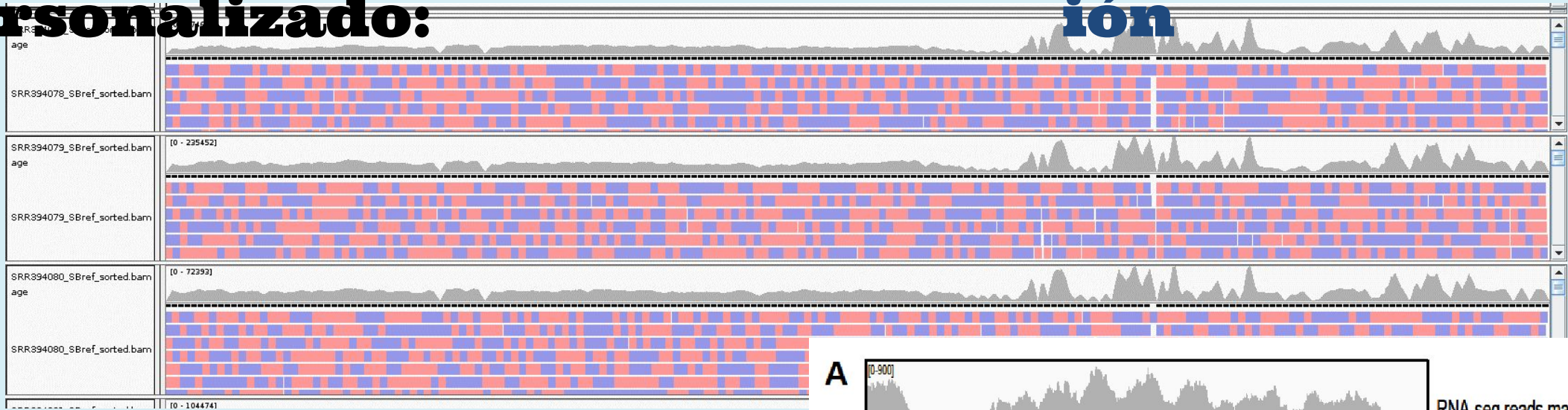
- **Report and results files:**
 - Document in English describing in detail the analysis performed.

Análisis Personalizado:

DNA-seq

Ensamblaje

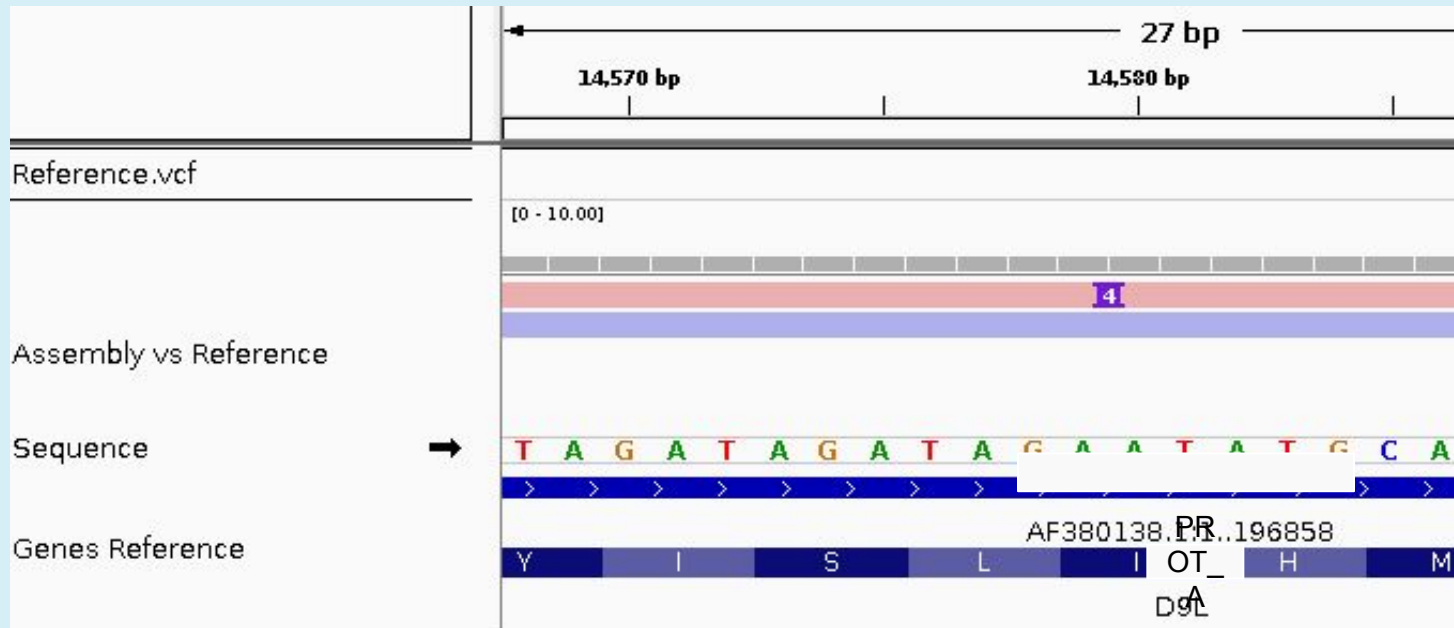




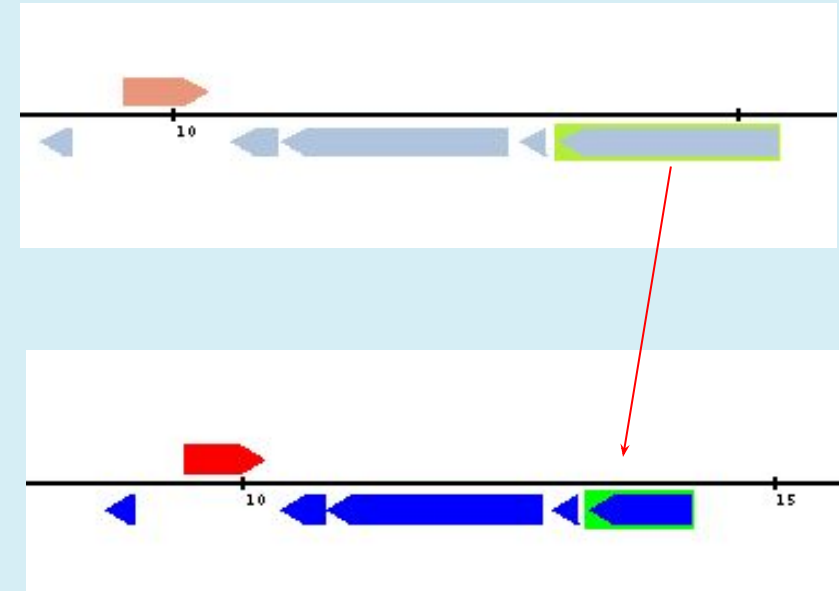
Análisis Personalizado:

DNA-seq

Variantes



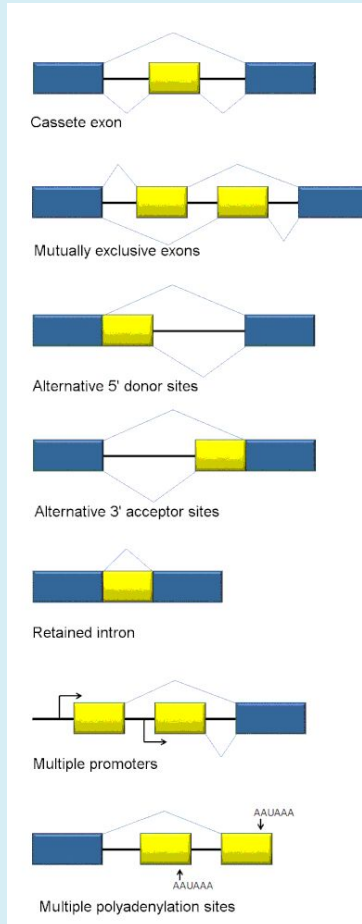
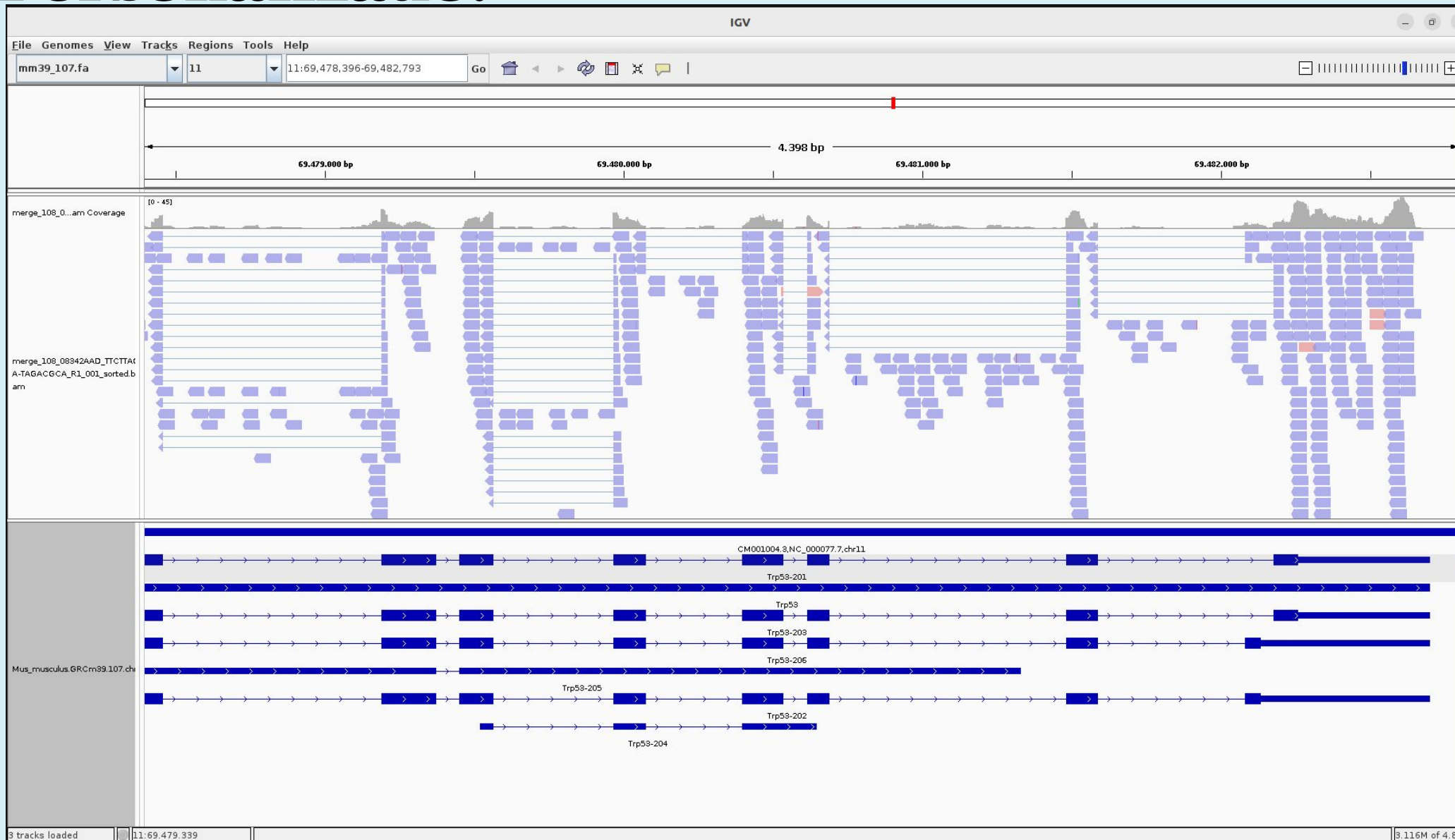
c.756_759dupCTAT p.Arg255fs frameshift_variant PROT_A



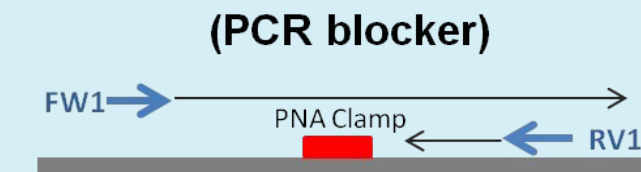
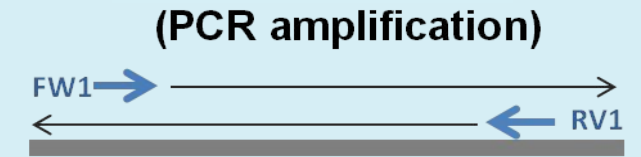
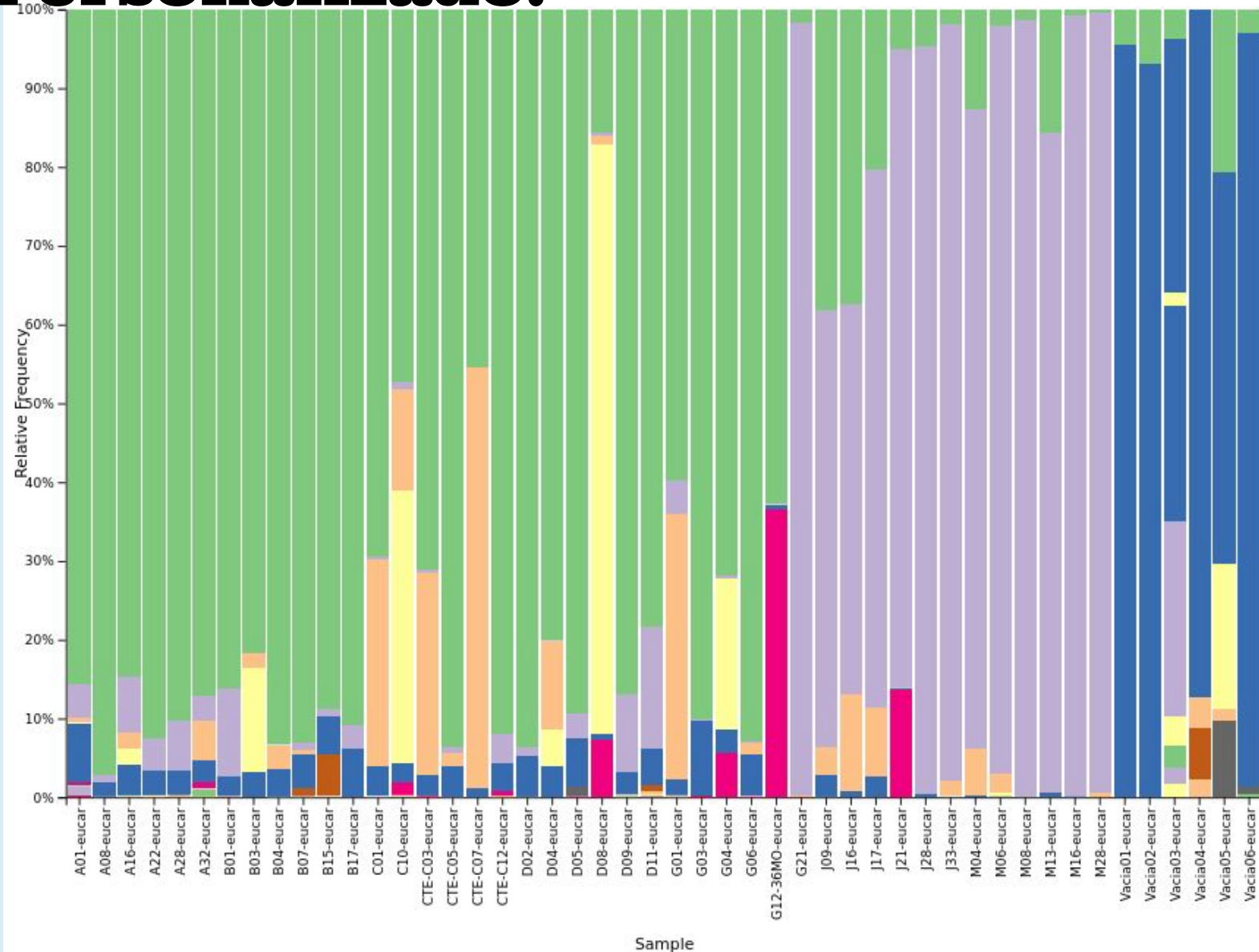
	Reference size	Assembly size	% Protein Similarity
PROT_A	1893	912	48.1

Análisis Personalizado:

RNA-seq



Personalizado:

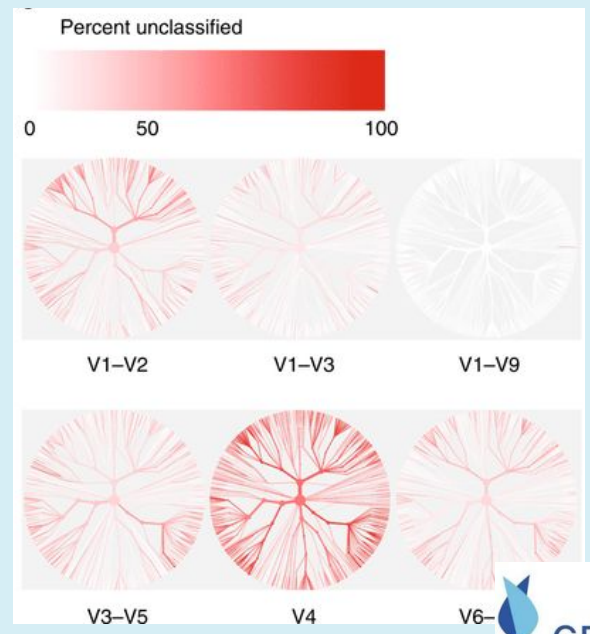
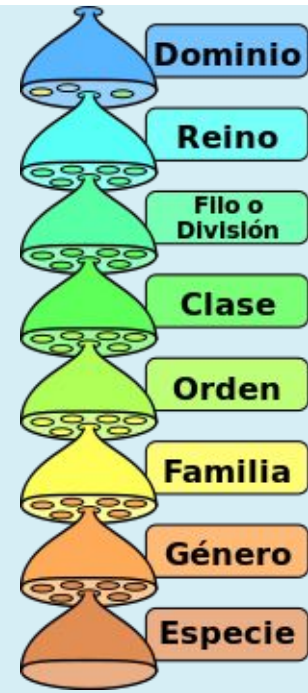
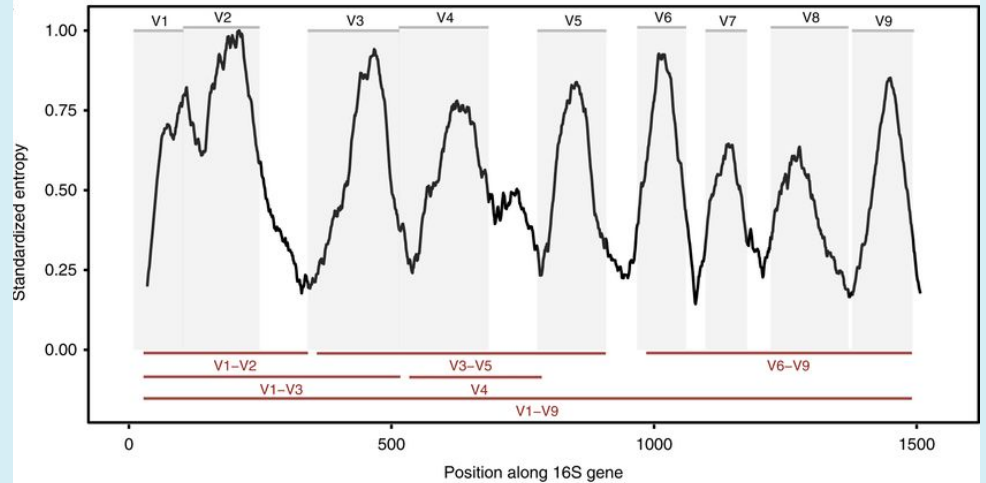
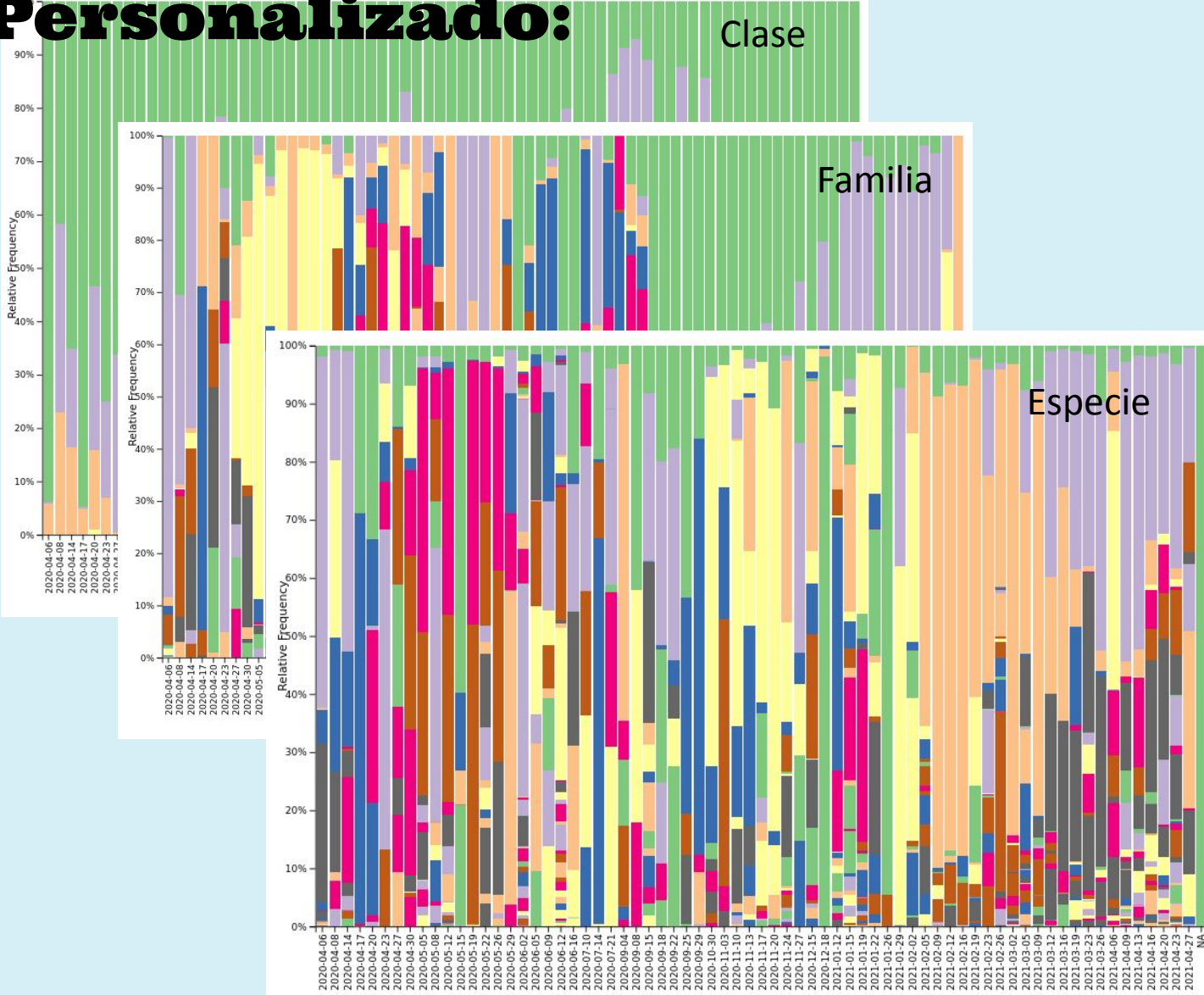


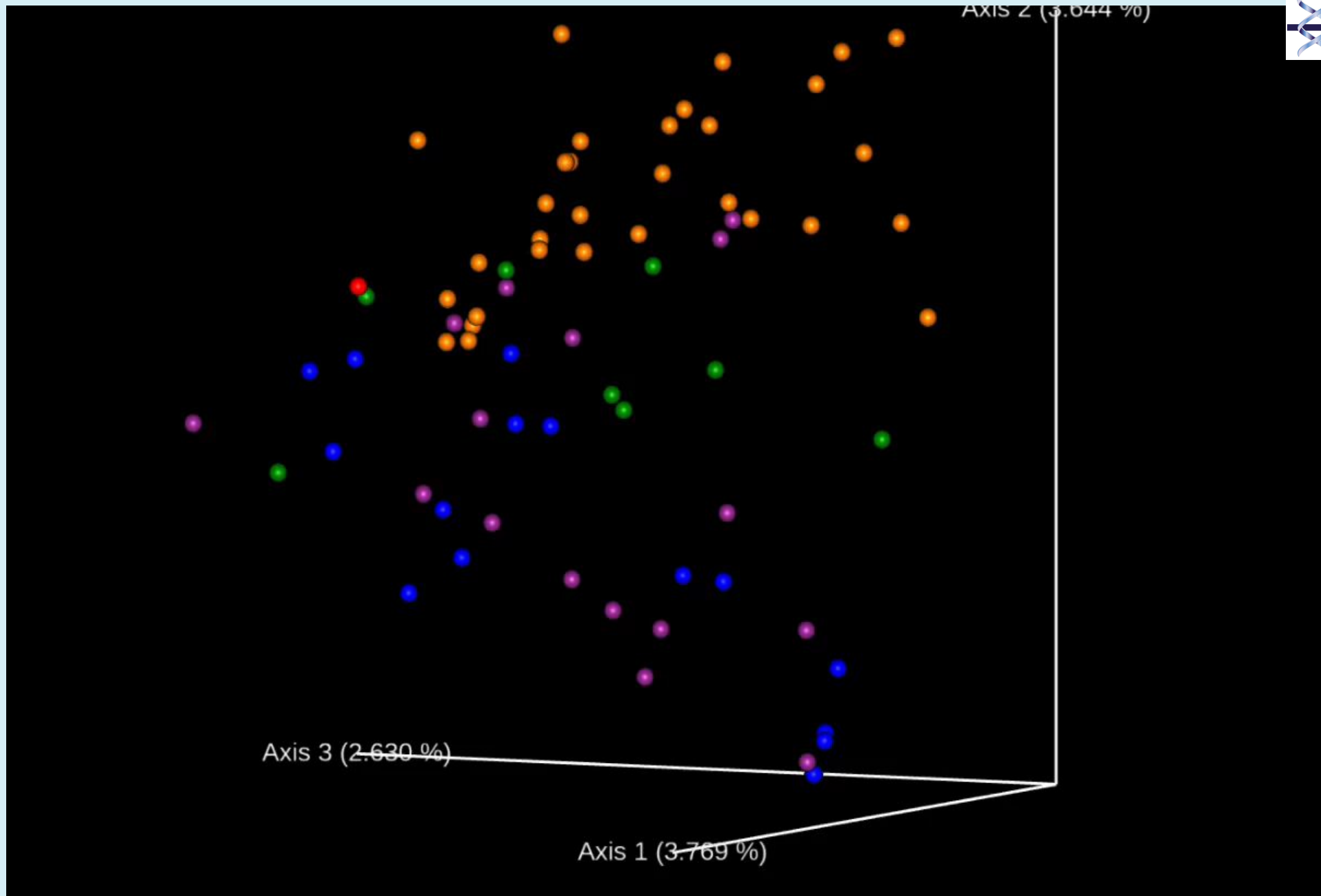
No amplification

Análisis

Metagenómica amplicones 16S

Personalizado:

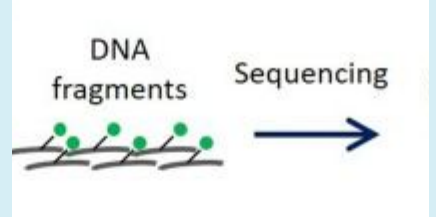
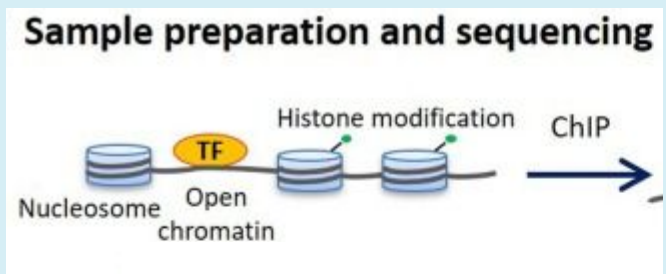
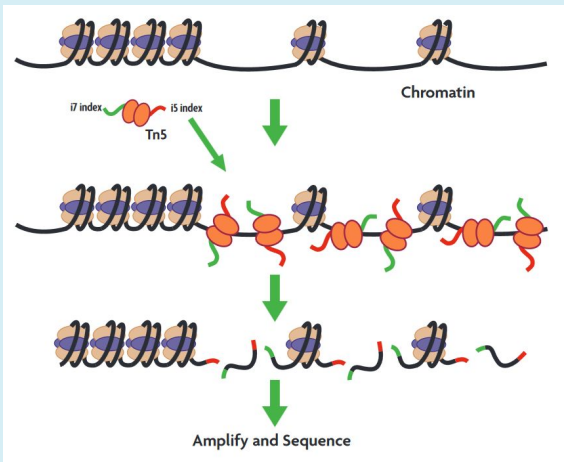




Análisis Personalizado:

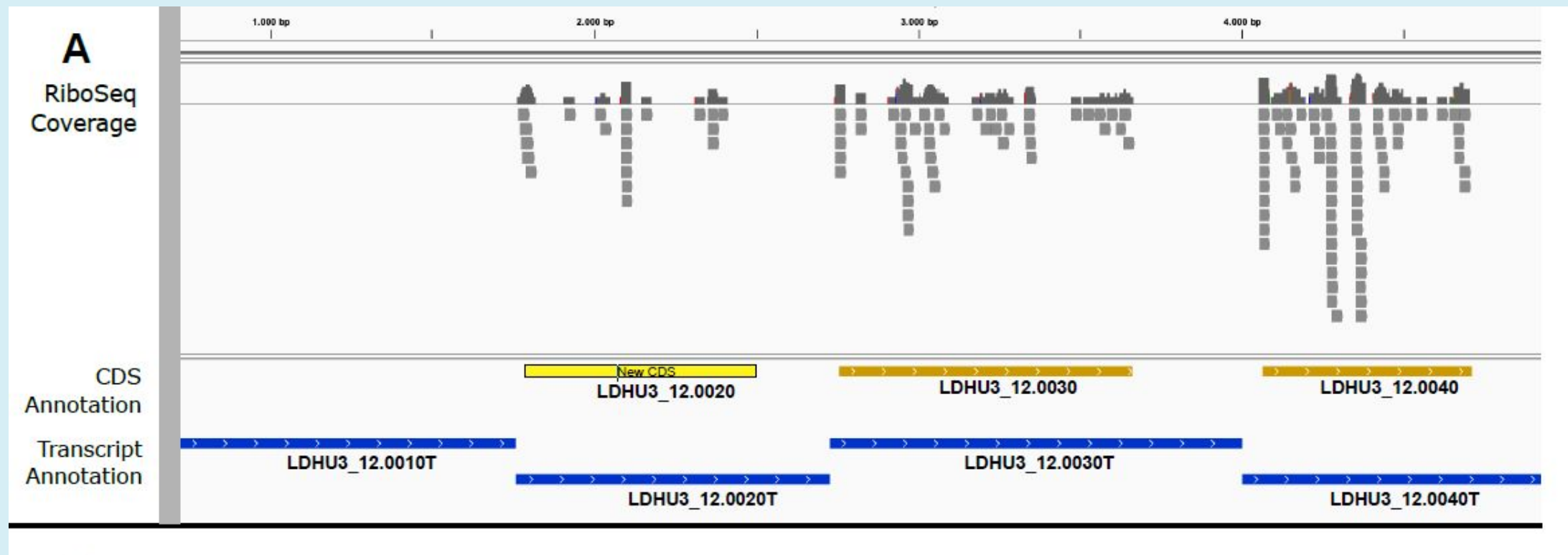
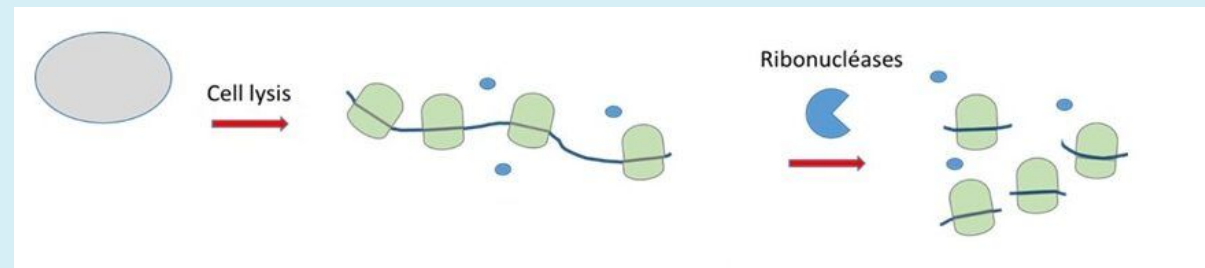
ATAC-Seq

Chip-Seq



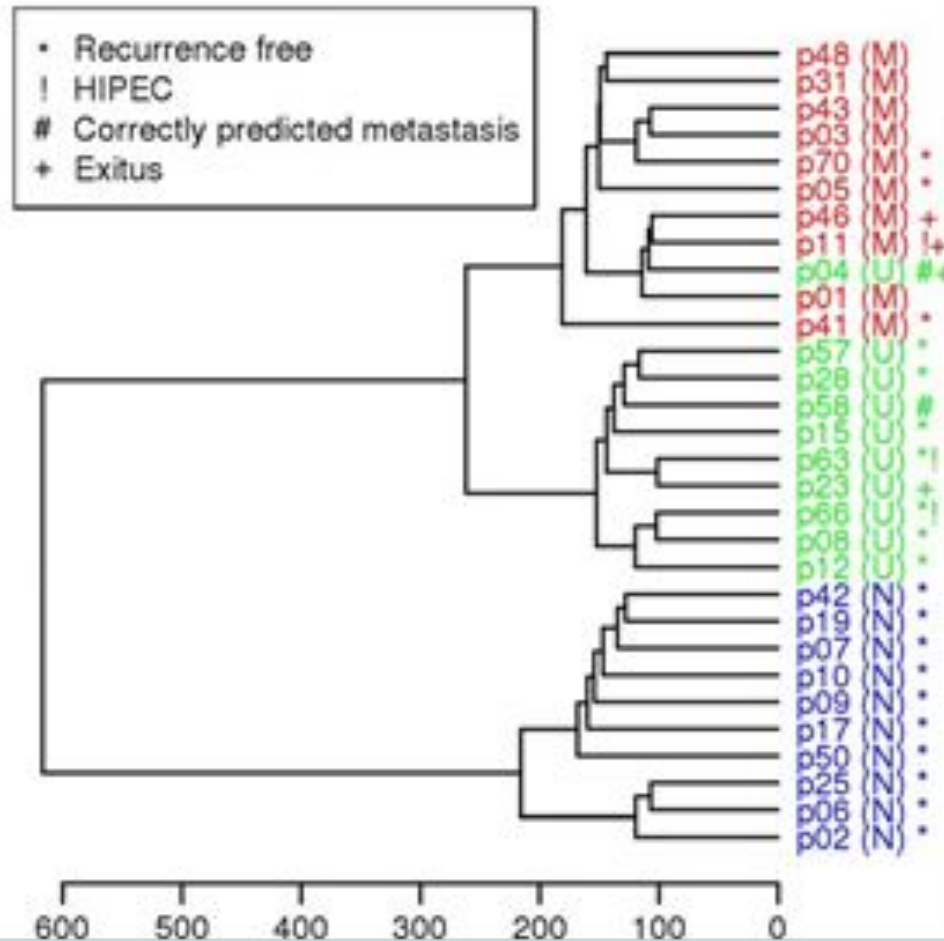
Análisis Personalizado:

Ribo-Seq

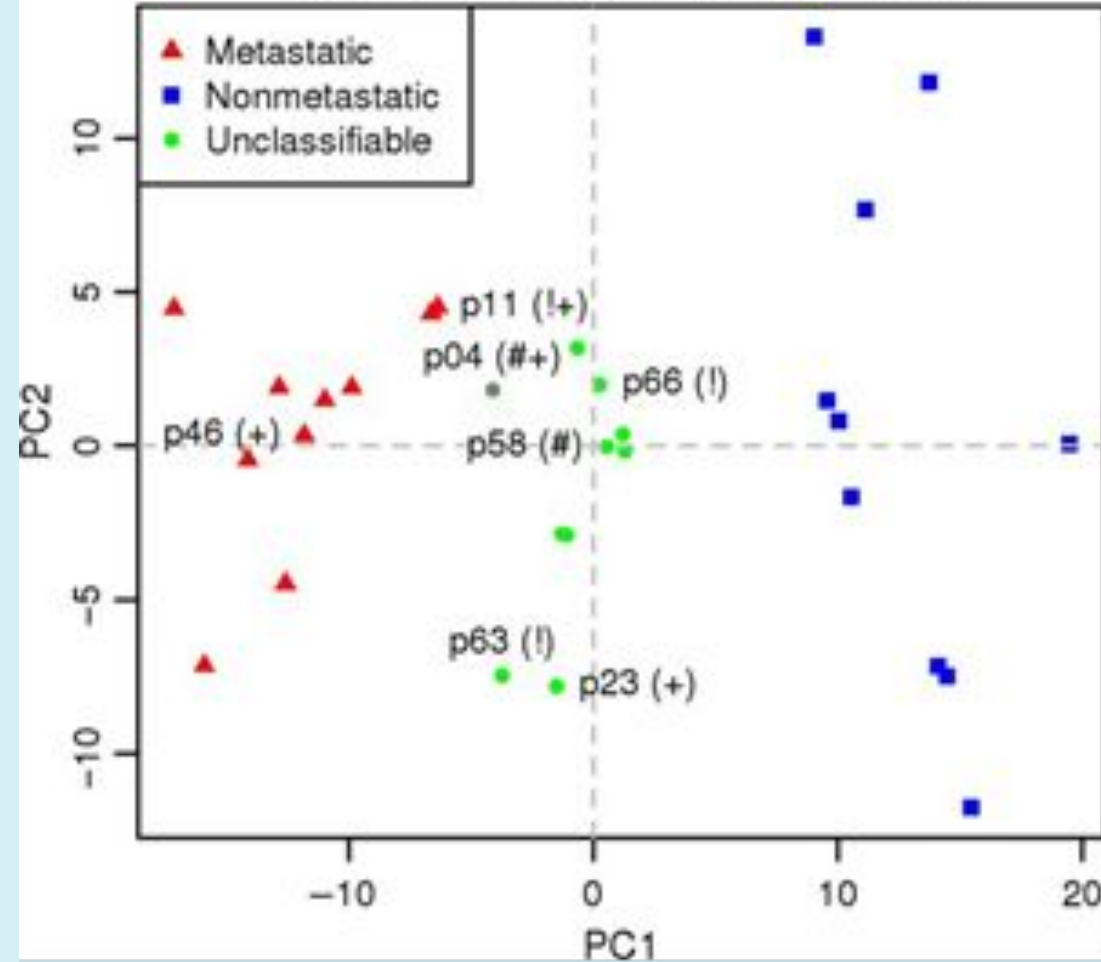


Presencia Diferencial de Exones (DPEs) en muestras de biopsia líquida (sangre) en pacientes con cáncer colorrectal

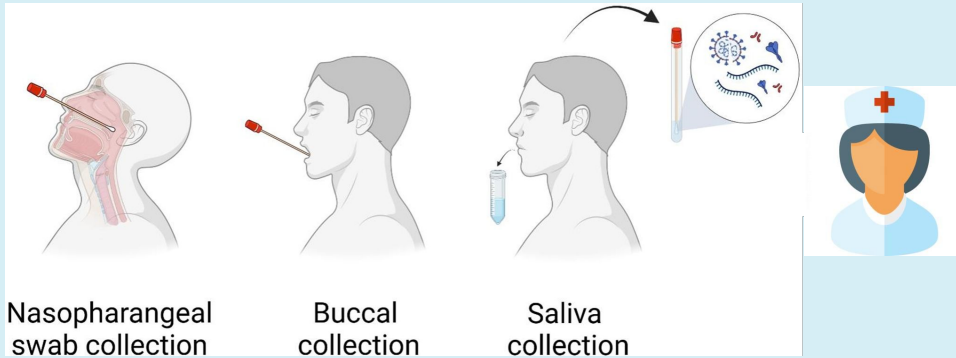
Ward's method clustering (DPE) ($p_v = 0.005$)



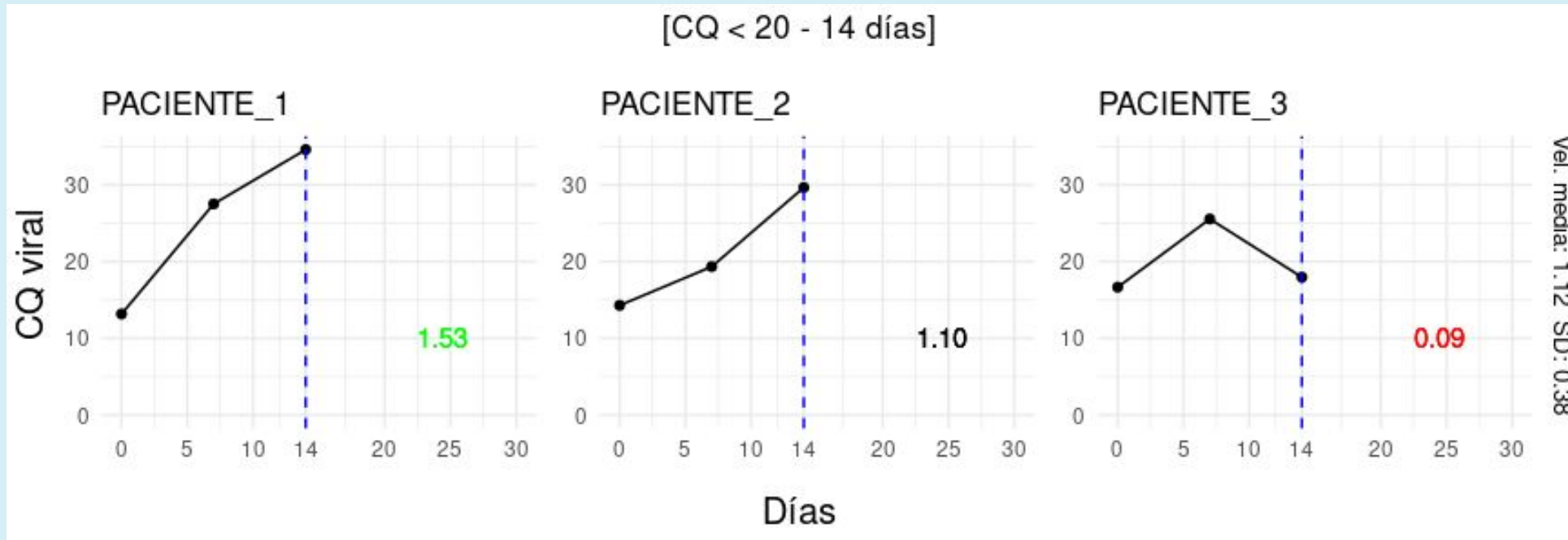
Two-dimensional PCA ($p_v = 0.005$)



Data Mining (minería de datos)

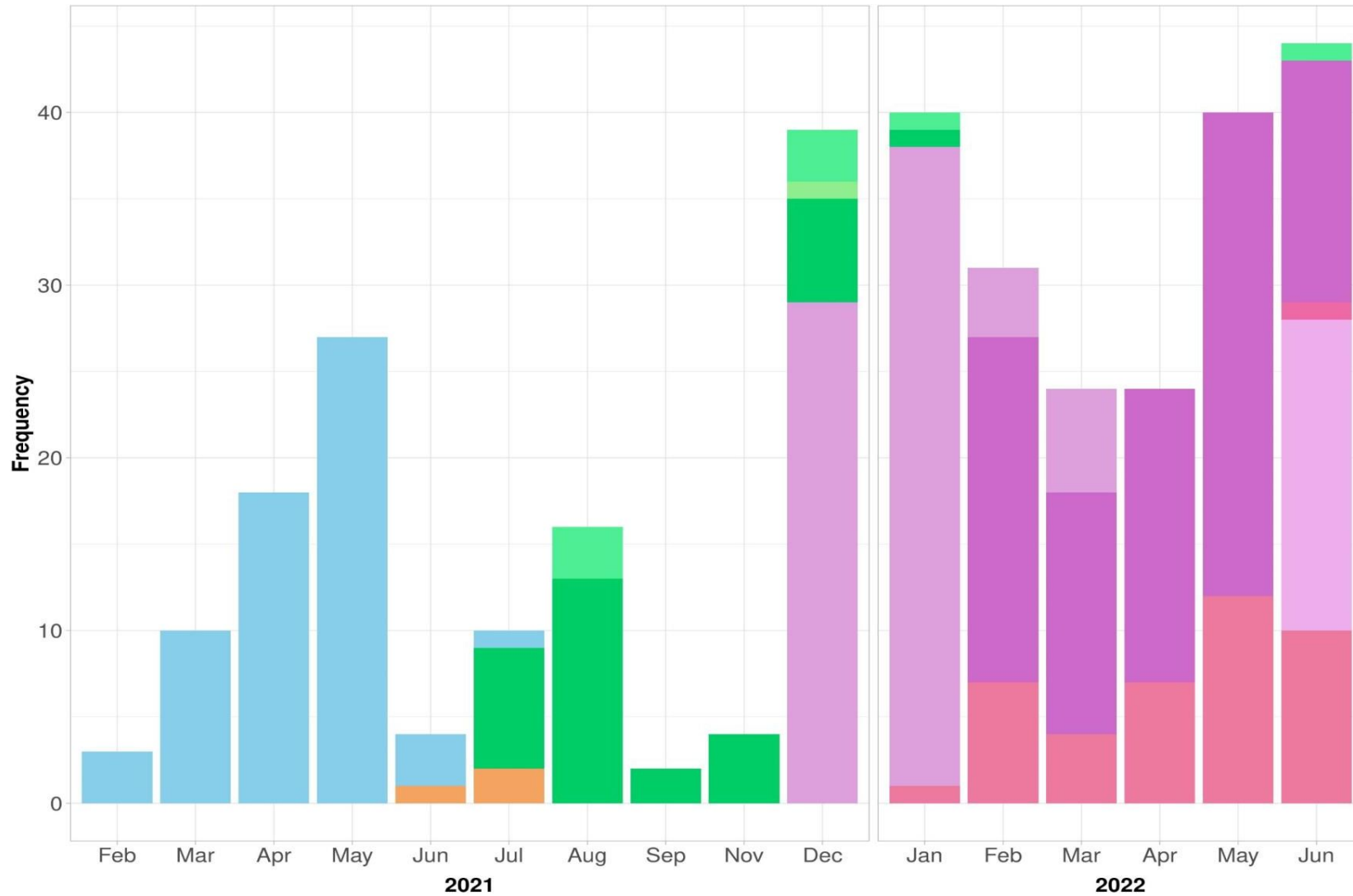


Unidad de Vigilancia de Salud y Medicina del Trabajo CSIC, Proyecto Centinela MdVal PTI SG













>3000 pruebas COVID RT-qPCR, con los correspondientes informes clínicos, y numerosas analíticas y pruebas

Evolution of SARS-CoV-2 lineages

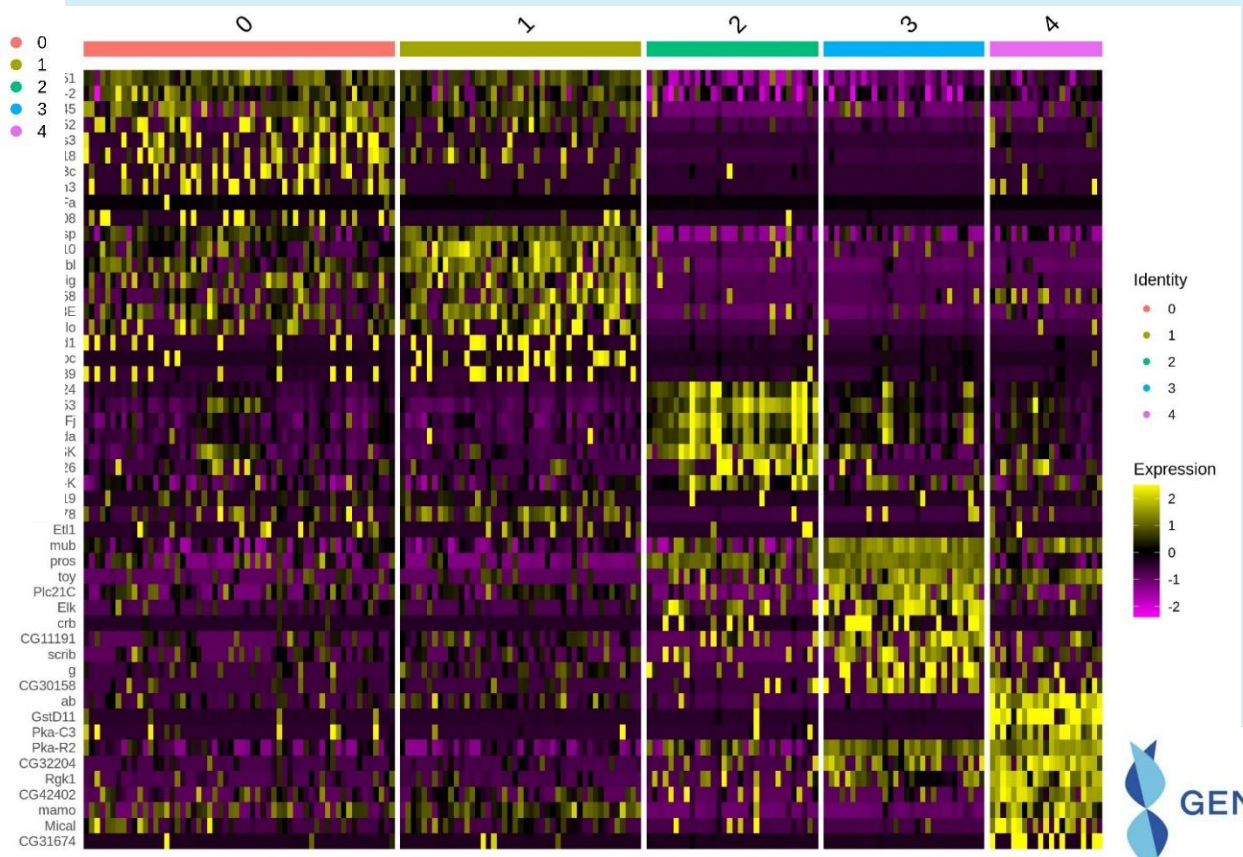
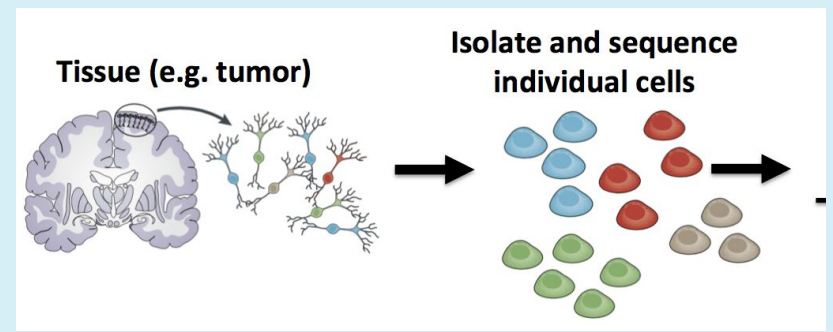
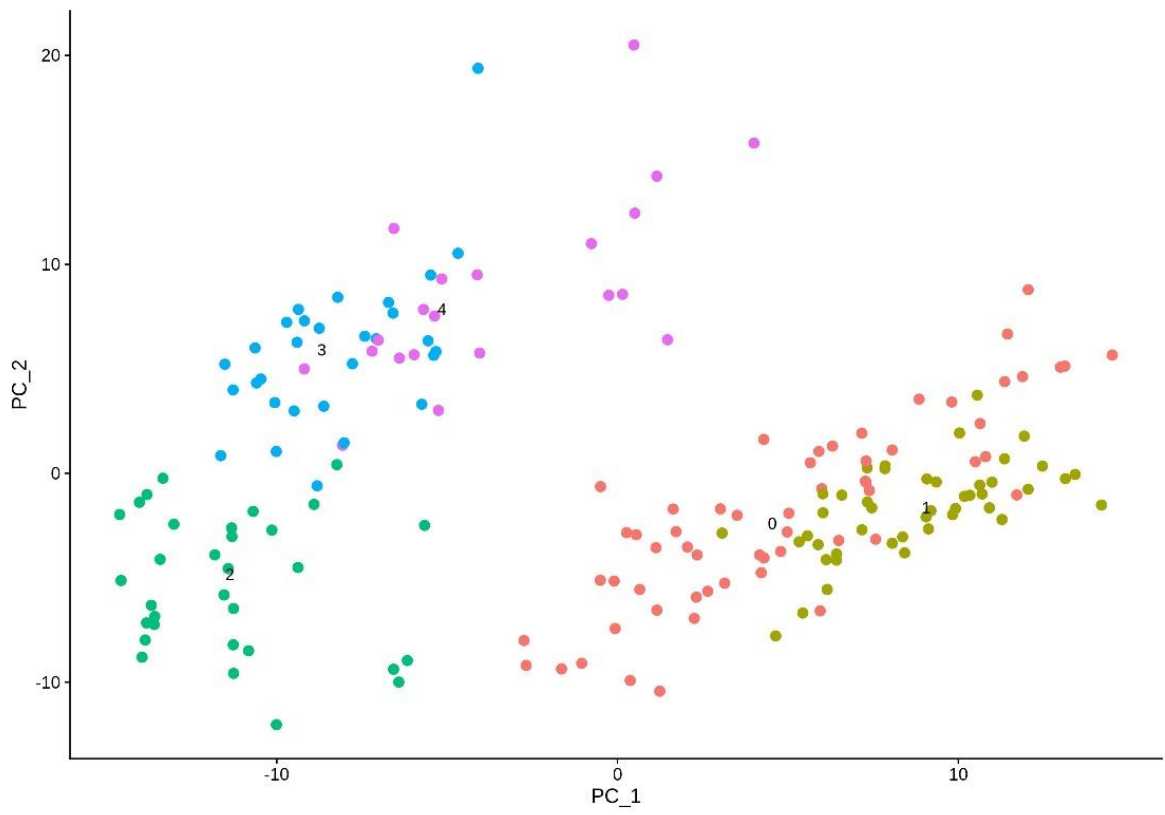


WHO lineage

-  Alpha (B.1.1.7-like)
-  Delta (AY.4-like)
-  Delta (AY.4.2-like)
-  Delta (B.1.617.2-like)
-  Mu (B.1.621-like)
-  Omicron (BA.1-like)
-  Omicron (BA.2-like)
-  Omicron (BA.4-like)
-  Omicron (BA.5-like)
-  Omicron (Unassigned)

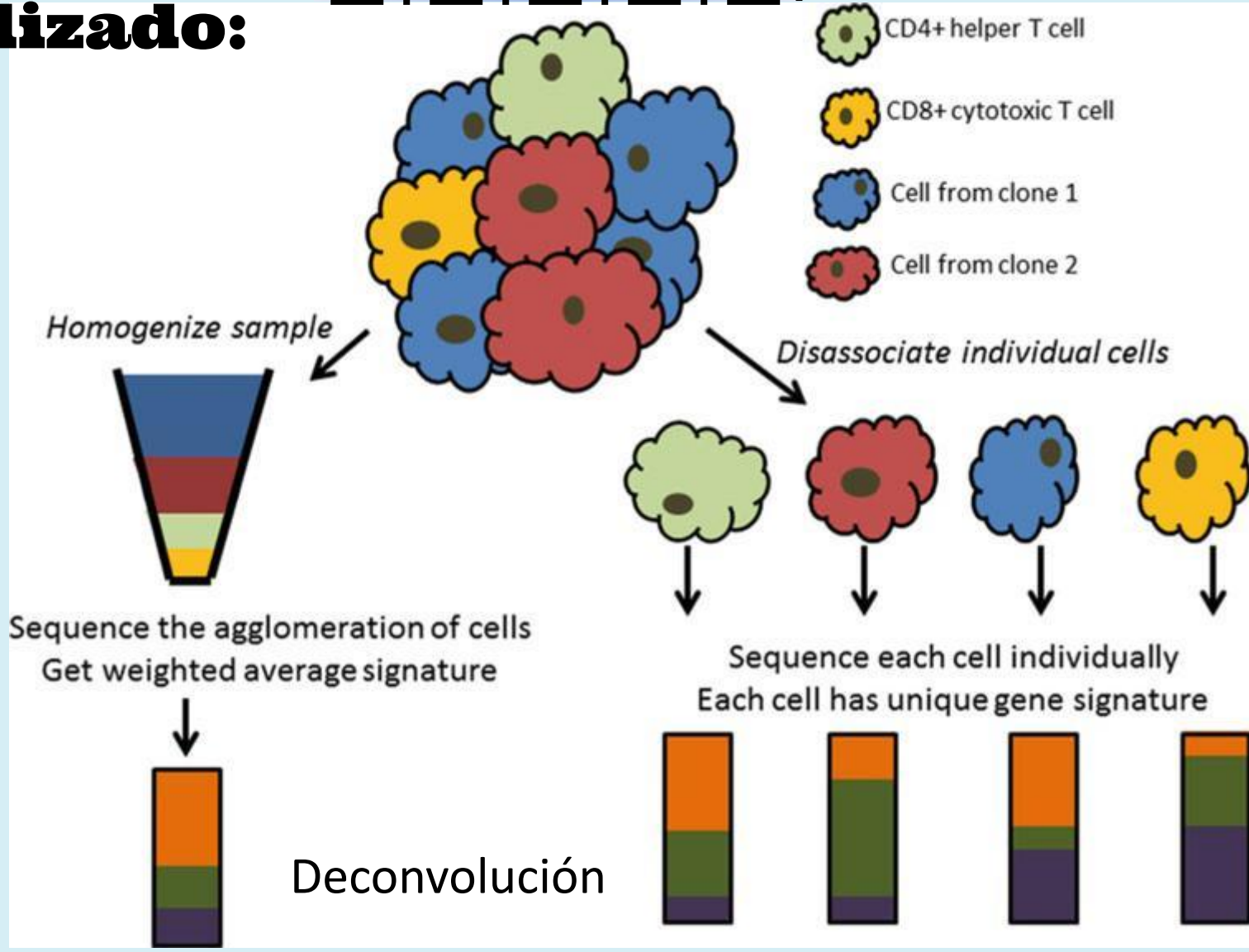
Análisis Personalizado:

scRNA-Seq

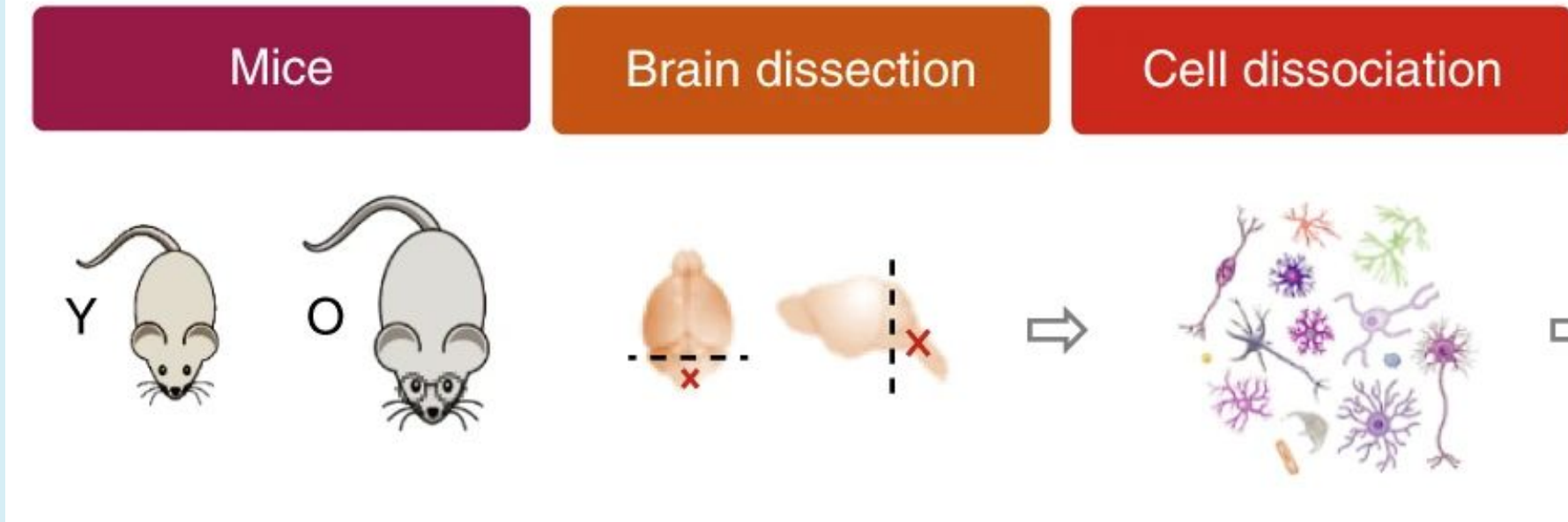


Análisis Personalizado:

scRNA-Seq



Equipo de Single Cell en el CBM



Gracias por vuestra atención

Contacto: genomicangs@cbm.csic.es

Website: http://genomics-ngs.cbm.uam.es/en_gb/

Limitaciones

- **Computacionalmente** costosos
- Necesidad de **gran espacio de almacenamiento**
- **Personal interdisciplinar cualificado con base bio-computacional y en formación continua**

Infraestructura necesaria

- Unidad central de procesamiento (**CPU**) de gama alta
 - **sistema operativo** Unix, Linux o Mac OS X
- Cluster de computación de alto rendimiento (**HPC**) y/o un recurso en la **nube**.
- **Memoria RAM** de 8 a >512 GB dependiendo de tipo de aplicación y organismo de estudio
- Espacio de **almacenamiento** (desde GB a TB)
- **Administradores de sistemas** que mantengan software, bases de datos, genomas referencia, etc.
- **Personal cualificado y en formación continua**

Qué aportamos en los Servicios Especializados

- Análisis computacional **multidisciplinar y personalizado** de datos masivos.
 - a nivel de célula, tejido, órgano, enfermedad, ambiente, sociedad, etc.
- Conocimiento y experiencia acumulada
 - para el planteamiento, desarrollo, interpretación, representación de los proyectos/experimentos
- Alerta/actualización de herramientas/procesos
- Desarrollo e implementación continuo de nuevas herramientas/procesos
- Cursos, ayuda...