

CATÁLOGO DE SERVICIOS
CURSOS – ASESORIAS
NGS - RNAseq
BIOINFORMÁTICA

Dra. M. Andrea Murillo Gallo – Dr. Aarón Barraza Celis
Doctorado ciencias – IBT-UNAM



(612) 1358825



612 6905798 – 612 1973272



www.biotechnologika.com



Ignacio Ramírez 3765, entre Michoacán y
Colima. La Paz, BCS



biotechnologikaa2@gmail.com

SERVICIOS DE CURSOS NGS

Biotechnologika A2 ofrece cursos a nivel básico y aplicado en la aplicación de la secuenciación de nueva generación.

Nuestro principal interés es que los investigadores y estudiantes aprendan las habilidades informáticas esenciales para desarrollar análisis bioinformático de NGS y así logren realizar sus análisis y tener la información necesaria para publicar.

Para esto, además de los cursos, Biotechnologika A2 ofrece asesorías totalmente personalizadas para llevar a cabo análisis específicos, generación de figuras y redacción para publicar.

CURSO 1

SECUENCIACIÓN MASIVA (NGS)

NGS - Plataformas

Generalidades de la secuenciación

Preparación de librerías

Diseños experimentales para NGS

Aplicaciones de NGS (metagenómica, transcriptómica, secuenciación y ensamblaje de genomas)

Introducción a UNIX

Comandos en terminal (visualización contenido directorios, moverse entre directorios, descomprimir archivos)

Operaciones con directorios (creación de directorios, acceso a directorios)

Operaciones con archivos de texto (Visualización de archivos)

Manejo de datos NGS

Control de calidad de las lecturas

Filtrado y limpieza de secuencias

Mapeo de lecturas

Ensamble de novo

Visualización de alineamientos

CURSO 2

RNAseq ANÁLISIS Y PROCESAMIENTO DE SECUENCIAS, MAPEO Y ANOTACIÓN

Comandos en terminal

Análisis de la calidad

Mapeo/Ensamblaje de novo + Mapeo

Anotación de Contigs (Blast2Go)

Normalización (Conteos RPKM y TPM)

Expresión diferencial (DeSeq2)

Manejo de lenguaje R para generación de gráficos

SERVICIOS DE CURSOS NGS

>AF260508.1 Human astrovirus type 8, complete genome

CCAAAAGGGGGGGTGGTGAATTGGCCCTTGGCTTATCAGTGTATAAAACAAGATTTTCTACACTCTTTTATTAAATAAATTGACATGATGGCACTCGGT
CAGCCATAGCTATAGCTTGCAGAAAGATTTTAAATTTTGGCAGGAGAAATGGCAGCTAGCCAAATGAGAGCTACTATGCTTACGAAAGCTG

CURSO 3

Introducción a la metagenómica
Control de calidad de las lecturas
Filtrado y limpieza de secuencias
Ensamble de novo
Agrupamiento de secuencias (clustering)
Generación de tabla de OTUs
Índices de diversidad (alfa y beta)
Análisis multivariado (PCA, PCOA)
Generación de gráficas de barras apiladas
Interpretación de resultados

ANÁLISIS METAGENÓMICO POR 16S

SERVICIOS A LA MEDIDA

Generación volcano plot
Generación de heat maps
Gráficas de pastel (pie chart)
Asesoría en problemas específicos en el análisis de datos

TGAAAGCCCAATTAATTCTGCTGCTGAGAATCCAGTGACCGTCGTTACACAACAACCTATCGTTACACTAGAACAGAAAAGTGTTAGTGATAG
TGATGTGGTTGACCTTGTGAGAAGCTGATGGAACGTGAGATGAAAAGTGTGCGTGATGAAATCAATGGGATCCTTGCACCATTCTACAAAAA
AAGAAAGGCAAGACCAAGCATGGTAGGGGTAGGGTCAGACGTAACCTTAGGAAAAGGTGTGAAAACCTTCTACTGAGGAAAGAGTATCGAGAGCT
CTTAGAG/

Duración:	Cursos 1, 2 y 3: 6 horas (cada uno)
Modalidad:	En línea
Horario:	A definir con el investigador/estudiante (horario entre las 9am-6pm hora centro)
Costo:	Favor pedir cotización, ofrecemos cada curso por separado o los tres cursos en un solo paquete.

*Para cursos presenciales entre 5-10 personas, por favor solicitar cotización

CTAGGGTCTTTAAAGGAGACAAAACCTGAAGTACTTTGGTATCTATTTCTCAAGAAAGAAATTATTAAGGAGGAAAAAATTAGGAATCTGATAT
TCGGCAGATAGTGTGTGCCGACCCCATTTACACCAGGATAGGGGCGTGCTTAGAGGCACATCAGAATGCCTTGATGAAAACAACACCCGATAC
CTCAGTTGGCCAATGCGGGTGGTCAACCAATGGAAGGCGGCTTTAAAAAACTATGCAGCGCCTAGTAAATAAAGGGAATAAACATTTTATTGA
ATTTGACTGGACCCGCTATGATGGAACCTATACCACCAGCACTCTTCAAAACATATTAAGAAATAGGTGGAATTCATCAATAAAGACCAACGT
GAAAAGTACAGACATGTGCATGAATGGTATGTTGATAACCTCCTAATCGCCATGTACTCCTACCATCCGGTGAAGTCACCTGCAGACACGAG
GCAATCCATCTGGGCAGTTTCAACACCAATGGATAAATAACATGGTCAATTTTGGTTGCAGGCTTTGAGTTTGCTTATTTCAATGGCCAGAC
AAAGATCTTTGGAAGACTTATGACACTGTAGTTTATGGGGATGACAGGCTTTCTACTACACCCTCGGTGCCTGATAAATTATGAGGAGAGAGTGA
TTACTATGTATAGAGACATCTTTGGCATGTGGGTAAGCCTGGGAAGGTCATTTGTAGAGATAGCATAGTTGGGCTATCCTTTTGTGGCTTACT
GTTAATGAAAATCTTGAACCCGTGCCAACCTCTCCGAAAAAGTTGATGGCATCATTACTAAAGCCTTATAAAATTTTACCTGATCTTGAATCACT
CATGGGAAGCTCTTGTCTATCAGTTGCTTGTGCTGCGTTCATGGCGGAAGACCACCTTTTAAGGTATATGTGGAACACTGCCTATCACGGACTG

SERVICIOS DE ASESORÍA ANÁLISIS DE DATOS NGS

Para aquellos investigadores que requieren una estrategia más rápida de análisis de los datos de secuenciación, Biotechnologica A2 ofrece servicios de asesoría que van desde la extracción de ácidos nucleicos hasta la generación de análisis y figuras para publicar.

Ofrecemos los siguientes servicios:

SERVICIO	Costo por una
Extracción de ácidos nucleicos	MXN \$350
PCR semicuantitativo*	MXN \$350
Purificación DNA a partir de banda de gel	MXN \$120
ANÁLISIS FILOGENÉTICO Secuenciación Sanger**	USD 22.00
Análisis de las secuencias y generación del árbol filogenético***†	MXN \$2000
Redacción de sección materiales y métodos en inglés	MXN \$500

* Precio por reacción de PCR

** El usuario escoge la unidad de secuencias que prefiera (sugerimos el IBT-UNAM)

***Para generar el árbol filogenético se incluyen 5 muestras secuenciadas y se incluyen las que sean necesarias en el análisis

† El análisis filogenético incluye la generación de dos árboles con tres métodos diferentes

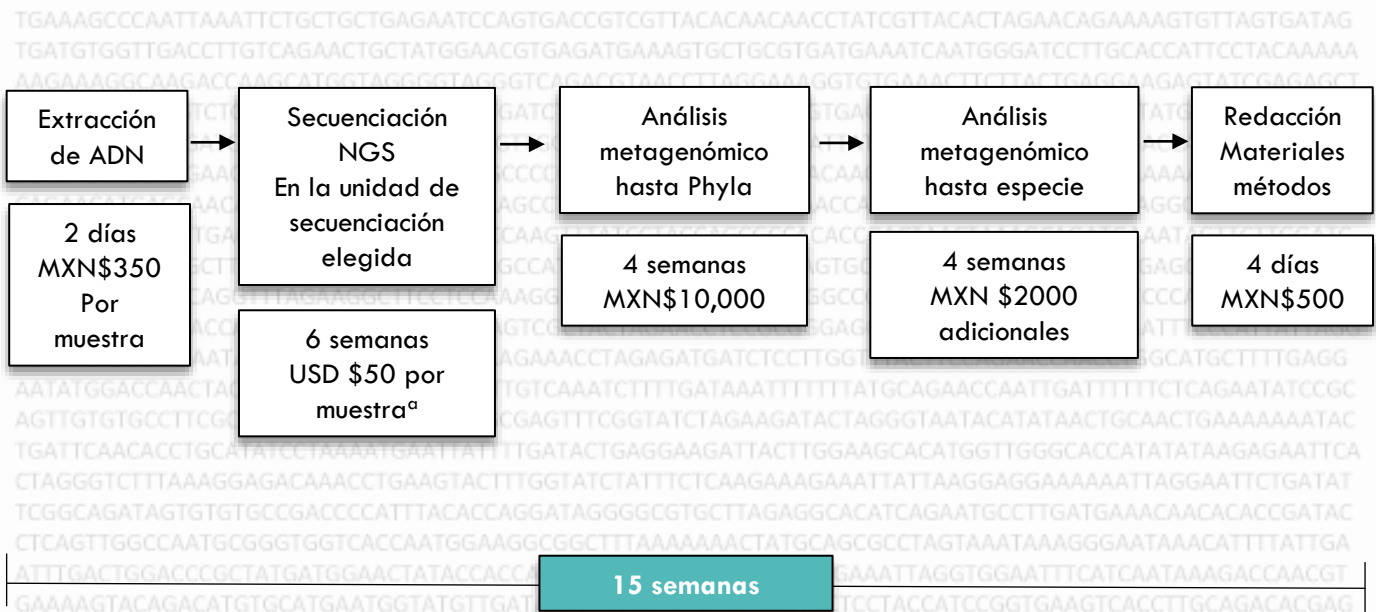
SERVICIOS DE ASESORÍA ANÁLISIS DE DATOS NGS

SERVICIO	Costo	Tiempo estimado
Extracción de ácidos nucleicos	MXN \$350*	2 días
NGS (secuenciación de nueva generación)	**	4 - 5 semanas
Generación de tabla de OTUs		
Índice de Chao1		→El análisis para llegar a Phyla es de 2 semanas
Índice de Simpson		
Índice de Shannon	Análisis para 10 muestras	→Si se requiere el análisis para llegar a describir especies, tiene un costo adicional de MXN \$1000 y dos semanas de duración.
Índice Beta - Distancias de Bray-Curtis	MXN \$10,000	
Análisis de Coordenadas Principales (PCoA)		
Análisis de Componentes Principales (PCA)		
Gráfica de barras apiladas de los OTUs más representativos		
Gráfica de barras apiladas de los Phyla de cada muestra		
Redacción de sección materiales y métodos en inglés	MXN \$500	4 días

ANÁLISIS
METAGENÓMICA

*costo por una muestra

**No se incluye el servicio de secuenciación. El usuario escogerá adonde enviar las muestras a secuenciar



^a Si el usuario no tiene una unidad de secuenciación elegida sugerimos la Unidad del CIAD-Mazatlan (Miniseq Illumina)

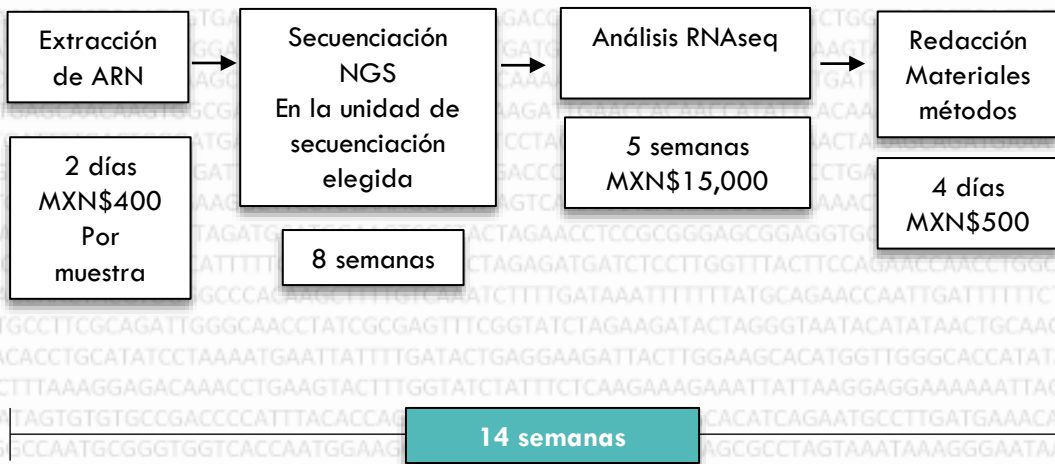
SERVICIOS DE ASESORÍA ANÁLISIS DE DATOS NGS

SERVICIO	Costo	Tiempo estimado
Extracción de RNA (electroforesis para comprobar integridad)	MXN \$400*	2 días hábiles
NGS (secuenciación de nueva generación)	**	4 - 5 semanas
Control de calidad		
Mapeo/Ensamblaje de novo + Mapeo		
InterProScan		
Normalización (Conteos RPKM y TPM)	Análisis para 10 muestras	→Dependiendo del tamaño del genoma del referencia y/o cantidad de reads el tiempo de mapeo estará entre 3 y 6 semanas
DESeq2	MXN \$10000	
Generación de gráficos (Volcano Plots, Heatmap). Tablas de Genes Up- y Down-regulated más significativos.		
Redacción de sección materiales y métodos en inglés	MXN \$500	4 días hábiles

ANÁLISIS RNAseq

*costo por una muestra

**No se incluye el servicio de secuenciación. El usuario escogerá adonde enviar las muestras a secuenciar



³ Si el usuario no tiene una unidad de secuenciación elegida sugerimos la Unidad Genewiz

SERVICIOS DE
ASESORÍA ANÁLISIS DE DATOS
NGS

>AF260508.1 Human astrovirus type 8, complete genome

CCAAAAGGGGGTGGTGATTGGCCTTTGGCTTATCAGTGTATAAACAAAGATTTTCTACACTCTTTTATAAAATAATTGACATGATGGCACTCGGT
GAGCCATACTATAGTTCCAAACCTGACAAAGATTTTAAATTTGGGAGCACAAATGGCACGTAGGCAAATGACACCTACTATGGTTACGAAACTTC
CCAAGTTTGT
GTGATTACTGGTGGCTTGAAGATGGAAACATATGGCTTAAACCGCATTAATGGTAGTGAATGGTGGAGATCTACCCAATAGAGCATCTGAAC
CTCATGTCATCTTAAAGCTAATACACAA
GAGGAGAAAGCCACCCTTGCTCTTGATGT
GCAATTCCTTCAGCATGAAAATGTGCGACTGAAGGAGTTGATCCCAAACCAGAGCCAGTAAGATACAGATGAAGTGGATAATTGTGGGAGC
GGTCTTACATTTTTATCTCTAATAG
GGTTATGCGCAGAGCCAGACCAACAATACTATATTTACAGACATGATAGCTGCGCTGCAAAATATT
AACTGAGACATTAACAGAGAACCT
GACTTTAGAATCAAACCTCGCACTAGCAAACATAAACCTCAATGATAAGCTAGACGCTGTGAGGCAAATT
CTTAATTCGCTTTGTACCTAGAG
CAITGGTT
GTGGAATATTTTTATGTTTCTTG
CAATTGGCACTGTCATGAGGAGC
CCCGGTACAGACTTAATACACTTGCACCTCCACTTGTCTGGTTTAGGATGGCTGTTTACCC
ACAATTCATTCCACACCACAATGALTTGTGGTCAATGAAACACTTATGGTTTGTALFACTTTGATAACTTGTAGCAATAACAATGGCAATT
TTAGCACCAATCTTGGCATCATCT
TGCTTCATGGAAGACTCCAATTATGTGAGCCAAATACGTGGTCTATTGCCACAGCAGTGTGATT
GCTGGTGGGCATGCATGCTTGA
GGC
GTTGTACTACTA
ACTTGTAGGTTTATACGTATGGCAACAGTTT
TATTGGCACTAGATTCGAGATCC
TAATGGGAGGTTGTGGCCACTGTACCAACTAGGATCAAAAACGTTGCATTTGATTTCTCCAG
AAGCTGAAACAGTCAGGGGTGAGAGTGGGGTCAATGACTTCGTAGTTATAAAAACAGGTGCATTATGCATTATAGACACCCCTGAAGGGAAA
GGAACAGGCTTCTTTCTGGTAAACGACATTAACAGCAGCACATGCTGGTGGCAACAATACTTTGTGAGTGTGTGTTATGAGGGCTTGGTAT
ACGAAGCGAAGGTTCCGGTACAT
AGG
AGCAAGACTAAAAATGTCAA
AGAATCCAGATTATAGTTGTGT
GCTTAITGTGAATGAAGCTTGTGGTTTGTACTGCAACAGCTATGGTGCATGGCAACACTCTC
TCATATGCAGTTCGCACCCAAGACGGGATGTCGGGTGCACCAGTTTGTGACAAATATGGTCCGGGTGTGGCGGTCCATCAAACCTAATACTGGAT
ACACTGGAGGTGCTGTGCATAATAGACCCAGCAGATTTCCATCCAGTGAAGGCCCATCTCAGGTGGAATTGCTCAAAGAGGAAATCGAGCGAC
TGAAAGCCCAATTAATCTGCTG
ATCCAGTGACCGTCTGTACACAACAACCTATCGTTACTACTAGAACAGAAAAAGTGTAGTGATAG
TGATGTGGTTGACCTGTGAGAA
GAGCTGGAGATTAATGCTGGCTGATGAAATCAATGGGATCCTTGACACCATTCTACAAAAA
AAGAAAGGCAAGACCAAGCATG
AGG
CTTACTGAGGAAGAGTATCGAGAGCT
CTTAGAGAAAGGTCTGGATCGTGA
ACTTCTTGATCTTATAGACCGTATCATTGGTGAAGGCTGGTTACCCTGACTATGATGATGAGGAT
TATTATGATGAAGATGATGATGGATGGGGAATGGTTGGTGTATGATGTAGAATTTGATTATACTGAAGTAATCAATTTGACCAAGCAAAACCAA
CCCCGCCCCGAGAACCAAGCCAAAACCTTGCCCCGAGCCAAAAATCGAAGCACAACCCTTGATTTGTCTCAGAAAAAAGAGAAAACAAC
CAGAACATGAGCAACAAGTGGCGAAGCCCACCAAGCTCAGAAGATTGAACCACAACCATATTACAAAACCTTATGGTAAGGCACCAATCTGGG
AGTCTTATGATTTTACTGGGATGAGGATGATGCCAAGTTTATCTACCAGCGCCACACCGACTAACTAAAGCAGATGAAATAGTTCTTGGATC
AAAAATTTGTAAGCTTAGAACGATTATTGAAACAGCCATAAAGACCAGCAACTAGTGCATTACCTGAAGCTGTGTTGAGCTCGATAAGG
CAGCTTATGAAGCAGGTTTGAAGGCTTCTCCAAAGGGTTAAGTCAAAAACAAGGCCCCAAAAAACTACAAGAGGCCCCGAGAACCAAG
GGGCCAAAACTACCCTCATTAGATGCATGGAAGTCTGCTACTAGAACCTCCGCGGAGCGGAGGTGCGTACCTGCTAATTTCCATTATTAGG
TCATTTACCAATCAATAGACCCATTTTATGATGAAGAAACCTAGAGATGATCTCCTTGGTTTACTTCCAGAACCAACCTGGCATGCTTTGAGG
AATATGGACCAACTACGTGGGGCCACAAGCTTTTGTCAAATCTTTGATAAAATTTTTATGAGAACCAATTGATTTTTCTCAGAATATCCGC
AGTTGTGTGCCTTCGAGATTGGGCAACCTATCGCGAGTTTCGGTATCTAGAAGATACTAGGTAATACATATAACTGCAACTGAAAAAATACT
TGATTCAACACCTGCATATCCTAAAATGAATATTTGATACTGAGGAAGATTACTTGGAAAGCACATGGTTGGGCACCATATAAGAGAATTCA
CTAGGGTCTTTAAAGGAGACAAACCTGAAGTACTTTGGTATCTATTTCTCAAGAAAGAAATTTAAGGAGGAAAAAATTAGGAATCTGATAT
TCGGCAGATAGTGTGTGCCGACCCATTTACACCAGGATAGGGGCGTGTAGAGGCACATCAGAATGCCTTGATGAAAAACAACACCCGATAC
CTCAGTTGGCCAATGCGGGTGGTACCAATGGAAGGCGGCTTTAAAAAACTATGCAGCGCCTAGTAAATAAAGGGAATAAACATTTTATTGA
ATTTGACTGGACCCGCTATGATGGAACCTATACCACCAGCACTCTTCAAACATATAAAGAAATAGGTGGAATTCATCAATAAAGACCAACGT
GAAAAGTACAGACATGTGCATGAATGGTATGTTGATAACCTCCTAATCGCCATGTACTCTACCATCCGGTGAAGTCACCTGCAGACACCGAG
GCAATCCATCTGGGCAGTTTCAACACCAATGGATAATAACATGGTCAATTTTGGTTGCAGGCTTTGAGTTTGTCTAATTTCAATGGCCAGAC
AAAGATCTTTGGAAGACTTATGACTGTAGTTTATGGGGATGACAGGCTTCTACTACACCCTCGGTGCTGATAAATATGAGGAGAGAGTGA
TTACTATGTATAGAGACATCTTTGGCATGTGGGTAAGCCTGGGAAGGTCAATTTGATAGATAGCATAGTTGGGCTATCCTTTTGTGGCTTACT
GTTAATGAAAATCTGAACCCGTGCAACCTCTCCGAAAAAGTTGATGGCATCATTACTAAAGCCTTATAAAATTTTACCTGATCTTGAATCACT
CATGGGAAGCTCTTGTCTATCAGTTGCTTGTGCTGCTCATGGCGGAAGACCACCTTTAAGGTATATGTGGAACACTGCCTATCACGGACTG

Comuníquese con nosotros y cuéntenos exactamente
en qué le podemos ayudar



612 1358825 - 612 1973272



612 6905798



biotechnologikaa2@gmail.com



www.biotechnologika.com