



WINTER GENOMICS

Turning Data into Forefront Knowledge

CATÁLOGO

SERVICIOS BIOINFORMÁTICOS



Nosotros

WINTER GENOMICS es una empresa mexicana con más de 12 años de experiencia que proporciona desde soluciones bioinformáticas hasta el desarrollo de interfaces “amigables” para usuarios de sectores privados, institutos de salud, instituciones académicas y gubernamentales.

Nuestro equipo está formado por analistas, consultores bioinformáticos y desarrolladores especializados en distintas áreas de la biología, química y medicina así como en las últimas tecnologías y métodos de análisis de datos clínicos, biológicos y genómicos.

¿Qué hacemos?

Brindamos soluciones bioinformáticas personalizadas de acuerdo a las necesidades de cada cliente, siguiendo las buenas prácticas en el procesamiento y almacenamiento de datos.

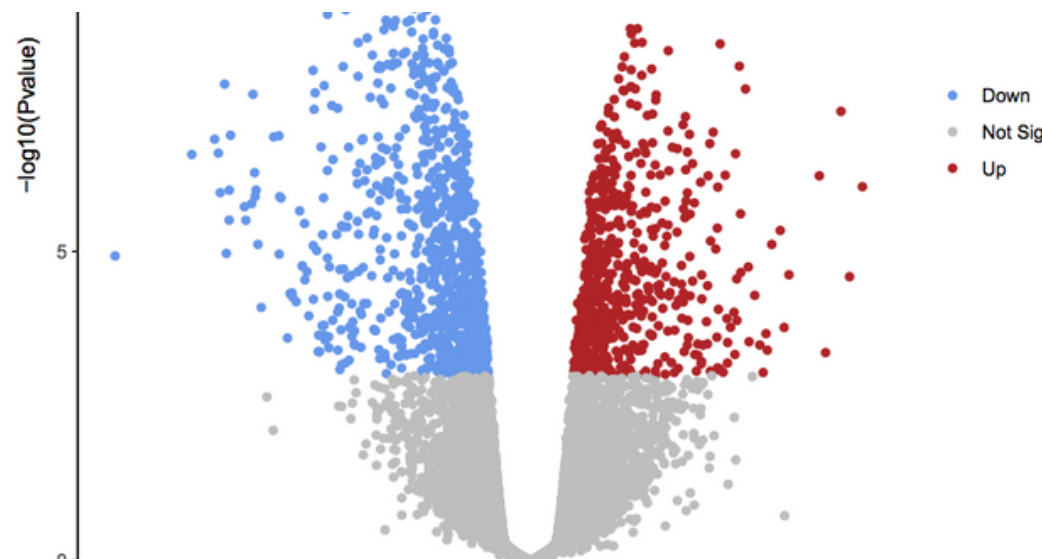
Publicaciones científicas



Nuestros clientes

Contamos con clientes del sector público, privado, institucional y gubernamental tanto a nivel nacional como de diversas partes del mundo incluyendo Estados Unidos, Canadá, Colombia, Perú, España, Francia e Italia. Esta diversificación nos permite mantener una presencia tanto a nivel nacional como internacional, permitiéndonos estar a la vanguardia.





PacBio



Expresión Diferencial con RNA-Seq

Análisis de datos obtenidos por tecnologías NGS. Control de calidad, filtrado de secuencias, mapeo, cuantificación, expresión diferencial, (PCA, heatmap, volcano plot), selección de genes significativo, anotación de genes, inferencia de vías metabólicas, y más!

Análisis de secuencias de lecturas largas

PacBio y Oxford Nanopore realizan la secuenciación de datos utilizando lecturas largas. Realizamos el análisis de datos para:
Ensamblados de novo genomas de bacterias y hongos.
Metagenoma o microbioma (16S, 18S ITS) o shotgun.
Transcriptómica de secuencias completa.

Ensamblado de genomas

Análisis de datos obtenidos por tecnologías NGS (Illumina, PacBio, Oxford Nanopore). Control de calidad, ensamblado, control de calidad del ensamblado, anotación, determinación de elementos funcionales (genes y proteínas). Se pueden realizar procesos como "mejoramiento del ensamblado", resc scaffolding, ordenamiento de scaffolds o contigs, etc.

Ensamblado de transcriptomas

Servicio de análisis de datos obtenidos por tecnologías NGS (Illumina, PacBio, Oxford Nanopore). Control de calidad, recorte y filtrado de secuencias, ensamblado de novo, control de calidad del ensamblado, anotación y determinación de elementos funcionales como genes y proteínas y más!

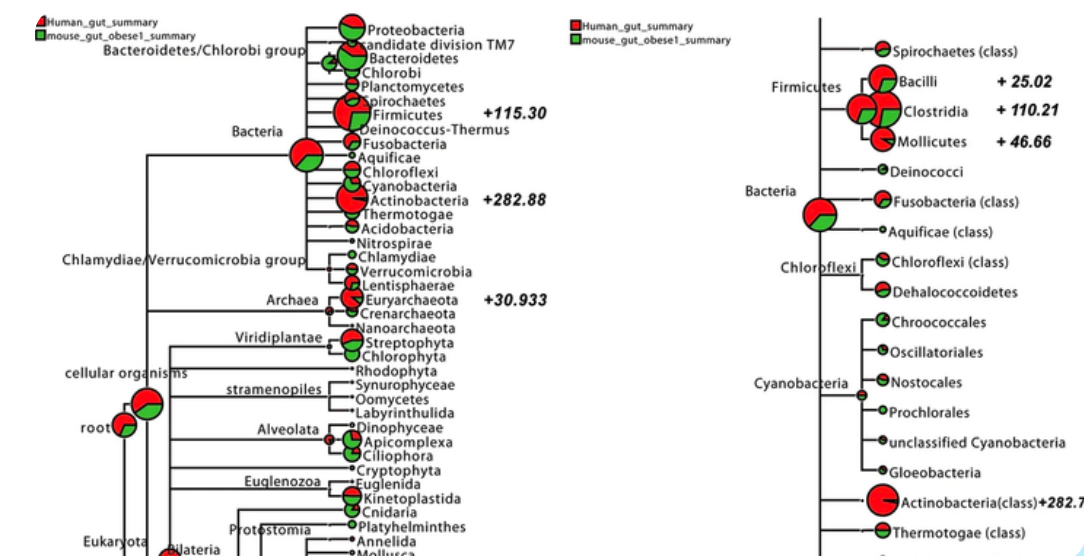
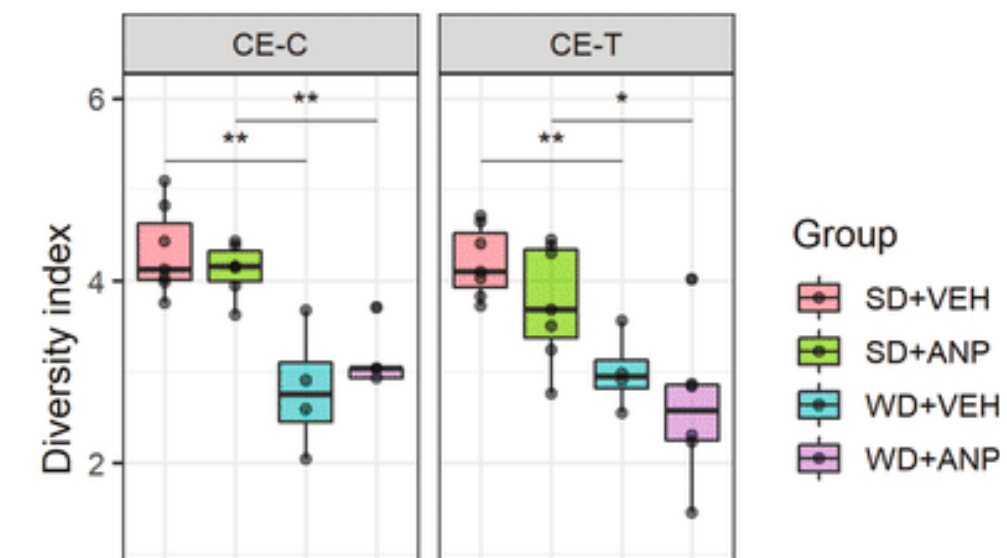
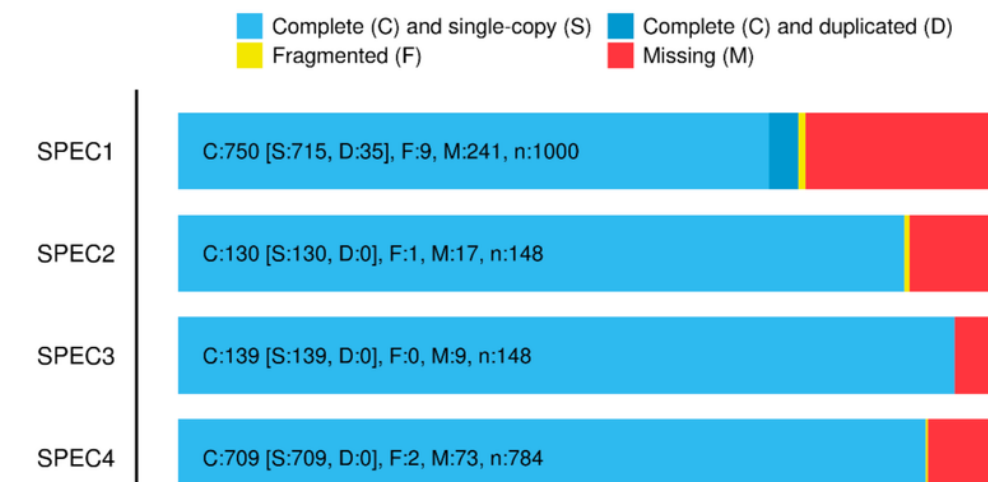
Análisis Metagenómico 16S, 18S e ITS

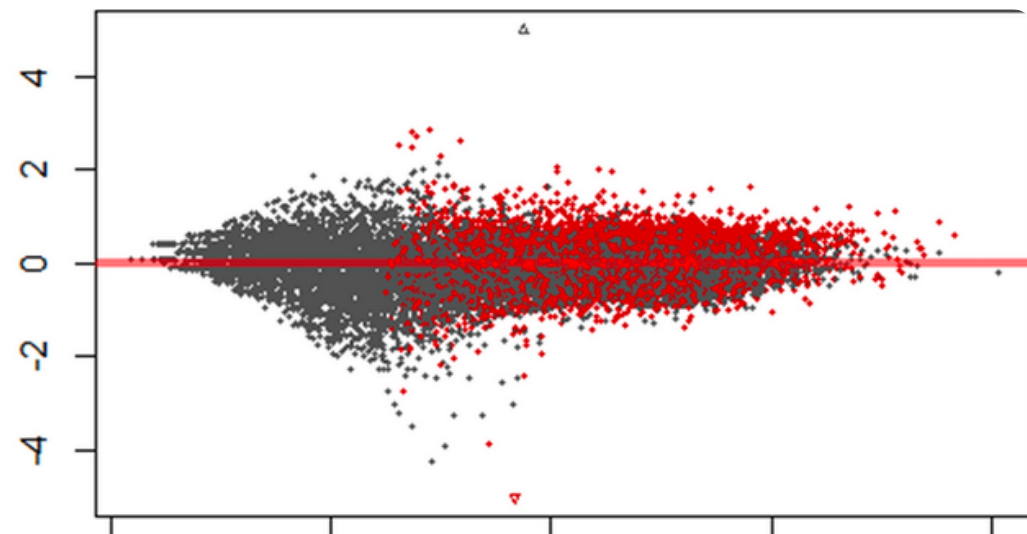
Análisis de datos obtenidos por tecnologías NGS (Illumina, PacBio, Oxford Nanopore). Control de calidad, filtrado de secuencias, remoción de quimeras, asignación taxonómica y obtención de ASVs, análisis de composición para varios niveles taxonómicos, alfa y beta diversidad (PCoAs, PCA, PERMANOVA) y más!

Análisis Metagenómico shotgun

Análisis de datos obtenidos por tecnologías NGS (Illumina, PacBio, Oxford Nanopore). Control de calidad, remoción de hospedero o secuencias contaminantes, ensamblado y control de calidad del metagenoma, asignación taxonómica (bacterias, virus, hongos), gráficas de composición de organismos (árboles, burbujas, boxplots).

BUSCO Assessment Results





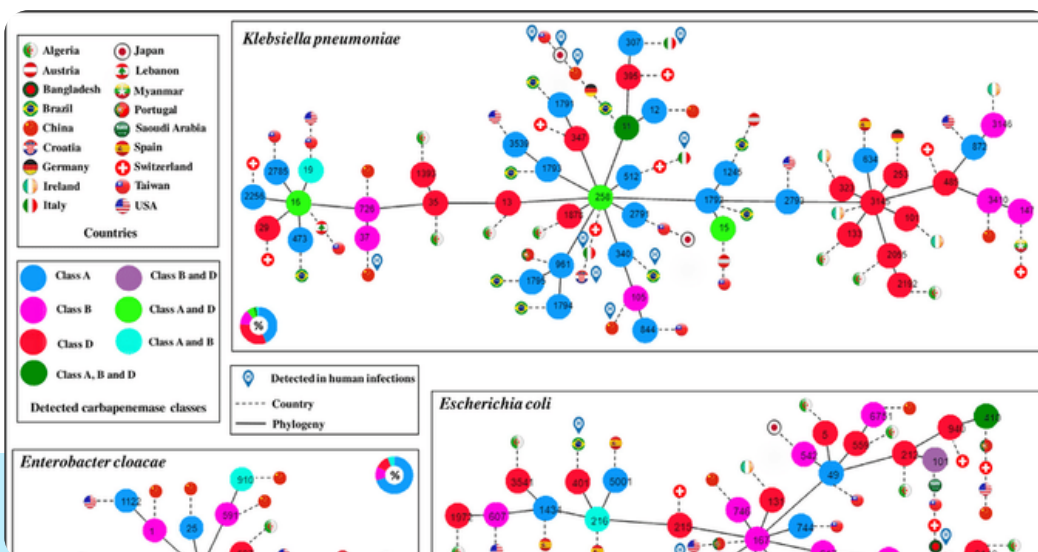
Análisis de datos de Microarreglos

Expresión diferencial de mRNA, microRNAs, determinación de CNVs de las plataformas Affymetrix y Agilent, etc. El análisis cubre el control de calidad, normalización, anotación, construcción de diversos gráficos como boxplot, histogramas, PCAs, MApot, volcanoplot, heatmap, etc.

Sequences producing significant alignments										
Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
☒ adenosine deaminase [Danio rerio]	Danio rerio	zebrafish	7955	757	757	100%	0.0	100.00%	362	NP_001002649.1
☒ adenosine deaminase [Xenopus tropicalis]	Xenopus tropicalis	tropical clawed	8354	553	553	97%	0.0			
☒ adenosine deaminase [Xenopus laevis]	Xenopus laevis	African clawed	8355	540	540	97%	0.0			
☒ adenosine deaminase [Bos taurus]	Bos taurus	cattle	9913	489	489	96%	8e-171			
☒ adenosine deaminase isoform 1 [Homo sapiens]	Homo sapiens	human	9606	489	489	96%	1e-170			
☒ adenosine deaminase [Rattus norvegicus]	Rattus norvegicus	Norway rat	10116	479	479	96%	3e-167			
☒ adenosine deaminase [Mus musculus]	Mus musculus	house mouse	10090	475	475	96%	2e-166			
☒ adenosine deaminase, gene 2, S homeolog [Xenopus laevis]	Xenopus laevis	African clawed	8355	472	472	95%	5e-164			
☒ adenosine deaminase, gene 2 [Xenopus tropicalis]	Xenopus tropicalis	tropical clawed	8354	442	442	85%	6e-153			
☒ adenosine deaminase isoform 2 [Homo sapiens]	Homo sapiens	human	9606	273	273	54%	1e-87			
☒ adenosine deaminase [Lactuca scariola]	Lactuca scariola	cherry lettuce	7968	258	258	94%	4e-80			
☒ A_deaminase domain-containing protein [Caenorhabditis elegans]	Caenorhabditis	Caenorhabditis	6239	253	253	93%	4e-79			
☒ A_deaminase domain-containing protein [Caenorhabditis elegans]	Caenorhabditis	Caenorhabditis	6239	253	253	93%	8e-79			
☒ adenosine deaminase [Anoxybacter ferrireducens]	Anoxybacter ferrireducens	Anoxybacter ferrireducens	1323375	230	230	93%	2e-69			
☒ adenosine deaminase [Selenibacter seleniferus]	Selenibacter seleniferus	Selenibacter seleniferus	142842	223	223	93%	1e-68			

Predicción y Anotación Funcional de genes

Determinación de genes de resistencia, virulencia, patogenicidad o bien alguna otra función de interés, ejemplo fijación de fósforo, nitrógeno, etc. Se utilizan métodos de alineamientos por homología y múltiples para la identificación en cromosomas o genómas, utilizando parámetros estadísticos para la elección de los resultados más significativos.



Análisis de Filogenia y Filogenómica

Selección y descargas de secuencias de interés, alineamientos de secuencias, tablas de distancias, selección de modelos de sustitución, alineamientos de secuencias, construcciones de árboles filogenéticos por diferentes métodos. Se pueden realizar procesos como MLST, etc.

Detección de variantes

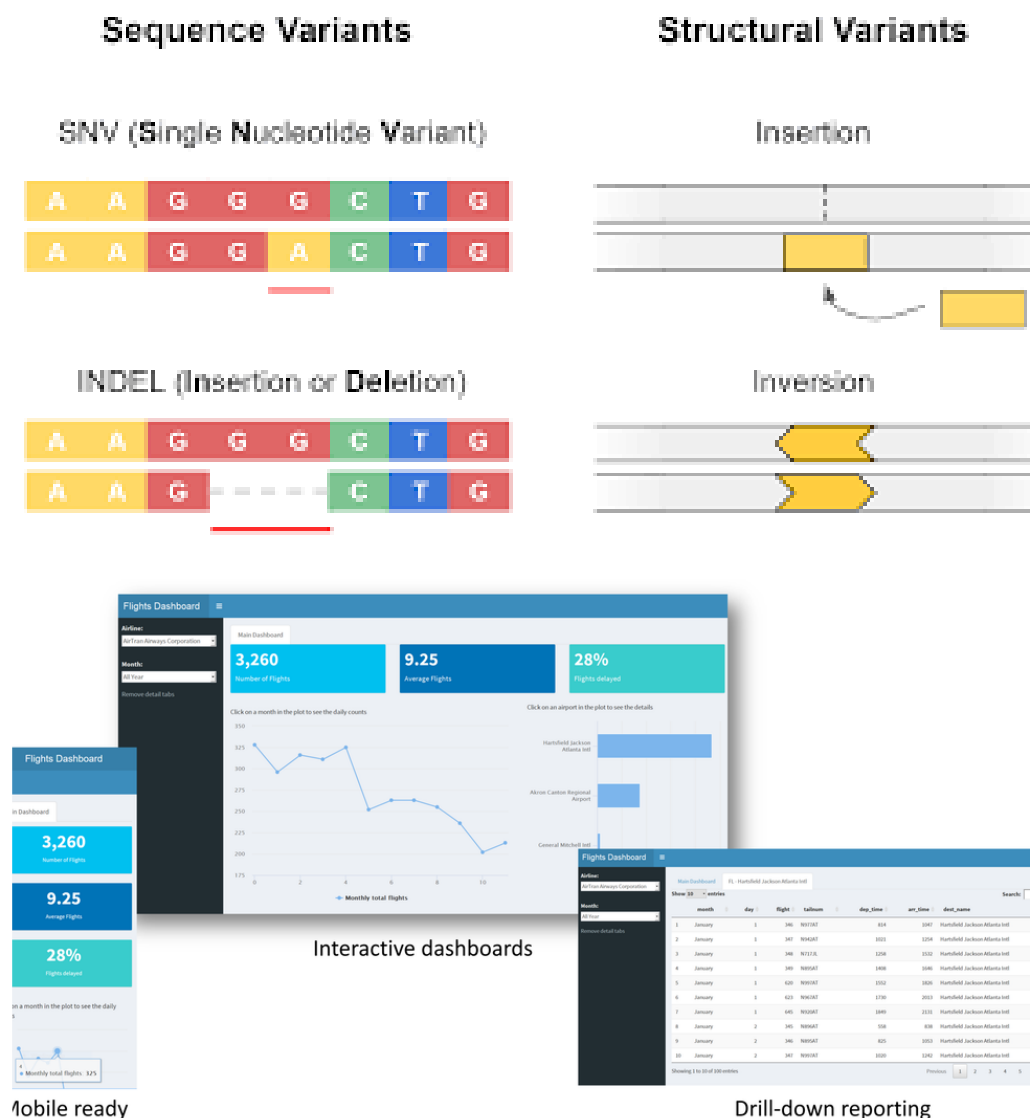
Análisis de datos obtenidos por plataformas Illumina. Control de calidad, filtrado de secuencias, mapeo a genomas de referencia, eliminación de duplicados, realineamiento, recalibración, llamado de variantes, anotación y filtrado de variantes con base en el criterio de interés, etc.

Desarrollo de scripts e interfaces gráficas

Construcción de ambientes gráficos, amigables e interactivos que permiten automatizar procesos basados en pipelines para el análisis de datos realizado mediante línea de comandos (R, Python, Linux). Las interfaces permiten procesar y analizar muestras en un ambiente gráfico y simplificado generando tablas y gráficos del análisis.

Registro de muestras en NCBI

Los proyectos de tecnologías de generación de datos masivos como secuenciación de lecturas cortas y largas, microarreglos y PCR generan datos valiosos que pueden ser compartidos en repositorios disponibles a la comunidad científica.





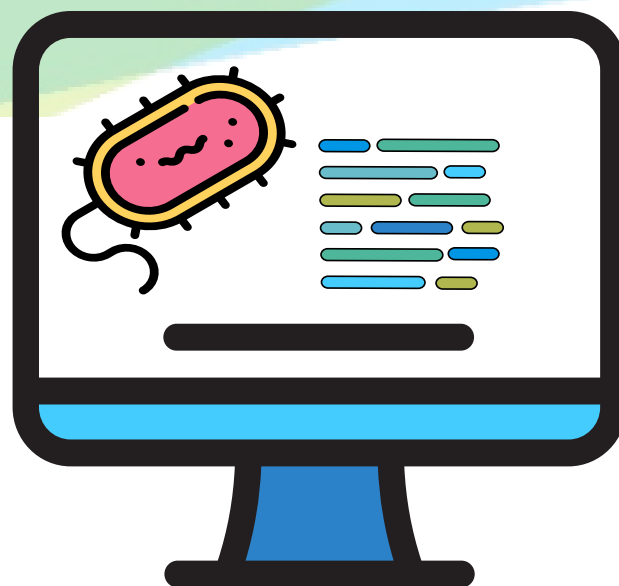
Soporte bioinformático

Sesiones de soporte bioinformático diseñadas exclusivamente para la resolución de dudas que puedas tener al momento de realizar el análisis bioinformático de tus datos.



Capacitaciones personalizadas

En las capacitaciones personalizadas trabajamos de la mano contigo para enseñarle a realizar el análisis de datos de interés particular. Tú propones los temas de interés y nosotros te enseñamos a analizar los datos.



Ensamblado y anotación de genomas bacterianos

Aprende a programar en **Linux**. Realiza el control de calidad y trimming mediante línea de comandos.

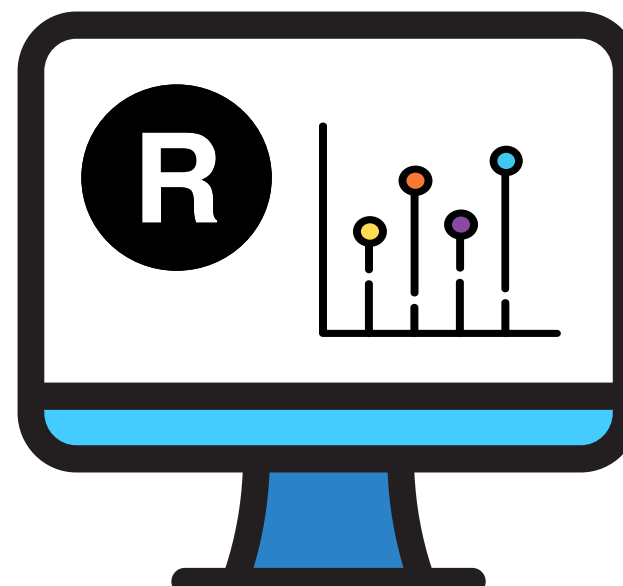
Ensambla genomas utilizando **k-mer, Abyss y Spades**. Realiza el ordenado de contigs y la anotación de genomas con Prokka y RAST.



Microbioma 16S

Aprende a analizar datos de microbioma 16S utilizando dos estrategias comúnmente utilizadas: **DADA2 y QIIME2**.

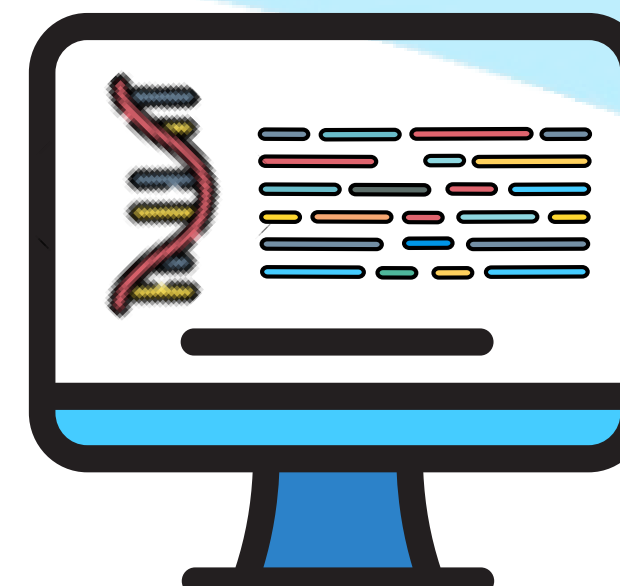
Realiza el análisis de control de calidad, asignación taxonómica, **índices de alfa y beta diversidad**.



R para bioinformática

Conoce la sintaxis básica, el manejo de datos y la creación de distintos tipos de **gráficos utilizados en bioinformática**.

Aprende estadística básica, **estadística descriptiva**, ANOVAs y más!



Expresión diferencial con RNA-seq

Aprende a programar en **R y Linux**. Realiza el **procesamiento de datos** RNA-seq mediante línea de comandos (control de calidad, recorte, filtrado y mapeo).

Realiza la cuantificación de transcritos, análisis de **expresión diferencial y anotación funcional**.



Introducción a la bioinformática y NGS

Aprende a programar en **Linux**. Conoce diversos **proyectos bioinformáticos**: Ensamblado de genomas, llamado de variantes, microbioma, RNA-seq, etc.

Realiza el análisis y control de calidad, mapeo de lecturas y visualiza los datos genómicos.

CURSOS TEÓRICO - PRÁCTICOS

Nivel: Principiante

Modalidad: Online asíncrono

Requisitos: Ninguno

Fecha de inicio: Inmediato

Duración: +20 horas c/u

Horario: Libre

Se entrega constancia al finalizar el curso

¡Escríbenos!

www.wintergenomics.com

hola@wintergenomics.com

 +52 55 5475 7753



@wintergenomics