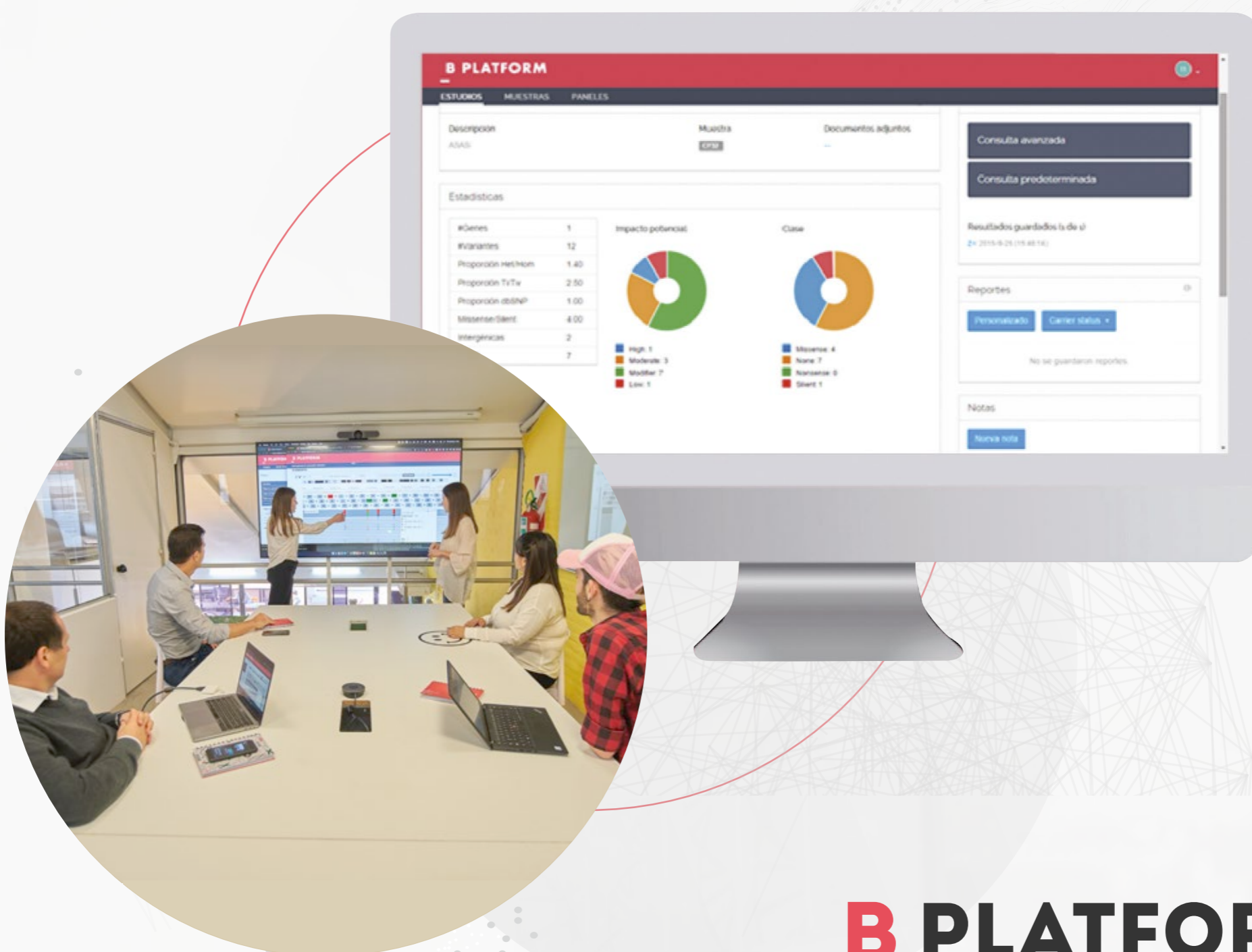


# Una plataforma intuitiva para potenciar la genómica en tu equipo.



**B PLATFORM**

**BITGENIA**

## Plataforma colaborativa para hacer más eficaces los diagnósticos y el trabajo en equipo

Una herramienta amigable e intuitiva para manejar análisis genómicos, desarrollada por especialistas en bioinformática.



Nuestra BPLATFORM permite el procesamiento y análisis de datos generados por tecnologías de secuenciación masiva de forma rápida y eficiente, facilitando el análisis e interpretación de los mismos. Nuestro equipo multidisciplinario trabaja continuamente en la incorporación de mejoras tecnológicas para enriquecer, optimizar y agilizar el análisis de grandes volúmenes de datos.

Actualmente es utilizada con éxito por los hospitales más importantes de Argentina y Latinoamérica, impactando en su calidad y capacidad diagnóstica.

# Nuestra propuesta de valor

## Plataforma que evoluciona



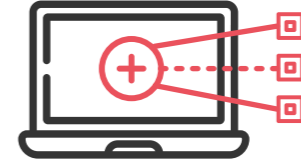
MEJORA CONTÍNUA

+



SOPORTE TÉCNICO

+



DESARROLLO DE NUEVAS  
FUNCIONALIDADES

## Compartimos conocimiento

Nuestro equipo transmite todo su conocimiento mediante capacitación y acompañamiento constante, buscando siempre lograr la autonomía de uso. Mejoramos continuamente las funcionalidades de la herramienta aplicando actualizaciones, inteligencia artificial y big data.



```
01011001 1 1 0
010001 1 1 0
1 1 011 01 0 1
01011001 1 1 0
```

## Modalidad

El abono de la contratación puede ser mensual, semestral o anual e incluye la capacitación en el uso de la herramienta y asesoramiento en el análisis de los primeros casos para hacer una correcta priorización y clasificación de las variantes detectadas.





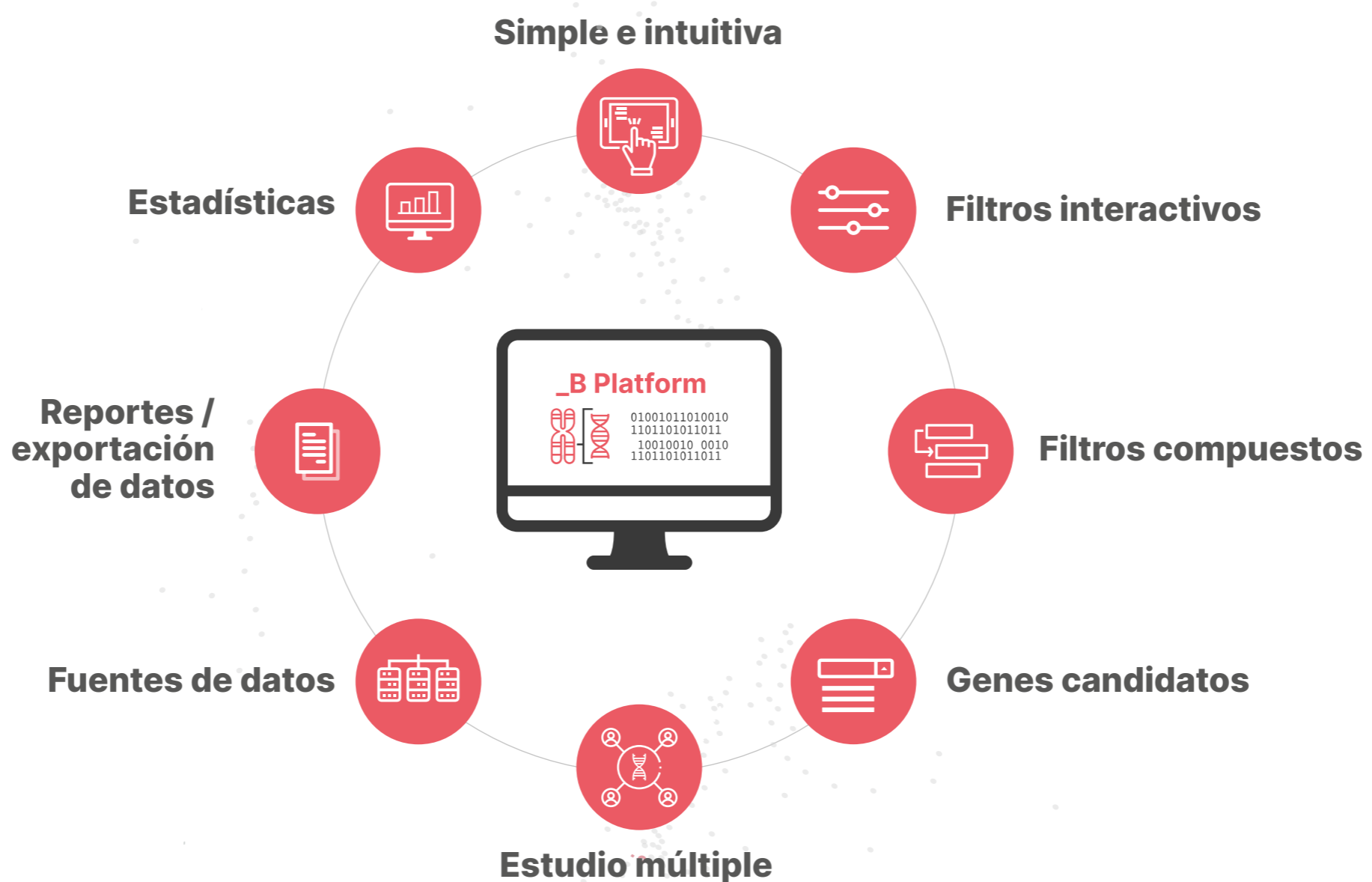
## Una herramienta que se adapta a diferentes modelos de trabajo

Trabajamos tanto con instituciones que poseen secuenciador propio como con aquellas que trabajan directamente con datos genómicos. La licencia comprende el procesamiento de los datos crudos (FASTQ) que arroja cualquier equipo de secuenciación hasta su disponibilidad en una plataforma con filtros interactivos para analizar, priorizar y clasificar las variantes a fin de la confección de un reporte del caso de estudio.

**Permite analizar casos de forma comparativa,** ya sean tríos (madre, padre y paciente) como grandes grupos de pacientes enmarcados en proyectos de investigación y de diagnóstico clínico.



## USABILIDAD



## BIOLOGÍA MOLECULAR

### Determinación de todos los tipos de variantes

- Variantes de nucleótido único
- Pequeños Indels
- Determinación y validación de variación en el número de copias (CNVs) con 2 algoritmos independientes

### Profunda caracterización de las variantes

- Anotación estructural y funcional de las variantes
- Esquema de valoración propio de acuerdo al potencial impacto
- Clasificación semiautomática según criterios de la ACMG
- Asignación de frecuencia poblacional según GenomAd, 1000 genomas
- Asignación de frecuencia poblacional local
- Mas de 10 predictores bioinformaticos de patogenicidad
- Registro de variantes reportadas y descartadas por otros usuarios

### Alta capacidad de vinculación con el fenotipo clínico:

- Inclusión de la información de OMIM y utilización de términos de HPO para la creación de paneles virtuales de genes basados en información fenotípica

### Amplia variedad de tipos de análisis genómicos

- Procesamiento de genoma, exoma completo y/o diversos paneles de secuenciación

### Información asociada al llamado de variantes

- Información detallada de cada variante individual
- Calibración interna de los umbrales para el llamado de variantes
- Estimación de cobertura teórica previa realización del estudio
- Determinación de cobertura por gen y por variante
- Reporte de zonas “relevantes” no leídas
- Corrección por presencia de pseudogenes

## SEGURIDAD DE DATOS



### Nube Privada y Almacenamiento masivo.

Analizamos los datos a gran escala a través de métodos eficientes que incluyen enfoques basados en cuadrículas y computación distribuida.



### Encriptación de extremo a extremo en todas las transferencias de datos.

Las muestras son anonimizadas con un código único que las disocia de cualquier tipo de información referida al paciente.



### Generación del reporte

Generación de informes fáciles y rápidos basados en nuestros algoritmos únicos. Concéntrese en la enfermedad y le ayudaremos a investigar los resultados.



### Compartir y Re-utilizar

Es una plataforma colaborativa. Múltiples usuarios pueden trabajar e intercambiar datos.



### Seguridad y Anonimización de datos.

Utilizamos un sistema de autenticación de doble factor, usuario/contraseña y autenticación por token.



### Inteligencia Artificial y Big Data

Utilizamos algoritmos de IA para determinar la relación entre genes, enfermedad y evaluación de riesgo patogénico.



### Asesoramiento

Contamos con asesoramiento genético de profesionales que forman parte de nuestro equipo.

BITGENIA.COM

**Interpretamos datos  
negocios  
futuro\_**

INFO@BITGENIA.COM - BUENOS AIRES, ARGENTINA

 /bitgenia