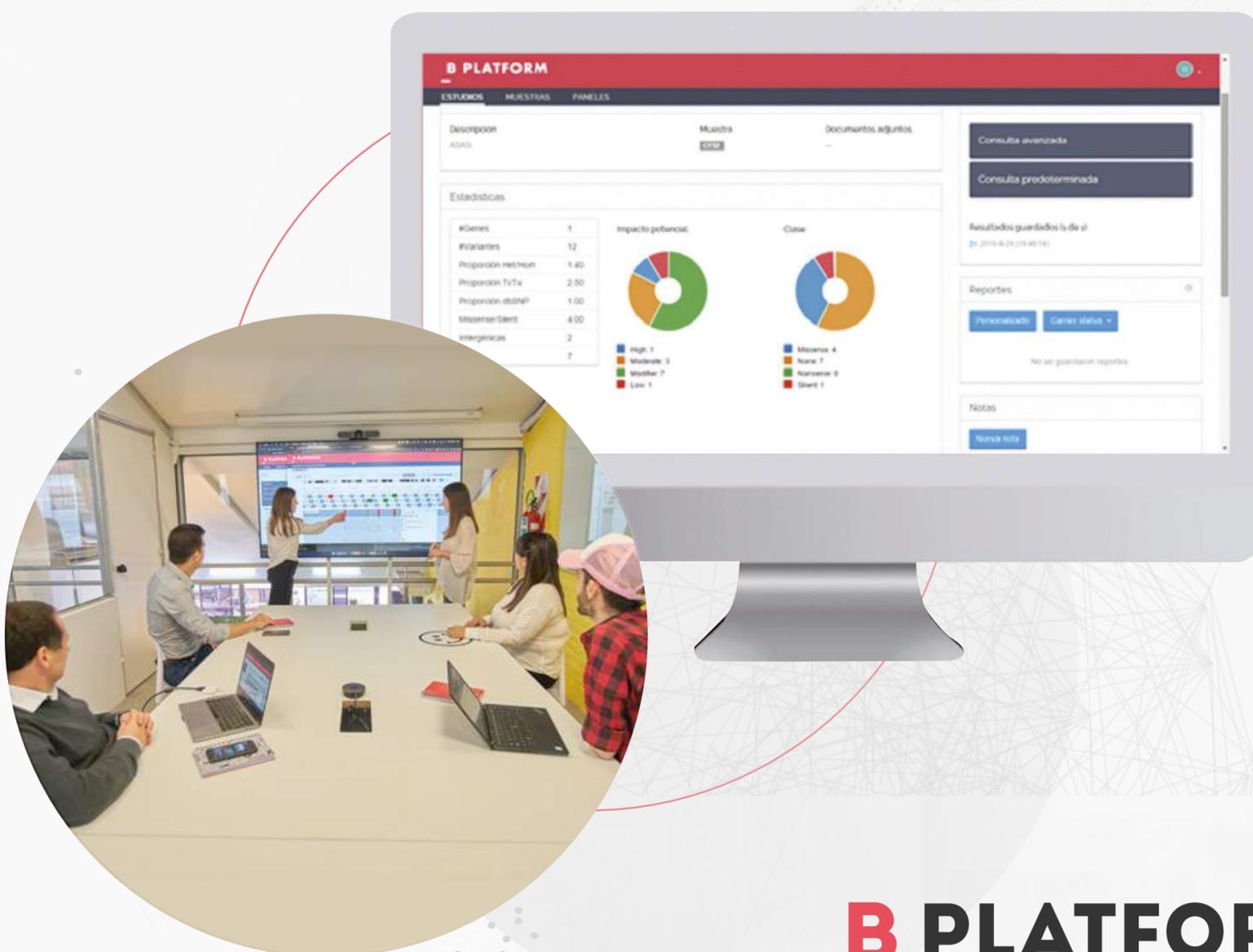


# Uma plataforma intuitiva para impulsionar a genômica em sua equipe.



**B PLATFORM**

**BITGENIA**

## Plataforma colaborativa para tornar o diagnóstico e o trabalho em equipe mais eficazes

Uma ferramenta amigável e intuitiva para lidar com análises genômicas, desenvolvida por especialistas em bioinformática.



Nossa BPLATFORM permite o processamento e análise de dados gerados por tecnologias de sequenciamento em massa de forma rápida e eficiente, facilitando sua análise e interpretação. A nossa equipe multidisciplinar trabalha continuamente na incorporação de melhorias tecnológicas para enriquecer, otimizar e agilizar a análise de grandes volumes de dados.

Atualmente é utilizada com sucesso pelos hospitais mais importantes da Argentina e da América Latina, impactando sua qualidade e capacidade diagnóstica.

## Nossa proposta de valor

### Plataforma que evolui



MELHORIA CONTÍNUA

+



SUORTE TÉCNICO

+



DESENVOLVIMENTO DE  
NOVAS FUNCIONALIDADES

### Compartilhamos conhecimento

A nossa equipa transmite todo o seu conhecimento mediante treinamento e acompanhamento constante, procurando sempre alcançar a autonomia de uso. Melhoramos continuamente as funcionalidades da ferramenta aplicando atualizações, inteligência artificial e big data.



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

### Modalidade

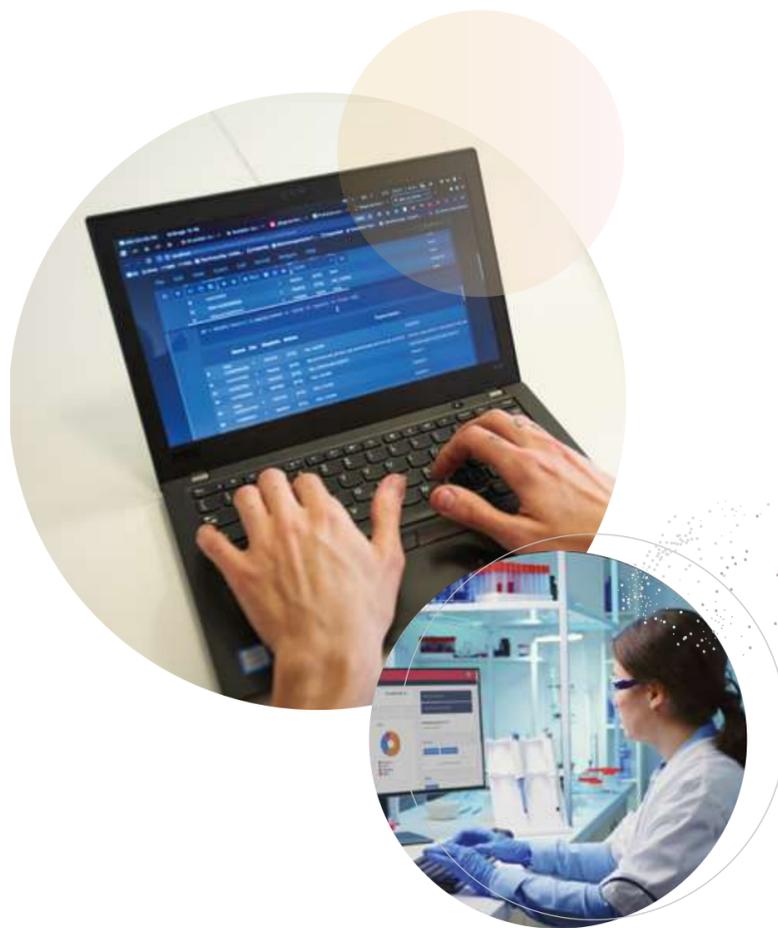
A assinatura pode ser mensal, semestral ou anual e inclui treinamento no uso da ferramenta e assessoria na análise dos primeiros casos para priorizar e classificar de forma correta as variantes detectadas.



## Uma ferramenta que se adapta a diferentes modelos de trabalho

trabalhamos tanto com instituições que possuem sequenciador quanto com aquelas que trabalham diretamente com dados genômicos. A licença inclui o processamento dos dados brutos (FASTQ) produzidos por qualquer equipamento de sequenciamento até sua disponibilização em uma plataforma com filtros interativos para analisar, priorizar e classificar as variantes para preparar um relatório do caso de estudo.

**Permite analisar casos de maneira comparativa,** sejam eles trios (mãe, pai e paciente) ou grandes grupos de pacientes enquadrados em projetos de pesquisa e diagnóstico clínico.



## USABILIDADE



## BIOLOGIA MOLECULAR

### Determinação de todos os tipos de variantes

- Variantes de nucleotídeo único
- Pequenos Indels
- Determinação e Validação de variação do número de cópias (CNVs) com 2 algoritmos independentes

### Caracterização profunda das variantes

- Anotação estrutural e funcional das variantes
- Esquema de avaliação próprio de acordo com o impacto potencial
- Classificação semiautomática de acordo com os critérios da ACMG
- Atribuição de frequência populacional de acordo com o GenomAd, 1000 genomas
- Atribuição de frequência da população local
- Mais de 10 preditores bioinformáticos de patogenicidade
- Registro de variantes relatadas e descartadas por outros usuários

### Alta capacidade de ligação com o fenótipo clínico:

- Inclusão de informações do OMIM e uso de termos de HPO para a criação de painéis virtuais de genes baseados em informação fenotípica

### Grande variedade de tipos de análises genômicas

- Processamento de genoma, exoma completo e/ou vários painéis de sequenciamento

### Informações associadas à chamada de variantes

- Informações detalhadas sobre cada variante individual
- Calibração interna de limites para a chamada de variante
- Estimativa da cobertura teórica antes da realização do estudo
- Determinação da cobertura por gene e por variante
- Relatório de zonas “relevantes” não lidas
- Correção pela presença de pseudogenes

## SEGURANÇA DE DADOS



### Nuvem Privada e Armazenamento em Massa.

Analizamos dados em grande escala por meio de métodos eficientes, incluindo abordagens baseadas em grades e computação distribuída.



### Criptografia de ponta a ponta em todas as transferências de dados.

As amostras são anonimizadas com um código único que as dissocia de qualquer tipo de informação associada ao paciente.



### Geração do relatório

Geração de relatórios simples e rápida com base em nossos algoritmos únicos. Concentre-se na doença e nós o ajudaremos a investigar os resultados.



### Compartilhar e Reutilizar

É uma plataforma colaborativa. Múltiplos usuários podem trabalhar e trocar dados.



### Segurança e anonimização de dados.

Utilizamos um sistema de autenticação de fator duplo, usuário/senha e autenticação por token.



### Inteligência Artificial e Big Data

Usamos algoritmos de IA para determinar a relação entre genes, doenças e avaliação de risco patogênico.



### Aconselhamento

Contamos com aconselhamento genético de profissionais que fazem parte da nossa equipe.

BITGENIA.COM

**Interpretamos dados  
negócios  
futuro\_**

**INFO@BITGENIA.COM**

**in /bitgenia**

Capital Corporate Office - Sala 507  
Av. Dr. Chucri Zaidan, 1550 - Vila Cordeiro, São Paulo - SP, 04583-110