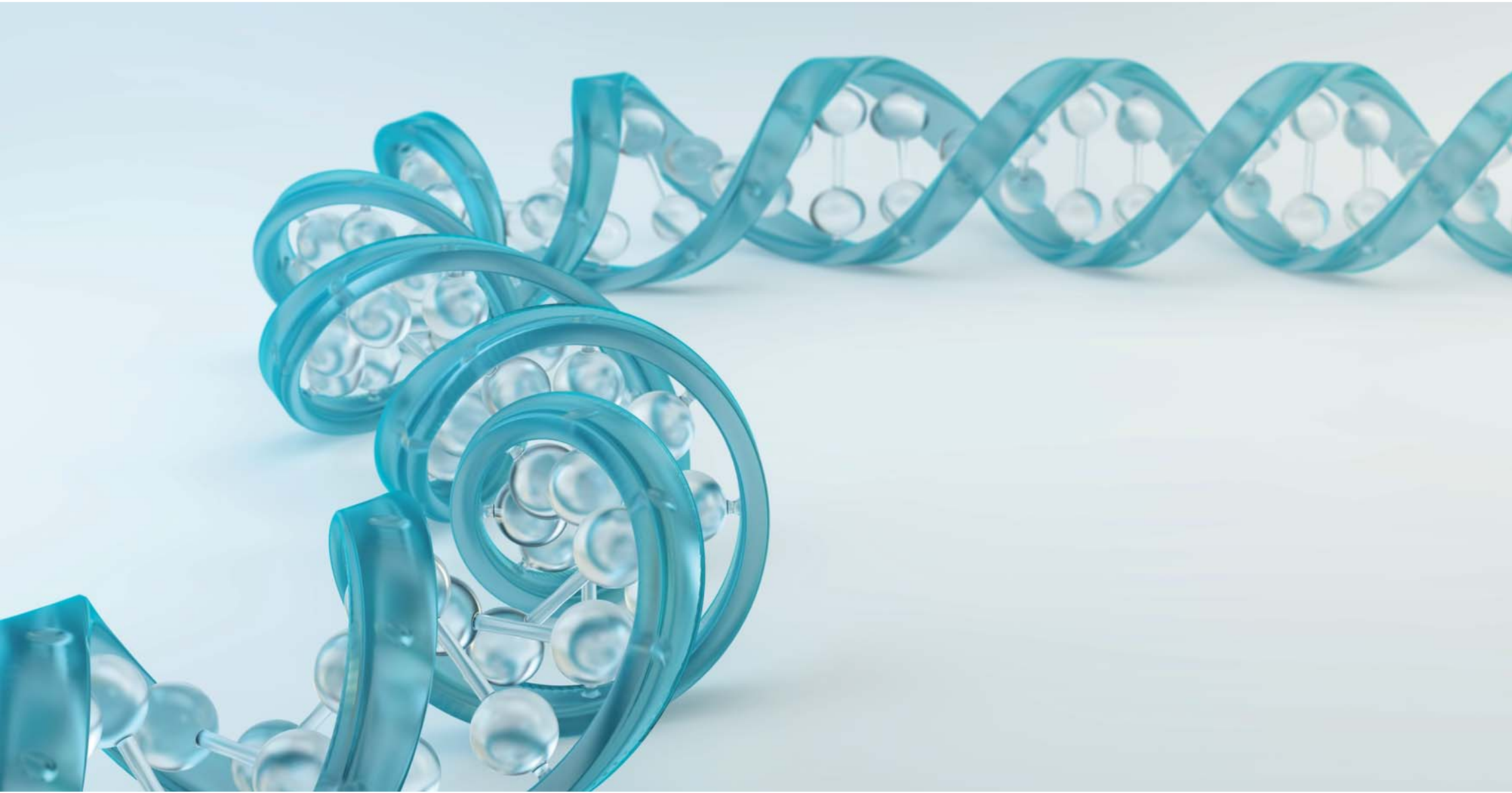




HD GENOME ONE
Research Edition



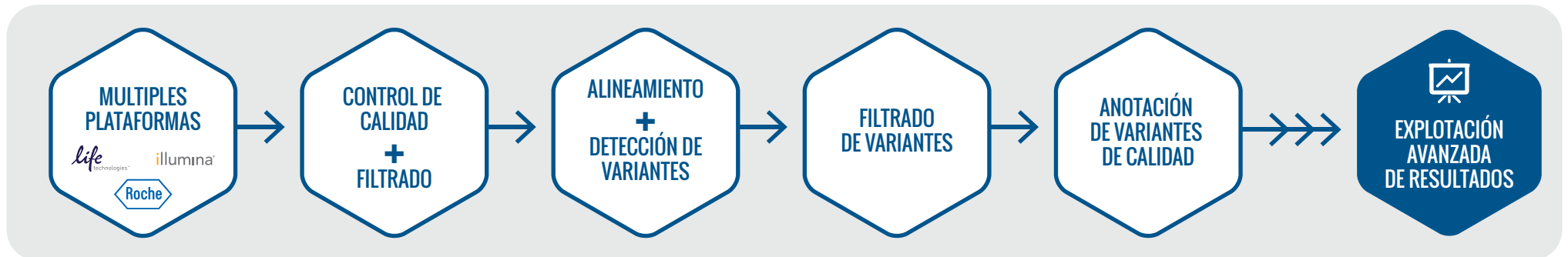


HD GENOME ONE RESEARCH EDITION

HD Genome One Research Edition es la solución flexible, potente e intuitiva que permite analizar datos automáticamente y visualizaciones personalizadas.

HD Genome One Research Edition es un software potente e intuitivo que facilita el análisis, la visualización y la interpretación de datos procedentes de tecnologías Next-generation Sequencing.

Es una solución flexible, que además de analizar los datos de forma automatizada, permite dirigir el estudio y generar visualizaciones de los resultados de forma personalizada, en función de las necesidades específicas de cada investigador.







CARACTERÍSTICAS



Análisis a medida:

- Diversos organismos.
- Visualizaciones e informes personalizados.
- Proyectos de investigación.



Múltiples análisis*:

- Genomas y Exomas completos.
- Paneles de Genes.
- Transcriptomas.



Acceso web:

- No requiere instalación ni requisitos excepcionales de *hardware* en los puestos locales.
- Favorece el trabajo en equipo.



Base de datos de ejecuciones:

- Gestión, registro y trazabilidad de todos los eventos de interés.



Integración de cualquier base de datos genómicas:

- Propietarias, abiertas o propias del usuario.



Explotación avanzada de resultados vía web:

- Potente filtrado y visualización de los resultados.



Paralelización de múltiples ejecuciones:

- Ajuste automático del número de ejecuciones en función del *hardware* disponible.



Actualizaciones automáticas.



Gestión automática de colas de trabajo.



Recuperación automática de las ejecuciones en curso ante reinicios inesperados del servidor.



CARACTERÍSTICAS



Posibilidad de integrar las actuales *pipelines* del cliente dentro del sistema.



Amplio repositorio de *pipelines* reutilizables para usar directamente o en el desarrollo de otras nuevas.



Pipelines reutilizables y fáciles de mantener



Repositorio de *pipelines*:

- Filtrado y búsqueda avanzada, visualización de las dependencias, descripciones, visualización de código.



Posibilidad de desarrollo de nuevas *pipelines* reutilizables a incluir en el repositorio.



Varios formatos de entrada:

- FastQ, VCF, BAM, etc.



Notificación por correo electrónico del estado de las ejecuciones.



Posibilidad de reintentar una ejecución:

- Ahorro de tiempo de ejecución y espacio de almacenamiento, aprovechando todos los resultados ya obtenidos.



HD GENOME ONE
Research Edition

HD GENOME ONE RESEARCH STATION

DREAMgenics ofrece una estación de análisis de datos procedentes de tecnologías NGS, con la solución HD Genome One Research Edition pre-instalada y lista para ser usada.

CONECTAR Y ANALIZAR

Este producto integral Hardware/Software cubre todas las necesidades tanto de procesamiento como de almacenamiento que pueda necesitar.

Todo ello con la calidad y potencia de análisis que ofrece **HD Genome One Research Edition**.



ESPECIFICACIONES TÉCNICAS

- CPU**
4 x 10C E5-4650V2 2.4G
25M 8GT/s
- RAM**
256 GB (Máx. 1 TB)
- Almacenamiento**
36 TB (Máx. 180 TB)
- Sistema Operativo**
64bit Linux

Consultar precios para otras configuraciones hardware. Disponible también en versión rack (instalable en CPD ya existente).

¿QUIÉNES SOMOS?

Nuestro objetivo:
mejorar la calidad
de vida y la salud
de las personas.

En **DREAMgenics** trabajamos con el objetivo de mejorar la calidad de vida y la salud de las personas centrandos todos nuestros esfuerzos en:

- **Poner al alcance del clínico todos los conocimientos genómicos aplicables a la salud**, de una forma sencilla e intuitiva, permitiendo al médico aprovechar los avances más recientes en investigación y facilitando el desarrollo de la Medicina Personalizada.
- **Ayudar a científicos e investigadores pre-clínicos a realizar nuevos descubrimientos** que puedan ser usados por médicos y especialistas en la mejora continua del cuidado de la salud.

Para ello, en **DREAMgenics** desarrollamos servicios y productos orientados tanto a la clínica como a la investigación, con un principio común: una interpretación del genoma útil y clara para los profesionales.



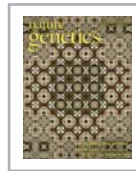
Genomes made easy





REFERENCIAS

Nuestros análisis están avalados por publicaciones en las revistas internacionales más prestigiosas:



- [1]
Robles-Espinoza CD et al. (2014)
POT1 loss-of-function variants predispose to familial melanoma.
Nature Genetics 46: 478-481



- [4]
Puente et al. (2011)
Whole-genome sequencing identifies recurrent mutations in chronic lymphocytic leukaemia.
Nature 475: 101-105.



- [2]
Ramsay AJ et al. (2013)
POT1 mutations cause telomere dysfunction in CLL.
Nature Genetics 45(5): 526-30



- [5]
Puente et al. (2011)
Exome sequencing and functional analysis identifies BANF1 mutation as the cause of a hereditary progeroid syndrome.
Am. J. Hum. Genet. 88: 650-656.



- [3]
Quesada et al. (2011)
Exome sequencing identifies recurrent mutations of the splicing factor SF3B1 gene in chronic lymphocytic leukemia.
Nature Genetics 44: 47-52.



- [6]
Valdés-Mas et al. (2012)
Estimation of copy number alterations from exome sequencing data.
PLoS One. 7(12): e51422



FINANCIADA POR:



MINISTERIO
DE INDUSTRIA,
ENERGÍA Y TURISMO



Gonzalo R. Ordóñez, PhD
VP & Chief Science Officer
gonzalo.ordonez@dreamgenics.com

Juan Ron
Business Development Manager
juan.ron@dreamgenics.com
+34 600 000 968

+34 902 423 023
info@dreamgenics.com
www.dreamgenics.com