
Your partner in genomics

Tailored solutions to your requirements



NIMGenetics, fundada en el año 2008, es una multinacional biotecnológica española especializada en el diseño y comercialización de productos y servicios de diagnóstico genético. Expandimos el valor de nuestros productos y servicios genómicos de alto rendimiento en el mercado internacional, constituyéndonos como referente especializado en análisis genómico y diagnóstico genético humano.

Además de en España, la compañía dispone de oficinas en Portugal, México y Brasil.



NIMGenetics dispone de una amplia infraestructura con tecnología de última generación que unida a un personal de elevada cualificación y gran especialización a nivel bioinformático, permite ofrecer servicios de apoyo a la investigación con estándares y certificaciones de alta calidad.

Los principales servicios de I+D ofrecidos por NIMGenetics son:



Secuenciación Masiva (NGS)



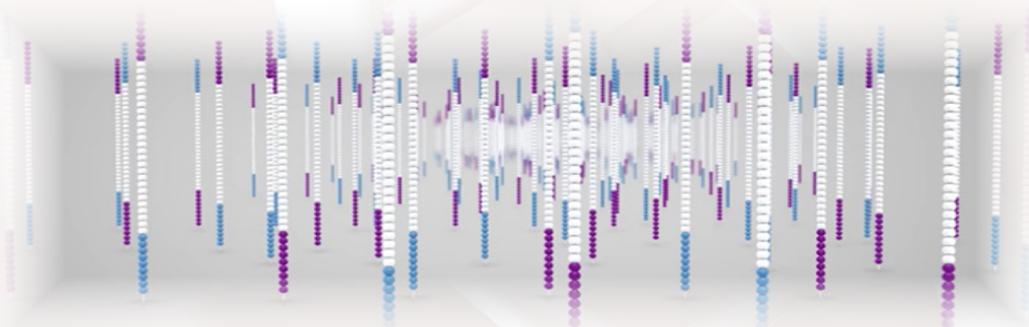
Bioinformática



Genómica para Terapia y Biología Celular



Proyectos de consultoría



Your partner in genomics

Servicios de Secuenciación Masiva (NGS)

NIMGenetics ofrece servicios de secuenciación masiva (NGS) utilizando plataformas con diferentes capacidades, con el objetivo de abarcar todo tipo de proyectos, tanto aquellos que requieren una alta capacidad de secuenciación (**NovaSeq 6000**) como moderada (**MiniSeq**).

Plataformas de secuenciación como el **NovaSeq 6000** proporcionan a los usuarios el rendimiento, la velocidad y la flexibilidad para completar los proyectos de forma más eficiente. Disponibilidad de múltiples tipos de matrices (*flow cells*), posibilidad de cargar librerías en carriles (*lanes*) individuales y diversas combinaciones de longitud de lectura, permitiendo adaptarse prácticamente a cualquier necesidad de estudio.



	SP Flow cell	S1 Flow cell	S2 Flow cell	S4 Flow cell
Lanes	2	2	2	4
Output (based on read length)	80 – 400 Gb	167 – 500 Gb	417 – 1250 Gb	2000 – 3000 Gb
Single Reads (clusters passing filter)	0.8 B	1.6 B	4.1 B	10 B
Run Time	13 – 38 hours	13 – 25 hours	16 – 36 hours	36 – 44 hours
Maximum Read Length	2x251		2x151	

Configuraciones de NovaSeq

Entre los principales servicios de secuenciación NGS que NIMGenetics ofrece se encuentran:

● Secuenciación del Genoma Completo (WGS)

La secuenciación del genoma completo (WGS) es la herramienta más integral a disposición de los investigadores que permite abordar proyectos de gran complejidad, identificando un amplio espectro de biomarcadores en el ADN, como:

- Polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs)
- Inserciones y deleciones (Indels)
- Variantes estructurales (SV)
- Variantes en número de copia (CNVs)

Si bien este tipo de secuenciación suele asociarse con genomas humanos, la naturaleza escalable y flexible de la NGS hace que sea igualmente útil para secuenciar cualquier especie; animal, vegetal o microbiana.

● Secuenciación del Exoma Completo (WES)

La secuenciación del exoma completo (WES) humano es una potente y asequible herramienta que facilita a los investigadores identificar variantes contenidas en la región codificante que den respuesta a sus hipótesis, sin limitarse a una captura de genes determinada. Asimismo, el estudio de WES aplicado a poblaciones permite realizar estudios de asociación en la investigación de enfermedades de herencia compleja. De manera más habitual es utilizado para la identificación de variantes que originan diversas patologías con origen genético.

● Secuenciación del Transcriptoma (RNA-Seq, WTS)

RNA-Seq es la primera herramienta para detección de la presencia de ARN y de sus niveles de expresión mediante NGS. Asimismo, permite la detección de nuevas estructuras de genes, isoformas alternativas de splicing, fusiones génicas, SNPs, Indels y expresión específica de alelos.

Tailored solutions

RNA-Seq proporciona mayor cobertura y resolución de rango dinámico del transcriptoma que los microarrays, permitiendo la identificación de nuevos transcritos. Ello se debe a que, a diferencia de los microarrays, RNA-Seq no requiere el conocimiento de la secuencia *a priori*, ni alberga limitaciones inherentes a los microarrays de expresión (hibridación cruzada y cuantificación de genes con alta o baja expresión).

Secuenciación de *DNA-encoded chemical libraries*

DNA-encoded chemical libraries (DEL) es una tecnología para la síntesis y la detección a alta escala de colecciones de compuestos de pequeñas moléculas, cuyo objetivo es acelerar el screening de fármacos. NIMGenetics ofrece el servicio de preparación de librerías compatibles con la secuenciación en el NovaSeq 6000, así como el análisis de datos.

Secuenciación para confirmar ediciones y *off-target* CRISPR

La secuenciación masiva es el único método que proporciona información cualitativa y cuantitativa de alta resolución en toda la gama de ediciones CRISPR, y puede utilizarse para vigilar los efectos *off-target*. La secuenciación dirigida basada en secuenciación masiva proporciona una solución rentable para confirmar las ediciones CRISPR y los sitios *off-target* predichos anteriormente in silico.

Servicio de bioinformática

NIMGenetics usa la plataforma de última generación DRAGEN™ para el análisis primario y secundario de los datos de secuenciación masiva. Además cuenta con un equipo de bioinformáticos para ofrecer un abanico de análisis customizables según las exigencias (ej: análisis de cohorte, somático, bioestadístico, etc)

Genómica para Terapia y Biología Celular

NIMGenetics integra las mejores y más adaptadas tecnologías para el control de la estabilidad celular y contaminación cruzada en cultivos celulares, siendo factores especialmente críticos para la bioseguridad en el manejo de células terapéuticas.

- **KaryoNIM Stem Cell:** Array de CGH diseñado por NIMGenetics para el control de la estabilidad de las células en cultivo que detecta CNVs y aneuploidías en todo el genoma. Analiza con alta resolución 407 genes asociados a inestabilidad genómica incrementando hasta 20 veces la capacidad de detección del cariotipo convencional. Además no se requieren células en metafase, pues trabaja con ADN.
- **KaryoNIM STR:** Plataforma de qf-PCR para la caracterizar la identidad de células terapéuticas mediante el análisis de STR (*Short Tandem Repeats*).

Proyectos de consultoría

Entendemos la investigación, el desarrollo y la innovación (I+D+i) como uno de nuestros pilares estratégicos que nos permite una mejora continua, generando nuevos servicios y productos, minimizando el riesgo de estancamiento tecnológico.

Nuestro equipo multidisciplinar de consultores se pone a su disposición para colaborar en el desarrollo personalizado de su proyecto, buscando las mejores soluciones en cada momento.

NIMGenetics dispone de una amplia infraestructura con equipos que cubren todos los campos de la genómica tanto a nivel de secuenciación como de búsqueda de CNVs, entre los que destacamos los sistemas de secuenciación NGS.

Nuestras plataformas utilizan una tecnología que está basada en secuenciación por síntesis (SBS) con las siguientes ventajas:

- Permiten una secuenciación masiva y paralela en millones de fragmentos (*reads*) de ADN.
- Ofrecen el mayor rendimiento de lecturas sin errores, obteniendo como resultado datos robustos y precisos por cada base secuenciada.
- Resuelven con eficiencia los homopolímeros
- Facilitan una gran diversidad de aplicaciones, pudiendo secuenciar desde paneles de genes y genomas pequeños, a exomas, transcriptomas y genomas tanto de humanos como de otras especies en un solo experimento.

NovaSeq 6000

El Sistema NovaSeq 6000 incorpora la tecnología de *flow cell patterned* (Imagen 1), con miles de millones de nanopocillos en ubicaciones fijas que proporciona un espaciado uniforme de los clusters de secuenciación, lo que aporta aumentos significativos en la cantidad de reads de secuenciación y en el rendimiento del sistema.

Las aplicaciones que requieren grandes cantidades de datos, como la secuenciación del genoma completo humano (WGS), el exoma a alta profundidad y el transcriptoma completo pueden ahora completarse de manera más rentable.

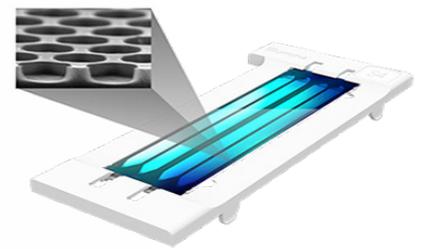


Imagen 1. Flow cell patterned



MiniSeq

El sistema MiniSeq (Imagen 2) ofrece la calidad y fiabilidad de la tecnología de secuenciación masiva (NGS) en un secuenciador de mesa de trabajo potente y accesible con una dimensión reducida. Disponibilidad de dos tipos de *flow cells*, y diversas combinaciones de longitud de lectura, sin la necesidad de esperar a agrupar las muestras para secuenciarlas en un instrumento de alto rendimiento.



Imagen 2. Sistema MiniSeq

MADRID

Laboratorios centrales
Parque Científico de Madrid
Faraday, 7 (Campus de Cantoblanco)
28049 Madrid
Oficina corporativa
Edificio Vega Norte
Calle Anabel Segura, 16
Edificio 3 - Planta 1º
28108 Alcobendas, Madrid
Tel.+34 91 037 83 54

PORTUGAL

Complexo Interdisciplinar da Universidade de Lisboa
Salas 2.12 e 2.14
Avenida Prof. Gama Pinto nº 2, 1649-003 Lisboa
Tel. +351 932 34 80 32

MÉXICO

World Trade Center
Montecito, 38 - Piso 35 - Oficina 10
Col. Nápoles - 03810 Ciudad de México
Tel. +52 55 68232076

BRASIL

Rua Elvira Ferraz, nº250, Cj. 211
Itaim - São Paulo, SP
CEP: 04552-040
Tel. +55 11 3044 1813

www.nimgenetics.com

