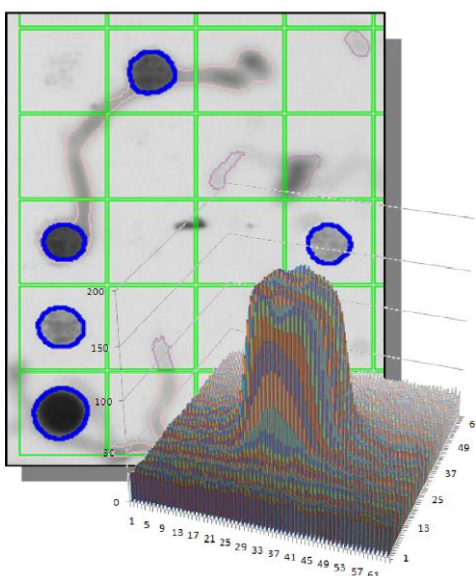
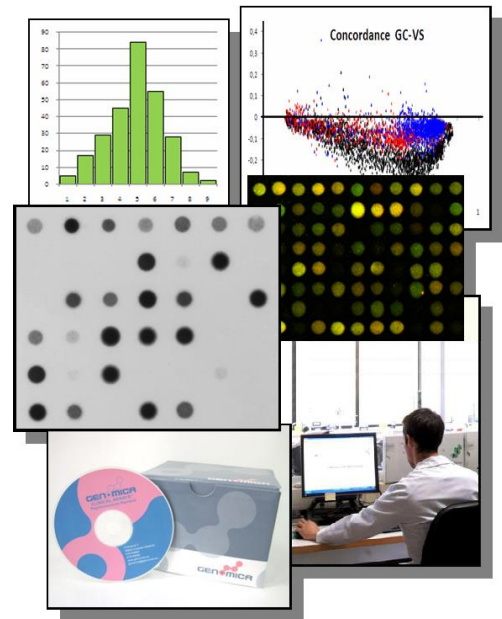


SAICLART® v1.1

El software diseñado para diagnóstico *in vitro* basado en microarrays

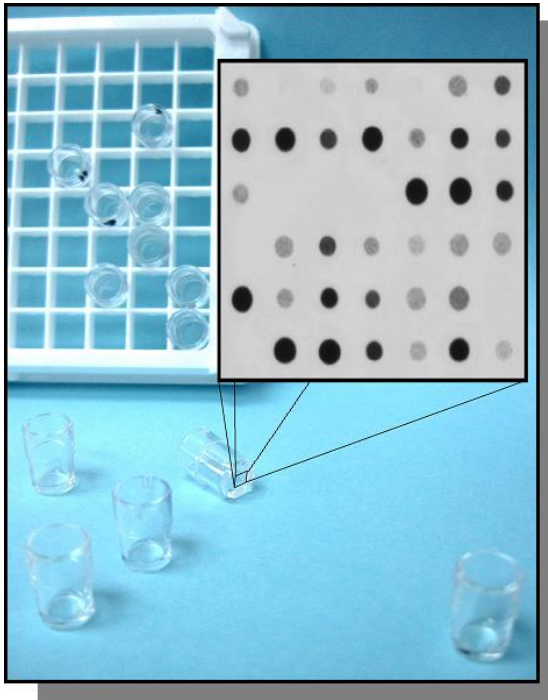
SAICLART® es el software de procesamiento de imagen para el análisis e interpretación de microarrays de GENOMICA. Originariamente desarrollado para su plataforma de diagnóstico, actualmente es capaz de procesar todo tipo de microarrays spoteados en portas, pocillos o microplacas.

El análisis de imagen se realiza de forma completamente automatizada, evitando cualquier subjetividad que pudiera introducir la participación del usuario. Los resultados se obtienen de forma rápida, precisa y reproducible. Su arquitectura le proporciona una gran capacidad de adaptación a todo tipo de laboratorios tanto de I+D como de diagnóstico *in vitro*.



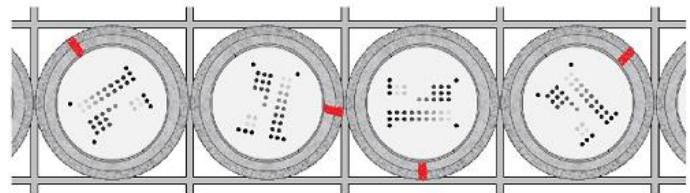
Gracias a sus avanzados algoritmos de visión artificial, SAICLART® distingue los spots de cualquier otra señal registrada en la imagen del microarray:

- Los spots pueden validarse de acuerdo a criterios morfológicos
- Su señal se cuantifica considerando toda su área efectiva, midiéndose hasta 30 variables por spot como su posición, área, forma, homogeneidad, etc.
- Dichos algoritmos permiten descartar artefactos, fibras, burbujas y otras partículas ajenas a la técnica, reduciendo el número de falsos positivos y negativos
- Además, resuelven defectos en los spots como donuts, cometas, desviaciones de posición, etc.



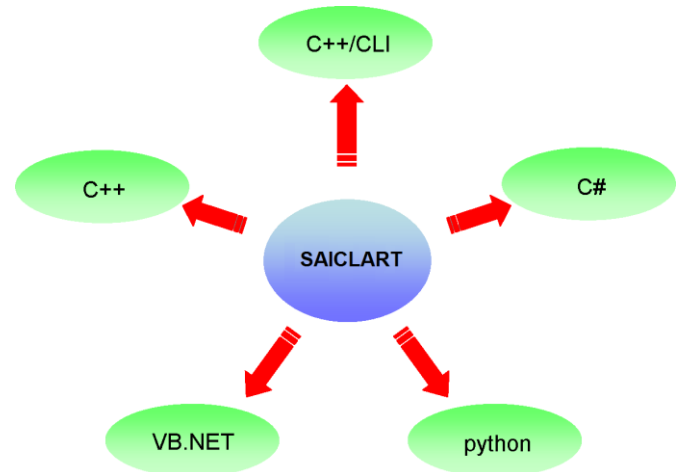
SAICLART® proporciona al usuario:

- Resultados rápidos y reproducibles
- Múltiples métodos de normalización y corrección del fondo
- Acepta layouts de cualquier dimensión, con una o más gradillas, una o más muestras por imagen, etc.
- Alineamiento de la cuadrícula avanzado, capaz de procesar microarrays impresos en pocillos individuales en cualquier ángulo de rotación



SAICLART® puede adaptarse a cualquier plataforma basada en microarrays, integrarse con otro software, y trabajar con otros scanners.

- Está disponible como DLLs enlazables desde C++, C++/CLI, C#, VB.NET y python
- Presenta un API muy sencillo de utilizar
- Soporta gran variedad de formatos de imagen como BMP, JPEG, PNG, TIFF, etc.
- Profundidad de imagen de entre 8 y 16 bits.
- Produce los resultados en formato XML
- Requiere Windows XP SP2 y al menos 256 Mb de RAM



Para más información póngase en contacto con:

GENOMICA S.A.U.
Parque Empresarial Alvento, Edificio B
Calle Vía de Los Poblados, 1 - 1ª planta
28033 - Madrid (España)

Teléfono: +34 916 748 990
Fax: + 34 916 748 991
Email: info@genomica.com
www.genomica.com