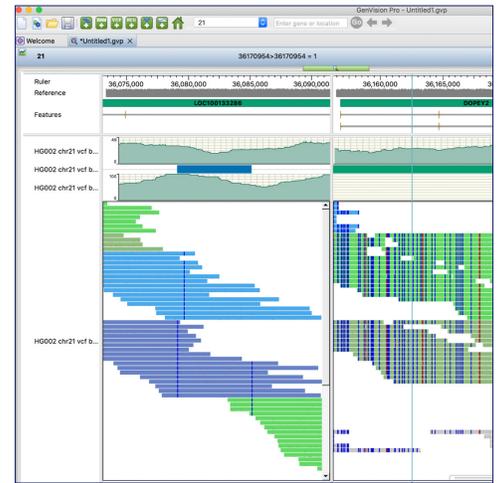
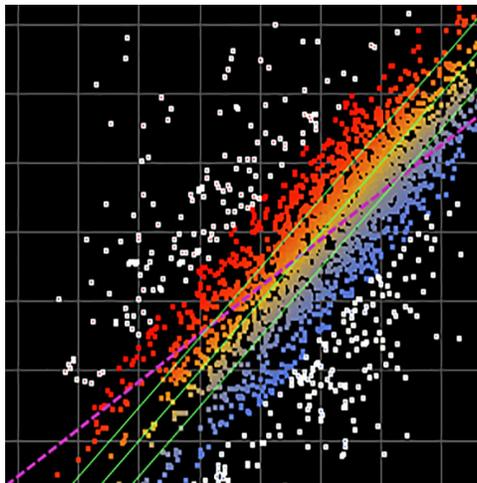
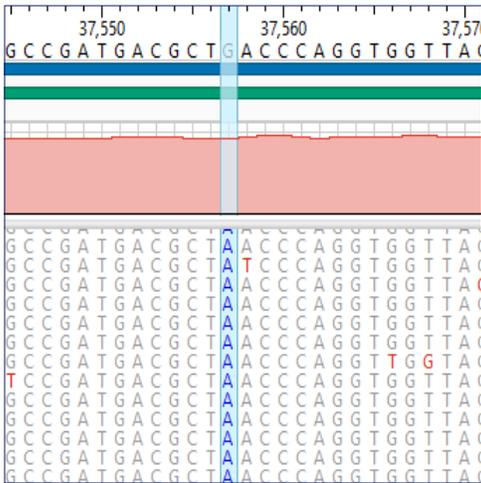


NGS解析ソフトウェア

正確で直感的なシーケンスデータ解析用ソフトウェア



リシーケンシングとジェノタイピング

- すべての主要なシーケンシング技術をサポート
- 包括的なマルチサンプルバリエーション分析、バリエーションフィルタリング、およびバリエーションセットの比較
- ヒトゲノムサイズまでのロングリードデータにおける母方/父方のハプロタイプの同定
- ARTICを含むウイルスゲノム解析
- コピー数変異 (CNV) 計算
- SNPは、変異がタンパク質構造に与える影響をモデル化するためのワークフローを構築します。

ゲノムアセンブリと編集

- デノボゲノムアセンブリとコンティグ編集
- コンティグの順序付けとスキュアフォールディングのための近縁リファレンスによるハイブリッド・デノボ・アセンブリ
- ゲノムアライメントのギャップクローズ

メタゲノミクス

- メタゲノムシーケンシングデータのバイオームゲノムおよび遺伝子データベースへのアライメント
- デノボ新規配列のアセンブリ

トランスクリプトーム解析

- デノボ自動mRNAアノテーションによるトランスクリプトームアセンブリ
- EdgeRまたはDESeq2によるRNA-Seq遺伝子発現解析により、PCAおよびVolcanoプロットを生成
- ChIP-Seqピーク検出
- マイクロアレイ解析
- miRNAの発見、定量、遺伝子発現
- 複数の技術による遺伝子発現データの複合解析と可視化

簡単に、便利の包括的なツール

ゲノムシーケンシングプロジェクトの迅速なセットアップ

Lasergene Genomicsには、SeqMan NGenが含まれています。SeqMan NGenは、わずか数分でゲノムシーケンシングプロジェクト全体をセットアップすることを可能にする画期的なアセンブラです。それにより、通常は手作業による多大な介入を必要とするタスクを自動化するようになります。

Lasergene Genomicsは、PacBio CLRおよびHiFi、Oxford Nanopore Technologies (ONT)、Illumina、Ion Torrent、Sanger/ABIリードテクノロジーをサポートしています。

生データから高度な分析への自動パイプライン

弊社の自動化されたパイプラインは、レプリケートの整理、BEDファイルとVCFファイルの組み込み、バリアントの自動検出とアノテーションなど、重作業を代行します。完成したプロジェクトは、結果を見たり分析したりできる状態で提供されます。

DNASTARクラウドアセンブリーへの統合アクセス

弊社の特許取得済みアルゴリズムは、比類のない簡便さとスピードでシーケンシングデータを組み立て、整列させることを可能にしますが、プロジェクトにより多くの計算能力が必要な場合は、安全なクラウドコンピューティングリソースへの統合アクセスを提供し、ローカルコンピュータを他のタスクに解放します。

- Workflow
- Reference Sequence
- Input Sequences
- Set Up Experiments
- Assembly Options
- Analysis Options
- Assembly Output
- Run Assembly Project

De Novo Assembly and Finishing

Metagenomics

RNA-Seq / Transcriptomics

Variant Analysis / Resequencing

Variant Call Format (VCF) Files

Combine / Reanalyze Existing Assemblies

シンプルなSeqMan NGenウィザードにより、最も複雑なプロジェクトでも簡単にセットアップできます。まず、ワークフロー画面から目的のワークフローを選択してください。

Compare experiments

Individually

To baseline

To one or more baselines

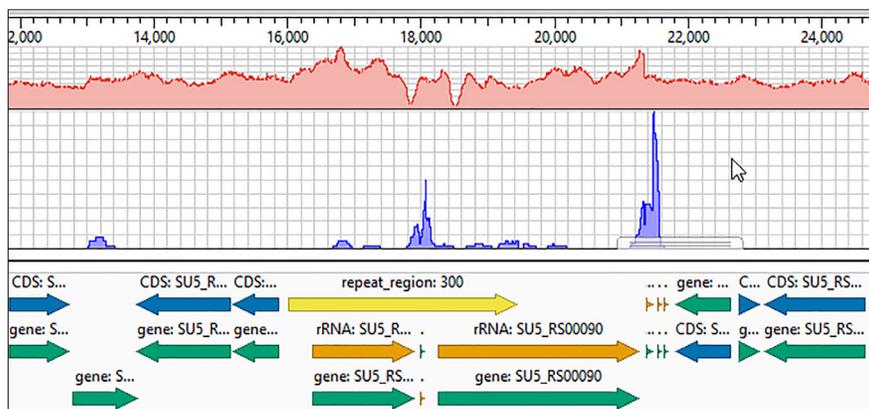
Pairwise

Include variants that pass filter and are

Present in any selected Venn diagram regions

Selected	Name
<input checked="" type="checkbox"/>	A WT 1
<input checked="" type="checkbox"/>	B flhC
<input checked="" type="checkbox"/>	C flhD 1

GenVision Proは、ベン図からのコンポーネントの選択を含み、バリアントのフィルタリングやバリアントセットの作成に関する多数のオプションを提供します。



SeqMan Ultraにおけるカバレッジとスプリットリードグラフを示すアノテーション付きゲノム。



608.258.7420 アメリカ
866.511.5090 アメリカフリーダイヤル

0.808.271.1041 イギリス
0.800.182.4747 ドイツ

1202 Ann Street
Madison, WI 53713

www.dnastar.com
info@dnastar.com