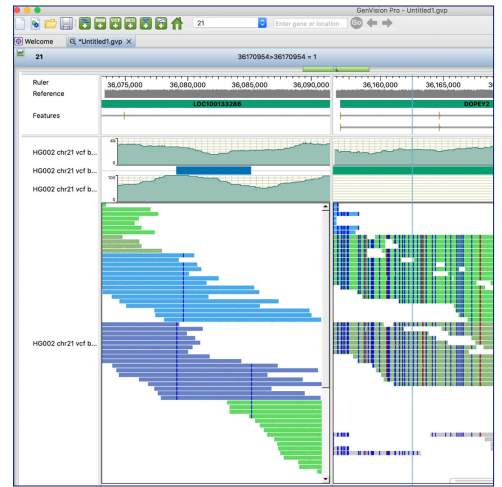
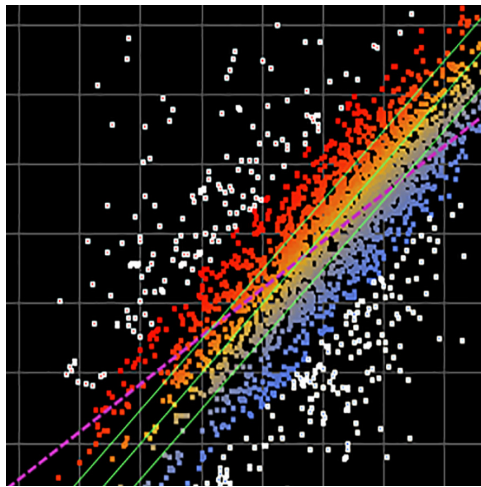
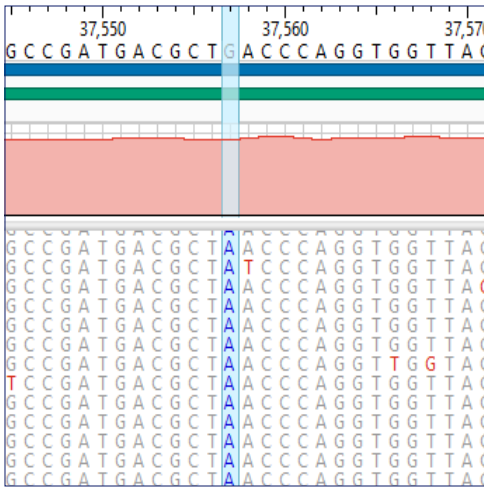


LASERGENE GENOMICS

시퀀싱 데이터 분석을 위한 정확하고 직관적인 소프트웨어



재시퀀싱 및 유전자형 분석

- 모든 주요 시퀀싱 기술 지원
- 종합적인 다중 표본 변이체 분석, 변이체 필터링 및 변이체 세트 비교
- 인간 유전체 크기까지 긴 판독 데이터에서 모계/부계 하플로타입 식별
- ARTIC를 포함한 바이러스 유전체 분석
- CNV(복제수 변이) 계산
- 단백질 구조에 대한 돌연변이의 영향을 모델링하는 데 필요한 워크플로우를 구조화하기 위한 SNP

유전체 조립 및 편집

- 드노보(*de novo*) 유전체 조립 및 콘티그 편집
- 콘티그 서열 정렬 및 스캐폴딩을 위해 밀접하게 연관된 참조를 이용한 하이브리드 드노보 조립
- 유전체 정렬을 위한 간격 폐쇄

군유전체학

- 바이옴 유전체 및 유전자 데이터베이스에 대한 군유전체학 시퀀싱 데이터의 정렬
- 신생 시퀀스의 드 노보 조립

전사체 분석

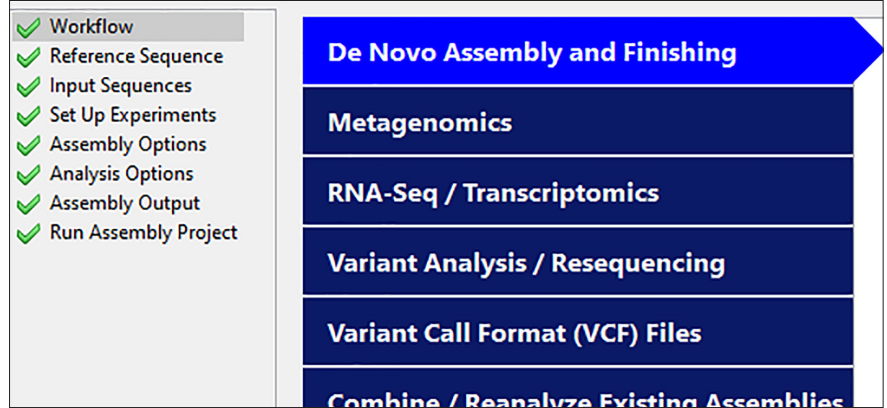
- 자가 mRNA 주석을 이용한 드노보 전사체 조립
- *EdgeR* 또는 *DESeq2*를 이용한 *RNA-Seq* 유전자 발현 분석으로 *PCA* 및 *Volcano* 플롯을 생성
- *ChIP-Seq* 피크 검출
- 마이크로어레이 분석
- miRNA 발견, 정량화 및 유전자 발현
- 여러 기술의 유전자 발현 데이터 통합 분석 및 시각화

쉽게 배우고 사용할 수 있는 종합적인 도구

유전체 시퀀싱 프로젝트를 위한 빠른 설정

Lasergene Genomics에는 당사의 혁신적인 어셈블러, **SeqMan NGen**이 포함되어 있습니다. SeqMan NGen은 단 몇 분 내에 전체 유전체 시퀀싱 프로젝트를 설정할 수 있으며 일반적으로 광범위한 수동 개입이 필요한 작업을 자동화합니다.

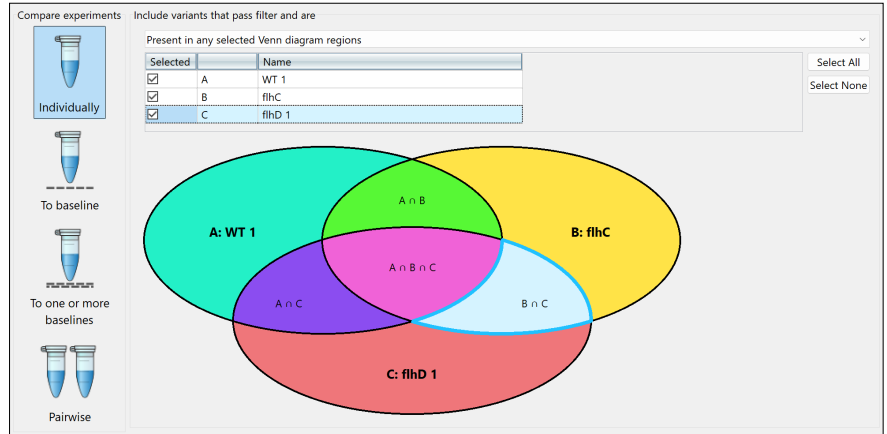
Lasergene Genomics는 PacBio CLR 및 HiFi, Oxford Nanopore Technologies(ONT), Illumina, Ion Torrent 및 Sanger/ABI 판독 기술을 지원합니다.



간편한 *SeqMan NGen* 마법사를 이용하면 가장 복잡한 프로젝트도 쉽게 설정할 수 있습니다. 먼저 워크플로우 화면에서 사용하려는 워크플로우를 선택합니다.

원시 데이터에서 고급 분석까지 자동화된 파이프라인

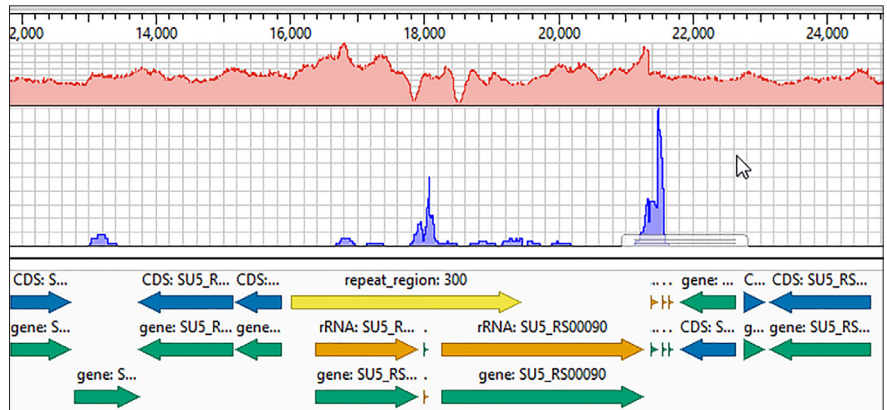
당사의 자동화된 파이프라인은 복제물 정렬, BED 및 VCF 파일 통합, 변형체의 자동 탐지 및 주석 달기 등 힘들고 복잡한 작업을 자동으로 실행해 드립니다. 완료된 프로젝트는 바로 결과를 확인하고 분석할 수 있도록 준비된 상태로 제공됩니다.



*GenVision Pro*는 벤 다이어그램에서 구성 요소를 선택하는 등 변형을 필터링하고 변형 집합을 생성하는 다양한 옵션을 제공합니다.

DNASTAR 클라우드 어셈블리에 대한 통합 액세스

당사의 특허 받은 알고리즘을 통해 시퀀싱 데이터를 놀라울 정도로 쉽고 빠르게 조립하고 정렬할 수 있지만, 더 높은 수준의 컴퓨팅 파워가 필요한 프로젝트인 경우 당사의 안전한 보안 클라우드 컴퓨팅 리소스에 대한 통합 액세스를 제공하기 때문에 로컬 컴퓨터는 다른 작업 용도로 사용할 수 있습니다.



*SeqMan Ultra*에서 적용 범위와 분할 판독 그래프가 표시된 주석 달린 유전체.



608.258.7420 미국
866.511.5090 미국 수신자 부담

0.808.271.1041 영국
0.800.182.4747 독일

1202 Ann Street
Madison, WI 53713

www.dnastar.com
info@dnastar.com