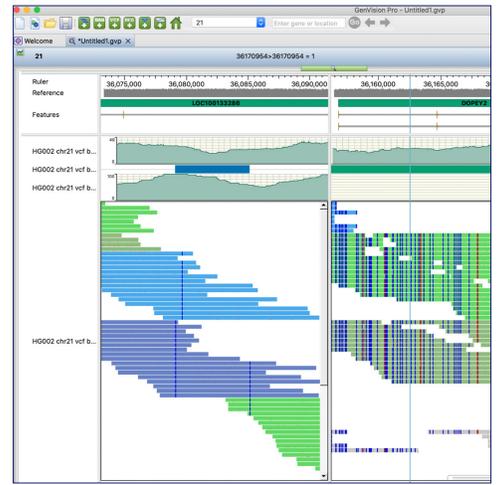
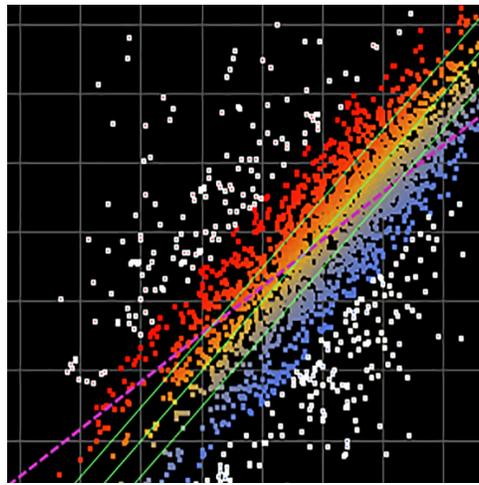
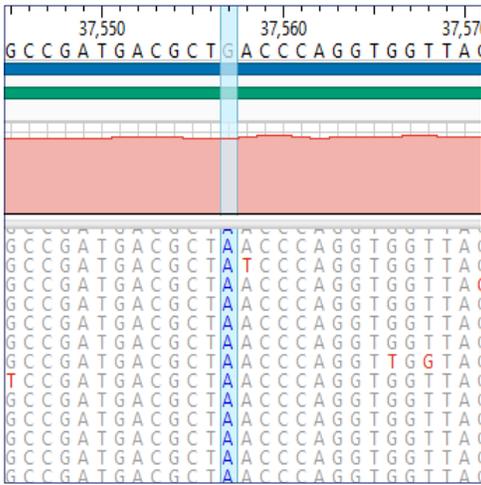


LASERGENE 基因组学

准确、直观的测序数据分析软件



重测序与基因分型

- 支持所有主流测序技术
- 全面的多样本变异分析、变异筛选及变异集比较
- 在长读长数据中识别母源/父源单倍型, 适用于人类基因组规模
- 病毒基因组分析, 包括 ARTIC 方案
- 拷贝数变异 (CNV) 计算
- 从 SNP 到结构的流程, 用于模拟突变对蛋白质结构的影响

基因组组装与编辑

- 从头基因组组装及重叠群编辑
- 使用近缘参考基因组进行混合从头组装, 用于重叠群排序和支架构建
- 基因组比对中的缺口闭合

宏基因组学

- 将宏基因组测序数据比对至生物群落基因组及基因数据库
- 新序列的从头组装

转录组分析

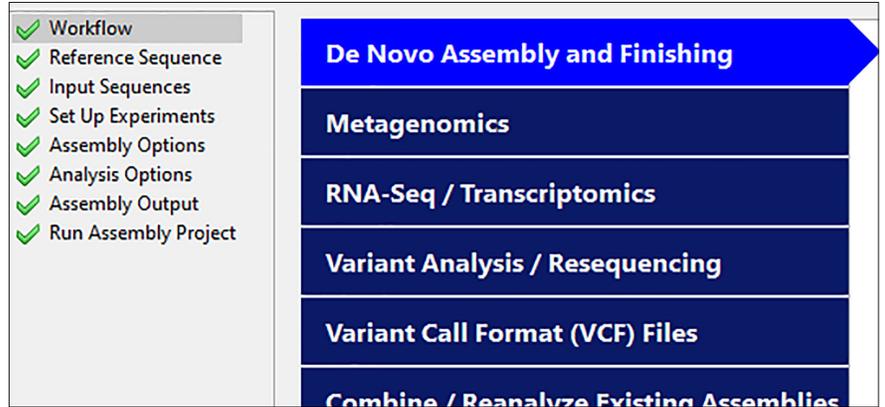
- 具有自动 mRNA 注释的从头转录组组装
- 使用 EdgeR 或 DESeq2 进行 RNA-Seq 基因表达分析, 生成 PCA 图和火山图
- ChIP-Seq 峰值检测
- 微阵列分析
- miRNA 发现、定量及基因表达分析
- 多技术平台基因表达数据的整合分析与可视化

易于学习和使用的综合工具

基因组测序项目的快速设置

Lasergene Genomics 包含 SeqMan NGen, 这是一款革命性的组装工具, 可在几分钟内完成整个基因组测序项目的设置, 并自动化处理通常需要大量手动干预的任务。

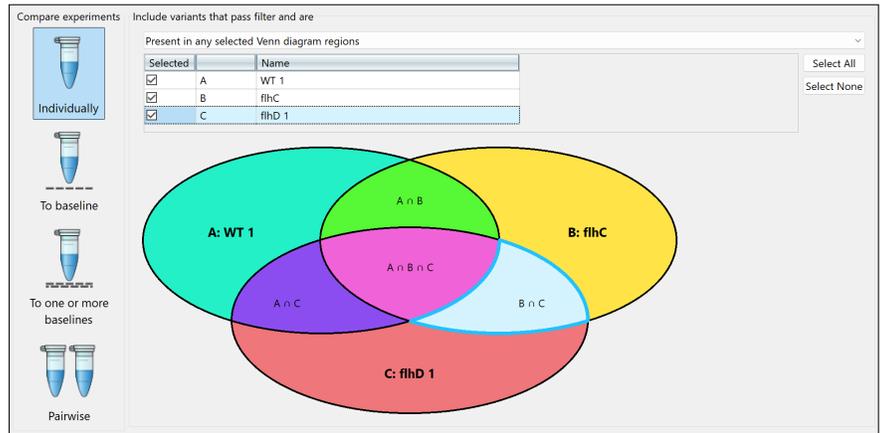
Lasergene Genomics 支持 PacBio CLR 和 HiFi、Oxford Nanopore Technologies (ONT)、Illumina、Ion Torrent 以及 Sanger/ABI 读长技术。



SeqMan NGen 的简易向导使得即使是复杂的项目设置也能变得轻而易举。首先, 从“工作流程”界面中选择感兴趣的工作流程。

从原始数据到高级分析的自动化管道

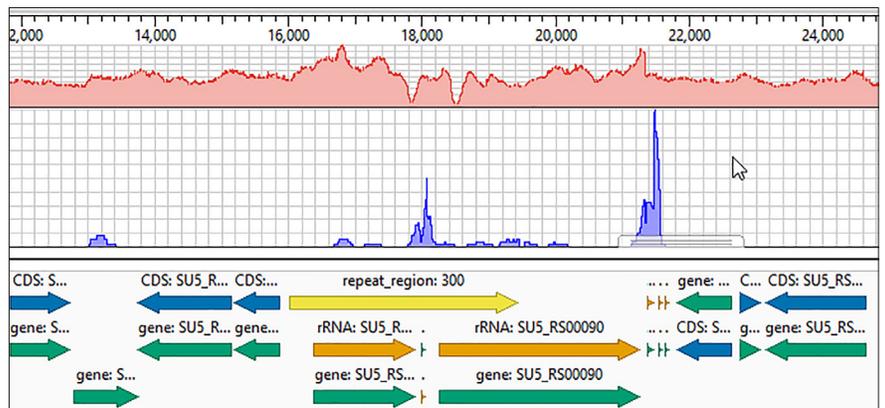
我们的自动化管道可帮助您完成繁重的工作, 包括组织重复样本、整合 BED 和 VCF 文件, 以及自动检测和注释变异。在最终项目交付时, 您可以直接查看和分析结果。



GenVision Pro 提供了多种筛选变异和创建变异集的选项, 包括通过维恩图选择组件。

集成访问 DNASTAR 云端组装

我们的专利算法使您能够以无与伦比的便捷性和速度完成测序数据的组装与比对。如果项目需要更多计算资源, 我们提供对安全云计算资源的集成访问, 从而释放本地计算机以处理其他任务。



在 SeqMan Ultra 中, 注释基因组展示了覆盖度和拆分读长图。



608.258.7420 美国
866.511.5090 美国免费电话

0.808.271.1041 英国
0.800.182.4747 德国

1202 Ann Street
Madison, WI 53713

www.dnastar.com
info@dnastar.com