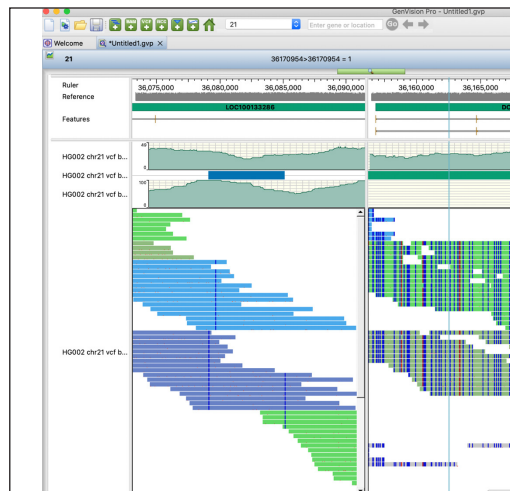
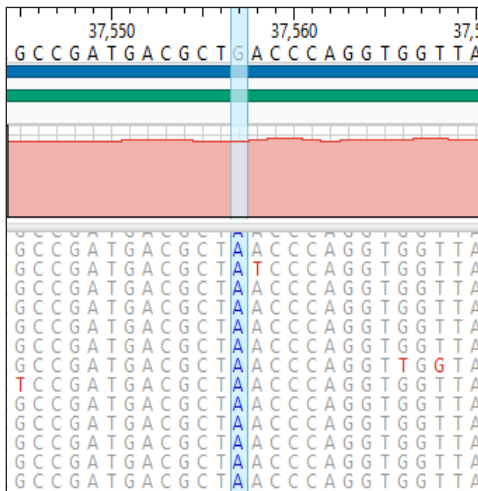
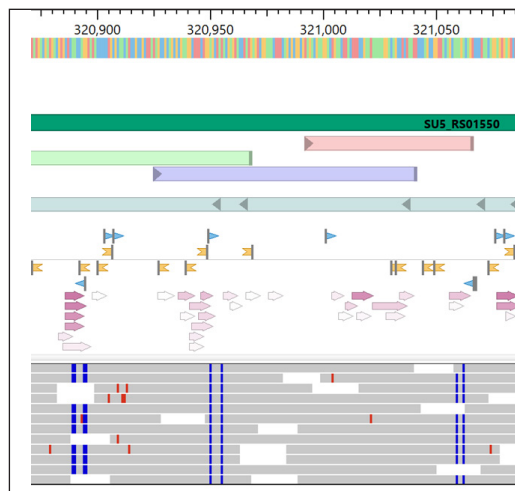


LASERGENE 基因组学

适用于 NGS 工作流程的精准、直观软件



重测序与基因分型

- 组装
Sanger、Illumina、Element、IonTorrent、PacBio 和 Oxford Nanopore 测序读段
- 任何规模的参考序列引导的组装
- 癌症基因组学 (配对肿瘤/正常组织分析)
- 病毒基因组分析, 包括对 ARTIC 网络协议的支持
- 拷贝数变异 (CNV) 计算
- 全面的变异分析
- 从 SNP 到结构的流程, 用于模拟突变对蛋白质结构的影响
- VCF 格式数据集的比较

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
- 从头基因组组装

基因组组装与编辑

- 从头基因组组装, 可选自动化的 AUGUSTUS/Swiss-Prot 注释
- 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
- 重叠群编辑与缺口填补的工作流程

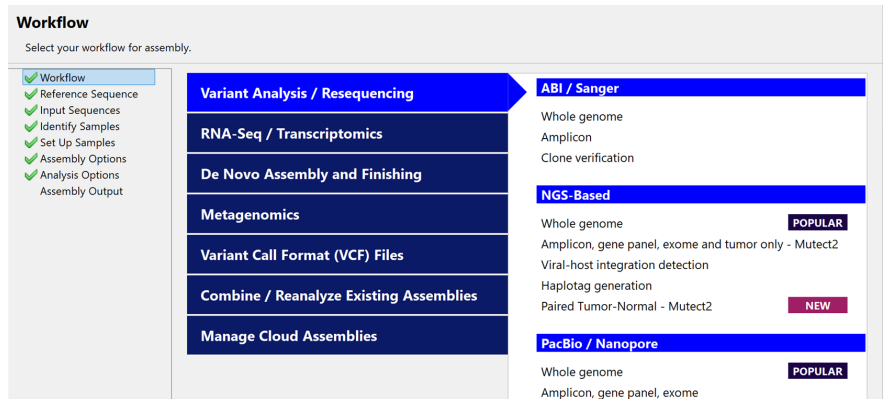
转录组分析

- 具有自动 mRNA 注释的从头转录组组装
- 用于详细的转录本/异构体分析与发现的 PacBio Iso-seq 比对
- 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 峰值检测与微阵列分析
- 多技术平台基因表达数据的整合分析与可视化
- 单细胞 V(D)J 抗体库分析

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。

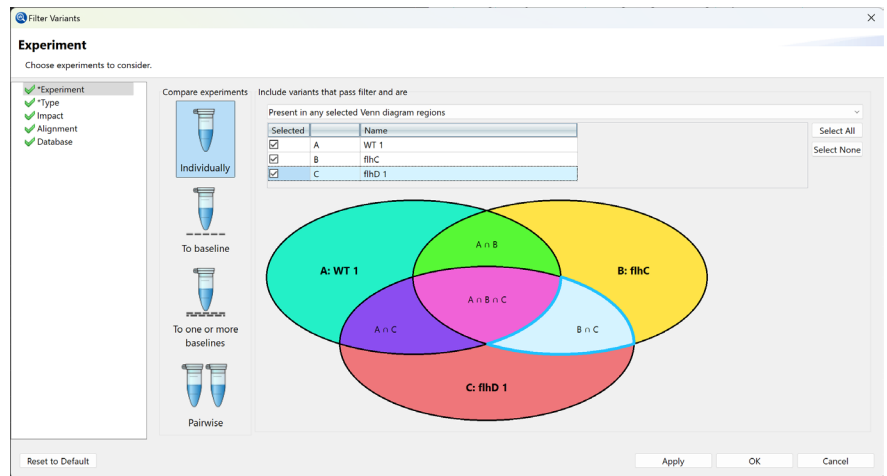
右侧: SeqMan NGen 项目设置向导中的工作流程类别



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图和拆分读长图。

