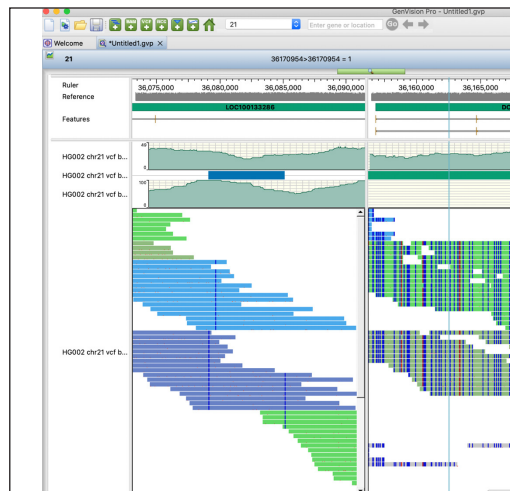
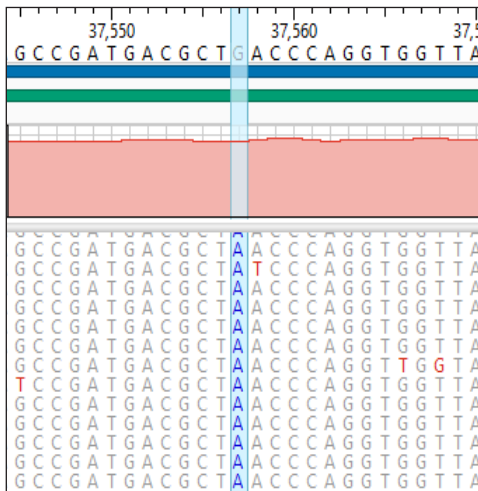
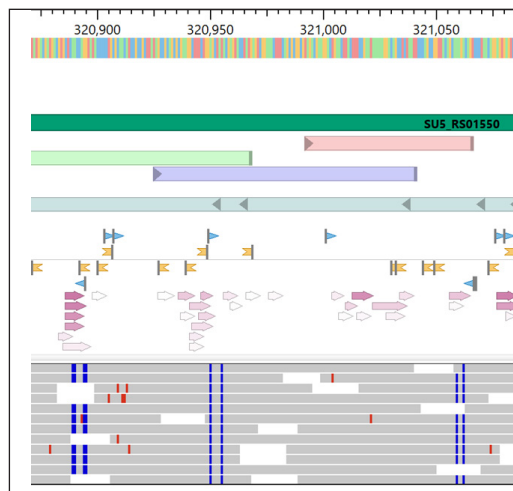


LASERGENE GENOMICS

正確で使いやすい NGS ワークフローソフトウェア



リシーケンシングとジェノタイピング

- Sanger、Illumina、Element、LonTorrent、PacBio、Oxford Nanopore のリードをひとまとめに
- あらゆるサイズの参照配列 (リファレンス) に基づくアセンブリ
- がんゲノミクス (腫瘍/正常組織ペア解析)
- ARTIC ネットワークプロトコルへの対応を含むウィルスゲノム解析
- コピー数変異 (CNV) 解析
- 包括的なバリエーション解析
- 変異がタンパク質構造に及ぼす影響をモデル化する
- VCF 形式のデータセットの比較

メタゲノミクス

- メタゲノムシーケンス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ンメント
- 新規配列の de novo アセンブリ

ゲノムアセンブリと編集

- AUGUSTUS/Swiss-Prot による自動アノテーションオプションを含む de novo ゲノムアセンブリ
- 近縁参照ゲノムを用いたハイブリッド de novo アセンブリによるコンティグ順序付けとスキファールディング
- コンティグ編集とギャップ閉鎖のワークフロー

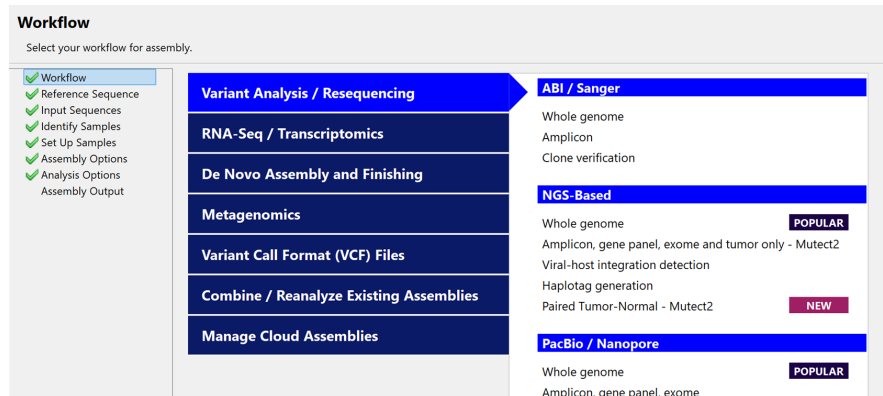
トランスクリプトーム解析

- オート mRNA アノテーションを伴う de novo トランスクリプトームアセンブリ
- 詳細な転写とアイソフォーム解析および新規同定のための PacBio Iso-seq アラインメント
- EdgeR または DESeq2 を使用した RNA-Seq 遺伝子発現解析では PCA および Volcano プロットを出力
- ChIP-Seq ピーク検出とマイクロアレイ解析
- 複数技術の遺伝子発現データを統合解析・可視化
- シングルセル V(D)J 抗体レパトア解析

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、革新的なアセンブラであるSeqMan NGenが含まれています。これにより、ゲノムシーケンシングプロジェクト全体をわずか数分で設定でき、通常は膨大な手動操作を必要とするタスクを自動化します。

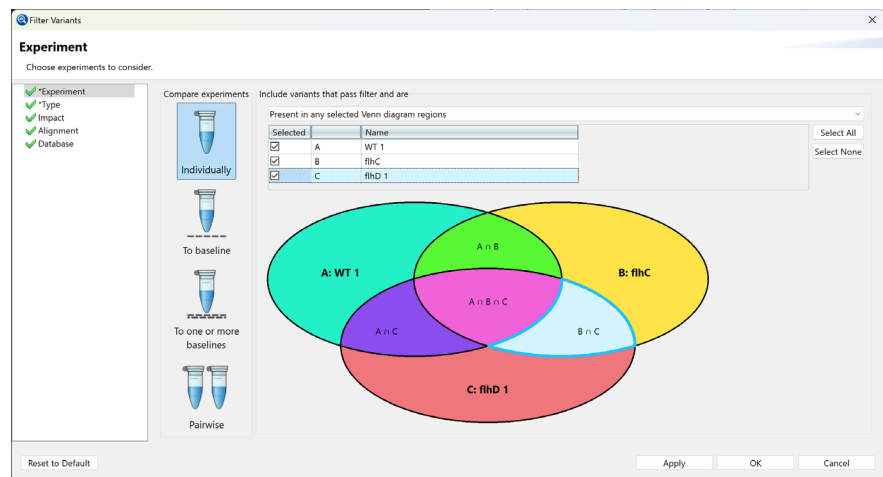
右: SeqMan NGen プロジェクト設定ウィザードのワークフローカテゴリ。



生データから高度な分析までの自動化されたパイプライン

自動化されたワークフローは、反復実験の整理、BEDファイルとVCFファイルのインポート、バリエーションの自動検出とアノテーションなど、面倒な作業をすべて自動化します。完了したプロジェクトの結果は簡単に表示・分析できます。

GenVision Proは、ベン図からのコンポーネント選択を含む、バリエーションのフィルタリングやバリエーションセットの作成に多数のオプションを提供します。



DNASTARクラウドアセンブリーへのアクセス

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のアセンブルとアライメントを可能にしますが、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開放します。

SeqMan Ultraにおけるカバレッジとスプリットリードのグラフを表示したアノテーション付きゲノム

