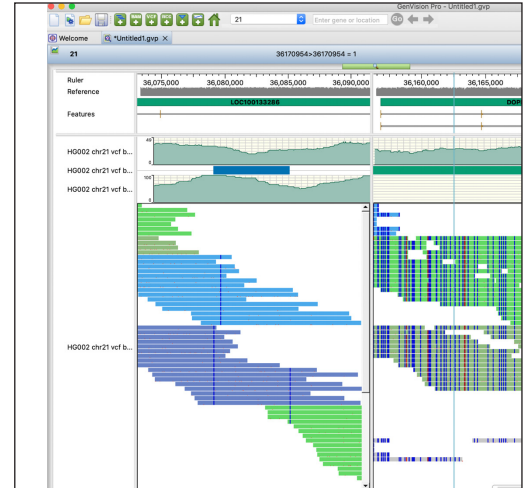
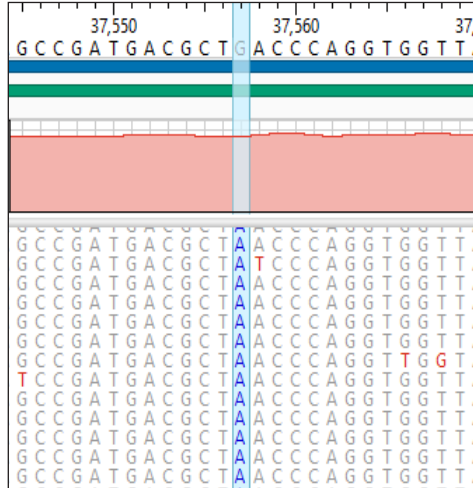
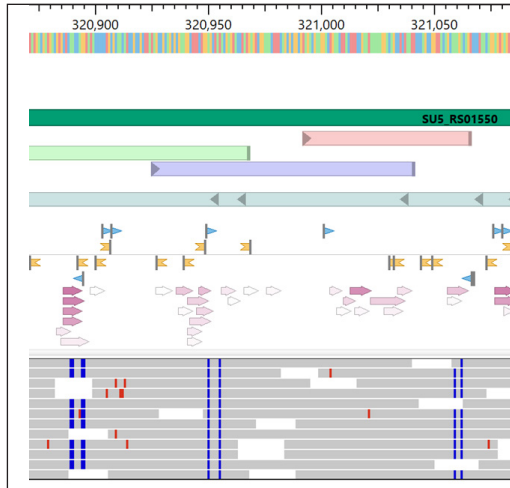


LASERGENE GENOMICS

NGS 워크플로를 위한 정확하고 직관적인 소프트웨어



재시퀀싱 및 유전자형 분석

- Sanger, Illumina, Element, Ion Torrent, PacBio 및 Oxford Nanopore 리드 조립
- 모든 크기의 참조 유전체 기반 조립
- 암 유전체학 (종양-정상 시료 쌍 분석)
- ARTIC 네트워크 프로토콜 지원을 포함한 바이러스 유전체 분석
- CNV(복제수 변이) 계산
- 포괄적 변이 분석
- 단백질 구조에 대한 돌연변이의 영향을 모델링하는데 필요한 워크플로우를 구조화하기 위한 SNP
- VCF 형식의 데이터 세트 비교

군유전체학

- 마이크로아미노산 및 유전자형 데이터베이스에 대한 군유전체학 시퀀싱 데이터의 정렬
- 신생아 원인의 드노보 조립

유전체 조립 및 편집

- de novo 유전체 조립 및 선택적 자동 AUGUSTUS/Swiss-Prot 기반 주석자가 mRNA 주드노보 de novo 유전체 조립 및 콘티그 편집
- 콘티그 서열 정렬 및 스캐폴딩을 위해 밀접하게 연관된 참조를 이용한 하이브리드 드노보 조립
- Contig 편집 및 갭 메우기 워크플로

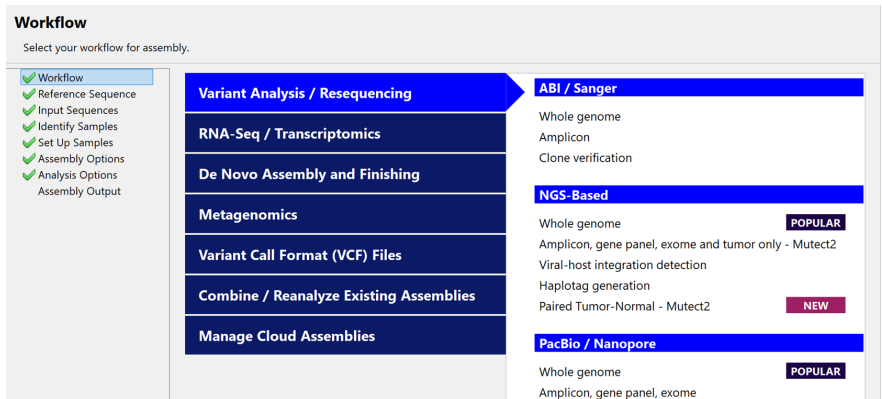
전사체 분석

- 자기mRNA 주석을 이용한 드노보 전사체 조립
- 상세한 전사체/아이소폼 분석 및 발견을 위한 PacBio Iso-Seq 정렬
- EdgeR 또는 DESeq2를 이용한 RNA-Seq 유전자 발현 분석으로 PCA 및 Volcano 플롯을 생성
- ChIP-Seq 피크 검출 및 마이크로어레이 분석
- 여러 기술의 유전자 발현 데이터 통합 분석 및 시각화
- 단일세포 V(D)J 항체 레퍼토리 분석

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.

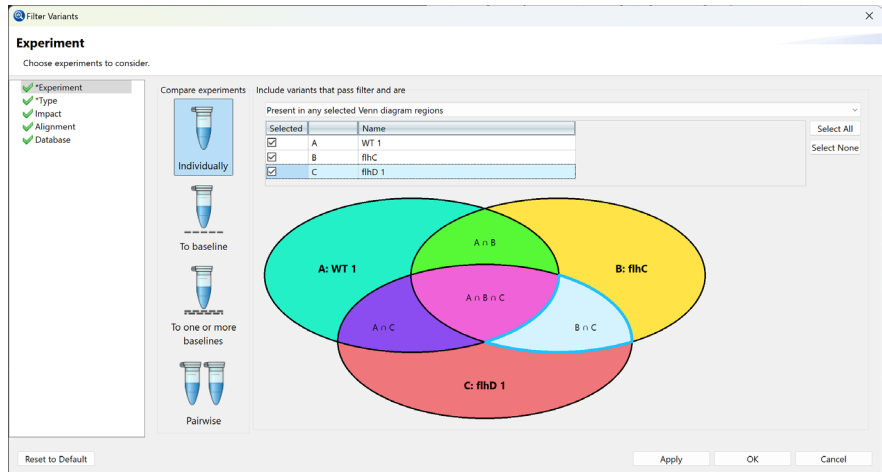
오른쪽: SeqMan NGen 프로젝트 설정 마법사의 워크플로 범주.



원시 데이터에서 고급 분석까지 자동화된 파이프라인

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

GenVision Pro는 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 Ultra에서 적용 범위와 분할 판독 그래프가 표시된 주석 달린 유전체.

