

Key features

Ready-to-Use Workflows

- Preparing Raw Data
- Whole Genome Sequencing
- Whole Exome Sequencing
- Targeted Amplicon Sequencing
- Whole Transcriptome Sequencing

Somatic Cancer

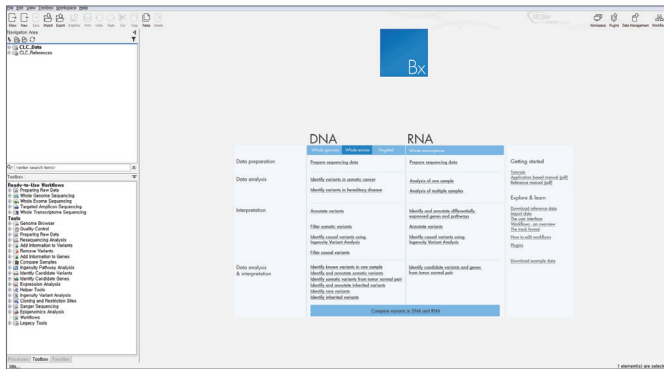
- Filter somatic variants
- Identify variants

Hereditary Disease

- Filter casual variants
- Trio analysis
- Identify variants in family of four

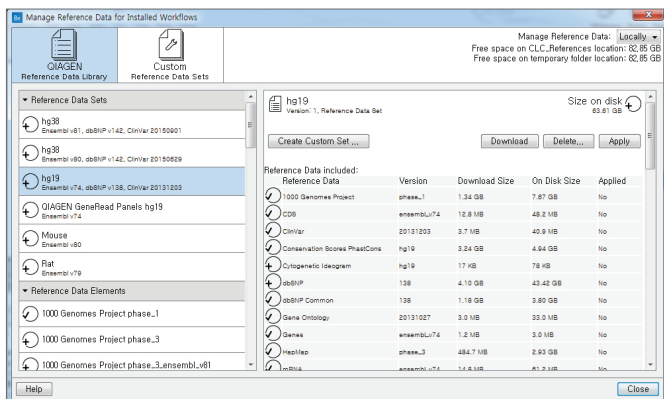
Biomedical Genomics Workbench

Biomedical Genomics Workbench는 NGS 데이터를 활용하여 Human의 disease를 연구하는데 있어 의미있는 결과를 얻을 수 있도록 도와주는 QIAGEN사의 새로운 솔루션입니다. Whole Genome Sequencing, Whole Exome Sequencing, Targeted Sequencing, Whole Transcriptome Sequencing 결과에서 체세포 돌연변이와 유전 질환 등에 특화되어 있는 GUI 워크플로우를 기본적으로 제공하며 처음 생물정보 분석을 접하는 연구자도 쉽게 데이터를 분석할 수 있습니다.



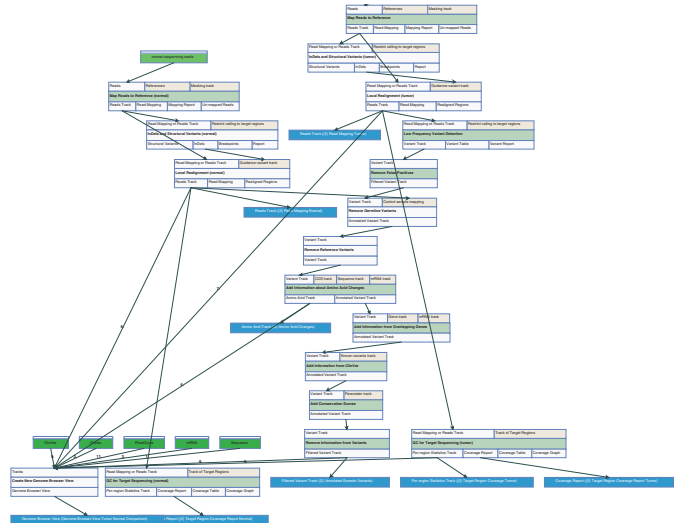
Reference Database Download

Human의 hg18, hg19, hg38의 1000Genome, ClinVar, HapMap 등 다양한 public database들을 포함한 패키지를 다운받거나 손쉽게 각각의 database를 다운로드 할 수 있습니다. 다운로드 받은 database를 활용하여 annotation을 하거나 filtering에 이용할 수 있습니다. 추가적으로 rat과 mouse에 대한 reference database도 제공합니다.



Ready-to-Use Workflows

Preprocessing 단계부터 분석과 annotation, 그리고 report까지 모든 단계가 자동으로 이루어지며 중간 output까지 결과로 저장할 수 있도록 구성되어 있어 다양한 툴들을 하나씩 실행시키는 번거로움이 없습니다.



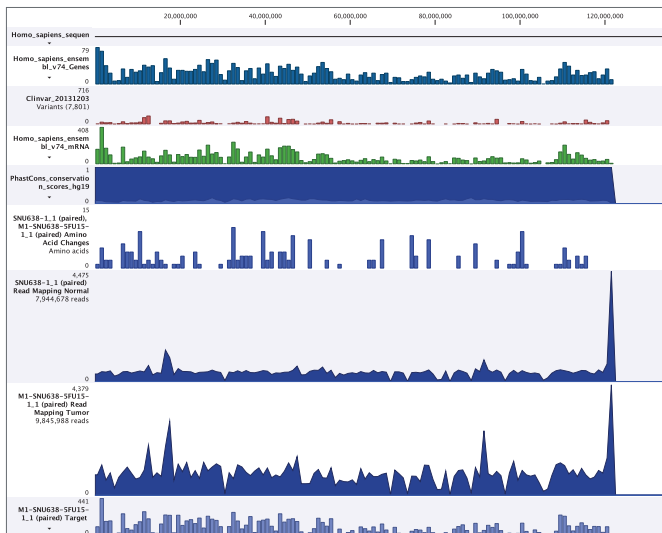
Preprocessing을 비롯하여 시퀀싱 방법에 따라 variant detection, annotation, somatic cancer 분석, hereditary disease 분석 워크플로우를 제공하며 분석하고자 하는 종(Human, rat, mouse)에 따른 transcriptome분석 워크플로우도 제공되어 실험목적에 맞는 데이터 분석을 쉽고 정확하게 진행할 수 있습니다.

Ready-to-Use Workflows

- Preparing Raw Data
 - Prepare Overlapping Raw Data
 - Prepare Raw Data
- Whole Genome Sequencing
 - General Workflows (WGS)
 - Annotate Variants (WGS)
 - Identify Known Variants in One Sample (WGS)
 - Somatic Cancer (WGS)
 - Filter Somatic Variants (WGS)
 - Identify Somatic Variants from Tumor Normal Pair (WGS)
 - Identify Variants (WGS)
 - Hereditary Disease (WGS)
 - Filter Causal Variants (WGS-HD)
 - Identify Causal Inherited Variants in Family of Four (WGS)
 - Identify Causal Inherited Variants in Trio (WGS)
 - Identify Rare Disease Causing Mutations in Family of Four (WGS)
 - Identify Rare Disease Causing Mutations in Trio (WGS)
 - Identify Variants (WGS-HD)
 - Identify and Interpret Causal Variants in Family of Four using IVA (WGS)
 - Identify and Interpret Causal Variants in Trio using IVA (WGS)
- Whole Exome Sequencing
- Targeted Amplicon Sequencing
- Whole Transcriptome Sequencing
 - Human
 - Mouse
 - Rat

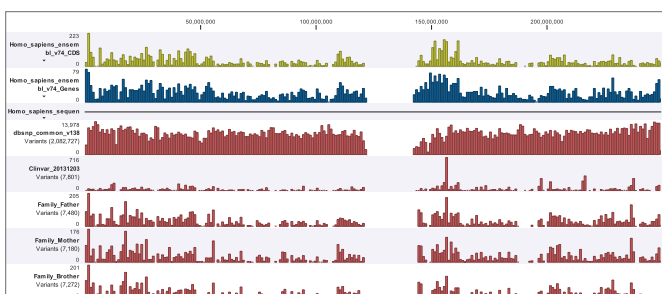
Somatic Cancer Analysis

Somatic cancer ready-to-use 워크플로우는 암 연구의 포커스에 맞추어 제작 되어있습니다. Cancer와 normal 사이의 변이를 비교할 수 있으며 cancer 데이터에서 분석에 특화된 variant caller를 사용하여 variant 분석을 합니다. 또한 somatic variant와 false positive를 제거하는 과정도 포함되어 있습니다. Whole genome sequencing, whole exome sequencing과 targeted amplicon sequencing에 적합한 워크플로우를 가지고 있습니다.



Hereditary Disease Analysis

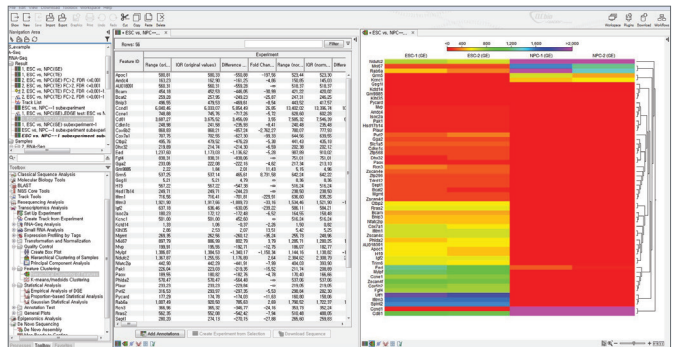
가계에서 질병을 일으키는 돌연변이를 규명하기 위한 워크플로우로 구성이 되어 있습니다. Hereditary disease 워크플로우는 유전적 심장질환 같은 종양과 관계가 없는 질병이나 대장암이나 유방암 같은 유전성 암에 대한 돌연변이를 연구할 때 사용이 가능합니다. Rare disease를 일으키는 mutation과 casual inherited variant 분석을 지원합니다.



또한 부모와 proband 영향을 받은 자녀를 포함한 4인 분석과 trio 분석 워크플로우를 제공하며 Ingenuity Variant Analysis와 연동을 통해 더 많은 database를 활용한 필터링이 가능합니다.

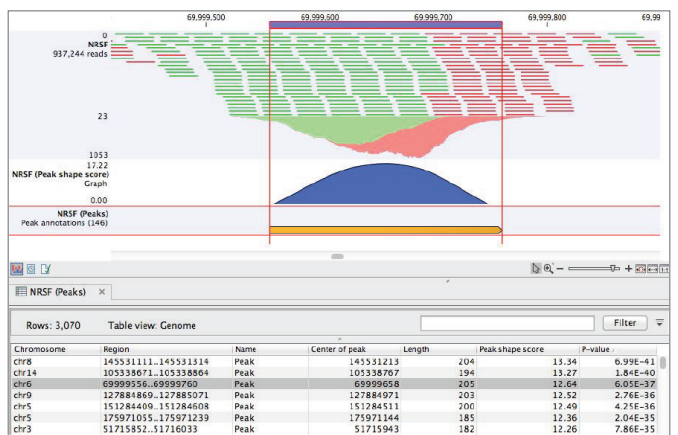
RNA-Seq Analysis

Annotation된 reference genome 서열과 mRNA 시퀀싱 reads들을 바탕으로 유전자 발현 레벨(RPKM)을 계산할 수 있습니다. 계산된 발현 값은 각 샘플별로 다양한 통계 분석을 수행함으로써 유사한 발현 패턴으로 보이는 유전자들을 그룹핑하여 2차 분석을 수행할 수 있습니다.



ChIP-Seq & Bisulfite Sequencing Analysis

ChIP-Seq data의 실험군과 대조군 비교 및 통계적인 확률 등의 계산이 가능하며 binding site 근처에 존재하는 유전자들의 정보도 제공합니다. 또한 bisulfite sequencing 분석이 plugin으로 추가되면서 methylation 분석도 가능합니다.



소프트웨어 공급 서비스 문의
consulting@insilicogen.com

생물정보 분석 서비스 문의
codes@insilicogen.com

031.278.0061