

단순하지만 강력한 DNA 서열 분석 소프트웨어

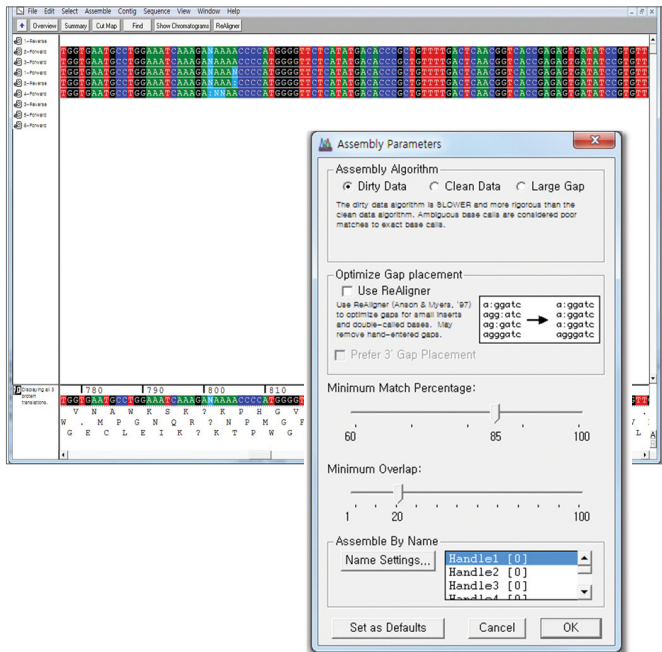
Power with simplicity

Sequencher®는 DNA 염기서열 데이터의 assembly 및 SNP detection 분석에 최적화되어 있는 소프트웨어입니다. 다양한 기능을 탑재하기 보다는 특정 기능을 포커싱하여 다루기 때문에 사용법이 단순하면서도 강력한 분석 능력을 자랑합니다. 또한 sanger 데이터 뿐 아니라 NGS 데이터도 지원하고 있어 사용하기 편리한 분석 소프트웨어입니다.

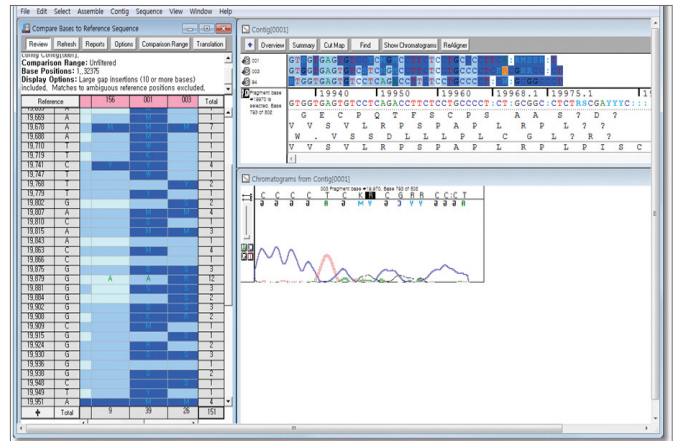
Assemble DNA fragments

Sequencher®의 assembly parameters 설정을 통해 쉽고 빠르게 정확한 assembly 결과를 확인할 수 있을 뿐 아니라, trimming 기능을 이용하여 데이터의 퀄리티가 낮은 부분은 제거하고 난 다음 assembly를 수행할 수 있어 보다 고품질의 결과를 확인할 수 있습니다.

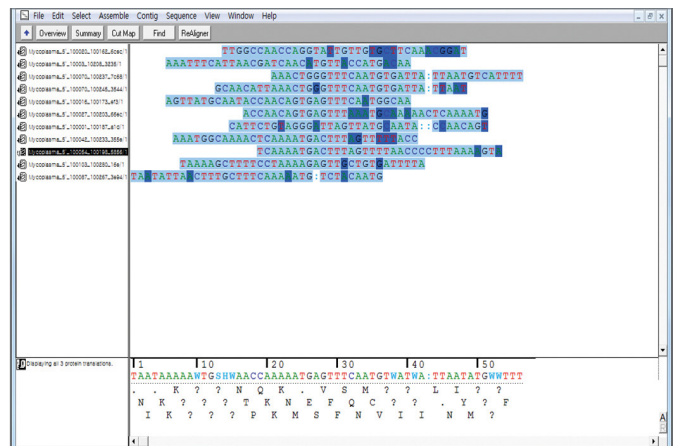
Sequencher®에서는 기본적인 assembly 이외에도 assemble by Name, Multiplex ID의 기능도 지원하고 있어 한번에 여러 개의 샘플을 시퀀싱한 데이터를 가지고 분석하는 경우에는 Multiplex ID 기능을 이용하여 편리하게 샘플을 나누어 분석을 진행할 수 있습니다.

**SNP detection**

Sequencher®는 비슷한 여러 서열간의 비교 분석을 통해 SNP, mutation과 같은 특이적인 부분을 찾아내고 variance table을 통해 결과값을 가시화하여 제공합니다. 또한 variance table은 염기서열 데이터 및 chromatograms와 연동되어 서열상 위치를 편리하게 확인할 수 있습니다.

**Multiple sequence alignment**

Sequencher®는 alignment 알고리즘으로 Clustal과 MUSCLE을 지원하고 있습니다.

**Key features****Sanger sequencing Data**

- Sequence Editing & Trimming
- Sequence Assembly
- Alignment
- Restriction Mapping
- SNP Detection

Next-Gen Sequencing Data

- De Novo Assembly
- Reference Guided Alignment
- Multiplex ID
- SNP Analysis
- Methylation Studies

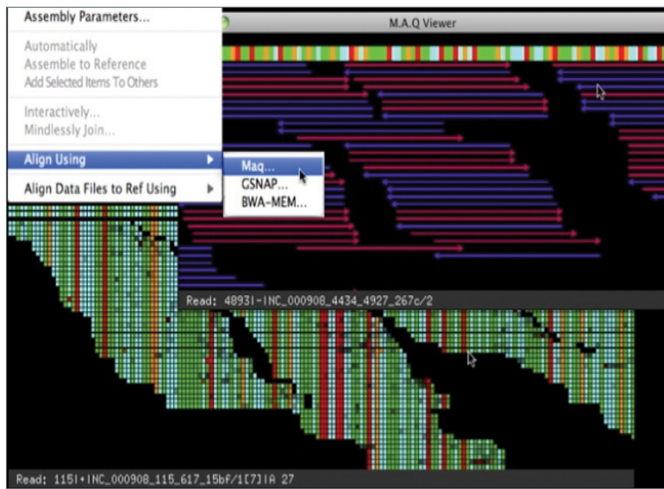
Connections

- BLAST search
- Primer design
- Alignment
- Phylogenetic trees

Analyze NGS data

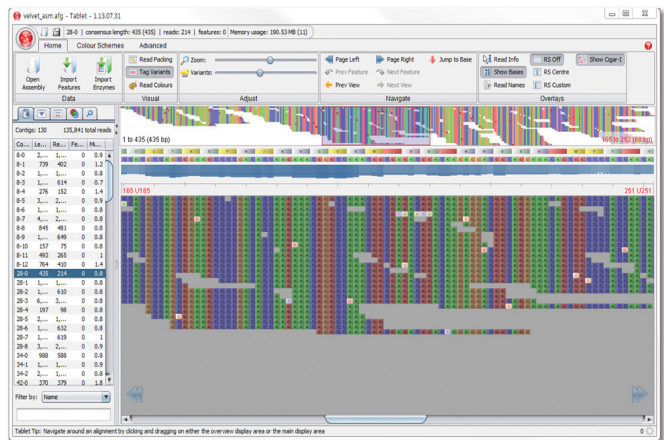
Sequencher®는 NGS 데이터에 대한 assembly, alignment, SNP detection 분석이 가능합니다.

Reference 서열 없이 여러 개의 read 만으로 assembly를 진행하는 de novo assembly를 Velvet 알고리즘을 이용하여 분석을 지원하며, 여러 개의 샘플을 한번에 시퀀싱한 데이터의 경우에도 multiplex 기능을 이용하여 쉽게 분석을 진행할 수 있습니다.



복잡한 커맨드 라인의 alignment 알고리즘인 BWA, GSNAP, Maq을 Sequencher®에서는 직관적이고 사용하기 편리한 그래픽 인터페이스를 제공하여 숙련된 생물정보학적 기술을 보유하고 있지 않은 사람들도 쉽게 분석을 진행할 수 있도록 지원합니다.

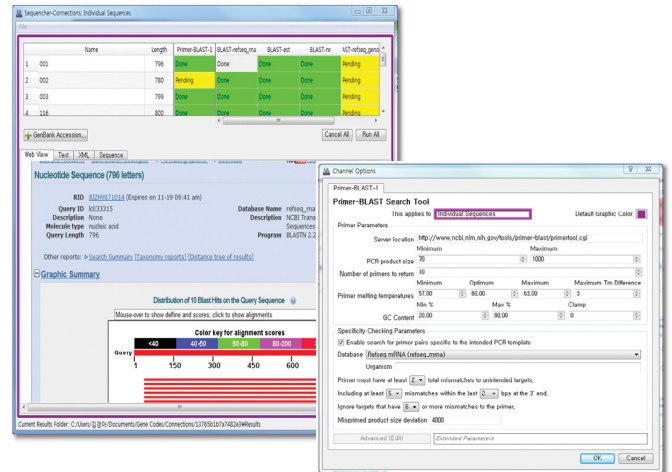
또한 NGS 데이터를 분석한 결과는 Tablet Viewer를 통해 방대한 양의 정보를 nucleotide, direction, read type, read length 등과 같은 체계적이고 다양한 화면모드를 이용하여 확인할 수 있습니다.



Connections Tool

Sequencher® Connections Tool은 Sequencher®를 통해 Web-based tool, command-line program에 접속하고 데이터를 연동하여 보다 편리하게 분석 할 수 있도록 구성된 tool 입니다. Sequencher®Connections tool을 이용하면 동일 데이터에 대하여 다양한 옵션의 분석을 동시에 진행할 수 있어 보다 효율적으로 분석 시간을 절약할 수 있습니다.

Sequencher®Connections Tool을 통해 제공하는 BLAST search 기능을 이용하면 show schematic 기능으로 여러 개의 결과 값을 한 화면에 나타내어 보다 편리하게 비교분석이 가능하며 Primer-BLAST 기능을 통해 primer design 분석을 할 수 있습니다.



또한, MUSCLE Alignment 분석도 지원을 하고 있으며 이후 분석으로 결과값에 대한 phylogenetic trees도 확인할 수 있습니다. Phylogenetic trees의 경우에는 rectangular와 circular 모드를 제공하고 있으며 그림 파일로 저장이 가능해 이후 분석 결과 자료로 편리하게 사용할 수 있습니다.

