

OmicSoft Suite

NGS 및 Omics 데이터 분석을 위한 최고의 엔터프라이즈 솔루션



GENOMICS

- De novo assembly of any genome size
- Read mapping for reference genome
- Variant detection
- Support NGS hybrid assembly
- Visualization of genome information

TRANSCRIPTOMICS

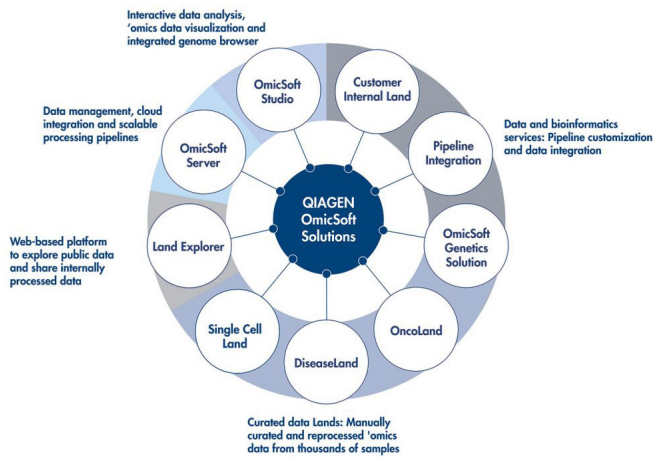
- RNA-seq analysis
- Small RNA analysis
- Expression profiling by tags
- Gene expression analysis

EPIGENOMICS

- CHIP-seq analysis
- Peak finding and peak refinement
- Case/control analysis
- Bisulfite sequencing analysis
- Histone CHIP-seq analysis

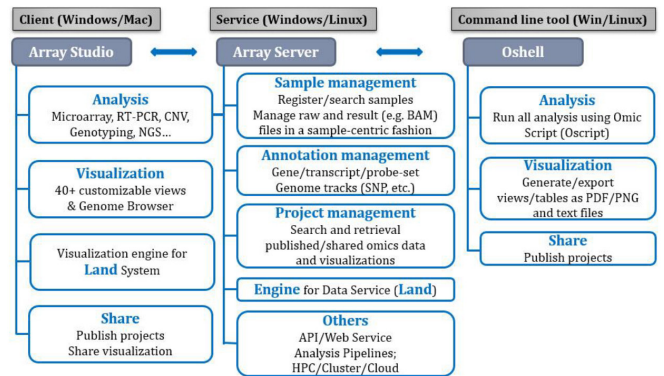
OmicSoft Suite

OmicSoft Suite는 GUI 기반의 OmicSoft Studio와 OmicSoft Server를 통합한 올인원 솔루션입니다. 중앙 집중식 시스템으로 프로젝트 및 샘플을 안전하게 관리하고, 최신 기술을 이용한 저장, 분석, 관리 및 시각화를 제공하며, Land DB를 이용하여 시간, 비용 및 노력을 절약할 수 있습니다.



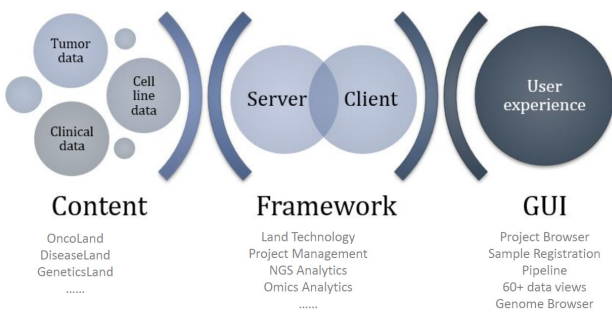
Server를 통한 NGS 분석 기술

NGS 분석을 서버에서 완전 수행할 수 있으며 AWS 클라우드 및 SGE, Torque, LSF 등 다양한 그리드 통합 기술을 지원합니다. UI를 통해 분석 열을 모니터링할 수 있는 그리드 엔진 관리 시스템을 갖추고 있습니다. 소프트웨어 내 빌트인 분석 도구뿐 아니라 다양한 외부 분석 툴에 대한 스크립팅 시스템도 지원하여 원하는 파이프라인을 구축할 수 있습니다.



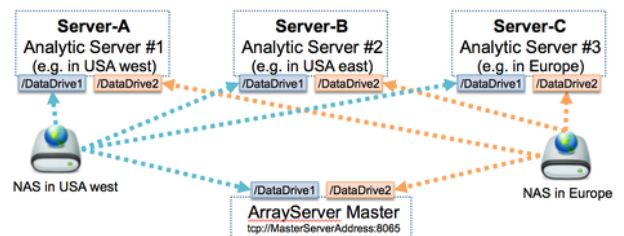
중앙 집중식 데이터 관리 및 분석

서버에서 관리되는 협업 프로젝트 기반 환경에서 자체적인 데이터를 안전하게 저장 및 관리하고 분석하여 대상을 식별하고 검증할 수 있습니다. 또한 생물정보학자, 통계학자와 생물학자를 위한 최신 알고리즘과 고급 시각화를 활용할 수 있습니다.



마스터 - 분석 서버 지원

서로 멀리 떨어진 지역에 분석 서버를 따로 설치할 수 있어 마스터 서버의 데이터와 가까운 위치의 서버에서 분석할 수 있습니다. 또한 서버가 BAM file의 위치를 지정하여 네트워크상에서 아주 적은 데이터만 복사하여 분석을 진행할 수 있습니다.

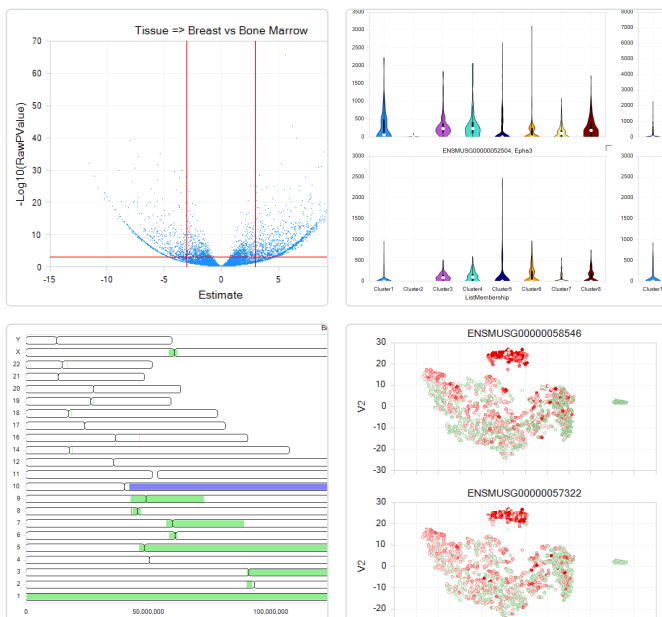


NGS analytics

OmicSoft Suite는 분석마다 표준화된 파이프라인을 제공하고 이를 안정적으로 서버에서 진행할 수 있습니다.

DNA-Seq analysis

보유 중인 데이터를 유전체 서열에 정렬하고 맵핑된 정보를 바탕으로 돌연변이 검출과 주석 달기를 수행할 수 있습니다. 체세포 돌연변이 및 유전자 복제 수를 검출하고 분류하는 알고리즘도 포함하고 있습니다. 더불어 BWA 및 Bowtie, GATK 등의 외부 프로그램을 활용하여 분석할 수 있고, 전체적인 유전체 분석 결과를 위한 Genome browser를 제공합니다.



RNA-Seq analysis

보유 중인 데이터를 유전체 서열에 정렬하고 맵핑된 정보를 바탕으로 발현 값의 프로파일을 생산할 수 있습니다. 유전자와 전사물 정량을 위해 RSEM 알고리즘을 도입하였고, DESeq을 활용한 차등 발현 분석을 수행합니다. 또한 FusionMap 알고리즘을 통해 fusion gene을 검출할 수 있고, Tophat, Cufflinks 등의 외부 프로그램을 활용하여 분석할 수 있습니다.

scRNA-Seq analysis

OmicSoft는 다양한 scRNA-seq 플랫폼에 대한 preprocessing을 지원합니다. Array Studio 자체에 내장된 reference 뿐만 아니라 custom reference 구축을 통해 alignment가 가능하며, 여러 샘플의 통합된 matrix를 제공합니다. UMI의 duplicate 제거 및 clustering 분석이 가능하며, 클러스터 간 차등 발현 분석, Marker 분석이 가능합니다. 분석된 내용을 바탕으로 t-SNE plot, violin plot 등 다양한 시각화 데이터를 제공합니다.

Omics data analytics

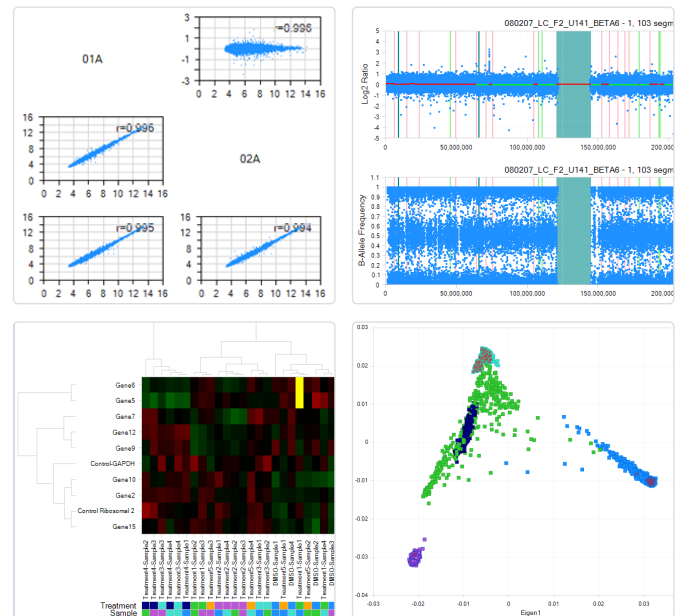
NGS 데이터 외에도 다양한 오믹스 데이터를 분석할 수 있는 툴을 제공하고 있습니다.

Gene expression

Affymetrix, Illumina, Agilent, Nanostring 등의 데이터 플랫폼 결과를 가져올 수 있고, normalization 모듈과 clustering 분석을 통해 차등 발현하는 유전자들의 정보를 얻고 다양한 통계 분석을 수행할 수 있습니다.

Copy number

Affymetrix, Illumina, Agilent 플랫폼의 결과를 가져올 수 있으며 Log2 ratio 및 B Allele Frequency 분석을 수행할 수 있습니다. Genome browser와의 호환 및 expression data와 통합할 수 있습니다.



RT-PCR

ABI, Biomark, Roche 플랫폼의 결과를 가져올 수 있으며, Housekeeper normalization 및 3가지 calculation(Relative abundance, Delta Ct, Delta Delta Ct) 분석을 수행할 수 있습니다.

Genotype-GWAS

GWAS 데이터의 Imputation 및 패턴 검출, 마커 association 분석을 수행할 수 있습니다.