SEQUENCHER®

단순하지만 강력한 DNA 서열 분석 소프트웨어

Gene Codes Corporation

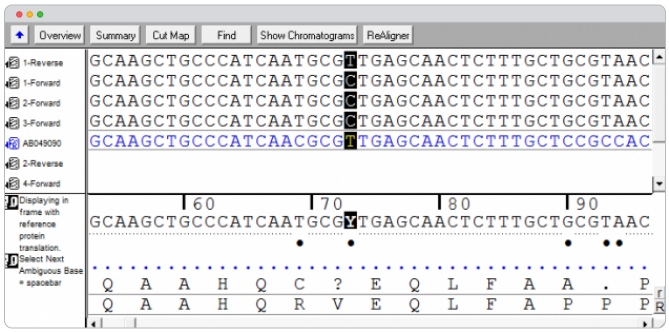
TCA GENE
AGT CODES

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
- General analysis
  - Find amino acids
  - Variance table
  - Translated variance table
  - Reports
- Connections
  - BLAST search
  - Primer design
  - Alignment
  - Phylogenetic trees

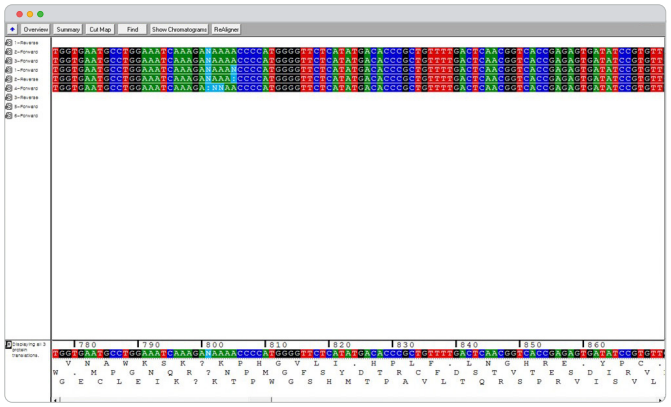
Power with simplicity

Sequencher®는 DNA 염기서열 데이터의 assembly 및 SNP detection 분석에 최적화되어 있는 소프트웨어입니다. 다양한 기능을 탑재하기보다는 특정 기능에 초점을 맞추어 다루기 때문에 사용법이 단순하면서 강력한 분석 능력을 자랑합니다. 또한 sanger 데이터뿐 아니라 NGS 데이터도 지원하고 있어 사용하기 편리한 분석 소프트웨어입니다.



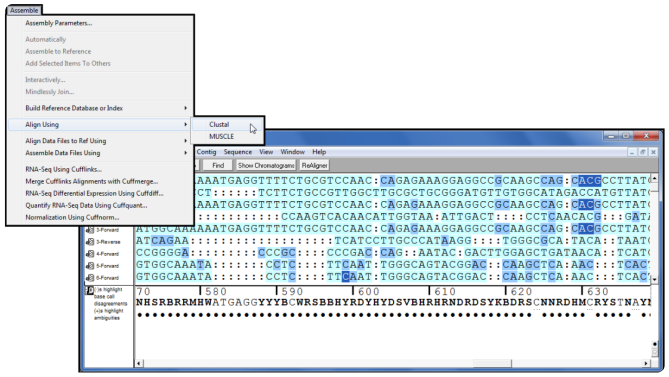
Assemble DNA fragments

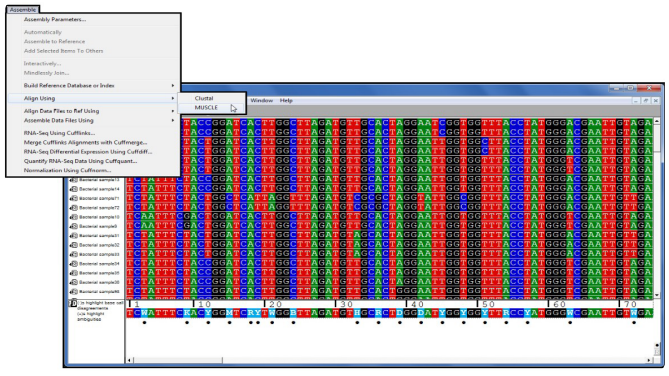
Sequencher®의 assembly parameters 설정을 통해 쉽고 빠르게 정확한 assembly 결과를 확인할 수 있을 뿐 아니라, trimming 기능을 이용하여 데이터의 퀄리티가 낮은 부분은 제거 후 assembly를 수행할 수 있어 더욱 고품질의 결과를 확인할 수 있습니다. Sequencher® 에서는 기본적인 assembly 이외에도 assemble by Name, Multiplex ID의 기능도 지원하고 있으며, 한 번에 여러 개의 샘플을 시퀀싱 한 데이터를 가지고 분석할 때에는 Multiplex ID 기능을 이용하여 편리하게 샘플을 나누어 분석할 수 있습니다.



Multiple Sequence Alignment

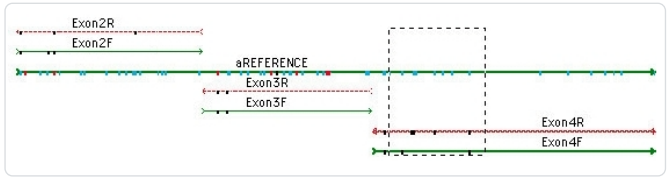
Sequencher®는 플러그인 기능을 통해 alignment 알고리즘으로 Clustal과 MUSCLE을 지원하고 있습니다.





SNP detection

Sequencher®는 하나 이상의 서열을 reference 서열과 비교하여 잠재적인 heterozygote에 대한 모든 서열을 분석합니다. 그 결과 DNA assembly overview에서 모든 heterozygote 위치를 지도상으로 표시하고, Base view에서 실제 염기서열 영역을 확인할 수 있습니다.



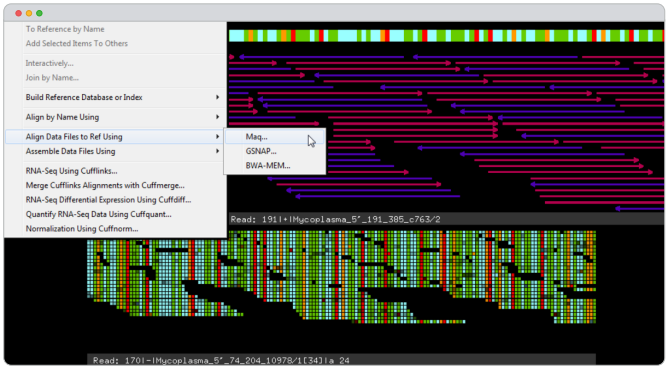
SEQUENCHER®

단순하지만 강력한 DNA 서열 분석 소프트웨어

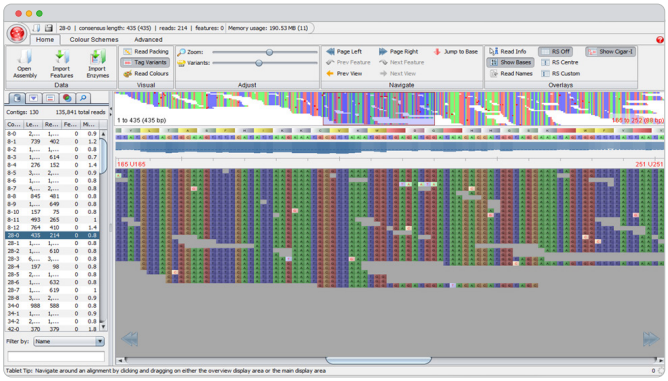
Gene Codes Corporation

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 한 번에 시퀀싱한 데이터도 multiplex 기능을 이용하여 쉽게 분석할 수 있습니다.



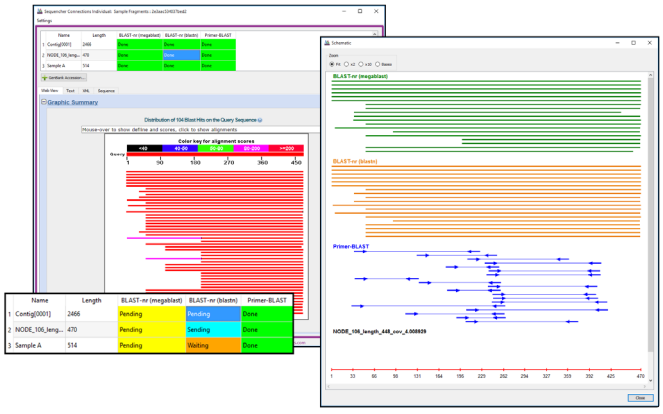
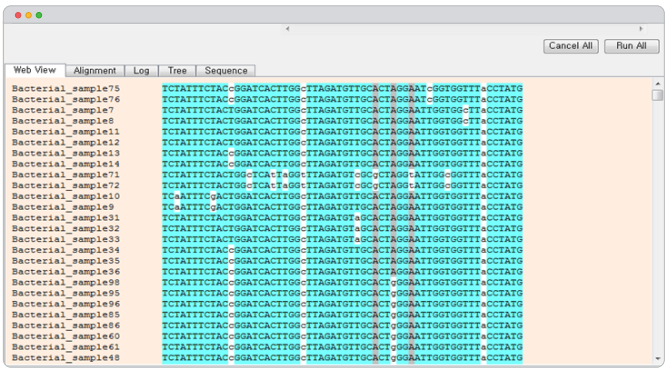
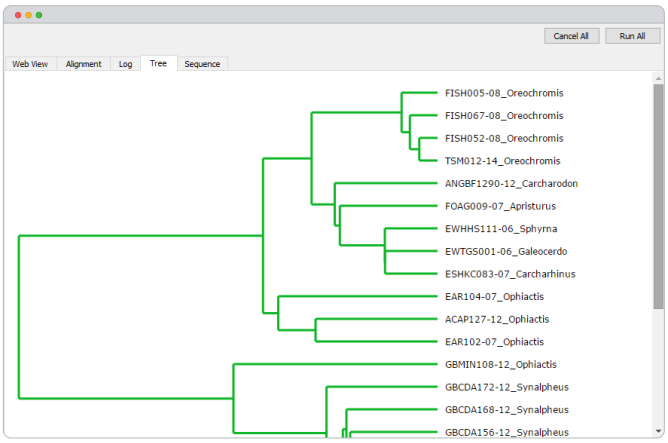
복잡한 커맨드 라인의 alignment 알고리즘인 BWA, GSNAP, Maq을 Sequencher®에서는 직관적이고 사용하기 편리한 그래픽 인터페이스를 제공하여 숙련된 생물정보 학적 기술을 보유하고 있지 않은 사람들도 쉽게 분석할 수 있도록 지원합니다. 또한 NGS 데이터를 분석한 결과는 Tablet viewer를 통해 방대한 양의 정보를 nucleotide, direction, read type, read length 등과 같은 체계적이고 다양한 화면형식을 이용하여 확인할 수 있습니다.



Connections

Connection은 "channels" 설정을 통해 서로 다른 옵션 또는 데이터베이스를 사용하여 서로 다른 분석을 실행할 수 있도록 합니다. 따라서 동일 데이터에 대하여 다양한 옵션의 분석을 동시에 진행할 수 있어 더욱 효율적으로 분석 시간을 절약할 수 있습니다.

개별 서열에 대해 BLAST 검색을 수행할 수 있으며, 각 채널에 사용되는 서로 다른 옵션 또는 데이터베이스를 사용하여 NCBI 데이터베이스를 검색하도록 설정할 수 있습니다. 또한 Primer-BLAST 채널을 설정하여 관심 영역에 대한 primer를 설계하고 해당 primer 서열을 Sequencher로 보낼 수 있습니다.



또한, MUSCLE Alignment 분석도 지원하고 있으며 이후 분석으로 결과 값에 대한 phylogenetic trees도 확인할 수 있습니다. 결과는 phylogram을 사용하여 시각화할 수 있으며, 그림파일로 저장할 수 있어 이후 분석 결과 자료로 편리하게 사용할 수 있습니다.