Company Brochure · 2023

Read Data, Lead Big

바이오 빅데이터의 리더, ㈜인실리코젠

INSILICOGEN

www.insilicogen.com

Contents

01 Company Overview

About Insilicogen 03
CEO's Message 04
Core Value 05
Organization 06
History 07
Partners 10

02 Our Business

Analysis 12
Education 15
AI 16
Solution 18
SI 20

03 Public Relation

Achievements 22
Our Culture 30
Future Plans 31

인공지능 기술로 더욱
업그레이드된 생물정보 기업

㈜인실리코젠은 생물정보 전문기업입니다.
우리 기업은 다양한 생물학적 데이터 분석을 효과적으로 공유하고 수행할 수 있는 플랫폼을 제공하고 있습니다.

㈜인실리코젠은 '데이터를 살아 움직이게 하라'라는 슬로건 아래 새롭게 펼쳐질 미래를 준비하고 있습니다.
데이터 수집, 저장, 분석의 과정에 더욱 깊이 관여하여 빅데이터의 표준을 제시하고 전 세계에 펼쳐진 다양한 데이터와 함께 끊임없이 진화해 나갈 것입니다.

저희 人Co는 AI 기술의 적극적 습득과 도입을 통해 고객에게 새로운 가치를 발 빠르게 제공해드릴 것이며, 한발 앞선 제안을 통해 고객의 미래를 함께 디자인하는 기업이 되겠습니다.

바이오
빅데이터의 리더

㈜인실리코젠은 지난 20여 년간 크고 작은 바이오 빅데이터를 구축해 왔습니다.
과학기술정보통신부, 보건복지부, 농림축산식품부, 질병관리청, 농촌진흥청 등 모든 부처
산하의 오믹스 빅데이터 시스템을 구축해 나가고 있습니다. BIGHUG, BLIMS, CODA, CRIS,
CowScan, KAHIS, MAGIC, MBDC, MEE, NABIC, ODFM, OREO, RRM 등이 그것입니다.

데이터베이스를 구축한다는 것은 반대로 원천 데이터가 어디서 오고, 어디로 가고, 그곳에
숨어 있는 깊은 의미가 무엇인지 알게 되는 계기가 되는 것 같습니다.
오랜 기간 국가와 많은 기업은 막대한 투자를 통해 바이오 데이터를 생산해 왔고 생산해
나갈 예정입니다. 그러나, 이러한 데이터가 표준화되고 체계적으로 관리되지 않는다면
더 큰 데이터를 만들어가는 의미가 퇴색될 것입니다.

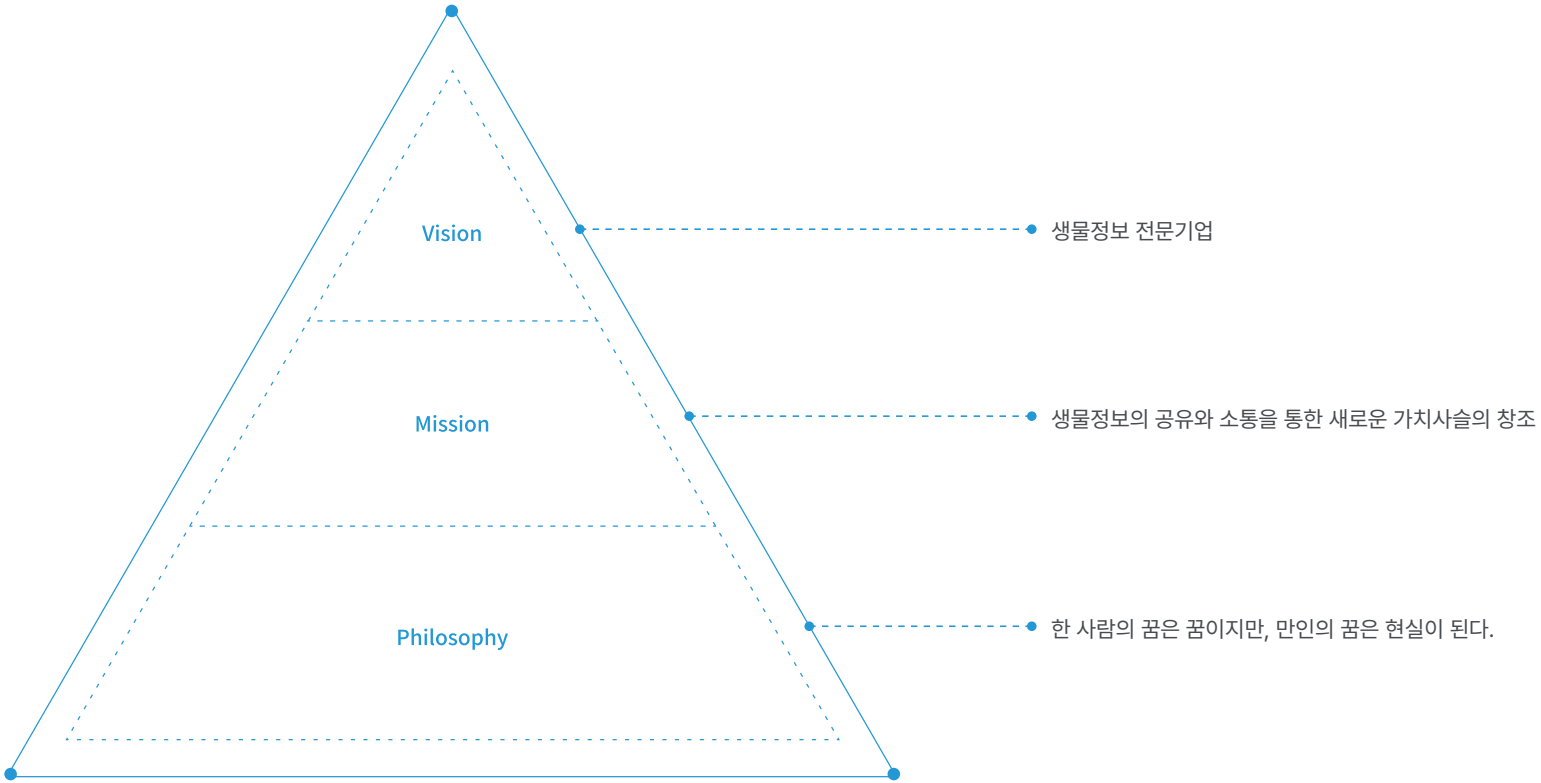
저희 人Co는 이러한 흐름에 한 발 더 깊이 다가서겠습니다. 데이터의 생산, 아카이빙, 모델링 및
분석 등 요소 기술을 발전시키면서 터득한 많은 노하우를 통해 더 생산적이고 효과적인
프로세스를 제시하며 바이오 빅데이터의 주춧돌을 놓겠습니다.

늘 그래 왔듯 사람을 중심에 두고 기술의 진일보를 꿈꾸는 ㈜인실리코젠이 되도록
매진하겠습니다. 많은 관심과 성원 부탁드립니다.

㈜인실리코젠 대표이사 최 남 우

Value Pyramid

人Co는 사람을 중심으로, 사람과 컴퓨터에 의해, 배려와 소통을 통한
새로운 문화를 창조하려는 ㈜인실리코젠의 브랜드 가치를 의미합니다.



수평적 커뮤니케이션과 다양성을 보장하는 창의적 문화

iLAB

insilico Lab

생물정보를 접목한 최적의 연구 결과를 얻기 위해, 실험계획부터 분석 전략과 방법, 데이터 분석환경 구축 및 인력 양성을 위한 교육까지 빅데이터 시대 연구실의 고민을 함께합니다.

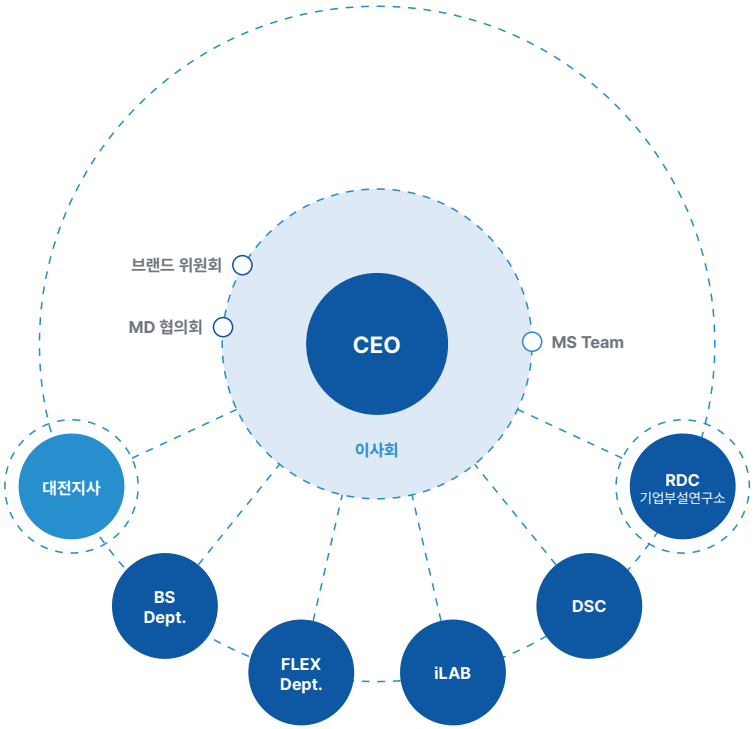
iLAB은 다년간의 경험으로 얻은 생물정보 노하우와 기술력, 다양한 컨설팅을 통해 여러분의 맞춤형 생물정보 파트너로서 연구실에 필요한 모든 환경을 제공합니다.

RDC

R&D Center (전문연구요원 병무청 지정 우수 연구기관)

생물학적 문제를 해결하고자 IT와 수학을 도구로 의미론적 해석에 접근하며 전진하고자 노력하고 있습니다.

단순히 코드화된 생물학적 데이터와 알고리즘의 결합을 넘어서 동물, 식물, 미생물을 포함한 다양한 분야의 NGS 관련 데이터 분석을 생물학적인 의미 기반으로 연구하고 있습니다.



BS

Bioinformatics System Department

다년간의 시스템 구축 경험과 체계화된 프로세스, 최고의 전문 인력에 생물정보 지식을 더하여, 단순하지만 본질적인 해답을 주는 생물정보 세상을 만들어 갑니다.

시스템에 정보를, 정보에 생명을 불어넣는 지식 정보화를 선도합니다.

FLEX

FLEX Department

FLEX는 유연한 사고로, 숨은 잠재력을 끌어올려, 구체적인 계획에 의해, 뛰어넘는다는 의미로 새롭게 출범한 인실리코젠의 통합 서비스 개발 조직입니다.

기획, 마케팅부터 UX/UI, Front-end, Back-end에 이르기까지 성공적인 디지털 비즈니스 모델을 통해 실용적 고객 가치를 제공합니다.

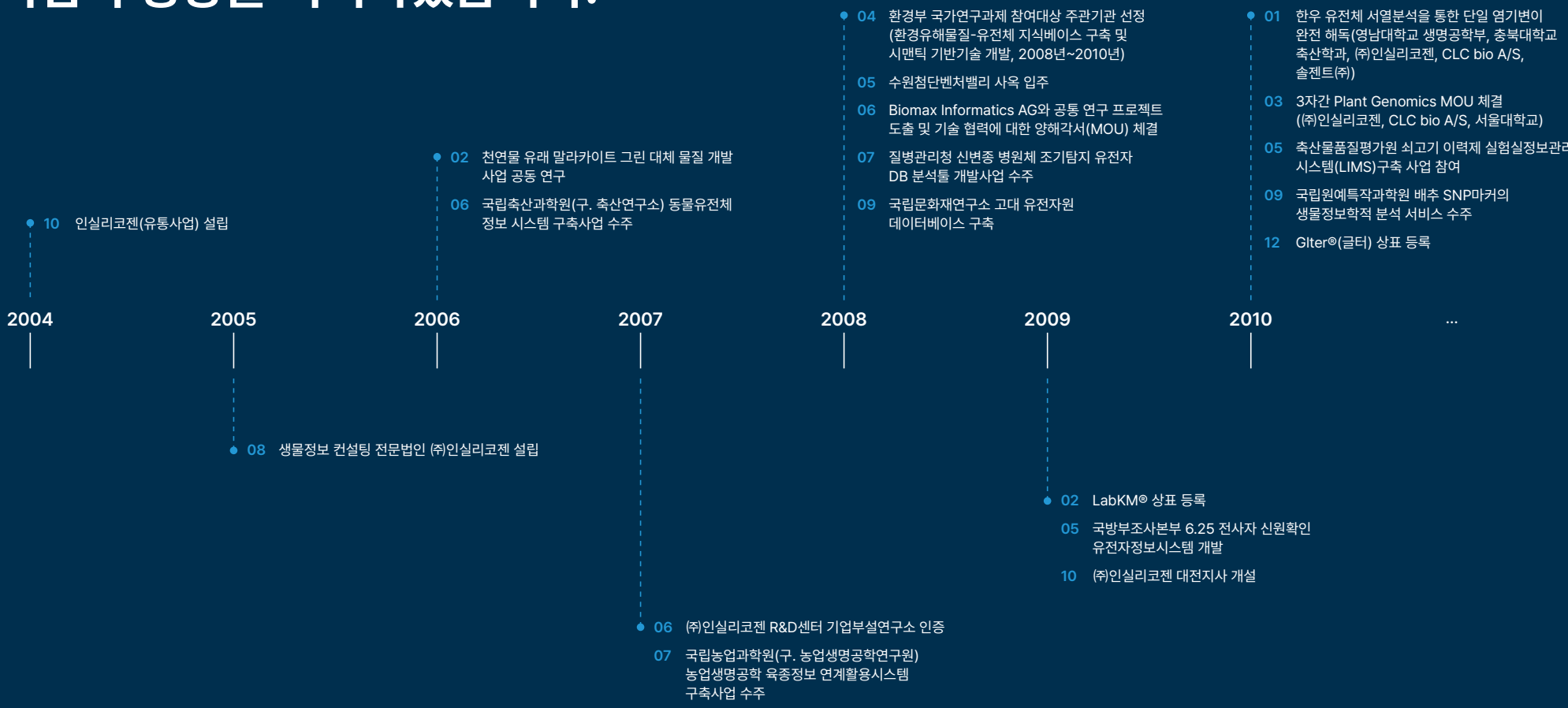
DSC

Data Science Center

생물정보는 생물학 분야에서의 데이터 분석을 넘어, 더 큰 의미의 데이터 과학을 필요로 합니다. 바이오 빅데이터는 멀티오믹스뿐만 아니라, 문헌, 영상, 라이프로그, 네트워크 등 다른 차원의 데이터와 통합하고 있으며, 인공지능과 기계학습으로 실용적 가치를 만들고 있습니다.

DSC는 기초과학, 의료, 헬스케어, 육종 등 전 생물정보 분야에 실용적 가치를 제공하며 고객과 직접 소통하는 전문 컨설팅부터, 데이터 분석, 응용 확장을 위한 플랫폼 개발까지 통합 데이터 과학 서비스를 제공합니다.

지속적인 변화와
기업의 성장을 이어가겠습니다.



2011

- 01 Ontle™(Web-based Ontology Editing: 웹 기반의 온톨로지 편집 운영시스템) 국제 특허 출원
- 01 생물정보 인재양성을 위한 양해각서 체결 (숭실대학교 의생명시스템학부, ㈜인실리코젠)
- 06 경영혁신인증업체 선정
- 12 지식경제부 기술혁신사업 선정 (2011년~2016년)

2012

- 01 Ontle™(Web-based Ontology Editing : 웹기반의 온톨로지 편집 운영 시스템) 특허 등록
- 11 학연 교류 협정서 체결(영남대학교, 한양대학교, 충북대학교, 전북대학교, 성균관대학교, 상명대학교)

2013

- 07 KinMatch™(DNA 검색방법) 특허 등록
- 10 2014년 전문연구요원(병역특례) 병무청 지정 연구기관 선정
- 11 한국식품연구원 전통식품의 역사·과학적 근거기반의 ICT 융복합 콘텐츠 활용시스템 및 정보 표준화 사업 수행(바이오 빅데이터 사업)

2014

- 01 고추 유전체 염기서열 분석 'Nature Genetics' 공동 저자 등재(농촌진흥청 주관 차세대 바이오 그린 21 사업)
- 03 연구개발서비스업 신고 등록
- 08 공공데이터 예비 유망기업 선정
- 12 흥덕IT밸리 사옥 입주

2015

- 01 고용노동부 선정 강소기업 확인 인증
- 09 ㈜인실리코젠 대전지사 확장 이전
- 10 한우 유전체 심포지엄 주최 (농림수산식품기술기획평가원, 경상북도 후원)
- 11 자본금을 2억원으로 증자
- 12 人CoFLEX 개소

2016

- 02 병무청 지정업체 관리 우수업체 선정 경기지방 중소기업청장 표창
- 07 개인 형질 맞춤형 식이 성분 정보 제공을 위한 형질-화학물질 네트워크 기반 모델 개발 국내 특허 등록

2017

- 03 2017년 성실납세자 선정
- 08 신용보증기금 BEST 서비스기업 선정
- 11 iF(INSILICO FOOD) 상표등록

...

2018

- 01 청년친화강소기업 선정 (고용안정 우수)
- 03 빅데이터 기반의 고객 맞춤형 서비스 플랫폼 구축 MOU 체결((주)광동제약)
- 12 해양수산부장관 표창장 수상 (국가수산생물방역통합시스템 구축 사업)

2019

- 01 헬스케어 힐링 융합 비즈니스 생태계 구축사업 MOU 체결 ((재)강릉과학산업진흥원)
- 04 농촌진흥청 국립축산과학원 IncoGWAS 기반 동물 유전체 빅데이터 플랫폼 워크샵 실시 (출시행사)
- 11 멀티오믹스 데이터와 생존분석을 위한 표적 유전자 스크리닝 방법 및 스크리닝 장치 국내특허등록
- 12 해양수산부장관 표창장 수상

2020

- 01 청년친화 강소기업 선정 (일생활균형우수)
- 03 체형 및 대사 감수성 SNP 마커 및 진단정보 제공방법 국내특허 등록
- 12 농림축산식품부 장관상 수상

2021

- 01 청년친화 강소기업 선정 (임금우수/일생활균형우수)
- 06 중소벤처기업부 장관표창
- 06 우수 기업연구소 지정 (과학기술정보통신부)

2022

- 01 청년친화 강소기업 선정 (일생활균형 우수)
- 04 농림축산식품부 농림축산식품기술 기획평가원 (IPET) 디지털육종전환 기술개발사업 수주
  - 온톨로지 기반 데이터 아카이빙 기술개발 (주관 연구, ~ 2024.12)
  - 무, 오이, 호박의 표현체 및 유전체를 이용한 육종 예측모델 개발 (공동 연구, ~ 2024.12)

2023

- 01 청년친화 강소기업 선정 (임금 우수)

협력을 넘어
동반성장의 파트너로!

세계적인 생물정보 그룹과의 실시간 업무협력체계 구축으로
제품개발 및 서비스를 향상하고 있습니다.

데이터 생산

㈜디엔에이링크
㈜랩지노믹스
㈜마크로젠
인바이츠바이오코아㈜
(재)서울의과학연구소
㈜셀레믹스
㈜시선바이오머티리얼스
씨제이바이오사이언스㈜
아주대학교 의료원
강남위담한방병원
㈜바이오투
㈜에스에프씨

데이터베이스 & H/W

㈜베데스타소프트
㈜뮤텍소프트
대원씨티에스㈜
㈜씽크테크
㈜지니온
㈜미소정보기술
네이버
델코리아
오라클 코리아
인텔 코리아
한국IBM
레노버코리아
아마존코리아

데이터 분석

Biobase(QIAGEN)
BioBam Bioinformatics S.L.
Biomax Informatics AG
CLC bio(QIAGEN)
Gene Codes Corporation
geneXplain GmbH
Ingenuity(QIAGEN)
OmicSoft Corporation(QIAGEN)
Petagene
써모피셔사이언티픽코리아㈜
한국애질런트테크놀로지스

세일즈 & 마케팅

(유)퀴아젠코리아
써모피셔사이언티픽코리아㈜
㈜한독
㈜바이오플러스
㈜벤텍사이언스
㈜다윈바이오
㈜파이지노믹스
이룸바이오
한올
바이온텍

인재양성

가천대학교
강원대학교
건국대학교
경희대학교
상명대학교
성균관대학교
세종대학교
숙명여자대학교
순천향대학교
숭실대학교
아주대학교
영남대학교
중앙대학교
전남대학교
전북대학교
충남대학교
충북대학교
한양대학교

국내·외 최고의 생물정보 전문가가 빠르고 신뢰도 높은 맞춤형 생물정보 분석 서비스를 제공해 드립니다.

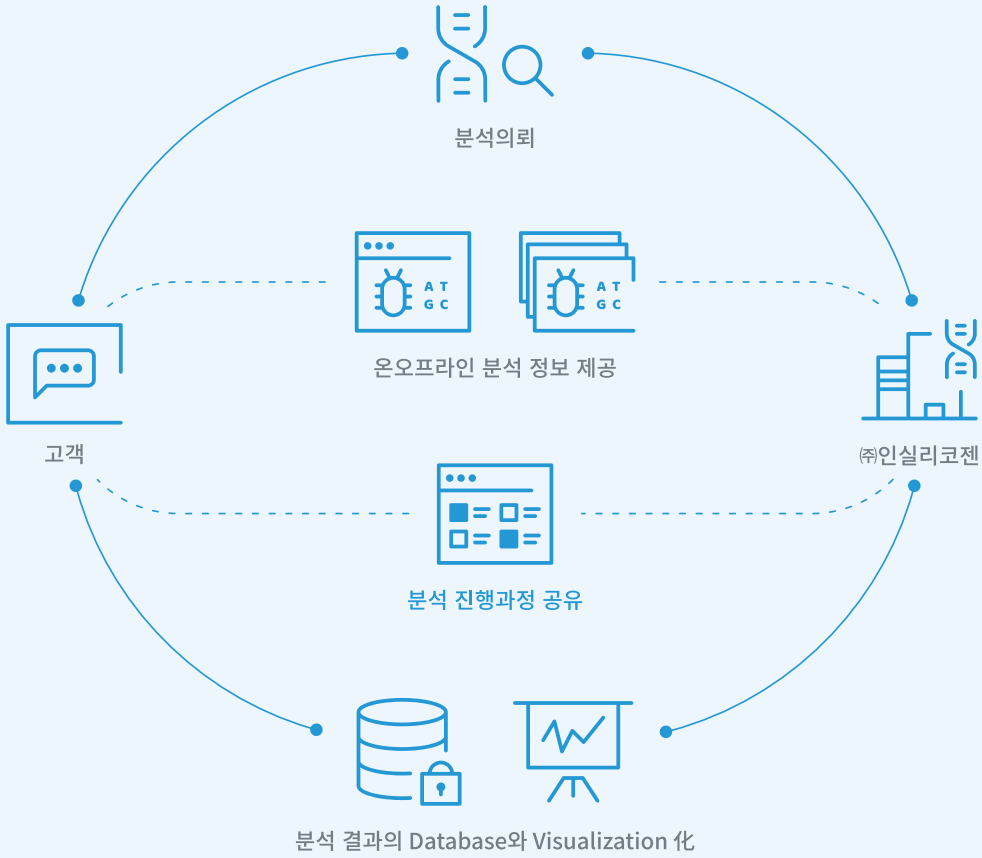
유전체, 전사체, 변이체 분석을 포함한 생명과학 전 분야에 걸쳐 차세대염기서열분석 기반의 생물정보 분석 서비스를 제공하며, 고객의 요구와 목적에 맞는 방법론을 제시하고 그 결과로 고객과 대화합니다.

60여 명의 생물정보 전문 인력과 국외 협력기관이 다년간 구축한 생물정보 분석 파이프라인 및 지식을 통해 고객의 목적에 최적화된 서비스를 제공합니다.

해석하기 어려웠던 기존 데이터부터 특화된 새로운 연구까지 전문화된 서비스를 경험하십시오.

30종 유전체 해독 500TB 원천 데이터 분석

한우, 전복, 광어, 우럭, 고추, 고구마, 오이, 참 돔, 버섯 등



인간

- 질병 연관 변이 분석 (WES, Targeted)
  CLC Genomics Workbench
  QIAGEN Clinical Insight Interpret(QCII)
- 유전자 발현 및 네트워크 분석 (RNA-seq)
  CLC Genomics Workbench Premium
  Ingenuity Pathway Analysis(IPA)
  OmicSoft Land Explorer

동·식물

- 유용 형질 관련 변이 분석
  CLC Genomics Workbench
- 유전자 발현 분석(RNA-seq)
  CLC Genomics Workbench
  OmicsBox Transcriptomics Module

미생물

- 유전자 구조 및 기능 분석
  OmicsBox Genomics Module
  OmicsBox Functional Analysis Module
- 메타게놈 분석
  CLC Microbial Genomics Module
  OmicsBox Metagenomics Module

전사체 분석

- 표준 전사체 어셈블리
- RNA-seq based 유전자 발현치 추정
- DEG/Pattern 분석
- GSEA 분석
- Pathway 분석
- 프로모터/발현 연관 분석
- 네트워크 분석

유전체 분석

- 유전체 사이즈 예측
- 전장 유전체 어셈블리
- Repeat element 분석
- 유전자의 구조 예측
- 단백질 기능 구조 예측
- 단백질 기능 예측
- Long non-coding RNA 분석
- Promoter 분석
- GBS 활용 linkage map 작성

변이 분석

- Potential SNPs 분석
- Potential SSRs 분석
- 종/원산지 판별 마커 발굴
- 유용형질/육종 관련 마커 발굴
- 유전병/질환 연관 SNP 분석
- Population structure 분석
- Phylogenetic tree 분석
- Selective sweep 분석
- Genomic selection 분석
- 유효집단 수 추정
- GWAS 분석
- 기계학습을 이용한 변이마커 개발

비교유전체 분석

- 종간 공통 및 특이 유전자 탐색
- 계통도 분석
- 유전자 소실 및 도입 분석
- 유전자 복제 분석
- 신테니 분석
- 판지놈 분석

후성유전체 분석

- 어레이/시퀀싱 기반 후성 유전체 분석
- Methylation/Histone mark· miRNA 분석
- DMR & Pattern 분석
- GSEA & Pathway 분석
- 발현/조절 통합분석

전사체 분석

01 단백질 제제 처리에 따른 PBMC 초기반응 전사체 발현 분석
02 두경부암 방사선 내성 세포주 전사체 분석
03 인간 Brain tumor & Senescence 전사체 발현 연관성 분석
04 한우 전사체 분석 및 면역 관련 Pathway 분석
05 Genetically modified mouse(GEM) RNA-seq 분석
06 *Equus ferus caballus* 전사체 분석을 통한 유용 유전자 발굴
07 참전복/까막전복의 전사체 비교 분석
08 꽃노랑총채벌레의 표준전사체 어셈블리 및 annotation
09 닭의 조건별 small RNA(piRNA/miRNA) 발현 분석
10 국내 견종에 대한 잠조 EST 구축
11 왕지네 전사체 분석 및 신규 AMP 발굴
12 바퀴벌레 전사체 분석 및 신규 AMP 발굴
13 쥐오줌풀 표준전사체 어셈블리 및 발현 분석
14 돌돔, 조피볼락, 참돔, 숭어 병원성 미생물감염에 따른 전사체 분석
15 잔디 표준 전사체 분석 및 유용 유전자 DEG/Pathway 분석
16 벼의 엽색 관련 유전자 발현 분석
17 방사선 조사에 따른 애기장대 발현 분석
18 인삼 전사체 분석
19 Bostrychia 표준전사체 어셈블리 및 발현분석
20 느타리버섯 성장단계별 발현 및 생물정보학적 기능 분석
21 *Fusarium*의 유성, 무성 생식 관련 유전자 발현 분석

변이분석

01 양귀비 품종 구분을 위한 전사체 기반 변이 분석
02 HIV 바이러스 비교유전체 분석
03 도라지 엽색 판별 마커 및 기계학습 모델 개발
04 반려견 퇴행성 질환 조기진단 마커 개발
05 한국인 유방암 WES 변이 분석
06 밤나무 품종 간 변이 및 육종 마커 분석
07 전복 집단(육종) 변이 마커 분석
08 미역 집단 분석
09 한우 변이 분석 및 유용 유전자 발굴
10 재래닭 품종 간 변이 분석
11 메추라기 종 간 변이 분석
12 선충 비교 유전체 분석
13 유방암/위암 methylation/mRNA/miRNA chip 분석
14 벼 품종 간 변이 분석 및 유용 유전자 발굴
15 배추 SNP 분석 및 마커 분석
16 고추 품종 간 SNP 분석 및 마커 분석
17 양상추 품종 판별 마커 분석
18 황기 원산지 판별 마커 분석
19 *Brucella*(미생물) 6종 간 판별 마커 분석

유전체 분석

01 결명자 유전체 분석
02 강도다리, 명태, 빙어, 흰동가리, 붉바리, 말쥐취, 미꾸라지, 뱀장어 유전체 분석
03 오이흰가루병 mtDNA 분석
04 혈액 기반 생체시료 NGS 분석 파이프라인 및 임상 리포팅 시스템 개발
05 해수/담수 이매패류 유전체 분석
06 참전복(해양생물종) 유전체 분석
07 쯔쯔가무시병 매개 털 진드기(거미강) 유전체 분석
08 메추라기(조류) 유전체 분석
09 밍크 고래(포유류) 유전체 서열 분석 및 변이 분석
10 고추, 배추, 고구마(식물) 유전체 내 유전자 구조 분석
11 홍조류(개꼬시래기, 우뭇가사리, 김) 및 갈조류(미역류) 유전체 분석
12 *Xylaria*(균류) 유전체 분석
13 깨씨무늬병 유발 병원체(균류) 유전체 분석
14 상황버섯(균류) 유전체 분석
15 *Hansenula polymorpha*(균류) 유전체 분석
16 *Fusarium*(균류) 유전체 분석 및 종간 분석
17 돌돔, 참돔, 조피볼락, 숭어(어류) 유전체 분석
18 왕지네(다지류) 유전체 분석

비교유전체 분석

01 결명자 유전체의 진화론적 연구
02 다시마류 13종 유전체의 진화론적 연구
03 재배 오이 품종의 비교 유전체
04 유산균종들의 판지놈 분석

후성유전체 분석

01 참전복 고수온내성/비내성 집단 methylation 비교 분석
02 한우 multi-omics(RNA/MBD-seq) 분석
03 한약재 처리 관리 multi-omics(RNA/Epic850k) 분석
04 Cancer Stem Cell(CSC) Histone CHIP-seq 분석
05 마우스 WGBS 분석

人Co가 만들어 가는 교육 프로그램은 생물정보학 발전의 원동력입니다.

국내 연구기관과 기업에서 요구하는 최신 생물정보 실무교육을 통해 바이오 연구개발에 필요한 현장중심의 인재 양성을 목적으로, 최고의 생물정보 솔루션을 통해 기술교육 및 현장실습 교육을 지원하고 있습니다.

(주)인실리코젠은 전산 기반, 유전체 및 전사체 분석, 프로그래밍 등 다양한 분야의 전문가를 보유함으로써 교육대상에 따른 커리큘럼을 디자인하여 최적의 교육 결과를 도출합니다.

50개 기관 · 10,000명 인력 양성

人CoSEMINAR

생물정보 기초 교육 프로그램
이론 및 생물정보 솔루션 활용 방법 교육

人CoWORKSHOP

생물정보 분석 역량 강화를 위한 맞춤형 교육
실무 예제 중심의 실습 교육 제공

차세대 생명정보학 교육 워크숍

국가생명연구자원정보센터(KOBIC)와 협업
생명정보 전반 내용으로 교육 진행

人CoACADEMY

온라인 교육센터
생물정보 솔루션을 활용한 다양한 교육 콘텐츠 제공
생물정보 분석을 수행할 수 있도록 지원

人CoINTERNSHIP

생물정보 인재양성 프로그램
바이오 연구개발 현장 실습
조직생활 기초개념을 이해할 수 있는 기회 제공

© 2023 Insilicogen, Inc.

데이터를 넘어
지식이 되기 위한 과정에
인공지능 기술이 함께합니다.

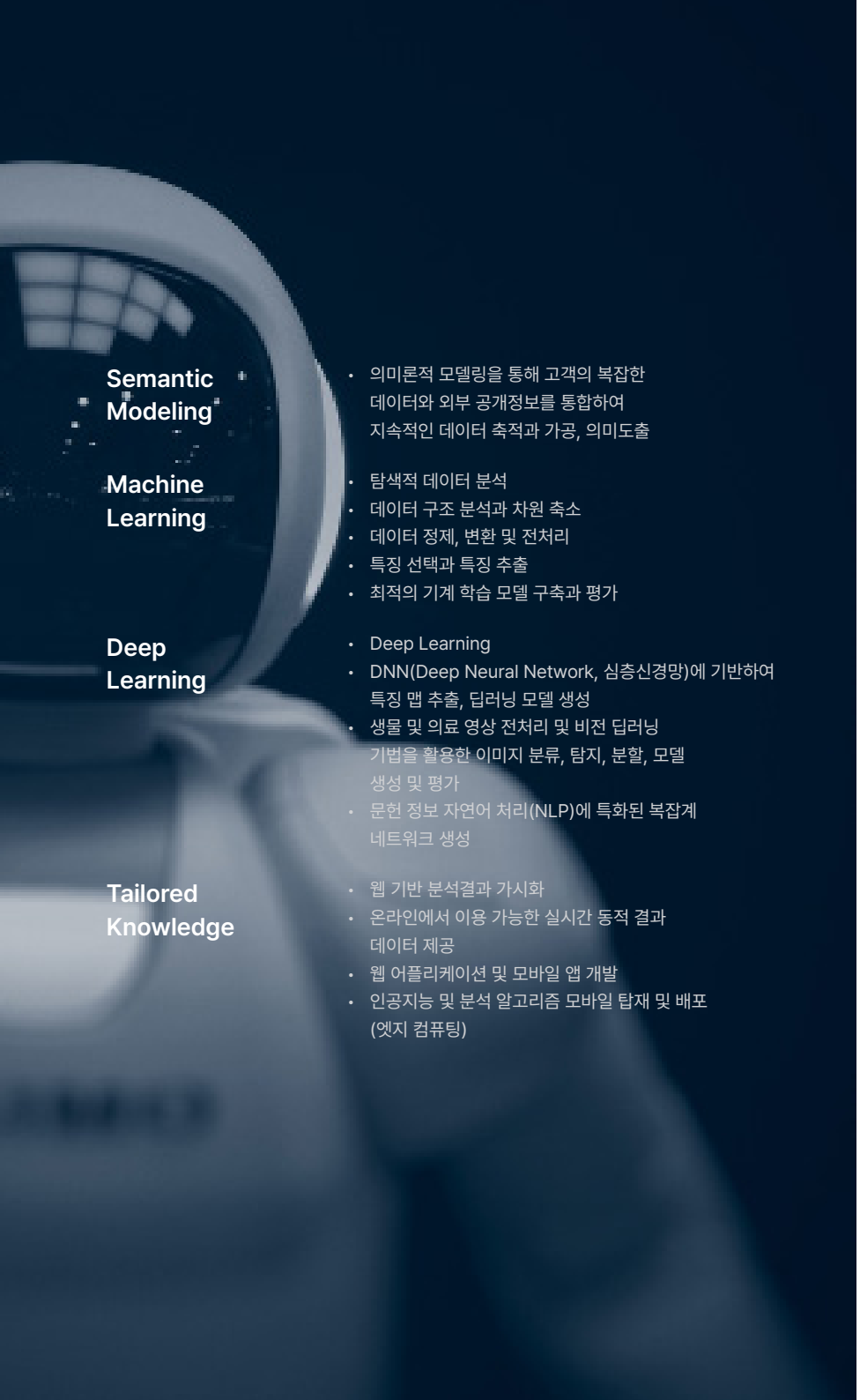
생물정보학에서 인공지능 기술은 이전부터 중요하게 활용되고 있습니다.
알려진 정보들을 기계 학습하여, 알기 어려운 것을 알 수 있게 합니다.
최근의 빅데이터와 딥러닝의 지속적인 기술 발전은 그 가능성을 더 높여줍니다.

멀티오믹스뿐 아니라, 문헌, 영상, 네트워크 등 복잡한 데이터 속에서 숨겨진 의미와 가치를 찾아 고급 지식으로 만들 수 있습니다.

인실리코젠의 인공지능 기술은 일반적인 문자 데이터부터 Sequential 데이터, 영상 이미지 및 의·약학 분야의 대용량·비정형 빅데이터를 다룰 수 있으며 이들을 구조화 및 상호 연계, 기계 학습, 특징 선택/추출 방법으로 숨은 지식의 발견과 통합적 이해를 지원합니다.

다수 빅데이터 분석, 기계학습 과제 수행

한우등심영상 분석, 농림수산경제형질 유전 마커 선발, 도토기 미량원소 분석 등



Semantic Modeling

- 의미론적 모델링을 통해 고객의 복잡한 데이터와 외부 공개정보를 통합하여 지속적인 데이터 축적과 가공, 의미도출

Machine Learning

- 탐색적 데이터 분석
- 데이터 구조 분석과 차원 축소
- 데이터 정제, 변환 및 전처리
- 특징 선택과 특징 추출
- 최적의 기계 학습 모델 구축과 평가

Deep Learning

- Deep Learning
- DNN(Deep Neural Network, 심층신경망)에 기반하여 특징 맵 추출, 딥러닝 모델 생성
- 생물 및 의료 영상 전처리 및 비전 딥러닝 기법을 활용한 이미지 분류, 탐지, 분할, 모델 생성 및 평가
- 문헌 정보 자연어 처리(NLP)에 특화된 복잡계 네트워크 생성

Tailored Knowledge

- 웹 기반 분석결과 가시화
- 온라인에서 이용 가능한 실시간 동적 결과 데이터 제공
- 웹 어플리케이션 및 모바일 앱 개발
- 인공지능 및 분석 알고리즘 모바일 탑재 및 배포 (엣지 컴퓨팅)

연구과제 및 사업수행

[질병관리청] 헬스케어 데이터 분석을 위한 시각화 및 대규모 컴퓨팅 기반 인공지능 파이프라인 구축
[㈜로완] 인공지능 기반 치매 디지털 치료제 개인화 추천 시스템 구축
[국립수산과학원] 기계학습 기반 넙치 성장 예측 모형 구축
[축산물품질평가원] 인공지능 기반 한국형 소도체 기계화 품질평가 시스템 구축
[디이프] 식품영상 객체 탐지 및 분류모델 구축
[국립문화재연구소] 목조문화재 흰개미 피해 예측 기계학습 모델 수립
[축산물품질평가원] 한우등심 영상 분석(딥러닝)을 통한 품질 지표 추정
[국립축산과학원] 반려견 퇴행성 유전질환 조기진단 마커를 기계학습 기술을 이용하여 발굴
[국립수산과학원] 전복 고수온내성 예측 기계학습 모델 개발
[환경부] 환경유해물질-유전체 지식베이스 구축 및 시맨틱 기반기술 개발
[환경부] 독성유전체학을 이용한 중금속 독성 지표의 발굴
[식품산업기술지원센터] 한식 및 한식원료의 건강기능, 문화, 지리적 우수성에 대한 총괄분석
[한국식품연구원] 전통식품 시맨틱 데이터베이스설계 분석 프로그램
[한국식품연구원] 한식전문 온톨로지 및 시맨틱 데이터베이스 구축
[부산대학교] 항노화 노화분자네트워크데이터베이스 구축
[한국식품연구원] 식품정보 통합 분석을 통한 인실리코푸드 파일럿 시스템 개발
[광동제약㈜] iF DB 기반 건기식 복잡계 DB 구축 및 h파일럿 시스템 개발

특허 및 프로그램 등록

[특허출원 10-2021-0168283] 골다공증 위험도 예측 시스템
[특허 등록 10-2118103] 한우 등심 영상정보를 이용한 근내지방 섬세도 측정방법
[특허 등록 10-2067076] 반려견 슬개골 탈구증 예측 및 진단용 바이오마커 조성 및 진단 방법
[특허 출원 10-2019-0023081] 폐암 진단용 바이오 마커 조성
[특허 출원 10-2019-0025109] 바코드 서열 정보 기반 고민감도 유전변이 탐지 및 레포팅 시스템
[특허 출원 10-2019-0155754] 반려견 퇴행성 유전질환 예측 및 진단용 바이오마커 조성 및 진단 방법
[특허등록 10-1107582] 웹기반 온톨로지 편집 운영 시스템
[프로그램등록 2011-01-121-005389] Smart-TGM 중금속 독성지표 발굴 도구
[프로그램등록 2011-01-129-001569] WeightViz 가중치별 가시화도구
[프로그램등록 C-2014-030421] 개인유전체 기반의 비만위험도 계산 프로그램
[PCT출원 pct110125] 웹기반 온톨로지 편집 운영 시스템
[특허출원 10-2014-0163505] 개인형질 맞춤형 식이성분 정보제공을 위한 형질-화학물질 네트워크 시스템 및 제공방법
[특허출원 10-2014-0170397] 개인 유전체 기반의 비만 위험도 분석 시스템 및 방법
[특허출원 10-2015-0156844] 개인 유전형 및 표현형 정보를 고려한 맞춤형 식품정보 추천 시스템

Reduce your time with scientific results!

세계적으로 가장 인정받고 있는 생물정보 솔루션을 국내에 공급하고, 온라인 교육센터 운영을 비롯한
다양한 교육 컨설팅을 통하여 연구자들이 직접 생물정보 분석을 수행할 수 있는 환경을 제공하고 있습니다.

120개 기관 · 100,000명 고객확보

인간 유전변이 연구

CLC Genomics Workbench
OmicSoft Suite
HGMD® Professional
HSMD
COSMIC
QCI™ Interpret
Sequencher

동·식물 유전체 연구

CLC Genomics Workbench
OmicsBox Genome/Functional Analysis
FGENESH
Pedant-Pro™ Sequence Analysis Suite

전사체 연구

CLC Genomics Workbench Premium
OmicSoft Suite
OmicSoft OncoLand / DiseaseLand / Single-CellLand
Ingenuity® Pathway Analysis
OmicsBox Transcriptomics
Genevestigator®

미생물 유전체 연구

CLC Genomics Workbench Premium
OmicsBox Genome/Functional Analysis
OmicsBox Metagenomics

실험실 관리

LabCollector

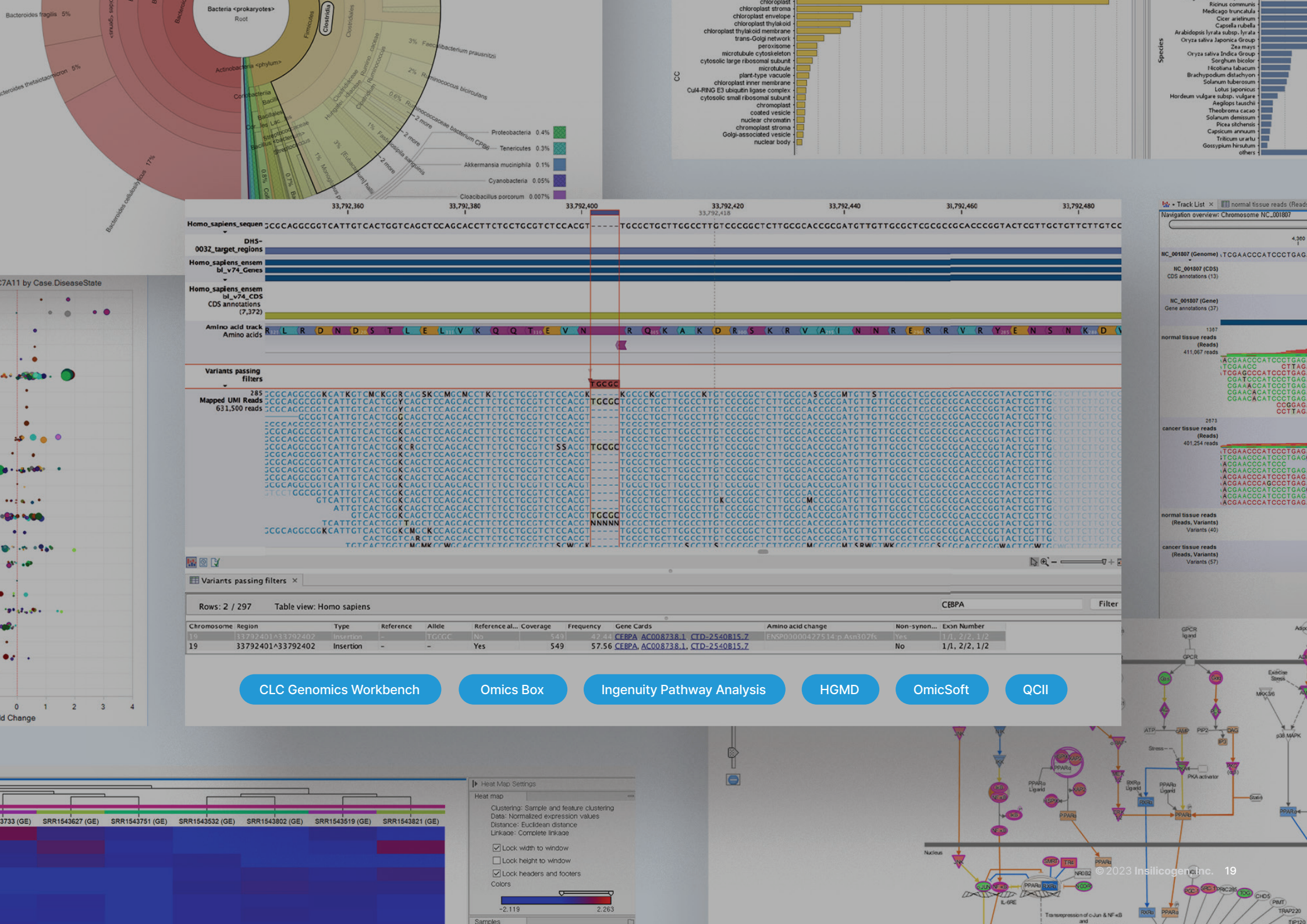
하드웨어

Intel Select Solution - GATK Best Practice
Dell OEM Workstation

연구실 맞춤형 솔루션

incoFIT Basic
incoFIT Advanced
incoFIT Professional
incoFIT Rental

© 2023 Insilicogen, Inc.



© 2023 Insilicogen Inc.

시스템에 정보를,
정보에 생명을 불어넣는
지식 정보화를 선도합니다.

㈜인실리코젠의 SI 사업은 20여 년간의 생물정보 시스템 구축과 분석 경험을 기반으로 연구자가 필요로 하는 최신 BIO DB 관리 및 분석 솔루션을 제공하여 보다 쉽고 편리하게 유용 데이터를 생산하고 대용량 생물정보 데이터를 분석할 수 있도록 지원합니다.

종, 유전자, 표본 등 기초 유전자원 관리부터 실험실 정보 관리, 오믹스 데이터 및 대용량 데이터 분석·관리, 더 나아가 빅데이터와 인공지능을 활용하여 새로운 품종 개발을 위한 데이터 육종 분야까지 필요로 하는 모든 분야에 ㈜인실리코젠이 항상 함께할 것입니다.

과학기술정보통신부 · 농림축산검역본부 · 농촌진흥청 · 보건복지부 · 환경부
산업통상자원부 · 중소벤처기업부 · 통일부 · 해양수산부 · 행정안전부 · 질병관리본부 KCDC
농촌진흥청 국립농업과학원 · 환경부 국립생물자원관 · 해양수산부 국립수산과학원 · 경찰청 · 대한민국 국방부
국립해양생물자원관 · 국방부조사본부 · 보훈공단 중앙보훈병원 · 축산물품질평가원
KISTI 한국과학기술정보연구원 · 한국생명공학연구원 · KFRI 한국식품연구원 · KAERI 한국원자력연구원

30개 기관 60개 시스템 구축

CODA, NABIC, MAGIC, 치매빅데이터플랫폼 AIzNAVi, 6.25 전사자 및 실종아동찾기 유전 정보 검색시스템 등

통합정보시스템 구축

[질병관리청] 임상 유전체생명정보시스템(CODA)
[질병관리청] 희귀질환 임상유전체 관리시스템 구축
[국가생명연구자원정보센터] 바이오 연구데이터 품질관리 시스템 구축
[국립해양생물자원관] 해양수산바이오 데이터센터 플랫폼 개발
[국립농업과학원] 농업생명공학정보시스템(NABIC)
[국립수산과학원] 국가수산생물방역 통합시스템 구축
[한국원자력연구원] 식품·검역 방사선 반응 데이터 표준화 및 관리시스템 구축
[(재)강릉과학산업진흥원] 개인 맞춤형 건강관리 서비스 플랫폼 구축
[한국식품연구원] 식품한의안전 융합콘텐츠 기반의 건강식이 정보제공을 위한 식치 통합정보시스템 고도화 사업
[국립문화재연구소] 고대유전자원정보시스템
[국립축산과학원] 가축유전자원종합관리시스템
[국립축산과학원] 동물유전체정보시스템
[국립문화재연구소] 고대 인골 형질 인류통합정보시스템

오믹스 분석 및 관리 시스템 구축

[질병관리청] 코로나19 확진자 멀티오믹스 정보분석시스템 구축
[국립문화재연구소] 고고생물 대용량 유전정보 DB 시스템
[KISTI] 웹기반 멀티오믹스 통합분석 인터페이스
[KISTI] 국제 협력 연구지원을 위한 차세대 바이오 연구분석 기술
[KISTI] 사용자 맞춤형 차세대 유전체 데이터 통합 분석 시스템

유전자원 관리 및 데이터베이스 구축

[가천대학교 매디컬캠퍼스] 코로나19 후유증 관련 중개연구를 위한 의료데이터베이스 구축
[국가생명연구자원정보센터] 유전체 등록 관리시스템 구축
[질병관리청] Kor-GLASS 통합데이터베이스 구축
[식품의약품안전처] 식중독균통합정보 DB시스템
[질병관리청] 바이러스 유전자 DB 고도화
[질병관리청] 식중독 바이러스 감시망 운영시스템 및 유전자 분석 모듈 개발
[질병관리청] 신경계 바이러스 유전자 DB 기능 개선 및 확장
[농림축산검역본부] 유전자 변이관리시스템
[국립수산과학원] 수산생물 단일염기 정보관리시스템
[질병관리청] 급성설사 원인병원체 실시간 DB 운영을 위한 시스템
[농림축산검역본부] 유전자분석 결과 및 DB 관리시스템
[국립축산과학원] 생명자원통합 DB
[국립문화재연구소] 고인골 Y-SNP 및 고고 생물 유전정보 DB 시스템
[한국생명공학연구원] 유전자 변형 마우스 데이터 수집 전산시스템

바이오뱅크 시스템 구축

[중앙보훈병원] 바이오뱅크 및 유전체 정보관리시스템

이력관리 시스템 구축

[전라남도 신안군] 신안 천일염 명품화를 위한 생산이력 관리시스템
[남원 친환경 흑돈 클러스터 사업단] 친환경 고원흑돈 이력관리 추적시스템
[한경대학교] 늘푸름 홍천한우 RFID 이력 정보관리시스템
[축산물품질평가원] 스마트 쇠고기 이력 시스템 고도화
[전남대학교] 녹색한우 개체 관리 시스템
[한경대학교] 장수군 개체 관리 시스템

대용량 데이터베이스 구축 및 분석

[KISTI] 분산처리기반 바이오 네트워크 빅데이터 통합분석시스템
[국방과학연구소] 미지작용제 통합검증시스템
[KISTI] 치매 데이터 네트워크 내비게이션 프로그램 및 분석 통합 플랫폼
[KISTI] 천문 우주 데이터 분석 클라우드 사용자 인터페이스
[KISTI] 단백질 상호작용 및 전산모사 통합관리 시스템
[KISTI] 가상 클러스터 관리 서비스를 위한 사용자 인터페이스
[KISTI] 뇌영상 정보추출 응용 분석을 위한 자원 관리 포털 시스템
[국립해양생물자원관] 국가해양수산생물유전체 정보 관리 시스템

유전자검사시스템 구축

[행정안전부] 강제동원 희생자 유전DNA 식별정보 DB 구축
[통일부] 이산가족유전정보 DB
[KISTI] 웹기반 멀티오믹스 통합분석 인터페이스
[축산물품질평가원] 쇠고기 이력제 실험실 정보관리시스템
[국방조사본부] 6.25 전사자 신원확인 유전자 정보시스템
[국립과학수사연구원] 실종아동등 찾기 유전자정보 검색시스템

표본관리 및 유전자 바코드

[국립생물자원관] 야생생물 통합 유전정보 시스템
[국립수산과학원] 해양 생물 표본확보 DB 및 관리시스템
[충남대학교] 해양생명자원기탁 등록기관 통합관리시스템
[국립농업과학원 농업유전자원센터] 농업유전자원 바코딩 시스템

Achievements

인증

01 전문연구사업자 신고증(주문연구: 공학 연구개발업)
과학기술정보통신부 2022.06.27 / 2024.10.20

02 청년친화강소기업 선정서(임금 우수)
고용노동부 2022.01.01 / 2022.12.31

03 청년친화강소기업 선정서(임금우수/일생활균형우수)
고용노동부 2021.01.01 / 2021.12.31

04 청년친화강소기업 선정서(일생활균형우수)
고용노동부 2020.01.01 / 2020.12.31

05 직접생산증명(빅데이터분석서비스)
KBIZ 중소기업중앙회 2021.03.17 / 2023.03.16

06 직접생산증명(소프트웨어개발)
KBIZ 중소기업중앙회 2021.03.17 / 2023.03.16

07 청년친화강소기업 선정서(고용안전)
고용노동부 2018.01.01 / 2018.12.31

08 경영혁신형 중소기업(MAIN-BIZ)확인
서중소기업청장 2020.06.27 / 2023.06.26

09 Best 서비스기업선정
신용보증기금 2017.08.04

10 청년 친화 강소기업 인증
고용노동부 2016.04.17~현재

11 기업부설연구소 인정
한국산업기술 진흥협회 2007.06.18

특허등록

01 체형 및 대사 감수성 SNP 마커 및 진단정보 제공방법
(10-2093453) 2020.03.19

02 개의 슬개골 탈구증 예측 또는 진단용 바이오마커 조성물 및 이를 이용한 개의 슬개골 탈구증 예측 또는 진단방법
(10-2067076) 2020.01.10

03 멀티오믹스 데이터와 생존분석을 이용한 표적 유전자 스크리닝 방법 및 스크리닝 장치
(10-1107582) 2019.11.01

04 DNA 검색 방법
(10-1287400) 2013.07.12

05 웹 기반의 온톨로지 편집 운영 시스템
(10-1107582) 2012.01.12

수상

01 식품산업 발전에 이바지
농림축산식품부 장관상 수상 2020.12

02 해양수산업 발전 이바지
해양수산부장관 표창 2019.12

03 수산시험 연구 활성화 공로
해양수산부장관 표창 2018.12

04 병무청 지정업체 관리 우수업체
경기지방중소기업청장 표창 2016.02

상표등록

01 iF®(INSILICO FOOD)
2017.11.01

02 GLTER®
2011.01.05

03 LabKM®
2009.02.13

프로그램 등록

01 KinMatch(혈연관계정보검색시스템) 외 61건 프로그램 등록

특허출원

01 유전자 발현 정보 제공 장치 외 6건

생물정보 지식연계 플랫폼,
월평균 이용자 70,000명!

㈜인실리코젠의 생물정보 지식연계 플랫폼은 생물정보 분야의 지식을 공유하고, 온·오프라인 생물정보 교육 프로그램을 운영하며, 온라인으로 콘텐츠 구매까지 이르는 빅데이터 검색 기반의 생물정보 분석을 위한 다양한 콘텐츠를 제공하고 있습니다.

人CoDOM · 人CoBLOG

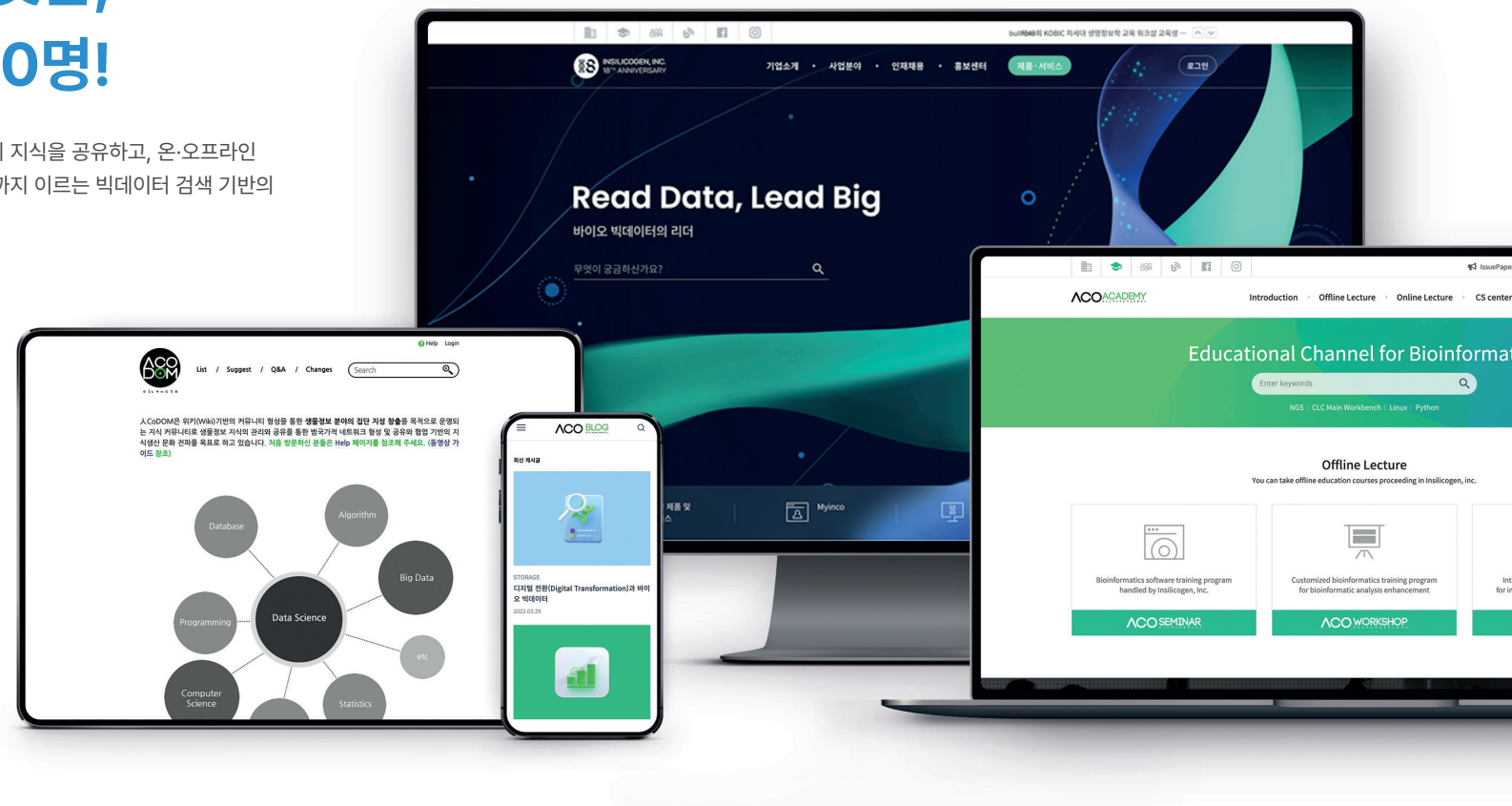
- 생물정보분야 지식공유채널
- 인코덤 콘텐츠 2,100여 편
- 인코블로그 450여 편

오프라인 생물정보 교육

- 인턴십 프로그램
- 차세대 생물정보 교육 운영

人CoACADEMY · MyInco

- 온라인 교육채널
- 온라인 구매채널



01 Malik A, Subramaniyam S, Kim CB, Manavalan B. SortPred: The first machine learning based predictor to identify bacterial sortases and their classes using sequence-derived information. Comput Struct Biotechnol J. 2021 Dec 14;20:165-174. doi: 10.1016/j.csbj.2021.12.014. PMID: 34976319; PMCID: PMC8703055.

02 Mi XJ, Tran THM, Park HR, Xu XY, Subramaniyam S, Choi HS, Kim J, Koh SC, Kim YJ. Immune-enhancing effects of postbiotic produced by Bacillus velezensis Kh2-2 isolated from Korea Foods. Food Res Int. 2022 Feb;152:110911. doi: 10.1016/j.foodres.2021.110911. PMID: 35181083.

03 Graf L, Shin YH, Yang JH, Hwang IK, Yoon HS. Transcriptome analysis reveals the spatial and temporal differentiation of gene expression in the sporophyte of Undaria pinnatifida. Algal Research. 2022 Nov;68, 102883. doi: 10.1016/j.algal.2022.102883.

04 Kim C, Kim JS , Lee HJ, Seong B, Seo SW, Son HJ , Jeon JH , Shin YH. Transcriptome analysis demonstrating the therapeutic effect of Tenodera angustipennis (Mantidis Ootheca) extracts on radiation-induced gonadal toxicity in mouse testis. Entomological Research. 2022 Jul 20; 52(7), 319-326. doi: 10.1111/1748-5967.12604.

05 Kwon YI, Lee JY, Park JH, Kim YM, Kim SH, Won YJ, Kim HY. Osteoporosis Pre-Screening Using Ensemble Machine Learning in Postmenopausal Korean Women. Healthcare. 2022 Jun 11; 10(6), 1107. doi: 10.3390/healthcare10061107. PMID: 35742158; PMCID: PMC9222287.

06 Lee CW, Cheon KS, Shin YJ, Oh HJ, Jeong YM, Jang H, Park YC, Kim KY, Cho HC, Won YJ, Baek JH, Cha YS, Kim SL, Kim KH, Ji HS. Development and Application of a Target Capture Sequencing SNP-Genotyping Platform in Rice. Genes. 2022 Apr 28;13(5), 794. doi: 10.3390/genes13050794. PMID: 35627177; PMCID: PMC9141132.

07 Shin GH, Hong JM, Park SW, Kang BC, Lee BM. Visualization for Integrated Analysis of Multi-Omics Data by Harmful Substances Exposed to Human. Journal of Korea Multimedia Society. 2022 Dec; 25:2.

08 Shin GH, Hong JM, Park SW. Novel data archival system for multi omics data of human exposure to harmful substances. Molecular & Cellular Toxicology. 2022 Feb 25;18.

09 Noh ES, Kang BC, Kim J, Jeon JH, Kim YO, Byun SG, Kim WJ, Nam BH. Draft Assembled Genome of Walleye Pollock (Gadus chalcogrammus). Front Marin. 2022 Feb 16; 9:744941. Doi: 10.3389/fmars.2022.744941.

10 Shin Y, Noh ES, Jeon JH, Shin GH, Kim EM, Kim YO, Kim H, Jung H, Nam BH. First Draft Genome of a Mud Loach (Misgurnus mizolepis) in the Family Cobitidae. Front Marin. 2022 Jan 3;8:1913. doi: 10.3389/fmars.2021.799148.

11 Jo S, Seo S, Jung K, Bai H. Radiation response data analysis using Bayesian nonparametric regression models with shape-restriction. J Kor Data & Infor. Sci. Soc. 2021; 32:1295.

12 Lee SC, Lee JW, Lee DH, Huh MJ, Nam I, Park JH, Jung M, Park IK. Identification of Sex Pheromone Components of Korean Dioryctria abietella (Lepidoptera: Pyralidae) Population and Synergism of Pheromone and Pine Cone Volatile Blends. J Econ Entomol. 2021 Dec 1:toab227. doi: 10.1093/jee/toab227. Epub ahead of print. PMID: 34865067.

13 Song K, Shin Y, Jung M, Subramaniyam S, Lee KP, Oh EA, Jeong JH, Kim JG. Chromosome-Scale Genome Assemblies of Two Korean Cucumber Inbred Lines. Front Genet. 2021 Nov 19;12:733188. doi: 10.3389/fgene.2021.733188. PMID: 34868208; PMCID: PMC8640492.

14 Xuan B, Park J, Choi S, You I, Nam BH, Noh ES, Kim EM, Song MY, Shin Y, Jeon JH, Kim EB. Draft genome of the Korean smelt Hypomesus nipponensis and its transcriptomic responses to heat stress in the liver and muscle. G3 (Bethesda). 2021 Sep 6;11(9):jkab147. doi: 10.1093/g3journal/jkab147. PMID: 33944944; PMCID: PMC8496316.

15 Shin Y, Subramaniyam S, Chun JM, Jeon JH, Hong JM, Jung H, Seong B, Kim C. Genome-Wide Differential Methylation Profiles from Two Terpene-Rich Medicinal Plant Extracts Administered in Osteoarthritis Rats. Plants (Basel). 2021 Jun 2;10(6):1132. doi: 10.3390/plants10061132. PMID: 34199631; PMCID: PMC8227118.

16 Yu GE, Shin Y, Subramaniyam S, Kang SH, Lee SM, Cho C, Lee SS, Kim CK. Machine learning, transcriptome, and genotyping chip analyses provide insights into SNP markers identifying flower color in Platycodon grandiflorus. Sci Rep. 2021 Apr 13;11(1):8019. doi: 10.1038/s41598-021-87281-0. PMID: 33850210; PMCID: PMC8044237.

17 Kim S, Subramaniyam S, Jung M, Oh EA, Kim TH, Kim JG. Genome Resource of Podosphaera xanthii, the Host-Specific Fungal Pathogen That Causes Cucurbit Powdery Mildew. Mol Plant Microbe Interact. 2021 Apr;34(4):457-459. doi: 10.1094/MPMI-11-20-0307-A. Epub 2021 Mar 3. PMID: 33264046.

18 Kang SH, Pandey RP, Lee CM, Sim JS, Jeong JT, Choi BS, Jung M, Ginzburg D, Zhao K, Won SY, Oh TJ, Yu Y, Kim NH, Lee OR, Lee TH, Bashyal P, Kim TS, Lee WH, Hawkins C, Kim CK, Kim JS, Ahn BO, Rhee SY, Sohng JK. Genome-enabled discovery of anthraquinone biosynthesis in Senna tora. Nat Commun. 2020 Nov 18;11(1):5875. doi: 10.1038/s41467-020-19681-1. Erratum in: Nat Commun. 2021 Mar 8;12(1):1665. PMID: 33208749; PMCID: PMC7674472.

19 Graf L, Shin Y, Yang JH, Choi JW, Hwang IK, Nelson W, Bhattacharya D, Viard F, Yoon HS. A genome-wide investigation of the effect of farming and human-mediated introduction on the ubiquitous seaweed Undaria pinnatifida. Nat Ecol Evol. 2021 Mar;5(3):360-368. doi: 10.1038/s41559-020-01378-9. Epub 2021 Jan 25. PMID: 33495590; PMCID: PMC7929912.

20 Seo D, Cho S, Manjula P, Choi N, Kim YK, Koh YJ, Lee SH, Kim HY, Lee JH. Identification of Target Chicken Populations by Machine Learning Models Using the Minimum Number of SNPs. Animals (Basel). 2021 Jan 19;11(1):241. doi: 10.3390/ani11010241. PMID: 33477975; PMCID: PMC7835996.

21 Lee JH, Jung M, Shin Y, Subramaniyam S, Kim IW, Seo M, Kim MA, Kim SH, Hwang J, Choi EH, Hwang UW, Hwang JS. Draft Genome of the Edible Oriental Insect Protaetia brevitarsis seulensis. Front Genet. 2021 Jan 13;11:593994. doi: 10.3389/fgene.2020.593994. PMID: 33519896; PMCID: PMC7838600.

22 Jeong GY, Park MK, Choi HJ, An HW, Park YU, Choi HJ, Park J, Kim HY, Son T, Lee H, Min KW, Oh YH, Le e JY, Kong G. NSD3-Induced Methylation of H3K36 Activates NOTCH Signaling to Drive Breast Tumor Initiation and Metastatic Progression. Cancer Res. 2021 Jan 1;81(1):77-90. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-20-0360. Epub 2020 Sep 23. PMID: 32967925.

23 Chun JM, Lee AY, Nam JY, Lee MY, Choe MS, Lim KS, Kim C, Kim JS. Protective effects of Phlomis umbrosa extract on a monosodium iodoacetate-induced osteoarthritis model and prediction of molecular mechanisms using transcriptomics. Phytomedicine. 2021 Jan;81:153429. doi: 10.1016/j.phymed.2020.153429. Epub 2020 Dec 1. PMID: 33310311.

24 Kim JS, Shin IS, Shin NR, Nam JY, Kim C. Genome wide analysis of DNA methylation and gene expression changes in an ovalbumin induced asthma mouse model. Mol Med Rep. 2020 Sep;22(3):1709-1716. doi: 10.3892/mmr.2020.11245. Epub 2020 Jun 17. PMID: 32705270; PMCID: PMC7411290.

25 Hwang SD, Hwang JY, Sohn S, Kim SM, Kim SR, Kim KI, Kwon MG, Jung M, Lee KY, Kang BC, Seo JS. Genome data of shrimp acute hepatopancreatic necrosis disease causative Vibrio parahaemolyticus strains isolated from South Korea aquaculture farms. Data Brief. 2020 May 13;31:105697. doi: 10.1016/j.dib.2020.105697. PMID: 32509934; PMCID: PMC7264491.

26 Kim DH, Kim WD, Kim SK, Moon DH, Lee SJ. TGF-β1-mediated repression of SLC7A11 drives vulnerability to GPX4 inhibition in hepatocellular carcinoma cells. Cell Death Dis. 2020 May 29;11(5):406. doi: 10.1038/s41419-020-2618-6. PMID: 32471991; PMCID: PMC7260246.

27 Lee JE, Jung M, Lee SC, Huh MJ, Seo SM, Park IK. Antibacterial mode of action of trans-cinnamaldehyde derived from cinnamon bark (Cinnamomum verum) essential oil against Agrobacterium tumefaciens. Pestic Biochem Physiol. 2020 May;165:104546. doi: 10.1016/j.pestbp.2020.02.012. Epub 2020 Feb 19. PMID: 32359541.

28 Kim HY, Choi HJ, Lee JY, Kong G. Cancer Target Gene Screening: a web application for breast cancer target gene screening using multi-omics data analysis. Brief Bioinform. 2020 Mar 23;21(2):663-675. doi: 10.1093/bib/bbz003. PMID: 30698638.

29 Boopathi V, Subramaniyam S, Mathi yalagan R, Yang DC. Till 2018: a survey of biomolecular sequences in genus Panax. J Ginseng Res. 2020 Jan;44(1):33-43. doi: 10.1016/j.jgr.2019.06.004. Epub 2019 Jun 20. PMID: 32095095; PMCID: PMC7033366.

30 Kyeong D, Kim J, Shin Y, Subramaniyam S, Kang BC, Shin EH, Park EH, Noh ES, Kim YO, Park JY, Nam BH. Expression of Heat Shock Proteins in Thermally Challenged Pacific Abalone Haliotis discus hannai. Genes (Basel). 2019 Dec 23;11(1):22. doi: 10.3390/genes11010022. PMID: 31878084; PMCID: PMC7016835.

31 Subramaniyam S, Bae S, Jung M, Shin Y, Oh JH. The transcriptome data from the leaves of four Papaver species captured at the plant's three developmental life cycles. Data Brief. 2019 Dec 7;28:104955. doi: 10.1016/j.dib.2019.104955. PMID: 31890797; PMCID: PMC6926128.

32 Liyanage DS, Oh M, Omeka WKM, Wan Q, Jin CN, Shin GH, Kang BC, Nam BH, Lee J. First Draft Genome Assembly of Redlip Mullet (Liza haematocheila) From Family Mugilidae. Front Genet. 2019 Dec 3;10:1246. doi: 10.3389/fgene.2019.01246. PMID: 31850083; PMCID: PMC6902644.

33 Kim S, Jung M, Oh EA, Ho Kim T, Kim JG. Mitochondrial genome of the Podosphaera xanthii: a plant pathogen causes powdery mildew in cucurbits. Mitochondrial DNA B Resour. 2019 Nov 20;4(2):4172-4173. doi: 10.1080/23802359.2019.1618209. PMID: 33366368; PMCID: PMC7687534.

34 Choi HJ, Jin S, Cho H, Won HY, An HW, Jeong GY, Park YU, Kim HY, Park MK, Son T, Min KW, Jang KS, Oh YH, Lee JY, Kong G. CDK12 drives breast tumor initiation and trastuzumab resistance via WNT and IRS1-ErbB-PI3K signaling. EMBO Rep. 2019 Oct 4;20(10):e48058. doi: 10.15252/embr.201948058. Epub 2019 Aug 30. PMID: 31468695; PMCID: PMC6776914.

35 Kang MJ, Shin AY, Shin Y, Lee SA, Lee HR, Kim TD, Choi M, Koo N, Kim YM, Kyeong D, Subramaniyam S, Park EJ. Identification of transcriptome-wide, nut weight-associated SNPs in Castanea crenata. Sci Rep. 2019 Sep 11;9(1):13161. doi: 10.1038/s41598-019-49618-8. PMID: 31511588; PMCID: PMC6739505.

36 Kim HY, Choi BH, Oh T, Kang BC. SNP marker selection for dog breed identification from genotypes of high-density SNP array and machine learning. J Agri Lif Sci. 2019 Aug 6;53:(4)93-101. Doi:10.14397/jals.201953.4.93.

37 Lee SC, Kwon JH, Cha DJ, Kim DS, Lee DH, Seo SM, Lee HR, Huh MJ, Jung M, Park IK. Effects of Pheromone Dose and Trap Height on Capture of a Bast Scale of Pine, Matsucoccus thunbergianae (Hemiptera: Margarodidae) and Development of a New Synthesis Method. J Econ Entomol. 2019 Aug 3;112(4):1752-1759. doi: 10.1093/jee/toz079. PMID: 31009531.

38 Lee JY, Joo HS, Choi HJ, Jin S, Kim HY, Jeong GY, An HW, Park MK, Lee SE, Kim WS, Son T, Min KW, Oh YH, Kong G. Role of MEL-18 Amplification in Anti-HER2 Therapy of Breast Cancer. J Natl Cancer Inst. 2019 Jun 1;111(6):609-619. doi: 10.1093/jnci/djy151. PMID: 30265336.

39 Boopathi V, Subramaniyam S, Malik A, Lee G, Manavalan B, Yang DC. mACPpred: A Support Vector Machine-Based Meta-Predictor for Identification of Anticancer Peptides. Int J Mol Sci. 2019 Apr 22;20(8):1964. doi: 10.3390/ijms20081964. PMID: 31013619; PMCID: PMC6514805.

40 Nam BH, Yoo D, Kim YO, Park JY, Shin Y, Shin GH, Park CI, Kim H, Kwak W. Whole genome sequencing reveals the impact of recent artificial selection on red sea bream reared in fish farms. Sci Rep. 2019 Apr 24;9(1):6487. doi: 10.1038/s41598-019-42988-z. Erratum in: Sci Rep. 2020 Jan 28;10(1):1625. PMID: 31019228; PMCID: PMC6482192.

41 Shin GH, Shin Y, Jung M, Hong JM, Lee S, Subramaniyam S, Noh ES, Shin EH, Park EH, Park JY, Kim YO, Choi KM, Nam BH, Park CI. First Draft Genome for Red Sea Bream of Family Sparidae. Front Genet. 2018 Dec 12;9:643. doi: 10.3389/fgene.2018.00643. PMID: 30619468; PMCID: PMC6299066.

42 Kim D,Jung M,Ha IJ, Lee MY, Lee SG, Shin Y, Subramaniyam S, Oh J. Transcriptional profiles of secondary metabolite biosynthesis genes and cytochromes in the leaves of four Papaver Species. Data 2018 Nov 28;3(4):55. Doi: 10.3390/data3040055.

43 Kim JY, Lim HY, Shin SE, Cha HK, Seo JH, Kim SK, Park SH, Son GH. Comprehensive transcriptome analysis of Sarcophaga peregrina, a forensically important fly species. Sci Data. 2018 Nov 6;5:180220. doi: 10.1038/sdata.2018.220. PMID: 30398471; PMCID: PMC6219405.

44 Baek SJ, Chun JM, Kang TW, Seo YS, Kim SB, Seong B, Jang Y, Shin GH, Kim C. Identification of Epigenetic Mechanisms Involved in the Anti-Asthmatic Effects of Descurainia sophia Seed Extract Based on a Multi-Omics Approach. Molecules. 2018 Nov 5;23(11):2879. doi: 10.3390/molecules23112879. PMID: 30400597; PMCID: PMC6278437.

45 Shin Y, Jung M, Shin GH, Jung HJ, Baek SJ, Lee GY, Kang BC, Shim J, Hong JM, Park JY, An CM, Kim YO, Noh JK, Kim JW, Nam BH, Park CI. First draft genome sequence of the rock bream in the family Oplegnathidae. Sci Data. 2018 Oct 23;5:180234. doi: 10.1038/sdata.2018.234. PMID: 30351299; PMCID: PMC6198749.

46 Oh J, Shin Y, Ha IJ, Lee MY, Lee SG, Kang BC, Kyeong D, Kim D. Transcriptome Profiling of Two Ornamental and Medicinal Papaver Herbs. Int J Mol Sci. 2018 Oct 16;19(10):3192. doi: 10.3390/ijms19103192. PMID: 30332811; PMCID: PMC6213990.

47 Jung D, Seo EY, Owen JS, Aoi Y, Yong S, Lavrentyeva EV, Ahn TS. Application of the filter plate microbial trap (FPMT), for cultivating thermophilic bacteria from thermal springs in Barguzin area, eastern Baikal, Russia. Biosci Biotechnol Biochem. 2018 Sep;82(9):1624-1632. doi: 10.1080/09168451.2018.1482194. Epub 2018 Jun 8. PMID: 29882485.

48 Lee HR, Lee SC, Lee DH, Jung M, Kwon JH, Huh MJ, Kim DS, Lee JE, Park IK. Identification of Aggregation-Sex Pheromone of the Korean Monochamus alternatus (Coleoptera: Cerambycidae) Population, the Main Vector of Pine Wood Nematode. J Econ Entomol. 2018 Aug 3;111(4):1768-1774. doi: 10.1093/jee/toy137. PMID: 29788181.

49 Lee J, Yang EC, Graf L, Yang JH, Qiu H, Zelzion U, Chan CX, Stephens TG, Weber APM, Boo GH, Boo SM, Kim KM, Shin Y, Jung M, Lee SJ, Yim HS, Lee JH, Bhattacharya D, Yoon HS. Analysis of the Draft Genome of the Red Seaweed Gracilariopsis chorda Provides Insights into Genome Size Evolution in Rhodophyta. Mol Biol Evol. 2018 Aug 1;35(8):1869-1886. doi: 10.1093/molbev/msy081. PMID: 29688518.

50 Manavalan B, Subramaniyam S, Shin TH, Kim MO, Lee G. Machine-Learning-Based Prediction of Cell-Penetrating Peptides and Their Uptake Efficiency with Improved Accuracy. J Proteome Res. 2018 Aug 3;17(8):2715-2726. doi: 10.1021/acs.jproteome.8b00148. Epub 2018 Jul 2. PMID: 29893128.

51 Lee AY, Park W, Kang TW, Cha MH, Chun JM. Network pharmacology-based prediction of active compounds and molecular targets in Yijin-Tang acting on hyperlipidaemia and atherosclerosis. J Ethnopharmacol. 2018 Jul 15;221:151-159. doi: 10.1016/j.jep.2018.04.027. Epub 2018 Apr 23. PMID: 29698773.

52 Choi HJ, Joo HS, Won HY, Min KW, Kim HY, Son T, Oh YH, Lee JY, Kong G. Role of RBP2-Induced ER and IGF1R-ErbB Signaling in Tamoxifen Resistance in Breast Cancer. J Natl Cancer Inst. 2018 Apr 1;110(4). doi: 10.1093/jnci/djx207. PMID: 29028222.

53 Oh JH, Lee YJ, Byeon EJ, Kang BC, Kyeo ung DS, Kim CK. Whole-genome resequencing and transcriptomic analysis of genes regulating anthocyanin biosynthesis in black rice plants. 3 Biotech. 2018 Feb;8(2):115. doi: 10.1007/s13205-018-1140-3. Epub 2018 Feb 7. PMID: 29430376; PMCID: PMC5801106.

54 Thulasitha WS, Umasuthan N, Wan Q, Nam BH, Kang TW, Lee J. A proto-type galectin-2 from rock bream (Oplegnathus fasciatus): Molecular, genomic, and expression analysis, and recognition of microbial pathogens by recombinant protein. Dev Comp Immunol. 2017 Jun;71:70-81. doi: 10.1016/j.dci.2017.01.023. Epub 2017 Jan 25. PMID: 28131766.

55 Kim J, Jun KM, Kim JS, Chae S, Pahk YM, Lee TH, Sohn SI, Lee SI, Lim MH, Kim CK, Hur Y, Nahm BH, Kim YK. RapaNet: A Web Tool for the Co-Expression Analysis of Brassica rapa Genes. Evol Bioinform Online. 2017 Jun 19;13:1176934317715421. doi: 10.1177/1176934317715421. PMID: 28680265; PMCID: PMC5484627.

56 Nam BH, Kwak W, Kim YO, Kim DG, Kong HJ, Kim WJ, Kang JH, Park JY, An CM, Moon JY, Park CJ, Yu JW, Yoon J, Seo M, Kim K, Kim DK, Lee S, Sung S, Lee C, Shin Y, Jung M, Kang BC, Shin GH, Ka S, Caetano-Anolles K, Cho S, Kim H. Genome sequence of pacific abalone (Haliotis discus hannai): the first draft genome in family Haliotidae. Gigascience. 2017 May 1;6(5):1-8. doi: 10.1093/gigascience/gix014. PMID: 28327967; PMCID: PMC5439488.

57 Kim HY, Choi JW, Lee JY, Kong G. Gene-based comparative analysis of tools for estimating copy number alterations using whole-exome sequencing data. Oncotarget. 2017 Apr 18;8(16):27277-27285. doi: 10.18632/oncotarget.15932. PMID: 28460482; PMCID: PMC5432334.

58 Umasuthan N, Bathige SDNK, Thulasitha WS, Jayasooriya RGPT, Shin Y, Lee J. Identification of a gene encoding a membrane-anchored toll-like receptor 5 (TLR5M) in Oplegnathus fasciatus that responds to flagellin challenge and activates NF-κB. Fish Shellfish Immunol. 2017 Mar;62:276-290. doi: 10.1016/j.fsi.2017.01.020. Epub 2017 Jan 19. PMID: 28111358.

59 Shin GH, Kang BC, Jang DJ. Metabol ic Pathways Associated with Kimchi, a Traditional Korean Food, Based on In Silico Modeling of Published Data. Genomics Inform. 2016 Dec;14(4):222-229. doi: 10.5808/GI.2016.14.4.222. Epub 2016 Dec 31. PMID: 28154515; PMCID: PMC5287128.

60 Seol YJ, Won SY, Shin Y, Lee JY, Chun JS, Kim YK, Kim CK. A Multilayered Screening Method for the Identification of Regulatory Genes in Rice by Agronomic Traits. Evol Bioinform Online. 2016 Nov 2;12:253-262. doi: 10.4137/EBO.S40622. PMID: 27840573; PMCID: PMC5094579.

61 Shin Y, Jung HJ, Jung M, Yoo S, Subra maniyam S, Markkandan K, Kang JM, Rai R, Park J, Kim JJ. Discovery of Gene Sources for Economic Traits in Hanwoo by Whole-genome Resequencing. Asian-Australas J Anim Sci. 2016 Sep;29(9):1353-62. doi: 10.5713/ajas.15.0760. Epub 2016 Mar 4. PMID: 26954201; PMCID: PMC5003998.

62 Lim D, Kim HY, Cho YM, Chai HH, Park JE, Lim KS, Lee SS. Construction of gene network system associated with economic traits in cattle. J Lif Sci. 2016 Aug 23;26(8):04-910. doi: 10.5353/JLS.2016.26.8.904.

63 Cheong JY, Kim YB, Woo JH, Kim DK, Yeo M, Yang SJ, Yang KS, Soon SK, Wang HJ, Kim BW, Park JH, Cho SW. Identification of NUCKS1 as a putative oncogene and immunodiagnostic marker of hepatocellular carcinoma. Gene. 2016 Jun 10;584(1):47-53. doi: 10.1016/j.gene.2016.03.006. Epub 2016 Mar 9. PMID: 26968889.

64 Nik-Zainal S, Davies H, Staaf J, Raakr ishna M, Glodzik D, Zou X, Martincorena I, et al. Stratton MR. Landscape of somatic mutations in 560 breast cancer whole-genome sequences. Nature. 2016 Jun 2;534(7605):47-54. doi: 10.1038/nature17676. Epub 2016 May 2. Erratum in: Nature. 2019 Feb;566(7742):E1. PMID: 27135926; PMCID: PMC4910866.

65 Kim IW, Lee JH, Subramaniyam S, Yun EY, Kim I, Park J, Hwang JS. De Novo Transcriptome Analysis and Detection of Antimicrobial Peptides of the American Cockroach Periplaneta americana (Linnaeus). PLoS One. 2016 May 11;11(5):e0155304. doi: 10.1371/journal.pone.0155304. PMID: 27167617; PMCID: PMC4864078.

66 Morganella S, Alexandrov LB, Glodzik D, Zou X, Davies H, Staaf J, Sieuwerts AM, Nik-Zainal S, et al. The topography of mutational processes in breast cancer genomes. Nat Commun. 2016 May 2;7:11383. doi: 10.1038/ncomms11383. PMID: 27136393; PMCID: PMC5001788.

67 Park YJ, Li X, Noh SJ, Kim JK, Lim SS, Park NI, Kim S, Kim YB, Kim YO, Lee SW, Arasu MV, Al-Dhabi NA, Park SU. Transcriptome and metabolome analysis in shoot and root of Valeriana fauriei. BMC Genomics. 2016 Apr 23;17:303. doi: 10.1186/s12864-016-2616-3. PMID: 27107812; PMCID: PMC4842265.Q, Nam BH, Kang TW, Lee J. A proto-type galectin-2 from rock bream (Oplegnathus fasciatus): Molecular, genomic, and expression analysis, and recognition.

68 Kim I, Lee SH, Jeong J, Park JH, Yoo MA, Kim CM. Functional Profiling of Human MeCP2 by Automated Data Comparison Analysis and Computerized Expression Pathway Modeling. Healthc Inform Res. 2016 Apr;22(2):120-8. doi: 10.4258/hir.2016.22.2.120. Epub 2016 Apr 30. PMID: 27200222; PMCID: PMC4871842.

69 Nam BH, Jung M, Subramaniyam S, Yoo SI, Markkandan K, Moon JY, Kim YO, Kim DG, An CM, Shin Y, Jung HJ, Park JH. Transcriptome Analysis Revealed Changes of Multiple Genes Involved in Haliotis discus hannai Innate Immunity during Vibrio parahemolyticus Infection. PLoS One. 2016 Apr 18;11(4):e0153474. doi: 10.1371/journal.pone.0153474. PMID: 27088873; PMCID: PMC4835058.

70 Kim H, Kumar KS, Hwang SY, Kang BC, Moon HB, Shin KH. Utility of Stable Isotope and Cytochrome Oxidase I Gene Sequencing Analyses in Inferring Origin and Authentication of Hairtail Fish and Shrimp. J Agric Food Chem. 2015 Jun 10;63(22):5548-56. doi: 10.1021/acs.jafc.5b01469. Epub 2015 Jun 2. PMID: 25980806.

71 Lee JY, Won HY, Park JH, Kim HY, Choi HJ, Shin DH, Kang JH, Woo JK, Oh SH, Son T, Choi JW, Kim S, Kim HY, Yi K, Jang KS, Oh YH, Kong G. MEL-18 loss mediates estrogen receptor-α downregulation and hormone independence. J Clin Invest. 2015 May;125(5):1801-14. doi: 10.1172/JCI73743. Epub 2015 Mar 30. PMID: 25822021; PMCID: PMC4463188.

72 Kim CK, Seol YJ, Shin Y, Lim HM, Lee GS, Kim AR, Lee TH, Lee JH, Park DS, Yoo S, Kim YH, Kim YK. Whole-genome resequencing and transcriptomic analysis to identify genes involved in leaf-color diversity in ornamental rice plants. PLoS One. 2015 Apr 21;10(4):e0124071. doi: 10.1371/journal.pone.0124071. PMID: 25897514; PMCID: PMC4405343.

73 Seo DW, Oh JD, Jin S, Song KD, Park HB, Heo KN, Shin Y, Jung M, Park J, Jo C, Lee HK, Lee JH. Single nucleotide polymorphism analysis of Korean native chickens using next generation sequencing data. Mol Biol Rep. 2015 Feb;42(2):471-7. doi: 10.1007/s11033-014-3790-5. Epub 2014 Oct 11. Erratum in: Mol Biol Rep. 2015 Feb;42(2):567. PMID: 25304812.

74 Park JY, An YR, Kanda N, An CM, An HS, Kang JH, Kim EM, An DH, Jung H, Joung M, Park MH, Yoon SH, Lee BY, Lee T, Kim KW, Park WC, Shin DH, Lee YS, Kim J, Kwak W, Kim HJ, Kwon YJ, Moon S, Kim Y, Burt DW, Cho S, Kim H. Cetaceans evolution: insights from the genome sequences of common minke whales. BMC Genomics. 2015 Jan 22;16(1):13. doi: 10.1186/s12864-015-1213-1. PMID: 25609461; PMCID: PMC4311506.

75 Yang EC, Nam BH, Noh SJ, Kim YO, Kim DG, Jee YJ, Park JH, Noh JH, Yoon HS. Complete mitochondrial genome of Pacific abalone (Haliotis discus hannai) from Korea. Mitochondrial DNA. 2015;26(6):917-8. doi: 10.3109/19401736.2013.863289. Epub 2014 Jan 10. PMID: 24409885.

76 Mathiyalagan R, Subramaniyam S, Kim YJ, Kim YC, Yang DC. Ginsenoside compound K-bearing glycol chitosan conjugates: synthesis, physicochemical characterization, and in vitro biological studies. Carbohydr Polym. 2014 Nov 4;112:359-66. doi: 10.1016/j.carbpol.2014.05.098. Epub 2014 Jun 10. PMID: 25129755.

77 Rengaraj D, Lee SI, Park TS, Lee HJ, Kim YM, Sohn YA, Jung M, Noh SJ, Jung H, Han JY. Small non-coding RNA profiling and the role of piRNA pathway genes in the protection of chicken primordial germ cells. BMC Genomics. 2014 Sep 4;15(1):757. doi: 10.1186/1471-2164-15-757. PMID: 25185950; PMCID: PMC4286946.

78 Subramaniyam S, Mathiyalagan R, Nat arajan S, Kim YJ, Jang MG, Park JH, Yang DC. Transcript expression profiling for adventitious roots of Panax ginseng Meyer. Gene. 2014 Aug 1;546(1):89-96. doi: 10.1016/j.gene.2014.05.024. Epub 2014 May 13. PMID: 24831831.

79 Kim JH, Roh JY, Kwon DH, Kim YH, Yoon KA, Yoo S, Noh SJ, Park J, Shin EH, Park MY, Lee SH. Estimation of the genome sizes of the chigger mites Leptotrombidium pallidum and Leptotrombidium scutellare based on quantitative PCR and k-mer analysis. Parasit Vectors. 2014 Jun 20;7:279. doi: 10.1186/1756-3305-7-279. PMID: 24947244; PMCID: PMC4079623.

80 Yoo WG, Lee JH, Shin Y, Shim JY, Jung M, Kang BC, Oh J, Seong J, Lee HK, Kong HS, Song KD, Yun EY, Kim IW, Kwon YN, Lee DG, Hwang UW, Park J, Hwang JS. Antimicrobial peptides in the centipede Scolopendra subspinipes mutilans. Funct Integr Genomics. 2014 Jun;14(2):275-83. doi: 10.1007/s10142-014-0366-3. Epub 2014 Mar 21. PMID: 24652097.

81 Kim S, Park M, Yeom SI, Kim YM, Lee JM, Lee HA, Seo E, Choi D, et al. Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in Capsicum species. Nat Genet. 2014 Mar;46(3):270-8. doi: 10.1038/ng.2877. Epub 2014 Jan 19. PMID: 24441736.

82 Kim KU, Park SK, Kang SA, Park MK, Cho MK, Jung HJ, Kim KY, Yu HS. Comparison of functional gene annotation of Toxascaris leonina and Toxocara canis using CLC genomics workbench. Korean J Parasitol. 2013 Oct;51(5):525-30. doi: 10.3347/kjp.2013.51.5.525. Epub 2013 Oct 31. PMID: 24327777; PMCID: PMC3857499.

83 Jeong IS, Yoon UH, Lee GS, Ji HS, Lee HJ, Han CD, Hahn JH, An G, Kim TH. SNP-based analysis of genetic diversity in anther-derived rice by whole genome sequencing. Rice (N Y). 2013 Mar 14;6(1):6. doi: 10.1186/1939-8433-6-6. PMID: 24280451; PMCID: PMC4883692.

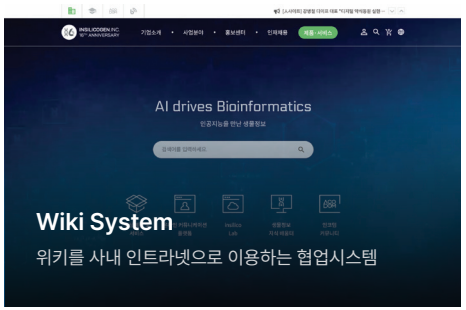
84 Kim DW, Kim DW, Yoo WG, Nam SH, Lee MR, Yang HW, Park J, Lee K, Lee S, Cho SH, Lee WJ, Park HS, Ju JW. SpiroESTdb: a transcriptome database and online tool for sparganum expressed sequences tags. BMC Res Notes. 2012 Mar 8;5:130. doi: 10.1186/1756-0500-5-130. PMID: 22397686; PMCID: PMC3329409.

85 Lim D, Lee SH, Cho YM, Yoon D, Shin Y, Kim KW, Park HS, Kim H. Transcript profiling of expressed sequence tags from intramuscular fat, longissimus dorsi muscle and liver in Korean cattle (Hanwoo). BMB Rep. 2010 Feb;43(2):115-21. doi: 10.5483/bmbrep.2010.43.2.115. PMID: 20193130.

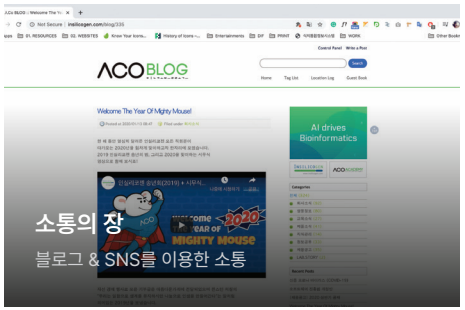
86 Lee KT, Byun MJ, Lim D, Kang KS, Kim NS, Oh JH, Chung CS, Park HS, Shin Y, Kim TH. Full-length enriched cDNA library construction from tissues related to energy metabolism in pigs. Mol Cells. 2009 Dec 31;28(6):529-36. doi: 10.1007/s10059-009-0147-3. Epub 2009 Nov 19. PMID: 19937143.

창의적이고 긍정적인 마인드의 토대 위에
새로운 가치를 발굴하고 새로운 문화를 전파합니다.

사내 지식관리시스템을 통한 아이디어 및 업무 공유, 환경 캠페인, 독서경영, 컬처데이 등 다양한 문화를 발굴하고 발전시켜
최고의 회사가 되기 위한 경쟁력을 만들어 갑니다.



Wiki System
위키를 사내 인트라넷으로 이용하는 협업시스템



소통의 장
블로그 & SNS를 이용한 소통

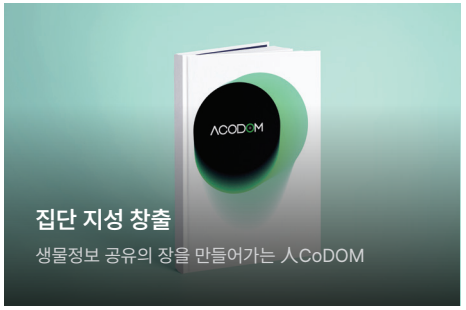
환경 캠페인
식물과 함께 동고동락

Culture Day
지성 감성을 세우는 컬쳐데이

지속 성장
세미나·블로그·연재·독서경영을 통한 지속 성장

건강 증진
건강한 몸과 마음을 위한 건강지킴이

한마음 대회
人CoPLAY와 단합대회를 통한 임직원 활동



집단 지성 창출
생물정보 공유의 장을 만들어가는 人CoDOM

인공지능과 빅데이터 중심으로 미래를 선도하는 생물정보 전문기업!

Legacy of Bioinformatics Business

20년의 유산과 경험을 토대로 솔루션 공급, 맞춤형 분석 서비스, 고객 환경에 맞는 시스템 디자인, 최신 생물정보학 교육 사업을 지속해 나가겠습니다.

SI
고객 환경 맞춤형 시스템 디자인

Education
최신 생물학 교육사업

BI
맞춤형 분석 서비스

Solution
솔루션 공급

insilico Lab

In vivo, in vitro를 선도하는 in silico(computer) 기반 "연구실 맞춤형 생물정보 컨설팅" 지향

오랜 기간 축적한 생물정보 노하우와 knowledge를 통해 실험 디자인에서 최적화된 결과물까지 도출해내는 데에 이바지하고자 합니다.

AI Lab

바이오의 미래를 이끌어갈 인공지능 시대의 첨병

문자 데이터, 시계열데이터, 영상 이미지 및 의·약학 대용량·비정형 빅데이터의 구조화 및 상호 연계, 기계학습, 특징선택/추출 방법으로 숨은 지식 발견과 통합적 이해를 지원하고자 합니다.

iBREEDING

Data-Driven Breeding Company

Genotype과 Phenotype 대용량 데이터, 환경 정보를 토대로 정밀 육종을 위한 플랫폼을 제공합니다.

D.iF

Data-Driven Food Company

오랜 세월 축적된 식품 관련 데이터와 사람 개개인의 다양한 데이터를 바탕으로 네트워크 분석을 통해 맞춤형 식품 정보를 공급합니다.

AIDX

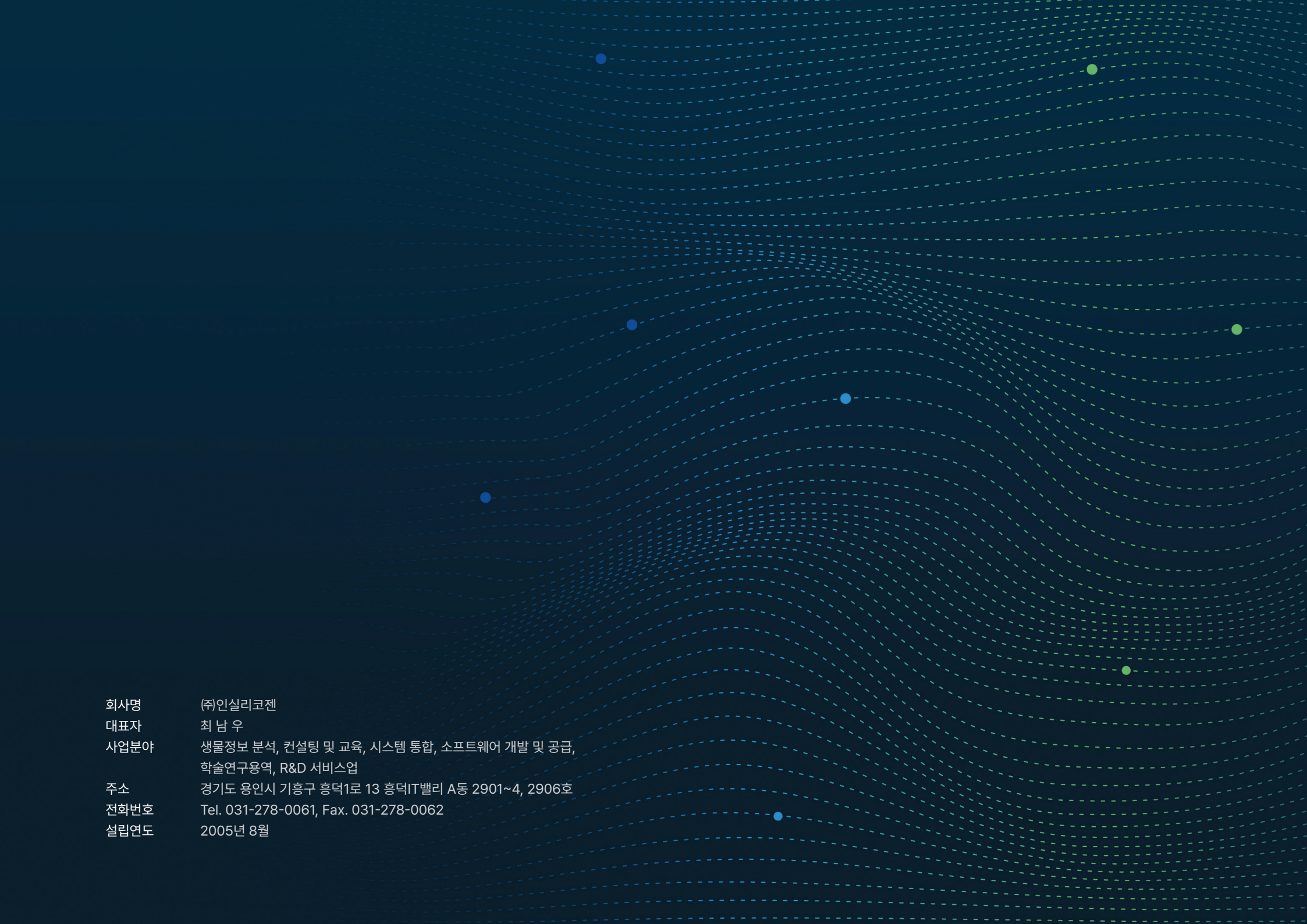
Data-Driven Diagnosis Company

Public Domain과 On-site 정보를 토대로 진단 관련 최신 Knowledge를 제공할 수 있는 AI 기반 솔루션을 만들어가겠습니다.

AIM

Data-Driven New Medicine Company

이미 확보한 BI와 AI 기술을 기반으로 Drug Repositioning과 의미 있는 신약 후보 발굴에 이바지하겠습니다.



회사명	㈜인실리코젠
대표자	최 남 우
사업분야	생물정보 분석, 컨설팅 및 교육, 시스템 통합, 소프트웨어 개발 및 공급, 학술연구용역, R&D 서비스업
주소	경기도 용인시 기흥구 흥덕1로 13 흥덕IT밸리 A동 2901~4, 2906호
전화번호	Tel. 031-278-0061, Fax. 031-278-0062
설립연도	2005년 8월