

バイオバンクからお得な情報をご案内

皆さん、ご存知ですか？

「次世代シーケンサー解析ソフト」

QIAGEN, CLC Genomics Workbench



CLC Genomics Workbenchは次世代シーケンサーのデータ解析に対応した**統合配列解析ソフトウェア**です。

どこがすごいの？

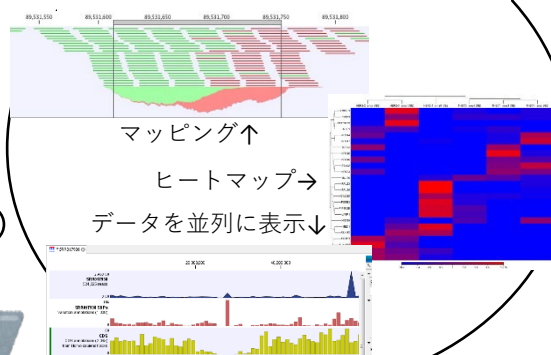


ユーザーフレンドリーかつ直感的に操作でき、データ解析に伴う課題を**簡単に**解決してくれます。

各種解析アプリ搭載



豊富なグラフィカル機能



多彩な出力オプション



クリックだけで
データがあなたの手元に

チュートリアル完備

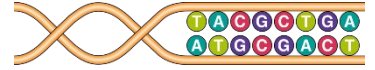
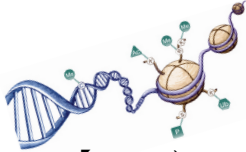


「私にピッタリなアプリはあるかしら？」、そんな方は裏面へGO!!!



すべての人に役立つ強力な解析ソリューション

ゲノム、トランスクリプトーム、エピゲノム、
メタゲノムを一つのプログラムにまとめ、
サンガーシークエンスにも対応



【エピゲノミクス解析】

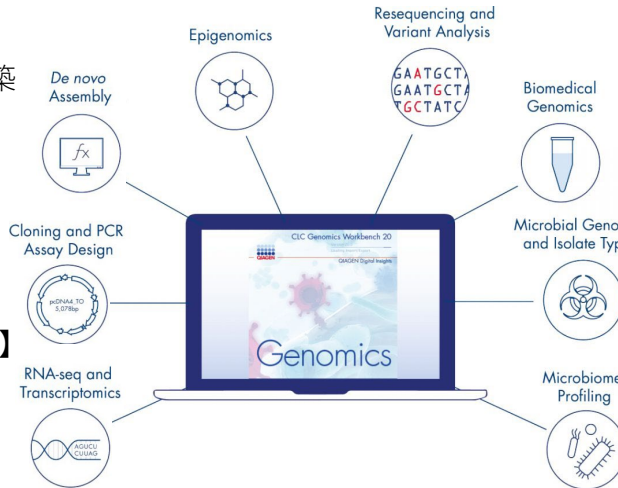
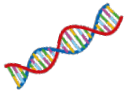
- ・転写因子の結合部位を同定
- ・ヒストンアセチル化検出
- ・メチル化部位検出

【リシーケンシング解析】

- ・全ゲノム/全エクソン/ターゲットパネル解析
- ・各種変異 (SNV, InDel, CNV) の検出
- ・タンパク質立体構造を3Dで表示

【De Novo assembly】

- ・未知のゲノム配列を再構築
- ・ Scaffold領域の確認
- ・ BLASTによる相同性検索



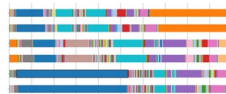
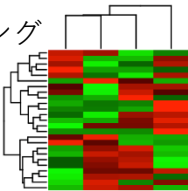
【ヒト疾患研究】

- ・分子バーコード
- ・解析遺伝性疾患解析
- ・体細胞性がん変異解析
- ・ FFPE/liquid biopsyにも対応



【トランスクリプトミクス解析】

- ・ 遺伝子/転写産物の発現量
- ・ small/microRNAの発現量
- ・ 多彩なグラフィック
ボルケーノプロット
主成分分析
二次元クラスターリング
ヒートマップ
ベン図
- ・ Gene Ontology解析



【菌種組成解析】

- ・病原菌の菌種決定
- ・微生物ゲノムデータを用いた疫学研究
- ・ α 多様性/ β 多様性の計算
(2024年3月22日以前のバージョンでの実施)

～illumina, IonTorrent, Oxford Nanopore および PacBio各種プラットフォームに対応～

煩雑な解析手順を必要とせず、
簡単な入力でデータを得ることが可能です。



NOW IS THE TIME!!!

興味のある方はお問い合わせを
⇒ biobank@okayama-u.ac.jp

**CLC Genomics Workbenchはあなたの研究を
一つ上にアップグレードします**