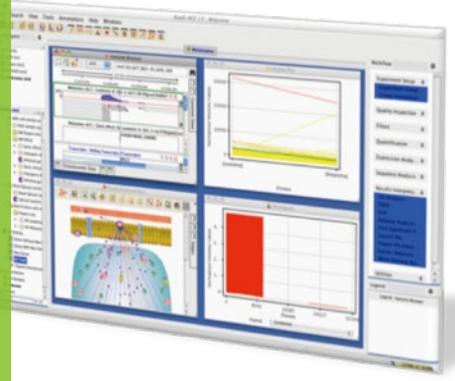


GeneSpring Product Series

Strand NGS Software

次世代シーケンスデータ解析ソフトウェア

strandngs 
Streamlining NGS Data Management & Analysis



バイオロジストにわかりやすい、
直感的に操作ができるインターフェース!

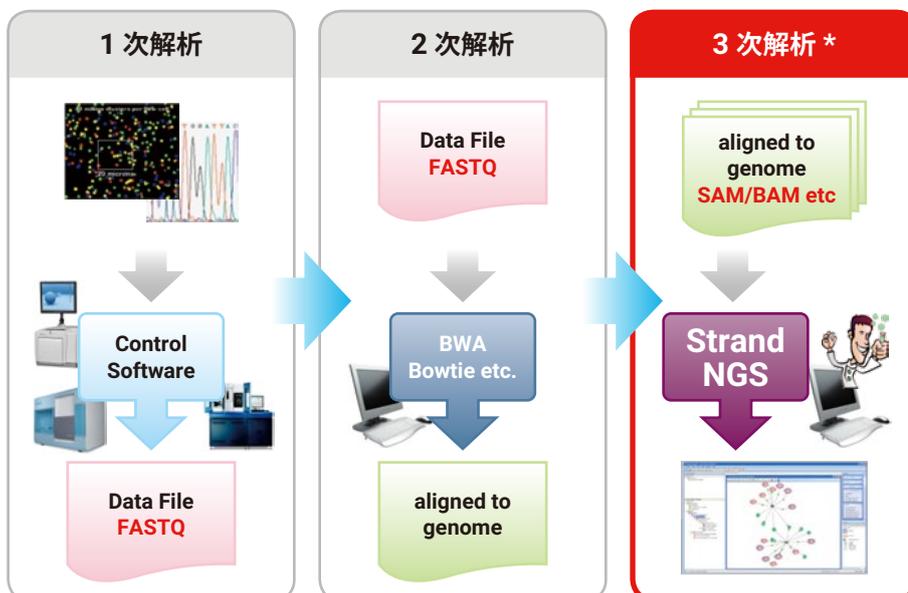
strand 
New Generation Healthcare

強力なビジュアライズ機能

- 直感的に使いやすい、
インタラクティブなゲノムブラウザ
- 各 Read、Gene、Transcript 表示
- 遺伝子アノテーション表示



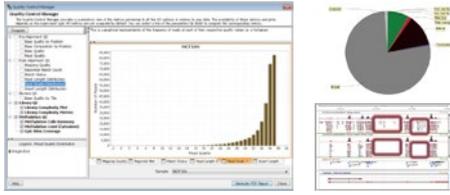
- ChIP-Seq、RNA-Seq、Small RNA-Seq、DNA Variation、Methyl-Seq 解析機能を搭載
- Alignment 機能（2次解析機能）を搭載
- パイプライン機能（事前に設定した条件での一括処理機能）を搭載
- 生物学的な解釈ツール（GO 解析、Pathway 解析など）を搭載



Strand NGS を使うことで、
3次解析*が
飛躍的に
スピードアップ
します。

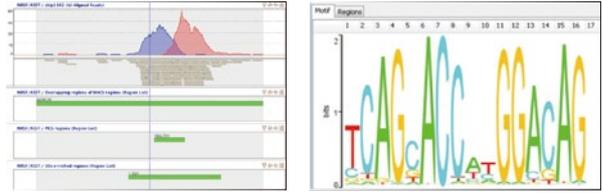
* 配列情報をゲノム上にアライメントさせた後の解析を意味します。

Quality Control Manager/ 各種フィルタ



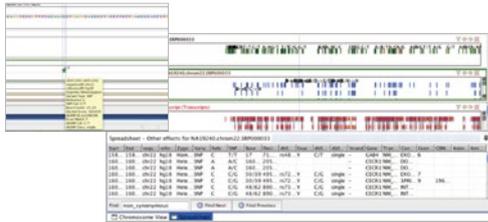
- Quality Control Manager ツール
- Read metrics フィルタ
- Read status フィルタ
- Duplicate リードフィルタ
- Region List フィルタ

ChIP-SEQ



- PICS/MACS などによるピーク検出
- 転写因子結合モチーフの検出
- 近傍遺伝子のリストアップ

Variant Analysis



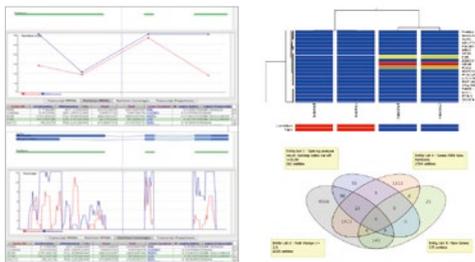
- SNP/INDEL (Somatic Mutation 検出機能含む) の検出
- Copy Number Variation の検出
- バリエーションエフェクトの決定 (Frame shifts etc.)
- 染色体構造変化の検出 (Re-arrangements etc.)

Methyl-SEQ



- メチル化 DNA サイトの検出
- サンプル間で差異のあるメチル化 DNA サイト / 領域の検出
- メチル化 DNA による影響予測
- サンプル内でのメチル化度の分類

RNA-SEQ



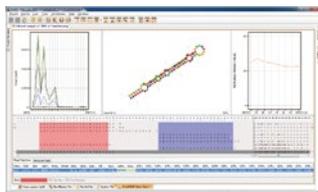
- 遺伝子発現解析 (定量化・統計解析・クラスタリング)
- 新規遺伝子、新規 Exon 領域、新規 Spliced Junction 領域の検出
- Splicing Variant 解析 (Exon Level 解析)
- 融合遺伝子の検出
- Coding 領域の SNP 検出

<http://www.strand-ngs.com>



- Strand NGS 紹介サイト
- 20 日間のトライアルで、ご購入前の評価が可能

Small RNA-SEQ



- Small RNA 発現解析 (定量化・統計解析・クラスタリング)
- Small RNA の分類 & 新規 Small RNA の検出
- miRNA の標的遺伝子探索

アジレント・テクノロジー株式会社

本社 / 〒192-8510 東京都八王子市高倉町 9-1
 ●カスタムコンタクトセンター ☎ 0120-477-111
 mail : email_japan@agilent.com

※仕様は予告なく変更する場合があります。
 ※本資料掲載の製品はすべて研究用です。
 その他の用途にご利用いただくことはできません。

<http://www.agilent.com/chem/genomics:jp>

G210419

© Agilent Technologies, Inc. 2021

本書の一部または全部を書面による事前の許可なしに複製、
 改変、翻訳することは、著作権法で認められている場合を除き、
 法律で禁止されています。

Printed in Japan, Aug. 2021
 5994-4031JAJP