

2008年01月15日

米国 DNASTAR 社 SeqMan Genome Assembler Early Release 版をリリース開始!!

遺伝子解析ソフト開発会社、米国 DNASTAR 社より 2007 年 12 月末日、次世代シーケンサーアッセンブラー SeqMan Genome Assembler(以下 SMGA)、Early Release バージョンが発売開始されました。

このアプリケーションの導入により、従来の SeqManPro にて可能であった 454LifeScienceTM およびサンガーシーケンスからのデータのみならず、Illumina 社®の Solexa マシンからの配列データもデスクトップ型コンピューターにて高速にアッセンブルすることが可能になりました。

<機能について>

SeqMan Genome Assembler (SMGA) はコマンドライン操作によって、Illumina®, 454®, そしてサンガーテクノロジーからのシーケンスデータを独自のアルゴリズムでアッセンブルするアプリケーションです。

Windows® XP X 64 and Mac OS X 10.4 両プラットフォームにてご使用いただけます。

SMGAではassembling parametersを使用してデータセット特有の条件に調節することで完全なフレキシビリティを提供し、ベクターやエンドトリミング、既知のリピートやプライマーなどのコンタミ配列をアッセンブリから削除するなどのプロセス前オプションを設定することもできます。

既知のSNPs, CDs, その他のフィーチャーをアッセンブル前にSeqBuilderにてテンプレート配列に対してアノテーション付けするとSeqMan Proにおける推定SNPsの同定解析をより強化することができ、SMGAによるアッセンブル後には、保存したプロジェクトをSeqMan ProにてSNPs同定やカバー率解析などの解析用に関連することができます。

<ベータテストについて>

さらに、ただ今ベータテスターとしてSMGAの機能を確認テストしていただくことができます。お客様のデータサンプルをお送りいただいてメーカーにて解析をし、結果をお客様のお手で判断していただくことができます。詳しくは弊社までお尋ねください。

株式会社ネットウエル

ライフサイエンス営業部

電話: 03-5368-3463・FAX: 03-3226-2860

E-mail: bio-info@netwell.co.jp URL: <http://www.netwell.co.jp>