

BcMARx

■ NGS解析パイプラインサーバー ■



※参考イメージ

難しい設定不要

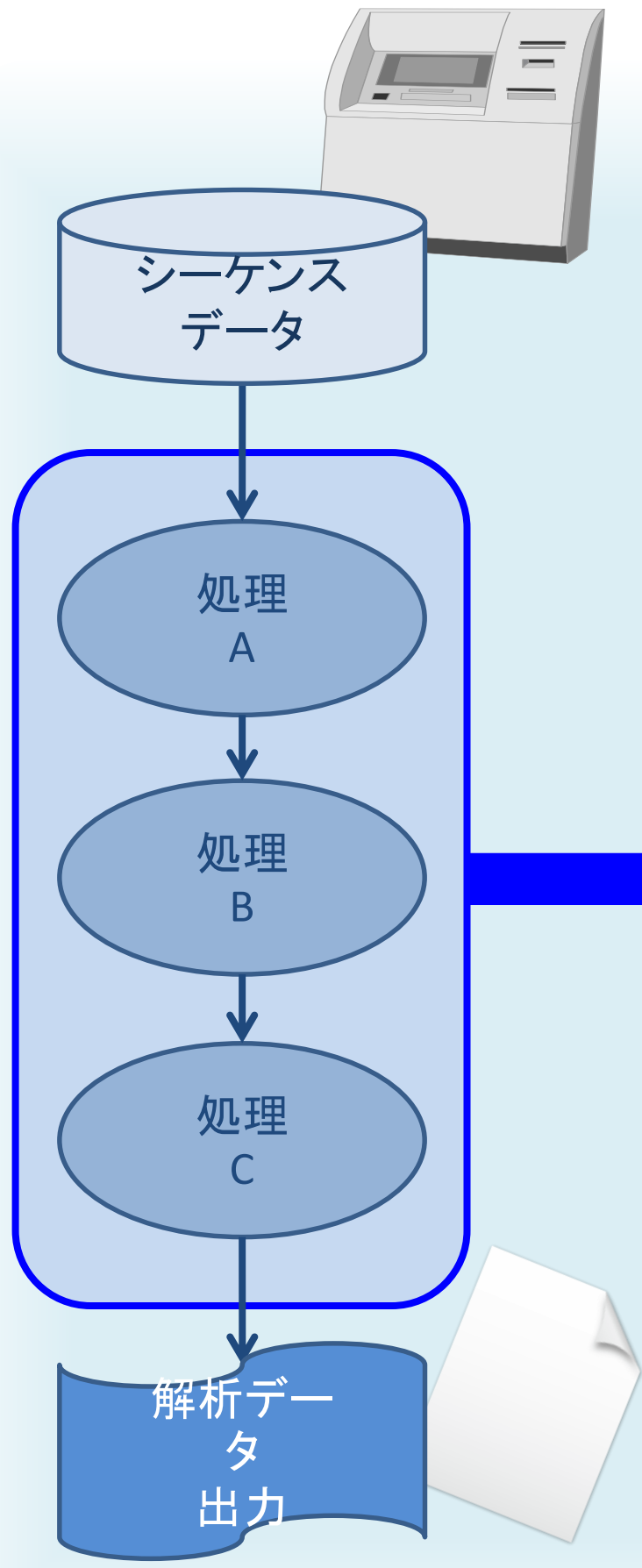
面倒な複数処理を
1回の最少入力で実行

BcMARxパイプラインの設定画面

※ 開発中の画面のため、製品と異なる場合がございます。



コマンドversionでも1行でOK
Assembleならこれだけ
\$ pipeline_Assemble.pl -kmer 22 -r
read.fq



!!このような方におススメです!!

自分で解析を行ってみたい

ローコストで複数同じ解析がしたい

論文用にメジャーフローを使用したい

解析サービスとの併用も!!

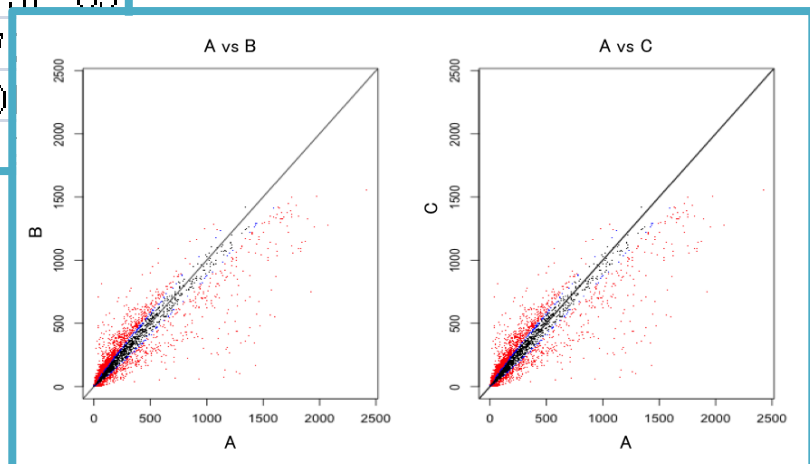
標準の次のステップ

結果の詳細な分析
自由度の高いプロット
複雑な条件での結果絞り込み
...

弊社サービスPictBioとの併用がお得

ex1: Peak領域下における、配列パターンの検索

A	B	C	D
atgcat	504	1434605	1.37E-05
aacagc	83	172712	1.47E-05
gcagta	59	110852	1.57E-05
gggtgt	49	86184	1.58E-05
ctgctc	36	55945	1.73E-05
ccccat	84	176307	1.7
gagctg	27	36642	2.0
ctcctc	39	63389	2.1



ex2: サンプル間発現量比較

BcMARxを使用する事で、技術者の請負量が減るため
経費を押さえて高くオリティな分析が得られます

スペック表

	ベーシック	アドバンス
解析パイプライン (選択) ^{※1}	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Bisulfite-Seq (メチル化部位の特定) ▪ ChIP-Seq (タンパク質結合部位の特定) ▪ Mutation (ゲノムの変異解析) ▪ Assemble (リードから元の長い塩基配列を再構築) ▪ RNA-Seq (発現解析) <p>上記より2つをご選択下さい</p>	
推奨ゲノム	微生物ゲノム (Assembleを除く ^{※2})	ヒトゲノムなど (Assembleを除く ^{※2})
リファレンスゲノム	ご指定のリファレンスゲノムを3種セットアップ致します。	
OS	Cent OS 6.5 (64bit)	
CPU	Intel Xeon E3-1275 v3 [3.5GHz/4Core]	Intel Xeon E5-2650 v2 [2.6GHz/8Core]
メモリ	32GB (8GB×4本)	64GB (16GB×4本)
ストレージ	HDD: 146GB×2台 1TB×2台	HDD: 146GB×2台 1TB×2台
RAID	ハードウェア方式 (RAID1)	
同梱物	21.5インチディスプレイ、マウス、キーボード、各種マニュアル	
保証期間	1年間 引き取り修理 (3年、5年の保証サービス有料延長可能)	
その他のサービス	訪問設置、初回レクチャーサービス、IGVインストール	

頻度の高い解析を網羅

ご注文時期により、構成が変更となる場合がございます。

※1 1台につき2つ以上のパイプラインを選択したい場合には別途ご相談下さい。
※2 Assembleでご利用または、より高性能なサーバーをお求めの際には、お問い合わせ下さい。

■お問い合わせ

アクシオヘリックス株式会社 ライフサイエンス事業部
<東京戦略室>

TEL: 03-5614-0515 FAX: 03-5614-0516

E-mail: pictbio@axiohelix.com HP:

http://www.pictbio.com

