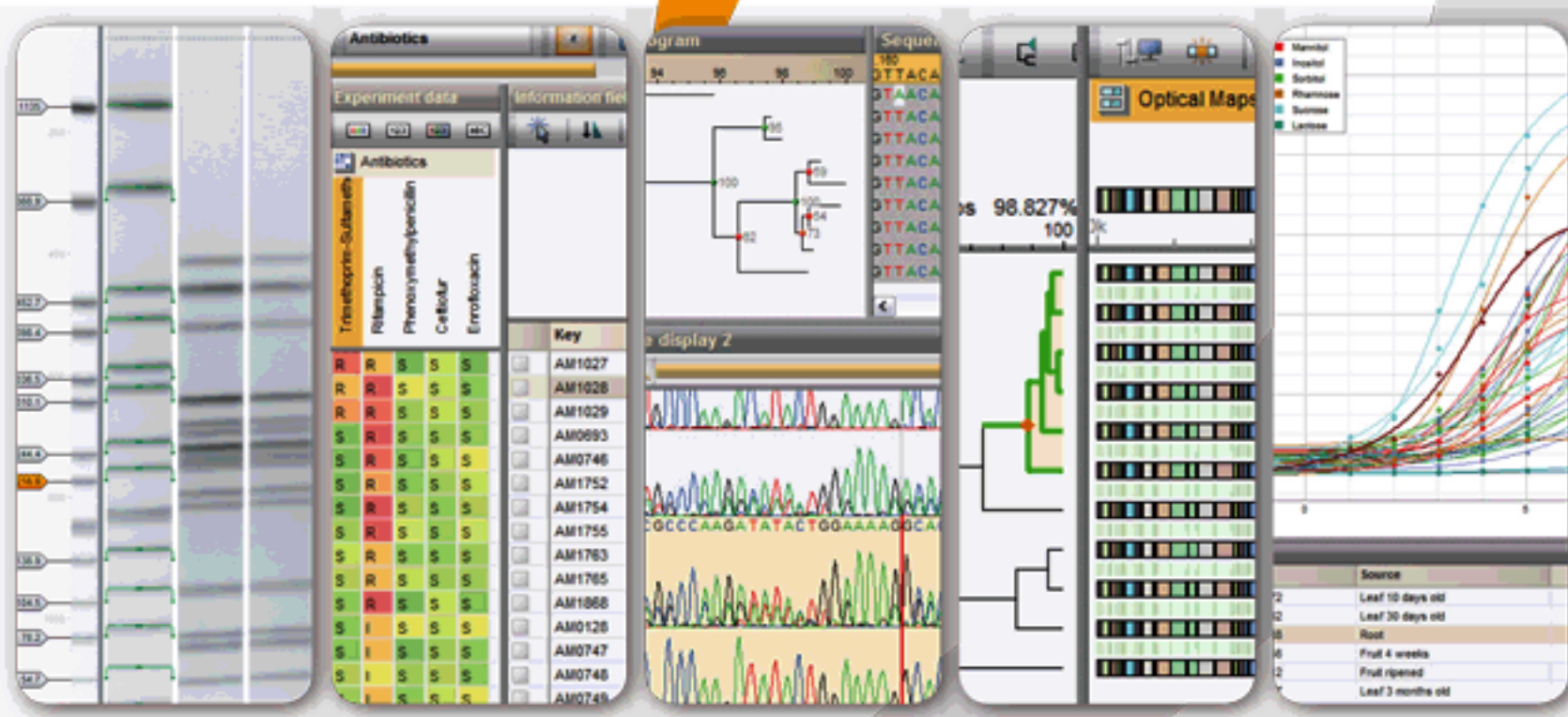


BioNumerics®

生物信息数据管理与分析一体化平台



Manage. Analyze. Discover.

授权代理商: 上海一贝科技有限公司

www.shanghaiep.com



BioNumerics: 当前最为强大、涵盖几乎所有生物信息数据、实现数据的管理、分析及共享的一体化平台。

如今，海量生物数据的产生使得我们对如何提高信息管理和挖掘其中意义提出了更多挑战。越来越多的技术使我们能够在—个实验中产生百万计的原始数据：比如新一代测序，微阵列，SNP芯片，MALDI等。然而更大的挑战是尝试去综合从不同的实验技术得出的结果，去解决更复杂的问题，从而提高我们对基础生物学的认识。



BioNumerics软件平台的四大基础功能解决了这些挑战：

- 1 能够导入、自动处理各种实验数据，包括电泳和MALDI图谱、全基因组和宏基因序列、微阵列或表型特征数据。
- 2 一个适用于整个实验室的多用户关系数据库存储环境，并且提供简单而又智能的实验以及描述信息的检索。
- 3 使用用户自定义的脚本或程序，提供强大的查询、数据挖掘和搜索、分析、比较、可视化和报告功能。
- 4 点对点或客户端/服务器的网络设计架构，满足系统联网，数据交换，云计算和互联网的大规模、分布式应用。

BioNumerics是当前生物数据建库和比较分析最完整、最强大的解决方案，该软件作为一个重要的生物学研究工具已经得到了全世界的认可，并已在8000余篇研究论文中被引用。每一天，全世界有成千上万的研究和检测诊断实验室在使用BioNumerics，这些实验室包括大学、医院和公共卫生中心、食品、药品和生物制药行业，在数据处理、质量控制、筛选、测试和养殖等环节得到非常广泛的应用。

Manage 数据管理

Sequences 序列数据

- 拼接Sanger测序产生的数据
- 处理和拼接二代测序数据

Character sets 字符集数据

- 导入和处理来源广泛的特征数据，包括表型特征、抗生素耐药谱、微阵列等

1-D fingerprints 指纹数据

- 导入和标准化处理各类基于电泳的凝胶图谱和序列数据

Spectral profiles 图谱数据

- 输入和处理MS质谱(MALDI, SELDI)、GC气相色谱、HPLC高效液相色谱和其它光谱

Trend data 趋势数据

- 导入实时荧光定量rt-PCR数据，酶活性，生长曲线数据

Metadata meta数据

- 存储实验中来自样品、生物体、病人的meta数据
- 创建特定目标的数据库

Analyze 数据分析

Clustering 聚类分析

- 广泛的建树和网络推理算法
- 整体建树的可靠性和重要性分析

Identification 分类鉴定

- 强大的分类包括Naive Bayesian, SVM, Shrunkn Centroids
- 多个数据集和分类得到一致的结果

Statistics 统计分析

- 分类、分块和组验证技术、强大的绘图功能
- 大量的统计测试方法，包括ANOVA和MANOVA方法分析

Sequence analysis 序列分析

- 带有强大质量评估工具的多序列比对和SNP分析
- 引物设计、RE分析、frame determination、寡核苷酸建库

Genome comparison 基因组比较分析

- 全基因组比对、注释和SNP分析

Metagenomics 宏基因组学

- 以深度标记基因测序为基础的深度宏基因组学分析

Discover 数据挖掘

Report 报告输出

- 强大而全面的图形和图表制作工具
- 专业打印、输出报告和结果分析
- 使用BioNumerics Python脚本语言自定义报告

Share 数据共享

- Peer-to-peer点对点数据交换和数据库共享
- 基于C/S客户端-服务器的网络数据共享

Publish 数据发布

- 接入公共数据库(MLST-net, pubTRST, EMBL, Genbank等)



BioNumerics功能模块

长期以来, BioNumerics软件专业的模块化结构设计允许您个性化选择需要的模块以便与您的研究需求完全匹配, 我们提供的模块有:

Data Modules 数据模块

Fingerprint Data 指纹类型数据

对凝胶图谱、自动测序仪数据、lab-on-a-chip系统的电泳指纹图谱等进行标准化处理与分析, 如应用于PFGE、MALDI、AFLP、RFLP、RAPD、REP-PCR、ARDRA、IEF、DGGE、TGGE等实验数据分析。

Character Data 特征类型数据

对来源于表型、抗生素耐药谱、微阵列等的特征数据进行导入与分析。在多位点VNTR分析(MLVA)中, 该模块提供了自动化的分析流程。

Sequence Data 序列类型数据

对Sanger序列和二代测序数据进行拼接与分析, 提供序列分析、搜索和比对以及比较工具。该模块常用于多位点序列分型(MLST)中。

Whole Genome Map Data 全基因组图谱类型数据

对菌株鉴定和分类进行全基因组图谱排列和快速可视化聚类。

Trend Data 趋势类型数据

对实时荧光定量rt-PCR数据, 酶活性, 生长曲线数据进行分析。

Analysis Modules 分析模块

Tree and Network Inference 聚类分析与建树

从多种聚类运算方法中选择合适方法计算进化树和关系网, 展现聚类和建树的可信度。

Dimensioning and Matrix Mining 多维技术与矩阵

使用多种分类技术创建非分层式分组, 如成分分析, 多向度量法, 判别分析, 并找出群体之间的鉴别特征, 字符矩阵进行深入的分析。

Genome Analysis Tools 基因组分析工具

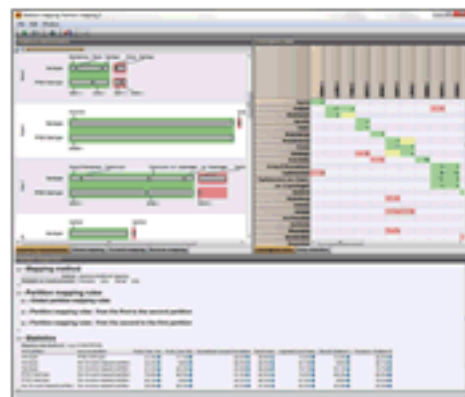
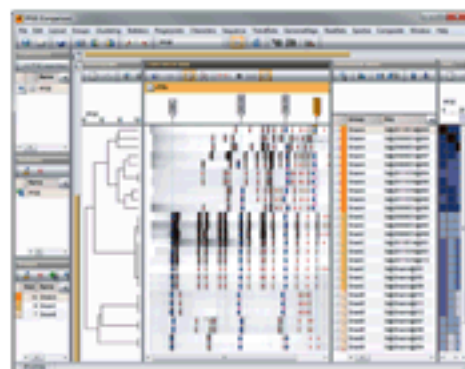
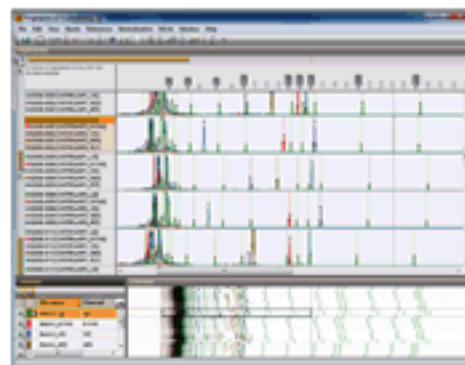
比对和比较染色体或者计算多重染色体排列, 计算SNP位点、突变并且注释新的染色体, 进行微生物宏基因组多样性分析。

Classifiers and Identification 分类与鉴定

运用最先进的分类鉴定方法, 如Naive Bayesian, SVM, Shrunken Centroids及类似方法, 对未知物种进行分类和鉴定。

Versioning and Audit Trails 版本管理与审计

满足FDA 21CFR Part11关于电子记录、电子签名的规范要求, 用于GxP审计。



上海一贝科技有限公司简介

上海一贝科技主要面向IT信息技术、生物医药、食品及环境等诸多行业, 致力于为用户提供业界领先的IT系统构架、实验仪器、生物信息学软件、环境监测等领域的全面解决方案以及应用服务。

作为比利时Applied Maths公司在中国的第一家授权代理商, 上海一贝科技从2005年开始, 为国内客户提供BioNumerics、GelComparII等软件的销售、培训、技术支持及售后服务等, 一贝科技目前已为疾控中心、医院、大学等用户提供了专业解决方案。我们期待立即开始为您提供服务!



上海一贝科技有限公司
电话: 021 - 6488 7580
E-mail: info@shanghaiep.com
网站: www.shanghaiep.com
地址: 上海闵行区莘浜路10号银星大厦607室



分
销
商

