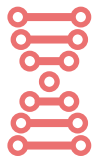


Next Generation Sequencing

Next Generation Sequencing (NGS)은 빠르고 정확하게 수억 개의 DNA 및 RNA의 염기 서열을 분석합니다. 전통적 sanger sequencing 보다 제한된 시료에서 효율적으로 대용량의 유전자 정보를 획득함으로써 생명과학, 동식물 유전형 분석, 바이러스 역학, 진단 및 정밀 의학, 신약 개발 등 다양한 분야에서 혁신적인 발전을 이뤄내고 있습니다. 로킷제노믹스는 오랜 기간 축적된 경험과 노하우를 바탕으로 연구 목적 및 시료 특성을 고려하여 연구자분들께 적합한 유전체, 후성유전체, 전사체 등의 NGS 분석 서비스를 제공합니다.

Main Services



Genome

유전체 서열 분석



Transcriptome

전사체 발현 분석



Single cell

단일세포 전사체 분석



Epigenome

후성유전체 분석



Metagenome

미생물 군집 유전체 분석

Key Features

- ✓ 다양한 NGS 서비스 제공
- ✓ 전문 컨설팅과 프로젝트 관리
- ✓ 전담 BI 배정 및 커스텀 분석
- ✓ 노하우를 통해 최적화된 프로토콜
- ✓ 합리적인 서비스 가격
- ✓ 전국 샘플 당일 배송

Workflow

- 1 연구 컨설팅
연구 목적과 샘플 상태를 고려하여 실험 디자인을 설계합니다.
 - 2 샘플 QC
샘플 퀄리티를 정량적, 정성적으로 평가하여 진행 여부를 확정합니다.
 - 3 라이브러리 제작
NGS 목적에 알맞도록 라이브러리를 제작합니다.
 - 4 시퀀싱
제작된 라이브러리를 시퀀싱하고 데이터를 생산합니다.
 - 5 데이터 분석
데이터 전달 및 고객 연구 맞춤형 커스텀 분석을 진행합니다.
- ※ 샘플 QC 통과 이후 4~5주 가량 소요됩니다.

(주)로킷제노믹스

ROKIT Genomics Inc.

☎ 1644-7203

✉ genomics@rokit.co.kr

🌐 www.rokitgenomics.com

📍 서울특별시 금천구 디지털로10길 9, 12층

12F, 9, Digital-ro 10-gil, Geumcheon-gu, Seoul, 08514, Republic of Korea

Service Information

Service Name	Bioinformatic Analysis
Genome Sequencing	
Whole Genome Sequencing	Variant calling (SNP, InDel, CNV, SV)
Whole Genome de novo Sequencing	De novo assembly, gene prediction & annotation
Whole Exome Sequencing	Variant calling (SNP, InDel), somatic mutation
Targeted Sequencing	Variant calling (SNP, InDel)
Epigenome Sequencing	
Whole Genome Bisulfite Sequencing	Methylation calling (CpG, CHG, CHH), differential methylated region (DMR)
Targeted Methylation Sequencing	Methylation calling (CpG), differentially methylated region (DMR)
ChIP Sequencing	Peak calling, motif prediction
Transcriptome Sequencing	
Total RNA/mRNA Sequencing	Gene expression profiling, clustering (PCA, heatmap), differentially expressed gene (DEG), functional annotation (GO, GSEA), alternative splicing, fusion gene
1 cell RNA Sequencing	Gene expression profiling, clustering (PCA, heatmap), differentially expressed gene (DEG), functional annotation (GO, GSEA)
ISO Sequencing	Alternative splicing, fusion gene, differentially expressed isoform (DEI), open reading frame (ORF) prediction
Small RNA Sequencing	Small RNA expression profiling, differential expressed gene (DEG), target prediction
Single Cell Sequencing	
Gene Expression Sequencing	Gene expression profiling, differentially expressed gene (DEG), functional annotation, clustering, cell type annotation, RNA velocity, trajectory analysis
Immune Profiling (TCR/BCR)	Gene expression profiling, immune repertoire (TCR/BCR), differentially expressed gene (DEG), functional annotation, clustering, cell type annotation, RNA velocity, trajectory analysis
ATAC Sequencing	Chromatin accessibility, peak calling, clustering
Multiome (ATAC+Gene Expression)	Chromatin accessibility, peak calling, gene expression profiling, clustering, feature linkages
Multiplexing	More than one sample is available to combine and process in one experiment
Metagenome Sequencing	
Amplicon Sequencing (16S V3-V4/18S/ITS)	ASV (Genus level), taxonomy profiling, alpha/beta diversity
16S Full Length Sequencing	ASV (Species level), taxonomy profiling, alpha/beta diversity
Whole Genome Shotgun Sequencing	ASV, taxonomy profiling, alpha/beta diversity, functional annotation

※ Sequencing Platform: Illumina NovaSeq, MiSeq / PacBio Revio, Sequel

※ 분석 항목은 컨설팅 단계에서 연구 목적에 따라 결정되며, 상기 항목 외의 커스텀 분석 또한 진행 가능합니다.