



彻底改革您的生物资讯研究！

介绍SeqNFind™一种革命化的基因组序列分析工具包，加速生物信息学研究转化于新一代的定序技术，流水微阵列数据分析与基因组对照中。这一强大的系统能够提供完整的计算机化解决方案，通过将大规模平行通用硬件与优化算法组成对从而提高数据吞吐量，目标在从成千上百万个基因组中进行基因组对比研究。

一种独特的硬件—软件解决方案工具，SeqNFind™提供极限的运行速度，带宽空间，以及节省能源的服务，通过运行成百上万个核心来平衡GPU（图形处理器）技术从而在处理器数量上比传统CPU（电子计算器处理器）要增加**112**倍。

SeqNFind™这一强大而灵活的系统能够简便而又价格合理的上下扩充优化电脑群集而省时节能，更重要的是起到了大大增进了准确性的性能。

SeqNFind™ 能够用于：

- SeqNFind™ 参考序列汇编
- BLAST (基本局域联想搜寻工具)
- Smith-Waterman 动态规划算法
- HMM (隐马科夫模型)
- 未知基因组拼接
- RNA-Seq 测序

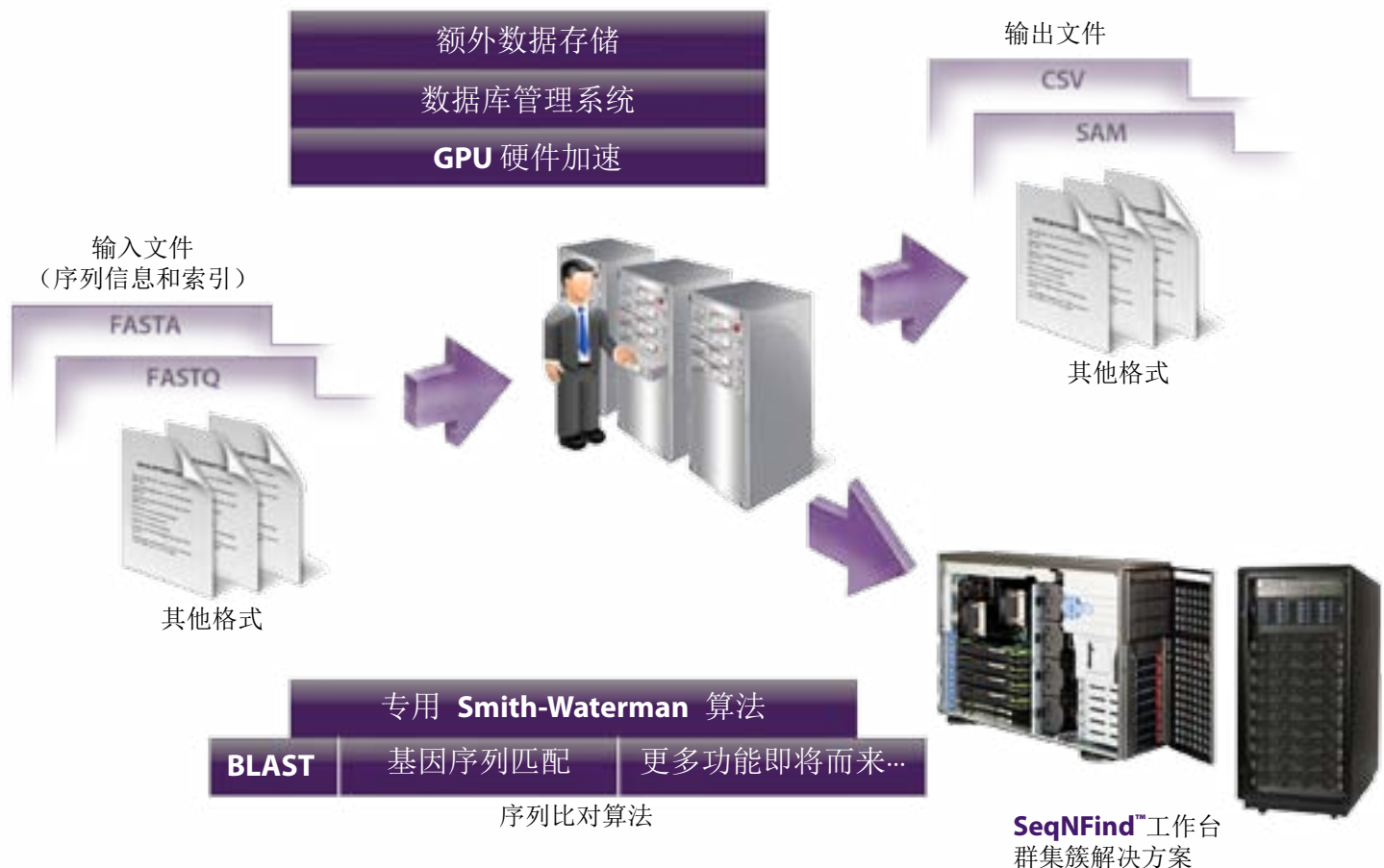
加速您的生物资讯研究

今天就联系我们以获取掌握行业变革趋势的更多资料!

800.565.5467 或 **910.673.8165**

(outside the US and Canada)

www.atlab.com



336 cores =
\$300/day electric

versus

448 cores =
\$7/day electric

powered by

SeqNFind™ 迅速处理和完成读取短的基因序列。

运用独特的硬件软件群集系统和多重操作环境，这一功能强大的系统侧重于用很多小序列来批配整个基因体从而满足准确性的要求，并仅启用其他系统所需求能源的一小部分。

SeqNFind™利用这一独特的跨平台，图形用户界面软件包来加快新一代的定序技术，流水微阵列数据分析以及基因组对照的进程。于一些比对算法和实现系统不同，如以**Blast**为例的启发式算法或

其他类似的专用搜索程序，在运行时多使用大片叠瓦式序列，而**SeqNFind™**将每一个碱基独立的进行仿射空位罚分排序来验证。这一系统运用改良的**Smith-Waterman**算法来短基因读取以检验局部序列批配，从而进入灵活的模板和位域的筛查程序。

除此之外，**SeqNFind™**强大的数据库和数据存储解决方案可提供全流程作业跟踪管理。

如此基因组数据库管理解决方案。今天就在您的实验室里亲身体会它的力量吧！