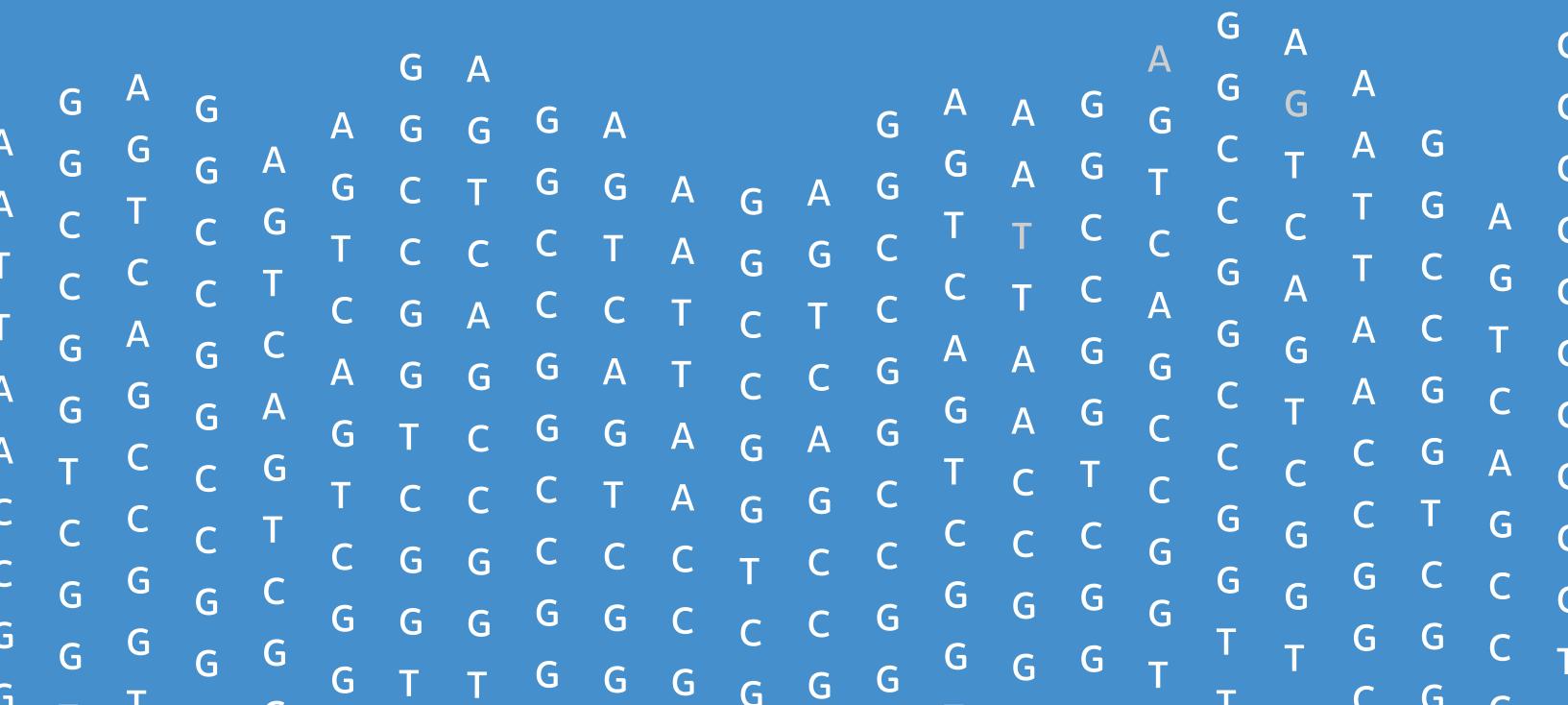


ichrogene.

ALL-IN-ONE SERVICE



아이크로진 소개

- 아이크로진은 유전체 빅데이터로 정밀의료를 실현하는 가치를 만드는 글로벌 최고 수준의 유전체 분석 기업입니다.
- 60만명 이상의 유전체 빅데이터 분석으로 만성질환, 암, 개인특성 등을 정확도 높게 예측하여 서비스를 제공합니다
유전체, IT, 생명공학 분야의 최고 전문가들이 신뢰 높은 서비스를 개발합니다.
- 또한, 아이크로진은 헬스케어 서비스의 가장 근원인 유전자 정보를 개인, 연구자, 의료진 등의 모든 고객이 안심하고
편하게 이용할 수 있도록 연구개발에 집중하고 있습니다.



iDNADoctor

- 개인 유전자 분석 서비스
(DTC, 병원)



iSearchme
for genome

- 글로벌 개인 유전자 정보
분석 서비스 플랫폼



iCareMe

- 마이데이터 기반 맞춤형
헬스케어 서비스 플랫폼

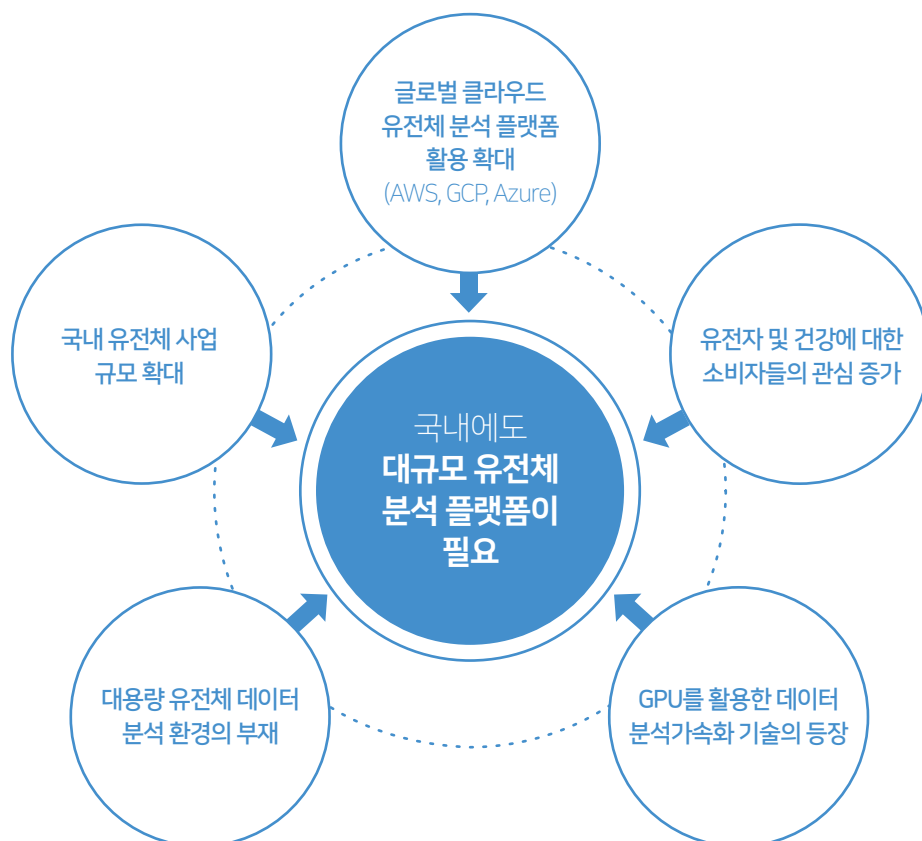


iDNADoctor

만성질환

- 만성질환 특화 개인 맞춤형
유전자 분석 서비스 (병원)

유전체 분석 플랫폼의 필요성

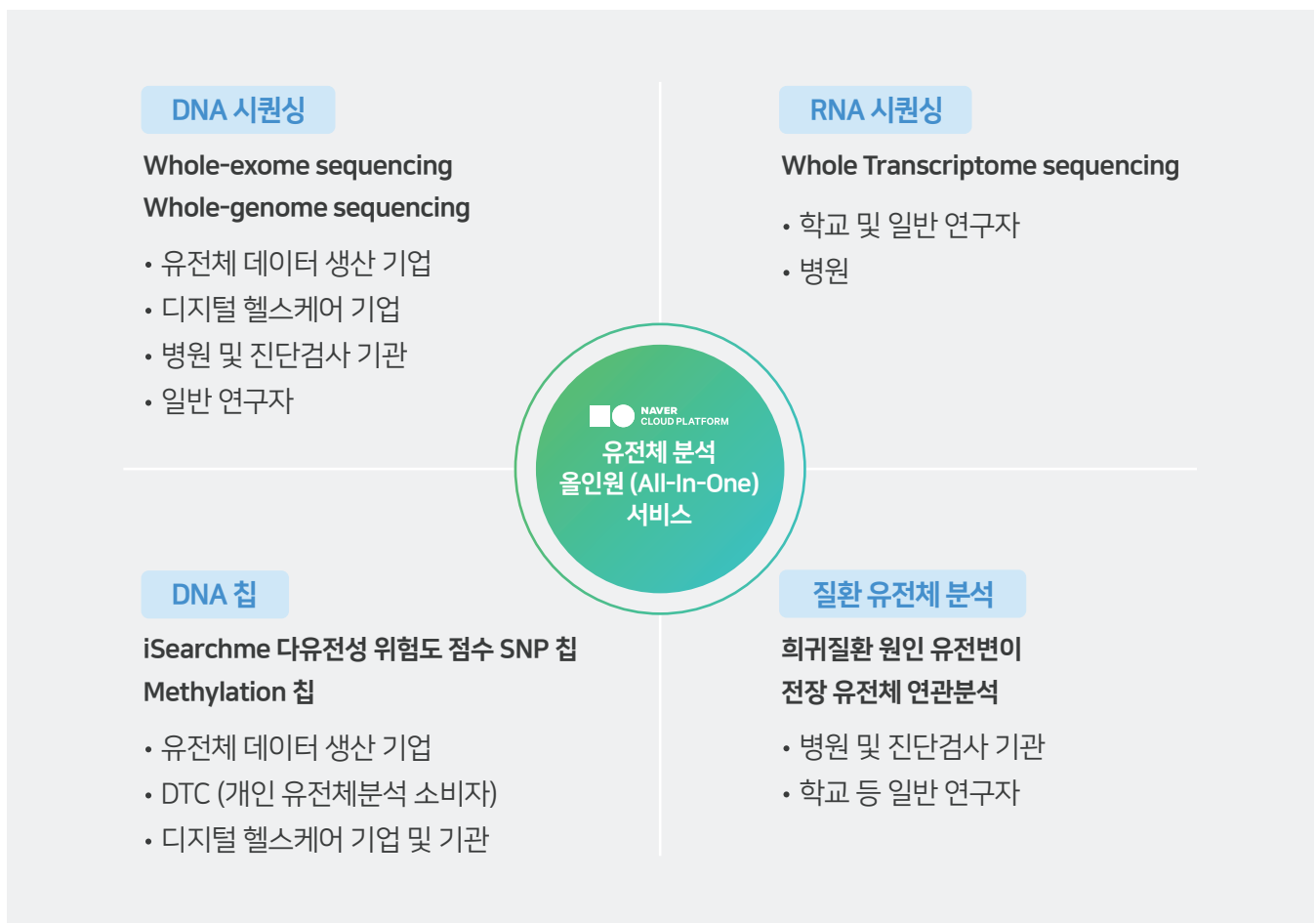


올인원 서비스란?

- 네이버 클라우드 플랫폼의 컴퓨팅 파워, NVIDIA의 Clara Parabricks 고속 유전체 분석 파이프라인, 아이크로진의 유전체 분석 솔루션을 결합한 사용자 친화적인 유전체 데이터 분석 통합 플랫폼입니다.



올인원 서비스 활용 영역



자동화된 워크플로우

Automated Workflow for 3 steps

단계별 맞춤 분석 결과 활용

- 변이 발굴 과정을 자동화된 3단계의 과정으로 나누어 원시데이터 (raw 파일)로 부터 변이 정보 및 임상 보고서를 생산하여 고객에 제공합니다.



사용자 친화적인 UI를 통한 편리한 사용

DNA 시퀀싱

유전체 분석 웹인텔 서비스

기본정보

Username

kyh

Analysis date

분석의뢰 등록 시각(자동생성)

Run Identifier

분석식별자(자동생성)

분석 설정

Sequencing library type

☐ Single End sequencing

☐ Paired End sequencing

NGS Platform

☐ Whole Exome sequencing

☐ Whole Genome sequencing

☐ Targeted sequencing(Panel)

Analysis range

☐ Whole genome

☐ Region of interest(required target region import)

Input files import

ex) /your/directory/here/

Target region import

Genome build

☐ hg19

☒ hg38

☐ GRCh37

☐ GRCh38

BAM output

☐ Yes

☐ No

Output format

☐ vcf(variant call format)

☐ gvcf(genomic vcf)

☐ compressed

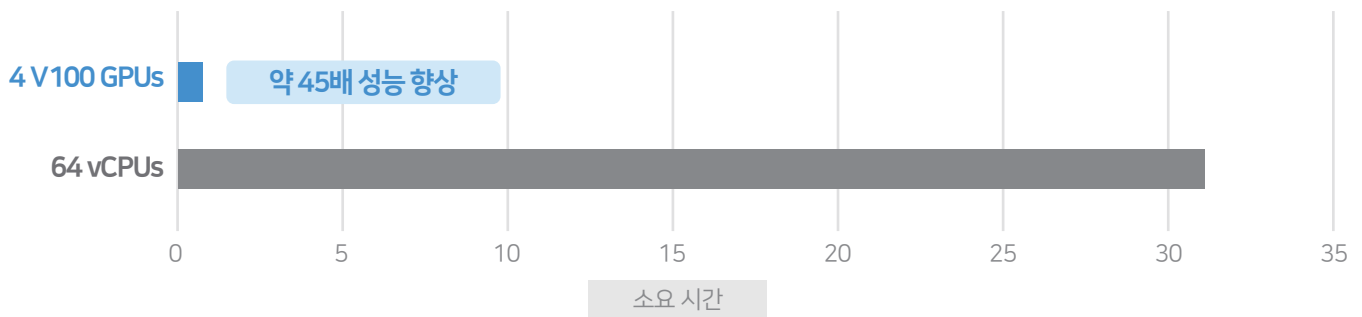
완료

닫기

- 01 NCP의 자원을 필요한 시간만큼만 사용하는 것이 가능하기 때문에, NVIDIA Clara Parabricks 라이선스 비용을 절감할 수 있습니다.
- 02 클라우드 환경을 사용하여 장소와 시간에 구애받지 않고 분석이 가능합니다.
- 03 분석에 필요한 참조 유전체와 프로그램들이 미리 준비되어 있는 서버 이미지를 제공하여 바로 분석이 가능합니다.
- 04 리눅스 콘솔에서 다수의 명령어를 입력해야 하는 타사의 서비스와 달리, UI를 활용하여 리눅스 환경에 익숙하지 않은 사용자도 분석이 가능합니다.

기존 분석 솔루션 대비 분석 속도의 획기적 단축

- GPU를 이용한 가속 컴퓨팅 유전체 애플리케이션 프레임워크인 NVIDIA사의 Clara Parabricks를 도입하여 유전체 데이터 분석에 소요되는 시간을 획기적으로 단축하였습니다.
- 기존 CPU 코어 위주의 분석 소요시간 대비 약 45배의 시간을 절감하여 컴퓨팅 비용을 최대 50% 절감하였습니다. (약 31시간에서 40분으로 감소)
- 일 최대 약 40개의 전장유전체 (WGS, 30X 기준) 처리가 가능합니다.



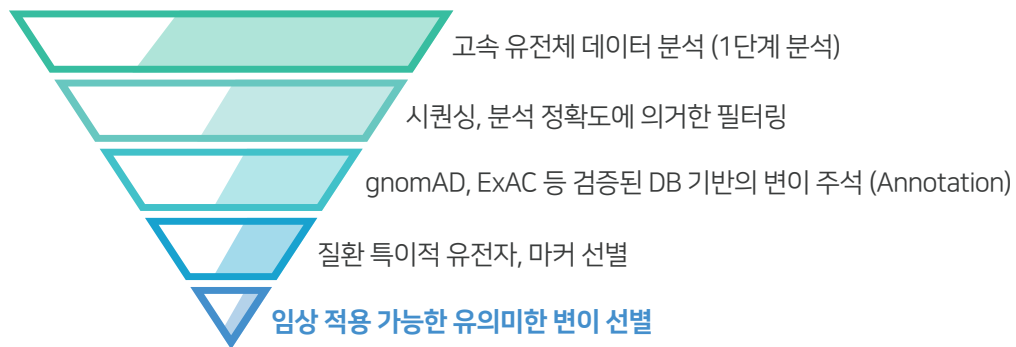
*출처 : NVIDIA Clara Parabricks 백서

임상에서의 활용

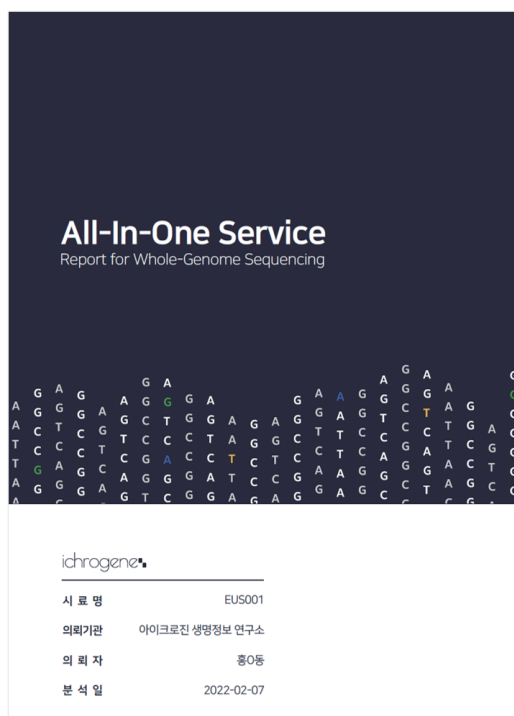
Clinical Use

질환원인 규명을 위한 심층적인 변이 주석정보 제공

- 영국의 발달장애 환자 연구 컨소시엄인 DDD (Deciphering Developmental Disorders)에서 개발 및 검증한 VEP 프로그램을 이용하여 변이에 대한 심층 변이 주석 (deep annotation)정보를 제공하여 원인 변이 해석에 가이드를 제시합니다.
- 질환 관련 검증된 다양한 데이터 베이스 (gnomAD, ExAC, Clinvar, ACMG, SIFT, CADD 등)를 활용하여 정확도를 향상시켰습니다.
- 또한, 3단계인 인구집단 기반의 분석 솔루션에서 환자군과 대조군 간의 분석을 가능하게 하여 빈번하게 발생하는 질환 (Common disease)의 원인 변이 발굴에 기여합니다.



사용자 친화적인 UI를 통한 편리한 사용

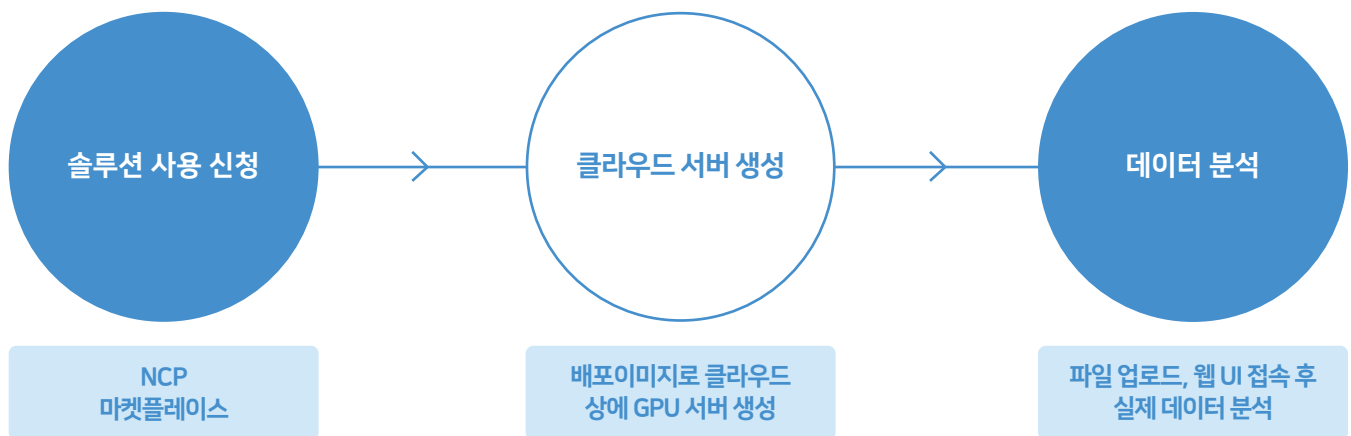


fastq, bam, vcf 파일에 대한 quality control 결과를 PDF와 CSV 형식으로 제공하여 데이터의 품질을 편하게 확인할 수 있도록 개선하였습니다. (타사 미제공)



올인원 서비스 이용 절차

- 01** 네이버 클라우드 플랫폼 내의 마켓플레이스에서 서비스를 사용신청 합니다.
- 02** 아이크로진 올인원서비스 담당자와 고객 간의 협의를 통해 고객의 니즈에 적합한 솔루션을 제안합니다.
- 03** 고속 유전체 분석 환경 및 웹 UI가 적용된 서버 이미지를 배포하여, 고객이 웹브라우저를 통한 UI에 접근하여 분석을 수행합니다. (리눅스에 친숙한 고객의 경우 리눅스 콘솔에 직접 접근하여 분석을 수행할 수 있습니다.)
- 04** 지속적인 서비스 업그레이드를 통해 고객은 항상 최신의 방법으로 분석이 가능합니다.



FAQ

Q 웹 UI는 어떻게 접속하나요?

A 모든 서버는 각각 고유한 IP주소를 갖고 있어, 웹 브라우저상에 IP주소를 입력하여 웹 UI에 접근할 수 있습니다.
(예, <https://172.10.10.10:8080>)

Q 웹 UI를 통해서만 서비스를 이용할 수 있나요?

A 안내 드린 고유한 IP 주소를 이용하여 터미널 프로그램(예, putty) 등으로 접속하여 CUI 상에서 동일한 작업을 수행할 수 있습니다. 다만, 접속 파라미터 자동화 부분은 CUI 모드에서는 제외되어 있기 때문에 직접 json 파일을 생성해 주셔야 합니다.

Q 동시에 여러 개의 작업을 수행할 수 있나요?

A 서비스의 성능을 최대화 하기 위해 여러 개의 작업을 등록해도 한번에 하나의 작업을 수행합니다. 병렬 작업을 원하는 고객은 서버를 증설하는 방법을 추천 드립니다.

Q QC 리포트에는 어떤 항목이 포함되나요?

A 일반적인 FastQC 프로그램에서 제공하는 대부분의 정보 (fastq, bam, vcf)가 포함됩니다.

Q 서버를 정지시키면 과금이 되지 않나요?

A 네이버 클라우드 플랫폼 정책상 GPU서버는 정지시키더라도 지속적으로 과금이 됩니다. 작업이 끝나면 데이터 다운로드 후 반드시 당사로 통보해 주시기 바랍니다.

