SNAPSHOOT
ENGINEERED FOR A SAFER TOMORROW

현장을 이해하고, 필요한 솔루션을 연결합니다.

산업안전 · 추락방지 시스템
산업용 소재 · 건축자재
제품 제안부터 공급·시공·설치·교육까지



COMPANY INFORMATION

스냅슛 (SNAPSHOOT)

ADDRESS (15431) 경기도 안산시 단원구 풍전로 37-9 트리플렉스 301동 118호
TEL 0507-1374-9229
FAX 0504-481-6749
E-MAIL bkkim@snapshoot.co.kr

TECHNICAL DOCUMENTS

인증서 · 데이터시트 · 기술자료

제품의 규격과 성능, 인증 및 적용 조건을 확인하기 위한 자료입니다.

ABOUT SNAPSHOOT

제품 공급을 넘어, 현장에 맞는 해결책으로

스냅슛은 산업현장의 작업 환경과 요구 조건을 바탕으로
적합한 제품과 시스템을 제안합니다. 현장 실사를 통해 설치 조건을 확인하고,
공급부터 시공·설치 및 사용 교육까지 필요한 과정을 함께합니다.

추락방지 시스템

안전대부착설비 · 수평·수직 라이프라인
레일 시스템 · 리지드 포스트

밀폐공간 진입·구조 솔루션

데빗암 · 삼각대 · 구조용 윈치
윈치 안전블록 · 구조장비

산업안전 보호구

전신형 안전대 · 랜야드 · 안전블록
작업 환경에 맞춘 개인보호구

산업용 소재·건축자재

산업용 테이프 · 접착제 · 기능성 소재
구조용 스크류 · 목조건축 자재

SNAPSHOOT
ENGINEERED FOR A SAFER TOMORROW

홈페이지 바로가기 →
문서 라이브러리 바로가기 →
시공사례 바로가기 →
문의하기 →

본 페이지는 스냅슛의 자료 제공 안내용 표지입니다. 첨부된 인증서 및 기술자료의 발행 주체, 인증 대상과 적용 범위는 해당 원문을 기준으로 확인해 주세요.



SkimSEEK

Low-pass skim sequencing & imputation from NEOGEN® Genomics

The next advancement in genomic technology

Leverage low-pass sequence data with SkimSEEK™ and explore deeper into the genome

ADVANTAGES OF SKIMSEEK

- Reduce dependence on linkage disequilibrium between 50K fixed chips and Quantitative Trait Loci (QTL) that are impacting the desired phenotypes
- Much lower cost than population-specific genotyping panels
- Complete genotyping of entire breeding populations, which reduces bias in genetic evaluations due to selective genotyping
- Data report contains millions of other SNP variants to improve genomic selection or help discover novel, population-specific causative variants
- >99% accuracy

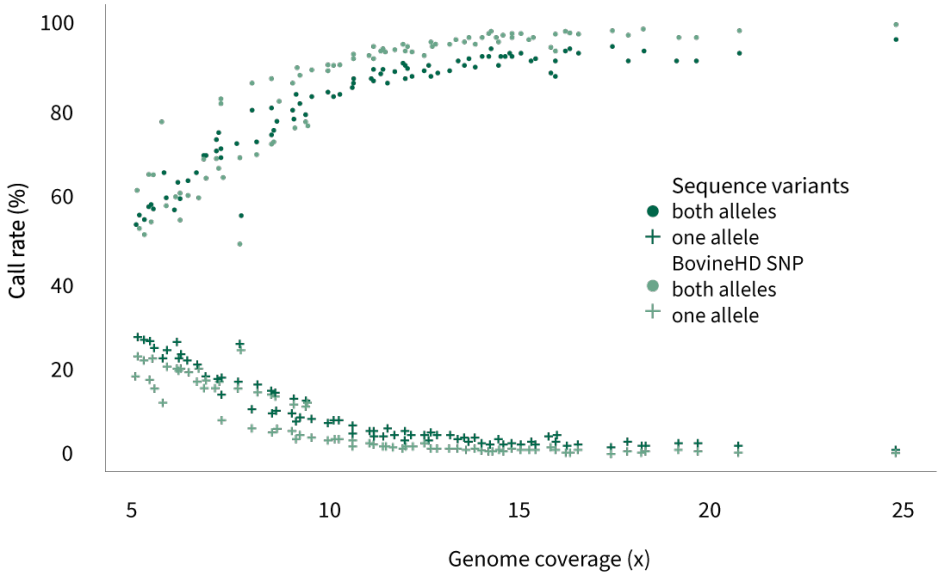
VARIANT (SNP) DISCOVERY

- Same cost and effort to genomically sequence many individuals at low coverage when compared to sequencing a few individuals at high coverage

USING SEQUENCE DATA TO GENOTYPE

- Imputation – match low-coverage reads to well-characterized reference haplotypes
- Utilize pre-determined fixed panels of SNP reports to augment the genomic selection
- Utilize a data report of millions of other SNP variants to improve genomic selection or help discover novel, population-specific causative variants

Ready to learn more? Contact GeneSeekInfo@Neogen.com for more information on SkimSEEK

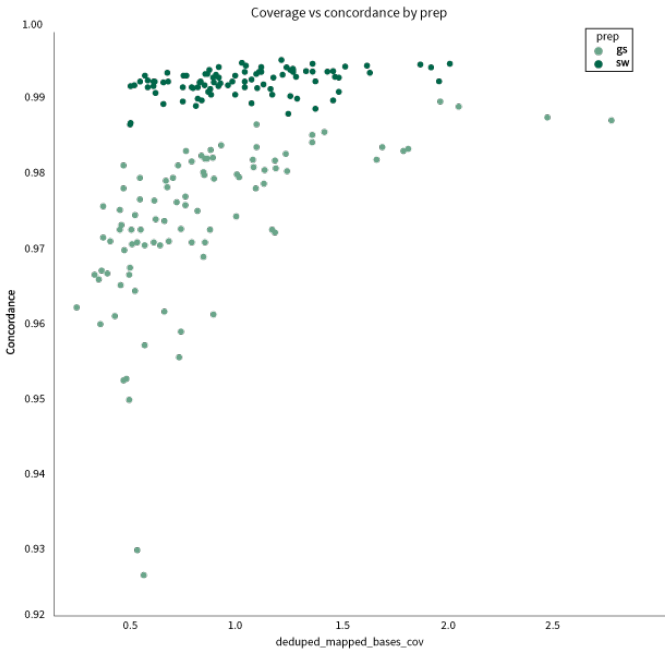


Imputation is a critical step in the data analysis.

The correct algorithms need to be coupled with highly informative reference genomes specific to the population for greatest accuracy and appropriate resolution of genotyping

54 cattle samples sequenced with analysis at various levels of coverage. Data were compared to known genotype calls for the same animals genotyped on an Illumina Bovine HD chip (77K SNPs)

Snelling et. Al. BIF 2019



Genotype Concordance to the GGP Bovine 50K Chip Versus Coverage

- Two replicates of 96 samples from the USDA-MARC Beef Diversity Panel
- Genomic coverage from 0.5 to 3.0 X
- Concordance averages 99.3% in normalized DNA samples (blue)
- Concordance averages 97.3% for the same samples but unnormalized DNA samples