

Company Brochure

AI DRIVES BIOINFORMATICS

인공지능 기술로 업그레이드된 생물정보 전문기업

INSILICOGEN

www.insilicogen.com



01 Company Overview

About Insilicogen	03
CEO's Message	04
Core Value	05
Organization	06
History	07
Partners	10

02 Our Business

Analysis	12
Education	15
AI	16
Solution	18
SI	20

03 Public Relation

Achievements	22
Our Culture	28
Future Plans	29

인공지능 기술로 더욱 업그레이드된 생물정보 기업

(주)인실리코젠은 생물정보 전문기업입니다.

우리 기업은 다양한 생물학적 데이터 분석을 효과적으로 공유하고 수행할 수 있는 플랫폼을 제공하고 있습니다.

(주)인실리코젠은 'AI drives Bioinformatics'라는 슬로건 아래 새롭게 펼쳐질 미래를 준비하고 있습니다. 데이터 수집, 저장, 분석을 넘어 insilico Lab이라고 불릴 만큼 지능을 탑재한 강력한 컴퓨터가 연구실의 가치를 창출하는 데에 커다란 역할을 하기에 이르렀습니다.

저희 InCo는 AI기술의 적극적 습득과 도입을 통해 고객에게 새로운 가치를 잘 빠르게 제공해 드릴 것이며, 한발 앞선 제안을 통해 고객의 미래를 함께 디자인하는 기업이 되겠습니다.

인공지능과 만난 생물정보 전문기업

(주)인실리코젠은 국내에서 생산되는 바이오 데이터의 60% 이상을 가공하고 저장하는 데에 이바지하고 있습니다. 방대한 데이터와의 지속적인 커뮤니케이션은 우리의 발걸음을 시가 이끄는 새로운 세계로 향하게 하였습니다.

in silico 상에서 질병의 원인과 솔루션을 찾고, 새로운 기능의 종자를 발굴하고, 개개인에게 맞는 데이터 식품을 만드는 첨단 기술을 구현해내면서 인공지능 기술의 실마리를 만들어냈습니다. 시가 선도할 바이오의 미래는 지난 시간 방대한 데이터를 다루어본 그룹만이 다가설 수 있는 새로운 도전입니다.

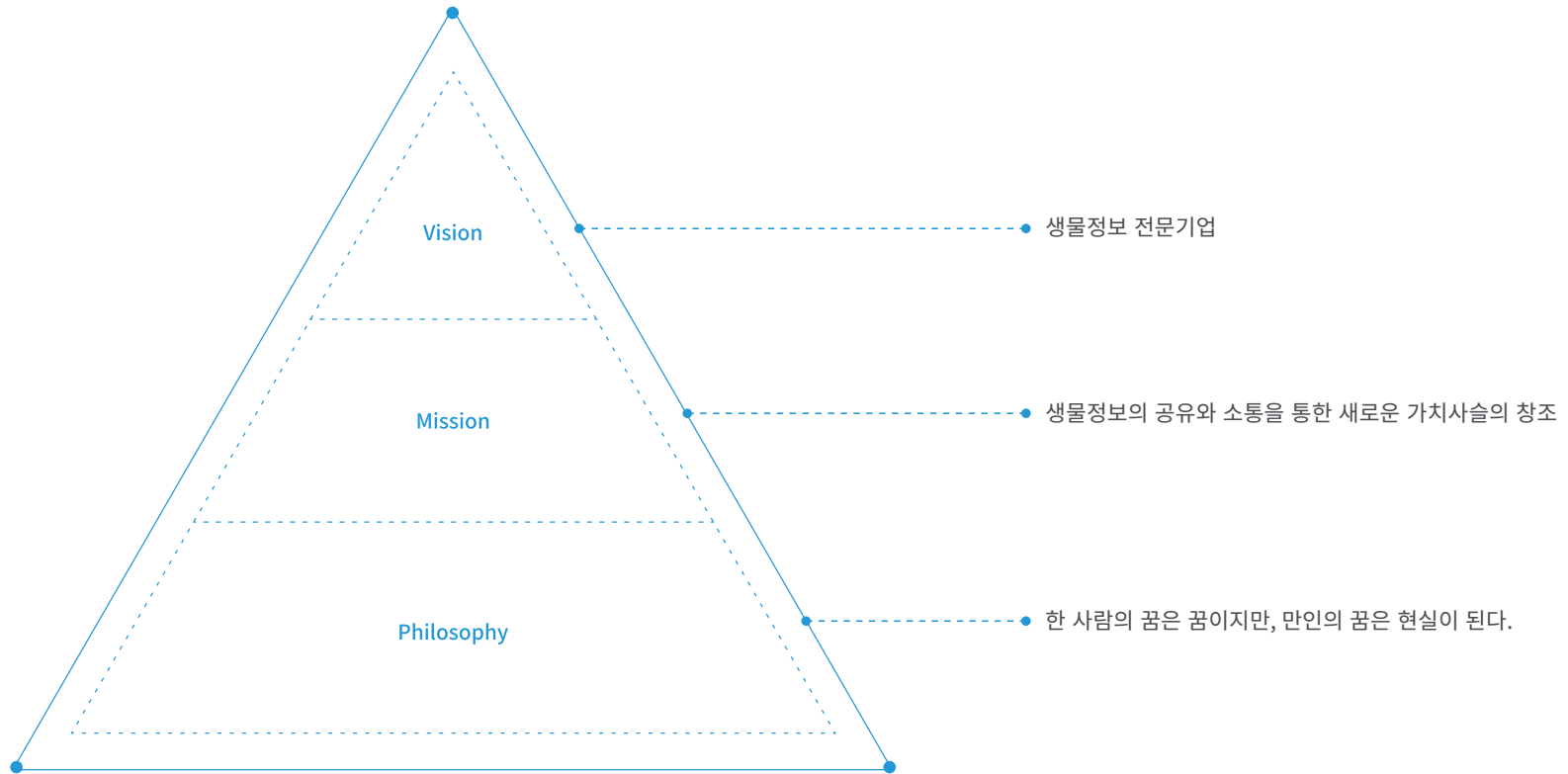
저희 人Co는 20년 가까운 시간 동안 생물정보 외길을 변함없이 걸어왔습니다. 앞으로의 Bioinformatics는 AI의 도움을 받아 지금껏 만나보지 못한 *in silico* 상의 변화를 만들어낼 것입니다.

이러한 변화와 혁신이 BI가 궁극적으로 추구하고자 하는 새로운 가치에 이바지할 수 있도록 콘텐츠와 서비스를 디자인하겠습니다. 저희와 같이하는 많은 연구자에게 더 나은 경험을 드릴 수 있도록 노력하는 기업이 되겠습니다.

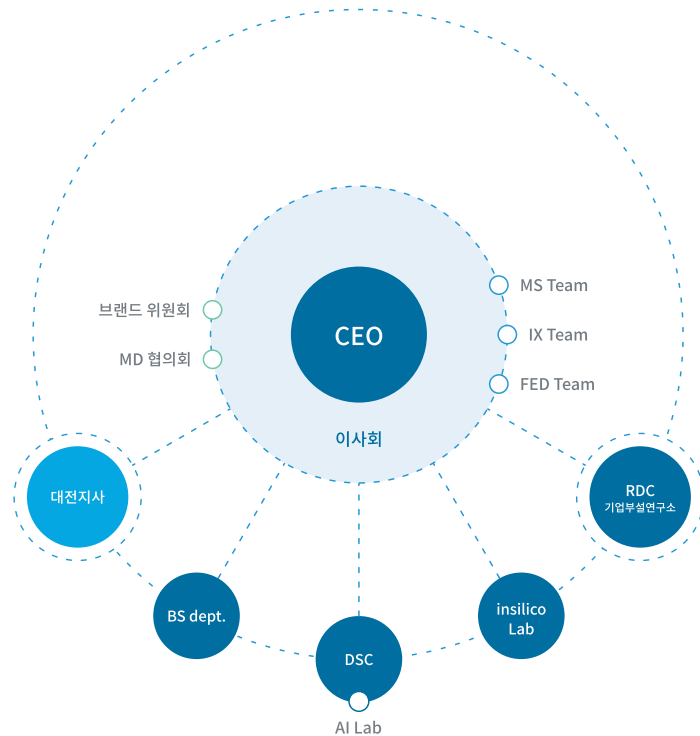
늘 그래 왔듯 사람을 중시하며 기술의 진일보를 꿈꾸는 인실리코젠이 되도록 매진하겠습니다. 많은 관심과 성원 부탁드립니다.

(주)인실리코젠 대표이사 최 남 우

人Co는 사람을 중심Core 으로, 사람과 컴퓨터Computer 에 의해, 배려Consideration 와 소통Communication 을 통한 새로운 문화를 창조하려는 (주)인실리코젠의 브랜드 가치를 의미합니다.



수평적 커뮤니케이션과 다양성을 보장하는 창의적 조직문화



DSC

Data Science Center

생물정보는 생물학 분야에서의 데이터 분석 수준을 넘어 더 큰 의미의 데이터 과학을 필요로 합니다.

DSC는 기초과학, 마이크로바이옴, 동·식물 육종, 의료 등 전 생물정보 분야에 실용적 가치를 제공합니다. 고객과 직접 소통하는 전문 컨설팅부터, 빅데이터 분석, 응용 확장을 위한 인공지능 플랫폼 개발까지 통합 데이터 과학 서비스를 제공합니다.

iLab

insilico Lab

생물정보를 접목한 최적의 연구 결과를 얻기 위해, 실험계획부터 분석 전략과 방법, 데이터 분석환경 구축 및 인력 양성을 위한 교육까지 빅데이터 시대 연구실의 고민을 함께하겠습니다.

insilico Lab은 다년간의 경험으로 얻은 생물정보 노하우와 기술력, 다양한 솔루션의 컨설팅을 통해 여러분의 맞춤형 생물정보 파트너로서 연구실에 필요한 모든 환경을 제공합니다.

RDC

R&D Center(전문연구요원 병무청 지정 우수 연구기관)

생물학적 문제를 해결하고자 IT와 수학을 도구로 의미론적 해석에 접근하며 전진하고자 노력하고 있습니다.

단순히 코드화된 생물학적 데이터와 알고리즘의 결합을 넘어서 동물, 식물, 미생물을 포함한 다양한 분야의 NGS 관련 데이터 분석을 생물학적인 의미 기반으로 연구하고 있습니다.

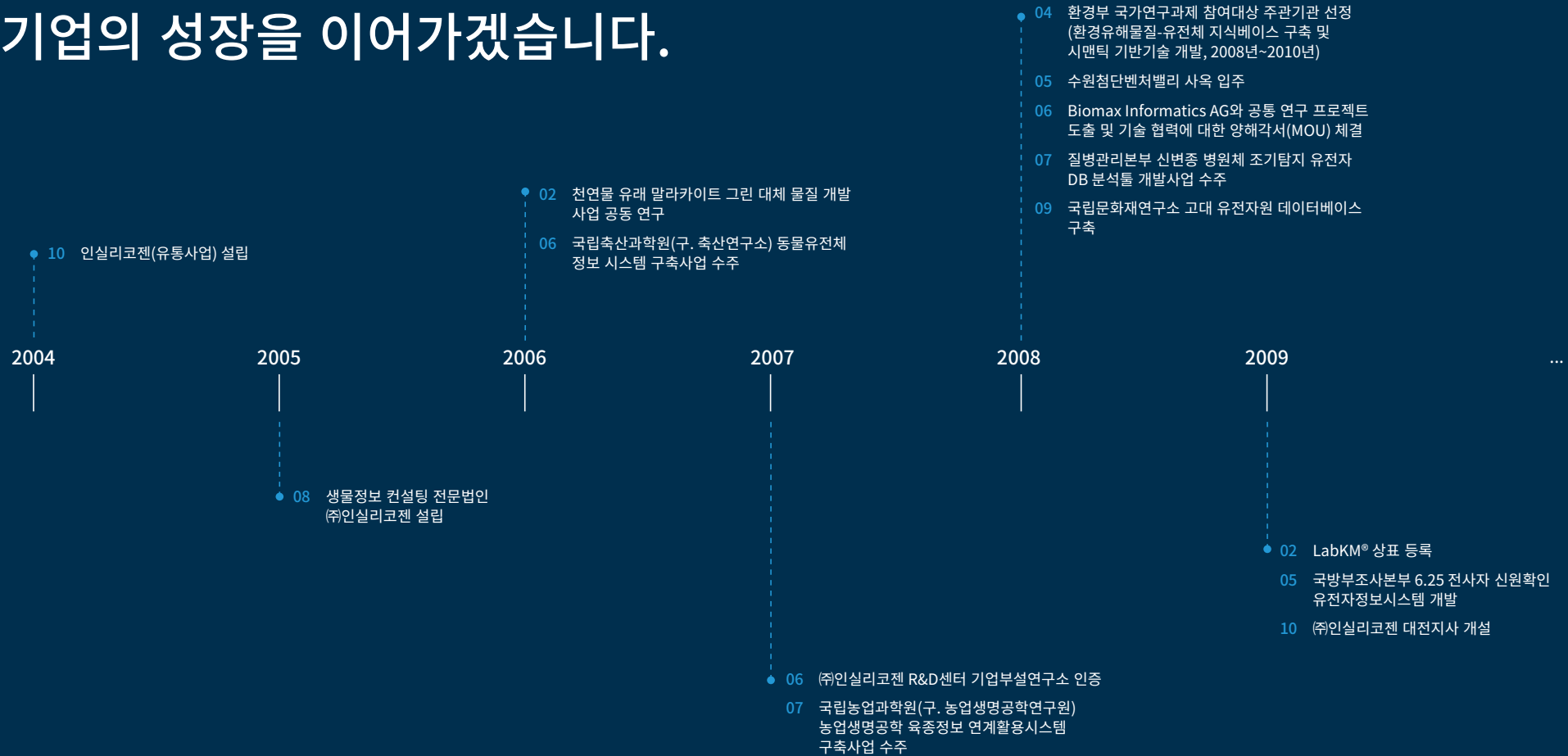
BS

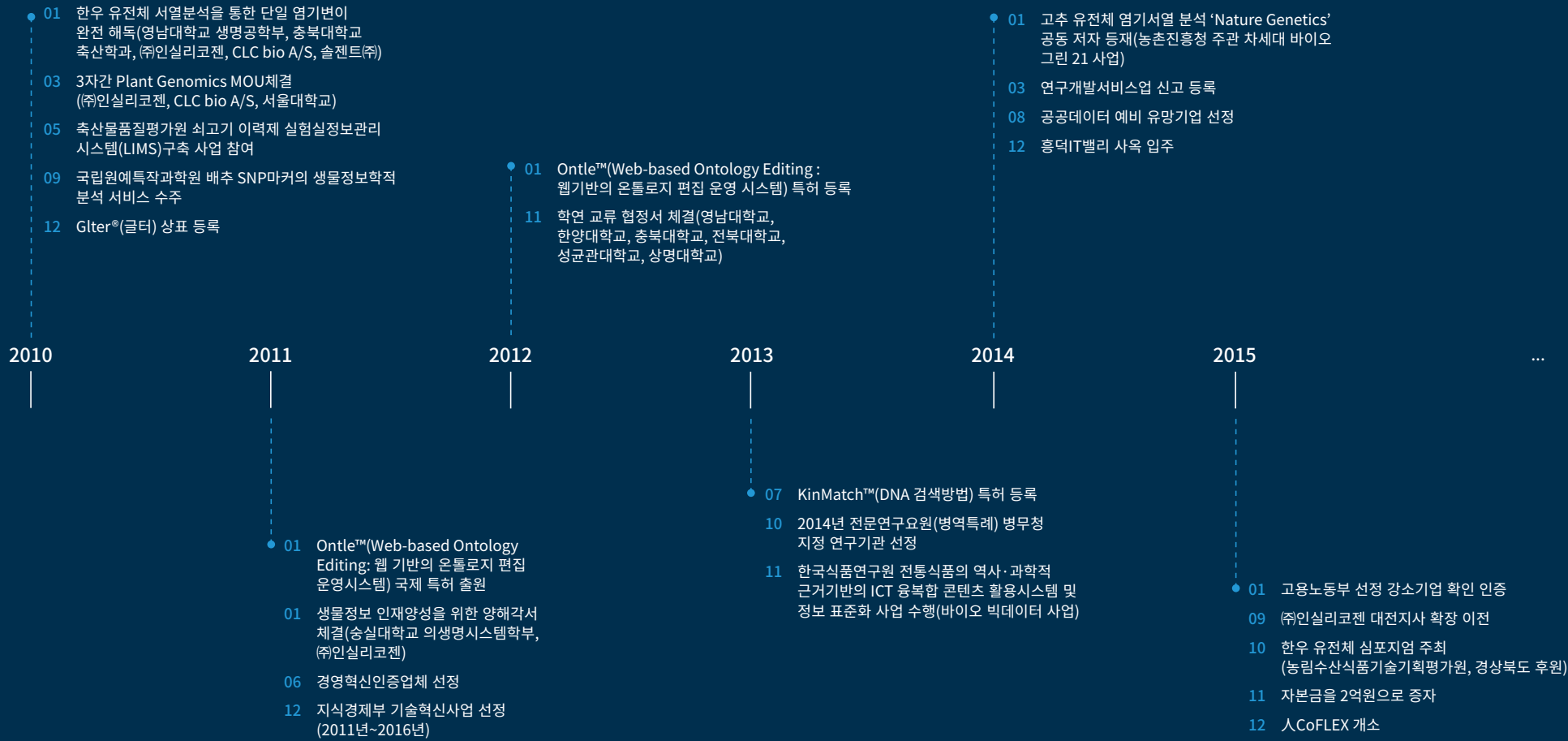
Bioinformatics System Department

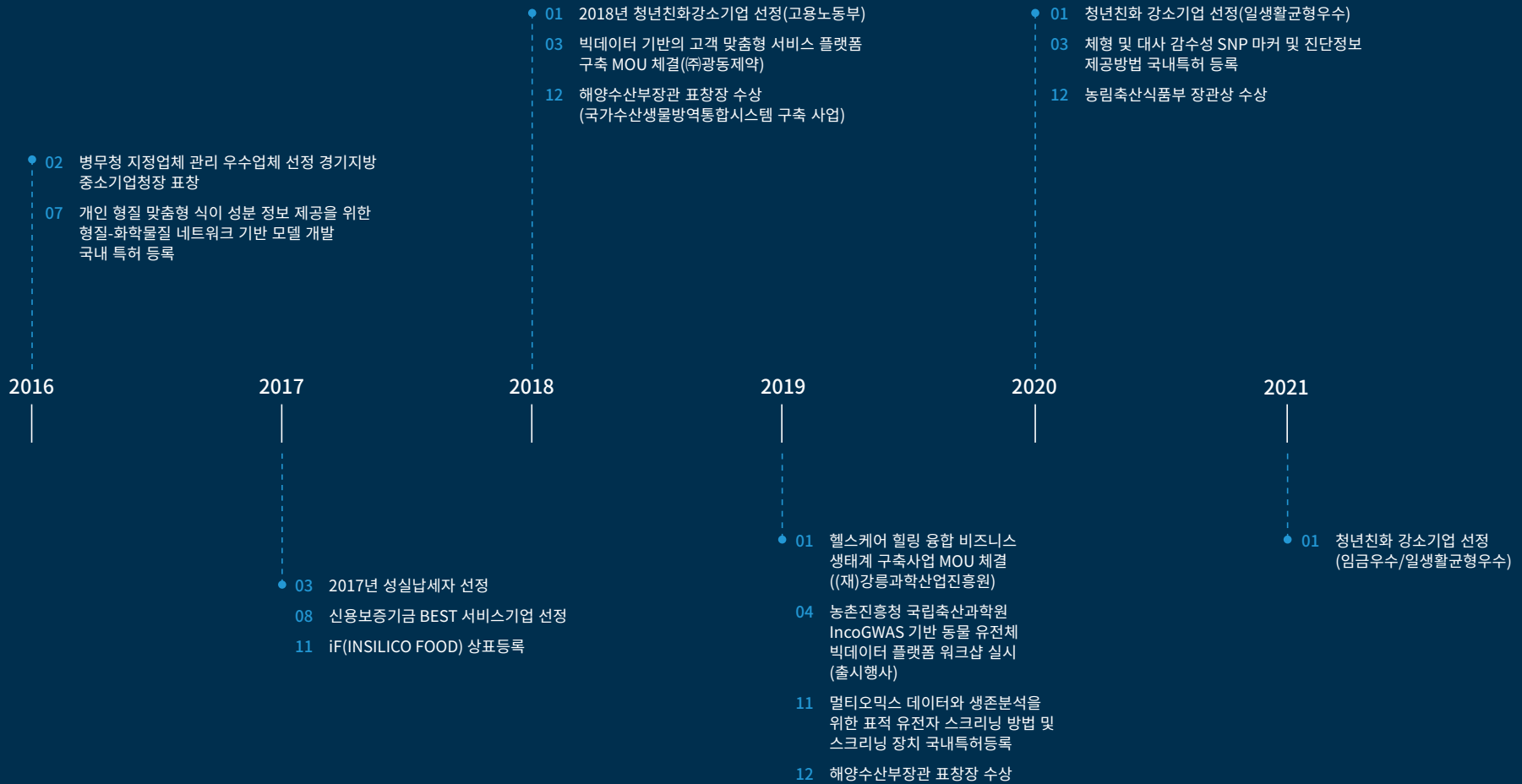
다년간의 시스템 구축 경험과 체계화된 프로세스, 최고의 전문 인력에 생물정보 지식을 더하여, 단순하지만 본질적인 해답을 주는 생물정보 세상을 만들어 갑니다.

시스템에 정보를, 정보에 생명을 불어넣는 지식 정보화를 선도합니다.

지속적인 변화와 기업의 성장을 이어가겠습니다.







협력을 넘어 동반성장의 파트너로!

세계적인 생물정보 그룹과의 실시간 업무협력체계 구축으로
제품개발 및 서비스를 향상하고 있습니다.



ELSEVIER



ORACLE®



국외 파트너십

AgileBio
Biobam
Biomax Informatics AG
Elsevier
GeneCodes
Kyzma
Nebion
PetaGene
QIAGEN
Softberry
ThermoFisher

LINC · 교육

가천대학교
강원대학교
건국대학교
경희대학교
상명대학교
성균관대학교
세종대학교
숙명여자대학교
순천향대학교
송실대학교
영남대학교
전남대학교
전북대학교
충북대학교
한양대학교

하드웨어 · SI

다올티에스(주)
델코리아
(주)뮤텍소프트
(주)쌍크테크
(주)어빌리티시스템즈
오라클
이씨플라자(주)
(주)인터페이스정보기술
인텔코리아
(주)지니온
(주)케이쓰리아이
한국IBM

바이오

강남위담한방병원
(주)다원바이오
(주)디엔에이링크
(주)랩지노믹스
(주)마크로젠
바이오코아(주)
(주)바이오플러스
(주)벤틱사이언스
(재)서울의과학연구소
(주)셀레믹스
(주)시선바이오머티리얼스
써모피셔사이언티픽코리아(주)
SA피부과
(주)엘에이에스
주식회사 한독
(주)천랩
(유)퀴아젠코리아

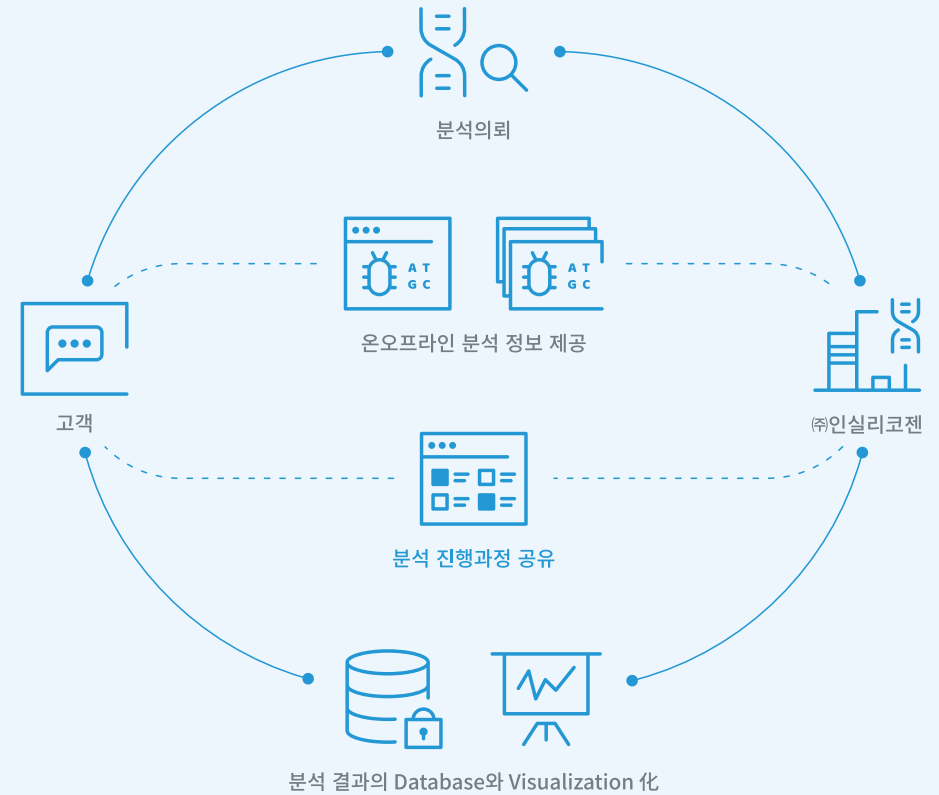
국내·외 최고의 생물정보 전문가와 빠르고 신뢰도 높은 맞춤형 생물정보 분석 서비스를 제공해 드립니다.

유전체, 전사체, 변이체 분석을 포함한 생명과학 전 분야에 걸쳐 차세대염기서열분석NGS 기반의 생물정보 분석 서비스를 제공하며, 고객의 요구와 목적에 맞는 방법론을 제시하고 그 결과로 고객과 대화합니다.

60여 명의 생물정보 전문 인력과 국외 협력기관이 다년간 구축한 생물정보 분석 파이프라인 및 지식을 통해 고객의 목적에 최적화된 서비스Customized service 를 제공합니다.
해석하기 어려웠던 기존 데이터부터 특화된 새로운 연구의 데이터의 생산에서 분석까지 전문화된 서비스를 경험하십시오.

30종 유전체 해독 500TB 원천 데이터 분석

한우, 전복, 광어, 우럭, 고추, 고구마, 오이, 참 돔, 버섯 등



인간

- 질병 연관 변이 분석(WES, Targeted)
Ingenuity Variant Analysis(IVA)
QIAGEN Clinical Insight Interpret(QCII)
- 유전자 발현 및 네트워크 분석(RNA-seq)
Ingenuity Variant Analysis
Ingenuity Pathway Analysis(IPA)
OmicSoft Land Explorer

동·식물

- 유용 형질 관련 변이 분석
CLC Genomics Workbench
- 유전자 발현 분석(RNA-seq)
CLC Genomics Workbench
OmicsBox Transcriptomics Module

미생물

- 유전자 구조 및 기능 분석
OmicsBox Genomics Module
OmicsBox Functional Analysis Module
- 메타게놈 분석
CLC Microbial Genomics Module
OmicsBox Metagenomics Module

전사체 분석

- 표준 전사체 어셈블리
- RNA-seq based 유전자 발현치 추정
- DEG/Pattern 분석
- GSEA 분석
- Pathway 분석
- 프로모터/발현 연관 분석
- 네트워크 분석

유전체 분석

- 유전체 사이즈 예측
- 전장 유전체 어셈블리
- Repeat element 분석
- 유전자의 구조 예측
- 단백질 기능 구조 예측
- 단백질 기능 예측
- Long non-coding RNA 분석
- Promoter 분석
- Gene family 분석
- Phylogenetic tree 분석
- GBS 활용 linkage map 작성

변이 분석

- Potential SNPs 분석
- Potential SSRs 분석
- 종/원산지 판별 마커 발굴
- 유용형질/육종 관련 마커 발굴
- 유전병/질환 연관 SNP 분석
- Population structure 분석
- Phylogenetic tree 분석
- Selective sweep 분석
- Genomic selection 분석
- 유효집단 개수 추정
- GWAS 분석
- 기계학습을 이용한 변이마커 개발

후성유전체 분석

- 어레이/시퀀싱 기반 후성 유전체 분석
- Methylation/Histone mark·miRNA 분석
- DMR & Pattern 분석
- GSEA & Pathway 분석
- 발현/조절 통합분석

전사체 분석

- 01 단백질 제제 처리에 따른 PBMC 초기반응 전사체 발현 분석
- 02 두경부암 방사선 내성 세포주 전사체 분석
- 03 인간 Brain tumor & Senescence 전사체 발현 연관성 분석
- 04 한우 전사체 분석 및 면역 관련 Pathway 분석
- 05 Genetically modified mouse(GEM) RNA-seq 분석
- 06 *Equus ferus caballus* 전사체 분석을 통한 유용 유전자 발굴
- 07 참전복/까막전복의 전사체 비교 분석
- 08 꽃노랑총채벌레의 표준전사체 어셈블리 및 annotation
- 09 닭의 조건별 small RNA(piRNA/miRNA) 발현 분석
- 10 국내 견종에 대한 참조 EST 구축
- 11 왕지네 전사체 분석 및 신규 AMP 발굴
- 12 바퀴벌레 전사체 분석 및 신규 AMP 발굴
- 13 쥐오줌풀 표준전사체 어셈블리 및 발현 분석
- 14 돌돔, 조피볼락, 참돔, 송어 병원성 미생물감염에 따른 전사체 분석
- 15 잔디 표준 전사체 분석 및 유용 유전자 DEG/Pathway 분석
- 16 벼의 엽색 관련 유전자 발현 분석
- 17 방사선 조사에 따른 애기장대 발현 분석
- 18 인삼 전사체 분석
- 19 느타리버섯 성장단계별 발현 및 생물정보학적 기능 분석
- 20 *Fusarium*의 유성, 무성 생식 관련 유전자 발현 분석

변이분석

- 01 양귀비 품종 구분을 위한 전사체 기반 변이 분석
- 02 HIV 바이러스 비교유전체 분석
- 03 도라지 엽색 판별 마커 및 기계학습 모델 개발
- 04 반려견 퇴행성 질환 조기진단 마커 개발
- 05 한국인 유방암 WES 변이 분석
- 06 밤나무 품종 간 변이 및 육종 마커 분석
- 07 전복 집단(육종) 변이 마커 분석
- 08 미역 집단 분석
- 09 한우 변이 분석 및 유용 유전자 발굴
- 10 재래닭 품종 간 변이 분석
- 11 메추라기 종 간 변이 분석
- 12 선충 비교 유전체 분석
- 13 유방암/위암 methylation/mRNA/miRNA chip 분석
- 14 벼 품종 간 변이 분석 및 유용 유전자 발굴
- 15 배추 SNP 분석 및 마커 분석

- 16 고추 품종 간 SNP 분석 및 마커 분석
- 17 양상추 품종 판별 마커 분석
- 18 황기 원산지 판별 마커 분석
- 19 *Brucella*(미생물) 6종 간 판별 마커 분석

유전체 분석

- 01 결명자 유전체 분석
- 02 강도다리, 명태, 빙어, 흰동가리, 붉바리, 말쥐취, 미꾸라지, 뱀장어 유전체 분석
- 03 오이흰가루병 mtDNA 분석
- 04 혈액 기반 생체시료 NGS 분석 파이프라인 및 임상 리포팅 시스템 개발
- 05 해수/담수 이매패류 유전체 분석
- 06 참전복(해양생물종) 유전체 분석
- 07 찌뜨가무시병 매개 털 진드기(거미강) 유전체 분석
- 08 메추라기(조류) 유전체 분석
- 09 밍크 고래(포유류) 유전체 서열 분석 및 변이 분석
- 10 고추, 배추, 고구마(식물) 유전체 내 유전자 구조 분석
- 11 홍조류(개꼬시래기, 우뚝가사리, 김) 및 갈조류(미역류) 유전체 분석
- 12 *Xylaria*(균류) 유전체 분석
- 13 깨씨무늬병 유발 병원체(균류) 유전체 분석
- 14 상황버섯(균류) 유전체 분석
- 15 *Hansenula polymorpha*(균류) 유전체 분석
- 16 *Fusarium*(균류) 유전체 분석 및 중간 분석
- 17 돌돔, 참돔, 조피볼락, 송어(어류) 유전체 분석
- 18 왕지네(다지류) 유전체 분석

후성유전체 분석

- 01 참전복 고수온내성/비내성 집단 methylation 비교 분석
- 02 한우 multi-omics(RNA/MBD-seq) 분석
- 03 한약재 처리 관리 multi-omics(RNA/Epic850k) 분석
- 04 Cancer Stem Cell(CSC) Histone CHIP-seq 분석
- 05 마우스 WGBS 분석

人Co가 만들어 가는 교육 프로그램은 생물정보학 발전의 원동력입니다.

국내 연구기관과 기업에서 요구하는 최신 생물정보 실무교육을 통해 바이오 연구개발에 필요한 현장중심의 인재 양성을 목적으로, 최고의 생물정보 솔루션을 통해 기술교육 및 현장실습 교육을 지원하고 있습니다.

(주)인실리코젠은 전산 기반, 유전체 및 전사체 분석, 프로그래밍 등 다양한 분야의 전문가를 보유함으로써 교육대상에 따른 커리큘럼을 디자인하여 최적의 교육 결과를 도출합니다.

50개 기관 · 10,000명 인력 양성

人CoSEMINAR

생물정보 기초 교육 프로그램
이론 및 생물정보 솔루션 활용 방법 교육

人CoWORKSHOP

생물정보 분석 역량 강화를 위한 맞춤형 교육
실무 예제 중심의 실습 교육 제공

차세대 생명정보학 교육 워크숍

국가생명연구자원정보센터(KOBIC)와 협업
생명정보 전반 내용으로 교육 진행

人CoACADEMY

온라인 교육센터
생물정보 솔루션을 활용한 다양한 교육 콘텐츠 제공
생물정보 분석을 수행할 수 있도록 지원

人CoINTERNSHIP

생물정보 인재양성 프로그램
바이오 연구개발 현장 실습
조직생활 기초개념을 이해할 수 있는 기회 제공

유전체 데이터 분석 교육

한국바이오협회(KoreaBio)와 협업
산업체 현장 수요기반으로 유전체 데이터 분석 교육 진행

데이터를 넘어 지식이 되기 위한 과정에 인공지능 기술이 함께합니다.

생물정보학에서 인공지능 기술은 이전부터 중요하게 활용되고 있습니다.
알려진 정보들을 기계 학습하여, 알기 어려운 것을 알 수 있게 합니다.
최근의 빅데이터와 딥러닝의 지속적인 기술 발전은 그 가능성을 더 높여줍니다.

멀티오믹스 Multi-omics 뿐 아니라, 문헌, 영상, 네트워크 등 복잡한 데이터의 홍수 속에서
고민이 많으십니까? 또는 소유하신 데이터의 적절한 통계적 방정식을 찾기 힘들으십니까?

인실리코젠의 인공지능 기술과 함께 귀하의 데이터에 숨겨진 의미와 가치를 찾고 고급
지식으로 만드십시오. 인실리코젠은 일반적인 문자 데이터부터 Sequential 시계열 데이터,
영상 이미지 및 의·약학 분야 대용량·비정형 빅데이터를 다룰 수 있으며 이들을 구조화 및
상호 연계, 기계학습, 특징선택·추출 방법으로 숨은 지식의 발견과 통합적 이해를 지원합니다.

다수 빅데이터 분석, 기계학습 과제 수행

한우등심영상 분석, 농림수산경제형질 유전 마커 선발, 도토기 미량원소 분석 등

Semantic Modeling

- 의미론적 모델링을 통해 고객의 복잡한 데이터와 외부 공개정보를 통합하여 지속적인 데이터 축적과 가공, 의미도출

Machine Learning

- 데이터 구조 분석과 차원 축소
- 데이터 정제, 변환 및 전처리
- 특징 선택과 특징 추출
- 최적의 기계학습 모델
- 구축과 평가

Deep Learning

- DNN(Deep Neural Network, 심층신경망)을 이용한 특징 맵 추출, 아키텍처 적용 후 딥러닝 모델 생성
- 생물 데이터 관련 문자열, 이미지, 동영상, 자연어 처리의 예측 분류와 정확도 평가

Tailored Knowledge

- 웹 기반 분석결과 가시화
- 온라인에서 이용 가능한 실시간 동적 결과 데이터 제공
- 웹 모바일 이용 가능

연구과제 및 사업수행

- [축산물품질평가원] 인공지능 기반 한국형 소도체 기계화 품질평가 시스템 구축
- [디이프] 식품영상 객체 탐지 및 분류모델 구축
- [국립문화재연구소] 목조문화재 흰개미 피해 예측 기계학습 모델 수립
- [축산물품질평가원] 한우등심 영상 분석(딥러닝)을 통한 품질 지표 추정
- [국립축산과학원] 반려견 퇴행성 유전질환 조기진단 마커를 기계학습 기술을 이용하여 발굴
- [국립수산과학원] 전복 고수온내성 예측 기계학습 모델 개발
- [환경부] 환경유해물질-유전체 지식베이스 구축 및 시맨틱 기반기술 개발
- [환경부] 독성유전체학을 이용한 중금속 독성 지표의 발굴
- [식품산업기술지원센터] 한식 및 한식원료의 건강기능, 문화, 지리적 우수성에 대한 총괄분석
- [한국식품연구원] 전통식품 시맨틱 데이터베이스설계 분석 프로그램
- [한국식품연구원] 한식전문 온톨로지 및 시맨틱 데이터베이스 구축
- [부산대학교] 항노화 노화분자네트워크데이터베이스 구축
- [한국식품연구원] 식품정보 통합 분석을 통한 인실리코푸드 파일럿 시스템 개발
- [광동제약(주)] iF DB 기반 건기식 복잡계 DB 구축 및 h파일럿 시스템 개발

특허 및 프로그램 등록

- [특허 등록 10-2118103] 한우 등심 영상정보를 이용한 근내지방 섬세도 측정방법
- [특허 등록 10-2067076] 반려견 슬개골 탈구증 예측 및 진단용 바이오마커 조성 및 진단 방법
- [특허 출원 10-2019-0023081] 폐암 진단용 바이오 마커 조성
- [특허 출원 10-2019-0025109] 바코드 서열 정보 기반 고민감도 유전변이 탐지 및 레포팅 시스템
- [특허 출원 10-2019-0155754] 반려견 퇴행성 유전질환 예측 및 진단용 바이오마커 조성 및 진단 방법
- [특허등록 10-1107582] 웹기반 온톨로지 편집 운영 시스템
- [프로그램등록 2011-01-121-005389] Smart-TGM 중금속 독성지표 발굴 도구
- [프로그램등록 2011-01-129-001569] WeightViz 가중치별 가시화도구
- [프로그램등록 C-2014-030421] 개인유전체 기반의 비만위험도 계산 프로그램
- [PCT출원 pct110125] 웹기반 온톨로지 편집 운영 시스템
- [특허출원 10-2014-0163505] 개인형질 맞춤형 식이성분 정보제공을 위한 형질-화학물질 네트워크 시스템 및 제공방법
- [특허출원 10-2014-0170397] 개인 유전체 기반의 비만 위험도 분석 시스템 및 방법
- [특허출원 10-2015-0156844] 개인 유전형 및 표현형 정보를 고려한 맞춤형 식품정보 추천 시스템

연구논문

- 01 Semantic Data Integration for Toxicogenomic Laboratory Experiment Management Systems. Toxicology and Environmental Health Sciences, 2011
- 02 Semantic Data Integration to Biological Relationship among Chemicals, Diseases, and Differential Expressed Genes. Biochip Journal, 2011

Reduce your time with scientific results!

세계적으로 가장 인정받고 있는 생물정보 솔루션을 국내에 공급하고, 온라인 교육센터 운영을 비롯한 다양한 교육 컨설팅을 통하여 연구자들이 직접 생물정보 분석을 수행할 수 있는 환경을 제공하고 있습니다.

120개 기관 · 100,000명 고객확보

인간 유전변이 연구

OmicSoft Suite
HGMD® Professional
QCI™ Interpret
QCII-Translational
Sequencher
IncoNGS

동·식물 유전체 연구

CLC Genomics Workbench
OmicsBox Genome · Functional Analysis
FGENESH
Pedant-Pro™ Sequence Analysis Suite
IncoGWAS

전사체 연구

CLC Genomics Workbench
OmicSoft Suite
OmicSoft Land Explorer
OncoLand · DiseaseLand
Ingenuity® Pathway Analysis
OmicsBox Transcriptomics
Genevestigator®

미생물 유전체 연구

CLC Genomics Workbench
CLC Microbial Genomics Module
CLC Genome Finishing Module
OmicsBox Metagenomics

실험실 관리

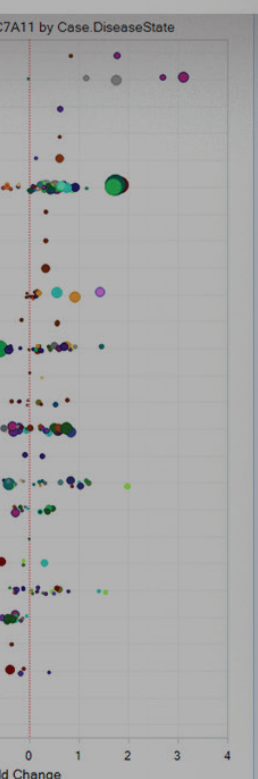
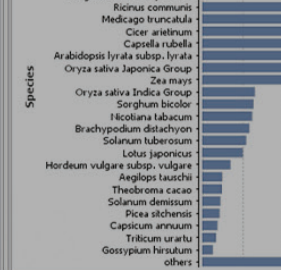
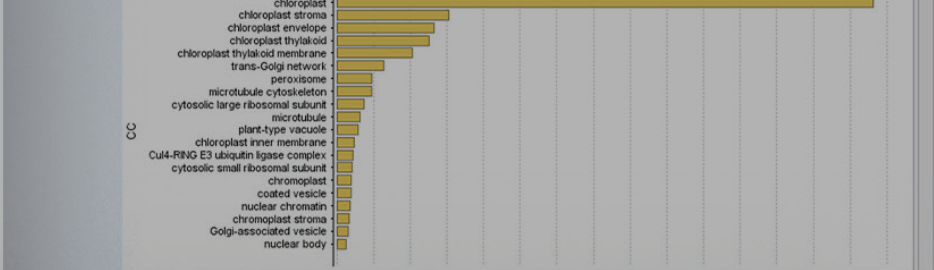
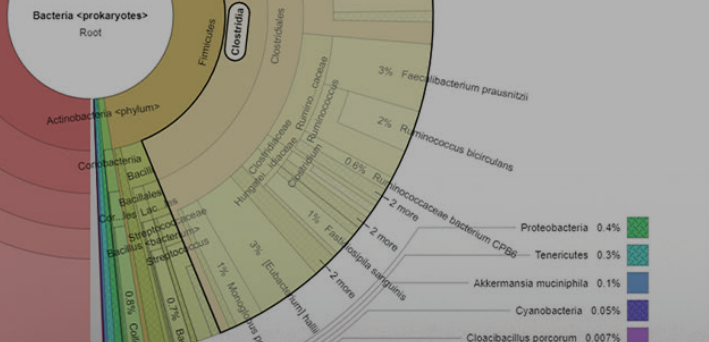
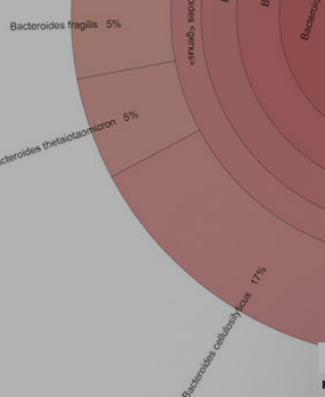
LabCollector

하드웨어

Intel Select Solution - GATK Best Practice
Dell OEM Workstation

연구실 맞춤형 솔루션

incoFIT Basic
incoFIT Advanced
incoFIT Professional
incoFIT Rental



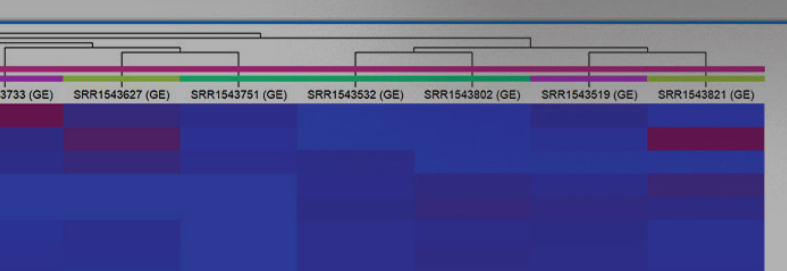
Genomic browser view for Homo sapiens. The top track shows the reference genome sequence: `CGCAGGCGGTCAATTGCTACTGGTCAAGTCCAGCACCTTCTCTCGGCTCTCCACGT`. Below this are tracks for DHS-0032 target regions, gene models (Homo sapiens_ensembl_v74_Genes), and CDS annotations (7,372). The amino acid track shows the sequence: `L R D N D S T L E L V K Q Q T E V N R Q K A K D R S K R V A I N N R E R R V R Y E N S N K D`. A variant is highlighted with a red arrow and the sequence `TGGGG`. The variant track shows 285 mapped UMI reads and 631,500 total reads. The bottom track shows the variant passing filters.

Navigation overview: Chromosome NC_001807. The view shows normal tissue reads (411,067 reads) and cancer tissue reads (401,254 reads). The reads are color-coded by tissue type. The variant track shows 40 variants in normal tissue and 57 variants in cancer tissue.

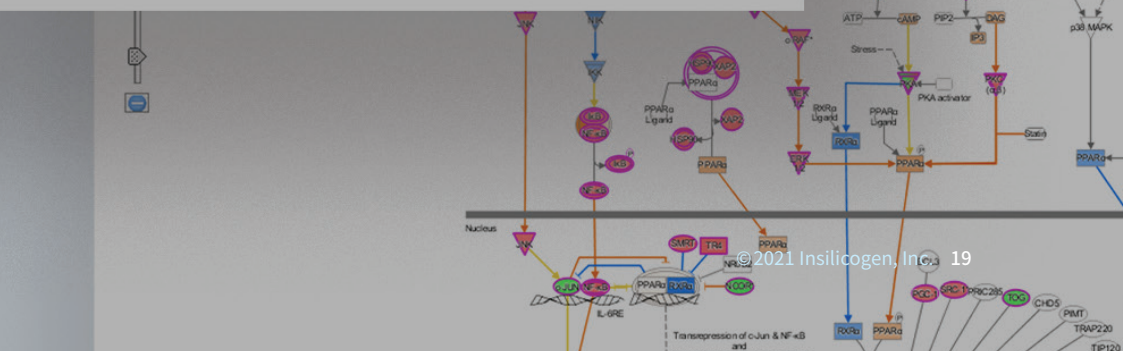
Table view: Homo sapiens. Filter: CEBPA. Rows: 2 / 297.

Chromosome	Region	Type	Reference	Allele	Reference alt...	Coverage	Frequency	Gene Cards	Amino acid change	Non-synon...	Exon Number
19	33792401-33792402	Insertion	-	TGGCG	No	549	42.44	CEBPA, AC008738.1, CTD-2540B15.7	ENSP00000427514:p.Asn307fs	Yes	1/1, 2/2, 1/2
19	33792401-33792402	Insertion	-	-	Yes	549	57.56	CEBPA, AC008738.1, CTD-2540B15.7		No	1/1, 2/2, 1/2

- CLC Genomics Workbench
- Omics Box
- Ingenuity Pathway Analysis
- HGMD
- OmicSoft
- QCII
- MGM



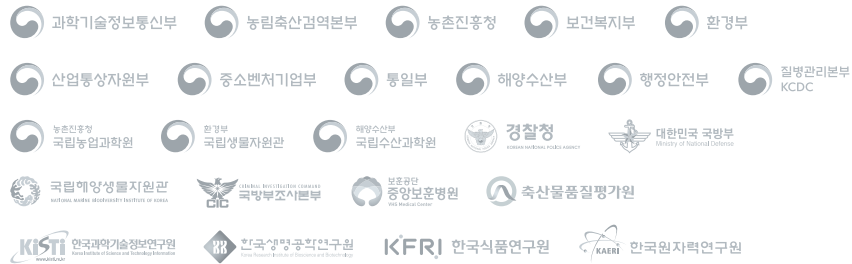
Heat Map Settings. Clustering: Sample and feature clustering. Data: Normalized expression values. Distance: Euclidean distance. Linkage: Complete linkage. Lock width to window, Lock height to window, Lock headers and footers. Color scale: -2.119 to 2.263.



시스템에 정보를, 정보에 생명을 불어넣는 지식 정보화를 선도합니다.

(주)인실리코젠의 SI 사업은 20여 년간의 생물정보 시스템 구축과 분석 경험을 기반으로 연구자가 필요로 하는 최신 BIO DB 관리 및 분석 솔루션을 제공하여 보다 쉽고 편리하게 유용 데이터를 생산하고 대용량 생물정보 데이터를 분석할 수 있도록 지원합니다.

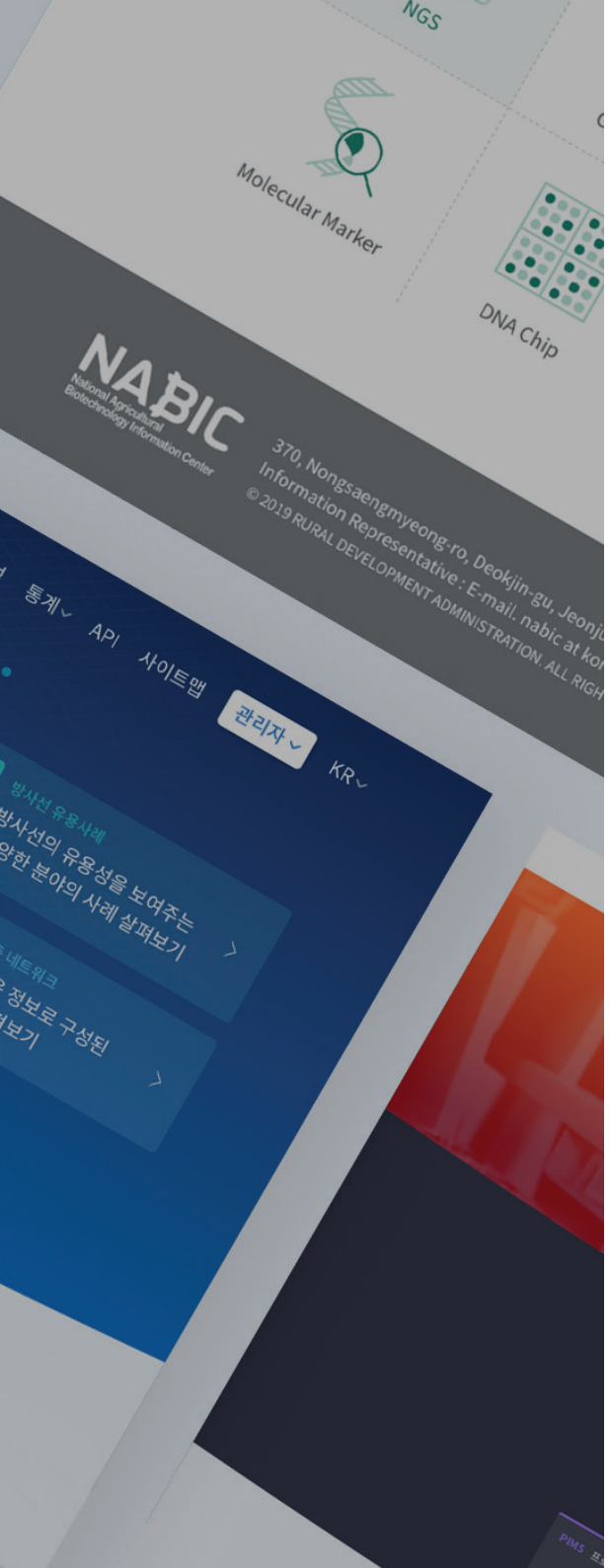
종, 유전자, 표본 등 기초 유전자원 관리부터 실험실 정보 관리, 오믹스 데이터 및 대용량 데이터 분석·관리, 더 나아가 빅데이터와 인공지능AI, Artificial Intelligence을 활용하여 새로운 품종 개발을 위한 데이터 육종data-breeding 분야까지 필요로 하는 모든 분야까지 필요로 하는 모든 분야에 (주)인실리코젠이 항상 함께할 것입니다.



30개 기관 60개 시스템 구축

CODA, NABIC, MAGIC, 차매빅데이터플랫폼 AlzNAVi, 6.25 전자사 및 실종아동찾기 유전 정보 검색시스템 등





통합정보시스템 구축

- [질병관리본부] 임상 유전체생명정보시스템(CODA)
- [국립농업과학원] 농업생명공학정보시스템(NABIC)
- [국립수산과학원] 국가수산생물방역 통합시스템 구축
- [한국원자력연구원] 식품·검역 방사선 반응 데이터 표준화 및 관리시스템 구축
- [(재)강릉과학산업진흥원] 개인 맞춤형 건강관리 서비스 플랫폼 구축
- [한국식품연구원] 식품안전의안전 융합콘텐츠 기반의 건강식이 정보제공을 위한 식치 통합정보시스템 고도화 사업
- [국립문화재연구소] 고대유전자원정보시스템
- [국립축산과학원] 가축유전자원종합관리시스템
- [국립축산과학원] 동물유전체정보시스템
- [국립문화재연구소] 고대 인골 형질 인류통합정보시스템

오믹스 분석 및 관리 시스템 구축

- [국립문화재연구소] 고고생물 대용량 유전정보 DB 시스템
- [KISTI] 웹기반 멀티오믹스 통합분석 인터페이스
- [KISTI] 국제 협력 연구지원을 위한 차세대 바이오 연구분석 기술
- [KISTI] 사용자 맞춤형 차세대 유전체 데이터 통합 분석 시스템

유전자원 관리 및 데이터베이스 구축

- [질병관리본부] Kor-GLASS 통합데이터베이스 구축
- [식품의약품안전처] 식중독균통합정보 DB시스템
- [질병관리본부] 바이러스 유전자 DB 고도화
- [질병관리본부] 식중독 바이러스 감시망 운영시스템 및 유전자 분석 모듈 개발
- [질병관리본부] 신경제 바이러스 유전자 DB 기능 개선 및 확장
- [농림축산검역본부] 유전자 변이관리시스템
- [국립수산과학원] 수산생물 단일염기 정보관리시스템
- [질병관리본부] 급성설사 원인병원체 실시간 DB 운영을 위한 시스템
- [농림축산검역본부] 유전자분석 결과 및 DB 관리시스템
- [국립축산과학원] 생명자원통합 DB
- [국립문화재연구소] 고인골 Y-SNP 및 고고 생물 유전정보 DB 시스템
- [한국생명공학연구원] 유전자 변형 마우스 데이터 수집 전산시스템

바이오뱅크 시스템 구축

- [중앙호헌병원] 바이오뱅크 및 유전체 정보관리시스템

이력관리 시스템 구축

- [전라남도 신안군] 신안 천일염 명품화를 위한 생산이력 관리시스템
- [남원 친환경 축돈 클러스터 사업단] 친환경 고원축돈 이력관리 추적시스템
- [한경대학교] 늘푸름 흥천한우 RFID 이력 정보관리시스템
- [축산물품질평가원] 스마트 쇠고기 이력 시스템 고도화
- [전남대학교] 녹색한우 개체 관리 시스템
- [한경대학교] 장수군 개체 관리 시스템

대용량 데이터베이스 구축 및 분석

- [KISTI] 분산처리기반 바이오 네트워크 빅데이터 통합분석시스템
- [국방과학연구소] 미지작용제 통합검증시스템
- [KISTI] 차세대 데이터 네트워크 내비게이션 프로그램 및 분석 통합 플랫폼
- [KISTI] 천문 우주 데이터 분석 클라우드 사용자 인터페이스
- [KISTI] 단백질 상호작용 및 전산모사 통합관리 시스템
- [KISTI] 가상 클러스터 관리 서비스를 위한 사용자 인터페이스
- [KISTI] 뇌영상 정보추출 응용 분석을 위한 자원 관리 포털 시스템
- [국립해양생물자원관] 국가해양수산생물유전체 정보 관리 시스템

유전자검사시스템 구축

- [행정안전부] 강제동원 희생자 유전DNA 식별정보 DB 구축
- [통일부] 이산가족유전정보 DB
- [KISTI] 웹기반 멀티오믹스 통합분석 인터페이스
- [축산물품질평가원] 쇠고기 이력제 실험실 정보관리시스템
- [국방조사본부] 6.25 전사자 신원확인 유전자 정보시스템
- [국립과학수사연구원] 실종아동등 찾기 유전자정보 검색시스템

표본관리 및 유전자 바코드

- [국립생물자원관] 야생생물 통합 유전정보 시스템
- [국립수산과학원] 해양 생물 표본확보 DB 및 관리시스템
- [충남대학교] 해양생명자원기탁 등록기관 통합관리시스템
- [국립농업과학원 농업유전자원센터] 농업유전자원 바코딩 시스템

Achievements



인증

- 01 청년친화강소기업 선정서(임금우수/일생활균형우수)
고용노동부 2021.01.01 / 2021.12.31
- 02 청년친화강소기업 선정서(일생활균형우수)
고용노동부 2020.01.01 / 2020.12.31
- 03 직접생산증명(빅데이터분석서비스)
고용노동부 2019.03.17 / 2021.03.16
- 04 직접생산증명(소프트웨어개발)
고용노동부 2019.03.17 / 2021.03.16
- 05 청년친화강소기업 선정서(고용안전)
고용노동부 2018.01.01 / 2018.12.31
- 06 경영혁신형 중소기업(MAIN-BIZ)확인
서중소기업청장 2017.06.27 / 2020.06.26
- 07 Best 서비스기업선정
신용보증기금 2017.08.04
- 08 청년 친화 강소기업 인증
고용노동부 2016.04.17~현재
- 09 연구개발서비스업 증명
미래창조과학부 2014.03.07
- 10 기업부설연구소 인정
한국산업기술 진흥협회 2007.06.18

특허등록

- 01 체형 및 대사 감수성 SNP 마커 및 진단정보 제공방법
(10-2093453) 2020.03.19
- 02 개의 슬개골 탈구증 예측 또는 진단용 바이오마커 조성물 및 이를 이용한 개의 슬개골 탈구증 예측 또는 진단방법
(10-2067076) 2020.01.10
- 03 멀티오믹스 데이터와 생존분석을 이용한 표적 유전자 스크리닝 방법 및 스크리닝 장치
(10-1107582) 2019.11.01
- 04 도, 토기 산지 추정시스템 및 방법
(10-2015-0123536) 2016.01.28

- 05 DNA 검색 방법
(10-1287400) 2013.07.12
- 06 웹 기반의 온톨로지 편집 운영 시스템
(10-1107582) 2012.01.12

수상

- 01 식품산업 발전에 이바지
농림축산식품부 장관상 수상 2020.12
- 02 해양수산업 발전 이바지
해양수산부장관 표창 2019.12
- 03 수산시험 연구 활성화 공로
해양수산부장관 표창 2018.12
- 04 병무청 지정업체 관리 우수업체
경기지방중소기업청장 표창 2016.02

상표등록

- 01 iF®(INSILICO FOOD)
2017.11.01
- 02 GLTER®
2011.01.05
- 03 LabKM®
2009.02.13

프로그램 등록

- 01 KinMatch(혈연관계정보검색시스템) 외 61건 프로그램 등록

특허출원

- 01 유전자 발현 정보 제공 장치 외 6건

생물정보 지식연계 플랫폼, 월평균 이용자 70,000명!

(주)인실리코젠의 생물정보 지식연계 플랫폼은 생물정보 분야의 지식을 공유하고, 온·오프라인 생물정보 교육 프로그램을 운영하며, 온라인으로 콘텐츠 구매까지 이르는 빅데이터 검색 기반의 생물정보 분석을 위한 다양한 콘텐츠를 제공하고 있습니다.

人CoDOM · 人CoBLOG

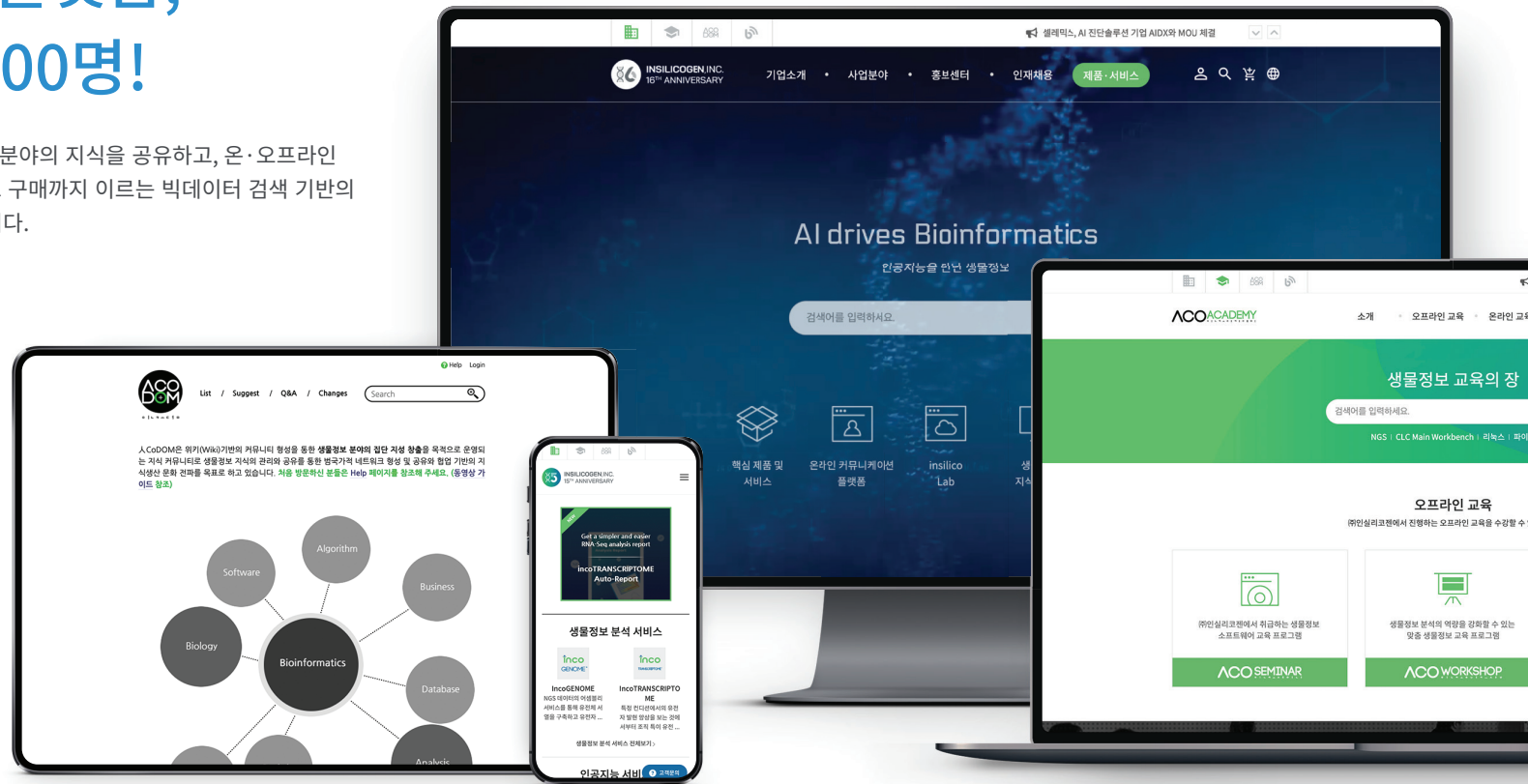
- 생물정보분야 지식공유채널
- 인코덤 콘텐츠 2,100여 편
- 인코블로그 380여 편

오프라인 생물정보 교육

- 인턴십 프로그램
- 차세대 생물정보 교육 운영

人CoACADEMY · MyInco

- 온라인 교육채널
- 온라인 구매채널



Research Articles [1-38]

- 01 Yu, GE., Shin, Y., Subramaniyam, S. et al. Machine learning, transcriptome, and genotyping chip analyses provide insights into SNP markers identifying flower color in *Platycodon grandiflorus*. *Scientific Reports* 2021;11 1:8019. Impact Factor : 4.011
- 02 Graf L, Shin Y, Yang JH, Choi JW, Hwang IK, Nelson W, Bhattacharya D, Viard F, Yoon HS. A genome-wide investigation of the effect of farming and human-mediated introduction on the ubiquitous seaweed *Undaria pinnatifida*. *Nat Ecol Evol.* 2021;3 1:360-368. doi: 10.1038/s41559-020-01378-9. Impact Factor : 12.541
- 03 Kang SH, Pandey RP, Jung M, Lee CM, et al. Genome-enabled discovery of anthraquinone biosynthesis in *Senna tora*. *Nat Commun.* 2020;11 1:5875. doi:10.1038/s41467-020-19681-1. Impact Factor : 12.121
- 04 Chun JM, Lee AY, Nam JY, Lee MY, Choe MS, Lim KS, Kim C, Kim JS. Protective effects of *Phlomis umbrosa* extract on a monosodium iodoacetate-induced osteoarthritis model and prediction of molecular mechanisms using transcriptomics. *Phytomedicine.* 2021;81:153429. doi: 10.1016/j.phymed.2020.153429 Impact Factor : 4.18
- 05 Kim JS, Shin IS, Shin NR, Nam JY, Kim C. Genome-wide analysis of DNA methylation and gene expression changes in an ovalbumin-induced asthma mouse model. *Mol Med Rep.* 2020;3 1:1709-1716. doi: 10.3892/mmr.2020.11245. Impact Factor : 4.824
- 06 Lee JE, Jung M, Lee SC, Huh MJ, Seo SM, Park IK. Antibacterial mode of action of trans-cinnamaldehyde derived from cinnamon bark (*Cinnamomum verum*) essential oil against *Agrobacterium tumefaciens*. *Pestic Biochem Physiol.* 2020;165 1:104546. doi: 10.1016/j.pestbp.2020.02.012. Impact Factor : 2.751
- 07 Boopathi V, Subramaniyam S, Mathiyagan R, Yang DC. Till 2018: a survey of biomolecular sequences in genus *Panax*. *J Ginseng Res.* 2020;44 1:33-43. doi: 10.1016/j.jgr.2019.06.004. Epub 2019 Jun 20. PMID: 32095095; PMCID: PMC7033366. Impact Factor : 5.487
- 08 Kyeong D, Kim J, Shin Y, Subramaniyam S, Kang BC, Shin EH, Park EH, Noh ES, Kim YO, Park JY, Nam BH. Expression of Heat Shock Proteins in Thermally Challenged Pacific Abalone *Haliotis discus hannai*. *Genes (Basel).* 2019;11 1:22. doi: 10.3390/genes11010022. PMID: 31878084; PMCID: PMC7016835. Impact Factor : 3.331
- 09 Lee S-C, Kwon JH, Cha DJ, Kim D-S, Lee DH, Seo S-M, Jung M, et al. Effects of Pheromone Dose and Trap Height on Capture of a Bast Scale of Pine, *Matsucoccus thunbergiana*(Hemiptera: Margarodidae) and Development of a New Synthesis Method. *Journal of Economic Entomology.* 2019;112 4:1752-9. doi:10.1093/jee/toz079. Impact Factor : 1.779
- 10 Kang M-J, Shin A-Y, Shin Y, Lee S-A, Lee H-R, Kim T-D, et al. Identification of transcriptome-wide, nut weight-associated SNPs in *Castanea crenata*. *Scientific Reports.* 2019;9 1:13161. doi:10.1038/s41598-019-49618-8. Impact Factor : 4.011
- 11 Nam B-H, Yoo D, Kim Y-O, Park JY, Shin Y, Shin G-h, et al. Whole genome sequencing reveals the impact of recent artificial selection on red sea bream reared in fish farms. *Scientific Reports.* 2019;9 1:6487. doi:10.1038/s41598-019-42988-z. Impact Factor : 4.011
- 12 Baek S-J, Chun MJ, Kang T-W, Seo Y-S, Kim S-B, Seong B, et al. Identification of Epigenetic Mechanisms Involved in the Anti-Asthmatic Effects of *Descurainia sophia* Seed Extract Based on a Multi-Omics Approach. *Molecules.* 2018;2311 doi:10.3390/molecules23112879. Impact Factor : 3.060
- 13 Kim D, Jung M, Ha JI, Lee YM, Lee S-G, Shin Y, et al. Transcriptional Profiles of Secondary Metabolite Biosynthesis Genes and Cytochromes in the Leaves of Four Papaver Species. *Data.* 2018;34 doi:10.3390/data 3040055. Impact Factor : NIL
- 14 Oh J, Shin Y, Ha JI, Lee YM, Lee S-G, Kang B-C, et al. Transcriptome Profiling of Two Ornamental and Medicinal Papaver Herbs. *International Journal of Molecular Sciences.* 2018;19 10 doi:10.3390/ijms19103192. Impact Factor : 4.183
- 15 Jung D, Seo E-Y, Owen JS, Aoi Y, Yong S, Lavrentyeva EV, et al. Application of the filter plate microbial trap (FPMT), for cultivating thermophilic bacteria from thermal springs in Barguzin area, eastern Baikal, Russia. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry.* 2018;82 9:1624-32. doi:10.1080/09168451. 2018.1482194. Impact Factor : 1.063
- 16 Lee H-R, Lee S-C, Lee DH, Jung M, Kwon J-H, Huh M-J, et al. Identification of Aggregation-Sex Pheromone of the

- Korean *Monochamus alternatus*(Coleoptera: Cerambycidae) Population, the Main Vector of Pine Wood Nematode. *Journal of Economic Entomology*. 2018;111 4:1768-74. doi:10.1093/jee/toy137. Impact Factor : 1.779
- 17 Lee J, Yang EC, Graf L, Yang JH, Qiu H, Zelzion U, Shin Y, Jung M, et al. Analysis of the Draft Genome of the Red Seaweed *Gracilariopsis chorda* Provides Insights into Genome Size Evolution in Rhodophyta. *Molecular Biology and Evolution*. 2018;35 8:1869-86.doi:10.1093/molbev/msy081. Impact Factor : 14.797
- 18 Lee AY, Park W, Kang T-W, Cha MH and Chun JM. Network pharmacology-based prediction of active compounds and molecular targets in Yijin-Tang acting on hyperlipidaemia and atherosclerosis. *Journal of Ethnopharmacology*. 2018;221:151-9. doi:https://doi.org/10.1016/j.jep.2018.04.027. Impact Factor : 3.115
- 19 Oh J-H, Lee Y-J, Byeon E-J, Kang B-C, Kyeoung D-S and Kim C-K. Whole-genome resequencing and transcriptomic analysis of genes regulating anthocyanin biosynthesis in black rice plants. *3 Biotech*. 2018;8 2:115. doi:10.1007/s13205-018-1140-3. Impact Factor : 1.786
- 20 Kim J, Jun KM, Kim JS, Chae S, Pakh Y-M, Lee T-H, et al. RapaNet: A Web Tool for the Co-Expression Analysis of Brassica rapa Genes. *Evolutionary Bioinformatics*. 2017;13:1176934317715421.doi:10.1177/1176934317715421. Impact Factor : 1.404
- 21 Thulasitha WS, Umasuthan N, Wan Q, Nam B-H, Kang T-W and Lee J. A prototype galectin-2 from rock bream (*Oplegnathus fasciatus*): Molecular, genomic, and expression analysis, and recognition of microbial pathogens by recombinant protein. *Developmental & Comparative Immunology*. 2017;71:70-81. doi:https://doi.org/10.1016/j.dci.2017.01.023. Impact Factor : 3.119
- 22 Umasuthan N, Bathige SDNK, Thulasitha WS, Jayasooriya RGPT, Shin Y and Lee J. Identification of a gene encoding a membrane-anchored toll-like receptor 5 (TLR5M) in *Oplegna thus fasciatus* that responds to flagellin challenge and activates NF- κ B. *Fish & Shellfish Immunology*. 2017;62:276-90. doi:https://doi.org/10.1016/j.fsi.2017.01.020. Impact Factor : 3
- 23 Shin GH, Kang BC and Jang DJ. Metabolic Pathways Associated with Kimchi, a Traditional Korean Food, Based on In Silico Modeling of Published Data. *Genomics Inform*. 2016;14 4:222-9. doi:10.5808/GI.2016.14.4.222. Impact Factor : NIL
- 24 Seol Y-J, Won SY, Shin Y, Lee J-Y, Chun J-S, Kim Y-K, et al. A Multilayered Screening Method for the Identification of Regulatory Genes in Rice by Agronomic Traits. *Evolutionary Bioinformatics*.2016; 12:EBO.S40622. doi:10.4137/EBO.S40622.Impact Factor : 1.404
- 25 Shin Y, Jung H-j, Jung M, Yoo S, Subramaniyam S, Markkandan K, et al. Discovery of Gene Sources for Economic Traits in Hanwoo by Whole-genome Resequencing. *Asian-Austral as J Anim Sci*. 2016; 299:1353-62. doi:10.5713/ajas.15.0760. Impact Factor : 1.227
- 26 Cheong JY, Kim YB, Woo JH, Kim DK, Yeo M, Yang S-J, Park J, et al. Identification of NUCKS1 as a putative oncogene and immuno-diagnostic marker of hepatocellular carcinoma. *Gene*. 2016;584 1:47-53. doi:https://doi.org/10.1016/j.gene.2016.03.006. Impact Factor : 2.319
- 27 Kim I-W, Lee JH, Subramaniyam S, Yun E-Y, Kim I, Park JH, et al. De Novo Transcriptome Analysis and Detection of Antimicrobial Peptides of the American Cockroach *Periplaneta americana* (Linnaeus). *PLOS ONE*.2016;115:e0155304. doi:10.1371/journal.pone.0155304. Impact Factor : 2.776
- 28 Park YJ, Li X, Noh SJ, Kim JK, Lim SS, Park NI, et al. Transcriptome and metabolome analysis in shoot and root of *Valeriana fauriei*. *BMC Genomics*. 2016;17 1:303. doi:10.1186/s12864-016-2616-3. Impact Factor : 3.730
- 29 Nam B-H, Jung M, Subramaniyam S, Yoo S-i, Markkandan K, Moon J-Y, Shin Y, et al. Transcriptome Analysis Revealed Changes of Multiple Genes Involved in *Haliotis discushannai* Innate Immunity during *Vibrio parahemolyticus* Infection. *PLOS ONE*. 2016;11 4:e0153474.doi:10.1371/journal.pone.0153474. Impact Factor : 2.776
- 30 Kim I, Lee SH, Jeong J, Park JH, Yoo MA and Kim CM. Functional Profiling of Human MeCP2 by Automated Data Comparison Analysis and Computerized Expression Pathway Modeling. *Healthc Inform Res*. 2016;22 2:120-8.doi:10.4258/hir.2016.22.2.120. Impact Factor : NIL
- 31 Kim CK, Seol YJ, Shin Y, Lim HM, Lee GS, Kim AR, et al. Whole-genome resequencing and transcriptomic analysis to identify genes involved in leaf-color diversity in ornamental rice plants. *PLoS One*. 2015;10 4:e0124071.doi:10.1371/journal.pone.0124071. Impact Factor : 2.776

- 32 Park JY, An YR, Kanda N, An CM, An HS, Kang JH, Jung H, Joung M, et al. Cetaceans evolution: insights from the genome sequences of common minke whales. *BMC Genomics*. 2015;16:13. doi:10.1186/s12864-015-1213-1. Impact Factor : 3.730
- 33 Yang EC, Nam BH, Noh SJ, Kim YO, Kim DG, Jee YJ, et al. Complete mitochondrial genome of Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*) from Korea. *Mitochondrial DNA*. 2015;26 6:917-8. doi:10.3109/19401736.2013.863289. Impact Factor : 1.760
- 34 Mathiyalagan R, Subramaniyam S, Kim YJ, Kim YC and Yang DC. Ginsenoside compound K-bearing glycol chitosan conjugates: synthesis, physicochemical characterization, and in vitro biological studies. *Carbohydr Polym*.2014;112: 359-66.doi:10.1016/j.carb pol.2014.05.098.Impact Factor : 6.044
- 35 Subramaniyam S, Mathiyalagan R, Natarajan S, Kim YJ, Jang MG, Park JH, et al. Transcript expression profiling for adventitious roots of *Panax ginseng* Meyer. *Gene*. 2014;546 1:89-96.doi:10.1016/j.gene.2014.05.024. Impact Factor : 2.319
- 36 Yoo WG, Lee JH, Shin Y, Shim JY, Jung M, Kang BC, et al. Antimicrobial peptides

in the centipede *Scolopendra subspinipes mutilans*. *Funct Integr Genomics*. 2014;14 2:275-83.doi:10.1007/s10142-014-0366-3. Impact Factor : 2.745

- 37 Kim H, Yoo WG, Park J, Kim H and Kang BC. Semantic Modeling for SNPs Associated with Ethnic Disparities in HapMap Samples. *Genomics Inform*. 2014;12 1:35-41. doi:10.5808/GI.2014.12.1.35. Impact Factor : NIL
- 38 Kim S, Park M, Yeom SI, Kim YM, Lee JM, Lee HA, Shin Y, Noh SJ, Park JH, et al. Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species. *NatGenet*.2014;46 3:270-8. doi:10.1038/ng.2877. Impact Factor : 27.125

Data Reports [39-43]

- 39 Kim S, Jung M, Oh EA, Ho Kim T and Kim J-G. Mitochondrial genome of the *Podospaera xanthii*: a plant pathogen causes powdery mildew in cucur bits. *Mitochondrial DNA Part B*.2019;4 2:4172-3. doi:10.1080/23802359.2019.1618209. Impact Factor : 1.760
- 40 Shin G-H, Shin Y, Jung M, Hong J-m, Lee S, Subramaniyam S, et al. First Draft Genome for Red Sea Bream of Family Sparidae. *Frontiers in Genetics*. 2018;9 643 doi:10.3389/fgene. 2018.00643. Impact Factor : 3.517
- 41 Kim JY, Lim HY, Shin SE, Cha HK, Seo J-H, Kim S-K, et al. Comprehensive transcriptome analysis of *Sarcophaga peregrina*, a forensically important fly species. *Scientific Data*.2018;51:180220. doi:10.1038/sdata. 2018.220.Impact Factor : 5.305
- 42 Shin Y, Jung M, Shin G-h, Jung H-j, Baek S-J, Lee G-Y, et al. First draft genome sequence of the rock bream in the family Oplegnathidae. *Scientific Data*. 2018;51:180234.doi:10.1038/sdata. 2018.234. Impact Factor : 5.305
- 43 Nam B-H, Kwak W, Kim Y-O, Kim D-G, Kong HJ, Kim W-J, Shin Y, Jung M, Kang

BC, Shin GH, et al. Genome sequence of Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*): the first draft genome in family Haliotidae. *GigaScience*. 2017;6 5 doi:10.1093/gigascience/gix014. Impact Factor : 7.267

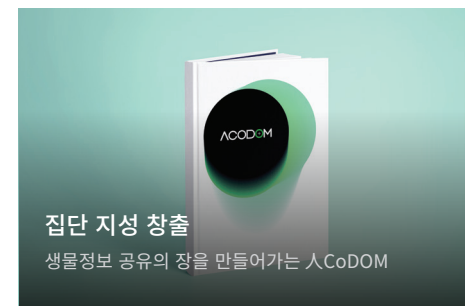
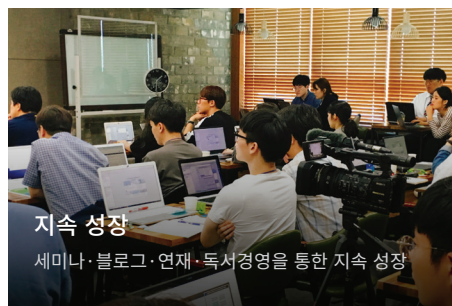
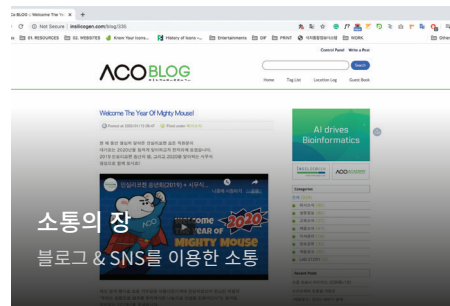
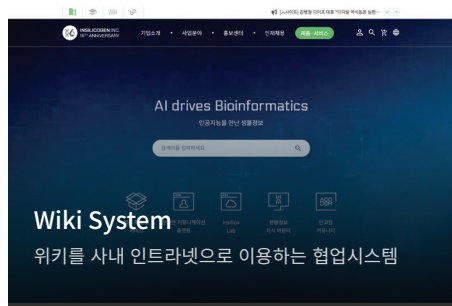
Methodology Articles [44-45]

- 44 Boopathi V, Subramaniam S, Malik A, Lee G, Manavalan B and Yang D-C. mACP pred: A Support Vector Machine-Based Meta-Predictor for Identification of Anti-cancer Peptides. *International Journal of Molecular Sciences*. 2019;208. doi:10.3390/ijms20081964. Impact Factor : 3.78

- 45 Manavalan B, Subramaniam S, Shin TH, Kim MO and Lee G. Machine-Learning-Based Prediction of Cell-Penetrating Peptides and Their Uptake Efficiency with Improved Accuracy. *Journal of Proteome Research*. 2018;17 8:2715-26. doi:10.1021/acs.jproteome.8b00148. Impact Factor : 3.78

창의적이고 긍정적인 마인드의 토대 위에 새로운 가치를 발굴하고 새로운 문화를 전파합니다.

사내 지식관리시스템을 통한 아이디어 및 업무 공유, 환경 캠페인, 독서경영, 컬처데이 등 다양한 문화를 발굴하고 발전시켜 최고의 회사가 되기 위한 경쟁력을 만들어 갑니다.



인공지능과 빅데이터 중심으로 미래를 선도하는 생물정보 전문기업!

Legacy of Bioinformatics Business

20년의 유산과 경험을 토대로 솔루션 공급, 맞춤형 분석 서비스, 고객 환경에 맞는 시스템 디자인, 최신 생물정보학 교육 사업을 지속해 나가겠습니다.



SI
고객 환경 맞춤형 시스템 디자인



Education
최신 생물학 교육사업



BI
맞춤형 분석 서비스



Solution
솔루션 공급



insilico Lab

in vivo, in vitro를 선도하는 in silico(컴퓨터) 기반 “연구실 맞춤형 생물정보 컨설팅” 지향

오랜 기간 축적한 생물정보 노하우와 knowledge를 통해 실험 디자인에서 최적화된 결과물까지 도출해내는 데에 이바지하고자 합니다.



AI Lab

바이오의 미래를 이끌어갈 인공지능 시대의 첨병

문자 데이터, 시계열데이터, 영상 이미지 및 의·약학 대용량·비정형 빅데이터의 구조화 및 상호 연계, 기계학습, 특징선택/추출 방법으로 숨은 지식 발견과 통합적 이해를 지원하고자 합니다.

iBREEDING

Data-Driven Breeding Company

Genotype과 Phenotype 대용량 데이터, 환경 정보를 토대로 정밀 육종을 위한 플랫폼을 제공합니다.

D.iF

Data-Driven Food Company

오랜 세월 축적된 식품 관련 데이터와 사람 개인의 다양한 데이터를 바탕으로 네트워크 분석을 통해 맞춤형 식품 정보를 공급합니다.

AIDX

Data-Driven Diagnosis Company

Public Domain과 On-site 정보를 토대로 진단 관련 최신 Knowledge를 제공할 수 있는 AI 기반 솔루션을 만들어가겠습니다.

AIM

Data-Driven New Medicine Company

이미 확보한 BI와 AI 기술을 기반으로 Drug Repositioning 과 의미 있는 신약 후보 발굴에 이바지하겠습니다.

회사명 (주)인실리코젠
대표자 최 남 우
사업분야 생물정보 분석, 컨설팅 및 교육, 시스템 통합, 소프트웨어 개발 및 공급,
학술연구용역, R&D 서비스업
주소 경기도 용인시 기흥구 흥덕1로 13 흥덕IT밸리 A동 2901호 ~ 2904호
전화번호 Tel. 031-278-0061, Fax. 031-278-0062
설립연도 2005년 8월

DESIGNED BY IX TEAM.