



Die kostengünstige Alternative

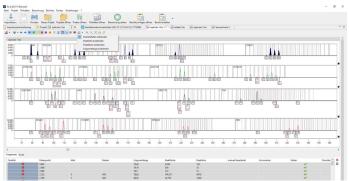
GenoProof STaRt ist eine leistungsfähige Softwarelösung zur Analyse von STR-Profilen. Entwickelt auf den konkreten Anforderungen und Erfahrungen von DNA-Laboren, insbesondere im Bereich der forensischen Fallarbeit, stellt GenoProof STaRt die kostengünstige Alternative zu Produkten wie GeneMapper®, GeneMarker® und FaSTR™ dar.

Mehr Flexibilität und Leistungsfähigkeit

GenoProof STaRt besticht vor allem durch die intuitive Benutzerführung, die hohe Flexibilität und Leistungsfähigkeit sowie den attraktiven Preis. Und: auf die Qualität und Verlässlichkeit unserer Softwarelösungen setzen nicht nur zahlreiche forensische Institutionen, private Labore, Kliniken und Forschungseinrichtungen, sondern auch eine Reihe deutscher Landeskriminalämter.

Jetzt einfach ein- oder umsteigen

…denn dies ist mit GenoProof STaRt besonders einfach und reibungslos möglich: So können Sie nicht nur FSAund HID-Dateien direkt vom Analysegerät importieren, sondern es werden alternativ auch Daten von GeneMapper®, GeneMarker®, FaSTR™ unterstützt – genauso wie CODIS-Format und CSV-Dateien. Zudem ist unsere Softwarelösung voll kompatibel mit bspw. den ABI PRISM® Genetic Analyzern, dem Applied Biosystems SeqStudio™ und den Promega Spectrum Compact CE-Systemen.



Darstellung eines Elektropherogramms und der Werkzeuge für die Bearbeitung

Ihr Ansprechpartner Robert Brodersen Account Manager

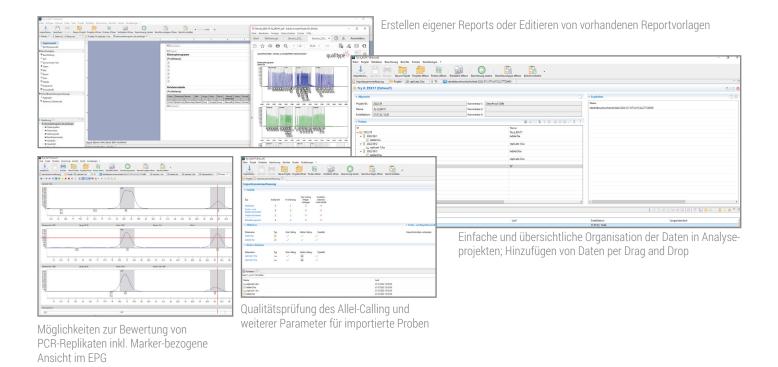
+ 49 351 8838 2844 r.brodersen@qualitype.de



Überzeugen Sie sich selbst und testen Sie kostenlos und unverbindlich GenoProof STaRt!



<u>www.qualitype.de/de/STaRt</u>



FUNKTIONEN UND VORTEILE AUF EINEN BLICK

Breites Spektrum unterstützter Importformate

- > Direktimport von FSA- und HID-Dateien mit der Möglichkeit, die Eigenschaften für die Datenauswertung zu definieren
- > Import von Daten aus GeneMapper®, GeneMarker® sowie CODIS-Format und CSV-Dateien

Intuitive und flexible Datenbearbeitung

- > Vielfältige Werkzeuge für die Bearbeitung von Elektropherogrammen, wie das Ein- und Ausblenden von Artefakten, Peakhöhen und Fragmentlängen
- > Zusammenstellen von Probenprofilen aus einzelnem Lauf oder verschiedenen PCR-Replikaten möglich
- > Berechnung der Genotypfrequenz für Einzelspuren
- > Einfache und übersichtliche Organisation der Daten in Analyseprojekten
- > Komfortables Dateimanagement per Drag and Drop

Qualität und Verlässlichkeit

- > Robustes und automatisiertes Allel-Calling
- > Qualitätsprüfung von Allel- und Size-Calling nach Einlesen der Daten
- > Verfahrensoptimierungen werden stetig mit tausenden Fallproben nach geltenden Richtlinien validiert
- > Konsequente Orientierung an den Anforderungen forensisch molekulargenetischer Labore

Funktionale Aufbereitung und Darstellung

- > Intuitive Benutzeroberfläche mit praxisnahem Analyseworkflow
- > STR-Multiplex-Darstellung
- > Markerzentrische Ansicht
- > Dynamische Profiltabelle

Komfortables und ressourcensparendes Handling

- > Eigene Analyse-Methoden hinterlegen
- > Bearbeiten von PCR-Replikaten möglich
- > Erzeugen von individuellen Reports
- > Ergebnisse einfach und schnell exportieren
- > Multi-User- und Client-Server-Betrieb möglich



