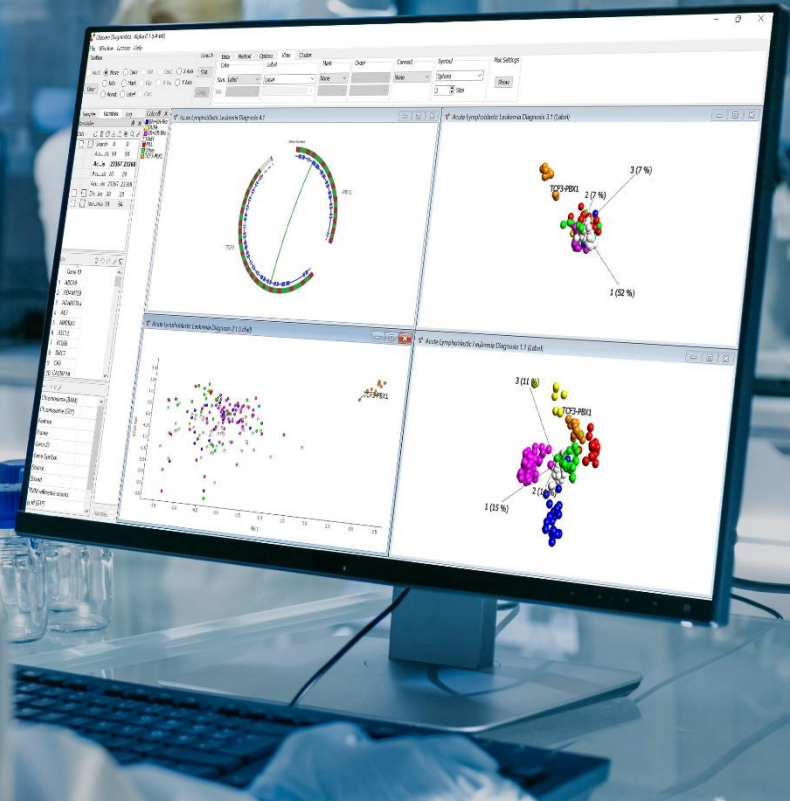


オミックスデータ解析ソフトウェア Qlucore Omics Explorer

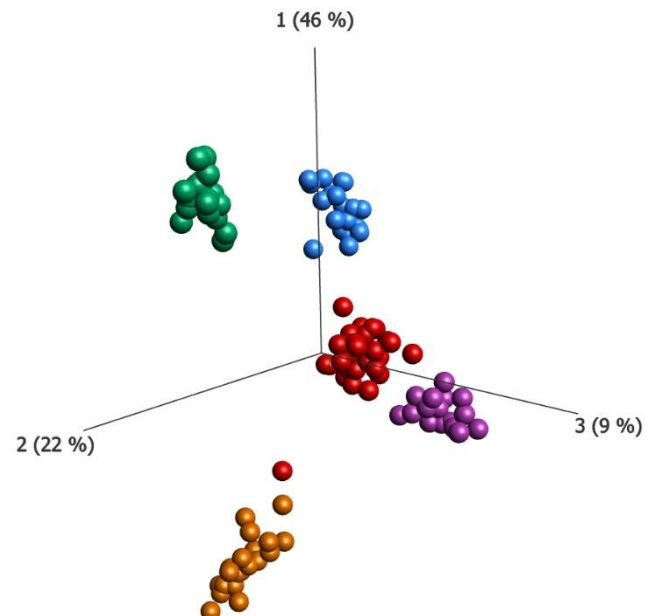
Visualization based
Analytics



Qlucore Omics Explorerは、マイクロアレイやRNA-Seqをはじめとするオミックスデータをよりスピーディーに解析するための次世代型のバイオインフォマティクスソフトウェアです。多様な種類のグラフに対応したデータの可視化、使いやすいユーザーインターフェース、最高水準の統計解析機能によって、様々な視点からのデータの俯瞰や、解析時間を大幅に短縮し、より多くの創造力をお客様の研究に加えることができます。

Qlucore Omics Explorer 機能概要

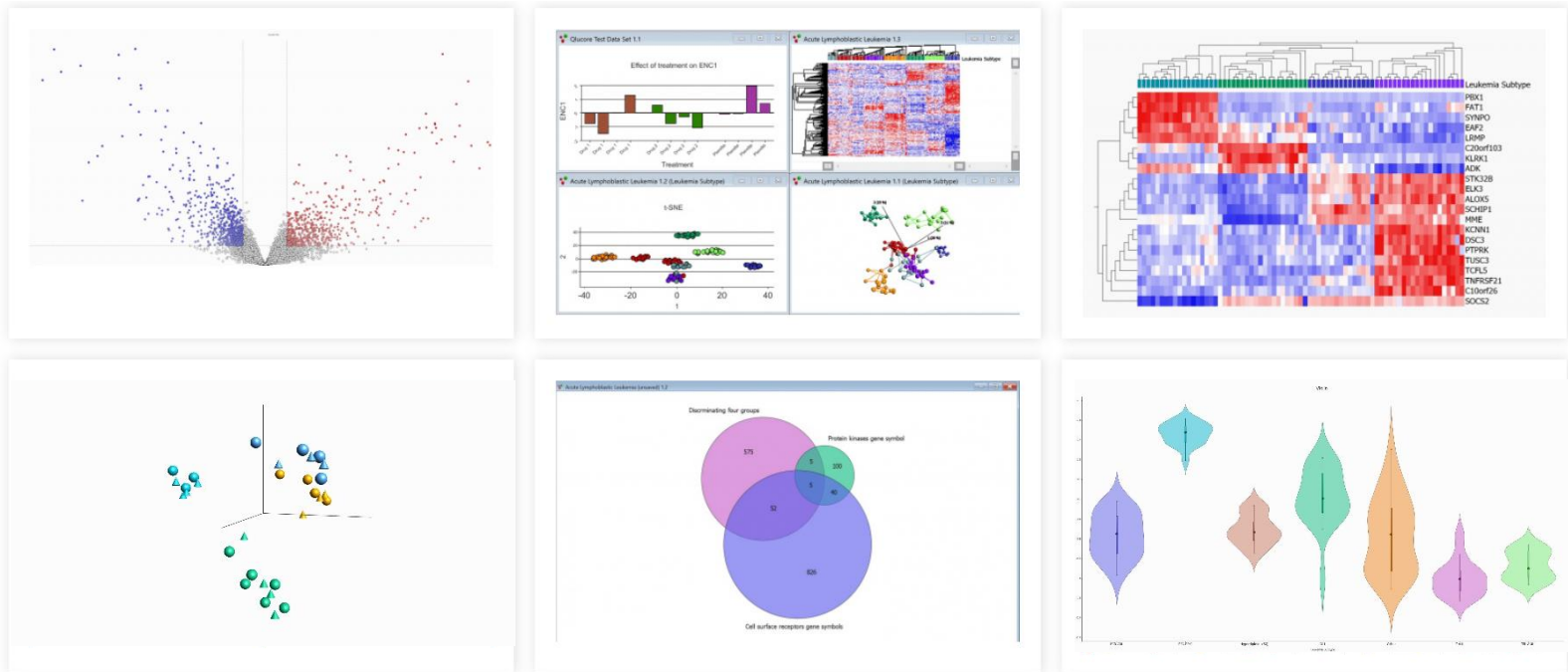
- マイクロアレイ、RNA-Seqデータの正規化
- データセット内のノイズフィルタリング
- 様々な統計手法を利用した発現変動遺伝子抽出
- ヒートマップやPCA、ボルケーノプロットなどのグラフ表示
- t-SNE / UMAPによるデータ分類
- GSEAによる遺伝子セット解析



充実のデータビジュアライゼーション

Qlucore Omics Explorerでは、ヒートマップやボルケーノプロット、ヒストグラム、ボックスプロット、バイオリンプロット、さらにPCA、t-SNE/UMAPプロットなどの充実したグラフ作成機能が備えられています。表示させた各種プロットグラフと遺伝子のノイズフィルターが連動しており、スライダーバーでノイズフィルターの閾値を調整すると、プロットグラフの結果もリアルタイムで変化します。

またプロット上のクラスターを手動でアノテーション付けすることが可能で、データの手動分類や除外などを、ワンクリックの簡単な操作で行うことが可能です。



発現変動遺伝子解析

一般的な統計モデルが標準で備えられており、有意差検定による発現変動遺伝子の抽出などを、簡単な操作で行うことが可能です。また複数の統計手法を、バッチで実行することもできます。

- Two group comparison (t-test, Mann-Whitney)
- Paired t-test
- Multi group comparison (ANOVA, Kruskal-Wallis)
- Two-way ANOVA
- Linear regression, Rank regression

Biomarker Workbench - Qlucore Test Data Set.gedata

Qlucore Test Data Set.gedata
2424 Samples
50 Variables
Variable Identifier: VariableID

Explanatory Variables

- Multi Group Comparison - Treatment
- Multi Group Comparison - Timepoint
- Controlled experiment

Eliminated factors

- Two Group - Sex(Female>All)

Response Variables

- Linear - Age
- Linear - Blood Pressure (DBP)
- Two Group - Alive(Yes)

Dataset response variables:

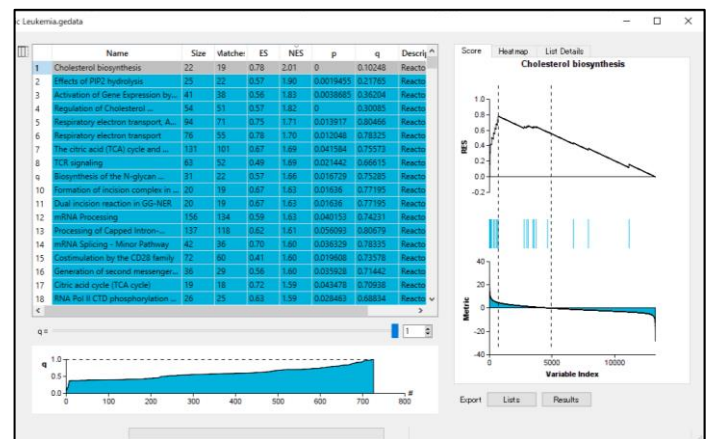
- All
- None
- List

Response Variable Type	Response Variable Details	Minimum p-value	Minimum q-value
Linear	Age	0.57519	0.57519
Linear	Blood Pressure (DBP)	0.0892184	0.133828
Two Group	Alive(Yes)	0.0152072	0.0446217
Variable	ID_01	0.242017	0.600413
Variable	ID_02	0.0158417	0.0720075
Variable	ID_03	0.0154478	0.0720075
Variable	ID_04	0.0812498	0.323485
Variable	ID_05	0.616522	0.716886
Variable	ID_06	0.000870338	0.0160094
Variable	ID_07	0.151479	0.345055
Variable	ID_08	0.264182	0.591858
Variable	ID_09	0.209513	0.37413
Variable	ID_10	0.0801057	0.174143
Variable	ID_11	0.0551406	0.147504
Variable	ID_12	0.715274	0.794749
Variable	ID_13	0.00378238	0.034398
Variable	ID_14	0.00457326	0.034398

遺伝子セット解析

MSigDBなどからダウンロードした遺伝子セットデータを使って、GSEA (Gene Set Enrichment Analysis)解析を行うことが可能です。

Gene Ontologyやパスウェイデータを遺伝子セットとして利用することで、発現変動遺伝子の生物学的な解釈を深めることができます。



フィルジェン 株式会社



【お問い合わせ】 バイオインフォマティクス部

TEL : 052-624-4388 FAX : 052-624-4389

E-mail : support@filgen.jp URL : https://filgen.jp/

代理店