

マイクロアレイ・NGS・プロテオミクスデータ対象 データマイニングサービス

マトリックスデータからのバイオマーカー同定・出版用図表の作成

マトリックス形式の発現量データ(マイクロアレイ・RNA-seq・プロテオミクス)をご提供いただき、 各種プロットで解析結果を可視化するサービスを行っております。 データ可視化のプラットフォームとしてBigOmics社製Omics Playgroundを使用します。

本サービスは弊社受託解析サービスをご利用いただいた方、ご自身で実験されたデータをお持ちの方や、 他社の受託解析サービスデータをお持ちの方がご利用いただけます。

▶サービス概要

	Sample 1	Sample 2	Sample 3
Gene A	0	0	10
Gene B	5	5	6
C C		•	-

解析結果 (マトリックス)



Omics Playground へのアップロード



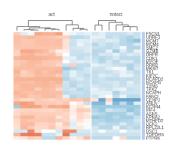
アクセス権の付与



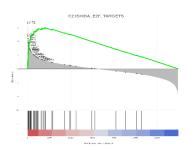
ユーザーご自身でアクセス -タの閲覧/編集/出力

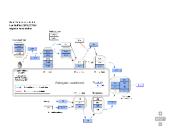
本サービス(弊社で実施)

・作成可能な図表の一例









▶価格(1プロジェクトあたり)

アカデミックユーザー(型番:F-DVA) コマーシャルユーザー(型番:F-DVC) ¥ **150,000**-(税抜き) ¥ **250,000**-(税抜き)

サービスの詳細は裏面をご覧ください





https://filgen.jp/





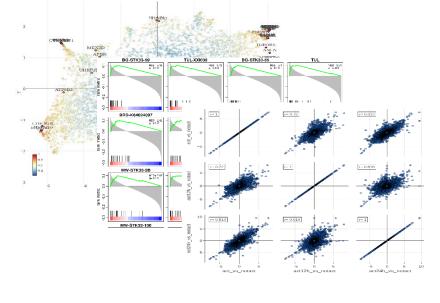
◆機能一覧 ※機能は予告なく変更される場合がございます。

クラスタリング解析

- ●ヒートマップ
- ●PCAプロット
- ●遺伝子UMAP図
- ●遺伝子セットUMAP図 ほか

発現解析

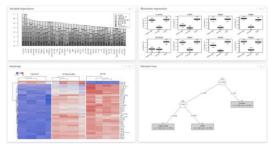
- ●発現量グラフ化
- ●発現変動解析
- ●ボルケーノプロット
- ●MAプロット
- ●バイオマーカー分析 ほか



遺伝子セット解析

- ●遺伝子セットエンリッチメント解析(GSEA)
- ●パスウェイ解析
- ●GO解析
- ●ドラッグCmap解析 ほか

公共データベースとの比較



◆解析対象データの詳細

- ●マイクロアレイ、RNA-seq、プロテオミクスで得られた発現量マトリックスが対象です。 ただし、データによってはお引き受けいたしかねる場合がございます。
- ●ヒト・マウスで得られたデータが対象です。
- ●発現量マトリックスには、遺伝子情報(ENSEMBL, ENSEMBLTRAN, UNIGENE, REFSEQ, ACCNUM, UNIPROT ID もしくは GENE SYMBOL)および発現量 (カウントデータ もしくは、ノーマライズ済みカウントデータ)の情報を持つ列をそれぞれ 含んでいる必要があります。
- ●1群あたり2サンプル(replicate)以上のデータを対象とします。
- ●遺伝子数が200以上のデータが対象です。

◆その他ご注意

- ●サーバー上でのデータ保存期間は 1 年間です。1 年経過後は、データの閲覧等ができません。
- ●同じプロジェクトに属する群やその replicate をまとめて 1 プロジェクトとして扱います。
- ●結果へのアクセスには、インターネット接続が必要です。
- ●Omics Playground のアカウントを作成いただきます。(お申込み後にご案内します。)
- ●データをアップロードしたプラットフォームへのアクセス権が納品物となります。

フィルジェン 株式会社



代理店

【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 メール: support@filgen.jp URL: https://filgen.jp/