



ヒト・マウス用オミックスデータ解析プラットフォーム

Omics Playground



さまざまなオミックスデータに対応

- RNA-seq
- シングルセルRNA-seq
- マイクロアレイ
- プロテオミクス

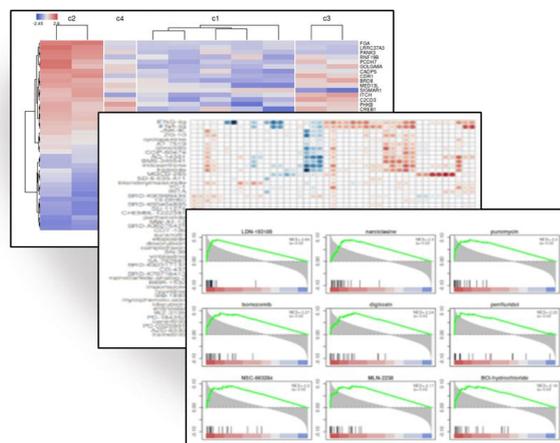
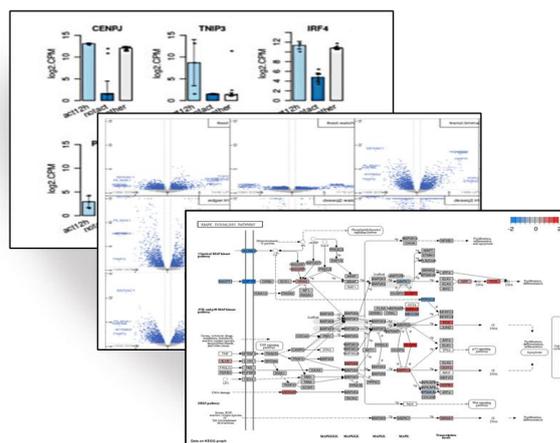
多様な解析手法をサポート

- 発現変動解析
- GOエンリッチメント解析
- パスウェイ解析
- CMap (Connectivity Map) 解析
- バイオマーカー分析 など

100以上の高品質なプロットを生成

- ヒートマップ
- UMAPプロット
- GSEA (Gene Set Enrichment Analysis) プロット
- Survival tree など

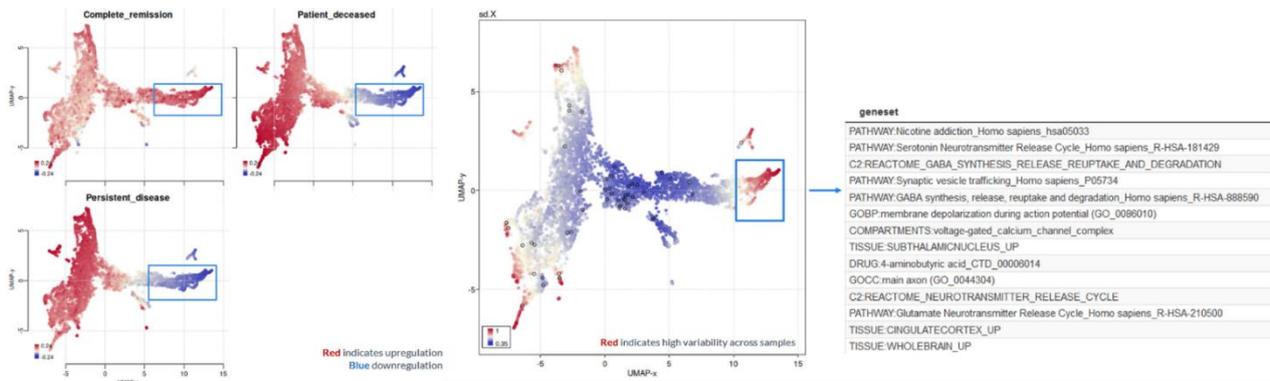
ユーザーどうしてデータの共有が可能



主な特徴は裏面をご覧ください

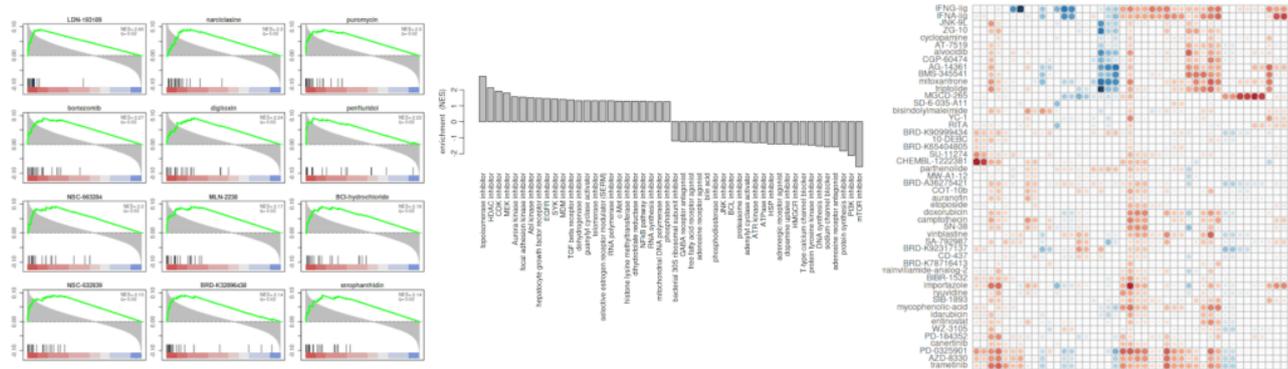
遺伝子UMAPおよび遺伝子セットUMAPの描画

遺伝子 UMAP では、サンプル間の発現状況に基づいて、二次元平面上に各遺伝子のプロットを行います。データ間の距離関数には共分散を使用することで、サンプル間で発現の相関性が高い遺伝子が、辺縁部にまとめてプロットされるようになっており、重要な遺伝子が一目で抽出できます。遺伝子だけでなく、遺伝子セットに対しても、同様の UMAP を描画することができ、簡単に重要な遺伝子セットやパスウェイを特定することができます。プロット上から、遺伝子リストを作成することも可能です。



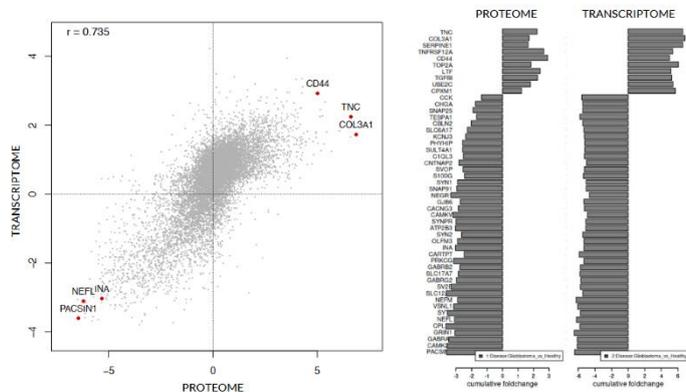
ドラッグCMap (Connectivity Map)解析

35,000以上の化合物を、さまざまな細胞種に作用させた100万以上の遺伝子発現パターンをリファレンスとするドラッグ CMap 解析に対応しています。ご自身のサンプルの遺伝子発現パターンと類似、もしくは反対の発現パターンをもたらす薬剤を探索するのに利用できる他、新しい化合物の作業機序を予測したり、ターゲットとなるパスウェイを予測したりすることが可能です。



異なるオミックスデータの比較

2つのデータセットを様々なプロットで視覚的に比較することができます。また、同じサンプルに関するトランスクリプトミクスデータとプロテオミクスデータの比較など、異なるオミックスデータ間の比較にも対応しています。



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/