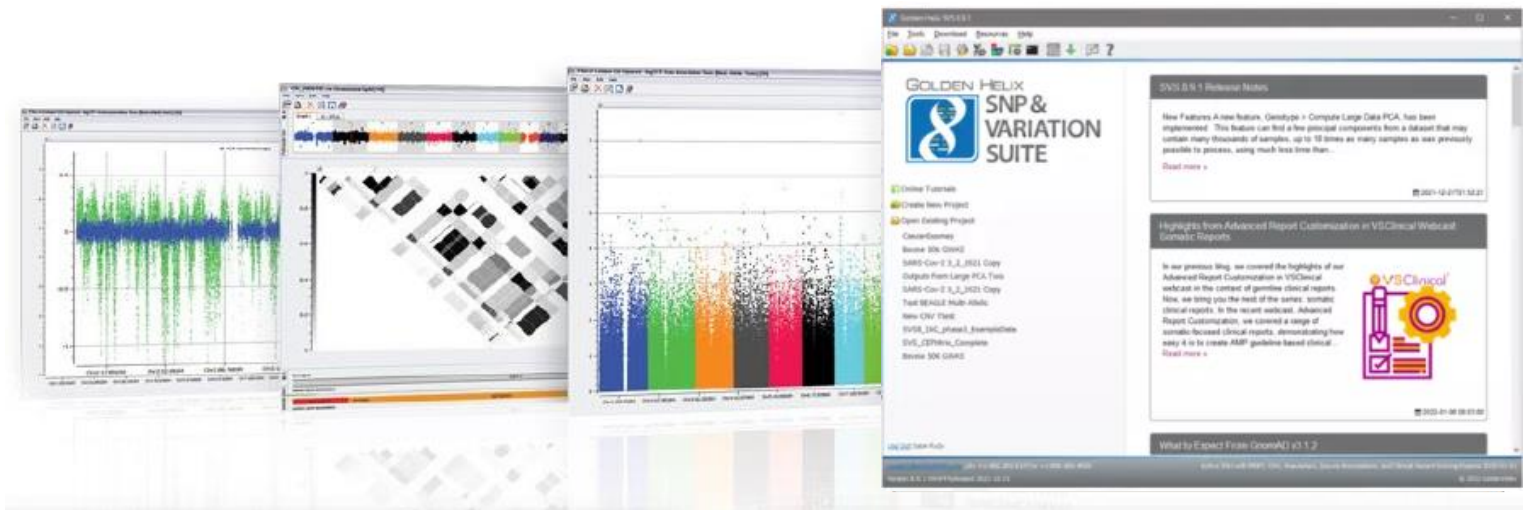




SNP & VARIATION SUITE

SNP & Variation Suiteは、次世代シーケンサーやSNP/CNVマイクロアレイより得られた膨大な遺伝子型データを管理・分析・可視化することを目的に開発された、ゲノムデータの統合解析ソフトウェアです。多検体の遺伝子型データと表現型の関連を調べるGWASや、家畜の遺伝的能力の評価などを、統一されたプラットフォームで実行することができます。

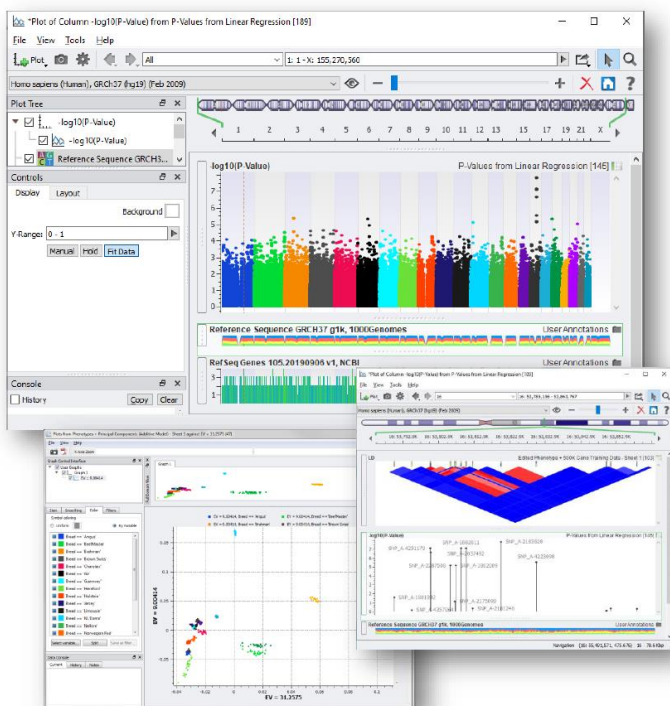


Core Features

- Powerful Data Management
- Rich Visualizations (GenomeBrowse)
- Robust Static
- Flexible

Applications

- Genotype Analysis
- Agrigenomics Analysis
- DNA/RNA Sequence Analysis
- CNV Analysis



- ゲノムワイド関連解析 (GWAS)
- 連鎖不平衡/ハプロタイプ解析
- ゲノミック予測 (Genomic Prediction)
- ジェノタイプインピュテーション
- ポリジェニックリスクスコア
- レアバリエント関連解析
- RNA-Seq解析
- CNVマイクロアレイデータ解析

遺伝統計解析

SNP & Variation Suiteは、ゲノムワイド関連解析（GWAS）などの遺伝統計学に必要な統計解析機能を多数搭載し、また多種多様なデータベースの管理ツールも内蔵しています。そのため、これらを統合的に利用したデータ解析が可能で、これにより膨大なデータから生物学的に重要なデータを効率よく見つけることができます。

■ ゲノムワイド関連解析（GWAS）

- ✓ 強力な統計解析や遺伝モデル、多重補正などの各手法をサポート
- ✓ SNP call rateやハーディー・ワインベルグ平衡など、ジェノタイプデータの品質チェックツールを搭載
- ✓ Principal component analysis (PCA)を利用したデータの補正
- ✓ 回帰分析や線形混合モデルもサポート
- ✓ GBLUP法などによる、表現型のゲノミック予測と、ゲノム育種価の計算
- ✓ Clumping and Thresholding法によるポリジェニックリスクスコアの計算

■ DNA-Seq解析

- ✓ VCFファイル、BAMファイルのインポート
- ✓ ClinVar, dbSNP, gnomADなどのアノテーションリソースを利用したバリエーションの絞り込み
- ✓ トリオ解析によるde Novo Mutationや複合ヘテロ接合体の検出
- ✓ CMC法やKBAC法、SKAT-O法などによるレアバリエーション関連解析

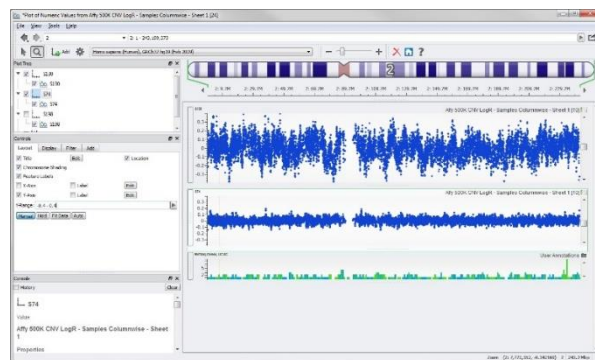
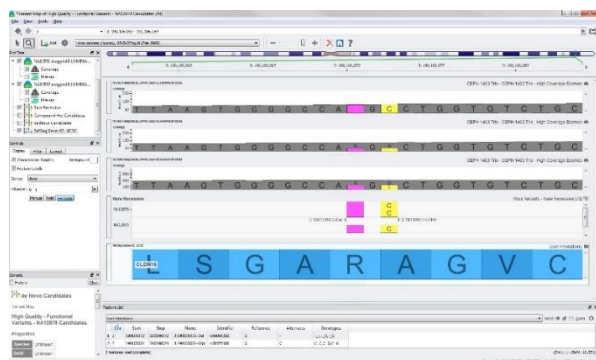
■ CNV解析

- ✓ CNVマイクロアレイによる、CNVの検出および表現型との関連解析
- ✓ Copy Number Analysis Method(CNAM)によるCNV領域の検出
- ✓ Batch effectやGenomic waveなどの検出および補正
- ✓ 線形回帰分析、ロジスティック回帰分析をサポート

生物種の対応

SNP & Variation Suiteは、ヒト、マウスなどの哺乳動物はもちろん、植物や魚類、さらに昆虫や細菌など様々な生物種のデータ解析に対応しているため、医学研究だけでなく農学研究などにも活用できます。

- | | | | |
|---------------|------------|------------|---------|
| • ヒト | • マウス | • ラット | • ウシ |
| • ニワトリ | • ブタ | • イヌ | • アカゲザル |
| • チャイニーズハムスター | • ゼブラフィッシュ | • シロイヌナズナ | • ダイズ |
| • イネ | • ニジマス | • ショウジョウバエ | ...など |



Filgen  **フィルジェン株式会社**
biosciences & nonosciences

【お問い合わせ】 バイオインフォマティクス部

TEL : 052-624-4388 E-mail : support@filgen.jp

URL : <https://filgen.jp/>

代理店