

- 様々なデータベースを用いたバリアントデー タのアノテーション・フィルタリング
- ✓ トリオ解析、カバレッジ計算などの解析アル ゴリズムの実行
- ✓ ゲノムブラウザーによるVCF、BAMファイル などの各種データの可視化

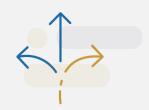
VarSeg®は、次世代シークエンサーより検出された、おもにヒト臨床検体の遺伝子変異データの データ解析に用いる、クリニカルシークエンス解析ソフトウェアです。全ゲノム解析、全エクソーム解析、 遺伝子パネル解析で検出されたバリアントデータから、バリアントのアノテーション付けやフィルタリング、 さらにサンプル間の比較などを行い、膨大なデータの中から、生物学的に重要なデータをシンプルか つ高速に探し出すことが可能です。



Simple



**Flexible** 



Scalable



Variant annotation filtering, and interpretation



Powerful GUI with rich visualizations



Repeatable workflows

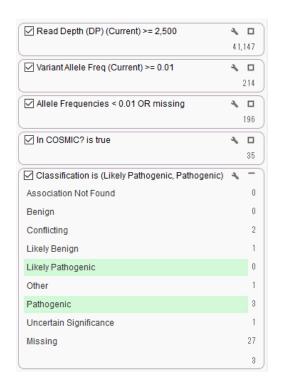






### ●フィルタリング用ワークフローの作成

次世代シークエンサーで検出したバリアントデータをVCFファイルとしてインポートし、様々な条件でフィルタリングを行うワークフローを作成することができます。また家族関係をもつサンプルデータによるトリオ解析や、がん/正常細胞のサンプルデータを比較する場合の専用のワークフローがテンプレートとして搭載されており、初めて使用する場合でも、迷わずに解析を実行することが可能です。

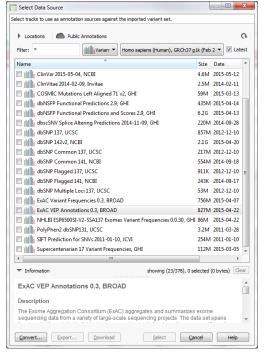


## ● アノテーションライブラリー

生物学的に有意なバリアントを発見するにあたって、サンプルのバリアントデータだけではなく、各種データベースに登録されているアノテーション情報も加味してフィルタリングを行うことができます。Golden Helix社によってメンテナンスが行われている高品質なアノテーションリソースを、Golden Helix社の専用サーバーからダウンロードマネージャーよりダウンロードを行い、サンプルのバリアントデータへのアノテーション付けやフィルタリングに用いることができます。

- · RefSeg Genes
- dbSNP
- 1000 Genomes
- NHLBI 6500 Exomes
- ExAC Variant
- gnomAD Exomes/Genomes
- dbNSFP

- ClinVar
- CIVic
- PharmaGKB
- BRCA Exchange
- ICGC/TCGA
- Cancer Hotspots
- 各種遺伝子パネルのターゲット領域 …など



#### ● 有償アドオン

VarSeq®では、別途有償のアドオンを追加することで、新たなアノテーションリソースを使用できるようになったり、またはソフトウェア本体に、新たな機能を追加することができます。これらを利用することで、より質の高い情報が得られたり、遺伝子診断やゲノム研究用の強力な機能や解析アルゴリズムが使用できるようになります。

プレミアムアノテーション

- OMIM 遺伝性疾患データベース
- CADD 変異の有害スコアデータベース
- LOVD 変異分類情報データベース

#### 機能モジュール

- VSReports 臨床レポート作成
- VSPipeline コマンドライン型インターフェース
- VSWarehouse データシェアリング用Webサーバー
- VS-CNV CNV (コピー数多型)解析
- VSClinical ACMG/AMPガイドラインによる評価
- VSPGx 薬理ゲノミクス解析

# Filgen マイルジェン株式会社

【お問い合わせ】 バイオインフォマティクス部

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

URL: https://filgen.jp/

代理店