

マイクロアレイ・次世代シーケンスデータ対応

Nexus Copy Number

コピー数変異(CNV)解析の決定版

Nexus Copy Number は、CGH・SNP マイクロアレイを用いた Copy Number Variation (CNV)解析において、コピー数変化の解析をシンプルな操作系にて実現し、同時に 1000 サンプル以上の高速自動解析を可能にするソフトウェアです。

コピー数変異の解析に必須となるアノテーション情報を柔軟に設定でき、遺伝病・miRNA (例: miRBase)・ヒト CNV (例: Database of Genomic Variants) などの公共データベースやユーザー独自のアノテーションを融合してご利用頂けます。

また、次世代シーケンサにより取得されたゲノムマッピングデータ(BAM)からのコピー数解析や、発現マイクロアレイで測定された遺伝子の発現情報を表示することも可能です。

- ⊕ コピー数変化や LOH の解析をシンプルな操作で実行
- ⊕ 結果をフィルタリングして表示可能
- ⊕ 次世代シーケンスデータに対応、BAM フォーマットからコピー数解析やアレル頻度解析が可能
- ⊕ セグメンテーション計算時のパラメータ個別調整・保存機能
- ⊕ 1000 サンプル以上の高速自動解析可能
- ⊕ Affymetrix®, OncoScan®, Agilent®, Illumina®, Roche NimbleGen®, その他アレイに対応
- ⊕ 複数サンプルの2群間比較や病変-健常検体間のペア比較
- ⊕ ゲノム上にて BED フォーマットの表示可能
- ⊕ GC コンテンツによる補正機能



迅速なデータ処理と信頼性に優れた差異の検出

効率的な BioDiscovery algorithms により 1 プロジェクトあたり 1000 以上のアレイデータを迅速に処理することができます

Copy Number Estimation アルゴリズム

Rank Segmentation:

Circular Binary Segmentation アルゴリズムを基本に、信頼性の高いコピー数の変化を検出

SNPRank Segmentation:

SNP アレイの Log ratio データと、B-対立遺伝子頻度を用いて、コピー数変異と LOH・Allelic Imbalance を検出

FASST2、SNP-FASST2 Segmentation:

Hidden Markov Model を基にコピー数変異等を検出

対応するアレイ

Affymetrix® Oncoscan array®

Agilent®

Illumina®

Roche NimbleGen®

その他...

次世代シーケンスデータフォーマット

Bam ファイル

NEXUS COPY NUMBER が提供する主な機能

アレイデータタイプ及び実験デザインへの対応

- ✦ アレイプラットフォームに非依存、以下を含むすべてのアレイプラットフォーム及びソフトウェアに対応
- ✦ Affymetrix®, OncoScan®, Agilent®, Illumina®, Roche NimbleGen®.
- ✦ ヒトおよびマウスのゲノムへ対応
- ✦ BED フォーマットデータの表示

データの探索と解析

- ✦ 臨床パラメータ等の表現型情報との統合
- ✦ 表現型や因子ごとに分割された試料グループ間でのコピー数変化の頻度表示
 - 遺伝子および miRNA 発現データとの統合解析(発現情報と染色体コピー数変化の関連付け)
 - 染色体領域における遺伝子機能の特徴抽出(Gene ontology enrichment analysis)
- ✦ GISTIC algorithm によるコピー数変化の強度を考慮した CNV 領域の決定
- ✦ 群間で有意差のあるコピー数変化領域の同定
- ✦ ASCAT algorithm によるアレル毎のコピー数推定
- ✦ ゲノム変化を基にした試料群のクラスター解析
- ✦ 2 箇所以上のゲノム領域間でコピー数が調和して変化する領域を検出する Concordance 解析

解析結果のレポート機能

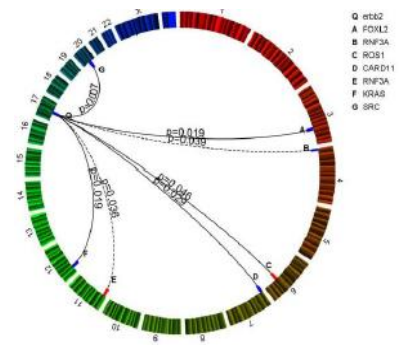
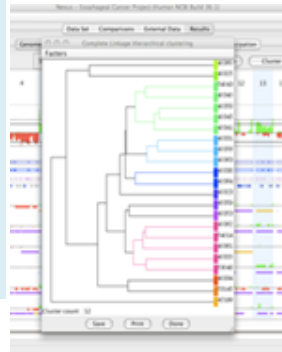
- ✦ 全サンプルもしくは個々のサンプルデータごとの解析結果のレポートを作成可能
- ✦ 表はテキストファイル、画像は JPEG などの形式で出力

データ処理

- ✦ 1000 アレイデータの効率的処理
- ✦ 異なる種類のアレイデータをまとめて解析
- ✦ 解析試料の QC 算出

次世代シーケンスデータの CNV 解析機能

- ✦ ゲノムマッピングデータ (WGS・WES・Target seq)を BAM ファイル形式で取り込み CNV 解析や LOH 解析を実施。
- ✦ 変異解析結果を VCF ファイルとして取り込むことで変異情報をゲノムブラウザ上に表示。



外部データとの統合

- ✦ 臨床パラメータ等の表現型情報との統合
- ✦ 外部データベースへのリンク (NCBI, UCSC, Google, Ensemble, DECIPHER など)
- ✦ 既存アノテーション情報の利用 (遺伝子, エクソン, miRNA, CNV, 遺伝病)
- ✦ ユーザー独自のアノテーション情報の設定可能
- ✦ LSKB(別売り)との連携により文献情報とのリンク可能
- ✦ Biodiscovery が独自に解析した CNV データを参照可能(Nexus DB Cloud Database)

Copy Number Frequency Plot



Allelic Events Frequency Plot



製品の詳細は予告なく変更になる場合がございます。

詳細の問い合わせ先は下記まで。

ハードウェアスペック

対応 OS (64bit): Windows 7, 8, 10, Mac OS X, Linux
CPU: Core i5 以上を推奨
RAM: 2GB (4GB 以上推奨)



株式会社ワールドフュージョン
東京都中央区日本橋人形町 2-15-15 新扇堂ビル7F
TEL: 03-3662-0521
E-mail: oshirase@w-fusion.co.jp
URL: <http://www.w-fusion.co.jp/>