

ATGCATGCATGCATGCATGCATGC

再現性の高い結果を導く関連解析ツール

GQuest

再現性の高い結果が求められる今日のゲノム研究の中で、現実世界で真なるモデルである遺伝継承法則に基づいた解析が必要です。関連解析ツールGQuestは、表現型・多型データの品質評価から、候補遺伝子研究・全ゲノム研究、さらにハプロタイプ関連研究まで、遺伝統計解析手法を提供します。

データの品質評価と形質との関連解析のための統合環境

多型データの品質評価

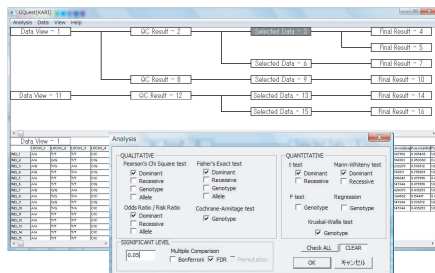
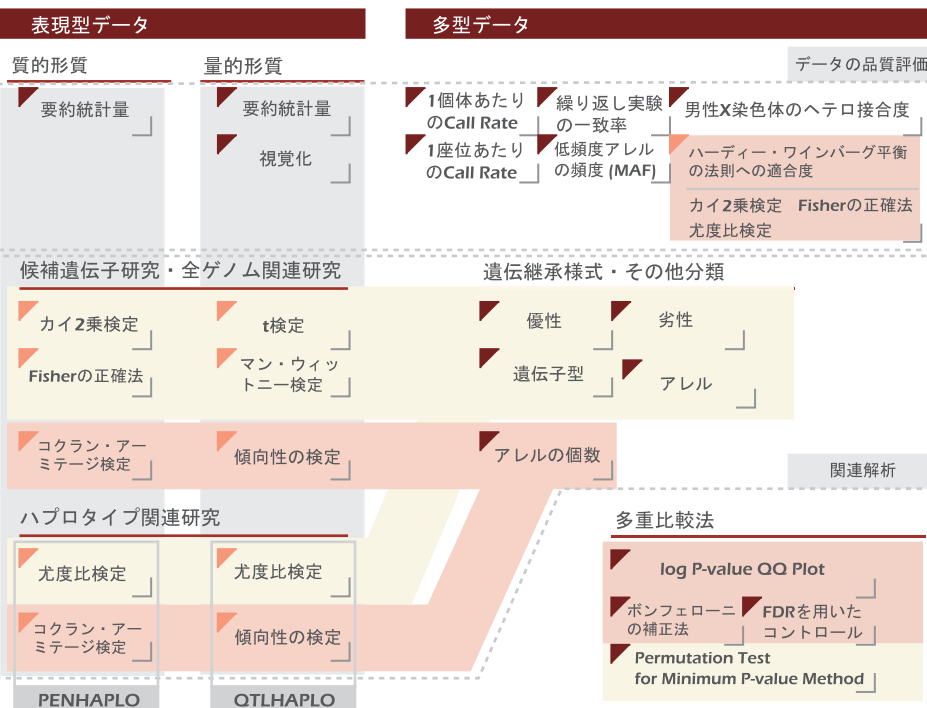
関連解析では、表現型の遺伝子型に関する偏りを検出します。もし誤った多型データがあれば、関連解析ではその偏りを関連性として検出してしまいます。GQuestは測定の正確性・遺伝継承法則への適合性の2つの視点から観測された多型データを評価します。

全ゲノム関連研究から得られる結果の正しい解釈

全ゲノム関連研究では同時に多くの座位と形質との関連性を検定するため、タイプIの誤りの多重性が問題となります。また、各遺伝継承様式の下で最小のP値を代表P値とするMinimum P-value Methodでは、従来の多重比較法だけでは十分な検討ができません。GQuestでは、視覚的・客観的な多重比較法はもちろん、P値の分布を生成するPermutation Testも実装可能です。

解析手順を記録するエクスプローラ機能

データの品質評価から関連解析までの解析手順を記録するエクスプローラ機能によって、各設定値の違いによる結果の比較や先行研究の解析の追試が簡単に行えます。また解析手順をファイルに保存し、研究機関内における共通な解析プロトコルとして配布することも可能です。



* 画面は開発中のものですので実際の製品とは異なる場合があります。

研究デザインソフトウェア GDesignPlusとの連携

研究デザイン・ソフトウェア GDesignPlusとの連携が可能です。GDesignPlusを用いて検出力を推定し、最適なCall RateやMAFの閾値を設定することができます。



GQuest + SGAトレーニング

適切な解析手法の選択と結果の解釈には、正しい遺伝統計学の知識が必要です。スタージェンは関連解析ツールGQuestだけではなく、スタージェンの教育プログラム「SGA (Statistical Genetics Analysis) トレーニング・スタンダード」コースの中から「多型データの品質管理」「家系情報を持たない集団の関連研究」も提供いたします。

お問い合わせ

株式会社スタージェン 遺伝統計解析事業部
解析ラボ：〒111-0051 東京都台東区蔵前 4-11-6 KUGAビル 8F
TEL: 03-5835-2137/2138, Fax: 03-5835-2139
E-MAIL: info@stagen.co.jp, URL: http://www.stagen.co.jp/

遺伝統計学(SGA)・PGx研究支援事業

SGA教育/SGAコンサルティング/受託解析・人材派遣(特定労働者派遣 届出受理番号 特13-304287)/SGAソフトウェア販売/SGAソフトウェア開発受注

インストールに必要なシステム条件

- 日本語オペレーションシステム Microsoft® Windows 98,2000, XP,Vista
- コンピュータとプロセッサ 1 GHz Pentium 相当以上のプロセッサを搭載したパーソナルコンピュータ (1.5 GHz Pentium 相当以上を推奨)
- メモリ 256 MB 以上の実装メモリ (512 MB 以上を推奨)
- ハードディスク 10 MB 以上の空き容量
- ディスプレイ 1,024×768 以上の高解像度ディスプレイ推奨

日経BP社発行の月刊PDFマガジン・BTJジャーナル

「遺伝統計学へようこそ！」

総集編が無料ダウンロード可能です

