

KEY FEATURES

- Thousands of public expression datasets
- Curation by field experts
- High quality database and expression search engine
- User-friendly visualization tools

The World's expression data

GENEVESTIGATOR®는 수천 개의 실험 조건에서 단일 분석 유전자 전사 조절을 분석할 수 있는 사용자 친화적인 검색 엔진입니다.

조직, 암, 질병, 유전적 변형, 외부 자극 또는 발달과 같은 상태 유형에 따라 요약된 정보를 제공합니다. 또한 특정 조건에서 특이하게 발현되는 유전자를 검색하거나 클러스터링을 통해 표적 유전자 또는 유사한 발현을 갖는 그룹 유전자와 유사한 발현 조절을 공유하는 유전자를 검색하는 고급 분석도 가능합니다. GENEVESTIGATOR®에서는 두 가지 "데이터 수준"에서 분석을 수행할 수 있습니다.

Single experiment analysis

개별 실험에서 유전자 발현을 시각화합니다.

Differential expression tool

데이터베이스의 실험 내에서 두 조건 간에 유의하게 다르게 표현되는 유전자를 찾아줍니다.

Dimension reduction tool

다차원 데이터를 2차원 그림으로 시각화하고 탐색하여 실험 내에서 유사한 샘플 군집을 식별합니다.

Sample composition tool

단일 샘플 또는 샘플 그룹에서 다른 샘플 특성과의 상관관계를 분석합니다.

Compendium-wide analysis

한 번의 분석으로 수천 개의 실험에서 표현을 시각화합니다.

Condition search tool

관심 유전자와 관련된 생물학적 조건들을 검색하여 타겟과 바이오 마커의 순위를 결정하고, 유전자의 기능 분석 및 결과 해석, 실험 디자인을 할 수 있도록 도와줍니다.

Gene search tool

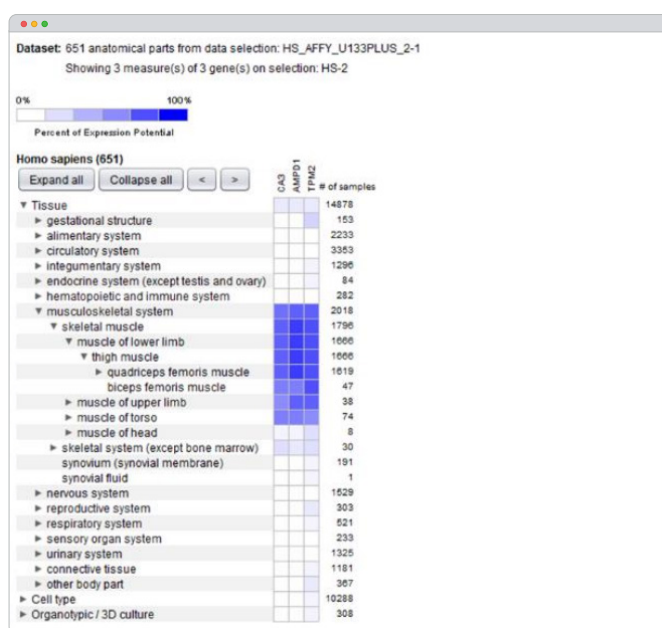
선택한 조건에서 특이하게 발현하는 유전자 탐색 또는 두 그룹 사이에서 다른 발현 양상을 보이는 유전자를 탐색하여 타겟 또는 바이오 마커를 선별할 수 있으며 신약 개발에도 활용할 수 있습니다.

Similarity search tool

선택한 발현 프로파일 간의 유사성에 따라 관심 유전자를 그룹화하거나 주어진 시그니처와 유사한 발현 패턴을 생성하는 조건을 찾아줍니다.

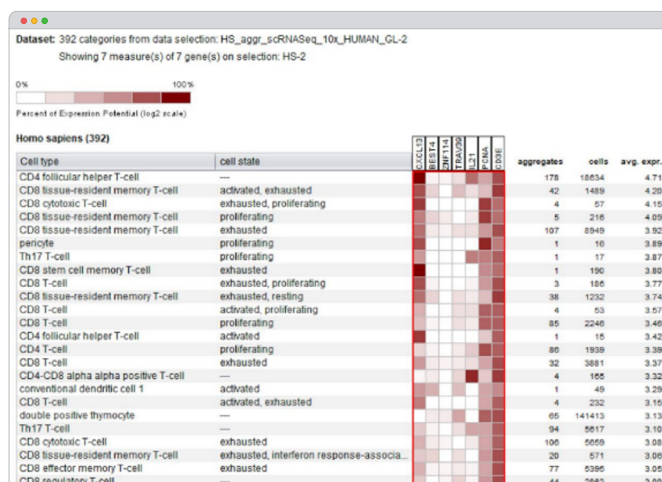
Anatomy tool (Condition search tool, Gene search tool)

해부학적 부분(기관, 조직, 세포)에 대한 발현 정도를 관찰할 수 있으며, 선택한 조직에서 다양한 발현양상을 각각 해석할 수 있도록 패널을 통한 상세한 그래픽 정보를 제공합니다. 특정 실험을 선택하여 유전자들 사이의 발현 패턴을 분석, 유전자의 기능 연구에 이용할 수 있습니다.



Cell types tool (Condition search tool)

해부학적 부분(기관, 조직, 세포)에 대한 발현 정도를 관찰할 수 있으며, 선택한 조직에서 다양한 발현양상을 각각 해석할 수 있도록 패널을 통한 상세한 그래픽 정보를 제공합니다. 특정 실험을 선택하여 유전자들 사이의 발현 패턴을 분석, 유전자의 기능 연구에 이용할 수 있습니다.



GENEVESTIGATOR®

유전자 발현 분석을 위한 고성능 검색 엔진

NEBION GENEVESTIGATOR
shaping biological discovery

Cell lines tool (Condition search tool, Gene search tool)

특정 유전자의 발현이 높아진 세포주들을 종류별로 확인할 수 있으며 선택한 세포주의 발현정보에는 샘플을 채취한 환자의 특징과 임상적 파라미터를 포함하고 있습니다. 또한 연구하고 있는 관심 세포주에서 발현이 증가하는 특정 유전자를 탐색할 수 있습니다.

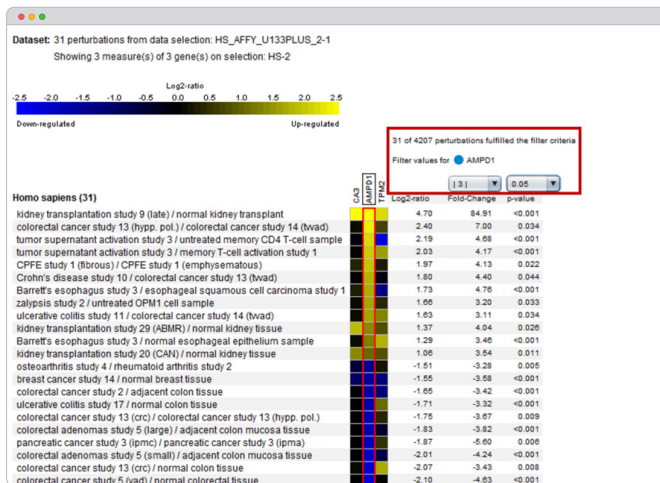


Cancers tool (Condition search tool, Gene search tool)

관심 있는 유전자가 다양한 암 유형에서 얼마나 강하게 발현되는지를 확인할 수 있습니다. 기본적으로 암 샘플의 데이터만 표시되지만, 옵션 설정을 통해 정상 조직 및 세포주 추가도 가능합니다.

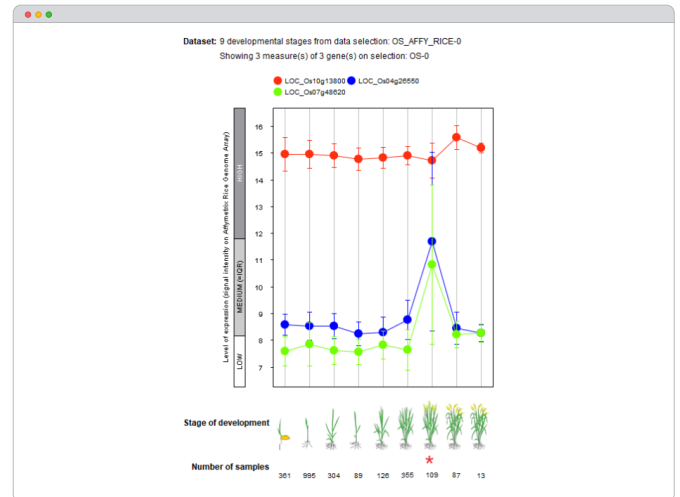
Perturbations tool (Condition search tool, Gene search tool)

Perturbations에 따른 변화를 확인하고, 가장 높은 반응을 나타내는 조건 순으로 나열하여 특정 종양에 대한 환자의 특징과 임상적인 파라미터 정보를 제공합니다. Fold-change와 p-value를 조절하여 1,000개 이하의 조건을 쉽게 찾을 수 있고, 가장 연관 관계가 깊은 조건을 탐색할 수 있습니다.



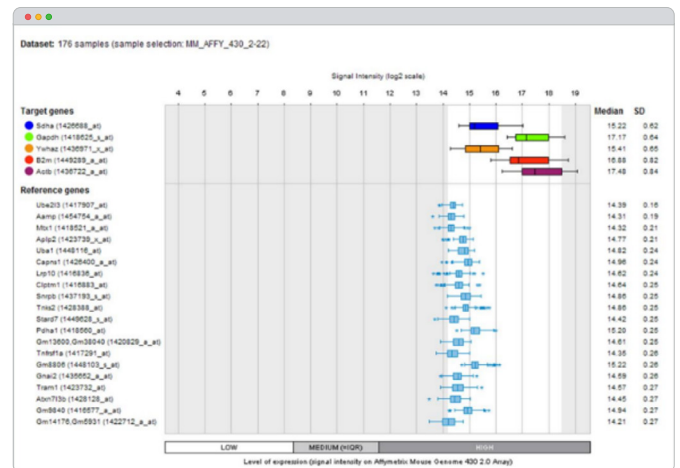
Development tool (Condition search tool, Gene search tool)

모델 생물의 라이프 사이클에 따른 발현 변화를 보여줍니다. 발생 단계에서 타겟 유전자가 주요 단계에서 발현이 되는지 확인할 수 있습니다.



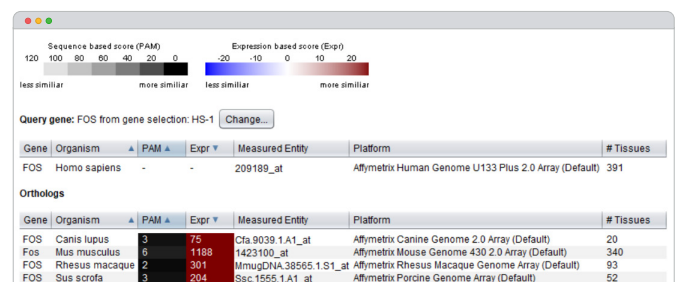
Ref genes tool (Gene search tool)

선택된 조건 셋에서 발현 안정성이 가장 높은 유전자를 빠르게 찾아줍니다.



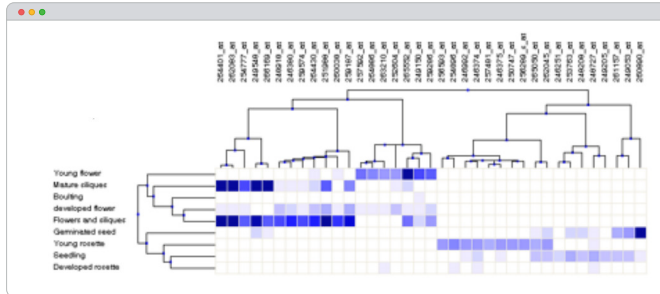
Ortholog search tool (Gene search tool)

다른 종의 관심 유전자에 대해 가장 기능적 ortholog 유전자를 찾아줍니다.



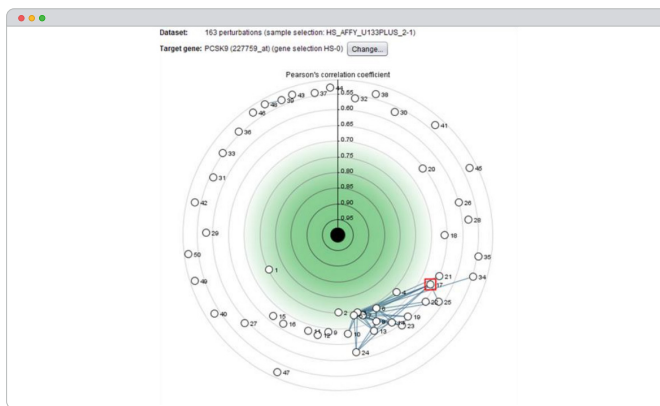
Hierarchical clustering tool (Similarity search tool)

유전자에서 유사한 프로파일을 가진 유전자나 조건을 그룹화하여 결과를 제공합니다.



Co-Expression tool (Similarity search tool)

데이터베이스에서 선택하거나 만든 데이터 세트에서 대상 유전자와 가장 유사한 프로파일을 가진 유전자를 식별하는 데 도움을 줍니다.



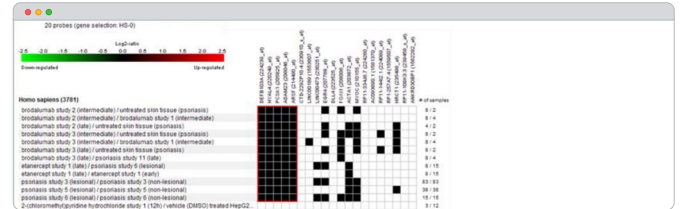
Signature tool (Similarity search tool)

Signature tool을 통해 수천 개의 다른 실험에 자신의 결과를 적용할 수 있습니다. 큐레이션 된 모든 실험의 표현 데이터와 연관시키고 가장 유사하거나 다른 프로파일을 가진 조건을 추출해줍니다.



Biclustering tool (Similarity search tool)

다른 조건에서의 발현 프로파일과 관계없이 조건의 하위 집합에서만 유사성을 나타내는 유전자 그룹을 식별합니다.



Gene set enrichment tool (Similarity search tool)

입력 유전자 셋을 Reactome pathway나 Gene ontology 카테고리 와 같은 유전자 셋의 background collection과 비교할 수 있습니다. 입력한 목록의 유전자가 어떤 pathway나 생물학적 과정과 관련되어 있는지 이해하는 데 도움을 줍니다.



2-Gene plot tool (Similarity search tool)

하나의 plot에서 두 유전자의 발현을 동시에 시각화합니다.

