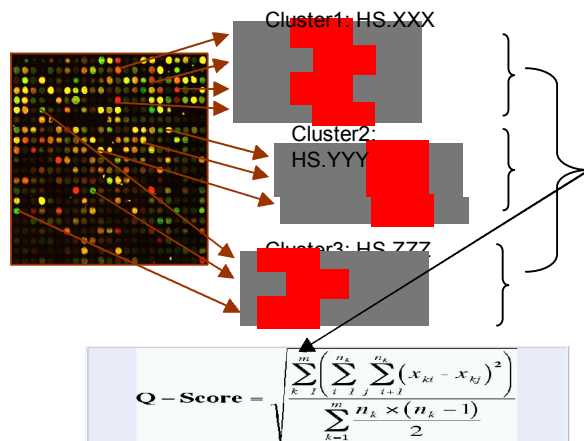


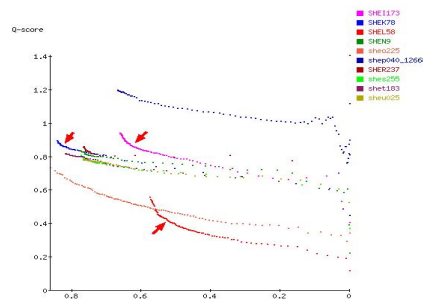
# 疾患原因遺伝子解明基盤: 遺伝子発現データクオリティ解析ツール

- 遺伝子に基づいたオーダーメイド医療の実現が期待されていますが、その基盤となるデータの信頼性は根本的に重要な問題です。マイクロアレー解析は近年、広く普及し有望な技術ですが、測定精度の向上が大きな課題で、現状ではデータの信頼性を客観的に評価する基準は確立されていません。
- 本プロジェクトでは、客観的なクオリティ評価指標としてQ-Scoreを提案し、解析の量と質のトレードオフを定量的に考慮した最適なフィルタリングパラメータを推定する技術を開拓してきましたが、これまでの成果をGUIツールという形でまとめました。
- 現在、マイクロアレー技術を発明したスタンフォード研究グループと共に、世界最大のアカデミックデータベースSMDで検証実験を進めています。(http://genome-www5.stanford.edu)
- 将来、世界中の遺伝子解析データが標準化され、結果として病気や健康の問題で苦しむ多くの方々に希望を与えることが出来れば幸いです。

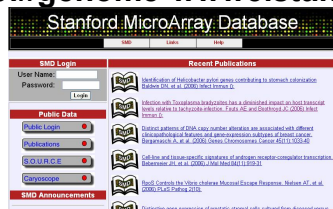
## 遺伝子発現データのクオリティを評価するQ-Score指標



## 様々なフィルタの特性比較と カットオフポイントの推定



## SMD Web Serviceで検証実験 http://genome-www5.stanford.edu



## PC上で稼動するコンパクトなGUI

