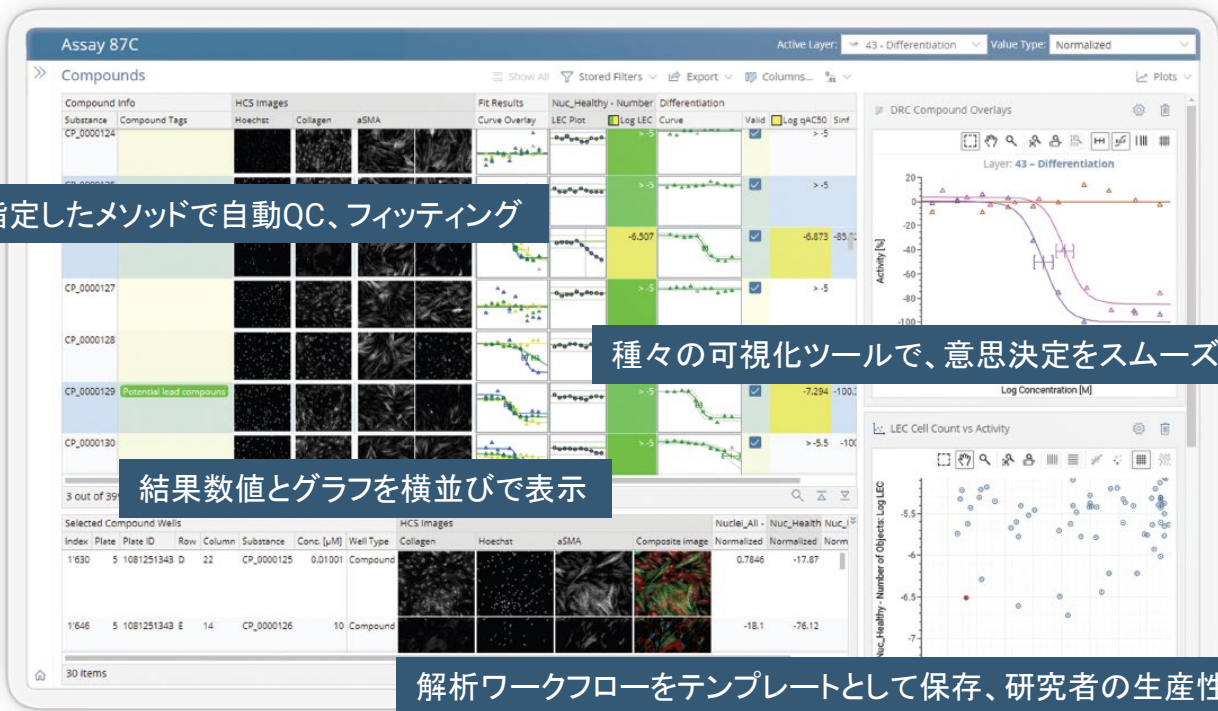


SCREENER

全てのアッセイ、一つのプラットフォーム

Genedata Screener®は、アッセイデータ解析の自動化、生データと実験結果の管理や利活用、組織内外におけるアッセイ情報の統合を実現します。複雑な実験データを統合することで、プロジェクトにおける意思決定を後押しするとともに、予測的かつAI駆動型の創薬・開発に向けた基盤を構築します。



プラットフォーム

研究技術 & アプリケーション

Technology & Application



質量分析
Mass Spectrometry



イオンチャネルスクリーニング
Ion Channel Screening



表面プラズモン共鳴
/ バイオレイヤー干渉
SPR / BLI



作用機序解析
Mechanistic Analysis



フローサイトメトリー
Flow Cytometry



サーマルシフトアッセイ
Thermal Shift Assay



トランスクリプトミックスクリーニング
Transcriptomic Screening



ハイコンテンツスクリーニング
High Content Screening



薬剤併用スクリーニング
Compound Synergy

ワークフローの拡張

Augmented Workflow



オートメーション
Automation



データ統合 & レポート
Data Integration and Reporting



結果のアップロード
Result Uploading



アッセイ登録
Assay Registration



ヒット化合物プロファイリング
Hit Profiling



アッセイ品質モニタリング
Assay Performance Monitoring

 **SCREENER 各プラットフォーム紹介****研究技術 & アプリケーション**
Technology & Application

Genedata Screener®には、各研究技術に特化したビジネスロジックが搭載されています。ワークフローの一元化により、データ加工時間の削減、生データから結果までのインタラクティブな解析を実現します。

**質量分析**
Mass Spectrometry**ハイスループット質量分析 (HT-MS) の解析自動化**

- ピーク検出、定量、検索などのスペクトル解析ワークフローを完全自動化
- 2D ASMS、MRM、ペプチド-化合物共有結合測定ワークフローのサポートにより、酵素反応等の解析面でのスループットを向上
- Acoustic Ejection Mass Spectrometryやpulsed MALDI-TOFなど最新のHT-MS機器にも対応

**イオンチャネルスクリーニング**
Ion Channel Screening**波形データから、短時間で高品質な意思決定**

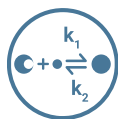
- 波形データからQC・ノーマライゼーション・サンプル毎のフィッティングまでの作業を自動化
- 時系列グラフと解析結果を並列表示、柔軟に解析
- Calcium Oscillation解析にも対応し、創薬標的探索や細胞毒性試験の再現性向上、創薬を加速

**表面プラズモン共鳴
/ バイオレイヤー干渉**
SPR / BLI**解析基準の透明化、キャンペーン単位の解析**

- センサーグラム形状から自動でQC、Fit modelを判別し、マニュアルチェックの時間を短縮
- 一貫したQC基準により、高品質な結果の算出
- Octet® (ForteBio)やCarterra LSATM Platformなど、様々な機器の解析基準を統一可能
- エピトープビニングにも対応

**トランスクリプトミック
スクリーニング**
Transcriptomic Screening**複数遺伝子の発現量データを大量かつ高速に解析**

- 増幅曲線とフィッティングカーブを横並びで表示
- 細胞毒性のある化合物、検出限界値以下の遺伝子を解析結果から除外するアルゴリズムを搭載
- バックグラウンド補正、ハウスキーピング遺伝子を用いた正規化
- QuantiGene Assayにも対応



作用機序解析 Mechanistic Analysis

毒性・薬効のMOA解析、作用機序予測も高品質に

- 経時測定結果から作用機序予測まで完全自動化
- 競合反応、可逆-不可逆反応(Jump-Dilution法等)、Slow-bindingメカニズムを判断可能なモデル搭載
- 標識リガンド結合アッセイのカイネティクス解析
- 同時に複数の阻害または結合モデルを適用、比較



サーマルシフトアッセイ Thermal Shift Assay

種々のT_m値計算モデルを搭載

- 異なる計算モデルで得られる解析結果(T_m値等)を容易に比較
- 異なる実験条件での融解曲線を重ねて表示
- 細胞サーマルシフトアッセイ(CETSA)にも対応



フローサイトメトリー Flow Cytometry

ゲーティングとフィッティング結果のスムーズな解析

- ヒストグラムや密度プロットでゲーティングし細胞集団を定義、条件を保存
- ウェル毎、サンプル毎などあらゆる段階で、細胞密度プロットやフィッティングカーブへ即時にアクセス
- 指定したサブポピュレーションに対する計算の適用など、複数条件の解析も可能



ハイコンテンツスクリーニング High Content Screening

数百のパラメーター、画像データへの柔軟なアクセス

- ウェルやグラフ上の1点からすぐに画像データ確認、濃度間、レプリケート間のパラレルな画像比較
- 画像と解析・計算結果を並列表示
- ディープラーニングを用いた画像解析を可能にするImagenceワークフローにより、複雑な表現型の同定を自動化



薬剤併用スクリーニング Compound Synergy

豊富な推定モデル・可視化手段により、複雑なシナジー効果推定を容易かつ瞬時に

- Loewe、Bliss、HASなど薬物併用アッセイ独自のシナジー効果推定モデルを瞬時に適用
- ヒートマップやイソボログラムなどの多様な可視化手段でシナジー効果推定を容易に
- インタラクティブなモデル設定・比較

ワークフローの拡張 Augmented Workflow

Genedata Screener®は、ワークフローの自動化、整理されたデータ管理、外部システムとのシームレスな統合により、研究開発を加速します。



オートメーション Automation

データの自動アップロード、リアルタイムで品質管理

- マニュアルでのデータ処理の手間を削減
- いつでもどこでもデータ品質情報へアクセス可能
- DMTAサイクルを加速



データ統合 & レポート Data Integration and Reporting

簡単に直接的なFAIRデータのレポート

- データレイクやDWHとの統合をサポート
- Powerpoint、Excel、PDF、指定した形式など、用途に適した形式で結果を自動レポート



結果のアップロード Result Uploading

メタデータの取得、結果の統合

- 共同研究など、外部から様々なファイル形式の結果データをロードし、通常通りのDWHへレポート、結果を共有



アッセイ登録 Assay Registration

データ再利用に適した登録とアノテーション

- BioAssay OntologyやCENtreeなど、構造化データベースなどのソースと組み合わせ、アッセイを登録・アノテーション



ヒット化合物プロファイリング Hit Profiling

多段階のキャンペーンからのヒット化合物選択

- 異なるアッセイの結果を統合、比較
- 多様なビルトインフィルター
- 独自の選択アルゴリズムを搭載可能



アッセイ品質モニタリング Assay Performance Monitoring

アッセイプロセス・時期によらないデータ品質の一貫性

- 過去のアッセイ品質をプレート、コントロール、化合物毎に可視化し、現在の結果をバリデーション
- 過去のアッセイ品質に基づいたQC基準の設定

01000101110000100010001111110001110 BASEL • BOSTON • LONDON • MUNICH • SAN FRANCISCO • SINGAPORE • TOKYO 100100101110000100010001111110001110



Genedataは、バイオ医薬品の研究開発、サイエンス、ビジネス、ITの各分野における幅広い知識と経験をもとに、データ駆動型の研究開発を実現する革新的なソフトウェアソリューションを開発・提供しています。1997年にスイスで設立され、現在はアメリカ・イギリス・ドイツ・シンガポール・日本にオフィスを構えています。

Screener について



お問い合わせ

