

# 微生物ゲノムの 力を解き放つ

～ 微生物分離株のDx管理・データ解析～



ABRINCA—  
GENOMICS

## Arx

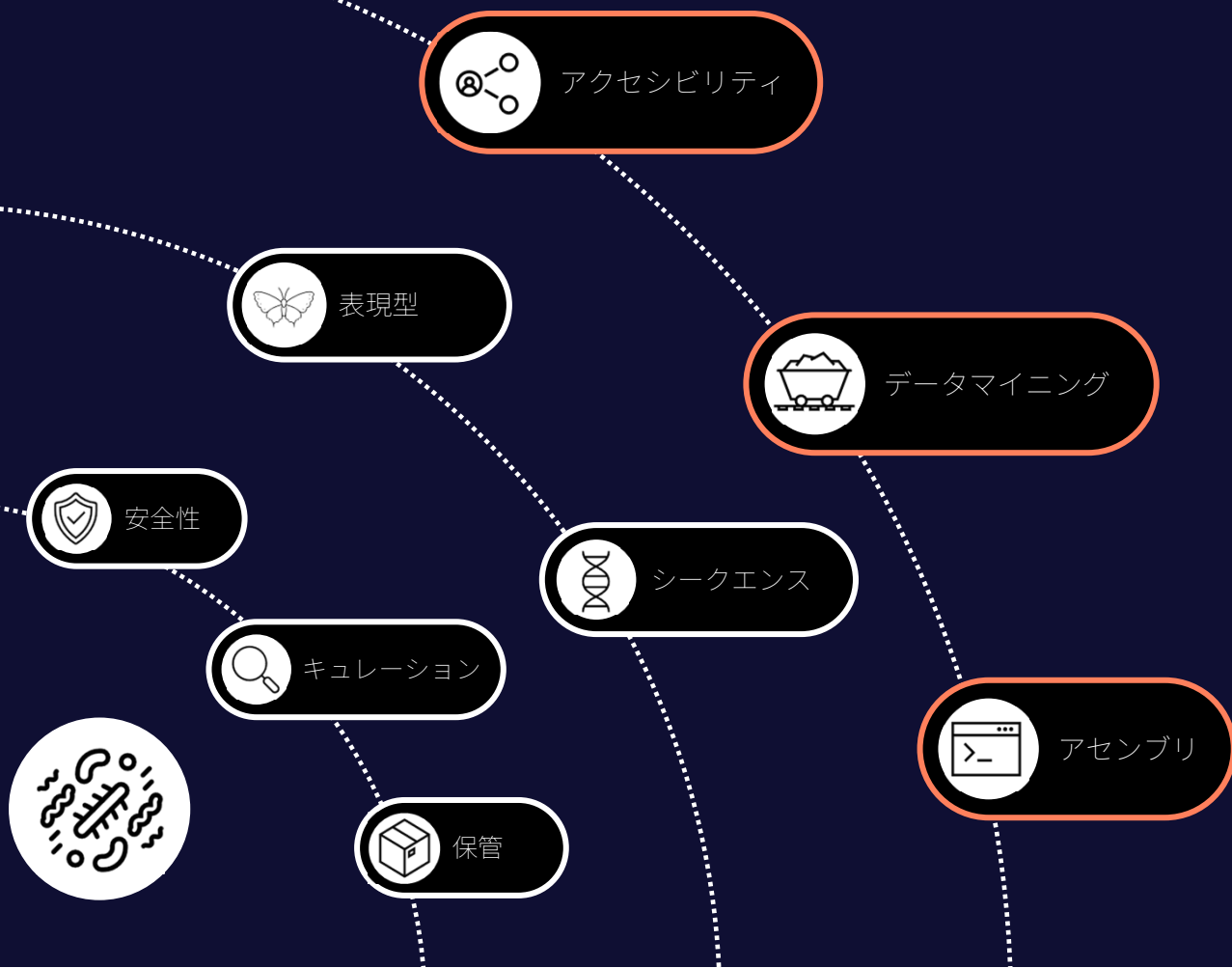
デジタル菌株コレクション  
&  
比較ゲノム解析ソフトウェア

# 微生物ゲノムデータ解析に 新たなアプローチが必要な理由

研究開発では、ゲノムアセンブリ能力の不足やゲノムデータマイニングツールの欠如、データセットの管理不備などにより、ゲノムデータの価値を最大限に引き出すのに苦労することが多く、その結果、計り知れない潜在能力と商業的価値が実現されないままになっている。

こんな課題に直面していませんか？

- ❖ ゲノムアセンブリ：品質とスループットへのジレンマ
- ❖ データ管理：複雑でエラーが発生しやすい
- ❖ データ解析：手動、遅い、高価
- ❖ データ共有：権限、リモート／パブリックアクセス



# デジタル菌株コレクションとデータ解析機能を備えた Arx は、これらの課題の解決策となります

これまでの微生物研究は、その重要性にもかかわらず、断片化されたツールと非効率的なワークフローによって阻害されている場合が多くありましたが、Arx は、これらの問題を解決し、微生物研究チームが自らの菌株に関する貴重な情報をより迅速に発見することを可能にします。

例えば…

科学的疑問 1

どの菌株がビタミン X を生成できるのか？

科学的疑問 2

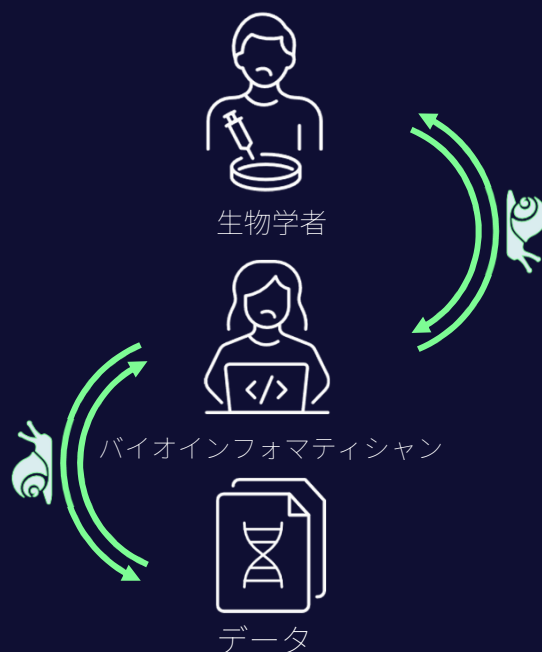
このタンパク質配列 Y を持つ菌株はどれか？

科学的疑問 3

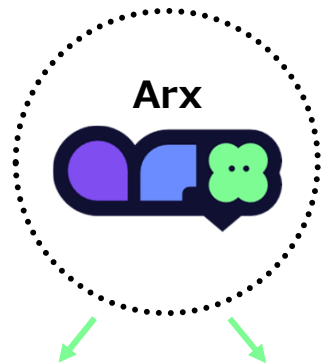
どのオルソログが表現型 Z を引き起こすのか？

科学的疑問 4

分離株 A は分離株 B と同じ種に属しているか？



これまでのワークフローは非効率



これらの科学的疑問に対し、迅速かつ有意義な答えを導き出すことができます！

# データ管理の難しさを解決する

データはハードディスクにローカルに保存されており、利用可能なデータセットの全体像を把握し共有することが困難です。

特にデータは様々な研究部門、研究チームなどのグループごとに分散している場合が多く、同じ組織内に属しているにも関わらず、組織内の分断と保護主義を助長してしまいます。

また、各データにはメタデータが付与されておらず、処理の不整合やデータの不整合などもあるため、自動分析に対応させることも困難です。

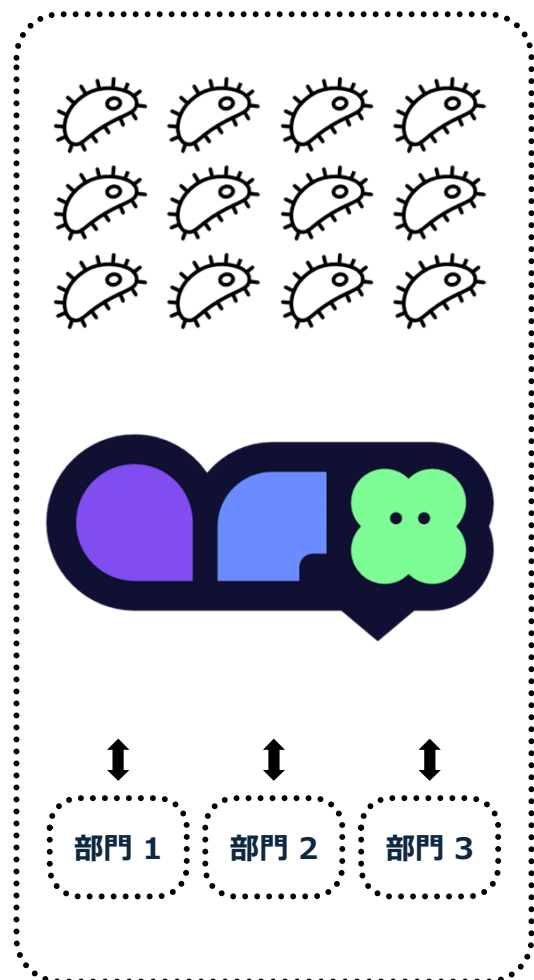


## Arxを用いることで

データはフォルダ構造で一元的に整理することができ、利用可能なデータセットの全体像を包括的に把握し共有することが可能です。

データはいつでも誰でも利用可能なため、様々な研究部門や研究チームなど、グループ間でのデータ共有を容易にします。

また、メタデータにより大きなミスを防止するとともに、一貫性のある処理によって互換性のあるデータを構築できるようになるため、高速かつシンプルなデータマイニングを実現します。





## Arxは誰のため、そしてどのような研究に活用することができるのか

様々な研究課題に対して、チーム内の生物学者や菌株コレクションの責任者、バイオインフォマティシャンが素早くデータにアクセスすることができます。

### こんなユーザーに最適



より効率的で使いやすい、プロジェクトに依存しないツールを探している  
バイオインフォマティシャン



独自の分離株を保有しており、安全で拡張性があり、カスタマイズ可能な  
プラットフォームが必要な菌株コレクション・データベースの管理者

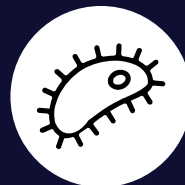


実験研究に重点を置いているが、ゲノム解析への迅速なアクセスが必要な  
生物学者

### Arxのアプリケーション



微生物株コレクションのための  
中央データプラットフォーム



病原体と抗生物質耐性に  
ついて理解する



新たな発酵食品の開発



土壌微生物叢を理解する  
ことで、植物の健康と収  
量を向上させる

# Arxは、微生物ゲノム解析ワークフローのあらゆるステップを効率化します

データ、分析、そして洞察を直感的なプラットフォームに統合することで、より迅速に、より自律的に、そして信頼性を持って作業を進めることができます。



すべてのゲノムデータとメタデータを保存、整理、保護することで、いつでも安心して簡単にアクセスできます。



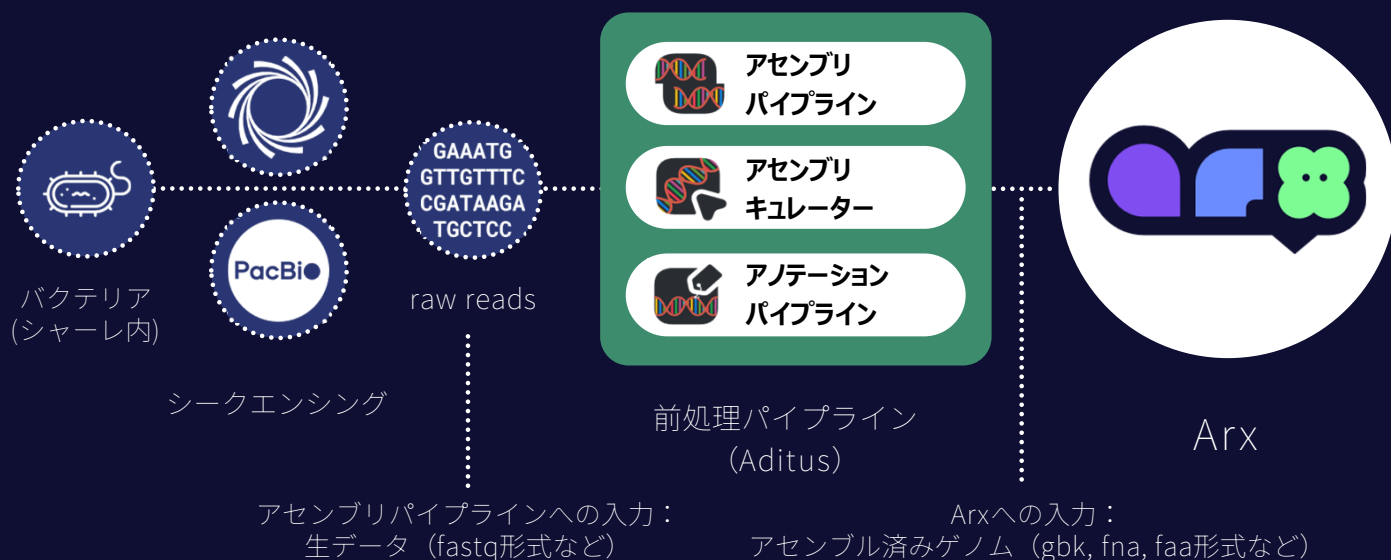
誰でもコーディング不要で、迅速かつ簡単にデータを検索・分析できます。チームの効率性とイノベーションを向上させましょう。



微生物ゲノム解析のワークフローすべてを1つのブラウザプラットフォームで実行・管理できます。ツールが分散していたり、手作業が必要になったりすることはもうありません。

## シームレスなエコシステム

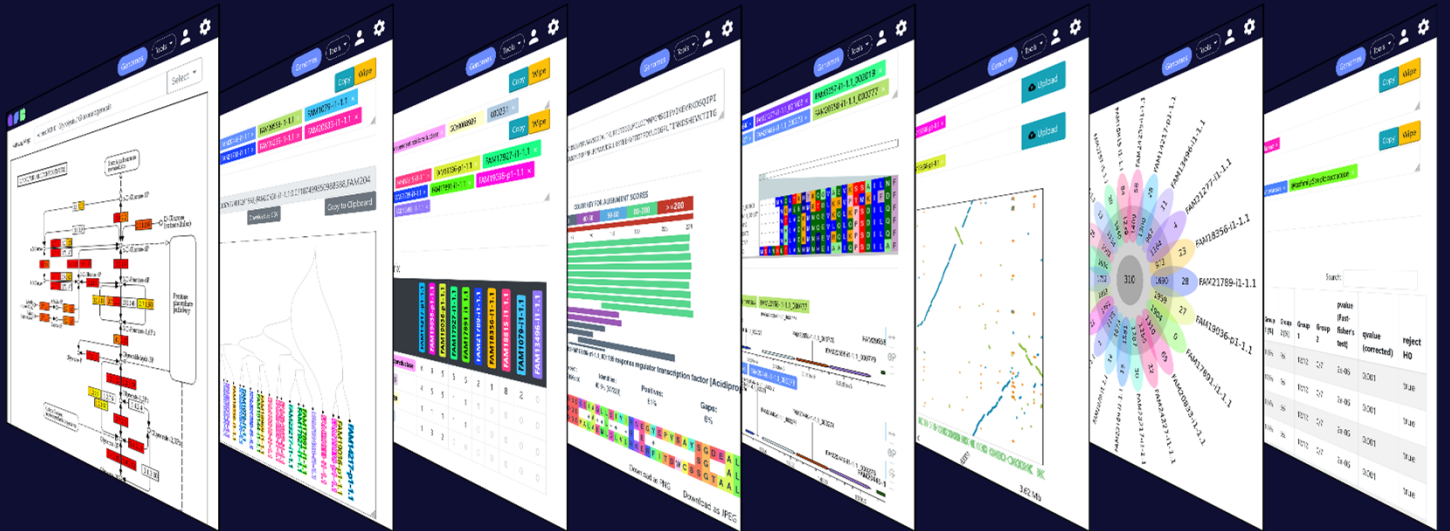
データ準備にかかる時間を数日から数週間短縮できるデータ前処理パイプライン（Aditus）を加え、ゲノムデータからより多くの価値を引き出すために使用できるArxを導入したエコシステムの構築も可能です。





# Arxは研究効率を高めるための微生物ゲノム解析ツールを備えています

新たな研究体験への準備はできていますか？ 高度な計算ツールが、生の微生物データを正確な科学的知見へと変換します。かつてない明瞭さとスピードで、複雑なゲノム構造を自在に探索できます。



## パスウェイ解析

生化学パスウェイマップをカバレッジに基づいて色分けすることで、ゲノム全体にわたる機能を探索できます。単一のゲノムまたはグループを比較し、形状からカバレッジされたアノテーションや遺伝子へと詳細に掘り下げることができます。

## アノテーション検索

どのゲノムにどのアノテーションが含まれているかを確認し、該当遺伝子に直接ジャンプできます。

## フラワープロット

複数のゲノムにわたる共通（コア）アノテーションと固有アノテーションを、インタラクティブなフラワープロットで要約します。

## 遺伝子比較

遺伝子を整列させ、ゲノム上の近傍領域を比較します。クエリ対象の遺伝子の周囲±10kbの領域を表示し、遺伝子をオルソグループごとに色分けします。

## 遺伝子形質マッチング

2つの表現型グループを区別する遺伝子（または機能アノテーション）を探索します。

## BLAST

BLASTアルゴリズムを使用して、ゲノムアセンブリ内または特定された遺伝子とタンパク質内のヌクレオチドまたはタンパク質配列を探索します。

## 系統樹

TaxID、ゲノム類似性（approxANI/GenDisCal）、または単一コピーのオルソログ（OrthoFinder）から系統樹を生成します。

## ドットプロット

2つのアセンブリを比較して、類似領域や反復領域、構造変化を明らかにします。

## 製造元



ABRINCA—  
GENOMICS

# Abrinca Genomics

### 【お問い合わせ】

3007 Bern, Switzerland

TEL : +41 77 233 22 09 E-mail : info@abrinca.com

URL : <https://abrinca.com/>

## 輸入販売元



# フィルジェン 株式会社

## バイオインフォマティクス部

### 【お問い合わせ】

〒459-8011 愛知県名古屋市緑区定納山1丁目1409番地

TEL : 052-624-4388 FAX : 052-624-4389

E-mail : support@filgen.jp URL : <https://filgen.jp/>

### 【ご注意】

- ◆ 本誌掲載内容は、Abrinca Genomics社のウェブサイトの情報を一部引用させていただいております。
- ◆ 本誌掲載の商品は研究用に限定して販売しています。医療品の製造、品質管理、各種診断、治療には使用しないでください。
- ◆ 本誌掲載の価格、サービスや製品の名称、仕様、プロトコルなどは改良などの理由から予告なしに変更される場合がありますので、予めご了承ください。

代理店

(Jun.,2026)