

機能

Blast解析(クラウド・NCBI・ローカル)

InterPro Scan(クラウド・EBI)

Gene Ontology Mapping・Blast2GO Annotation

EggNOGアノテーション(EggNOG-mapper)オルソロジー割り当て

Enzyme Code ECアノテーションの提供

GO-SlimによるGene Ontologyの縮小、可視化

Gene Ontologyグラブジュアライゼーション

RFAM によるRNAファミリーの機能分けやグラフ化

PSORTbによる細胞内局在部位割り当て

フィッシャーの直接確率検定を使ったエンリッチメント解析

遺伝子セットエンリッチメント解析(GSEA)

エンザイムコードを使用したKEGGパスウェイ検索

発現比較データを使用したパスウェイ解析 (Reactome・Plant Reactome ・KEGG)

DNA-seq De-Novo Assembly (ショートリード、ロングリード、ハイブリッドアセンブル)(ABYSS2.0・SPAdes・Flye)

DNA-Seqリファレンスゲノムへのマッピング(BWA・Bowtie 2)

ゲノムアセンブリの品質評価 (QUAST)

DNA-Seqポリッシング (Pilon)

Repeat Masking(RepeatMasker)

原核生物の遺伝子予測(Glimmer)

真核生物の遺伝子予測(Augustus)

Coding Potential Assessment

NGSデータのMLST解析

変異検出 (BCFtools、Freebayes)

バリエーションフィルタリング

VEP を使用したバリエーションアノテーション (Ensembl Variant Effect Predictor)

ゲノムワイド関連解析GWAS (GAPIT3)

Functional
Analysis

Genome
Analysis

Genetic
Variation

機能	
RNA-Seq DeNovo Assembly(ショートリード・Pacbioロングリード)(Trinity・SuperTranscripts・Iso-Seq)	Transcriptomics
コンティグデータの完全性評価(BUSCO)	
クラスタリング(シーケンスデータの冗長性を減らす機能・CD-HIT)	
コーディング領域の予測(TransDecoder)	
RNA-Seq リファレンスゲノムへのマッピング(STAR)	
Bamファイルのクオリティチェック	
RNA-Seq Transcript定量(RSEM・HTSeq)	
ペアワイズデータの発現解析(NOISeq・EdgeR)	
経時データの発現解析(MaSigPro)	
定量済みシングルセルRNA-Seqのデータ解析 (Seurat) 、発現解析、Trajectory (Monocle3)	
PacBio Iso-Seq (IsoSeq3・SQANTI3)	Meta genomics
ロングリードRNAの全長代替アイソフォーム解析 (FLAIR)	
分類学的種の同定Taxonomic Classification(Kraken)	
図表の作成(WEGO・GOグラフ・PCoA・Chao1・Rare faction curves)	
rRNAの除去(SortMeRNA)	
宿主のDNAの除去	
メタゲノムアセンブル(MetaSPAdes・MEGAHIT)	
メタゲノム遺伝子予測(FragGeneScan・Prodigal)	
メタゲノム機能アノテーション付け(eggNOG・Pfam database)	
比較解析	
ショートリードデータのクオリティチェック/アダプター除去・トリミング機能(FastQC・Trimmomatic)	共通機能
ロングリードデータのクオリティチェック(LongQC)	
FastQ/A ファイルのマージ	
バーコードスプリッター(FastX-Toolkit)	
ゲノムブラウザ(gff、vcf、fasta、bam)	
ワークフロー(作成、実行、共有)	
複数のデータセットの同時並行処理	
生物学的機能、名前などによる配列サブセットの選択	
多彩なデータインポートオプション(fasta、XML/Zip、annot、GFF/GFF2/GFF3、Bam、VCFなど)	
BAMをFASTA / Qに変換	
Cutadapt によるデマルチプレックス	
BioMartからのデータインポート(脊椎動物、後生動物、植物、原生生物、菌類)	
ベン図の作成	

一部解析にはComputation Unitsが必要な解析が含まれます。