

機能

Blast解析(Diamond・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グラフビ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

複製ありの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)

GWAS結果の機能解析 (MAGMA)

集団構造解析 (ADMIXTURE)

フェーシングとインピュテーション (Beagle)

RAD-Seq または GBSデータに対するバリエーションフィルタリング (dDocent)

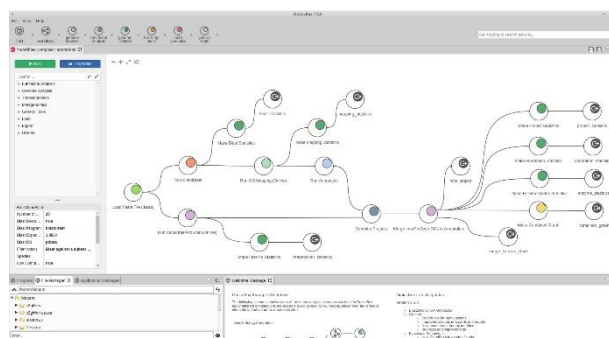
Functional
Analysis

Genome
Analysis

Genetic
Variation

ワークフロー

各解析をワークフローにて1度に解析を実行することができます。もちろん設定の変更なども柔軟に行うことができます。すでに出来上がった既存のワークフローからも解析を行うことが可能です。



機能
ショートリードデータのRNA-Seq DeNovo Assembly(Trinity・SuperTranscripts)
ロングリードデータのリファレンスフリーのトランスクリプトーム再構築(isONpipeline)
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 ショートリード/ロングリード(STAR・Minimap2)
Bamファイルのクオリティチェック
ショートリードデータのRNA-Seq Transcript定量 リファレンスあり/なし(RSEM・HTSeq)
ロングリードRNAアイソフォームの同定と定量化 リファレンスあり/なし(FLAIR・IsoQuant)
発現比較解析(NOISeq・EdgeR・DESeq2)
遺伝子共発現ネットワーク解析(WGCNA)
経時データの発現解析(MaSigPro)
シングルセルRNA-Seq、Trajectory、細胞種予測 (StarSolo・Seuratv5・Monocle3・SingleR・CellKb)
PacBio Iso-Seq (IsoSeq3・SQANTI3)
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)
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)
ワークフロー(作成、実行、共有)
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
ベン図の作成

Transcriptomics

Meta genomics

共通機能

一部解析にはComputation Unitsが必要な解析が含まれます。
本サービスの仕様は、事前の予告なく変更される場合があります

コマーシャルユーザーの KEGG 利用は、別途 KEGG Add-On のご購入が必要です。

OmicsBox Ver.4.0