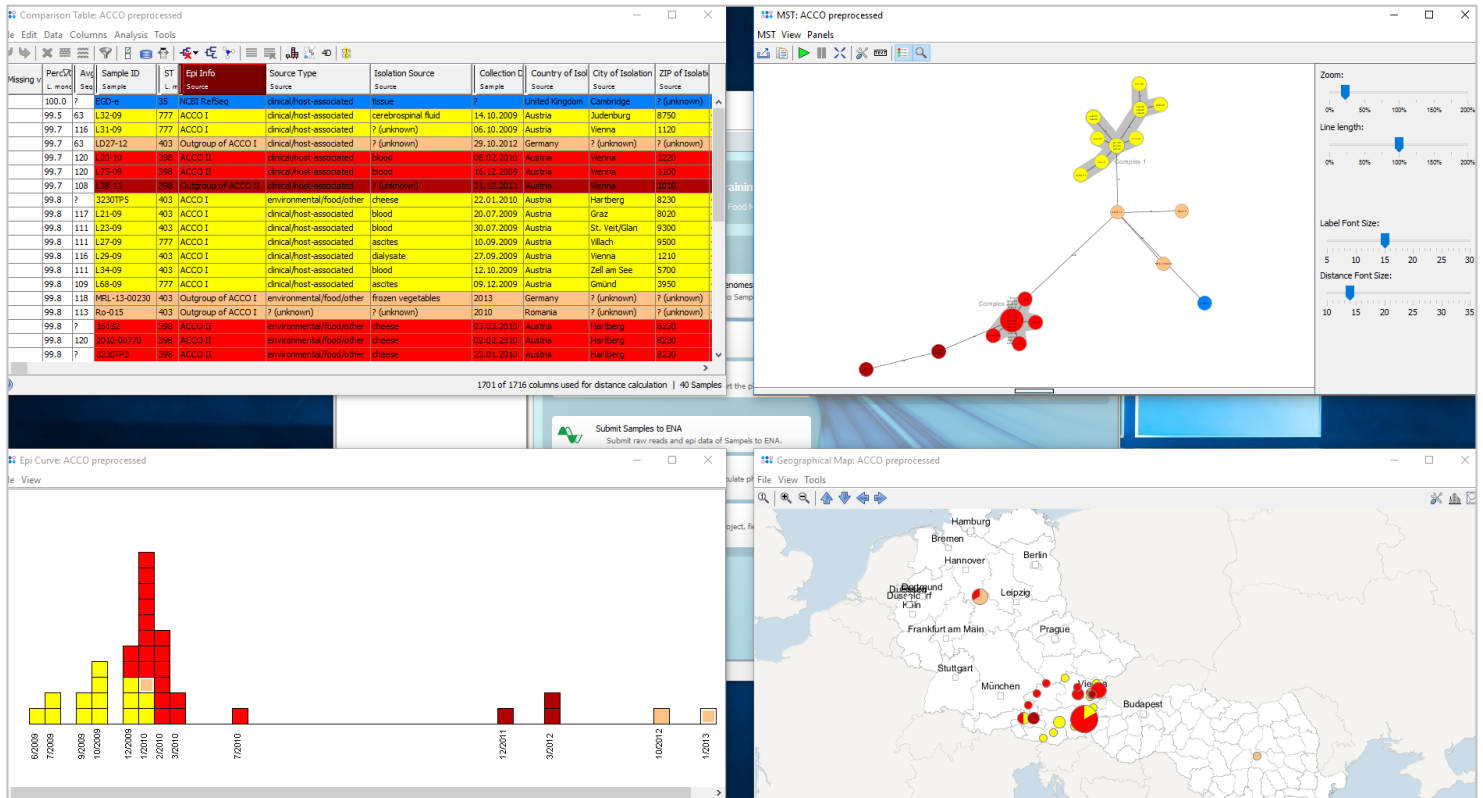


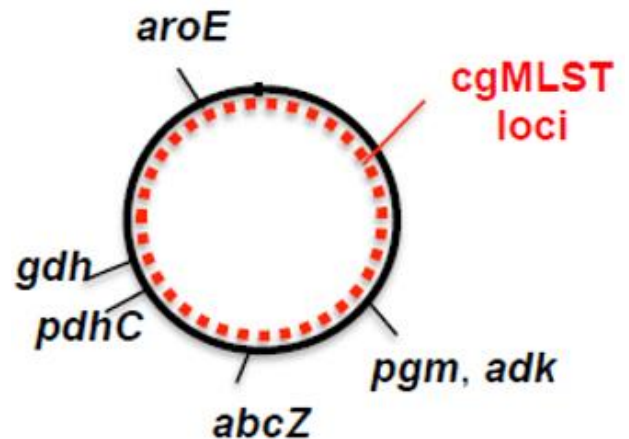
～ 微生物ゲノミクスによるアウトブレイク、薬剤耐性、毒性、リアルタイムサーベイランス調査 ～



Ridom SeqSphere+は、細菌および新型コロナウイルスなどの微生物ゲノム解析用ソフトウェアです。サンガーシーケンサーまたは次世代シーケンサーより得られたDNA配列データを用いて、cgMLST法による病原菌のタイピング、遺伝子型データによる系統樹作成などをサポートし、微生物ゲノム解析による疫学研究を強力にサポートします。

Ridom SeqSphere+ 機能概要

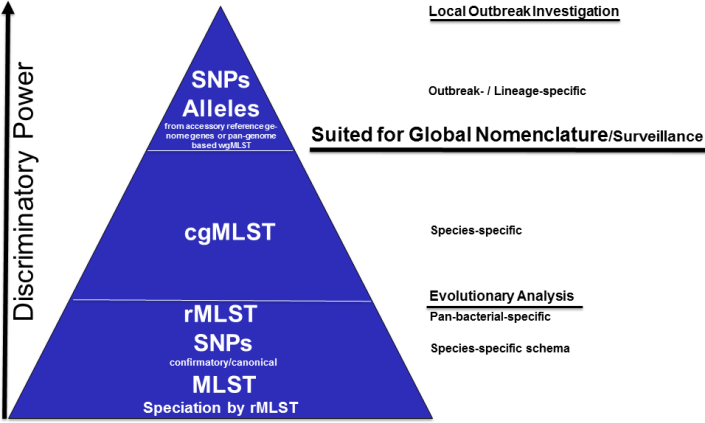
- FASTQファイルのQCチェックとアセンブル・マッピング
- cgMLST法による細菌タイピング
- 新型コロナウイルスの変異株解析
- Minimum Spanning Treeおよび系統樹作成
- 薬剤耐性予測
- 病原性プロファイル解析
- Epi CurveやGeographical Mapの表示



◆ cgMLST法による細菌タイピング

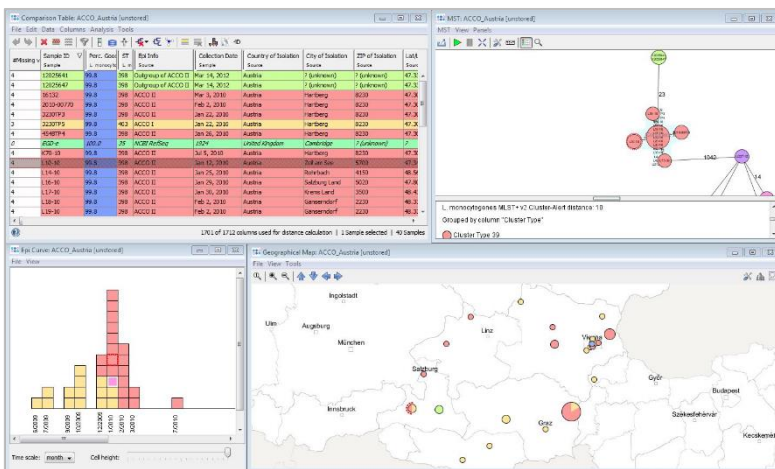
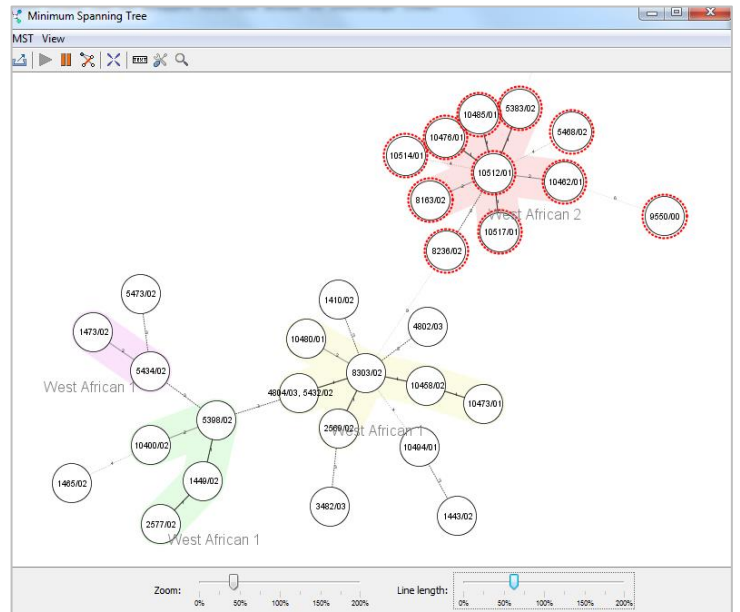
従来、一般的な微生物のタイピング方法として、5~7個のハウスキーピング遺伝子を用いたMulti Locus Sequencing Typing法 (MLST) などが用いられてきましたが、次世代シーケンサーの登場により、菌種内で保存されているゲノムワイドの遺伝子セットであるコアゲノム情報を用いたcore genome MLST法 (cgMLST法) が用いられるようになりました。

Ridom SeqSphere+では、体系的に収集されたcgMLSTスキーマ (cgMLST.org : Nomenclature Server) を用いることで、従来のMLST法より高い識別力で細菌タイピングを行うことが可能です。また、ソフトウェアに組み込まれているシーケンス解析ワークフローと組み合わせることで、多剤耐性菌のルーチン業務としてのサーベイランス調査などに用いることができます。



◆ 細菌の特徴解析

公共データベースまたはcgMLSTの遺伝子型スキーマを利用し、全ゲノムシーケンスにおけるコアゲノムまたはアクセサリゲノムのSNPやアレルタイピング結果より細菌を自動的に分類します。またNCBI AMRFinderを用いた薬剤耐性予測、Virulence Factor Database (VFDB; 医学的に重要な54菌種) による病原性プロファイリング解析に対応し、*E. coli*と*L. monocytogenes*, *Salmonella* (SISTR) の血清型決定も可能です。また、MOB-suiteとMobileElementFinderによるプラスミドの再構築と同定にも対応します。



◆ 多彩な解析ツール

株間の遺伝子型比較テーブル上より、統合された地理情報や epi-curve, Minimum Spanning Tree などの系統樹解析機能を用いて、地理、時間、人間といった様々な種類のデータのグラフ表示が可能です。各グラフはそれぞれがリンクしており、またSVGやEMFといったフォーマットでエクスポートが可能です。ツリーの色やトポロジー、比較テーブル上での選択サンプルなどのスナップショットを保存することもできます。流行株特異的PCRスクリーニングアッセイのデザインのために、グループ特異的SNPの検索なども可能です。

フィルジェン 株式会社

【お問い合わせ】 バイオインフォマティクス部

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

メール : biosupport@filgen.jp URL : https://filgen.jp/

Filgen
biosciences & nanosciences

代理店