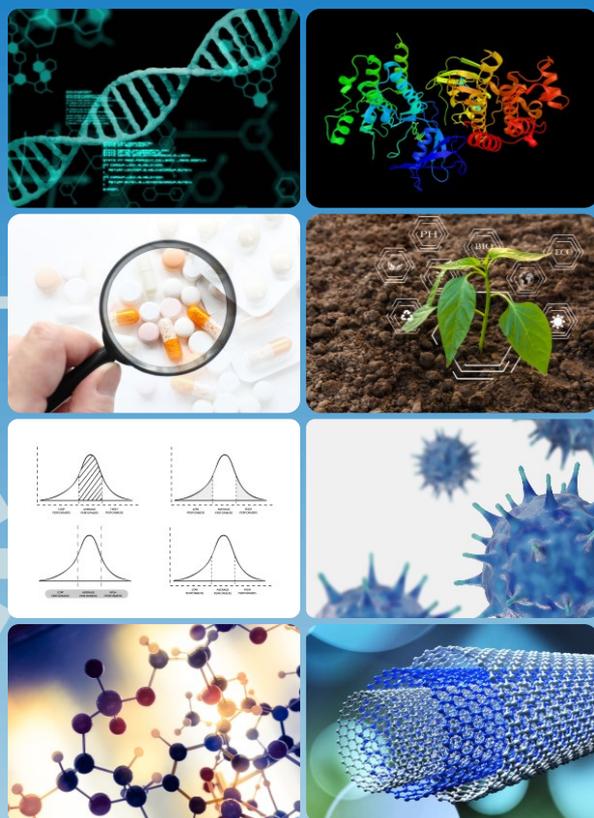


# 研究用ソフトウェア 特集カタログ

- 次世代シーケンサー
- サンガーシーケンサー
- マイクロアレイ
- 質量分析
- フローサイトメトリー
- 核型分析

- デジタルパソロジー
- 機械学習 (ML)
- 分子モデリング
- 薬物動態・薬力学
- ケモインフォマティクス
- マテリアルインフォマティクス



# INDEX

## 次世代シーケンス/サンガーシーケンス/マイクロアレイ

- 03 | **総合NGSデータ解析ソフトウェア** NGSデータ解析ソフトウェアの決定版  
CLC Genomics Workbench/Premium (QIAGEN)
- 04 | **非モデル生物NGS解析ソフトウェア** 農学系研究に適した解析ツール  
OmicsBox (BioBam)
- 05 | **遺伝統計解析ソフトウェア** GWAS研究用の統合プラットフォーム  
SNP & Variation Suite (Golden Helix)
- 06 | **クリニカルシーケンス解析ソフトウェア** 遺伝子バリエーションの臨床的意義評価  
VarSeq® (Golden Helix)
- 07 | **次世代シーケンサー2次解析ソフトウェア** GATK互換の高速遺伝子変異解析パイプライン  
Sentieon Genomics Tools (Sentieon)
- 08 | **微生物ゲノム解析ソフトウェア** 細菌・新型コロナウイルスの分子疫学解析  
Ridom SeqSphere+ (Ridom)
- 09 | **ウイルス/微生物 ジェノタイプングソフトウェア** 生のシーケンスデータからレポート作成  
DeepChek® Software (ABL Diagnostics)
- 10 – 11 | **16S rRNA菌叢解析ソフトウェア / 細菌分離株識別ソフトウェア**  
EzBioCloud-MTP / TrueBac™ ID (CJ Bioscience)
- 12 | **パスウェイ解析ソフトウェア** 遺伝子発現比較データの解釈を手助け  
iPathwayGuide (Advaita)
- 13 | **オミックス解析ソフトウェア** オミックスデータから重要な遺伝子を抽出  
Omics Playground (BigOmics Analytics)
- 14 | **オミックス解析ソフトウェア** オミックスデータの可視化と分類  
Qlucore Omics Explorer (Qlucore)
- 15 | **シングルセルRNA-Seq解析ソフトウェア** コーディング経験のない科学者向けに設計  
BBrowserX (BioTuring)
- 16 | **空間オミックス解析ソフトウェア** 複数スライドデータを1か所に  
BioTuring Lens(Bulk・SC) (BioTuring)
- 17 | **シングルセル研究公共データ解析ソフトウェア** 広範囲にキュレーションされたデータベース  
Talk2Data (BioTuring)
- 18 | **細胞種マーカーデータベース** 多彩な生物種、組織に対応  
CellKb (Combinatics)
- 19 | **抗体配列解析ソフトウェア** 抗体配列の探索とB細胞免疫レパトア解析に  
Antibody-Extractor™ (AbnomX)

## 質量分析

- 20 | **DIAプロテオミクス解析ソフトウェア** DIAプロテオミクスのゴールドスタンダード  
Spectronaut® (Biognosys)
- 21 | **ターゲットプロテオミクス解析ソフトウェア** MRM、PRM、SureQuantを容易に解析  
SpectroDive™ (Biognosys)
- 22 | **DDAプロテオミクス解析ソフトウェア** アイソバリックラベリング実験の定量解析  
SpectroMine™ (Biognosys)
- 23 – 24 | **バイオ医薬品特性解析ソフトウェア / エンタープライズプラットフォーム**  
Byos™ / Byosphere™ (プロテインメトリックス)

- 25 | **ペプチド修飾同定ソフトウェア**  
Byonic™ (プロテインメトリックス)
- 26 | **GC-MS / GCxGC-MSデータ解析ソフトウェア** スペクトルの差分比較  
GC-Analyzer™ / GCxGC-Analyzer™ (MsMetrix)
- 27 | **メタボロミクス・定量プロテオミクス解析ソフトウェア** GC-MS / LC-MSデータに対応  
MsXelerator™ (MsMetrix)
- 28 | **MALDI-TOF MS ・ FTIR データ解析ソフトウェア** 予測モデルの構築で微生物菌株を識別  
CLOVER MS Data Analysis Software (Clover Bioanalytical Software)

## フローサイトメトリー

- 29 | **フローサイトメトリー解析ソフトウェア** パワーポイントやエクセルと同じインターフェイス  
FCS Express (De Novo Software)

## 核型分析

- 30 | **核型分析ソフトウェア** 染色体像からカリオグラム作成  
SmartType (Digital Scientific UK)

## デジタルパソロジー

- 31 | **デジタルパソロジーイメージ管理ソリューション**  
PIMS (Pathomation)

## 機械学習 (ML)

- 32 | **ライフサイエンス機械学習プラットフォーム** バイオマーカー発見の効率化  
JADBio AutoML (JADBio)

## 分子モデリング

- 33 | **分子モデリングプラットフォーム** 生物学向けアプリケーションを多数搭載したモデリングツール  
SAMSON connect (OneAngstrom)

## 薬物動態・薬力学

- 34 | **薬物動態解析ソフトウェア** 医薬品開発におけるPK/PD解析をサポート  
PKMP (APL)

## ケモインフォマティクス

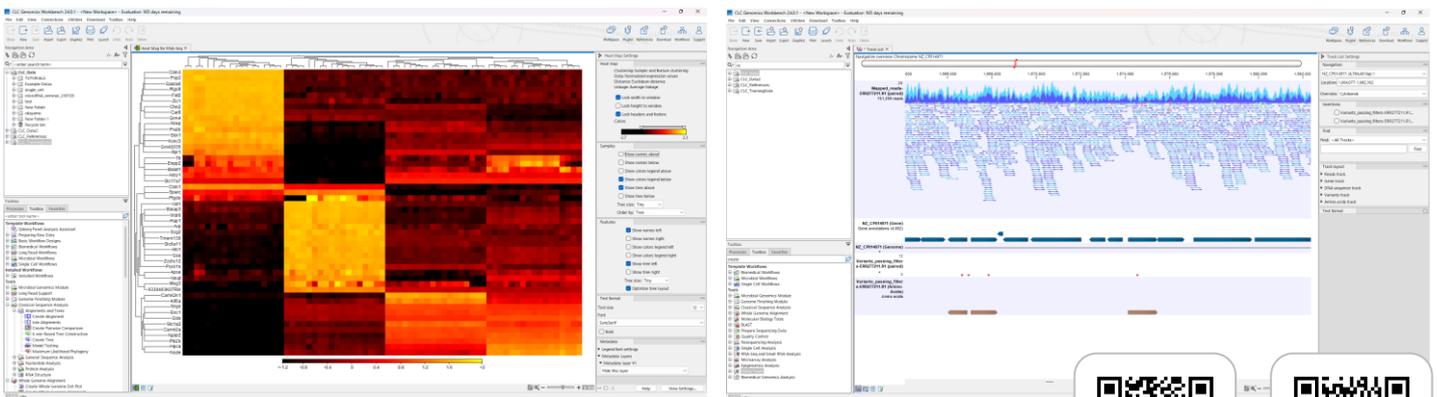
- 35 | **リード化合物発見・最適化ソフトウェア** AIを活用したリードディスカバリー  
SYNSPACE (ChemPass)
- 36 | **変異原性リスク評価プラットフォーム** Read-acrossによる毒性予測  
Detoxie for ICH M7® (InsilicAll)

## マテリアルインフォマティクス

- 37 | **分子モデリングプラットフォーム** 様々なシミュレーションが可能なモデリングツール  
SAMSON connect (OneAngstrom)
- 38 | **スペクトルデータ解析ソフトウェア** 様々なスペクトルデータを横断的に解析  
Peak® (Operant)

## NGSデータ解析ソフトウェアの決定版

# CLC Genomics Workbench CLC Genomics Workbench Premium



HP



個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 》》》 オールインワンのNGSデータ解析ソフトウェア

CLC Genomics WorkbenchにはNGSデータ解析用のさまざまなアプリケーションが搭載されており、リードのQCチェックやトリミングから、変異解析、RNA-seq解析、エピゲノム解析、de novoシーケンス解析などを実行できます。また、Premium版では、上記機能に加えて、菌叢解析、ゲノムフィニッシング解析、シングルセル解析、超高速変異解析用のアプリケーションもご利用いただけます。

- QCチェック
- トリミング
- 遺伝子変異解析
- RNA-seq解析
- small RNA-seq解析
- ChIP-seq解析
- バイサルファイトシーケンス解析
- de novo アセンブリ
- 各種グラフ作成
- ロングリード解析

#### 》》》 バッチ処理とワークフローによる大量検体処理

CLC Genomics Workbenchでは、バッチ機能を利用することで、複数のサンプルに対して同じ処理を繰り返し適用することができるため、大量のデータを効率的に処理することができます。また、ルーチンで行う一連の処理をワークフローとして登録することで、ルーチンの手間を省くことができます。

- 菌叢解析
  - ゲノムフィニッシング解析
  - シングルセル解析
  - 超高速変異解析
- (赤字はPremium限定機能)

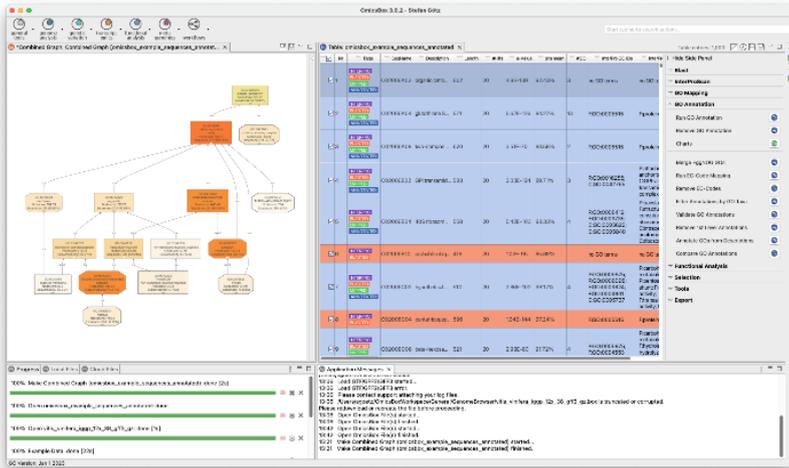
対応生物種	制限なし
対応ファイル	FASTQ(.fq, .fastq) など
インターネット接続	一部必要 (インストールやデータベースのダウンロード時のみ)
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有 (14日間のデモライセンス)
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input checked="" type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input checked="" type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

- OmicsBox (4ページ)

農学系研究に適した解析ツールを多数搭載

## OmicsBox



HP



動画で紹介



個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 》》》多くの科学研究引用実績のあるツールを簡単に

実績は高いがコマンドライン型であったりOSに制限があるオープンソースソフトウェアを多数組み込み、マウス操作で簡単に解析できるようにしたのがOmicsBoxの特長の1つです。特に機能アノテーションは、BioBam独自のアルゴリズムで7000件以上の研究引用実績があります。

- 高速BLAST解析
- 機能情報アノテーション
- RNA-Seq解析 (ショートリード・ロングリード)
- de novo トランスクリプトームの特性評価
- 発現値比較とパスウェイ解析
- シングルセルRNA-Seq解析

#### 》》》高価な解析PCを必要としない

OmicsBoxの解析や計算は、統合されたウェブサイトやBioBam社のクラウドを通して行われるため、安定したインターネット接続があれば解析が可能です。BioBamは情報セキュリティとプライバシーに関するISO 27001認証を取得しています。

- DNA-Seq de novoアセンブリ (ショートリード・ロングリード)
- 真核/原核生物の遺伝子位置予測
- 遺伝子変異解析
- ゲノムワイド関連解析 (GWAS)
- 16S・WGS菌叢解析
- 全ゲノムメタゲノム解析

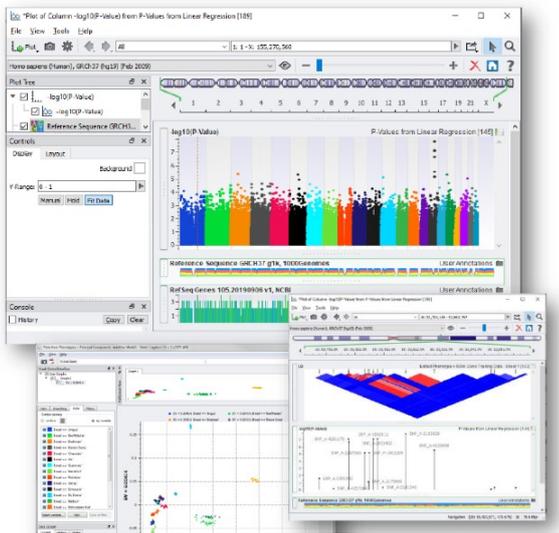
対応生物種	制限なし リファレンスやアノテーション情報が不足している生物種にも対応
対応ファイル	FASTQ(.fastq)、FASTA(.fasta)など
インターネット接続	必要
インストールの有無	有 (データはクラウドにて計算され、解析結果はローカルPCにて保存)
デモライセンスの有無	有 (7日間のデモライセンス)
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

- CLC Genomics Workbench/Premium (3ページ)

## GWAS研究用の統合プラットフォーム

# SNP & Variation Suite



HP      動画で紹介      個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### ゲノムデータの統合解析

SNP & Variation Suiteは、次世代シーケンサーやSNP/CNVマイクロアレイより得られた膨大な遺伝子型データを管理・分析・可視化することを目的に開発された、ゲノムデータの統合解析ソフトウェアです。多検体の遺伝子型データと表現型の関連を調べるGWASや、家畜の遺伝的能力の評価などを、統一されたプラットフォームで実行することができます。

- ゲノムワイド関連解析 (GWAS)
- 線形混合モデルおよびゲノミック予測
- 連鎖不平衡ハプロタイプ解析
- メタアナリシス

- ジェノタイプインプテーション
- ポリジェニックリスクスコア
- NGS変異データのレアバリエント関連解析
- コピー数 (CNV) 解析

- RNA-Seq遺伝子発現解析
- アノテーションデータのダウンロード
- ゲノムブラウザおよびグラフ表示機能

#### ゲノムワイド関連解析 (GWAS)

SNP & Variation Suiteでは、SNPなどの遺伝子型データとサンプルの表現型データを利用し、ゲノムワイド関連解析 (GWAS) を実行することが可能です。SNP call rateやハーディー・ワインベルグ平衡などによるクオリティチェックはもちろん、主成分分析 (PCA) による集団の階層化補正やジェノタイプインプテーション、ポリジェニックリスクなどの高度な解析アルゴリズムも搭載しています。解析結果はマンハッタンプロットなど様々なグラフ形式で可視化させることができます。

対応生物種	ヒトなど30種類以上
対応ファイル	テキストファイル、Excelファイル、Affymetrix CHPファイル、Illumina Final Report Textファイル、Plinkファイル、VCFファイルなど
インターネット接続	一部必要 (インストールやデータベースのダウンロード時のみ)
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有 (14日間のデモライセンス)
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input checked="" type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

- VarSeq® (6ページ)
- Sentieon Genomics Tools (7ページ)

## 遺伝子バリエーションの臨床的意義評価

# VarSeq®

The screenshot displays the VarSeq software interface. On the left, there's a 'Filter Variants' panel with various filters like 'Read Depths (DP) (Current) >= 100' and 'Allele Freq (AF) < 0.01 OR missing'. The main area shows a genomic browser view for 'Homo sapiens (Human), GRCh37 (hg19) (2 009)' with a reference sequence and a pile-up plot. Below that is a table of variants for 'HD200-rep1'. On the right, the 'ACMG Criteria Recommendations' section is visible, showing a 'Scoring System' and 'ACMG Variant Classification (Richards et al. 2015)'. It lists recommended criteria (PM2, PM1, PP2, PP3, PS1, PM5) and their descriptions. A 'Probability of Pathogenic given Scored Criteria' bar chart shows a probability of 88.7% for a 'Pathogenic' classification. Three QR codes are shown at the bottom right, labeled 'HP', '動画で紹介' (introduced in video), and '個別カタログ' (individual catalog).

## 主な機能・解析条件

### クリニカルシーケンスにおけるバリエーション解析

VarSeq®は、次世代シーケンサーで検出されたヒト臨床検体の遺伝子バリエーションデータの解析に用いるソフトウェアです。全ゲノムや全エクソーム、遺伝子パネル解析などより得られたバリエーションデータを用いて、アノテーション付けやフィルタリング、さらにサンプル間の比較などを行い、膨大なデータの中から、生物学的に重要なバリエーションを高速に探し出すことが可能です。

- 一般集団アレル頻度、疾患情報などの臨床データベース、In silico予測アルゴリズムなどを用いたアノテーション付け
- フィルタリングワークフロー作成
- トリオ解析、カバレッジ計算などの解析アルゴリズムの実行
- ゲノムブラウザーによるVCF、BAMファイルなどの各種データの可視化

### バリエーションの臨床的意義の評価

VarSeq®では、別途有償のアドオンVSClinicalを追加することにより、バリエーションの臨床的意義を自動で評価することが可能です。ACMGガイドラインに基づきバリエーションの病原性をPathogenic、Benign、VUSなどの5段階に分類して評価したり、治療薬の有効性などに基づいたエビデンスレベルを用いて、各種バイオマーカーをAMPガイドラインに基づいて分類・評価します。評価結果はレポート出力が可能で、出典論文のリストなども含めることができます。

対応生物種	ヒト
対応ファイル	VCFファイル(.vcf)
インターネット接続	一部必要（インストールやデータベースのダウンロード時のみ）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有（14日間のデモライセンス）
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

## 関連製品

- SNP & Variation Suite（5ページ）
- Sentieon Genomics Tools（7ページ）

## GATK互換の高速遺伝子変異解析パイプライン

# Sentieon Genomics Tools

**-mathematical methods**

-Same mathematical models as the Broad Institute

**-compute algorithms**

-more efficient compute algorithms

**-software implementation**

-Enterprise strength software implementation

$$\frac{\partial}{\partial \theta} \log L(\theta) = \frac{\partial}{\partial \theta} \sum_{i=1}^n \log p(y_i | x_i, \theta) = \sum_{i=1}^n \frac{1}{p(y_i | x_i, \theta)} \frac{\partial p(y_i | x_i, \theta)}{\partial \theta} = \sum_{i=1}^n \frac{y_i - \mu_i}{\sigma^2}$$

$$0 = \sum_{i=1}^n \frac{y_i - \mu_i}{\sigma^2} = \sum_{i=1}^n \frac{y_i - \beta_0 - \beta_1 x_i}{\sigma^2} = \frac{1}{\sigma^2} \sum_{i=1}^n (y_i - \beta_0 - \beta_1 x_i) = 0$$

$$\sum_{i=1}^n (y_i - \beta_0 - \beta_1 x_i) = 0 \Rightarrow \sum_{i=1}^n y_i - n\beta_0 - \beta_1 \sum_{i=1}^n x_i = 0 \Rightarrow \sum_{i=1}^n y_i = n\beta_0 + \beta_1 \sum_{i=1}^n x_i$$

$$\sum_{i=1}^n (y_i - \beta_0 - \beta_1 x_i)^2 = \sum_{i=1}^n (y_i - \beta_0 - \beta_1 x_i)(y_i - \beta_0 - \beta_1 x_i) = \sum_{i=1}^n (y_i^2 - 2y_i\beta_0 - 2y_i\beta_1 x_i + \beta_0^2 + 2\beta_0\beta_1 x_i + \beta_1^2 x_i^2)$$

$$= \sum_{i=1}^n y_i^2 - 2\beta_0 \sum_{i=1}^n y_i - 2\beta_1 \sum_{i=1}^n y_i x_i + n\beta_0^2 + 2\beta_0\beta_1 \sum_{i=1}^n x_i + \beta_1^2 \sum_{i=1}^n x_i^2$$

$$= \sum_{i=1}^n y_i^2 - 2\beta_0 \sum_{i=1}^n y_i - 2\beta_1 \sum_{i=1}^n y_i x_i + n\beta_0^2 + 2\beta_0\beta_1 \sum_{i=1}^n x_i + \beta_1^2 \sum_{i=1}^n x_i^2$$

```
1 /* This line basically imports the "stdio" header file, part of
2  * the standard library. It provides input and output functional
3  * to the program.
4  */
5 #include <stdio.h>
6
7 /*
8  * Function (method) declaration. This outputs "Hello, world" to
9  * standard output when invoked.
10 */
11 void sayHello() {
12     // printf() in C outputs the specified text (with optional
13     // formatting options) when invoked.
14     printf("Hello, world!");
15 }
16
17 /*
18  * This is a "main function". The compiled program will run the
19  * defined here.
20 */
21 void main() {
22     // Invoke the sayHello()
23     sayHello();
24 }
```



HP



個別カタログ

## 主な機能・解析条件

### 》》》 遺伝子変異解析を高速に実行

Sentieon Genomics Toolsは、次世代シーケンサーの遺伝子変異解析における2次解析用のソフトウェアです。遺伝子変異解析のゴールドスタンダードであるBWA-GATK、および体細胞変異検出用のMuTect、MuTect2を高速化したパイプラインが使用可能です。いずれのパイプラインも、一般的なCPUベースのシステムで動作し、また10倍以上の高速化を実現しています。

- FASTQファイルからBAM、VCFファイル作成を高速で実行
- GATKと同じ結果を、より高速に得ることが可能
- コマンドライン型インターフェースによる複数データの一括処理や、ユーザー独自の解析パイプライン構築も可能
- PacBio HiFiリードや、集団サンプルのためのJoint callingにも対応

### 》》》 目的に応じた様々なパイプライン

Sentieon Genomics Toolsは、BWA-GATK HaplotypeCaller Best Practice互換のSentieon DNaseq、機械学習モデルによりSentieon DNaseqより高精度な解析が可能なSentieon DNAscope、体細胞変異検出用パイプラインMuTect、MuTect2互換のSentieon TNseq、Sentieon TNseqより高い感度と特異度での解析が可能なSentieon TNscopeの4種類のパイプラインが使用可能です。

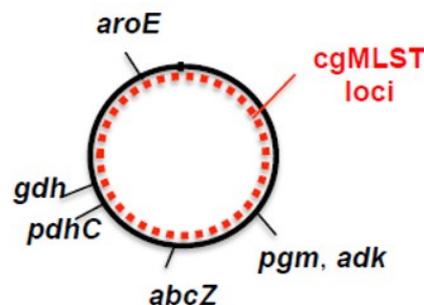
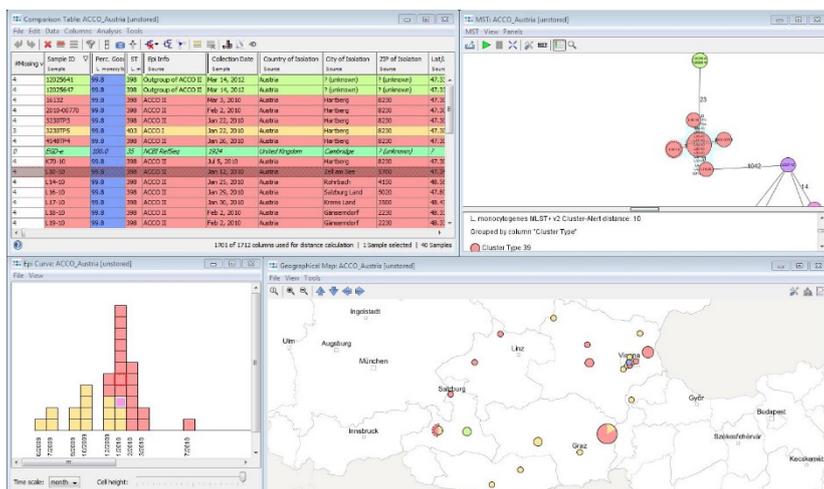
対応生物種	制限なし
対応ファイル	FASTQ(.fastq)
インターネット接続	必要
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	無
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

## 関連製品

- SNP & Variation Suite (5ページ)
- VarSeq® (6ページ)

## 細菌・新型コロナウイルスの分子疫学解析

# Ridom SeqSphere+



HP



動画で紹介



個別カタログ

## 主な機能・解析条件

### 微生物ゲノムのバイオインフォマティクス解析

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ソフトウェアです。次世代シーケンサーやサンガー法シーケンサーより得られたDNA配列データを用いて、アセンブルやマッピングといった基本的なデータ解析に加え、cgMLST法による病原菌のタイピングや新型コロナウイルスの変異株同定、遺伝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サポートします。

- 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

### 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MLST法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、生物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スキームを用いることで、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。

- 薬剤耐性・病原性プロファイル解析
- プラスミド再構築と同定
- Epi CurveやGeographical Mapの表示
- オックスフォード・ナノポアシーケンスのアセンブル

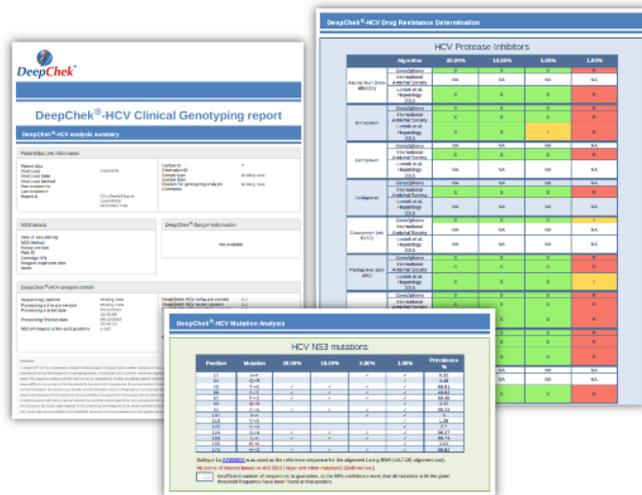
対応生物種	180種類以上の細菌および新型コロナウイルス
対応ファイル	FASTQ(.fastq)、FASTA(.fasta)
インターネット接続	必要
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有 (30日間のデモライセンス)
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input checked="" type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

## 関連製品

- TrueBac™ ID (11ページ)
- CLOVER MS Data Analysis Software (28ページ)

NGSデータからただちに薬剤耐性レポート作成

## DeepChek<sup>®</sup> Software



HP



動画で紹介



個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### NGSデータを用いたウイルスゲノム解析

DeepChek<sup>®</sup> Softwareは、NGSデータから簡単にウイルスゲノムの解析、およびクリニックレポートの作成を実行できるWebベースのアプリケーションです。HIVやHCVをはじめとする計7種類のウイルスに対応したモジュールが用意されており、様々なウイルスの研究にご使用いただけます。また、クラウドを利用して解析を行うため、ご自身でハイスペックなコンピュータをご用意いただく必要はございません。

- サブタイピング
- アミノ酸変異検出
- APOBEC由来変異検出
- コンセンサス配列抽出

#### ライブラリー調製キットとシームレスに連携可能

DeepChek<sup>®</sup> Softwareとシームレスに連携可能なライブラリー調整キットも弊社から販売しております。こちらのライブラリー調製キットを使用すると複数の病原体のジェノタイピングを同一のNGSランで実施することが可能です。

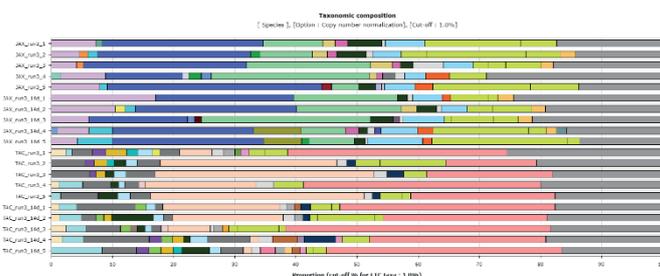
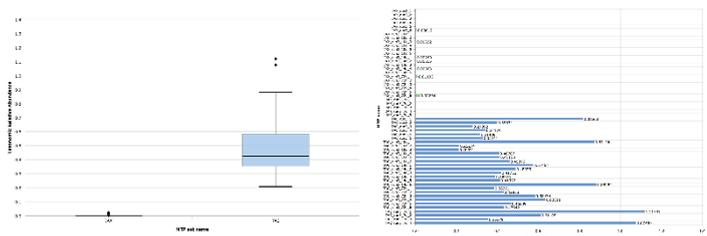
- ヌクレオチド変異検出
- 薬剤耐性変異解析
- 向性決定
- レポート作成

対応生物種	HIV、HCV、HBV、HDV、HPV、CMV、HSV、CoV2、TB
対応ファイル	FASTQ(.fq, .fastq)、BAM(.bam)、SAM(.sam)、FASTA(.fasta)、AB1(.ab1)
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	有
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input checked="" type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

サンプルデータのアップロードだけで簡単解析

## EzBioCloud-MTP

Team name	Team rank	Team	LSA effect size	p-value	p-value (FDR)	AUC	TAC
FA1	1	Bacteria: Actinobacteria: Coriobacteriia: Coriobacteriales: Coriobacteriaceae	2.49477	0.00000	0.00000	0.92079	0.00000
FA1	2	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae	2.02981	0.00000	0.00000	0.90443	0.00000
FA1	3	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae	2.00020	0.00000	0.00000	0.92702	0.00000
FA1	4	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Lachnospiraceae	2.03741	0.00000	0.00000	0.92970	0.00000
FA1	5	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Clostridiaceae	2.21471	0.00000	0.00000	0.93960	0.00000
FA1	6	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: PAC02746_g	2.00075	0.00000	0.00000	0.93260	0.00000
FA1	7	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Phloia	2.03092	0.00000	0.00000	0.93400	0.00000
FA1	8	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Lachnospiraceae: PAC02745_g	2.24405	0.00000	0.00000	0.94000	0.00000



HP



動画で紹介



個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 種々の識別が可能で優れたデータベース

菌叢解析では、メーカー独自のデータベースEzBioCloudが使用されます。EzBioCloudは22,000人以上のユーザーが50カ国以上で利用されており、最新かつ正確な16Sデータベースで種レベル分類に最適化しています。

- 多彩な菌種組成データ結果の表示
- サンプル間のデータ比較

#### パイプライン化された解析

初めてでも簡単に操作でき、一般的なバーチャートの他、各種QCデータのボックスプロット、デンドログラムなどの、多彩なグラフや菌種の詳細が閲覧できます。さらに、Kruskal-Wallis H検定およびLEfSe分析に基づいてグループを簡単に比較し、バイオマーカーを発見できます。

- バイオマーカー発見
- 公共データとの比較

対応生物種	制限なし 生体試料や環境試料
対応ファイル	16S rRNA由来のFASTQ(.fastq)、FASTA(.fasta)、PacBio CCSデータ(.fastq, .fasta)
インターネット接続	必要
インストールの有無	無 (クラウド型のため不要)
デモライセンスの有無	有 (30日間、20サンプルのデモライセンス)
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

- CLC Genomics Workbench/Premium (3ページ)
- OmicsBox (4ページ)

独自のデータベースで精度の高い種の識別

## TrueBac™ ID

### Detailed result of TrueBac™ ID - Genome

Sample name: GCA\_000152645.1  
 Identified as: *Sulfitobacter pontiacus*  
 Decision: CORRECT

Hits per page 20 ↓

Rank	Hit taxon	ANI (%)	16S Similarity (%)	ANI Coverage (%)	Hit taxonomy
1	<a href="#">Sulfitobacter pontiacus</a>	97.37	100.00	85.08	Bacteria;Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Sulfitobacter
2	<a href="#">Sulfitobacter litoralis</a>	88.35	98.63	71.11	Bacteria;Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Sulfitobacter
3	<a href="#">Sulfitobacter delicatus</a>	84.87	96.89	12.66	Bacteria;Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Sulfitobacter
4	<a href="#">Sulfitobacter dubius</a>	84.16	97.32	12.98	Bacteria;Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacteraceae;Sulfitobacter
5	<a href="#">DS999215_s</a> 	83.79	98.34	25.85	Bacteria;Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacter
6	<a href="#">Sulfitobacter marinus</a>	83.77	98.84	22.35	Bacteria;Proteobacteria;Alphaproteobacteria;Rhodobacterales;Rhodobacter



HP

## 主な機能・解析条件

### 》》2つの製品をラインナップ

NGSより出力される全ゲノムデータを使用し識別するTrueBac™ ID - Genome、サンガーシーケンサーより出力される16S rRNA配列を使用し識別するTrueBac™ ID - 16Sの2つの製品をラインナップしています。ファイルをインポートするだけで自動的に解析が行われ結果にスムーズにアクセスできます。

- 細菌または古細菌の識別

### 》》厳格に検証されたデータベース

TrueBac DBは、CJ Bioscience社の独自のデータベースで、厳格な品質管理の対象とされ、手作業でキュレーションされ、分類学的に検証された配列が登録されています。そのため、細菌種をほぼ完璧な精度で識別することが可能です。多くの臨床および環境微生物学研究室、ならびに品質管理が極めて重要であるバイオテクノロジーおよび医薬品/食品加工分野など、同定作業をルーティンとした研究施設で導入することで、高精度、時間短縮に貢献します。

- AMR遺伝子プロファイル、病原性因子プロファイルの表示  
 \*TrueBac™ ID - Genome限定機能

対応生物種	細菌または古細菌
対応ファイル	FASTQ(.fastq)、FASTA(.fasta)
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	有
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input checked="" type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

## 関連製品

- Ridom SeqSphere+（8ページ）
- CLOVER MS Data Analysis Software（28ページ）

遺伝子発現比較データの解釈を手助け

## iPathwayGuide



### 主な機能・解析条件

#### 少ない偽陽性結果

iPathwayGuide は、すべてのパスウェイ上の遺伝子間のタイプ、機能、および相互作用を分析に含める唯一のパスウェイ解析ツールです。独自の「Impact Analysis」は、Over Representation Analysisと摂動分析の2つの形式に基づいて、重大な影響を受けたパスウェイをすばやく特定します。

- パスウェイ解析
- 文献へのアクセス
- Gene Ontology解析
- 上流の調節因子の予測分析

#### 優れた解析と共有機能

検出された遺伝子に関する最新の論文情報にアクセスできるため、関連する文献を調べる必要なく、迅速に研究を進めることに役立ちます。さらに、iPathwayGuideの結果はライセンスを持っていないユーザーにも共有することができます。

- miRNA予測分析
- 疾患解析
- ネットワーク図構築
- メタ分析

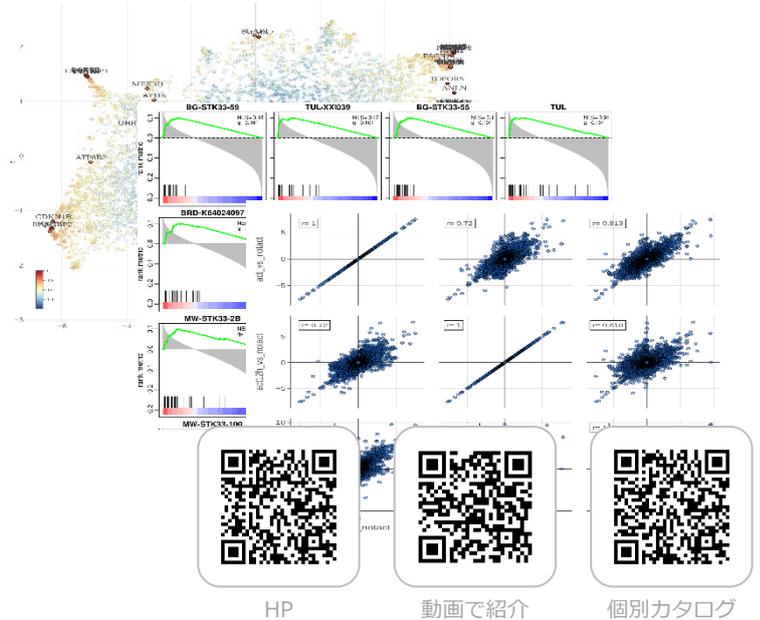
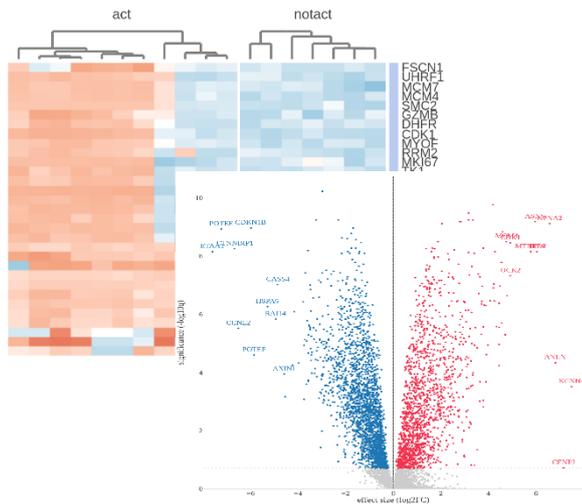
対応生物種	ヒト、マウス、ラット
対応ファイル	gene symbol, log2FC, p-valueを含むタブ区切りテキストファイル(.tab, .tax, .tsv)
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	無（メーカーが用意した、デモ用の実験データの閲覧が可能）
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input checked="" type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

- OmicsPlayground (13ページ)

オミックスデータから重要な遺伝子を抽出

## Omics Playground



### 主な機能・解析条件

#### 》》各種オミックスデータからさまざまなプロットを作成

Omics Playgroundは、マイクロアレイ、RNA-Seq、プロテオミクスの各種オミックスデータに対応しています。マトリクス形式のデータをアップロードするだけで、ただちに100以上の高品質なプロットを作成し、重要な遺伝子や遺伝子セットを浮き彫りにすることが可能です。

- クラスタリング
- ヒートマップ
- ボルケーノプロット
- GSEAプロット
- パスウェイ解析

#### 》》ユーザーどうして結果の共有も可能

Omics Playgroundはクラウドベースのソフトウェアであるため、解析にあたってハイスペックなマシンを必要とせず、解析した結果にどこからでもアクセスが可能という利点があります。また、ユーザーどうして解析結果を共有することも可能です。

- GO解析
- バイオマーカー分析
- ドラッグCmap解析
- 公共データベースとの比較

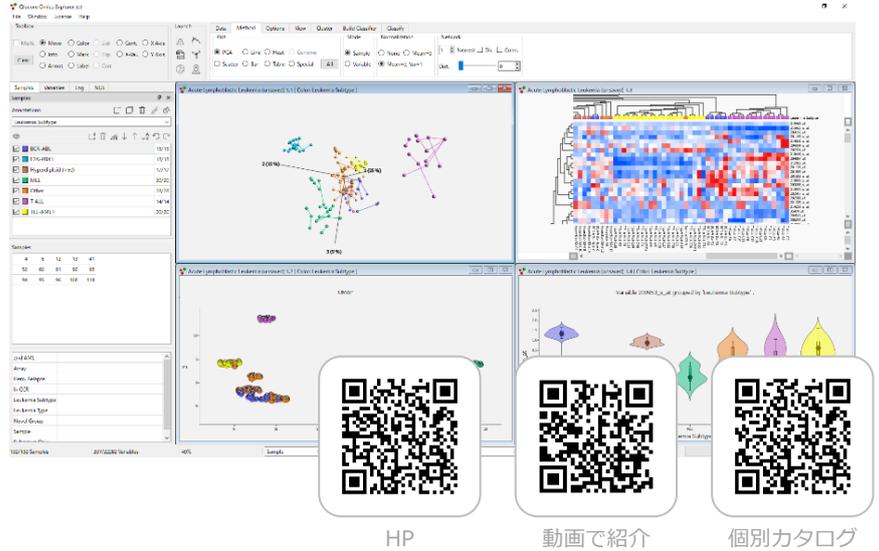
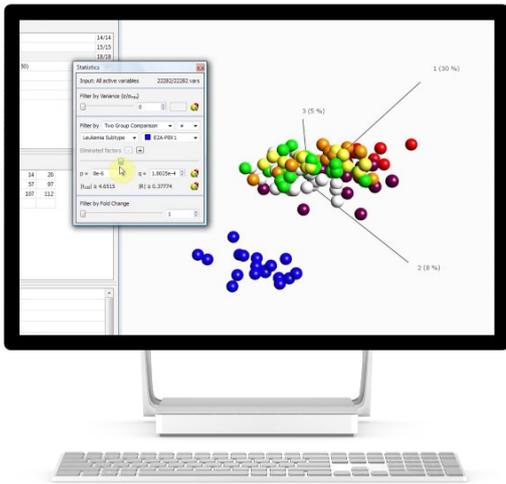
対応生物種	ヒト、マウス、他
対応ファイル	CSV(.csv)
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	有
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input checked="" type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

- iPathwayGuide（12ページ）
- Qlucore Omics Explorer（14ページ）

オミックスデータの可視化と分類に

# Qlucore Omics Explorer



## 主な機能・解析条件

### 》》》オミックスデータを高速解析

Qlucore Omics Explorerは、DNAマイクロアレイやRNA-Seqをはじめとするオミックスデータをよりスピーディーに解析するための次世代型のバイオインフォマティクスソフトウェアです。多様な種類のグラフに対応したデータの可視化、使いやすいユーザーインターフェース、最高水準の統計解析機能によって、様々な視点からのデータの俯瞰や分類に適しています。

- マイクロアレイ、RNA-Seqデータの正規化
- データセット内のノイズフィルタリング
- 様々な統計手法を利用した発現変動遺伝子抽出

### 》》》データの可視化

Qlucore Omics Explorerでは、ヒートマップやボルケーノプロット、ヒストグラム、ボックスプロット、バイオリンプロット、さらにPCA、t-SNE/UMAPプロットなどの充実したグラフ作成機能が備えられています。またプロット上のクラスターを手動でアノテーション付けすることが可能で、データの手動分類や除外などを、ワンクリックの簡単な操作で行うことが可能です。

- ヒートマップやPCA、ボルケーノプロットなどのグラフ表示
- t-SNE / UMAPによるデータ分類
- GSEAによる遺伝子セット解析

対応生物種	制限なし
対応ファイル	テキストファイル、BAMファイル(.bam)、Affymetrix CHPファイル、Affymetrix CELファイル、CellRanger出力ファイルなど
インターネット接続	一部必要（インストールやデータベースのダウンロード時のみ）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有（10日間のデモライセンス）
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input checked="" type="checkbox"/> マイクロアレイ

## 関連製品

- OmicsPlayground（13ページ）
- BBrowserX（15ページ）

コーディング経験のない科学者向けに設計

## BBrowserX



HP

動画で紹介

個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 豊富な細胞種アノテーションの手法をサポート

セルクラスターがどのような細胞種であるかをラベリングするアノテーション工程はシングルセルRNA-Seqでは重要な工程であると同時に、時間を要する解析の1つです。BioTuring社は世界最大級の厳選されたシングルセルデータベースを構築しており、マーカー遺伝子ベースやトレーニングデータセットなど様々な細胞種アノテーションのアプローチをカバーしています。

- 細胞種の自動予測
- Cell search
- Marker genes
- エンリッチメント解析
- Differential expression
- パスウェイ解析
- AUCell enrichment
- Gene query
- Clonotype (TCR または BCR)
- Louvain clustering

#### シームレスな比較と下流分析

特定の条件下における比較や解析は、時にソフトウェアの仕様により困難なケースがあります。本ソフトウェアでは特定のクラスターを抽出し再解析することや、特定の細胞集団を選択して下流分析を開始することが可能です。

- Composition chart
- メタデータ管理
- バッチ効果の補正
- 次元削減プロット
- Pseudotime analysis

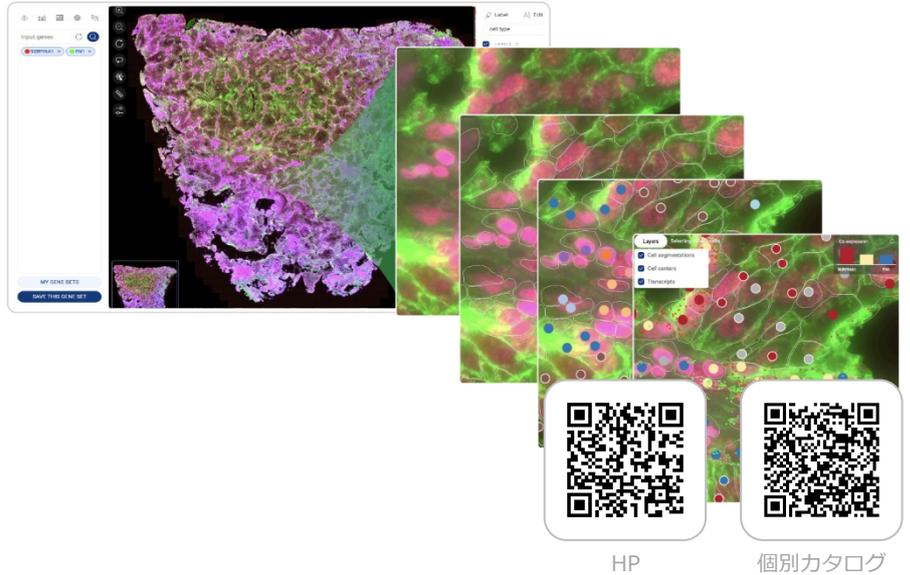
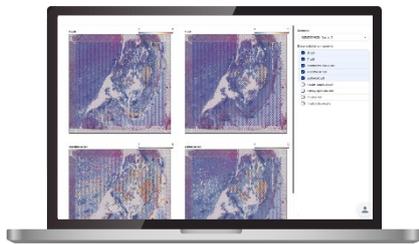
対応生物種	ヒト、マウス
対応ファイル	10X CellRanger の CellRanger マトリックス(features.tsv, barcodes.tsv, matrix.mtx)、h5ファイル、Seurat(.rds)、Scanpy(.h5ad)、TSV/CSV
インターネット接続	必要
インストールの有無	無 (クラウド型のため不要)
デモライセンスの有無	有 (30日間のデモライセンス)
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンズ <input type="checkbox"/> サンガーシーケンズ <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

- BioTuring Lens Bulk・SC (16ページ)
- Talk2Data (17ページ)
- CellKb (18ページ)

直感的なユーザーインターフェイス

## BioTuring Lens

### 主な機能・解析条件

#### 》》プラットフォームに合わせた2製品を展開

GeoMX DSPやVisiumなどのテクノロジーに対応したBioTuring Lens Bulk spatial、XeniumやCosMxなどに対応したBioTuring Lens Single-cell spatialの2製品を展開しています。空間トランスクリプトミクスや空間プロテオミクスデータを読み込み、データを簡単に視覚化および分析することができます。

- Gene query
- Differential gene expression
- 上位に発現する遺伝子の表示
- Composition chart
- AUCell enrichment

- Louvain clustering
- Cell search<sup>\*1,2</sup>
- AI支援による細胞種ラベリング<sup>\*1,2</sup>
- Cell-cell interaction<sup>\*1,2</sup>
- 細胞種デコンボリューション<sup>\*3</sup>

- サブクラスタリング
- エンリッチメント解析<sup>\*1</sup>
- 次元削減プロット

<sup>\*1</sup>空間プロテオミクスデータ非対応 <sup>\*2</sup>Bulk spatialデータ非対応  
<sup>\*3</sup>Visiumデータ専用機能

#### 》》複数スライドデータを1か所に

複数の画像をまとめて解析することで、サンプル横断的な解析が可能です。Bulk spatialではスライドを並べて、Single-cell spatialではスライドを切り替えながら解析できます。さらに1クリックで画像表示から2D Embedded表示に切り替えることでシングルセルデータセットのように1つのデータセット内の異なるスライドを比較することが可能です。

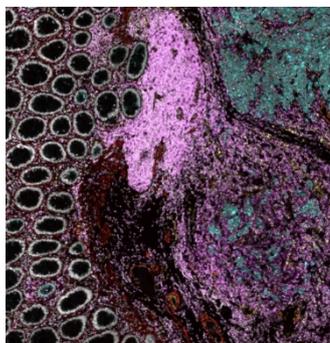
対応生物種	ヒト、マウス
対応ファイル	BioTuring Lens Bulk spatial : GeoMX DSP、Visium Spatial定量済みデータ BioTuring Lens Single-cell spatial : Xenium、CosMx、MERSCOPE、Akoya Biosciences、t-Cycif *フォーマット詳細は弊社までお問合せください。
インターネット接続	必要
インストールの有無	無 (クラウド型のため不要)
デモライセンスの有無	有 (30日間のデモライセンス)
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

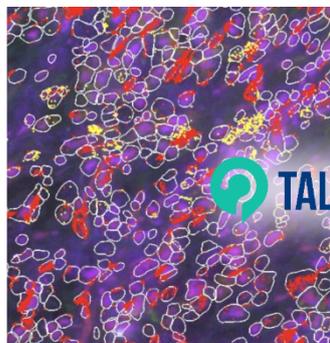
- BBrowserX (15ページ)
- Talk2Data (17ページ)
- CellKb (18ページ)

広範囲にキュレーションされたデータベース

## Talk2Data



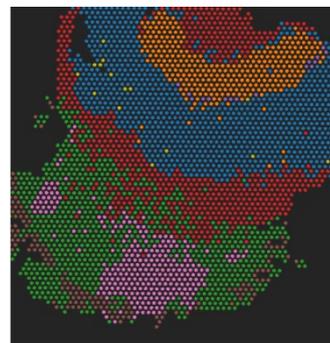
シングルセルRNA-Seq



シングルセル空間トランスクリプトミクス



空間プロテオミクス



バルク空間トランスクリプトミクス



HP



動画で紹介



個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### メーカが収集した公共データの再解析

著者の論文をもとにすでにアノテーション付けされているのでスムーズに解析に移行できます。様々なカテゴリ（Tissue、Conditionなど）や遺伝子発現のパターンからデータセットを探索できます。データセットへアクセスすると、BBrowserXやBioTuring Lens（15、16ページ）と同じようにシングルセルデータセットのリアルタイム分析を可能にします。

- メーカが収集したシングルセル研究データセットの再解析
- データベース内の遺伝子検索

#### 研究データセットの結合

メーカが収集した研究データセットを結合してシングルセルアトラスを作成できます。大規模なアトラスを分析すると特定の条件下で一貫して現れる細胞のサブセットなど、個々のデータセットを分析するときに隠れていたパターンが明らかになる可能性があります。

- データベース内の細胞種検索
- セルアトラス機能

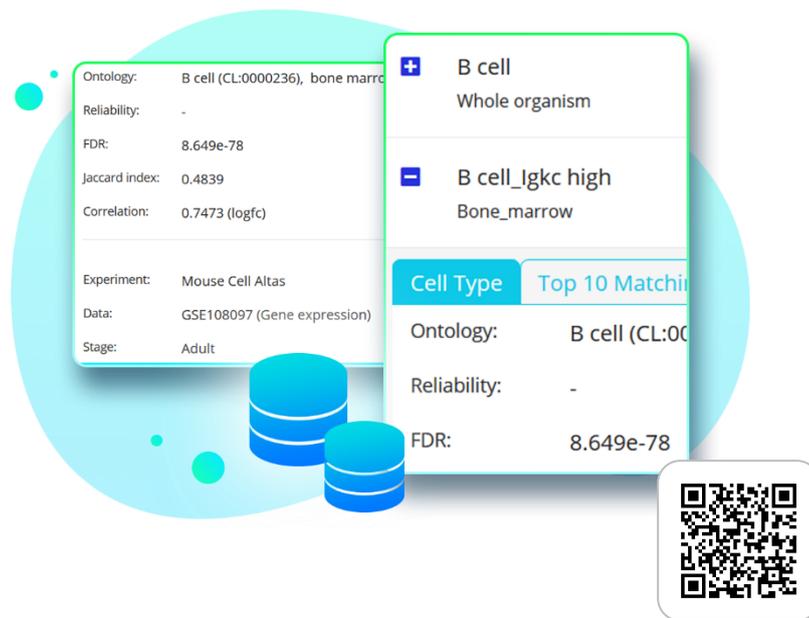
対応生物種	ヒト、マウス
収録されたデータタイプ	シングルセルRNA-Seq、空間トランスクリプトミクス、空間プロテオミクス、バルク空間トランスクリプトミクス
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	有（30日間のデモライセンス）
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンズ <input type="checkbox"/> サンガーシーケンズ <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

### 関連製品

- BBrowserX（15ページ）
- BioTuring Lens Bulk・SC（16ページ）

## 広範な細胞種マーカーデータベース

## CellKb

HP

## 主な機能・解析条件

### 》》高速かつ正確

遺伝子リストをCellKbに入力すると高速計算され、入力された遺伝子リストに細胞種アノテーションが付けられます。また、出版物のリストも表示され、ハイパーリンクからその文献へアクセスすることが可能です。シングルセルRNA-seqおよび空間トランスクリプトームデータの各クラスターがどのような細胞種であるか調べることに役立ちます。

●各遺伝子リストに対する細胞種のアノテーション

### 》》多彩な生物種、組織に対応

2024年6月26日時点で5,797の細胞種と13種の生物種に対応しています。データベースは定期的に更新されるため最新の出版物の細胞種を使用することができます。

●バイオマーカーの発見

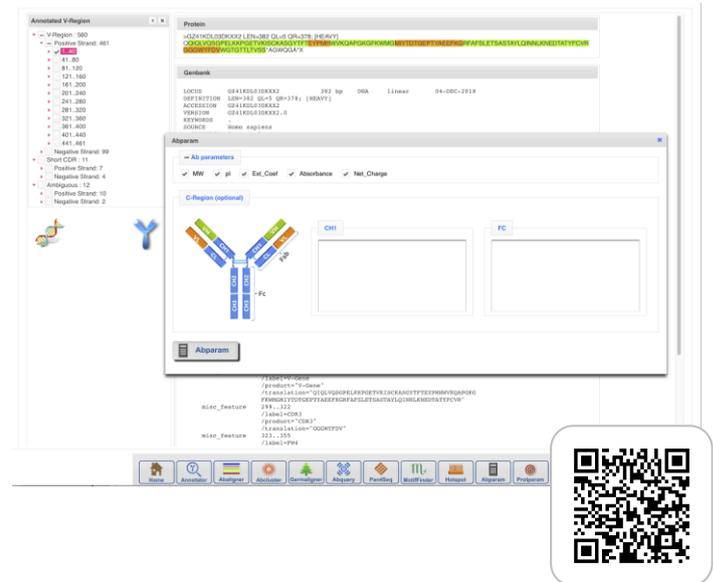
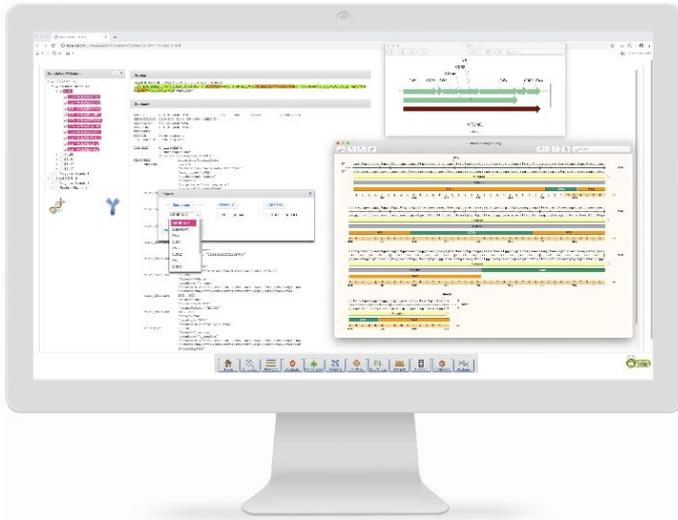
対応生物種	ヒト、マウス、ゼブラフィッシュ、キイロショウジョウバエ、コモンマーモセット、線虫、シロイヌナズナ、イネ など
対応ファイル	タブ区切りテキストファイル形式
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	有
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

## 関連製品

■ OmicsBox（4ページ） ■ BBrowserX（15ページ） ■ BioTuring Lens Bulk・SC（16ページ）

抗体配列の探索とB細胞免疫レパトア解析に

# Antibody-Extractor



HP

## 主な機能・解析条件

### 免疫レパトアデータを知識へ

Antibody-Extractorは、Webベースで動作するin-silicoの抗体配列解析用のプラットフォームです。DNAシーケンサーより得られた塩基配列データ、あるいはアミノ酸配列データを使用し、抗体配列のスクリーニングなどの各種データ解析、また免疫プロファイル解析にも対応します。次世代シーケンサーを用いた大量のデータ処理にも対応し、創薬研究や免疫学研究を強力に促進します。

- DNAまたはタンパク質V領域のアノテーション付け
- 免疫レパトアマイニングと免疫多様性評価
- V領域の3Dマルチプルアライメント
- 生殖細胞系列抗体配列のクラスタリング
- NGSデータセットのマイニングと抗体バリエーションの抽出
- 2つのデータセットを比較した配列グループのエンリッチメント解析

### 抗体配列のスクリーニングと自動アノテーション

レパトアマイニングによるin-vitroマチュレーションや、バイオパニングにおける配列グループのエンリッチメント解析に対応しています。配列のマルチプルアライメントや、ホットスポット上のコドン頻度グラフなども作成可能です。また入力配列データより、CDRやフレームワーク領域といった抗体配列上の機能的部位を自動で同定し、マルチプルアライメントなどの各種解析に使用します。

- 抗体フレームワークとCDRのモチーフ解析
- V領域の変異ホットスポット解析
- プラスミドのV領域in silicoクローニング
- 免疫グロブリンのタンパク質パラメータ計算
- タンパク質パラメータ計算
- DNA配列からの生殖細胞系列遺伝子の抽出

対応生物種	ヒト、マウス、ラット、ニワトリ、ウサギ、ラクダなど
対応ファイル	DNA配列データ、アミノ酸配列データ
インターネット接続	必要
インストールの有無	不要（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	無
対応データ	<input checked="" type="checkbox"/> 次世代シーケンス <input checked="" type="checkbox"/> サンガーシーケンス <input type="checkbox"/> マイクロアレイ

## DIAプロテオミクスのゴールドスタンダード

# Spectronaut®



### 主な機能・解析条件

#### 》》質量分析による最先端のプロテオミクス研究

網羅的なプロテオミクス測定技術であるデータ独立取得 (DIA) は、ディスカバリープロテオミクスにおいて、高深度のカバレッジや優れた再現性、複雑な生物情報をもつ多数のサンプル間の高い正確性を提供します。Spectronaut®はベンダーニュートラルなプロテオミクスソリューションであり、また新しい質量分析装置への対応やパフォーマンスの向上といった絶間ないイノベーションにより、常に最先端のDIAプロテオミクス研究をサポートします。

- ライブラリーベースおよびライブラリーフリーのDIA解析に対応
- タンク質量量から統計解析・グラフ作成などによる生物学的解釈までを単一のアプリケーションで実行可能
- 翻訳後修飾 (PTM) の検出
- イオンモビリティ質量分析をサポート
- Linuxやコマンドラインインターフェースによるバッチ処理に対応

#### 》》ワンストップのDIAプロテオミクスソリューション

Spectronaut®は、一般的なライブラリーベースのDIA解析に加え、ライブラリーフリーのDIA解析 (directDIA) に対応しています。本ソフトウェアには、Biognosys社独自の検索エンジンPulsarが搭載されているため、ライブラリー作成に外部の検索エンジンを必要としません。またデータの可視化や解析結果の統計解析を行うための機能も搭載されており、生データ処理から生物学的解釈の考察までを、単一のプラットフォームで実行することができます。

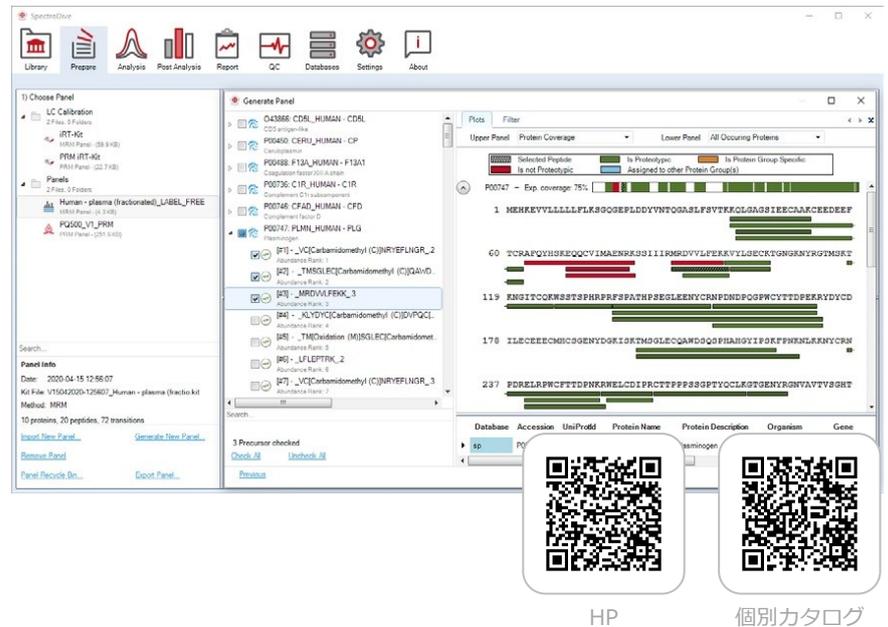
対応生物種	制限なし
対応ファイル	Thermo Rawファイル、Sciex wiffファイル、Bruker Rawファイルなど
インターネット接続	一部必要 (インストールやデータベースのダウンロード時のみ)
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有 (30日間のデモライセンス)

### 関連製品

- SpectroDive™ (21ページ)
- SpectroMine™ (22ページ)

ターゲットプロテオミクスの簡略化のために

## SpectroDive™



HP

個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 完全なターゲットプロテオミクスワークフロー

MRM法やPRM法によるターゲットプロテオミクスは、選択されたタンパク質セットの定量解析を高い選択性と感度、再現性を保ったまま実行することができる、最も有効な解析手法です。SpectroDive™は、様々なMSプラットフォームによるMRM/PRMおよびSureQuant解析に対応し、さらにDDAデータからのライブラリー作成と、データ取得のためのアッセイパネルの構築にも対応します。

- MRM、PRM、SureQuant、さらにMaxQuant.Liveといった、メジャーなプラットフォームのターゲットペプチド取得法をサポート
- パネルの作成からデータ解析まで、ターゲットプロテオミクスのデータ解析ワークフローを完全にサポート
- 強力なピークピッキングアルゴリズムと、正確なFDR解析により、手動によるピークの検証の手間を軽減
- iRTキャリブレーションにより、ターゲットペプチド取得のスケジューリングの最適化を行いながら、メソッドのセットアップが可能

#### 最先端のピークピッキングアルゴリズム

SpectroDive™は、機械学習ベースのピークピッキング機能を使用して、データ内の正しいピークを確実に検出します。これにより、ピーク境界を手動で調整する必要がなくなります。正しいピークが検出されると、ターゲットデコイ法を使用した偽発見率（FDR）解析に基づいて、ターゲットペプチドが自動的に識別されます。SpectroDive™は、解析中にオンザフライでデコイを作成するため、メソッドで明示的に測定する必要はありません。

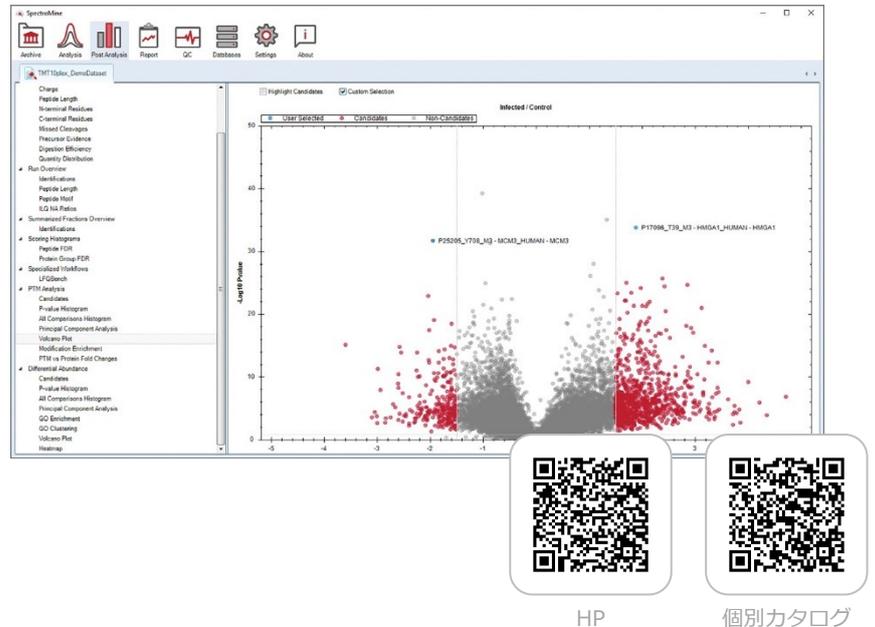
対応生物種	制限なし
対応ファイル	Thermo Rawファイル、Sciex wiffファイル、Bruker Rawファイルなど
インターネット接続	一部必要（インストールやデータベースのダウンロード時のみ）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有（30日間のデモライセンス）

### 関連製品

- Spectronaut®（20ページ）
- SpectroMine™（22ページ）

## DDAプロテオミクスにおける比類なきパフォーマンス

# SpectroMine™



### 主な機能・解析条件

#### 》》》ショットガンプロテオミクスの完全なプラットフォーム

DDA（データ依存性取得）としても知られるショットガンプロテオミクスは、スペクトラルライブラリーの生成、定性的プロテオーム解析、および翻訳後修飾の同定において、重要な役割を果たします。SpectroMine™は、DDAモードで取得した、TMT、iTRAQ、EASI-tagなどのアイソバリック標識された定量実験を解析するために特別に開発されたプロテオミクスソフトウェアです。また、同重体ラベルデータのみならず、DDAモードで取得したラベルフリーのデータの定量解析を行うこともできます。

- TMT、iTRAQ、EASIタグなどでラベルされたDDAデータの定量化解析を完全にサポート
- 最新のアイソバリックタグとブロックノーマライゼーションのサポート
- Pulsar検索エンジンによるライブラリー作成
- イオンモビリティ質量分析をサポート

#### 》》》最先端のテクノロジーの対応

Biognosys社のパワフルかつユーザーフレンドリーなDDAプロテオミクスソリューションは、最先端のパフォーマンスとスピード、さらに最新のデータ取得法のサポートを提供します。SpectroMine™は、最先端のPulsar検索エンジンが統合されており、イオンモビリティテクノロジーをフルサポートし、ディープラーニングによる強化によって、より多くのタンパク質同定が可能になっています。

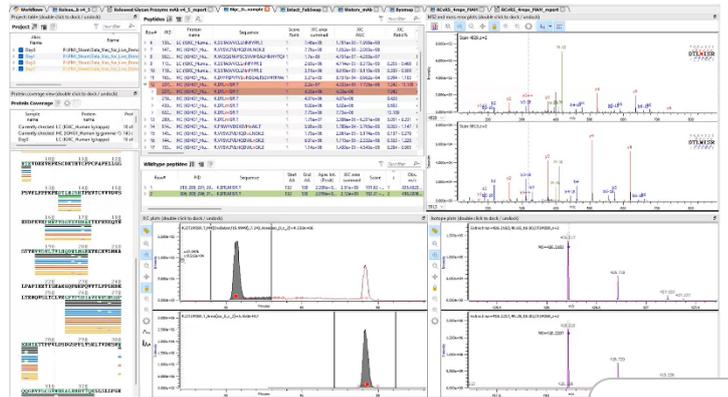
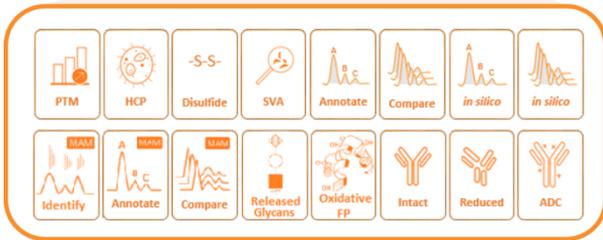
対応生物種	制限なし
対応ファイル	Thermo Rawファイル、Sciex wiffファイル、Bruker Rawファイルなど
インターネット接続	一部必要（インストールやデータベースのダウンロード時のみ）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有（30日間のデモライセンス）

### 関連製品

- Spectronaut®（20ページ）
- SpectroDive™（21ページ）

生データの解析からレポート出力まで自動で実行

## Byos™



HP

### 主な機能・解析条件

#### 》》質量分析によるバイオ医薬品の特性評価

Byos™は、バイオ医薬品開発における特性評価を効率的に実行するためのソフトウェアです。Thermo Fisher Scientific、SCIEX、BRUKER、Waters、Agilent、島津製作所の質量分析装置から出力されるデータに対応し、生データの読み込みからレポート出力までを自動で実行するワークフローが標準搭載されているため、マウスクリックによる簡単な操作で各種解析を実行することができます。

- インタクト解析：インタクトタンパク質のデコンボリューション、薬物抗体比（DAR）の自動計算
- ペプチド解析：糖ペプチド、脱アミドの定量比較、MAM、HCP、ジスルフィド結合の検出など
- クロマトグラム解析：遊離糖鎖の定量・構造解析、UV、TICへのペプチド情報付与
- オリゴヌクレオチド解析：mRNAなどの構造解析、MS2による構造解析・不純物分析

#### 》》特性解析用ワークフロー

Byos™には、ペプチドマッピングやインタクトタンパク質、抗体薬物複合体（ADC）、遊離糖鎖、核酸医薬などのバイオ医薬品特性解析用のワークフローが標準で搭載されています。これらのワークフローを実行すると、自動で解析結果のテーブルやグラフなどをまとめたプロジェクトデータとレポートが作成されます。これらデータはPDFなどの形式でファイル出力することができ、研究者間でデータを共有する場合に役立ちます。

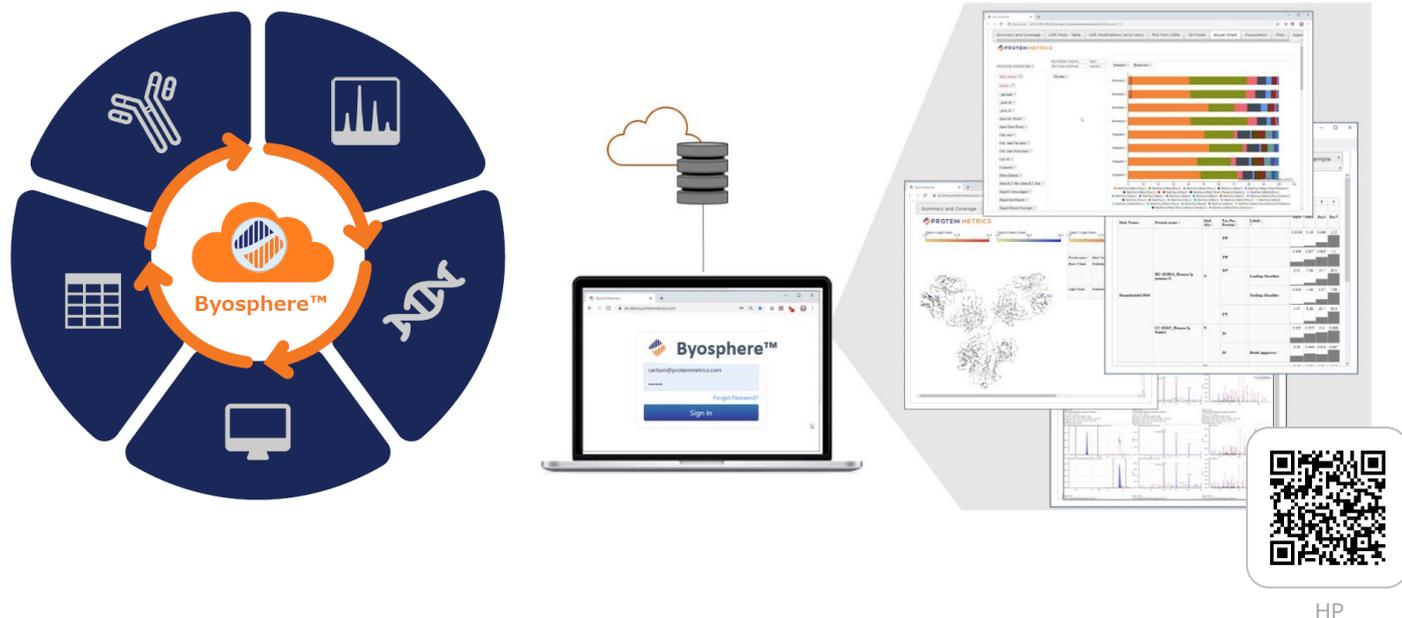
対応生物種	制限なし
対応ファイル	Thermo Rawファイル、Sciex wiffファイル、Bruker Rawファイルなど
インターネット接続	一部必要（インストール時のみ）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有（30日間のデモライセンス）

### 関連製品

- Byosphere™ (24ページ)
- Bionic™ (25ページ)

大手バイオ医薬企業で多くの運用実績を誇るシステム

# Byosphere™



HP

## 主な機能・解析条件

### 》》》 バイオ医薬品特性評価の解析プラットフォーム

Byosphere™は、質量分析機器を利用したバイオ医薬品特性解析を行うためのエンタープライズプラットフォームです。質量分析によるタンパク質重要特性を、高品質で迅速に解析する基盤を提供します。機器ベンダーニュートラルで使用することができ、生データの読み込みからレポート出力までを自動で実行します。社内プロジェクトチーム間の連携やデータインテグリティの担保、外部システムとの連携支援などに対応し、バイオ医薬品開発の効率化をサポートします。

- 社内データ処理、レポート作成ノウハウの蓄積、共有、標準化構築の促進
- データ処理、レポート作成共有化等の自動化による効率化の促進
- 社内プロジェクトチーム間、CDMO等社外パートナー間の協業支援
- メタデータによる解析データ検索、ダッシュボード等によるデータの見える化を実現

### 》》》 進化したエンタープライズデータシステム

Byosphere™は、大手バイオ医薬企業、CRO/CDMOで多くの運用実績を誇るシステムであり、機器ベンダーフリーシステムとして、利用者より高い評価を得ています。同一システムにて、機器データ処理、解析、レポート機能を提供し、またプライベートクラウド、社内サーバー等顧客指定環境で稼働します。

- 非規制領域から規制領域までの運用支援提供
- 一拠点からグローバルな全拠点にスムーズな展開支援
- APIによるELNやLIMS等外部システムとの連携支援

対応生物種	制限なし
対応ファイル	Thermo Rawファイル、Sciex wiffファイル、Bruker Rawファイルなど
インターネット接続	一部必要（インストール時のみ）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有（要問合せ）

## 関連製品

- Byos™ (23ページ)
- Byonic™ (25ページ)

## ペプチド・タンパク質同定のMS/MS検索エンジン

# Byonic™



HP

### 主な機能・解析条件

#### 網羅的なペプチド・タンパク質同定

Byonic™は、タンデムマス（MS/MS）データからペプチドやタンパク質を同定するソフトウェアです。タンパク質データベースに基づくスペクトルの理論値と実測値とを照合して、ターゲットとするペプチドを検索します。Modification Fine Controlや、Wildcard Search、Glycopeptide Searchといった3つの特徴的な機能を搭載し、高感度かつ包括的な修飾ペプチドの検索や、予期せぬ（または未知の）修飾の検証、グリコペプチドの探索を実行することが可能です。

- 各質量分析装置ベンダーの生データの読み込みに対応
- トップダウンおよびボトムアップのサーチ機能
- 20種類以上の翻訳後修飾の高感度かつ迅速な検索
- 未知の修飾の検索

#### データ閲覧用ビューワーと解析補助ツール

Byonic™では、エクセルファイルによる検索結果の出力に加え、付属のビューワー（Byonic Viewer）で検索結果をインタラクティブに検証することが可能です。Byonic ViewerはProtein List、Peptide Coverage Map、Peptide List、Spectrumの4画面から構成され、ヒットしたタンパク質・ペプチド情報やp-valueなどの統計値、検出された修飾基および修飾部位、スペクトルなどの閲覧が可能です。また補助ツールであるPreviewを用いることで、検索条件をより効率的に設定することができ、解析の半自動化に役立ちます。

- 糖ペプチド解析
- ジスルフィド結合と架橋構造の同定
- 修飾部位の特定
- CID, HCD, ETD, MSeなどの様々なフラグメントタイプをサポート

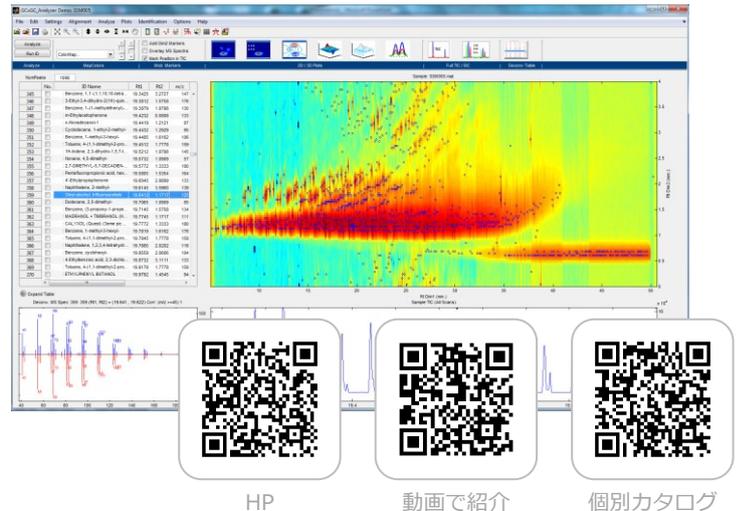
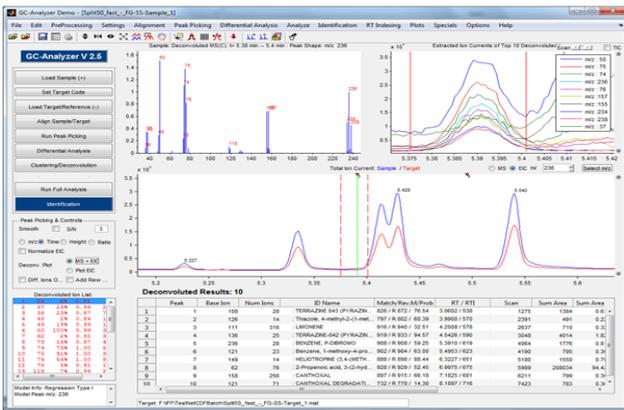
対応生物種	制限なし
対応ファイル	Thermo Rawファイル、Sciex wiffファイル、Bruker Rawファイルなど
インターネット接続	一部必要（インストール時のみ）
インストールの有無	有

### 関連製品

- Byos™ (23ページ)
- Byosphere™ (24ページ)

## クロマトグラムの差分比較からコンポーネント同定

# GC-Analyzer™ GCxGC-Analyzer™



### 主な機能・解析条件

#### 》》》クロマトグラムの差分比較

GC-Analyzer™/GCxGC-Analyzer™では、2つのクロマトグラムの間で差分比較を行い、どちらか一方のサンプルのみに含まれるコンポーネントを検出することができます。製品の品質管理やトラブルシューティングなどにも応用することができます。また、さまざまなデコンボリューション方法に対応しており、確実にコンポーネントを検出することができます。

- クロマトグラムのアライメント
- ピークピッキング
- ピークの差分比較
- デコンボリューション

#### 》》》主要なベンダーのデータフォーマットに対応

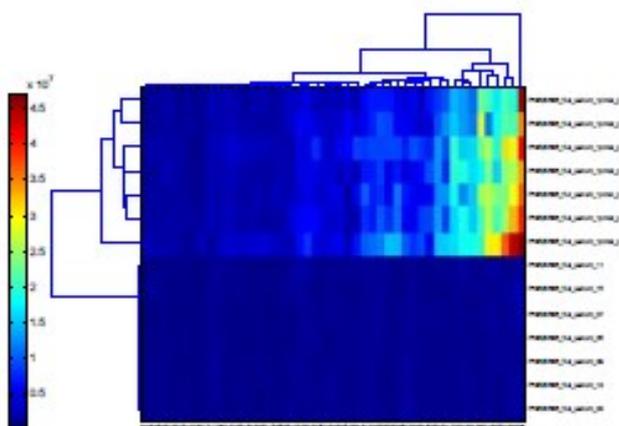
GC-Analyzer™/GCxGC-Analyzer™では、Thermo Fisher Scientific、Agilent、島津製作所といった主要なMS機器ベンダーのデータフォーマットに対応しており、各機器から出力されるデータをそのままインポートし解析を行うことができます。

- コンポーネントの同定
- FIDクロマトグラムのインポート
- ワークフローによる自動解析

対応生物種	制限なし
対応ファイル	Thermo Fisher Scientific (.raw), Agilent (.D), Shimadzu (.qgd), NetCDF
インターネット接続	不要
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有 (GC-Analyzerのみ)

多機能型GC-MS/LC-MSデータ解析ソフトウェア

# MsXelerator™



HP



個別カタログ

## 主な機能・解析条件

### 代代謝プロファイリングおよび定量プロテオミクス

MsXelerator™に含まれるIPeaksモジュールでは、同位体パターンに基づいてピークを検出・定量化することができます。安定同位体を用いた薬剤代謝プロファイリングやSILAC法による定量プロテオミクス解析などにご活用いただけます。

- ピークピッキング
- ピークの差分比較
- デコンボリューション
- コンポーネントの同定
- 薬物代謝産物プロファイリング

### バイオマーカー分析とメタボロミクス解析

MSXelerator™に含まれるMPeaksモジュールでは、ピークの抽出および、ピークの差分比較、各種ライブラリーに基づいた成分の同定が可能です。また、MsCompareモジュールでは、Mpeaksでモジュールで取得したピークのリストに対し、さまざまな統計手法を適用し、統計的に意味のあるピークを抽出することができます。

- 定量プロテオミクス
- バイオマーカー分析
- メタボロミクス解析
- クオリティーコントロール

対応生物種	制限なし
対応ファイル	Thermo Fisher Scientific (.raw), Waters (.raw), Agilent (.D), Sciex (.wiff), Bruker (.yep), NetCDF, ASCII, mzXML
インターネット接続	不要
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	無

## 予測モデルの構築で微生物菌株を識別

## CLOVER MS Data Analysis Software



## 主な機能・解析条件

### 》》非常に直感的で習得が容易

予測モデルの構築は同定困難な微生物菌株を迅速かつ正確に識別するための有望なアプローチであり、薬剤耐性（AMR）の検出や菌株タイピング研究に役立ちます。本ソフトウェアでは、スペクトルのアップロードから検証のための予測モデルの構築を迅速かつ正確なワークフローで解析できます。

- スペクトルデータの前処理
- バイオマーカー分析\*
- 外れ値検出
- 相関分析とピーク分布による再現性試験

### 》》様々な装置メーカーのデータを処理

MALDI-TOF MS と FTIR データを同じプラットフォームで処理できる唯一のクラウド型のソフトウェアです。ベンダーに依存しないので、様々な装置メーカーのデータを処理できます。

- MLアルゴリズムのトレーニング
- 学習済みモデルから新しいサンプルを予測・識別

\*MALDI-TOF MS スペクトルのみ対応

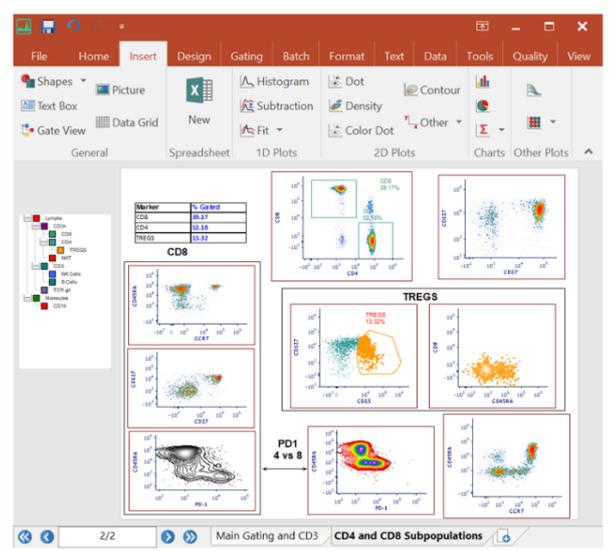
対応生物種	制限なし
対応ファイル	【MALDI】： Standard Open Mass Spectrometry formats(.mzml, .mzxml)、 Other open formats(.txt, .xls, .xlsx, .csv)、 Bruker format(.zip, .zml)、 bioMérieux format(.mzml)、 Shimadzu format(.txt)、 Ascend Diagnostics' format(.csv)【FTIR】： Open format(.csv)、 Bruker IR Biotyper format(.csv, .xml, .skipped, .bkp)、 Perkin Elmer format(.sp)
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	有

## 関連製品

- Ridom SeqSphere+（8ページ）
- TrueBac™ ID（11ページ）

パワーポイントやエクセルと同じインターフェイスで解析

## FCS Express




## FCS Express



HP



動画で紹介



個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 》》完全に統合された分析・グラフ・レポート作成

FCS Expressは、統合されたスプレッドシートを利用するため、ゲートが変わるとグラフと統計が更新されます。すべてのグラフィックは、高解像度でパワーポイントへの一括エクスポートや個々の画像データとしてエクスポートすることもできます。使い慣れた Microsoft Office™プログラムと同じような見た目と動作するように設計されており、ソフトウェアの使用方法を学ぶことを最小限にお客様の解析作業を強力にサポートします。

- 統合されたスプレッドシート
- t-SNE/v-SNE
- 細胞周期分析
- プロット機能
- SPADE
- バッチ処理
- ゲーティング機能
- K means cluster analysis
- イメージサイトメトリー解析
- 統計解析
- レポート機能

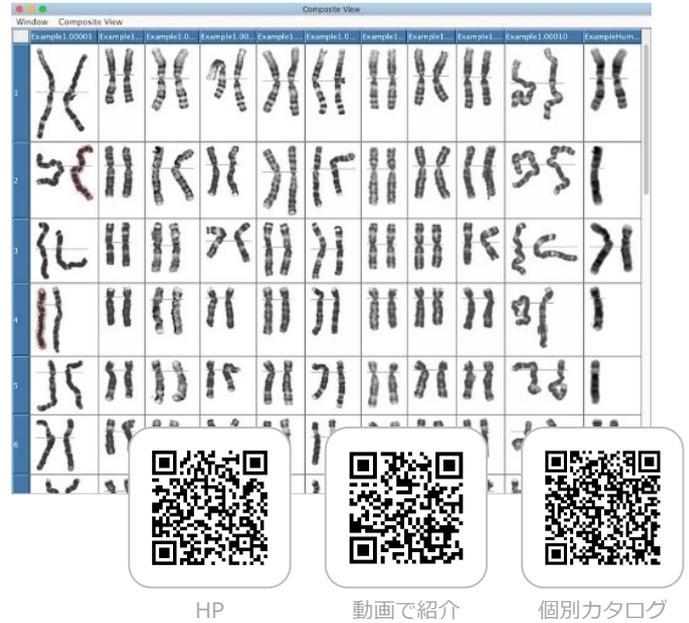
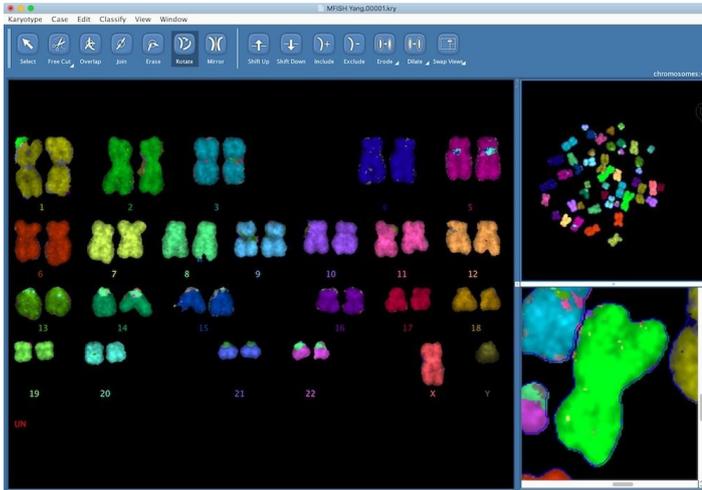
#### 》》歴史と実績のあるソフトウェア

De Novo Software社は、1998年からフローサイトメーターデータ分析ソリューションを開発しています。現在、主力製品であるFCS Expressは、堅牢で使いやすいフローデータ分析アプリケーションとして世界的に有名です。

対応生物種	制限なし
対応ファイル	FCSファイル(.FCS)やImage Cytometry Experiment data format (.ICE)など
インターネット接続	必要（解析はローカルPC内で計算）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有（30日間のデモライセンス）

## 染色体像からカリオグラム作成

# SmartType



## 主な機能・解析条件

### 直感的な操作でカリオグラム作成

SmartTypeでは、イメージ上で接触している染色体や、重なっている染色体どうしを自動的に分離することができます。また、自動での分離が困難な場合は、簡便なマニュアル操作によって、最小限の労力で分離することができます。染色体領域の分離が完了した後は、ワンクリックでカリオグラムを作成することができます。

- 染色体領域の抽出
- サイズによる自動分類
- トレーニング済みモデルによる分類
- カリオグラム作成／編集
- カリオタイプの管理

### 既存のシステムに統合可能

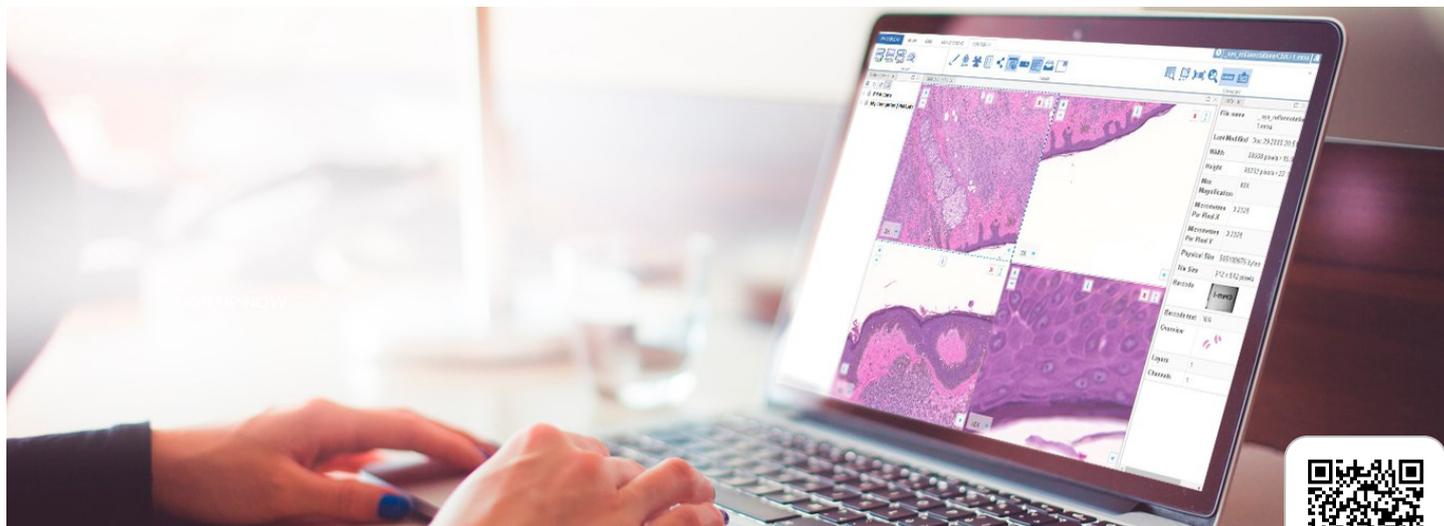
SmartTypeはWindows, Mac, Linuxに対応したスタンドアロン型のソフトウェアで、かつ任意の顕微鏡—カメラシステムで撮影した画像を解析可能なため、新しいシステムを導入することなく、既存のシステムに統合して使用することが出来ます。

- 染色体一覧の作成
- mFISH解析
- レポート作成

対応生物種	ヒト、マウス、ウマ、ウシ、ブタ、イヌ、鳥類、ゼブラフィッシュ
対応ファイル	JPEG, PNG, TIFF, マルチTIFF
インターネット接続	一部必要（インストール時のみ）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有

## デジタルパソロジーのコンテンツを簡単に管理

# PIMS



HP



### 主な機能・解析条件

#### スライド、メタデータ、アノテーションを1つの環境に

ベンダーにとらわれず、バーチャルスライド、ユーザー管理、データキャプチャを処理します。さらにオプションを組み合わせることで、スライドにアノテーションを追加することも可能です。また直感的に操作できる高度な検索オプションを提供し、画像リポジトリをすばやく検索できます。

- スライド画像、メタデータ、アノテーション管理
- 外部ソフトウェアとの連携

#### プラグインによる外部ソフトウェアとの連携

ImageJ および FIJI 用のプラグインを提供しており、コンピューターからスライド全体の画像を ImageJ に読み込むことができます。さらに、Visiopharm や HALO などのサードパーティー由来のアノテーションをインポート、管理、およびエクスポートできます。HistoQu に接続可能なプラグインも提供しており、TIFFなどの中間ファイル形式に変換なしにシームレスに直接 QuPath に取り込むこともできます。MoodleやCanvasの学習管理システム (LMS) やWordPressやDjangoのコンテンツ管理システム (CMS) などすでに施設内でご利用のパイプラインと連携することができます。

- アノテーション、メタデータの追加
- ユーザー管理とアクセス制御

対応生物種	制限なし
対応ファイル	50 を超える画像形式 (明視野、蛍光画像、z-stacks、および時系列など)
インターネット接続	必要
インストールの有無	ライセンスにより異なる
デモライセンスの有無	一部有

## バイオマーカー発見の効率化

# JADBio AutoML



HP

個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 》》完全に統合された分析・グラフ・レポート作成

機械学習を使用して、特定の患者にどの治療法が最も有効か、どのバイオマーカーが創薬ターゲットになりうるか、どのバイオマーカーが病気を診断するかなど創薬におけるバイオマーカー発見研究に役立ちます。通常機械学習には大量のデータが必要ですが、JADBio AutoMLはライフサイエンス用に設計されているため、大規模なフィーチャーセット（1M以上）、非常に小さいサンプル数（最小15サンプル）を扱うことができます。

- モデルを解釈するための豊富なビジュアル、プロット、およびグラフ
- ラベル付けされたサンプルに対してモデルを検証
- ラベル付けされていないサンプルの結果を予測

#### 》》あらゆる種類のデータを扱うことが可能

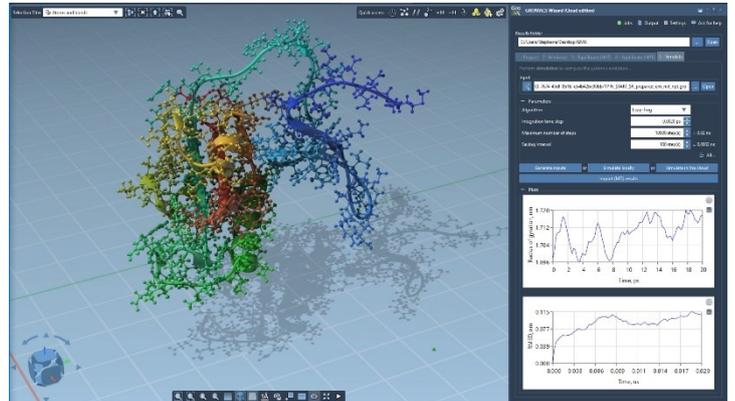
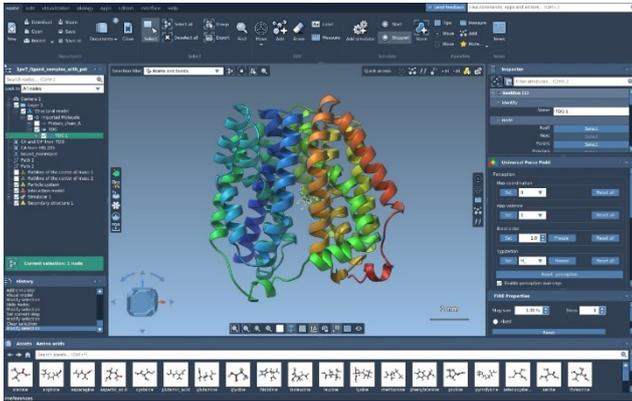
ソフトウェアには表形式のファイルをインポートします。これには（マルチ）オミックス（トランスクリプトミクス、プロテオミクス、メチロミクス、ゲノミクス）や臨床、医療、ライフスタイルの情報など幅広い情報を使用できます。

- 仮定のシナリオの検討（予測値の手動入力）
- モデルをダウンロードして予測

対応生物種	制限なし
対応ファイル	タブ区切りテキストファイル形式
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	有（14日間のデモライセンス）

美しいグラフィックの分子モデリングツール

## SAMSON connect



HP



動画で紹介



個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 生物学的オペレーションにも対応

生物学向けツールも多数搭載しており、ワンクリックで受容体・リガンド・リガンド結合部位・水分子等の選択を行うことができます。また、アミノ酸配列に基づいたタンパク質構造のアライメントやラムチャンドラプロットの生成、SNFG (Symbol Nomenclature for Glycans) に基づいた糖鎖の表示も可能です。

- 各種構造モデルに基づいた表現
- アミノ酸の性質による色分け
- 分子モデル構築
- 構造データベースからのインポート
- アニメーション作成
- 水素結合の表示
- 構造アライメント
- AIによる構造予測

#### AlphaFoldおよび各種データベースと連携

タンパク質構造予測 AI (ESMFold・AlphaFold) と連携しており、アミノ酸配列を入力するだけで、構造の予測が可能です。別途クラウドコンピューティングクレジットをご購入いただくことで、クラウドを用いた構造予測も可能です。また、Protein Data Bankや、AlphaFold Protein Structure Database と連携しており、IDを入力するだけで、構造データをインポートすることができます。

- ドッキングシミュレーション
  - 分子動力学シミュレーション
  - リガンド解離パスウェイ探索
  - SAXS解析
- (赤字は有償モジュールが必要)

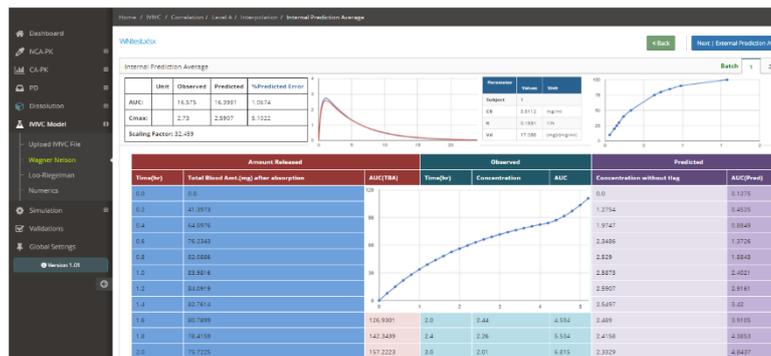
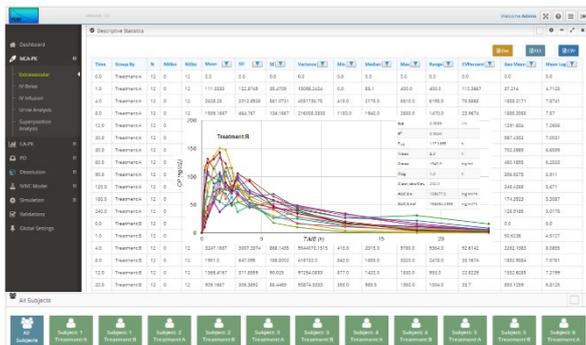
対応生物種	制限なし
対応ファイル	PDB, mmTF, MOL, XYZなど
インターネット接続	一部必要 (インストール時やクラウドでの解析時など)
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有

### 関連製品

- SYNSPACE (35ページ)

## 医薬品開発におけるPK/PD解析をサポート

# PKMP



HP

### 主な機能・解析条件

#### 》》》 医薬品研究におけるPK/PD解析をサポート

PKMPは、医薬品研究開発を支援するために開発された薬物動態モデリングプログラムです。薬物動態、薬力学、溶解、IVIVC、シミュレーション、モデリング、統計解析、レポート作成など、多彩な機能を備えており、生物学的同等試験など医薬品の評価に必要なデータ解析を行うことができます。

- コンパートメント分析
- ノンコンパートメント分析
- 毒物動態分析
- 種間スケーリング

#### 》》》 さまざまなモデルを適用可能

PKMPでは、投与した薬剤の各タイムポイントにおける血中濃度のデータを入力するだけで、さまざまなモデルに基づいて薬力学的解析を行うことができます。また、Webベースのアプリケーションであるため、どこからでも結果にアクセスすることができます。

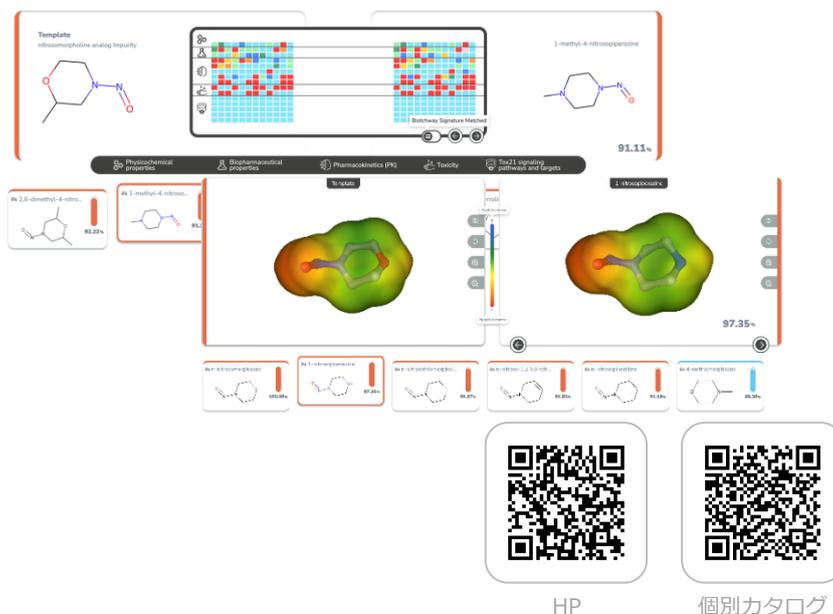
- 薬力学解析
- 溶解過程分析
- IVIVC
- 薬物動態シミュレーション

対応生物種	制限なし
対応ファイル	Web上で数値を入力
インターネット接続	必要
インストールの有無	無（クラウド型のため不要）
デモライセンスの有無	有



豊富なデータベースに基づいた毒性評価

## Detoxie for ICH M7<sup>®</sup>



### 主な機能・解析条件

#### Read-acrossに基づく化合物の毒性評価

InsilicAll社のMulti-Descriptor Read Across (MuDRA) テクノロジーでは、様々な分子記述子に基づいて既知の化合物との類似性を検証し、分子構造的、生物学のおよび毒性学的類似性に関する包括的な評価を提供します。

- 物理化学的特性予測
- 構造的特性予測
- 量子力学的特性予測
- 毒性的特性予測
- 薬物動態予測

#### 3種類の独自のデータベース

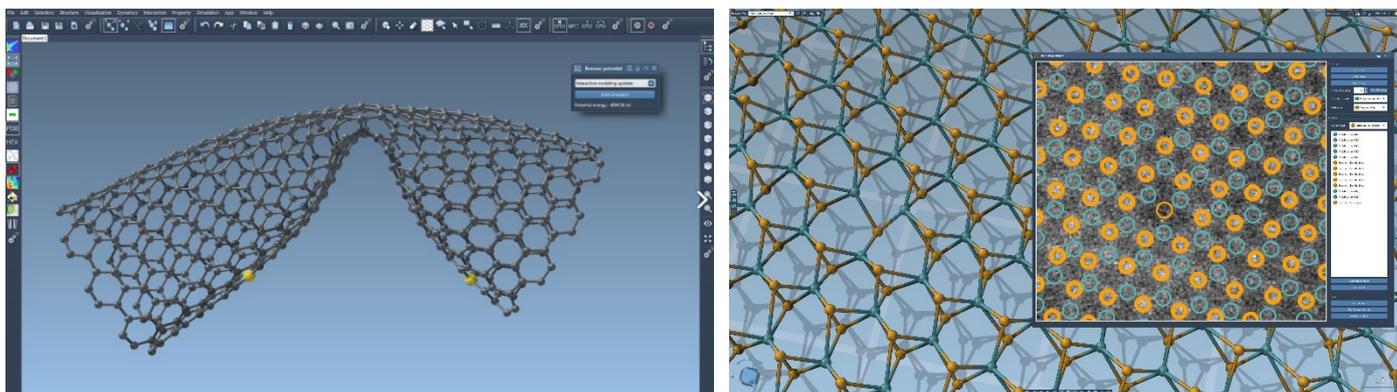
17,000種類を超える化合物の情報を収めたInsilicAll社独自の3つのデータベース (Hydra<sup>®</sup>、ElectroShapeX<sup>®</sup>、BiotechWay<sup>®</sup>) を参照しながら、さまざまな物理化学的特性・毒性学的特性・薬物動態特性に基づいたリスク評価を簡単に行うことができます。

- 構造的類似性評価
- 変異原性構造アラート
- 構造式エディター
- レポート作成

対応生物種	ヒト
対応ファイル	SDF
インターネット接続	要
インストールの有無	無
デモライセンスの有無	有

シミュレーションが可能な分子モデリングツール

## SAMSON connect



HP



個別カタログ

### 主な機能・解析条件

#### 》》》 ナノシステムのモデリング・シミュレーション

SAMSON connectでは、カーボンナノチューブ、グラフェンシートといった炭素化合物のモデリング・曲げ変形シミュレーションが簡単に実行可能です。また、Brennerポテンシャル等のポテンシャルモデルを実装し、モデリングを行いつつ共有結合の形成および切断のシミュレーションを行うこともできます。

- カーボンナノチューブモデルの生成
- グラフェンモデルの生成
- 分子モデル構築
- DNAオリガミモデル構築
- アニメーション作成

#### 》》》 豊富な機能拡張用アドオン

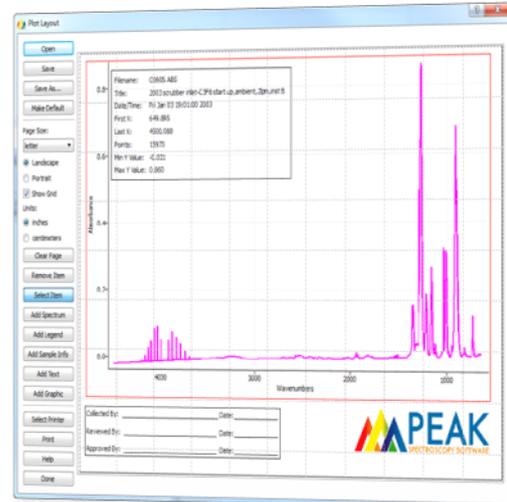
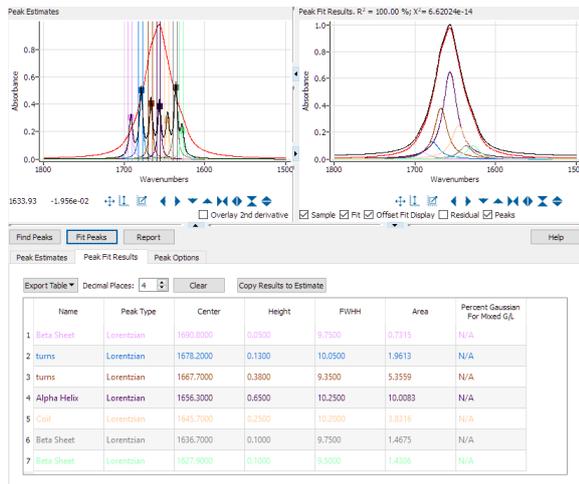
豊富な機能拡張アドオンによって、分子動力学シミュレーション、SAXS解析、TEM画像に基づいたグラフェン・TMDのモデリング等各種解析を、パラメーターのセッティングから結果の描画まで一連の操作をGUI上で行うことができます。

- 結晶モデル構築
- 分子動力学シミュレーション
- SAXS解析
- TEM画像からのモデル作成  
(赤字は有償モジュールが必要)

対応生物種	制限なし
対応ファイル	CIF、PDB、mmTF、MOL、XYZなど
インターネット接続	一部必要（インストール時やクラウドでの解析時など）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有

様々なスペクトルデータを横断的に解析

## Peak<sup>®</sup>



HP

### 主な機能・解析条件

#### 》》62を超えるスペクトルファイルに対応

Peak<sup>®</sup> は、中赤外、近赤外、FTIR、Raman、蛍光、LIBS、XRF、UV-VIS、EELS/ラマンなど、62を超えるスペクトルファイルに対応したスペクトルデータ解析ソフトウェアです。高速でインタラクティブなデータ操作の他、機器からデータを収集する機能にも対応します。

- スペクトルファイルの変換
- ライブラリ検索
- スムージング、ベースライン補正、ライン出力、正規化、減算

#### 》》ファイル形式の変換

ほとんどの計測器メーカーは、独自のバイナリ形式が採用されているため、データをユニバーサルかつオープンな形式にエクスポートするオプションはほとんどありません。さらに、複数のファイルを同時にバッチ変換する機能がないため、通常は一度に1つのファイルを実行する必要があります。Peak<sup>®</sup> は、これらのすべてのケースに対応できます。

- スペクトルサブストラクション
- ピークフィット
- 拡張、自動スケール、ロール、ズーム機能を備えたデータ視覚化
- レポート作成

対応生物種	-
対応ファイル	多数対応
インターネット接続	一部必要（ライセンス認証時）
インストールの有無	有
デモライセンスの有無	有（30日間のデモライセンス）

#### 【ご注意】

- 本誌掲載のサービス、製品は医療用ではなく、研究用に限定して販売しています。
- 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。
- 本誌掲載の商品名などは、各社の商標または、登録商標です。また、各サービス・製品における情報は提携先企業のホームページより引用しています。
- お知らせいただいたお客様の個人情報は、弊社事業における商品発送、関連サービスおよび製品の情報提供などに利用させていただきます。

#### 輸入販売元



## フィルジェン 株式会社

#### 【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 : biosupport@filgen.jp URL : <https://filgen.jp/>

代理店

(Aug. 2024)