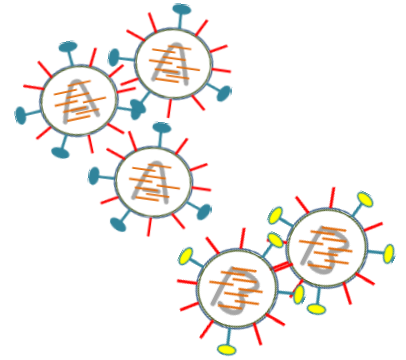


# インフルエンザ型判定解析ソフトウェア

## FluGAS v2

Automatic Influenza Genome Assembly and subtyping system



- 高速シーケンスデータからインフルエンザウイルスの HA, NA 亜型を自動判定
- 8つの分節の塩基配列のアセンブルを自動化
- A型・B型両方に対応
- トリ・ブタ・ウマ・ヒトなどすべての動物由来インフルエンザに対応
- イルミナ社 MiSeq データ / オックスフォード・ナノポア社 ロングリードに対応

FluGAS は高速シーケンサによるインフルエンザウイルスゲノムシーケンスデータから簡単な操作でサブタイプ(亜型)の判定と分節ごとの塩基配列を決定する Windows 用のソフトウェアです。高速シーケンサから出力される膨大な A 型および B 型インフルエンザの全ゲノム配列シーケンスデータを自動的にアセンブルし、亜型の同定まで行うことができます。

- ⊕ Fastq ファイル(イルミナ社 MiSeq)、または Fast5 ファイル(ナノポア DNA シーケンサ)から直接インフルエンザのサブタイプを自動判定\*
- ⊕ 分節ごとの塩基配列のアセンブルを自動化し、8 分節すべてのコンセンサス配列を作成
- ⊕ 必要な操作は Fastq ファイルのドラッグアンドドロップのみ、複数検体のバッチ処理に対応
- ⊕ A 型・B 型インフルエンザ両方に対応
- ⊕ A 型インフルエンザの場合は HA, NA のサブタイプまで判定、B 型インフルエンザは Victoria/Yamagata を判別
- ⊕ サブタイプ判定時に利用する参照データベースは NCBI Influenza virus resource に登録された配列を使用
- ⊕ 解析結果は検体ごとに GISAID 登録用エクセルファイル形式、および複数検体の結果もタブ区切りテキストファイル形式で出力可能なため結果の確認と管理が容易
- ⊕ 解析結果はアプリケーションに保存され、解析を行った期間を指定してまとめて結果を出力させることが可能
- ⊕ データベース更新機能

A 型インフルと B 型インフルのちがいは:

A 型は野鳥を自然宿主として人を含むさまざまな動物(鳥、豚、馬、犬、アザラシ等)に感染します。

B 型はヒトに感染しますが、他の動物に感染した例はほとんど報告されていません。ある研究ではアザラシがヒト由来のインフルエンザウイルスを保有できることを示唆しています。

当ソフトウェア(FluGAS)は(国研)農研機構動物衛生研究部門との共同研究の成果を元に株式会社ワールドフュージョンが開発・販売しています。

### ハードウェア:

OS: Windows 10

CPU: Core i シリーズ(4Core 以上)

メモリ: 16Gbyte 以上

HDD: 200Gbyte(インストール時)

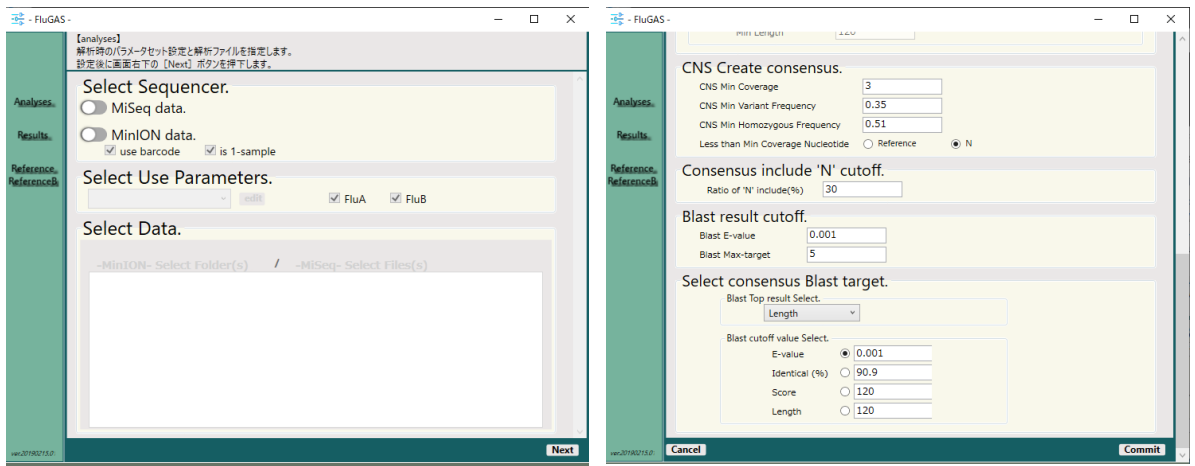
(解析領域として 5Gbyte、そのほかシーケンスデータの領域が必要になります)

※ WSL(Windows Subsystem Linux Ubuntu18.04) が必要

## 【自動解析の流れ】

### シーケンスデータ登録

Fastq (MiSeq) または Folder (ナノポア DNA シーケンサー) をドラッグアンドドロップ (複数選択可能)  
Fast5 → Fastq 変換 (ナノポア DNA シーケンサーのみ)



### QC チェック

Read data の Quality Control (Phread score と Read 長に基づくトリミング) の実施

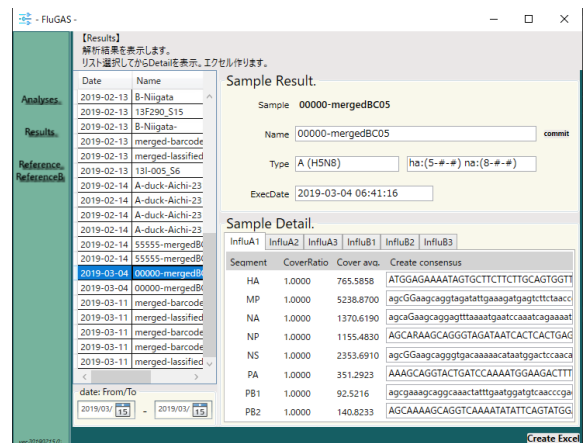
### マッピング

マッピング結果からコンセンサス配列を作成し、サブタイプを判定

### 全ゲノム配列決定 サブタイプ判定

インフルエンザウイルス全分節のアッセンブルと亜型判定専用のマッピングを実施

SAMPLE_ID	SAMPLE_NAME	TYPE	SUB_TYPE	COVER_RATIO_HA	AVE_COVER_HA	COVER_RATIO_NA	AVE_COVER_NA
1	A-w-swam-Shimane-580-2002	Type A	H5N3	1	423	1	353
2	A-chicken-Miyazaki-K11-2007	Type A	H5N1	0.995	1242	0.992	1421
3	A-duck-Ukraine-1-1963	Type A	H3N2	0.999	1737	0.996	1729
4	Human-H3N2-2013-2_S10	Type A	H3N2	1	1519	1	1185
5	Human-H3N2-2013_S26	Type A	H3N2	1	933	1	1172
6	A-duck-Gunma-466-2011	Type A	H7N9	1	225	1	199
7	A-Anhui-1-2013_S6	Type A	H7N9	1	1676	1	1741
8	A-duck-Chiba-26-372-48-2014_S1	Type A	H5N8	1	4094	1	4823
9	B-2014-Yamagata_S8	Type B	H7N9	0.997	249	0.993	230
10	B-2014-Victoria_S9	Type B	H7N9	1	890	1	759



### レポート

判定結果は公共データベース GISAID 登録用エクセルファイル形式で出力  
分節ごとのコンセンサス配列も Fasta 形式で出力されます

A	B	C	D
Isolate Id	Segment	Isolate Name	Subtype
		862_S28	H5 N2
		A-duck-Aichi	H4 N6
		13F064_S22	H# N#
		A-chicken-Miyazaki-	H5 N1

M	N	O	P	Q	R
Seq Id (HA)	Seq Id (NA)	Seq Id (PB1)	Seq Id (PB2)	Seq Id (PA)	Seq Id (MP)
1_862_S28_I1	1_862_S28_r1	1_862_S28_r1	1_862_S28_pl1	1_862_S28_p1	1_862_S28_n
2_A-duck-Aic2	2_A-duck-Aic2	2_A-duck-Aic2	2_A-duck-Aic2	2_A-duck-Aic2	2_A-duck-Aic2
3_13F064_S22_ha	3_13F064_S22_ha	3_13F064_S22_ha	3_13F064_S22_pb2		
4_A-chicken-4	4_A-chicken-4	4_A-chicken-4	4_A-chicken-4	4_A-chicken-4	4_A-chicken-4

※ナノポア DNA シーケンサから出力された Fast5 を解析するには別途オックスフォード・ナノポア社が提供しているソフトウェアが必要です。

### 問い合わせ先



株式会社ワールドフュージョン  
TEL: 03-3662-0521  
E-mail: oshirase@w-fusion.co.jp  
URL: <http://www.w-fusion.co.jp/>