



16S rRNA、ITS Metagenome Analysis BLAST、RDP Classifier の実行結果から Taxonomy ID 付加、集計、統計処理をパッケージ化

メタゲノム解析は環境、食品、医療などの分野で実施されています。特に、高速シーケンサーの利用により様々な用途での解析に多くの研究者が興味を持たれています。しかしながら、高速シーケンサーから出力されるデータ量は大量で、実際にデータの解析および分類は一般の研究者が扱うには膨大で手間がかかります。

そこで、弊社ではリード配列の BLAST または RDP Classifier 実行後のデータをドラッグ & ドロップするだけで菌種のグルーピングおよび階層分類を実行できるツールを開発いたしました。さらに、分類された結果を各種統計表示機能で比較することが可能です。OTU 機能も付属しています。

- ✪ BLAST または RDP Classifier 実行結果から階層毎に Taxonomy ID 付与したリスト作成
- ✪ バクテリアおよび真菌のメタゲノム解析を実行
- ✪ BLAST 結果の配列のミスマッチ塩基数、ギャップ塩基数に基づくフィルタリングはご自分で設定可能
- ✪ パッケージ購入者へは BLAST 用処理ツールと RDP Classifier 実行ツールを無償で提供
- ✪ RDP Classifier の実行結果の Confidence Value のフィルタリング可能
- ✪ Taxonomy データベースルールに基づいた階層分類、OUT 機能による分類
- ✪ ドーナツグラフ、円グラフ、棒グラフの自動生成
- ✪ 階層毎の円グラフにおける分類集計
- ✪ 階層毎の棒グラフによる分類集計
- ✪ 階層毎の各サンプルのリード数集計
- ✪ 統計処理機能- SOM, PCA, PCoA、階層型クラスタリング
- ✪ α 多様性算出機能
- ✪ タブ区切りテキスト形式での菌叢データ出力
- ✪ HTML レポート形式での解析結果出力によりソフトがなくても結果を閲覧可能
- ✪ 解析は一般研究者でも利用できる簡単画面で操作
- ✪ 16S rRNA データベース提供
(その他データベースについてはご相談ください)

ハードウェア:

Windows 10 64bit, 16G RAM or higher

インプットデータフォーマット

Tab delimited BLAST result/RDP Classifier result

(QC/Blast/ RDP Classifier ツールを無償提供)

その他必要なソフトウェア:

R 3.1 or later

Java 8 or later



Start Your Free Trial



<http://www.w-fusion.co.jp/J/productlist/Metagnm.html>

【解析の流れ】

シーケンス

当ソフトウェアで検証されているシーケンスデータは
サーモフィッシャー社 Ion PGM、イルミナ社 MiSeq、Nanopore 社シーケンサー からの Fastq ファイルとなります。

事前処理

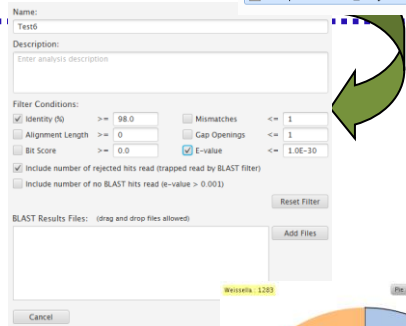
各種高速シーケンサーから出力されたリードは事前にクオリティチェックおよびプライマー配列、アダプター配列、Tag 配列除去を実行します。
(クオリティチェックについてはご不明な点がございましたらご相談ください)

BLAST もしくは RDP Classifier の実施

16S rRNA データベースを提供、BLAST 実行画面より条件設定を行い実行。
RDP Classifier による分類を行う場合は、弊社より Blast プログラムとともに
無償ツールをご提供しています。
独自データベースのご利用の場合には別途ご相談ください。

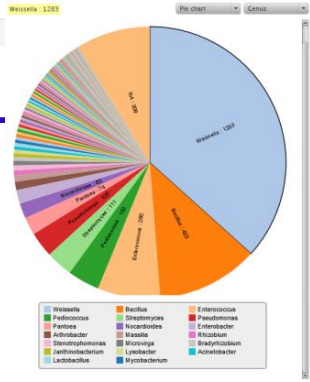


Accession	Species	Accession	Species	Accession	Species	Accession	Species
1. NC_010732	na	na	na	na	na	na	na
2. HCO160143665	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	2011	Alphaproteobacteria
3. HCO160143672	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
4. HCO160143679	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
5. HCO160143686	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
6. HCO160143693	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
7. HCO160143700	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
8. HCO160143707	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
9. HCO160143714	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
10. HCO160143721	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
11. HCO160143728	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
12. HCO160143735	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
13. HCO160143742	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
14. HCO160143749	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
15. HCO160143756	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
16. HCO160143763	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
17. HCO160143770	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
18. HCO160143777	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
19. HCO160143784	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
20. HCO160143791	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
21. HCO160143798	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
22. HCO160143805	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
23. HCO160143812	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
24. HCO160143819	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
25. HCO160143826	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus
26. HCO160143833	NA	1915	Bacillus	1915	Bacillus	1915	Bacillus

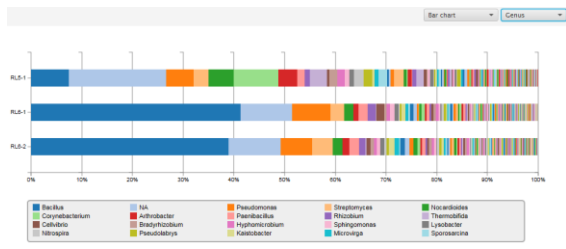


階層分類

BLAST 結果ファイル若しくは RDP Classifier の実行結果
ファイルを解析画面にドラッグ & ドロップすることで
NCBI Taxonomy ID 付与とリスト化、
Taxonomy ルールに基づいた階層分類による
サンプル毎の円グラフ、ドーナツグラフ、棒グラフの自動生成



複数サンプルを同時に解析すると棒グラフでサンプル間比較可能、
比較は階層毎に表示可能

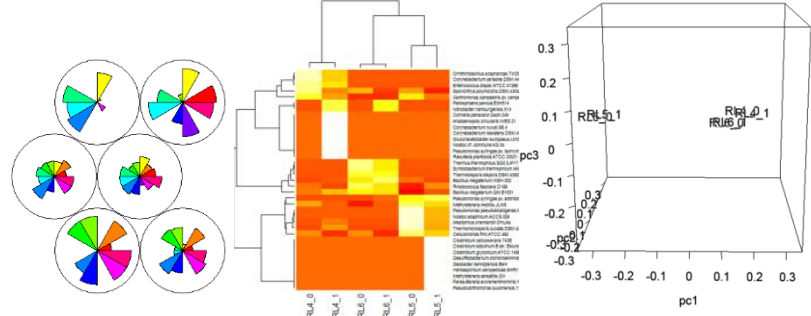


階層ごとの サンプル間 比較

比較したい複数サンプルの Blast 結果もしくは RDP Classifier 実行結果データをツールで分析すると

- 主成分分析 (PCA) - 2D、3D インタラクティブ、3D アニメーション、PCoA
- 自己組織化マップ (SOM)
- 階層型クラスタリング
- α 多様性算出
が自動的に作成されます。

統計処理



提供データ ベース

16S rRNA データベースを定期的にアップデートし提供いたします。
その他独自データベースや、絞り込まれた菌群のデータセット、ITS/28S などのデータベースご希望の方は別途
ご相談をお受けしております。

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/>