

バイオインフォマティクスサービス カスタムプラグイン

2017年4月版



次世代シーケンサの解析操作を簡便に

バイオインフォマティクスサービスでは、お客様の解析用途に合わせたカスタムプラグインの作成、提供をしています。下記のような要望をお持ちの方に役立つサービスです。

- 手作業で時間の掛かっている解析作業を自動化したい **(解析作業時間の短縮)**
- コマンド操作が面倒な解析ツールをトレントブラウザで実行したい **(操作の簡便化)**
- TorrentSuiteが対応していない生物種を解析したい **(解析対象範囲の拡大)**
- オリジナルの解析パイプラインをプラグインとして使用したい **(解析のカスタマイズ)**

主なカスタムプラグイン

プラグイン名	機能	使用ソフトウェア
Annotation_snpEff	<ul style="list-style-type: none"> • 変異に遺伝子名やアミノ酸置換などのアノテーション情報を付加 • 様々な生物種のリファレンス情報を追加、解析可能 	snpEff
AptamerClustering	<ul style="list-style-type: none"> • リード配列のクラスタリングやカウントが可能 • アミノ酸配列への翻訳、共通配列のマスクなどカスタマイズ可能 	CD-HIT
MethylationAnalysis_Amplicon	<ul style="list-style-type: none"> • 各CpG配列のポジション毎のメチル化率を算出 • リード毎のメチル化状態を解析して出力 • アンプリコン専用 	Bismark
RNASeqAnalysis_TopHat	<ul style="list-style-type: none"> • スプライスジャンクションを考慮したマッピング • 遺伝子毎のタグカウント • 転写産物構造予測および発現量 (RPKM) 算出 • 様々な生物種に対応可能 	TopHat2, Bowtie2, HTSeq, Cufflinks
Environment DNA/Metagenomics	<ul style="list-style-type: none"> • 環境DNA (水中などに含まれる) から、そこに生息する生物種を推定 • 12Sまたは18S rRNAメタゲノム解析などの適用が可能 	megablast
MLST	<ul style="list-style-type: none"> • バクテリアのMulti Locus Sequencing Typing (MLST) 解析が可能 • 全ゲノムとアンプリコンシーケンスに対応 	

※ 上記プラグインのカスタマイズや、上記以外のプラグインを独自に作成することも可能です。

※ 組み込み可能なソフトウェアは、Linux上で動作するものです。

※ 機能の詳細情報やご相談につきましては、弊社テクニカルサポートまでお問い合わせください。

カスタムプラグイン事例： Annotation_snpEff プラグイン

解析パイプライン

プラグイン実行画面

プラグイン出力結果の例

A	B	C	D	E	F	G	H	AT	AU	AV	AW	AX	AY	AZ	BA	BB	BC
CHROM	POS	ID	REF	ALT	QUAL	FILTER	AF	Annotation	Annotation_Impact	Gene_Name	Gene_ID	Feature_Type	Feature_ID	Transcript_BioType	Rank	HGVS_c	HGVS_p
chr1	871334	.	G	T	3310.44	PASS	0.990783	intron_variant	MODIFIER	SAMD11	SAMD11	transcript	NM_152486.2	protein_coding	5/13	c.430+58G>T	.
chr1	878314	.	G	C	92.218	PASS	0.55	synonymous_variant	LOW	SAMD11	SAMD11	transcript	NM_152486.2	protein_coding	11/14	c.1440G>C	p.Gly480Gly
chr1	880238	.	A	G	1785.72	PASS	1	downstream_gene_variant	MODIFIER	SAMD11	SAMD11	transcript	NM_152486.2	protein_coding	.	c.*705A>G	.
chr1	881627	.	G	A	3110.47	PASS	0.971963	synonymous_variant	LOW	NOC2L	NOC2L	transcript	NM_015658.3	protein_coding	16/19	c.1843C>T	p.Leu615Leu
chr1	883625	.	A	G	766.143	PASS	1	downstream_gene_variant	MODIFIER	SAMD11	SAMD11	transcript	NM_152486.2	protein_coding	.	c.*4092A>G	.
chr1	887500	.	A	C	2534.9	PASS	0.993976	intron_variant	MODIFIER	NOC2L	NOC2L	transcript	NM_015658.3	protein_coding	10/18	c.1192-41T>G	.
chr1	887801	.	A	G	1607.13	PASS	1	synonymous_variant	LOW	NOC2L	NOC2L	transcript	NM_015658.3	protein_coding	10/19	c.1182T>C	p.Thr394Thr
chr1	888639	.	T	C	1152.09	PASS	0.940476	synonymous_variant	LOW	NOC2L	NOC2L	transcript	NM_015658.3	protein_coding	9/19	c.918A>G	p.Glu306Glu
chr1	888659	.	T	C	1301.34	PASS	1	missense_variant	MODERATE	NOC2L	NOC2L	transcript	NM_015658.3	protein_coding	9/19	c.898A>G	p.Ile300Val

カスタムプラグインは、下記のバイオフィーマティクスサービスにて提供しています。

コンサルティング

コース名	内容	価格	時間
データ解析・コンサルティング	カスタムプラグインの作成、提供	¥300,000～	内容に応じてお見積り
コンサルティング	システム付属ソフトウェアの個別トレーニング、解析方法の相談 など	¥150,000～	内容に応じてお見積り

バイオフィーマティクス訪問プラン

コース名	内容	価格	時間
バイオフィーマティクス訪問プラン	訪問し、ご希望のアプリケーションに応じた解析方法の相談、プラグインの作成、最新情報の提供 など	¥600,000	年4回 (各半日相当)

お見積り等のご希望は弊社営業までお問い合わせください。

弊社ホームページ上にてバイオフィーマティクスサービスのより詳しい内容を公開しております。

www.thermofisher.com/jp-bfx

研究用のみ使用できます。診断目的およびその手続上での使用はできません。
 記載の社名および製品名は、弊社または各社の商標または登録商標です。
 For Research Use only. Not for use in diagnostic procedures. © 2017 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved.
 All trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries unless otherwise specified.
 記載の価格は2017年4月現在のメーカー希望小売価格です。消費税は含まれておりません。
 価格、製品の仕様、外観、記載内容は予告なしに変更する場合がありますので予めご了承ください。
 標準販売条件はこちらをご覧ください。 www.thermofisher.com/jp-tc



ION154-A1704IH

サーモフィッシャーサイエンティフィック ライフテクノロジーズジャパン株式会社

本社：〒108-0023 東京都港区芝浦4-2-8

テクニカルサポート ☎ 0120-477-392 ✉ jptech@thermofisher.com
 オーダーサポート TEL: 03-6832-6980 FAX: 03-6832-9584
 営業部 TEL: 03-6832-9300 FAX: 03-6832-9580

facebook.com/ThermoFisherJapan @ThermoFisherJP

www.thermofisher.com

ThermoFisher
SCIENTIFIC