

Functional Analysis

Blast2GO Methodology

2005年に公開された有名なBlast2GO Methodologyは、現在OmicsBoxの一部です。Blast2GOは、7000以上の研究引用があり、科学コミュニティによって国際的に認められている、新規ゲノムの分析のための主要なバイオインフォマティクスプラットフォームです。



すべてを1か所で解析

FASTAファイルを読み込んで、Blast2GO Methodologyで段階的に分析し、高品質の機能アノテーションを取得します。すべてのデータを1か所ですべての分析パラメーターを完全に制御できます。

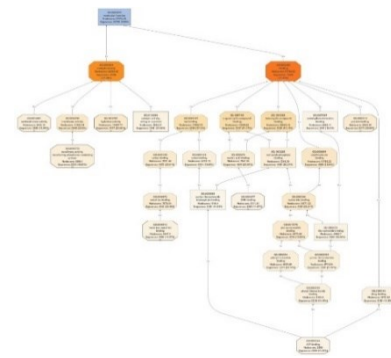


統計

ヒストグラムと分布図は、分析のすべての段階を評価してデータを最大限に活用することに役立ちます。

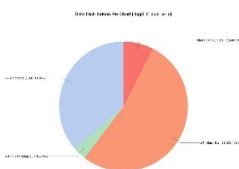
GOグラフ

アノテーションをGOグラフとして視覚化し、概要を把握します。グラフをフィルター処理および整形して、結論を明確に提示します。



BlastとInterProScanの高速解析

NCBIサーバーやローカルだけでなく、Biobam社のサーバーにて高速計算が可能です。計算にはユニットを消費します。



結果の統計

配列にどの程度アノテーション情報を付与できたか、BLAST検索された生物種のヒット数、各GOのランク図など統計データを簡単にグラフ化することができます。

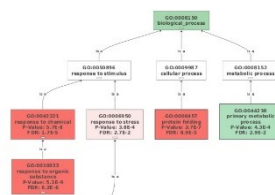
$$DT = \max(\text{similarity} \times EC_{\text{weight}})$$

$$AT = (\#GO - 1) \times GO_{\text{weight}}$$

$$AR: \text{lowest.node}(AS(DT + AT)) \geq \text{threshold}$$

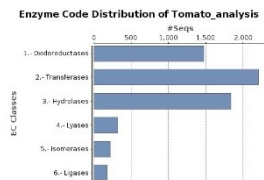
Gene Ontology Mapping Blast2GO Annotation

クリック操作で簡単かつ高品質なアノテーション情報を付与できます。



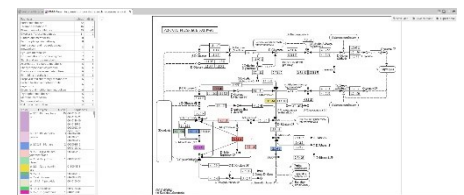
Enrichment Analysis

得られた機能情報から過剰および過少の代表的な機能を同定します。GOグラフ・棒グラフなど多彩なグラフも作成可能です。またGSEA解析にも対応しています。



EggNOG/Enzyme Code

オルソロググループ検索やEnzymeCodeを付与されることでアノテーション情報をより充実させることができます。



パスウェイ検索

任意の配列セットについて Reactome と KEGG パスウェイを同定することができます。

* コマーシャルユーザーのKEGG利用は別途KEGG Add-Onのご購入が必要です。



Functional Analysisモジュールでなにができる？

【使用したデータセット】

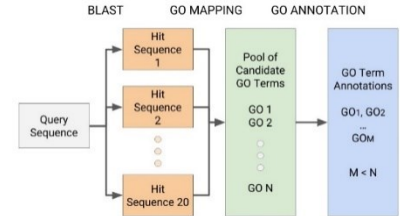
Solanum lycopersicum (トマト) の全ゲノムデータセットを使用。
ゲノムの公式のCDSアノテーションは、International Tomato Annotation GroupによってリリースされたSL2.40ゲノムビルドから取得されました。

1 10 20
ATGCAAAC TTTT TGGAGTCAATC

NGSの生データは塩基の情報だけでそれが何を意味しているかはわかりません。

【クラウドによるBLASTとタンパク質のドメイン検索】

OmicsBoxにロードしたデータにBLASTとInterProScanを実行します。
配列だけのデータに類似した配列情報やタンパク質のドメイン検索の情報を付与できます。
InterProScanとBLASTの検索は、並行して実行することができ解析時間を短縮できます。



類似する配列情報や機能情報を配列に付与することができます。

【EggNOG- Mapperを使用したオルソロググループ検索】

本ツールはeggNOGベースのオルソロジー割り当てを使用した、新規配列（遺伝子またはタンパク質）の高速機能アノテーションのためのツールです。
BLAST解析とInterProScanと同時に解析できるため解析時間の短縮が可能です。



操作は行いたい項目をクリックして進めていきます。

【機能アノテーション情報・Enzyme Code付与】

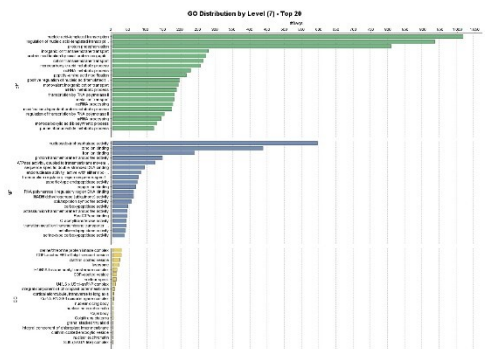
GOアノテーションをマウス操作で簡単に付与することができます。
得られた配列情報からさらに機能情報を付与することがこのプロセスで可能です。
ここまでの解析で配列のみのデータから配列情報や機能情報など生物学的意義を調べることができます。
このアノテーション解析は7000以上の研究引用のある実績のある解析方法です。
Enzyme Codeを付与するオプションもあり、アノテーションの精度をEnzymeアノテーションまで拡張することができます。



解析結果はタグや色分けされた表が作成されます。

【簡単に統計グラフを作成】

ここまでの結果は表による表示だけでなく様々なグラフに変換が可能です。
(アノテーションの精度や付与された情報はどのような種由来のものかなど)
さらにGene Ontologyは3つのカテゴリに分かれているため、それぞれ分子機能(MF)、細胞成分(CC)、および生物学的プロセス(BP)の個別のグラフを生成できます。
もちろんGOをまとめたグラフも作成ができ階層も指定することができます。
この例(右図)では、レベル7の棒グラフを生成して、このデータセットの機能分布の大まかな概要を表しています。



様々な統計グラフで表示することもでき、解析結果を資料などにまとめる際にも役立ちます。

【結果】

塩基配列だけの情報からどのような類似する配列がありどのような機能を持つものがあるか
または、豊富に含まれるかどうかを調べることができます。



35,768

全配列数

79.5%

高品質なアノテーション

実績のあるアノテーション

InterProScan 87%のタンパク質ドメインまたはファミリー情報、56%のGOアノテーション
EggNOG- Mapper オルソロググループやその他の情報で89%、45%のGOアノテーション
配列の77.5%はBlast2GO Methodologyを通してGOtermに関連付けができた。その一部であるEnzyme Codeは、配列の23.5%に相当

通常、時間を要する解析を快適に

同時に解析！

Viridiplantaeに対するCloudBlast : 2.5時間/ 130k ユニット
CloudInterProScan : 3.5時間/ 100k ユニット
EggNOG- Mapper : 20分
GOマッピングとGOアノテーション : 10分

4時間

解析時間

さらに!! Functional Analysisモジュールでは高速かつ高品質なアノテーション情報の付与が可能です!!