

機能

Blast解析(Diamond・クラウド・NCBI・ローカル)

InterPro Scan(クラウド・EBI)

Gene Ontology Mapping・Blast2GO Annotation

EggNOGアノテーション(EggNOG-mapper)オルソロジー割り当て

Enzyme Code ECアノテーションの提供

GO-SlimによるGene Ontologyの縮小、可視化

Gene Ontologyグラフビジュアライゼーション

RFAM によるRNAファミリーの機能分けやグラフ化

PSORTbによる細胞内局在部位割り当て

フィッシャーの直接確率検定を使ったエンリッチメント解析

遺伝子セットエンリッチメント解析(GSEA)

エンザイムコードを使用したKEGGパスウェイ検索

複製ありの発現比較データを使用したパスウェイ解析 (Reactome・Plant Reactome ・KEGG)

DNA-seq De-Novo Assembly (ショートリード、ロングリード、ハイブリッドアセンブル)(ABYSS2.0・SPAdes・Flye)

DNA-Seqリファレンスゲノムへのマッピング(BWA・Bowtie 2)

ゲノムアセンブリの品質評価 (QUAST)

DNA-Seqポリッシング (Pilon)

Repeat Masking(RepeatMasker)

原核生物の遺伝子予測(Glimmer)

真核生物の遺伝子予測(Augustus)

Coding Potential Assessment

NGSデータのMLST解析

変異検出 (BCFtools、Freebayes)

バリエントフィルタリング

VEP を使用したバリエントアノテーション (Ensembl Variant Effect Predictor)

ゲノムワイド関連解析GWAS (GAPIT3)

GWAS結果の機能解析 (MAGMA)

New 集団構造解析 (ADMIXTURE)

New フェージングとインピュテーション (Beagle)

New RAD-Seq または GBSデータに対するバリエントフィルタリング (dDocent)

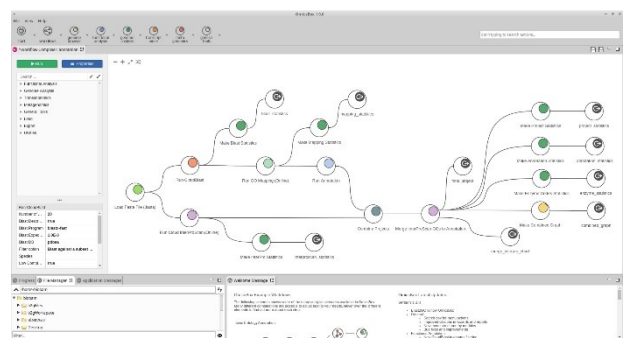
Functional Analysis

Genome Analysis

Genetic Variation

ワークフロー

各解析をワークフローにて1度に解析を実行することができます。もちろん設定の変更なども柔軟に行うことができます。すでに出来上がった既存のワークフローからも解析を行うことが可能です。



機能	
	ショートリードデータのRNA-Seq DeNovo Assembly(Trinity・SuperTranscripts)
New	ロングリードデータのリファレンスフリーのトランスクリプトーム再構築(isONpipeline)
	コンティグデータの完全性評価(BUSCO)
	クラスタリング(シーケンスデータの冗長性を減らす機能・CD-HIT)
	コーディング領域の予測(TransDecoder)
	RNA-Seq リファレンスゲノムへのマッピング ショートリード/ロングリード(STAR・Minimap2)
	Bamファイルのクオリティチェック
	ショートリードデータのRNA-Seq Transcript定量 リファレンスあり/なし(RSEM・HTSeq)
New	ロングリードRNAアイソフォームの同定と定量化 リファレンスあり/なし(FLAIR・IsoQuant)
	発現比較解析(NOISeq・EdgeR)
	経時データの発現解析(MaSigPro)
New	シングルセルRNA-Seqのデータ解析、Trajectory、細胞種予測 (StarSolo・Seuratv5・Monocle3・SingleR)
	PacBio Iso-Seq (IsoSeq3・SQANTI3)
	分類学的種の同定Taxonomic Classification(Kraken)
	図表の作成(WEGO・GOグラフ・PCoA・Chao1・Rare faction curves)
	rRNAの除去(SortMeRNA)
	宿主のDNAの除去
	メタゲノムアSEMBL(MetaSPAdes・MEGAHIT)
	メタゲノム遺伝子予測(FragGeneScan・Prodigal)
	メタゲノム機能アノテーション付け(eggNOG・Pfam database)
	比較解析
	ショートリードデータのクオリティチェック/アダプター除去・トリミング機能(FastQC・Trimmomatic)
	ロングリードデータのクオリティチェック(LongQC)
	Fastq/A ファイルのマージ
	バーコードスプリッター(FastX-Toolkit)
	ゲノムブラウザ(gff, vcf, fasta, bam)
	ワークフロー(作成、実行、共有)
	生物学的機能、名前などによる配列サブセットの選択
	多彩なデータインポートオプション(fasta, XML/Zip, annot, GFF/GFF2/GFF3, Bam, VCFなど)
	BAMをFASTA / qに変換
	Cutadapt によるデマルチプレックス
	BioMartからのデータインポート(脊椎動物、後生動物、植物、原生生物、菌類)
	ベン図の作成

Transcriptomics

Meta genomics

共通機能

一部解析にはComputation Unitsが必要な解析が含まれます。

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。