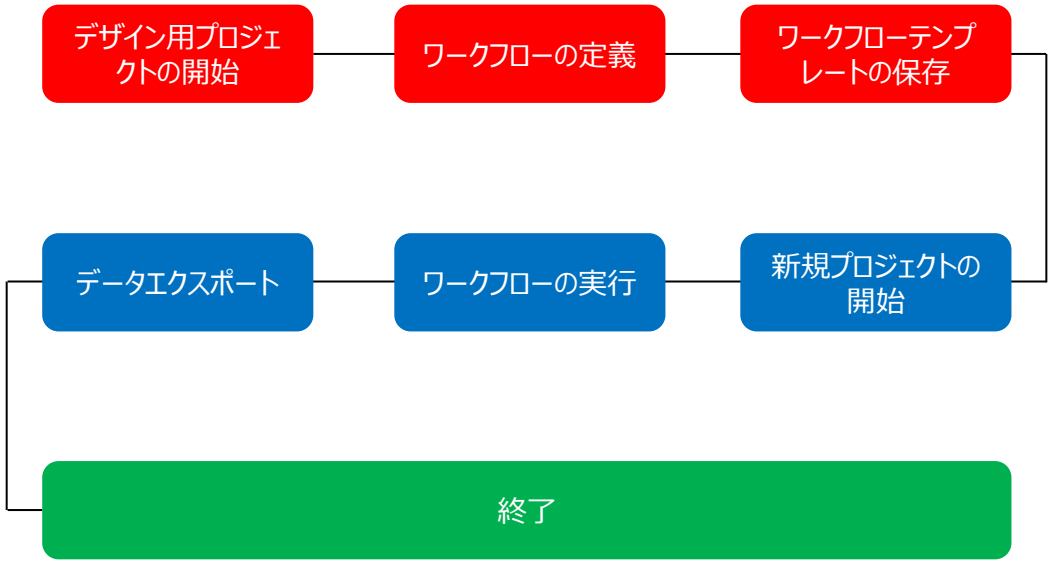
VSPipeline®

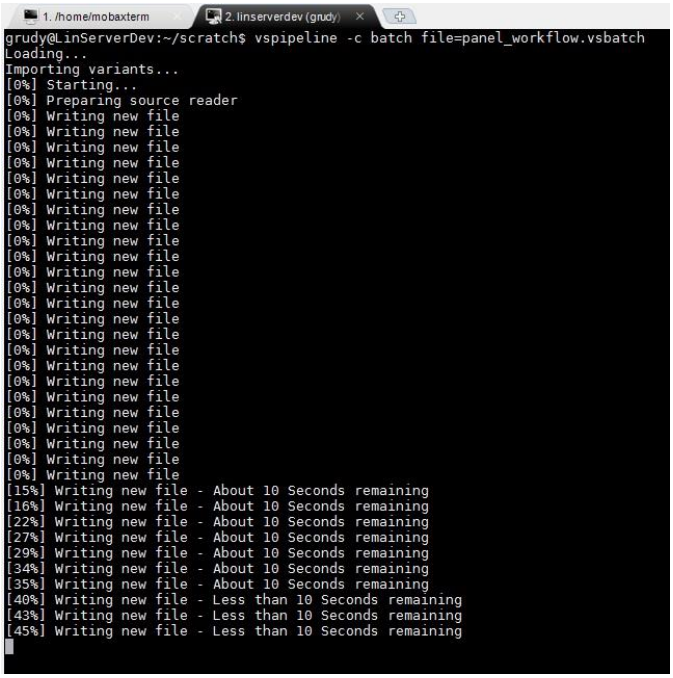
有償アドオン「VSPipeline®」では、VarSeq®標準のGUIインターフェースに加えて、コマンドライン型のインターフェースが利用可能になります。VarSeq®で作成したワークフローを、複数サンプルデータでバッチ処理を行ったり、ユーザー独自で構築したバイオインフォマティクス解析パイプラインに組み込んでの使用が可能となります。



- 赤色のステップは、ワークフローのデザイン時における、最初の1度のみ行う。
- 青色のステップは、解析に使用する全サンプルに対して実行する。
- 青色のステップは、VSPipeline®による自動化が可能。

【アノテーション付けの自動化】

VarSeq®は、Golden Helix社がメンテナンスとアップデートを行っている幅広いパブリックデータベースへのアクセスを提供し、同社による注釈とキュレーションのプロセスによって高品質なバリアントアノテーションを得ることができます。またこれらのデータベースは常に最新バージョンが利用可能ですが、過去のバージョンも同様に利用できるようになっており、バージョン指定による結果の再現性も得ることが可能です。VSPipeline®によってアノテーション付けの工程を自動化することによって、これらの作業を効率的に行うことができます。



【解析パイプラインへのインテグレート】

VSPipeline®のコマンドライン型インターフェースを利用することによって、独自に構築したバイオインフォマティクスパイプラインにVarSeq®をそのまま組み込むことができます。これによりVarSeq®用プロジェクトファイルに加え、アノテーション・フィルタリング済みのバリアントテーブルのExcelファイルやVCFファイル、サンプルやカバレッジレポートなどの自動出力が可能になります。

【ワークフローの反復実行】

VSPipeline®の利用により、テンプレートとして保存しておいたアノテーション付けやフィルタリングのワークフローを反復して実行することが可能となり、複数サンプルにおけるバッチ処理などにおいて効力を発揮します。

【クリニカルラボでの使用】

VSPipeline®は、全ゲノムや全エクソームまたは遺伝子パネルシークエンスを実施しているクリニカルラボ、あるいはバイオインフォマティクスのコアラボにおける、データ解析パイプラインの自動化に活用できます。