



# 機能ゲノミクス解析ソフトウェア

ゲノム (DNA)、トランスクリプトーム  
(RNA)、メタゲノムのNGSデータ分析



フィルジエン株式会社



# OmicsBox Overview

## バイオインフォマティクスが簡単に

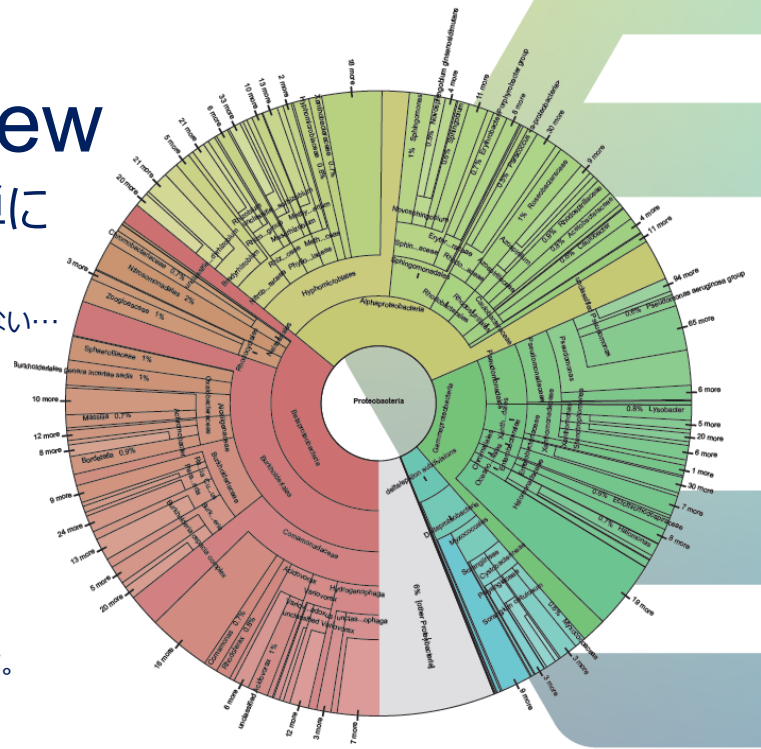
解析ツールの位置や手順がわからずソフトウェアを使いこなせない…

リファレンスゲノムのない生物のデータも解析したい…

農学系研究に適したゲノム解析ツールを探している…

高価なPCの購入無しで様々な解析をしたい…

OmicsBoxは、次世代シーケンサーから出力される遺伝子配列データに対して様々な解析が可能なソフトウェアです。DNAやRNA配列データのアセンブルによる新規配列決定や、機能アノテーション情報の付加、発現変動遺伝子の抽出や遺伝子構造予測、メタゲノム解析など幅広いデータマイニングを実行することができます。



## 他のソフトウェアとの違い

### バイオインフォマティクスの知識は不要

ウェット実験の研究者向けに設計されたソフトウェアです。初めてでも簡単に使用することができます。ほとんどの作業はアイコンを選択しパラメーターを決めるだけで簡単に配列データを生物学的解釈を持つデータにすることが可能です。

### 多くの科学研究引用実績

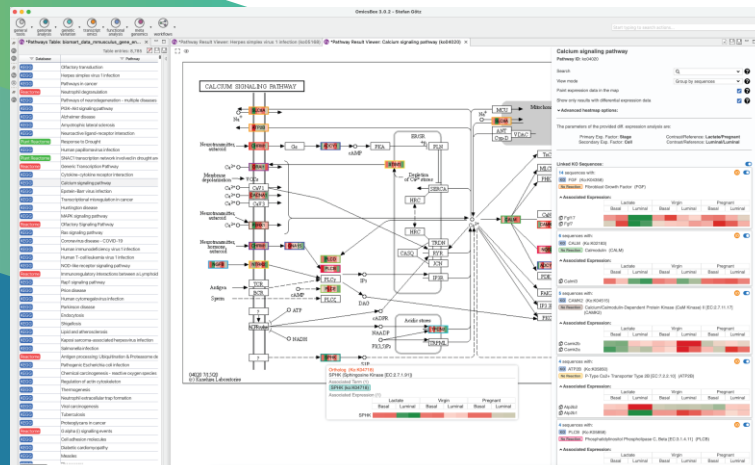
実績は高いがコマンドライン型であったりOSに制限があるオープンソースソフトウェアを多数組み込みマウス操作で簡単に解析できるようしたのがOmicsBoxの特徴の1つです。

### 非モデル生物に対応

OmicsBoxは、リファレンスゲノムがないデータでも解析が実行可能です。植物・水産など農学系研究に応用できるツールが多数搭載されています。様々なアノテーションデータベースにより機能情報をより深めることも可能です。

### 高度なシステム要件を必要としません

OmicsBoxの解析や計算は、統合させたウェブサイトやBioBam社のクラウドを通して行われるため、安定したインターネット接続があれば解析が可能です。



# OmicBox Modules

ゲノム (DNA) 、トランスクリプトミクス (RNA)、バリエーション解析、メタゲノムの5つのモジュール構成と共通機能

## Genome Analysis

- ・ クオリティチェック
- ・ De-Novo Assembly
- ・ リpeat領域をマスク
- ・ 遺伝子領域予測 (原核/真核生物)
- ・ リファレンスゲノムへのマッピング

## Transcriptomics

- ・ クオリティチェック
- ・ 発現値定量
- ・ De-Novo Assembly
- ・ RNA-seqアライメント
- ・ Differential expression Analysis

## Metagenomics

- ・ クオリティチェック
- ・ Taxonomic Classification
- ・ メタゲノムアセンブリ
- ・ メタゲノム遺伝子予測
- ・ Functional Annotation

## Genetic Variation

- ・ 高速バリエーションコール
- ・ モデル/非モデル生物バリエーションアノテーション
- ・ バリエーションフィルタリング
- ・ ゲノムワイド関連解析 (GWAS)
- ・ GBS、WGSをサポート

## Functional Analysis

- ・ 高速BLAST/InterProScan
- ・ 高品質なGOアノテーションの付与
- ・ エンリッチメント解析
- ・ Functional interpretation

## General Features

- ・ プロジェクトとファイルの管理
- ・ ワークフローの設計・実行・保存
- ・ データの可視化
- ・ ゲノムブラウザ



Efficient



Powerful



Versatile

# Genome Analysis

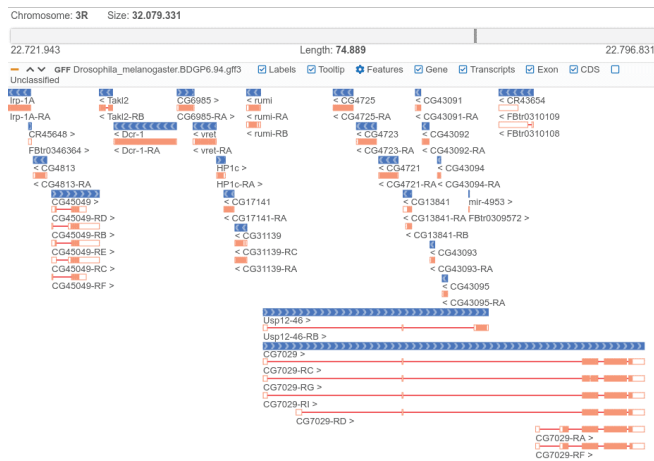


## 新規ゲノムの配列決定

リファレンスゲノムなしで配列を組み立てる

De-Novo AssemblyやORF・遺伝子位置情報の予測機能、リファレンスゲノムデータへのマッピング機能を搭載。ロングリードデータにも対応しています。

- ✓ Quality Control And Assessment
- ✓ De-Novo Assembly
- ✓ Alignment and Polishing
- ✓ Long Reads Genome Analysis
- ✓ Repeat Masking and Gene Finding

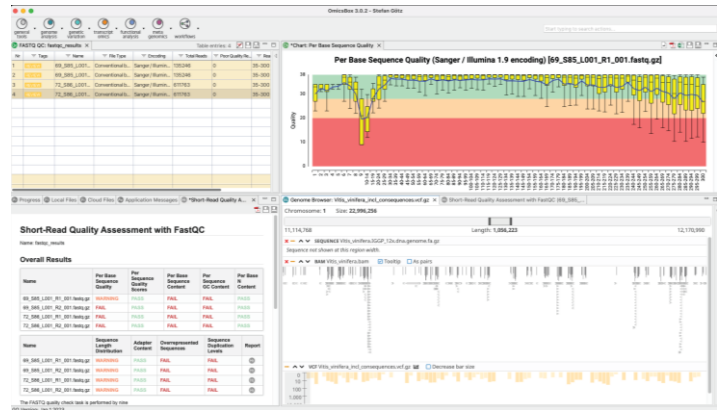


### DNA-Seq De Novo Assembly

DNA-Seq De Novo Assembly Strategies

- ABYSS**  
ABYSS (Assembly By Short Sequences) is a de novo, parallel, paired-end sequence assembler that is designed for short reads. It implements algorithms that employ a Bloom filter, a probabilistic data structure, to represent a de Bruijn graph. ABYSS is capable of assembling large genomes.
- SPAdes**  
SPAdes (St. Petersburg genome assembler) is an assembly toolkit containing various assembly pipelines based on the Bruijn Graph. SPAdes works with Illumina or IonTorrent data, and is capable of providing hybrid assemblies using PacBio, Oxford Nanopore and Sanger reads. SPAdes is designed for small genomes, and allows to assemble single-cell MDA data as well as standard isolates.
- Flye**  
Flye is a de novo assembler for single-molecule sequencing reads, such as those produced by PacBio and Oxford Nanopore Technologies. It is designed for a wide range of datasets, from small bacterial projects to large mammalian-scale assemblies. Flye uses the repeat graph as a core data structure.

Default < Back Next > Cancel Run



生のDNA-Seqリードを構造的にアノテーションを付与し、精選されたドラフトゲノム

## ショートリードとロングリードのDe-Novo Assembly

Genome Analysis モジュールは、シーケンスされたゲノムの特性評価と解析（生のリードから遺伝子構造まで）、効率的かつユーザーフレンドリーな方法で行うことができます。データのクオリティチェックは、FastQCとTrimmomaticを使用して行うことができ、リードのフィルタリングや低品質塩基の除去を行うことが可能です。

アセンブル機能により、参照ゲノムや特定のハードウェアを必要としない全ゲノムシーケンスデータを再構築することができます。このモジュールでは、**ABYSS**、**SPAdes**、**Flye**などの有名なアルゴリズムを使用して、**ショートリード**と**ロングリード**の両方の技術からシーケンスデータをアセンブルする機能を提供します。また、Flyeは**Pilon**と組み合わせてシーケンスポリッシングに使用することもできます。

また、**BWA**や**Bowtie2**によるリードアラインメントを効率的に実行することができます。また、遺伝子位置情報予測に先立ち、リピートの同定やマスキングを行うためのツールも用意されています。OmicsBoxは、ゲノム配列（.fasta）とアラインメント（.bam）、イントロン-エクソン構造（.gff）、バリエーションデータ（.vcf）を組み合わせたトラック形式でアノテーションを視覚化することが可能です。

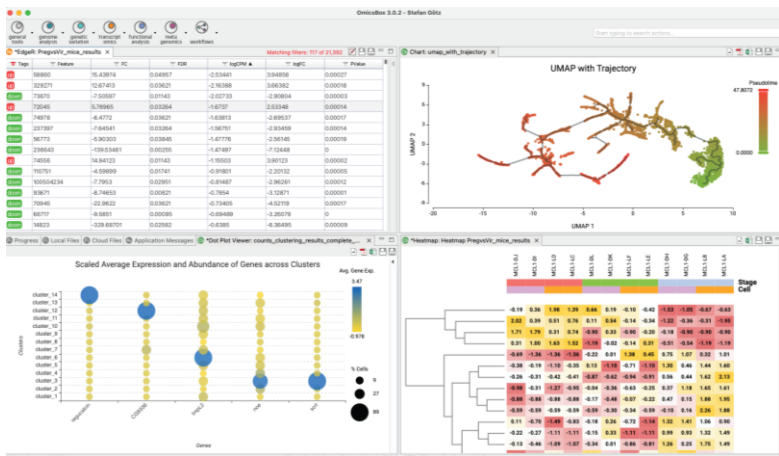




## RNA-seqデータ解析

リファレンスゲノムなしで配列を組み立てるDe-Novo Assemblyやコーディング領域の検出およびその結果を用いたRNA-seqの発現量解析・変動遺伝子抽出ができます。リファレンスゲノムを使用している発現解析にも対応しています。

- ✓ De-Novo Assembly
- ✓ RNA-Seq Alignment
- ✓ Differential Expression Analysis
- ✓ Single-Cell RNA-Seq

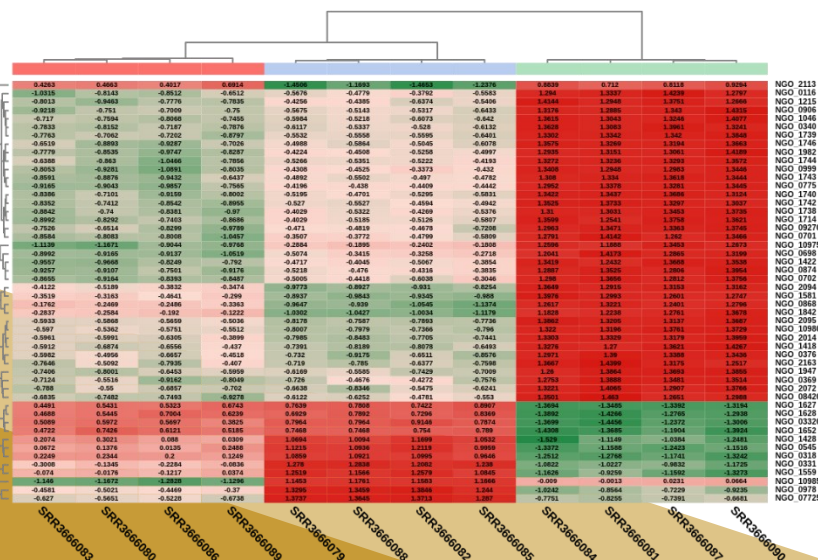


RNA-Seqサンプルを生物学的な知見に変換します

### Quality Control, アセンブリ, 定量と比較

Transcriptomicsモジュールは、RNA-Seqデータを生リードから機能解析まで、柔軟かつ直感的に処理することが可能です。FastQCとTrimmomaticを用いてクオリティチェックを行った後、STAR や BWA を用いて参照ゲノムにアライメントするか、Trinity を用いて参照ゲノムなしでアセンブルし、de-novoトランスクリプトームを取得することが可能です。コーディング領域を予測し、コーディングポテンシャルを評価するための追加ツールは、データセットの精度を高めるのに役立ちます。

また、このモジュールでは、HTSeq または RSEM を使用して、参照ゲノムの有無にかかわらず、遺伝子またはトランスクリプトレベルでの発現を定量化することができます。さまざまな統計図表により、アセンブルや定量化プロセスに関する情報、および結果の品質評価が可能です。NOISeq、edgeR、maSigProなどの統計パッケージを使用して、実験条件間または経時的に発現の異なる遺伝子を検出することができます。インタラクティブなヒートマップにより、結果を直感的に解釈することができます。IsoSeq3 と SQANTI3 の組み合わせにより、ロングリード (PacificBiosciences) の転写産物を同定し、その特徴を明らかにすることができます。Single Cell RNA-Seq ツールは、細胞グループの同定や、疑似時間での細胞系統の軌跡を把握するのに役立ちます。エンリッチメント解析(Functional Analysisモジュール)を直接統合することで、過剰または過小に表現された生物学的機能を簡単に特定することができます。



# Genetic Variation

## 遺伝子の変異解析

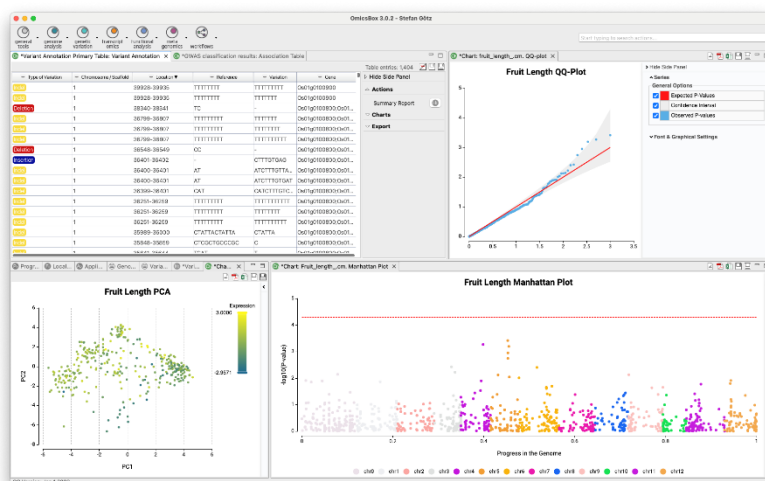
BAMファイルを使用した変異検出、フィルタリング、およびアノテーションを実行できるだけでなく、ゲノムワイド関連解析 (GWAS) を介して遺伝的変異を特定の形質または疾患に関連付けることができます (ショートリードデータのみ対応)。特定のメソッド (例: GBS、WGS) や要件 (倍数性レベル、ゲノムカバレッジ、反復領域の有無など) に合わせて解析を調整するための多くのオプションが利用できます。リファレンスゲノムへのマッピングは、別途 Genome Analysis Module が必要です。

- ✓ Fast Variant Calling
- ✓ Variant Filtering
- ✓ Model & Non-Model Variant Annotation
- ✓ Guided Genome Wide Association Studies
- ✓ Supports GBS and WGS data

### 最先端の遺伝子変異解析

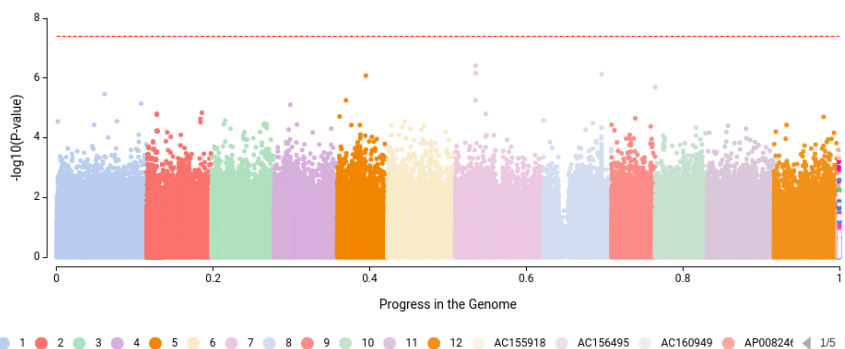
Genetic Variation モジュールでは、バリエントコール、フィルタリング、アノテーションの実行や、ゲノムワイド関連解析 (GWAS) による遺伝的変異と特定の形質や疾患との関連付けを行うことが可能です。

このモジュールでは、一般的なツールである **BCFtools** と **FreeBayes** をベースにしたバリエントコールとフィルタリングのための2つの異なる解析ストラテジーを提供しています。特定の метод論 (例: GBS vs WGS) や要件 (倍数性のレベル、ゲノムカバレッジ、反復領域の存在など) に合わせて解析を調整するための多くのオプションが利用可能です。得られたVCFファイルは、EnsemblのVariant Effect Predictorを使用してアノテーションすることができます。このツールの組み合わせは、最近のいくつかのレビュー研究において、代替パイプラインの性能を上回ることが示されています (例: Nature Sci. Rep. 12, 11331 (2022))。最後に、このモジュールでは、特定の形質と関連する遺伝的変化を特定するための **Genome-wide association studies** (GWAS) を実行することも可能です。



集団または種内の遺伝的変異を特定し、分析

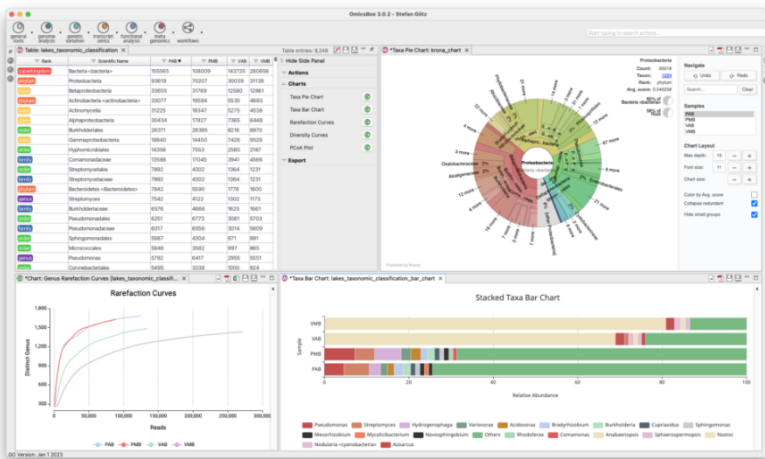
Yield per plant Manhattan Plot



- ✓ Quality Control
- ✓ Metagenomic Assembly
- ✓ Taxonomic Classification
- ✓ Functional Annotation and Analysis
- ✓ Comparative Analysis

## メタゲノム解析 (16S・WGS)

完全なマイクロバイームデータ分析に必要なすべての手順を組み合わせて統合し、柔軟で直感的な方法で統合できます。OTUのグループ間比較にも対応しています。



Taxonomic Classificationや機能アノテーション付きのアセンブリなど、さまざまなタイプのマイクロバイーム分析が可能です。

### 完全な WGS および 16S マイクロバイームデータ分析

Metagenomicsモジュールは、メタゲノム・データのアセンブル、アノテーション、分類など、さまざまなタイプのマイクロバイームデータ解析を可能にします。完全なマイクロバイームデータ解析に必要なすべてのステップを柔軟かつ直感的な方法で組み合わせ、統合することができ、個々の解析戦略に応じたカスタムパイプラインを提供します。

このモジュールは、**Kraken**でカバーされるバクテリア、古細菌、真菌、原生動物、ウイルスの微生物叢を特定できます。豊富な可視化機能により、より簡単に洞察を得ることができます。MetaSPAdesとMEGAHITというツールを使えば、大規模なデータセットをクラウド上で簡単かつ高速に組み立てることができます。さらに、プレーンリードにはFragGeneScanを、アセンブルデータには Prodigal を使用することで、遺伝子予測を実行できます。さらに、様々なデータベースを用いた機能アノテーションや統計検定、サンプル間の分類や生物学的機能を特定する**differential abundance**分析を実行できます。

Rank	Scientific Name	PAB	PMB	VAB	VMB
superkingdom	Bacteria <bacteria>	155565	108009	143725	280656
phylum	Proteobacteria	93619	70207	30039	31138
class	Betaproteobacteria	33655	31769	12580	12861
phylum	Actinobacteria <actinobacteria>	33077	19594	5535	4693
class	Actinomycetia	31225	18347	5275	4538
class	Alphaproteobacteria	30434	17927	7365	6448
order	Burkholderiales	28371	28395	8218	8970
class	Gammaproteobacteria	18840	14450	7426	9529
order	Hyphomicrobiales	14356	7553	2580	2187

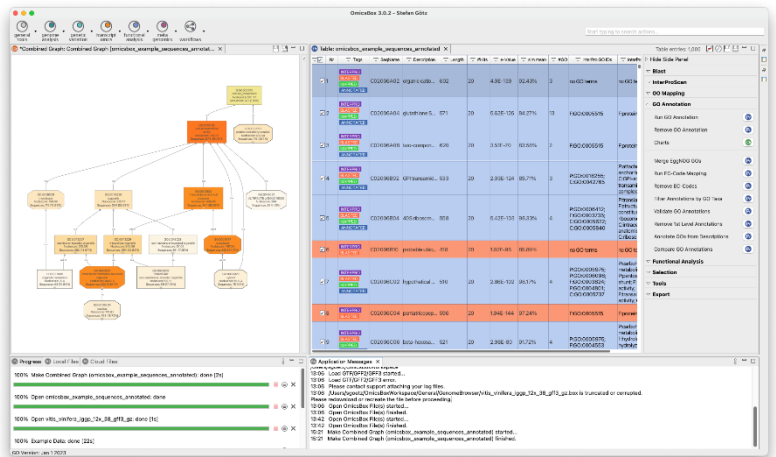
# Functional Analysis



## 機能アノテーションツール

OmicsBoxの基本となるモジュールでBlastでヒットした遺伝子名や機能情報を配列などを付与します。アノテーションはBioBam社独自のアルゴリズムで**7000以上**の研究引用実績があります。

- ✓ Sequence Analysis with Blast, InterPro and EggNog
- ✓ Blast2GO Functional Annotation
- ✓ GSEA and Fisher's Enrichment Analysis
- ✓ Combined Pathway Analysis with KEGG
- ✓ Rich Gene Ontology Visualizations



あらゆる配列データセットに機能的なアノテーションを付けてゼロから分析します。

### 高品質の機能アノテーションと強化されたパスウェイ分析

Functional Analysisモジュールは、OmicsBoxの様々なデータ解析アプローチに生物学的なコンテキストを追加することができます。

最初のステップは、任意のデータセットの機能アノテーションです。**Blast2GO**では、新規配列データセットに対して、最も信頼性の高い機能ラベルを柔軟に割り当てることができます。アノテーションプロセスでは、ソースアノテーションの品質とGene Ontologyの階層を考慮します。クラウドベースのBlastとInterProにより、選択した参照データセットに対する配列アライメントとドメイン検索を高速に行うことができます。ホモログやドメインの候補は、UniProt や Gene Ontology Consortia などの最新かつ十分にキュレーションされたデータベースからの機能アノテーションにリンクされています。

データセットが機能的にアノテーションされると、Fisher's Exact Test や GSEA などの異なる**エンリッチメント**手法により、過剰または過小に表現された生物学的機能を特定することができます。

最後に、**Combined Pathway Analysis** は、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。このツールは、differential expressionデータ(Transcriptomicsモジュール)と組み合わせることで、パスウェイのエンリッチメントを計算し、豊富な可視化機能により、簡単に洞察を得ることができます。

\* 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。



Fast Functional Annotation

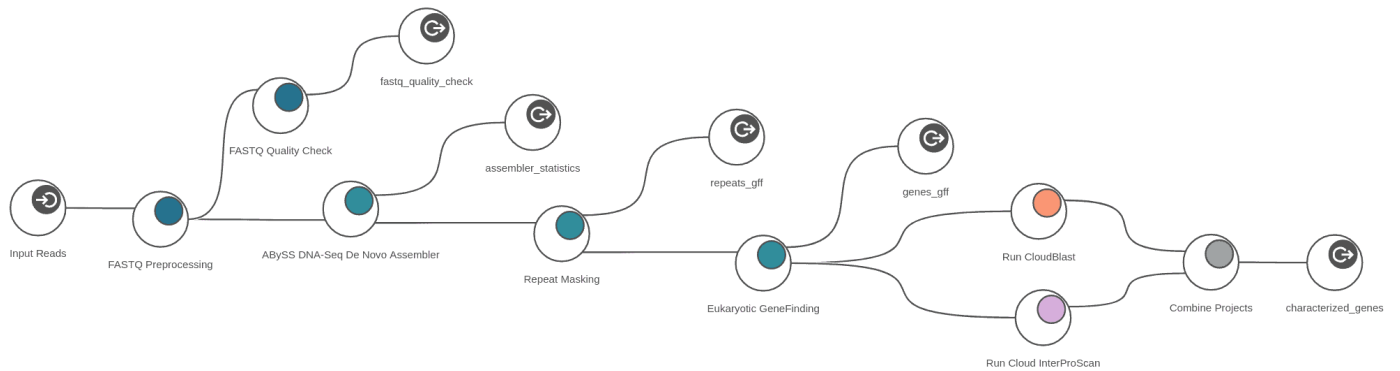
Combined Pathway Analysis



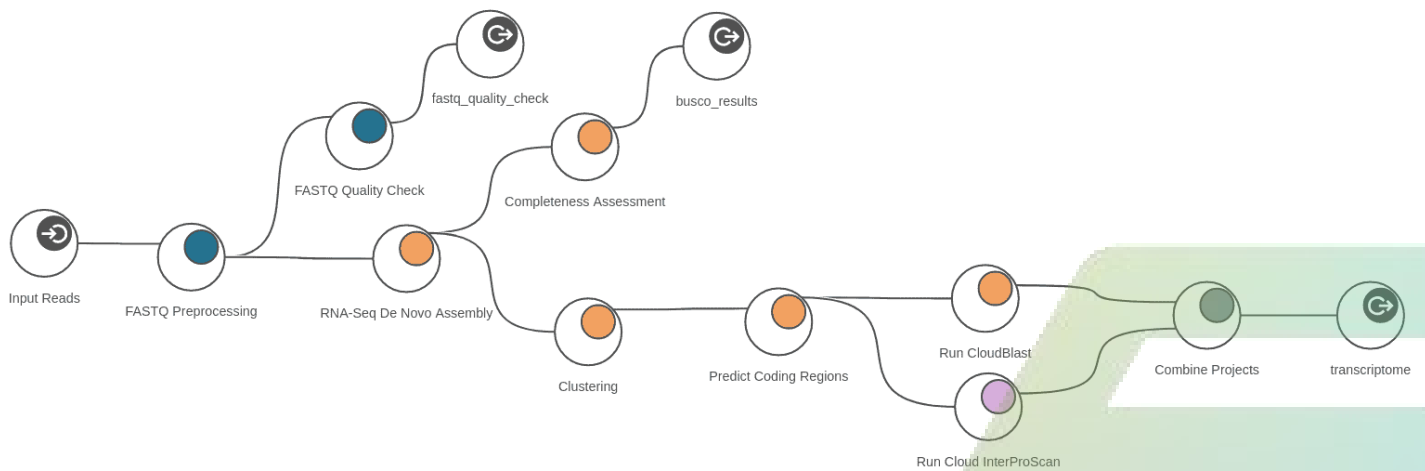
# Example Workflow

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。

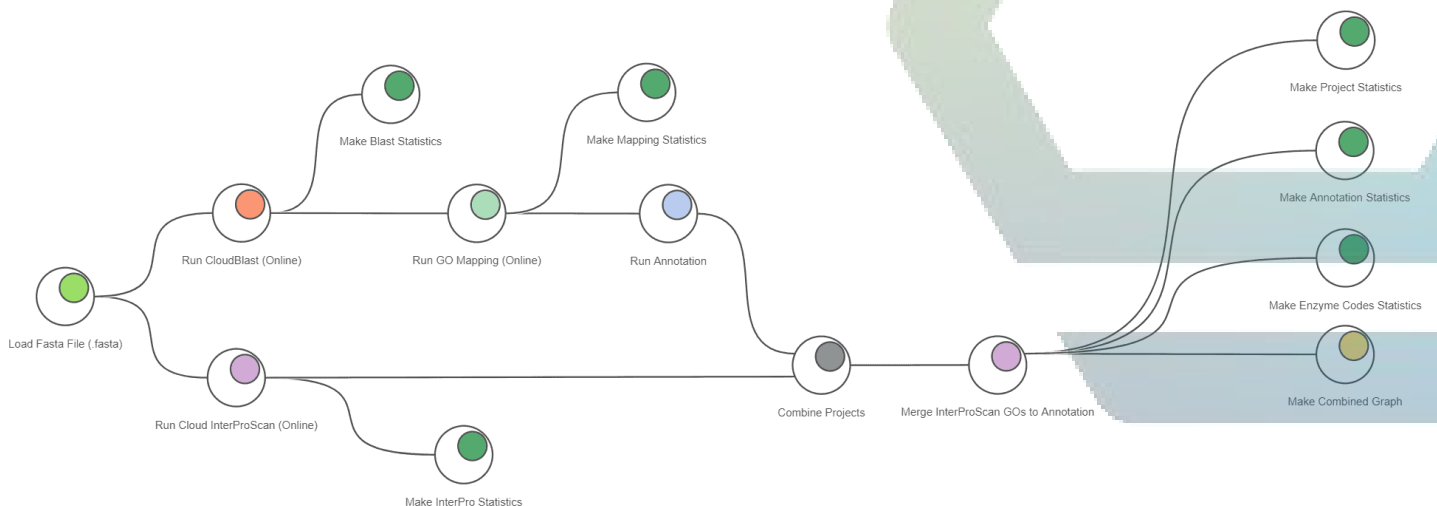
## Eukaryotic Genome Analysis



## De-Novo Transcriptome Characterization



## Gene Ontology Annotation



# Computation Units



CloudBlastは、BioBam専用のコンピューティング・クラウド上で、Blast+シーケンス・アライメントを安全かつ高速に実行することができます。OmicsBoxはライセンス年数とシート数に応じて最初にComputation Unitsが付属しています。(右図)

Computation Unitsは1部の解析により消費されます。

すべてのUnitを使いきってしまった場合は、追加で6 million Computation Units を購入することができます。

## 【購入時に付属するComputation Units】

ライセンス年数	1 Seat	2 Seat
1 Year	6.000.000	9.000.000
2 Years	9.000.000	12.000.000
3 Years	12.000.000	15.000.000

※購入時に付属する Computation Units は、ライセンス年数・シート数によって決定されます。

クラウドプラットフォームで実行される各アルゴリズム(例えば、配列アライメント)は、入力データ、アルゴリズムおよびそのパラメーターによって消費ユニットが決まります。これらの計算単位は、クラスタの使用量(使用されたCPU秒とネットワークトラフィック)に直接対応しています。また、OmicsBoxではComputation Units消費しないローカルブラストや公共データベース上でBlast解析やInterProScan解析を実行することもできます。

## ライセンスタイプ

OmicsBoxはモジュール数とライセンス年数、同時使用可能なPCの台数を自在に組み合わせることが可能です。

1year  
2year  
3year

OmicsBoxは  
年間ライセンスタイプのライセンスです。  
1～3年まで同時購入が可能です。



同時解析人数(シート数)  
は1～5人まで購入できます。  
1シートでPC2台までインストール  
できます。  
(同時解析(起動)は1台)

Genome Analysis	Genetic Variation	Transcriptomics
<ul style="list-style-type: none"><li>・アセンブリ</li><li>・De-Novo Assembly</li><li>・短読ミラー</li><li>・遺伝子発現分析(Transcriptomics)</li><li>・リファレンスアセンブリ</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>・短読ミラー</li><li>・SNP検出</li><li>・SV検出</li><li>・CNV検出</li><li>・Structural Variant Analysis</li><li>・GBS, WGS</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>・アセンブリ</li><li>・短読ミラー</li><li>・De-Novo Assembly</li><li>・Differential expression Analysis</li></ul>
Functional Analysis	Metagenomics	
<ul style="list-style-type: none"><li>・高品質BLAST/InterProScan</li><li>・高品質GO/KEGG/Pathway</li><li>・エンリッチメント</li><li>・Functional interpretation</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>・アセンブリ</li><li>・Taxonomic Classification</li><li>・Metagenomic Profiling</li><li>・Metagenomic Diversity</li><li>・Functional Annotation</li></ul>	

モジュールを自由に組み合わせて購入できます。

\*モジュールの1つに、Functional Analysisを含めることを推奨しています。

✓お客様に合わせた価格を実現！  
まずはご希望のライセンスを弊社までお問い合わせください。

## ABS Quality Evaluations

### Certificate Of Conformance

This is to certify that the Information Security Management System of:

BioBam Bioinformatics S.L.  
Avda. Peris y Valero 87-19  
Valencia 46006  
Spain

has been assessed by ABS Quality Evaluations, Inc. and found to be in conformance with the requirements set forth by:

ISO/IEC 27001:2013

The Information Security Management System is applicable to:

THE INFORMATION SECURITY MANAGEMENT SYSTEM (ISMS) SUPPORTING THE DEVELOPMENT, DISTRIBUTION AND SUPPORT OF BIOBAM'S BIOINFORMATICS SOLUTIONS IN ACCORDANCE WITH THE STATEMENT OF APPLICABILITY (VERSION 8.0)

The assessment was conducted in accordance with the requirements of ISO/IEC 27006

Certificate No: 60741  
Effective Date: 12 September 2020  
Expiration Date: 11 September 2023  
Revision Date: 30 September 2020

  
Dominic Teveson, President



Validity of this certificate is based on the successful completion of the periodic surveillance audits of the management system defined by the above scope and is contingent upon prompt written notification to ABS Quality Evaluations, Inc. of significant changes to the management system or composition thereof.  
ABS Quality Evaluations, Inc. 1715 Clay Street, Suite 107, Tiburon, CA, U.S.A.  
Validity of this certificate may be confirmed at [www.abs-qe.com/verify/certificate](http://www.abs-qe.com/verify/certificate).  
Copyright 2011-2020 ABS Quality Evaluations, Inc. All rights reserved.

BioBamでは、すべてのバイオインフォマティクス・ソリューションが最高のデータセキュリティ基準に準拠するよう、強く心がけています。BioBamは情報セキュリティとプライバシーに関するISO 27001認証を取得しています。ISO27001は、情報 Information Security Management System (ISMS) を構築するための指針です。

# Let's try

## OmicsBox デモンストレーション

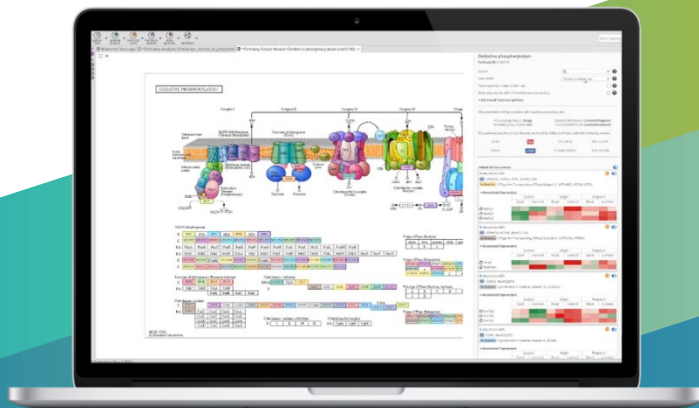
### 7日間無料の

OmicsBoxのデモライセンスを提供してます。

まずは弊社までお問い合わせください。

TEL : 052-624-4388

E-mail : [biosupport@filgen.jp](mailto:biosupport@filgen.jp)



## 製造元



## BioBam Bioinformatics

BioBam Bioinformatics S.L.  
Avenida Peris y Valero 78-23  
46006 Valencia – ES-Spain  
E-mail : support@biobam.com

## 輸入販売元



## フィルジェン 株式会社 バイオインフォマティクス部

【お問い合わせ】  
〒459-8011 愛知県名古屋市緑区定納山1丁目1409番地  
TEL:052-624-4388 FAX:052-624-4389  
E-mail:biosupport@filgen.jp URL:https://filgen.jp/

代理店

(MAR.,2023)