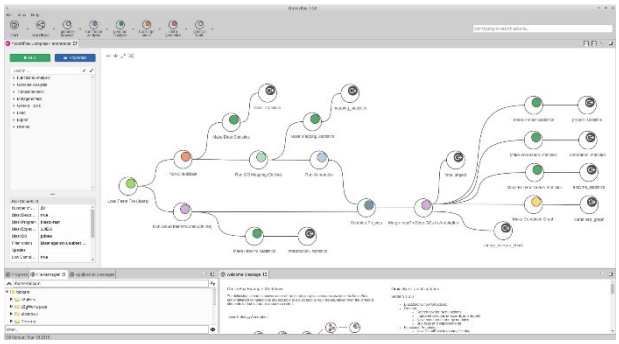
OmicsBox機能一覧

Filgen biosciences & nanosciences

機能	
Blast解析(Diamond・クラウド・NCBI・ローカル)	Functional Analysis
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、ハイブリッドアゼンブル)(ABySS2.0・SPAdes・Flye)	Genome Analysis
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）	Genetic Variation
バリアント フィルタリング	
VEP を使用したバリアント 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アント フィルタリング（dDocent）	

»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)	Transcriptomics
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、Trajectory、細胞種予測（StarSolo・Seuratv5・Monocle3・SingleR・CellKb）	
	PacBio Iso-Seq（IsoSeq3・SQANTI3）	
	分類学的種の同定Taxonomic Classification(Kraken)	Metagenomics
	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	
	メタゲノムアゼンブル(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)	共通機能
	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)	
	ワークフロー(作成、実行、共有)	
	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	
	ベン図の作成	

一部解析にはComputation Unitsが必要な解析が含まれます。
本サービスの仕様は、事前の予告なく変更される場合があります

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。

OmicsBox Ver.3.4