



OmicsBox

非モデル生物 NGSデータ解析ソフトウェア

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



biobam
BIOINFORMATICS SOLUTIONS

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

解析ツールの使用手順がわからずソフトウェアを使いこなせない…

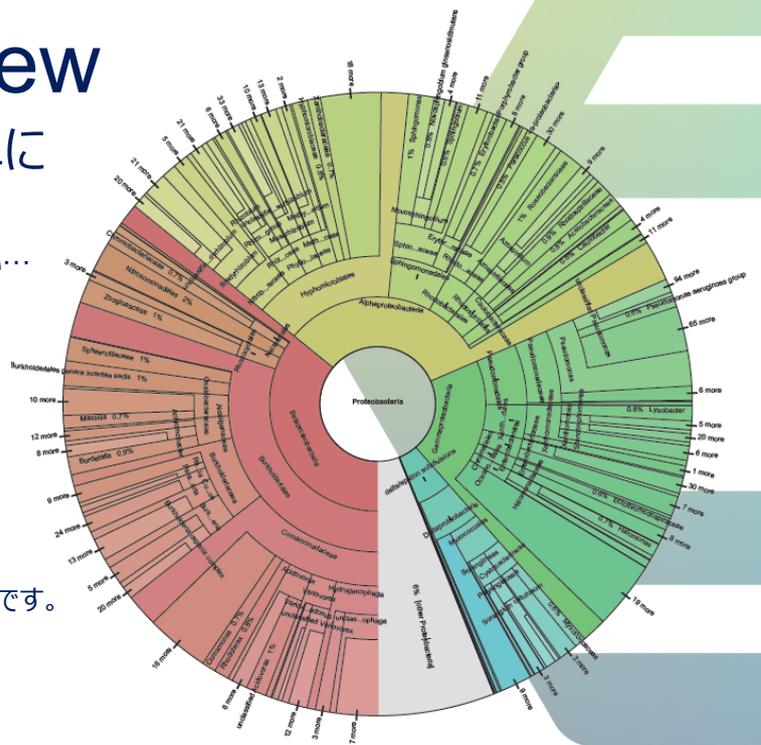
リファレンスゲノムのない生物のデータも解析したい…

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、さまざま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、機能アノテーション情報の付加、発現変動遺伝子の抽出、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。初めての方でも簡単に使用できます。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完了し、配列データを生物学的な解釈を持つデータにすることが可能です。



簡単操作

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にしたのがOmicsBoxの特徴の1つです。



実績の高い
アルゴリズム

非モデル生物に対応

リファレンスゲノムがないデータに対しても解析を実行することが可能です。植物や水産分野など、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。さまざまなアノテーションデータベースを利用し、機能情報をさらに深めることができます。



リファレンスゲノムなし

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、統合されたウェブサイトや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。



高速解析

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

Genome Analysis

- ・ **ドラフトゲノム作成**
de novo アセンブリ
- ・ **遺伝子構造予測** (原核/真核生物)
CDS予測やGFFファイルの作成
- ・ **リファレンスゲノムへのマッピング**

Transcriptomics

- ・ **de novo トランスクリプトーム**
de novo アセンブリや特性評価ツール
- ・ **RNA-seq**
リファレンスゲノムあり・なし/ロングリード
- ・ **シングルセルRNA-seq**

Metagenomics

- ・ **菌叢解析**
Taxonomic Classification
- ・ **全ゲノムメタゲノム解析**
菌叢内の機能特性を評価

Genetic Variation

- ・ **遺伝子変異検出+フィルタリング**
バリエーションアノテーションを搭載
- ・ **ゲノムワイド関連解析 (GWAS)**
- ・ **集団構造解析**
個体の遺伝的ルーツと、その割合

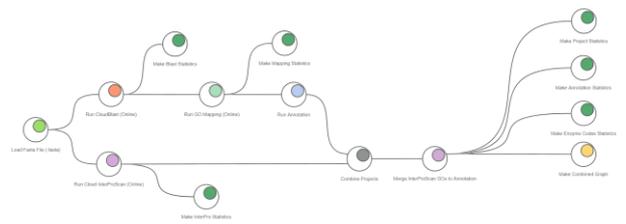
Functional Analysis

- ・ **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**
- ・ **複合パスウェイ解析**

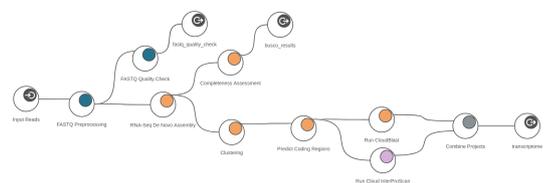


ワークフロー

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。すでに出来上がっている既存のワークフローから解析を行うことも可能です。



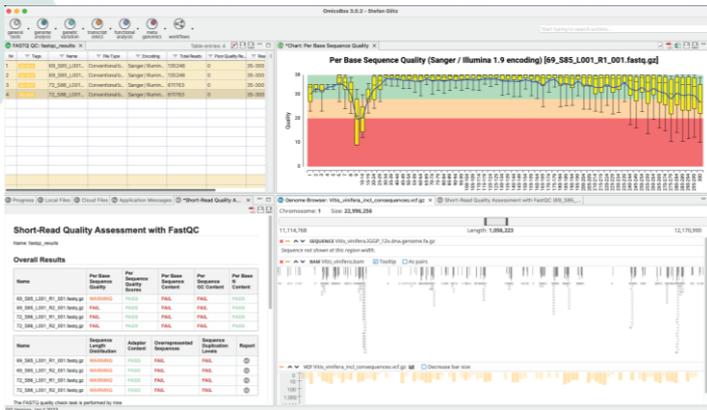
Gene Ontology Annotation



De-Novo Transcriptome Characterization

Genome Analysis

生のDNA-Seqリードを遺伝子構造アノテーション付けし、キュレーションされたドラフトゲノムに変換



リファレンスゲノムなしで配列を組み立てる
de novoアセンブリ、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。

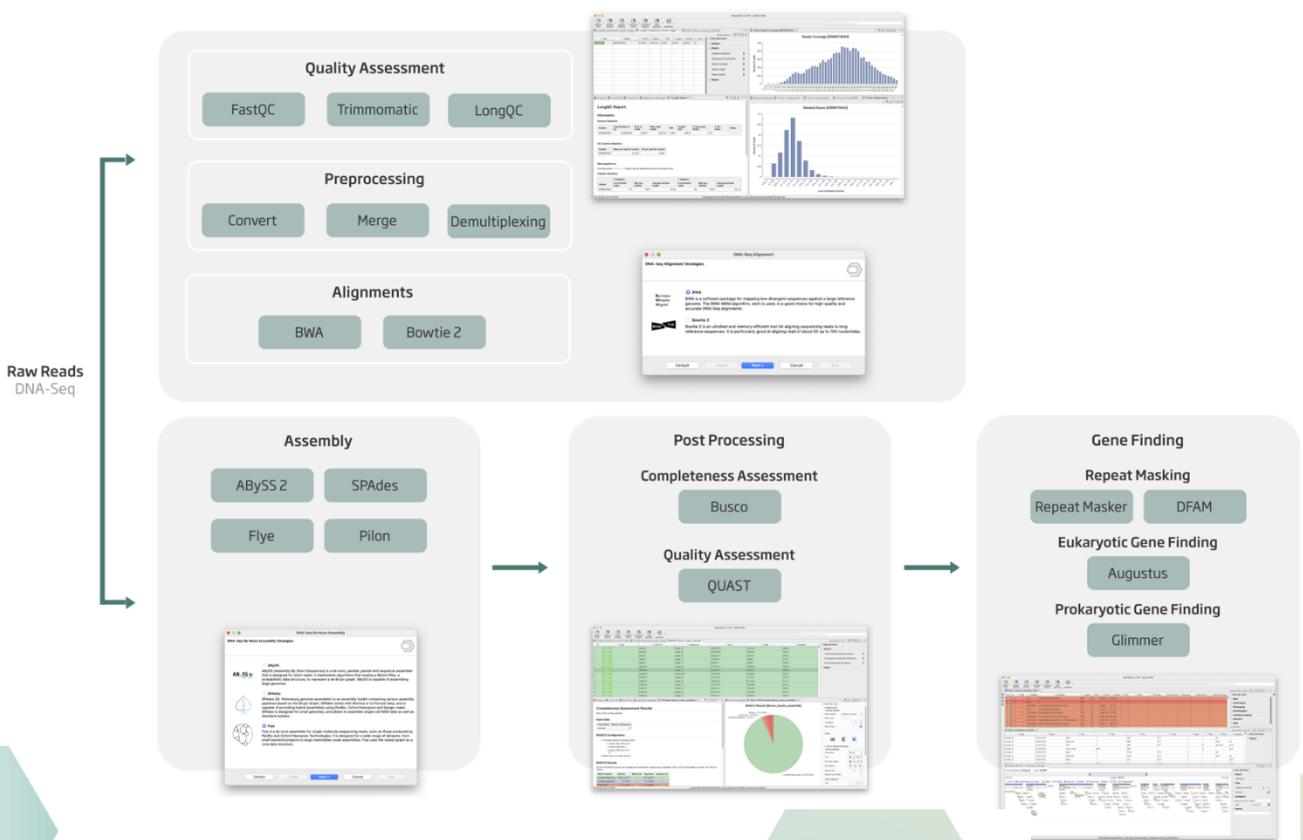
- Quality Control And Assessment ✓
- de novo Assembly ✓
- Alignment and Polishing ✓
- Long Reads Genome Analysis ✓
- Repeat Masking and Gene Finding ✓

ショートリードおよびロングリードの全ゲノム解析

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）を、効率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。

de novo アセンブリ機能により、参照ゲノムを必要とせずに全ゲノムシーケンスデータを再構築することが可能です。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、ショートリードおよび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。

BWAや**Bowtie2**によるリードアライメントも効率的に実行することができます。また、遺伝子位置情報の予測に先立ち、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）、アライメント（.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的に確認することが可能です。



Transcriptomics

RNA-Seqサンプルを生物学的知見に変換

リファレンスゲノムなしで配列を組み立てるde novoアセンブリやコーディング領域の検出、その結果を用いたRNA-seqの発現量解析・変動遺伝子抽出が可能です。リファレンスゲノムを使用した発現解析にも対応しています。

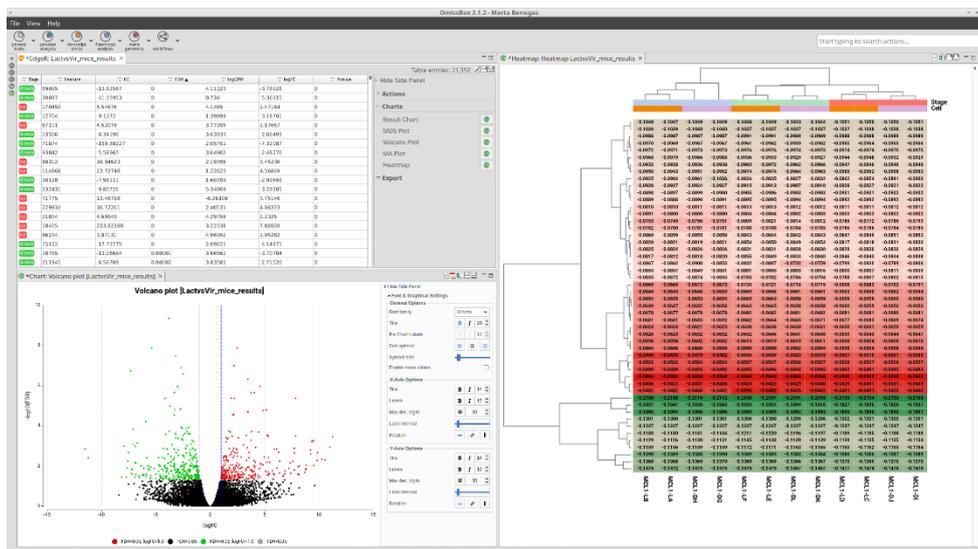
- ✓ de novo Assembly
- ✓ RNA-Seq Alignment
- ✓ Differential Expression Analysis
- ✓ Long-Read Transcriptomics
- ✓ Single-Cell RNA-Seq



Quality Control, アセンブリ, 定量と比較

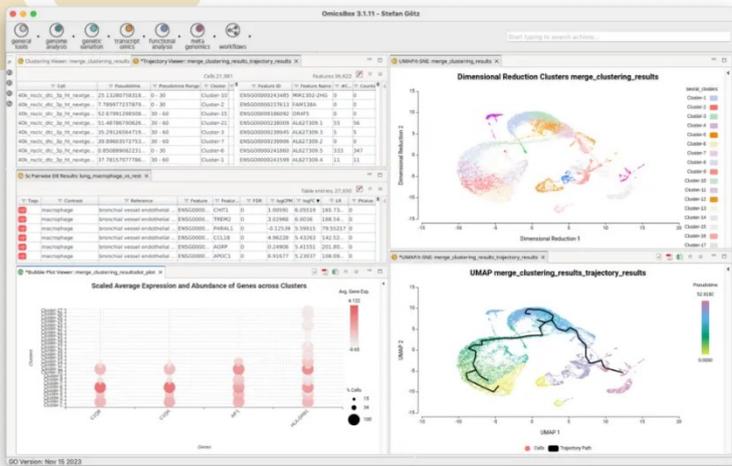
Transcriptomicsモジュールは、RNA-Seqデータを生リードから機能解析まで、柔軟かつ直感的に処理することが可能です。FastQCとTrimmomaticを用いてクオリティチェックを行った後、STAR や BWA を用いて参照ゲノムにアラインメントするか、Trinity を用いて参照ゲノムなしでアセンブルし、de novoトランスクリプトームを取得することが可能です。コーディング領域を予測し、コーディングポテンシャルを評価するための追加ツールは、データセットの精度を高めるのに役立ちます。

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 (PacBio) 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。



Single-Cell

シングルセルデータ解析・探索を簡単に



OmicsBoxは、生のscRNA-Seqリードから機能的なデータ解釈に至るまで、シングルセルRNA-Seq解析のすべての工程をカバーする、合理的でユーザーフレンドリーなソリューションを提供します。

動的なデータ探索やインタラクティブな視覚化に重点を置くことで、研究者は複雑なデータセットでも効率よく解析・解釈を行い、深い洞察を得ることが可能です。

機能

Quantification

STARsoloを活用してscRNA-Seqリードを定量化します。UMIベーステクノロジー（例：10x Chromium、Drop-seq）と完全長テクノロジー（例：SMART-Seq、SmarTer）の両方と互換性があり、特定のデータセットに合わせて定量化パラメータをカスタマイズできます。

Clustering

Seuratを用いて、データの前処理、補正、統合を含むクラスタリングを実行します。

Visualization

バイオリンプロット、ヒートマップ、バブルプロットなどの豊富な視覚化機能を使ってデータを探索できます。状態や遺伝子発現に基づいて細胞を色分けしたり、パーソナライズされたグループを作成したりできます。

Cell Type Identification

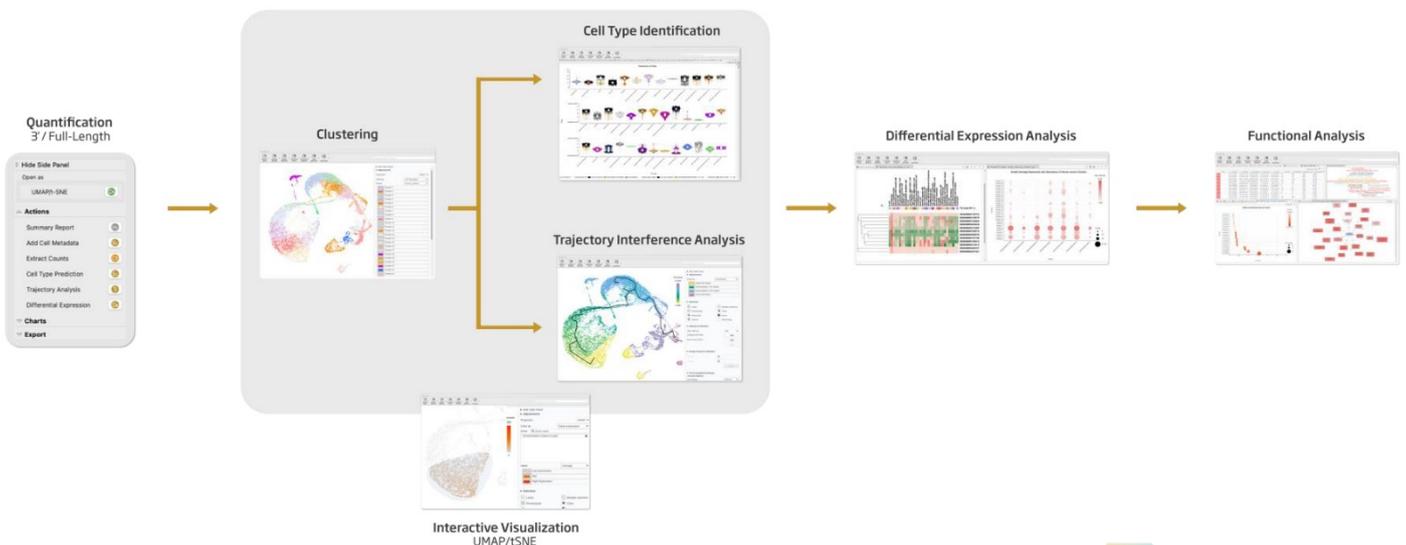
SingleRを使用して細胞種を識別したり、**CellKb**を活用してデータセット内のグループに対する知識ベース細胞種予測を行ったりできます。

Trajectory

Monocle3を用いて擬似時間に沿って細胞を配列し、分化プロセスと発生段階を研究します。自己相関分析を行うことで、これらの経路を駆動する遺伝子を特定し、新たな生物学的知見を明らかにします。

Differential Expression

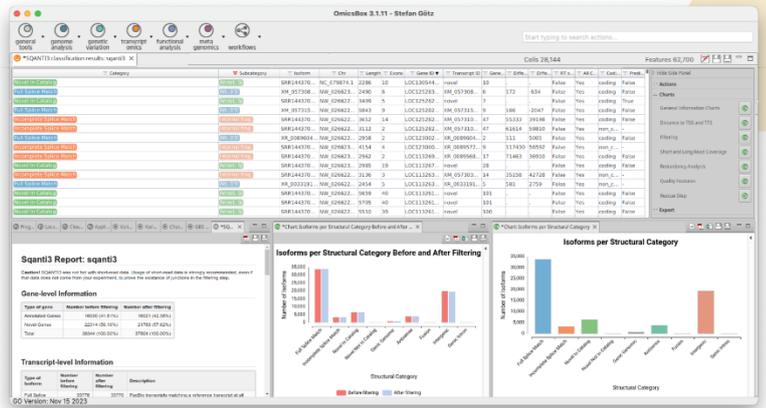
クラスター、細胞種、条件、擬似時間トラジェクトリ間で遺伝子発現レベルを比較します。機能エンリッチメント解析を実行して、過剰発現しているパスウェイを特定し、データの生物学的意義に関するより深い洞察を得ます。



Long-Reads

ロングリードトランスクリプトームの特性評価とキュレーション

PacBioやOxford Nanoporeなどのロングリード技術は、各リードがトランスクリプト全体をカバーするため、アイソフォームの特性評価と解析に最適です。OmicsBoxのロングリードツールを使用すると、トランスクリプトームを正確に再構築し、その品質を評価し、アイソフォームを容易に定量化できます。



機能

✓ minimap2

ロングリードをアラインメントします。minimap2には多数のパラメータが用意されていますが、OmicsBoxでは、データセットに合わせて調整可能な事前定義されたプリセットを使用してプロセスを簡素化し、正確なアラインメントを実現します。

✓ IsoSeq

IsoSeqを使用して、さまざまなプロトコルから取得したPacBioの生のリードデータを前処理します。

✓ FLAIR

ロングリードからトランスクリプトームを構築し、特に新規トランスクリプトの発見に適しています。さらに、発現差解析のためのカウントテーブルも提供します。

✓ IsoQuant

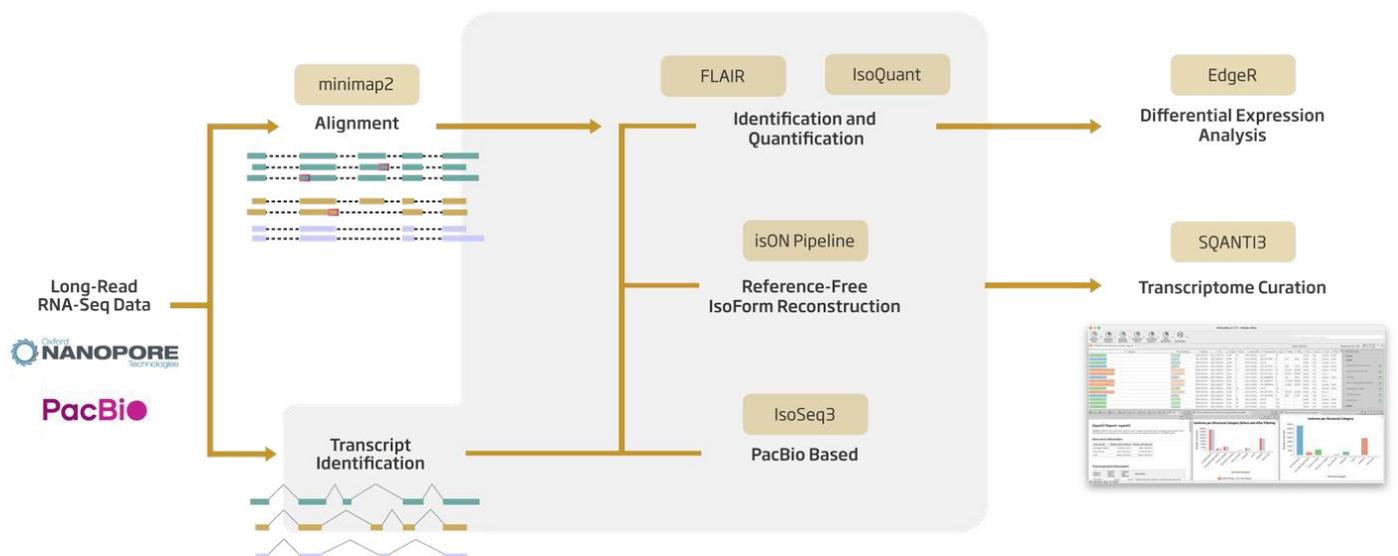
FLAIRと同様にロングリードからトランスクリプトームを構築しますが、より参照データに忠実なアプローチを採用しています。これにより、信頼性の高い新規トランスクリプトのみが報告され、定量化されます。

✓ isONpipeline

リファレンスゲノムを必要とせずに転写産物を再構築できます。トランスクリプトームとゲノムが十分に研究されていない非モデル生物種向けに設計されており、OmicsBoxによって容易に使用できます。

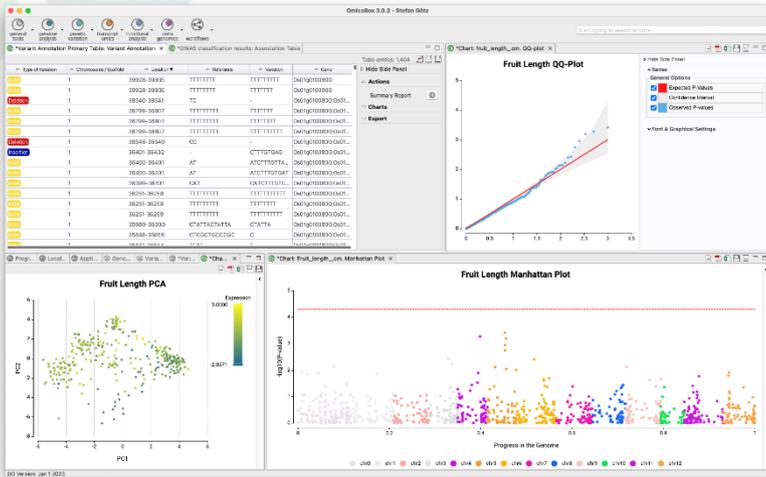
✓ SQANTI3

ロングリードトランスクリプトーム再構築後、SQANTI3はその品質を評価し、個々のアイソフォームを特徴づけます。また、偽陽性のアイソフォームを除外することで、信頼性の高いトランスクリプトームを提供します。



Genetic Variation

集団または種内の遺伝的変異を特定し、分析



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

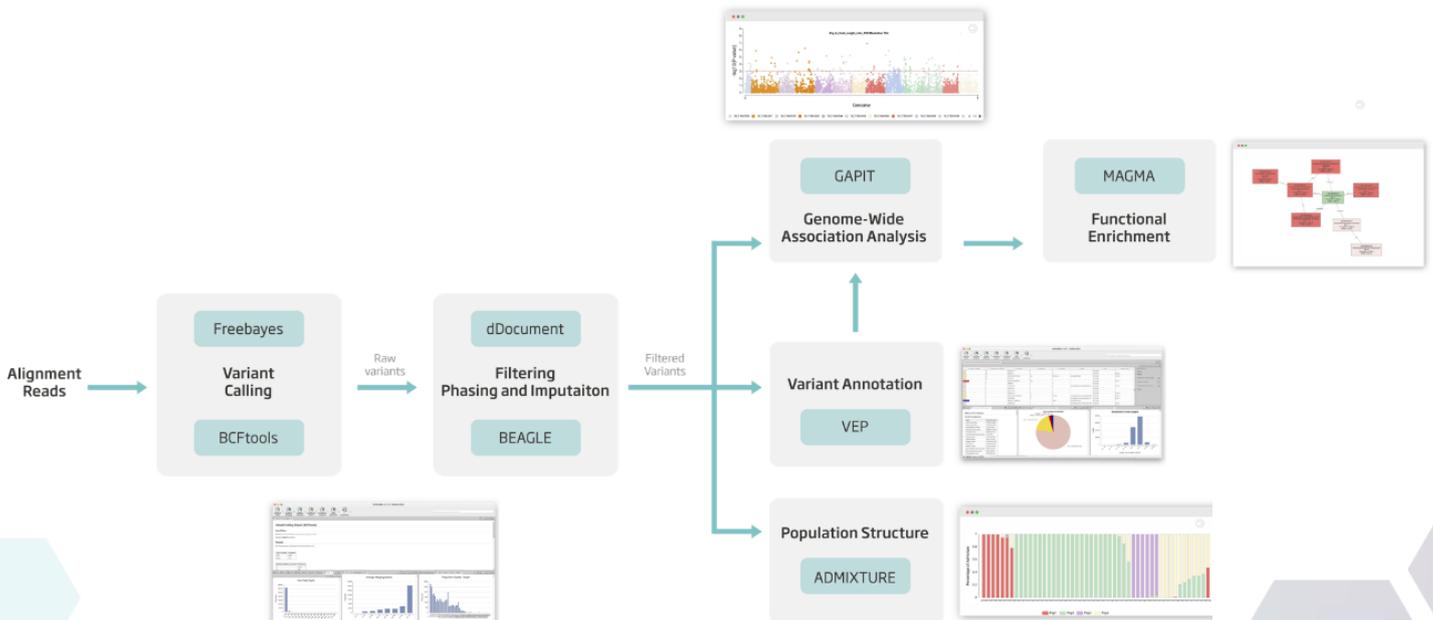
- ✓ Guided Genome Wide Association Studies
- ✓ Supports GBS and WGS data

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。特定の方法论（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、他のパイプラインと比較して優れたパフォーマンスを示しています。（例：Nature Sci. Rep. 12, 11331 (2022)）。さらに、このモジュールは、特定の形質に関連する遺伝的変異を特定するためのGWAS（ゲノムワイド関連解析）を容易にします。加えて、Gene Set Analysis（遺伝子セット解析）によって機能的な解釈が強化され、特定された変異に対する生物学的な理解が一層深まります。

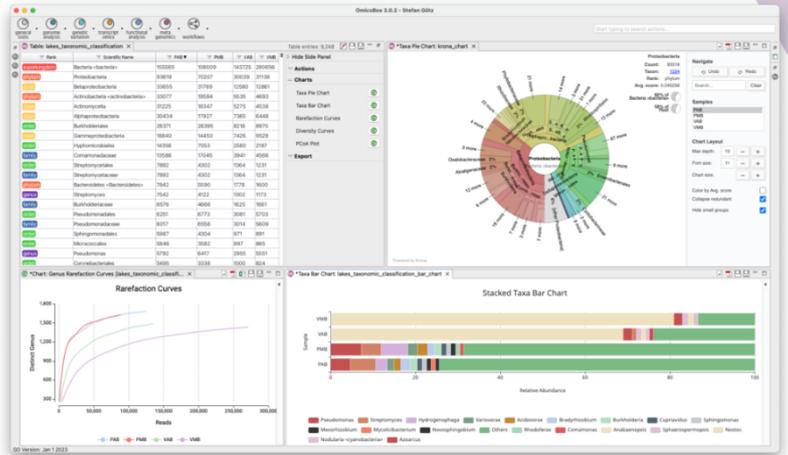


Metagenomics

包括的なマイクロバイオームデータ解析

完全なマイクロバイオームデータ解析に必要なすべての手順を組み合わせ、柔軟で直感的な方法で実行できます。OTUのグループ間比較にも対応しています。

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



完全な WGS および 16S マイクロバイオームデータ解析

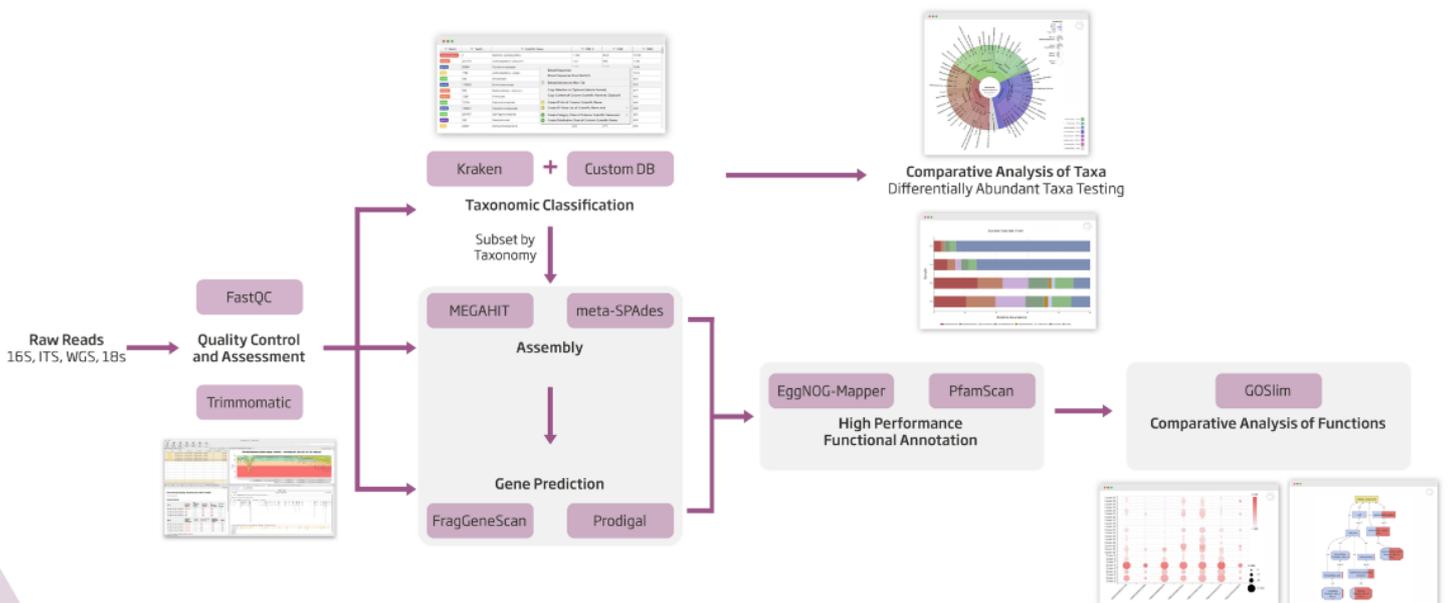
Metagenomicsモジュールは、メタゲノムデータのアセンブル、アノテーション、分類など、さまざまなタイプのマイクロバイオームデータ解析を可能にします。

Taxonomic identificationのために、このモジュールは **Kraken2** を活用し、細菌、古細菌、真菌、原生生物、ウイルスを株レベルまで分類します。ユーザーは、WGSリードの場合はRefSeq、アンプリコンデータの場合はGreengenes、SILVA、GTDB、MIDAS5、UNITEなどの包括的なデータベースから選択できます。

豊富な視覚化ツールにより、ユーザーは有意義な洞察を簡単に抽出できます。

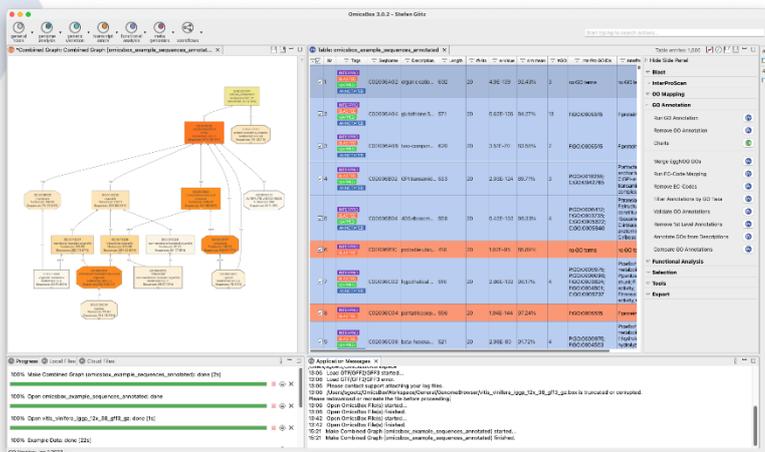
大規模データセットのアセンブリは、MetaSPAdesとMEGAHITによってサポートされており、クラウド上で高速かつ効率的な処理を実現します。遺伝子およびタンパク質の同定は、生データにはFragGeneScan、アセンブリデータにはProdigalを使用して実行できます。

様々なデータベースを介した機能アノテーションもサポートしており、マイクロバイオームの生物学的意義に関するより深い洞察を可能にします。さらに、統計的検定により、サンプル間の分類や生物学的機能における差異を特定し、マイクロバイオームの動態を包括的に理解することができます。



Functional Analysis

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解析



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、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



高品質の機能アノテーションとパスウェイ分析

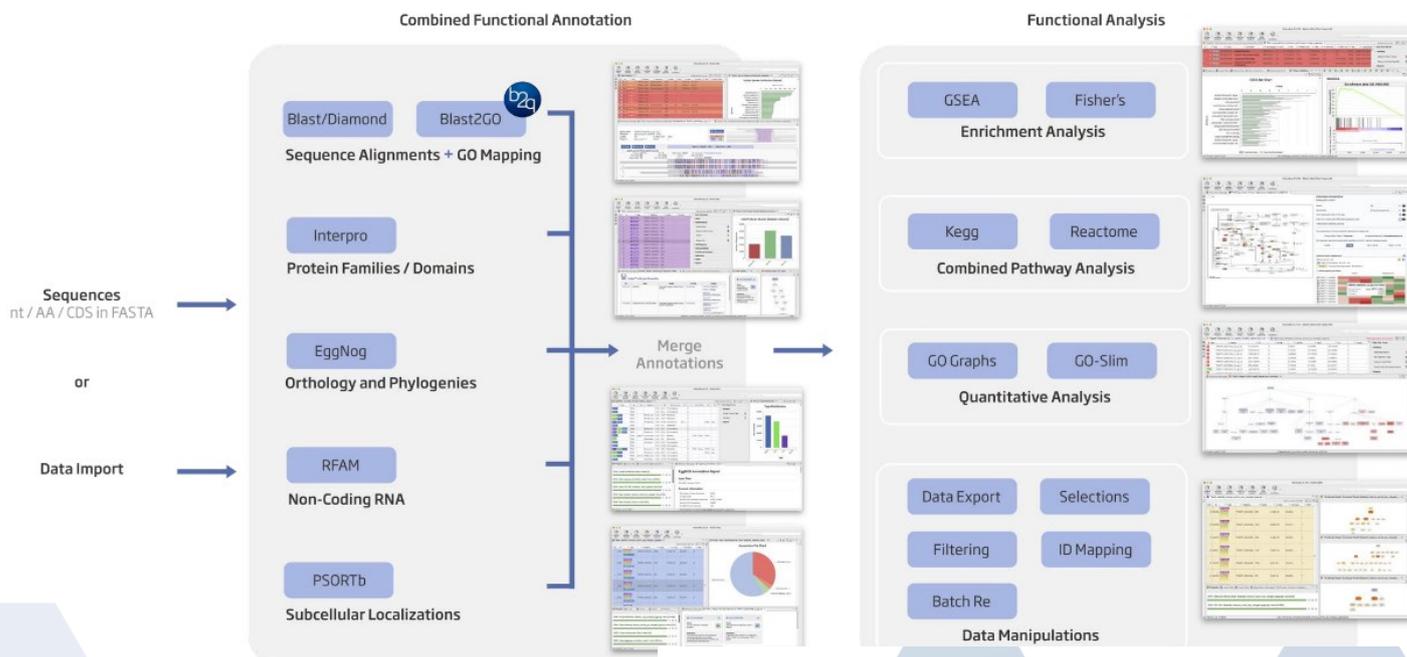
Functional Analysisモジュールは、OmicsBoxのさまざまなデータ解析アプローチで使用できます。

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 Consortium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。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。



Computation Units



【購入時に付属するComputation Units】

一部の解析は、CPU時間やデータ量などの計算リソースの消費に応じて、「クラウドユニット（Computation Units）」として定量化され、消費されます。OmicsBoxには、ライセンスの年数およびシート数に応じて、最初から一定数のComputation Unitsが付属しています（右図参照）。

Computation Unitsは一部の解析により消費されます。

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

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上で実行される各アルゴリズム（たとえば配列アライメント）は、入力データの量、使用するアルゴリズムおよびそのパラメーターに基づいて、消費するComputation Unitsが決定されます。

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 <ul style="list-style-type: none">・クオリティコントロール・De-Novo Assembly・短読ミトゲノムアセンブリ・遺伝子発現量推定 (RNA-seq)・リファレンスゲノムマッピング	Genetic Variation <ul style="list-style-type: none">・短読ミトゲノムアセンブリ・SNP検出・De-Novo Assembly・SNP検出・Differential expression Analysis	Transcriptomics <ul style="list-style-type: none">・クオリティコントロール・短読ミトゲノムアセンブリ・De-Novo Assembly・SNP検出・Differential expression Analysis
Functional Analysis <ul style="list-style-type: none">・高品質BLAST/InterProScan・高品質GO/KEGG/Pathwayの解析・ネットワーク解析・Functional interpretation	Metagenomics <ul style="list-style-type: none">・クオリティコントロール・Taxonomic Classification・Metagenomic Profiling・Metagenomic Assembly・Functional Annotation	

モジュールを自由に組み合わせる購入が可能です。

*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。

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: support@filgen.jp URL:https://filgen.jp/

代理店

(MAR.2025)