

次世代シーケンサ Web 解析システム mRNA-seq by genome

モデル生物用の発現量値算出システム

リファレンス情報（ゲノム配列及び遺伝子モデル）に、トランスクリプトのリード配列をアライメントし、mRNA 単位の発現量値を求めます。

mRNA-seq by genome システムの特長

- ・リファレンス配列情報の使い方で、3種類の発現解析手法が可能

Genome 配列、遺伝子モデル（遺伝子、及び、エクソン&イントロン情報）、アライメントにより新たに発見される転写配列の3種類のリファレンスを組み合わせて、発現量を求めることができます。（図1参照）

- ・高度なデータ解析ツールプログラムの機能をフルに活用できます。

Cufflinksで用意されてるパイプライン処理のバリエーションをWebのユーザインタフェースから利用できるようにしています。たとえば、1サンプルが複数ランのリード配列で構成される場合、ランごとにアライメント処理を行い、サンプルごとの発現量を求める際に出力される統計的なスコア値の信頼性をあげることができます。

- ・多検体のデータ解析が可能

複数のサンプルを別々に同時に解析可能で、その結果がサーバに保存され、いつでも取り出すことができます。

- ・リード配列のクオリティチェックとトリミング・クリーニング

リード配列のクオリティの統計的表示や、トリミング・クリーニングを行うことができます。同じリード配列に対し、パラメータを変えて、トリミング・クリーニングが可能で、それぞれの結果を別々に保存することができます。

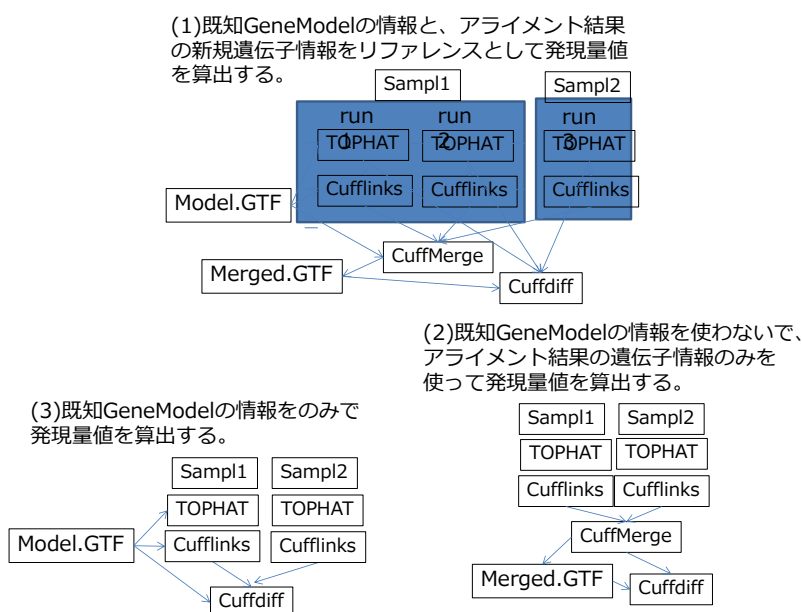


図1 : mRNA-seq by genome の処理構成

3つの動作モード

- (1) Genome+Reference gene-model+Novel
- (2) Genome+Reference gene-model only
- (3) Genome+Reference Novel

利用ソフトウェア

BOWTIE
TOPHAT
Cufflinks