

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

非モデル生物用の発現量値算出システム

リード配列や公開 cdNA 配列から、2段階のアセンブルによりトランスクリプトのコンティグ配列を作成し、それをリファレンス配列として、リード配列をアライメントし、コンティグ配列単位の発現量値を求めます。

mRNA-seq by transcript システムの特長

- ・2段階のアセンブルで、ロングリードの配列も含めてコンティグ配列を作成します。

リード配列を次世代用プログラムでアセンブルし、コンティグを得ます。次に、最初のステップで得られたコンティグ配列に加えて、公開 cDNA 配列やロングリードの配列などを含めて、“サンガー法のリード配列用”のソフトウェアでアセンブルし、より長いリファレンス配列を手に入れることができます。(図1参照)

- ・アセンブルでの使用 CPU 数やメモリ量を含め、詳細なパラメータ設定が Web から可能。

Trinity、TGICL が用意しているほぼすべてのパラメータを Web の画面から設定でき、パラメータを検討する作業が研究者主体で行うことができるようになります。

- ・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て、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。

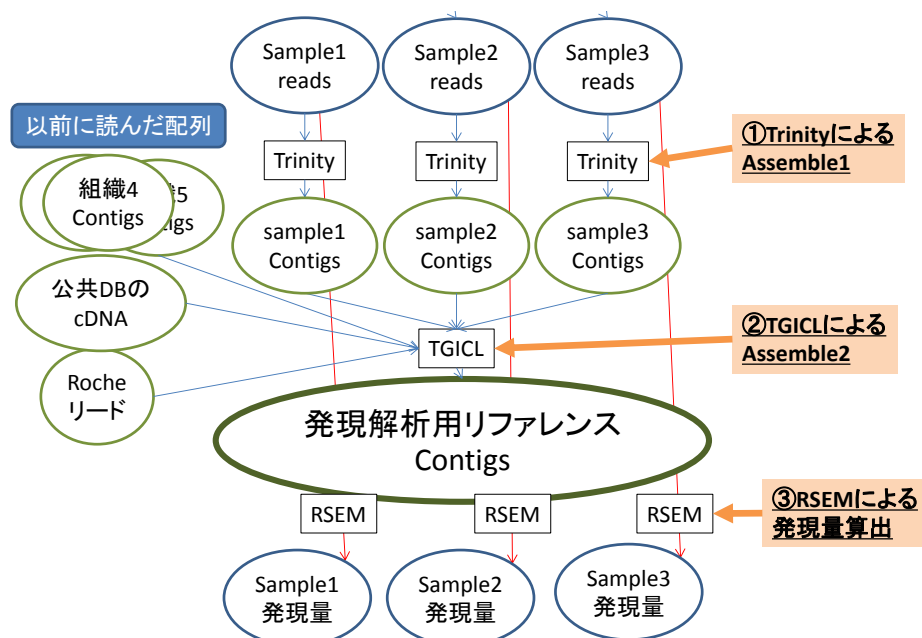


図1 : mRNA-seq by genome の処理構成

利用ソフトウェア BOWTIE、Trinity、
TGICL、RSEM

株式会社メイズ

〒193-0835 東京都八王子市千人町 1-2-17 604 Tel.042-673-3020 Fax.042-673-3022 <http://www.maze.co.jp>