

# NEXT GENERATION SEQUENCING COLLECTION

Pipeline Pilot の Next Generation Sequencing (NGS) Collection には最新の DNA および RNA シーケンスプラットフォームである次世代シーケンサ (Next-Generation Sequencer: NGS) から出力される膨大なデータセットの解析と解釈を行うためのデータ処理パイプラインを、簡単に構築するための各種機能が総合的に用意されています。圧倒的なパワーと柔軟性に優れた新しい NGS Collection を使用することで、最新の解析ニーズはもちろん、次世代シーケンス分野に次々に現れる新しいアプリケーションや計算方法にも即座に対応可能です。

## 時間と費用を節約すると同時に次世代シーケンス分野の変化するニーズに対応

新しい解析方法を個々の研究ニーズに反映させるには、限られたバイオインフォマティクスのリソースにてデータ解析パイプラインの作成、変更、配布作業を行わなければなりません。NGS Collection を用いることにより、これらの作業が飛躍的に高速化され、プログラミング作業を「日」もしくは「週」単位で短縮することが可能となります。新規にデータ処理パイプラインを作成する際は、シンプルにドラッグアンドドロップするだけで済み、プロトコルの実行も自動化できるため、貴重な時間と労力を節約できます。

現在最も急速に変貌する研究領域に対して新しいアルゴリズムや計算アプローチを迅速に組み込めるソフトウェアプラットフォームを用意し、分析機能を持たせることで、現行のソフトウェア経費を低減し、将来的なソフトウェア投資を行えます。

## 質の高い次世代シーケンス解析を実現

次世代シーケンスデータによる研究をより確かなものとするために、各種アルゴリズムの中から現在最も広範囲に使用され、かつ信頼性の高いアルゴリズムを採用しました。さらに、研究組織全体に適用する標準のプロトコルを作成することで、次世代シーケンス解析データの品質を確保できます。これらにより作業の重複などによる労力の無駄を省き、解析ミスを防じます。

また、遺伝子発現やプロテオミクスの分析、統計、データモデリング、レポート生成、ケムインフォマティクス、テキスト分析といった Pipeline Pilot の高度な機能と連携させることにより、次世代シーケンス解析を強化できます。

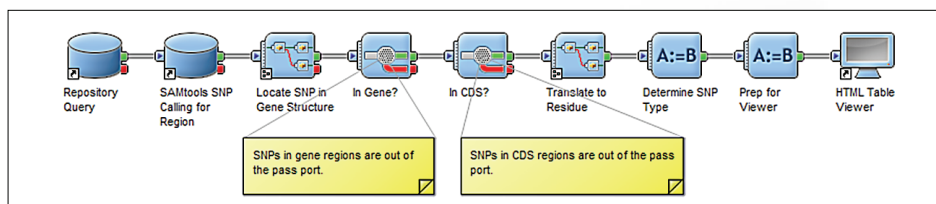


図1: SAMtoolsを使用して SNP を特定する代表的な NGS プロトコル。コード領域にある非同義なもの特定し、結果を Web ページに表示します。

## NGS COLLECTION の利点:

- ・ 次世代シーケンス解析で広範囲に使用されているアルゴリズムが豊富にそろっており、de novo assembly、reference sequence へのマッピング、多型と構造的多型の特異性(SNP、挿入と削除、コピー数多型)、RNA 発現レベルの測定(RNA-Seq)、転写因子の結合部位の特異性(ChIP-Seq)など、包括的な次世代シーケンス解析が可能
- ・ 業界トップレベルの統合フレームワークである Pipeline Pilot により、コマンドラインで動作する他のプログラムを独自のデータ処理パイプラインに統合可能
- ・ 異なる研究のデータの統合、注釈の付加、領域別検索を行える強力なリポジトリコンポーネントにより、各種データを効率よく管理可能
- ・ 広く使用されているゲノムブラウザなどのデータ表示ツールを使用した解析結果の表示が可能。また、Pipeline Pilot の対話型の表やグラフを使用し、これら機能をさらに強化可能
- ・ クラスタや分散グリッドコンピューティングに対応した Pipeline Pilot 独自の並列処理管理機能、及び一般的なグリッド管理ソフトウェアを活用することにより、データ処理のパフォーマンスを最大限に高めることが可能

## NGS COLLECTION 導入効果が期待される部門・研究者

- ・ **ゲノミクスやトランスレーショナルリサーチに携わる研究者:** 比類のない柔軟性と使いやすさにより、研究者は次世代シーケ

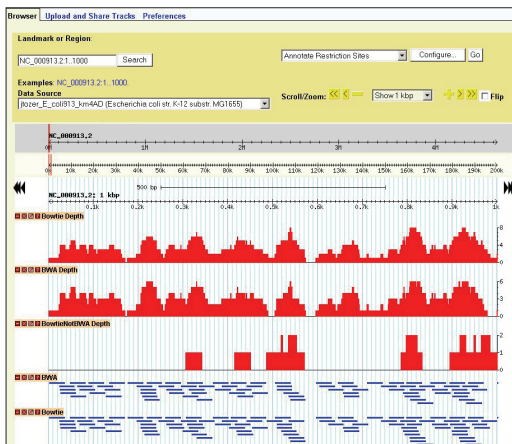


図2: 解析結果の表示には、GBrowse2 などの一般的なデータ表示ツールも使用できます。

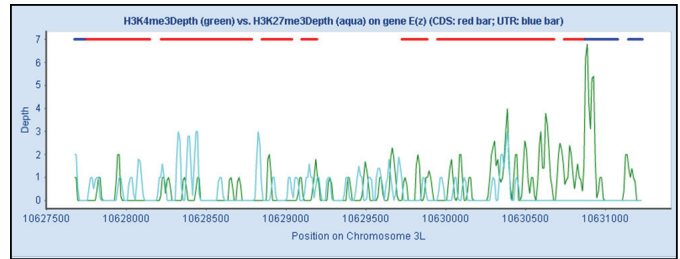


図3: 2つのChIPデータサンプルの転写因子の結合パターン比較

スの主要な解析に使用できる標準的な処理パイプラインを作成したり複製したりできます。また一般的に使用されているデータ表示ツールにて結果を表示することにより、結果の解釈を行いやすくします。また、データ処理パイプラインは、同僚や協力者と共有でき、新しいデータセットへの適応も簡単です。

- ・ **バイオインフォマティクスおよび研究部門 IT 担当者:** バイオインフォマティクスの研究者や研究部門の IT 担当者は、最適なパイプラインを簡単に開発することができます。例えば、他のユーザーが新しいデータにも簡単に適用できるパイプライン、異なるアルゴリズムで算出した結果を簡単に比較して計算アプローチを評価するパイプライン、新しいアルゴリズムを導入し変化するユーザーの要件を迅速に満たすパイプライン、Web サービスを使用して高度な次世代シーケンス解析手法を既存の自社開発アプリケーションに組み込むパイプラインなどです。
- ・ **研究マネージャ:** Pipeline Pilot の柔軟性と統合機能により、複雑で冗長なアプリケーションを単一のプラットフォームに統合し簡単に導入できるようになり、既存のニーズもより低コストでサポートできます。この点は、急速に進む技術革新により無数のパブリックドメインソフトや商用アプリケーションが存在する次世代シーケンス解析には、非常に重要な要素となります。単機能アプリケーションとは異なり、Pipeline Pilot プラットフォームは研究組織が次世代シーケンサの技術革新に対応していくために必要な機能のすべてを単一のソフトウェアプラットフォームにて提供します。

Pipeline Pilot の詳細については下記URLをご参照ください。  
[www.accelrys.co.jp/products/pipeline-pilot/](http://www.accelrys.co.jp/products/pipeline-pilot/)