

【2022年版】
BaseSpace™ Sequence Hub
(BSSH) の基本：NGSデータの
アップロードから解析まで

井上 弘貴

フィールドアプリケーションサイエンティスト

2022年10月26日

Agenda

1 BSSHの紹介

2 BSSHの始め方

3 BSSHへのデータアップロード

4 BSSH上のデータの構造と見方

5 BSSHの解析App実行の流れ

6 BSSHでの解析結果の
ダウンロード・共有

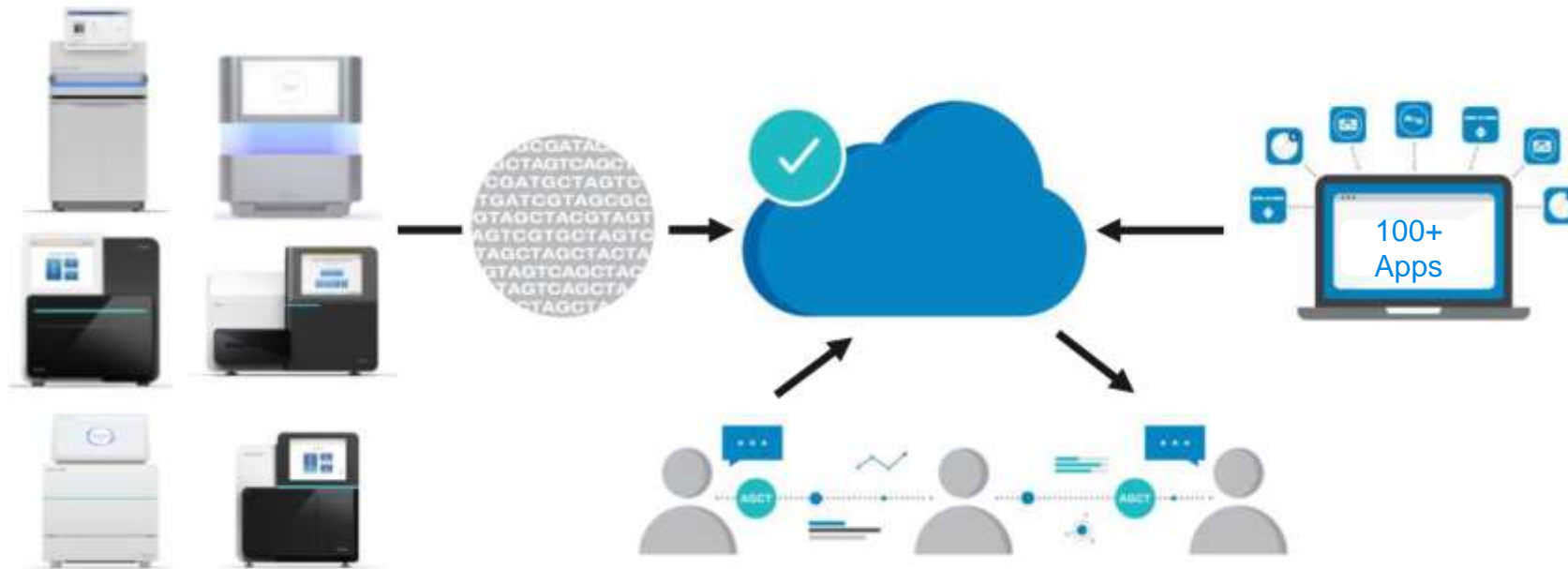
7 まとめ

BSSHの紹介



BSSH (BaseSpace™ Sequence Hub) とは？

➡ イルミナシーケンサーのデータを管理・解析するためのクラウドサービス



- ・ 装置から直接シーケンスデータをアップロードし、解析可能
- ・ クリックの簡単な操作で解析実行が可能、コマンド入力の知識は不要
- ・ 大規模な解析用のPC環境がなくても、解析を始めることができる
- ・ クラウド上のデータを共同研究者と簡単に共有可能

BSSHご使用の流れ

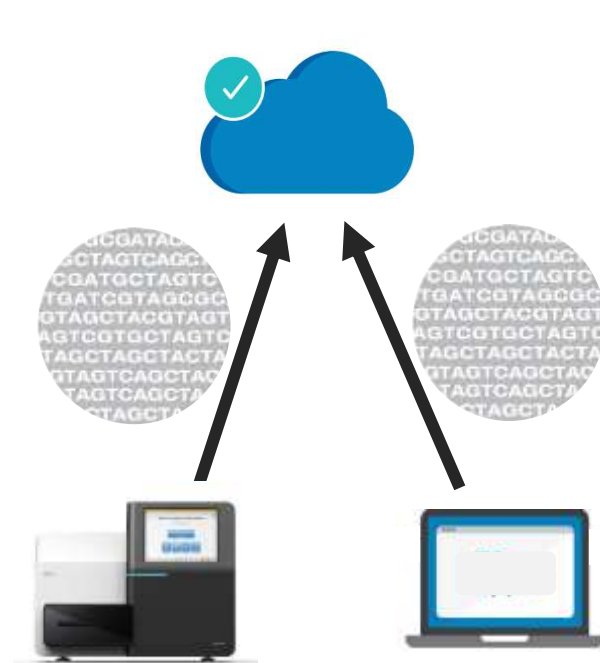
BSSH アカウントの
作成

シーケンシング / 一次データ解析
/ FASTQ ファイルアップロード

解析
(BSSH App の実行)

データ管理

The screenshot shows the 'Register' page of the BSSH application. It includes fields for 'Email address', 'First name', 'Last name', 'Password', 'Confirm password', and 'Location' (set to 'United States'). There is a 'reCAPTCHA' checkbox and 'Create Account' and 'Cancel' buttons at the bottom.

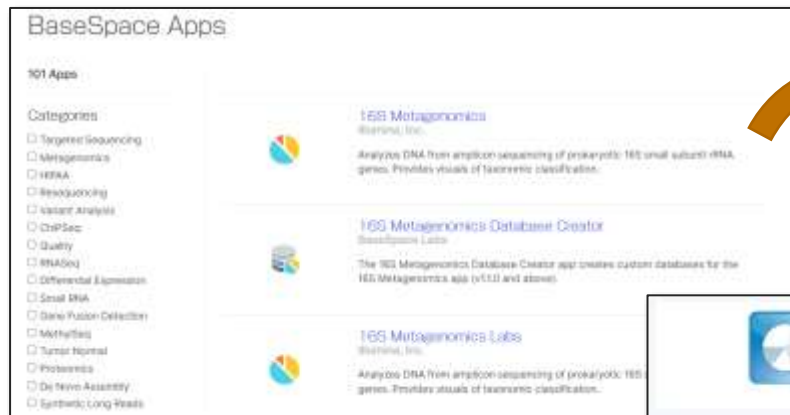


BSSHでどのような解析が可能か？

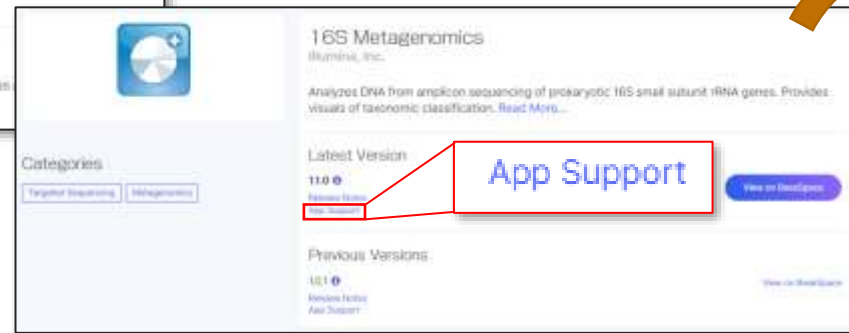
➡ 使用する解析App（アプリケーション）によって異なります。
2022年10月現在、**101種類**の App が利用可能です。

BSSH解析Appの一覧ページ：

<https://jp.illumina.com/products/by-type/informatics-products/basespace-sequence-hub/apps.html>



各Appのページ



“App Support” リンクから、
オンラインヘルプページに移動し、
各Appの詳細ご確認いただけます



BSSHでどのような解析が可能か？

<BSSH Appの一例>



DRAGEN Somatic Pipeline

腫瘍サンプルからの
体細胞バリエーション検出など



DRAGEN COVID Lineage (*Lab App)

SARS-CoV-2リファレンス配列へのリードマッピング
変異検出、コンセンサス配列作成など



DRAGEN RNA Pipeline

遺伝子発現量算出
融合遺伝子探索など



16S Metagenomics

細菌のrRNA(16S)を利用した
メタゲノム解析

Apps一覧は[こちら](#)

*BSSH Appには以下の3種類があり、サポート範囲が異なりますのでご注意ください。

- Illumina Core App : イルミナ社の開発したAppで、イルミナ社が全面的にサポートいたします。Illumina, inc. と記載。
- BaseSpace Lab App : イルミナ社R&Dが開発の迅速化を目指して公開したAppで、イルミナ社の公式なサポート・動作保証の範囲外となります。
- 3rd party/custom App : イルミナ社外で開発されたAppになり、イルミナ社のサポート範囲外となります。
詳細は各Appのサポートリンク先ページをご参照ください。Vendor名が記載。

BSSH について知りたい：オンラインヘルプページ

Q) BSSHの使い方のマニュアルはありますか？

➔ オンラインのヘルプページをご参照ください。

BaseSpace Help center : <https://help.basespace.illumina.com/>

The screenshot shows the BaseSpace Sequence Hub interface. At the top, there is a navigation bar with the 'illumina' logo on the left and 'SEQUENCE HUB' on the right. Below the logo is a search icon. The navigation bar contains several tabs: 'HOME', 'RUNS', 'PROJECTS', 'ANALYSES', 'BIOSAMPLES', 'APPS', and 'DEMO DATA'. On the right side of the navigation bar, there are three icons: a notification bell, a help icon (a question mark inside a circle), and a trash can icon. A red box highlights the help icon, with a red callout box pointing to it that says 'ここからもBSSHのヘルプにアクセスできます' (You can also access BSSH help from here). A grey callout box points to the 'HOME' tab, saying '各タブを選択してBSSH上の各情報、解析App、デモデータにアクセスできます' (You can access various information, analysis apps, and demo data on BSSH by selecting each tab). Another grey callout box points to the notification bell icon, saying '通知を閲覧できます' (You can view notifications). A grey callout box points to the user profile icon, saying 'アカウント設定' (Account settings). The main content area of the interface shows a 'Hello' message and a status message: 'Everything is looking good so far today. Check back later for any incoming items.'

BSSHの始め方



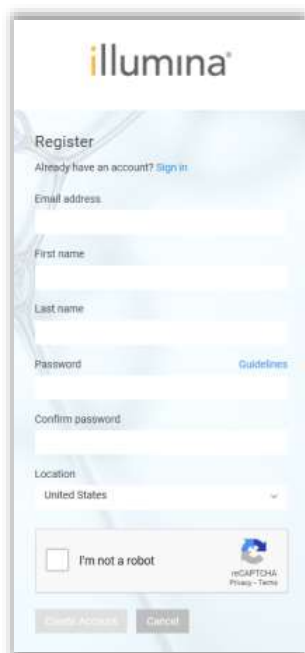
BSSHアカウントについて

BSSHアカウントの
作成

シーケンシング一次データ解析
/FASTQファイルアップロード

解析
(BSSH Appの実行)

データ管理

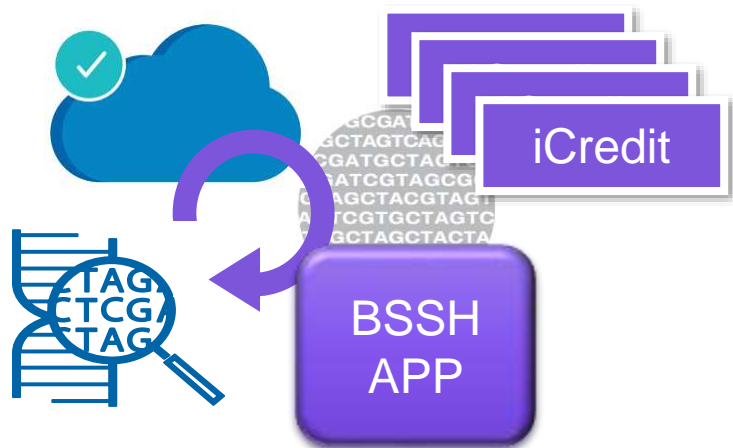


The image shows a screenshot of the Illumina BSSH registration page. The page has a light blue background with the Illumina logo at the top. Below the logo, there is a 'Register' section with a link for 'Already have an account? Sign in'. The form includes fields for 'Email address', 'First name', 'Last name', 'Password' (with a 'Guidelines' link), and 'Confirm password'. There is also a 'Location' dropdown menu currently set to 'United States'. At the bottom of the form, there is a checkbox for 'I'm not a robot' and a reCAPTCHA logo. Two buttons, 'Create Account' and 'Cancel', are located at the bottom of the form.

- この章では、BSSHの使用開始前に必要なことについて説明します。
- BSSH 内の解析実行に必要な通貨 iCredit
- BSSH アカウントの種類
- BSSH の使用開始法：Basic アカウントの作成

(*2022年10月の情報に基づきます)

iCredit



- ・ BSSH上の解析Appの多くは、iCredit を消費して動作する
- ・ iCredit の消費量は、App によって異なる
(各 App ページで確認可能)
- ・ 同一 App の iCredit の消費量は、解析データ量に比例する

(例)BSSH内の16S Metagenomics App のページ (2022年10月)

16S Metagenomics
Illumina, Inc.
Bookmark this app Help

The 16S Metagenomics app performs taxonomic classification of 16S rRNA targeted amplicon reads using a taxonomic database. The app provides interactive visualizations and raw classification output for per-sample and aggregate analyses.

Pricing
Compute cost 3.00 iCredits per node hour

Version
1.1.0

LAUNCH APPLICATION

* 各種解析に消費するiCredit 量の目安は、下記資料ご参照ください。

[PDF] BaseSpace™ Sequence Hub Apps Quick Guide

<https://jp.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/basespace-handout-sequence-hub-apps-quick-guide-web.pdf>

3種類のBSSHアカウントの概要

Basic

無償で作成可能なアカウント

- ・ Email の登録ですぐに作成・利用可能
- ・ **iCredit** の購入ができない
 - *ご利用開始直後、30 日間有効な 250 iCredit が付与される
- ・ BSSH 上のストレージが1TB 無償で付与される
 - BSSH の使用テストが可能

Professional

Enterprise

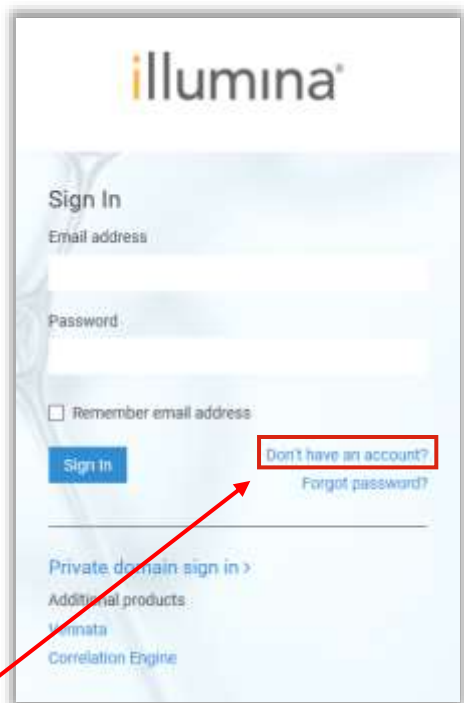
有償ライセンス契約が必要なアカウント

- ・ **iCredit** の購入が可能、1TB を超えるストレージの追加購入が可能
- ・ Workgroup 管理など、Basic にない機能が使用可能
- ・ Basic account から下記手順でアップグレードして使用
 - ① 販売代理店様から、年間ライセンスをご購入
 - ② Registration Portal でのライセンスの activate

※ Professional と Enterprise
の差はAppendix 参照

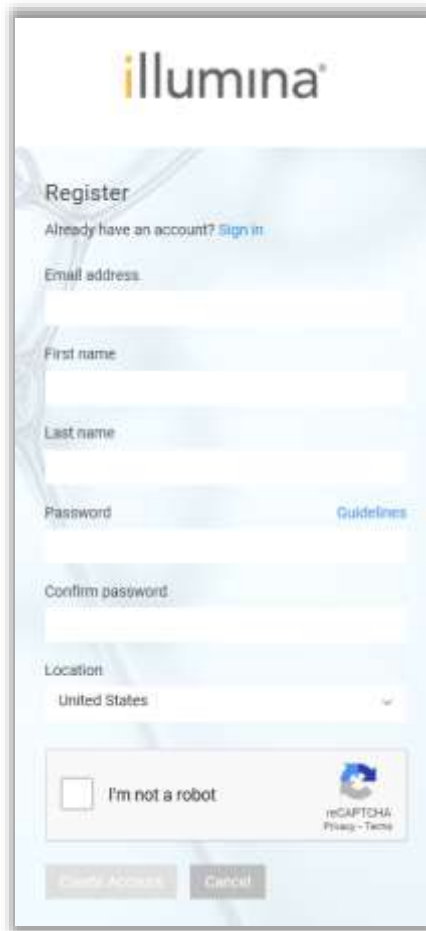
BSSH の使用開始法：Basic アカウントの作成

- ① basespace.illumina.com にアクセス
<https://basespace.illumina.com>



- ② “Don't have an account?” をクリック

- ③ 登録フォームに記入



- ④ 登録した Email 宛てに
確認メールが送信される

→ 確認メール内の
confirmation link をクリック

- ⑤ Basic Account が Active になります

- ⑥ BSSHにアクセスし、
各種 user agreement を承認すると、
BSSH が使用できるようになります

[重要] ⑥の承認日時から、トライアル250 iCredit の
使用期限の30日間カウントが始まります

BSSHへの データアップロード



BSSHへのデータアップロードについて

BSSH アカウントの
作成

シーケンシング / 一次データ解析
/ FASTQファイルアップロード

解析
(BSSH App の実行)

データ管理



- この章では BSSH へのシーケンスデータアップロード方法について説明します

シーケンスラン開始前なら

(1) イルミナシーケンサーから、ラン実施時に一次解析・アップロード
ラン終了後、お手元に FASTQ ファイルがある場合は

(2) マニュアルで FASTQ* ファイルを BSSH にアップロード

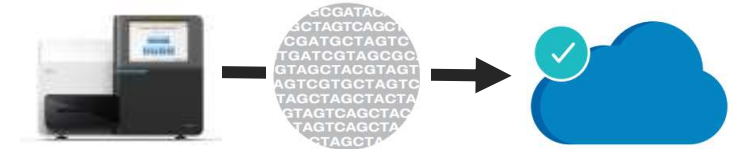
* : FASTQ ファイル=NGS データフォーマットの一つ。

多くの BSSH App の解析対象ファイル。

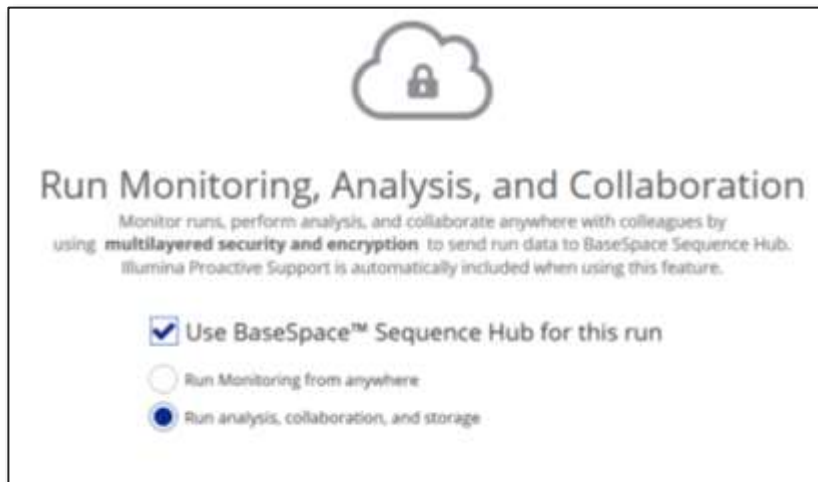


(1) イルミナシーケンサーでラン開始時に設定

- ・ シーケンスラン開始時に装置上で設定をすることで、装置から自動で BSSH 上にデータをアップロードすることができます
- ・ シーケンスラン品質（QC）データ、シーケンス結果データから FASTQ ファイル生成が可能



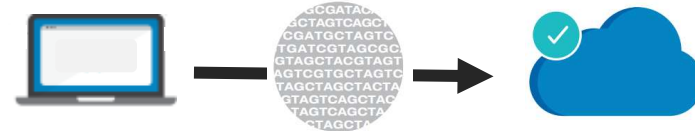
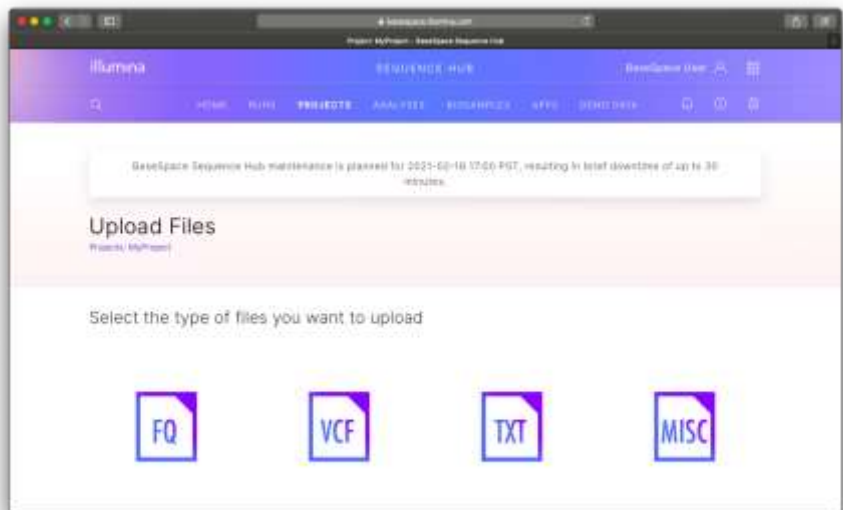
<例：MiSeq™ のラン設定の画面>



- ① ラン設定画面で“Use BaseSpace Sequence Hub...”にチェックを入れる
- ② “Run analysis, collaboration and storage”を選択
→ QCデータ、シーケンス結果データが BSSH 上にアップロードされ、FASTQ ファイルも BSSH 上に生成される
“Run monitoring Only”を選択すると、
→ QCデータのみが BSSH にアップロードされる
- ③ 次の画面で BSSH へサインイン

* 各シーケンサー装置でのBSSH オプション設定法は、各装置のシステムガイドご参照ください。
* 装置をインターネット接続し、BSSH へ接続できるように設定しておく必要があります。

(2) マニュアルで FASTQ ファイルを BSSH にアップロード



- ・ お手元の PC で BSSH にサインイン後、
マニュアルで FASTQ ファイルをアップロードできます
- ・ 一度に1サンプル (Biosample) のみアップロード可能

*マニュアルでの FASTQ ファイルアップロード手順については、下記資料ページご参照ください。



- ・ BSSH オンラインヘルプページ
<https://help.basespace.illumina.com/manage-data/import-data>
- ・ [日本語ウェビナー] RNA-Seq をもう一度：情報解析をクラウドでより簡単・高速に！
DRAGEN™ RNA Pipelineのご紹介
<https://jp.illumina.com/events/webinar/2021/ts-0224.html>
* マニュアルでの FASTQ ファイルアップロード時のトラブルについての情報もごさいます

BSSH上の データの構造と見方

4

BSSH 上のデータの見方

BSSH アカウ
ントの
作成

シーケンシング / 一次データ解析
/ FASTQ ファイルアップロード

解析
(BSSH App の実行)

データ管理



- ・ この章では BSSH 上のデータの構造と見方について説明します。
 - (4-1) BSSH 上のデータの構造
 - (4-2) BSSH 上のデータの見方

BSSH 上のデータの構造 (NEW MODE)

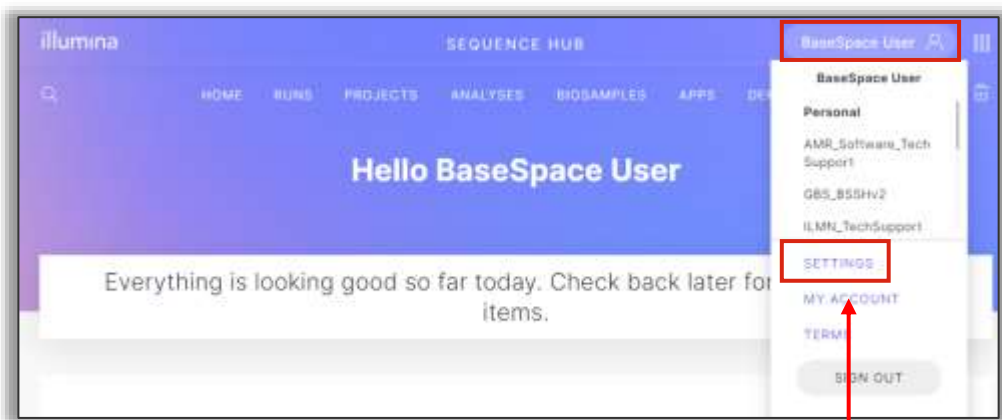
4-1

*本日のウェビナーは、すべて **“NEW Mode”**表示での説明となりますのでご了承下さい。

ClassicとNewの2つのモードの違いについては Appendix を参照ください。

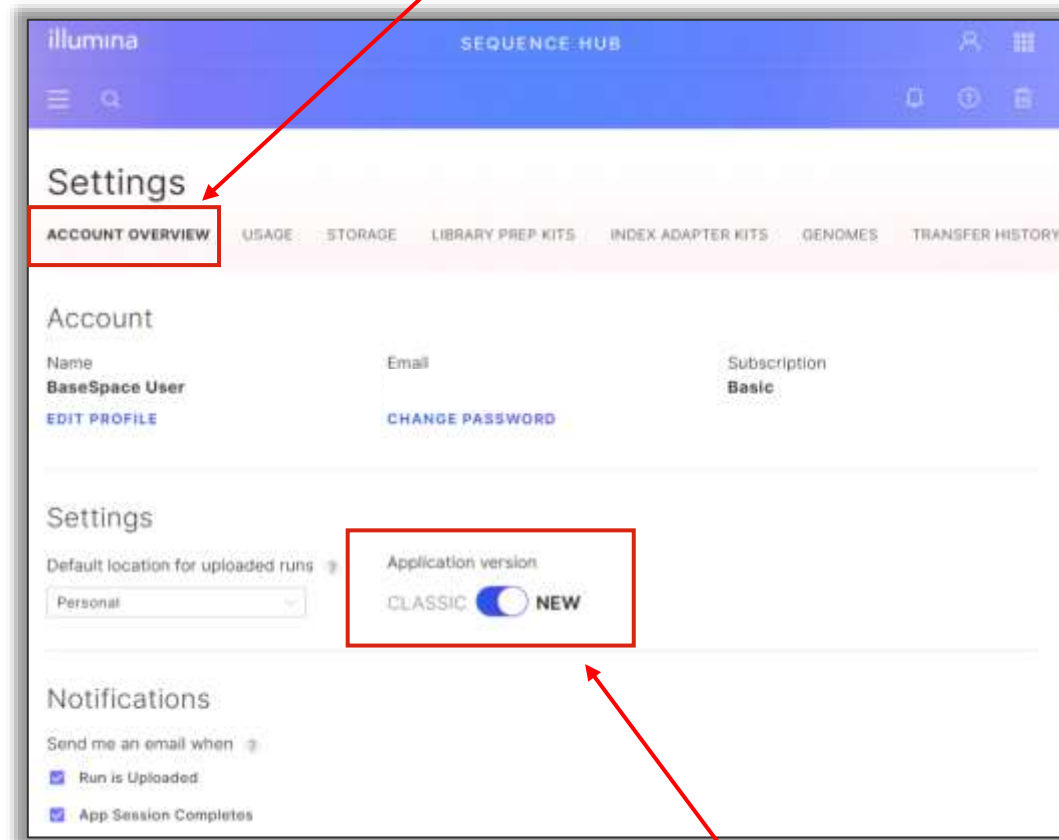
BSSHの2つのMode：確認・切り替え法

① BSSHにログイン後、
右上のアカウント情報をクリック



② 下に出てくるリストから、
“SETTINGS”をクリック

③ “ACCOUNT OVERVIEW”タブをクリック

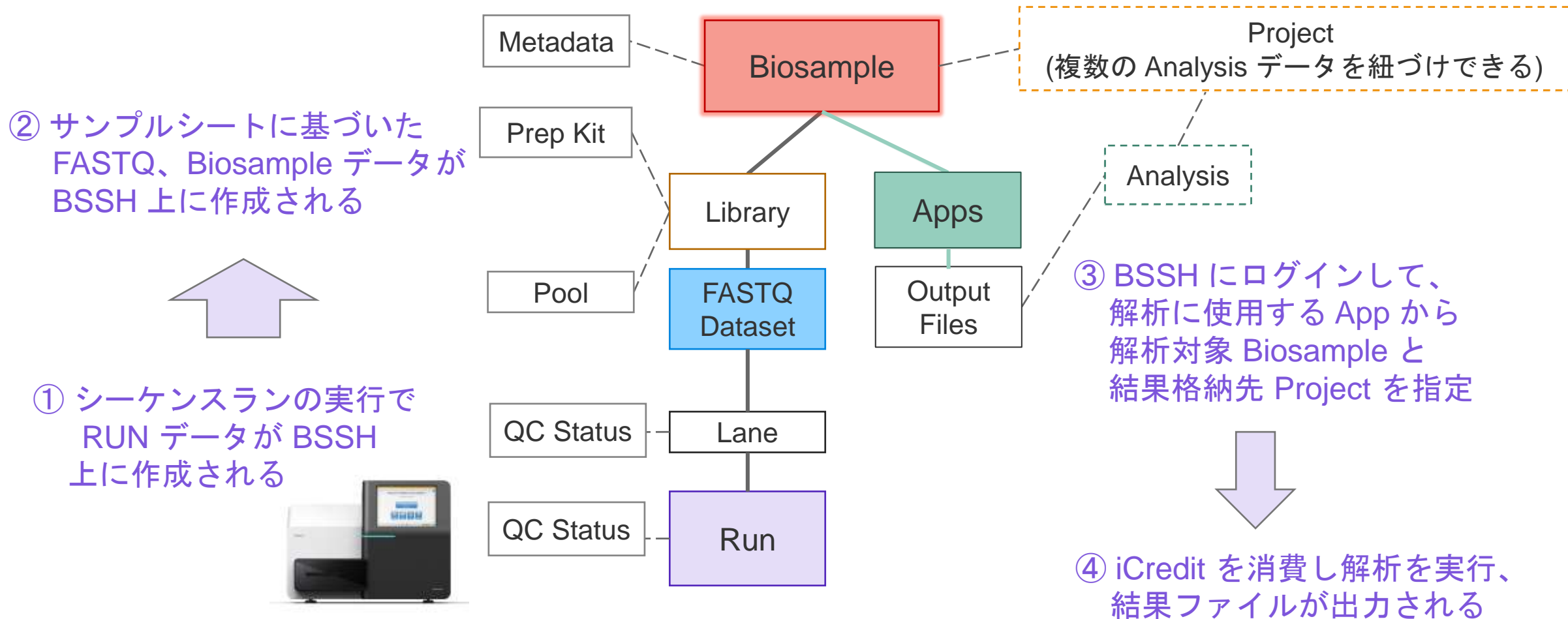


*本日のウェビナーは、すべて **“NEW Mode”**表示での
説明となりますのでご了承下さい。

ClassicとNewの2つのモードの違いについては Appendix を参照ください。

④ “Application Version”を確認

BSSH 上のデータ構造 (New Mode) : 解析結果生成の流れ



* シーケンサーの BSSH オプションで “Run analysis, collaboration and storage” を選択した場合

BSSH 上のデータ構造 (New Mode) : Biosample に関する注意点

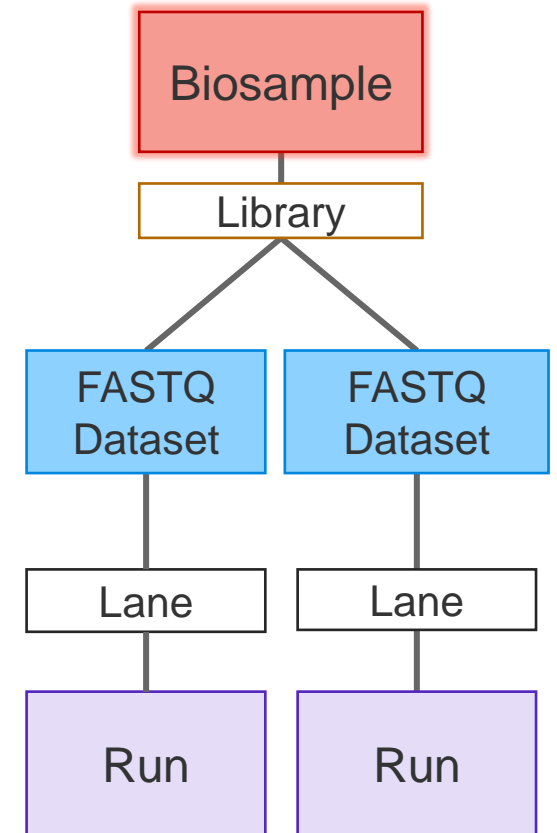
■ Biosample

- BSSH上で、複数 Run / Lane にまたがるサンプルデータを集計するための Sample ID
→複数のランにわたってユニークな名前である必要がある
- BSSH Apps での解析は、Biosampleのデータセット (集計後のFASTQや BAM filesなど)がインプットとして使われる

■ FASTQ Dataset

- FASTQ Dataset は、Biosample name に基づいて自動的に集計され
- シーケンサーから直接 BSSH にアップロードした場合、
「サンプルシート内の Sample ID = BSSH上のBiosample name」となる

サンプルシートのSample IDは再利用せず、
異なるサンプルに関しては、必ず毎回異なるSample IDを使用すること



BSSH上のデータ構造 (New Mode) : BSSH上のタブからの参照情報

HOME

RUNS

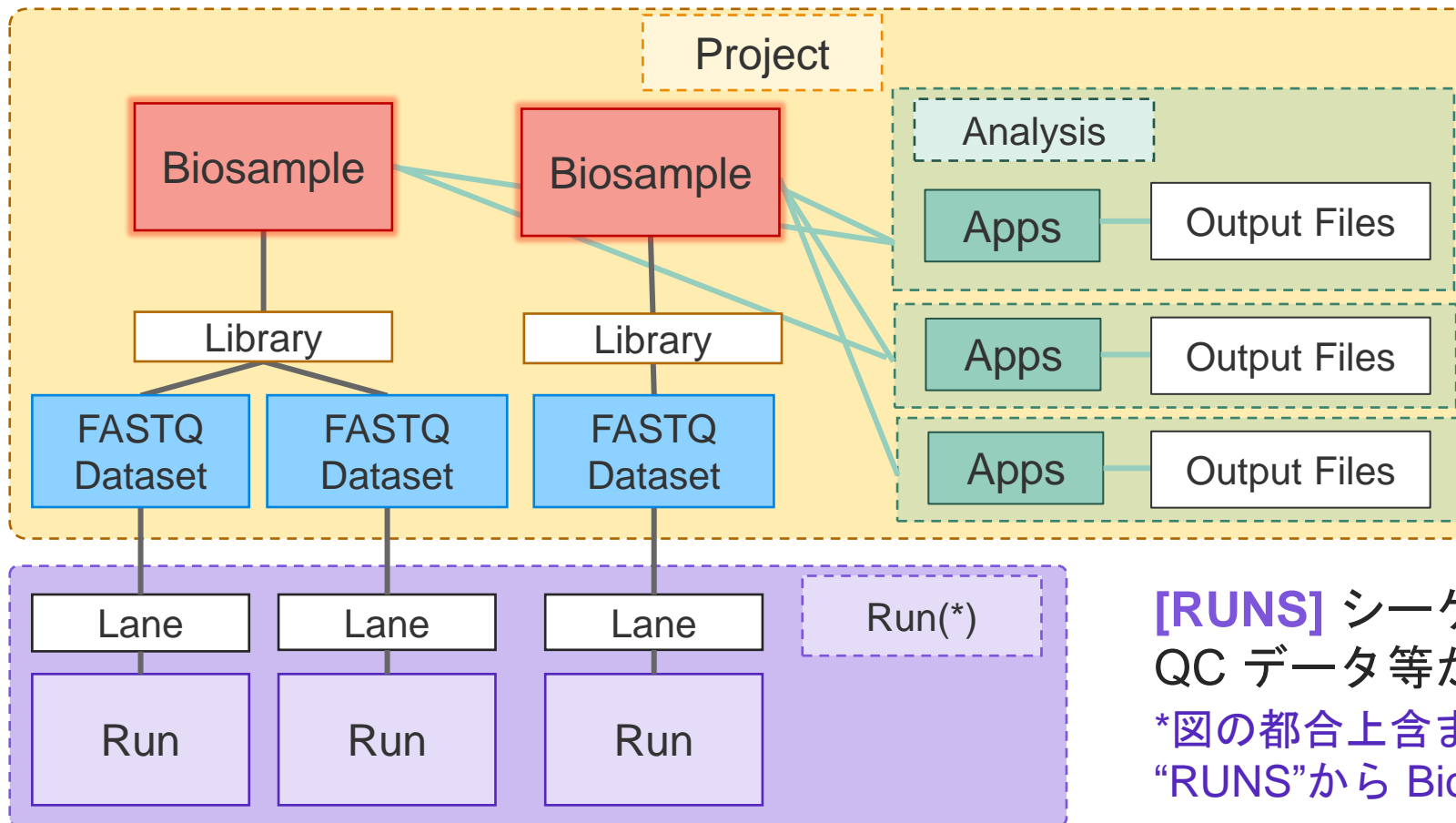
PROJECTS

ANALYSES

BIOSAMPLES

APPS

DEMO DATA



[PROJECTS]

格納された Analyses, Analysesに紐づいた Biosample, Output Files 等が参照可能

[ANALYSES]

Analysisに紐づいた Output Files 等が参照可能

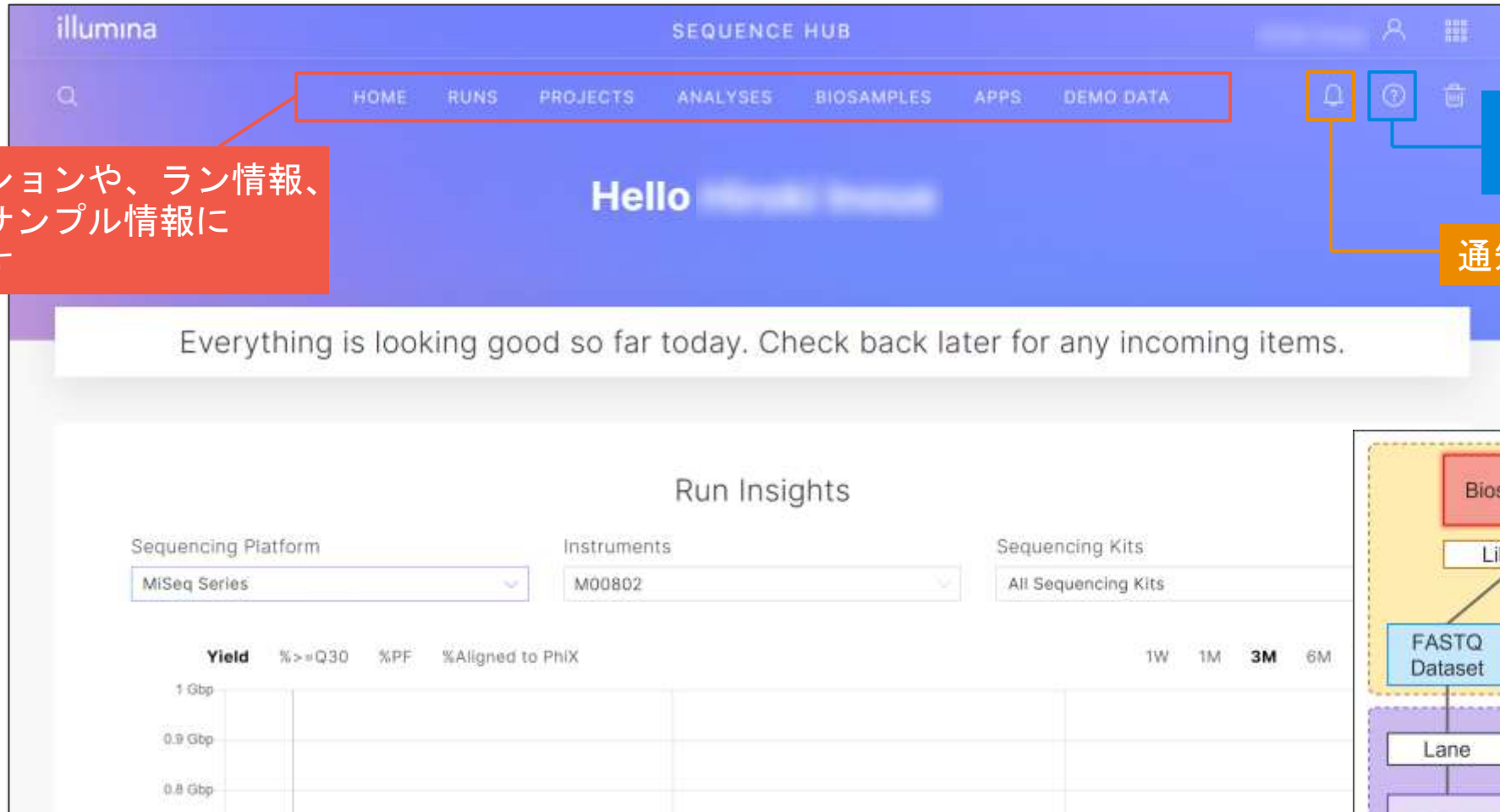
[RUNS] シーケンスラン全体およびレーン毎の QC データ等が参照可能

*図の都合上含まれていませんが、
“RUNS”から Biosample 情報参照できます。

BSSHでのデータの見方 (New Mode)

4-2

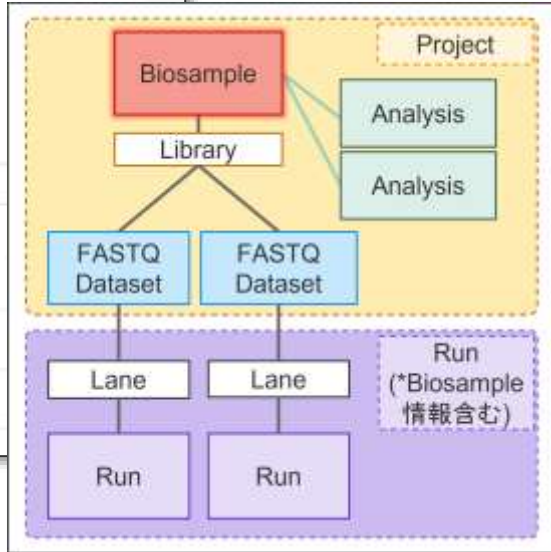
BSSHのホーム画面



解析アプリケーションや、ラン情報、プロジェクト、サンプル情報にアクセスできます

BSSHのヘルプにアクセスできます

通知を閲覧できます



RUNSではシーケンスラン毎の情報を参照できる

Home > [Runs](#) >

illumina SEQUENCE HUB

HOME **RUNS** PROJECTS ANALYSES BIOSAMPLES APPS DEMO DATA

Runs

ACTIVE PLANNED [NEW RUN](#)

There are no urgent actions. Well done. Return in a few hours to check incoming runs.

STATUS	RUN NAME	AVG%Q30	%PF	INSTRUMENT	CREATED
<input type="checkbox"/> Complete	[Redacted]	93.70%	84.82%	[Redacted]	2022/6/
<input type="checkbox"/> Complete	[Redacted]	92.64%	75.95%	[Redacted]	2022/6/
<input type="checkbox"/> Complete	[Redacted]	91.86%	91.49%	[Redacted]	2022/3/

1 - 7 of 7 S

Project

- Biosample
 - Library
 - FASTQ Dataset
 - Lane
 - Run
- Analysis
- Analysis

Run (*Biosample 情報含む)

RUNSではシーケンスラン毎の情報を参照できる

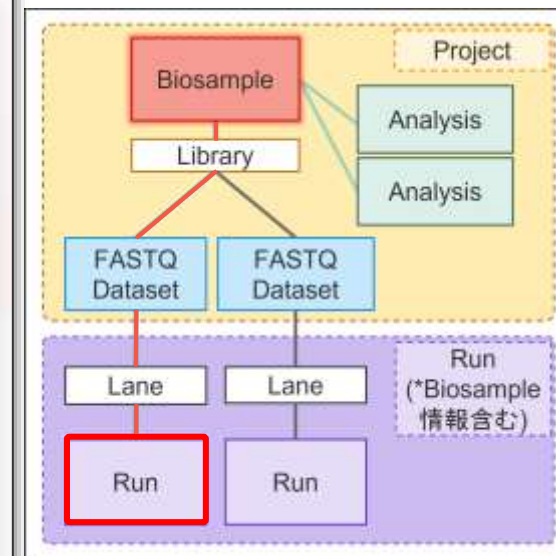
Home > Runs > [Run name] > Summary

Run name

Runに紐づけられたBiosamplesを参照できます

RunのQCデータを参照できます

Instrument iSeq100-simulat...	92.64 AVG %Q30	75.95 %PF	Created 2022-06-10 11...	Instrument Type iSeq100
Run Status Complete	Lane QC Status QcPassed	Flow Cell Status QcPassed	File Count/Size 1,006 files (86...	File Status: Active
Latest Analysis FASTQ Generati...	Cycles 151 8 8 151	Yield 1.83 Gbp	Owner	User
			Flow Cell ID	Run ID --



PROJECTSでは紐づけられたAnalysis, Biosamplesを参照できる

[Home](#) > [Projects](#) >

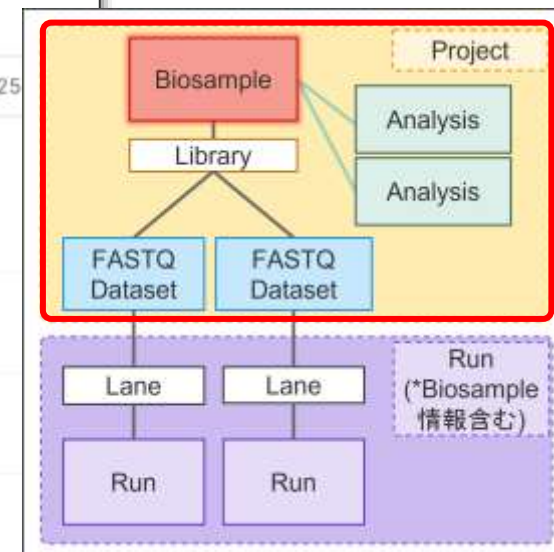
illumina SEQUENCE HUB

HOME RUNS **PROJECTS** ANALYSES BIOSAMPLES APPS DEMO DATA

Projects

Showing 12 of 12 Rows per page 25

NAME	SIZE	LAST UPDATED	OWNER
	--	2022-06-14	
	49.90 MB	2022-06-10	
	761.37 MB	2022-06-10	
	--	2022-05-09	



PROJECTSでは紐づけられたAnalysis, Biosamplesを参照できる

Home > Projects > [Project name] > Analyses

illumina SEQUENCE HUB

HOME RUNS **PROJECTS** ANALYSES BIOSAMPLES APPS DEMO DATA

Project [Project name]

SUMMARY **ANALYSES** BIOSAMPLES FASTQS OTHER DATASETS

Projectに格納されたAnalysesを参照できます

Project内のAnalysesで使用されたBiosamples, FASTQデータを参照できます

<input type="checkbox"/>	NAME	LAST MODIFIED	APPLICATION	SIZE	COMMENTS	DELIVERY	STATUS
<input type="checkbox"/>	[blurred]	2022-04-19	DRAGEN COVID ...	513 MB		None	Complete
<input type="checkbox"/>	[blurred]	2022-04-19	BaseSpace CLI	100 MB		None	Complete
<input type="checkbox"/>	[blurred]	2022-04-19	BaseSpace CLI	100 MB		None	Complete

Showing 4 of 4

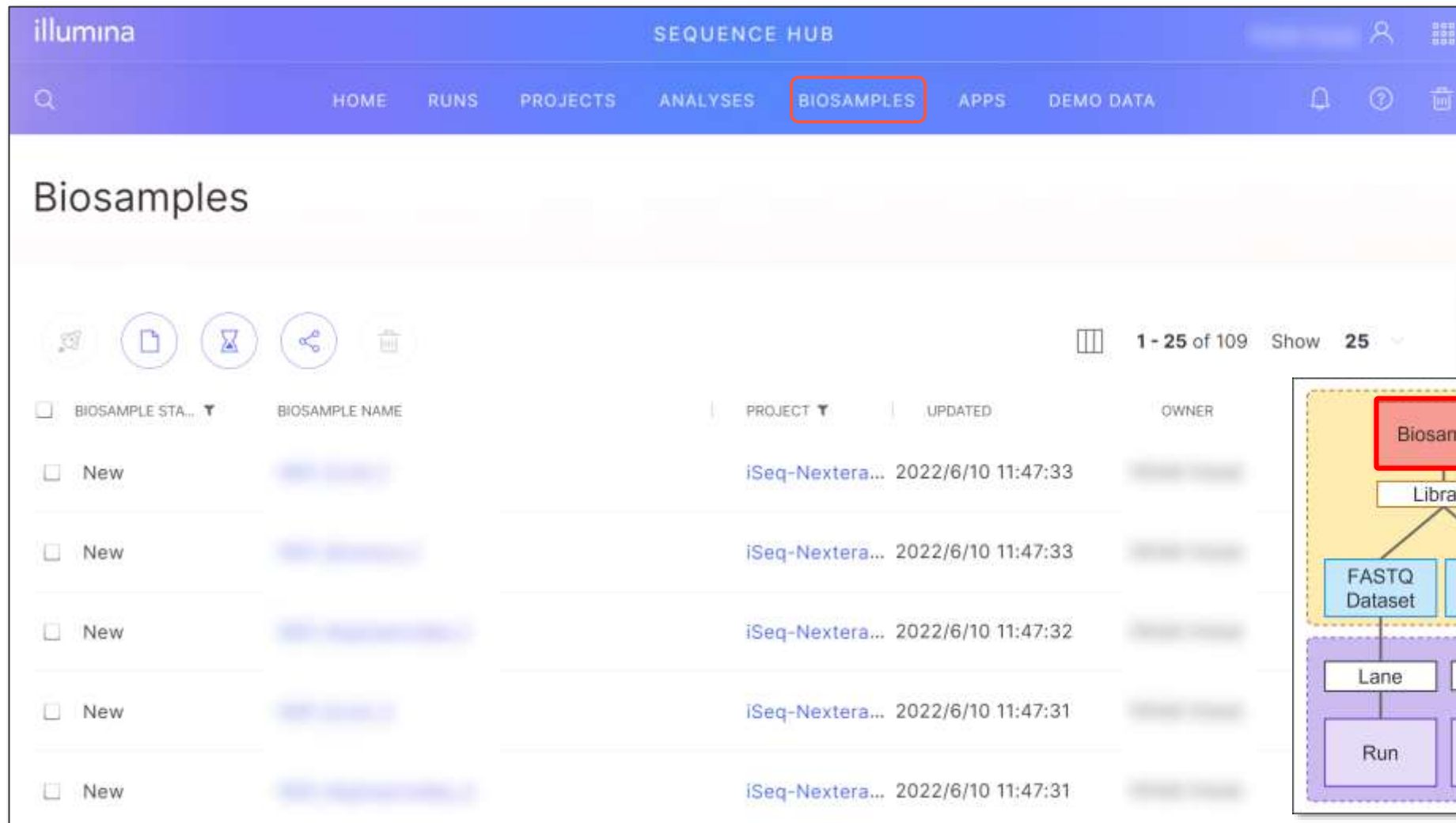
Project hierarchy diagram:

- Project
 - Biosample
 - Library
 - FASTQ Dataset
 - Lane
 - Run
 - Analysis
 - Analysis

Run (*Biosample情報含む)

BIOSAMPLESではサンプル毎の情報を参照できる

Home > Biosamples



illumina SEQUENCE HUB

HOME RUNS PROJECTS ANALYSES BIOSAMPLES APPS DEMO DATA

Biosamples

1 - 25 of 109 Show 25

BIOSAMPLE STA...	BIOSAMPLE NAME	PROJECT	UPDATED	OWNER
<input type="checkbox"/> New		iSeq-Nextera...	2022/6/10 11:47:33	
<input type="checkbox"/> New		iSeq-Nextera...	2022/6/10 11:47:33	
<input type="checkbox"/> New		iSeq-Nextera...	2022/6/10 11:47:32	
<input type="checkbox"/> New		iSeq-Nextera...	2022/6/10 11:47:31	
<input type="checkbox"/> New		iSeq-Nextera...	2022/6/10 11:47:31	

個別のBiosampleについて紐づけられたデータを参照できる

Home > Biosamples > [Biosample name]

illumina SEQUENCE HUB

HOME RUNS PROJECTS ANALYSES BIOSAMPLES APPS DEMO DATA

Biosample: [Name]

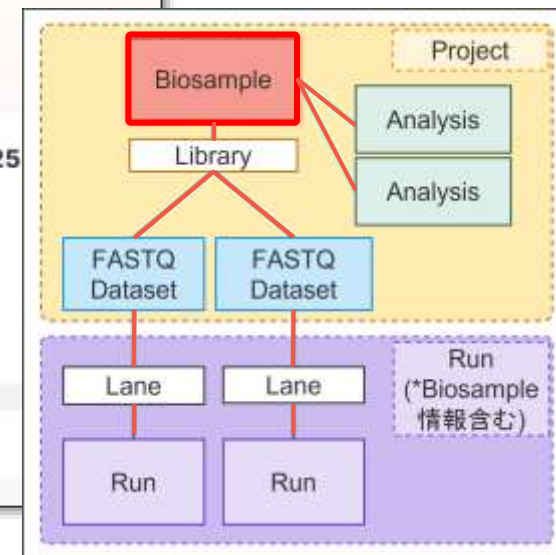
SUMMARY LIBRARIES RUNS REQUEUES ANALYSES FASTQS OTHER DATASETS

STATUS	RUN NAME	FLOWCELL ID	ANALYSIS	UPDATED
Complete	[Name]	[ID]	Generate FAS...	2022-06-10

Biosampleがシーケンスされた
RUNSを参照できます

BiosampleのFASTQファイル
その他データセットを参照できます

Biosampleを使用したAnalyses
を参照できます

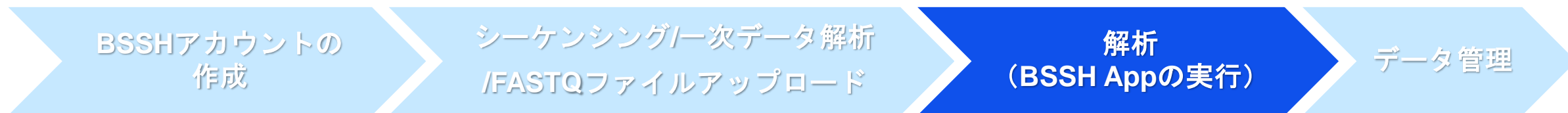


BSSHでの 解析App実行の流れ

(16S Metagenomics App を解析例として)



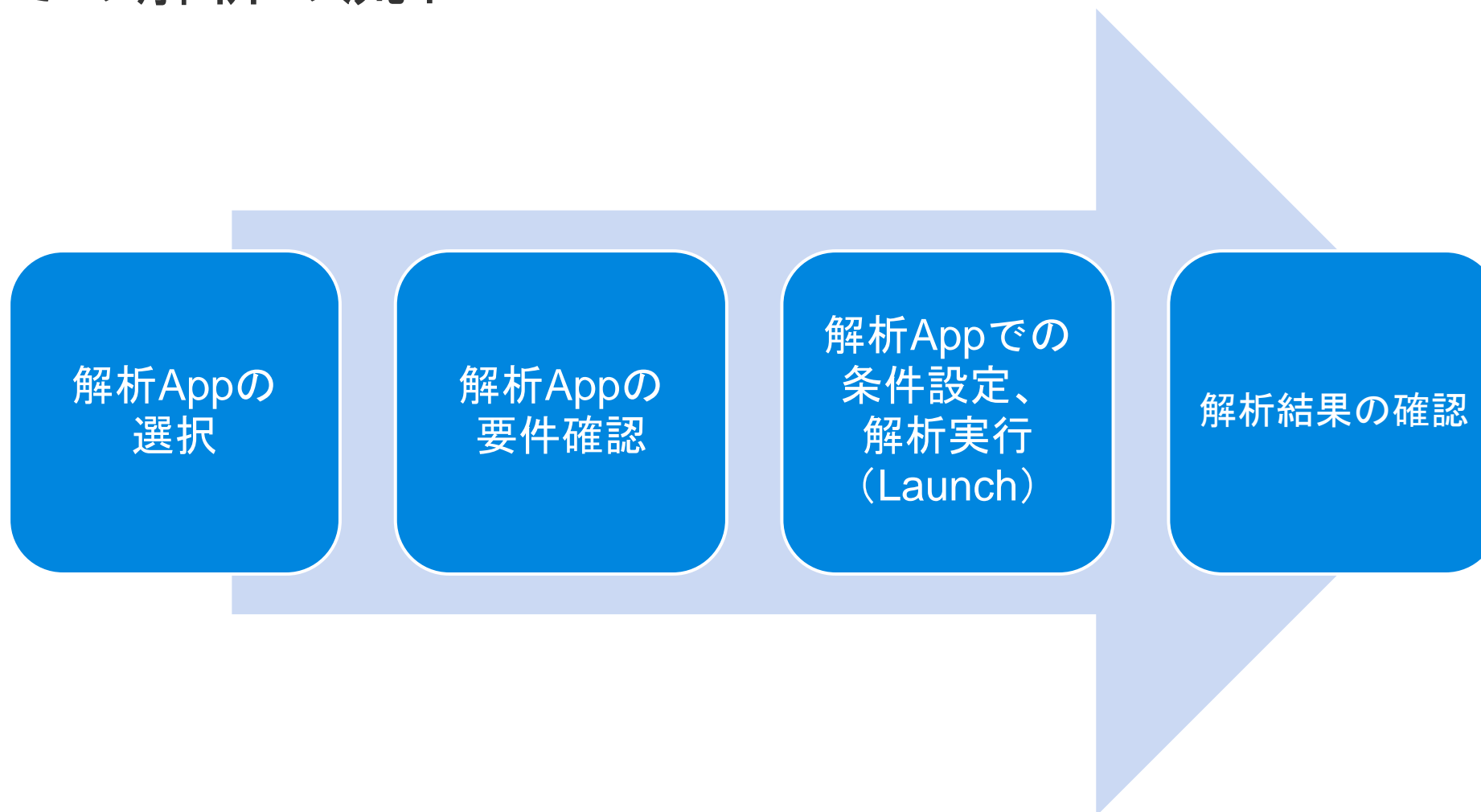
BSSH での解析実行の流れ（例）



- ・ この章ではBSSH上でAppを利用して解析を実行する方法について説明します。



BSSHでの解析の流れ



解析Appの選択

illumina SEQUENCE HUB

HOME RUNS PROJECTS ANALYSES BIOSAMPLES **APPS** DEMO DATA

Search Apps

ALL CATEGORIES

All Sequence Hub Applications

- 16S Metagenomics (Illumina, Inc.)
- 16S Metagenomics (BaseSpace Labs)
- 16S Metagenomics (Illumina, Inc.)
- Amplicon DS (Illumina, Inc.)
- BCL Convert (Illumina, Inc.)
- BCL Convert (Early Ac... (Illumina, Inc.)
- BCL Convert for ICA (B... (Illumina, Inc.)
- BWA Aligner (BaseSpace Labs)
- BWA Enrichment (Illumina, Inc.)
- Cancer Variant Caller (Samsung SDS)
- ChIPSeq (BaseSpace Labs)
- CosmosID Metagenomi... (CosmosID)

Bookmarked Apps
DRAGEN RNA Pipeline

Appsの一覧が表示される

検索機能、フィルター機能を使用して適切なAppsを絞り込む

Appsのワード検索機能

The screenshot displays the Illumina Sequence Hub interface. At the top, the 'illumina' logo and 'SEQUENCE HUB' are visible. A navigation bar includes 'HOME', 'RUNS', 'PROJECTS', 'ANALYSES', 'BIOSAMPLES', 'APPS', and 'DEMO DATA'. A search bar contains the text 'Metagenomics'. A red box highlights this search bar with the text 'Apps名の一部を入力して検索' (Enter part of the app name to search). Below the search bar, a dropdown menu shows 'ALL CATEGORIES'. The search results are displayed in a grid of six app cards. A red box highlights the first card, '16S Metagenomics' by Illumina, Inc., with the text '選択' (Select) and an arrow pointing to it. The app cards include icons, titles, descriptions, and category lists.

App Name	Developer	Description	Categories
16S Metagenomics	Illumina, Inc.	Analyzes DNA from amplicon sequencing of prokaryotic 16S small subunit rRNA genes. Provides visualizations of taxonomic composition.	Targeted Sequencing, Metagenomics, HIPAA
16S Metagenomics Database Creator	BaseSpace Labs	The 16S Metagenomics Database Creator app creates custom databases for the 16S Metagenomics app (v1.1.0 and above).	Targeted Sequencing, Metagenomics, HIPAA
16S Metagenomics Labs	Illumina, Inc.	Analyzes DNA from amplicon sequencing of prokaryotic 16S small subunit rRNA genes. Provides visualizations of taxonomic composition.	Targeted Sequencing, Metagenomics, HIPAA
CosmosID Metagenomics	CosmosID	A cloud-based software enables fast, accurate, and comprehensive analyses of unassembled next-generation sequencing data.	Metagenomics
DRAGEN Metagenomics Pipeline	Illumina Inc.	The DRAGEN Metagenomics pipeline performs taxonomic classification of reads and provides single sample and aggregate analysis.	Metagenomics

Appsのフィルター機能

The screenshot shows the Illumina Sequence Hub interface. At the top, there is a navigation bar with the Illumina logo, the text 'SEQUENCE HUB', and a user profile icon. Below this is a secondary navigation bar with tabs for 'HOME', 'RUNS', 'PROJECTS', 'ANALYSES', 'BIOSAMPLES', 'APPS', and 'DEMO DATA'. A search bar is located on the left side of the main content area. The main content area displays a grid of application cards under the heading 'All Sequence Hub Applications'. A dropdown menu is open on the right side of the page, showing a list of categories with their respective counts. The 'Metagenomics (15)' category is highlighted with a red box. A red arrow points from a text box on the right to the dropdown menu.

Search Apps

ALL CATEGORIES

- All Categories
- ChIP-Seq (4)
- De Novo Assembly (8)
- Differential Expression (18)
- Gene Fusion Detection (11)
- HiPAA (36)
- Metagenomics (15)
- Methyl-Seq (6)
- Proteomics (10)
- Quality (12)
- Resequencing (37)
- RNA-Seq (31)
- Small RNA (9)
- Synthetic Long Reads (1)
- Targeted Sequencing (40)
- Tumor Normal (9)
- Variant Analysis (32)

プルダウンメニューから適切なカテゴリを選択

Appsのフィルター機能

The screenshot shows the Illumina Sequence Hub interface. At the top, there is a navigation bar with the Illumina logo and the text 'SEQUENCE HUB'. Below this is a search bar with the text 'Search Apps' and a search icon. To the right of the search bar, there is a filter dropdown menu showing 'METAGENOMICS (15)'. Below the search bar, there is a section titled '15 Results Found'. The first result is highlighted with a red box and a red arrow pointing to it from the left. This result is the '16S Metagenomics' app by Illumina, Inc. The app description reads: 'Analyzes DNA from amplicon sequencing of prokaryotic 16S sm all subunit rRNA genes. Provides visuals of taxonomic ...More'. The categories listed are 'Targeted Sequencing, Metagenomics, HIPAA'. Other visible results include '16S Metagenomics Database Creator' by BaseSpace Labs, '16S Metagenomics Labs' by Illumina, Inc., 'CosmosID Metagenomics' by CosmosID, 'DRAGEN Metagenomics Pipeline' by Illumina Inc., and 'Explify RPIP Analysis' by IDbyDNA.

選択

App固有の要件を確認する

illumina SEQUENCE HUB

16S Metagenomics
Illumina, Inc.

Bookmark this app Help

The 16S Metagenomics app performs taxonomic classification of 16S rRNA targeted amplicon reads using a taxonomic database. The app provides interactive visualizations and raw classification output for per-sample and aggregate analyses.

Classification is performed using the Illumina 16S Metagenomics workflow, which is also available in the MiSeq Reporter software.

詳細の表示 → READ MORE

What's New
Users may find a lower % of species classified using some newer taxonomy databases such as the RDP-based database included with the v1.1.0 app vs-using the older GreenGenes based taxonomy database, but the RDP-based classifications will have less false positives. Species level classification from 16S amplicon data is generally less reliable vs genus-level classification.

Screenshots

Pricing
Compute cost 3.00 iCredits per node hour

Version
1.1.0

LAUNCH APPLICATION

App毎のオンラインヘルプへのリンク
詳細な解析要件、Appsのワークフロー
等、有用な情報を参照可能

Appにかかる
iCredit の目安

Appの
バージョン

App固有の要件を確認する

The 16S Metagenomics app performs taxonomic classification of 16S rRNA targeted amplicon reads using a taxonomic database. The app provides interactive visualizations and raw classification output for per-sample and aggregate analyses.

Classification is performed using the Illumina 16S Metagenomics workflow, which is also available in the MiSeq Reporter software.

The algorithm is a high-performance implementation of the Ribosomal Database Project (RDP) Classifier described in Wang, Q. et al (<http://dx.doi.org/10.1128%2FAEM.00062-07>).

1.1.0

LAUNCH APPLICATION

App使用上の制限

Current limitations:

- Read lengths of at least 100bp
- Each dataset less than 50 Gigabases

Demo data showing analysis results from the app is here:

iSeq 100: 16S Metagenomics (ATCC Microbiome Standard MSA-1003)

MiSeq: 16S Metagenomics 2x300 (ATCC Microbiome Standard MSA-1003)

AppによってはDemo Dataが使えることもお手元にDataがなくとも解析をすることができます

The Illumina-curated versions of the Greengenes database are available here: [16S Metagenomics Database](#).
[Creator Demo](#).

The RefSeq RDP 16S v3 database is based on FASTA from: <https://benjjneb.github.io/dada2/training.html>. Citation: Ali Alishum. (2019). DADA2 formatted 16S rRNA gene sequences for both bacteria & archaea (Version Version 2)

The UNITE Fungal ITS Database v7.2 is based on FASTA from: UNITE Community (2017): UNITE general FASTA release. Version 01.12.2017. UNITE Community. <https://doi.org/10.15156/BIO/587475> Includes singletons set as RefS (in dynamic files).

READ LESS

App固有の要件を確認する

The screenshot shows a software application page with several sections and callouts:

- Additional Information**
 - Release Notes
 - Version 1.1.0
 - New Features** (highlighted with a red box and callout):
 - Added RefSeq RDP 16S v3 May 2018 reference taxonomy database using data from <https://benjjneb.github.io/dada2/training.html>.
 - Added UNITE Fungal ITS Database v7.2 reference taxonomy database.
 - Added support for custom reference taxonomy database.
 - Defect Repairs: N/A
 - Know Issues: N/A
 - [READ LESS](#)
- Developer Information**
 - Published: 2019-10-19 08:01
 - Developer: [Visit Website](#) (highlighted with a green box and callout: "Developer情報のリンク (Help)")
 - Terms
 - EULA
 - Privacy
- Categories** (highlighted with a blue box and callout: "Appに関連付けられたカテゴリー"):
 - Targeted Sequencing
 - Metagenomics
 - HIPAA
- Version and Action** (highlighted with a white box):
 - 1.1.0 (with a green dot)
 - [LAUNCH APPLICATION](#) (highlighted with a blue box and callout: "Appに関連付けられたカテゴリー")

解析を格納する Project を選択・作成する

illumina SEQUENCE HUB

HOME RUNS PROJECTS ANALYSES BIOSAMPLES APPS DEMO DATA

16S Metagenomics v1.1.0
illumina, Inc.

Configuration

Analysis Name ⓘ
16S Metagenomics 08/28/2022 5:08:09

Save Results To ⓘ
SELECT PROJECT

Biosample(s) ⓘ
SELECT BIOSAMPLE(S):

Database ⓘ
RefSeq RDP 16S v3 May 2018 DADA2 32bp

Project の選択

Select Project

Search...

Showing 16 of 16

PROJECT	UPDATED	OWNER
<input type="radio"/> 16S metagenomics demo	2022-08-30 18:06	

①Projectを選択

NEW CANCEL SELECT

②選択

新規 Project を作成する

Select Project

Search...

Showing 16 of 16

PROJECT	UPDATED	OWNER
<input type="radio"/> 16S metagenomics demo	2022-08-30 18:06	

④Projectを選択

①Newを選択

NEW CANCEL SELECT

⑤選択

New Project

Name
16S metagenomics demo

Description
Description

CANCEL CREATE

②Project name を入力

③作成

解析する Biosamples を選択する

Configuration

Analysis Name ⓘ
16S Metagenomics 09/02/2022 7:57:10

Save Results To ⓘ
SELECT PROJECT

16S metagenomics demo

Biosample(s) ⓘ
SELECT BIOSAMPLE(S):

選択・作成したProjectを確認

Biosampleを選択

解析する Biosamples を選択する

Select Biosample(s):

Search biosamples ...

ワード検索

Filter 機能

Showing 100 of 109

BIOSAMPLE	LIBRARY KIT	PROJECT	LAST UPDATED	OWNER
<input type="checkbox"/> BIOSAMPLE				
<input type="checkbox"/> NDF_Ecoli_1	Unknown	iSeq-NexteraDNA...	2022-06-10	
<input type="checkbox"/> NDF_Bcereus_1	Unknown	iSeq-NexteraDNA...	2022-06-10	
<input type="checkbox"/> NDF_Rsphaeroides_1	Unknown	iSeq-NexteraDNA...	2022-06-10	
<input type="checkbox"/> NDF_Ecoli_2	Unknown	iSeq-NexteraDNA...	2022-06-10	

SELECT

Filters

Project

Any Project

MOST RECENT

16S metagenomics demo

アプリケーションの実行 (Launch Application)

Biosample(s) ⓘ

SELECT BIOSAMPLE(S):

Unknown	x
Unknown	x
Unknown	x
Unknown	x
Unknown	x

選択したBiosamplesに過不足、誤りがないか最終確認

Database ⓘ

RefSeq RDP 16S v3 May 2018 DADA2 32bp ▾

Custom Database

SELECT DATASET FILE(S)

App固有設定を確認

LAUNCH APPLICATION

アプリケーションの実行

解析中のウィンドウ

illumina SEQUENCE HUB

HOME RUNS PROJECTS **ANALYSES** BIOSAMPLES APPS DEMO DATA

Analysis: 16S Metagenomics 08/30/2022 11:05:49

Project

SUMMARY REPORTS INPUTS FILES

General Info

Name	16S Metagenomics 08/30/2022 11:05:49
Application	16S Metagenomics Version: 1.1.0
Date Started	2022-08-30 11:09
Date Completed	N/A
Duration	N/A
Compute Charge	0.00 iCredits
Session Type	N/A
Status	Initializing
Delivery	None

Logs

解析完了後の表示

16S Metagenomics 08/30/2022 11:05:49
16S Metagenomics Version: 1.1.0
2022-08-30 11:09
2022-08-30 18:06
6 hours 56 minutes 47 seconds
21.00 iCredits
Single Node
176.38 MB
Complete
None

last checked: 2:09:58 AM UTC

解析結果の確認

Home > Analyses

Project名やStatus
などで絞り込み

Showing 25 of 50

Rows per page 25

<input type="checkbox"/>	ANALYSIS NAME	APPLICATION	PROJECT	UPDATED ▼	SIZE	COMME...	DELIVERY	STATUS
<input checked="" type="checkbox"/>	16S Metagenomics 08/30/2022 11:...	16S Metageno...	16S metageno...	2022-0...	176 MB		None	Complete
<input type="checkbox"/>	DRAGEN Differe...	NextSeq2000: Il...	2021-05...	93 MB		None	Complete	
<input type="checkbox"/>	FASTQ Toolkit v...	NextSeq2000: Il...	2021-05...	46 GB		None	Complete	

Filter 機能

Filters

Project
Any Project ▼

Status
ALL ▼

Delivery Status
ALL ▼

解析結果の確認 - REPORTS -

Home > Analyses > [Analysis name] > Reports

HOME RUNS PROJECTS ANALYSES

Analysis: 16S Metagenomics 07/26/2

Project MiSeq: 16S Metagenomics 2x300 (ATCC Microbiome Standard MSA-1003)

SUMMARY **REPORTS** INPUTS FILES

Aggregate Sum... Report

ATCCMiSeq2x3... Report

ATCCMiSeq2x3... Report

ATCCMiSeq2x3... Report

ATCCMiSeq2x3... Report

ATCCMiSeq2x3... Report

ATCCMiSeq2x3... Report

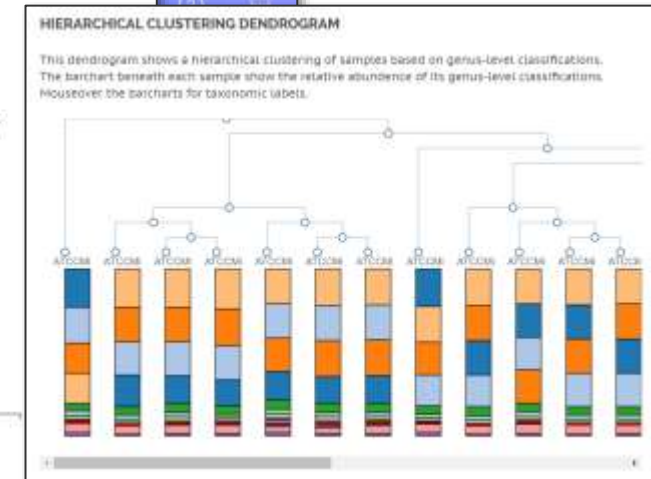
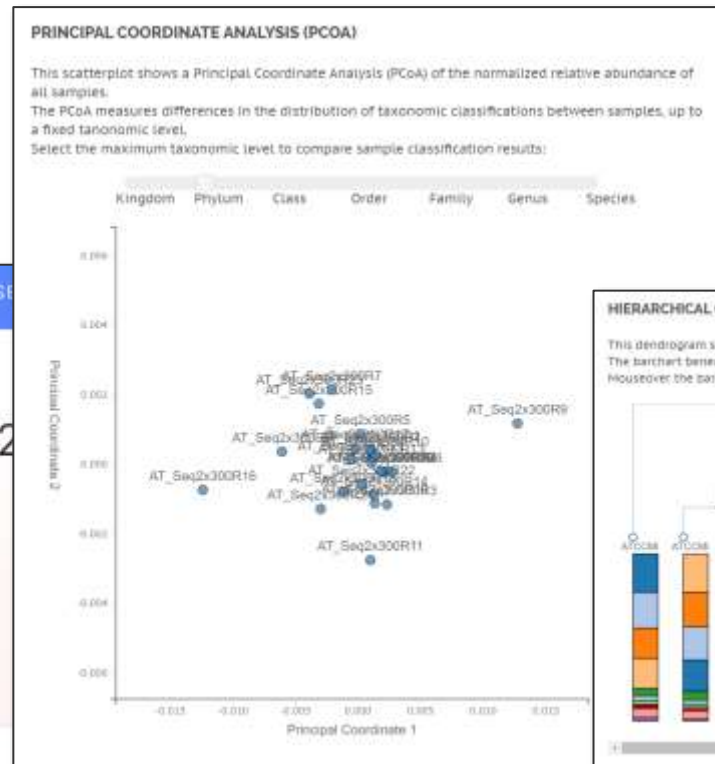
AGGREGATE RESULTS

- PDF Aggregate Summary Report
- Kingdom-Level Aggregate Results
- Phylum-Level Aggregate Results
- Class-Level Aggregate Results
- Order-Level Aggregate Results
- Family-Level Aggregate Results
- Genus-Level Aggregate Results
- Species-Level Aggregate Results

SAMPLE INFORMATION

全体サンプルのレポートを表示

サンプル別のレポートを表示



全体の解析概要
サンプル間の比較解析
PCA解析、クラスタリング解析等

解析結果の確認 - REPORTS -

Home > Analyses > [Analysis name] > Reports

Analysis: 16S Metagenomics 08/30/2022 11:05:49
Project 16S metagenomics demo

SUMMARY **REPORTS** INPUTS FILES

Aggregate Su... Report
ATCCMiSeq2x... Report
ATCCMiSeq2x... Report
ATCCMiSeq2x... Report
ATCCMiSeq2x... Report
ATCCMiSeq2x... Report

RESULTS FOR SAMPLE ATCCMISEQ2X300R1

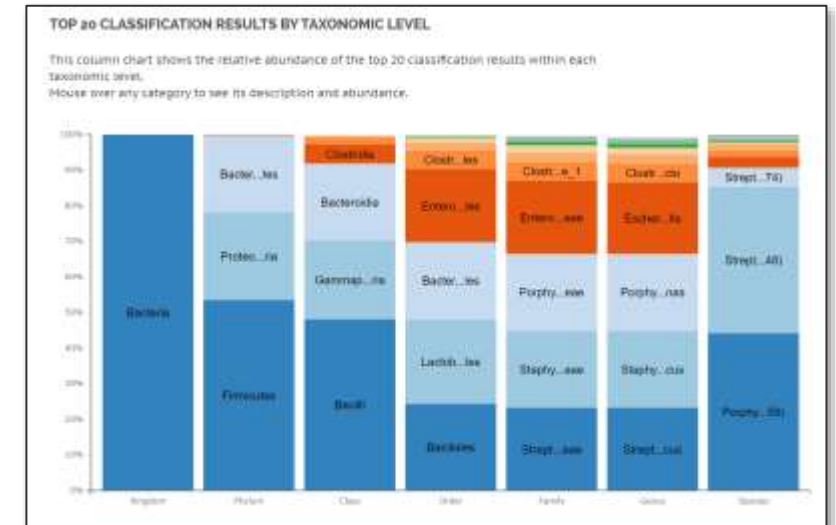
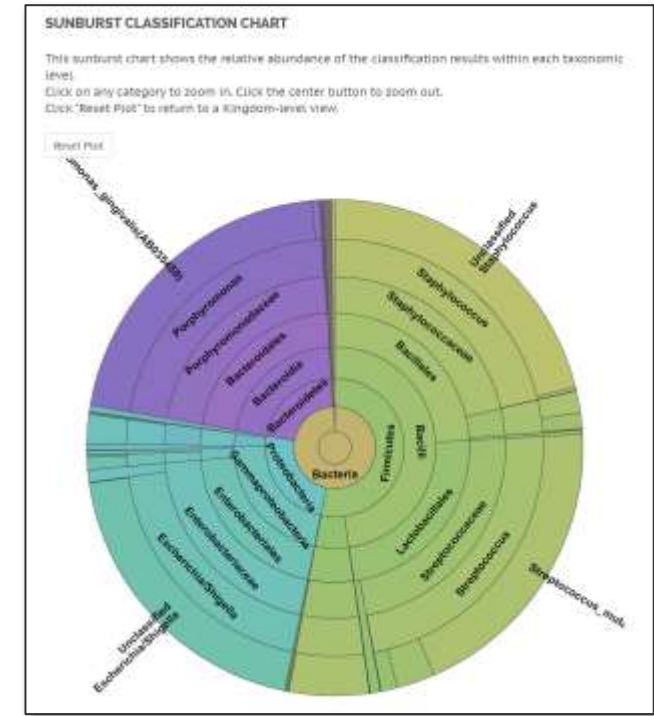
PDF Summary Report
CSV Classification Summary

SAMPLE INFORMATION

Total Reads	Reads PF	% Total Reads PF
795,115	795,115	100.00%

CLASSIFICATION STATISTICS

サンプル個別のレポートを参照



BSSHでの解析結果の ダウンロード・共有

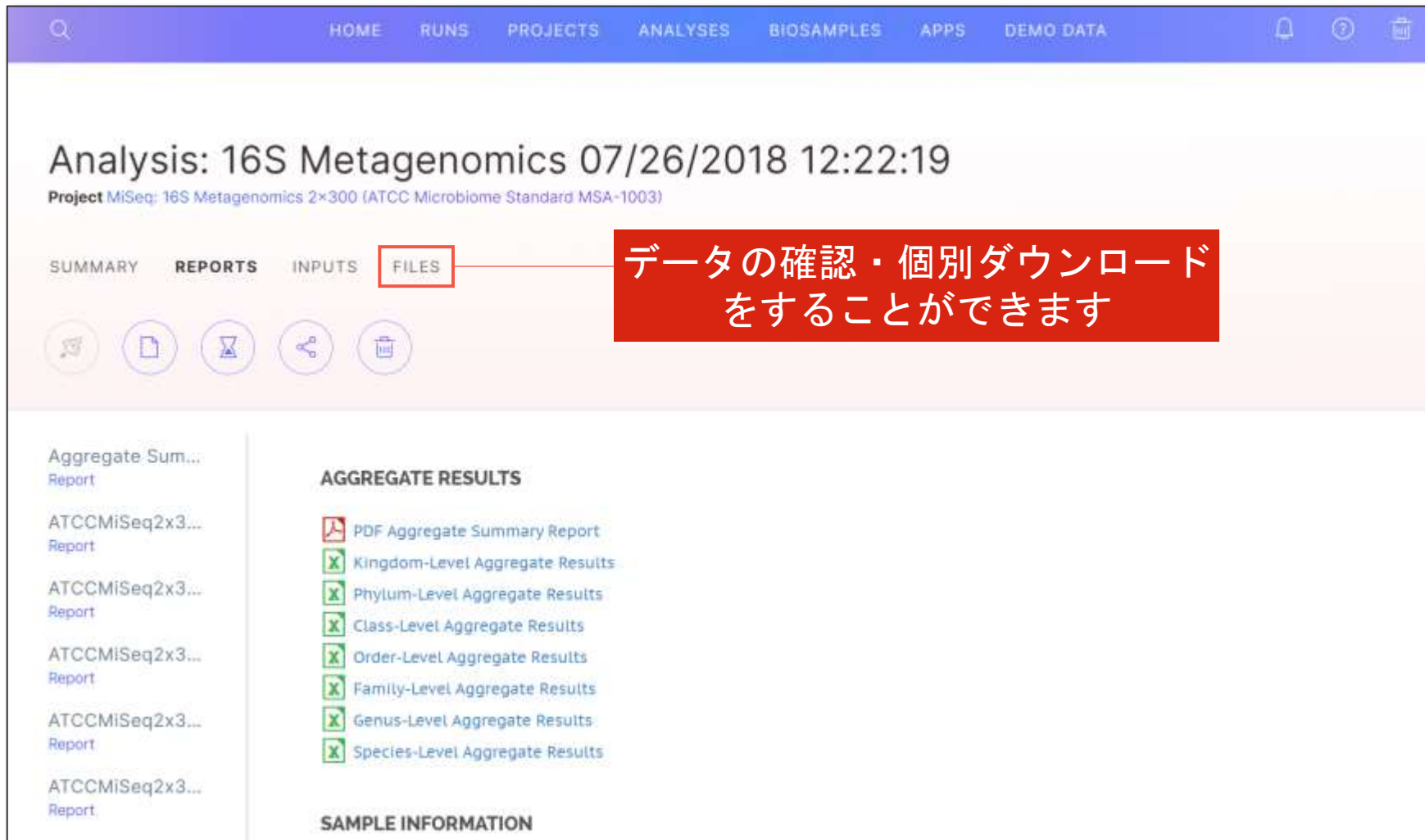


BSSHでの解析結果の ダウンロード方法

6-1

解析結果のダウンロード方法（個別ダウンロード）

Home > Analyses > [Analysis name]



The screenshot displays the BaseSpace web interface for an analysis titled "Analysis: 16S Metagenomics 07/26/2018 12:22:19". The project is identified as "Project MiSeq: 16S Metagenomics 2x300 (ATCC Microbiome Standard MSA-1003)". The navigation tabs include SUMMARY, REPORTS, INPUTS, and FILES, with the FILES tab selected and highlighted by a red box. A red callout box with white text points to the FILES tab, stating "データの確認・個別ダウンロードをすることができます" (You can check the data and download it individually). Below the navigation tabs, there are icons for various actions: a document, a folder, a clock, a share icon, and a trash can. The main content area is divided into two sections: "AGGREGATE RESULTS" and "SAMPLE INFORMATION". The "AGGREGATE RESULTS" section lists several report types, each with a green 'X' icon indicating it is available for download: PDF Aggregate Summary Report, Kingdom-Level Aggregate Results, Phylum-Level Aggregate Results, Class-Level Aggregate Results, Order-Level Aggregate Results, Family-Level Aggregate Results, Genus-Level Aggregate Results, and Species-Level Aggregate Results. The "SAMPLE INFORMATION" section is partially visible at the bottom.

解析結果のダウンロード方法（個別ダウンロード）

Home > Analyses > [Analysis name] > Files

The screenshot shows the 'FILES' tab of an analysis titled 'Analysis: 16S Metagenomics 08/30/2022 11:05:49'. The interface includes a navigation bar with 'SUMMARY', 'REPORTS', 'INPUTS', and 'FILES'. Below the navigation bar are several icons. A table lists the files with columns for NAME, CREATED, TYPE, and PATH. The table contains the following entries:

NAME	CREATED	TYPE	PATH
ATCCMiSeq2x300R9_S10.b...	2022-08-30...	json	ATCCMiSeq2x300R9_S10.barct...
ATCCMiSeq2x300R9_S10.re...	2022-08-30...	html	ATCCMiSeq2x300R9_S10.repor...
ATCCMiSeq2x300R9_S10.re...	2022-08-30...	pdf	ATCCMiSeq2x300R9_S10.repor...
ATCCMiSeq2x300R9_S10.st...	2022-08-30...	xml	ATCCMiSeq2x300R9_S10.stats...

A red callout box with the text 'ダウンロードしたいファイルを選択' (Select the file you want to download) has a red arrow pointing to the PDF file row in the table. A second screenshot, overlaid on the right, shows a modal window for the selected PDF file 'ATCCMiSeq2x300R9_S10.report.pdf'. The modal displays a preview of the report, which includes the Illumina logo and the title '16S Metagenomics Report'. At the bottom of the modal, there are two buttons: 'CLOSE' and 'DOWNLOAD (332.81 KB)'. A red callout box with the text 'ダウンロード' (Download) has a red arrow pointing to the 'DOWNLOAD' button.

ダウンロードしたい
ファイルを選択

ダウンロード

解析結果のダウンロード方法（一括ダウンロード※）

Home > Analyses > [Analysis name] > 任意のタブ

The screenshot shows the 'FILES' tab of an analysis titled 'Analysis: 16S Metagenomics 08/30/2022 11:05:49'. A red box highlights the 'FILE' icon in the top navigation bar. A dropdown menu is open, with 'DOWNLOAD' highlighted by another red box. A red arrow points to the 'ANALYSIS' link in the file list. A red banner at the bottom of the screenshot contains the text: 'FILE > DOWNLOAD > ANALYSIS と進みます。' (Proceed with FILE > DOWNLOAD > ANALYSIS).

NAME	CREATED	TYPE	PATH	SIZE
ANALYSIS			TCCMiSeq2×300R9_S10.barchart.json	10.33 KB
DATASET			TCCMiSeq2×300R9_S10.report.html	595.08 KB
PROJECT			TCCMiSeq2×300R9_S10.report.pdf	332.81 KB
RUN			TCCMiSeq2×300R9_S10.stats.xml	625 B
ATCCMiSeq2×300R9_S10.s...	2022-08-30...	csv	ATCCMiSeq2×300R9_S10.summary.csv	127.12 KB

※ BaseSpace Sequence Hub Downloader のインストールが必要です

解析結果のダウンロード方法（一括ダウンロード※）

Home > Analyses > [Analysis name] > 任意のタブ

Analysis: 16S Metagenomics 08/30/2022 11:05:49
Project 16S metagenomics demo

SUMMARY REPORTS INPUTS FILE

Download Analyses

ANALYSIS NAME SIZE

ANALYSIS NAME	SIZE
16S Metagenomics 08/30/2022 11:05:49	176.38 MB

Install the BaseSpace Sequence Hub Downloader to download files. It's a one-time installation, is required, and provides fast and secure downloads via SSL.

Select the file types to be downloaded:

- All file types including VCF, BAM, & FASTQ
- VCF
- BAM

DOWNLOAD CLOSE

NAME	SIZE
ATCCMISeq2*300R9_S10.b...	10.33 KB
ATCCMISeq2*300R9_S10.re...	595.08 KB
ATCCMISeq2*300R9_S10.rs...	332.81 KB
ATCCMISeq2*300R9_S10.st...	625 B
ATCCMISeq2*300R9_S10.s...	127.12 KB
ATCCMISeq2*300R9_S10.s...	5.80 KB
ATCCMISeq2*300R9_S10.tx...	8.31 MB

Confirm Download

Ready to download:

Directory: c:\BaseSpace

START DOWNLOAD CANCEL

BaseSpace Sequence Hub Downloader

Avg speed: 3.10 MB/s

Time remaining: 48 seconds

Data downloaded: 24.73 MB/176.38 MB

Status: 14.02% done, Total: 182 Completed: 24

16S metagenomics demo-36...

Files: 182, Progress: 14.02%, Completed: 24.73 MB/176.38 MB, TransferRate: 0.00 MB/s

※ BaseSpace Sequence Hub Downloader のインストールが必要です



解析結果のダウンロードファイルの確認方法

サンプル全体のサマリー結果のフォルダ

サンプル別の結果のフォルダ

各種レポート

名前	更新日時	種類
Aggregate_Summary-ds.00cd28b31a224d9c8c98bec162ba29c9	2022/09/05 10:49	ファイル フォルダ
ATCCMiSeq2x300R1-ds.455f72bf17bc43888b2675b257fe036c	2022/09/05 10:49	ファイル フォルダ
ATCCMiSeq2x300R2-ds.40876709b96d4b6e81905bd1cfe7520	2022/09/05 10:50	ファイル フォルダ
ATCCMiSeq2x300R3-ds.b2664c2b8f704af1a339dbf5b71140b4	2022/09/05 10:51	ファイル フォルダ
ATCCMiSeq2x300R4-ds.0ebb1be791954b5b94b4a98b23de9ea3	2022/09/05 10:51	ファイル フォルダ
ATCCMiSeq2x300R5-ds.82b8ff2de224a8485c58bd24a7bf60e	2022/09/05 10:51	ファイル フォルダ
ATCCMiSeq2x300R6-ds.b41e8baafb4d22ae6e7405b5308c32	2022/09/05 10:51	ファイル フォルダ

名前	更新日時
ATCCMiSeq2x300R3_S4.barchart.json	2022/09/05 10:51
ATCCMiSeq2x300R3_S4.report	2022/09/05 10:51
ATCCMiSeq2x300R3_S4.report	2022/09/05 10:51
ATCCMiSeq2x300R3_S4.stats	2022/09/05 10:51
ATCCMiSeq2x300R3_S4.summary	2022/09/05 10:51
ATCCMiSeq2x300R3_S4.sunburst.json	2022/09/05 10:51
ATCCMiSeq2x300R3_S4.txt	2022/09/05 10:51

BSSHでの解析結果の 共有方法

6-2

解析結果の共有方法

Project PhiX_220411_Training

SUMMARY ANALYSES BIOSAMPLES FASTQ

データの共有（Invitation・Get link）
移譲（Transfer）ができます

Showing 1 of 1

<input type="checkbox"/>	NAME	LAST MODIFIED	APPLICATION	SIZE	COMMENTS	DELIVERY	STATUS
<input type="checkbox"/>	FASTQ Generatio...	2022-04-12	FASTQ Generation	695 MB		None	Complete

解析結果の共有方法 ①招待を送信する

The screenshot displays the 'Project PhiX_220411_Training' interface. At the top, there are navigation tabs: SUMMARY, ANALYSES, BIOSAMPLES, FASTQS, and OTHER DATASETS. Below these are five circular icons: a globe, a document, a timer, a share icon, and a trash can. The share icon is highlighted, and a 'SHARE' dropdown menu is open, containing three options: 'SEND INVITATION', 'GET LINK', and 'TRANSFER'. Three red callout boxes with white text point to these options: 'データの共有 (Invitation)' points to 'SEND INVITATION', '共有リンクの有効化、無効化' points to 'GET LINK', and '所有権 (Ownership) の移譲' points to 'TRANSFER'. Below the menu, a table is partially visible with columns for NAME, SIZE, COMMENTS, DELIVERY, and STATUS. One row is shown with the name 'FASTQ Generatio...' and a status of 'Complete'.

NAME	SIZE	COMMENTS	DELIVERY	STATUS
FASTQ Generatio...				Complete

解析結果の共有方法 ①招待を送信する

The image illustrates the process of sharing a project in BaseSpace Informatics Suite. It consists of several overlapping screenshots:

- Project Overview:** Shows the 'Project PhiX_220411_Training' interface with tabs for 'SUMMARY', 'ANALYSES', and 'BIOSAMPLES'. A share icon is highlighted.
- Share Dialog (Left):** A 'Share this project' dialog box with the project name 'PhiX_220411_Training' and an 'Email address' field highlighted by a red box. A red callout box points to this field with the text: **共有先のBSSHアカウントのメールアドレスを入力** (Enter the email address of the BSSH account to be shared with).
- Share Dialog (Right):** A larger view of the 'Share this project' dialog, showing the 'Email address' field, an 'Optional message' field, and an 'ADD COLLABORATOR' button. A red arrow points to this button.
- Email Notification:** A screenshot of an email notification from BaseSpace Informatics Suite. The subject is 'PhiX_220411_Training' and the body says: 'would like to share the project PhiX_220411_Training with you. Go to PhiX_220411_Training to accept the share.' The footer includes the Illumina logo and address: 'This email was sent by: Illumina, Inc. 5200 Illumina Way San Diego, CA 92122 USA'.

解析結果の共有方法 ②リンクを介した共有

Project PhiX_220411_Training

SUMMARY ANALYSES BIOSAMPLES FASTQS OTHER DATASETS

Showing 1 of 1

SHARE

SEND INVITATION

GET LINK

TRANSFER >

NAME

FASTQ Generatio...

generation

695 MB

SIZE COMMENTS DELIVERY STATUS

Share By Link

PhiX_220411_Training

Click 'Activate' to generate a new URL for sharing.

CLOSE ACTIVATE

Share By Link

PhiX_220411_Training

Copy the below URL and send it to anyone you want to share with.

<https://basespace.illumina.com/s/...>

CLOSE DEACTIVATE

共有リンクの有効化、無効化

共有リンク

リンクのコピーができます

リンクを無効化できます

解析結果の移譲方法

The screenshot displays the 'Project PhiX_220411_Training' interface. At the top, there are navigation tabs: SUMMARY, ANALYSES, BIOSAMPLES, FASTQS, and OTHER DATASETS. Below these are five circular icons: a globe, a document, an hourglass, a share icon, and a trash can. The share icon is highlighted, and a dropdown menu is open with the following options: SHARE, SEND INVITATION, GET LINK, and TRANSFER. The 'TRANSFER' option is highlighted with a red box. A red arrow points from this box to a red text box containing the Japanese text '所有権 (Ownership) の移譲'. Below the menu, a table is partially visible with columns for NAME, SIZE, COMMENTS, DELIVERY, and STATUS. One row is shown with the name 'FASTQ Generatio...', a status of 'Complete', and a 'Complete' link.

NAME	SIZE	COMMENTS	DELIVERY	STATUS
FASTQ Generatio...				Complete

解析結果の移譲方法

Project Ph

SUMMARY ANALY

Showing 1 of 1

NAME

FASTQ Generati

Transfer Ownership
PhiX_220411_Training

New Owner

Email address

Optional Message =

Add a personal message (optional)

(max 140 characters)

ⓘ Apps in your account that currently use this data may not function properly after the data is transferred out of your account. Please review the [BaseSpace User Terms of Use](#) for more information.

CANCEL CONTINUE

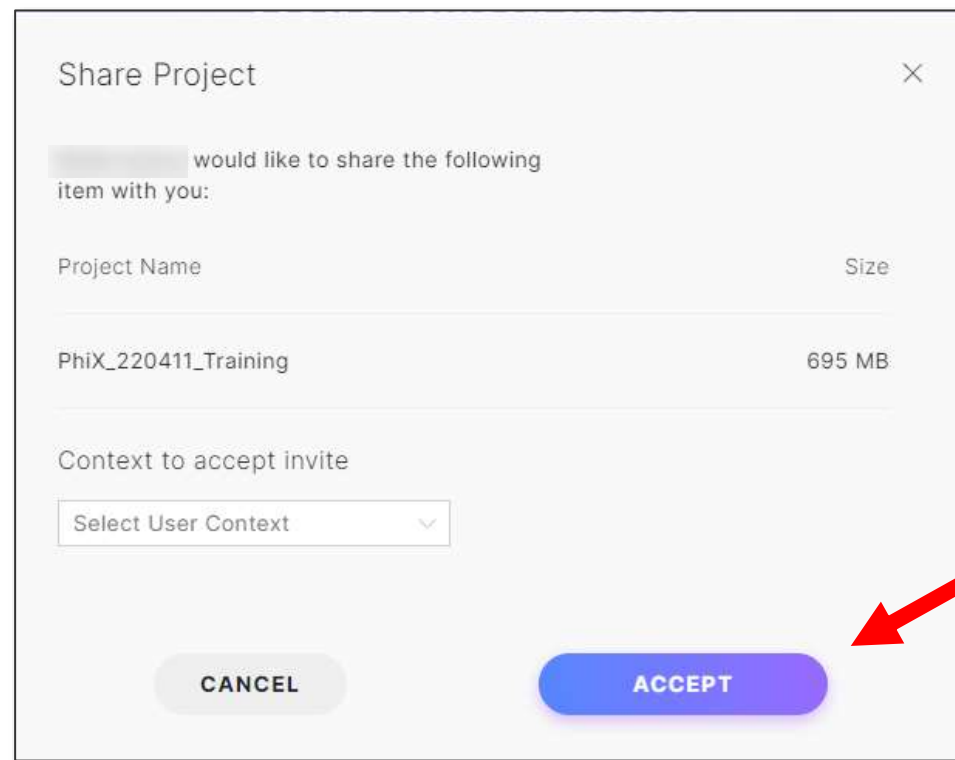
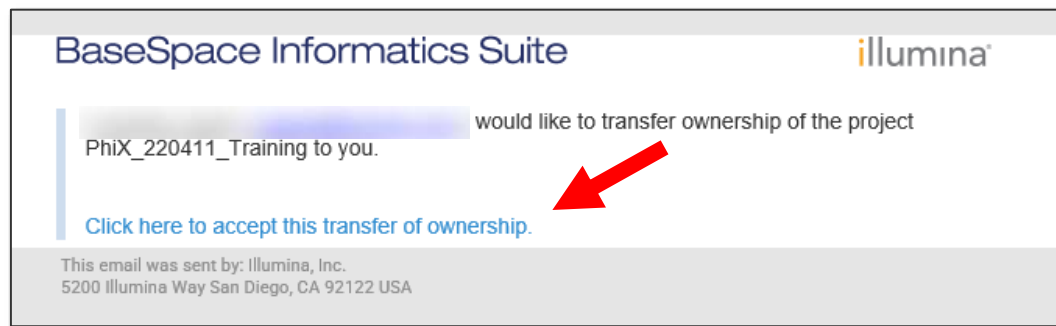
Transfer Ownership
PhiX_220411_Training

Please confirm you want to transfer ownership to

Once the transfer has been completed it cannot be undone. The recipient of the transfer will be considered the legal owner of this project and its associated data. Please make sure you are authorized by your organization to make this transfer before proceeding.

CANCEL TRANSFER NOW

解析結果の移譲データの受け取り方法



まとめ



まとめ

- BSSHを使えば、簡単なクリック操作でNGSのデータ解析が可能
- クラウド環境を使用して解析するため、解析環境の構築が不要
- 約100種類のアプリケーションから用途に合うものを選んで使用可能
- クラウド上にデータが保存されているため、容易にデータの共有ができる

より柔軟な解析を可能にするBaseSpace CLI



- BaseSpace CLI (Command line interface)は、Windows、Linux、MacOSX上で起動するコマンドラインベースのツール
- BaseSpace CLI は、一度に複数サンプル(Biosample)分、FASTQファイルアップロードや結果のダウンロード、Appの開始が可能
- Command入力の知識が必要
(一般コマンド入力法についてはイリミナサポート外)

- BaseSpace CLIはシーケンサーへのインストールを推奨していません。
- Command line環境については、お客様自身でご用意していただく必要があります。
- BaseSpace CLIのインストール、使用方法については、下記ページご参照ください。
<https://developer.basespace.illumina.com/docs/content/documentation/cli/cli-overview>

関連資料

- [BaseSpace Sequence Hub Online Help](#)
- [The Many Benefits of BaseSpace Sequence Hub](#)
- [Basespace Sequencing Hub Apps Quick Guide](#)

ウェビナー録画

- [RNA-Seqをもう一度：情報解析をクラウドでより簡単・高速に！DRAGEN RNA Pipelineのご紹介](#)



- [BaseSpace Sequence Hubを使用したデータ解析の基本【イルミナiSchool 初級】](#)



ご清聴ありがとうございました

井上 弘貴

2022.10.26 | hinoue@illumina.com

BSSHライセンス、アカウント差の詳細

	Basic	Professional	Enterprise
含まれるストレージ	1 TB	1 TB	1 TB
無料のiCredit	250* iCredit	500* iCredit	500* iCredit
支払い計画	n/a	月次請求または前払いiCredit	月次請求または前払いiCredit
ランセットアップおよび監視	✓	✓	✓
FASTQ作成	無料	無料	無料
データ流出	無料	無料	無料
データ共有	✓	✓	✓
高度なセキュリティおよびコンプライアンス (暗号化、ISO 27001、ISO 13485)	✓	✓	✓
APIおよびコマンドラインアクセス	✓	✓	✓
ユーザー数	1	制限無し	制限無し
Workgroups		1	制限無し
主要なセキュリティ (プライベートドメイン、単一サインオン [™] 、監査証跡、アクセス制御)			✓
HIPAA BAA (米国のみ)			✓
サービスレベルアグリーメント			✓

・ Basic と有償アカウントでは、iCredit 等追加購入可否と、初期付与 iCredit が異なる

・ ランモニター機能、FASTQ 生成機能などは Basic でも利用可能

・ Professional と Enterprise 間では、複数ユーザー間でのデータ共有を管理できる、Workgroup 数等に差がある

<https://jp.illumina.com/products/by-type/informatics-products/basespace-sequence-hub.html>

iCredit および 有償ライセンスの価格表（2022年10月現在）

データ解析ソリューション

カタログ番号	製品群	製品群名	製品名	希望販売価格(円)	備考
iCredit製品					
20042038	XIC	事前購入制iCredit	Illumina Analytics - 1 iCredit	139	事前購入制によるコンピュータおよびストレージご利用料お支払い用iCredit
20042039	XIC	事前購入制iCredit	Illumina Analytics Starter Pack - 1,000 iCredits	138,500	事前購入制によるコンピュータおよびストレージご利用料お支払い用iCredit
20042040	XIC	事前購入制iCredit	Illumina Analytics - 5,000 iCredits	688,800	事前購入制によるコンピュータおよびストレージご利用料お支払い用iCredit
20042041	XIC	事前購入制iCredit	Illumina Analytics - 50,000 iCredits	6,818,400	事前購入制によるコンピュータおよびストレージご利用料お支払い用iCredit
20042042	XIC	事前購入制iCredit	Illumina Analytics - 100,000 iCredits	13,219,300	事前購入制によるコンピュータおよびストレージご利用料お支払い用iCredit
-		従量価格制 iCredit	iCredit	139	ご利用にはお申込みが必要です
BaseSpace Sequence Hub製品					
20042109	XBG	年間ライセンス	BaseSpace Sequence Hub Professional Annual Subscription	69,600	500 iCredit、1つのワークグループ利用を含む年間ライセンス
SW-411-1003	XSS	年間ライセンス	BaseSpace Sequence Hub Enterprise Annual Subscription	4,173,800	500 iCredit、複数ワークグループ利用を含む年間ライセンス

2022年10月26日現在の価格となります。

より詳しい料金体系は、イルミナ営業あるいは販売代理店にお問い合わせください。

1 サンプルを処理するための iCredit 使用量の目安

アプリケーション	コスト	詳細
ヒト全ゲノムシーケンス	7 iCredit	サンプル: 30X HiSeq サイズ: 120Gb アプリ: DRAGEN Germline 入力: FASTQ 出力: VCF, BAM/CRAM
エクソームシーケンス	2 iCredit	サンプル: エクソーム サイズ: 100b アプリ: DRAGEN イン/リッチメント 入力: FASTQ 出力: VCF, BAM/CRAM
がんパネル	2 iCredit	サンプル: Myeloid/パネル サイズ: 50Mb アプリ: DNAアンプコン 入力: FASTQ 出力: 体細胞バリエーション
トランスクリプトーム	2 iCredit	サンプル: RNA-Seq サイズ: 50Mリード アプリ: DRAGEN RNA 入力: FASTQ 出力: 融合遺伝子, トランスクリプト
差別的発現	1 iCredit	サンプル: Tumor Exome サイズ: 10Gb アプリ: RNA-Seq Differential Expression 入力: FASTQ 出力: 体細胞バリエーション
RNA/パネル	2 iCredit	サンプル: RNA/パネル サイズ: 3百万リード アプリ: RNAアンプコン 入力: FASTQ 出力: 体細胞バリエーション
16S rRNA	1-2 iCredit	サンプル: 16Sメタゲノム アプリ: 16Sメタゲノム 入力: FASTQ 出力: 分類学的手法

(2022年10月現在)

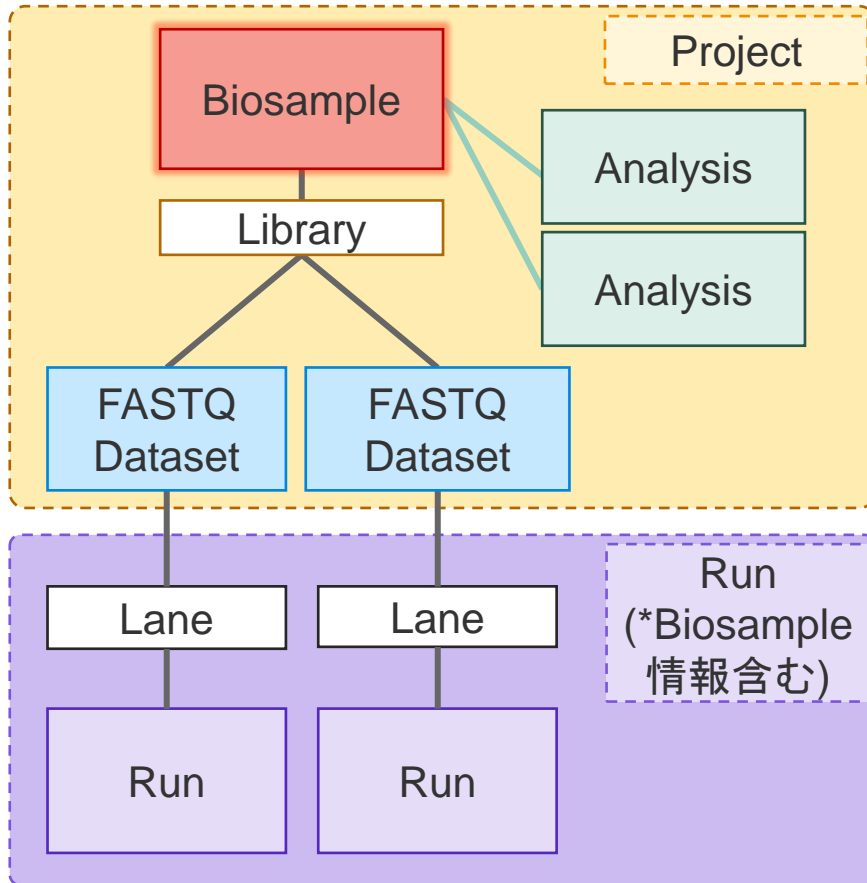
<https://jp.illumina.com/products/by-type/informatics-products/basespace-sequence-hub.html>

Appendix

BSSHの2つのMode : New/Classic Mode

New Mode

- ・ 複数Run/laneにまたがったサンプルID (Biosample) 中心構造



→大規模解析を行う場合、
複数Run/LaneのFASTQを
1サンプルとして解析する
ことが多い場合に適する

*New/Classic表示間で
互換性は維持されています

Classic Mode

- ・ Run毎のサンプル情報が中心の構造

