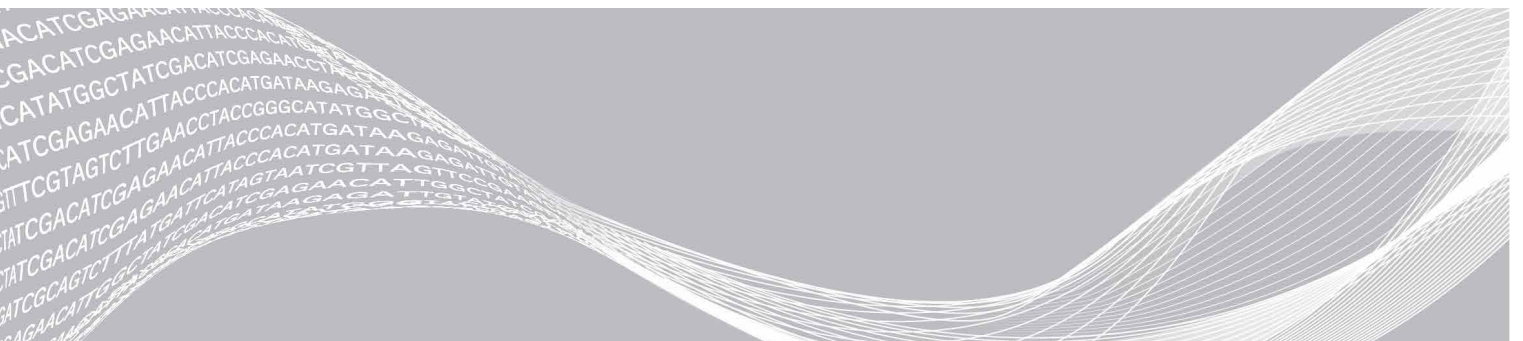


Illumina DRAGEN COVID Pipeline

Software Guide



本製品の使用は、Illumina, Inc. が所有する、ライセンス取得済みの特許の対象となっています。本製品を購入することで、本製品のマニュアルおよび他の関連する利用規約に従って、本製品の使用目的に本製品を使用する、制限付きの譲渡不能な権利が付与されます。かかる特許のリストについては、jp.illumina.com/patents をご覧ください（ただし、リストは代表的なものにすぎず、すべてを網羅しているわけではありません）。その他の特許に基づく、またはその他の使用に関する、明示、黙示、または禁反言によるいかなる権利も付与されません。

本文書およびその内容は、Illumina, Inc. およびその関連会社（以下、「イルミナ」という）の所有物であり、本文書に記載された製品の使用に関連して、イルミナの顧客が契約上使用することのみを意図したものであり、その他の目的を意図したものではありません。本文書およびその内容を、イルミナの書面による事前同意を得ずにその他の目的で利用または配布してはならず、また方法を問わず、その他伝達、開示または複製してはなりません。イルミナは、本文書によって、自身の特許、商標、著作権またはコモンロー上の権利に基づくいかなるライセンスも譲渡せず、また第三者の同様の権利も譲渡しないものとします。

本文書に記載された製品の適切かつ安全な使用を徹底するため、資格を有した、適切なトレーニングを受けた担当者が、本文書の指示を厳密かつ明確に遵守しなければなりません。当該製品の使用に先立ち、本文書のすべての内容を熟読し、理解する必要があるものとします。

本文書に含まれるすべての説明を熟読せず、明確に遵守しない場合、製品を損ない、使用者または他者を含む個人に傷害を負わせ、その他の財産に損害を与える結果となる可能性があり、また本製品に適用される一切の保証は無効になるものとします。

イルミナは、本文書に記載された製品（その部品またはソフトウェアを含む）の不適切な使用から生じる責任、または、顧客による当該製品の取得に関連してイルミナから付与される明示的な書面によるライセンスもしくは許可の範囲外で当該製品が使用されることから生じる責任を一切負わないものとします。

© 2021 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。

改訂履歴

文書	日付	変更内容
文書番号： 1000000158680 v01	2021 年 10 月	<ul style="list-style-type: none"> 「Illumina DRAGEN COVID Pipeline の実行」セクションに新しいコマンドを追加。 「Illumina DRAGEN COVID Pipeline のインストール」セクションに前のバージョンの Illumina DRAGEN COVID Pipeline をアンインストールするコマンドを追加。 文書全体で v1.0.1 リリースおよび新しい ARTIC v4 プライマーとの互換性に関する内容を更新。 「解析方法」セクションおよび「出力フォルダーの構成」セクションの出力フォルダーおよびファイルを更新。 「バリエントコールおよびコンセンサス配列の生成 (RUO)」セクションの検出されるシーケンスバリエントのカバレッジ (depth) の基準を「10 以上」に更新。
文書番号： 1000000158680 v00	2021 年 4 月	初版リリース。

目次

改訂履歴	iii
概要	1
インストール要件	1
ストレージ要件	1
Illumina DRAGEN COVID Pipeline のインストール	2
システムチェックの実行	2
Illumina DRAGEN COVID Pipeline の実行	3
レーンのサブセットの処理と、複数のフローセルの処理	3
解析方法	4
検出アルゴリズム	5
出力フォルダーの構成	6
バリエントコールおよびコンセンサス配列の生成 (RUO)	7
Illumina DRAGEN COVID Pipeline のアンインストール	7
DRAGEN COVID Lineage Tools	8
出力ファイル	9
テクニカルサポート	10

概要

Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、ARTIC v3 および v4 遺伝子パネルアッセイを使用して準備された RNA ライブラリーのシーケンスリードを解析します。Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、Illumina DRAGEN Bio-IT Platform を使用して SARS-CoV-2 の存在の有無を判定する解析を実施し、結果を BAM、VCF、および FASTA 形式で出力します。

Illumina DRAGEN COVID Pipeline では、サンプルシートが必要になります。サンプルシートの作成方法については、『BCL Convert Software Guide』（文書番号：100000094725）を参照してください。

SARS-CoV-2 の解析に加えて、Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、検出された SARS-CoV2 ウィルスのターゲットが最小の閾値を超えるサンプルに対し、スモールバリエーションコールも実行します。最小閾値は設定変更可能で、初期設定は 90 個のターゲットとなっています。3 ページの「[Illumina DRAGEN COVID Pipeline の実行](#)」にあるオプションを参照してください。Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、コンセンサス配列を FASTA 形式で生成します。バリエーションコールとコンセンサス配列は、情報提供のみを目的として生成されており、患者レポート用ではありません。

インストール要件

Illumina DRAGEN COVID Pipeline には、以下の最小運用要件があります。

Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、DRAGEN サーバー v2 および v3 と互換性があります。

本ソフトウェアには、初期設定で以下の品目が含まれています。

- ▶ Linux CentOS 7.3 以降のオペレーティングシステム

Illumina DRAGEN COVID Pipeline をインストールする前に、以下の追加のソフトウェアが必要になります。

- ▶ Docker バージョン 18.09 以降

ストレージ要件

DRAGEN サーバーは /staging ディレクトリとして使用する NVMe SSD を提供しており、ソフトウェアの出力ディレクトリとして使用することができます。

DRAGEN サーバー v2 を使用する場合は、解析出力に必要なディスクスペースを NVMe SSD ドライブに確保するために、シーケンスランデータをネットワーク接続型のフォルダーに保存してください。DRAGEN サーバー v2 および v3 のいずれについても、長期間のデータ保存のために、ネットワーク接続型ストレージが必要になります。

解析出力は、/staging/dragen-covid-pipeline_analysis_<timestamp> に自動的に書き込まれるので、DRAGEN サーバーが、NVMe SSD 上のデータの読み取りおよび書き込み処理を確実に実行できるようにしてください。この場所は、コマンドラインを使用して変更することができます。

解析を始める前に、DRAGEN サーバーからネットワーク接続型ストレージにデータをコピーするストラテジーを確立してください。DRAGEN サーバー上の出力データは、できるだけ早く削除してください。

以下は、各シーケンスシステムの 36 bp あたりのラン出力および解析出力のサイズです。出力フォルダーサイズは、陽性サンプルの数によって変化することがあります。以下の表は、推奨ストレージ要件です。

シーケンスシステム	ランフォルダー出力 (GB)	解析出力 (GB)
NovaSeq 6000 SP フローセル	20	60
NovaSeq 6000 S4 フローセル	225 ~ 240	860
NextSeq 500/550 および 550Dx HO フローセル	12	30

Illumina DRAGEN COVID Pipeline のインストール

Illumina DRAGEN COVID Pipeline をインストールする場合は、このセクションの手順に従ってください。

docker グループにユーザーを追加し、非 root ユーザーとして Docker を実行することを推奨します。Illumina DRAGEN COVID Pipeline を root として実行することもできますが、推奨されていません。詳細については、Docker のウェブサイトを参照してください。

Illumina DRAGEN COVID Pipeline インストールスクリプトを実行すると、サーバー上にある既存の DRAGEN ソフトウェアがアンインストールされます。別の DRAGEN パイプラインを使用する場合は、Illumina DRAGEN COVID Pipeline をアンインストールし、DRAGEN サポートページから DRAGEN ソフトウェアインストールパッケージをダウンロードする必要があります。

1. 地域のイルミナフィールドアプリケーションサイエンティストに連絡し、Illumina DRAGEN COVID Pipeline インストーラーパッケージを入手します。
2. Docker のマニュアルに記載されている CentOS 用インストール手順に従って、Docker 18.09 以降をインストールします。
3. 『[Illumina DRAGEN Server Site Prep & Installation Guide](#)』に記載されている手順に従って、DRAGEN サーバーのライセンスをインストールします。
4. イルミナからメールで提供されている Illumina DRAGEN COVID Pipeline インストールスクリプトをダウンロードします。リンクの有効期限は 1 週間です。
5. インストールスクリプトを `/staging` ディレクトリに保存します。
6. `screen` プロセスを用いて仮想ターミナルでソフトウェアを実行するために、次のコマンドを入力します。
`screen. screen -S <name>`
ターミナルの切り離しにより、他の用途で使用中でも、実行中の操作を中断しません。
7. スクリプトの実行権限を更新するために、次のコマンドを入力します。
`chmod +x /staging/install_dragen-covid-pipeline-RUO-v1.0.1.run`
8. 前のバージョンの DRAGEN COVIDSeq Test Pipeline または Illumina DRAGEN COVID Pipeline をアンインストールするには、次のいずれかのコマンドを入力します。
 - ▶ DRAGEN COVIDSeq Test Pipeline : `/staging/uninstall_covidseq-1.1.0.sh`
 - ▶ Illumina DRAGEN COVID Pipeline : `/staging/uninstall_dragen-covid-pipeline-RUO-1.0.0.sh`
9. インストールスクリプトを実行するには、次のコマンドを入力します。
`/staging/install_dragen-covid-pipeline-RUO-1.0.1.run`
スクリプトを実行すると、以前にインストールした DRAGEN ソフトウェアが削除されます。以前の DRAGEN のバージョンによっては、インストール後にサーバーを再起動する必要がある場合があります。

システムチェックの実行

`check_dragen-covid-pipeline-1.0.1.sh` スクリプトを実行し、システムが適切に機能していることを確認します。このセルフテストスクリプトでは、以下の機能が確認されます。

- ▶ 必要なすべてのサービスが実行されているか。
- ▶ 適切な Docker イメージがインストールされているか。
- ▶ テストデータセットに対して Illumina DRAGEN COVID Pipeline が正常に実行されたか。

セルフテストの実行には、約 5 分かかります。セルフテストでエラーメッセージが出力された場合は、イルミナのテクニカルサポートに連絡し、`/staging/check_dragen-covid-pipeline_<timestamp>.tgz` 出力ファイルを提供してください。

[`ctrl-a d`] と入力することで、`screen` プロセスからいつでもデタッチすることができます。

Illumina DRAGEN COVID Pipeline の実行

Illumina DRAGEN Covid Pipeline は、コマンドラインを用いてシェルスクリプトを選択し、Docker 上でソフトウェアを実行することで開始されます。解析後の出力ファイルは、/staging/dragen-covid-pipeline_analysis_<timestamp> ディレクトリに格納されます。

このディレクトリは、サーバーが保証する NVMe SSD 上で最適化された場所です。

アプリの実行中にファイルを移動したり、CTRL + C を押ししたりしないでください。解析中にファイルを移動すると、解析に失敗する場合や不正確な結果が出力される場合があります。CTRL + C を押しと、解析が停止するだけでなく、エラーが発生することがあります。エラーが発生した場合は、サーバーを再起動してください。

1. screen プロセスからデタッチしている場合は、次のコマンドを入力して、screen に再アタッチします。
screen -r name
2. Illumina DRAGEN COVID Pipeline を実行するには、次のコマンドラインと、引数を入力します。
dragen-covid-pipeline.sh --runFolder <FULL_PATH_TO_RUN_FOLDER>
3. **(オプション)** 必要に応じ、以下の利用可能なコマンドを入力します。

オプション	内容説明
--ampliconThreshold	サンプルの結果が SARS-CoV2 陽性となるために検出される必要がある SARS-CoV-2 ターゲットの最小数を指定します。初期設定値は 90 です。
--analysisFolder	代替解析フォルダーまでのフルパス。パフォーマンスを高めるために、このフォルダーは NVMe SSD パーティション上にある必要があります。必ずテストデータフォルダー /staging/illumina/covid とは異なるフォルダーを使用してください。Illumina DRAGEN COVID Pipeline をアンインストールすると、テストデータフォルダーは削除されます。
--fastMode	アライメント、バリエーションコール、およびコンセンサス配列 FASTA の生成をオフにし、速度を向上させます。
--fastqFolder	FastQ フォルダーまでのフルパス。このコマンドを使用するには、--sampleSheet コマンドを使用してサンプルシートを指定する必要があります。--runFolder コマンドを使用している場合は、このコマンドを使用しないでください。
--help	ヘルプ画面を表示して閉じます。
--lane	単一のレーン上で BCL 変換を除外するには、このオプションの値を 1、2、3、または 4 に設定します。
--primers	プライマーのバージョン番号を指定します。初期設定値は v3 です。ARTIC v4 プライマーを使用する場合は、この値を v4 に設定します。
--runFolder	BCL フォルダーまでのフルパス。--fastqFolder コマンドを使用している場合は、このコマンドを使用しないでください。
--sampleSheet	サンプルシートまでのフルパス。サンプルシートがランフォルダーの root ディレクトリにない場合、またはサンプルシートの名前が SampleSheet.csv でない場合は、--sampleSheet コマンドが必要になります。
--version	ソフトウェアのバージョンを表示して閉じます。

レーンのサブセットの処理と、複数のフローセルの処理

レーンのサブセットを解析するには、サンプルシートのコピーを作成し、処理するレーンに含まれないサンプルをすべて削除します。この新しいサンプルシートをコマンドラインで指定します。

単一のレーンを処理するには、--lane オプションを使用して、値を 1、2、3、または 4 に設定します。このオプションは、FASTQ への BCL のデマルチプレックスを指定されたレーンに制限し、全体のパフォーマンスを向上させます。サンプルシートには、指定したレーンのサンプルのみを含めます。

複数のフローセルを解析するには、ソフトウェアを順番に複数回実行します。前の解析が完了してから、新しい解析を開始してください。同じサーバー上でソフトウェアを同時に複数回実行すると、解析に失敗する場合や不正確な結果が出力される場合があります。

各フローセルの解析結果は、個別のランフォルダーに含まれています。

解析方法

Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、以下のステップに従って解析を実行します。最初の 7 つのステップでは、ステップごとに解析フォルダーにある Logs_intermediates サブフォルダーにサブフォルダーが作成されます。

1. サンプルシートのフィールドに記載された内容を検証します。
このステップでは、SampleSheetValidation サブフォルダーが生成されます。
2. ランフォルダーの BCL データを FASTQ サンプルデータに変換します。そのランのすべてのサンプルは、gzip 形式で圧縮された FASTQ ファイルとして利用できるようになります。--lane オプションを使用する場合は、指定されたレーンのサンプルのみが FASTQ ファイルとして利用できるようになります。
このステップでは、FastqGeneration サブフォルダーが生成されます。
3. 各サンプルについて、Illumina DRAGEN COVID Pipeline は SARS-CoV-2 および内部（ヒト）コントロールの有無を判定します。ターゲットごとのリードカバレッジを、固定のターゲット閾値と比較し、カバーされた（検出された）ターゲットを特定します。次に、カバーされた（検出された）ターゲットの数をもとにして、SARS-CoV-2 (\geq virusThreshold) と内部コントロール (\geq humanThreshold) の検出の有無を決定します。
このステップでは、VirusDetection サブフォルダーが生成されます。
4. SARS-Cov-2 陽性の判定で、かつ、少なくとも 90 個の SARS-CoV-2 ターゲットが検出されたサンプルについて、Illumina DRAGEN COVID Pipeline は FASTQ ファイルを SARS-CoV-2 リファレンスゲノムにアライメントします。検出されたと規定するターゲットの数を初期設定の 90 個から変更するには、解析実行時に --ampliconThreshold オプションを使用します。
このステップでは、MapAlign サブフォルダーが生成されます。
5. SARS-Cov-2 陽性の判定であり、かつ、少なくとも 90 個の SARS-CoV-2 ターゲットが検出されたサンプルについて、Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、バリエントコールを実行し、SARS-CoV-2 のリファレンスゲノムに対するそのサンプルにおけるバリエントを特定します。検出されたと規定するターゲットの数を初期設定の 90 個から変更するには、解析実行時に --ampliconThreshold オプションを使用します。このステップでは、処理された各サンプルについて検出されたバリエントが含まれた VCF ファイルが生成されます。詳細については、7 ページの「バリエントコールおよびコンセンサス配列の生成 (RUO)」を参照してください。
このステップでは、VariantCalling サブフォルダーが生成されます。
6. SARS-Cov-2 陽性の判定であり、かつ、少なくとも 90 個の SARS-CoV-2 ターゲットが検出されたサンプルについて、Illumina DRAGEN COVID Pipeline はバリエントコールとカバレッジメトリクスを入力として使用し、コンセンサスゲノムを FASTA 形式で生成します。検出されたと規定するターゲットの数を初期設定の 90 個から変更するには、解析実行時に --ampliconThreshold オプションを使用します。詳細については、7 ページの「バリエントコールおよびコンセンサス配列の生成 (RUO)」を参照してください。
このステップでは、ConsensusFasta サブフォルダーが生成されます。
7. 各サンプルについて、Illumina DRAGEN COVID Pipeline はウイルスのみの BAM ファイルを生成します。
このステップでは、NonViralReads サブフォルダーが生成されます。
8. Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、サンプルに 30x 以上のカバレッジがあったかどうかを判定した結合カバレッジレポート (coverage.csv ファイル) を生成します。

サードパーティ製のソフトウェアを使用した下流の解析について詳しくは、8 ページの「DRAGEN COVID Lineage Tools」を参照してください。

検出アルゴリズム

Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、kmer ベースのアルゴリズムを使用して、SARS-CoV-2 および外部コントロールを検出します。このアルゴリズムでは、kmer リファレンスデータベースを使用して、シーケンスリードの kmer と SARS-CoV-2 リファレンスゲノム (NC_0455) の kmer が照合されます。kmer リファレンスリストを作成するために、SARS-CoV-2 リファレンスゲノムが 32 bp の kmer に分割され、交差反応のある kmer が取り除かれます。kmer リファレンスリストでは、交差反応を同定するために、10 万種のヒトおよび動物病原体が収録された NCBI データベースが使用されました。コウモリおよびセンザンコウウイルスは、SARS-CoV-2 ゲノムと類似しているため含まれていません。

kmer アルゴリズムは、以下のプロセスに従って実行されます。

1. シーケンスリードが 32 bp の kmer に分割されます。
2. kmer が kmer リファレンスリストと照合されます。
3. 各リファレンス kmer は、SARS-CoV-2 または外部コントロールに由来する、対応するアンプリコンごとにラベルされています。
4. 少なくとも 150 個のリード kmer およびリファレンス kmer が一致しているアンプリコンが検出されます。
5. 以下の数のアンプリコンが存在する場合、アルゴリズムは SARS-CoV-2 または外部コントロールを検出した、とされます。
 - ▶ 少なくとも 5 個の SARS-CoV-2 アンプリコンが存在する場合、SARS-CoV-2 陽性として検出されます。
 - ▶ 少なくとも 3 個の外部コントロールアンプリコンが存在する場合、外部コントロール陽性として検出されます。

出力フォルダーの構成

Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、以下のフォルダー構成で結果を出力します。重要な出力ファイルを以下に示します。

📁 Logs_Intermediates

📁 SampleSheetValidation

📁 ConsensusFasta

📁 < サンプル ID >

📄 < サンプル ID >.consensus_metrics.csv

📁 FastqGeneration

📁 Reports

📄 Demultiplex_Stats.csv

📄 Adapter_Metrics.csv

📁 MapAlign

📁 NonViralReads

📁 < サンプル ID >

📄 < サンプル ID >_virus_only.bam

📁 VariantCalling

📁 VirusDetection

📁 Sample_Analysis

📄 coverage.csv

📁 < サンプル ID1 >

📄 < サンプル ID1 >.fasta

📄 < サンプル ID1 >.fasta.md5sum

📄 < サンプル ID1 >_tumor.bam

📄 < サンプル ID1 >_tumor.bam.bai

📄 < サンプル ID1 >_tumor.bam.md5sum

📄 < サンプル ID1 >.hard-filtered.vcf.gz

📄 < サンプル ID1 >.hard-filtered.vcf.gz.md5sum

📄 < サンプル ID1 >.hard-filtered.vcf.gz.tbi

📄 < サンプル ID1 >.consensus_filtered_variants.vcf.gz

📄 < サンプル ID1 >.consensus_filtered_variants.vcf.gz.md5sum

📄 < サンプル ID1 >.consensus_filtered_variants.vcf.gz.tbi

📁 < サンプル ID2 >

📄 Errors.tsv

📄 AnalysisLog.txt

📄 run.log

📄 task_duration.csv

バリエントコールおよびコンセンサス配列の生成 (RUO)

Illumina DRAGEN COVID Pipeline は、SARS-CoV-2 陽性の判定であり、かつ、少なくとも 90 個の SARS-CoV-2 ターゲットが検出されたサンプルについて、バリエントおよびコンセンサス配列を生成します。検出されたと規定するターゲットの数を初期設定の 90 個から変更するには、解析実行時に `--ampliconThreshold` オプションを使用します。バリエントコールとコンセンサス配列は、情報提供のみを目的としているため、患者に報告するために使用しないでください。

無効なサンプルについては、バリエントコールおよびコンセンサス配列の生成は実行されません。

バリエントコールの出力ファイルは、VCF 4.2 ファイル形式で生成され、`Sample_Analysis/< サンプル ID>/< サンプル ID>.hard-filtered.vcf.gz` に格納されます。

コンセンサスでフィルタリングしたバリエントコールの出力ファイルは、`Sample_Analysis/< サンプル ID>/< サンプル ID>.consensus_filtered_variants.vcf.gz` に格納されます。

コンセンサス配列を FASTA 形式で生成するにあたり、以下の基準を満たす検出されたシーケンスバリエントが SARS-CoV-2 リファレンスシーケンス (NCBI アクセッション: NC_045512.2) に適用されます。

- ▶ すべての DRAGEN クオリティフィルターをパスしている。
- ▶ アリル頻度が 0.5 以上である。
- ▶ カバレッジ (depth) が 10 以上である。

シーケンスのカバレッジが 10 を下回る領域は、低い信頼度としてマスクされます。ハードマスクが適用され、信頼度の低い領域にあるすべての塩基が「N」に変換されます。ソフトマスクが適用されたシーケンスも提供されており、信頼度の低いすべての領域が小文字で示されます。

ハードマスクが適用されたコンセンサス FASTA は、`Sample_Analysis/< サンプル ID>/< サンプル ID>.fasta` に格納されます。

Illumina DRAGEN COVID Pipeline のアンインストール

Illumina DRAGEN COVID Pipeline には、`/usr/local/bin` に `uninstall_dragen-covid-pipeline-1.0.1.sh` という名前のアンインストールスクリプトが含まれています。

このアンインストールスクリプトでは、以下のアセットが削除されます。

- ▶ すべてのスクリプト (`dragen-covid-pipeline.sh`、`check_dragen-covid-pipeline-1.0.1.sh`、`uninstall_dragen-covid-pipeline-1.0.1.sh`)
- ▶ Illumina DRAGEN COVID Pipeline の Docker イメージ
- ▶ `/staging/illumina/dragen-covid-pipeline` に保存されたデータ

このスクリプトは、Docker をアンインストールしません。

Illumina DRAGEN COVID Pipeline をアンインストールするには、以下のコマンドを root 権限で入力します。

```
/usr/local/bin/uninstall_dragen-covid-pipeline-1.0.1.sh
```

DRAGEN COVID Lineage Tools

DRAGEN COVID Lineage Tools ソフトウェアパッケージを使用して、Illumina DRAGEN COVID Pipeline 以降の、無償の下流解析を実行することができます。

DRAGEN COVID Lineage Tools には、サードパーティ製のソフトウェアアプリケーションである Pangolin と NextClade が含まれており、FASTA ファイルに記載されたウイルス RNA 配列の系統および分類解析を実施できます。DRAGEN COVID Lineage Tools ソフトウェアパッケージについては、イルミナのテクニカルサポートでサポートされていません。

このソフトウェアは、Docker イメージとして含まれており、TAR ファイルとして展開されます。

DRAGEN COVID Lineage Tools をロードおよび実行するには、以下の手順を実行します。

1. Illumina DRAGEN COVID Pipeline サポートページから TAR ファイルをダウンロードします。
2. イメージを展開するために、以下のコマンドを入力して、TAR ファイルを Docker にロードします。
`docker load < dragen-covid-lineage-tools-1.0.1.tar`
3. サーバーにあるすべてのイメージを表示するには、次のコマンドを入力します。
`docker images`

応答にシステム上のすべての Docker イメージが表示されますが、これらにイメージ `dragen-covid-lineage-tools:1.0.1` が含まれている必要があります。

4. イメージをコンテナとして実行するには、次のコマンドを入力します。

```
docker run -t -v {PATH_TO_FASTA_FOLDER}:/opt/illumina/fasta-folder:ro -v
{PATH_TO_ANALYSIS_FOLDER}:/opt/illumina/analysis-folder:rw dragen-
covid-lineage-tools:1.0.1 --update-nextclade --update-pangolin --max-
ambig 0.6
```

使用されているオプションの説明については、以下の表を参照してください。

オプション	内容説明
{PATH_TO_ANALYSIS_FOLDER}	サーバー上の絶対フォルダーパスを設定します。このフォルダーに解析出力が保存されます。
{PATH_TO_FASTA_FOLDER}	サーバー上の FASTA ファイルが含まれている絶対フォルダーパスを設定します。FASTA ファイルは、root フォルダー内にネストすることができます。例えば、Illumina DRAGEN COVID Pipeline からの出力によって Sample_Analysis フォルダーが生成されますが、これには {Sample_ID} サブフォルダーが含まれています。サブフォルダー内には、サンプル FASTA ファイルがあります。root Sample_Analysis フォルダーを指定すると、ソフトウェアはネストされているすべての FASTA ファイルを再帰的に検索します。
--max-ambig	Pangolin が割り当てを試行することができる、N の最大比率を指定します。初期設定値は 0.5 です。
--update-nextclade	ソフトウェア上の NextClade ナレッジベースを更新するには、-- update-nextclade フラグを含めます。更新が行われるように、サーバーがインターネットに接続されていることを確認してください。
--update-pangolin	ソフトウェア上の Pangolin ナレッジベースを更新するには、-- update-pangolin フラグを含めます。更新が行われるように、サーバーがインターネットに接続されていることを確認してください。

出力ファイル

DRAGEN COVID Lineage Tools ソフトウェアでは、以下の出力ファイルが生成されます。

出力	パス	内容説明
結合クレードレポート	./analysis-folder/combined_clade_report.csv	すべてのサンプルのクレードレポートが含まれた結合 CSV ファイル。
結合 FASTA	./analysis-folder/combined_fasta.fasta	処理されたすべての FASTA ファイルを連結したファイル。
結合系統レポート	./analysis-folder/combined_lineage_report.csv	すべてのサンプル系統レポートが含まれた結合 CSV ファイル。
ログファイル	./analysis-folder/covid-lineage-tools- <timestamp>.log	ソフトウェアにより実行された関数および発生したエラーの詳細。
サンプルごとのクレードレポート	./analysis-folder/{sample-id}/{sample-id}.clade_report.csv ./analysis-folder/{sample-id}/{sample-id}.clade_report.tsv ./analysis-folder/{sample-id}/{sample-id}.clade_report.json	NextClade により生成されるサンプルごとのクレードレポート。レポートは、FASTA ファイル名に由来するサンプル ID がレポート名として付けられます。NextClade では、同じレポートが以下のファイル形式で生成されます。 <ul style="list-style-type: none"> • csv • tsv • json 例えば、ファイル sample1.fasta には、以下のレポートが生成されます。 <ul style="list-style-type: none"> • sample1.clade_report.csv • sample1.clade_report.tsv • sample1.clade_report.json
サンプルごとの系統レポート	analysis-folder/{sample-id}/{sample-id}.lineage_report.csv	Pangolin により生成されるサンプルごとの系統レポート。レポートは、FASTA ファイル名に由来するサンプル ID がレポート名として付けられます。例えば、ファイル名 sample1.fasta に対しては、sample1.lineage_report.csv という名前のレポートが生成されます。

テクニカルサポート

技術的なサポートについては、イルミナのテクニカルサポートにお問い合わせください。

ウェブサイト：jp.illumina.com

電子メール：techsupport@illumina.com

イルミナテクニカルサポート電話番号

地域	フリーダイヤル	国際
アイルランド	+353 1800 936608	+353 1 695 0506
イタリア	+39 800 985513	+39 236003759
インド	+91 8006500375	
インドネシア		0078036510048
英国	+44 800 012 6019	+44 20 7305 7197
オーストラリア	+61 1800 775 688	
オーストリア	+43 800 006249	+43 1 9286540
オランダ	+31 800 022 2493	+31 20 713 2960
カナダ	+1 800 809 4566	
韓国	+82 80 234 5300	
シンガポール	1 800 5792 745	
スイス	+41 800 200 442	+41 56 580 00 00
スウェーデン	+46 2 00883979	+46 8 50619671
スペイン	+34 800 300 143	+34 911 899 417
タイ	+66 1800 011 304	
台湾 (中国)	+886 8 06651752	
中国		+86 400 066 5835
デンマーク	+45 80 82 01 83	+45 89 87 11 56
ドイツ	+49 800 101 4940	+49 89 3803 5677
日本	+81 0800 111 5011	
ニュージーランド	+64 800 451 650	
ノルウェー	+47 800 16 836	+47 21 93 96 93
フィリピン	+63 180016510798	
フィンランド	+358 800 918 363	+358 9 7479 0110
フランス	+33 8 05 10 21 93	+33 1 70 77 04 46
米国	+1 800 809 4566	+1 858 202 4566
ベトナム	+84 1206 5263	
ベルギー	+32 800 77 160	+32 3 400 29 73
香港 (中国)	+852 800 960 230	
マレーシア	+60 1800 80 6789	

安全データシート (SDS)：イルミナのウェブサイト jp.support.illumina.com/sds.html から入手できます。

製品関連文書：jp.support.illumina.com からダウンロードできます。



イルミナ株式会社
東京都港区芝 5-36-7
三田ベルジュビル 22 階
サポート専用フリーダイヤル
0800-111-5011
techsupport@illumina.com
jp.illumina.com

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。
© 2021 Illumina, Inc. All rights reserved.

illumina[®]