

DRAGEN™

二次解析

次世代シーケンスデータを使用した、
精確で効率的かつ包括的な
バリエントコール



全ゲノム、エクソーム、メチローム、
トランскриプトーム、プロテオームを
解析できる単一のソリューション



効率的なデータ解析により非常に
高精度な結果を生成し、時間とデータ
保管費用を削減



イルミナのシーケンスシステムと
簡単に統合できる、シーケンスから
結果取得までの効率的なワーク
フロー

はじめに

次世代シーケンサー (NGS) を介してゲノムの力を解き放つことは生物医学研究とプレシジョンメディシンの進歩に必要不可欠です。NGSから最大の遺伝学的洞察を得るために、研究者には精確かつ効率的に生のシーケンスデータを意味のある結果に転換することができるデータ解析ツールが必要です。さらに、NGSを利用するためには施設や組織が必要とするのは、幅広いユーザーに対応し、経済的負担が少なく、採用までの技術的障壁が低い、簡単に使えるソリューションです。

イルミナのDRAGEN (Dynamic Read Analysis for GENomics) 二次解析は、全ゲノムシーケンス、エクソームシーケンス、トランスクリプトーム解析およびメチロームアッセイなどの幅広い手法にわたるNGSデータ解析における重要な課題に取り組むために開発されました。DRAGEN二次解析ソフトウェアは、NGSデータを処理し、洞察を促すための三次解析を可能にするアプリケーションスイートです。使用可能なツールは非常に高い精度で、包括的かつ効率的なソリューションから成り、あらゆる規模や分野のラボがゲノムデータを用いて、より多く解析することが可能です。

精確な結果

DRAGEN二次解析は非常に精確な結果を生成します。DRAGEN二次解析v3.7は、2020年のPrecision FDA Truth Challenge V2 (PrecisionFDA V2)において、イルミナシーケンスデータを用いて、すべてのベンチマーク領域とマッピングが困難な領域で最も精確な結果を勝ち取りました。^{1,2} その後のリリースでは、機械学習 (ML) やDRAGENマルチゲノムテクノロジーなどの分野での進歩により、新たなスタンダードとなる精度を設定し続けています。^{*} 最新バージョンであるDRAGEN二次解析v4.4は、すべてのベンチマーク領域で99.90%のF1スコア (適合率と再現率を組み合わせた指標) という、前例のないスマートバリエントコール精度を提供します (図1)。この精度は、装置内で構築されたパンゲノムリファレンスからの256のハプロタイプを含む128のサンプルに基づいて構築された次世代DRAGENマルチゲノムマッピングによって実現し、より大きな遺伝的多様性を捉えられるようになりました。また、アリル頻度がわずか3%のモザイク変異を検出できる統合されたモザイクコーラーも、精度の向上に貢献しています。

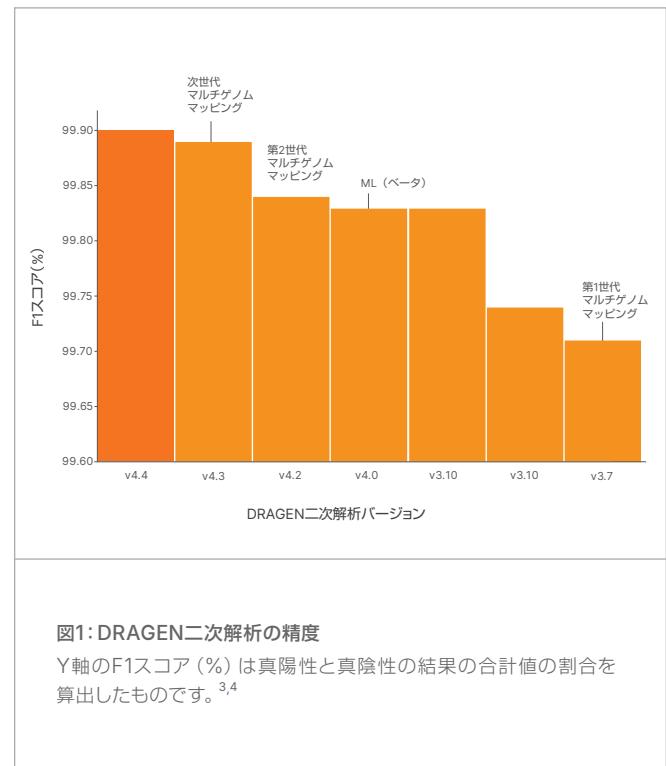


図1: DRAGEN二次解析の精度

Y軸のF1スコア (%) は真陽性と真陰性の結果の合計値の割合を算出したものです。^{3,4}

DRAGEN二次解析v4.4は、構造バリエント (SV) 検出にパンゲノムリファレンスデータを使用するマルチゲノムマッピングを用いることで、より高精度なSVコールを提供します。さらに、DRAGEN二次解析v4.4では個別化されたパンゲノムリファレンスを導入し、特定の集団をより的確に表現し、先祖バイアスを低減しています。

包括的な解析

DRAGEN二次解析は、ゲノムを包括的にカバーし、幅広いアプリケーションに対応するため、NGS解析を実施するラボの多様なニーズを満たします。DRAGENパイプラインは、全ゲノムシーケンス (WGS)、全エクソームシーケンス、濃縮パネル、シングルセルRNA-Seq、シングルセルATAC-Seq、バルクRNA-Seqおよびメチル化解析など、さまざまな種類の実験に対応します (表1)。DRAGENソフトウェアの幅広い機能の一部を再現するには、30以上のオープンソースツールが必要です。^{3,4} さらに、Baylor College of Medicineの研究者たちが、DRAGEN二次解析は、すべてのバリエントタイプについて、スピードと精度の点で現在の最先端のゲノム解析やバリエント検出ツールよりも優れていることを示す研究を公表しています。⁵

*これまで「マルチゲノム (グラフ) リファレンス」という用語は、マッピングの手法とリファレンスサンプルの収集の両方に対して使われてきました。ここでは、DRAGEN二次解析のバージョンアップデートをより的確に説明するために、別々の用語を使用することにいたしました。「マルチゲノムマッピング」はマッピングの手法を指し、「パンゲノムリファレンス」はリファレンスサンプルの収集を指します。

表1: DRAGEN二次解析は幅広い二次解析アプリケーションに対応^a

アプリケーション	オンサイトサーバー	イルミナシーケンスシステム内蔵型			イルミナクラウドプラットフォーム	
	DRAGENサーバー	NovaSeq Xシリーズ	NextSeq 1000およびNextSeq 2000システム	MiSeq i100シリーズ	BaseSpace Sequence Hub	Illumina Connected Analytics
BCL変換	✓	✓	✓	✓	✓	✓
DRAGEN ORA圧縮	✓	✓	✓	✓		近日発売予定
全ゲノム	生殖系列 + 体細胞	生殖系列 + 体細胞	生殖系列 + 体細胞		生殖系列 + 体細胞	生殖系列 + 体細胞
濃縮 (エクソームを含む)	生殖系列 + 体細胞	生殖系列 + 体細胞	生殖系列 + 体細胞		生殖系列 + 体細胞	生殖系列 + 体細胞
DRAGEN Amplicon	✓		DNAのみ		✓	✓
RNA	✓	✓	✓		✓	✓
シングルセルRNA	✓		✓		✓	✓
NanoString GeoMx NGS			✓		✓	
メチル化	✓	✓			✓	✓
タンパク質定量	✓				✓	✓
メタゲノム	✓ ^b				✓	
COVID、IMAP、IMAP-FLU					✓	
TruSight [™] Oncology 500ポートフォリオ	✓				✓ ^c	✓
インピュテーション	✓				✓	✓
PGx Star Allele Caller	✓	✓	✓		✓	✓
Illumina Complete Long Reads					✓	✓
RPIP、RVEK、UPIP、VSP	✓					ペータ
小さな全ゲノム				✓	✓	
Heme WGS ^d	✓					✓
Solid WGS Tumor Normal ^d	✓					✓

a. コアDRAGENソフトウェアのバージョンはプラットフォームによって異なります。詳細については、地域の担当者にお問い合わせください。

b. Kmer分類子によって実現されるメタゲノムアプリケーション。さらに多くのツールが近日中に利用可能。

c. Illumina Connected Analyticsのサブスクリプションが必要。

d. DRAGENアプリケーションマネージャーから利用可能。

Illumina Microbial Amplicon Prep (IMAP)、Respiratory Pathogen ID/AMR Panel (RPIP)、Respiratory Virus Enrichment Kit (RVEK)、Urinary Pathogen ID/AMR Panel (UPIP)、Viral Surveillance Panel (VSP)。

DRAGEN二次解析には、生殖系列解析向けに、ExpansionHunterおよびSMN、GBA、CYP2B6、CYP2D6およびHLAなどの遺伝子向けのターゲットコーラーといったバリエントコーラーが含まれています。DRAGEN二次解析v4.3では、多領域ジョイント検出 (MRJD) という新しい特殊なコーラーを導入し、例えば、PMS2、SMN1、SMN2、STRC、NEB、TTN、およびIKBKGなどのセグメント重複領域における困難な遺伝子のカバレッジを得ることが可能になりました。これらのツールを使用すると、1塩基変異、挿入と欠失 (Indel)、リピート伸長、大きなゲノム領域の構造変異など、広範囲の遺伝的変異を解析できます。また、パンゲノムリファレンスを用いたDRAGENマルチゲノムマッピングによってマッピング品質が向上するため、バリエントコーラー精度の向上につながり、配列の複雑性のためにアクセスが困難なゲノムの領域が解決されます。これにより、医学的に関連する可能性のある遺伝子のカバレッジが増加し、マッピング困難な領域で1塩基変異、小さなIndel、コピー数変異および構造変異のコーラーが可能になります。

効率的な解析

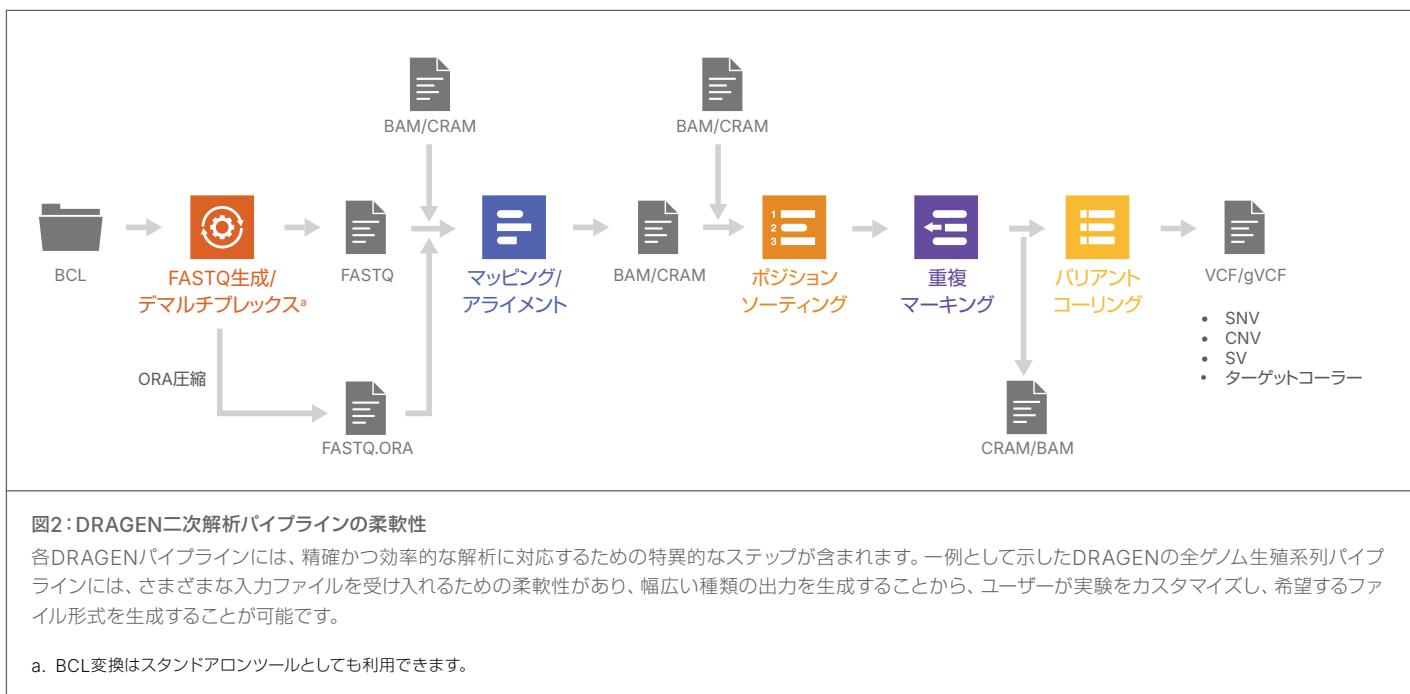
DRAGENソフトウェアは、NGSデータセット処理の効率を最適化するために必要なデータ解析速度をラボに提供します。DRAGEN二次解析は、ハードウェアアクセラレーションとフィールドプログラマブルゲートアレイ (FPGA) アーキテクチャーを使用して、高速のターンアラウンドタイムを達成します。

DRAGEN解析アルゴリズムは極めて効率が高く、ゲノムデータ解析に対する2つの世界最速記録を生み出しています。^{6,7} 実運用では、オンラインのDRAGEN二次解析は、40 ×カバレッジ相当の全ゲノムNGSデータをすべてのコーラーを用いて約35分で処理できるのに対し^{*}、限られた数のバリエントタイプをコーラーする一般的に使用されるオープンソースメソッドでは処理に8時間以上かかります。⁸

大きなNGSデータファイルの保存、管理、共有に対応しやすくするために、DRAGEN Original Read Archive (ORA) テクノロジーは、従来のfastq.gz形式のFASTQファイルを最大5倍の可逆圧縮で提供します。DRAGEN ORAの可逆圧縮はFASTQファイルの詳細を維持し、非常に高速であるため、50~70 GBのFASTQ[†] ファイルを約8分で圧縮でき、一般的な研究対象研究生物種に幅広く対応します。また、DRAGEN二次解析は多彩なパイプラインを搭載しており、パイプラインのさまざまな段階で、入力データファイルを受け入れ、出力ファイルを作成することができます(図2)。

* DRAGENサーバーv4上のHG001-HG007スタンダードに基づいたイルミナ社内データに基づく。DRAGEN二次解析v4.3で利用可能なMRJDや可変数タンデムリピートなどの新しい特殊なコーラーはなし。

† DRAGENサーバーv3上。



FPGAおよびハードウェアアクセラレーション

高度に設定可能なFPGAにより、ベースコード（BCL）ファイル変換、マッピング、アライメント、ソーティング、重複マーキング、およびハプロタイプバリエントコーリングなどのゲノム解析アルゴリズムに対して、超効率的なハードウェアアクセラレーションによる実行が可能になります。FPGAの柔軟性により、イルミナは広範なDRAGENアプリケーションパイプラインスイートを開発し、可能な限りの最高精度、包括性、効率をもたらすための頻繁なアップデートと追加が可能になります。

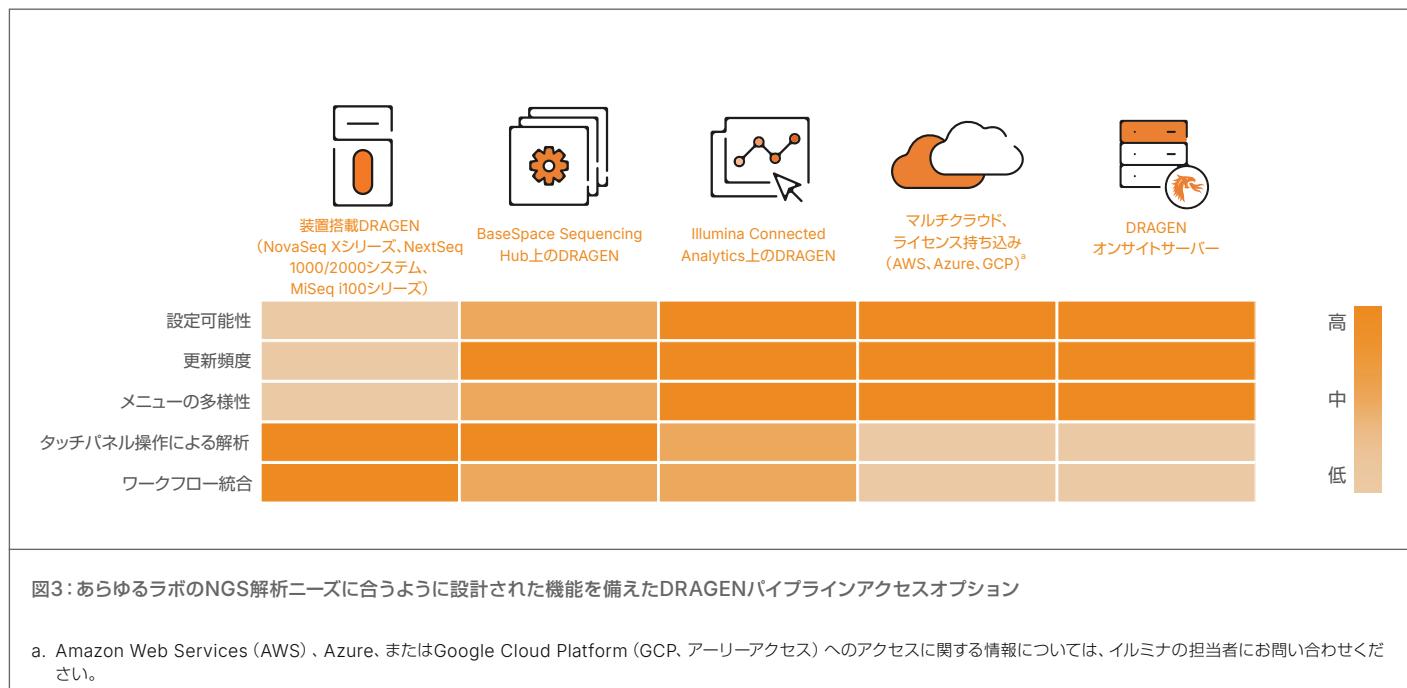
カスタムリファレンス

DRAGEN二次解析ではカスタムのヒト、非ヒト、または非標準リファレンスをユーザーが作成することができます。作成したリファレンスは、カスタムリファレンスファイルに対応するすべてのDRAGENアプリケーションに入力として使用できます。ほとんどのDRAGENパイプラインにはゲノムアセンブリであるhg19、hg38（HLAありまたはなし）、GRCh37、CHM13v2およびhs37d5に対するビルトインサポートが搭載されています。DRAGENソフトウェアを使用すると、多様な集団と特定の集団の両方に対してグラフ標準のマルチゲノムマッピング機能を拡張できます。

拡張性

DRAGEN二次解析は、低コストと短いターンアラウンドタイムを維持しながら、必要に応じてオペレーションを拡大することが可能です。DRAGENソフトウェアにより、次のいくつかの方法で研究の可能性を容易に広げることができます。

- NovaSeq™ Xシリーズの最新情報**: 内蔵型のDRAGENでは、1回のランでフローセルごとに複数のアプリケーション（最大1つのBCL変換と選択した他の3つのパイプラインを含む4つのアプリケーション）を同時に実施できます。
- 処理能力をバースト**: サンプル数の増加により作業負荷が増加する時には、Illumina Connected Analytics上のDRAGEN二次解析やBaseSpace™ Sequence Hub上のDRAGENアプリを使ってクラウド上で追加の容量を利用することができます（図3）。
- オペレーションの拡大**: 1台のDRAGENインスタンスで、幅広いDRAGENパイプラインとサポートされているサンプルタイプのランを実行できます。DRAGENソフトウェアの包括性と効率性により、ユーザーはターンアラウンドタイムや結果のクオリティを損なうことなくオペレーションを拡大できます。
- ゲノムへの移行**: DRAGENの事前構築されたパイプラインにより、ターゲットパネルからエクソーム、ゲノムへ容易に移行できるようになります。



5. **大規模集団ゲノミクスに対応する実行力**: DRAGEN二次解析は、大規模コホート解析用に簡便なワークフローを提供しており、複数のパイプラインを併用することで、高い精度で遺伝的バリエーションをコールします。DRAGEN gVCF Genotyperは数千から数百万のゲノムバリエントコール形式(gVCF)ファイルの集約が可能であり、既存のバッチを再処理することなく新しいバッチを取り込みます。ORA圧縮によりストレージコストが節約されます。
6. **ディープシーケンスアプリケーション**: DRAGEN二次解析は、ゲノムの場合は300倍以上、エクソームの場合は1,000倍以上の平均カバレッジで、高効率の高深度シーケンスデータ解析をサポートします。ディープシーケンス機能は、腫瘍学研究や希少遺伝性疾患の研究などのアプリケーションに役立ちます。

マルチプラットフォームのアクセシビリティ

DRAGENパイプラインは、オンライン、装置上またはクラウドソリューションで利用でき、ニーズに最も合うソリューションを選択できます(図3)。

DRAGENオンラインサーバー

DRAGENオンラインサーバーには、NGSデータを収集し保管するためのローカルストレージソリューションが別途必要です。DRAGENサーバーv4の仕様は表2に一覧表示しています。生のシーケンスデータがシーケンス装置からローカルネットワーク接続を経由してローカルストレージに転送された後、DRAGENサーバーに移され、選択されたワークフローを実行します。解析後、ソフトウェアはローカルストレージがある場所に生成した出力ファイルを書き出します。DRAGENオンラインサーバーには以下の特徴があります。

- コマンドラインインターフェースを通じてDRAGEN機能の柔軟な構成をサポート
- 最大30の従来のコンピューティングインスタンスを置き換え
- 約35分で40 ×カバレッジの全ヒトゲノムのNGSデータを処理
- Illumina Connected Insights-Localに対応し、バリエント解析の提供および腫瘍学臨床研究用のレポート作成を実施

表2: DRAGENサーバーv4の仕様

コンポーネント	仕様
CPU	Dual Intel Xeon Gold 6226R 2.9 GHz, 16C / 32T
システムメモリー	512 GB DDR4
スクラッチドライブ	2 × 7.68 TB NVMe
OSドライブ	2× 480 GB SSD (RAID 1)
ハードウェア アクセラレーション	1× FPGAカード
フォームファクター	2U
寸法	高さ8.8 cm (3.5インチ)、 幅43.8 cm (17.2インチ)、 奥行76.4 cm (29.9インチ)
電源	1,968 Wホットスワップ対応の1+1冗長 電源

DRAGENを内蔵したNovaSeq Xシリーズ

NovaSeq Xシリーズには内蔵型のDRAGEN二次解析が搭載されており、NovaSeq Xシリーズによって生成される膨大な量のデータに対応するように設計された、精確で自動化され、効率化された解析を提供します。内蔵型のDRAGENソフトウェアスイートは、一般的なNGSアプリケーションを使用して二次解析とORA圧縮を提供します(表1)。内蔵型DRAGENには以下の特徴があります。

- 複数の二次解析パイプラインを並行して実行
- BCL変換、生殖系列、体細胞、濃縮、RNAおよびメチル化バイブルайнに対応
- 最大5倍の可逆データ圧縮とストレージコストの節約

DRAGEN内蔵NextSeq™ 1000およびNextSeq 2000システム

NextSeq 1000およびNextSeq 2000システムは、高精度な二次解析のためのDRAGENソフトウェアを内蔵しています。本ソフトウェアは、使いやすいグラフィカルインターフェースを通してアクセスするため、エキスパートユーザーと非エキスパートユーザーが必要な解析を実施し、迅速に結果を生成することができます。内蔵型のDRAGENソフトウェアは、一般的なさまざまなNGSアプリケーションに対応するために選び抜かれたパイプラインを取り揃えており（表1）、高品質なバリエントコールに対応するために受賞歴のあるMLとマルチゲノムマッピング解析を搭載しています。内蔵型DRAGENには以下の特徴があります。

- 内蔵型DRAGEN二次解析によりベンチトップシーケンスシステムの中で最高の精度を提供
- DRAGENインフォマティクスパイプラインへのアクセスを提供
- わずか2時間で結果を生成することが可能
- 直感的なパイプラインアルゴリズムを使用して、外部のインフォマティクス専門家への依存を縮小

DRAGEN内蔵MiSeq™ i100シリーズ

MiSeq i100シリーズは、DRAGEN BCL変換、DRAGEN Library QC、DRAGEN Small WGS、DRAGEN Microbial Enrichment Plusパイプラインなどの直感的かつ超高速の解析を実現します。内蔵型DRAGENには以下の特徴があります。

- 2時間未満で生成される包括的な二次解析で迅速な結果を提供[‡]
- 1つのユーザタッチポイントでVCF出力やレポート生成を実施し、中間ファイルの転送が不要な非常に効率的なワークフロー
- 非エキスパートユーザーのための使いやすく直感的なインターフェース

[‡] サンプル推奨に従って実施したランの場合。

BaseSpace Sequence Hub

BaseSpace Sequence Hub上で利用できるクラウドベースのDRAGENパッケージは、精確かつ効率的な解析と、安全なエコシステムおよび汎用性のあるスケーラビリティーとを組み合わせています。BaseSpace Sequence Hub上のDRAGENソフトウェアにより、あらゆる規模と分野のラボが二次解析をボタン操作で実施できます。BaseSpace Sequence Hubはイルミナ装置と接続可能で、暗号化されたデータが装置からBaseSpace Sequence Hubに送られるため、キュレーションされた一連のアプリケーションで簡単にデータを管理し解析できます。Amazonウェブサービス（AWS）上のBaseSpace Sequence Hubには以下の特徴があります。

- ボタン操作による使いやすいDRAGEN解析を提供
- エキスパートユーザーと非エキスパートユーザーによる効率的なオペレーションのために直感的なグラフィカルユーザーインターフェースを使用
- 追加のインフラストラクチャーの設備投資なしでパワフルなコンピュータリソースにアクセス

Illumina Connected Analytics

Illumina Connected Analyticsはクラウドベースの包括的なバイオインフォマティクスプラットフォームであり、セキュアかつ拡張性と柔軟性のある環境で、大量のマルチオミックデータを管理、解析、解釈できるようになります。Illumina Connected Analyticsにアクセスすると、パッケージ化されたパイプラインとして、またはカスタムパイプラインに組み込むための個別のツールとして、DRAGEN二次解析スイートを利用できます。

まとめ

DRAGENはNGSデータを精確、包括的かつ効率的に解析するパワフルな二次解析ソフトウェアツールです。複数のDRAGENソフトウェア導入オプションから、プロジェクトの種類とスケールに最適なソリューションを選択できます。さらに、ユーザーはパフォーマンスとワークフローのニーズに合わせてさまざまな導入オプションを組み合わせることができます。NGSテクノロジーの継続的な進歩に合わせて、DRAGEN二次解析へのタイムリーなアップデートを提供することで、現在のパイプラインの最大限の性能を確保しつつ、最新のアプリケーションに対応する新たなパイプラインを追加していくます。

詳細はこちら →

[DRAGEN二次解析](#)

[DRAGEN二次解析サポートページ](#)

[お問い合わせ](#)

参考文献

1. US Food and Drug Administration. Truth Challenge V2: Calling Variants from Short and Long Reads in Difficult-to-Map Regions. precision.fda.gov/challenges/10/results. Accessed March 31, 2025.
2. Illumina. DRAGEN sets new standard for data accuracy in PrecisionFDA benchmark data. Optimizing variant calling performance with Illumina machine learning and DRAGEN graph. illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-shines-again-precisionfda-truth-challenge-v2.html. Published January 12, 2022 Accessed March 31, 2025.
3. Illumina. DRAGEN wins at PrecisionFDA Truth Challenge V2 showcase accuracy gains from alt-aware mapping and graph reference genomes. illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html. Published November 9, 2020. Accessed March 31, 2025.
4. Internal data on file. Illumina, Inc., 2025.
5. Behera S, Catreux S, Rossi M, et al. **Comprehensive genome analysis and variant detection at scale using DRAGEN**. *Nat Biotechnol*. doi:10.1038/s41587-024-02382-1
6. BioIT World. Children's Hospital Of Philadelphia, Edico Set World Record For Secondary Analysis Speed. bio-itworld.com/news/2017/10/23/children-s-hospital-of-philadelphia-edicoset-world-record-for-secondary-analysis-speed. Published October 23, 2017. Accessed March 31, 2025.
7. Sisson P. Rady Children's Institute sets Guinness world record. The San Diego Union-Tribune. sandiegouniontribune.com/2018/02/12/rady-childrens-institute-sets-guinness-world-record/. Published February 12, 2018. Accessed March 31, 2025.
8. Betschart RO, Thiéry A, Aguilera-Garcia D, et al. **Comparison of calling pipelines for whole genome sequencing: an empirical study demonstrating the importance of mapping and alignment**. *Sci Rep*. 2022;12(1):21502. doi:10.1038/s41598-022-26181-3
9. Illumina. Accurate and Efficient Calling of Small and Large Variants from PopGen data sets Using the DRAGEN Bio-IT Platform. illumina.com/science/genomics-research/articles/popgen-variant-calling-with-dragen.html. Published May 24, 2021. Accessed March 31, 2025.

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝5-36-7 三田ベルジュビル22階
Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810
jp.illumina.com

 www.facebook.com/illuminakk

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。販売条件: jp.illumina.com/tc

© 2025 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。

予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

販売店

illumina[®]