



CLC Genomics Server

Release Note

version 3.0

この Release Note は CLC Genomics Server version 3.0 により新たに搭載された機能、並びに不具合の修正についてお知らせするものです。Genomics Server の使用方法や各機能の詳細についてはマニュアルをご参照ください。

機能面での改良,拡張:

- **サーバーでの解析処理ステップの改良**
 - これまでは各解析ツールについて、サーバー側で処理をする場合とローカル側の処理のメニューが重複していましたが、ウィザードの最初の画面でサーバー側での処理、またはローカル側での処理を選択することができるようになりました。
- **External Application に大幅な改良**
 - Bowtie と Velvet を統合するためのサンプルスクリプトを提供。
 - External Application の設定のインポート、エクスポートが可能。
 - 解析後の処理についても設定可能になりました。
 - 使用するパラメータの関係を示す図が新たに搭載されました。
- **サーバーの設定状態を確認するチェック機能が搭載されました。**
- **バッチ処理機能**
 - 次世代シーケンサーの解析機能を一度に処理可能なバッチ機能が新たに加わりました。
- **SOLiD データマッピングについて新しいアルゴリズムを搭載**
 - 新しいアルゴリズムにより、これまで以上に多くのリードがマッピングできるようになりました。
 - スコアによる設定だけでなく、リードの長さと同相性を用いることで、どの程度厳しくマッピングを行うか指定可能になりました。
注意点:新しいアルゴリズムは、これまでのアルゴリズムとは互換性がなく、比較することができません。その点に十分注意をいただき、アップグレードを行ってください。
- **RNA-seq に関する改良**
 - シングルリード、ペアエンドリードともに転写産物レベル、遺伝子レベルと層別してデータを

解析することが可能となりました。

- 融合遺伝子 (Fusion Gene) のレポートの作成機能。

- **BLAST ツールの改良**

- 新しい BLAST マネージャーにより、ローカル BLAST データベースの管理が簡便になりました。
- 大規模なデータを用いた際、より安定して BLAST (ローカル BLAST、NCBI への BLAST) を行えるように実装方法の改良。
- ローカル BLAST の操作性の改善。
- BLAST ツールによる SNP アノテーション。

※ 旧 BLAST データベースからの移行については、当社ホームページ、またはマニュアルをご覧ください。

- **マルチプレッキングに関する改良**

- バーコードやサンプル名をファイルと共にインポートして使用可能。
- サンプル毎にアウトプットのフォルダを指定可能です。これにより、その後バッチ処理を行うことが容易になります。

- 次世代シーケンサーのデータは、データインポート時に、データをサブフォルダに保存するかどうかを選択することが可能です。

- **クローニングツールの改良**

- 制限酵素切断部位がターゲットベクターとフラグメントの選択に利用可能です。
- クローニングエディター上で配列を環状にて表示可能です。
- 一度に 1 つの配列のみを表示し、配列の切り替えはビューアのトップから行えるようになりました。
- 複数のフラグメントをクローニングしたり、文字のはみ出しや位置の調整が可能になりました。

- **制限酵素切断部位のレイアウト改良**

- 直鎖状ビュー: ラベルの表示について、制限酵素部位の切断部位が重なっている場合に、それを区別させる“Stacked”を追加。
- 環状ビュー: アノテーションと制限酵素切断部位をできるだけ配列の近くに放射線状に表示させる“Radial”が追加。

※新しいクローニングの詳細を説明したチュートリアルをご用意しています。詳しくは当社 Web ページまで。

- **アノテーションレイアウトの改良**

- 直鎖状ビュー: アノテーションと制限酵素部位を別のレイヤーで表示可能。
- 環状ビュー: アノテーションと制限酵素切断部位をできるだけ配列の近くに放射線状に表示させる“Radial”が追加。

- **サイドパネルよりモチーフ検索が可能に**

- サイドパネルで定義したモチーフを追加可能。
- 独自のモチーフを追加したい場合も、モチーフリストより追加可能。
- アノテーションテーブルが配列リスト、マッピング、マッピングテーブル、BLAST 結果、配列のアライメントで利用可能になりました。
- 同一コドン内の隣接する SNP について 1 つの SNP として SNP レポートに記載されるように変更されました。
- De novo アセンブリでは、これまでアセンブリ後にマッピングを行った際、マッピングのコンセンサス配列がビューアでは表示されていましたが、アセンブルによる配列を保持した選択が可能になりました。
- エクスポート可能なフォーマットとして、タブ区切りが加わりました。
- 監査のため、マニュアルで編集した配列が配列のアノテーションとして記録されるようになりました（これは Preference 画面より選択する必要があります）。
- 制限酵素のデータベースが拡張可能です（ただし、マニュアルによるデータベースファイルの編集が必要）。
- コドン頻度表を拡張可能（ただしマニュアルによる編集が必要）。
- サイドパネルの設定のインポート、エクスポートの改良。
- これまでは物理メモリの 75% がデフォルトのメモリ割り当てでしたが、これが 50% となりました。また最大のメモリの割り当ても 50GB までとなります。

不具合の修正：

- SNP detection を行った際、CDS のアノテーションに問題が発生するという不具合の修正。
- SNP をフィルタリングする際、カラースペースによる補正が考慮されるようになりました（これは特に新しいアルゴリズムに対応するために修正されました）。
- 配列の統計値に関するレポートで分子量に関する計算に問題があり、この不具合を修正しました。また 1 本鎖と 2 本鎖の両方の分子量を記載しています。
- その他、細かなバグの修正。

各バージョンごとの機能拡張、不具合の修正については以下のウェブサイトにてご確認ください。

<http://www.clcbio.com/index.php?id=1411>（英語）

※ 現在、ベータ版として、Genomics Server の機能をスクリプト化するためのコマンドラインツール (CMLT) を提供しております。ご興味のあるお客様はご連絡ください。

※ Oracle Grid Engine へ対応したベータ版を近日中にリリース予定です。こちらについてご興味のあるお客様はご連絡ください。



本件に関するお問い合わせはご購入の販売店様までお問い合わせください。

以上

株式会社 CLC バイオジャパン
〒651-0088 神戸市中央区小野柄通 4-1-22
アーバンエース三宮ビル 10F
Tel:078-221-6501
Fax:078-271-8531
www.clcbio.co.jp

GSRN20110126001