



CLC Genomics Workbench

Release Note

Version 4.9

この Release Note は CLC Genomics Workbench version 4.9 により修正した不具合についてお知らせするものです。Genomics Workbench 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。

新しいプラグインとプラグインのアップデート

- 新プラグインのリリース: Ab Initio Transcript Discovery
トランスクリプトーム解析のための全く新しいプラグインをリリースしました。Gap を考慮した RNA-seq のためのアライメントのデータを使い、この プラグインでは新規の取らんスクリプトの特定や発現量に使うための参照配列のアノテーションの延長などが可能になりました。新しいこれらの機能 は、Cufflinks や Tophat にて搭載されている機能と一部同じ機能となります。このプラグインは、これまで Large Gap Mapper という名前で大きな Gap を考慮したプラグインとしてベータ版をリリースしていましたが、今回新しい機能を追加して、新しい名前でもリリースいたします

Genomics Gateway plug-in アップデート

- 新しい Refiner (トラックにフィルターをかけるための機能): Variant frequency. この機能では、variation トラックのフィルタリングが可能になります。これによりユーザーが指定した頻度以上の variation を残してトラックを作成する事が可能です。この Refiner ではリファレンスにないアレルの頻度のみフィルターにかける事ができる点についてご注意ください。
- トラックを表示させるためのパフォーマンスをさらに向上させました
- CDS のアノテーションに start codon が含まれていなかったという不具合の修正
- ある variation のトラックが毎回 variation のトラックとして認識されない問題の修正。以前はこの問題のため、variation 用の Refiner を使用する事ができませんでした。
- アノテーションのテーブルビューで、非常に多くの列が表示されていたものを、より見やすくするため、いくつかの列の情報を結合。
- 変更を保存せずに View を閉じようとするエラーが発生していた問題の修正。この問題により、新しいトラックの名前の修正等にも問題がありました。

MLST module アップデート

- mlstDBnet に対応した Web のどのサイトからも MLST のスキーマのダウンロードが行えるようになりました。
- リードの長さが十分でないために、新しいアレルが見つかったと、New Allele のテーブルとは別のテーブルで報告されるように変更。

Structural variation plug-in アップデート

- Insertion, deletions, 染色体間での variant についてのみサポートするようになりました。
- このプラグインには、リピート領域がある場合に問題があります。これをさけるためには、特異的でないリードのアライメントを無視するように設定し、構造変異の P 値を非常に厳しく設定してください。その後、可能であれば BIOBASE や リピート領域のアノテーションを含んだ Genomics Gateway のトラックで取り除くという事をしてみてください。
- Circos フォーマットに対応したフォーマットでのエクスポート機能を追加。

新しく強化された機能:

- Process tagged sequences: サマリーレポートにおいてバーコードごとのリードの数が分かるようになりました。両端のバーコード (MIDs) を検索できるようになり、これにより 454 の新しいプロトコールにも対応することが出来るようになりました。
- コア管理: 最大コア数の設定ができるようになりました。これにより、Workbench が他のアプリケーションと平行して解析処理している際に、他のアプリケーションへの影響を軽減する事が可能です。これは De novo や Mapping を行う際に問題となっていました。ここで設定する最大のコア数の設定は、全ての解析に適用されますので、その点についてご注意ください。
- マルチサイトゲートウェイクローニング: マルチサイトゲートウェイクローニング ツールにより、マルチサイトゲートウェイクローニングを実行でき、数回のクリックで複数のフラグメントの発現クローンを作成する事が可能です。現在のゲートウェイクローニングツールが拡張され、これにより複数のフラグメントの再結合が可能になりました。従来のゲートウェイクローニングもそのままご利用可能です。
- 結合領域の発見とフラグメント作成の改良: テンプレートに曖昧なヌクレオチド (N Y など) が含まれる場合、プライマーチェックの際に、これらはミスマッチとカウントされなくなりました。
- 複数のテンプレートを使う際、フラグメントテーブルからフラグメントを開く、またはアノテーション付けを行うという選択がうまく機能していませんでした。この問題を修正しました。この問題では、フラグメントが他の配列に位置していても、必ず最初の配列に適用されていました。
- Fastq のエクスポートにおいて、Quality Score の行に含まれる冗長な名前は使用しなくなりました。これにより、1つのリードに対して1つの名前のみ表れるようになります。

- 変異検出についてアミノ酸変化の命名法を使った表記を行うようになりました：
 - p. プレフィックスが含まれるようになりました。
 - ? は unknown である事を意味しています。
 - = 参照配列と一致したアレルを表すために使われています（以前はこのような場合 は、Variantとしての登録がされない、または Ala45Ala のようになって いました）。
 - [...] は異なる CDS から由来する分断された変化のあった場所の周りに表れます。
 - [...]:[...] のスキーマは同じサイトに複数のアレルがある場合に使われます。

不具合の修正：

- SOLiD のデータにおいて複数のペアデータのセットが選択された場合にインポートでエラーが発生するという問題の修正
- 配列が Wrap されている場合、アノテーションが 1 行目にのみ表示されるという問 題の修正
- 多くのサンプルデータが利用された場合に Set-up experiment が作成されないと いう問題の修正
- リードマッピングにおけるコンセンサス配列の計算における問題点の修正。この問題は、1) 参照配列の最初の領域でカバレッジがない場合で、かつ 2) Gap がグローバルアライメントにより起こっていた場合に発生していました。これによりギャップの領域のカウントが含まれ、対応する塩基のカウントが正しく行われていませんでした。大きなギャップが含まれた可能性があるため、上記 2 点に当てはまる場合は、再度マッピングを行われることをお勧めします。
- トリミングやマルチプレックスの際に使用するアダプターのインポートが CSV ファイルにおいて、空の行があるとうまくいかないという問題の修正。
- モチーフ検索において、N の領域にマッチした場合は、それを含まないというオプションがうまく機能しなかった問題の修正。

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.co.jp/index.php?id=86>（日本語）

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

www.clcbio.co.jp