

次世代シーケンス アセンブル・マッピング用ソフトウェア CLC Assembly Cell



CLC Assembly Cellは、SIMD (Single Instruction Multiple Data) 高速アルゴリズムを使用し、膨大な次世代シーケンス解析データのDe Novo アセンブルや既知ゲノム配列へのマッピングを、より高速に実行するためのハイパフォーマンス-コンピューターシステム用のソフトウェアです。コマンドライン形式のインターフェースによって、次世代シーケンス解析フローに簡単に組み込むことができます。また、Windows, Mac, Linuxと各種プラットフォームに対応しています。



主要機能

● De Novo assembly

- illumina, Pacific Biosciences, Ion Torrent, Roche 454シーケンスデータのDe Novo アセンブルに対応
- PacBioロングリードのエラー補正とDe Novo アセンブルが可能
- ペアエンドシーケンスデータのDe Novo アセンブルをサポートし、スキャホールドの作成が可能

● Read mapping

- illumina, Pacific Biosciences, Ion Torrent, SOLiD, Roche 454シーケンスデータの既知ゲノム配列へのマッピングに対応
- SOLiDカラースペースデータをサポート
- ショートリードとロングリードの両方をサポート
- ペアエンドシーケンスデータに対応

● その他機能

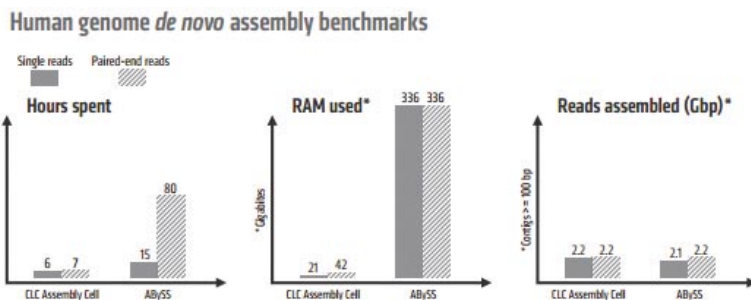
- マッピングデータからコンセンサス配列の抽出が可能
- 重複リードの除去やクオリティトリミング用のツールを搭載
- Fasta, Fastq, Sff, GenBank, csfasta, Scarf形式のファイルを、データ解析に利用可能
- アセンブル結果をまとめたテーブル表を作成可能
- 解析結果データを、CLC Genomics Workbench またはBiomedical Genomics Workbenchにインポートすることが可能

● クラスター解析

クラスターコンピュータの各ノードそれぞれで、CLC Assembly Cellを動作させることによって、それぞれのノードコンピュータごとに違うパラメータ設定の計算ジョブを、並列に処理を実行することが可能です。解析を一元管理できるうえ、コンピューターリソースを効率的に活用できます。

● SIMD高速アルゴリズム

下図は、ヒト全ゲノムに対して、約38倍となる36億リード、リード長36bpのデータセットを、CLC Assembly CellでDe Novo assembly解析したときの処理能力を示したものです。ここでは、ポピュラーなショートリードのアセンブリアルゴリズムのABYSSと比較しています。この図を見ても分かるように、CLC Assembly CellはABYSSと比べて、高速かつ少ないメモリ消費でDe Novo assemblyを行うことができます。



デモ版ダウンロード

<https://www.qiagenbioinformatics.com/products/clc-assembly-cell/#Downloads>

Price

商品名	ライセンスタイプ	税別価格	カタログ#
CLC Assembly Cell	1固定永久ライセンス 1) 2)	アカデミック: お問い合わせ	F-CLC-AC
	1固定永久ライセンス 1) 2)	コマーシャル: お問い合わせ	F-CLC-AC-C
	1ネットワーク永久ライセンス 1)	アカデミック: お問い合わせ	F-CLC-ACN
	1ネットワーク永久ライセンス 1)	コマーシャル: お問い合わせ	F-CLC-ACN-C

- 1) 永久ライセンスには、購入後1年間のソフトウェアのバージョンアップおよびテクニカルサポートが含まれております。2年目以降のソフトウェアのバージョンアップおよびテクニカルサポートにつきましては別途保守契約(有償・定価の20%(税別)/年間)が必要となります。なお、テクニカルサポートは電話または電子メールのみの対応となります。2年目以降のサポート&バージョンアップは更新されなくてもソフトウェアは継続してご使用になれますが、メーカーサポートは受けられなくなりますので、ご注意ください。
- 2) 固定ライセンスはCPUのコア数が64コアより大きい(ハイパースレッドも含む)コンピュータやリモート操作のコンピュータ上ではご利用いただけません。これらのコンピュータでの利用をご希望の場合は、ネットワークライセンスをご購入ください。