

動作環境

動作 OS	Mac OS 10.5 以上 Windows xp/Vista/7
	64bit OS にも対応
最低メモリー容量	2048MB 以上
ディスク容量 (空き容量)	10GB 以上
ディスプレイ推奨サイズ	1000pixelW x 800pixelH

ソフトウェアの試用

GenomeTraveler は 2 週間の試用が可能です。これを利用して、GenomeTraveler をインストールする予定の PC や Mac 上で GenomeTraveler が実際に動作するか、またディスプレイのサイズやメモリーサイズなどに不足がないかをご確認ください。

試用方法はまず、以下のサイトにアクセスし、Windows か Mac の別に対応する GenomeTraveler インストーラをダウンロードします。ダウンロードが正常に完了したら、インストール手順に従って、GenomeTraveler ソフトウェアのインストールを行います。

http://www.insilicobiology.co.jp/Pages/Products/Products_Download.html

インストールが正常に終了しましたら、試用ライセンスをメールでインシリコバイオロジー社に請求してください。

email: license@insilicobiology.co.jp

開発元：インシリコバイオロジー株式会社

取扱代理店

〒 231-0023
横浜市中央区山下町 24 番地 8
SOHO STATION 706 号
TEL +81-45-222-0343
FAX +81-45-222-0434
Email: info@insilicobiology.co.jp
URL: <http://www.insilicobiology.co.jp/>

GenomeTraveler 価格表

License 形式	商品種類	価格
浮動 / 固定	一般新規購入価格	336,000 円
浮動 / 固定	アカデミック新規購入価格	252,000 円
浮動 / 固定	Early Version Up 価格	84,000 円
浮動 / 固定	Late Version Up 価格	168,000 円

VersionUP は、新規購入後 1 年間は無償です。

Early Update は、更新期限が超過する以前の Version Up 注文が対象です。Late Update は、更新期限が超過した以降の Version Up が対象です。

ご注文

ご注文は、注文書に記入の上、Fax か、電子メールで同様の内容をお送りください。注文書は弊社 HP よりダウンロードできます。代理店経由のご注文の場合は、代理店にお送りください。

FAX: 045-222-0434

Email: info@insilicobiology.co.jp

in silico biology's



Version 1.0

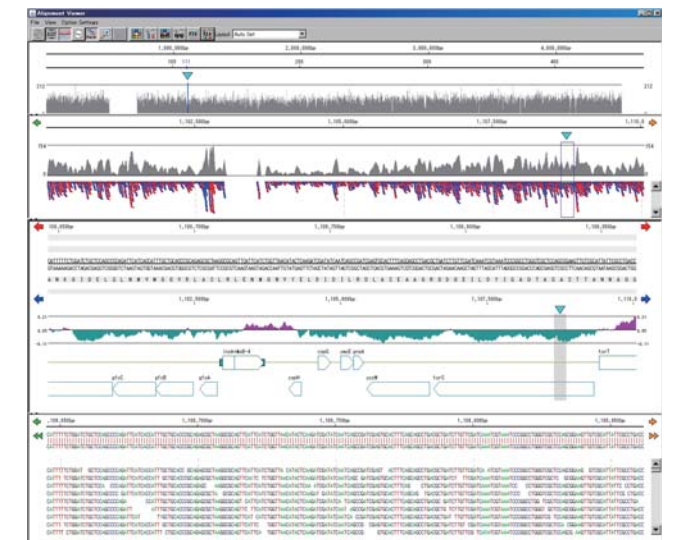
GenomeTraveler

For NGS with Annotation Tool

Version 1.0 for Windows 7 & Mac OS.X.6

新型ギガシーケンサデータ解析とアノテーション

- 短い塩基配列を大量かつ高速に決定できる新型 DNA ギガシーケンサが急速に普及し、研究利用開始されつつあります。この新型シーケンサは、より大きな応用分野をもつと期待されており、エピゲノム解析や、各種変異解析への応用が始まっています。
- 一度に数千万フラグメント以上もの塩基配列が出力される新型シーケンサのデータを取り扱うには、大型コンピュータが必要であるとされていますが、インシリコバイオロジー社ではこの処理を通常のノート PC や Mac で実行できる MetaGenomeGAMBLER(MGG) を開発してきました。
- しかし、MGG は新型シーケンサ配列の基本的マッピングおよびリシーケンシング機能は有するものの、注釈表示機能をもたず、既存の注釈情報やタイリングアレイプロファイルなどの全ゲノム網羅的信息も間接的にしか表示できませんでした。
- この問題を克服するために MGG の機能と、in silico MolecularCloning に実装しているアノテーション機能との統合を図り、既存の注釈を同時に表示し、関連づけることにより、一連の操作を一つのソフトウェア GenomeTraveler で実行することが可能となりました。
- IMC Array Edition のほぼ全ての機能を搭載するため、タイリングアレイなどの全ゲノムプロファイルデータと新型シーケンサデータを並列に比較可能です。
- その他、IMC のもつ強力な検索機能や豊富な比較ゲノム機能など、多くの機能が利用可能です。



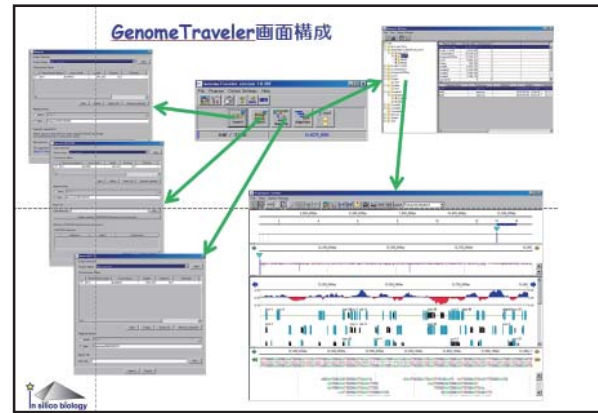
GenomeTraveler からできること

- 数千万の配列データを可視化します。
- 参照ゲノムへのマッピング結果を閲覧できます。染色体全体の鳥瞰図から、塩基配列までズームインできます。
- 参照ゲノム配列上のすべての既存のフィーチャーを、マッピングされた Short Reads と並行して閲覧することができます。
- SNP 検出機能と同時に、SNP 注釈との比較表も出力します。
- 大型真核生物ゲノムへの対応として全ゲノム、全染色体間をスムーズにナビゲートする機能を実装しました。
- 現在は、Roche/454 GS FLX, ABI SOLiD, illumina GA の 3 種の新型シーケンサ配列データに対応しています。キャピラリーシーケンサ配列や、テキスト配列もマッピング可能です。
- IMC Array Edition の多くの機能を利用できます。

GenomeTraveler の機能概要

概要

GenomeTraveler 操作画面構成



ゲノムプロファイルビューア機能

GenomeTraveler では、新型ギガシーケンサから出力される大量の短塩基長フラグメントを参照ゲノム塩基配列上にマッピングし、参照ゲノムとのアラインメントを表示します。近縁種や過去のシーケンシング結果との比較が簡単に実行でき、結果をグラフィカルに表示します。

作業ディスク（ルート）切替機能

作業ディスク（ルート）切替機能により、ポータブルHDD上などに保存されたデータを素早く切替ながら、閲覧することができます。ルート以下に保存された解析結果は独立しているため、結果を他のGenomeTraveler 利用者が閲覧することも簡単に実行できます。

参照ゲノム上へのマッピング機能

自動マッピング機能

GenomeTraveler では、Short Read 配列が格納されているディレクトリ・フォルダーと、参照ゲノム塩基配列ファイルを指定するだけで自動マッピングが可能です。

参照ゲノム塩基配列の自動分割によるメモリー節約

ゲノムサイズが大きく、マッピングされる断片配列が大量にある場合は、結果の閲覧に大きなメモリーサイズを必要とする場合があります。これを避けるために、GenomeTraveler にはレファレンスゲノム塩基配列を指定塩基長・指定オーバーラップ塩基をもつ複数の配列に自動的に分割してから、マッピングを実行することができます。

参照ゲノムとの不一致箇所 (SNP) を即時同定・表示

参照ゲノム塩基配列とフラグメントのコンセンサス配列との相

違塩基をすべてリストアップし、指定した位置を直ちに表示することができます。これらの不一致部位は、必要なマッピング冗長度およびSNP 頻度を指定することにより、SNP 解析用の部位毎のフラグメント塩基組成をリスト表示し、かつCSV ファイルとして保存することが可能です。

他ソフトウェアによるマッピング結果のインポート

GenomeTraveler では生データだけでなく、SOLiD 付属のコンピュータで解析されたマッピング結果であるGFF 形式ファイルなども直接インポートし、アラインメント表示することが可能です。順次、インポート可能なマッピング結果データフォーマットを拡充します。SAM/BAM 形式のマッピング結果もインポートできるようになりました。

ピーク検出とフィーチャー登録

GenomeTraveler 上で実行されたマッピング結果あるいはインポートされたマッピング結果は、そのCoverage Depth Profile を基にピーク検出を実行できます。検出されたピークは、任意のフィーチャーとして配列上に登録され、GneBank/EMBL 形式で出力することが可能です。

部品化されたIMC 機能の搭載

GenomeTraveler には、部品化されたIMC (in silico MolecularCloning) が搭載されます。これにより、IMC のもつ膨大な配列解析機能が継承されます。IMC のアノテーション機能の利用により、新型ギガシーケンサ配列データの一環した解析が可能となります。

搭載されるIMC は、IMCAE (Array Edition) を基盤とするため、タイピングアレイプロファイルとの並列表示も可能となります。

マッピングを実行せずに、注釈付き塩基配列ファイルのみを読み込み、配列ビューアとして利用することも可能です。

ユーティリティ・その他

一部領域にマッピングされたSR の再出力

任意のゲノム断片領域にマッピングされたShort Reads をFastQ 形式でファイル再出力できます

マッピング結果の閲覧



アラインメントビューア

マッピング結果は、Alignment Viewer で閲覧することができます。Alignment Viewer は、4つのペインから構成されており、それぞれ、ゲノムワイドナビゲーションペイン、ローカルナビゲーションペイン、フィーチャーマップペイン、およびアラインメントペインおよび配列アラインメントペインからなっています。これらの4つのペインは相対位置や、それぞれの高さを任意に変更できます。

全ゲノムナビゲーション

全ゲノムナビゲーションペインは、ゲノム全体（現在は染色体単位に表示）にわたるプロファイルを表示します。このプロファイルには、ナビゲーションバーがあり、これをつかんで移動することにより、任意のゲノム位置（染色体上の位置）の状態を表示することができます。

ローカルナビゲーション

ローカルナビゲーションペインは、全ゲノムナビゲーションペインから選択された位置の局所的なマッピングプロファイル (Coverage

Depth Profile) を表示します。このペイン上にも、スライディングバーがあり、これをつかんでドラッグすることにより、配列アラインメントペインの任意の位置を表示することができます。

フィーチャーマップ

フィーチャーマップペインは、ローカルナビゲーションペインと連動しており、常に同一の領域を指示します。フィーチャーマップペインでは、配列検索、注釈登録、配列編集、クローニング操作（一部機能のみ）、相同性解析（現在未搭載）など、さまざまな配列解析を実行可能です。

アラインメントマップ

アラインメントマップには、参照ゲノム配列と、Short Read のコンセンサス配列がアラインメント表示され、マッピングされたすべてのShort Read もアラインメント表示されます。ここから塩基配列レベルの変異箇所のリストを表示でき、かつ任意の変異部位にジャンプ移動可能です。