

## 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

## ライセンス形態

インシリコバイオロジー社のソフトウェア製品の起動には、製品使用ライセンスが必要となります。製品使用ライセンスには、使用機器が1台に限定(固定)される「固定ライセンス」と、ライセンスの移動が自由に行える「浮動(ドングル)ライセンス」の2種類があります。



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

## ソフトウェア動作環境

- OS: Windows XP/7 および Mac OS X.6/7, Linux
- 必要 Memory 容量: 最低 4GB
- 推奨: 微生物ゲノム 8GB 以上
- 推奨: 真核生物ゲノム 16GB 以上
- 必要ディスク容量: 最低 2GB (データに依存)
- ディスプレイサイズ (単位ピクセル)
- 推奨 1000W x 800H
- 周辺機器: 2 ボタンマウス、USB ポート
- 必要ソフトウェア環境:
- Java Run Time Environment Version 1.6

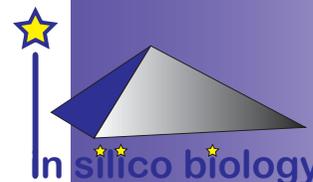
## 開発・総販売元: インシリコバイオロジー株式会社

代理店

〒 231-0023  
横浜市中区山下町 2 4 番地 8  
SOHO STATION 706 号

FAX: 045(222)0434  
Email: info@insilicobiology.co.jp  
URL: http://www.insilicobiology.jp/

in silico biology's



# GenomeTraveler 次世代シーケンサ配列解析ソフト Version 2.1

## GenomeTraveler はマッピングからアノテーションまでをカバーします

- BlasT や CBRC 開発の SlideSort や LAST による相同性解析をベースとしているため、他の NGS マッピングソフトウェアの結果と異なる結果を得られます。
- 他のソフトウェアによる解析結果もインポート可能なため、複数の異なる解析結果を比較できます。
- 真核生物の de novo シーケンシングの結果生成される大量のコンティグをペアドエンドショートリードを用いて Scaffold 生成することにより、ゲノム解析が容易になります。
- 参照ゲノムへのマッピング結果や de novo アセンブル結果をグラフィカルに閲覧できます。染色体全体の鳥瞰図から、塩基配列までダイナミックにズームインできます。
- Roche/454, ABI SOLiD, illumina および FastQ の 4 種の新型シーケンサ配列データ形式に対応しています。
- キャピラリーシーケンサ配列や、テキスト配列も混在させたマッピングが可能です。
- IMC Array Edition の全機能を利用して、アレイプロファイルとの比較や自動アノテーションが可能です。
- 独自開発のため、研究者の要望を迅速に反映し、頻繁な改良や機能追加を実現しています。
- 研究者や学生が日常的に利用している Windows や Mac 上で動作します。

## CBRC 開発の SlideSort を利用したマッピング機能 NEW

- 高速マッピングが可能です。
- 変異が多数ある場合にはパラメータの調整が必要です。
- SlideSort は Version 2.1.7 から GT にバンドルされており、利用者が別途インストールする必要はありません。

Ver.2.1 (現在リリース中) の機能です

## マルチプルプロファイルビューア NEW

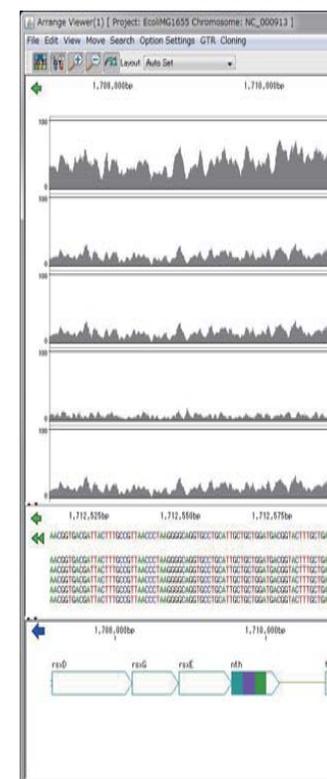
- 同一参照ゲノムに対する複数の異なるマッピング結果を並列表示します。
- 配列およびフィーチャーとのアラインメント表示が可能です。
- 各マッピングプロファイルの追加や削除が可能です。

Ver.2.1 で改良中です。

## 各種処理高速化 NEW

- データインポート、表示などの速度を大幅に向上させる改良が進行中です。

Ver.2.1 で改良中です。



詳細は [www.insilicobiology.jp](http://www.insilicobiology.jp) 「案内板」をご覧ください。

## マッピング

» 参照ゲノムとの相同性解析を利用して、Short Read が由来する部位を特定します。相同性解析には、NCBI Blast/ CBRC LAST, SlideSort を選択できます。この Mapping 結果は、Profile & Alignment Viewer で解析や閲覧することができます。

- » Fragment Short Read Mapping
- » Paired-End Short Read Mapping
- » Color Space Mapping
- » Multiple Chromosome/Contig Mapping
- » Multiple Site Mapping
- » Spliced Mapping

## de novo アセンブル機能

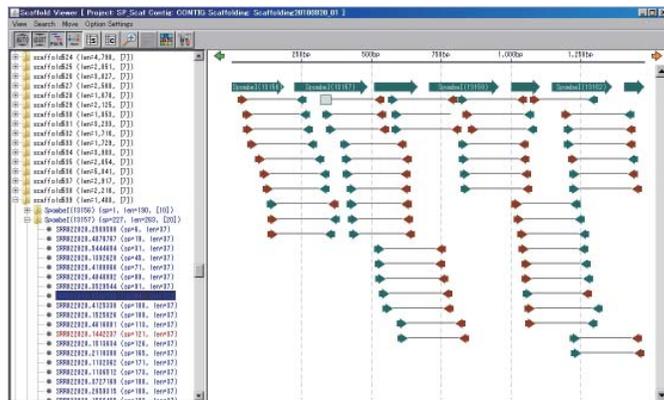
» 独自開発の in silico Assembler を用いて、75 塩基長以上のリード配列を de novo アセンブルします。

» 他のアセンブルソフトウェアによってアセンブルした結果をインポートして、各コンティグと Short Read のアラインメントを Coverage Depth Profile 表示や、配列アラインメント表示が可能です。Velvet でアセンブルされた AFG ファイルや Phrap でアセンブルされた ACE ファイルをインポートします。

» GenomeTraveler で独自にアセンブルした結果と同様に、インポートされたアセンブル結果も Profile and Alignment Viewer にて閲覧、二次解析が可能です。

» ローカル PC 上の CygWin で Velevt を起動し、アセンブル結果を自動取得します。

## スキャフォールディング機能



» 大規模ゲノムの de novo シーケンシング結果として大量のコンティグが生成されることがあります。

» Scaffolding 機能は、これらの大量のコンティグ配列を Paired-End Short Read で結合して、より少数のより大きな Scaffold にまとめます。

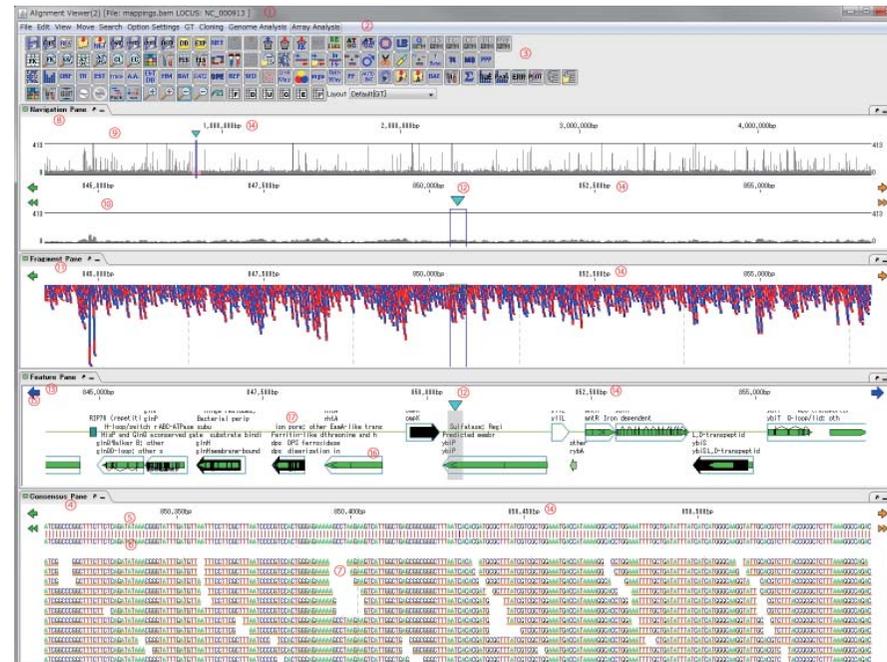
» 生成された各 Scaffold に含まれるコンティグの配置をグラフィカルに表示する Scaffold Viewer が装備されています。

» 各コンティグを結合させた Paired-End Short Read の位置もグラフィカルに表示されます。

## プロファイル & ゲノムアラインメントビューア

» GTの Alignment Viewer は、4 種のタブペインから構成される NGS 解析結果ビューア、エディターです。これら 4 種のペインを使って、様々な機能が提供されています。

- » Navigation Pane
  - » Fragment Alignment Pane
  - » Genome (Feature) Map Pane
  - » Sequence Alignment Pane
- » 4 種のペインの表示位置は自由に変更可能です。



- ① ヘッダー
- ② メニューバー
- ③ ツールボタン
- ④ 配列アラインメントペイン
- ⑤ 参照ゲノム配列
- ⑥ マッピングされた配列のコンセンサス配列
- ⑦ マッピングされた各リード配列
- ⑧ ナビゲーションペイン
- ⑨ ゲノム全域プロフィール
- ⑩ ローカルプロフィール
- ⑪ フラグメントアラインメントペイン
- ⑫ スライドバー
- ⑬ フィーチャー・アノテーションペイン
- ⑭ 地図スケール
- ⑮ スクロールボタン
- ⑯ フィーチャーレーン
- ⑰ フィーチャラベル

## 2 週間の試用が可能です

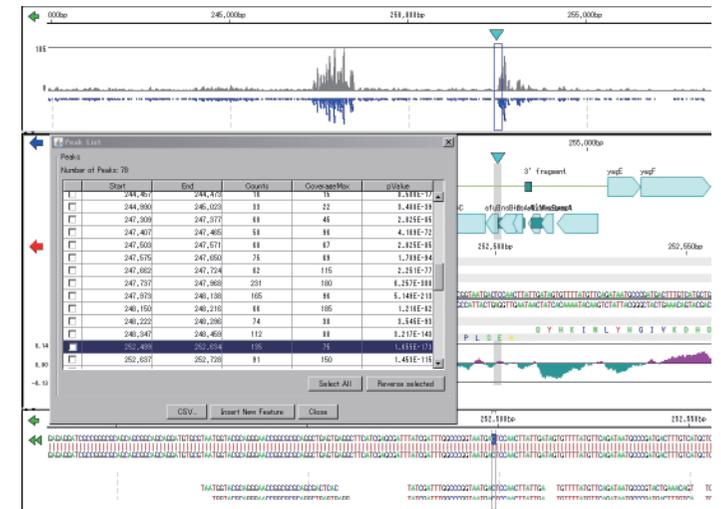
» GenomeTraveler は 2 週間の試用が可能です。これを利用して、インストールする予定の PC や Mac 上で GT が実際に動作するか、またディスプレイのサイズやメモリーサイズなどに不足がないかをご確認ください。

» 試用方法はまず、インシリコバイオロジー社のダウンロードサイトにアクセスし、Windows か Mac の別に対応する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、GT ソフトウェアのインストールを行います。

## 二次解析機能

### ピーク検出

» 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、GenBank/EMBL 形式で出力できます。



### リシーケンシングの不一致箇所検出と表示

» 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を指定することにより、部位毎のフラグメント塩基組成をリスト表示し、CSV ファイルとして保存することが可能です。

### SNP 部位の候補検出と既知 SNP との対照

» 参照ゲノムへのマッピングプロフィールから、SNP 部位の候補を表示します。既知の SNP 注釈と比較可能です。

### Ins/Del 検出

» マッピング結果から Ins/Del の部位を検出します。

» 検出した Ins/Del の部位をリスト表示します。

### 発現解析

» RNA-Seq や ChIP-Seq のマッピングプロフィールから各発現量を計算します。

## ゲノム解析・アノテーション機能

» GenomeTraveler には、IMC (in silico MolecularCloning) が搭載されています。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。たとえば、アノテーション機能で注釈を付加する、クローニング機能で制限酵素地図を描く、PCR プライマー自動設計機能で特定の領域のみを増幅するプライマーを設計する、など多様な機能を利用できます。