



Geneious R11
新機能、改良点

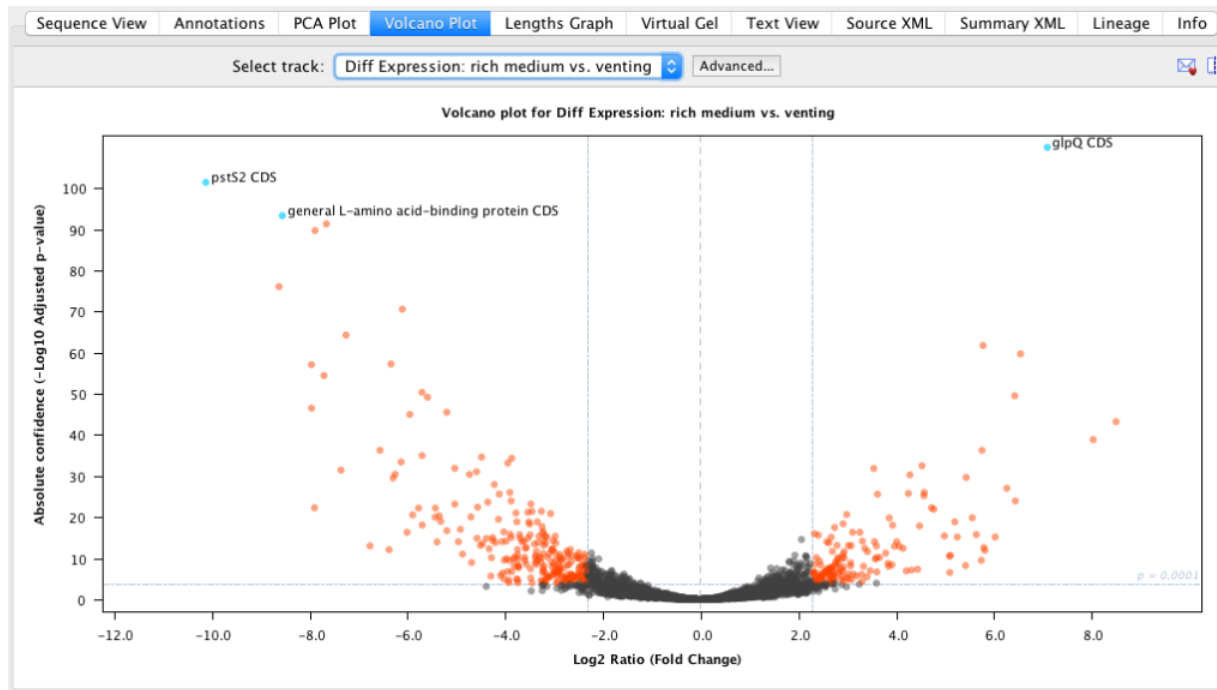
トミーデジタルバイオロジー

R11 主な新機能、改良点

- Volcano Plots作成機能の追加
- PCA Plotsの改良
- Restriction SiteのSilent Mutation解析機能の追加
- CRISPR-Cpf1解析機能の追加
- バクテリアゲノムアライメント用のMauve Pluginのアップデート
- その他
 - Enzyme Setの作成機能
 - FASTQファイルインポートの改良

Volcano Plots作成機能の追加

- RNA-seqデータをCompare Expression Level解析後にVolcano Plotが表示可能となりました
 - プロットをクリックすると遺伝子名が常時表示されます

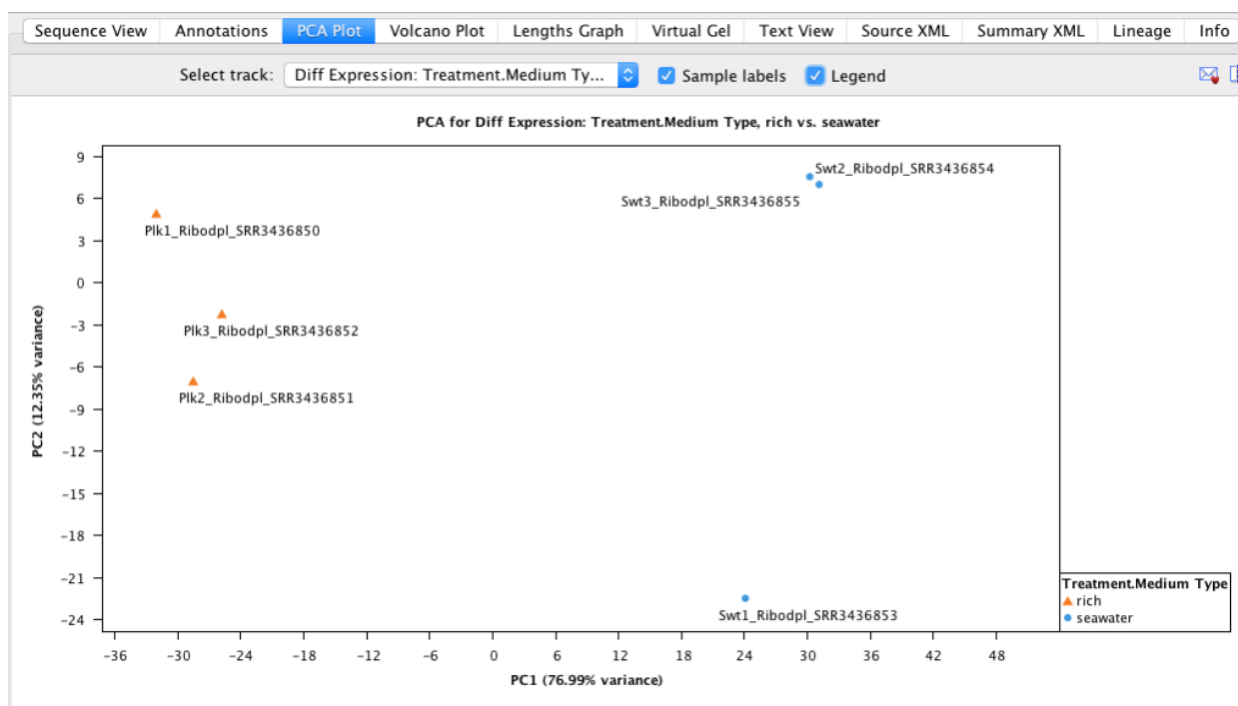


※上図はAdvancedのHighlight values outside threshold linesにチェックを入れたものです
※R10以前の解析結果でも表示可能です



PCA Plotの改良

- RNA-seqデータをDESeq2を用いてCompare Expression Level解析をした際に表示されるPCA Plotが改良され見やすくなりました



※R10.2の解析結果でも表示可能です



Restriction SiteのSilent Mutation解析機能の追加

- Tools>Cloning>Analyze Silent MutationsからRestriction SiteのSilent Mutationを探索可能になりました

The screenshot displays a web-based bioinformatics tool interface for sequence analysis. The main window shows a DNA sequence with various restriction sites marked. A tooltip is overlaid on the HinfI site, providing the following details:

- Name: HinfI
- Type: Potential Restriction Site
- Length: 5
- Interval: 246 - 250
- Bases: CACCC
- Recognition pattern: G[^]ANTC
- Genetic code: Standard
- Original: CACCC
- Modified: GACTC

The sequence shown is: CGTCGCCCAAGGTCTCGGACACGGTCGTCGAGCCGTACAACGCCACCCAGTCTCGAGAACGCCGACGAG. The translation below is: P S P K V S D T V V F P Y N A T. The HinfI site is located at positions 246-250 (CACCC). The modified sequence GACTC is shown as a potential silent mutation. The interface also shows other restriction sites like TaqI (231), RsaI (239), ApaLI (257), PvuII (265), and TaqI (270).

CRISPR-Cpf1解析機能の追加

- 従来のCRISPR-Cas9解析に加え、CRISPR-Cpf1解析も可能となりました

Find CRISPR Sites

Find CRISPR Targets: Anywhere in sequence Selected region

PAM Site Location: 5' (Cpf1)

CRISPR Site

PAM Site: TTTN Target: GN(19)

Preview: TTTNGNNNNNNNNNN

On-target activity scoring: Doenc

Note: There are not any published scorin

Score sites through off-target analysis

Score against an off-target d

Maximum mismatches allowed against of

Maximum mismatches allowed to l

Pair CRISPR sites

Maximum overlap of paire

Maximum allowed space between paire

Sequence View Annotations Dotplot (Self) Text View Source XML Summary XML Lineage Info

Extract R.C. Translate Edit Annotation Allow Editing Annotate & Predict Save

73 %

Annotations and Tracks

Show Annotations (473 of 474)

Filter

Types

- CDS (1)
- Gene (1)
- mRNA (1)
- Origin of replication (1)
- Source (1)

Tracks

- CRISPR Sites 4 (469)

Columns Track >> Pop out

Name	Type	Mini...	Maxim.
CRISPR gui...	CRISPR	2,354	2,377
CRISPR gui...	CRISPR	2,353	2,376
CRISPR gui...	CRISPR	2,352	2,375
CRISPR gui...	CRISPR	2,351	2,374

Name: CRISPR guide 92
Type: CRISPR
Track: CRISPR Sites 4
Length: 24
Interval: 2,352 -> 2,375 (125,830 -> 125,853)
Bases: TTTACAAGAGTCTATGGACGATAA
Target Sequence: CAAGAGTCTATGGACGATAA
Protospacer Adjacent Motif (PAM): TTTA

*Selected 24 bases from 2,352 to 2,375 (from original base 125,830 to 125,853) in CRISPR guide 92 (CRISPR 180 of 469). Mouse over base 2,363 (C), residue 4 (V/Val/Valine)

バクテリアゲノムアライメント用のMauve Pluginのアップデート

- 従来旧バージョンのGeneiousのみに対応していたMauve Pluginがアップデートされ、比較ゲノム解析が可能となりました



Mauve Pluginの導入及び実行方法

プラグインをインストールするにはGeneiousのTools>Pluginsを開き、Mauve Genome AlignmentのInstallボタンをクリックして下さい。

インストール終了後、2つ以上の塩基配列を選択し、Tools>Align/Assemble>Align Whole Genomesを選択し、Alignment AlgorithmからprogressiveMauve algorithmを選択することで、Mauve alignmentを実行出来ます。

Mauve Alignment ドキュメントのMauve genome alignment viewerに解析結果が表示され、ゲノム間の関連領域がブロックごとに色分けかつリンクして表示されます。

Mauve Alignment Algorithmの詳細は

Aaron E. Darling, Bob Mau, and Nicole T. Perna. 2010. progressiveMauve: Multiple Genome Alignment with Gene Gain, Loss, and Rearrangement. PLoS One. 5(6):e11147.

あるいは

<http://darlinglab.org/mauve/mauve.html>

をご参照下さい。

その他

■ Enzyme Setの作成機能

- File>New>Enzyme SetからEnzyme Setを作成可能となりました。
作成したEnzyme SetはFind Restriction Sitesで選択出来ます。

■ FASTQファイルインポートの改良

- FASTQファイルのインポート時にシーケンサーメーカーの指定とPaired Endか否かの設定が可能となりました

Geneious カスタマーサポート窓口

トミーデジタルバイオロジー株式会社

TEL: 03-5834-0810

E-mail: support@digital-biology.co.jp

サポート担当: 田中

対応時間帯: 平日9:00～17:30

※可能な限りGeneiousがご利用できる環境でご連絡ください。