

# SEQUENCE ANALYSIS COMPONENT COLLECTION

Sequence Analysis Collectionは、基本的なバイオインフォマティクスのツールとアルゴリズムをもち、研究業務を補完する実践的配列解析ワークフローを作ることができます。100以上もの異なるコンポーネントを用い、DNA・タンパクの配列を、広く受け入れられているバイオインフォマティクス手法を使用して、解析したりアノテーションを付与することができます。

## SEQUENCE ANALYSIS COLLECTIONを使用すると、次のことが実現できます。

- ・ 新規配列データのルーチン解析を自動化
- ・ 生物種にまたがる遺伝子およびゲノムの比較
- ・ 新しいアルゴリズム処理のプロトタイピング
- ・ Chemo-Genomic 解析(Chemistry Collectionを組み合わせて使用)
- ・ ユーザ保有の解析ツール/フリーウェアを Pipeline Pilotに統合

## 配列ホモロジーサーチ

- ・ 全ての標準的なBLAST (BLASTn、BLASTp、BLASTx、tBLASTn、and tBLASTx)が用意されており、簡単かつ高速ホモロジーサーチを提供します。検索結果は、Hitlistレポート表示、あるいは更なる解析のために個別のヒットを抽出したり、Fetchしたりできます。Pipeline PilotはカスタムBLASTデータベースを即興で作成して、より絞り込んだ配列に対してホモロジーサーチを行うことも可能です。

## マニピュレーションとアノテーション

様々な配列マニピュレーションやアノテーションのツールが取り揃えられています。DNA配列にはGC content、six-frame translations、reverse complement、subsequence fragment generationなど、またタンパク配列にはback translation、二次構造予測、isoelectric point、決定など。



Sequence Analysis Componentは、様々な配列ファミリーの解析を自動化するプロセスへ組み込むことができます。

## マルチプル配列アライメント

類似配列アライメントにより、様々な異なる生物種から潜在的なホモログを同定したり、あるいは核酸配列領域にある変異を素早く選択する手段を提供します。ClustalWが提供されており、DNAあるいはタンパク配列のマルチプル配列アライメントを実行することができます。

## パターンマッチング

様々な標準的なツールが実装されており、パターン検索、モチーフ検索を行うことができます。これら検索により、潜在的な、PROSITE領域、GCリッチな領域、制限酵素サイト、シグナルペプチド断裂サイト、Open Reading FrameあるいはRegular Expressionパターンなどを同定することが可能です。

## 結果ビューワ

配列情報と関連するFeatureは配列ビューワで可視化できます。このビューワはカスタムレポート、プレーンテキスト、Artemisビューワ(核酸配列)があります。BLAST結果はカスタマイズ可能なBLAST Hitlistレポートにて解析が可能であり、またマルチプル配列アライメントはカスタムレポート(PDF/HTML)、プレーンテキスト、あるいはJalViewに表示可能です。

## サードパーティ製品の統合

Sequence Analysis Collectionはサードパーティ製品を統合する非常に強力な機能があります。BioPerl、NCBI BLAST、GCG、EMBOSS、BioJavaといった様々なツールとの統合サンプルがデフォルトで含まれています。これらはそのままテンプレートとして使用でき、その他のプログラムの追加が可能です。Pipeline Pilot上での統合では、次のものが使用できません。Java、Perl、SOAP、VB Scriptコマンドラインなどの標準技術。

Pipeline Pilotの詳細については、次のURLを参照して下さい。  
<http://accelrys.com/products/pipeline-pilot>