

# Web アノテーションデータベース ソフトウェア AssEST-BOX

## ご紹介

遺伝子情報が僅かな生物種のための機能予測支援DB搭載

株式会社メイズ  
Tel: 042-673-3020  
<http://www.maze.co.jp/>  
〒193-0835 東京都八王子市千人町1-2-17 604

既知蛋白質アミノ酸配列への全Blast結果を利用したリッチなアノテーション

1. はじめに
2. シークエンシングからクラスタリング／アセンブリング／アノテーション作成及び AssEST BOXご提供の流れ
3. AssEST BOXの主な特徴（その1）
4. AssEST BOXの主な特徴（その2）
5. AssEST BOXの構成とアノテーション作成の関係図
6. AssEST BOXのWebインターフェース
7. データ更新とサポート
8. AssEST BOXの機能一覧
9. 公開サーバとして活用することができます

## 1. はじめに

*De novo* Transcriptome Sequencingで得られた配列とそれに付与されたリッチなアノテーション情報を格納した“AssEST-BOX”をご提案いたします。

AssEST-BOXは、検索機能(コンセンサス配列へのBlast検索、リッチアノテーションからのコンセンサス配列検索)・参照機能(クラスタ/サブクラスタ及びコンセンサス配列情報の参照とアノテーションの参照)を持った、実験現場で役立つ実用的なWeb検索システムです。

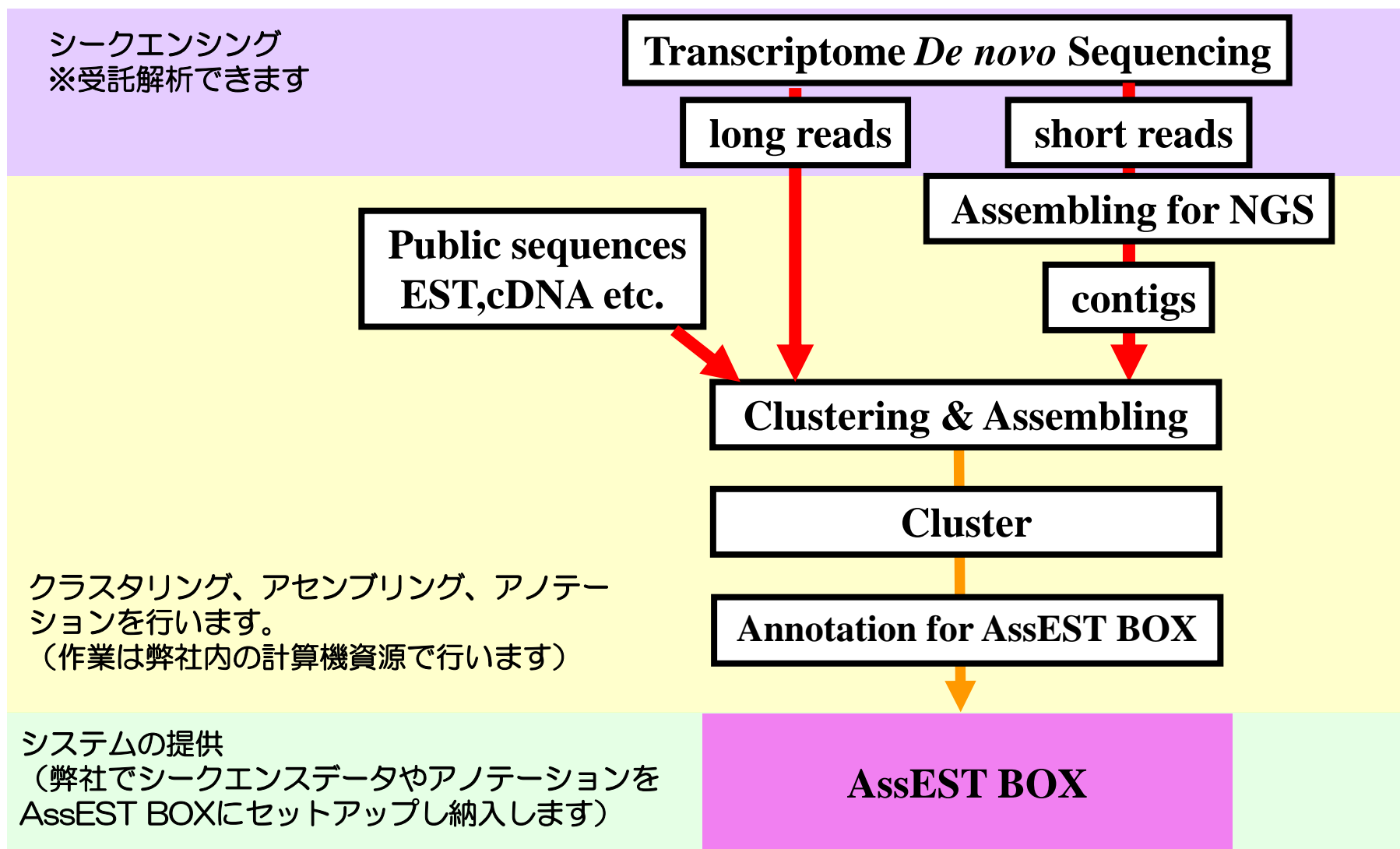
お客様独自に読まれたシーケンスデータや公開されている配列を利用し、弊社でクラスタリング、アセンブリングして、配列クラスタ (Gene & Alternative Splicing Variant)とそのクラスタのコンセンサス配列を作成します。また、コンセンサス配列に、NCBI Nr及びEnrez GeneやKEGG、GOのアノテーションを“リッチ”に付与し、Webで検索できるシステムとして提供いたします (Blastx結果の高度利用)。

お客様は、膨大なデータ配列データに悩まされることなく、整理整頓された状態で、配列データの解釈だけに注力することができます。また、AssEST-BOXはWebシステムですので、学内のいろいろな場所から利用することもできますし、共同研究者同士でインターネットを介して共用することもできます、また、一般に公開するシステムとしてもそのままご利用いただけます。

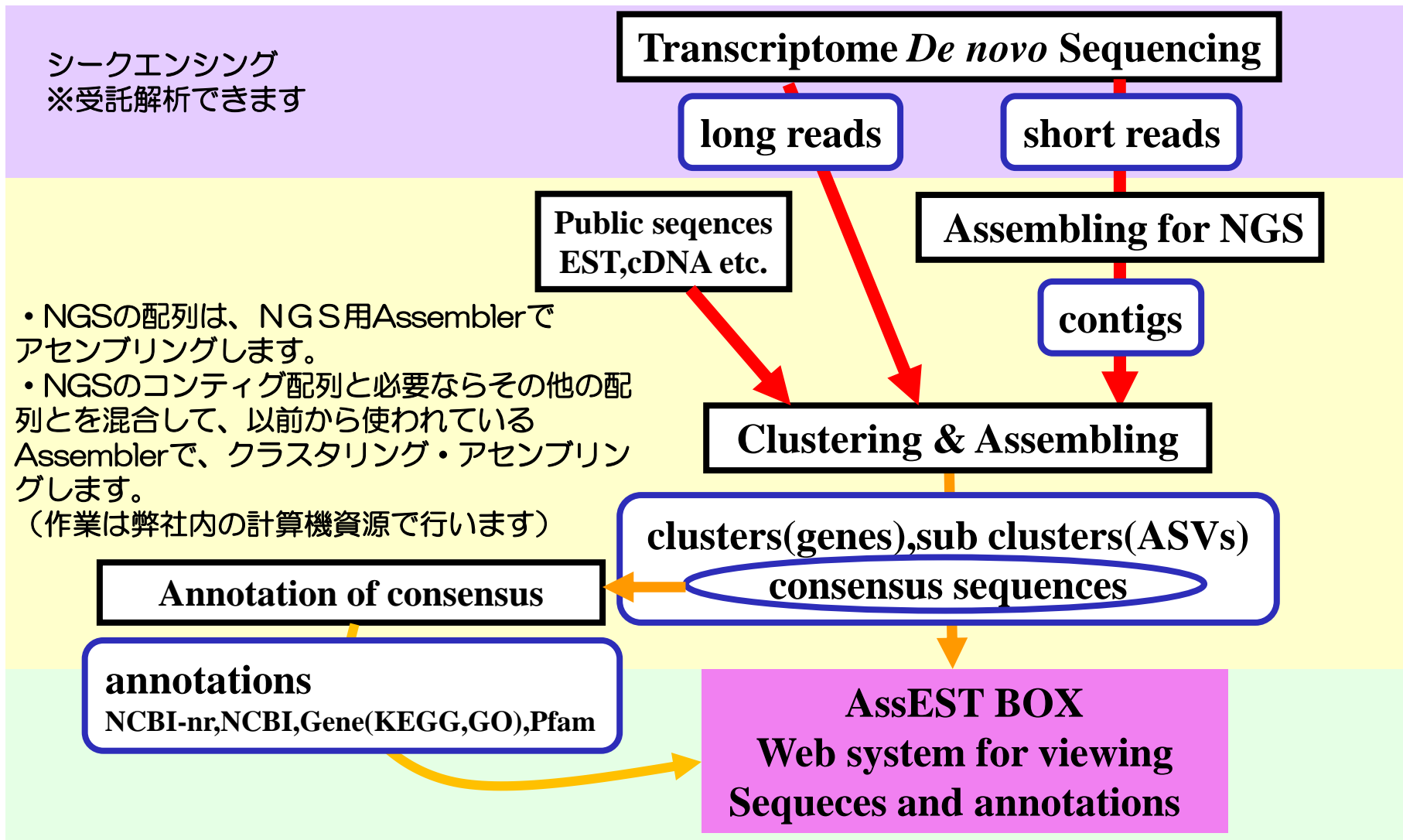
### ●アセンブルについて

公開されているcDNA配列、GS FLX TITANIUM, GS JUNIORなどのロングリード配列、また、ショートリード配列のアセンブルで得られたコンティグ配列を、一緒にクラスタリング・アセンブリングすることもできます。

## 2. シーケンシング からクラスタリング /アセンブリ /アノテーション作成及びAssESTBOXご提供の流れ



## 2. シーケンシング からクラスタリング /アセンブリ /アノテーション作成及びAssESTBOXご提供の流れ



### 3. AssEST BOXの主な特徴（その1）

- クラスタリング・アセンブリング・コンセンサス配列作成  
ライブラリ名やシーケンシング方法などが判別できる配列命名規則を設計します。  
クラスタリングはTGICL、アセンブラはCAP3を使用し、コンセンサス配列を作成します。
- Cluster Search & Listing Page  
アノテーションを条件に関連するコンセンサス配列をリストアップします。  
例えば、注目するPathwayにある遺伝子を指定生物種でリストアップすることができます。  
また、同時にその遺伝子のDescriptionやGOの情報を見ることが可能です。
- Subcluster Viewer  
Subclusterを構成する転写産物やグラフィカルなアライメントビューアーにより、アセンブリングの様子を1塩基単位で確認することができます。  
簡易的なORF予測やアミノ酸への3フレームでの翻訳が画面上で行えます。

検索条件入力画面: アノテーションに検索を行い、サブクラスター一覧を表示  
(Best Hit Protein, PathwayName/ID, GOTerm/ID)  
サブクラスター一覧表示画面: 1 Subcluster 1 行でアノテーションの一覧を表示  
サブクラスター詳細画面: 1 Subclusterの詳細情報 (NCBI Nr, KEGG, GO) を表示  
グラフィカルアライメント画面: 1 Subcluster毎のアセンブリングの様子をグラフィカルに表示

## 4. AssEST BOXの主な特徴（その2）

### ●Blast検索機能

- コンセンサス配列へのBlast検索
- ESTへのBlast検索
- NCBI Nr（ローカル）へのBlast検索
- 生物種毎に分類されたTopHit表示
- KEGGやGOの付与の有無表示

### ●コンセンサス配列のアノテーション情報について

コンセンサス配列にアノテーションを付与しデータ化します。  
コンセンサス配列の全NCBI NrへのBlastp結果及びDescription。

#### ポイント BLASTX結果の高度利用

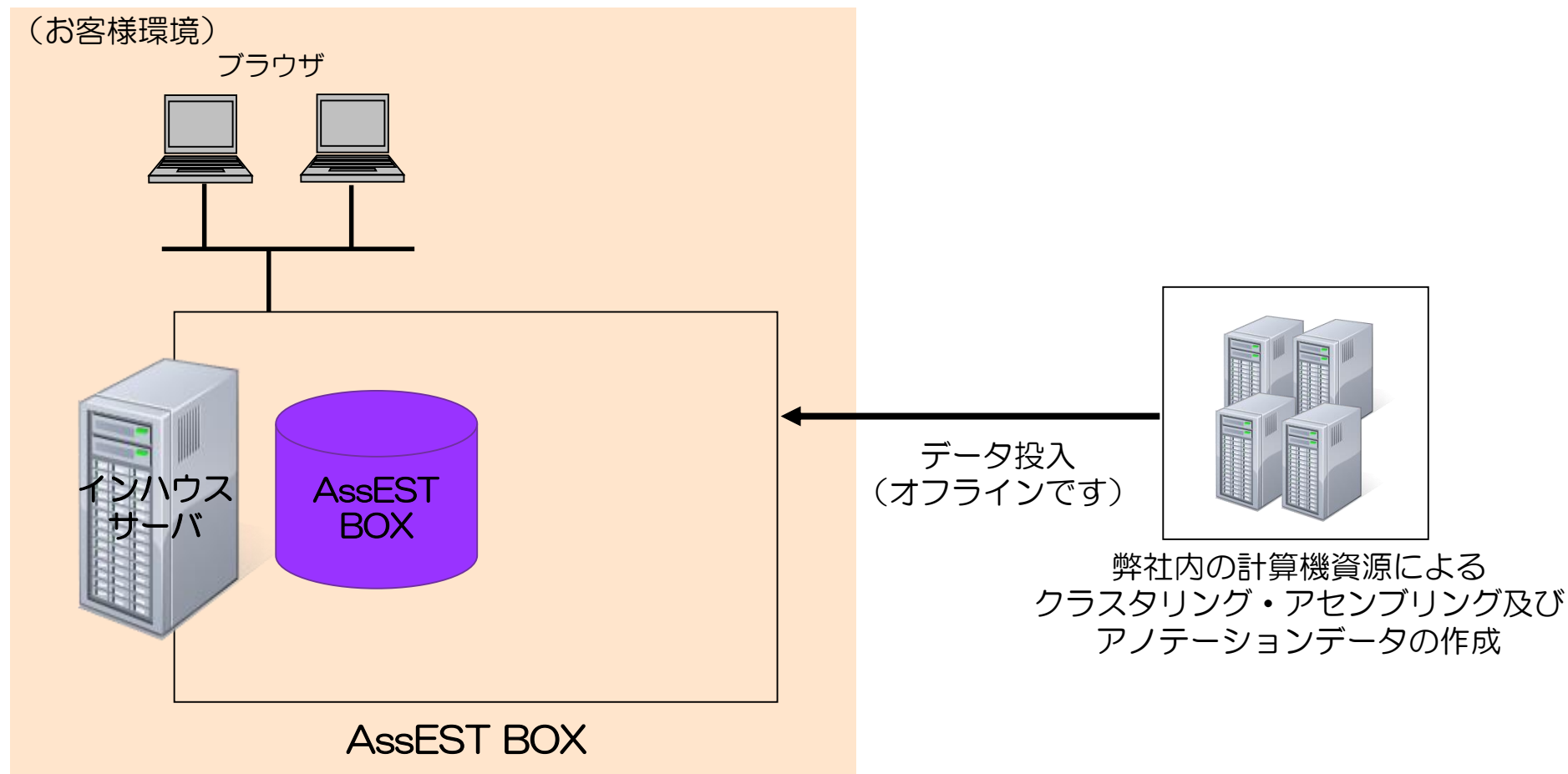
KEGG（予測遺伝子をNrへBlastし得られたEntrezGeneよりKEGGを求める）  
GeneOntology（予測遺伝子をNrへBlastし得られたEntrezGeneよりGOを求める）

### ●オプション

- データ更新
- 年間サポート
- ゲノムデータへの対応（機能拡張）
- お客様のAssESTを弊社でハウジングするサービス

## 5. AssEST BOXの構成とアノテーション作成の関係図

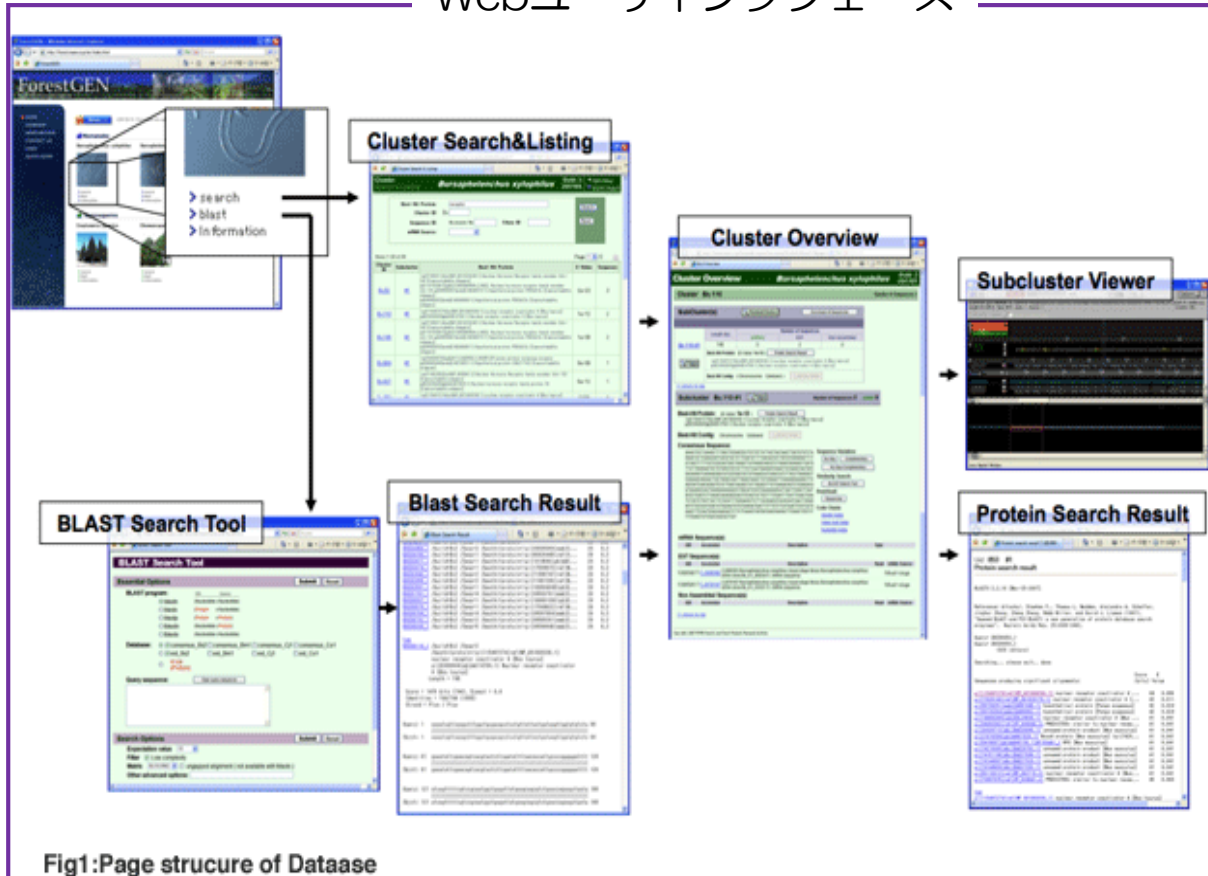
## ●イメージ





## 6. AssEST BOXのWebインターフェース

### Webユーザインタフェース



### 納入実績

- (独) 森林総合研究所様が公開しているデータベース「ForestGEN」で導入されています。下記のサイトをご参考にさせていただければ幸いです。  
(AssEST BOX : バージョン1.0)

<http://forestgen.ffpri.affrc.go.jp/ja/>

- マツノザイセンチュウ
- ニセマツノザイセンチュウ
- スギ
- ヒノキ
- シイタケゲノム(GAS)

- 北海道大学様、その他研究機関

## 7. データ更新とサポート

### ●データ更新

弊社の計算機資源で、クラスタリング/アセンブリング及びアノテーション情報を更新し、ご提供いたします。別途費用にて承ります。

### ●AssEST BOXの納入初年度の年間サポートについて

(納入初年度)

お問合せ窓口の設置

不具合が発生した場合の原因一時切り分け

オフサイトによる正常動作作業

(瑕疵による障害は、オンサイト或いはオフサイトにて復旧作業にあたります)

※ 障害の復旧作業等でおこなうオンサイト作業は、お見積書に含んでおりません。  
都度お見積もりご相談のうえ承ります。

### ●納入次年度以降の年間サポートについて

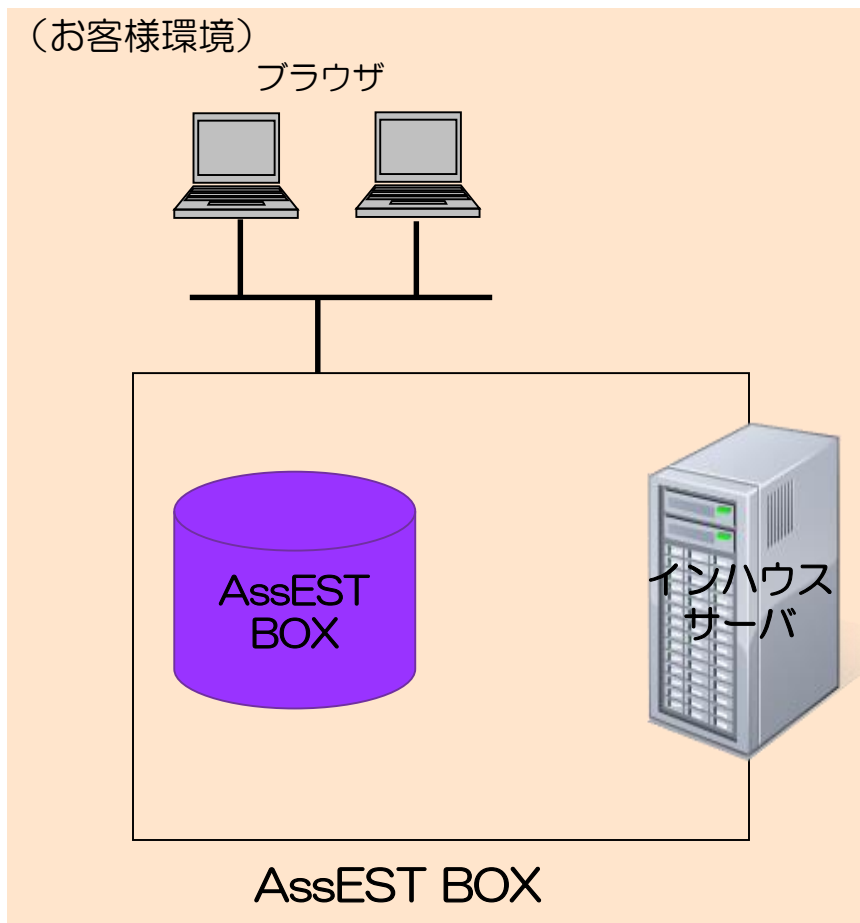
納入初年度と同様のサポート内容で次年度以降の年間サポートを別途費用にて承ります  
(任意契約)。

## 8. AssEST BOXの機能一覧

項目名	内容	オプション
クラスタリング、アセンブリ結果	<ul style="list-style-type: none"> <li>● cDNA配列をクラスタ/サブクラスタに分類</li> <li>● アセンブリ、コンセンサス配列作成</li> </ul>	
アノテーション	<ul style="list-style-type: none"> <li>● コンセンサス配列と全NCBI NrとのBlast結果とDescription</li> </ul>	
BlastX結果の高度利用	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Best-Hit protein (NCBI Nr)</li> <li>● Best-Hit of KEGG-annotated protein</li> <li>● Best-Hit of GO-annotated protein</li> </ul>	
検索機能	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Blast検索 (コンセンサス配列、EST)</li> <li>● アノテーションに対する条件検索</li> </ul>	
ビューア	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Cluster/Subcluster Listing <ul style="list-style-type: none"> <li>- コンセンサス配列と付与されたアノテーションの一覧を表示</li> </ul> </li> <li>● Subcluster Detail View <ul style="list-style-type: none"> <li>- コンセンサス配列やアノテーションの詳細表示</li> </ul> </li> <li>● Graphical Alignment View <ul style="list-style-type: none"> <li>- アセンブリの様子をグラフィカルに表示</li> </ul> </li> </ul>	
その他	<ul style="list-style-type: none"> <li>● 複数の生物種のクラスタリングデータを搭載可能</li> </ul>	データ更新及び生物種の追加はオプション
	<ul style="list-style-type: none"> <li>● ゲノムデータへの対応 (機能拡張)</li> </ul>	オプション

## 9. 公開サーバとして活用することができます

- EST解析支援システムとして、限られた共同研究先や広く一般に公開することができます。



- ※サーバへの不正侵入や改竄などを監視する“サポートサービス”をご用意しています。詳しくは、担当者までお問合せ下さい。
- ※サーバを一般公開する場合は、サポートサービスをお薦めいたします。

- 共同研究者の間で共用利用
- 成果の公開としてサーバを公開

