Podrobná specifikace software:

**QIAGEN CLC Genomics Workbench**

síťová / network licence - 1 souběžný uživatel (licenční server je součástí dodávky) Výchozí verze 24.0.1 (ze dne 12.3.2024)

Součástí jsou pluginy:

Additional Alignments

<https://digitalinsights.qiagen.com/plugins/additional-alignments/>

Biomedical Genomics Analysis

<https://digitalinsiqhts.qiaqen.com/pluqins/biomedical-qenomics-analysis/>

Long Read Support:

<https://digitalinsights.qiagen.com/plugins/long-read-support/>

Sequence Reader

<https://digitalinsights.qiagen.com/plugins/sequence-reader/>

SignalP and TMHMM

<https://digitalinsights.qiagen.com/plugins/signalp-and-tmhmm/>

Transcript Discovery

<https://diqitalinsiqhts.qiaqen.com/pluqins/transcript-discovery/>

Vector NTI import

<https://digitalinsights.qiagen.com/plugins/vector-nti-import/>

Whole Genome Alignmen

<https://digitalinsights.qiagen.com/plugins/whole-genome-alignment/> Navigation Tools

<https://digitalinsights.qiagen.com/plugins/navigation-tools/>

Analýza biomedicínské genomiky

Zásuvný modul pro analýzu biomedicínské genomiky do QIAGEN CLC Genomics Workbench ([https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/discovery-insights-portfolio/analysis-and- visualization/qiagen-clc-genomics-workbench/](https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/discovery-insights-portfolio/analysis-and-visualization/qiagen-clc-genomics-workbench/)) nabízí nástroje a pracovní postupy pro všechny kroky od předběžného zpracování dat a kontroly kvality až po analýzu dat, anotace a reportování.

Aplikace a pracovní postupy

* Panelová analýza QIAseq. **Úplný seznam podporovaných panelů QIAseq naleznete zde** (<https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/qiaseq-panels/>).
* Panelová analýza SARS-CoV-2 (ARTIC-v3, QIAseq a Ion AmpliSeq)
* Pracovní postup panelu TruSight Oncology 500 (lllumina)
* Analýza genového panelu GeneRead DNAseq
* Celogenomové sekvenování (WGS)
* Celoexomové sekvenování (WES)
* Cílené amplikonové sekvenování (TAS)
* Sekvenování celého transkriptomu (WTS)
* Sekvenování malé RNA (miRNA)

Když je zásuvný modul nainstalován, pracovní postupy jsou k dispozici v Části Pracovní postupy šablon v panelu nástrojů.

Pracovní postupy analýzy panelů QIAseq

Pracovní postupy šablon jsou k dispozici pro mnoho protokolů QIAseq. Pracovní postupy lze spustit z nástroje Toolbox nebo z nástroje QIASeq Panel Analysis Assistant

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php>? manual=QIAseq\_Panel\_Analysis\_Assistant.html). Stačí kliknout na záložky, identifikovat příslušný panel a spustit analýzu. **Seznam podporovaných panelů QIAseq** naleznete **zde**

(<https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/qiaseq-panels/>).

<enter search term>

Targeted DNA i Targeted DNA Pro

Targeted DNA Ultra Targeted RNAscan Targeted RNA Targeted TMB/MSI

- Targeted Methyl

UPXome RNA

L FastSelect RNA miRNA

Multimodal

Exome

■ ' xHYB Human j Immune

RNA Fusion XP

SARS-CoV-2 Add Analyses

Human IPX 3'

Human Detect Differentially Expressed Genes Between Two Groups Mouše UPX 3'

Mouše Detect Difflerentially Expressed Genes Between Two Groups

Demultiplex Reads

* Choose where to run
* Select paired nudeotide sequence lists
* Select Wells
* .flesu/f.daniií.oo

Selecí v elis

Sequencing platform

'•> MiSeq/HiSeq Q NextSeq

Plate size

<S)96well O384\*e\*

Gptons

0 Allow mismatches

Select '.-.ells

Reset

Kit description

Kit description

3 4 5 6 7 8 9 10 11 12

a oooooooooooon boooooooooooon c OOOOOOOOO ' □ d 'o o o o o o □

eoooooooooooon f oooooooooooon goooooooooooon «oooooooooooon □□□□□□□□□□□□

Select Detected

Select Ai!

Deseíect All

Invert

Previous

Canceí

(<https://staging.digitalinsights.supremeclients.eom/wp-content/uploads/2018/11/BGP-Fig-l.png>)

Obrázek 1. Asistent panelové analýzy QIAseq. RŮzné typy panelů najdete na kartách vlevo a je zobrazen výběr jamek pro demultiplexování Čtení UPX 3'.

Nářadí

Ve složce Biomedical Genomics Anaiysis, která se nachází v Části Nástroje v aplikaci Toolbox, je k dispozici řada nástrojů, včetně:

* Nástroje pro práci s jedinečnými molekulárními indexy (UMI)
* Tools that are specific to anaiysis of QIAseq data
* Utility tools
* Immune Repertoire Anaiysis tools
* Tools for Oncology Score Estimation
* Tools facilitating upload of anaiysis results to QCI Interpret
* Haplotype Calling tools

See below for deseriptions of some of the tools.

(<https://staging.digitalinsights.supremeclients.com/wp->

content/uploads/2018/11 /BGP-Fig-2 .png}

Figuře 2. The Biomedical Genomics Analysis folder in the Toolbox.

Utility tools

The Biomedical Utility Tools folder contains tools that may be generally useful, for example:

* Extract Reads Matching Primers

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php‘](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%E2%80%98) manual=Extract\_Reads\_Matching\_Primers.html): Extracts reads that match a primer and discards reads that do not match a primer.

* Convert Annotation Track Coordinates

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php'<](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%27%3C) manuaHConvert\_Annotation\_Track\_Coordinates.html): Converts annotation coordinates, either from hg 19 coordinates to hg38 coordinates, or vice versa, making use of the UCSC Lift Genome Annotations Service.

Immune Repertoire Analysis tools

A collection of tools for performing immune repertoire analysis for T or B cell receptors are provided. Reads are clonotyped by identifying the V, D, J and C segments and annotating the CDR3 region. V, D, J and C reference segments can be imported from IMGT formát. The clonotyped reads can be visualized as alignments and Sankey plots.

Oncology Score Estimation

Tools for calculating TMB, MSI and HRD scores:

* Calculate TMB Score

(https:/ /resources. qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/ current/index.phpi manuaHCalculate\_TMB\_Score.html): Calculates the number of somatic mutations per megabase and provides TMB status.

* Detect MSI Status

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manua> ls/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php< manuaHDetect\_MSI\_Status.html): Detects MSI status by comparing the length of microsatellite regions in a sample to a baseline comprised of microsatellite stable (MSS) samples.

* **Calculate HRD Score (beta)**

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php<](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%3C) manuaHCalculate\_HRD\_Score\_beta.html): Calculates an HRD score from the number of large-scale chromosomal copy number changes.

Seamless upload of analysis results to QCI Interpret

The Biomedical Genomics Analysis folder contains tools for uploading a wide range of variants and scores to QCI Interpret and QCI Interpret Translational interpretation software, including SNVs, InDels, CNVs, fusions and inversions, as well as TMB and MSI status. In order to use this functionality please contact sales to purchase a license for QCI Interpret ([https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/clinical- insights-portfolio/qiagen-clinical-insight/qci-interpret/](https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/clinical-insights-portfolio/qiagen-clinical-insight/qci-interpret/)).

Haplotype Calling (beta)

A collection of tools and a track that support haplotype-aware variant detection and import / export of variants annotated with phasing information from VCF. Phasing can be visualized in a genome browser view, where phased variants are connected by a vertical line.

* Microhaplotype Caller (beta)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/> current/index.phpí manual=Microhaplotype\_Caller\_beta.html): Detects genomic variants and annotates them with read- based phasing information.

* Genotype track

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php'](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%27) manual=Genotype\_track.html): Represents variants at both allele and locus levels. The genotype track allele table resembles traditional variant tables by displaying individual variants on separate rows. In contrast, the locus table reports all variants for a given locus in a single row and summarizes called alleles in a genotype annotation.

Additional tools

Several tools are available in other folders in the Toolbox.

In the Resequencing Analysis folder:

* Structural Variant Caller

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.phpi> manuaHStructural\_Variant\_Caller.html): Detects indels, tandem duplications and inversions in somatic and germline WGS and targeted data.

* **Detect Regional Ploidy**

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php'](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%27) manual=Detect\_Regional\_Ploidy.html): Estimates ploidy States including loss-of-heterozygosity (LOH) from targeted resequencing data.

* **Refine Read Mapping**

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php'](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%27) manual=Refine\_Read\_Mapping.html): Removes potentially problematic mapped reads.

In the Epigenomics Analysis folder:

* Create Methylation Level Heat Map

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php'](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%27) manual=Create\_Methylation\_Level\_Heat\_Map.html): Hierarchically clusters samples and features, generating a two-dimensional heat map of methylation levels, using methylation level tracks as input.

* **Predict Methylation Profile**

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php'](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%27) manual=Predict\_Methylation\_Profile.html): Estimates the cell type composition of a sample based on differentially methylated cytosines or regions. It is designed for use with the QIAseq Methyl T-Cell Infiltration Panel (MHS-202Z) that distinguishes epithelial, fibroblasts and immune celíš, but can also be applied to other data.

* **Create Methylation Database**

([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php'](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php%27) manual=Create\_Methylation\_Database.html): Creates a methylation database track of two or three pure conditions. The methylation database can be ušed as an input to Predict Methylation Profile.

QIAGEN GeneRead Panels

QIAGEN GeneRead Panels can be analyzed using a template workflow that can identify and annotate variants in Targeted Amplicon Sequencing data generated with catalogue and custom GeneRead DNAseq Gene Panels.

Comprehensive collection of template workflows

A wide variety of template workflows are available for specific types of data: , whole exome sequencing (WES)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php>? manuaHWhole\_exome\_sequencing\_WES.html) and targeted amplicon sequencing (TAS) (<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php>? manual=Targeted\_amplicon\_sequencing\_TAS.html). General workflows are for Identification and annotation of variants, irrespective of disease. Somatic Cancer workflows are designed specifically for cancer research, including single sample and Tumor-Normal pairs. Hereditary Disease workflows can be ušed to study variants that cause rare diseases or hereditary diseases (HD).

(<https://staging.digitalinsights.supremeclients.com/wp->

content/ uploads/2018/11 /BGP-Fig-3.png)

Figuře 3.

Template workflows for whole genome sequencing data.

Template workflows for whole transcriptome sequencing (WTS)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/index.php>? manual=Whole\_transcriptome\_sequencing\_WTS.html) are also provided.

(<https://staging.digitalinsights.supremeclients.com/wp->

content/ uploads/2018/11 /BGP-Fig-4.png)

Figuře 4. Template workflows for whole transcriptome sequencing.

Reference data provided through the Reference Data manager

We provide reference datasets for all template workflows.

(<https://siaging.digitalinsights.supremeclients.com/wp-content/uploads/2018/11> /BGP-Fig-5.png)

Figuře *5.* Hg38 no alt RefSeq reference dataset in the Reference Data Manager.

Latest improvements

We frequently release updates and improvements such as new features or bug fixes. To get a complete overview, please visit the latest improvements ([https://digitalinsights.qiagen.com/biomedical-genomics- analysis-latest-improvements/](https://digitalinsights.qiagen.com/biomedical-genomics-analysis-latest-improvements/)) page.

Stahování souborů



Manuál([https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedica!genomicsanalysis/current/index.php](https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedica%21genomicsanalysis/current/index.php)? pluginu manuaHntroduction.html)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/biomedicalgenomicsanalysis/current/User_Manual.pdf>)

Plugin

ke

stažení

Server

Plugin

ke

stažení

Zarovnání celého genomu

Zásuvný modul Whole Genome Alignment do QIAGEN CLC Genomics Workbench

([https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/analysis-and-visualization/qiagen-clc-genomics- workbench/](https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/analysis-and-visualization/qiagen-clc-genomics-workbench/)) poskytuje nástroje podporující zkoumání evolučních vztahů prostřednictvím vícenásobného zarovnání a porovnávání genomu, včetně interaktivního průzkumu a vizualizace.

Funkcionalitu lze použít pro práci s malými až středně velkými genomy (až 100M párů bází) a zahrnuje:

* Sladění více genomů
* Vizualizace událostí velkého rozsahu, jako jsou inverze a translokace
* Rychlé generování a flexibilní zobrazení celogenomových bodových grafů
* Výpočet průměrné nukleotidové identity
* Vytváření evolučních stromů a teplotních map založených na průměrné nukleotidové identitě
* Import a export standardních formátů uspořádání celého genomu (MAF a XMFA)
* Extrahování více zarovnání sekvencí (na základě anotací, např. pouze kódování oblastí)
* Přenos anotací z vybraného referenčního genomu do jiných sekvencí v zarovnání



Obrázek 1. Snímek obrazovky s interaktivním zobrazením zarovnání celého genomu více genomů salmonel vytvořených modulem plug-in Whole Genome Alignment.

Podívejte se na tento blog s výkonnostními benchmarky tohoto pluginu.

(<https://digitalinsights.qiagen.com/news/blog/discovery/whole-genome-alignment-clc/>)

Nejnovější vylepšení

Často vydáváme aktualizace a vylepšení, jako jsou opravy chyb nebo nové funkce. Chcete-li získat úplný přehled, navštivte stránku s nejnovějšími vylepšeními (/whole-genome-alignment-latest- improvements/).

Stahování souborů

Manuál(<https://resources.qiagenbioinform> atics.com/manuals/wholegenomealignment/current/index.php? pluginu manua|=|ntrocJucfjon .html)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/wholegenomealignment/current/User_Manual.pdf>)

Plugin

ke

stažení

©

Server

Plugin

ke

stažení

Další trasy

Tento zásuvný modul umožňuje použití tri dalších metod zarovnání, které jinak nejsou distribuovány s pracovními stoly CLC.

**Metody zarovnání**

V tomto pluginu jsou zahrnuty tři různé metody zarovnání: ClustalW, ClustalO a Muscle. Pro podrobnější informace o každé z metod zarovnání vám doporučujeme přečíst si původní výzkumné práce a příslušné webové stránky různých metod. Tento Článek popisuje některé z níže uvedených algoritmů a jejich silné stránky [Edgar a Batzoglou, 2006

(https:// resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/clcgenomicsworkbench/current/index.php? manuaHBibliography.html)].

**Metodalnternetová stránka**

Více informací

ClustalW

(<http://nar.oxfordjournals.org/content/22/22/4673.abstract>) ClustalO Více informací (<http://msb.embopress.Org/content/7/1/539.long>)

Více informací

Sval (<http://bmcbioinformatics.biomedcentral.eom/articles/10.l> 186/1471 2105-5-113)

**PublikaceNástupiště**

Thompson Napříč et al., 1994platformami Sievers et Napříč al., 2011 platformami

Edgar,

2004

Napříč

platformami

Když je zásuvný modul nainstalován, uvidíte nové metody zarovnání v panelu nástrojů v Části Zarovnání a stromy > Další zarovnání.

Stahování souborů

Manuál(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/additionaialignment/current/index.php>? pluginu manua|=|ntroc|uction.html)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/additionalalignment/current/User_Manual.pdf>)

Plugin

ke

stažení

©

Server

Plugin

ke

stažení

Navigační nástroje

Zásuvný modul **Navigation Tools** poskytuje nástroj pro vytváření záložek prvků, které jsou obzvláště zajímavé, a také podporu pro vyhledávání nedávno otevřených nebo použitých prvků.

Po instalaci bude nástroj Záložka k dispozici prostřednictvím panelu nástrojů a v nabídce Soubor. Kromě toho se vedle karty Oblast navigace zobrazí dvě další karty:

* **Poslední položky -** kde jsou uvedeny naposledy otevřené položky.
* **Záložky -** kde jsou uvedeny položky označené záložkami.

Filé Edit v e/. Download Toolbox Aorkspace Help

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| B |  | B+ | iS B | i ./ |
| Sťcw | **=C«~3'<** | New -5 |  | - .1.-:- |
| Navgabon Area\ Ěi í J | Řečení | tem 5 Bookmarks |  |
|  |  |  |

|  |  |
| --- | --- |
| Q/ <enter search term > |  |
| **a CLC\_Data**i Siomedical Genomics AnalysisRNAsdvanced RNASeq **+, t2** reads|i»' Sam ples resuíís |  |
| lí. |  |
| B?, 23N\_Rl\_001 sampled RNA-Seq (Reads)**'6j** 23N\_R1\_OO1 sampled RNA-Seq report 23T\_Rl\_001 sampled (GE)23T\_R1\_OO1 sampled RNA-Seq (Reads)ÍWI 23T\_Rl\_001 sampled RNA-Seq report ££ 26N\_Rl\_001 sampled (GE)2^ 2óN\_Rl\_001 sampled RNA-Seq (Reads) |  |
| **v** m | **►** |

Kliknutím na tyto karty zobrazíte seznam relevantních datových prvků.

Stahování souborů



Manuál (<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/navigationtools/current/index.php>? pluginu manua|=|ntroduction.html)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/navigationtools/current/User_Manual.pdf>)

Plugin ke

stažení

Podpora dlouhého Čtení

Zásuvný modul Long Read Support poskytuje řadu nástrojů pro práci s dlouhými sekvenačními Čteními nové generace, jako jsou ty, které produkují platformy Pacific Biosciences nebo Oxford Nanopore Technologies. Konkrétně tento plugin poskytuje funkce pro:

* Oprava chyb při dlouhém Čtení
* De novo sestavení dlouhých Čtení
* Mapování dlouhých Čtení proti referenci
* Leštící kontigy s vysoce kvalitními snímači
* RNA-Seq analýza dlouhých Čtení
* Detekce konstrukčních variant z dlouhých Čtení
* Hybridní sestava dlouhých a krátkých Čtení

Nástroje dodávané tímto pluginem využívají open-source softwarové komponenty minimap2 (<https://github.com/lh3/minimap2>) a racon (<https://github.com/isovic/racon>).

Výsledky lze dále zpracovávat pomocí dalších nástrojů QIAGEN CLC Genomics Workbench (https:/ /d igitalinsights.qiagen.com/products-overview/analysis-and-visualization/qiagen-clc- genomics-workbench/), QIAGEN CLC Genomics Server

(<https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/discovery-insights-portfolio/enterprise-ngs> solutions/qiagen-clc-genomics-server/) a příslušných pluginů

(<https://digitalinsights.qiagen.com/products-overview/plugins/>). Například počáteční kontigy získané sestavením dlouhých Čtení mohou být dále zpřesněny pomocí nástrojů dodávaných modulem QIAGEN CLC Genome Finishing Module

(<https://www.qiagenbioinformatics.com/plugins/clc-genome-finishing-module/>).

O Long Read Support fl'’lp Correct Long Reads

De Novo Assemble Long Reads 03? Map Long Reads to Reference “1? Polish with Reads i,/} RNA-Seq Analysis fór Long Reads (Vij Structural variant Caller fór Long Reads

(https:// staging.digitalinsights.supremeclients.com/wp-content/uploads/2020/01 /Long-Read- Fig-l.png)

Obrázek 1. Snímek obrazovky nástrojů přidaných do panelu nástrojů po instalaci pluginu.

**Nejnovější vylepšení**

Často vydáváme aktualizace a vylepšení, jako jsou opravy chyb nebo nové funkce. Chcete-li získat úplný přehled, navštivte stránku s nejnovějšími vylepšeními (<https://digitalinsights.qiagen.com/long-read-support-latest-improvements/>).

Stahování souborů



Manuál(<http://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/longreadsupport/current/index.php>?

**Plu9inu** manuaHntroduction.html)

(<http://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/longreadsupport/current/User_Manual.pdf>)

Plugin ke

stažení

Server Plugin ke

stažení



CteČka sekvencí

Když je tento plugin nainstalován, sekvence - nebo Část sekvence - může být přečtena nahlas následujícím způsobem:

Otevření sekvence | Vyberte Část, kterou chcete Číst (poklepáním na popisek vyberte celou sekvenci) | Klikněte pravým tlačítkem myši | Číst výběr nahlas Dále se spustí Čtení a zobrazí se dialogové okno se třemi tlačítky:

Restart: Tím se začne Číst od začátku výběru

Pozastavit: Umožňuje pozastavit a přehrát Čtení

Zavřít: Zavře dialogové okno a Čtení se zastaví

Kromě toho je zde posuvník pro ovládání rychlosti Čtení.

Snímky obrazovky

CfTGGGC AT|C G,

f racč **da:a**

Psr,1

«\_ ť"' "“T s? "\* T- ~

'/ OCÍty

. 3 Oceň Secctcn m Mbw Ve'\

AA

Rěad Sítecfon Aloud

Ed t Selecí on. . Oeetc Sťedian

Stahování souborů

Manuál(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/sequencereader/current/index.php>? pluginu manua|=jntroduction.html)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/sequencereader/current/User_Manual.pdf>)

Plugin

ke

O CHATUJTE S ODBORNÍKEM

Domov (<https://digitalinsights.qiagen.com/>) > SignalP a TMHMM (bezplatný plugin)

SignalP a TMHMM

**Plugin SignalP a TMHMM obsahuje nástroje pro hledání sekrečních signálních peptidů a predikci transmembránových šroubovic v proteinových sekvencích.**

Tento plugin obsahuje dva nástroje: Signál Peptide Prediction a Transmembrane Helix Prediction. Po instalaci jsou tyto nástroje umístěny v panelu nástrojů ve složce Analýzy proteinů.

Ke spuštění těchto nástrojů je vyžadováno aktivní připojení k internetu.

Predikce signálních peptidů

Signální peptidy cílí proteiny do extracelulárního prostředí buď přímou translokací plazmamembrány v prokaryotech, nebo jsou směrovány přes endoplazmatické retikulum v eukaryotických buňkách. Signální peptid je odstraněn z výsledného zralého proteinu během translokace přes membránu.

Pro predikci signálních peptidů se dotazujeme na SignalP-NN [Nielsen et al., 1997] [Bendtsen et al., 2004a] nacházející se na https://services.hea!thtech.dtu.dk/service.php?SignalP-4.1 (<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php8SignalP-4>.!).

Předpovězené signální peptidy mohou být automaticky přidány do sekvence, protože anotace nebo předpovědi lze zobrazit v textu.

K predikci potenciálních signálních peptidů proteinů se D-skóre z výstupu SignalP používá k rozlišení signálního peptidů oproti nesignálnímu peptidů. Toto skóre se ukázalo jako nejpřesnější [Klee a Ellis, 2005] v hodnotící studii prediktorů signálních peptidů.

Tyto organismy mohou být vybrány:

* Eukaryota
* Gramnegativní bakterie Grampozitivní bakterie

Získané předpovědi lze zobrazit jako anotace na sekvenci. Lze také vygenerovat tabulkový výstup a podrobný textový výstup ze signalizace. Každá poznámka obsahuje poznámku s popisem, která říká, že odpovídající poznámka byla předpovězena pomocí SignalP.

Analýzu můžete provádět na několika proteinových sekvencích najednou. Tím se ke všem sekvencím přidají anotace a otevře se pohled pro každou sekvenci, pokud je nalezen signální peptid.

Další informace o SignalP lze nalézt na <https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?SignalP-4.1> (<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php2SignalP-4>.!) a v původním výzkumném Článku [Nielsen et al., 1997] [Bendtsen et al., 2004a],

Predikce transmembránové šroubovice

Chcete-li předpovědět transmembránové šroubovice, jednoduše vyberte sekvence, které vás zajímají, a spusťte nástroj Transmembrane Helix Prediction.

Po spuštění predikce bude proteinová sekvence zobrazovat předpovězené transmembránové šroubovice jako anotace na původní sekvenci. Zobrazí se také anotace ukazující topologii, které Části proteinů jsou umístěny uvnitř nebo na vnější straně. Lze také generovat tabulkový výstup a podrobný textový výstup z TMHMM.

Tento nástroj používá TMHMM verze 2.0, který se nachází na adrese:

<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?TMHMM-2.0>

(<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?TMHMM-2.0>). Ke každé anotaci je přidružen popisek s poznámkovým polem se záznamem, že předpověď byla provedena pomocí TMHMM 2.0.

Další informace o SignalP a TMHMM naleznete na <https://services.healthtech.dtu.dk> (<https://services.healthtech.dtu.dk>).

Stahování souborů

/S\

v.

Manuál(<http://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/signalpandtmhmm/current/index.php2> pluginu manua|=|ntrocjuctjon html)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/signalpandtmhmm/current/User_Manual.pdf>)

Plugin

ke

stažení

Zjišťování přepisů



Zásuvný modul, který se dp značné míry spoléhá na Čtení mapovaná s mezerou jako důkaz pro transkripty, je primárně vyvinut pro eukaryotické genomy. Navrhovaný pracovní postup pro použití ab initio modulu plug-in Transcript Discovery v kombinaci se stávajícím nástrojem RNA-seq v CLC Genomics Workbench je následující:

* Spusťte mapovač velkých mezer pomocí všech Čtení RNA-seq a genomové referenční sekvence
* Spusťte algoritmus zjišťování přepisů na výsledném mapování Čtení a předpovězte transkripty a geny
* Zkontrolujte výsledky a v případě potřeby znovu spusťte zjišťování přepisu, abyste upřesnili nastavení tak, aby se dosáhlo požadovaného výsledku
* Součástí výsledku objevu transkriptu je kopie referenčního genomu včetně nového transkriptu a genových anotací
* To lze nyní použít jako společnou referenci pro měření genové exprese pomocí stávajícího nástroje RNA-seq na pracovním stole

Pokud jste sekvenovali několik vzorků, které je třeba porovnat, doporučujeme použít Čtení ze všech vzorků pro mapování velkých mezer a následné objevení transkriptu. Tímto způsobem můžete vytvořit společnou sadu referenčních transkriptů a genů, která umožňuje porovnávat úrovně genové exprese napříč vzorky (pomocí nástroje RNA-seq v CLC Genomics Workbench). Počáteční mapování Čtení vytvořené mapovačem velkých mezer se pak již nepoužívá a lze jej smazat, pokud •^přejete mít možnost vrátit se zpět a znovu zkontrolovat základ predik< © chatujte s odborníkem

Podívejte se na blog s tímto pluginem

([https://digitalinsights.qiagen.com/news/blog/discovery/transcript-discovery-using-clc-genomics- workbench/](https://digitalinsights.qiagen.com/news/blog/discovery/transcript-discovery-using-clc-genomics-workbench/))

**\z**

Často vydáváme aktualizace a vylepšení, jako jsou opravy chyb nebo nové funkce. Chcete-li získat úplný přehled, navštivte stránku Nejnovější vylepšení (/transcript-discovery-latest-improvements/).

Stahování souborů



Manuál(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/transcriptdiscovery/current/index.php>? plu9’nu manuaMntroduction.html)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/transcriptdiscovery/current/User_Manual.pdf>)

Plugin

ke

stažení

Server

Plugin

ke

stažení

O CHATUJTE S ODBORNÍKEM

Vektorový import NTI

Zásuvný modul Vector NTI Import poskytuje starší funkce pro import sekvencí DNA, RNA a proteinů z databáze Vector NTI. Tyto nástroje budou vyřazeny v budoucí aktualizaci softwarové řady CLC.

**Stahování souborů**



Manuál(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/vectorNTI/current/index.php>? pluginu rnanua|=|ntroduction.html)

(<https://resources.qiagenbioinformatics.com/manuals/vectorNTI/current/User_Manual.pdf>)

Plugin ke

stažení