

ATGC-MAC Ver.8 Macintosh 版

シーケンスアセンブリソフトウェア

シーケンスアセンブリソフトウェア ATGC-MAC は大量のフラグメントの結合処理を高速に行い、波形の信頼度を考慮してコンセンサス配列の決定をするソフトウェアです。

次世代シーケンサーのデータにも対応しており、ゲノムマッピング、De novo Assembly 等の解析をご利用いただけます。

◆ macOS Monterey 対応

◆ 次世代シーケンサー対応機能

高速化 ATGC-MAC Ver. 7 と比較して

● ゲノムマッピング (高速化)

約 10 倍 (当社比)

次世代シーケンサーからの断片配列 (FASTA、FASTQ、FNA / QUAL、CSFASTA) を既知のゲノム配列 (参照配列) にマッピングします。

● トリミング機能

入力した配列に対してアダプター配列や低クオリティ領域を切り取るトリミング処理を行い新しいファイルに出力します。

● SNP 検出機能 ▲

マッピング結果から SNP の検出を行います。PCR 重複除去、Realignment およびフィルタ処理を行うことができます。結果は VCF ファイルとして出力することができます。

● ゲノム種比較 (微生物) ▲

Tetra Nucleotide 頻度および ANI (Average Nucleotide Identity) 値を算出して微生物ゲノム間の比較を行います。

● SAM / BAM インポート

マッピング等の解析で一般的に使われる SAM / BAM 形式のファイルを読み込んで、ゲノムマッピングの結果と同時に表示します。

● 変異表

ゲノムマッピングによって得られたコンセンサス配列と参照配列を比較して、その変異を一覧表示します。変異表は印刷や CSV 形式のファイルで出力できます。

● de novo Assembly

MIRA ▲ を使用して、次世代シーケンサーから出力された断片配列の de novo Assembly を行います。

● クオリティチェック機能

マッピングやアセンブルなどの解析を行う前にシーケンサーから出力された配列の質 (クオリティスコア、塩基組成、配列長、重複 など) を調査します。

● 発現量解析機能 ▲

マッピングの結果を元に発現量解析を行います。

● 配列組成表示機能

任意の範囲を指定してマッピングされた配列の組成を計算して出力します。

● 解析履歴機能

過去に行った解析の結果と条件を表示できます。

◆ シーケンサー出力のアセンブル

● 配列・波形同時表示機能

同一画面上に配列ファイルと波形ファイルを表示が可能になりました。

● ベクター配列のトリミング

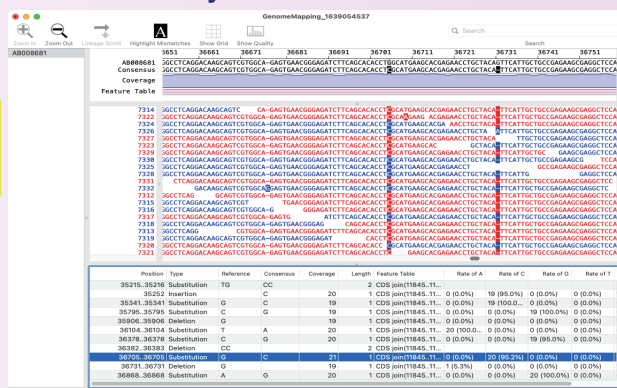
ベクター配列を検索して、断片配列を読み込む際にその部分を取り除きます。目的の塩基配列のみをアセンブルすることができます。

● アミノ酸翻訳表示

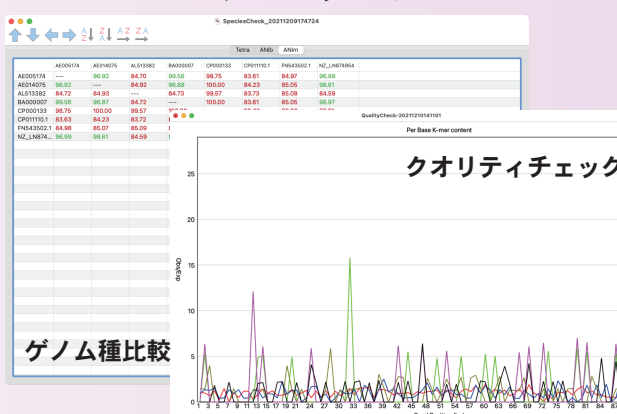
コンセンサス配列からアミノ酸へ翻訳して、コンセンサス配列と同時に表示できます。

● プロジェクトファイル形式の共通化

ATGC-MAC で作成したプロジェクトファイルを ATGC で開けるようになりました。また、その逆も可能です。

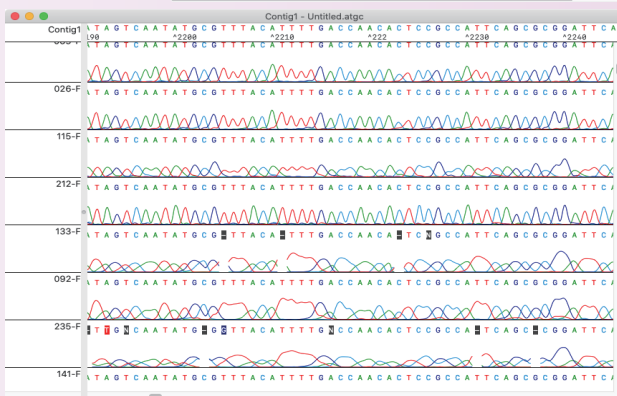


ゲノムマッピング



クオリティチェック

ゲノム種比較



配列・波形同時表示

■ 動作環境

対応機種 : macOS Catalina 以上が動作する機種
対応 OS : macOS Catalina 以上
メモリ : 4GB 以上 (8GB 以上を推奨)
ストレージ容量 : 20GB 以上の空き容量
ハードウェア : 光学ドライブ (インストール時に利用します。)
その他 : 本製品のインストールはインターネットによるライセンス認証が必要

* 会社名・製品名は各社の商標または登録商標です。
* 記載事項は機能改良のため予告なく変更することがあります。

●印は Ver.8 で機能アップされた項目です。▲印は 別途ダウンロードが必要です。

GENETYX URL <https://www.genetyx.co.jp/>

株式会社 ゼネティックス

本社 〒150-0002 東京都渋谷区渋谷3丁目8番12号 TEL 03(3406)3241(大代表)
E-mail: eigyou@genetyx.co.jp FAX 03(3406)4881
大阪支店 〒532-0011 大阪市淀川区西中島6丁目7番8号 TEL 06(6304)2371(大代表)
E-mail: osaka@genetyx.co.jp FAX 06(6304)1086

取扱店