



# ATGC Ver.12 Windows 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 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。

### ◆ 次世代シーケンサー対応機能 (NGS)

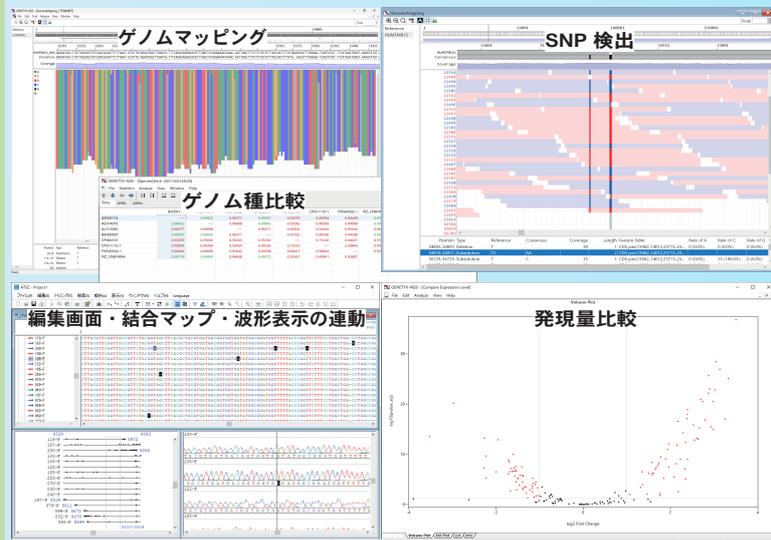
- **メタゲノム解析 (QIIME 2, PICRUST 2) ▲**  
次世代シーケンスで得られた 16S rRNA データから、菌叢の遺伝子機能を予測および  $\alpha \cdot \beta$  多様性解析を行います。
- **ゲノムマッピング解析結果のアウトライン表示**  
マッピング結果をカバレッジで簡易表示して負荷を軽減します。低倍率時には組成表示が可能です。
- **De novo Assembly MEGAHIT ▲**  
MEGAHIT を使用して、次世代シーケンサーから出力された微生物に由来する断片配列の De novo Assembly を行います。
- **解析のバックグラウンド実行**  
一部の解析は予約リストに追加し、ソフトウェアの使用中に順次実行できます。  
解析処理中に他の解析結果の閲覧を行うことができます。
- **ゲノムマッピング (高速化)**  
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。
- **Magic-BLAST 検索 ▲**  
ゲノムやトランスクリプトーム全体に対して NGS シーケンスデータをマッピングします。RNA-seq のマッピングにも対応しています。
- **BAM ファイル指定発現量解析 ▲**  
入力元として BAM/SAM ファイルを直接指定して発現量解析を行います。
- **発現量比較 ▲**  
マッピング結果から作成したカウントデータから、DESeq2 パッケージを利用して二群間比較を行います。
- **De novo Assembly MIRA ▲**  
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。
- **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。
- **アミノ酸翻訳変異解析**  
マッピング結果より、変異がアミノ酸翻訳に与える影響を解析します。
- **数値指定で範囲選択・移動**  
任意の数値を指定し、指定した範囲を選択・移動が可能になりました。
- **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。
- **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。
- **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 (ATGC)

- **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。
- **コンティグ全体の波形印刷**  
アライメントした状態での断片配列の波形データをコンティグ全体にわたって印刷できます。
- **ファイル読み込み方法の追加 (CEP)**  
CEP ファイルを読み込み、アセンブリを ATGC ファイルとして開いたり、保存したりできるようになりました。
- **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 で作成したプロジェクトファイルを ATGC-MAC で開けるようになりました。また、その逆も可能です。



※ Windows 版の旧バージョンで作成したプロジェクトファイルは Windows 版のみ対応  
Macintosh 版の旧バージョンで作成したプロジェクトファイルは Macintosh 版のみ対応



**動作環境**

- 対応 OS : Microsoft Windows 11 が動作する機種 (Arm 版一部対応不可)
- CPU : Microsoft Windows 11 (Arm 版一部対応不可)
- メモリ : 8GB 以上 (推奨 16GB 以上)
- ストレージ容量 : 20GB 以上の空き容量
- その他 : 本製品のご使用にはインターネットによるライセンス認証が必要  
: DVDディスクを利用の場合は光学ドライブが必要 (ダウンロード版も利用可能)

- 印は Ver.12 で新規追加された機能です。
- ▲印は 別途ダウンロードが必要です。

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



\*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。

## 株式会社 日本サーバ

本社 〒150-0002 東京都渋谷区渋谷3丁目8番12号  
E-mail: eigyou@genetyx.co.jp  
大阪オフィス 〒532-0011 大阪市淀川区西中島6丁目7番8号  
E-mail: osaka@genetyx.co.jp

取扱店