

ATGC-MAC Ver.10 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 Tahoe 対応

◆ 次世代シーケンサー対応機能

● 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 α ・ β 多様性解析を行います。

● プロジェクトファイル保存・読込の高速化

並列化及び最適化を行いプロジェクトファイルの保存・読込処理高速化しました。

● 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, CSFANG) 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。

● 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。

● 発現量比較機能 ▲

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 MEGAHIT ▲

MEGAHIT ▲ 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。

● 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。

● 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。

◆ 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

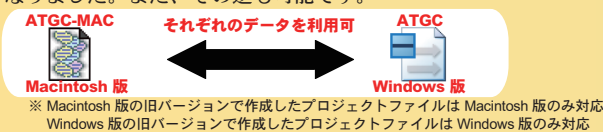
ベクター配列を検索して、断片配列を読み込む際にその部分を取り除きます。目的の塩基配列のみをアセンブルすることができます。

● 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。

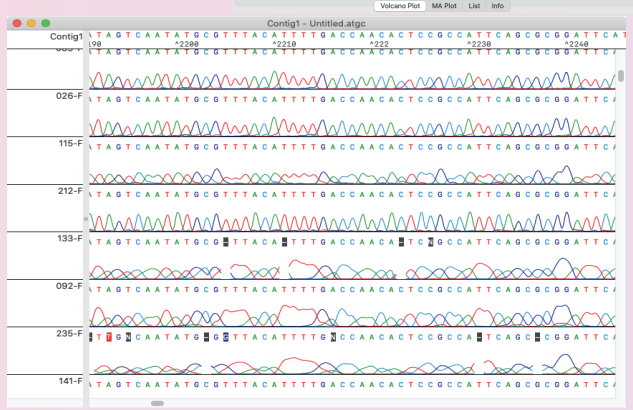
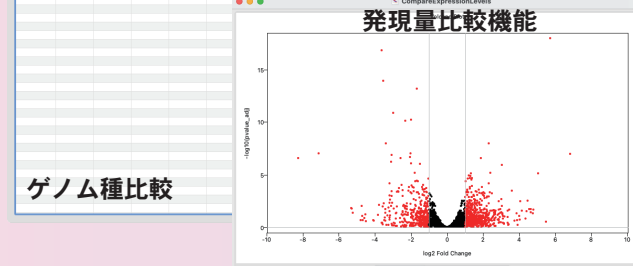
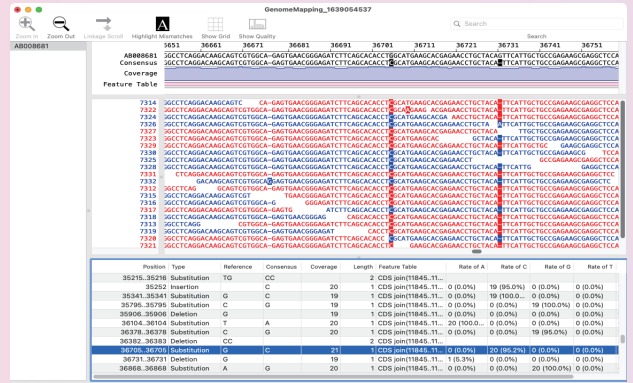
● プロジェクトファイル形式の共通化

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。



●印は Ver.10 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/>



動作環境	
対応機種	: macOS Ventura 以上が動作する機種 ※Apple Silicon 搭載 Mac では Rosetta2が必要
対応 OS	: macOS Ventura 以上
メモリ	: 8GB 以上 (16GB 以上を推奨)
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ディスクをご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)

*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