

## ソフトウェアの試用

IMC は 2 週間の試用が可能です。これを利用して、IMC をインストールする予定の PC や Mac 上で IMC が実際に動作するか、またディスプレイのサイズやメモリーサイズなどに不足がないかをご確認ください。

試用方法はまず、以下のサイトにアクセスし、利用予定の IMC のエディションおよび Windows か Mac の別に対応するインストーラをダウンロードします。ダウンロードが正常に完了したら、インストール手順に従って、IMC ソフトウェアのインストールを行います。

[http://www.insilicobiology.co.jp/Pages/Products/Products\\_Download.html](http://www.insilicobiology.co.jp/Pages/Products/Products_Download.html)

インストールが正常に終了したら、試用ライセンスをメールでインシリコバイオロジー社に請求してください。

email: [license@insilicobiology.co.jp](mailto:license@insilicobiology.co.jp)

## ご注文

ご注文は、注文書に記入の上、Fax か、電子メールで同様の内容をお送りください。注文書は弊社 HP よりダウンロードできます。代理店経由のご注文の場合は、代理店にお送りください。

FAX: 045-222-0434

Email: [info@insilicobiology.co.jp](mailto:info@insilicobiology.co.jp)

## 謝辞

このソフトウェアは国立大学法人奈良先端科学技術大学院大学の小笠原直毅教授、金谷重彦教授と東京工業大学の黒川顕教授の協力の下に開発されたものです。

また、他にも多数の分子生物研究者のご意見、ご助言をいただいで開発されています。

## 開発・総販売元：インシリコバイオロジー株式会社

### 取扱代理店

〒 231-0023  
横浜市中区山下町 2 4 番地 8  
SOHO STATION 706 号  
電話 045(222)0343  
FAX: 045(222)0434  
Email: [info@insilicobiology.co.jp](mailto:info@insilicobiology.co.jp)  
URL: <http://www.insilicobiology.co.jp/>

IMC\_BR4.1\_16P\_A4(A3)\_20100603\_JP

Last Modified Date: 20100608

Print Date: 20100609

## 価格表

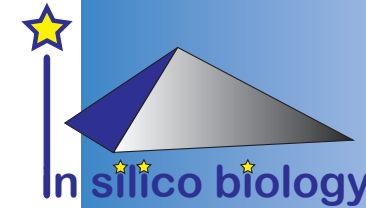
ISB 価格表（兼注文書）をご覧ください。2010 年 8 月 1 日から価格改訂されます。

## 今後の開発予定

- ・ドラッグアンドドロップ操作の拡大
- ・エクソン・イントロンエディター

## ソフトウェア動作環境

OS: Windows XP/Vista/7 および Mac OS X  
 必要 Memory 容量: 最低 256MB  
 推奨: 微生物ゲノム 512MB 以上  
 推奨: 真核生物ゲノム 1024MB 以上  
 必要ディスク容量: 最低 2GB (データに依存)  
 ディスプレイサイズ (単位ピクセル)  
 推奨 スタンダード版 1000W X 800H  
 ゲノミクス/パ版 1000W X 800H  
 アレイ版 1200W X 1000H  
 周辺機器: 2 ボタンマウス、USB ポート  
 必要ソフトウェア環境:  
 Java Run Time Environment Version 1.6



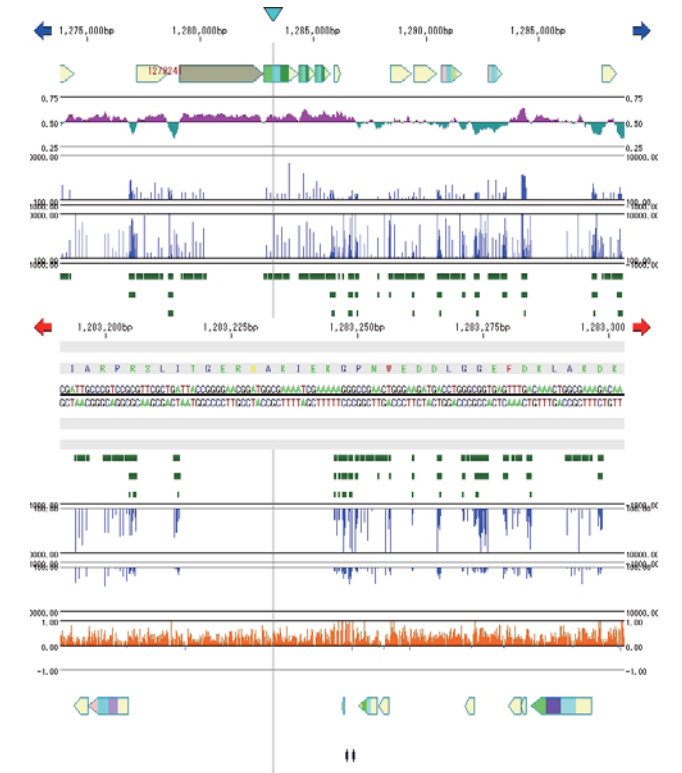
# in silico Molecular Cloning クローニングからアレイ解析まで

Ver. 4.1 Windows 7/Mac OS X.6 対応

## 多機能、低価格、新時代の配列解析ソフトウェア

### 最新追加機能 (Page-3-4 参照)

- 注釈付きゲノム塩基配列からパスウェイを描画
- ボタンツール表示・非表示のユーザ設定
- SNP フィーチャーの描画と変異塩基の明示
- 核酸配列・アミノ酸配列のカラー表記
- DNA 配列末端のリン酸化・脱リン酸化の明示
- アノテーションサーバによる真核生物ゲノムアノテーション
- 自動アノテーション機能
- 検索結果からのアノテーションウィンドウ直接起動
- 複数配列に対するグローバル検索
- BED 形式ファイルのインポート
- アミノ酸配列マッピング
- フィーチャーレイアウトスタイルの実装 (右図)
- 制限酵素レーン
- フィーチャーのバック配置
- フィーチャーマップの自由配置
- アミノ酸配列ファイルの読み込みとフィーチャーマップ表示
- アミノ酸プロファイルの印刷
- アノテーションウィンドウの大幅機能向上
- 大量プライマー設定ツール
- 次世代シーケンサマッピング結果のインポート
- コンテンツマップ機能の拡充



### linux アノテーションサーバ販売開始

IMC から直接各種遺伝子解析ソフトウェアを起動し、真核生物の自動アノテーションが可能となりました。

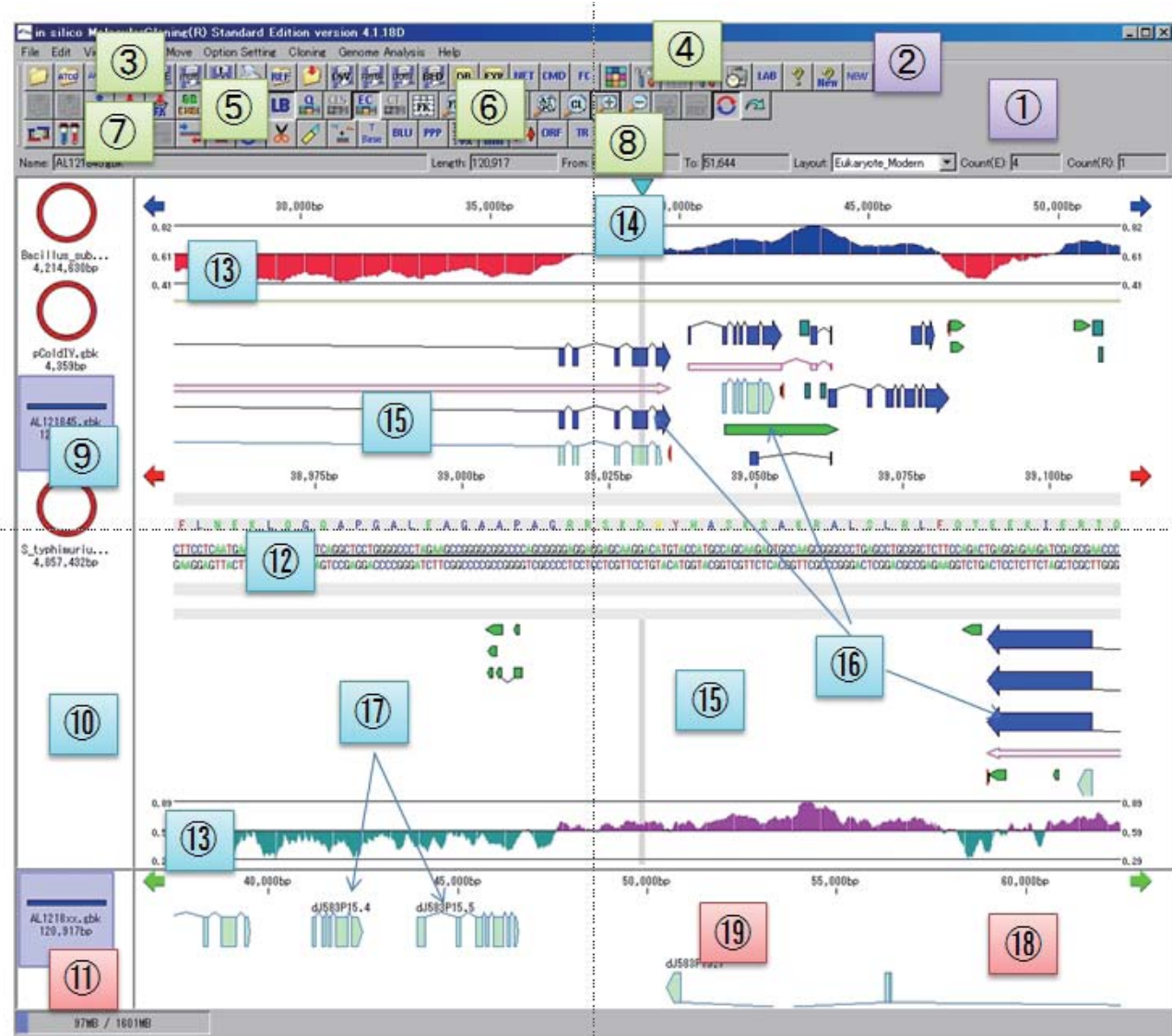


従来から定評のある遺伝子予測ソフトウェアの多くは、Linux 上でのみ動作するものが多く、Linux マシン上にそれらをインストールするには、コンパイル作業などが必要となり、Windows の利用者には利用しにくい状況となっていました。インシリコバイオロジー社では、小型プレインストール型サーバである Snow Leopard Server 上にこれらのソフトウェアをインストールして、アノテーションサーバとして提供するサービスを開始しました。

### in silico MolecularCloning の基本機能

- NCBI Blast や LAST による相同性検索が簡単に実行可能
- PCR Primer の管理に新アイデア
- 注釈情報を保持したまま、クローニング操作ができます
- 塩基配列やアミノ酸配列解析ができます
- 遺伝子地図やプラスミドマップが簡単に描け、印刷できます
- フィーチャーマップを自分用にカスタマイズする機能が豊富です
- アノテーションが容易に実行できます
- cDNA, SNPs, ABI ファイルなどをゲノム上にマッピング
- 比較ゲノム解析機能が豊富
- ゲノムレベルのタイリングアレイ解析が可能です

## IMC メインウィンドウの概観



- ① メインウィンドウ
- ② メニューバー
- ③ ファイル操作ボタン群
- ④ オプション設定等ボタン群
- ⑤ フィーチャー操作ボタン群
- ⑥ 検索操作ボタン群
- ⑦ クローニング処理ボタン群
- ⑧ 配列解析ボタン群
- ⑨ 表示・編集集中 DNA アイコン
- ⑩ 反応チューブ (編集 DNA のリスト表示領域)
- ⑪ 参照チューブ (参照 DNA のリスト表示領域)
- ⑫ 塩基配列表示レーン
- ⑬ 組成プロファイルレーン
- ⑭ 線カーソル (マップ・塩基配列対応)
- ⑮ フィーチャーレーン
- ⑯ フィーチャー

- ⑰ フィーチャーラベル
- ⑱ 参照 DNA マップ
- ⑲ 参照 DNA フィーチャー

### IMC のウィンドウ構成

IMC ではこのメインウィンドウから起動される多くの補助ウィンドウやダイアログがあります。フィーチャーマップ上では、マウスを使って、更に多くの操作が可能です。多くのウィンドウはリサイズ可能で、使用しているディスプレイの大きさに合わせることが可能です。

表示するフィーチャーは DDBJ/EMBL/GenBank の国際規約にのっとりすべてのフィーチャーキーをそれぞれ異なる形状、カラー、ラベルなどで表示できます。さらに、利用者独自のフィーチャーキーの登録や表示も可能となっています。フィーチャーマップと参照 DNA マップは相同なフィーチャー間でリンクをとることができ、それらをマップ上でアラインメントすることができます。

## 多くの機能がユーザカスタマイズ可能に

オプション設定ウィンドウからは 26 種類の異なるパラメータ設定ペインが用意されており、ほとんどすべて機能がユーザが独自の設定ができるようになっています。たとえば、遺伝子の蛋白質コーディング領域を示す CDS フィーチャーの形状や、表示カラー、付加するラベル、表示する位置などを自由に変更できます。

- ・ Feature マップ操作表示・操作パラメータ設定
- ・ アレイマップ操作・表示パラメータ設定
- ・ プラスミドマップ描画パラメータ設定
- ・ コンテントマップ描画パラメータ設定
- ・ 参照 DNA マップ操作・表示パラメータ設定
- ・ ディレクトリ・フォルダー指定パラメータ設定
- ・ 外部ソフトウェア登録設定
- ・ 機能による Feature カラー分類用パラメータ設定
- ・ EC 番号による Feature カラー分類用パラメータ設定
- ・ 注釈段階による Feature カラー分類用パラメータ設定
- ・ BLAST 検索結果カラー分類表示用パラメータ設定
- ・ Qualifier 除去指定パラメータ設定
- ・ CSV 形式ファイル出力パラメータ設定
- ・ GenBank 圧縮ファイル Lineage 展開パラメータ設定
- ・ クローニング操作パラメータ設定
- ・ ゲノム解析用パラメータ設定
- ・ ホモロジー検索用パラメータ設定
- ・ 反復配列探索用パラメータ設定
- ・ 注釈自動転記用パラメータ設定
- ・ アミノ酸プロファイル解析用パラメータ設定
- ・ PCR プライマー設計用パラメータ設定
- ・ ブロクシーサーバ設定用パラメータ設定
- ・ ラボノート操作作用パラメータ設定
- ・ 配列ビューア操作作用パラメータ設定
- ・ Description Window 用操作作用パラメータ設定
- ・ 基本環境設定

### カスタマイズ結果 (オプション設定ファイル) の受け渡し

IMC の多彩なカスタマイズ設定を、他の利用者に簡単に提供・移転できるようになりました。

IMC のカスタマイズ結果は、option.dat というオプション設定ファイルに保存されていますが、このファイルを別名で保存したり、読み込んだりすることが可能となりました。

このオプション設定ファイルを、他の IMC 利用者に受け渡すことにより、その利用者が同じカスタマイズ結果を共有できます。

## 浮動ライセンスのお勧め

インシリコバイオロジー社のソフトウェア製品の起動には、製品使用ライセンスが必要となります。製品使用ライセンスには、使用機器が 1 台に限定 (固定) される「機器固定ライセンス」と、ライセンスの移動がいつでも自由に行える「浮動 (ドングル) ライセンス」の 2 種類があります。浮動ライセンスへの切替により、自宅と大学の両方で IMC を使われる場合でも 1 つのライセンスで OK です。Mac と Windows の両方にインストールしておき、好きな方を交互に使うことも可能です。

ドングルは USB メモリーのような形状をもち、PC や Mac の USB ソケットに差し込んで使用します。下の写真は、インシリコバイオロジー社が採用しているドングル (SafeNet Sentinel Hardware Key) の概観です。浮動ライセンスでは、このドングルをライセンス認証機器として使用します

下の写真は、ドングルを PC に差し込んだ状態です。正常に動作している時は、LED が点灯します



### 浮動 (ドングル) ライセンス使用のメリット

- ・ 頻繁なライセンス移動に便利です
- ・ 一時的に使用する機器でもすぐに移動できます
- ・ 保守期間が超過していても、ライセンスを移動できます
- ・ 参考: 固定ライセンスの場合は、保守期間超過後のライセンス移動はできません。固定ライセンス保守期間中は、手続きをすれば移動が可能です

### 浮動 (ドングル) ライセンス使用のデメリット

- ・ ソフトウェア使用中は USB ソケットを占有します
- ・ 認証対象ソフトウェア使用時には常にドングルの携帯が必要で

### 固定ライセンスから浮動ライセンスの切替

- ・ ライセンスの切替え料金が必要です。

## 機能一覧 (その他)

### 各種設定およびユーティリティ

最新 Version 確認・ダウンロード・インストール

IMC の毎起動時に最新版の有無を自動確認し、もし最新版がリリースされていれば、自動ダウンロード、自動インストールを実行できます。

これ以外に任意の時点で手動確認、ダウンロード・インストールが可能です。

関連サイトの登録・簡易接続機能

各種バイオデータサイトなどを登録しておき、ワンクリックでアクセスできます。

旧形式注釈付塩基配列ファイルのチェック機能

GenBank/EMBL 圧縮形式ファイルの生物系統樹式展開機能

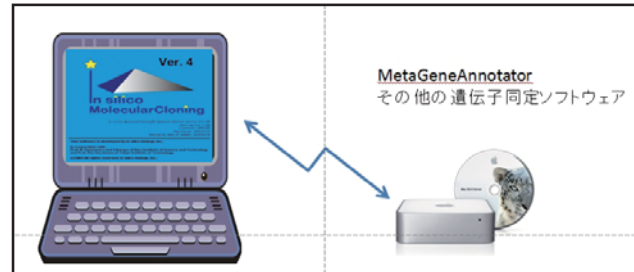
gz 圧縮 Multiple GenBank ファイルの展開

各エントリーの生物種名からツリー状のフォルダー生成・格納

## 関連ソフト、関連機器

### 外部アノテーションサーバの利用

ローカルネットワークにある Linux サーバ上の遺伝子同定ソフトウェアを直接起動し、また結果をインポートし、フィーチャーとして自動的に登録する機能です。



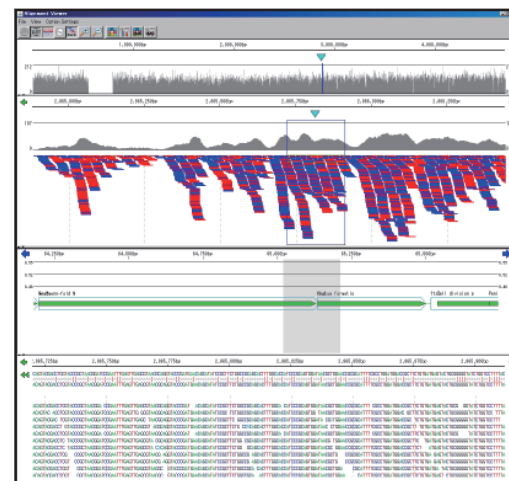
遺伝子同定ソフトウェアは、Unix/Linux 上でのみ動作するものが多く、Unix/Linux マシン上へのインストール作業が専門的となるため、せっかくのソフトウェア資源を利用し難い状態でしたが、この機能により、Windows や Mac の利用者にも、定評のある遺伝子解析ソフトウェアを起動し、その結果を利用することができるようになりました。

インシリコバイオロジー社では、現在 Mac の Snow Leopard Server 上に、これらのソフトウェアをインストールするサービスの提供を開始しています。

## GenomeTraveler による IMC Feature

### Map の表示

GenomeTraveler (2010 年 3 月に販売開始) からの IMC 機能の呼び出しができるようになりました。



GenomeTraveler は、次世代シーケンサのマッピングを実行し、その結果を描画するソフトウェアです。

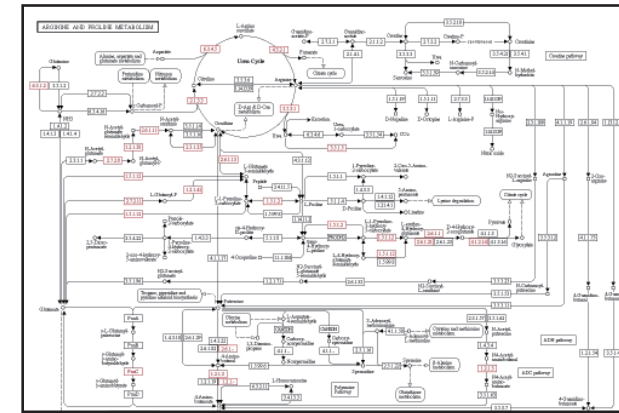
GenomeTraveler からは、IMC の多様なフィーチャー描画機能呼び出すことができるため、次世代シーケンサの出力をゲノム位置特異的な注釈情報と対比して、グラフィカルに表示することが可能です。

## 最新追加機能

### 最新追加機能

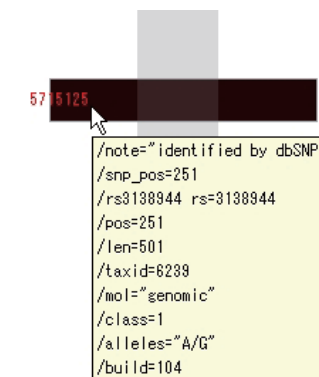
注釈付きゲノム配列から関連するパスウェイを簡単に表示

KEGG Pathway API との連携で、注釈付き塩基配列ファイルから関連するパスウェイリストを表示し、さらにインターネット経由で、KEGG Pathway を表示します。EC\_number が付いていることが必要です。



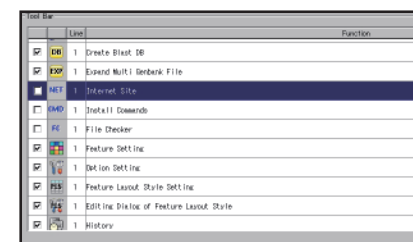
SNP フィーチャー表示の改良

JSNP や dbSNP などのインポートおよびフィーチャー自動登録機能に加えて、そのフィーチャー表示が大変判り易くなりました。変異箇所の塩基も明示します。



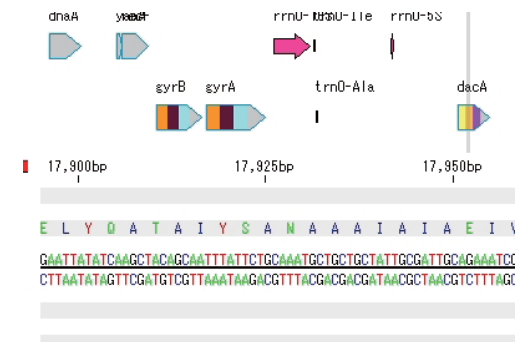
ツールボタンの表示・非表示のカスタマイズ

従来はツールボックスの各種ボタンは全部表示あるいは全部非表示のいずれかのみ指定可能でしたが、ボタンを個別に表示・非表示切替えができるようになりました。これにより常に使用するボタンのみをツールボックス上に表示できます。



配列のカラー表示

メインフィーチャーウィンドウやアノテーションウィンドウにおける塩基配列やアミノ酸配列の表示がカラーとなりました。割り当てる色もオプション設定で変更可能です。



DNA の一方の末端だけの脱リン酸化機能

従来の脱リン酸化機能は、直鎖状 DNA 配列の両端を同時にリン酸化・脱リン酸化するものでしたが、この改良で片側の末端のみを脱リン酸化し、ライゲーションを妨げることで、直鎖状のライゲーション産物を生成し易くなりました。

1st	2nd	Name	Length	5' End Type	3' End Type
○	○	Bsub_50kbLinear-Bsub80K-C1-out-0...	64105	HO-ATCTTTT TAGAAAA	AAGCACT TTTCTGA-PPP
○	○	Expressoin_vector_pColdIV.gbk	4959	AAGCAATG TTCTTAC	GCGCGCG CGCGCGC
○	○	Expressoin_vector_pColdIV-BamHI...	4983	PPP-GATCCGA CTAGGCTT	GAGGATC CTCCCTAG-OH

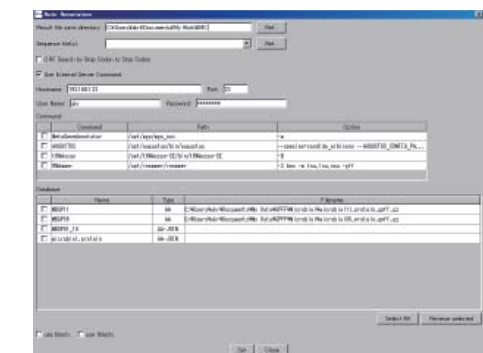
また、リン酸化・脱リン酸化末端の表示を判り易くしました。

外部アノテーションサーバ機能

ローカルネットワーク上に設置された Linux サーバ上の遺伝子同定ソフトウェアを直接起動し、フィーチャーとして自動的に登録する機能です。下記機能と併せて、真核生物のアノテーションに有用です。

自動アノテーション機能

Version 4.1 から実装された機能です。複数のコンティグ配列からなるマルチプル FastA 形式ファイルを入力し、参照するデータベースを指定するだけで、アノテーションが付加された GenBank/EMBL 形式ファイルが得られます。



## 最新追加機能

### 検索結果からのアノテーションウィンドウ直接起動

Feature Key 検索、キーワード検索などの検索結果から直接アノテーションウィンドウとデスクリプションウィンドウなどを起動できるようになりました。

### 複数配列に対するグローバル検索機能

Version 4 からの機能です。以下の検索機能について、反応チューブ (旧名: 編集プール) に読み込まれている配列の中で任意に選択された複数の配列に対する検索が可能となりました。

- ・ Feature Key 検索
- ・ キーワード検索
- ・ 配列パターン検索
- ・ Classification 検索
- ・ 入力クエリーによるホモロジー検索
- ・ バッチホモロジー検索

### BED 形式ファイルのインポート・エクスポート機能

UCSC ゲノムブラウザーで使用されている BED 形式ファイルの利用が簡単になりました。これにより、さまざまなソフトウェアとの互換性が向上しています。

### アミノ酸配列マッピング機能

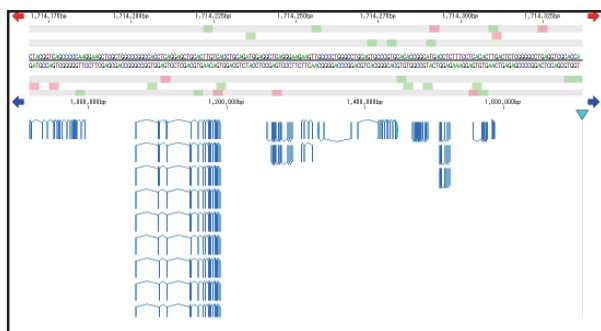
複数のアミノ酸配列を、カレントフィーチャーマップ上の配列にマッピングし、それらを新規フィーチャーとして登録可能となりました。フィーチャーへの連番付加も可能です。

### 制限酵素マップのレーン化

従来は、別ウィンドウ上に独立して描画されていた制限酵素地図をフィーチャーレイアウトスタイルのレーンとして、いくつでも任意の位置に配置できるようになりました。

### バック配置機能

従来のフレーム別、ストランド別のフィーチャー配置方法に加え、バック配置が可能となりました。バック配置とは、フィーチャーを重ね合わせず、できるだけ調密に1つのレーン上に配置する方法です。



### フィーチャーマップの自由な配置

従来は、塩基配列やアミノ酸配列の表示行、コンテンツマップの表示位置、およびフィーチャーマップの表示位置がこの順序で固定さ

れていました。Version 4 からは、利用者が任意の位置にそれらの描画位置 (レーン) を指定できるようになりました。

### フィーチャーレイアウトスタイル (FLS) の継承、転記

Version 4 からはフィーチャーレイアウト方法は、option.dat ではなく、それぞれの GenBank/EMBL 形式ファイル上に記録されます。それぞれのファイル情報に適したフィーチャー配置方法を一度設定すると、読み込む度にその設定が適用されるの、いちいち FLS を設定する必要はありません。また、この FLS の設定は、デフォルトとして登録したり、複数の FLS を登録しておき、ファイル毎にそれを適用することができます。

### アミノ酸配列ファイル (GPFF) の読込と表示

GenPept 形式で記述されたアミノ酸配列ファイルを読み込み、アミノ酸フィーチャーのグラフィック表示と編集、アノテーションが可能となりました。

### アミノ酸プロファイルの印刷期機能追加

アミノ酸プロファイルは従来表示する機能だけでしたが、印刷もできるようになりました。

### アノテーションウィンドウ機能の大幅改良

アノテーション対象フィーチャを全フィーチャーに拡大アノテーションウィンドウ内で全フィーチャを表示可能ウィンドウのリサイズにより、1 行の塩基数を自由に設定可能

### 大量プライマー設計機能の追加

従来は一度に一つの増幅領域を指定し、適当なプライマーを設計する機能だけでしたが、一度に複数の領域を増幅する大量プライマー設計ができるようになりました。

### 次世代シーケンサマッピング結果のインポート・表示機能

MGG (メタゲノムキャンブラー) でマッピングされた次世代シーケンサ配列のマッピングプロファイルを IMC にインポートし、アレイプロファイルと並行に表示できるようにまりました。また、SOLiD の GFF ファイルの取り込み、表示機能を追加しました。

### コンテンツマップの機能追加

コンテンツマップ表示領域に任意の数値列ファイルを読込、プロファイル表示ができるようになりました。

## 機能一覧 (アレイ版機能)

### タイリングアレイ機能

#### プローブ・マッピング機能

- Affymetrix 社製プローブ (BPMAP ファイル等) ・マッピング
- Nimblegen 社製プローブ (NDF ファイル) ・マッピング
- SLIM Search (別売) 使用による高速プローブ・マッピング

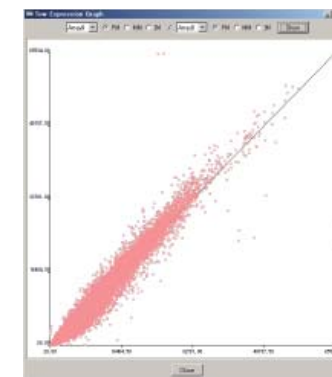


#### アレイファイルインポート

- Affymetrix 社 CEL ファイルインポート
- Nimblegen 社 PAIR ファイルインポート
- Agilent 社アレイファイル・マッピング
- CSV 形式ファイル発現データファイルインポート

#### アレイ内データ補正

- 発現強度値分布グラフ表示
- 発現強度値累積分布グラフ表示



#### PM - MM 変換

- 全域トリミング (順位、比率、発現強度)
- 塩基配列ウィンドウ内トリミング (順位、比率)
- プローブ数ウィンドウ内トリミング (順位、比率)
- 平均値・中央値移動

補正計算順序変更自由

補正計算セットのコピーアンドペースト

#### アレイ間データ補正・アレイ間演算

- アレイ間重み付け四則演算
- アレイ間平均値計算

#### 発現強度値プロファイル描画・印刷

- 同時並行表示プロファイル数無制限
- 逆相補鎖プロファイルの順鎖プロファイルへのオーバーレイ
- アブノーマル値プローブの可視化 (不可視化)
- フィーチャーマップとの連動ズーム・スクロール
- フィーチャーマップと並行して印刷 (PDF,EMF,PNG)
- 指定領域のカラー表示

#### エラープローブ検索・リスト表示機能

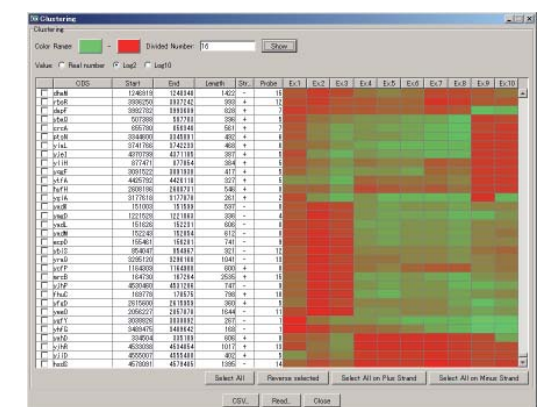
- エラープローブリスト表示機能
- エラープローブリスト CSV ファイル出力機能
- エラープローブからのフィーチャー、プロファイル移動機能

#### プローブレベルから遺伝子レベルへの発現強度値変換

遺伝子上や遺伝子間にあるプローブの発現強度をトリム集計

#### 遺伝子別及び遺伝子間別発現強度値クラスターリング

- 遺伝子上発現強度および遺伝子間発現強度でのクラスターリング
- 発現強度値の対数変換
- アレイ別遺伝子別発現強度マトリックスの描画



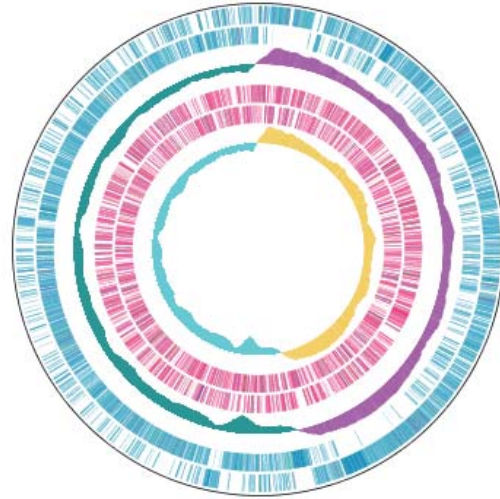
#### マトリックスのピクセル表示

- 発現強度段階の自動カラー設定
- クラスターリングツリーの描画
- マトリックスの印刷 (PDF,EMF,PNG)
- 結果の保存と再読込み

## 機能一覧 (ゲノクス版以上の機能)

同心円別の独立カラー設定

環状ゲノムマップの印刷 (PDF,EMF,PNG)



ゲノム再配置マップ (Genome Rearrangement Map)

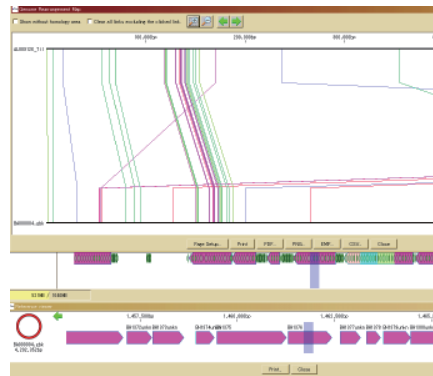
複数の染色体間の領域別塩基相同性によるマップ

複数の染色体間の領域別アミノ酸相同性によるマップ

解析結果の CSV ファイル出力

リンクのカラー設定

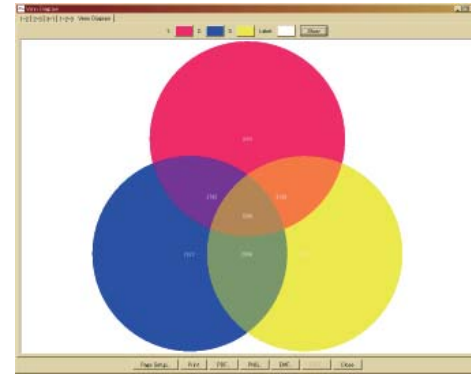
ゲノム間非同相領域の表示



フィーチャーマップ、レファレンスマップとの連動

ゲノム・リアレンジメント・マップの印刷 (PDF,EMF,PNG)

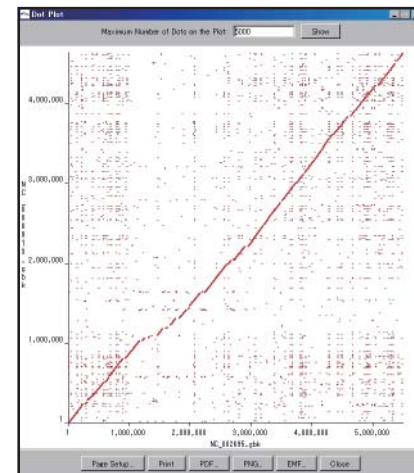
ベン図 (Venn Diagram)



3種のゲノム間のベンダイアグラム描画・印刷

ドットプロット (DotPlot)

BLAST 使用の DotPlot 作成



Sliding Window 方式使用の DotPlot 作成

DotPlot の印刷 (PDF,EMF,PNG)

ゲノム塩基配列上の反復配列の抽出

ゲノム塩基配列上の反復配列リスト表示

反復配列リストからのフィーチャーマップ移動操作

反復配列リストの CSV ファイル出力

ゲノム間非同相領域の抽出機能

## 機能一覧 (各エディション共通機能)

### 塩基配列ファイル操作機能

塩基配列ファイル読み込み

GenBank/EMBL 形式塩基配列ファイル

FastA 形式塩基配列ファイル

プレーンテキスト形式塩基配列ファイル

数字・空白文字を含む塩基配列ファイル

シーケンシングファイル (ABI/SCF 形式ファイル)

アミノ酸配列ファイルの読み込み

GenPept 形式アミノ酸配列ファイル

フィーチャーのファイル保存・書き出し

GenBank/EMBL 形式ファイル

FastA 形式ファイル

DDBJ 形式大量塩基配列登録ファイル

フィーチャーからの塩基配列ファイル作成

Multiple 形式ファイル出力機能

複数の GenBank 形式のファイルを結合して、1本の GenBank 形式ファイルを作成します。

### フィーチャー操作機能

Feature Fusion 機能

同一位置 (イントロンスプライシングサイトを含む) にある同一 Feature Key に属する Feature を 1個にまとめます。

Suppress Duplicated Qualifier 機能

Feature Fusion の結果などで、1個の Feature 内に同一の Qualifier=value があつた場合は、これを 1個にまとめます。

Feature Key 新規登録テンプレート機能

Feature Key を新規登録する場合に、既存の Feature Key をテンプレートとして利用できるようになりました。

フィーチャーへの連番 ID 登録機能

Feature インポート時や EST (cDNA) マッピング時に、locus\_id 等に指定プレフィックスと任意のケタ数の連番を付加することができます。

### フィーチャーマップ操作機能

各種ファイルからのフィーチャーの新規登録

CSV 形式のフィーチャーファイルから

BED 形式のフィーチャーファイルから

AUGUSTUS 遺伝子予測結果ファイルから

Glimmer 遺伝子同定結果ファイルから

GeneScan 遺伝子同定結果ファイルから

tRNAScan-SE 同定結果から

GenomeGAMBLER の遺伝子同定結果から

旧 XanaGenome の遺伝子同定結果から

GFF/GTF 形式のフィーチャー記述ファイルから

dbSNP/JSNP 形式ファイルから

Blast 検索結果ファイルから

複数染色体配列への GFF ファイルインポート機能

Multiple FastA 形式で書かれた複数染色体 (コンテック) 配列を含むゲノム塩基配列上に、Multiple GFF 形式でかかれた注釈を染色体別にインポートし、ゲノム位置に正確に登録します。

マウスによるフィーチャー操作機能

フィーチャー新規登録、変更、削除

フィーチャーの Qualifier 変更

フィーチャーへの文献ファイルの付加・閲覧

フィーチャーへの立体構造ファイルの付加・閲覧

フィーチャーの形状、カラー、描画位置変更

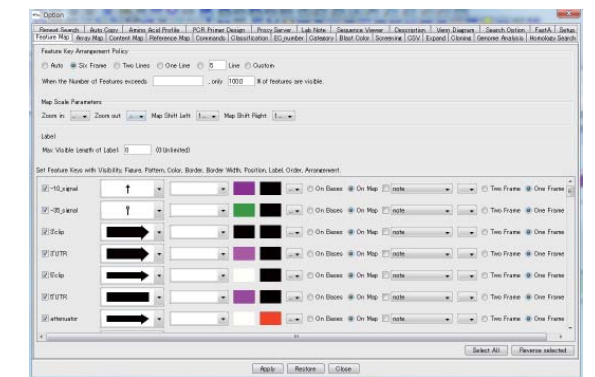
フィーチャーマップ描画・操作・印刷機能

ワイドレンジマップズーム・スクロール

ゲノム上の任意の位置表示機能

表示中フィーチャーマップの逆相補鎖変換機能 (注釈同期)

フィーチャーカラー表示



相同性スコア等によるカラー分類表示

カテゴリによるカラー分類表示

EC 番号によるカラー分類表示

任意の分類体系によるカラー分類表示

フィーチャーキー別のカラー表示

フィーチャーへのラベル表示

任意の Qualifier をラベルとして表示

任意のラベルを入力

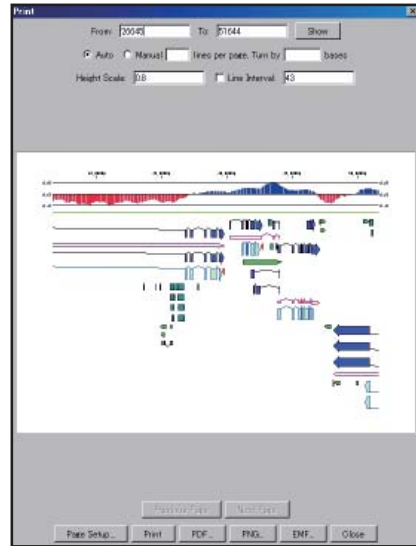
フィーチャーマップの印刷

直接印刷

## 機能一覧（各エディション共通機能）

画像ファイル出力（PDF, EMF, PNG から選択）

以下は印刷プレビューウィンドウ



### フィーチャー検索機能

- フィーチャーキー検索
- フィーチャーへの注釈検索
- キーワード検索（部分一致）
- カテゴリ検索
- EC 番号検索
- 任意の分類コード検索
- 操作履歴による検索
- 検索後ヒットした記述をもつフィーチャーのみ表示機能
- 同、ファイル出力機能

### フィーチャーレイアウトスタイル機能

IMC の利用者は、Version 3 までの固定化されたフィーチャーマップの要素を「レーン」として部品化し、それぞれのレーンをマップキャンパス上の任意の位置に置き、もっとも適したフィーチャーマップを描画・印刷できるようになりました。

常に使用するフィーチャーレイアウトスタイル（FLS）を登録することができます。

FLS 情報は、描画する元となった GenBank/EMBL 形式ファイル上に埋め込まれていますので、そのファイルを開くだけで複雑なフィーチャーマップを閲覧できるようになりました。

デフォルト FLS を変更可能です。デフォルト FLS とは、初めて IMC に読み込み、フィーチャーマップを表示する場合に適用される FLS です。たとえば、GenBank や EMBL などからダウンロードされた注釈付き配列ファイルを読み込んだ時に適用されるフィーチャーレイアウトスタイルは、デフォルトレイアウトスタイルが適用されます。

デフォルトレイアウトスタイルが指定されていない場合は、FLS の指定がない配列ファイルを読み込んだ場合は、自動設定レイアウト

が適用されます。

### 複数種類のプロファイル Lane の描画・印刷

Version 3 までは、1つの数値プロファイルを固定した位置に描画・印刷することだけが可能でしたが、Version 4 からは GC Content や GC Skew などのコンテンツプロファイルだけでなく、複数の異なる任意数値プロファイルを読み込んで、異なるカラーで表示できるようになりました。

これらの数値プロファイルは、カンマ区切りのテキストファイルとして読み込み、表示することができます。

### タイリングアレイプロファイルの Lane 設定数が無制限に

Version 3 までのタイリングアレイプロファイル Lane は、1～6個の Lane（行）の間で表示選択が可能でしたが、Version 4 からはこの制限がなくなりました。

Forward/Reverse/Both Strand のアレイプロファイル Lane（アレイ版のみ）を任意数分、表示・印刷できるようになりました。

これらの Lane には、タイリングアレイデータだけでなく、タイリングアレイデータを模した疑似アレイプロファイルデータ（Pseudo Array Profile Data）表示機能を利用して、さまざまなゲノム解析実験結果を並列に表示できるようになります。（アレイ版のみの機能）

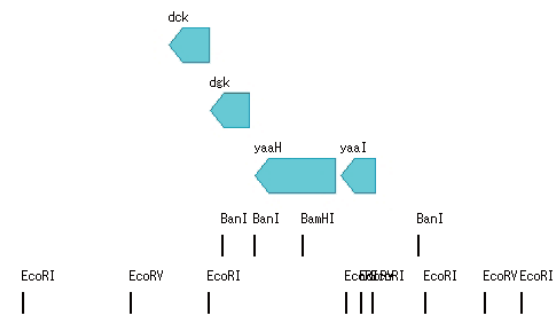
### パックレーン（Pack Lane）の指定可能

高密度な EST ライブラリをマッピングして生成されるフィーチャーなど、同一 Feature Key に属する多数のフィーチャーがマップ上に存在する場合は、1つの Lane 上に多数のフィーチャーを詰め込んで表示することが可能です。

UCSC BED 形式ファイルでインポートし、表示することも可能です（Version 4.0.12 から）。

### 制限酵素地図レーンの指定機能

制限酵素地図が、個々のレーンとして表示されます。1個の制限酵素レーンに複数の制限酵素の制限部位を描画することも可能です。

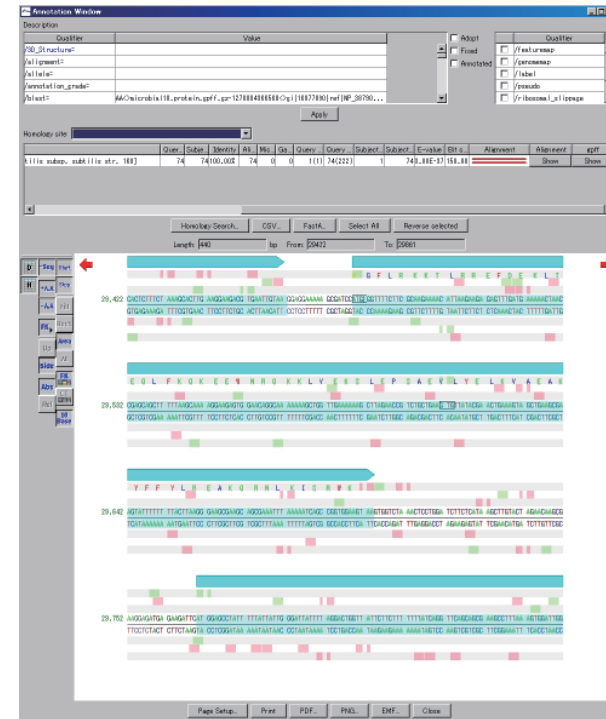


制限酵素地図は従来は別画面に表示されていましたが、Ver.4 からフィーチャーマップの中に描画する形式となりました。

### マウスドラッグでレーンの高さの変更が可能に

各 Lane の底辺の位置でカーソルが変化したら、マウスをドラッグすることにより Lane の高さを任意のピクセル数に設定することが可

## 機能一覧（ゲノクス版以上の機能）

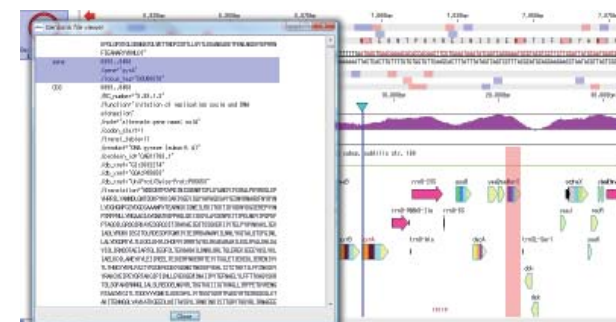


### Qualifier 値編集機能

- 任意の相溶性検索結果表示
- 相溶性検索結果から任意の Qualifier 値転記機能
- 配列表示カスタマイズ機能
- スタートコドン候補表示・変更機能
- 連動アミノ酸翻訳機能
- RBS(SD 配列) フィーチャー表示機能
- CDS 領域表示方法カスタマイズ機能

### GenBank/EMBL ファイルビューア機能

対フィーチャーマップ連動機能



### アノテーション整理機能

- 不必要 Qualifier 自動除去機能
- DBBJ 大量塩基配列登録用ファイル作成

### 自動アノテーション機能

全ゲノム領域自動ホモロジー検索

任意の指定領域自動ホモロジー検索機能

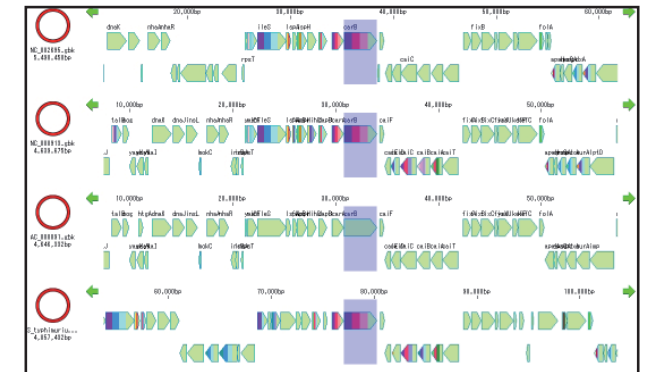
未検索フィーチャーのみの自動ホモロジー検索機能

指定 Qualifier の注釈自動転記機能

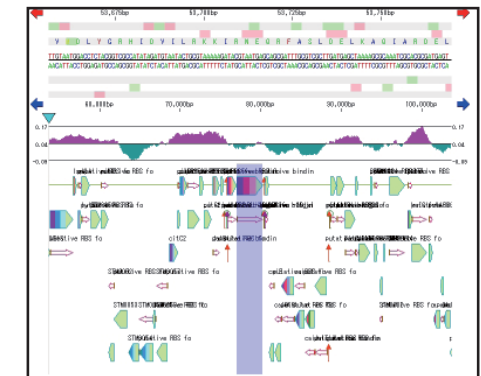
### 比較ゲノム機能

#### 多重参照ゲノムマップ

複数 DNA フィーチャーマップを異なるゲノム上のフィーチャー同士の相溶性でアラインメントすることが可能です。



このとき、メインフィーチャーマップ上のカレントゲノム上のフィーチャーも同様にアラインメントされます。



### 連動・非連動スクロール・ズーム機能

- フィーチャーマップとの間の相溶性検索
- 核酸配列相溶性検索およびアラインメント
- アミノ酸配列相溶性検索およびアラインメント
- 各ゲノム染色体表示行の移動機能
- 環状ゲノムマップの印刷（PDF, EMF, PNG）

### 環状ゲノムマップ

- 複数の注釈付染色体塩基配列の任意のフィーチャーを表示
- 複数の染色体塩基配列の任意のコンテンツ・スキューを表示
- フィーチャー・コンテンツ表示順序変更
- GenomeMap 表示指定フィーチャーのみの表示

## 機能一覧 (ゲノム版以上の機能)

### ゲノムマッピング機能

#### EST 塩基配列ファイルマッピング

真核生物の EST 塩基配列を参照ゲノム配列上にマッピングする機能です。エクソンとイントロンを自動的に描画します。マッピング時に自動登録されるフィーチャーに同一の頭文字列や連番を付加することができます。

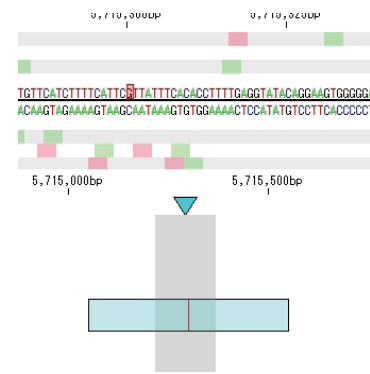
参照ゲノム塩基配列との不一致部分は、フィーチャー上にグラフィカルに明示されます。

#### 複数ゲノムへの EST 塩基配列自動マッピング

複数のゲノム染色体上への大量 cDNA 塩基配列ファイルのマッピング機能です。

#### SNP 塩基配列ファイルマッピング

多数の JSNP や dbSNP 塩基配列ファイルを参照ゲノム塩基配列上にマッピングし、注釈を転記、かつ変異塩基を判り易く表示します。

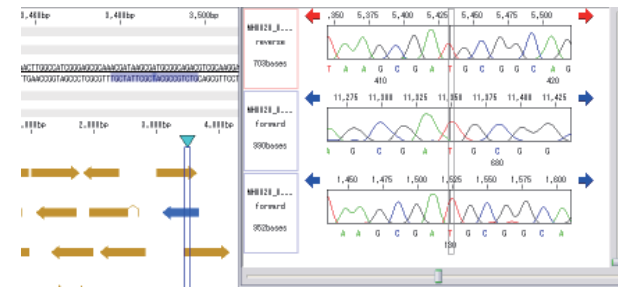


#### ABI/SCF ファイルのゲノム上へのマッピング

Feature Map に表示中のゲノム塩基配列上に、そのゲノムに由来する断片の ABI あるいは SCF 形式ファイル（複数指定可能）を、それぞれの配列が対応するゲノム位置にマッピングすることができます。SLIM Search(別売)を使用すると、大量の ABI あるいは SCF ファイルを短時間でマッピングすることができます。マッピング結果は新規のフィーチャーとしてゲノム塩基配列に登録することができます。

#### アミノ酸配列マッピング機能

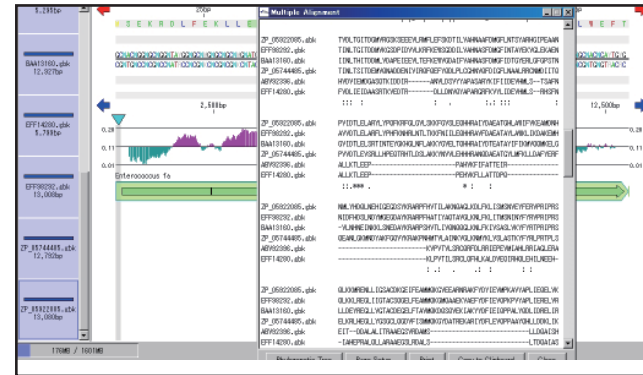
複数のアミノ酸配列を、カレントフィーチャーマップ上の配列にマッピングし、それらを新規フィーチャーとして登録可能となりました。フィーチャーへの連番付加も可能です。マッピング時に自動登録されるフィーチャーに同一の頭文字列や連番を付加することができます。



ゲノム上の同一位置にマッピングされた ABI/SCF ファイルの塩基配列は、マルチプルアラインメントを行うことができます。

### マルチプルアラインメント機能

複数のアミノ酸配列同士、あるいは核酸配列同士のマルチプルアラインメントを実行し、その結果を表示します。



また、その系統樹を描画、印刷できます。

### アノテーション機能

#### アノテーション用データベース作成機能

注釈転記用データベース作成

外部サーバでの相溶性検索実行用クエリー配列生成機能

外部サーバでの相溶性検索実行結果の自動リンク機能

#### アノテーションウィンドウ機能

任意のゲノム領域のアノテーションウィンドウを表示し、このウィンドウだけでアノテーションに必要なほとんどすべての操作が可能です。画面をスクロールすると、隣接する遺伝子への注釈付けができます。このウィンドウ上には、CDS だけでなく、全てのフィーチャーを選択表示できます。

## 機能一覧 (各エディション共通機能)

能です。

#### Lane の上下相対位置が変更可能に

各 Lane 間の上下相対位置を自由に変更できます。

#### デフォルト FLS の適用と指定

デフォルトの FLS を指定できます。これを指定しておくと、次から読み込む、FLS 付きでない注釈付き塩基配列ファイルはデフォルトのレイアウトスタイルが適用されます。

#### プレインストール FLS

IMC のインストール時点で、いくつかの典型的な FLS が登録されています。これらは随時追加や改良がおこなわれますので、必要ならば別名で保存しておきます。また、インシリコバイオロジー社 HP から随時新しく作成された FLS をダウンロードできます。

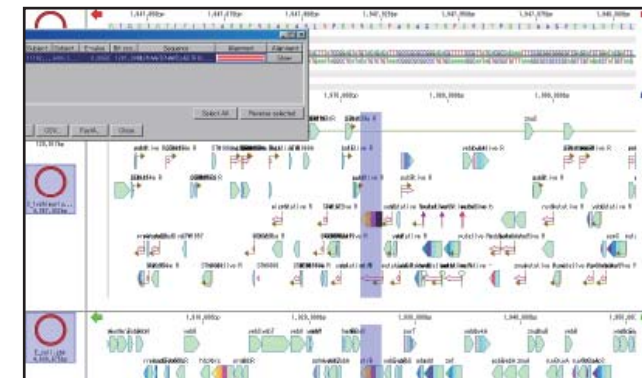
### 閲覧・描画機能

#### フィーチャーマップビューア

フィーチャーマップの多機能印刷機能

#### 参照ゲノムマップビューア

スタンダード版では、2種類の微生物ゲノムを並列に表示し、特定の遺伝子でアラインメント表示可能です。



#### GenBank/EMBL ファイルビューア

フィーチャーマップとの連動機能

マルチプル GenBank/EMBL 形式に対応

#### 配列整形ビューア

DNA 塩基配列表示・整形機能

コーディング領域のアミノ酸翻訳機能

整形配列印刷機能

#### アラインメントビューア

ペアワイス配列アラインメントビューア

多重配列アラインメントビューア

#### トレース波形ビューア

単一トレース波形ビューア・エディター

多重トレース波形ビューア

進化系統樹ビューア

ゲノム再配置マップビューア

環状ゲノムマップビューア

プラスミドマップビューア

ドットプロットビューア

遺伝子アレイ発現マトリックスビューア

アレイデータ補正ビューア

### 配列解析機能

#### 配列パターン検索

塩基配列パターン検索 (IUPAC)

CDS/RNA 上の翻訳アミノ酸配列パターン検索

ミスマッチ検索

遺伝子間領域あるいは遺伝子上流指定塩基以内の領域探索

プライミング位置検索

制限酵素認識部位検索

#### 配列相溶性検索

相溶性検索のためのアミノ酸・核酸 DB 作成機能

NCBI Blast (NCBI 製) を使用する相溶性検索

SLIM Search (別売) を使用する相溶性検索

LAST (産総研製) を使用する相溶性検索

#### 配列アラインメント

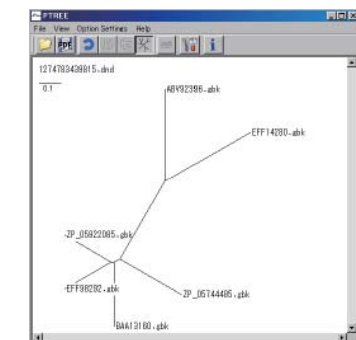
ClustalW を使用するマルチプルアラインメント

ペアワイスアラインメント

#### 分子系統樹の描画・印刷

マルチプルアラインメント結果からの進化系統樹作成

分子系統樹の印刷



## 機能一覧（各エディション共通機能）

### 配列組成解析

- フィーチャーマップに表示されている領域の組成プロファイル
- GC/AT Content
- 単一塩基組成プロファイル
- GC/AT Skew
- Cumulative GC/AT Skew
- Fickett による TestCode 解析プロファイル
- フィーチャー別に、組成データを CSV 形式でファイル出力

### ORF 解析

- GC 含量、GC スキュープロファイルの表示
- 原核生物 ORF 候補抽出
- 開始コドンの変更
- RBS(SD 配列) の登録と表示
- ORF 領域のアミノ酸翻訳

### コドン解析

- 全 CDS フィーチャーのコドン使用頻度表を表示
- 特定の領域に存在する CDS のコドン使用頻度表を表示
- 特定の1つの CDS フィーチャーのコドン使用頻度表を表示
- コドン使用頻度表の CSV ファイル出力

codon	U	C	A	G
U	UUU 0.1129 UUC 0.1129 UUA 0.1140 UUG 0.1102	UCU 0.1104 UCG 0.1091 UCA 0.1029 UCG 0.1099	UAU 0.1102 UAC 0.1129 UAA 0.1099 UAG 0.1099	UGU 0.1041 UGC 0.1029 UGA 0.1099 UGG 0.1029
C	CUU 0.1045 CUC 0.1041 CUA 0.1099 CUG 0.1092	CCU 0.1104 CCG 0.1041 CCA 0.1049 CCG 0.1092	CAU 0.1102 CAC 0.1129 CAA 0.1099 CAG 0.1099	CGU 0.1041 CGC 0.1049 CGA 0.1099 CGG 0.1099
A	AUU 0.1092 AUC 0.1099 AUA 0.1099 AUG 0.1099	AUU 0.1092 AUC 0.1099 AUA 0.1099 AUG 0.1099	AUU 0.1092 AUC 0.1099 AUA 0.1099 AUG 0.1099	AUU 0.1092 AUC 0.1099 AUA 0.1099 AUG 0.1099
G	GUU 0.1041 GUC 0.1049 GUA 0.1099 GUG 0.1099	GGU 0.1041 GGC 0.1099 GGA 0.1099 GGG 0.1099	GAU 0.1092 GAC 0.1099 GAA 0.1099 GAG 0.1099	GGU 0.1041 GGC 0.1099 GGA 0.1099 GGG 0.1099

### 塩基配列組成・フィーチャー・コドン統計

- 全フィーチャー位置リスト作成
- 全フィーチャー塩基組成作成
- 全 CDS フィーチャースタートコドン表示
- リストのファイル出力

## クローニング操作機能

### PCR プライマー設計

- フィーチャーマップの塩基配列上の領域をマウสดラッグで設計
- 設計されたプライマーセット一覧表の表示とファイル保存

- 設計された任意のプライマーのプライミング位置へのマップ連動
- 設計された任意のプライマーセットをフィーチャーとして登録
- プライマー塩基配列への変異導入
- プライマー末端へのタグ配列付加
- プライマー配列への制限酵素認識配列付加
- 大量プライマー設計

### PCR プライマー管理

- リストからのプライミング塩基配列ファイル自動読み込み
- 複数のプライマーリストファイルの切替え
- プライマーリストのソート機能
- プライマーリストのクリップボードへのコピー機能

### PCR 反応

- プライマー設計から PCR までの連続操作
- PCR 産物の注釈付塩基配列保存
- 1 塩基突出末端の生成
- リン酸化・脱リン酸化末端の生成

### 制限酵素反応

- 制限酵素による DNA 塩基配列の認識部位リスト表示
- 認識部位リストから指定認識位置へのマップ連動
- 制限酵素認識部位のマップ表示
- 制限酵素認識部位のフィーチャーとしての登録

Enzyme	Recognition site	Sticky
PstI	5'...CTGCAG...3'	false
PvuII	5'...CAGCTG...3'	false
XbaI	5'...CTGCAG...3'	false
PacI	5'...TAATTA...3'	false
PstI	5'...CTGCAG...3'	false
PstI	5'...CTGCAG...3'	false
PstI	5'...CTGCAG...3'	false
SmaI	5'...CCCGGG...3'	false
SmaI	5'...CCCGGG...3'	false
SmaI	5'...CCCGGG...3'	false

### DAM/DCM による非切断部位の表示

- 制限酵素による DNA の消化切断（注釈保持）・断片生成
- DAM/DCM による切断障害
- インサート DNA チェックに最適な制限酵素探索

### ゲル電気泳動

- 制限酵素消化断片のゲル電気泳動表示
- インサートチェック用制限酵素による消化断片電気泳動表示

### PCR 産物・制限酵素消化断片の末端操作

## 機能一覧（各エディション共通機能）

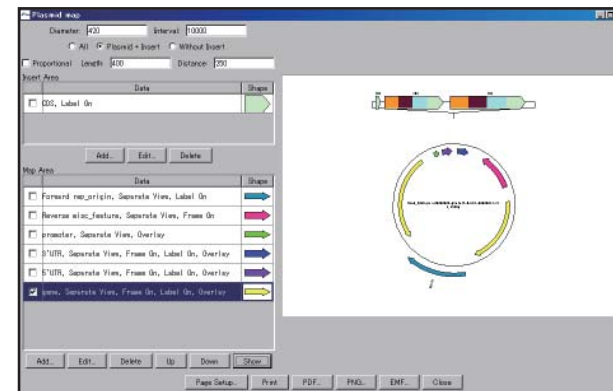
- 末端平滑化反応 (Blunting)
- リン酸化・脱リン酸化反応
- T-ベクターの作成

### ライゲーション反応

- 末端適合性判定付き、1 断片セルフライゲーション・環状化
- 末端適合性判定付き、2 断片間ライゲーション・環状化
- T-A クローニング

### プラスミドマップの描画・印刷

- インサート DNA を吹き出しにしたプラスミドマップの作成
- インサート DNA あるいはベクター領域のいずれかを不可視化
- プラスミドマップ上の表示フィーチャーキー表示形状の変更



### プラスミドマップの印刷 (PDF, EMF, PNG)

## ラボノート機能

### インシリコ実験操作自動記録機能

- IMC で操作した履歴を自動記録します。

### 記録選択表示機能

- 記録された情報を選択表示します。

### 記録印刷機能

- 記録された操作履歴情報を印刷します。

## アミノ酸配列解析

### アミノ酸配列パターン検索

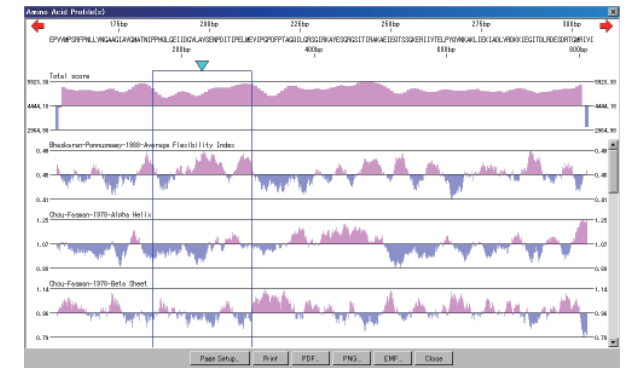
- CDS/RNA 上の翻訳アミノ酸配列パターン検索

### アミノ酸同源性検索

- フィーチャーマップから参照ゲノムマップ上の CDS への検索
- 参照ゲノムマップ上の CDS から他の DNA 上の CDS への検索
- 任意の CDS から登録済みアミノ酸データベース検索
- SLIM Search(別売)による高速化
- 任意の CDS から NCBI NetBlast アミノ酸データベース検索

### アミノ酸プロファイル解析

- アミノ酸の二次構造プロファイルを並列に表示し、それらの重み付け総合指標を自作できます。印刷も可能です。



### プロファイル描画

- 親水性指標
- 疎水性指標
- 表面性指標
- アミノ鎖柔軟性指標
- 極性基指標
- 分子量指標
- 二次構造指標
- 重み付け総合指標の作成機能

## データベース生成機能

### NCBI BLAST 用データベース生成

- ダウンロード用圧縮ファイルから直接データベース作成機能
- データベース連結機能
- GenPept 圧縮ファイルからの直接注釈転記用データベース作成

### SLIM Search 用データベース自動生成