eShop in silico - 902 SOHO STATION, 24-8
Yamashita-cho, Naka-ku, Yokohama, Japan
横浜市中区山下町24-8 SOHO STATION 902

電話番号: +81452220343 -

メールアドレス:
shop_manager@insilicobiology.co.jp

IMC GE 1ヶ月

製造元: インシリコバイオロジー
製品番号: IMC-GE-MN

単価: \8,800

税抜価格: \8,000

概要
IMCゲノミクス版

1ヶ月ライセンス

期間内無制限Version Up

注文時にユーザ登録必要

動作確認のために、3日間無料の試用版をご利用ください。

一般機能
一般機能

ウィンドウキャプチャー

- メインウィンドウ全体あるいは指定領域の画面キャプチャー機能です。
- キャプチャした画像はすぐに指定されたファイルに保存されます。
- 保存フォーマットはPNG形式のみです。

ツールボックス表示切替

- メニューバー下にあるツールボックスの表示と非表示を切り替えるトグ

ルボタンです。
- ツールボックスはメインウィンドウからドックアウトも可能です。

Lab Note

- IMCの操作をコマンドベースで記録します。記録内容は、実行日付、コマンド、実行ウィンドウ、入力データの参照場所、出力データの格納場所、使用されたデータベース、実行パラメータ、配列のゲノム上の位置、です。
- これらの結果は時間範囲を指定して、絞り込みできます。
- リストは印刷可能です。

操作履歴管理

- 操作履歴を自動的に保存する機能です。
- 保存される項目は、操作対象のフィーチャーキー、位置、ストランド、操作コマンド、実行日時です。
- 履歴は3種のソートキーでソートできます。
- ソートキーは、フィーチャーキー、ゲノム位置、操作日時、です。
- リストは絞り込み可能で、履歴削除可能です。
- リストをCSVでファイル出力可能です。

最新バージョンチェック、ダウンロード、インストール

- IMCインストーラおよびヘルプの最新版のリリースチェック、ダウンロード、インストールを行います。
- ダウンロードとインストール前には確認ダイアログが出力されます。

ドックイン・ドックアウト

- ドックイン・ドックアウト可能なペインは、Main Directory Tree, Reference Direactory Tree, Info Tab, Main Feature Map, Reference Feature Mapです。
- Toolbox は別方法で取り出せます。

配列・注釈

配列操作

自動配列フォーマットチェック

- ロードした配列ファイルが核酸配列であるかアミノ酸配列であるかを自動的に判定する機能です。
- このほかに、配列を核酸あるいはアミノ酸と指定して読み込むこともできます。
- 排他的な1個のトグルボタンで1回クリックする毎にボタンが変化します。

フィーチャ―情報タブペイン

- 現在ロードされているカレントゲノム配列上のフィーチャーの情報内容を表示します。
- ディレクトリツリーとタブを切り替えて表示されます。

Blast検索用データベース生成

- 核酸配列ファイルおよびアミノ酸配列ファイルから
  Blast検索用データベースを生成します。
- メインカレントディレクリーおよび参照カレントディレクトリにロードされた配列ファイルについては、ロードされた時点で自動的にBlastデータベースが生成され、ロード解除された時点で自動削除されます。

フィーチャーマップズーム・スクロールと設定

- メインフィーチャーマップは、塩基単位、画面単位の左右スクロールが可能です。
- それぞれ専用ボタンがあります。
- 縦スクロールは、スクロールバーで操作します。
- ズームはツールボックスあるいはメニューのズームボタンを使用します。
- ズームインは、配列レーン上でのマウスドラッグによる指定や、マウス右クリックでもズームインできます。
- ズーム・スクロールの速度はSettingメニューから可能です。

配列レーンの表示設定

- 配列レーン上で設定変更可能な項目は、核酸塩基およびアミノ酸のフォントサイズ変更、アミノ酸1文字コードの表示位置変更、核酸塩基およびアミノ酸残基の表示カラー変更、スタートおよびストップコドン候補の表示および表示カラー設定です。

配列レーン上での操作

- 配列レーン上で実行できる操作は以下の通りです。
- 塩基配列選択、選択解除、塩基配列挿入、塩基配列削除、塩基配列置換、塩基配列コピー、新規フィーチャー登録、ホモロジーアーム設計、PCRプライマー設計。

フィーチャ―からの実行操作

- フィーチャ―レーンのフィーチャー上から実行可能な操作は以下の通りです。
- 参照ゲノムへの相同性検索、コドン頻度表表示、アミノ酸プロファイル表示、配列と注釈のコピー、フィーチャーを増幅するプライマー設計、アノテーションウィンドウの起動、デスクリプションウィンドウの起動、配列ビューアの起動とスタートコドン候補の表示、レーン属性の設定変更。

フィーチャ―のQualifier編集

- フィーチャ―のQualifierでマウス右ボタンで設定できるのは以下の通りです。
- 表示カラー設定、文献ファイル添付、分子構造ファイル添付、フィーチャーマップ表示、ゲノムマップ表示、遺伝コード表変更。
- デスクリプションウィンドウ、アノテーションウィンドウからは編集可能なQualifier全部を編集できます。

フィーチャ―の編集

- フィーチャ―の編集機能は以下の通りです。
- 削除指定、削除、複製、イントロンの削除、エクソンの削除。

フィーチャーフュージョン

- カレント配列の同一位置に同一Feature Keyを持つ2個以上のフィーチャーが存在する場合、これらのQualifierを継承して、1個のフィーチャーに融合する機能です。

フィーチャー演算子

- 同一フィーチャ―キーに属するフィーチャーが互いにオーバーラップする位置にある場合は、それらのフィーチャーのAND/OR/XORフィーチャーを新規生成し、登録することができます。
- 新規に生成されるフィーチャーのフィーチャーキーは指定できます。

フィーチャ―リストとのフィーチャーマップ連動

- フィーチャーキー検索、キーワード検索、配列パターン検索、機能分類検索、ゲノム統計表示、の各結果画面とフィーチャーマップが連動します。

検索結果からのフィーチャーへの連番付加

- フィーチャ―キー検索、キーワード検索、ゲノム統計の各検索結果からヒットしたフィーチャーに連番を付加できます。

フィーチャー・フィーチャ―キー設計

フィーチャ―レイアウトスタイル管理

- フィーチャーレイアウトスタイル管理ウィンドウからは、フィーチャーレイアウトスタイルの新規登録、編集、削除を行います。
- 個別にスタイルをインポート、エキスポートできます。リスト全体を別名で保存できます。
- デフォルトのスタイルを変更できます。
- このリストは、メインウィンドウの上部インディケーター領域にプルダウンメニューとして表示され、現在ロードされているカレント配列にただちに適用できます。
- カレントディレクトリにある複数の配列ファイルを選択状態にして、プルダウンメニューから１つのスタイルを指定すると選択中の全部のファイルに適用されます。

フィーチャーレイアウトスタイル設計

- フィーチャーレイアウトスタイルの設計ウィンドウです。
- スタイルへの新規レーンの登録、編集、削除、表示順序変更、スタイルの別名での保存を行います。
- 既存のスタイルを呼び出し、編集することも可能です。
- レーン毎の編集機能はレーン別に記述します。

フィーチャーレーン設定ダイアログ

- フィーチャーレーン設定ダイアログからは以下の機能が実行できます。
- 表示フィーチャーキー（複数）選択、ストランド選択、配置方法（Six Lane, Three Lane, Two Lane, One Lane, Pack)、表示鎖変更(Forward, Reverse, Both)、エクソン表示方法変更、配置密度、レーンの高さ変更、オフセット変更。

コンテント・プロファイルレーン設定ダイアログ

- コンテント・プロファイルレーン設定ダイアログから設定可能な項目は以下の通りです。
- レーン高さ変更、表示コンテント選択（GC Contentなど6コンテント、GC/AT Skew, Cumulative GC/AT Skew, Import Map Data, Fickett Profile)、背景色変更、プロファイルグラフのパラメータ変更、スライディングウィンドウパラメータ変更、間引き機能、グラフカラー変更。

ナビゲーションレーン設定ダイアログ

- ナビゲーションレーン設定ダイアログから変更可能な項目は以下の通りです。
- 表示対象フィーチャー（複数）選択可能。ストランド選択(Forward, Reverser, Both)、配置方法選択（Six Lane, Three Lane, Two Lane, One Lane, Pack)、間引き設定変更。

制限酵素レーン設定ダイアログ

- 制限酵素レーン設定ダイアログから変更可能な項目は以下の通りです。
- レーン高さ、セット切替、制限酵素リストの絞り込み（認識配列長、パリンドローム性、末端形状（Blunt, Sticky)、DAM/DCM、対象配列の切断箇所数、制限酵素の選択。

局所ゲノム再配置マップレーン設定ダイアログ

- 局所ゲノム再配置マップレーンダイアログからの変更可能なパラメータは以下の通りです。
- レーン高さ、縦オフセット、表示するフィーチャー（複数指定可能）、ストランド指定（Forward, Reverse, Both),配置方法（Six Lane, Three Lane, Two Lane, One Lane, Pack)、表示鎖変更(Forward, Reverse, Both)、エクソン表示方法変更、配置密度

パラメータ変更なしのレーン

- パラメータ変更なしのレーンは以下の通りです。
- 配列レーン、縦スクロールバーレーン、配列スケールレーン、マップスケールレーン、フレームレーン

フィーチャ―キー登録ダイアログ

- フィーチャ―キー登録ダイアログからはフィーチャーキーの新規登録、編集、削除可能です。
- ただし、必須フィーチャーキーの編集、削除はできません。
- 新規登録時は、既登録フィーチャーキーをテンプレートとすることが可能です。
- フィーチャーキー名、形状、背景パターン、枠カラー、塗りカラー、枠太さ、表示領域選択、ラベルとするQualifierの指定、使用するQualifierの複数指定が可能です。

ビューア機能

GenBankファイルビューア

- 現在ロードされている配列ファイルをそのままの形式で閲覧できるビューアです。配列や注釈をクリックすると、メインフィーチャーマップはその位置の地図を表示します。
- 逆に、このビューアを開いたまま、メインフィーチャーマップの一部をクリックすると、ファイルの対応する位置のテキストを表示できます。

配列ビューア

- メインフィーチャーマップに現在表示されている領域の配列を表示するビューアです。
- ビューア上で表示範囲の変更、逆ストランドの表示・非表示、アミノ酸翻訳の表示・非表示、目盛りの表示方法の変更、1行の表示塩基数を表示できます。
- PDF, PNG,
  EMFのフォーマットでそれぞれ画像ファイルが出力できます。

アノテーションビューア・エディター

- ゲノムアノテーション用に用意されたツールです。主としてCDSに注釈を付加ために使用します。
- ウィンドウは3部分に分かれ、注釈を入力・直接編集できるデスクリプションペイン、相同性検索の結果をCDSフィーチャー自体にリンクさせそれらを表示し、転記できます。
- 配列表示領域には同時に既存をフィーチャーも選択的に表示できます。
- 配列、フィーチャー、目盛りの表示設定は変更できます。
- 表示内容はPDF,PNG,EMF形式で画像ファイル出力可能です。
- このウィンドウからこのフィーチャーをクエリーとする相同性検索も実行でき、結果はただちにリンクされます。

環状ゲノムマップビューア・エディター

- 現在ロードされているゲノム配列に関する環状ゲノムマップの設計編集、フィーチャー同心円の追加・編集・削除、プロファイル同心円の追加・編集・削除、複数ゲノムの自動マップ生成、印刷・画像ファイル出力（PDF, PNG, EMF)が可能です。
- 設計されたサーキュラーレイアウトは、レイアウトスタイルとして保存でき、別のゲノム配列も同様のデザインで作成できます。
- 様々なスタイルの同心円をマップに追加できます。
- 1個の同心円には、複数のフィーチャーを表示設定でき、ストランド指定、カラー分類、指定フィーチャーのみの表示などができます。
- またGC含量などのコンテントマップも解像度などを自由に設定できます。
- カレントディレクトリにロードされているゲノム配列を順次切り替えて描画することも可能です。
- マップの解像度、直径、フォンサイズ、およびマップ名を変更できます。

プラスミドマップビューア・エディター

- 環状ゲノムマップエディターに類似していますが、比較的小さな環状ゲノムを描画します。環状レーンは同心円状に配置され、１つの同心円上に複数のフィーチャーキーを配置できます。
- ストランド、フレーム別、フィーチャー形状、塗りと枠のカラー指定、枠の太さ、カラー分類法の選択、ラベルの表示・非表示、ラベルとして使用するQualifierの選択、フォントサイズ、２つの同心円のオーバーレイ機能、目盛り間隔を変更できます。
- 設計したスタイルは保存でき、他のプラスミドに適用できます。
- 同心円の順序変更や追加・削除、編集が可能です。
- プラスミドマップはPDF, PNG,
  EMFの3種の画像フォーマットでファイル出力可能です。

トレースファイルビューア・エディター

- ABI, SCFのキャピラリーシーケンサからの出力ファイルを読み込んだ時に使用されるビューア・エディターです。
- 塩基配列だけでなく、その波形（トレース）を表示できます。ベースコールを変更できます。

デスクリプションウィンドウ

- フィーチャー記述の編集用ウィンドウです。

- フィーチャー上から起動され、ゲノム位置、ストランド、Qualifierのリストと値、および核酸配列とアミノ酸配列表示領域から構成されます。
- 各配列はクリップボードにコピーできます。

検索機能

フィーチャーキー検索

- メインカレント配列に登録されているフィーチャーキー数をカウントしリストを表示します。
- 検索対象のフィーチャーを複数選択可能で、検索範囲を限定可能です。
- 検索結果画面ではフィーチャーキー別の個数・配列上の位置・塩基長・遺伝子名・塩基配列・デスクリプションへのボタン・アノテーションへのボタンがリストされます。
- CDSではアミノ酸配列、＋鎖ー鎖のみの選択、一括削除、コドン表、連番付加、FusionPCR、などの操作が可能です。
- 行をクリックすると、メインフィーチャーマップはそのフィーチャーの位置を表示します。
- CSV/FastA/GenBankフォーマットでのファイル出力が可能です。

キーワード検索

- キーワードを入力して注釈を検索する機能です。
- 対象フィーチャーキーを複数選択可能です。
- キーワードは複数指定可能でキーワード間の論理演算はAND/OR/NOTの選択が可能です。
- 検索範囲をCDS領域、Inter Genic領域の別に限定可能です。
- 検索結果画面ではフィーチャーキー別の個数・配列上の位置・塩基長・遺伝子名・塩基配列・デスクリプションへのボタン・アノテーションへのボタンがリストされます。
- CDSではアミノ酸配列の週出、＋鎖ー鎖のみの表示選択、一括削除、コドン表の表示、検索されてフィーチャーへの連番付加、FusionPCR機能へのリスト転送、などの操作が可能です。
- 結果リストの行をクリックするとメインフィーチャーマップはそのフィーチャ―位置のマップを表示します。
- CSV/FastA/GenBankフォーマットでのファイル出力ができます。
- Qualifier一括削除も実装されています。

配列パターン検索

- 登録されている配列パターンを複数選択して、カレント配列中に存在するパターンを検出します。
- 検索時にパターンを新規入力して検索することも可能です。
- 検索範囲指定可能で、検索対象ストランド，も指定できます。
- 1～２文字のミスマッチ検出可能。CDS領域あるいは遺伝子間領域の探索領域も指定可能です。
- CDSの上流・下流指定領域のみの検索可能です。また、複数配列を検索対象として設定可能です。
  検索結果画面では、パターン毎に検出個数、配列上の位置、上流下流の遺伝子を表示可能です。
- また、結果を新規フィーチャーとして自動登録が可能です。
- CSV/FastA形式で結果をファイル出力が可能です。
- 検索結果リストの行をクリックすると、メインフィーチャーマップはそのパターンの位置がマップの中央となるように移動し、配列レーン上の該当するパターン配列がハイライトされます。

配列パターン登録

- 塩基配列パターンおよびアミノ酸配列パターン（モティーフ）の登録、編集、削除が可能です。
- 配列パターンは正規表現に準拠。パターン名称とパターンの正規表現が登録できます。
- 選択したパターンのリストをIMC独自形式(pattern.dat)で保存できます。初期設定に戻すことも可能です。

遺伝子分類コード検索

- 遺伝子機能コード（コードは任意ですがCOG分類が一般的です）を複数選択して、それらの機能を持つCDSフィーチャーを検索します。
- 検索範囲指定可能で、複数配列を検索対象にできます。
  検索結果画面からはそれぞれの機能分類毎のCDS数、配列上の位置、ストランド、COGの説明、locus_tag、上流下流の遺伝子、CDSの塩基配列、デスクリプションウィンドウおよびアノテーションウィンドウへのリンクが表示されます。
- アミノ酸配列を別途出力可能です。
- ヒットCDSの一括削除、Fusion PCR, コドン使用頻度表表示が可能です。
- 結果リストの行をクリックするとメインフィーチャーマップはその位置を表示します。
- CSV/FastA/GenBank形式でのリスト出力も可能です。
- 検索されたフィーチャ―だけをカレントマップ上に表示するオプションもあります。

クローニング

制限酵素処理機能

制限酵素管理

- 制限酵素の管理機能として以下があります。
    - 部分セット選択、
    - 種類による絞り込み（認識塩基数、パリンドローム、平滑・突出、DAM/DCM、切断箇所数）。
- 制限酵素リストの別名保存、リスト編集が可能です。
- 酵素新規登録、酵素編集、酵素削除、もできます。

制限酵素認識部位検索

- 制限酵素認識部位の探索機能としては以下があります。
    - 探索領域選択、認識部位検索、認識部位リスト表示、制限酵素地図表示、複数配列からの一括検索。

制限酵素認識部位検索結果画面

- 制限酵素検索結果画面からは以下の操作が可能です。
    - 配列切替、別酵素追加検索、消化断片化、認識部位を新規フィーチャー登録、消化断片ファイルの登録、断片によるゲル電気泳動、リスト出力（CSV,
      FastA)、リストとフィーチャーマップの連動。

制限酵素地図ウィンドウ

- 制限酵素地図ウィンドウから可能な操作には以下があります。
    - 対象配列ファイル切替、フィーチャーマップ表示、ズーム・スクロール、スライダー、バンド切り出し、ゲル電気泳動ウィンドウ起動。

制限酵素消化断片のゲル電気泳動画面

- 制限酵素消化断片のゲル電気泳動画面からの操作としては以下があります。

    - 電気泳動画像印刷、画像ファイル出力（PDF, PNG, EMF)、バンド切り出しと対応配列ファイル保存。

PCR Primer

PCR Primreの整理と管理、利用

- インポートあるいは設計されたPCR プライマーはプライマーファイルに格納され、プライマー管理ウィンドウでそれらの管理操作が可能です。
- 登録されたプライマーの属性は以下の通りです。
- Primer ID、Primer配列、Primer塩基長、Tm、GC含量、登録日、コメント、PCRを実行したファイルへのリンク。
- プライマーリストは、Primer ID, Length, Tm, GC(%), Commentをキーとしてソート可能です。
- 管理画面上からは、新規登録、編集、削除、末端への制限酵素認識部位付加、プライマーの任意の部位への制限酵素認識部位挿入、クリップボードへのコピー、が可能です。
- また、リスト全体あるいは一部を別名で保存、別リストの読込、プライマーのリストへのインポートが可能です。

PCR Primer設計

- 配列レーンおよびフィーチャーレーン上からPCRプライマーを設計することができます。
- 配列レーン上では、塩基配列をドラッグし選択して新規登録が可能です。
- フィーチャーレーン上をドラッグして選択された領域内（外）に最適プライマーを設計します。
- 設計結果画面では条件に一致したプライマーセットがスコア順にリストアップされます。
- 項目属性は、生成物（塩基長、Tm, GC含量)、F/R Primer(Priming位置、Tm、GC含量、塩基配列）です。
- 3'-末端にA塩基付加するオプションがあります。生成物最大塩基長で制限することも可能です。
- この画面からプライマーセットを選択し、PCRを実行することが可能です。
- 選択されたプライマーセットを新規フィーチャーとして登録することも可能です。
- また、プライマーリストに外部から追加登録が可能です。選択されたセットはCSV形式でファイル出力が可能です。

PCR Primer 設計パラメータ

- 選択領域の内部（あるいは外部）にプライマーを設計する設定が可能です。
- 設計可能領域幅変更、最低生成物塩基長、プライマー（最長・最短塩基長、最小・最大Tm、最小・最大GC含量、アニーリングオリゴ濃度、塩濃度）、3'末端塩基指定（G,C)、Priming Parameter (E-value, Percent Identity, Overlap Length)、Primer間Tm差、リピート配列長、自己相補性、3'安定性、3'自己相補性、スコア関数（選択、Tm係数、生成物係数）、設計回避領域設定可能（指定フィーチャーキー領域に設計しません）。

Batch PCR Primer 設計

- ゲノム上にある指定したフィーチャーキーに属するフィーチャーに対して一括してそれらを増幅するためのPCR Primerを設計することができます。
- 事前にそのゲノム上にあるPCR 増幅したいCDSなどのリストをFeature Key検索などを利用して、ファイル保存しておきます。
- そのファイルを入力して、この機能を実行するとリストにある各CDSを増幅するプライマーを全部自動的に設計します。
- 設計できなかった領域については、パラメータを変更して自動設計を繰り返すことが可能です。
- 設計されたプライマーセットは、フィーチャーとして新規登録可能、プライマーリストに新規登録可能です。
- また、CSV形式でファイル出力が可能です。

Whole Genome Covering Primer 設計

- 全ゲノムを等長のプロダクトでカバーする生成物を得るための自動プライマー設計機能です。
- 設計できなかった領域については、パラメータを変更して、全領域が成功するまで設計を繰り返すことができます。
- 設計されたプライマーリストは、フィーチャーとして新規登録可能で、プライマーとしても新規登録です。
- 設計結果は、CSV形式でファイル出力が可能です。

Sequencing Primer 設計

- カレント配列をシーケンシングするための全シーケンシングPrimerセットを自動設計します。
- 設計パラメータとしては、デフォルトのPrimer設計パラメータの他にプライマー距離を設定できます。

- 設計できなかった領域についてはパラメータを変更して、自動設計を繰り返すことができます。
- 設計結果は、CSV形式でファイル出力できます。

インシリコPCR反応

- インシリコでのPCRを実行します。
- 実行は、プライマーリストから使用するPrimer Setを選択する方法、フィーチャーマップ上からのデザインリストからの実行、などがあります。
- Amplifyを実行すると、生成物のリストが表示され、生成物を選択してカレントフォルダーにロード、あるいはCSV/FastA形式でのファイル出力が可能です。
- またContig Bridge機能とも連携しています。

複数テンプレート配列に対するPCR反応

- 複数のゲノム配列に対して、同じPrimerセットでPCR反応を実行する機能です。
- それぞれのテンプレート上におけるPriming Siteの数と位置を表示、選択されたプロダクトのカレントフォルダーへのローディングが可能です。
- 結果は、CSV形式でのファイル出力が可能です。

Bridge Contigs

- 複数のコンティグ配列と複数のPCR Productの配列を入力して、複数のコンティグ配列をブリッジできるPCR Product配列をリストアップします。

Ligation

- カレントフォルダー上の２つのフラグメントのライゲーションします。
- また、カレントフォルダー上の1つのフラグメントをセルフライゲーションします。
- 各フラグメントの末端形状が一致する場合にライゲーションが可能となります。
- 2つのフラグメントの両末端が同一の形状の場合は、片方のフラグメントがもう一方のフラグメント順方向と逆方向の2つのライゲーション産物が生成されます。

ゲノム配列編集

- 分子生物学的な手段によらず情報処理的にゲノム配列を編集する機能です。指定領域の削除、指定（複数）箇所での切断による断片化、コドンの置換、などが可能です。

ゲノム解析
遺伝子同定

コドン頻度表

- カレント配列ファイルのコドン頻度表を作成作成します。
- 注釈付きゲノム配列の場合は、全CDSの頻度総計が計算されます。
- CDS数、CDS上のコドン数、塩基数を表示します。
- 表記はmRNAとDNA表示が可能で、コドン別の割合と、頻度を切り替え表示できます。
- また、アミノ酸頻度も表示可能です。頻度表のCSV形式でのファイル出力も可能です。

ゲノムフィーチャ―統計

- カレントゲノム配列中に存在する全フィーチャーのフィーチャーキー別登録数を表示します。
- ここで選択されたフィーチャーキーに属するフィーチャーのリストが表示され、表示項目は、ゲノム位置、ストランド、GC含量、塩基別数、塩基組成、GC Skew, AT Skewスタートコドン候補個数、デスクリプションウィンドウ起動ボタン、アノテーションウィンドウ起動ボタン、となります。
- ストランド別にも選択できます。
- 選択されたフィーチャーに対する連番付加機能があります。
- リストはCSV形式でファイル出力できます。
- 選択されたフィーチャ―に連動して、メインフィーチャーマップが移動し、そのフィーチャ―を中央に表示するように移動します。

ORF抽出

- カレントゲノム配列からORF候補を抽出します。
- 抽出範囲指定、遺伝子領域限定、遺伝子間領域長定義、オーバーラップする候補中からの最長抽出、開始位置の選択、スタートコドンが存在しない候補の抽出適・不適、オーバーラップする既登録フィーチャーキーの比較指定、などの指定が可能です。

- 抽出された候補は新規フィーチャーとして登録できます。
- 結果はCSV/FastA形式でファイル出力可能です。

アミノ酸翻訳とフィーチャーキー変更

- 指定したフィーチャーキーを指定したコドン表によりアミノ酸配列に変換します。
- 指定可能なフィーチャーキーは、CDS, ORFです。
- ProkaryoteかEukaryteかの選択が可能です。
- ORFフィーチャーは翻訳後にCDSに変更されます。

アミノ酸プロファイル表示

- CDSのアミノ酸配列に対して次のプロファイルを計算し、グラフ表示します。
- 疎水性、親水性、鎖柔軟性、表面性、分子量、アルファヘリックス、ベータシート、ベータターン、極性、バルキー性、総合スコア

アミノ酸プロファイル設定ダイアログ

- アミノ酸プロファイル設定ダイアログから変更できるのは次の項目です。
- スライディングウィンドウ設定、プロファイルカラー設定、正規化、アミノ酸モティーフ表示、表示プロファイル選択、自動・手動スケール、基準線変更、ウェイト変更、

マッピング

ESTマッピング

- 多数のシングルEST配列を指定し、カレントゲノム配列上に相同性によりマッピングします。
- イントロンの最大塩基長を指定し、隣り合うエクソン距離が離れた場合はマッピング対象外とします。
- 実行後はマッピング候補リストが表示され、選択されたものだけを新規フィーチャーとして登録できます。

トレースマッピング

- ABI/SCF形式のキャピラリーシーケンサから配列ファイルをカレントゲノム配列上にマッピングします。
- 実行後は、マッピング候補リストが表示され、選択されたものだけをフ

ィーチャ―として登録できます。
- 登録後は、マップされたフィーチャからその波形プロファイルを表示できます。

アミノ酸マッピング

- 複数のアミノ酸配列ファイルを指定し、カレントゲノム配列上にマッピングします。
- エクソン領域のみにマッピングされるため、一つのアミノ酸配列からマッピングされたフラグメントは結合され、複数のポジションからなる1個フィーチャーとして登録できます。
- アミノ酸に注釈がある場合は転記されます。

相同性検索

入力配列をクエリーとした相同性検索

- コピーアンドペーストあるいは配列指定によって入力された配列をクエリーとして、カレントディレクトリ（メインよびレファレンス）にある配列のうち選択された配列に相同性検索を実行します。
- 実行可能な相同性検索プログラムは、blastn, blastp, blastx, tblastx, tblastnです。
- 相同性検索結果リストからは、ヒット領域を中央に表示するようにメイン・レファレンスの各マップがシフトします。

選択されたフィーチャ―をクエリーとした相同性検索

- 選択されたフィーチャ―をクエリーとし、カレントディレクトリ中の各配列データ、および生成されている検索用データベースから指定されたデータに対して、相同性検索を実行します。
- 相同性検索結果ウィンドウからは、Percent IdentityやOverlap Length, E-value, Bit scoreの各項目が表示され、アラインメントの様子や、ペアワイズアラインメントを表示できます。
- ヒットした配列から複数を選択してマルチプルアラインメントを出力でき、さらに分子系統樹を描画することが可能です。
- ヒットした配列のQualifierのうち、指定したQualifierを自動転記することにより、局所的にアノテーションを付加できます。

カレント配列をクエリーとした相同性検索

- カレント配列をクエリーとして、指定した検索用データベースに対して相同性検索を実行します。

- ヒットした配列のQualifierのうち、指定したQualifierを自動転記します。

反復配列検索

- カレント配列中における反復配列を抽出します。
- 結果ウィンドウが表示され、該当する行をクリックするとメインフィーチャーマップはその位置を示します。
- リストには、配列塩基長と2つの配列の位置、および塩基配列が表示されます。
- 選択した反復配列は新規フィーチャーとして登録できます。
- リストはCSV形式でファイル出力できます。

ゲノム特異領域検索

- カレントゲノム配列をクエリーとして、参照ゲノムのカレントにロードされているゲノム配列と比較して、特異（相同性がない）領域を探索します。
- 特異領域検索結果画面から領域をクリックすると、それぞれのマップはその位置を表示します。結果はCSV形式でファイル出力できます。

比較ゲノム解析

ドットプロット

- 2つのゲノム配列間の相同領域をドットマトリックスで表示します。
- カレントゲノム配列とカレント参照ディレクトリにロードされている１つのゲノム配列を選択して比較します。
- ドットカラーをOverlap塩基長、%Identigyの段階別に設定できます。
- 結果表示画面では、ズーム、シフト、矩形で選択した任意の領域の拡大、ドットカラー設定、ナビゲーションウィンドウ、表示ドット数の制限、フィーチャーキー表示（フィーチャ―マウスオーバーで注釈を表示）が可能です。
- ドット画像は、PDF/PNG/EMF形式でファイル出力可能で、印刷設定も可能です。
- ドットリストはCSV形式でファイル出力可能です。

広域ゲノム再配置マップ

- 近縁種ゲノム間の全長にわたるゲノムリアレンジメントマップをフィーチャーレベルで作成・描画します。
- カレントゲノム配列と、カレント参照ディレクトリにロードされている

近縁種ゲノム配列のうち選択（複数可）されたゲノム配列の間でペアワイズにゲノム全長を比較します。
- 核酸配列での比較と、アミノ酸配列での比較が可能です。
- 相同性の判定基準を変更可能です。アミノ酸配列での比較の場合は、双方のゲノムともCDSが注釈付けされている必要があります。
  結果画面からは、縦横ズーム、スクロール、相同ラインのピックアップ、任意のフィーチャ―キーの表示、非相同領域の表示、ナビゲーションウィンドウの表示、が可能です。
- 結果画像は、PDF/PNG/EMF形式でファイル出力可能です。
- 相同リストはCSV形式でファイル出力可能です。

局所ゲノム再配置マップ

- 2種の近縁種間の全体にわたり、かつ局所的なゲノムリアレンジメントマップを配列レベルで作成・描画します。
- カレント配列ゲノムを基準として、カレント参照ディレクトリにロードされている異なる近縁種ゲノムとの相同領域を検出し、塩基配列およびそれぞれのゲノムのフィーチャーをアラインメントした局所的ゲノム再配置マップを描画します。
- これをローカルゲノムリアレンジメントマップと命名しています。
- 実行後に、参照配列を取り込んだ新たな配列が生成され、その配列がカレント配列となります。
- ここではフィーチャレーンに参照ゲノムのレーンが自動的に追加されます。
- また、ミスマッチリストと生成配列ファイルが連動しているため、ミスマッチリストは取り外すことができません。
- 特定のフィーチャーキーにフォーカスして再表示可能です。

Vennダイアグラム解析

- すでに遺伝子が同定された近縁種ゲノム塩基配列についてそれらのGenBank形式ファイルを使い、それぞれのゲノム上に存在するすべての遺伝子の間に共通遺伝子か否かを判定し、3ゲノム間あるいは2ゲノム間のベン図（Venn Diagram）を描画します。
- 共通遺伝子の判定には、NCBI Blastによるアミノ酸配列相同性検索のPercent IdentityおよびOverlap Lengthを使用します。
- 結果画面からは、各グループに属する遺伝子の情報を表示し、ファイル出力が可能です。
- また、リストの各要素とフィーチャーマップが連動します。
- 結果画像は、PDF/PGN/EMF形式でファイル出力可能です。

コアゲノム解析

- コアゲノム解析は、複数の近縁種ゲノム間での保存されたコア遺伝子を同定する機能です。
- カレントゲノム配列に対して、カレント参照ディレクトリにあるゲノム配列から解析対象ゲノムを選択可能です。
- 解析結果画面には、コア遺伝子がリストされ、各遺伝子行をクリックすると、メインフィーチャーマップと参照ゲノムマップはそれらの遺伝子領域を表示します。
- マルチプルアライメント表示可能で、機能はマルチプルアラインメントウィンドウの機能と同様です。
- 選択されたコア遺伝子をCSV形式でファイル出力可能です。
- 解析結果は専用フォーマットファイルで保存され、読込表示できます。

変異解析

- 近縁種ゲノム間の変異点を塩基単位で検出します。
- カレントゲノム配列を基準として、カレント参照ディレクトリにロードされているゲノム配列から複数を選択し比較できます。
- ゲノム配列は遺伝子抽出されCDSフィーチャーが登録されている必要があります。
- 検出部位をCDS上あるいは遺伝子間領域のどちらかに設定できます。
- 検出判定基準については、%IdentityおよびOverlap率を変更できます。
- 解析結果画面には変異塩基のリストが表示され、表示項目はゲノム配列別に変異塩基、変異位置、gene name, ocus-Tagとなります。
- 結果はCSV形式でファイル出力できます。

EC番号存在比較リスト

- 複数の近縁種ゲノムにおけるEC番号の付加状況をリストアップします。
- 解析結果はEC番号順に各ゲノム配列に存在・非存在を表示します。
- このリストをCSV形式でファイル出力できます。

マルチプルアラインメント

- 複数の核酸あるいはアミノ酸配列間のアラインメントを作成します。
- メインカレントディレクトリにロードされている配列から複数選択可能です。
- ホモロジー検索結果画面からもこの機能を起動できます。
- 結果画面からは、系統樹描画機能、シンプルエディター機能、クリップボードへのコピー、印刷が可能です。
- １行に表示する文字数を変更できます。

分子系統樹作成

- マルチプルアラインメント結果から、選択されたフィーチャ―の分子系統樹を描画します。
- 水平表示、垂直表示、無根系統樹の指定ができます。また進化距離の表示・非表示が可能です。
- ノードの形状をBox, Circle, Noneから選択できます。
- 系統樹図は、PDF形式でファイル出力できます。
- 外部で作成された系統樹ファイル（dnd形式）を読み込み、表示可能です。

アラインメントエディター

- マルチプルアラインメント結果からコンセンサス配列を編集するためのエディターです。
- マッチ・ミスマッチの記号とカラーを変更できます。

遺伝子クラスターアラインメント

- 参照ゲノムマップ上に複数の注釈付きゲノム配列をロードし、一つのゲノムの1CDS上から他の遺伝子での相同な遺伝子を探索し、加えて周囲の遺伝子同士の相同性も検出します。
- 結果として遺伝子クラスターのアラインメントを得ることができます。

多重リニアゲノムマップ

- 多重リニアゲノムマップは参照ゲノムマップとも呼び、近縁種間の複数のゲノム染色体からの並列フィーチャーマップです。
- 参照ゲノムマップにロードされたゲノム配列のうち、カレントディレクトリにロードされた配列は全部自動的にマップ上に描画されます。

アノテーション

ゲノムオートアノテーション

- 指定したゲノム配列（複数可）の自動アノテーションを実行します。
- 実行場所として、ローカル、ローカルエミュレータ、外部サーバから選択できます。
- あらかじめ、Create DBを使用して検索用データベースを実行場所に生成しておく必要があります。
- 実行場所のOSによって選択できるコマンドが異なります。
- ゲノム配列は一度に複数指定可能で、実行はバッチ処理となります。

- 検索用のコマンドは、blastp, blastx, tblastxから選択できます。
- 出力ファイルはGenBank形式です。

トランスクリプトームオートアノテーション

- トランスクリプトーム配列の自動アノテーションを実行します。
- 実行場所は、ローカルのみです。
- あらかじめ、検索用データベースを生成しておく必要があります。
- 生成される遺伝子のフィーチャーキーを指定できます。
- トップヒットからアノテーションに含める上からの順を指定可能です。

参照ゲノム配列からの自動アノテーション

- 参照ゲノム配列をクエリーとして、メインカレントディレクトリにロードされている全ゲノム配列に自動アノテーションします。
- 実行後に候補リストが表示され、登録するかどうかを手動選択できます。

アノテーション用外部サーバ設定

- オートアノテーション用の外部サーバを設定します。
- 設定できるコマンドは、MetaGenomeAnnotator, AUGUSTUS, tRNAScan-SE, RNAmmerです。

重複遺伝子の検索

- 配列上でCDSが重複しているものを検索します。
- 検索結果は、その位置とストランドです。
- 結果リストをCSV形式でファイル出力できます。

メタゲノム解析

16SrRNA可変領域設定

- 16SrRNAメタゲノム解析の前処理として、使用する可変領域の設定とデータベース生成します。

16SrRNAによるメタゲノム解析：前処理～検索

- NGSでシーケンシングされた16SrRNAの断片配列を前処理します。
- ペアドフラグメントの場合は、自動的に結合します。
- 使用するデータの数を限定可能です。

- あらかじめ、16SrRNAのデータベースをロードしておく必要があります。
- 各フラグメント配列をデータベースに対して、検索しTaxonomyアノテーションを実行します。

16SrRNAによるメタゲノム解析：表示生成

- 16SrRNAメタゲノム解析の検索結果を使用して、TaxonomyRank別のグラフデータなどを生成します。

ゲノムデザイン
逆相補鎖生成

- カレント配列を全フィーチャーを含めて、それまでの逆相補鎖を順鎖とする配置に変換し、フィーチャーマップも逆相補鎖を順鎖にして転回し、表示されます。
- 逆相補鎖変換された配列はその状態でファイル出力できます。
- ツールボタンは変換後は逆相補鎖ボタンのトグル表示となり、もう一度実行すると元の鎖に戻ります。

コドン置換

- 選択されたCDSを指定した制限酵素で消化切断できないように置換します。
- 置換に使用するコドンは指定したコドン頻度表に基づき、使用頻度の高いものが設定されます。変更された元のコドンは、該当するCDSフィーチャーのQualifier /modified_base=に登録されます。

宿主CAIによる異種組換用遺伝子配列置換

- 異種組換を行うために、挿入遺伝子の遺伝子配列を宿主のCAIに合わせた配列に変換します。
- 宿主のゲノム配列をカレント参照ゲノムにロードし、そのコドン使用頻度解析結果からCAIを求め、それに基づきメインカレント配列の遺伝子を置換します。

In-Fusion クローニング設計とビルド

- In-Fusionクローニング用として、ベクターに数種のフラグメントを同時

にインサートできるようにIn-Fusion用プライマーを自動設計します。
- カレント配列としてIn-Fusionクローニングに使用するベクターをロードしておきます。
- 設計画面では、最初にベクター配列が開環された状態で図示されています。
- 開環部分にクローニングしたい複数の配列をIMC外部からドロップすると、開環部分にフラグメントが配置されます。
- フラグメント同士の配置を移動可能です。
- In-Fusion用のPrimer設計のためのパラメータには、Primer Size, 5' Junctionおよび3' Junctionのオーバーラップ塩基長などがあり、および設計されたPrimerに対して、名称付加、塩基長付加、Tm値の付加、自動命名法（連番）の設定、ストランド、があります。
- 設計されたPrimerは、リスト表示され、Primerリストへの新規登録、コンストラクトとしてのロードが可能です。
- 結果はCSV形式でのファイル出力が可能です。

Fusion PCR設計とビルド

- 多数のインサート配列を同一のベクターに組み換えるための機能です。
- ロードされているカレント配列からCDSをリストアップし、ぞれぞれを指定したプロモータおよびマーカーに接続して、Fusion PCR用のプライマーセットを連続設計します。
- 設計されたプライマーはプライマーリストへの登録ができ、結果はCSV形式でのファイル出力が可能です。

ホモロジーアーム設計

- 相同組換用のホモロジーアームを増幅するためのプライマーを設計します。
- ゲノム配列上の相同組換を行う領域をフィーチャーレーンで選択しておきます。
- 増幅による生成物をカレント配列としてロードすることや、参照ゲノムマップへのロードが可能です。

相同組換

- メインカレント配列に相同組換をして、組換領域を置き換えます。
- 参照ゲノムマップのカレントフォルダー上にインサート配列をロードしておき、カレントゲノム配列中の相同領域を指定することにより、相同組換を実行し、ゲノム配列をインサート配列で置き換えます。
- 組換後のゲノムは別配列としてカレントフォルダーにロードできます。

遺伝子クラスターデザインチェッカー

- カレント配列が遺伝子クラスターとして正しく構築されていることをチェックします。
- スタート・ストップコドンの有無、指定制限酵素サイトの個数、忌避配列の個数、スタートコドンから指定塩基長以内における必須配列の有無、宿主配列におけるレアコドンの検出などを実行して、デザインが正しくない場合は警告メッセージを表示します。

ツール他

インシリコアセンブラー

- in silico Assemblerはde novo Assemblerです。
- キャピラリーシーケンサからのリードなど、50bp以上のDNA Fragmentをアセンブリできます。
- NGSからのReadもアセンブリ可能です。
- 前処理で処理件数限定、最低QVの指定、最大N塩基数の限定が可能です。

iSipder

- 公開データベースから指定する配列ファイルを自動的にダウンロードするツールです。
- ダウンロードリストにデフォルトで登録されているのは、5種のデータベース（RefsSeq microbial, COG, KOG, NR, TrEMBL)ですが、ユーザが任意の配列データベースを登録できます。
- ダウンロードリストを別名で保存。あるいは同様リストの読込、リストのインポート、初期状態への回復が可能です。
- 手動でダウンロード実行、あるいは開始日時指定した自動実行が可能です。
- ダウンロードされたファイルは指定したフォルダーに格納され、そのリストが記録されるため、ダウンロードされた配列をすぐに発見し、利用できます。

TaxiSpider

- 微生物配列の属性リストをダウンロードし、それらをローカルに保存し、Taxonomy Treeの各枝に配置するツールです。
- Taxonomy Treeは2分割され、Super KingdomからOrderまでは、左のペイン、そこから1つ選択されたOrderに属するTreeを中央のペインに展開します。

- Taxonomy の末端にある主としてSpeciesを選択すると、右側のペインに配列のリストが表示され、Nuc配列、AA配列の区別、Locus, definition, lengthなどが表示されます。
- 実際の配列データは末端のノードにある属性を参照して、NCBIからダウンロードされます。

ARM: The Pathway Finder / Editor

- ARMは代謝経路の探索ツールで、次の操作が可能です。
- ソース化合物からターゲット化合物までの代謝パスの探索と表示、複数のシングルパスの合成、酵素発現量データのグラフとマップへのオーバーレイ、化合物代謝データのマッピングとグラフ表示、新規反応登録、新規化合物登録、炭素・窒素・硫黄原子トレース機能。

Search Pathway for ARM

- フィーチャーマップ上の２つのCDS上で、ソース化合物とターゲット化合物を指定して、2つの化合物を結ぶ代謝パスウェイを発見するツールです。
- 実行中にARMが起動されます。原子トレースが可能で、炭素、窒素、硫黄について設定できます。

NGSペアドファイル変換ツール

- NGSのペアドフラグメントを1本に結合するツールです。

多重GenBank形式ファイルの系統樹展開ツール

- 1つのファイルに多数のゲノム配列データが格納されているGenBank形式データを、その定義情報を参照して系統樹状に展開するツールです。
- どのような系統の配列データがファイル中にあるかわかりやすくなります。

フォーマットチェッカー

- GenBank/EMBLフォーマットファイルを検査し、自動修復するツールです。

製品仕様

Monitors	
Screen size	W1024px x H768px

動作環境	
最小メモリーサイズ	1.0GB
ライセンス関係	
バージョンアップ	期間中無制限
ライセンス期間	1ヶ月
製品発送方法	
ダウンロード	ダウンロード販売
パッケージ配送	なし
動作OSとVersion	
JAVA Version	JAVA 8
MACOS	MACOS 10.13, 10.14, 10.15, 11, 12, 13
Windows	Windows 10, 11
入力ファイル形式	
Blastデータベース生成可能配列ファイルフォーマット	FastA, GenBank/EMBL, GenPept
フィーチャーファイル形式	CSV, Glimmer 1-5, GenScan, Gambler, XanaGenome, tRNAScan 1-2, Blast result, JSNP1-2, GFF, AUGUSTUS, BED, dbSNP, , Seq_gene, IMC Keyword Search, Simple Annotation, InterProScan
読込可能アミノ酸配列フォーマット	GenPept, FastA
読込可能塩基配列ファイル形式	GenBank,EMBL,DDBJ, FastA, Plain Text, ABI, SCF
出力ファイル形式	
プロファイルファイル形式	IMC独自フォーマット
書き出し可能塩基配列フォーマット	GenBank, EMBL, DDBJ, FastA
画像ファイル形式	PNG, PDF, EMF
機能：基本操作	
Blast検索用データベース生成	核酸配列ファイルおよびアミノ酸配列ファイルから Blast検索用データベースを生成する。なお、メインカレントディレクリーおよび参照カレントディレクトリにロードされた配列ファイルについては、ロードされた時点で自動的にBlastデータベースが生成され、ロード解除された時点で自動削除される。
ウィンドウキャプチャ	メインウィンドウ全体あるいは指定領域の画面キャプチャー機能。キャプチャした画像はすぐに指定されたファイルに保存される。保

	存フォーマットはPNG形式のみ。
ツールボックス非表示ボタン	メニューバー下にあるツールボックスの表示と非表示を切り替えるトグルボタン。なお、ツールボックスはメインウィンドウからドックアウトも可能。
フィーチャー情報タブ	現在ロードされているゲノム配列上のフィーチャーの情報内容を表示する。ディレクトリツリーと切り替えて表示される。
ラボノート機能	IMCの操作をコマンドベースで記録する。記録内容は、実行日付、コマンド、実行ウィンドウ、入力データの参照場所、出力データの格納場所、使用されたデータベース、実行パラメータ、配列のゲノム上の位置、である。これらの結果は時間範囲を指定して、絞り込みできる。また印刷可能である。
操作履歴管理	操作履歴を自動的に保存する機能。保存される項目は、操作対象のフィーチャーキー、位置、ストランド、操作コマンド、実行日時。履歴は3種のソートキーでソートできる。ソートキーは、フィーチャーキー、ゲノム位置、操作日時、絞り込み可能、履歴削除可能、リストをCSVでファイル出力可能。
最新Versionチェック・ダウンロード・インストール	IMCインストーラおよびヘルプの最新版のリリースチェック、ダウンロード、インストールを行う。ダウンロードとインストール前には確認ダイアログが出力される。
機能検索（ベータ版）	使用できない
自動配列フォーマットチェック	ロードした配列ファイルが核酸配列であるかアミノ酸配列であるかを自動的に判定する。このほかに、配列を核酸あるいはアミノ酸と指定して読み込む機能もある。これらの3個の起動は排他的にトグルで表示される。
機能：ビューア・エディタ	
GenBank/EMBLファイルビューア	現在ロードされている配列ファイルをそのままの形式で閲覧できるビューア。配列や注釈をクリックすると、メインフィーチャーマップはその位置の地図を表示する。 逆に、このビューアを開いたまま、メインフィーチャーマップの一部をクリックすると、ファイルの対応する位置のテキストを表示する。
アノテーションビューア・エディタ	ゲノムアノテーション用に用意されたツール。主としてCDSに注釈を付加ために用いられ

	る。ウィンドウは3部分に分かれ、注釈を入力・直接編集できるデスクリプションペイン、相同性検索の結果をCDSフィーチャー自体にリンクさせそれらを表示し、転記できる。配列表示領域には同時に既存をフィーチャーも選択的に表示できる。配列、フィーチャー、目盛りの表示設定は変更できる。表示内容はPDF,PNG,EMF形式で画像ファイル出力できる。また、このウィンドウからこのフィーチャーをクエリーとする相同性検索も実行でき、結果はただちに
デスクリプションウィンドウ	フィーチャー記述の編集用ウィンドウ。フィーチャー上から起動され、ゲノム位置、ストランド、Qualifierのリストと値、および核酸配列とアミノ酸配列表示領域からなる。各配列はクリップボードにコピーできる。
トレースファイルビューア・エディタ	ABI, SCFのキャピラリーシーケンサからの出力ファイルを読み込んだ時に使用される。塩基配列だけでなく、その波形（トレース）を表示できる。また、ベースコールを変更できる。
プラスミドマップビューア・エディタ	環状ゲノムマップエディターに類似しているが、小さな環状ゲノムを描画する。環状レーンは同心円状に配置され、１つの同心円上に複数のフィーチャーキーを配置できる。 ストランド、フレーム別、フィーチャー形状、塗りと枠のカラー指定、枠の太さ、カラー分類法の選択、ラベルの表示・非表示、ラベルとして使用するQualifierの選択、フォントサイズ、２つの同心円のオーバーレイ機能、目盛り間隔を変更できる。 設計したスタイルは保存でき、他のプラスミドに適用できる。同心円の順序変更や追加・削除、編集が可能。プラスミドマップは
環状ゲノムマップビューア・エディタ	現在ロードされているゲノム配列に関する環状ゲノムマップの設計編集、フィーチャー同心円の追加・編集・削除、プロファイル同心円の追加・編集・削除、複数ゲノムの自動マップ生成、印刷・画像ファイル出力（PDF, PNG, WEF)が可能。設計されたサーキュラーレイアウトは、レイアウトスタイルとして保存でき、別のゲノム配列も同様のデザインで

	作成できる。様々スタイルの同心円をマップに追加できる。また、1個の同心円には、複数のフィーチャーを表示設定でき、ストランド指定、カラー分類、指定フィーチャーのみの表示などができる
配列ファイルビューア	メインフィーチャーマップに現在表示されている領域の配列を表示するビューア。ビューア上で表示範囲の変更、逆ストランドの表示・非表示、アミノ酸翻訳の表示・非表示、目盛りの表示方法の変更、1行の表示塩基数を表示できる。また、PDF, PNG, EMFのフォーマットでそれぞれ画像ファイル出力できる。
機能：フィーチャーマップ操作	
ドックインとドックアウト	ドックイン・ドックアウト可能なペインは、Main Directory Tree, Reference Direactory Tree, Info Tab, Main Feature Map, Reference Feature Map, Toolbox は別方法で取り出せる
フィーチャーマップズームスクロールパラメータ設定	メインフィーチャーマップは、塩基単位、画面単位の左右スクロールが可能。専用ボタンあり。縦スクロールは、スクロールバーで操作。ズームはツールボックスあるいはメニューのズームボタンを使用。ズームインは、配列レーン上でのマウスドラッグによる指定、マウス右クリックでズームインできる。ズーム・スクロールの速度はSettingメニューから可能。
各種フィーチャ―リストとの連動機能	フィーチャーキー検索、キーワード検索、配列パターン検索、機能分類検索、ゲノム統計表示、の各結果画面とフィーチャーマップが連動する。
配列レーンへの表示設定	配列レーン上で設定変更可能な項目は、核酸塩基およびアミノ酸のフォントサイズ変更、アミノ酸1文字コードの表示位置変更、核酸塩基およびアミノ酸残基の表示カラー変更、スタートおよびストップコドン候補の表示および憑依カラー設定である。
配列レーン上での操作	塩基配列選択、選択解除、塩基配列挿入、塩基配列削除、塩基配列置換、塩基配列コピー、新規フィーチャー登録、ホモロジーアーム設計、PCRプライマー設計
機能：フィーチャー上およびフィーチャーレーン上からの操作	
フィーチャーからの実	参照ゲノムへの相同性検索、コドン頻度表表

行操作	示、アミノ酸プロファイル表示、配列と注釈のコピー、フィーチャーを増幅するプライマー設計、アノテーションウィンドウの起動、デスクリプションウィンドウの起動、配列ビューアの起動とスタートコドン候補の表示、レーン属性の設定変更
フィーチャーのQualifier編集	表示カラー設定、文献ファイル添付、分子構造ファイル添付、フィーチャーマップ表示、ゲノムマップ表示、遺伝コード表変更
フィーチャーの編集	削除指定、削除、複製、イントロンの削除、エクソンの削除
機能：フィーチャーマップレイアウト設計	
コンテント・プロファイルレーン	レーン高さ変更、表示コンテント選択（GC Contentなど6コンテント、GC/AT Skew, Cumulative GC/AT Skew, Import Map Data, Fickett Profile)、背景色変更、プロファイルグラフのパラメータ変更、スライディングウィンドウパラメータ変更、間引き機能、グラフカラー変更。
ナビゲーションレーン	表示対象フィーチャー（複数）選択可能。ストランド選択(Forward, Reverser, Both)、配置方法選択（Six Lane, Three Lane, Two Lane, One Lane, Pack)、間引き設定変更
パラメータ変更なしレーン	配列レーン、縦スクロールバーレーン、配列スケールレーン、マップスケールレーン、フレームレーン
フィーチャーレイアウトスタイル管理	フィーチャーレイアウトスタイルの新規登録、編集、削除を行う。また、個別にスタイルをインポート、エキスポートする。リスト全体を別名で保存する。デフォルトのスタイルを変更できる。このリストは、メインウィンドウの上部インディケーター領域にプルダウンメニューとして表示され、現在ロードされているカレント配列にただちに適用できる。カレントディレクトリにある複数の配列ファイルを選択状態にして、プルダウンメニューから１つのスタイルを指定すると選択中の全部のファイルに適用される。
フィーチャーレイアウトスタイル設計機能	フィーチャーレイアウトスタイルの設計マネージャー。スタイルへの新規レーンの登録、編集、削除、表示順序変更、スタイルの別名での保存を行う。既存のスタイルを呼び出し

	、編集することも可能。レーン毎の編集機能はレーン別に記述。
フィーチャーレーン	表示フィーチャーキー（複数）選択、ストランド選択、配置方法（Six Lane, Three Lane, Two Lane, One Lane, Pack)、表示鎖変更(Forward, Reverse, Both)、エクソン表示方法変更、配置密度、レーンの高さ変更、オフセット変更
制限酵素レーン	設定変更（レーン高さ、セット切替、制限酵素リストの絞り込み（認識配列長、パリンドローム性、末端形状（Blunt, Sticky)、DAM/DCM、対象配列の切断箇所数、制限酵素の選択）
局所ゲノム再配置マップレーン	変更可能なパラメータは、レーン高さ、縦オフセット、表示するフィーチャー（複数指定可能）、ストランド指定（Forward, Reverse, Both),配置方法（Six Lane, Three Lane, Two Lane, One Lane, Pack)、表示鎖変更(Forward, Reverse, Both)、エクソン表示方法変更、配置密度
機能：フィーチャー・フィーチャーキー設計	
フィーチャーへの連番付加	フィーチャ―キー検索、キーワード検索、ゲノム統計の各検索結果からヒットしたフィーチャーに連番を付加できる。
フィーチャーキー新規登録・編集・削除	フィーチャーキーの新規登録、編集、削除可能。ただし、必須フィーチャーキーの編集、削除はできない。新規登録時は、既登録フィーチャーキーをテンプレートとすることが可能。フィーチャーキー名、形状、背景パターン、枠カラー、塗りカラー、枠太さ、表示領域選択、ラベルとするQualifierの指定、使用するQualifierの複数指定が可能。
機能：参照ゲノムマップ操作	
多重リニアゲノムマップ＝参照ゲノムマップ	多重リニアゲノムマップは、近縁種間の複数のゲノム染色体からの並列フィーチャーマップである。参照ゲノムマップにロードされたゲノム配列のうち、カレントディレクトリにロードされた配列は全部自動的にマップ上に描画される。
機能：検索	
キーワード検索	キーワードを入力して注釈を検索する。対象フィーチャーキーを複数選択可能。キーワー

	ドは複数指定可能。キーワード間の論理演算はAND/OR/NOT。検索範囲を限定可能。結果画面ではフィーチャーキー別の個数・配列上の位置・塩基長・遺伝子名・塩基配列・デスクリプションへのボタン・アノテーションへのボタンがリストされる、CDSではアミノ酸配列、＋鎖ー鎖のみの選択、一括削除、コドン表、連番付加、FusionPCR、CSV/FastA/GenBankフォーマットでのファイル出力。Qualifierー括削除
フィーチャーキー検索	カレント配列のフィーチャーキー数をカウント、検索対象のフィーチャーを複数選択可能、検索範囲限定可能、結果画面ではフィーチャーキー別の個数・配列上の位置・塩基長・遺伝子名・塩基配列・デスクリプションへのボタン・アノテーションへのボタンがリストされる、CDSではアミノ酸配列、＋鎖ー鎖のみの選択、一括削除、コドン表、連番付加、FusionPCR、CSV/FastA/GenBankフォーマットでのファイル出力
遺伝子機能分類コード検索	遺伝子機能コード（任意だがCOG分類が一般的）を複数選択して、それらの機能を持つCDSフィーチャーを検索する。検索範囲指定可能。複数配列を検索対象にできる。 検索結果画面からはそれぞれの機能分類毎のCDS数、配列上の位置、ストランド、COGの説明、locus_tag、上流下流の遺伝子、CDSの塩基配列、デスクリプションウィンドウおよびアノテーションウィンドウへのリンクが表示される。アミノ酸配列を別途出力可能。ヒットCDSの一括削除、Fusion PCR, コドン使用頻度表表示が可能。CSV/FastA/G
配列パターン検索	登録されている配列パターンを複数選択して、カレント配列中に存在するパターンを検出する。検索時にパターンを新規入力して検索することも可能。検索範囲指定可能。検索対象ストランド指定可能。1～２文字のミスマッチ検出可能。CDS領域あるいは遺伝子間領域の探索領域指定可能。CDSの上流・下流指定領域のみの検索可能。また、複数配列を検索対象として設定可能。 検索結果画面では、パターン毎に検出個数、配列上の位置、上流下

	流の遺伝子を表示可能。また、結果を新規フィーチャーとして自動登録可能。CSV/FastA形式で結果保存
配列パターン登録機能	塩基配列パターンおよびアミノ酸配列パターン（モティーフ）の登録、編集、削除が可能。配列パターンは正規表現に準拠。パターン名称とパターンの正規表現が登録できる。選択したパターンのリストをIMC独自形式(pattern.dat)で保存できる。初期設定に戻すことも可能。
重なり遺伝子検索	配列上でCDSが重複しているものを検索する。検索結果は、その位置とストランド。結果リストをCSV形式でファイル出力できる。
機能：ツール	
2化合物間の代謝パスウェイ検索	フィーチャーマップ上の２つのCDS上で、ソース化合物とターゲット化合物を指定して、2つの化合物を結ぶ代謝パスウェイを発見するツール。実行中にARMが起動される。原子トレースが可能で、炭素、窒素、硫黄について設定できる。
DNAアセンブラー	キャピラリーシーケンサフラグメントアセンブラー。現在改良中のため、使用できない。
NGSペアドファイル変換ツール	NGSのペアドフラグメントを1本に結合するツール
アイ・スパイダー	公開データベースから指定する配列ファイルを自動的にダウンロードするツール。ダウンロードリストにデフォルトで登録されているのは、5種のデータベース（RefsSeq microbial, COG, KOG, NR, TrEMBL)であるが、ユーザが任意の配列データベースを登録できる。 また、ダウンロードリストを別名で保存。あるいは同様リストの読込、リストのインポート、初期状態への回復が可能。手動でダウンロード実行、あるいは開始日時指定した自動実行が可能。ダウンロードされたファイルは指定したフォルダーに格納され
タクシースパイダー	微生物配列の属性リストをダウンロードし、それらをローカルに保存し、Taxonomy Treeの各枝に配置するツール。ローカルにディスクスペース47GBもの空き領域を必要とする。Taxonomy Treeは2分割され、Super KingdomからOrderまでは、左のペイン、そこから1つ

	選択されたOrderに属するTreeを中央のペインに展開する。 Taxonomy の末端にある主としてSpeciesを選択すると、右側のペインに配列のリストが表示され、Nuc配列、AA配列の区別、Locus, defin
ファイルフォーマットチェッカー	GenBank/EMBLフォーマットファイルを検査し、自動修復する。
代謝経路ファインダー・ビューア	ソース化合物からターゲット化合物までの代謝パスの探索と表示、複数のシングルパスの合成、酵素発現量データのグラフとマップへのオーバーレイ、化合物代謝データのマッピングとグラフ表示、新規反応登録、新規化合物登録、炭素・窒素・硫黄原子トレース機能
多重GenBank形式ファイル系統樹展開ツール	1つのファイルに多数のゲノム配列データが格納されているデータを、その定義情報を参照して系統樹状に展開するツール。どのような系統の配列データがあるかわかりやすい。
機能：クローニング	
DNAフラグメント末端修飾	制限酵素認識部位付加、チミン塩基付加、平滑化、リン酸化・脱リン酸化
PCR Primer 設計	配列レーンの塩基配列を選択して新規登録可能。フィーチャーレーンをドラッグして選択された領域内（外）に最適プライマーを設計。設計結果画面では条件に一致したプライマーセットをスコア順にリストアップ。項目属性は、生成物（塩基長、Tm, GC含量)、F/R Primer(Priming位置、Tm、GC含量、塩基配列）である。3'-末端にA塩基付加オプション。生成物最大塩基長で制限。この画面からプライマーセットを選択し、PCR実行可能。選択されたプライマーセットを新規フィーチャーとして登録可能。また、プライマーリス
PCR Primer 設計パラメータ	選択領域の内部（あるいは外部）にプライマーを設計する設定可能。設計可能領域幅変更、最低生成物塩基長、プライマー（最長・最短塩基長、最小・最大Tm、最小・最大GC含量、アニーリングオリゴ濃度、塩濃度）、3'末端塩基指定（G,C)、Priming Parameter (E-value, Percent Identity, Overlap Length)、Primer間Tm差、リピート配列長、自己相補性、3'安定性、3'自己相補性、スコア関数（選択、Tm係数、生成物係数）、設計回避領域設定可

	能（指定フィーチャー
PCR Primerの管理	登録されたプライマー属性は、Primer ID、Primer配列、Primer塩基長、Tm、GC含量、登録日、コメント、PCRを実行したファイルへのリンク、である。リストは、Primer ID, Length, Tm, GC(%), Commentをキーとしてソート可能である。管理画面上からは、新規登録、編集、削除、末端への制限酵素認識部位付加、プライマーの任意の部位への制限酵素認識部位挿入、クリップボードへのコピー、が可能である。また、リスト全体あるいは一部を別名で保存、別リストの読込、プライマーのリス
PCR反応	インシリコでのPCRを実行する。実行は、プライマーリストから使用するPrimer Setを選択する方法、フィーチャーマップ上からのデザインリストからの実行、などがある。Amplifyを実行すると、生成物のリストが表示され、生成物を選択してカレントフォルダーにロード、あるいはCSV/FastA形式でのファイル出力が可能である。またContig Bridge機能とも連携している。
ゲノム塩基配列編集	分子生物学的な手段によらず情報処理的にゲノム配列を編集する。指定領域の削除、指定（複数）箇所での切断による断片化、コドンの置換
コンティグブリッジ	複数のコンティグ配列をブリッジできるPCR Product配列をリストアップする。
シーケンシングPrimer自動設計	カレント配列をシーケンシングするための全シーケンシングPrimerセットを自動設計する。設計パラメータとしては、デフォルトのPrimer設計パラメータの他にプライマー距離を設定できる。設計できなかった領域についてはパラメータを変更して、自動設計を繰り返す。結果は、CSV形式でファイル出力できる。
ライゲーション	カレントフォルダー上の２つのフラグメントのライゲーション、カレントフォルダー上の1つのフラグメントのセルフライゲーション
一括PCR Primer 設計	事前にそのゲノム上にあるPCR 増幅したいCDSなどのリストをFeature Key検索などを利用して、ファイル保存しておく。

	そのファイルをして、この機能を実行するとリストにある各CDSを増幅するプライマーを全部自動的に設計する。設計できなかった領域については、パラメータを変更して自動設計を繰り返す。設計されたプライマーセットは、フィーチャーとして新規登録、プライマーリストに新規登録、CSV形式でファイル出力が可能である。
全ゲノムカバーPCR Primer設計	全ゲノムを等長のプロダクトでカバーする生成物を得るための自動プライマー設計機能。設計できなかった領域については、パラメータを変更して、全領域が成功するまで設計を繰り返すことができる。設計されたプライマーリストは、フィーチャーとして新規登録、プライマーとして新規登録、CSV形式でファイル出力が可能
制限酵素リスト操作	セット選択、絞り込み（認識塩基数、パリンドローム、平滑・突出、DAM/DCM、切断箇所数、リスト保存、リスト編集、酵素新規登録、酵素編集、酵素削除、
制限酵素地図からの操作	配列ファイル切替、フィーチャーマップ表示、ズーム・スクロール、スライダー、バンド切り出し、ゲル電気泳動ウィンドウ起動
制限酵素消化断片のゲル電気泳動ウィンドウからの操作	電気泳動画像印刷、画像ファイル出力（PDF, PNG, EMF)、バンド切り出しと対応配列ファイル保存
制限酵素認識部位検索	探索領域選択、認識部位検索、認識部位リスト表示、制限酵素地図表示、複数配列からの一括検索
制限酵素認識部位検索結果画面からの操作	配列切替、別酵素追加検索、消化断片化、認識部位を新規フィーチャー登録、消化断片ファイルの登録、断片によるゲル電気泳動、リスト出力（CSV, FastA)、リストとフィーチャーマップの連動
複数テンプレートに対するPCR反応	複数のゲノム配列に対して、同じPrimerセットでPCR反応を実行する機能。それぞれのテンプレート上におけるPriming Siteの数と位置を表示、選択されたプロダクトのカレントフォルダーへのローディングおよびCSV形式でのファイル出力が可能である。
機能：ゲノム解析	
16SrRNAメタゲノム解	16SrRNAメタゲノム解析の検索結果を使用し

析結果からの表示データ生成	て、Taxonomy Rank別のグラフデータなどを生成する。
16SrRNAメタゲノム解析：前処理～検索	NGSでシーケンシングされた16SrRNAの断片配列を前処理する。ペアドフラグメントの場合は、自動的に結合する。使用するデータの数を限定可能。あらかじめ、16SrRNAのデータベースをロードしておく必要がある。各フラグメント配列をデータベースに対して、検索しTaxonomy アノテーションを実行する。
16SrRNA可変領域設定	16SrRNAメタゲノム解析の前処理として、使用する可変領域の設定とデータベース生成を行う。
ESTマッピング（カレントフィーチャーマップ上に）	シングルEST配列を複数指定し、カレント配列上に相同性によりマッピングする。イントロンの最大塩基長を指定し、隣り合うエクソン距離が離れた場合はマッピング対象外とする。実行後はマッピング候補リストが表示され、選択されたものだけを新規フィーチャーとして登録できる。
ORF抽出	カレントゲノム配列からORF候補を抽出する。抽出範囲指定、遺伝子領域限定、遺伝子間領域長定義、オーバーラップする候補中からの最長抽出、開始位置の選択、スタートコドンが存在しない候補の抽出適・不適、オーバーラップする既登録フィーチャーキーの比較指定、が可能である。抽出された候補は新規フィーチャーとして登録できる。CSV/FastA形式でファイル出力可能。
アノテーション用外部サーバ設定	オートアノテーション用の外部サーバを設定する。設定できるコマンドは、MetaGenome Annotator, AUGUSTUS, tRNAScan-SE, RNAmmerである。
アミノ酸翻訳	指定したフィーチャーキーの塩基配列を指定したコドン表によりアミノ酸配列に変換する。指定可能なフィーチャーキーは、CDS, ORF_XXX、ProkaryoteかEukaryteかの選択。ORFフィーチャーは翻訳後にCDSに変更される。
アミノ酸配列マッピング	複数のアミノ酸配列ファイルを指定し、カレントゲノム配列上にマッピングする。エクソン領域のみにマッピングされるため、一つのアミノ酸配列からマッピングされたフラグメントは結合され、複数のポジションからなる1

	個フィーチャーとして登録できる。アミノ酸に注釈がある場合は転記される。
アラインメントエディター	マルチプルアラインメント結果からコンセンサス配列を編集する。マッチ・ミスマッチの記号とカラーを変更できる。
オートアノテーション	ゲノム配列の自動アノテーションを実行する。実行場所として、ローカル、ローカルエミュレータ、外部サーバから選択できる。あらかじめ、Create DBを使用して検索用データベースを実行場所に生成しておく必要がある。実行場所のOSによって選択できるコマンドが異なる。ゲノム配列は一度に複数指定可能で、実行はバッチ処理となる。検索用のコマンドは、blastp, blastx, tblastxから選択できる。出力ファイルはGenBank形式である。
カレント配列をクエリーとした一括相同性検索	カレント配列をクエリーとして、指定した検索用データベースに対して相同性検索を実行する。ヒットした配列のQualifierのうち、指定したQualifierを自動転記する。
ゲノム統計情報表示	カレントゲノム配列中に存在する全フィーチャーのフィーチャーキー別登録数を表示する。ここで選択されたフィーチャーキーに属するフィーチャーのリストが表示され、表示項目は、ゲノム位置、ストランド、GC含量、塩基別数、塩基組成、GC Skew, AT Skewスタートコドン候補個数、デスクリプションウィンドウ起動ボタン、アノテーションウィンドウ起動ボタン、である。ストランド別に選択できる。選択されたフィーチャーに対する連番付加機能がある。リストはCSV形式でファイル出力できる。選択されたフィーチャ―に連動して、メ
ゲノム間特異領域検索	カレントゲノム配列をクエリーとして、参照ゲノムのカレントにロードされているゲノム配列と比較して、特異（相同性がない）領域を探索する。特異領域検索結果画面から領域をクリックすると、各のマップはその位置を表示。CSV形式でファイル出力。
コアゲノム解析	コアゲノム解析は、複数の近縁種ゲノム間での保存されたコア遺伝子を同定する機能である。カレントゲノム配列に対して、カレント参照ディレクトリにあるゲノム配列から解析

	対象ゲノムを選択可能。相同性スコアと 解析結果画面には、コア遺伝子がリストされ、各遺伝子行をクリックすると、メインフィーチャーマップと参照ゲノムマップはそれらの遺伝子領域を表示する。マルチプルアライメント表示可能で、機能はマルチプルアラインメントウィンドウの機能と同様。選択されたコア遺伝子をCSV形式でファイル出力可能。解析結果は専用フォーマットフ
コドン使用頻度表示	カレント配列ファイルのコドン頻度表を作成する。注釈付きゲノム配列の場合は、全CDSの頻度総計が計算される。CDS数、CDS上のコドン数、塩基数が表示される。表記はmRNAとDNA表示が可能。コドン別の割合と、頻度を切り替え表示できる。また、アミノ酸頻度も表示する。CSV形式でのファイル出力も可能
トレースマッピング	ABI/SCF形式のキャピラリーシーケンサから配列ファイルをカレント配列上にマッピングする。実行後は、マッピング候補リストが表示され、選択されたものだけをフィーチャ―として登録できる。登録後は、マップされたフィーチャからその波形プロファイルを表示できる。
フィーチャー演算子によるオーバーラップフィーチャー処理	同一フィーチャ―キーに属するフィーチャーが互いにオーバーラップする位置にある場合は、それらのフィーチャーのAND/OR/XORフィーチャーを新規生成し、登録する。新規に生成されるフィーチャーのフィーチャーキーは指定できる。
フィーチャー融合	カレント配列の同一位置に同一Feature Keyを持つ2個以上のフィーチャーが存在する場合、これらのQualiferを継承して、1個のフィーチャーに融合する。
ベンダイアグラム解析	すでに遺伝子が同定された近縁種ゲノム塩基配列についてそれらのGenBank形式ファイルを使い、それぞれのゲノム上に存在するすべての遺伝子の間に共通遺伝子か否かを判定し、3ゲノム間あるいは2ゲノム間のベン図（Venn Diagram）を描画する。共通遺伝子の判定には、NCBI BlastによるアミノBlastによるアミノ酸配列相同性検索のPercen

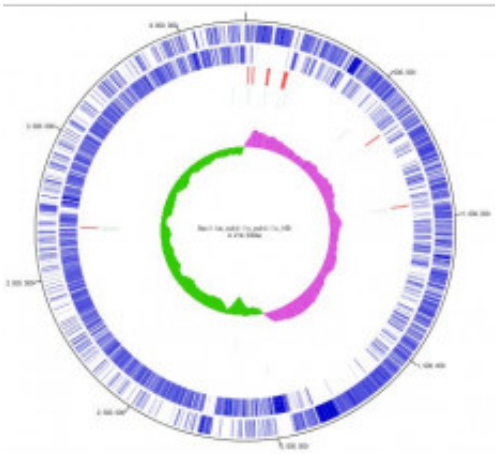
	t IdentityおよびOverlap Lengthを使用。 結果画面からは、各グループに属する遺伝子の情報を表示し、ファイル出力が可能。結果画像は、PDF/PGN/EMF形式でフ
マルチプルアラインメント	複数の核酸あるいはアミノ酸配列間のアラインメントを作成する。メインカレントディレクトリにロードされている配列から複数選択可能。また、ホモロジー検索結果画面からもこの機能を起動できる。 結果画面からは、系統樹描画機能、シンプルエディター機能、クリップボードへのコピー、印刷が可能。一行に表示する文字数を変更できる。
参照ゲノム配列からの自動アノテーション	参照ゲノム配列をクエリーとして、メインカレントディレクトリにロードされている全ゲノム配列に自動アノテーションする。実行後に候補リストが表示され、登録するかどうかを手動選択できる。
反復配列検索	カレント配列中における反復配列を抽出する。結果ウィンドウが表示され、該当する行をクリックするとメインフィーチャーマップはその位置を示す。リストには、配列塩基長と2つの配列の位置、および塩基配列が表示される。選択した反復配列は新規フィーチャーとして登録できる。リストはCSV形式でファイル出力できる。
変異検索	近縁種ゲノム間の変異点を塩基単位で検出する。カレントゲノム配列を基準として、カレント参照ディレクトリにロードされているゲノム配列から複数を選択し比較する。ゲノム配列は遺伝子抽出されCDSフィーチャーが登録されている必要がある。検出部位をCDS上あるいは遺伝子間領域のどちらかに設定できる。検出判定基準は、%IdentityおよびOverlap率を変更できる。 解析結果画面には変異塩基のリストが表示され、表示項目はゲノム配列別に変異塩基、変異位置、gene name, ocus-Tagとなる。CSV形式でフ
局所ゲノム再配置地図解析	2種の近縁種間の全体にわたり、かつ局所的なゲノムリアレンジメントマップを配列レベルで作成・描画する。カレント配列ゲノムを基準として、カレント参照ディレクトリにロードされている異なる近縁種ゲノムとの相同領

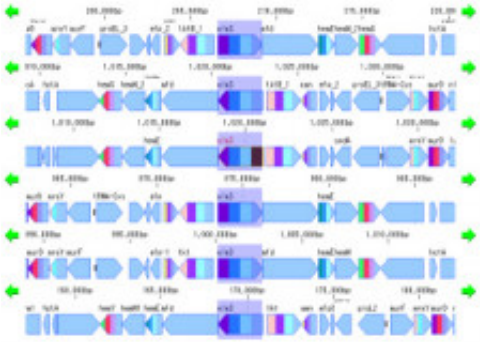
	域を検出し、塩基配列およびそれぞれのゲノムのフィーチャーをアラインメントした局所的ゲノム再配置マップを描画する。ローカルゲノムリアレンジメントマップと命名。実行後に、参照配列を取り込んだ新たな配列が生成され、その配列がカレント配列となる。ここではフィーチャレーンに参照ゲノムのレーンが自動的に追加されている。
広域ゲノム再配置地図解析	近縁種ゲノム間の全長にわたるゲノムリアレンジメントマップを作成・描画する。カレントゲノム配列と、カレント参照ディレクトリにロードされている近縁種ゲノム配列のうち選択（複数可）されたゲノム配列の間でペアワイズにゲノム全長を比較する。核酸配列での比較と、アミノ酸配列での比較が可能。相同性のクライテリアを変更可能。アミノ酸配列での比較の場合は、双方のゲノムともCDSが注釈付けされている必要がある。 結果画面からは、縦横ズーム、スクロール、相同ラインのピックアップ、任意のフィーチャ―キーの表示、非相同領域の表示、
系統樹の描画	マルチプルアラインメント結果から、選択されたフィーチャ―の系統樹を描画する。水平表示、垂直表示、無根系統樹の指定ができる。また進化距離の表示・非表示が可能。ノードの形状をBox, Circle, Noneから選択できる。系統樹図は、PDF形式でファイル出力できる。外部で作成された系統樹ファイル（dnd形式）を読み込み、表示可能。
自動トランスクリプトームアノテーション付加	トランスクリプトーム配列の自動アノテーションを実行する。実行場所は、ローカルのみである。あらかじめ、検索用データベースを生成しておく必要がある。生成される遺伝子のフィーチャーキーを指定できる。トップヒットからアノテーションに含める上からの順を指定できる。
複数ゲノム間EC番号存在不存在リスト生成	複数の近縁種ゲノムにおけるEC番号の付加状況をリストアップする。解析結果はEC番号順に各ゲノム配列に存在・非存在を表示する。このリストをCSV形式でファイル出力できる。
逆相補鎖変換	カレント配列を全フィーチャーを含めて、そ

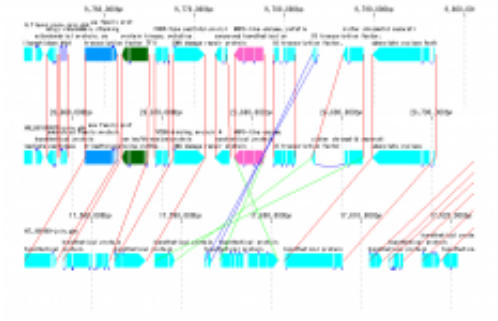
	れまでの逆相補鎖を順鎖とする配置に変換する。逆相補鎖変換された配列はその状態でファイル出力できる。もう一度実行すると元の鎖に戻る。
選択されたフィーチャーに対する一括相同性検索	選択されたフィーチャ―をクエリーとし、カレントディレクトリ中の各配列データ、および生成されている検索用データベースから指定されたデータに対して、相同性検索を実行する。ヒットした配列のQualifierのうち、指定したQualifierを自動転記する。
遺伝子クラスターアラインメント	参照ゲノムマップ上に複数の注釈付きゲノム配列をロードし、一つのゲノムの1CDS上から他の遺伝子での相同な遺伝子を探索し、加えて周囲の遺伝子同士の相同性も検出し、結果として遺伝子クラスターのアラインメントを得るもの。
配列入力による相同性検索	コピーアンドペーストあるいは配列指定によって入力された配列をクエリーとして、カレントディレクトリ（メインよびレファレンス）にある配列のうち選択された配列に相同性検索を行う。実行可能な相同性検索プログラムは、blastn, blastp, blastx, tblastx, tblastnである。相同性検索結果リストからは、ヒット領域を中央に表示するようにメイン・レファレンスの各マップがシフトする。
機能：アミノ酸配列解析	
プロファイル表示	疎水性、親水性、鎖柔軟性、表面性、分子量、アルファヘリックス、ベータシート、ベータターン、極性、バルキー性、総合スコア
表示設定変更	スライディングウィンドウ設定、プロファイルカラー設定、正規化、アミノ酸モティーフ表示、表示プロファイル選択、自動・手動スケール、基準線変更、ウェイト変更、
機能：ゲノム設計	
CAIによる遺伝子配列置換設計	異種組換を行うために、挿入遺伝子の遺伝子配列を宿主のCAIに合わせた配列に変換する。宿主のゲノム配列をカレント参照ゲノムにロードし、メインカレント配列を編集する。
In-Fusion クローニング設計とビルド	カレント配列としてIn-Fusionクローニングに使用するベクターをロードしておく。設計画面では、最初にベクター配列が開環された状態で図示されている。開環部分にクローニン

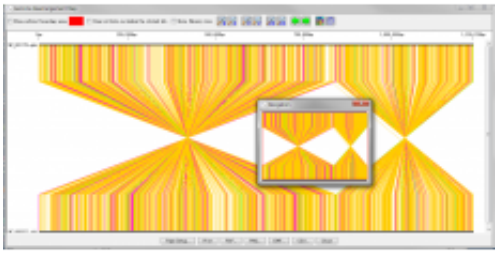
	グしたい複数の配列をIMC外部からドロップすると、開環部分にフラグメントが配置される。フラグメント同士の配置を移動できる。In-Fusion用のPrimer設計のためのパラメータには、Primer Size, 5' Junctionおよび3' Junctionのオーバーラップ塩基長、および設計されたPrimerに対して、名称付加、塩基長付
ギブソンアセンブリ設計とビルド	
ゲノムデザインチェッカー	カレント配列が遺伝子クラスターとして正しく構築されていることをチェックする。スタート・ストップコドンの有無、指定制限酵素サイトの個数、忌避配列の個数、スタートコドンから指定塩基長以内における必須配列の有無、宿主配列におけるレアコドンの検出。
コドン置換	選択されたCDSを指定した制限酵素で消化切断できないように置換する。置換に使用するコドンは指定したコドン頻度表に基づき、使用頻度の高いものとする。変更された元のコドンは、該当するCDSフィーチャーのQualifier /modified_base=に登録する。
フュージョンPCR設計とビルド	ロードされているカレント配列からCDSをリストアップし、ぞれぞれを指定したプロモータおよびマーカーに接続して、Fusion PCR用のプライマーセットを連続設計する。設計されたプライマーはプライマーリストの登録、CSV形式でのファイル出力が可能である。
ホモロジーアーム設計	ゲノム配列上の相同組換を行う領域をフィーチャーレーンで選択しておき、これを実行すると相同組換用のホモロジーアームを増幅するためのプライマーを設計する。増幅による生成物をカレント配列してロード、および参照ゲノムマップへのロードが可能である。
相同組換	参照ゲノムマップのカレントフォルダー上にインサート配列をロードしておき、カレントゲノム配列中の相同領域を指定することにより、相同組換を実行し、ゲノム配列をインサート配列で置き換える。組換後のゲノムは別配列としてカレントフォルダーにロードできる。

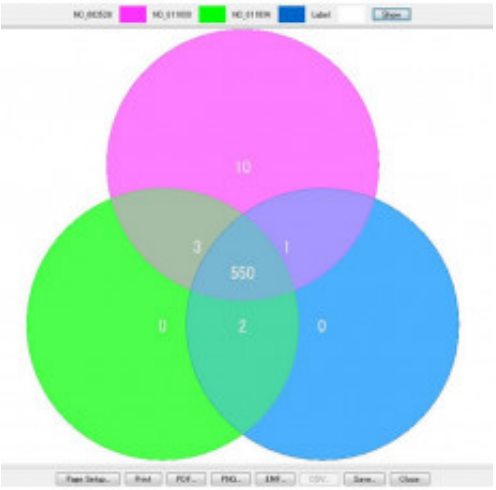
Product Gallery










10
3
1
550
0
2
0