

IMC には用途に応じて、3つのエディションがあります

» IMC には、利用者の方々の用途に応じて3つの異なるエディションがあります。

※ **S** スタンダードエディションには、基本機能のすべてが含まれています。

※ **G** ゲノミクスエディションには、「スタンダードエディション」の全機能に加えて、アノテーション機能および比較ゲノム機能などが含まれています。

※ **A** アレイエディションには、ゲノミクスエディションの機能のすべてに加えて、タイリングアレイ解析機能が搭載されています。

機能	S Standard Edition	G Genomics Edition	A Array Edition
GenBank/DMB L/DBJ ファイル生成機能	✓	✓	✓
メインフィーチャーマップ描画	✓	✓	✓
クローニング機能	✓	✓	✓
検索機能	✓	✓	✓
フィーチャー編集・出力機能	✓	✓	✓
相同性解析	✓	✓	✓
配列ダウンロードおよび登録機能	✓	✓	✓
de novo アセンブル機能	✓	✓	✓
パスウェイ解析		✓	✓
アノテーションウィンドウ機能		✓	✓
自動アノテーション機能		✓	✓
双対ゲノム並置フィーチャーマップ		✓	✓
多重ゲノム並置フィーチャーマップ		✓	✓
比較ゲノム解析		✓	✓
アレイ解析			✓
多重プロファイル比較機能			✓

ライセンス形態

» 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「固定ライセンス」と、ライセンスの移動が自由に行える「浮動（ドングル）ライセンス」の2種類があります。



ソフトウェア動作環境

- » OS: Windows XP/Vista/7 および Mac OS X.6
- » 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
- » ゲノミクスバ版 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

開発・総販売元: インシリコバイオロジー株式会社

代理店

〒 231-0023
横浜市中区山下町24番地8
SOHO STATION 706 号

FAX: 045(222)0434
Email: info@insilicobiology.co.jp
URL: http://www.insilicobiology.jp/

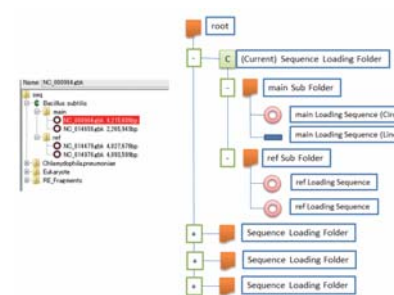
in silico Molecular Cloning 新時代のゲノム配列解析ソフト

Version 5.2

IMC は常に進化しているゲノム配列解析ソフトウェアです

- » IMC はゲノム時代の新しい概念による配列解析ソフトウェアです。
 - » 分子生物学のセントラルドグマに沿った操作を実現しています。
- » ゲノム塩基配列を基本として、様々な解析を実行することが可能です。
 - » 最近では、まずゲノム塩基配列全体を決定し、その後遺伝子レベルの実験や解析を行うことが増えています。
 - » 例: DNA アレイ解析
 - » 例: 次世代シーケンサデータ解析
 - » このようなトップダウンのアプローチに基づくソフトウェアは皆無でした。
 - » IMC は、「まずゲノム塩基配列ありき」のトップダウンアプローチに基づく新しい時代のソフトウェアです。
- » 利用者毎の独自のカスタマイズ機能が豊富です。
- » 分子生物学実験の補助やシミュレーションに使用できます。
 - » 任意の Vector/Plasmid をコンストラクトできます。
 - » Vector へのインサートチェックに最適な制限酵素をリストアップし、そのゲル電気泳動結果をシミュレート表示します。
- » 研究用だけでなく、分子生物学の教育・学習用のソフトウェアとしても充分利用できます。
 - » インシリコのクローニング実験が可能です。
 - » 目に見えない分子生物学実験を理解する助けになります。
- » 独自開発のため、研究者の要望を迅速に反映し、頻繁な改良や機能追加を実現しています。
- » 研究者や学生が日常的に利用している Windows や Mac 上で動作します。

ディレクトリツリー方式による多数配列管理機能 **NEW**

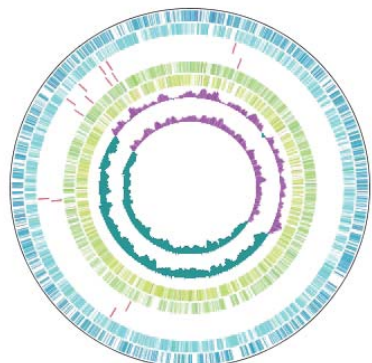


- » 従来、保存した配列が行方不明となりがちだった欠点を改善。
- » ロードされた配列がディレクトリツリー形式で管理されます。
- » root ノード以下に複数の配列フォルダーを登録できます。
- » カレント配列ロードフォルダー上の配列全部がメモリー上にロードされるため、ノード切替が高速に実行できます。
- » ロード配列のコピーが生成され、更新もコピーに対して実行。

2012年8月リリースの機能です

詳細は www.insilicobiology.jp 「案内板」をご覧ください。

多種近縁種ゲノム間の比較ゲノム機能



- » 多重ゲノム・アラインメント・フィーチャーマップ
- » 染色体間での相同性検索
- » フィーチャーアラインメント
- » 環状ゲノムマップ (フィーチャーレイアウトスタイル対応)
- » ドットプロット
- » 広域ゲノム再配置地図作成 (グローバルゲノムリアレンジメントマップ)
- » 局所ゲノム再配置地図作成 (ローカルゲノムリアレンジメントマップ) (新機能)
- » ベン図 (Venn Diagram) : オーソログ解析用 (大幅改良済)
- » 反復配列検出
- » 次世代シーケンサからの 16SrRNA によるメタゲノム解析 (新機能)

ゲノムフィーチャーマップ作成・描画機能

IMC のフィーチャーマップは多様なカスタマイズ機能 (フィーチャーレイアウトスタイル対応) を有しており、望み通りの遺伝子地図などを描画、印刷することができます。

- » 遺伝子地図 (フィーチャーマップ) 作成、地図のカスタマイズ (フィーチャー配置方法、形状、カラー、ラベル)
- » 独自フィーチャーキーの登録
- » 環状 DNA 対応のスクロール、地図描画
- » 高速ズーム、スクロール
- » GenBank/EMBL フォーマットファイルとの連動
- » コンテントマップ (組成プルファイル) の表示 (GC 含量、GC スキュー)
- » コンテントマップのグラフ描画・印刷 (新機能)

豊富な検索機能

- » 配列パターン検索 (核酸・アミノ酸)、遺伝子間領域探索
- » キーワード検索
- » フィーチャーキー検索
- » 相同性検索
- » すべてのフィーチャーの塩基配列・アミノ酸配列からデータベースへの検索
- » 検索用データベースの簡単作成
- » 複数ゲノム配列を同時に検索可能 (新機能)

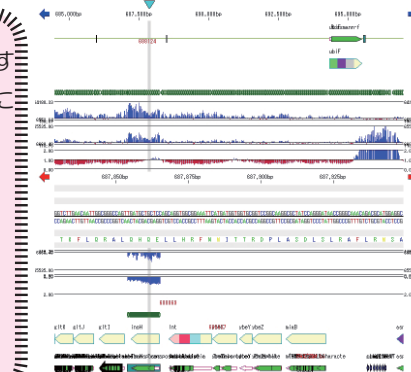
すでに 1100 名を超える研究者が使用中

300 以上の大学・研究機関・企業研究所において 1100 名以上の研究者がゲノム解析や実験サポートに IMC を使用しています。

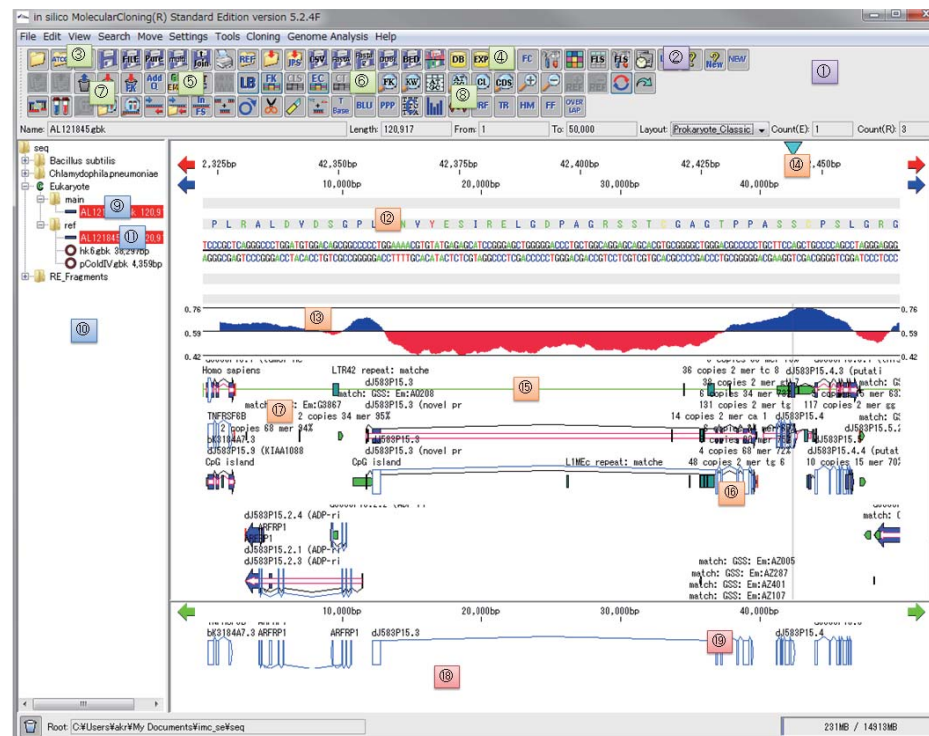
タイリングアレイ解析機能

高精度なタイリングアレイデータを遺伝子などの注釈と併置して閲覧解析することが可能です。Affymetrix 社、Agilent 社、Nimblegen 社のアレイに対応しています。

- » アレイプロファイル並列表示 (レイアウトスタイル対応)
- » アレイデータ補正、アレイ情報統計 (グラフ作成)
- » アレイ間演算、演算結果ファイル保存
- » プローブレベル・遺伝子レベル発現強度変換
- » 遺伝子 (遺伝子間) 別発現強度によるクラスタリング
- » プロファイルピーク検出



IMC スタンダード版のフィーチャーマップ



- 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 DNA アイコン
- ⑩ 反応チューブ
- ⑪ 参照チューブ
- 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

実際に切断・ライゲートできるクローニング機能

- » 制限酵素処理 (制限酵素地図、制限酵素消化断片生成、インサートチェックに最適な制限酵素候補リスト、その他)
- » PCR プライマー設計、特定のフィーチャー上を避けるプライマー設計、PCR による複製 (注釈含む)、全遺伝子を増幅する一括プライマー設計、プライマー管理
- » ライゲーション、セルフライゲーション、塩基断片末端形状適合性チェック
- » プラスミドマップ作成 (インサート領域吹出機能) (レイアウトスタイル対応)
- » 注釈を記述したままのクローニング
- » DNA 末端への制限酵素認識部位の付加
- » DNA 末端平滑化 (Blunting)、リン酸化 (脱リン酸化)
- » 注釈付き塩基配列の任意領域切り出し

ゲノム解析・アノテーション機能

アノテーションウィンドウでは、様々なツールが用意され、簡単に注釈をつけることができるようになっています。

- » フィーチャー別に相同性解析結果を自動転記します。
- » バッチホモロジー検索 (指定領域の全フィーチャー対象)、検索結果のフィーチャーへの貼り付け
- » パスウェイ解析を実行します (KEGG API を利用しています)。

2 週間の試用が可能です

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、インシリコバイオロジー社のダウンロード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。