

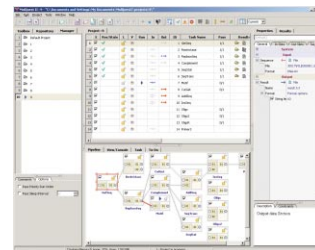
遺伝子・タンパク質解析ソフトウェア MolQuest



MolQuestは、遺伝子やタンパク質の配列データなどの分子生物学データの解析を行うためのソフトウェアです。真核生物ゲノムの遺伝子領域予測や、ゲノム間の多様性解析など、多くの論文で採用されている解析プログラムを、ユーザーフレンドリーなGUI環境で使用することができます。

特長

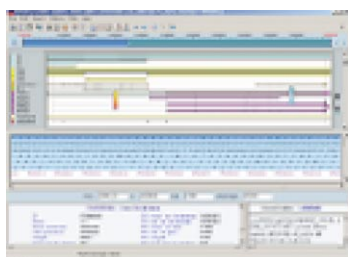
MolQuestでは、プライマーデザインやインターネットによるデータベース検索、ゲノム上の遺伝子領域予測、プロモーターの同定、調整領域マッピング、タンパク質解析のパターン発見、多重配列アライメント、系統樹作成などの様々な機能を、GUIインターフェースで使用することが可能です。



対応するアプリケーション

● Gene Finding

多くの論文で採用されている、ゲノム配列データからab initioに遺伝子領域の予測を行うプログラム「FGGENESH」を使用できます。真核生物、原核生物、ウイルスゲノムに対応し、生物種に合わせた高精度な解析が可能です。



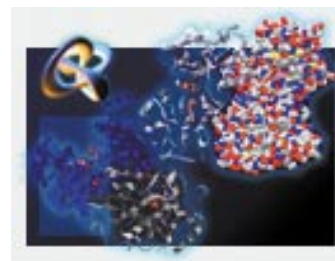
● Sequence Comparison

複数のヌクレオチド配列データ同士のアライメントや、ヒトゲノム配列に対するmRNA/EST配列のマッピングが可能です。また2種類のゲノム配列、あるいは染色体配列の比較による、比較ゲノム解析にも対応します。



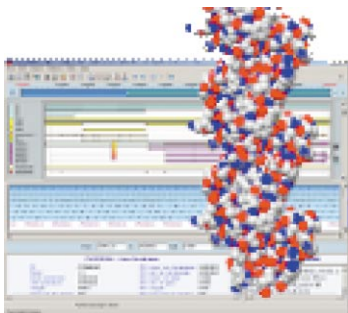
● Protein Analysis

タンパク質の細胞内の局在や、タンパク質の配列モチーフデータベース「Prosite」によるパターン検索、細胞傷害性T細胞の抗原基の予測などが可能です。さらにタンパク質2次構造の予測や、3次元の立体構造の表示、そしてPDBデータベースのリアルタイム検索による、タンパク質立体構造の比較も可能です。



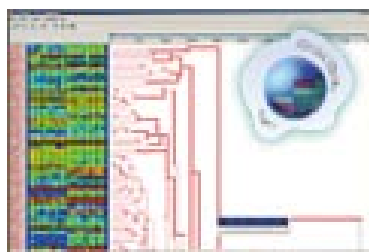
● Genome Sequence Explorer

ヒトゲノム (Apr.10, 2003 (hg15))、マウスゲノム (Feb 2003)、ラットゲノム (Jun 2003 (rn3))、バクテリアゲノムのビジュアルイゼーション機能と、遺伝子発現データの解析機能が利用できます。



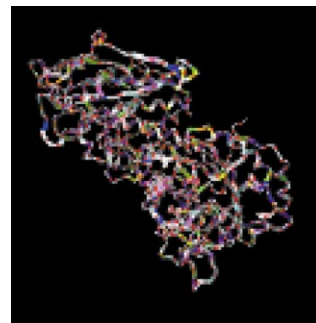
● Search for motif

オノンログス配列データなどを用いたプロモーター領域の予測、あるいは外部データベース (別途ライセンスが必要) を用いた調整モチーフの予測などを行い、さらにプロモーターやモチーフのビジュアルイゼーションが可能です。



● Sequence manipulation

配列データ内の回文や冗長性、高頻度に出現するオリゴヌクレオチド配列の計算が可能です。またRNAの2次構造予測やmiRNAの検索などの機能も搭載しています。



Price

製品名	ライセンスタイプ	税別価格	カタログ#
MolQuest	1年間ライセンス (アカデミック)	¥580,000	F-SB-MQ-A
	1年間ライセンス (コマーシャル)	¥1,760,000	F-SB-MQ-C

* テクニカルサポートは、電話、あるいは、電子メールでの対応のみとなります。