

GENETYX® Ver.14

遺伝情報処理ソフトウェア / Windows 版

遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX Ver.14 は、多彩な機能、見やすい画面、直感的に操作が可能な総合遺伝子解析ソフトウェアです。核酸・アミノ酸配列入力編集、核酸・アミノ酸配列解析、インターネット検索支援、プラスミドマップ、シーケンスアSEMBラー、次世代シーケンサー対応機能、配列データベース、ゲノムマップ等多岐にわたる解析内容をご利用いただけます。

GENETYX Ver.14 の機能

●印は GENETYX Ver.14 で機能アップされた項目です。

核酸・アミノ酸配列入力編集

- プロジェクトウィンドウ (配列エディタ)
- 波形ファイルの読み込み (配列のみ)
- 逆相補鎖のコピー
 - ・ モチーフ検索
- パラレルエディタ

配列の相同性解析

- ホモロジー解析
 - 検索結果をマルチプルアライメント風に表示
- Local BLAST 検索
- NCBI BLAST 検索
- cRNA プローブ検索
- PCR Primer 検索
- MUMmer 検索
- SNPs 検索
- アノテーション転記機能 ◆
- グローバルホモロジー
- マキシマムマッチング
- マルチプルアライメント
 - ・ Muscle によるマルチプルアライメント
 - ・ Clustal W によるマルチプルアライメント ▲
- MAFFT によるマルチプルアライメント ▲
- 解析履歴機能
 - ・ 分子進化系統樹
- RaxML を使用した最尤法による進化系統樹 ★ ▲
- ハープロット

核酸配列解析

- 配列データの組成分析
- アミノ酸配列への翻訳
- 特許出願フォーム出力
- GC 含量分布図作成
- di-Nucleotide 含量分布図作成
- ダイレクトリポート、インバーテッドリポート部位の解析
- 制限酵素認識部位解析
- サイレント変異導入設計支援
- オープンリーディングフレームの解析
- コドンフレーム別含量分布図作成
- プロモーター部位の解析
- PCR プライマー部位の解析
- Primer 3
- ハイブリダイゼーション機能
- tRNA 領域の解析
- ヘアピン構造部位の解析
- パリンドローム部位の解析
- RNA 二次構造予測
- siRNA ターゲット部位予測
- エクソン部位検索
- コドン頻度表を使ったコード領域予測
- Fickett 法を使ったコード領域予測
- CpG island 候補検索
- 5'3' スプライス部位候補検索
- Polymerase II プロモーター部位候補検索
- PolyA signal 候補検索
- ゲノム編集機能 CRISPR / Cas9 ガイド RNA 設計支援 ★ ▲

アミノ酸配列解析

- 配列データの組成分析
- シグナルペプチドの予測
- 配列組換え機能
- タンパク質の等電点予測
- 核酸配列への逆翻訳
- 特許出願フォーム出力
- PEST 配列検索
- タンパク質の親水性 / 疎水性表示
- タンパク質の疎水性クラスター解析
- エドモンソン・ホイール・プロット法によるタンパク質の構造予測
- タンパク質のヘリックス構造展開表示
- T細胞抗原性部位の予測
- アミノ酸配列からの制限酵素の解析
- ペプチダーゼ処理
- タンパク質二次構造予測 (Chou-Fasman)
- Conformational Profile (Chou-Fasman)
- タンパク質の二次構造予測 (GOR)

配列データベース

- データベース構築・検索

インターネット検索支援

- Entrez 検索

プラスミドマップ (Plas Draw)

- プラスミド地図作成

シーケンスアSEMBラー (ATGC) ◆

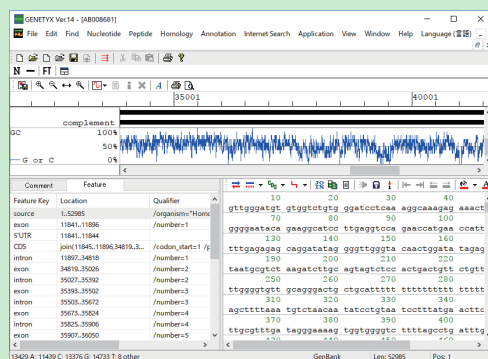
- 核酸配列自動結合
- 波形のサポート
- トリミング処理

次世代シーケンサー対応機能 (GENETYX-Genome) ◆

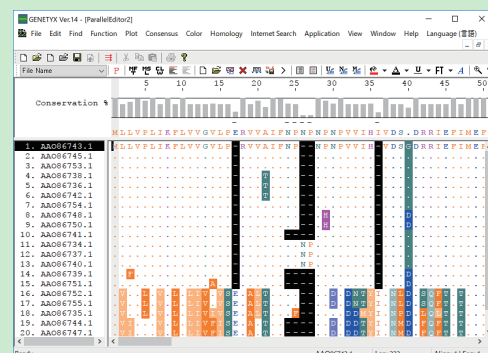
- クオリティチェック機能
- トリミング機能
- 配列組成表示機能
- 配列全体 MAP 表示機能
- 発現量解析機能 (カウントのみ) ★ ▲
- De Novo Assembly MIRA ★ ▲
- 解析履歴機能
 - ・ 対応形式: fastq, fna/qual, csfasta
 - ・ マッピング機能
 - ・ BAM/SAM形式データ読み込み機能
 - ・ ペアエンドマッピング
 - ・ 複数の染色体別に同時マッピング
 - ・ 参照配列のFeatureの表示
 - ・ 変異表のCSV出力、印刷
 - ・ De Novo Assembly Forge (64bit OS / 8GB メモリ以上の利用を推奨)

ゲノムマップ (G-MAP) ◆

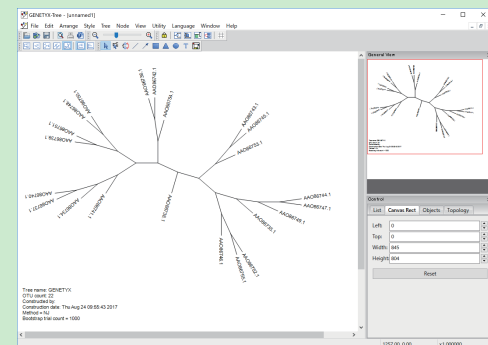
- ゲノムマップビューワー



プロジェクトウィンドウ



パラレルエディタ



分子進化系統樹



シーケンスアSEMBラー

★ 64bit OS のみ対応 ◆ 64bit OS 推奨 ◆ 単体ソフトウェアとして別途販売。
▲ Clustal W, MAFFT, RaxML, 発現量解析, MIRA は別途インストールが必要です。ゲノムデータは別途ダウンロードが必要です。

■ GENETYX Ver14 で追加、改良された機能

● 次世代シーケンサー対応機能 (GENETYX-Genome)

- クオリティチェック機能の追加
- トリミング機能の追加
- 配列全体 MAP の表示機能の追加
- 配列組成表示機能の追加
- 解析履歴機能の追加
- 発現量解析機能の追加 (カウントのみ) ★ ▲
- De novo Assembly MIRA の追加 ★ ▲

● ホモロジー解析

- NCBI BLAST の改良
 - ・ 10本まで並列検索が可能になりました。
 - ・ Discontiguous megablast 検索と Quick Blastp 検索を追加しました。
- ゲノム編集機能の追加 ★
 - ・ CRISPR / Cas9 ガイド RNA 設計支援機能を追加しました。
 - ・ ゲノムに対する特異性の確認機能を追加しました。(完全一致のみ) ▲
 - ※ 特異性の確認はヒトゲノム (GRCh38) に対して Core i5 3.10GHz SSD 200GB メモリ 8GB の PC で 5分程度の時間がかかります。
- ホモロジー検索の改良
 - ・ 検索結果をマルチプルアライメント風に表示が可能になりました。
- Local BLAST の改良
 - ・ Local BLAST のダイアログから直接ディビジョンに登録が可能になりました。
- アノテーション転記機能の追加 ◆
 - ・ ゲノムのアノテーション情報をコンティグ配列に転記が可能になりました。

● プロジェクトウィンドウ (配列エディタ)

- 波形ファイルの読み込み機能の追加 (配列のみ)
 - ・ 拡張子が ab1, scf のファイルの読み込みが可能になりました。

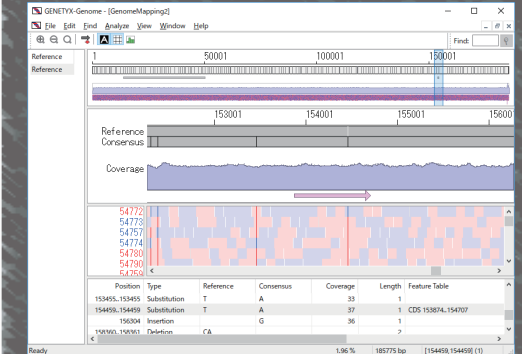
● マルチプルアライメント

- 解析履歴機能の追加
 - ・ マルチプルアライメントの解析結果と解析条件の保存・表示が可能になりました。
- マルチプルアライメント機能の追加
 - ・ MAFFT を使ったマルチプルアライメントが可能になりました。▲
- 系統樹 最尤法の追加 ★
 - ・ RAXML を使用した最尤法による系統樹を構築が可能になりました。▲

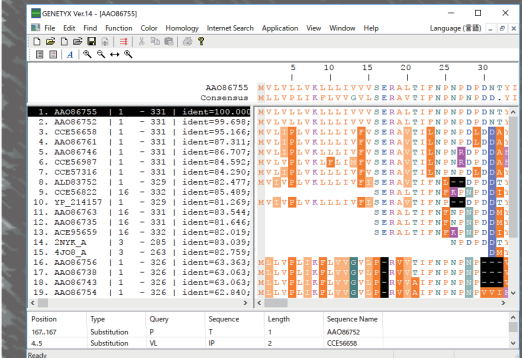
■ DEMO版 取得先

- URL https://www.genetyx.co.jp/products/download/genetyx_14_demo

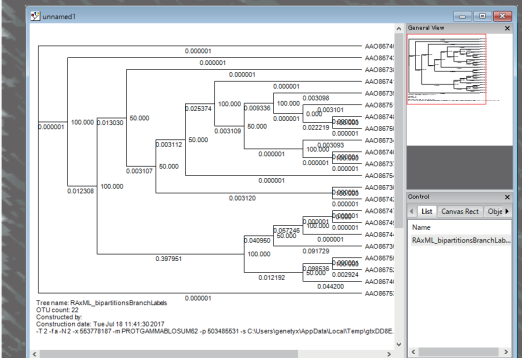
★ 64bit OS のみ対応 ◆ 64bit OS 推奨
▲ 発現量解析, MIRA, MAFFT, RAXML は別途 インストールが必要です。 ゲノムデータは別途ダウンロードが必要です。



● 次世代シーケンサー対応機能



● ホモロジー検索



● 系統樹 最尤法

■ 動作環境

対応機種 : Microsoft Windows 10 / 8.1 / 7 が動作する機種
対応 OS : Microsoft Windows 10 / 8.1 / 7
 ※以上全て日本語版、32bit OS / 64bit OS
メモリ : 2GB 以上 (推奨 4GB 以上)
HDD 容量 : 1GB 以上の空き容量
その他 : Internet Explorer Ver.11 以上がインストールされていること
 : 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

■ 多年にわたる充実したサポート

Web サービス : GENETYX ホームページ <http://www.genetyx.co.jp/>
 弊社ホームページより新着情報、製品情報、FAQ、DEMO 版
 最新アップデート情報、最新アップデートファイル取得可
メールサービス : メールでのお問い合わせに対する回答
電話・FAX サービス : 電話・FAX にてのお問い合わせに対する回答
DM サービス : 登録者にダイレクトメールにて新製品情報等の提供
年間利用料 : 年間の利用料金はかかりません

製品一覧

下記製品の詳細につきましては各製品のカタログをご参照ください

種類	型番	製品名
Windows 版	G-1401	遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX Ver.14
	T-0801	シーケンサアセンブリソフトウェア ATGC(Ver.8)
	P-0601	GENETYX ゲノムマップソフトウェア G-MAP(Ver.2)
Macintosh 版	M-0501	遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX-MAC(Ver.19)
	A-0201	シーケンサアセンブリソフトウェア ATGC(Ver.6)
ネットワーク 版	NWGA-01	GENETYX ネットワーク版 同時利用 1・3・5・10ライセンスセット (Aタイプ又はBタイプ)
	NWGC-01	GENETYX ネットワーク版 同時利用 1・3・5・10ライセンスセット (Cタイプ)
	NWAA-03	ATGC ネットワーク版 同時利用 1・3・5・10ライセンスセット (Aタイプ又はBタイプ)
	NWAC-05	ATGC ネットワーク版 同時利用 1・3・5・10ライセンスセット (Cタイプ)
	NWMA-10	G-MAP ネットワーク版 同時利用 1・3・5・10ライセンスセット (Aタイプ)
受託開発	お客様のご予算・ご要望にお応えし、ソフトウェアの開発を行います。まずはご相談ください。	

* 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。

GENETYX URL <http://www.genetyx.co.jp/>

株式会社 ゼネティックス

本社 〒150-0002 東京都渋谷区渋谷3丁目8番12号 TEL 03(3406)3241(大代表)
 E-mail: eigy@genetyx.co.jp FAX 03(3406)4881

大阪支店 〒532-0011 大阪市淀川区西中島6丁目7番8号 TEL 06(6304)2371(大代表)
 E-mail: osaka@genetyx.co.jp FAX 06(6304)1086

取扱店