

★ バージョンアップ価格

GENETYX Ver.15 をお持ちの方

¥48,000.- (稅込価格¥52,800.-)

GENETYX Ver.14 以前をお持ちの方

¥68,000.- (稅込価格¥74,800.-)

※現在ご利用中のソフトウェアのシリアル番号とご登録情報が必要。インストールには旧バージョンの CD ディスクが必要。

★ 追加購入価格

GENETYX 製品をお持ちの方

¥150,000.- (税込価格¥165,000.-)

※同一名義人様が対象。 GENETYX ・ GENETYX-MAC どちらをお持ちでも購入可能。現在ご利用中のソフトウェアのシリアル番号とご登録情報が必要。

★ お申込み方法

同封の「GENETYX 製品申込書」を FAX またはメールにてお申込みください。
※見積・納品・請求書と一緒に商品をお送りいたします。

★ デモ版取得先 (令和3年11月1日より取得可能)

URL:https://www.genetyx.co.jp/products/download/genetyx_16_demo/

★ 対応 OS

Microsoft Windows11 · Windows10

★ 新機能のご紹介

次世代シーケンサー対応機能

プロジェクトファイル保存・読込の高速化

並列化及び最適化を行いプロジェクトファイルの保存・読込処理が 高速化しました。

GENETYX Ver.15 の 約5倍! (当社比)

アミノ酸翻訳変異解析の追加

マッピング結果より、変異がアミノ酸翻訳に与える影響を解析します。

トリミング機能の高速化

並列化に対応してトリミング処理を高速化しました。

BAM ファイル指定発現量解析 ▲

入力元として BAM/SAM ファイルを直接指定して発現量解析を行います。

Magic-BLAST 検索 ▲

Magic-BLAST によるマッピングに対応しました。

※Magic-BLAST は、ゲノムやトランスクリプトーム全体に対して NGS シーケンスデータをマッピングするためのツールです。 また、RNA-seq のマッピングにも対応しています。

発現量比較 ▲

マッピング結果から作成したカウントデータから、DESeq2 パッケージを利用して二群間比較を行います。

シーケンスアセンブリ

プロジェクトファイル形式の共通化

ATGC で作成したプロジェクトファイルを ATGC-MAC で開いたり、 その逆を行うことができます。







※Windows版の旧バージョンで作成したプロジェクトファイルはWindows版のみ対応 Macintosh版の旧バージョンで作成したプロジェクトファイルはMacintosh版のみ対応

マルチプルアライメント

進化系統樹

Bootstrap 値の %表示に対応しました。

ギャップを排除した検索

パラレルエディタでギャップがあった場合、ギャップを 無視した文字列の検索に対応しました。

解析機能

自動 Feature 認識機能

予め登録された Feature と類似する領域に Feature 情報を 付加することができます。

ユーザー独自の Feature の登録が可能です。

アミノ酸配列で塩基配列を検索する機能を追加

アミノ酸配列上で塩基配列の検索が可能になりました。

色付け・下線部に移動する機能を追加

配列のエディタ上で色付け部・下線部に移動が 可能になりました。

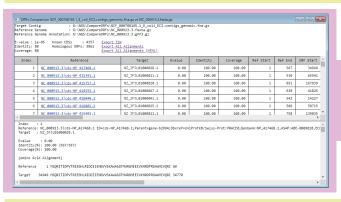
Project Window を複製する機能を追加

Project Window の複製が可能になりました。



Prodigal による原核生物の遺伝子予測機能を追加 ▲

Prodigal によって予測されたコード領域を Feature として 追加します。

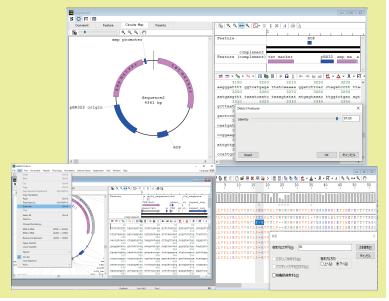


コドン最適化機能の追加 ▲

好ましいモチーフと避けうるべきモチーフを指定したコドン最適化が 可能になりました。

モチーフを指定しない場合は、最も使用頻度が高いコドンで最適化を 行います。

Rice Edit Annange Style Tree Node Vow Utility Language re-



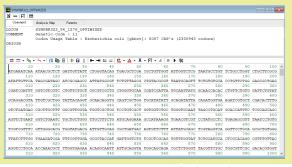
制限酵素によるクローニング支援機能を追加

制限酵素によるクローニングを支援する機能です。 ベクターとインサートを選択し、制限酵素とその断片を 決定することでライゲーションの可否が表示されます。

N - FI F	enBank										0 0
Comment	Feature	Parents			િક્ક લ્લ	+	≪ <u>10</u> - ⊞	1 × A 69	Da.		
LOCUS FEATURES CDS	NC_00091	Location/Qualifiers (398 /note="ID=1_ipartial=10;start_type="a_space="Mons.rgc_cont=0.427;conf=56. 1.56;sscore=2.72;rscore=0.00;uscore="0.76;sscore=2.72;rscore=0.00;uscore=1.76cte="ID=1_2 partial=0.0;start_type="Grbm_space=5-1.00p;rgc_cont=0.531;rc_cscore=2.0.96;sscore=15.93;rscore=11		Feature		1		######################################	03(((=4))00=(((=	0000000000	
CDS					(00	mplement)	M & O !	+ + = =	e · A · U	• FI • A	
CDS				00;start_type: t=0.563;conf=1	AGCTTTTC	10	20	30	40 TGTCTCTGTG	50	60
				;rscore=14.85;	TGATAGCA	GC !	TTCTGAACTG	GTTACCTGCC		TAAAATTITA 170	TTGACTTAGG
CDS		AGG;rbs_spa 8;cscore=18	cer=5-10bp;	00;start_type= gc_cont=0.528; =4.33;rscore=2	ACAACATO	90 CA :	200 TGAAACGCAT 260	TAGCACCACC 270	ATTACCACCA 280	230 CCATCACCAT 290	TACCACAGGI 300
CDS		e=3.94;" 52345530 /note="ID=1_5;partial=00;star s_spacer=5-10bp;gc_cont=0.539		t=0.539;conf={	CTTTTTTI	10	320	330	ACAACCATGO	350 GAGTGTTGAA	360
CDS		complement	(56836459)	re=14.85;usco: 00;start type=>	4	30	440	450	CGTGTTGCCG 460	470	480

原核生物の ORF 比較機能の追加 ▲

原核生物の Contig とリファレンスとなるゲノム配列および そのアノテーションを指定することで Contig の ORF と リファレンスゲノムの既知の遺伝子との相同性のリストを出力します。



*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。

▲別途プログラムのダウンロードが必要

製品の詳細は HP または製品カタログをご覧ください。

GENETYX URL https://www.genetyx.co.jp/

〒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:eigyou@genetyx.co.jp FAX 03(3406)4881 〒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