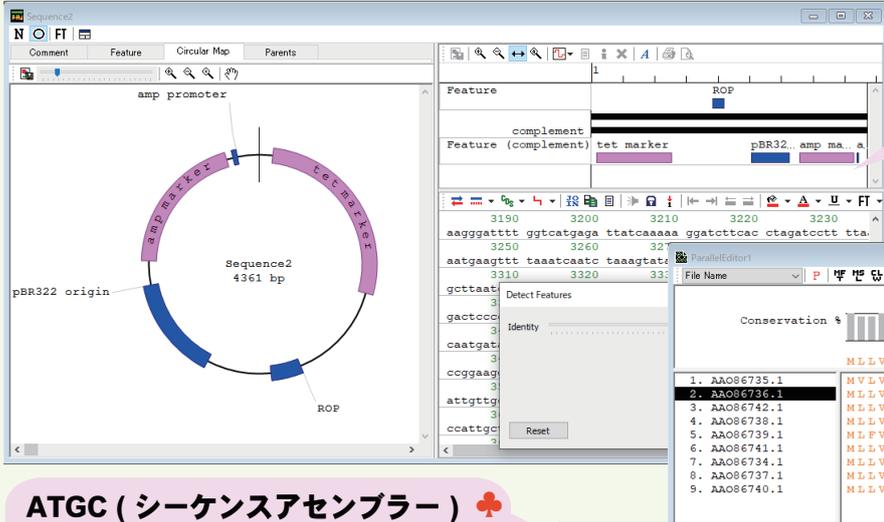




# GENETYX® Ver.16

## 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.16 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、次世代シーケンス解析機能、配列データベース等多岐にわたる解析内容をご利用いただけます。



### 核酸・アミノ酸配列入力編集

- 配列エディタ (プロジェクトウィンドウ)
  - ・ 波形ファイルの読み込み (配列のみ)
  - ・ サークラーのマップ表示
  - ・ 配列の構築履歴の記録 (Gibson Assembly のみ)
- 自動 Feature 認識機能
- アミノ酸配列で塩基配列を検索する機能
- 原核生物の遺伝子予測機能 ▲
- ・ モチーフ検索
- 複数配列ウィンドウ (パラレルエディタ)
- 間に Gap がある場合の検索に対応

### ATGC (シーケンスアSEMBラー) ♣

- ・ 核酸配列自動結合
- ・ 波形のサポート
- ・ トリミング処理
- ・ 配列・波形同時表示機能
- 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。

#### 参考時間

参照配列: Escherichia coli str. K12 4.6Mbp カバレッジ: 20

Core i7-10700K, 32GB, SSD 256GB

Genome Mapping : 26 秒

Assemble (MIRA) : 42 分 7 秒

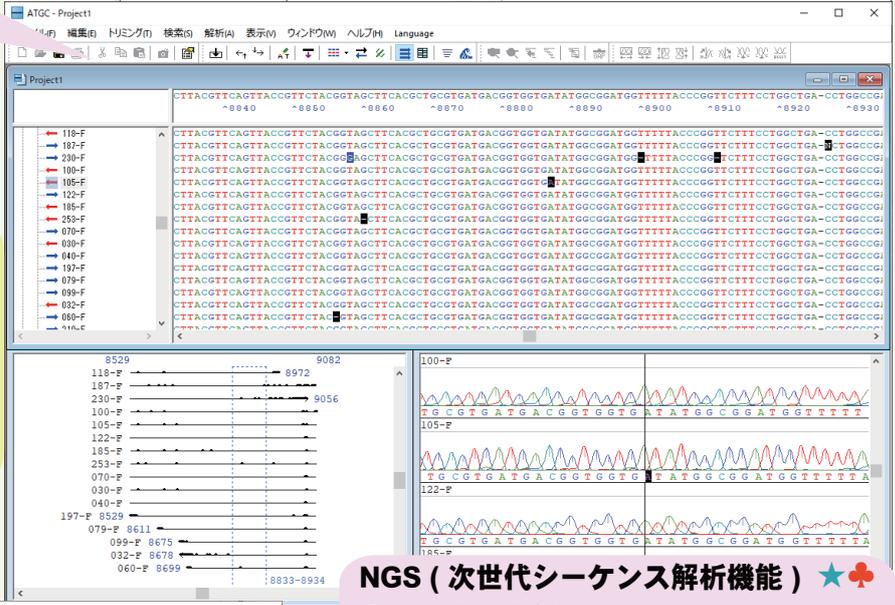
Core i5-9400, 32GB, SSD 500GB

Genome Mapping : 46 秒

Assemble (MIRA) : 48 分 35 秒

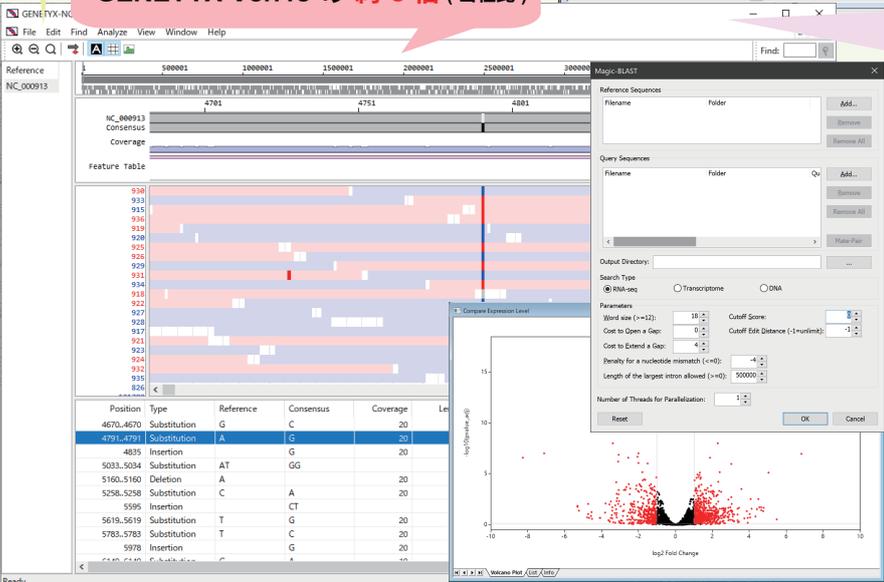


- トリミング機能の高速化
  - プロジェクトファイルの読み込み・保存の高速化
- GENETYX Ver.15 の 約 5 倍 (当社比)



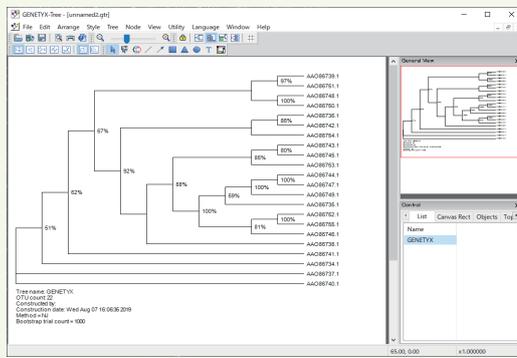
### NGS (次世代シーケンス解析機能) ★♣

- Magic-BLAST 検索 ▲
- BAMファイル指定発現量解析 ▲
- アミノ酸翻訳変異解析
- 数値指定で範囲選択・移動
- ・ SNP 検出機能 ▲
- ・ ゲノム種比較機能 (微生物) ▲
- ・ 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 ▲
- 発現量比較機能 ▲
- ・ 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



## 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 ブローブ検索
- 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 ▲
  - Similarity Plot
- 分子進化系統樹
  - ブートストラップ値の % 表示切替
- ハーブロット
- 原核生物の ORF 比較機能 ▲



進化系統樹

ORF Comparison GCF\_000704615.1\_c01\_022.contig\_genomic.frag vs NC\_000913.frag

Index	Reference	Target	Eval	Identity	Coverage	Ref Start	Ref End	QF Start	QF End
1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	567	36943	
2	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	567	45541	
3	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	567	47939	
4	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	568	4285	
5	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	563	34217	
6	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	566	38713	
7	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	758	139815	

## 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
- ダイレクトリピート、インバーテッドリピート部位の解析
- 制限酵素認識部位解析
- サイト特異変異導入設計支援
- 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 ★▲
- Gibson Assembly
- コドン最適化 ▲
- 制限酵素によるクローニング機能

原核生物の ORF 比較

Genetic Code : 11

Codon Usage Table : Escherichia coli [gbmt]: 6087 CDS's (2330943 codons)

Index	Reference	Target	Eval	Identity	Coverage	Ref Start	Ref End	QF Start	QF End
1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	567	36943	
2	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	567	45541	
3	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	567	47939	
4	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	568	4285	
5	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	563	34217	
6	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	566	38713	
7	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	NC_000913.1 cds-HP_41768.1	0.00	100.00	100.00	1	758	139815	

コドン最適化



制限酵素によるクローニング

## 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
- MySQL サーバーを使用してデータベースの共有
- 配列の構築履歴の記録

## インターネット検索支援

- Entrez 検索

## PlasDraw

- プラスミド地図作成

★ 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。  
 ▲ 別途インストールが必要ですが、ゲノムデータは別途ダウンロードが必要です。

## <その他の商品>

- 遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX-MAC(Ver.21)
  - シーケンスアセンブリソフトウェア ATGC ATGC-MAC
  - 次世代シーケンス解析ソフトウェア GENETYX NGS GENETYX NGS-MAC
  - GENETYX ネットワーク版 ATGC ネットワーク版
- 上記製品の詳細につきましては HP または各製品のカタログをご参照ください

●印は GENETYX Ver.16 で機能アップされた項目です。

DEMO 版取得先 URL [https://www.genetyx.co.jp/products/download/genetyx\\_16\\_demo](https://www.genetyx.co.jp/products/download/genetyx_16_demo)

■ 動作環境

対応機種	: Microsoft Windows 11 / 10 が動作する機種
対応 OS	: Microsoft Windows 11 / 10 ( 32bit OS / 64bit OS ( 64bit OS 推奨 ) ) 以上全て日本語版
メモリ	: 4GB 以上 (推奨 8GB 以上)
ストレージ容量	: 20GB 以上の空き容量
ハードウェア	: 光学ドライブ (インストール時に利用します)
その他	: 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

年間の利用料金はかかりません！  
 お得な追加ライセンスもご用意しております！

まずはお問い合わせください。

\* 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。

株式会社 **ゼネティックス**  
 GENETYX URL <https://www.genetyx.co.jp/>  
 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: eigyou@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