



GENETYX® Ver.17

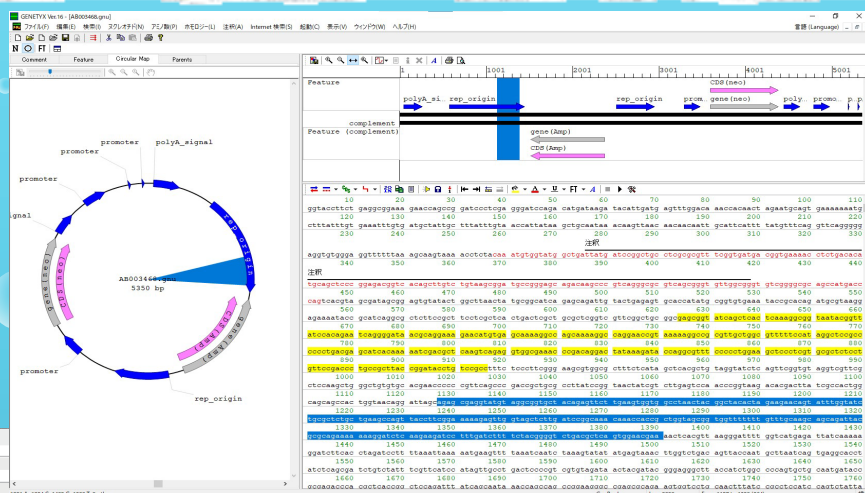
遺伝情報処理ソフトウェア Windows版

遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX Ver.17 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。

デモ版 https://www.genetyx.co.jp/products/download/genetyx_17_demo

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)
- 選択範囲のTm値の表示
- 波形ファイルの読み込み (配列のみ)
- サーキュラーのマップ表示
- 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)
- 配列検索機能 (Gap に対応)

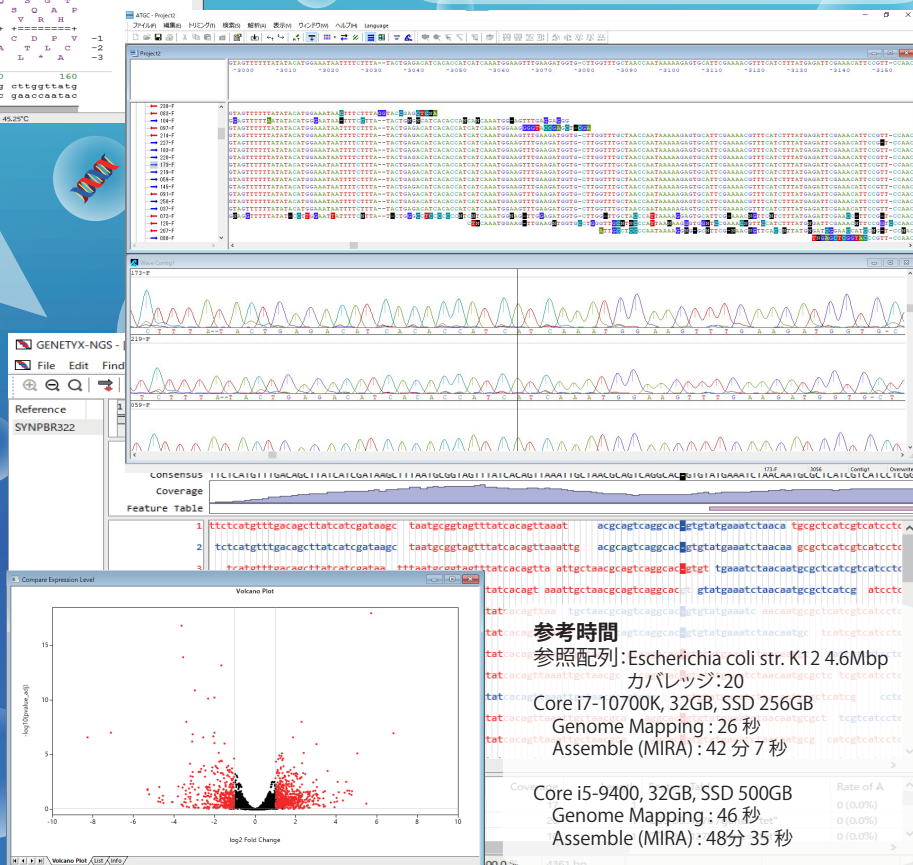


ATGC (シーケンスアSEMBラー) +

- 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

NGS (次世代シーケンス解析機能) +

- メタゲノム解析 (QIIME 2, PICRUSt2) ▲★
- 解析のバックグラウンド実行
- 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にマッピング
- 参照配列の Feature の表示
- 変異表の CSV 出力、印刷



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

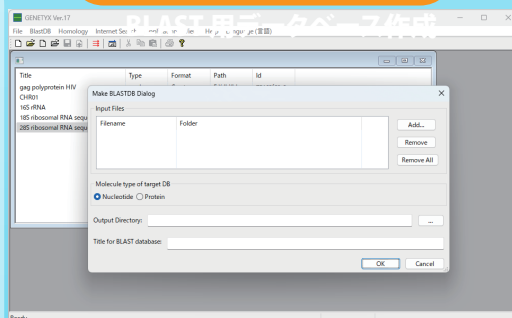
配列の相同性解析

- **BLAST 用データベース作成機能**
- **リファレンス配列へのマッピング機能**
- ホモロジー解析
 - 検索結果をマルチプルアライメント風表示
- 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 ▲
 - 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 ▲

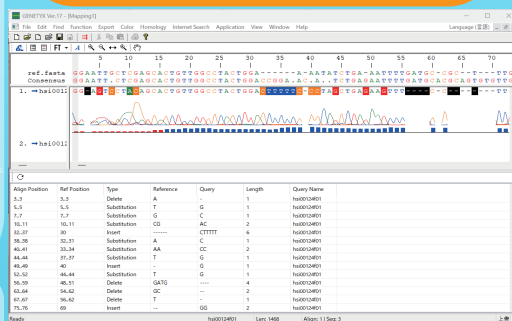
核酸配列解析

- **ゲノム編集機能 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援 ▲**
- **電気泳動シミュレーション機能**
- 配列データの組成分析
- アミノ酸配列へ翻訳
- 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
- Gibson Assembly
- コドン最適化 ▲
- 制限酵素によるクローニング

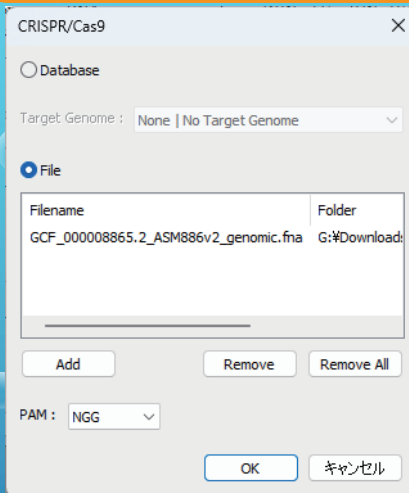
BLAST 用データベース作成



リファレンス配列へのマッピング機能



ゲノム編集機能 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援



電気泳動シミュレーション機能



アミノ酸配列解析

- 配列のデータの組成分析
- 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
- ペプチデータ処理
- 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

- GENETYX Ver.17で機能アップされた項目
- ▲ 別途インストールが必要
- ✦ 単体ソフトウェアとしても別途販売
- ★ AVX2に対応したCPUと16GB以上のメモリが必要

【その他の商品】

遺伝情報処理ソフトウェア
GENETYX-MAC (Ver.23)

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 またはカタログをご参照ください

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



動作環境

対応機種	: Microsoft Windows 11 / 10 が動作する機種 (Arm 版対応不可)
対応 OS	: Microsoft Windows 11 / 10 (64bit OS のみ) 以上全て日本語版 (Arm 版対応不可)
メモリ	: 8GB 以上 (推奨 16GB 以上)
ストレージ 容量	: 20GB 以上の空き容量
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 : DVDディスクを利用の場合は光学ドライブが必要 (ダウンロード版も利用可能)

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 日本サーバ

本 社 〒150-0002 東京都渋谷区渋谷3丁目8番12号
E-mail : eigyou@genetyx.co.jp
大阪オフィス 〒532-0011 大阪市淀川区西中島6丁目7番8号
E-mail : osaka@genetyx.co.jp

取 扱 店