



# GENETYX<sup>®</sup>-MAC Ver.21

## 遺伝情報処理ソフトウェア Macintosh版

遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX-MAC Ver.21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。

macOS Big Sur ・ macOS Catalina ・ macOS Mojave で動作

**ATGC-MAC (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

**配列エディタ**

- 配列エディタ (プロジェクトウィンドウ)
- 配列エディタとマップ表示の連動
- 配列エディタへの追記機能
- Windows 版との互換性 (プロジェクトファイルの読み込対応) (注) 解析データの取込は未対応
- モチーフ検索
- 複数配列ウィンドウ (パラレルエディタ)

SnpDetection\_1598819308817

Zoom In Zoom Out Linkage Scroll Highlight Mismatches Show Grid Show Quality

	3131	3141	3151	3161	3171	3181	3191
Sequence	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGG						
Consensus	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGG						
Coverage	[Coverage bar chart]						
Genotype	[Genotype bar chart]						
Feature Table	[Feature table]						

**ゲノムマッピング参考時間**

対象データ 参照配列：大腸菌ゲノム 4.6Mbp  
カバレッジ：20x

計測環境 CPU：Intel Core i7-10700K 3.8GHz  
メモリ：40GB

所要時間 約 29 秒 Ver.20 の約 18 倍速に！ (当社比)  
(ハードディスク容量：断片配列のサイズ × 参照配列数の容量が必要  
対象データ・計測環境により所要時間は変わります。)

1096 (3049..3150)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGG CTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1103 (3068..3167)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1104 (3071..3171)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1107 (3080..3177)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1108 (3083..3182)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1106 (3077..3173)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1113 (3099..3198)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1116 (3109..3206)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1111 (3092..3193)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA
1114 (3102..3203)	AGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACTTTAAGGGATTTTGGTTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTA

**NGS (次世代シーケンス解析機能) 🍀**

- 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
- 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

**SNP 検出参考時間**

(PCR 重複除去、Realignment およびフィルタ処理を含む)

Core i5-6500 3.20GHz  
HDD1TB メモリ 40GB の PC で

参照配列長 1,144,377bp	カバレッジ 36	93 秒程度
参照配列長 4,903,504bp	カバレッジ 29	818 秒程度

Word	Query Frequency	Query Z-Score	Subject Frequency	Subject Z-Score
aaan	15409	-1.632	15408	-1.616
aaac	15972	-0.928	15971	-0.934
aaag	15555	-1.356	15557	-1.337
aaat	15751	2.063	15747	2.021
aaca	15457	-2.210	15458	-2.187
aaac	15581	0.757	15577	0.731
aaag	15662	-0.030	15663	-0.028
aaat	15783	1.487	15782	1.487
aaag	15557	-0.573	15555	-0.601
aaag	15918	1.120	15923	1.150
aaag	15531	-2.402	15532	-2.408
aaat	15587	1.857	15587	1.859

Tetra Distribution

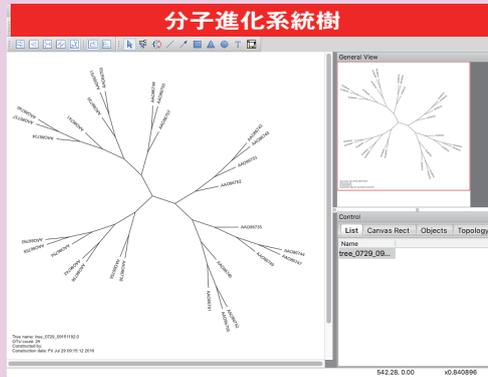
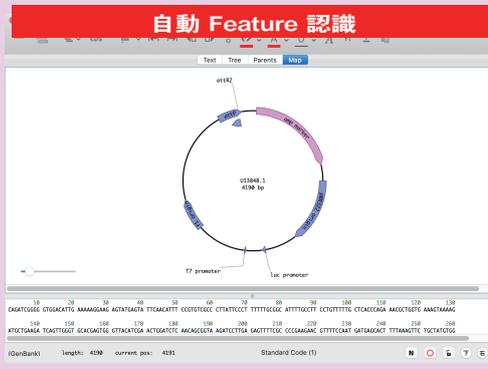
Y-axis: Z-score (from -14 to 14)  
X-axis: genome 1 (from 0 to 10)

## 配列の相同性解析

- ローカルホモロジー解析
- マルチプルアライメント風表示
- Local BLAST 検索
- NCBI BLAST 検索
- MUMmer 検索
- アノテーション転記機能
- グローバルホモロジー解析
- 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
- 分子進化系統樹
  - 系統樹 PHYLIP による解析
  - 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

- 自動 Feature 認識機能
- 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
- アミノ酸変異導入設計支援
- 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 ▲
- 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
- 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 ▲
- クローニング支援機能
  - Gibson Assembly 機能
  - 制限酵素によるクローニング機能



## 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
- 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

●印は GENETYX-MAC(Ver.21) で機能アップされた項目です。

◆単体ソフトウェアとして別途販売。  
▲Clustal W, RAXML, MIRA, Primer3 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。

## <その他の商品>

遺伝情報処理ソフトウェア  
GENETYX Ver.15

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

DEMO 版取得先 URL [https://www.genetyx.co.jp/products/download/genetyx\\_mac\\_21\\_demo](https://www.genetyx.co.jp/products/download/genetyx_mac_21_demo)

## ■ 動作環境

対応機種	: macOS Mojave 以上が動作する Mac (Intel) ・ Mac (Apple silicon) シリーズ
対応 OS	: macOS Mojave 以上
メモリ	: 4GB 以上 (推奨 8GB 以上)
ストレージ容量	: 2GB 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

(解析に使用するデータにより必要なメモリとストレージ容量は変動します)  
詳細はHPをご参照ください

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