



GENETYX-MAC[®] Ver.23

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.23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。

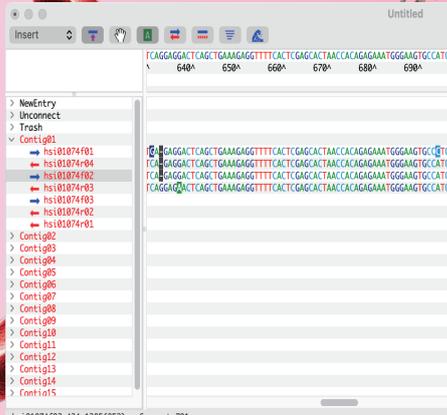
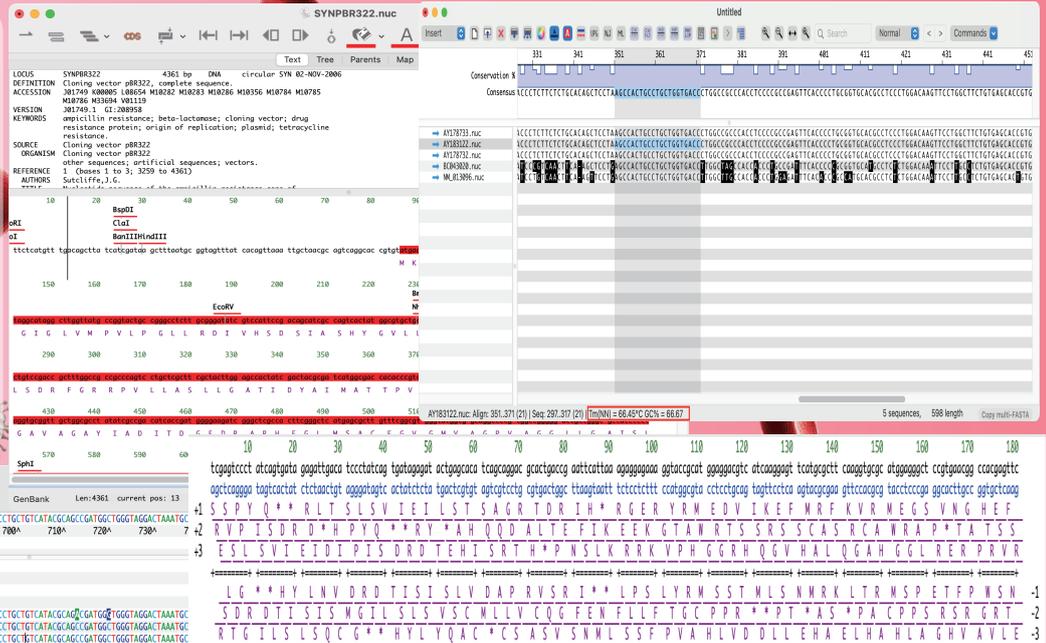
核酸・アミノ酸配列入力編集、核酸・アミノ酸配列解析、インターネット検索支援、プラスミドマップ、シーケンスアSEMBラー、次世代シーケンス解析機能、配列データベース等多岐にわたる解析内容をご利用いただけます。

対応 macOS Sequoia ・ Sonoma ・ Ventura (Apple Silicon / Intel)

配列エディタ

● 配列エディタ (プロジェクトウィンドウ)

- 選択範囲の Tm 値と GC % の表示
- アミノ酸翻訳時にコドンに下線
- 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込対応) ※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)
 - 選択範囲の Tm 値と GC % の表示
 - パラレルエディタ翻訳表示機能
 - 配列検索機能 (Gap に対応)

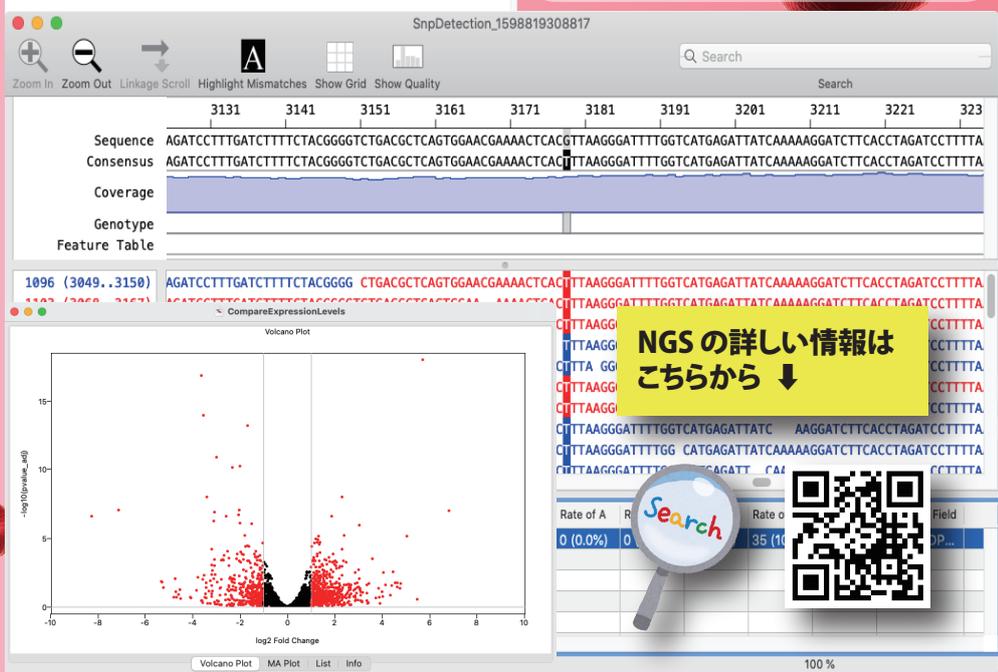


ATGC (シーケンスアSEMBラー) ♣

- 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
- ※各旧バージョンで作成したプロジェクトファイルは作成したソフトウェアでのみ対応

NGS (次世代シーケンス解析機能) ♣

- メタゲノム解析 (QIIME 2, PICRUS 2) ▲
- Magic-BLAST 検索
- De novo Assembly MEGAHIT ▲
- 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
- 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



NGS の詳しい情報は
こちらから ↓



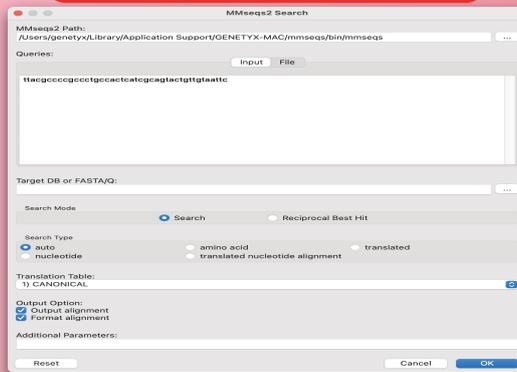
アミノ酸配列解析

- 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)

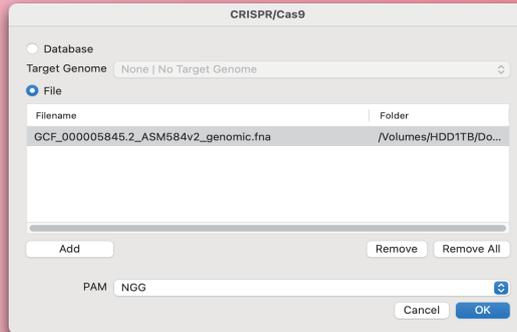
核酸配列解析

- ゲノム編集機能 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援 ▲
- 制限酵素表示形式のプリファレンス設定
- コドン最適化機能 ▲
- 原核生物の遺伝子予測機能 ▲
- 電気泳動シミュレーション機能
- 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
- 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
- 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

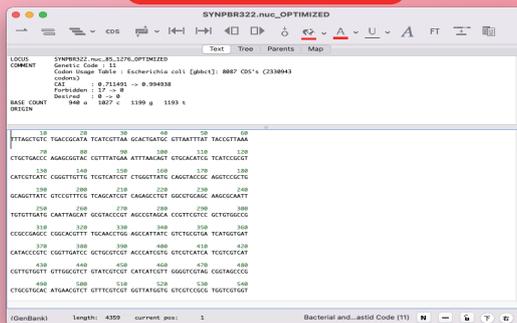
MMseqs 2 の相同性検索機能



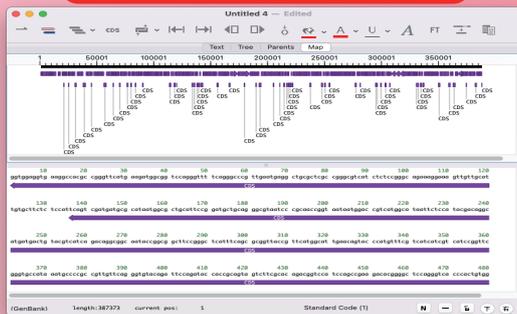
ゲノム編集機能 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援



コドン最適化機能



原核生物の遺伝子予測機能



配列の相同性解析

- MMseqs 2 の相同性検索機能 ▲
- BLAST 用データベース作成機能
- 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
- リファレンス配列へのマッピング機能
- 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 ▲
- Similarity Plot
- 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
- 原核生物の ORF 比較機能 ▲

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

PlasDraw

- プラスミド地図作成

- GENETYX-MAC (Ver.23) 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

<その他の商品>

遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX Ver.17

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



デモ版 ホームページにて公開中 URL : <https://www.genetyx.co.jp/>

動作環境

対応機種	: macOS Ventura (Apple Silicon / Intel) 以上が動作する Mac シリーズ	※ Apple Silicon 搭載 Mac では Rosetta2 が必要
対応 OS	: macOS Ventura (Apple Silicon / Intel) 以上	
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)	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・製品名は弊社の商標または登録商標です。*記事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

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
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