



GENETYX®-NGS Ver.3 / Windows 版 GENETYX®-NGS / MAC Ver.3 / Macintosh 版

次世代シーケンス解析ソフトウェア GENETYX-NGS Ver.3 / GENETYX-NGS / MAC Ver.3 は、次世代シーケンサーのデータを解析するソフトウェアです。リファレンス配列へのマッピング、De novo Assembly、クオリティチェック、トリミング、発現量解析、SNP 検出など多岐にわたる解析内容をご利用いただけます。

- **マッピング機能** 多数の断片配列を既知の配列上の類似度の高い部位へ配置します。並列化に対応し高速処理にてマッピングすることができます。



Macintosh 版

Position	Type	Reference	Consensus	Coverage	Length	Feature Table	Rate of A
4130..4130	Substitution	A	C	20	1	CDS 3734..5020	0 (0.0%)
4294..4295	Deletion	TG		2	2	CDS 3734..5020	0 (0.0%)
4374..4374	Deletion	T		19	1	CDS 3734..5020	0 (0.0%)

Position	Type	Reference	Consensus	Coverage	Length	Feature Table	Rate of A	Rate of G
1604486	Insertion		A	20	1	CDS 1604197..160...	19 (95.0%)	0 (0.0%)
1604583	Insertion		AA	20	2	CDS 1604197..160...	0 (0.0%)	0 (0.0%)
1604662..1604662	Substitution	G	T	20	1	CDS 1604197..160...	0 (0.0%)	0 (0.0%)
1604766	Insertion		O	20	1	CDS 1604197..160...	0 (0.0%)	0 (0.0%)

Windows 版

- **SNP 検出機能** ※ マッピング結果から SNP の検出を行います。PCR 重複除去、Realignment およびフィルタ処理を行います。結果は VCF ファイルとして出力することが可能です。

Macintosh 版

Position	Allele Type	Reference	Alternative	Genotypes	Coverage	Feature Table	Rate of A
14894..14894	snp	G	T	1/1	20	CDS 14168..15298	0 (0.0%)
15398..15398	snp	C	A	1/1	21		20 (95.2%)
15597..15597	snp	C	G	0/1	33	CDS 15445..16557	0 (0.0%)

Position	Allele Type	Reference	Alternative	Genotypes	Coverage	Feature Table	Rate of A	Rate of C	Rate of G	Rate of T
4514441..451444...	snp	C	G	1/1	20	CDS comp...	0 (0.0%)	0 (0.0%)	20 (100...	0 (0.0%)
4515187..451518...	snp	G	A	1/1	19		19 (100...	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
4515256..45152...	snp	C	A	1/1	19	CDS 4515...	19 (100...	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
4516142..451614...	snp	C	T	1/1	20	CDS comp...	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	20 (100...

Windows 版

- **ゲノム種比較機能 (微生物)** ※ Tetra Nucleotide 頻度および ANI (Average Nucleotide Identity) 値を算出して微生物ゲノム間の比較を行います。

	2m-a-1	2m-a-2	2m-a-3	2m-a-4	2m-b-1	2m-b-2
2m-a-1	---	0.99969	0.99967	0.99909	-0.07496	-0.07777
2m-a-2	0.99969	---	0.99943	0.99894	-0.07323	-0.07993
2m-a-3	0.99967	0.99943	---	0.99889	-0.07178	-0.07943
2m-a-4	0.99909	0.99894	0.99889	---	-0.06671	-0.09209
2m-b-1	-0.07496	-0.07323	-0.07178	-0.06671	---	0.99432
2m-b-2	-0.07777	-0.07993	-0.07943	-0.09209	0.99432	---
2m-b-3	-0.08938	-0.08635	-0.08690	-0.08236	0.92178	0.92446
2m-b-4	-0.18895	-0.18983	-0.19010	-0.19007	0.07479	0.08873

Word	Query Frequency	Query Z-Score	Subject Frequency	Subject Z-Score
aaaa	15408	-1.632	15407	-1.616
aaag	15672	0.928	15675	0.969
aaat	15555	-1.356	15552	-1.379
aaag	15751	2.063	15748	2.029
aaca	15457	-2.210	15455	-2.249
aacc	15581	0.757	15577	0.735

- **De novo Assembly (MIRA)** ※ MIRA を使用した De novo Assembly を行います。

■ クオリティチェック機能

マッピングやアセンブルなどの解析を行う前にシーケンサーから出力されたデータの質を調査します。

調査の対象は「クオリティスコア」「各塩基の割合」「配列長」「重複度」等です。

解析結果はHTML形式でファイルに保存してWebブラウザ等で閲覧することができます。

■ トリミング機能

ファイルから入力した配列に対してトリミング処理を行い新しいファイルに出力します。

トリミングには以下のような処理があります。

- ・アダプター（パターン指定）配列切除
- ・poly-A(T) tail 切除
- ・クオリティ閾値配列切除
- ・ベース数指定配列切除

また、条件を指定して配列を取り除く処理も行います。

配列除去には以下のような処理があります。

- ・あいまいなベースを含む配列の除去
- ・長さ制限による配列の除去

■ 配列組成機能

任意の範囲を指定して、マッピングされたセグメント配列の組成を解析します。

解析結果は表として出力されCSVファイルとして保存することができます。

■ 発現量解析機能 ※

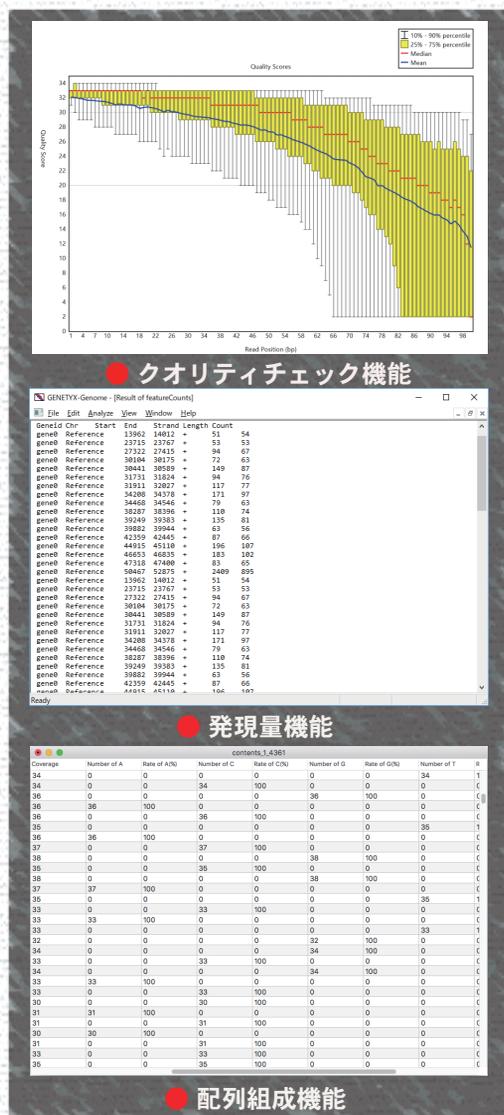
マッピングの結果を元に発現量解析（カウント）を行います。

参照配列のアノテーション情報をGTF（GFF）ファイルから入力します。

■ 解析履歴機能

解析実行時にパラメータを記憶、後から過去の解析パラメータを呼び出して解析を再現することができます。

解析パラメータは各解析のダイアログに設定されるので、解析を実行する前に変更することも可能です。



Mapping 解析のメモリ使用量と所要時間の目安（Core i5-6500 3.20GHz 1TB HDD）

ゲノム配列長 (Mbp)	ピークメモリ使用量 (GB)
4	0.02
20	0.97
100	4.78
200	9
400	18.55

ゲノム配列長 (Mbp)	Ver.1 (min.)	Ver.2/3 (min.)	速度比較 (Ver.1 に対し)
4	4.87	0.72	約 6 倍
20	45.05	4.28	約 10 倍
100	347.46	24.30	約 14 倍
200	613.28	58.43	約 10 倍

<https://www.genetyx.co.jp/qhelp/genetyx/GenomeMappingMemory.html>



De novo assembly 解析のメモリ使用量の目安（カバレッジ 70x の場合）

ゲノムサイズ (Mbp)	リード長 100 (GB)	リード長 250 (GB)	リード長 1000 (GB)
1	5.4	5.1	4.9
5	11.1	9.5	8.6
10	18.3	15	13.3
50	75.5	58.8	50.5
100	147	113.6	96.9
150	218.5	168.4	143.4
200	289.9	223.2	189.8
250	361.4	278	236.3

グラフはこちら
QRコードかURLからご覧ください。



<https://www.genetyx.co.jp/qhelp/genetyx/MiraMemory.html>

■ 動作環境（Windows版）

対応機種 : Microsoft Windows 10 / 8.1 が動作する機種
 対応 OS : Microsoft Windows 10 / 8.1 ※以上全て日本語版、64bit OS
 メモリ : 8GB 以上（16GB 以上推奨）
 HDD 容量 : 1GB 以上の空き容量
 その他 : 光学ドライブ（インストール時に利用します。）
 : 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
 : ※ MIRA・SNP・ゲノム種比較・発現量解析は別途インストールが必要

■ 動作環境（Macintosh版）

対応機種 : macOS Mojave v10.14 以上が動作する IntelMac シリーズ
 対応 OS : macOS Mojave v10.14 以上
 メモリ : 8GB 以上（16GB 以上推奨）
 HDD 容量 : 1GB 以上の空き容量
 その他 : 光学ドライブ（インストール時に利用します。）
 : 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
 : ※ MIRA は別途インストールが必要

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

*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

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