



GENETYX® NGS Ver.4 Windows版

次世代シーケンス解析ソフトウェア

次世代シーケンス解析ソフトウェア GENETYX-NGS Ver.4 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。

高速化 NGS Ver.3 の約 5 倍 (当社比)

- **プロジェクトファイル保存・読込の高速化**
並列化及び最適化を行いプロジェクトファイルの保存・読込処理が高速化しました。
- **ゲノムマッピング (高速化)**
次世代シーケンサーからの断片配列 (FASTA、FASTQ、FNA/QUAL、CSFASTA) を既知のゲノム配列 (参照配列) にマッピングします。
- **トリミング機能**
入力した配列に対してアダプター配列や低クオリティ領域を切り取るトリミング処理を行い新しいファイルに出力します。
- **Magic-BLAST 検索 ▲**
ゲノムやトランスクリプトーム全体に対して NGS シーケンスデータをマッピングします。RNA-seq のマッピングにも対応しています。
- **BAM ファイル指定発現量解析 ▲**
入力元として BAM/SAM ファイルを直接指定して発現量解析を行います。
- **発現量比較 ▲**
マッピング結果から作成したカウントデータから、DESeq2 パッケージを利用して二群間比較を行います。
- **de novo Assembly**
MIRA を使用して、次世代シーケンサーから出力された断片配列の de novo Assembly を行います。
- **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うことができます。結果は VCF ファイルとして出力することができます。
- **ゲノム種比較 (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。
- **アミノ酸翻訳変異解析**
マッピング結果より、変異がアミノ酸翻訳に与える影響を解析します。
- **数値指定で範囲選択・移動**
任意の数値を指定し、指定した範囲を選択・移動が可能になりました。
- **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配列の質 (クオリティスコア、塩基組成、配列長、重複など) を調査します。
- **発現量解析機能 (カウントのみ) ▲**
マッピングの結果を元に発現量解析 (現在はカウント機能のみ) を行います。
- **SAM / BAM インポート**
マッピング等の解析で一般的に使われる SAM / BAM 形式のファイルを読み込んで、ゲノムマッピングの結果と同時に表示します。
- **変異表**
ゲノムマッピングによって得られたコンセンサス配列と参照配列を比較して、その変異を一覧表示します。変異表は印刷や CSV 形式のファイルで出力できます。
- **配列組成表示機能**
任意の範囲を指定してマッピングされた配列の組成を計算して出力します。
- **解析履歴機能**
過去に行った解析の結果と条件を表示できます。

ゲノムマッピング

ゲノムマッピングのスクリーンショット。ゲノム座標とコンセンサス配列、マッピング結果の視覚化が示されています。

発現量比較

発現量比較のスクリーンショット。Volcano Plot を表示し、異なる条件下での遺伝子発現量の差を可視化しています。

ゲノム種比較

Accession	Accession	Accession	Accession	Accession	Accession	Accession	Accession
AB011474	AB014075	AL113382	BA000007	CP001013	CP011101.1	FR84902.1	NZ_LJ89484
0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997
0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997
0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997
0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997
0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997
0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997
0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997

クオリティチェック

クオリティチェックのスクリーンショット。配列のクオリティスコアをグラフで表示し、低クオリティ領域を特定しています。

SNP 検出

SNP 検出のスクリーンショット。ゲノム座標とコンセンサス配列、検出された SNP の位置を示しています。

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 日本語版 64bit OS
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

- 印は Ver.4 で新規追加された機能です。
- ▲印は 別途ダウンロードが必要です。