

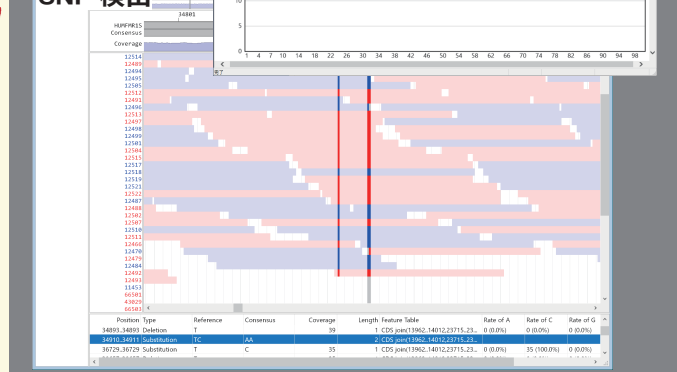
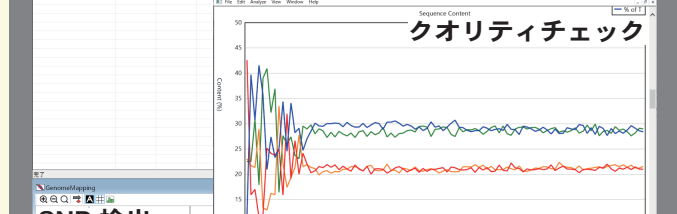
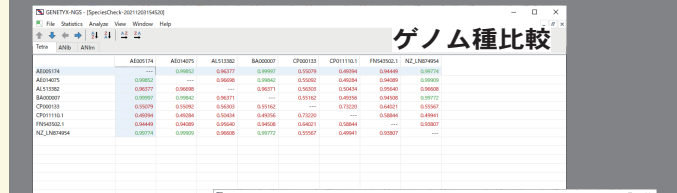
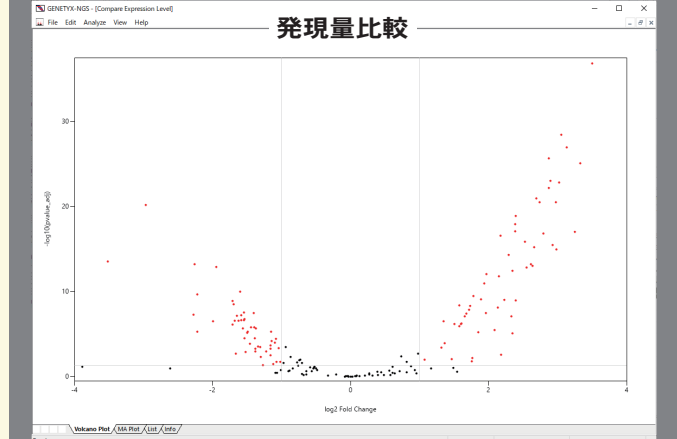
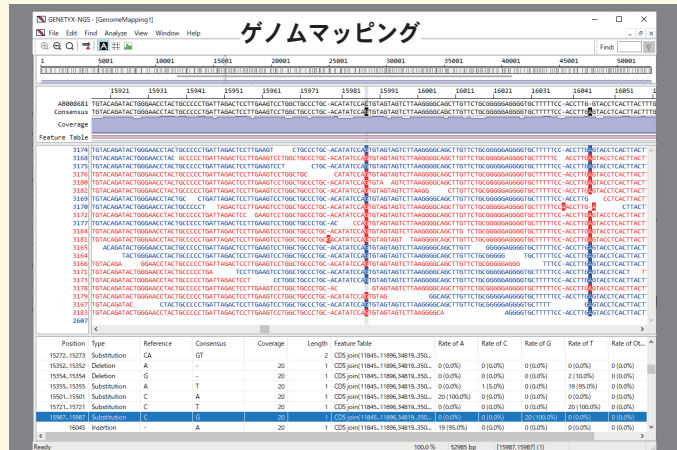


GENETYX[®]-NGS Ver.5 Windows版

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 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。

- **メタゲノム解析 (QIIME 2, PICRUST2)**
次世代シーケンスで得られた 16S rRNA データから、菌叢の遺伝子機能を予測します。※AVX2に対応したCPUと16GB以上のメモリが必要になります。
- **解析のバックグラウンド実行**
一部の解析は予約リストに追加し、ソフトウェアの使用中に順次実行できます。解析処理中に他の解析結果の閲覧を行うことができます。
- **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変異比較を行います。
- **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。
- **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。



動作環境

- 対応機種 : Microsoft Windows 11 / 10 が動作する機種 (Arm 版使用不可)
- 対応 OS : Microsoft Windows 11 / 10 (64bit OS のみ) 以上全て日本語版
- メモリ : 8GB 以上 (推奨 16GB 以上) (Arm 版使用不可)
- 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.5 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。