

GENETYX[®]-NGS/MAC Ver.5 Macintosh 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/MAC Ver.5 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。

● macOS Sonoma 対応

高速化 NGS/MAC Ver. 4 と比較して

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。

● 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。

● De novo Assembly MEGAHT ▲

MEGAHT ▲ 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。

● 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。

● 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 ▲

マッピングの結果を元に発現量解析を行います。

● 発現量比較機能

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。

● 数値指定で範囲選択・移動

任意の数値を設定し、指定した範囲を選択・移動が可能になりました。

● 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	macOS Big Sur 以上が動作する機種	※Apple Silicon 搭載 Mac では
対応 OS	macOS Big Sur 以上	Rosetta2 が必要
メモリ	8GB 以上 (16GB 以上を推奨)	
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。

