



GENETYX® Ver.18

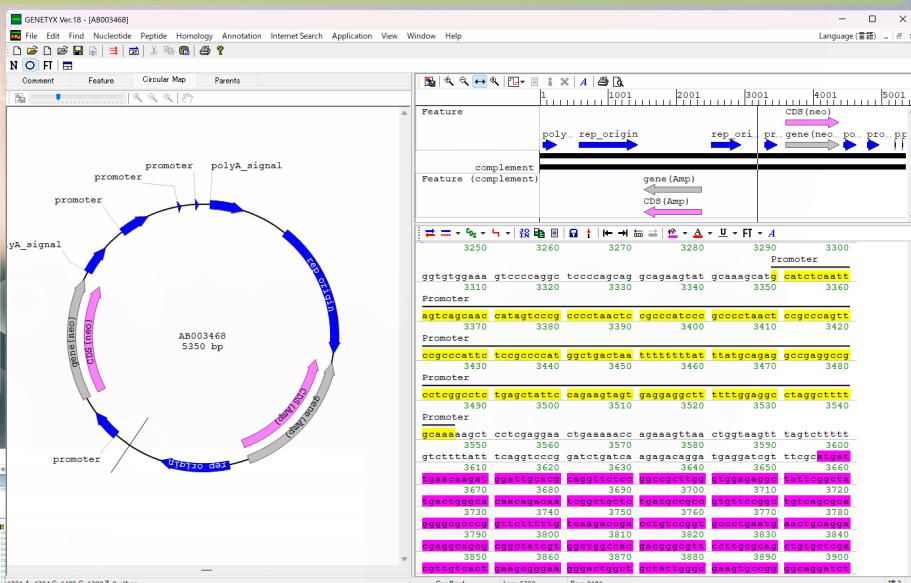
遺伝情報処理ソフトウェア Windows 版

遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX Ver.18 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。

デモ版 https://www.genetyx.co.jp/products/download/genetyx_18_demo

核酸・アミノ酸配列入力編集

- ・ 配列エディタ (プロジェクトウィンドウ)
- ・ 選択範囲の Tm 値の表示
- ・ 波形ファイルの読み込み (配列のみ)
- ・ サークラーのマップ表示
- ・ 配列の構築履歴の記録 (Gibson Assembly のみ)
- ・ 自動 Feature 認識機能
- ・ アミノ酸配列で塩基配列を検索する機能
- ・ 原核生物の遺伝子予測機能 ▲
- ・ モチーフ検索
- ・ 複数配列ウィンドウ (パラレルエディタ)
- ・ 配列検索機能 (Gap に対応)



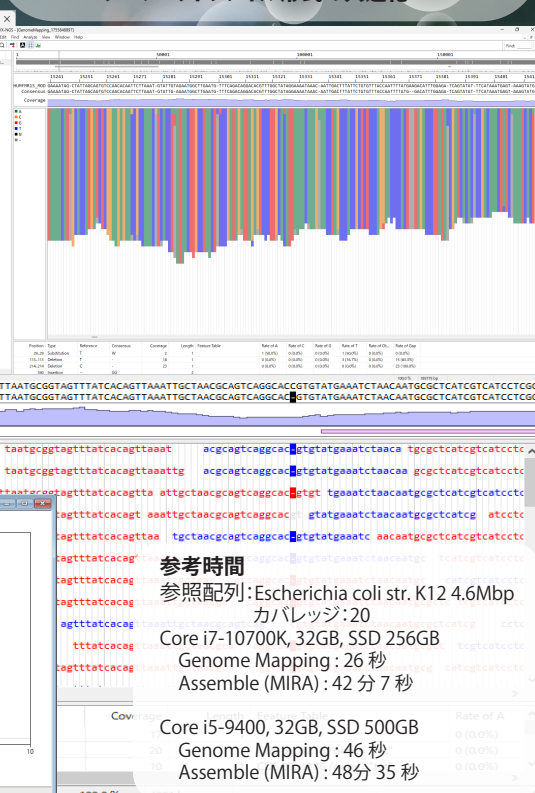
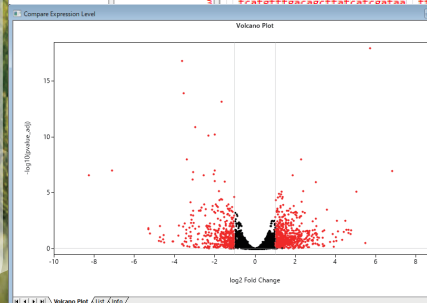
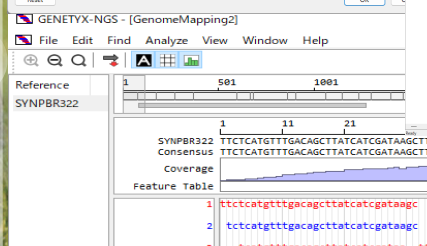
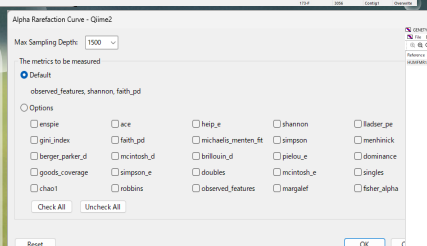
ATGC (シーケンスアSEMBラー) *

- ・ 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

NGS (次世代シーケンス解析機能) *

- メタゲノム解析 (QIIME 2, PICRUSt 2) ★
- ゲノムマッピング解析結果のアウトライン表示
- De novo Assembly MEGAHIT ▲

- ・ 解析のバックグラウンド実行
- ・ Magic-BLAST 検索 ▲
- ・ 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
- ・ 配列全体 MAP 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
- ・ 複数の染色体別に同時にマッピング
- ・ 参照配列の Feature の表示
- ・ 変異表の CSV 出力、印刷



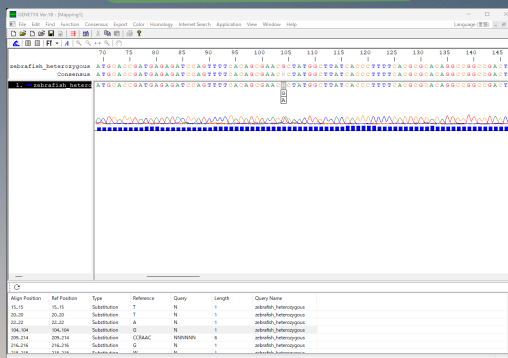
配列の相同性解析

- MMseqs2 の相同性検索機能
- セカンドピーク検出機能
- アミノ酸配列のリファレンスへのマッピング機能
- BLAST 用データベース作成機能
- リファレンス配列へのマッピング機能
- ホモロジー解析
 - 検索結果をマルチプルアライメント風表示
- Local BLAST 検索
- NCBI BLAST 検索
- cRNA プローブ検索
- PCR Primer 検索
- MUMmer 検索
- SNPs 検索
- アノテーション転記機能
- グローバルホモロジー
- マキシマムマッチング
- マルチプルアライメント
- Clustal Omega による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
 - ブートストラップ値の % 表示切替
- ハーブロット
- 原核生物の ORF 比較機能 ▲

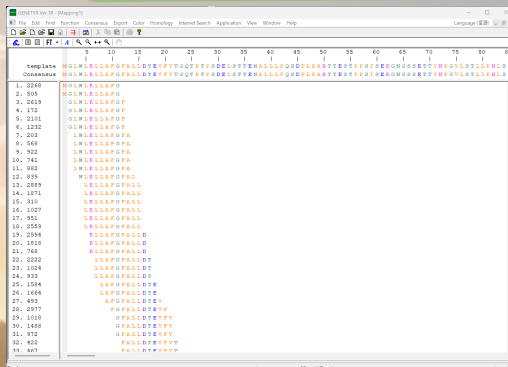
核酸配列解析

- ゲノム編集機能 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援 ▲
- RNA の二次構造予測 (MXfold2)
- 電気泳動シミュレーション機能
- 配列データの組成分析
- アミノ酸配列へ翻訳
- 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
- ダイレクトリビート、インバーテッドリピート部位の解析
- 制限酵素認識部位解析
- サイレント変異導入設計支援
- 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 ▲
- ハイブリダイゼーション機能
- tRNA 領域の解析
- ヘアピン構造部位の解析
- パリ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
- Gibson Assembly
- コドン最適化 ▲
- 制限酵素によるクローニング

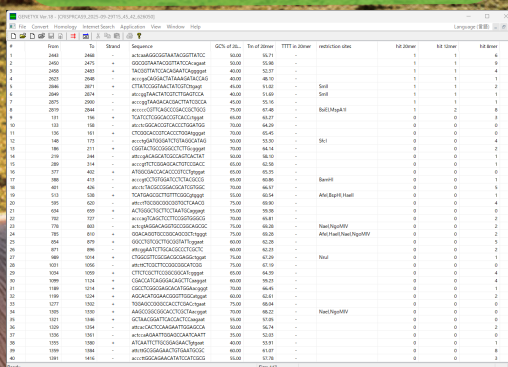
セカンドピーク検出機能



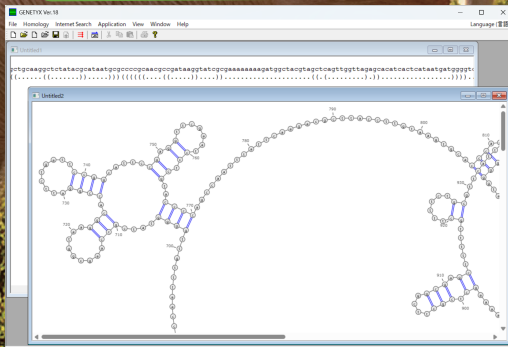
アミノ酸配列のリファレンスへのマッピング機能



ゲノム編集機能 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援



MXfold2 による RNA 二次構造予測



アミノ酸配列解析

- 配列のデータの組成分析
- 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
- タンパク質のヘリックス構造展開表示
- 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
- ペプチゼータ処理
- タンパク質の二次構造予測 (Chou-Fasman)
- Conformational Profile (Chou-Fasman)
- タンパク質の二次構造予測 (GOR)

配列データベース

- データベース構築・検索
- MySQL サーバーを使用してデータベースの共有
- 配列の構築履歴の記録

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 Ver.18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
- ★ AVX2に対応したCPUと16GB以上のメモリが必要

【その他の商品】

- 遺伝情報処理ソフトウェア
GENETYX-MAC (Ver.23)
- 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 またはカタログをご参照ください

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



動作環境

- 対応機種 : Microsoft Windows 11 が動作する機種 (Arm 版一部対応不可)
- 対応 OS : Microsoft Windows 11 (Arm 版一部対応不可)
- 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)

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。

取扱店

株式会社 日本サーバ

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 大阪府淀川区西中島6丁目7番8号
E-mail : osaka@genetyx.co.jp