

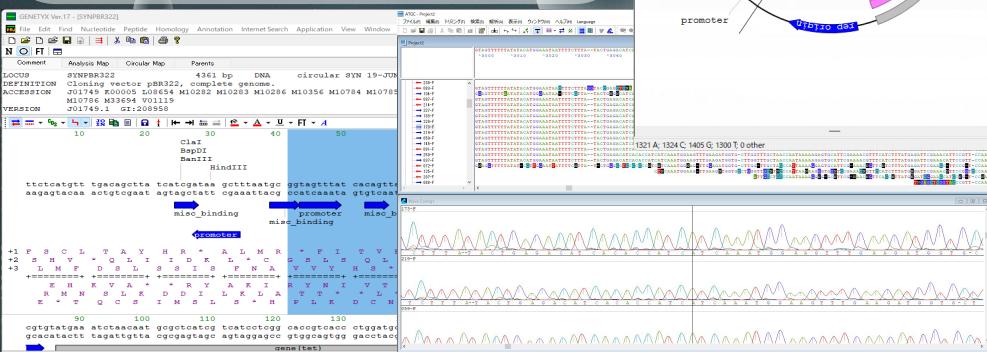
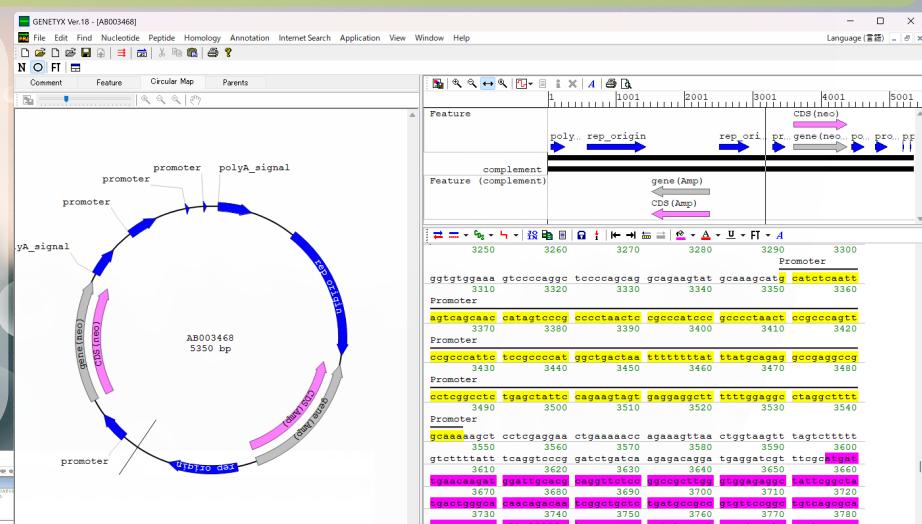


遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX Ver.18 は、
多彩な機能、見やすい画面、直感的に操作が可能な総合遺伝子解析ソフトウェアです。
核酸・アミノ酸配列入力編集、核酸・アミノ酸配列解析、インターネット検索支援、プラスミドマップ、
シーケンスアセンブラー、次世代シーケンス解析機能、配列データベース等
多岐にわたる解析内容をご利用いただけます。

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

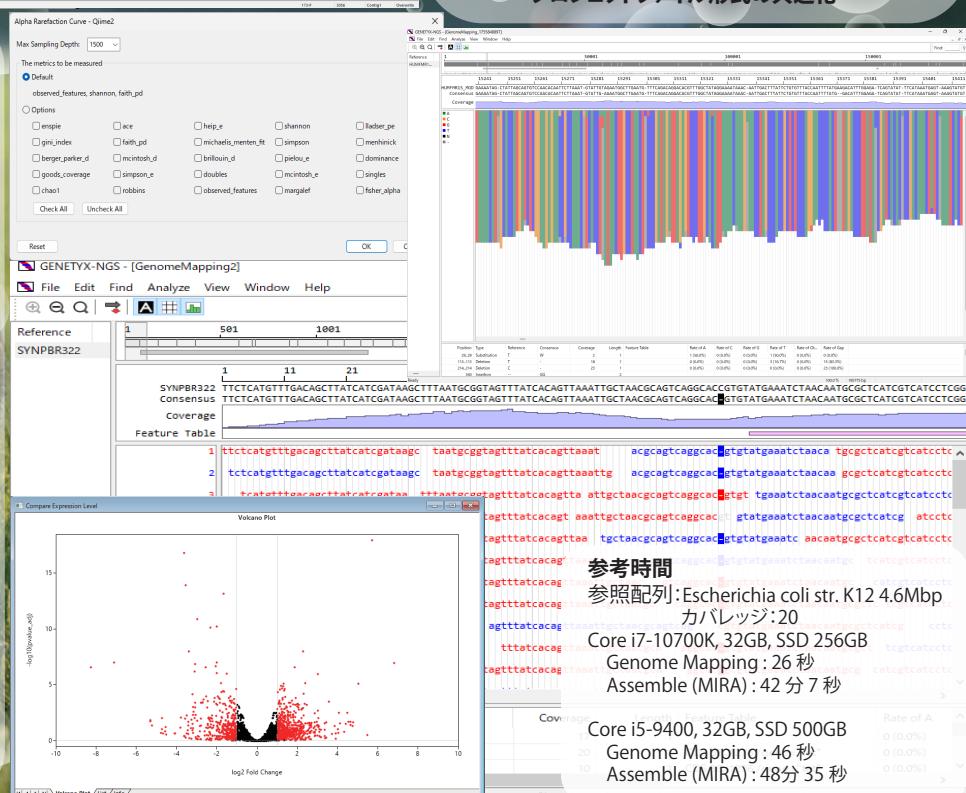
核酸・アミノ酸配列入力編集

- 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)
 - サークュラーのマップ表示
 - 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)



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



ATGC (シーケンスアセンブラー) +

- 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

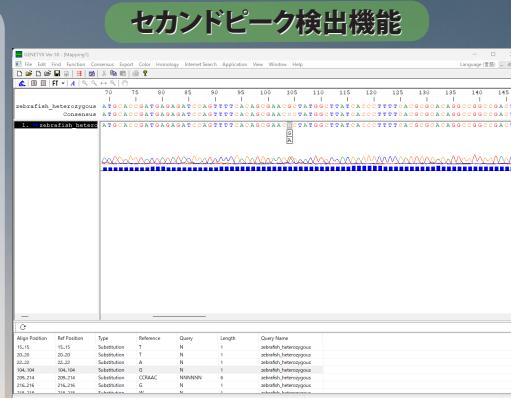
参考時間
参照配列: Escherichia coli str. K12 4.6Mbp
カバレッジ: 20
Core i7-10700K, 32GB, SSD 256GB
Genome Mapping: 26 秒
Assemble (MIRA): 42 分 7 秒

配列の相同性解析

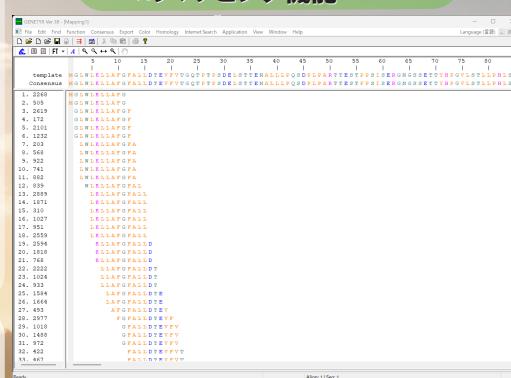
- MMseqs2 の相同性検索機能
- セカンドピーク検出機能
- アミノ酸配列のリファレンスへのマッピング機能
 - BLAST 用データベース作成機能
 - リファレンス配列へのマッピング機能
 - ホモジーニティ解析
 - 検索結果をマルチブレアライメント風表示

● 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
- グローバルホモジーニティ
- マキシマムマッチング
- マルチブレアライメント
- Clustal Omegaによるマルチブレアライメント▲
 - Muscle によるマルチブレアライメント
 - Clustal W によるマルチブレアライメント▲
 - MAFFT によるマルチブレアライメント▲
 - Similarity Plot
 - 分子進化系統樹
 - ブートストラップ値の % 表示切替
- ハープロット
- 原核生物の ORF 比較機能▲



アミノ酸配列のリファレンスへのマッピング機能



核酸配列解析

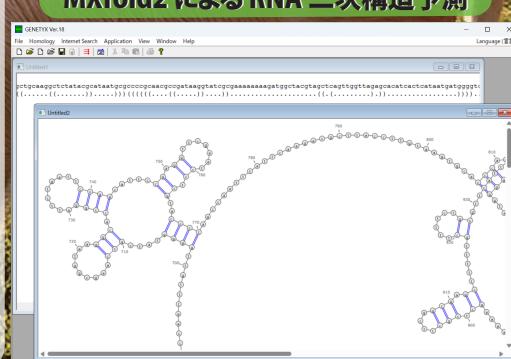
● ゲノム編集機能 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援 ▲

● RNA の二次構造予測 (Mfold2)

- 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
- ダイレクトリピート、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



Mfold2 による RNA 二次構造予測



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)

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 / 疏水性表示
- 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

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。

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

取扱店