



GENETYX-MAC Ver.24

2026 年 11 月 2 日 リリース

平素は GENETYX をご愛顧いただき、誠にありがとうございます。
このたび、**GENETYX-MAC(Ver.24) をリリース**する運びとなりましたので、ご案内申し上げます。
本バージョンでは、**最新 macOS** への対応を予定するとともに、**新機能追加**や**操作性**や**安定性**の向上など、
より快適にご利用いただけるよう各種改善を行っております。
ぜひこの機会に**新バージョンへのアップデート**をご検討いただけますと幸いです。

◆バージョンアップ価格

GENETYX-MAC (Ver.23) をお持ちの方 **¥58,000.-** (税込価格¥63,800.-)

GENETYX-MAC (Ver.22) 以前をお持ちの方 **¥78,000.-** (税込価格¥85,800.-)

※現在ご利用中のソフトウェアのシリアル番号とご登録情報が必要。

◆追加購入価格

GENETYX 製品をお持ちの方 **¥150,000.-** (税込価格¥165,000.-)

※同一名様を対象。 GENETYX ・ GENETYX-MAC どちらをお持ちでも購入可能。現在ご利用中のソフトウェアのシリアル番号とご登録情報が必要。

◆対応 macOS

Tahoe ・ Sequoia ・ Sonoma ・ Golden Gate (後日対応予定)

◆お申し込み方法

同封の「GENETYX 製品申込書」をメールにてお申し込みください。

※見積・納品・請求書と一緒に商品をお送りいたします。

新機能

次世代シーケンサー対応機能

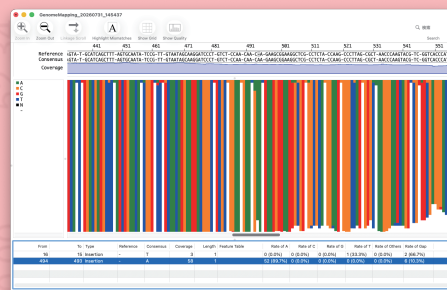
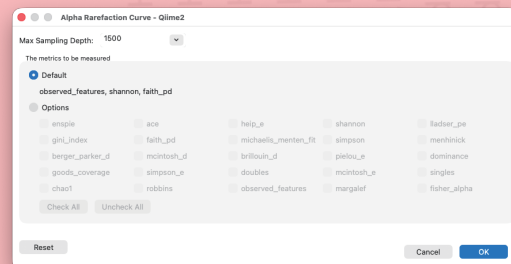
メタゲノム解析 Qiime2 多様性解析

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および $\alpha \cdot \beta$ 多
様性解析を行います。

ゲノムマッピング解析結果のアウトライン表示

マッピング結果をカバレッジで簡易表示して負荷を
軽減します。

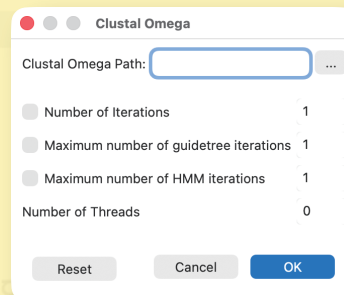
低倍率時には組成表示が可能です。



マルチプルアライメント

Clustal Omega

Clustal Omega によるマルチプルアライメント機能
を追加しました。

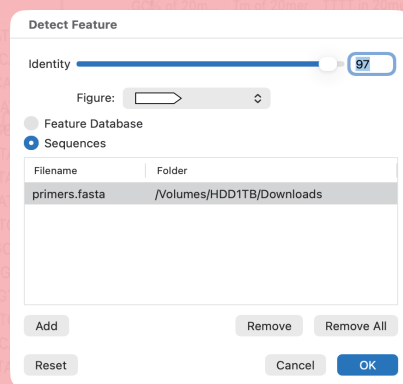


配列エディタ

Feature の検出

配列ファイルを指定することができるようになりました。

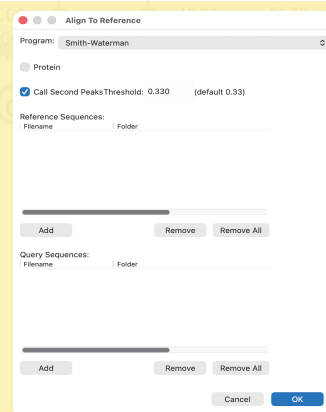
指定されたファイルの配列と類似する配列の領域に Feature を設定します。



配列の相同性解析

セカンドピーク検出機能

波形データにおいて二番目に高いピークを読み取り表示します。



核酸配列解析

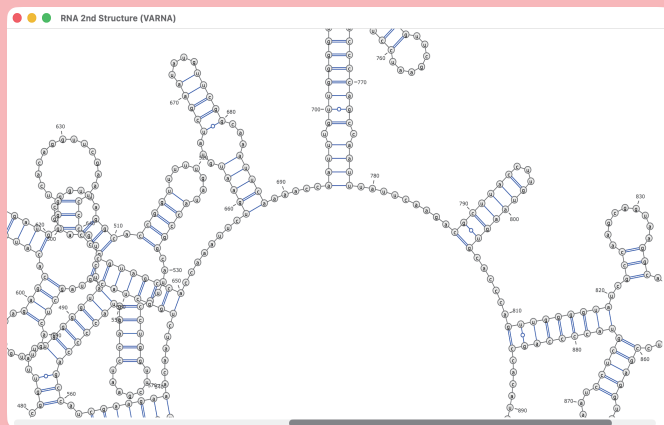
ゲノム編集 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援

PAM を含む標的配列内に認識部位を持つ制限酵素名の表示機能を追加しました。

#	From	To	Strand	Sequence	GC% of 20mer	Tm of 20mer	TTTT in 20mer	restriction sites	hit 20
1	3	24	-	ctcATGTTTGACAGCTTATCAT	35.00	50.17	-		
2	5	26	+	CATGTTTGACAGCTTATCATcg	35.00	50.17	-		
3	5	26	-	catGTTTGACAGCTTATCATCG	40.00	52.34	-		
4	10	31	+	TTGACAGCTTATCATCGATAag	35.00	50.26	-	Clal	
5	14	35	-	cagCTTATCATCGATAAGCTTT	35.00	49.72	-	Clal,HindIII	
6	17	38	-	cttATCATCGATAAGCTTTAAT	25.00	45.54	-	Clal,HindIII	
7	18	39	+	TTATCATCGATAAGCTTTAAtg	25.00	45.78	-	Clal,HindIII	
8	20	41	+	ATCATCGATAAGCTTTAATGcg	30.00	47.22	-	Clal,HindIII	
9	21	42	+	TCATCGATAAGCTTTAATGCGg	35.00	50.01	-	Clal,HindIII	
10	22	43	-	caTCGATAAGCTTTAATGCGGT	40.00	53.99	-	Clal,HindIII	
11	24	45	+	TCGATAAGCTTTAATGCGGTg	40.00	53.99	-	HindIII	
12	25	46	-	cgaTAAGCTTTAATGCGGTAGT	35.00	51.16	-	HindIII	
13	32	53	-	cttTAATGCGGTAGTTTATCAC	35.00	49.58	-		
14	34	55	+	TTAATGCGGTAGTTTATCACag	35.00	49.58	-		
15	40	61	-	cggTAGTTTATCACAGTTAAAtg	25.00	44.38	-		
16	42	63	+	GTAAGTTTATCACAGTTAAAtg	25.00	44.38	-		
17	48	69	+	TATCACAGTTAAATGCTAAAcg	25.00	46.22	-		
18	51	72	+	CACAGTTAAATGCTAAACGcag	40.00	51.98	-		
19	51	72	-	cacAGTTAAATGCTAAACGCAG	40.00	51.70	-		

MXfold2 による RNA 二次構造予測

MXfold2 は、従来用いられてきた熱力学モデルと deep learning を組み合わせることによって、高精度かつ頑健な RNA 二次構造予測を行う手法です。



◆ ライセンスの追加、ネットワーク版も好評発売中

商品の詳細・価格・デモ版につきましては 弊社ホームページをご覧ください。

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

*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番目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

取扱店