日本サーバ
NIHON SERVER

GENETYX-MAC Ver.24

遺伝情報処理ソフトウェア Macintosh 版

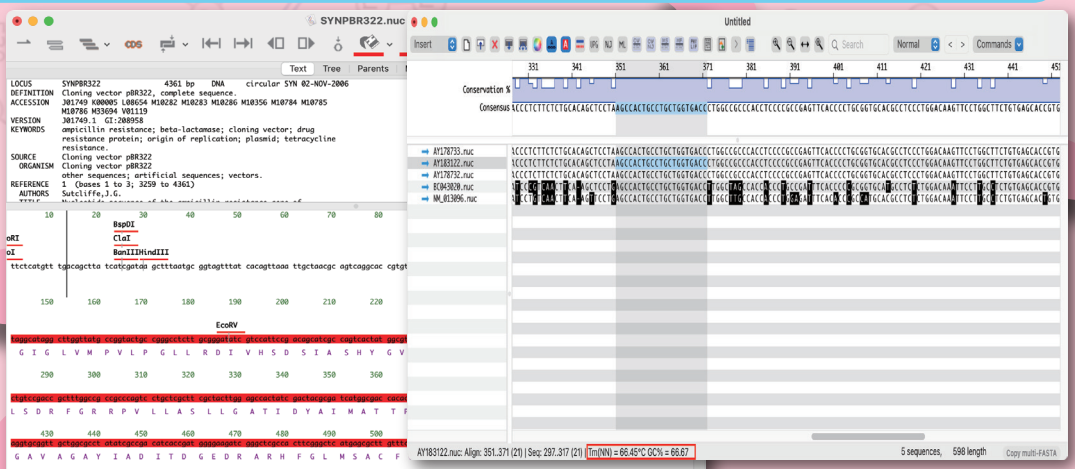
遺伝情報処理ソフトウェア GENETYX-MAC Ver.24 は、遺伝子・生命科学研究を支援する総合的な遺伝情報処理ソフトウェアです。
核酸・アミノ酸配列の入力編集をはじめ、配列解析、インターネット検索支援、論文作成支援、シーケンスアセンブラー、
次世代シーケンサー対応機能、配列データベース、ゲノムマップなど、遺伝情報の解析・管理に必要となる多彩な機能を
搭載しています。豊富な解析機能と直感的で使いやすい操作性により、
研究・教育・開発など、幅広い分野における遺伝情報処理を総合的にサポートします。

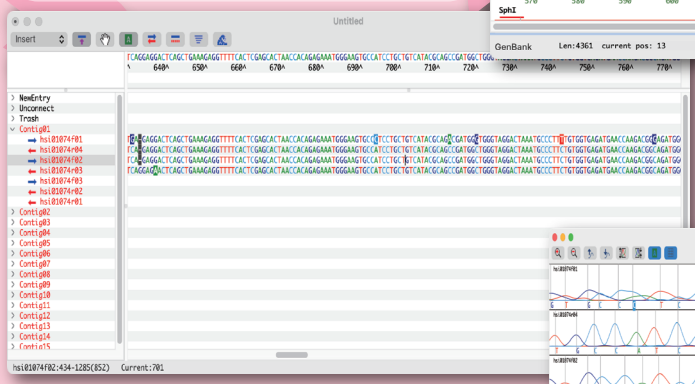
対応 macOS　Golden Gate * ・ Tahoe ・ Sequoia ・ Sonoma

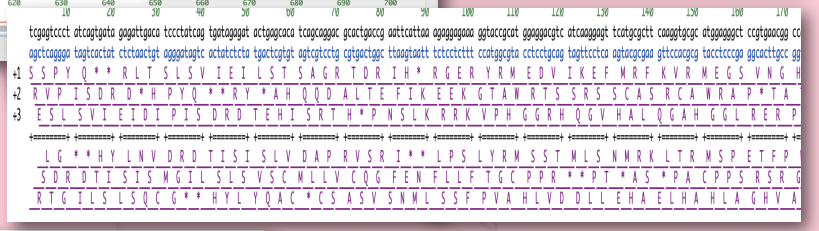
＊リリース後対応予定

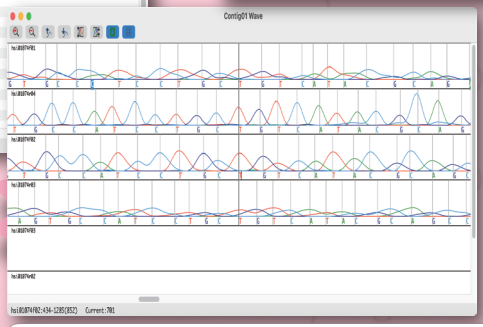
配列エディタ

- 配列エディタ（プロジェクトウィンドウ）
  - ● Feature の検出
  - 選択範囲の Tm 値と GC %の表示
  - アミノ酸翻訳時にコドンに下線
  - 配列エディタとマップ表示の連動
  - 配列エディタへの追記機能
  - Windows 版との互換性
    （プロジェクトファイルの読込対応）
    ※解析データの取込は未対応
  - モチーフ検索
- 複数配列ウィンドウ（パラレルエディタ）
  - 選択範囲の Tm 値と GC %の表示
  - パラレルエディタ翻訳表示機能
  - 配列検索機能（Gap に対応）









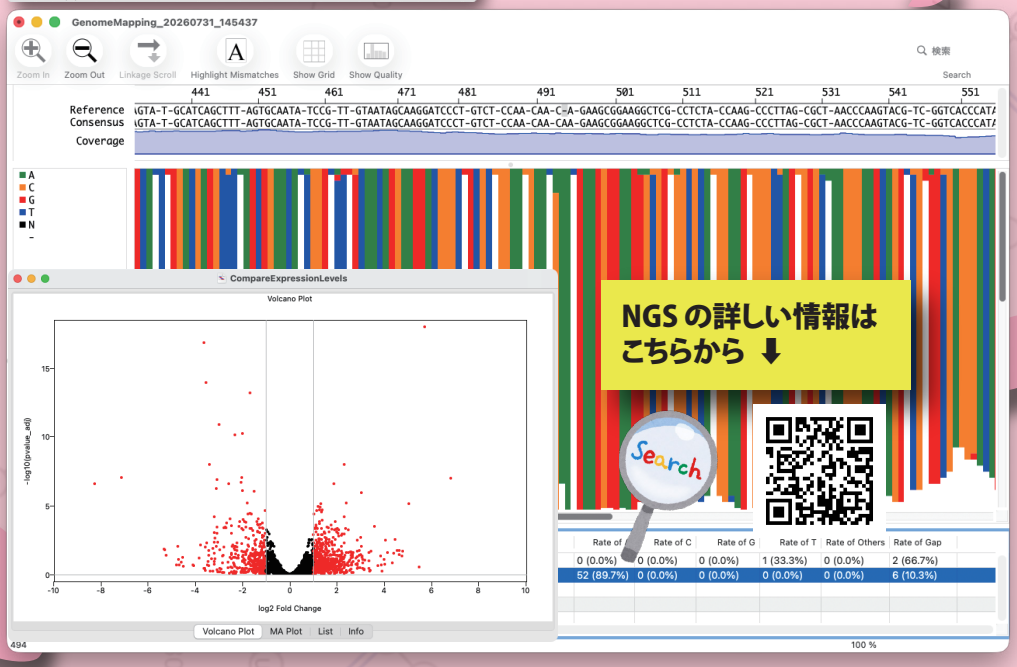
ATGC（シーケンスアセンブラー）♣

- 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

※各旧バージョンで作成したプロジェクトファイルは
作成したソフトウェアでのみ対応

NGS (次世代シーケンス解析機能) ♣

- ● メタゲノム解析 QIIME 2 多様性解析 ▲
- ● ゲノムマッピング解析結果のアウトライン表示
- メタゲノム解析（QIIME 2, PICRUSt 2）▲
- Magic-BLAST 検索
- De novo Assembly MEGAHIT ▲
- 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
- 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マッピング
- 参照配列の Feature の表示
- 変異表の CSV 出力、印刷



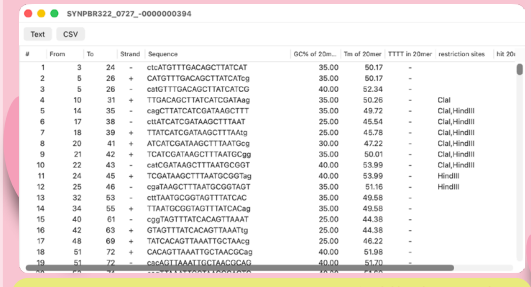
アミノ酸配列解析

- 配列データの組成分析
- 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
- 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
- ペプチダーゼ処理
- タンパク質二次構造予測 (Chou-Fasman)
- Conformational Profile (Chou-Fasman)
- タンパク質の二次構造予測 (GOR)

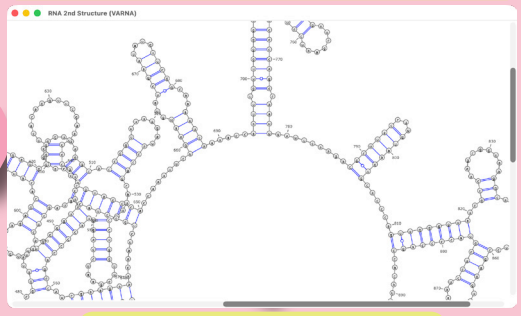
核酸配列解析

- ● 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 ▲
- 制限酵素表示形式のプリファレンス設定
- コドン最適化機能 ▲
- 原核生物の遺伝子予測機能 ▲
- 電気泳動シミュレーション機能
- 自動 Feature 認識機能
- 配列データの組成分析
- アミノ酸配列への翻訳
- 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
- アミノ酸変異導入設計支援
- 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 ▲
- 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
- 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
- PolyA signal 候補検索

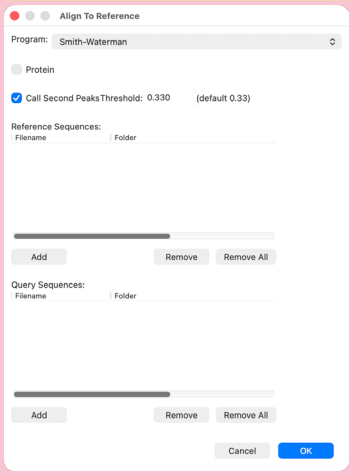
ゲノム編集機能 CRISPR/Cas9 ガイド RNA 設計支援



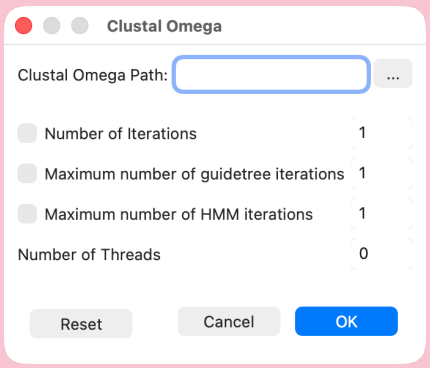
MXfold2 による RNA 二次構造予測



セカンドピーク検出



Clustal Omega



配列の相同性解析

- ● セカンドピーク検出
- MMseqs 2 の相同性検索機能 ▲
- BLAST 用データベース作成機能
- ローカルホモロジー解析
  - マルチプルアライメント風表示
- Local BLAST 検索
- NCBI BLAST 検索
- MUMmer 検索
- リファレンス配列へのマッピング機能
- アノテーション転記機能
- グローバルホモロジー解析
- 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
  - 系統樹 PHYLIP による解析
  - RAxML を使用した最尤法による進化系統樹 ▲
- ハープロット
- 原核生物の ORF 比較機能 ▲

配列データベース

- データベース構築・検索

インターネット検索支援

- Entrez 検索

PlasDraw

- プラスミド地図作図

● GENETYX-MAC (Ver.24) 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

＜その他の商品＞

遺伝情報処理ソフトウェア
GENETYX Ver.18

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 または各製品の
カタログをご参照ください

デモ版 ホームページにて公開中 URL：https://www.genetyx.co.jp/

■ 動作環境

対応機種	：macOS Sonoma （Apple Silicon / Intel) 以上が動作する Mac シリーズ
対応 OS	：macOS Sonoma （Apple Silicon / Intel) 以上
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）

※ Apple Silicon 搭載 Mac では Rosetta2 が必要

（解析に使用するデータにより必要なメモリとストレージ容量は変動します 詳細は HP 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・製品名は弊社の商標または登録商標です。＊記事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

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

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

CATALOGUE:261102