

GENETYX[®]-NGS/MAC Ver.6 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 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 Sequoia 対応

● メタゲノム解析 (QIIME 2, PICRUSt 2)

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します。※ AVX2 に対応した CPU と 16GB 以上のメモリが必要になります。

● 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, CSFSTA) 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 MEGAHIT ▲

MEGAHIT ▲ 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

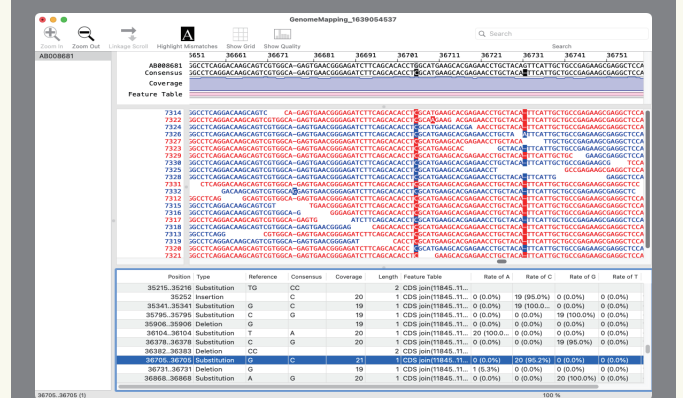
マッピング結果から作成したカウントデータから、DESeq2 パッケージを利用して二群間比較を行います。

● 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

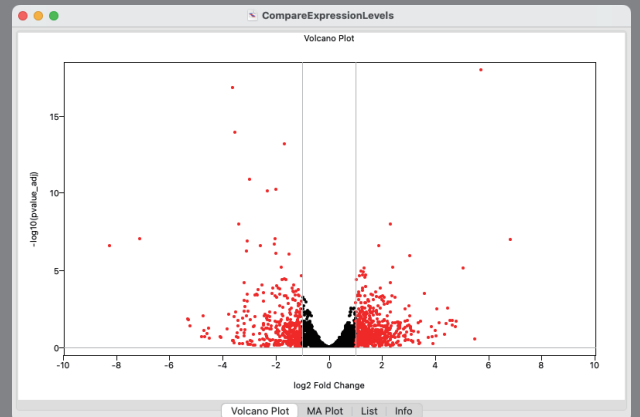
過去に行った解析の結果と条件を表示できます。



ゲノムマッピング

codon start	codon stop	AA change	AA effect	codon change	diff type	codon in CDS	position in codon
2527767	2527769	G >	Deletion	GGG > GAAGG	Insertion	11	2
2527860	2527862	T >	Deletion	ACG > AG	Deletion	42	2
2527953	2527955	S >	Deletion	TCG > TCCCG	Insertion	73	2
2528025	2528027	R >	Deletion	CGC > CAGC	Insertion	97	2
2528106	2528108	F >	Deletion	TTT > TTCT	Insertion	124	3
2528307	2528309	W > R	Substitution	TGG > AGG	Substitution	191	1
2528382	2528384	T >	Deletion	ACC > ACGC	Insertion	216	3
2528478	2528480	L >	Deletion	CTG > CTGG	Insertion	248	3
2528481	2528483	A >	Deletion	CGC > CCGC	Insertion	249	2
2528649	2528651	T >	Deletion	ACG > A	Deletion	305	2

アミノ酸翻訳変異解析



発現量比較機能

■ 動作環境

対応機種	: macOS Ventura 以上が動作する機種	※Apple Silicon 搭載 Mac では
対応 OS	: macOS Ventura 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	
その他	: 本製品のご利用にはインターネットによるライセンス認証が必要	
	: DVDディスクをご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)	

●印は Ver. 6 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。

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12号
E-mail: eigyoun@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