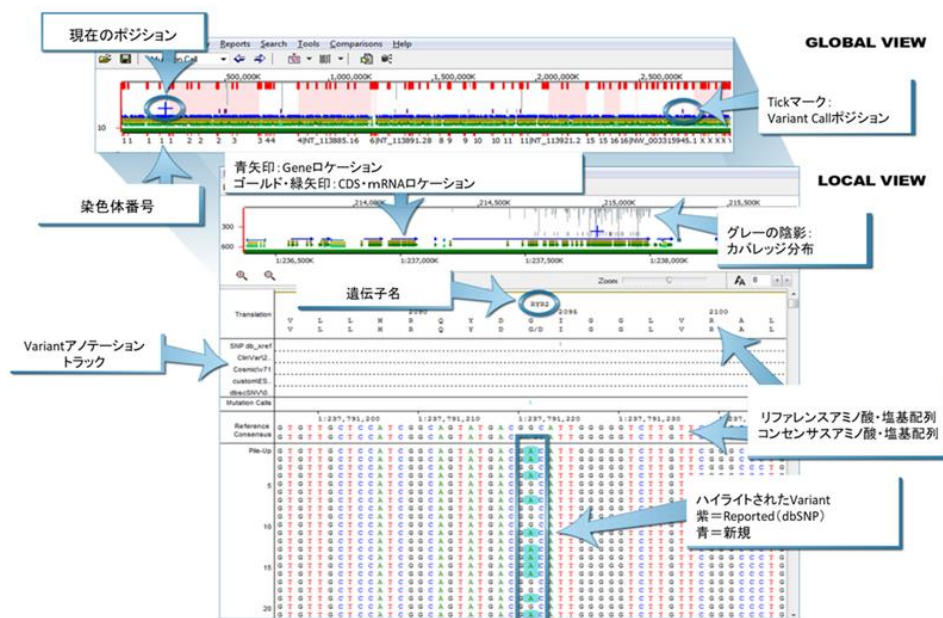




第二世代シーケンサーデータ解析ソフトウェア

NextGENe

NextGENe (ネクストジーン) は第二世代シーケンサーから出力されるシーケンスデータのデスクトップ解析用ソフトウェアです。ユニークなストラテジーを採用しており、FASTQファイルのリードデータを各ツールで前処理後、File Format ConversionツールでFASTAファイルに変換してからリファレンスへのマッピングを行います。FASTAのほかBAMファイルにも対応しており、第二世代シーケンサーから出力される膨大なデータをWindowsマシンで解析できます。バイオロジストにも使いやすいポイント&クリックインターフェースでのNGSデータ解析を可能にします。



←NextGENe Viewer

NextGENe Viewerのブラウザでは、一画面でアノテーションされた解析結果をレビューできます。GlobalビューやLocalビュー、レポートがインタラクティブに動作します。マウスでボックスを描くことで拡大・縮小表示できるなど操作は極めてシンプルです。

↓ Mutationレポート

NextGENe ViewerのブラウザとdbSNPやCOSMICなどを含むデータベースにリンクしています。様々なフィルタリングオプションを使用して、素早く簡単にデータレビューを行えます。

Page 1 of 1		First<< Previous< 1 >Next >>Last		to Page 1		Go																
Index	Chromosc Position	Gene	CDS	Chr	Referenc Nucleo	Coverag	PhyloP Classifi	PolyPh Classifi	SIFT Class	Mutatio Classifi	LRT Class	1000Ge	Score	A Ratio	C Ratio	G Ratio	T Ratio	Ins Ratio	Del Ratio	SNP db_xref	Mutation Call	Amino Acid Change
1	2337277	PEX10		1	C	318							16.5	0.00	50.31	0.00	49.69	0.00	0.00	rs11586985	C>CT	
2	2340073	PEX10	3	1	C	134	N	B	T	N	N	NA	16.9	0.00	52.24	47.76	0.00	0.00	0.00	rs76530653	C>CG	140G>GR
3	20972048	PINK1		1	G	255							18.7	99.61	0.39	0.00	0.00	0.00	0.00	rs3131713	G>A	
4	21904131	ALPL	11	1	T	253	N	NA	D	N	N	0.1083	8.0	0.00	35.97	0.40	51.78	0.00	11.86	rs34605986	T>CT	522V>AV
5	41296828	KCNQ4	10	1	T	433	N	B	T	D	N	0.1042	18.5	0.23	0.00	46.19	53.58	0.00	0.00	rs34287852	T>GT	455H>HQ
6	94512565	ABCA4	19	1	C	446	C	D	T	D	N	0.0417	18.7	0.00	48.65	0.00	51.35	0.00	0.00	rs1801581	C>CT	943R>RQ
7	100672060	DBT	9	1	T	397	C	NA	T	P	N	0.8659	20.5	0.25	99.75	0.00	0.00	0.00	0.00	rs12021720	T>C	384S>G
8	103354138	COL11A1	62	1	A	455	C	B	T	P	N	0.8156	16.0	52.31	0.00	45.49	0.00	0.22	2.20	rs1676486	A>AG	1547S>SP
9	116247826	CASQ2	9	1	T	494	C	P	D	D	D	NA	21.0	0.00	49.60	0.00	50.20	0.00	0.20	rs72703607	T>CT	309D>GD
10	116310967	CASQ2	1	1	T	360	N	B	T	P	N	0.4274	17.5	0.28	48.33	0.00	51.39	0.56	0.00	rs4074536	T>CT	66T>AT
11	171076966	FMO3	3	1	G	472	C	B	T	P	N	0.3464	20.2	48.09	0.00	50.64	0.00	0.85	1.27	rs2266782	G>AG	158E>KE
12	201331068	TNNT2	12	1	A	285	C	D	D	D	D	NA	15.9	55.79	0.00	44.21	0.00	0.35	0.00	rs45520032	A>AG	228I>IT
13	215844373	USH2A	63	1	C	747	C	D	T	N	U	NA	21.5	0.00	48.06	0.00	51.94	0.00	0.00	rs45549044	C>CT	4692G>GR
14	215914826	USH2A	59	1	T	282	N	R	T	N	N	0.1285	19.3	0.00	47.87	0.00	52.13	0.00	0.00	rs35309576	T>CT	386M>VM

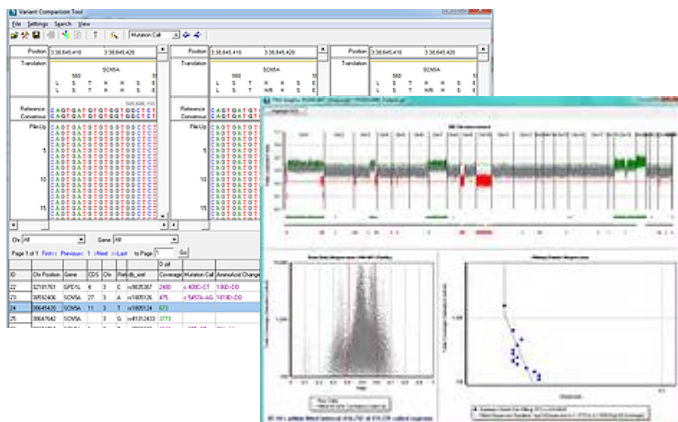
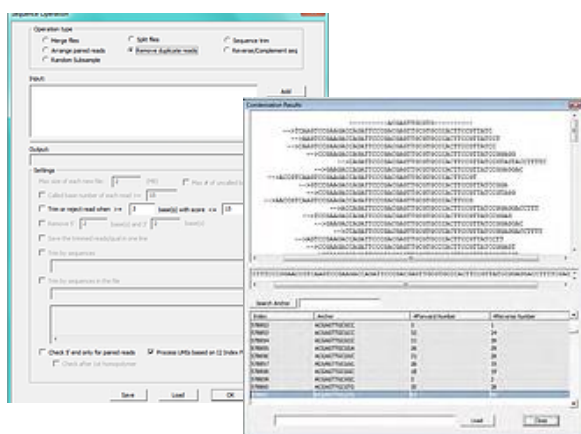
Computer Type	Data Set Type	Number of Cores Used	Total Analysis Time	Million Reads per Hour
Intel® Core™ i7 2.8 GHz 8 core, 16GB RAM	10 GB Illumina, single end 100 bp reads	6	1 hour	61
Intel® Core™ i7 2.8 GHz 8 core, 16GB RAM	1GB Illumina single end 100bp reads	6	5 Min	119
Intel® Core™ i7 2.8 GHz 8 core, 16GB RAM	5GB x2 Illumina paired end 100bp reads	6	1.4 hours	48
Intel® Xeon™ 2.3 GHz 16 core, 60GB RAM	10GB x2 Illumina paired end 100bp reads	14	2.6 hours	46
Intel® Xeon™ 2.3 GHz 16 core, 60GB RAM	0.8 GB Ion PGM AmpliSeq™, 117bp reads	4	2 Min	19
Intel® Xeon™ 2.3 GHz 16 core, 60GB RAM	4.5GB Ion Torrent Proton WES 126bp reads	14	1.3 hours	26
Intel® Xeon™ 2.3 GHz 16 core, 60GB RAM	4.5 GB Ion Torrent Proton WES 126 bp reads	4	2.7 hours	13

対応アプリケーション

- SNP/Indel Discovery
- Transcriptome
- STR analysis
- Mitochondrial amplicon
- CNV-Seq
- HLA
- De novo Assembly
- Other

↑マッピングおよびバリエーション検出のパフォーマンス例 (リード前処理、ファイル形式変換後)

ウィザードに従ってリファレンスやリードファイルの指定、アライメント設定やバリエーションコール設定等各種設定を行います。使用できる設定オプションは選択したアプリケーションタイプにより変わります。



↑各種ツール (NextGENe)

ベースクオリティ情報によるリードフィルタリングやトリミング、UMI (Unique Molecular Identifier) を用いたPCR Duplicate除去、バーコード配列を用いたソーティング、GC含量計算、ファイル形式変換の他、リードファイルの分割や統合など、様々な配列ファイル操作をGUIで行えます。

- 研究用에만使用できます。診断目的およびその手続き上での使用はできません。
- ここに掲載の内容、ソフトウェア仕様は予告無く変更されることがあります。(2021年7月現在)
- 記載の社名および製品名は、SoftGenetics社または各社の商標または登録商標です。

↑Comparisonツール(NextGENe Viewer)

- Expression Comparison
- Variant Comparison
- Somatic Mutation Comparison
- CNVツール
- Batch CNVツール

輸入・販売元 バイオアップロード合同会社

- オフィス 栃木県足利市堀込町2570番地11
- TEL/FAX 0284-22-4213/4223
- E-mail info@bio-upload.com
- URL <https://www.bio-upload.com/>

開発元 米国SoftGenetics, LLC.

- Address 100 Oakwood Avenue, Suite 350, State College, PA 16803, USA
- URL <http://www.softgenetics.com/index.php>

最小システム要件(NextGENe Version: 2.4.2.3)

- OS: Windows 64 bit OS: 7, 8.1, 10
- CPU: クアッドコア以上
- 動作メモリ: 12GB RAM以上
- 必要HDD容量: 2TB以上の空き容量(SSD推奨)
- ディスプレイ解像度: 1366x768以上

NextGENe Viewer

- 上記に準じる