

NextGENe[®]

Next Generation Sequencing Software for Biologists

2019年末キャンペーン

期限 2019年12月27日（金）ご注文分まで

品名・ライセンス	通常価格	キャンペーン価格
NextGENe スタンドアロン1ユーザー1年新規（民間企業向け）	¥1,050,000 (2年目: ¥950,000)	→ ¥905,000
NextGENe Viewer スタンドアロン1ユーザー1年新規（民間企業向け）	¥350,000 (2年目: ¥350,000)	→ ¥270,000

* 価格は全て税別です。別途消費税10%を申し受けます。

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。

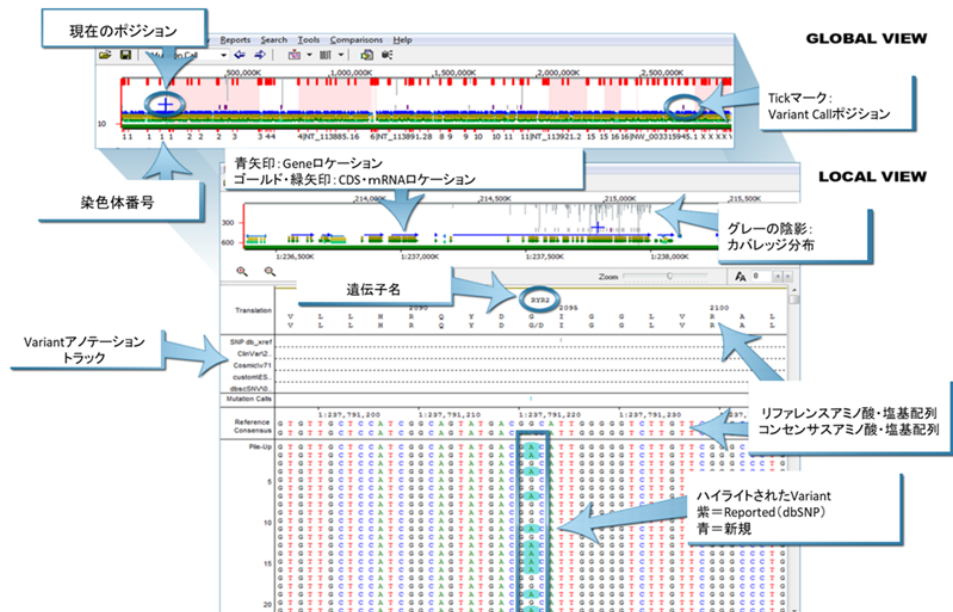
Computer Type	Data Set Type	Number of Cores Used	Total Analysis Time	Million Reads per Hour
Intel® Core™ i7 2.8 GHz 8 core, 16GB RAM	10 GB Illumina, single end 100 bp reads	6	1 hour	61
Intel® Core™ i7 2.8 GHz 8 core, 16GB RAM	1GB Illumina single end 100bp reads	6	5 Min	119
Intel® Core™ i7 2.8 GHz 8 core, 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
- ChIP-Seq
- SAGE
- STR analysis
- Mitochondrial amplicon
- CNV-Seq
- HLA
- De novo Assembly
- Other

↑マッピングおよびVariant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）

Wizard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Mutation検出設定等各種設定を行えます。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。

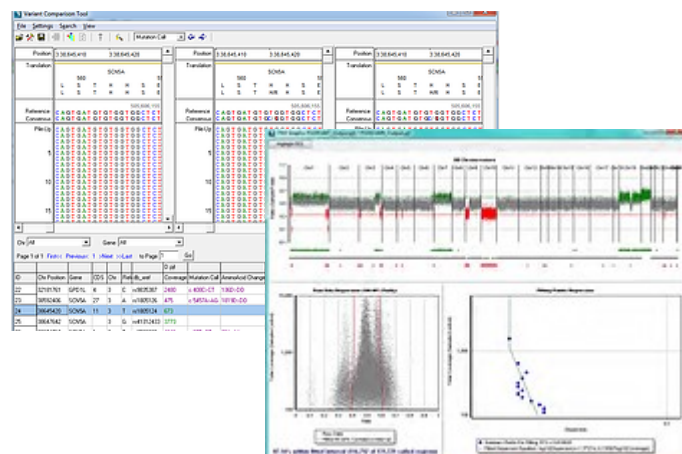
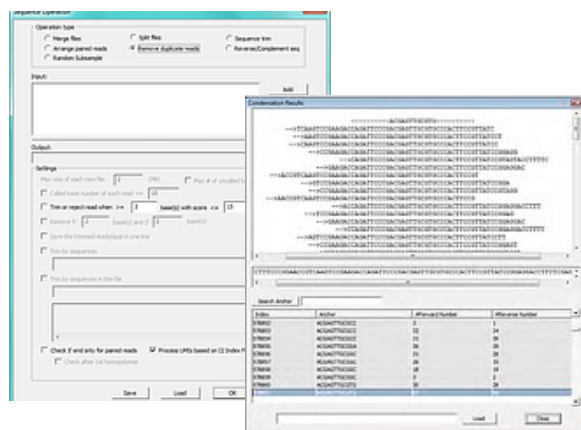


←NextGENE Viewer

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。

↓ Comparison ツール

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



↑ 各種ツール (NextGENe)

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。

30日間フリートライアル

<https://www.bio-upload.com/freetrial>

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

- 研究用のみ使用できます。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。(2019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。

輸入・販売元 バイオアップロード合同会社

- オフィス 栃木県足利市伊勢町3丁目4-8(足利オフィス)
- 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>

SOFTGENETICS®
Software PowerTools for Genetic Analysis