

Overview of the New Project Dialog Box

New Project ダイアログボックスの概要

- ✓ GeneMarker HTS 既存プロジェクトの解析について、詳細は「Working with Projects in GeneMarker HTS」(49 ページ) を参照してください。

New Project ダイアログボックスを使用して新規プロジェクトの設定を行います。このダイアログボックスでは、プロジェクトで解析するデータの選択とアライメント設定を行います。New Project ダイアログボックスを開くには、GeneMarker HTS メインウィンドウ上部にある New をクリックしてください。

図 2-1 : New Project ダイアログボックス

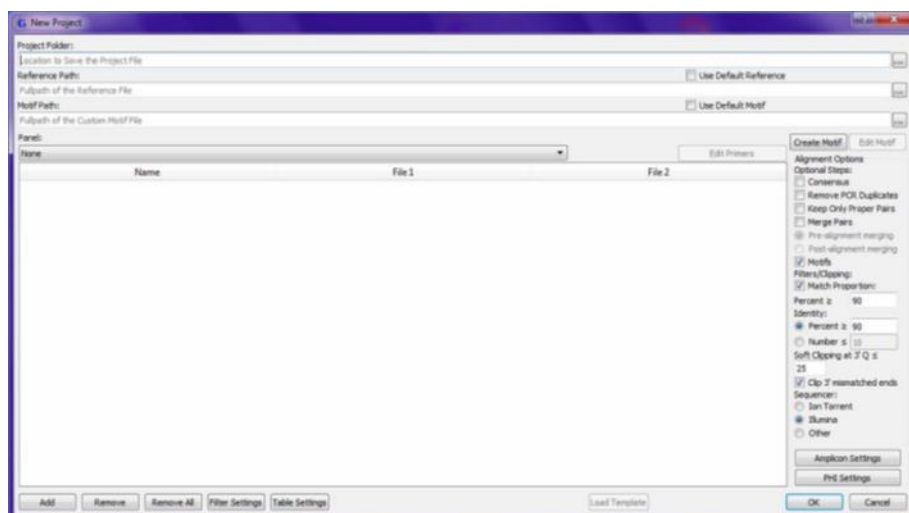



表 2-1 : New Project ダイアログボックス設定

設定	概要
Project Folder	<p>プロジェクトファイルの保存場所です。デフォルトではプロジェクトのサンプルファイルが保存されているフォルダにプロジェクトファイルも保存されます。プロジェクトファイルの保存場所を変更するときは、Project Folder フィールド横の  ボタンをクリックして Project Save Location ダイアログボックスを開き、別の保存場所を選択してください。</p>
Reference Path Use Default Reference	<p>以下のどちらかを行ってください；</p> <ul style="list-style-type: none"> ● GeneMarker HTS に搭載されているリファレンス配列 (revised Cambridge reference sequence : rCRS) を使用する場合は、「Use Default Reference」を選択してください。 ● 他のリファレンス配列を使用する場合は、「Use Default Reference」のチェックを外してからブラウザボタンをクリックして Open Reference ダイアログボックスを開き、使用するリファレンスを選択してください。
✓	<p>Alignment Options で Motifs が選択されている場合のみ、Motif オプションは使用できません（「Motifs」 (39 ページ) 参照のこと）。アライメントオプションとして Motifs が選択されていない場合、全ての Motif オプションは使用できません。</p>
Motif Path Use Default Motif	<p>Motif (.txt ファイル) を使用して、モチーフファイル内のバリエーション情報に沿うようアライメントが調整されます。「Using a motif」 (41 ページ) 参照のこと。</p> <p>次のどちらかを行ってください；</p> <ul style="list-style-type: none"> ● GeneMarker HTS に搭載されている Motif データを使用する場合は Use Default Motif を選択してください。 ● 他の Motif を使用する場合は、Use Default Motif のチェックを外してから Motif Path フィールド横の  ボタンをクリック

	<p>ックして Open Motif ダイアログボックスを開き、使用するカスタム Motif を選択してください。</p> <p>Motif を選択した後、選択したカスタム Motif のファイル名を含むフルディレクトリパスが Motif Path フィールドに表示されます。</p>
Panel	<p>STR データの解析に必要です (mtDNA データについてはオプションです。)。None (デフォルト) を選択するか、Panel ドロップダウンリストから以下の搭載済みパネルのうち 1 つを選択してください；</p> <ul style="list-style-type: none"> ● Promega_Powerseq_AutoMitoY ● Promega_Powerseq_AutoY ● Promega_Powerseq_FullMito ● Promega_Powerseq_MitoControlRegion <p>✓ 使用できるパネルは 1 サンプルからミトコンドリアデータと常染色体 STR/Y 染色体 STR データを同時に解析するためのものです。これらのパネルの詳細は以下を参照してください。</p> <p>https://www.promega.com/resources/profiles-in-dna/2016/analyzing-data-from-next-generation-sequencers-using-the-powerseq-automitoy-system/</p>
Edit Primers	開発中
Create Motif	<p>Motif Editor ダイアログボックスが開きます。このダイアログボックスでは mtDNA 解析で使用するカスタム Motif を作成できます。このオプションを選択した場合は、ビルドイン (デフォルト) Motif を利用してカスタム Motif を作成してください。「To create or edit a custom motif」 (42 ページ) 参照のこと。</p>

Edit Motif	mtDNA 解析にカスタム Motif を使用する設定をしたときのみこのオプションは使用できます。Motif Editor ダイアログボックスが開きます。このダイアログボックスでは選択したカスタム Motif を編集できます。「To create or edit a custom motif」(42 ページ) 参照のこと。
Alignment Options	
オプションステップ：以下の 5 つのオプションステップを選択できます。	
Consensus	コンセンサス配列に基づいてローカル Indel リアライメントを実行します。初期アライメントに基づいてバリエーションがコールされた後、Indel にオーバーラップしかつ Indel を含まないリードは、リアライメントが少なくとも初期アライメントと同程度に良好な場合に、Indel を含むように調節されます。
Remove PCR Duplicates	On か Off を選択してください。リードの開始位置に基づいてリードを PCR duplicate として識別します。ペアエンドデータを使用している場合は、各リードペアは一緒に検討されます。このオプションを選択して PCR duplicate を除去してください。選択しないと PCR duplicate は除去されません。
Keep Only Proper Pairs	Proper pair をなすリードとしてマークされなかったリードは無視されます。Proper pair は次のように定義されます： <ul style="list-style-type: none"> • ペア由来の両方のリードがアライメントされ、かつ反対のストランドにアライメントされている。 • リバースリードの 5'末端がフォワードリードの 5'末端の右側にある。
Motifs	このオプションを選択をすると、予想される配列をもつ Motif 領域をまたがるリードのアライメントは、Motif ファイルのバリエーションリストに合うように調節されます。「Using a motif」(41 ページ) 参照のこと。

以下のリンクより英文 User Manual 全文をダウンロードできます。

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

日本語資料をご希望の方は、以下リンクのお問い合わせフォームよりその旨お申し込みください。

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

競合他社やその関係者からの情報収集を目的としたお申込みの場合、弊社の判断によりお断りすることがございます。予めご了承ください。