

The NextGENe Overlap Merger Tool

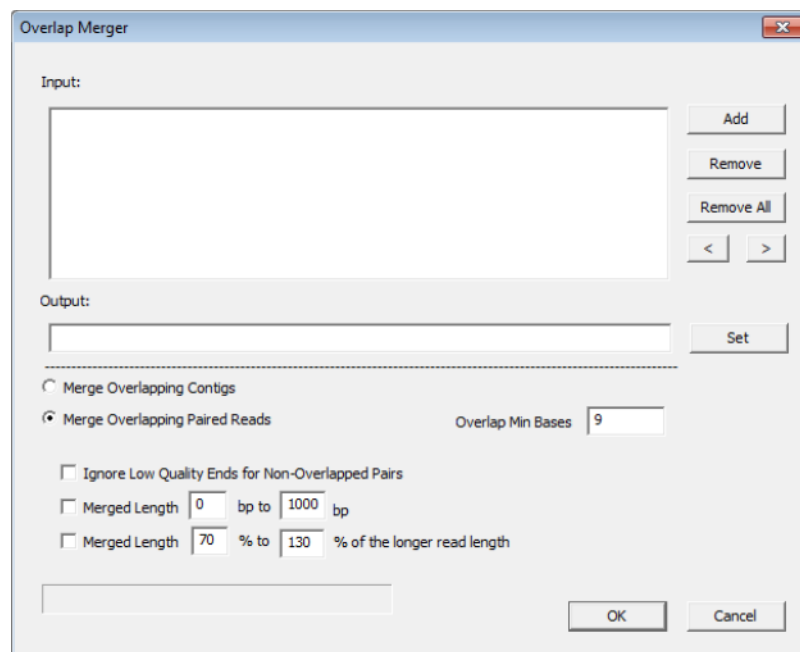
NextGENe の Overlap Merger ツールを使って、オーバーラップするコンティグやリードを結合できます。リードアセンブルから得られたコンティグを、オーバーラップを元に結合したり、Elongation した後にオーバーラップするペアリードを結合したりすることが可能です（このアプリケーションは、同じペアでオーバーラップしているリードや、オーバーラップしている一致部分のみ結合されます。）。このツールでは FASTA ファイルと FASTQ ファイル両方を使用できます。

- ✓ クオリティスコアを見る場合は FASTQ ファイルを結合してください。

To use the NextGENe Overlap Merger tool

1. NextGENe メインメニュー Tools メニュー>Overlap Merger をクリックしてください。Overlap Merger ダイアログボックスが開きます。

図 8-22 : Overlap Merger ダイアログボックス



2. **Input files** ペインで、**Add** をクリックして結合する入力ファイルを選択してください。
3. **Output** フィールドで出力ファイルの保存場所を指定してください。
4. 適切な設定を指定してください。

設定	概要
Merge Overlapping Contigs	De Novo アセンブリの結果に対してのみ使用できます。このオプションを選択すると、オーバーラッピングしてさらに統合できるコンティグを決定します。
Merge Overlapping Paired Reads	オーバーラッピングしている生ペアリードのみに使用できます。 ✓ ライブラリサイズとリード長によりペアリードがオーバーラップしているか否か決定します。
<ul style="list-style-type: none"> • Ion Floton • Illumina 	Merge Overlapping Paired Reads を選択している場合のみ使用できます。
Overlap Min Bases	コンティグを統合する際、オーバーラップしていなければいけない最小塩基数です。
Ignore Low Quality Ends for Non-Overlapped Pairs	Elongation したペアリードデータのみで使用できます。オーバーラップしないリードは unmatched.fasta ファイルに保存されます。統合に Elongation したリードを使っている場合、Elongation したリードの末端に使われている小文字はそのファイルが保存される前にオーバーラップしないリードからトリミングされます。
<ul style="list-style-type: none"> • Merged Length [] bp to [1000] bp • Merged Length [70] bp to 	ペアリードデータにのみ使用できます。統合結果の長さの範囲を設定してください。 ✓ 両方のオプションが選択できます。これらのオ

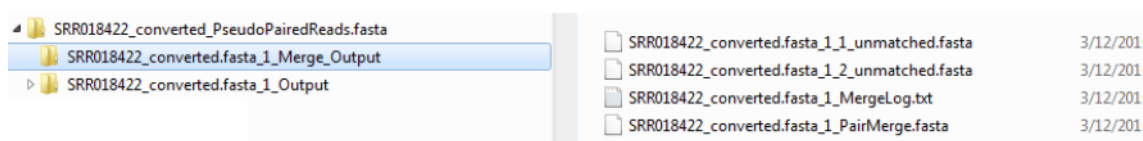
[130] % of the longer read length	プシヨン両方を選択した場合、両方のクライテリアを満たさなければ結果に含まれません。
-------------------------------------	---

- ✓ 複数の入力ファイルを追加して Merge Overlapping Contigs を選択した場合、両方のファイルが統合に使用されます。例えば、ファイル A 由来のコンティグがファイル B 由来のコンティグと統合されます。

5. OK をクリックしてください。

出力ファイルのフォルダが生成されます。デフォルトのフォルダ名は、図 8-23 のように入力ファイルのファイル名に「Merge」が付加された名称になります。このフォルダには表形式で詳細を示すいくつかのテキストファイルが含まれます。

図 8-23 : NextGENe Overlap Merger 出力フォルダとファイル



ファイル	概要
Merge Overlapping Contigs	
Input file name_ContigMerge.fasta	統合されたコンティグの FASTA ファイルです。
Statinfo.txt	統合に関する統計量詳細のテキストファイルです。
Merge Overlapping Paired Reads	
<ul style="list-style-type: none"> File name 1_unmatched.fasta File name 2_unmatched.fasta 	統合されなかったリードの FASTA ファイルです。
MergeLog.txt	統合に関する統計量詳細のテキストファイルです。
PairMerge.fasta	統合されたリードの FASTA ファイルです。

お問い合わせ先

電話・Eメールでのお問い合わせ

- バイオアップロード合同会社
- TEL : 0284-22-4213
- E-mail : info@bio-upload.com
- 対応時間帯 : 平日 9 : 00 ~ 17 : 30