

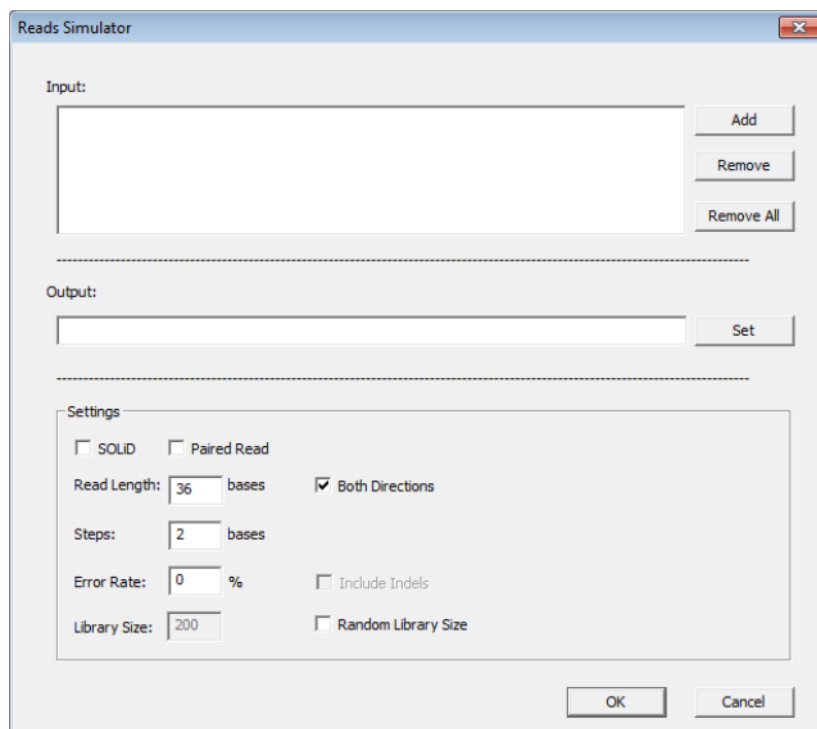
The NextGENe Reads Simulator Tool

様々な状況で実データの代わりに合成データを使用することができます。例えば、データモデルの明らかなデータの特徴による効果を見ることが必要であったり、本ソフトウェアのアライメント機能やアセンブル機能の正確性を検証するなど、自分のデータをテストするため特定の性質をもつデータセットを構築する必要があるときなどです。またこの **Reads Simulator** ツールを使って、リファレンス **FASTA** ファイルからペアリードを含む合成リードデータを作成することも可能です。

To use the NextGENe Reads Simulator Tool

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

図 8-12 : Reads Simulator ダイアログボックス



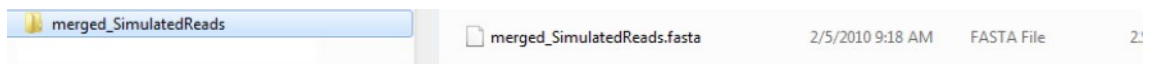
2. **Input** ペインで **Add** をクリックして合成データを作成するために使用するリファレンス **FASTA** ファイルを選択してください。
3. **Output** フィールドで、出力ファイルの保存場所をデフォルト値のままにするか、**Set** をクリックして別の保存場所を指定してください。
4. 合成データの生成オプションを選択してください。

設定	概要
SOLiD	カラスペースのリードを生成します。
Paired Reads	ペアリードを生成します。
Both Directions	フォワードリードとリバースリード両方を生成します。リード数と合計カバレッジは倍になります。このオプションを選択しない場合は、フォワードリードのみ生成されます。
Steps	このオプションで入力した値により、リファレンス上の各リードのスタート位置間の塩基数が決定されます。この値が小さいほど、結果として、より多くのリードが生成されカバレッジも大きくなります。
Error Rate	生成したリードにエラーを含めることができます。このフィールドに値を入力して、リードに含めるエラーをランダムに生成してください。また値を 0 (ゼロ) にセットすると、生成リード全てがリファレンスゲノムに Exact Match します。
Include Indels	前項の Error Rate が >0 である場合のみ使用できます。このオプションを選択して生成リードに Insertion エラーと Deletion エラーを含めてください。
Library Size	Paired Reads が選択されている場合のみ使用できます。シミュレーションする DNA フラグメントサイズです。
Random Library Size	Paired Reads が選択されている場合のみ使用できます。前項の Library Size に基いてサイズ分布がランダムなペアが生成されます。例えば、 Library Size が 200 にセットされている場合、リードペアは 100 と 300 の間のギャップサイズを持ちます。

5. OK をクリックしてください。

処理が完了するとメッセージが開きます。「_SimulatedReads」がファイル名に付いた 1 つの FASTA ファイルが生成されます。このファイルは図 8-13 と同じ名称のフォルダに保存されます。

図 8-13 : Simulated Reads 出力フォルダとファイル



6. OK をクリックしてメッセージを閉じ Read Simulator ツールに戻ってください。

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