

prim

geneiou





第36回 自動解析ワークフローの作成1(はじめに)

Geneious Prime ではワークフロー機能を使用することで、よく使用する解析の組み合わせを実行 するために必要な別々のステップをグループ化し、一連の解析を自動化することができます。

• • •	Edit Workflow
Workflow Name:	Sanger analysis
Author:	Geneious Prime
Description:	<html>Sanger sequences trimming, de novo assembly, multiple alignment and tree building</html>
Icon:	K Choose Custom Icon
0	Share (read-only) with other Shared Database users
6	Share (read-only) with other Geneious Cloud users
+ Add Step $-$	Delete Step 🖉 View/Edit Options 🛧 Move Up 🔸 Move Down 🗇 Help
Trim E Option	nds ns: Error probability=0.01; Trim regions
Align/	Assemble -> De Novo Assemble as: 'No Documents'; Trim regions
G Save I Option	Documents / Branch ns: Save
🏷 Gener	rate Consensus Sequence
→ Alignn	nent -> MUSCLE Alignment
-C TreeB	uilding -> Geneious Tree Builder
	Cancel Apply Apply & Close

ワークフローでは各解析ステップのすべてのオプションを事前にプリセットとして設定することができ ますが、ワークフローの実行時に、一部またはすべてのオプションをユーザーが設定できるようにする こともできます。 Geneious Prime は様々なタスクのワークフロー例を提供しており、以下のようなパイプラインを 実行することができます。例えば、DNA をアラインメントしてツリーを構築する、リファレンスシークエ ンスに変異を適用する、リードをマッピングして変異/SNP を見つける、ランダムに配列をサンプリン グする、などのワークフローが標準で提供されています。



Trim and Filter

ワークフローはツールメニューまたはツールバーから実行または管理することができます。



ワークフローは、ファイルとしてエクスポートやインポートすることができ、また共有データベースに接続している場合は共有オプションにチェックを入れることで、他の人と簡単に共有することができます。

<u>チュートリアル用のデータがこちらからダウンロード可能</u>です。ダウンロードした zip ファイルは解凍せずに Geneious Prime にドラッグ&ドロップすることでインストールできます。

この例では、サンガーデータを解析するための以下のステップをワークフローで自動化します:

- エラー率>1%のサンガーシークエンス末端をトリミングする
- フォワードとリバースプライマーでシークエンシングされ、オーバーラップ領域をもつサンガーデー タを、ファイル名に基づいて de novo でアセンブルし、コンティグを保存する
- コンセンサスシークエンスを抽出する
- コンセンサスシークエンスをマルチプルアラインメントする
- 系統樹を構築する

インプットするシークエンスは、Longnose spurdog (*Squalus blainville*)と Shortnose spurdog (*Squalus megalops*)の 2 種のサメのバーコーディング・プロジェクトから得られたもので、形態から見分けるのは非常に難しいのですが、サンガーシークエンシングによって簡単にバーコーディングすることができます。クロマトグラムデータは BOLD データベースからダウンロードしたもの(Accession BOLD: AAA1550)で各サンプルはフォワードとリバースプライマーでシークエンシングされています。



ツールバーの Workflow をクリックして、Manage Workflows ダイアログの New Workflow を 選択します。

Manage Workflows				
Workflows				
🎖 💿 🕂 Align DNA then build tree	+ New Workflow			
🍟 💿 듣 Align DNA via Muscle, Clustal Omega, and Geneious	✓ View/Edit			
Section 2 Cloning Cloning				
Apply Variants to Reference Sequence	Сору			
Sector alignment with MUSCLE	📋 Delete			
Batch Restriction Cloning				
Batch reverse complement	Show in Drop-Down List			
Combined mapping and de novo assembly + Conv Document(s)	Hide from Drop-Down List			
Export individual sequences as images				
Extract Seguences By Name	T Move Op			
S ◎ ▼ Filter	↓ Move Down			
🖁 💿 🔯 Group sequences by name				
🖁 💿 🕂 Identify Organism	⊥ Export			
🎖 🖄 List all sequences with variants	I∱I Import			
SNPs @ Map reads then find variations/SNPs				
Sector 2 Test and the sector of the sector o	() неір			
Sector 2 Map reads to reference sequence by name				
🖁 💿 🛸 Merge mapped sequences	🎖 🗹 Show sample workflows			
Solution Intervals	🛆 🔽 Show shared workflows			
Randomly Sample Sequences	Show 'Run Java Code' menu item			
Ce Sequence Search, Align, and Build Tree	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			
Shift circular origin to specified nucleotides				
Shirt Circular origin to specified nucleotides				
Trim and Filter				
	Close			

そして例えば、ワークフロー名を Sanger analysis、Description に Sanger sequences trimming, de novo assembly, multiple alignment and tree building と記述し、アイコンに Chromatogram を選択します。

000	Create Workflow			
Workflow Name:	Sanger analysis			
Author:	Geneious Prime	٩		
Description:	Sanger sequences trimming, de novo assembly, multiple alignment and tree building			
Icon:	📕 Chromatogram	Choose Custom Icon		
0	Share (read-only) with other Shared Database users			
0	Share (read-only) with other Geneious Cloud users			
+ Add Step $-$	Delete Step $ \mathscr{D}$ View/Edit Options $ \wedge $ Move Up $ \downarrow $ Move Down	⑦ Help		
		Cancel OK		

次回は、このワークフローに解析ステップを追加していく作業についてご紹介します。

Geneious 製品概要・フリートライアルリクエストについては<u>こちら</u> 『Geneious Prime で猫も杓子もシークエンス解析』 過去の記事は<u>こちらでチェック!</u>



TDB News 1. 2025 トミーデジタルバイオロジー株式会社 Phone 03-6240-0843 Fax 03-6240-0461