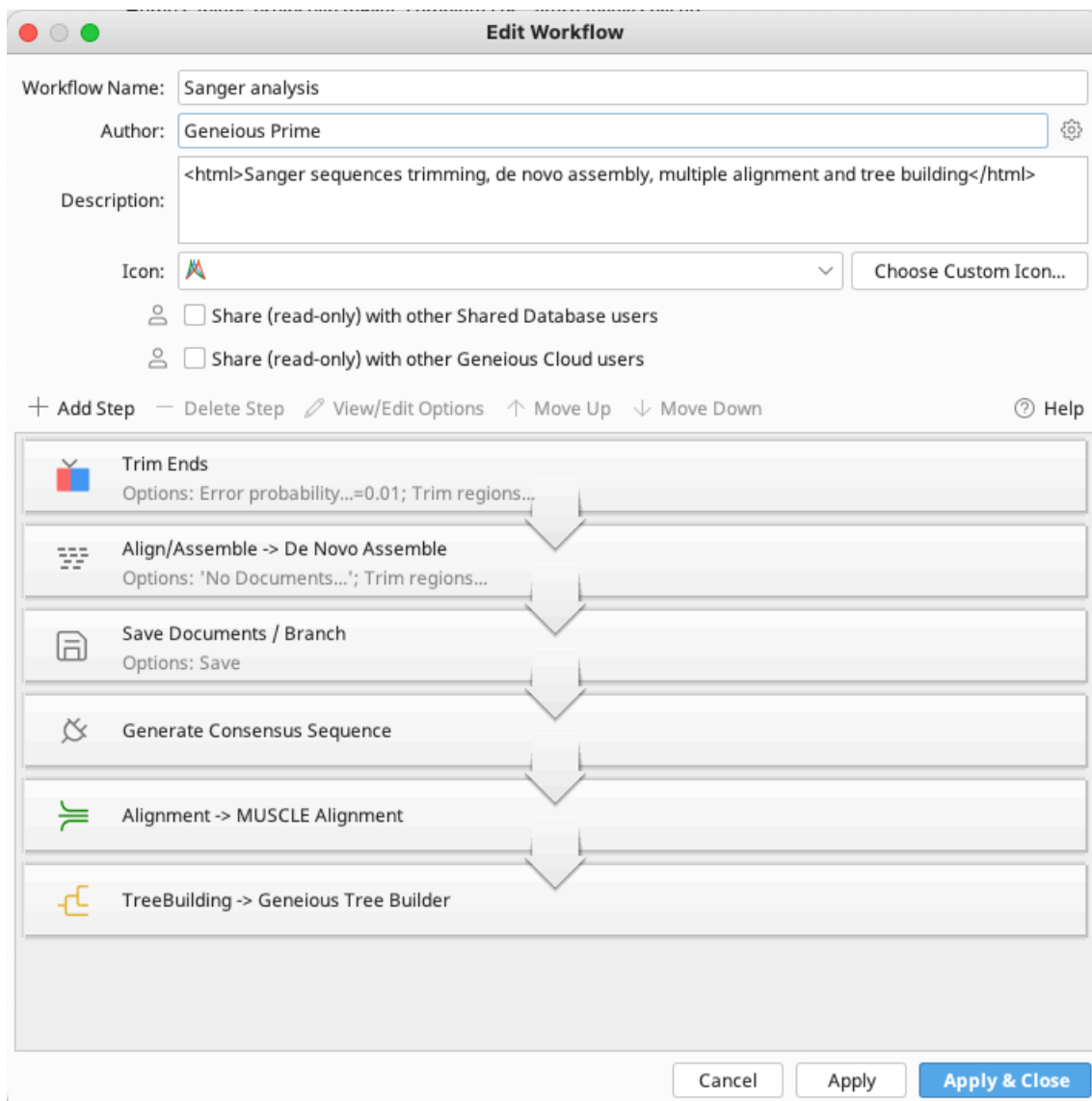
猫も杓子も

Geneious Prime でシーケンス解析

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。



Workflow Name: Sanger analysis





Author: Geneious Prime

Description: <html>Sanger sequences trimming, de novo assembly, multiple alignment and tree building</html>

Icon:  Choose Custom Icon...

Share (read-only) with other Shared Database users

Share (read-only) with other Geneious Cloud users

+ Add Step - Delete Step  View/Edit Options  Move Up  Move Down  Help

Trim Ends
Options: Error probability...=0.01; Trim regions...

Align/Assemble -> De Novo Assemble
Options: 'No Documents...'; Trim regions...

Save Documents / Branch
Options: Save

Generate Consensus Sequence

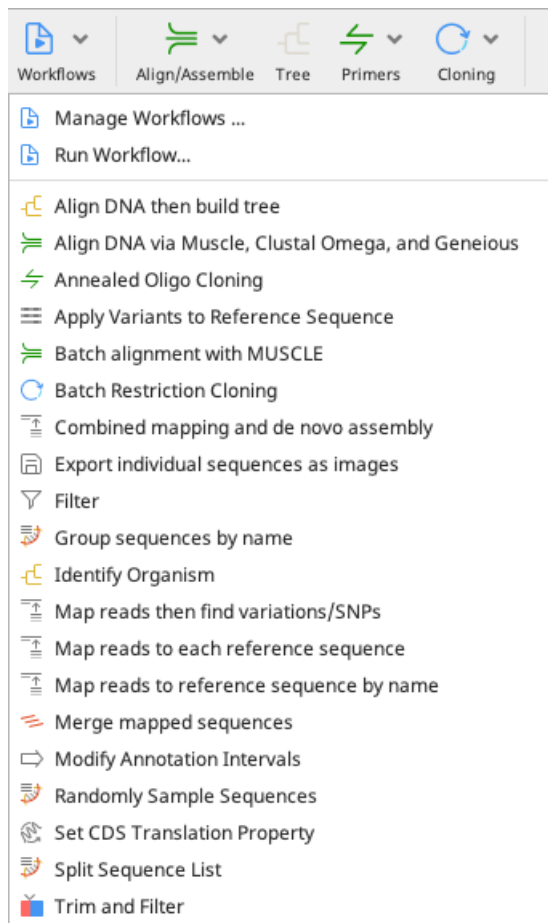
Alignment -> MUSCLE Alignment

TreeBuilding -> Geneious Tree Builder

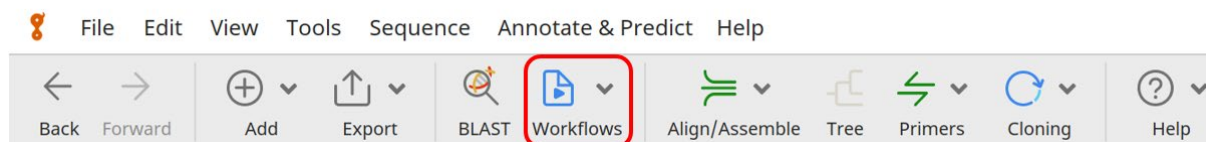
Cancel Apply **Apply & Close**

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、リファレンスシーケ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。



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。



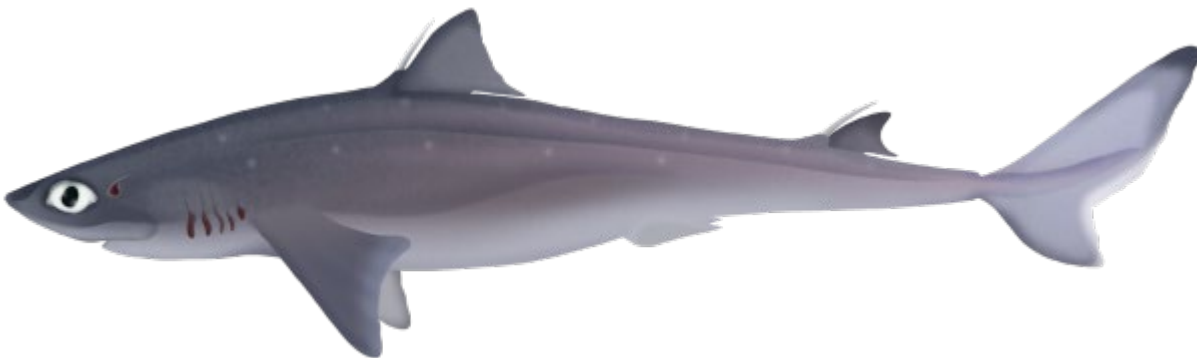
ワークフローは、ファイルとしてエクスポートやインポートすることができ、また共有データベースに接続している場合は共有オプションにチェックを入れることで、他の人と簡単に共有することができます。

[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](#)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。

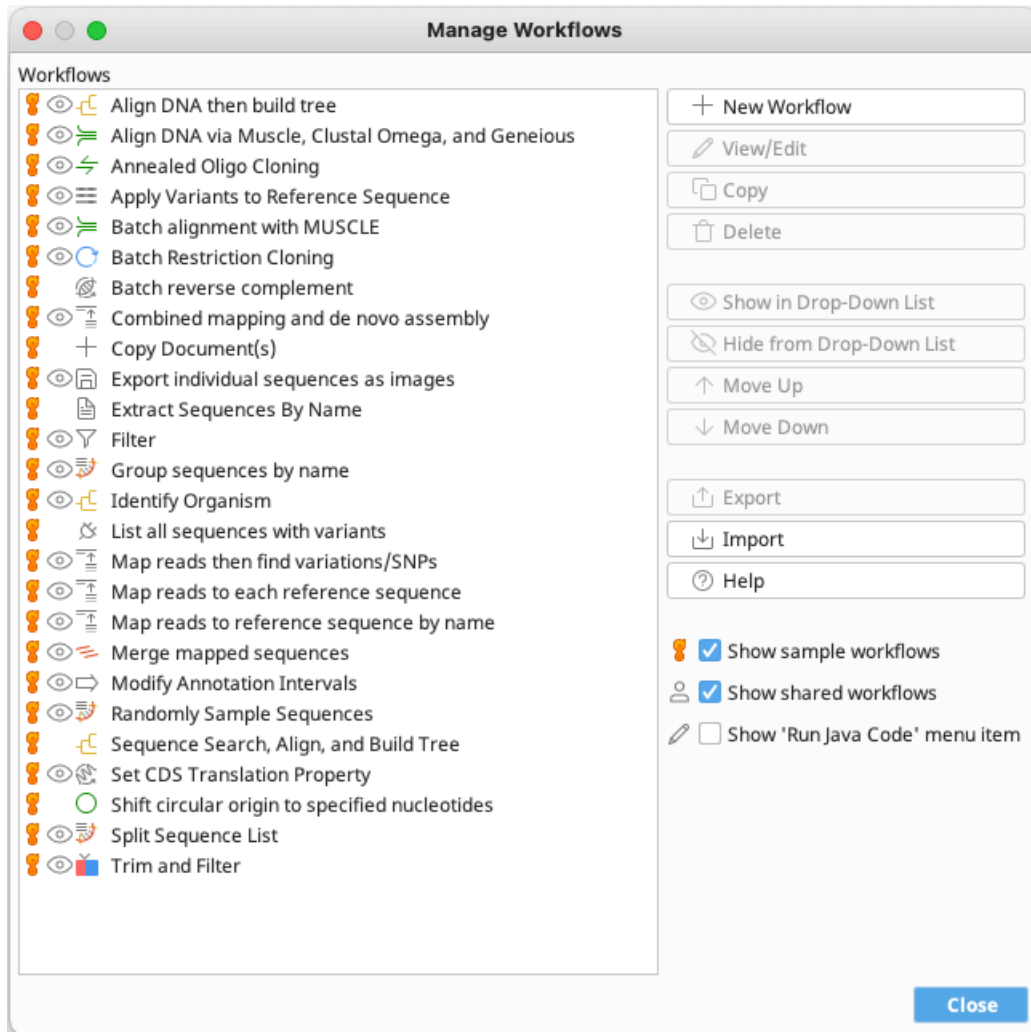
この例では、サンガーデータを解析するための以下のステップをワークフローで自動化します：

- エラー率>1%のサンガーシーケ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ケンシングされ、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
- コンセンサスシーケンスを抽出する
- コンセンサスシーケ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

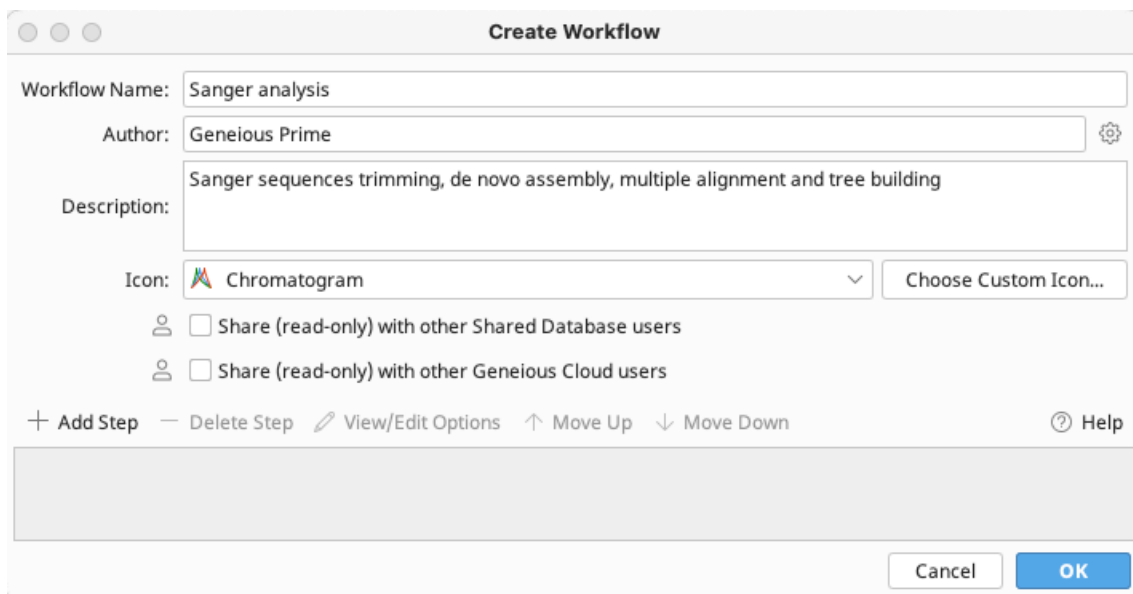
インプットするシーケンスは、Longnose spurdog (*Squalus blainville*)と Shortnose spurdog (*Squalus megalops*)の 2 種のサメのバーコーディング・プロジェクトから得られたもので、形態から見分けるのは非常に難しいのですが、サンガーシーケンシングによって簡単にバーコーディングすることができます。クロマトグラムデータは BOLD データベースからダウンロードしたもの(Accession BOLD: AAA1550)で各サンプルはフォワードとリバースプライマーでシーケンシングされています。



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。



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。



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[こちら](#)

『Geneious Prime で猫も杓子もシーケンス解析』過去の記事は[こちらでチェック!](#)

