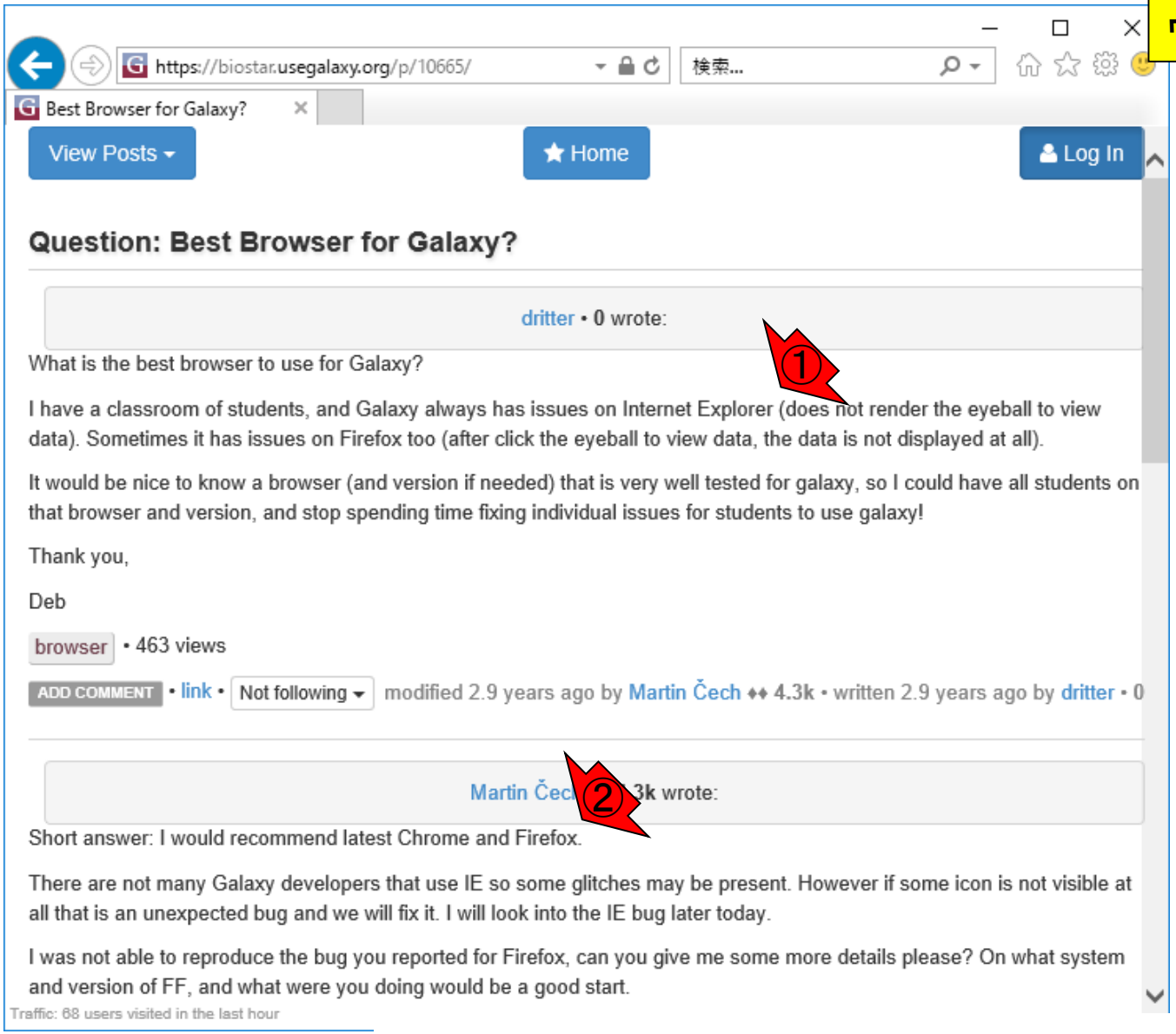
次世代シーケンサーデータの解析手法 第12回Galaxy：ヒストリーとワークフロー ウェブ資料

寺田朋子、大田達郎*、清水謙多郎、門田 幸二*

W1：ウェブブラウザに注意

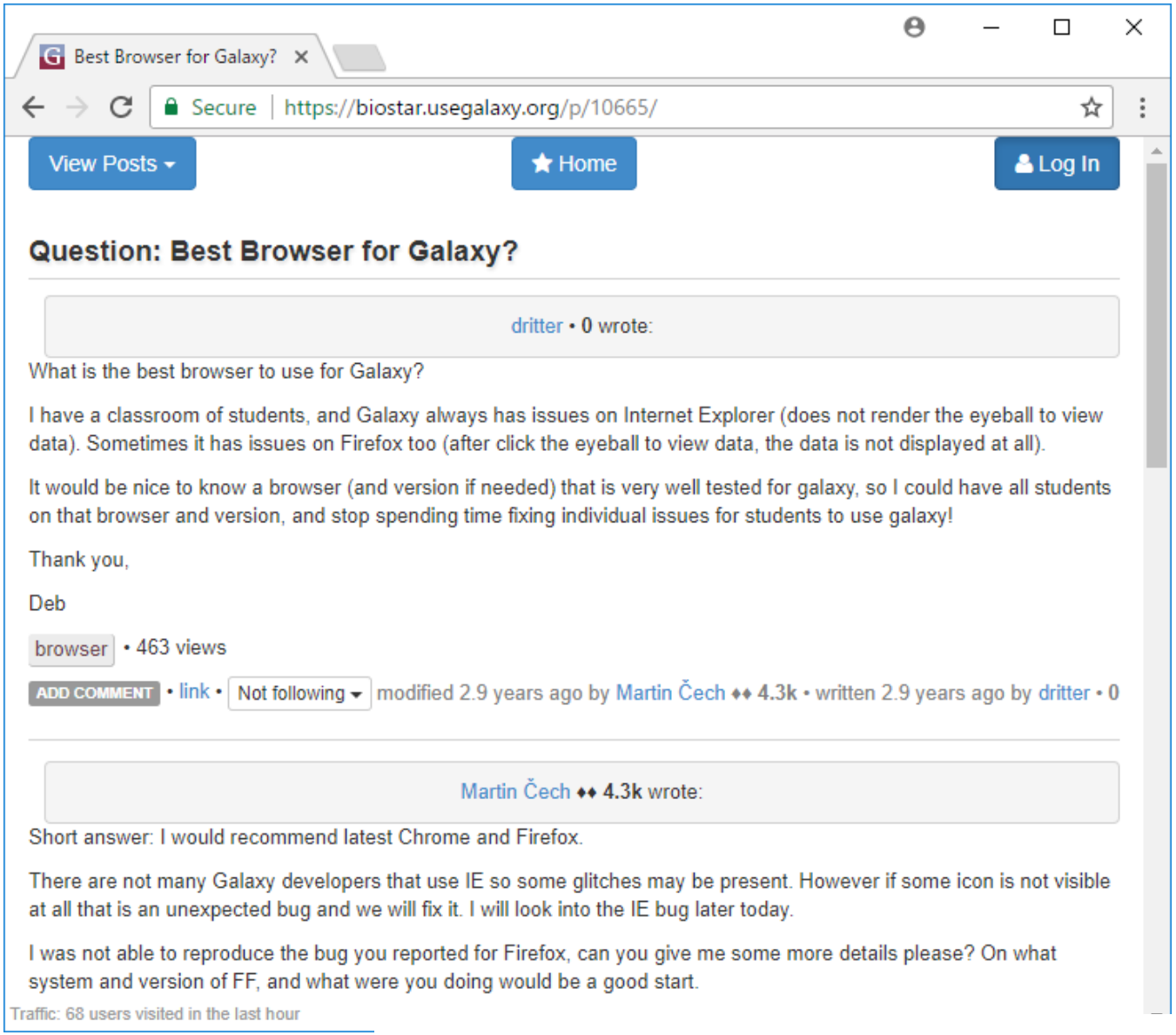
①Internet Explorer (IE)でGalaxyを実行すると不具合に遭遇しやすいので注意が必要。推奨ウェブブラウザは、②ChromeまたはFirefox



BioStar: Parnell et al., *PLoS Comput. Biol.*, **7**: e1002216, 2011

W1：ウェブブラウザに注意

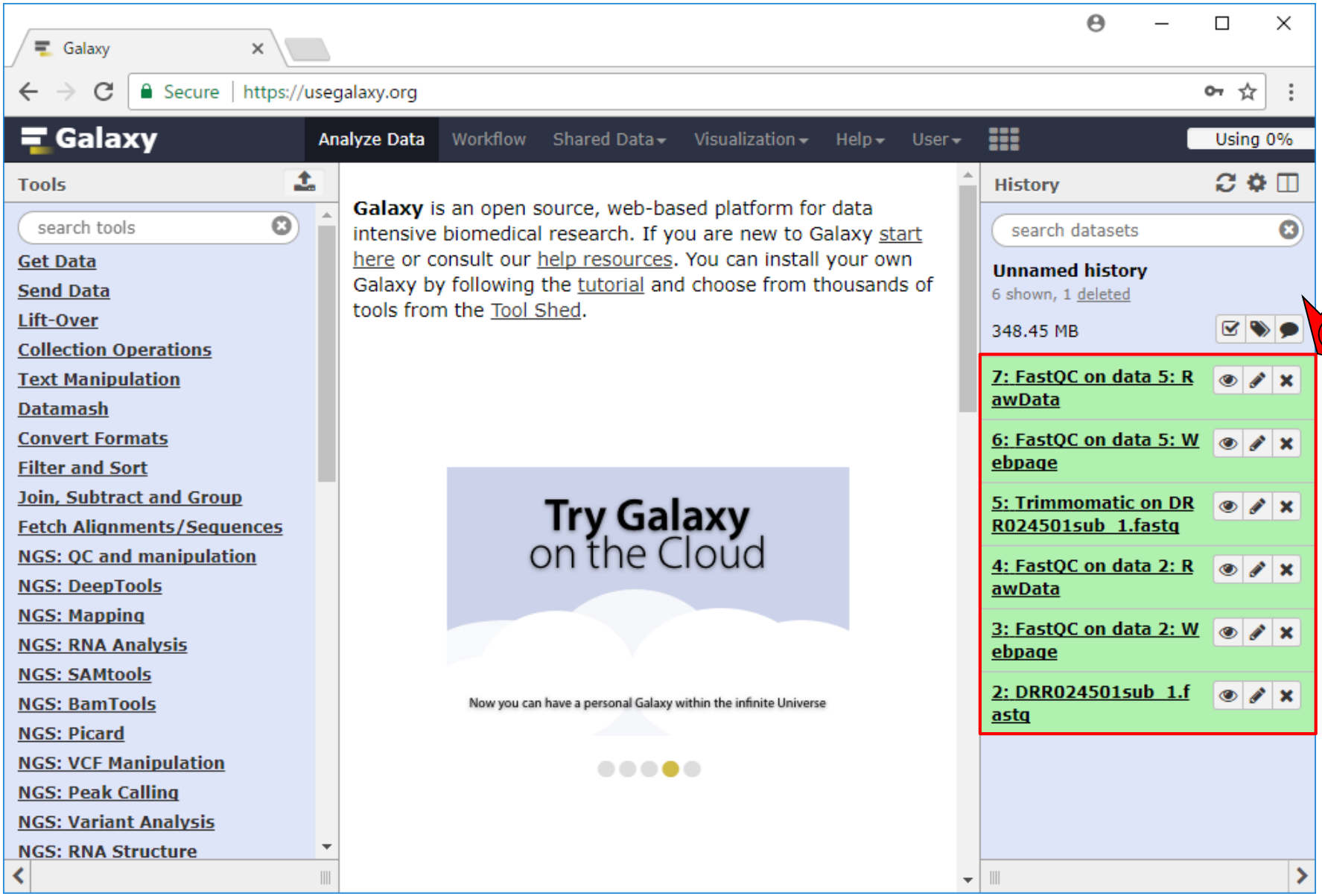
というわけで、今回はウェブブラウザChromeを用いて説明します



BioStar: Parnell et al., *PLoS Comput. Biol.*, **7**: e1002216, 2011

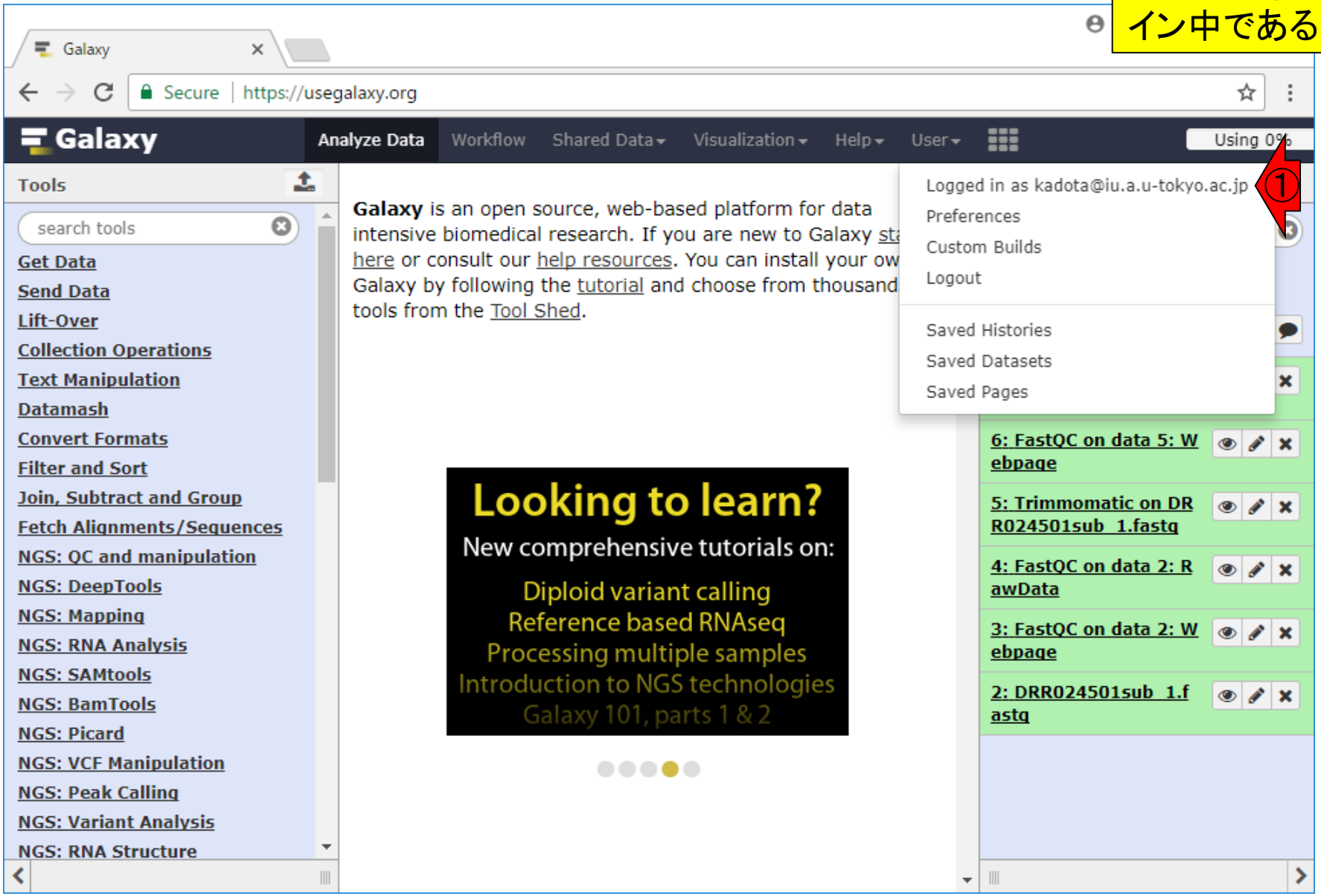
W2：前回の最後と同じ状態

①の見栄えが少し異なるが、第11回W13-4と同じ状態



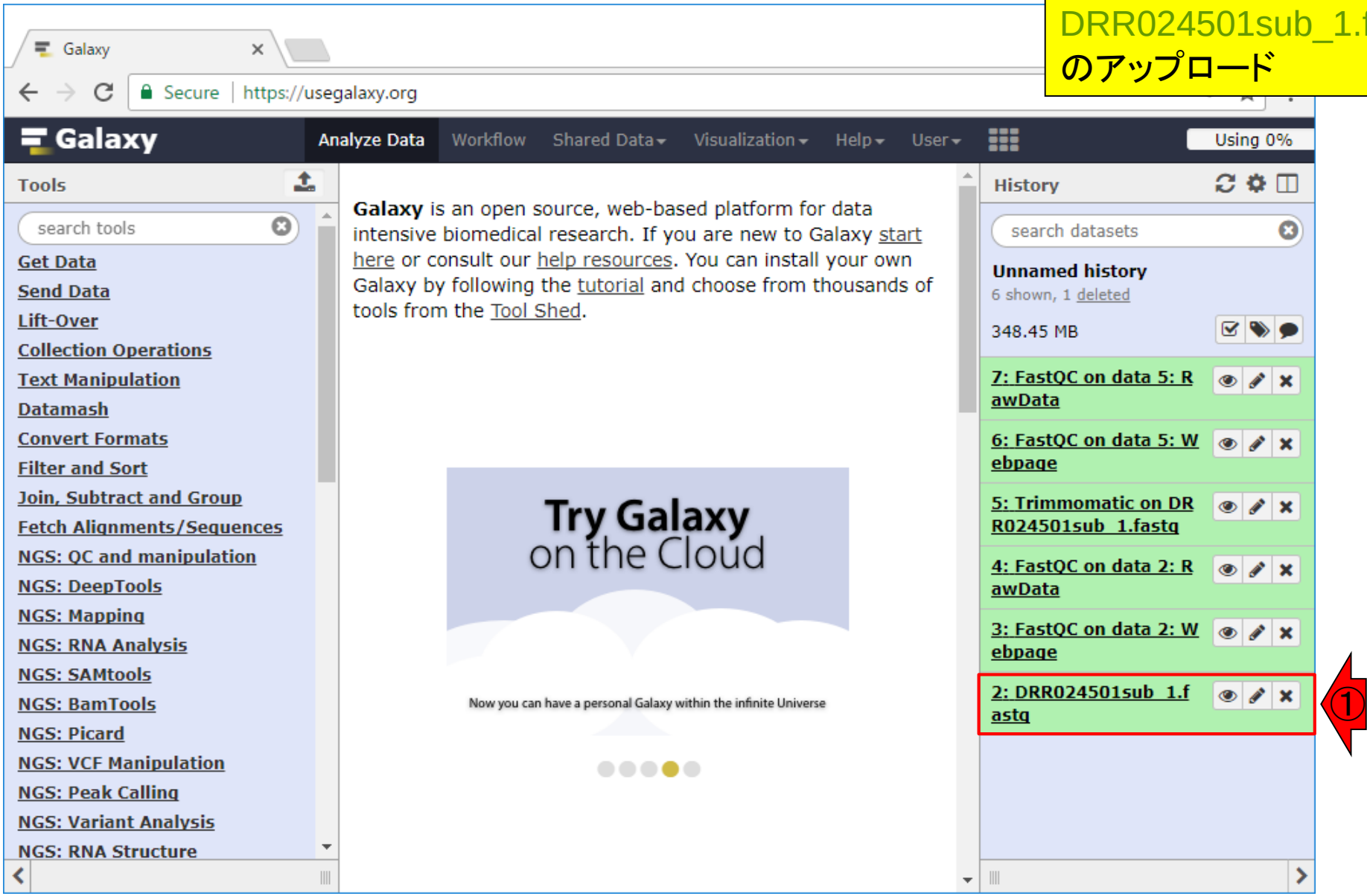
W2：前回の最後と同じ状態

①Galaxyにユーザ登録済みの今回のメインユーザ（**kadota_registered**）がログイン中であることがわかる



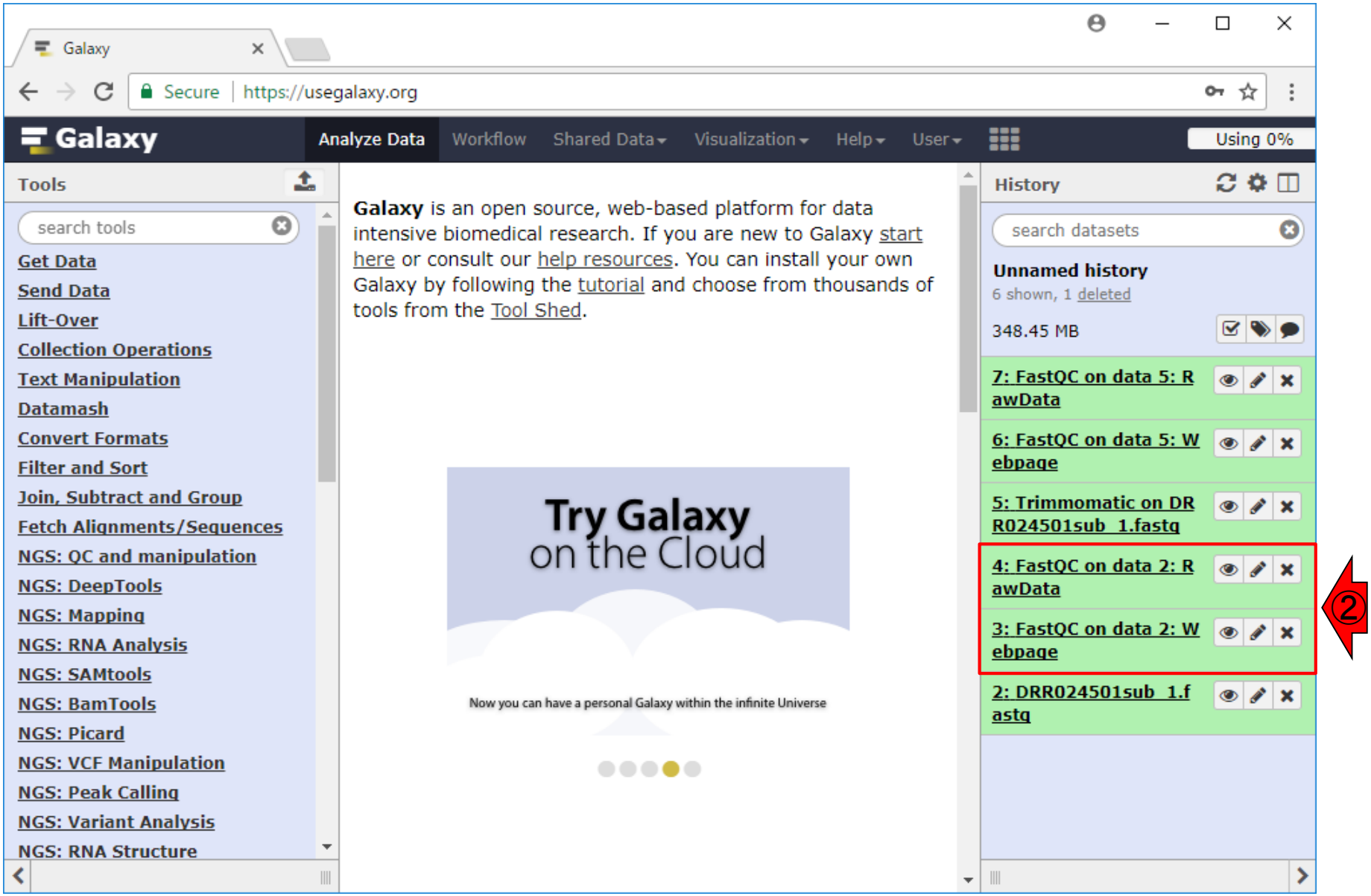
W3-1：第11回の作業のおさら

①Illumina MiSeqを用いて得られた30万リードからなるgzip圧縮FASTQファイル（DRR024501sub_1.fastq.gz）のアップロード

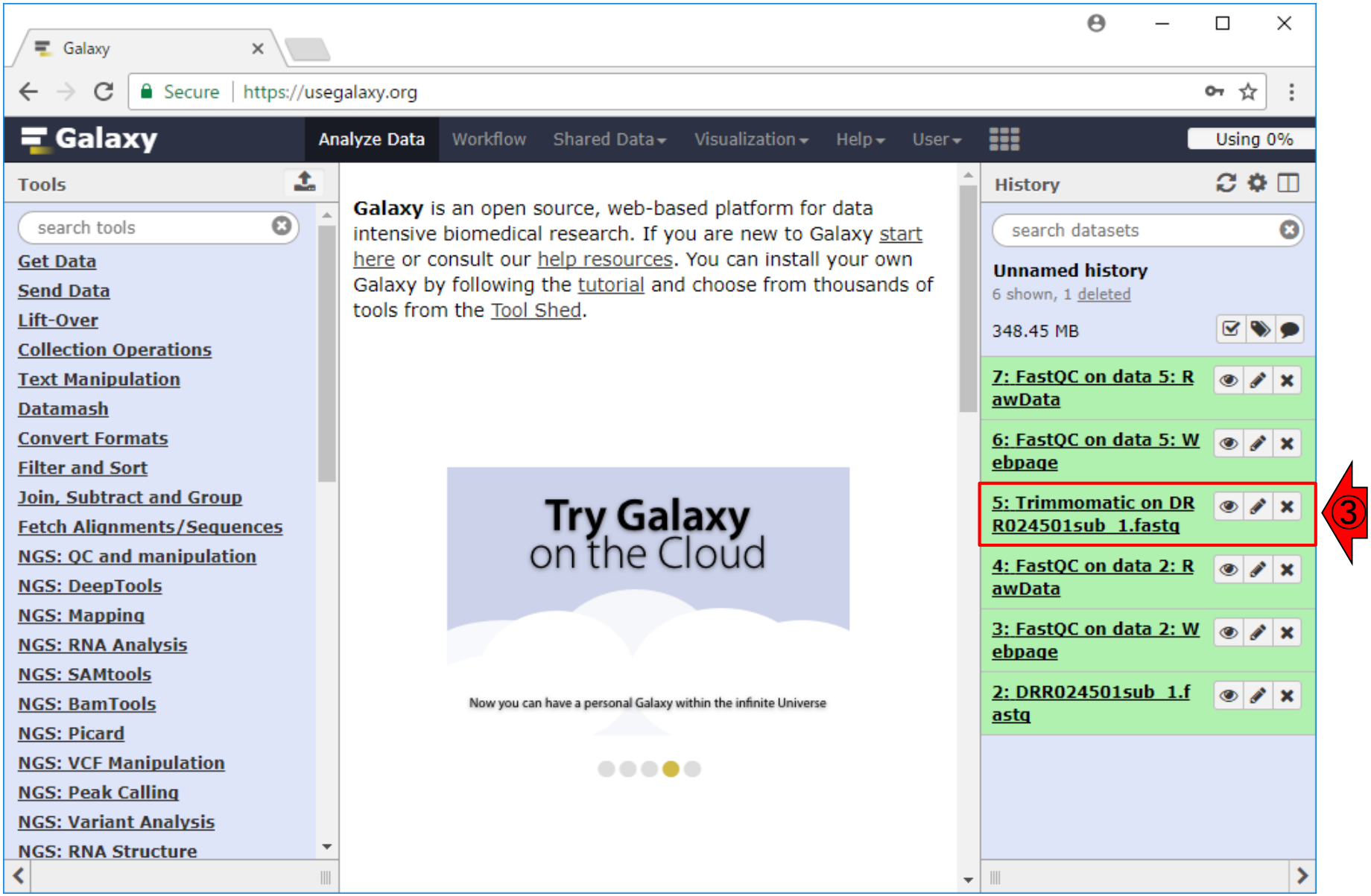


②FastQCの実行

W3-2：第11回の作業のおさらい

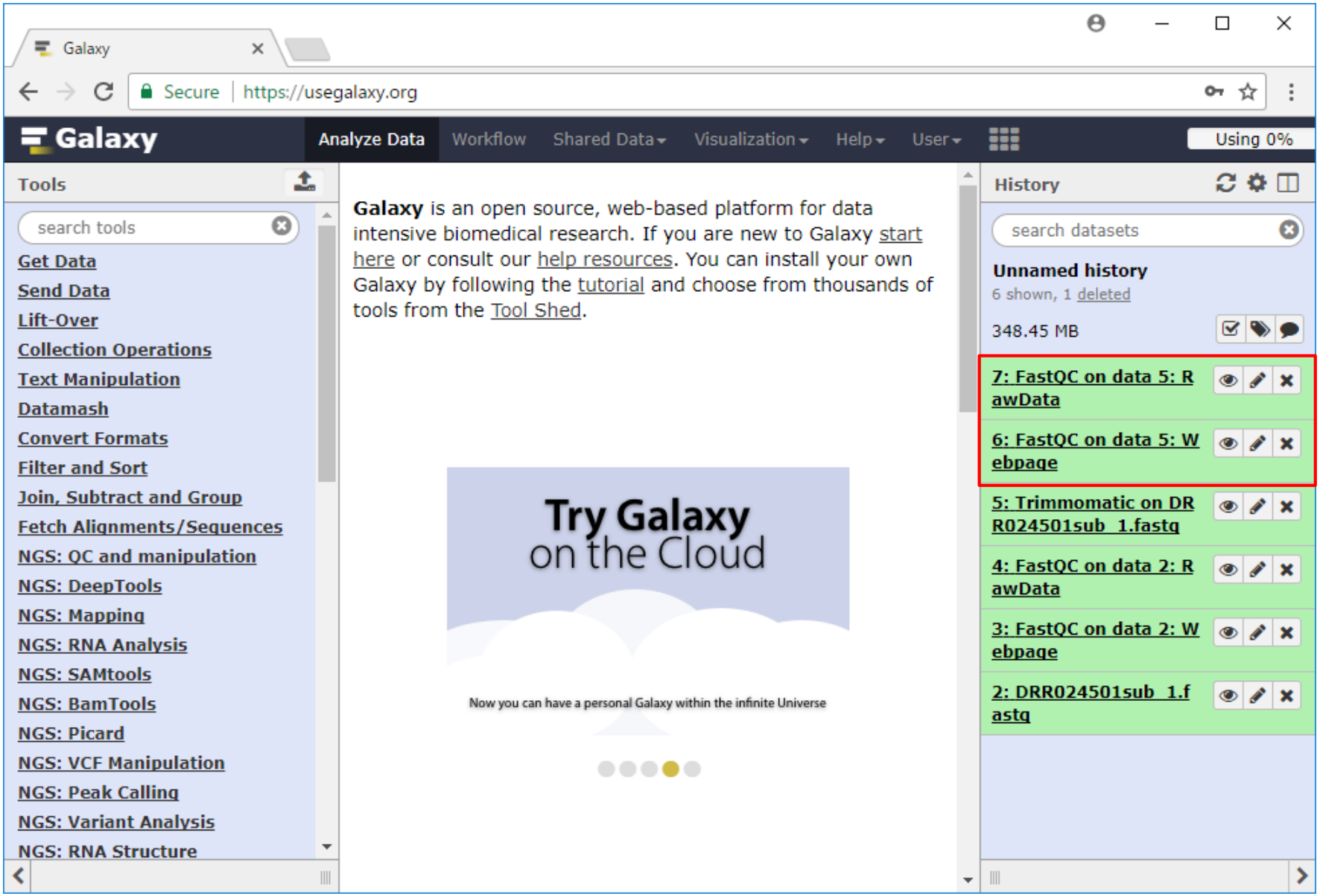


W3-3：第11回の作業のおさらい



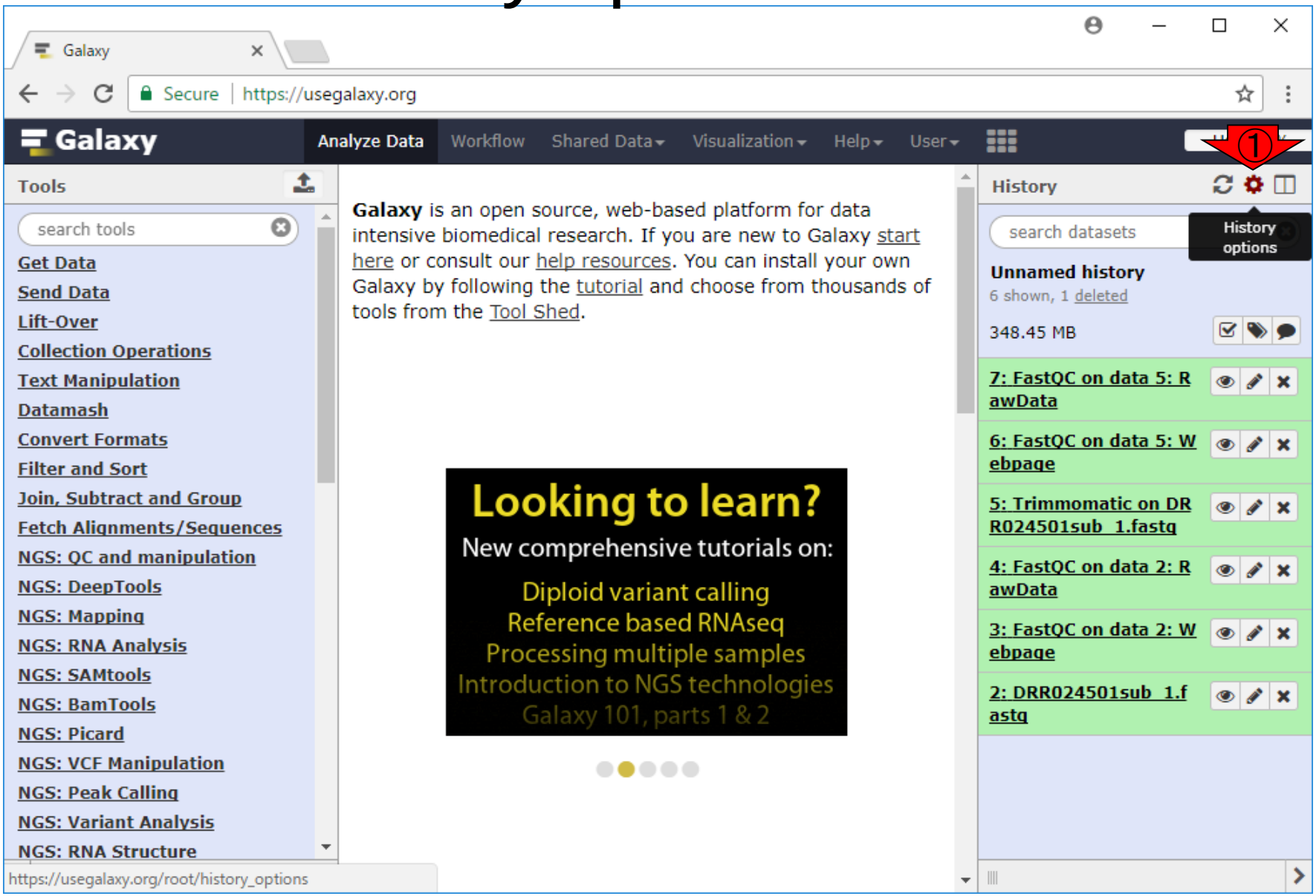
W3-4：第11回の作業のおさらい

④Trimmomatic実行後のファイルに対して、再度FastQCを実行



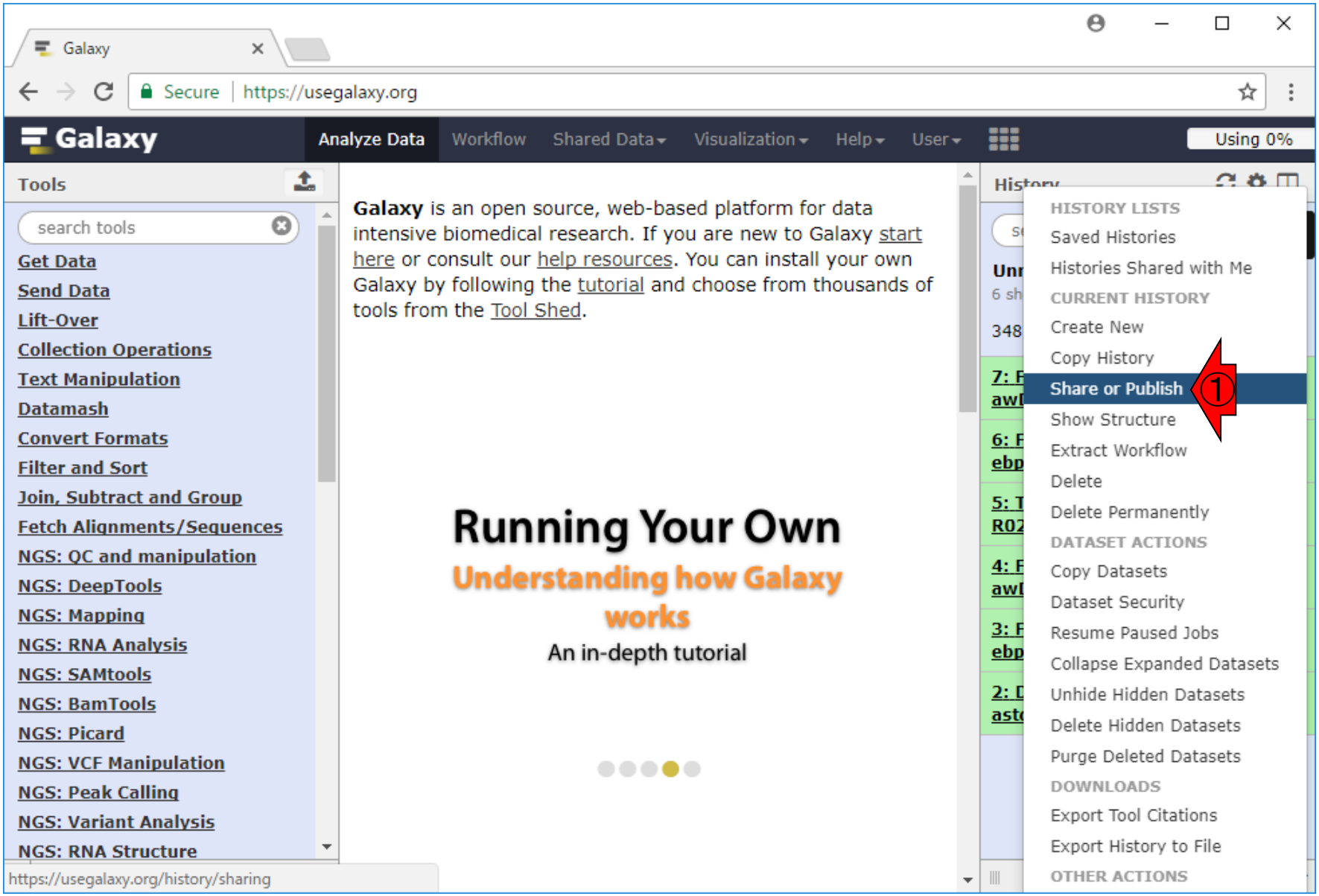
①歯車マーク（History options）をクリック

W4-1：History options



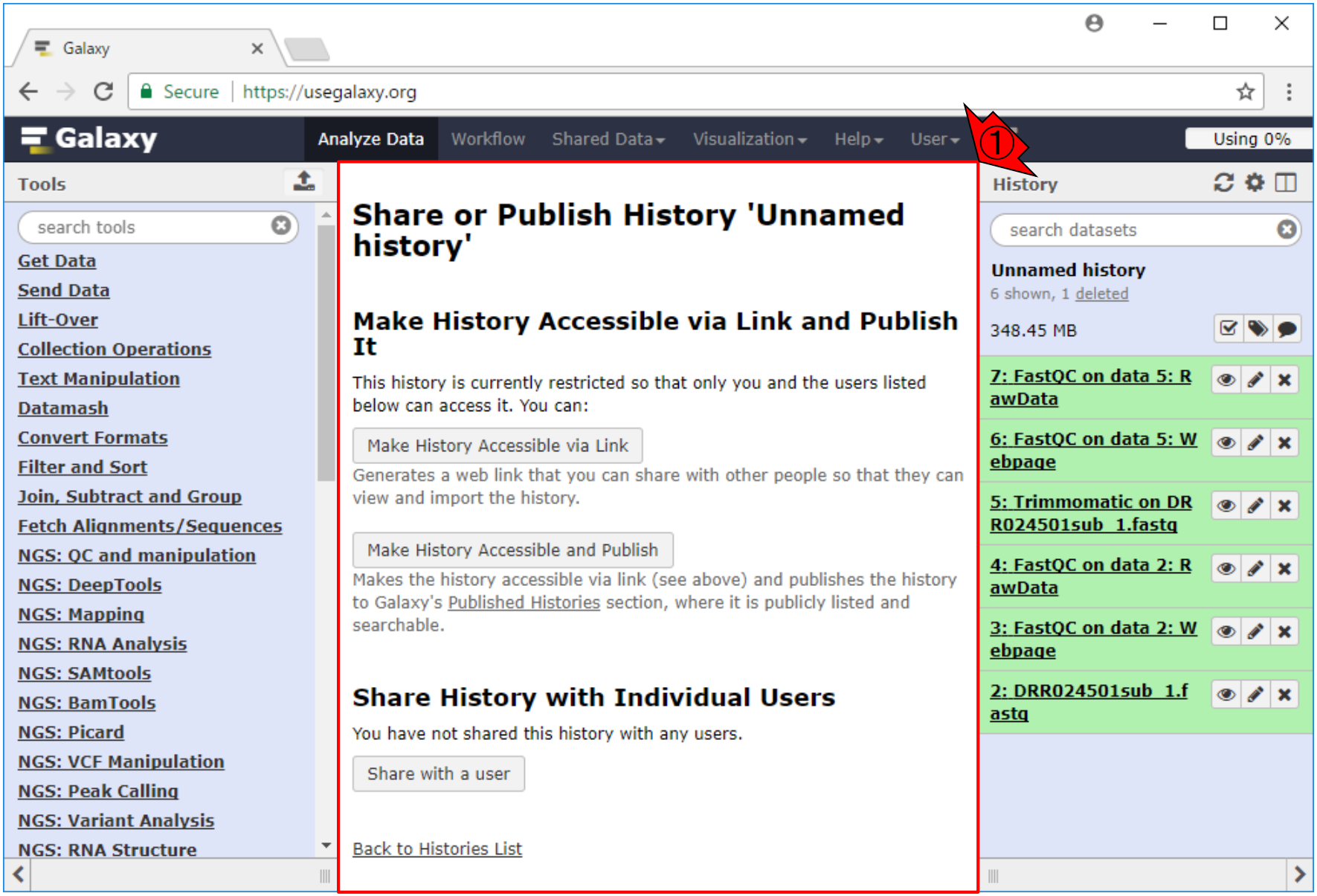
①Share or Publish

W4-2：Share or Publish



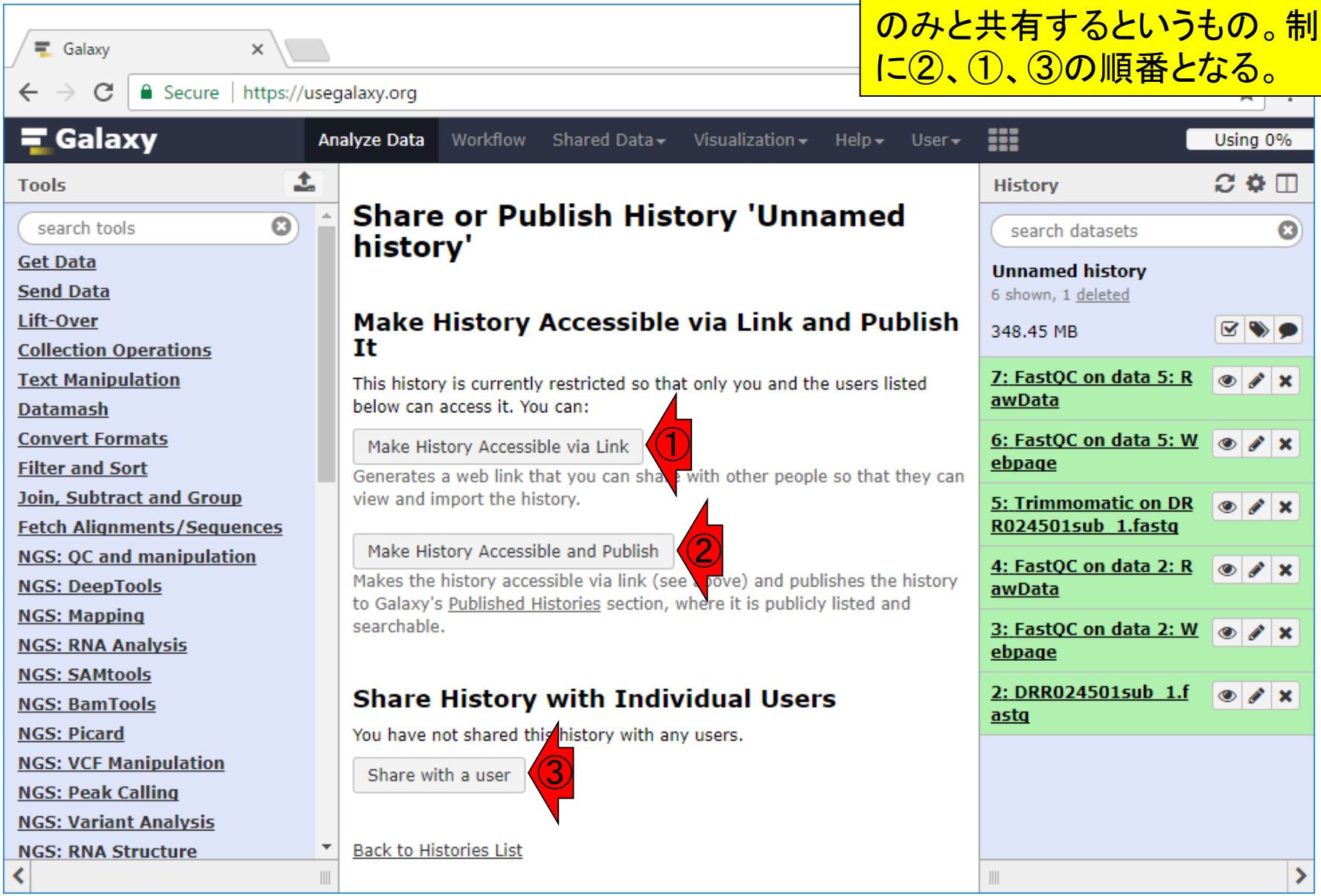
W4-2：Share or Publish

①中央のパネルがこんな感じになります



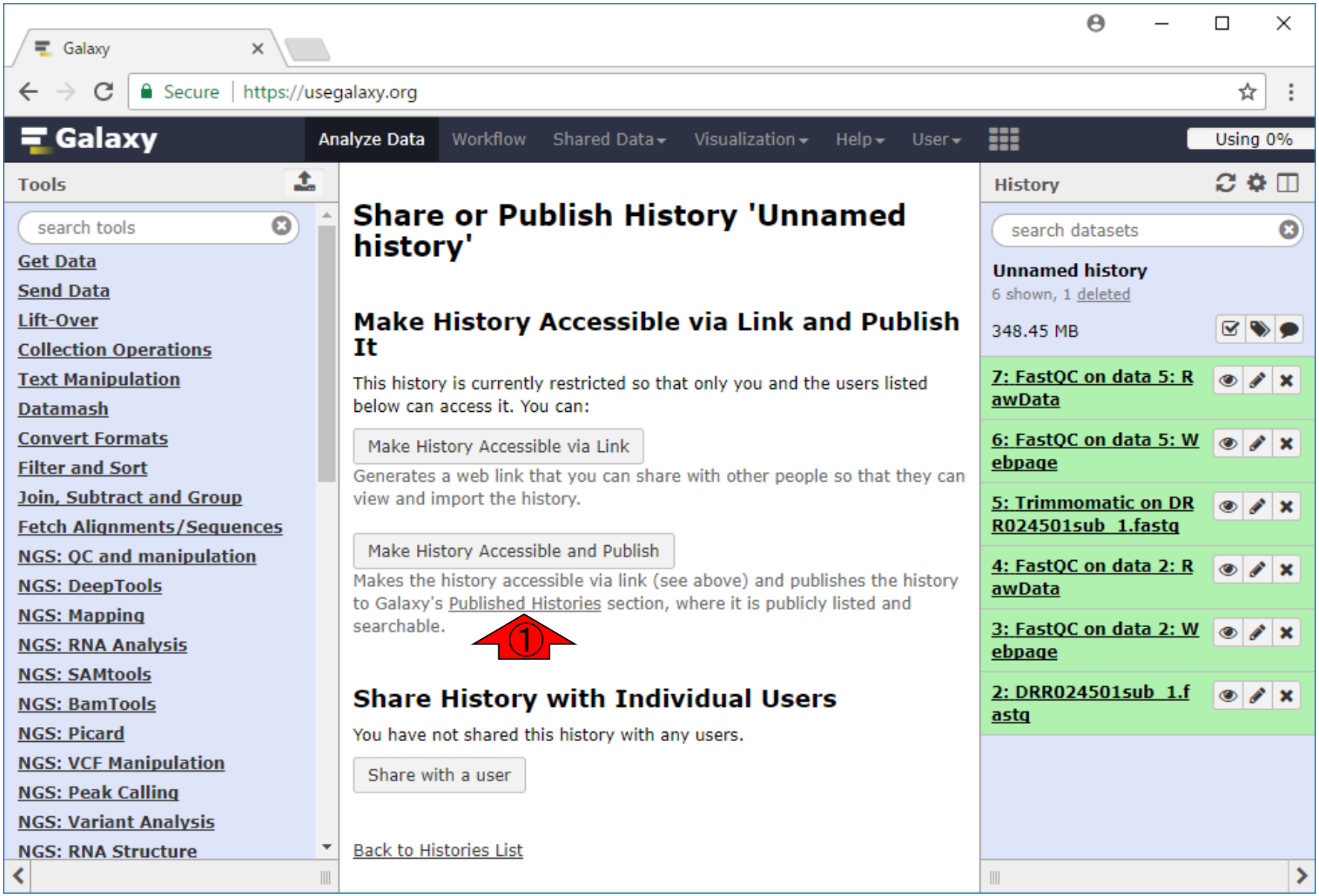
W4-3：共有手段は3つ

①はリンク先のURLを知っているヒト達で共有、②はGalaxy mainのPublished Historiesというサイト上で公開、③は特定のユーザのみと共有するというもの。制限が緩い順に②、①、③の順番となる。



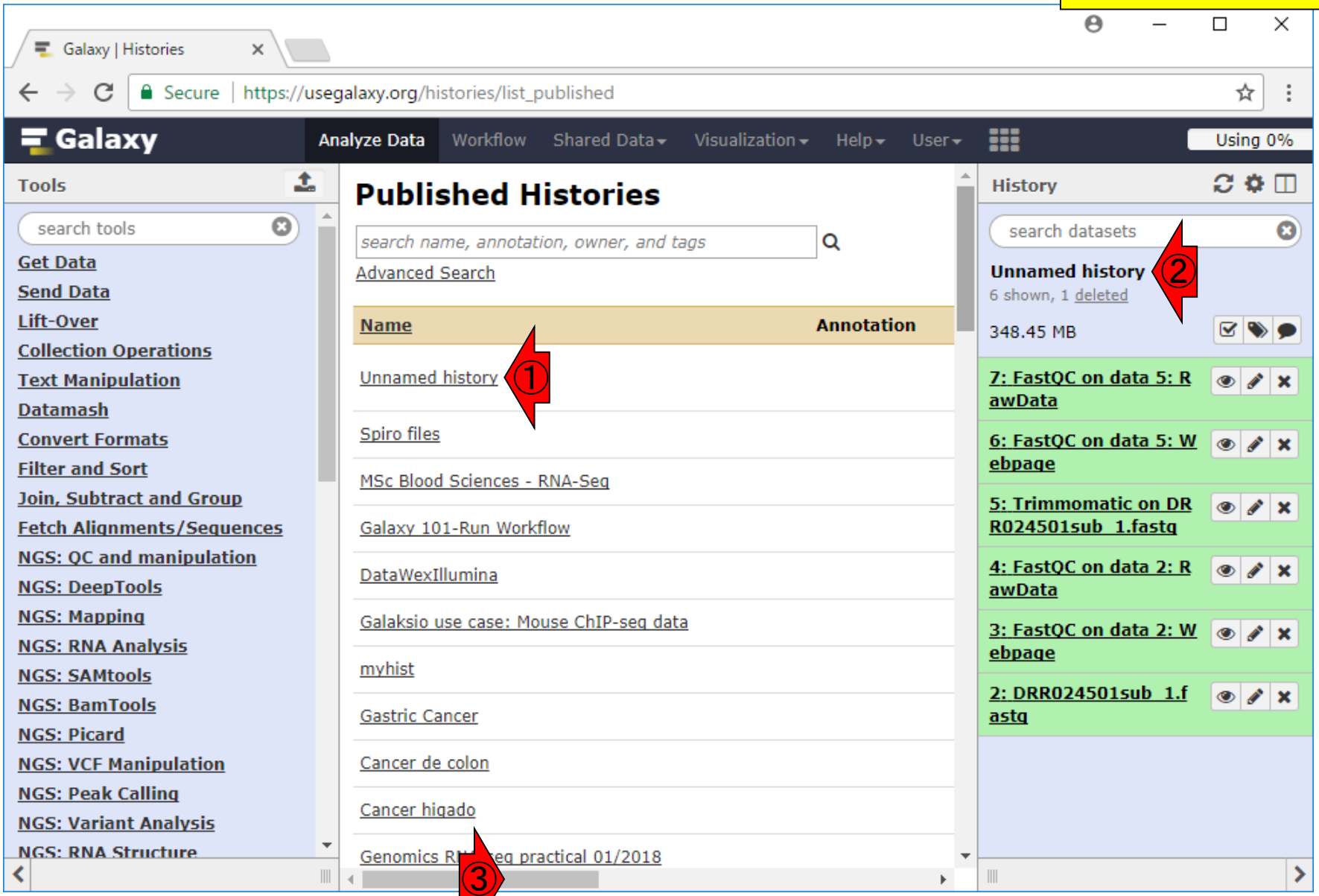
W4-4：Published Histories

①Galaxy mainのPublished Historiesというサイトへ



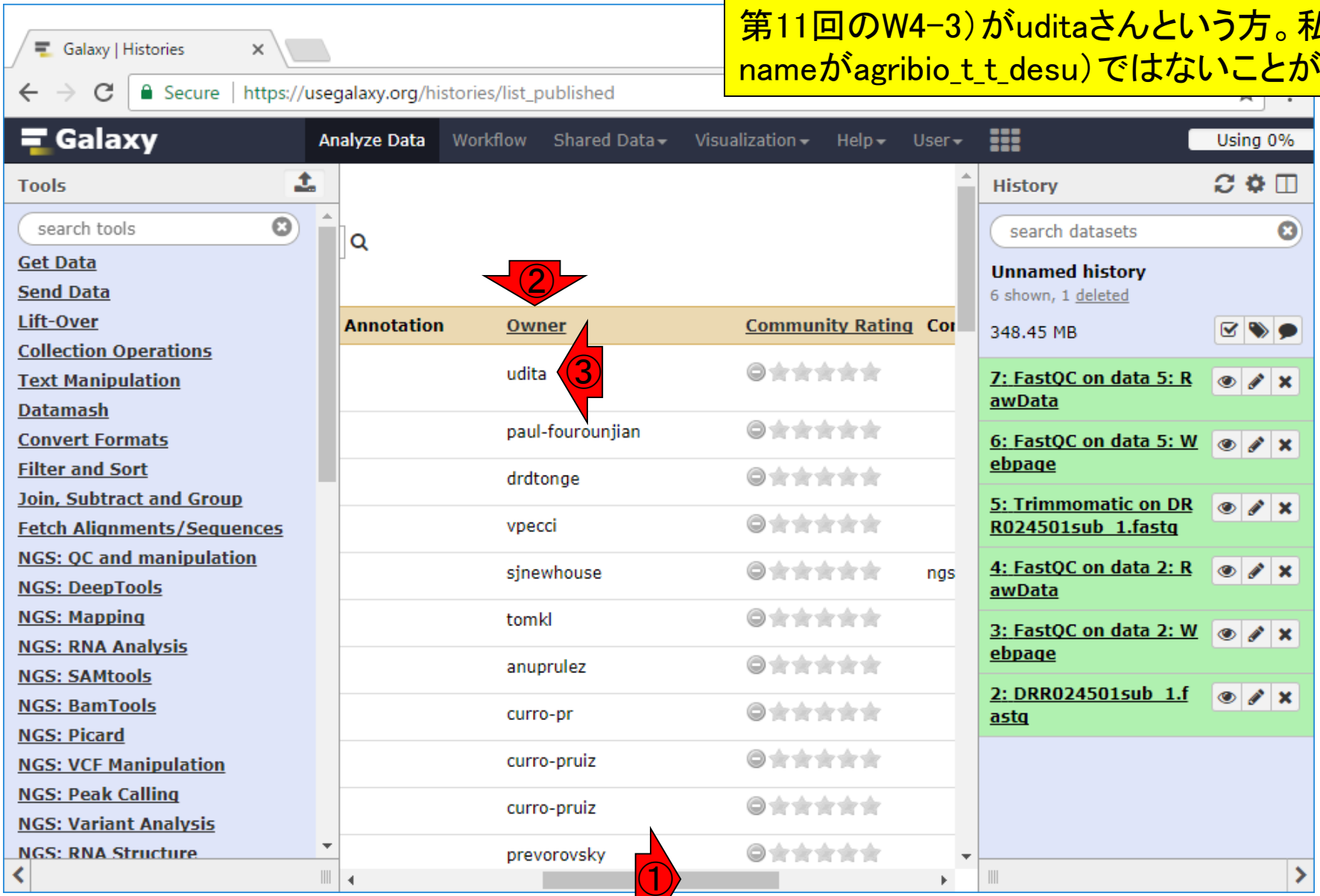
W4-4：Published Histories

①このUnnamed historyは、②とは独立のものです。③のバーを少し右に移動させると…



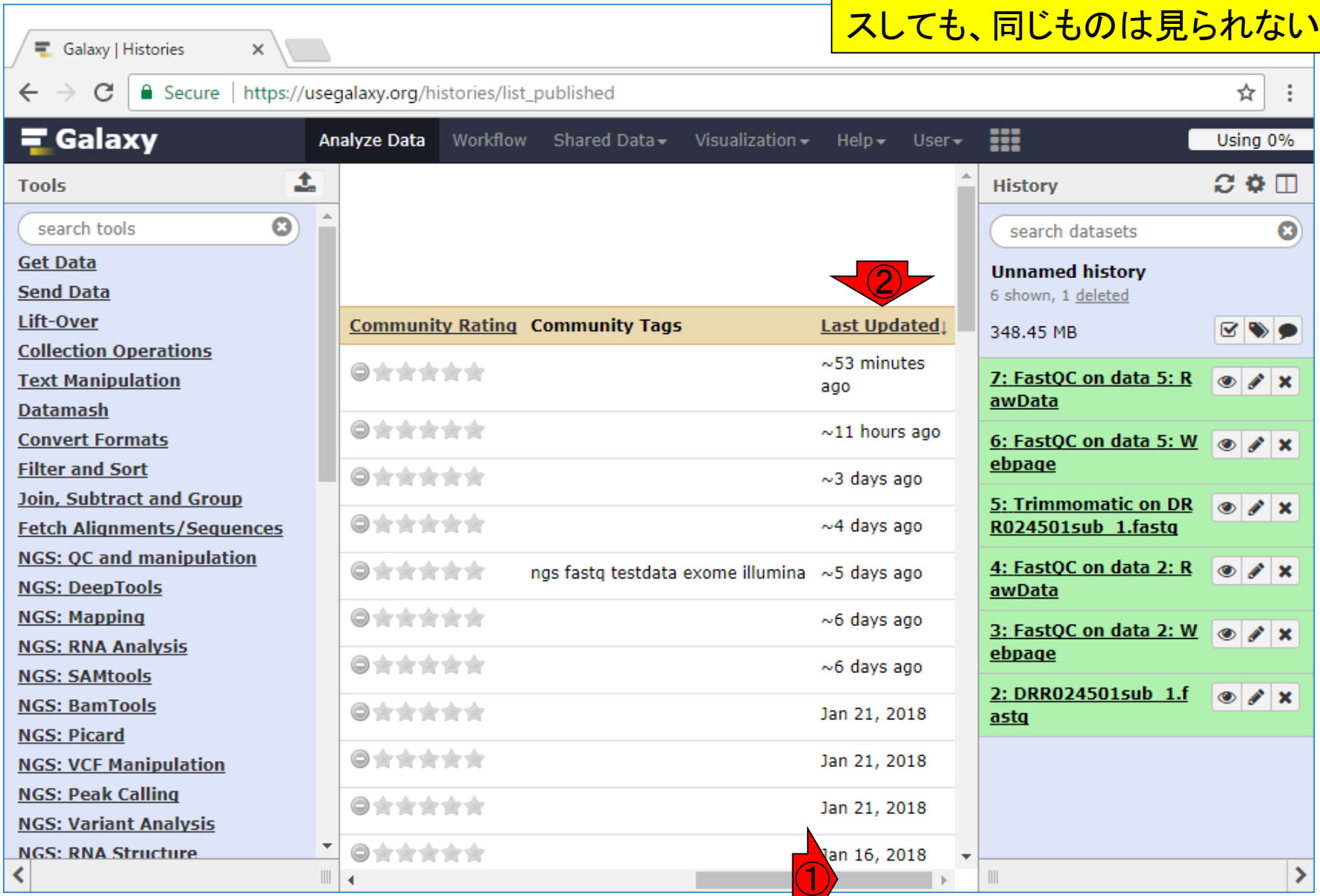
W4-4：Published H

①このあたりまで移動させると、②公開したヒストリーの所有者(owner)情報がわかります。さきほど一番上にあったUnnamed historyの所有者はPublic name（第11回のW4-3）がuditaさんという方。私（Public nameがagribio_t_t_desu）ではないことがわかる



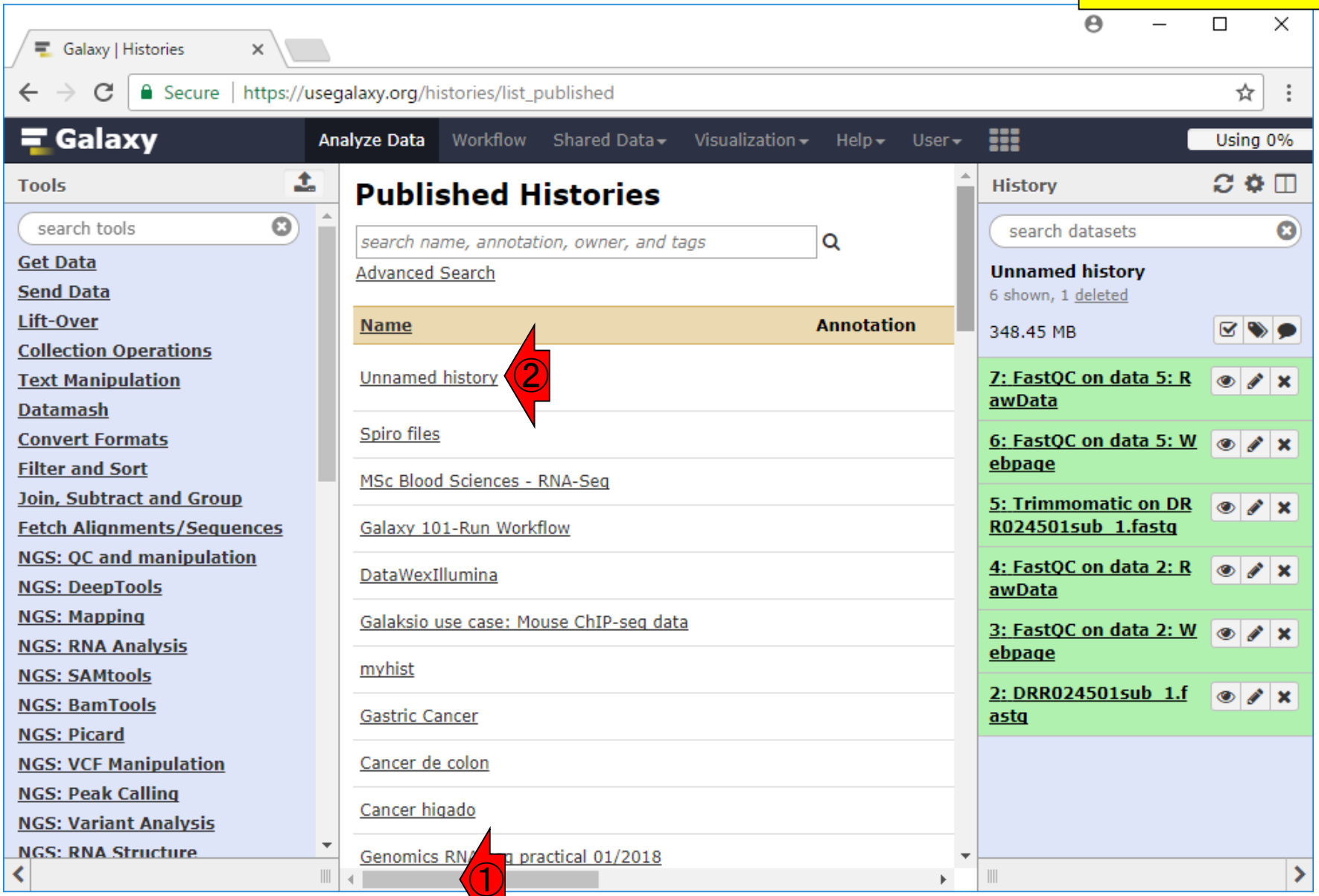
W4-4：Published Histo

①バーを右端まで移動させたところ。②Last Updated情報がわかる。このことから、今このスライドを見ているあなたが同じURLにアクセスしても、同じものは見られないことがわかる



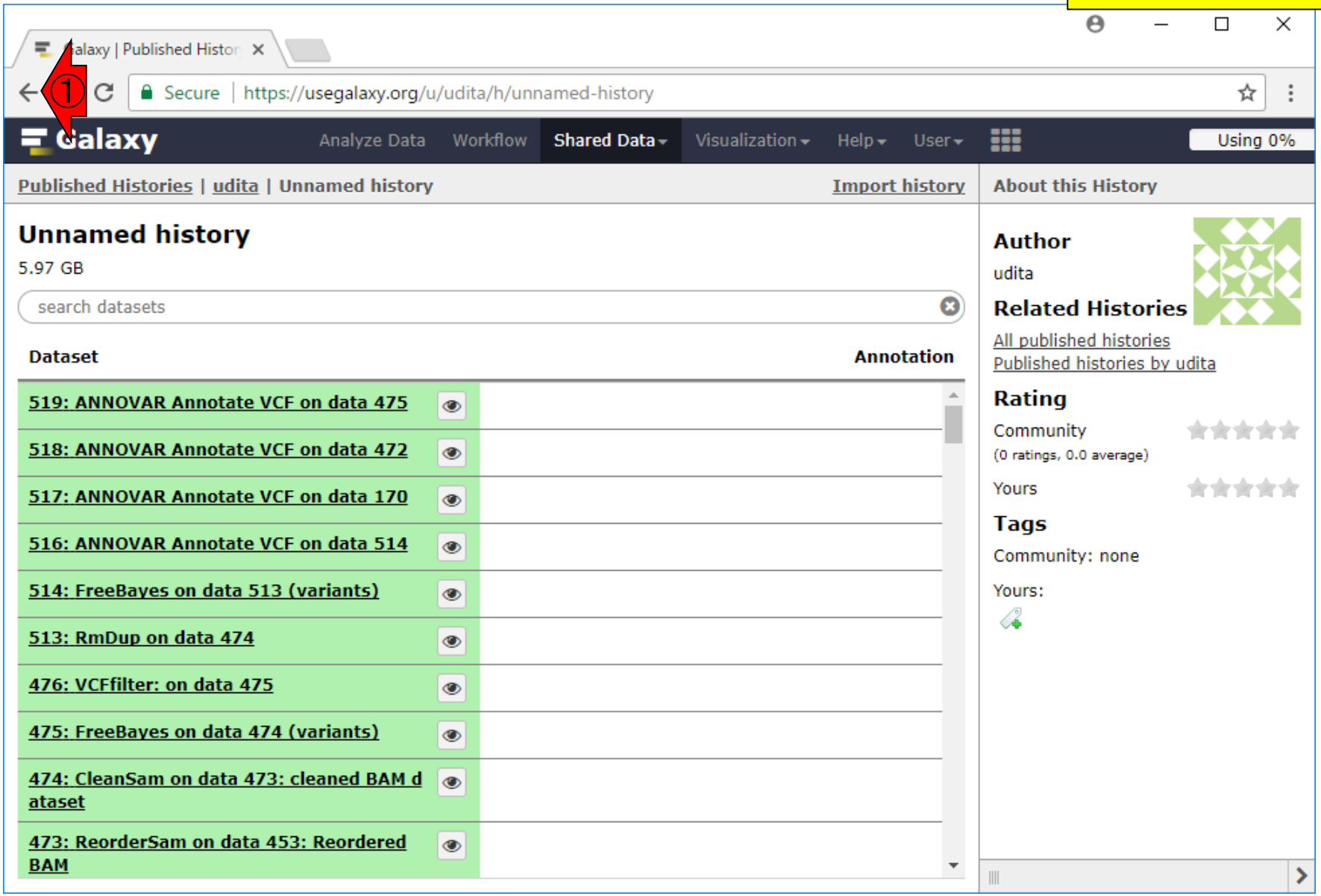
W4-5：公開されたものを概観

①再度一番左側に移動させて、uditaさんが作成した②Unnamed historyを眺める



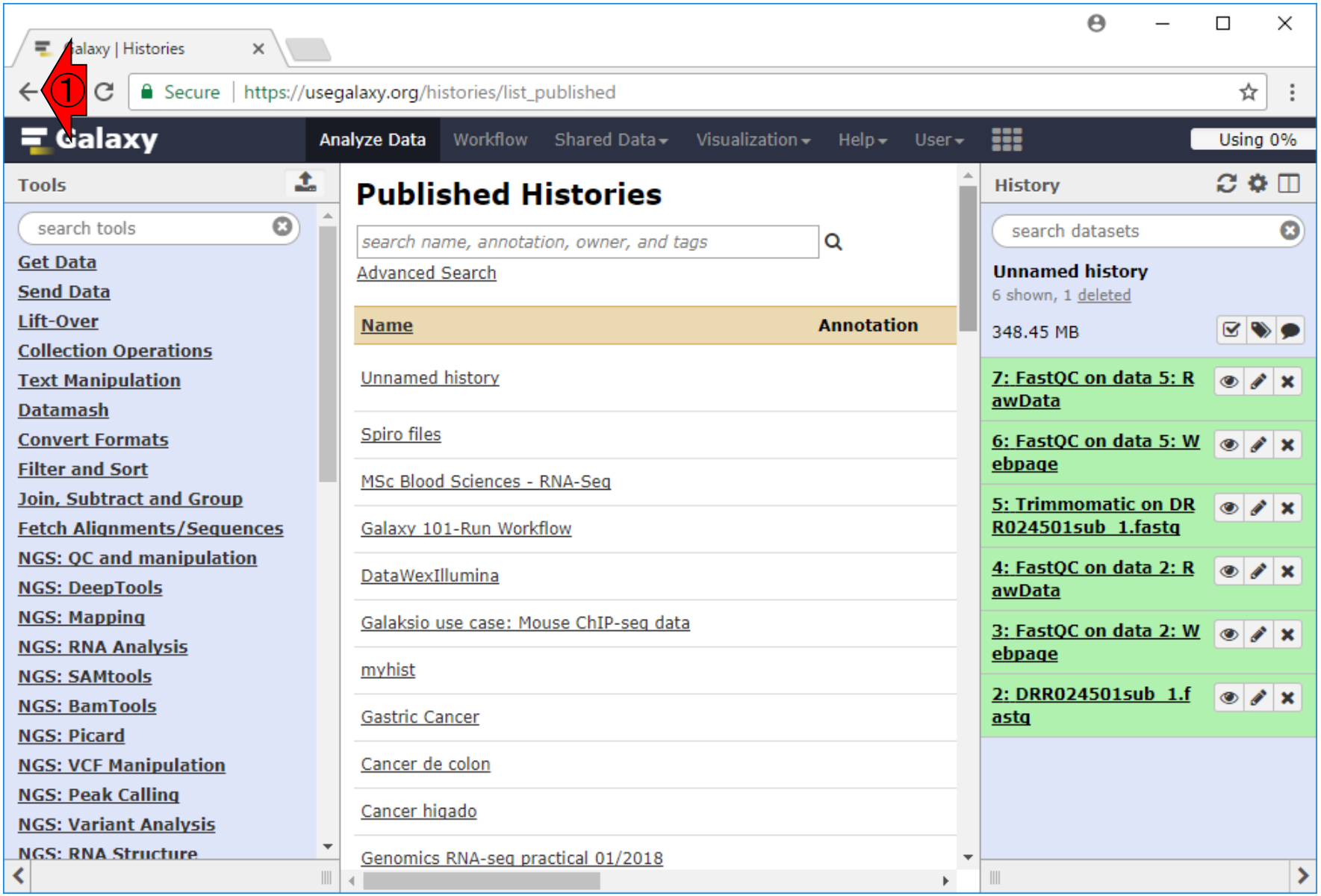
W4-5：公開されたものを概観

眺めたところで、何のことかなんて大抵わかりません（爆）。
①諦めて元のページに戻る



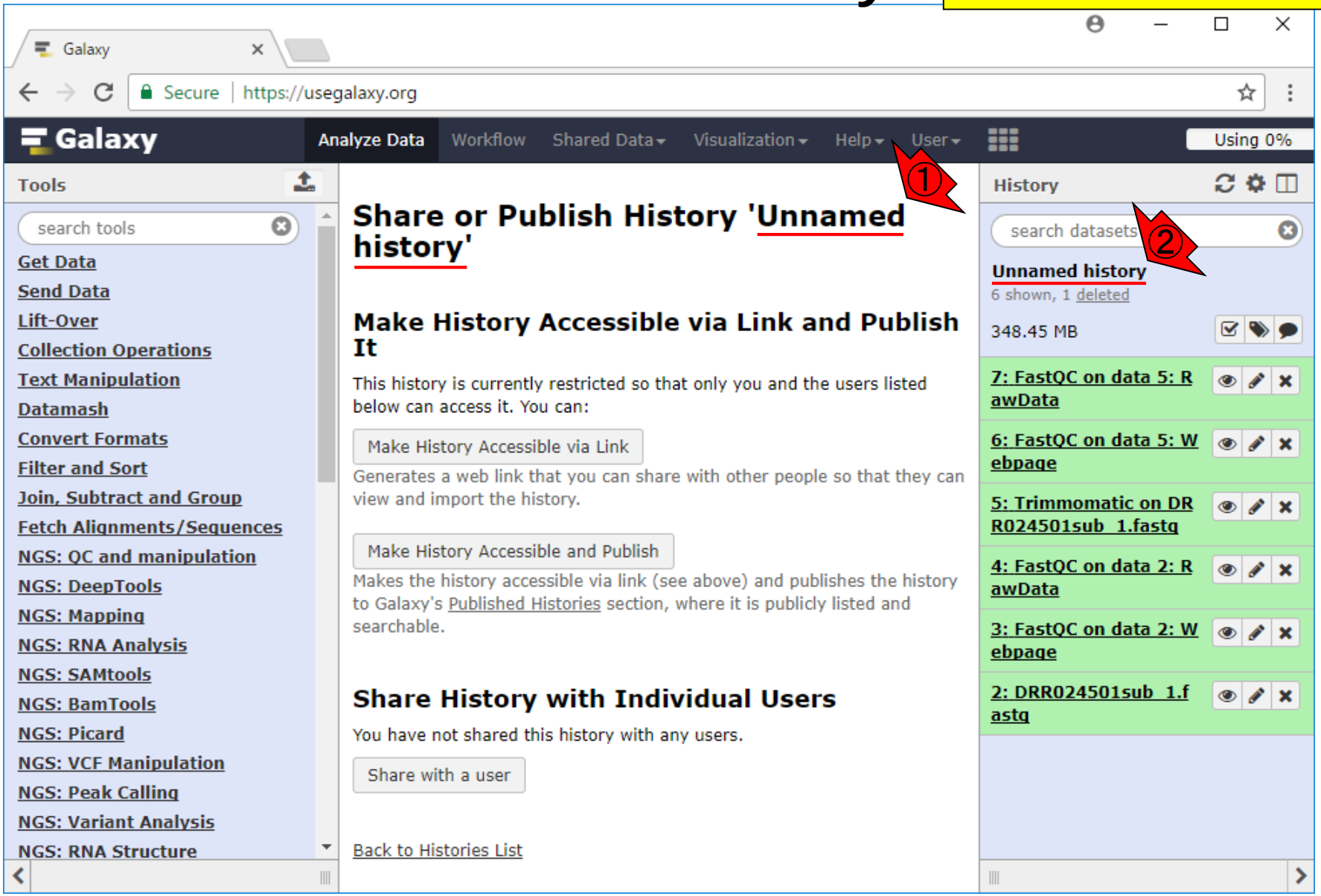
①さらに元のページへ

W4-5：元のページへ



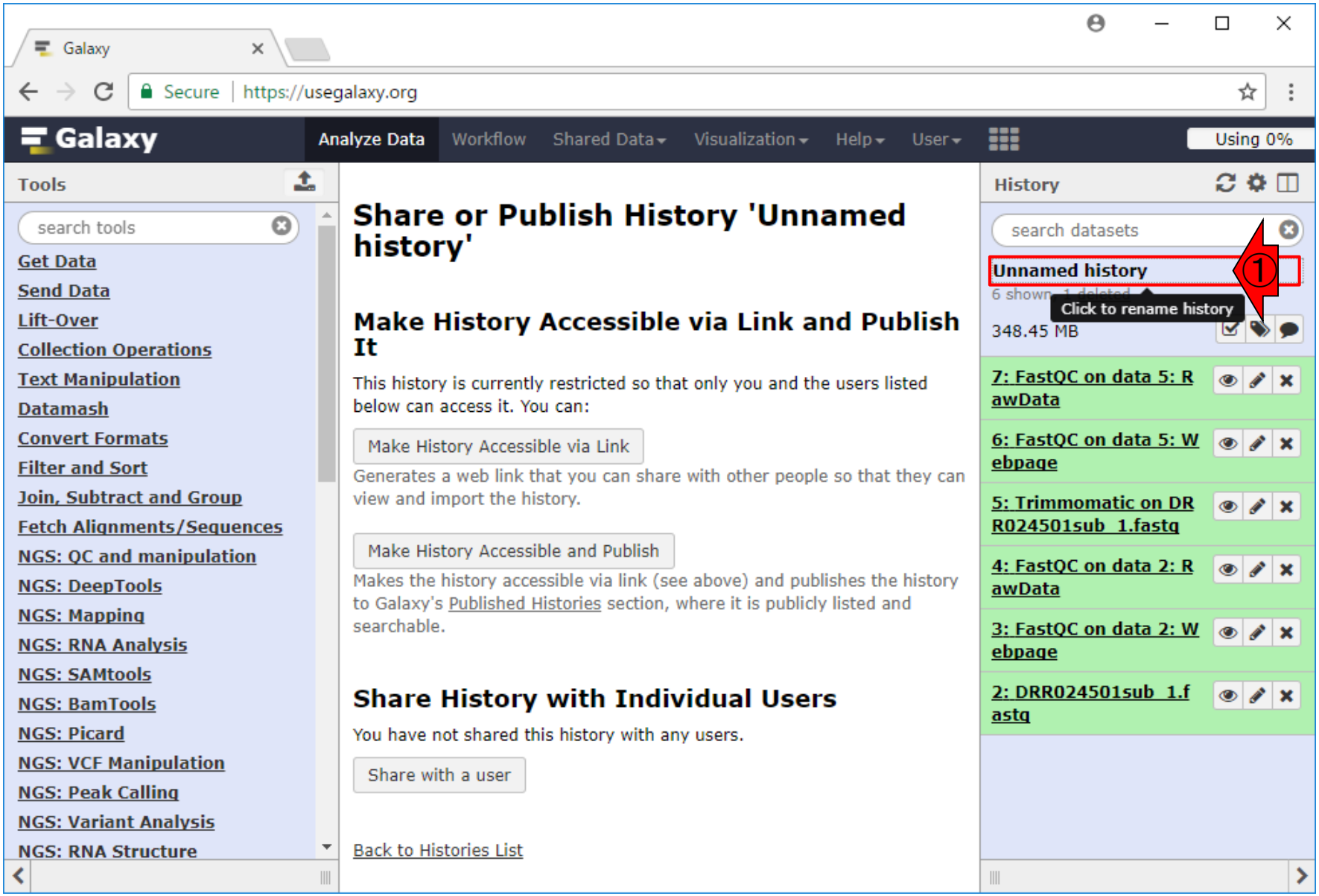
W5-1：Unnamed history

デフォルトのヒストリー名である①Unnamed historyとなっているが、それは②の部分がUnnamed historyだから



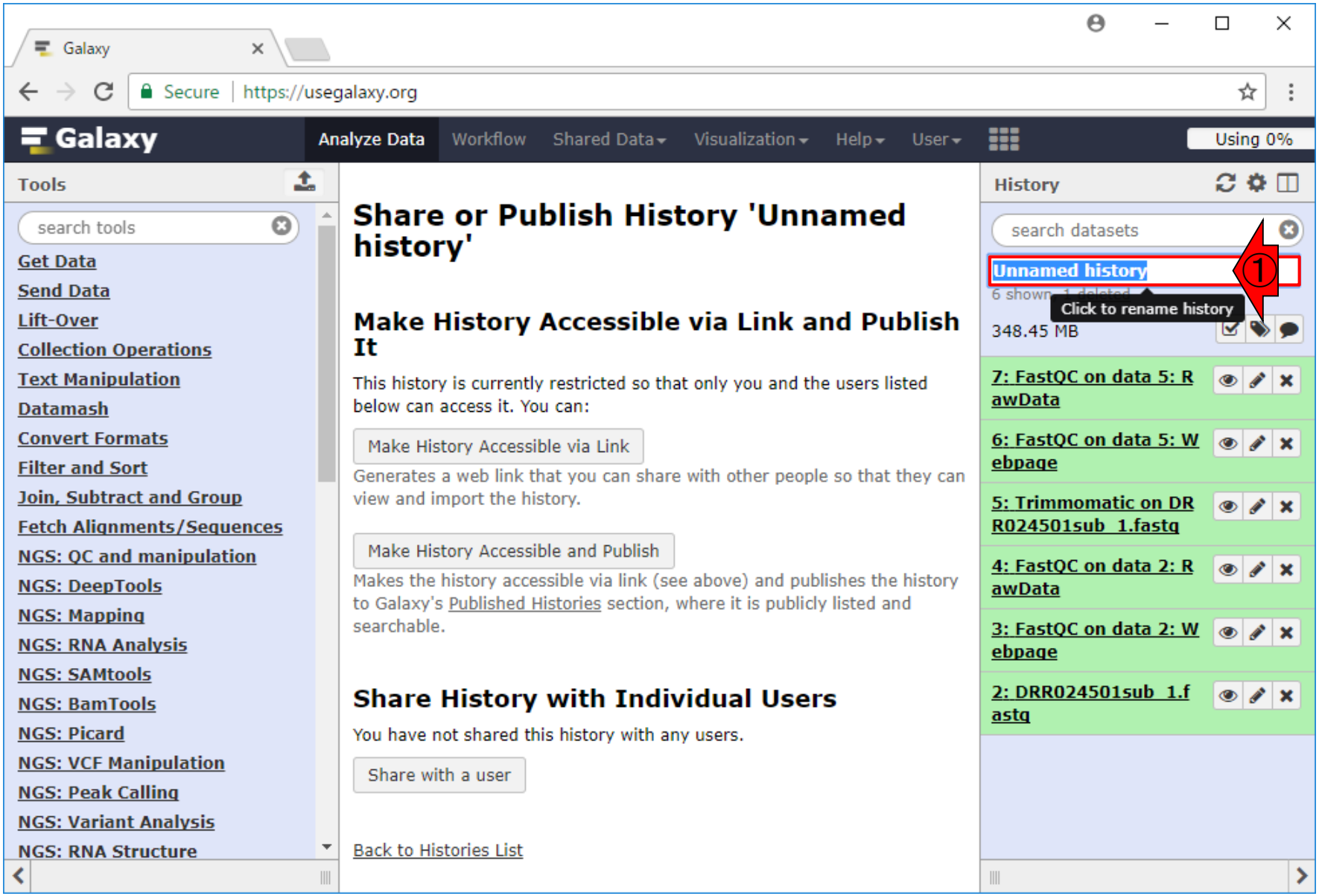
W5-2：rename

①赤枠内にポインタを移動させると、
Click to rename historyと表示される



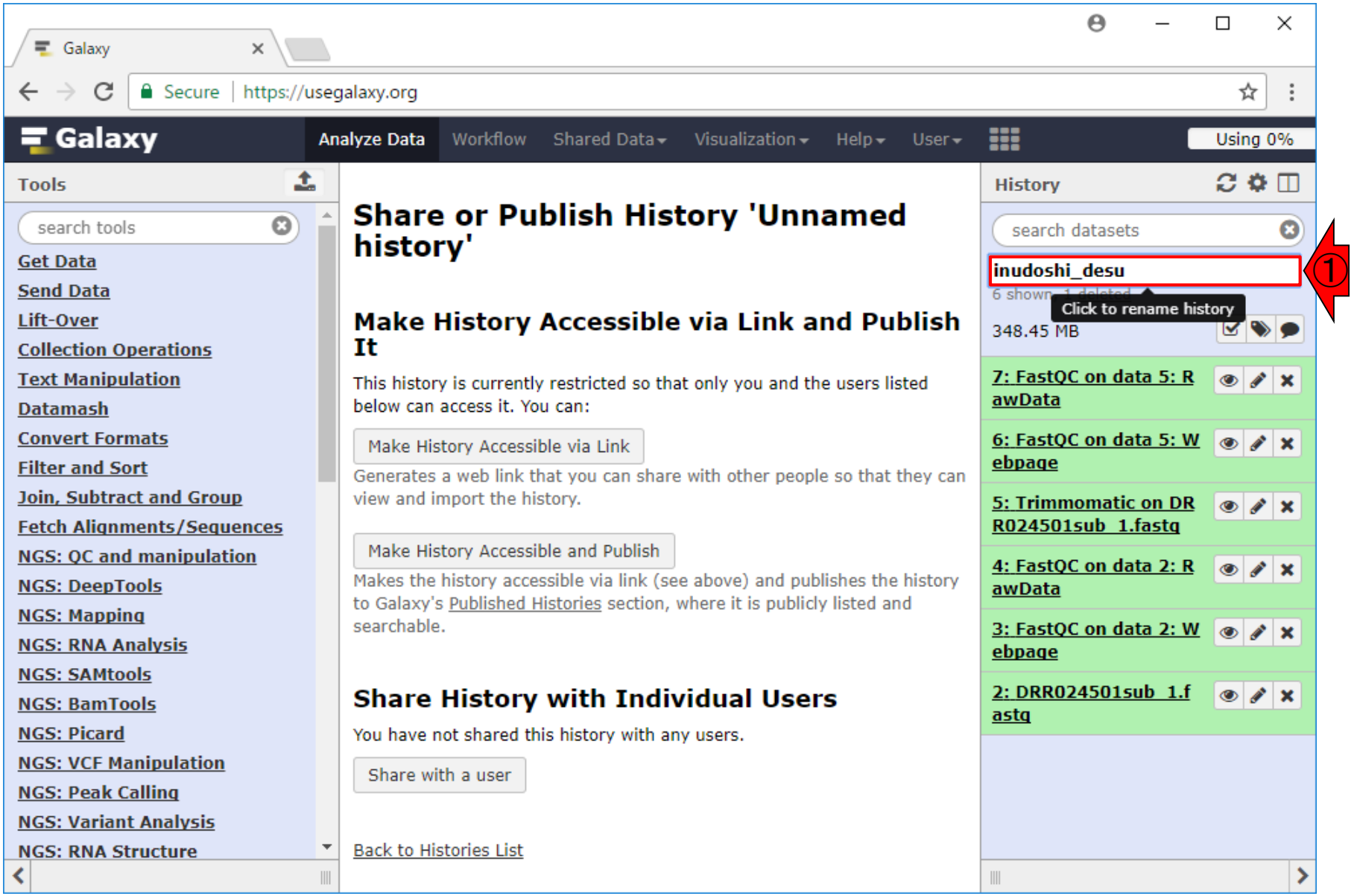
W5-2：rename

①確かにクリックすると、この部分の記述内容を変更できることがわかる



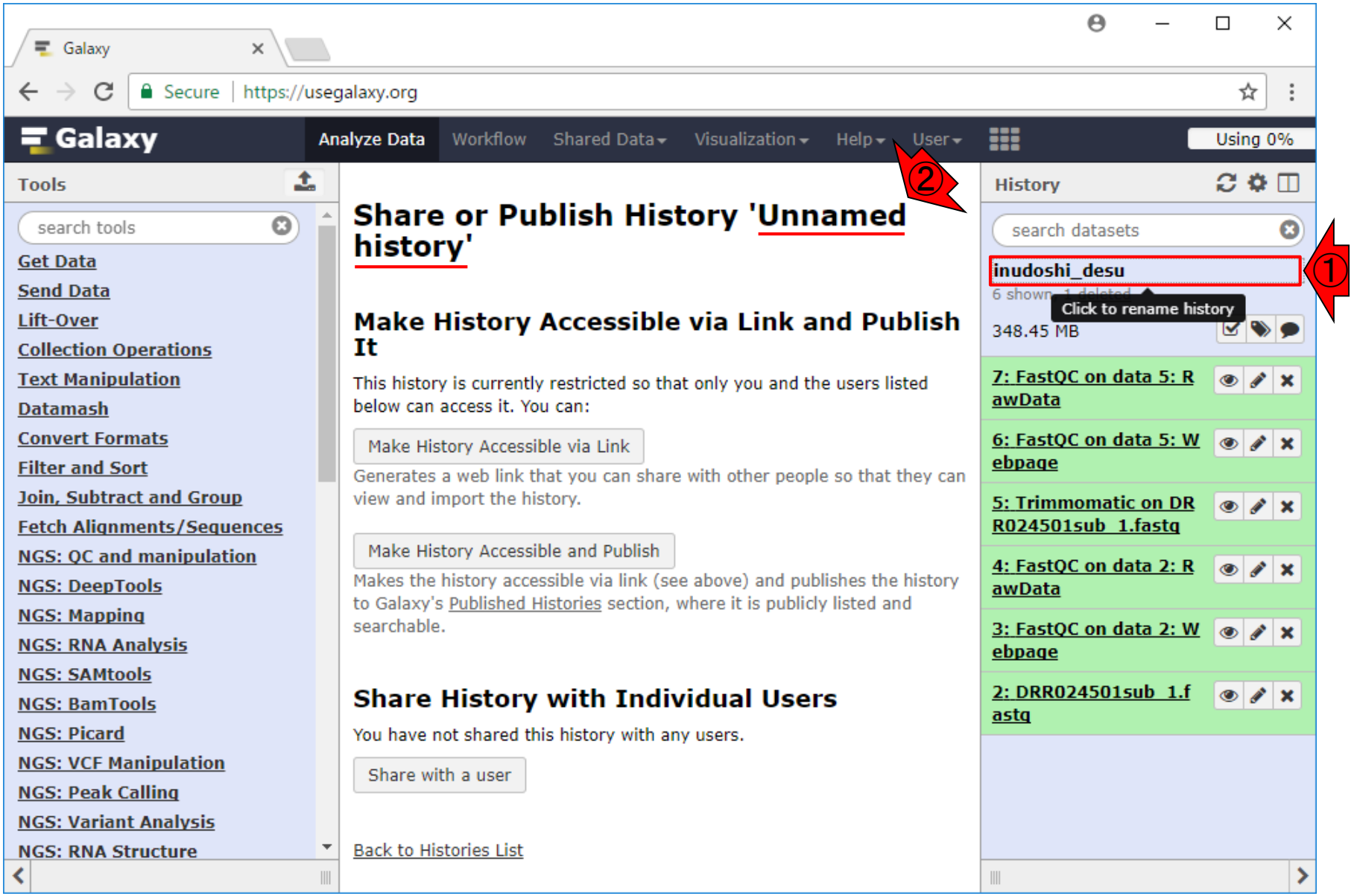
W5-2：rename

①inudoshi_desuと名前を変更（rename）して…



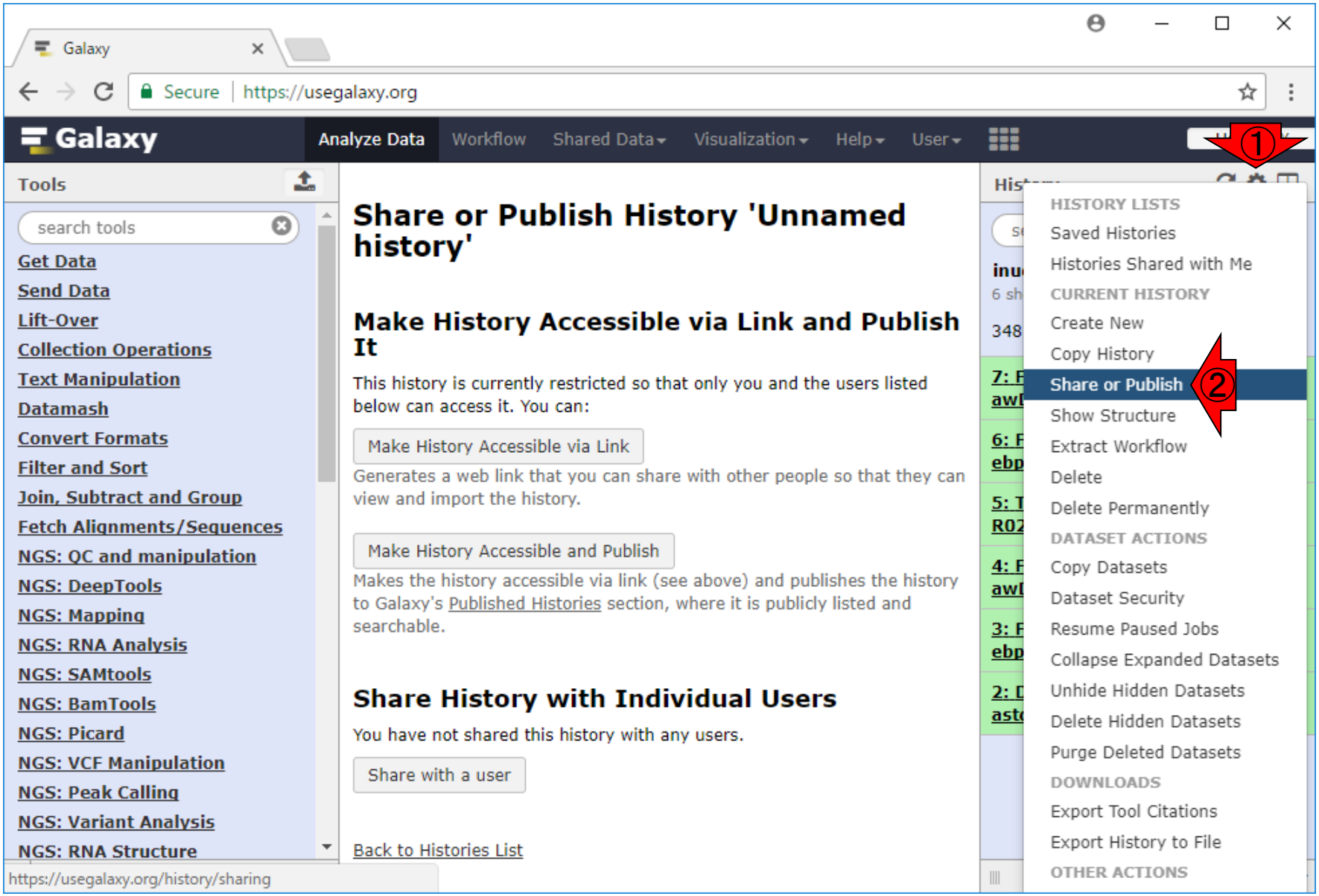
W5-2：rename

①リターンキーを押したところ。②中央パネルはUnnamed historyのままとなっているので



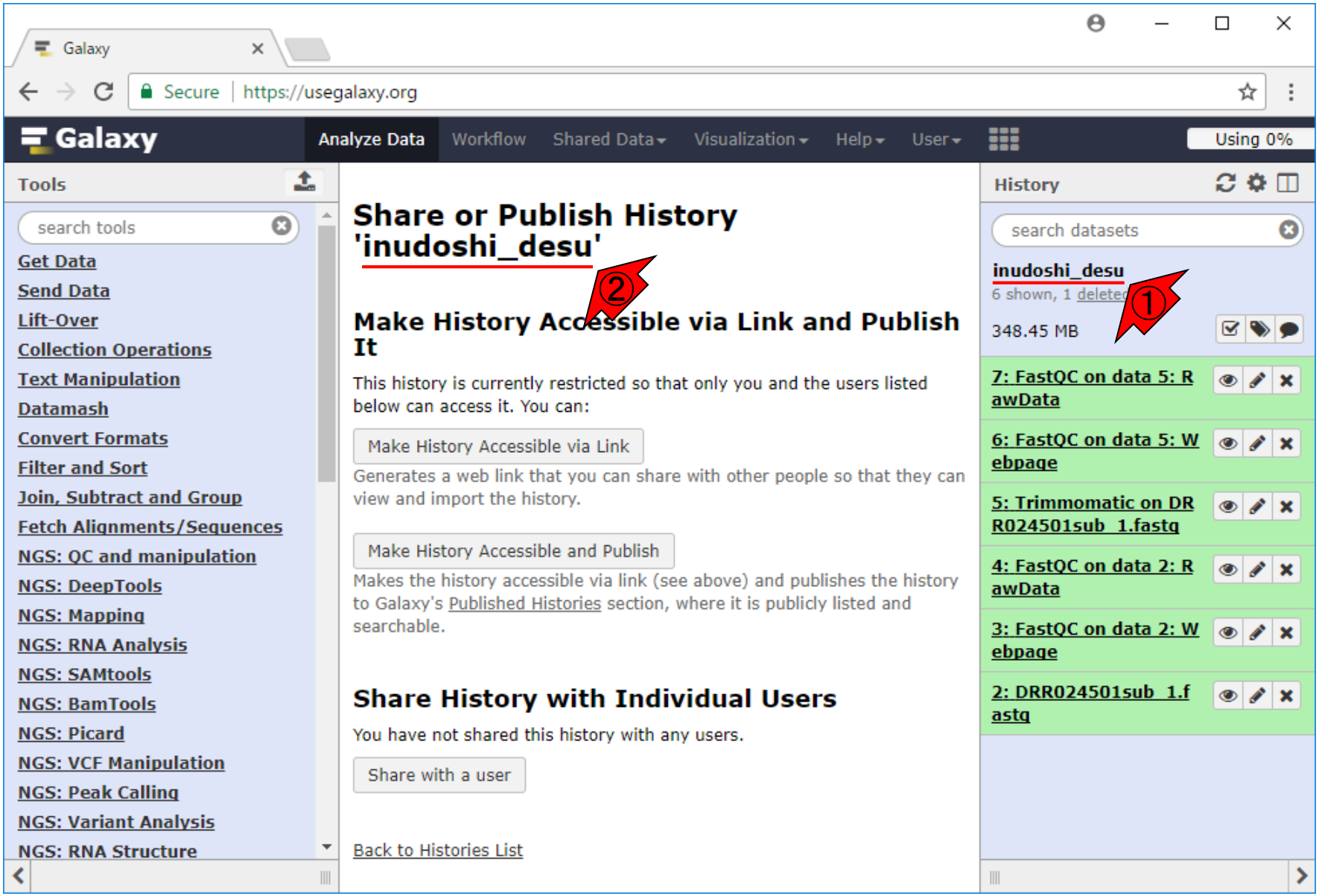
もう一度①History options、②Share or Publish

W5-3：Share or Publish



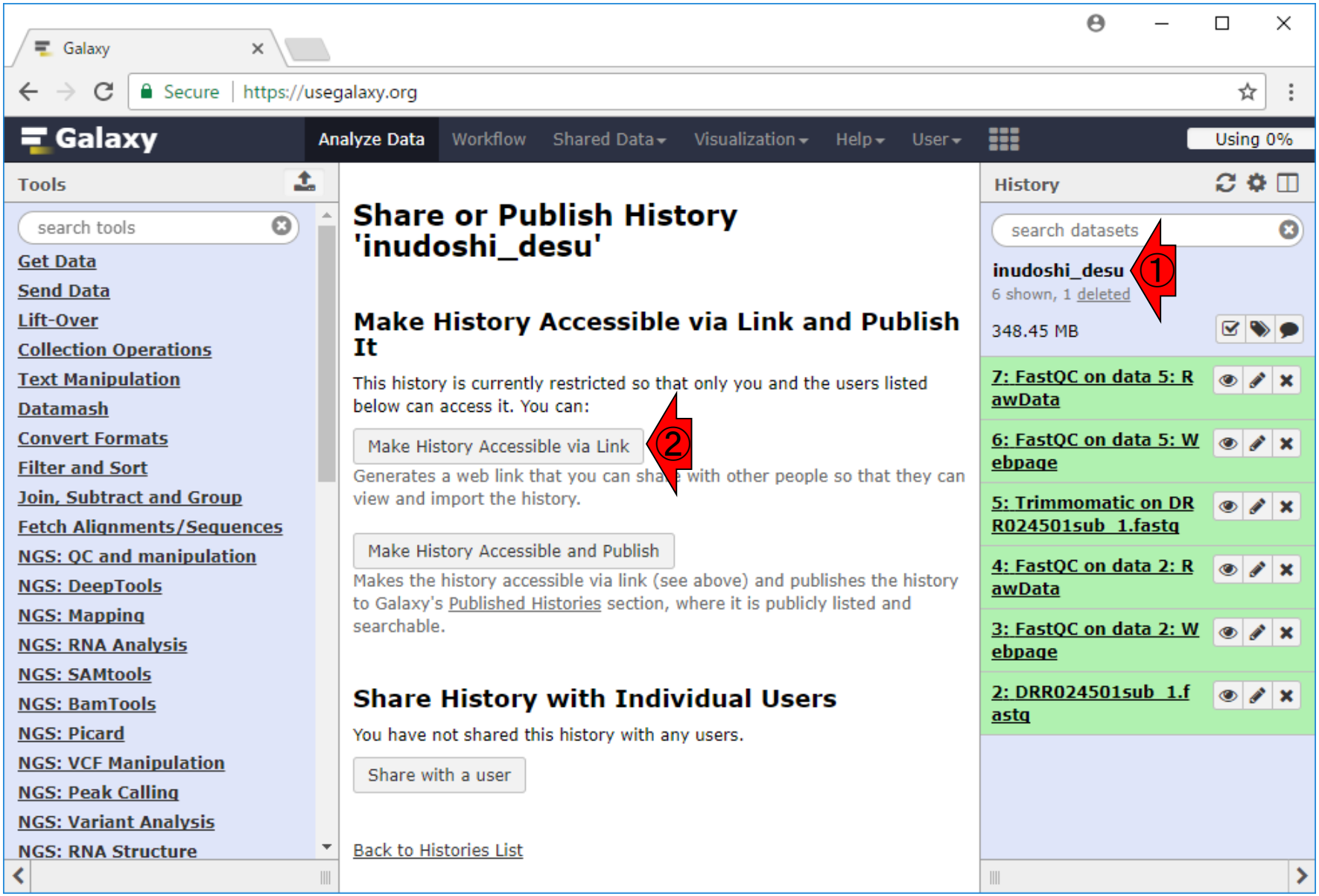
W5-3：Share or Publish

無事①inudoshi_desuが②のところに反映されました



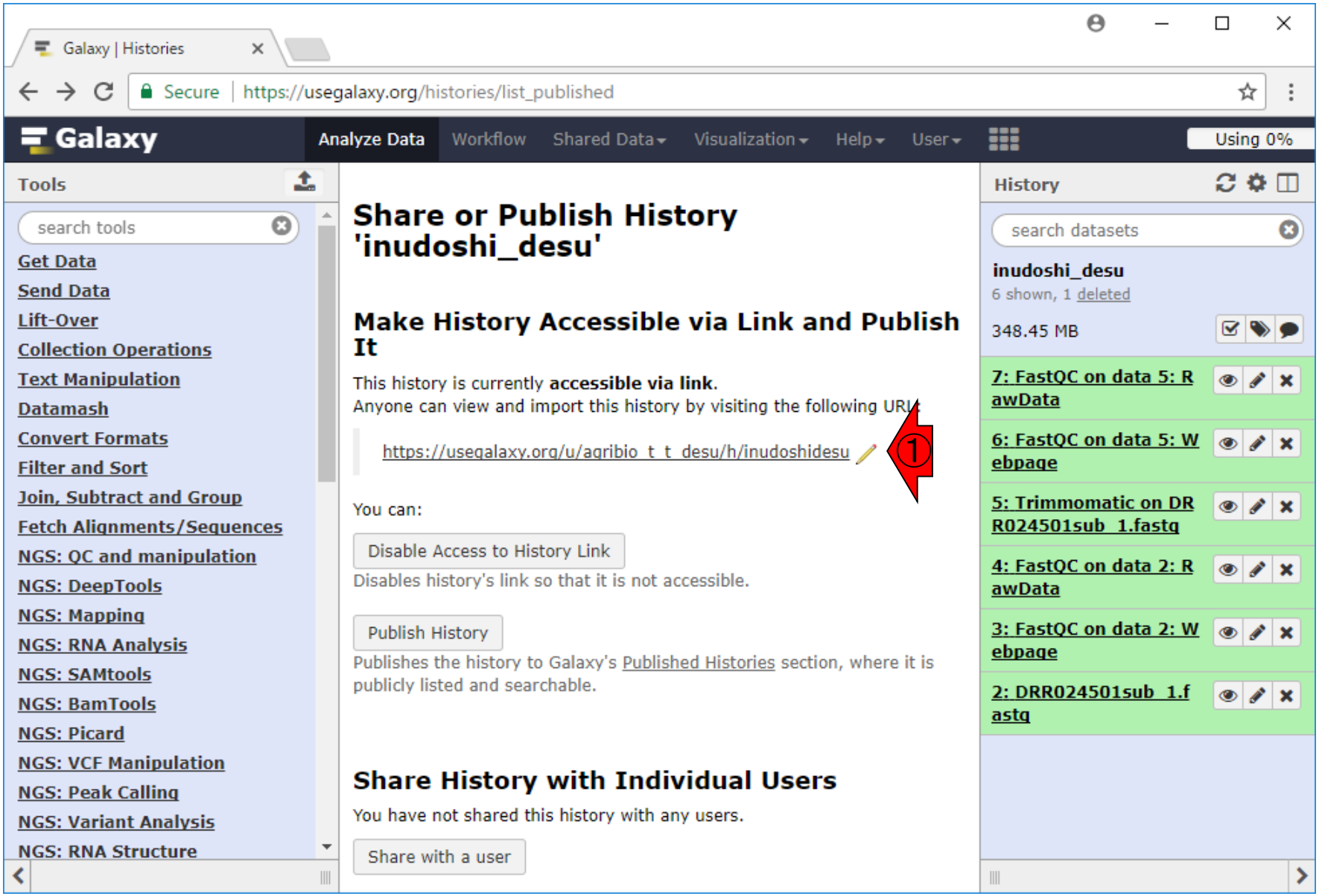
W5-4：URL情報を取得

①ヒストリーinudoshi_desu
の②リンク先情報を取得



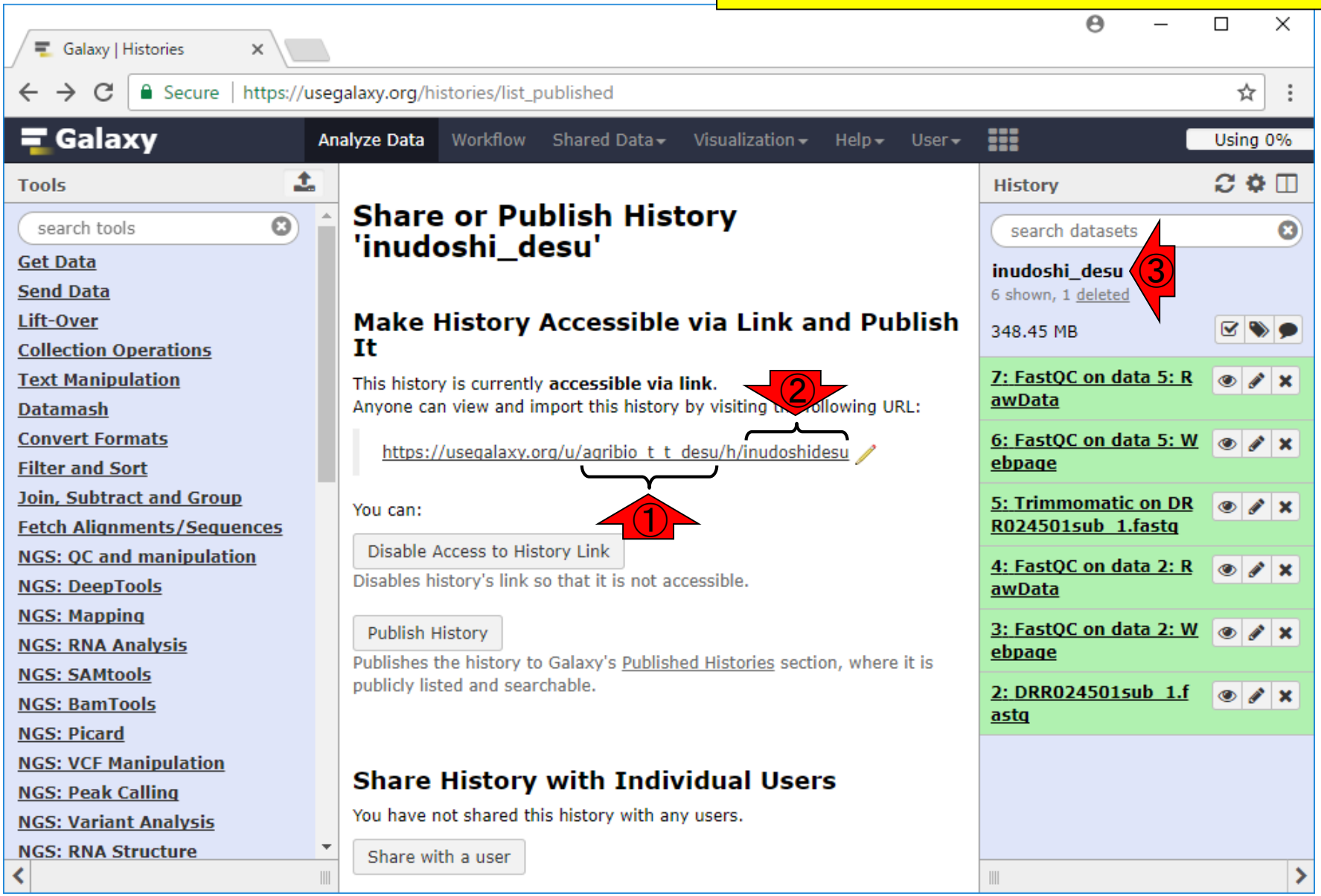
①これがリンク先情報

W6-1：URL情報を取得



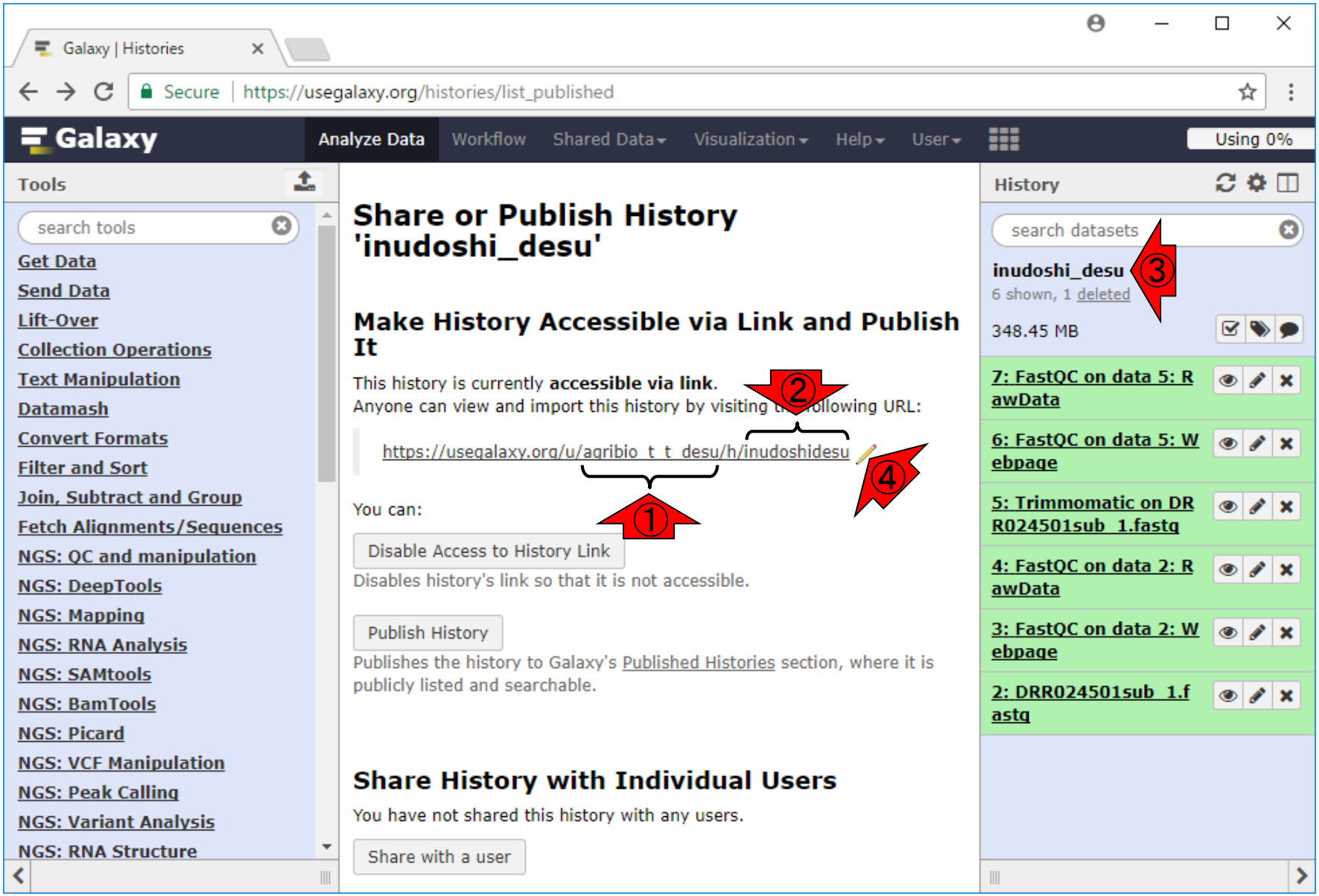
W6-1：URL情報を取

①が第11回のW4-3で作成した自分のPublic name（agribio_t_t_desu）。②の部分が③ヒストリー名からアンダースコア(_)を取っ払ったものなのでわかりやすい



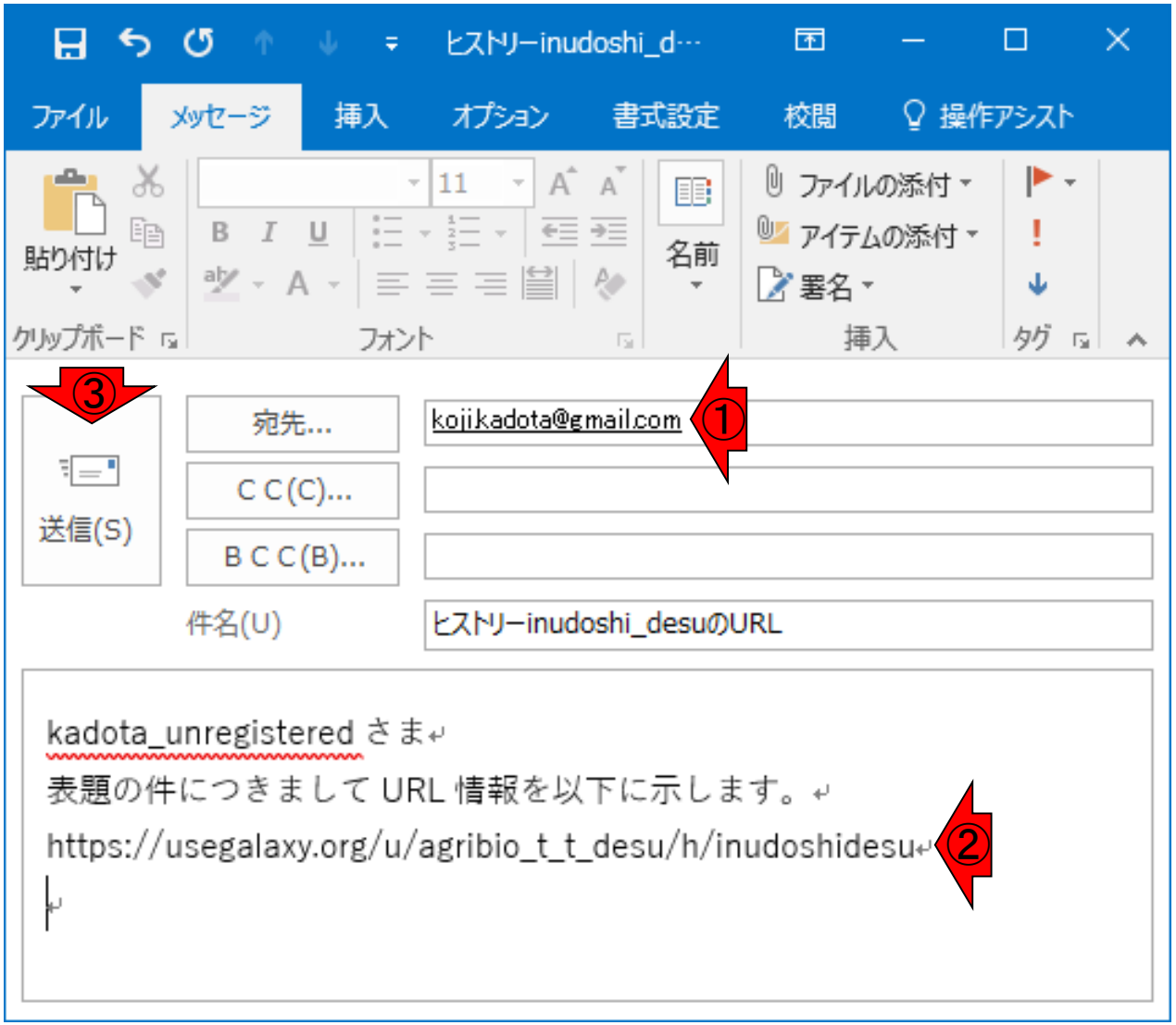
W6-1：URL情報を取得

④の部分をクリックして②の文字列を任意に変更することもできる（がここではやらない）



W6-2：URL情報を送信

①kadota_unregisteredさんに、②ヒストリーinudoshi_desuのURL情報を、③メール送信

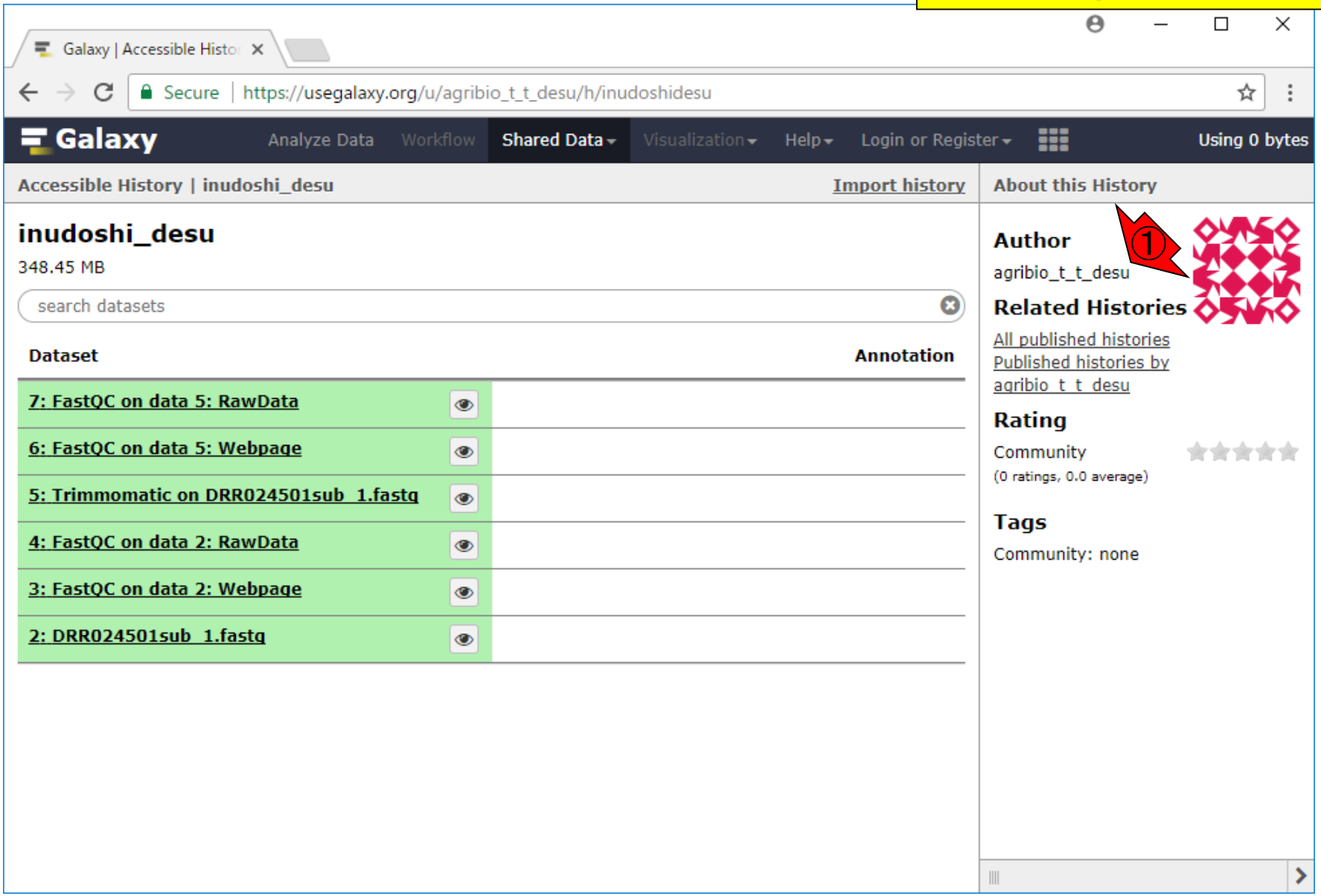


W6-3：メール受信

kadota_unregisteredさんが無事受信。①リンク先にアクセス

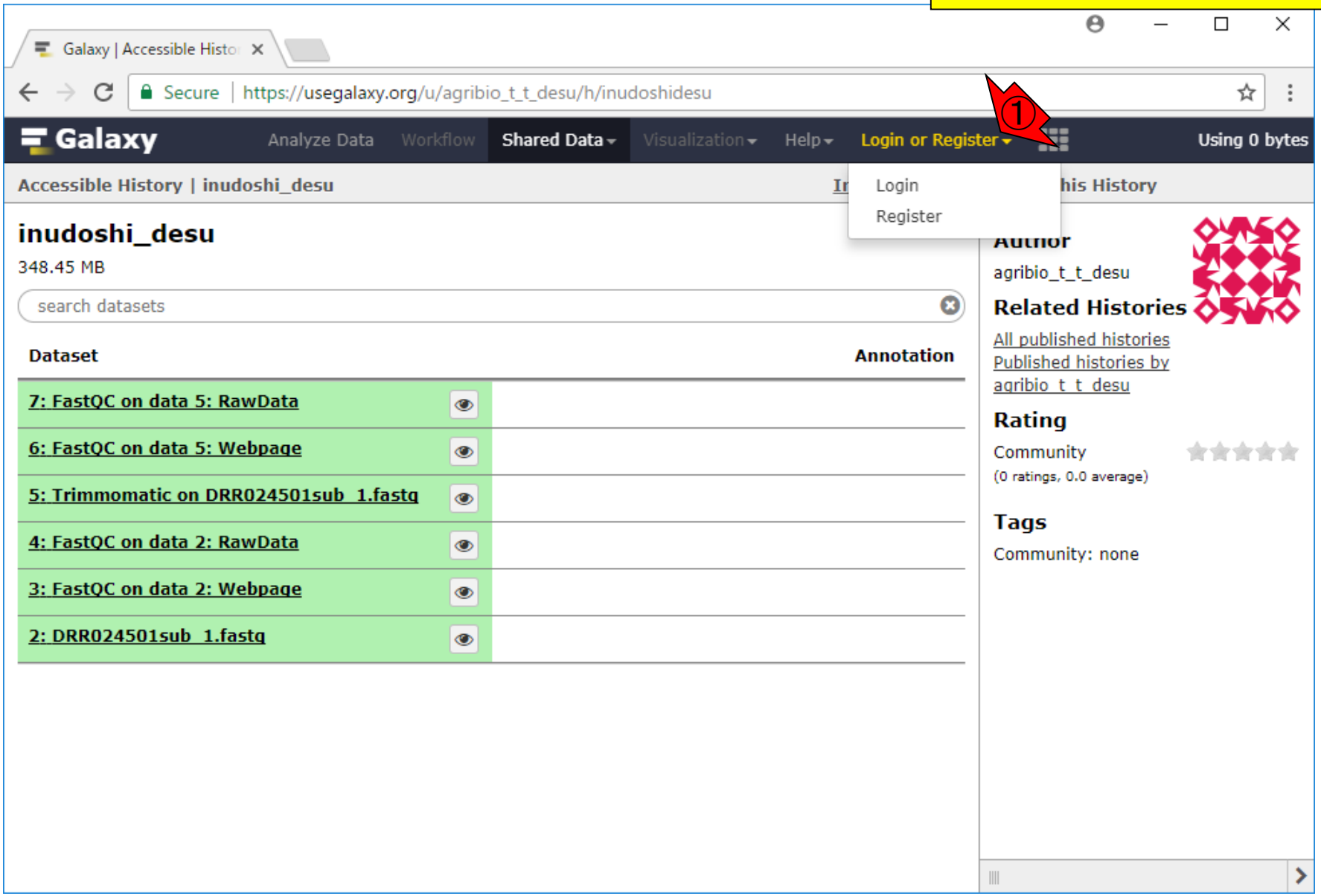
W6-4：リンク先にアクセス

こんな感じになります。確かにこのヒストリーの所有者は①agribio_t_t_desuさん（**kadota_registered**のPublic name）です



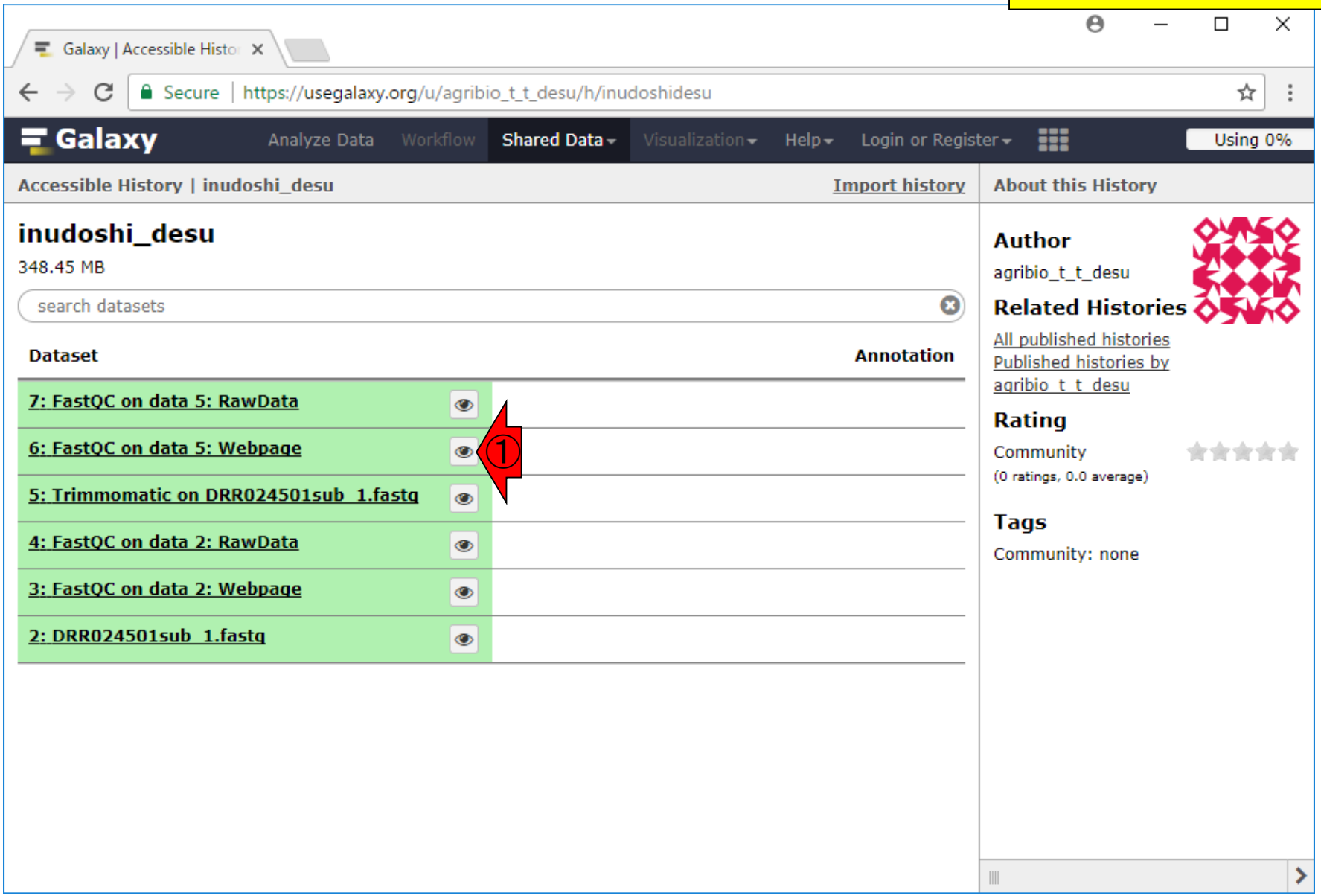
W6-5：ログインしてないよ

確かにGalaxy mainにログインしていない未登録ユーザ（kadota_unregistered）であることがわかる



W6-6：おさらい

①目玉マークはデータを中央パネル上に表示（第11回W6-2）だったのでやってみる。①をクリック



W6-7 : FastQC

①新規タブが開いて、FastQCのhtmlレポートが見られる。これは第11回W13-6で見ているものと同じ（はず）。念のため②Basic Statisticsも見てみる。今はkadota_registeredからもらった解析結果を、何もやってないkadota_unregisteredさんが見させてもらっている状況です。ちゃんと共有できていることを示し、何をどの程度までできるのかを示そうとしています

W6-7 : FastQC

①若干見栄えが異なるが、第11回W13-6と同じ数値。②ページを上部にスクロールさせれば1つ前のスライドと同じところにいけます

Galaxy | Accessible Histo × https://usegalaxy.org/da ×

Secure | https://usegalaxy.org/datasets/bbd44e69cb8906b586ac342a5e72e07d/display/?preview=True#M0

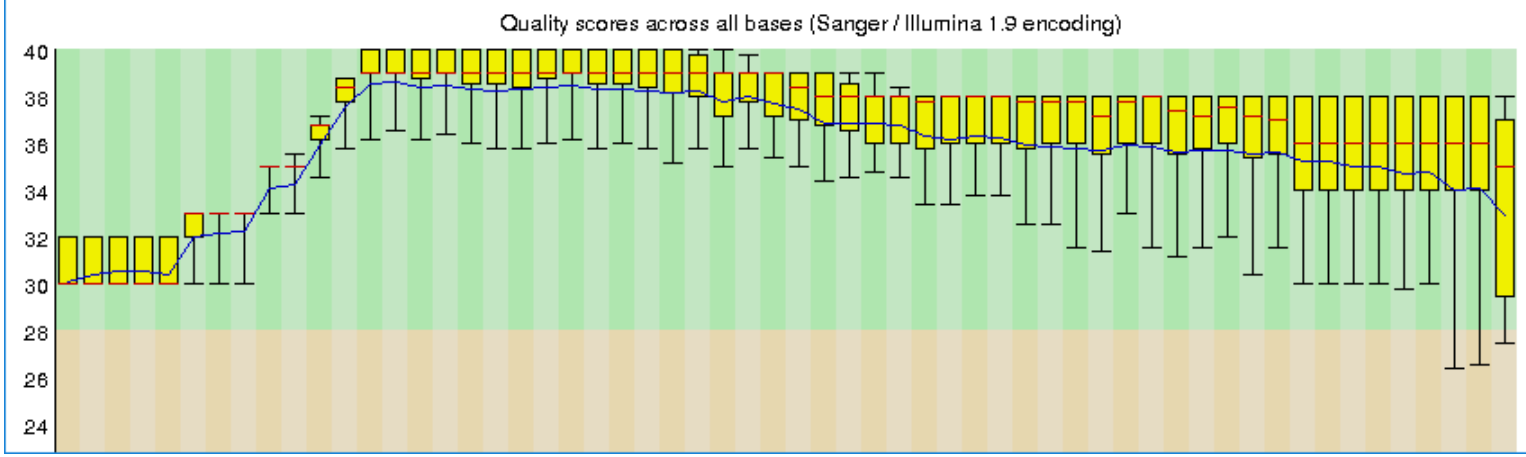
Basic Statistics

Measure	Value
Filename	Trimmomatic_on_DRR024501sub_1.fastq
File type	Conventional base calls
Encoding	Sanger / Illumina 1.9
Total Sequences	297724
Sequences flagged as poor quality	0
Sequence length	2-251
%GC	38

①

②

Per base sequence quality

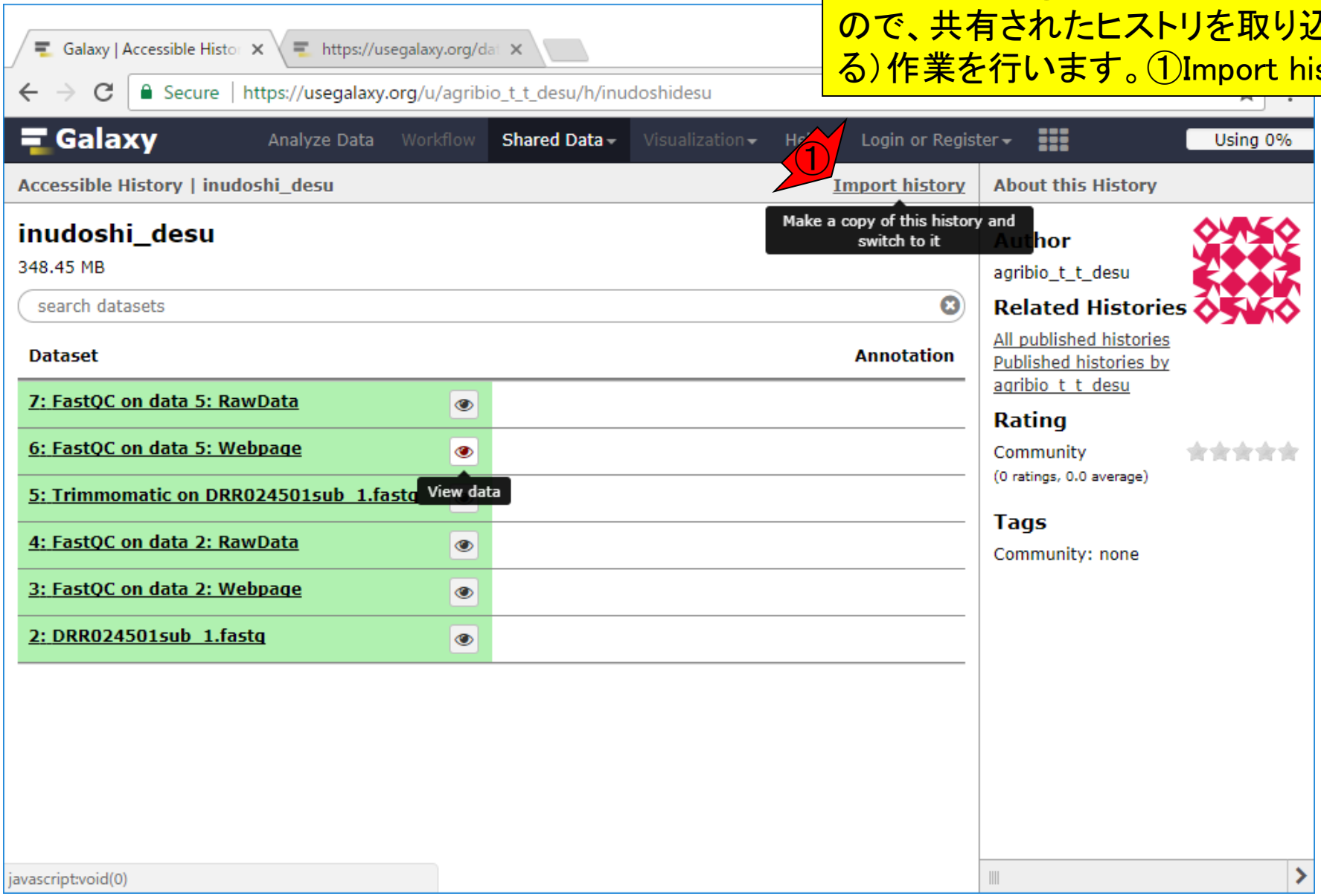


W6-8：見るだけじゃ…

①ページ上部に移動後。このようなhtmlファイル程度であれば、②画面上で右クリックして、③Save as …などとやって結果ファイルをダウンロードしてもよいが、ここではやらない

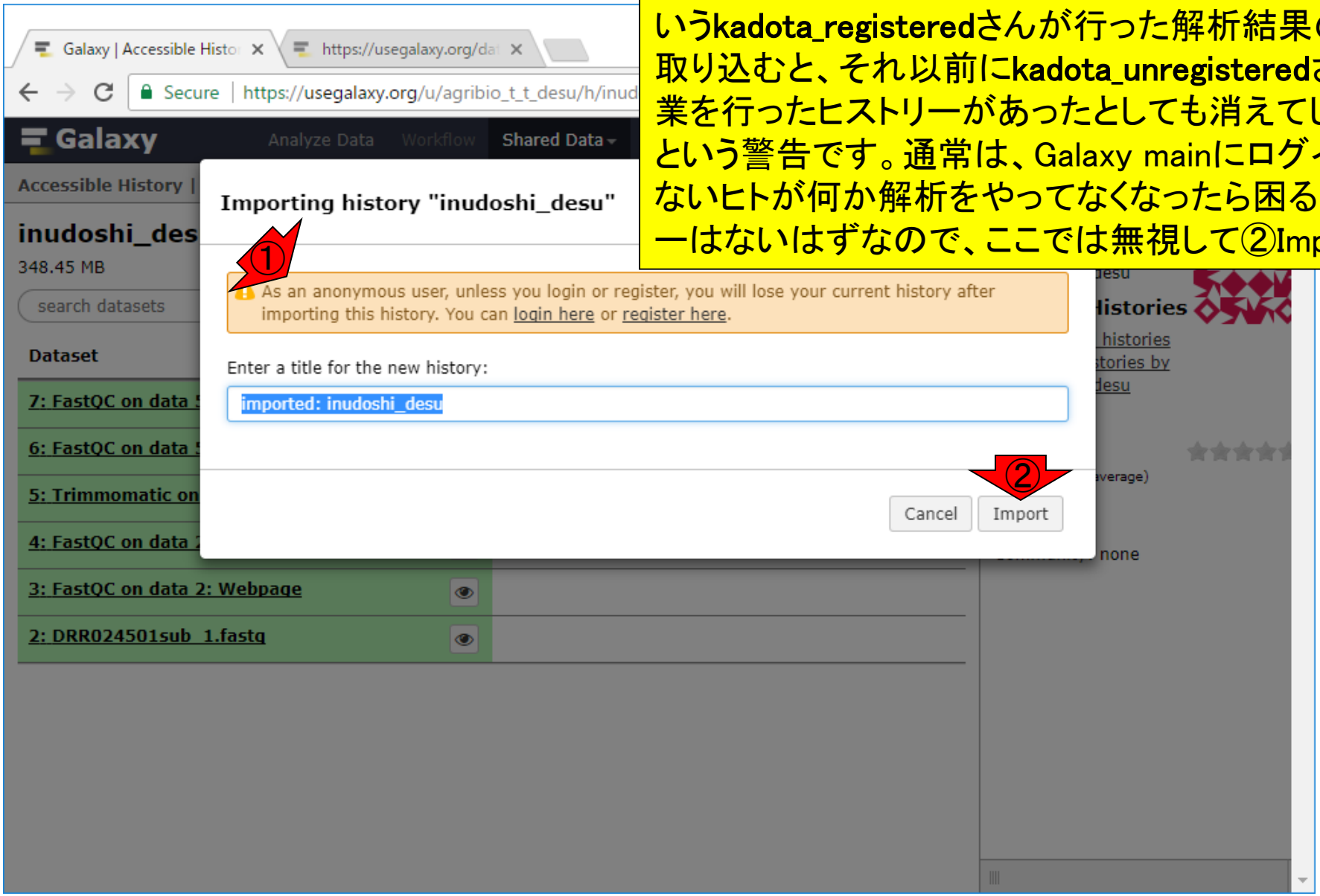
W7-1：インポート

今は「閲覧のみ」みたいな状況です。共有元のkadota_registeredさんが何でもできるように、kadota_unregisteredさんも自在に編集したいので、共有されたヒストリを取り込む（importする）作業を行います。①Import history



W7-1：インポート

今は、kadota_unregisterdさんの画面。Galaxy mainに登録していないので①an anonymous userなのです。それゆえ、Galaxy mainにログインまたは登録せずにinudoshi_desuというkadota_registeredさんが行った解析結果のヒストリーを取り込むと、それ以前にkadota_unregisteredさんが何か作業を行ったヒストリーがあったとしても消えてしまいますよ、という警告です。通常は、Galaxy mainにログインもしていないヒトが何か解析をやってなくなったら困るようなヒストリーはないはずなので、ここでは無視して②Import

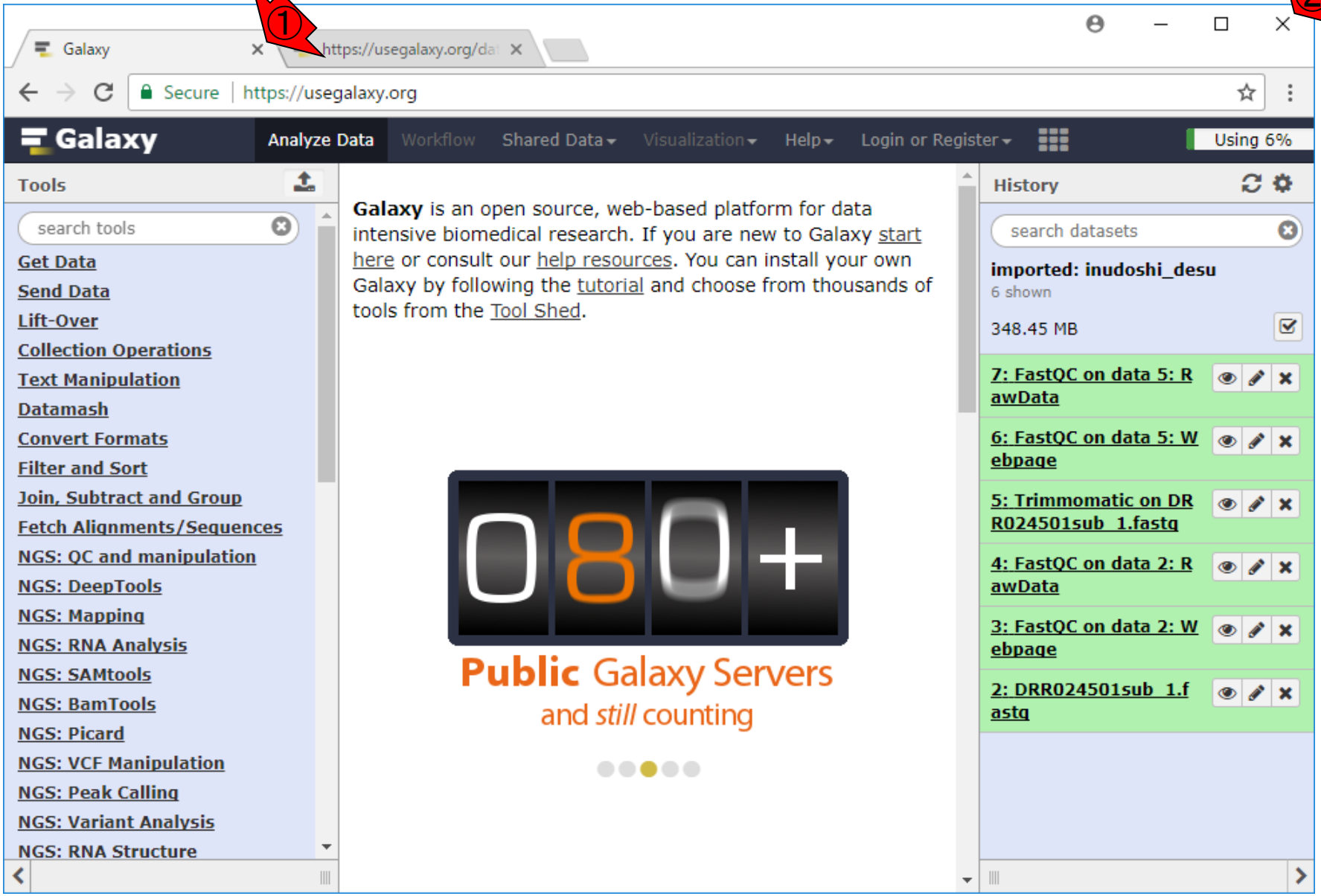


W7-2：インポート完了

kadota_unregisteredさんが、①ログインせずにヒストリーinudoshi_desuをインポートした直後の状態。②ログインしていなくてもこれだけの容量のデータを使わせてくれるのね。この後は、③ツール選択パネルから独立に解析可能

W7-3：ログインしてないので…

①タブ、または②ブラウザを閉じると全て消える

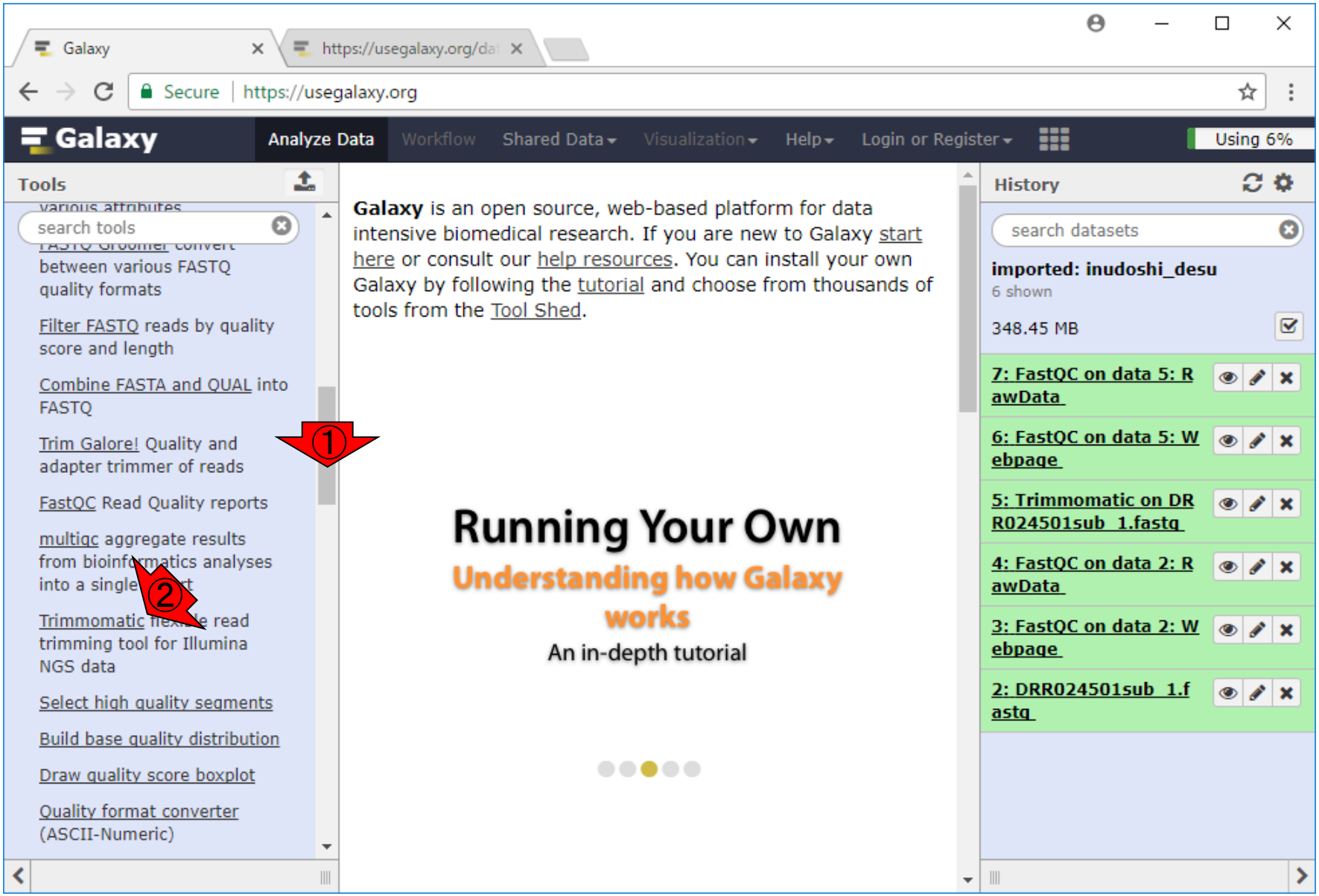


W8-1：利用例

Trimmomatic①前と②後のFastQC結果を眺めておいて、当時はデフォルト設定で実行したが、オプションを変更した方がいいのではと（例えば**kadota_unregistered**さんが）思いついたとする。それを実行に移すべく、③からFastQCを探す。第11回のW9-2では、すぐにFastQCが表示されたが、今回みたら表示されなかったので、④下にスクロールしてTrimmomaticを探す

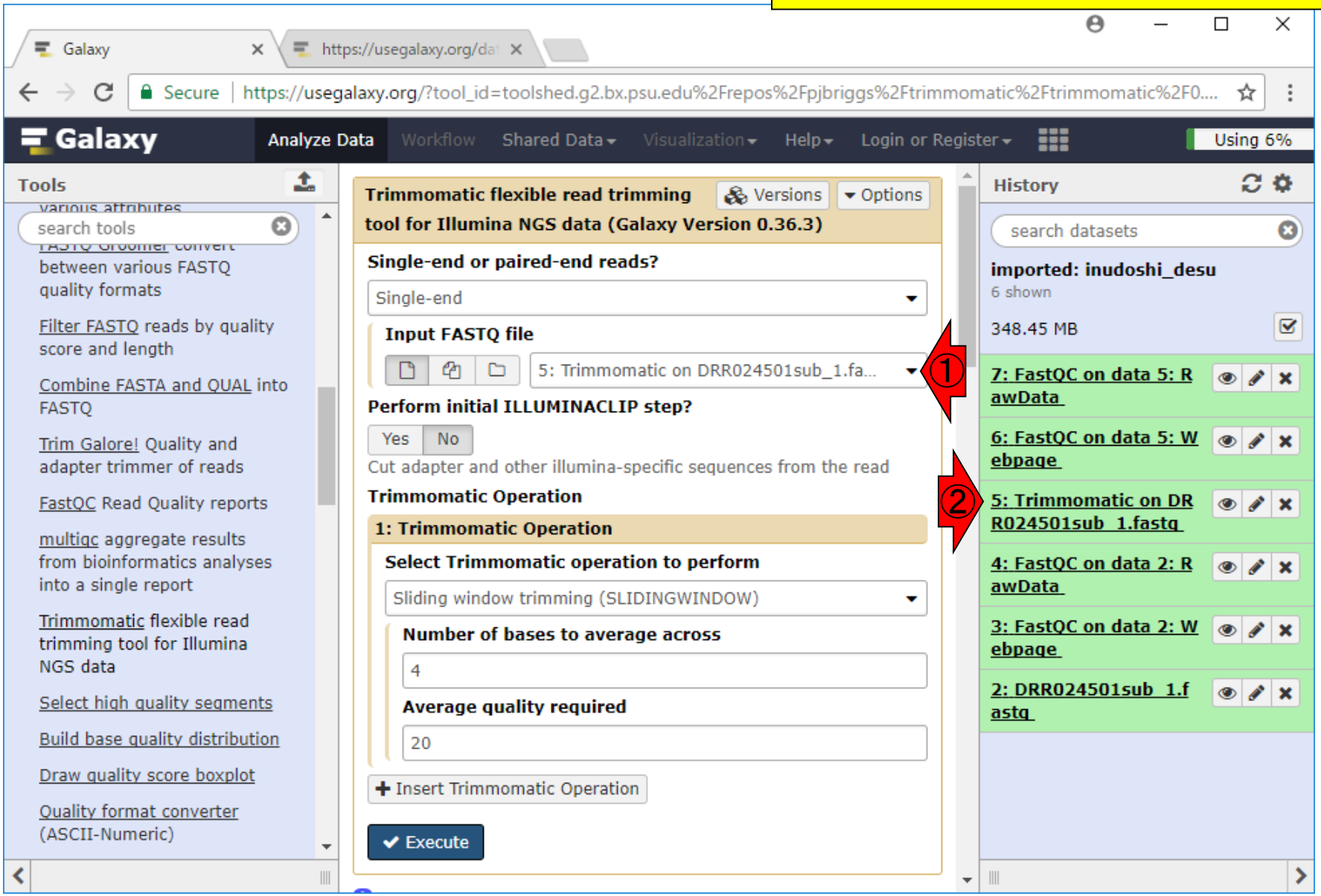
W8-2：Trimmomatic発見

①今回はこのあたりで、②Trimmomaticを発見。クリック



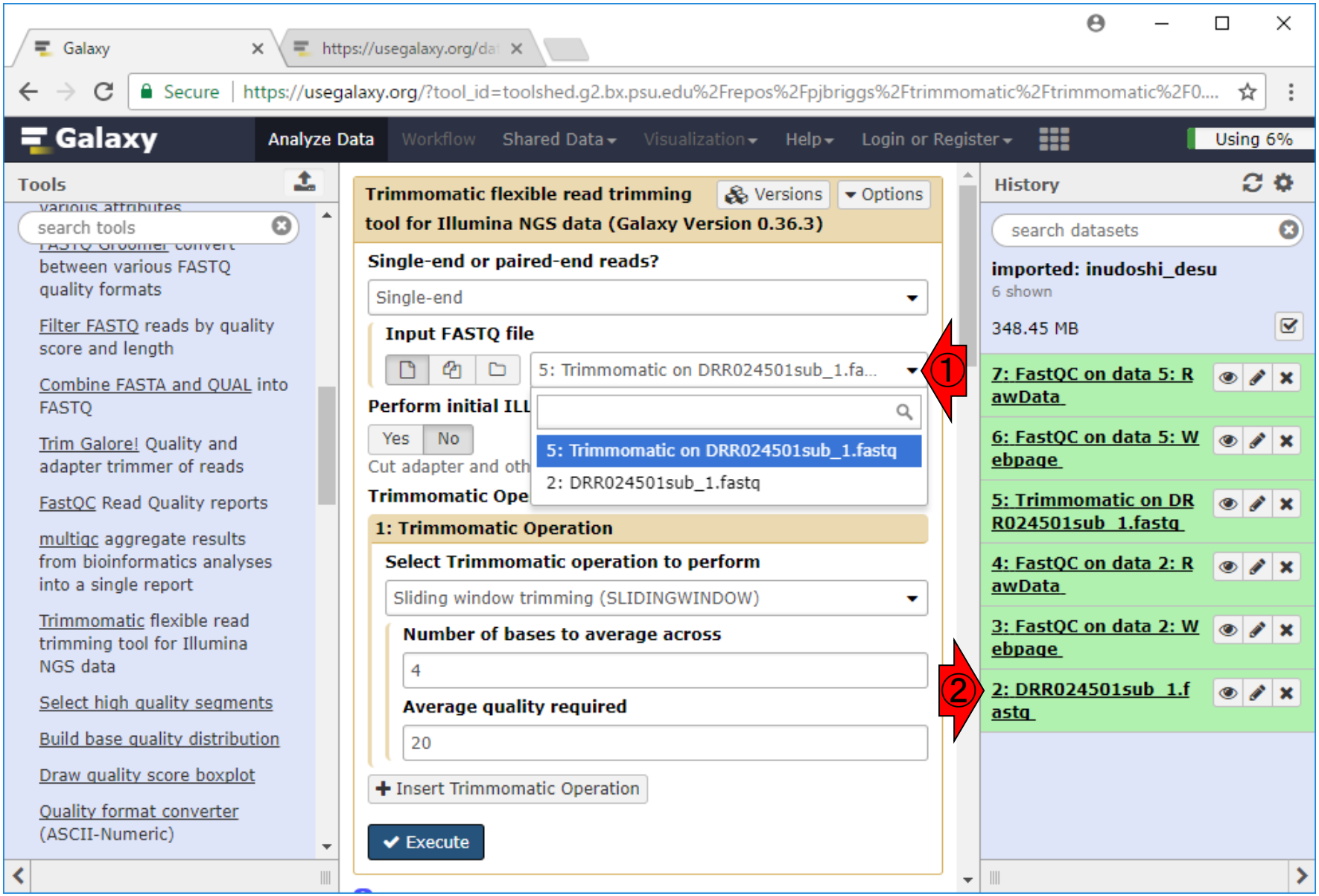
W8-3：中央パネル

①第1候補の入力ファイルは最新のものになるので、②と同じものが見えています。つまりデフォルト設定で実行したTrimmomaticの出力ファイル



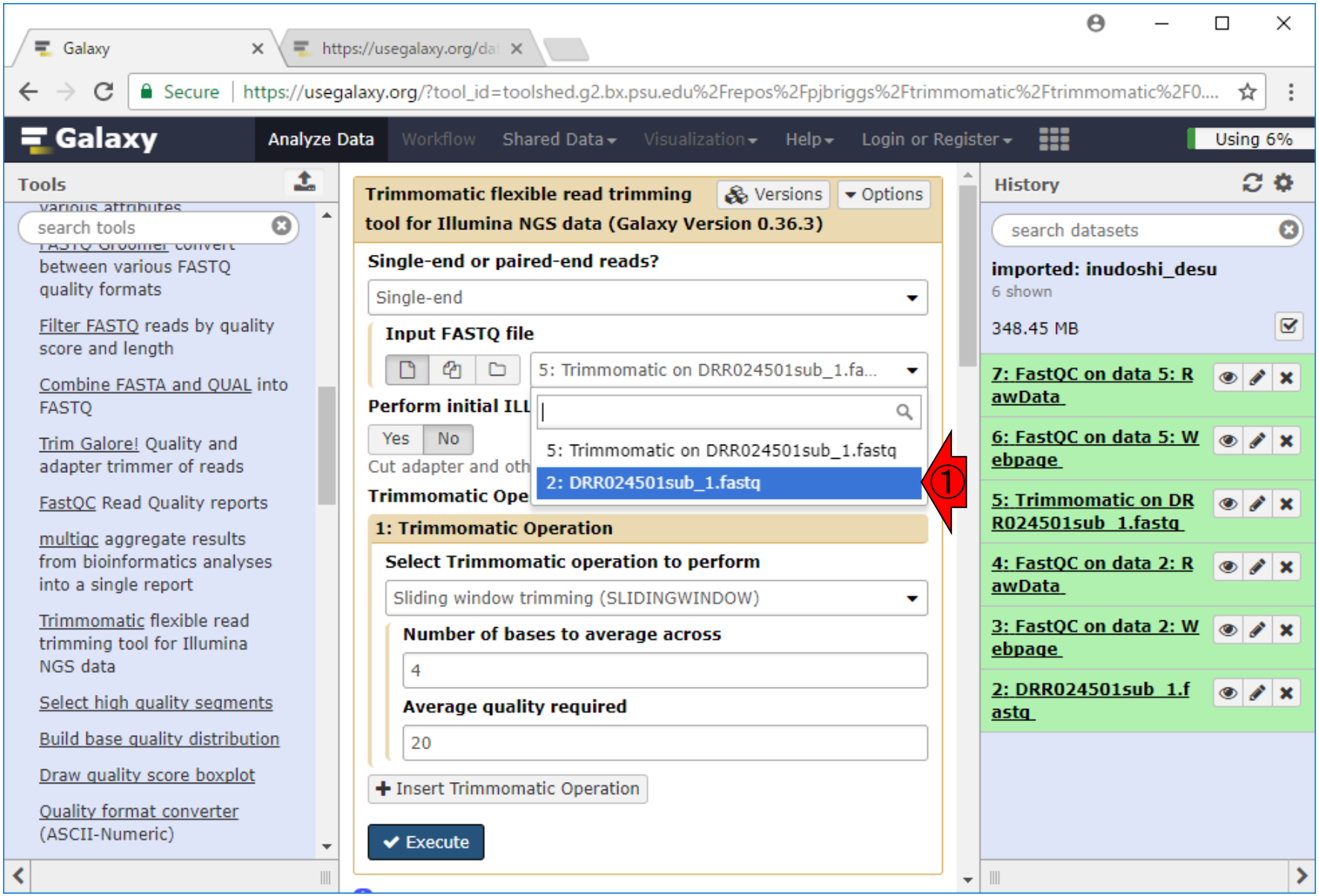
W8-4：入力を変更

①の入力ファイルは同じにしてデフォルト設定との違いを見たいので、前回と同じ②を入力とすべく…



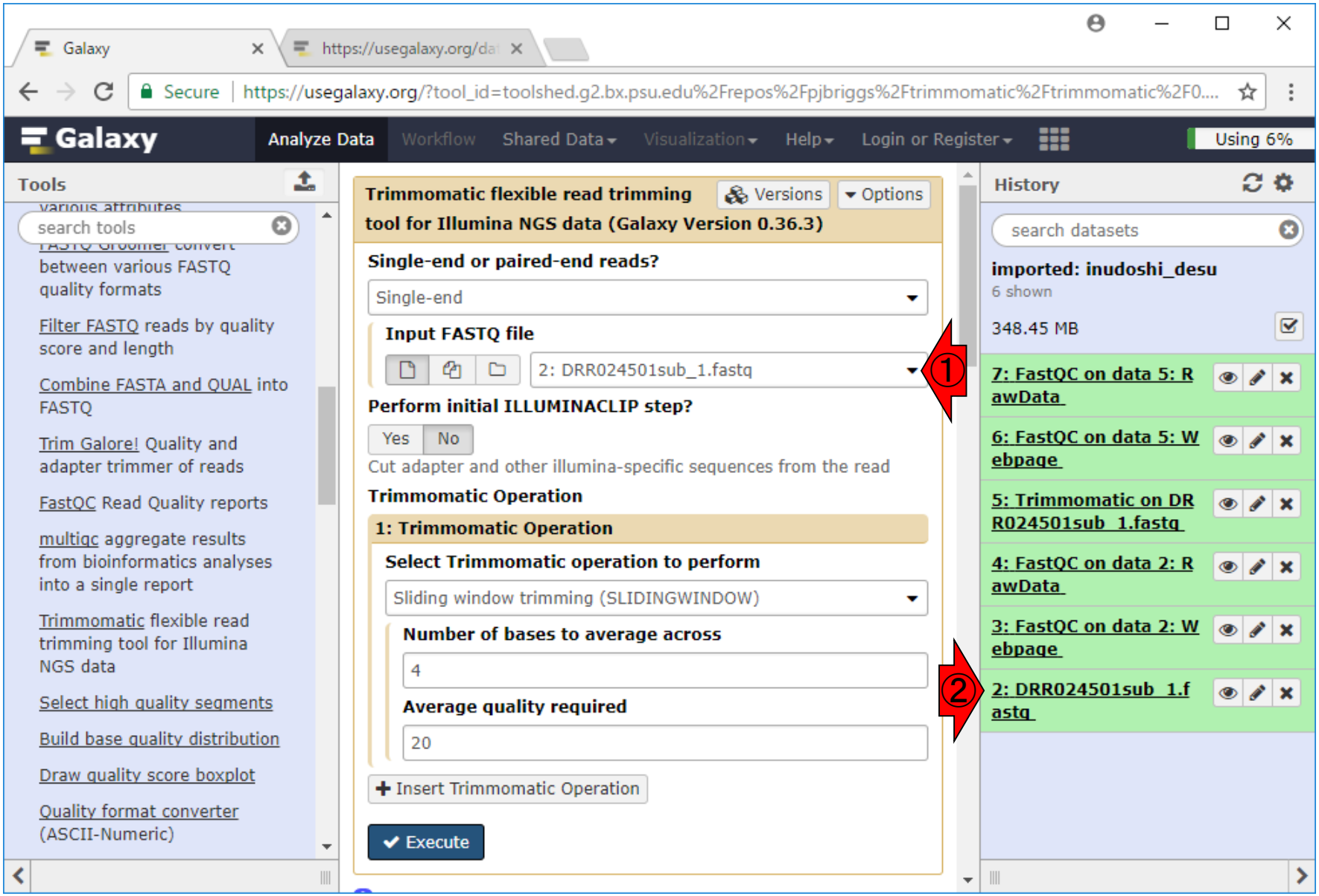
①こちらを選択して…

W8-4：入力を変更



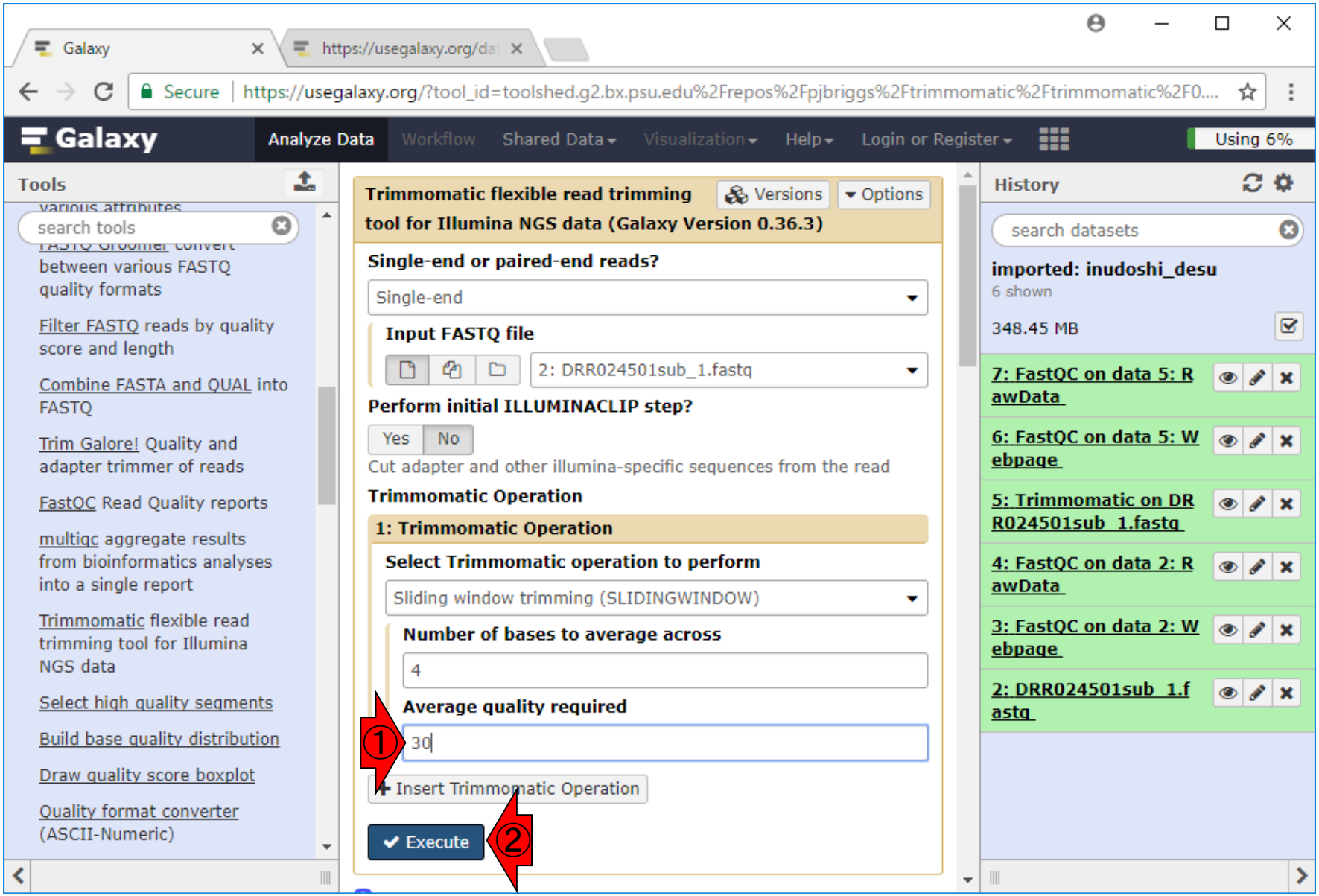
W8-4：入力を変更

①こんな感じにすれば、②をTrimmomaticの入力ファイルに変更できたことになる



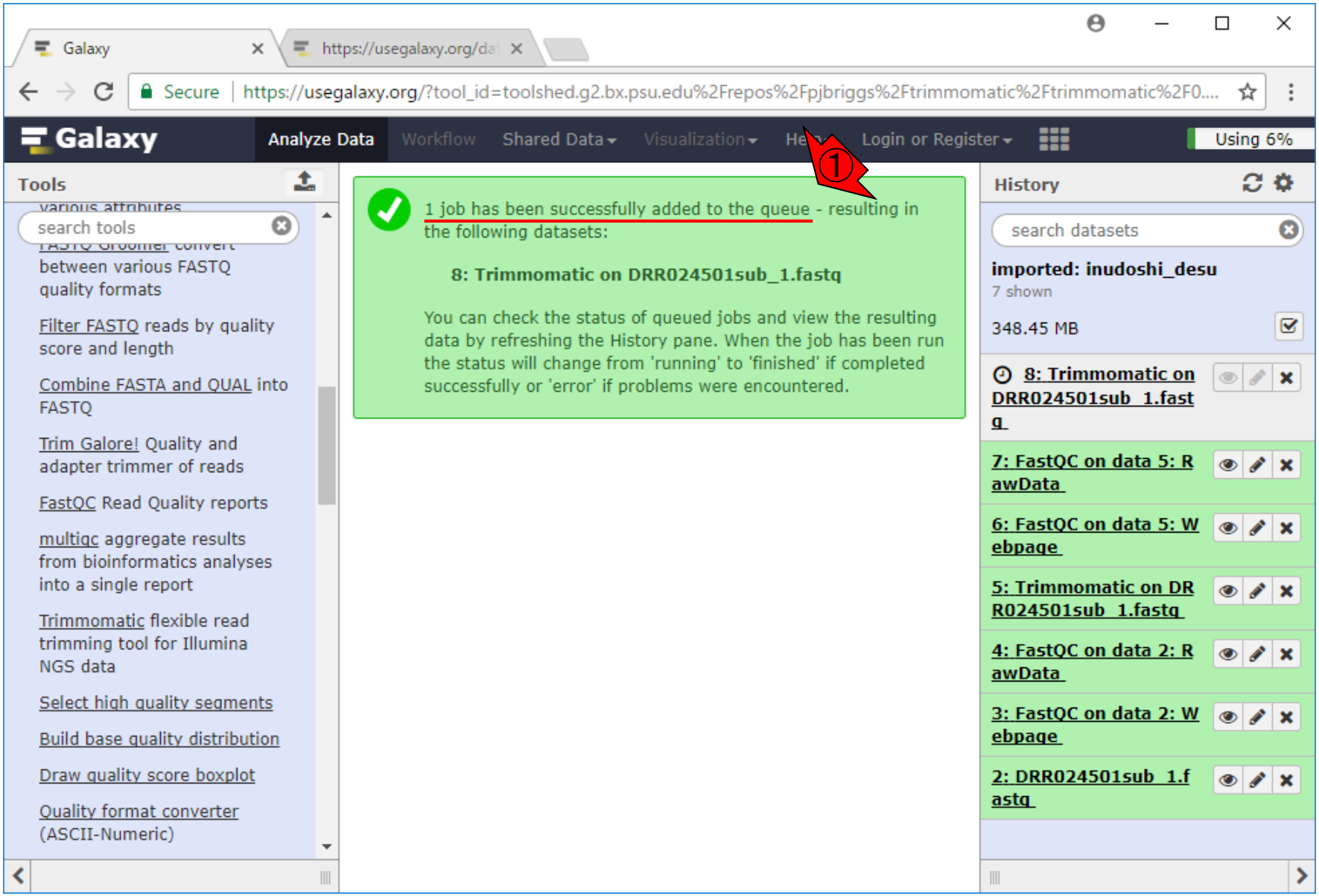
W8-5：オプション変更・実行

ここでは①平均クオリティスコアの閾値を20から30に上げて、②実行



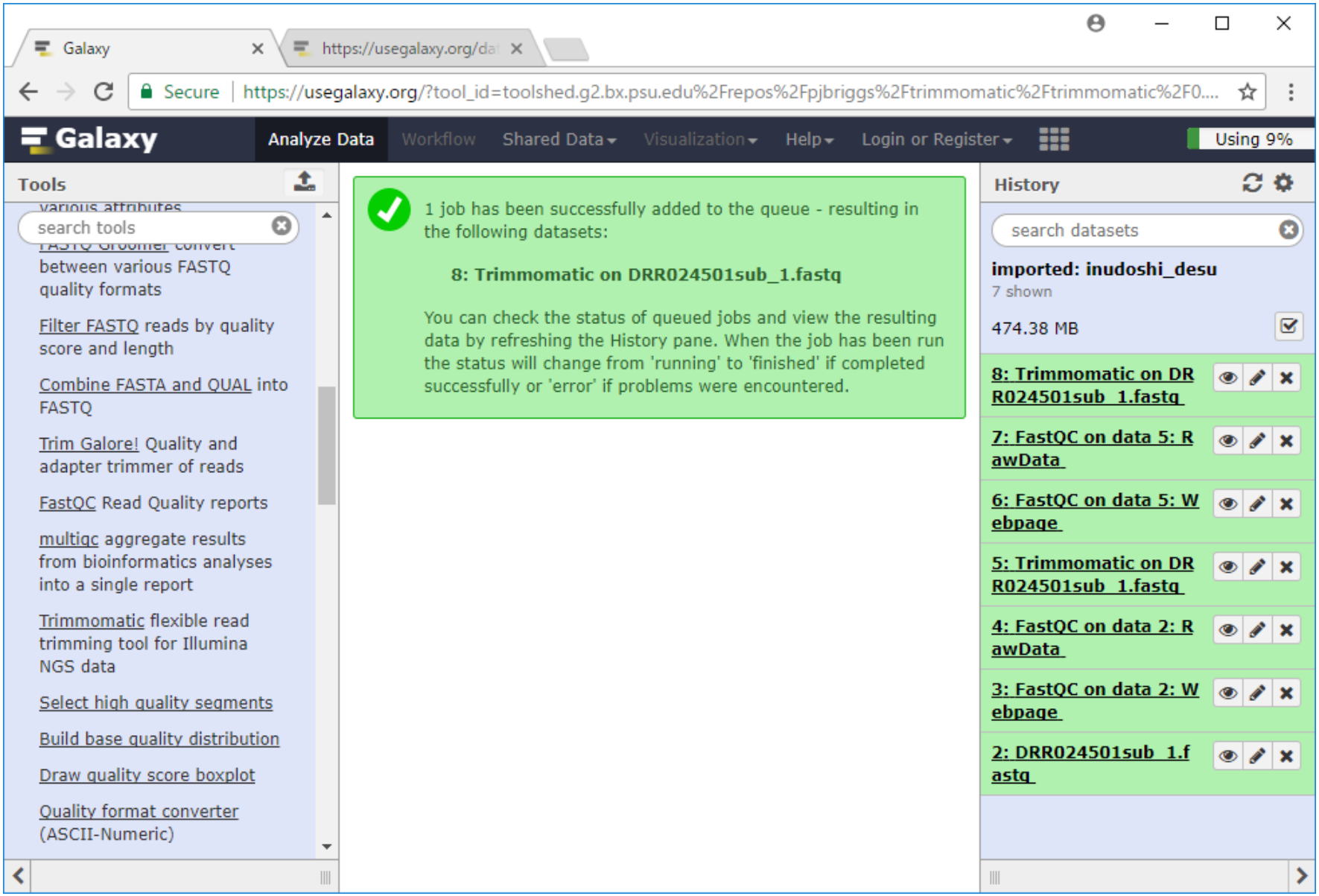
W8-6：実行待ち

①Trimmomatic実行命令の受付完了（ジョブ投げ完了）。②灰色は実行待ち状態（第11回W9-9）



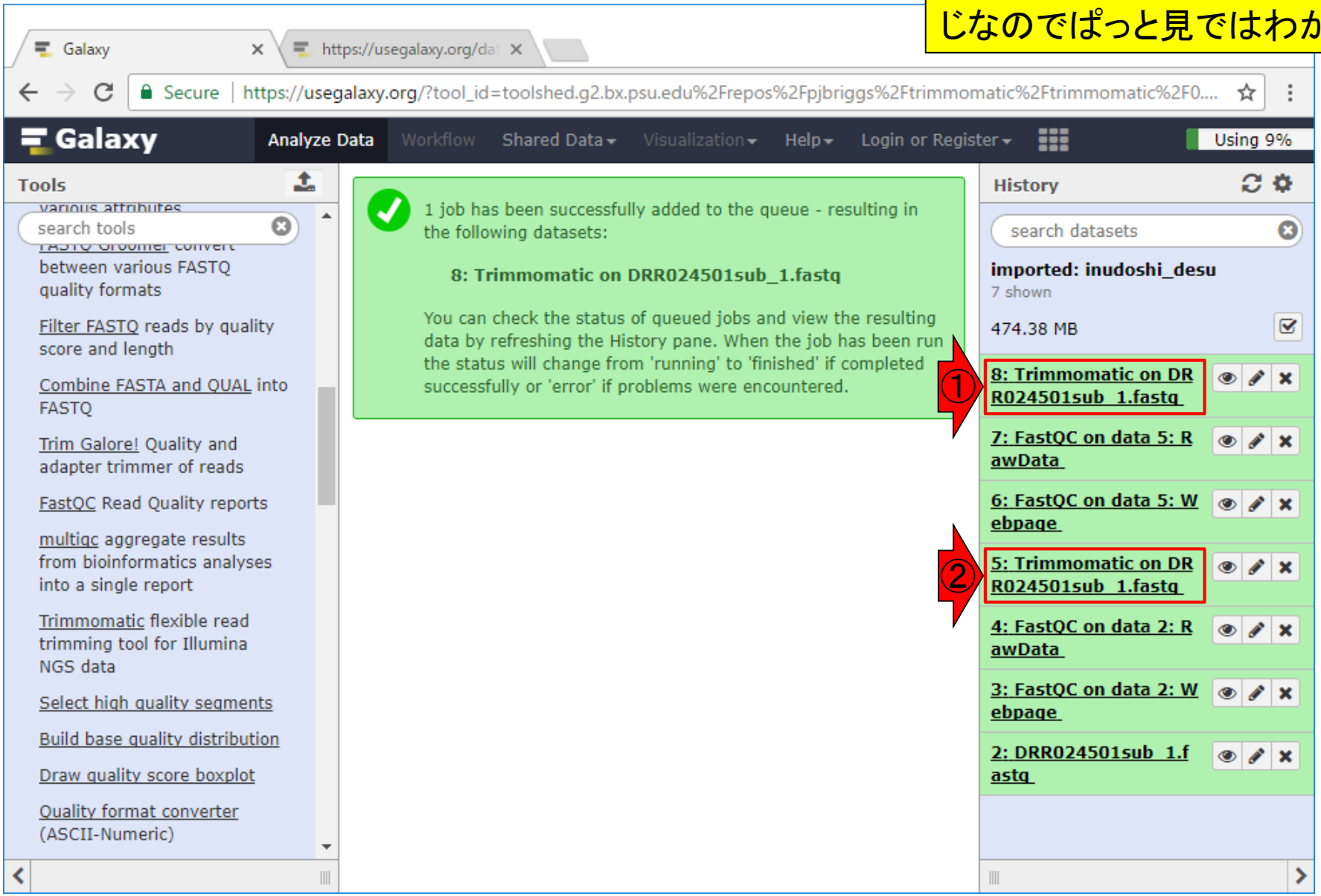
W8-7：実行完了

①緑色に変わったので実行が無事完了



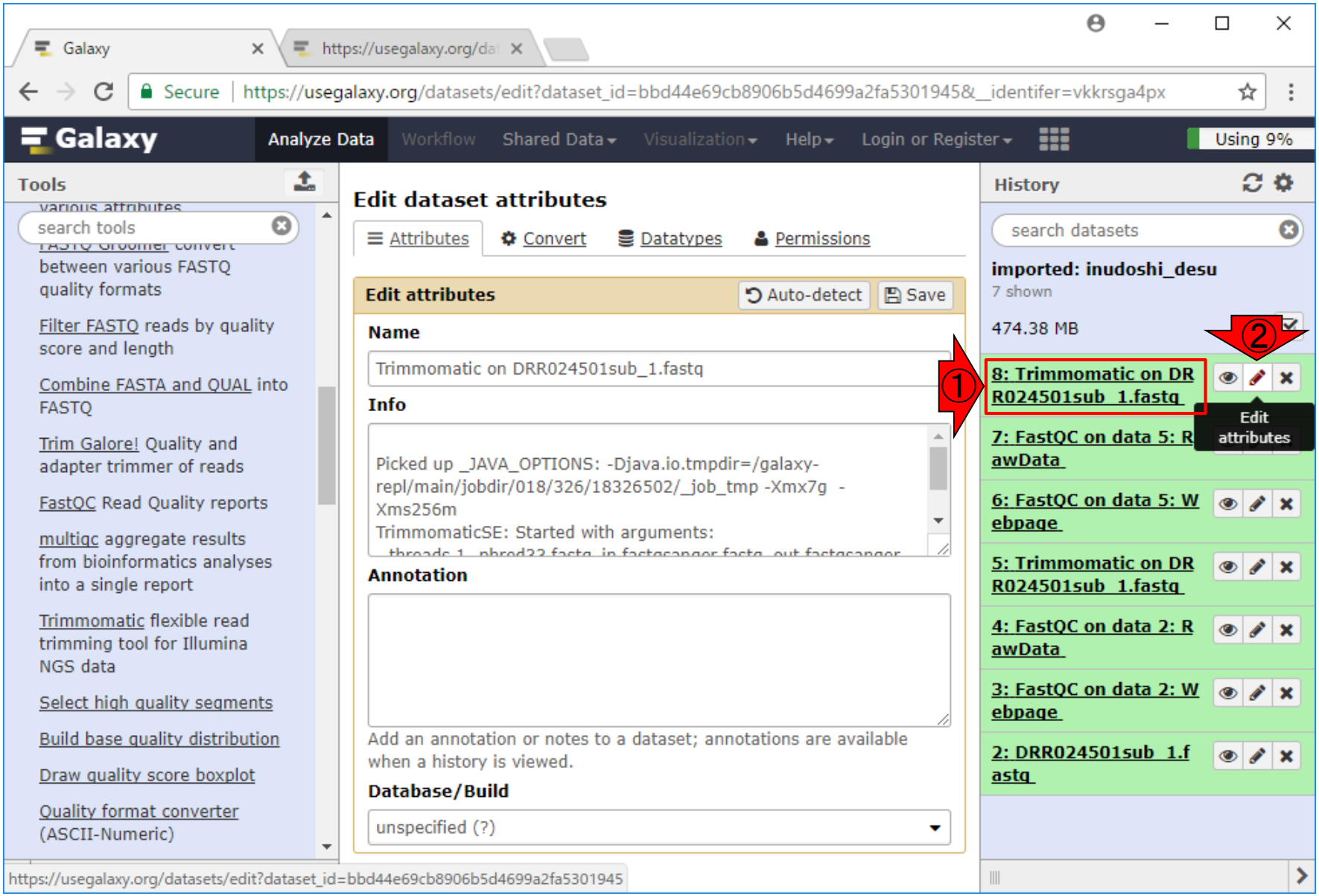
W8-8：違いがわからない

①が平均クオリティスコアの閾値を30に変更して実行した結果。②がデフォルトの20の結果だが、2つの名前が同じなのでぱっと見ではわからないので



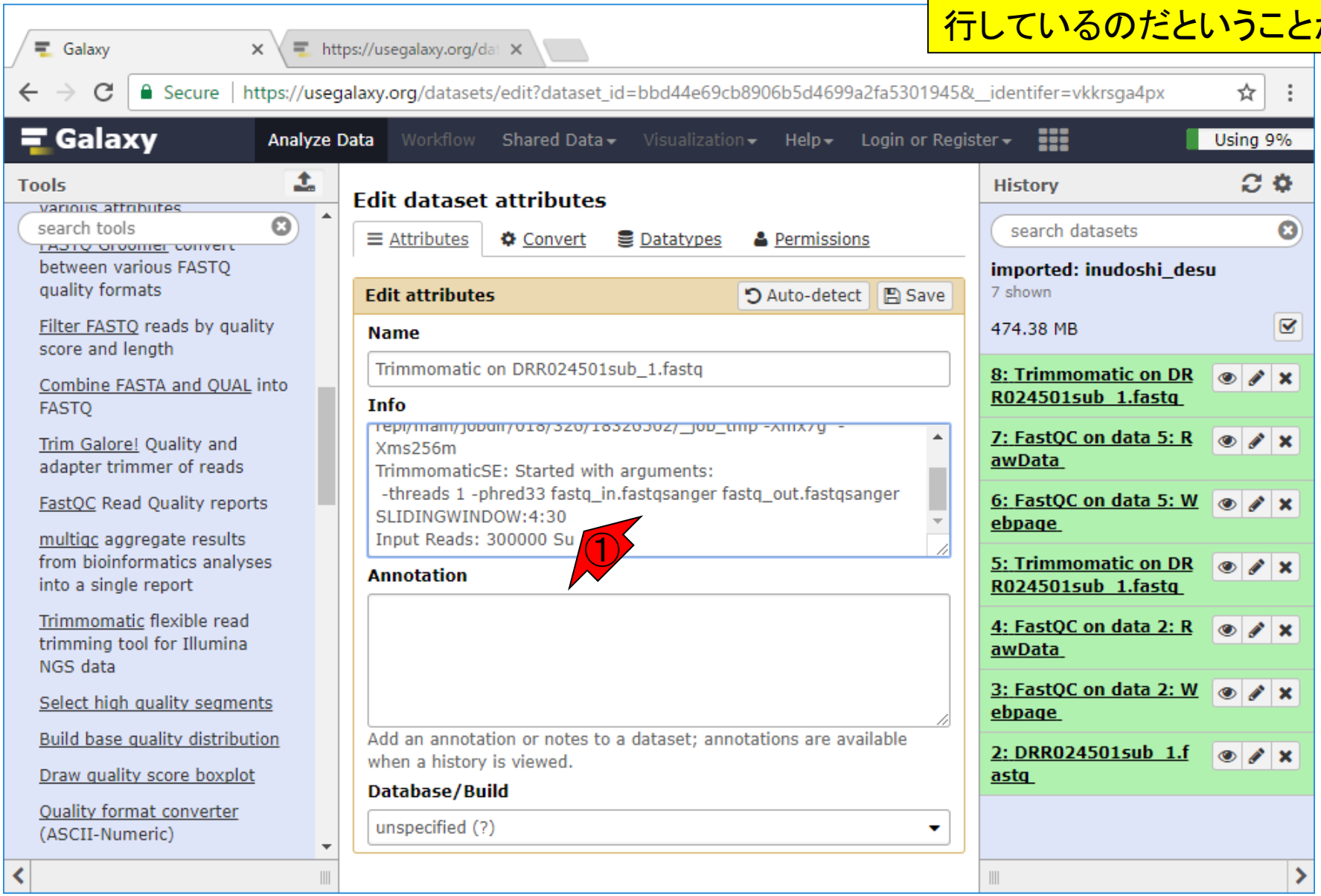
W8-9：名前を変更

①後からやったほうを閾値30に変更したことを明示させよう。②で編集する



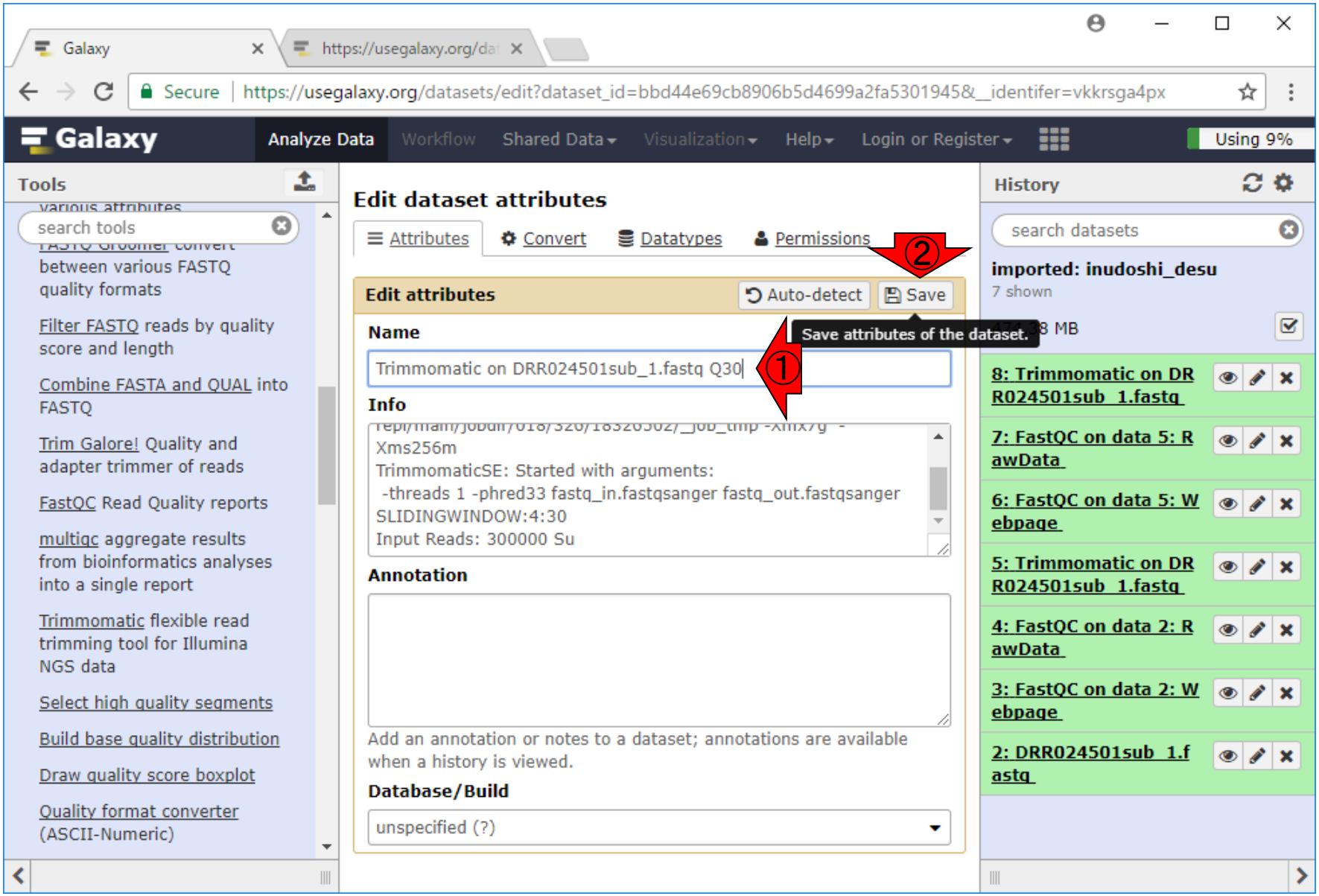
W8-10：オプションの数値

ちょっと話がそれますが、この部分を見ることで、①Trimmomatic実行時に平均クオリティスコアを30に変更して実行しているのだということがわかります



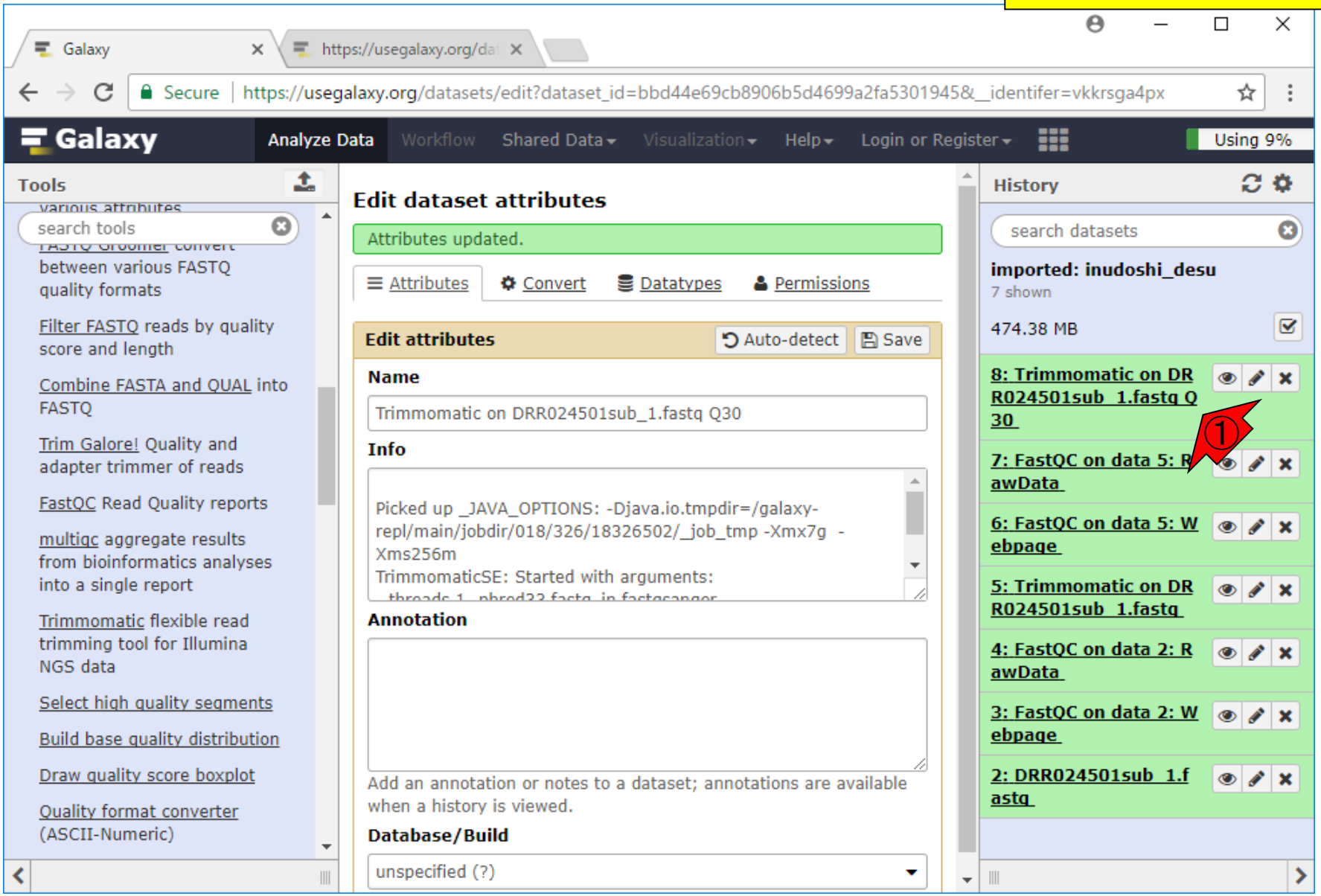
W8-11：名前の変更（本番）

とりあえず①Q30を追加した名前にして、②Save



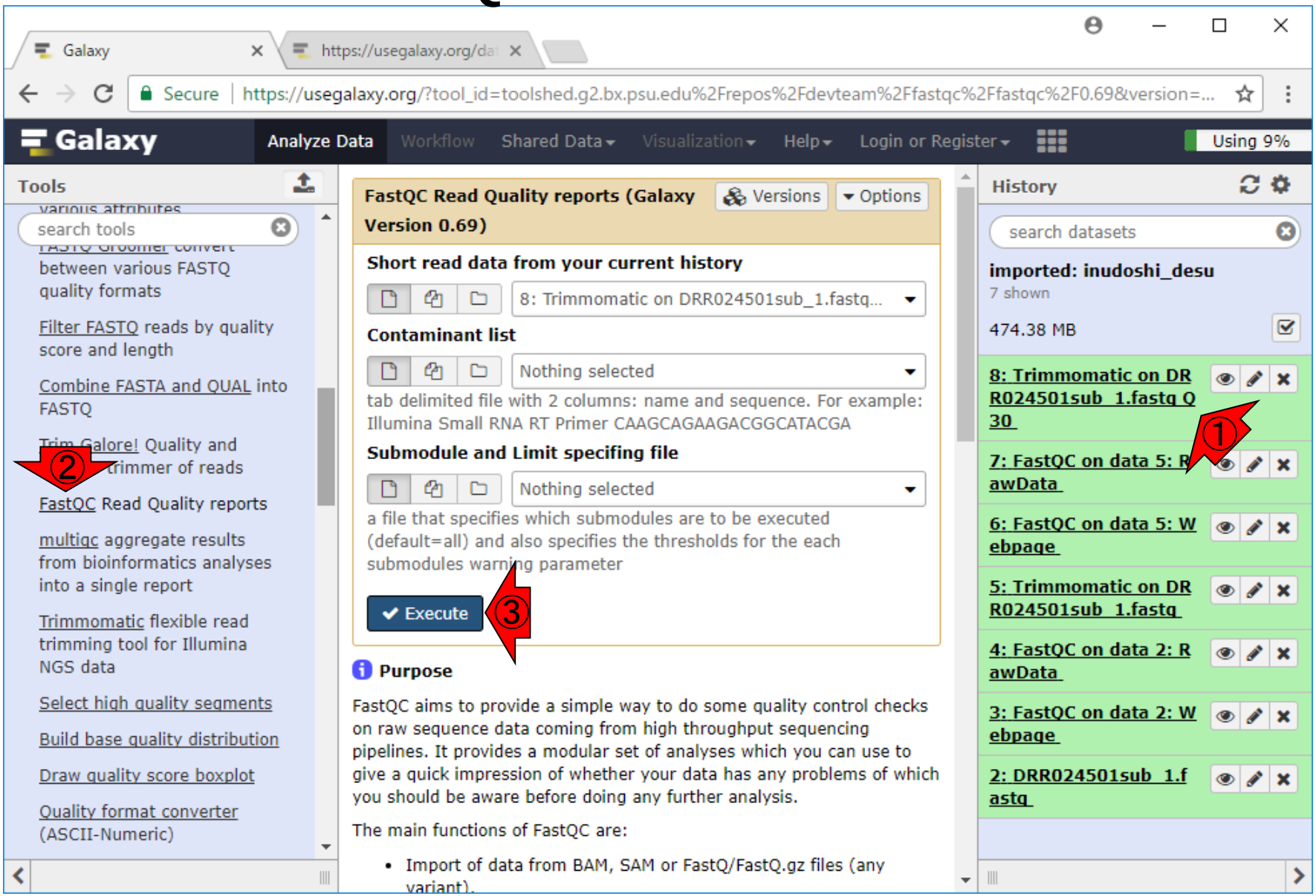
W8-12：名前の変更（完了）

①無事変更が反映された。こんな感じで研究グループ内のヒトにわかるように、任意に変更可能です



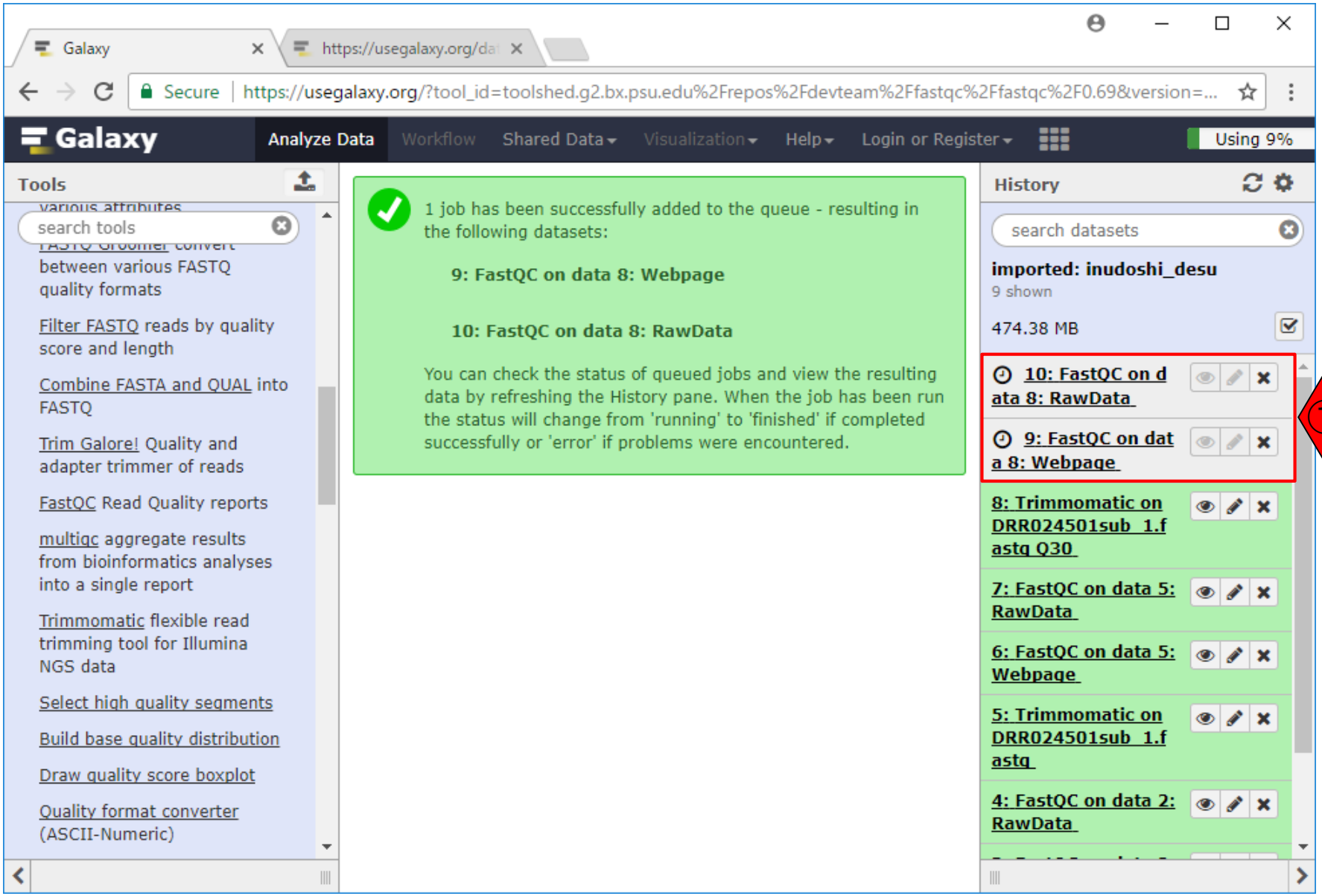
W9-1：FastQC

①のTrimmomatic実行結果ファイルを入力として、②FastQCを、③実行



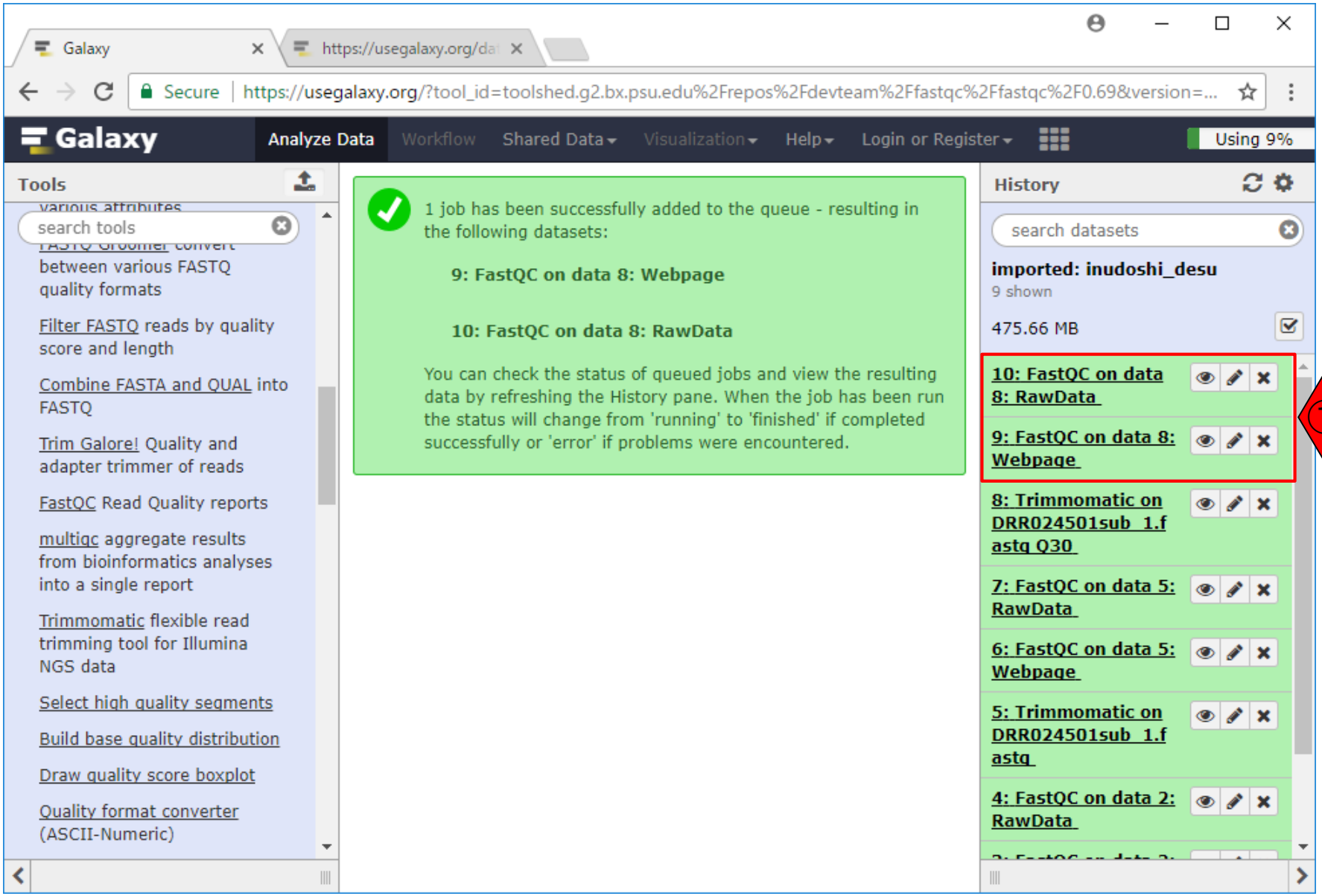
①（灰色なので）実行待ち

W9-2：実行待ち



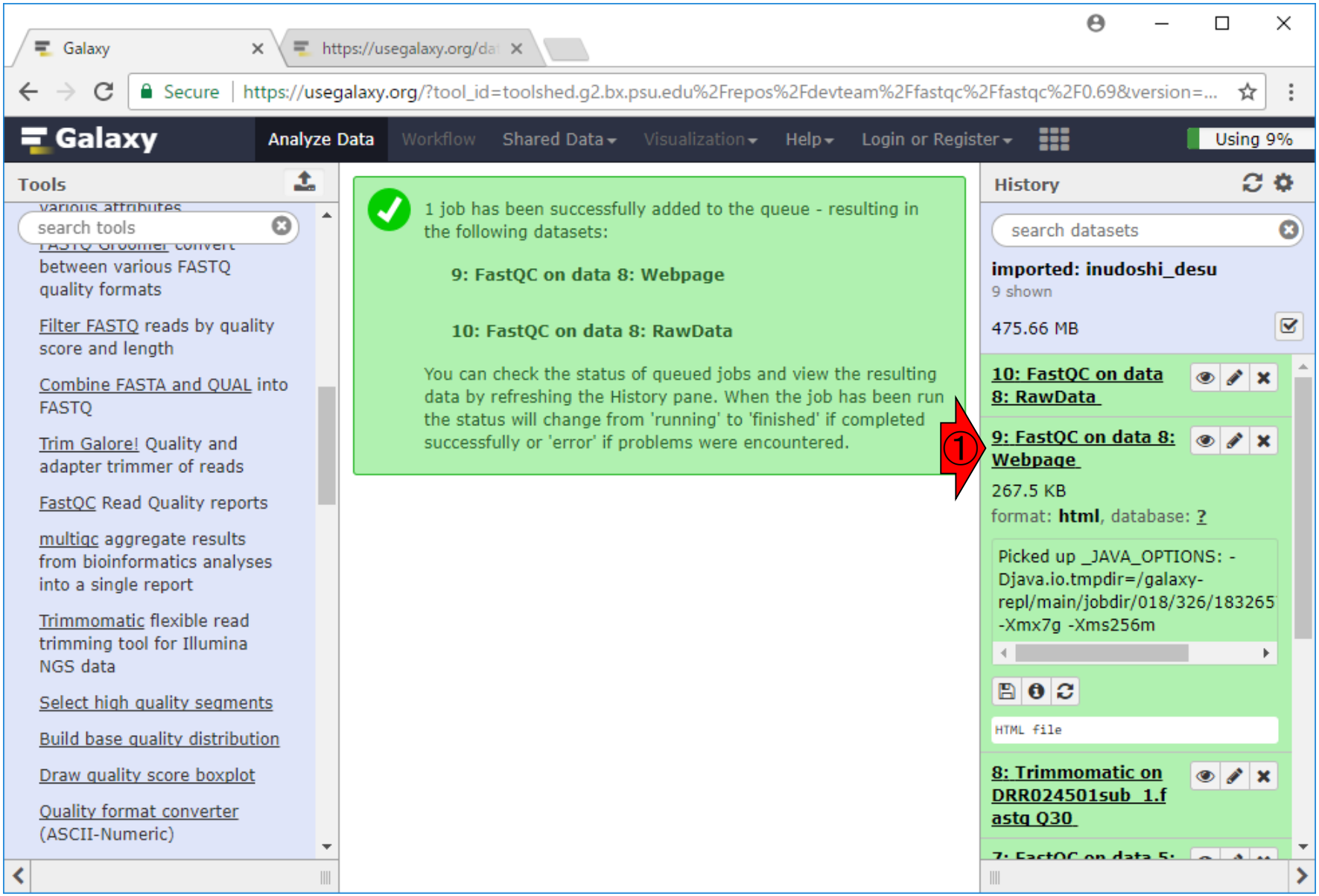
①実行完了

W9-3：実行完了



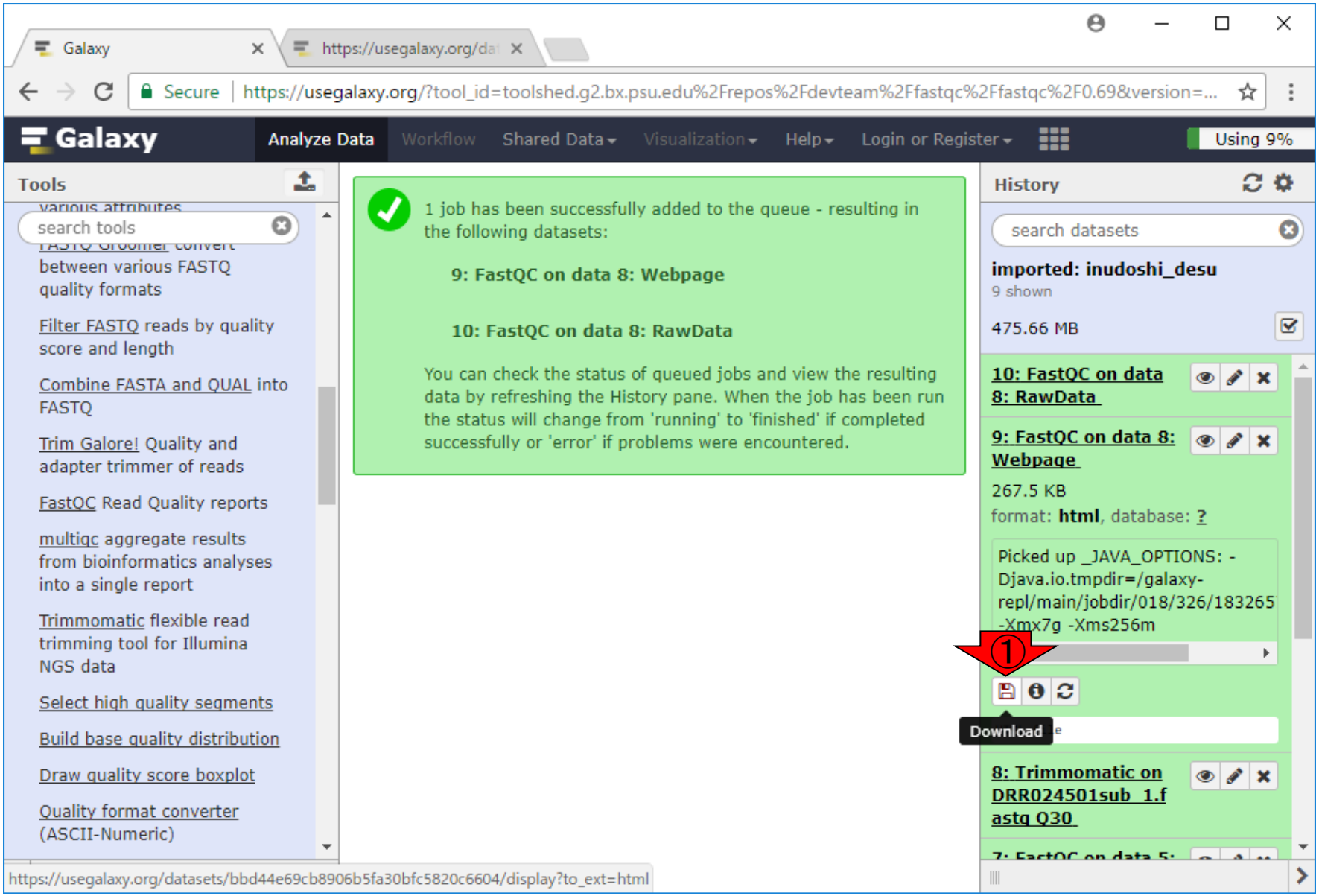
W9-4：保存

FastQC実行結果のhtmlファイルをダウンロードすべく、①をクリック



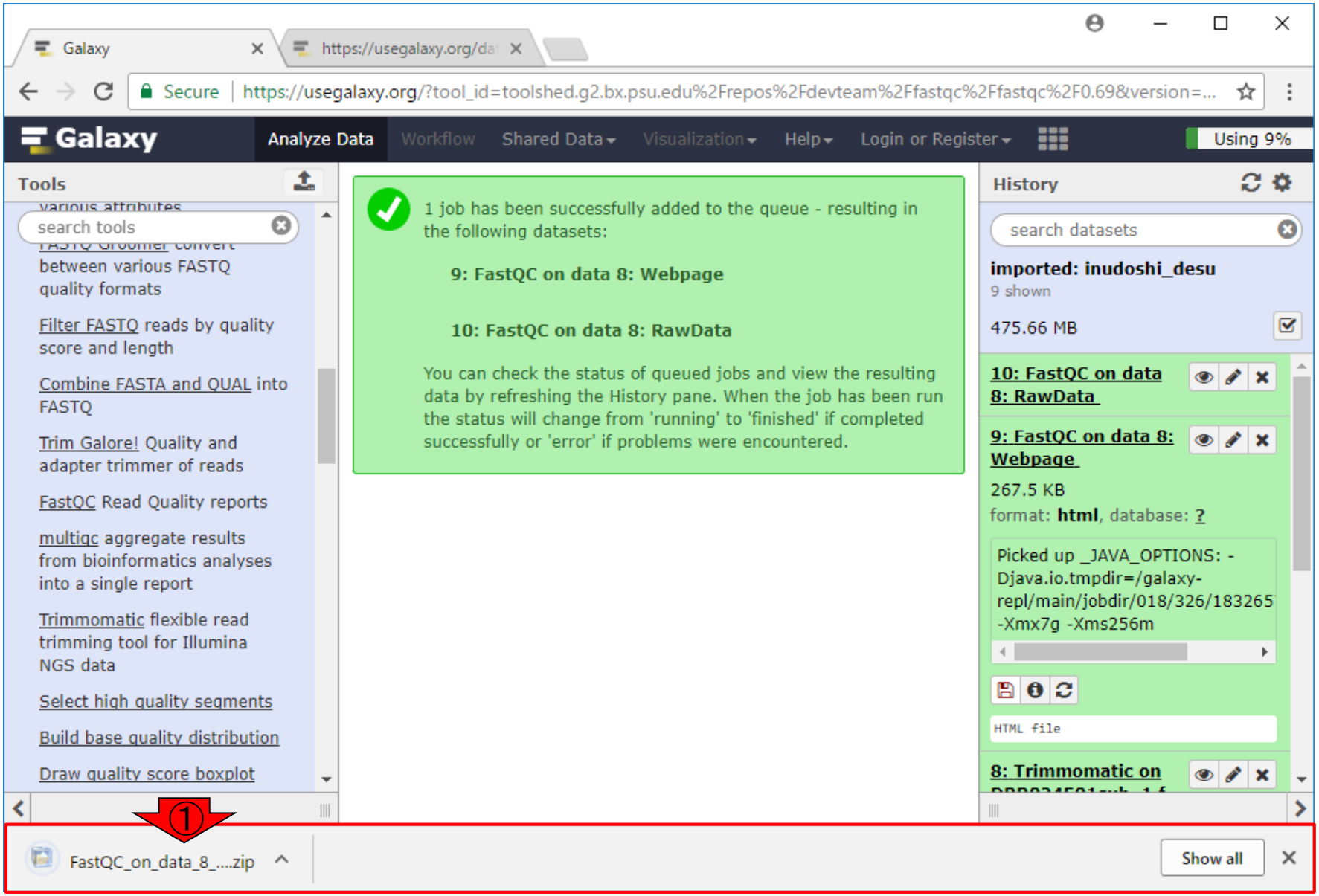
①Download

W9-4：保存



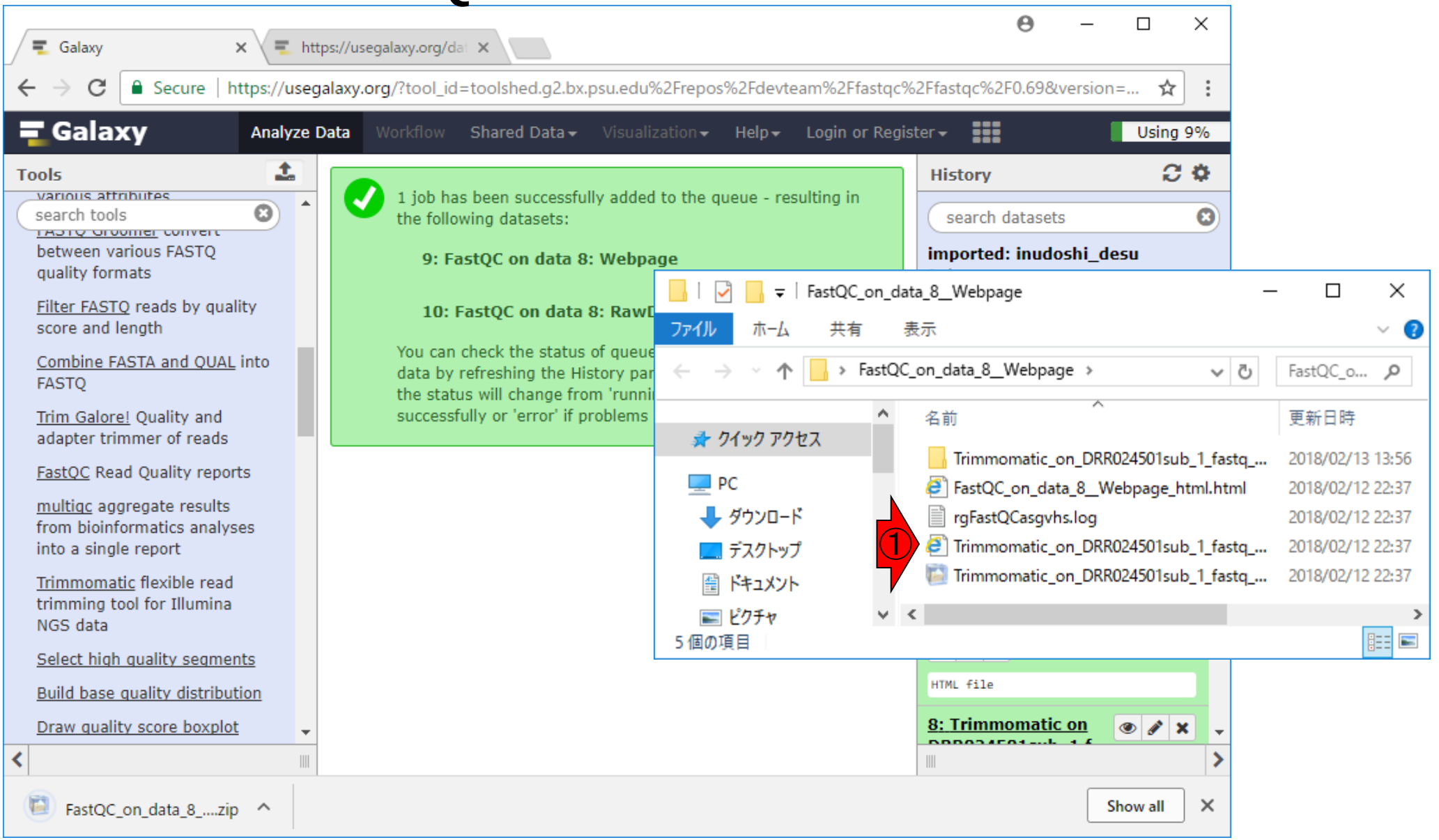
W9-5：保存完了

私の環境では赤枠のようになりました。①を左クリックでデスクトップ上に保存されます



①これを開くと…

W9-6：FastQC結果を眺める



W9-6：FastQC結果を眺

①リード数は264315。②クオリティスコア（Q値）分布も確かに30以上のものばかり。デフォルトのFastQC実行結果（W6-7）よりもリード数が減ってQ値が上昇しているので妥当

Trimmomatic_on_DRR02

file:///C:/Users/kojik/Desktop/FastQC_on_data_8__Webpage/Trimmomatic_on_DRR024501sub_1_fastq_fastqc.html

FastQC Report

Mon 12 Feb 2018
Trimmomatic_on_DRR024501sub_1_fastq

Summary

- Basic Statistics
- Per base sequence quality
- Per tile sequence quality
- Per sequence quality scores
- Per base sequence content
- Per sequence GC content
- Per base N content
- Sequence Length Distribution
- Sequence Duplication Levels
- Overrepresented sequences
- Adapter Content
- Kmer Content

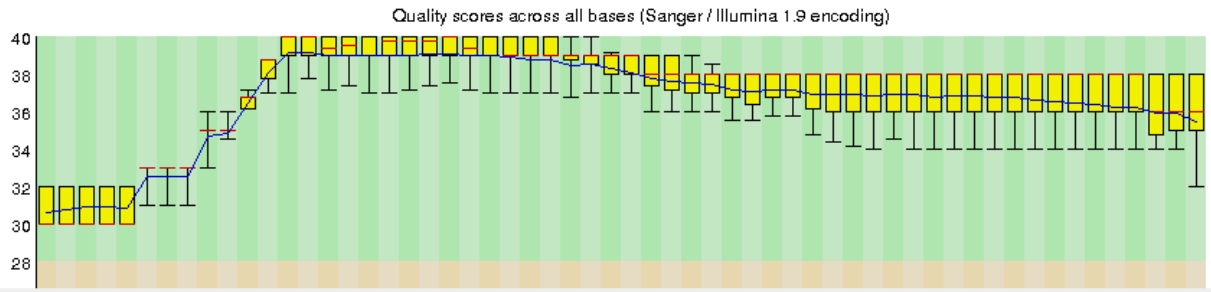
Basic Statistics

Measure	Value
Filename	Trimmomatic_on_DRR024501sub_1_fastq
File type	Conventional base calls
Encoding	Sanger / Illumina 1.9
Total Sequences	264315
Sequences flagged as poor quality	0
Sequence length	4-251
%GC	38

①

Per base sequence quality

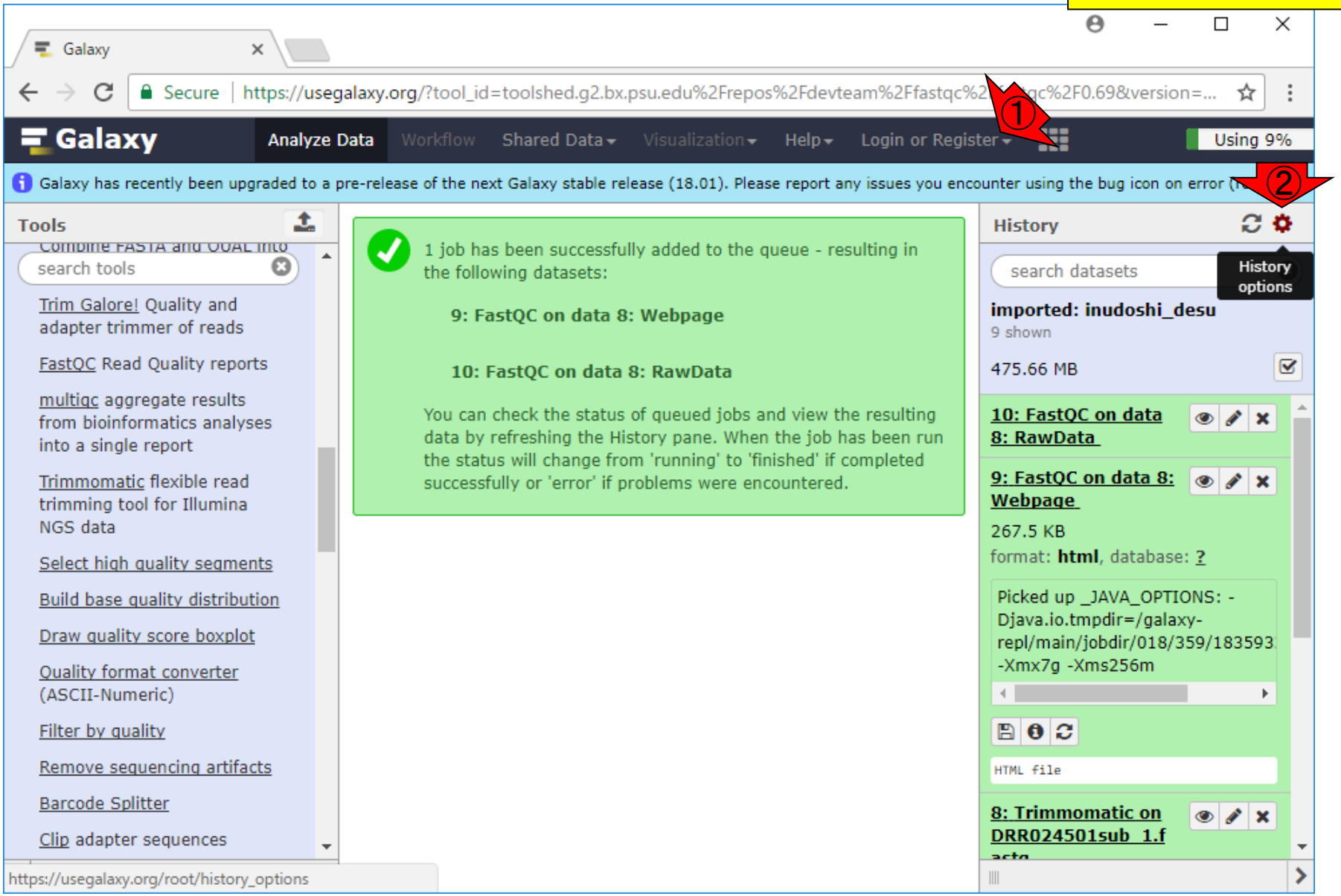
②



Produced by FastQC (version 0.11.5)

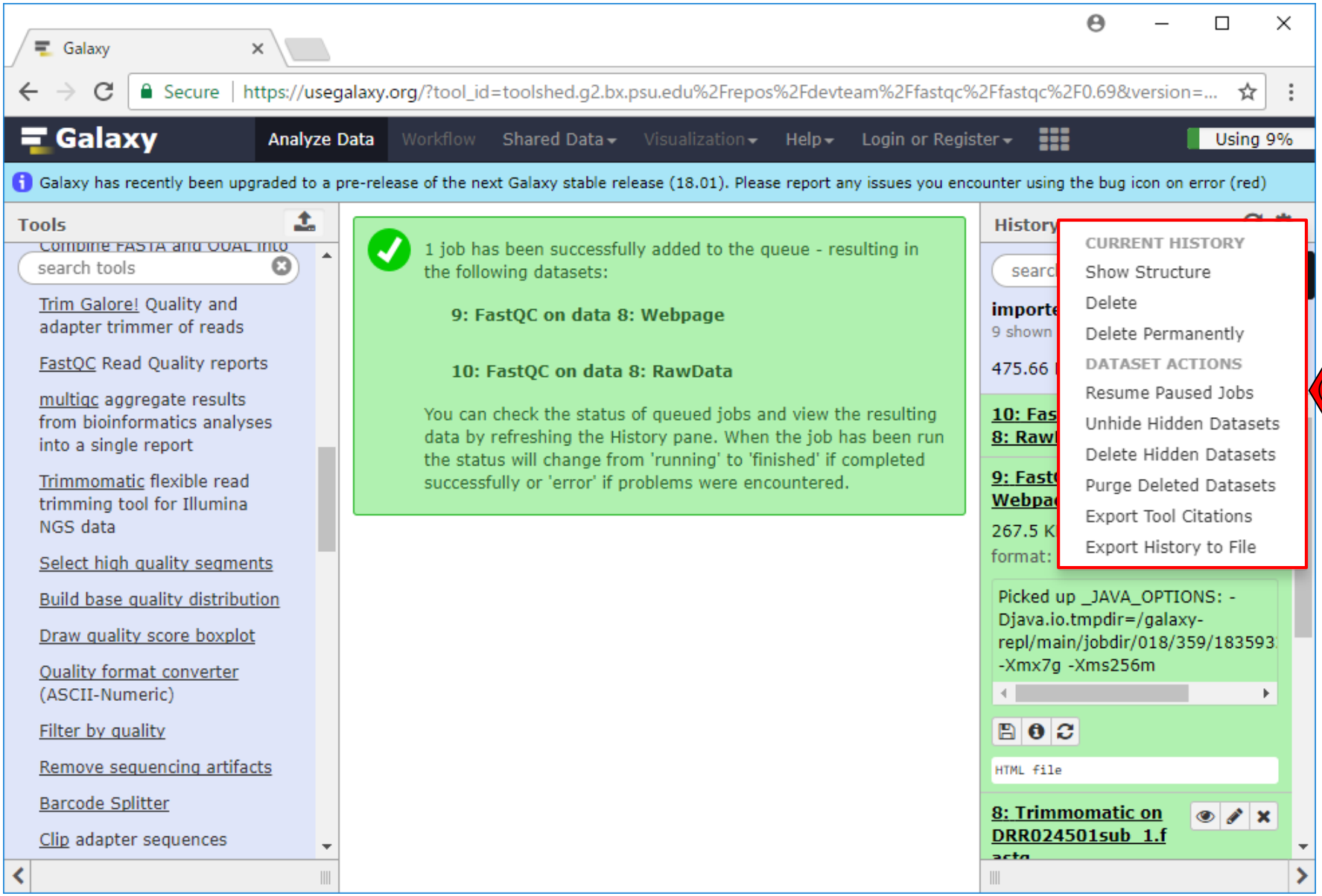
W10-1：未ログインは機能限定

①ログインせずに、②History options、③Share or Publish をやろうとしても（W5-3）…



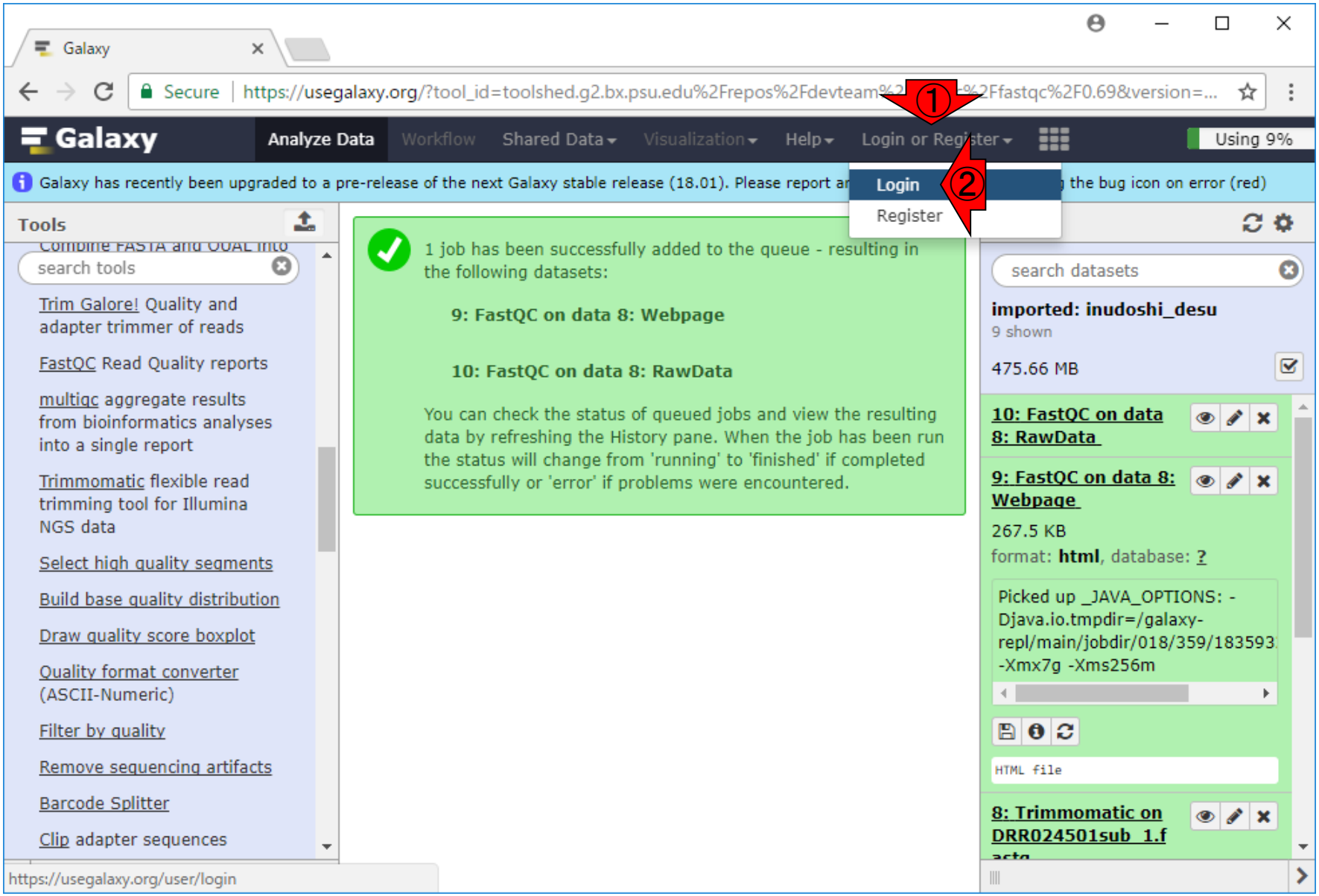
W10-1：未ログインは機能限定

①Share or Publish
がありません（爆）



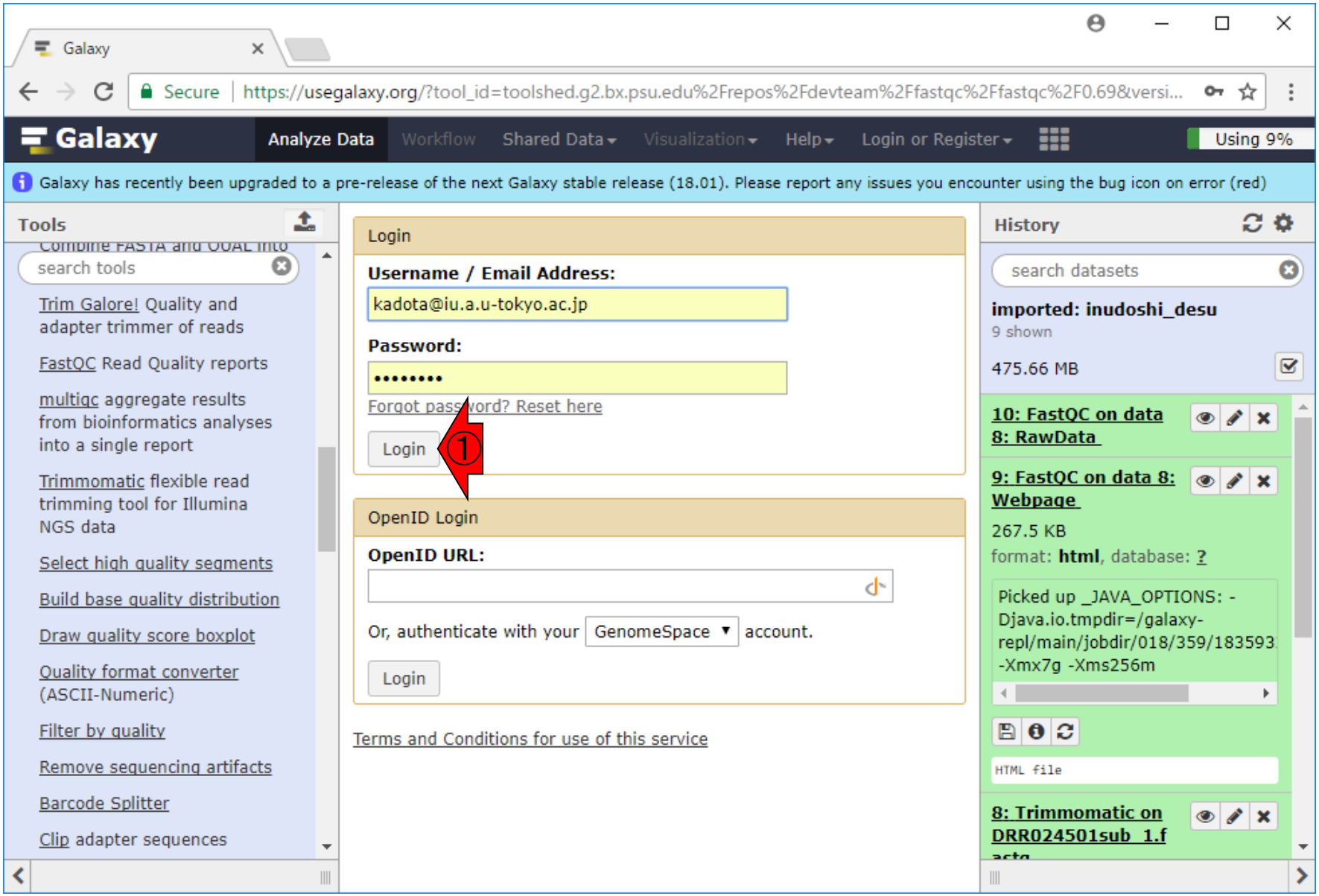
W11-1：ログイン

kadota_registeredでログインすべく、①②でLogin



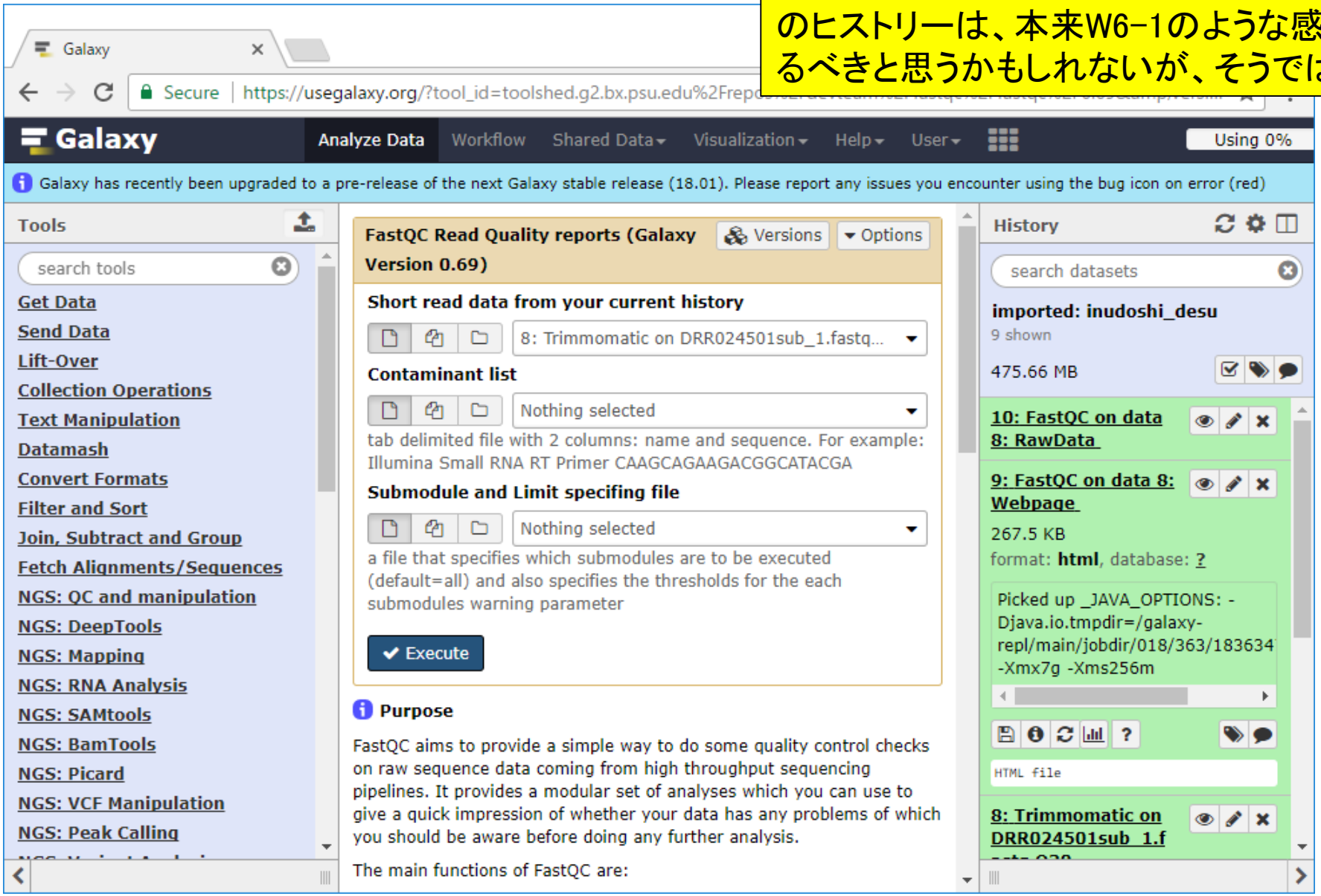
W11-1：ログイン

kadota_registeredの情報を入力して①Login



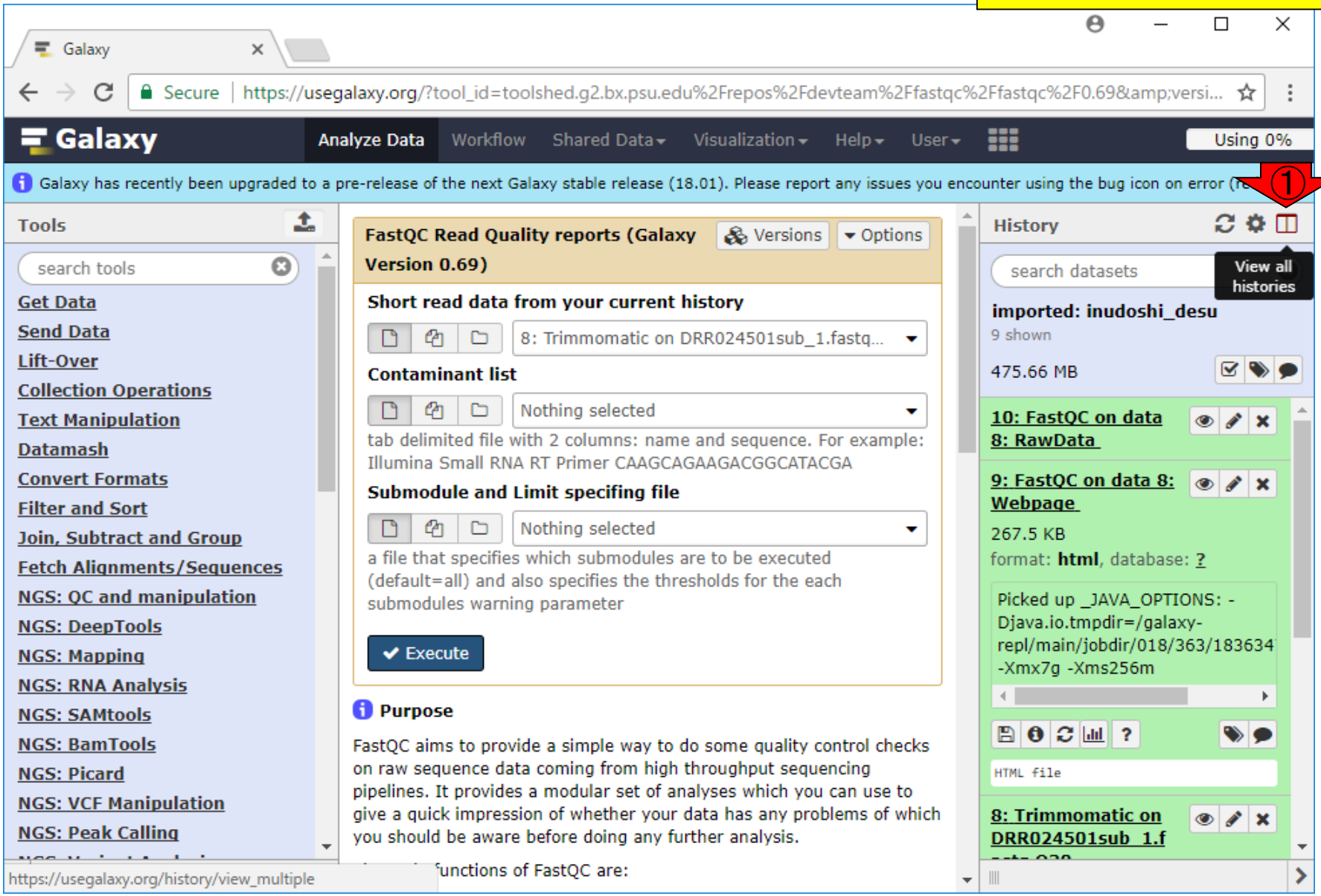
W11-2：ログイン直後

kadota_registeredさんのログイン直後の状態。こんな感じになります。これはkadota_unregisteredのW9-4までの結果と同じ。最新のkadota_registeredのヒストリーは、本来W6-1のような感じになっているべきと思うかもしれないが、そうではない



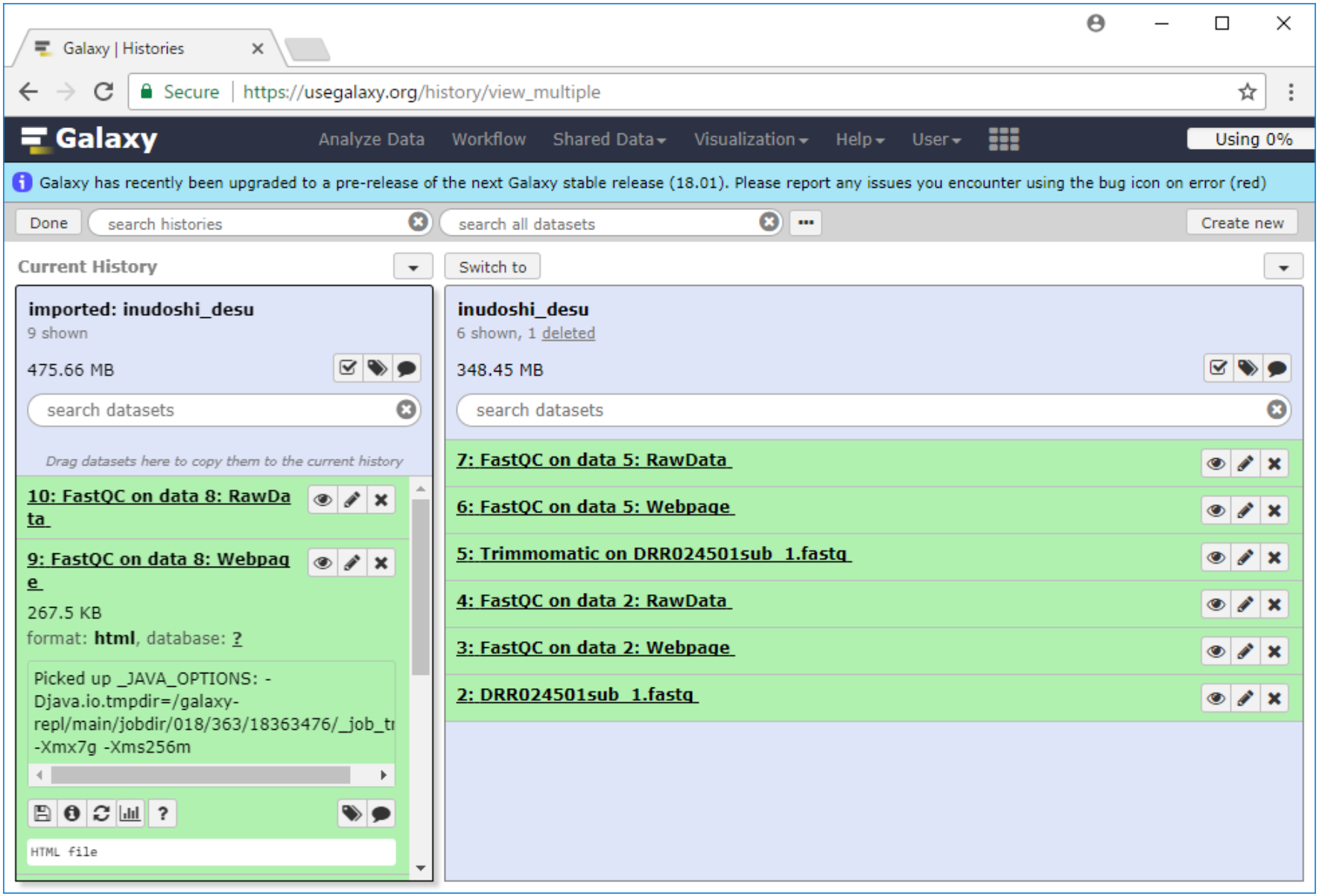
W11-3：以前のヒストリー

では以前のW6-1で見えていたヒストリーはどうなったのか?それは①のView all historiesを見ればわかる



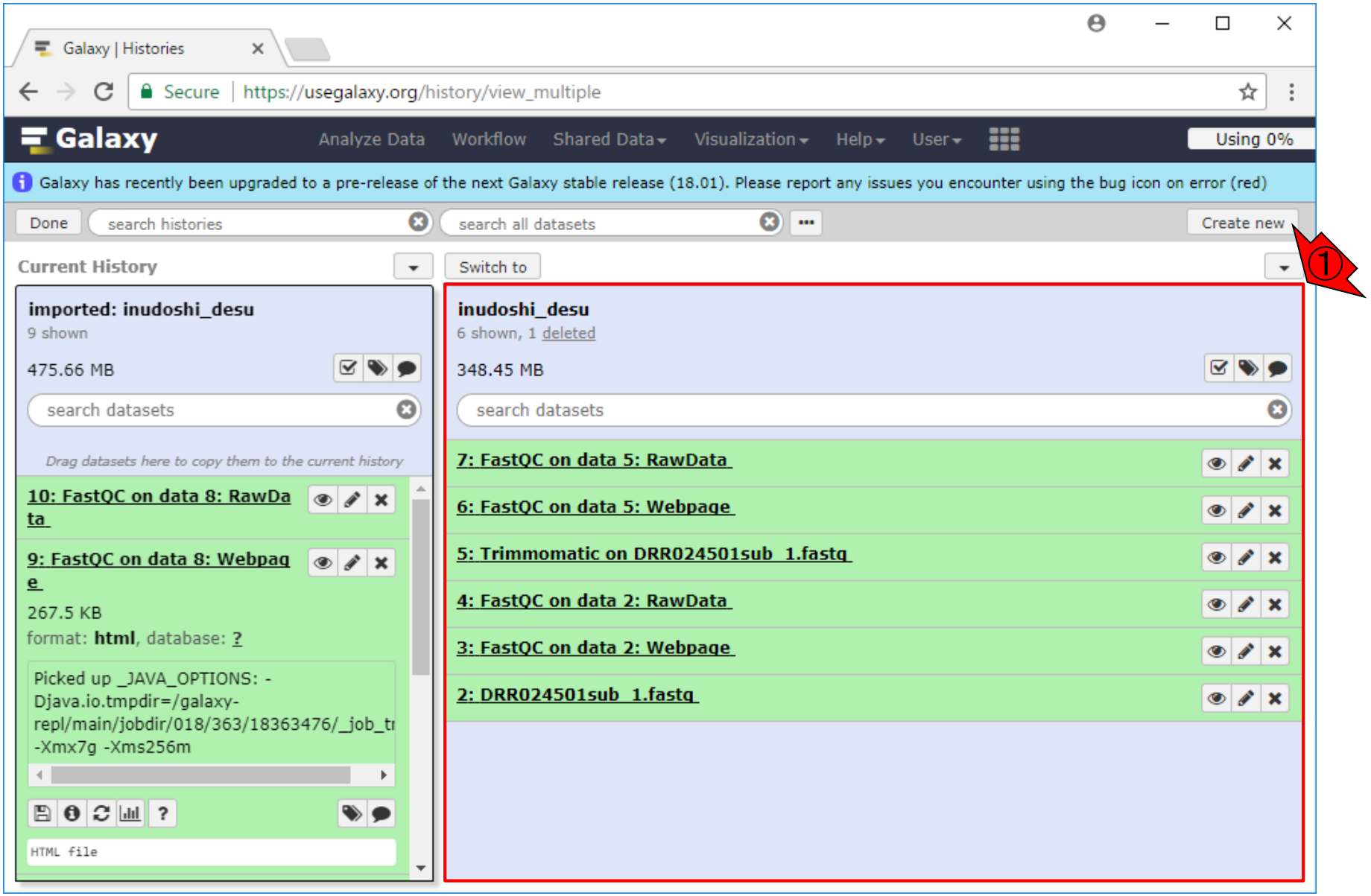
W11-4：Histories

こんな感じになります。今は
kadota_registeredの環境です



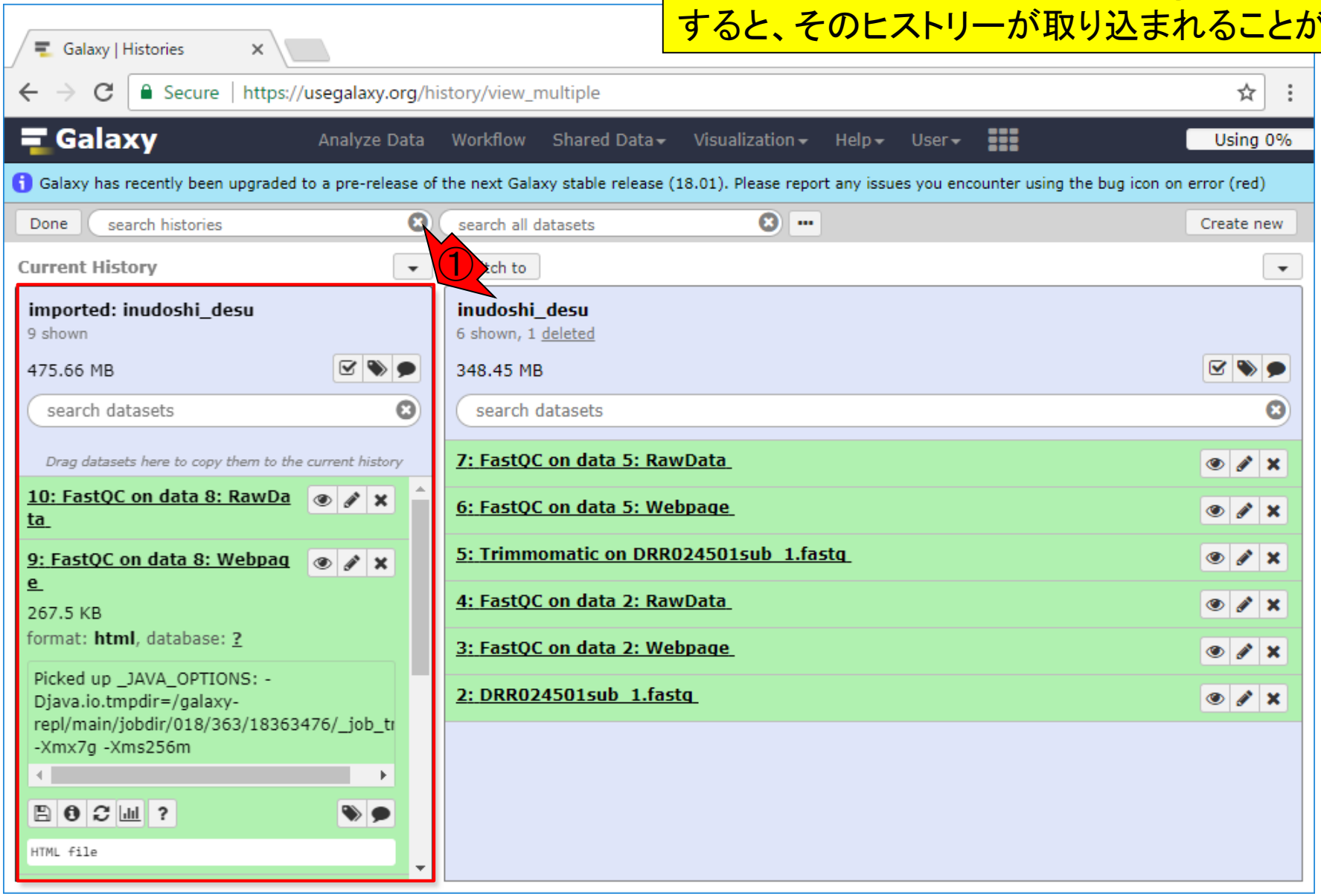
右側の①がW6-1までのヒストリーです

W11-4：Histories



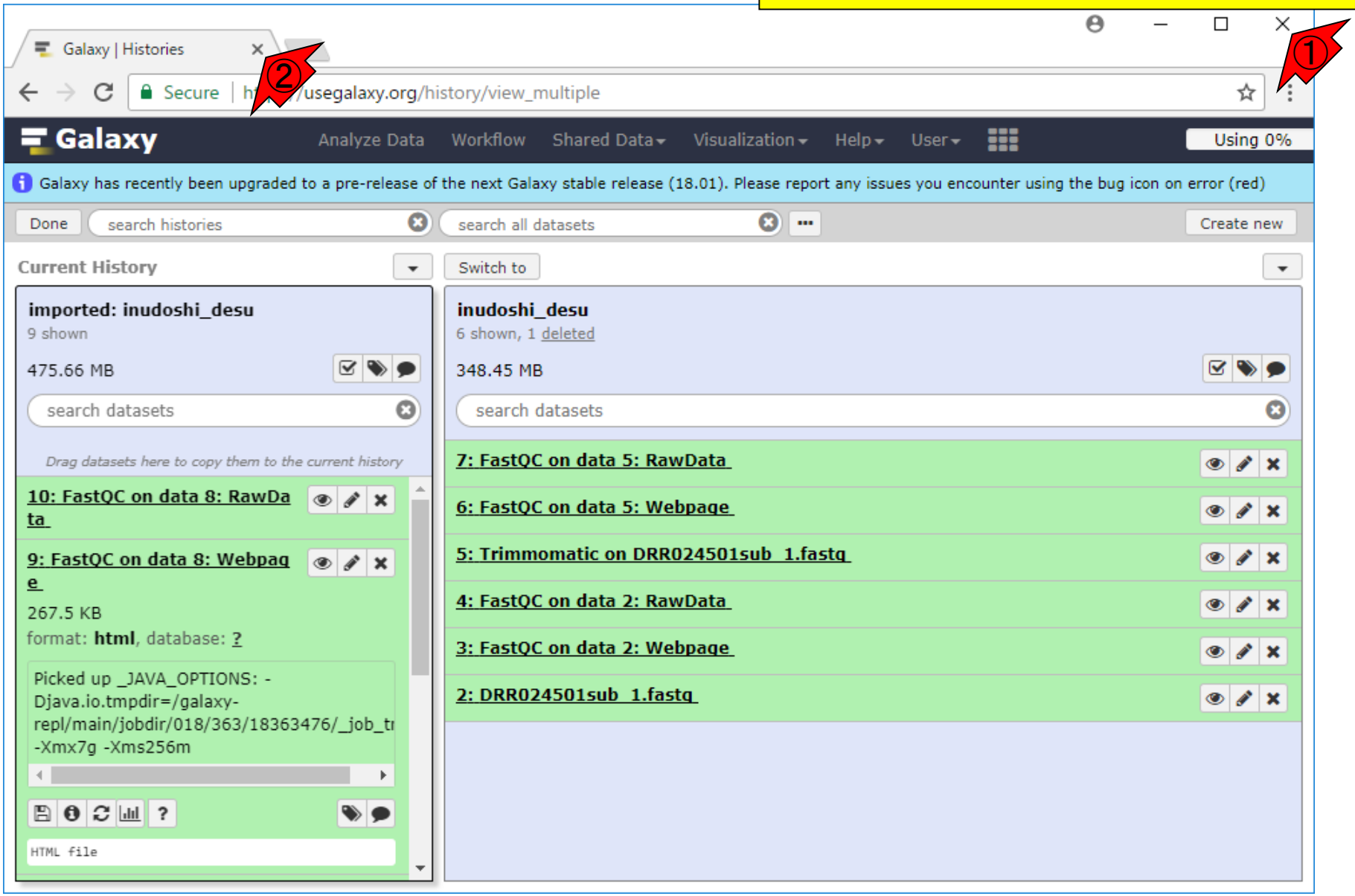
W11-4：Histories

左側の①がW9-4までのヒストリーです。これはログインしていないkadota_unregisteredさんがやっていたヒストリーです。同じweb画面上でkadota_registeredさんがログインすると、そのヒストリーが取り込まれることがわかります



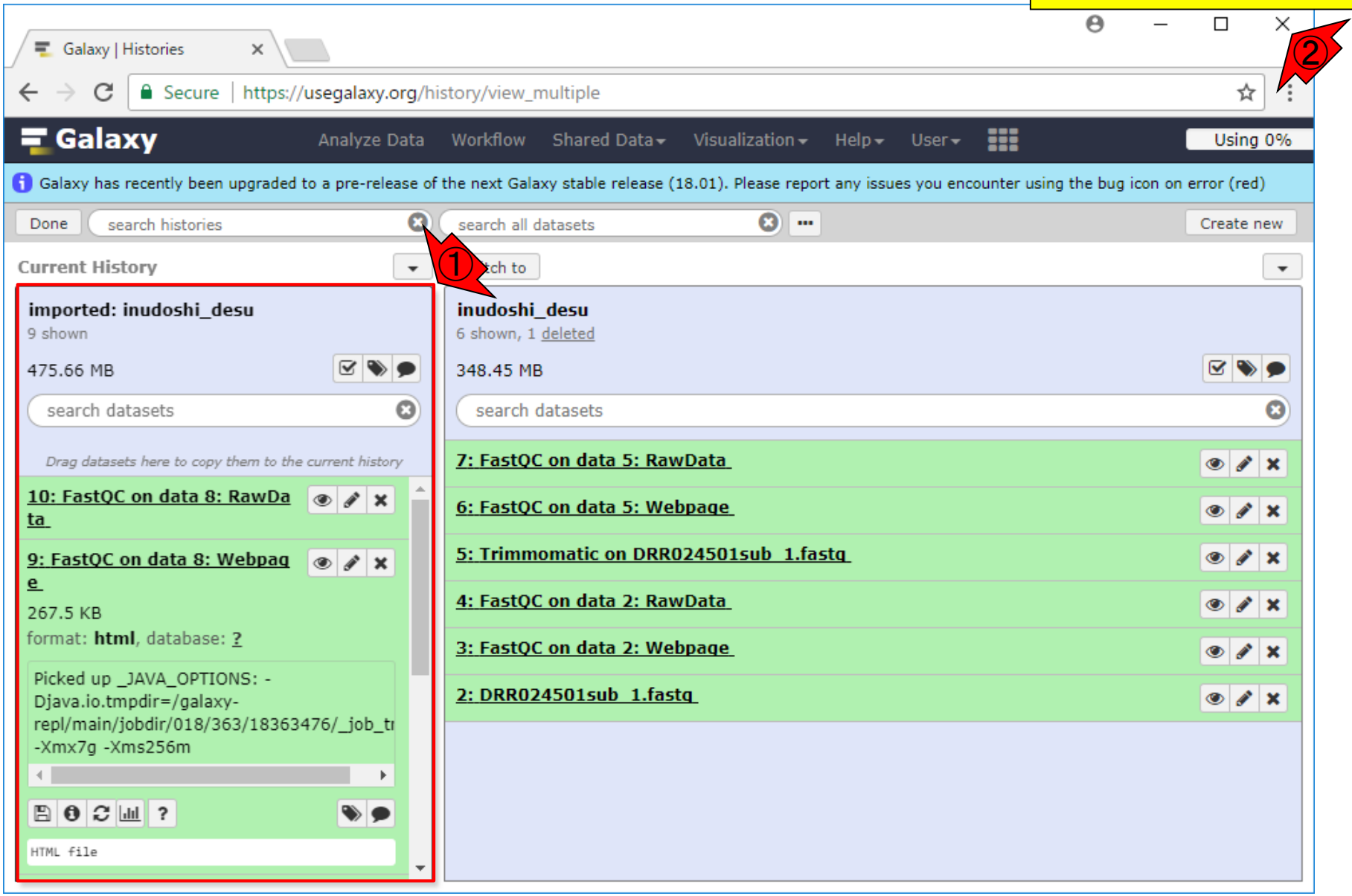
W11-4：Histories

こうなるのが嫌なら、ログイン前にW10-1の①ウェブブラウザまたは②タブを終了するなりしておけばよい（この画面はもうそうなっているので手遅れw）



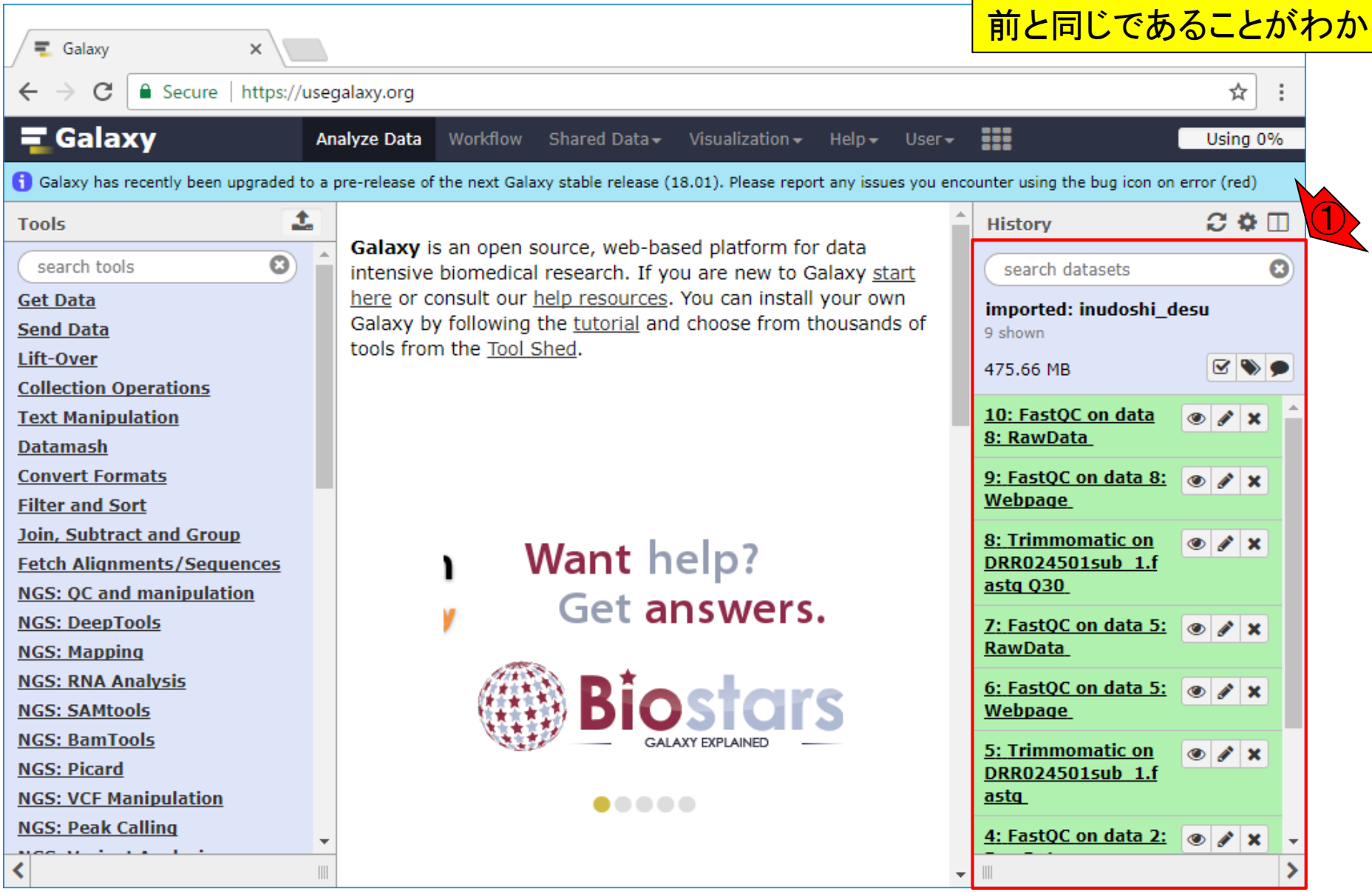
W11-5：ブラウザの再起動

①このように既に取り込まれている状態で、②を押してブラウザを再起動しても同じことになる



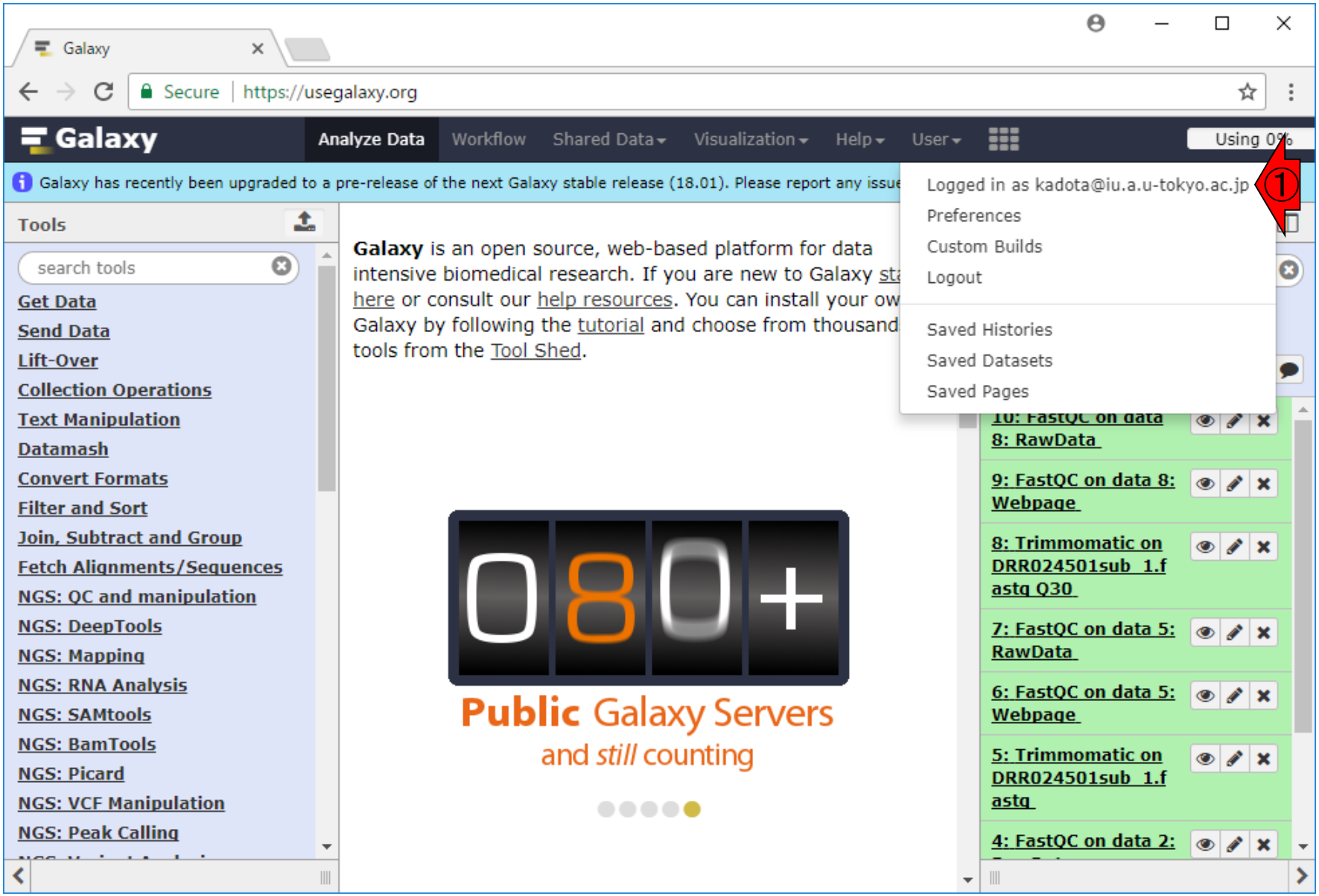
W11-6：再起動後の状態

一旦ブラウザを閉じて、再度Galaxy mainにログインした直後の状態。①右側のヒストリーパネルが再起動前と同じであることがわかる



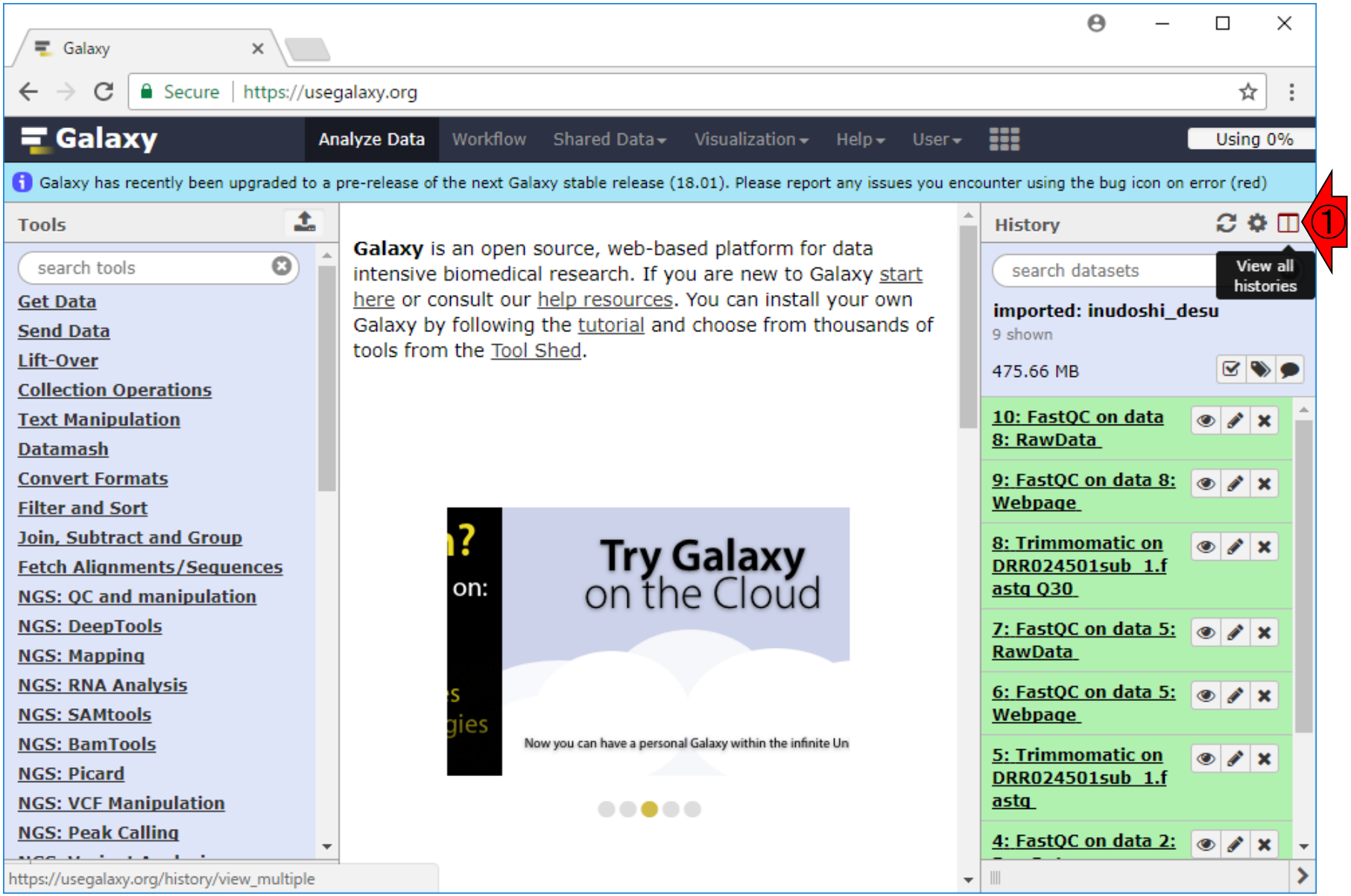
W11-6：再起動後の状態

①確かにkadota_registered さんです。ただの確認



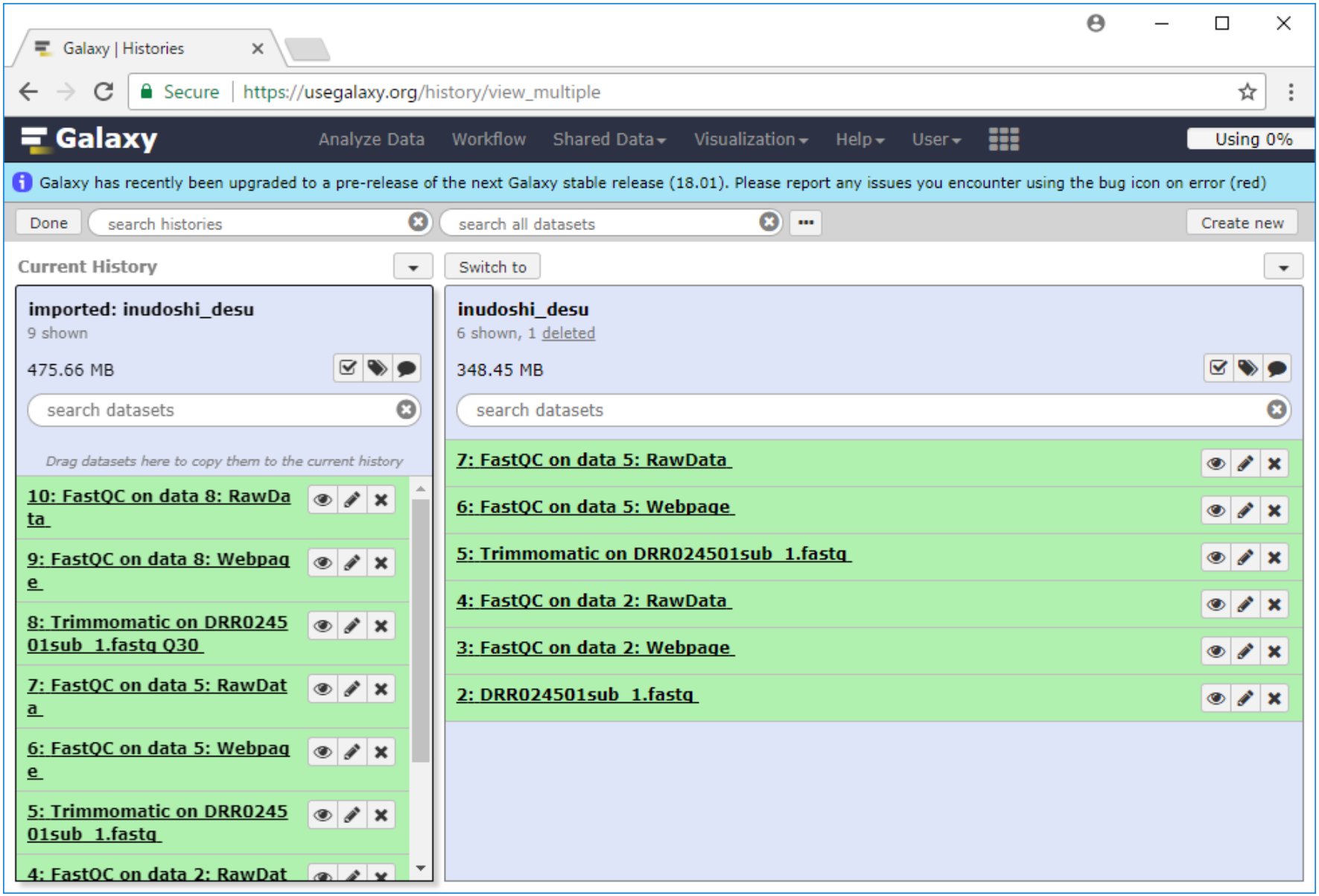
再度、①View all histories

W12-1：Histories



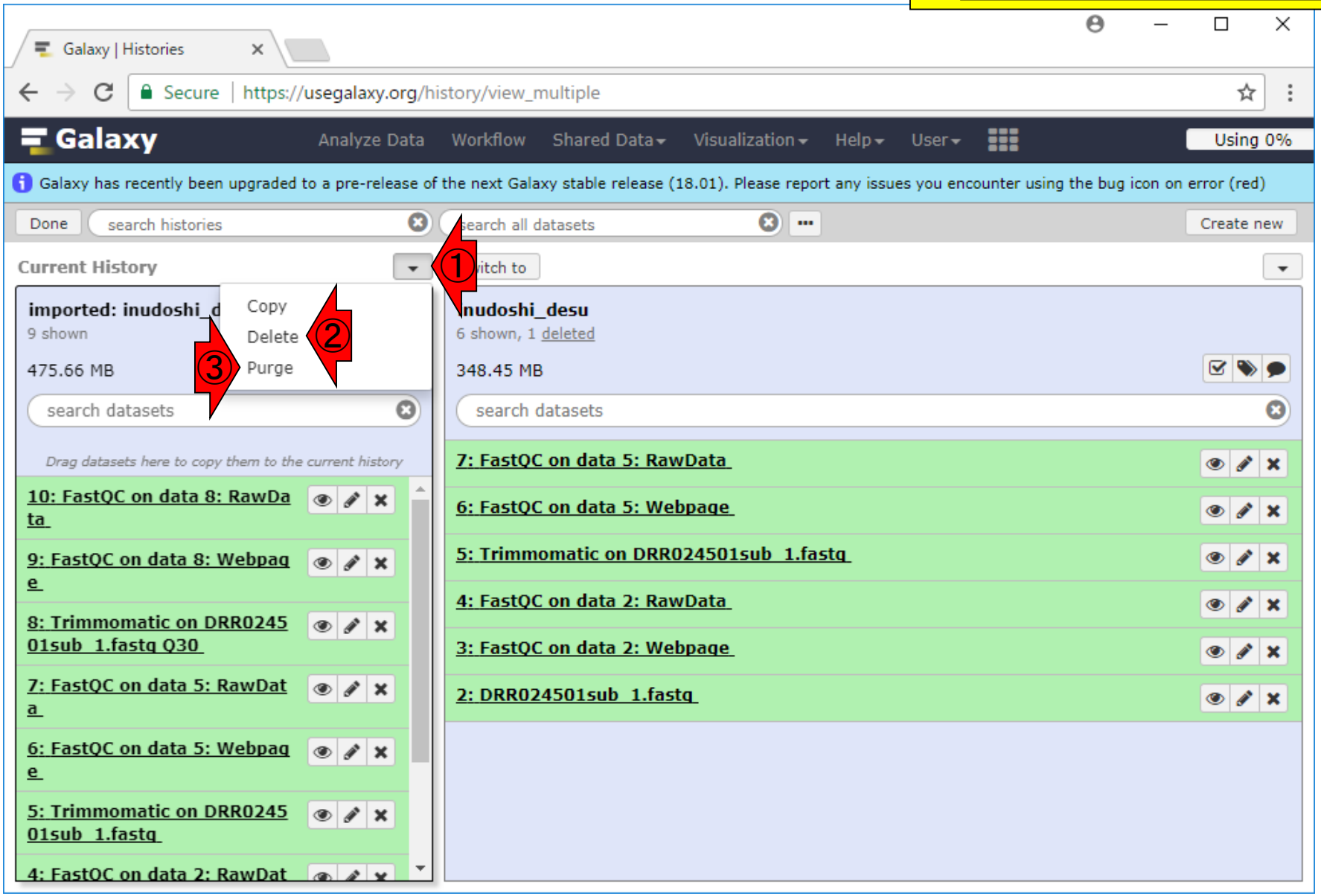
こんな感じになります

W12-1：Histories



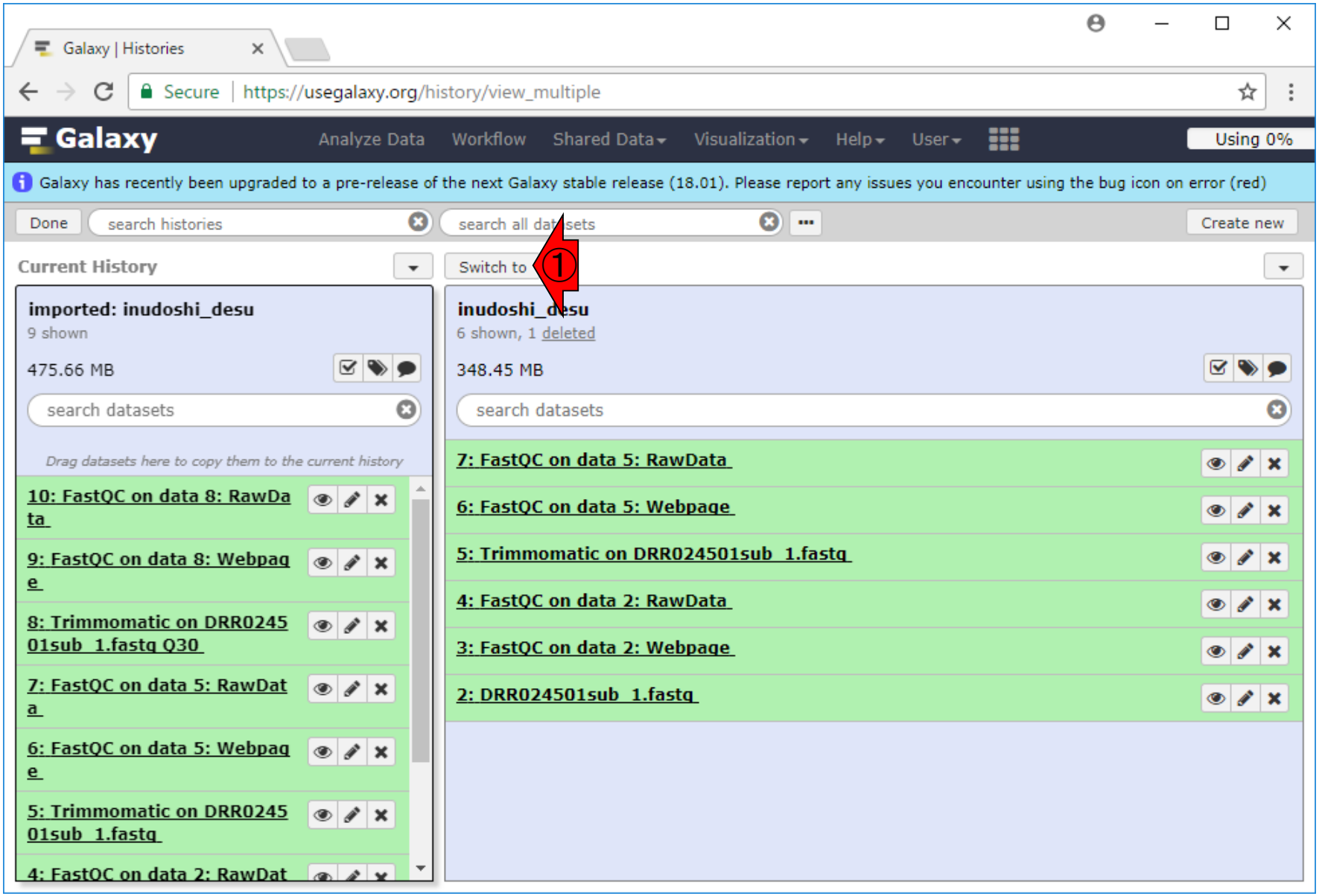
W12-2：ヒストリーの削除

①を押すと、3つの選択肢が現れる。②Deleteはゴミ箱に入れると同じ。③Purgeはゴミ箱に入れて空にする。見るだけ



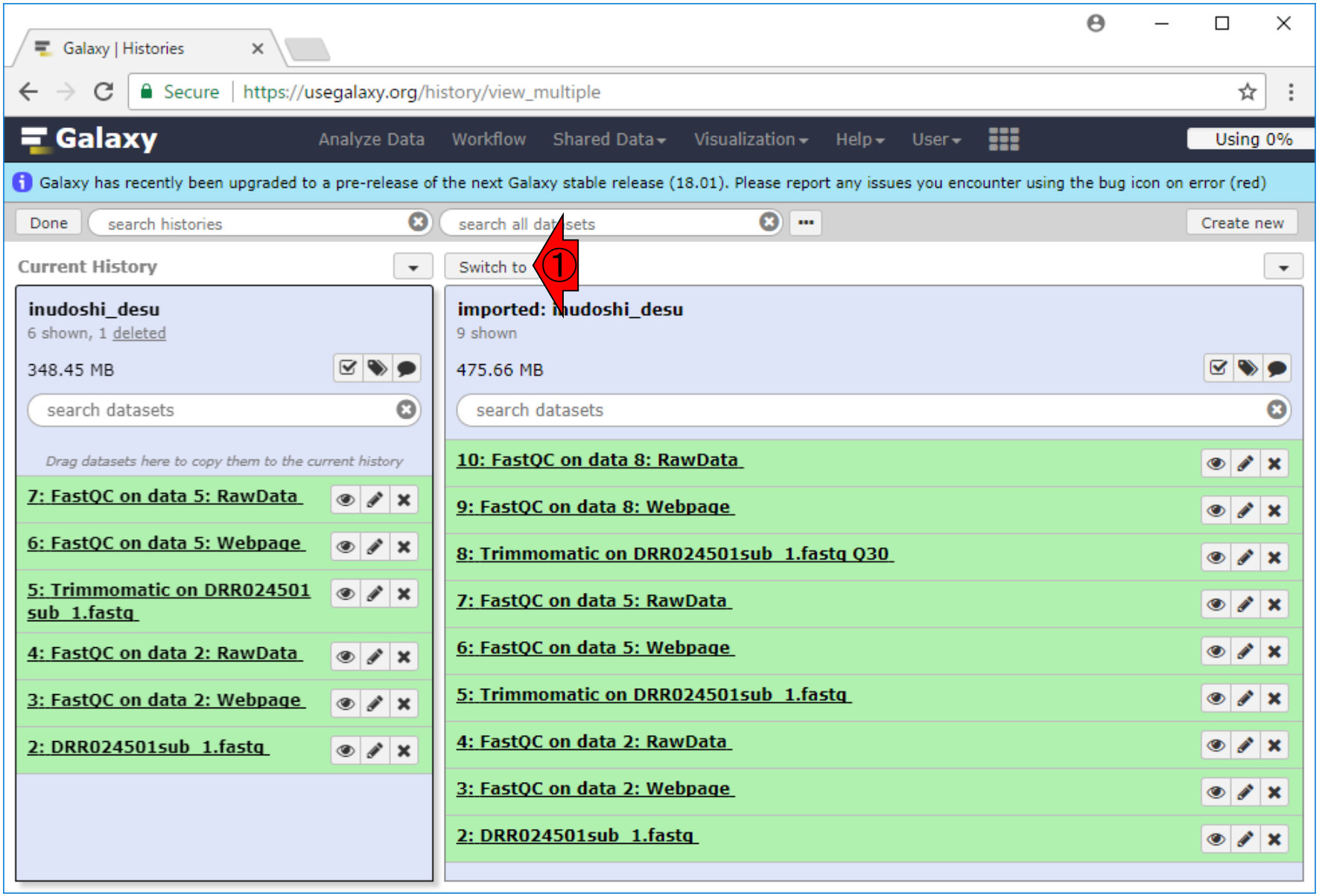
W12-3:ヒストリーの切替

①を押すと、ここで見えている左右のヒストリーが切り替わります



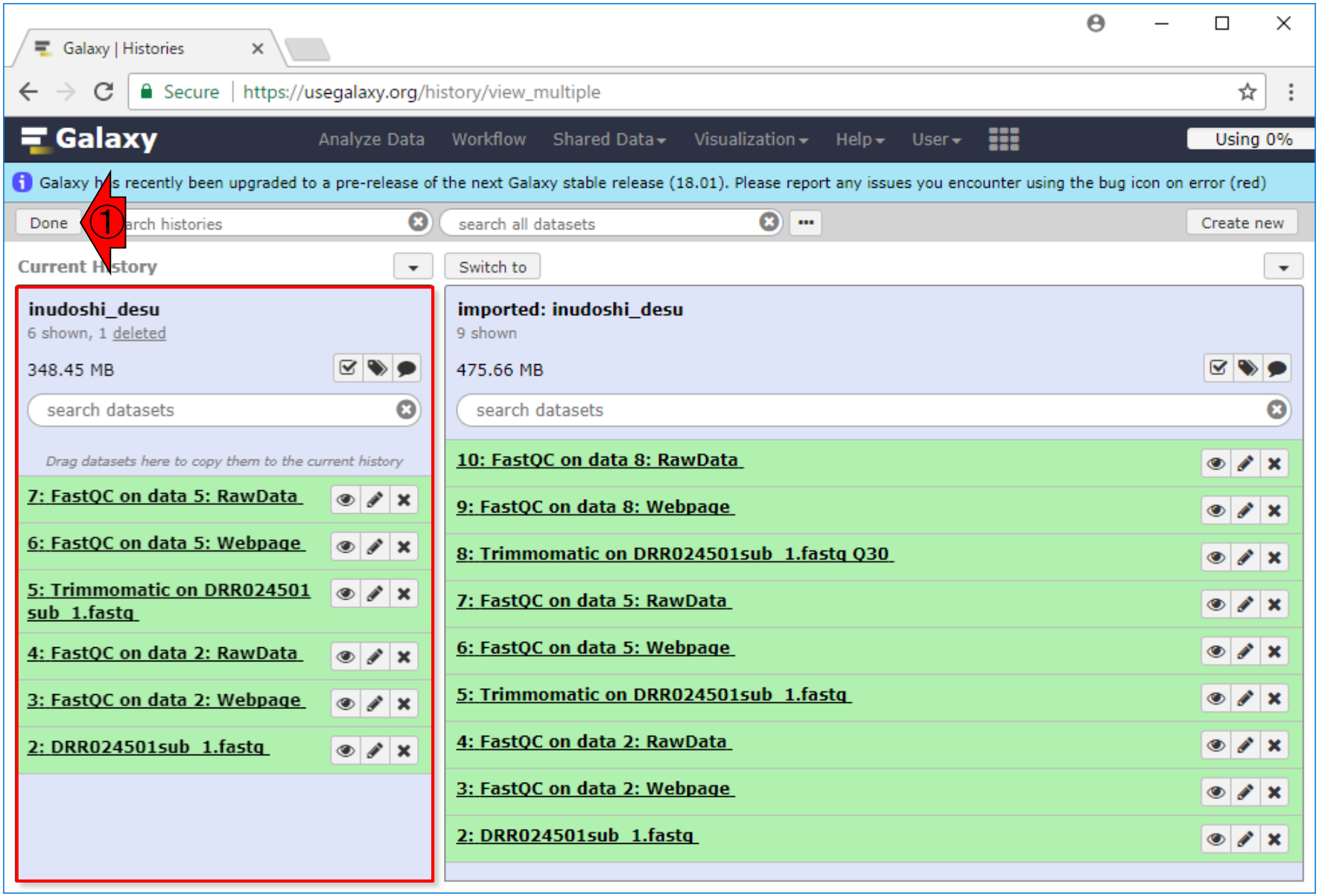
W12-3:ヒストリーの切替

切替後の状態。①もう1回押すとまた切り替わる(がやらない)



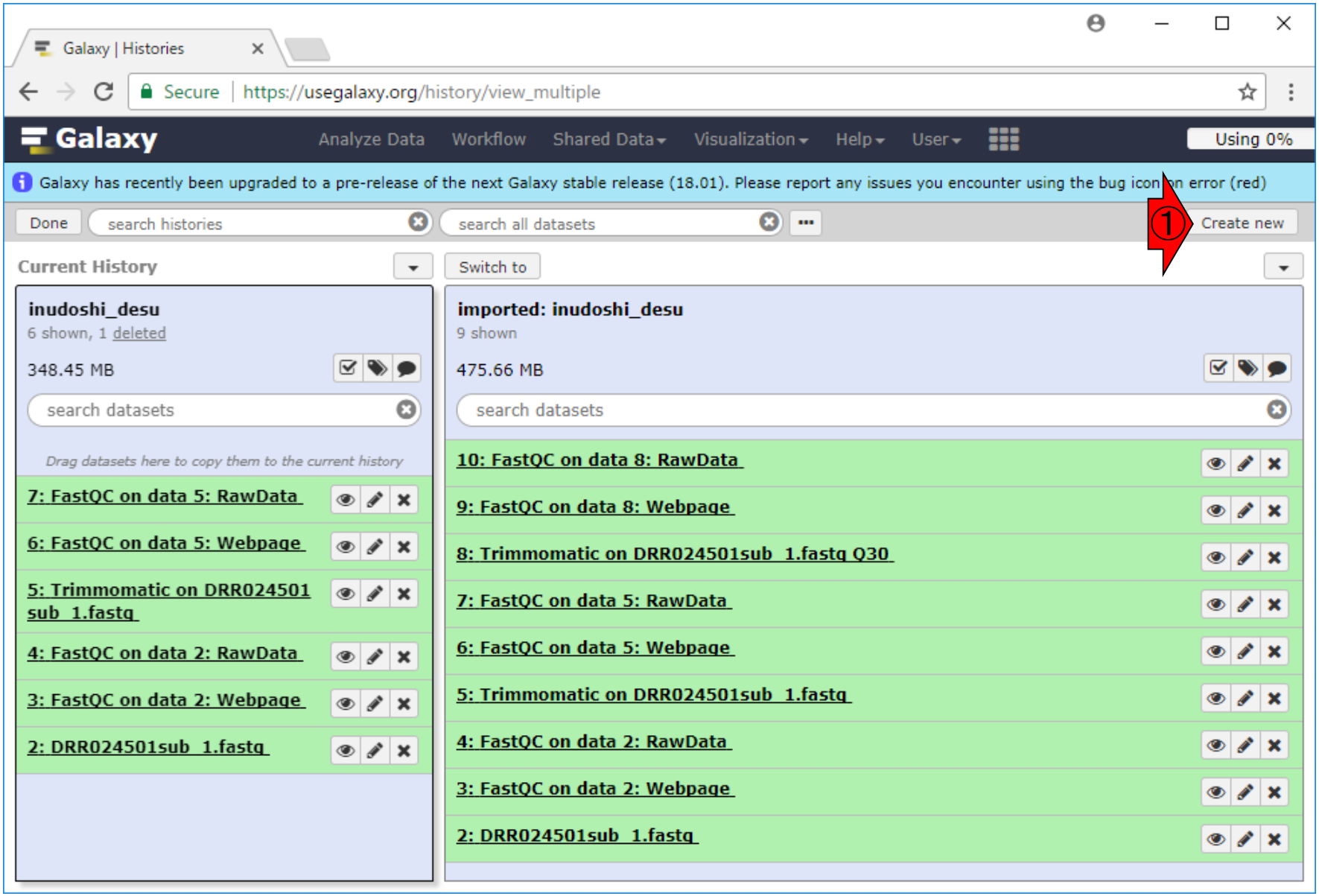
W12-4：ヒストリーの反映

①Doneを押せば、赤枠内のCurrent Historyが反映されます（がここではやらない）



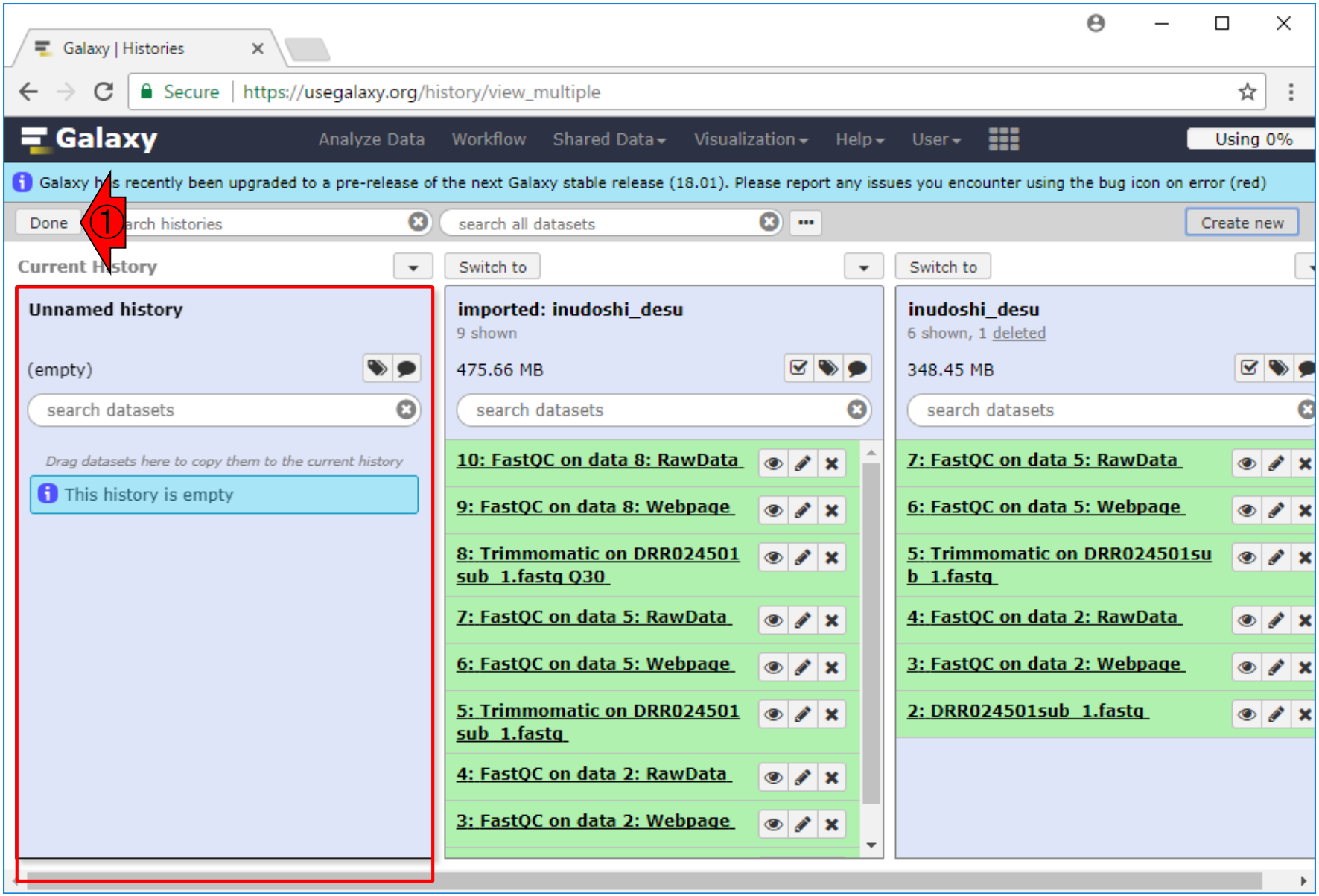
①Create newを押す

W12-5:ヒストリーの新規作成



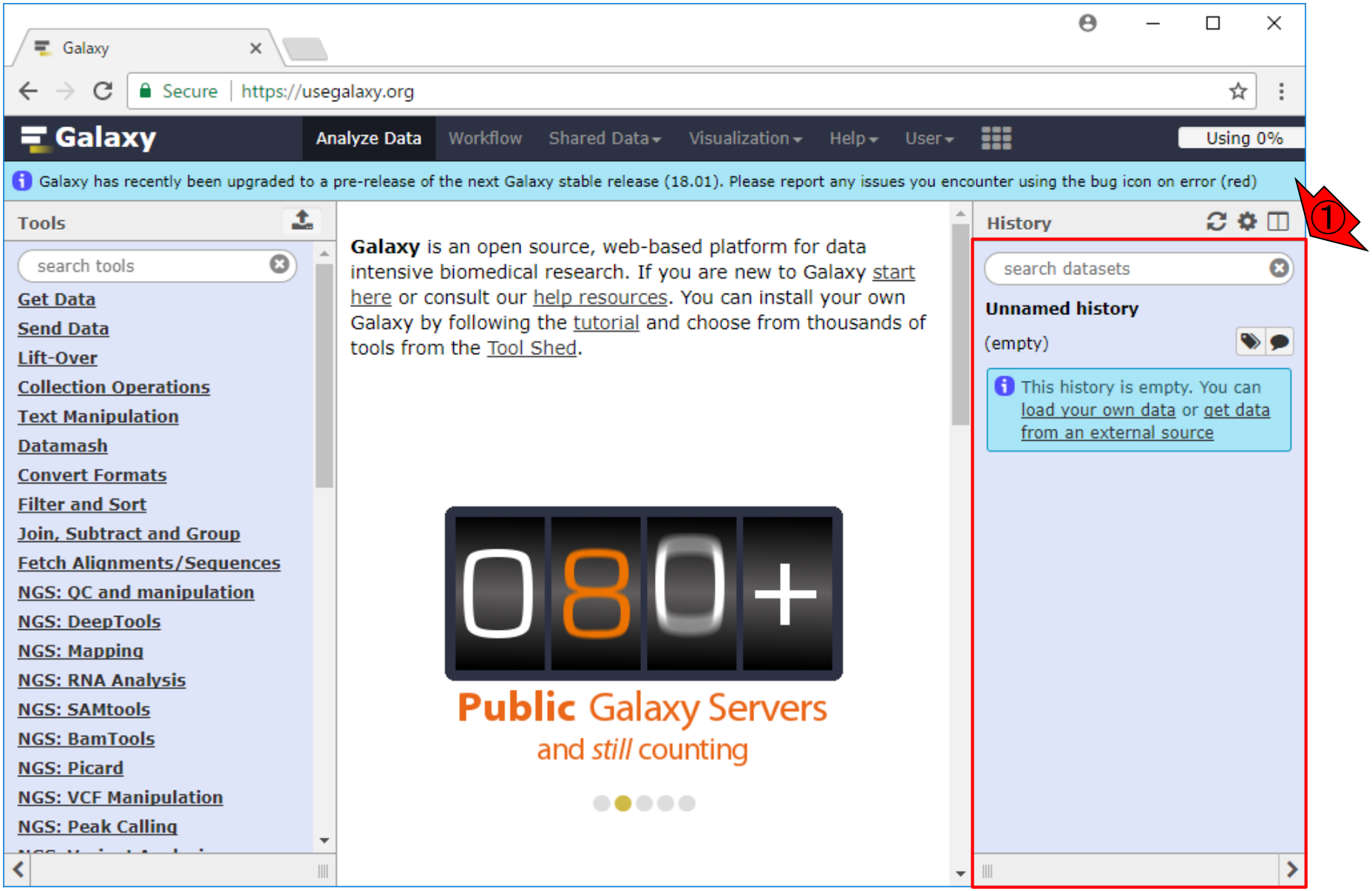
W12-5:ヒストリーの新規作成

赤枠のように新規のヒストリーを作成することができます。①Done



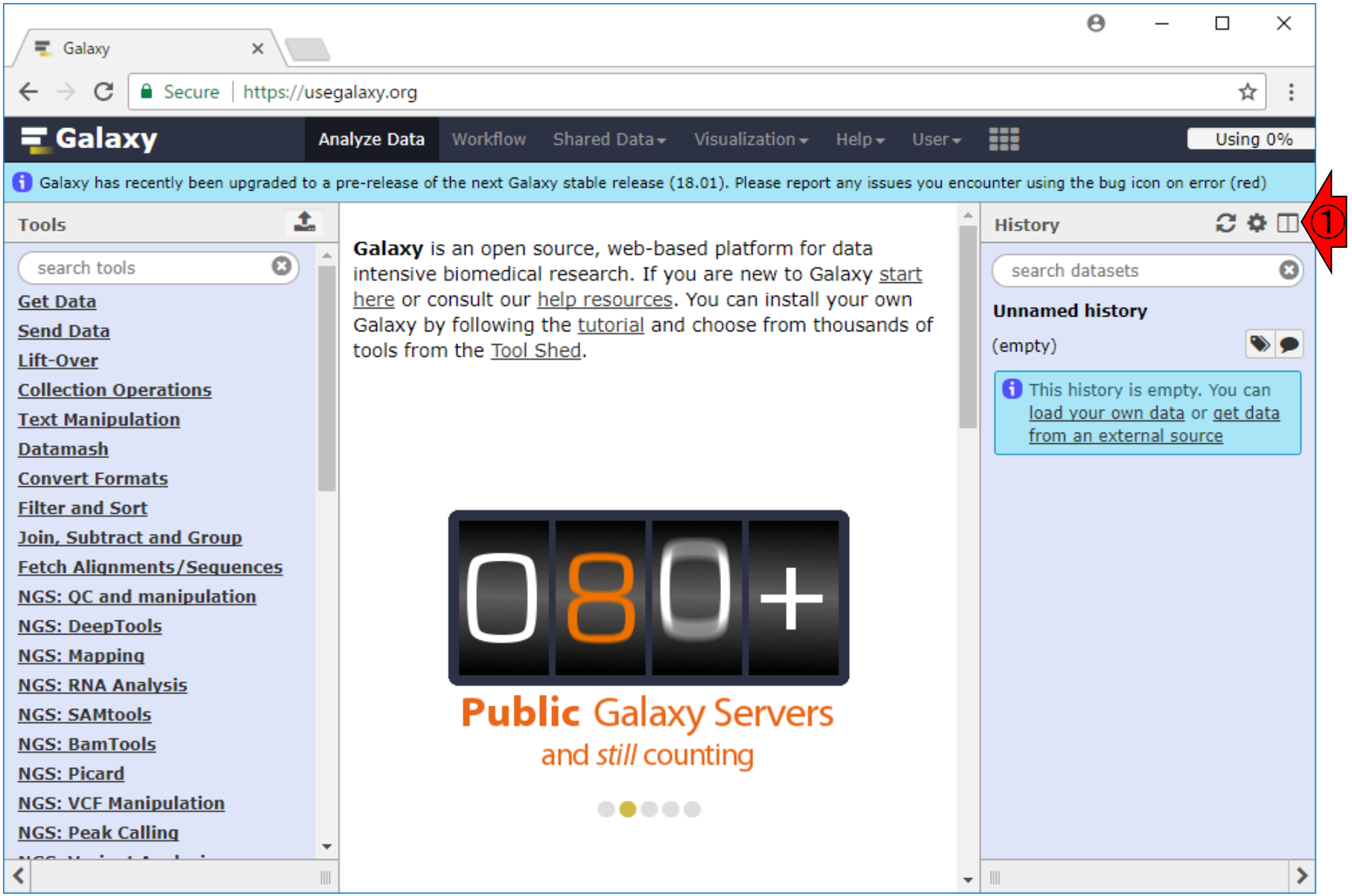
W12-6：反映完了

①こんな感じで、新たな解析を行っていくこともできます



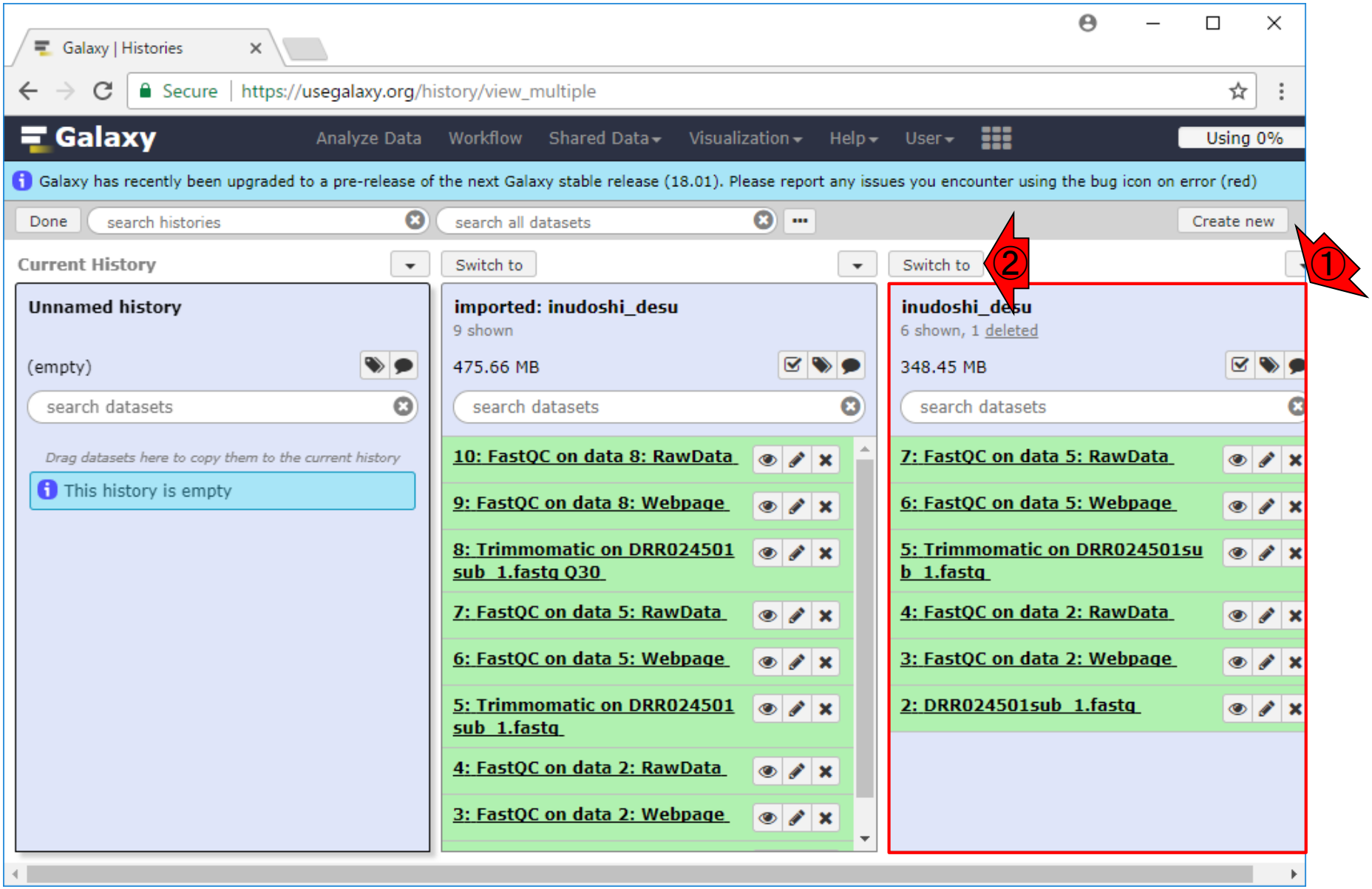
再度、①View all histories

W12-7：Histories



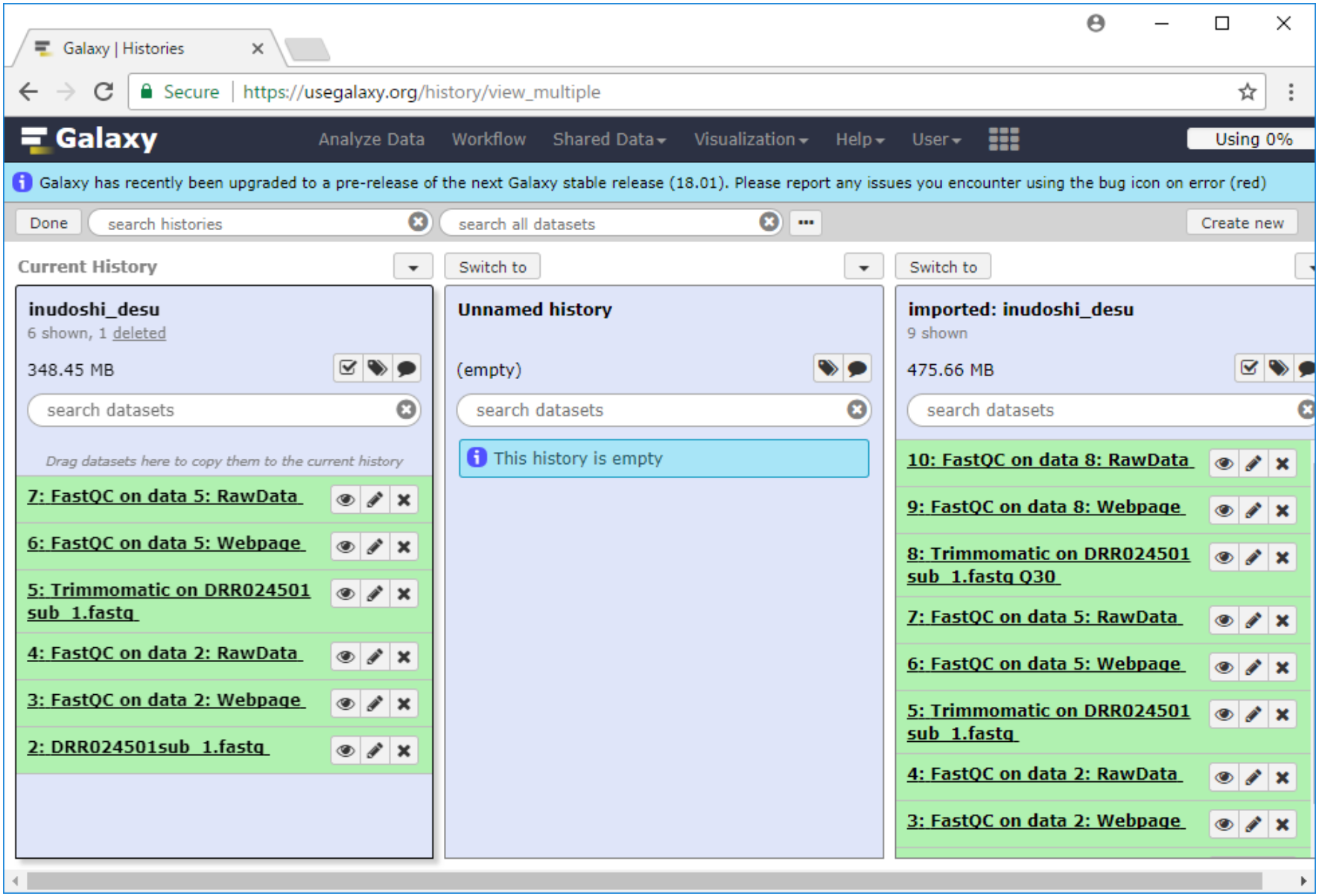
W12-7：Histories

①をカレントヒストリーに変更したい場合は、②Switch to



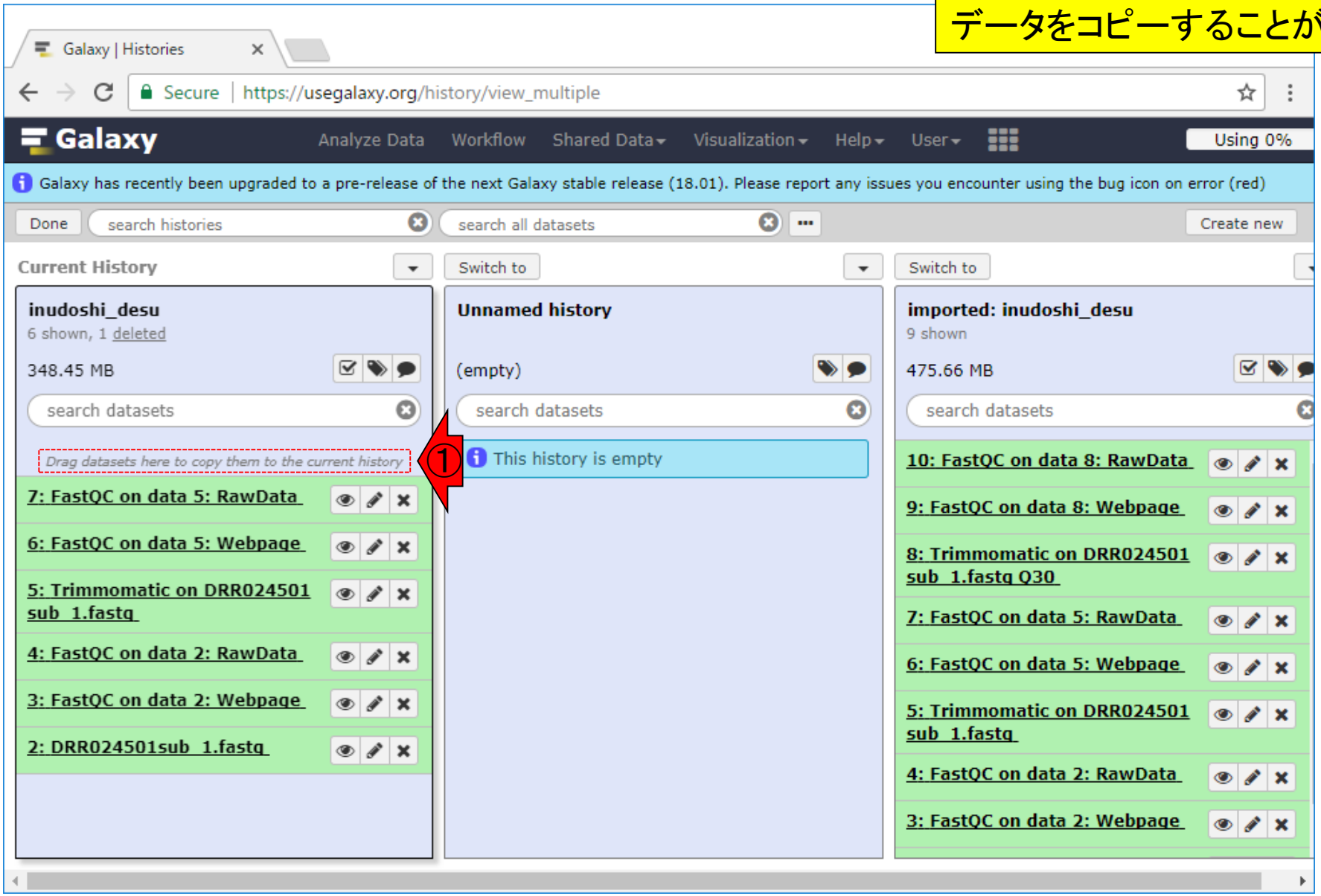
こんな感じになります

W12-7：Histories



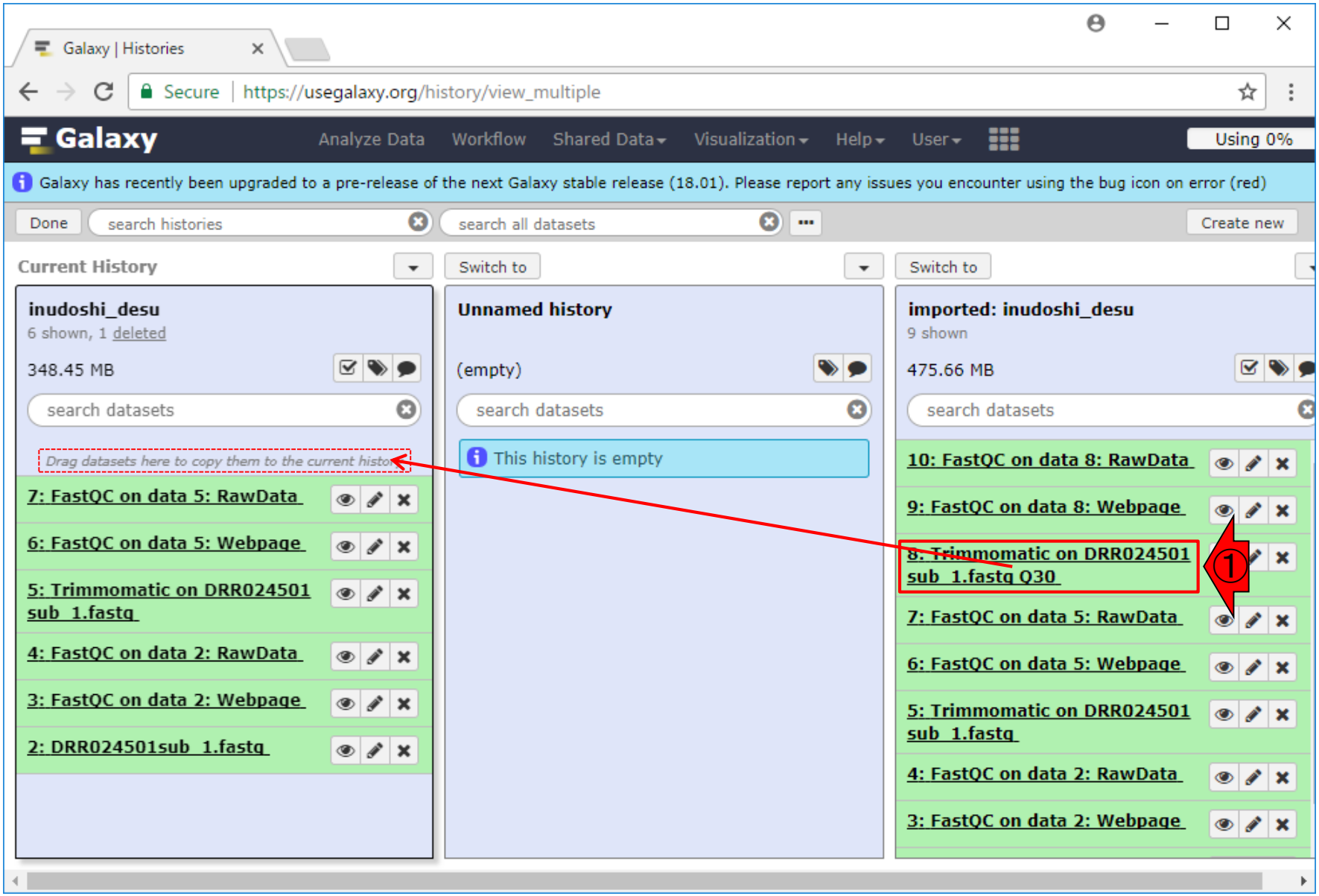
W13-1：データのコピー

ここに、①Drag datasets here to copy them to the current historyと書いてあります。この部分に他のヒストリー内のデータをコピーすることができます



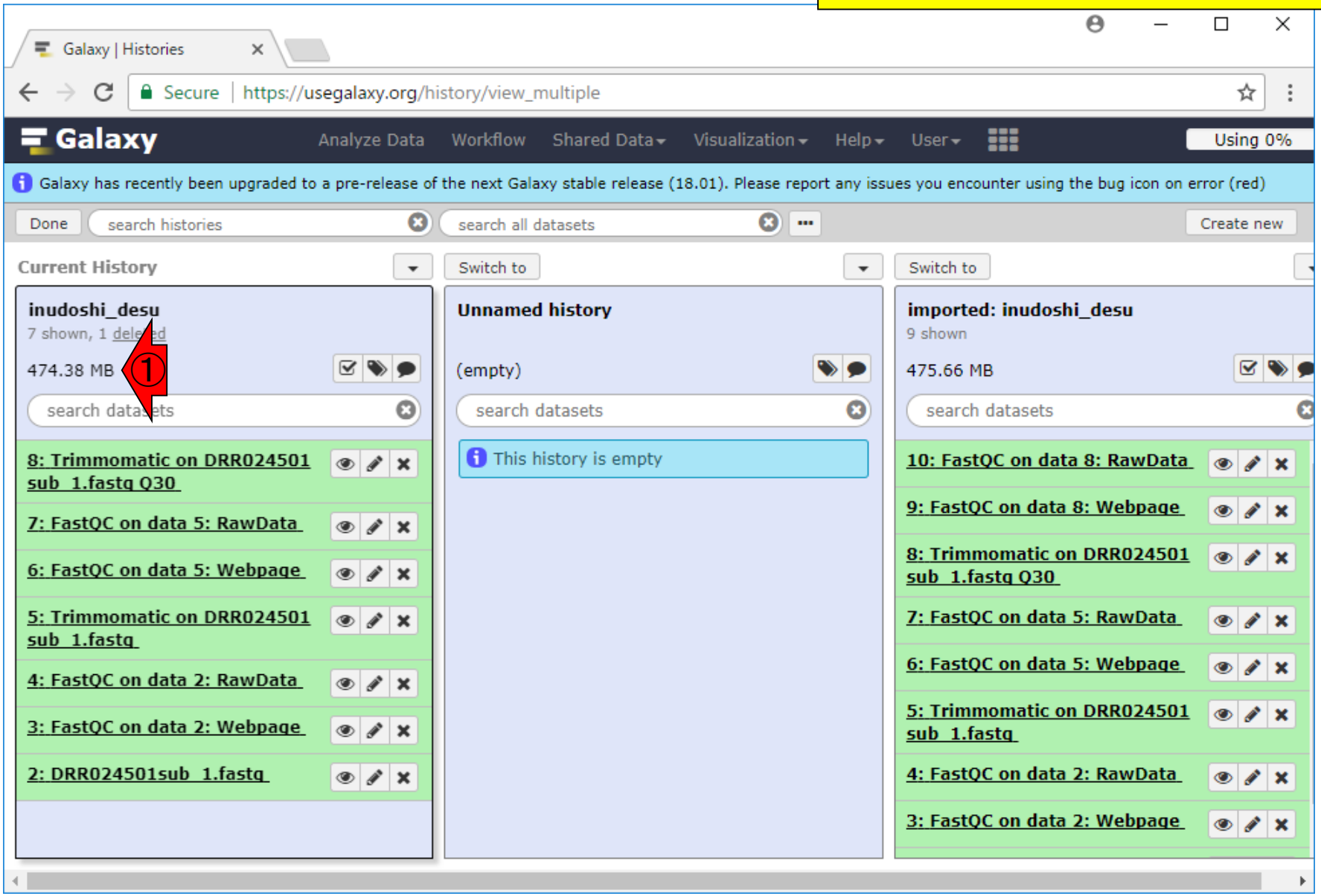
W13-2：コピー前

例えば、①Trimmomatic実行後のFASTQファイルを赤矢印のような感じでドラッグ&ドロップすると…



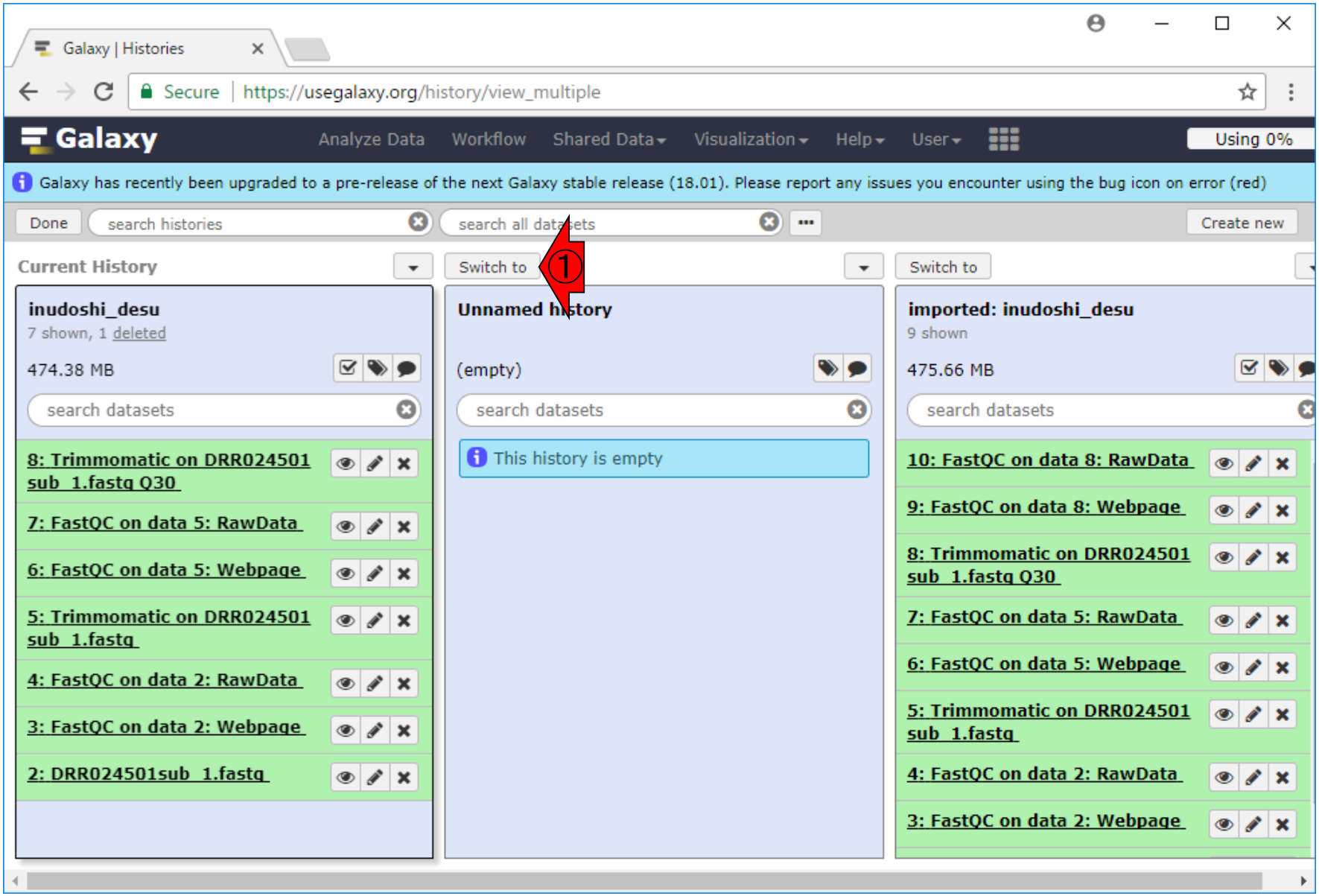
W13-3：コピー後

こんな感じでコピーすることができて、
Trimmomaticをやったことにすることができる。
①ファイルサイズも増加していることがわかる



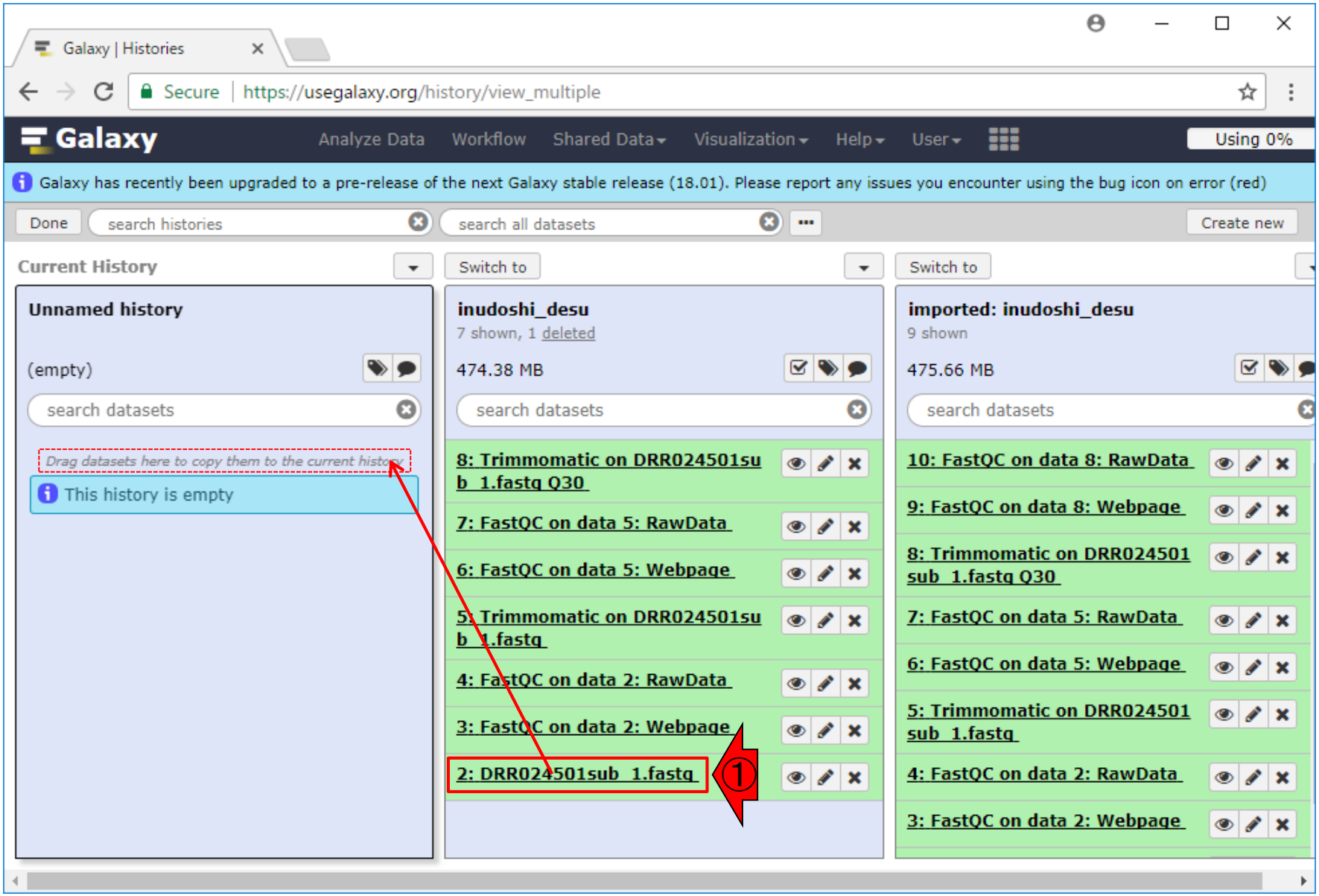
①新規ヒストリーをCurrent Historyに切替え

W13-4：新規ヒストリーに切替え



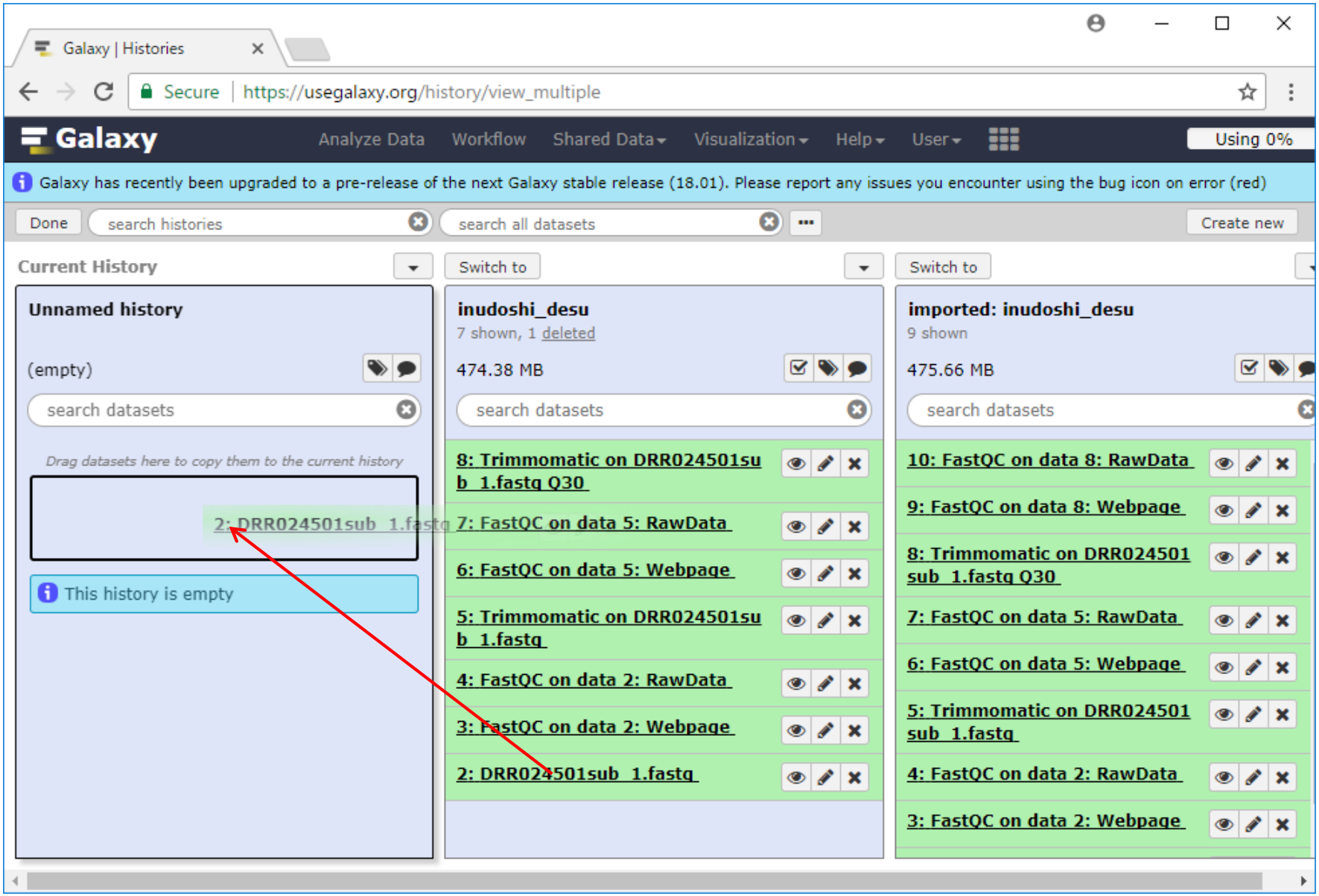
①Trimmomatic実行前のFASTQファイルをコピー

W13-5：コピー前



W13-6：コピー中

ドラッグ&ドロップ中は、
こんな感じになるはず

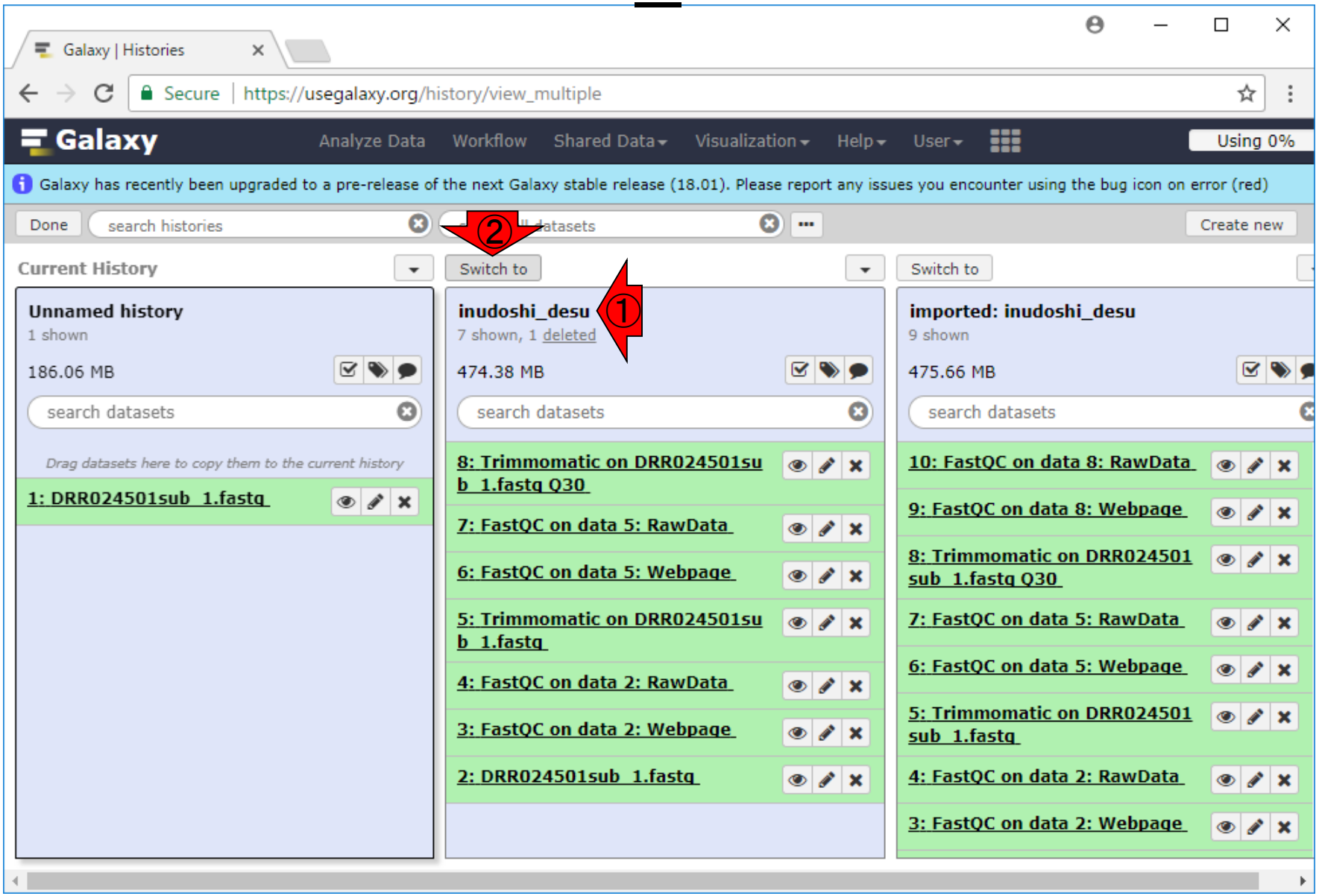


W13-7：コピー後

こんな感じになります。こうすることで、ファイルのアップロード作業を省略することができる。①Doneを押せば、②を入力として解析を始められる（がここではまだ①Doneしない）

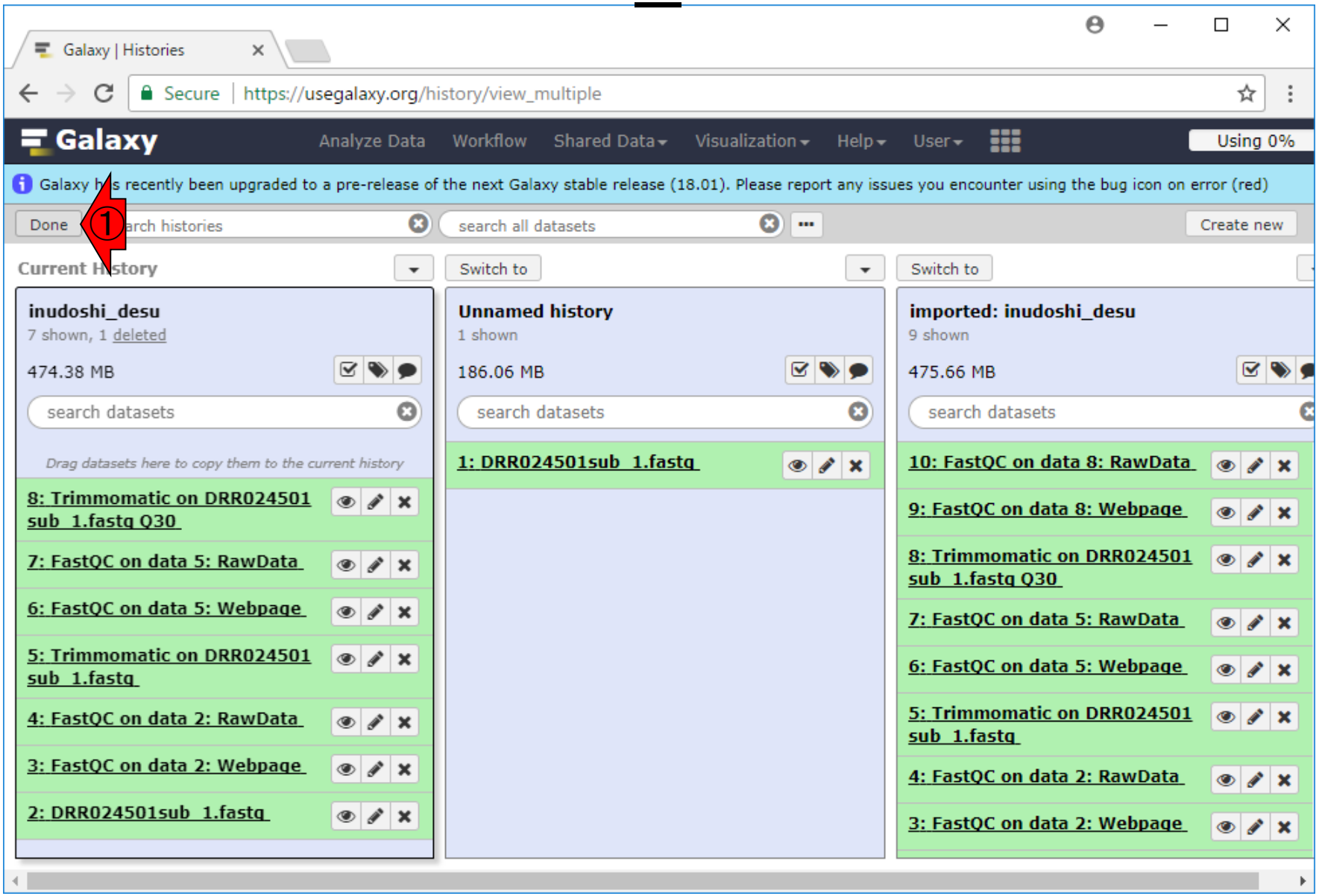
W14-1：inudoshi_desu

①ヒストリーinudoshi_desu
を利用すべく、②Switch to



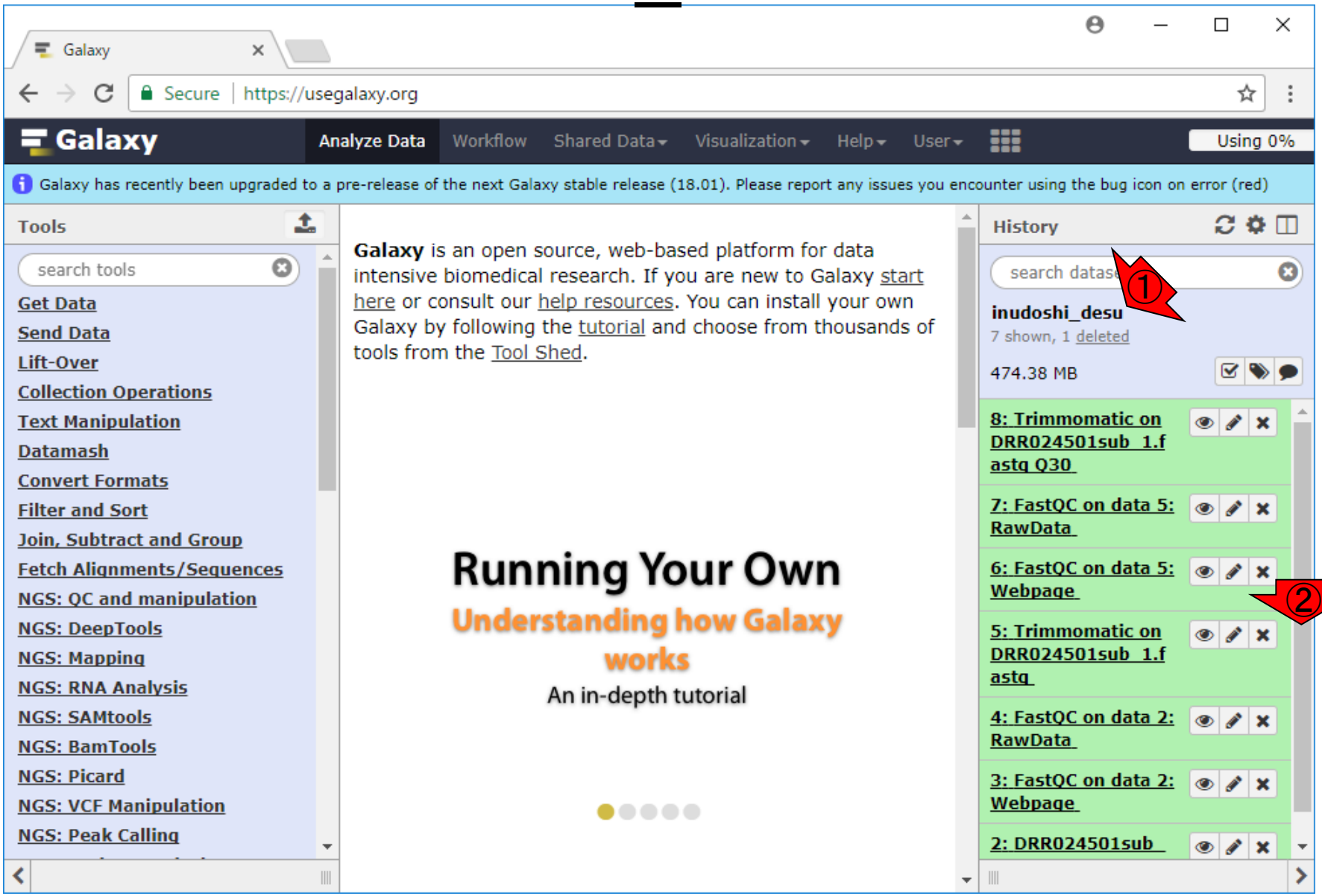
①Done

W14-1：inudoshi_desu



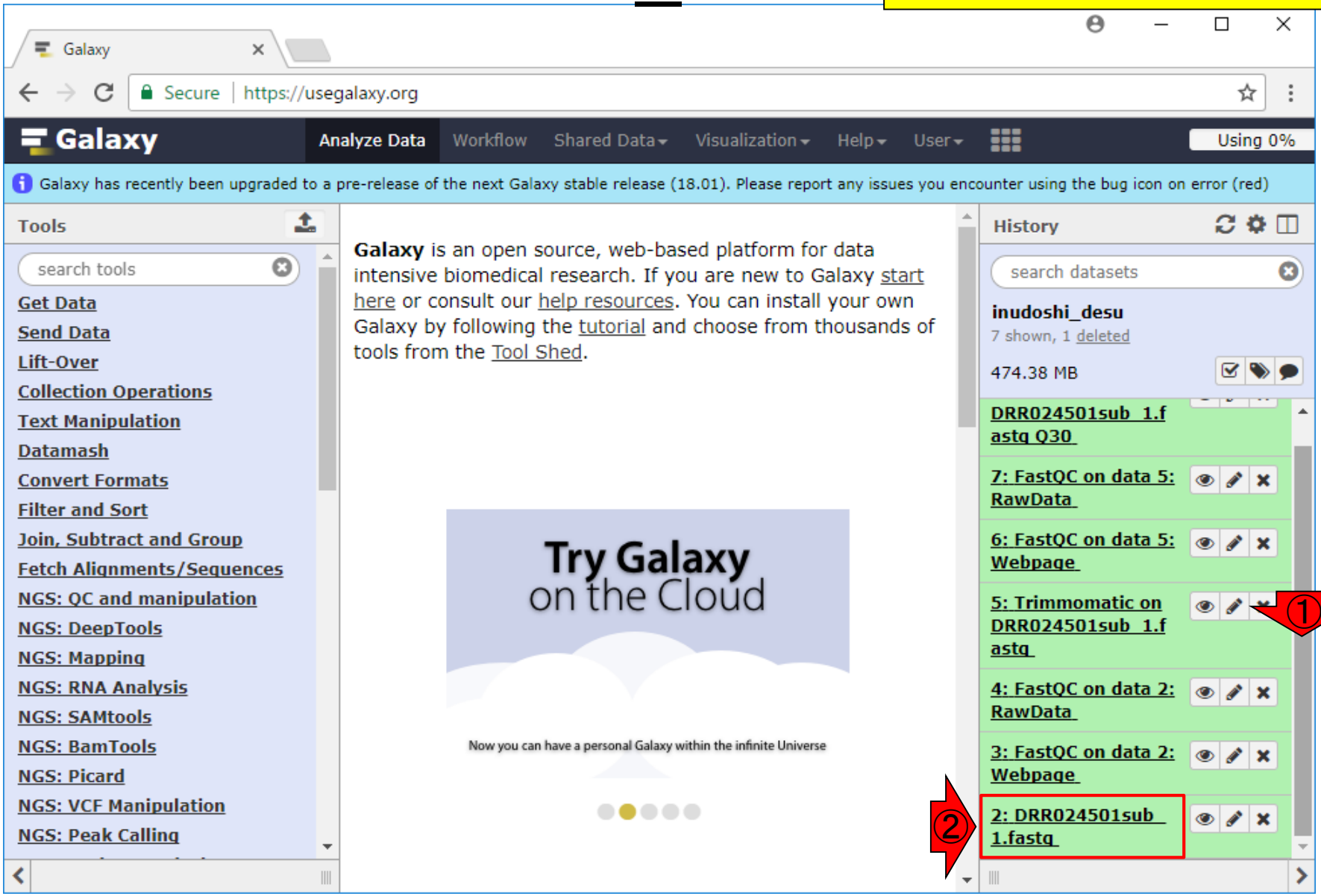
W14-2：inudoshi_desu

①無事inudoshi_desuが現在のHistoryに表示されています。②下にスクロール



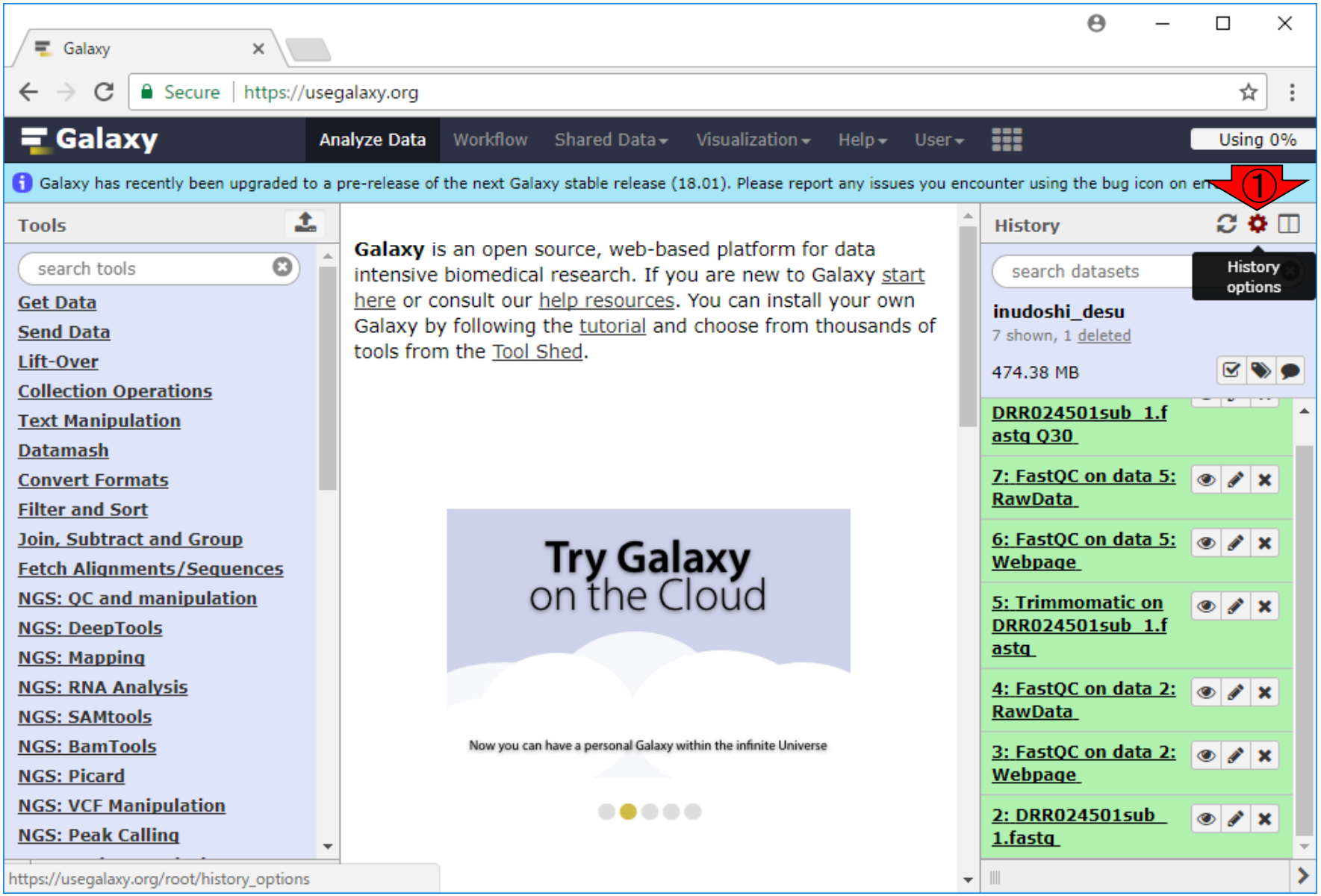
W14-2：inudoshi_desu

①下にスクロール後。②これがIllumina MiSeqを用いて得られた30万リードからなるpaired-endデータのforward側ファイル



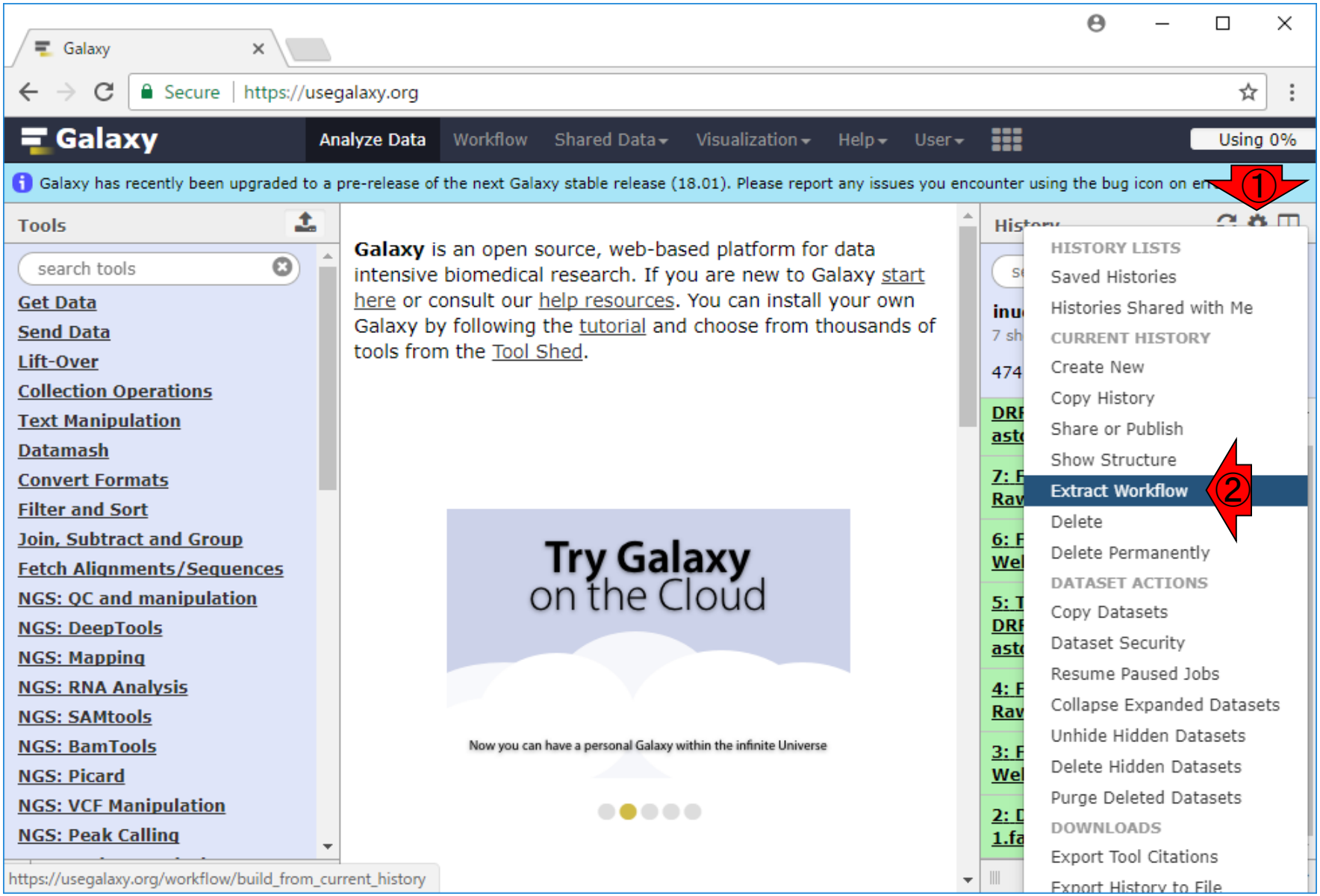
①History options

W14-3：ワークフローを抽出



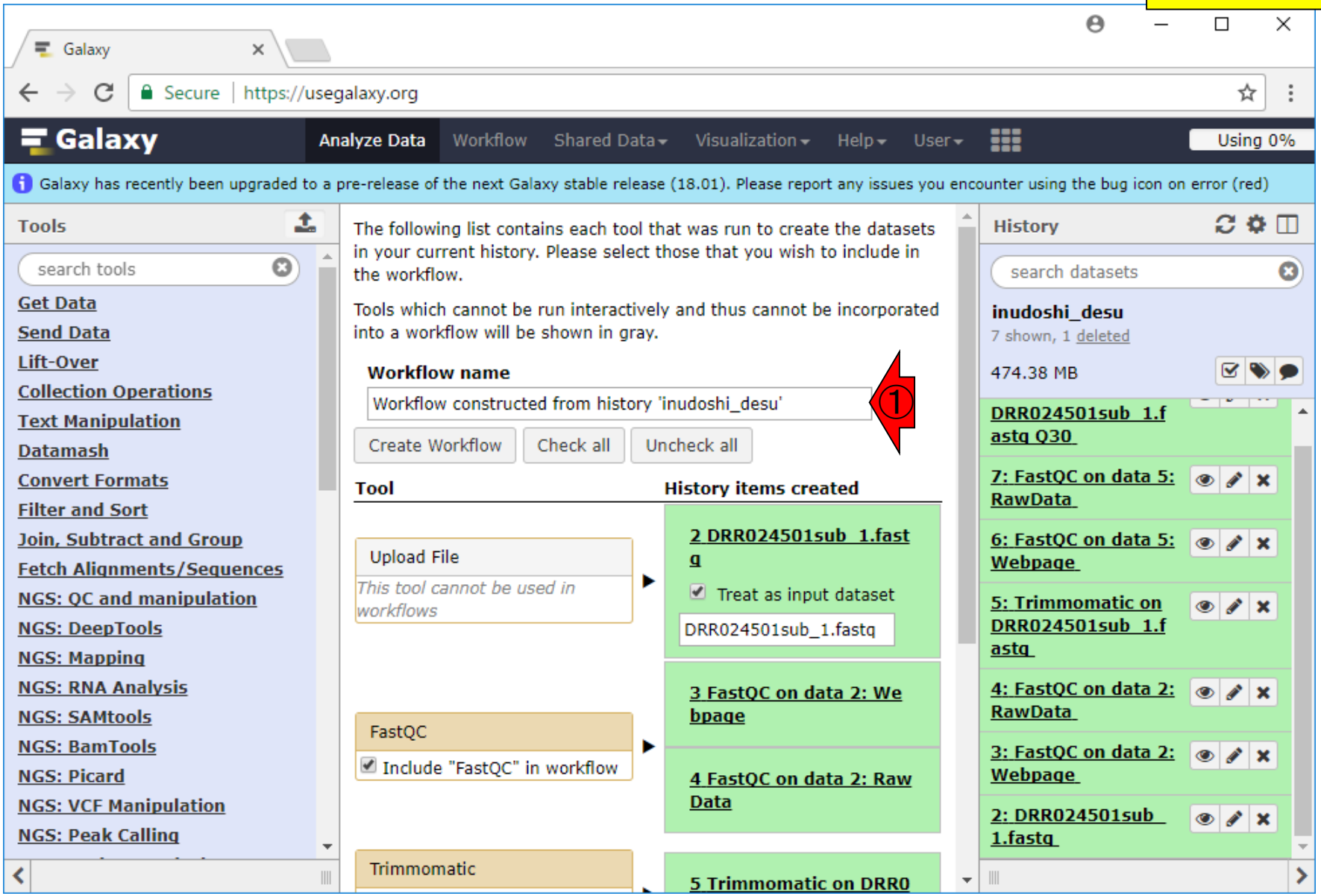
W14-3：ワークフローを抽出

①History options、②Extract Workflow（ワークフローを抽出）



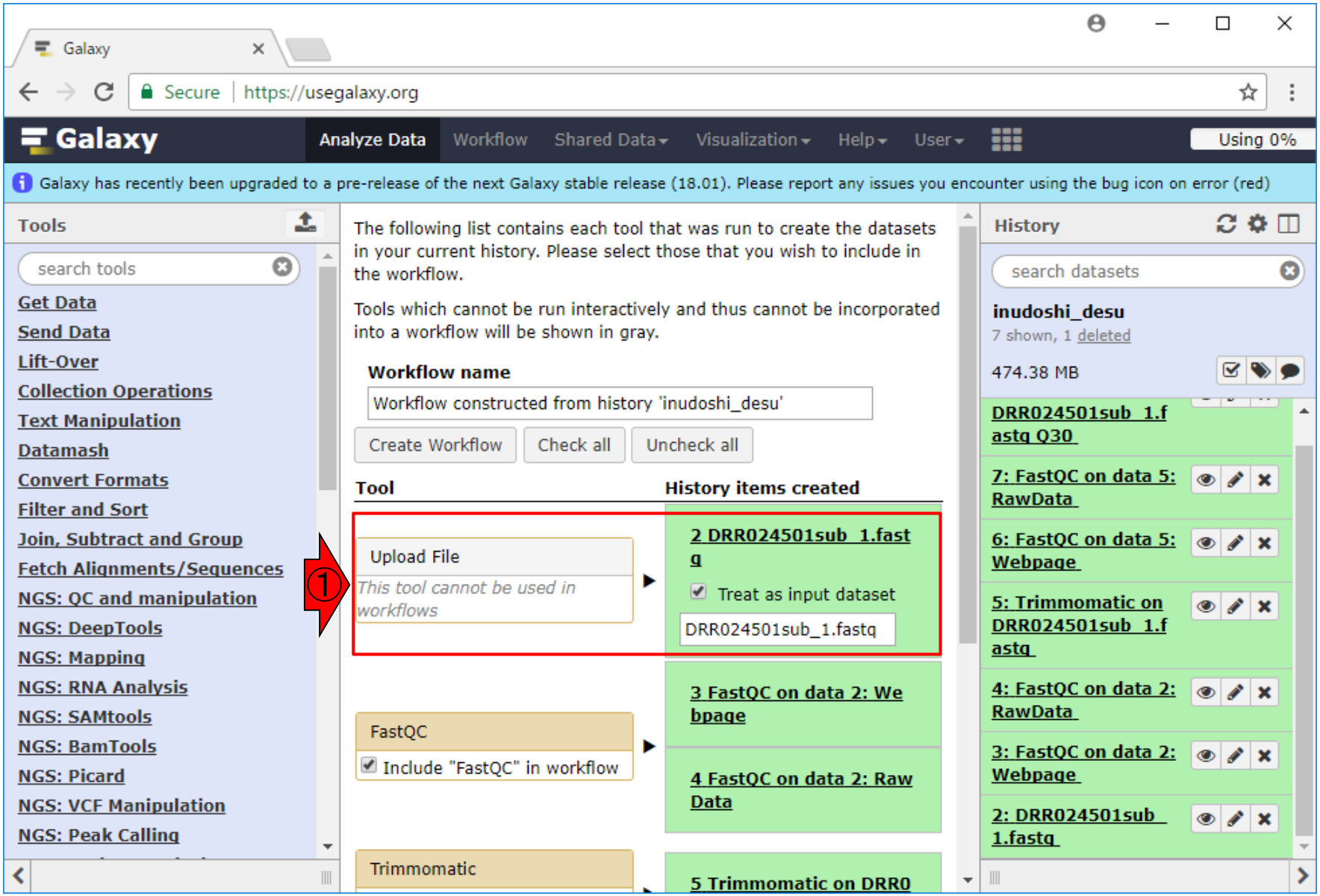
W14-4：ワークフローを編集1

こんな画面になります。
①でワークフロー名を任意に変更できます



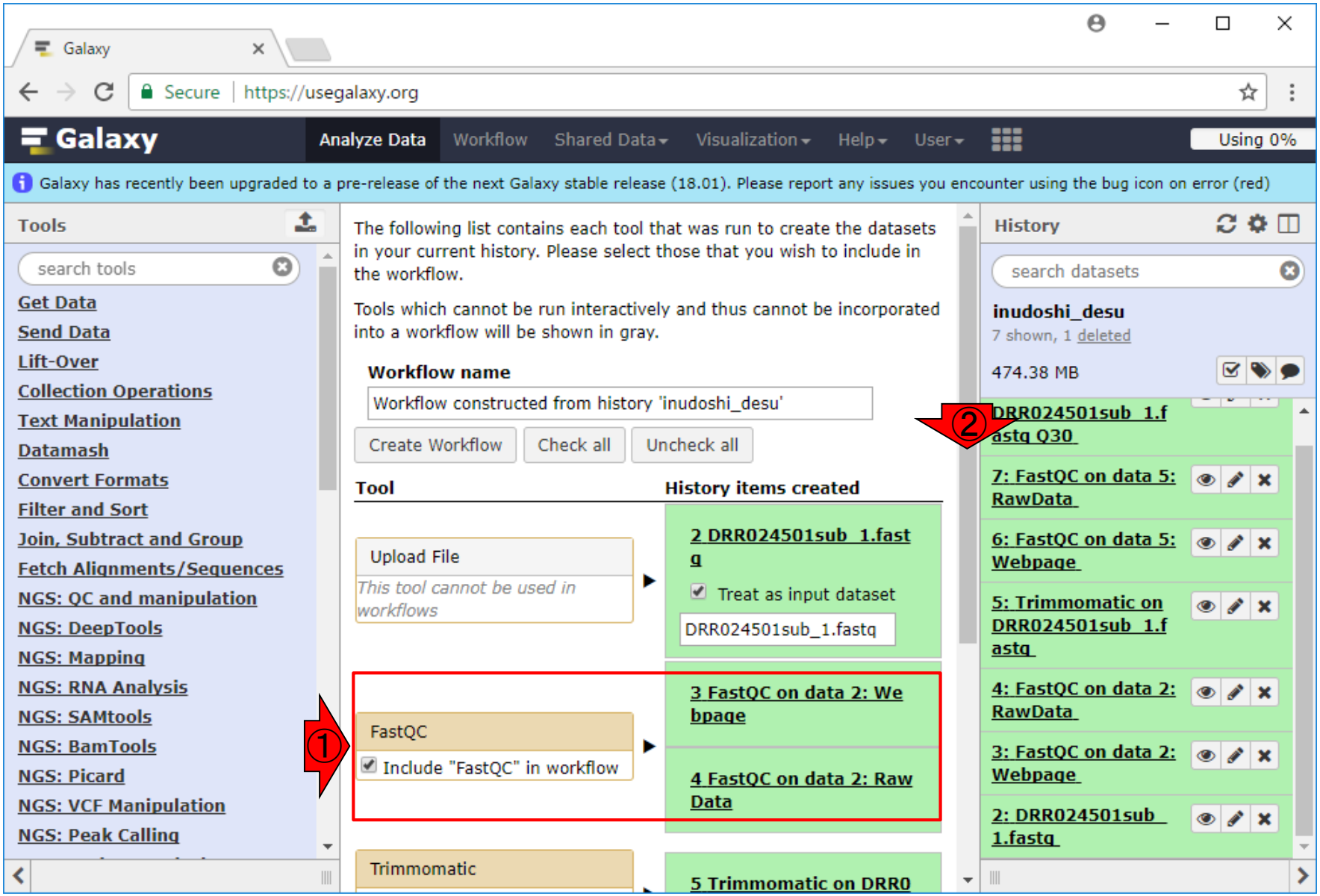
W14-5：ワークフローを編集2

①ここが入力データ部分。とりあえずそのまま



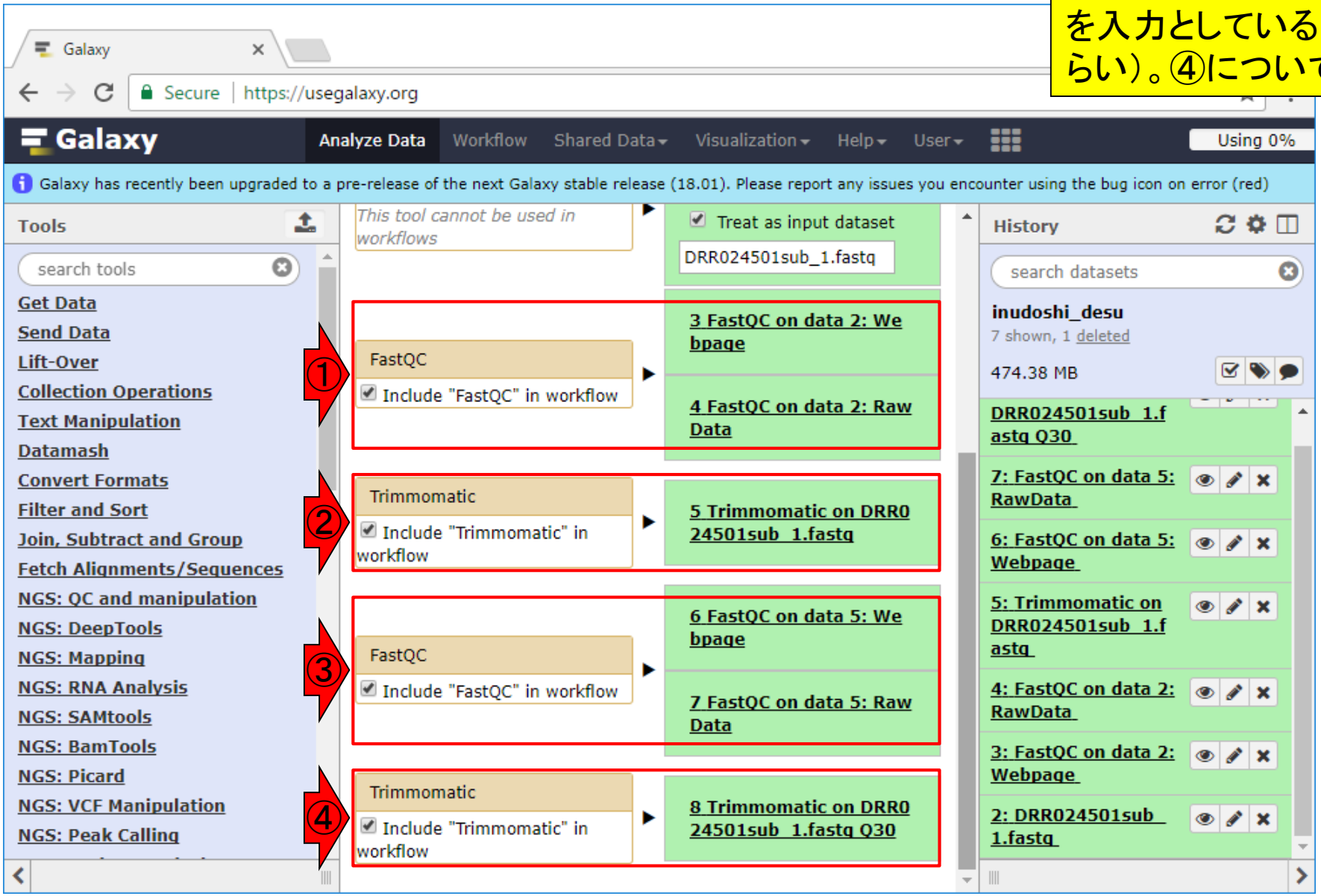
W14-6：ワークフローを編集3

①FastQC実行部分
。②下にスクロール



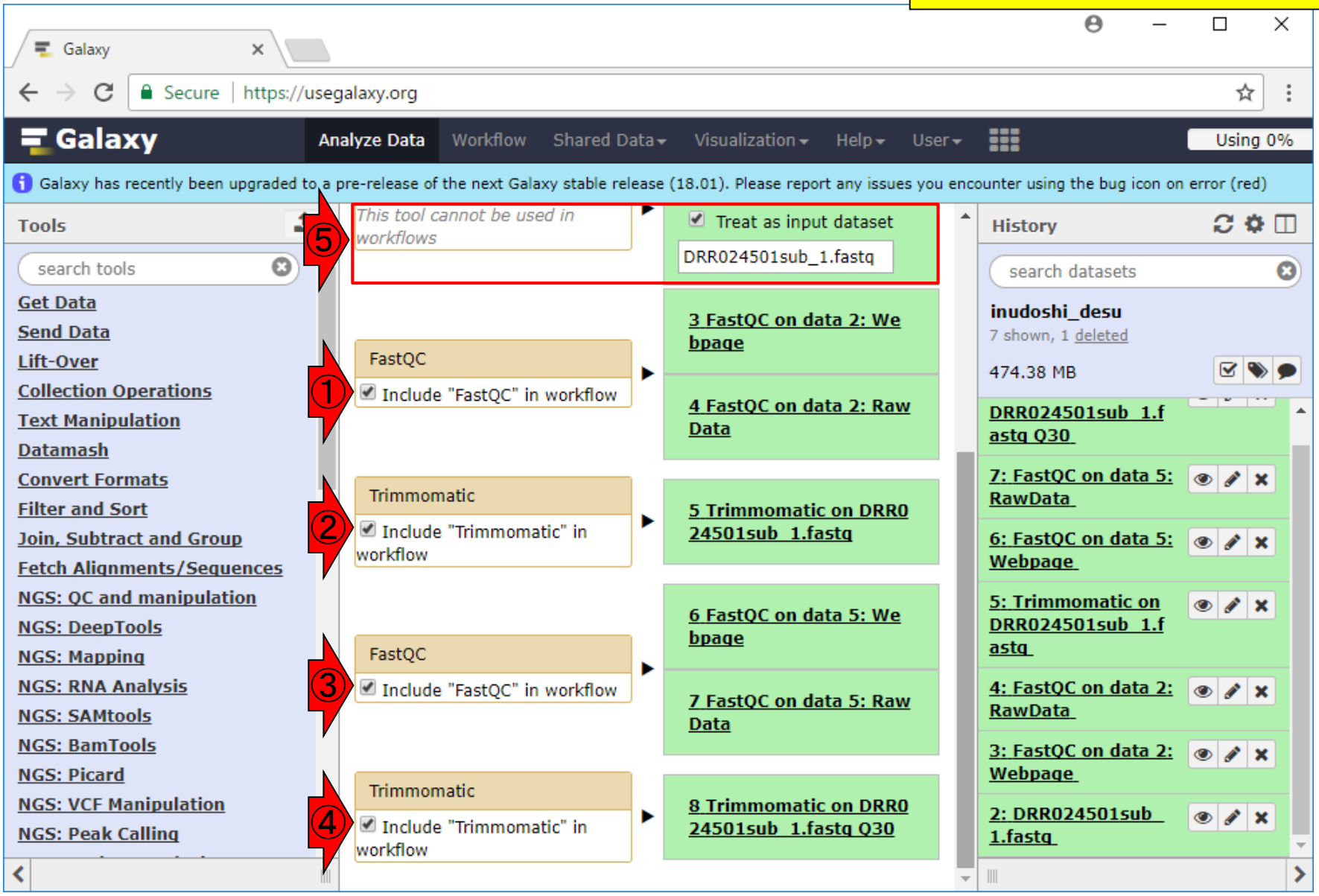
W14-7：ワークフローを編集4

一番下までスクロールした状態。①と②と④が同じ入力データ。③のみが②の実行結果を入力としている（ただのおさらい）。④についてはW8を参照



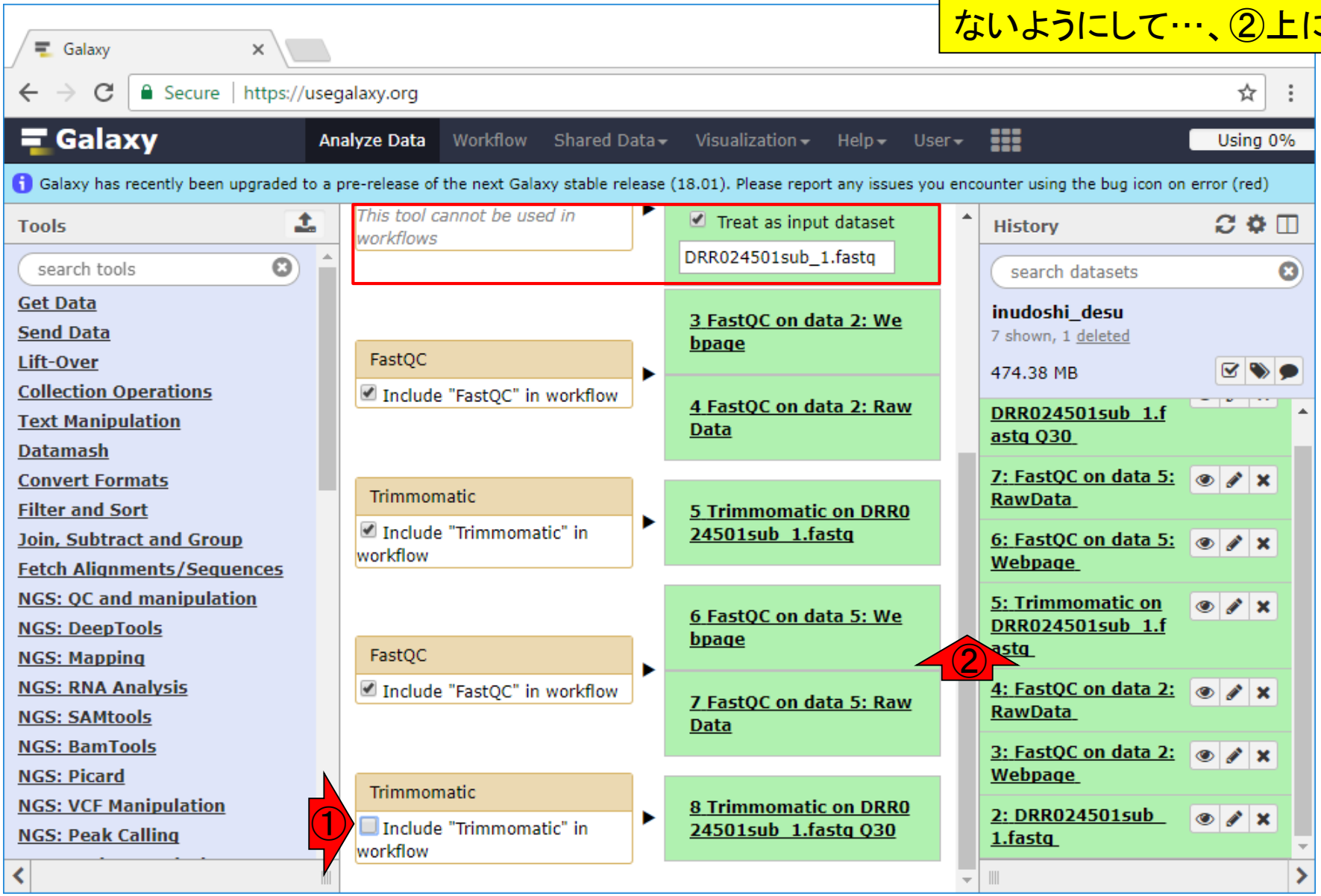
W14-8：自由に選択可能

①～④は、デフォルトでチェックが入っている。ワークフローは解析手順なので、⑤入力ファイルが含まれないのは当然



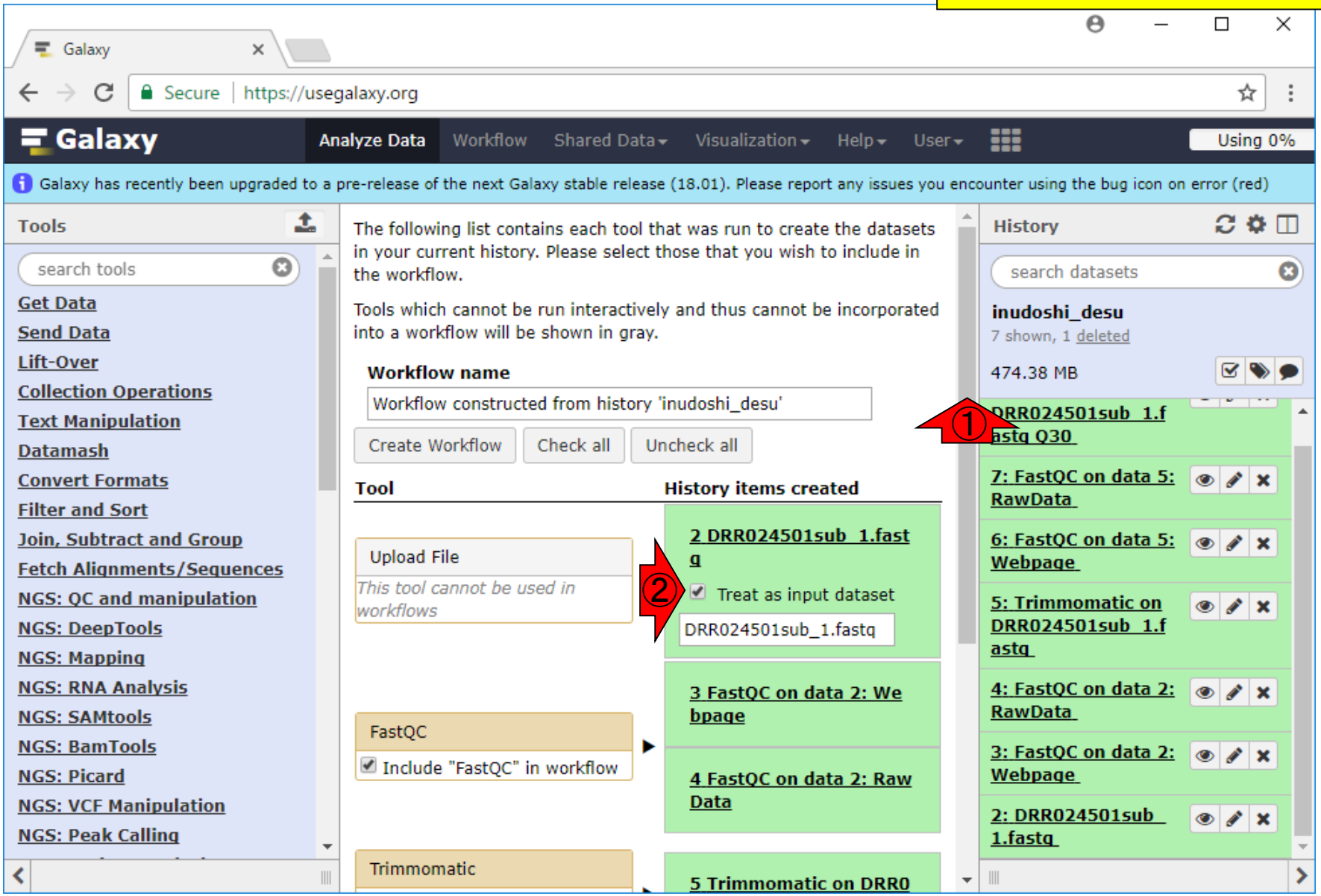
W14-8：自由に選択可能

とりあえずここでは、①4ステップ目の平均クオリティスコアの閾値を30にしてTrimmomaticを実行する箇所を含めないようにして…、②上にスクロール



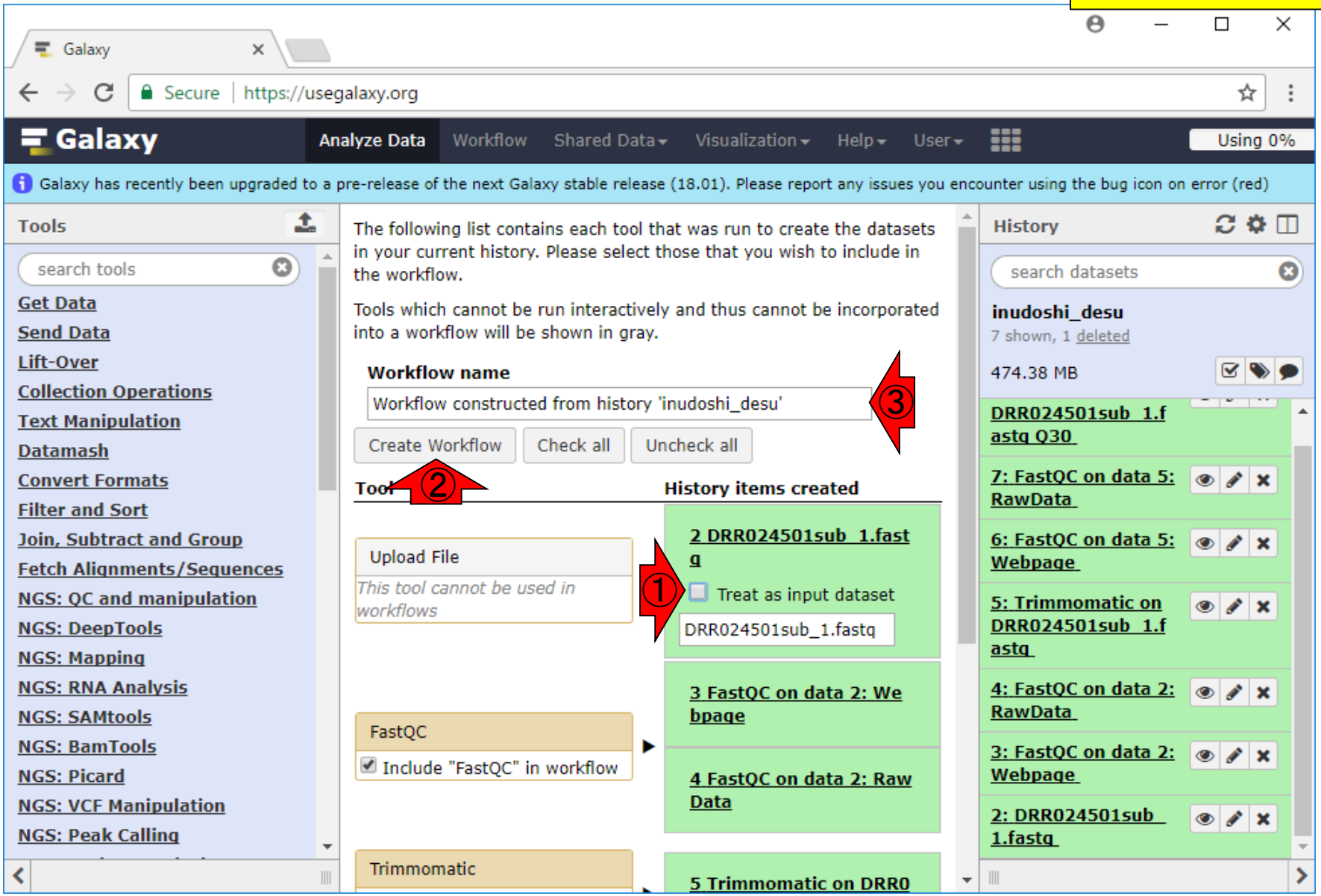
W14-8：自由に選択可能

①上にスクロール後。②入力ファイルを変更するので、ここのチェックも外す（チェックの有無は大勢に影響しない）



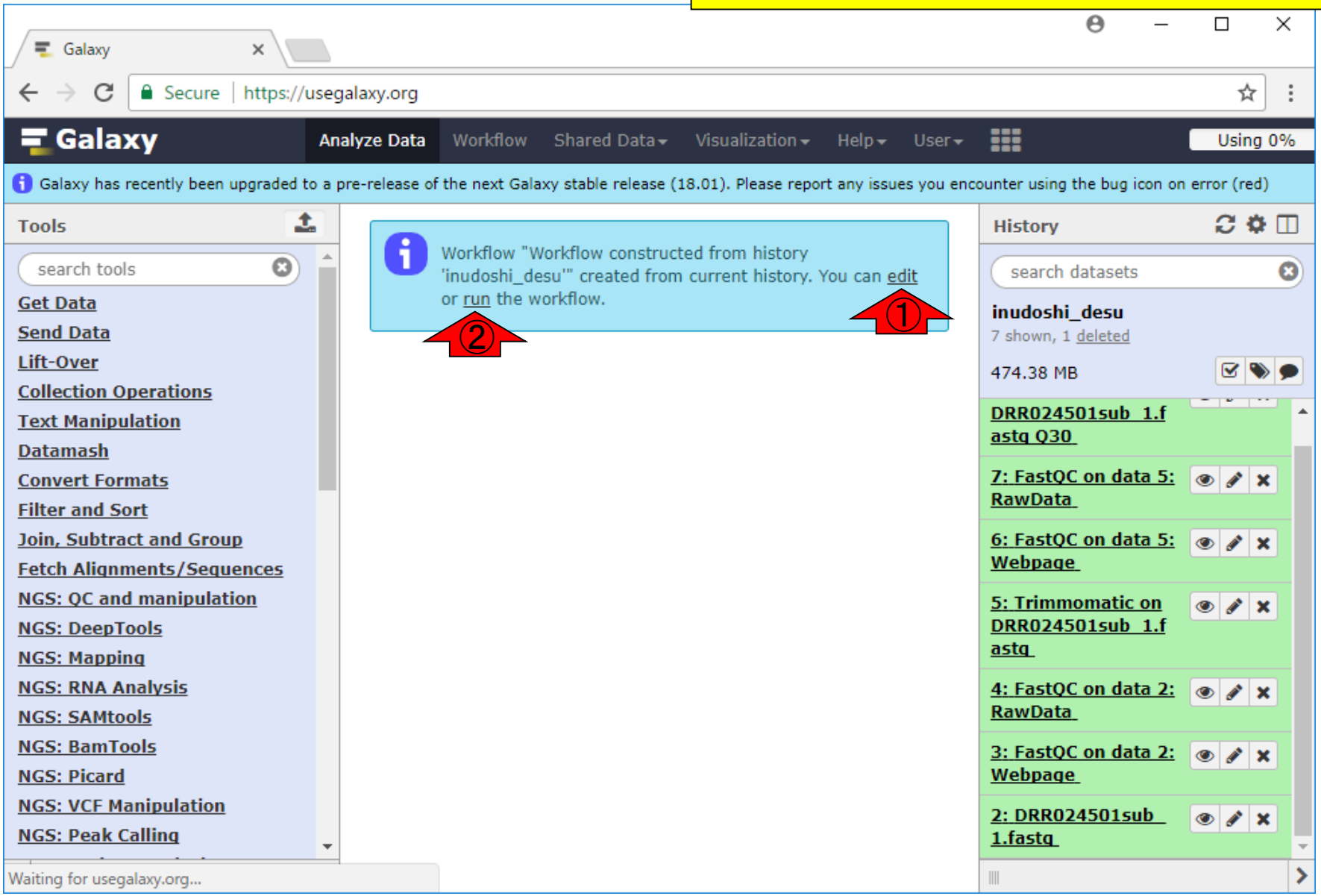
W14-9：ワークフローの作成

①チェックを外して、②Create Workflowすると、③の名前のワークフローができる



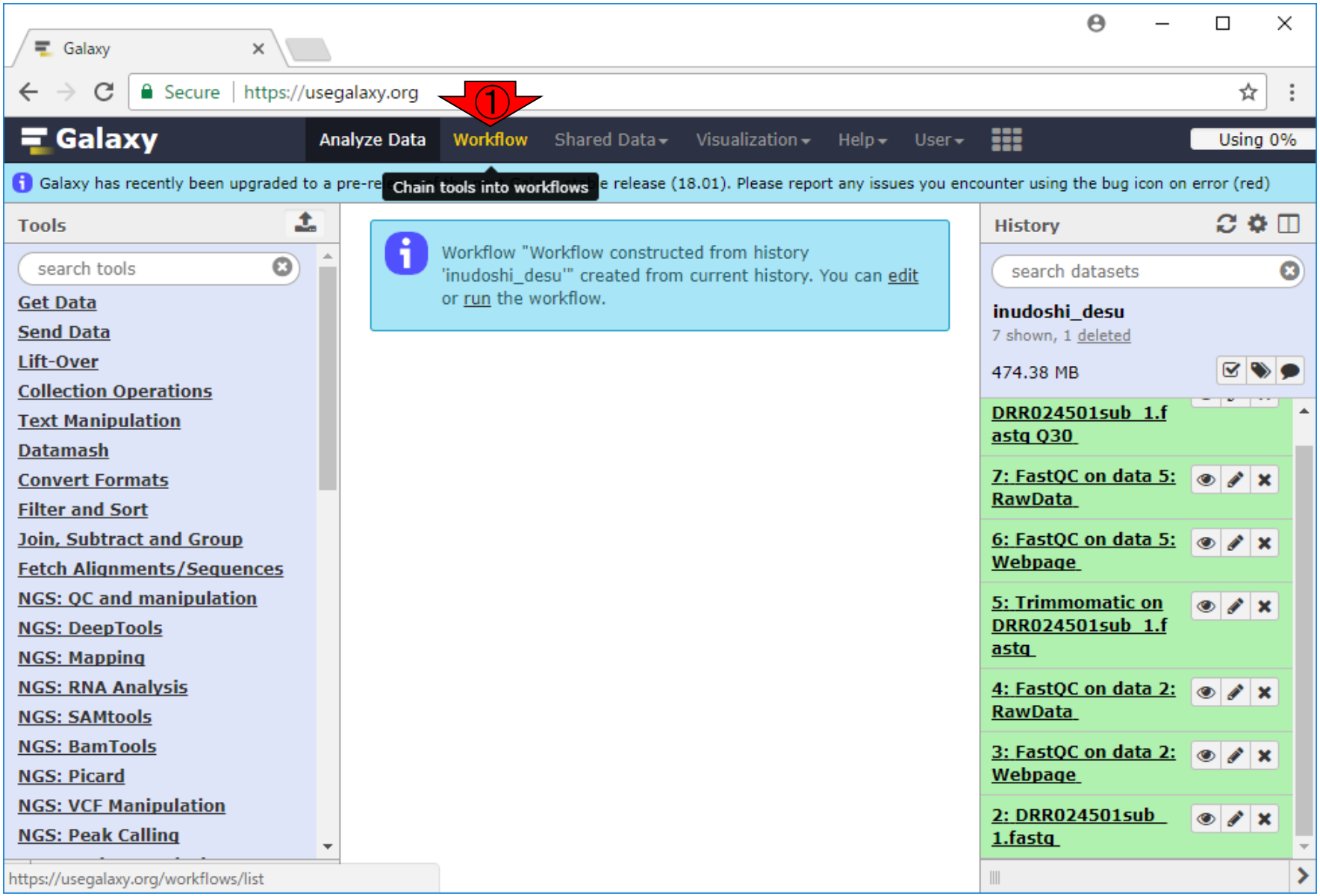
W14-10：作成完了

こんな感じになります。中央パネルに、「現在のヒストリーをベースとしてワークフローを作成した。①編集したり②実行できる。」と書いてあることがわかる。見るだけ



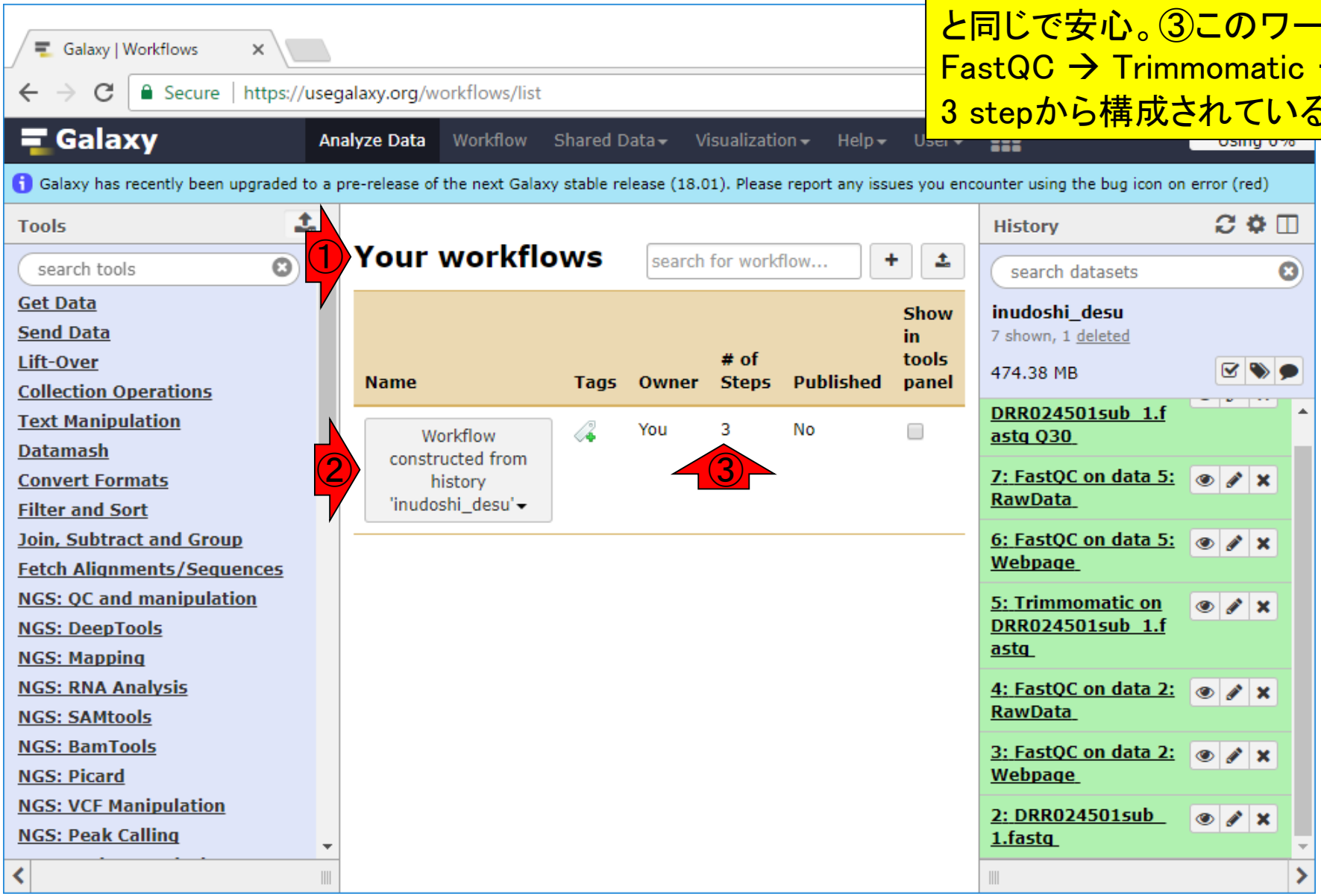
W15-1：ワークフロー概観

①Workflowでは、自分が作成したワークフローを眺めることができる。①をクリック



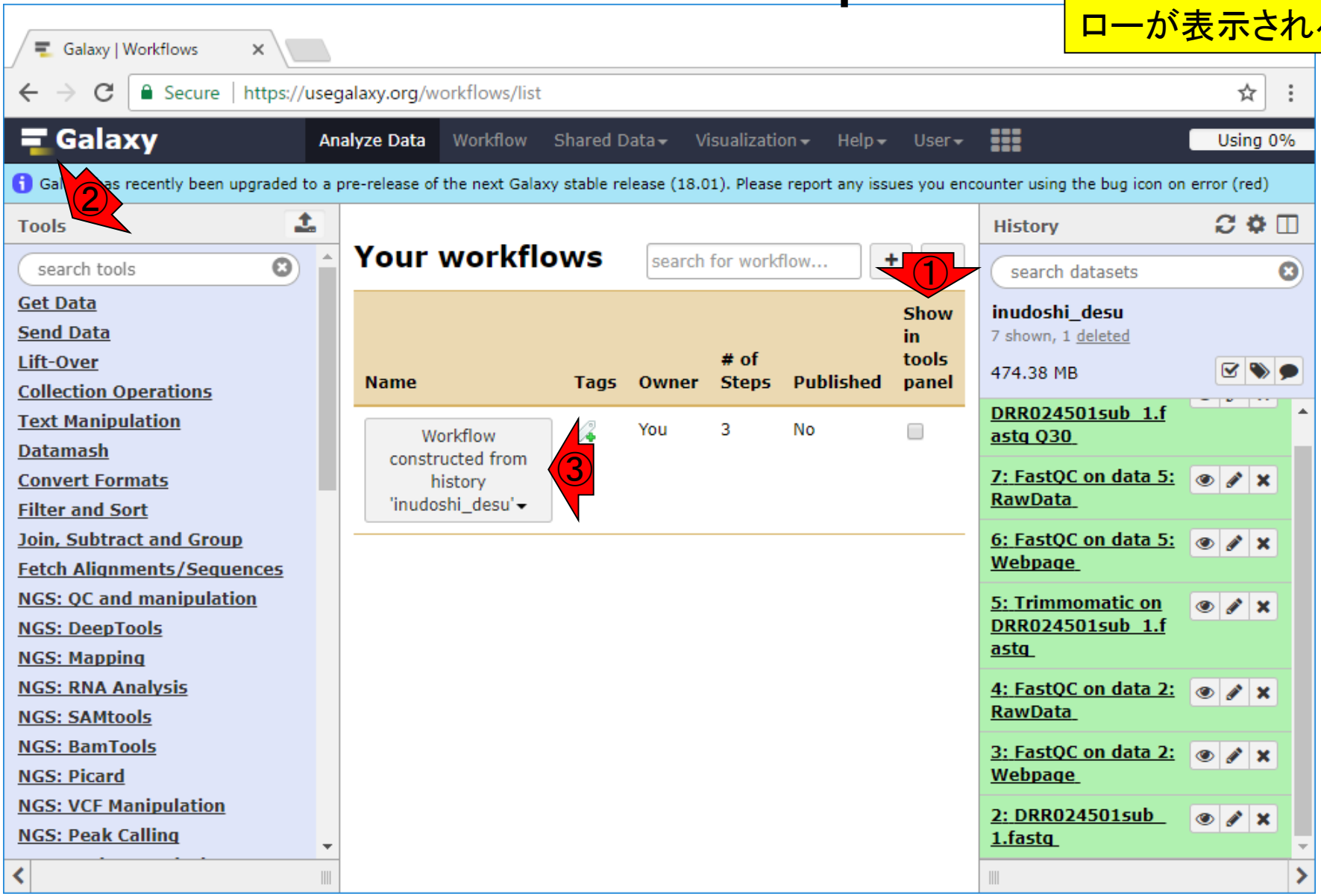
W15-2：Your workflows

①自分のワークフローは、今のところ②さきほど作成したもののみ。ワークフロー名がW14-9で最後に確認したものと同じで安心。③このワークフローは、FastQC → Trimmomatic → FastQCの3 stepから構成されているので妥当



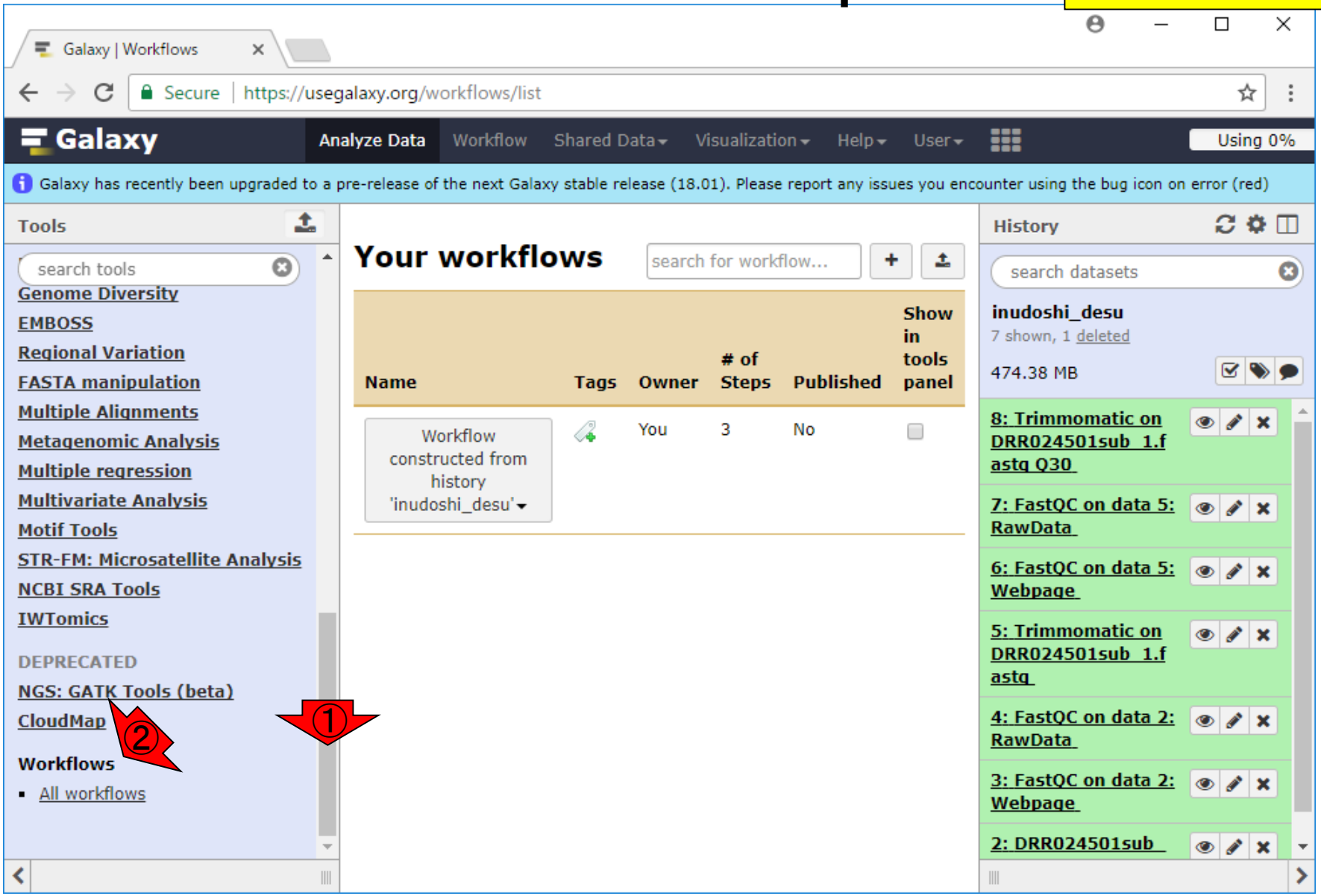
W15-3：Show in tools panel

①Show in tools panelにチェックを入れると、②左側のToolsパネル上に、③このワークフローが表示されるようになる



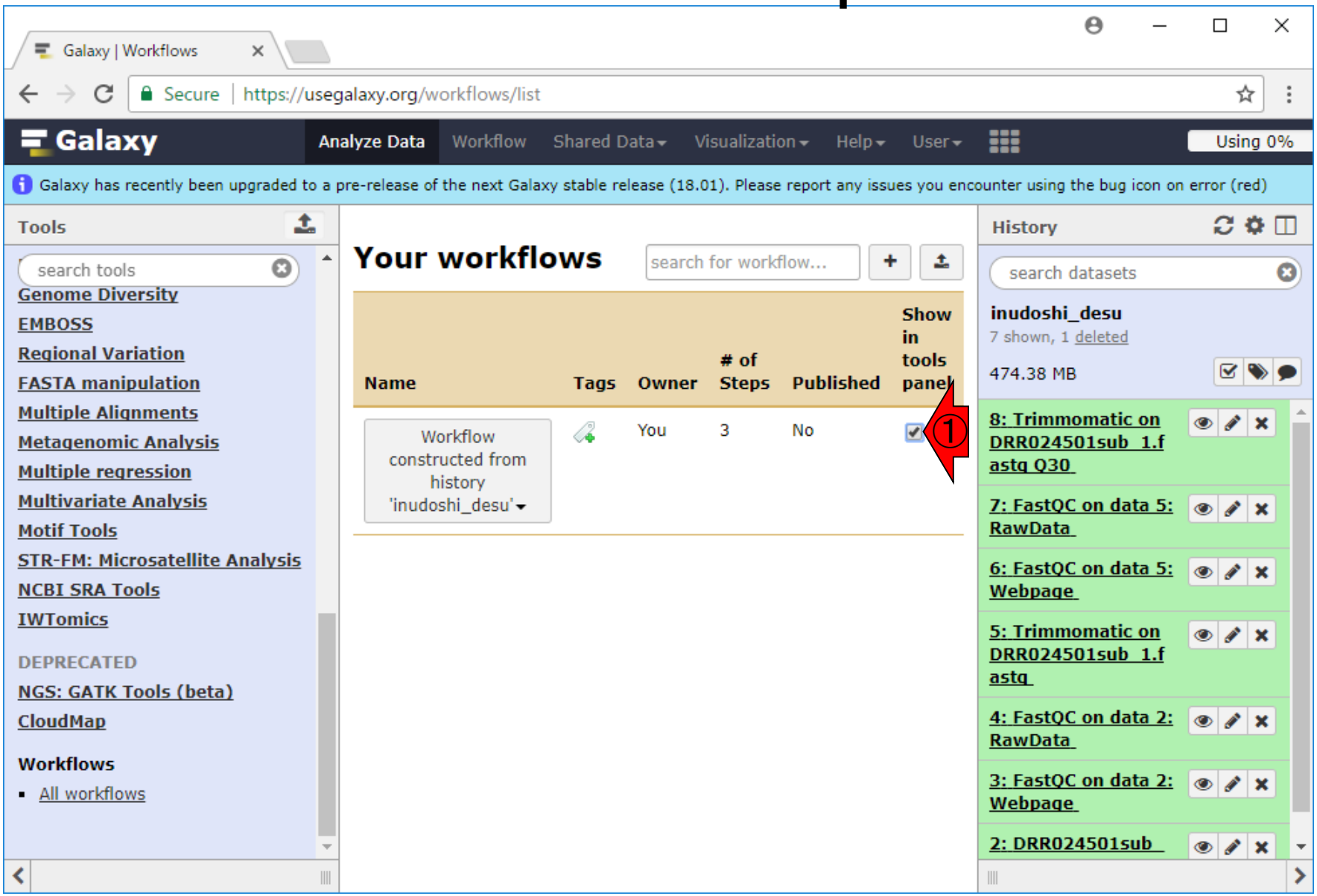
W15-3：Show in tools panel

①左側のToolsパネルのスクロールを一番下までもっていくと、②Workflowsが見られる



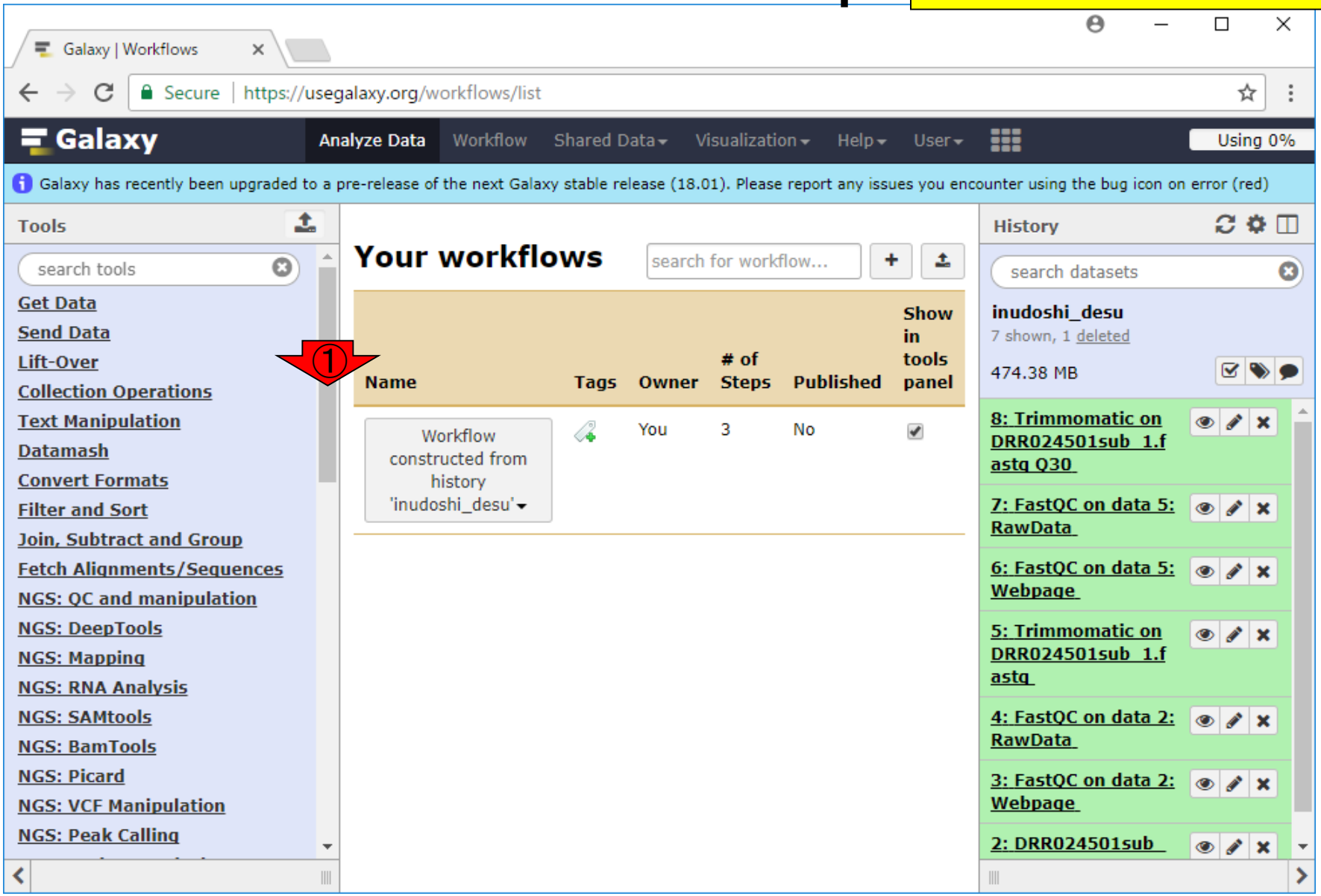
W15-4：Show in tools panel

①ここにチェックを入れると、
数秒で画面が切り替わって…



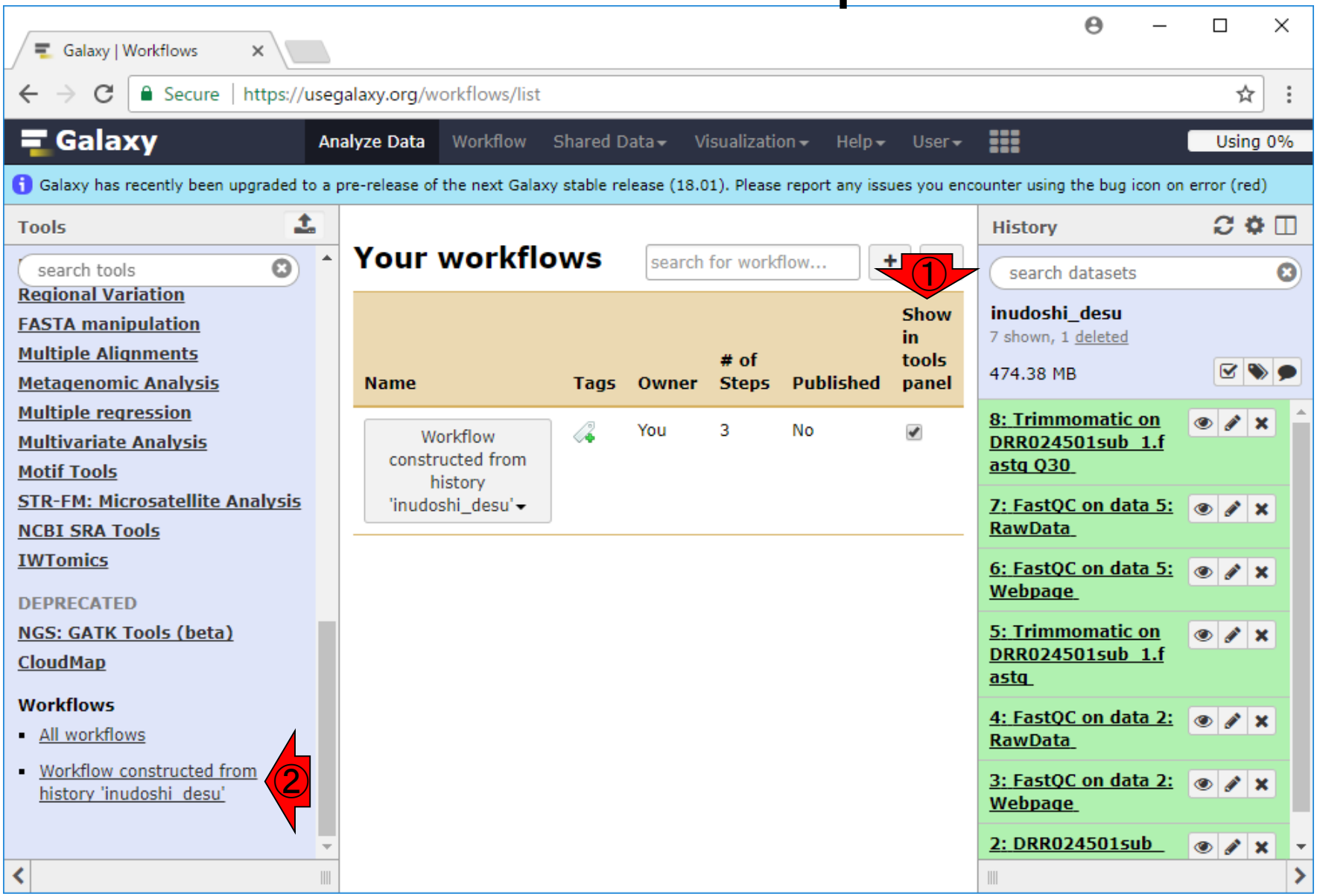
W15-4：Show in tools pa

こんな感じになります。一見何も変化ないようだが…①Toolsパネルのスクロールを先程と同じく一番下までもっていくと



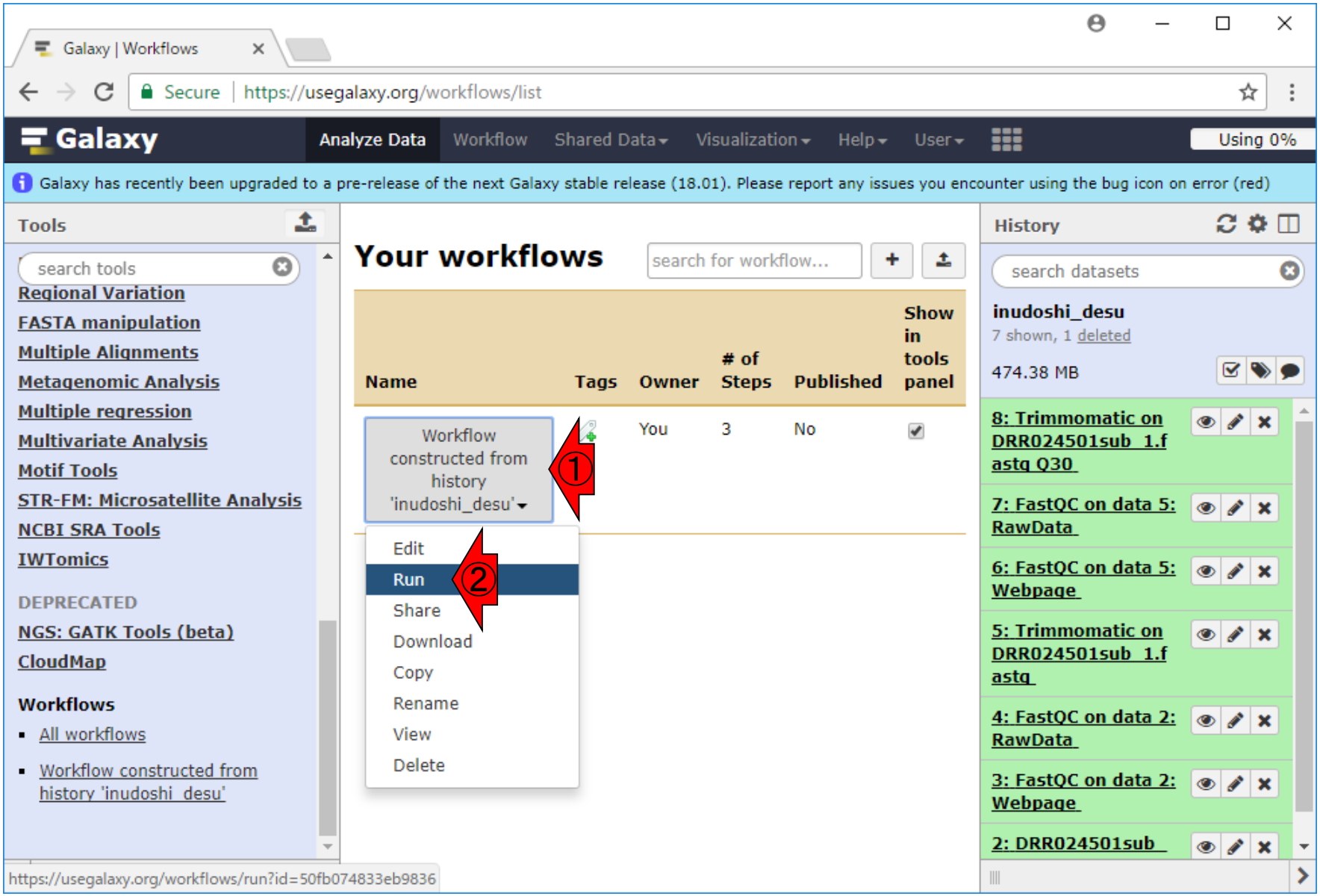
W15-4：Show in tools panel

①Show in tools panelの意味が、②の結果から実感できます



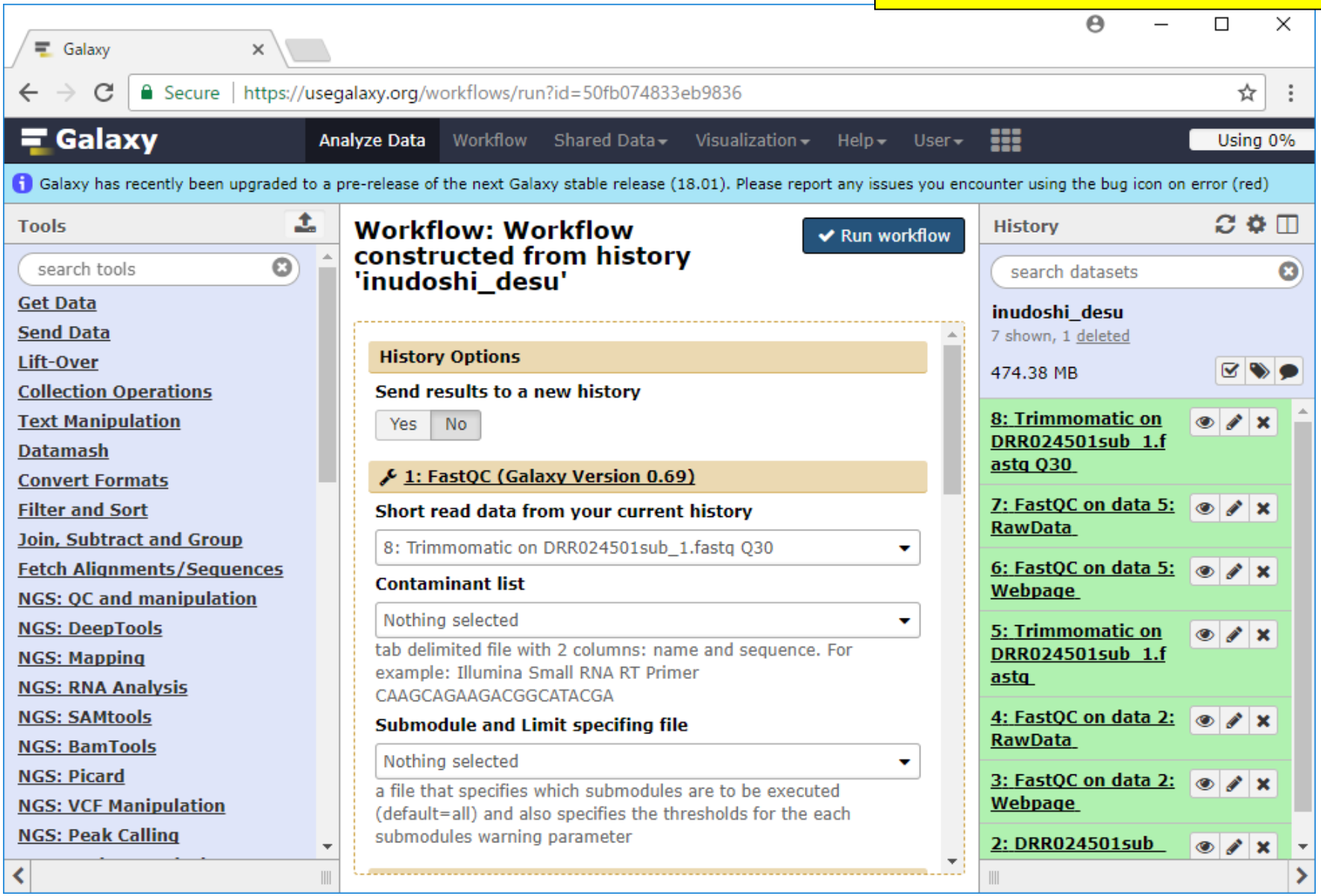
W16-1：ワークフロー実行

入力データ情報はないはずですが(W14-9)、①のワークフローを、②Runしてみる



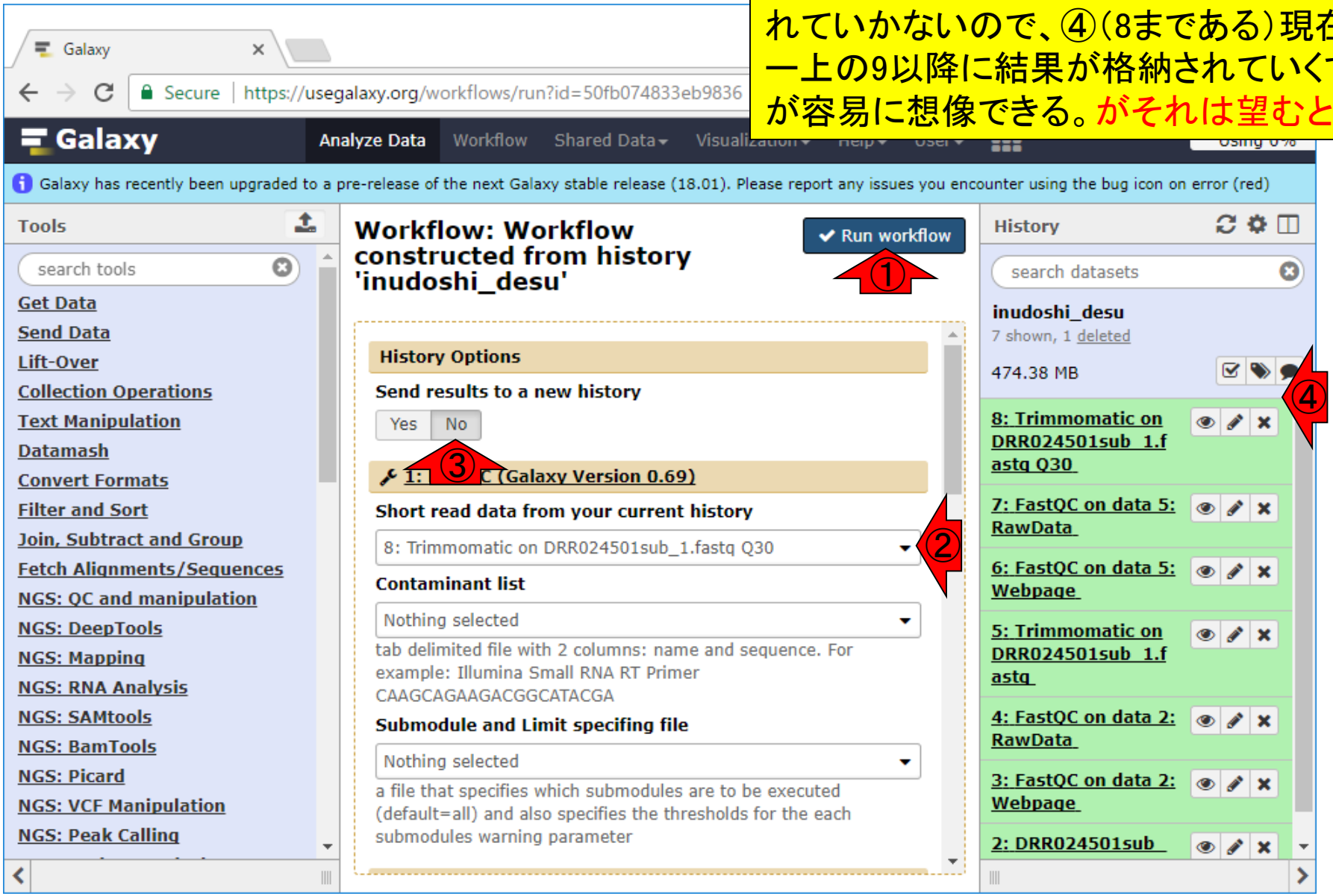
W16-2：全貌を把握1

この画面全体を見れば、いろいろとわかる。まず、1つ前のスライド上でRunを押しても、ワークフローが実行されるわけではない



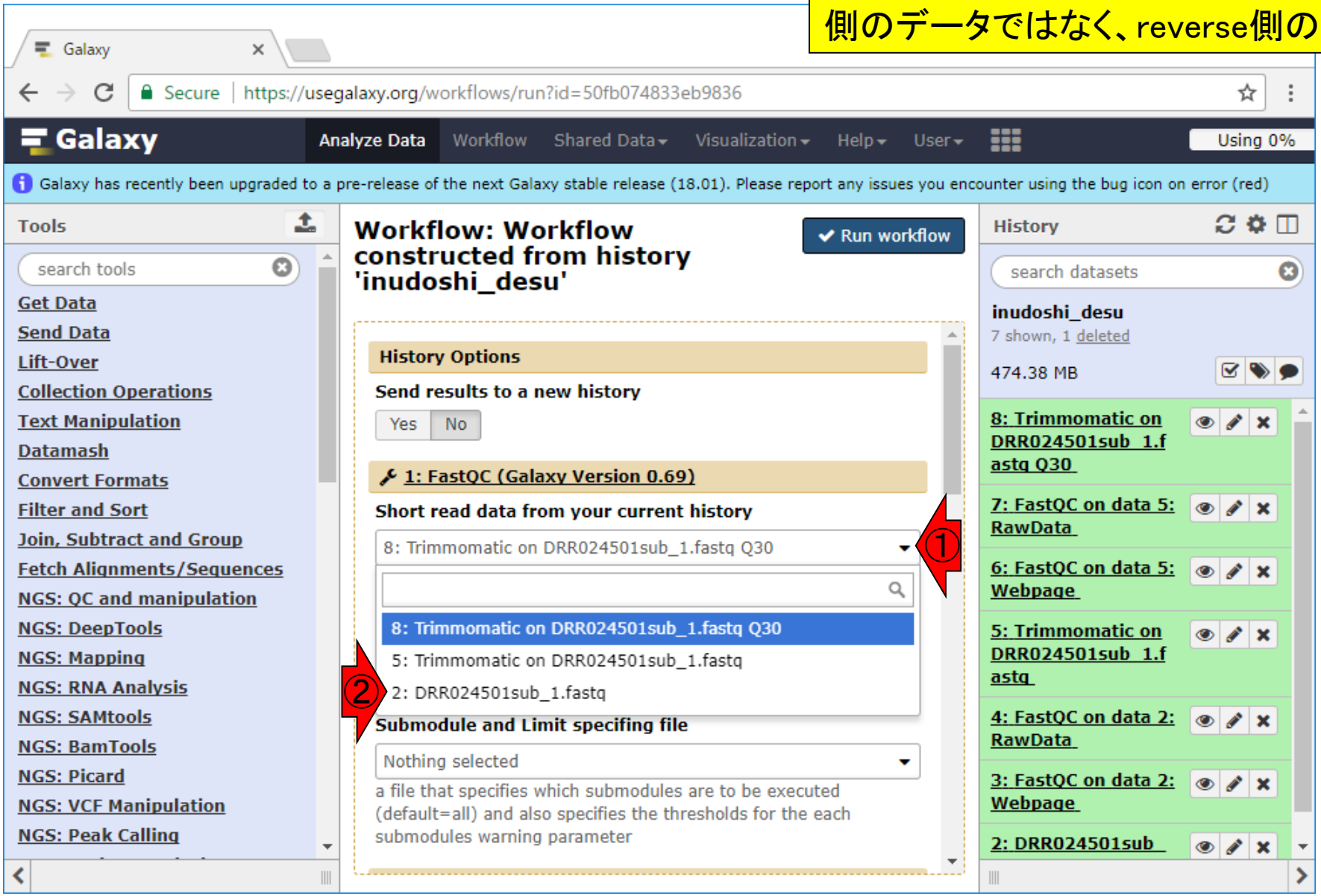
W16-2：全貌を把握2

（やらないが）もしこのままの状態で①Run workflowを押すと、②で見えているものが入力として使われて、③新規ヒストリー(new history)に結果が格納されていかないので、④（8まである）現在のヒストリー上の9以降に結果が格納されていくであろうことが容易に想像できる。がそれは望むところではない



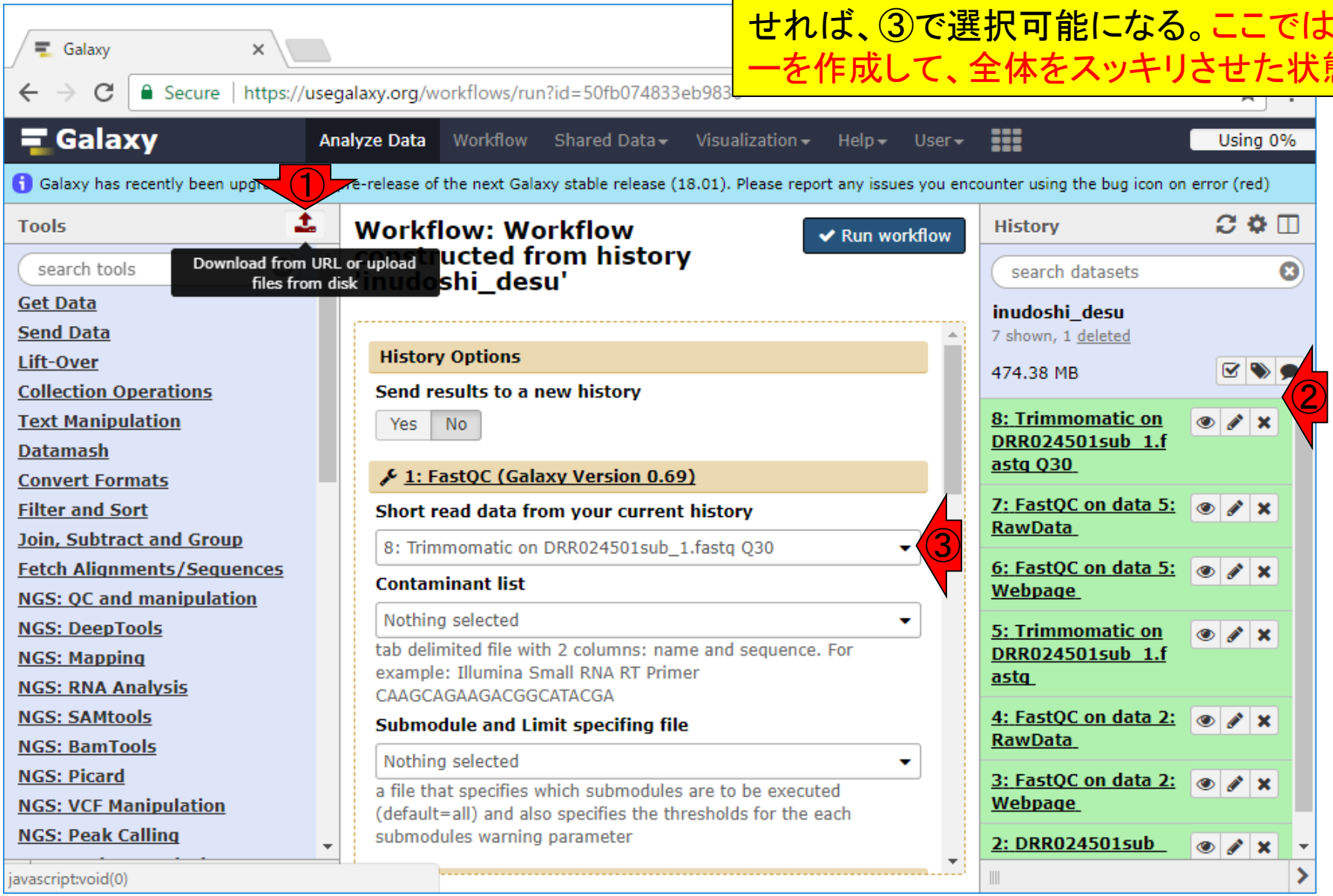
W16-2：全貌を把握3

①をクリックすると、右側のヒストリーパネル上にある利用可能な入力データが表示される。ワークフローを用いて解析したいのは、②forward側のデータではなく、reverse側のデータ



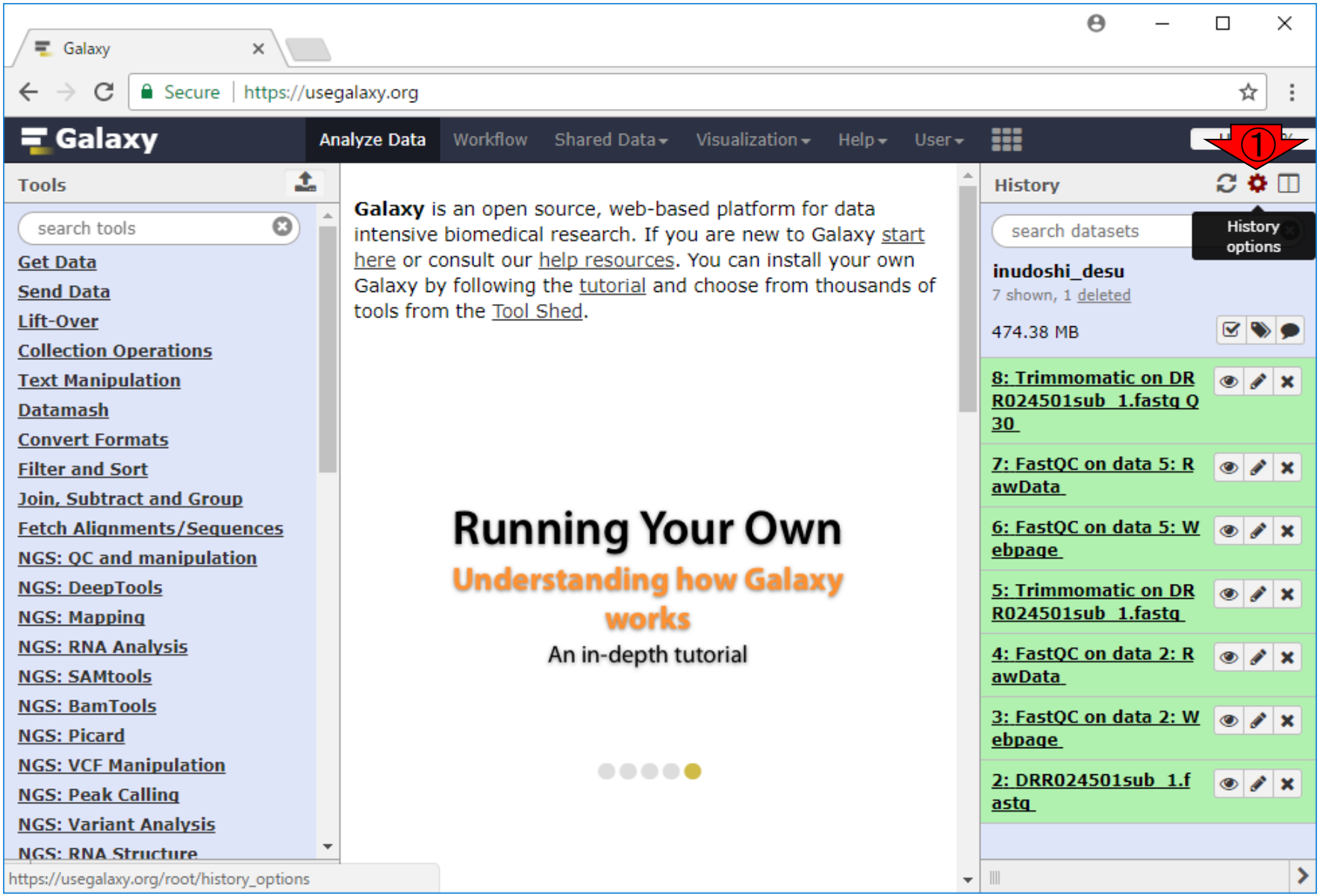
W16-3：最短手順

この状況からの最短手順は、①reverse側のデータ（DRR024501sub_2.fastq.gz）をアップロードして、②のところに「9: DRR024501sub_2.fastq」のように表示させれば、③で選択可能になる。ここでは新規ヒストリーを作成して、全体をスッキリさせた状態で行う



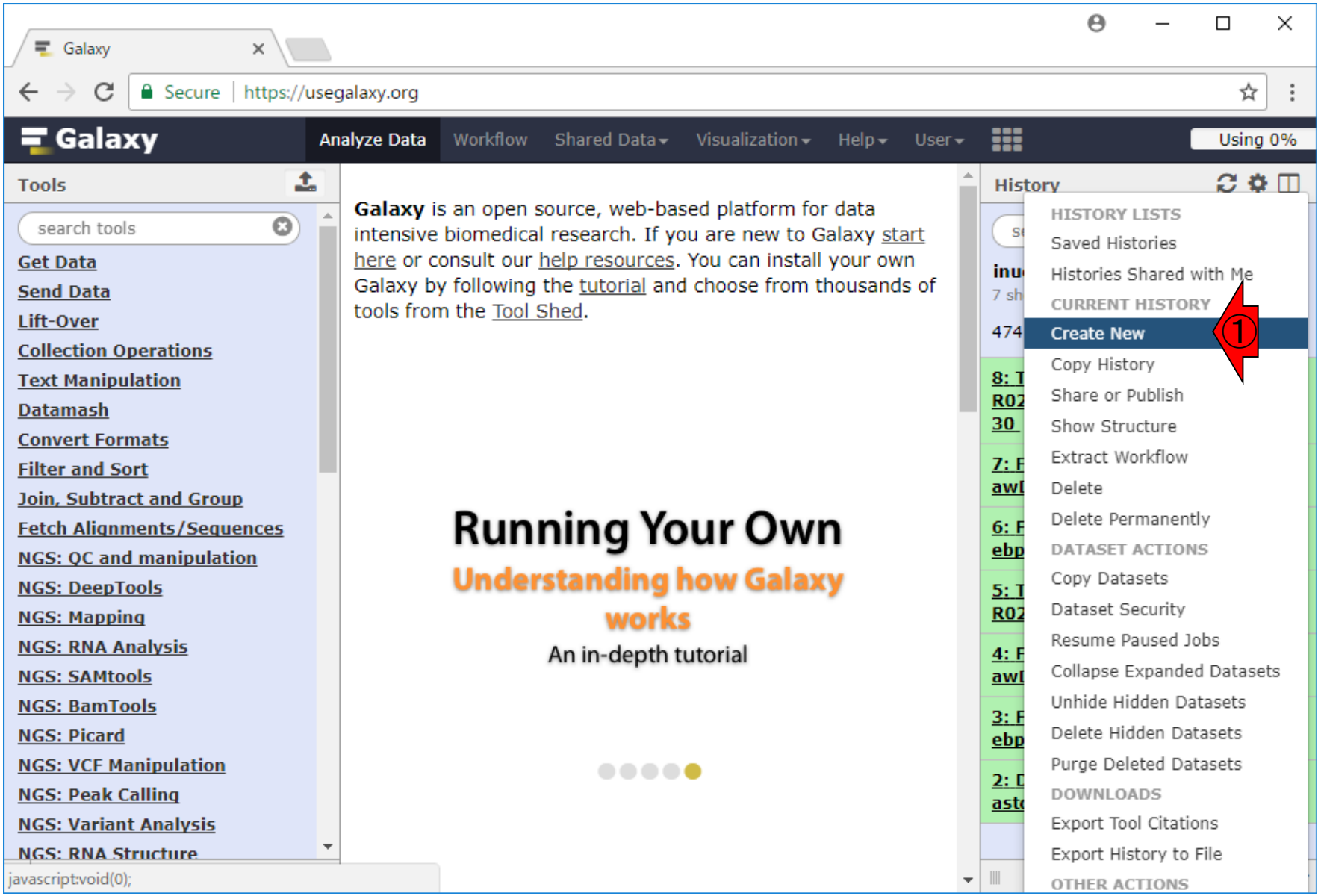
W17-1：新規ヒストリーの作成

新規ヒストリーを作成すべく、①History options



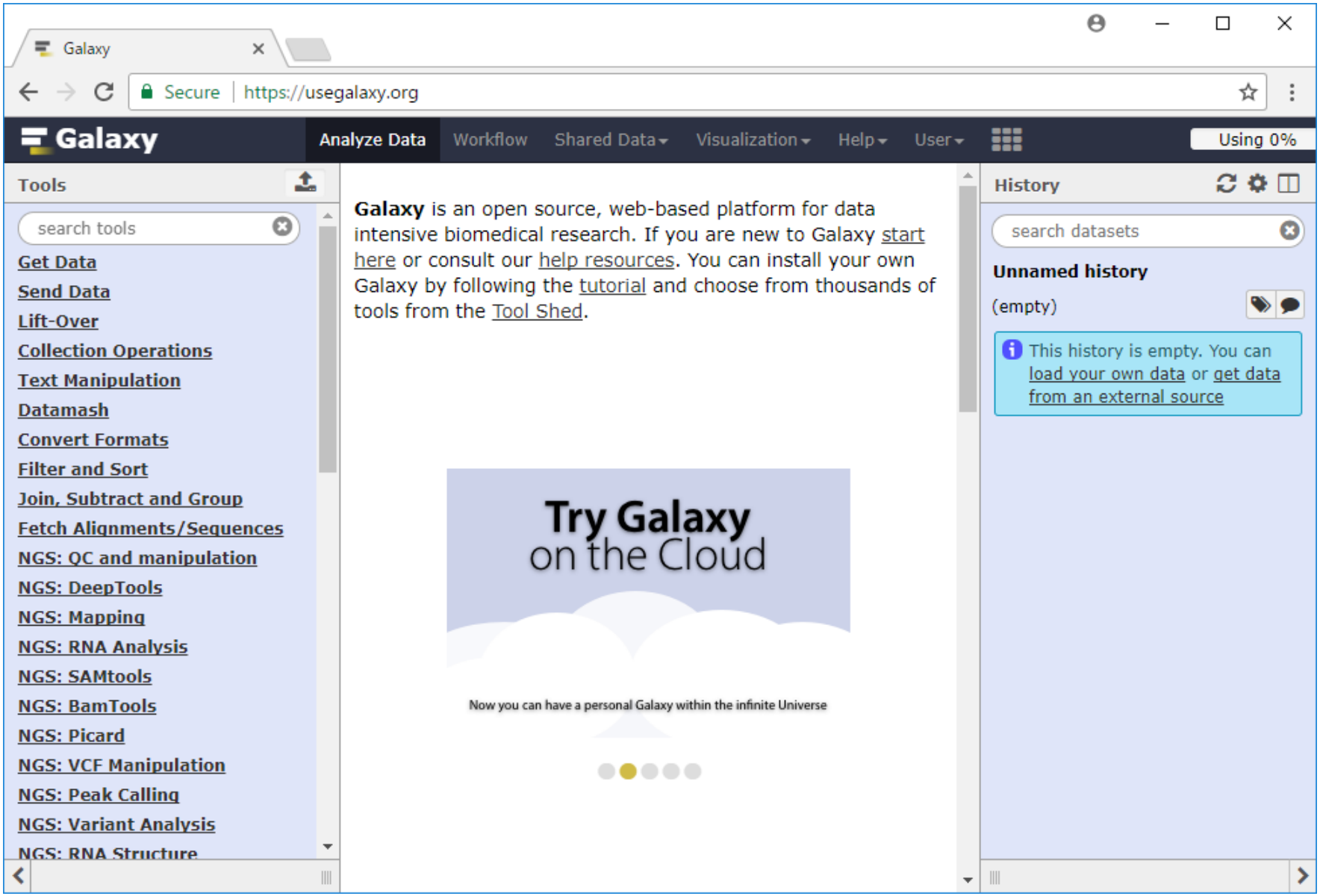
①Create New

W17-1：新規ヒストリーの作成



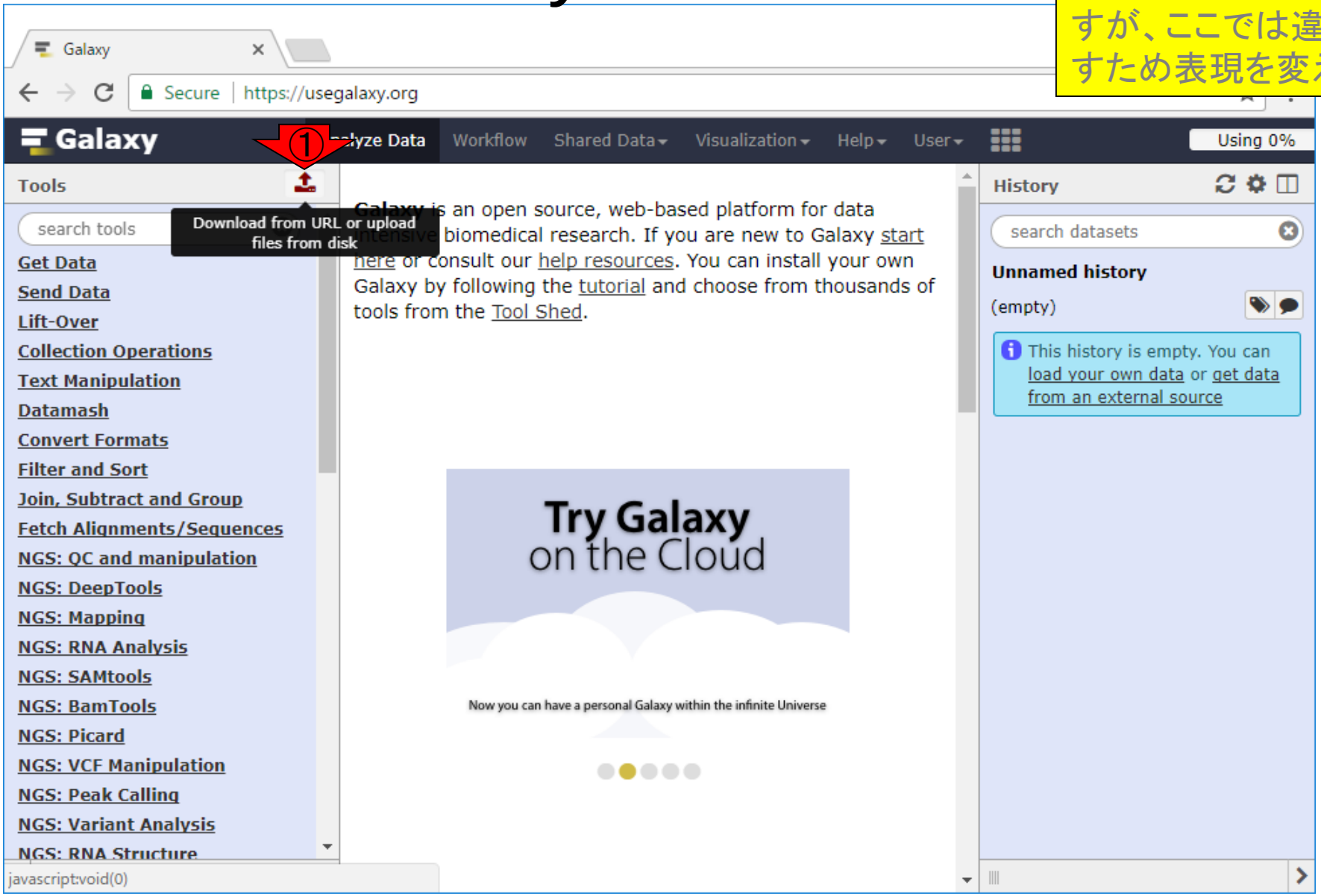
こんな感じになります

W17-2：新規ヒストリー作成後



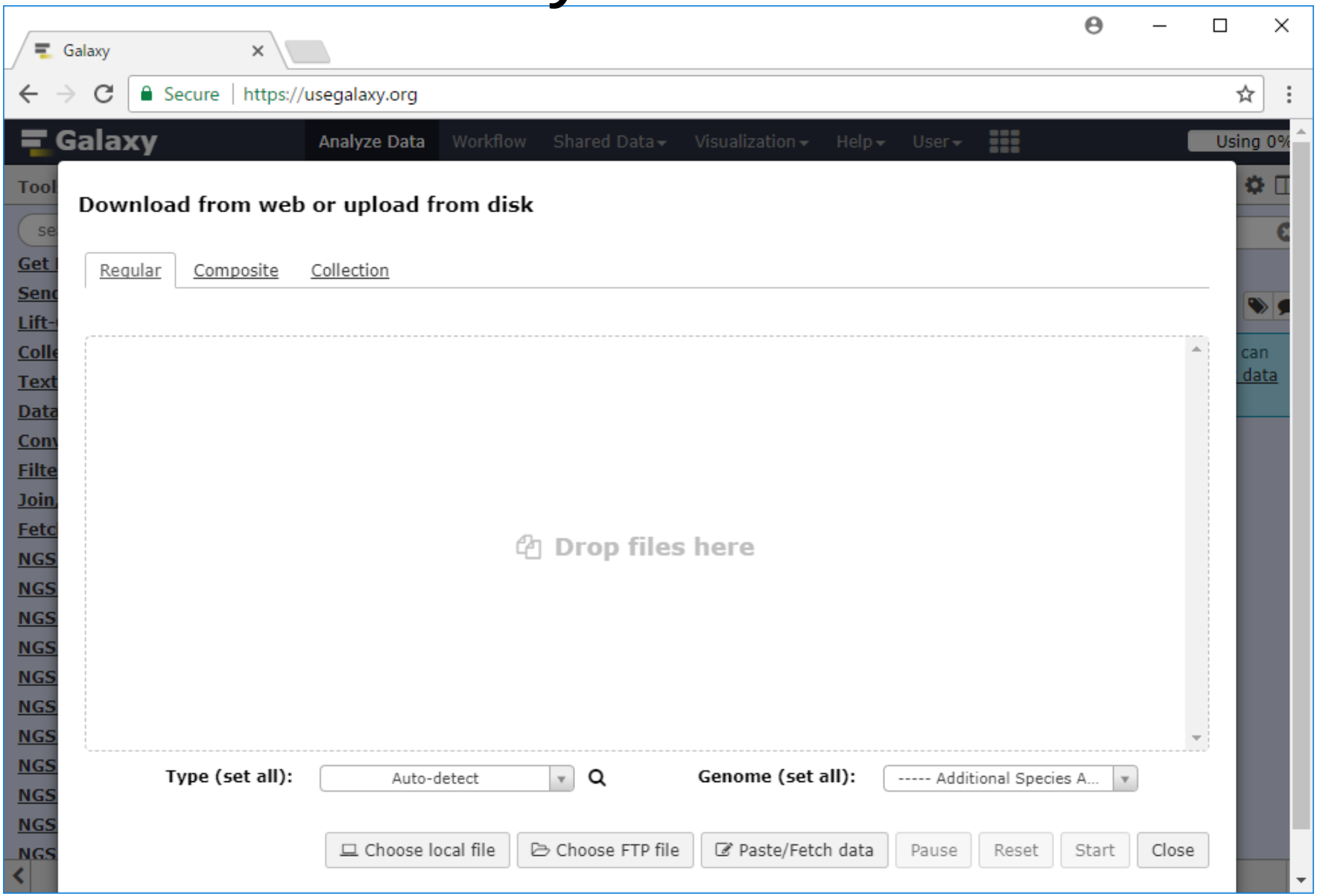
W17-3：Galaxyへの取り込み

reverse側のファイルをGalaxyに取り込みます（第11回W5-3ではアップロードと書いていますが、ここでは違うやり方を示すため表現を変えています）



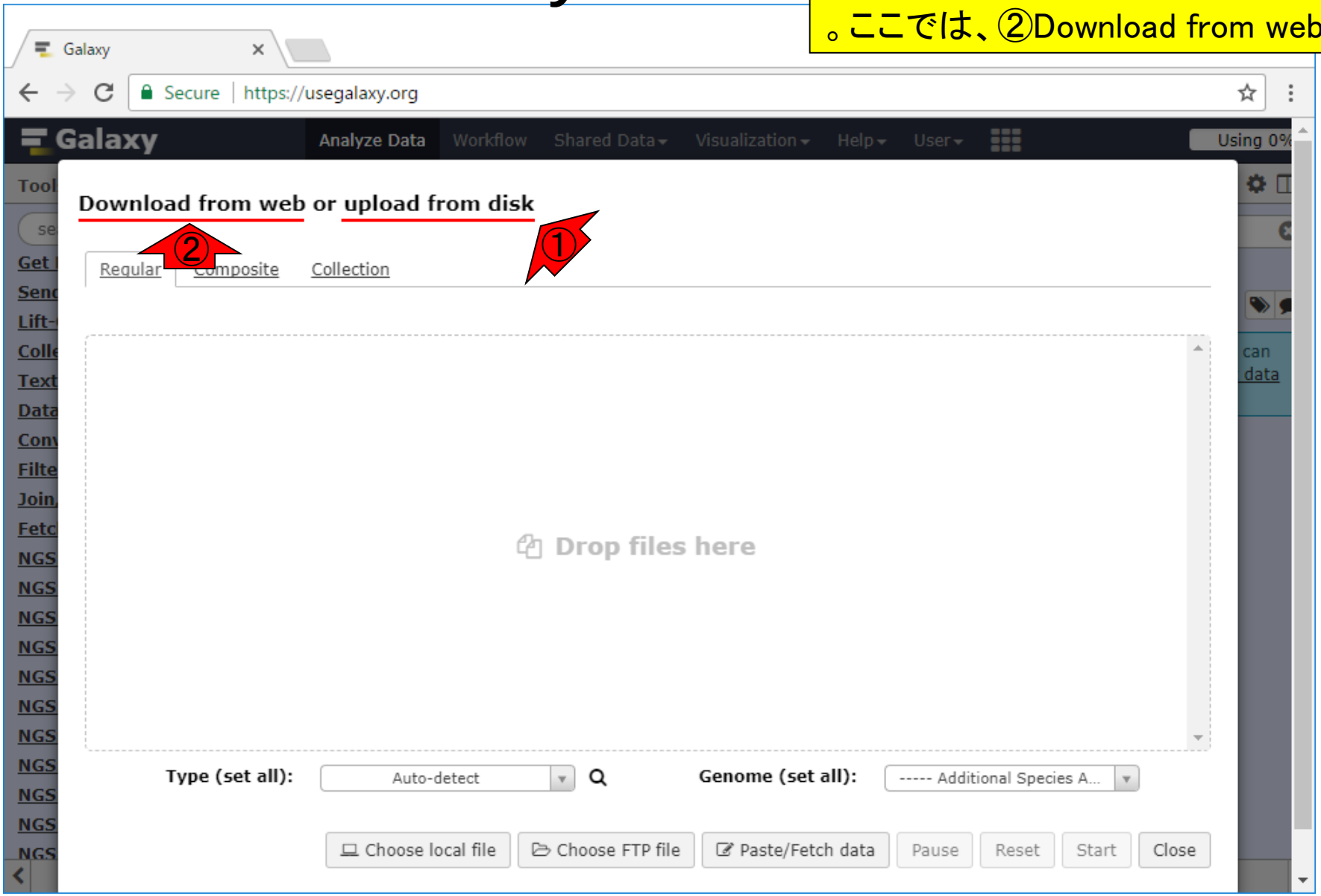
W17-3：Galaxyへの取り込み

この画面は、第11回W5-3で示したforward側のファイルのアップロード時の画面と同じ



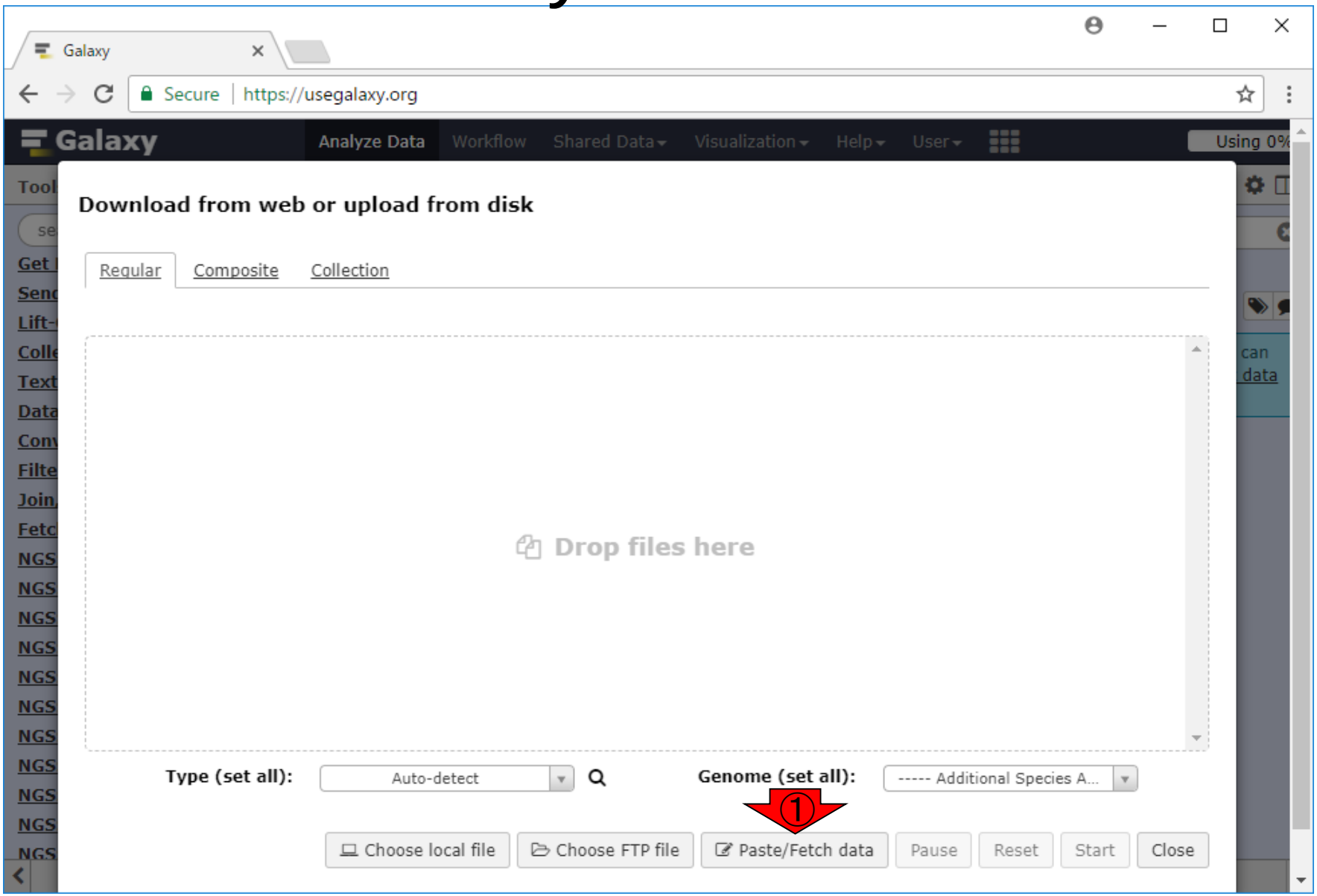
W17-3：Galaxyへの取

第11回W5-3では、ローカル環境（自分のPC内）にあるforward側のファイルのアップロードだったので、①upload from diskのほうを行いました。ここでは、②Download from webを行います



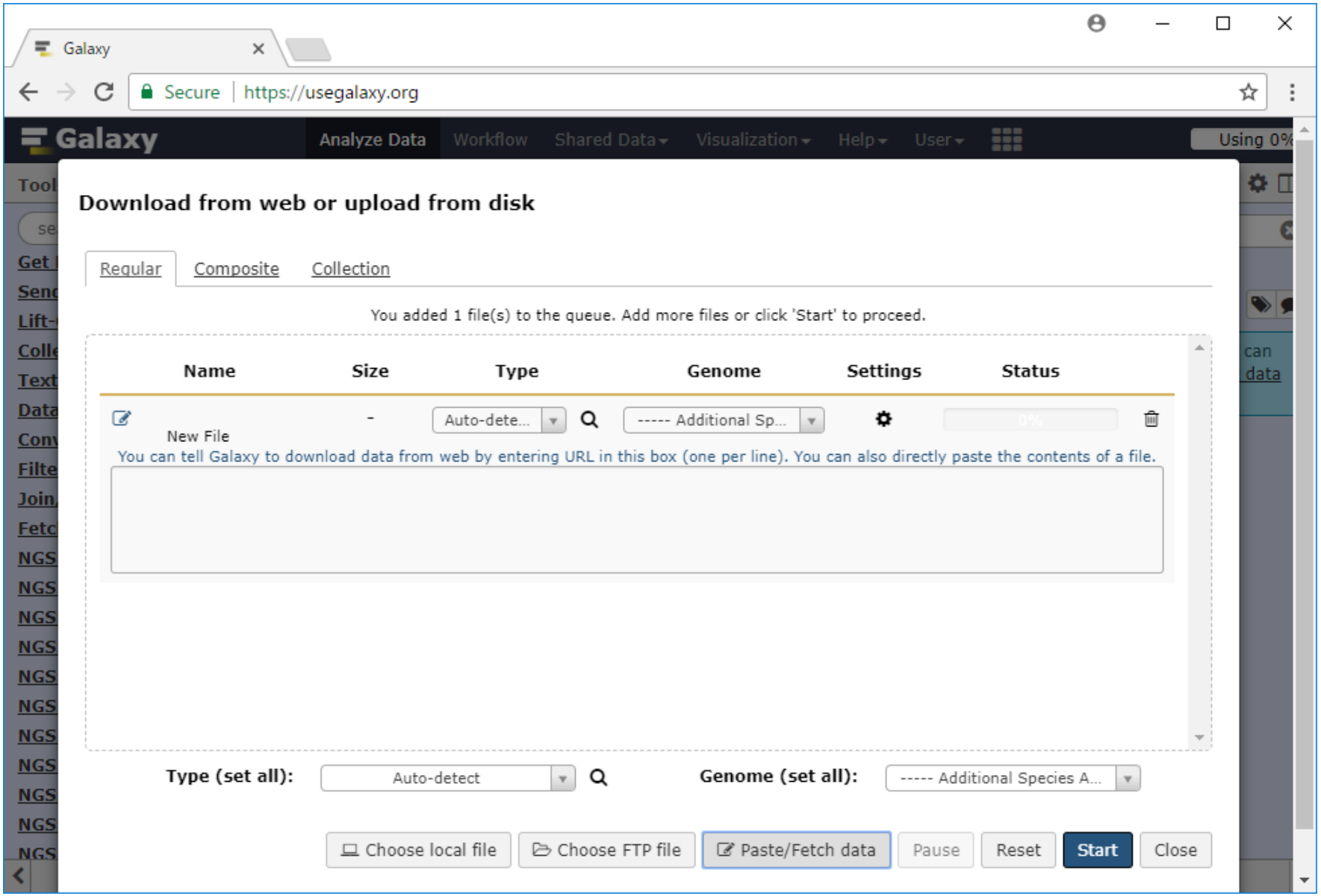
①Paste/Fetch data

W17-3：Galaxyへの取り込み



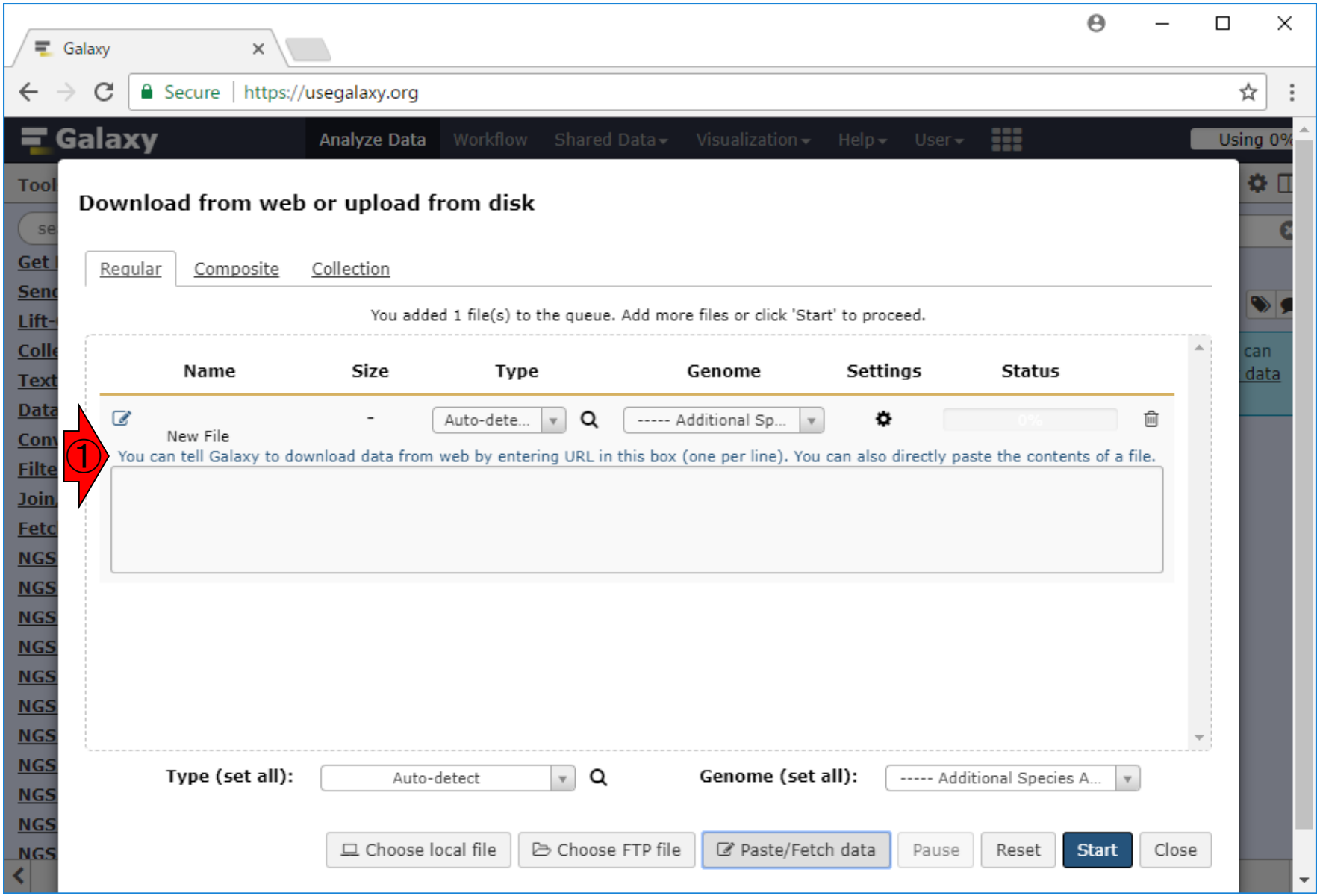
こんな感じになります

W17-4：ダウンロード



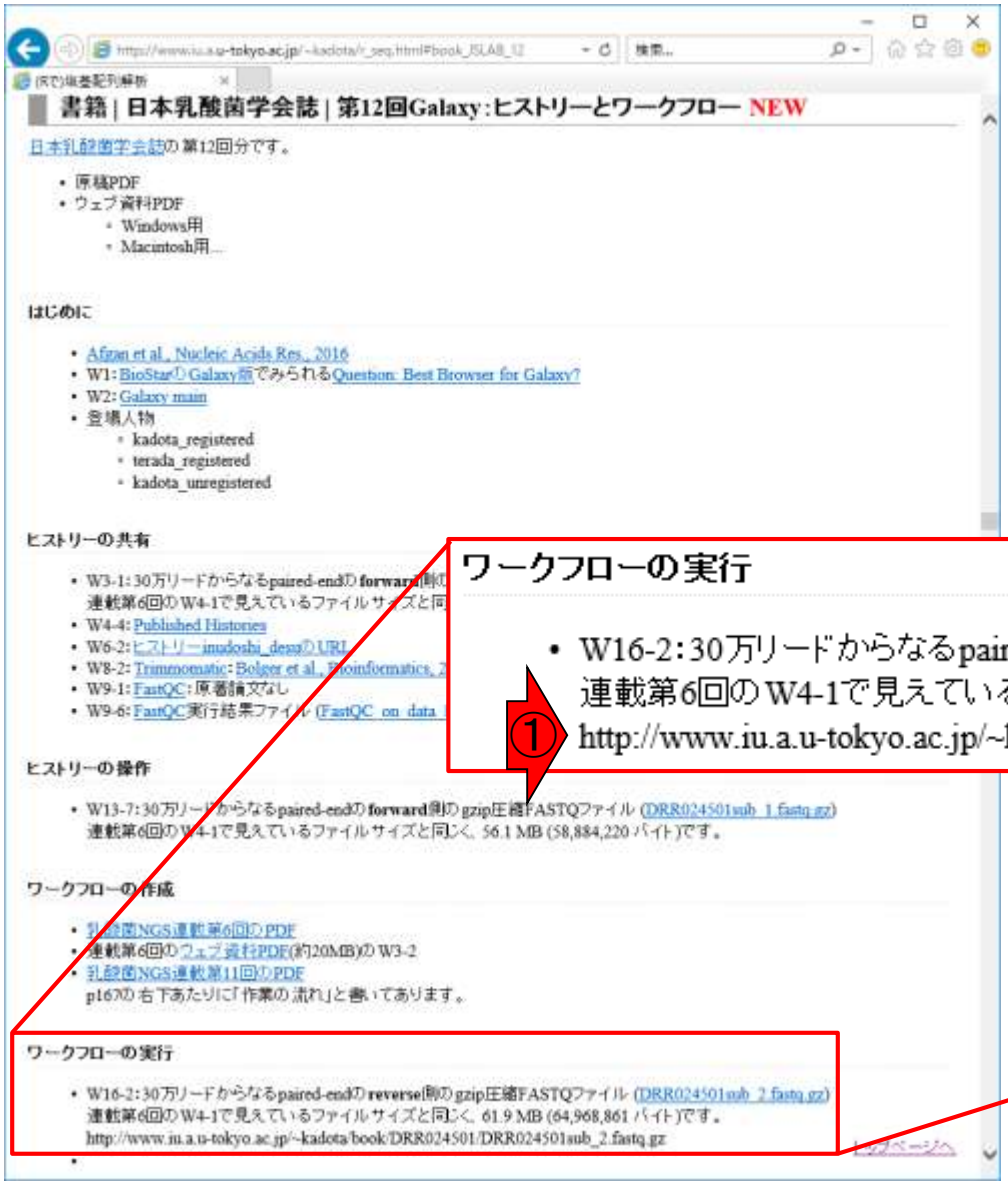
W17-4：ダウンロード

①ボックス内にダウンロードしたいファイルのURL情報を示せ、と書いてあります



W17-5：URL

reverse側のデータ（DRR024501sub_2.fastq.gz）のURL情報は、①ここで得られます


書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第12回Galaxy：ヒストリーとワークフロー NEW

日本乳酸菌学会誌の第12回分です。

- 原稿PDF
- ウェブ資料PDF
  - Windows用
  - Macintosh用...

はじめに

- Afgan et al., Nucleic Acids Res., 2016
- W1: BioStarのGalaxy版でみられるQuestion: Best Browser for Galaxy?
- W2: Galaxy main
- 登場人物
  - kadota_registered
  - terada_registered
  - kadota_unregistered

ヒストリーの共有

- W3-1: 30万リードからなるpaired-endのforward側の
  連載第6回のW4-1で見えているファイルサイズと同
- W4-4: Published Histones
- W6-2: ヒストリーinudoshi_dequのURL
- W8-2: Trimmomatic: Bolger et al., Bioinformatics, 2
- W9-1: FastQC：原著論文なし
- W9-6: FastQC実行結果ファイル (FastQC on data

ヒストリーの操作

- W13-7: 30万リードからなるpaired-endのforward側のgzip圧縮FASTQファイル (DRR024501sub_1.fastq.gz)
  連載第6回のW4-1で見えているファイルサイズと同じく、56.1 MB (58,884,220 バイト)です。

ワークフローの作成

- 乳酸菌NGS連載第6回のPDF
- 連載第6回のウェブ資料PDF(約20MB)のW3-2
- 乳酸菌NGS連載第11回のPDF
  p16の右下あたりに「作業の流れ」と書いてあります。

ワークフローの実行

- W16-2: 30万リードからなるpaired-endのreverse側のgzip圧縮FASTQファイル (DRR024501sub_2.fastq.gz)
  連載第6回のW4-1で見えているファイルサイズと同じく、61.9 MB (64,968,861 バイト)です。
  http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/DRR024501/DRR024501sub_2.fastq.gz

トップページへ

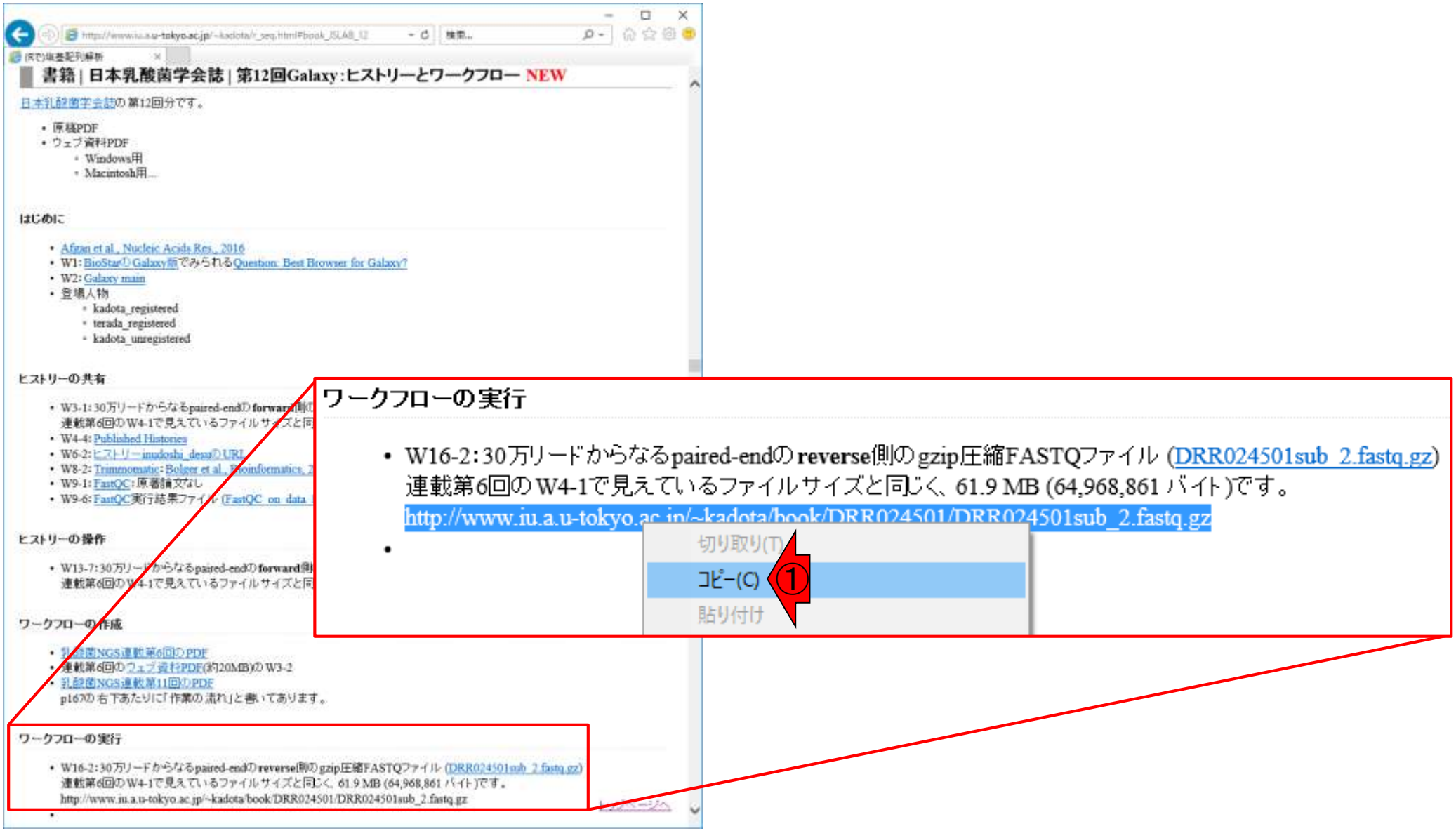
①

ワークフローの実行

- W16-2：30万リードからなるpaired-endのreverse側のgzip圧縮FASTQファイル (DRR024501sub_2.fastq.gz)
  連載第6回のW4-1で見えているファイルサイズと同じく、61.9 MB (64,968,861 バイト)です。
  http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/DRR024501/DRR024501sub_2.fastq.gz

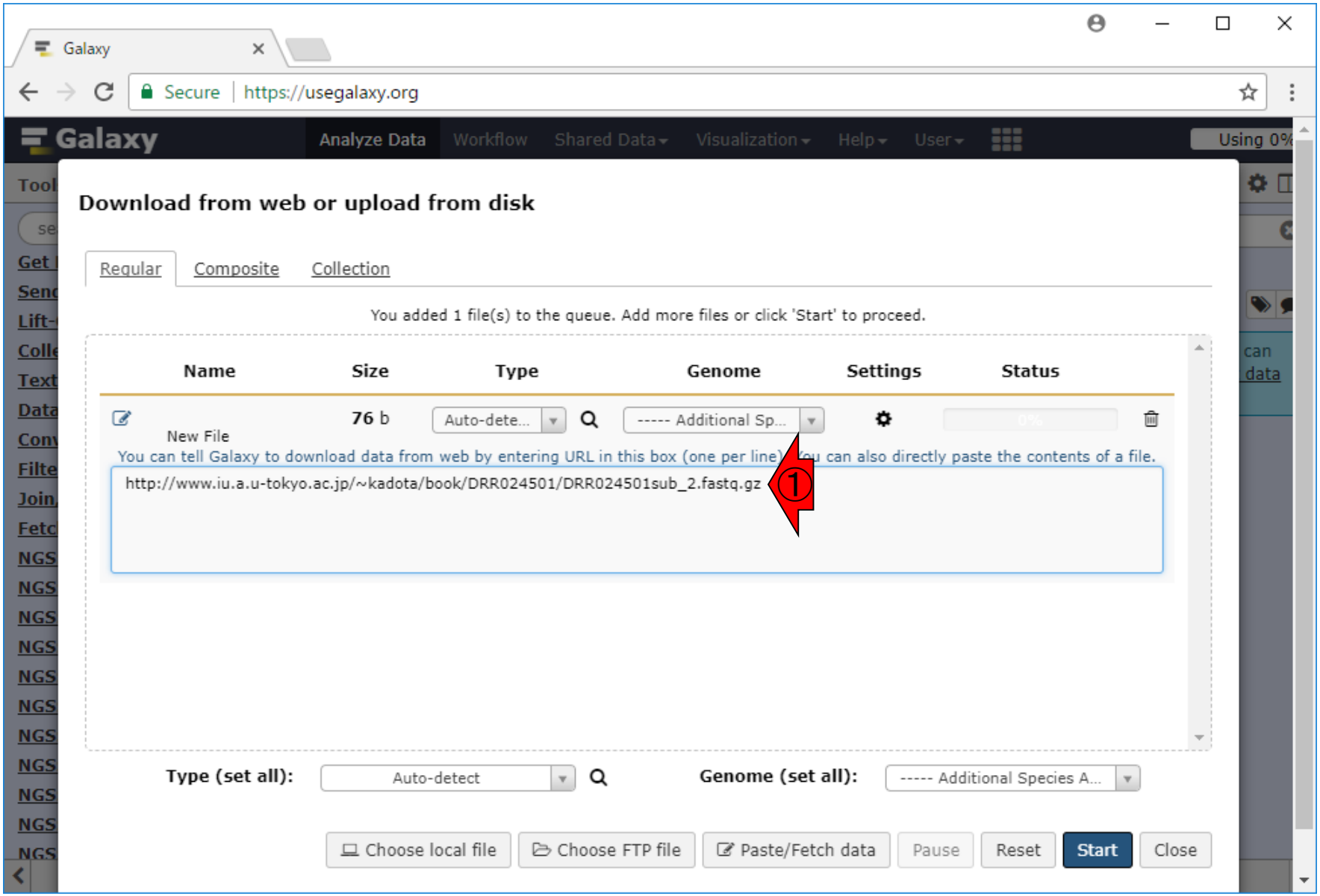
①コピー

W17-6：URLのコピペ



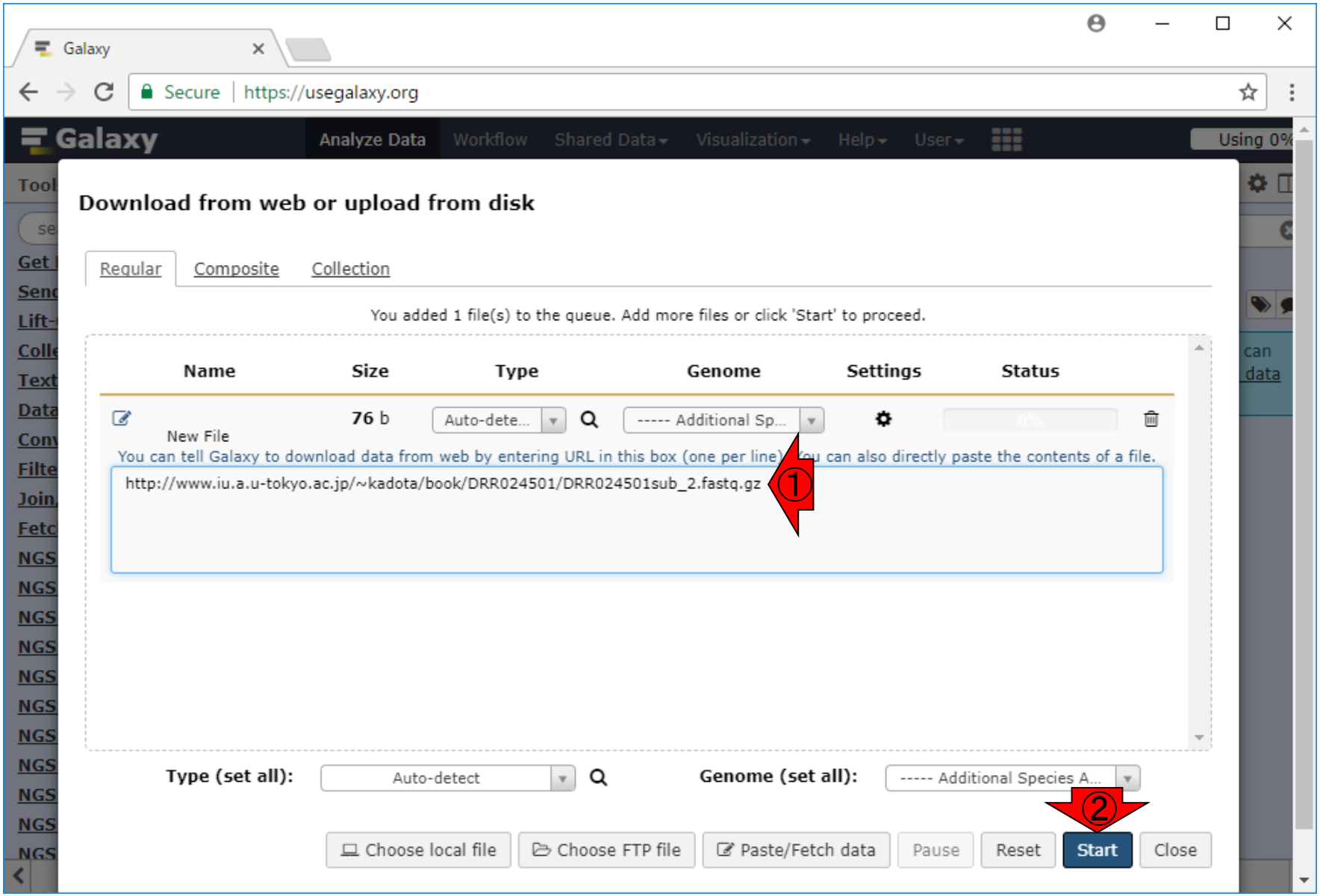
①ペースト

W17-6：URLのコピペ



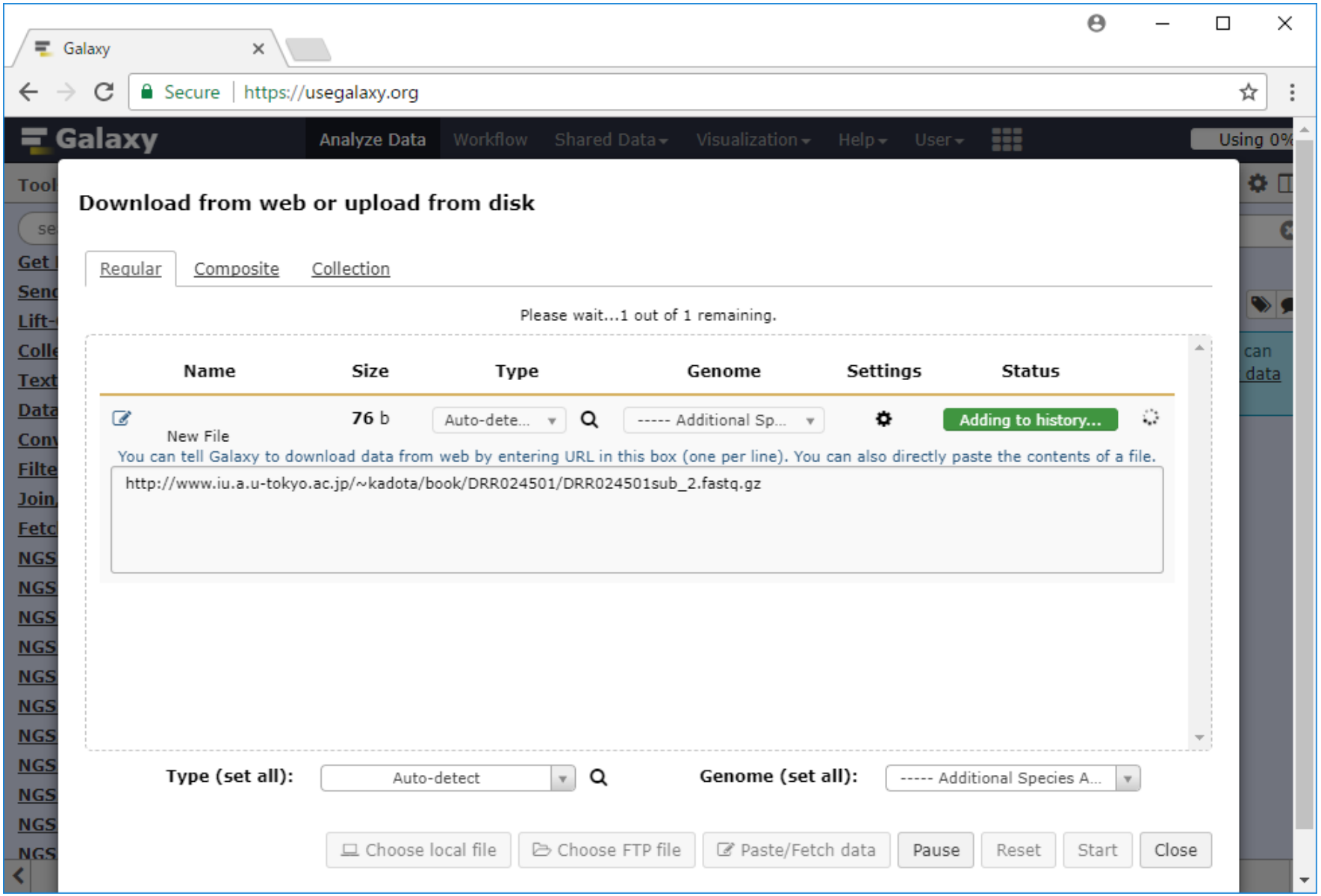
①ペーストして、②Start

W17-6：URLのコピペ



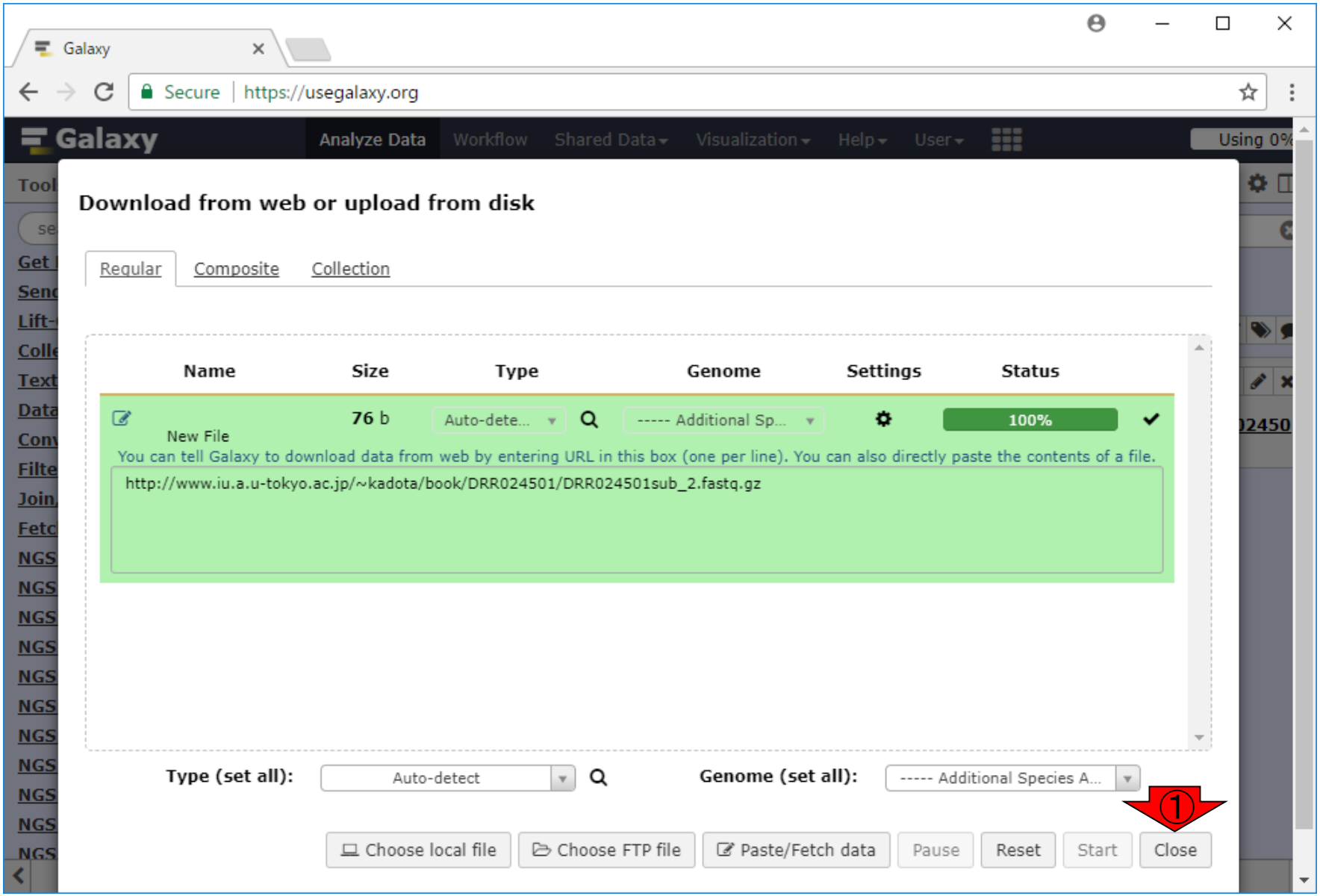
すぐにこんな感じになります

W17-7：ダウンロード（DL）中…



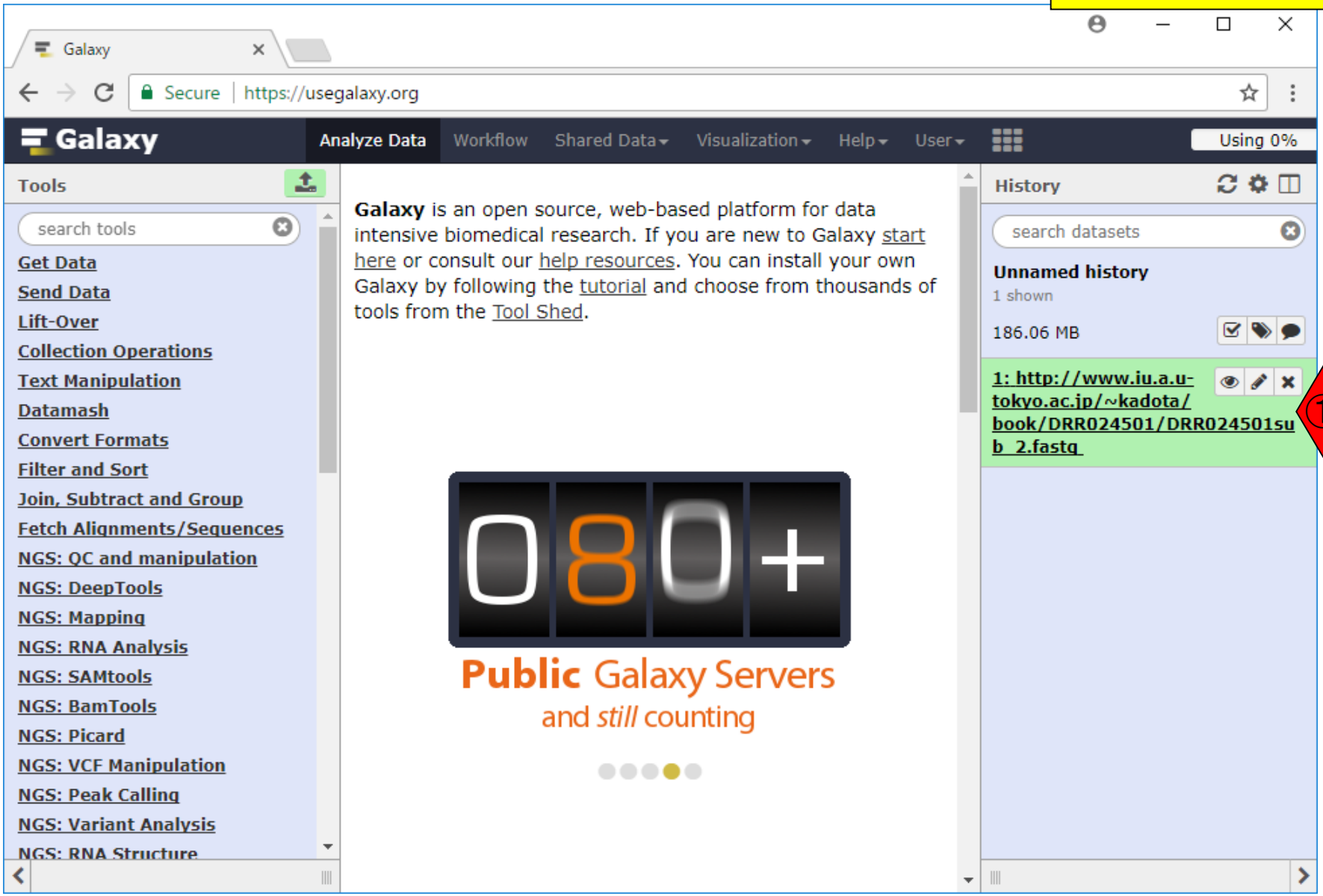
①Close

W17-8：DL終了したっぽい



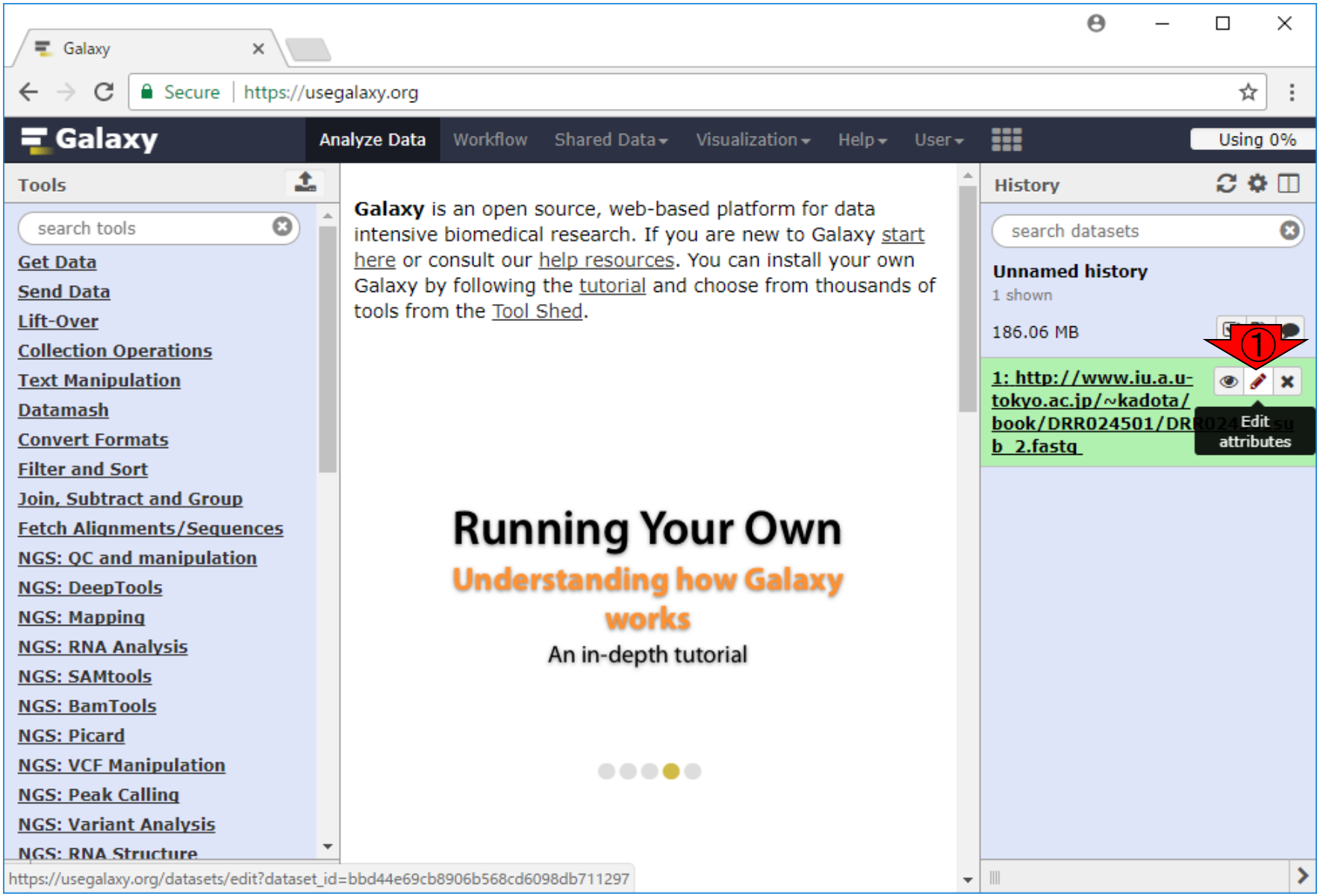
W17-9：下準備ほぼ完了

①ダウンロードしたURL情報が完全な形で見えている。長いのでファイル名のみにしておく



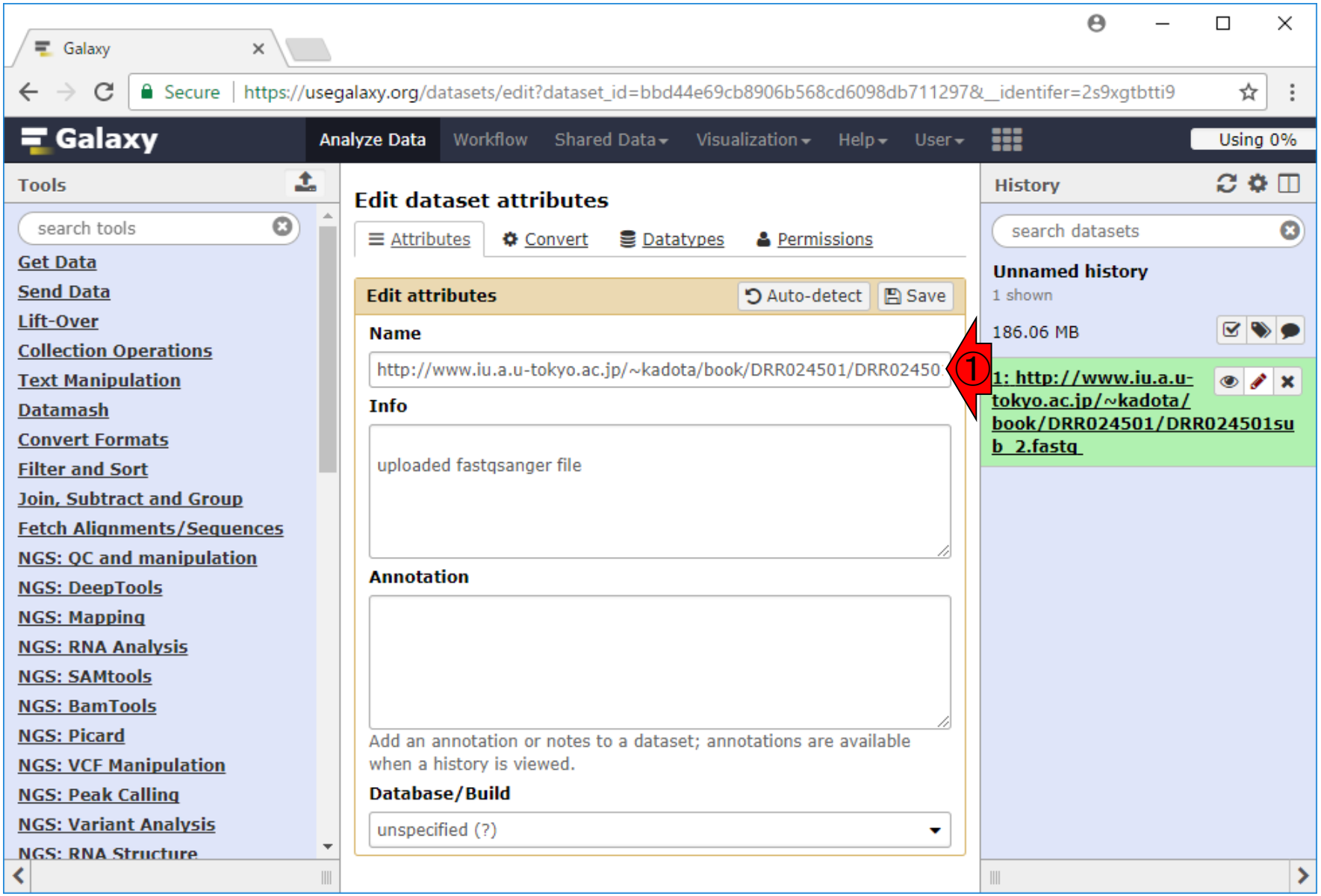
①Edit attributes

W17-10：名前の変更1



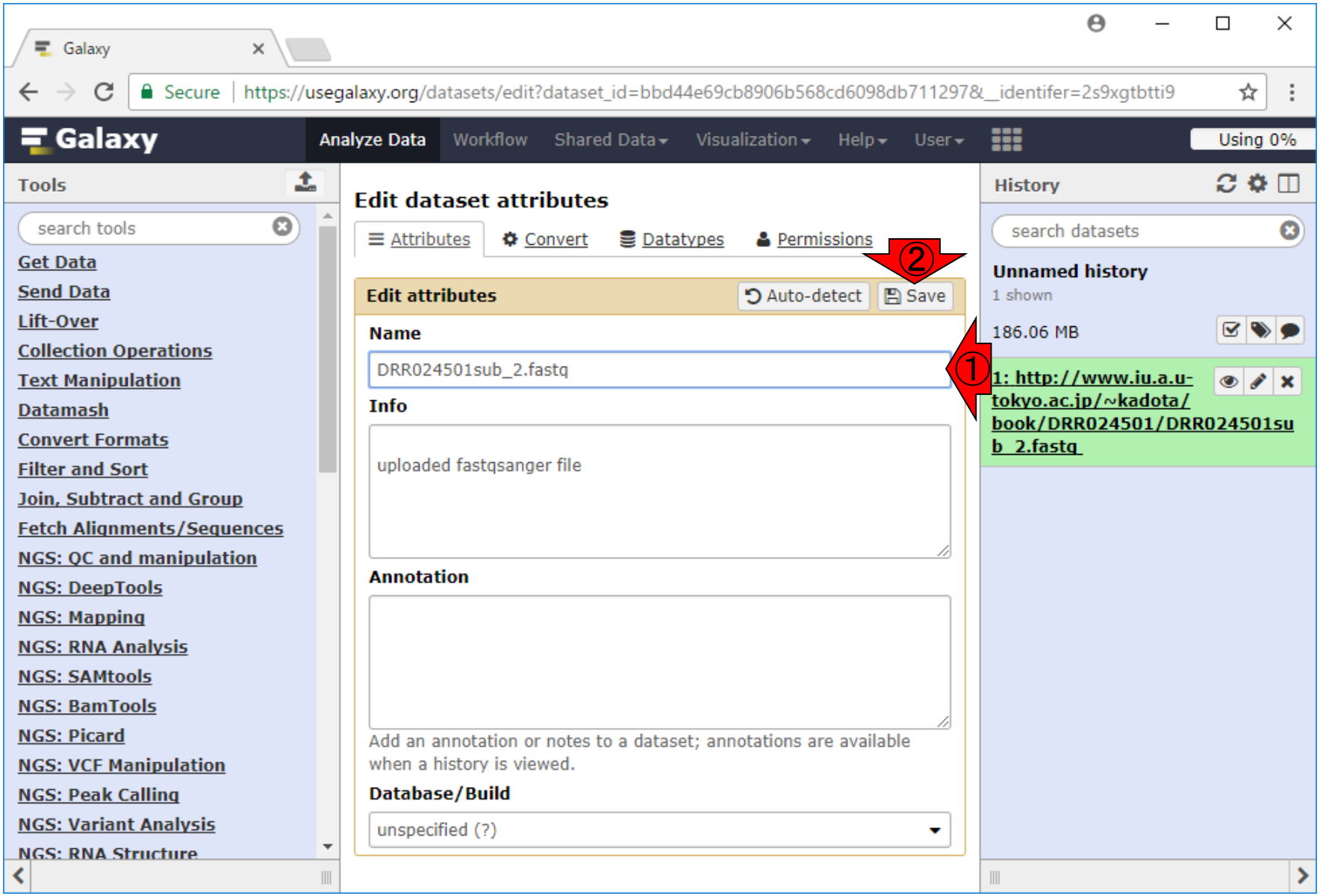
①この部分を…

W17-10：名前の変更2



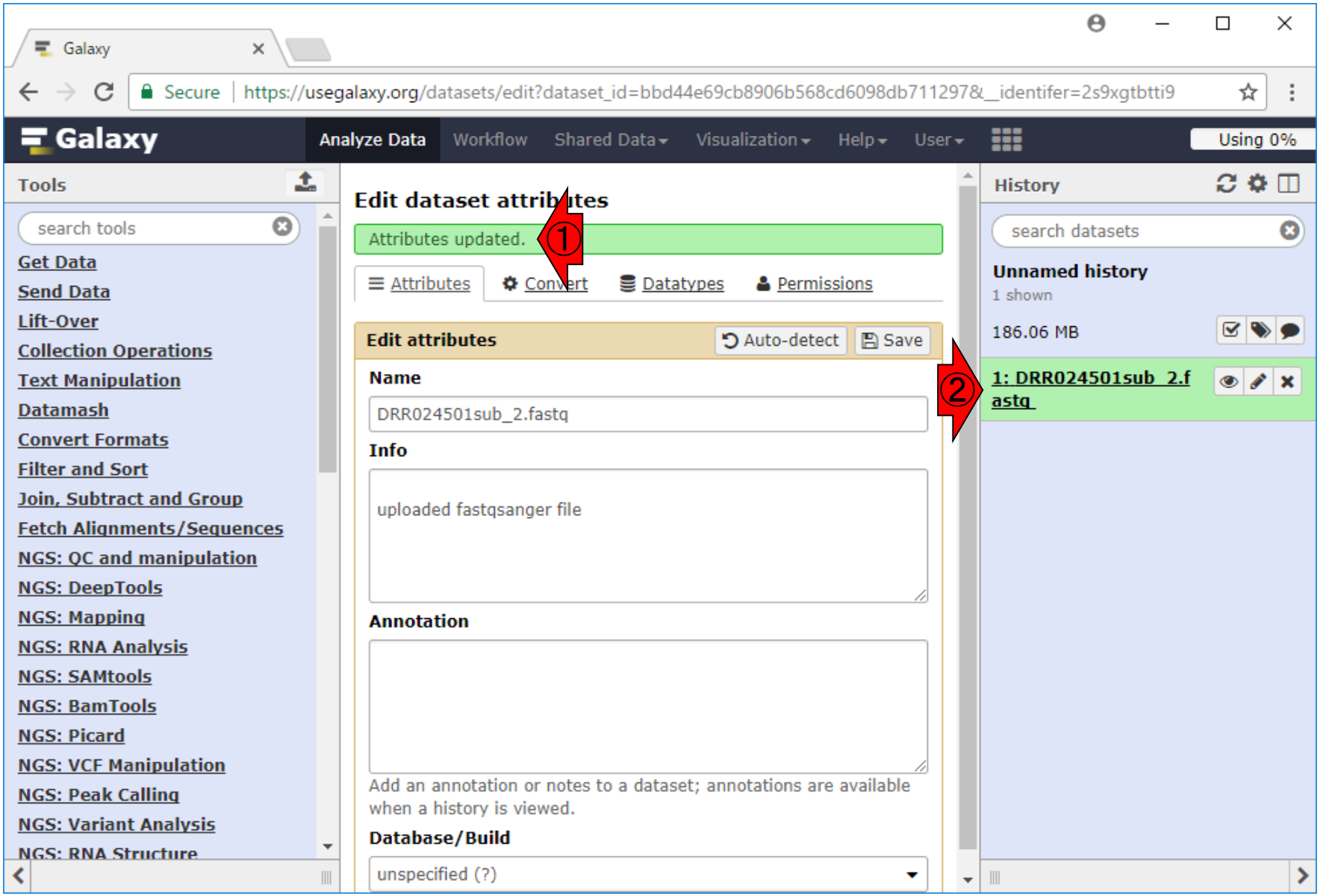
①こんな感じにして、②Save

W17-10：名前の変更3



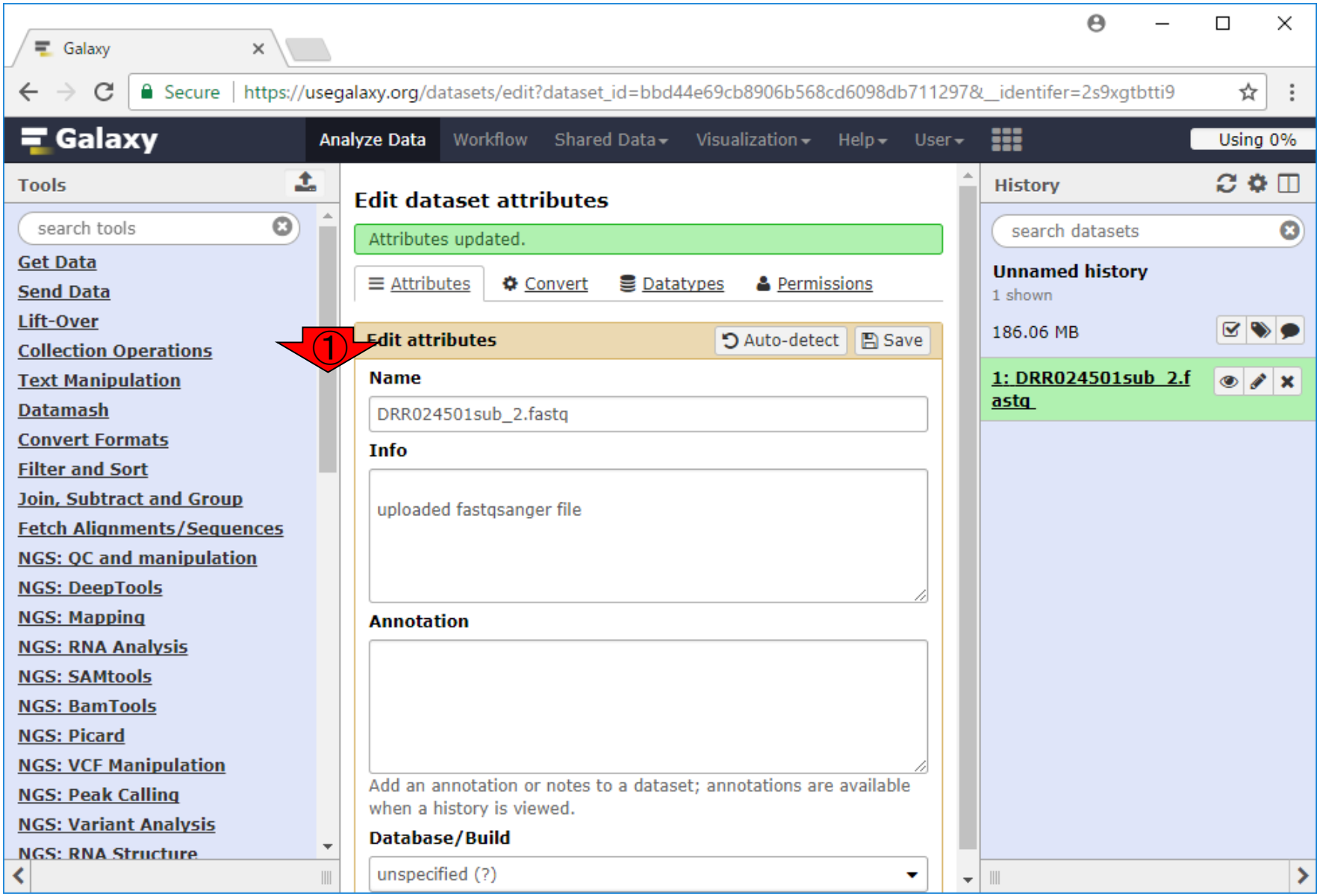
W17-10：名前の変更4

①Attributes updatedとなり、②の部分（これがAttributes）も反映されています



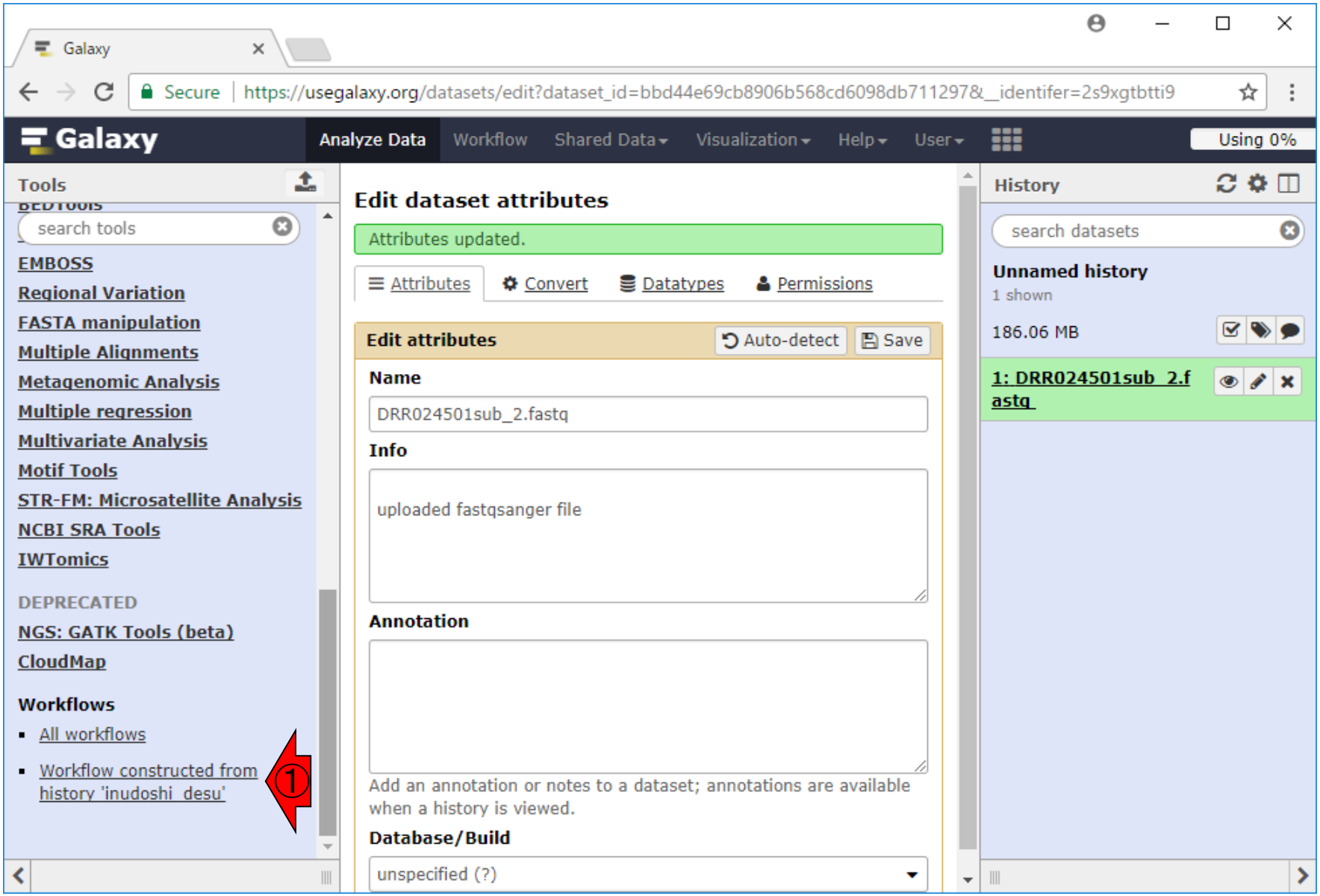
W18-1：ワークフロー実行1

①左側のツールパネルを下にスクロールして…



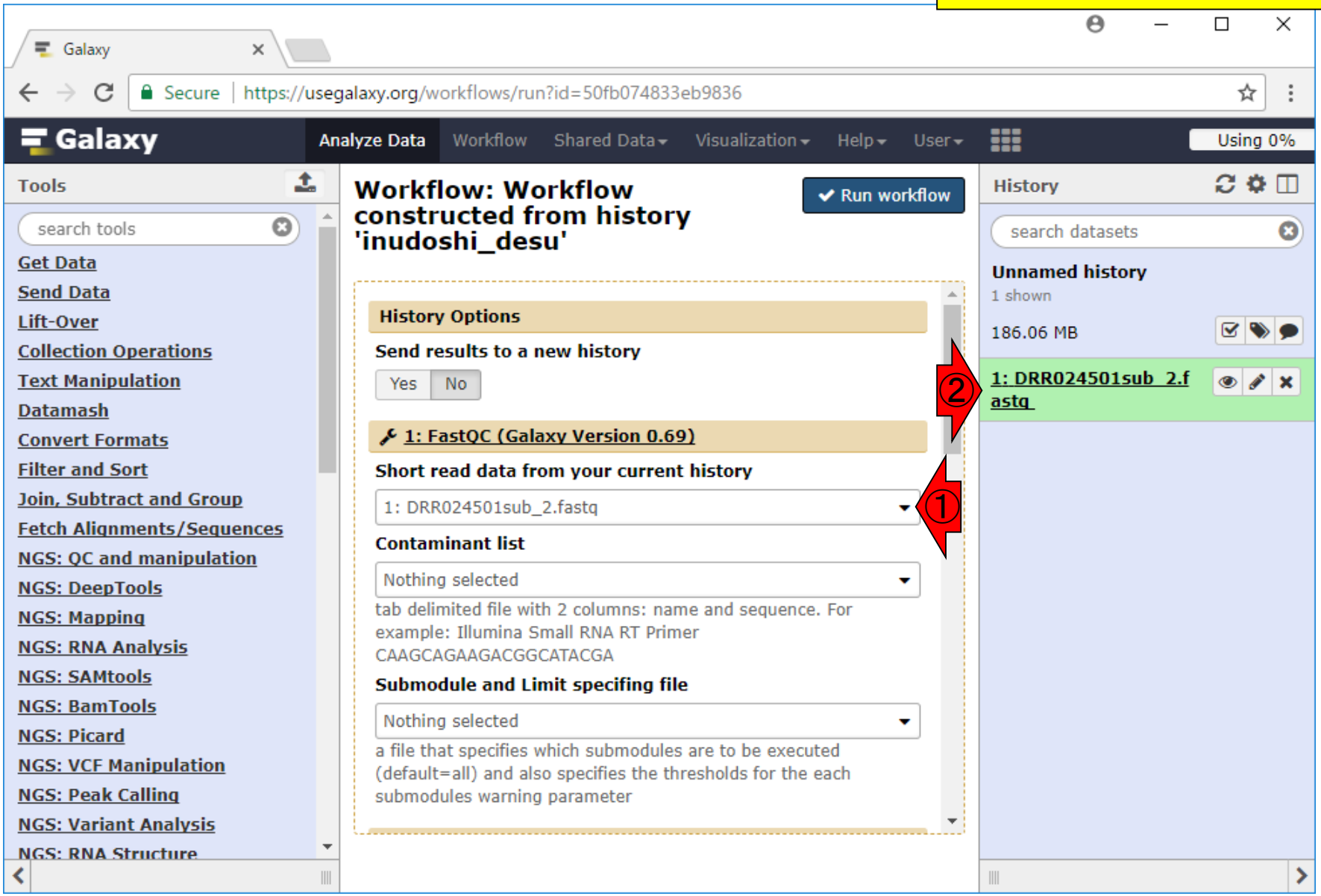
①をクリック

W18-1：ワークフロー実行2



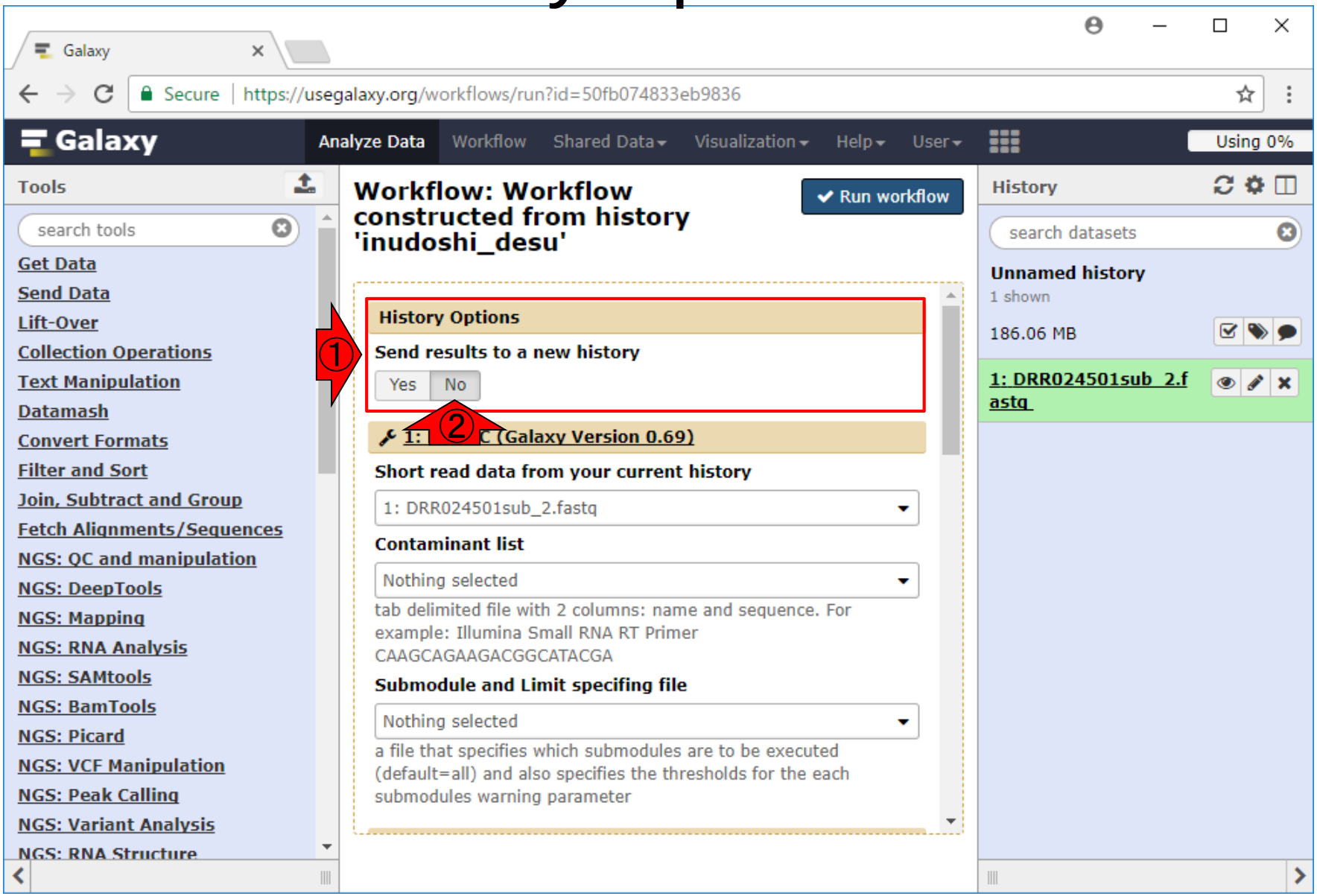
W18-2：中央パネル

こんな感じになります。ヒストリーの異なるW16-2と違って、①で見えているものが、②のみになっていてステキです



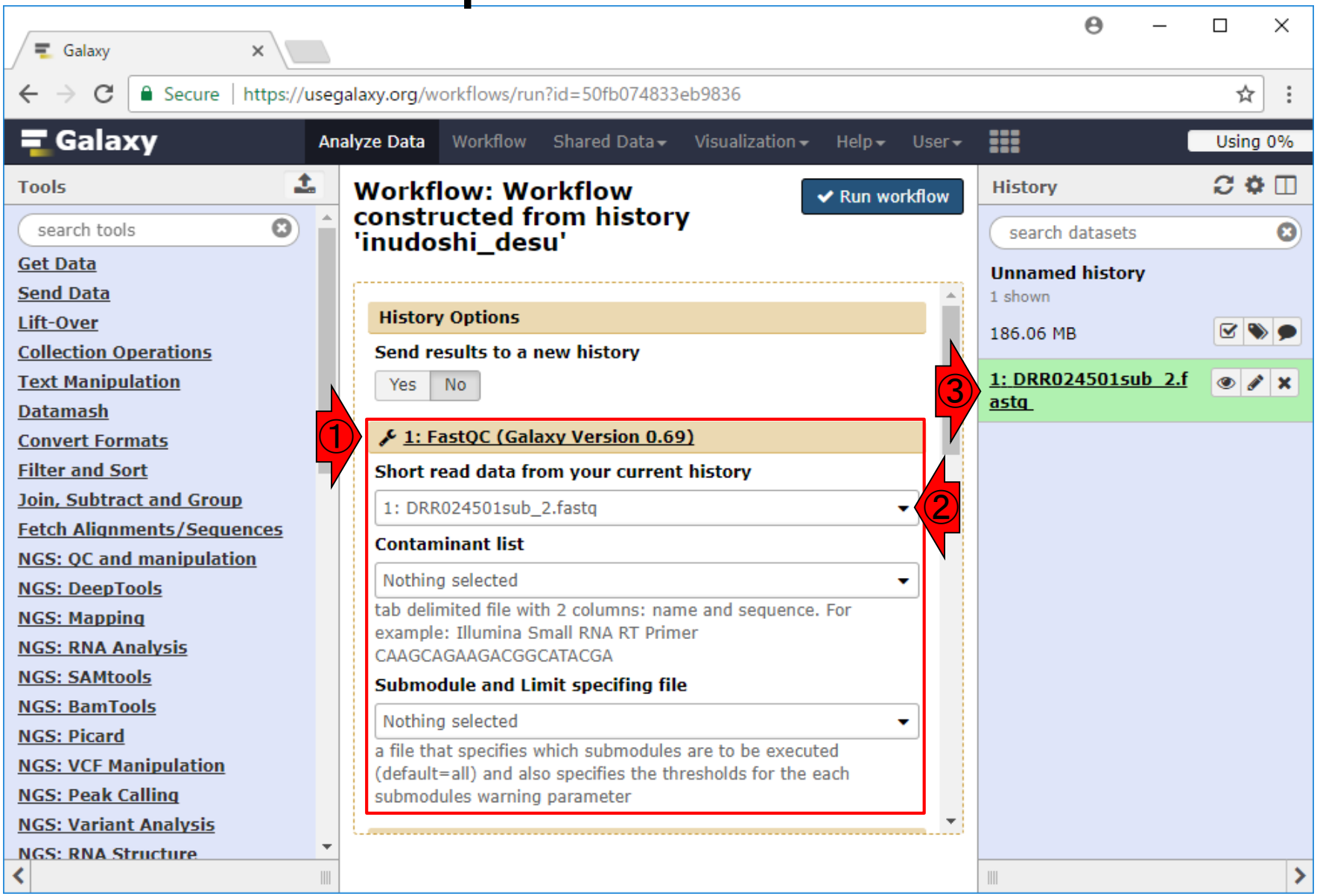
W18-3：History Options

①新規ヒストリーを作る必要がないので、デフォルトの②Noのままでよい



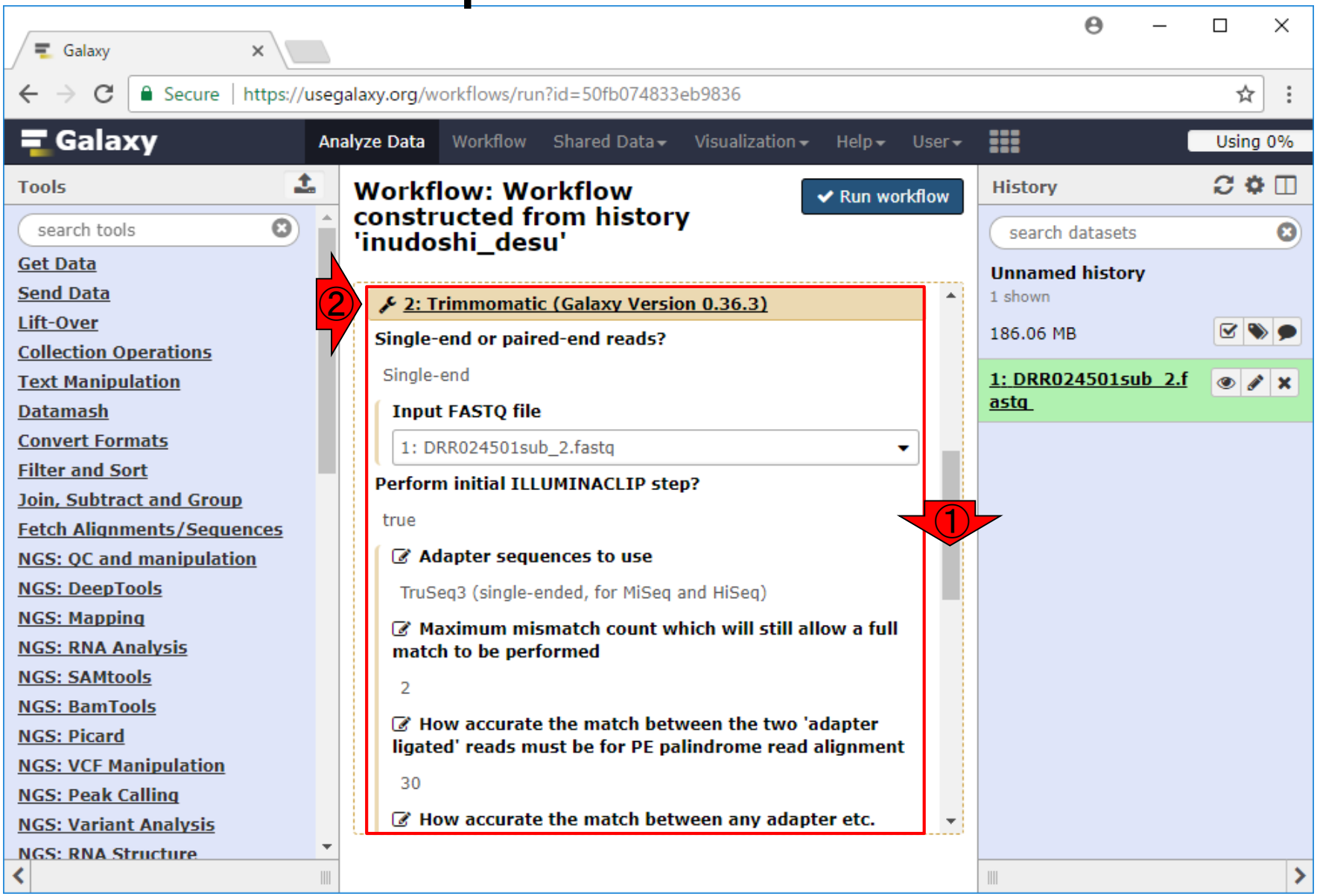
W18-4：Step1

（計3ステップからなるワークフローの）Step1である①FastQCの、②入力ファイルは、③でよい



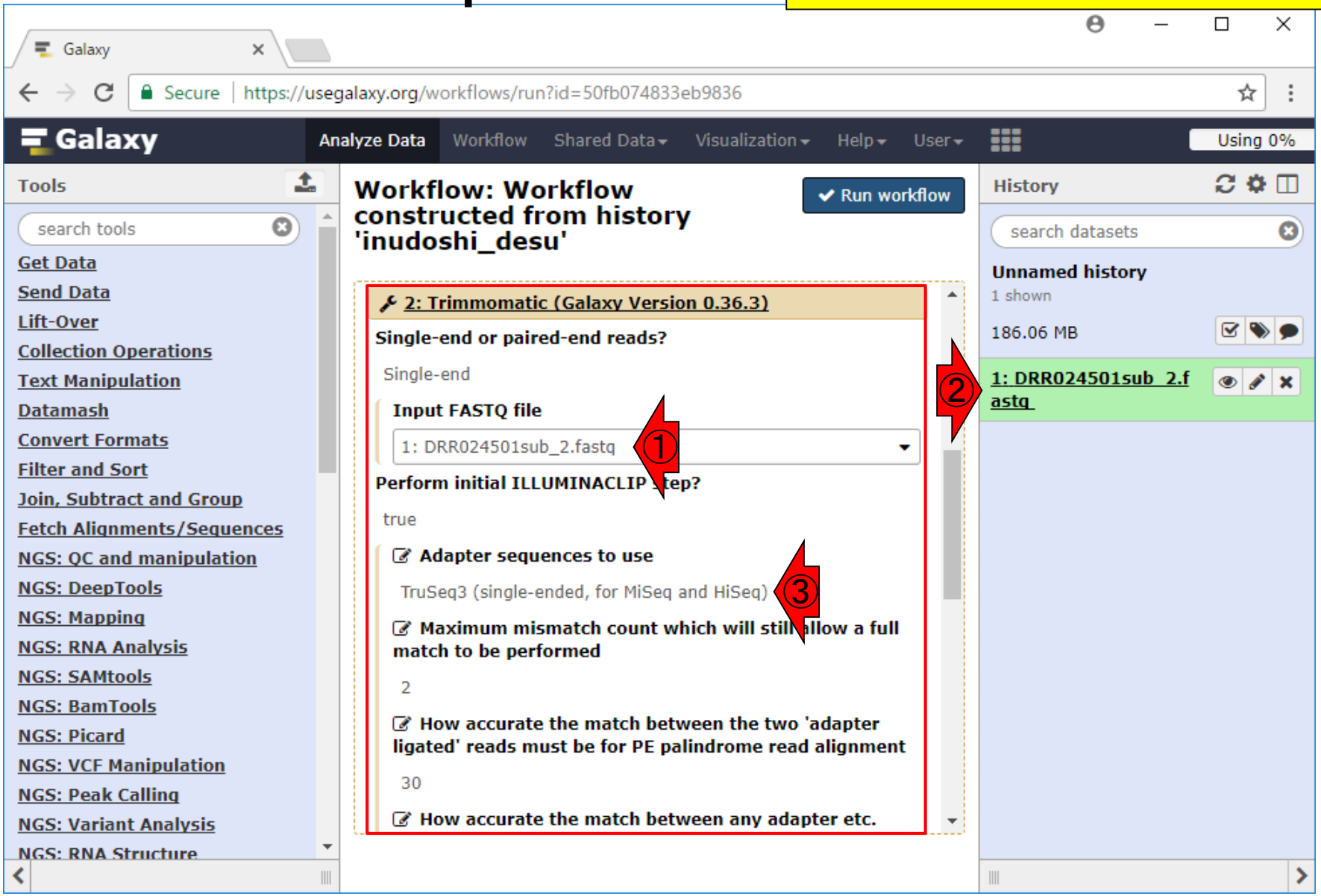
W18-5：Step2

①中央パネル上で下にスクロールして、②Step2であるTrimmomaticのところを表示



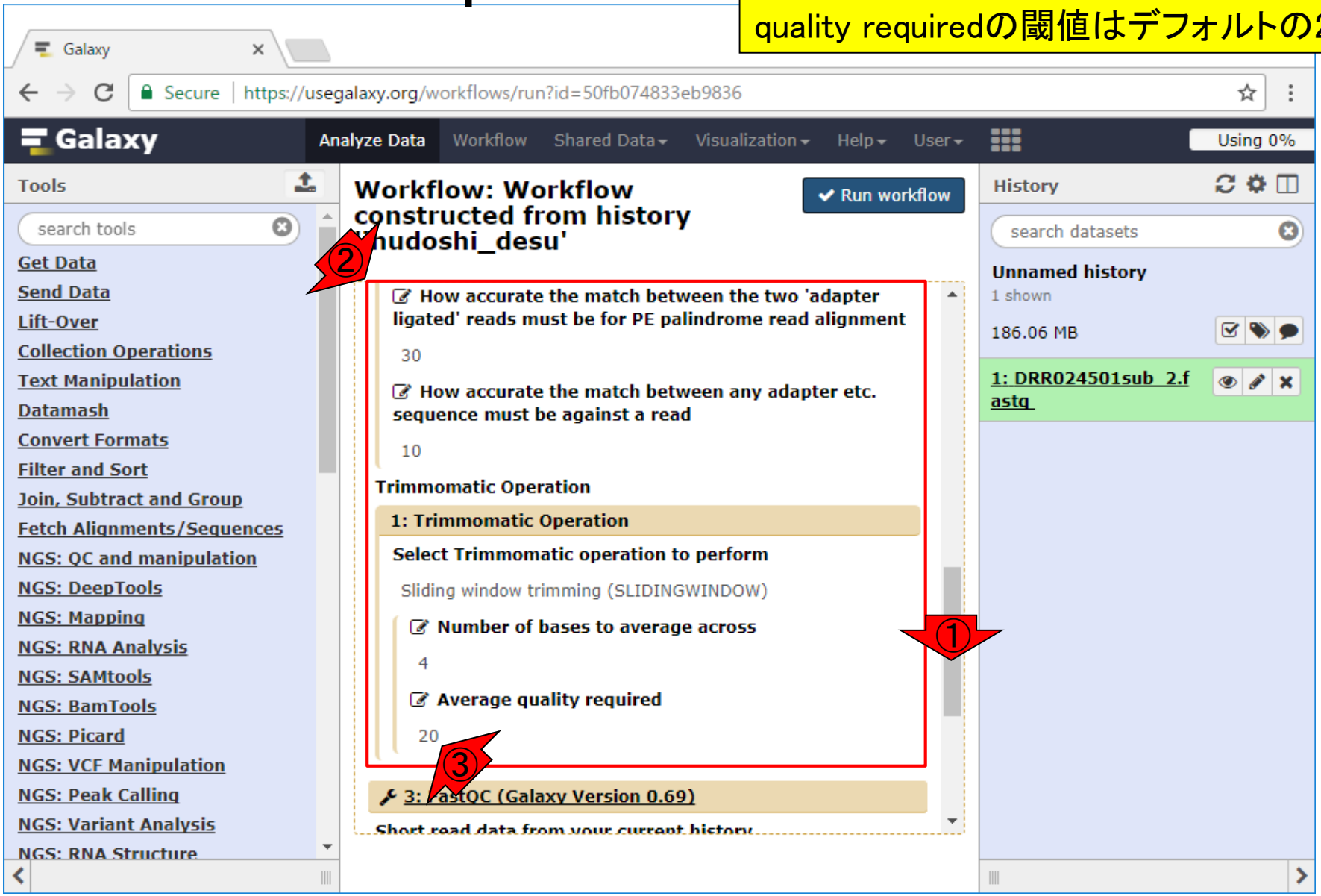
W18-5：Step2

ここの①入力ファイルも、②でよい。③アダプター除去用として指定したTruSeq3も、第11回W12-2で指定したものがそのまま残っていますね



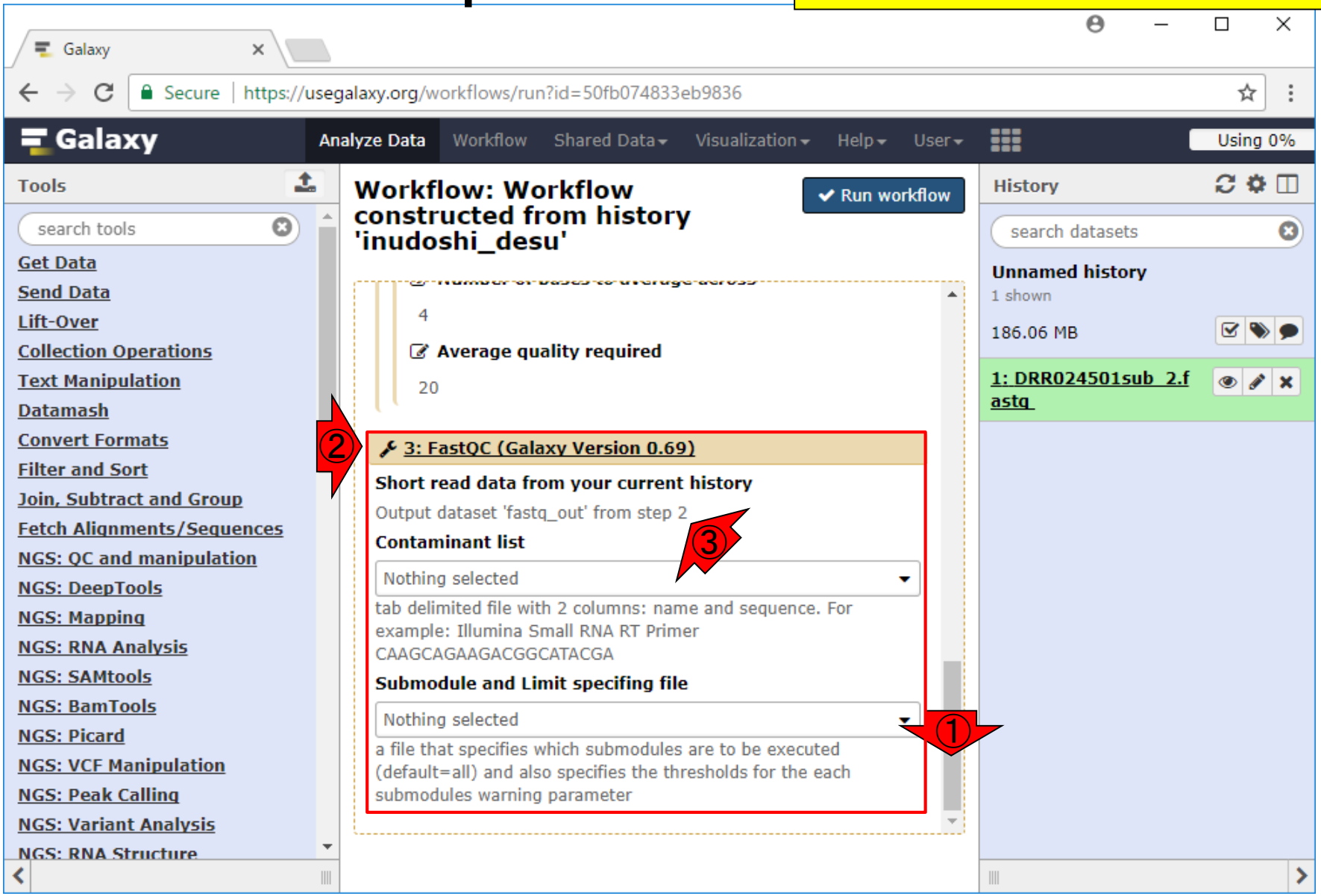
W18-5：Step2

①またちょっと下にスクロール。②アダプター配列以外のオプションは当時は変更していないので、②このワークフロー中でのTrimmomaticの、③Average quality requiredの閾値はデフォルトの20です



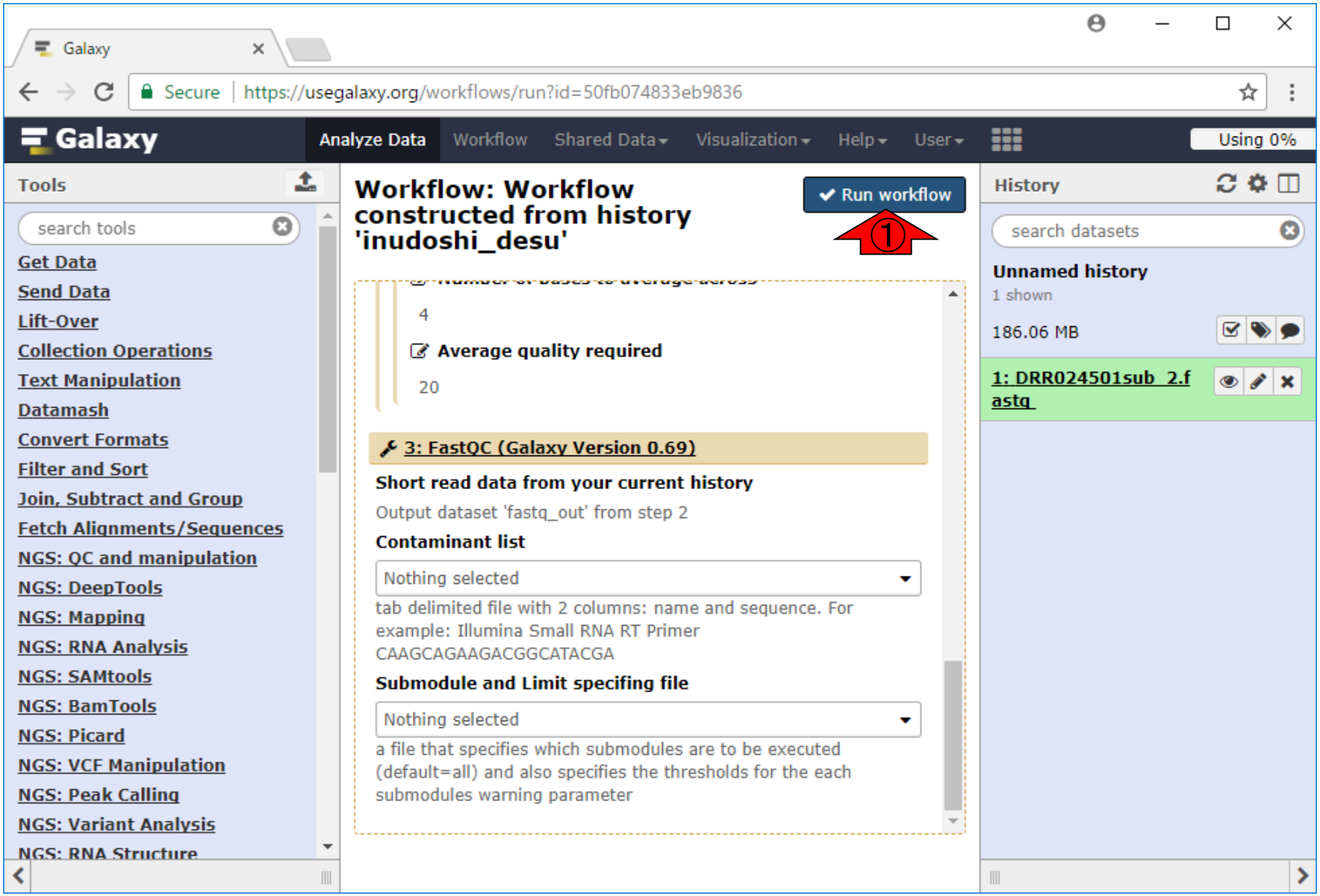
W18-6：Step3

①一番下までスクロール。②Step3は、Step2実行結果ファイルを入力としてFastQCを実行するところ。③の表記を見て大丈夫だろうと安心する



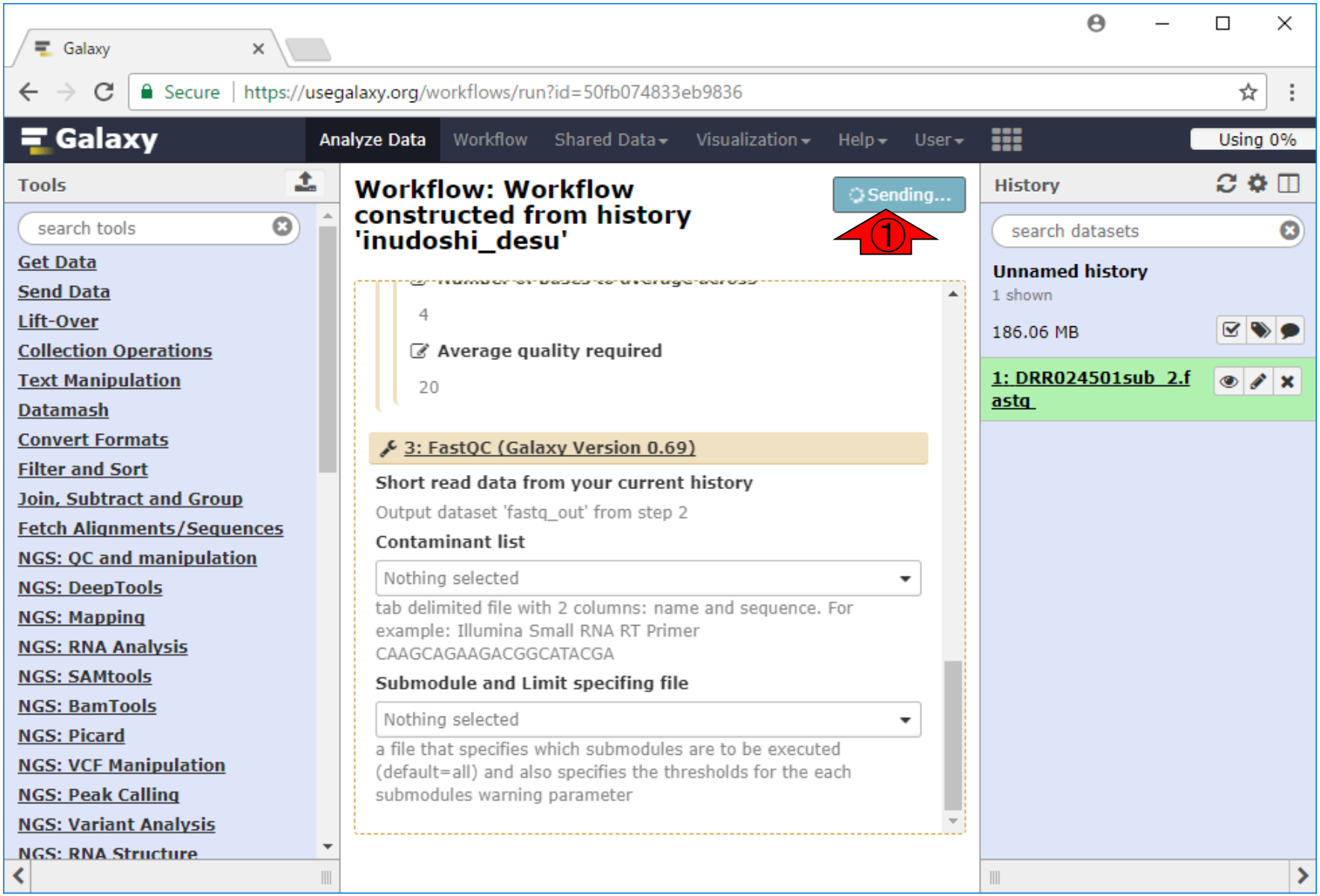
①Run workflow

W18-7：Run workflow



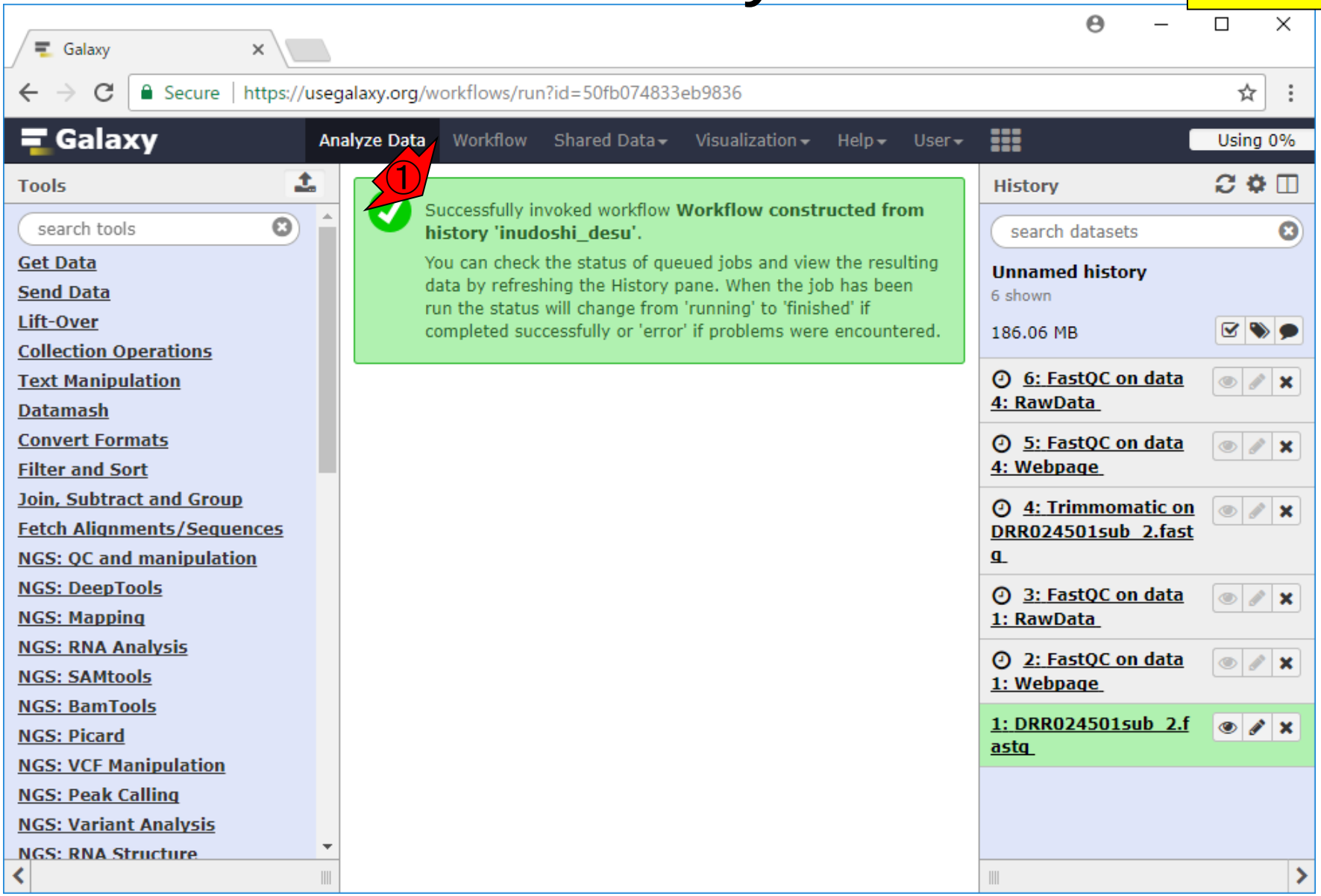
W18-8：ジョブ投げ中…

①Sending･･･になっているのがわかります



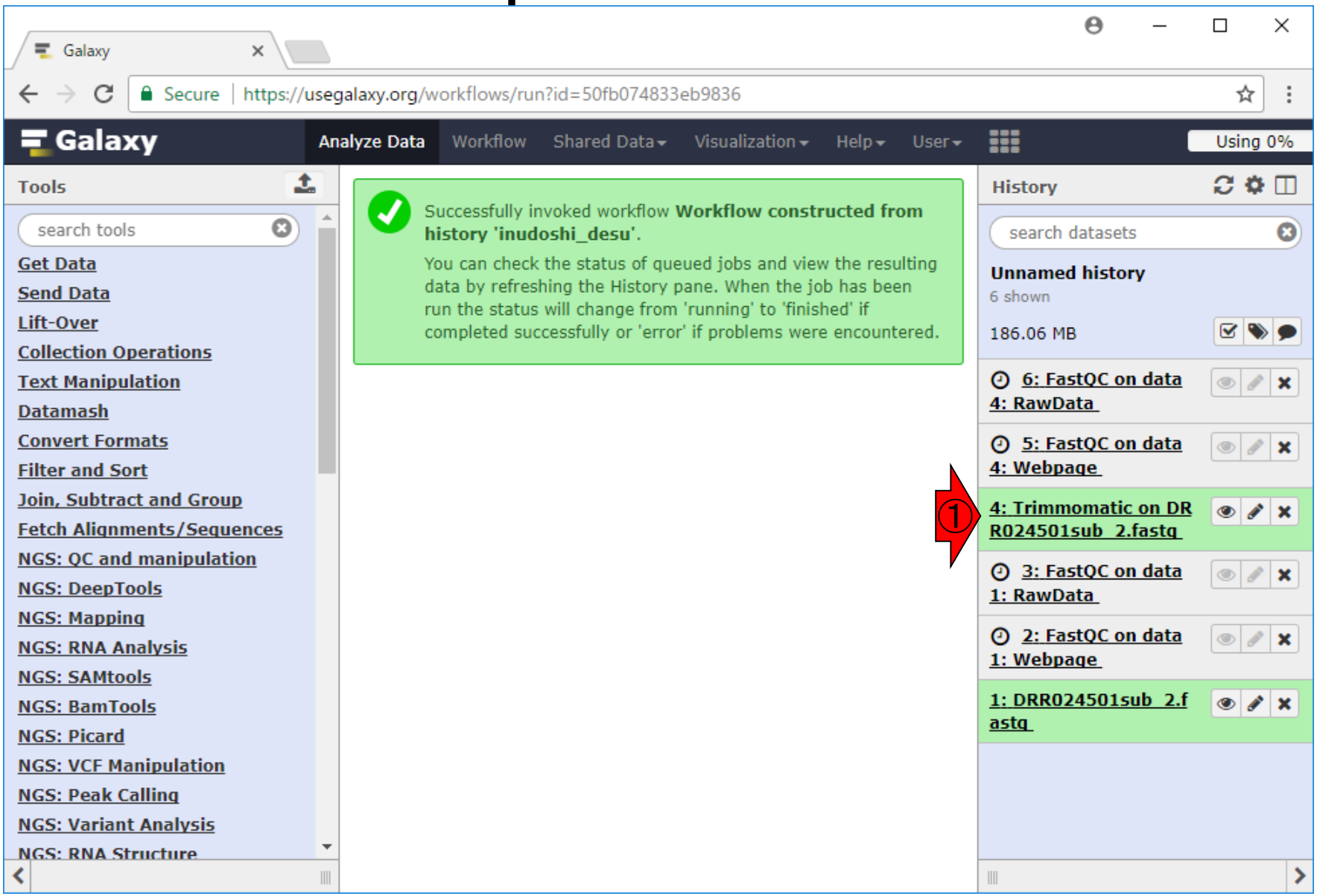
W18-9：Successfully invoked

①無事ワークフローを呼び出す（invoke）ことができたようです



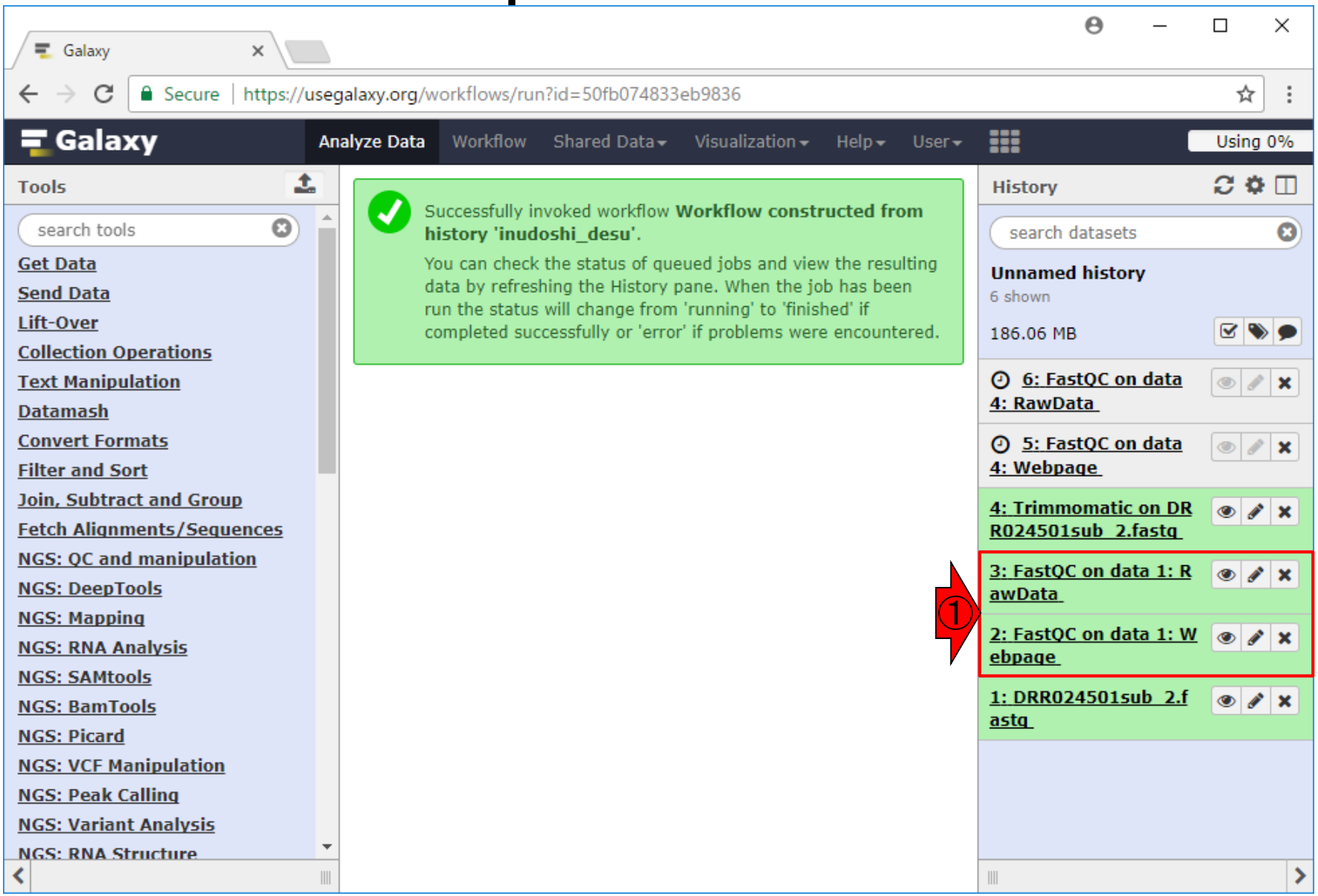
W18-10：Step2終了

このときは、まず①Step2のTrimmomaticが終了した



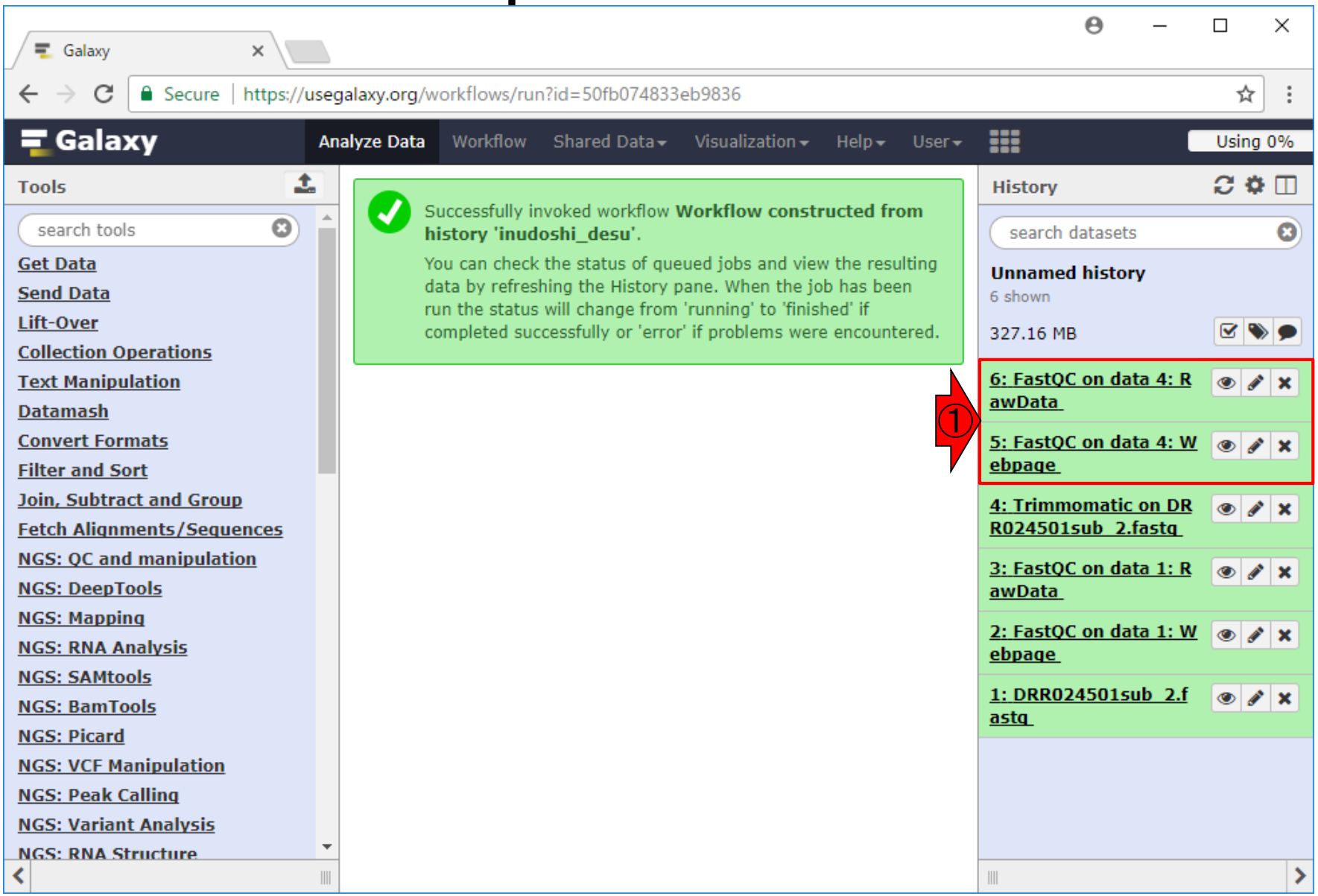
①Step1のFastQCが終了

W18-11：Step1終了



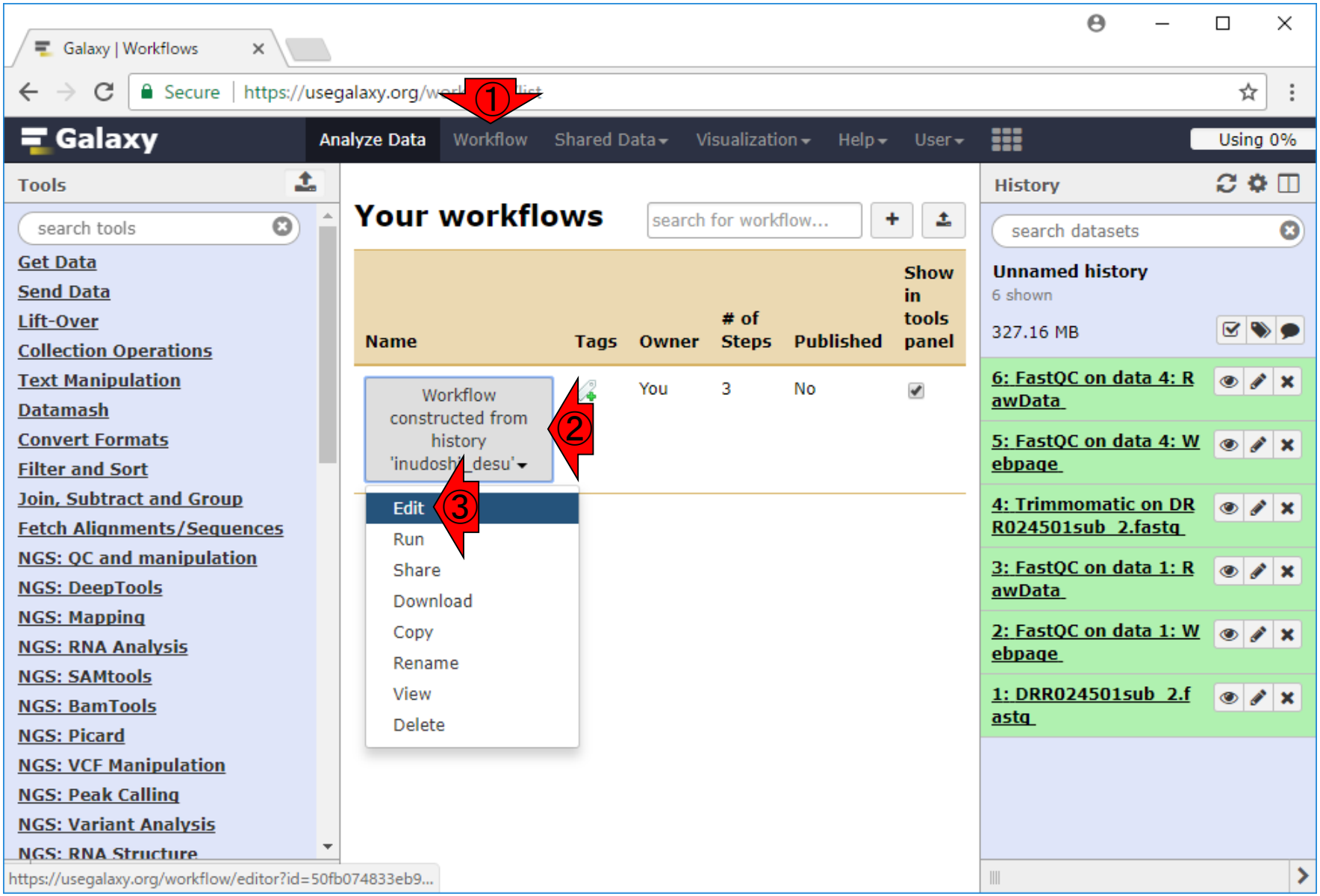
①Step3のFastQCが終了

W18-12：Step3終了



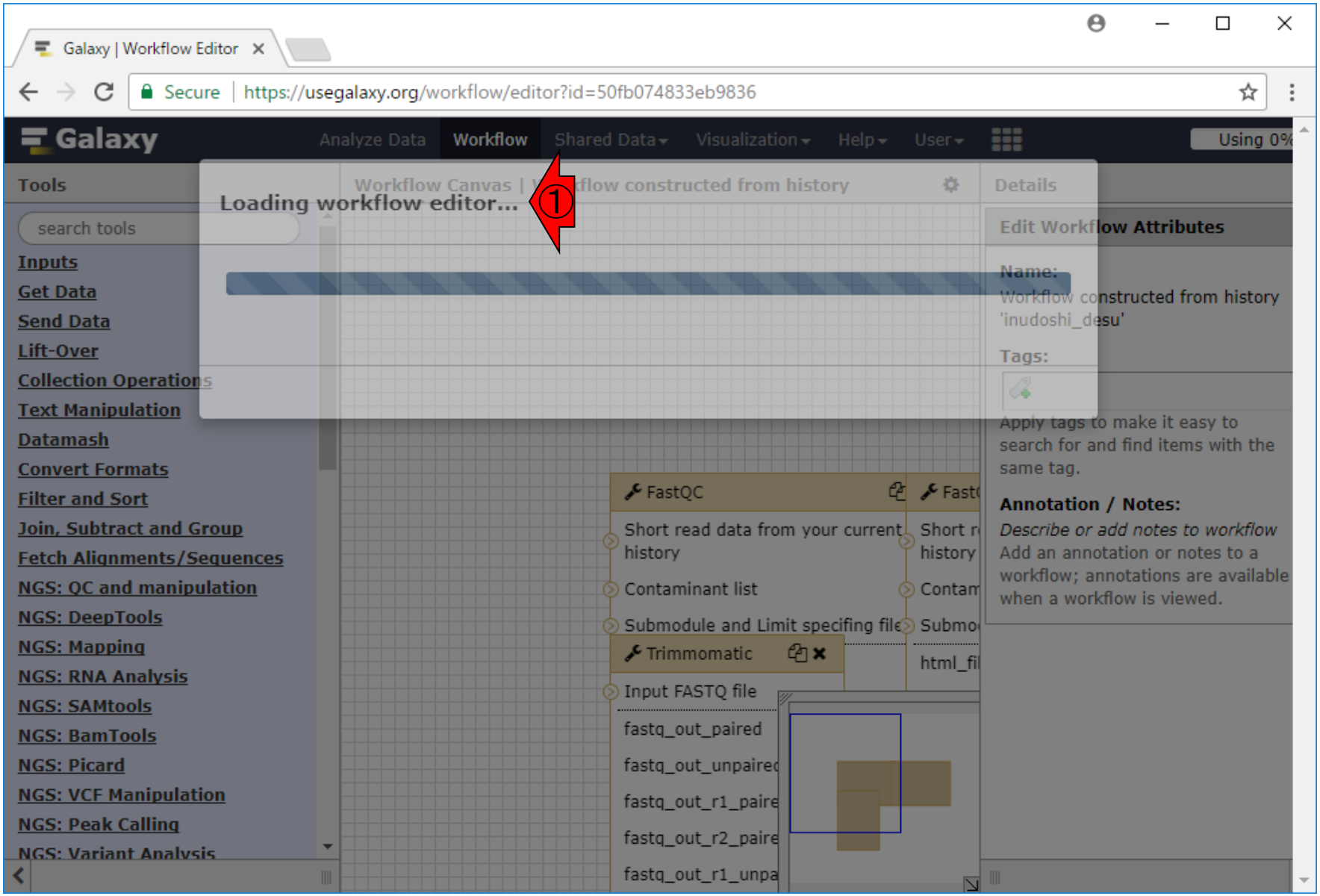
①Workflow、②左クリック、③Edit

W19-1：ワークフロー編集画面



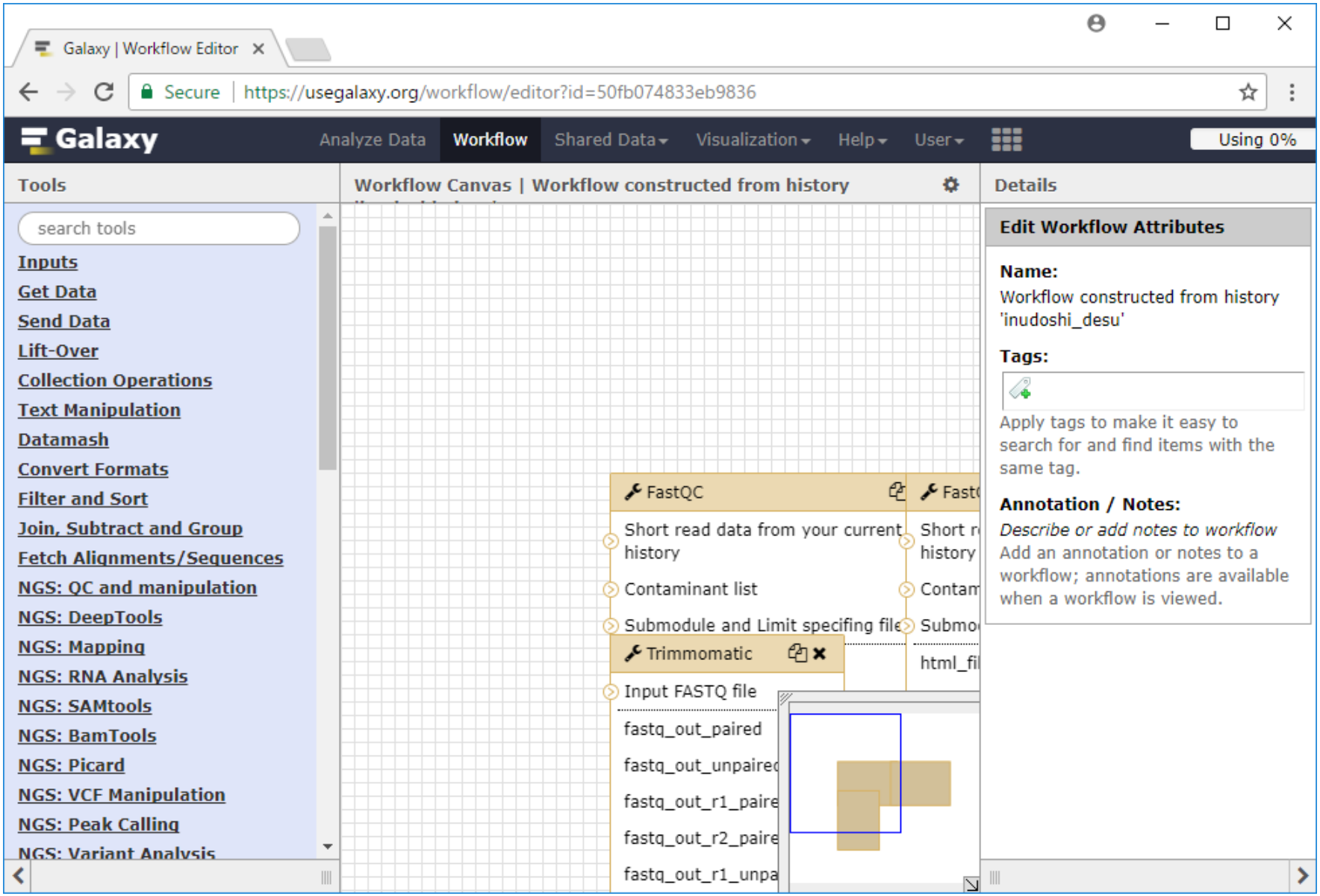
W19-1：ワークフロー編集画面

①ワークフローエディタをロードしている…ようです



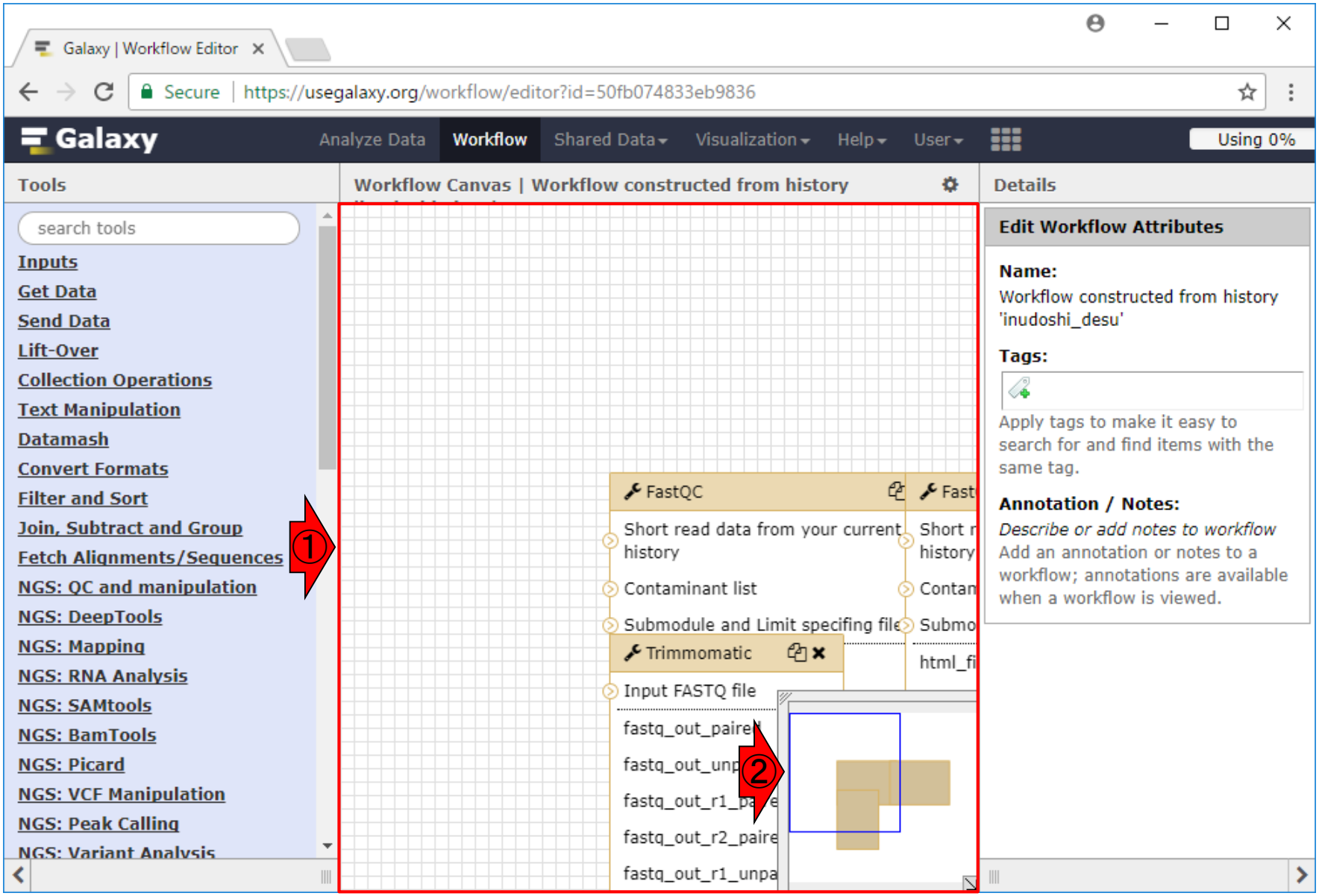
こんな感じになります

W19-2：編集画面



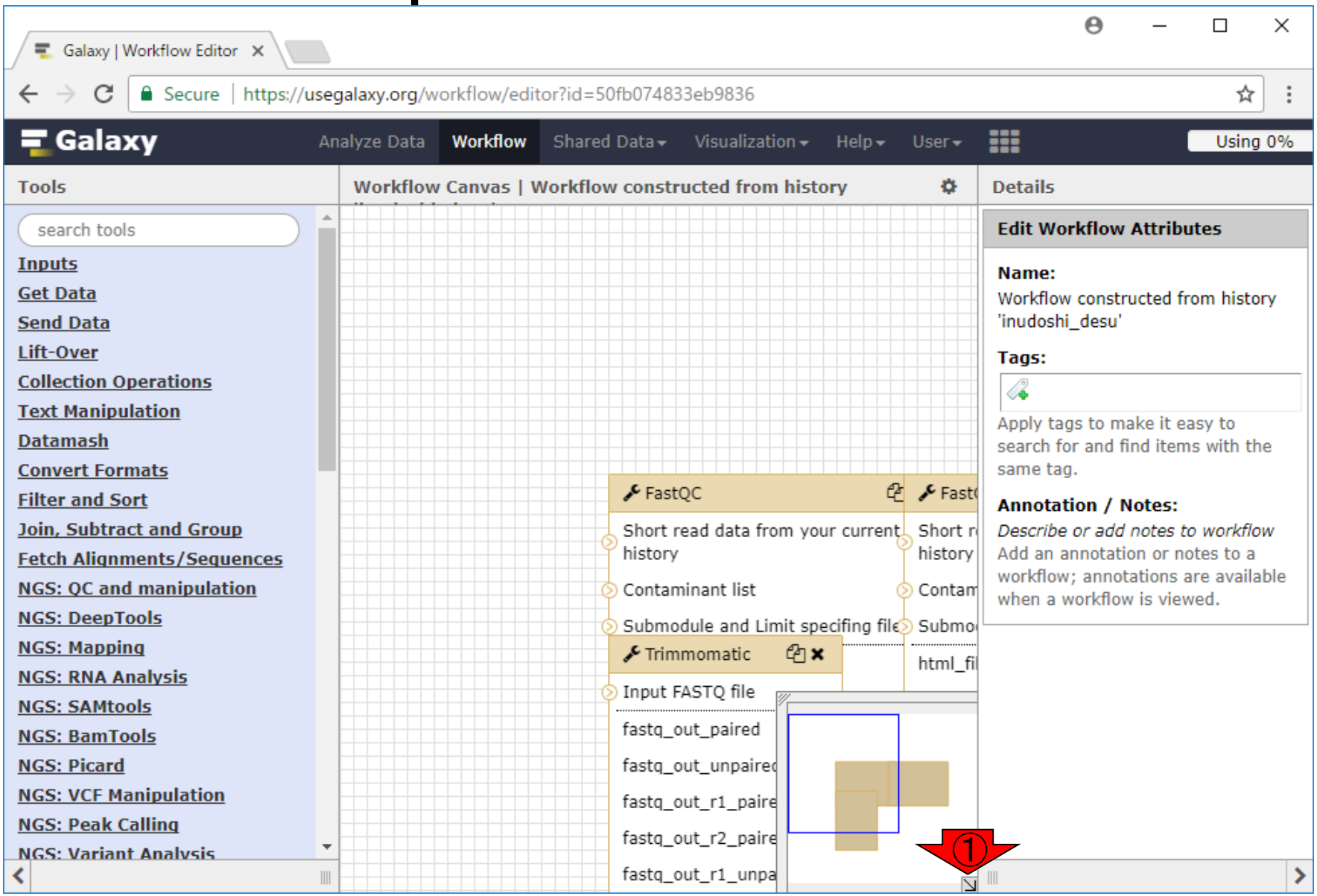
①赤枠で見ている部分が、②青枠部分なのでしょう

W19-2：編集画面



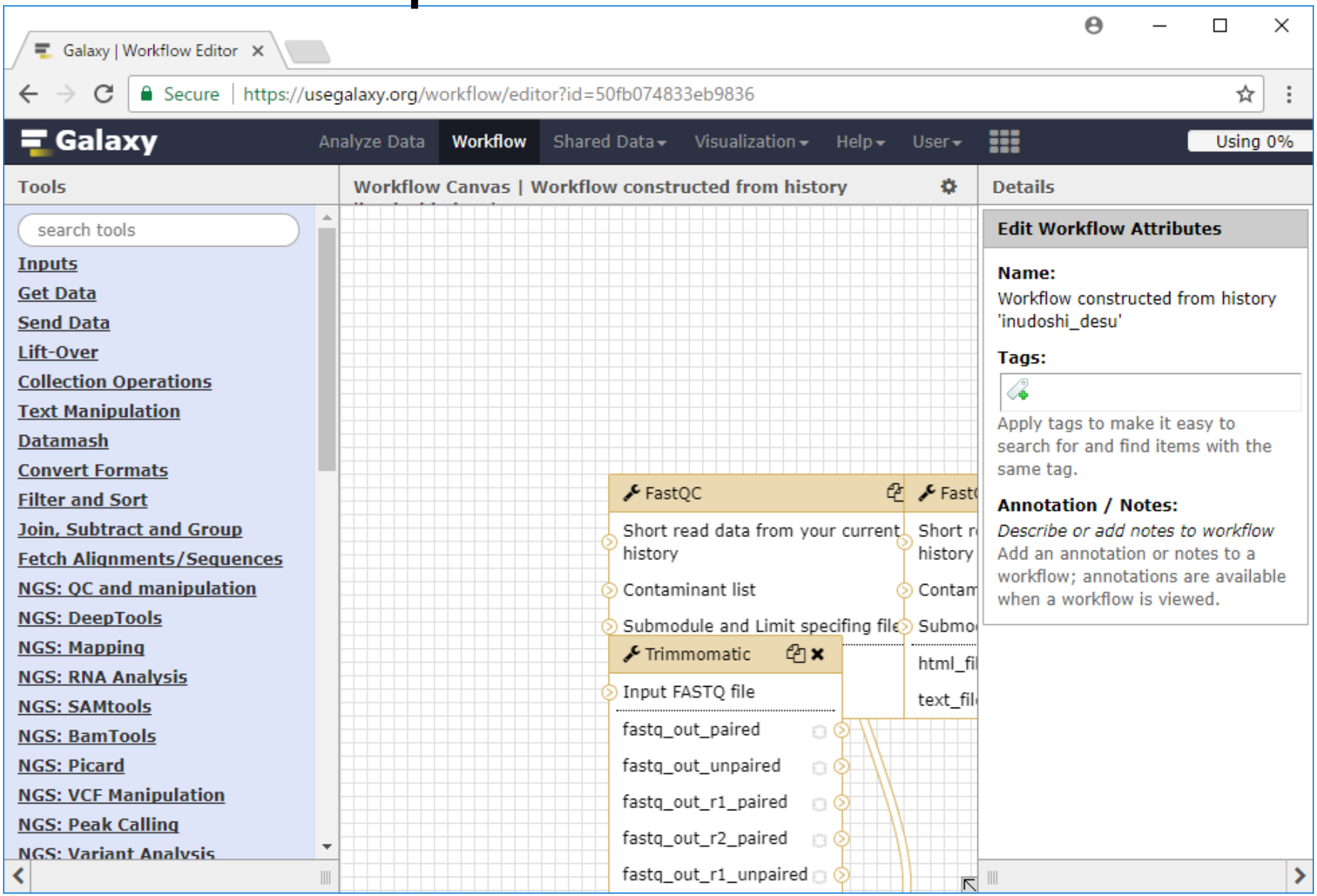
W19-3：Tips

①ここを左クリックすると…



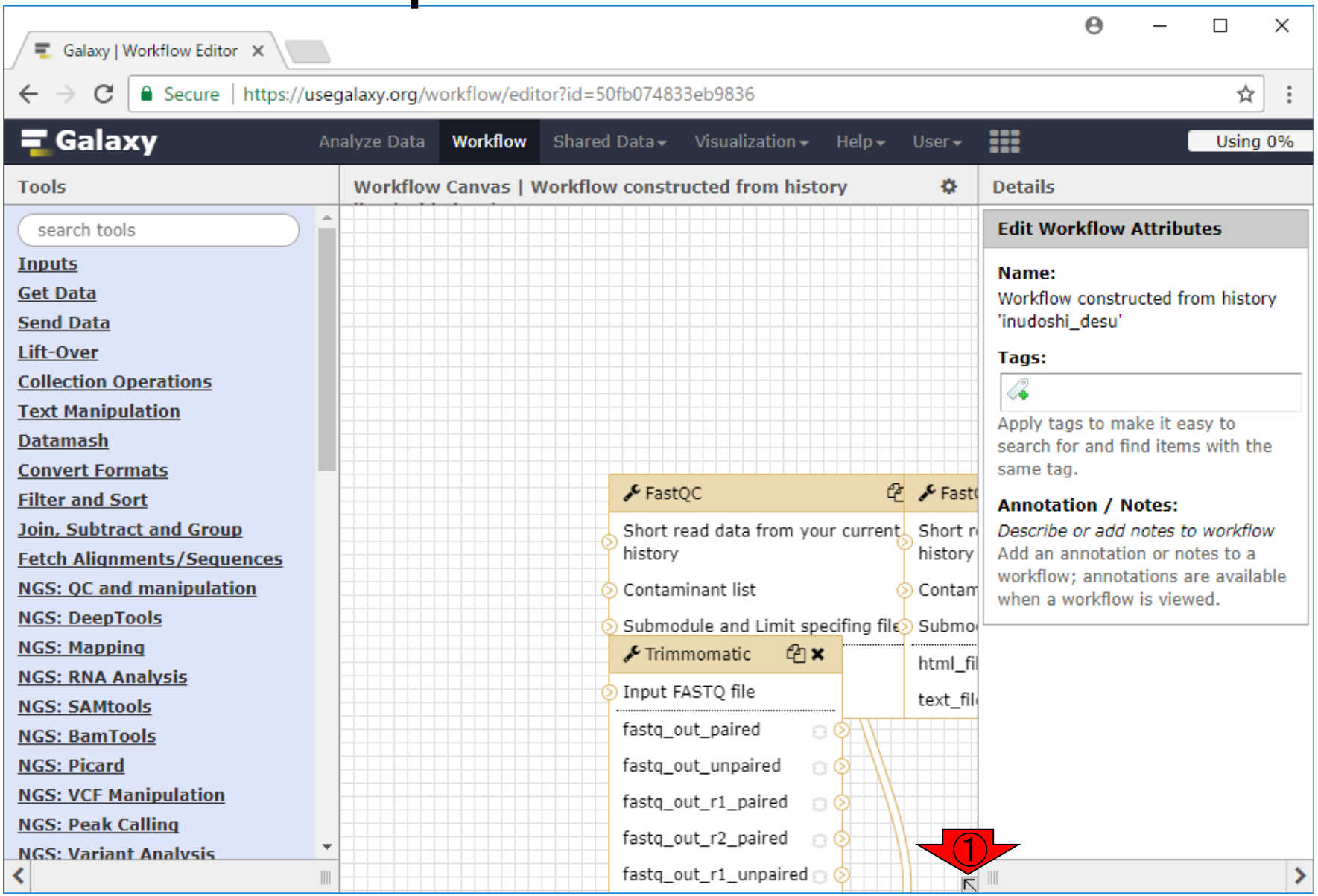
こんな感じになります

W19-3：Tips



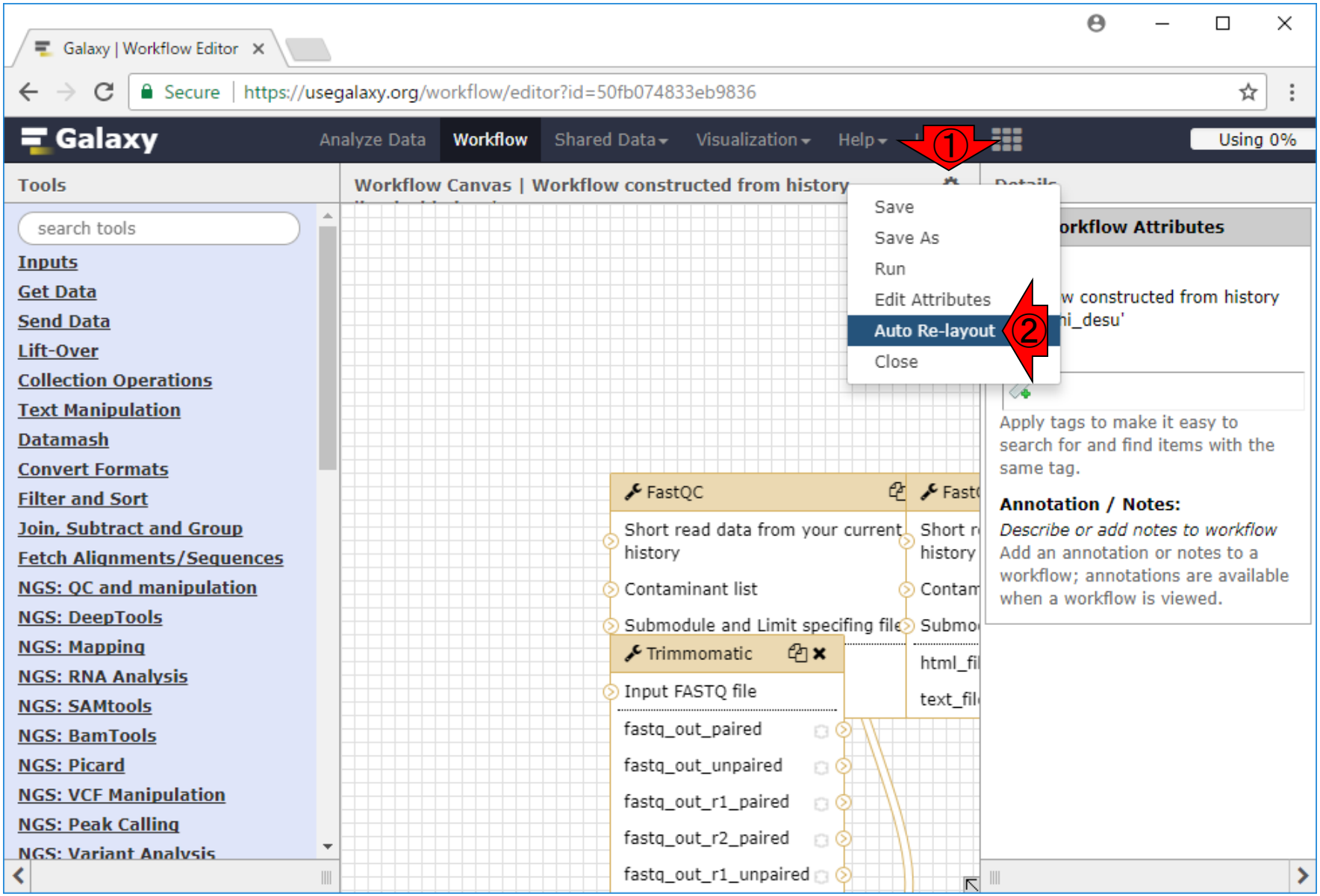
①またここを左クリックすると、元に戻ります

W19-3：Tips



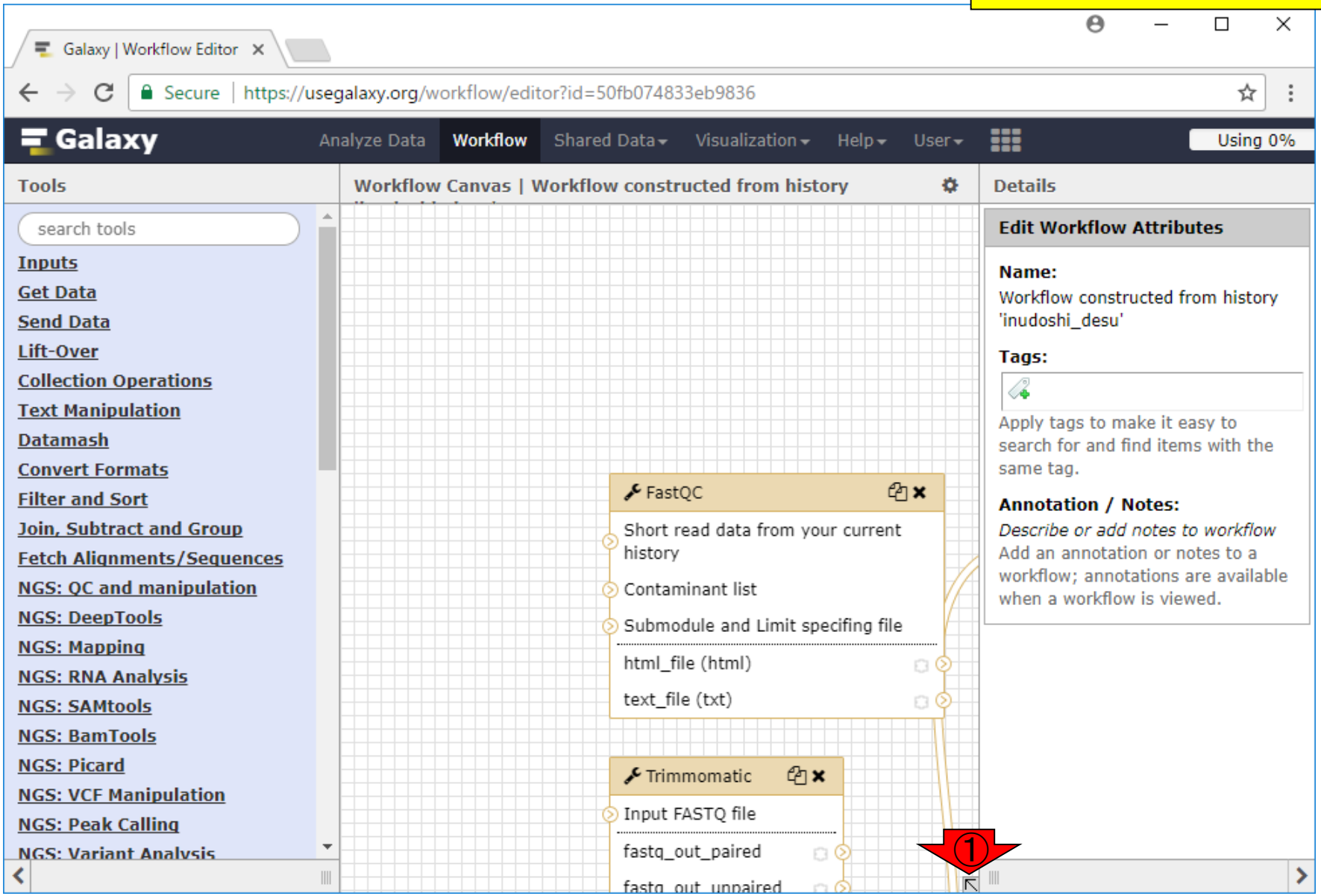
W19-4：自動で再レイアウト

①設定、②Auto Re-layoutというのがあるのでやってみましょう



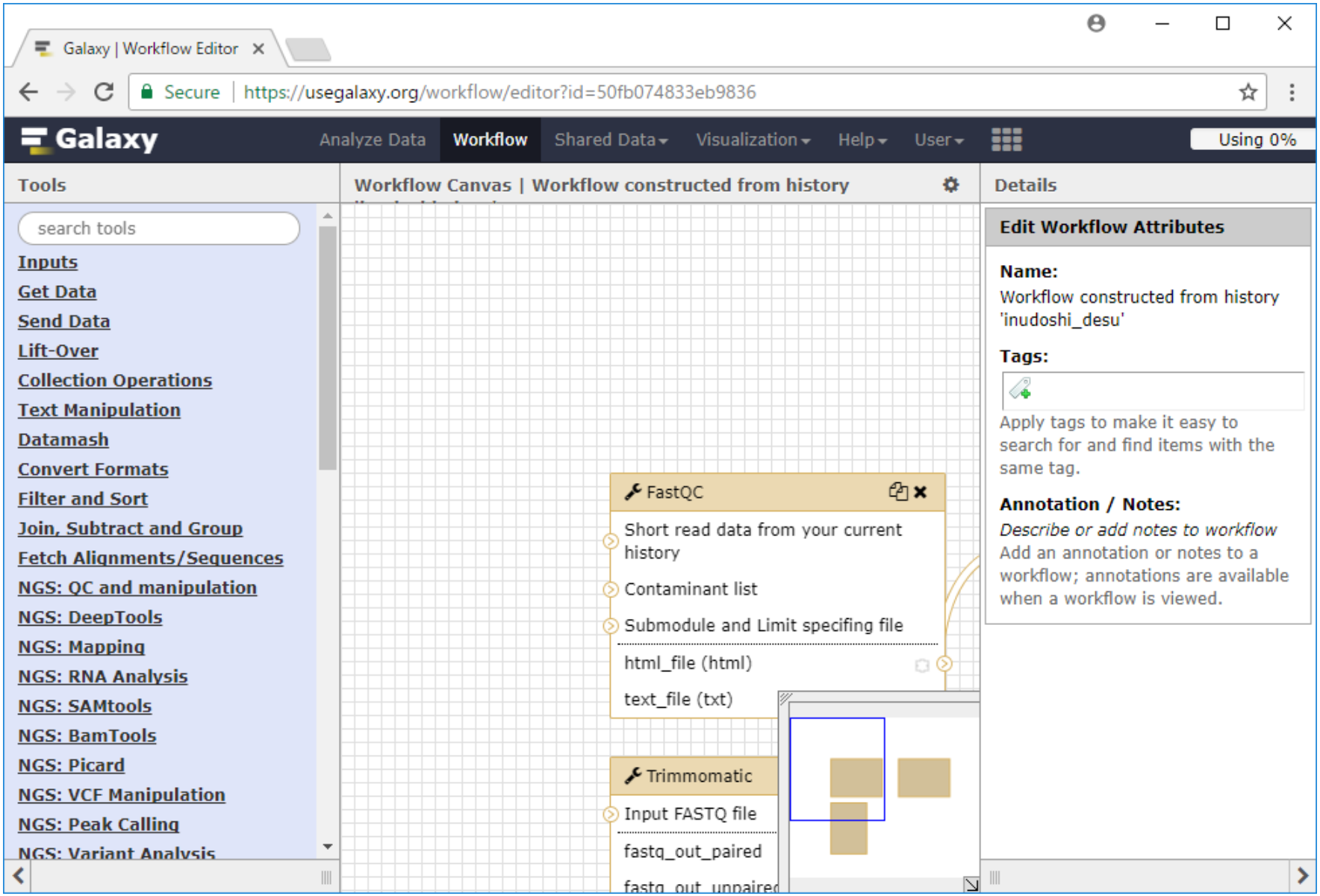
W19-4：自動で再レイアウト

こんな感じになりました。確かに重なっていたのがちょっと見やすくなったような気がします。①を押してみる



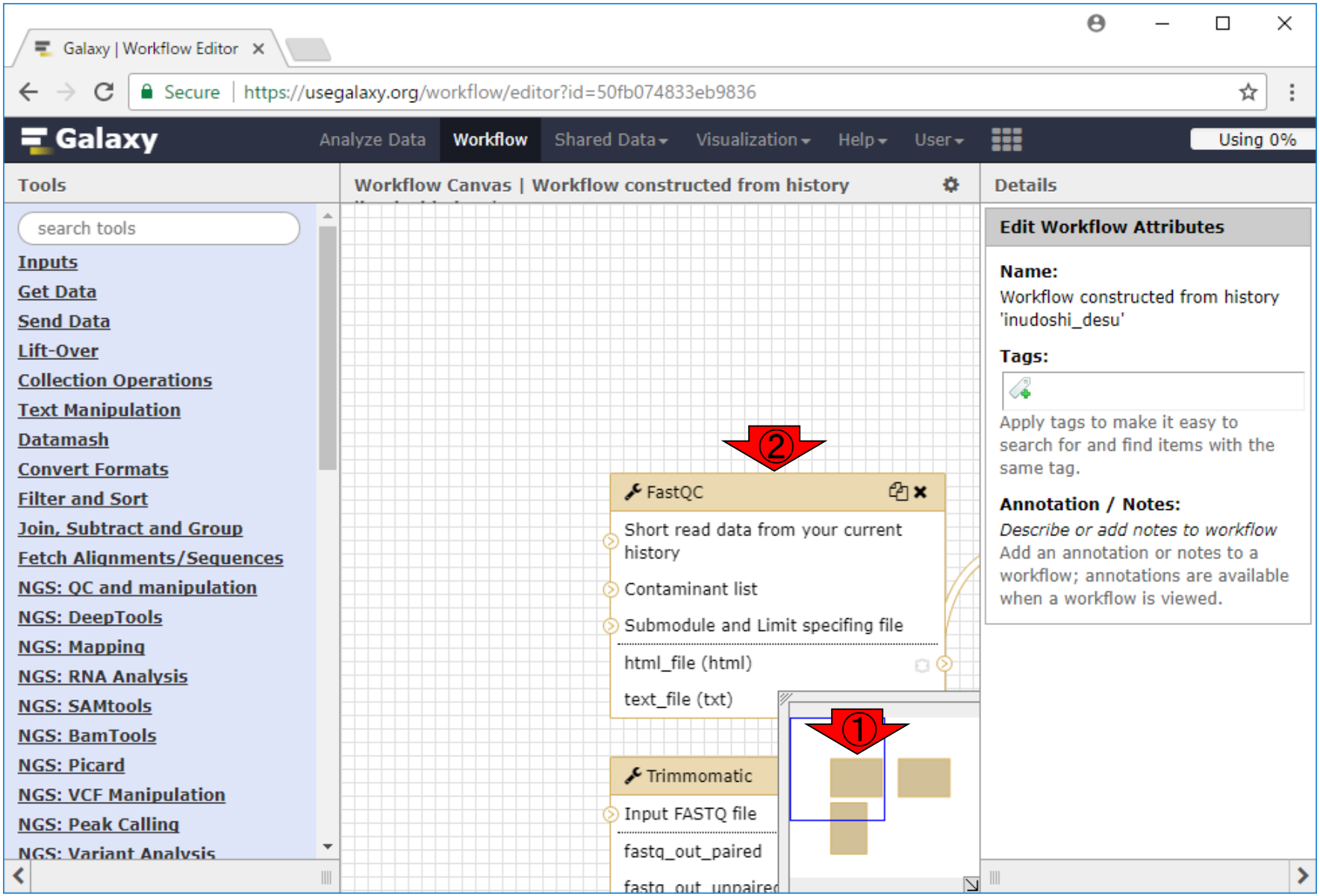
W19-4：自動で再レイアウト

おお！確かにW19-2で見えていたときよりも見やすい



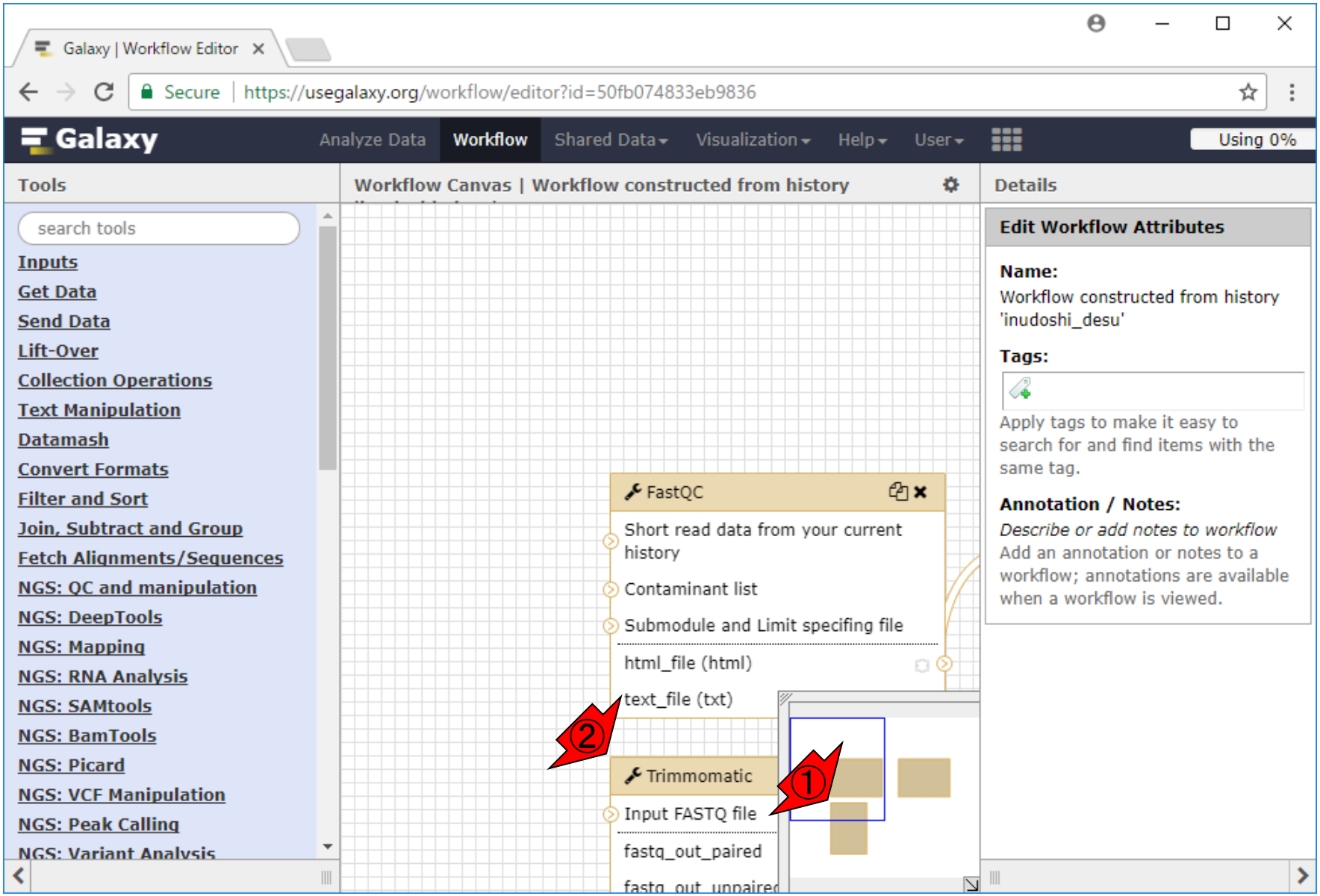
W19-5：計3ステップなので

①がおそらくStep1で、②で見えているFastQCなのでしょう



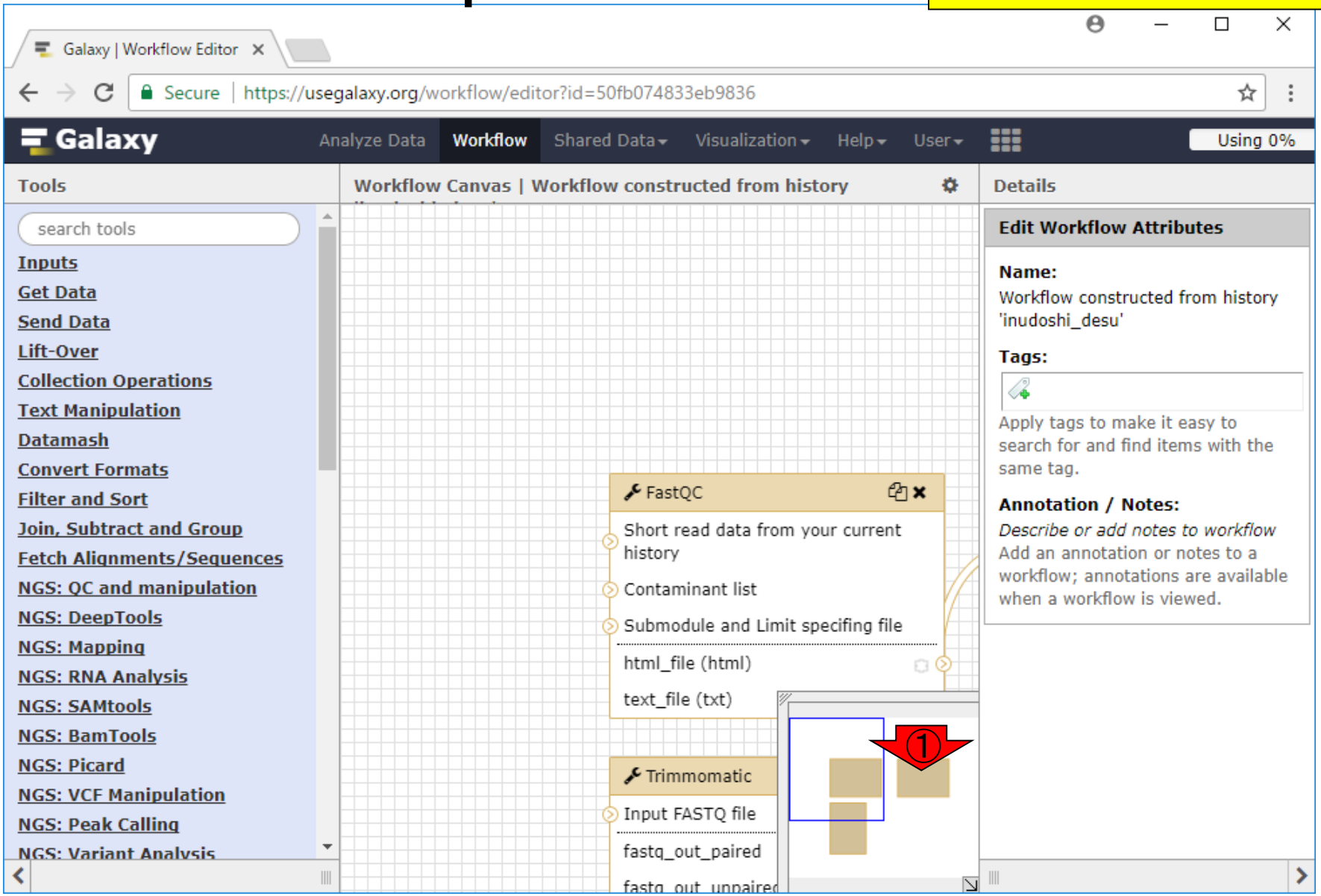
W19-5：計3ステップなので

①は間違いなくStep2で、②で見えているTrimmomatic



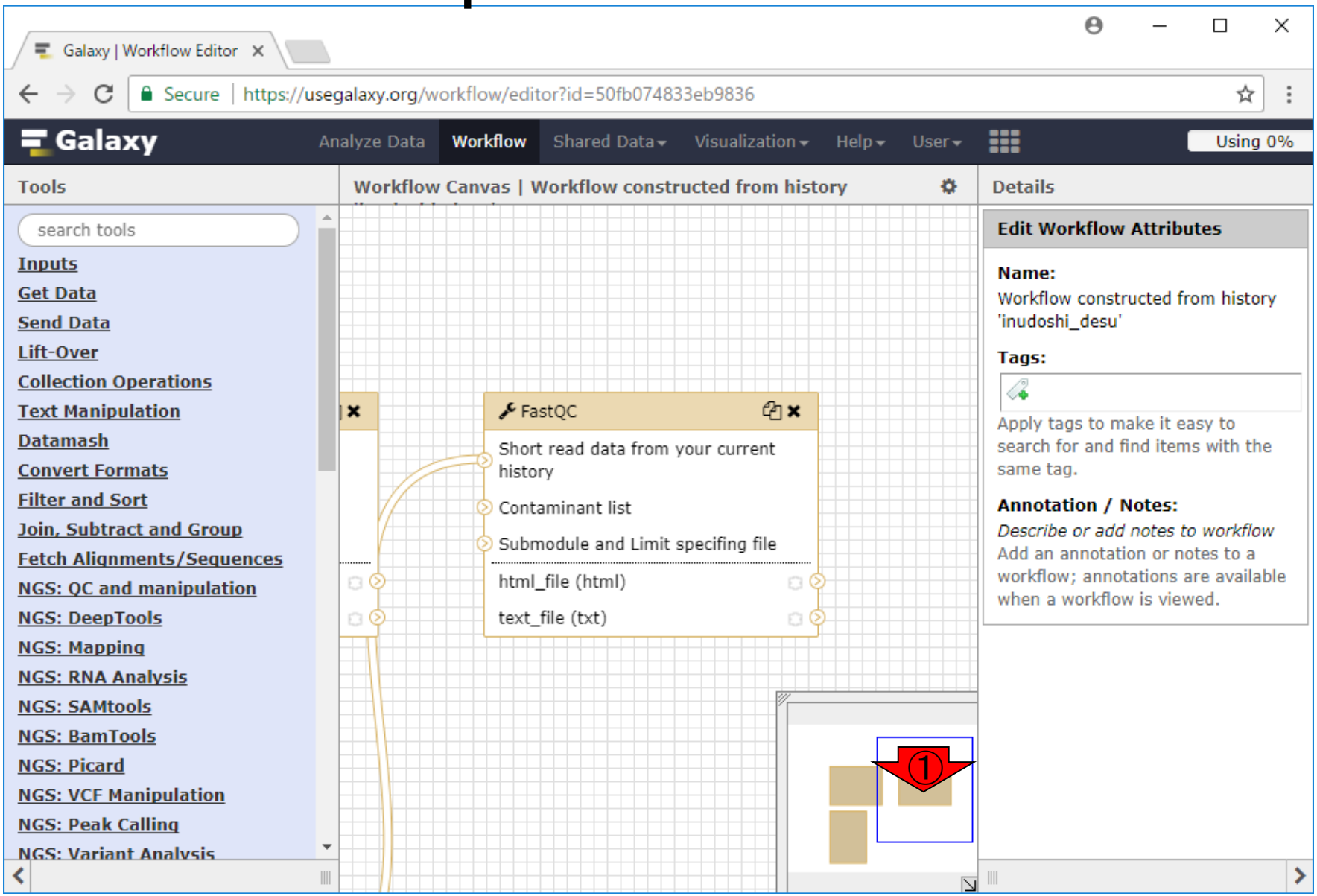
W19-6：Step3は…

（たぶんこれだろうと思われる）Step3のFastQCはどうやって見るんだろうと思いつつ、①のあたりをクリックすると…



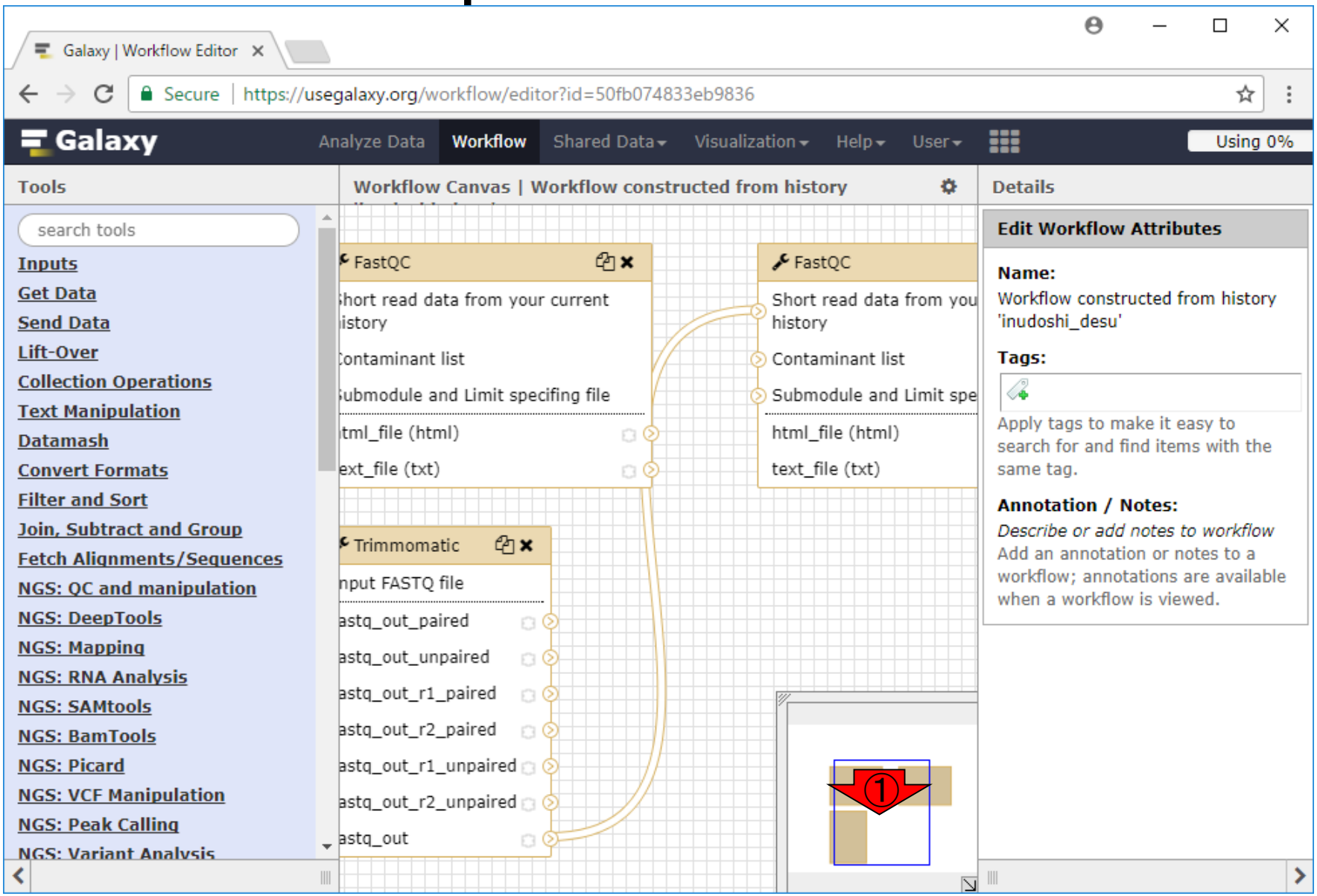
おお！だんだんノリがわかってきました

W19-6：Step3は…



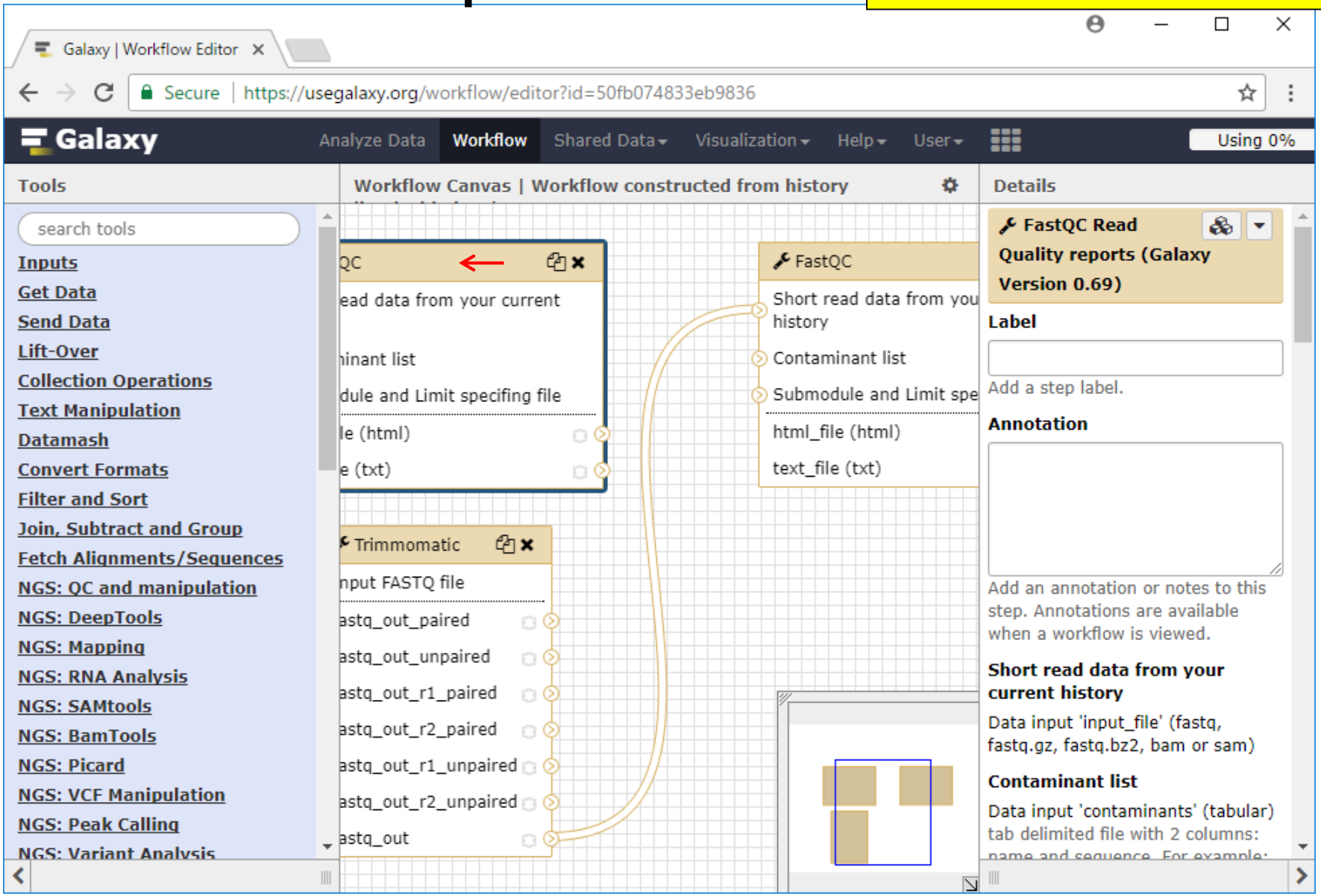
W19-7：Step間の関係性

①のあたりをクリックしてみると、Step間の関係性の理解がより深まってくる



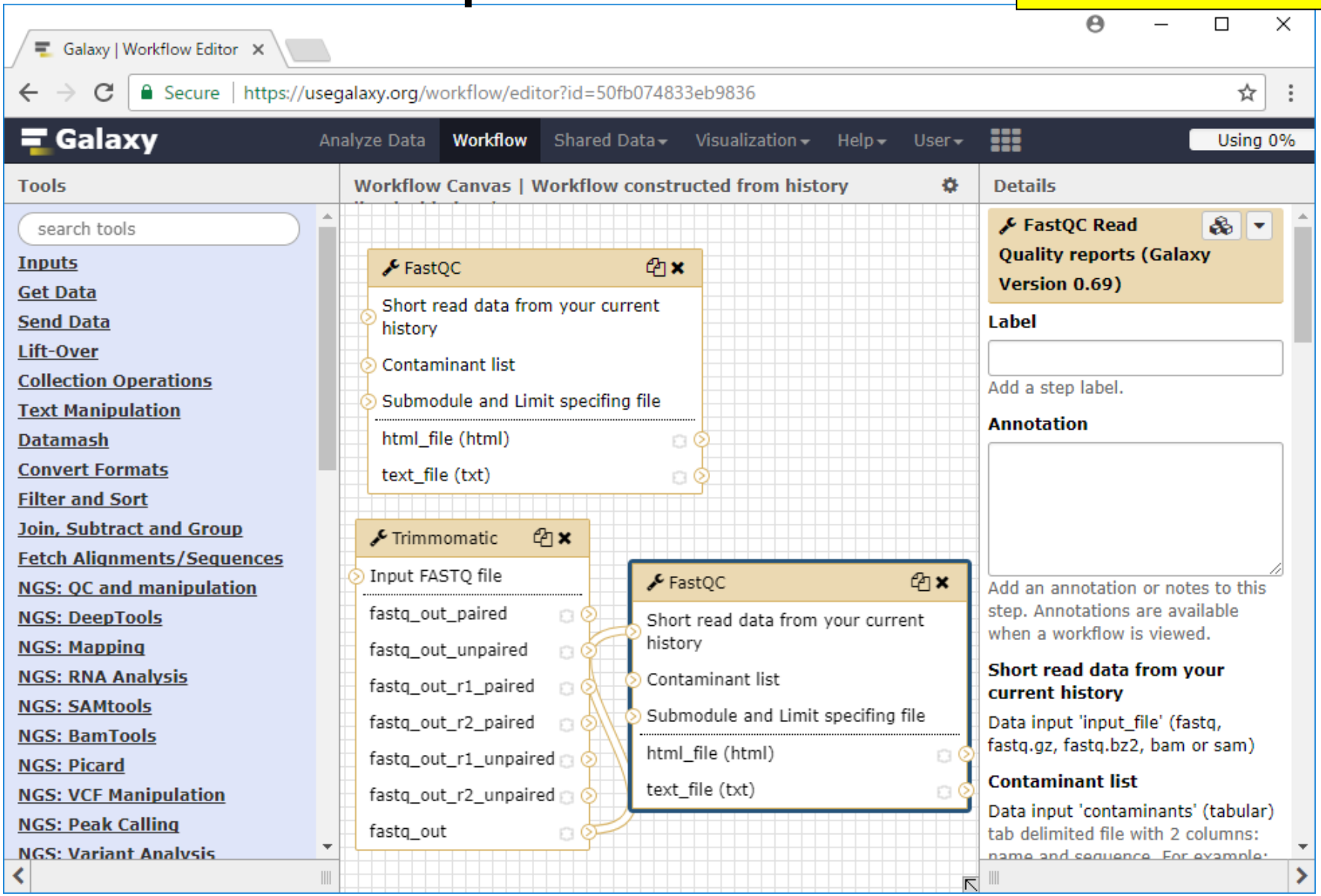
W19-7：Step間の関係性

赤矢印のあたりを掴んで、矢印の方向に矢印の長さ分だけ移動した結果。この結果から、黒枠がStep1だという確定診断が下る



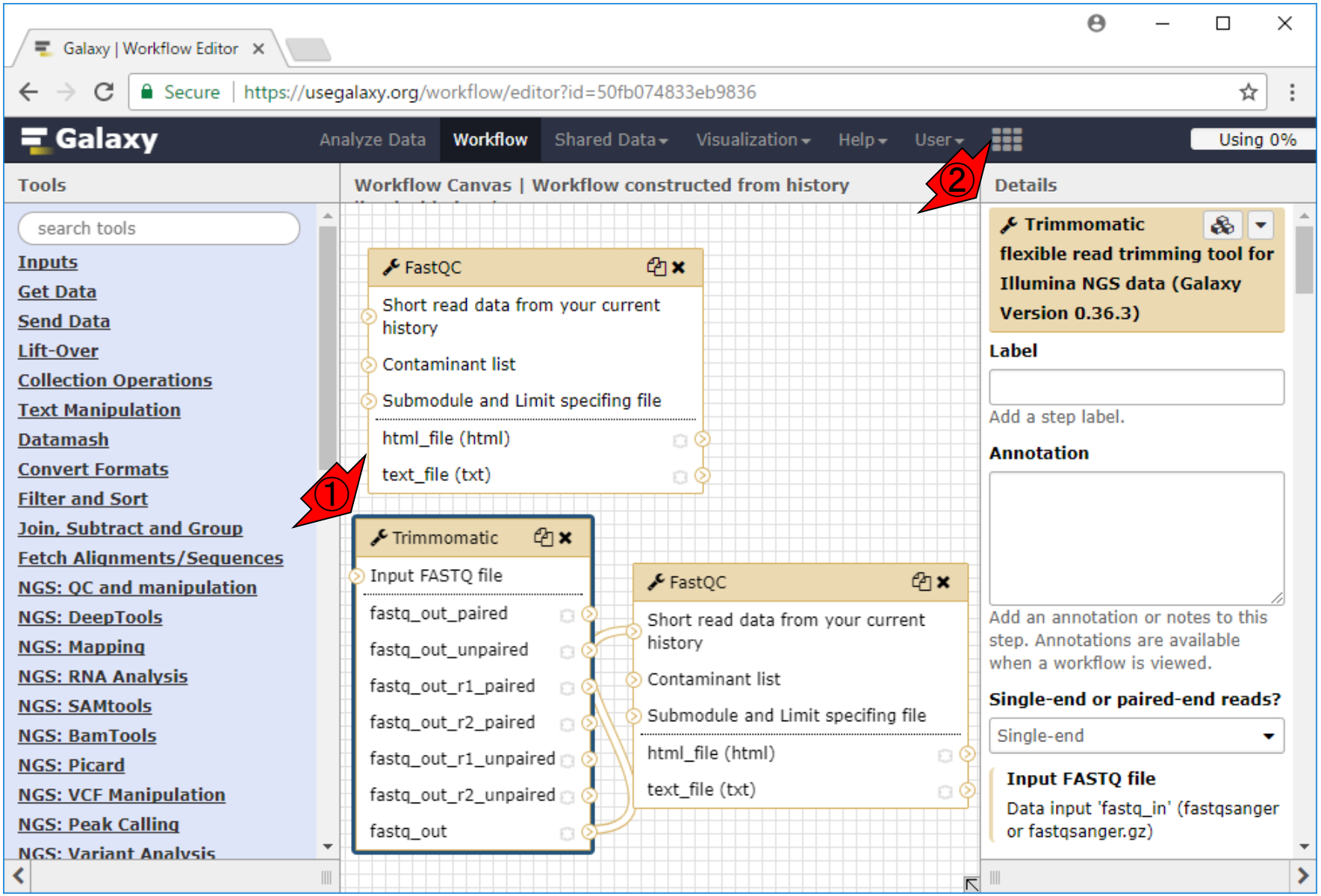
W19-7：Step間の関係性

ちょこちょこ移動させて全体が見られるようにしたところ。Step間の関係性が分かりやすいですね



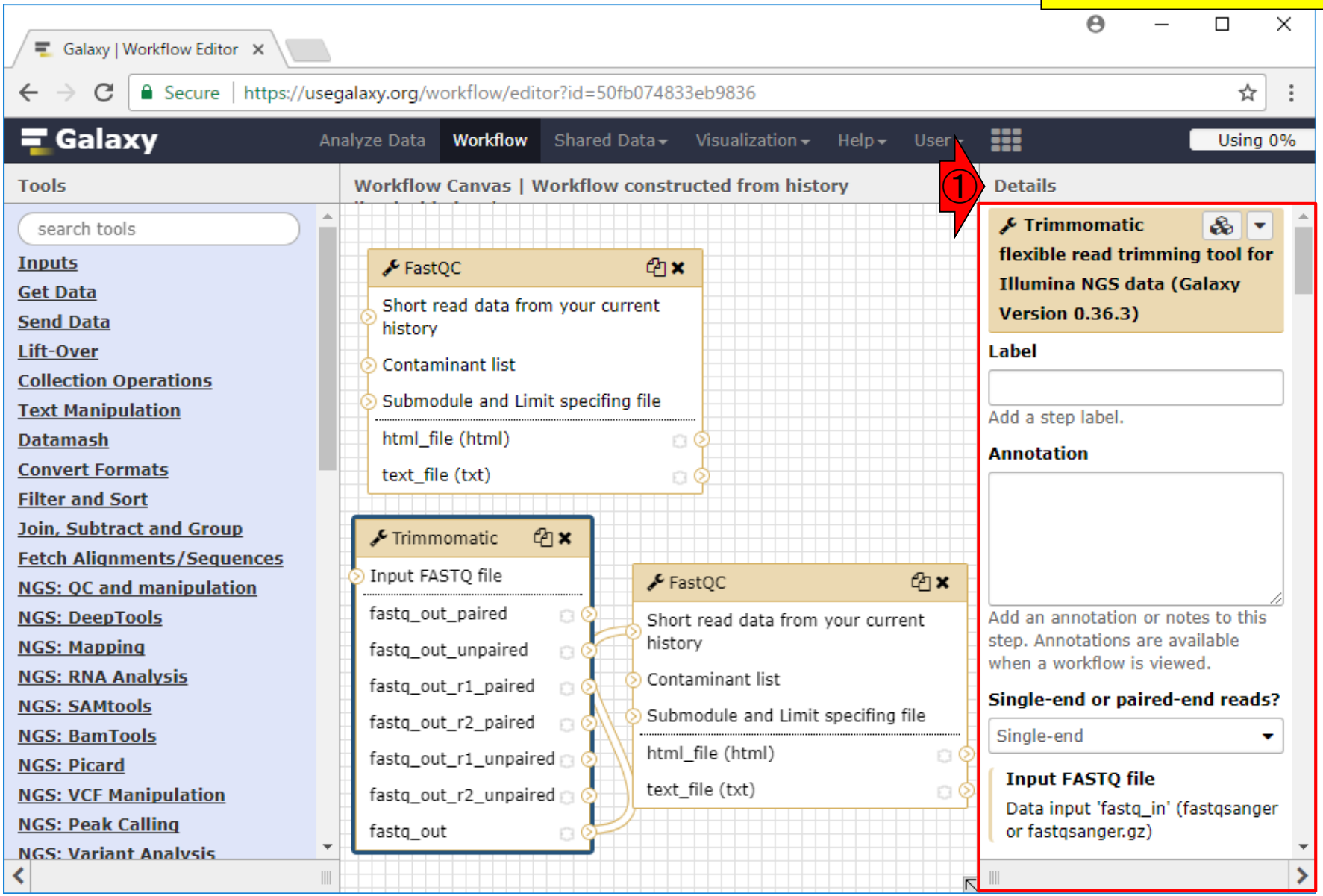
W19-8：右側が詳細情報

①何気なしにStep2を黒枠にしてみると、
②この部分が変わっていることに気づく



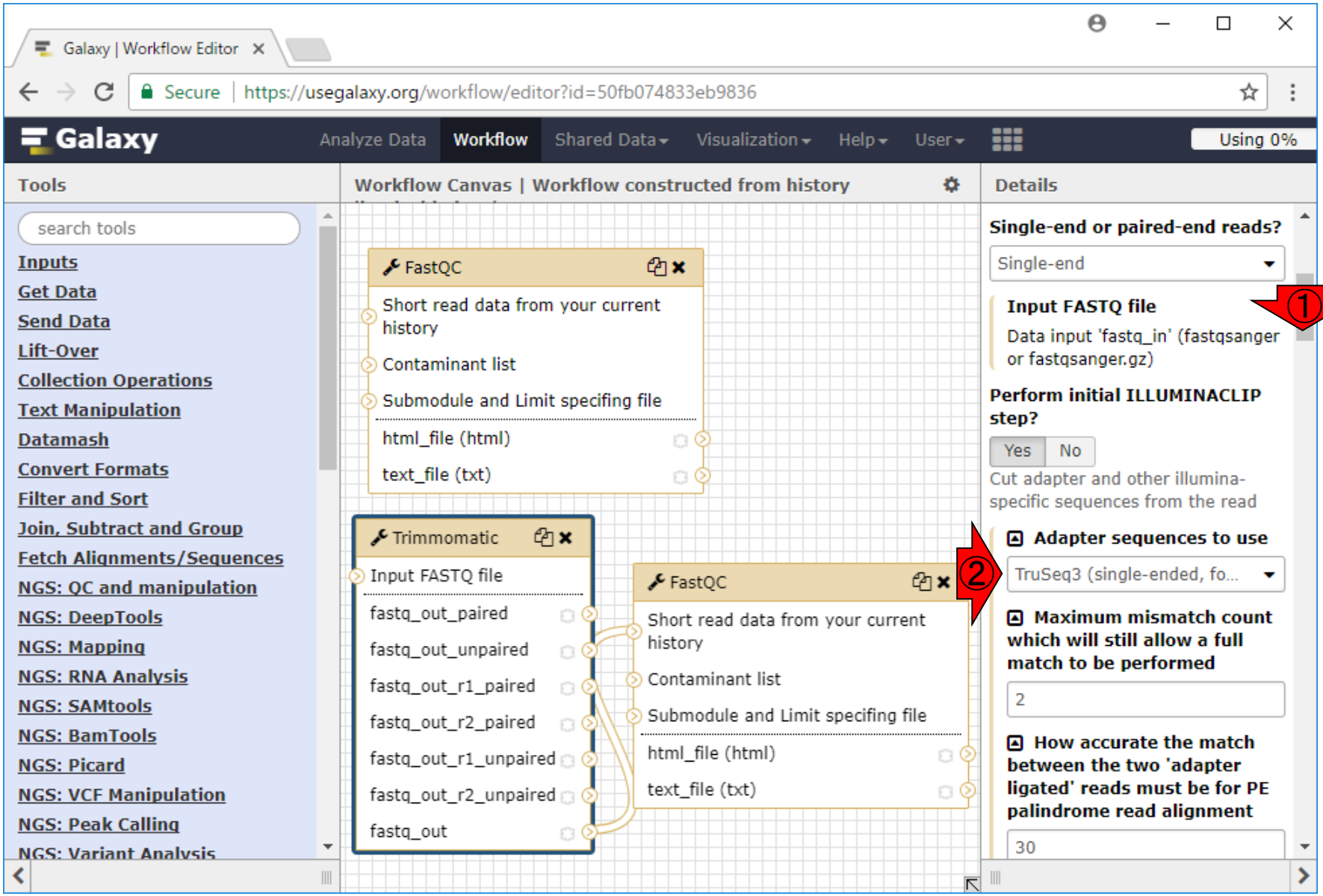
W19-8：右側が詳細情報

①Detailsの書いているので、ここでTrimmomaticのオプションをいろいろといじれるのでしょう



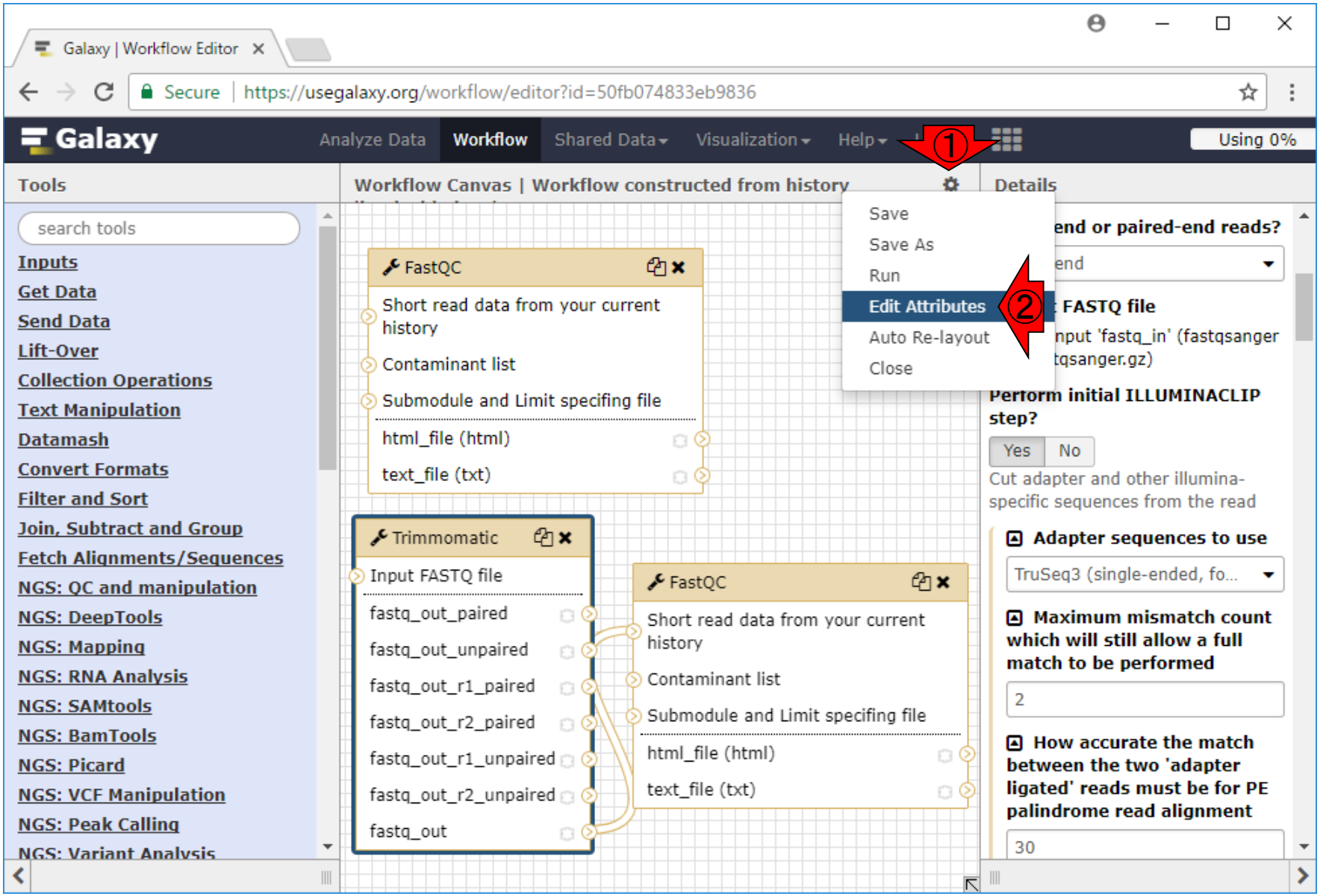
W19-8：右側が詳細情報

①ちょっと下にスクロール。②除去したいアダプター配列を変更できそうですね



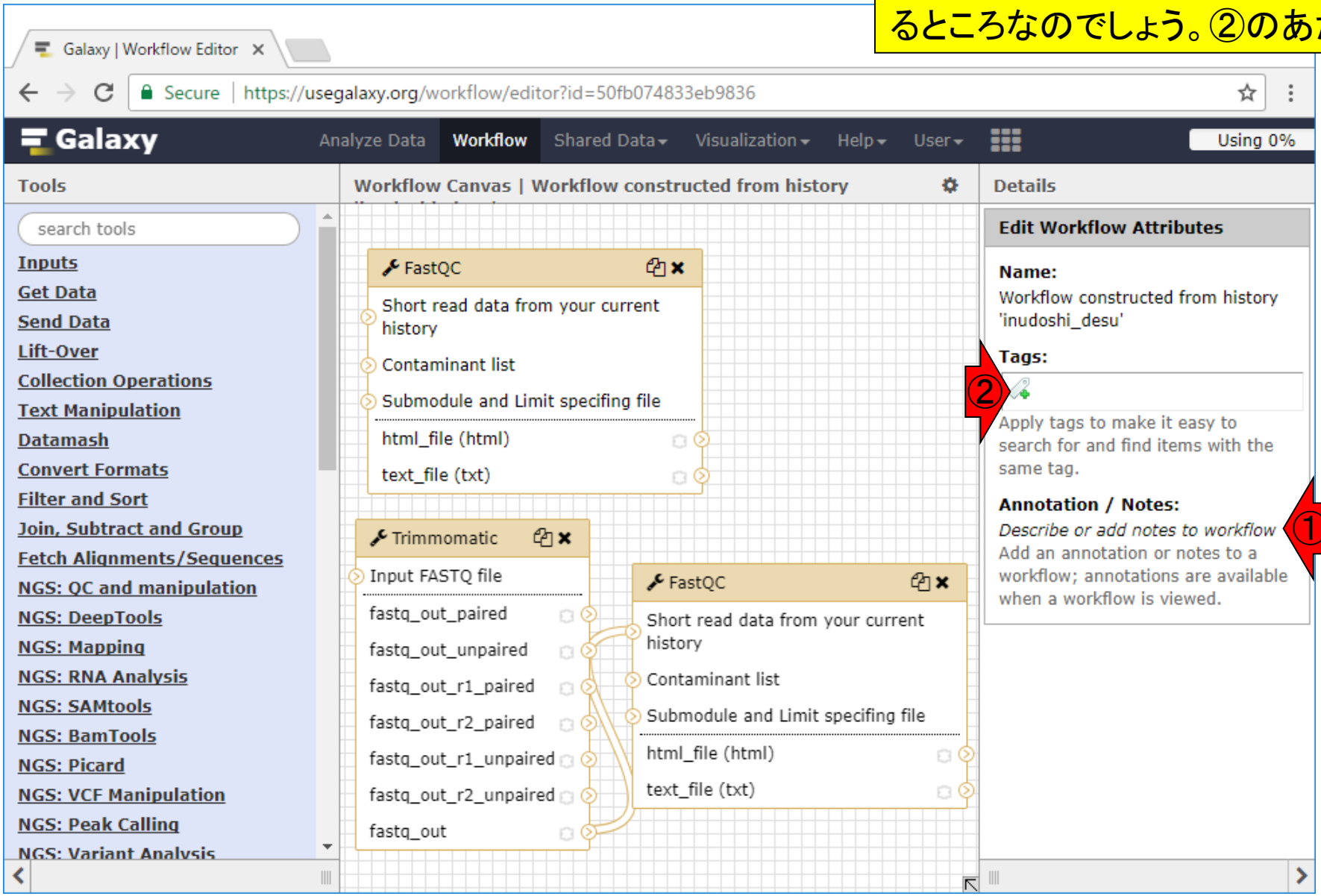
W19-9：Attributes1

実験系じゃなくてもわかりづらい表現だと思いますが、①設定、②Edit Attributes



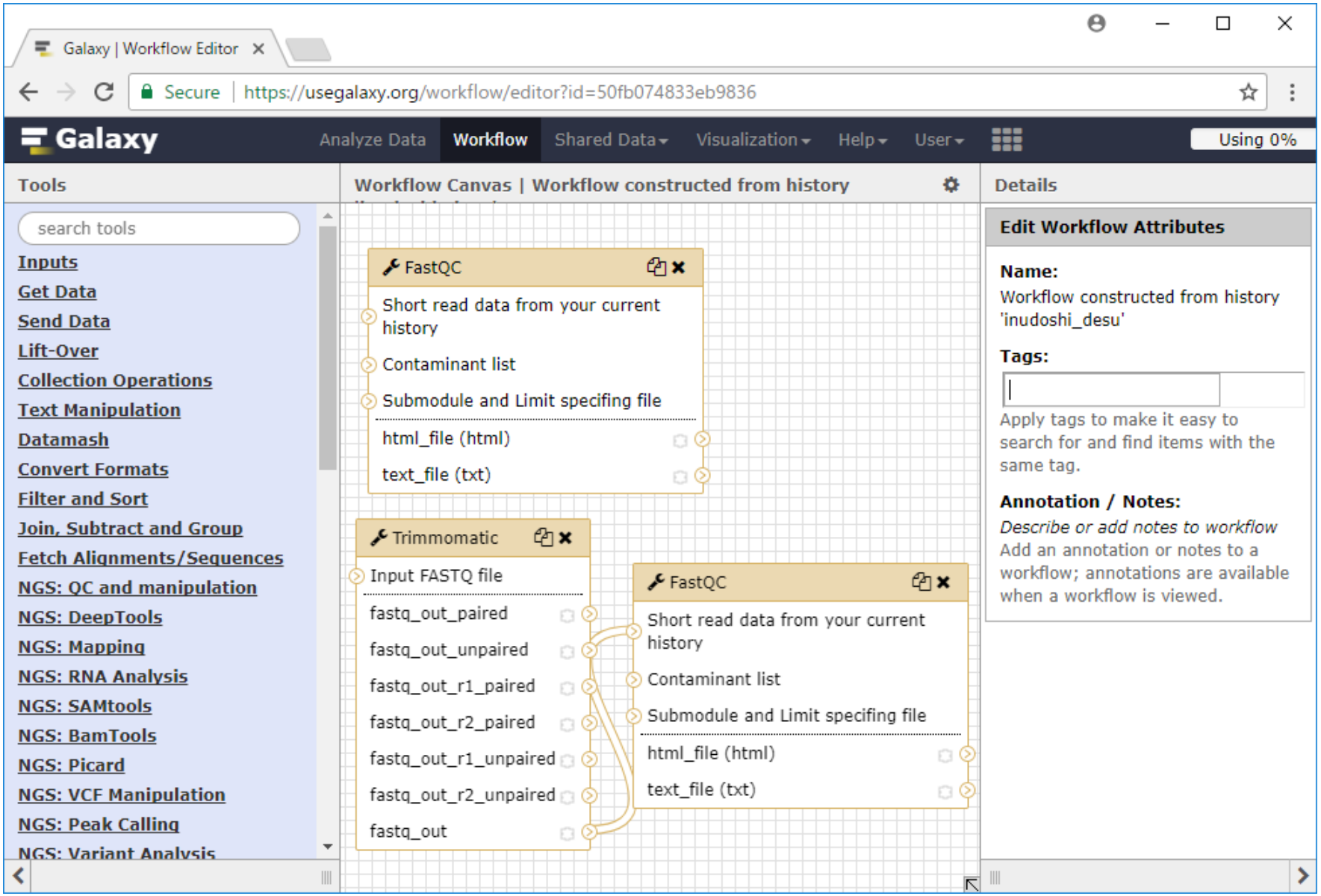
W19-9 : Attributes2

こんな感じになります。①のあたりをみることで、このワークフローがどういうことをやるものかがわかりやすいようにタグ付けするところなのでしょう。②のあたりをクリック



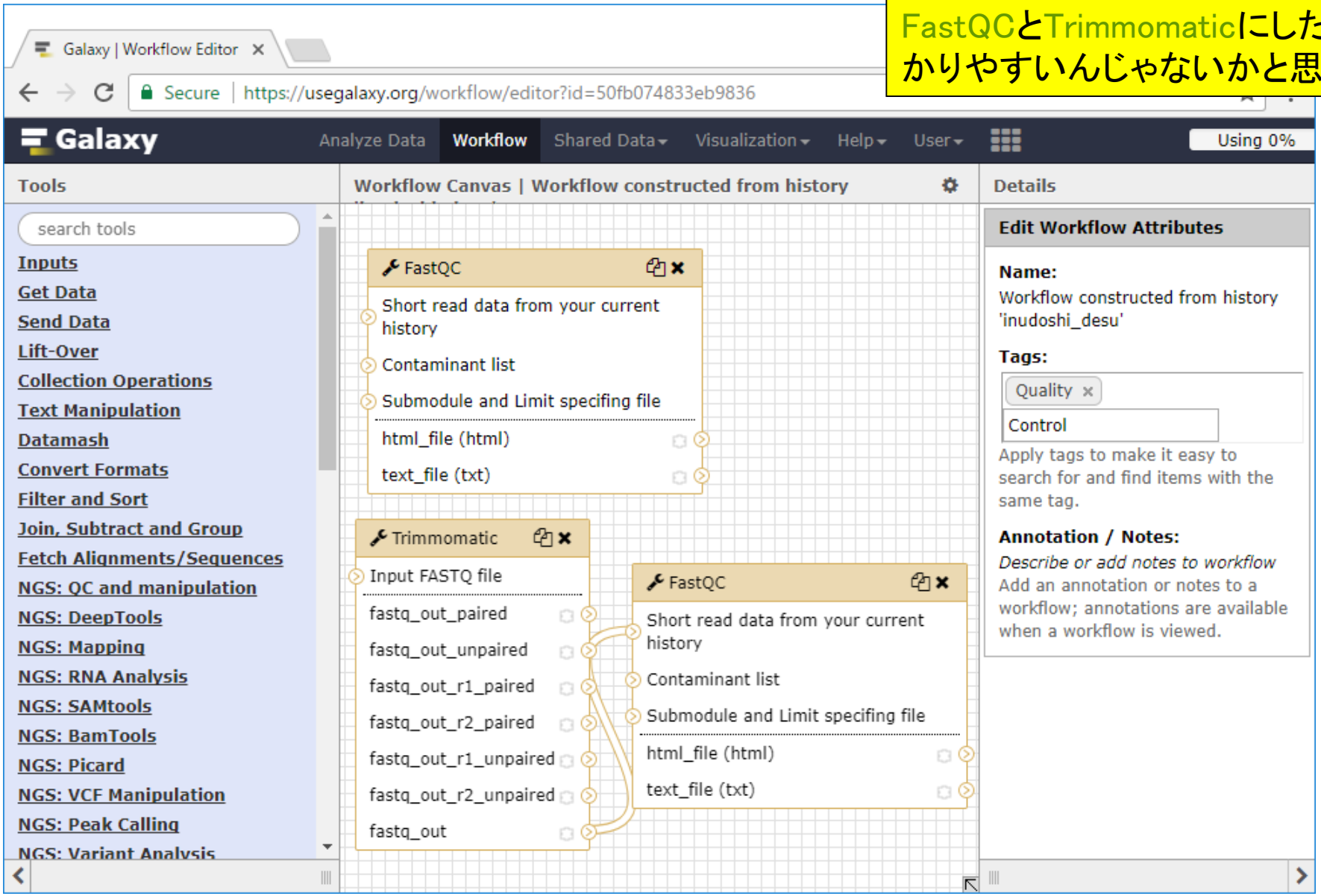
W19-9 : Attributes3

こんな感じになるので、①Quality Controlなどと書いておけばいいでしょう



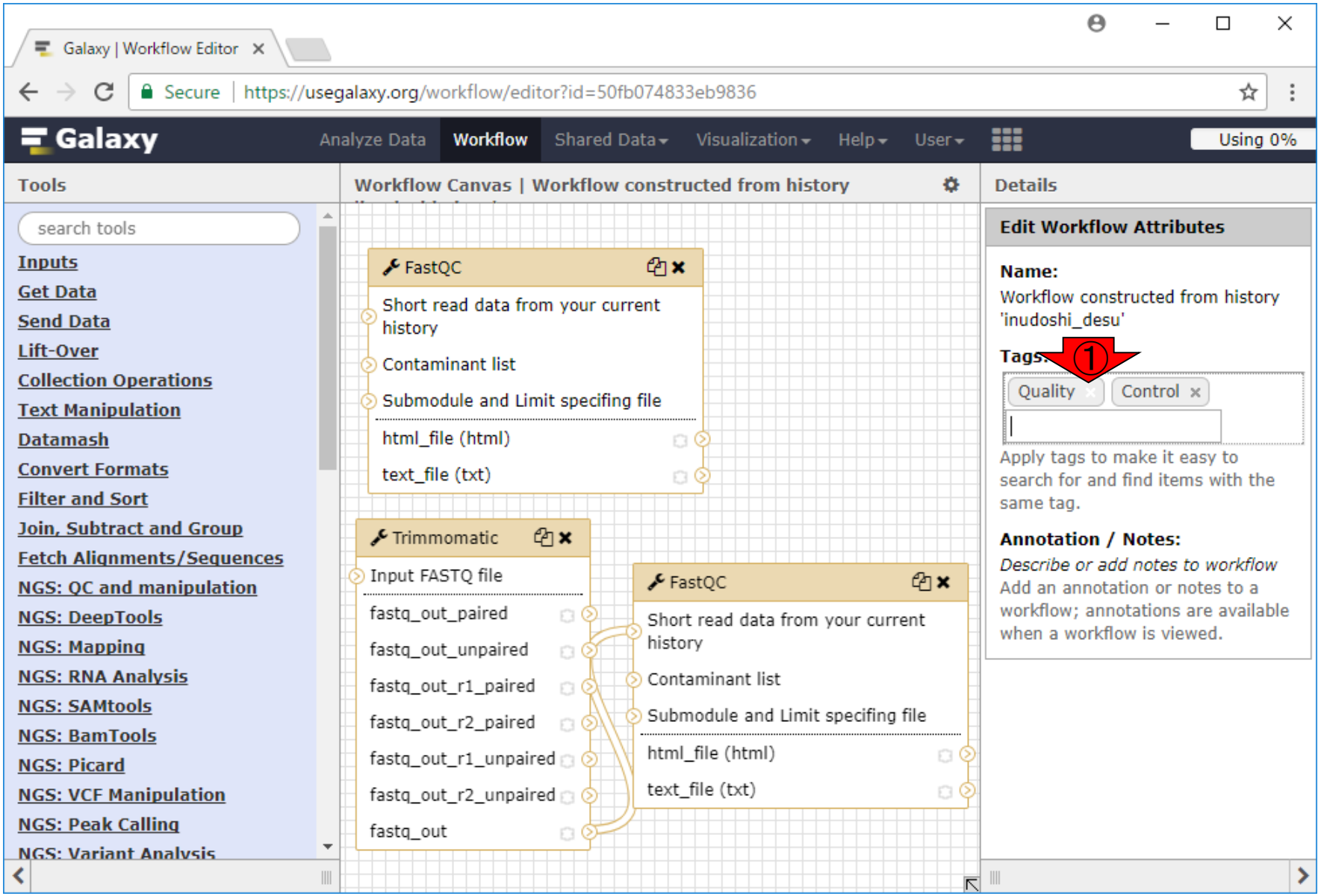
W19-9 : Attributes4

Quality Controlと打って、こんな感じになったところ。QualityとControlが分断された結果にうろたえつつw、こういうノリなら、FastQCとTrimmomaticにしたほうがよりわかりやすいんじゃないかと思い、変更する



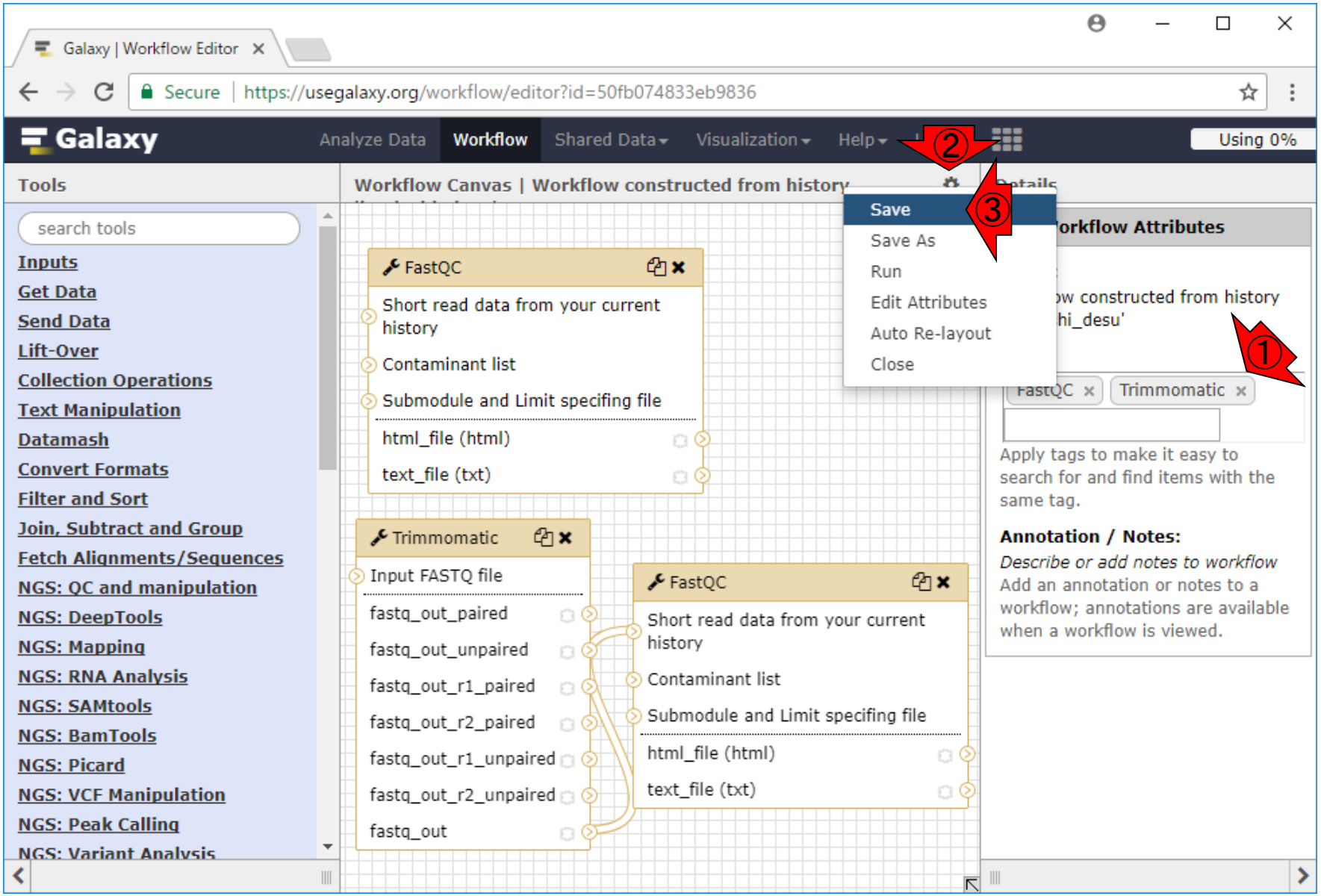
①×ボタンを押せば、タグを消せます

W19-9：Attributes5



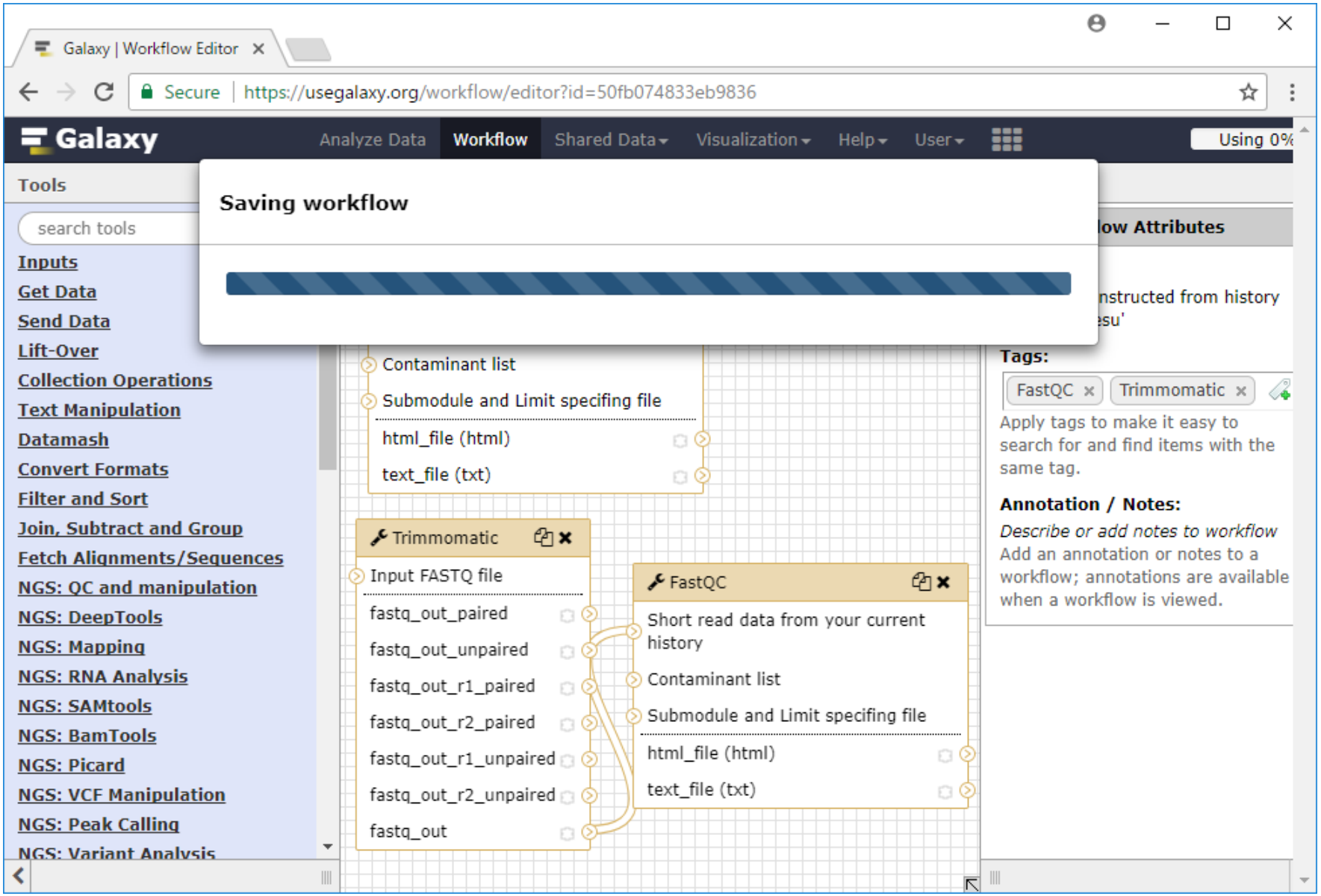
①こんな感じでタグ付けして、②設定、③Save

W19-9：Attributes6



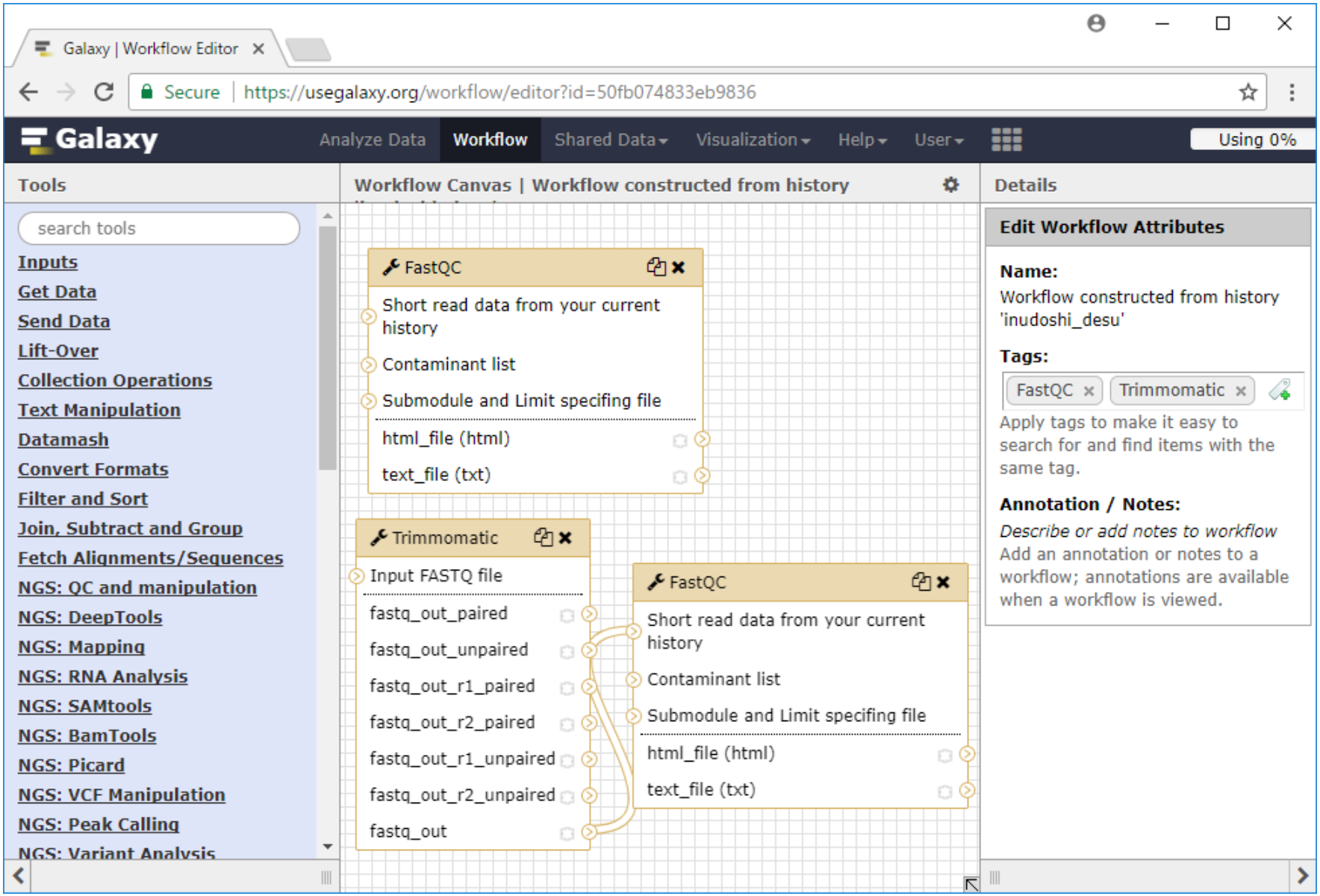
保存中

W19-10：Save中



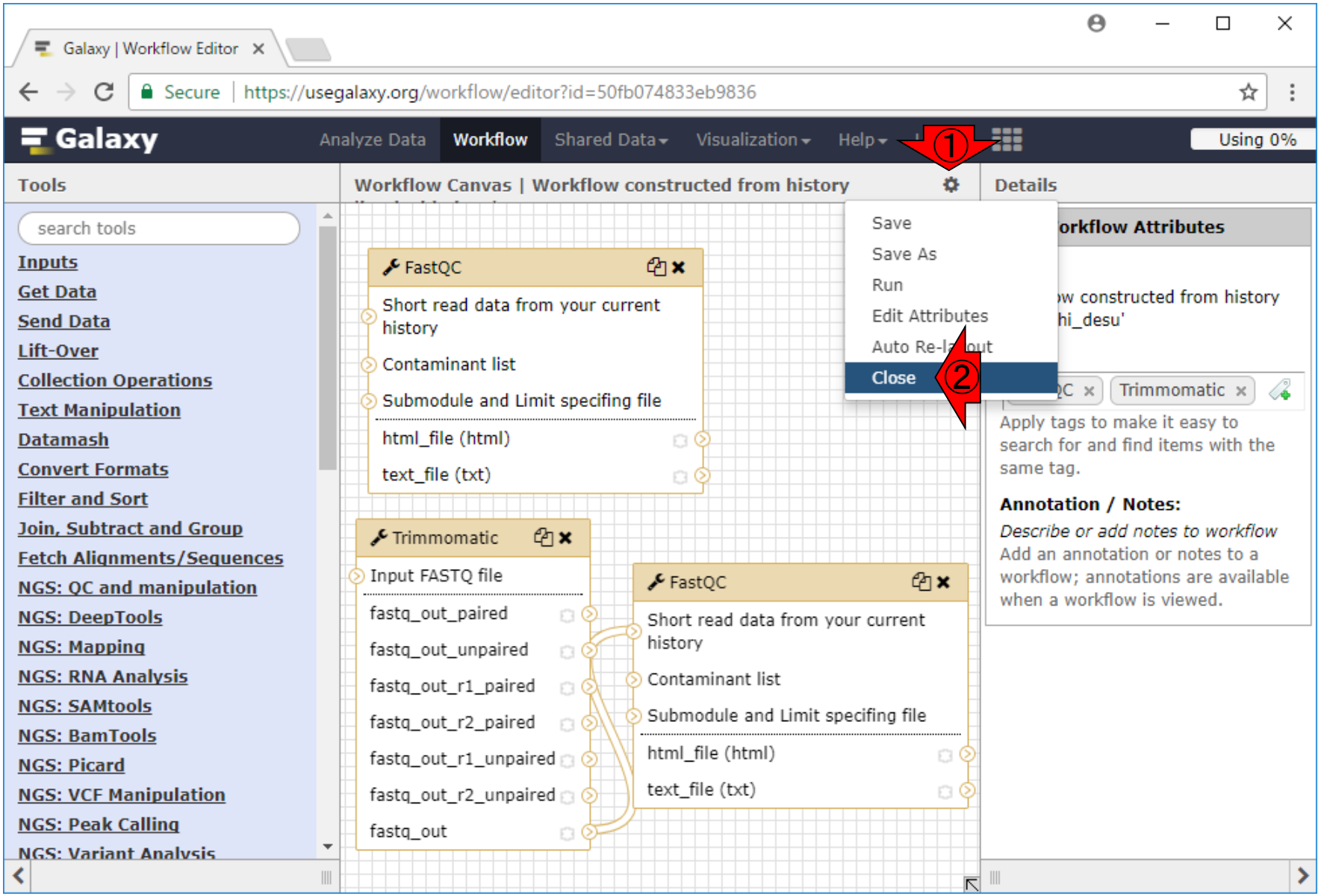
保存完了

W19-11：Save完了



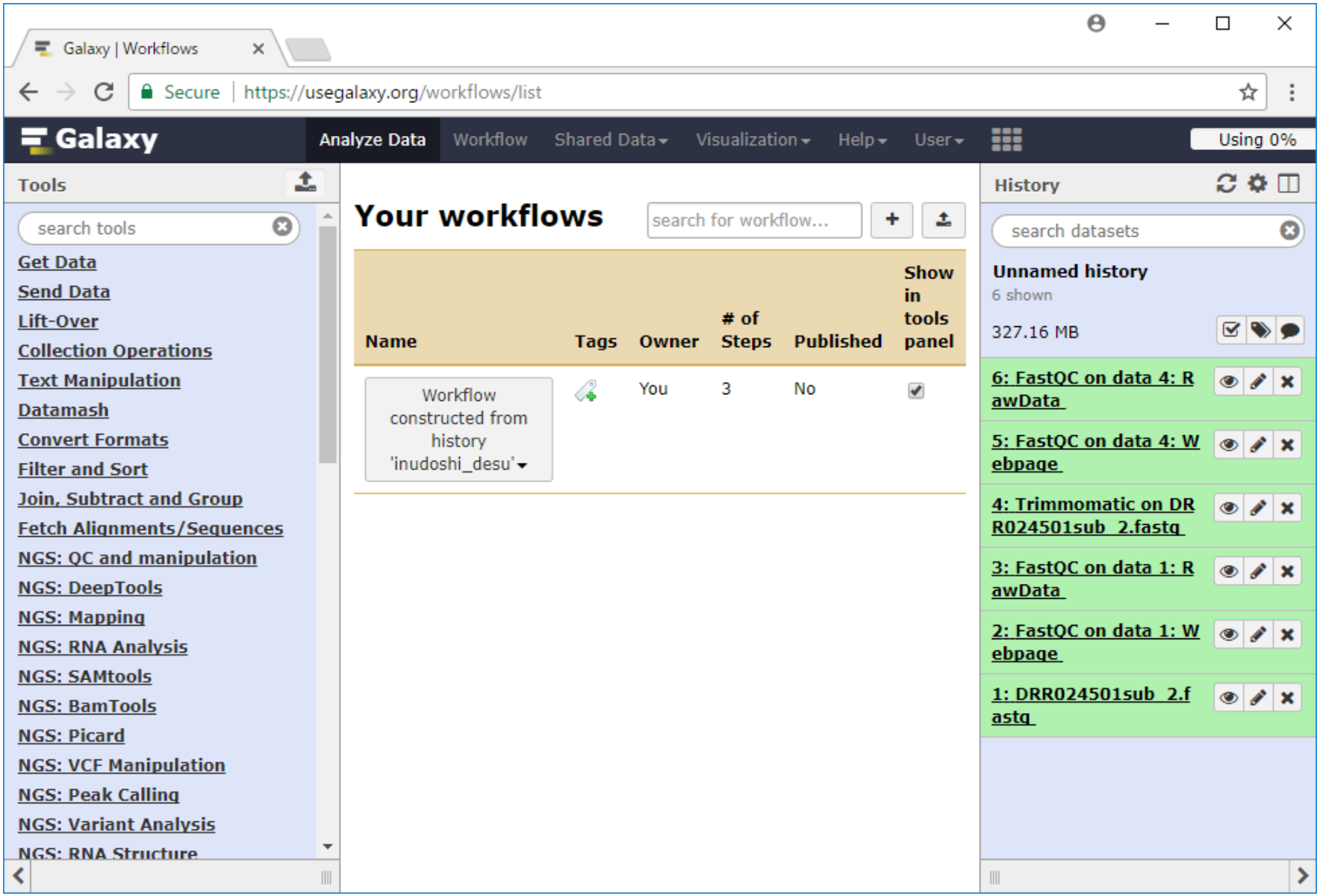
①設定、②Close

W19-12：Close



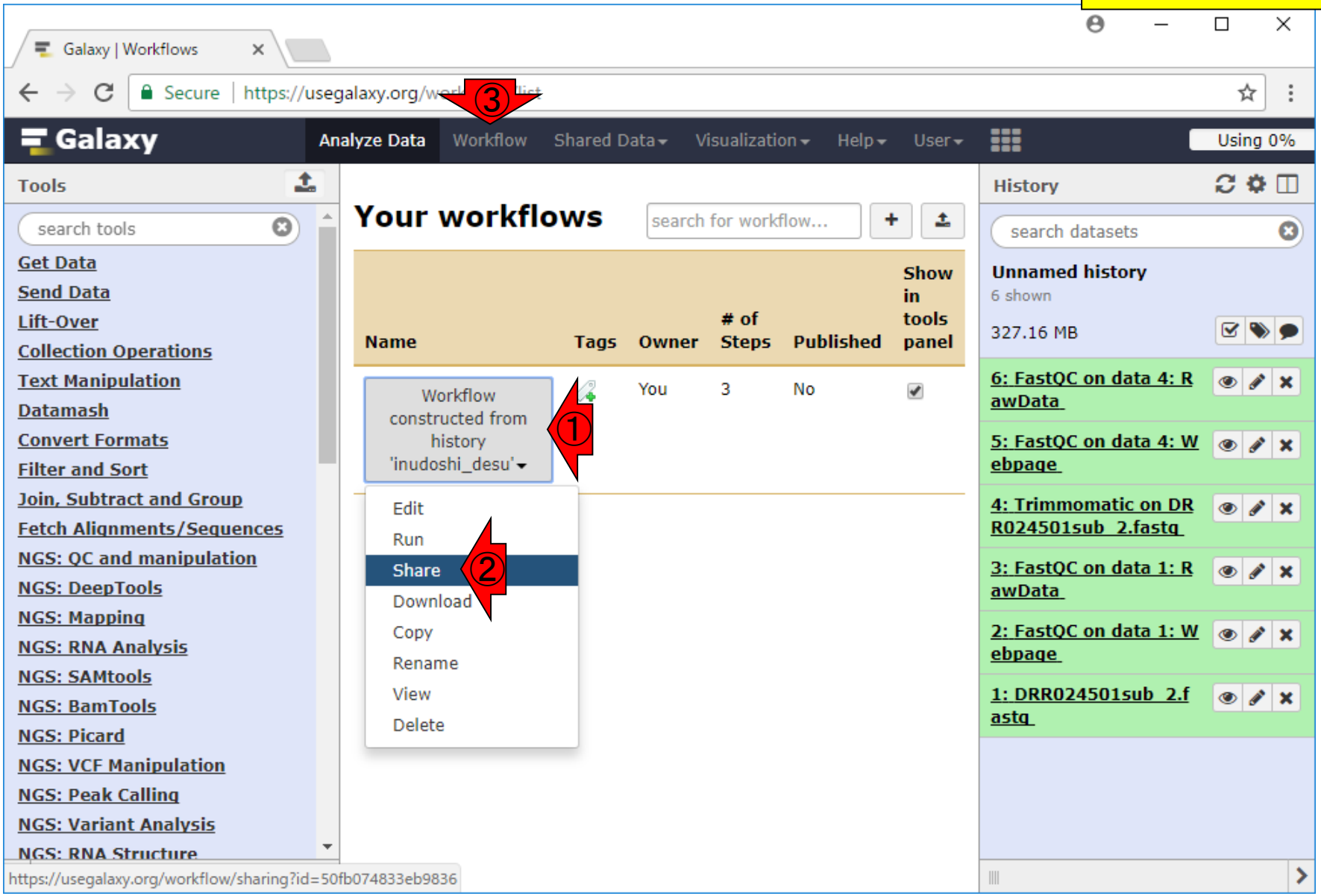
こんな感じになります

W19-13：Close後



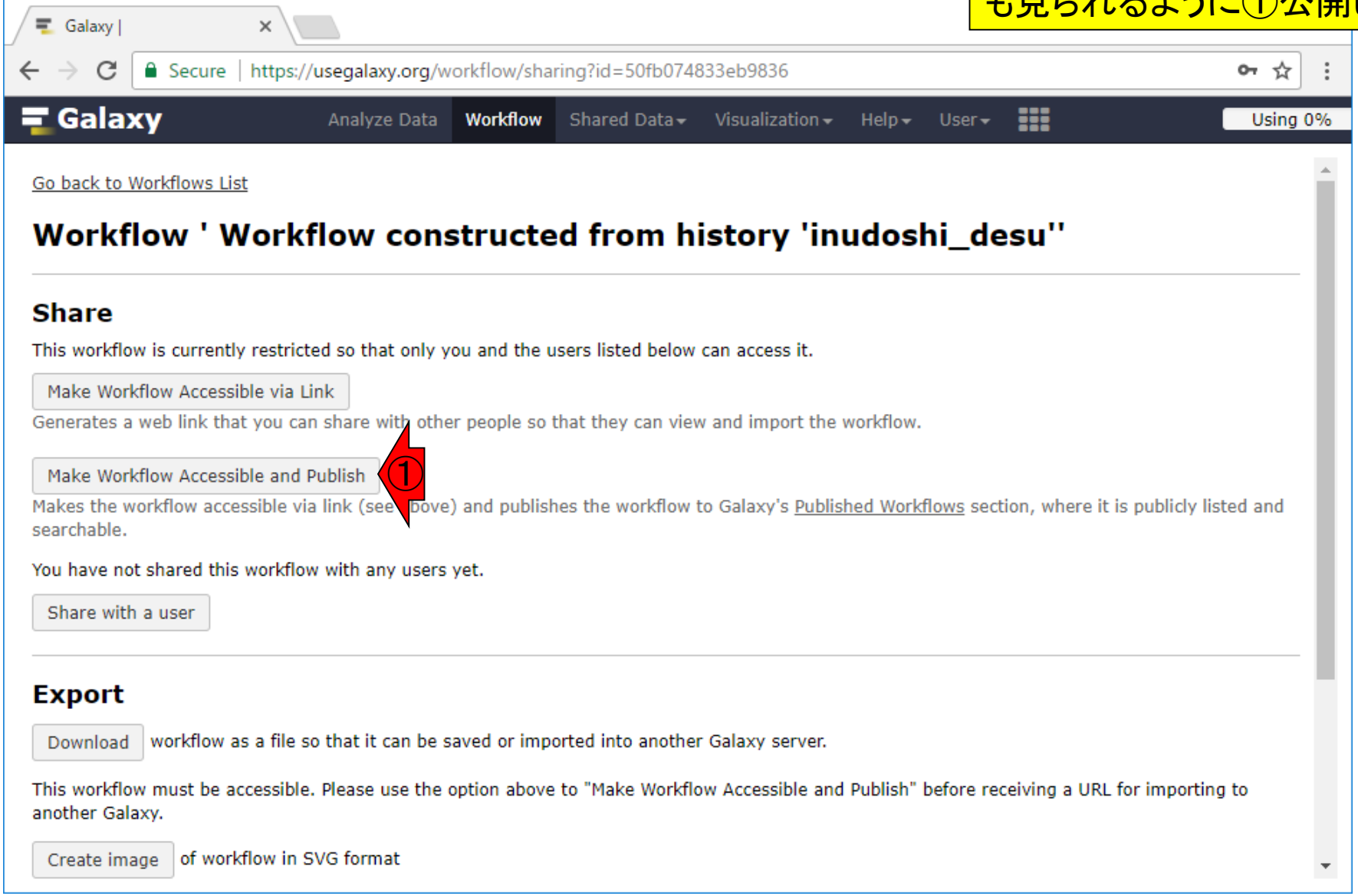
W20-1：ワークフロー公開

①をクリックして、②Share。
中央パネルがこうなってない
ヒトは、③Workflowをクリック



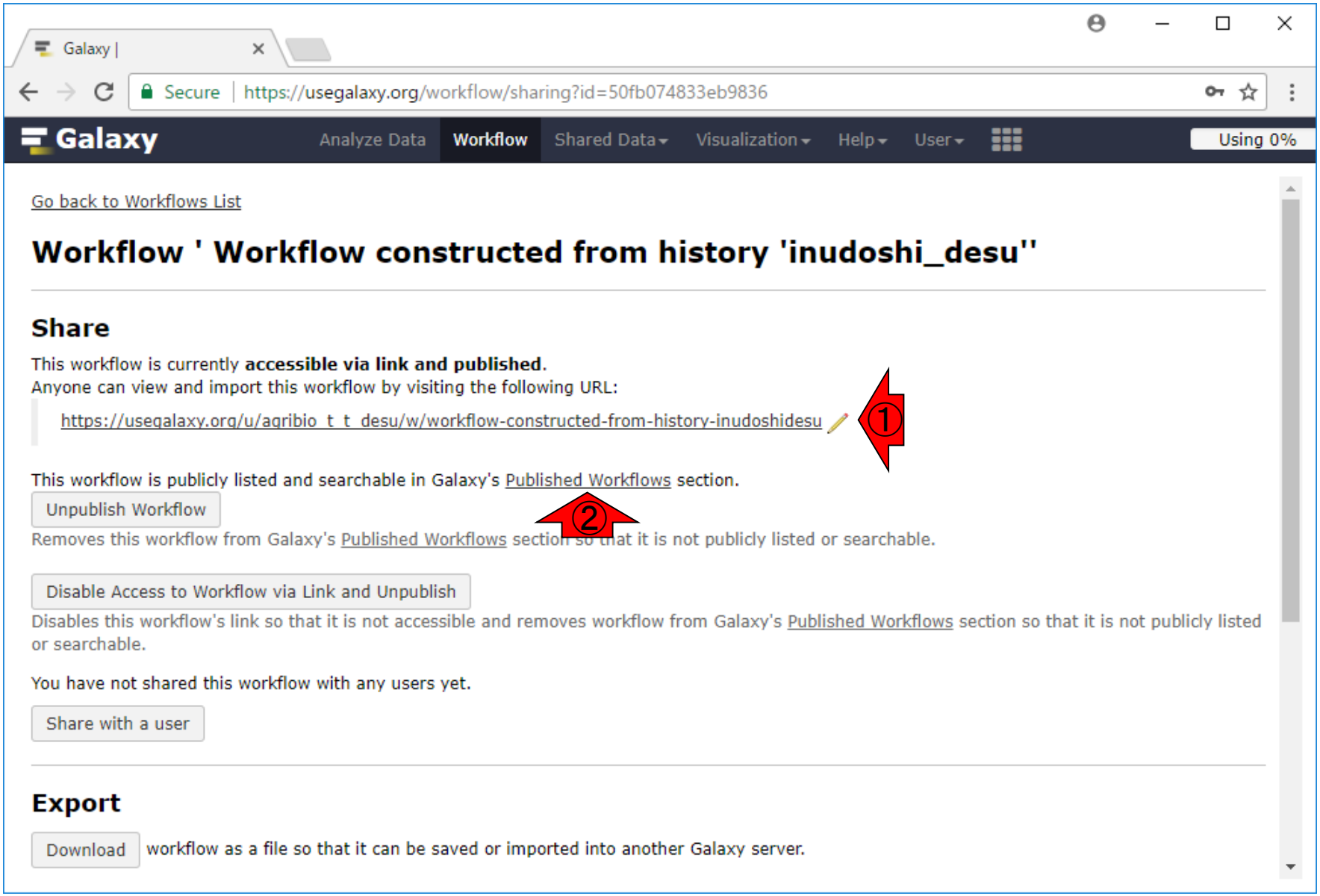
W20-1：ワークフロー公開

こんな感じになります。W4−3と同じような見栄えと選択肢ですね。特に隠さないといけないものでもないので、誰でも見られるように①公開しちゃいます



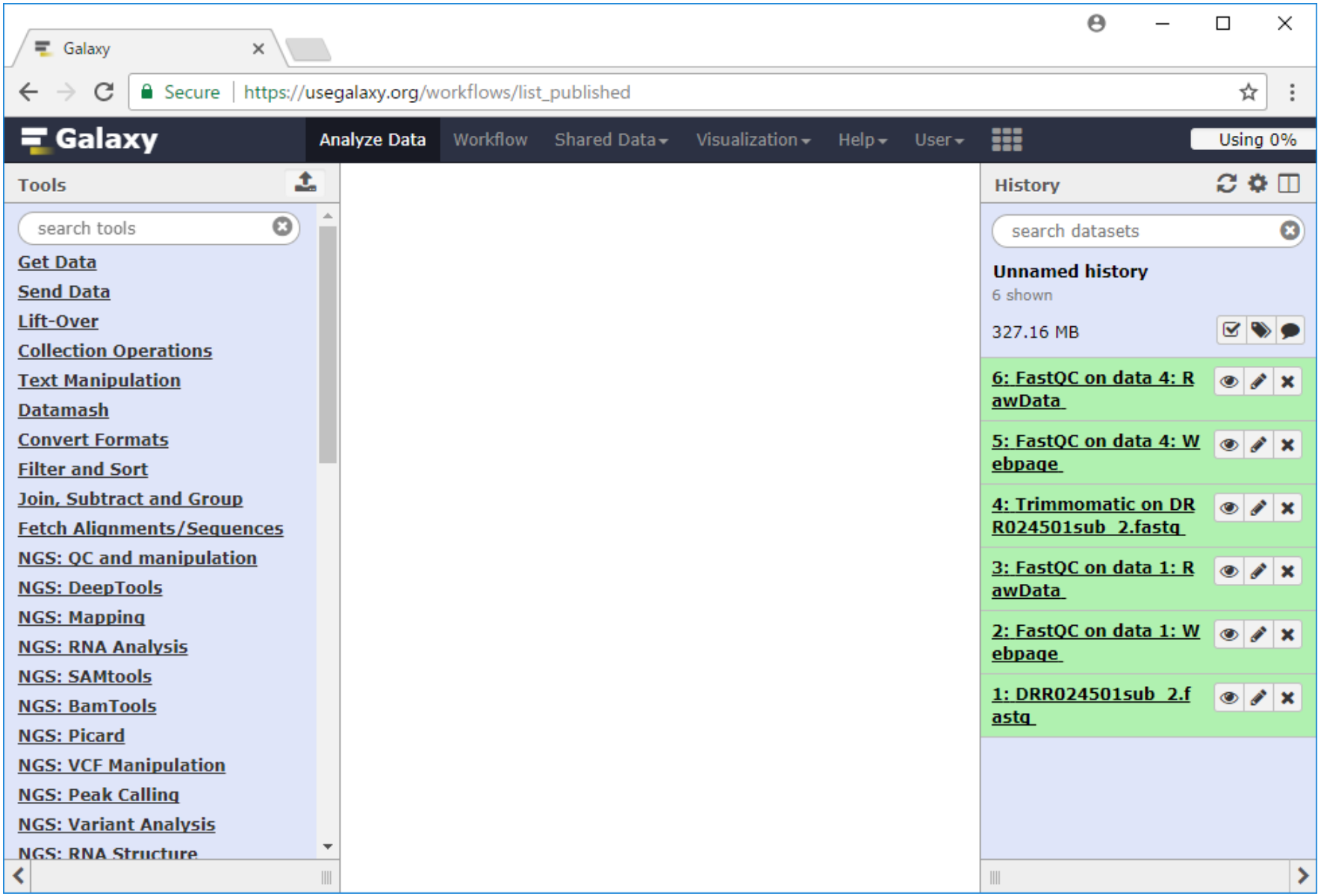
W20-2：公開完了

①がURL。②Published Workflowsからも辿れる。②を押してみる



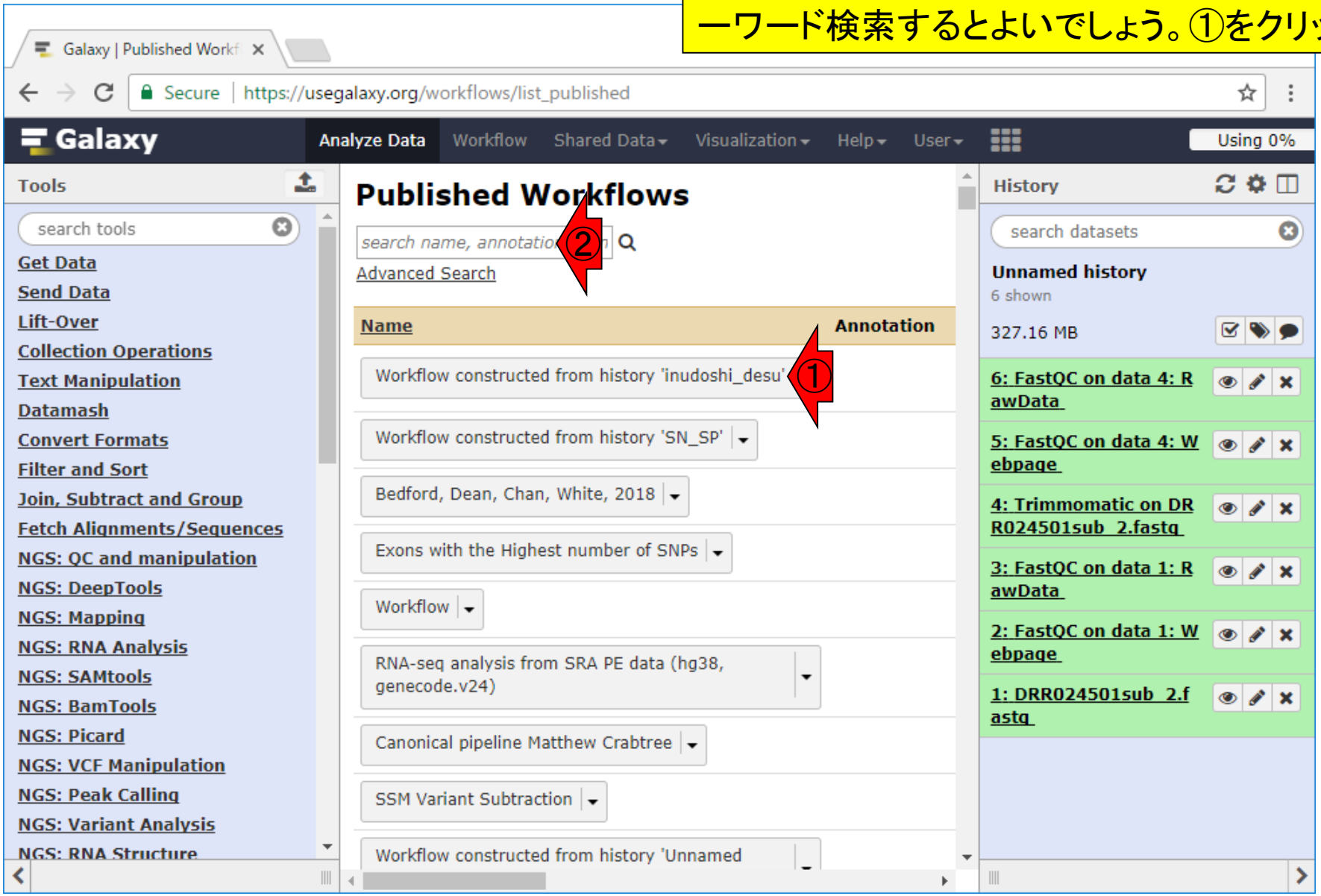
数秒間こんな感じになりますが…

W20-3：Published Workflows



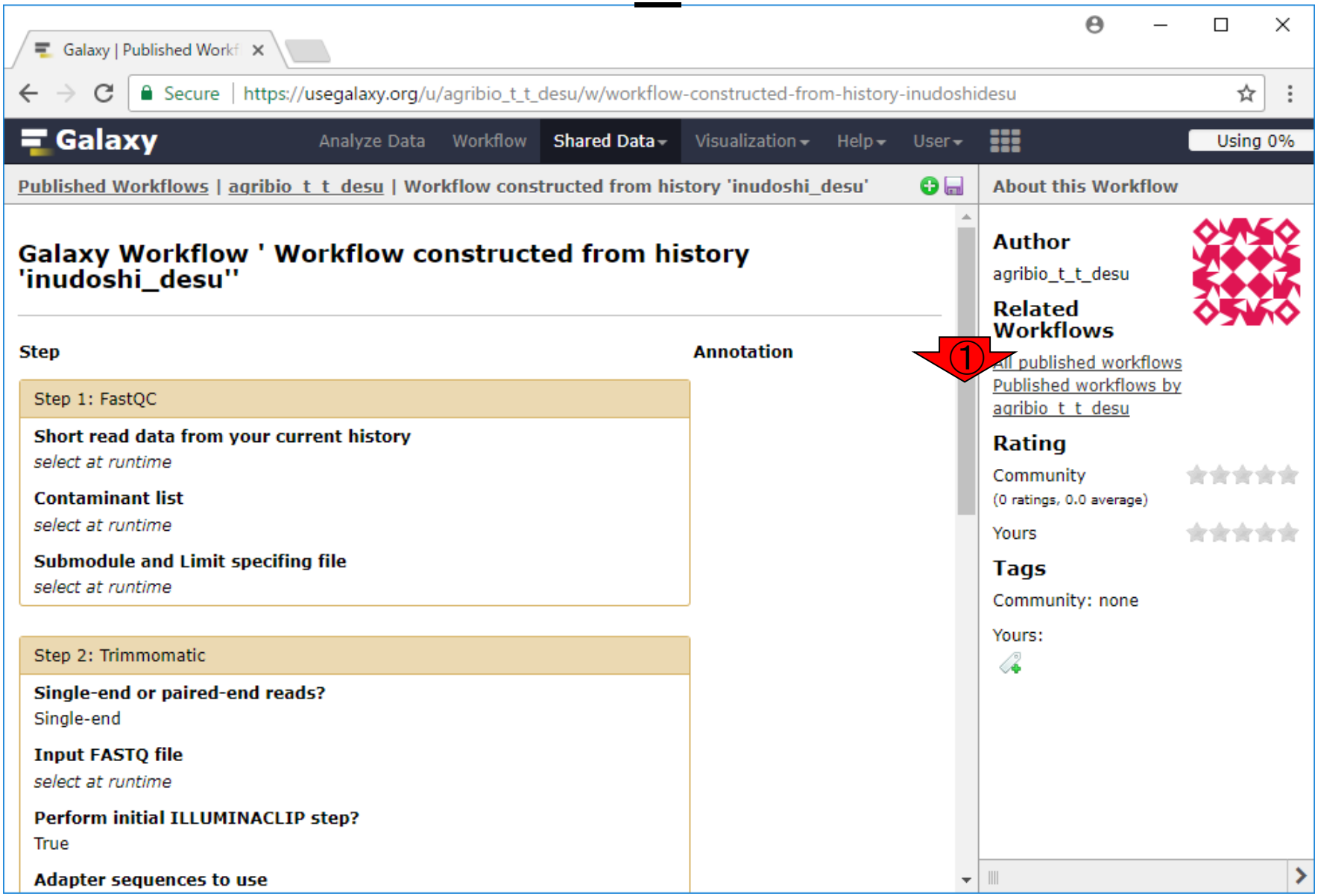
W20-3：Published

じきにこんな感じになります。このときは①inudoshi_desuのワークフロー公開直後に見たので、この位置にありました。もし、後日見たい場合は、②でinudoshi_desuでキーワード検索するとよいでしょう。①をクリック



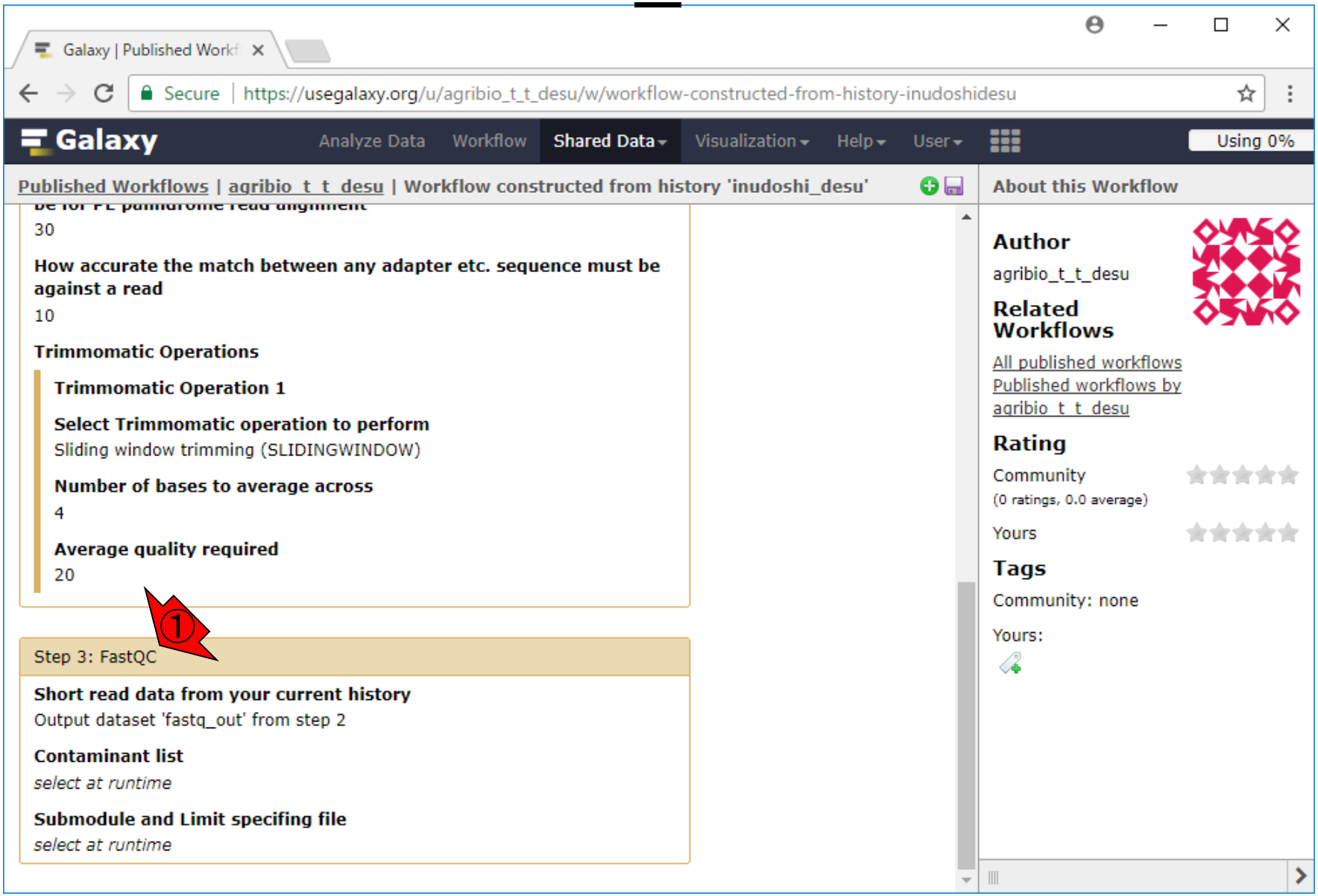
W20-4：inudoshi_desu

こんな感じになります。
①下のほうにスクロール



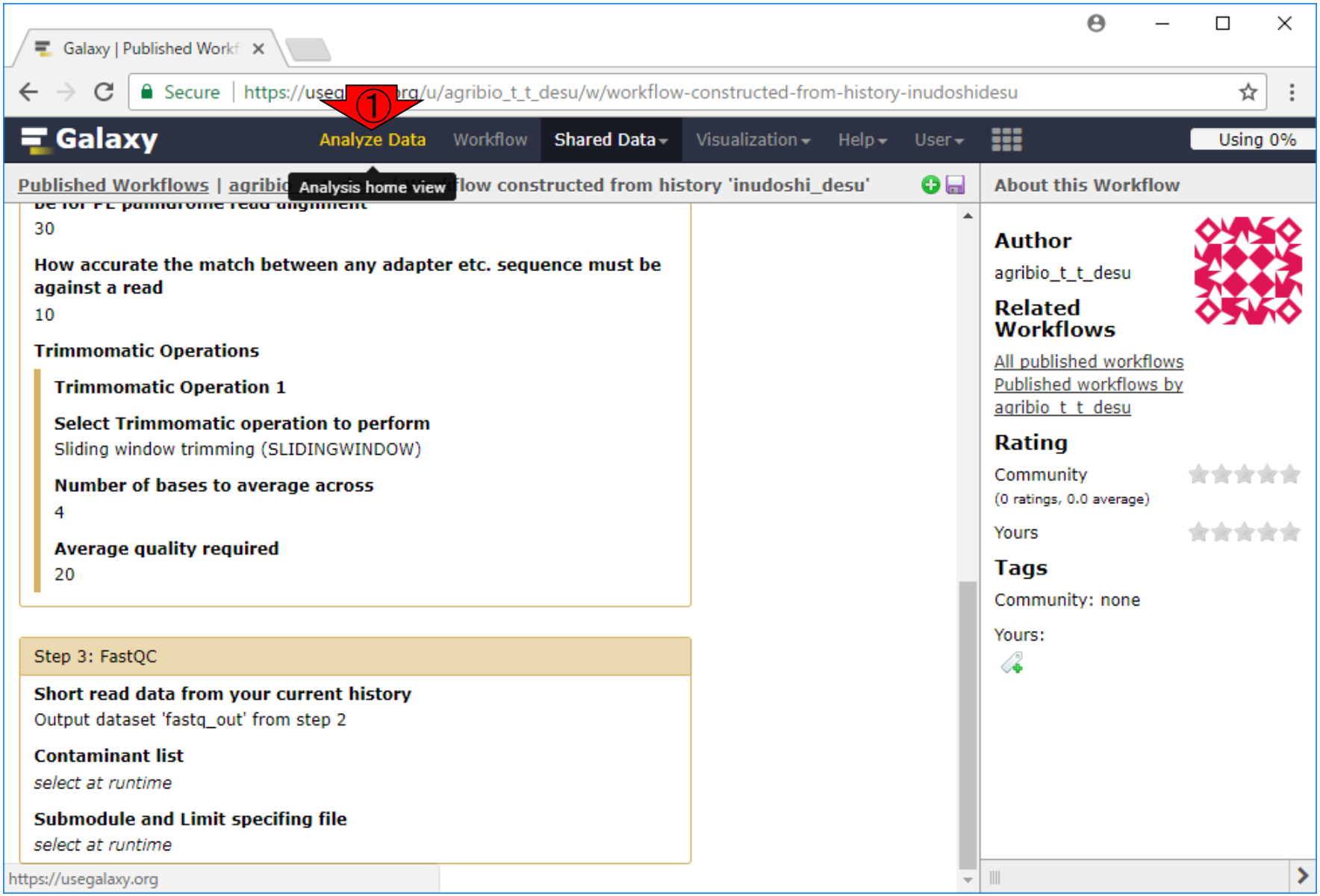
W20-4：inudoshi_desu

①Step3あたりの記述は、W18-6と似ていてわかりやすいですね



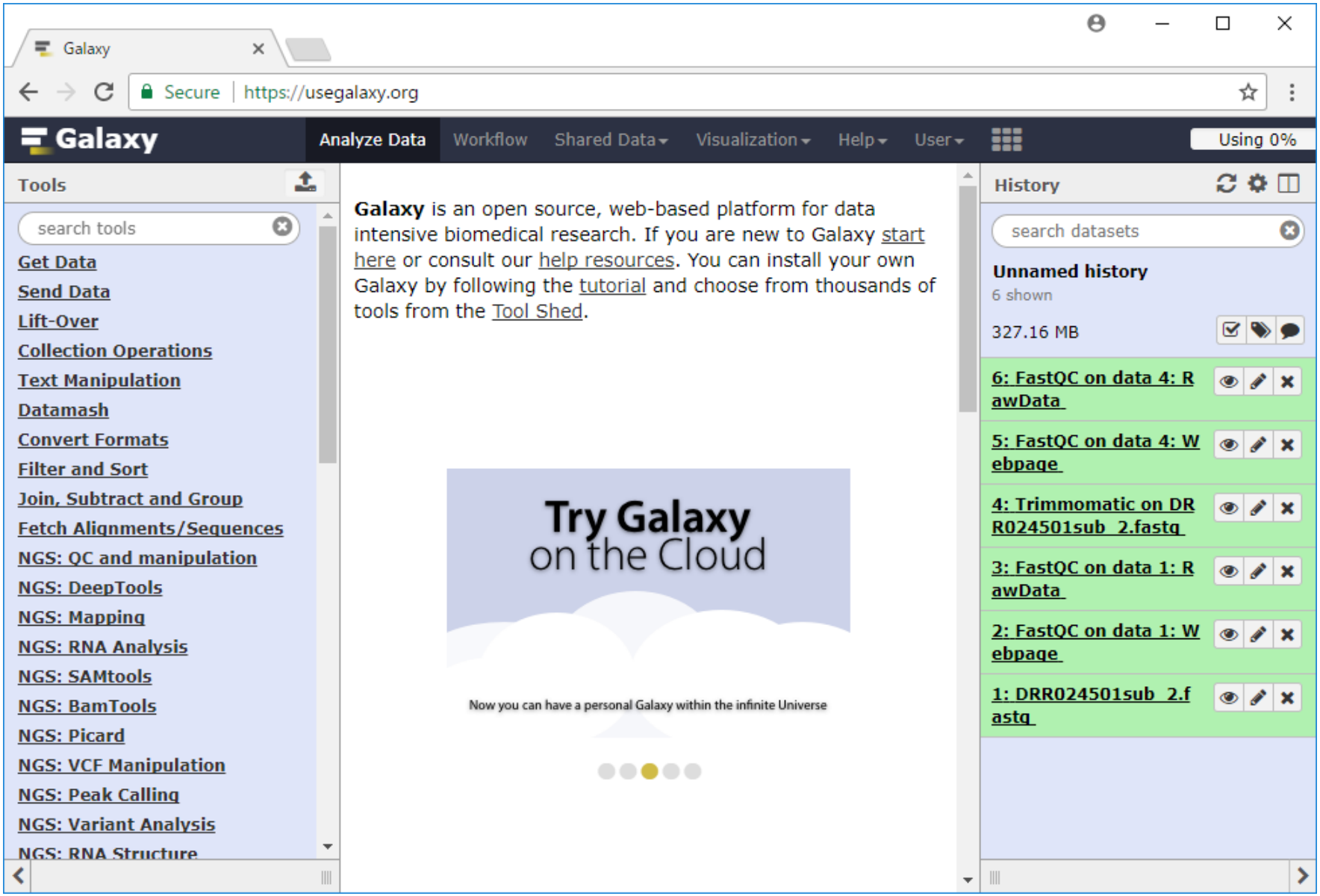
W20-5：通常画面に…

3分割の通常画面に戻りたいときは、①Analyze Data



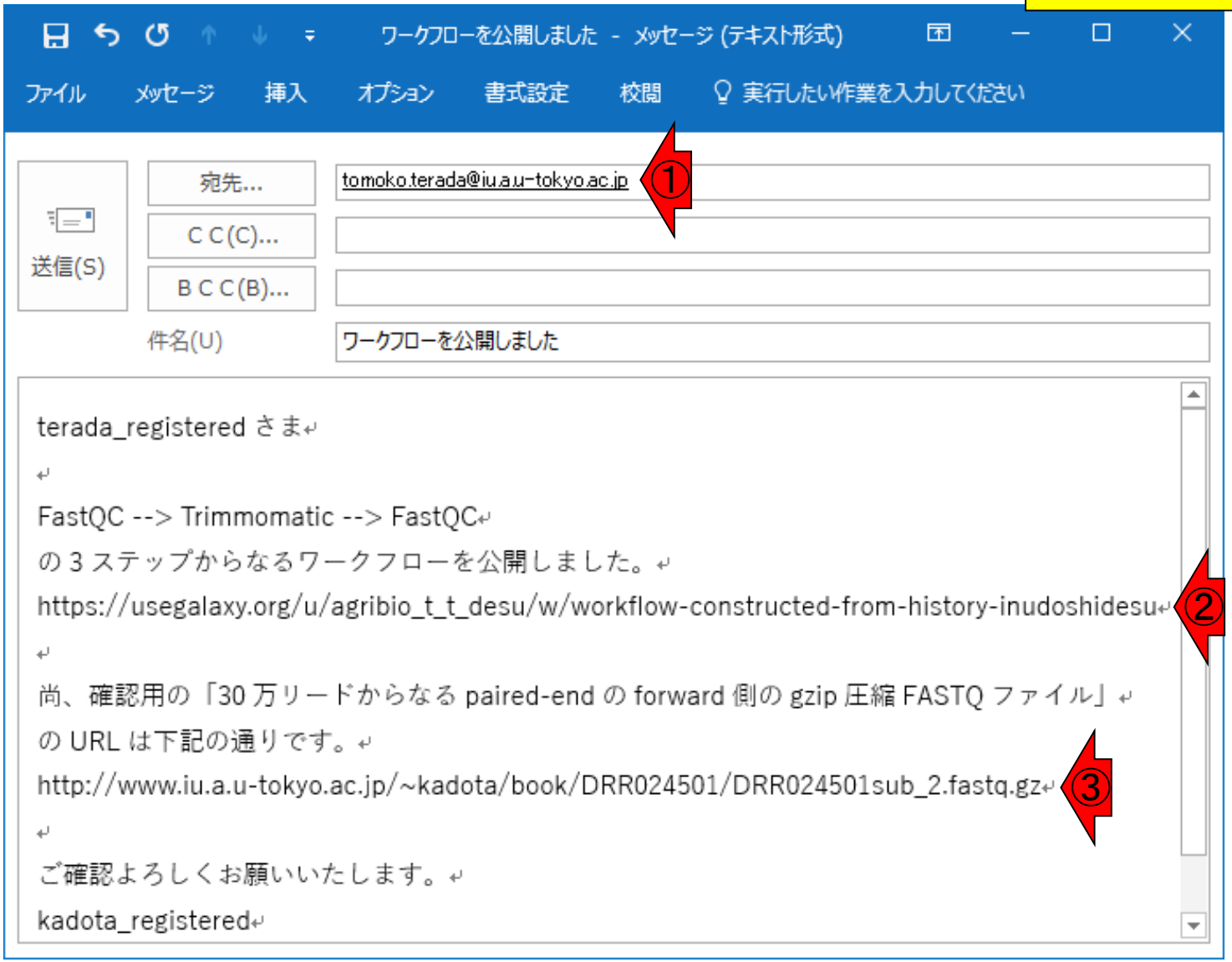
無事通常画面に戻りました

W20-5：通常画面に…



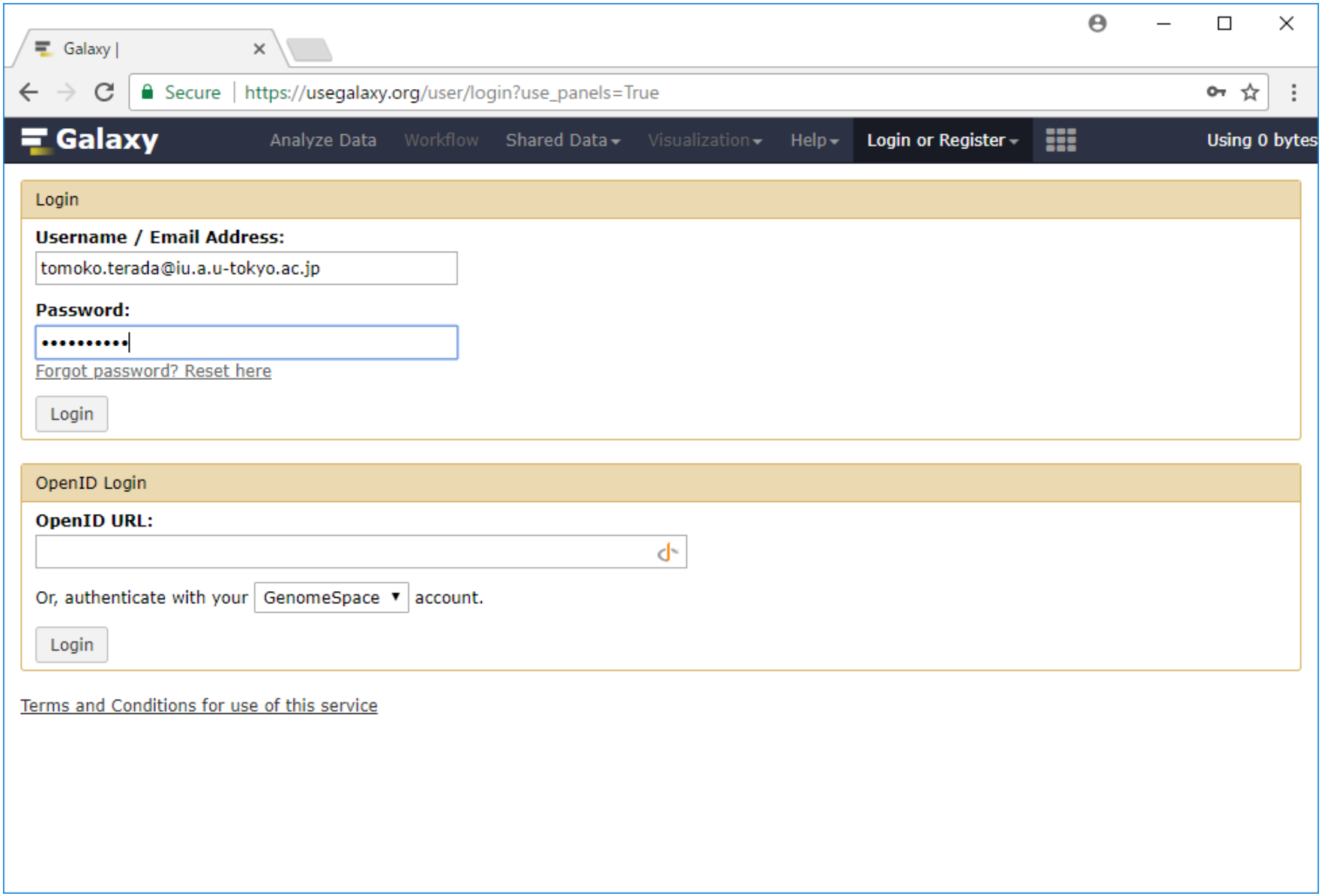
W21-1：メール送信

①ヒストリーを共有する登録済みユーザterada_registeredに、②公開したワークフローと、③入力ファイル情報をメール



W21-2：ログイン

メールを受け取った
terada_registeredがログイン

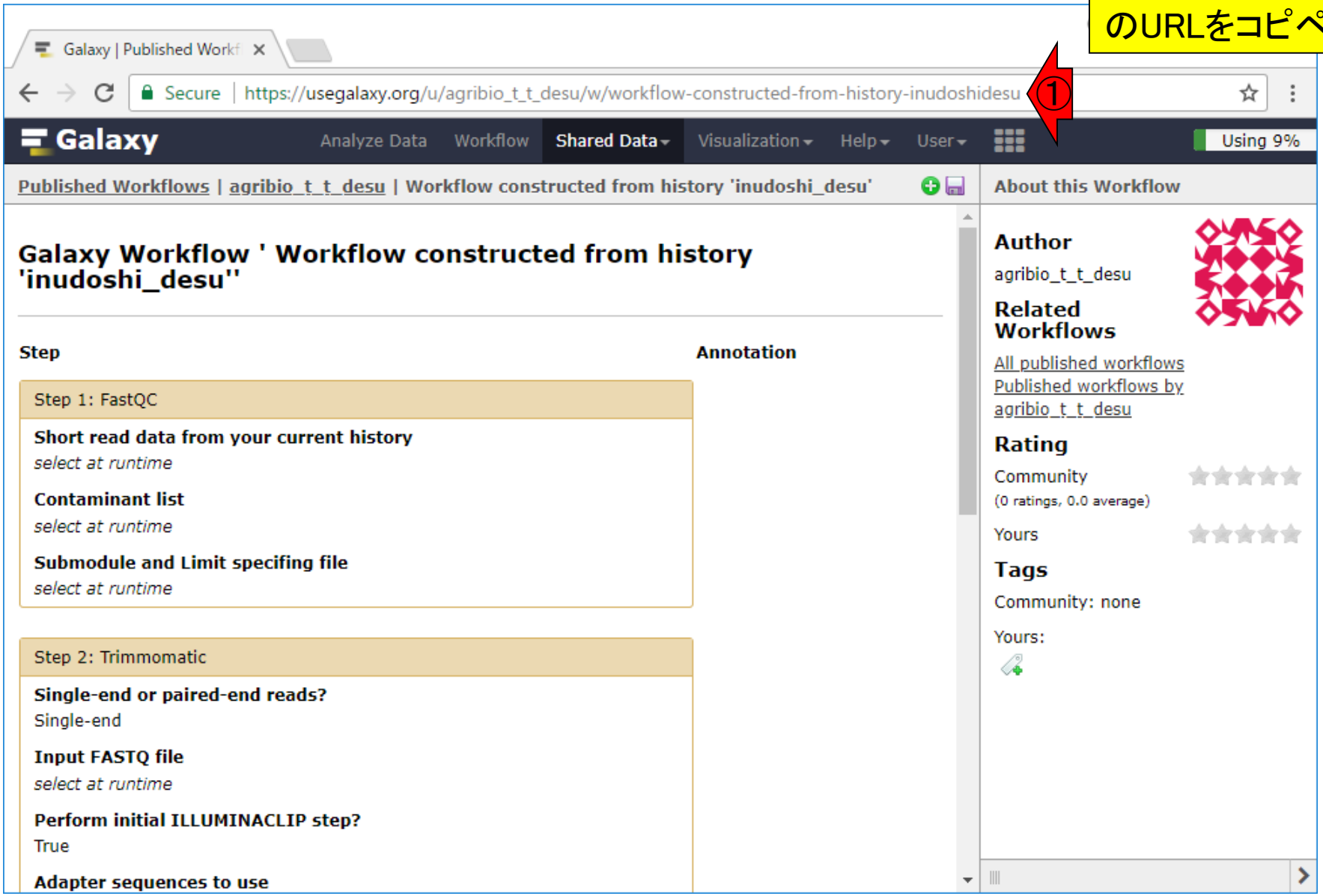


W21-3：ログイン後

terada_registeredのログイン後の状態。右側のヒストリーパネルには、①Trimというヒストリー名で何か作業をやった結果が残っている（ということを言っているだけで、何か過去にやったものが残っている状態で行いますよということを言いたいだけです）

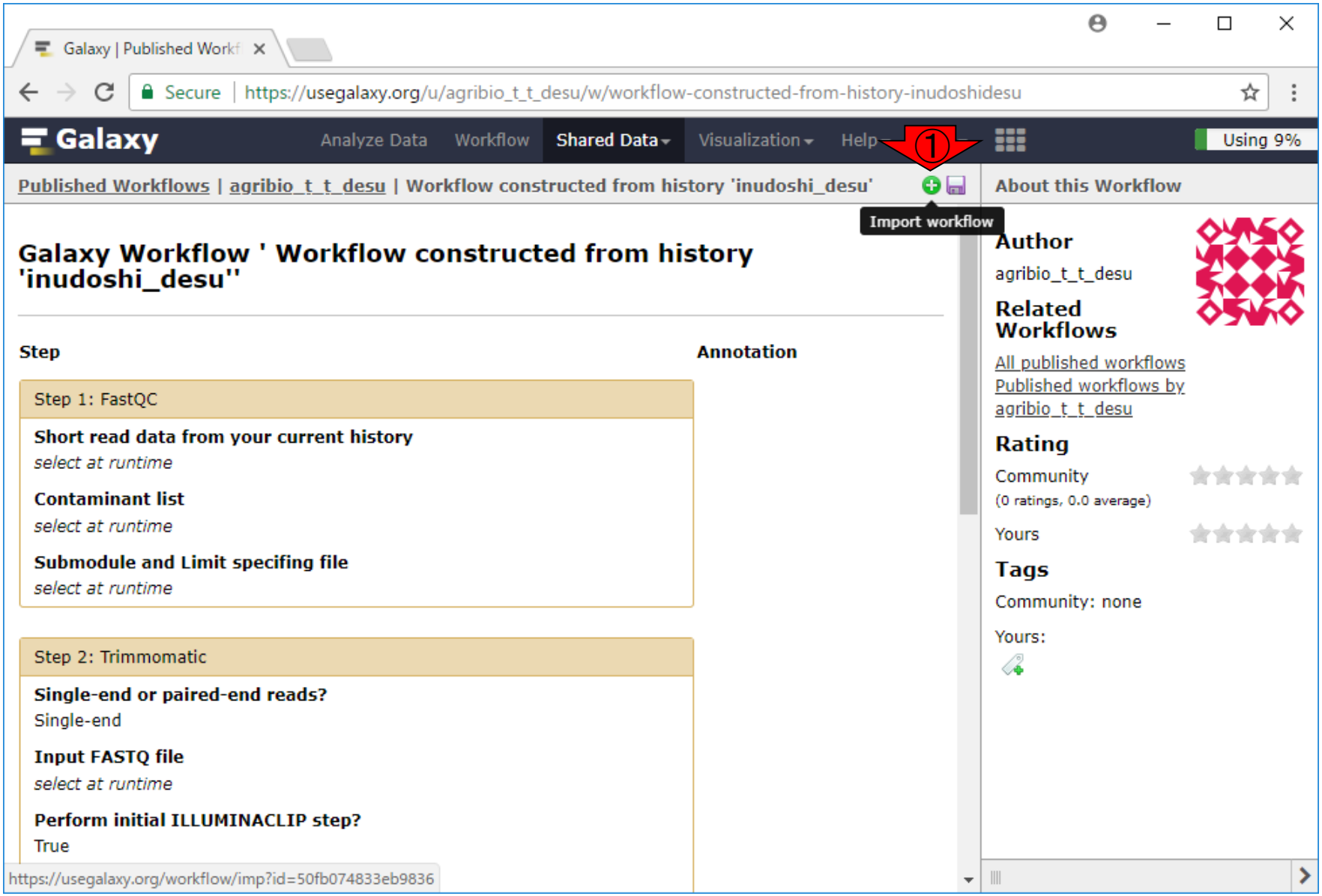
W21-4：ワークフローURL

terada_registeredさんが、(kadota_registeredからメールで送られた)①ワークフローのURLをコピペした結果



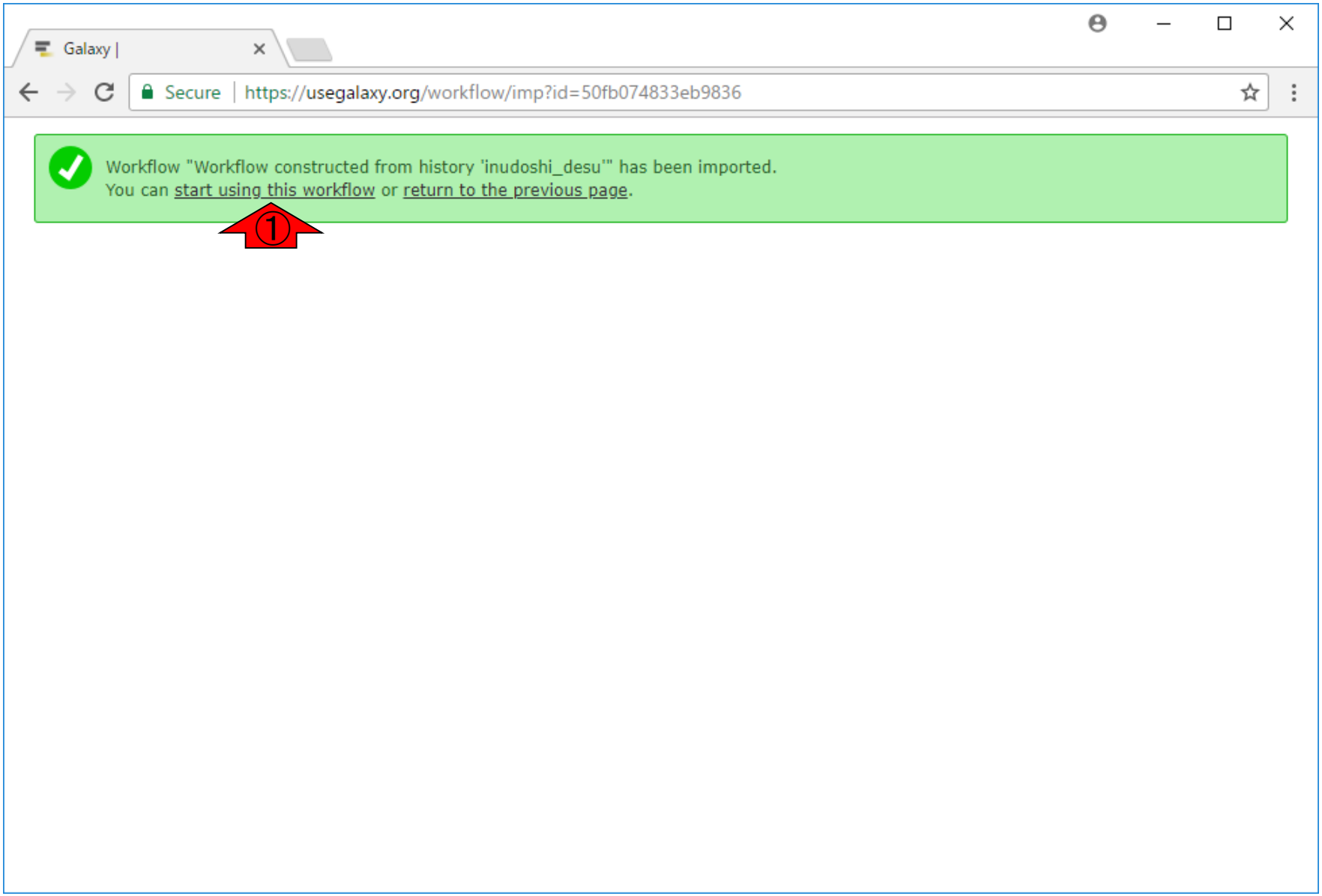
W21-5：インポート

①ワークフローをインポート（取り込み）して使えるようにします



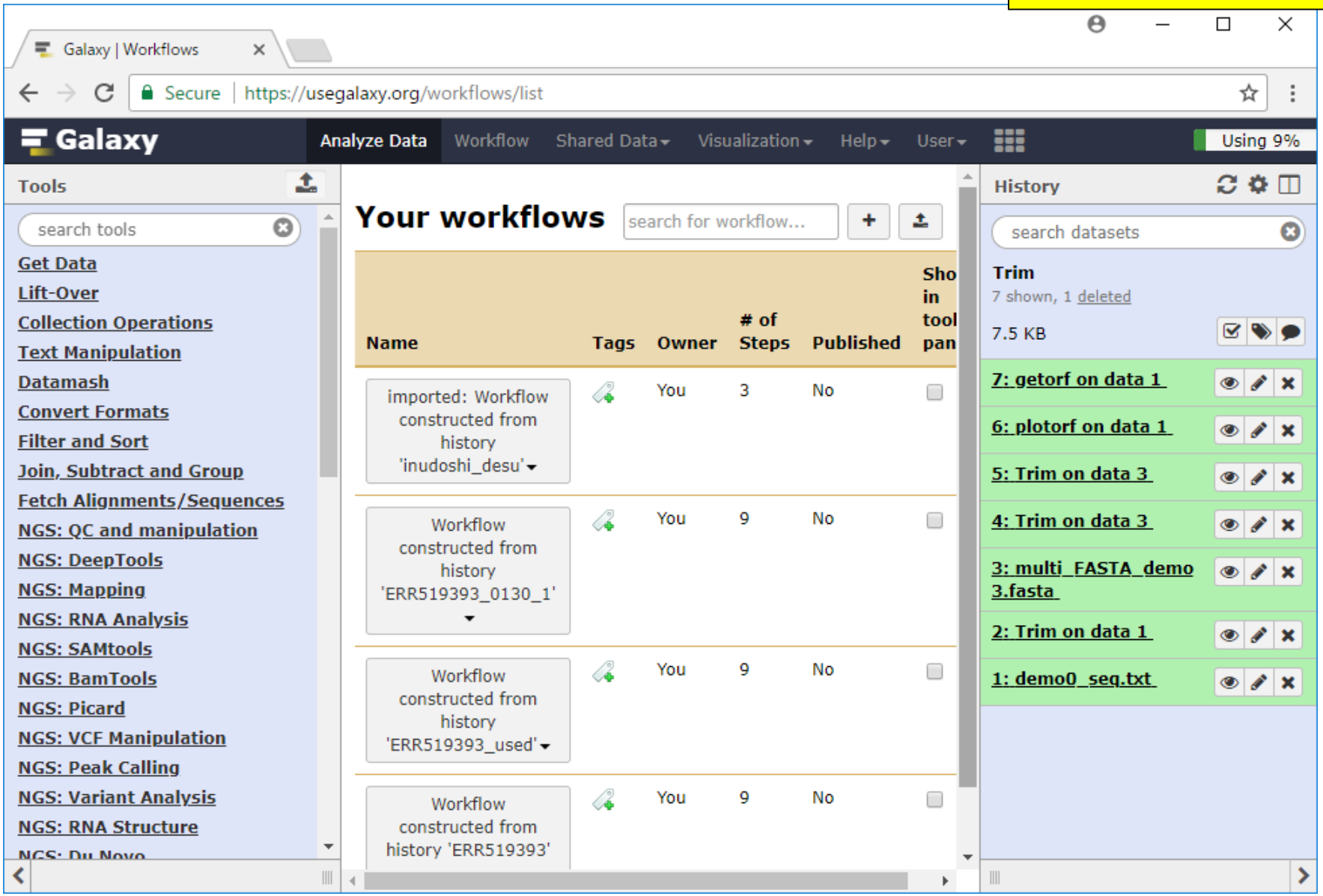
W21-6：インポート後

インポートに成功すると、こんな感じになります。①start using this workflow



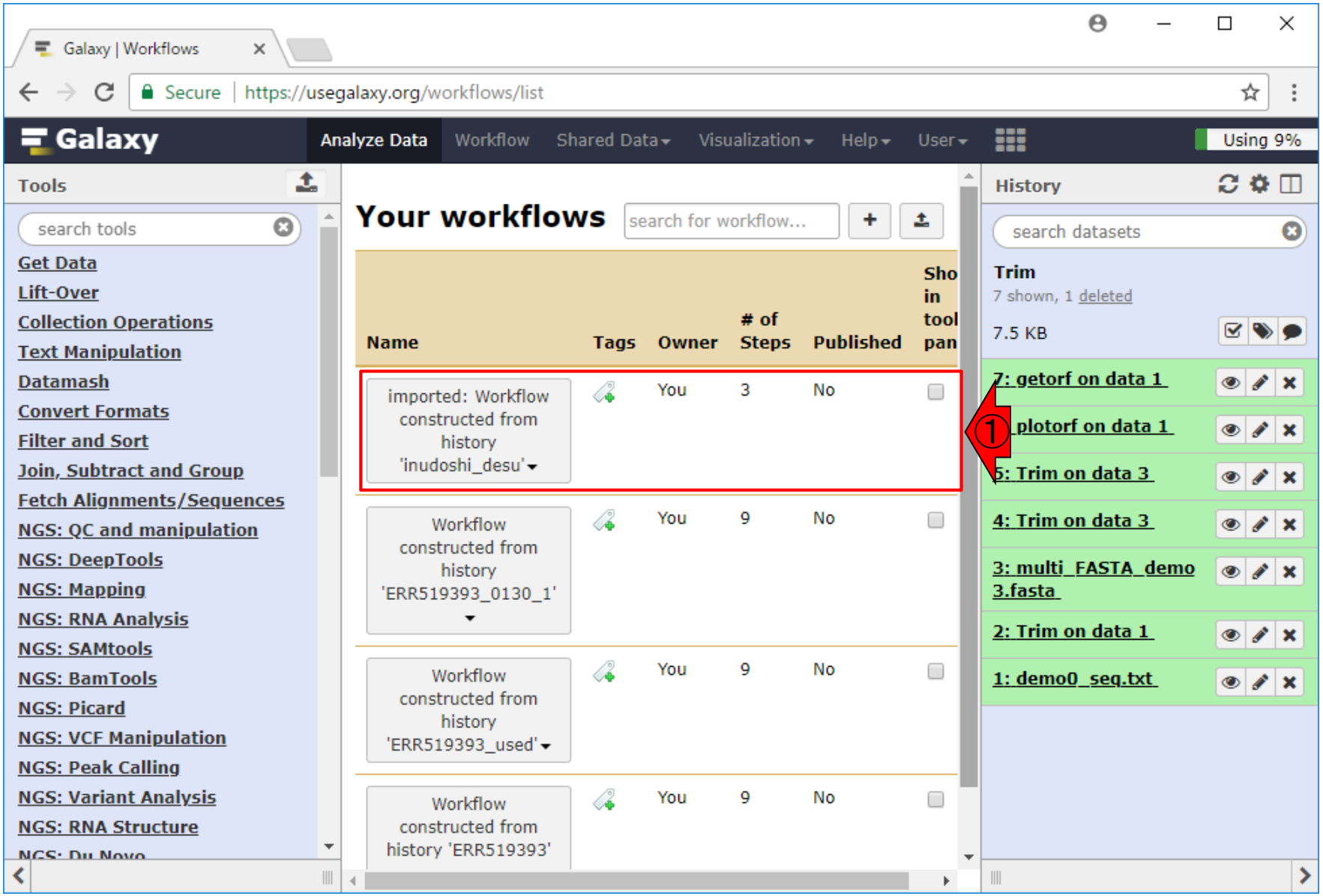
W21-7 : Your workflows

terada_registeredさんは、沢山ワークフローを持っているので、中央パネルがこんな感じに見えます



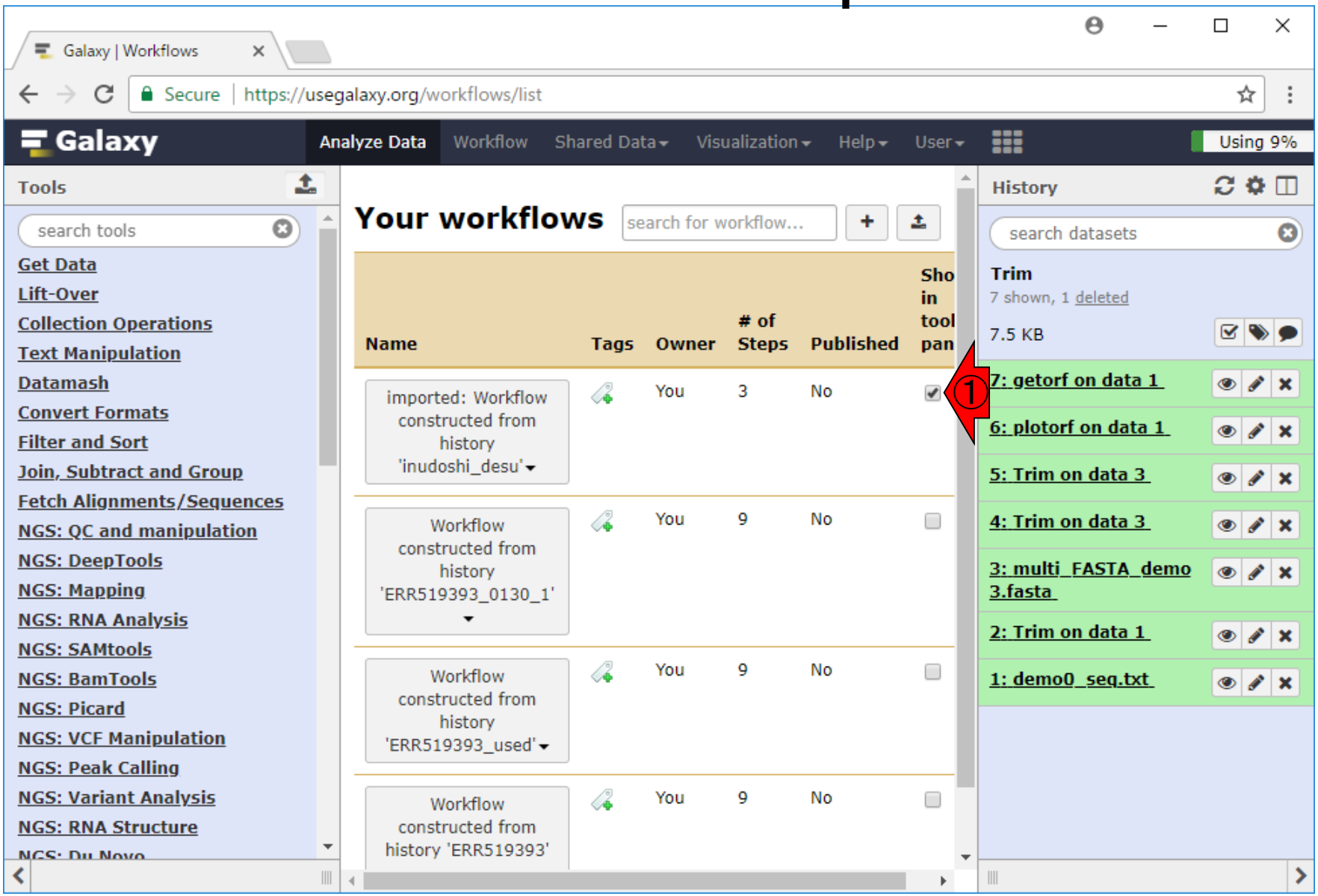
W21-7 : Your workflows

もし以前にワークフローを作成したことがなければ、①のみが見えているはず



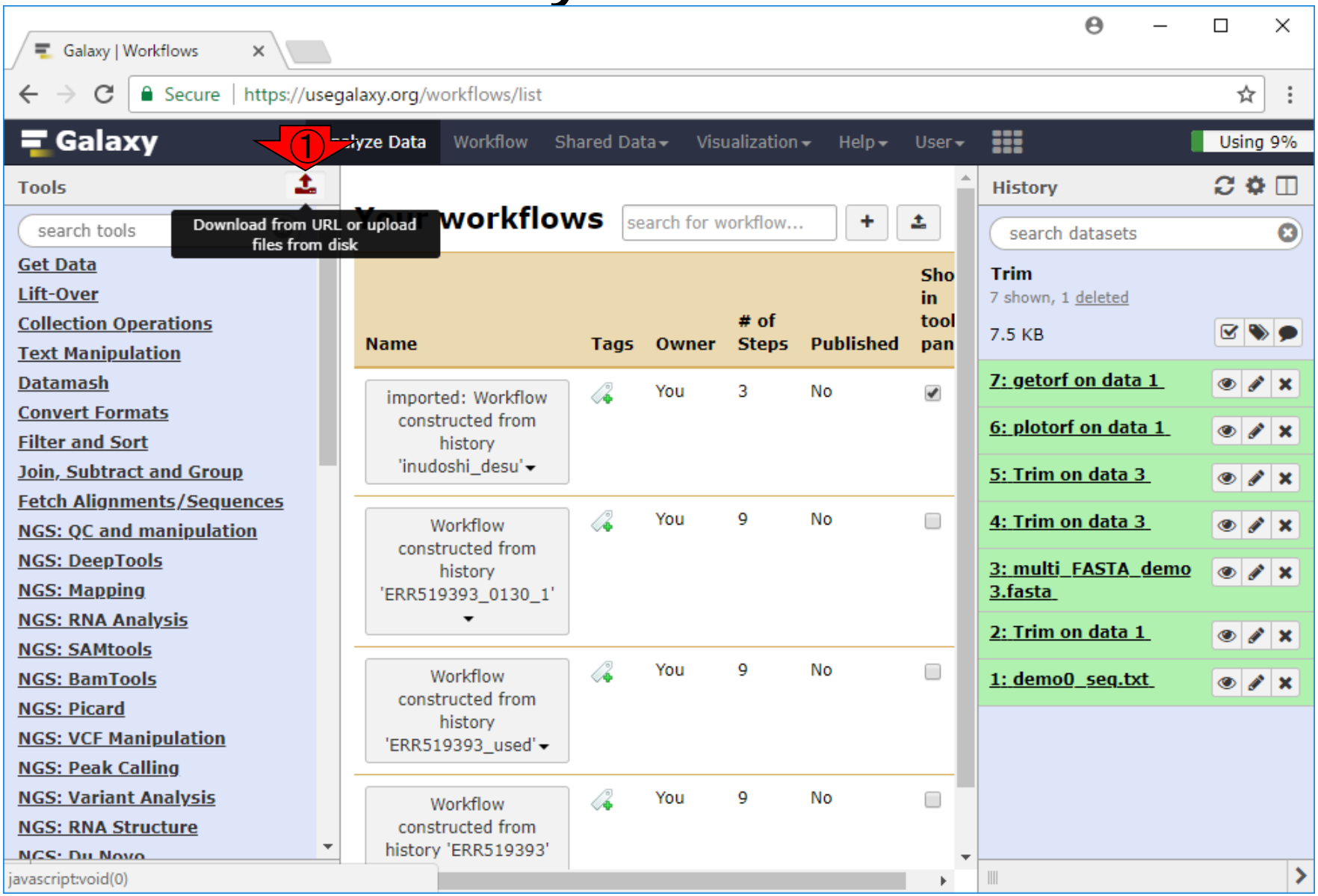
W21-8：Show in tools panel

W15-4と同じく、①Show in tools panelにチェックを入れる



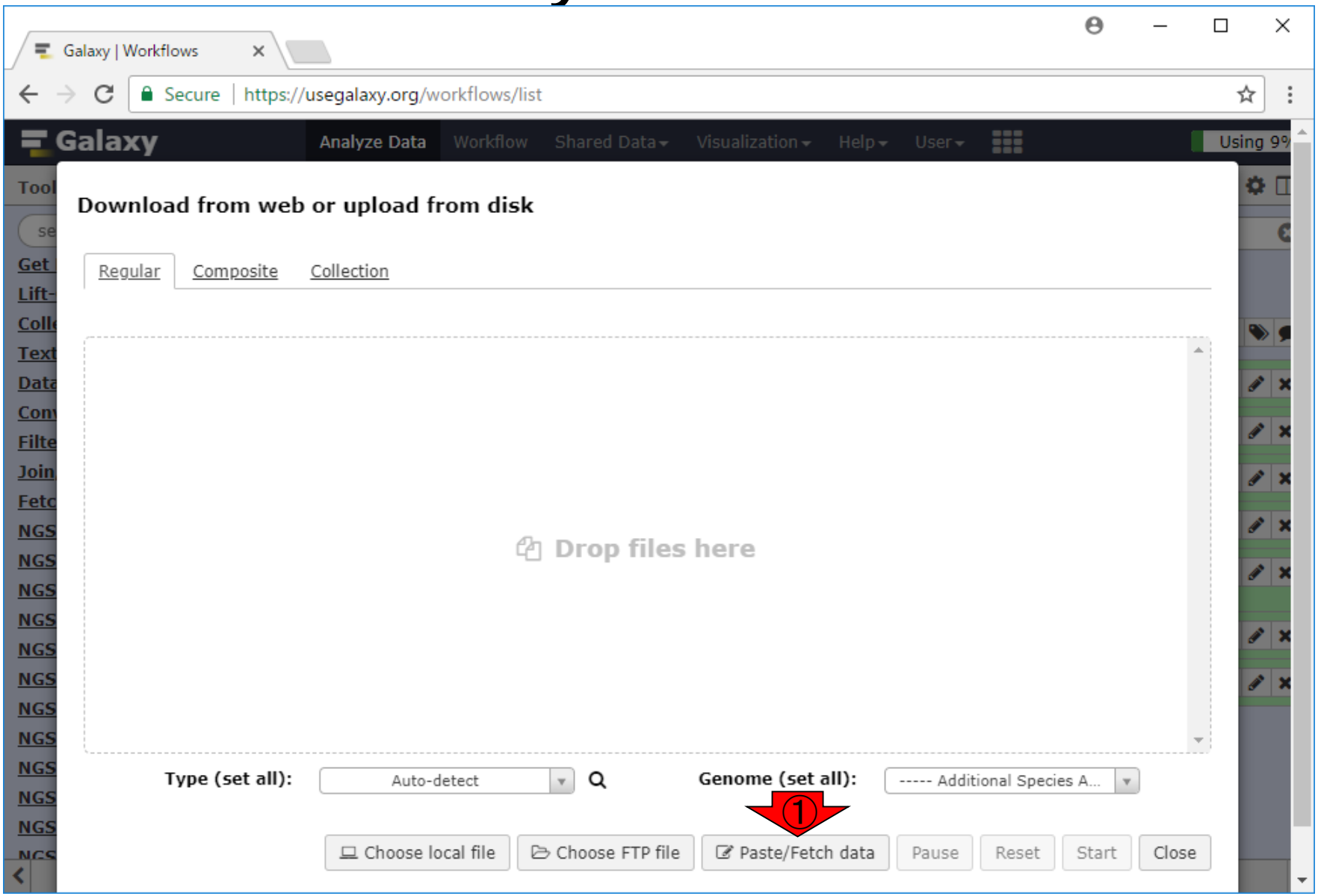
W21-9：Galaxyへの取り込み

①解析データのGalaxyへの取り込み（W17-3と同じ）



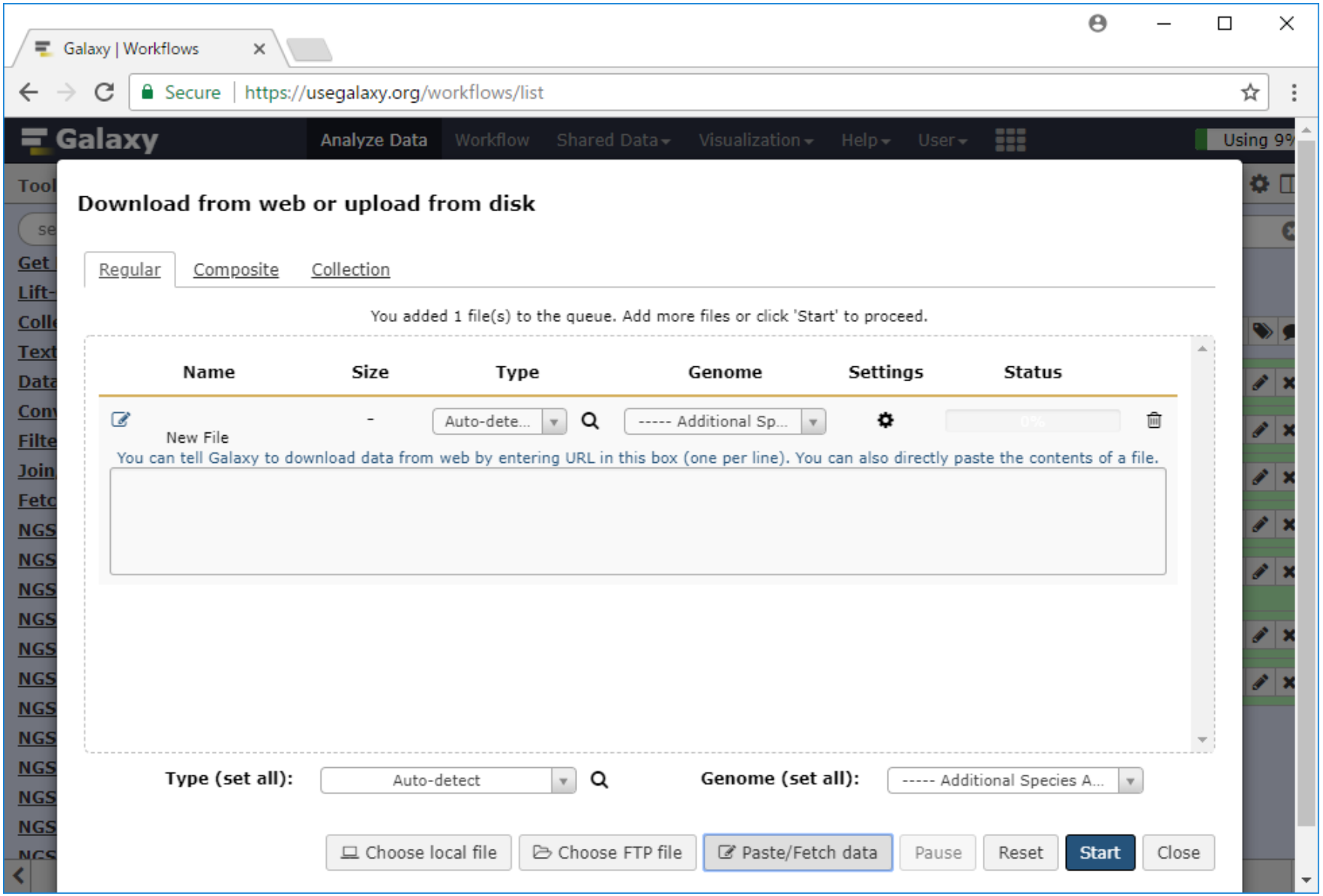
①Paste/Fetch data

W21-9：Galaxyへの取り込み



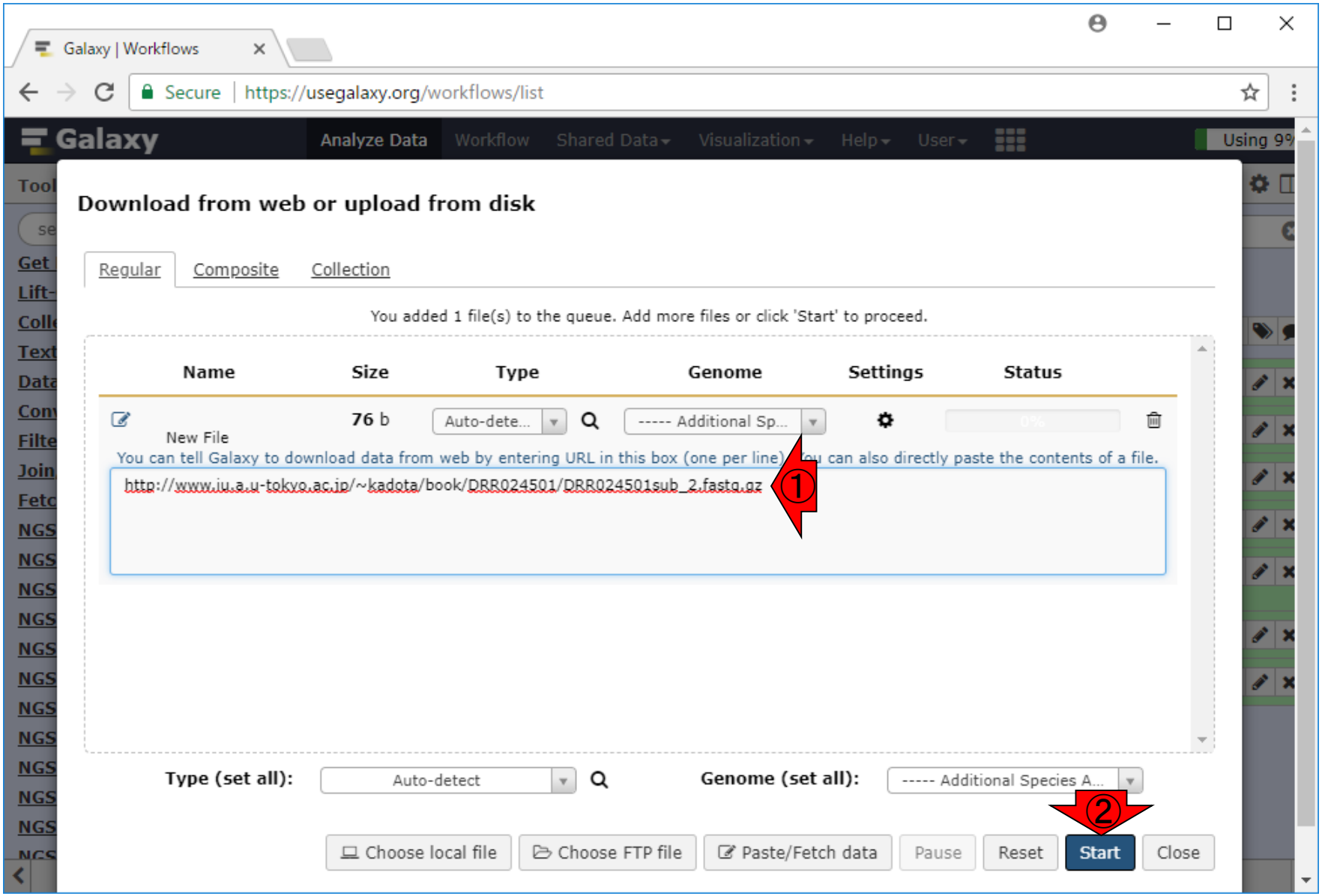
こんな感じになります（W17-4と同じ）

W21-10：ダウンロード（DL）



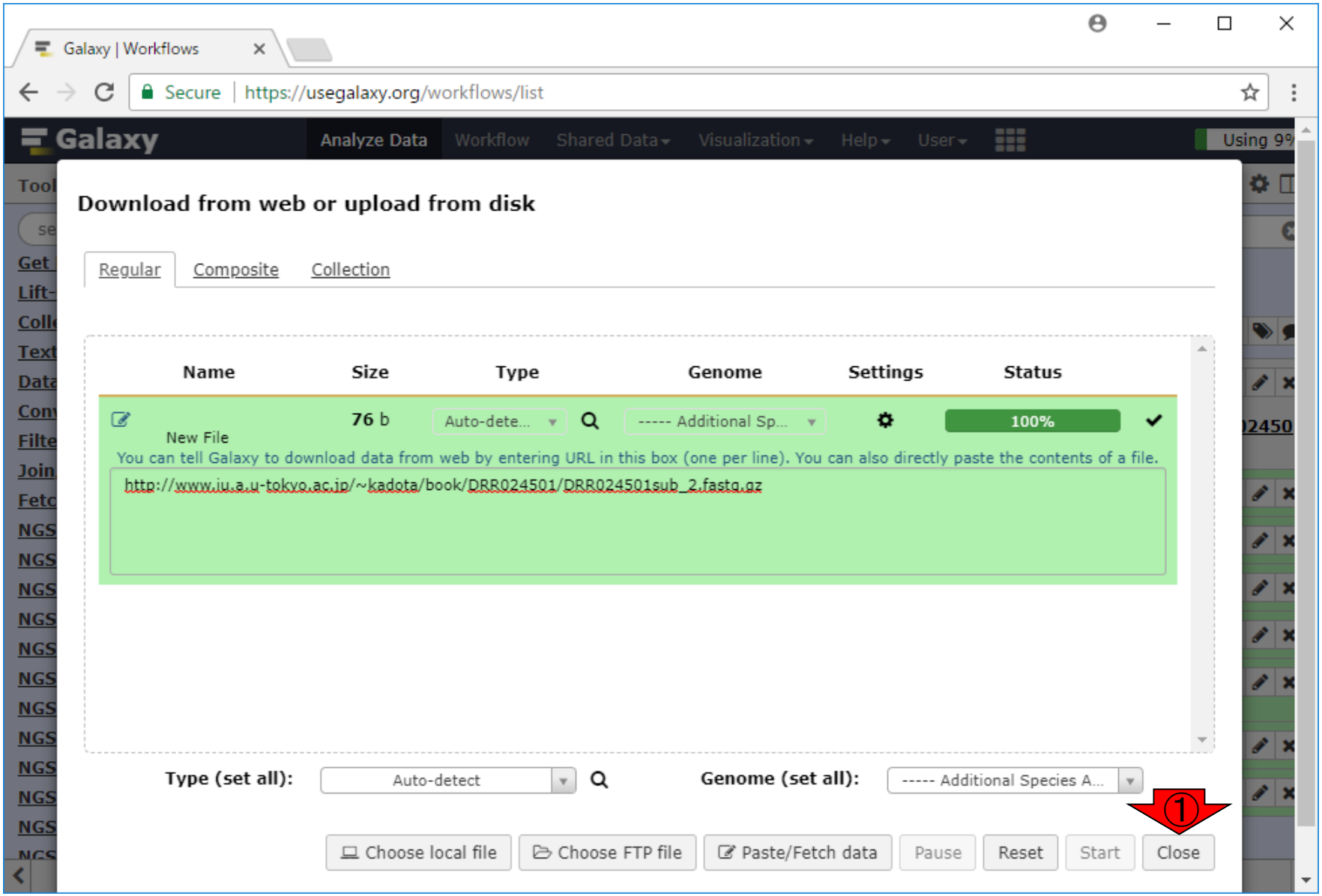
W21-11：URLのコピペ

①メールで指定された確認用データファイルのURLをコピペして、②Start



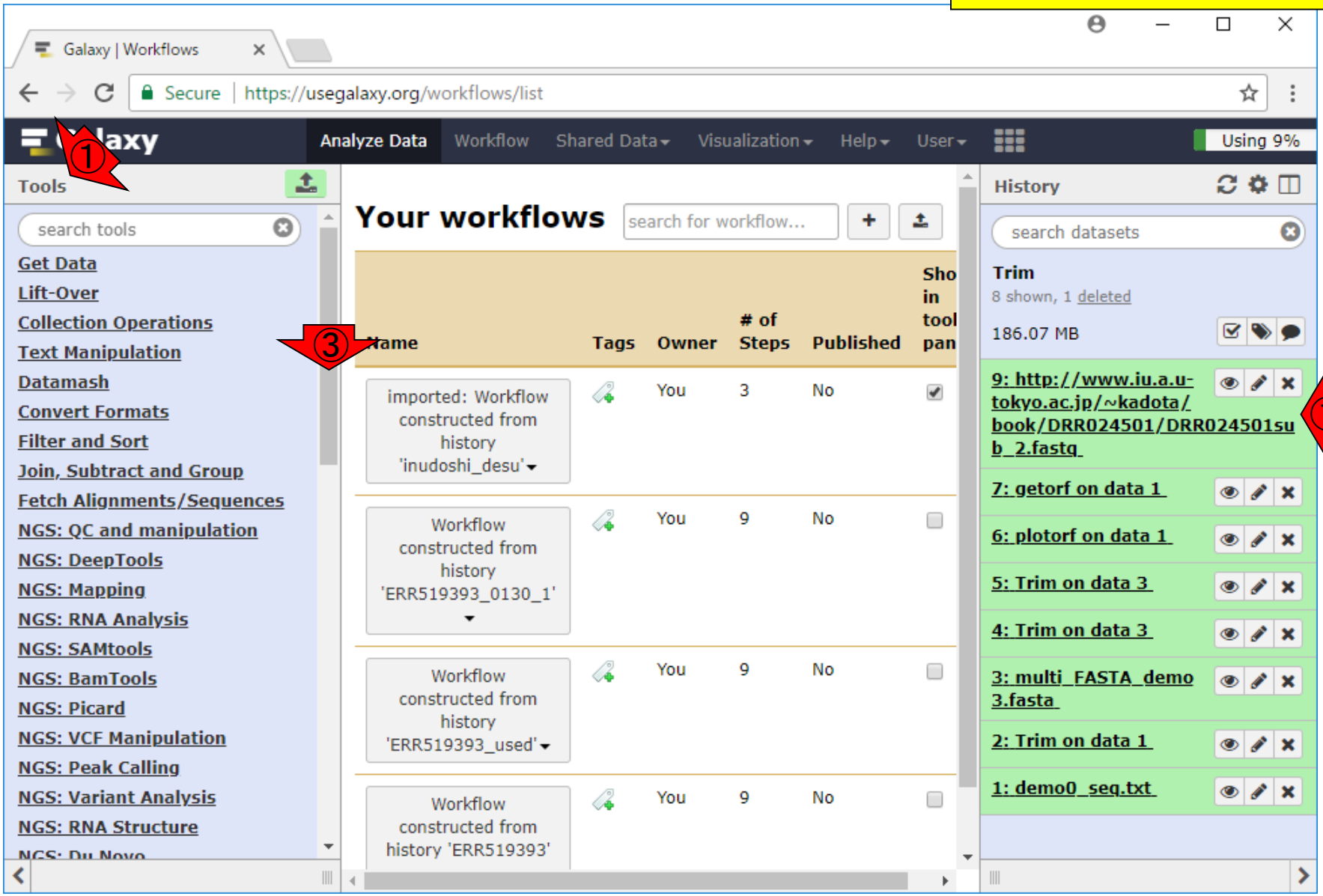
①Close（W17-8と同じ）

W21-12：DL終了



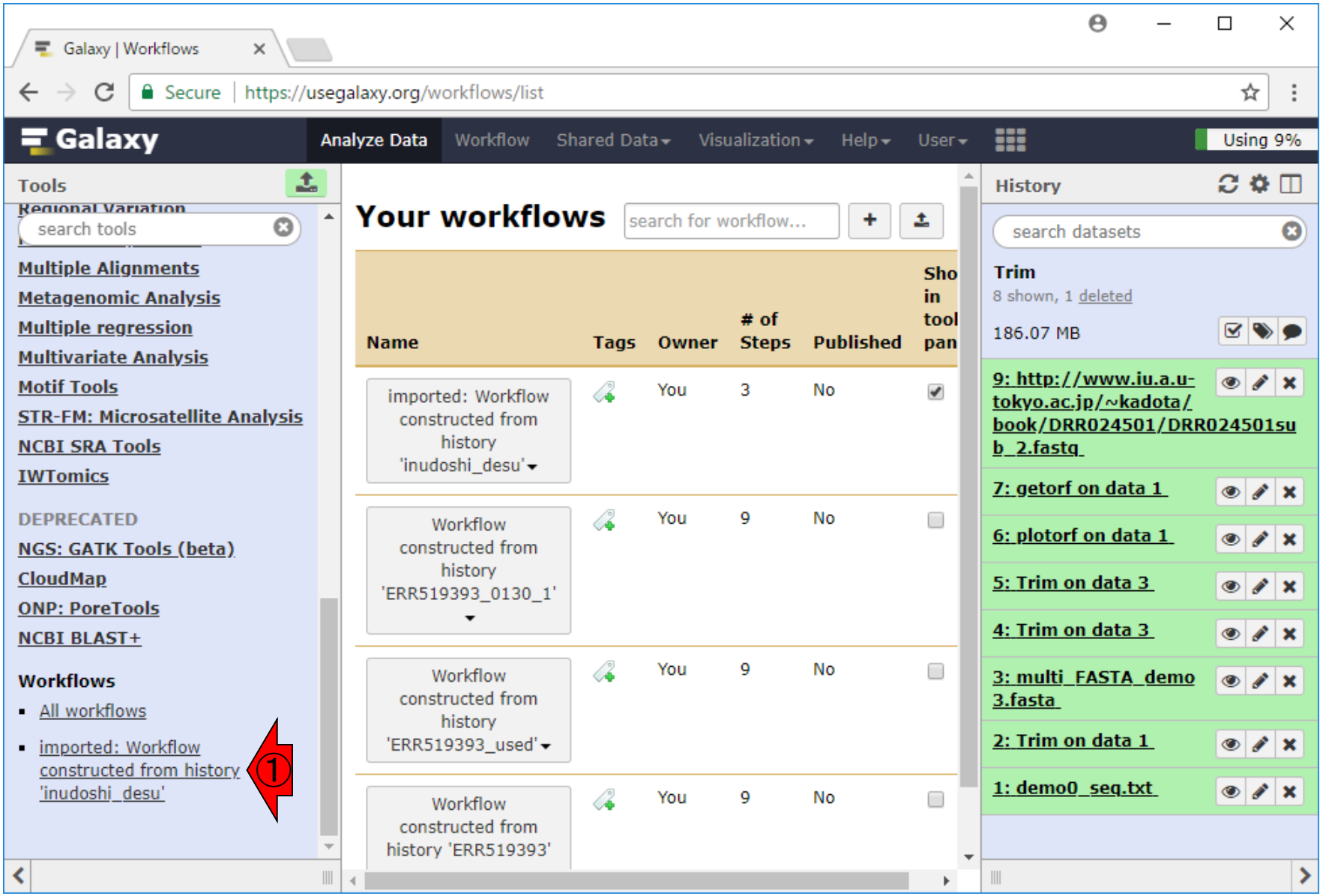
W22-1：下準備ほぼ完了

W17-9では①の部分の名前を変更しましたが、ここではそのままやります。
②ツールパネルで③下にスクロール



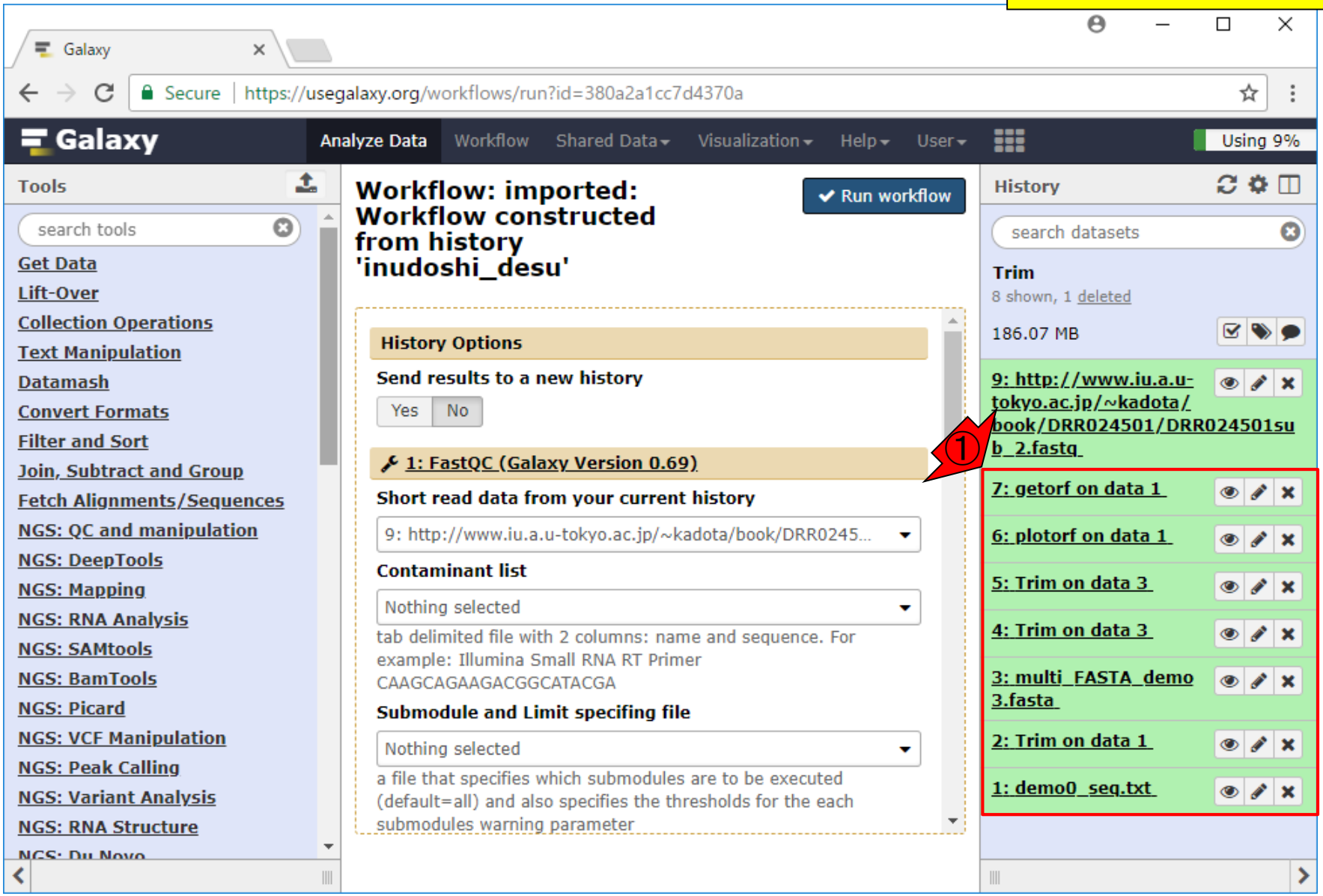
①をクリック

W22-2：ワークフロー実行



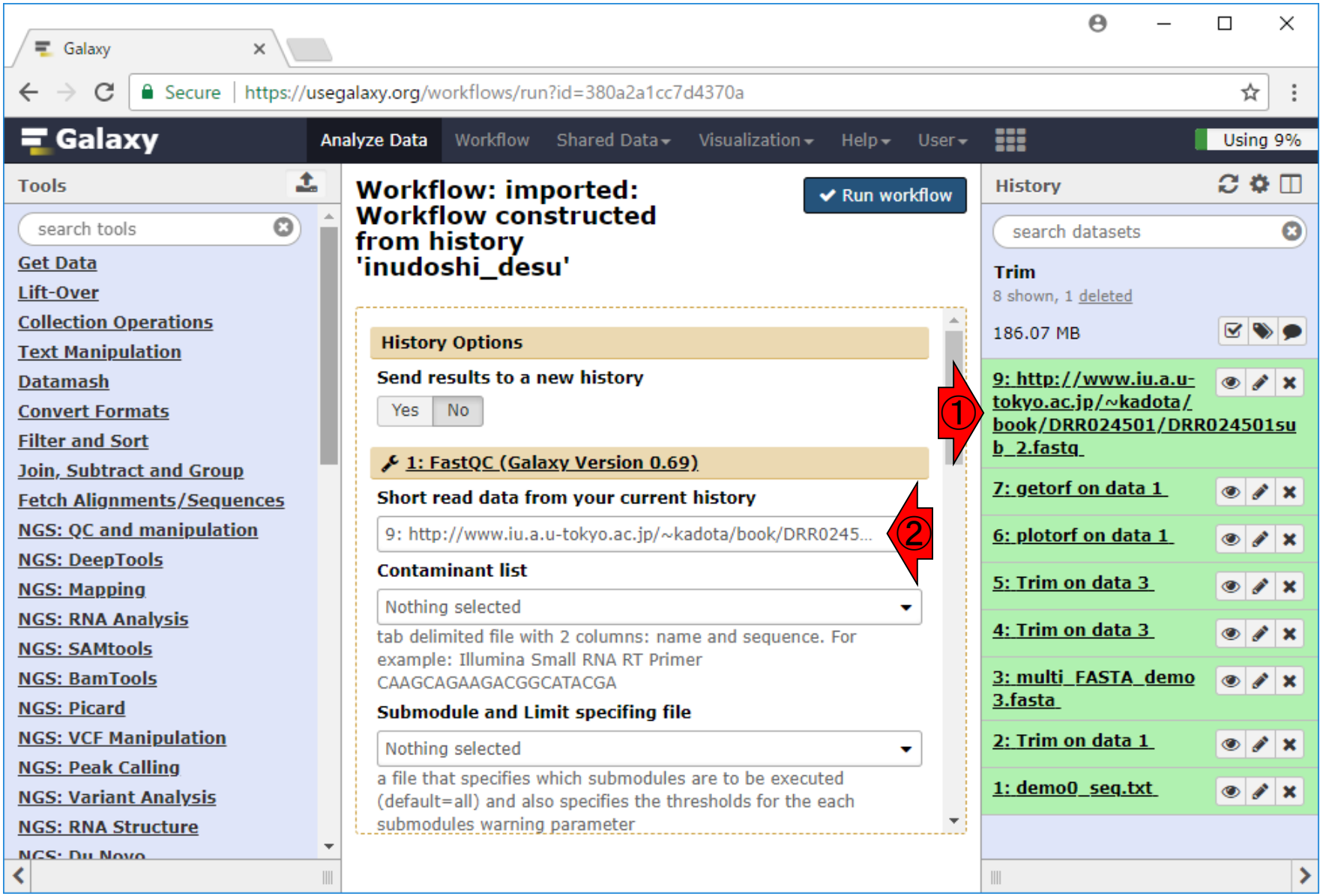
W22-3：中央パネル

中央パネルはこんな感じになります。①の部分は、個々人のヒストリーパネルの状態によって異なる



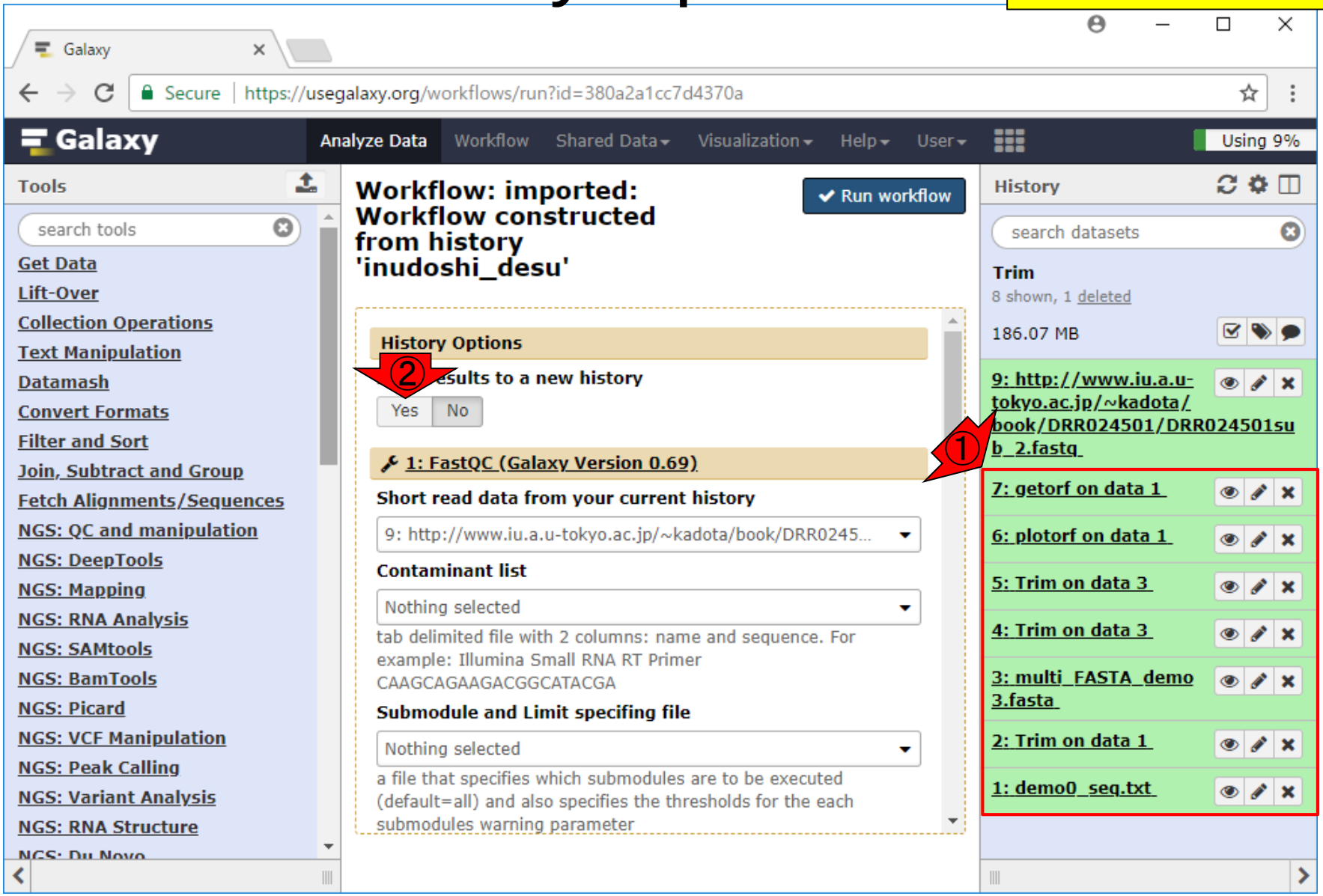
W22-3：中央パネル

重要なのは、①解析したい入力ファイルが、②で見えているということ



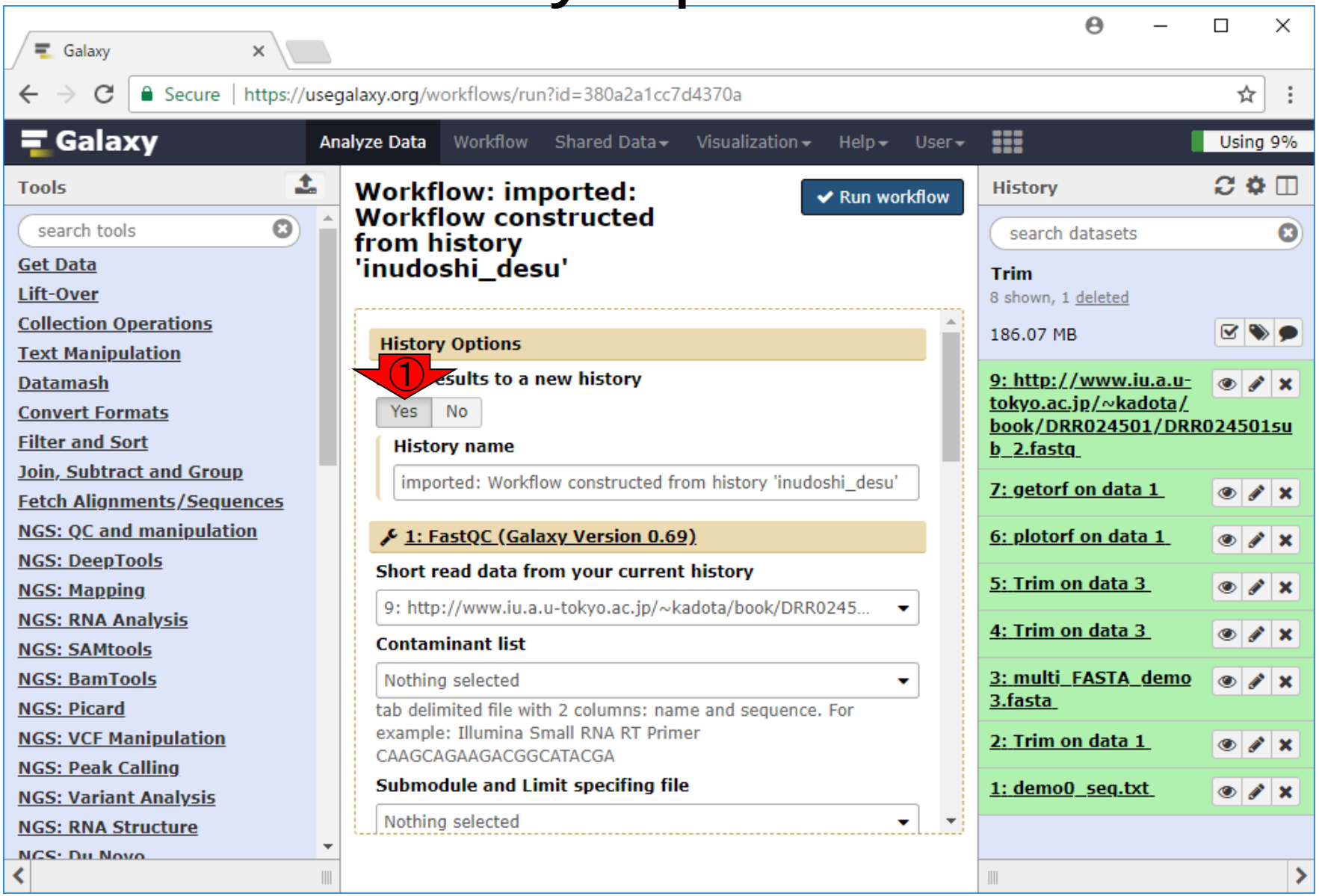
W22-4：History Options

但し、今は①は無関係なので、新しいヒストリーにワークフロー実行結果を格納すべく、②Yesに変更



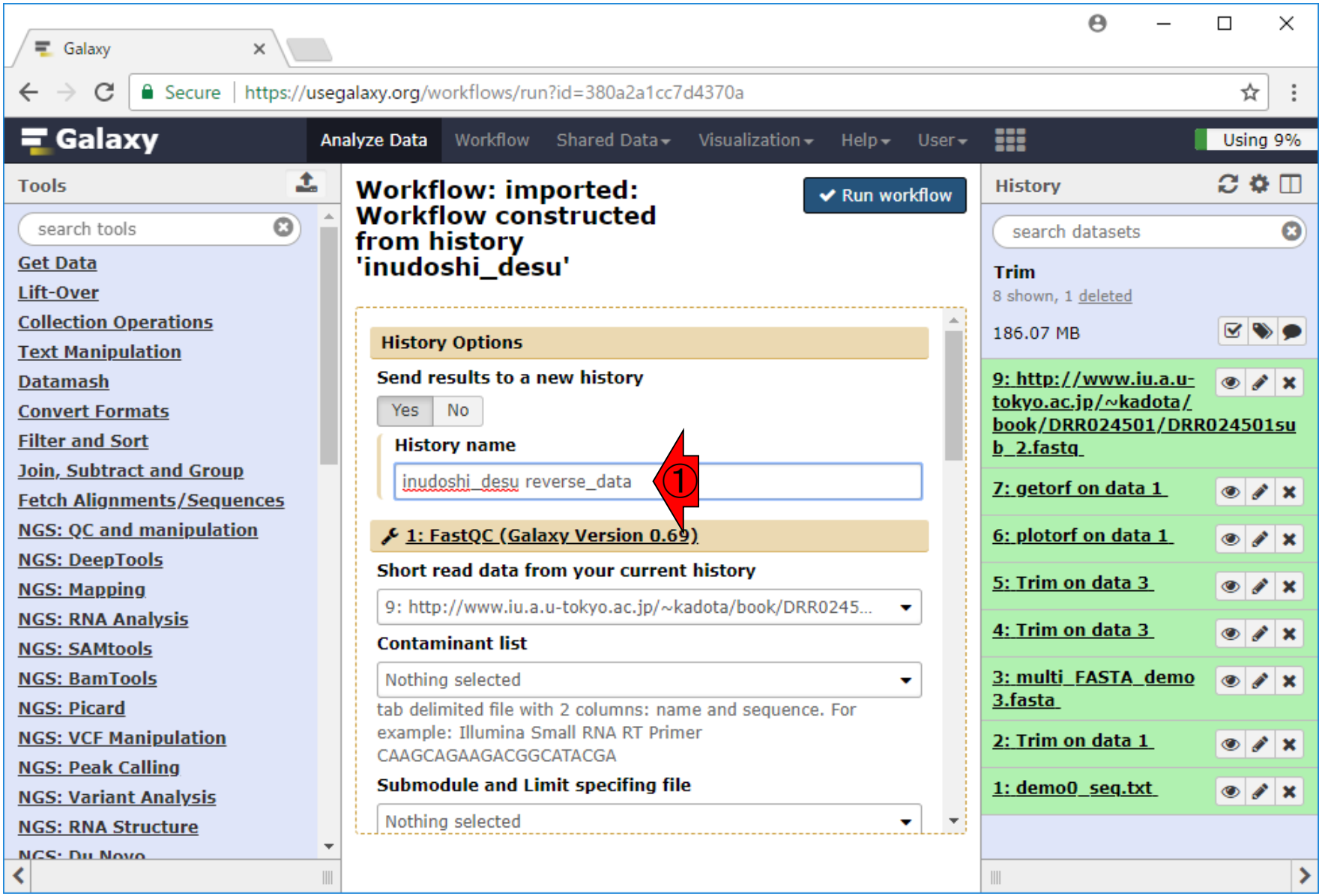
①Yesボタンを押した後の状態

W22-4：History Options

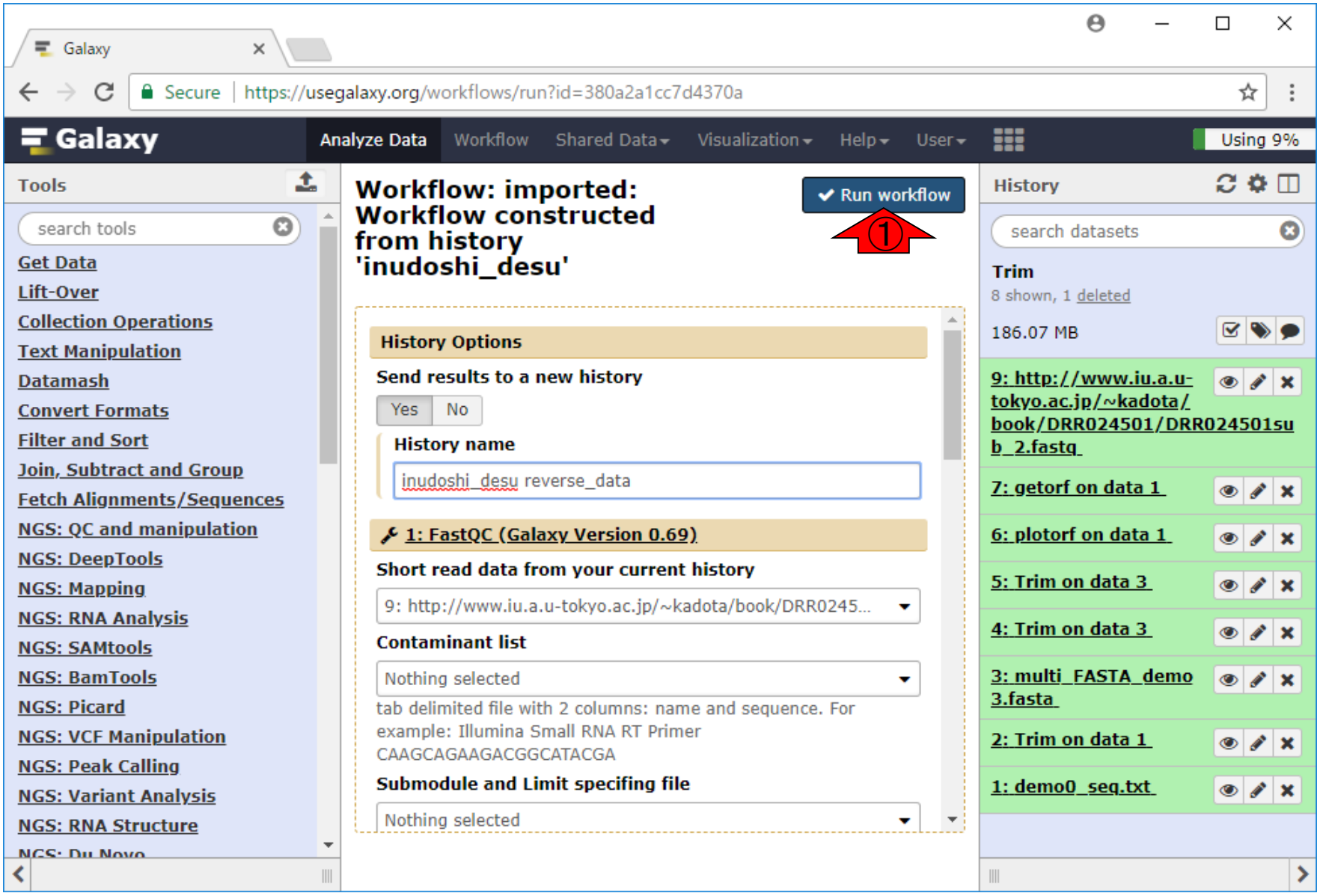


W22-5:ヒストリー名変更

ここでは①inudoshi_desu reverse_dataと変更した

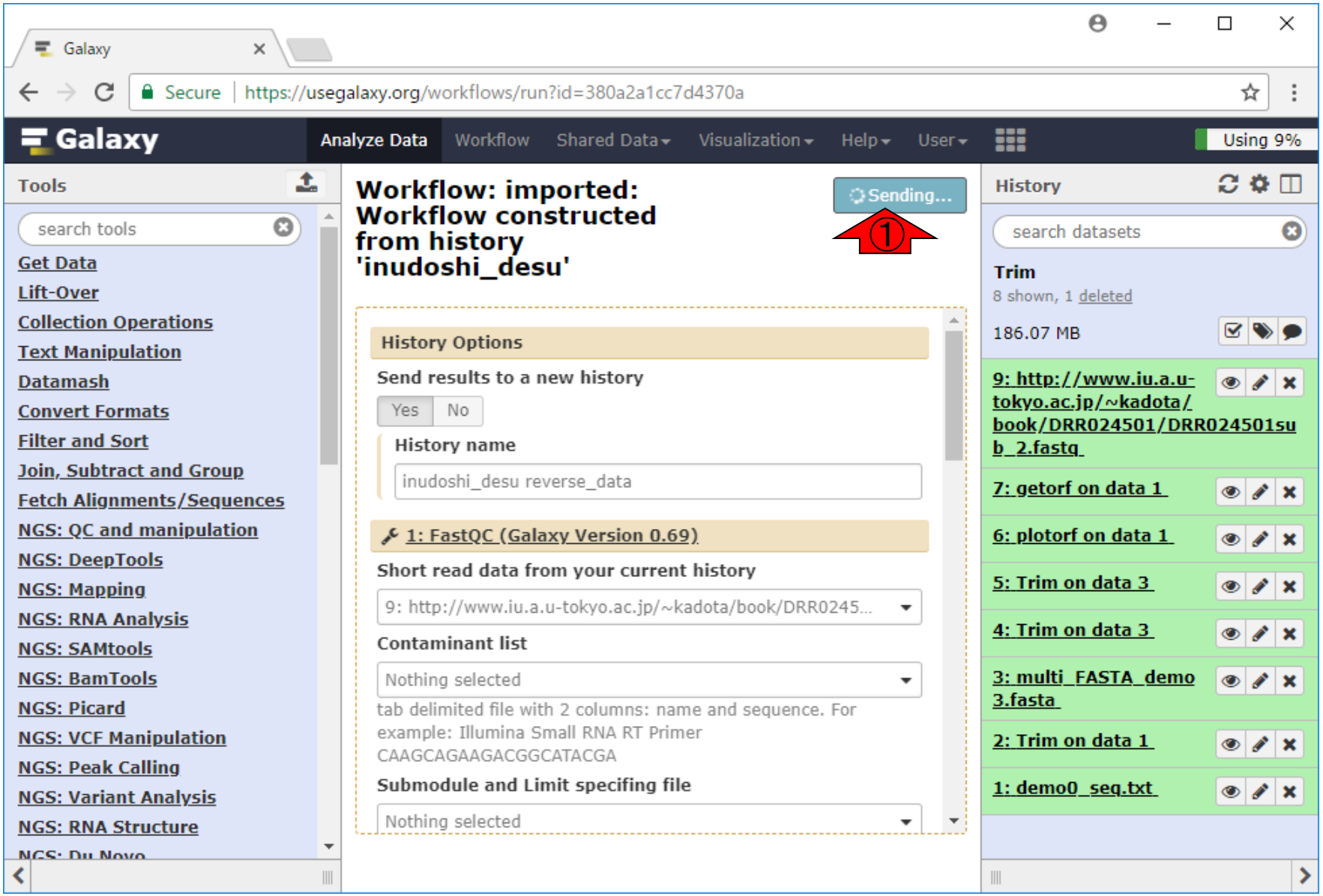


W22-6：Run workflow



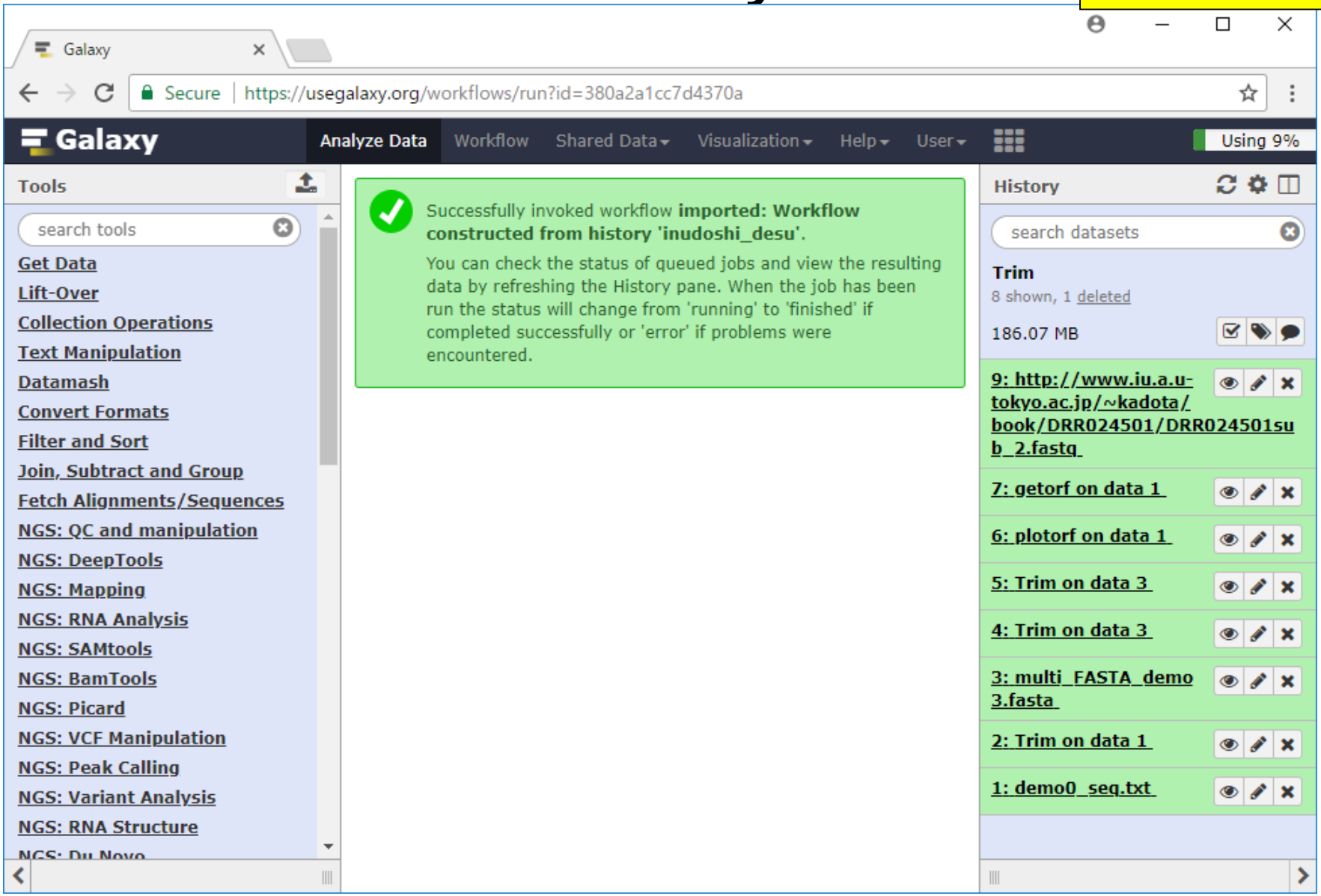
W22-7：ジョブ投げ中…

①Sending･･･になっているのがわかります（W18-8）



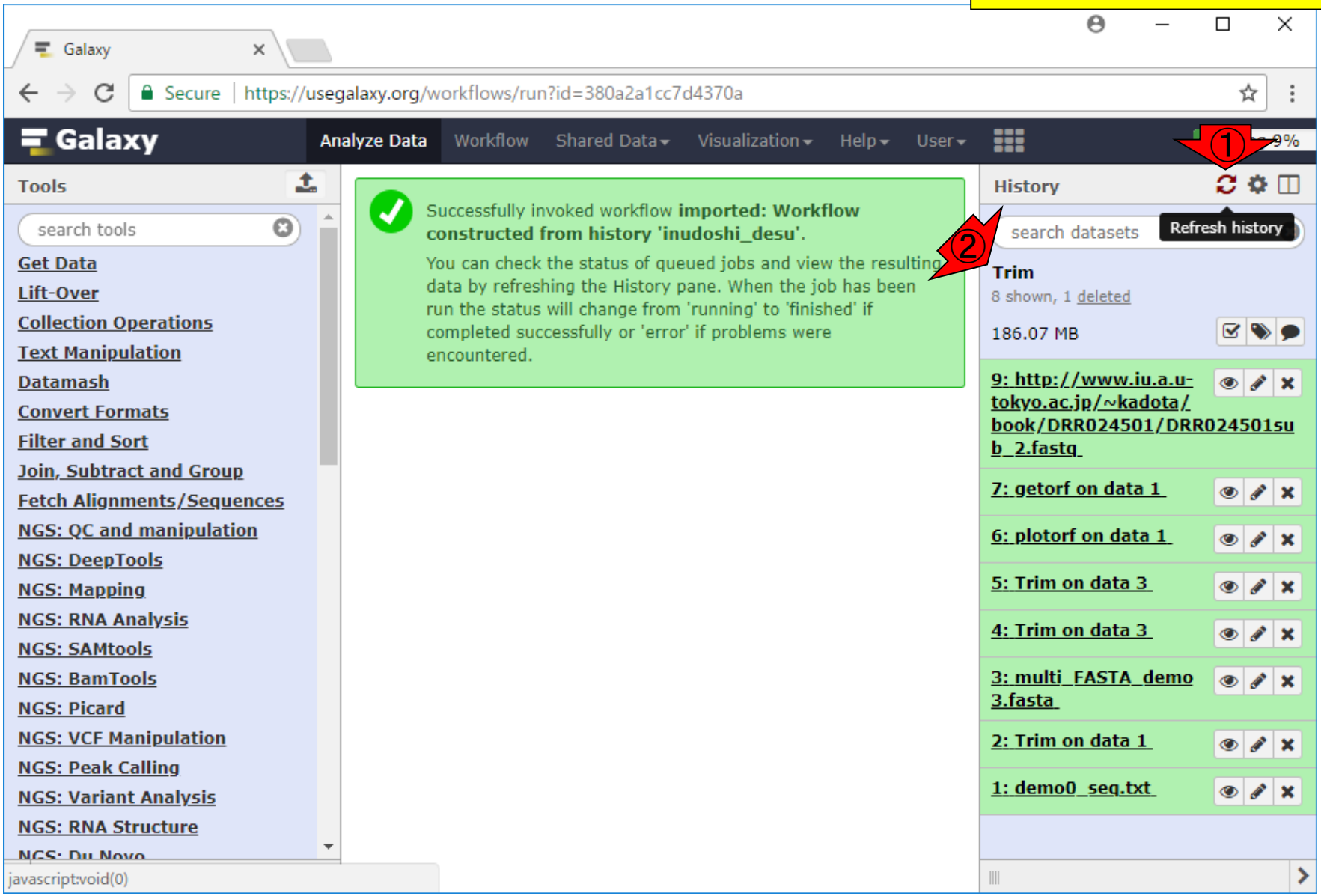
W22-7：Successfully invoked

①無事ワークフローを呼び出す（invoke）ことができたようです。W18-9とほぼ同じだが



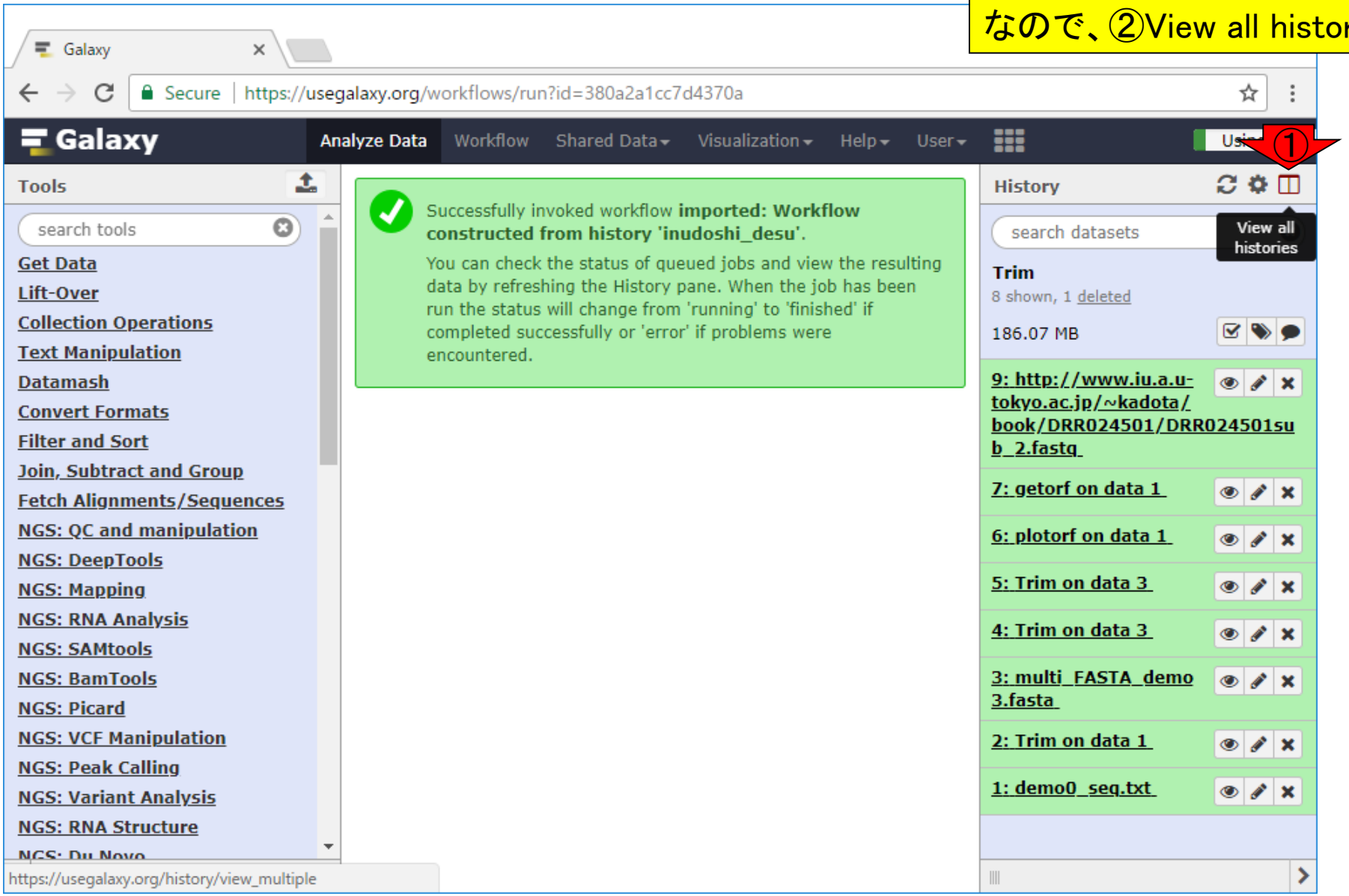
W22-8：待てど暮らせど…

①Refresh historyをやろうが、何も変化はありません。理由は明確で、これは②Trimというヒストリーだから



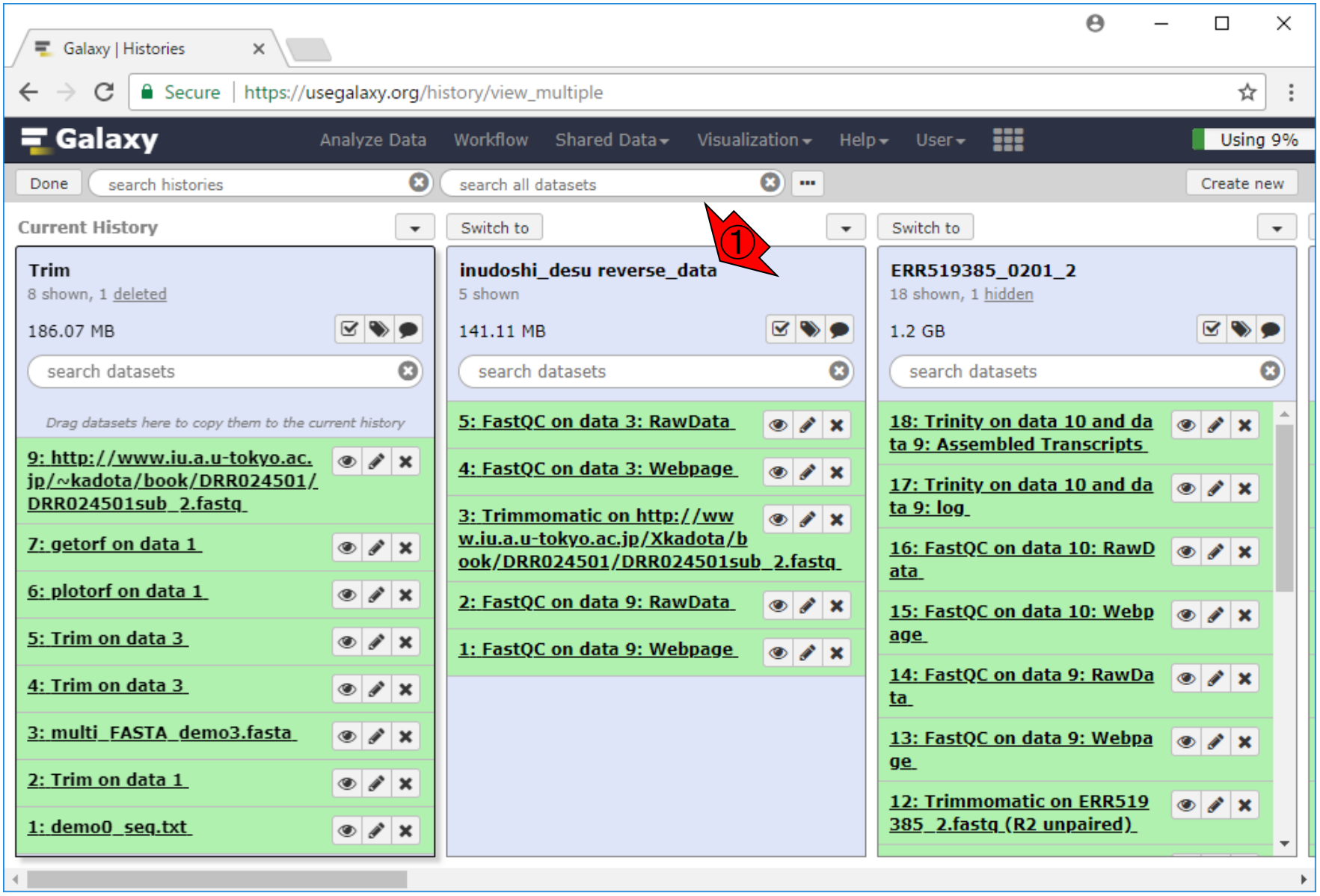
W23-1：View all histories

W22-5を思い出すとピンとくるが、ワークフロー実行結果はinudoshi_desu reverse_dataに格納されているはずなので、②View all historiesで確認



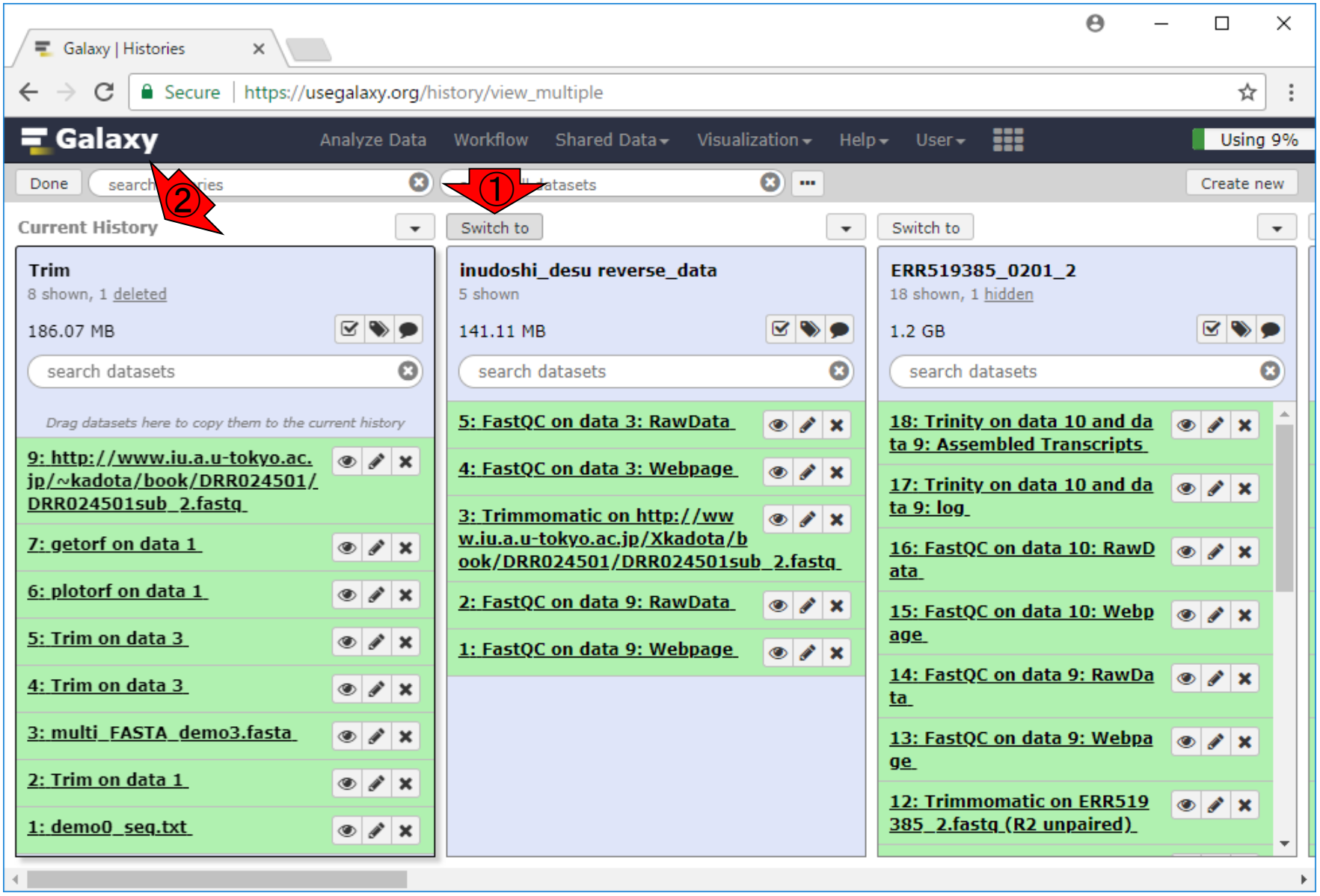
①ここにありましたね

W23-2：実行結果を無事発見



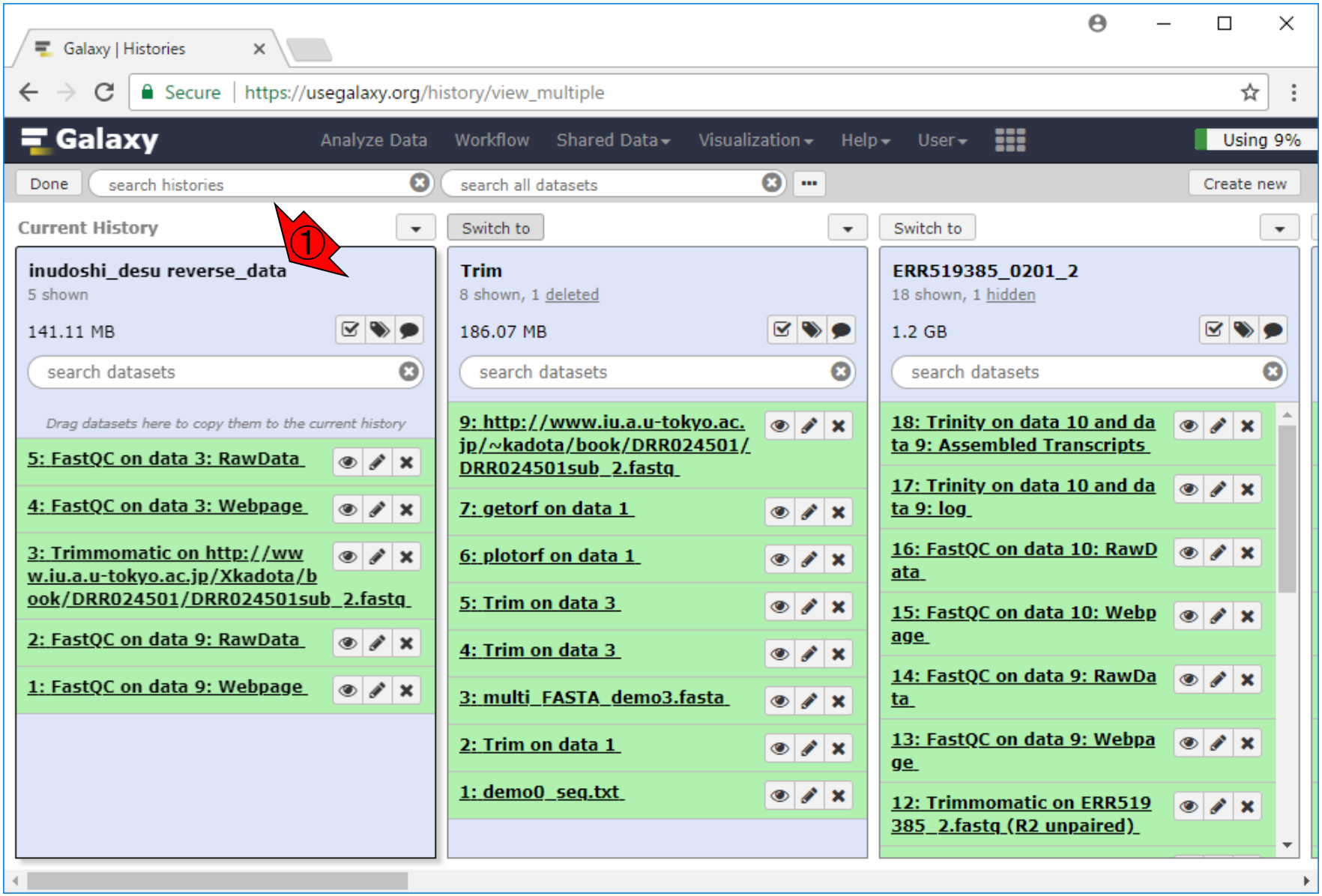
W23-3：Switch to

①Switch toで、②Current Historyのところに移動



W23-4：移動完了

無事移動完了です。
この状態で、①Done



W23-5：反映完了

無事通常画面上に、①ワークフロー実行結果が反映されました