
Mi-Genoの使い方

インストール

Mi-GenoはDocker上で動くシステムなので、最初にDocker Desktopをインストールをし、立ち上げてください。
その後にMi-Genoをダウンロードします。

- ✓ Install Docker
- ✓ Run Docker Desktop
- ✓ Download Mi-Geno
- ✓ Run Docker Desktop

Docker Desktopの入手は下記のサイトから

<https://www.docker.com/>

Mi-Genoを動かす前に、必ずDocker Desktopを立ち上げてください。

その後にMi-Genoをダウンロードします。

Plant GARDEN

Plant GARDEN (Genome And Resource Database Entry) is a portal site that curates genome and marker information of various plant species.

[? How To ▶](#) [i About this site ▶](#)

Search

| | | | | | | | | | | |
|--|---|---|---|--|--|---|--|---|---|---|
|  Search by Species |  Wild chrysanthemum (seticuspe) |  Grapevine |  Japanese trefoil |  Thale cress |  Japanese radish |  Strawberry |  Peanut |  Soybean |  Tomato |  All Plants ▶ |
|  Search by Others |  Genes |  Sequences |  RDF | | |  Data List |  Markers |  Trait-Related Loci | | |
|  Let's Analyze!! |  Mi-GARDEN |  GARDEN Cloud | | | | | | | | |



Mi-Geno のバッチファイルをダウンロード

 [? 使い方 ▶](#)

[TOP](#) > ツール一覧

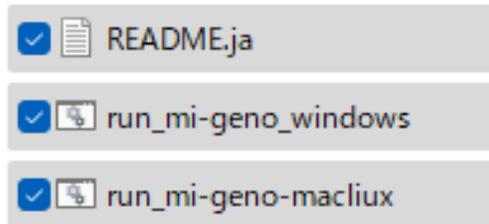
解析ツールを選ぶ

-  お持ちのデータをアップロードしてブラウザ上で解析する
-  解析ツールをダウンロードしてローカル環境で解析する
-  ANPLAT社 ANCATプラットフォームで解析する

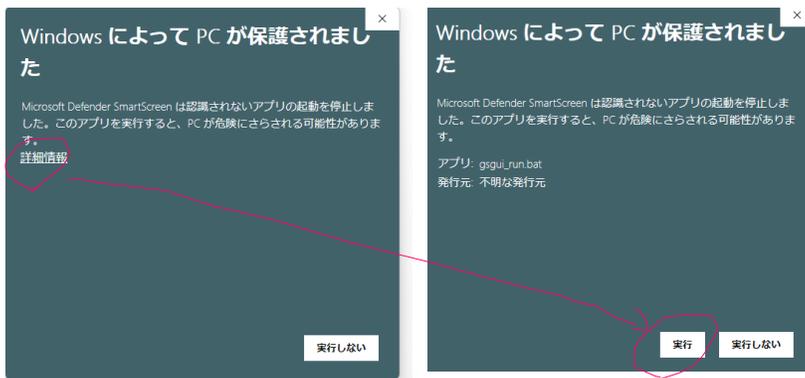
| | | |
|------------------------------|---|---|
| Mi-GARDEN | Plant GARDENのデータと連携してゲノム解析を行うツール。Docker-compose上で動作します。 |   |
| GARDEN Cloud | Plant GARDENのデータと連携してゲノム解析を行うツール。クラウド上で解析を行う有料ツールです。 |    |
| GS Modeling | ゲノミックセレクションのための予測モデル作成ツール |   |
| Mi-Geno (β) | GUI tool to analyze and edit vcf files |   |
| JBrowseContainer | Docker-compose版 JBrowseセットアップ/実行ツール |   |
| Hayai-Annotation | 遺伝子配列のアノテーション |   |
| Hayai-Annotation Plants v2.0 | 植物種に特化した機能アノテーションシステム |   |
| KusakiDB v1.0 | タンパク質同族体群の検証と完全性のための新しいアプローチ |   |

Mi-Geno Docker イメージのビルド

ZIPファイルがダウンロードされるので、解凍後、お使いのOSの名前がついているファイルをクリック



コマンドプロンプトが自動的に開き、Mi-Genoの Docker Imageのダウンロードとビルド(立ち上げ)が開始されます。



Windowsでは警告メッセージが出ますが、承認して進んでください。

```
C:\Windows\system32 x + v
Unable to find image 'kdrigenomics/migeno:latest' locally
latest: Pulling from kdrigenomics/migeno
9d21b12d5fab: Pulling fs layer
05b694d81657: Pulling fs layer
c16d5c24c0e5: Pulling fs layer
3c78718e6773: Pulling fs layer
4bf8c2abf7d7: Pulling fs layer
b96b9824aacf: Pulling fs layer
ab06d32a3885: Pulling fs layer
91c8338bebc0: Pulling fs layer
001a9c226c59: Pull complete
74bd03e6832e: Pull complete
20867e10013d: Pull complete
f1d2995730ac: Pull complete
4d2d5b71a22a: Pull complete
36a60269ba28: Pull complete
f1e719bc2fdd: Pull complete
4b51376560b9: Pull complete
1b88eb867f79: Pull complete
574c0152c329: Pull complete
cf7794e586d7: Pull complete
e0ee6668b016: Pull complete
0676020f4d8c: Pull complete
9e9cf74b6def: Pull complete
a6da95382ad3: Pull complete
8e42e73b7f03: Pull complete
ed80efda3d65: Pull complete
d02bb2d157da: Pull complete
```

Mi-Genoの立ち上げ

```
Hibernate: create table hibernate_sequence (next_val bigint) engine=InnoDB
Hibernate: insert into hibernate_sequence values ( 1 )
Hibernate: create table job_table (id bigint not null, command varchar(255), completed_date datetime, created_date datetime, error_message varchar(255), file_group_id varchar(255), host_id varchar(255), json_data varchar(255), state integer not null, uid varchar(255), uuid varchar(255), primary key (id)) engine=InnoDB
Hibernate: create table ncbi_table (id bigint not null auto_increment, ncbi_taxonomy_id varchar(255), species_name varchar(255), primary key (id)) engine=InnoDB
Hibernate: create table ref_sequence_table (id bigint not null auto_increment, config LONGTEXT, file_name varchar(255), ncbi_taxonomy_id varchar(255), plant_garden_url varchar(255), seq_name varchar(255), seqname_length_file_path varchar(255), seqname_length_id bigint, species_name varchar(255), primary key (id)) engine=InnoDB
Hibernate: create table sample_table (id bigint not null auto_increment, comments varchar(255), ref_sequence_id bigint, sample_name varchar(255), vcf_file_id bigint, primary key (id)) engine=InnoDB
Hibernate: create table vcf_table (id bigint not null auto_increment, comments varchar(255), contig LONGTEXT, ncbi_taxonomy_id varchar(255), number_of_sample bigint, number_of_variants bigint, parameter varchar(255), ref_sequence_id bigint, ref_sequence varchar(255), vcf_file_name varchar(255), uuid varchar(255), primary key (id)) engine=InnoDB
Hibernate: alter table genome_table drop index UniqueUUIDs
Hibernate: alter table genome_table add constraint UniqueUUIDs unique (uuid)
Hibernate: alter table job_table drop index UniqueUUIDs
Hibernate: alter table job_table add constraint UniqueUUIDs unique (uuid)
ncbi_table is created
Inserting NCBI Taxonomy info into ncbi_table. This process may take 1-10min. Please wait...
*** Application is ready. Open a browser and type http://localhost:8002 in the address bar. *****
```



コマンドプロンプトに「type <http://localhost:8002>」と出てきたら立ち上げ終了です。ウェブブラウザから<http://localhost:8002>にアクセスしてください。



Mi-GENO



Mi-Genoはお持ちのvcfファイルを分解し
必要情報のみを抽出・再構築するツールです

Data Registration

新たにデータを登録する

Data View and Export

登録したデータを閲覧・抽出する



データ登録とデータ編集の2つの入り口



Mi-Genoはお持ちのvcfファイルを分解し
必要情報のみを抽出・再構築するツールです

Data Registration

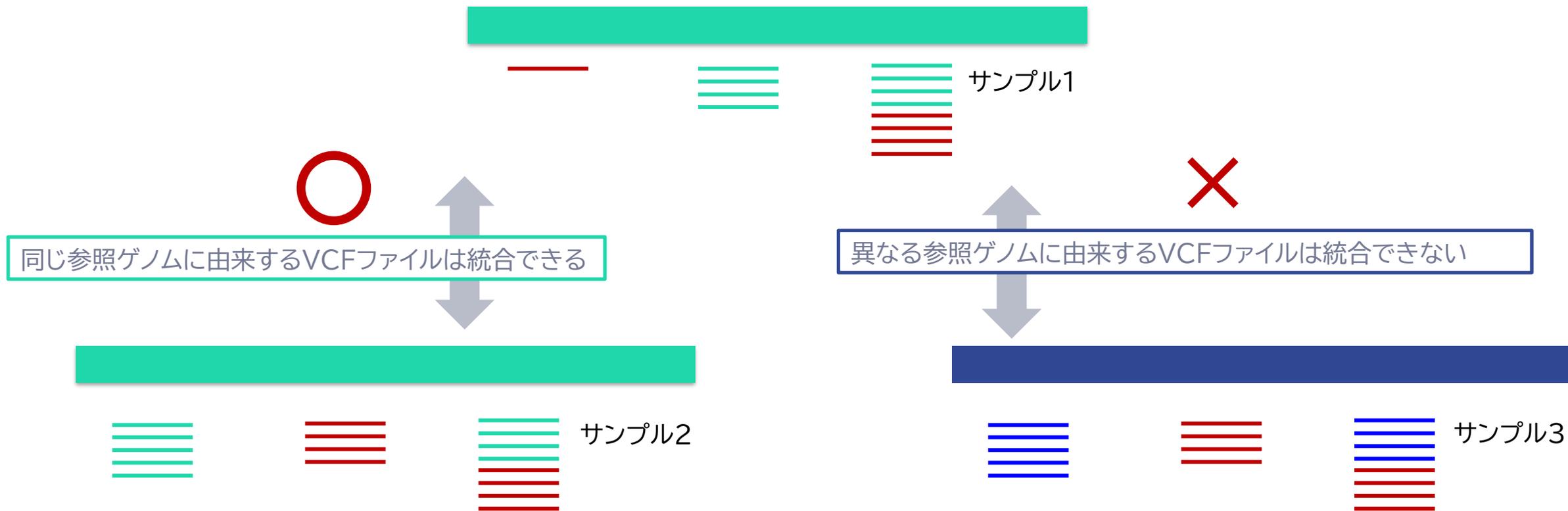
新たにデータを登録する

Data View and Export

登録したデータを閲覧・抽出する

データ格納の構成

VCFファイル参照ゲノム配列にリードをマップして作成される



同じ参照ゲノムに由来するVCFファイルは統合できる

異なる参照ゲノムに由来するVCFファイルは統合できない

参照ゲノム配列ごとにvcfファイルを登録する

ゲノム配列の登録

1. リファレンス配列の登録

登録済みリファレンス配列を選択してください。選択後、vcfファイルの登録に進んでください。

Delete selected reference

配列が登録されていない場合は、新規登録するリファレンス配列を選択し、Registrationボタンを押してください。配列がPlant GARDENからダウンロードされたのち、登録されます。

| viti |
|---|
| Vitis labruscana x Vitis vinifera VSMph_r1.0 |
| Vitis labruscana x Vitis vinifera VSMuph_r1.0 |
| Vitis labruscana x Vitis vinifera VSMuph_r2.0 |
| Vitis vinifera Vitis_vinifera.12X |
| Vitis riparia EGFV_Vit.rip_1.0 |

Plant GARDENに登録されている配列から呼び出し

登録済みリファレンス配列を選択してください。選択後、vcfファイルの登録に進んでください。

Vitis vinifera Vitis_vinifera.12X

Delete selected reference

配列登録後、登録リストから配列を選ぶ

リストに配列が登録されていない場合は、以下の項目を入力して配列を登録してください。

必須 登録するリファレンス配列名を入力してください

例) RAD-Req, 2021-field-test

必須 種名を学名で入力してください

属名を入力すると候補リストが表示されます

必須

リファレンス配列ファイルをアップロードしてください



ファイルをドロップしてアップロード または



ファイルを選択

ファイルをドロップできない場合はファイル選択ボタンを押してください。アップロードできるファイル形式はgzipのみ

任意のfastaファイルをUpload

vcfファイルの登録

1. リファレンス配列の登録

2. vcfファイルの登録

Vitis vinifera Vitis_vinifera.12X

必須 VCFファイルをアップロードしてください

↑ ファイルをドロップしてアップロード または  ファイルを選択

ファイルをドロップできない場合はファイル選択ボタンを押してください。アップロードできるファイル形式はvcfの
たvcfファイルもアップロードできます

 merged.vcf.gz
527.79 KB

コメントを入力してください

(オプション)

例) RAD-Req, 2021-field-test

Upload

vcfファイル
gz圧縮しているvcfファイル

- ✓ ファイルは1つずつ登録
- ✓ Reference配列が選択されていないと登録されない

登録したファイルの確認

The screenshot shows the Mi-GENO web interface. At the top, there is a navigation bar with 'Home', 'Data Registration', and 'Data View and Export'. The 'Data View and Export' button is circled in red. Below the navigation bar, there are three tabs: 'リファレンス配列の選択', 'vcfファイルリスト', and 'サンプル名編集'. The 'vcfファイルリスト' tab is selected. Below the tabs, there is a search bar with a '検索' button and a 'Delete selected reference' button. A red arrow points from the search bar area towards the 'vcfファイルリスト' tab. A red box at the bottom left contains the text: 配列を選択してvcfファイルリストをクリック

The screenshot shows the 'vcfファイルリスト' table in the Mi-GENO web interface. The table has the following columns: VCF File Name, Number of variants, Number of samples, parameters, Reference Genome, and Comments. The table contains three rows of data. A red box at the bottom right contains the text: 参照ゲノムに紐づいたvcfファイル一覧
変異数、サンプル数、パラメータが確認できる

| <input type="checkbox"/> | VCF File Name | Number of variants | Number of samples | parameters | Reference Genome | Comments |
|--------------------------|-------------------|--------------------|-------------------|---------------------------|-----------------------------------|----------|
| <input type="checkbox"/> | + Akitsu21-1.vcf | 6213 | 1 | GT:DP:AD:GQ:PL | Vitis vinifera Vitis_vinifera.12X | |
| <input type="checkbox"/> | + Hakunan-1.vcf | 5104 | 1 | GT:DP:AD:GQ:PL | Vitis vinifera Vitis_vinifera.12X | |
| <input type="checkbox"/> | + merged.vcf file | 14112 | 3 | GT:DP:AD:GQ:PGT:PID:PL:PS | Vitis vinifera Vitis_vinifera.12X | |

サンプル名の編集

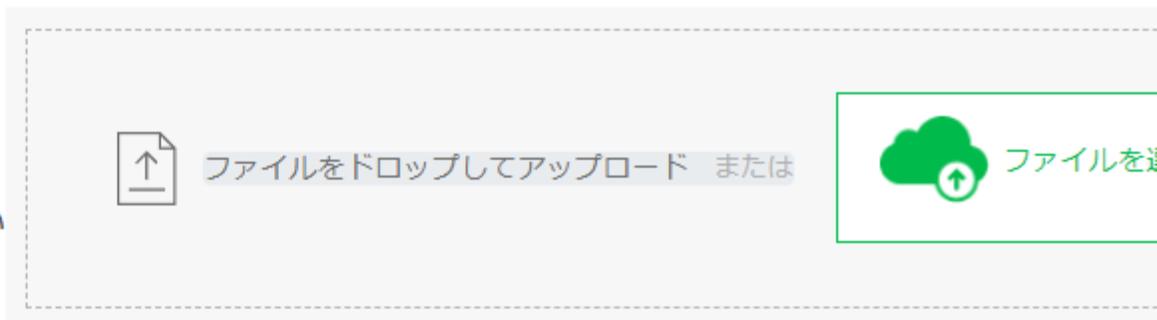
Save New Names

Change by CSV file

Export sample list for conversion

必須

CSVファイルをアップロードしてください



ファイルをドロップできない場合はファイル選択ボタンを押してください。アップロードできるファイル形式

Upload

| <input type="checkbox"/> | Sample Name | New Sample Name | Number of variants | Number of samples | Parameter | C |
|-------------------------------------|-------------|-----------------|--------------------|-------------------|-------------------------|---|
| <input type="checkbox"/> | Akitsu21-1 | Akitsu21 | 14112 | 3 | GT:DP:AD:GQ:PGT:PID:... | |
| <input type="checkbox"/> | Hakunan-1 | Hakunan | 14112 | 3 | GT:DP:AD:GQ:PGT:PID:... | |
| <input checked="" type="checkbox"/> | Shine-1 | Shine | 14112 | 3 | GT:DP:AD:GQ:PGT:PID:... | |

直接入力・もしくはCSVでリストを作成→Uploadして変更

注意！直接入力ではカーソルを表の外に出して一回クリック
選択の青色を消したあと、Save New Namesを押します

フィルタリング

MI-GENO

Home Data Registration Data View and Export

リファレンス配列の選択

vcfファイルリスト

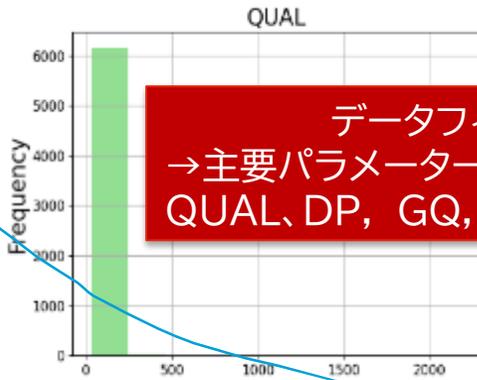
サンプル名編集

データフィルター

Filter

Clear

データフィルターを選択
→主要パラメータの分布を表示
QUAL、DP、GQ、Max-Missing



表示領域の変更

フィルタリング条件を選んでApply

Filter

Remove Reference N

Remove No polymorphism

Remove Indels

| | Min | Max |
|-------------------------------|----------|----------|
| <input type="checkbox"/> QUAL | -228.408 | 5460.308 |

| | | |
|---------------------------------|---------------|---------------|
| <input type="checkbox"/> MeanDP | -1.1999999999 | 47.1999999999 |
|---------------------------------|---------------|---------------|

| | | |
|---------------------------------|---------------|----------------|
| <input type="checkbox"/> MeanGQ | -3.8999999999 | 103.8999999999 |
|---------------------------------|---------------|----------------|

| | | |
|--|----------------|-----|
| <input checked="" type="checkbox"/> MaxMissing | 0.298866666666 | 0.7 |
|--|----------------|-----|

Clear

Cancel

Apply

VCFファイルの結合

最初にvcfファイルリストで結合するファイルを選ぶ→vcf結合

リファレンス配列の選択

vcfファイルリスト

サンプル名編集

データフィルター

VCF結合

VCF結合のタブで染色体(Scaffold配列)を選ぶ→Select Sequence

Options

Select Samples Cut-Out on a sequence

Sequence

VCF File Name

| | |
|-------------------------------------|---|
| <input checked="" type="checkbox"/> | 1 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | 2 |
| <input type="checkbox"/> | 3 |
| <input type="checkbox"/> | 4 |
| <input type="checkbox"/> | 5 |
| <input type="checkbox"/> | 6 |

Sample Name New Sample

| | |
|-------------------------------------|------------|
| <input checked="" type="checkbox"/> | Akitsu21-1 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | Hakunan-1 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | Shine-1 |
| <input checked="" type="checkbox"/> | Hakunan-1 |

Start Position

0

End Position

23037639

cancel Cut-Out

サンプルの選択

1配列を選択した場合、ポジション指定もできる

| VCF File Name | Number of variants | Number of samples | parameters |
|---|--------------------|-------------------|---------------------------|
| <input type="checkbox"/> + merged.vcf.file | 14112 | 3 | GT:DP:AD:GQ:PGT:PID:PL:PS |
| <input type="checkbox"/> + Hakunan-1.vcf | 5104 | 1 | GT:DP:AD:GQ:PL |
| <input type="checkbox"/> + Hakunan-1.vcf_ merged.vcf.file_selected_sequence.vcf.file | 14132 | 3 | GT:DP:AD |

結合されたファイル

- ・同一サンプル名のデータは1つにまとめる
- ・パラメーターは共通のパラメーターの実表記される