

Client User's Manual

Ver.1.0.7

2010/3/26

<u>目次</u>

1. RECOG の概要	9
1.1. RECOG とは	9
2. RECOG 動作環境	10
2.1. 動作 OS	10
2.2. 対応 Java バージョン	10
3. インストール・アンインストール	11
3.1. Windows 版のインストール	11
3.2. Mac版のインストール	11
3.3. Linux 版のインストール	11
3.4. Windows 版のアンインストール	12
3.5. Mac 版のアンインストール	12
3.6. Linux 版のアンインストール	12
4. RECOG の起動と終了	13
4.1. RECOG の起動	13
4.2. RECOG の終了	13
5. RECOG Main Window の表示と操作	14
5.1. 画面構成	14
5.2. ウィンドウヘッダー	15
5.3. メニューバー	15
5.4. ツールボックス	18
5.5. ズーミングスケールバー	19
5.6. Taxonomy Tree	19
5.7. Phylogenetic Pattern Map (PPM)	20
5.8. Info タブ	21
5.9. Histogram タブ	23
5.10. ステータスバー	24
6. プロジェクトの作成と編集	25
6.1. 新規プロジェクトの作成	25
6.2. プロジェクトを開く	26
6.3. 登録されているプロジェクトの一覧の参照	26
6.4. プロジェクトの登録	27
6.5. プロジェクト情報の編集	27
6.6. プロジェクトの削除	28
7. RECOG サーバの切り替え	29

7.1. 利用する RECOG サーバの確認	29
7.2. RECOG サーバの切り替え	29
7.3. 登録されている RECOG サーバの参照	29
7.4. RECOG サーバの登録	
7.5. RECOG サーバの編集	
7.6. RECOG サーバの削除	
8. Taxonomy Browser の表示と操作	
8.1. Taxonomy Tree の展開・折りたたみ	
8.2. Taxonomy Tree に表示する分類ランクの指定	
8.3. 内群、外群の指定	
8.4. 内群、外群の自動指定	
9. Ortholog Clustering (DomClust)	
9.1. 新規解析	
9.2. DomClust の実行	35
9.3. DomClust 解析結果の表示	
9.4. DomClust 解析結果のプロパティの表示	
9.5. DomClust 解析結果の保存	
10. 操作パネル、セット管理パネル	41
10.1. 操作パネルの表示	41
10.2. 操作パネルの操作	42
10.3. セット管理パネルの表示	
10.4. セット管理パネルの操作	
11. Phylogenetic Pattern Map の表示と操作	45
11.1. セルに属する遺伝子の Locus Tag の表示	45
11.2. クラスタヘッダへのクラスタプロパティ表示	45
11.3. ホモロジークラスタヘッダの表示・非表示	
11.4. 生物種の色の設定	
11.5. PPM のセルや境界線の色の変更	
11.6. セル内の遺伝子数に応じた色の変更	47
11.7. 機能カテゴリにもとづいた色の表示	
11.8. PPM の縮約表示	
11.9. PPM の選択領域の限定表示	
11.10. Taxonomy Tree での生物種選択によるハイライト表示	51
11.11. クラスタに含まれる生物種(系統パターン)の選択	51
12. プロパティによるカラー表示	
12.1. プロパティによるカラー表示設定	

RECOG Client User's Manual

12.2. プロパティカラー設定の有効化/無効化	54
13. PPM ソート	55
13.1. 非縮約モードにおける PPM ソート	55
13.2. 縮約モードにおける PPM ソート	56
13.3. プロパティを用いたソート	57
13.4. ソート条件の表示	58
14. Phylogenetic pattern clustering (PhyloPatClust)	59
14.1. PhyloPatClust の実行	59
14.2. クラスタリングツリーの 操作	60
15. タキソノミーフィルタリング	61
15.1. タキソノミーフィルタリング条件の表示	61
15.2. All 条件の指定	62
15.3. Any 条件の指定	62
15.4. Any 条件名の変更	64
15.5. Any 条件の閾値の変更	65
15.6. None 条件の指定	65
15.7. 条件の有効化/無効化	66
15.8. 条件の削除	66
16. 系統パターンの遺伝子数/生物種数によるフィルタリング	67
16.1. 条件の設定	67
16.2. 条件の有効化/無効化	67
17. キーワード検索	68
17.1. クラスタを対象とした検索	68
17.2. 遺伝子を対象とした検索	70
17.3. 検索結果の再表示	72
17.4. 検索結果によるフィルタ設定の有効/無効	72
17.5. 検索結果によるカラー設定の有効化/無効化	72
18. 生物種の表示順序の変更、表示・非表示	73
18.1. 生物種の表示順序の変更	73
18.2. 生物種の表示/非表示の切り替え	73
18.3. 生物種の表示対象への追加	73
18.4. 生物種の表示対象からの削除	73
19. 遺伝子リスト	74
19.1. 遺伝子リストの表示	74
19.2. 遺伝子リストのソート	74
19.3. 遺伝子リストの保存	74

20. Circular Genome Map(CGM)の表示と操作	75
20.1. CGM の表示	75
20.2. 選択領域の変更	76
20.3. PPM と CGM の連携	76
20.4. 遺伝子の色の変更	76
20.5. 遺伝子情報のブラウザ表示	77
21. Regional Genome Map(RGM)の表示と操作	78
21.1. RGM の表示	78
21.2. RGM のズーム	79
21.3. Locus Tag の表示/非表示	79
21.4. 遺伝子の色の設定	79
21.5. 遺伝子情報のブラウザ表示	80
22. マルチプルアラインメント・系統樹の操作	81
22.1. マルチプルアラインメントの実行	81
22.2. アミノ酸文字列の色の変更	83
22.3. 系統樹の表示	83
23. 機能カテゴリ頻度グラフ・数値データグラフ	86
23.1. 機能カテゴリ頻度グラフ	86
23.2. 数値データグラフ、Description/機能カテゴリ表示	86
23.3. [Histogram] タブの表示/非表示の切り換え	89
24. 近傍遺伝子クラスタリング	90
24.1. 近傍遺伝子クラスタリングの実行	90
クラスタリング結果の表示/非表示	91
24.2. 近傍遺伝子群の色の変更	92
25. 生物種グループ	93
25.1. 生物種グループの表示	93
25.2. 生物種グループの登録	93
25.3. 生物種グループ名の編集	94
25.4. 生物種グループの削除、生物種グループからの生物種の削除	94
26. ゲノムコア構造アライメント (CoreAligner)	95
26.1. CoreAligner の実行	95
26.2. CoreAligner 結果の表示	97
26.3. コア構造表示の構成要素	97
26.4. 表示位置の変更	98
26.5. オーソロググループの選択	98
26.6. オーソロググループを中心に表示	98

26.7. リファレンスゲノムの設定	
26.8. 生物種の表示・非表示	
26.9. 生物種の表示順序の変更	
26.10. ウィンドウサイズの変更	
26.11. 生物種名の表示形式の変更	
26.12. オーソロググループラベルの変更	
26.13. ズーム	
26.14. 遺伝子名/Locus Tag による検索	
26.15. コア構造イメージの印刷	
26.16. CoreAligner 結果の保存	
27. Genome Comparison Viewer	
27.1. Genome Comparison Viewerの表示	
27.2. 表示領域の変更	
27.3. ズーム	
27.4. 指定オーソロググループを中心へ移動	
27.5. 遺伝子情報のブラウザ表示	
27.6. 原点の保存	
27.7. 原点を元にもどす	
27.8. 生物種の表示・非表示	
27.9. 生物種の表示順序の変更	
27.10. 遺伝子、オーソログ対応線(ortholog line)の表示/非表示	
27.11. 生物種名の表示形式の変更	
27.12. Locus Tag の表示/非表示	
27.13. カラー設定	
27.14. 遺伝子向きの自動修正	
27.15. 目盛線の表示形式の変更	
27.16. 印刷	
28. 遺伝子情報データの更新	
28.1. 更新通知メッセージからの Taxonomy Tree 更新	
28.2. Update Data からの遺伝子情報の更新	115
29. 遺伝子/クラスタプロパティの登録、管理	
29.1. 遺伝子プロパティの登録	
29.2. プロパティー覧の参照	117
29.3. プロパティの編集	
29.4. プロパティの削除	
30. 遺伝子セット/クラスタセットの登録、管理	

30.1. 遺伝子セ	2ット/クラスタセットの登録	
30.2. 遺伝子セ	2ット/クラスタセットのファイルへの出力	
30.3. 遺伝子セ	zット/クラスタセットの編集(遺伝子の削除)	
30.4. 遺伝子セ	zット/クラスタセットへの追加登録	
30.5. 遺伝子セ	zット/クラスタセットの削除	
30.6. 遺伝子セ	ェット/クラスタセット一覧の参照	
31. 複合セット	·	
31.1. 複合セッ	,トの登録	
31.2. 複合セッ	, トの編集	
31.3. 複合セッ	〃トの削除	
31.4. 複合セッ	・トをフィルタ条件として設定	
31.5. 複合セッ	・トをカラー条件として設定	
31.6. フィルタ	! 設定の有効化/無効化	
31.7. カラー設	と定の有効化/無効化	
32. 生物種セッ	אע	
32.1. 生物種セ	2ットの登録	
32.2. 生物種セ	<u> ット名の編集</u>	
32.3. 生物種セ	2ットの削除	
32.4. 生物種セ	ットを用いたカラー設定	
32.5. 生物種セ	zットを用いたタキソノミーフィルタリング	
33. 類似系統	パターン検索	
33.1. クラスタ	!からのプロファイルの登録	
33.2. プロファ	'イルの編集	
33.3. プロファ	'イルの削除	
33.4. 類似系統	い ターン検索	
33.5. 系統パタ	! ーン類似性検索の結果の利用	
33.6. 系統パタ	! ーン類似性検索の削除	
34. 配列情報(のダウンロード	
34.1. 配列情報	るのダウンロード	
35. 外部リソー	-ス URL 管理	141
35.1. 外部リソ	/ースの URL の登録	
35.2. 外部リソ	/ースの URL の編集	
35.3. 外部リソ	/ースの URL の削除	
36. 補足		
36.1. DomClus	st パラメータ	
37. 用語定義.		

RECOG Client User's Manual

1. RECOG の概要

1.1. RECOG とは

RECOG (Research Envrinoment for Comparative Gnomics) は、大規模な比較ゲノム解析 を行うためのワークベンチソフトウェアです。RECOG で中心となるのは、多数の生物種のゲ ノム間でオーソログの対応付けを行う機能で、RECOG ではこれを各行にオーソロググルー プ、各列に生物種を配したオーソログテーブルの形で表示します。さらに、このテーブルを 基に様々な比較解析を行い、詳細に検討するための機能が実装されています。

RECOG は微生物ゲノム比較データベース MBGD (Microbial Genome Database for Comparative Analysis)を基に開発されました。クライアントーサーバ型のシステムであり、 RECOG クライアントは MBGD サーバと接続することにより、直ちに利用可能な専用クライア ントソフトウェアという位置づけを持っています。一方で、RECOG サーバをローカルにインス トールすることにより、MBGD のデータベースには含まれない、新規に決定された微生物ゲ ノムや真核生物ゲノムなどの解析を、ローカルな環境で行うことも可能になっています。 RECOG の最新版は http://mbgd.genome.ad.jp/RECOG/ より入手できます。 本マニュアルでは、RECOG クライアントソフトウェアの使い方について説明します。



2. RECOG 動作環境

2.1. **動作 OS**

- ◆ Mac OS 10.3 以上
- Windows XP、Vista
- ♦ Linux

2.2. 対応 Java バージョン

◆ Java 1.4 以上

※RECOG Client をインストールする前に Java JRE 1.4 以上がインストールされ ているか確認してください。

インストールされていない場合は、RECOG クライアントをインストールする前 に Java JRE をインストールしてください。

3. インストール・アンインストール

3.1. Windows 版のインストール

- 環境変数「JAVA_HOME」を設定します。
 変数: JAVA_HOME
 値: JAVA JRE がインストールされているディレクトリ
- 「recog-client-<version>.exe」をダブルクリックします。
 インストールが開始します。画面の指示に従ってインストールしてください。インストールが完了すると、スタートメニューにRECOGメニューが追加されます。

3.2. Mac 版のインストール

- 「recog-client.pkg.tgz」をダブルクリックします。
 recog-client.pkg が作成されます。
- recog-client.pkg をダブルクリックします。
 インストールが開始します。画面の指示に従ってインストールしてください。
 インストール途中で管理者のユーザ名とパスワードを要求されます。

3.3. Linux 版のインストール

1. 次のコマンドで環境変数「JAVA_HOME」を設定します。

bash 系 export JAVA_HOME=<JAVA JRE ホームディレクトリ> csh 系 setenv JAVA_HOME <JAVA JRE ホームディレクトリ>

「recog-client-<version>.tgz」を解凍します。
 recog ディレクトリが作成されます。この recog ディレクトリを適当な場所に配置します。

3.4. Windows 版のアンインストール

- スタートメニューの [Uninstall RECOG] をクリックします。
 インストールディレクトリが削除されます。
- 2. インストールディレクトリが完全に削除されない場合は手動で削除します。
- データディレクトリ(C:¥Documents and Settings¥<ユーザアカウント>¥RECOG) はアンインストールで削除されません。必要ない場合は、手動で削除してください。
- 3.5. Mac 版のアンインストール
 - 1. 次のディレクトリを手動で削除します。

/Application/recog.app /Library/Receipts/recog-client.pkg

 データディレクトリ(/Users/<ユーザアカウント>/RECOG)はアンインストール で削除されません。必要ない場合は、手動で削除してください。

3.6. Linux 版のアンインストール

- 1. recog ディレクトリを手動で削除します。
- データディレクトリ(/home /<ユーザアカウント>/RECOG)はアンインストール で削除されません。必要ない場合は、手動で削除してください。

4. RECOG の起動と終了

4.1. RECOG の起動

- Windows版
 「スタート」-「すべてのプログラム」-「RECOG」-「RECOG」メニューをクリックします。
- Mac 版 Finder で/Applications を開き、RECOG アイコンをダブルクリックします。
- Linux 版

ターミナルで、recog ディレクトリに移動し、次のコマンドを実行します。

./recog.sh

4.2. RECOG の終了

メニューから [File] – [Exit] をクリックします。

5. RECOG Main Window の表示と操作

5.1. 画面構成

🛛 RC65 version 1.1.3 - Test / clorier 20000016.out											
File View Task Run Option											
Vertical Zearce		Howisiontal Zoow	· 🛛								
M Selected Customy		ber -	bas	bee.	ня	1-0	40			hito Histogram	1
Rank: species 💌								·		Installion of	ete transcriptional re
🔁 rest((# 4)	2013	N 87_M271BC4	10110146	807_0158	8024	4964_40350		Col 2	- St 😳	OCCUPIE OF	a res De por poes
E Oreutarosocoles(S)	Dep R2			BCE_2749				Ono#2	8		
B OBSULT DOCCORCEPCIO		at objectory	anar seas	000, 0000	presta	200.0 20000		and 7	29.21		
Depulurgeperunt im											
 Igricocous hospitaile 	NOT B	**************************************	1851_5542	RE HS	82344		000046	utrti	188		
 Stephylochemus nar Character (1) 	ACC:A		9121_9715	BCE_4731	804801	4384_M210	082173	acc#			
Hyperbenus bublic	acc:A			802_3133				1.00F	252		
B C Suitchbereare(4)	acc.8		4121_4215	BCE_458	804184		091838	accé	1255	Conception .	Lene Teo
 Mitaloghara satu Satohaus ecalemid 	ecci¢		wier_4814	8CE_4457	804184		081835	4000	55	bt:r	BCAH1187_A0046
 Suffoliave colladario) 		10 A2 4 12 12 12 12 12 12 12 12 12 12 12 12 12	and attac	007 1000	Marca .	000.000	000.01			tov	BC4HE20_0042
 Suffoliaus tokodni 7 Suffoliaus tokodni 7 	accia	THE OF DATA 1904	anar_arm	enerlaner	004000	5.4264_00011	000.074	4008	6.64	ban	801_0005
 International (1) Thermotiscon(1) 	Abor		4921_5494	800_5472	803841	484_45454	088018	ecc4	- 27	tce	R/0640
Thermotinum periodence	iceA		4021_1210	803_1328	80.121		08204	aced.	646	acto olo	000045
 Celdvrga maculinge 	uco D		0021_1200	0CC_1129	191100		002405	400E	1004		
 Pyrobioutum seraphi Antibate discussion 					Descar		2004 B 4	4.4	5 .65		
 Pycolecture a point Pycolecture catolics 	ACCA		enst"eine	0004710	DUADO I		002101	100	0.16		
 Pycksouter blandic 	uoreA		6821_2627	800_3135	803616	4284_A1724	001611	eon#	\$21	ten Content	
 Thermopeutous result Thermopeutous result 	arrest	N 87 42828 PC4	A121 2211	805, 2004	82273	1984 1978		and	192	Grga _ box	
B C Nincorpunitorea(1)										LICU 008_00-	35
 NPOSODUNIUS MATER 	accali .		GIN 2019	805_2103	82774			acoli	184	Sen abrö	
Archaeogótaice(1) S Cl Archaeogótaice(1)	900-0		4921_2777	900_2002	802771	4264_42799		3008	205	ACC Mr. 9763	353.3
 Acheeogébus tugic Acheeogébus tugic 	seal.		unar_9778	805_2101	802776			ecol.	24	2011 40000 E10 41093	
 Intersectionset(5) Intersectionset(5) 	600		4921_550S	805_5139	85411			40PŪ		Shand -	
 Helpsrouis variavort Helphotivium teines 	600		NE21 2368	BCE 2169	8(219)			404	118	Desci., Dimetor	n stete transcriptionex
 Helphactierium sp.H# 					Contractoria					Chro chroniod	tome 1
 Helbquacinstum walisi Material Statements of Statement 	acpi0	32	entr_1986	BC2_1935	BUSA			4096		Gen. 2020530	
* Networks Units :	NOP		v#21_8864	90E_3192	803841	4284_A3949	091525	409F	1126 🧫	Land Land	
7345 ¥ 10/545 N.	73H5 F106H5 Number of Selected Geranistic & Number of Phyliogenetic Publics: 94H5										

メインウィンドウは、以下の部分から構成されます。

- 5.2 ウィンドウヘッダー
- 5.3 メニューバー
- 5.4 ツールボックス
- 5.5 ズーミングスケールバー
- 5.6 Taxonomy Tree
- 5.7 Phylogenetic Pattern Map (PPM)
- 5.8 Info タブ
- 5.9 Histogram タブ
- 5.10 ステータスバー

5.2. ウィンドウヘッダー

RECOG クライアントのバージョン、利用中のプロジェクト名、DomClust 結果ファ イル名が表示されます。

🔛 R	ECOG	versio	n 1.0	.0 - default / cluster_sample
File	View	Search	Run	Option
: 🖂			. 🗖 🗌	

5.3. メニューバー

5.3.1. [File] メニュー



New	New Analysis
	表示している解析をクリアします。
	New Project
	新規のプロジェクトを作成します。
Change Server	<u>RECOG サーバ</u>
	解析に使用する RECOG サーバを指定します
	Server List
	登録されている RECOG サーバの一覧を表示します
Open file	DomClust 結果など解析結果ファイルを開きます
Open Project	<u>プロジェクト</u>

	利用するプロジェクトを開きます
	Project List
	プロジェクトの一覧を表示します
Save Cluster file	表示されている解析結果を保存します
Import	DomClust file
	DomClust 結果ファイルをインポートします
	Gene property file
	遺伝子プロパティファイルをインポートします
Export	DomClust 結果をタブ区切り形式で出力したり、PPM のイメージを PDF で
	出力したりします
Genome Mapping	不完全ゲノムを対象として、染色体上でのコンティグの並び順、向きなどを
	設定します
Page setup	PPM イメージを保存するときの PPM イメージのサイズを指定します
Update Data	ローカルの遺伝子情報を更新します
Exit	RECOG クライアントを終了します

5.3.2. [View] メニュー



Aggregate Mode / Disaggregate Mode	PPM の表示を縮約表示(Aggregate)、非縮約表示 (Disaggregate)に切り換えます
Cluster Mode/Sub Cluster Mode	ソートなどの解析でクラスタを基準にして解析を実行する か、サブクラスタを基準として解析を実行するか指定しま す
Expand Taxonomy Tree	Taxonomy Tree の生物分類を展開します

	1
Collapse Taxonomy Tree	Taxonomy Tree の生物分類を収縮します
Select all clusters on PPM	Phylogenetic Pattern Map に表示されているの全クラスタ
	を選択します
PPM Label	PPM の両側のラベル表示欄に遺伝子名を表示するか、クラ
	スタ ID を表示するか設定します
Color genes by properties	遺伝子プロパティの値に応じて PPM の各遺伝子に色づけ
	表示します
Histogram	遺伝子プロパティの数値データにもとづいて、[Histogram]
	タブにグラフ表示します
Taxonomy Tree Pane	Taxonomy Tree Pane の表示・非表示を切り換えます
Function Category Pane	Function Category Pane の表示・非表示を切り換えます

5.3.3. [Tool] メニュー

Tool	Run	Option
J) Key	word Search
Or	ganism	n/Gene Count Filter

Keyword Search	遺伝子、クラスタのプロパティを対象にキーワード検索します
Organism/Gene Count Filter	クラスタに含まれる遺伝子数、生物種に基づいてフィルタする条
	件を指定します

5.3.4. [Run] メニュー

Run	Option
Q	ở Ortholog Clustering (DomClust)
ď	Phylogenetic pattern clustering (PhyloPatClust)
	🔀 Core Genome Alignment(CoreAligner)
I	Neighboring Clusters

Ortholog Clustering (DomClust)	DomClust 解析を実行します
Phylogenetic pattern clustering(PhyloPatClust)	系統パターンクラスタリングを実行します
Core Genome Alignment (CoreAligner)	CoreAligner 解析を実行します
Neighboring Clusters	近傍遺伝子クラスタリングを実行します

5.3.5. [Option] メニュー

	D <mark>ption</mark> Mi Option URL	
-	Gene Propety/Cluster Propety List Gene Set/Cluster Set List Properties	
Option	オプション画面を表示します	
URL	外部リソースの遺伝子情報を表示する	ための URL を設定します
Gene Property /	登録されている遺伝子プロパティ、ク	ラスタプロパティの一覧を表示
Cluster Property List	します	
Gene Set / Cluster Set List	登録されている遺伝子セット、クラス	タセットの一覧を表示します
Properties	表示されている解析結果のプロパティ	を表示します

5.4. ツールボックス



ツールボックスの左側をマウスでドラッグアンドドロップして移動できます。

もとに戻す場合は、ツールボックスの右上のクローズボタンをクリックします。

	Open file
5	Save Cluster File
•	Import DomClust file
•	Export
\oplus \oplus	Aggregate Mode / Disaggregate Mode
	Cluster Mode / Sub Cluster Mode
+ -	Expand/Collapse Taxonomy Tree
	Color genes by properties
1	Histogram
\sim	Keyrword Search
	Ortholog Clustering (DomClust)
Ľ	Phylogenetic pattern clustering(PhyloPatClust)
	Core Genome Alignment (CoreAligner)
	Neighboring Clusters
	Option

5.5. ズーミングスケールバー

PPM の縦横のサイズを拡大・縮小します。

Vertical Zoom: 🛛 🗕]	- Horizontal Zoom:		<u> </u>
--------------------	---	--------------------	--	----------

- 「Vertical Zoom」スケールバー スケールバーを移動して、PPMのセルの縦サイズを拡大/縮小します。
- 「Horizontal Zoom」スケールバー スケールバーを移動して、PPMのセルの横サイズを拡大/縮小します。

5.6. Taxonomy Tree

Taxonomy Tree では生物の系統分類をツリーで表示します。

- 解析対象生物種選択用 [All] タブ RECOG サーバに登録されている全生物の系統分類ツリーが表示されます。
 このツリー上から DomClust の解析対象とする生物種(内群・外群)の選択をしたり、生物種への色づけをしたりすることができます。
- 2. PPM 操作用 [Selected] タブ

上下2段に分かれています。

上部ビューには、現在解析対象となっている(PPM に表示されている)生物に対 する系統分類ツリーが表示されます。

このツリー上で系統パターンフィルタリングの条件の設定、生物種グループの設定 などをすることができます。

下部ビューには、上部ボタンの選択に応じて表示が切り替わります。

Control

カラー設定、フィルタ設定、ソート設定、PPM の生物種の表示順序・表示/非 表示切り替えなど、オーソログテーブルの表示をコントロールするビューが表 示されます。

- Sp Group 生物種グループを表示します。
- Set

登録されている遺伝子セット、クラスタセット、複合条件、生物種セットを表示します。

Clustering」タブ
 系統パターンクラスタリングにより得られた系統樹を表示します。

5.7. Phylogenetic Pattern Map (PPM)

系統パターンマップ(PPM)は RECOG システムの中心となる表示で、各オーソロ ググループに属する遺伝子を、各行にオーソロググループ、各列に生物種を配したテ ーブル上に表示します。表示域を縮小すると、遺伝子の有無によるパターン(系統パ ターン)をヒートマップとして表示します。基本的に生物種はタキソノミーツリー上 の出現順に表示されますが、外群を指定した場合は、内群が左側、外群が右側に、分 かれて表示されます。ただし、この表示順は操作パネル上で変更できます。各セル内 にはそのセルに属する遺伝子のLocus Tag、または遺伝子数が表示されます。セルを クリックすると、対応するクラスタ情報と遺伝子情報が、右端の「Info」タブ上に表 示されます。

外群を指定して DomClust 解析を実行した場合、クラスタテーブルは入れ子型テーブ ルとして表示されます。すなわち、外群生物種群は「外群クラスタ」として1つのグ ループを形成し、これが内群生物種群の複数の「サブクラスタ」と対応します。これ らをまとめた全体が(上位階層の)「クラスタ」に包含されます。さらにその上位階 層として、相同なオーソロググループを集めた「相同クラスタ」が定義されています。 通常の「非縮約モード」では、サブクラスタの機能カテゴリと遺伝子名(またはクラ スタ ID)が左側の列に、クラスタの機能カテゴリと遺伝子名が右側の列に表示され、 相同クラスタがさらにその右側に表示されます。これらの表示をクラスタヘッダと呼 びます。これに対し、「縮約モード」では同じ系統パターンのクラスタは一つの行に 集約して表示され、クラスタヘッダは表示されません。



入れ子型テーブルの構造

RECOG での表示

5.8. Info タブ

PPM で選択されたクラスタのクラスタ情報、遺伝子情報を表示します。縮約モードでは、同じパターンをもつ複数のクラスタを表示します。

Info Histogram				
Aminoglycoside N3-acetyltransferase				
Cluster ID	Gene N	ame	Description	1
03248.1	aacC7		Aminoglycoside N3	-a
Organism		Locu	ıs Tag	
bcr		BCA	H187_A2976	_
bcu		BCA	4820_2929	
bca		BCE_	_2969	
bce		BC29)19	
bcb		BCB4	1264_A2939	
Item	Con	tents		
Organism	bce			Ĥ
LocusTag	BC2919			
GeneName				
Accession	NP_	83266	37.1	
Start	287	5219		
End	287	6022		≣
Strand -				
Description amin		noglyc	oside N3'-acetyttr	
Chromosome	me chromosome 1			
GI number	300;	30021036		
Gene ID	120:	1205267		
AA length 267				
Expression 567		.0		*

- クラスタ Description 表示欄(最上部)
 PPM で選択したクラスタの Description を表示します。
- 2. クラスタ情報テーブル (上部テーブル)

PPM で選択したクラスタの情報を表示します。ダブルクリックするとブラウザが 起動してクラスタ情報の詳細を参照することができます。また、このテーブル上でク ラスタを選択して右クリックすることにより、「Regional Genome Map」の表示や 「Multiple Alignment」などを実行することができます。

Cluster ID	クラスタの ID を表示します
Gene Name	クラスタ(サブクラスタ)の代表遺伝子名を表示します。
Description	クラスタ(サブクラスタ)の代表 Description を表示します。
	また、背景色には、クラスタ(サブクラスタ)の代表機能カ
	テゴリに対応する色を表示します。

 3. 遺伝子情報テーブル(中部テーブル)
 PPM、またはクラスタ情報テーブルで選択したクラスタに属する遺伝子の情報を 表示します。ダブルクリックするとブラウザが起動して遺伝子情報の詳細を参照す ることができます。また、このテーブル上で複数の遺伝子を選択して右クリックす ることにより、選択した遺伝子群に対する「Regional Genome Map」の表示や 「Multiple Alignment」などを実行することができます。

Organism	生物種コードを表示します
Locus Tag	遺伝子(ドメイン)の Locus Tag を表示します。ドメインの
	場合はドメイン番号が語尾に表示されます。

遺伝子詳細情報テーブル(下部テーブル)
 PPM、またはクラスタ情報テーブルで選択した遺伝子の詳細情報を表示します。
 登録した遺伝子プロパティも合わせて表示します。

Organism	生物種コードを表示ます
Locus Tag	Locus Tag
Gene Name	遺伝子名
Accession(P)	アクセッション番号
Position	遺伝子領域
Direction	遺伝子の向き
Feature Key	Feature Key
GI number	GI 番号
Gene ID	Gene ID
Description	Description

5.9. Histogram タブ

[Histogram] タブでは、クラスタプロパティを様々な形式のグラフで表示するほか、 通常の非縮約モードではアノテーション情報を表示します。

縮約モード	系統パターン頻度棒グラフ
非縮約モード	Description / Function Category
	Description、および背景色にサブクラスタの代表機能カテゴ
	リの色を表示
	Value
	1 生物種の数値データを棒グラフ/折れ線グラフで表示
	Difference
	2生物種の数値データの差を棒グラフ/折れ線グラフで表示



縮約モードのヒストグラム表示

	bay	but	bea	ba	bez	b iy	bik		Mo Hidogram
evaB	RSU8_000120	BASIOTE	005_000	804019	80240.009	ECERSI_SOLD	879727_0055	en8	Insuitol-5-worophosihete detectrogenese
dicA	REM_000130	8430112	2	8	80201010	802831_0013	879727_0110	decA	0-Alla-0-Ala -carboxyseptidate-alaryi-D-alarine
ods1	R548_000140	643013	805,010	801015	80201011	805891_0010	879727_011	edzi	Paridonino bioconthe-ala protein
Sant	RSM_000150	843014	905_010	804016	80200-012	SCEROL_0011	819727_0112	See	Glutanine amidotraroferane p-del, SNO family
cerS.	REA4_000160	6A30015	805_010	803017	80200013	808791_0012	819727_013	serS	Servel-1984 spectrolance
chs.	REM_000170	8431154	BCE_015912()	800184(2)	80300146(2)	SCEROL_1145	819727_0148(2)	e loK	Glycerste kinnes Gldt
dick:	REW4_000190	643017	BCE_0115		80200-015	B05F91_0014	879727_0115	dek:	Deaxynucleos ide kinese
アノ	' テーシ	/ ヨン表	示						

	ber	600	bca	boe	beb	oih		nio H	stogram		
Cof 2	87_40271	820_0246	BCE_0253	800248	64_A0250		Cof2	\$sb.0	2 50.0	500.0	750.0
OupR2			8CE_2748				OmpR2	0.0			- 276
aacC7	97_429.76	920_2929	BCE_2969	802919	64_A2939		aa.cC7	287.0			
abrB	87_400.46	820_0042	806_0035	800042	64_A0042	080045	abirB	<mark>94_</mark> 0			
accit	87_447.28	820_4715	BCE_4731	804901	84_04710	062173	acich	324.0			
accila			BCE_3593				acich	0.0			
accB	97_443 15		BCE_4258	BC4 184	64_A4295	081996	acicB	152.0			

プロパティ値のグラフ表示

1

5.10. ステータスバー

ステータスバーでは、メモリの使用量、PPM 情報、アプリケーションアップデート 情報が表示されます。

136MB / 1065MB Number of Selected Genomes: 15 Number of Phylogenetic Patterns: 16410

メモリ使用量表示(左側)

現在のアプリケーションのメモリ使用量を表示します。

- 左側:アプリケーションが使用しているメモリ使用量
- 右側:アプリケーションに割り当てられたメモリ使用量
- 2. PPM のサイズ情報表示(中央)
 - 左側: PPM に表示されている生物種数
 - 右側: PPM に表示されている Cluster 数(または系統パターン数)
- 3. アップデート情報(右側) マプリケーション ゆい思ゴ タギマップ

アプリケーションや公開データがアップデートされた場合にステータスバーの右 側にアップデート通知アイコンを表示します。 このアイコンをクリックすると、アップデート情報を参照することができます。



6. プロジェクトの作成と編集

プロジェクトは、関連する解析結果をまとめて保存する場合などに利用します。初期 状態では「default」というプロジェクトが選択されており、解析結果はすべてこの中 に入ります。解析を開始する前に、適当なプロジェクトを作成しておくことをお勧め します。

6.1. 新規プロジェクトの作成

メニュー [File] - [New] - [New Project...] をクリックします。
 New Project 画面が表示されます。

New Project								
Name	Test Project							
Server URL	http://mbgd.genome.ad.jp 💽 New Server							
	Apply Close							

 New Project 画面でプロジェクトの名称、解析を実行する RECOG サーバの URL を設定します。すでに登録してあるサーバはメニューから選択できます。公式サ ーバを使う場合は、デフォルト設定のままで構いません。新しいサーバの URL を 登録する場合は、[New Server...] ボタンをクリックして表示される [New Server] 画面で登録します。

New S	ierver	X
Server:	http://recog.server.ac.jp	
	Apply Close	

- New Project 画面で [Apply] ボタンをクリックします。 プロジェクトが登録され、そのプロジェクトが開きます。
- (注) プロジェクトを登録する場合は、RECOG サーバに接続できる状態で登録してく ださい。

6.2. プロジェクトを開く

1. メニュー [File] – [Open Project] のサブメニューからプロジェクトをクリック します。

クリックしたプロジェクトが開きます。



6.3. 登録されているプロジェクトの一覧の参照

 メニュー [File] - [Open Project] - [Project List...] をクリックします。 Project List 画面が表示されます。 Project List 画面に登録されているプロジェクトの名称、RECOG サーバ URL が表示されます。また、利用中のプロジェクトの [Select] 欄がチェックされて表示されます。

🔛 Project List		
Name	URL	Select
Test Project	http://recog.server.ac.jp	۲
default	http://mbgd.genome.ad.jp	0
Add Edit	Delete Apply Close	

6.4. プロジェクトの登録

- メニュー [File] [Open Project] [Project List...]をクリックします。
 Project List 画面が表示されます。
- Project List 画面で、[Add...] ボタンをクリックします。
 New Project 画面が表示されます。
- 3. New Project 画面でプロジェクトの名称、解析を実行する RECOG サーバの URL を設定します。

新しいサーバ URL を登録する場合は、[New Server...] ボタンをクリックして表示される [New Server] 画面で登録します。

- 4. New Project 画面で [Apply] ボタンをクリックします。
- 5. Project List 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

6.5. プロジェクト情報の編集

- メニュー [File] [Open Project] [Project List...]をクリックします。
 Project List 画面が表示されます。
- Project List 画面でプロジェクト名を編集するプロジェクトを選択し、[Edit...] ボ タンをクリックします。
 Edit Project 画面が表示されます。
- 3. Edit Project 画面でプロジェクトの名称、サーバ URL を変更します。
- 編集後、Edit Project 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
 Project List 画面に編集した内容が表示されます。
- 5. Project List 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

6.6. プロジェクトの削除

- メニュー [File] [Open Project] [Project List...] をクリックします。
 Project List 画面が表示されます。
- 2. Project List 画面で削除するプロジェクトを選択し、[Delete] ボタンをクリックします。

警告メッセージが表示されますので、[OK] ボタンをクリックします。



- 3. Project List 画面で [Apply] ボタンをクリックします。
- (注) プロジェクトを削除した場合、プロジェクト内の DomClust 結果などの解析結果が すべて削除されます。
- (注) 実際には、プロジェクトで作成されるファイルは、ユーザのホームディレクトリ上の RECOG/project/*project_name* というフォルダに格納されます。不要なファイルの削除 などは直接このフォルダへの操作で行うこともできます。

7. RECOG サーバの切り替え

DomClust 解析や CoreAligner 解析を実行する RECOG サーバを切り換えます。プロジェクトを開いた直後は、プロジェクトに設定されているデフォルトの RECOG サーバが解析を実行するサーバになります。

7.1. 利用する RECOG サーバの確認

メニュー [File] - [Change Server] のサブメニューを表示します。
 登録されている RECOG サーバ URL の一覧が表示され、現在解析に利用するサーバがチェックされています。



7.2. RECOG サーバの切り替え

- メニュー [File] [Change Server] のサブメニューから、利用する RECOG サ ーバをクリックします。
 利用する RECOG サーバが切り替わり、指定した RECOG サーバに応じて [All] タブの Taxonomy Tree の表示が更新されます。
- (注) DomClust 解析結果を表示している場合はRECOGサーバの切り替えはできません。
 表示をクリアして新規の解析を開始するには、[File] [New] [New Analysis]
 を選択します。

7.3. 登録されている RECOG サーバの参照

メニュー [File] - [Change Server] - [Server List...] をクリックします。
 Server List 画面が表示され、登録されている RECOG サーバの一覧が表示されます。
 また、解析に利用する RECOG サーバの [Select] 欄がチェックされて表示されます。

Server List	×
Name	Select
http://mbgd.genome.ad.jp	۲
http://recog.server.ac.jp	0
Add Edit Delete Apply Close	

7.4. RECOG サーバの登録

- メニュー [File] [Change Server] [Server List...] をクリックします。
 Server List 画面が表示されます。
- Server List 画面の [Add...] ボタンをクリックします。
 New Server 画面が表示されます。
- 3. New Server 画面で RECOG サーバの URL を入力し、[Apply] ボタンをクリック します。
- 4. Server List 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

7.5. RECOG サーバの編集

- メニュー [File] [Change Server] [Server List...] をクリックします。
 Server List 画面が表示されます。
- Server List 画面で編集する RECOG サーバを選択して [Edit...] ボタンをクリック します。
 Edit Server 画面が表示されます。
- 3. Edit Server 画面で RECOG サーバの URL を入力し、[Apply] ボタンをクリックします。
- 4. Server List 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

7.6. RECOG サーバの削除

- メニュー [File] [Change Server] [Server List...] をクリックします。
 Server List 画面が表示されます。
- Server List 画面で削除する RECOG サーバを選択して [Delete] ボタンをクリックします。

警告メッセージが表示されますので、[OK] ボタンをクリックします。



3. Server List 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

8. Taxonomy Browser の表示と操作

Taxonomy Browser では生物の系統分類をツリーで表示します。このツリー上で DomClust 解析の対象とする内群・外群の選択などの操作を行うことができます。 Taxonomy Browser には、利用可能な生物種すべてを含み、解析対象とする生物種群を 指定するための [All] タブと、解析対象となった生物種群のみを含み、それらに対す る様々な操作を指定するための [Selected] タブの2種類があります。

8.1. Taxonomy Tree の展開・折りたたみ

ツールボックスのボタンをクリックして、Taxonomy Tree の分類階層を段階的に展開 したり、折りたたんだりできます。

- 展開する場合は、ツールボックスの (Expand Taxonomy Tree)をクリックし ます。クリックする毎に一段ずつ展開します。
- 折りたたむ場合は、ツールボックスの Collapse Taxonomy Tree)をクリックします。クリックする毎に一段ずつ折りたたみます。

8.2. Taxonomy Tree に表示する分類ランクの指定

タキソノミーツリーは、指定した分類ランク(種、属、科、目など)のみを表示する ように調整できます。

- ツールボックスの (Option) をクリックします。
 Option 画面が表示されます。
- 2. Option 画面で [Taxonomy Tree] タブをクリックします。
- 3. [Taxonomy Tree] タブの「Display Rank」で表示する分類ランクを指定します。
 - All:全ての分類ランクが表示されます。
 - Select:チェックした分類ランクのみを表示します。
- ※ [Default] ボタンをクリックすると、初期設定に戻すことができます。

Option				
Taxonomy Tree PPM Fu	inction Category Color	Neighbor Clustering	Multiple Alignment	Tree General
Display Rank				
🔿 Al 💿 Simple				
superkingdom	🔲 kingdom	superphylum	📘 phylum	🔲 subphylum
Class	🔲 subclass	🔽 order	🔲 suborder	🗹 family
🗌 tribe	🔲 genus	species group	🔲 speciels	🔲 no rank

8.3. 内群、外群の指定

DomClust 解析の対象とする生物種を [All] タブで指定します。

着目する系統群に含まれる生物種群を内群(Ingroup)に指定し、必要に応じて比較対 照とする遠縁の生物種群を外群(Outgroup)に指定します(内群は必須、外群はオプ ションです)。外群を指定した場合、オーソロググループを作成する際に、内群生物種 が外群生物種に対して単系統群を形成するようにグループを切断するという処理が入 ります。

- 1. Taxonomy Tree で生物種をクリックして選択します。
- 右クリックしてメニュー [Group] [Ingroup] または、[Outgroup] をクリック します。選択した生物種が内群、または外群に指定されます。

内群の生物種は「IN」、外群の生物種は「OUT」が表示されます。



 内群、外群の指定を解除するには、Taxonomy Tree 上で生物種、または分類群を クリックし選択して、メニュー [Group] - [Cancel] をクリックします。すべて を解除する場合は、最上位の root ノード上で Cancel をクリックします。

8.4. 内群、外群の自動指定

解析対象とする生物種を偏りなく選択するには、分類ランクごとに代表生物種を一つ ずつ選択する方法が有効です。RECOGでは、各分類群に属する生物種の中で、最も重 みの大きい生物種を自動的に代表生物種として選択し、解析対象とすることができま す。ただし、生物種の重みは、ゲノム配列が公表された日に基づき、早期に決定され たゲノムほど大きな重みがつくようにつけられています。

- 1. Taxonomy Tree の上部の [Rank] で基準とする分類ランクを指定します。
- Taxonomy Tree で解析対象とする分類群(1で指定したランクより上位のもの)を クリックして選択します。
- 右クリックしてメニュー [Group] [Auto Ingroup]、または [Auto Outgroup]
 をクリックします。選択した分類群の中で、基準とするランクの分類群ごとに、
 最も高い重みの生物種が1つずつ、内群/外群として指定されます。



(補足) [Rank] の項目の変更

.

[Rank] の項目を変更するには、

- 1. ツールボックスの 🜃 (Option)をクリックして Option 画面を表示します。
- 2. Option 画面で [Taxonomy Tree] タブをクリックします。
- 3. [Taxonomy Tree] タブの「Rank Item」で表示する分類ランクをチェックします。
- 4. Option 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

CANCE HASHD				
superkingdom	📃 kingdom	🔲 superphylum	🔲 phylum	🔲 subphylum
🗸 class	🔲 subclass	🗸 order	🔲 suborder	🗹 family
🗌 tribe	🔽 genus	species group	species	🔲 no rank

9. Ortholog Clustering (DomClust)

生物種を指定してオーソログクラスタリングを行います。結果が系統パターンマップ上に表示されます。RECOG では、これが最初に実行する解析であり、あらゆる比較解析の基礎となります。

9.1. 新規解析

DomClust 解析結果が表示されている場合に、その結果をクリアします。

メニュー [New] - [New Analysis] をクリックします。
 DomClust 解析結果がクリアされます。

9.2. DomClust の実行

- (注) DomClust 解析はインターネット接続が可能な環境でのみ利用できます。
- 2. 「8.3 内群、外群の指定」の方法で、内群、外群を指定します。
- ツールボックスの ⁽⁾ (Ortholog Clustering(DomClust)) をクリックします。
 Execute domclust 画面が表示されます。
- Execute domclust 画面で Name 欄に解析名を入力します。結果は自動的にここで 入力した解析名で保存されます。
 デフォルトのパラメータセットを使う場合は Default parameters、直前に実行した パラメータセットをそのまま使う場合は「<<Last Parameters>>」、以前に保存し たパラメータセットを利用して DomClust を実行する場合は、Parameter set 欄で 保存したパラメータセットを指定します。

🗮 Execute domclus	🔛 Execute domclust 🛛 🔀								
😲 Start Ortholog C	Justering (DomClust)?								
Name	cluster_2009XXXX								
Ingroup	5								
Outgroup	1								
Parameter set	Default Parameters 💙 😕 Parameters								
	Run Close								

- 新たなパラメータセットを指定するには「Parameters…」ボタンをクリックして 表示されるパラメータ設定画面で設定します。パラメータの詳細は、「36.1 DomClust パラメータ」を参照してください。
- パラメータ設定画面で設定したパラメータを保存するには、[Save parameters] ボタンをクリックします。保存した設定を削除するには、Parameter set 欄で削除 するパラメータを指定して、[Delete this parameter set] ボタンをクリックします。

📓 Execute domelu:	st			X
😲 Start Orlinolog C	Clustering (DomClust)?			
Nome	cluster_2009XXXX			
Ingroup	5			
Outgroup	1			
Parameter set	Default Parameters	💌 🔛 >>Para	meters	
Criticolog Clustering (Dan	:Clust) Setting			
Save parameters	Delete this paramter set			
Cutoff BLAST E-value				0.001 0
Cutoff DP score				60
Cutoff PAM distance				
Cutoff percent identity				
Alignment coverage				
Alignment coverage for	domain splitting			0.6
Score cutoff for domain	n splitting			0.08
Similarity measure for o	rthology	📀 scare	🔘 pam	identity
Cutoff DP score / PAM	distance / percent identity for ingroup			
Best hit criterion		📀 none	O bidirec	🔿 unidirec
Cutoff ratio of the score	e against the best			
Score for missing relati	onships			
Clustering Mode		Combined	🔘 orthology	🔘 hamalogy
Cutoff ratio of paralogs	for tree splitting			0.5
Overlap ratio (red)1) for	r merging adjacent clusters	0.8 🔽		
Coverage natio (radj2) f	or absorbing adjacent small clusters	0.95 🔽		
Relative weight for hori	z.transfer(%)		20 40	60 80 100
🔽 Use domclust dump	>			
	Run Clo	86		

DomClust 解析結果名、パラメータを指定した後、[Run]ボタンをクリックします。
 進捗画面が表示され、DomClust 解析処理が実行されます。

進捗画面の [Run in background] ボタンをクリックすると、バックグラウンドで DomClust 解析処理が実行され、同時に他の操作を行うことができるようになりま す。。

バックグラウンドで処理している DomClust 解析の進捗画面を表示するには、画面 右下に表示される進捗バーをダブルクリックします。


8. DomClust 解析が終了すると、PPM に DomClust 解析結果が表示されます。 完了メッセージが表示されるので、[OK] ボタンをクリックします。

バックグラウンドで実行した場合は、「Load DomClust file?」メッセージが表示されるので、[OK] ボタンをクリックします。



9.3. DomClust 解析結果の表示

以前に解析した DomClust 解析結果を表示します。

1. ツールボックスの 긷 (Open files) をクリックします。

Open file 画面が表示されます。

Project Test				
Name cluster_20090212.dclst cluster_20090213.dclst cluster_20090224_genc_color.dclst cluster_20090327.dclst Cluster_3ample.dclst	Size 1,879 KB 3,284 KB 4,294 KB 2,158 KB 3,034 KB	Last Update 2009/02/24 22:59:23 2009/02/24 21:59 2009/02/24 9:16:63 2009/03/27 14:57:32 2009/03/25 2:18:48	Cluster ID:1237815012_08302 Cluster Count:9384 Server: http://mbpd.genome.ad.jp Options: - eval : 0.0010 - coverage2 : 0.6 - cutoff2 : 80.0 - sim_measure : score - besthit : none - clustmode : orthology - phylocut : 0.5 - taxomlevel : none - adimulo : 0.8	
DomClust File(.doist,.cluster)				×
	A	ppiy Close		

- Open files 画面で、ファイルフィルタ「DomClust File(.dclst, .cluster)」を選択した 後、プロジェクトと、DomClust 解析結果ファイルを選択します。 DomClust 解析結果ファイルを選択すると、画面右側にその解析結果につての情報 が生物種セットおよびパラメータ)が表示されます。
- Open files 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
 選択した DomClust 解析結果が表示されます。

9.4. DomClust 解析結果のプロパティの表示

DomClust 解析結果について、DomClust 実行時のパラメータ、適用されている PPM ソートの条件などを表示します。

また、表示中の DomClust 解析結果がデフォルトでアクセスする RECOG サーバを編 集することができます。

メニュー [Option] - [Properties...]をクリックします。
 Properties 画面が表示されます。

🗱 Properties	X
name	value
Project	Test
File name	cluster_sample
Cluster Tab ID	1237915012_08302
Number of Select Genomes	7
Ingroup organisms	ban,bat,bca,bce,gka,gtn
Outgroup organisms	oih
Number of Phylogenetic Patterns	71
Number of Clusters	5264
Server	http://mbgd.genome.ad.jp 🛛 💟
Organism Filter	
Filter by minimum number of organisms	3
DomClust Options	
Cutoff BLAST E-value	0.0010
Cutoff DP score	60.0
Alignment coverage for domain splitting	0.6
Score cutoff for domain splitting	80.0
Similarity measure for orthology	score
Best hit criterion	none
Clustering Mode	orthology
Cutoff ratio of paralogs for tree splitting	0.5
Phylogenetically related organisms	none
Overlap ratio (radj1) for merging adjacent cl	0.8
Coverage ratio (radj2) for absorbing adjace	0.95
Use dump	0.95
Apply	Close

2. RECOG サーバを編集する場合は、「Server」項目の「value」欄をダブルクリック して表示されるリストからサーバを選択し、[Apply] ボタンをクリックします。

9.5. DomClust 解析結果の保存

DomClust 解析結果は解析実行時に自動的にプロジェクトディレクトリ以下に保存されます。別のツールで解析結果を参照したい場合ときは、その解析結果を DomClust 形式 (.dclst)、またはタブ区切り形式で保存します。 タブ区切り形式は、Excel などでそのまま読み込んで表示する際に便利ですが、ドメイン境界などの情報が失われています。RECOG で再読込みしたい場合は DomClust 形式で保存してください。

- 9.5.1. DomClust 形式での保存
 - 1. ツールボックスの $\boxed{\boxed{}}$ (Save Cluster file) をクリックします。

Save Cluster file 画面が表示されます。

- 2. Save Cluster file 画面で保存先、ファイル名を指定して、OK ボタンをクリックします。
- 9.5.2. タブ区切り形式での保存
 - ツールボックスの [●] (Export)をクリックします。
 Export 画面が表示されます。
 - 2. Export 画面で保存先、ファイル名を指定して、OK ボタンをクリックします。

10. 操作パネル、セット管理パネル

操作パネルを利用して、フィルタ設定、生物種の並び順・表示/非表示設定、ソート 設定、カラー設定、系統パターンの登録をすることができます。

また、セット管理パネルを利用して、遺伝子セット/クラスタセット、複合セット、 生物種セットの操作をすることができます。



操作パネル

セット管理パネル

10.1. 操作パネルの表示

画面右側の [Selected] タブをクリックして、下側にある、[Control] ボタンをクリ ックすると操作パネルが表示されます。

10.2. 操作パネルの操作

10.2.1. フィルタ設定(Filter)

フィルタは、PPM上に表示する行(クラスタ)を選択するための条件のことです。操 作パネルの [Filter] に、現在 PPM に適用されているフィルタの条件を表示します。 個々のフィルタ条件をすべて満たすクラスタが PPM 上に表示されます。メニュー [Enable/Disable] をクリックして、フィルタ設定の有効/無効を指定することがで きます。

以下のフィルタ条件が指定できます。

Taxonomy Filter	系統パターンフィルタリング 「15 タキソノミーフィルタリング」参照
Gene/Organism Count Filter	遺伝子数/生物種数によるフィルタリング 「16 系統パターンの遺伝子数/生物種数による フィルタリング」参照
Keyword Search	キーワード検索によるフィルタリング 「17 キーワード検索」参照
Gene Set Filter	遺伝子セット複合条件によるフィルタリング 「31.4 複合セットをフィルタ条件として設定」 参照
Cluster Set Filter	クラスタセット複合条件によるフィルタリング 「31.4 複合セットをフィルタ条件として設定」 参照

10.2.2. ソート設定(Sort)

操作パネルの [Sort] に PPM に適用されているソートの条件を表示します。 操作方法は「13 PPM ソート」を参照してください。

10.2.3. カラー設定(Color)

操作パネルの [Color] に PPM や比較ゲノムマップビューに表示する遺伝子やクラス タのカラーを設定します。色づけは、操作パネル上の並び順に従って、下から順に適 用され、上書きされます (上の方が優先されます)。順番はドラッグ・ドロップによっ て変更できます。また、メニュー [Enable/Disable] をクリックして、カラー設定の 有効/無効を指定することができます。 以下のカラー設定が指定できます。

Gene property	遺伝子プロパティ、クラスタプロパティに基づいたカラー設定 「12 プロパティによるカラー表示」参照
Neighboring cluster	近傍遺伝子クラスタリングの結果に基づいたカラー設定
	「24 近傍遺伝子クラスタリング」参照
Keyword search	キーワード検索結果に基づいたカラー設定
	「17 キーワード検索」参照
Gene Set	遺伝子セット複合条件によるカラー設定
	「31 複合セット」参照
Cluster Set	クラスタセット複合条件によるカラー設定
	「31 複合セット」参照
Gene count	セル内の遺伝子数に基づいたカラー設定
	「11.6 セル内の遺伝子数に応じた色の変更」参照
Base color	標準のカラー設定
	「11.5 PPM のセルや境界線の色の変更」参照

10.2.4. 系統パターン登録(Phylogenetic Pattern)

類似系統パターン検索機能で用いるプロファイルを表示します。 操作方法は「33 類似系統パターン検索」を参照してください。

10.2.5. 生物種カラム設定(Organism Column)

PPM に表示する生物種を表示します。 操作方法は「18 生物種の表示順序の変更、表示・非表示」を参照してください。

10.3. セット管理パネルの表示

画面右側の [Selected] タブをクリックして、下側にある、[Set] ボタンをクリック するとセット管理パネルを表示します。

10.4. セット管理パネルの操作

セット管理パネルでは以下のセットが表示され、そのセットへの操作ができます。

Gene Set	遺伝子セットを表示します
	「30 遺伝子セット/クラスタセットの登録、管理」参照
Gene Set Conbination	遺伝子セットの複合セットを表示します
	「31 複合セット」参照
Cluster Set	クラスタセットを表示します
	「30 遺伝子セット/クラスタセットの登録、管理」参照
Cluster Set Conbination	クラスタセットの複合セットを表示します
	「31 複合セット」参照
Organism Set	生物種セットを表示します
	「32 生物種セット」参照

11. Phylogenetic Pattern Map の表示と操作

Phylogenetic Pattern Map (PPM) では、クラスタに属する生物種出現パターンを表示します。

11.1. セルに属する遺伝子の Locus Tag の表示

セルに属する遺伝子の Locus Tag をセル上に表示します。セルの領域が狭い場合は遺 伝子の個数が表示されます。以下の操作で、この表示の On/Off を切り替えることがで きます。

1. ツールボックスの 🛐 (Option) をクリックします。

Option 画面が表示されます。Option 画面の [PPM] タブをクリックします。

- 2. [PPM] タブで「Display gene names or the number of genes」をチェックします。
- 3. [Apply] ボタンをクリックします。

11.2. クラスタヘッダへのクラスタプロパティ表示

PPMの両側の表示領域(クラスタヘッダ)にクラスタに対応するプロパティの値を表示します。表示するプロパティを変更するには、

クラスタヘッダで右クリックから、メニュー [PPM Label] から表示するプロパティをクリックします。クラスタヘッダにプロパティの値が表示されます。

Cluster ID	ホモロジークラスタ ID、 クラスタ ID、 サブ
	クラスタ ID を表示します
Gene name	クラスタ代表遺伝子名、サブクラスタ代表
	遺伝子名を表示します(デフォルト)
Cluster score	クラスタスコア、サブクラスタスコアを表
	示します
Cluster dist	クラスタ距離、サブクラスタ距離を表示し
	ます
Phylogenetic Pattern Coefficinet	類似系統パターン検索において、指定した
	パターンとの相関係数の値を表示します

11.3. ホモロジークラスタヘッダの表示・非表示

 クラスタヘッダで右クリックから、メニュー [Show/Hide homology cluster label] をクリックします。

11.4. 生物種の色の設定

生物種に対し色を設定します。ここで設定した色は、PPM の生物種ヘッダの背景色や、 マルチプルアライメント解析の系統樹の Locus Tag ラベルに反映されます。

 [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree で、生物種を選択し、右クリックから ポップアップメニュー [Color organism] - [Choose...] をクリックします。

Color palette 画面が表示されます。

Color palette 画面で色を設定し、[OK] ボタンをクリックします。
 生物種に色が設定されます。

11.5. PPM のセルや境界線の色の変更

 操作パネルの [Color] - [Base Color]を選択して、右クリックから [Edit] を クリックします。Option 画面の [PPM] タブを表示します。

🖽 Option 📔
Taxonomy Tree PPM Function Category Color Neighboring Cluster Multiple Alignment Tree General
Background color for cells containing inparalogs (>= 2 gene)
Display gene names or the number of genes:
Color for border lines:
Background color for ingroup cells:
Background color for outgroup cells considered to be ingroup:
Background color for selected line cells(1): Background color for selected line cells(2):
Background color for search result cells:
Default Apply Close

2. [PPM] タブでセルの背景色、境界線の表示/非表示、色の設定をします。

Color for border line	セル間の境界の色を指定します
	チェックを外すと境界を描画しなくなります
Background color for ingroup cells	内群のセルの背景色を指定します
Background color for Outgroup cells	外群のセルの背景色を指定します
Background color for Outgroup cells	水平移動オプションを指定した場合、内群由
considered to be ingroup	来と見なす外群のセルの背景色を指定します
Background color for selected line cell(1)	選択されたクラスタのセルの背景色を指定し
	ます
Background color for selected line cell(2)	選択された生物種のセルの背景色を指定しま
	व
Background color for search result cells	検索されたクラスタのセルの背景色を指定し
	ます

- 3. [Apply] ボタンをクリックします。
- PPM のセルのカラー設定を有効/無効にする場合は、操作パネルの [Color] [Base Color] をダブルクリックします。

11.6. セル内の遺伝子数に応じた色の変更

セル内の遺伝子数に対し、閾値を設定してセルの背景色を変更します。

- 操作パネルの [Color] [Gene count] を選択して、右クリックから [Edit] を クリックします。Option 画面の [PPM] タブを表示します。
- [PPM] タブの「Background color cells countaining inparalogs (>= # genes)」で、 閾値とする遺伝子の個数、およびセルの背景色を指定します。
- [Apply] ボタンをクリックします。
 操作パネルの [Color] [Gene count] にカラー設定の条件が表示されます。
- 4. カラー設定を有効/無効にする場合は、操作パネルの [Color] [Gene count] をダブルクリックします。

11.7. 機能カテゴリにもとづいた色の表示

クラスタの代表機能カテゴリに対応した色を遺伝子名表示欄に表示します。

1. ツールボックスの 🜃 (Option) をクリックします。

Option 画面が表示されます。Option 画面の [Function Category Color] タブをク リックします。

2. [Function Category Color] タブで描画する機能カテゴリを指定します。

盟 Option				
Texnormy Tree PPN Function Catagory Color Neighbor Clustering Multiple Alignment Tre	e General			
Function Category: MBGD				
Function Ostegory	Color			
I Anine acti biosynthesis	<u>^</u>			
1.1 Aromatic amino acid family				
1.2 Aspartitle family				
1.3 Dranched shain femily				
1.4 Glutarrate family				
1.5 Pyruvste family				
1.6 Seine famiy				
1.7 Histidire family				
2 Purines, syrinidines, nucleosides, and nucleotides				
2.1.2'-Deokyribonucleatide metabolism				
2.2 Nucleidide and nucleoside interconversions				
2.3Puine ribonucieotide bios millesis				
2.4 Pyrimitine ribonucleolide hiosynthesis				
Defeat	Apply Close			

- 3. 下側のリスト上で機能カテゴリに対する色を変更したい場合は [Color] 欄をクリ ックして表示される Color palette 画面で色を指定し、OK ボタンをクリックします。
- 4. [Apply] ボタンをクリックします。

11.8. PPM の縮約表示

PPMの縮約モードでは、同じ系統パターンのクラスタを1つにまとめて表示します。

1. ツールボックスの 🗘 (Aggregate Mode) をクリックします。

PPM が縮約表示されます。

メニュー [View] - [Aggregate Mode]、または PPM 上で右クリックからメニュ
 - [Aggregate Mode] をクリックして、縮約表示することもできます。



縮約表示を解除するには、

1. ツールボックスの \bigoplus (Disaggregate Mode) をクリックします。

PPM が縮約表示されます。

メニュー [View] - [Disaggregate Mode]、または PPM 上で右クリックからメニュー [Disaggregate Mode] をクリックして、縮約表示することもできます。



11.9. PPM の選択領域の限定表示

PPM 上でドラッグして範囲を指定して、その範囲のみを限定して表示できます。



限定表示を解除するには、右クリックして、メニューから「Limitation Release」をクリックします。

ace8	844409	BAS4089	9CE	_4258	BC4184	GR2 400	GTNC	2881	081886	aceB
900£	844408	BAS4088	8CE	Sort Sele	t oot Organism Neighboring	; Clusters		2380	081885	acoĈ
nccD	BA4846	BA\$4485	80E	4	Color genes Histogram.	s by propertie	\$	2666	082174	aceD
aceA	BA 1132	BAS1052	BCE	Ass Lim	regate Mode itation Releas	se		0583	082404	асей

11.10. Taxonomy Tree での生物種選択によるハイライト表

示

[Selected]タブの上部の Taxonomy Tree 上の生物種をクリックして選択すると、PPM で対応する生物種がハイライトします。

また、Taxonomy Tree で生物種の選択を解除するには、次のようにします。

- Windows、Linux の場合:選択生物種上で Ctrl+左クリック
- Mac の場合:選択生物種上で Apple-Key+左クリック



11.11. クラスタに含まれる生物種(系統パターン)

の選択

PPM 上で指定したクラスタに含まれる生物種を選択し、[All] タブ、[Selected] タブの Taxonomy Tree 上で表示します。指定したオーソロググループと類似の系統パターンを検索したい場合などに有効な機能です。

- 1. PPM 上でクラスタをクリックして、選択します。
- PPM 上で右クリックからポップアップメニュー [Select Organism] をクリックし ます。[All] タブ、[Selected] タブの Taxonomy Tree の対応する生物種が選択さ れます。

12. プロパティによるカラー表示

「29.1 遺伝子プロパティの登録」で登録した遺伝子プロパティや、類似系統パターン 検索機能で算出した相関係数などを用いて、PPMの各セルに色をつけて表示すること ができます。

12.1. プロパティによるカラー表示設定

- ツールボックスの (Color genes by properties) をクリックします。
 Color genes by properties 画面が表示されます。
- 2. Color genes by properties 画面で色づけの条件を指定します。
 - Organism : 生物種を指定します。
 - Property: プロパティを指定します。
 数値型、または列挙型のプロパティに対し、色づけ表示することができます。
 - Color : PPM に描画する色を設定します

<u>プロパティが数値型の場合</u>

◆ 閾値設定

指定したプロパティの値での色を設定します(上図でのラベル1、2)。 [Add color] ボタンをクリックして、最大4つの値と色を設定することがで き、その間の色は線形補完によって決定されます。[Remove color] ボタンを クリックして中間値を削除することができます。

 \diamond Color by

値にもとづいて色を設定するか(Value)、順位にもとづいて色を設定するか (Rank)指定します。

- ◆ The method for assigning rank
 順位に従って色を設定する場合の、指定した全生物種を対象に順位付けするか
 (All species)、生物種毎に順位づけをするか (Every species)を指定します。
- ◆ Automatic update value チェックした場合、プロパティの変更直後に指定したプロパティが取り得る範

囲を考慮して、閾値の値を自動的に等分割する値に更新します。

♦ Color of genes don't have the gene property

指定したプロパティの値を持たない遺伝子を描画する色を設定します。

🗮 Color genes	by properties					×
Organism	All				1	/
Property	AA length					/
Color						
1				2	Add color	
Min 1	0.0			Max	Remove color	
2	5017.0				Auto value	
Color by		📀 Value	🚫 Rank			
The metho	d for assigning a rank	 All species 	🚫 Every species			
🔽 autom	atically update value					
Color of ge	mes don't have the ge	ne property				
>>Option					Apply Close	ו

<u>プロパティが列挙型の場合</u>

- ◆ 可能な値のそれぞれについて色を設定します。
- ♦ Color of genes don't have the gene property

指定したプロパティの値を持たない遺伝子を描画する色を設定します。

🗒 Color se	nes by properties		
Organism	All		~
Property	TestEnum		~
Color			
8			
c			
A			
D			
Color	of genes don't have the gene property	1	
>>Option	〕	Apply	Close

	ban	bat	bcə	boe	ಭಡ	gtn	oih	
54	3	4	BCE_0389	BC2581	GK0526			54
aacC7	BA2930	BAS2722	BCE_2869	BC2919				aacC7
abrB	BA0034	BAS0036	BCE_0035	BC00 42	GK0030	GTNG_0029	0B0045	abrB
ACCA	BA4845	BAS4494	BCE_4731	BC4601	GK2741	GTNG_2865	0B2173	accă
AccA			BCE_3533					accă
accB	B44409	BAS4089	BCE_4258	BC4184	GK2400	GTNG_2331	0B1886	accB
ЗосС	BA4408	BAS4088	BCE_4257	BC4183	GK2398	GTNG_2330	OB1885	accC
ACCD	BA4846	BAS4495	BCE_4732	BC4602	GK2742	GTNC_2866	082174	accD
Abos					GK3393	GTNG_3338	OB3010	acdă
AceA	BA1132	BAS1052	BCE_1229	BC1128	GK0676	GTNG_0583	0B2404	aceA
aceB	BA1131	BAS1051	BCE_1228	BC1127		1	0B2405	aceB
ackA	BA4888	BAS4535	BCE_4773	BC4637	GK2785	GTNG_2688	OB2191	ackA
acnA	BA3677	BAS3408	BCE_3635	BC3618	GK 1347	GTNG_1206	OB1681	acná
AcoA	BA2776	BAS2588	BCE_2804	BC2779	GK0710	GTNG_0817		acoá

Color genes by properties 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
 PPM が指定した条件に従って色づけ表示されます。

色づけ表示は、PPM のポップアップメニュー [Show color genes by properties] から 表示/非表示を切り換えます。



12.2. プロパティカラー設定の有効化/無効化

 操作パネルの [Color] - [Gene property] をダブルクリックすることにより、有 効化/無効化できます。

13. PPM ソート

系統パターンを元に様々な条件で PPM をソートして表示することができます。

13.1. 非縮約モードにおける PPM ソート

非縮約モードでは、クラスタ、またはサブクラスタの単位で、行の並べかえを行いま す。

	ban	bat	bes	boe	¢0	șta.	øih	
dna.Å	B40001	B4\$0001	BCE_0001	BC1001	GK000 1	GTNG_0001	060001	dnaA
dnaN	B Sort		Þ	Calegory/ger	ne name			Nar
	B Selec	t Organism Najabbasina Ch		Gene order o Phylogenetic	n ban pattern Gexica	l order)		
recF	8	Neighboring Glusters		Phylogenetic pattern similarity based on the cluster 1071				
gyr8		Color genes by properties		Phylogenietic Gene propert	partern ciluster ties	ing (PhyloPatC)	ust)_	yrB
gyrå	┓ᆃ	Histogram		EC1006	GK000-S	GTNG_0006	080007	gyrÅ
gua 8	BA0008	care mode BASU011	8CE_0003	B01013	CX000:3	CTNC_0003	080010	guaß

 DomClust 結果に外群が含まれる場合、ツールボックスの [Cluster Mode/Sub Cluster Mode] ボタンをクリックして、クラスタ単位でソートするか (Cluster Mode)、サブクラスタ単位でソートするか (Sub Cluster Mode) を変更しま す。外群を指定していない場合はこの変更は無効です。

Cluster Mode	クラスタを単位としてソートします
	クラスタに属するサブクラスタの中で1つでも生物種が出現
	している場合はそのクラスタでは生物種が出現していると
	見なしてソートします
Sub Cluster Mode	サブクラスタを単位としてソートします

 PPM 上で右クリックからポップアップメニュー [Sort] を選択し、サブメニュー からソート方法をクリックします。指定したソート方法に従って、PPM 上の系統 パターンをソートし、表示します。ただし、"gene order" および、"Phylogenetic pattern similarity" については、クリックした点のテーブル上の位置によって、対 象とする生物種またはクラスタが決まります。

ソート方法	内容
Category/gene name	機能カテゴリ、遺伝子名でソートします
Gene order on <genome name=""></genome>	指定した生物種のゲノム上の位置の昇順
	にソートします
Phylogenitic pattern (lexical order)	系統パターンの辞書的順序でソートしま
	す
Phylogenetic pattern similarity based on the	指定したクラスタの系統パターンに類似
cluster #	している順序でソートします。類似性指標
	として、Normalize hamming distance、
	Correlation coefficient , Correlation
	coefficient, absolute, Mutuial information
	のいずれかを指定します
Phylogenetic pattern cluster (PhyloPatClust)	系統パターンクラスタリングを実行し、階
	層ツリーに沿って並べかえます。
Homology Cluster ID	ホモロジークラスタ ID、クラスタ ID、サ
	ブクラスタ ID でソートします
Gene properties	指定した遺伝子プロパティに基づいてソ
	ートします (12.3 参照)

13.2. 縮約モードにおける PPM ソート

縮約モードでは、縮約されたクラスタの系統パターンを元にソートします。



1. PPM で右クリックから、メニュー [Sort] を選択し、サブメニューからソート方 法をクリックします。

ソート方法	内容
Phylogenitic pattern (lexical order)	系統パターンの辞書的順序でソートしま す

PPM 上の系統パターンをソートし、表示します。

Phylogenitic pattern frequency	系統パターンを持つサブクラスタの出現
	数の降順にソートします
Phylogenetic pattern similarity based on the	指定したクラスタの系統パターンに類似
cluster	している順序でソートします。類似性指標
	として、Normalize hamming distance、
	Correlation coefficient , Correlation
	coefficient, absolute, Mutuial information
	のいずれかを指定します
Phylogenetic pattern cluster (PhyloPatClust)	系統パターンクラスタリングを実行し、階
	層ツリーに沿って並べかえます

13.3. プロパティを用いたソート

RECOG サーバから提供される遺伝子プロパティ、または「29.1 遺伝子プロパティの 登録」で登録した遺伝子プロパティにもとづいて系統パターンをソートします。

 PPM で右クリックから、メニュー [Sort] - [Gene properties...] をクリックし ます。Sort by gene properties 画面が表示されます。

Sort by gene properties	×
B.anthracis Sterne	*
Asc 💟 AA length	*
Asc 💟	*
Asc 💌	*
Add Condition >>Option Apply Close	

 Sort by gene properties 画面でソートに使用する遺伝子プロパティ、および昇順 (Asc) / 降順(Desc)を指定します。

ソートの条件を増やしたい場合は、[Add Condition] ボタンをクリックします。

[Option] ボタンをクリックすると次の設定欄が表示されます。

• Presentative value of multiple gene's property value

1つの遺伝子が持つ1つの遺伝子プロパティに複数の値が設定されている場合 に、ソートで使用する代表値を決定する方法を指定します。

- ◆ Min : 複数の値の中で最小値を使用する
- ◆ Max :複数の値の中で最大値を使用する
- ♦ Median : 複数の値の中で中央値を使用する
- ◇ Average : 複数の値の平均値を使用する※

- Presentative value of multiple gene in one cell
 1つのセルに複数の遺伝子がある場合に、ソートで使用する代表値を決定する
 方法を指定します。
 - ◆ Min :複数の遺伝子の中で最小値を使用する
 - ◆ Max : 複数の遺伝子の中で最大値を使用する
 - ♦ Median : 複数の遺伝子の中で中央値を使用する
- ◇ Average : 複数の遺伝子が持つ遺伝子プロパティの平均値を使用する※
 ※ 数値型の遺伝子プロパティのみ適用されます。
- ソート条件指定後、[Apply] ボタンをクリックします。
 ソート条件に従って、PPM 上の系統パターンがソートされて表示されます。

13.4. ソート条件の表示

操作パネルの [Sort]内に、現在適用されているソートの条件が表示されます。



14. Phylogenetic pattern clustering (PhyloPatClust)

系統パターンクラスタリング(PhyloPatClust)解析により、各オーソロググループを 系統パターンの類似性に基づいてクラスタリングし、その結果に従ってソートします。 また、[Clustering] タブにクラスタリングツリーを表示します。

14.1. PhyloPatClust の実行

- 1. ツールボックスの (Phylogenetic pattern clustering (PhyloPatClust)) をクリ ックします。Comfirm 画面が表示されます。
- 2. Comfirm 画面で条件を指定します。

🧱 Confirm	X						
? Phylogen	etic Pattern Clustering (PhyloPatClust)?						
Execute:	🔿 Local 🛛 💿 Server						
Target:	🚫 Sub Cluster 🛛 💿 Cluster						
📃 Use displaye	Use displayed clusters only						
>> Parameters							
(Run Cancel						

- Execute: ローカルで実行する場合は「Local」、RECOG サーバで実行する場合は「Server」を指定します。
 (注)「Server」はインターネットへ接続可能な環境でのみ利用できます。
- Target: クラスタの系統パターンをもとにクラスタリングする場合は「Cluster」、 サブクラスタの系統パターンをもとにクラスタリングする場合は「Sub Cluster」 を指定します。
- Use displayed clusters only: チェックした場合、現在 PPM に表示されている クラスタのみを対象として、系統パターンクラスタリングを実行します。クラ スタ数が多い場合に処理時間を短縮することができます。
- 3. [Parameters] ボタンをクリックして、表示されたパラメータ指定画面で指定し ます。
- 4. Confirm 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

PhloPatClust が実行されます。処理が終了すると、クラスタリング結果にもとづ いて [Clustering] タブにデンドログラム (クラスタリングツリー) が表示され、その 配置に従って PPM がソートされます。

🧱 Confirm							×
Phylogenetic Pattern Clus	tering (P	hyloPa	atClust)?	,			
Execute:	OL	ocal		۲	Server		
Target:	Os	ub Clu	ster		📀 Clu:	ster	
Use displayed clusters only							
<- Parameters							
PhyloPatClust Parmeters							
Minimum number of organisms	3	1		-0-			6
Cut off	1.0	0	0.2	0.4	0.6	0.8	1.0
Miss Dist Ratio(%)	90	0	20	40	60	80	100
Probability Cutoff(%)	1.0		~				
Type of Distance	Normali	zed ha	amming	distanc	e 💙		
	Run	Ce	incel				

14.2. クラスタリングツリーの操作

クラスタリングツリー上では、距離の表示/非表示の切り換えと、分岐点をクリック してその分岐点以下に属するクラスタの選択をすることができます。

距離の表示/非表示を切り換えるには、

[Clustering] タブで右クリックから、メニュー [Show Distance] をクリックして、チェックします。
 クラスタリングツリー上に距離が表示されます。

分岐点以下に属するクラスタを選択するには、

 [Clustering] タブでクラスタリングツリーの分岐点の近傍をクリックします。ク リックした分岐点以下にあるクラスタが選択されます。



15. タキソノミーフィルタリング

[Selected] タブの Taxonomy Tree 上でフィルタリング条件を指定して、その条件に 合う系統パターンを持つクラスタのみを PPM 上に表示することができます。フィルタ は、生物種のセットとそれに対する条件という形で設定します。生物種セットには以 下の表に挙げる3つのタイプがあり、このうち All と None は条件が固定された特別な もので、Any は利用者が自由に条件を設定できます。単に、あるゲノムに存在する/ しないという条件を指定する場合は、それぞれ All と None を使用します。Any 条件 を用いると、「Bacteria と Archaea のそれぞれ半数以上に存在する」といった、より複 雑な指定が行えます。

生物種	PPM での表示	生物種名の
セット		色
All	セット中の生物種すべてに存在するクラスタを表示する	薄赤色
Any	セット中の生物種の中で、一定数(または割合)以上(ま	薄青色
	たは以下)が持つようなクラスタを表示する	
None	セット中の生物種すべてで存在しないクラスタを表示する	灰色

15.1. タキソノミーフィルタリング条件の表示

操作パネルの [Filter] - [Taxonomy Filter] にタキソノミーフィルタリングの条件を 表示します。



15.2. All 条件の指定

- 1. [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree から生物種を選択します。
- 右クリックして、メニュー [Taxonomy] [All] をクリックします。操作パネルの [Filter] [Taxonomy Filter] [All] に登録した生物種が表示され、ツリー 上の該当生物種名が薄赤色で表示されます。



15.3. Any 条件の指定

- 1. [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree から2つ以上の生物種名を選択します。
- 右クリックしてメニュー [Taxonomy] [Any New] [Setting...] をクリック します。Any Threshold 画面が表示されます。



- 3. Any Threshold 画面で Any 条件を指定します。
 - Count: クラスタに包含される生物種の個数で条件を指定します
 - ◆ # or less: 生物種の最大個数が#個である条件を指定します
 - ◆ # or more: 生物種の最小個数が#個である条件を指定します
 - (例1) # or more: 3、# or less: 5 を指定した場合
 - クラスタに包含される生物種の個数が3個以上、かつ5個以下の場合に 条件を満たすことになる。
 - (例2) # or more: 5、# or less: 3 を指定した場合

クラスタに包含される生物種の個数が5個以上、または3個以下の場合 に条件を満たすことになる。(例1の場合と「かつ」と「または」が入れ 替わることに注意)

- Percent: クラスタに包含される生物種の割合で条件を指定します
 - ◆ # or less: 生物種の最大個数が全体の#%である条件を指定します

 - (例 1) # or more: 30、# or less: 50 を指定した場合
 クラスタに包含される生物種の割合が 30%以上、かつ 50%以下の場合に
 条件を満たすことになる。
 - (例 2) # or more: 50、# or less: 30 を指定した場合
 クラスタに包含される生物種の割合が 50%以上、または 30%以下の場合
 に条件を満たすことになる。
- Any 条件指定後、Any Threshold 画面の [Apply] ボタンをクリックします。操作 パネルの [Filter] - [Taxonomy Filter] - [Any] に Any 条件が表示されます。 また、ツリー上で Any 条件に含まれる生物種の名称が薄青色で表示されます。

なお、Any 条件には、複数の条件を区別するための名前をつけることができます。

All Selected C	lustering	
i root(6)		
🖃 🦳 Bacteria(6	3)	
🖃 🥽 Bacilla	ales(6)	
🗆 🖂 B	acillaceae(6)	
	N Bacillus cereus AH187	
	N Bacillus cereus AH820	
	N Bacillus cereus ATCC 109	87
	N Bacillus cereus ATCC 145	79
	N Bacillus cereus B4264	
'	- 240//40 00/000 D+20+	
0	UT Oceanobacillus iheyensis	HTE831
0	UT Oceanobacillus iheyensis	HTE831
0	UT Oceanobacillus iheyensis	HTE831
0 Control	UT Oceanobacillus iheyensis	HTE831
0 Control	UT Oceanobacillus iheyensis	HTE831
Control Filter Control	Sp Group	HTE831
○ Control G Control Filter C Control C Control	UT Oceanobacillus iheyensis O Sp Group / Filter	HTE831
Ocontrol Filter Garage All(2) All(2)	Oceanobacillus Ineyensis Sp Group Filter seillus cereus AH187	NTE831
Control Filter G All(2) All(2) B	Coeanobacillus iheyensis Sp Group Friter Acillus cereus AH187 Acillus cereus AH187	HTE831
Control Filter All(2) Black All(2) Control All(2) Control Contro C	Coceanobacillus iheyensis Sp Group /Filter acillus cereus AH187 acillus cereus AH187 acillus cereus AH200 (/2)	Set
Control Filter Gamma Taxonomy Ball(2) Ball(2) Ball(2) Any E Control Control	V Oceanobacillus iheyensis Sp Group V Filter acillus cereus AH187 acillus cereus AH320 Jacillaceae(>=20.0%)(2) acillus cereus AH620	NTE831
Control Filter Same and the second	Cceanobacillus iheyensis Sp Group Filter acillus cereus AH187 acillus cereus AH820 acillus cereus AH820 acillaceae[>=20.0%](2) acillus cereus ATCC 10987 acillus cereus ATCC 10987	Set

- Any 条件をより簡単に指定するには、2 つ以上の生物種名を選択後、右クリックしてメニュー [Taxonomy] [Any New] [For all any conditions 以下の Any 条件]をクリックします。下部ビューの Any 条件に登録した生物種が表示されます。
- 一度作成したAny条件に後から生物種を追加登録する場合は、生物種名を選択後、 右クリックしてメニュー [Taxonomy] - [Any Add] - [(追加先のAny条件)]
 をクリックします。下部ビューのAny条件に生物種が追加されます。また、ツリー上の該当生物種名が薄青色で表示されます。



15.4. Any 条件名の変更

 操作パネルで [Filter] - [Taxonomy Filter] - [(Any 条件名)] を選択し、右ク リックから、[Rename] をクリックします。Rename 画面が表示されます。

Rename	X
Name : Bacillaceae	
Apply Close	

Rename 画面上で名称を編集して、[Apply] ボタンをクリックします。
 Any 条件名が変更されます。

15.5. Any 条件の閾値の変更

- 操作パネルで [Filter] [Taxonomy Filter] [(Any 条件名)] を選択し、系統 パターンフィルタリング条件を表示します。
- 系統パターンフィルタリング条件から、Any 条件を選択します。右クリックしてメニュー [Any Threshold] [Edit] をクリックします。Any Threshold 画面が表示されます。
- Any Threshold 画面で Any 条件を指定します。
 詳細は「15.2 Any 条件の指定」の3 を参照してください。
- Any 条件を簡単に指定する場合は、Any 条件をクリックして選択後、右クリックしてメニュー [Taxonomy] [Any New] [For all any conditions 以下の Any 条件] をクリックします。クリックした Any 条件に変更されます。



15.6. None 条件の指定

- 1. [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree から生物種を選択します。
- 右クリックして、メニュー [Taxonomy] [None] をクリックします。操作パネルの [Filter] [Taxonomy Filter] [None] に登録した生物種が表示され、 ッリー上の該当生物種名が灰色で表示されます。

RECOG Client User's Manual



15.7. 条件の有効化/無効化

操作パネルの [Filter] - [Taxonomy Filter] から条件を選択して、右クリックから「Enable/Disable」をクリックします。選択した条件を有効/無効に設定します。

15.8. 条件の削除

操作パネルの [Filter] - [Taxonomy Filter] から条件を選択して、右クリックから「Delete」をクリックします。選択した条件を削除します。

16. 系統パターンの遺伝子数/生物種数によるフィルタリング

系統パターンに含まれる遺伝子、生物種の数に対する閾値を設定して、フィルタリン グし、PPM にその結果を表示します。

16.1. 条件の設定

 操作パネルの [Filter] - [Gene/Organism Count Filter] を選択して、右クリック から「Gene/Organism Count Filter」をクリックします。Gene/Organism Count Filter 画面を表示します。

	Organism/Gene Count Filter	
⊙ Control ◯ Sp Group	Organism # or less	
C Filter		6
 	✓ # or more 2 0	6
🗉 🧰 🖡 🛛 Gene count/Cluster count Filter		
🗄 🛄 🦕 Enable		20
Disable	✓ # or more 2 0	20
	Apply Close	

Gene/Organism Count Filter 画面で条件を指定して、[Apply] ボタンをクリックします。操作パネルの [Filter] - [Gene/Organism Count Filter] に条件が表示されます。

16.2. 条件の有効化/無効化

 操作パネルの [Filter] - [Gene/Organism Count Filter]を選択して、右クリック から「Enable/Disable」をクリックします。

17. キーワード検索

クラスタ結果に対する検索機能として、クラスタを対象とした検索と、遺伝子を対象 とした検索をすることができます。遺伝子を対象にした検索は RECOG サーバと連携 して検索します。

	クラスタを対象とした検索	遺伝子を対象とした検索機能
検索	・代表 Gene Name	・RECOG サーバから提供されいる
対象	・代表クラスタ Description	遺伝子プロパティ(Description、
		Gene Name 等)
		・インポート機能等を使用して登録
		した遺伝子プロパティ/クラスタプ
		ロパティ

17.1. クラスタを対象とした検索

1. ツールボックスの $\wpightarrow (Keyword Search) をクリックします。$

Keyword Search 画面が表示されます。

- 2. Keyword Search 画面で [Cluster] タブをクリックします。
- 「Keyword(s)」欄にキーワードを入力して、[Search] ボタンをクリックします。
 検索処理が開始します。

Keyword Search	\mathbf{X}
Cluster Gene	
Keyword(s):	
Show search results Search Close	

検索処理が終了すると、Keyword Search Result 画面が表示されます。操作パネルの[Filter]、[Color] に検索結果に対応する条件が表示されます。PPM では、検索されたクラスタのみがハイライトされて表示されます。

	🗒 Keyword Search Result					
0.0.0		Ouster ID	Gene None	Description		
🕐 Control 💦 🕥 Sp Group		O2956.1	aca.A	Ada regulatory protein/6-O-methylguanine-ENA methyltransferase	^	
🕞 Filter	2	034161	altA.	DNA-3-methyladenine glyonsidase		
		037774	dra B 2	Replicative DNA helicase		
🖻 🛄 Taxonomy Filter		04956.1	draN	DNA polymeraso II, keta oukunit	Ē	
🖽 🚞 Gene/Organism Count Filter		03506.1	draN2	DNA polynisrase II subunit lesta		
🖃 🥽 Keyword Search		O2264.1	hup2	DNA-binding protein HU		
Kounstand Search/Chusterials	_1 🛛	O2263.1	hup3	DNA-binding protein HU		
 Reyword Search[Cluster.dn 	aj 🔽	02309.1	ogti	Velhylated-ENA-protein-cysteine S-methyltransferase		
🗄 🔜 Gene Set Filter	P	02420.1	sab2	Single-stranded DNA-binding protein		
🗄 🛅 Cluster Set Filter		03976.1	top82	DNA lopcisonerase II		
Organism Column		O5031.1	topX	DNA lapoisonerese 1		
		02101.1		DNA-binding protein		
Sort	V	02112.1		DNA-binding protein		
Color Color		02i14.1		DNA-binding protein		
Keyword search[Cluster:dna]		02157.1		DNA-kinding protein		
		02177.1		DNA-bindingprolein		
		02101.1		DNA-binding protein		
		O2421.1		Driak suppressor protein	v	
	Display only metched clusters.					
	Мн	V Highlight matched clusters.				
			Register	gere set Register custer set Close		

5. Keyword Search Result 画面の「Display only matched clusters」をチェックすると、 検索されたクラスタのみが PPM に表示されます。チェックを外すとすべてのクラ スタが表示されます。

また、「Highlight matched clusters」をチェックすると、検索されたクラスタがハ イライト表示されます。チェックを外すとハイライト表示がキャンセルされます。 カラー設定欄をクリックして、ハイライトの色を設定できます。

17.2. 遺伝子を対象とした検索

- ツールボックスの (Keyword Search)をクリックします。Keyword Search 画面が表示されます。Keyword Search 画面で [Gene] タブをクリックします。
- 項目、キーワードを指定して [Search] ボタンをクリックします。
 複数の条件を指定する場合は [Add Condition] ボタンで条件指定欄を追加します。
 条件をクリアする場合は [Clear Condition] ボタンをクリックします。
 条件指定後、[Search] ボタンをクリックします。

🗮 Keyword Search	×
Cluster Gene	
All species	~
Add Condition Clear Condition >>Option	
Show search results Search Close	

キーワード入力欄には次の記号を指定して検索できます。

検索の種類	例	
一致検索	word	「word」と一致する語句を含む遺伝子を検索※
部分一致検索	* word *	「~word~」という語句を含む遺伝子を検索
前方一致検索	word *	「word~」という語句を含む遺伝子を検索
後方一致検索	* word	「~word」という語句を含む遺伝子を検索
以上	>=10	10 以上の遺伝子を検索 #
以下	<=10	10 以下の遺伝子を検索 #
より大きい	>10	10より大きい遺伝子を検索 #
より小さい	<10	10より小さいの遺伝子を検索 #
キーワードを必ず含む	+ABC	word を必ず含む遺伝子を検索
キーワードを含まない	-word	word を含まない遺伝子を検索
複数単語検索	word1 word2	word1 または word2 を含む遺伝子を検索
連語検索	"word1 word2"	「word1 word2」を連語で含む遺伝子を検索

※「Description」フィールドでは部分一致検索になります

不等号は数値型の遺伝子プロパティについてのみ有効です。

- 3. [Option] ボタンをクリックして、次の条件を指定することができます。
 - Search on the server チェックした場合、RECOG サーバで検索可能な遺伝子プロパティは RECOG サーバで検索します。チェックを外した場合はすべての遺伝子プロパティをロ ーカルで検索します。
 - Representative value of multiple gene's property value

「Value」、「Difference」を指定したとき、1つの遺伝子が持つ1つの遺伝子プロパティに複数の値が設定されている場合に、どのように検索条件を適用するかの方策を指定します。

- ◆ At least One: 複数の値の中で少なくとも1つ条件を満たす場合に検索条件
 に適合したとみなす
- ◇ All : 複数の値全てが条件を満たした場合に検索条件に適合したと みなす
- ◆ Average : 複数の値の平均値が条件を満たした場合に検索条件に適合 したとみなす※
- ※ 数値型の遺伝子プロパティのみ適用される
- 検索処理が終了すると、Keyword Search Result 画面が表示されます。操作パネルの[Filter]、[Color] に検索結果に対応する条件が表示されます。PPM では、検索された遺伝子を含むクラスタのみがハイライトされて表示されます。

 Control 	🔘 Sp Group	(Set					
📑 Filter 🗄 🚞 Taxonomy	Filter							
🗄 💼 Gene/Orga	nism Count Filter		syword Sea	rch Res	sult			3
🖃 🚞 Keyword S	Search		Manyo		Cone Name	Organian	Description	
Keywa	ord Search[Gene:Descritpion	r 🔍	02956.1 BCE	I (\$15) - 3772	acaA acaA	hea	Ada regulatory protein/6-0-methylguenine-ENA m	2
🗄 💼 Gene Set F	ilter .		 BCE 	 34264_#33	avan Báses A	bes	Ada regulatory protein/6-0-metry/guanine-ENA m	
🕀 🧰 Cluster Set	Filter	2		710		bca	ADA regulatory protein	
		2	# 804	XH187_A3	78acaA	ber	Ada regulatory protein/6-0-methylguenine-ENA m	
Organism Colur	nn		● 80/	VH820_576	StacaA	beu	Ade regulatory protein/6-0-methylguanina-ENA m	
📴 Sort		V	02929.1	(3/5)	hpr		Protease production regulatory protein Hpr	
Color		. ⊻	📃 O4178.1	(244)	pdB2		Protease synthese and socrutation negative regul	
		. 🖻	C3795.1	(445)	recR2		Arginise utilization regulatory protein RocR	
Keyword s	earch[Gene:Descritpion regu	11: 🖂	02914.1	(36)	teni		Regulatory protein Teni	
			0203.1	(185)			stage u sporuation regulatory protein	
			— 02199 1 — 02000 4	itero Mueso			Stage II sponuation regulatory protein	
		2		(90) (90)			Stage 0 sportration regulatory protein	-
				0.059			Ange o sportentor regulator y protein	
		Ĩ	i 02312 1	1465)			Transition state transcriptional regulatory protein	
		1	02707.1	(115)			VbaKjebsC temiv protein	
			<u> </u>	05			Transcriptional regulator, putative	2
		Display only matched genes.						
		Highlight matched genes.						
				C	Register gene si	t Register	r duster set Close	

 Keyword Search Result 画面の「Display only matched clusters」をチェックすると、 検索されたクラスタのみが PPM に表示されます。チェックを外すとすべてのクラ スタが表示されます。

また、「Highlight matched clusters」をチェックすると、検索されたクラスタがハ イライト表示されます。チェックを外すとハイライト表示がキャンセルされます。 カラー設定欄をクリックして、ハイライトの色を設定できます。

17.3. 検索結果の再表示

- ツールボックスの P (Keyword Search)をクリックします。Keyword Search 画面が表示されます。
- Keyword Search 画面で [Show search results] ボタンをクリックします。
 直前の検索結果が表示されます。

17.4. 検索結果によるフィルタ設定の有効/無効

 操作パネルの [Filter] - [Keyword Search]を選択して、右クリックから [Enable/Disable] をクリックします。

Keyword Search Result 画面の「Display only matched clusters」をチェックする/しないでも同じ操作を行うことができます。

17.5. 検索結果によるカラー設定の有効化/無効化

 操作パネルの [Color] - [Keyword Search] を選択して、右クリックから [Enable/Disable] をクリックします。

Keyword Search Result 画面の「Highlight matched clusters」をチェックする/しないでも同じ操作を行うことができます。
18. 生物種の表示順序の変更、表示・非表示

操作パネルの [Organism Column] で PPM に表示する生物種の表示順序や表示/非表示の切り替えをすることができます。



18.1. 生物種の表示順序の変更

 操作パネルの [Organism Column] の生物種を移動先までドラッグします。生物 種の表示順序が変更されます。
 PPM には Extra Taxonomy Tree に表示されている生物種のみ表示します。

18.2. 生物種の表示/非表示の切り替え

1. 操作パネルの [Organism Column] の生物種をダブルクリックします。

生物種を選択して、右クリックから、メニュー [Show/Hide] をクリックして、表示/非表示を切り替えることもできます。

18.3. 生物種の表示対象への追加

 [Selected] タブのタキソノミーツリーから生物種を選択して、右クリックから、 メニュー [Show organims columns] をクリックします。

選択した生物種が PPM に表示されます。

18.4. 生物種の表示対象からの削除

操作パネルの [Organism Column] の生物種を選択して、右クリックから、メニュー [Delete organism columns] をクリックします。警告メッセージが表示されるので OK ボタンをクリックします。

19. 遺伝子リスト

選択した生物種の遺伝子リストを表示します。

Da	Taxonom	У		•												
BAS15	Genome	Мар		•												
	Gene Lis	t														
BAS150	Gene ord	er on bat														
DV60	Sort by g	ene proper	rties													
DHOZ	Gene	List														×
BAS3	Organism	LocusTog	GeneName	Accession	Chromose!	Sart	End	AA length	Strand	Feature Key	G number	Description	Expression	60	Pathway	
0401	ban	BA0001	dha.A	NP_64257	chromoso	607	1,747	446	+	cos	30260196	chromoso	2,000	Cellular ca	Glycolysis	^
BAST	ban	8A0002	chat4-1	NP_84257	chromoso	1,926	3,065	379	+	cos	30260197	ONA potym	1,900	Celular ca	Pentose p	
BAS34	ban	8A0003		NP_84257	chromoso	3,193	3,405	70	•	cos	30260198	hypothetic	1,800	Cebuler ce	Peritose p	
	ban	8A0004	reoF	NP_84267	chromoso	3,418	4,545	975	+	cos	30260199	recombinat	1,700	Celluler ce	Galactose	
BAS3452 (ban	0A0005	garD	NP_04267	ohromoaa	4,504	6,506	640		COG	00260200	DNA topolo	1,600	Colluior ex	Ascorbate	
	ban	8A0006	g#A	NP_84257	chromoso	6,595	9,056	423	+	cos	30260201	DNA gyras	1,500	Cellular ca	Pertose p	
	ban	8A0008	guaB	NP_84257	chromoso	15,488	16,931	-87	+	cos	30260202	inostol-5	1,400	Callular ca	Perdose p	
	ban	8A0009	dec A	NP_84258	chromoso	17,045	18,352	-65	•	cos	30260203	D-alanyi-D	1,300	Celular co	Glycolysis	
	ban	8A0010		NP_84258	chromoso	18,514	19,401	395	•	cos	30260204	pyridoxine	1,200	Celular ce	Galactose	
	ban	8A0011		NP_84258	chromoso	19,420	20,010	[•] 96	•	COS	30260205	giutamine a	1,100	Cellular ce	Ascorbate	
	ban	840012	serS	NP_84258	chromoso	20,338	21,612	- 624	+	COS	30260206	sery14F8KA	1,000	Cellular ca	Pentose p	×
								Expor)							

19.1. 遺伝子リストの表示

 [Selected] タブの Taxonomy Tree で生物種を選択して、右クリックから [Gene List...] をクリックします。
 Gene List 画面が表示します。

19.2. 遺伝子リストのソート

1. Gene List 画面の遺伝子プロパティ名表示部分をクリックすると、クリックした遺 伝子プロパティを昇順/降順にソートして遺伝子プロパティ値を表示します。

19.3. 遺伝子リストの保存

 Gene List 画面の [Export...] ボタンをクリックして表示される Save gene list 画 面で、出力ファイル名を指定して [OK] ボタンをクリックすると、遺伝子プロパ ティの値のリストをタブ区切り形式で出力することができます。

20. Circular Genome Map(CGM)の表示と操作

Circular Genome Map (CGM) は選択された生物種の環状/線状ゲノムマップを描画 します。



20.1. CGM の表示

 [Selected]タブの Taxonomy Tree で生物種を選択して、右クリックから[Genome Map] - [<染色体名>] をクリックすると、CGM が表示されます。



20.2. 選択領域の変更

- CGM 画面の上側にある [From]、[To] に選択する領域を入力して、[Show] ボタ ンをクリックします。
 入力された領域がハイライトされ、CGM 画面の下側にあるゲノムマップの表示領 域が変更します。
 環状ゲノム上をマウスドラッグして選択領域を変更することもできます。
- CGM 画面の下側にある (Previous)、 (Next) ボタンをクリックすると、 選択領域が時計回り、半時計回りに移動します。ボタン上で右クリックして、ポ ップアップメニューから移動距離を変更することができます。
- CGM 画面の下側にある (Zoom in)、 (Zoom out) ボタンをクリック すると、選択領域が拡大、縮小します。ボタン上で右クリックして、ポップアッ プメニューからズームの倍率を変更できます。

20.3. PPM と CGM の連携

- CGM 画面の下側にあるゲノムマップの遺伝子をクリックします。
 PPM 上でクリックした遺伝子が所属するクラスタが選択されます。
- PPM 上でセルをクリックすると、CGM の環状ゲノム上でクリックした遺伝子の 位置をハイライトします。また、下側のゲノムマップの表示領域が変更し、クリ ックした遺伝子が表示されます。
- PPM 上部のヘッダ部分でクリックすると、染色体マップがそのゲノムに切り替わります。クラスタを選択した状態で染色体マップを切り替えると、そのクラスタに含まれる遺伝子の染色体上の位置を順次表示して比較できます。

20.4. 遺伝子の色の変更

- 1. CGM 画面のツールボックスの 🌃 (Option)をクリックします。Genome Map
 - Options 画面が表示されます。
- 2. 遺伝子の色を設定します。
 - Function Category

遺伝子が属するクラスタの代表機能カテゴリに対応する色で遺伝子を表示しま す。

• Positive/Negative

遺伝子の向きに応じて色を表示します。

• User the color of the control tree

操作パネルの [Color] で設定されている色で表示します。

Genome Nap Options 🛛 🔀						
Function Category						
Function Category: MISGD		~				
Function Category	Color					
1 Amino acid bicaymhasis		^				
1.1 Aromatic amine acid family		=				
1 2 Aspectate tamily						
1.3 Branched chain famly						
1.4 Gutarrate tamily						
1.5 Pyruvste family						
1.6 Serine family						
1.7 Histicine family						
2 Purines, pyrimdines, nucleosides, and nucleotides						
21 2'-Deoxyritonucleofide metakolism						
2.2 Nucleatide and nucleoside interconversions						
2.3 Parinerikonuoleotide biosynthesis						
2.4 Pyrimicine sibonuoleetido kiooyntheoio						
25 Salvage of nucleosides and nucleotides						
26 Sugar-modentice birsynfaesis and conversions		~				
Postive Alegative Postive Negative Ouse the soles of the control tree						

20.5. 遺伝子情報のブラウザ表示

 CGM 画面の下側にあるゲノムマップの遺伝子をダブルクリックすると、「35 外部 リソース URL 管理」で設定したデフォルトの外部リソースの情報をブラウザで表示 します。

右クリックして表示される外部リソース URL をクリックすると、その外部リソースの情報をブラウザで表示します。

21. Regional Genome Map(RGM)の表示と操作

Regional Genome Map(RGM)では、あるオーソログクラスタに属する遺伝子の周辺 を観察するため、これらの遺伝子を中心に配置したゲノムマップを表示します。

🕮 Alignment List		
🍱 🔎 🔎 🛅		
Bacillus anylolique faciens FZB42: 3913340-	-45341	~
R6444_000050	RSAM_0)0270 REAL_000360 REAL_C 🔚
R\$544_000040	RSAM_000140 RSAM_00	1260 RBAN_000340 RBAN_00040(
FI84M_000030	REAL_000190 REAL_000180 REAL_000250	REAM_000330 REAM_000350
RBAM_00002D RBAM_00007O RBAM_1	000030RBAH_000-120_RBAH_000-160RBAH_000240	RBAM_000310RBAM_000350 RSAM_000
REAM_000010 REAM_000050 REAM_00008	0 R84M_000100 R84M_000150 R84M_000230 R84	M_000300 REHA_000320 REHA_000380
AV 038110 REAM 038150	REAM 000110 REAM 000170 REAM 000220	
NSAV 038120	R8844_000190	
R8:3M_0381130	R84M_000200	
1834M_0333140	RBAM_000210	
R54M 03816-0		
Bacillus anthracis Sterne: 5223084-45011		
	8949-161	-2 8850027 8850035
BRAND BRAND	235-1 BASDO16 BASDO25 Wik-A DAMADA DAMADA DA DAMADA DA	RRMR-5-S-2 BASD032
UROUUM HOOMY PS2-0003-PACODOS TRUA-1	ILA"Z BAGUUIZ BAGUUIG BAGUUZIBAGUUZIBAG 15-3 BAGOGUI BAGOGUG FRAN-SEG-1 BAGOGOG FRA	NEVER BOOLUI BOOLUIT
BASDOD1 BASDOD3 BASDOD8 BPNA-169-1	UL*C DROWTH DROWTH TRAFFOR*1 UNIVERSE FRA R948-45-1 B450018 B450020B450022 TRa R948-45-1	X"HUH"A EROVAU EROVAU U 4-11 F-A BASECES BASECES BASE
NOC 5000 DOC 5000-	Posterio Posterio 17	Pachase
B465337 B455340	8450018	000000
8455389	8650013	
BA-55341		
Balcillus cereus ATCC 10987: 5218705-45012		
80E_5	739 B(E_002A	BCE_0023 SCE_0034
	SAI BLE_UUTA BLE_UUZI BLE	SEAR REFORM REFORM
BLE_UUUS BLE_0738 BLE_0002 BLE_0738	20 REF 0000 REF 0011 REF 0020 REF 0020 REF 0020 REF 0020	802_002/ 802_0032 802 0032 802 0031 802
	DE 5340 DE 0010 DE 0010 DE 0020 DE 0020 DE	Several pre state pre onen pre onen
OF SEAL ROF SEAR	BOE DODS BOE DOUS	U BEE 0035
BIE 5695 BOE 5699	BICE 0018	
805_5637	BCE_0017	
SCE_5638	_	
		×

21.1. RGM の表示

 [Info] タブでクラスタを選択し、右クリックからメニュー [Regional Genome Map] をクリックします。

Regional Genome Map 画面が表示されます。

Info Histo	gram					
Glutamine amidotransferase pdxT, SNO family						
Cluster ID	Gene Name	Description				
094 <u>4.1</u>	yaaE	Glutamine amidotransferas				
Rei	gional Genome Map C	omparison				
Multiple Alignment						

21.2. RGM のズーム

Regional Genome Map 画面のツールボックスの ¹ (Zoom in)、 ² (Zoom out) をクリックします。

21.3. Locus Tag の表示/非表示

Regional Genome Map 画面のツールボックスの LB (Label ON/OFF) をクリックします。ボタンがカラー表示の場合は Locus Tag を表示し、グレー表示の場合は Locus Tag を非表示にします。

21.4. 遺伝子の色の設定

- 1. Regional Genome Map 画面のツールボックスの 🎛 (Color Setting) をクリック します。Color Setting 画面が表示されます。
- 2. Color Setting 画面で遺伝子の色を設定します。

種類	PPM での表示
Function Category	機能カテゴリに割り当てられた色を使用します
Cluster ID	クラスタ毎にユニークな色を割り当てます。色は、クラス
	タ ID に基づくグラデーションによって割り当てられます。
	識別しにくいですが、表示域が変わっても割り当ては変わ
	りません。
Pattern	クラスタ毎にユニークな色とパターンを割り当てます。色
	とパターンは、現在表示されている各クラスタについて、
	クラスタサイズの大きさ順に決定されます。識別しやすい
	ですが、表示域が変わると割り当ても変わります。
Use the current color	PPM で現在使われている色(操作パネルの [Color] で設
assignment in PPM	定されている色)を使用します

3. [Apply] ボタンをクリックします。

		-	
nction Category: MBGD		Custer D Coor	Poreground Background
motion Category	Color		
Amino acid biosynthesis			
.1 Arossatic amino acid family			
.2 Aspartate family			
.3 Branched chain family			
A Glutamate family			
.5 Pyruvate family			
.6 Serine family			
.7 Histidine family			
Purines, pyrimidines, nucleosides, and nucleotides			
1 2-Decoyribonucleolide metabolism			
2 Nucleotide and nucleoside interconversions			
3 Purine ribosucleotide biosynthesis			
4 Pyrimidine ribonucleotide biosynthesis			
5 Salvage of nucleosides: and nucleotides:			

21.5. 遺伝子情報のブラウザ表示

遺伝子をダブルクリックして、「35 外部リソース URL 管理」で設定したデフォルトの外部リソースの情報をブラウザで表示します。
 右クリックして表示される外部リソース URL をクリックすると、その外部リソースの情報をブラウザで表示します。

22. マルチプルアラインメント・系統樹の操作

クラスタに属する遺伝子に対し、ClustalW を用いてマルチプルアラインメントを作成 します。また、マルチプルアライメント結果をもとに系統樹を作成し、表示します。

22.1. マルチプルアラインメントの実行

- (注) マルチプルアライメントはインターネット接続が可能な環境でのみ利用可能となります。
- 1. ClustalWの実行パラメータを指定します。

ツールボックスの 🜃 (Option)をクリックして表示される Option 画面の [Multiple Alignment] タブで ClustalW の条件を指定します。

🗱 Option							
Taxonomy Tree PPM Function Category Color	Neighboring Clusters	Multiple Alignment	Tree General				
Path C:/project/m/eclipse/recog_client/clustalw.exe Select							
Options	Options						
TYPE Use defaut 💌	TYPE Use default						
OUTPUT OUTORDER MATRIX SEGNO RA	INGE						
clustal 🗸 aligned 🗸 blosum 🗸 OFF 🗸 S	START	LENG-TH					
GAPOPEN GAPEXT GAPDIS	T MAXDIV	ENDGAPS					
10.0 0.2	8	40 OFF 📉	OFF V OFF V				
QUICKTREE ON OFF							
KTLIPLE WINDOW SCORE	TOPDIAGS	PARGAP					
1 5 percen		5 3					
PADNAMATRIX PAGAPOPEN PAAGAPEXT							
10.0 0.1							
Default		(Apply Close				

Path

ClustalW のパスを指定します。デフォルトではインストーラにバンドルされて いる ClustalW が設定されています。

TYPE

• Use default :

ClustalWのデフォルトのパラメータでマルチプルアライメントを実行します。

Protein :

画面で指定した設定に従ってマルチプルアライメントを実行します。

 非縮約モードで [Info] タブのクラスタ情報テーブルからクラスタを選択し、右ク リックから、メニュー「Multiple Alignment」をクリックします。
 進捗画面が表示され、マルチプルアライメントが実行されます。
 Comfirm 画面が表示されるので、OK ボタンをクリックします。

Info	Histogra	am						
Possible aspartate transaminase, aminotran:								
Clust	ter ID	Gene Name	Description					
0135	Regi Multi	onal Genome ple Alignmer	Map Compa It	arison				

3. マルチプルアライメント処理終了後、Multiple Alignment 画面が表示されます。

📥 Multiple Align	nment	X
SSO_SSUZZEE		
sto_ST2096		
ecj_J\2884	QIASLERIRATRODAAYTAALNALTHAAQHNENLLAAAVNAARYRATLGEISDALEVAFD	
hal_YNGU6/3G		
Sal_SAC1_0062		
SSO_SSU2266		
Sto_S12096		
ecj_JW2884	RYLYPSQCYTGYTAQSYHQSEKSASEFDATYAQTEQFLADNGRRPRTLTAKMGQDGHDRG	
	: : : ተቀለ ተቀላቀቀቀ	
hal VNG0673G	AHVITRAFRDAGFEVIYSGLHKAPDEIVQAAVQEDVDVLGISILSGAHNTLVPKIIEGLA	
nph_NP2710A	AHVIARAFRDAGFEVIYSGLHNSPDEIVQAAVQEDVDVLGISILSGAHDTLVPKILDGLK	
sai_SACI_0062	AKVVARALKDAGMEVVYTGLRQTPEQIVKAAIQEDVDVIGVSILSGAHIELISMLVKEMK	
sso_SS02266	AKVVARALKDAGMEVVYTGLRQTPEQIVRAALQEDADVIGISILSGAHLELIPKVVEIMK	
sto_ST2096	AKVIARALKDAGMEVVYTGLRQTPEQIVKSAIQEDVDVIGISILSGAHLELVPYVVNLMR	
ecj_JW2884	AKVIASAYSDLGFDVDLSPMFSTPEEIARLAVENDVHVVGASSLAAGHKTLIPELVEALK	
	::: * * *::* : : .:*::*.: *:::*: * *:*:* * *:* *:. ::. :	
hal_VNG0673G	EYDAAEDTLYIYGGIIPDEDRADLEAAGYDAIFGPGTPMADTISFIESNAPHRD	
nph_NP2710A	EYDAFEDTLYITGGIIPDEDHDELYDAGYDEIFGPGASMEETITFYRENAPER	
sai_SACI_0062	D-KKLNDYGLYYGGYIPPQDIPALKQLGYDEYFLPGSSLKEITEKIIKYASDKRGLSFEP	
sso_SSO2266	Q-NGLNDYGLIYGGYIPPEDIKKLKEMGYDEYFLPGSSLKEIYEKYKKYAREKRGISYE-	
sto_ST2096	E-KGLNDYYLYYGGYIPPQDIPKLKEMGYDEYFLPGSSLKEYYEKITKAVETKRGIKIAS	
ecj_JW2884	K-WGREDICYVAGGYIPPQDYAFLQERGVAAIYGPGTPMLDSYRDYLNLISQHHD	
	. :* ::.**:** * * ** :: **::: : : : :	-
1		

22.2. アミノ酸文字列の色の変更

1. Multiple Alignment 画面の

(Color Setting) ボタンをクリック します。Color Setting 画面が表示 されます。

 Color Setting 画面でアミノ酸文字列の 色を指定します。

Colo	or Settir	ngs			×	
				Co	lor	
A	Ala	Ala	nine			
С	Cys	Cys	stein			
D	Asp	Asp	partic Acid			
Е	Glu	Glu	Itamic Acid			
F	Phe	Phe	enylalanine			
G	Gly	Gly	cine			
н	His	His	tidine			
Ι	Ile	Iso	leucine			
К	Lys	Lys	ine			
L	Leu	Leu	icine			
М	Met	Me	thyonine			
Ν	Asn	Asp	paragine			
Ρ	Pro	Pro	line			
Q	Gln	Glu	Itamine			
R	Arg	Are	;inine			-
	App	oly	Restore	Clos	е	

- 22.3. 系統樹の表示
 - Multiple Alignment 画面の ¹
 Clustal Tree)をクリックします。系統樹画面が表示されます。
 - 系統樹作成に使用するパラメータを変更するには、ツールボックスの (Option)をクリックします。Option 画面が表示されます。Option 画面の [Tree] タブでパラメータを指定します。

Taxonomy Tree PPM Function Collegory Color Neighboring Clusters Multiple Alignment Tree General	
BOOTSTRAP O ON O OFF COUNT 1000 SEED 111	



- 3. 系統樹画面では次の操作をすることができます。
 - dnd ファイルの読み込み

〇〇 (Open DND file)をクリックして、dnd ファイルを選択して [OK] ボタンをクリックします。

● 系統樹の PDF ファイル出力

PDF)をクリックして、出力先、ファイル名を指定して [OK] ボタンを クリックします。

● 有根系統樹/無根系統樹の切り換え

有根系統樹を表示するには 🚾 (Rooted Horizontal)、無根系統樹を表示するに

は 📉 (Unrooted) をクリックします。

距離の表示

(Show Length ON/OFF)をクリックします。

各種設定

🜃(Option Settings)をクリックします。

- ◇ Directory タブ デフォルトとする DND ファイルロード先ディレクトリ、PDF 出力ディレク トリを指定します。
- ♦ Style

ノードのスタイルを指定します。

♦ Color

Locus Tag の色を設定します。

Species

[Selected] タブの上部の Taxonomy tree 上で「Color Organisms」で生物種毎に設定した色(=PPM の生物種ヘッダの色)で表示します。

OUT / IN Group

Optioin 画面の [Taxonomy Tree] タブの 「Font Color」で設定した内群、 外群の色で表示します。

23. 機能カテゴリ頻度グラフ・数値データグラフ

[Histogram] タブでは、同じ系統パターンでの機能カテゴリの頻度をグラフ表示したり、遺伝子プロパティの数値データを棒グラフで表示したりすることができます。

23.1. 機能カテゴリ頻度グラフ

縮約表示時は、[Histogram] タブに同じ系統パターンでの機能カテゴリの頻度をグラ フ表示します。



23.2. 数値データグラフ、Description/機能カテゴリ表示

非縮約表示時は、[Histogram] タブに各クラスターの遺伝子プロパティのの数値デー タのグラフを表示したり Description や機能カテゴリを表示したりします。

1. ツールボックスの 💶 (Histogram) をクリックします。

Histogram 画面が表示されます。

🗮 Histogram	
Target Description/Function Category Value Orgarism B.cereus AH187 Property Start Difference Orgarism 1 B.cereus AH187 Orgarism 2 B.cereus AH187 Property Start Property Start Show value 	View Range Min Max Auto range Graph Style Bar Line
>>Option	Apply Close

- 2. [Histogram] タブに表示するグラフを指定します。
 - Description/Function Category

クラスタの Description、および背景色にクラスタの機能カテゴリの色を表示し ます。

	bay	tut	bea	bo	bug	b ey	btk		Mes Hidogram
evel	RSUE_000190	8491111	000_000	001019	90281409	BCCR91_1011	979727_0108	ene î	Dositol-S-worophositete dehadrogenase
deci	RSH4_000130	6431112	2	2	80240-010	000701_0000	879727_011	decA	0+Aller0+Ala -carboxyceptidese+alanyi+D+alarine
ods1	RSWI_000140	BA31013	805_010	801015	8(2)(1411	83981_001	819727_011	eda)	Pyridexine biosontho-ais protein
sant	RSM_000150	BASI014	805_012	804016	802X04012	BCER91_1011	819727_0112	зык	Giutanine amidotrareferace p-dxi. SND family
o er S	RSW_000160	843015	805_010	803017	8(2)(1-013	BCERS1_0012	879727_013	serS	Servel-1984 synthetene
e he	RSM_000170	BASI 154	60E_01601230	800184(2)	80200146(2)	BCER91_1146	819727_0148(2)	e loK	Glycerste kinnse Sidt
dick:	RSM_000190	BA3017	805_015		80201015	BCERS1_0014	878727_0015	dek	Decxynucleos ide kina se

• Value

1生物種の数値データを棒グラフで表示します。

生物種と遺伝子プロパティを指定します。

		ban	bat	bca	bce	gka	gtn	oih		Info Histogram
		BA1618(2)	BAS1502(2)	BCE_0966(2)	3				^	8017.0 7500 Ban
		BA1618(1)	BAS1502(1)		2					5017.0
dhb	F	BA2372	BA\$2208	BCE_2402				OB0958	dhbF	2385.0
		B43601	BAS3340	BCE_8560	BC3546					2358.0
		BA1094	BAS1022	2		CK0999				2224.0
		BA3725(1)	BAS3452(1)	BCE_3690(2)				-		2100.0
		BA3725(2)	BAS3452(2)	BCE_3693						2100.0
		BA0530	BAS0498	BCE_0585	BC0511					1478.0

• Difference

2生物種の数値データの差を棒グラフで表示します。 比較する生物種と遺伝子プロパティを指定します。

	ban	bat	bea	boe	gica	stn	o ih			Info Histo	gram		
	BA1618(2)	BAS1502(2)	BCE_0966(2)	3					^	-7500000 hca	-583673. <mark>0</mark>	0 75000 A	00
	BA1618(1)	BAS1502(1)		2							- 15229 <mark>87.0</mark>		
dhbF	BA2372	BAS2208	BCE_2402				0B0958	dhbF				\$8153.0	
	BA3601	BAS3340	BCE_3560	BC3548								4961.0	
	BA1094	BAS1022	2		CK 0 8 8 9							133567.0	
	BA3725(1)	BAS3452(1)	BDE_3690(2)									15263.0	
	BA3725(2)	BASS452(2)	BCE_3693									24418.0	
	BA0530	BAS0 498	BCE_0585	BC0511								72491.0	

「Value」、「Difference」を指定した場合、「Show value」をチェックすると、グラ フ上に数値データを表示します。

- Value」、「Difference」を指定した場合、[View]欄で表示レンジ、およびグラフの形式を指定します。
 - Range

表示レンジを指定します。[Auto range] ボタンをクリックすると、自動的に 表示対象とする値の最小値から最大値までを表示レンジとして設定します。

• Graph Style

「Bar」(棒グラフ)、「Line」(折れ線グラフ)のいずれかのグラフ形式を指定 します。

- 4. [Option] ボタンをクリックして、次の条件を設定することができます。
 - Presentative value of multiple gene's property value
 「Value」、「Difference」を指定したとき、1つの遺伝子が持つ1つの遺伝子プ
 ロパティに複数の値が設定されている場合に、グラフに表示する代表値を決定
 する方法を指定します。
 - ♦ Min :複数の値の中で最小値を使用する
 - ◆ Max :複数の値の中で最大値を使用する
 - ♦ Median : 複数の値の中で中央値を使用する
 - ◆ Average : 複数の値の平均値を使用する
 - Presentative value of multiple gene in one cell
 「Value」、「Difference」を指定したとき、1つのセルに複数の遺伝子がある場合に、グラフに表示する代表値を決定する方法を指定します。
 - ♦ Min : 複数の遺伝子の中で最小値を使用する
 - ◆ Max :複数の遺伝子の中で最大値を使用する
 - ♦ Median :複数の遺伝子の中で中央値を使用する
 - ◆ Average : 複数の遺伝子が持つ遺伝子プロパティの平均値を使用する※
- 5. Histogram 画面の [Apply] ボタンをクリックします。[Histogram] タブにグラフ が表示されます。
- ※「Value」、「Difference」のグラフ上に表示される数値はグラフから右クリックで表示されるポップアップメニュー [Show value] で表示/非表示を切り換えることができます。

23.3. [Histogram] タブの表示/非表示の切り換え

- メニュー [View] [Information Pane] をクリックして、チェックします。
 画面右側に [Histogram] タブが表示されます。
- 非表示にする場合は、メニュー [View] [Information Pane] をクリックして、 チェックを外します。

24. 近傍遺伝子クラスタリング

系統パターンマップ上で近傍にあり、かつゲノム配列上でも近傍にあるような遺伝子 をグルーピングして、グループ毎に色づけして表示します。

24.1. 近傍遺伝子クラスタリングの実行

1. ツールボックスの (Neighboring Clusters) をクリックします。

Neighboring Clusters 画面が表示されます。

- 2. Neighboring Clusters 画面で近傍遺伝子クラスタリングの条件を指定します。
 - Search range of clusters

PPM のテーブル上で近傍と見なすクラスタの範囲を指定します。N を指定した場合、各クラスタの上下 N 個のクラスタが近傍と見なされます。

- Range consider to be neighborhood gene
 2つの遺伝子が近傍であるとみなす遺伝子間の染色体上の距離を指定します。
- Recalculate when the table is re-sorted
 PPM 上のクラスタがソートされるなどして、クラスタの順序が変更された場合に、この欄をチェックした場合は、自動的に直前に指定した条件で近傍遺伝子クラスタリングを実行します。チェックを外した場合は、近傍遺伝子クラスタリング結果をクリアします。

Neighboring Clusters	
Search range of clusters	5 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
Range consider to be neighborhood gene	5000
☑ Recalculate when the table is re-sorte	t i i i i i i i i i i i i i i i i i i i
Run	Cancel

Neighboring Clusters 画面の [Run] ボタンをクリックします。
 近傍遺伝子クラスタリングが実行されます。
 近傍遺伝子クラスタリング処理が終了すると、PPM 上で近傍とみなされた遺伝子
 群がクラスタリングされ、同一色で表示されます。また、操作パネルの [Color]

	ban	bat	bea	bce	şka	stn	oih	
dnaA	BA0001	(BAS0001	BCE_0001	8C0001	CK0001	GTNG_0001	060001	dnaA
dneN	BA0002	BAS0002	BCE_0002	8C0002	CK0002	CTNC_0002	0E0002	dnaN
	BA0003	BAS0003	BCE_0003	8C0003	GK0003	GTNG_0003	060003	
recF	BA0004	BAS0004	BCE_0004	8C0004			0B0004	recF
cyr8	BA0005	BAS0005	BCE_0005	8C0005	GK0005	GTNG_0005	080006	eyr8
syrA	BA0006	BASODOIG	BCE_0006	8C0006	CKD005	GTNG_0006	0B0007	syrA
cuaB	BA0008	IBAS0011	BCE_0009	8C0013	GK0009	GTNG_0009	080010	cua8
dacA	BA0009	BAS0012	2	2	GK0010	GTNG_0010	070.014	- 1 1
	BA5639	BAS5240	BCE_5518	8C5389			UEUUTT	0aCA
	BA0010	BAS0013	BCE_0011	8C0015	GX0011	GTNG_0011	0E2887	

に [Neigboring cluster] が表示されます。

なお、この図では、同一ゲノム上で、かつテーブル上近傍にある同一色のセルの みに「近傍遺伝子クラスタ」としての意味があります。仕様上、異なるクラスタに 同じ色が使い回されるため、異なるゲノム上のセルや、同一ゲノムでもテーブル上 遠く離れたセルでは、同一色であっても意味はありません。

クラスタリング結果の表示/非表示

 操作パネルの [Color] - [Neigboring cluster] をダブルクリックして、表示/非 表示を切り替えます。



24.2. 近傍遺伝子群の色の変更

1. ツールボックスの 🛐 (Option) をクリックします。

Option 画面が表示されます。Option 画面の [Neighboring Cluster] をクリックします。

axonomy Tree PP	N Function Category Colo	Neighboring	Cluster Mu	tiple Alignment	Tree Ge	nera
Color pattern for clu	stered cells					
			Add			
			Delete			
			Up			
			Down			

- 2. 描画色を設定します。
 - Color pattern for clustered cells
 近傍遺伝子クラスタリングでクラスタリングされた遺伝子の描画色を設定し ます。リストで指定された順に近傍遺伝子クラスタに色を割り当てていき、リ ストの末尾に達した後は先頭に戻って割り当てを繰り返します。
 - ・[Add] ボタン
 - 描画色を追加します。
 - ・[Delete] ボタン
 - リストで選択した描画色を削除します。
 - ・[Up] ボタン/ [Down] ボタン
 - リストで選択した色を上/下に移動します。

25. 生物種グループ

複数の生物種を 1 つのグループとしてまとめて登録することができます。ここで登録 した生物種グループは CoreAligner 解析などで利用することができます。

25.1. 生物種グループの表示

 [Selected] タブの Taxonomy Tree の上部にある [Sp Group] ボタンをクリック します。下部に設定されている生物種グループが表示されます。



25.2. 生物種グループの登録

 [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree で生物種を選択し、右クリックから、 メニュー [Sp Group] - [New Group] をクリックします。 下部ビューに登録した生物種が表示されます。

Al Selected Clustering

💽 Sp Group

📿 Select

O Filler

All Selected Clustering Filter • Filter • Filter • Filter • Filter • Filter • Filter • Filter		 root(15) Bacilaceae(15) Bacilaceae(15) Bacilaceae(15) Bacilas anthracis Sterne Bacilas arthracis Sterne Bacilas cereus ATCC 10987 Bacilas cereus ATCC 14579 Bacilas cereus IXTC 14579
🖃 🔁 Bac laceae(15)		IN Bacilus cereus ATCC 1 4579
IX Bacilius amytoliquetaciens FZB42	<u> </u>	IN Bacillus cereus E33L
IN Bacilus onthroets Steven	r	IN Bacilus cereus INVH 391-98
IN Bacilus cereus Taxonomy M		IN Bacilius thuringiensis serovar konkutian 97-27
IN Bacilus cereus Sp. Group 🕨 New Group		ne Basili e lle sissimois Al Hakara
IN Bacilius cereus Qollor 🕨 Add Sp. Group 🕨		III Desition eta del 16014 1640
IN Facility caratterioth con		IN DOUBLIS CIOUSE NOM-N FO
		i
		Contraction Species Group
		😑 💼 Bacilaceae(3)
		Bacilus anthracis Steme
		Bacilus anyloliquetaciens FZB42
		Bacilus cereus ATCC 10987

25.3. 生物種グループ名の編集

- 1. [Selected] タブで「Sp Group」を選択します。
- 2. 下側ビューで名称を変更する生物種グループを選択し、右クリックから、 [Rename] をクリックします。Rename 画面が表示されます。
- Rename 画面上で名称を編集して、Apply ボタンをクリックします。
 生物種グループ名が変更されます。

25.4. 生物種グループの削除、生物種グループからの

生物種の削除

- 1. [Selected] タブで「Sp Group」を選択します。
- 2. 下側ビューで削除する生物種グループ、または生物種を選択し、右クリックから、
 [Delete] をクリックします。

26. ゲノムコア構造アライメント (CoreAligner)

ゲノムコア構造解析は、類縁ゲノム間でよく保存されたゲノム構造を抽出するもので、 オーソロググループ間で、ゲノム上の近傍関係が一定以上保存されている対を抽出し、 これに基づいてオーソロググループを再配列することによって構築されます。このよ うな解析を行う CoreAligner プログラムを RECOG サーバで実行し、抽出されたコア構 造を表示します。

26.1. CoreAligner の実行

- 「9.2 DomClust の実行」、または「9.3 DomClust 解析結果の表示」によりオーソ ログ解析結果を表示します。
- ツールボックスの (Core genome alignment(CoreAligner))をクリックします。
 Core Genome Alignment 画面を表示します。
- Core Genome Alignment 画面で CoreAligner の解析条件を指定します。
 解析条件の指定方法として、[Simple Mode] と [Expert Mode] の2つがあります。

	Simple Mode	Expert Mode
指定可能な	・リファレンスゲノム	・リファレンスゲノム
項目	・オーソログ・並び順保存率	・オーソログ保存率
	・ウィンドウサイズ	・並び順保存率
	・生物種グループ	・ウィンドウサイズ
		・生物種グループ
		・生物種表示/非表示
		・生物種表示順序

Simple Mode

Core Genome Alignment		D
Reference Genome:	B.amyloliquefaciens FZB42	~
Cutoff ratio of conserved genes and connec	tions (%): 50 0 20 40 60	80 100
Window Size:	20 10 20	30
✔ Use sp group		
>>Expert	Run Cancel	

• Expert Mode

Cansildate:		Terret							
		144 241							
(>>	N N N N N	Barr Barr Barr Barr Barr Barr	vytolicy vytolicy vytolicy vytolicy vytolicy	Jefacie Jefacie Jefacie Jefacie Jefacie Jefacie	ns FZB4 ns FZB4 ns FZB4 ns FZB4 ns FZB4 ns FZB4	12 12 12 12 12 12 12 12	000000	
,					Up	Dow	m		
lutoff ratio of conserved genes (%).			50		20	40	J 60	80	100
Wolf ratio of conserved connections (%):			50	0	20	40		80	100
Vindow Size:			20	10		-(3 20		30
equired coverage of each genome for each	cluster(*	s)	50		20	(J— 0	80	
utoff of deletion score for removing local re-	gions		20	5			35		
Xher Options									
🗹 Use sp group									

- 条件指定後、[Run] ボタンをクリックします。
 進捗画面が表示され、CoreAligner 解析が開始します。
- 5. 解析処理終了後、Core Genome Alignment 画面、Genome Comparison Viewer 画面 が表示されます。

Gore Genome Alignment	
Both ■ Search オーバービ	
P. aenugin coa	
Puundocine	
P. entemphila	
P.fluorez.cos	
Pfluerez eus	
Použda	
Poulida	
Printperi	
Pavin see	

26.2. CoreAligner 結果の表示

以前に実行した CoreAligner の結果を表示します。

- ツールボックスの (Open files) をクリックします。
 Open file 画面が表示されます。
- Open files 画面で、ファイルフィルタ「Core Genome File (.coaln, .coregenome)」 を選択した後、プロジェクトと、CoreAligner 解析結果ファイルを選択します。 CoreAligner 解析結果ファイルを選択すると、画面右側にその解析結果の情報が表示されます。
- Open files 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
 選択した CoreAligner 解析結果、および解析元の DomClust 結果が表示されます。

26.3. コア構造表示の構成要素

- オーソロググループ
 縦方向の遺伝子群はオーソロググループに対応します。
- ・ ノード

丸、または四角で表示します。

形状	内容
٠	1つの遺伝子が含まれる
	2つ以上の遺伝子(inparalog)が含まれる

• ライン

状態に応じて色分けして表示します。

色	内容
黒	遺伝子間にインサーションがない場合
緑	遺伝子間にインサーションがある場合
赤	連結するが遺伝子の向きが逆である場合

遺伝子の向き

オーソロググループ上部に三角矢印で表示します。

背景色はそのオーソロググループの代表機能カテゴリに対応する色を表示します。

26.4. 表示位置の変更

- 1. Core Genome Alignment 画面のツールボックスの (Move Left)、 (Move Right)をクリックします。クリックしたボタンの向きに画面がスクロールします。
- 2. オーバービュー上でマウスドラッグして、表示位置を変更することもできます。

26.5. オーソロググループの選択

 Core Genome Alignment 画面の拡大ビューでオーソロググループをクリックしま す。クリックしたオーソロググループがハイライト表示します。 また、Genome Comparison Viewer で対応するオーソロググループがハイライト 表示されます。

26.6. オーソロググループを中心に表示

Core Genome Alignment 画面のオーソロググループ上でダブルクリックします。
 ダブルクリックしたオーソロググループを中心に表示します。
 また、Genome Comparison Viewer 画面でも対応するオーソロググループを中心に表示します。

26.7. リファレンスゲノムの設定

- Core Genome Alignment 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリッ クします。Core Genome Alignmenet 表示変更画面が表示されます。
- 2. 「Target」欄でリファレンスゲノムに設定する生物種の右側の欄をチェックします。
- 3. [Apply] ボタンをクリックします。

Organism Cenclidate		Tergel: IN B snybiliquefasiens F7P42 IN B.snthracis Ames Arcestor; A2 IN B.snthracis Ames IN B.snthracis Sterns IN B.cereus ATCC 10987 IN B.cereus ATCC 14579	000000
/Vindow site	20 10	Up Down	
O Full	Abbreviation	Show Srain	
Qustar ID O Qustar ID Presentative gen Gene mane of the	e reme of the cluster a referance genome		
	Apply	Close	

26.8. 生物種の表示・非表示

- Core Genome Alignment 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリックします。Core Genome Alignment 表示変更画面が表示されます。
- 2. 生物種を表示する場合は、「Candidate」欄から生物種を選択して、「>>」ボタンを クリックします。
- 3. 生物種を非表示にする場合は、「Target」欄から生物種を選択して「<<」ボタンを クリックします
- 4. [Apply] ボタンをクリックします。

26.9. 生物種の表示順序の変更

- Core Genome Alignment 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリッ クします。Core Genome Alignment 表示変更画面が表示されます。
- Core Genome Alignment 表示変更画面の「Target」欄から生物種を選択して [Up] または [Down] ボタンをクリックし、生物種の順序を入れ替えます。
- 3. [Apply] ボタンをクリックします。

26.10. ウィンドウサイズの変更

- Core Genome Alignment 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリッ クします。Core Genome Alignment 表示変更画面が表示されます。
- Core Genome Alignment 表示変更画面の「Window Size」欄でウィンドウサイズを 変更します。
- 3. [Apply] ボタンをクリックします。

26.11. 生物種名の表示形式の変更

- Core Genome Alignment 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリッ クします。Core Genome Alignment 表示変更画面が表示されます。
- 2. Core Genome Alignment 表示変更画面の「Organism」欄で表示形式を選択します。
 - Normal: 生物種名を正式名で表示します
 - Abbreviation: 生物種名を省略名で表示します
 - Show Strain : チェックした場合 Strain を表示します

26.12. オーソロググループラベルの変更

- Core Genome Alignment 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリックします。Core Genome Alignment 表示変更画面が表示されます。
- 2. Core Genome Alignment 表示変更画面の「Label」欄でオーソロググループのラベルとして表示する項目を指定します。
 - Cluster ID※ オーソロググループに対応するクラスタの ID を表示します
 - Representative gene name of the cluster※
 オーソロググループに対応するクラスタの代表遺伝子名を表示します
 - Gene name of the reference genome
 リファレンスゲノムの遺伝子名を表示します。遺伝子名が定義されていない場合は Locus Tag を表示します。

※を指定した場合、PPMの遺伝子名表示欄が同期して切り換わります。

26.13. ズーム

Core Genome Alignment 画面のツールボックスの¹ (Zoom in)、¹ (Zoom out)
 をクリックします。
 コア構造イメージが拡大・縮小表示されます。

26.14. 遺伝子名/Locus Tag による検索

- Core Genome Alignment 画面のツールボックスの項目選択欄で「Gene Name」、 「Locus Tag」、「Both」のいずれかを選択します。「Both」を選択した場合、遺伝 子名、Locus Tag の両方を対象にして検索します。
- 2. キーワード入力欄にキーワードを入力します。
- [Search] ボタンをクリックします。
 オーバービュー上に検索された遺伝子が属するオーソロググループがハイライト
 表示されます。また、検索されたオーソロググループの任意の1つを中心に表示
 するようにスクロールされます。
- 4. 同一条件のまま、「Search」ボタンをクリックすると、次の検索された遺伝子を含むオーソロググループを中心に表示するようにスクロールされます。



26.15. コア構造イメージの印刷

- Core Genome Alignment 画面のメニュー [File] [Preview] をクリックします。
 Core Genome Alignment Preview 画面が表示します。
- Core Genome Alignment Preview 画面の [Option] ボタンをクリックして表示され
 る Core Genome Alignment Print Option 画面上でオプションを指定します。

Core Genome Alignment Print Option	×	
Row count par one page 10 0	bage	
Show legend		
Show organism name every row		
Show page number		
Page setting Show		
Apply Close		

オプション	内容
Row count par one page	1ページに表示する行数を指定します
One page	Core Genome Alignment イメージが 1 ページに収まるよう に印刷します
Show legend	チェックした場合、凡例を表示します
Show organism name	チェックした場合、全ての行に生物種名を表示します
every row	チェックを外した場合は、各ページの先頭行のみ生物種名
	を表示します
Show page number	チェックした場合、ページ番号を表示します
Page setting	用紙サイズ、向きを指定します

3. Core Genome Alignment Preview 画面の [Print] ボタンをクリックします。プリ ンタ選択画面が表示されるので、プリント条件を指定して、OK ボタンをクリック します。

26.16. CoreAligner 結果の保存

CoreAligner 解析結果は解析実行時に自動的にプロジェクトディレクトリ以下に保存されます。その解析結果を CoreAligner 形式 (.coaln) で保存します。

 ツールボックスの (Save Core Genome File)をクリックし、保存先、ファイ ル名を指定して OK ボタンをクリックします。

27. Genome Comparison Viewer

Genome Comparison Viewer では CoreAligner 解析で抽出されたコア構造に基づき色づけ等を行い、対応するオーソロググループを直線でつないだゲノムマップを表示します。ズームして拡大すると、遺伝子詳細表示に自動的に切り替わります。



27.1. Genome Comparison Viewer の表示

「26.1 CoreAligner の実行」、または「26.2 CoreAligner 結果の表示」と同じ方法で表示することができます。 また、Core Genome Alignment 画面のメニュー [View] - [Genome Comparison Viewer] をクリックして表示することもできます。

27.2. 表示領域の変更

- Genome Comparison Viewer 画面のツールボックスの (Move Left)、
 (Move Right) をクリックします。クリックしたボタンの向きに表示領域がスクロールします。
 表示領域の変更を規定するモードとして次の2つのモードがあり、ツールボックス上のボタンをクリックして切り換えることができます。
 - Simple Mode)

遺伝子の表示位置の調整はせず、一定の幅で表示領域を移動させます。

• (Adjust Mode)

表示領域を変更した後、リファレンスゲノム上で表示領域の中心付近にある遺 伝子のオーソロググループの遺伝子が直線に並ぶように再配置して表示します。 また、遺伝子の向きは「27.14 遺伝子向きの自動修正」の設定に従って、向きを 揃えて表示します。

27.3. ズーム

- Genome Comparison Viewer 画面のツールボックスの ¹ (Zoom in)、¹ (Zoom out) をクリックします。表示領域が拡大・縮小表示されます。
- 2. 一定以上拡大すると、遺伝子詳細表示に自動的に切り替わります。

27.4. 指定オーソロググループを中心へ移動

 通常のモード(次項 26.5 の操作を行わないモード)では、Genome Comparison Viewer 画面のオーソロググループの遺伝子上でダブルクリックすると、ダブルク リックしたオーソロググループを中心に移動して再表示します。また、Core Genome Alignment 画面でもクリックしたオーソロググループが中心に再配置さ れます。

27.5. 遺伝子情報のブラウザ表示

- Genome Comparison Viewer 画面のツールボックスの (Show the gene information at clicking gene) をクリックします。この状態でダブルクリックすると「35 外部リソース URL 管理」で設定したデフォルトの外部リソースの情報をブラウザで表示します。
- 2. 右クリックして表示される外部リソース URL をクリックすると、その外部リソー スの情報をブラウザで表示します。

27.6. 原点の保存

1. Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」 – 「 🔽 Save Origin」をク リックします。現在の原点(中心点)を保存します。

27.7. 原点を元にもどす

 Genome Comparison Viewer 画面のツールボックスの (Recover Origin)をク リックします。直前に保存した原点を中心として、ゲノムマップを再配置して表示します。

27.8. 生物種の表示・非表示

Genome Comparison Viewer で表示する生物種セットを設定します。

 Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリ ックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

Genome Comparison Viewer 表示変更画面の [View] タブをクリックします。

- 2. 生物種を表示する場合は、「Candidate」欄から生物種を選択して、「>>」ボタンを クリックします。
- 3. 生物種を非表示にする場合は、「Target」欄から生物種を選択して「<<」ボタンを クリックします
- 4. [Apply] ボタンをクリックします。

Option	X
View Color Annange Scale	
Organism	
Candidate: Target:	
N B.cere	us AH187 🕢 💮
IN B.cere	us ATCC 10987
IN 6.cere	us ATCC 14579 O
OUT Olhey	ensis HTE831
	Up Down
Display elements	Organism Name
Core genes	Opu
🗸 Line: 🗸 Universal Only 🗸 1vs1 Only	
✓ Non-Core genes (✓ Unique Only)	 Abbreviation
✓ Line: Universal Only ✓ 1vs1 Only	
V RNA	Show Strain
Locus tag	
	2 3 4 5
Defaut	Apply Close

27.9. 生物種の表示順序の変更

 Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリ ックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

Genome Comparison Viewer 表示変更画面の [View] タブをクリックします。

- [View] タブの「Target」欄から生物種を選択して [Up] または [Down] ボタン をクリックし、生物種の順序を入れ替えます。
- 3. [Apply] ボタンをクリックします。

27.10. 遺伝子、オーソログ対応線(ortholog line)の表示

/非表示

Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」-「View Change...」をクリックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

Genome Comparison Viewer 表示変更画面の [View] タブをクリックします。

[View] タブの [Display elements] 欄で遺伝子、およびオーソログ関係を表す直線の表示/非表示を指定します。

オプション	内容
Core genes	CoreAligner 解析で抽出された遺伝子を Core genes と呼び
	ます
	この欄をチェックすると Core genes を表示します。
Non-Core genes	CoreAligner 解析で抽出されなかった遺伝子を Non-Core
	genes と呼びます
	この欄をチェックすると Non-Core genes を表示します
RNA	この欄をチェックすると RNA 遺伝子を表示します。

遺伝子、RNA 表示切替オプション

<u>オーソログ対応線表示切替オプション</u>

オプション	内容
Universal Only	全ての生物種の遺伝子が含まれるオーソロググループを
	Universal なオーソロググループと呼びます
	この欄を選択すると、Universal なオーソロググループのみ
	表示します
1 vs 1 Only	1つの生物種で1つの遺伝子のみ属するオーソロググルー
	プを 1 vs 1 と呼びます
	この欄をチェックすると1 vs 1 のオーソロググループのみ
	表示します
Unique Only	この欄を選択した場合、オーソロググループを形成しない
※Non-Core genes のみ	ユニークな遺伝子のみを表示します

3. [Apply] ボタンをクリックします。

27.11. 生物種名の表示形式の変更

 Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリ ックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

Genome Comparison Viewer 表示変更画面の [View] タブをクリックします。

- 2. [View] タブの「Organism」欄で生物種の表示形式を選択します。
 - Normal: 生物種名を正式名で表示します
 - Abbreviation : 生物種名を省略名で表示します
 - Show Strain:チェックした場合 Strain を表示します
27.12. Locus Tag の表示/非表示

 Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリ ックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

Genome Comparison Viewer 表示変更画面の [View] タブをクリックします。

 ゲノムマップ上で Locus Tag を表示するには、Genome Comparison Viewer 表示 変更画面の「Locus Tag」欄で「Show」をチェックします。「Row count」では、 Locus Tag を表示する際に確保する行数を指定します。複数行を指定したときは、 表示が重なる際に複数行を使ってなるべく重ならないように名前を表示します。

ゲノムマップ上で Locus Tag を非表示するには、「Locus Tag」欄の「Show」のチェックを外します。

Row count で 0 を指定した場合は、ゲノム間の間隔が最小になり、「Show」のチェックの有無にかかわらず LocusTag を表示しません。

3. [Apply] ボタンをクリックします。

27.13. **カラー設定**

リファレンスゲノム上の遺伝子位置に基づいたカラー設定か、操作パネルの [Color] で設定したカラー設定のいずれかを指定することができます。

Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

Genome Comparison Viewer 表示変更画面の [Color] タブをクリックします。

- 2. [Color] タブで遺伝子、オーソログ対応線のカラーを設定します。
 - Reference genome
 Core 遺伝子はリファレンスゲノム上の遺伝子の位置に基づいて、緑から赤への グラデーションで描画します。Non-Core 遺伝子は灰色、RNA は紺色で描画し ます。
 - Use the color of the control tree 操作パネルの [Color] で設定されたカラー設定(すなわち PPM テーブルでの カラー設定と同じもの)を用いて描画します。



27.14. 遺伝子向きの自動修正

遺伝子向きの自動修正の設定に従って、中央に表示されるオーソロググループの向き を揃えます。

遺伝子向きの自動修正設定は、Adjust Modeの場合のみに有効になります。

🗮 Option	X
View Odo Arrange Scale	
Arrangement of orthologous genes	
 Arranged in the positive direction 	
Arranged in the consensus direction of the core genome	
 Arranged in the direction of the reference genome 	
L'eraue	week.

 Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリ ックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

Genome Comparison Viewer 表示変更画面の [Arrange] タブをクリックします。

- 2. [Arrange] タブで遺伝子向きの自動修正方法を設定します。
 - Arrange in the positive direction 遺伝子の向きを全て正方向に揃えます。
 - Arrange in the consensus direction of the core genome
 CoreAligner 解析により得られたオーソロググループのコンセンサスの向きに 揃えます。
 - Arrange in the direction of the reference genome リファレンスゲノムの遺伝子の向きに揃えます。

27.15. 目盛線の表示形式の変更

🗱 Opticn	×
View Color Arrange Soale	
Scale	
 Relative position from center 	
O Position of reference genome	
Default	Apply

 Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」-「View Change…」をクリ ックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。 Genome Comparison Viewer 表示変更画面の [Scale] タブをクリックします。

- 2. [Scale] タブで目盛線の表示形式を設定します。
 - Relative position from center
 目盛り線に、表示上の中央からの相対位置を表示します。
 - Position of reference genome
 目盛線にリファレンスゲノムの座標に基づく位置を表示します。

27.16. 印刷

Genome Comparison Viewer	Preview 🔀
Zoom Auto Specification(%) Page setting Show	Preview
Appl	y Close

- Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「File」-「Preview…」をクリック します。Genome Comparison Viewer Preview 画面が表示されます。
- 2. Genome Comparison Viewer Preview 画面で次の設定ができます。
 - Zoom

イメージの倍率を指定します。

Auto を指定した場合は自動的に用紙サイズにおさまるようにイメージの倍率が 調整されます。

- Page setting 用紙サイズ等を指定します。
- [Apply] ボタンをクリックします。
 印刷設定画面が表示されますので画面に従って印刷します。

Genome Comparison Preview 画面を表示せず、直接印刷する場合は、Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「File」-「Print…」をクリックして、印刷す

RECOG Client User's Manual

ることができます。

28. 遺伝子情報データの更新

RECOG クライアントの遺伝子情報アップデート機能を用いて、クライアントで利用す る、遺伝子情報、染色体情報、Taxonomy Tree 情報、Function Category 情報を更新し ます。

28.1. 更新通知メッセージからの Taxonomy Tree 更

新



※「In the future, this message should not be displayed」をチェックして [Close] ボ タンをクリックした場合、以降バージョンアップ通知メッセージを表示しません。

再度、バージョンアップ通知メッセージを表示する場合は、ツールボックスの 🌃

(Option)をクリックして、Option 画面の [General] タブの「Update information is regularly checked」をチェックして、[Apply] ボタンをクリックします。

	Old Eurotion Color	ana Color Malaini	har Churtering	Matinia Alexandre	Tree General
wonony nee 1	e m [] i canociori canoş	jory color _ neigra	our cassiening [mondo e valdament	THE CANADA
Lindate					
obour.					
C Destated in	formation in reacted	be obsidered			
Obasted a	normation is regulari	ry checked.			

28.2. Update Data からの遺伝子情報の更新

クライアントは RECOG サーバからいくつかのデータをダウンロードして保持してい ます。RECOG サーバのデータが更新された場合に、クライアント上のデータを最新の ものに更新する場合などに使用します。

- メニュー [File] ー [Update Data...] をクリックします。
 Update data 画面が表示されます。
- 2. Update data 画面で以下のいずれかを選択して、[Apply] ボタンをクリックします。

🔛 Update data 🛛 🔀
Update data?
Taxonomy only
 Updated data only
O Updated data only (Force)
🔿 All data
Apply Close

- Taxonomy data only
 Taxonomy Tree のみ更新します。その他のデータは必要に応じて取得します。
 通常はこのモードが最も効率的です。
- Updated data only

Taxonomy Tree と、現在クライアントが保持している遺伝子情報の中で、サー バ上のデータが更新されている情報のみを更新します。必要な情報をまとめて 更新したいときに使います。

- Updated data only (Force)
 Taxonomy Tree と、現在クライアントが保持している遺伝子情報をすべて更新します。何らかの原因でクライアントの情報に不備が生じた場合など、強制的にデータを更新したい場合に使います。
- All data
 全遺伝子の遺伝子情報データをダウンロードします。
- (注)「All data」を指定した場合、ネットワークの転送速度にも依存しますが、数十分 程度を要します。

29. 遺伝子/クラスタプロパティの登録、管理

遺伝子プロパティファイルをインポートして、任意の遺伝子情報を取り込むことがで きます。クラスタプロパティは、遺伝子プロパティなどを参照して、オーソロググル ープ毎に定義されるプロパティです。取り込んだ遺伝子プロパティやクラスタプロパ ティは、ソートや PPM へのカラーリングなどの解析に利用できます。

29.1. 遺伝子プロパティの登録

- 遺伝子プロパティファイルを作成します。
 遺伝子プロパティファイルのフォーマットは次のようになります。
 - 1行目にはヘッダ行を記述します。
 - ◇ 1列目は"sp"(生物種3文字コード)、2列目は"locustag"を記述します。
 - ◆ 3列目以降は任意の遺伝子プロパティの名称、および型を記述します
 - (例) 遺伝子プロパティ名: Expression

: 数値型

の場合の記述は Expression(Num) となる。

型は次の4つが指定できます。

型

型	記号	例
文字列型	Char	BC2639
数值型	Num	-10.3
列挙型	Enum (element1, element2,)	Yes, No
	※element# 取り得る値、ここで指	※Enum(Yes,No)とした場合
	定した要素のみを値として指定す	
	ることができる	
階層型	Hierarchy	1.2.1

- 2行目以降は遺伝子プロパティの値を記述します。
 - ◆ 1列目は生物種3文字コード、2列目はLocus Tag を記述します。
 - ◆ 3列目以降は任意の遺伝子プロパティの値を記述します。

一つの遺伝子で複数の値を取り得る場合は、型に"Multi"を指定し、";"(セミ コロン)を用いて値を区切ります。

(例)

sp	locustag	GO(Char)	Expression(Num)	Pathway(Char,Multi)
ban	BA0001	Cellular component	2000	Glycolysis / Gluconeogenesis;Citrate cycle

 メニュー [File] - 「Import」 - [Gene properties file] から、遺伝子プロパティ を登録する先を選択します。

File View Search Run	Option
New Change Server	; 🗦 🎟 🖻 🧮 🐔 🔎 🎺 🔮
💭 Open file	Herizontel Zoom
Open Project	•
房 Save Cluster file	Select
⇒Ei Innert	DomGlust file RA181
	🦲 Gene propety file 🕨 Current Project 🔋
🗭 🗎 Export	Giobal
Page setup	Test Project
i wyw o'r wyfe	rocis Ames default
📕 🛛 🚬 Undate Data	rigula auchte

以下の中から選択します。

- Current Project、プロジェクト名
 現在のプロジェクト、もしくは指定したプロジェクトでのみ利用可能になるように遺伝子プロパティを登録します
- Global

全プロジェクトで利用可能になるように登録します。

 Import gene property file 画面が開きます。作成した遺伝子プロパティファイルを 指定し、[Open] ボタンをクリックすることにより、遺伝子プロパティが登録され ます。

29.2. プロパティー覧の参照

Gene property / Cluster property 画面で、登録されているプロパティを確認することができます。

- メニュー [Option] 「Gene Property / Cluster Property List...」をクリックしま す。Gene property / Cluster property 画面が表示されます。
- 3. 遺伝子プロパティを表示する場合は [Gene] タブ、クラスタプロパティを表示する場合は [Cluster] をクリックします。各画面の表示内容は、
 - Name: プロパティの名称
 - Type:型
 - Multi:複数属性値フラグ。チェックされている場合、複数属性値を持つ。

- Location:保存場所 ※遺伝子プロパティのみ
 - ◇ Global(uneditable)
 RECOG サーバから提供される、システム定義の遺伝子プロパティ 編集、削除はできない。
 - ◇ Global
 全プロジェクトで参照できる遺伝子プロパティ
- Category : カテゴリ ※クラスタプロパティのみ
 - ◇ DomClust : DomClust 結果に対応するプロパティ
 - ◇ Homology Cluster :ホモロジークラスタに対応するプロパティ
 - ♦ Cluster : クラスタに対応するプロパティ
 - ♦ Sub Cluster : サブクラスタに対応するプロパティ

🗮 Gene property/Cluster property 🛛 🔀					
Gene property Cluster property					
Name	Туре	Multi	Location		
End	Num		Global(uneditable)	~	
Strand	Enum(+,-)		Global(uneditable)		
Description	Char		Global(uneditable)		
Chromosome	Char		Global(uneditable)		
Ginumber	Char		Global(uneditable)		
Gene ID	Char		Global(uneditable)		
Feature Key	Char		Global(uneditable)		
AA length	Num		Global(uneditable)		
Expression	Num		default		
Expression	Num		Test	Y	
	Add Edit Del	ete			
			Apply Clos	;e	

29.3. プロパティの編集

プロパティの名称、型を変更することができます。

- メニュー [Option] [Gene Property / Cluster Property List...] をクリックしま す。Gene Property / Cluster Property 画面が表示されます。
- Gene Property / Cluster Property 画面上で編集するプロパティを選択して、[Edit] ボタンをクリックします。

Edit property 画面が表示されます。

Edit gene pro	Edit gene property				
Name	Expression				
Туре	Num	*			
Enum elements					
📃 Multi value					
	Apply Close				

- Edit property 画面で遺伝子プロパティの名称 (Name)、型 (Type)、複数属性値を 持つかどうか (Multi value)を設定します。
 列挙型を指定する場合は、取り得る値 (Enum elements) もカンマ区切りで指定し ます。
- 4. Edit property 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
- 5. Gene Property / Cluster Property 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

29.4. プロパティの削除

- メニュー [Option] [Gene Property / Cluster Property List...] をクリックしま す。Gene Property / Cluster Property 画面が表示されます。
- Gene Property / Cluster Property 画面上で削除するプロパティを選択して、 [Delete] ボタンをクリックします。 Confirm 画面が表示されるので、[OK] ボタンをクリックします。
- Gene Property / Cluster Property 画面の [Apply] ボタンをクリックします。 プロパティが削除されます。

30. 遺伝子セット/クラスタセットの登録、管理

複数の遺伝子、クラスタを1つのセットとして登録するできます。登録した遺伝子セ ット/クラスタセットは、ソートやカラー設定やフィルタ設定の解析に利用できます。

30.1. 遺伝子セット/クラスタセットの登録

遺伝子セットやクラスタセットは次の3つの方法で登録できます。

- ファイルからの登録
- PPM で選択したクラスタからの登録
- キーワード検索結果からの登録

30.1.1. ファイルからの登録

遺伝子セット/クラスタセットファイルを作成します。
 遺伝子セット/クラスタセットファイルの形式は次の3つの形式になります。

(ア) dclust 形式
 次のファイル形式。
 <生物種コード>:<LocusTag>[|,|¥t]<生物種コード>:<LocusTag>...
 <生物種コード>:<LocusTag>...

(例)

ban:BA0001, ban:BA0002 bca:BCE_0009,bce:BC0013,oihOB0010

(イ) clusttab 形式

次の機能で出力されるファイル形式。

- ◇ メニュー「File」-「Export」で出力する clusttab 形式ファイル
- ◇ メニュー [Export gene/cluster set] で出力されるファイル

```
(ウ)遺伝子プロパティ形式「29.1遺伝子プロパティの登録」のファイル形式。
```

- メニュー [File] 「Import」 [Gene set file] から、遺伝子セットを登録する 先を選択します。 以下の中から選択します。
 - Current Project、プロジェクト名 現在のプロジェクト、もしくは指定したプロジェクトでのみ利用可能になるように遺伝子セットを登録します
 - Global

全プロジェクトで利用可能になるようにします。

🚟 Register gene set 🛛 🗙					
Name	×				
File	Select				
Location	Test 💌				
Overwrite the gene set of the same name					
Apply Close					

 Register gene set 画面が開きます。ここでセットの名称、遺伝子セット/クラス タセットファイル、および登録先を指定し、[Apply] ボタンをクリックすること により、遺伝子セット/クラスタセットが登録されます。

「Overwirte the gene/cluster set of the same name」をチェックした場合、同名の 遺伝子セット/クラスタセットがある場合は上書きして登録します。

登録した遺伝子セット/クラスタセットは、セット管理パネルの [Gene Set]、 [Cluster Set] 内に表示されます。

30.1.2. PPM で選択したクラスタからの登録

- 1. PPM でクラスタを選択します。
- 2. 右クリックから [Create gene/cluster set] をクリックします。

Register gene/cluster set 画面が開きます。

3. Register gene/cluster set 画面でセットの名称、登録先を指定し、[Apply] ボタン をクリックします。遺伝子セット/クラスタセットが登録されます。

「Overwirte the gene/cluster set of the same name」をチェックした場合、同名の

遺伝子セット/クラスタセットがある場合は上書きして登録します。

登録した遺伝子セット/クラスタセットは、セット管理パネルの [Gene Set]、 [Cluster Set] 内に表示されます。

30.1.3. キーワード検索結果からの登録

1. Keyword Search Result 画面を表示します。

🔛 Keyword Search Result 📃 🗖 🔀					
	Name	Gene Name	Organism	Description	
	02956 1(5/5)	adeA		🛛 Ada regulatory protein/6+0-methylguanina-DNA m 📤	
	BCE_3772	ada.A	bca	Ada regulatory protein/S-O-methylguanine-DNA m	
	8CB4264_A	384ada,A	beb	Ada regulatory protein/8-O-methylpuanine-DNA m	
	BC3740		bce	ADA regulatory protein	
	BCAH187_A	37KadaA	ber	Ada regulatory protein/6-O-methylguanine-DNA m	
	BCAH820_3	751adaA	beu	Ada regulatory protein/6-O-methylguanine-DNA m	
	<u></u> 02929.1(3/5)	hpr		Protease production regulatory protein Hpr	
	<u>) 04178.1(244)</u>	pai 62		Protease synthese and sporulation negative regul	
	<u></u> 03785.1(4/5)	r00R2		Arginine utilization regulatory protein Rock	
	<u>) (13/5)</u>	teni		Regulatory protein Teni	
	<u>i (1/5)</u>			Stage 0 sporulation regulatory protein	
	<u></u> 02049.1(4/5)			Stage 0 sporulation regulatory protein	
	<u> </u>			Stage 0 sporulation regulatory protein	
	<u>i 02087 1(1/5)</u>			Stage 0 sporulation regulatory protein	
	<u></u> 02201.1(1/6)			AsnC family transcriptional regulator	
	<u>) (4/5)</u> 02312.1(4/5)			Transition state transcriptional regulatory protein,	
	<u></u> 02707.1(1/5)			YbaK/ebsC family protein	
	<u></u> 02822.1(1/5)			Transcriptional regulator, putative	
Display only matched genes.					
V Highlight matched genes.					
Register gene set Register cluster set Close					

 2. 登録する遺伝子、クラスタの右側の欄をチェックして、[Register gene set]、 [Register cluster set] ボタンをクリックします。

Register gene/cluster set 画面が表示されます。

3. Reigster gene/cluster set 画面で、セットの名称、登録先を指定し、[Apply] ボタ ンをクリックします。遺伝子セット/クラスタセットが登録されます。

「Overwirte the gene/cluster set of the same name」をチェックした場合、同名の 遺伝子セット/クラスタセットがある場合は上書きして登録します。

登録した遺伝子セット/クラスタセットは、セット管理パネルの [Gene Set]、 [Cluster Set] に表示されます。

30.2. 遺伝子セット/クラスタセットのファイルへの出力

 セット管理パネルの [Gene Set]、[Cluster Set] から遺伝子セット、またはクラ スタセットを選択し、右クリックから、[Export gene/cluster set] をクリックしま す。

Export gene/cluster set 画面が表示されます。

2. Export gene/cluster set 画面で保存するファイル名を選択して、OK ボタンをクリックします。

30.3. 遺伝子セット/クラスタセットの編集(遺伝子の削除)

 セット管理パネルの [Gene Set]、[Cluster Set] から遺伝子セット、またはクラ スタセットを選択します。右クリックから、[Edit gene/cluster set] をクリックし ます。

Edit gene/cluster set 画面が表示されます。

 Edit gene/cluster set 画面で名称、登録先(遺伝子セットのみ)の変更、および遺 伝子/クラスタの削除をします。

[Export] ボタンをクリックすると、遺伝子セット/クラスタセットに登録されて いる遺伝子/クラスタのリストをファイルに出力できます。

3. Edit gene/cluster set 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

嬲 Edit e	ene set						
Name	Test gene set 1						
Location	Test 💌						
Genes	Organism	LocusTag	Description	Export			
	bca	BCE_4731	acetyl-Co A carboxylase carboxyltransfera	Langearter			
	bcio	BCB4264_A4710	acetyl-Co A carboxylase, carboxyl transfer	Delete			
	bce	BC4601	acetyl-Co A carboxylase carboxyltransfera	Locicie			
	ber	BCAH187_A4726	acetyl-Co A carboxylase, carboxyl transfer				
	bou	BCAH820_4715	acetyl-Co A carboxylase, carboxyl transfer				
	oih	OB2173	acetyl-CoA carboxylase carboxyltransfera				
	Apply Close						

30.4. 遺伝子セット/クラスタセットへの追加登録

PPM で選択したクラスタから、そのクラスタに含まれる遺伝子やクラスタを遺伝子セット、クラスタセットに追加登録することができます。

- 1. PPM でクラスタを選択します。
- セット管理パネルの [Gene Set]、[Cluster Set] から遺伝子セット、またはクラ スタセットを選択し、右クリックから、[Add selected genes/clusters to] をクリ ックします。

遺伝子セット/クラスタセットに遺伝子/クラスタが追加登録されます。

30.5. 遺伝子セット/クラスタセットの削除

- セット管理パネルの [Gene Set]、[Cluster Set] から遺伝子セット、またはクラ スタセットを選択し、右クリックから、[Delete gene/cluster set] をクリックしま す。
- 2. 警告画面が表示されるので、OK ボタンをクリックします。遺伝子セット/クラス タセットが削除されます。

30.6. 遺伝子セット/クラスタセット一覧の参照

Gene set / Cluster set 画面で登録されている遺伝子セット/クラスタセットの一覧を確認することができます。

- メニュー [Option] 「Gene Set/ Cluster Set List...」をクリックします。Gene set / Cluster set 画面が表示されます。
- 2. 遺伝子プロパティを表示する場合は [Gene] タブ、クラスタプロパティを表示す る場合は [Cluster] をクリックします。各画面では次の項目を表示します。

- Name: プロパティの名称
- Location:保存場所 ※遺伝子プロパティのみ
 - ◇ Global
 全プロジェクトで参照できる遺伝子プロパティ
- Gene Count: 遺伝子セットに含まれる遺伝子の数 ※遺伝子セットのみ
- Project : 登録先のプロジェクト ※クラスタセットのみ
- DomClust File: 登録先の DomClust 結果ファイル名 ※クラスタセットのみ
- Cluster Count : 登録先の DomClust 結果ファイル名 ※クラスタセットのみ

📓 Gene set/Cluste	r set			X
Gene set Cluster set				
Name	Project	DomClust File	Cluster Court	
Test cluster set 1	Test	cluster_20090915_out		1
Test cluster set 2	Test	cluster_20090915_out		1
Test cluster set 3	Test	cluster_20090915_out		1
	Add	Edit Delete		
			Apply	Close

3. [Add...]、[Edit...]、[Delete...] ボタンをクリックして、遺伝子セット/クラス タセットの登録、編集、削除ができます。

31. 複合セット

複数の遺伝子セット、クラスタセットを指定して、1つの複合セットを設定すること ができます。複合セットでは、複数のセットに集合演算を施した結果に基づいて、カ ラーやフィルタなどの解析に利用できます。

31.1. 複合セットの登録

 遺伝子セットの複合セットを登録する場合は、セット管理パネルの [Gene Set] から遺伝子セットを選択して、右クリックから [New gene set conbination...]を クリックします。Gene set conbination 画面が表示されます。

クラスタセットの複合セットを登録する場合は、セット管理パネルの[Cluster Set] からクラスタセットを選択して、右クリックから [New cluster set conbination...] をクリックします。Cluster set conbination 画面が表示されます。

*		Condition		
ААА		Test gene set 1 & Test gene set 2 &	Test gene s	
est gene set 1		Test gene set 1 & Test gene set 2		Elin Mort
est gene set 2 est gene set 3	>>	Test gene set 2 & Test gene set 3		Cub low
ana Kanap ajar a		Test gene set 1 & Test gene set 3		Up
	8>>	Test gene set 1		
	Notas	Test gene set 2		Lown
		Test gene set 3		
	Not 8>>			Delete
Filter/Color setting				
Filter and Color	O Color	O Filter	O None	

- 2. Gene/Cluster set conbination 画面で遺伝子セット/クラスタセットの名称、条件 に含めるセットとセット間の論理条件を指定します。
 - 複合条件に遺伝子セット/クラスタセットを追加する場合は、[Set] 欄でセットを選択して、[>>] ボタンをクリックします。
 - 複合条件に複数の遺伝子セット/クラスタセットの共通集合として追加する場合は、[Set] 欄でセットを選択して、[&>>] ボタンをクリックします。

- 複合条件に遺伝子セット/クラスタセットを否定条件として追加する場合は、
 [Set]欄でセットを選択して、[Not>>]ボタンをクリックします。
- 複合条件に複数の遺伝子セット/クラスタセットを否定条件の共通集合として 追加する場合は、[Set]欄でセットを選択して、[Not&>>]ボタンをクリック します。
- 複合条件から条件を削除する場合は、[Condition]欄から条件を選択して、
 [Delete] ボタンをクリックします。
- 複合条件の条件を否定条件へ変更する場合は、[Condition] 欄から条件を選択して、[Flip Not] ボタンをクリックします。
- 複合条件の条件に含まれる個々のセットの否定条件を変更する場合は、
 [Condition] 欄から条件名をダブルクリックして、表示される Edit condition 画面で変更します。

Edit condition	
Test gene set 1 Test gene set 2 Test gene set 3	Flip Not Delete
Apply Close	

- 複合条件の条件に適用するカラーを変更する場合は、[Condition] 欄からカラ ー欄をダブルクリックして、表示されるカラー選択画面で変更します。
- Filter/Color setting 欄で複合セットをカラー設定、フィルタ設定に適用するかどう か指定します。
 - Filter and Color

複合セットを登録し、カラー設定、フィルタ設定の条件として追加します。

Color

複合セットを登録し、カラー設定の条件として追加します。

• Filter

複合セットを登録し、フィルタ設定の条件として追加します。

None

複合セットの登録のみを行います。

Gene/Cluster set conbination 画面で条件を指定した後、[Apply] ボタンをクリックします。セット管理パネルの [Gene Set Conbination] / [Cluster Set Conbination] に複合条件が表示されます。

Filter/Color setting 欄で Filter and Color または Filter を指定した場合は、操作パネ ルの [Filter] – [Gene Set Filter] / [Cluster Set Filter] にフィルタ条件が表示 されます。

Filter/Color setting 欄で Filter and Color または Color を指定した場合は、操作パネ ルの [Color] – [Gene Set] / [Cluster Set Filter] にフィルタ条件が表示され ます。

設定したフィルタ設定、カラー設定が PPM や比較ゲノムマップビューなどに反映 されます。

All Seecced Dustring		bor	ke	bea	bee	bab
i rod(\$) ■ isteria(\$) ■ isteria(\$)	Cof 2	BCAH187_40271	ECAH820_0248	ECE_0259	BC(248	9084264_40250
Carline cone(5) IN Bacillus coneus AH187				BCE_2749		
IN Bacillus cereus AH823 IN Bacillus cereus ATCC (1987)	sacC7	BCAH 87_42876	CAH020_2020	ECE_2949	802819	3084264_42835
Becilius cereus ATCC114575 Becilius cereus ATCC114575 Becilius cereus ATCC114575		BCAH187_40046	BCAH820_0042	BCE_00:5	BC0042	BCB4264_40042
	accA	BCAH 07_44726	ECAH820_4715	ECE_4701	BC4601	BCB4264_44710
	sccA			ECE_35*3		
Control O Sp Group O Set	eccB	BCAR187_44315	BCAH8:20_42:05	BCE_4258	804184	3084264_44285
Gene Set	300s	BCAH187_44314	BCAH820_4204	BCE_4257	BC4183	3084264_44234
Gene Contribution 1 A Tool source and 1 & Tool source and 2 & Food source are 2	eccD	BCAH187_44727	BCAH820_4715	BOE_4732	BC4602	8084264_44711
 Test gene set 1 8 Test gene set 2 a rest gene set 3 	eccA	BCAH187_41287	6CAH620_1210	BCE_1229	BC1128	3084264_41182
 Testigene set 2 8 Testigene set 3 Testigene set 1 8 Testigene set 3 	eceB	80AH187_/1288	BCAH820_1209	BOE_1228	801127	3084284_/1181
 Testigene set 1 Testigene set 2 	eckA	BCAH197_44772	8CAH820_4755	BCE_4773	BC4637	3084264_44746
Test cerre set 3 Dest cerre set 3 Dest cerre set 3	scna	BCAH187_/3640	BCAH820_3627	ECE_36×5	BDS616	8084264_/9724
Cluster Set Contribution	ecoA	80AH 87_42825	BCAHS2U_2780	BJE_2814	802779	9084264_ <i>F2</i> 785
Test cluster set 1.8 Test cluster set 2.8 Test cluster set 3 Test cluster set 1.8 Test cluster set 2	800B	BGAH187_42824	BCAH820_2779	ECE_2813	802778	8084284_42784
Test cluster set 2.8. Test cluster set 3 A Test cluster set 2	ecoC	BCAH187_42823	8CAH820_2171	BCE_2812	862777	8084264_42783
The strength of the field dividing bet a	ocol	BCAH 97_#2922	ECAH020_2773	BOE_2801	805270	9094204_42792
Test cluster set 2 Test cluster set 2	eceD	DDAI1107_/5500	COM 10:20_5505	000_55×0	005410	0004204_45504

31.2. 複合セットの編集

- セット管理パネルの [Gene Set Conbination] / [Cluster Set Conbination] から 複合セットを選択し、右クリックからメニュー [Edit gene/cluster set conbination] をクリックします。Gene/Cluster set conbination 画面が表示されます。
- Gene/Cluster set conbination 画面で条件を変更します。条件の設定方法について は「31.1 複合セットの登録」を参照してください。
- 3. 条件を変更した後、[Apply] ボタンをクリックします。

31.3. 複合セットの削除

 セット管理パネルの [Gene Set Conbination] / [Cluster Set Conbination] から 複合セットを選択し、右クリックからメニュー [Delete set conbination] をクリッ クします。警告画面が表示されるので、OK ボタンをクリックします。

31.4. 複合セットをフィルタ条件として設定

 セット管理パネルの [Gene Set Conbination] / [Cluster Set Conbination] から 複合セットを選択し、右クリックからメニュー[Register filter]をクリックします。

操作パネルの [Filter] - [Gene Set Filter] / [Cluster Set Filter] にフィルタ条 件として設定されます。

31.5. 複合セットをカラー条件として設定

 セット管理パネルの [Gene Set Conbination] / [Cluster Set Conbination] から 複合セットを選択し、右クリックからメニュー [Register color] をクリックしま す。

操作パネルの [Filter] - [Gene Set] / [Cluster Set] にカラー条件として設定 されます。

31.6. フィルタ設定の有効化/無効化

- 操作パネルの [Filter] [Gene Set Filter] / [Cluster Set Filter] を選択して、
 右クリックから、メニュー [Enable/Disable] をクリックします。
- 複合セットの個々の条件に対し、有効化/無効化を設定する場合は、操作パネルの[Filter] [Gene Set Filter] / [Cluster Set Filter] [複合セット名] から条件をダブルクリックします。

31.7. カラー設定の有効化/無効化

- 操作パネルの [Color] − [Gene Set] / [Cluster Set] を選択して、右クリック から、メニュー [Enable/Disable] をクリックします。
- 複合セットの個々の条件に対し、有効化/無効化を設定する場合は、操作パネルの[Color] [Gene Set] / [Cluster Set] [複合セット名] から条件をダブルクリックします。

32. 生物種セット

複数の生物種を指定して、1つのセットとして設定することができます。生物種セットは、系統パターンフィルタリングの設定、生物種へのカラー設定、プロファイルの 編集操作で利用できます。

32.1. 生物種セットの登録

 [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree で生物種を選択し、右クリックから、 メニュー [Organism set] – [New organism set...] をクリックします。Organism Set 画面が表示されます。

Organism Set					
Name	Organism S	et 1			
Target	💿 New	🔿 Overwrite	🚫 Add		
Apply Close					

- Organism Set 画面で、名称を入力します。[Target] 欄では、New(新規登録)、
 Overwrite(既存の生物種セットへの上書き登録)、Add(既存生物種セットへの追加登録)のいずれかを指定します。
- 3. 条件を指定した後、[Apply] ボタンをクリックします。

セット管理パネルの [Organism Set] に生物種セットが表示されます。

🔘 Control	🚫 Sp Group	💽 Set				
💼 Gene Set						
🧰 Gene Set Conbination						
🚞 Cluster Set						
🚞 Cluster Set Co	nbination					
🚞 Organism Set	🛅 Organism Set					
🖃 🚞 Organism Set 1						
Bacillus cereus AH187						
Bacillus cereus AH820						
🔹 Bacillu	Bacillus cereus ATCC 10987					
🗄 💼 Organism	Set 2					

32.2. 生物種セット名の編集

- セット管理パネルの [Organism Set] から生物種セットを選択して、右クリック から、メニュー [Edit] をクリックします。Organism Set 画面が表示されます。
- 2. 生物種セット名を変更して [Apply] ボタンをクリックします。

32.3. 生物種セットの削除

 セット管理パネルの [Organism Set] から生物種セットを選択して、右クリック から、メニュー [Delete organism set] をクリックします。警告画面が表示される ので、OK ボタンをクリックします。

32.4. 生物種セットを用いたカラー設定

 セット管理パネルの [Organism Set] から生物種セットを選択して、右クリック から、メニュー [Color organism] のサブメニューをクリックします。
 生物種のカラー設定方法については、「11.4 生物種の色の設定」を参照してください。

32.5. 生物種セットを用いたタキソノミーフィルタ リング

 セット管理パネルの [Organism Set] から生物種セットを選択して、右クリック から、メニュー [Taxonomy] をクリックして系統パターンフィルタリングの条件 メニューをクリックします。

系統パターンフィルタリングの操作方法については、「15 タキソノミーフィルタリング」 を参照してください。

33. 類似系統パターン検索

基準とする系統プロファイルを登録して、そのプロファイルと各クラスターの系統パ ターンとの類似性を評価します。演算結果をカラー設定やフィルタリング、ソートな どに利用することができます。

33.1. クラスタからのプロファイルの登録

PPM でクラスタを選択して、右クリックからメニュー [Create phylogenetic pattern] をクリックします。Register phylogenetic Pattern 画面が表示され、選択したクラスタでの遺伝子のあるなしに基づいた系統パターンが表示されます。

Drganism Set 1	N	 Image: A set of the set of the
Organism	Value]
Bacillus cereus AH187	1.0	Setting Value
Bacillus cereus AH820	1.0	O Value
Bacillus cereus ATCC 10987	1.0	
Bacillus cereus ATCC 14579	1.0	Olgnore
Bacillus cereus B4264	1.0	-
		Set value

- 2. Register phylogenetic Pattern 画面でプロファイル名、各生物種に設定する重み付けを指定します。
 - 重み付けを変更する場合は、右下の生物種一覧から生物種を選択して、[Setting Value]欄で重み付けを指定します。
 - ◆ Value:重み付けの値を指定します。
 - ◆ Ignore:相関係数の算出時に無視する生物種として指定します。

上記、選択後、[Set Value] ボタンをクリックします。

- 生物種セットを利用して重み付けを変更する場合は、生物種一覧の上の生物種 セット欄から生物種セットを選択します。選択後、生物種セットに含まれる生 物種が生物種一覧で選択されます。その後、[Setting Value]欄で重み付けを設 定します。
- 3. 条件を指定した後、[Apply] ボタンをクリックします。操作パネルの [Phylogenetic Pattern] にプロファイルが表示されます。



33.2. プロファイルの編集

- 操作パネルの [Phylogenetic Pattern] でプロファイルを選択して、右クリックか ら、メニュー [Edit pattern] をクリックします。Register phylogenetic Pattern 画 面が表示されます。
- プロファイルを編集します。編集方法は「33.1 クラスタからのプロファイルの登録」を参照してください。
- 3. プロファイルを編集した後、[Apply] ボタンをクリックします。

33.3. プロファイルの削除

 操作パネルの [Phylogenetic Pattern] でプロファイルを選択して、右クリックから、メニュー [Delete pattern] をクリックします。警告画面が表示されるので、 OK ボタンをクリックします。

33.4. 類似系統パターン検索

 操作パネルの [Phylogenetic Pattern] でプロファイルを選択して、右クリックか ら、メニュー [Calculate distance by pattern] をクリックします。Calculate distance by pattern 画面が表示されます。

Calculate distance by pattern	Calculate distance by pattern
Name Save	Name Save
Profile	 Phylogenetic pattern
 Phylogenetic pattern 	Gene property Start
◯ Gene property Start	Type of distance Normalized hamming distance
Type of distance Normalized hamming distance	Sort by the caluculated result Treatment of missing value
✓ Sort by the caluculated result	
>>Option Apply Close	Presentative value of multiple gene's property value Min O Max O Median O Average
	Presentative value of multiple gene in one cell
	⊙ Min ◯ Max ◯ Median ◯ Average
	<coption apply="" close<="" td=""></coption>

- 2. Calculate distance by pattern 画面でパターンの類似性計算の条件を指定します。
 - Name 欄、Save 欄

計算結果をファイルに保存する場合は、Save 欄をチェックし、名称を入力しま す。ファイルに保存した場合、DomClust 結果ファイルを再度ロードした場合で も、保存した演算結果を利用することができます。

• Profile 欄

計算対象とするプロファイルの種類を指定します。

♦ Phylogenetic pattern

各クラスタを生物種の出現パターン(生物種の有無を0、1 で表現)のベクト ルをプロファイルとして用いる ♦ Gene property

指定した遺伝子プロパティを用いて、各クラスタに含まれる遺伝子のプロパ ティ値に基づくベクトルをプロファイルとして用いる

• Type of distance

計算する指標を指定します。いずれもOが最も近く、1が最も遠くなるような、 非類似度の値に換算して利用されます。

- ♦ Normalized hamming distance
- ♦ Correlation coefficient
- ♦ Correlation coefficient, absolute
- ♦ Mutulal information
- ※ Profile 欄で Gene property を指定した場合は Corralation coefficient のみ指定 できます
- Sort by the calculated result

チェックした場合、演算終了後、演算結果を用いてソートを実行します。

- 3. [>>Option] ボタンをクリックして、次の条件を設定することができます。
 - Treetment of missing value
 クラスタで生物種に対応する遺伝子がない場合などで、欠損値がある場合の演算方法を指定します。この指定は Profile で Gene property を指定した場合に有効になります。
 - ♦ Ignore

その生物種を無視して計算する

♦ Average

同一クラスタ内の他の遺伝子に対応する値の平均値を適用して計算する

♦ Specified value

指定した値を適用して計算する

• Representative value of multiple gene property values

1つの遺伝子が持つ1つの遺伝子プロパティに複数の値が設定されている場合

- に、代表値を決定する方法を指定します。
- ♦ Min : 複数の値の中で最小値を使用する
- ◆ Max :複数の値の中で最大値を使用する
- ♦ Median : 複数の値の中で中央値を使用する
- ♦ Average :複数の値の平均値を使用する※
- Representative value of multiple genes in one cell
 - 1つのセルに複数の遺伝子がある場合に、代表値を決定する方法を指定します。
 - ◆ Min : 複数の遺伝子の中で最小値を使用する
 - ◆ Max : 複数の遺伝子の中で最大値を使用する
 - ♦ Median : 複数の遺伝子の中で中央値を使用する
 - ◆ Average : 複数の遺伝子が持つ遺伝子プロパティの平均値を使用する※
- 条件を指定した後、[Apply] ボタンをクリックします。指定したパターンと各ク ラスタとの非類似度を計算します。

系統パターン類似性検索が終了した後、PPM の横側のラベルに計算した非類似度 の値が表示されます。また、Sort by the calculated result をチェックした場合は、 PPM が非類似度の値に基づいてソートされます。

また、次の名称でクラスタプロパティとして登録され、解析に利用できるように なります。

- Save 欄をチェックした場合 :入力した名称
- Save 欄をチェックしなかった場合 :「Phylogenetic Pattern Coefficient」

33.5. 系統パターン類似性検索の結果の利用

算出した演算結果は次の機能で利用することができます

- クラスタヘッダへの表示(「11.2 クラスタヘッダへのクラスタプロパティ表示」
 参照)
- PPM ソート(「13 PPM ソート」参照)
- キーワード検索によるフィルタ(「17 キーワード検索」参照)
- プロパティによるカラー設定(「12 プロパティによるカラー表示」参照)

33.6. 系統パターン類似性検索の削除

 Save 欄をチェックしてファイルに保存した相関係数は、Gene property/Cluster property 画面の [Cluster property] タブから削除することができます。削除方法 については「29.2 プロパティー覧の参照」を参照してください。

34. 配列情報のダウンロード

PPM で選択したクラスタに含まれる遺伝子の配列情報をダウンロードします。

34.1. 配列情報のダウンロード

- 1. PPM でクラスタを選択します。
- 右クリックから、[Download sequence...]をクリックします。Download sequence 画面が表示されます。

Download s	equence 🔀
Protein	
🔿 DNA	Additional bases : upstream : downstream :
	Split in delimiter
Target genes	\bigcirc All genes on the cluster table \odot Genes include the select cluster
	Apply Close

- 3. Download sequence 画面で、アミノ酸配列、または DNA 配列のいずれかを指定します。
 - Protein

アミノ酸配列をダウンロードします。

• DNA

DNA 配列をダウンロードします。DNA 配列の場合、上流側、下流側で余分に取 得する配列数、余分に取得した配列と遺伝子 DNA 配列との区切り文字を指定す ることができます。

- 4. [Target genes] で対象とする遺伝子を指定します。
 - All genes on the cluster table

PPM に表示されている全クラスタに含まれる遺伝子を対象とします。

• Genes include the select cluster

PPM で現在選択されているクラスタに含まれる遺伝子を対象とします。

5. 条件を指定した後、Apply ボタンをクリックします。ファイル保存画面が表示され るので、ファイル名を入力して OK ボタンをクリックします。

35. **外部リソース URL** 管理

外部リソースの URL を登録して、[Info] タブや Regional Genome Map から外部リソ ースの情報をウェブブラウザで表示することができます。

35.1. **外部リソースの URL の**登録

メニュー [Option] - [URL...] をクリックします。
 URL 画面が表示されます。

🔛 URL			
Name	URL	Keys	Default
MBGD	http://mbgd.genome	ad.jp Organism;LocusT	ag 📀
Add	Edit Dek	ete Apply Cla	ose

URL 画面の [Add] ボタンをクリックします。
 Edit URL 画面が表示されます。

🔛 Edit	URL	
Name	MBGD	
URL	/RECOG/RECOG_gene_info_frame.pl?sp	ec=#1&name=#2
Кеу	Organism	
	LocusTag	Add
		Delete
	Apply Close	

 Edit URL 画面で外部リソース名 (Name)、URL、URL でキーとして用いる遺伝子 プロパティ (Key)を指定します。 遺伝子プロパティの値を URL に埋め込む場合は、URL 内に、"#<数字>"を入力 して、[Add] ボタンをクリックして、Key 欄に対応する遺伝子プロパティを指定 します。 (例) MBGD の遺伝子情報 URL
http://mbgd.genome.ad.jp/htbin/RECOG/RECOG_gene_info_frame.pl
?spec=#1&name=#2
#1:遺伝子プロパティ Organism
#2:遺伝子プロパティ Locus Tag

- Edit URL 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
 URL 画面に登録した外部リソースの URL が表示されます。
- 5. URL 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

35.2. **外部リソースの URL の**編集

- メニュー [Option] [URL...]をクリックします。
 URL 画面が表示されます。
- URL 画面で編集する外部リソースを指定して [Edit] ボタンをクリックします。
 Edit URL 画面が表示されます。
- 3. Edit URL 画面で外部リソースの情報を編集します。
- 4. Edit URL 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
- 5. URL 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

35.3. **外部リソースの URL の削除**

- メニュー [Option] [URL...] をクリックします。
 URL 画面が表示されます。
- URL 画面で削除する外部リソースを指定して [Delete] ボタンをクリックします。
 Confirm 画面が表示されるので、[OK] ボタンをクリックします。
- 3. URL 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

36. 補足

36.1. DomClust パラメータ

パラメータ	内容
Cutoff BLAST E-value	This value specifies a cutoff E-value of the BLAST results. The maximum possible value is 1e-2. Note that in MBGD, E-value is adjusted so that the size of the search space (the database size times the query length) is 1e9.
Cutoff DP score	Cutoff score of the optimal local alignment with JTT-PAM250 scoring matrix (Jones et al. 1992). The same cutoff is used for both the selection and the clustering steps when you use score as a similarity measure.
Cutoff PAM distance	PAM is a unit of evolutionary distance defined as the number of accepted point mutations per 100 residues (Dayhoff et al. 1978). Actually, PAM distance is estimated by which PAM substitution matrix gives the best alignment score. The same cutoff is used for both the selection and the clustering steps when you use PAM as a dissimilarity measure.
Cutoff percent identity	Percent identity is defined as <i>{the number of identical residue pairs} / {alignment length} * 100</i> . Alignment length includes internal gaps.
Alignment coverage	Alignment coverage is defined as <i>{alignment length} / {length</i> of the shorter sequence} * 100. Raising this parameter removes matches in only short regions *before* the clustering procedure. MBGD does not make this check by default.
Alignment coverage for domain splitting	In MBGD, a domain-splitting procedure is incorporated in the hierarchical clustering algorithm. When merging two most similar sequences (or clusters), the algorithm searches for another sequence (S3) that matches one of the merged sequences (S1) in the region outside the alignment between the merged pair. The algorithm splits the sequence S1 if such a sequence S3 is found and the alignment between S1 and S3 satisfies the coverage condition specified by this parameter and score condition specified by the next parameter. Raise this parameter to avoid too short domains generated due to partial matches.
Score cutoff for domain splitting	Cutoff score for the match between S1 and S3 described above to split the sequence. This parameter has similar but possibly complementary effect with the previous parameter.
Similarity measure for orthology	This option specifies which similarity or dissimilarity measure (score or PAM) to use for the orthology identification or the clustering process. Note that scores depend on the alignment lengths while PAMs do not.
Best hit criterion	The bi-directional best hit criterion (i.e. gene pairs (a,b) of genomes A and B s.t. a is the most similar gene of b in A and vice versa) is a conventional approach for ortholog identification between two genomes. The uni-directional version is also

	routinely used for predicting gene functions. MBGD does not use such a criterion in the selection step by default since the UPGMA algorithm itself must involve it, but in some situation it might be useful for the purpose of filtering out some apparent paralogs before clustering. See the next section for details.
Cutoff ratio of the score against the	This parameter is not effective when you do not use the best-hit
	criterion above.
Dest	Orthology need not be one-to-one relationship. For bidirectional best-hit criterion, a gene pair <i>(a,b)</i> is considered as orthologs when score <i>(a,b)</i> satisfies
	<pre>score(a,b) / max(max_y(score(a,y)), max_x(score(x,b))) * 100 >= cutoff_ratio</pre>
	where x and y are any genes of genomes A and B, respectively. Using <i>cutoff_ratio</i> =100 corresponds to the exact bidirectional best-hit criterion.
	Similarly, for unidirectional best-hit criterion, a gene pair <i>(a,b)</i> is considered as orthologs when
	<pre>score(a,b) / min(max_y(score(a,y)), max_x(score(x,b))) * 100 >= cutoff_ratio</pre>
Score for missing relationships	Although the usual hierarchical clustering algorithm requires a complete similarity/dissimilarity matrix, here we use only significant similarities found by the search. This option specifies a value to be assigned for the relationships missed by the search. The value must be smaller (larger) than the similarity (dissimilarity) cutoff. Specifying an extremely small (large) value will result in classification similar to that by complete linkage clustering, whereas specifying a value close to the cutoff gives similar results to that by single linkage clustering. The default value (=blank) is { <i>score_cutoff * 0.95</i> } or { <i>pam_cutoff / 0.95</i> }.
Clustering Mode	This option specifies whether orthologous or homologous
	groups shall be made. Actually, this is just equivalent to omitting
	the tree splitting precedure described below by specifying
	the tree-splitting procedure described below by specifying
	pnylocut > 1.
Cutoff ratio of paralogs for tree splitting	In MBGD, orthologous groups are made by splitting trees of homologous clusters created by the hierarchical clustering algorithm. The node with two children A and B is split when
	Intersect(Ph(A),Ph(B)) / min(Ph(A) , Ph(B)) > phylocut,
	where Ph(A) denotes a set of species contained in the node A (phylogenetic pattern), Ph denotes the cardinality of Ph, and Intersect(A,B) is an intersection of sets A and B. This parameter is not effective when you specify ClusteringMode = 'homology'.
Phylogenetically related organisms	When counting the number of species in the above calculation,
	one can incorporate taxonomic information by counting related
	species only once. You can specify a taxonomic rank to
	determine which set of organimsms you consider to be related.
Overlap ratio (<i>r_{adj1}</i>) for merging	After the tree splitting procedure described above, two clusters of domains are joined when they are almost always adjacent to
adjacent clusters	each other. More precisely, two clusters A and B are joined when
--	---
	adjacent(A,B) / max(A , B) >= r _{adj1}
	or
	$ adjacent(A,B) / min(A , B) >= r_{adj2}$,
	where adjacent(A,B) is a set of domains belonging to A and B that are adjacent to each other, and r_{adj1} and r_{adj2} are parameters satisfying $0 \le r_{adj1} \le r_{adj2} \le 1$.
Coverage ratio (<i>r_{adj2}</i>) for absorbing adjacent small clusters	See above. Note that this parameter is not effective if $r_{adj2} \le r_{adj1}$.
Relative weight for horiz. transfer	Relative weight for horiz. transfer (0 <= <i>x</i> <= 1)
Use domclust dump	チェックした場合、以前に解析された DomClust 解析結果のキャッシュを利用して DomClust 解析を実行します。解析処理時間が早くなります。

37. 用語定義

<u>C</u>

Core Aligner (<u>http://mbgd.genome.ad.jp/CoreAligner/</u>) 類縁ゲノム間の遺伝子並び順の保存性に基づいてコア構造を構築するプログラム Circular Genome Map (CGM) 環状ゲノムマップ 円周上に遺伝子などを描画する遺伝子地図 ClustalW Multiple Alignment を行うソフトウェアの一つ Cluster (クラスタ) DomClust 解析結果によりグループ化された遺伝子群 Cluster ID Cluster ID Cluster ICつけられたユニークな ID。 COG (<u>http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG/</u>) Clusters of Orthologous Groups of proteins (COGs)

D

DomClust (http://mbgd.genome.ad.jp/domclust/) Hierarchical Clustering Program for Orthologous Protein Domain Classification. RECOG でオーソロググループを作成する標準の方法。

E

Extra Taxonomy Tree [Selected] タブで作成した Taxonomy Tree

<u>G</u>

Genome Comparison Viewer

DomClust 解析結果、CoreAligner 解析結果を元に、遺伝子のコア構造を色づけして 表示するゲノムマップ

Ī

Ingroup (内群)

系統解析において解析の対象とする生物種群。DomClust 解析では、利用者が着目 する類縁生物種群を内群に指定する

Ν

Neighboring Clusters 近傍遺伝子クラスタリング 系統パターンマップ上で近傍にあり、かつゲノム配列上でも近傍にあるような遺伝 子をグルーピングする方法。

<u>0</u>

Outgroup (外群)

系統解析において比較対照とする生物種群で、内群(Ingroup)に指定した生物種 群に対して系統樹上で外側に位置するもの。DomClust 解析では、内群に指定した 生物種群に属さない遠縁の生物種群を外群に指定する

<u>P</u>

Phylogenetic Pattern Map (PPM)

DomClust 解析結果で生物種の有無を描画したマトリックス

<u>R</u>

RECOG (http://mbgd.genome.ad.jp/RECOG/)
Research Environment for Comparative Genomics
DomClust 解析結果を元にさまざまな比較解析を行う比較ゲノムワークベンチ。クライアント・サーバ型ソフトウェア
RECOG サーバ
RECOG クライアントと連携して、DomClust 解析、CoreAligner 解析を実行したり、 遺伝子情報を提供したりするサーバ
Regional Genome Map (RGM)
オーソログ比較用ゲノムマップ

Ι

Taxonomy Tree

生物を系統的に分類して木構造として表記したもの。

<u></u>

遺伝子プロパティ

各遺伝子に付随する属性値で利用者が任意に与えらえるもの。 オーソロググループ(クラスター) 遺伝子間のオーソログ関係に基づくクラスタリグにより作成された相同遺伝子の グループ。RECOG では DomClust プログラムによってオーソロググループの作成 が行われ、これに基づいて作成されるオーソログテーブルがあらゆる比較解析の基 盤となる。ゲノムコア構造解析においては、オーソロググループを、遺伝子の染色 体上での保存された近傍関係に従って並べかえることによってコアアライメント が作成される。

オーソログテーブル

各行にオーソロググループ、各列に生物種を配置したテーブルで、種間のオーソ ログ関係を表現したもの。RECOG では系統パターンマップ(PPM)としてこのテー ブルを表示する。

<u>か</u>

系統パターン(系統プロファイル)

狭義には各オーソロググループについて、生物種ごとの遺伝子の有無を表現したベクトル。広義には遺伝子の有無だけでなく、何らかの遺伝子の属性を反映させたベクトル。

機能カテゴリ

遺伝子、クラスタに付随する、それらを特徴づける機能分類

さ

縮約

同一系統パターンをもつクラスタを系統パターンマップ上の1つの行にまとめる こと

セル

PPMの1つのオーソロググループの1生物種に対応するます目