



Client User's Manual

Ver.1.0.7

2010/3/26

目次

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.....	30
7.5. RECOG サーバの編集.....	30
7.6. RECOG サーバの削除.....	31
8. Taxonomy Browser の表示と操作.....	32
8.1. Taxonomy Tree の展開・折りたたみ.....	32
8.2. Taxonomy Tree に表示する分類ランクの指定.....	32
8.3. 内群、外群の指定.....	33
8.4. 内群、外群の自動指定.....	34
9. Ortholog Clustering (DomClust).....	35
9.1. 新規解析.....	35
9.2. DomClust の実行.....	35
9.3. DomClust 解析結果の表示.....	38
9.4. DomClust 解析結果のプロパティの表示.....	39
9.5. DomClust 解析結果の保存.....	40
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.....	43
10.4. セット管理パネルの操作.....	44
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.....	46
11.4. 生物種の色の設定.....	46
11.5. PPM のセルや境界線の色の変更.....	46
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.....	48
11.8. PPM の縮約表示.....	49
11.9. PPM の選択領域の限定表示.....	50
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.....	52
12.1. プロパティによるカラー表示設定.....	52

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. タクソノミーフィルタリング.....	61
15.1. タク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	98
26.8.	生物種の表示・非表示	99
26.9.	生物種の表示順序の変更	99
26.10.	ウィンドウサイズの変更	100
26.11.	生物種名の表示形式の変更	100
26.12.	オーソロググループラベルの変更	100
26.13.	ズーム	101
26.14.	遺伝子名/Locus Tag による検索	101
26.15.	コア構造イメージの印刷	102
26.16.	CoreAligner 結果の保存	102
27.	Genome Comparison Viewer	103
27.1.	Genome Comparison Viewer の表示	104
27.2.	表示領域の変更	104
27.3.	ズーム	104
27.4.	指定オーソロググループを中心へ移動	105
27.5.	遺伝子情報のブラウザ表示	105
27.6.	原点の保存	105
27.7.	原点を元にもどす	105
27.8.	生物種の表示・非表示	106
27.9.	生物種の表示順序の変更	107
27.10.	遺伝子、オーソログ対応線(ortholog line)の表示/非表示	107
27.11.	生物種名の表示形式の変更	108
27.12.	Locus Tag の表示/非表示	109
27.13.	カラー設定	109
27.14.	遺伝子向き of 自動修正	110
27.15.	目盛線の表示形式の変更	111
27.16.	印刷	112
28.	遺伝子情報データの更新	114
28.1.	更新通知メッセージからの Taxonomy Tree 更新	114
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	116
29.1.	遺伝子プロパティの登録	116
29.2.	プロパティ一覧の参照	117
29.3.	プロパティの編集	119
29.4.	プロパティの削除	119
30.	遺伝子セット/クラスタセットの登録、管理	120

30.1.	遺伝子セット／クラスタセットの登録	120
30.2.	遺伝子セット／クラスタセットのファイルへの出力	123
30.3.	遺伝子セット／クラスタセットの編集（遺伝子の削除）	123
30.4.	遺伝子セット／クラスタセットへの追加登録	124
30.5.	遺伝子セット／クラスタセットの削除	124
30.6.	遺伝子セット／クラスタセット一覧の参照	124
31.	複合セット	126
31.1.	複合セットの登録	126
31.2.	複合セットの編集	129
31.3.	複合セットの削除	129
31.4.	複合セットをフィルタ条件として設定	129
31.5.	複合セットをカラー条件として設定	129
31.6.	フィルタ設定の有効化／無効化	130
31.7.	カラー設定の有効化／無効化	130
32.	生物種セット	131
32.1.	生物種セットの登録	131
32.2.	生物種セット名の編集	132
32.3.	生物種セットの削除	132
32.4.	生物種セットを用いたカラー設定	132
32.5.	生物種セットを用いたタキシノミーフィルタリング	132
33.	類似系統パターン検索	133
33.1.	クラスタからのプロファイルの登録	133
33.2.	プロファイルの編集	134
33.3.	プロファイルの削除	134
33.4.	類似系統パターン検索	135
33.5.	系統パターン類似性検索の結果の利用	137
33.6.	系統パターン類似性検索の削除	138
34.	配列情報のダウンロード	139
34.1.	配列情報のダウンロード	139
35.	外部リソース URL 管理	141
35.1.	外部リソースの URL の登録	141
35.2.	外部リソースの URL の編集	142
35.3.	外部リソースの URL の削除	142
36.	補足	143
36.1.	DomClust パラメータ	143
37.	用語定義	146

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

1. 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
2. 「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

1. 「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。
2. 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>
```

2. 「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

1. 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。
3. 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。

<pre>/Application/recog.app /Library/Receipts/recog-client.pkg</pre>
--

2. 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。
2. 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。

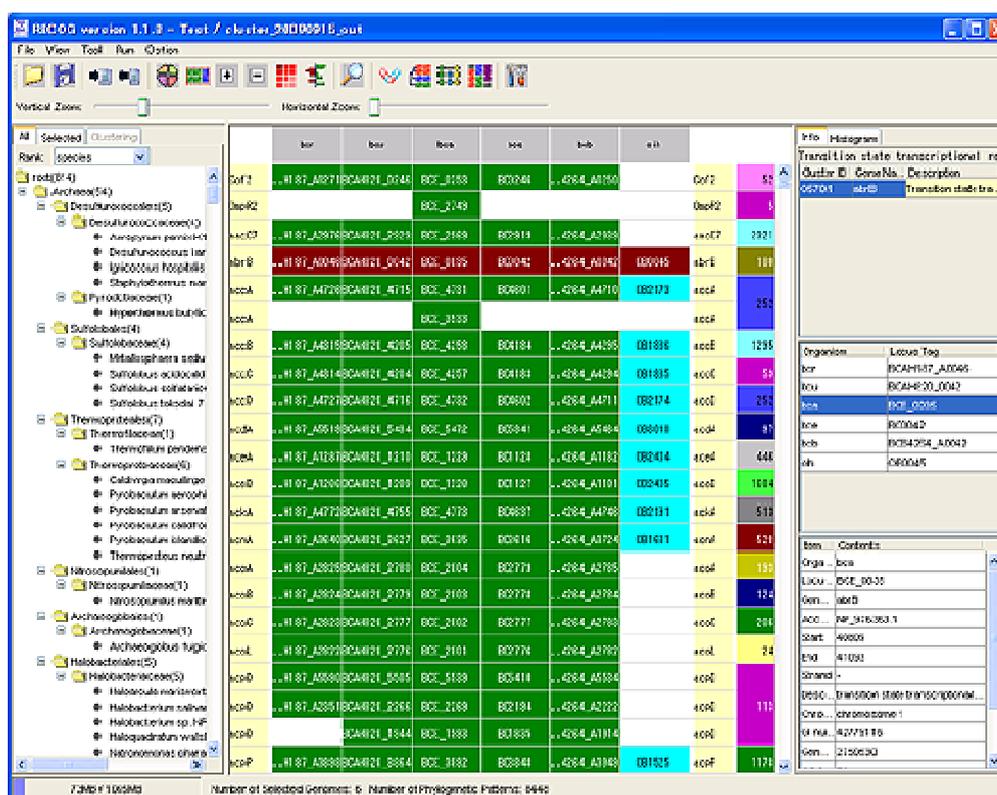
```
./recog.sh
```

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



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

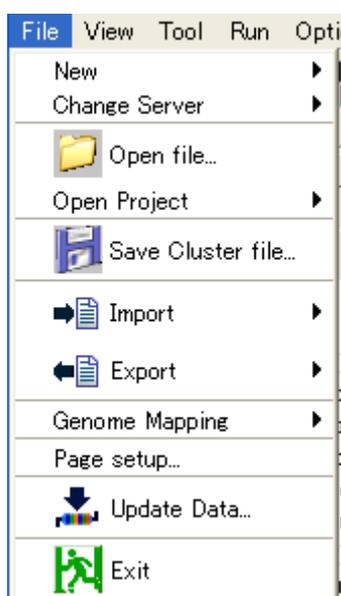
5.2. ウィンドウヘッダー

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。



5.3. メニューバー

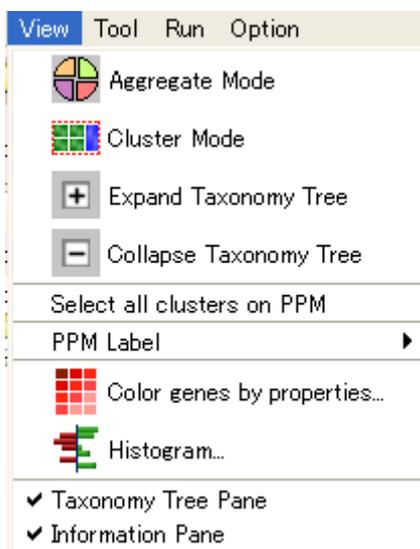
5.3.1. [File] メニュー



New	<p><u>New Analysis</u> 表示している解析をクリアします。</p> <p><u>New Project</u> 新規のプロジェクトを作成します。</p>
Change Server...	<p><u>RECOG サーバ</u> 解析に使用する RECOG サーバを指定します</p> <p><u>Server List...</u> 登録されている RECOG サーバの一覧を表示します</p>
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 <u>Project List...</u> 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	<u>DomClust file...</u> DomClust 結果ファイルをインポートします <u>Gene property file...</u> 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

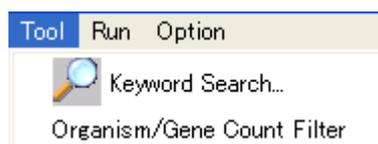
5.3.2. [View] メニュー



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

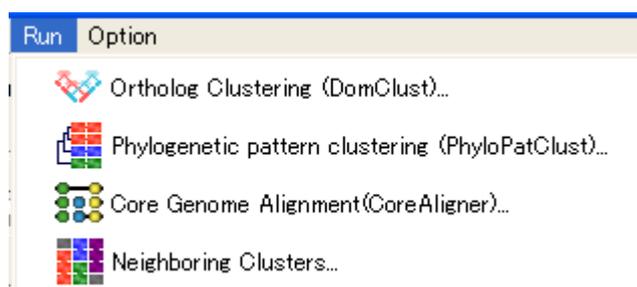
Collapse Taxonomy Tree	Taxonomy Tree の生物分類を収縮します
Select all clusters on PPM	Phylogenetic Pattern Map に表示されているの全クラスタを選択します
PPM Label	PPM の両側のラベル表示欄に遺伝子名を表示するか、クラスタ ID を表示するか設定します
Color genes by properties	遺伝子プロパティの値に応じて PPM の各遺伝子に色づけ表示します
Histogram	遺伝子プロパティの数値データにもとづいて、[Histogram] タブにグラフ表示します
Taxonomy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



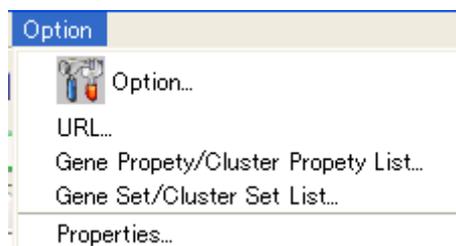
Keyword Search...	遺伝子、クラスタのプロパティを対象にキーワード検索します
Organism/Gene Count Filter	クラスタに含まれる遺伝子数、生物種に基づいてフィルタする条件を指定します

5.3.4. [Run] メニュー



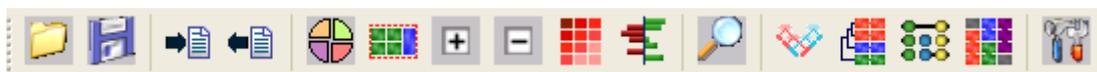
Ortholog Clustering (DomClust)...	DomClust 解析を実行します
Phylogenetic pattern clustering(PhyloPatClust)...	系統パターンクラスタリングを実行します
Core Genome Alignment (CoreAligner)...	CoreAligner 解析を実行します
Neighboring Clusters...	近傍遺伝子クラスタリングを実行します

5.3.5. [Option] メニュー



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 / Cluster Property List...	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
	Save Cluster File
	Import DomClust file
	Export
	Aggregate Mode / Disaggregate Mode
	Cluster Mode / Sub Cluster Mode
	Expand/Collapse Taxonomy Tree
	Color genes by properties
	Histogram
	Keyword Search
	Ortholog Clustering (DomClust)
	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」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。

1. 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行うことができます。

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。

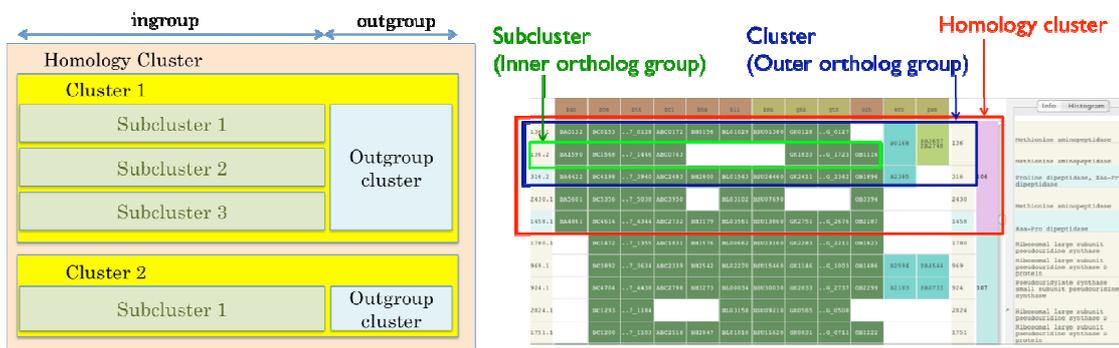
3. 「Clustering」タブ

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」に含まれます。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。

The screenshot shows a software window with two tabs: 'Info' (selected) and 'Histogram'. The main content area is divided into three sections:

- Cluster List:** A table with columns 'Cluster ID', 'Gene Name', and 'Description'. The first row is highlighted in blue: O3248.1, aacC7, Aminoglycoside N3-a...
- Organism Table:** A table with columns 'Organism' and 'Locus Tag'. The row for 'bce' is highlighted in blue: bce, BC2919.
- Item Details Table:** A table with columns 'Item' and 'Contents'. It lists various attributes for the selected cluster, such as Organism (bce), LocusTag (BC2919), GeneName, Accession (NP_832667.1), Start (2875219), End (2876022), Strand (-), Description (aminoglycoside N3'-acetyltr...), Chromosome (chromosome 1), GI number (30021036), Gene ID (1205267), AA length (267), and Expression (567.0).

1. 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。

4. 遺伝子詳細情報テーブル（下部テーブル）

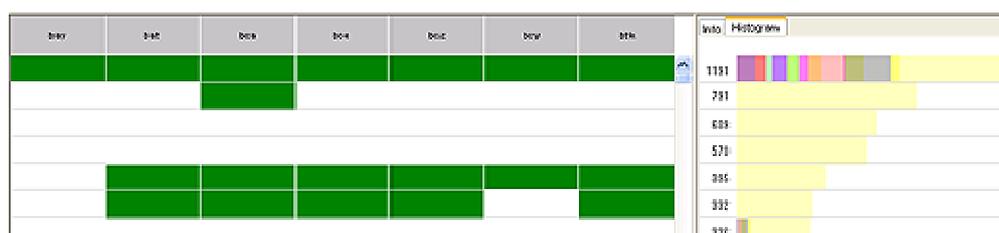
PPM、またはクラスタ情報テーブルで選択した遺伝子の詳細情報を表示します。登録した遺伝子プロパティも合わせて表示します。

Organism	生物種コードを表示します
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

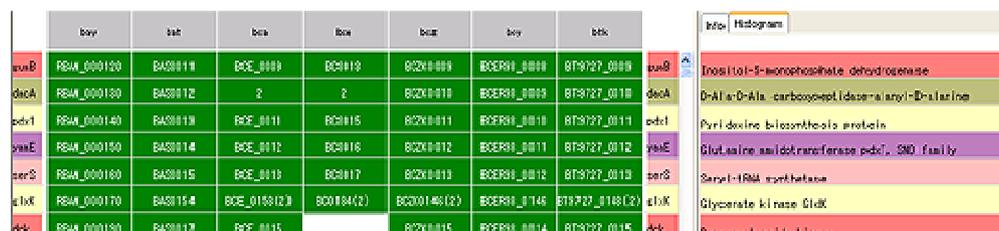
5.9. Histogram タブ

[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	<p><u>Description / Function Category</u></p> <p>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</p> <p><u>Value</u></p> <p>1 生物種の数値データを棒グラフ／折れ線グラフで表示</p> <p><u>Difference</u></p> <p>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</p>



縮約モードのヒストグラム表示



アノテーション表示



プロパティ値のグラフ表示

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。



1. 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

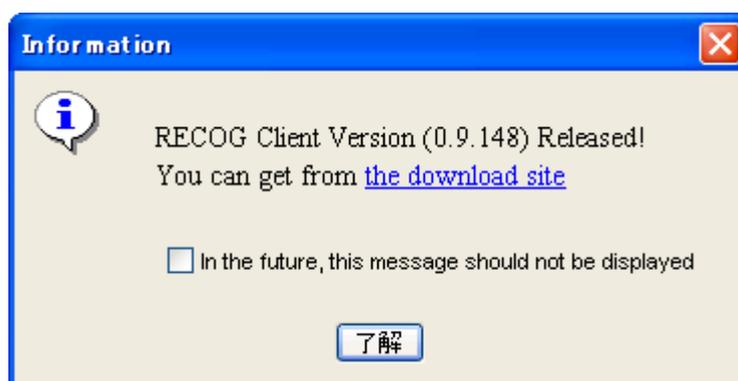
2. PPM のサイズ情報表示（中央）

- 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）

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。

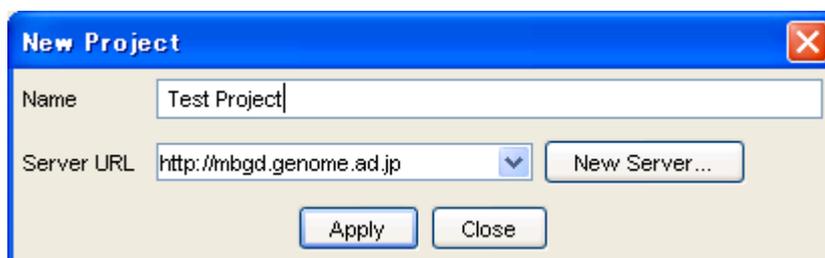


6. プロジェクトの作成と編集

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 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。



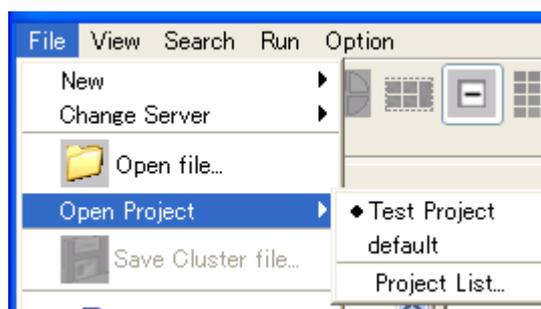
- New Project 画面で [Apply] ボタンをクリックします。
プロジェクトが登録され、そのプロジェクトが開きます。

(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

1. 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。



6.4. プロジェクトの登録

1. 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、[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。

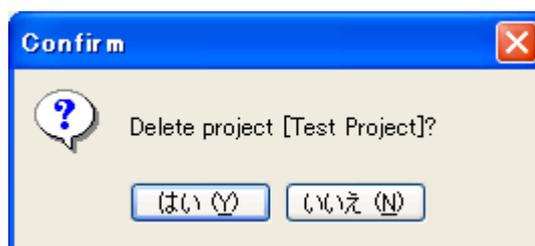
4. New Project 画面で [Apply] ボタンをクリックします。
5. Project List 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

6.5. プロジェクト情報の編集

1. 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。
4. 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

1. 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。



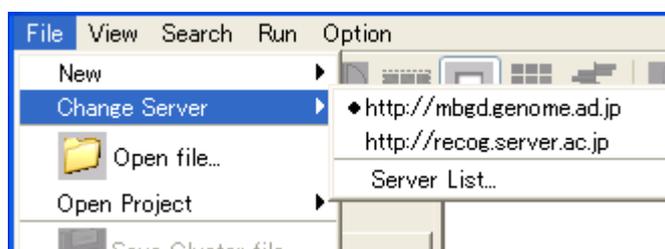
3. Project List 画面で [Apply] ボタンをクリックします。
- (注)** プロジェクトを削除した場合、プロジェクト内の DomClust 結果などの解析結果がすべて削除されます。
- (注)** 実際には、プロジェクトで作成されるファイルは、ユーザのホームディレクトリ上の RECOG/project/project_name というフォルダに格納されます。不要なファイルの削除などは直接このフォルダへの操作で行うこともできます。

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

1. 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。



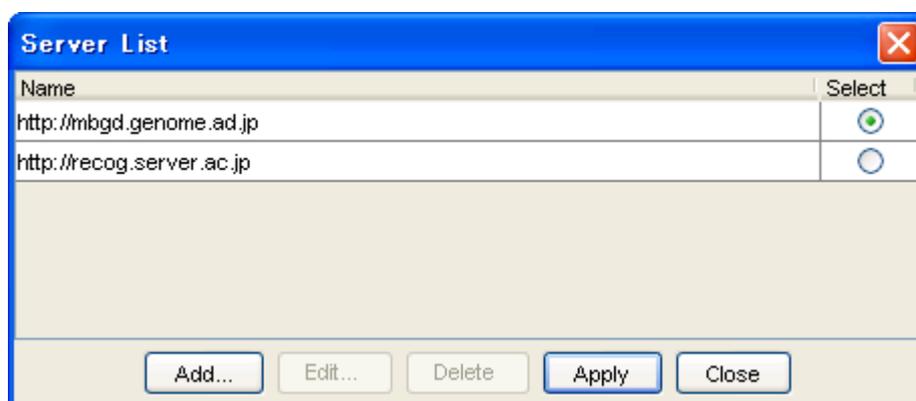
7.2. RECOG サーバの切り替え

1. 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

1. 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。



7.4. RECOG サーバの登録

1. 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。
2. 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

1. 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。
2. 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

1. 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。
2. 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。

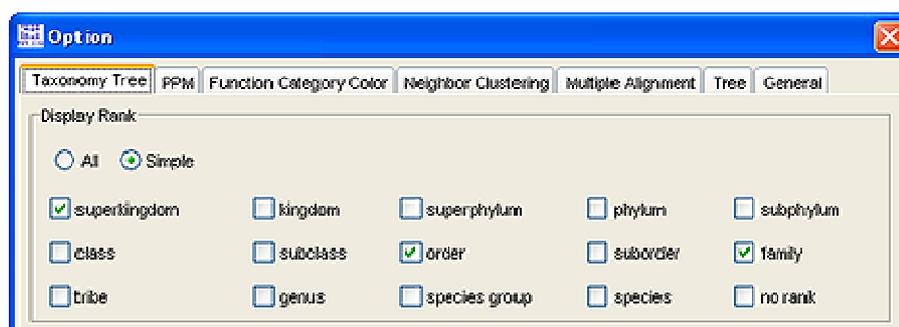
1. 展開する場合は、ツールボックスの  (Expand Taxonomy Tree) をクリックします。クリックする毎に一段ずつ展開します。
2. 折りたたむ場合は、ツールボックスの  (Collapse Taxonomy Tree) をクリックします。クリックする毎に一段ずつ折りたたみます。

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。

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。
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。



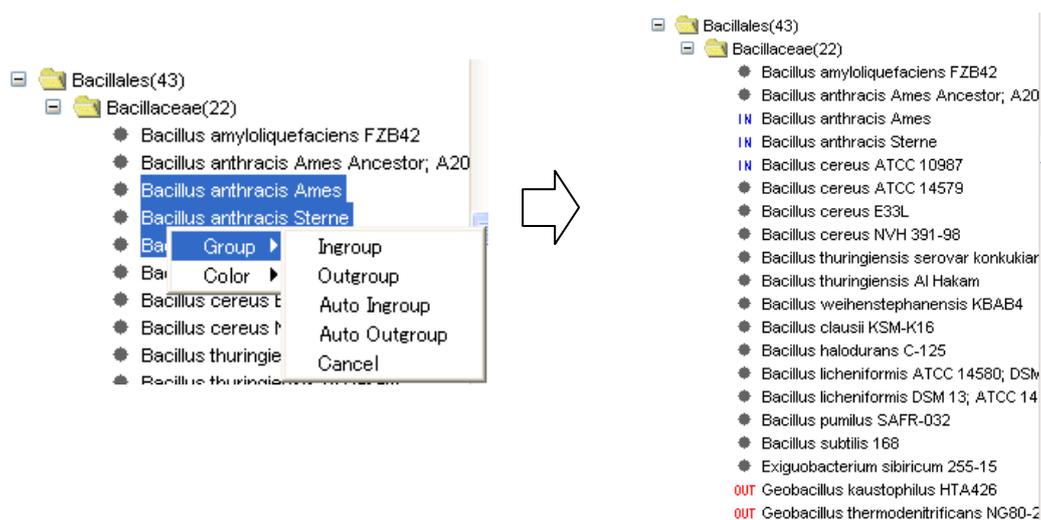
8.3. 内群、外群の指定

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。
2. 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。

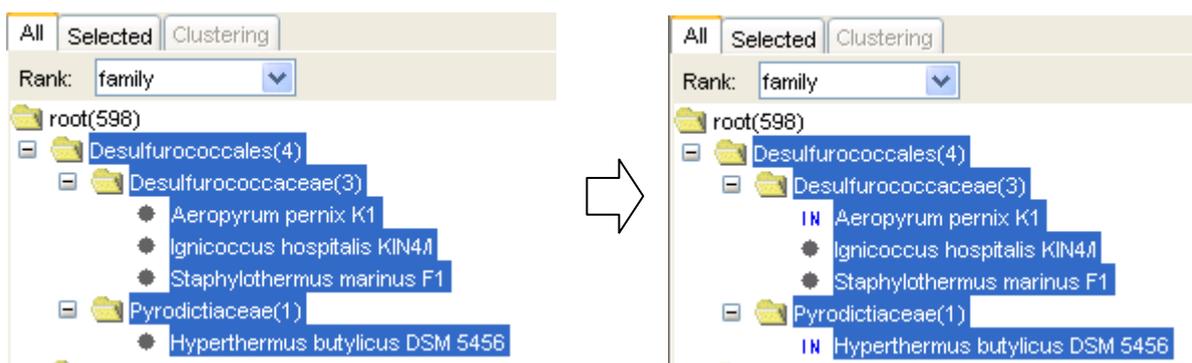


3. 内群、外群の指定を解除するには、Taxonomy Tree 上で生物種、または分類群をクリックし選択して、メニュー [Group] - [Cancel] をクリックします。すべてを解除する場合は、最上位の root ノード上で Cancel をクリックします。

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。
2. 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。
3. 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。



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、これが最初に行う解析であり、あらゆる比較解析の基礎となります。

9.1. 新規解析

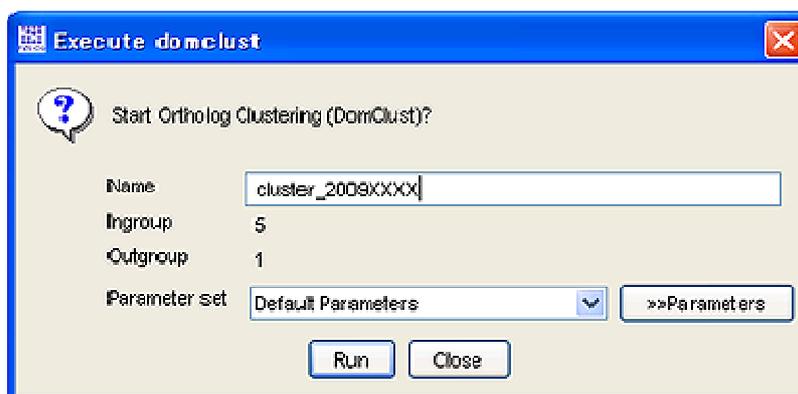
DomClust 解析結果が表示されている場合に、その結果をクリアします。

1. 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。

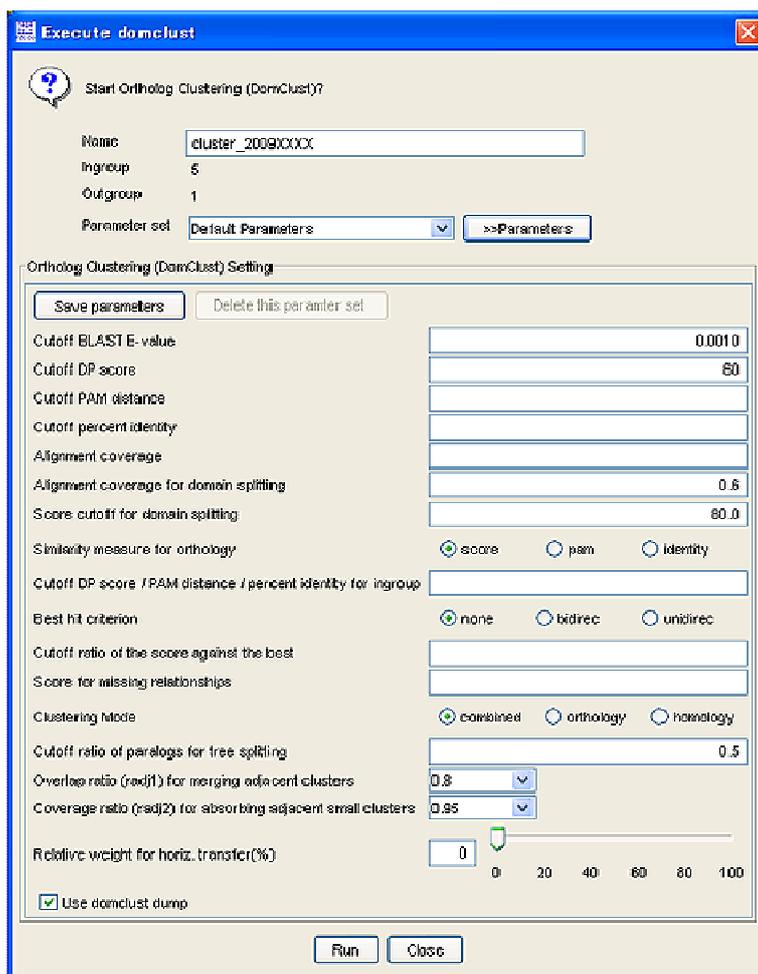
9.2. DomClust の実行

(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。
3. 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。
4. 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。



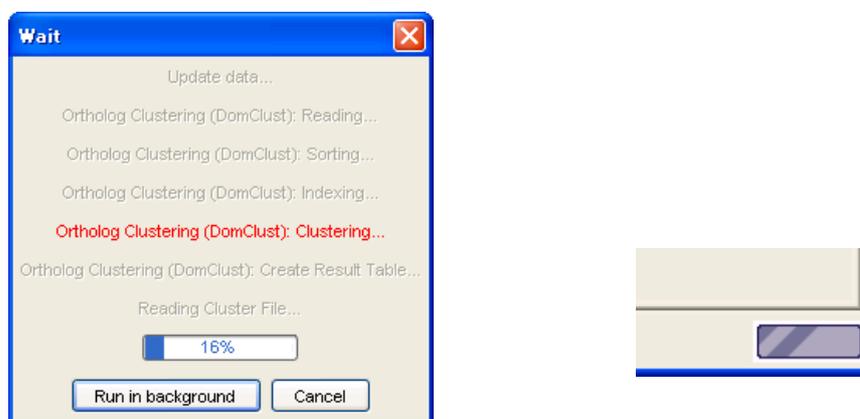
5. 新たなパラメータセットを指定するには「Parameters...」ボタンをクリックして表示されるパラメータ設定画面で設定します。パラメータの詳細は、「36.1 DomClust パラメータ」を参照してください。
6. パラメータ設定画面で設定したパラメータを保存するには、[Save parameters] ボタンをクリックします。保存した設定を削除するには、Parameter set 欄で削除するパラメータを指定して、[Delete this parameter set] ボタンをクリックします。



7. 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。

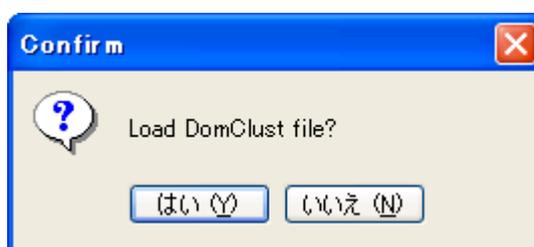
進捗画面の [Run in background] ボタンをクリックすると、バックグラウンドで DomClust 解析処理が実行され、同時に他の操作を行うことができるようになります。

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。

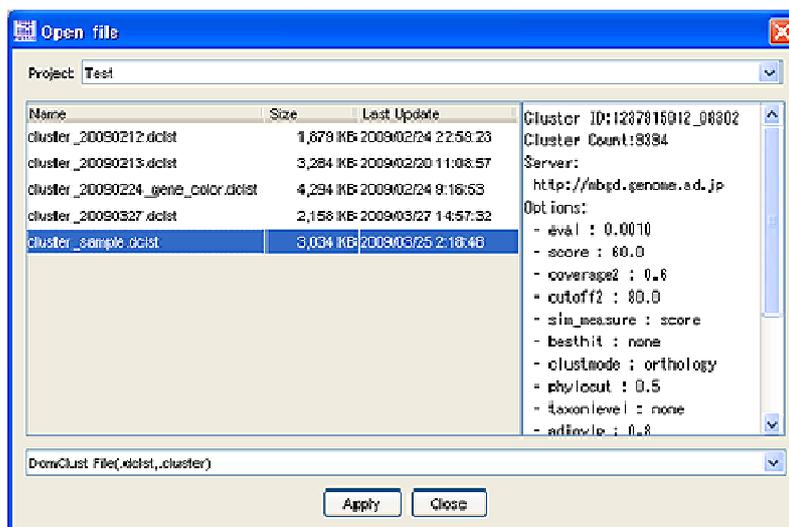


9.3. DomClust 解析結果の表示

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  (Open files) をクリックします。

Open file 画面が表示されます。



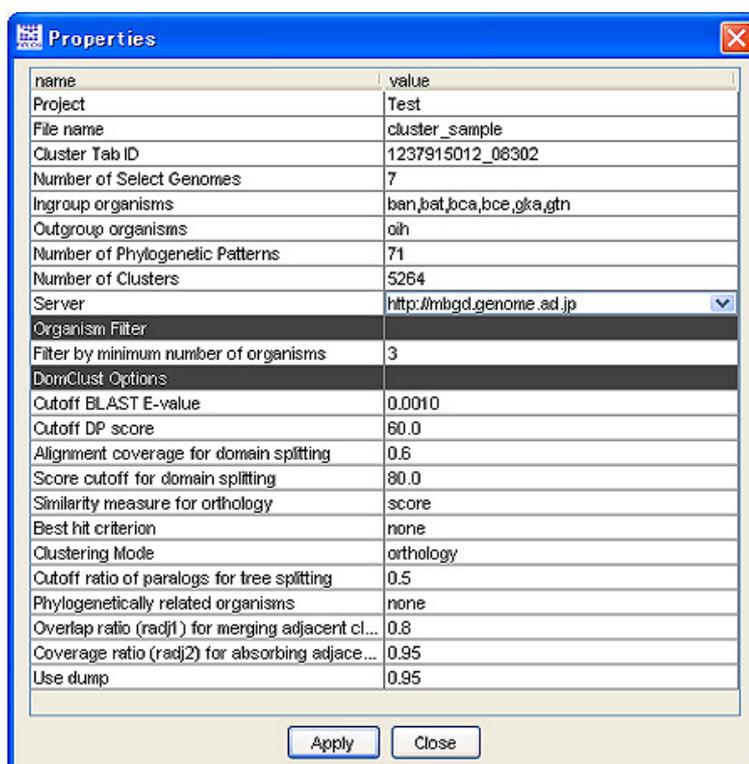
2. Open files 画面で、ファイルフィルタ「DomClust File(.dclst, .cluster)」を選択した後、プロジェクトと、DomClust 解析結果ファイルを選択します。
DomClust 解析結果ファイルを選択すると、画面右側にその解析結果についての情報が生物種セットおよびパラメータ)が表示されます。
3. Open files 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
選択した DomClust 解析結果が表示されます。

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。

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



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 で再読み込みしたい場合は 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  (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。

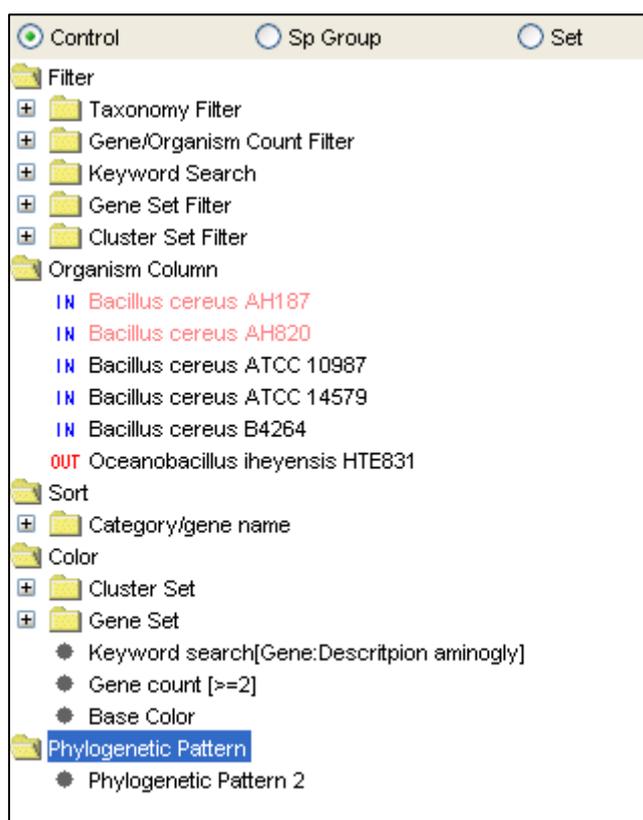
9.5.2. タブ区切り形式での保存

1. 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。

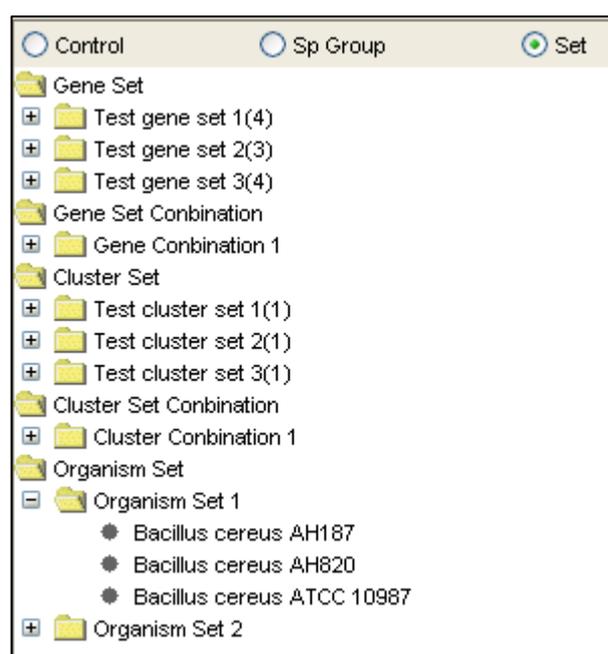
10. 操作パネル、セット管理パネル

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、系統パターンに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／クラスターセット、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 タクソ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

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 Combination	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 Combination	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、

1. 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 Coefficient	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

1. 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。

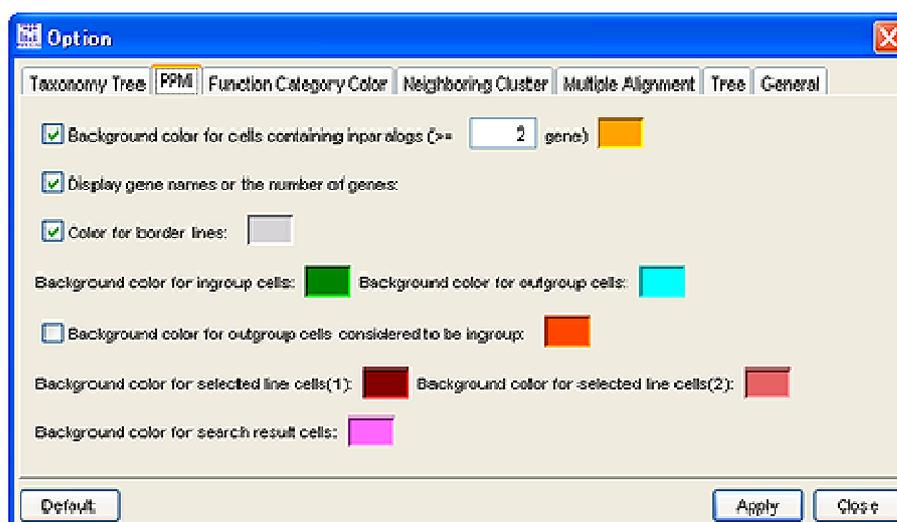
1. [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree で、生物種を選択し、右クリックからポップアップメニュー [Color organism] - [Choose...] をクリックします。

Color palette 画面が表示されます。

2. 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

1. 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。



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

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 considered to be ingroup	水平移動オプションを指定した場合、内群由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す
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。
4. 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。

1. 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。
2. [PPM] タブの「Background color cells countaining inparalogs (\geq # 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。
3. [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。

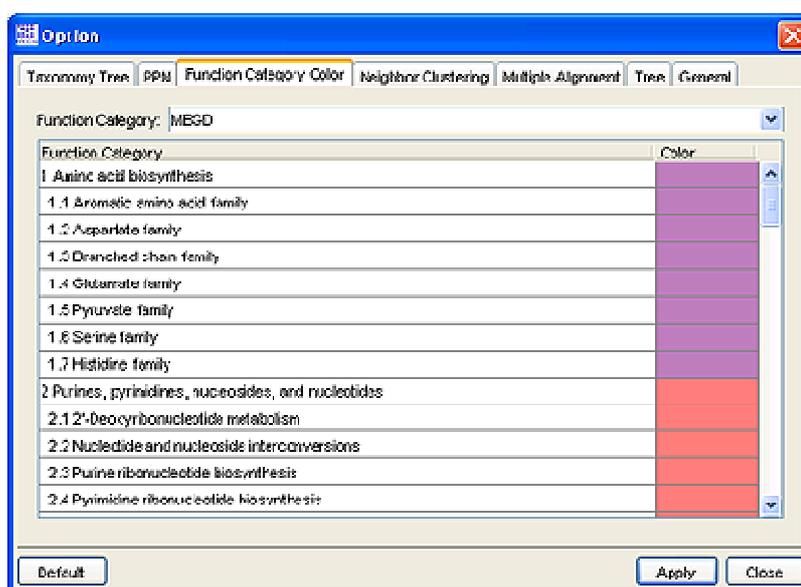
11.7. 機能カテゴリにもとづいた色の表示

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。



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

bea	bee	bez	bey	btk	btl	bel	bha	bli	bid	beu	bev	gtm
■	■	■	■	■	■			■	■	■	■	
■	■	■		■	■			■	■	■	■	■
■	■	■	■	■	■	■		■	■	■	■	
						■	■			■	■	
■											■	
■	■	■	■	■	■			■	■		■	■

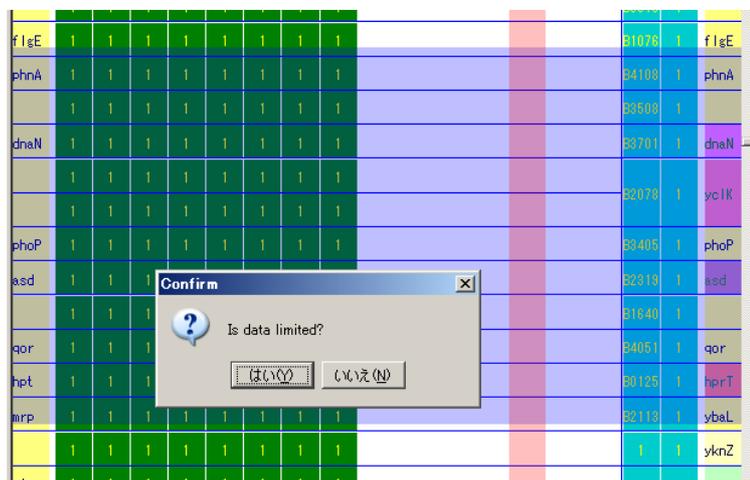
縮約表示を解除するには、

1. ツールボックスの  (Disaggregate Mode) をクリックします。
PPM が縮約表示されません。
2. 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。

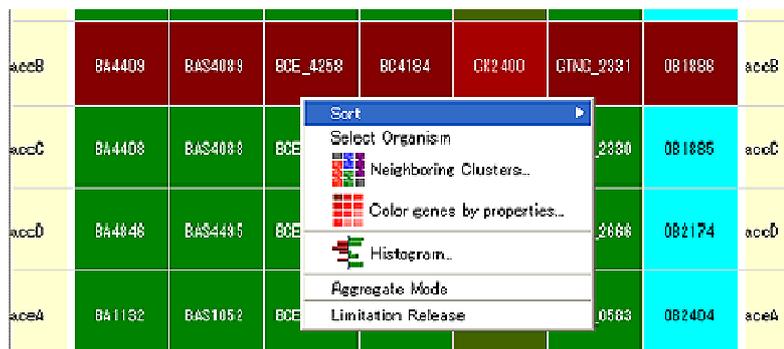
	bea	bee	bez	bey	btk	btl	bel	bha	bli	bid	beu	bev	gtm	
alaT									1	1	1	1	1	alaT
ald									1	1	1	1		ald
alr									1	1	1	1		alr
ampS	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	ampS
ansA		1	1		1	1			1	1	1	1		ansA
aprE						1	1	2	1	1	1	1		aprE
aprX								1	1	1	1	1	1	aprX

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。



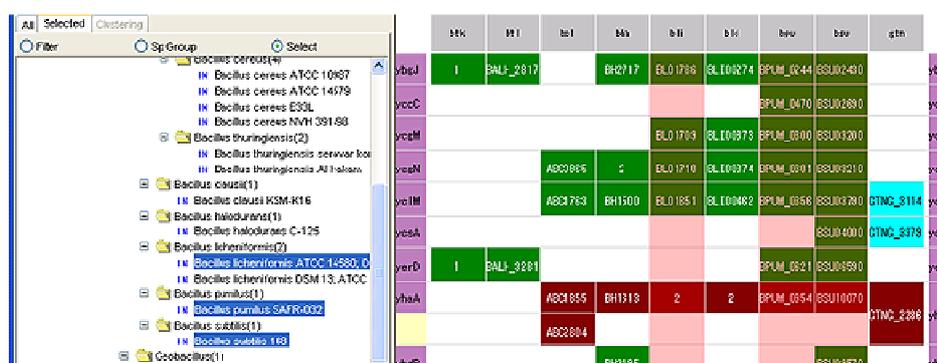
11.10. Taxonomy Tree での生物種選択によるハイライト表示

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 に対応する生物種がハイライトします。

また、Taxonomy Tree で生物種を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。
2. 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

1. 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

プロパティが数値型の場合

◇ 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ます、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。

◇ 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。

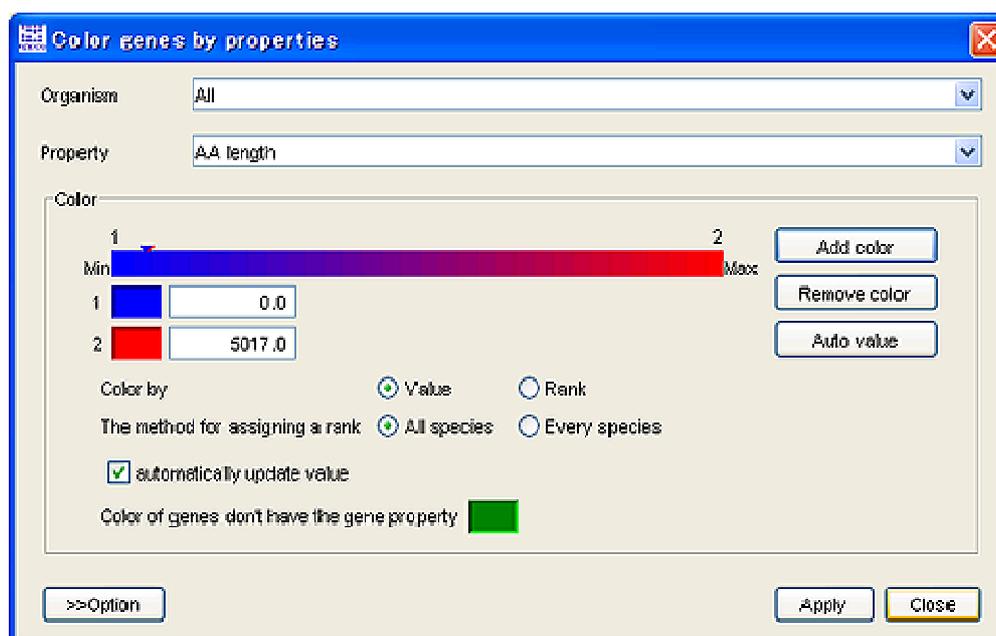
◇ Automatic update value

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。

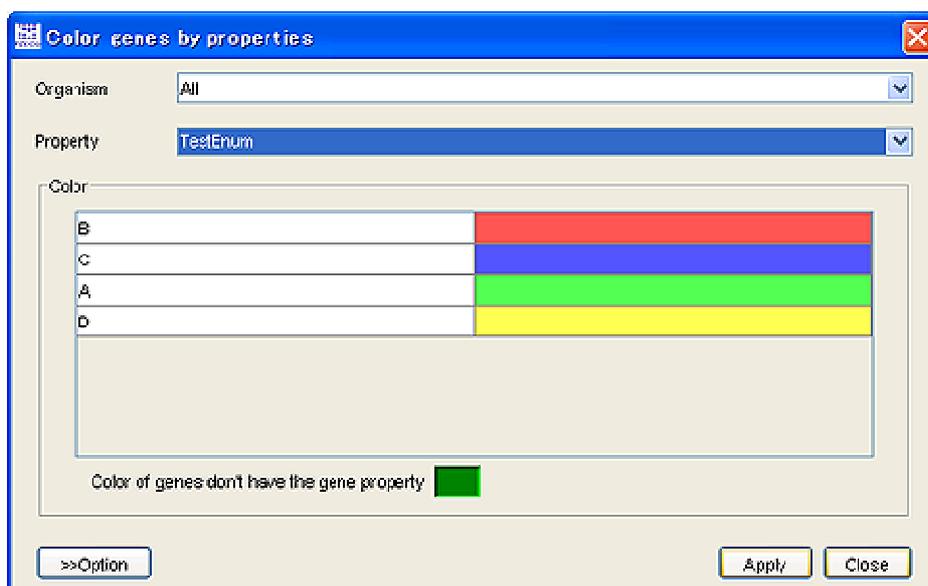


プロパティが列挙型の場合

◇ 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

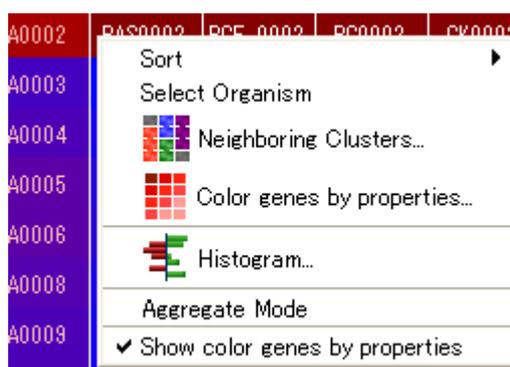
指定したプロパティの値を持たない遺伝子を描画する色を設定します。



- Color 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。

	ban	bat	bea	bee	gka	gtn	o/h	
54	3	4	BCE_0389	BC2581	GK0526			54
aacC7	BA2990	BAS2722	BCE_2969	BC2919				aacC7
abrB	BA0034	BAS0036	BCE_0035	BC0042	GK0030	GTNC_0029	OB0045	abrB
accA	BA4845	BAS4494	BCE_4731	BC4801	GK2741	GTNC_2685	OB2173	accA
accA			BCE_3533					accA
accB	BA4409	BAS4099	BCE_4258	BC4184	GK2400	GTNC_2331	OB1886	accB
accC	BA4408	BAS4088	BCE_4257	BC4183	GK2398	GTNC_2330	OB1885	accC
accD	BA4846	BAS4495	BCE_4732	BC4802	GK2742	GTNC_2686	OB2174	accD
acdA					GK3399	GTNC_3398	OB3010	acdA
aceA	BA1132	BAS1052	BCE_1229	BC1128	GK0676	GTNC_0583	OB2404	aceA
aceB	BA1131	BAS1051	BCE_1228	BC1127			OB2405	aceB
ackA	BA4888	BAS4535	BCE_4773	BC4637	GK2785	GTNC_2688	OB2191	ackA
acnA	BA3877	BAS3408	BCE_3835	BC3818	GK1947	GTNC_1208	OB1681	acnA
acoA	BA2776	BAS2588	BCE_2804	BC2779	GK0710	GTNC_0617		acoA

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	baa	bae	gka	gfa	gih		
dnaA	BAS001	BAS001	BCE_001	BO001	GX001	GTNG_001	OB001	dnaA	
dnaN		<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;"> Sort Select Organism  Neighboring Clusters...  Color genes by properties...  Histogram... Aggregate Mode </div>						dnaN	
recF									recF
gyrB									gyrB
gyrA							BO006	GX006	GTNG_006
gusB	BAS008	BAS011	BCE_009	BO018	GX009	GTNG_009	OB010	gusB	

- 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。

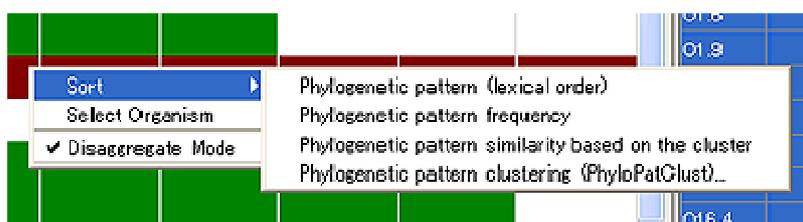
Cluster Mode	クラスタを単位としてソートします クラスタに属するサブクラスタの中で1つでも生物種が出現している場合はそのクラスタでは生物種が出現していると見なしてソートします
Sub Cluster Mode	サブクラスタを単位としてソートします

- 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>	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
Phylogenetic 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 cluster #	指定したクラスタの系統パターンに類似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、Mutual 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。
PPM 上の系統パターンをソートし、表示します。

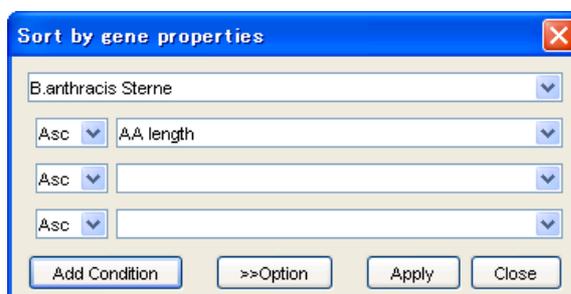
ソート方法	内容
Phylogenetic pattern (lexical order)	系統パターンの辞書的順序でソートします

Phylogenetic 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 cluster	指定したクラスタの系統パターンに類似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、Mutual 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。

1. 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。



2. 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。

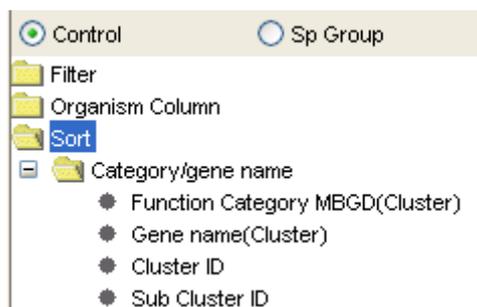
[Option] ボタンをクリックすると次の設定欄が表示されます。

- 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。
3. 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。

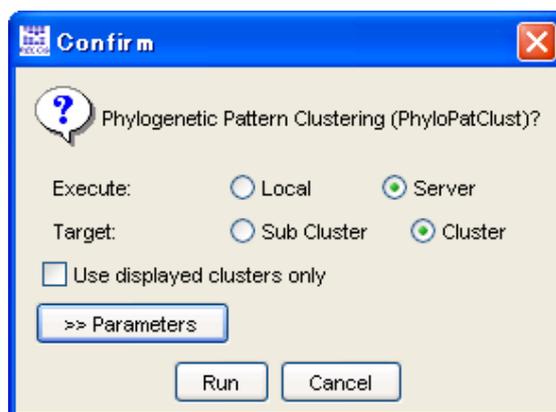


14. Phylogenetic pattern clustering (PhyloPatClust)

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。

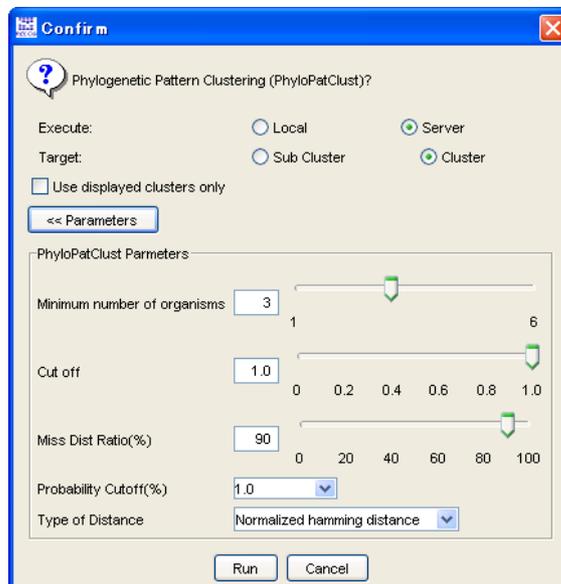
14.1. PhyloPatClust の実行

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



- 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: クラスターの系統パターンをもとにクラスタリングする場合は「Cluster」、サブクラスター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ーのみを対象として、系統パターンクラスタリングを実行します。クラスター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。



14.2. クラスタリングツリーの操作

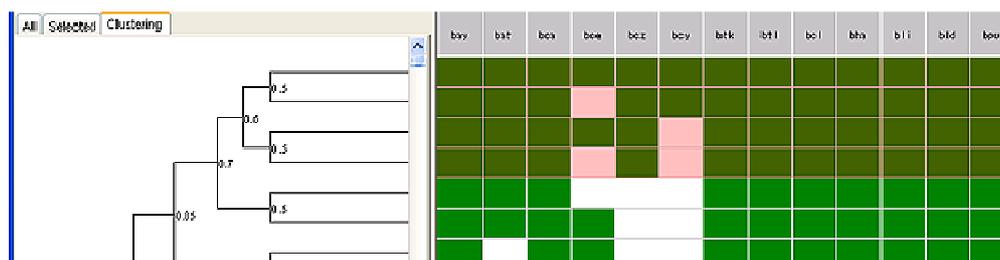
クラスタリングツリー上では、距離の表示／非表示の切り換えと、分岐点をクリックしてその分岐点以下に属するクラスタの選択をすることができます。

距離の表示／非表示を切り換えるには、

1. [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、

1. [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。



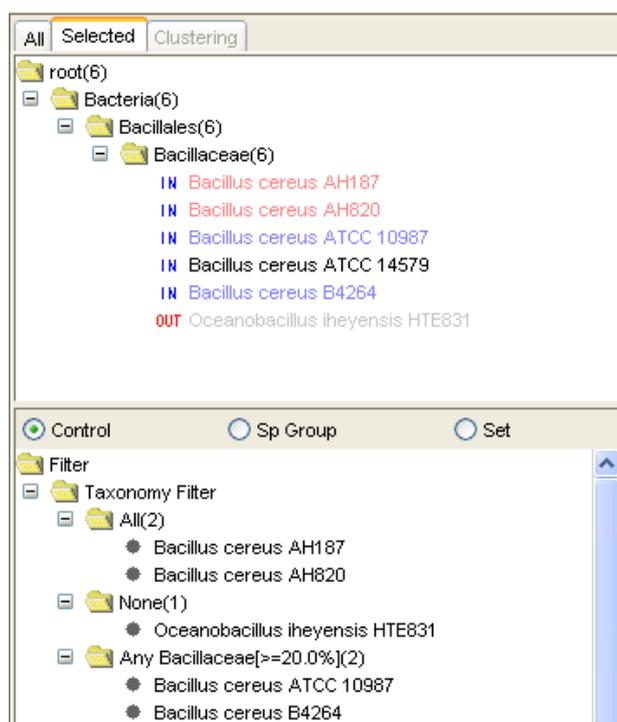
15. タキソノミーフィルタリング

[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。

生物種セット	PPM での表示	生物種名の色
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（または以下）が持つようなクラスタを表示する	薄青色
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

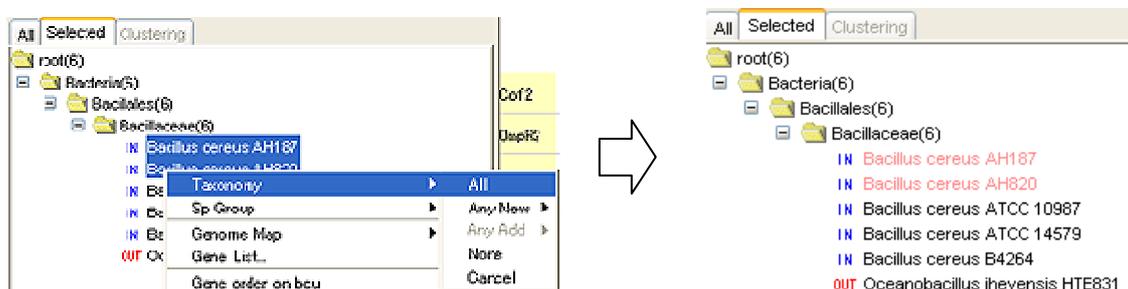
15.1. タキソノミーフィルタリング条件の表示

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。



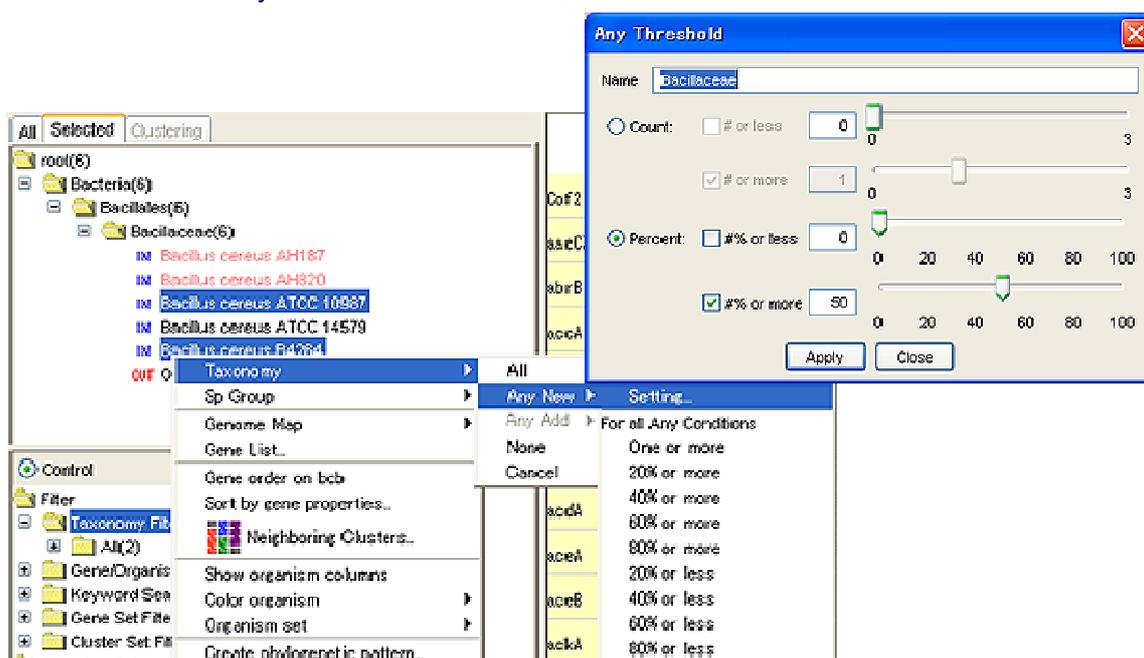
15.2. All 条件の指定

1. [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree から生物種を選択します。
2. 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。
2. 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 : クラスタに含ま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

クラスタに含ま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

クラスタに含ま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 : クラスタに含ま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
- ◇ # or more : 生物種の最小個数が全体の#%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

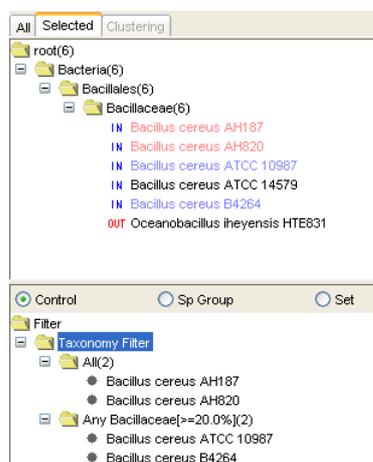
クラスタに含まれる生物種の割合が 30%以上、かつ 50%以下の場合に条件を満たすことになる。

(例 2) # or more : 50、# or less : 30 を指定した場合

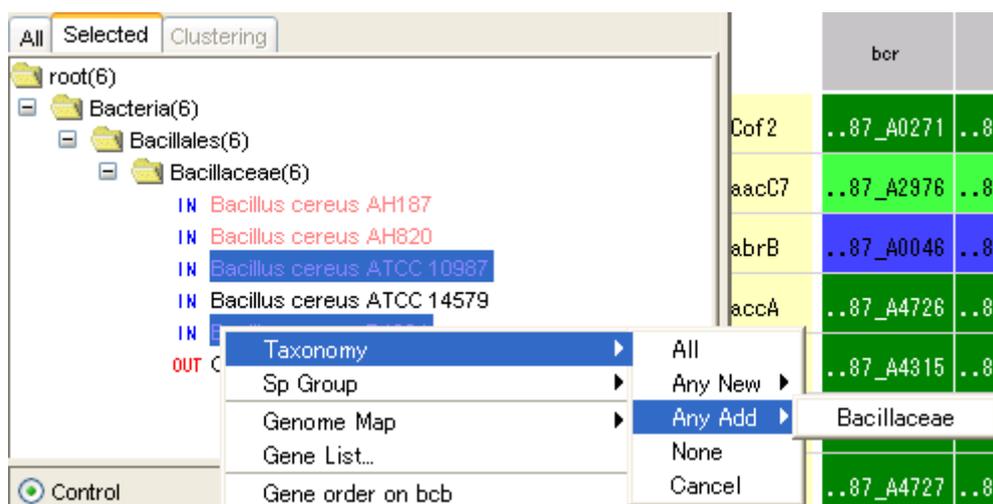
クラスタに含まれる生物種の割合が 50%以上、または 30%以下の場合に条件を満たすことになる。

4. 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。

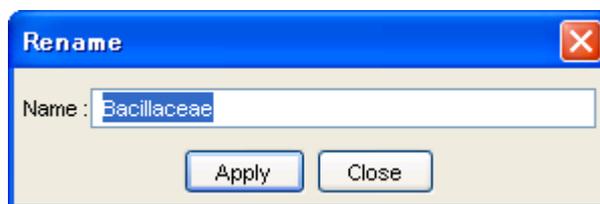


- Any 条件をより簡単に指定するには、2 つ以上の生物種名を選択後、右クリックしてメニュー [Taxonomy] - [Any New] - [For all any conditions 以下の Any 条件] をクリックします。下部ビューの Any 条件に登録した生物種が表示されます。
- 一度作成した Any 条件に後から生物種を追加登録する場合は、生物種名を選択後、右クリックしてメニュー [Taxonomy] - [Any Add] - [(追加先の Any 条件)] をクリックします。下部ビューの Any 条件に生物種が追加されます。また、ツリー上の該当生物種名が薄青色で表示され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



15.4. Any 条件名の変更

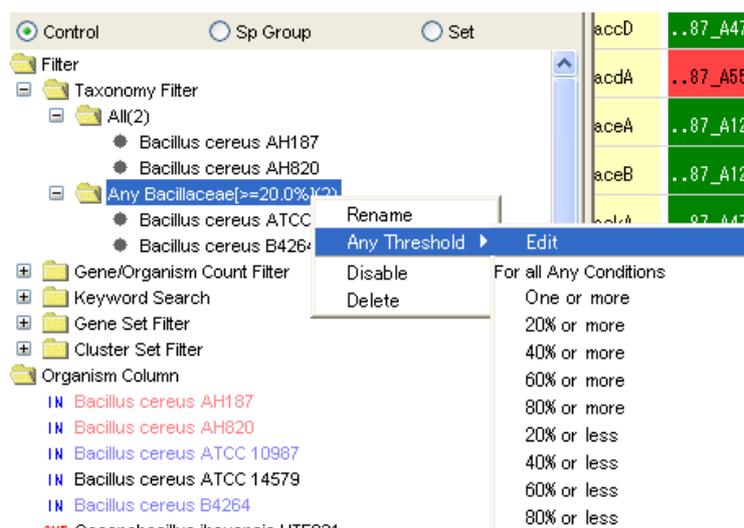
- 操作パネルで [Filter] - [Taxonomy Filter] - [(Any 条件名)] を選択し、右クリックから、[Rename] をクリックします。Rename 画面が表示されます。



- Rename 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。

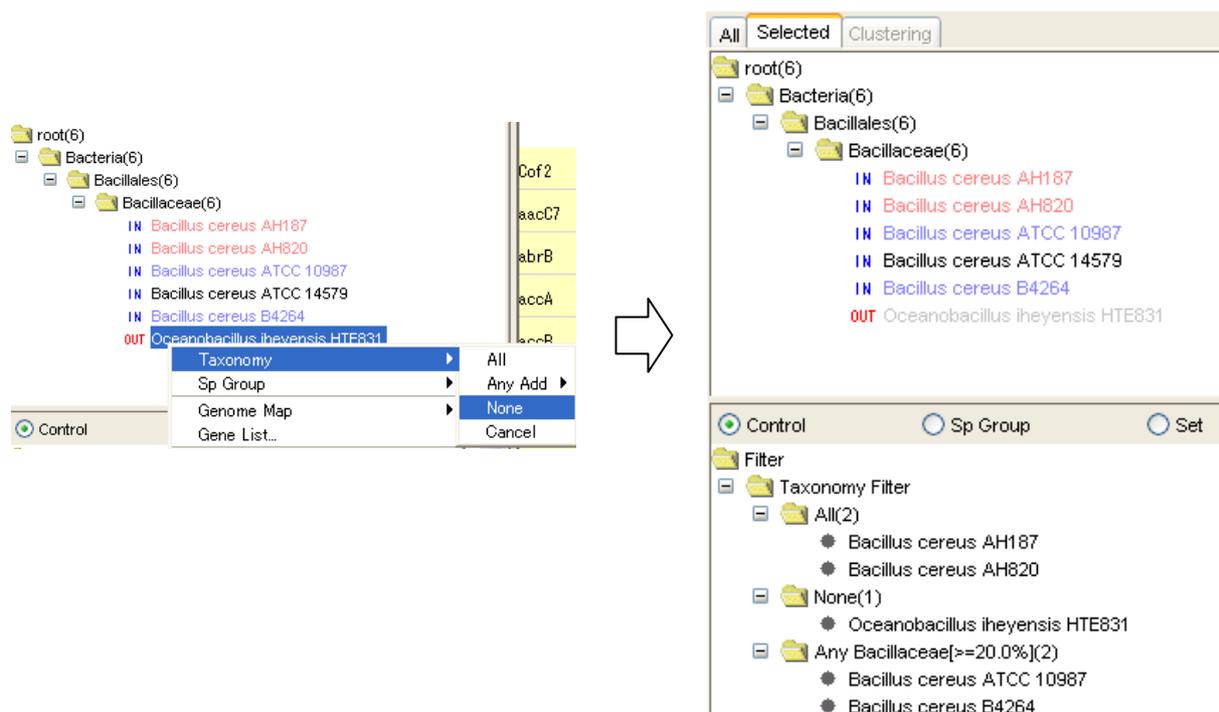
15.5. Any 条件の閾値の変更

1. 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。
2. 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。
3. 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。
4. 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。
2. 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、ツリー上の該当生物種名が灰色で表示されます。



15.7. 条件の有効化／無効化

1. 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

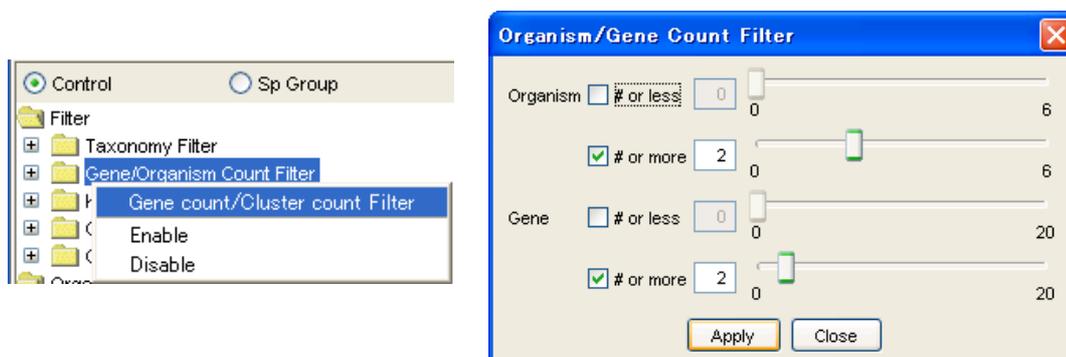
1. 操作パネルの [Filter] - [Taxonomy Filter] から条件を選択して、右クリックから「Delete」をクリックします。選択した条件を削除します。

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

1. 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。



2. 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

1. 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。

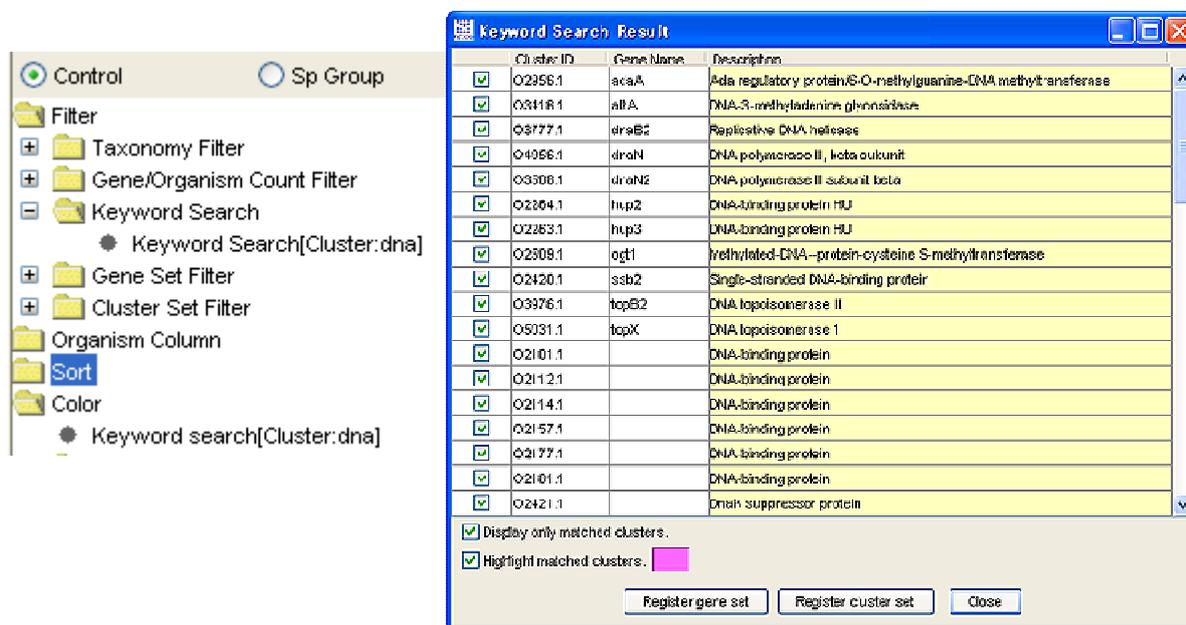
	クラスタを対象とした検索	遺伝子を対象とした検索機能
検索対象	<ul style="list-style-type: none"> 代表 Gene Name 代表クラスタ Description 	<ul style="list-style-type: none"> RECOG サーバから提供されている遺伝子プロパティ (Description、Gene Name 等) インポート機能等を使用して登録した遺伝子プロパティ/クラスタプロパティ

17.1. クラスタを対象とした検索

1. ツールボックスの  (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。
3. 「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。



4. 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。

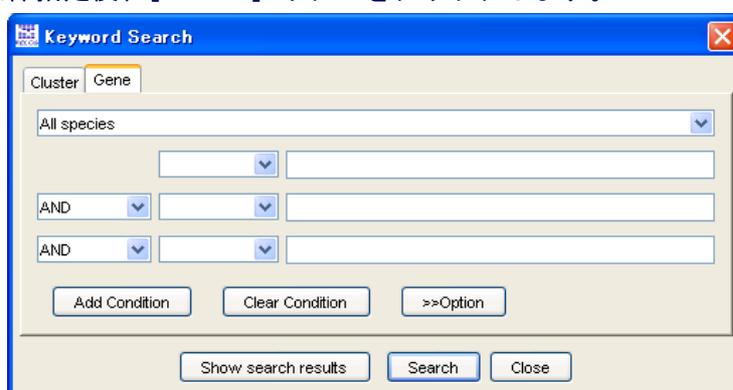


5. Keyword Search Result 画面の「Display only matched clusters」をチェックすると、検索されたクラスタのみが PPM に表示されます。チェックを外すとすべてのクラスタが表示されます。

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

1. 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。
2. 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。



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。

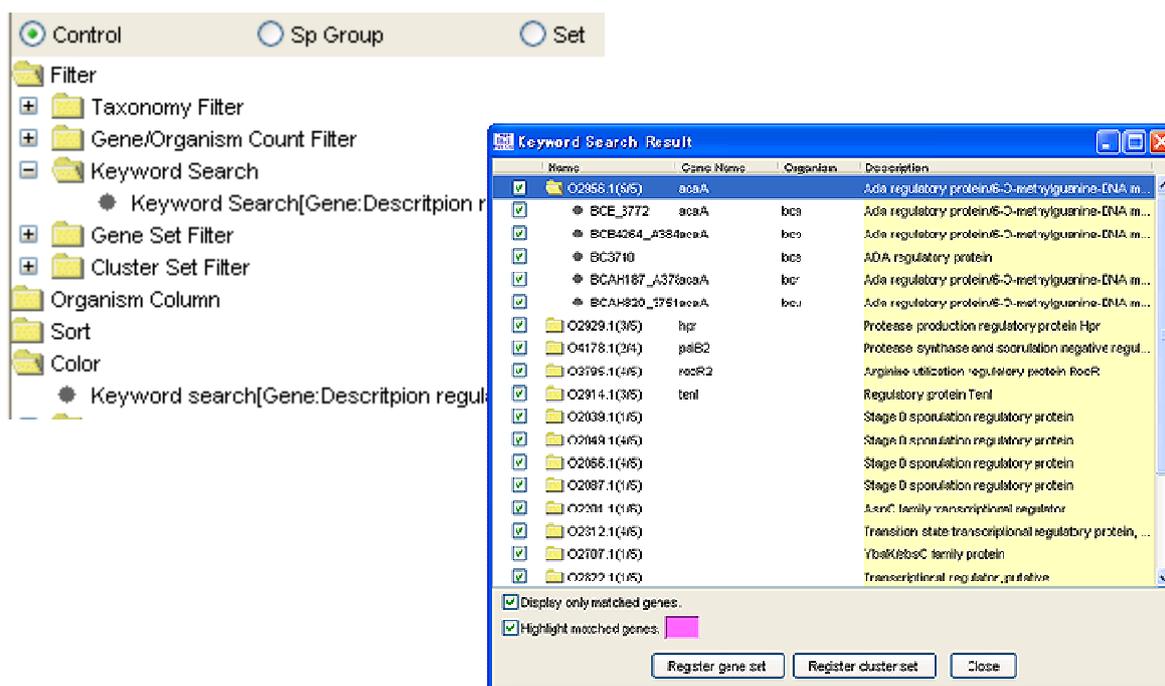
◇ At least One : 複数の値の中で少なくとも1つ条件を満たす場合に検索条件に適合したとみなす

◇ 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

4. 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。



6. 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

1. 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。
2. 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

1. 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。

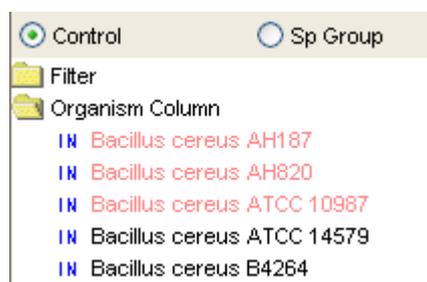
17.5. 検索結果によるカラー設定の有効化／無効化

1. 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

1. 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

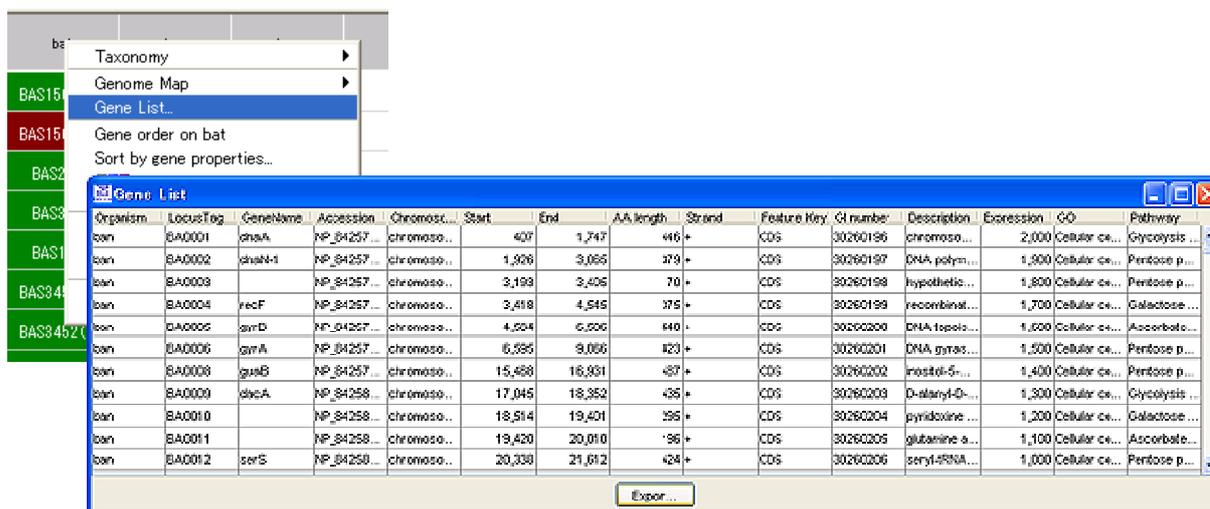
1. [Selected] タブのタキソノミーツリーから生物種を選択して、右クリックから、メニュー [Show organisms columns] をクリックします。
選択した生物種が PPM に表示されます。

18.4. 生物種の表示対象からの削除

1. 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。



19.1. 遺伝子リストの表示

1. [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

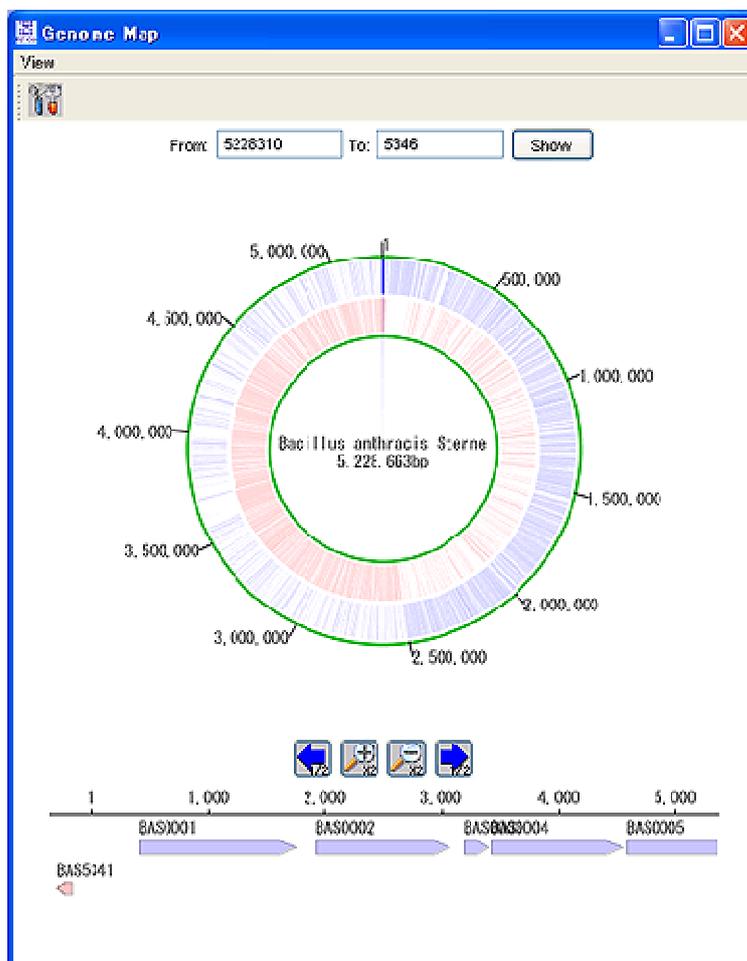
1. Gene List 画面の遺伝子プロパティ名表示部分をクリックすると、クリックした遺伝子プロパティを昇順/降順にソートして遺伝子プロパティ値を表示します。

19.3. 遺伝子リストの保存

1. 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。

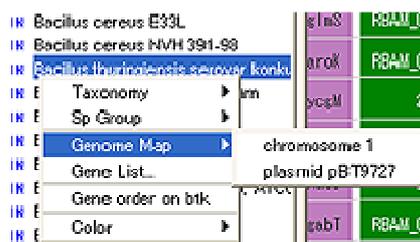
20. Circular Genome Map(CGM)の表示と操作

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

1. [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

1. 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。
2. 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。
3. 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

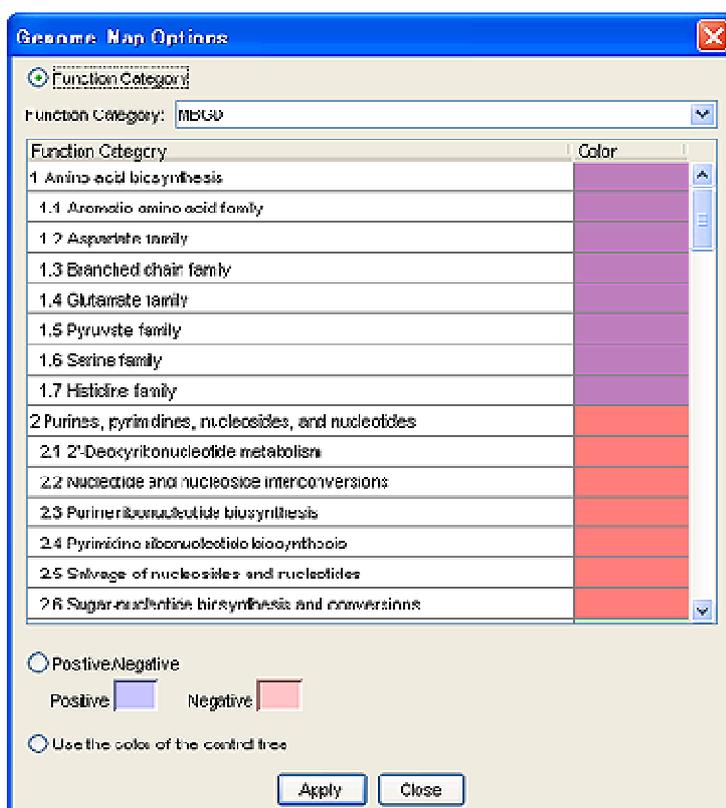
1. CGM 画面の下側にあるゲノムマップの遺伝子をクリックします。
PPM 上でクリックした遺伝子が所属するクラスタが選択されます。
2. PPM 上でセルをクリックすると、CGM の環状ゲノム上でクリックした遺伝子の位置をハイライトします。また、下側のゲノムマップの表示領域が変更し、クリックした遺伝子が表示されます。
3. PPM 上部のヘッダ部分でクリックすると、染色体マップがそのゲノムに切り替わります。クラスタを選択した状態で染色体マップを切り替えると、そのクラスタに含まれる遺伝子の染色体上の位置を順次表示して比較できます。

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ー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。
- Use 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。



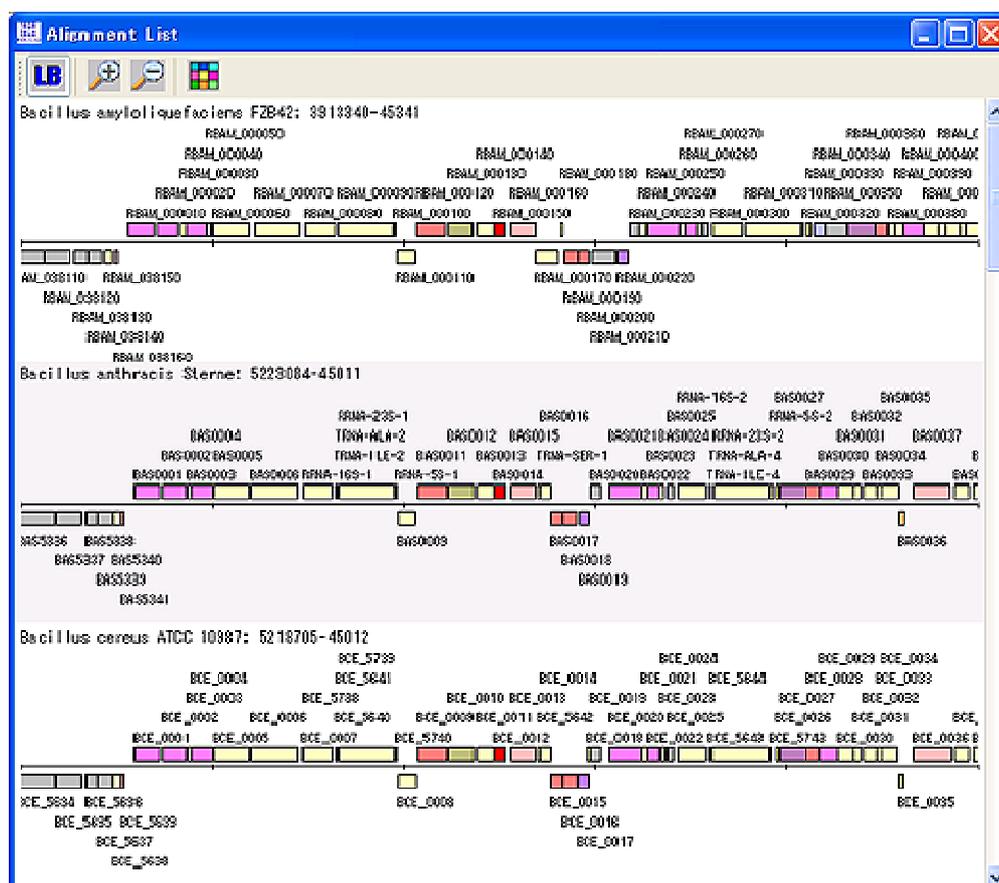
20.5. 遺伝子情報のブラウザ表示

1. 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

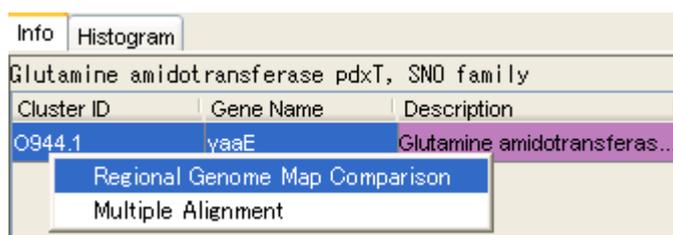
Regional Genome Map (RGM) では、あるオーソログクラスタに属する遺伝子の周辺を観察するため、これらの遺伝子を中心に配置したゲノムマップを表示します。



21.1. RGM の表示

1. [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。



21.2. RGM のズーム

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

21.3. Locus Tag の表示／非表示

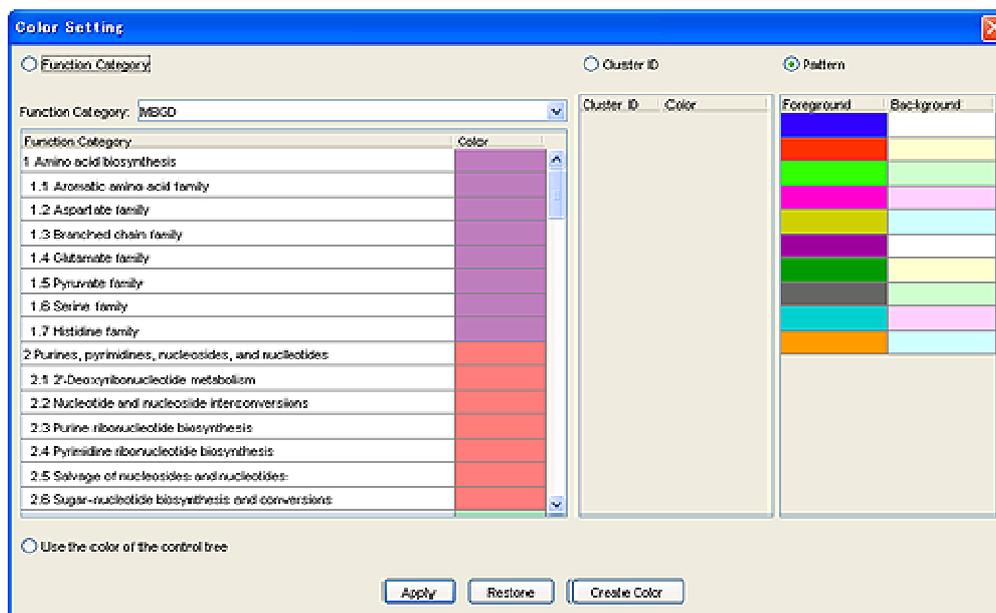
1. Regional Genome Map 画面のツールボックスの  (Label ON/OFF) をクリックします。ボタンがカラー表示の場合は Locus Tag を表示し、グレー表示の場合は Locus Tag を非表示にします。

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 assignment in PPM	PPM で現在使われている色（操作パネルの [Color] で設定されている色）を使用します

3. [Apply] ボタンをクリックします。



21.5. 遺伝子情報のブラウザ表示

1. 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

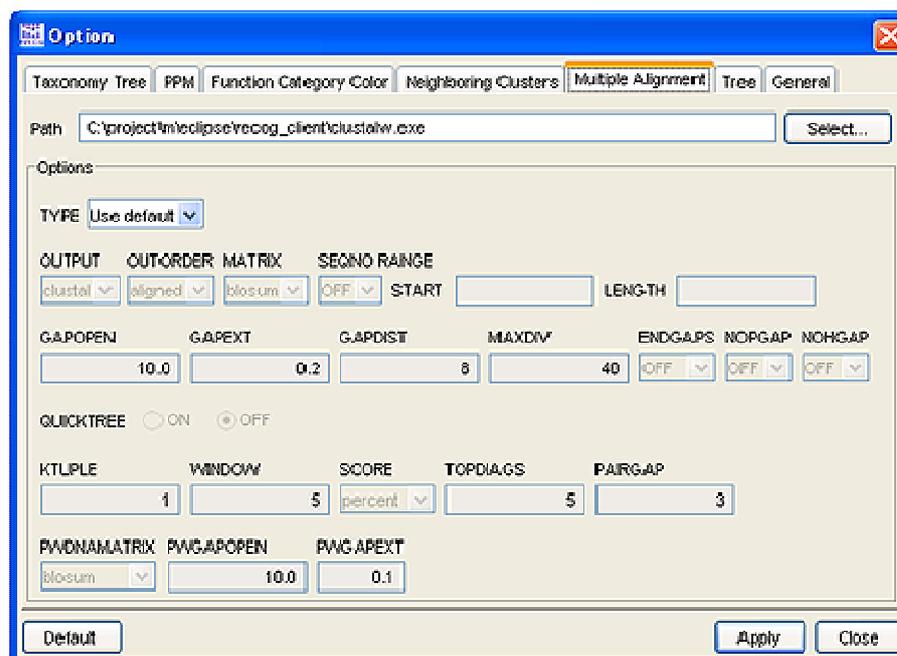
クラスタに属する遺伝子に対し、ClustalW を用いてマルチプルアラインメントを作成します。また、マルチプルアラインメント結果をもとに系統樹を作成し、表示します。

22.1. マルチプルアラインメントの実行

(注) マルチプルアライン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。

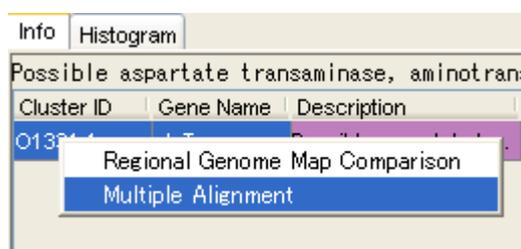


- Path
ClustalW のパスを指定します。デフォルトではインストーラにバンドルされている ClustalW が設定されています。

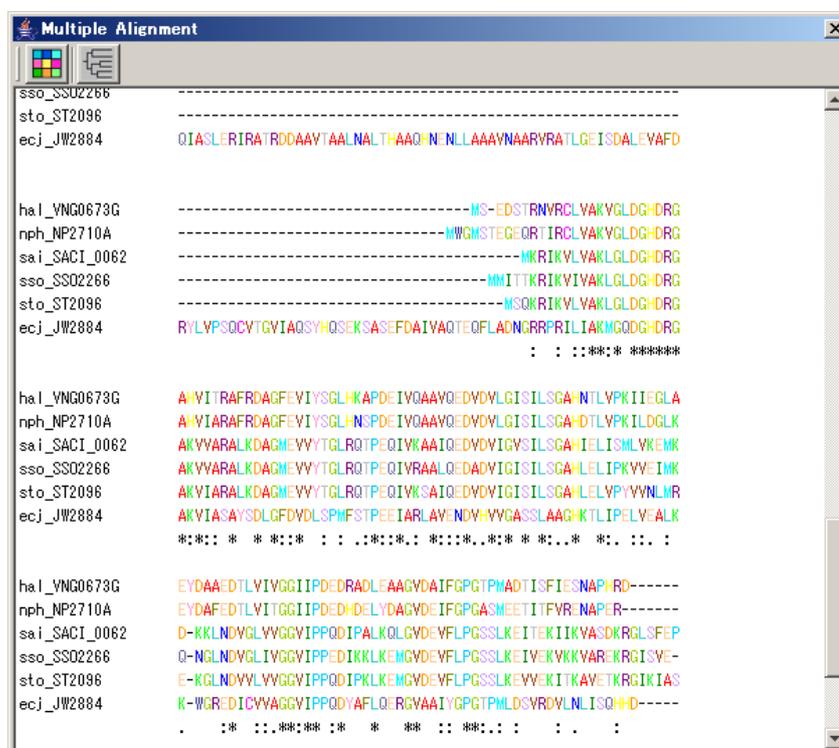
- TYPE

- 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。

2. 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。

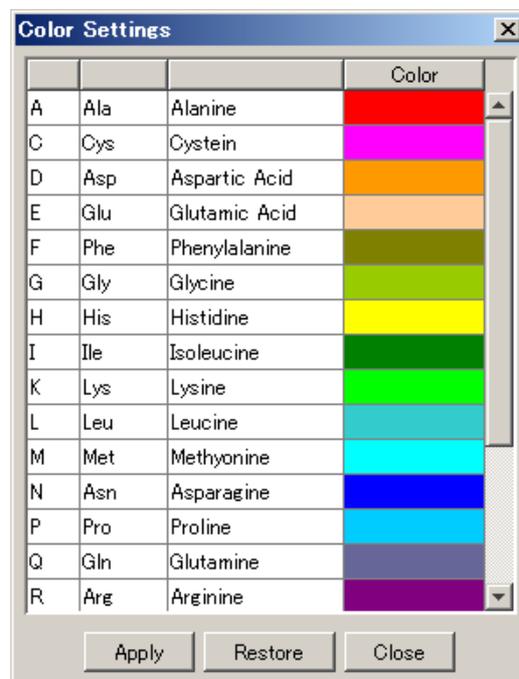


3. マルチプルアライメント処理終了後、Multiple Alignment 画面が表示されます。



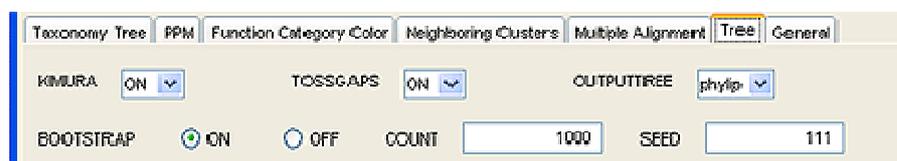
22.2. アミノ酸文字列の色の変更

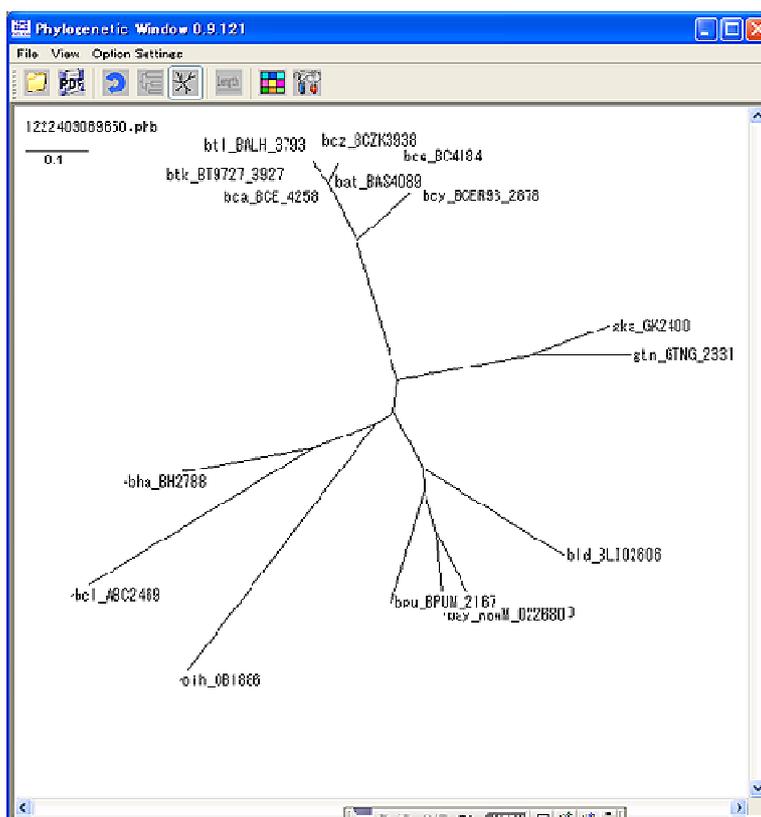
- Multiple Alignment 画面の  (Color Setting) ボタンをクリックします。Color Setting 画面が表示されます。
- Color Setting 画面でアミノ酸文字列の色を指定します。



22.3. 系統樹の表示

- Multiple Alignment 画面の  (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。





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



(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

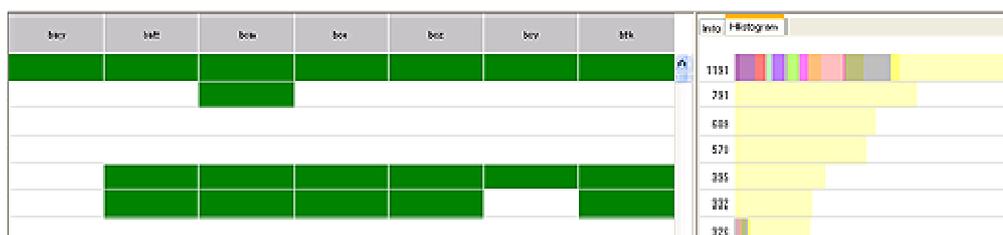
Optioin 画面の [Taxonomy Tree] タブの「Font Color」で設定した内群、外群の色で表示します。

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。

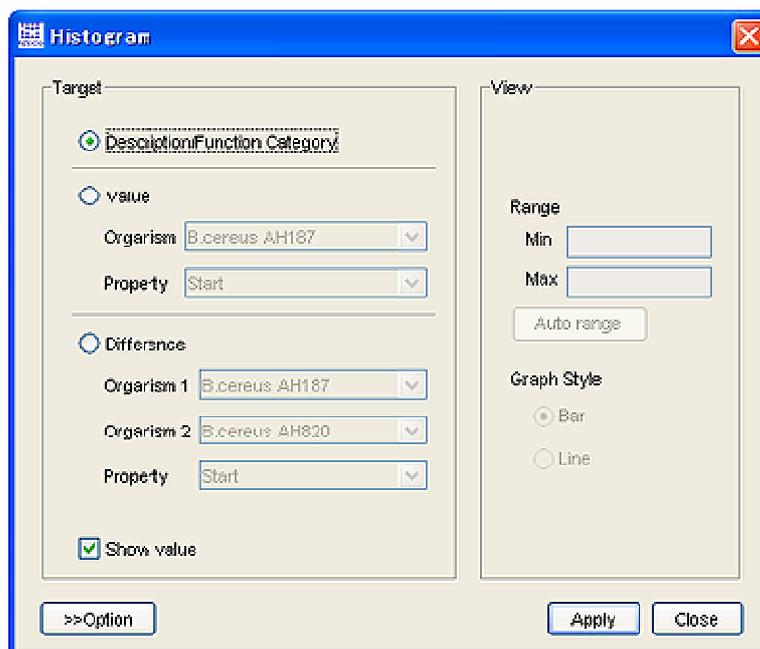


23.2. 数値データグラフ、Description/機能カテゴリ表示

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。

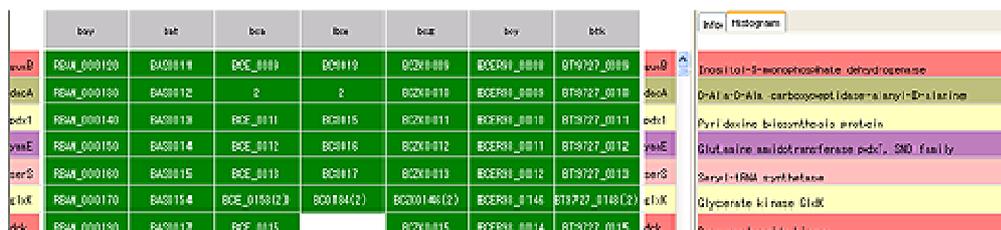
Histogram 画面が表示されます。



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。



- Value

1 生物種の数値データを棒グラフで表示します。

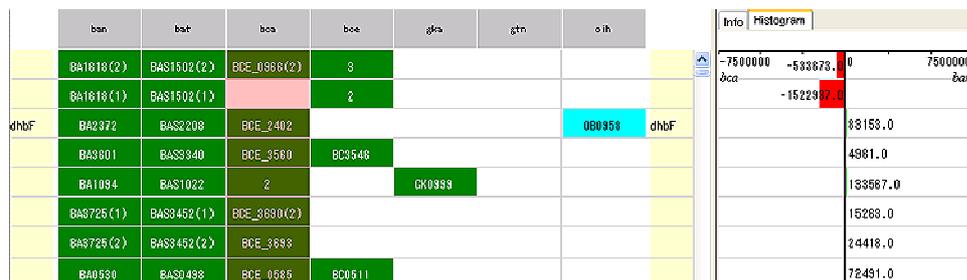
生物種と遺伝子プロパティを指定します。



- 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。



「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。

-
-
3. 「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

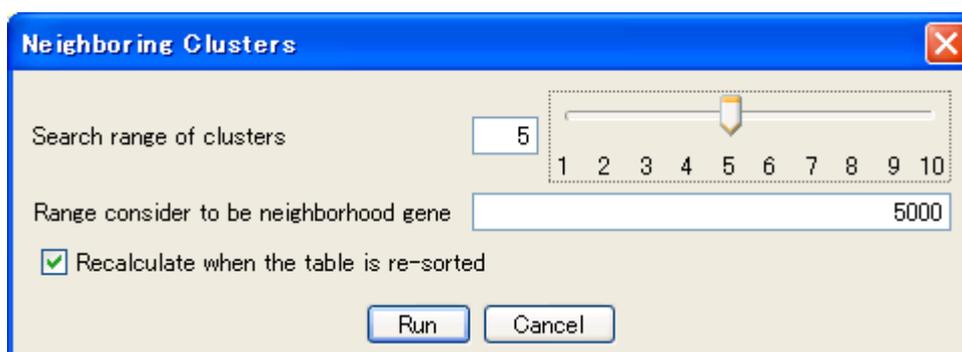
1. メニュー [View] - [Information Pane] をクリックして、チェックします。
画面右側に [Histogram] タブが表示されます。
2. 非表示にする場合は、メニュー [View] - [Information Pane] をクリックして、
チェックを外します。

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。



3. 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]

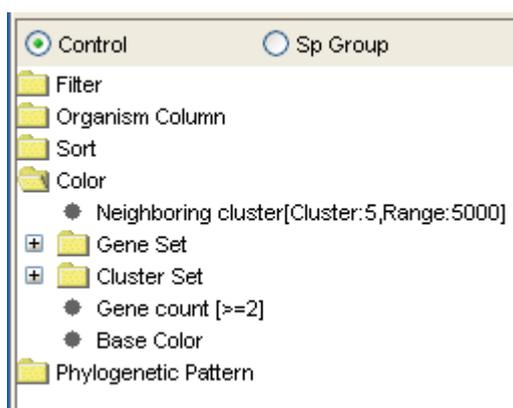
に [Neighboring cluster] が表示されます。

	ban	bat	bca	bce	gka	gtn	oih	
dnaA	BA0001	BAS0001	BCE_0001	BC0001	GK0001	GTNG_0001	OE0001	dnaA
dnaN	BA0002	BAS0002	BCE_0002	BC0002	GK0002	GTNG_0002	OE0002	dnaN
	BA0003	BAS0003	BCE_0003	BC0003	GK0003	GTNG_0003	OE0003	
recF	BA0004	BAS0004	BCE_0004	BC0004			OE0004	recF
surB	BA0005	BAS0005	BCE_0005	BC0005	GK0005	GTNG_0005	OE0006	surB
gyrA	BA0006	BAS0006	BCE_0006	BC0006	GK0006	GTNG_0006	OE0007	gyrA
guaB	BA0008	BAS0011	BCE_0009	BC0013	GK0009	GTNG_0009	OE0010	guaB
dacA	BA0009	BAS0012	2	2	GK0010	GTNG_0010	OE0011	dacA
	BA5639	BAS5240	BCE_5518	BC5139				
	BA0010	BAS0013	BCE_0011	BC0015	GK0011	GTNG_0011	OE2887	

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

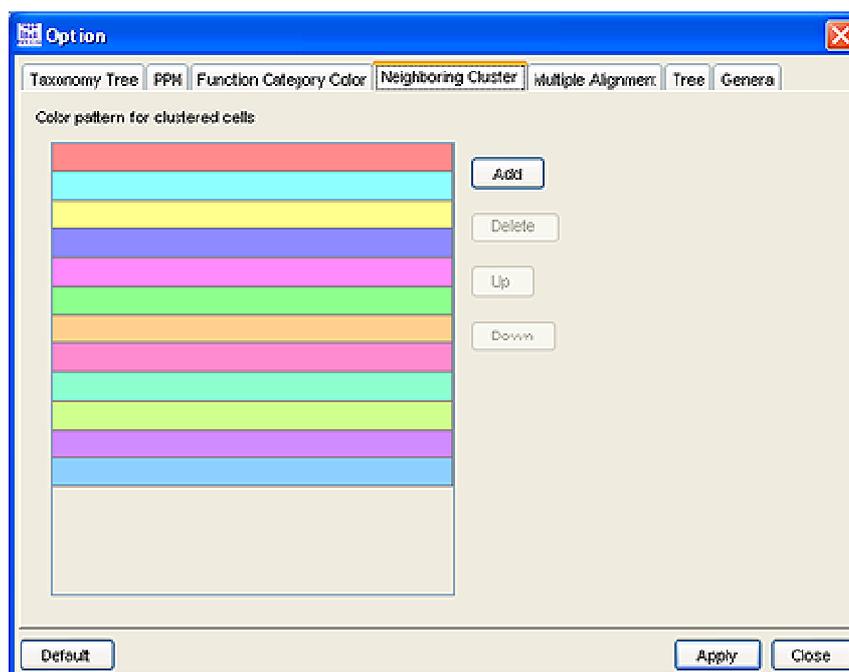
1. 操作パネルの [Color] - [Neighboring cluster] をダブルクリックして、表示／非表示を切り替えます。



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。



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

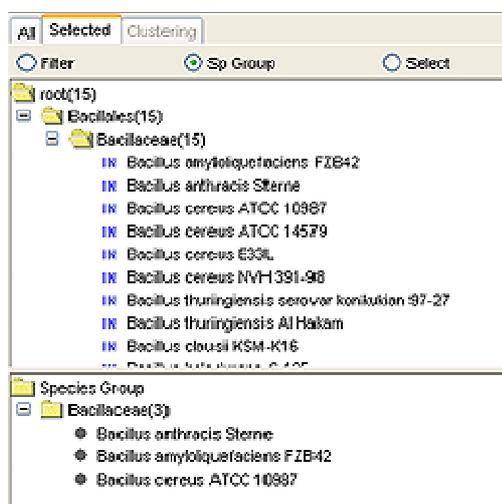
リストで選択した色を上 / 下に移動します。

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。

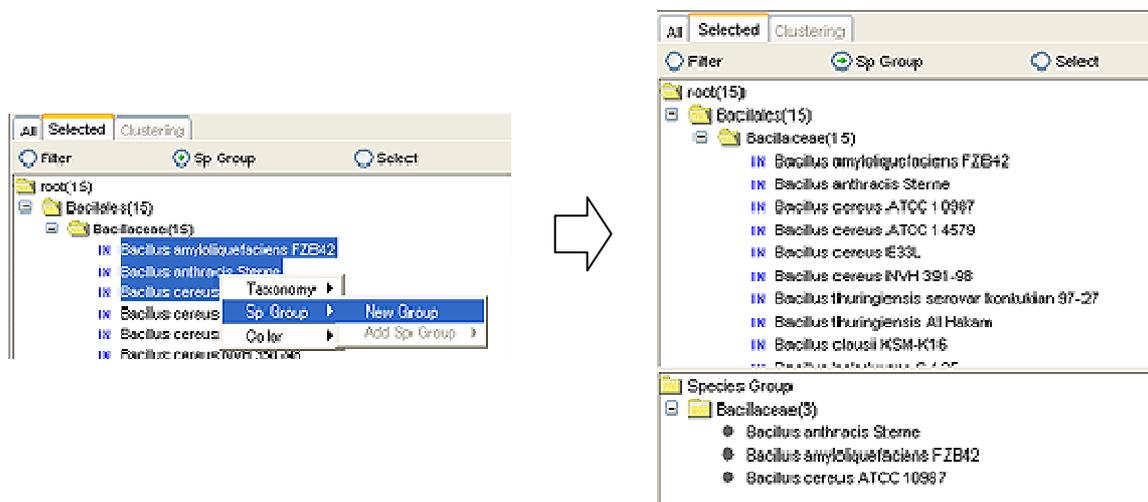
25.1. 生物種グループの表示

1. [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

1. [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。



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。
3. 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)

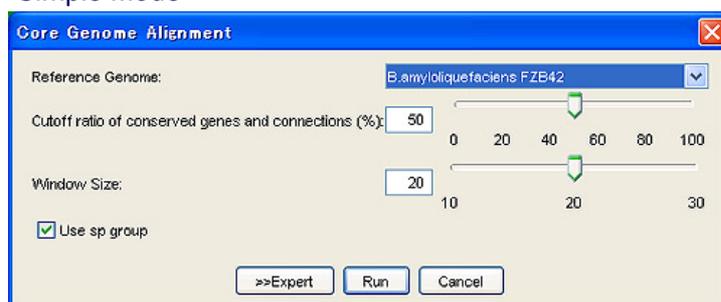
ゲノムコア構造解析は、類縁ゲノム間でよく保存されたゲノム構造を抽出するもので、オーソロググループ間で、ゲノム上の近傍関係が一定以上保存されている対を抽出し、これに基づいてオーソロググループを再配列することによって構築されます。このような解析を行う CoreAligner プログラムを RECOG サーバで実行し、抽出されたコア構造を表示します。

26.1. CoreAligner の実行

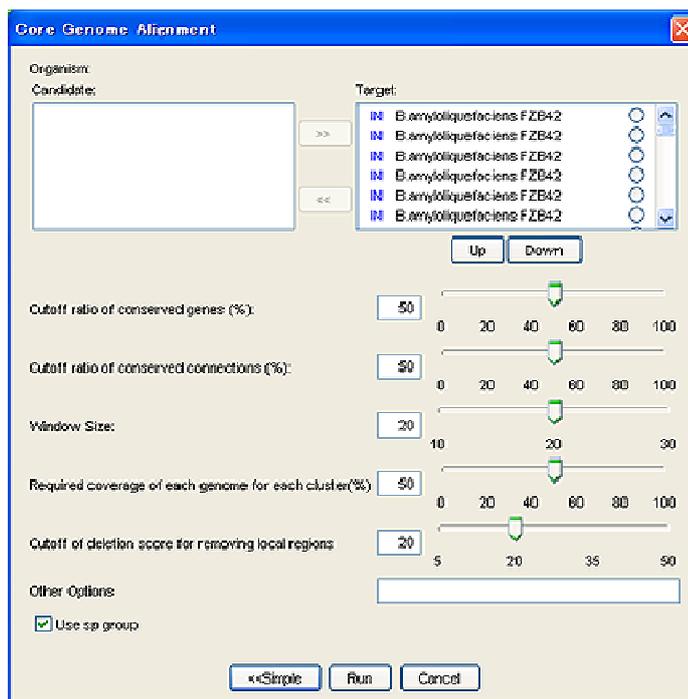
- 「9.2 DomClust の実行」、または「9.3 DomClust 解析結果の表示」によりオーソログ解析結果を表示します。
- ツールボックスの  (Core genome alignment(CoreAligner)) をクリックします。Core Genome Alignment 画面を表示します。
- Core Genome Alignment 画面で CoreAligner の解析条件を指定します。解析条件の指定方法として、[Simple Mode] と [Expert Mode] の 2 つがあります。

	Simple Mode	Expert Mode
指定可能な項目	<ul style="list-style-type: none"> ・ リファレンスゲノム ・ オーソログ・並び順保存率 ・ ウィンドウサイズ ・ 生物種グループ 	<ul style="list-style-type: none"> ・ リファレンスゲノム ・ オーソログ保存率 ・ 並び順保存率 ・ 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

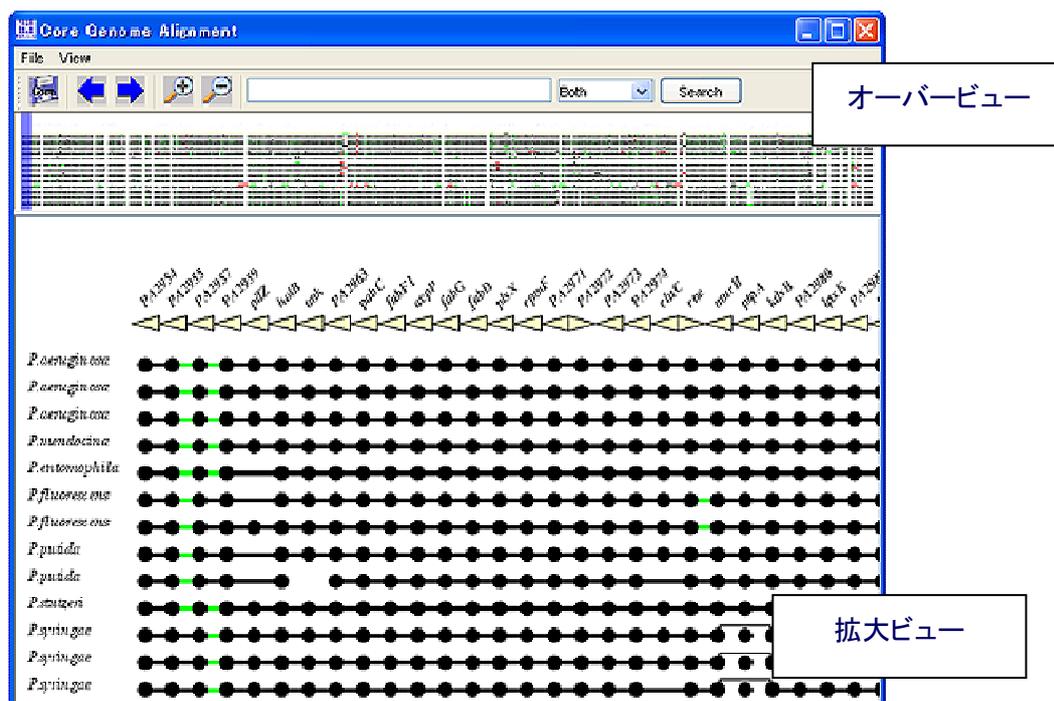
● Simple Mode



● Expert Mode



4. 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。



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。

1. 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。
2. 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。
3. 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
●	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	遺伝子間にインサクションがない場合
緑	遺伝子間にインサクションがある場合
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

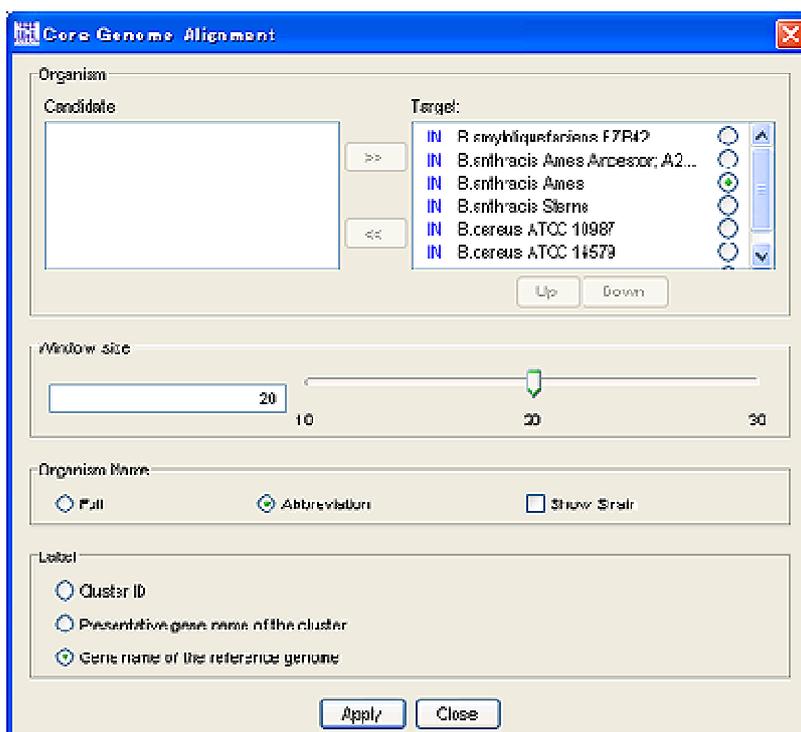
1. Core Genome Alignment 画面の拡大ビューでオーソロググループをクリックします。クリックしたオーソロググループがハイライト表示します。
また、Genome Comparison Viewer で対応するオーソロググループがハイライト表示されます。

26.6. オーソロググループを中心に表示

1. 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

1. 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. 「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。



26.8. 生物種の表示・非表示

1. 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

1. 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「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

1. 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「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

1. 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

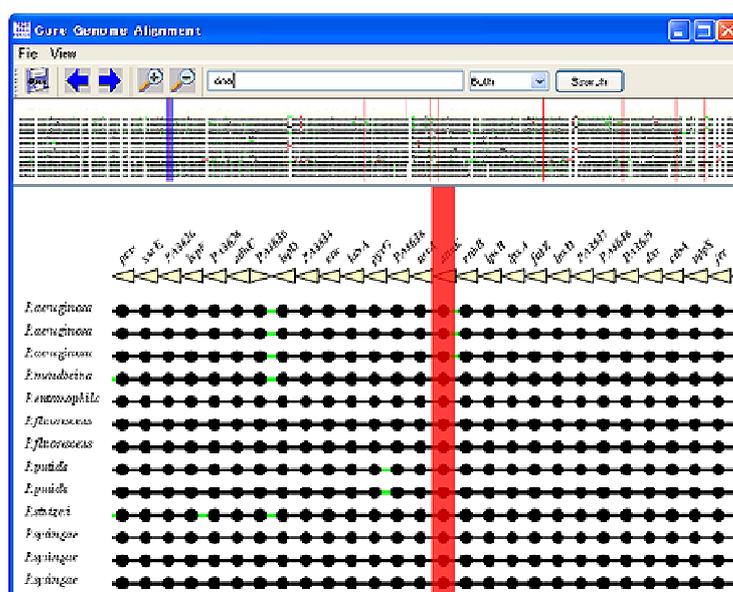
1. Core Genome Alignment 画面のメニュー「View」－「View Change...」をクリックします。Core Genome Alignment 表示変更画面が表示されます。
 2. Core Genome Alignment 表示変更画面の「Label」欄でオーソロググループのラベルとして表示する項目を指定します。
 - Cluster ID※
オーソロググループに対応するクラスタの ID を表示します
 - Representative gene name of the cluster※
オーソロググループに対応するクラスタの代表遺伝子名を表示します
 - Gene 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

1. Core Genome Alignment 画面のツールボックスの  (Zoom in)、 (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。

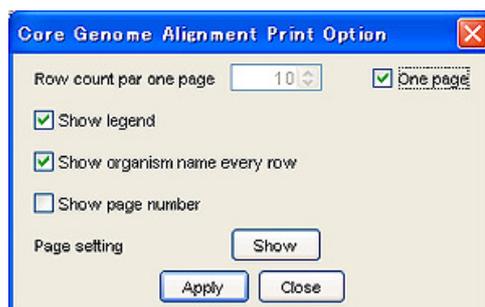
26.14. 遺伝子名／Locus Tag による検索

1. 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。
3. [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

1. 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。
2. 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。



オプション	内容
Row count per 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 every row	チェックした場合、全ての行に生物種名を表示します 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。

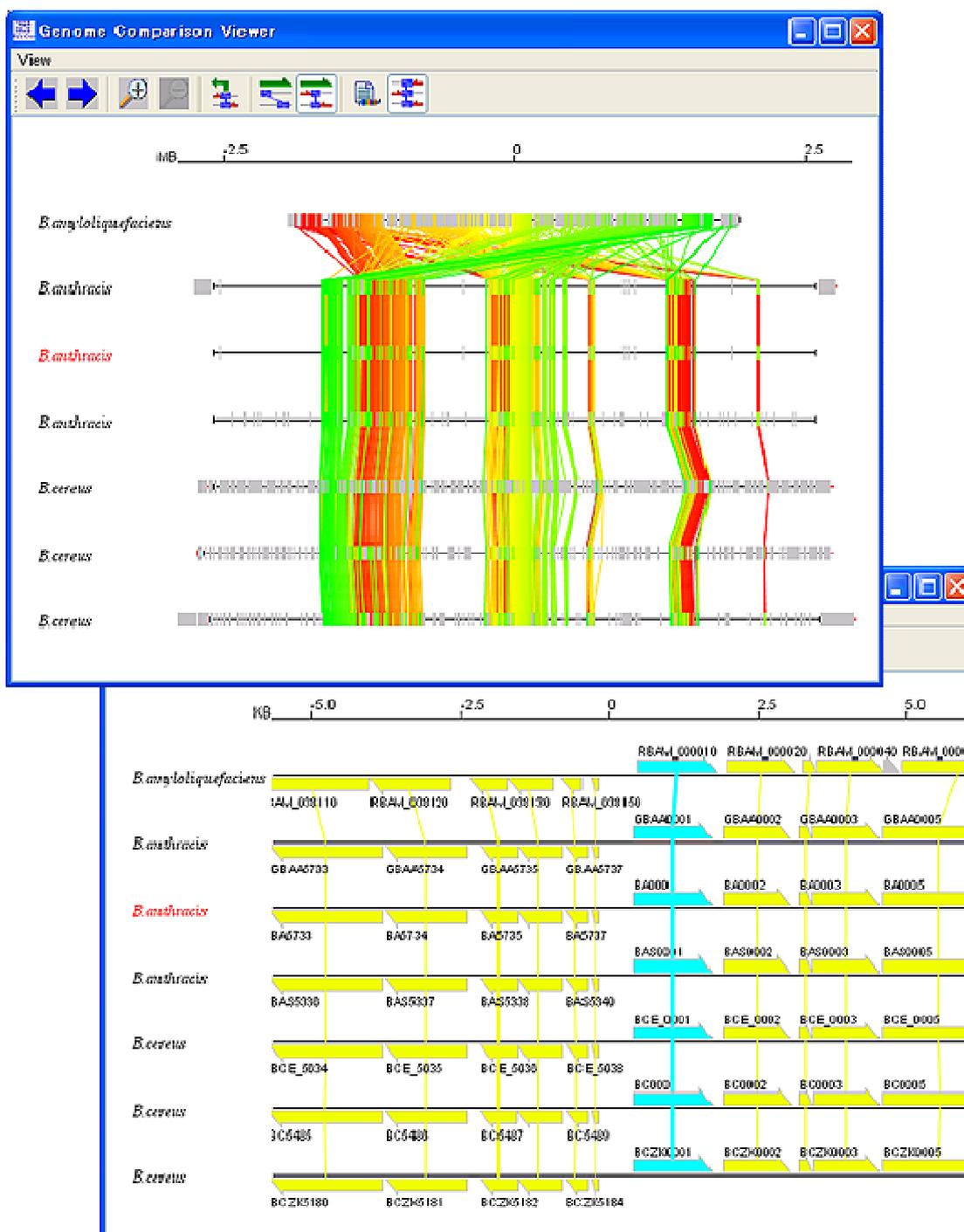
26.16. CoreAligner 結果の保存

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。

1. 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

1. 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

1. Genome Comparison Viewer 画面のツールボックスの  (Zoom in)、 (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

1. 通常モード（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

1. 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

1. 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。

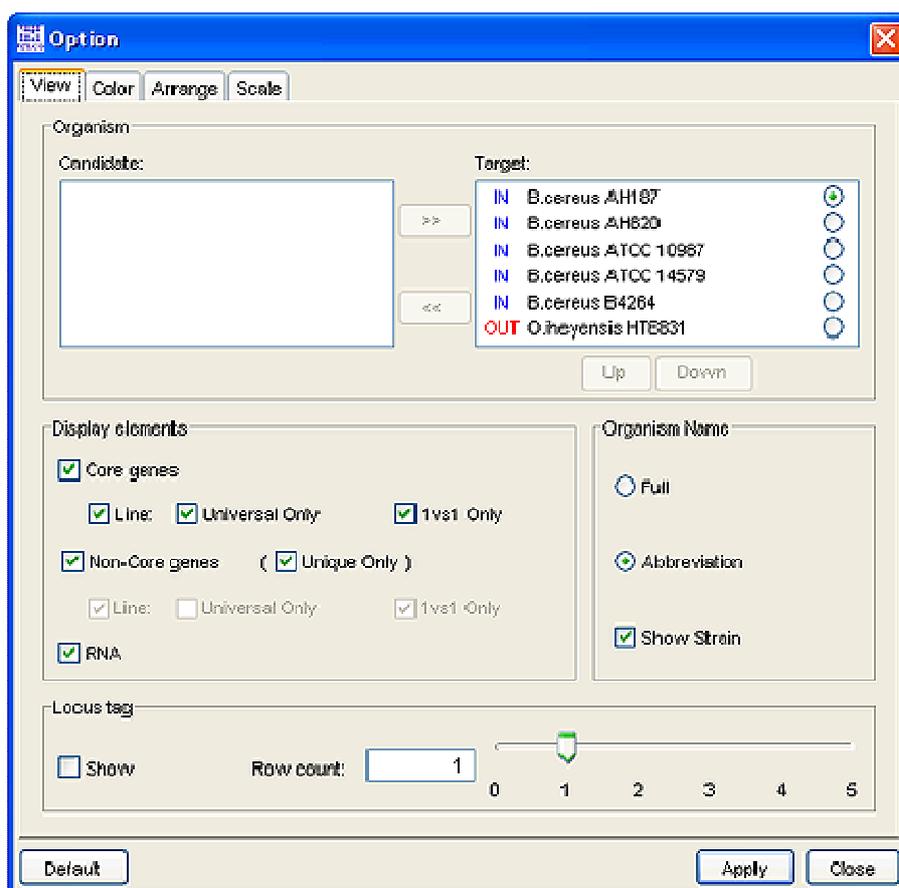
27.8. 生物種の表示・非表示

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

1. 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。



27.9. 生物種の表示順序の変更

1. 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「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

1. 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 [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。

遺伝子、RNA 表示切替オプション

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。

オーソログ対応線表示切替オプション

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 ※Non-Core genes のみ	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

1. 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

1. 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. 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。

1. 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。

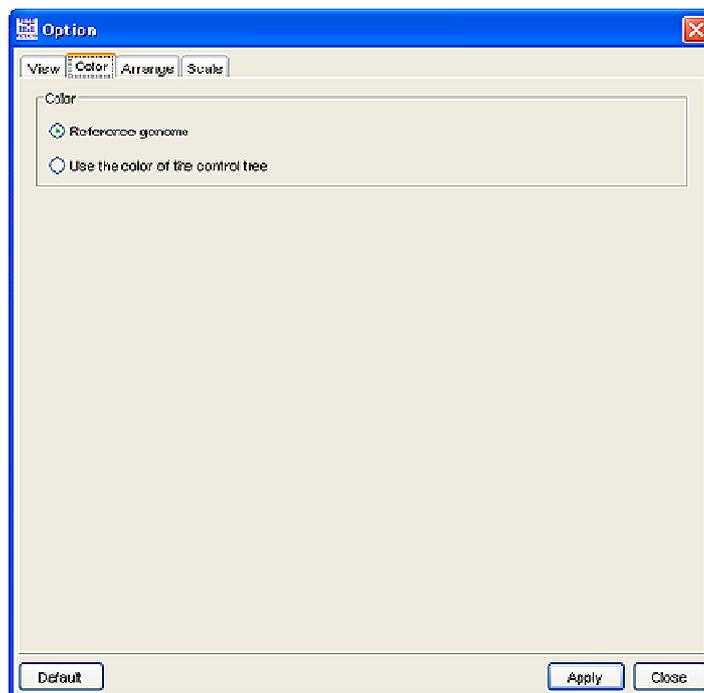
2. [Color] タブで遺伝子、オーソログ対応線のカラーを設定します。

- 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

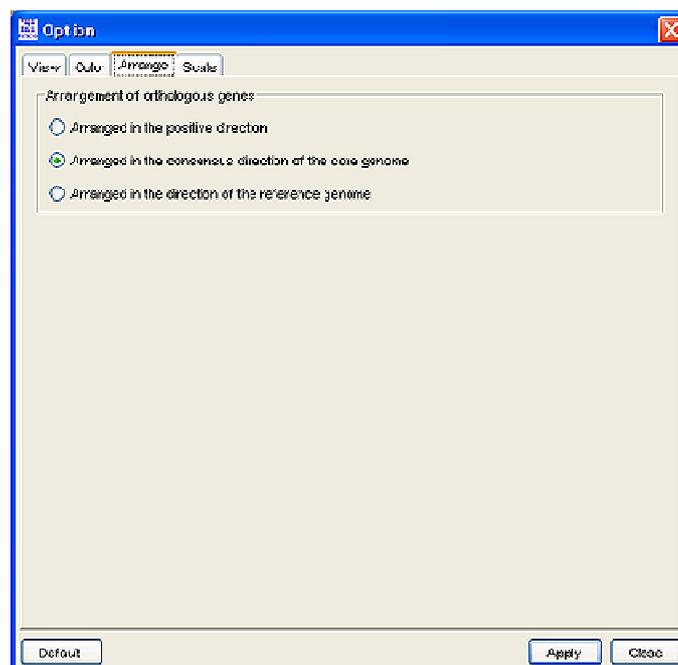
操作パネルの [Color] で設定されたカラー設定（すなわち PPM テーブルでのカラー設定と同じもの）を用いて描画します。



27.14. 遺伝子向き of 自動修正

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

遺伝子向き of 自動修正 of 設定は、Adjust Mode of 場合 of みに有効になります。

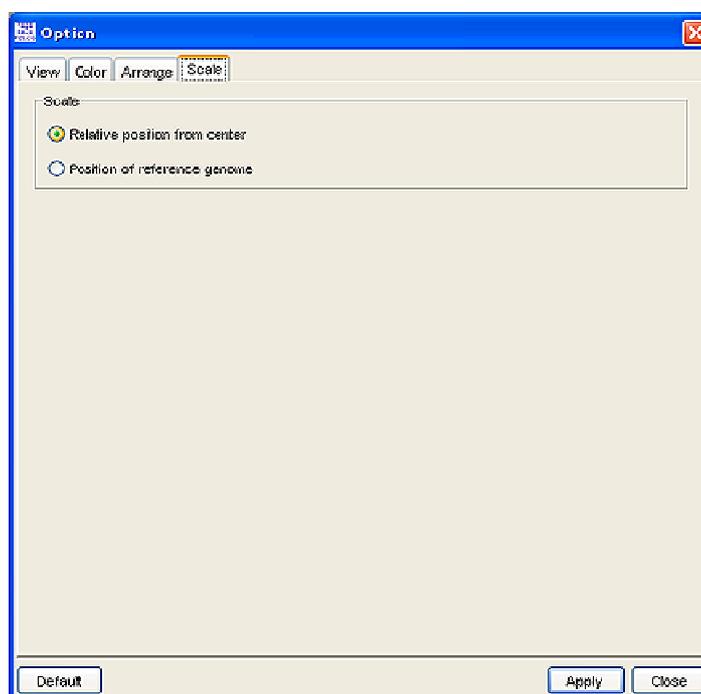


1. Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」－「View Change...」をクリックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

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

2. [Arrange] タブで遺伝子向きを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

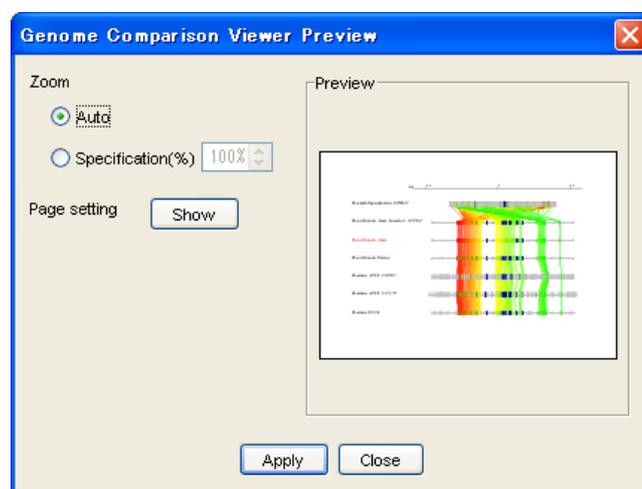


1. Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」－「View Change...」をクリックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

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
目盛り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



1. 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。
3. [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

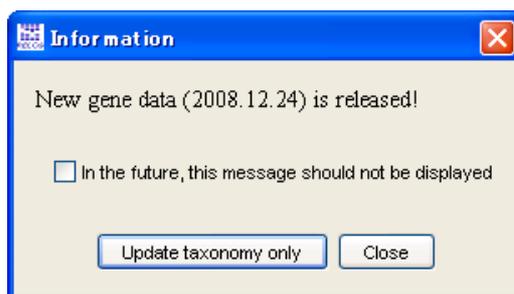
ることができます。

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

RECOG サーバが提供する遺伝子情報が更新された場合、画面右下に  が表示され、このアイコンをクリックすると、更新通知メッセージが表示されます。更新通知メッセージの [Update taxonomy only] ボタンをクリックすると、[All] タブの Taxonomy tree が最新データに更新されます。



※ 「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。



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。

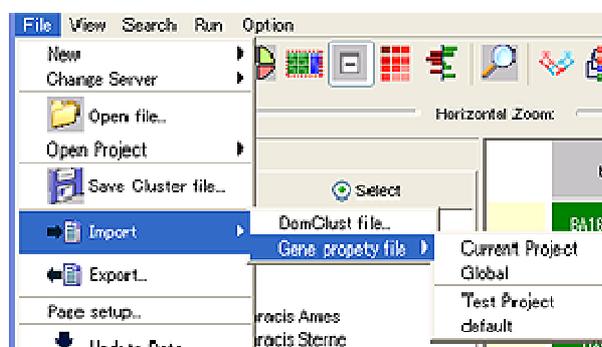
1. メニュー [File] - [Update Data...] をクリックします。
Update data 画面が表示されます。
2. Update data 画面で以下のいずれかを選択して、[Apply] ボタンをクリックします。



- 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。

- 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。



以下の中から選択します。

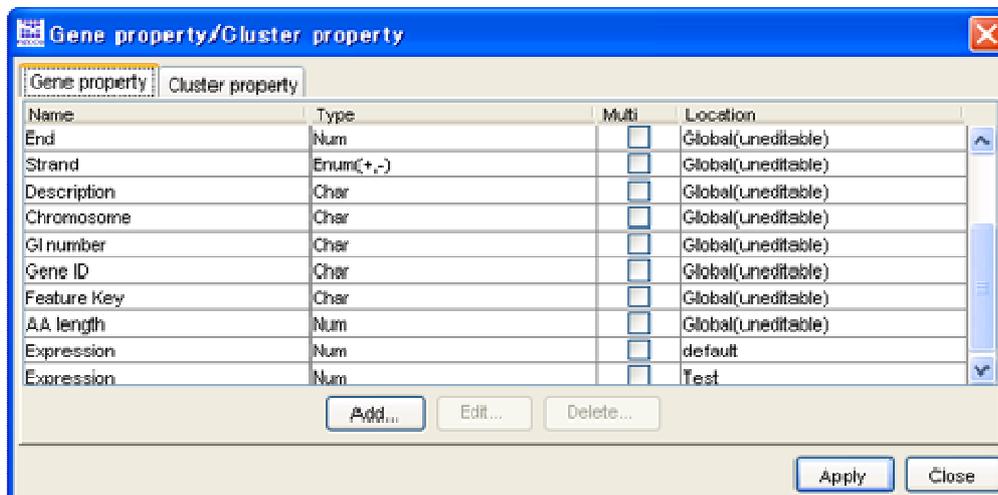
- Current Project、プロジェクト名
現在のプロジェクト、もしくは指定したプロジェクトでのみ利用可能になるように遺伝子プロパティを登録します
 - Global
全プロジェクトで利用可能になるように登録します。
- Import gene property file 画面が開きます。作成した遺伝子プロパティファイルを指定し、[Open] ボタンをクリックすることにより、遺伝子プロパティが登録されます。

29.2. プロパティ一覧の参照

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。
- 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(readonly)
 - 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
 - ◇ プロジェクト名
 - プロジェクト内でのみ参照可能な遺伝子プロパティ
- 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

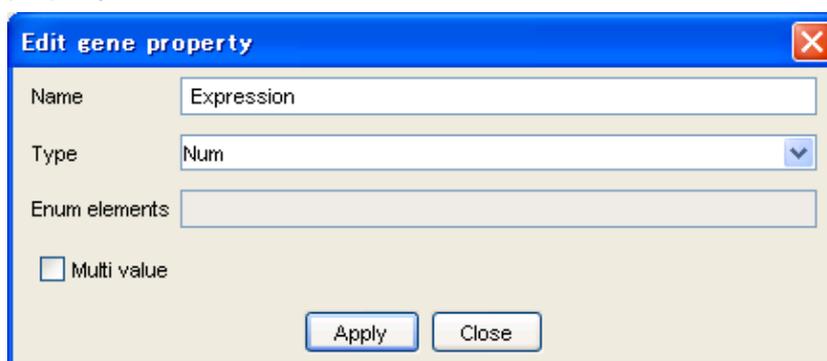


29.3. プロパティの編集

プロパティの名称、型を変更することができます。

1. 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。
2. 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。



3. 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

1. 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。
2. 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。
3. 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ことができます。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

1. 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

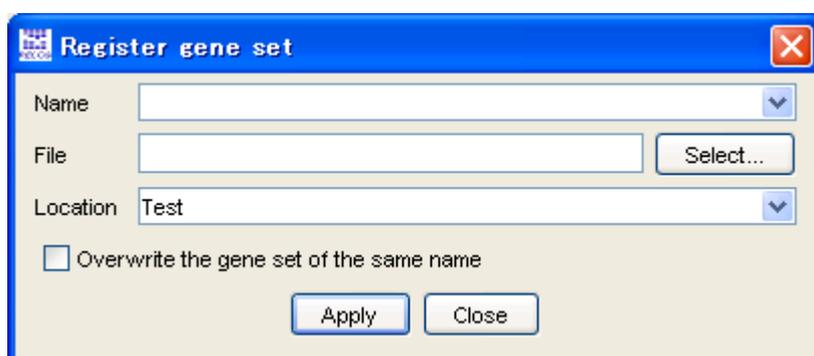
(ウ) 遺伝子プロパティ形式

「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 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。

「Overwrite 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

- PPM でクラスタを選択します。
- 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。

- 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。

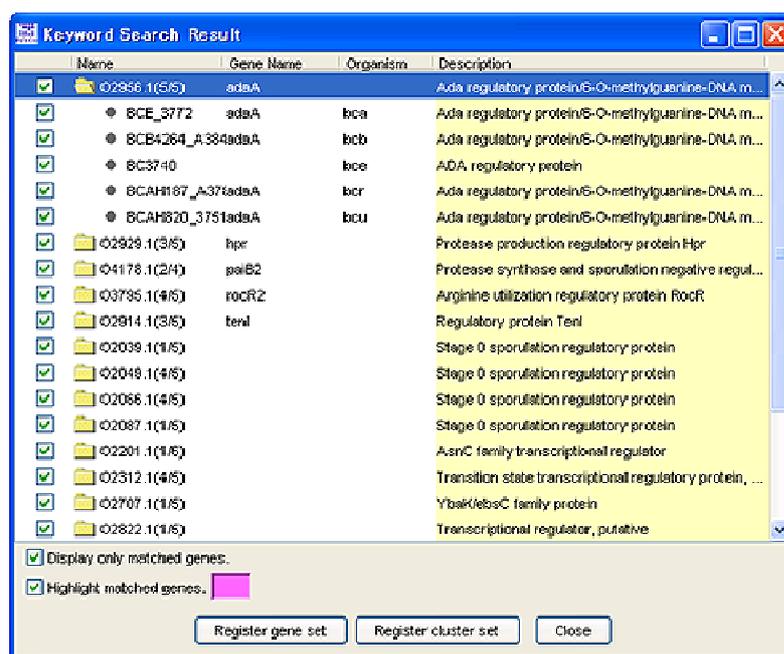
「Overwrite the gene/cluster set of the same name」をチェックした場合、同名の

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。



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. 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。

「Overwrite 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

1. 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）

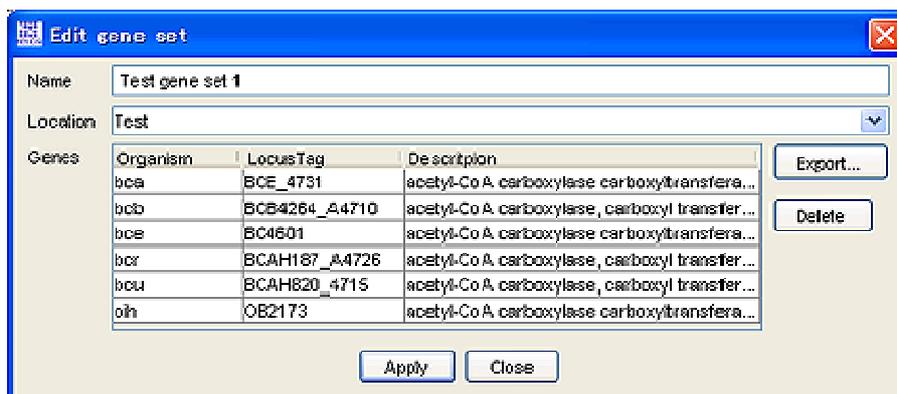
1. セット管理パネルの [Gene Set]、[Cluster Set] から遺伝子セット、またはクラスタセットを選択します。右クリックから、[Edit gene/cluster set] をクリックします。

Edit gene/cluster set 画面が表示されます。

2. 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。



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。
2. 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

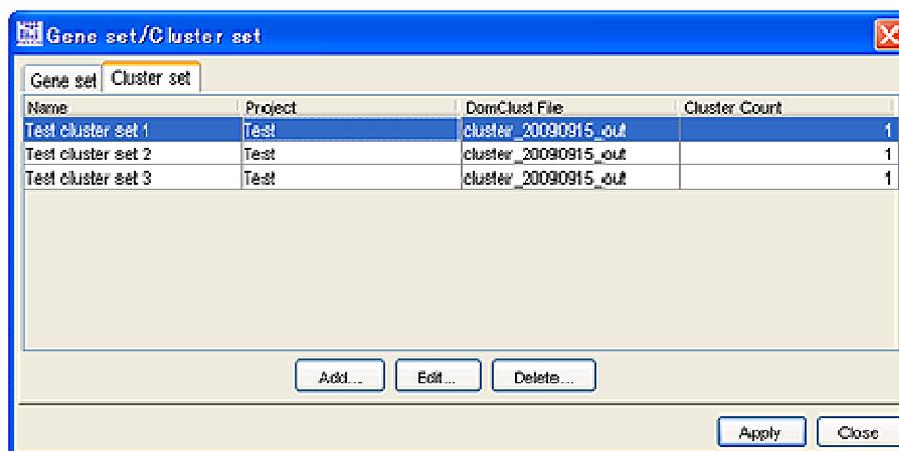
1. セット管理パネルの [Gene Set]、[Cluster Set] から遺伝子セット、またはクラスタセットを選択し、右クリックから、[Delete gene/cluster set] をクリックします。
2. 警告画面が表示されるので、OK ボタンをクリックします。遺伝子セット／クラスタセットが削除されます。

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。

1. 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
 - ◇ プロジェクト名
プロジェクト内でのみ参照可能な遺伝子プロパティ
- 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



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。

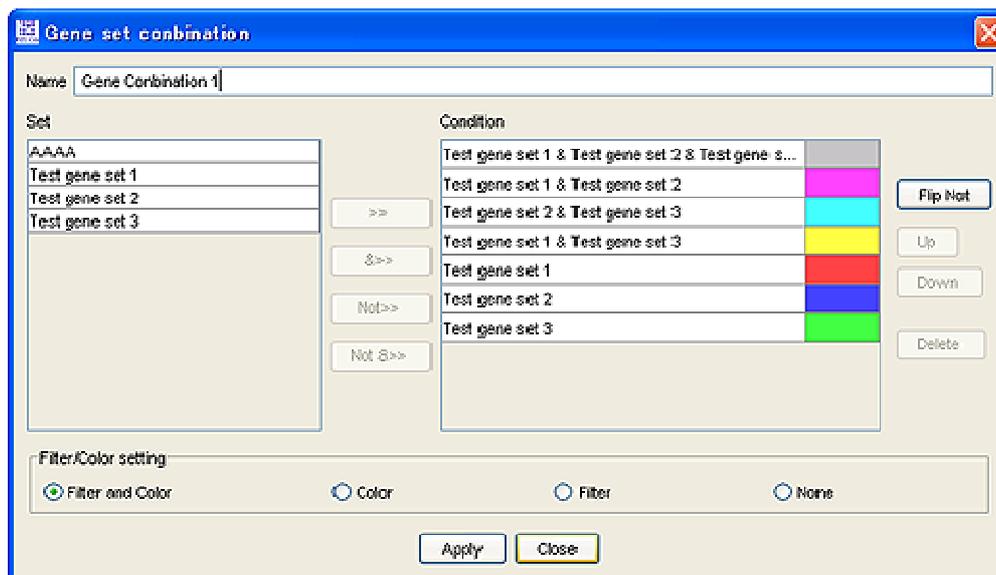
31. 複合セット

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

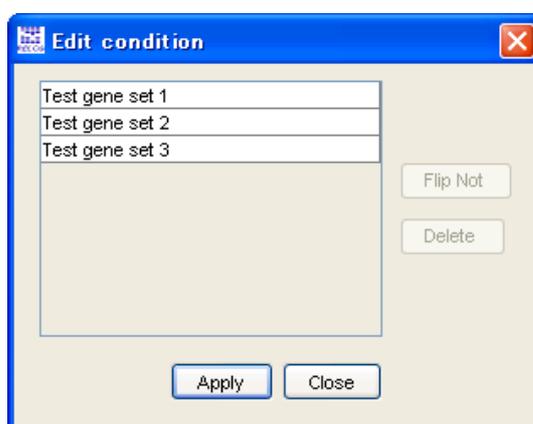
1. 遺伝子セットの複合セットを登録する場合は、セット管理パネルの [Gene Set] から遺伝子セットを選択して、右クリックから [New gene set combination...] をクリックします。Gene set combination 画面が表示されます。

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 combination...] をクリックします。Cluster set combination 画面が表示されます。



2. Gene/Cluster set combination 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。
- 複合条件の優先順位を変更する場合は、[Condition] 欄から条件を選択して、[Up] / [Down] 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。



- 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。
3. 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。

4. Gene/Cluster set combination 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 Combination] / [Cluster Set Combination] 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。

The screenshot displays the RECOG software interface. On the left, a tree view shows a hierarchy of gene sets under 'root(5)'. The selected 'Gene Set' includes 'Bacteria(5)', 'Bacillales(5)', and 'Bacillales(5)'. Below this, 'Gene Set Combination 1' is defined with three test gene sets. The 'Cluster Set' section shows 'Cluster Set Combination 1' with three test cluster sets. On the right, a comparison matrix table is shown with columns for 'ber', 'bow', 'boa', 'boe', and 'bob'. The rows represent various gene sets (e.g., saf2, sapR2, sacC7, sbrB, sccA, sccB, sccC, sccD, sccA, sccB, sccA, senA, sccA, sccB, sccC, sccD, sccA, sccB, sccA) and their corresponding values in the comparison matrix, with some cells highlighted in green or red.

	ber	bow	boa	boe	bob
saf2	BCAH187_40271	BCAH820_0243	BCE_0243	BC0246	BCB4264_40250
sapR2			BCE_2749		
sacC7	BCAH187_42378	BCAH820_2929	BCE_2948	BC0819	BCB4264_42388
sbrB	BCAH187_40048	BCAH820_0042	BCE_0045	BC0042	BCB4264_40042
sccA	BCAH187_44728	BCAH820_4713	BCE_4711	BC4601	BCB4264_44710
sccA			BCE_3533		
sccB	BCAH187_44315	BCAH820_4205	BCE_4218	BC4184	BCB4264_44295
sccC	BCAH187_44314	BCAH820_4204	BCE_4212	BC4188	BCB4264_44294
sccD	BCAH187_44727	BCAH820_4713	BCE_4732	BC4602	BCB4264_44711
sccA	BCAH187_41287	BCAH820_1213	BCE_1218	BC1128	BCB4264_41182
sccB	BCAH187_41288	BCAH820_1209	BCE_1218	BC1127	BCB4264_41181
sccA	BCAH187_44728	BCAH820_4753	BCE_4713	BC4607	BCB4264_44746
senA	BCAH187_49340	BCAH820_3627	BCE_3635	BC0618	BCB4264_49724
sccA	BCAH187_42324	BCAH820_2780	BCE_2804	BC0779	BCB4264_42785
sccB	BCAH187_42324	BCAH820_2773	BCE_2803	BC0778	BCB4264_42784
sccC	BCAH187_42328	BCAH820_2777	BCE_2802	BC0777	BCB4264_42783
sccD	BCAH187_42326	BCAH820_2773	BCE_2801	BC0776	BCB4264_42782
sccP	BCAH187_49330	BCAH820_3535	BCE_3530	BC0540	BCB4264_49334

31.2. 複合セットの編集

1. セット管理パネルの [Gene Set Combination] / [Cluster Set Combination] 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 combination] をクリックします。Gene/Cluster set combination 画面が表示されます。
2. Gene/Cluster set combination 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

1. セット管理パネルの [Gene Set Combination] / [Cluster Set Combination] から複合セットを選択し、右クリックからメニュー [Delete set combination] 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

1. セット管理パネルの [Gene Set Combination] / [Cluster Set Combination] 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

1. セット管理パネルの [Gene Set Combination] / [Cluster Set Combination] 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

1. 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。
2. 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

1. 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。
2. 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。

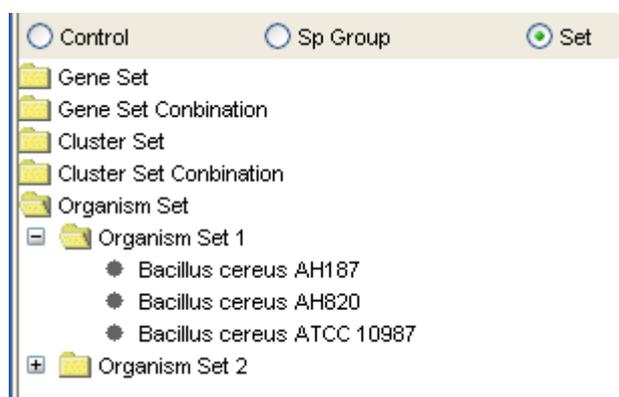
32.1. 生物種セットの登録

1. [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。



2. 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。



32.2. 生物種セット名の編集

1. 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

1. 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

1. 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

1. 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

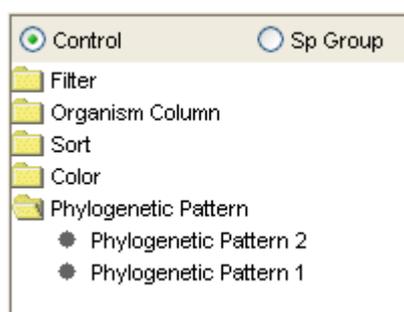
1. PPM でクラスタを選択して、右クリックからメニュー [Create phylogenetic pattern] をクリックします。Register phylogenetic Pattern 画面が表示され、選択したクラスタでの遺伝子のあるなしに基づいた系統パターンが表示されます。

Organism	Value
Bacillus cereus AH187	1.0
Bacillus cereus AH820	1.0
Bacillus cereus ATCC 10987	1.0
Bacillus cereus ATCC 14579	1.0
Bacillus cereus B4264	1.0

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

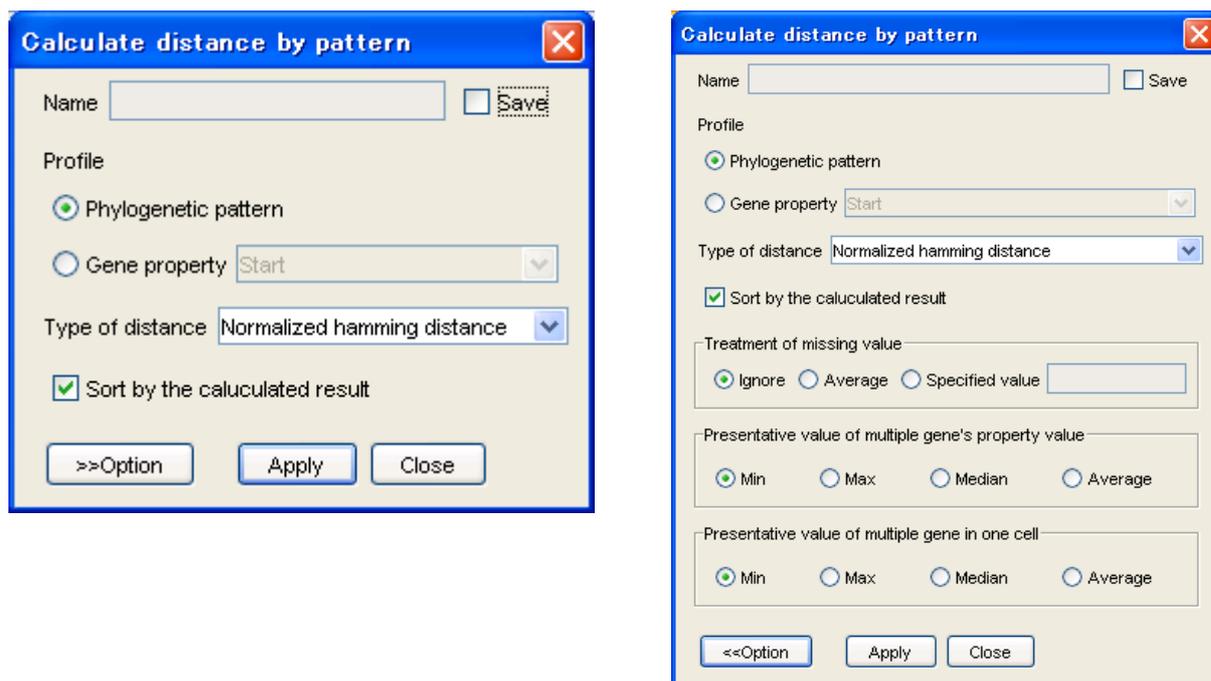
1. 操作パネルの [Phylogenetic Pattern] でプロファイルを選択して、右クリックから、メニュー [Edit pattern] をクリックします。Register phylogenetic Pattern 画面が表示されます。
2. プロファイルを編集します。編集方法は「33.1 クラスタからのプロファイルの登録」を参照してください。
3. プロファイルを編集した後、[Apply] ボタンをクリックします。

33.3. プロファイルの削除

1. 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

1. 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。



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0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

- ◇ Mutual information

※ Profile 欄で Gene property を指定した場合は Correlation 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。

- Treatment 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※
4. 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

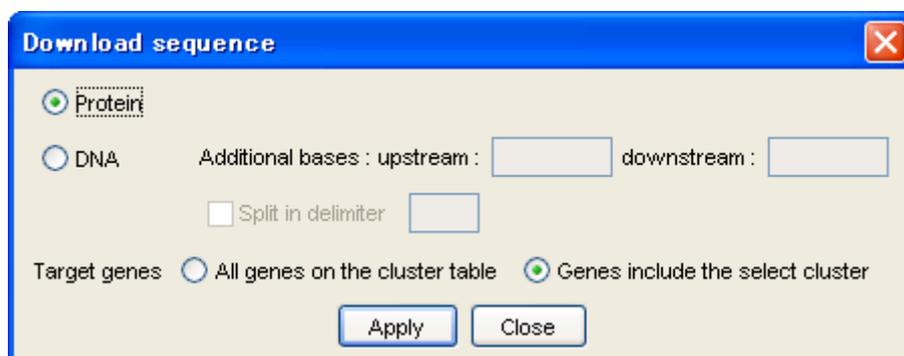
1. Save 欄をチェックしてファイルに保存した相関係数は、Gene property/Cluster property 画面の [Cluster property] タブから削除することができます。削除方法については「29.2 プロパティ一覧の参照」を参照してください。

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。
2. 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。



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。

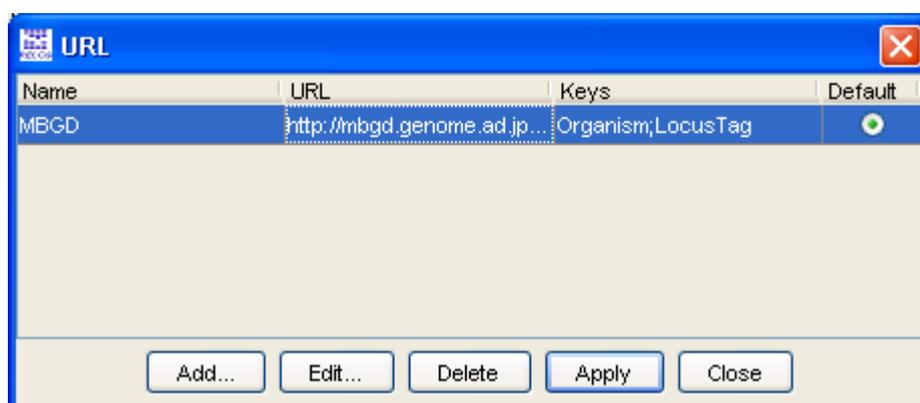
4. [Target genes] で対象とする遺伝子を指定します。
 - All genes on the cluster table
PPM に表示されている全クラスタに含まれる遺伝子を対象とします。
 - Genes include the select cluster
PPM で現在選択されているクラスタに含まれる遺伝子を対象とします。
5. 条件を指定した後、Apply ボタンをクリックします。ファイル保存画面が表示されるので、ファイル名を入力して OK ボタンをクリックします。

35. 外部リソース URL 管理

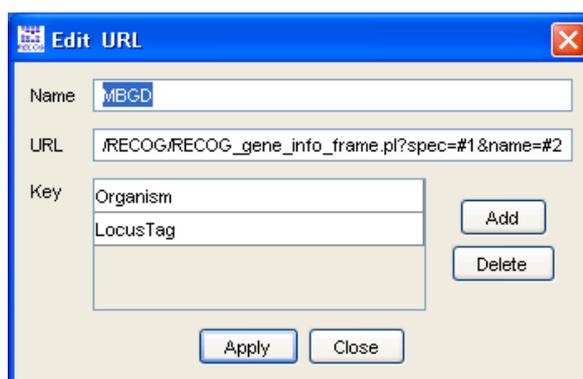
外部リソースの URL を登録して、[Info] タブや Regional Genome Map から外部リソースの情報をウェブブラウザで表示することができます。

35.1. 外部リソースの URL の登録

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



2. 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。



3. 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) MBDG 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

4. 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

1. メニュー [Option] - [URL...] をクリックします。
URL 画面が表示されます。
2. 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

1. メニュー [Option] - [URL...] をクリックします。
URL 画面が表示されます。
2. 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 $\{\text{the number of identical residue pairs}\} / \{\text{alignment length}\} * 100$. Alignment length includes internal gaps.
Alignment coverage	Alignment coverage is defined as $\{\text{alignment length}\} / \{\text{length of the shorter sequence}\} * 100$. 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

	<p>routinely used for predicting gene functions. MGD 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.</p>
Cutoff ratio of the score against the best	<p>This parameter is not effective when you do not use the best-hit criterion above.</p> <p>Orthology need not be one-to-one relationship. For bidirectional best-hit criterion, a gene pair (a,b) is considered as orthologs when $\text{score}(a,b)$ satisfies</p> $\text{score}(a,b) / \max(\max_y(\text{score}(a,y)), \max_x(\text{score}(x,b))) \geq \text{cutoff_ratio}$ <p>where x and y are any genes of genomes A and B, respectively. Using cutoff_ratio =100 corresponds to the exact bidirectional best-hit criterion.</p> <p>Similarly, for unidirectional best-hit criterion, a gene pair (a,b) is considered as orthologs when</p> $\text{score}(a,b) / \min(\max_y(\text{score}(a,y)), \max_x(\text{score}(x,b))) \geq \text{cutoff_ratio}$
Score for missing relationships	<p>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 {score_cutoff * 0.95} or {pam_cutoff / 0.95}.</p>
Clustering Mode	<p>This option specifies whether orthologous or homologous groups shall be made. Actually, this is just equivalent to omitting the tree-splitting procedure described below by specifying phylocut > 1.</p>
Cutoff ratio of paralogs for tree splitting	<p>In MGD, 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</p> $ \text{Intersect}(\text{Ph}(A), \text{Ph}(B)) / \min(\text{Ph}(A) , \text{Ph}(B)) > \text{phylocut}$ <p>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'.</p>
Phylogenetically related organisms	<p>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 organisms you consider to be related.</p>
Overlap ratio (r_{adj1}) for merging	<p>After the tree splitting procedure described above, two clusters of domains are joined when they are almost always adjacent to</p>

adjacent clusters	<p>each other. More precisely, two clusters A and B are joined when</p> $ \text{adjacent}(A,B) / \max(A , B) \geq r_{adj1}$ <p>or</p> $ \text{adjacent}(A,B) / \min(A , B) \geq r_{adj2} ,$ <p>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 $0 \leq r_{adj1} \leq r_{adj2} \leq 1$.</p>
Coverage ratio (r_{adj2}) for absorbing adjacent small clusters	See above. Note that this parameter is not effective if $r_{adj2} \leq r_{adj1}$.
Relative weight for horiz. transfer	Relative weight for horiz. transfer ($0 \leq x \leq 1$)
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

C

Core Aligner (<http://mbgd.genome.ad.jp/CoreAligner/>)

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 につけられたユニークな ID。

COG (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG/>)

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

G

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

I

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

N

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。

O

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

P

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

RRECOG (<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

I

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。

あ

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れるもの。

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。

か

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、それらの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