



Client User's Manual

Ver.1.1.23

2010/9/30

目次

1. RECOG の概要	10
1.1. RECOG とは.....	10
2. RECOG 動作環境	11
2.1. 動作 OS.....	11
2.2. 対応 Java バージョン	11
3. インストール・アンインストール	12
3.1. Windows 版のインストール.....	12
3.2. Mac 版のインストール	12
3.3. Linux 版のインストール.....	12
3.4. Windows 版のアンインストール.....	13
3.5. Mac 版のアンインストール.....	13
3.6. Linux 版のアンインストール.....	13
4. RECOG の起動と終了	14
4.1. RECOG の起動.....	14
4.2. RECOG の終了	14
5. RECOG Main Window の表示と操作	15
5.1. 画面構成	15
5.2. ウィンドウヘッダー.....	16
5.3. メニューバー	16
5.4. ツールボックス.....	20
5.5. ズーミングスケールバー	21
5.6. Taxonomy Tree.....	22
5.7. Phylogenetic Pattern Map (PPM)	23
5.8. Info タブ.....	24
5.9. Histogram タブ.....	26
5.10. ステータスバー	27
6. プロジェクトの作成と編集.....	28
6.1. 新規プロジェクトの作成.....	28
6.2. プロジェクトを開く	29
6.3. 登録されているプロジェクトの一覧の参照	29
6.4. プロジェクトの登録.....	30

6.5. プロジェクト情報の編集	30
6.6. プロジェクトの削除	31
6.7. RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード	32
7. RECOG サーバの切り替え	34
7.1. 利用する RECOG サーバの確認	34
7.2. RECOG サーバの切り替え	34
7.3. 登録されている RECOG サーバの参照	34
7.4. RECOG サーバの登録	35
7.5. RECOG サーバの編集	35
7.6. RECOG サーバの削除	36
8. Taxonomy Browser の表示と操作	37
8.1. Taxonomy Tree の展開・折りたたみ	37
8.2. Taxonomy Tree に表示する分類ランクの指定	37
8.3. 内群、外群の指定	38
8.4. 内群、外群の自動指定	39
9. Ortholog Clustering (DomClust)	40
9.1. 新規解析	40
9.2. DomClust の実行	40
9.3. 差分更新	43
9.4. DomClust 解析結果の表示	44
9.5. RECOG サーバに登録されている DomClust 解析結果のロード	45
9.6. DomClust 解析結果のプロパティの表示	46
9.7. DomClust 解析結果の保存	47
9.8. DomClust 解析結果の RECOG サーバへの登録	48
10. 操作パネル、セット管理パネル	49
10.1. 操作パネルの表示	49
10.2. 操作パネルの操作	50
10.3. セット管理パネルの表示	51
10.4. セット管理パネルの操作	52
11. Phylogenetic Pattern Map の表示と操作	53
11.1. セルに属する遺伝子の Locus Tag の表示	53
11.2. クラスタヘッダへのクラスタプロパティ表示	53
11.3. ホモロジークラスタヘッダの表示・非表示	54
11.4. 生物種の色の設定	54

11.5. PPM のセルや境界線の色の変更	54
11.6. セル内の遺伝子数に応じた色の変更	55
11.7. 機能カテゴリにもとづいた色の表示	55
11.8. 機能カテゴリによる PPM のフィルタリング	57
11.9. PPM の縮約表示	58
11.10. PPM の選択領域の限定表示	59
11.11. Taxonomy Tree での生物種選択によるハイライト表示	60
11.12. クラスタに含まれる生物種（系統パターン）の選択	60
12. プロパティによるカラー表示	61
12.1. プロパティによるカラー表示設定	61
12.2. プロパティカラー設定の有効化／無効化	63
13. PPM ソート	64
13.1. 非縮約モードにおける PPM ソート	64
13.2. 縮約モードにおける PPM ソート	65
13.3. プロパティを用いたソート	66
13.4. ソート条件の表示	67
14. Phylogenetic pattern clustering (PhyloPatClust)	68
14.1. PhyloPatClust の実行	68
14.2. クラスタリングツリーの操作	71
14.3. クラスター括マージ	71
15. タクソノミーフィルタリング	72
15.1. タクソノミーフィルタリング条件の表示	72
15.2. All 条件の指定	73
15.3. Any 条件の指定	73
15.4. Any 条件名の変更	75
15.5. Any 条件の閾値の変更	75
15.6. None 条件の指定	76
15.7. 条件の有効化／無効化	77
15.8. 条件の削除	77
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	78
16.1. 条件の設定	78
16.2. 条件の有効化／無効化	78
17. キーワード検索	79

17.1. クラスタを対象とした検索.....	79
17.2. 遺伝子を対象とした検索.....	81
17.3. 検索結果の再表示	83
17.4. 検索結果によるフィルタ設定の有効／無効.....	83
17.5. 検索結果によるカラー設定の有効化／無効化.....	83
18. 生物種の表示順序の変更、表示・非表示	84
18.1. 生物種の表示順序の変更.....	84
18.2. 生物種の表示／非表示の切り替え	84
18.3. 生物種の表示対象への追加.....	84
18.4. 生物種の表示対象からの削除.....	84
18.5. 生物種の表示順序を元に戻す	85
18.6. 生物種の表示順序、表示／非表示の編集.....	85
19. クラスタ・生物種の編集.....	86
19.1. クラスタの結合	86
19.2. クラスタの分割.....	87
19.3. 生物種の結合	88
19.4. 生物種の分割.....	89
20. 遺伝子リスト.....	91
20.1. 遺伝子リストの表示	91
20.2. 遺伝子リストのソート.....	91
20.3. 遺伝子リストの保存	91
21. Circular Genome Map(CGM)の表示と操作	92
21.1. CGM の表示	92
21.2. 選択領域の変更.....	93
21.3. PPM と CGM の連携.....	93
21.4. 遺伝子の色の変更	93
21.5. 遺伝子情報のブラウザ表示.....	94
22. 機能カテゴリ頻度グラフ・数値データグラフ.....	95
22.1. 機能カテゴリ頻度グラフ.....	95
22.2. 数値データグラフ、Description/機能カテゴリ表示.....	95
22.3. [Histogram] タブの表示／非表示の切り換え	97
23. 近傍遺伝子クラスタリング.....	98
23.1. 近傍遺伝子クラスタリングの実行	98

23.2. クラスタリング結果の表示／非表示	99
23.3. 近傍遺伝子群の色の変更	100
24. 生物種グループ	101
24.1. 生物種グループの表示	101
24.2. 生物種グループの登録	101
24.3. 生物種グループ名の編集	102
24.4. 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	102
25. ゲノムコア構造アライメント (CoreAligner)	103
25.1. CoreAligner の実行	103
25.2. コア構造遺伝子の遺伝子プロパティ登録	105
25.3. コア構造遺伝子の遺伝子セット登録	106
25.4. RECOG サーバに登録されている CoreAligner 結果のロード	107
25.5. CoreAligner 結果の RECOG サーバへの登録	108
25.6. CoreAligner 結果の表示	109
25.7. コア構造表示の構成要素	109
25.8. 表示位置の変更	110
25.9. オーソロググループの選択	110
25.10. オーソロググループを中心に表示	110
25.11. リファレンスゲノムの設定	110
25.12. 生物種の表示・非表示	111
25.13. 生物種の表示順序の変更	111
25.14. ウィンドウサイズの変更	112
25.15. 生物種名の表示形式の変更	112
25.16. オーソロググループラベルの変更	112
25.17. ズーム	113
25.18. 遺伝子名／Locus Tag による検索	113
25.19. コア構造イメージの印刷	114
25.20. CoreAligner 結果の保存	114
26. Genome Comparison Viewer	115
26.1. Genome Comparison Viewer の表示	116
26.2. 表示領域の変更	116
26.3. ズーム	116
26.4. 指定オーソロググループを中心へ移動	117
26.5. 遺伝子情報のブラウザ表示	117
26.6. 原点の保存	117

26.7. 原点を元にもどす	117
26.8. 生物種の表示・非表示	118
26.9. 生物種の表示順序の変更	119
26.10. 遺伝子、オーソログ対応線 (ortholog line) の表示／非表示	119
26.11. 生物種名の表示形式の変更	120
26.12. Locus Tag の表示／非表示	121
26.13. カラー設定	121
26.14. 遺伝子向きの自動修正	122
26.15. 目盛線の表示形式の変更	123
26.16. 印刷	124
26.17. コア構造遺伝子の遺伝子プロパティ登録	125
26.18. コア構造遺伝子の遺伝子セット登録	125
27. 遺伝子情報データの更新	126
27.1. 更新通知メッセージからの Taxonomy Tree 更新	126
27.2. Update Data からの遺伝子情報の更新	127
28. 遺伝子／クラスタプロパティの登録、管理	128
28.1. 遺伝子プロパティの登録	128
28.2. クラスタプロパティの登録	129
28.3. プロパティ一覧の参照	130
28.4. プロパティの編集	131
28.5. プロパティの削除	133
28.6. 遺伝子プロパティからクラスタプロパティへの変換	134
28.7. RECOG サーバからのプロパティのロード	135
28.8. RECOG サーバへプロパティの保存	135
29. 遺伝子セット／クラスタセットの登録、管理	136
29.1. 遺伝子セット／クラスタセットの登録	136
29.2. 遺伝子セット／クラスタセットのファイルへの出力	139
29.3. 遺伝子セット／クラスタセットの編集（遺伝子の削除）	139
29.4. 遺伝子セット／クラスタセットへの追加登録	140
29.5. 遺伝子セット／クラスタセットの削除	140
29.6. 遺伝子セット／クラスタセット一覧の参照	140
29.7. RECOG サーバからのセットのロード	142
29.8. RECOG サーバへセットの保存	142
29.9. 遺伝子セットからクラスタセットへの変換	143

30. 複合セット.....	144
30.1. 複合セットの登録.....	144
30.2. 複合セットの編集.....	148
30.3. 複合セットの削除.....	149
30.4. 複合セットをフィルタ条件として設定.....	149
30.5. 複合セットをカラー条件として設定.....	149
30.6. フィルタ設定の有効化／無効化.....	149
30.7. カラー設定の有効化／無効化.....	149
31. 生物種セット.....	151
31.1. 生物種セットの登録.....	151
31.2. 生物種セット名の編集.....	152
31.3. 生物種セットの削除.....	152
31.4. 生物種セットを用いたカラー設定.....	152
31.5. 生物種セットを用いたタキソノミーフィルタリング.....	152
32. 類似系統パターン検索.....	153
32.1. クラスタからのプロファイルの登録.....	153
32.2. プロファイルの編集.....	154
32.3. プロファイルの削除.....	154
32.4. 類似系統パターン検索.....	155
32.5. 系統パターン類似性検索の結果の利用.....	156
32.6. 系統パターン類似性検索の削除.....	157
33. 外部リソース URL 管理.....	158
33.1. 外部リソースの URL の登録.....	158
33.2. 外部リソースの URL の編集.....	159
33.3. 外部リソースの URL の削除.....	159
34. 不完全ゲノムのマッピング情報の編集.....	160
34.1. マッピング情報の新規登録.....	160
34.2. マッピング情報の編集.....	162
35. 遺伝子のタキソノミーツリーマッピング解析.....	163
35.1. マッピング解析の実行.....	163
35.2. マッピング解析結果表示画面の構成.....	164
35.3. マッピング解析の結果表示.....	165
35.4. マッピング結果の形式.....	165
35.5. マッピング方法の切り替え.....	166

35.6. ドメイン分割された遺伝子の集約方法の指定	167
35.7. タキソノミーツリーに表示する生物分類の切り替え	168
35.8. 遺伝子がマッピングされている生物分類のみ表示	169
35.9. タキソノミーツリーの枝の展開、集約.....	169
35.10. マッピング結果に基づく生物分類の表示の切り替え	170
35.11. タキソノミーツリーの生物分類の選択	170
35.12. 生物分類にマッピングされた遺伝子の遺伝子セット登録.....	171
35.13. PPM との連携.....	171
35.14. タキソノミーツリーの別ウィンドウ表示	172
35.15. タキソノミーツリーのイメージの保存	172
35.16. タキソノミーツリーのイメージの印刷	172
35.17. 遺伝子分布グラフの表示の切り替え	172
35.18. 遺伝子分布グラフの別ウィンドウ表示	173
35.19. 遺伝子分布グラフのデータの表示	173
35.20. 遺伝子分布グラフのデータの出力	173
35.21. 遺伝子分布グラフのイメージの出力	174
35.22. 遺伝子分布グラフの印刷	174
35.23. プロパティグラフの表示の切り替え	174
35.24. プロパティグラフの別ウィンドウ表示	175
35.25. プロパティグラフのデータの表示	175
35.26. プロパティグラフのデータの出力	175
35.27. プロパティグラフのイメージの出力	175
35.28. プロパティグラフの印刷	176
35.29. マッピング結果一覧の遺伝子を遺伝子セットに登録.....	176
35.30. マッピング結果一覧の出力	176
35.31. マッピング結果のプロパティ登録.....	176
35.32. マッピング結果を用いた PPM カラー設定	177
36. 補足.....	178
36.1. DomClust パラメータ	178
37. 用語定義.....	181

1. RECOG の概要

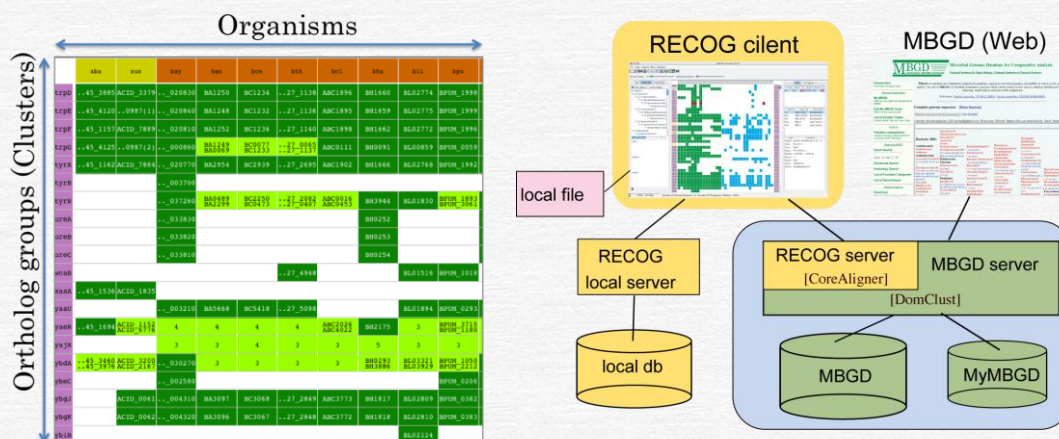
1.1. RECOG とは

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

RECOG は微生物ゲノム比較データベース MBGD (Microbial Genome Database for Comparative Analysis) を基に開発されました。クライアント-サーバ型のシステムであり、RECOG クライアントは MBGD サーバと接続することにより、直ちに利用可能な専用クライアントソフトウェアという位置づけを持っています。一方で、RECOG サーバをローカルにインストールすることにより、MBGD のデータベースには含まれない、新規に決定された微生物ゲノムや真核生物ゲノムなどの解析を、ローカルな環境で行うことも可能になっています。

RECOG の最新版は <http://mbgd.genome.ad.jp/RECOG/> より入手できます。

本マニュアルでは、RECOG クライアントソフトウェアの使い方について説明します。



2. RECOG 動作環境

2.1. 動作 OS

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

2.2. 対応 Java バージョン

- ◆ Java 1.4 以上

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

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

3. インストール・アンインストール

3.1. Windows 版のインストール

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。
インストールを開始します。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。
インストールを開始します。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。

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

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。

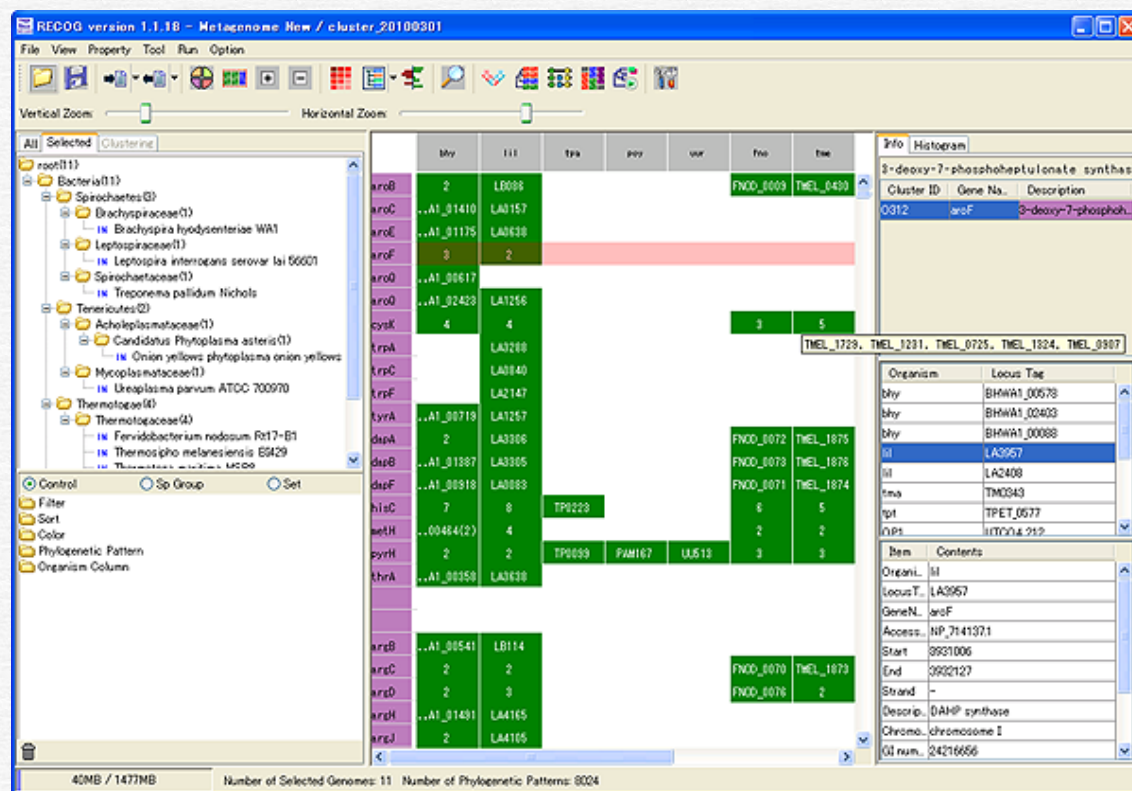
```
./recog.sh
```

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

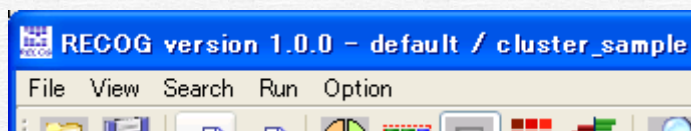


メインウィンドウは、以下の部分から構成されます。

- 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

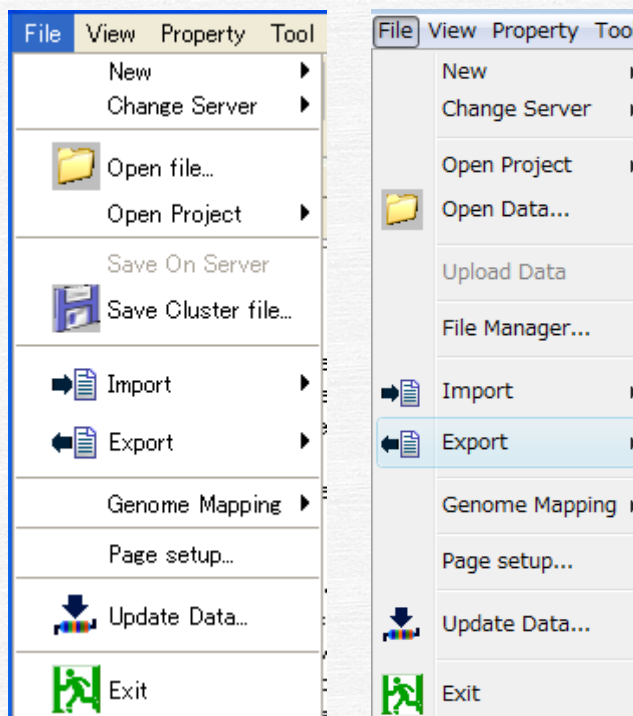
5.2. ウィンドウヘッダー

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

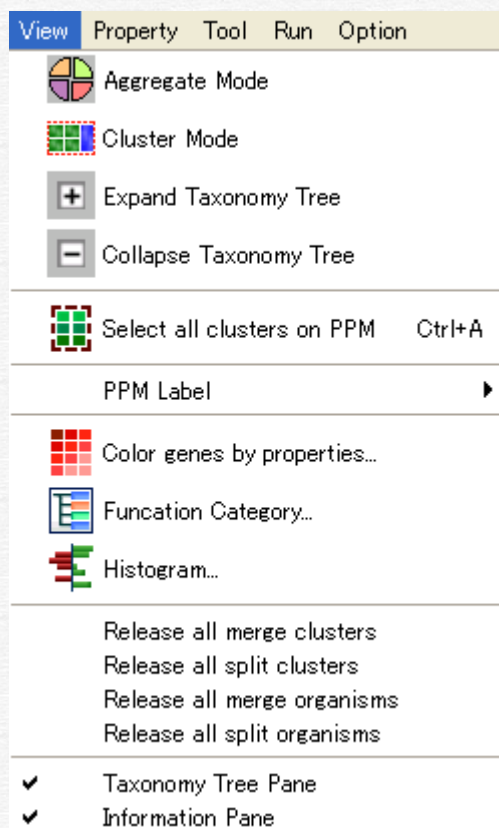
5.3.1. [File] メニュー



New	New Analysis 表示している解析をクリアします。 New Project 新規のプロジェクトを作成します。
Change Server...	RECOG サーバ 解析に使用する RECOG サーバを指定します Server List... 登録されている RECOG サーバの一覧を表示します

Open Project	プロジェクト 利用するプロジェクトを開きます Project List... プロジェクトの一覧を表示します
Open Data	DomClust 結果など解析結果ファイルを開きます
Upload Data	サーバに解析結果を保存します
File Manager...	解析結果の削除、名称変更を行います
Save Cluster file...	表示されている解析結果を保存します
Import	DomClust file... DomClust 結果ファイルをインポートします Gene property file... 遺伝子プロパティファイルをインポートします Cluster property file... クラスタプロパティファイルをインポートします Gene set file... 遺伝子セットファイルをインポートします Cluster set file... クラスタセット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
Function Category	機能カテゴリー一覧を表示します


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
Release all merge clusters	マージされているクラスタをすべて元のクラスタに戻します
Release all split clusters	分割されているクラスタをすべて元のクラスタに戻します
Release all merge organisms	マージされている生物種をすべて元の生物種に戻します
Release all split organisms	分割されている生物種をすべて元に生物種に戻します
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. [Property] メニュー

Property	Tool	Run	Option
Gene Property...			
Cell Property...			
Cluster Property...			
Convert gene property into cluster property			
Gene Set...			
Cluster Set...			

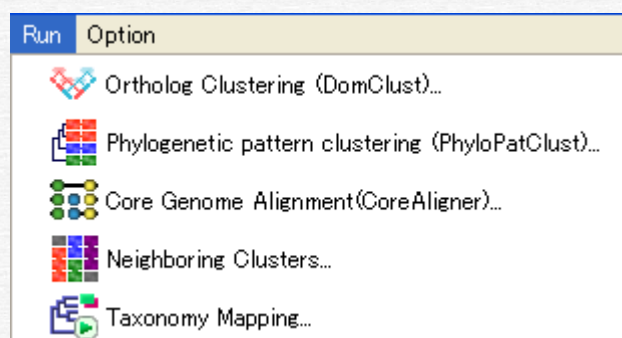
Gene Property	遺伝子プロパティの一覧を表示します
Cell Property	セルプロパティの一覧を表示します
Cluster Property	クラスタプロパティの一覧を表示します
Convert gene property into cluster property	遺伝子プロパティをもとに指定した演算規則に従ってクラスタプロパティを作成します
Gene set	遺伝子セットの一覧を表示します
Cluster set	クラスタセットの一覧を表示します

5.3.4. [Tool] メニュー

Tool	Run	Option
 Keyword Search...		
Organism/Gene Count Filter		

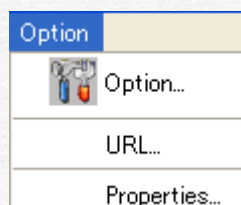
Keyword Search...	遺伝子、クラスタのプロパティを対象にキーワード検索します
Organism/Gene Count Filter	クラスタに含まれる遺伝子数、生物種に基づいてフィルタする条件を指定します

5.3.5. [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
Taxonomy Mapping...	タキソノミーマッピング解析を実行します

5.3.6. [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
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



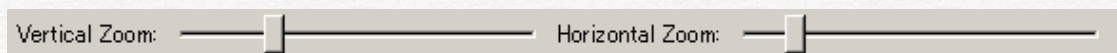
ツールボックスの左側をマウスでドラッグアンドドロップして移動できます。
もとに戻す場合は、ツールボックスの右上のクローズボタンをクリックします。

	Open Data
	Export DomClust File
	Import

	Export
	Aggregate Mode / Disaggregate Mode
	Cluster Mode / Sub Cluster Mode
	Expand/Collapse Taxonomy Tree
	Color genes by properties
	Function Category
	Histogram
	Keyword Search
	Ortholog Clustering (DomClust)
	Phylogenetic pattern clustering(PhyloPatClust)
	Core Genome Alignment (CoreAligner)
	Neighboring Clusters
	Taxonomy Mapping
	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。

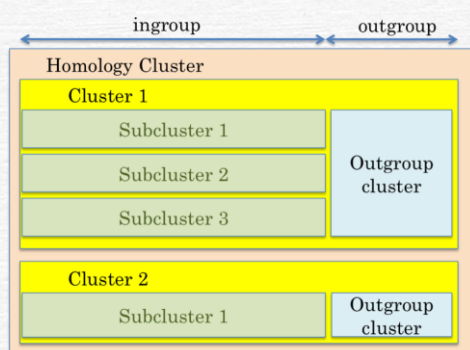
3. 「Clustering」タブ

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。

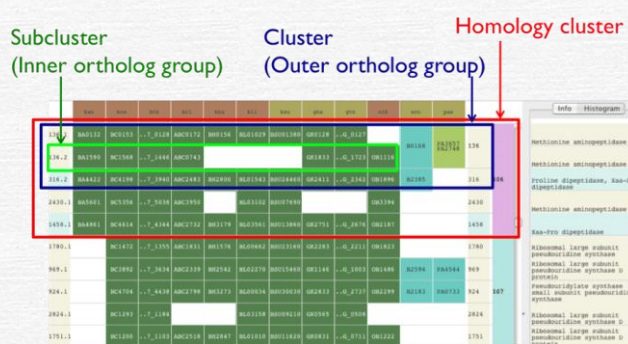
5.7. Phylogenetic Pattern Map (PPM)

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」に包含されます。さらにその上位階層として、相同なオーソロググループを集めた「相同クラスタ」が定義されています。通常の「非縮約モード」では、サブクラスタの機能カテゴリと遺伝子名（またはクラスタ ID）が左側の列に、クラスタの機能カテゴリと遺伝子名が右側の列に表示され、相同クラスタがさらにその右側に表示されます。これらの表示をクラスタヘッダと呼びます。これに対し、「縮約モード」では同じ系統パターンのクラスタは一つの行に集約して表示され、クラスタヘッダは表示されません。



入れ子型テーブルの構造



RECOG での表示

5.8. Info タブ

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

Info Histogram		
Aminoglycoside N3-acetyltransferase		
Cluster ID	Gene Name	Description
O3248.1	aacC7	Aminoglycoside N3-a...
Organism		Locus Tag
bcr		BCAH187_A2976
bcu		BCAH820_2929
bca		BCE_2969
bce		BC2919
bcb		BCB4264_A2939
Item		Contents
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
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）

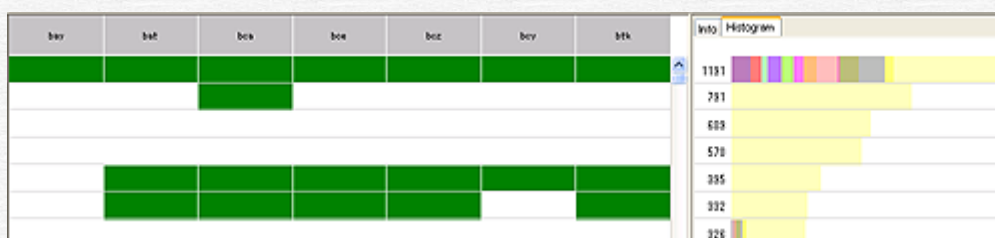
PPM、またはクラスタ情報テーブルで選択した遺伝子の詳細情報を表示します。登録した遺伝子プロパティも合わせて表示します。

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

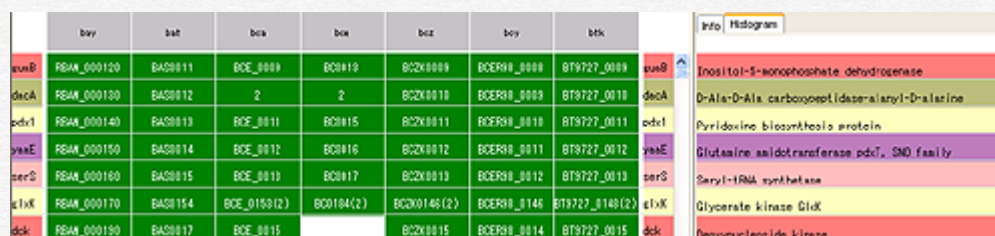
5.9. Histogram タブ

[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、通常の非縮約モードではアノテーション情報を表示します。

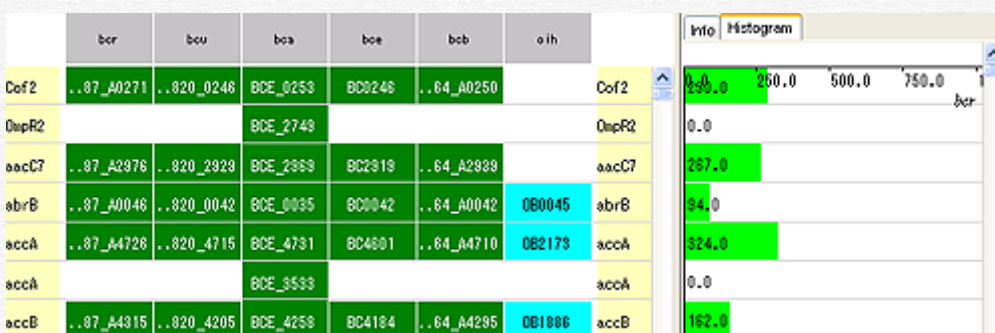
縮約モード	系統パターン頻度棒グラフ
非縮約モード	<u>Description / Function Category</u> Description、および背景色にサブクラスタの代表機能カテゴリの色を表示 <u>Value</u> 1 生物種の数値データを棒グラフ／折れ線グラフで表示 <u>Difference</u> 2 生物種の数値データの差を棒グラフ／折れ線グラフで表示



縮約モードのヒストグラム表示



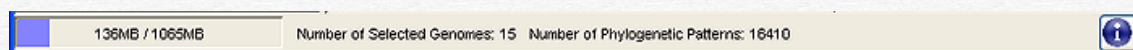
アノテーション表示



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

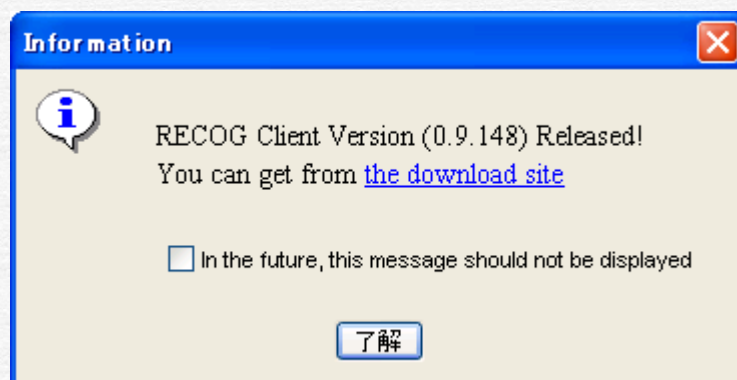
2. PPM のサイズ情報表示（中央）

- 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。

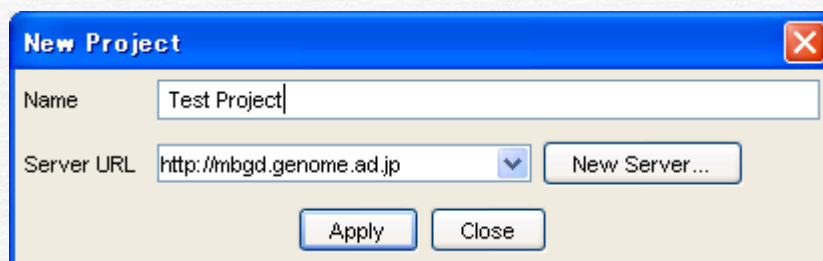


6. プロジェクトの作成と編集

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

3. 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。



4. 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。



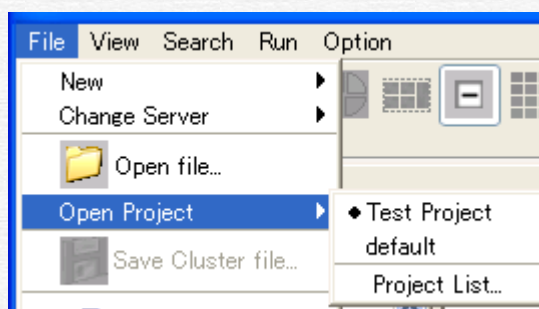
5. New Project 画面で [Apply] ボタンをクリックします。
プロジェクトが登録され、そのプロジェクトが開きます。

(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。

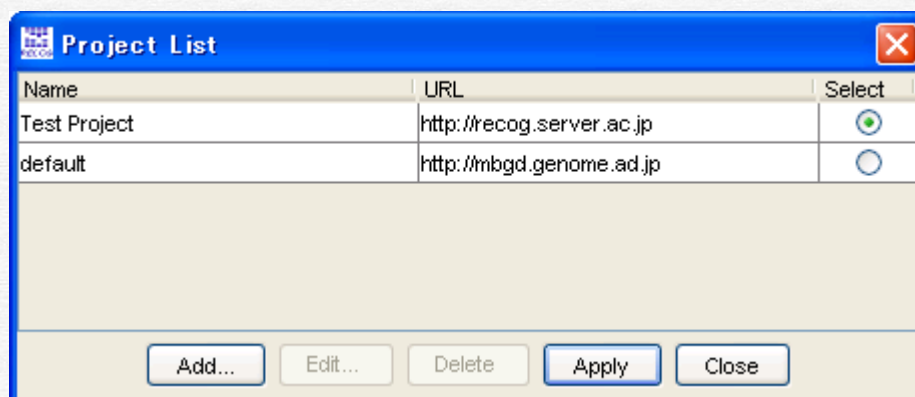


6.3. 登録されているプロジェクトの一覧の参照

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。

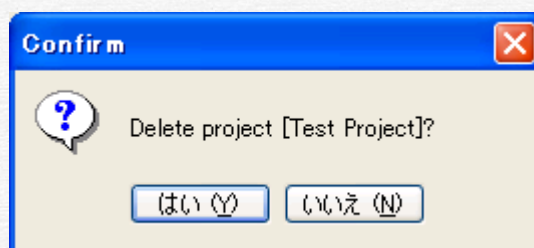
4. New Project 画面で [Apply] ボタンをクリックします。
5. Project List 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

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。



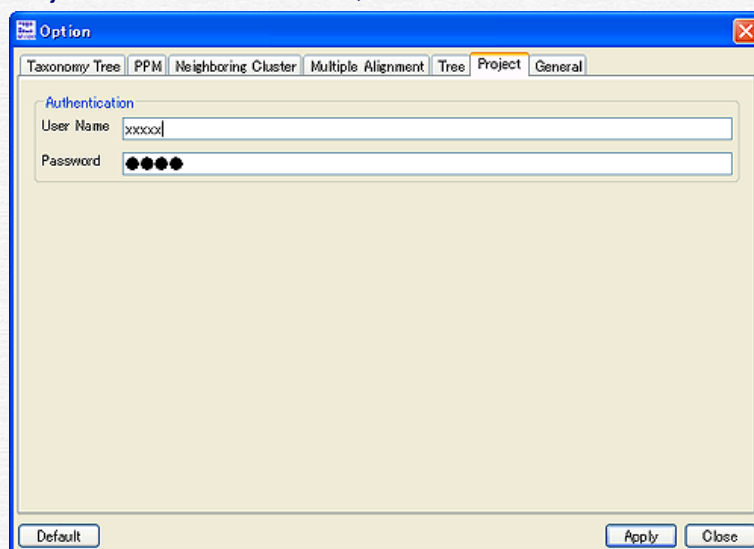
3. Project List 画面で [Apply] ボタンをクリックします。
- (注) プロジェクトを削除した場合、プロジェクト内の DomClust 結果などの解析結果がすべて削除されます。
- (注) 実際には、プロジェクトで作成されるファイルは、ユーザのホームディレクトリ上の RECOG/project/*project_name* というフォルダに格納されます。不要なファイルの削除などは直接このフォルダへの操作で行うこともできます。

6.7. RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード

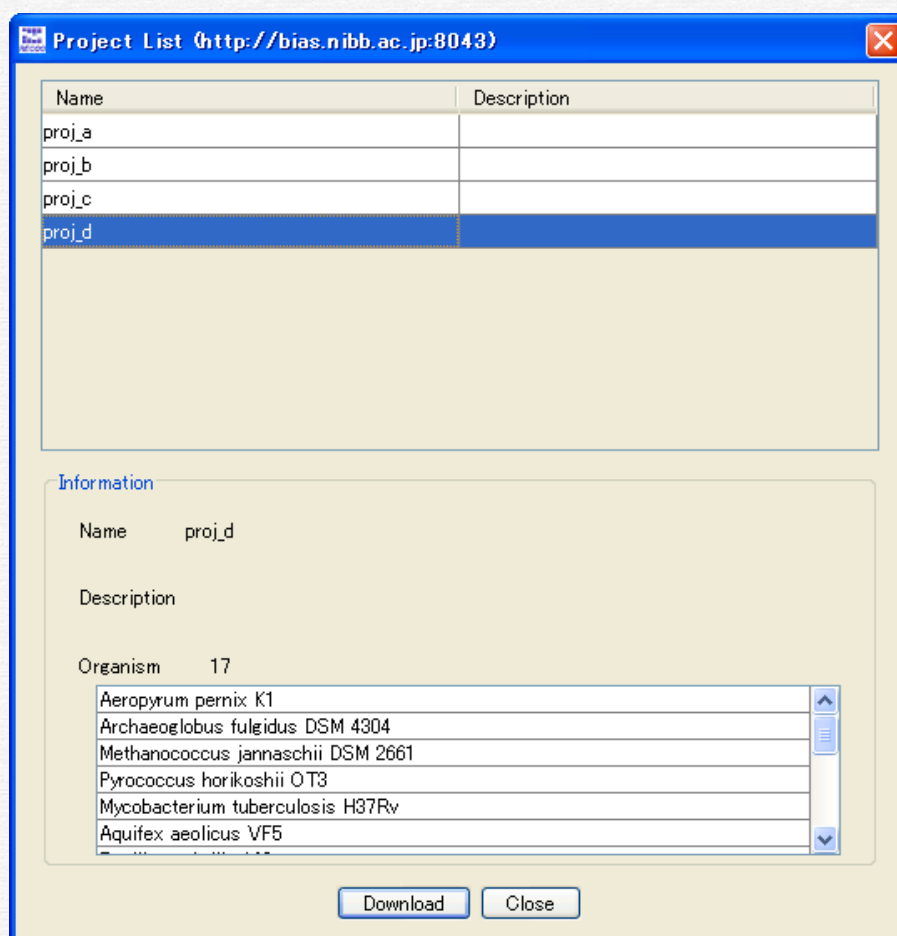
1. 認証情報を設定します。

メニュー [Option] – [Option...] をクリックします。Option 画面が表示されます。Option 画面の [Project] タブをクリックします。

[Project] タブで User Name, Password を入力します。



2. メニュー [File] – [Open Project] – [Download Project...] をクリックします。Project List 画面が表示されます。
3. Project List 画面でダウンロードするプロジェクトを選択し、[Download] ボタンをクリックします。プロジェクトがダウンロードされます。

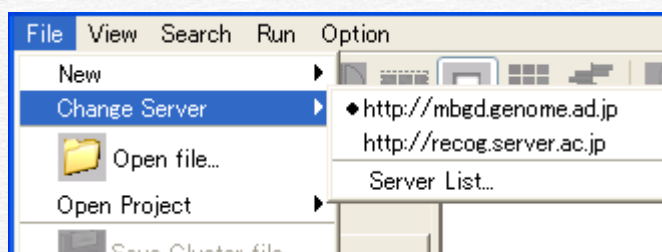


7. RECOG サーバの切り替え

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。



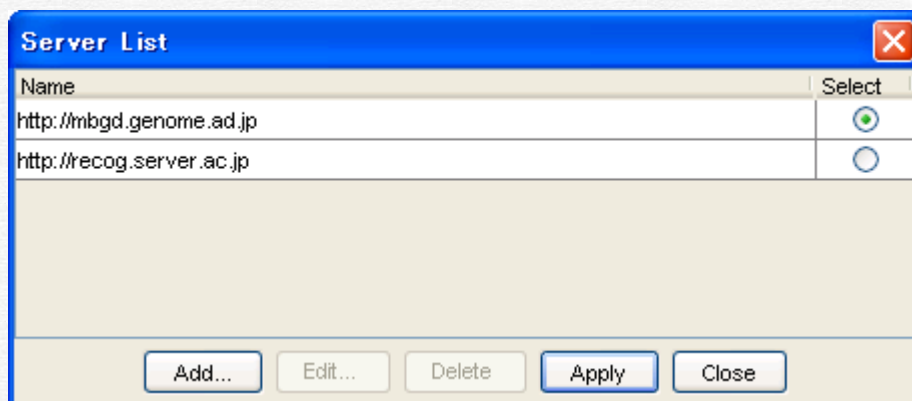
7.2. RECOG サーバの切り替え

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

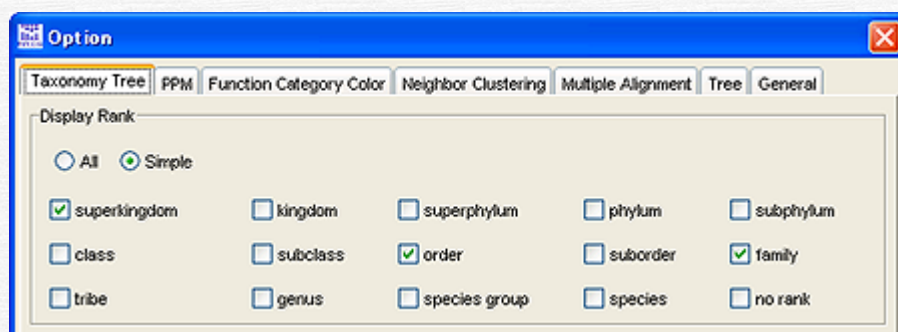
ツールボックスのボタンをクリックして、Taxonomy Tree の分類階層を段階的に展開したり、折りたたんだりできます。

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。



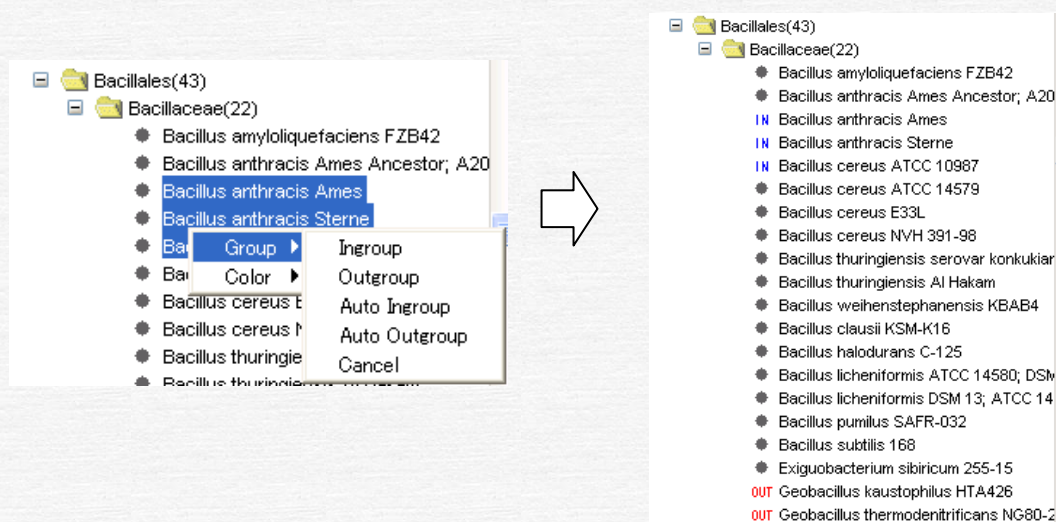
8.3. 内群、外群の指定

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。

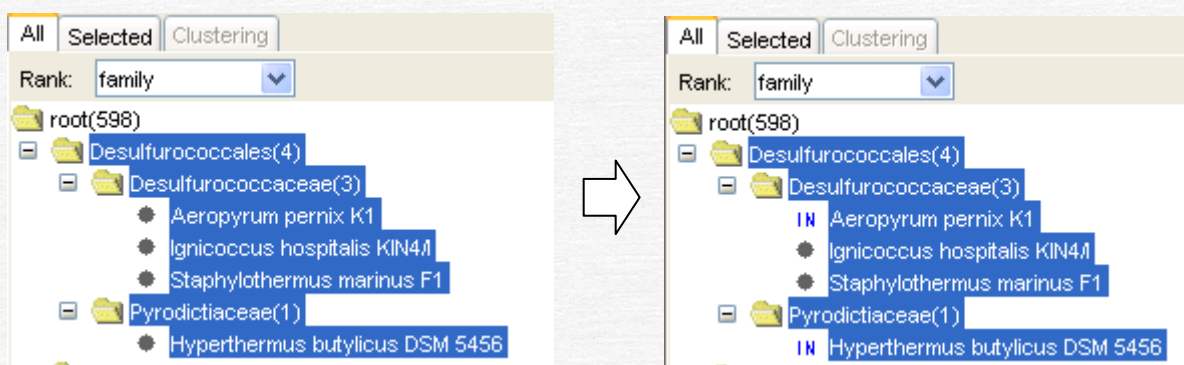


3. 内群、外群の指定を解除するには、Taxonomy Tree 上で生物種、または分類群をクリックし選択して、メニュー [Group] - [Cancel] をクリックします。すべてを解除する場合は、最上位の root ノード上で Cancel をクリックします。

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。

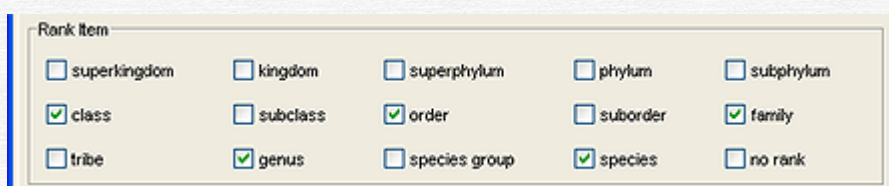
1. Taxonomy Tree の上部の [Rank] で基準とする分類ランクを指定します。
2. Taxonomy Tree で解析対象とする分類群（1 で指定したランクより上位のもの）をクリックして選択します。
3. 右クリックしてメニュー [Group] - [Auto Ingroup]、または [Auto Outgroup] をクリックします。選択した分類群の中で、基準とするランクの分類群ごとに、最も高い重みの生物種が1つずつ、内群／外群として指定されます。



（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

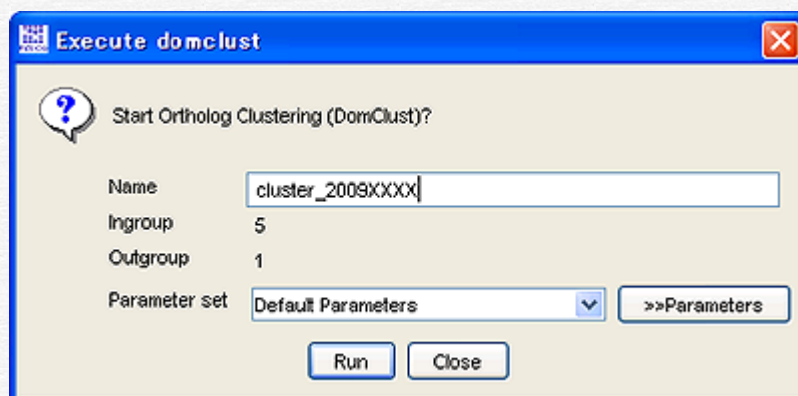
DomClust 解析結果が表示されている場合に、その結果をクリアします。

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。

1. 「8.3 内群、外群の指定」の方法で、内群、外群を指定します。
2. 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。
3. 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。

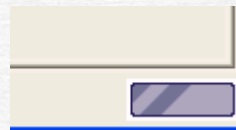
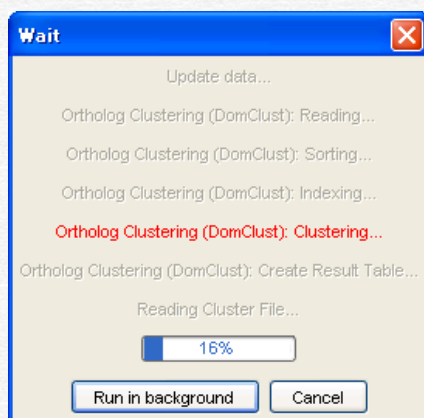


2. 新たなパラメータセットを指定するには「Parameters...」ボタンをクリックして表示されるパラメータ設定画面で設定します。パラメータの詳細は、「36.1 DomClust パラメータ」を参照してください。
3. パラメータ設定画面で設定したパラメータを保存するには、[Save parameters] ボタンをクリックします。保存した設定を削除するには、Parameter set 欄で削除するパラメータを指定して、[Delete this parameter set] ボタンをクリックします。

4. 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。

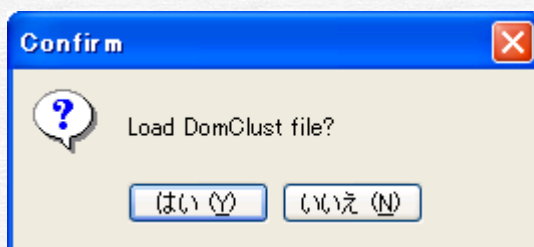
進捗画面の [Run in background] ボタンをクリックすると、バックグラウンドで DomClust 解析処理が実行され、同時に他の操作を行うことができるようになります。

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。



5. 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。



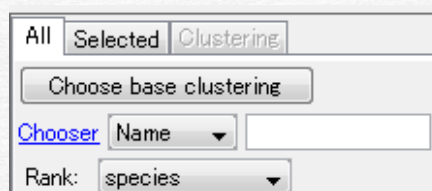
6. DomClust の実行では、遺伝子のタキソノミーツリーマッピングの実行を指定することができます。パラメータ設定画面の [Taxonomy Map Parameters] タブをクリックして、生物種を指定します。

9.3. 差分更新

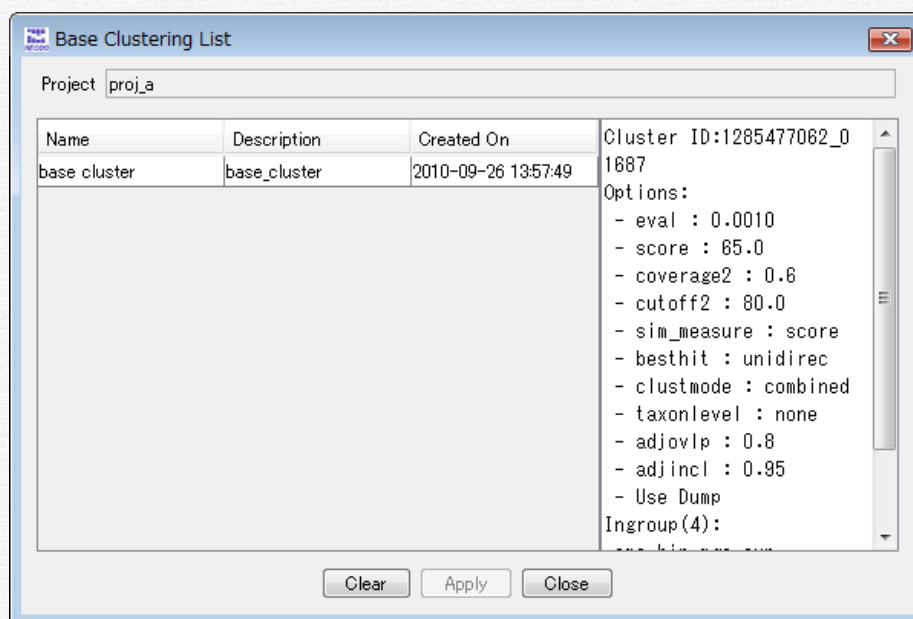
(注) DomClust 解析はインターネット接続が可能な環境でのみ利用できます。


RECOG サーバからダウンロードしたプロジェクトでは、サーバに登録されている情報をもとに差分更新することができます。

1. Taxonomy Tree の [All] タブで、[Choose base clustering] をクリックします。



2. サーバに登録されているクラスタリングリストの一覧が、Base Clustering List 画面に表示されます。Base Cluster を選択し、[Apply] ボタンをクリックします。



3. 8.3「内群、外群の指定」の方法で、内群、外群を指定します。
4. 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。9.2 「DomClust の実行」と同様に、パラメータを設定し、実行します。

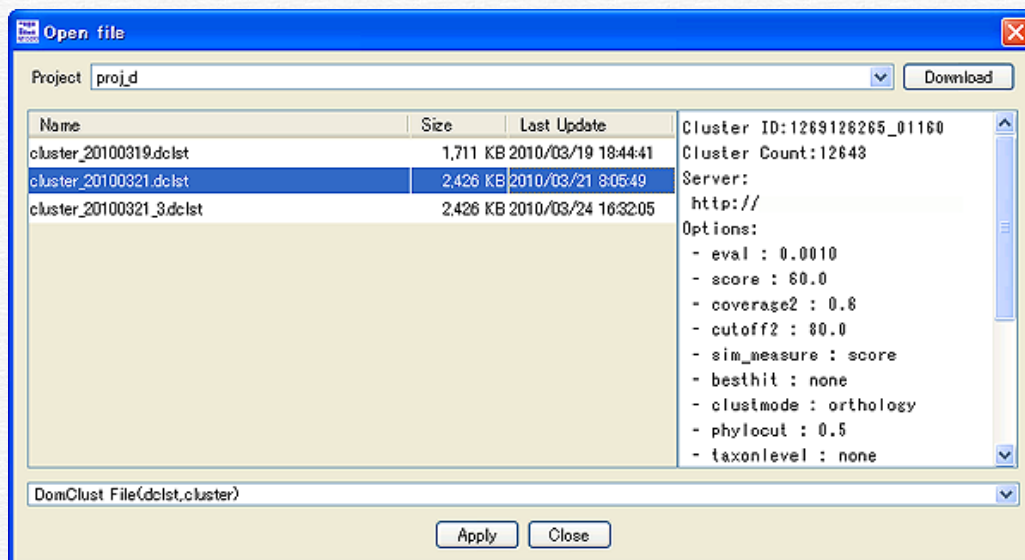
Base Cluster を解除するには、Base Clustering List 画面で [Clear] ボタンをクリックします。

9.4. 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。

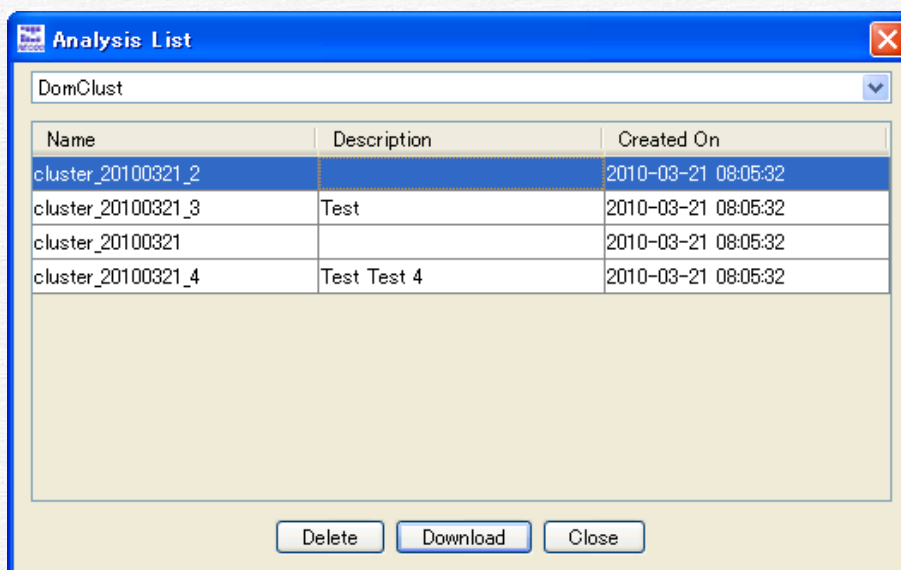


2. Open files 画面で、ファイルフィルタ「DomClust File(.dclst, .cluster)」を選択した後、プロジェクトと、DomClust 解析結果ファイルを選択します。
DomClust 解析結果ファイルを選択すると、画面右側にその解析結果についての情報が生物種セットおよびパラメータが表示されます。
3. Open files 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
選択した DomClust 解析結果が表示されます。

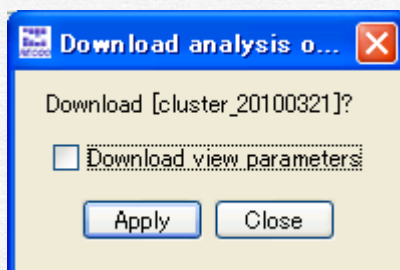
9.5. RECOG サーバに登録されている DomClust 解析結果のロード

「6.7 RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード」でロードしたプロジェクトに登録されている DomClust 解析結果の一覧を表示し、その解析結果をロードします。

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 file 画面の [Project] でサーバに登録されているプロジェクトを選択して、[Download] ボタンをクリックします。
Analysis List 画面が表示されます。



3. Analysis List 画面でダウンロードする DomClust 解析結果を選択し、[Download] ボタンをクリックします。確認画面が表示されます。



4. 確認画面で [Apply] ボタンをクリックすると、選択した DomClust 解析結果がダウンロードされます。確認画面の [Download view parameters] をチェックした場合は、表示に関連するパラメータ情報を一緒にダウンロードすることができます。

9.6. 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。

name	value
Project	Test
File name	cluster_sample
Cluster Tab ID	1237915012_08302
Number of Select Genomes	7
Ingroup organisms	ban, bat, bca, bce, gka, gtn
Outgroup organisms	oih
Number of Phylogenetic Patterns	71
Number of Clusters	5264
Server	http://mbgd.genome.ad.jp
Organism Filter	
Filter by minimum number of organisms	3
DomClust Options	
Cutoff BLAST E-value	0.0010
Cutoff DP score	60.0
Alignment coverage for domain splitting	0.6
Score cutoff for domain splitting	80.0
Similarity measure for orthology	score
Best hit criterion	none
Clustering Mode	orthology
Cutoff ratio of paralogs for tree splitting	0.5
Phylogenetically related organisms	none
Overlap ratio (radf1) for merging adjacent cl...	0.8
Coverage ratio (radf2) for absorbing adja...	0.95
Use dump	0.95

Apply Close


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

9.7. 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は、その解析結果を DomClust 形式 (.dclst)、またはタブ区切り形式で保存します。

タブ区切り形式は、Excel などでも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。

9.7.1. 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。

9.7.2. タブ区切り形式での保存

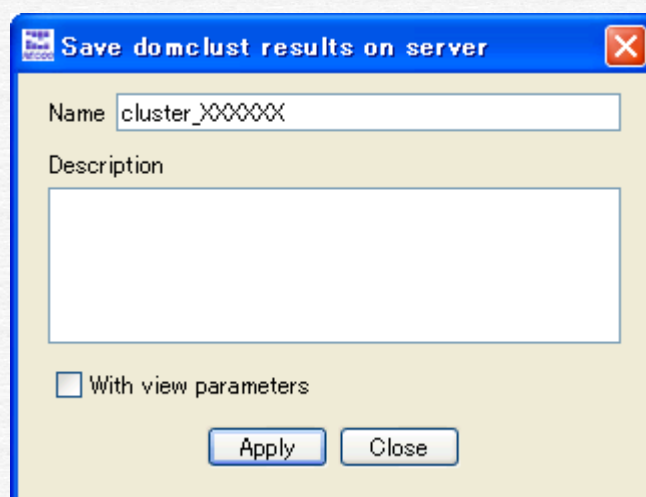
1. ツールボックスの  (Export) をクリックします。
Export 画面が表示されます。
2. Export 画面で保存先、ファイル名を指定して、OK ボタンをクリックします。

9.8. DomClust 解析結果の RECOG サーバへの登録

「6.7 RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード」でロードしたプロジェクトのもとで実行した DomClust 解析はサーバに登録することができます。

1. メニュー [File] - [Save On Server] をクリックします。
Save domclust results on server 画面が表示されます。
2. Save domclust results on server 画面で解析名、説明などの条件を指定し、[Apply] ボタンをクリックします。

[With view parameters] 欄をチェックした場合、表示に関する情報も一緒に RECOG サーバに登録します。

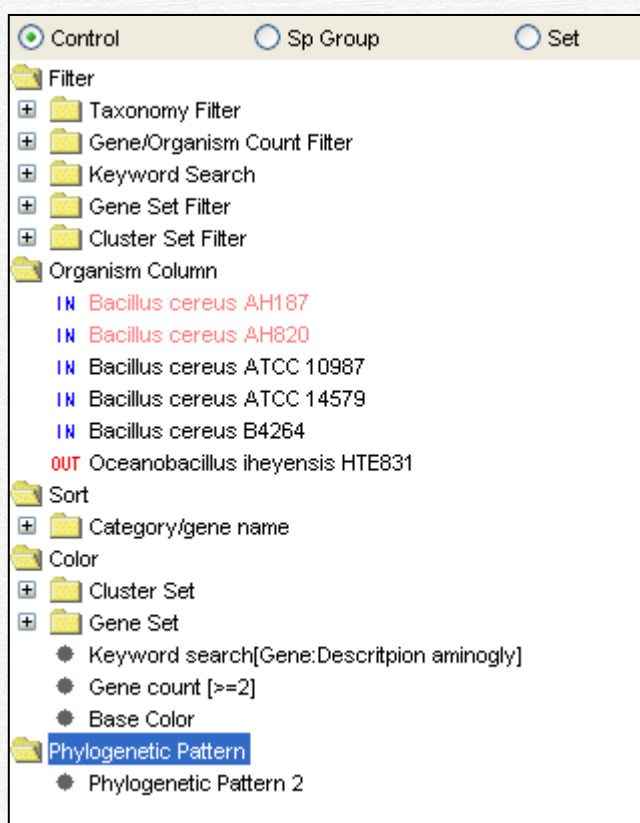


3. [Apply] ボタンをクリックします。
RECOG サーバに DomClust 解析結果が登録されます。

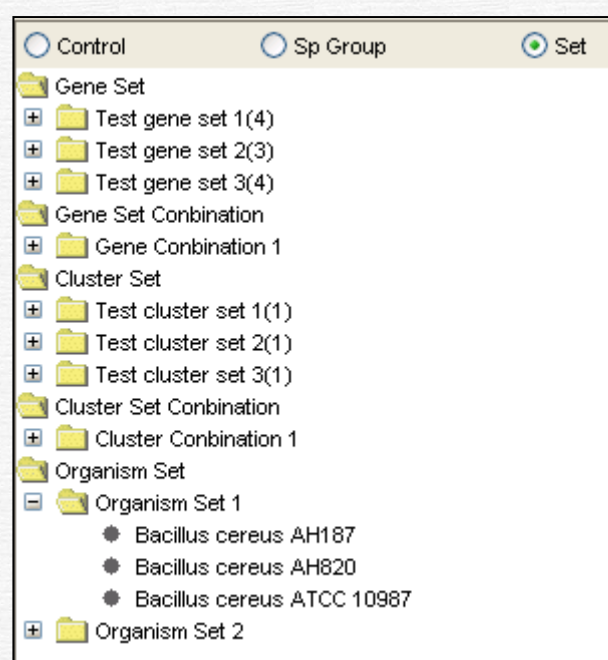
10. 操作パネル、セット管理パネル

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 タクソノミーフィルタリング」参照
Gene/Organism Count Filter	遺伝子数／生物種数によるフィルタリング 「16 系統パターンの遺伝子数／生物種数によるフィルタリング」参照
Keyword Search	キーワード検索によるフィルタリング 「17 キーワード検索」参照
Gene Set Filter	遺伝子セット複合条件によるフィルタリング 「30.4 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 「30.4 複合セットをフィルタ条件として設定」参照

10.2.2. ソート設定(Sort)

操作パネルの [Sort] に PPM に適用されているソートの条件を表示します。

操作方法は「13 PPM ソート」を参照してください。

10.2.3. カラー設定(Color)

操作パネルの [Color] に PPM や比較ゲノムマップビューに表示する遺伝子やクラスタのカラーを設定します。色づけは、操作パネル上の並び順に従って、下から順に適用され、上書きされます（上の方が優先されます）。順番はドラッグ・ドロップによっ

て変更できます。また、メニュー [Enable/Disable] をクリックして、カラー設定の有効／無効を指定することができます。

以下のカラー設定が指定できます。

Gene property	遺伝子プロパティ、クラスタプロパティに基づいたカラー設定 「12 プロパティによるカラー表示」参照
Neighboring cluster	近傍遺伝子クラスタリングの結果に基づいたカラー設定 「23 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 「30 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 「30 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「32 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 「29 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 「30 複合セット」参照
Cluster Set	クラスタセットを表示します 「29 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 「30 複合セット」参照
Organism Set	生物種セットを表示します 「31 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。

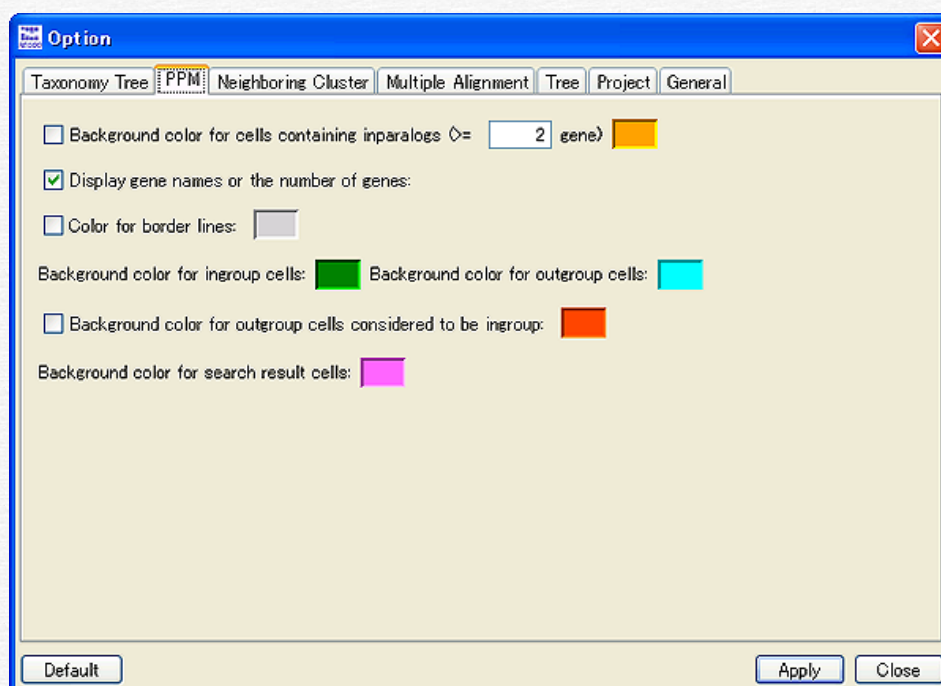
1. [Selected] タブの上部の Taxonomy Tree で、生物種を選択し、右クリックからポップアップメニュー [Color organism] – [Choose...] をクリックします。

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、色の設定をします。

Color for border line	セル間の境界の色を指定します チェックを外すと境界を描画しなくなります
Background color for ingroup cells	内群のセルの背景色を指定します
Background color for Outgroup cells	外群のセルの背景色を指定します
Background color for Outgroup cells 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 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。

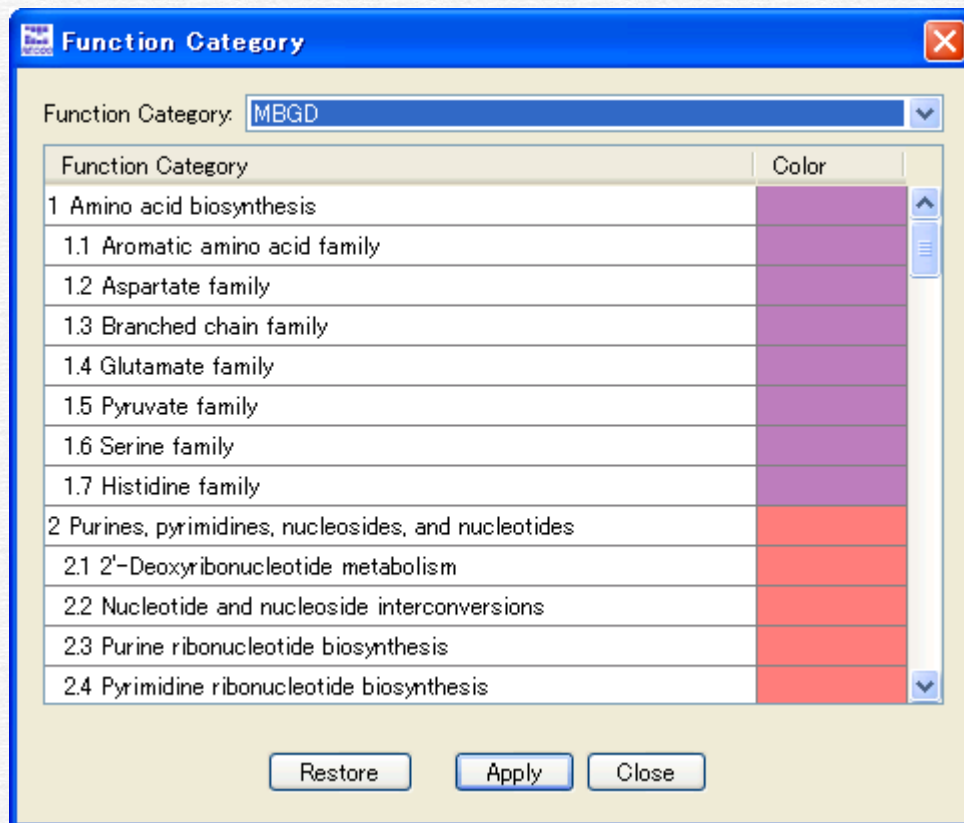
1. 操作パネルの [Color] — [Gene count] を選択して、右クリックから [Edit] をクリックします。Option 画面の [PPM] タブを表示します。
2. [PPM] タブの「Background color cells countaining inparalogs (\geq # genes)」で、閾値とする遺伝子の個数、およびセルの背景色を指定します。
3. [Apply] ボタンをクリックします。
操作パネルの [Color] — [Gene count] にカラー設定の条件が表示されます。
4. カラー設定を有効／無効にする場合は、操作パネルの [Color]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

2. 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。
5. ツールボックスの  (Function Category) の右側の ▼ ボタンをクリックして、表示される機能カテゴリー一覧から機能カテゴリを切り替えることもできます。



11.8. 機能カテゴリによる PPM のフィルタリング

機能カテゴリを指定して、PPM のクラスタをフィルタリングできます。

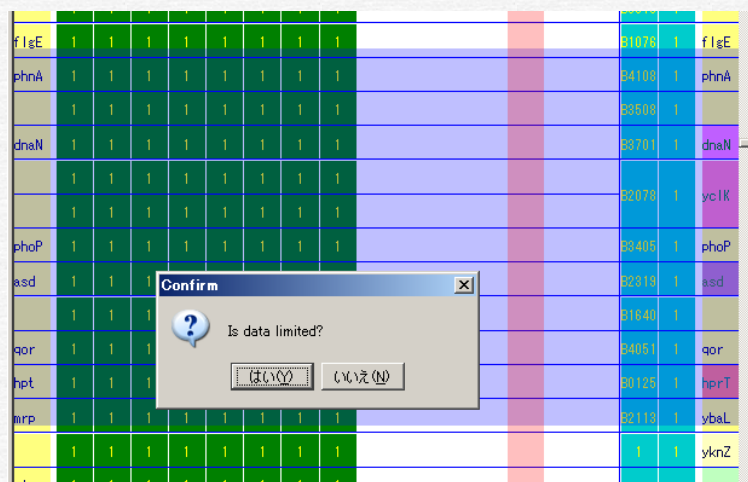
1. ツールボックスの  (Function Category) をクリックします。
Function Category 画面が表示されます。
2. 下側のリスト上で右クリックから [Synchronize PPM Filter] をクリックします。
3. リストで選択した機能カテゴリでフィルタリングされた PPM が表示されます。

フィルタリングを解除するには、

1. Function Category 画面の下側のリスト上で右クリックから [Synchronize PPM Filter] をクリックし、チェックを外します。

11.10. 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。



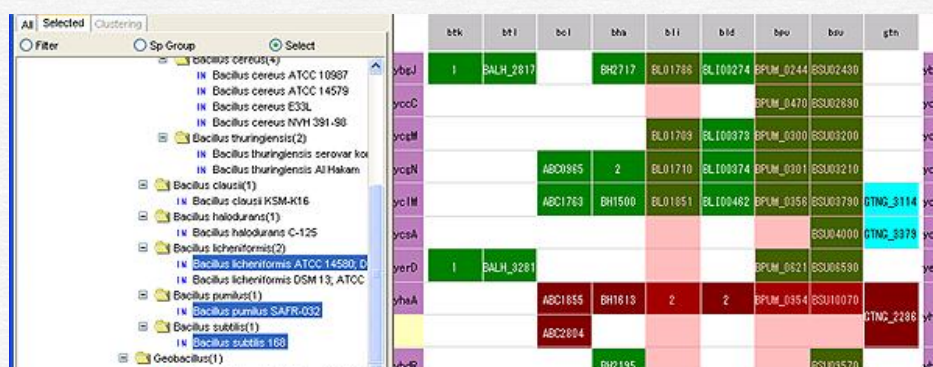
11.11. Taxonomy Tree での生物種選択によるハイライト表示

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 で生物種の選択を解除するには、次のようにします。

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



11.12. 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

「28.1 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。

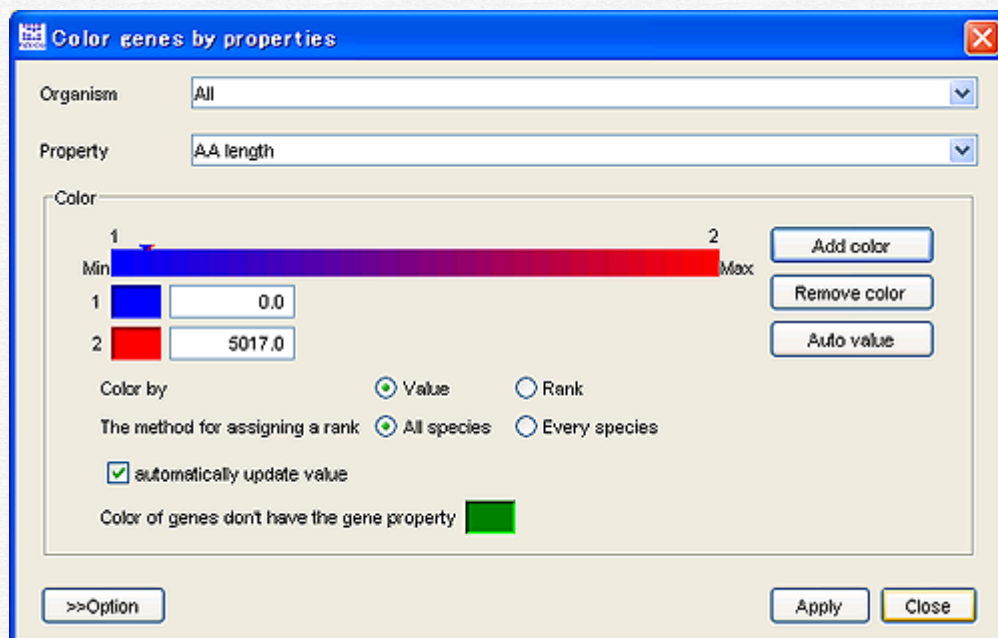
◇ Automatic update value

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。

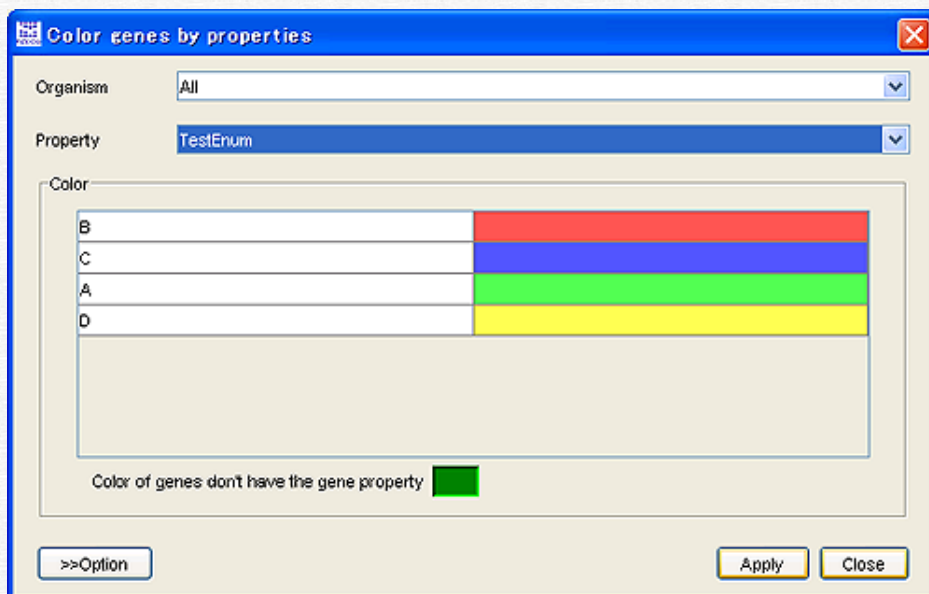


プロパティが列挙型の場合

◇ 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

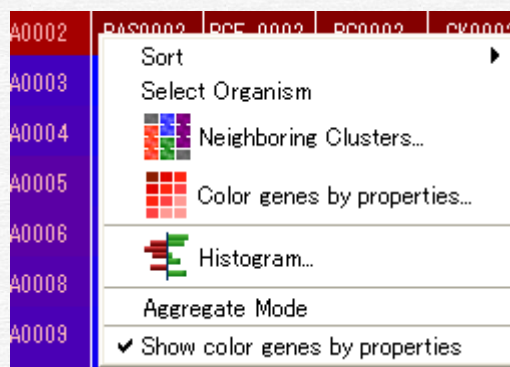
指定したプロパティの値を持たない遺伝子を描画する色を設定します。



3. 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	boa	boe	gka	gtn	o lh	
54	3	4	BCE_0389	BC2581	GK0526			54
accC7	BA2930	BAS2722	BCE_2969	BC2919				accC7
abrB	BA0034	BAS0036	BCE_0035	BC0042	GK0030	GTNC_0029	OB0045	abrB
accA	BA4845	BAS4494	BCE_4731	BC4801	GK2741	GTNC_2665	OB2179	accA
accA			BCE_3593					accA
accB	BA4409	BAS4089	BCE_4258	BC4184	GK2400	GTNC_2331	OB1886	accB
accC	BA4408	BAS4088	BCE_4257	BC4183	GK2399	GTNC_2330	OB1885	accC
accD	BA4846	BAS4495	BCE_4732	BC4802	GK2742	GTNC_2666	OB2174	accD
acdA					GK3393	GTNC_3338	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	OB2181	ackA
acnA	BA3877	BAS3408	BCE_3635	BC3616	GK1347	GTNC_1206	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

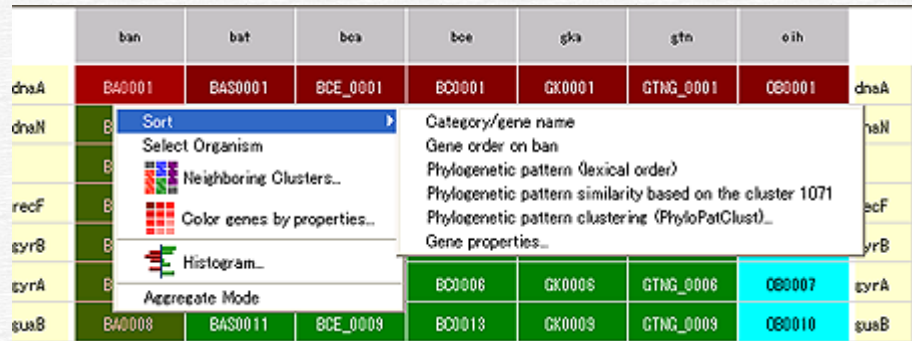
1. 操作パネルの [Color] - [Gene property] をダブルクリックすることにより、有効化／無効化できます。



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。



1. 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。

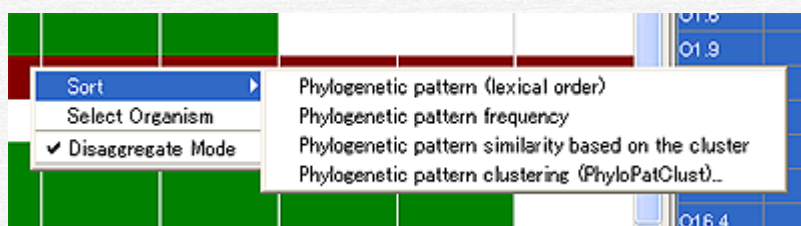
Cluster Mode	クラスタを単位としてソートします クラスタに属するサブクラスタの中で1つでも生物種が出現している場合はそのクラスタでは生物種が出現していると見なしてソートします
Sub Cluster Mode	サブクラスタを単位としてソートします

2. 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 #	指定したクラスター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ー ID、クラスター ID、サブクラスター 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ーの系統パターンを元にソートします。



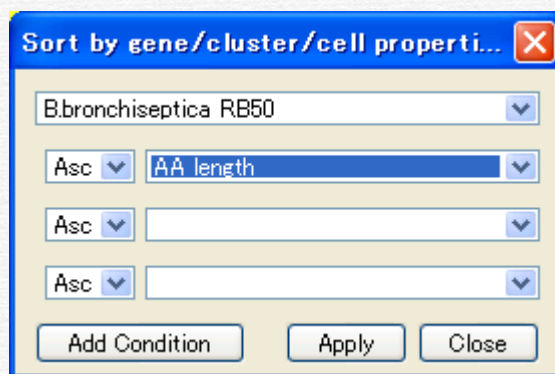
1. PPM で右クリックから、メニュー [Sort] を選択し、サブメニューからソート方法をクリックします。
PPM 上の系統パターンをソートし、表示します。

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ーの出現数の降順にソートします
Phylogenetic pattern similarity based on the cluster	指定したクラスター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「28.1 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。



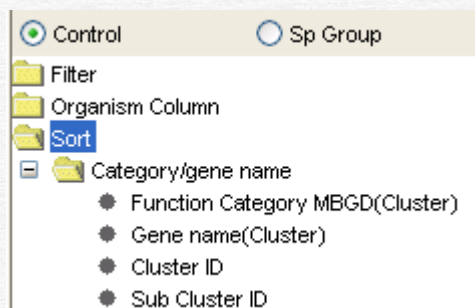
2. Sort by gene properties 画面でソートに使用する遺伝子プロパティ、および昇順 (Asc) / 降順 (Desc) を指定します。

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。

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。

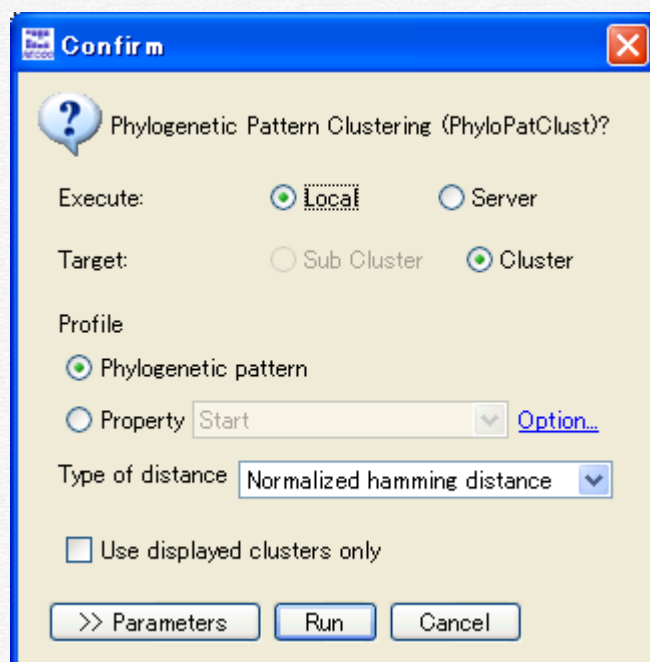


14. Phylogenetic pattern clustering (PhyloPatClust)

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: クラスタの系統パターンをもとにクラスタリングする場合は「Cluster」、サブクラスタの系統パターンをもとにクラスタリングする場合は「Sub Cluster」を指定します。
- Profile

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

◇ Mutulal information

※ Profile 欄で Gene property を指定した場合は Corralation coefficient のみ指定できます

- Use displayed clusters only : チェックした場合、現在 PPM に表示されているクラスタのみを対象として、系統パターンクラスタリングを実行します。クラスタ数が多い場合に処理時間を短縮することができます。

3. [Parameters] ボタンをクリックして、表示されたパラメータ指定画面で指定します。

Confirm

Phylogenetic Pattern Clustering (PhyloPatClust)?

Execute: ☒ Local ☐ Server

Target: ☐ Sub Cluster ☒ Cluster

Profile

☒ Phylogenetic pattern

☐ Property Start [Option...](#)

Type of distance Normalized hamming distance

☐ Use displayed clusters only

<< Parameters Run Cancel

PhyloPatClust Parameters

Minimum number of organisms 3 1 11

Cut off 1.0 0 0.2 0.4 0.6 0.8 1.0

Miss Dist Ratio(%) 90 0 20 40 60 80 100

Probability Cutoff(%) 1.0

☒ Use cache file

- 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. クラスティングツリーの操作

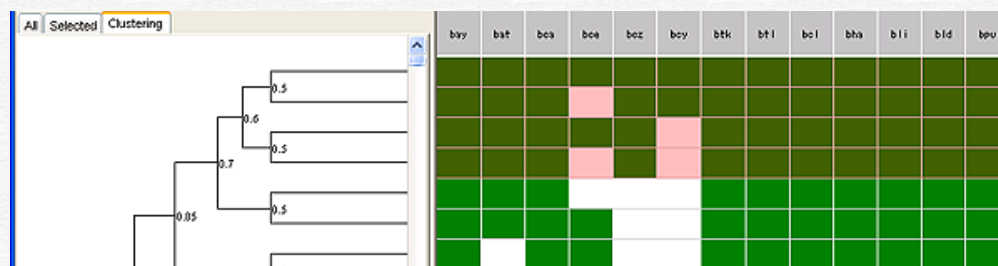
クラスティングツリー上では、距離の表示／非表示の切り換えと、分岐点をクリックしてその分岐点以下に属するクラスタの選択をすることができます。

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。
クラスティ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] タブでクラスティ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。



14.3. クラスター一括マージ

系統パターンクラスティング解析の結果から、クラスタを一括してマージすることができます。

一括マージをするには、

1. [Clustering] タブで右クリックから、メニュー [Merge all clusters...] をクリックします。
2. 一括マージする距離を入力して、[Apply] ボタンをクリックします。

一括マージの結果を解除するには、

1. [Clustering] タブで右クリックから、メニュー [Release merge clusters] をクリックします。

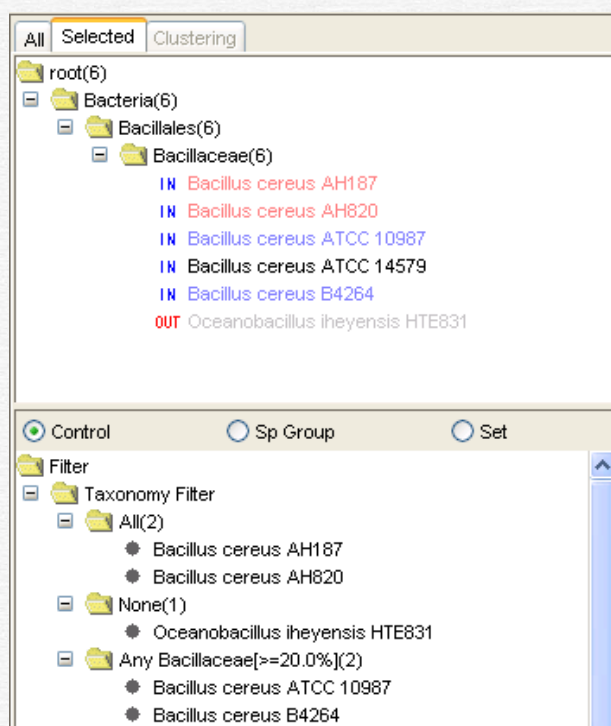
15. タキソノミーフィルタリング

[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

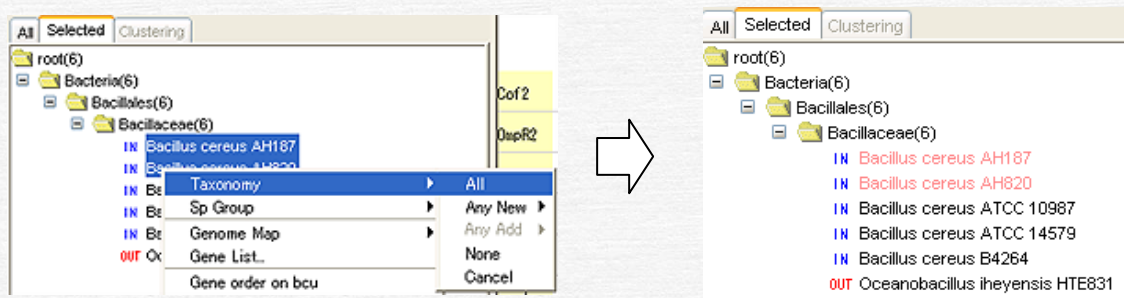
15.1. タキソノミーフィルタリング条件の表示

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。



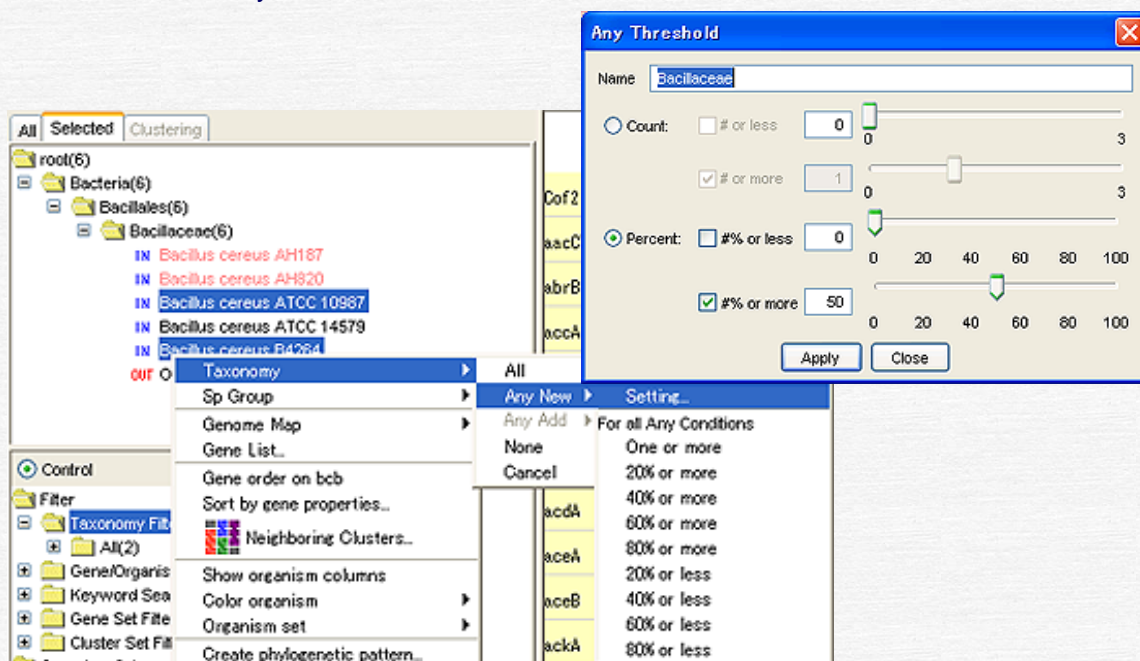
15.2. All 条件の指定

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

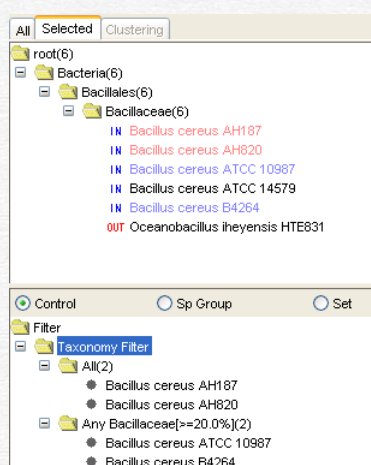
クラスタに含まれる生物種の割合が 30%以上、かつ 50%以下の場合に条件を満たすことになる。

(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。

- 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。

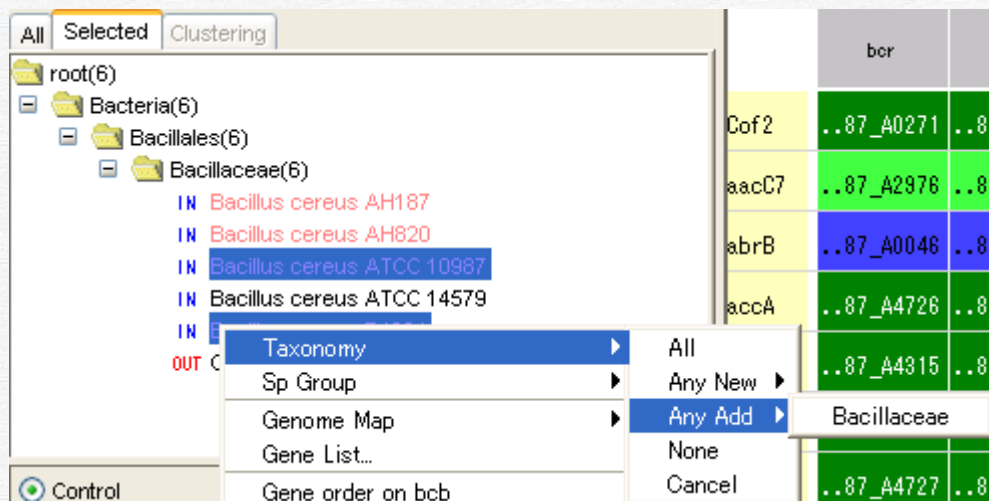
なお、Any 条件には、複数の条件を区別するための名前をつけることができます。



- 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

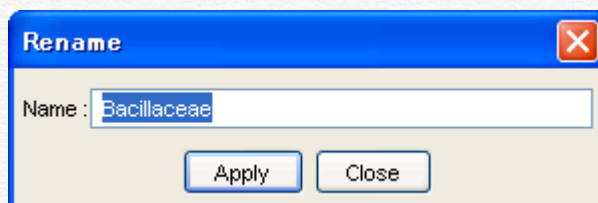
てメニュー [Taxonomy] - [Any New] - [For all any conditions 以下の Any 条件] をクリックします。下部ビューの Any 条件に登録した生物種が表示されます。

- 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。



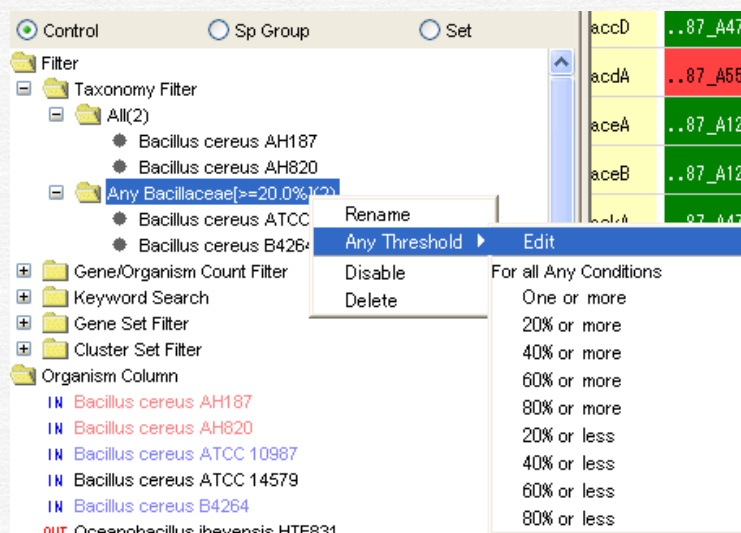
- Rename 画面上で名称を編集して、[Apply] ボタンをクリックします。Any 条件名が変更されます。

15.5. Any 条件の閾値の変更

- 操作パネルで [Filter] - [Taxonomy Filter] - [(Any 条件名)] を選択し、系統

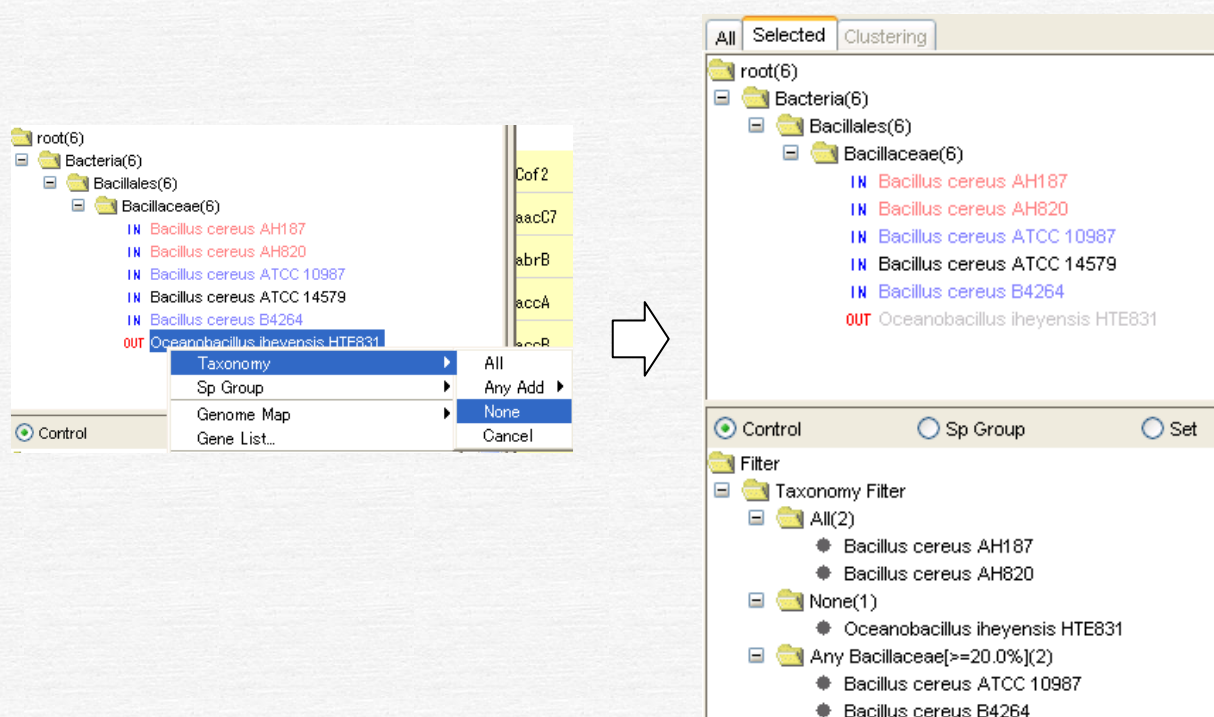
パターンフィルタリング条件を表示します。

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

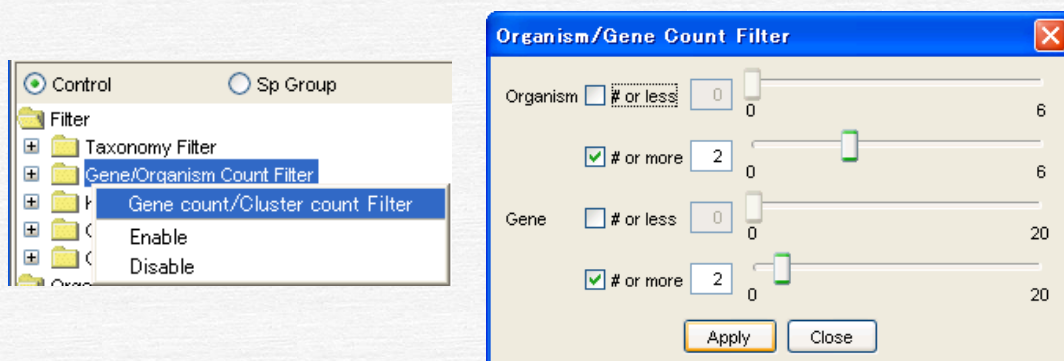
1. 操作パネルの [Filter] — [Taxonomy Filter] から条件を選択して、右クリックから「Delete」をクリックします。選択した条件を削除します。

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。

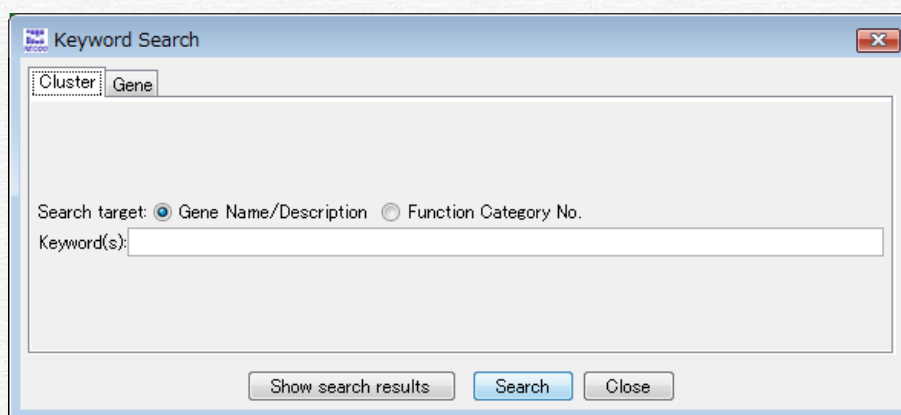
17. キーワード検索

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。

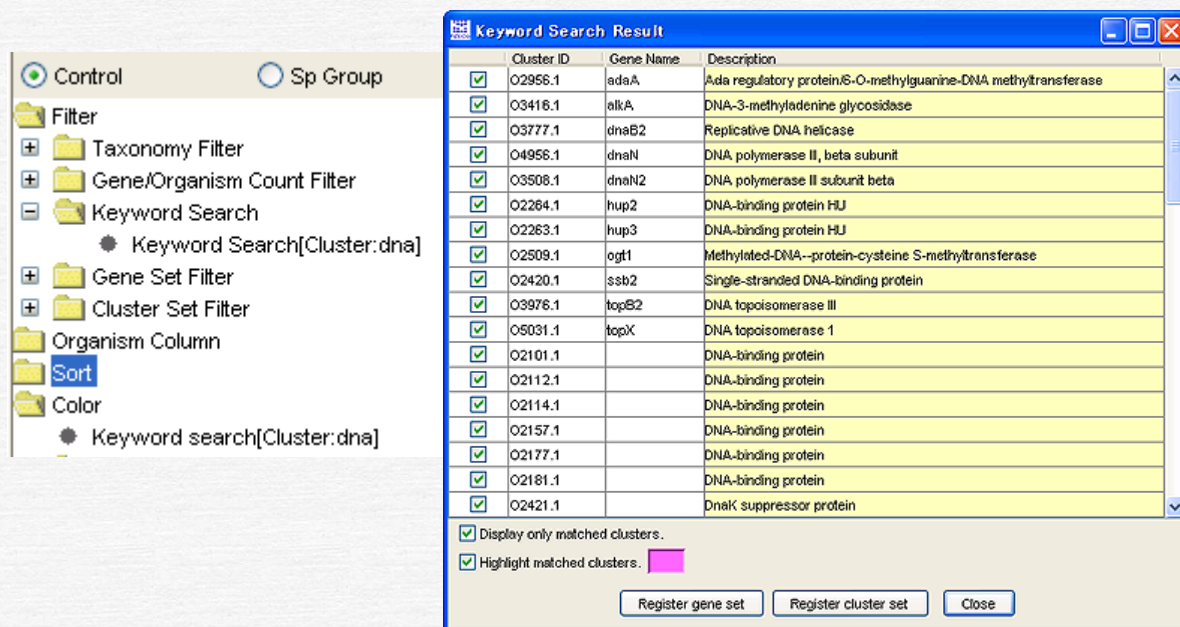
	クラスタを対象とした検索	遺伝子を対象とした検索機能
検索対象	<ul style="list-style-type: none"> ・ 代表 Gene Name ・ 代表クラスタ Description ・ 機能カテゴリ No. 	<ul style="list-style-type: none"> ・ RECOG サーバから提供されている遺伝子プロパティ（Description、Gene Name 等） ・ インポート機能等を使用して登録した遺伝子プロパティ/クラスタプロパティ

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. 検索対象を [Gene Name/Description] または [Function Category No.] から選択します。
4. 「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。



5. 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。

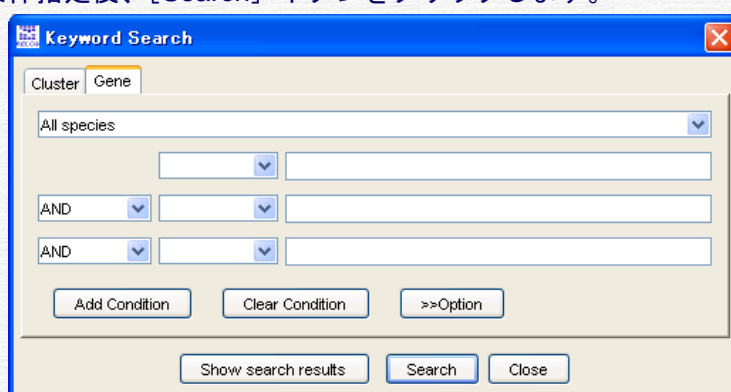


6. Keyword Search Result 画面の「Display only matched clusters」をチェックすると、検索されたクラスタのみが PPM に表示されます。チェックを外すとすべてのクラスタが表示されます。

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。

17.2. 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。

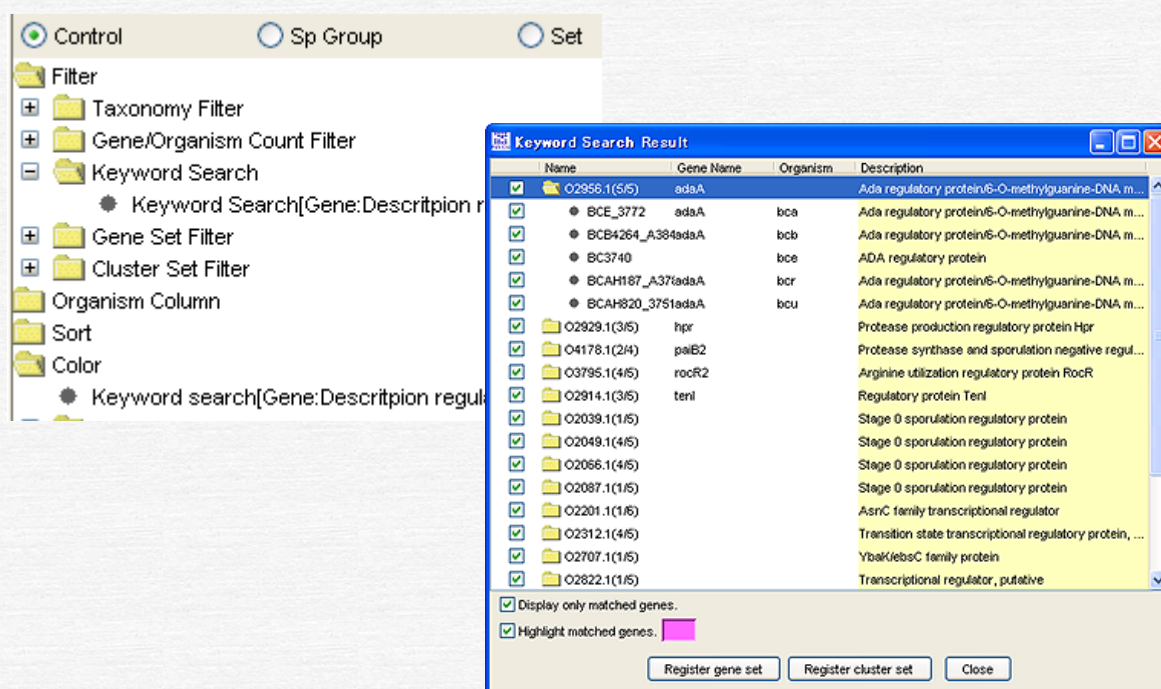
◇ At least One : 複数の値の中で少なくとも1つ条件を満たす場合に検索条件に適合したとみなす

◇ 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。



7. 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。

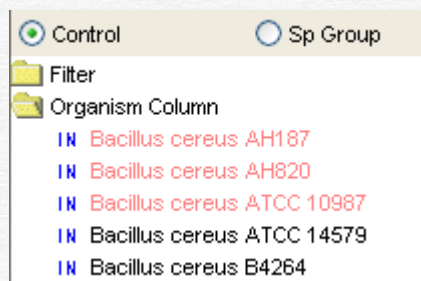
17.5. 検索結果によるカラー設定の有効化／無効化

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。

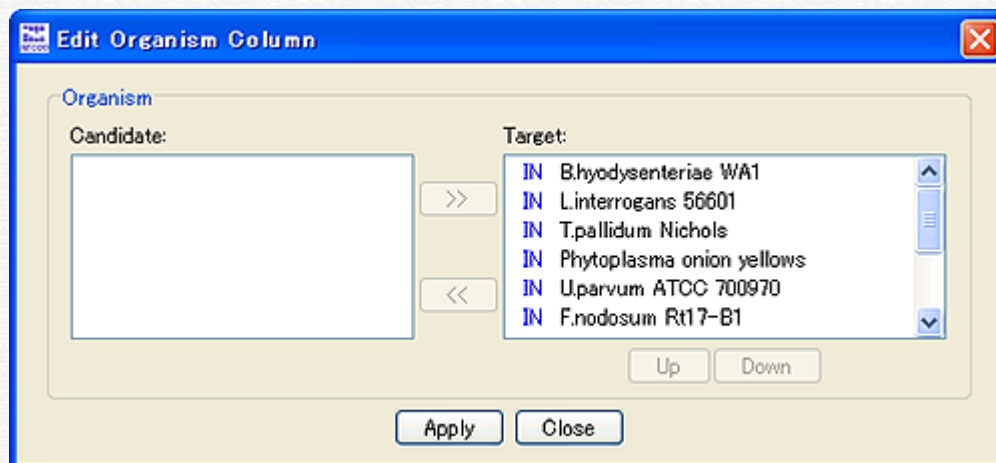
18.5. 生物種の表示順序を元に戻す

1. 操作パネルの [Organism Column] を選択して、右クリックから、メニュー [Restore default organism order] をクリックします。

生物種の並び順が元に戻ります。

18.6. 生物種の表示順序、表示／非表示の編集

1. 操作パネルの [Organism Column] を選択して、右クリックから、メニュー [Edit Organism Column] をクリックします。Edit Organism Column 画面が表示されます。



2. Edit Organism Column 画面で表示対象とする生物種を Target 欄に指定し [Apply] ボタンをクリックします。

19. クラスタ・生物種の編集

PPM に表示されているクラスタ、生物種を結合したり、分割したりすることができます。

19.1. クラスタの結合

1. PPM で結合するクラスタを複数選択します。
2. 右クリックからメニュー [Merge cluster] をクリックします。選択したクラスタが1つのクラスタとして表示されます。

結合されたクラスタは左側のラベル表示欄に赤色の三角マークが表示されます。

	bhy	lll	tpa	poy	uvr	fno	tae	tsa
aroB	2	LB086				FNO0_0009	TMEL_0430	TM0348
aroE	..1_01175	LA0638						TM0346
gltd	2		TP0735(1)			4	3	4
proC	..1_00689	LA1481	TP0737					TM0578
purD	..1_01297	LA3764				FNO0_1672	TMEL_0386	TM1250
purL	4	3				2	2	2

Ribulose-1,5-biphosphate synthetase		
Cluster ID	Gene Na...	Description
086	gltd	Ribulose-1,5-biphos...
0713	aroE	Shikimate 5-dehydro...
0832	proC	Pyrroline-5-carboxyl...



	bhy	lll	tpa	poy	uvr	fno	tae	tsa
aroB	..1_02555 ..1_02424	LB086				FNO0_0009	TMEL_0430	TM0348
aroE	4	LA1481 LA0638	TP0737 TP0735(1)			4	..1138(1) TMEL_1530 ..1222(2)	6

Ribulose-1,5-biphosphate synthetase		
Cluster ID	Gene Na...	Description
M8025	aroE	Ribulose-1,5-biphos...

3. 結合したクラスタをもとに戻す場合は、結合したクラスタを選択し、右クリックからメニュー [Release merge cluster] をクリックします。選択したクラスタがもとのクラスタに戻り、表示されます。
4. 結合したクラスタをすべてもとに戻す場合は、メニュー [View] - [Release all merge clusters] をクリックします。

19.2. クラスタの分割

1. PPM で分割するクラスタを1つ選択します。
2. Info タブのクラスタ情報テーブルから分割するクラスタの一方に含める遺伝子を選択します。
3. 右クリックからメニュー [Split cluster] をクリックします。
クラスタが2分割されます。

分割されたクラスタは左側のラベル表示欄に青色の三角マークが表示されます。



4. 分割したクラスタをもとに戻す場合は、分割したクラスタを選択し、右クリックからメニュー [Release split cluster] をクリックします。選択したクラスタ、および他の関連する分割されたクラスタがもとの1つのクラスタに戻り、表示されます。

5. 分割たクラスタをすべてもとに戻す場合は、メニュー [View] – [Release all split clusters] をクリックします。

19.3. 生物種の結合

1. PPM の上部の生物種表示欄で結合する生物種を選択します。
2. 右クリックからメニュー [Merge Organism] をクリックします。
選択した生物種が結合して表示されます。



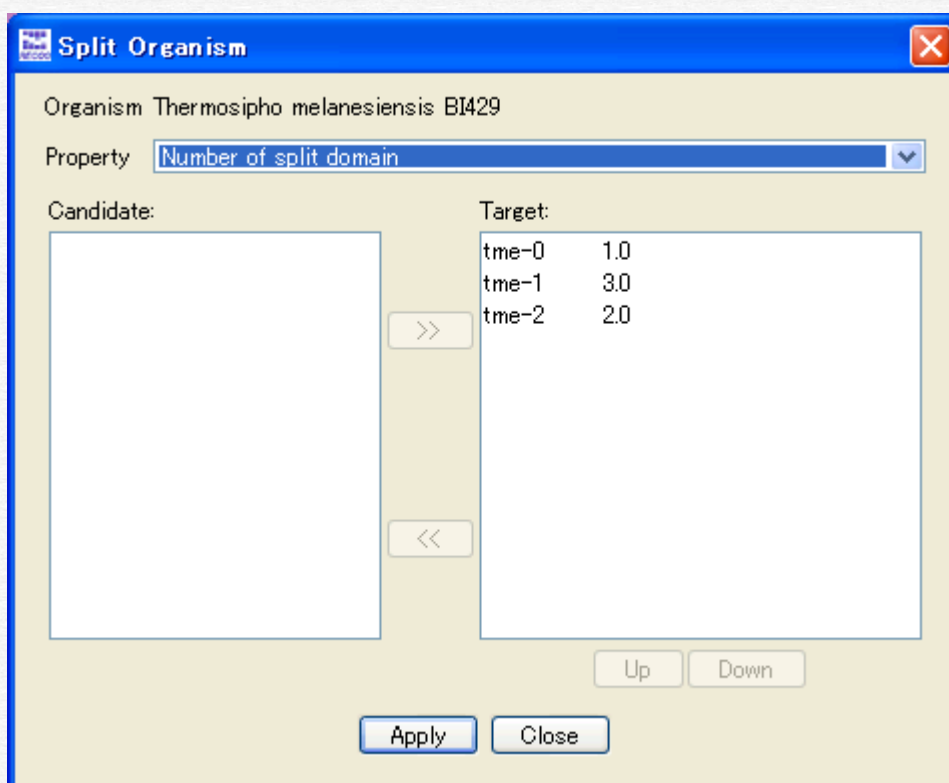
	bhy	lil	tpa	poy	uur	fno	tae	tas
aroB	..1_02555 ..1_02424	LB086				FNO0_0009	TMEL_0430	TM0348
proC	..1_00689	LA1481	TP0797					TM0578
gltD	..1224(1) ..0069(1)		TP0735(1)			4	..1138(1) TMEL_1590 ..1222(2)	4
aroE	..1_01175	LA0638						TM0348
purD	..1_01297	LA3764				FNO0_1672	TMEL_0386	TM1250
purL	4	LA1323 LA3412 LA2835				FNO0_1097 FNO0_1671	TMEL_1236 TMEL_0385	TM1246 TM1251
pyrB	..1_01492 ..1_00064 ..1_00046	LA2840 LA0778				..0223(1) TMEL_1814 FNO0_0704	TMEL_0118 ..1193(1)	TM1642(1) TM1097

	bhy	lil	tpa	poy	uur	fno+tae	tas	tpet
aroB	..1_02555 ..1_02424	LB086				FNO0_0009 TMEL_0430	TM0348	TPET_0572
proC	..1_00689	LA1481	TP0797				TM0578	TPET_0340
gltD	..1224(1) ..0069(1)		TP0735(1)			7	4	TPET_0142 ..1151(1)
aroE	..1_01175	LA0638					TM0348	TPET_0574
purD	..1_01297	LA3764				FNO0_1672 TMEL_0386	TM1250	TPET_1521
purL	4	LA1323 LA3412 LA2835				4	TM1246 TM1251	TPET_1520 TPET_1526
pyrB	..1_01492 ..1_00064 ..1_00046	LA2840 LA0778				5	TM1642(1) TM1097	TPET_1646 ..1149(1)

3. 結合した生物種をもとに戻す場合は、結合した生物種を選択し、右クリックからメニュー [Release merge organism] をクリックします。選択した生物種がもとの生物種に戻り、表示されます。
4. 結合たクラスタをすべてもとに戻す場合は、メニュー [View] – [Release all merge organisms] をクリックします。

19.4. 生物種の分割

1. PPM の上部の生物種表示欄で分割する生物種を 1 つ選択します。
2. 右クリックからメニュー [Split Organism] をクリックします。
Split Organism 画面が表示されます。



3. Split Organism 画面で分割する基準とするプロパティ、およびそのプロパティの値を指定します。Target 欄に指定したプロパティの値を持つ遺伝子毎に生物種が分割されます。Target 欄に指定されたプロパティの値のいずれにも一致しなかった遺伝子は他の生物種として分割されます。

条件を指定した後、[Apply] ボタンをクリックします。

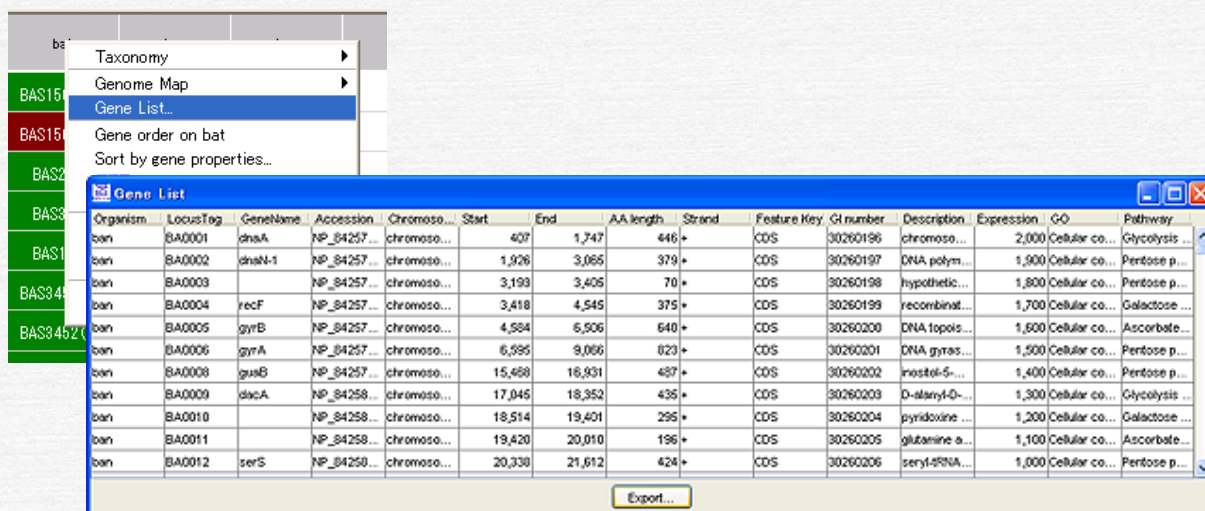
生物種が条件に従って分割されます。

fno	tne	tma		fno	tne-0	tne-1	tne-2	tma
54	49	86	➡	54	33		16	86
19	18	11		19	13		5	11
8	14	7		8	6		8	7
10	13	12		10	10	..0594(3)	2	12
12	13	12		12	6		7	12
9	13	10		9	12		..1204(2)	10
9	12	10		9	9		3	10
11	11	13		11	11			13
7	10	14		7	6	4		14
10	10	10		10	10			10
9	9	8		9	5	3	..1168(1)	8
10	9	9		10	9			9

4. 分割した生物種をもとに戻す場合は、分割したクラスタを選択し、右クリックからメニュー [Release split organism] をクリックします。選択した生物種、および他の同一の生物種から分割された生物種がもとの1つの生物種に戻り、表示されます。
5. 分割した生物種をすべてもとに戻す場合は、メニュー [View] - [Release all split organisms] をクリックします。

20. 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。



20.1. 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。

20.2. 遺伝子リストのソート

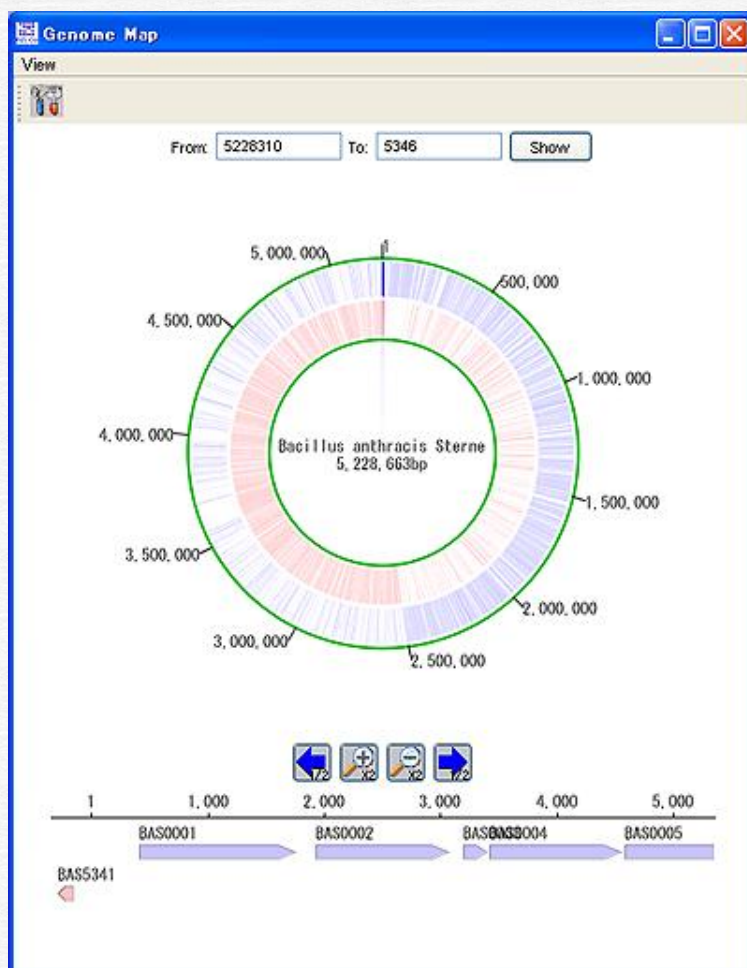
1. Gene List 画面の遺伝子プロパティ名表示部分をクリックすると、クリックした遺伝子プロパティを昇順／降順にソートして遺伝子プロパティ値を表示します。

20.3. 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。

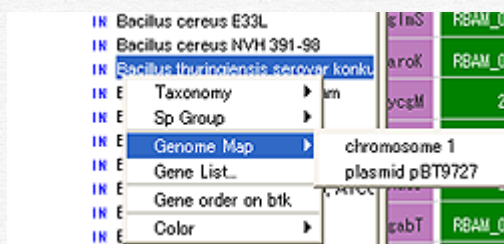
21. Circular Genome Map(CGM)の表示と操作

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。







21.1. 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。



21.2. 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。

21.3. 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。

21.4. 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

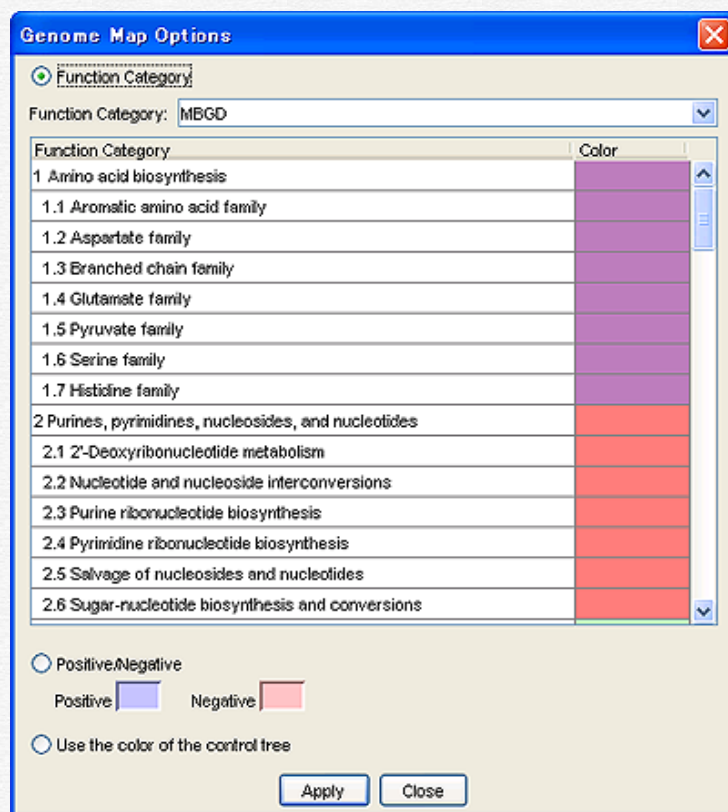
遺伝子が属するクラスターの代表機能カテゴリに対応する色で遺伝子を表示します。

- 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。



21.5. 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、「33 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。

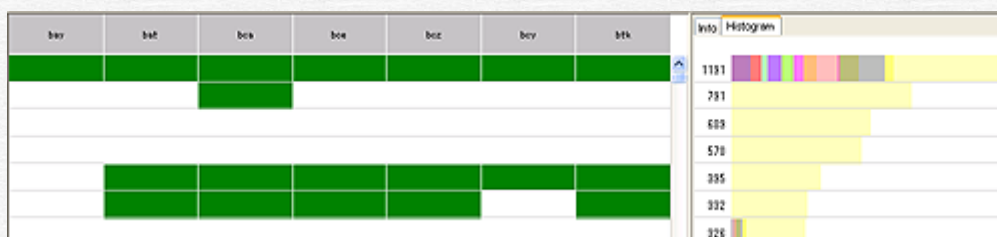
右クリックして表示される外部リソース URL をクリックすると、その外部リソースの情報をブラウザで表示します。

22. 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。

22.1. 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。



22.2. 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。

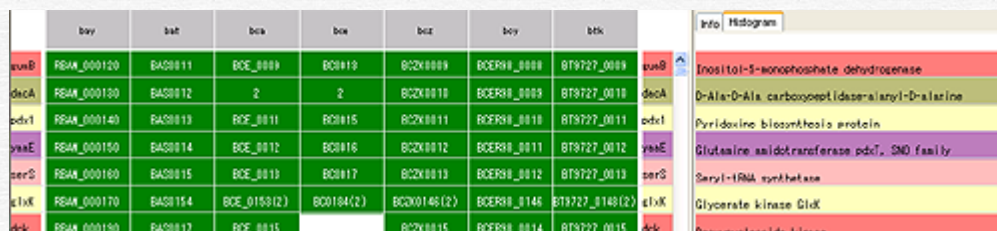
1. ツールボックスの  (Histogram) をクリックします。

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

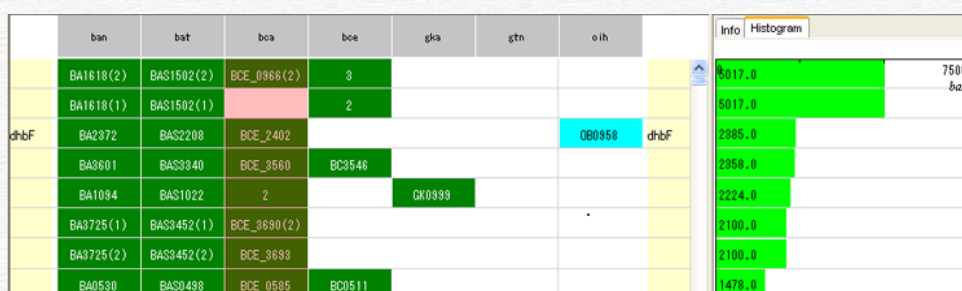
クラスタの Description、および背景色にクラスタの機能力カテゴリの色を表示します。



● Value

1 生物種の数値データを棒グラフで表示します。

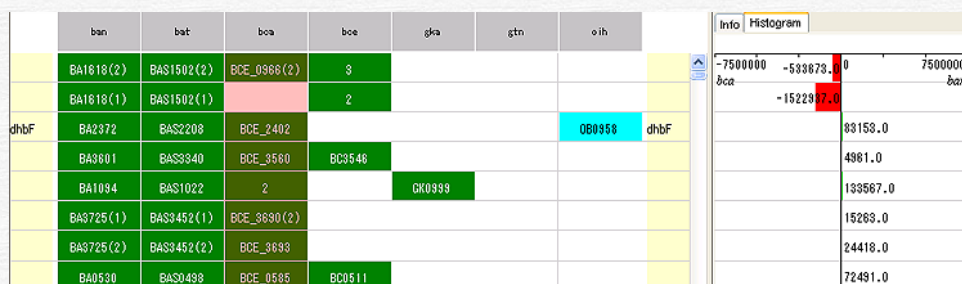
生物種と遺伝子プロパティを指定します。



● 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. 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。


22.3. [Histogram] タブの表示／非表示の切り換え

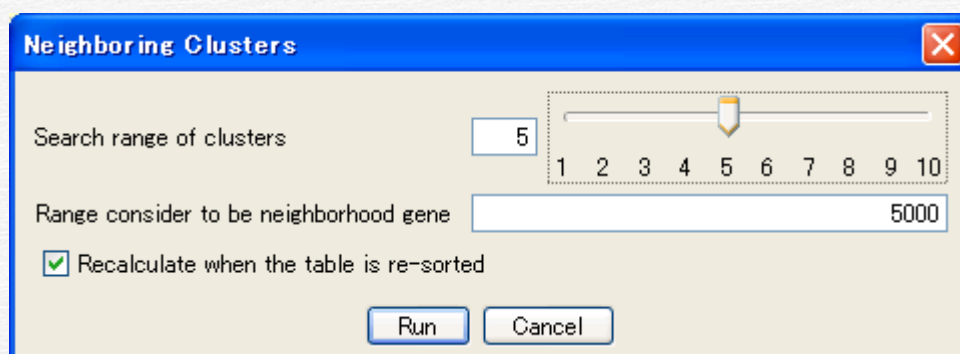
1. メニュー [View] - [Information Pane] をクリックして、チェックします。
画面右側に [Histogram] タブが表示されます。
2. 非表示にする場合は、メニュー [View] - [Information Pane] をクリックして、チェックを外します。

23. 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。

23.1. 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]

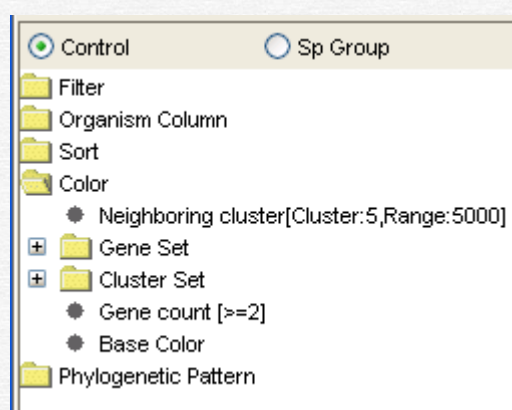
に [Neighboring cluster] が表示されます。

	ban	bat	bca	bce	gka	gtg	oih	
dnaA	BA0001	BAS0001	BCE_0001	BC0001	GK0001	GTNG_0001	OB0001	dnaA
dnaN	BA0002	BAS0002	BCE_0002	BC0002	GK0002	GTNG_0002	OB0002	dnaN
	BA0003	BAS0003	BCE_0003	BC0003	GK0003	GTNG_0003	OB0003	
recF	BA0004	BAS0004	BCE_0004	BC0004			OB0004	recF
gyrB	BA0005	BAS0005	BCE_0005	BC0005	GK0005	GTNG_0005	OB0006	gyrB
gyrA	BA0006	BAS0006	BCE_0006	BC0006	GK0006	GTNG_0006	OB0007	gyrA
gusB	BA0008	BAS0011	BCE_0009	BC0013	GK0009	GTNG_0009	OB0010	gusB
dacA	BA0009	BAS0012	2	2	GK0010	GTNG_0010	OB0011	dacA
	BA5633	BAS5240	BCE_5518	BC5333				
	BA0010	BAS0013	BCE_0011	BC0015	GK0011	GTNG_0011	OB2687	

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ー」としての意味があります。仕様上、異なるクラスター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。

23.2. クラスタリング結果の表示／非表示

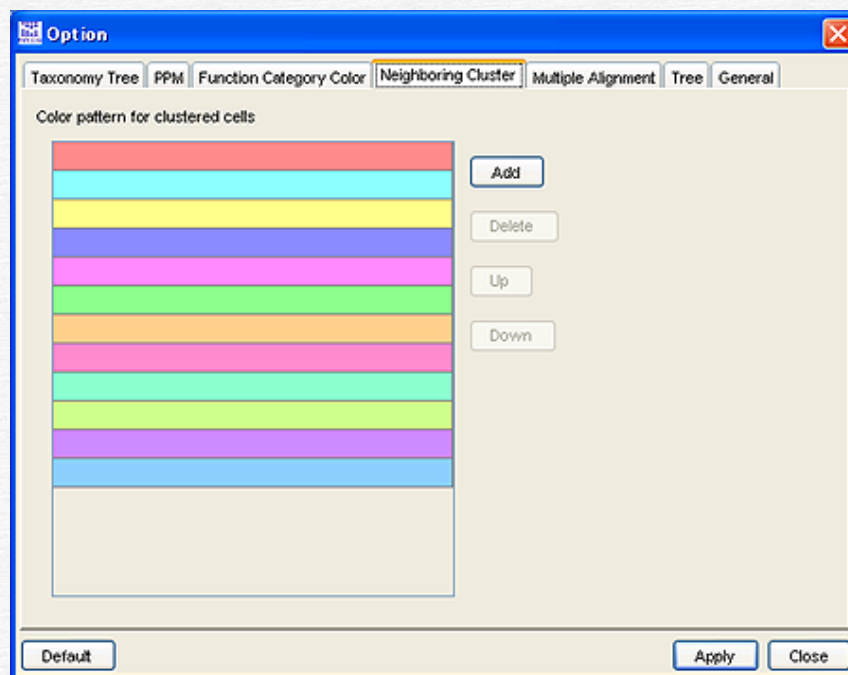
1. 操作パネルの [Color] - [Neighboring cluster] をダブルクリックして、表示／非表示を切り替えます。



23.3. 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ー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

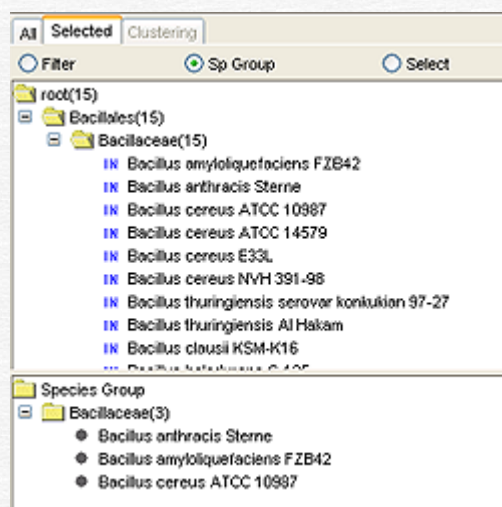
リストで選択した色を上／下に移動します。

24. 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。

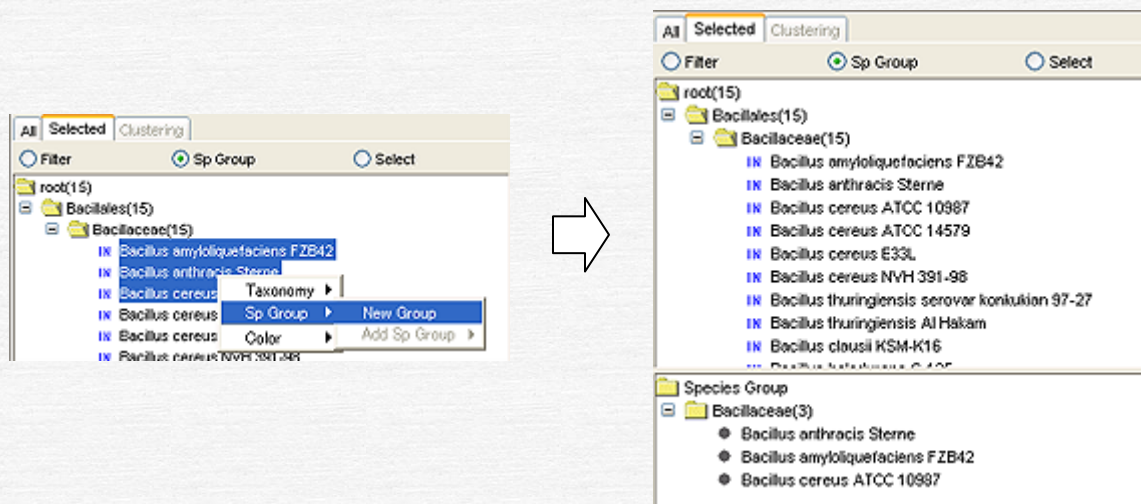
24.1. 生物種グループの表示

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。



24.2. 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。



24.3. 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。

24.4. 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。

25. 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。

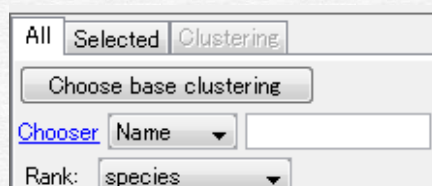
25.1. CoreAligner の実行

25.2. 「9.2 DomClust の実行」、または「9.3 差分更新

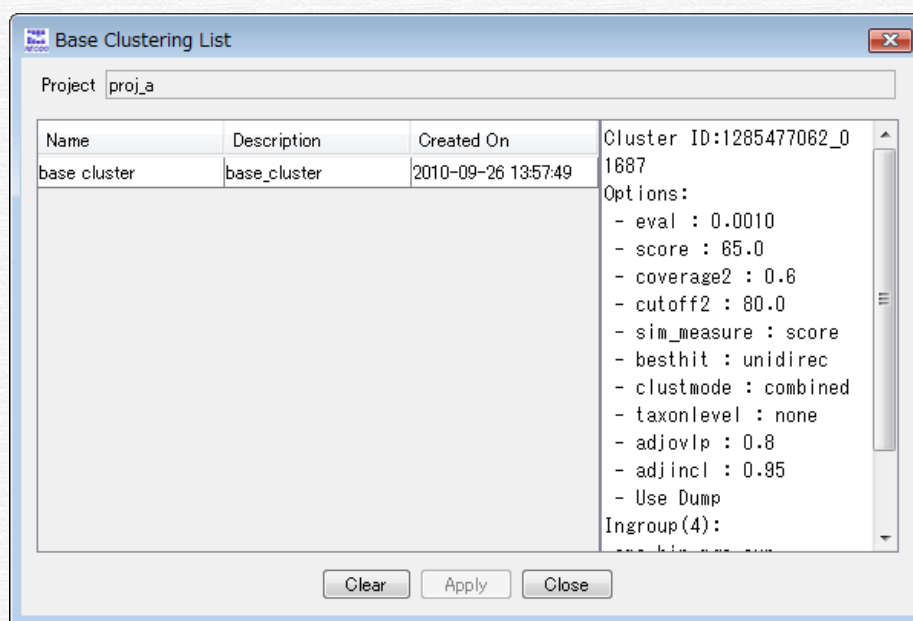
(注) DomClust 解析はインターネット接続が可能な環境でのみ利用できます。

RECOG サーバからダウンロードしたプロジェクトでは、サーバに登録されている情報をもとに差分更新することができます。

5. Taxonomy Tree の [All] タブで、[Choose base clustering] をクリックします。



6. サーバに登録されているクラスタリングリストの一覧が、Base Clustering List 画面に表示されます。Base Cluster を選択し、[Apply] ボタンをクリックします。



7. 8.3「内群、外群の指定」の方法で、内群、外群を指定します。

8. 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。9.2 「DomClust の実行」と同様に、パラメータを設定し、実行します。

Base Cluster を解除するには、Base Clustering List 画面で [Clear] ボタンをクリックします。

1. 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。

2. 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。

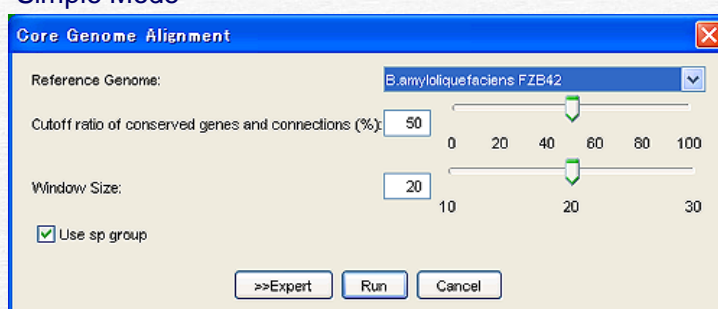
3. Core Genome Alignment 画面で CoreAligner の解析条件を指定します。

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。

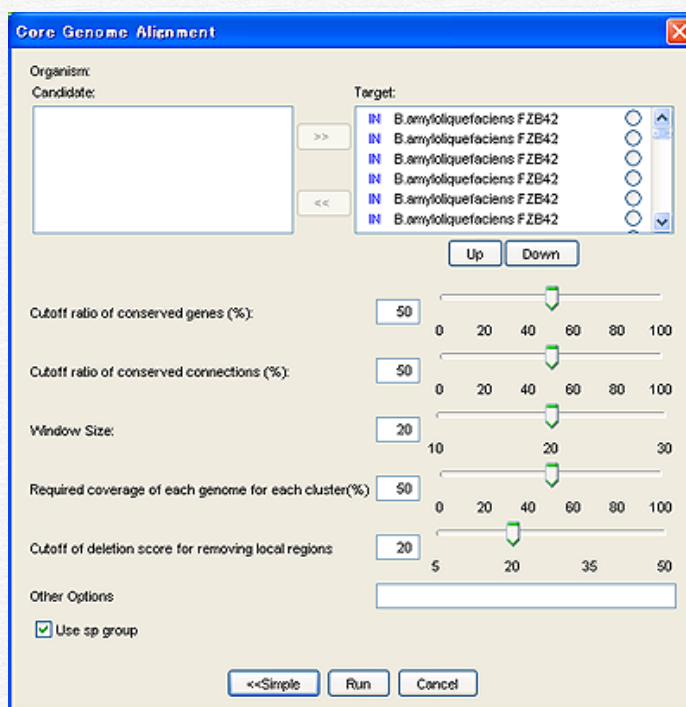
	Simple Mode	Expert Mode
--	-------------	-------------

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

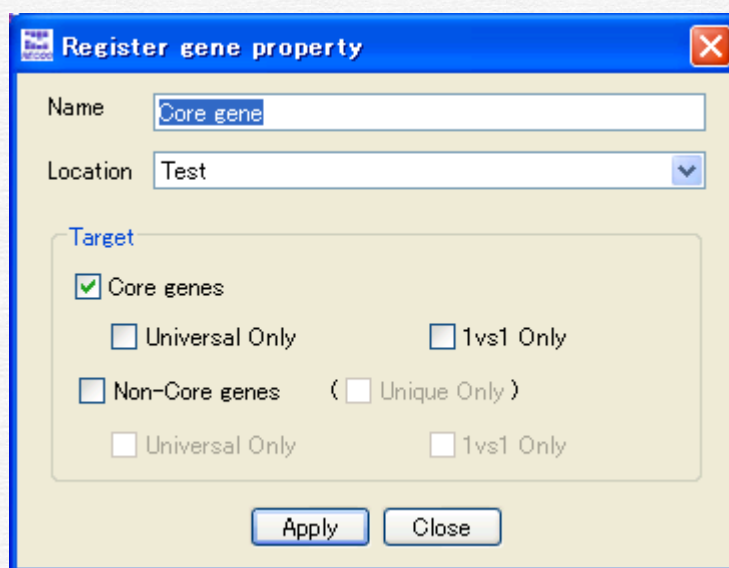


4. 条件指定後、[Run] ボタンをクリックします。
進捗画面が表示され、CoreAligner 解析が開始します。

25.3. コア構造遺伝子の遺伝子プロパティ登録

コア構造を構成する遺伝子に対し、コア構造を構成する遺伝子であることを示す遺伝子プロパティを登録します。

1. メニュー [Property] – [Register gene property...] をクリックします。Register gene property 画面が表示されます。



The screenshot shows a Windows-style dialog box titled "Register gene property". It has a blue title bar with a close button (X) on the right. The main area is light yellow. It contains the following elements:

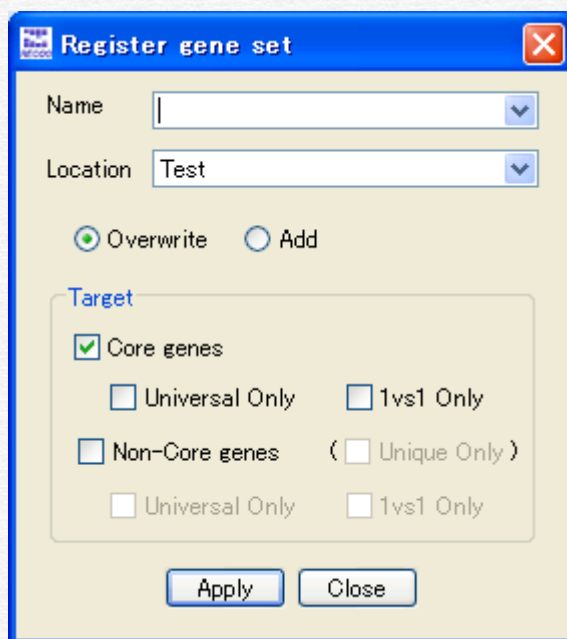
- Name:** A text input field containing "Core gene".
- Location:** A dropdown menu showing "Test".
- Target:** A section with a blue header. It contains several checkboxes:
 - ☒ Core genes
 - ☐ Universal Only
 - ☐ 1vs1 Only
 - ☐ Non-Core genes (☐ Unique Only)
 - ☐ Universal Only
 - ☐ 1vs1 Only
- Buttons:** "Apply" and "Close" buttons at the bottom.

2. Register gene property 画面で、遺伝子プロパティとして登録する条件を指定し、[Apply] ボタンをクリックします。条件の詳細については、「26.10 遺伝子、オーソログ対応線 (ortholog line) の表示／非表示」を参照してください。

25.4. コア構造遺伝子の遺伝子セット登録

コア構造を構成する遺伝子で構成する遺伝子セットを作成します。

1. メニュー [Property] – [Register gene set...] をクリックします。Register gene set 画面が表示されます。




2. Register gene set 画面で、遺伝子セットに含める遺伝子の条件を指定し、[Apply] ボタンをクリックします。条件の詳細については、「26.10 遺伝子、オーソログ対応線 (ortholog line) の表示／非表示」を参照してください。

25.5. RECOG サーバに登録されている CoreAligner

結果のロード

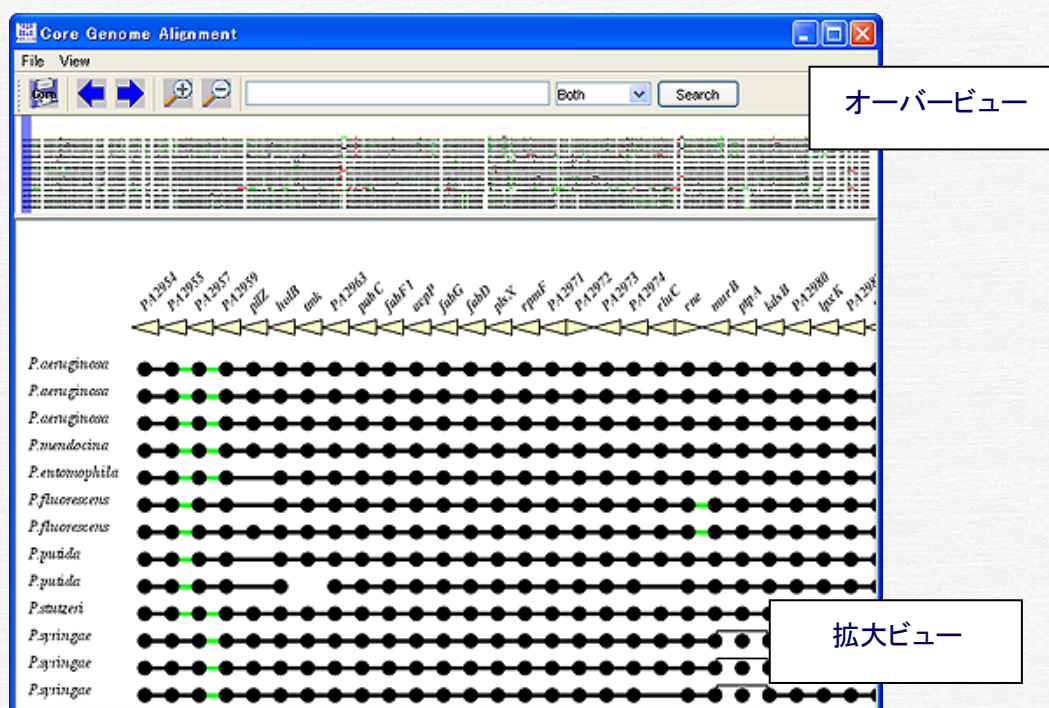
「6.7 RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード」でロードしたプロジェクトに登録されている CoreAligner 結果の一覧を表示し、その解析結果をロードします。

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 file 画面の [Project] でサーバに登録されているプロジェクトを選択して、
[Download] ボタンをクリックします。
Analysis List 画面が表示されます。
3. Analysis List 画面の上部で「Core Genome Alignment」を指定します。下側のリストに RECOG サーバに登録されている Core Aligner 結果の一覧が表示されます。
4. Analysis List 画面の一覧からダウンロードする Core Aligner 結果を選択し、
[Download] ボタンをクリックします。選択した Core Aligner 解析結果がダウンロードされます。

25.6. CoreAligner 結果の RECOG サーバへの登録


「6.7 RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード」でロードしたプロジェクトのもとで実行した Core Aligner 解析はサーバに登録することができます。

1. メニュー [File] - [Save On Server] をクリックします。
Save core genome alignment results on server 画面が表示されます。
2. Save core genome alignment results on server 画面で解析名、説明などの条件を指定し、[Apply] ボタンをクリックします。
3. [Apply] ボタンをクリックします。
RECOG サーバに Core Aligner 結果が登録されます。
4. Genome Comparison Viewer 画面が表示されます。



25.7. 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。

25.8. 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。

25.9. 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。

25.10. オーソロググループの選択

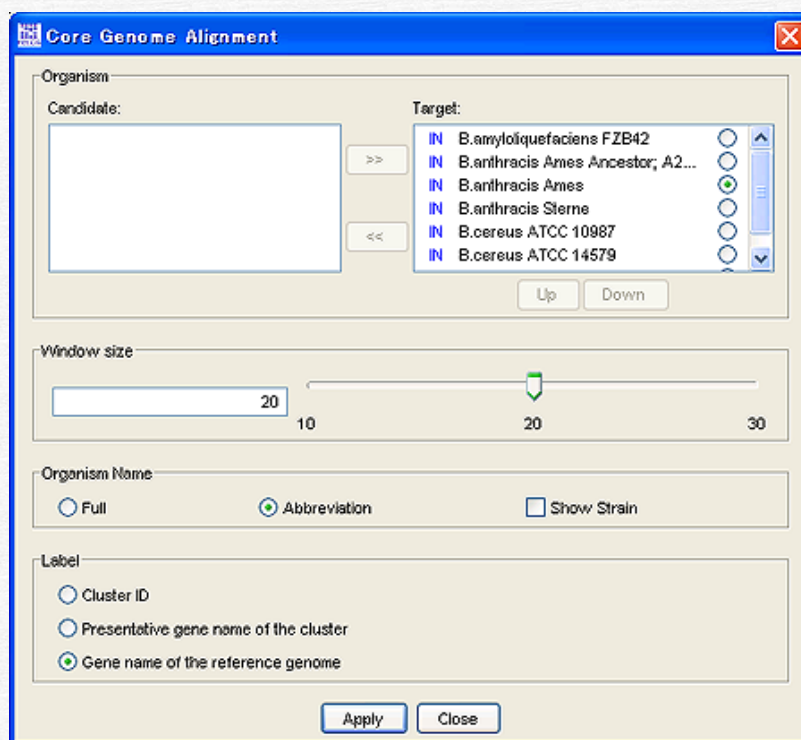
1. Core Genome Alignment 画面の拡大ビューでオーソロググループをクリックします。クリックしたオーソロググループがハイライト表示します。
また、Genome Comparison Viewer で対応するオーソロググループがハイライト表示されます。

25.11. 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。

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



25.13. 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。

25.14. 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。

25.15. 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。



25.16. 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

25.17. オーソロググループラベルの変更

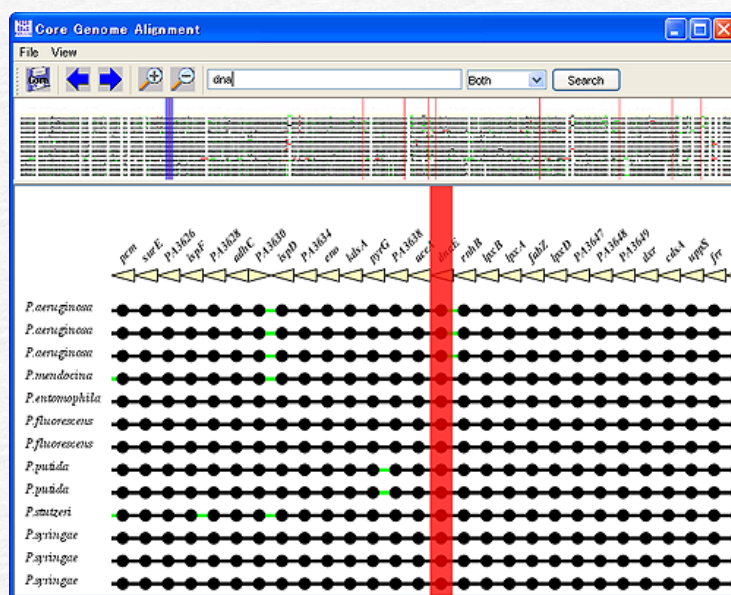
1. Core Genome Alignment 画面のメニュー「View」－「View Change...」をクリックします。Core Genome Alignment 表示変更画面が表示されます。
 2. Core Genome Alignment 表示変更画面の「Label」欄でオーソロググループのラベルとして表示する項目を指定します。
 - Cluster ID※
オーソロググループに対応するクラスターの ID を表示します
 - Representative gene name of the cluster※
オーソロググループに対応するクラスターの代表遺伝子名を表示します
 - Gene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

25.18. 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。

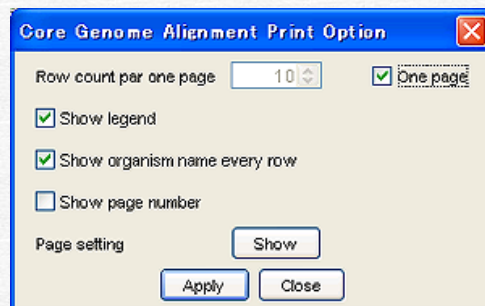
25.19. 遺伝子名／Locus Tag による検索

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。



25.20. 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。

25.21. 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。



26.1. Genome Comparison Viewer の表示

「25.1 CoreAligner の実行」、または「25.7


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。

26.2. 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「26.14 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。

26.3. 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。

26.4. 指定オーソロググループを中心へ移動


1. 通常のモード（次項 28.5 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。


26.5. 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「33 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。

26.6. 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。

26.7. 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。

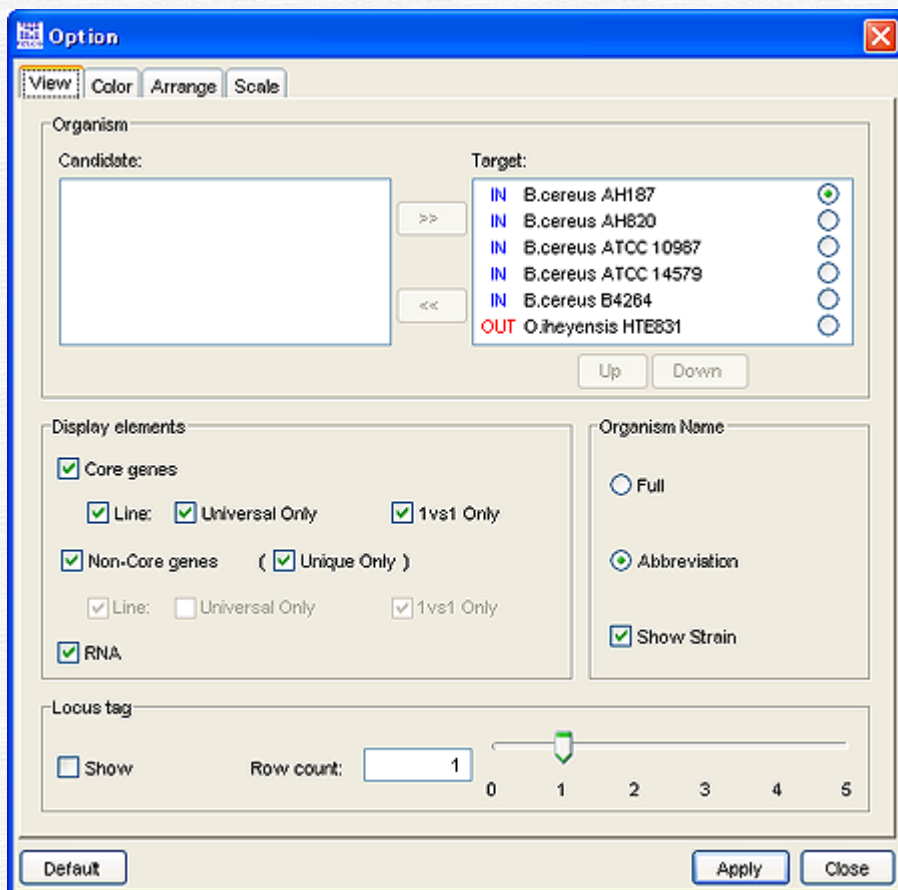
26.8. 生物種の表示・非表示

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。



26.9. 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。

26.10. 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

	<p>ブを 1 vs 1 と呼びます</p> <p>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</p>
<p>Unique Only</p> <p>※Non-Core genes のみ</p>	<p>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</p>

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. 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

26.12. 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。

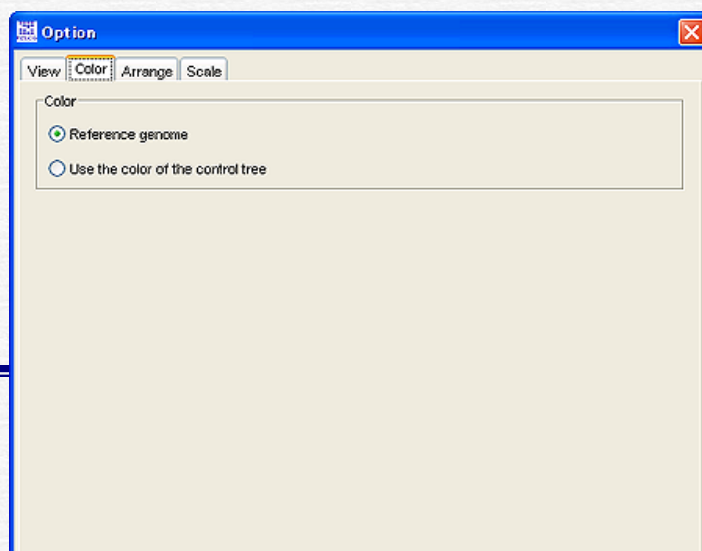
26.13. カラー設定

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。

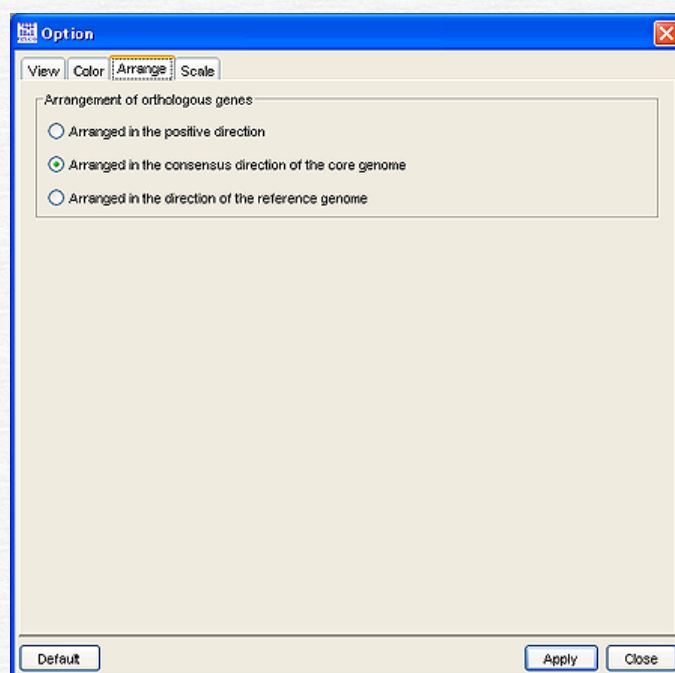
2. [Color] タブで遺伝子、オーソログ対応線のカラーを設定します。
 - Reference genome
Core 遺伝子はリファレンスゲノム上の遺伝子の位置に基づいて、緑から赤へのグラデーションで描画します。Non-Core 遺伝子は灰色、RNA は紺色で描画します。
 - Use the color of the control tree
操作パネルの [Color] で設定されたカラー設定（すなわち PPM テーブルでのカラー設定と同じもの）を用いて描画します。



26.14. 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 の場合 of みに有効になります。



1. Genome Comparison Viewer 画面 of 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。

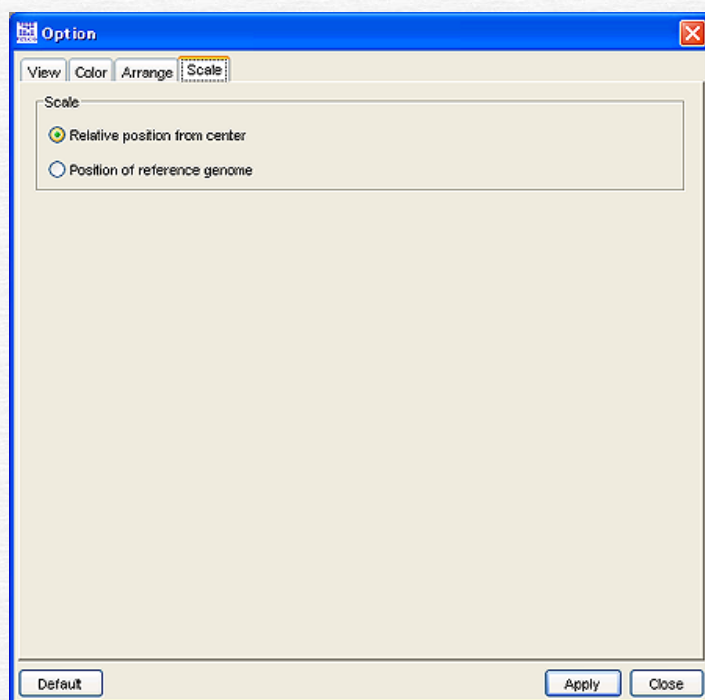
Genome Comparison Viewer 表示変更画面 of [Arrange] タブをクリックします。

2. [Arrange] タブで遺伝子向き of 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。

26.15. 目盛線の表示形式の変更

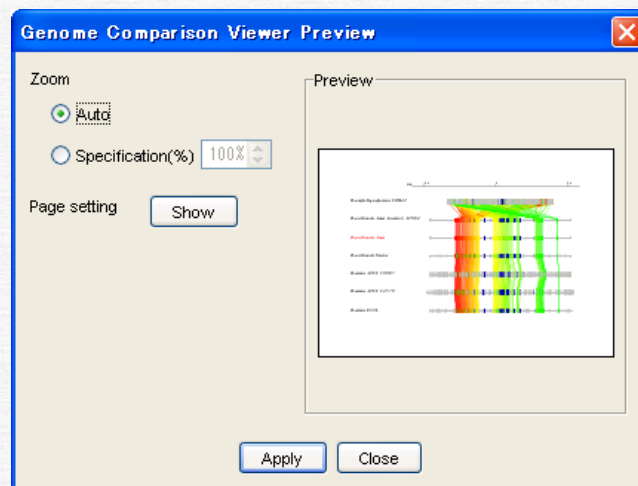


1. Genome Comparison Viewer 画面のメニュー「View」－「View Change...」をクリックします。Genome Comparison Viewer 表示変更画面が表示されます。

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。

26.16. 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。

26.17. コア構造遺伝子の遺伝子プロパティ登録

「25.3

コア構造遺伝子の遺伝子プロパティ登録」を参照してください。


26.18. コア構造遺伝子の遺伝子セット登録

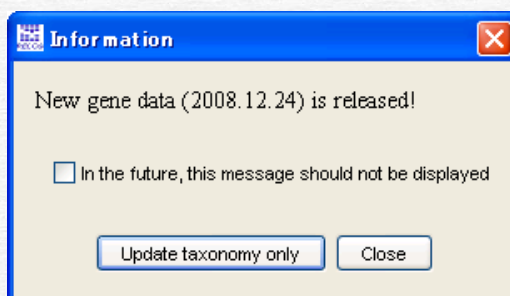
「25.4 コア構造遺伝子の遺伝子セット登録」を参照してください。

27. 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。

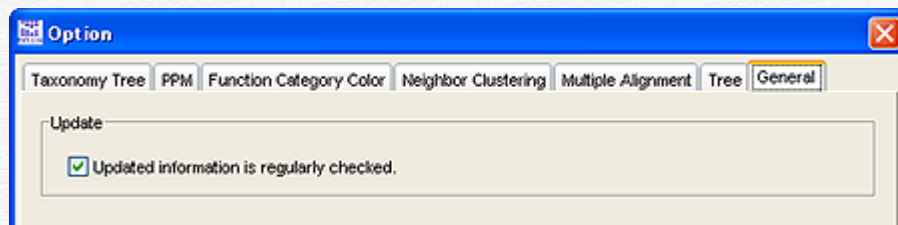
27.1. 更新通知メッセージからの Taxonomy Tree 更新

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。

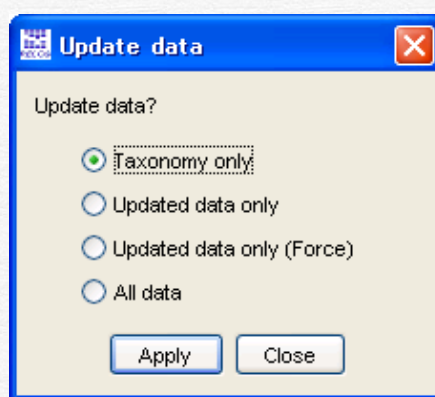
再度、バージョンアップ通知メッセージを表示する場合は、ツールボックスの  (Option) をクリックして、Option 画面の [General] タブの「Update information is regularly checked」をチェックして、[Apply] ボタンをクリックします。



27.2. 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。

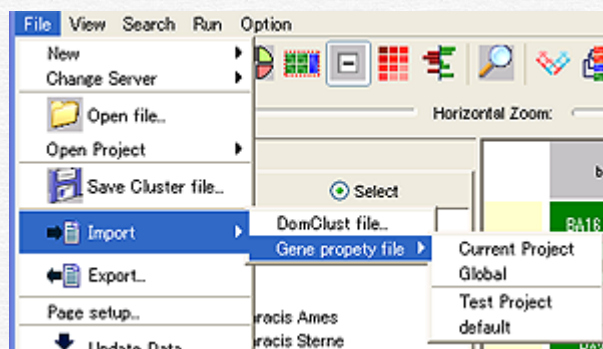
1. メニュー [File] - [Update Data...] をクリックします。
Update data 画面が表示されます。
2. Update data 画面で以下のいずれかを選択して、[Apply] ボタンをクリックします。



- 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。

2. 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。
3. 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。

28.2. クラスタプロパティの登録

4. クラスタプロパティファイルを作成します。
クラスタプロパティファイルのフォーマットは次のようになります。
- 1 行目にはヘッダ行を記述します。
 - ✧ 1 列目は"ID"を記述します。
 - ✧ 2 列目以降は任意のクラスタプロパティの名称、および型を記述します
 - 2 行目以降は遺伝子プロパティの値を記述します。
 - ✧ 1 列目はクラスタ番号を記述します。
クラスタ単位：クラスタ番号を記述します。(例) 1
サブクラスタ単位：クラスタ番号.サブクラスタ番号を記述します。(例) 1.2
 - ✧ 2 列目以降は任意のクラスタプロパティの値を記述します。
複数の値を取り得る場合は、型に"Multi"を指定し、";" (セミコロン) を用いて値を区切ります。

(例)

ID	Gene Count (Num)
1	5
...	

28.3. プロパティ一覧の参照

Gene / Cell / 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。

1. メニュー [Property] - 「Gene Property...」 / 「Cell Property...」 / 「Cluster Property...」をクリックします。Gene / Cell / Cluster property 画面が表示されます。

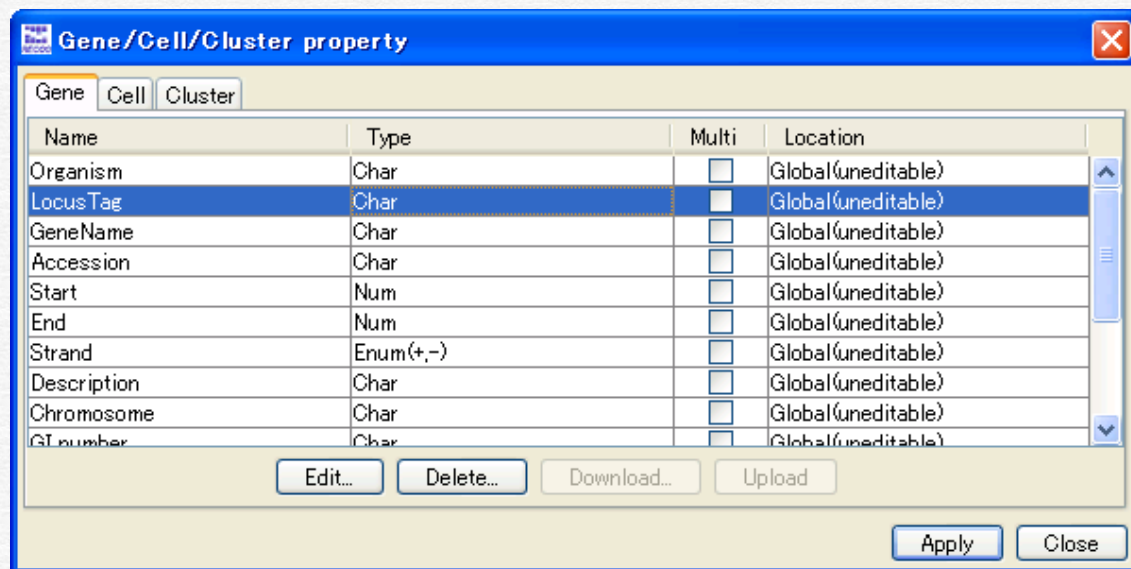
2. 各画面の表示内容は、

- Name : プロパティの名称
- Type : 型
- Multi : 複数属性値フラグ。チェックされている場合、複数属性値を持つ。
- Location : 保存場所 ※遺伝子プロパティのみ
 - ◇ Global(uneditable)

RECOG サーバから提供される、システム定義の遺伝子プロパティ
編集、削除はできない。
 - ◇ Global

全プロジェクトで参照できる遺伝子プロパティ
 - ◇ 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 ※セルプロパティ、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



28.4. 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 [Property] - 「Gene Property...」 / 「Cell Property...」 / 「Cluster Property...」をクリックします。Gene / Cell / 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 画面で次の編集を行います。
 - General : 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。
 - Calculation : プロパティを用いた計算の際に用いる値などの指定を行います。
- ◇ Representative value of multiple property values
- 1つの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（数値データの場合）

◇ 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（数値データの場合）

◇ Representative value of multiple genes in one cell

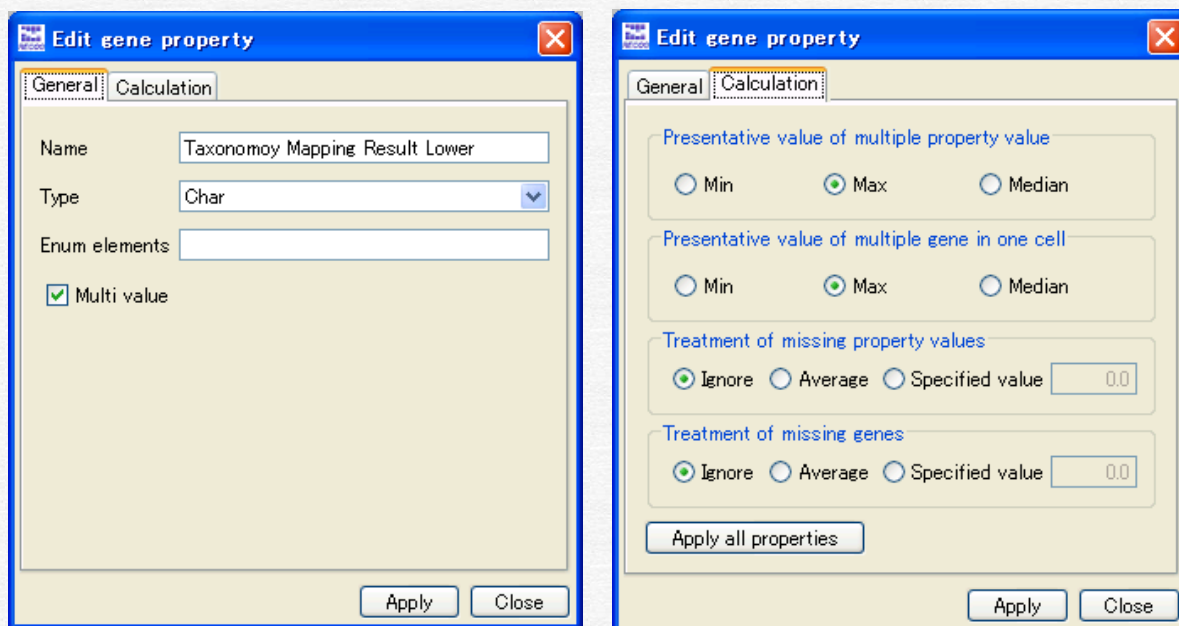
クラスタ単位での計算の場合に複数のサブクラスタの中から代表値を決定する方法を指定します。

- Min : 複数のサブクラスタの中で最小値を使用する
- Max : 複数のサブクラスタの中で最大値を使用する
- Median : 複数のサブクラスタの中で中央値を使用する
- Average : 複数のサブクラスタが持つ遺伝子プロパティの平均値を使用する（数値データの場合）

◇ Treatment of missing value

プロパティが定義されていない場合の演算方法を指定します。

- 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
- Edit property 画面の [Apply] ボタンをクリックします。
 - Gene / Cell / Cluster Property 画面の [Apply] ボタンをクリックします。

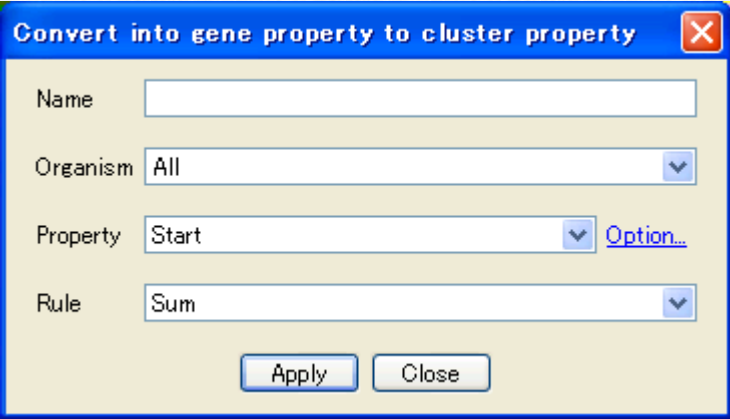


28.5. プロパティの削除

1. メニュー [Property] - 「Gene Property...」 / 「Cell Property...」 / 「Cluster Property...」をクリックします。Gene / Cell / Cluster property 画面が表示されます。Gene / Cell / 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。
2. Gene / Cell / 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。
3. Gene / Cell / Cluster property 画面の [Location] 欄で「Server」と表示されているプロパティを選択して [Delete] ボタンをクリックした場合、RECOG サーバに登録されているプロパティを削除します。

28.6. 遺伝子プロパティからクラスタプロパティへの変換

1. メニュー [Property] — 「Convert gene property into cluster property...」をクリックします。Convert gene property into cluster property 画面が表示されます。
2. Convert gene property into cluster property 画面で条件を指定します。



Convert into gene property to cluster property

Name

Organism

Property [Option...](#)

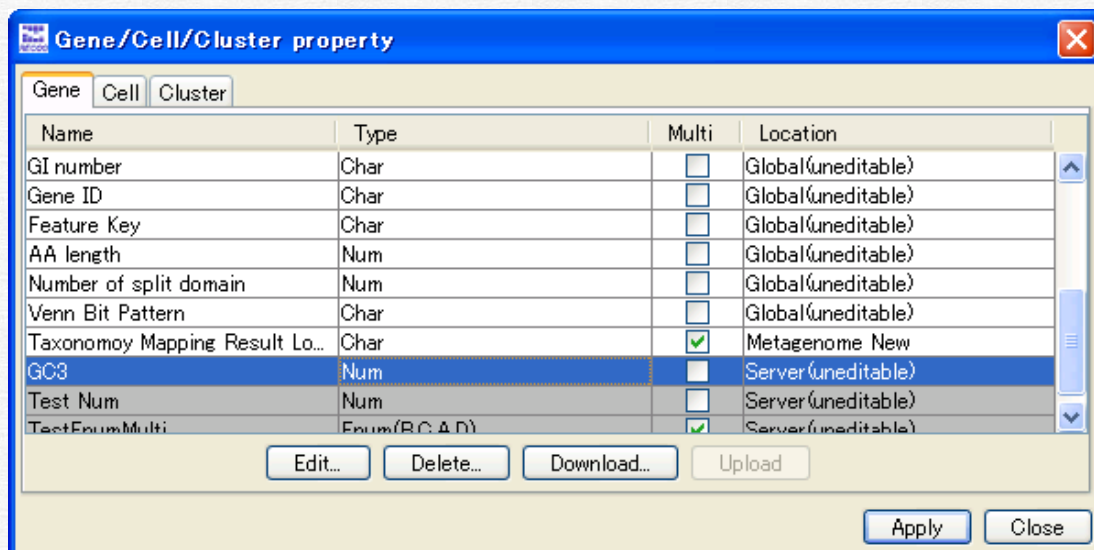
Rule

- Name : クラスタプロパティの名称を指定します。
 - Organism : 計算対象する生物種を指定します。
 - Property : 計算対象とする遺伝子／セルプロパティを指定します。
 - Rule : 計算規則を指定します。
3. [Apply] ボタンをクリックします。指定した条件に従ってクラスタプロパティが計算されます。

28.7. RECOG サーバからのプロパティのロード

「6.7 RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード」でロードしたプロジェクトに登録されている遺伝子プロパティ、クラスタプロパティをロードしてクライアントで利用することができます。

1. メニュー [Property] - 「Gene Property...」 / 「Cluster Property...」をクリックします。Gene / Cell / Cluster property 画面が表示されます。Gene / Cell / Cluster property 画面上で [Location] 欄に「Server」が表示されているプロパティを選択して、[Download] ボタンをクリックします。確認画面が表示されるので、遺伝子プロパティの場合は保存先を指定して、[Apply] ボタンをクリックします。



28.8. RECOG サーバへプロパティの保存

「6.7 RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード」でロードしたプロジェクトに遺伝子プロパティ、クラスタプロパティを保存して他のクライアントで利用することができます。

1. メニュー [Property] - 「Gene Property...」 / 「Cluster Property...」をクリックします。Gene / Cell / Cluster property 画面が表示されます。Gene / Cell / Cluster property 画面上で [Location] 欄にプロジェクト名が表示されているプロパティを選択して、[Upload] ボタンをクリックします。確認画面が表示されるので、[Apply] ボタンをクリックします。

29. 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。

29.1. 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

29.1.1. 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

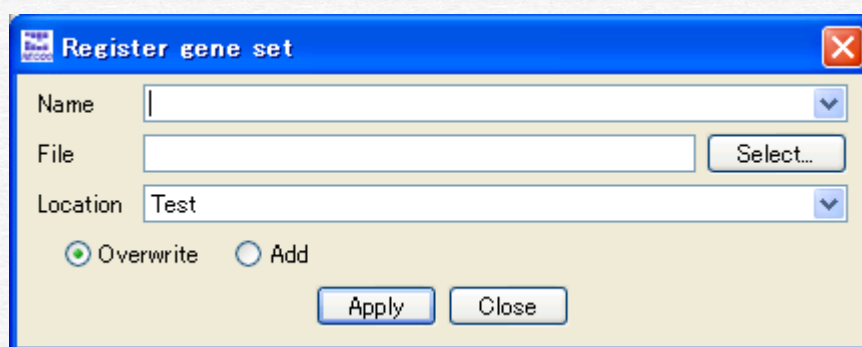
(ウ) 遺伝子プロパティ形式

「28.1 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」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。

「Add」をチェックした場合は、指定した遺伝子セット／クラスタセットに遺伝子／クラスタを追加します。

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。

29.1.2. 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。

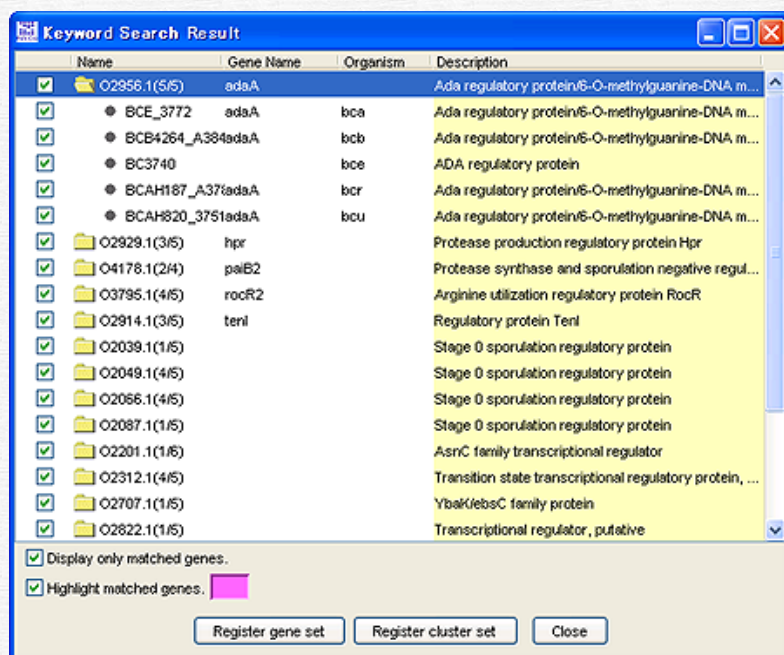
- Register gene/cluster set 画面でセットの名称、登録先を指定し、[Apply] ボタン

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。

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。

29.1.3. 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。

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。

29.2. 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。

29.3. 遺伝子セット／クラスタセットの編集（遺伝子の削除）

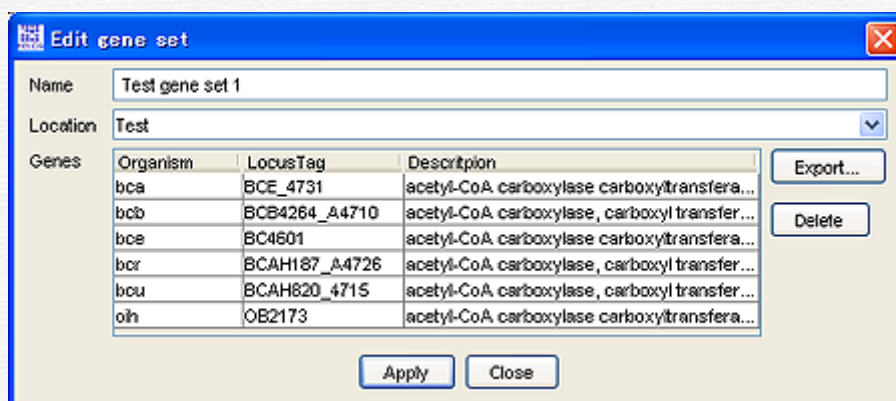
1. セット管理パネルの [Gene Set]、[Cluster Set] から遺伝子セット、またはクラスタセットを選択します。右クリックから、[Edit gene/cluster set] をクリックします。

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。



29.4. 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。

29.5. 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。

29.6. 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。

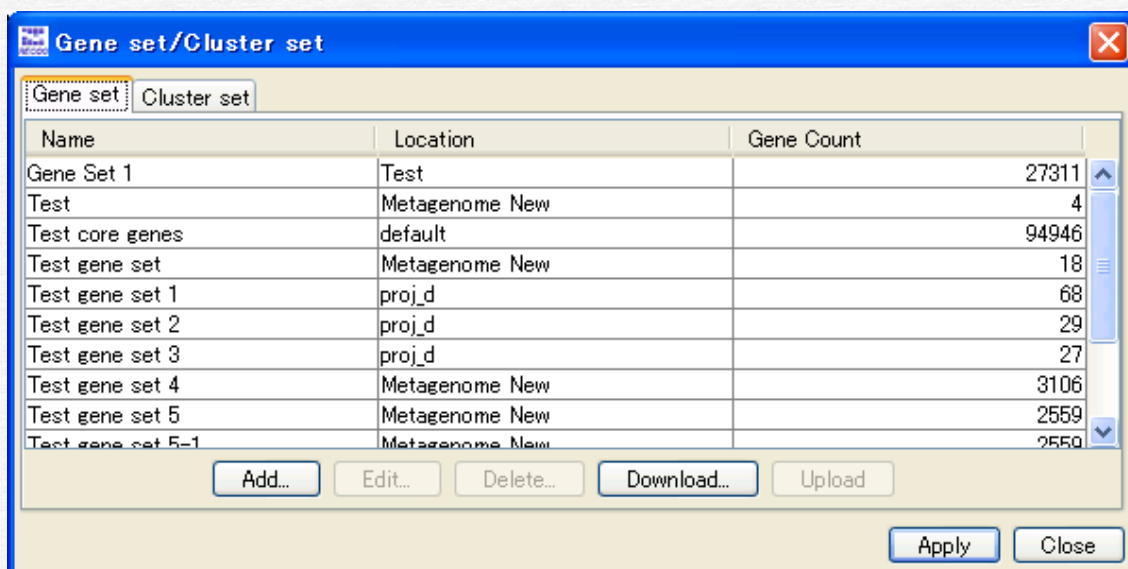
1. メニュー [Property] - 「Gene Set...」 / 「Cluster Set...」 をクリックします。Gene set / Cluster set 画面が表示されます。
2. 遺伝子プロパティを表示する場合は [Gene] タブ、クラスタプロパティを表示する場合は [Cluster] をクリックします。各画面では次の項目を表示します。

- 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

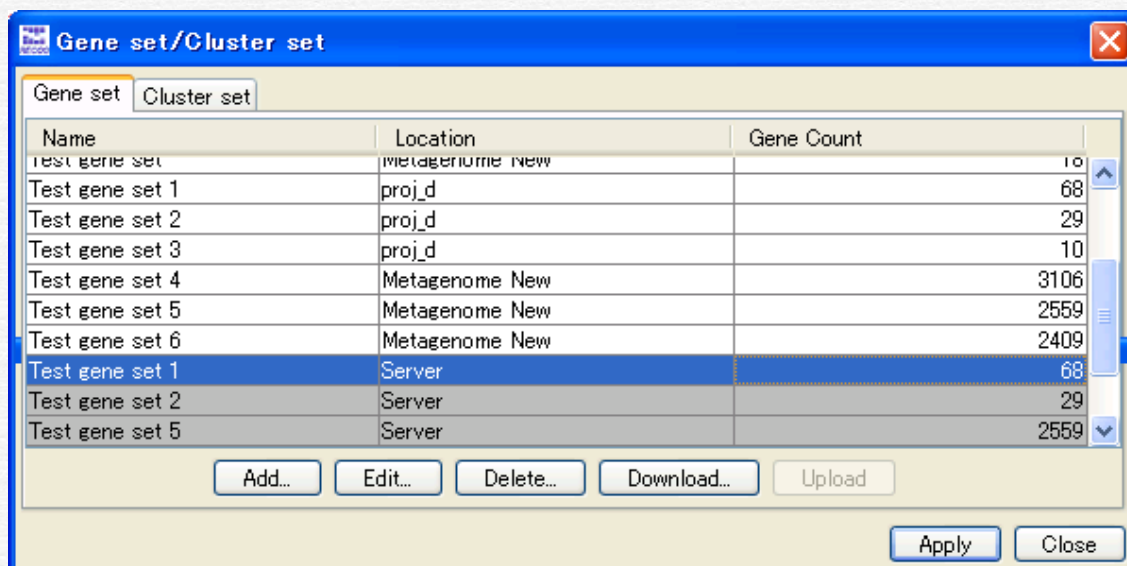


3. [Add...], [Edit...], [Delete...] ボタンをクリックして、遺伝子セット／クラスタセットの登録、編集、削除ができます。
4. [Location] 欄で「Server」と表示されている遺伝子セット／クラスタセットを選択して [Delete] ボタンをクリックした場合、RECOG サーバに登録されている遺伝子セット／クラスタセットを削除します。

29.7. RECOG サーバからのセットのロード

「6.7 RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード」でロードしたプロジェクトに登録されている遺伝子セット、クラスタセットをロードしてクライアントで利用することができます。

1. メニュー [Property] - 「Gene Set...」 / 「Cluster Set...」をクリックします。
Gene set / Cluster set 画面が表示されます。Gene set / Cluster set 画面上で [Location] 欄に「Server」が表示されているセットを選択して、[Download] ボタンをクリックします。確認画面が表示されるので、遺伝子セットの場合は保存先を指定して、[Apply] ボタンをクリックします。



29.8. RECOG サーバへセットの保存

「6.7 RECOG サーバに登録されているプロジェクトのロード」でロードしたプロジェクトに遺伝子セット、クラスタセットを保存して他のクライアントで利用することができます。

1. メニュー [Property] - 「Gene Set...」 / 「Cluster Set...」をクリックします。
Gene set / Cluster set 画面が表示されます。Gene set / Cluster set 画面上で [Location] 欄にプロジェクト名が表示されているプロパティを選択して、[Upload] ボタンをクリックします。確認画面が表示されるので、[Apply] ボタンをクリックします。

29.9. 遺伝子セットからクラスタセットへの変換

遺伝子セットに含まれる遺伝子からその遺伝子を含むクラスタで構成されるクラスタセットを作成します。

1. セット管理パネルの [Gene Set] から遺伝子セットを選択し、右クリックから、[Convert cluster set...] をクリックします。
Register cluster set 画面が表示されます。



2. Register cluster set 画面でクラスタセットの名称、条件を指定します。

- Overwrite/ Add :

既に登録されているクラスタセットと名前が重複する場合に上書きするか、クラスタを追加するか指定します。

- At least one/ All :

指定した遺伝子セットに、クラスタに登録されている遺伝子が少なくとも1つ含まれる場合にそのクラスタをクラスタセットに含めるか、すべての遺伝子が含まれる場合にそのクラスタをクラスタセットに含めるか指定します。

3. [Apply] ボタンをクリックします。
クラスタセットが作成されます。

30. 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。

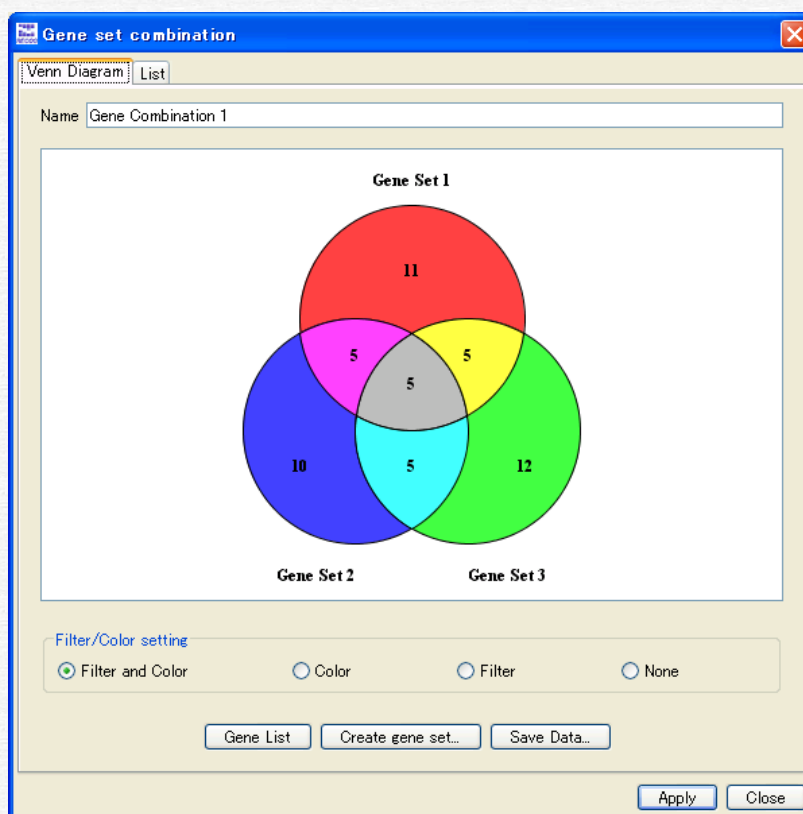
30.1. 複合セットの登録

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。

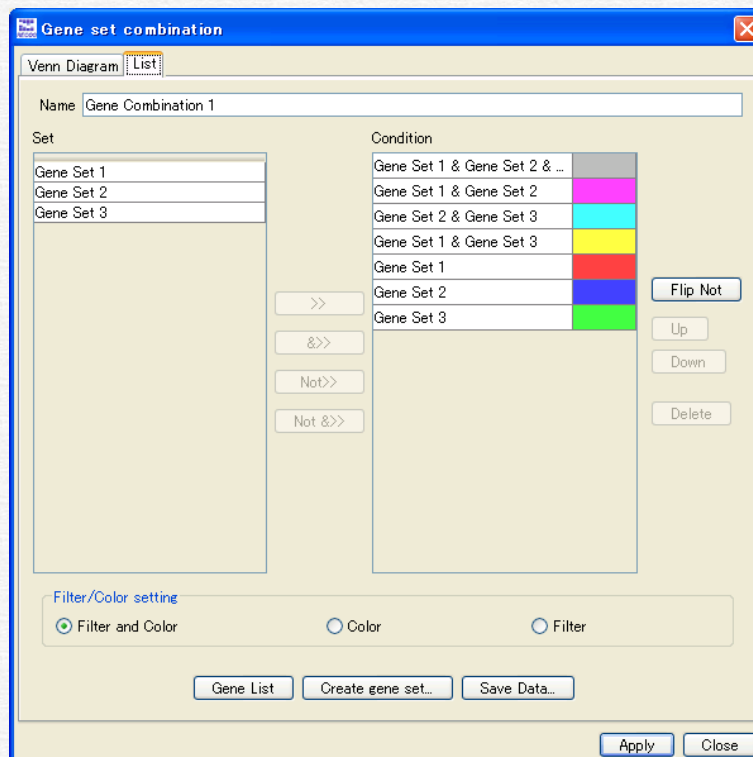
2. Gene/Cluster set combination 画面で遺伝子セット／クラスタセットの名称、条件に含めるセットとセット間の論理条件を指定します。

- ベン図形式（セットが3つ以下の場合）



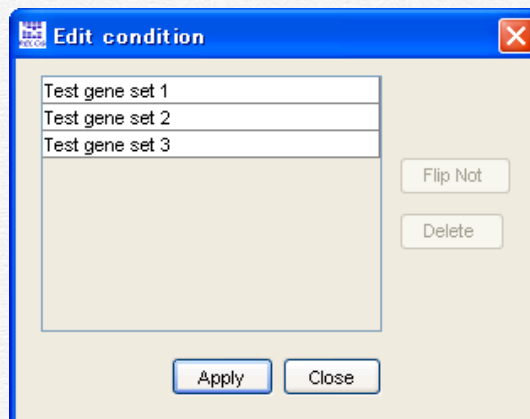
- ◇ 複合条件に含める場合は、含める領域を選択して、右クリックから [Color...] をクリックして、色を指定します。
- ◇ 複合条件から外す場合は、その領域を選択して、右クリックから [Cancel] をクリックします。すべての領域を複合条件から外す場合は、右クリックから [Cancel All] をクリックします。
- ◇ 選択した領域に含まれる遺伝子／クラスタのリストを参照する場合は、領域を選択した後、右クリックから [Gene/Cluster List] をクリックします。色のついている領域に含まれる遺伝子／クラスタのリストを参照する場合は、下側の [Gene/Cluster List] ボタンをクリックします。
- ◇ 選択した領域に含まれる遺伝子／クラスタのリストをファイルに出力する場合は、領域を選択した後、右クリックから [Save Data] をクリックします。色のついている領域に含まれる遺伝子／クラスタのリストをファイルに出力する場合は、下側の [Save Data] ボタンをクリックします。
- ◇ ベン図のイメージを出力する場合は右クリックから [Save Image] をクリックします。
- ◇ ベン図のイメージを印刷する場合は右クリックから [Print...] をクリックします。
- ◇ 色のついている領域に含まれる遺伝子／クラスタをセットとして登録する場合、下側の [Create gene/cluser set] ボタンをクリックします。

- リスト形式



- ◇ 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。
 - ◇ 指定した条件に含まれる遺伝子／クラスタのリストを参照する場合、下側の [Gene/Cluster List] ボタンをクリックします。
 - ◇ 指定した条件に含まれる遺伝子／クラスタのリストをファイルに出力する場合、下側の [Save Data] ボタンをクリックします。
 - ◇ 指定した条件に含まれる遺伝子／クラスタをセットとして登録する場合、下側の [Create gene/cluser set] ボタンをクリックします。
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。

- 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 Client interface. On the left, the 'Gene Set' panel shows a hierarchical tree of gene sets, including 'Bacteria(5)', 'Bacillales(5)', and 'Bacillaceae(5)'. Below this, the 'Gene Set Combination' section lists various test gene sets. The 'Cluster Set' section shows 'Cluster Set Combination 1' with test cluster sets. On the right, a comparison genome map view is shown, displaying a grid of gene sets (e.g., BAC1187, BAC1188, BAC1189) across different clusters (e.g., Cof2, DspR2, BAC1187, BAC1188, BAC1189). The grid cells are color-coded (green, red, blue) to represent different gene set combinations.

30.2. 複合セットの編集

- 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。
- 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「30.1 複合セットの登録」を参照してください。
- 条件を変更した後、[Apply] ボタンをクリックします。

30.3. 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。

30.4. 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。

30.5. 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。

30.6. 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。

30.7. 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。

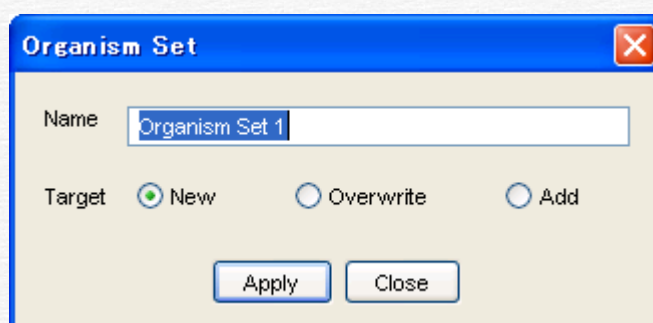
2. 複合セットの個々の条件に対し、有効化／無効化を設定する場合は、操作パネルの [Color] - [Gene Set] / [Cluster Set] - [複合セット名] から条件をダブルクリックします。

31. 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。

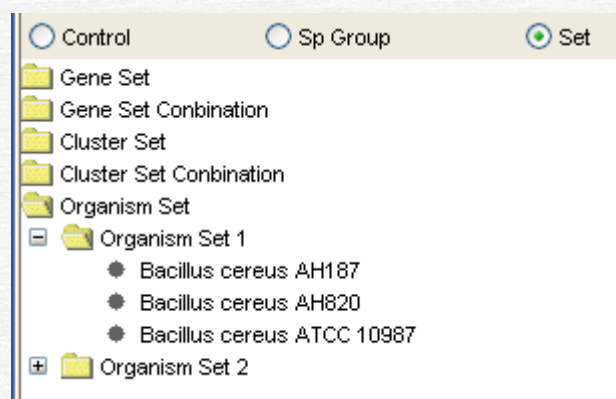
31.1. 生物種セットの登録

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。



31.2. 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。

31.3. 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。

31.4. 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。

31.5. 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。

32. 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。

32.1. クラスタからのプロファイルの登録

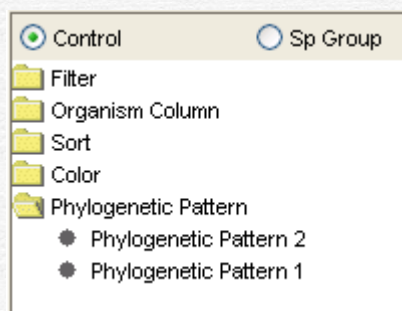
1. PPM でクラスタを選択して、右クリックからメニュー [Create phylogenetic pattern] をクリックします。Register phylogenetic Pattern 画面が表示され、選択したクラスタでの遺伝子のあるなしに基づいた系統パターンが表示されます。

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。



32.2. プロファイルの編集

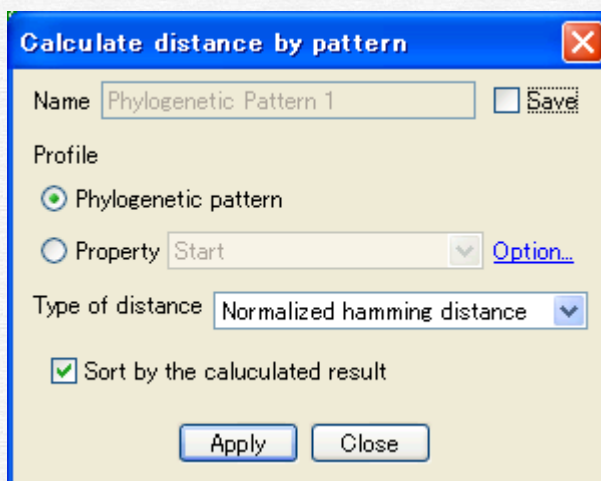
1. 操作パネルの [Phylogenetic Pattern] でプロファイルを選択して、右クリックから、メニュー [Edit pattern] をクリックします。Register phylogenetic Pattern 画面が表示されます。
2. プロファイルを編集します。編集方法は「32.1 クラスタからのプロファイルの登録」を参照してください。
3. プロファイルを編集した後、[Apply] ボタンをクリックします。

32.3. 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。

32.4. 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、

- [illegible]

32.6. 系統パターン類似性検索の削除

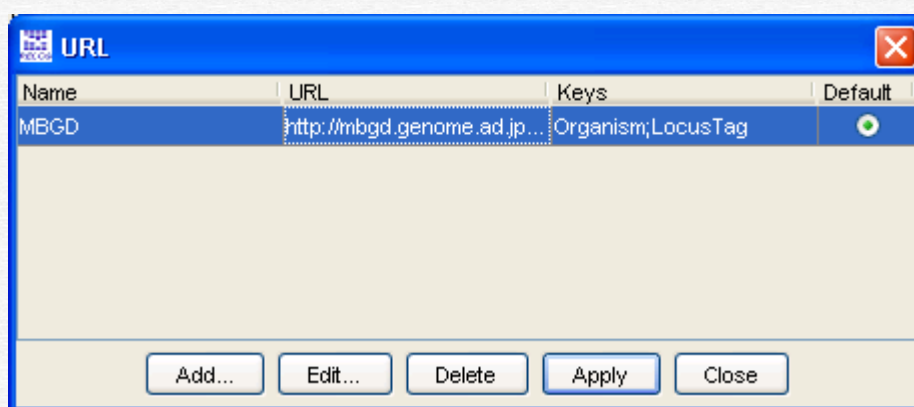
Save 欄をチェックしてファイルに保存した相関係数は、Gene property/Cluster property 画面の[Cluster property]タブから削除することができます。削除方法については「28.2 クラスタープロパティの登録」を参照してください。

33. 外部リソース URL 管理

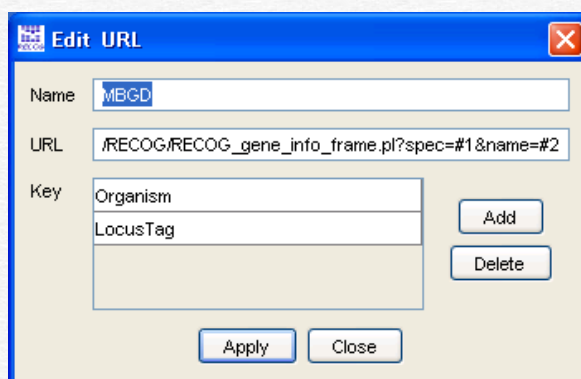
外部リソースの URL を登録して、[Info] タブや Regional Genome Map から外部リソースの情報をウェブブラウザで表示することができます。

33.1. 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) MBGD の遺伝子情報 URL

`http://mbgd.genome.ad.jp/htbin/RECOG/RECOG_gene_info_frame.pl`

`?spec=#1&name=#2`

#1 : 遺伝子プロパティ Organism

#2 : 遺伝子プロパティ Locus Tag

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。

33.2. 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。

33.3. 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。

34. 不完全ゲノムのマッピング情報の編集

不完全なゲノムを用いる際、各コンティグのマッピング情報（コンティグの並び順、向き、コンティグ間のギャップ）について利用可能な情報があれば、それらの値を入力して、それに基づいて比較ゲノムマップビューなどを表示させることができます。

34.1. マッピング情報の新規登録

1. [Add] タブのタキソノミーツリーから不完全ゲノムの生物種を選択して、[Genome Mapping] – [New...] をクリックします。Edit the incomplete genome's mapping information 画面が表示されます。
2. Edit the incomplete genome's mapping information 画面でマッピング情報を編集します。

Organism: Test Organism

Name:

Chr.: 1 [Add Chr.] [Edit Chr.] [Delete Chr.]

Contig	Chr.
contig 1	
contig 10	
contig 11	
contig 12	
contig 13	
contig 14	
contig 15	
contig 16	
contig 17	
contig 18	
contig 19	
contig 20	
contig 21	
contig 22	
contig 23	

>>

Contig	Direction	Gap
contig 48	+	50000
contig 49	+	50000
contig 2	+	50000
contig 30	+	50000

<<

Up

Down

Shape: linear End Gap: 50000

[Apply] [Close]

- Organism

マッピング情報の編集対象とする生物種を指定します。

- Name

マッピング情報の名称を指定します。

- Chr.欄

マッピングしている染色体名を表示します。この欄で指定した染色体にマッピングされているコンティグが、下側の一覧に表示されます。

- Add Chr. / Edit Chr. / Delete Chr.

染色体の追加、染色体名の編集、染色体の削除をします。

- コンティグ一覧（画面左側の一覧）

Organism で指定した生物種で選択可能なコンティグの一覧を表示します。

染色体にマッピングされたコンティグは Chr 欄に染色体名が表示されます。

- 染色体にマッピングされたコンティグ一覧（画面右側の一覧）

Chr.欄で指定されている染色体にマッピングされたコンティグの一覧を表示します。この一覧でコンティグの向き、コンティグ間のギャップを指定します。

コンティグ間のギャップは前のコンティグとのギャップの間隔を指定します。

- [>>] ボタン

コンティグ一覧で選択したコンティグを Chr.欄で指定した染色体にマッピングします。

- [<<] ボタン

染色体にマッピングされたコンティグ一覧で選択したコンティグの、マッピング状態を解除します。

- [Up] / [Down] ボタン

染色体にマッピングされたコンティグ一覧で選択したコンティグを上下に移動します。

- [Shape] 欄

染色体の形状を指定します。

- [End Gap] 欄

染色体の最終遺伝子から染色体終端までのギャップを指定します。

3. マッピング情報を編集した後、[Apply] ボタンをクリックします。マッピング情報を保存します。

34.2. マッピング情報の編集

1. [Add] タブのタキソノミーツリーから不完全ゲノムの生物種を選択して、[Genome Mapping] – [Edit...] をクリックします。Edit the incomplete genome's mapping information 画面が表示されます。
2. Edit the incomplete genome's mapping information 画面でマッピング情報を編集します。

- Name

編集するマッピング情報の名称を指定します。

- Delete Mapping ボタン

Name 欄で指定しているマッピング情報を削除します。

3. マッピング情報を編集した後、[Apply] ボタンをクリックします。マッピング情報を保存します。

35. 遺伝子のタキソノミーツリーマッピング解析

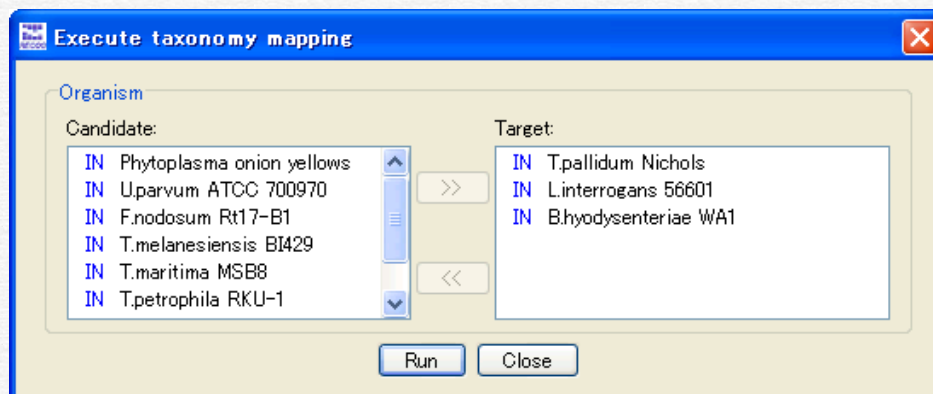
環境サンプルから取得されるメタゲノムなどに対し、どの生物分類の由来であるか推定する場合に遺伝子のタキソノミーツリーマッピング解析（以降、マッピング解析）を用いることで、その由来に関する示唆を得ることができます。

35.1. マッピング解析の実行

生物種を指定して、マッピング解析を実行することができます。

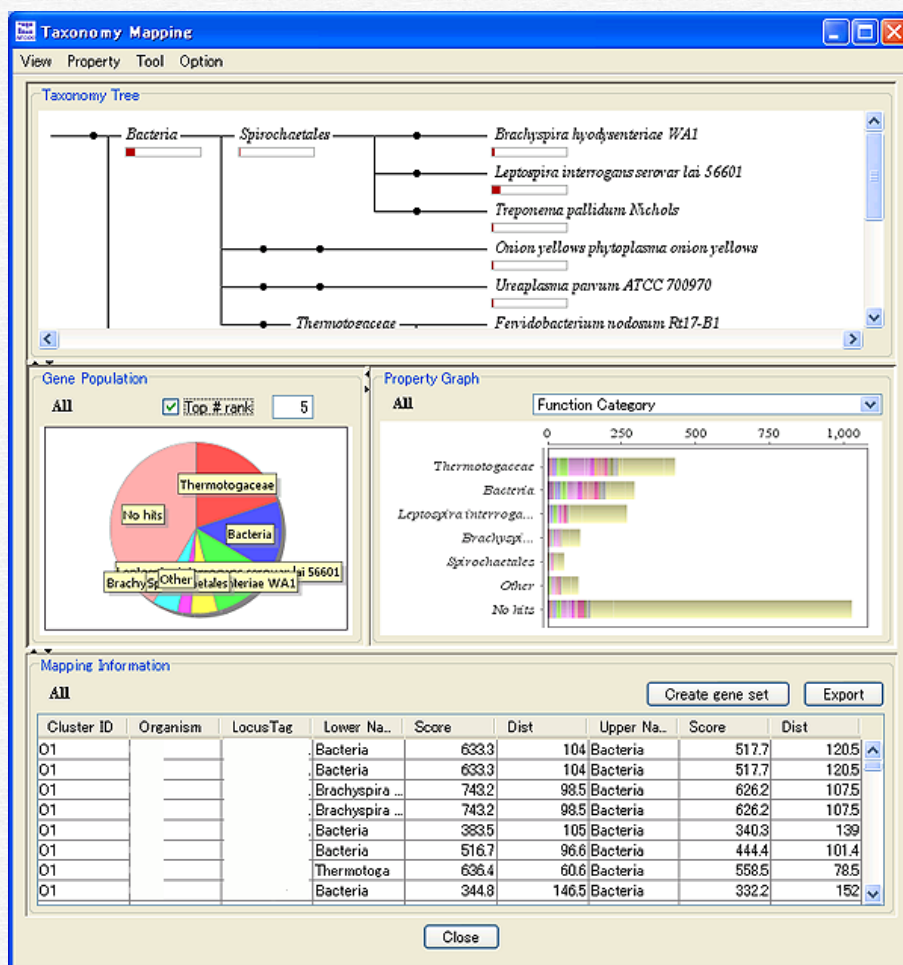
1. ツールボックスの （Run Taxonomy Mapping）をクリックします。

Execute taxonomy mapping 画面が表示されます。



2. Execute taxonomy mapping 画面でタキソノミーツリーへマッピングする生物種を [Target] 欄に指定し、[Run] ボタンをクリックします。
RECOG サーバでマッピング解析が実行されます。
3. RECOG サーバでマッピング解析が終了した後、その結果を RECOG クライアントが受け取り、Taxonomy Mapping 画面上に表示されます。


35.2. マッピング解析結果表示画面の構成



- **Taxonomy Tree 欄（画面上段）**
タキシノミーツリーの生物分類にマッピングされた遺伝子の数を棒グラフで表示します。
- **Gene Population 欄（画面中段左）**
特定の RANK について、タキシノミーツリーにマッピングされた遺伝子のマッピング先の生物分類に関する分布を円グラフで表示します。
- **Property Graph 欄（画面中段右）**
特定の RANK について、タキシノミーツリーにマッピングされた遺伝子のプロパティに関する棒グラフやボックスプロットを表示します。
- **Mapping Information 欄（画面下段）**
タキシノミーツリーにマッピングされた遺伝子に関する情報の一覧を表示します。

35.3. マッピング解析の結果表示

以前にマッピング解析した生物種の解析結果を表示します。

1. PPM の上部から以前に解析した生物種上で右クリックし、メニュー [ Show Taxonomy Mapping Result...] をクリックします。
Taxonomy Mapping 画面が表示されます。

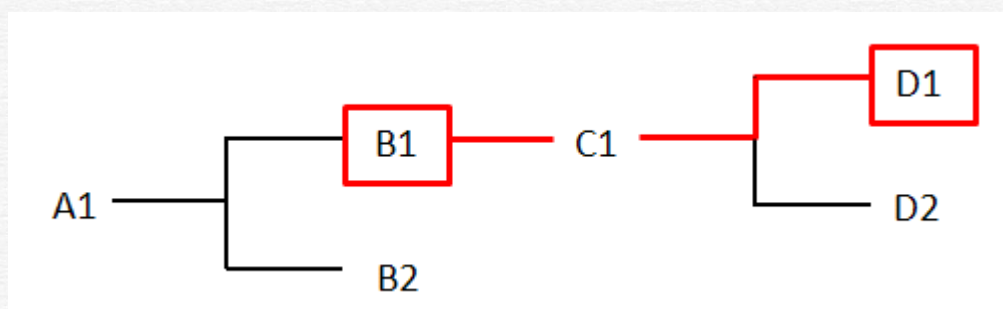
35.4. マッピング結果の形式

遺伝子をタキソノミーツリーへマッピングする場合、下位 RANK の生物分類から上位 RANK の生物分類への範囲を持ってマッピングされます。

(例) 生物分類 A1, B1, B2, C1, D1, D2 が下記のようにタキソノミーツリーを構成している場合

遺伝子 ABC が生物分類 D1～生物分類 B1 にマッピングされた場合

遺伝子 ABC は生物分類 D1～生物分類 B1 の範囲（赤線）にマッピングされたこととなる。



Taxonomy Mapping 画面の下側の一覧表にはマッピング結果として、次の内容を表示します。

Cluster ID	Organism	LocusTag	Lower Na..	Score	Dist	Upper Na..	Score	Dist
01	ABC	ABC_01	Bacteria	633.3		104 Bacteria	517.7	120.5

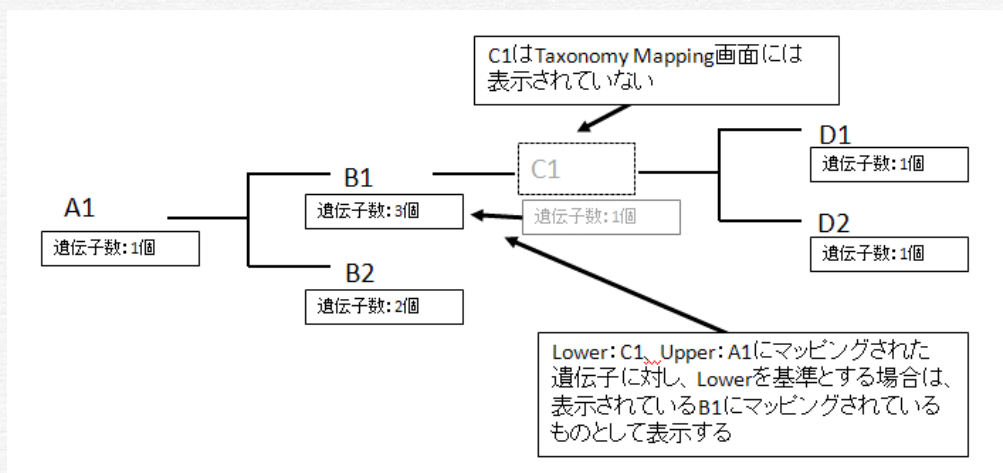
項目	内容
Cluster ID	遺伝子を含むクラスタの ID
Organism	生物種
LocusTag	LocusTag
Lower Name	遺伝子がマッピングされた下位 RANK の生物分類名
Score（左側）	下位 RANK の生物分類へのマッピング結果に対する Score
Dist（左側）	下位 RANK の生物分類へのマッピング結果に対する Dist
Upper Name	遺伝子がマッピングされた上位 RANK の生物分類名
Score（右側）	上位 RANK の生物分類へのマッピング結果に対する Score
Dist（右側）	上位 RANK の生物分類へのマッピング結果に対する Dist

35.5. マッピング方法の切り替え

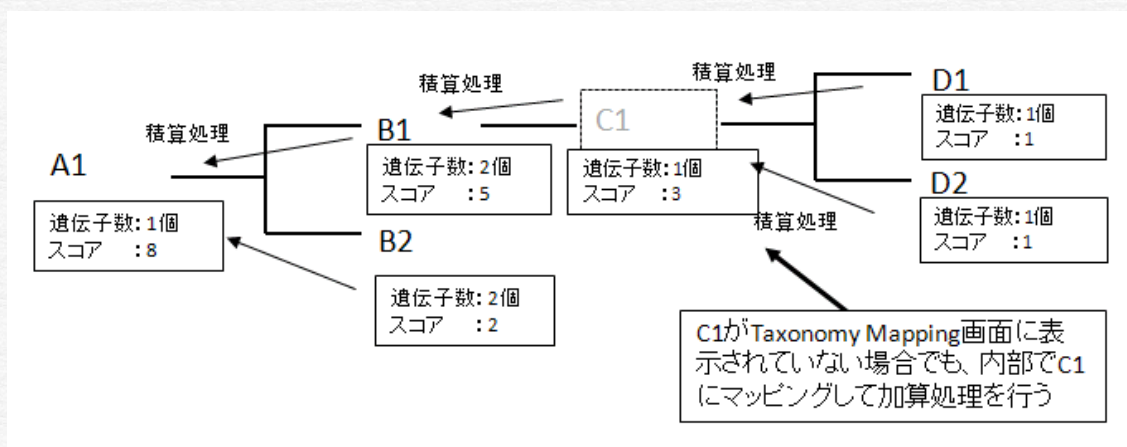
「35.4 マッピング結果の形式」の結果をもとに、次の 4 つのマッピング方法の中で指定された方法に従って、遺伝子をマッピングする生物分類を決定し、Taxonomy Mapping 画面のタキソノミーツリーに表示します。

マッピング方法	内容
Gene Count(Lower)	Taxonomy Mapping 画面のタキソノミーツリーに表示されている生物分類を対象にし、下位 RANK の生物分類を基準にマッピングします。
Gene Count(Upper)	Taxonomy Mapping 画面のタキソノミーツリーに表示されている生物分類を対象にし、上位 RANK の生物分類を基準にマッピングします。
Score(Lower)	全生物分類で構成されるタキソノミーツリー上に、下位 RANK の生物分類を基準に遺伝子をマッピングします。その後、下位の RANK の生物分類にマッピングされた遺伝子数を上位 RANK の生物分類に加算した値をスコアとしてタキソノミーマッピングに表示します。
Score(Upper)	全生物分類で構成されるタキソノミーツリー上に、上位 RANK の生物分類を基準に遺伝子をマッピングします。その後、下位の RANK の生物分類にマッピングされた遺伝子数を上位 RANK の生物分類に加算した値をスコアとしてタキソノミーマッピングに表示します。

● Gene Count



● Score



マッピング方法を切り替える場合は、

1. Taxonomy Mapping 画面のメニュー [View] から指定するマッピング方法をクリックします。Taxonomy Mapping 画面が指定したマッピング方法に従って切り替わります。

35.6. ドメイン分割された遺伝子の集約方法の指定

ドメイン分割された遺伝子は、タキソノミーツリーへマッピングする際に次の3つの方法に従って集約します。

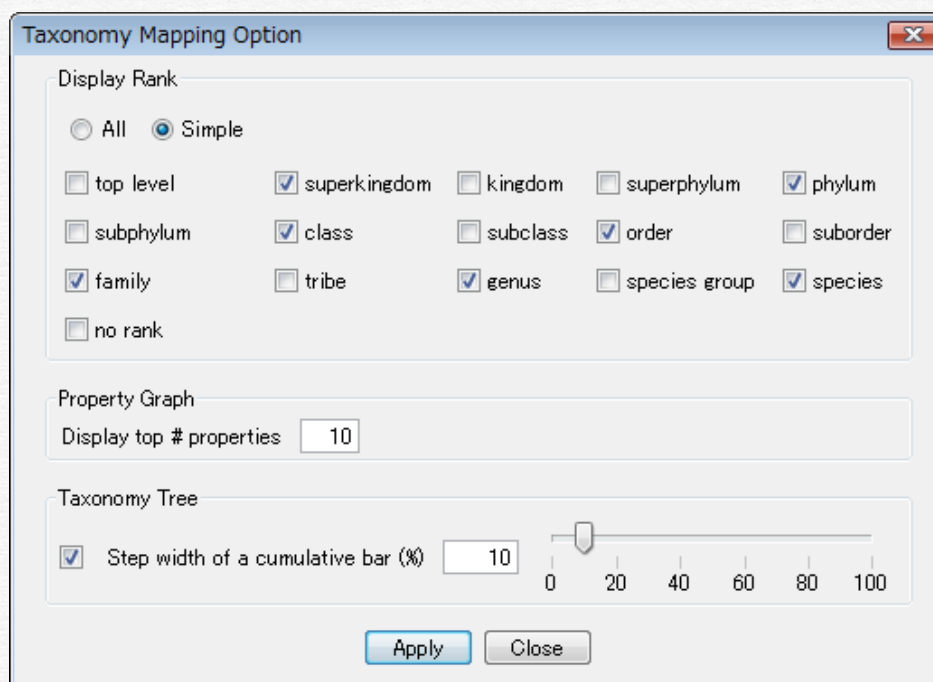
集約方法	内容
No Aggregate	集約はせず、分割された個々のドメインを1つの遺伝子とみなして、マッピングします。
Max Score	分割された個々のドメインに対して、解析結果のScoreが最も高いドメインの結果をその遺伝子の代表とする結果であるとして、マッピングします。
Scoring	分割されたドメインのそれぞれの解析結果をドメイン分割数で割った値の重みを加算します。

集約方法を切り替える場合は、

1. Taxonomy Mapping 画面のメニュー [View] - [Aggregate Type] から指定する集約方法をクリックします。Taxonomy Mapping 画面が指定した集約方法に従って切り替わります。

35.7. タキソノミーツリーに表示する生物分類の切り替え

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



2. Taxonomy Mapping Option 画面の Display Rank 欄で表示する生物分類の RANK を指定します。[All] ボタンを選択した場合はすべての RANK の生物分類が表示されます。
3. [Apply] ボタンをクリックします。指定した RANK に対応する生物分類がタキソノミーツリー上に表示されます。
4. [Step width of a cumulative bar (%)] を指定すると、その刻み幅で棒グラフを表示します。

35.8. 遺伝子がマッピングされている生物分類のみ表示

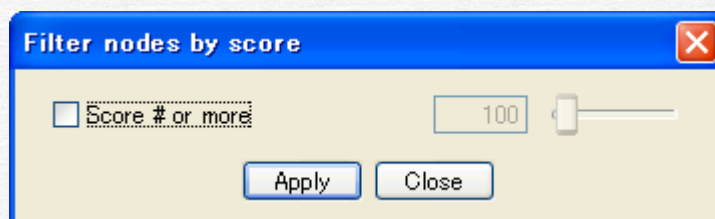
1. Taxonomy Mapping 画面の Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [Show mapping nodes only] をクリックします。遺伝子がマッピングされている生物分類の名称のみ表示され、それ以外の生物分類は●（黒丸）で表示されます。
2. すべての生物分類の名称を表示する場合は、Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [Show all nodes] をクリックします。すべての生物分類の名称が表示されます。
3. Taxonomy Tree 欄の生物分類をダブルクリックすると、名称表示 ⇄ 黒丸表示を切り替えることができます。

35.9. タキソノミーツリーの枝の展開、集約

1. Taxonomy Mapping 画面の Taxonomy Tree 欄でタキソノミーツリーの枝を展開、集約する場合は、Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [Action Mode] をクリックします。分岐部に +／- 記号が表示され、展開、集約ができるようになります。
2. タキソノミーツリーのイメージの保存など、+／- 記号が必要ない場合は、Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [View Mode] をクリックします。+／- 記号が非表示になります。

35.10. マッピング結果に基づく生物分類の表示の切り替え

1. 一定以上数の遺伝子がマッピングされている生物分類のみタキソノミーツリーに表示する場合は、Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [Filter nodes by score] をクリックします。Filter nodes by score 画面が表示されます。



2. Filter nodes by score 画面で、[Score # or more] 欄をチェックし、右側で閾値を指定します。
3. [Apply] ボタンをクリックします。
指定した閾値以上に遺伝子がマッピングされている生物分類の名称のみタキソノミーツリー上に表示し、それ以外の生物分類は黒丸で表示します。

35.11. タキソノミーツリーの生物分類の選択

1. Taxonomy Tree 欄で生物分類をクリックすると生物分類が選択されます。その選択されている生物分類に対応して、Gene Population 欄、Property Graph 欄、Mapping Information 欄の表示が切り替わります。
2. Gene Population 欄、Property Graph 欄の表示を特定の RANK のグラフを常に表示させる場合は、Taxonomy Mapping 画面のメニュー [View] - [Display Rank] から、指定する RANK をクリックします。また同期するモードに戻す場合は、メニュー [View] - [Display Rank] - [Select Rank On Taxonomy Tree] をクリックします。

35.12. 生物分類にマッピングされた遺伝子の遺伝子セット登録

1. タキソノミーツリーの生物分類にマッピングされた遺伝子を遺伝子セットとして登録する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [Register gene set...] をクリックします。Register gene set 画面が表示されます。
2. Register gene set 画面で名称、登録先を指定し、[Apply] ボタンをクリックします。

35.13. PPM との連携

Taxonomy Tree 欄の生物分類をクリックした場合などに、PPM のクラスタテーブル上のクラスタを選択したり、フィルタを実行したりすることができます。

1. PPM と選択を連携する場合は、Taxonomy Mapping 画面のメニュー [View] – [Synchronize Select Cluster on PPM] をクリックします。

Taxonomy Tree 欄の生物分類をクリックすると、PPM 上でその生物分類にマッピングされた遺伝子を含むクラスタが選択されます。

2. PPM とフィルタを連携する場合は、Taxonomy Mapping 画面のメニュー [View] – [Synchronize PPM Filter] をクリックします。

Taxonomy Tree 欄の生物分類をクリックすると、PPM 上でその生物分類にマッピングされた遺伝子を含むクラスタのみ PPM に表示するフィルタが実行されます。

操作パネルの [Filter] に「Taxonomy Mapping Filter」が追加されます。

3. 特定の生物分類にマッピングされた遺伝子に対するフィルタを個別に実行する場合は、Taxonomy Mapping 画面で生物分類を選択した後、右クリックから、メニュー [Set taxonomy mapping filter on PPM] をクリックします。

35.14. タキソノミーツリーの別ウィンドウ表示

1. Taxonomy Mapping 画面の Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [Show in another window...] をクリックします。別ウィンドウでタキソノミーツリーを表示します。

35.15. タキソノミーツリーのイメージの保存

1. Taxonomy Mapping 画面の Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [Save...] をクリックします。表示されるファイル選択画面で保存先を指定します。PNG 形式でタキソノミーツリーのイメージを保存します。

35.16. タキソノミーツリーのイメージの印刷

1. Taxonomy Mapping 画面の Taxonomy Tree 欄で右クリックからメニュー [Print...] をクリックします。プリンタ選択画面でプリンタを指定し、印刷します。

35.17. 遺伝子分布グラフの表示の切り替え

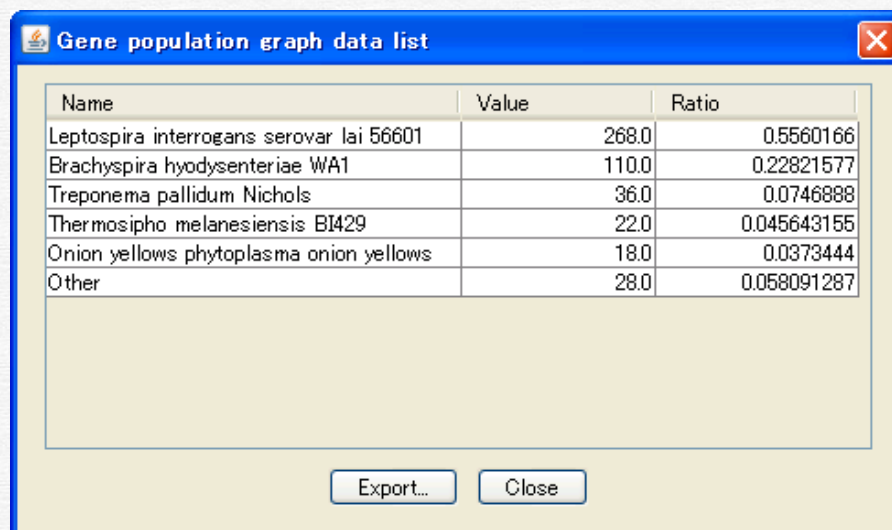
1. 遺伝子分布グラフの凡例の表示／非表示を切り替える場合は、Taxonomy Mapping 画面の Gene Population 欄で右クリックからメニュー [Show Label] をクリックします。
2. 表示対象とする生物分類の数を限定する場合は、Gene Population 欄の上部の [Top #rank] 欄をチェックし、右側の入力欄に表示対象とする上位の生物分類数を入力し、Enter キーを押下します。指定した上位の数より下の生物分類に含まれる遺伝子は [Other] として遺伝子分布グラフに表示されます。
3. タキソノミーツリーにマッピングされなかった遺伝子を遺伝子分布グラフに含めるか含めないかを切り替える場合は、Gene Population 欄で右クリックからメニュー [Show Unassigned Genes] をクリックします。
4. マッピング方法に Score を指定している場合に、遺伝子分布グラフの表示対象とする RANK より上位の RANK にマッピングされている遺伝子を遺伝子分布グラフに表示するかしないかを切り替える場合は、Gene Population 欄で右クリックからメニュー [Show Higher Rank] をクリックします。

35.18. 遺伝子分布グラフの別ウィンドウ表示

1. Taxonomy Mapping 画面の Gene Population 欄で右クリックからメニュー [Show in another window...] をクリックします。別ウィンドウで遺伝子分布グラフを表示します。

35.19. 遺伝子分布グラフのデータの表示

1. Taxonomy Mapping 画面の Gene Population 欄で右クリックからメニュー [Show Data List...] をクリックします。Gene population graph data list 画面が表示されます。



Name	Value	Ratio
Leptospira interrogans serovar lai 56601	268.0	0.5560166
Brachyspira hyodysenteriae WA1	110.0	0.22821577
Treponema pallidum Nichols	36.0	0.0746888
Thermosipho melanesiensis BI429	22.0	0.045643155
Onion yellows phytoplasma onion yellows	18.0	0.0373444
Other	28.0	0.058091287

2. Gene population graph data list 画面で [Export] ボタンをクリックすると、タブ区切り形式のテキストファイルとして出力することができます。

35.20. 遺伝子分布グラフのデータの出力

1. 遺伝子分布グラフのデータを出力する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Gene Population 欄で右クリックからメニュー [Save Data...] をクリックします。ファイル保存先選択画面で保存先を指定します。タブ区切り形式のテキストファイルとして出力します。

35.21. 遺伝子分布グラフのイメージの出力

1. 遺伝子分布グラフのイメージを出力する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Gene Population 欄で右クリックからメニュー [Save Image...] をクリックします。ファイル保存先選択画面で保存先を指定します。PNG 形式ファイルとして出力します。

35.22. 遺伝子分布グラフの印刷

1. 遺伝子分布グラフのイメージを出力する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Gene Population 欄で右クリックからメニュー [Print...] をクリックします。プリンタ選択画面でプリンタを指定し、印刷します。

35.23. プロパティグラフの表示の切り替え

1. 表示対象とするプロパティを切り替えるには、Taxonomy Mapping 画面の Property Graph 欄の上部にある、プロパティ選択欄で表示するプロパティを選択します。選択したプロパティに対応してプロパティグラフが切り替わります。

プロパティ	グラフ形式
Function Category	機能カテゴリ毎の積み重ねグラフ
文字列型、列挙型、階層型のプロパティ	積み重ねグラフ ※Taxonomy Mapping Option 画面の [Property Graph] 欄で表示対象とする上位数を指定することができます。
数値型のプロパティ	ボックスプロット

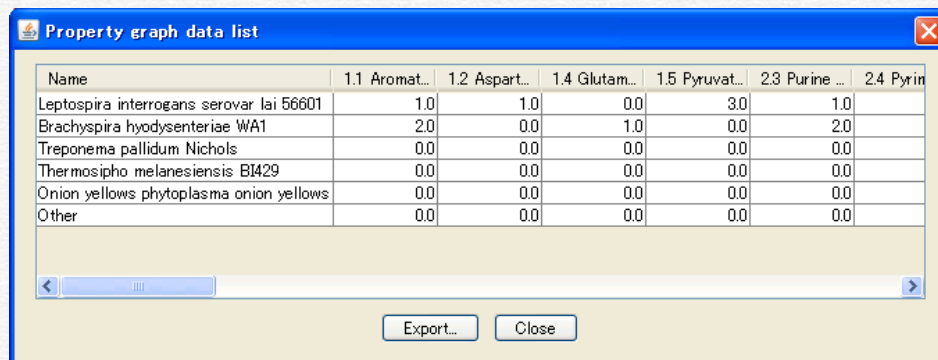
2. プロパティグラフの縦方向／横方向の表示方向を切り替える場合は、Taxonomy Mapping 画面の Property Graph 欄で右クリックからメニュー [Vertical/Horizontal] をクリックします。プロパティグラフの表示方向が切り替わります。

35.24. プロパティグラフの別ウィンドウ表示

1. Taxonomy Mapping 画面の Property Graph 欄で右クリックからメニュー [Show in another window...] をクリックします。別ウィンドウでプロパティグラフを表示します。

35.25. プロパティグラフのデータの表示

1. Taxonomy Mapping 画面の Property Graph 欄で右クリックからメニュー [Show Data List...] をクリックします。Property graph data list 画面が表示されます。



The screenshot shows a window titled "Property graph data list" with a table containing the following data:

Name	1.1 Aromat...	1.2 Aspart...	1.4 Glutam...	1.5 Pyruvat...	2.3 Purine ...	2.4 Pysin
Leptospira interrogans serovar lai 56601	1.0	1.0	0.0	3.0	1.0	
Brachyspira hyodysenteriae WA1	2.0	0.0	1.0	0.0	2.0	
Treponema pallidum Nichols	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
Thermosiphon melanesiensis B1429	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
Onion yellows phytoplasma onion yellows	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
Other	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	

At the bottom of the window, there are "Export..." and "Close" buttons.

2. Property graph data list 画面で [Export] ボタンをクリックすると、タブ区切り形式のテキストファイルとして出力することができます。

35.26. プロパティグラフのデータの出力

1. プロパティグラフのデータを出力する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Property Graph 欄で右クリックからメニュー [Save Data...] をクリックします。ファイル保存先選択画面で保存先を指定します。タブ区切り形式のテキストファイルとして出力します。

35.27. プロパティグラフのイメージの出力

1. プロパティグラフのイメージを出力する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Property Graph 欄で右クリックからメニュー [Save Image...] をクリックします。ファイル保存先選択画面で保存先を指定します。PNG 形式ファイルとして出力します。

35.28. プロパティグラフの印刷

1. プロパティグラフのイメージを出力する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Property Graph 欄で右クリックからメニューメニュー [Print...] をクリックします。プリンタ選択画面でプリンタを指定し、印刷します。

35.29. マッピング結果一覧の遺伝子を遺伝子セットに登録

1. マッピング結果一覧に表示されている遺伝子を遺伝子セットとして登録する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Mapping Information 欄で [Create gene set] ボタンをクリックします。Register gene set 画面が表示されます。
2. Register gene set 画面で名称、登録先を指定し、[Apply] ボタンをクリックします。

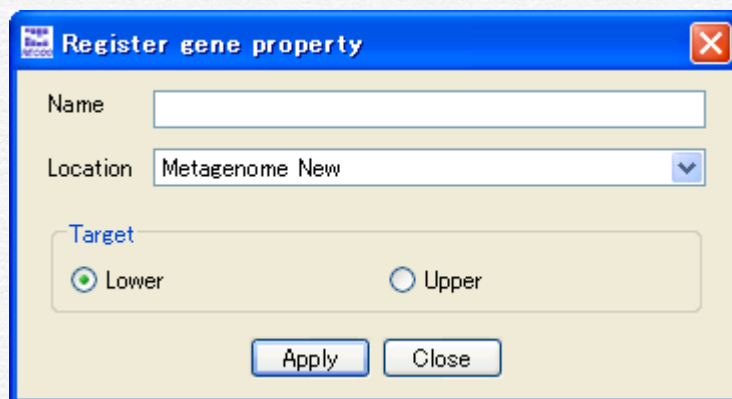
35.30. マッピング結果一覧の出力

1. マッピング結果一覧に表示されている解析結果をファイルに出力する場合は、Taxonomy Mapping 画面の Mapping Information 欄で [Export] ボタンをクリックします。ファイル保存先選択画面で保存先を指定します。タブ区切り形式のテキストファイルとして出力します

35.31. マッピング結果のプロパティ登録

マッピング結果の Lower 情報、Upper 情報を遺伝子プロパティとして登録し、他の解析で利用できるようにします。

1. Taxonomy Mapping 画面のメニュー [Register the mapping gene's property] ボタンをクリックします。Register gene property 画面が表示されます。
2. Register gene property 画面で遺伝子プロパティ名、保存場所を指定します。また、Target 欄では、[Lower] を指定した場合は Lower 情報、[Upper] を指定した場合は Upper 情報を遺伝子プロパティとして登録します。
3. [Apply] ボタンをクリックします。遺伝子プロパティが登録されます。



35.32. マッピング結果を用いた PPM カラー設定

マッピング結果をもとにスコアを計算し、PPM に色づけを行います。クラスタ内で、マッピングされた遺伝子に最も近い生物種のセルのスコアが最も高くなります。

1. Taxonomy Mapping 画面のメニュー [Calculate taxonomy mapping score...] をクリックします。計算処理実行後、Color genes by properties 画面が表示されます。
2. Color genes by properties 画面で条件を設定し、[Apply] ボタンをクリックします。スコアに基づいた色が PPM に表示されます。

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. MBGD does not use such a criterion in the selection step by default since the UPGMA algorithm itself must involve it, but in some situation it might be useful for the purpose of filtering out some apparent paralogs before clustering. See the next section for details.</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 score(a,b) satisfies</p> $\frac{\text{score}(a,b)}{\max(\max_y(\text{score}(a,y)), \max_x(\text{score}(x,b)))} * 100 \geq \text{cutoff_ratio}$ <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> $\frac{\text{score}(a,b)}{\min(\max_y(\text{score}(a,y)), \max_x(\text{score}(x,b)))} * 100 \geq \text{cutoff_ratio}$
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 MBGD, orthologous groups are made by splitting trees of homologous clusters created by the hierarchical clustering algorithm. The node with two children A and B is split when</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> $ adjacent(A,B) / \max(A , B) \geq r_{adj1}$ <p>or</p> $ 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

R

RECOG (<http://mbgd.genome.ad.jp/RECOG/>)

Research Environment for Comparative Genomics

DomClust 解析結果を元にさまざまな比較解析を行う比較ゲノムワークベンチ。クライアント・サーバ型ソフトウェア

RECOG サーバ

RECOG クライアントと連携して、DomClust 解析、CoreAligner 解析を実行したり、遺伝子情報を提供したりするサーバ

Regional Genome Map (RGM)

オーソログ比較用ゲノムマップ

T

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、それらを特徴づける機能分類

さ

縮約

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

セル

PPM の 1 つのオーソロググループの 1 生物種に対応するマス目