遺伝子系統解析Webシステム

demo ver. 0.1 操作マニュアル

10/09/30 Sh.Onda

1. はじめに

遺伝子系統は進化遺伝学の研究のみでなく、未知の遺伝子の機能の推定や細菌・ウィルスの検査など、医療・薬学・農学・環境関連等にも応用されつつあります。例えば細菌やウィルスのような微生物は検出と種類の判別が難しいので、遺伝子DNA塩基配列を利用し、生物種類の推定を行う場合があります。

このシステムは、生物サンプルから分子生物学的手法によって求めたDNA配列のデータ を入力して、既存のデータベースに登録された生物のDNA配列と比較して、生物種類や遺 伝子機能の推定等を行うことを目的としています。

○商標などの表記について

本マニュアルでは(R)(C)(TM)などの商標は省略しております。ご了承ください。 本文に登場する会社名、製品名は各社の登録商標または商標です。

2. 動作環境

2.1. ソフトウェア環境

このソフトウェアは、WebブラウザとAdobe Flash Player 上で動作します。 Webブラウザは Microsoft Internet Explorer ver. 6.0 以上、Mozilla Firefox ver. 3.5 以上を奨励します。Flash Player は ver. 10 以上を奨励します。

2.2. ハードウェア環境

このソフトウェアは、Webブラウザ上で動作しますのでFlash Player が動作する ものであれば機種は問いませんが、CPU速度1GHz以上、メモリ512MB以上 を奨励します。

2.3.通信環境

このソフトウェアは、サーバとの通信を行うためインターネットに接続されている ことを前提とします。回線速度は10Mbps以上を奨励します。

3. 基本機能

(1) DNAデータベース

解析に必要なDNAデータは予めサーバに保存してあります。

・生物種類の判定に必要なデータ 16SrDNA(リボーゾーム RNA をコードする DNA)

(このバージョンでは、細菌の16srDNA のみをサポートする。)

DDBJ Web ページの全データから定期的に更新

(2) DNA相同性検索

検査対象のDNAデータと既存のDNAデータの相同性を検索します。 Smith-Waterman アルゴリズム(Ssearch)または FastA による相同性検索 (Smith-Waterman アルゴリズム 参考文献: Smith, T.F., Waterman, M.S.: Identification of common molecular Subsequences, J. Mol. Biol., 147, 195-197(1981))

この部分の基本ロジックはLinux版の FastAパッケージを使っています。

(3) マルチプルアライメント

既存のDNAデータと検査対象の多重整列を行います。

アルゴリズムは ClastalW

(ClastalW 参考文献:

Thompson, J. D., Higgins, D. G., T. J. Gibson: CLUSTALW,

Nucleic Acids Res. 22, 4673-4680 (1994))

この部分の基本ロジックはLinux版のClustalWパッケージを使用しています。

(4) 遺伝子系統樹解析と系統樹の作成

系統樹の作成機能

アルゴリズムは N-J 法とする。

(N-J法 参考文献:

Saitou, N., Nei, M. :Mol. Biol. Evol., 4, 406-425(1986)) この部分の基本ロジックは Linux 版の ClustalW パッケージを使用しています。 表示編集機能の詳細は、「遺伝子系統樹描画編集Webシステム」を 参照してください。

4. 基本操作

4.1. 初期画面

初期画面は下記の図のようになっています。

ユーザ登録がまだの方は、新規登録ボタンを押して登録してください。 ユーザ登録がお済みの方はログインボタンを押してログインしてください。

•				ログイン	ログアウト	新規登
DNA相同性検索	マルチブルアライメント	遗伝子系統樹作成				
, 埝赤記別ギー	-D· =+ 7 k / 11/1/1+ -	コーズルわらきお ひ	は其配列のテナフト		-+0#2=2	
1838862712		2741707728002 (A				
					ファイル読込	
<u>·検索配列名</u> ;	(英数半角記号)					
 ·検索配列名: 	(英数半角記号)					
 ·検索配列名: ·検索対象デ・ 	<u>:</u> (英数半角記号) -タベース:					
 ・検索配列名: ・検索対象デ・ ・検索対象デ・ 	: (英数半角記号) - <u>タペース:</u> デリア 165rDNA (DDB))					
<u>・検索配列名</u> : <u>・検索対象デ・</u> ✓ バク:	: (英数半角記号) <u>-タベース :</u> テリア 16SrDNA (DDBJ)					
 - 検索配列名: - 検索対象デ・ ・検索対象デ・ ・検索アルゴ・ 	: (英数半角記号) <u>-タベース:</u> Fリア 16SrDNA (DDBJ) リズム:					
 ・検索配列名: ・検索対象デ・ ・検索対象デ・ゴー ・検索アルゴー ・ Fast 	: (英数半角記号) <u>-タベース:</u> Fリア 16SrDNA (DDBJ) J <u>ズム:</u> A (処理時間 5 ~ 20分)	DDBJ全て	データ(DDBJ)定期 Smith-Waterma	リリース+ 新著デー: n) (処理時間 1 ~	夕(※未対応) - 28寺間)	
 ・検索配列名: ・検索対象デ・ ・検索対象デ・ ・検索アルゴ・ ・検索アルゴ・ ・Fast 	: (英数半角記号) - <u>タベース:</u> Fリア 16SrDNA (DDBJ) リズム: A (処理時間 5 ~ 20分)	☐ DDBJ全で ⊖ Ssearch (データ(DDBJ)定期 Smith-Waterma	リリース+ 新著デー: n) (処理時間 1 ~	夕(米未対応) - 38奇間)	
 ・検索配列名: ・検索対象デ・ ・検索対象デ・ ・検索アルゴ・ ・検索アルゴ・ 	: (英数半角記号) - <u>タベース:</u> Fリア 16SrDNA (DDBJ) リズム: A (処理時間 5 ~ 20分)	☐ DDBJ全で ○ Ssearch (データ〈DDBJ)定期 Smith-Waterma	リース+ 新著デー: n) (処理時間 1 ~	夕(※未対応) - 3時間)	

4.2. ユーザ登録

loc

ユーザ I Dとパスワードを入力して登録ボタンを押してください。 ユーザ I Dとパスワードは半角英数字と・(ハイフン)_(アンダーバー)が使えます。 大文字と小文字は区別します。(このバージョンではメールアドレス登録はできません)

-9-00A	17天院町作成	8942	0.07221	新規型品
新夫	見登録			×
トの貼り付け	ユーザID、パスワ	ードを記入して、登録ボ	タンを押してください。	
	ユーザID	userId		
	パスワード	****		
	メールアドレス	このバージョンではメー	ールアドレスは登録できま	:せん。
NA (DDBJ)		キャンセル	登録	
5~ 20分)				
44, 107 2.5.1			45,100,62,00,45	

4.3. メイン画面

ユーザ登録後、またはログインするとメイン画面が使えるようになります。 左上のタブを選択して必要な機能画面を選択してくさい。 終了するときは右上のログアウトボタンを押してください。

4.4. DNA 相同性検索画面(タブ)

検索対象の塩基配列データは、ファイル読込またはコピー&ペーストで貼り付けることが できます。ファイル読込では通常のテキスト形式ファイルと、FastAフォーマットのフ ァイルが使えます。

			DNA系統解析Webシステム Demo ver. 0.1
NA相同性検索	マルチブルアライメント	遗伝子系統樹作咸	ログイン ログアウト 新規登録
・検索配列デー	·タ: テキストの貼り付け	t. ファイルから読込 (t	毎基配列のテキストファイル、またはFrastA形式ファイル)
buta-A(H1N1)-matrix-4 - 그ピ	fasta	
taaccga	ggtcgaaacgtacgttctt	totatoatocogtoad	
aaagccg	agategegeagagaetgga	aagtgtctttgcagga	aagaacac
agatett	gaggeteteatggaatgge taagggaattttaggattt	taaagacaagaccaat	cttgtcac I
gagcgag	gactgcagcgtagacgctt	tgtccaaaatgcccta	aatgggaa
tggggac aaagaga	ccgaacaacatggatagag aataacgttccatgggggc	cagttaaactatacaa aaggaggtgtcactaa	agagetea
actggtg	cacttgccagttgcatggg	cctcatatacaacagg	jatgggaac
agugaco	acagaagergerrruggre	ragigigigecaetig	v v
・検索配列名:	(英数半角記号)	Influ-A(H1N1)(F)	966983)Texas
・検索対象ディ	-4~-7:		
			データ(DDR1)定期III-フォ新美データ(※主対応)
・快密アルコリ	124:		
 Fast 	A (処理時間 5 ~ 20分)	 Ssearch ((Smith-Waterman)(処理時間 1 ~ 3時間)
入力内	容の送信	理待ちリスト	処理結果参照
1	¥1		

塩基配列名を入力してから「入力内容の送信」ボタンを押してください。 (塩基配列名は30文字まで、英数字スペース・_.()|以外の文字は使えません。)

・検索対象データベース:

このバージョンでは細菌の16SrDNAのみをサポートしています。 ・検索アルゴリズム:

FastA, またはSsearchから選択できます。

処理中には、以下のような画面が表示されます。処理待ち中に他の処理を行う場合は、 「非同期実行」ボタンを押して他の処理を行ってください。実行中の処理は「処理待ち リスト」ボタン、結果は「処理結果」ボタンで参照できます。(詳細は、**4.8.処理待ちリスト**、 4.7.処理結果参照を参照。)



処理が終了すると、相同性の高い遺伝子の一覧が開きます。

処理結果				解析Webシステム Demo ver. 0.1 ×
testonda1				ファイル保存
サンプ	ブル名			DNA配列
te	est	ttgta	aagccctttaa	gtggggaggaacggtgggatgcgaacagtgtcc
アクセッション No.	生物種(株)		相同性(%)	DNA配列
AJ868425_1	Methylocaldum s	sp. 5F	85.7	aacgctggcggcatgcttaacacatgcaagtc
DQ496234_1	Methylocaldum s	sp. H-	85.4	ggcagcacagccgggtaaccggtgggtggcc
AJ627387_1	Methylocaldum s	szegec	85.4	agagtttgattatggctcagattgaacgctggc
U89300_1	Methylocaldum s	szegec	85.2	agagtttgatcatggctcagattgaacgctgg
DQ496233_1	Methylocaldum s	sp. O-	85.2	caagtcagaacaggcagcacagccgggtaac
AM401581_1	Methylococcus s	p. SVl	84.4	cctggctcagattgaacgctggcggcatgctta
U89297_1	Methylocaldum t	epidu	85.0	agagtttgatcatggctcagattgaacgctgg
AJ868426_1	Methylocaldum s	sp. E1	85.0	attgaacgctggcggcatgcttaacacatgcaa
EUGRELIAS A				
キャンセル	全データ詳細	相同性の	の詳細	青報の取得 マルチブルアライメントへ
λ.hdgg	送信 · 机理结构	121		4.912.8.68

「全データ詳細」ボタンを押すとでは、検索モジュール(FastA, Ssearch)の出力結果 全てが表示されます。「ファイル保存」ボタンでパソコンへ保存できます。

.\fa: FASTA	sta35 - search	-q -b 20 -0 hes a protei	/usr/local/tomcat/bin/phserver-module/data/testonda1/1009281 *	
Please	e cite:	: 	DNAC (1000) 05-2444 2440	
w.ĸ.	Pearso	on e D.J. Li	pman PNAS (1988) p5:2444-2448	agatac
Query	test,	, 480 nt		yyatyt
1>>:	>test -	- 480 nt - 4	180 nt	西2万日
Libra	ry: 163	5.seq 166085	5363 residues in 152374 sequences	8679
	ont	E ()		ttaaca
< 20	329	0:=		aaccg
22	178	0:=	one = represents 2176 library sequences	
24	373	0:=		cagatte
26	500	0:=		cagatt
28	471	5:*		Juguee
30	632	30:*		gcacag
32	706	117:*		actor
•				guygu
	民る		ファイル保友	cagatt
			27 170 pk 13	

一覧から遺伝子を選んで「相同性の詳細」ボタンを押すと、その遺伝子と検索対象 遺伝子の比較結果の詳細情報が表示されます。

「ファイル保存」ボタンでパソコンへ保存できます。

>>AJ8684	25_1 Methyle	ocaldum sp.	5FB 165 :	ribosomal	RNA (1	1458 nt)	1 25 025	-
inith:	1/65 initi:	15/3 Opt:	1//5 2-80	core: 619.	/ Dits: 1.	25.7 E():	1.2e-02/	
banded Si	mith-Waterma	an score: :	1775; 85.7	<pre>s identity</pre>	(85.7% 311	nilar) in	481 nt ove	riap
				10	20	30		
test			TT(GTAAAGCCCT	TTAAGTGGGG	AGGAACGG		- 1
AJ8684 A	ATGCCGCGTGT(GTGAAGAAGG	CTGCGGGTT	GTAAAGCACT	TTAAGCAGGG	AAGAAAAG		
	370	380	390	400	410	420		
	40	50	60	70	80	90		
test T	GGGATGCGAAC	AGTGTCCTGCI	CTGACNTTA	CCCACAGAAT	AAGCACCGGC1	TAACTCCG		
AJ8684 T	GGGGGGGCTAAT	ACCCTCTCGC	GTTGACGTTA(CCTGCAGAAT	AAGCACCGGC	TAACTCCG		
	430	440	450	460	470	480		
	100	110	120	130	140	150		
•		1						•
							7- 414	n

処理結果画面の一覧から遺伝子を選んで「情報の取得」を押すとその遺伝子の情報を DDBJ データベースから検索して表示します。別のウィンドウ、または別のタブ で開かれますのでこのページを開けたまま他の処理を行えます。

(注意: PopUP表示を不可にしていると表示されません。)

http://locall	nostml?debug=true × http://xml.nision=AJ868425 × +
LOCUS DEFINITION ACCESSION	AJ868425 1458 bp DNA linear BCT 30-AUG-2005 Methylocaldum sp. 5FB partial 16S rRNA gene, strain 5FB. AJ868425
VERSIUN	AJ868425.1 16S ribosomal RNA: 16S rRNA sepa
SOURCE	Methylocaldum sp. 5FB
ORGANISM	Methylocaldum sp. 5FB
	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Methylococcales;
	Methylococcaceae; Methylocaldum.
REFERENCE	1 (bases 1 to 1458)
	Kniet,U. Submitted (10-DEC-2004) to the EMPL/ComPany/DDD1 databases. My isf
JUURINAL	Submitted (10-bet-2004) to the EMBL/Genbank/DDDJ databases. Kniel
REFERENCE	3
AUTHORS	Knief,C. and Dunfield,P.F.
TITLE	Response and adaptation of different methanotrophic bacteria to low
	methane mixing ratios
JOURNAL	Environ. Microbiol. 7(9), 1307-1317(2005).
FEATURES	Location/Uualitiers
source	l1408 /arganiam="Mathulacaldum.on_FEP"
	/strain="5EB"
	/mol type="genomic DNA"
	/count ry="Germany"
	/:/ "

「ファイル保存」ボタンで結果の一覧とDNA塩基配列が保存できます。(ここで保存 できるデータは遺伝子の一覧と各遺伝子のDNAです。)ファイル形式は通常のテキスト 形式とExcelなどで読めるCVS形式から選択できます。

検索結果画面で、一覧のデータをマルチブルアライメント画面に反映させるには 「マルチプルアライメントへ」ボタンを押します。 (この場合は、マルチプルアライメントの ClutalW パッケージの制約のため 遺伝子名の空白や()が_に置き換わります。)

4.5. マルチブルアライメント画面 (タブ)

塩基配列データは、ファイル読込またはコピー&ペーストで貼り付けることができます。 ここではマルチFastA形式(*)で入力してください。

(塩基配列名は30文字まで、英数字スペース -_. 以外の文字は使えません。 空白は入れないでください。)

実行するには「入力内容の送信」ボタンを押してください。

			DNA系統解析Webシン	ステム Demo ver. 0.1
DNA相同性検索	マルチブルアライメント	遗伝子系統樹作成	ログイン	ログアウト新規登録
<u>・マルチブルアき</u>	ライメント対象の塩基配列	<u>利データ:</u>		
テキストの!	貼り付け、ファイルから読	込(マルチFastA形式)	ファイル)	
				ファイル読込
ttgtaaa tacccac aagcgtt gaaagcc ggatcgt cgaaggc gattaga	gccctttaagtgggggg agaataagcaccggctaa aatcggaattactgggcg cctgggcttaacctgggaa ggaattcccggtgtagcg agcggtctggggccacac taccctggtagtccacgc	aacggtgggatgcgaa ctccgtgccagcagca taaagcgtgcgtaggc cggcggttgagacggc gtgaaatgcgtagaga tgacgctgaggcacga ggtaaacgatgaacac	cagtgtcctgctctgacnt gcggtaatacggggggtgc ggtttggtcagtcagccgt cagactcgagtgggctaga tcgggaggaacaccgatgg aagcgtgggggcaaacag tagacgttgggcgggtgac	v
			相同性検索の結果	から獲得する
<u>・塩基配列獲得</u> ☑ 入力さ	<u>データベース:</u> アクセ・ \$れたデータのみ 🗌	yション番号から配列を DDBJ全てデータ(DD	獲得する場合に設定してください。() BJ)定期リリース+新着データ(※未	※このバージョンでは未対応) 対応)
・多重整列アル	<u>ゴリズム:</u>			
 Clust 	talW			
入力内	容の送信	理待ちリスト		処理結果参照

※マルチFastA: 以下のような可変長テキスト形式

>生物名 説明など (半角 > で始まり、改行で終わる。)
 塩基配列・・・・・・・ (次の > までが塩基配列)
 >生物名 説明など
 塩基配列・・・・・・・
 塩基配列・・・・・・・

例) >sampleNo.1

ATGCATGCATGCATGC ATGCATGCATGCATGC

>sampleNo.2

ATGCATGCATGCATGC

ATGCATGCATGCATGC

「相同性検索の結果から獲得する」ボタンを押すと、以前に実行したDNA相同検索処理の結果から読み込むこともできます。一覧から結果を選んで「結果表示ボタン」を押してください。(以降の手順は、DNA相同性検索画面と同じです。)

結	果リスト			>
	名称	開始日付	状態	処理選択
	testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
	testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
	testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
	testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
	testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
	testonda1	10/09/27 07:4	END	SIM:FASTA
	testonda1	10/09/27 07:	END	SIM:FASTA
	testonda1	10/09/27 07:	END	SIM:FASTA •
	戻る	Ě	间除	結果表示

・塩基配列獲得データベースはこのバージョンでは未対応です。
 塩基配列を入力しないでアクセッション番号を指定してDNA塩基配列を
 データベースから獲得する場合に設定します。

・多重整列アルゴリズム:
 このバージョンでは、ClustalWパッケージの多重整列機能を使用しています。

処理が終了するとマルチプルアライメント結果の画面が表示されます。 ここでは ClustalW 形式のマルチブルアライメント(※)で表示されています。

CLUSTAL 2.0.12 multiple sequence alignment I EU275146_1!Methylocaldum_sp0 GTTTGATCCTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868425_1!Methylocaldum_gracile AGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868425_1!Methylocaldum_tepidum AGGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868426_1!Methylocaldum_tepidum AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868426_1!Methylocaldum_spE AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA DQ496233_1!Methylocaldum_spH	ve			里結果
EU275146_1 Methylocaldum_sp0 GTTTGATCCTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA U89298_1 Methylocaldum_gracile AGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868425_1 Methylocaldum_tepidum			alignment	LUSTAL 2.0.12 multiple sequence
Image: Construct State				
U89298_11Methylocaldum_gracile AGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868425_11Methylocaldum_tepidum AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868426_11Methylocaldum_tepidum AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868426_11Methylocaldum_sp.E AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA DQ496234_11Methylocaldum_sp.H AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA DQ496233_11Methylocaldum_sp.O AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AJ627387_11Methylocaldum_szeget AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA N89300_11Methylocaldum_sp.d ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AF215632_11Methylocaldum_sp.g ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AF215633_11Methylocaldum_sp.g ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AM401581_11Methylocacus_sp.S CCTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AE017282_11Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_11Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA	Ľ	IGGCGGCATGCTTAA	GTTTGATCCTGGCTCAGATTGAAC	U275146_1 Methylocaldum_sp0
AJ868425_1 Methylocaldum_sp.5 AGAGTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA U89297_1 Methylocaldum_tepidum AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868426_1 Methylocaldum_sp.E AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA DQ496233_1 Methylocaldum_sp.H AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA DQ496233_1 Methylocaldum_sp.O AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ627387_1 Methylocaldum_szege AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA N89300_1 Methylocaldum_sp.d AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AF215633_1 Methylocaldum_sp.r ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AH01581_1 Methylocacdum_sp.r CTGGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AH01582_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AE017282_2 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu ATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	AGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAC	89298 1 Methylocaldum gracile
U89297_1 Methylocaldum_tepidum AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ868426_1 Methylocaldum_spE AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA DQ496233_1 Methylocaldum_spH AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA DQ496233_1 Methylocaldum_spO AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA DQ496233_1 Methylocaldum_szege AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA N4207387_1 Methylocaldum_szegedi AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AF215632_1 Methylocaldum_spd -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AF215633_1 Methylocaldum_spr -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AM401581_1 Methylocaccus_spS CCTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AE017282_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	AAC	J868425 1 Methylocaldum sp. 5
AJ868426_1 Methylocaldum_spE ATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA DQ496234_1 Methylocaldum_spH AGAGTTTGATATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA DQ496233_1 Methylocaldum_spO AGAGTTTGATATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA DQ496233_1 Methylocaldum_szege AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA D0496233_1 Methylocaldum_szeget AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA D049300_1 Methylocaldum_spd AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AF215633_1 Methylocaldum_spr ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AM401581_1 Methylocaccus_spS CCTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AE017282_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAC	89297 1 Methylocaldum tepidum
DQ496234_1 Methylocaldum_sp.H DQ496233_1 Methylocaldum_sp.O AJ627387_1 Methylocaldum_szeget U89300_1 Methylocaldum_szeget AF215632_1 Methylocaldum_sp.d AF215633_1 Methylocaldum_sp.r AHC1581_1 Methylocaldum_sp.r AMC1581_1 Methylocaccus_apsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu		IGGCGGCATGCTTAA	ATTGAAC	J868426 1 Methylocaldum sp. E
DQ496233_1 Methylocaldum_sp_O AJ627387_1 Methylocaldum_szege U89300_1 Methylocaldum_szegedi AF215632_1 Methylocaldum_spd AF215633_1 Methylocaldum_spr AM401581_1 Methylocaclum_sps AE017282_1 Methylococcus_capsu AF215633_1 Methylococcus_capsu ACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA				Q496234 1 Methylocaldum sp. H
AJ627387_1 Methylocaldum_szeget AGAGTTTGATATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA U89300_1 Methylocaldum_szegedi AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AF215632_1 Methylocaldum_spd -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AF215633_1 Methylocaldum_spr -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AM401581_1 Methylococcus_spS -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AM2017282_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA				Q496233 1 Methylocaldum sp. 0
J89300_1 Methylocaldum_szegedi AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AF215632_1 Methylocaldum_spd -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AF215633_1 Methylocaldum_spr -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AM401581_1 Methylococcus_spS -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AM401581_2 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AE017282_2 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu ATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	AGAGTTTGATTATGGCTCAGATTGAAC	J627387 1 Methylocaldum szege
AF215632_1 Methylocaldum_spd -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGATGCTTAA AF215633_1 Methylocaldum_spr -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGATGCTTAA AM401581_1 Methylococcus_spS -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AM401581_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AE017282_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AE017282_2 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu ATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAC	89300 1 Methylocaldum szegedi
AF215633_1 Methylocaldum_spr -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AM401581_1 Methylococcus_spS -ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AM401581_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AE017282_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCGCATGCTTAA AE017282_2 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu ATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	-ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAC	F215632 1 Methylocaldum sp. d
AM401581_1 Methylococcus_sp.S CCTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AE017282_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AE017282_2 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsu ATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	-ATTCTAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAC	F215633 1 Methylocaldum sp. r
AEC17282_1 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AEC17282_2 Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA AJ563935_1 Methylococcus_capsuATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	CCTGGCTCAGATTGAAC	M401581 1 Methylococcus sp. S
AEC1728221Methylococcus_capsu AACTGAAGAGTTIGATCAIGGCTCAGATIGAACGCTGGCGGCAIGCTTAA AJ56393511Methylococcus_capsuATCAIGGCTCAGATIGAACGCTGGCGGCAIGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAC	E017282 1 Methylococcus capsu
AJ563935_1 Methylococcus_capsuATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCATGCTTAA		IGGCGGCATGCTTAA	AACTGAAGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAC	E017282 2 Methylococcus capsu
		IGGCGGCATGCTTAA	ATCATGGCTCAGATTGAAC	J563935 1 Methylococcus capsu
	•			
		>	IIII	
キャンセル ファイル保存 系統樹作成へ		系統樹作成へ	ファイル保存	キャンセル

※ClustalW形式のマルチブルアライメントデータ

ClastalWなどのオープンソースパケージからのマルチブルアライメント結果出力は以下のような形式となっています。

CLASTAL W xx.xx.xx

文字列1	スペース	塩基配列・・・・
文字列2	スペース	塩基配列・・・・
文字列3	スペース	塩基配列・・・・
		* * * * * * * *
文字列1	スペース	塩基配列・・・・
文字列2	スペース	塩基配列・・・・
文字列3	スペース	塩基配列・・・・

例)

CLUSTAL W (1.83) multiple sequence alignment

swine_H3N2AY363575_HongKong	CTAACCGAGGTCGAAACGTACGTTCTTTCTATCATCCCGTC
swine_H3N2AY363574_HongKong	CTAACCGAGGTCGAAACGTACGTTCTTTCTATCATCCCGTC
swine_H3N2AY363580_HongKong	CTAACCGAGGTCGAAACGTACGTTCTTTCTATCATCCCGTC

「ファイル保存」ボタンでパソコンに保存できます。

「系統樹作成へ」ボタンでこのデータを系統樹作成画面へコピーして、系統樹作成画面 へ移行します。

4.6.遺伝子系統樹作成画面(タブ)

塩基配列データは、ファイル読込またはコピー&ペーストで貼り付けることができます。 ここでは ClustalW 形式のマルチブルアライメントデータ(※4.5. マルチブルアライメント 画面の説明参照)が使えます。

(塩基配列名は30文字まで、英数字スペース・_.以外の文字は使えません。 空白は入れないでください。先頭のCLUSTAL . . . の文字は必要です。) 実行するには「入力内容の送信」ボタンを押してください。

			DN	IA系統解析	Webシステ	F∠ Demo	ver. 0.1
DNA相同性検索	マルチブルアラ・	イメント 遺伝子系統	樹作成	П	ダイン	በグアウト	新規登録
・多重整列デー	-9:						
テキストの	 貼り付け、ファイパ	レから読込(CLUSTAL	形式のテキスト	・ファイル)			
						ファイル読込	
CLUSTAJ	L 2.0.12 mult	iple sequence al:	ignment				<u>.</u>
							-
EU27514	46_1 Methyloc	aldum_sp0	0	TTTGATCCTGGCT	CAGATTGAACG	CTGGCGGCATGCT	T
AJ86842	_1 Methylocal 25_1 Methyloc	aldum_sp5	A0		AACG	CIGGCGGCAIGCI CIGGCGGCAIGCI	T
U89297_	_1 Methylocal	.dum_tepidum	AGAG	TTTGATCATGGCT	CAGATTGAACG	CTGGCGGCATGCT	T
٩		11111		-			
				マルチブルフ	⁷ ライメントの約	結果から獲得する)
<u>・結果の獲得方</u>	<u>话:</u>						
 テキカ 	スト <mark>(Ph</mark> 形式)	◯ 系統樹描画編集	ミツールを自動	起動 ※別ウィンド	ら、または別タ	ジで開きます。	
・系統樹作成ア	マルゴリズム:			PopUp(のを設定を許可	にしてください。	
	<u></u>						
 Clus 	TODA/ NI IST						

アルゴリズムは ClustalW の NJ 法を用いています。

「マルチブルアライメントの結果から獲得する」ボタンを押すと、以前に実行した マルチブルアライメントの結果から読み込むこともできます。 過去の処理結果の一覧から選んで「結果表示ボタン」を押してください。 (以降の手順は、マルチブルアライメント画面と同じです。) ・結果の獲得方法:

テキスト形式(Ph形式)のみと系統樹描画編集ツール起動を選択できます。 テキスト形式では結果は以下ように表示されます。

処理結果	DNA 3 Stal Swaby Z 7 1. Y
new-swineA_FJ966079_H1N1:0.01801,	
swine_EU301177_H3N2:0.01620)	
:0.05773,	
ChichkenA FJ750819 H5N1:0.00702,	
Chicken FJ750826 H5N1:0.00877)	
:0.05119,	
swine CY037941 H1N1:0.05386)	
:0.03388)	
:0.00776,	
HumanA CY038759 H1N1:0.00217,	
HumanA CY038767 H1N1:0.00165)	
:0.07956.	
	_
キャンセル ファイル保ィ	タ 系統樹描画編集ツール起動

系統樹描画編集ツールは新規ウィンドゥ(ブラウザによってはタブ)で開かれます。 以下のように結果をグラフィック表示します。

(注意: PopUP表示を不可にしていると表示されません。)



詳細は、系統樹描画編集ツールのマニュアルを参照してください。

4.7.処理結果参照

各画面の「処理結果参照」ボタンを押すとそれぞれの画面で行った過去の処理の一覧が 表示されます。

結果リストラール	から読込 (塩基配列のテキス	トファイル、またはFas	は形式ファイル)
名称	開始日付	状態	処理選択
testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
testonda1	10/09/27 07::	END	SIM:FASTA
testonda1	10/09/27 07:4	END	SIM:FASTA
testonda1	10/09/27 07:	END	SIM:FASTA
testonda1	10/09/27 07:	END	SIM:FASTA •
戻る		削除	結果表示

名称:実行したユーザ I D が表示されます。ログインした人のユーザ I D のみ参照できます。

開始日付:処理を送信した日時が表示されます。

状態:END:終了を表します。異常ならERRとなります。

処理選択:SIM:FASTA	FastAでの相同性検索
SIM:SSEARCH	Ssearch での相同性検索
ALIGNMENT	ClustalW でのマルチブルアライメント
PHTREE	ClustalW での系統樹描画

「削除」ボタンを押すと、選択した過去の処理が削除されます。 「結果」表示ボタンを押すと、過去の実行結果が参照できます。

4.8. 処理待ちリスト

各画面の「処理待ちリスト」ボタンを押すと、現在実行中の全ての処理(他のユーザ を含む)の一覧が表示されます。

(処理終了のものはここには表示されていません。各処理の**処理結果参照**ボタンで結果を 参照できます。)

実行待ちリスト			:
名称	開始日付	状態	処理選択
testonda1	10/09/27 11:0	RUN	SIM:FASTA
testonda1	10/10/01 01:1	REQ	ALIGNMENT
戻る			削除

名称:ユーザ I D が表示されます。

開始日付:処理を送信した日時が表示されます。

状態:REQ:処理要求後、処理待ちを表します。RUN:実行中の処理です。

処理選択:SIM:FASTA FastA での相同性検索 SIM:SSEARCH Ssearch での相同性検索 ALIGNMENT ClustalW でのマルチブルアライメント PHTREE ClustalW での系統樹描画

待ち状態で不要な処理をキャンセルする場合は「削除」ボタンを押してください。 (実行中の処理は削除できません。)