



Genome Explorer

Cell Innovation
User Operation Manual

2011.3.18



大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

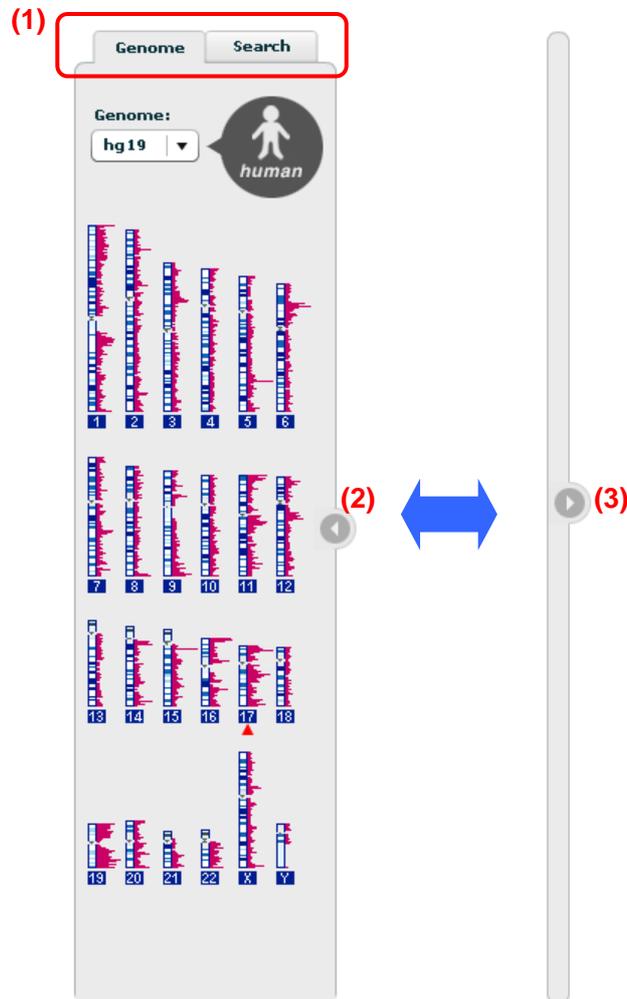
1. 画面全体



No.	項目	説明
1	ゲノム View	「Genome」タブと「Search」タブから構成されます。 「Genome」タブでは、選択されているゲノムの染色体一覧が表示されます。ここで、ゲノム及び表示対象とする染色体を切り替えることができます。 「Search」タブでは、任意のキーワードにより Gene 検索したり、任意のゲノムの染色体位置に移動したりできます。
2	染色体 View	ゲノム View で選択されている染色体の拡大図です。ここで、染色体上のマッピング情報の表示位置を指定します。
3	コントロール領域	マッピング View に対して、表示位置の左右シフトや縮尺変更を行います。また、マニュアルダウンロードボタンと、表示設定を行うためのパネルを表示するボタンが配置されています。
4	マッピング View	シーケンス情報をマッピングした結果を表示します。異なる表示項目や異なるストランドの情報は、別レーンで表示されます。マッピング View に表示される各項目は、設定パネルから並び替えたり、表示・非表示を切り替えたりできます。

2. ゲノム View

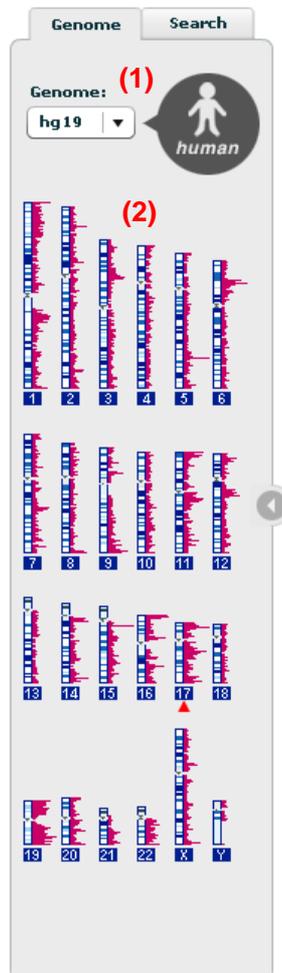
ゲノム View は「Genome」タブと「Search」タブから構成されます。



No.	項目	説明
1	タブ切り替え	「Genome」タブと「Search」タブとを切り替えます。それぞれのタブにおける表示内容の詳細については後述します。
2	Close ボタン	ゲノム View を折りたたみ、小さくします。
3	Open ボタン	ゲノム View を展開し、使用可能にします。

(1) 「Genome」タブ

「Genome」タブでは、選択されているゲノムの染色体一覧を表示します。ここで、ゲノム及び表示対象とする染色体を切り替えることができます。



No.	項目	説明
1	ゲノム選択 (セレクトボックス)	表示するゲノムを選択します。
2	染色体一覧	選択中のゲノムに対する染色体一覧を表示します。棒グラフは、1Mbp 毎の Gene の出現数です。この一覧から、表示対象とする染色体を選択します。選択中の染色体の下部には▲マークが表示されます。

(2) 「Search」タブ

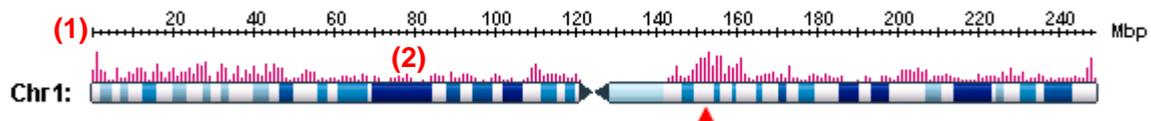
「Search」タブでは、任意のキーワードにより Gene 検索したり、任意のゲノムの染色体位置に移動したりできます。



No.	項目	説明
1	ゲノム選択 (セレクトボックス)	Gene 検索や、染色体移動の対象となるゲノムを選択します。
2	Gene 検索機能	<p>Gene 検索のための検索条件を指定します。セレクトボックスにより検索範囲を絞り込んだり、任意の検索キーワードを入力したりします。</p> <p>入力された検索キーワードに対する検索実行ルールは以下のとおりです。</p> <ul style="list-style-type: none"> i) 大文字・小文字は区別せずに検索が実行されます。 ii) 中間一致による検索が実行されます。 iii) 複数の単語を空白文字で区切って入力した場合、これを 1

		つのフレーズとみなして検索が実行されます。(個々の単語の AND/OR 検索とはなりません。)
3	染色体移動機能	染色体移動のための位置を指定します。 「染色体番号」と「ポジション (染色体座標)」を「:(コロン)」で区切って入力します。 (例) chr17:7500001
4	Gene 検索 / 染色体移動実行ボタン	Gene 検索や染色体移動が実行されます。
5	クリアボタン	Gene 検索結果や入力内容がクリアされます。
6	Gene 検索結果の表示	Gene 検索結果が一覧表示されます。検索結果をクリックすると、該当する染色体位置に移動します。

3. 染色体 View



No.	項目	説明
1	ルーラー	染色体上の位置を示します。
2	染色体図	ゲノム View で選択中の染色体図を表示します。棒グラフは、1Mbp 毎の Gene の出現数です。この染色体図から、表示対象とする位置を選択します。選択中の位置の下部には▲マークが表示されます。

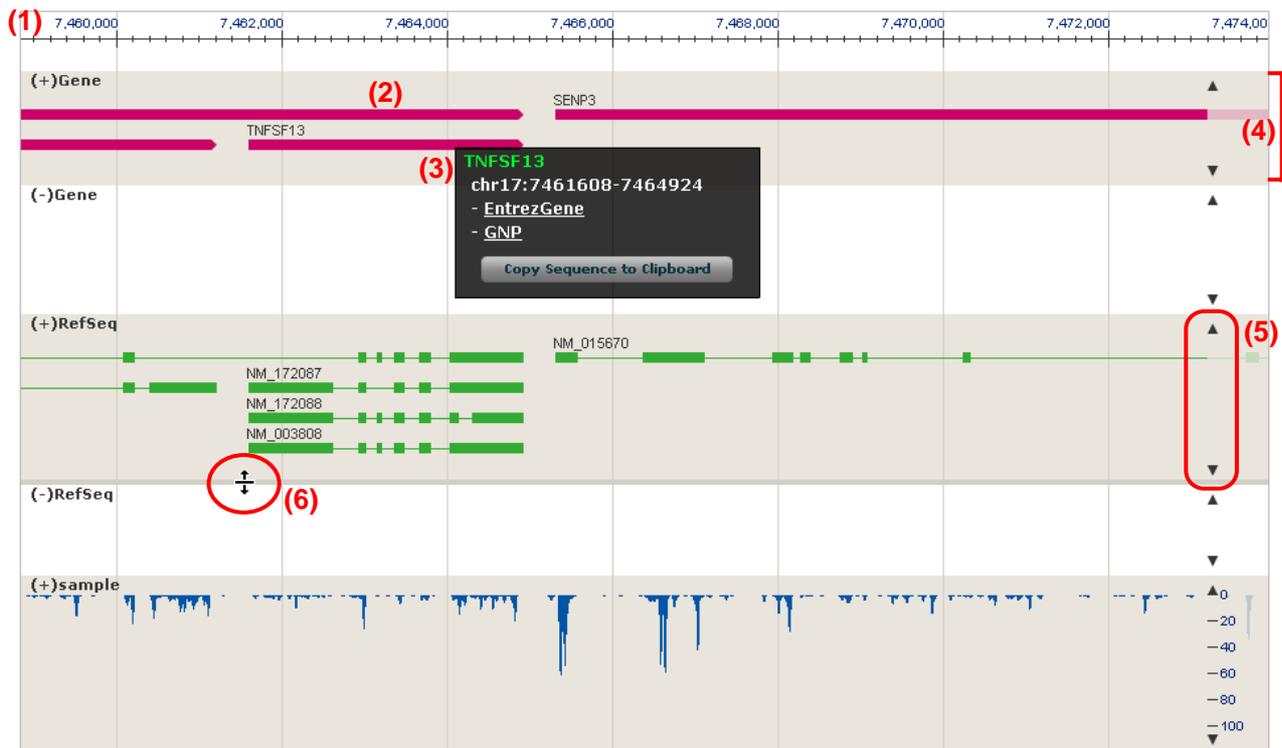
4. コントロール領域



No.	項目	説明
1	縮小ボタン (Zoom Out)	押す度に、マッピング View が縮小され、全体が閲覧できるようになります。
2	縮尺変更 (スライダー)	マッピング View の縮尺率を変更するためのスライダーです。スライダー下部に、現在の縮尺率が表示されています。スライダー移動時には、スライダー上部に吹き出しが表示され、変更後の縮尺率が示されます。
3	拡大ボタン (Zoom In)	押す度に、マッピング View が拡大され、詳細が閲覧できるようになります。
4	左シフトボタン (Left)	押している間中、マッピング View の表示領域が左側にシフトします。
5	右シフトボタン (Right)	押している間中、マッピング View の表示領域が右側にシフトします。
6	設定パネル表示ボタン (Option)	表示設定を行うための設定パネルが表示されます。
7	マニュアル表示ボタン (Manual)	ユーザ操作マニュアルが表示されます。

5. マッピング View

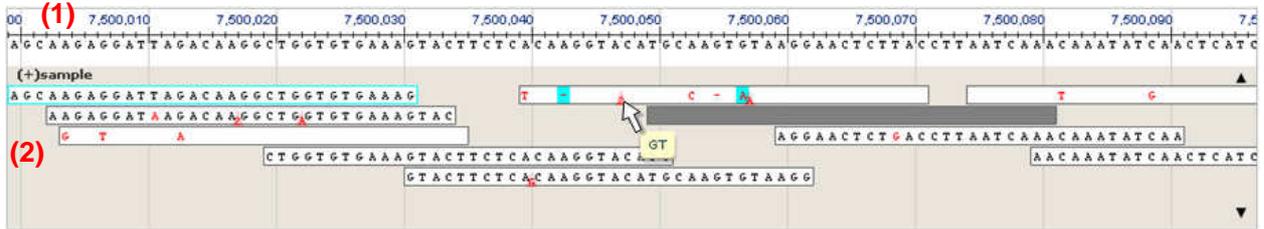
(1) 縮尺倍率が「×256」～「×1」の場合



No.	項目	説明
1	ルーラー	染色体上の位置を示します。
2	プロット	染色体上にマッピングされた各要素を示します。
3	マッピング情報	プロットをクリックすると、マッピング情報が閲覧できます。 リンクが設定されている場合もあります。 また、該当データの塩基配列をクリップボードにコピーすることができます。
4	レーン	プロットが描画される領域です。レーンは項目別、またストランド別に設定されます。
5	レーン上下スクロール	レーン高さの範囲内にマッピング情報が収まりきらない場合に「▲」「▼」ボタンでそれぞれレーンを上下にスクロールできます。
6	レーン高さ変更	各レーンは高さを変更することが可能です。変更対象のレーン下のボーダーをマウスドラッグすることで、高さを変更できます。

(2) 縮尺倍率が「detail」の場合

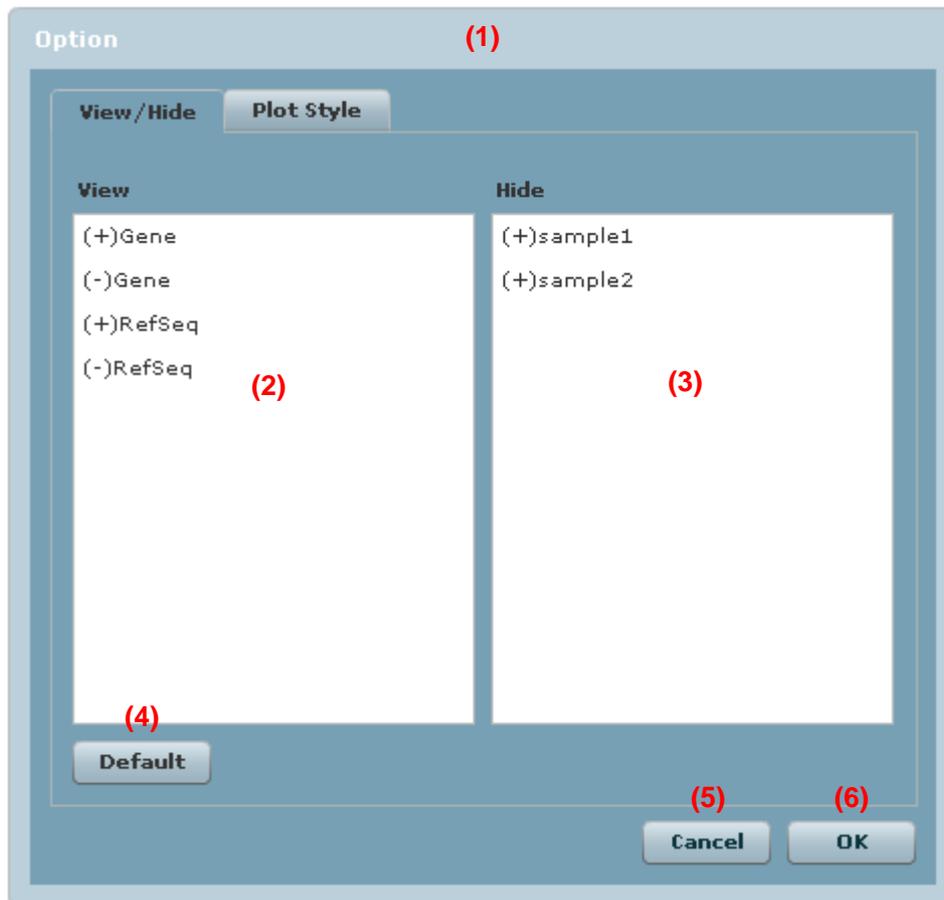
マッピング情報が「塩基配列」とともに表示されます。



No.	項目	説明																
1	ルーラー	染色体上の位置とあわせてリファレンスゲノムの塩基配列が表示されます。																
2	プロット	マッピングデータの内容に応じて「塩基配列」の表示内容が変化します。																
		<table border="1"> <thead> <tr> <th>表示例</th> <th>意味</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>A T G C A T G C A T G C</td> <td>リファレンスゲノムに完全一致していることを示します。</td> </tr> <tr> <td>G T C A</td> <td>リファレンスゲノムに対する「Mismatch」は赤色文字で強調表示されます。</td> </tr> <tr> <td>A T - C A T G - A T G C</td> <td>リファレンスゲノムに対する「Deletion」は「-」で表示されます。</td> </tr> <tr> <td>A T ▲ G C A T G C ▲ A T G C <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block; margin-left: 100px;">G T</div> </td> <td>リファレンスゲノムに対する「Insertion」は「▲マーク」で表示されます。2塩基以上の挿入の場合は▲マーク内にその数が表示されます。マウスカーソルを合わせると全ての挿入塩基配列がポップアップします。</td> </tr> <tr> <td>A T C C A T C C A T G C</td> <td>「Methylation」は「背景の色」が変わり強調表示されます。</td> </tr> <tr> <td>A T G C A T G C A T G C</td> <td>マッピングデータ単位（配列単位）で特徴がある場合は「枠線の色」が変わり強調表示されます。</td> </tr> <tr> <td><div style="background-color: gray; width: 100px; height: 20px;"></div></td> <td>塩基配列の情報がない場合は「背景が灰色」になります。</td> </tr> </tbody> </table>	表示例	意味	A T G C A T G C A T G C	リファレンスゲノムに完全一致していることを示します。	G T C A	リファレンスゲノムに対する「Mismatch」は赤色文字で強調表示されます。	A T - C A T G - A T G C	リファレンスゲノムに対する「Deletion」は「-」で表示されます。	A T ▲ G C A T G C ▲ A T G C <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block; margin-left: 100px;">G T</div>	リファレンスゲノムに対する「Insertion」は「▲マーク」で表示されます。2塩基以上の挿入の場合は▲マーク内にその数が表示されます。マウスカーソルを合わせると全ての挿入塩基配列がポップアップします。	A T C C A T C C A T G C	「Methylation」は「背景の色」が変わり強調表示されます。	A T G C A T G C A T G C	マッピングデータ単位（配列単位）で特徴がある場合は「枠線の色」が変わり強調表示されます。	<div style="background-color: gray; width: 100px; height: 20px;"></div>	塩基配列の情報がない場合は「背景が灰色」になります。
		表示例	意味															
		A T G C A T G C A T G C	リファレンスゲノムに完全一致していることを示します。															
		G T C A	リファレンスゲノムに対する「Mismatch」は赤色文字で強調表示されます。															
		A T - C A T G - A T G C	リファレンスゲノムに対する「Deletion」は「-」で表示されます。															
		A T ▲ G C A T G C ▲ A T G C <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block; margin-left: 100px;">G T</div>	リファレンスゲノムに対する「Insertion」は「▲マーク」で表示されます。2塩基以上の挿入の場合は▲マーク内にその数が表示されます。マウスカーソルを合わせると全ての挿入塩基配列がポップアップします。															
		A T C C A T C C A T G C	「Methylation」は「背景の色」が変わり強調表示されます。															
A T G C A T G C A T G C	マッピングデータ単位（配列単位）で特徴がある場合は「枠線の色」が変わり強調表示されます。																	
<div style="background-color: gray; width: 100px; height: 20px;"></div>	塩基配列の情報がない場合は「背景が灰色」になります。																	

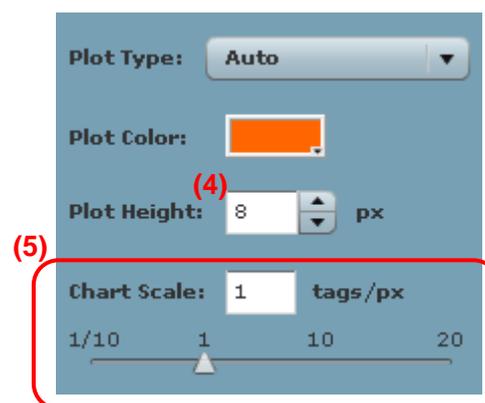
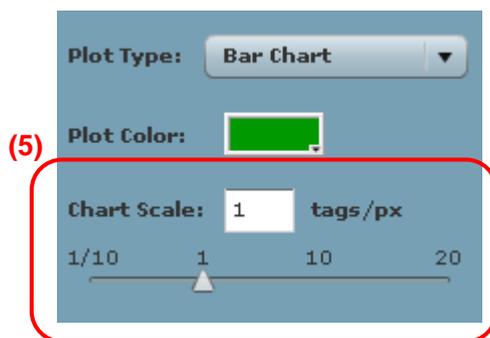
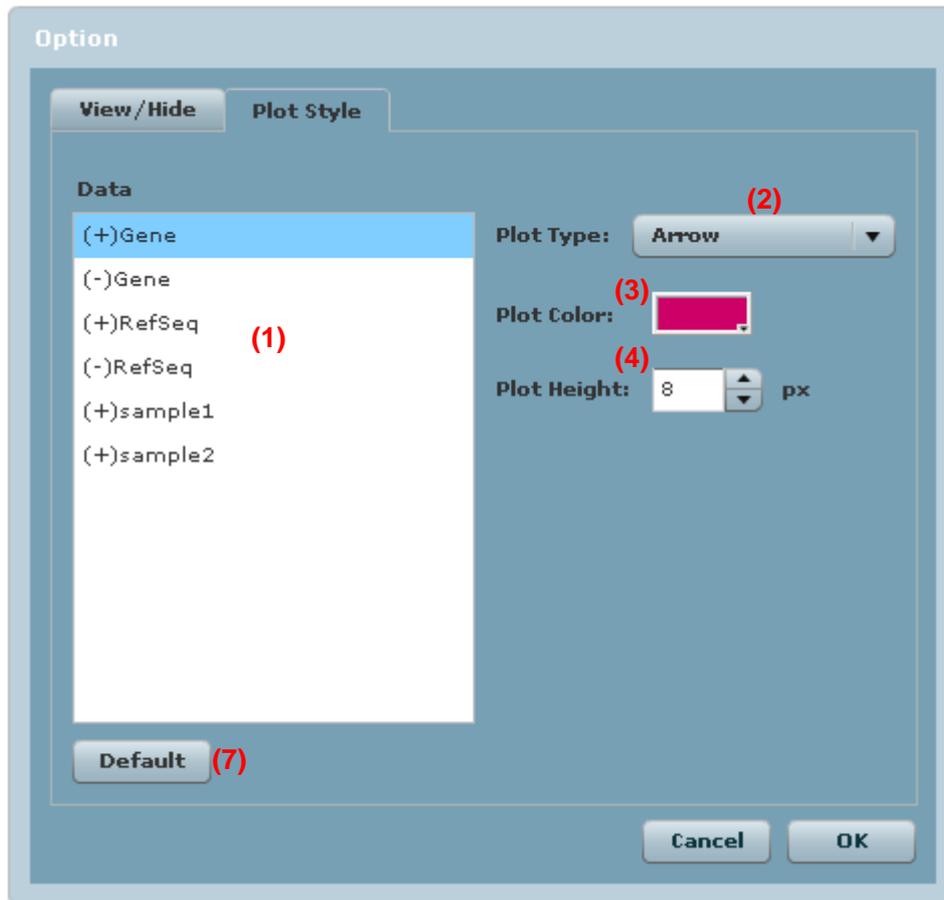
6. 設定パネル

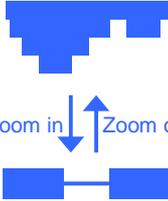
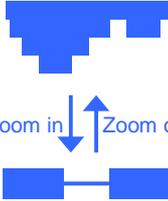
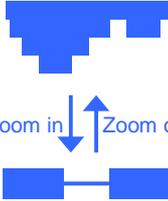
(1) View/Hide タブ



No.	項目	説明
1	設定パネル上部	設定パネル上部をドラッグすると、設定パネルの位置を変更できます。
2	View リスト	Genome Explorer に表示されている項目のリストです。最大 12 個の項目を View リストに置くことが可能です。View リスト内で項目の並び替えを行うと、マッピング View のレーンの並び順に反映されます。ドラッグ&ドロップで、Hide リストに項目を移動できます。
3	Hide リスト	Genome Explorer に表示されていない項目のリストです。ドラッグ&ドロップで、View リストに項目を移動できます。
4	Default ボタン	設定パネルの状態を、初期状態に戻します。
5	Cancel ボタン	設定パネルの変更を反映せずに、設定パネルを閉じます。
6	OK ボタン	設定パネルの変更を反映して、設定パネルを閉じます。

(2) Plot Style タブ



No.	項目	説明																					
1	Data リスト	データが一覧されます。マウスクリックしてデータを選択します。																					
2	プロット様式リスト (Plot Type)	データのプロット様式を選択します。																					
		<table border="1"> <thead> <tr> <th>Plot Type</th> <th>描画イメージ</th> <th>説明</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Arrow</td> <td></td> <td>遺伝子を矢印状のアイコンで表示します。</td> </tr> <tr> <td>Plain Box</td> <td></td> <td>対象の領域を Box 形式の図で表示します。</td> </tr> <tr> <td>Connected Box</td> <td></td> <td>関係のある箱アイコンが線でつながれます。 mRNA や paired end のデータを表示することを想定しています。</td> </tr> <tr> <td>Band Chart</td> <td></td> <td>ゲノム領域毎のタグの合計がグラフで表示されます。</td> </tr> <tr> <td>Bar Chart</td> <td></td> <td>ゲノム領域毎にタグの 5'末端の集計がグラフで表示されます。</td> </tr> <tr> <td>Auto</td> <td></td> <td>Zoom out した際は Band Chart で表示し、Zoom in した際はシーケンシングタグをそのまま表示します。</td> </tr> </tbody> </table>	Plot Type	描画イメージ	説明	Arrow		遺伝子を矢印状のアイコンで表示します。	Plain Box		対象の領域を Box 形式の図で表示します。	Connected Box		関係のある箱アイコンが線でつながれます。 mRNA や paired end のデータを表示することを想定しています。	Band Chart		ゲノム領域毎のタグの合計がグラフで表示されます。	Bar Chart		ゲノム領域毎にタグの 5'末端の集計がグラフで表示されます。	Auto		Zoom out した際は Band Chart で表示し、Zoom in した際はシーケンシングタグをそのまま表示します。
		Plot Type	描画イメージ	説明																			
		Arrow		遺伝子を矢印状のアイコンで表示します。																			
		Plain Box		対象の領域を Box 形式の図で表示します。																			
		Connected Box		関係のある箱アイコンが線でつながれます。 mRNA や paired end のデータを表示することを想定しています。																			
		Band Chart		ゲノム領域毎のタグの合計がグラフで表示されます。																			
Bar Chart		ゲノム領域毎にタグの 5'末端の集計がグラフで表示されます。																					
Auto		Zoom out した際は Band Chart で表示し、Zoom in した際はシーケンシングタグをそのまま表示します。																					
3	プロット描画色指定 (Plot Color)	データのプロット描画色を指定します。																					
4	プロットの高さ指定 (Plot Height)	データのプロットの高さを指定します。																					
5	プロットの高さ指定 (Chart Scale)	Chart 様式でデータをプロットするときの「1 タグあたりの描画の高さ (単位 : ピクセル)」を指定します。																					
6	Default ボタン	設定内容を初期状態に戻します。																					