



最初に覚えたい基本操作

2020年1月 株式会社 キアゲン

— Sample to Insight —

-

QIAGEN Aarhus•Silkeborgvej2•Prismet•8000 Aarhus C•Denmark

Telephone: +45 70 22 32 44•www.qiagenbioinformatics.com•ts-bioinformatics@qiagen.com QIAGENK.K. Forrefront Tower II 3-13-1 Kachidoki Chuo-ku Tokyo 104-0054 Japan



1. 画面構成

2. DNA配列の表示

2-1.	サンプルデータのダウンロード	1
2-2.	ズームアウト	3
2-3.	複数のウインドウでの表示	3
2-4.	注釈情報のフォントを小さくして配列の表示領域を拡大する	7
2-5.	新規フォルダの作成	8

3. 解析ツールの実行

3-1.	Launch による起動	9
3-2.	入力配列リストの作成	10
3-3.	結果の出力方法の選択・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・	12

4. サイドパネルによる表示方法の設定

4-1.	配列を改行させない1段による表示	15
4-2.	注釈文字の表示形式の変更	17
4-3.	グラディエントによる保存性の表示	18
4-4.	設定の保存	20
4-5.	保存された設定の呼び出し	21

1

1

15

9



1. 画面構成

このチュートリアルでは CLC Workbench の基本的な使い方をひと通り学習します。 以下の図 1 に起動時の Workbench の画面構成(ユーザーインターフェース)を示します。



図1 最初の起動時に表示される画面

CLC Genomics Workbench の画面構成において重要なのは、ナビゲーション領域(Navigation Area 1)、ツールボックス (Toolbox 2)、表示領域(View Area 3)です。

ナビゲーション領域には使用される全てのデータが置かれます。 CLC Genomics Workbench 起動時には CLC_ Data というユーザーのデータ保存領域がナビゲーション領域に生成されます。これはロケーションと呼ばれます。 ロケーションは Workbench で使用するデータが存在する PC 内のフォルダーに相当し、ロケーション内にフォ ルダを作成してデータを整理して保管します。ほとんどの解析ツールはツールボックス(図12)にあります。 各ツールを起動するには相当するツールボックスをダブルクリックするか、ツールバー(Toolbar ④)の起動ボ タン(Launch button ⑤)からキーワードを入力して目的のツールを検索して起動します。ツールボックス(2) には無い "保存 (Save)", "インポート (Import)"、"エキスポート (Export)"等はツールバー(④)にあります。 表示領域(③)はデータが視覚化され表示される領域です。複数の解析結果がある場合、表示領域をタブで複数 のページに分けて表示したり、1ページを複数に分割して表示することができます。

2. DNA 配列の表示

この章では配列を様々な形式で表示する方法を説明します。配列をズームインする、タブをドラッグする、 new view/open selection から表示する方法等です。

2-1. サンプルデータのダウンロード

まず練習用に以下の手順で Cloning フォルダーに pcDNA3-atp8a1 という配列をダウンロードしましょう。 [Help] メニュー →[Import Example Data] を選択し (図2①)、確認画面で Yesをクリックする (図2②) と チュー トリアルで使用するサンプルセットのダウンロードが開始します。ダウンロードの進行状況はツールボックスの Process タブに表示されます (図2③)。ダウンロード完了後ナビゲーション領域の Example Data → Cloning フォ



最初に覚えたい基本操作

ルダーにある配列 pcDNA3-atp8a1(図2④)をダブルクリックして開けます。配列と注釈情報が図3のように表示されます。



図3 pcDNA3-atp8a1を開いて View に表示された状態

デフォルトの設定として、注釈情報の付いた(この例ではCMVプロモーター領域が緑の矢印で表示されている) 状態で配列が表示され、1 塩基まで区別できるまで最大限に拡大表示(ズームイン)した状態で表示します。右側には配 列の表示を変更する Seuence Setting パネル(図3①)があります(詳細は後ほどご学習します)。下側には新たなツール バーが現れます(図3②)。



^{チュートリアル} 2-2. ズームアウト



図4 下部のツールバーにあるズーム関連ツール

ここでズームアウトして配列の全体を見てみます。ズームアウトするにはいくつかの方法があります。ツールバーの拡 大鏡のアイコン 🕄 を右クリックし、ズームアウトモード(マイナス)のアイコン(図4①)を選択します。

このマイナス拡大鏡で配列全体が見えるまで配列の上をクリックしてクリックし続けます。 また、"選択範囲までズーム"アイコン(図4②)により1クリックで同じ操作が完了でき図5の状態になります。



図5 pcDNA3-atp8a1の全体が表示できるまでズームアウトした状態

反対に"塩基レベルまでズームイン"アイコン(図4③)により1塩基まで確認できる最大のズームイン状態に1クリックで戻れます(戻った状態が図3)。

2-3. 複数のウインドウでの表示

この配列は下図に示すように最初に "<<" 最後に ">>" がありますが、



これはこの配列が環状になることを示します。表示エリアの下部にある環状化ツール〇(下図①)



をクリックすると配列が環状に表示されます。その左にある ACA アイコン (上図②)をクリックすると直線状の配列 に戻る。またコントロール (Mac コマンド **೫**)を押しながらこれらのアイコンをクリックすると表示領域が分割され、 直線状と環状双方の状態を別々のウインドウで上下に並べて見ることができます(図 6)。







ren 💽 🗟 = 🎞 🕸 🌆 🖸 👔

図6 一つの配列を環状、直鎖状の表示を縦に並べて表示。

図 6 から環状表示の Ampicilin ORF (図 6 1) にカーソルをあわせてダブルクリックし、Ampicilin ORF 全体を選択することができます。すると選択されたことを示すバーが表示されます (図 7 1)。

là €í – ⊲===== + ⊷



図7 環状、直鎖状の表示の2つの表示はリンクしていて、例えば環状配列で Ampicillin ORF 領域の配列を選択する①と直 鎖状の表示でも相当領域が選択されます②。

環状配列の Ampicillin ORF 領域を選択した状態で直鎖上の選択領域表示アイコン (図7③)をクリックすると 選択領域 (Ampicillin ORF 領域) だけが表示されます (図8)。





図8 選択された領域(Ampicillin ORF)の配列だけを別ウインドウ(上部)に直鎖状に表示



図9 選択された領域の配列の表示のもう一つの方法

同様の操作は選択された領域下にできるバー①にカーソルを置き、右クリックから "Open Selection in New View" ②を選択することによっても可能で別ウインドウに相当領域の配列 が表示される (図 9)。



最初に覚えたい基本操作

2-4. 注釈情報のフォントを小さくして配列の表示領域を拡大する

上段の直鎖状の配列の文字を小さくするともっと広い領域を見ることができます。上段直鎖状配列が表示されている 右側の Sequence Settings を下までスクロールし(①)、Text format の設定タブをクリックし(②)、更に一番下までス クロールし(③)、Text size を小さく(例えば 7) します(④)。フォントが小さくなり、広い領域が見られるようになり ます(図10)。

Sequence Settings Name	Sequence Settings Name	Sequence Settings Offset Little offset	Sequence Settings Offset Little offset
Annotation lay Annotation ty	Annotation lay Annotation ty	Label Stacked 🗘	Label Stacked ᅌ
✓ Show annotations	Show annotations	Show arrows	Show arrows
Position Next to sequence	Position Next to sequence ᅌ	✓ Use gradients	Use gradients
Offset Little offset	Offset Little offset 🗘	Restriction sites	Restriction sites
Label Stacked	Label Stacked	Motifs	Motifs
Show arrows	Show arrows	Residue coloring	Residue coloring
V Use gradients	V Use gradients	Find	Find
Restriction sites	Postriction sites	Text format	Text format
Motifs	Motifs	Text size 12 🗘	Text size 7
Residue coloring	C Residue coloring	Font	Font
Nucleotide info	Nucleotide info	SansSerif 😂	SansSerif 😂
Find	Find	Bold	Bold
Fext format Text format Fext format Save View	Text format = = ::: Help Save View	3 Help Save View	Help Save View
右側のスクロールバーで	、スクロールバーが上がるの	フォントの設定が表示され	Text size を小さくする。
下までスクロールし	で一番下までスクロール	る。	
Text format タブを			
クリック			

REA PCDN	A3-atp8a1 ×									
pcDNA3-atp8a1	Ampidilin ORF	5,080 J GAAG TTTTAAATCA	ATCTAAAGTATATAT	GAGTAAACTTGGTCTGA	CAGTTACCAATGCTTA	a lau ATCAGTGACGCACC	TATCICAGCGAT	I Sequence Setting Offset	gs Little offset	
pcDNA3-atp8a1	Ampidlin ORF	A LEO CATECATAGTELGCO	8.200 ECATABLECCICCULCULU	в э настанаасска гасса	n (47974)47474)488774(47454)8	त्त्वद्धः स्वद्धद्धः स्वतिकारतिकारतिक	8 260 AATOATACCOGO	Label	Stacked	
pcDNA3-atp8a1	AGACCEACGETEAC		A 100 TICAGCAATAAACCAG	R 120	GGGGGAGTAGEGGEGGE		R 160 HECGATECGACEER	Show arrows		
pcDNA3-atp8a1	Ampidlin ORF	-MO BGGAAGGTAGAGTA	8400 AGEAGEECGGGAGEE	AATAGEREGCCAACGE	1.44 TOTALGOCATALGOLAGA	•	8400 ACCORECTED	Restriction sites		
pcDNA3-atp8a1	Ampidiin ORF	੶ E4∆M4E440MBE44	R SOO	R 530	GIRIGIGCAAAAAAGCG	harantenater/h	8.980 IC4C4LE4C4C5251E4C451E	Motifs Residue coloring		
pcDNA3-atp8a1	Ampidiin ORF		RADO HICAGHICATIGGTHTATIG	GCAGCACTGCATAATTC	TETTACTGTCATGCCA	ICCORACTICE	TICTGTGACTOO	Nucleotide info		
pcDNA3-atp8a1	Ampidiin ORF	λοτολάτοτολολλ	A 200 IA AGE COMPANIE (RECEICEDA		8.740 GGGGHGAAHACGGGAH			Text format		
pcDNA3-atp8a1	A70			8820 887.74497.7884887444444			1E+E+F2X+E+E+F2X+E+F8	Text size	7	
pcDNA3-atp8a1	ATCTTCAGCATCTT	RACINICACCAGE		8.920 AAAACAGGAAGGCAAAA	8940 TEGECGGAAAAAAGGGAA	A 960 A FAAGG SEGAGAGAGG	GAAATGTTGAAT	SansSerif		
ocDNA3-ato8a1		9,000 ITTTTTCAATATTAT	R TG AAGCATTTATCAG	020 GGTTATTGTCTCATGAG	9.040 CGGATACATATTTGAA	9.000 TG TATTTAGAAAAA	TAAACAAATAGG	Bold		

図10 フォントを小さくして広範囲を表示できるようにする。



2-5. 新規フォルダの作成

このチュートリアルで使用するデータをダウンロードすると CLC_Data の下に Example Data というフォルダが自動 的に生成され、その下にダウンロードされるが、実際の解析を行う場合は CLC_Data 下に以下の手順でフォルダを作 成してその下にデータ、結果を保存します。



図11 新規フォルダの作成

CLC Data ①にカーソルをあわせて右クリックし、New -> Folder ②を選択し、作成するフォルダ名を入力し、 OK すると CLC_Data 下に指定した名前のフォルダが作成されます。また、CLC_Data にカーソルをあわせてツー ルバーの New ③をクリックしても同様にフォルダを作成できます。



3-1. Launch による起動

この章では解析ツールの使い方を説明します。例としてアライメント作成ツール (Create Alignment tool, 図12) を実行してみます。 ツールバーの Launch をクリックします①。

	(1)				oornine	
000		CLC Genomics	Workbe	nch 12.0 - Viewing I	Mode		
	Ð	○ ೫ 🗇 🗅 🗵					
Show New Save Import Export Graphics Print Launch	Undo	Redo Cut Copy Paste Delet	e	0 a1 a1		Wa	rkspace Plugins References Download
Navigation Area							
▶ 啓 ○ ─ ─ ▼		\sim					
Q- <enter search="" term=""></enter>				Quick launch	\ \ /	110	
▼ 🗟 CLC_Data	create :	al					
🔻 🗁 Example Data	loon h	lame	Docorir	tion	Path		
X ATP8a1 genomic sequenc			C				
ATPSal MKNA	C	reate Alignment	Create	an alignment of nu	[Classical Sequence Ana	lysis, Alignmen	
V Gloning	-E : 0	Create Tree	Create	a phylogenetic tre	[Classical Sequence Ana	lysis, Alignmen	
Cloning vector library	Sec 5	huffle Sequence	Rando	mize the character	[Classical Sequence Ana	lysis, General S	
Enzyme lists	M (Create Sequence Statistics	Calcula	te sequence statist	[Classical Sequence Ana	lysis, General S	
pcDNA3-atp8a1	xt F	Reverse Complement Seq	Create	the reverse compl	[Classical Sequence Ana	lysis, Nucleotid	
Primars	E R	Reverse Sequence	Create	the reverse of a n	[Classical Sequence Ana	lysis. Nucleotid	
Processed data	0		-			, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	ata
Primers	M C	Create Enzyme List	Create	a custom list of re	[Molecular Biology Tools	, Restriction Sit	ata
Protein analyses							data
Protein orthologs							1
► P RNA secondary structure							
0					Canad	0	
Toolbox (Viewing Mode)					Cancel	Open	70335
Processes Toolbox Favorites	Place	at 1	11-	Marco IPS		Contraction of the second	
<enter name="" tool=""></enter>	C.		20		- It	Develop	
V 🔍 Classical Sequence Analysis	Ger	example aata	-	Explore tuto	rials	kead ma	nual
Alignments and Trees	Track	list example	-	Resequencing an	nalysis in tracks	Understand	the workbench
Create Alignment	Phylo	aenetic tree		Phylogenetic tree	es and metadata	Learn about	workflows
Treate Tree	DNIA	everagion data		Expression analy	in DNA Soa	Understand	track lists
General Sequence Analysis	TXIN/A	expression data		Expression analy	ysis ili KINA-Sey	Understand	LI ACK IISIS
Nucleotide Analysis							
Molecular Biology Lools							
							1
S Idle							1 element(s) are selected

図12 Create alignment の起動

図12のようにポップアップウインドウが現れたら、上部の検索ウインドウにcreate alignmentl と入力します②。 全部入力しなくてもある程度入力すれば目的の Create Alignment がリストに現れます。そして 図13 のように Create Alignment を選択して③ Open します④。

a an an		con Name Description Path								
Cre	ate Alignment	Create an alignment of nu	[Classical Sequence Analysis, Alignmen							
-E: Cre	ate Tree	Create a phylogenetic tre	[Classical Sequence Analysis, Alignmen							
🞾 Shu	ffle Sequence	Randomize the character	[Classical Sequence Analysis, General S							
🗎 Cre	ate Sequence Statistics	Calculate sequence statist	[Classical Sequence Analysis, General S							
🖈 Rev	erse Complement Seq	Create the reverse compl	[Classical Sequence Analysis, Nucleotid							
🖺 Rev	erse Sequence	Create the reverse of a n	[Classical Sequence Analysis, Nucleotid							
🖾 Cre	ate Enzyme List	Create a custom list of re	[Molecular Biology Tools, Restriction Sit							



3-2. 入力配列リストの作成

チュートリアル

• •	Create Alignme	ent	
1. Choose where to run	Select two or more sequences of the same ty	pe	
1. Choose where to run	Navigation Area		Selected elements (0)
2. Select two or more	Q- <enter search="" term=""></enter>	—	
sequences of the same			
type	X AIPSal MKNA		
3. Set parameters	AIP8a1		
A Besult handling	Cloning		
4. Result handling	Enzyme lists		
	2 pcDNA3-atp8a1		
	× pcDNA4 TO		
	Primers		
	Processed data		
	Primers	•	
	Protein analyses		
	🔻 🗁 Protein orthologs		
	ATP8a1 ortholog alignment		
	松 <mark>094296</mark>		
	N P39524		
	N# P57792		
	N Q29449		
	** Q9N112		
	RNA secondary structure		
	Sequencing data		
	X ATP8a1 mRNA (reference)		
	Select two or more sequences of the same	me type	
Help Reset		Previous Nex	t Finish Cancel

図14 配列の選択1

Protein orthologs フォルダーを展開し、一番上の配列 (094296) を選択します。



図15 配列の選択2

続いてシフトキーを押しながら一番下の配列 (Q9SX33) を選択すると6つの配列が全て選択される。 その後右矢印①をクリックして "Selected elements" のリストにこれらの配列を追加します。



 1. Choose where to run 2. Select two or more sequences of the same type sequences of the same type 3. Set parameters 4. Result handling Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Select two or more sequences of the same type Sequencing transition of the same type Sequencing reads 	0 0	Create Alignment	
1. Choose finite to fail Navigation Area Select two or more sequences of the same type 2. Select two or more sequences of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type 3. Set parameters Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type 4. Result handling Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type 4. Result handling Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type 4. Result handling Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type 4. Result handling Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type 5. Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type 6. Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type 7. Protein orthologs Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type Image: Construction of the same type	1 Choose where to run	Select two or more sequences of the same type	
 2. Select two or more sequences of the same type 3. Set parameters 4. Result handling 	1. choose where to run	Navigation Area	Selected elements (6)
sequences of the same type 3. Set parameters 4. Result handling A R	2. Select two or more	Q- <enter search="" term=""></enter>	₩ 094296
 A ATP8a1 A ATP8a1 A ATP8a1 Cloning Cloning vector library Coning vector library Cloning vector library Primers Protein analyses Protein analyses Protein analyses Protein orthologs ATP8a1 ortholog alignment Protein orthologs ATP8a1 mRNA (reference) Sequencing reads 	sequences of the same	ALFOAL IIINNA	N P39524
 3. Set parameters 4. Result handling Cloning vector library Primers Processed data Primers Protein analyses Protein orthologs TP8a1 ortholog alignment Protein ortholog	type	ATP8a1	APP P57792
 A. Result handling Cloning vector library Enzyme lists ∞ pcDNA3-atp8a1 ∞ pcDNA4_TO P Primers P Processed data P Protein analyses Protein orthologs ATP8a1 ortholog alignment P 939524 P 93954<!--</td--><td>3. Set parameters</td><td>V Cloning</td><td>O9NTI2</td>	3. Set parameters	V Cloning	O9NTI2
 4. Result handling Enzyme lists pcDNA3-atp8a1 pcDNA4_TO Primers Processed data Protein analyses Protein orthologs ATP8a1 ortholog alignment P39524 P39524<!--</td--><td></td><td>Cloning vector library</td><td>▲ Q95X33</td>		Cloning vector library	▲ Q95X33
<pre>% pcDNA3-atp8a1 % pcDNA4_TO > Primers > Processed data > Protein analyses Protein orthologs E ATP8a1 ortholog alignment</pre>	4. Result handling	Enzyme lists	
<pre></pre>		pcDNA3-atp8a1	
 Primers Processed data Primers Protein analyses Protein orthologs ATP8a1 ortholog alignment 994296 99524 957792 029449 09NTI2 09SX33 RNA secondary structure Sequencing data X AT8a1 mRNA (reference) Sequencing reads 		pcDNA4_TO	
 Processed data Primers Protein analyses Protein orthologs ATP8a1 ortholog alignment P39524 P39524 P39524 P3792 Q29449 Q9NTI2 Q9NTI2 Q9SX33 RNA secondary structure Sequencing data XTP8a1 mRNA (reference) Sequencing reads 		Primers	
 Protein analyses Protein orthologs ATP8a1 ortholog alignment P39524 <		Processed data	
 Protein analyses Protein orthologs III ATP8a1 mRNA (reference) III Sequencing reads 		Primers	
Protein orthologs III ATP8a1 ortholog alignment V 939524 V 939524 V 939524 V 939524 V 939524 V 939524 V 99172 V 995X33 F RNA secondary structure Sequencing data X ATP8a1 mRNA (reference) Sequencing reads		Protein analyses	
A 094296 A 094296 A 094296 A 094296 A 094296 A 0957792 A 029449 A 09NT12 A 09SX33 P ≧ RNA secondary structure ▼ ≧ Sequencing data X ATP8a1 mRNA (reference) E ≧ Sequencing reads 2		ATP8a1 ortholog alignment	
		Ar 094296	
		6 P39524	
A Q29449 A Q99419 A Q99X12 A Q9SX33 ► C RNA secondary structure ▼ C Sequencing data ∞ ATP8a1 mRNA (reference) ► C Sequencing reads 2 2		Nr P5 7792	
A 09NTI2 A 09NTI2 A 09SX33 A 09SX33 A condary structure Sequencing data X A7P8a1 mRNA (reference) A Sequencing reads 2		N 029449	
Constant of the secondary structure Constant of the secondary struct			
 RNA secondary structure Sequencing data ATP8a1 mRNA (reference) Sequencing reads 		A Q95X33	
Sequencing data X ATP8a1 mRNA (reference) Sequencing reads		RNA secondary structure	
X ATP8a1 mRNA (reference) Sequencing reads		Sequencing data	
► Carl Sequencing reads		🗯 ATP8a1 mRNA (reference)	
		Sequencing reads	$\overline{}$
		L . ~-· ·	
Help Reset Previous Next Finish Cance	Help Reset		Previous Next Einish Cancel

図16 配列の選択3

解析を行う配列の選択が完了。この段階で Selected elements に不要な配列がある時はその配列 を選択して左矢印①をクリックして Selected elements のリストから削除する。そして Next ② へ進む。

	Create Alignment
1. Choose where to run	Set parameters
2. Select two or more sequences of the same type	
3. Set parameters	
4. Result handling	Gap cost settings Gap open cost 10.0 Gap extension cost 1.0 End gap cost As any other 🗘
O sec	Alignment Less accurate (fast) Very accurate (slow) Redo alignments Use fixpoints
100 200 1 10 10 100 200 1 10 10	
Help Rese	Previous Next Finish Cancel

図17 パラメータの設定

ここでパラメーターは全てデフォルトとするのでそのまま Next ①へ。パラメータの詳細は User Manual をご覧ください。



	Create Alignment
1. Choose where to run	Result handling
 Select two or more sequences of the same type 	
3. Set parameters	
4. Result handling	
200 2017 00 2017 10 10 200 2017 10 200 200 200 200 200 200 200 200 200 20	Result handling Open Save Log handling Open log 2
Help Rese	t Previous Next Finish Cancel

図18 結果の出力方法の選択

解析結果を保存してから見るか (save を選択)、保存する前に表示させて、その後保存するか (open を 選択)の選択。ここではまず保存を選択する①。そして Next ②。

• • •	Create Alignmo	ent			
1. Choose where to run	Save location for new elements 译 <i>①</i>				
Select two or more sequences of the same	New Folder Update All				
type	Q• <enter search="" term=""></enter>				₹
3. Set parameters	🔻 🚔 CLC_Data				1
4. Result handling	Example Data				
	X ATP8a1 genomic sequence				
 Save location for new elements 	ATP8a1				
	Cloning				
	Cloning vector library				
	Enzyme lists				
	Example motifs				
	cDNA4_TO				
	Primers				
	Processed data				
	Primers				
	Protein analyses Protein orthologs				
	TOTAL OF ALL OF				
	TE: ATP8a1 ortholog tree				
	O94296				_
	P39524				-(1)
	** r3//32 #+ 020//0				
Help Rese	t	Previous	Next	Finish	Cancel

図19 結果の保存

結果を保存するフォルダーを選択し(ここでは選択されている入力の配列と同じフォルダー)、Finish ①で解 析が開始する。





図20 解析の進捗状況の表示

ツールボックスの Process タブ①を表示させると解析の進行状況が表示される。完了すると Done 100% となり、図 19 で指定したフォルダーに結果が保存される。また②を右クリックすると



図21 プロセスタブからの結果の表示

このようなメニューが表示され、Show Results ①を選択すると結果が表示されます。結果を保存したフォルダーがわからなくなった時はこのようにしてプロセスタブから探すことができます。





図22 結果のアライメントの表示

図 21 のプロセスタブを使用する方法、あるいは保存したフォルダにある結果のファイル(ここでは 094296 alignment 図 22 ①) をダブルクリックすると表示領域に結果のアライメントが表示される。



最初に覚えたい基本操作

4. サイドパネルによる表示方法の設定

この章ではサイドパネルを利用して配列、アライメントおよび関連データの表示の仕方を調整する方法、およびサイドパネルの設定を全てまとめて保存する方法を学びます。

初期設定ではアライメントのアミノ酸残基の背景色は分子立体可視化プログラム Rasmol の色付けの規則に従ってい ます。またアライメントは表示領域のサイズにあうように自動的に調整されています。



図23 アライメントの表示(図22と同じ)。Rasmoloの規則で色付けられている。

4-1. 配列を改行させない1段による表示

ではサイドパネルを用いて表示を変更してみましょう。図 23 の右側にサイドパネルがありますが、サイド パネルは機能別にグループ分けされています。そして全てのグループはグループ名のタブをクリックする ことで展開、閉じることができます。まず試しに図 23 の状態から一番上にある Sequence layout のタブ① をクリックすると、図 24 のようにこのタブが閉じられます。



		60		80)	Alignment Settin	gs
094296		SOYISSSCON	STNP		68	Sequence layout	
P39524	DDTTSHSGSR	SKVTNSHANG	YYIPPSHVLP	EETIDLDADD	65	Annotation layout	Annotation types
Q29449 09NTI2					21	Residue coloring	
P57792					11	Alignment info	
Q95X33					11	Protein info	
Consensus 100%	к					Find	
onservation						Text format	
03		100		120		TextTormat	
O94296 P39524			G <mark>T - NVNHIEI</mark> TSWNANRED -	PLRDENDPTC	107 99		
09NTI2			A		15		
P57792	<mark>K</mark>	IQUSKLFTLT	GA		24		
Q95X33	<mark>R</mark>	LQLSKLYTLT	CA		24		
Consensus	к <u>К</u>	XSLSXQLXLX	GA				
nservation							
0%		140		160			
094296			KNTETSRIKK		125		
	POSLRAVKPP	GLEAREGNGL	KNAETEKRKK	GPESEEMNHY	139		
P39524					36		
P39524 Q29449							
P39524 Q29449 Q9NTI2					15		
P39524 Q29449 Q9NTI2 P57792 Q9SX33					15		
P39524 Q29449 Q9NTI2 P57792 Q9SX33					15 24 24		
P39524 Q29449 Q9NTI2 P57792 Q9SX33 Consensus					15 24 24		
P39524 Q29449 Q9NTI2 P57792 Q9SX33 Consensus 100% nservation					15 24 24		
P39524 Q29449 Q9NTI2 P57792 Q9SX33 Consensus 100%					15 24 24		
P39524 Q29449 Q9NTI2 P57792 Q9SX33 Consensus 100% mservation 0%					15 24 24 142		
P39524 Q29449 Q9NTI2 P57792 Q9SX33 Consensus noservation 0% O94296 P39524					15 24 24 24 142 179		

図24 サイドパネルが全て閉じた状態。

再度 Sequence layout タブ図 24 ①をクリックして展開し、no-wrap 図 25 ②を選択します。

III 094296 alignment ×	
140 160	Alignment Settings
	Sequence layout ┥ 🚽 📼
P39524 PQSLRAVKPP GLEAREGNGL KNAFTEKRKK GPESEEMNHY NAVTNN	Spacing
Q29449	Every 10 residues
P57792	
Q95X33	\bigcirc No wrap \checkmark 2
Consensus	 Auto wrap
Conservation	Fixed wrap:
	every 60 residues
	Vumbers on sequences
	Relative to 1
	Lock numbers
	Hide labels
	🗹 Lock labels
	Sequence label
	Name 🗘
	Show selection boxes
	Matching residues as dots
	Annotation layout Annotation types
	Residue coloring
	Alignment info
	Protein info
	Find
×	Text format
	= 🗅 🛱 Help Save View

図25 No wrap を選択。

No wrap の状態になると、配列は横一直線になります。右側の表示されていない部分は横スクロール バー③で右へ進むと最後まで表示できます。次の変更を行う前に見やすくするため、Sequence Layout のタブ④をクリックして閉じましょう。図 26 の状態になります。

O94296 a	alignment ×								
		20	40	60		Alignment Settings			
	Gene					Sequence layout			
						Annotation layout	Annotation types		
094296	MARDVDNKQN	AKRISRDEDE DEFAGES	MVG RTEDNPELGE DEFEDIF	GSE SQYISSSGQN S	NPFL)	Residue coloring			
	DRS2					Alignment info			
						Protein info			
P39524	MN DDRET	PPKRKPGEDD TLE	DIDFL DDTTSHS	GSR SKNTNSHANG M	Y PPSHULP EETIDLDA	Find			
						Text format			
Q29449	MPTMRRTVSE ATP8A2	IRSRAEGYEK T							
Q9NTI2	M	<mark>SR</mark> A							
P57792	MATY S ALA9	GRRRKR				•			
Q95X33 Consensus	MVGGG MATX	TKRRRR							
Conservation									
							aln Save Mer		
🛄 🔛 😂 🕑	3				3 af		Save view	<i>n</i>	

図26 サイドパネルを再び全て閉じた状態。

4-2. 注釈文字の表示形式の変更

Annotation layout タブ図 26 ①をクリックして展開します (図 27)。



図27 Annotation Layout の設定

Annotation Layout ではアライメントにつける注釈情報を見やすくするためのいろいろな設定を行い ます。 Show annotations ①を選択し、Offset を More offset ②とし、label を stacked ③とします。 また、これらの設定を他のいろいろな選択しに変えてみてどう変わるか見てみましょう。詳細はマニュ アルをご覧ください。

次に Annotation Types ④をクリックして展開します(図 28)。





Region を選択します (図 28 1)。図 29 のように茶色で Region が表示されます。Region とは膜貫通 領域などの何らかの注釈情報のある領域です。



図 29 Annotation Type

4-3. グラディエントによる保存性の表示

次にアミノ酸残基(DNA/RNAの場合は塩基)の色を変えてみましょう。Annotation typesを閉じて ① Alignment info ②を開きます (図 30)。





図 30 Alignment Info

Alignment Info の中の conservation にある Background color (図 30 ①) にチェックを入れます。 図 31 のようにコンセンサス配列の背景色が保存性の程度によりグラディエントで色付けされます。



図31 Annotation Info

赤が 100% 保存、青が全く保存されていない、というグラディエントになっています。グラディエ ント設定バーの上にある小さな三角印(①,②)を動かすと色の調整ができます。 縦スクロールバー (③) で一番下までスクロールすると Conservation graph(図 32 1), Sequence logo (図 32 2) が見えるが、色のグラディエントで保存性を表示することにしたのでこれらのチェッ クを外して消去しておく (Conservation graph 図 31 ④, Sequence logo 図 31 ⑤)。





Majority $\, \smallsetminus \,$

100%

Find

₽@`--

図32 Conservation graph, Sequence logo どちらも保存性の程度を示している。



×



図33 Annotation Info

以上の設定で図 33 のような表示になるが、CLC Genomics Workbench を終了してしまうと設定が消 えてしまうので、サイドパネルの右下にある Save View(図 33 1)を クリックして設定を保存してお きます。

²⁰





図34 Side Panel の設定の保存

図 34 のような設定の保存画面が表示されたら設定の名前欄①に適当な名前(この例では "preferred alignment settings" とします)を入力し、Save for all alignment views ②にチェックを入れ、Save ③, Close ④をクリックすると設定の保存が完了します (図 35)。

4-5. 保存された設定の呼び出し



図35 図設定前の状態に戻す

では配列を設定前の状態に戻して保存した設定を適用してみましょう。まず表示されている設定を 変更したアライメントを ①のXをクリックして消します。次に設定前のアライメント 094296 alignment ② をダブルクリックして標示させます (図 36)。



CLC Genomics Workbench 12.0 - Evaluation 284 days remaining										- u x
e cont view Download Toolbox Workspace Help										
글 난 년 범 법 법 삶 신 이 3									01010100	y (
now New Save Import Export Graphics Print Launch Undo Redo Co	t Copy Paste Delete								Workspace P	lugins References Download Workflo
avigation Area	094296 align	ient ×								
1 A A A O 1	7		20		40			^	I ► Alignment Settings	
Ar <enter search="" term=""></enter>	004206								Sequence layout	
Ga CLC Data	P39524	MN DDRET	PPKRKPGEDD	TLE	···· DIDEL ···	DDTTSHSGSR	SKUTNSHANG	45	Spacing	
E Example Data	Q29449	MPTMRRTSE	RSRAEGYEK	1				21	Every 10 residues	×
III Comparison tracks, example	Q9NTI2	M	SRA					4	0.0	
- E phylogeny_test_tree	Q9SX33	MMGG	TKRRRR					11	O No Wrap	
Protein orthologs ITT ATTRa 1 ortholog alcompant	Consensus	MAT X	XXRRXR · · · ·						 Auto wrap 	
- 4C: ATP8a1 ortholog tree	Conservation								O Fixed wrap:	
/ /J 094296	4300									
- Mr P39524	Sequence logo	CRB DONES	-ESPZERXER	Ref	Dueti	Deservedore	0		every	60 residues
- Put P57792 	0.004	WATOSD\$558	#RKINRRGED#	TELAGESMVG	RTEDARFLOR 100	DEFFEREGSE	588¥+252888 120		Numbers on sequen	ces
-Ne OPVT12	004208	OTHO		TRENEDICE				107	Relative to	
	P39524	YY PPSHVIP	EETIDEDADD	DNIENDVHEN	EMSNNH	TSWNANRED-	SEANO	99	Negave w	
- 094296 alignment	Q29449			···· DOVSEK	TSLADOEEI -			36	Lock numbers	
094296 alignment	Q9NTI2	*********			TSNGCLEAP	A		15	Hide labels	
Hite Haran	P57792			K		GA		24	C/Lock labels	
workflow	Consensus				XSLSXQLXIX	GA			Company label	
⊞ 🚰 workflow2	1001								sequence label	
refrences	Conservation		Recordence	000000000000000000000000000000000000000	nnnnnnnnn				Name	~
mreads A number in (a)	Sequence logo				7502PC-8+8				Show selection boxe	5
E-100 Recycle bin (1)	0.004	***Peshvie	SETIOL POS	PRIENDVER	+SCSNDEFE9	SAWNONKER I	PLROFNDRO		Matching residues a	s dots
CLC_References			170		100		100		Annalation Investo	landalian hanna
	- 094296 P39524			KNTETSRIKK				125	Annotation layout	errotauur types
olbox		CUCERANKPP	GERAREGNGE	NNAE (EKKKK	GEROMEMINH		NEEDSKNKEN	36	Show annotations	
rocesses Toobox Favorites	Q9NTI2							15	Position	Next to sequence \sim
nter tool name> g	2 P57792							24	Offset	Pled V
eady-to-Use Workflows	Conconsus							24	t alcal	No labola
Preparing Raw Data	Consensus 1001								Labb	no iaudis 🗸 🗸
Queseq Panel Analyze Queseq Panels Queseq Panels	Conservation		000000000	00-00	000000000	0000000000	000000000		Show arrows	
QIAseq Analysis Workflows	Sequence long								Use gradients	
- 🏋 Detect QIAseq RNAscan Fusions	0.000	PESERA6#PP	OLFARFONOL	KN÷FT£KAKK	OPEOPEMNHY	NAVTNNELDO	NYLDORNKEN		Desides selectes	
 Identify QLAseq DNA Germline Variants (Illumina) 			200		220		240		Residue coloring	
 Identify QIAseq DNA Germine Variants (Ion Torrent) Identify Oldena DNA Sematic Variants (Iburina) 	094296	IKNEFKKE	KKOV - KPEDL	G-PROFEND	SANH	FEHNANSTCK	YSAETELPKE	176	Alignment info	
- W Identify OfAseo DNA Somatic Variants (Intrina)	P39524	TRICENRYIL	RKNNG AEGN	GEPRNEND	SEANS SEG	SUNHISTIK	NNEATEEPKE	217	Protein info	
Quantify QIAseg RNA Expression	001/10					E BUOKST IN	NOTE THE OWN	47 4	Find	
😥 🙀 Whole Genome Sequencing		/				NI 4	D'		Text format	
		4				IN F	+1 mm /	Inflation and a set	1 mm 121 -11	Male Court Manu

図36 保存された設定の適用

設定前のアライメントが表示されたら再び Save View ①をクリックして Save View Settings 設定画面を 表示させる (図 37)。



図37 設定前の状態に戻す

Apply saved alignment view settings ①をクリックし、標示された設定リストから先ほど保存した "preferred alignment settings" ② を選択し Apply ③, Close ④ をクリックする。





図38 保存された設定が適用されたアライメント

このようにしていろいろな設定を行ってわかりやすい名前をつけておけば常に一定の表示形式で結果を 見ることができる。不要になった設定を削除するには、再び Save View ①をクリックして Save View Settings 設定画面を表示させ (図 39)



図39 不要になった設定の消去

Remove alignment view settings ①をクリックし、標示された設定リストから消去したい設定ファイルを選択し②、Remove ③, Close ④ をクリックする。