

# *Genotype Matrix Mapping*



*Ver.2.1*

操作説明書

2009/8/27

## 商標

---

Java は、米国 Sun Microsystems, Inc. の米国およびその他の国における登録商標です。

Windows, Microsoft は米国 Microsoft Corporation の米国およびその他の国における登録商標です。

Macintosh, Mac OS X は米国 Apple Computer, Inc の米国およびその他の国における登録商標です。

その他、掲載されている会社名、製品名は、各社の商標及び登録商標です。

## 謝辞

---

This product include JFreeChart

This product includes software developed at The Apache Software Foundation (<http://www.apache.org/>).

# GMM 操作説明書

## もくじ

もくじ .....	3
はじめに.....	4
GMM について .....	4
第 1 章 インストール.....	5
1-1.Windows の場合 .....	5
1-2.Mac OS X の場合.....	8
第 2 章 画面説明 .....	11
2-1. 全体.....	11
2-2. メニューバー .....	12
2-3. Data ウィンドウ .....	13
2-4. Result ウィンドウ.....	14
2-5. Matrix ウィンドウ .....	15
2-6. Circle ウィンドウ.....	16
第 3 章 操作方法 .....	17
3-1. 起動.....	17
3-2. 終了.....	17
3-3. データの解析 .....	18
3-4. データの再解析 .....	22
3-5. 解析結果の保存 .....	23
3-6. Allele の分布確認.....	24
3-7. Matrix の絞込み.....	26
3-8. Circle の表示変更.....	29
3-9. 画像の保存.....	30
3-10. サンプルデータの表示.....	31
3-11. Mac での多重起動.....	32

## はじめに

本説明書では、GMM(Genotype Matrix Mapping)の概要ならびに、操作方法について解説します。

## GMM について

GMM (Genotype Matrix Mapping) は、実験により取得した量的形質と遺伝型の情報から QTL 解析を行い、解析結果をグラフィカルに表示・保存するプログラムです。

主な特徴は下記のとおりです。

- ・ 複数のマーカーの組み合わせを考慮した QTL 解析が可能です。
- ・ 各マーカーのアレルをマトリクス型に表示することで、複数のマーカーの組み合わせによる QTL 解析の結果が直感的に把握できます。

参考文献:

S.Isobe, A.Nakaya and S.Tabata. Genotype Matrix Mapping (GMM): Searching for QTL interactions in genetic variation in complex traits. (2007) DNA Research 14:217-225

動作環境については、表 1-1 をご参照ください。

表 1-1 動作環境

	Windows	Mac OS X
CPU	Pentium4 以降	PPC or Intel
メモリ	512MB 以上 (大規模なデータを解析する際は、より多くのメモリを必要とします)	
ハードディスク	100MB 以上の空き	
OS Version	XP 以降 (64bit 版を推奨)	10.4 以降

※32bit 環境で大規模なデータ解析を行うと、メモリ不足のため計算が止まる可能性があります。

このため、Windows 64bit 版もしくは Mac 版でのご利用をお勧めします。

## 第1章 インストール

この章では、インストールの方法について、ご説明します。

### 1-1.Windows の場合

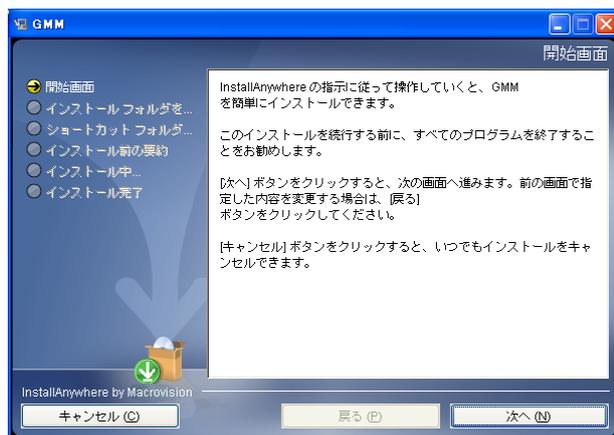
- 1.ダウンロードしたファイル( `install.exe` )  
をダブルクリックして、インストーラを  
起動してください。



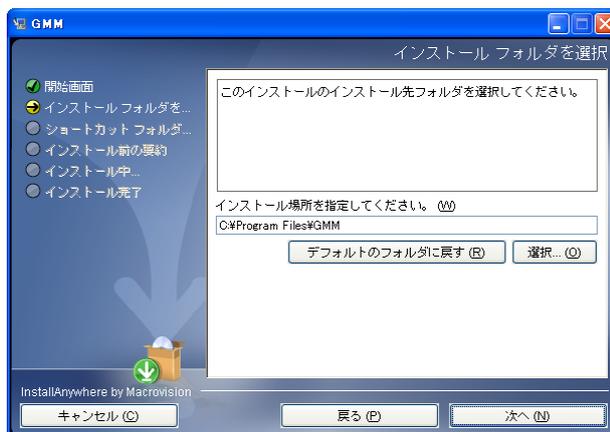
- 2.インストールの準備が完了すると右図の  
ウィンドウが表示されます。「OK」をク  
リックして次へ進んでください。



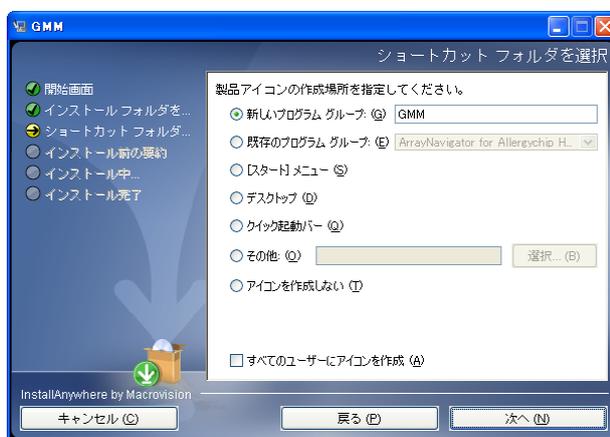
- 3.開始画面が表示されます。「次へ」ボタ  
ンをクリックして次へ進んでください。



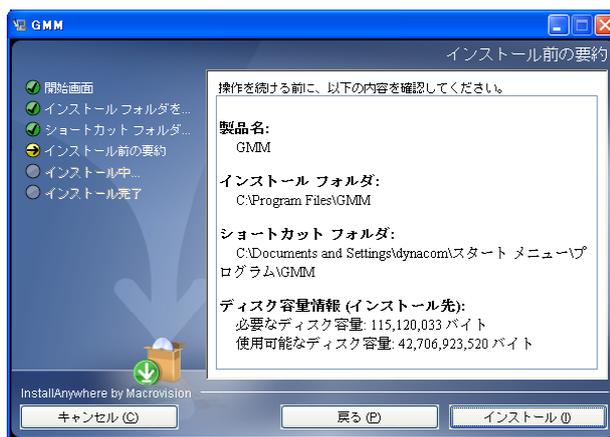
- 4.インストール フォルダの選択画面が表示されます。標準のインストール フォルダから変更したい場合は「選択」ボタンをクリックして変更してください。必要が無い場合には、「次へ」ボタンをクリックして次へ進んでください。



- 5.ショートカット フォルダの選択画面が表示されます。



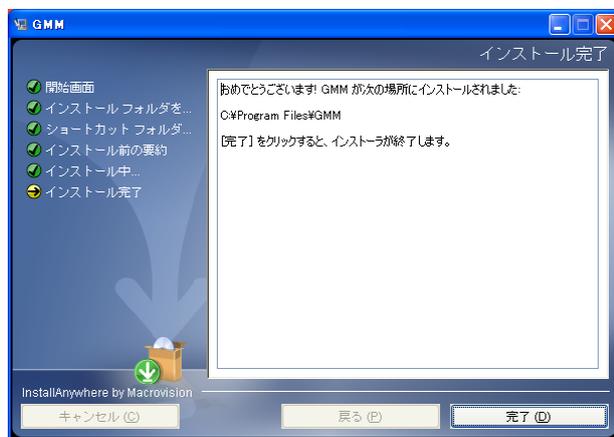
- 6.インストール条件の確認画面が表示されます。内容に問題がなければ「インストール」ボタンをクリックしてインストールを開始してください。



7.インストール中は進捗画面が表示されます。終了までしばらくお待ちください。



8.インストールが終了すると、完了画面が表示されます。「完了」ボタンをクリックして終了してください。



## 1-2. Mac OS X の場合

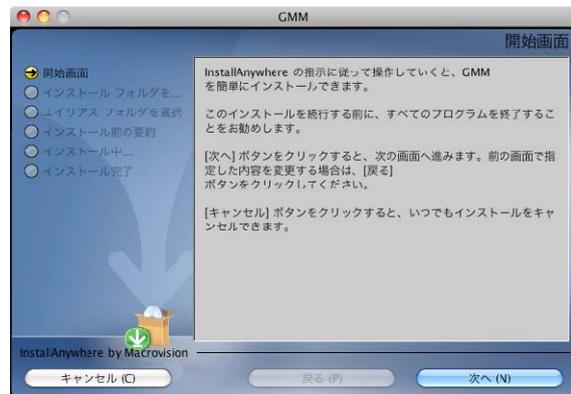
1. ダウンロードしたファイル( `install.zip` ) をダブルクリックして、解凍してください。解凍するとインストーラが作成されますのでダブルクリックして起動してください。



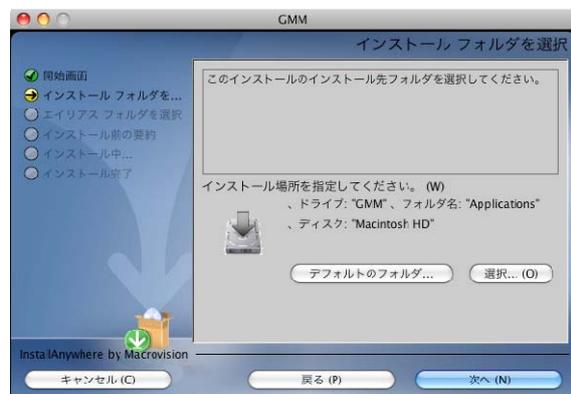
2. インストールの準備が完了すると右図のウィンドウが表示されます。「OK」をクリックして次へ進んでください。



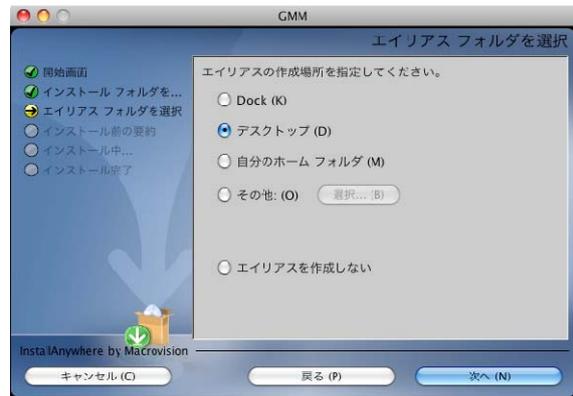
3. 開始画面が表示されます。「次へ」ボタンをクリックして次へ進んでください。



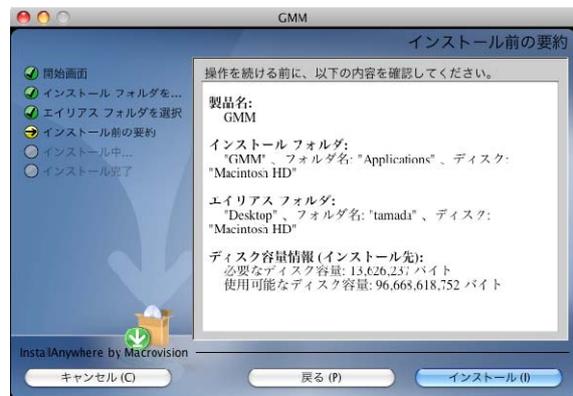
4. インストール フォルダの選択画面が表示されます。標準のインストール フォルダから変更したい場合は「選択」ボタンをクリックして変更してください。必要が無い場合には、「次へ」ボタンをクリックして次へ進んでください。



5.エイリアス フォルダの選択画面が表示されます。



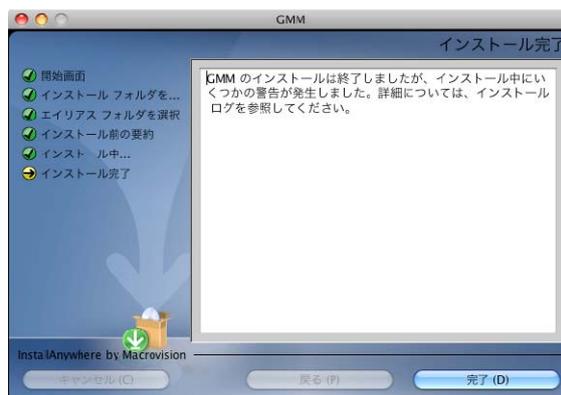
6.インストール条件の確認画面が表示されます。内容に問題がなければ「インストール」ボタンをクリックしてインストールを開始してください。



7.インストール中は進捗画面が表示されます。終了までしばらくお待ちください。



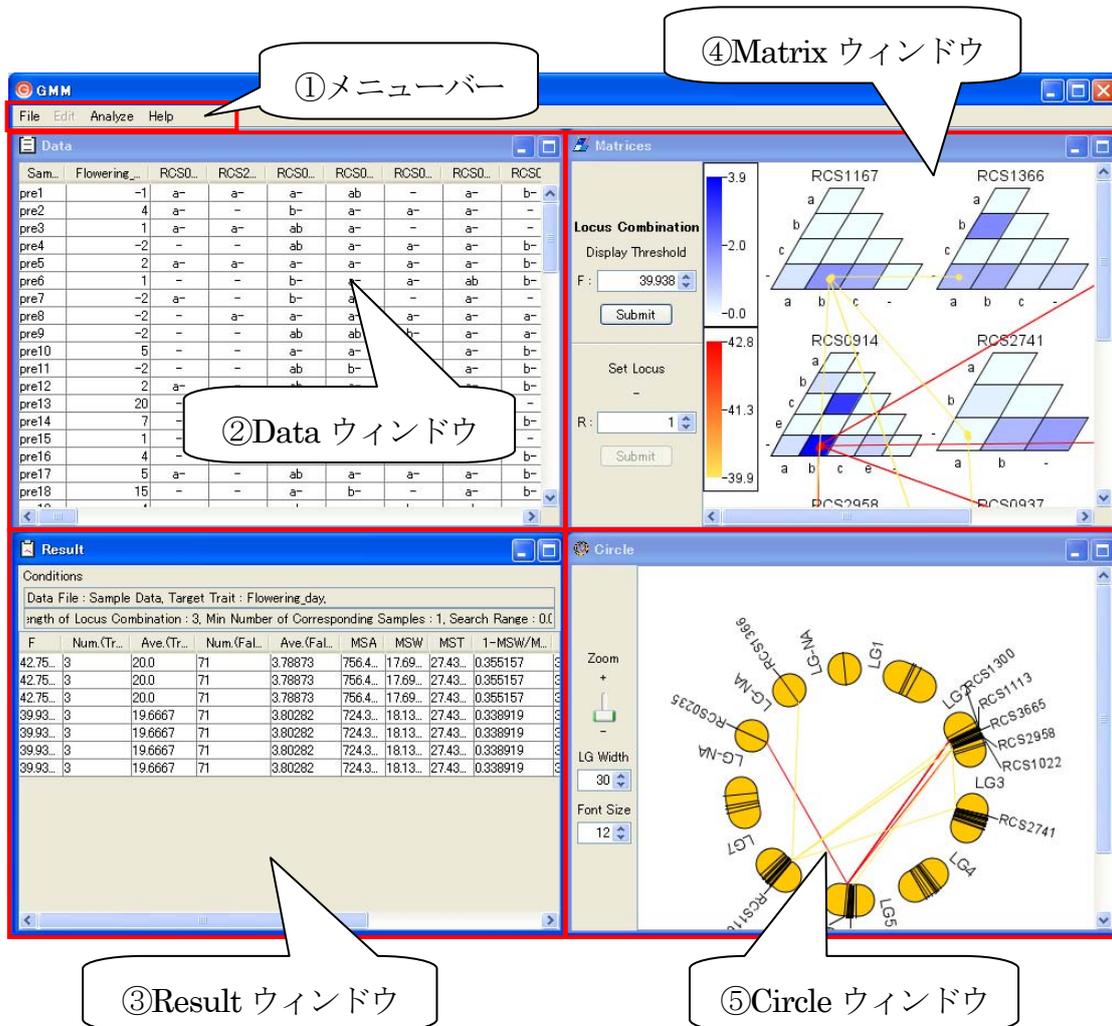
8.インストールが終了すると、完了画面が表示されます。「完了」ボタンをクリックして終了してください。



## 第2章 画面説明

この章では、GMMの各画面についてご説明します。

### 2-1. 全体



GMMは大きく分けて5つの部分から構成されています。

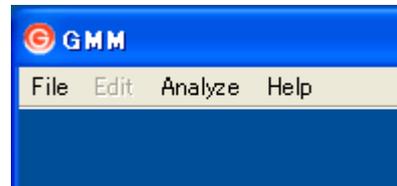
- ① メニューバー 各種の操作を行います。
- ② Data ウィンドウ 解析対象となっているデータが表示されます。
- ③ Result ウィンドウ 解析結果を表形式で表示します。
- ④ Matrix ウィンドウ 解析結果をマトリクス形式で表示します。
- ⑤ Circle ウィンドウ 解析結果を染色体上に当てはめて表示します。

次の項目以降で各部分の説明を行います。

## 2-2. メニューバー

メニューは、以下の内容で構成されています。

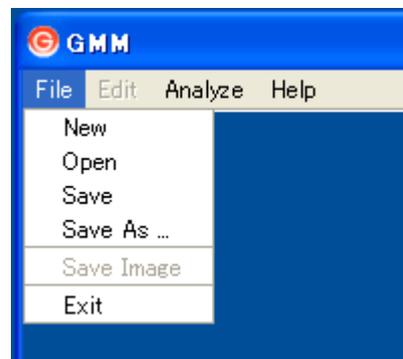
File	ファイルに関する操作を行います。
Analyze	解析を行います。
Help	バージョン情報など表示します。



メニューの各項目は、以下の内容で構成されています。

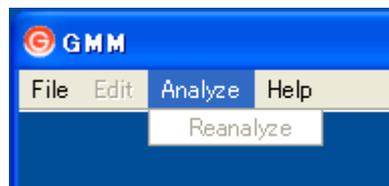
### 1. File メニュー

New	新規にデータを読み込み解析を行います。
Open	既存のファイルを開きます。
Save	現在の内容を GMM 専用の形式で保存します。
Save As	現在の内容を名前をつけて保存します。
Save Image	Matrix または Circle ウィンドウを選択している時に、表示内容を画像として保存します。(PNG または EPS 形式)
Exit	プログラムを終了します。



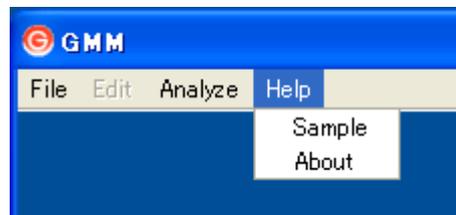
### 2. Analyze メニュー

Reanalyze	現在表示しているデータについて、条件を変えて再解析を行います。
-----------	---------------------------------

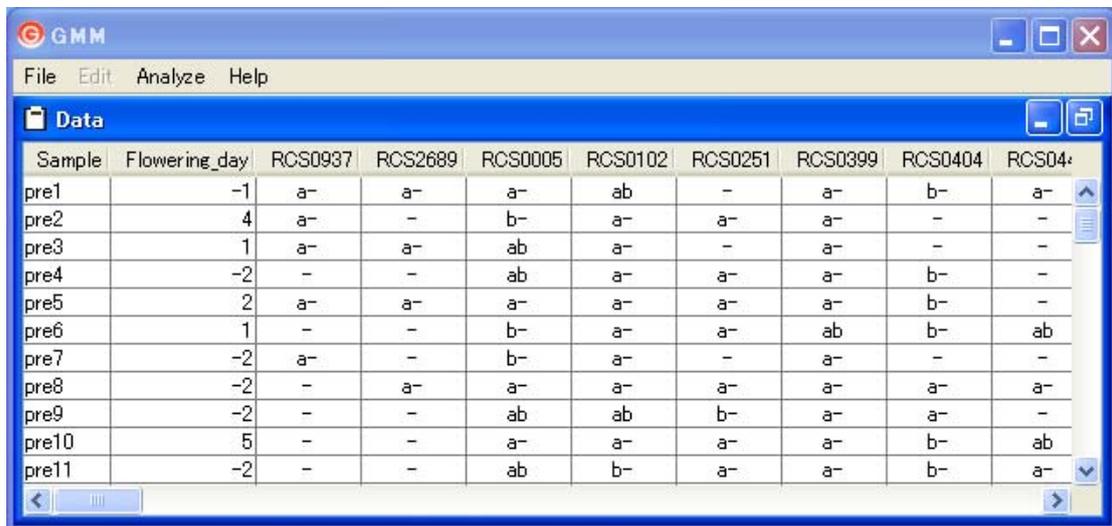


### 3. Help メニュー

Sample	既に解析済みのサンプルデータを開きます。
About	バージョン情報などを表示します。



## 2-3. Data ウィンドウ



The screenshot shows the GMM software interface with a 'Data' window. The window title is 'GMM' and it has a menu bar with 'File', 'Edit', 'Analyze', and 'Help'. The 'Data' window contains a table with the following data:

Sample	Flowering_day	RCS0937	RCS2689	RCS0005	RCS0102	RCS0251	RCS0399	RCS0404	RCS0404
pre1	-1	a-	a-	a-	ab	-	a-	b-	a-
pre2	4	a-	-	b-	a-	a-	a-	-	-
pre3	1	a-	a-	ab	a-	-	a-	-	-
pre4	-2	-	-	ab	a-	a-	a-	b-	-
pre5	2	a-	a-	a-	a-	a-	a-	b-	-
pre6	1	-	-	b-	a-	a-	ab	b-	ab
pre7	-2	a-	-	b-	a-	-	a-	-	-
pre8	-2	-	a-						
pre9	-2	-	-	ab	ab	b-	a-	a-	-
pre10	5	-	-	a-	a-	a-	a-	b-	ab
pre11	-2	-	-	ab	b-	a-	a-	b-	a-

このウィンドウでは、計算に使用した量的形質と遺伝型の情報を表示します。横方向に1つのサンプルについての情報が記載されています。

各カラムの内容は下記のとおりです。

- 第1カラム                    サンプル名を表示しています。
- 第2カラム                    データを読み込む際に選択した、量的形質データを表示しています。
- 第3カラム以降                各マーカーの遺伝型を表示しています。

なお、データ中の「\*」は欠損値として扱われ、解析から除外されます。

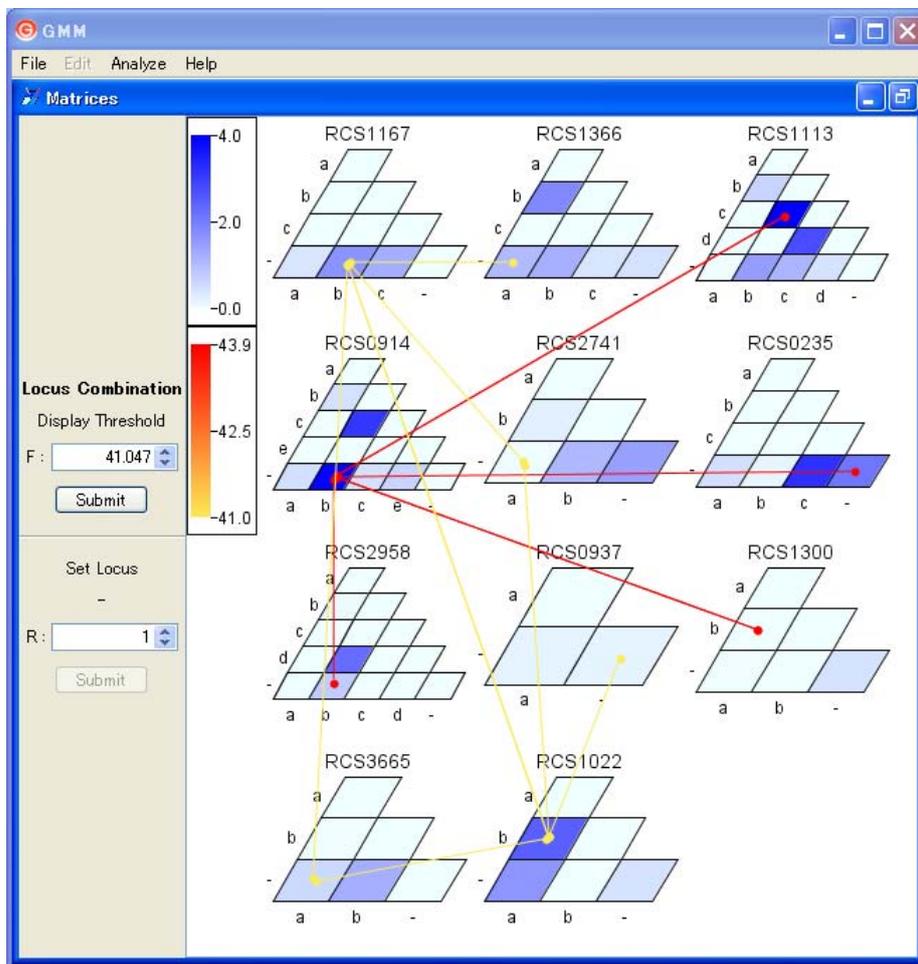
## 2-4. Result ウィンドウ

F	Num.(True)	Ave.(True)	Num.(False)	Ave.(False)	MSA	MSW	MST	1-MSW/MST	Length	Locus(allele)
42.75...	3	20.0	71	3.78873	756.4...	17.69...	27.43...	0.355157	3	RCS2958(b-) RCS0914(b-) RCS1300(ab)
42.75...	3	20.0	71	3.78873	756.4...	17.69...	27.43...	0.355157	3	RCS1113(bc) RCS0914(b-) RCS0235(-)
42.75...	3	20.0	71	3.78873	756.4...	17.69...	27.43...	0.355157	3	RCS1113(bc) RCS0914(b-) RCS1300(ab)
39.93...	3	19.6667	71	3.80282	724.3...	18.13...	27.43...	0.338919	3	RCS1366(a-) RCS1167(b-) RCS1022(ab)
39.93...	3	19.6667	71	3.80282	724.3...	18.13...	27.43...	0.338919	3	RCS1167(b-) RCS3665(a-) RCS1022(ab)
39.93...	3	19.6667	71	3.80282	724.3...	18.13...	27.43...	0.338919	3	RCS1167(b-) RCS2741(a-) RCS1022(ab)
39.93...	3	19.6667	71	3.80282	724.3...	18.13...	27.43...	0.338919	3	RCS1167(b-) RCS1022(ab) RCS0937(-)

このウィンドウでは、QTL解析の結果を表示します。表の上の部分には、解析プログラムのバージョン、解析条件などの情報が表示されます。

- F QTL解析の統計値を表示しています。
- Num.(True) Locus(allele)と一致するサンプルの数を表示しています。
- Ave.(True) Locus(allele)と一致するサンプルの量的形質の平均値を表示しています。
- Num.(False) Locus(allele)と一致しないサンプルの数を表示しています。
- Ave.(False) Locus(allele)と一致しないサンプルの量的形質の平均値を表示しています。
- MSA 級間分散
- MSW 級内分散
- MST 総分散
- 1-MSW/MST 説明された分散
- Length 遺伝型の組み合わせの長さを表示しています。
- Locus(allele) 遺伝型を表示しています。

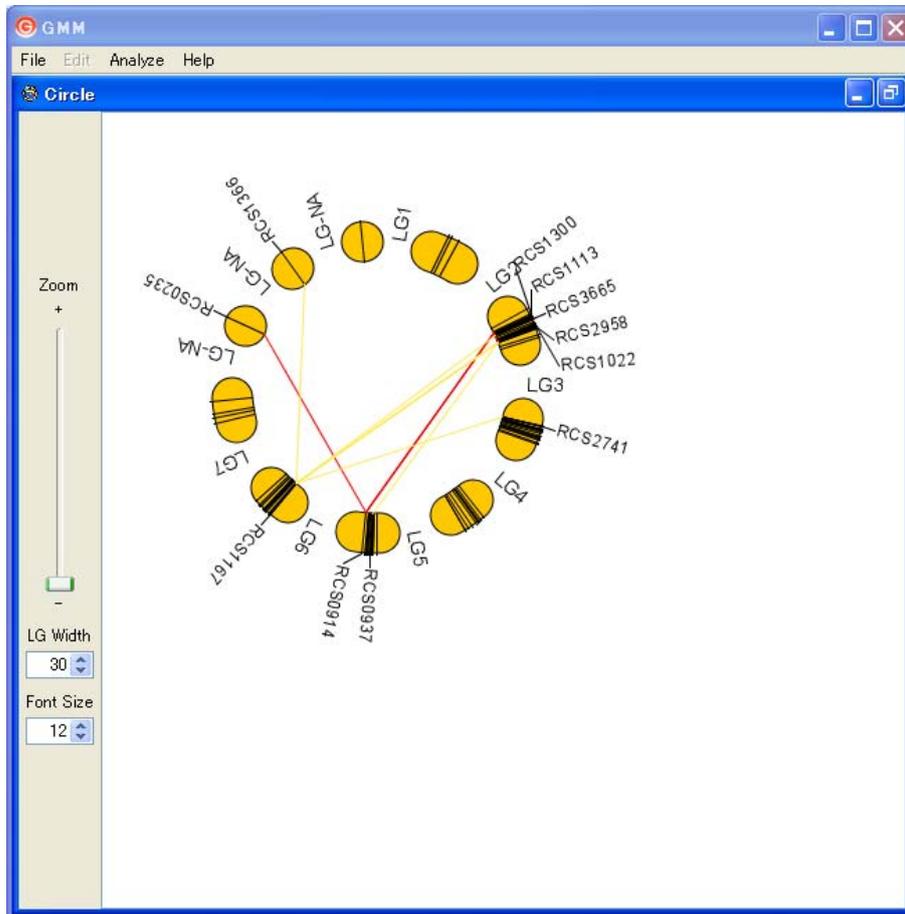
## 2-5. Matrix ウィンドウ



このウィンドウでは、**QTL** 解析の結果をマトリクス形式でグラフィカルに表現します。

マトリクス	各マトリクスは1つのマーカーをあらわします。 マトリクスの各セルは、単独の遺伝型での <b>QTL</b> 解析結果に該当し、統計値によって色分けされて描画されています。
セルを繋ぐ線	セルを繋いでいる線が、遺伝型を組み合わせた <b>QTL</b> 解析結果に該当し、統計値によって色分けされて描画されています。
青いグラデーション	単独の遺伝型で <b>QTL</b> 解析を行った場合の統計値を青いグラデーションで表現しています。
赤いグラデーション	遺伝型の組み合わせで <b>QTL</b> 解析を行った場合の統計値を赤いグラデーションで表現しています。
Display Threshold	表示するセルを繋ぐ線を、Threshold に指定した数値で絞込みます。
Set Locus	表示するマトリクスを、選択しているセルと繋がっているマーカーに絞り込みます。

## 2-6. Circle ウィンドウ



このウィンドウでは、解析結果をサークルで表した染色体上に画像を表示します。  
なお、このウィンドウは、データ解析の際に染色体情報ファイルを指定した場合にのみ表示されます。

染色体	染色体をサークル状に描画し、QTL 解析の結果関連が見つかったマーカーを描画します。
染色体を繋ぐ線	サークルの内側で染色体を繋いでいる線が、遺伝型を組み合わせた QTL 解析結果に該当し、統計値によって色分けされて描画されています。
Zoom	描画するサークルの大きさを指定します。
LG Width	描画する染色体のの太さを指定します。
Font Size	描画するマーカー名の文字の大きさを指定します。

## 第3章 操作方法

この章では、GMM の操作方法についてご説明します。

### 3-1. 起動

#### <Windows の場合>

プログラムを起動するには、スタートメニューから、「すべてのプログラム→GMM →GMM」を選択してください。



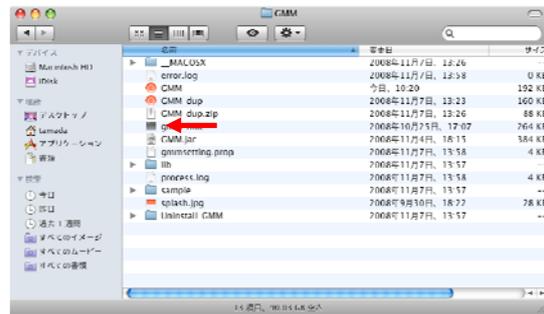
インストールの際にデスクトップにアイコンを作成した場合は、デスクトップ上の「GMM」アイコンをダブルクリックしてください。

#### <Mac OS X の場合>

デスクトップ上の「GMM Alias」アイコンをダブルクリックしてください。

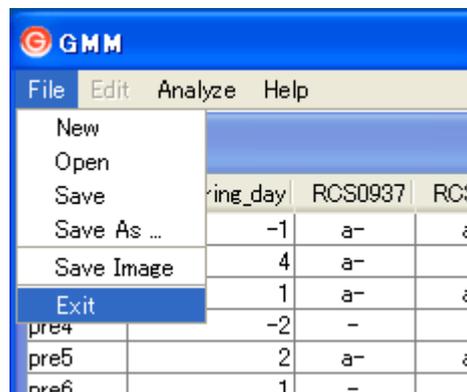


インストールの際にエイリアスを作成しなかった場合は、アプリケーション フォルダ内にある GMM フォルダから GMM を直接起動してください。



### 3-2. 終了

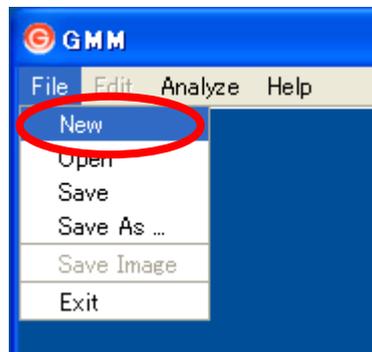
メニューバーから、「File→Exit」を選択してください。ウィンドウ右上の×ボタンで終了することも可能です。



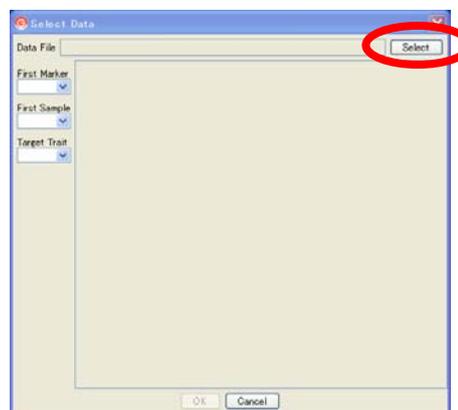
### 3-3. データの解析

新規にデータを解析する方法は下記のとおりです。

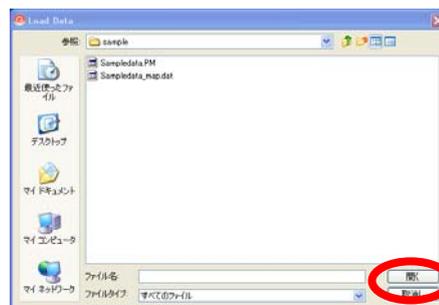
1. メニューバーから「File→New」を選択してください。



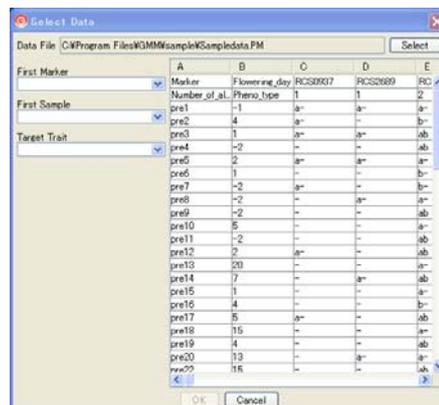
2. Select Data ウィンドウが表示されます。  
「Select」ボタンを押してください。



3. ファイル選択ダイアログが表示されます。量的形質と遺伝型の情報が格納されたファイルを指定し、「開く」ボタンを押してください。  
なお、読み込み可能なファイルの形式はタブ区切りテキストのみです。

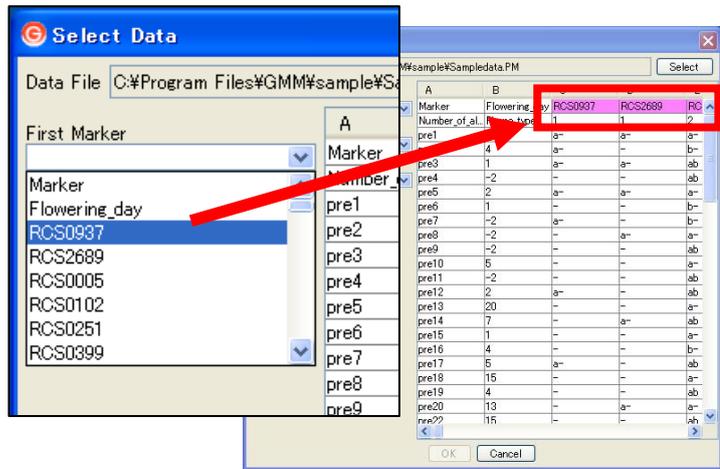


4. 指定したファイルが読み込まれ、表に表示されます。  
次ページで、解析に使用するデータの範囲を指定する方法を説明します。

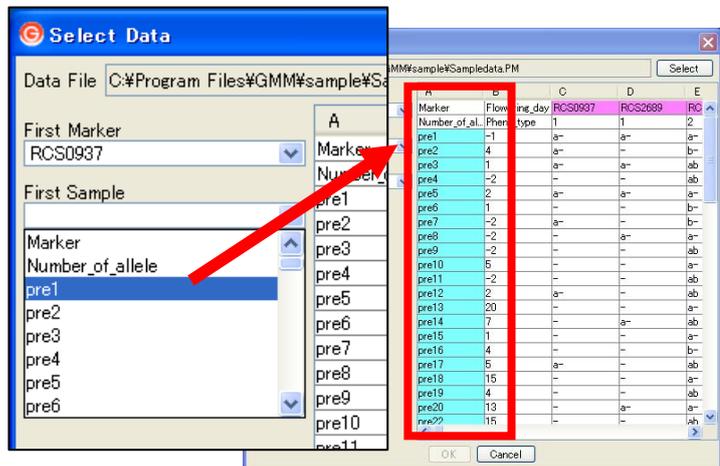


5. 解析に使用するデータの範囲を指定します。

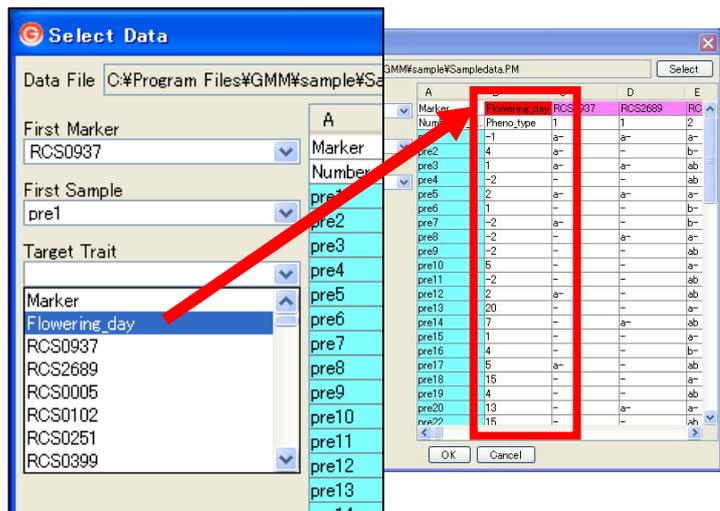
First Marker 欄に、1 列目のデータの中から遺伝型の記述が始まる位置をを指定してください。選択したマーカー名より右側がピンクで表示され、その部分がマーカーおよび遺伝型として扱われます。



First Sample 欄に1カラム目のデータの中からサンプルの記述が始まる位置を指定してください。選択したマーカー名より下側が水色で表示され、その部分がサンプルとして扱われます。

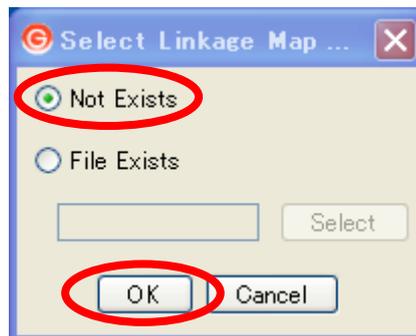


Target Trait 欄に解析対象となる量的形質を指定してください。選択したセルが赤で表示され、そのカラムが量的形質として扱われます。

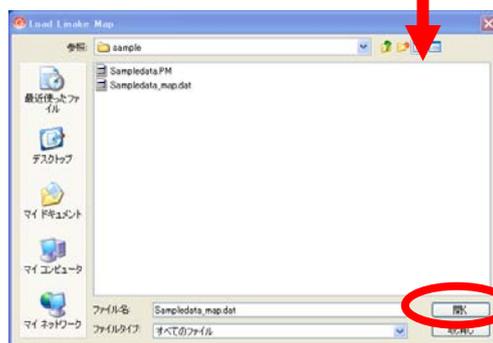
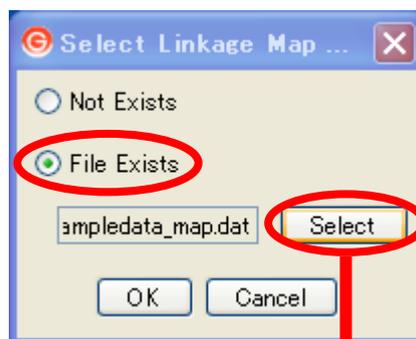


指定が終了したら「Select」ボタンを押してください。

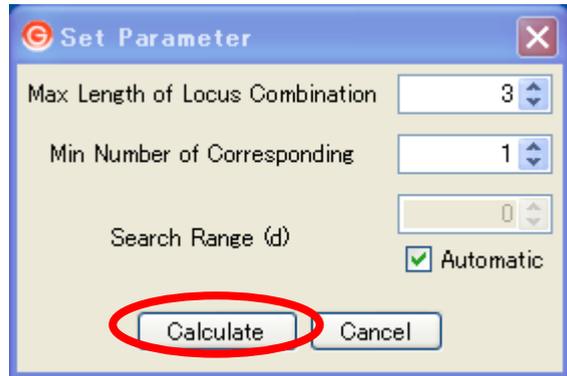
6. Select Linkage Map Data ウィンドウが表示されます。  
染色体情報がない場合は「Not Exists」にチェックを付け、「OK」ボタンを押して次の項目へ進んでください。



染色体情報がある場合は「File Exists」にチェックを付け、「Select」ボタンを押してください。  
ファイル選択ダイアログが開くので、染色体情報が格納されているファイルを指定して「開く」ボタンを押してください。  
ファイルを指定したら、「OK」ボタンを押してください。



7. Set Parameter ウィンドウが表示されます。  
 パラメータをセットした後、「Calculate」  
 ボタンを押してください。



各パラメータの内容は以下です。

Max Length of Locus Combination

組み合わせの最大長を指定します。

Min Number of Corresponding

条件を満たすサンプル数の下限を指定します。

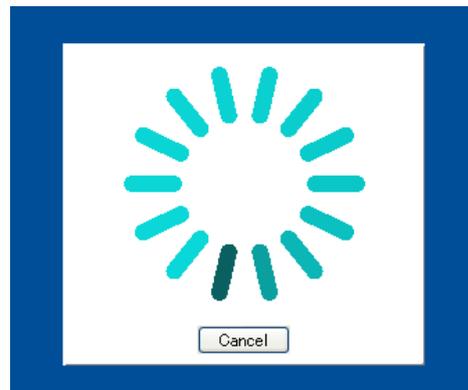
Search Range

探索範囲を指定します。

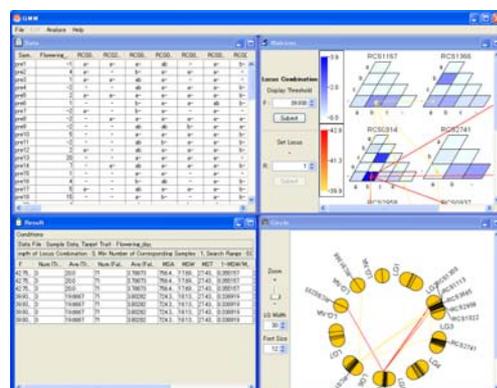
Automatic

探索範囲を自動で設定する場合は、チェックをしま  
 す。(計算に時間がかかります。)

8. 解析中は右の画面が表示されます。  
 しばらくお待ちください。



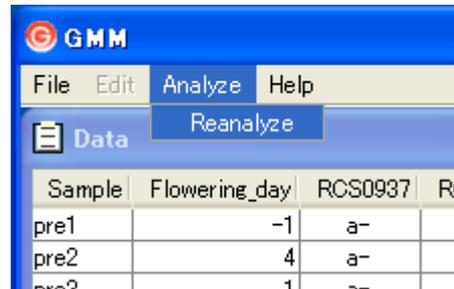
9. 解析が終了すると結果が表示されます。  
 画面右下の Circle ウィンドウは、染色体情報  
 を指定した場合のみ表示されます。



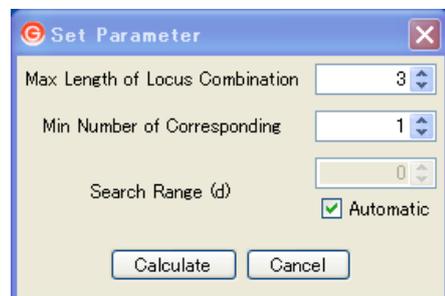
### 3-4. データの再解析

現在取り込んでいるデータで、パラメータを変更して再解析を行うことができます。再解析の方法は下記のとおりです。

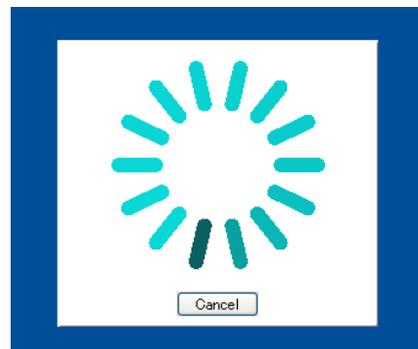
1. メニューバーから「Analyze→Reanalyze」を選択してください。



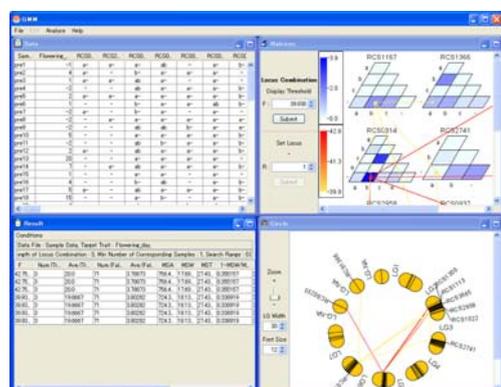
2. パラメータを指定します。  
詳細については、「3-3.データの解析」を参照してください。



3. 解析中は右の画面が表示されます。  
しばらくお待ちください。



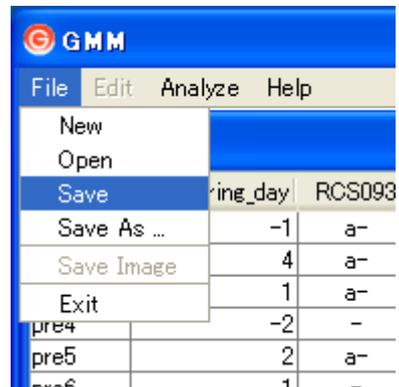
4. 解析が終了すると結果が表示されます。  
画面右下の Circle ウィンドウは、染色体情報を指定した場合のみ表示されます。



### 3-5. 解析結果の保存

解析結果は、専用のファイル形式で保存が可能です。保存方法は下記のとおりです。

- 1.メニューバーから「File→Save」または「Save As」を選択してください。



- 2.ダイアログが表示されるので、保存する名前を入力して「保存」ボタンを押してください。

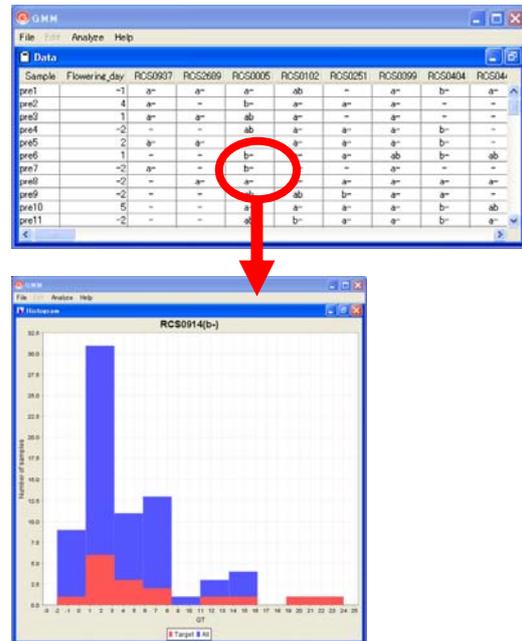


### 3-6. Allele の分布確認

QTL 解析の結果の他に指定したアレルの分布を確認することができます。方法は下記の 3 種類があります。

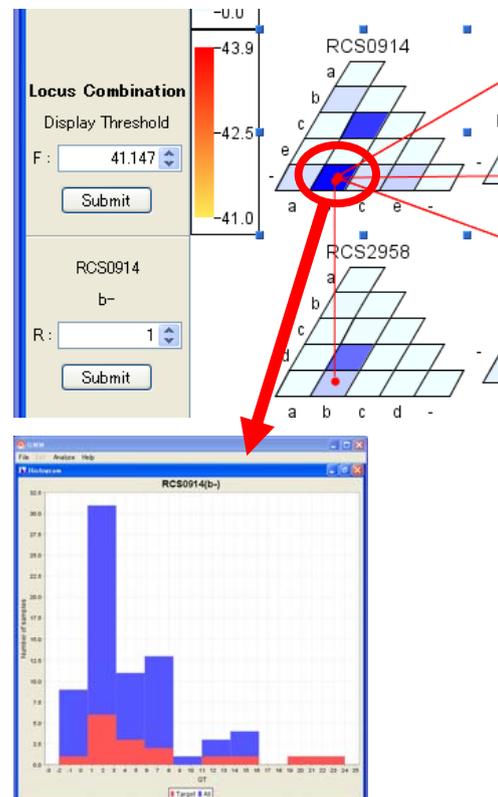
#### <Data のセルを選択>

Data ウィンドウのアレルが表示されているセルをダブルクリックすると、選択したセルのアレルについて、全体に占める割合をヒストグラムとして表示します。



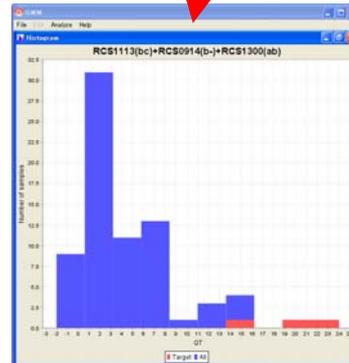
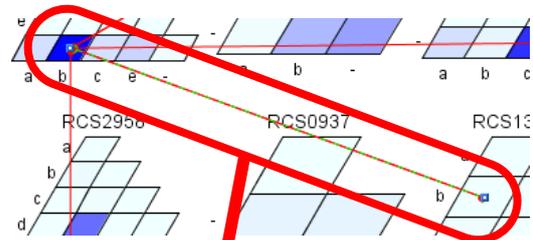
#### <Matrix のセルを選択>

Matrix ウィンドウのセルをダブルクリックすると、選択したセルのアレルについて、全体に占める割合をヒストグラムとして表示します。



### <Matrixの線を選択>

線をダブルクリックすると、選択した線に関連付けられているアレルの組み合わせについて、全体に占める割合をヒストグラムとして表示します。



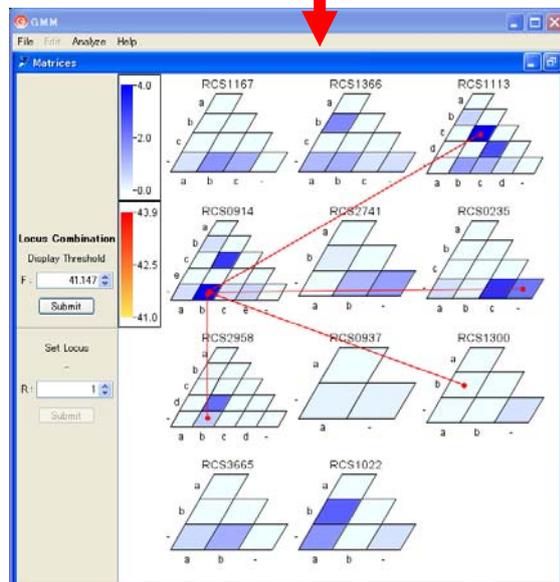
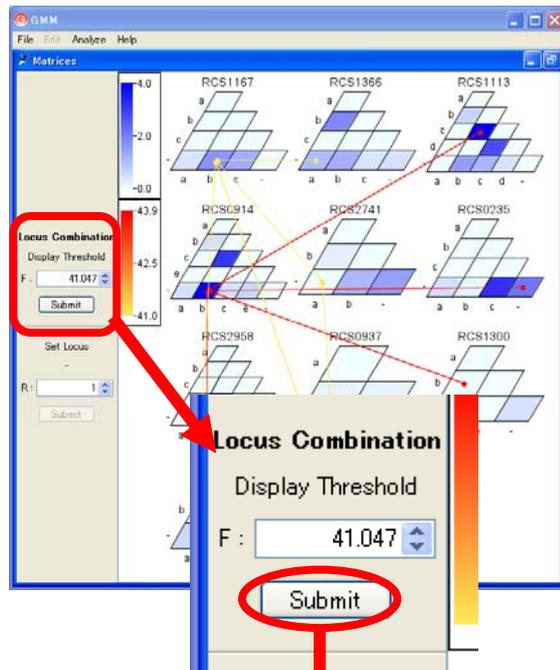
### 3-7. Matrix の絞込み

Matrix ウィンドウでは、表示する線の絞込みと、表示するマトリクス自体を絞り込むことが可能です。方法は下記のとおりです。

#### <線の絞込み>

画面左側の「F:」欄で Threshold の値を設定し、「Submit」ボタンを押してください。

指定した数値より上の値の線のみが、右の画像に表示されます。



### <表示するマトリクスの絞込み>

線のあるセルを選択し、繋がっているマトリクス  
のみに絞り込むことができます。

マトリクス上にあるセルをクリックすると、現在  
選択されているセルのマーカとアレルが、左側に  
表示されます。

この状態で、「R:」を指定し、「Submit」ボタンを  
押してください。選択したセルと繋がっているマト  
リクスが別ウィンドウに表示されます。

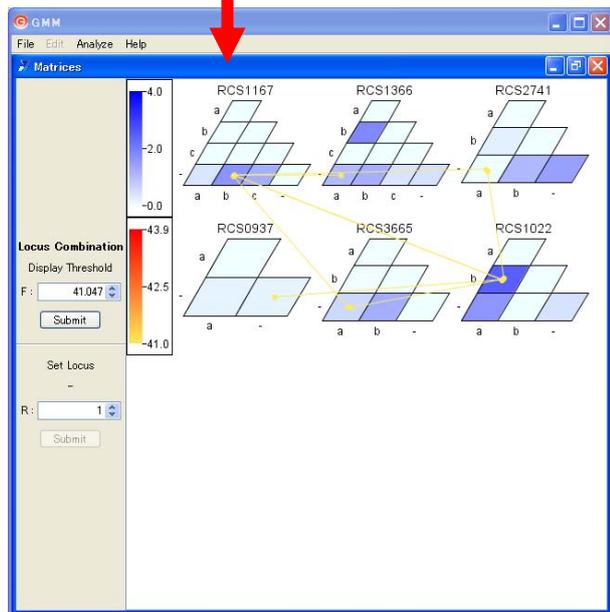
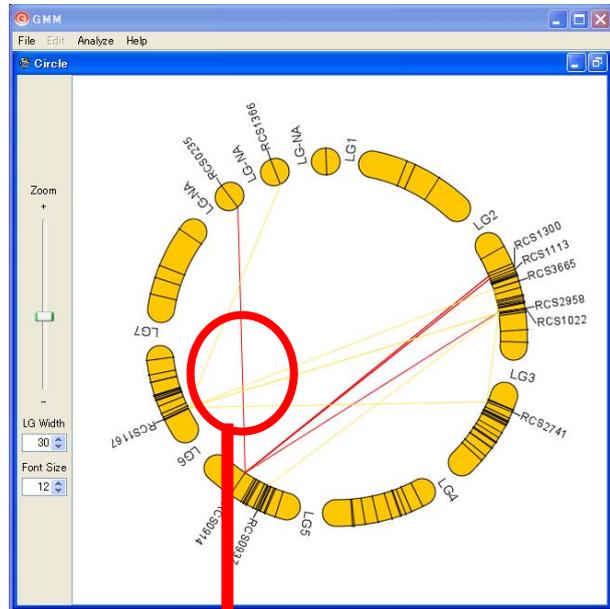
The image illustrates the process of filtering matrices based on a selected cell. The main window shows the 'Locus Combination' panel with a 'Display Threshold' of 41.147 and a 'Submit' button. Below it, a matrix for RCS0914 is shown with a selected cell at row 'b', column 'c'. A red circle highlights this cell, and a red arrow points to a secondary window titled 'Matrices' showing a filtered view of RCS0914, RCS2958, and RCS1300. Another red arrow points to a third window titled 'Matrices' showing a filtered view of RCS1113, RCS0914, RCS0235, RCS2958, and RCS1300. The 'R:' field in the main window is set to '2'.

「R: 1」の場合

「R: 2」の場合

### <Circleからの表示するマトリクスの絞込み>

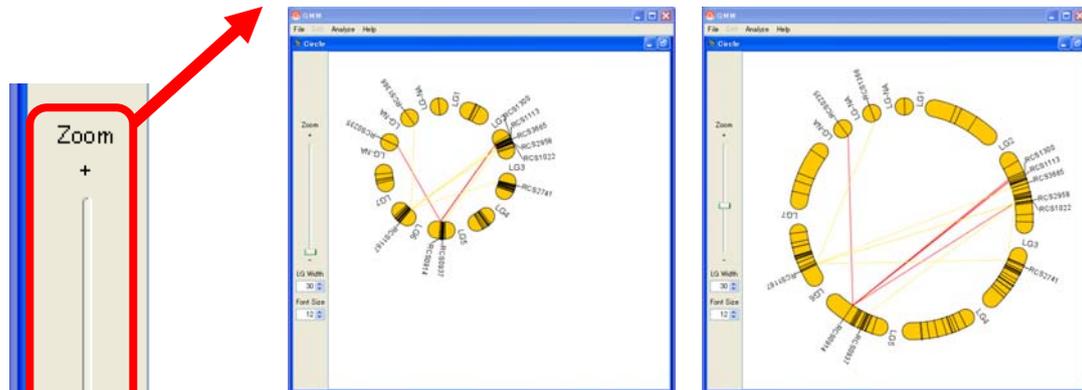
サークルの内部にある線をダブルクリックすると、該当するマトリクスを別ウィンドウに表示します。



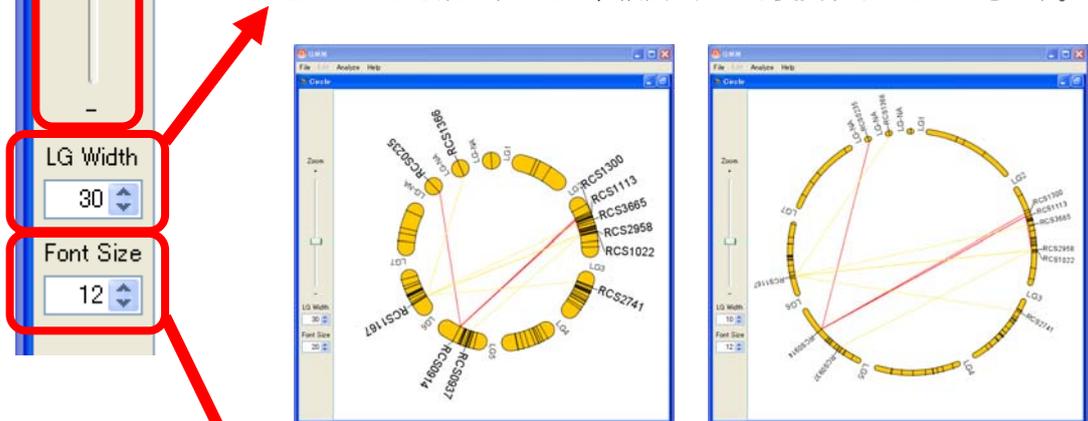
### 3-8. Circle の表示変更

Circle ウィンドウの表示は拡大縮小、染色体の幅、フォントサイズの変更が可能です。

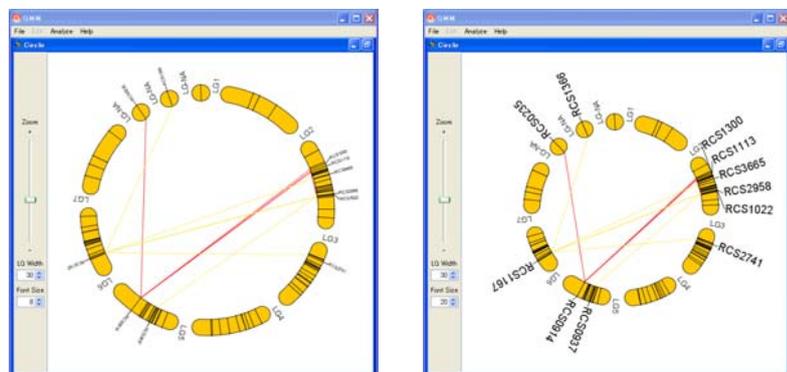
Zoom スライダーを動かして、拡大縮小することができます。



LG Width を動かすことで、描画の太さを変更することができます。



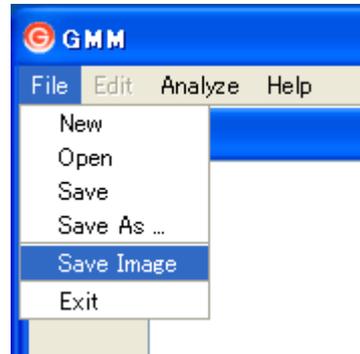
Font Size を動かすことで、フォントの大きさを変更することができます。



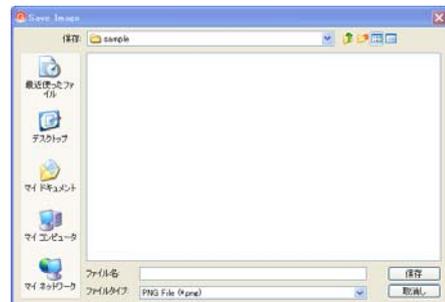
### 3-9. 画像の保存

Matrix ウィンドウと Circle ウィンドウの内容は、画像として保存することができます。

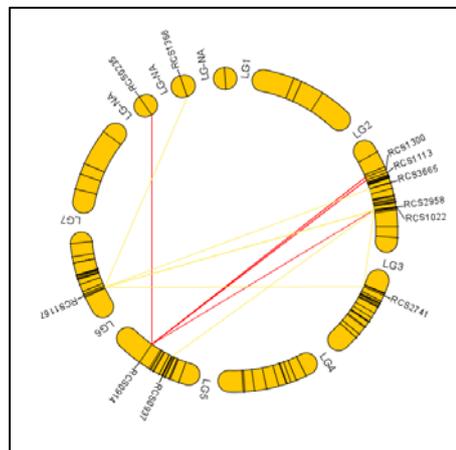
1. 保存したい画像が表示されている画面で、メニューバーから「File→Save Image」を選択してください。



2. ファイル ダイアログが表示されます。ファイル名とファイルタイプ（「EPS」と「PNG」が選択可能）を指定し、「保存」ボタンを押してください。



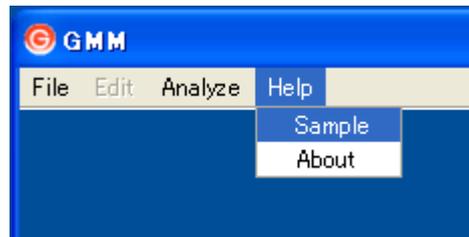
3. 画像が保存されます。



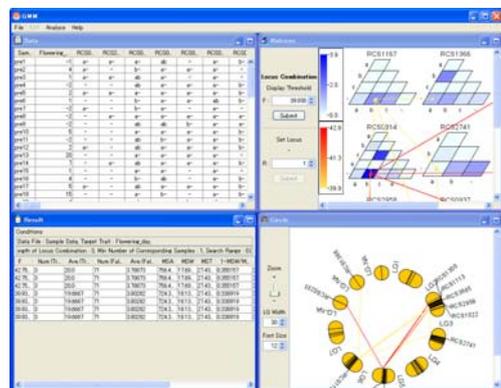
### 3-10. サンプルデータの表示

手持ちの量的形質と遺伝型の情報がない場合でもサンプルデータを用いて GMM の機能をご確認いただけます。方法は下記のとおりです。

1. メニューバーから「Help→Sample」を選択してください。



2. 解析済みのサンプルデータが表示されます。



### 3-11. Mac での多重起動

Mac OS X では、OS の制限により多重起動ができないようになっています。解析の際には、多重起動ができたほうが都合が良い場合もありますので、OS の制限を回避して多重起動を行う方法を説明します。

アプリケーション フォルダ内にある GMM フォルダから GMM\_dup をダブルクリックして起動してください。

2回目以降も GMM\_dup を起動していただくことで多重起動が可能になります。

