

G-languageGAE 基本操作

Step 0 - 準備 -

KNOB を使うか G-language Project 公式ウェブページ からパッケージをダウンロードしてきてインストールする。

Step 1 -G-language System の起動

例えばカレントディレクトリにある "bsub.gbk" というデータファイル (Bacillus subtilis のコンプライートゲノム) を読み込む場合、テキストエディタに以下の二行を書き込むだけで準備は完了する。

```
use G;  
$gb = new G("bsub");
```

この Perl スクリプト (ファイル名を test.pl とする) を実行すれば、G-language System が起動する。

```
perl test.pl [ENTER]
```

出力例 :

```
_____  
      G-language System  
Version: 1.6.10  
Copyright (C) 2001-2007 G-language Project  
Institute of Advanced Biosciences,  
Keio University, JAPAN  
  
http://www.g-language.org/  
_____
```

Accession Number: AL009126

```
Length of Sequence : 4214814  
A Content : 1187757 (28.18%)  
T Content : 1192867 (28.30%)  
G Content : 915023 (21.71%)  
C Content : 919167 (21.81%)  
Others : 0 (0.00%)  
AT Content : 56.48%  
GC Content : 43.52%
```

Step 2 - 標準関数の使用例 (1) : 遺伝子全体でのコドン使用頻度の解析

B. subtilis ゲノム全体のコドン使用頻度を解析する場合、Step 1 で作成した Perl スクリプトに、codon_usage() 関数を使用する一行を書き足す。(\$gb を引数として渡す)

```
use G;  
$gb = new G("bsub");  
codon_usage($gb);
```

上記スクリプトを実行すると、コドン使用頻度がディスプレイに出力されるとともに、コドンテーブルが表示される。

Step 3 - 標準関数の使用例（2）：遺伝子毎のコドン使用頻度の解析

codon_usage() 関数は、以下のオプションを持つ。

option	description
-CDSid	コドン使用頻度を計算する CDS の ID を指定。デフォルトは全遺伝子で計算する。
-output	出力先を指定。'stdout' はディスプレイ出力、'f' はファイル出力。デフォルトは 'stdout'。
-filename	出力ファイル名を指定。デフォルトは 'codon_usage.csv'。

オプションは

```
codon_usage($gb, -output=>'f', -filename=>'bsub_CodonUsage.csv');
```

のように、"-" をオプション名の頭に付け、"=>" で値と結ぶ。

特定の遺伝子のコドン使用頻度を計算したい場合、Step 1 で作成したスクリプトを以下のように書き換える。（'CDS113' は、伸長因子をコードする遺伝子 tufA に対応している）

```
use G;  
$gb = new G("bsub");  
codon_usage($gb, -CDSid=>'CDS113');
```

このスクリプトを実行すると、tufA 遺伝子のコドン使用頻度がディスプレイに出力される。

Step 4 - より高度な解析のために

G-language System はゲノム解析関数だけでなく、ゲノムデータベースを扱い易くするためのプラットフォームを提供する。そのプラットフォームとは、\$gb という G-language System のインスタンスから呼び出せる関数であり、遺伝子毎の処理、開始コドン・終止コドン周辺の処理、イントロン・エキソン処理など多岐に渡る。

例えば、\$gb->cds() は、\$gb に格納されている全 CDS を配列で返す。step 3 で作成した tufA 遺伝子のコドン使用頻度解析のためのスクリプトは、\$gb->cds() を使って以下のように書き換えても同じ結果が得られる。

```
use G;  
$gb = new G("bsub");  
  
foreach $cds ($gb->cds()){  
    if($gb->{$cds}->{gene} = /tufA/){  
        codon_usage($gb, -CDSid=>$cds);  
    }  
}
```

} }