Sequence Manager

Sequence Manager 主要的功能是作序列的使用管理和編輯。利用 SeqWeb 來進行分析的序列檔案，都必須先存放在 Sequence Manager 中才可進行分析，也必須使用 Sequence Manager 進行 GCG 主機與個人電腦之間檔案的傳送。Sequence Manager 可以將使用者所有的序列資訊列出，同時並可用來檢視、新增、編輯、複製，以及刪除或存取序列檔案，並且可以經由 Sequence Manager 來使用 project management ，且在各個序列分析程式中均可直接自 Sequence Manager 中讀取檔案，因此能夠熟練的操作 Sequence Manager 將使序列分析的工作更有效率。

■ 進入 Sequence Manager

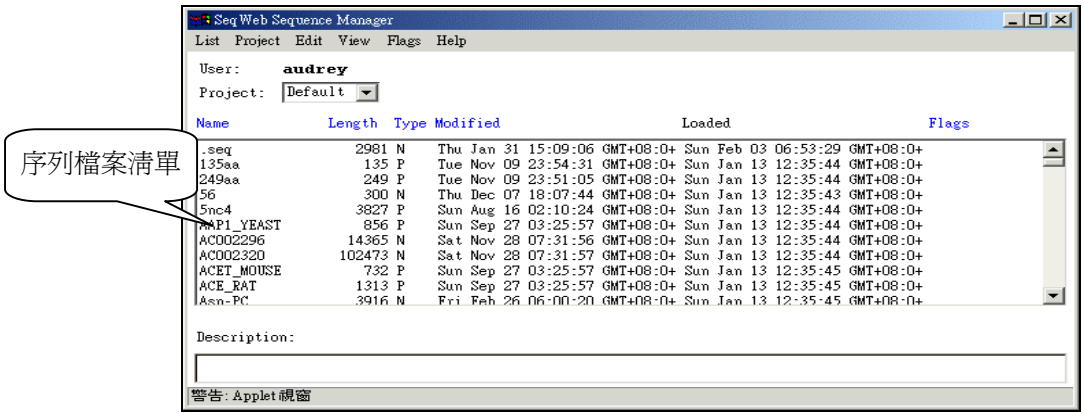
步驟：

A. 進入 SeqWeb 主網頁

B. 由網頁左上方選單點選 Managers, 主網頁左下方會出現四項 manager 選單

C. 由四項 manager 選單點選 Sequence，即可進入 Sequence Manager 畫面。Sequence manager 的六個功能選項 List, Project, Edit, View, Flag, Help 會顯示在畫面上方，User Name 會列出，Project 選 Default，然後就是序列檔案清單。

D. 在 Sequence Manager 中用滑鼠點一下檔案或 Project 就表示已選取(Select，背景呈深藍色)，再按一下就表示取消(Deselect，背景回復白色)。



■ 加入序列檔案（add sequence）

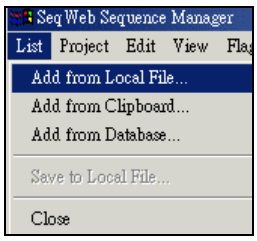
當使用者已經有一段序列：來源可以是 sequencing 的結果、或是由 paper 上 copy 而來，這些存於使用者電腦裡的序列文字檔，都可以利用這項功能加入到 SeqWeb 之中。

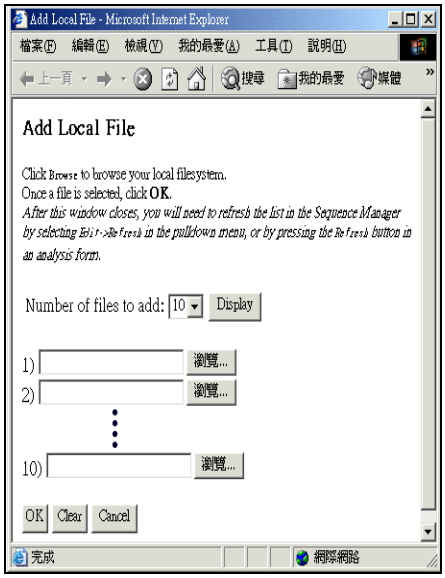
Sequence manager 主要是用 **List** 的功能來加入序列檔案，加入檔案後點選 **Edit**，再按 refresh，就可在 Sequence manager 視窗看到新增的檔案。加入序列檔案的方式有三種，Add From Local File、Add From Clipboard、及 Add From Database 分別敘述如下：

A. Add From Local File --從 PC 中加入序列檔案

步驟：

1. 點選 **List**，然後點選 **Add From Local File**，出現 Add From Local File 視窗
   或：在分析程式中 Input Sequence 處點選 **Add From Local File**
2. 選擇要加入的檔案數目,每次最多可加入 20 個檔案，也可以不選。
3. 依次加入序列檔案後按 OK。加入檔案的方式如右：





A. 直接輸入 PC 的檔案路徑、目錄及檔案名稱。

B. 或點選「瀏覽」，找到 PC 中檔案後點選檔案，檔案路徑、目錄及檔案名稱就會顯示出來。點選「瀏覽」時記得將檔案類型設為「所有檔案」，會較容易找到想上傳的檔案。

4. 請注意：檔案若為 SeqWeb 所接受的檔案格式，則可直接上載。其他檔案請先存成純文字檔(*.txt)，且檔案最好只包含序列本身，因為上載後將只保留序列部份，說明的部份會消失。SeqWeb 接受的檔案格式如下列：

GCG sequence file format：single sequence files in GCG format, MSF files, RSF files

Non-GCG sequence formats：FastA, EMBL, GenBank, NCBI report format, Staden, IntelliGenetics, ABI trace files

B. Add From Clipboard --直接鍵入 sequence，存成序列檔案

步驟：

1. 點選 **List**，然後點選 **Add From Clipboard**，出現 Add From Clipboard 視窗
   或：在分析程式中 Input Sequence 處點選 **Add From Clipboard**
2. 鍵入序列後按 OK。鍵入序列的步驟如下：
   a. Name：輸入檔案名稱，一定要填。
   b. Description line：填寫對序列的描述文字，可以不填。
   c. Reference：填寫列來源或參考文獻，可以不填。
   d. Sequence Data：可以在此直接用鍵盤 key in 序列，或是用 copy / paste 的方式輸入序列。

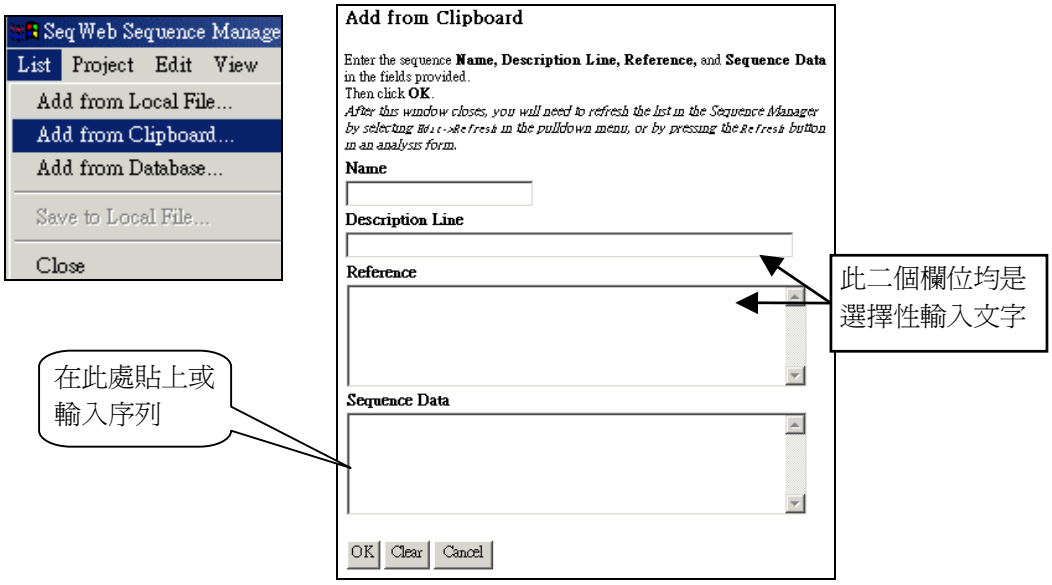
請注意：蛋白質序列請以**單一字母**來表示一個胺基酸，如果是以三個字母來表示(例 Gly 或 GLY)，Sequence Manager 會誤認為是三個不同的胺基酸。Sequence Manager 可辨識的字母及符號如下列，Sequence Manager 也可辨識

空格(space)。

字母：A B C D E F G H I K L M N P Q R S T U V W X Y Z (not J or O)

(小寫) a b c d e f g h i k l m n p q r s t u v w x y z (not j or o)

符號： .(period)　~(tilde)　* (asterisk)

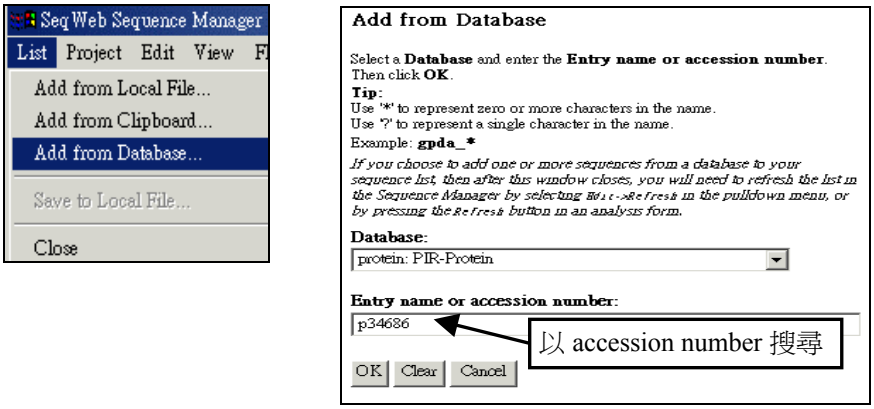


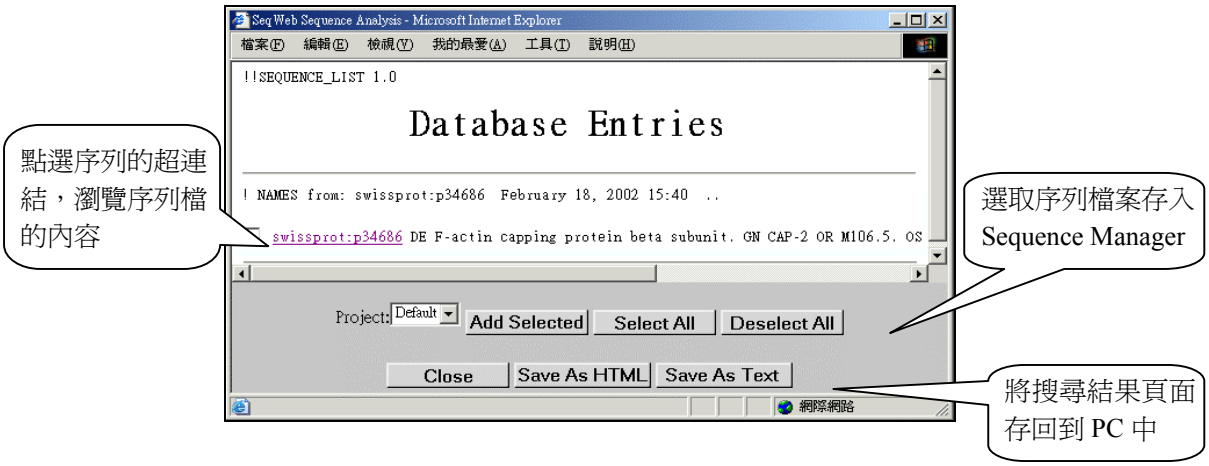
C. Add From Database-由資料庫中加入序列檔案

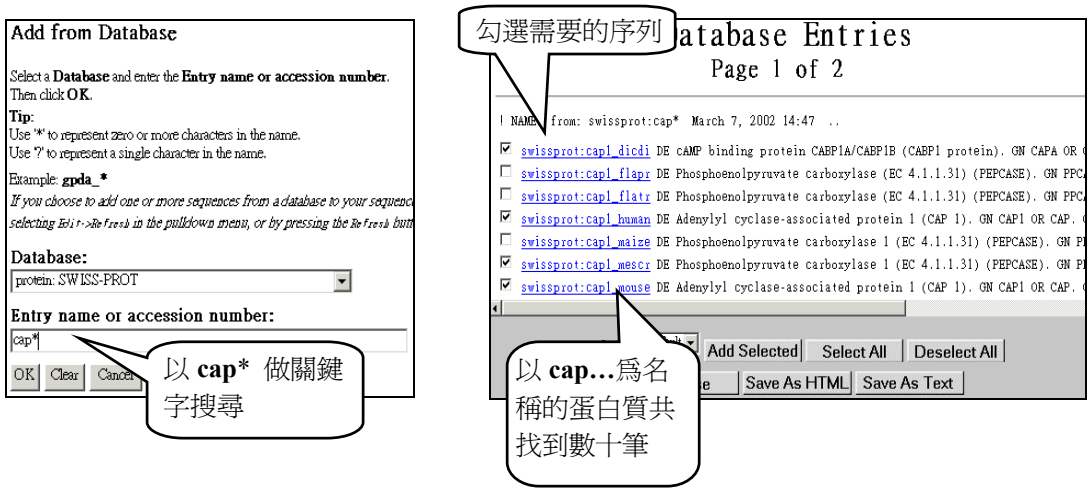
這個功能是從資料庫中找尋所要分析的序列，然後將序列檔案加入 Sequence Manager 中進行分析，和 GCG Command Mode 中的 names 以及 fetch 功能相似。使用之前必須已經知道序列的 entry name 或 accession number，如果不知道序列的 entry name 或 accession number，則必須使用 SeqWeb 的 Lookup 或 StringSearch 等程式來搜尋，這兩個程式的功能會在介紹分析程式時說明。

步驟：

1. 點選 **List**，然後點選 **Add From Database**，出現 Add From Database 視窗
   或：在分析程式中 Input Sequence 處點選 **Add From Database**
2. 選擇適當的 Database
3. 輸入序列的 entry name 或 accession number。如果不太確定 sequence name 或 accession number 是否正確則可以用萬用字元 "*" 號代替不確定的部份試試看，例如:cap*。







4.按 OK 進行搜尋。搜尋完成之後會出現 Database Entries 頁面，顯示條件相符的序列清單。

5.查看序列內容：點選序列的超連結，即可瀏覽序列檔的內容。

6.選取序列檔案存入 Sequence Manager：在序列前的方格以滑鼠打勾，再選擇 Add Selected，這個序列檔案就會加入 Sequence Manager 中。

7.將搜尋結果存到 PC 中：選擇 Save as HTML 或 Save as Text，搜尋結果頁面就會以 HTML 或 Text(純文字)的型式存到個人電腦中。如果是存成 HTML 的型式，日後可以瀏覽器打開這個檔案，檔案中序列清單每一條序列的超連結會保留著，讓使用者可隨時查看每個序列的內容。

■ 序列檔案管理

A. View：檢視序列內容

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個序列檔案
2. 檢視全部序列相關資訊：點選 **View**，按 **Sequence** 即可。
3. 檢視序列檔案在系統中簡要資訊：點選 **View**，按 **Sequence info** 即可。

B. Copying sequence: 複製序列檔案

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個或數個序列檔案

2. 點選 **Edit**，按 **Copy**，出現 Copy 視窗
3. 選擇要加入複製檔的 project
4. 在 File 欄輸入序列檔名，按 OK 即可。如果是將一個序列檔案 copy 到另一個 project，可不必更改檔名，如果是在同一個 project 中修改序列檔案，則應重新命名。

C. Moving sequence: 將序列檔案移動至另一個 project

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個或數個序列檔案
2. 點選 **Edit**，按 **Move**，出現 Move 視窗
3. 選擇要移入檔案的 project
4. 按 OK

D. Renaming sequence: 將序列檔案重新命名

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個序列檔案
2. 點選 **Edit**，按 **Move**，出現 Move 視窗
3. 鍵入新的檔案名稱
4. 按 OK

E. Deleting sequence: 刪除檔案

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個或數個序列檔案
2. 點選 **Edit**，按 **Delete**，出現 Delete 視窗
3. 按 OK

F. Flagging sequence: 保護序列檔案、Review 標示

⊙ 保護 project 中的檔案，避免被共用同一個 project 的其他使用者刪改

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個或數個序列檔案
2. 點選 **Flags**，按 **Protect on**，這個序列即被保護，在檔案清單中這個序列的 Flag 欄會加上 **P** 的記號
3. 解除保護：點選 **Flags**，按 **Protect off**

⊙ 將重要的檔案作 Review 標示

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個或數個序列檔案
2. 點選 **Flags**，按 **Review on**，這個序列即被標示，在檔案清單中這個序列的 Flag 欄會加上 **R** 的記號
3. 解除標示：點選 **Flags**，按 **Review off**

G. Changing sequence type: 轉換序列檔案的種類

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個或數個序列檔案
2. 點選 **Edit**，按 **Change Sequence Type**
3. 在 sequence 視窗選擇 N(nucleotide) 或 P(protein)
4. 按 OK。注意序列檔案種類要和序列內容相符合，這個功能不會改變序列內容。

H. Saving sequences: 存檔，檔案存在個人電腦中 (Save as local file)

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個或數個序列檔案
2. 點選 **List**，按 **Save to Local File**，出現個人電腦瀏覽器視窗
3. 在 Netscape 或 IE 瀏覽器視窗選擇存檔的功能，將檔案存入個人電腦適當的目錄中

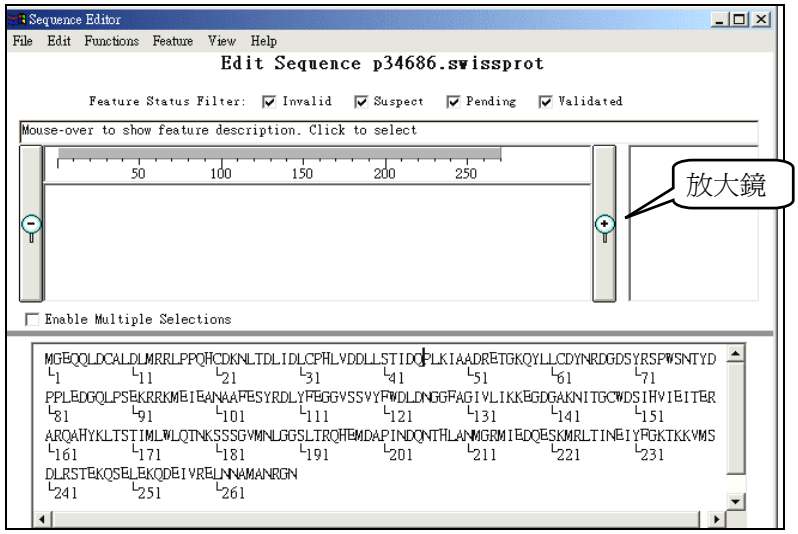
■ 序列編輯

序列編輯主要是使用 Sequence Editor 的功能。使用者可以對序列進行刪改，也可編寫序列的說明文字(description)，檢視序列的 ORF(在 cut-off size 範圍內)，使用 Translate、Assemble、Reverse Complement 等程式，並且可以將序列存成圖形檔使用 。

A. 進入 Sequence Editor

步驟：

1. 在序列檔案清單中點選一個或數個序列檔案
2. 點選 **Edit**，按 **Edit Selected Sequence**，出現 Edit Sequence 視窗



B. Edit Sequence 視窗

1. 視窗分為上下兩部份，上面的框架是序列的圖示區，並具有放大鏡功能，下方的框架則顯示列出全部序列字元(characters)及其說明(comment)；序列字元(characters)和說明(comment)的顯示可使用 View 功能做切換。中間則有 Enable multiple selection、Feature，及 ORF 選項。上下兩個框架的內容是相關聯的，在下方框架選取的序列會即時顯示於上框架對應的圖形中。SeqWeb v2.02 在序列的圖示上有美工編輯功能供使用者選擇，對於呈現分析結果的視覺效果有所幫助。

2. 編輯過程中可以使用 View-Font size 調整字型，或使用 View-Change UperCase/LowerCase 做序列字元大小寫轉換，以並且可以隨時使用 Undo 或 Ctrl+Z 復原檔案；此外可使用 Disable Edit 取消編輯功能來保護序列檔案，以及用 Enable Edit 恢復編輯功能。

3. 編輯過程中或編輯結束後皆須存檔，Sequence Editor 有三種存檔方式
   1)把編輯結果存下來，檔案名稱不變：點選 **File** 按 **Save**。
   2)把編輯結果存另存新檔：點選 **File** 按 **Save as**，選擇 project，輸入新檔名，按 OK。
   3)把編輯結果存成圖形檔：點選 File 按 Save Figure，此時出現網頁瀏覽畫面，可按右鍵，點選 Save image as 存圖形檔。

4. 經過 Sequence Editor 編輯之後的序列檔案格式會有所改變，不再是 GCG 序列格式，如果需要進一步使用 GCG command mode 對編輯過的序列做分析，則須將檔案格式改回 GCG 序列格式。

C. 使用 Sequence Editor 編輯序列

1. Editing a Description：編輯序列文字敘述的內容

步驟：點選 **Edit**，按 **Edit Description**，出現 edit description 視窗，輸入 description 後按 OK。

2. Navigating Within Sequences：在序列檔案中瀏覽及搜尋序列片段

瀏覽指定位置(location)的序列

步驟：

i 選擇要編輯的序列，進入 Sequence Editor
ii 點選 Edit，按 Go To，出現 Go 視窗
iii 輸入指定位置的序列 residue 編碼(例：23)後按 OK，cursor 即移至指定的位置(例：第 23 個 nucleotide 或 a.a.)

3. 搜尋特定序列片段

步驟：

i 選擇要編輯的序列，進入 Sequence Editor
ii 點選 Edit，按 Find，出現 Find 視窗
iii 輸入想要尋找的序列片段後按 OK。
iv 如果找到相符的序列片段，游標即移至找到的序列最後一個 residue 位置
v 如果沒找到相符的序列片段，即出現 Match not found 視窗，按 OK 結束。

4. Selecting a Range：選取編輯範圍

步驟：

用滑鼠把想要編輯的範圍框起來即可。或是點選 **Edit**，按 **Select Range**，輸入編輯範圍開始和結束的序列編碼(例 start:13,end:100)，然後按 apply。被選定的序列範圍 Sequence Editor 會以藍色 highlight 起來。

5. Cutting, Copying or Pasting a Range 序列的剪接與剪貼

步驟：點選 **Edit**，按 **Cut**，或按 **Copy**，或按 **Paste** 即可。

6. Performing Functions Specific to Nucleic Acid Sequences：核酸序列的組合、轉譯與互補序列轉換

步驟：

i. 選擇要編輯的**核酸序列**

ii. 在 Edit Sequence 畫面中間勾選 Enable multiple selections

iii. 選取一個或多個序列範圍

iv. 點選 Edit 按 Functions，視需要執行下列功能：

--按 **Assemble** 組合所有選取的範圍成為一個新的序列，

--按 **Translate** 將 nucleotide 序列轉譯為 amino acid 序列，

--按 **Reverse Complement** 將序列中 A-T, C-G 互換得到互補序列，

v. 在各個功能相對應的視窗輸入檔名、description(可省略)後，按 Add to Project 將新的序列存檔。

vi. 或按 Cancel 取消。

7. Working with Sequence Features 序列特徵的美工編輯

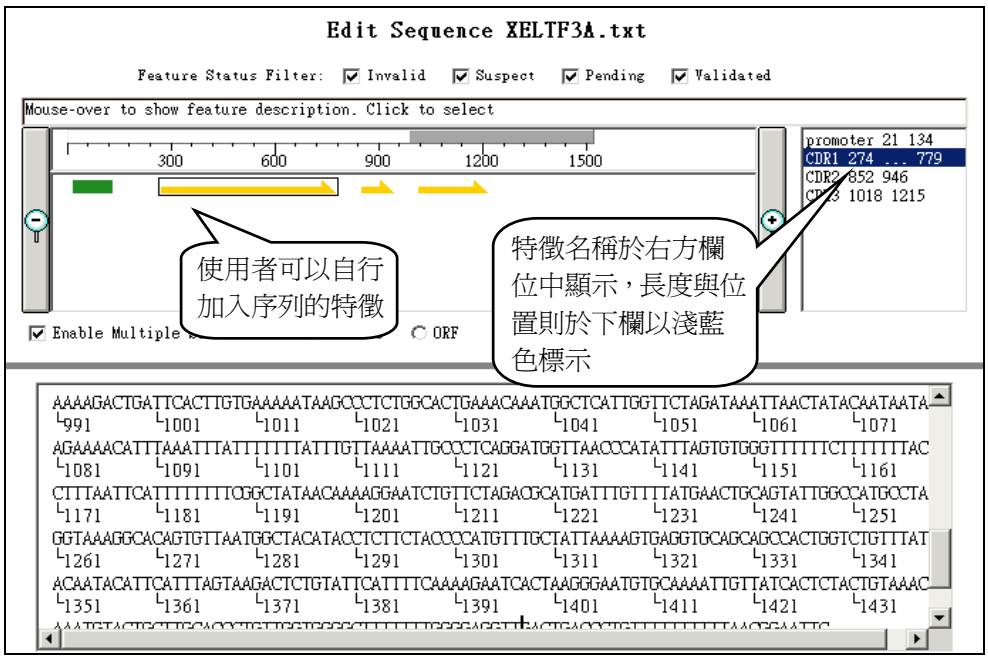
步驟：

i. 加入序列特徵：點選 Feature 再選 Add Feature， 選擇 shape,color 以及說明文字(如 enhancer, TATA Box 等，可省略)，按 Save。此時要 refresh 畫面才會看到加入的 feature。方法是用滑鼠在序列框頁空白處點一下，即可在圖示區看到加入的 feature。

ii. 刪除序列特徵：在圖示區已加入的 feature 圖形上點一下（此時圖的四周出現框線），點選 Feature 再選 Delete Feature。

iii. 編輯序列特徵：在圖示區已加入的 feature 圖形上點一下（此時圖的四周出現框線），點選 Feature 再選 Edit Feature，接著選擇 shape, color 以及說明文字(如 enhancer, TATA Box 等，可省略)，按 Save。同步驟 1 之 refresh 方法，即可在圖示區看到改編後的 feature。

iv. 檢視 ORFs：此功能限於核酸序列。只要在 Edit Sequence 頁面中間勾選 ORF 即可切換至 ORF 的圖示頁面。使用者可以用左、右箭號選 Cutoff 值，按 Set Cutoff 後就只有高於 cutoff 值的 ORF 會顯示在畫面上。ORF 頁面也有放大鏡功能。



■ Project 管理

Sequence Manager 的 Project 功能主要是方便使用者管理檔案。使用者可以依照不同工作類別，把序列檔案存放在不同的 project 中。Project 功能最大的特色是可以分享從事同一序列分析工作，但為不同帳號之使用者，亦即說一個 project 可以有共用的會員(project members)。如果您使用的 SeqWeb 未開放 Project 功能，則使用 Default Project 即可。國衛院提供的 SeqWeb 服務於建立帳號時並未設定具有 project 功能，如有需要使用者可 E-mail 至 gcg@nhri.org.tw 提出申請。

A. 進入 Project Manager

步驟：

1. Login SeqWeb 主網頁後點選左邊 Managers 選項
2. 點選左下方 Sequences，進入 Sequence Manager 畫面
3. 在 Sequence Manager 頁面點選 **Project** 再選 **Project info** 即可看到 Project 的基本資料，其中包括 Project 名稱、Project description，以及共用同一個 Project 的會員(Project members)姓名。

B. Project 管理功能操作

1. **選取 Project**：至 Sequence Manager 頁面，用滑鼠按 Project 欄右方箭號，於 Project 選單選擇所需要的 Project 即可，此時 Project 中的檔案會顯示在序列檔案清單中。
2. **新增 Project**：點選 Project 再選 Create，輸入新增 Project 名稱、description（可省略），及會員姓名（可省略），按 OK。輸入新增 Project 名稱前請務必先看一下系統中已經存在的 Project 名稱 (View Project names) ，以避免重複命名。
3. **修改 Project 基本資料**：選取一個 Project，點選 Project 再選 Modify，修改 Project description（可省略）或修改會員姓名（可省略），按 OK。Modify 畫面會顯示所有 user 姓名供 Project 管理人選取會員，只要在姓名處按一下即可選取，再按一下即取消。
4. **指定 Project 管理人(moderator)**：Project 管理人可以修改 Project 基本資料、指定其他 Project 管理人，以及刪除 Project。系統會內定新增 Project 的人為 Project 管理人。指定步驟如下：選取一個 Project，然後點選 Project 再選 Assign Moderators，在 Moderator 欄點選 moderator，按 OK。
5. **Email Project**：選取一個 Project，然後點選 Project 按 Send E-mail，輸入 Email 主題和 description（可省略），在 Project 會員中點選收件人，按 OK 送出 E-mail，或按 Cancel 取消。
6. **刪除 Project**：選取一個 Project，然後點選 Project 按 Delete，按 OK，即刪除 Project。只有 Project 管理人可以刪除 Project。