配列データベースのセットアップ

1 概要

MASCOT Server は FASTA フォーマットで記述されたアミノ酸配列または塩基配列データベース に対して MASCOT 検索を実行します。配列データベースに関する設定は、MASCOT Server の設定 ファイルである mascot.dat に定義されています。配列データベースのセットアップ状況、統計 情報、稼働状況等は、次の URL (MASCOT search status page 画面) で確認することができます。

<u>http://MASCOTServerホスト名/mascot/x-cgi/ms-status.exe</u>

MASCOT Server システムに十分な量のメモリが搭載されている場合は、配列データベース・フ アイルをメモリ上にマップすることにより、より高速に MASCOT 検索を実行することができます。 標準でインストールされる db_update.pl プログラムを利用することにより、配列データベー ス・ファイルのダウンロードから更新までを自動化することができます。また、MS Windows OS のタスクスケジューラや Linux/Unix の Cron プログラムを利用することにより、指定した日時に (周期的に) db_update.pl プログラムを実行することができます。

新規にデータベースをセットアップする場合は、配列データベースを構成する各エントリから アクセッション番号などの文字列を抽出するための「正規表現」の知識が必要になります。 配列データベースは 64 個までセットアップすることができます。

1-1 FASTA フォーマット

FASTA フォーマットは、1行目はケット(大なり記号、>)で始まるタイトル行、2行 目以降は1文字コード表記によるアミノ酸または塩基の配列行で構成されたエントリ をひとつの単位として、このエントリが複数個集合した形式を持っています。たとえ ば、MSDB 蛋白質データベースの場合は、2004年9月現在で150万件以上のエン トリで構成されています。配列データベース・ファイルはアミノ酸配列または塩基配 列で構成することができますが、両者が混在した構成にすることはできません。塩基 配列データベース・ファイルの場合は、3個の塩基をリアルタイムにアミノ酸に変換 しながら6種類の読み枠(six reading frames)に対してMASCOT検索を実行します。

FASTA フォーマットのタイトル行はケット(>) で始まり、1つ以上のアクセッション番号(Accession number)、説明(Definition/Description)、生物分類(Taxonomy)などの文字列が続きますが、その文法・書式は、行頭にケット(>)を配置すること以外は配列データベースによってまちまちです。タイトル行と配列行は改行コードで区切られます。

配列行に含まれる配列文字数は配列データベースによって異なりますが、通常 60~ 1000 文字以上です。MASCOT Server が認識できる配列行中の配列文字数は、デフォル ト設定では 50000 です。次の行がタイトル行かまたはファイルの終わりかで配列行の 最後を認識しています。

FASTA フォーマットで記述されたエントリの例 (MSDB と EST_human) を示します。

FASTA フォーマットで記述されたエントリの例

1. MSDB データベース (アミノ酸配列) の例

>A27187 ubiquinol-cytochrome-c reductase (EC 1. 10. 2. 2) cytochrome c1 precursor – Neurospora crassa MLARTCLRSTRTFASAKNGAFKFAKRSASTQSSGAAAESPLRLNIAAAAATAVAAGSIAWYYHLYGFASAMTPAEEGLHATKYPWVHEQWLKTF DHQALRRGFQVYREVCASCHSLSRVPYRALVGTILTVDEAKALAEENEYDTEPNDQGEIEKRPGKLSDYLPDPYKNDEAARFANNGALPPDLSL IVKARHGGCDYIFSLLTGYPDEPPAGASVGAGLNFNPYFPGTGIAMARVLYDGLVDYEDGTPASTSQMAKDVVEFLNWAAEPEMDDRKRMGMKV LVVTSVLFALSVYVKRYKWAWLKSRKIVYDPPKSPPPATNLALPQQRAKS

2. EST_human データベース(塩基配列)の例

>gi|272212|gb|M61961.1| EST00010 Fetal brain, Stratagene (cat#936206) Homo sapiens cDNA clone HFBA07, mRNA sequence

> MSDB データベースでは、ケット (>) に続く A27187 がアクセッション番号、ubiquinol から precursor までが説明、Neurospora crassa が生物分類になります。また、EST_human データベースでは、gi | 272212 と gb | M61961.1 の 2 つのアクセッション番号を持ち、 EST00010 以降が説明になります。gi | 272212 は NCBI が管理しているアクセッション番号ですが、このエントリは GenBank データベースの gb | M61961.1 に対応していることを示しています。

> FASTA フォーマットの配列データベース・ファイルは上の例に示したエントリが複数 個集合した形式になっています。Swiss-Prot データベース(部分)の FASTA ファイル の例を示します。

FASTA フォーマットで記述された配列データベース(Swiss–Prot)の例

(省略)

>10KD_VIGUN (P18646) 10 KD PROTEIN PRECURSOR (CLONE PSAS10)

MEKKSIAGLCFLFLVLFVAQEVVVQSEAKTCENLVDTYRGPCFTTGSCDDHCKNKEHLLSGRCRDDVRCWCTRNC

>110K_PLAKN (P13813) 110 KD ANTIGEN (PK110) (FRAGMENT)

FNSNMLRGSVCEEDVSLMTS I DNM I EE I DFYEKE I YKGSHSGGV I KGMDYDLEDDENDEDEMTEQMVEEVADH I TQDM I DEVAHHVLDN I THDM

AHMEE I VHGLSGDVTQ I KE I VQKVNVAVEKVKH I VETEETQKTVEPEQ I EETQNTVEPEQTEETQKTVEPEQTEETQNTVEPEQ I EETQKTVEP EQTEEAQKTVEPEQTEETQKTVEPEQTEETQKTVEPEQTEETQKTVEPEQTEETQKTVEPEQTEETQKTVEPEQTEETQKTVEPEQTEETQNTV EPEPTQETQNTVEP

>11S3_HELAN (P19084) 11S GLOBULIN SEED STORAGE PROTEIN G3 PR

(省略)

FASTA フォーマットで記述されていない配列データベースの場合は、FASTA フォー マットに変換する必要があります(通常は簡単な変換プログラム作成し、変換します)。 Mascot Server は FASTA フォーマットの配列データベース・ファイルに対し、直接 MASCOT 検索を実行するわけではありません。Mascot Monitor プログラム (ms-monitor.exe) が配列データベース・ファイルを構成する各エントリをアクセッ ション番号、説明、生物分類、配列に分割・圧縮することにより、メモリを節約する と同時に検索速度の向上を図っています。短い配列で構成された配列データベースや 塩基配列データベースの場合は、より効果的にメモリを節約することができます。

1-2 フォルダ構造

一般的に配列データベースは定期・不定期に更新されることを想定して、MASCOT Server が使用する配列データベース・ファイル群は次の構造を持つフォルダに格納さ れ、管理されます。各フォルダの役割及び格納される配列データベース・ファイル群 は次の通りです。なお、フォルダ名や配列データベース・ファイル名を構成する文字 列は大文字、小文字が区別されます。また、スペース文字は使用できませんので注意 が必要です。



- mascot フォルダ
 MASCOT Server のインストールフォルダです。インストール時に C:¥inetpub フ ォルダの下に作成されます。
- (2) sequence フォルダ

MASCOT Server が一意に認識できる配列データベース名を持つフォルダを格納 します。

(3) MSDB、Sprot、new フォルダ

MASCOT Server が一意に認識できる配列データベース名を持つフォルダです。 このフォルダの中に配列データベースに関連するファイル群が格納される3つの フォルダ (current、incoming、old) を作成します。

(4) current フォルダ

MASCOT 検索で使用する配列データベースの実体である FASTA フォーマットの 配列データベース・ファイルや Mascot Monitor プログラムが作成した圧縮ファイ ル群が格納されます。

(5) incoming フォルダ

配列データベースを更新する際に、ダウンロードされる圧縮された配列データ ベース・ファイルの保存や解凍などの作業領域として使われます。

(6) old フォルダ

更新された配列データベースがセットアップされ有効になった後に不要になった古い配列データベース・ファイル(FASTAファイル)が格納されます。すでに存在するより古い配列データベース・ファイルは削除されます。

1-3 データベース・ステータス

MASCOT Serverにセットアップされた配列データベースはMASCOT検索に対して有効/ 無効になるように設定することができます。MASCOT検索に対して有効になっている配 列データベースのステータス(稼働状況)は、<u>http://MASCOTホスト名/mascot/</u>で表示 される画面の中の、<u>Database status</u>リンクをクリックするか、

<u>http://MASCOTホスト名/mascot/x-cgi/ms-status.exe</u>

画面(MASCOT search status page)で確認することができます。また、画面中の配 列データベース名のリンクをクリックすると、その配列データベースに対して現在実 行されているジョブの一覧を確認することができます。



1-4 設定ファイル mascot.dat

MASCOT Server は様々な設定値を持っていますが、これらの設定値は mascot. dat フ アイルにテキストで記載されていますので、MS Windows OS に付属しているワードパッ トのようなテキストエディタで開き、編集することができます。

mascot. dat ファイルは 8 個セクションから構成されており、各セクションはセクション名キーワードで始まり end キーワード終わります。セクション名キーワードは、
1. Databases、2. PARSE、3. WWW、4. Taxonomy_n (n=1、2、・・・)、5. Cluster、
6. UniGene、7. Options、8. Cron です。データベースの設定に関係する主なセクションは、次の 4 つです。

行頭にコメント(#)が存在する場合、その行はコメント行として無視されます。

(1) Databases

登録する配列データベース各々に関し、その属性を1行で定義します。配列デ ータベースの属性は、配列データベースの名称、配列データベース・ファイルの 完全パス(フォルダを含めたファイル名)、アミノ酸配列または塩基配列の指定、 アクセッション番号部分や説明部分に対応する文字列の抽出条件(PARSE セクシ ョンで定義された抽出ルール番号)、メモリへのマップやロック設定フラグ、生 物情報抽出条件(Taxonomy_n で定義された抽出ルール番号)などで構成され、属 性間はスペースかタブで区切ります。

行頭にコメント(#)を付けることにより、その配列データベースを MASCOT 検索に対して無効にすることができます。

(2) PARSE

配列データベース・ファイルの各エントリのタイトル行からアクセッション番号や説明部分に対応する文字列を抽出するためのルールをルール番号とともに定義します。抽出ルールは正規表現(Basic regular expression)を利用します。
(3) WWW

配列データベースのアクセッション番号に対応する配列や詳細情報を抜き出す ためのプログラムである ms-getseq. exe を利用するための設定です。詳細情報が Web サイトに存在する場合は、直接その Web サイトを指定することもできます。

(4) Taxonomy_n (n=1, 2, • • •)

配列データベース・ファイルの各エントリが持つ生物分類を抽出するための条件を定義します。抽出条件は配列データベースの FASTA 形式に依存し、設定内容は若干複雑です。

2 配列データベースの更新

NCBI などが管理している配列データベース・ファイルはエントリの追加や変更が施され、新 しいリリースとして定期的に更新されます。MASCOT Server にセットアップされ、MASCOT 検索に 対して有効になっている配列データベース・ファイルを新しいリリースの配列データベース・フ ァイルに置き換えることにより配列データベースを更新することができます。MSDB、nr、EST、 Swiss-Prot などの配列データベースのように、配列データベースが NCBI が管理している生物分 類関連ファイルを利用している場合は、これらの更新ファイルも同時に更新する必要があります。

データベースの更新に必要なファイルを準備した後は、Mascot Monitor プログラムが自動的 に動作し、配列データベースの構築、テスト検索などのプロセスを経て更新が完了します。更新 プロセスを実行している最中でも MASCOT 検索を停止する必要はありません。また、MASCOT 検索 が終了した後に新旧の配列データベースが入れ替わり、新しい配列データベースが有効になりま す。

標準でインストールされる db_update.pl プログラムを利用することにより、更新に必要なフ ァイル群のダウンロードも含めて全自動で配列データベースの更新することができます。

2-1 Mascot Monitor プログラム

Mascot Monitor プログラムの実態は、

C:¥inetpub¥mascot¥bin¥ms-monitor.exe

です。Mascot Monitor プログラムは mascot. dat ファイルの Databases セクション で指定された current フォルダを常に監視しおり、current フォルダ内に mascot. dat ファイルの中で指定された名称の配列データベース・ファイルが作成された時点で次 の更新プロセスを開始します。

(1) 配列データベース・ファイルの圧縮

配列データベース・ファイルを構成する各エントリをアクセッション番号、説 明、生物分類、配列に分割し、圧縮します。同時に、アクセッション番号の重複、 生物分類名のスペルのチェックを実行します。

(2) テスト検索

サンプルデータを使って MASCOT 検索を実施し、配列データベースの動作をチェ ックします。

(3) メモリへのマップ

mascot.datの設定に従って、圧縮された配列データベース・ファイルをメモリ

にマップします。

(4) 旧配列データベース・ファイルの移動

旧い圧縮されたファイル群を削除し、旧い FASTA ファイルを old フォルダに移動します。old フォルダに存在するより旧い FASTA ファイルは削除されます。

Mascot Monitor プログラムの更新プロセスは、

http://MASCOTホスト名/mascot/x-cgi/ms-status.exe

画面の対応する配列データベース・ブロックで確認することができます。Sprot (Swiss-Prot データベース)の更新状況の例を示します。



status 行は、更新プロセスの進行とともに、

Status = Creating compressed files n% complete
Status = Running 1st test
Status = First test just run OK
Status = Trying to memory map files
Status = Just enabled memory mapping

Status = In use

のように変化し、Status = In use になった時点でデータベースの更新が完了しま す。

2-2 手動更新

更新に必要な配列データベース・ファイルを準備し、mascot.dat ファイルの Databases セクションで指定された current フォルダに、指定された名称の配列データ ベース・ファイルを作成してください。Mascot Monitor プログラムは current フォル ダに配列データベース・ファイルが作成された時点で更新プロセスを開始します。

指定された配列データベース・ファイル名は current フォルダの中で設定してくだ さい。指定された配列データベース・ファイル名を持つファイルを他のフォルダから current フォルダにコピーまたは移動する場合、その処理が完了するまでに時間がかか りますので、その処理が完了する前に Mascot Monitor プログラム動作し、配列データ ベースのセットアップが正しく完了しない可能性があります。

NCBInr データベースの手動更新の例を示します。NCBI のサイトから FASTA ファイル (圧縮ファイル名は nr.gz)と生物分類ファイル群(圧縮ファイル名は gi_taxid_prot.dmp.gzとtaxdump.tar.gz)をダウンロードしてください。

NCBInr データベースの手動による更新例

[1] 配列データベース・ファイルのダウンロード

"C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥NCBInr¥incoming"フォルダを保存先として、次のファイルをダインロードしてください。

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/nr.gz

[2] 生物分類(Taxonomy)関連圧縮ファイルのダウンロード

"C:¥inetpub¥mascot¥taxonomy¥temp"フォルダを保存先として、次の2つのファイルをダウンロードしてください。

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/pub/taxonomy/gi_taxid_prot.dmp.gz ftp://ftp.ncbi.nih.gov/pub/taxonomy/taxdump.tar.gz

[3] 圧縮ファイル解凍

ダウンロードした圧縮ファイルを解凍してください。

[4] Taxonomyファイル群の移動

"C:¥inetpub¥mascot¥taxonomy¥temp" フォルダにある解凍済みファイルを "C:¥inetpub¥mascot¥taxonom y" フォルダに移動してください(同名ファイルは上書き保存してください)。

[5] nrファイルの移動

"C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥NCBInr¥incoming"フォルダにあるnrを"C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥N CBInr¥current"フォルダに移動してください。また、nrファイルのプロパティから更新日を確認してくだ さい。

[6] 配列データベース・ファイル名の変更

nrファイルをNCBInr_20040808. fasta(更新日が2004年8月8日の場合)に名称変更してください。

[7] 更新プロセスの確認

<u>http://MASCOTホスト名/mascot/x-cgi/ms-status.exe</u> 画面のNCBInr ブロックで配列データベース・ファ イルの更新状況を確認してください。

Swiss-Prot データベースの手動更新の例を示します。Swiss-Prot データベースは、 FASTA ファイル (uniprot_sprot.fasta.gz)、詳細なエントリ情報が記載されたリファ レンス・ファイル (uniprot_sprot.dat.gz)、生物分類ファイル (speclist.txt) が 組になっています。

Swiss-Prot データベースの手動による更新例

[1] 配列データベース・ファイル群のダウンロード
 "C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥Sprot¥incoming" フォルダを保存先として、次の3つのファイルをダインロードしてください。

ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/uniprot/knowledgebase/reldate.txt
ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/uniprot/knowledgebase/uniprot_sprot.fasta.gz
ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/uniprot/knowledgebase/uniprot_sprot.dat.gz

[2] Taxonomy (生物分類) 関連圧縮ファイルのダウンロード
 "C:¥inetpub¥mascot¥taxonomy¥temp" フォルダを保存先として、次の2つのファイルをダウンロードしてください。

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/pub/taxonomy/taxdump.tar.gz
ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/uniprot/knowledgebase/docs/speclist.txt

[3] 解凍

ダウンロードした圧縮ファイルを解凍してください。

[4] Taxonomyファイル群の移動

"C:¥inetpub¥mascot¥taxonomy¥temp" フォルダにある解凍済みファイルを "C:¥inetpub¥mascot¥tax onomy" フォルダに移動してください(同名ファイルは上書き保存してください)。

[5] 配列データベース・ファイル群の移動

"C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥Sprot¥incoming" フォルダにある3つのファイルを "C:¥inetpub¥mas cot¥sequence¥Sprot¥current" フォルダに移動してください。また、reldate.txtファイルを開き、リリース番号またはリリース日を確認してください。

[6] 配列データベース・ファイル名の変更

データベース・ファイルをリリース番号またはリリース日を使った次の名称に変更してください。

uniprot_sprot.fasta.gz \rightarrow sprot_37.fasta uniprot_sprot.dat.gz \rightarrow sprot_37.dat

[7] 更新プロセスの確認

<u>http://MASCOTホスト名/mascot/x-cgi/ms-status.exe</u>画面のSprotブロックで配列データベース・ファイ ルの更新状況を確認してください。

MSDB、EST_xxxxx (xxxxx=human、mouse、others)、IPI_xxxxx (xxxxx=HUMAN、MOUSE、 RAT) については次のファイル群をダウンロードしてください。

(1) MSDB

配列データベース・ファイル:

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/repository/MSDB/msdb.fasta.Z

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/repository/MSDB/msdb.nam.Z

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/repository/MSDB/msdb.ref.Z

生物分類ファイル:

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/pub/taxonomy/taxdump.tar.gz

(2) EST_xxxxx (xxxxx=human、mouse、others)配列データベース・ファイル:

<u>ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/est_xxxxx.gz</u> 生物分類ファイル:

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/pub/taxonomy/gi_taxid_nucl.dmp.gz

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/pub/taxonomy/taxdump.tar.gz

(3) IPI_XXXXX (XXXXX=HUMAN、 MOUSE、 RAT)

配列データベース・ファイル:

ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/IPI/current/ipi.XXXXX.fasta.gz

生物分類ファイル:

なし。

2-3 自動更新

MASCOT Serverは、配列データベースを自動的に更新するためのプログラム db_update.pl をサポートしています(標準でインストールされます)。db_update.pl プログラムを動作させることにより、MASCOT検索に対して有効になっている配列デー タベースを最新のリリースに更新することができます。また、Windowsが標準でサポー トしているタスクスケジューラやUnix/LinuxがサポートしているCronなどの、日時指 定自動実行プログラムと組み合わせることにより、配列データベースを常に最新の状 態に保つことができます。

db_update.plプログラムは次の機能を持っています。

- (1) 配列データベース関連ファイル(FASTA、リファレンスなど)の自動ダウンロ ード
- (2) Taxonomy定義ファイルのダウンロード
- (3) ワイルドカード(*)を利用したファイル名に対応
- (4) 圧縮ファイルの解凍、ファイル名の変更、ディレクトリの変更
- (5) ダウンロード最終履歴チェック機能
- (6) Passive FTP、HTTP/FTPプロキシ認証が可能

配列データベースを自動的に更新するためには次の4つのプログラム

(db_update.pl、gzip.exe、tar.exe、wget.exe) が必要です。

なお、弊社から出荷されたMASCOT Serverシステムには自動更新に必要なすべてのプ ログラムはインストールされていますのでこの操作は不要です。

db_update.pl :

MASCOT Serverのインストール時に、

C:¥inetpub¥mascot¥bin¥db_update.pl

ファイルとしてインストールされます。

gzip.exe, tar.exe, wget.exe:

次のサイトからダウンロードすることができます。

http://www.gnu.org/software/gzip/gzip.html http://www.gnu.org/software/tar/tar.html http://www.gnu.org/software/wget/wget.html

なお、MASCOT ServerのインストールCDROM (mskkフォルダの中のwbinフォルダ) に もこれらのプログラムが含まれています。

gzip.exe、tar.exe、wget.exeプログラムは、

C:¥inetpub¥mascot¥binまたはC:¥winnt¥system32 (Windows XPの場合はC:¥windows¥system32です)

フォルダにコピーしてください(Windowsのシステムパスが有効な他のフォルダにコ ピーしても動作します)。

db_update.plプログラムは引数を指定してコマンドプロンプトから実行します。引数はダウンロードする配列データベースの種類に対応しており、次の引数を使用することができます。

引数	配列データベース名	ダウンロードサイト
MSDB_from_NCB1	MSDB	NCB I
MSDB_from_EB1	MSDB	EBI
NCBInr_from_NCBI	NCBInr	NCB I
EST_human_from_NCB1	EST_human	NCB I
EST_mouse_from_NCB1	EST_mouse	NCB I
EST_others_from_NCBI	EST_others	NCB I
Sprot_fasta_only_from_EBI	Swiss-Prot (FASTAファイル)	EBI
Sprot_complete_from_EBI	Swiss-Prot	EBI
Trembl_complete_from_EB1	TrEMBL	EBI
IPI_human_from_EBI	IPI_human	EBI
IPI_mouse_from_EBI	IPI_mouse	EBI

ここでは、NCBInrデータベースの自動更新を例にして、db_update.plプログラムの 使用方法を説明します。 db_update.pl プログラムを利用した NCBInr データベースの自動更新

[1] コマンドプロンプトの起動

[スタート]メニュー → [プログラム] → [アクセサリ] → [コマンドプロンプト]を選択してください。 コマンドプロンプトが起動します。

[2] db_update.plプログラムの実行

ここでは、NCBIのサイトからNCBInrデータベース及びその関連ファイルをダウンロードしますので、キ ーボードから次のコマンドを入力し、リターン・キーを押してください。

cd C:¥inetpub¥mascot¥bin

db_update.pl NCBInr_from_NCBI

関連ファイル群のダウンロードが始まります。

Weet ftp://ftp:ncbinih.gov/blast/db/FASTA/nr.gz	
crosoft Windows 2000 [Version 5.00.2195]) Copyright 1985-2000 Microsoft Corp.	
¥Documents and Settings¥usami>cd c:¥inetpub¥mascot¥bin	
<pre>¥Inetpub¥MASCOT¥bin>db_update.pl NCBInr_from_NCBI 18:48:29 ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/</pre>	
[<=>] 2,629 28.53K/s	
:48:32 (28.53 KB/s) - `C:/InetPub/Mascot/sequence/NCBInr/incoming/.listing' saved [2629]	
ote HTML-ized index to `C:/InetPub/Mascot/sequence/NCBInr/incoming/index.html' [5218]. 18:48:32 ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/nr.gz => `C:/InetPub/Mascot/sequence/NCBInr/incoming/.listing' solving ftp.ncbi.nih.gov done. nnecting to ftp.ncbi.nih.gov[130.14.29.30]:21 connected. gging in as anonymous Logged in! > SYST done. ==> PWD done. > TYPE I done. ==> PWD /blast/db/FASTA done. > TYPE I done. ==> LIST done.	
[<=>] 2,629 8.26K/s	
:48:36 (8.26 KB/s) - `C:/InetPub/Mascot/sequence/NCBInr/incoming/.listing' saved [2629]	
moved `C:/InetPub/Mascot/sequence/NCBInr/incoming/.listing'. e sizes do not match (local 14250988) retrieving.	
18:48:36 ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/nr.gz => `C:/InetPub/Mascot/sequence/NCBInr/incoming/nr.gz' > CWD not required. > PASV done. ==> RETR nr.gz done. ngth: 459,754,677	
% [] 5,550,360 234.01K/s ETA 31:35	-

コマンドプロンプトはdb_update.plプログラムのすべての処理が完了した時点で自動的に閉じますので、 強制的に閉じないでください。 [3] ログ

db_update.plプログラムによるNCBInrデータベースのダウンロードに関わるログは、

C:¥inetpub¥mascot¥logs¥ftp_log.log

に記録されます。また、前回のダウンロード履歴(nr.gzファイルの作成日とファイルサイズ)は、

C:\#inetpub\#mascot\#sequence\#NCBInr\#incoming\#.history

に記録され、この情報は配列データベースが更新されていない場合はダウンロードを中止するために利用されています。何らかの理由でダウンロードが完結しなかった場合でも、histroryファイルに前回のダウンロード履歴が残されますので、db_update.plプログラムを再実行した際に、

No update available for ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/nr.gz

が表示され、プログラムが終了します。この場合は、.historyファイルを削除するか、履歴情報を編集 した後に再度実行してください。

[4] 配列データベースのセットアップ NCBInr データベースのファイル群のダウンロードが終了した時点で、Mascot Monitor プログラムが動作し、 データベースのセットアップ・プロセスが進行します。

http://MASCOTホスト名/mascot/x-cgi/ms-status.exe

画面の NCBInr データベース・ブロックの Status 行で確認することができます。セットアップ・プロセスの進行とともに Status 行は、

Status = Creating compressed files n% complete
Status = Running 1st test
Status = First test just run OK
Status = Trying to memory map files
Status = Just enabled memory mapping
Status = In use

のように変化し、Status = In use になった時点で配列データベースの更新が完了します。

2-4 Windows のタスクスケジューラの設定方法

Windowsのタスクスケジューラは、設定されたスケジュールに従って、指定したプロ グラムなどの処理をバックグラウンドで実行するためのユーティリティープログラム です。次の内容を設定することができます。

(1) タスクの定義

複数の独立したタスクを定義することができます。

- (2) タスクの実行
 指定日時(日/週/月間隔、コンピュータの起動時などを含む)にタスクを実行
 するように設定することができます。また、即座に実行することもできます。
- (3) ユーザ制限特定のユーザがタスクを実行できるよう、ユーザ制限を設定することができます。
- (4) 1回のみのタスク実行

タスク終了後にそのタスク定義を削除することができます。

タスクスケジューラを利用して、データベース自動更新プログラムである db_update.plを指定日時に自動的に実行することができます。ここでは、NCBInrを自 動更新するためのタスクスケジューラの設定例を説明します。

NCBInrデータベースを指定日時に自動更新するためのタスクスケジューラの設定方法

[1] 新規タスクの定義

[スタート]メニュー → [プログラム] → [アクセサリ] → [システムツール] → [タスク]を選択して ください。次のウインドが表示されます。

	×
ファイル(E) 編集(E) 表示(V) お気に入り(A) ツール(T) 詳細設定(V) ヘルブ(L)	
←房→→」 @ 検索 凸 フォルシ ③ 階 昭 X ∞ 囲・	
アドレス型 🝙 タスク	b
タスク名 スケジュール 次回の実行時刻 前回の実行時刻 状態 前回の結果 作成者 回スケジュールされたタスクの追加 タスク	
このフォルダには、Windows 用に作成し たタスプが含まれています。指定したスケ ジュールで各タスクは自動的に実行され ます。	
たとえば、不要なファイルを削除してハー ドディスクをグリーンアップする#号刻を設 定できます。	
アイコンを選択すると、その説明が表示さ れます。	
個のオブジェクト	//.

[ファイル]→[新規]→[タスク]を選択してください。[新しいタスク]が追加されます。

🖻 ቃスク					J	<u>- I ×</u>
ファイル(E) 編集(E) 表示(⊻)	お気に入り(A) ツール(T) 詳細設定	(11) ヘルプ(日)				
←戻る - → - 包 🔞検索	13-7ォルダ ③ 管空×の					
アドレス(D) 间 タスク					•	∂移動
	▲ タスク名	スケジュール	次回の実行時刻	前回の実行時刻 状態	前回の結果 1	作成者
ロ タスク	□ スケジュールされたタスクの追加 る□新しているスク		なし	なし	0x0 (usami
新しいタスク						
スケジュール: 設定日: 2004/10/06, 開始時刻: 9:00 間隔: 毎日,						
次回の実行時刻: なし						
前回の実行時刻: なし						
前回の結果: 0x0						
1 個のオブジェクトを選択						11.

追加された[新しいタスク]の名称を[NCBInrUpdate]に変更してください。



[2] 実行するプログラムの定義

[NCBInrUpdate]タスクをダブルクリックしてください。プロパティ設定ウインドが開きます。

NCBInrUpdate	? ×	
タスク スケジュール 設定 セキュリティ		
C:¥WINNT¥Tasks¥NCBInrUpdate.job	_	
実行するファイル名(E): tpub¥MASCOT¥bin¥db_update.pl NCBInr_from_NCB		
参照(B)		
開始(T): C:¥Inetpub¥MASCOT¥bin		
コメント(②): NCBInrの自動アップデートタスク		
実行するアカウント名(U): mascot		
パスワードの設定(<u>S</u>)		
	このチェックをはずすとこの	カタス
▼ 実行する (スケジュールされたタスクは指定の時間に実行されます)(E)	クを無効にすることができま	ます。
OK キャンセル 適用		

[タスク]タブの[実行するファイル名]入力欄に、

C:\perl\bin\perl.exe C:\leftInetpub\MASCOT\bin\db_update.pl NCBInr_from_NCBI

を入力してください。ここで入力した内容の意味は、

C:¥perl¥bin¥perl.exe	:	perlプログラム実体
C:¥Inetpub¥MASCOT¥bin¥db_update.pl	:	db_update. plプログラムの実体
NCBInr_from_NCBI	:	db_update. plプログラムの引数

になります。

[開始]入力欄には、db_update.plプログラムを含むフォルダの存在場所である、

C:¥Inetpub¥MASCOT¥bin

を入力してください。

[実行するアカウント名]入力欄にMASCOT Serverをインストールしたアカウント(通常はmascotです)を 入力してください。

[パスワードの設定]ボタンを押すとパスワードの設定ウインドが表示されますので、パスワードを入力し、[0K]ボタンを押してください。

パスワードの設定		? ×
パスワード(<u>P</u>):	****	
パスワードの確認入力(の):	****	
OK	キャンセル	

[適用]ボタンを押してください。

[3] スケジュールの設定

[スケジュール]タブの[タスクのスケジュール]および[開始時刻]入力欄に、このタスクを実行したい日時を設定し、[適用]ボタンを押してください。

NCBInrUpdate	? ×
タスク スケジュール 設定 セキュリティ	
設定日: 2004/10/06, 開始時刻: 2:00 間隔: 毎週月曜日.	
タスクのスケジュール(S): 開始時刻(T): <u>週単位</u> 200 詳細設定(V)	
タスクのスケジュール (週単位)	現在のところ、NCBInr データベース
間隔(E) 1 三 週(21回: ▶ 月 □ 土 □火 □ 日	はほぼ毎週アップデートされます。
└── 複数のスケジュールを表示する(①)	
OK キャンセル 適用(A)	

[4] その他の設定

必要に応じて、[設定]タブ、[セキュリティ]タブで細かな条件を設定することができます。 設定が終了したら、[OK]ボタンを押してプロパティ設定ウインドを閉じてください。

[5] タスクの即時実行

[3]で設定したスケジュールで[NCBInrUpdate]タスクは自動的に実行されますが、タスクを即時実行したい場合は、[NCBInrUpdate]タスクを右クリックして、[タスクの実行]を選択してください。コマンドプロンプトが開き、db_update.plプログラムによるNCBInrのダウンロードが始まります。なお、コマンドプロンプトは強制的に閉じないでください。db_update.plプログラムのすべての処理が完了した時点で自動的に閉じます。

2004-8-10現在、NCBInrデータベースの圧縮ファイルであるnr.gzのサイズは約400MBです。また、数10MB

のサイズを持つTaxonomy関係のファイル群も同時にダウンロードされますので、ネットワークの速度によ りダウンロードには数時間要する場合があります。また、NCBIのサイトが混雑していたり、ネットワーク トラフィックの状況変化などの理由により、ダウンロードが完結しない場合があります。この場合はコマ ンドプロンプトを閉じ、時間をおいてから再度[NCBInrUpdate]タスクを実行してください。

[6] その他

db_update.plプログラムによるNCBInrデータベースのダウンロードに関わるログは、

C:\u00e4inetpub\u00e4mascot\u00e4logs\u00e4ftp_log.log

に記録されます。また、前回のダウンロード履歴(nr.gzファイルの作成日とファイルサイズ)は、

C:\inetpub\mascot\sequence\NCBInr\incoming\.history

に記録され、この情報はデータベースが更新されていない場合はダウンロードを中止するために利用されています。従いまして、何らかの理由でダウンロードが完結せず、db_update.plプログラムを再実行した際に、

No update available for ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/nr.gz

が表示されプログラムが終了した場合は、histroryにダウンロード履歴が残されていることがありますので、.historyファイルを削除するか、履歴情報を編集した後に再度実行してください。

3 新規配列データベースのセットアップ

新規配列データベースの登録とセットアップの大まかな流れは次のようになります。

- (1) 新規配列データベースの FASTA ファイルの作成
- (2) エントリの書式の確認と情報抽出のための正規表現の検討
- (3) 新規データベース格納フォルダの作成
- (4) 設定ファイル (mascot. dat) への新規データベースの仮登録
- (5) 仮登録した新規配列データベースに対する動作確認
- (6) 新規配列データベースの本登録
- (7) 検索テスト

3-1 新規配列データベースの FASTA ファイルの作成

新規配列データベースをFASTA形式の配列データベース・ファイルとして作成します。 FASTA形式の配列データベースは、

1行目:コメント行 (1文字目は > 、> 以降はアクセッション番号を含む文字列) 2行目:配列行 (改行および複数行構成可、空白文字は不可)

の内容がひとつの単位(エントリ)となり、この単位(エントリ)が複数個結合さ れています。

ここでは、NEW という名称を持つ配列データベースを例にして説明を進めます。NEW データベースは次のような10個のエントリを持ち、ファイル名は

NEW_20040101. fasta とします。なお、MASCOT Serverは大文字と小文字を区別します のでご注意ください。

NEW_20040101.fastaデータベース・ファイルの内容

>00001 Test description for a protein aaa MIVASKLPSLPPLFSFVFSILLFVFEMMVVVLHF >00002 Test description for a protein bbb MASLTDLKVNLNLSDTATEKIIAEYMIWIGGSGMDLRRKRPPV >00003 Test description for a protein ccc MAKFKVNLGKSPKRVAKEEIILLDKEGLFASCSFTDLGLHP >00004 Test description for a protein ddd MIVASKLPSLPPLFSFVFSILPROTEINDDDLFVFEMMVVVLHF >00005 Test description for a protein eee MIVASKLPSLPPLFSFAAADKRTMSVFSILPROTEINEEELFVFEMMVVVLHF >00006 Test description for a protein fff MAMKRIVASKLPSLTPIFSFAAADKRTMSVFSILPROTEINFFFLFVFEMMVVVLHF >00007 Test description for a protein ggg MARPPSSGAQQGAKPGADKNLRFLLQKVLKQSDVGALGR I VLPKEAEG I S I PMED I GTSRVWSMRYRF >00008 Test description for a protein hhh ML I VQFEPDSPDHTWAQATDNGS I KNHEPHGNSPHYRKLG I GKWLMNTMYEL TVDKRLERLLGGGR I YK >00009 Test description for a protein iii ML I VQFEPDSPDHTWAQATDNGS I KNHEPHGNTLHYRKLG I GKWLMNTMYELTVDKRLERLGR I PLYYK >ACC00010 Test description for a protein jjj AAGRGRGRCRGSDPAAAGDDDVLDD I DELLNFATLSDSMPWEDEPLFPDDVGMM I EDA I SHQPHRG

通常、配列データベースは中身の修正やエントリの追加などの変更が加えられ、新 しいバージョンまたはリリースが作成されますので、配列データベース・ファイル名 は、(配列データベース名)と(新規バージョンまたはリリース日などの情報)をア ンダーバー"_"で結合した形式にしてください。

3-2 エントリの書式の確認と情報抽出のための正規表現の検討

NEW データベースの各エントリを構成するAccession番号(00001など)と Description (Test description for a protein aaaなど)をMASCOT Serverに認識さ せ、MASCOT Serverがこれらの文字列を正しく抽出し、利用できるようにするために、 正規表現を使ってこれらの文字列を定義します。

何通りかの適当な正規表現が考えられますが、エントリの1行目からAccession番号 に対応する文字列を抽出するために、たとえば次の正規表現を適用することができま す。

>¥([^]*¥)

この正規表現は、(>) + (スペース以外の任意個の文字) で構成された文字列に含 まれる (スペース以外の任意個) の文字列部分をAccession番号として抽出する、と いう意味になります。なお、正規表現で定義した文字列全体からある文字列部分を抽 出し、その文字列部分をMASCOTに認識させるために、その文字列部分をカッコ ¥(と ¥) で囲みます。ここで、前カッコと後カッコの前に ¥ (バックスラッシュ) がつい ていますが、正規表現ではカッコは特別な意味を持つため、バックスラッシュ¥でその 意味を無効にしています。

同様に、Descriptionの抽出に対しては次の正規表現を適用することができます。

>[^]* ¥(.*¥)

この正規表現は、(>) + (スペース以外の任意個の文字) + (スペース) + (任意の任意個の文字) で構成された文字列に含まれる(任意の任意個の文字)の文字列を Descriptionとして抽出する、という意味になります。

3-3 新規配列データベース格納フォルダの作成

MASCOT Server はひとつの配列データベースに対して3つのフォルダを必要とします。

C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥配列データベース名¥current

- C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥配列データベース名¥incoming
- C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥配列データベース名¥old

次の操作でNEW データベースに必要なフォルダを作成し、NEW_20040101.fasta ファ イルを current フォルダにコピーしてください。

NEW_20040101.fastaデータベース・ファイルの内容

[1] MASCOT Serverにログオン

mascotユーザでログオンしてください。

- [2] フォルダの作成
 - 次の3つのフォルダを作成してください。

C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥NEW¥current

C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥NEW¥incoming

C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥NEW¥old

[3] NEW_20040101. fastaファイルのコピー

C:¥inetpub¥mascot¥sequence¥NEW¥currentフォルダにNEW_20040101.fastaファイルをコピーしてください。また、NEW_20040101.fastaファイルのセキュリティがEveryone/フルコントロールになっていることを 確認してください。

3-4 設定ファイル(mascot.dat)への新規配列データベースの仮登録 配列データベースを新規に登録しセットアップするために、mascot.datファイルの Databasesセクション、PARSEセクション及びWWWセクションに必要な情報を追加します。

次の操作で NEW データベースの仮登録を行ってください。

NEWデータベースの仮登録

[1] MASCOT Serverにログオン mascotユーザでログオンしてください。 [2] mascot. datファイルの編集準備

mascot. datファイルを別名でコピーし(たとえば、mascot. dat. backup)、バックアップしてください。 テキストエディタを起動し、mascot. datファイルを開いてください。

[3] PARSEセクションの編集

NEW データベースの各エントリを構成するAccession番号、DescriptionをMASCOT Serverに認識させるために、Accession番号およびDescriptionに対応する文字列を抜き出すための正規表現ルールを追加します。 【2】で検討した正規表現ルールを、ルール番号が連番になるように(この例では28と29を使用)追加し てください。追加したルール番号はDatabasesセクションで使用します。なお、正規表現ルール部分は"" で囲んでください。

Parse rule for NEW Database
RULE_28 ">¥([^]*¥)"
RULE_29 ">[^]* ¥(.*¥)"

[4] Databasesセクションの編集

NEW データベースの属性を、14個のパラメータで構成された1行で定義します。各パラメータはスペースまたはタブで区切ります。MSDBデータベースの例を示します。

MSDB C:/INETPUB/MASCOT/sequence/MSDB/current/MSDB_*.fasta AA 1 1 1 1 1 0 1 17 18 19 7

1. unique database name

MSDB:データベース名、他と区別できる唯一の名称

- path to local FASTA file. Must use forward slashes and include wild card
 C:/inetpub/mascot/sequence/MSDB/current/MSDB_*.fasta: 配列データベースファイルの位置の
 フルパス表現、リリース番号等を代表するワイルドカード(*)が必要
- 3. AA for amino acid, NA for nucleic acid

AA:アミノ酸配列AA、塩基配列NA

4. approximate numbers of entries (not used)

1:未使用

5. unique integer ID (not used)

1:未使用

- 6. 1 for memory map, 0 otherwise
 - 1:メモリマップ・スイッチ(0=オフ、1=オン)
- 7. number of blocks

1:1を使用

- 8. number of threads
 - 1: MASCOTライセンス数(2ライセンスの場合は2、4ライセンスの場合は4など)
- 9. 1 for lock in memory, 0 otherwise
 - 1:メモリロック・スイッチ(0=オフ、1=オン)
- 10. 1 for local reference file, 0 otherwise
 - 1: ローカルなリファレンスファイルの存在表示(0=存在しない、1=存在する)
- 11. index of parse rule for accession number from FASTA
 - 17: Accession番号の正規表現ルール番号
- 12. index of parse rule for description from FASTA
 - 18: Descriptionの正規表現ルール番号
- index of parse rule for accession number from local reference file
 ローカルファイルからのAccession番号の正規表現ルール番号
- 14. index of taxonomy block, 0 if no taxonomy
 - 7: Taxonomy抽出ルール番号

Databaseセクションの最終行(end行の前行)に NEW データベースに関する次の行を追加してください。

NEW C:/INETPUB/MASCOT/sequence/NEW/current/NEW_*.fasta AA 1 1 1 1 1 0 0 28 29 0 0

なお、仮登録とするために、行頭にはコメント#が存在することに注意してください。

[5] WWWセクション

指定したAccession番号に対応する配列情報(配列、Accession番号、Descripton等)を抜き出すための プログラム(ms-getseq.exe)を利用するための設定です。WWWセクションの最終行(end行の前行)に次の 行を追加してください。

NEW_SEQ "8" "localhost" "80" "C:/INETPUB/MASCOT/x-cgi/ms-getseq.exe NEW #ACCESSION# seq"

各セクションの設定終了後、mascot. datファイルを上書き保存してください。

配列データベースが塩基配列で構成されている場合は、6通りの読枠(six reading frames)が存在しま すので、次の例のようにヒットした読枠の番号を #FRAME# を使って指定する必要があります。

NEW_SEQ "8" "localhost" "80" "C:/INETPUB/MASCOT/x-cgi/ms-getseq.exe NEW #ACCESSION# seq #FRAME#"

3-5 仮登録した新規配列データベースに対する動作確認

MASCOT Serverは、【4】で設定した内容が正しく動作するかどうかを判定する ためのプログラムをサポートしており、ブラウザから利用することができます。 ブラウズを起動し、 URLとして、

http://MASCOTホスト名/mascot/

を指定してください。MASCOT Server の トップページ が表示されます。

トップページ 画面の中の中央より少し下にある Database Maintenance リンクを クリックしてください。Mascot Database Maintenance 画面が表示されます。

MASCOT Serverのトップページ

Matrix Science - Home - Microsoft Internet Explorer	
ファイル(E) 編集(E) 表示(V) お気に入り(A) ツール(T) ヘルブ(H)	
←戻る・→・② 図 凸 ◎検索 函お気に入り ③ゲイア ③ 国・	
アドレス(D) 🚳 http://iu/mascot/	
Google · PageBank 合ブロック数	17 Nascot Database Maintenance 画面
(MATRIX)	
(SCIENCE) HOME:MA	Matrix Science – Database Maintenance – Microsoft Internet Explorer
Home	ファイル(E) 編集(E) 表示(V) お気に入り(A) ツール(I) ヘルブ(H)
	4 戻る・→・③ 🖸 🖞 ②検索 函お気に入り ③メディア 🍏 🔄・🎒 🗹 - 🗐
Welcome	アドレス()) 🕘 http://iu/mascot/x-cgi/db_guip!?1096009697 🛛 🔻 🔗移動 リンク »
	Google - 「 除っ」ブ検索 - PageBank 早ブロック数: 20 「 Pag-オブシェ >>
This site features Mascot, a powerful search engine that uses m identify proteins from primary sequence databases. To assist yo	
forms à substantial knowledge base concerning protein identific	
If this is your first visit, please check for browser compatibility ar	Mascot Database Maintenance: Edit Database Definitions
include results from Mascot in a publication, please cite either th (18) 3551-67 (1999) (abstract).	
	Help Window
Security	
For your own protection and to comply with the licence condition	
pages must be restricted to authorised users. We strongly recor protected by a secure firewall. For more information, start from t	
	Select NEW ■ NEW を選択
Mascot Utilities	Name NEW Active O Inactive O
Your system administrator may have restricted access to these u	
Database Status	Path C:/INETPUB/MASCOT/sequence/NEW/current/NEW_*.fasta
View the status of all the sequence databases. Links to databases in the status in the set of the second status in	AA 💿 NA O Mem map 🗹 Mem lock 🗹
Search Log	Threads 4 Local ref file
Database Maintenance	
	Taxonomy None
Mascot Docu	Rule to parse accession string from Fasta file:
Help on using Mascot and understanding the results is contained	Rule 28: ">ACC=¥([^]*¥)"
on Help at the top of the page to browse the help topics or use The following documents are mainly of interest to system admini	Rule to parse description string from Fasta file: Rule 内容を確認
	Rule 28: ">[^]* ¥(.*¥)"
100 ヘージル家ホされました	Rule to parse accession string from local reference file:
	no local reference file 💌
	Source and parse rule for full text report (optional):
	Host
	Path
	no full text report
	Test this definition Delete this definition +
	No changes are written to mascot.dat until you choose: APPLY
	ページが表示されました ぽ イントラネット

表示された Mascot Database Maintenance 画面において、次の操作を行ってください。

NEWデータベースの動作確認

[1] NEW データベースの選択

Select 項から「NEW」を選択してください。

[2] 正規表現ルールの確認

Rule to parse accession 及び description string from Fasta file 部分に表示されている正規表現ル ールの内容及び番号が正しいことを確認してください。

[3] 正規表現テスト結果の確認

Test this definition ボタンを押し、表示された動作テスト結果を確認してください。mascot. dat に 追加した設定が正しく動作するかどうかが試験され、エラーがなければ次のような画面が表示されます。

動作テスト結果ページ

🎒 Matrix Science - Database N	1aintenance – Microsoft Internet Explorer	
ファイル(E) 編集(E) 表示(V)) お気に入り(A) ツール(T) ヘルプ(H)	
수 戻る 🔹 🔿 🔹 🖄	◎検索 函お気に入り ⑧メディア 🧭 💁 🖅 🗐	
アドレス(D) 👩 http://iu/masco	t/x-cgi/db_gui.pl?1096009901 🛛 🗸 🤗移動 リンク »	
Google -	▼ 総ウェブ検索 ▼ PageRank 早ブロック数: 20 ■ すい **********************************	
6		
Mascot Database	Maintenance	
Tocting Databaco Do	finition NEW	
resulty Database De		
Warning: Definition	is not active	
Tacting optrios at be	gipping and ond of	
C:/INETPUB/MASCO	DT/sequence/NEW/current/NEW_20040101.fasta:	
Accession	Description	
00001	Test description for a protein aaa	
00002	Test description for a protein bbb	
00003	Test description for a protein ccc	
00004	Test description for a protein ddd	
00005	Test description for a protein eee	
00006	Test description for a protein fff	
00007	Test description for a protein ggg	
00008	Test description for a protein hhh	
00009	Test description for a protein iii	
00010	Test description for a protein jjj	
Return to database definitions		
	•	
ど ページが表示されました		

画面中の Accession の欄には、正規表現ルール番号28によって抽出されたAccession番号がリストされ ます。同様に、Description の欄には、正規表現ルール番号29によって抽出されたDescriptionの内容がリ ストされます。ここで何らかのエラーが生じた場合は、その内容が赤文字で出力されます。その場合は、

[4] エラー内容の確認

エラーの内容を確認してブラウズを閉じてください(ブラウザは必ず閉じてください)。

[5] mascot. dat の設定内容の再確認

mascot. datの設定内容を再度確認し、正しく編集した上で、上書き保存してください。

[6] 再テスト

ブラウザを開き、再度[1]からやり直し、エラー出力がなくなるまで繰り返してください。

3-6 新規配列データベースの本登録

テキストエディタで mascot. dat ファイルを開き、Databases セクションの NEW デー タベースの登録行のコメント # をはずし、上書き保存してください。NEW データベー スのセットアップが始まります。

NEWデータベースの本登録

(変更前)

NEW C:/INETPUB/MASCOT/sequence/NEW/current/NEW_*.fasta AA 1 1 1 1 1 0 0 28 29 0 0

(変更後)

NEW C:/INETPUB/MASCOT/sequence/NEW/current/NEW_*.fasta AA 1 1 1 1 1 0 0 28 29 0 0

ブラウズを起動し、MASCOT のトップページ画面にある Database Status のリンクを クリックし、MASCOT search status page 画面を表示させてください。NEW データベ ースのセットアップ状況を確認することができます。 MASCOT Server のトップページ



NEW データベースのセットアップの進行に伴い、NEW データベース・ブロック内の Status 行の表示が次のように変化します。

Status = Creating compressed files n% complete Status = Running 1st test Status = First test just run OK Status = Trying to memory map files Status = Just enabled memory mapping Status = In use

In Use になった時点で、NEW データベースのセットアップが完了します。

3-7 検索テスト

ブラウザを起動し、検索条件設定画面を表示させてください。Database 項から NEW データベースを選択することができ、適当な質量データを使ってMASCOT検索が実行できることを確認してください。



以上で新規配列データベースの登録とセットアップは完了です。