

# PER LOCAL EXPERTS

## Cose da fare per iniziare l'editing della GO

Per ogni problema, domanda o dubbio mi potete chiamare al 6165 oppure al 3477183572

### Link utili

#### **WIKI page del Muscle Content Meeting**

[http://wiki.geneontology.org/index.php/Muscle\\_Development](http://wiki.geneontology.org/index.php/Muscle_Development)

[www.geneontology.org](http://www.geneontology.org)

Sito ufficiale della GO dove potete trovare moltissime informazioni sulla Gene Ontology

<http://www.geneontology.org/GO.usage.shtml>

Guida per l'editing della GO

Guida generale per modificare

Cellular Component: <http://www.geneontology.org/GO.component.guidelines.shtml>

Molecular Function: <http://www.geneontology.org/GO.function.guidelines.shtml>

Biological Process: <http://www.geneontology.org/GO.process.guidelines.shtml>

Quando vi ho installato oboedit ho già fatto tutti questi passaggi:

1. Scaricare il file della GO dal sito [www.geneontology.org](http://www.geneontology.org)  
Scegliere il file in formato **obo1.2** che è quello che useremo anche durante il meeting. Se invece dovete usare altri file (per esempio il GO file di un content meeting) vi verrà sicuramente indicato il link da dove potete scaricarlo.
2. Scaricare oboedit 1.2 dal sito [www.geneontology.org](http://www.geneontology.org)  
La versione ufficiale di oboedit è 1.1 e le successive versioni beta. La versione platform-independent funziona bene ma se volete potete scaricarvi ed installare la versione per il vostro sistema operativo come Windows, Linux o Mac os x
3. Durante l'editing della GO ci saranno dei parametri che rimarranno fissi ed in particolare le referenze.

Ciascun editor dovrà infatti inserire nelle dbxref:

**GOC:mtg\_muscle**

**GOC:proprie iniziali**

### Come è organizzato oboedit ?

Nel pannello a sinistra potete visualizzare l'ontologia completa.

In alto a destra ci sono una serie di etichette, ognuna delle quali permette di visualizzare informazioni diverse: Search and Filter, Parent Plugin, Edit, DAGview e Graphviewer

Il pannello centrale cambia a seconda delle etichette che si scelgono di attivare.

#### **Search and filter**

Serve per CERCARE un termine o sinonimo nell'ontologia.

Se selezionate questa etichetta vedrete che sotto compare un box con le opzioni per la ricerca

#### **Parent Plugin**

Non vi servirà

## Edit

Vi permette di MODIFICARE il termine che avete selezionato.

Potete cambiare la definizione oppure le referenze oppure aggiungere alcuni sinonimi

## DAGview

Vi permette di visualizzare l'albero dell'ontologia e tutti i possibili percorsi che partono dalla radice dell'albero e arrivano al termine che abbiamo selezionato. E' utile per verificare che le relazioni con i termini padri siano corrette.

## GraphViewer

Fornisce una visualizzazione grafica dell'ontologia usando cerchi/frecce per indicare i termini e le relazioni. Non è stato installato perchè poteva dare dei problemi.

A seconda di cosa volete fare potete selezionare una specifica etichetta.

## Significato di alcune icone

Alcune icone possono essere utili nella visualizzazione e ricerca dei termini.

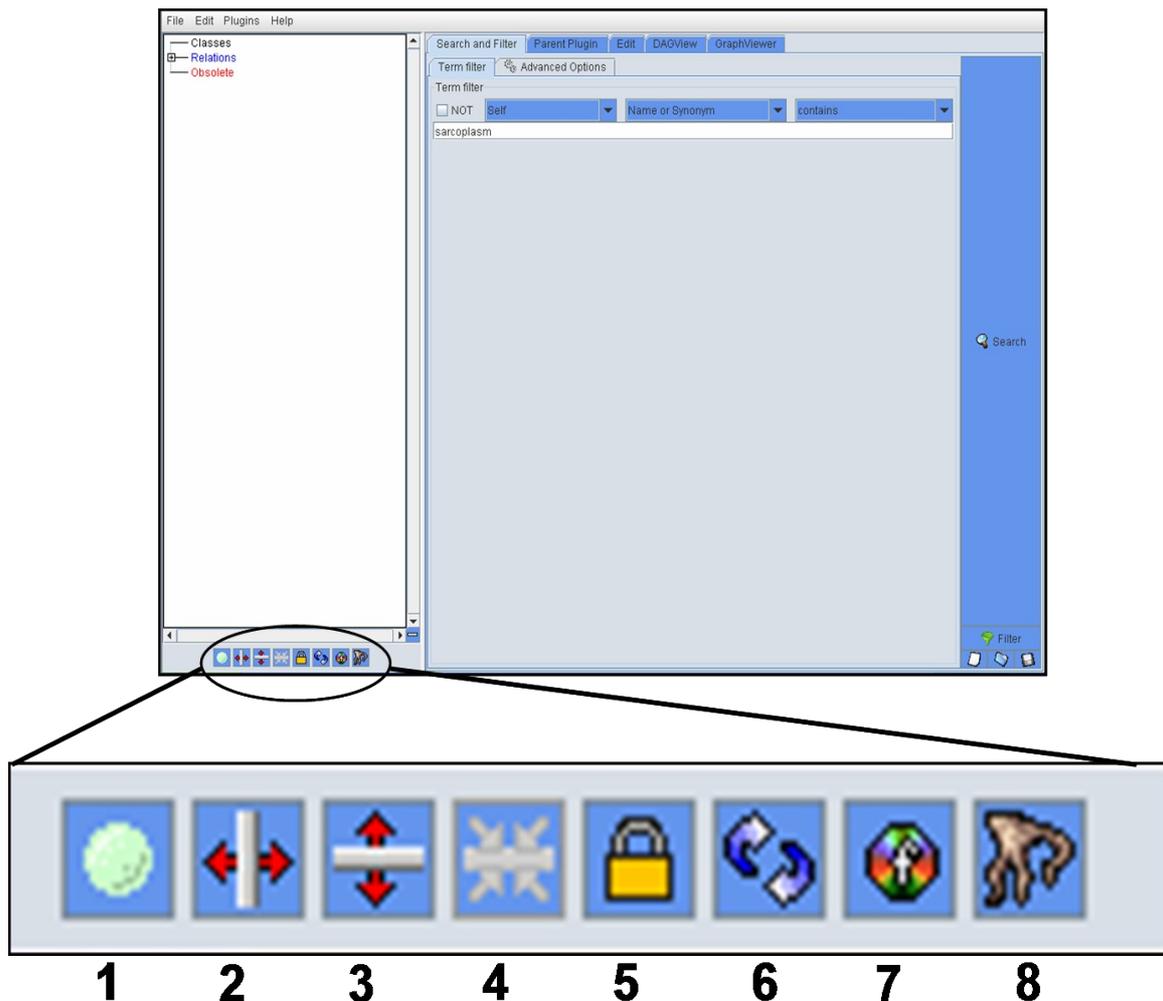
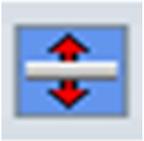
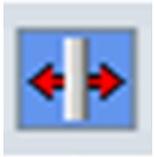


Figura 1: icone disponibile in oboedit

Le icone più utili sono quelle dal numero 1 al 5 mentre le altre sono poco usate e non verranno prese in considerazione (Figura 1).



Icona che permette di dividere orizzontalmente il box a sinistra in due parti. In questo modo se si sta lavorando ad un'area della GO si può contemporaneamente visualizzarne un'altra che si trova molto distante nel grafico (Figura 2).



Icona che permette di dividere verticalmente il box a sinistra in due parti. In questo modo se si sta lavorando ad un'area della GO si può contemporaneamente visualizzare la stessa area modificata con anche i nuovi termini.

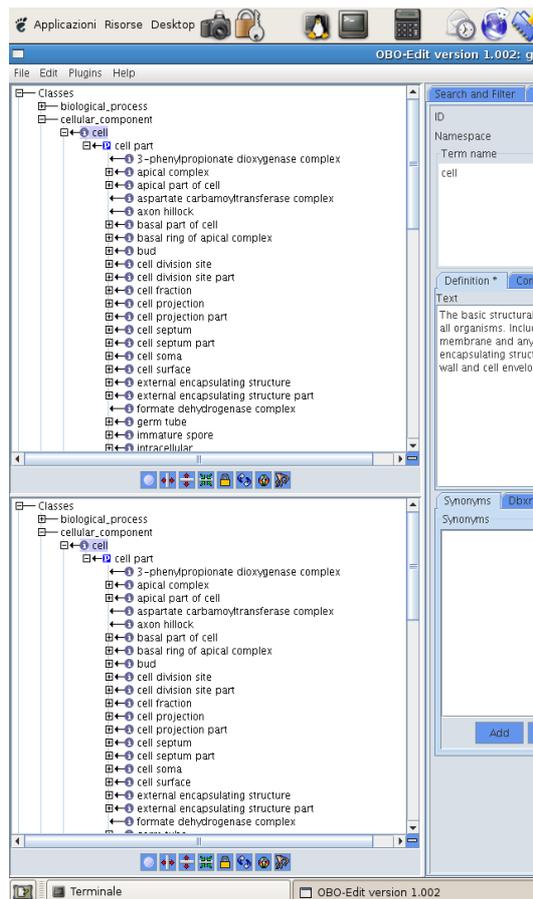


Figura 2: il box sopra è quello principale e visualizza le informazioni del termine cell GO:0005623 mentre il box sotto è quello secondario. Se si fa un Search questo sarà effettivo sul box primario ma non su quello secondario.



Icona che permette di rendere primario il box che prima era il secondario. Questo è molto utile perchè se prima avevamo effettuato un Search sul box primario per cercare il termine cell. Ora possiamo fare un'altra ricerca sul box secondario cliccando prima questa icona e poi cercando la parola cell fraction (Figura 3).

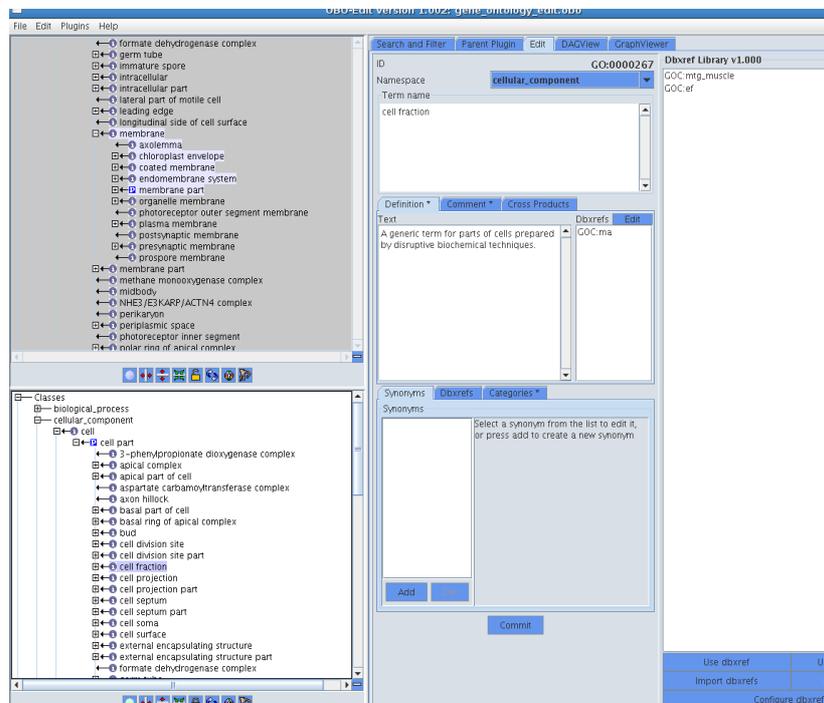


Figura 3: Dopo aver diviso il box in due, posso prima cercare in quello sopra e poi in quello sotto se prima lo si è trasformato in primario.



Icona che fa riunire tutti i box in un singolo box come quello iniziale.



Icona che permette di “congelare” la visualizzazione di un box su una particolare area della GO. Il box congelato diventa grigio e non si può più scorrere la GO ma si rimane bloccati sull'area di interesse (Figura 4).

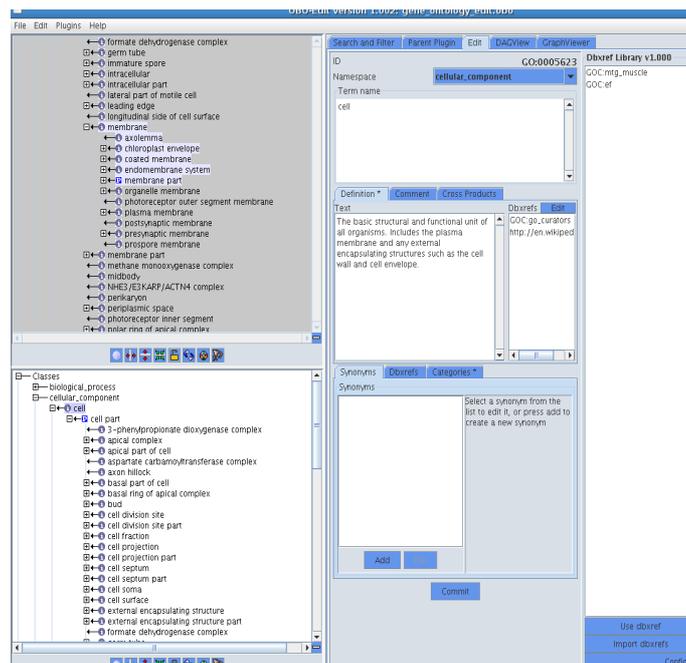


Figura 4: Si può vedere che il box sopra è congelato sul termine membrane mentre il box sotto è diventato il primario ed è possibile usarlo per Search.

## Caricare il file della GO (gene\_ontology\_edit.obo)

File Load term

Si apre una finestra.

Selezionare advance (tasto a destra della finestra)

quindi scegliere:

Data adapter: OBO flat file Adapter

Store adapter settings: muscle\_meeting

OBO flat file Adapter Configuration: il file che si vuole caricare (cliccare Browse e cercare il file della GO che avete scaricato)

ed infine premere OK (Figura 5).

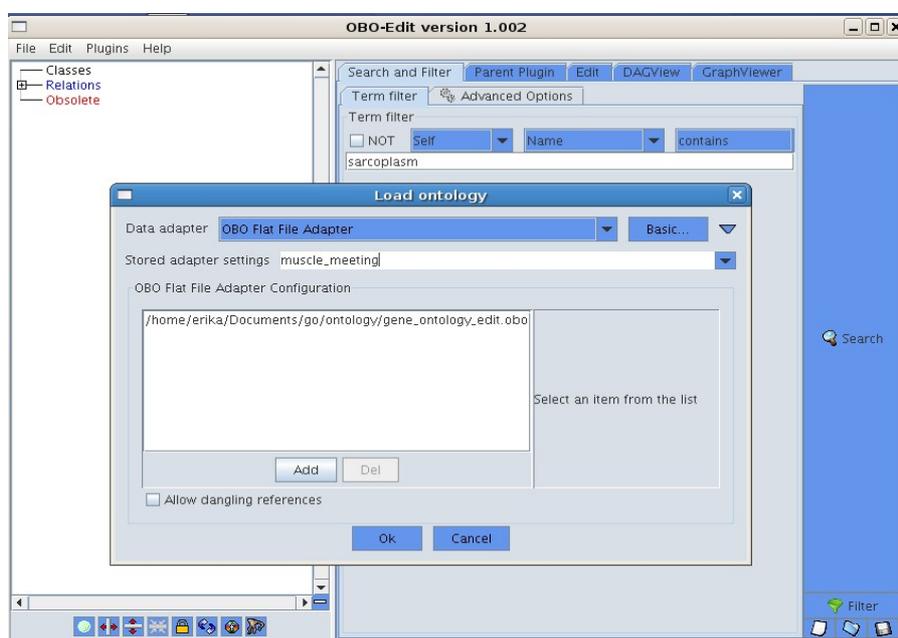


Figura 5: come caricare un file.

## Salvare il file della GO

File Save as

Si apre una finestra quindi scegliere (Figura 6):

Data adapter: OBO flat file Adapter

Store adapter settings: muscle\_meeting

OBO flat file Adapter Configuration: il file che si vuole salvare e dove si vuole salvarlo.

Per comodità potete sovrascrivere il file che avete precedentemente scaricato dal sito della gene ontology oppure salvarlo con un altro nome.

Controllare che siano selezionate le opzioni:

**Don't write ID rules**

**Output type: OBO\_1\_2**

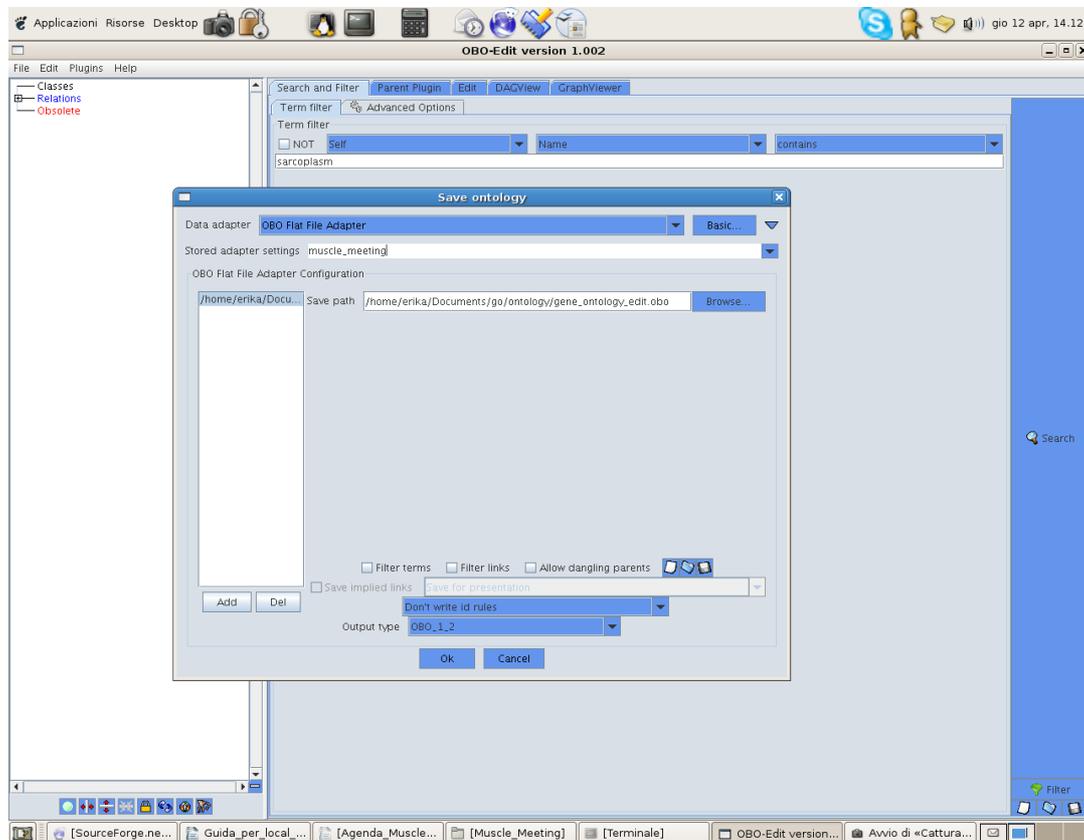


Figura 6: come salvare il file

Durante il Load o il Save ricordatevi che....

...se spostate la cartella di oboedit oppure la rinominate oppure rinominate i file dovete dire al programma dove sono questi file o come sono stati rinominati cliccando sul tasto Browse e andando alla ricerca dei file che vi interessano.

Se non lo fate il programma non riesce a trovare i file che gli servono.

Se usate oboedit su diversi computer, ricordatevi **SEMPRE di caricare l'ultima versione** del file gene\_ontology\_edit.obo che avete modificato altrimenti perderete il lavoro fatto in precedenza.

## Cercare un termine

Selezionare l'etichetta "search and filter" (Figura 7).

Subito sotto si possono notare altre due etichette: **Term filter** e **Advanced Options**

Andare su **Advanced Options** e **selezionare Term filtering** e deselezionare tutto il resto.

Quindi tornare sull'etichetta **Term Filter** necessaria per gestire ed impostare le Vostre ricerche.

Ci sono tre campi da impostare, ognuno dei quali con un menù a tendina:

- **self** (può rimanere così)
- **name** (se aprite il menù a tendina vedrete che ci sono varie opzioni tra le quali anche name and synonym oppure ID etc)  
Se per esempio volete cercare tutti i termini (o i sinonimi) che contengono la parola *sarcoplasm* dovrete selezionare "name and synonym".
- **contains** (se volete tutti i termini che contengono la parola *sarcoplasm* dovrete scegliere contains e non equals perchè altrimenti vi troverà solo i termini esattamente uguali alla parola che voi state cercando).

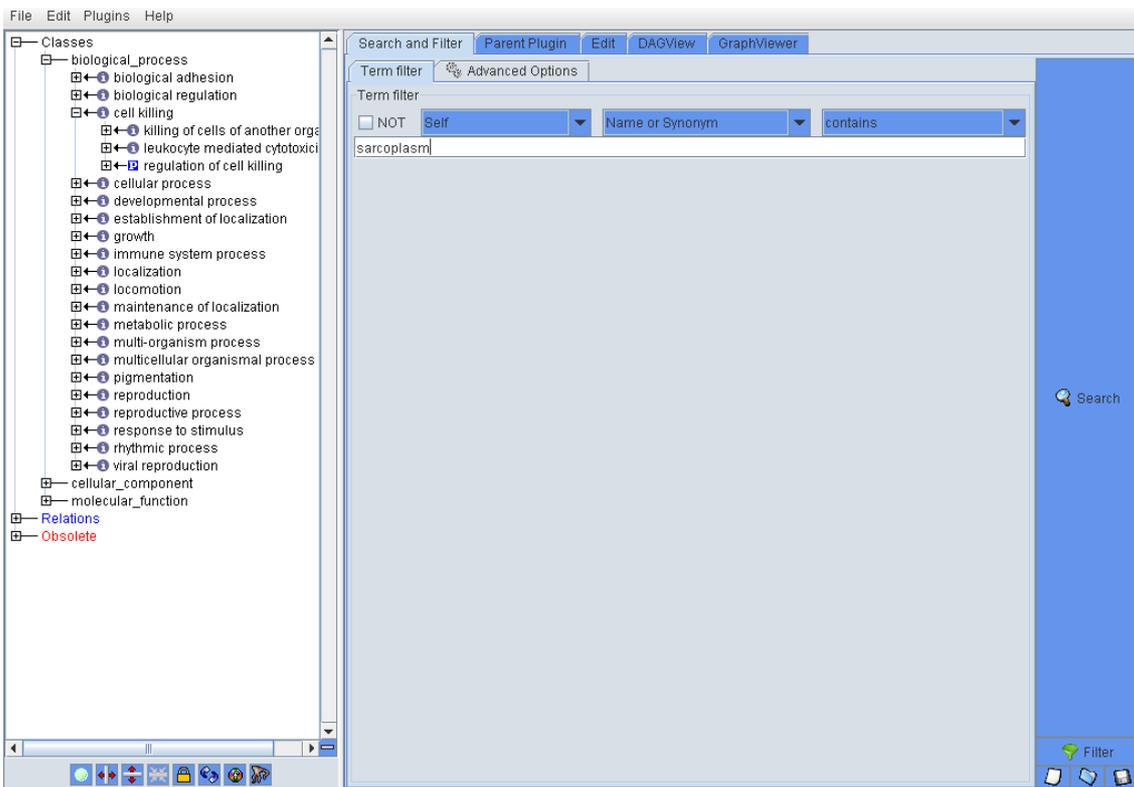


Figura 7: Search and Filter

A questo punto potete premere il tasto search alla vostra destra e otterrete il risultato riportato sotto (Figura 8).

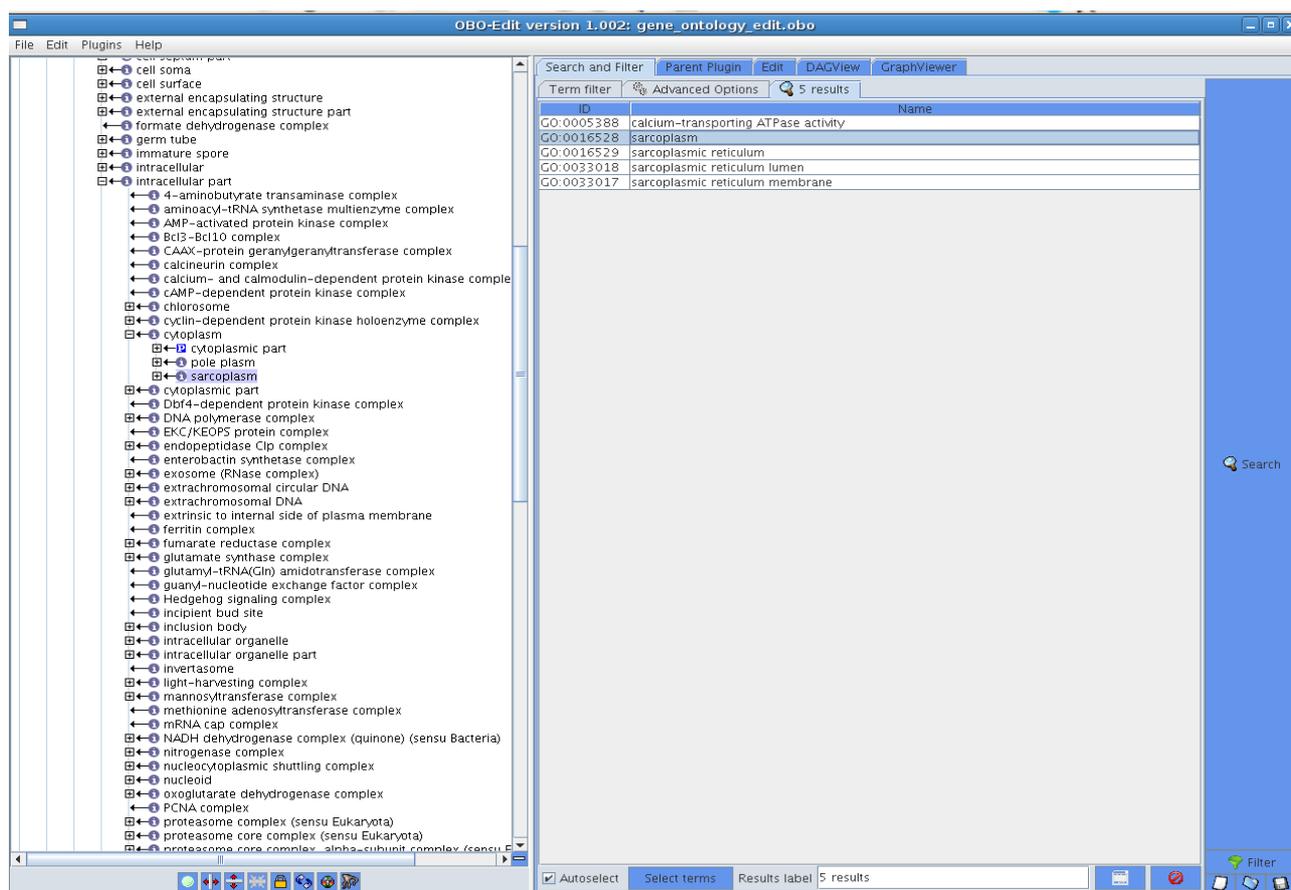


Figura 8: Risultato della ricerca. Per eliminare la ricerca si deve cliccare sull'icona del divieto di sosta.

Notate che il risultato della ricerca si trova in un'altra etichetta subito affianco ad Advanced Options.

Per cancellare una ricerca è sufficiente selezionare il simbolo rosso **“simile al divieto di sosta”** in basso (vi consiglio di cancellare ogni tanto le ricerche che non vi servono altrimenti occupate memoria inutilmente).

In questo caso sono stati trovati 5 termini che contengono la parola sarcoplasm.

E' possibile selezionare uno (o più termini usando il tasto Ctr oppure Shift) che ci interessano e visualizzare sulla sinistra la posizione nell'ontologia.

## Etichetta Edit

Se invece vogliamo visualizzare la definizione del termine e altre informazioni dobbiamo selezionare l'etichetta "Edit" che si trova in alto subito dopo quella "Parent Plugin". Questa etichetta visualizza (Figura 9):

- l'identificativo del termine es. GO:00016528
- la sub-ontologia alla quale appartiene il termine. es. cellular\_component.  
**IMPORTANTE: NON SI DEVE CAMBIARE IL NAMESPACE:** i termini non possono essere spostati da una subontologia all'altra. Per passare per esempio da cellular\_component a molecular\_function bisogna muoversi nel grafico della GO visualizzato a sinistra.
- il nome del GO term es. sarcoplasm
- la definizione
- DBXREF es. ISBN: 0198547 **ATTENZIONE:** in questo campo dovrete inserire la vostra referenza (GOC:iniziali). In questo modo potremmo creare un filtro che vi permetterà di visualizzare con un colore i termini da voi aggiunti o modificati.
- A destra vedete invece la **Dbxref library v1.000**: lista delle referenze dalle quali si è ricavata la definizione. Qui dentro troverete anche le referenze del tipo GOC:initials e GOC:mtg\_meeting.  
Per inserire le Vostre referenze sarà sufficiente trascinarle da questa library al box Dbxref affianco al box Definition.

Ogni volta che si modifica la GO bisogna salvare le modifiche cliccando il tasto **COMMIT** nella parte bassa dello schermo. Se non si clicca commit tutte le modifiche vengono perse.

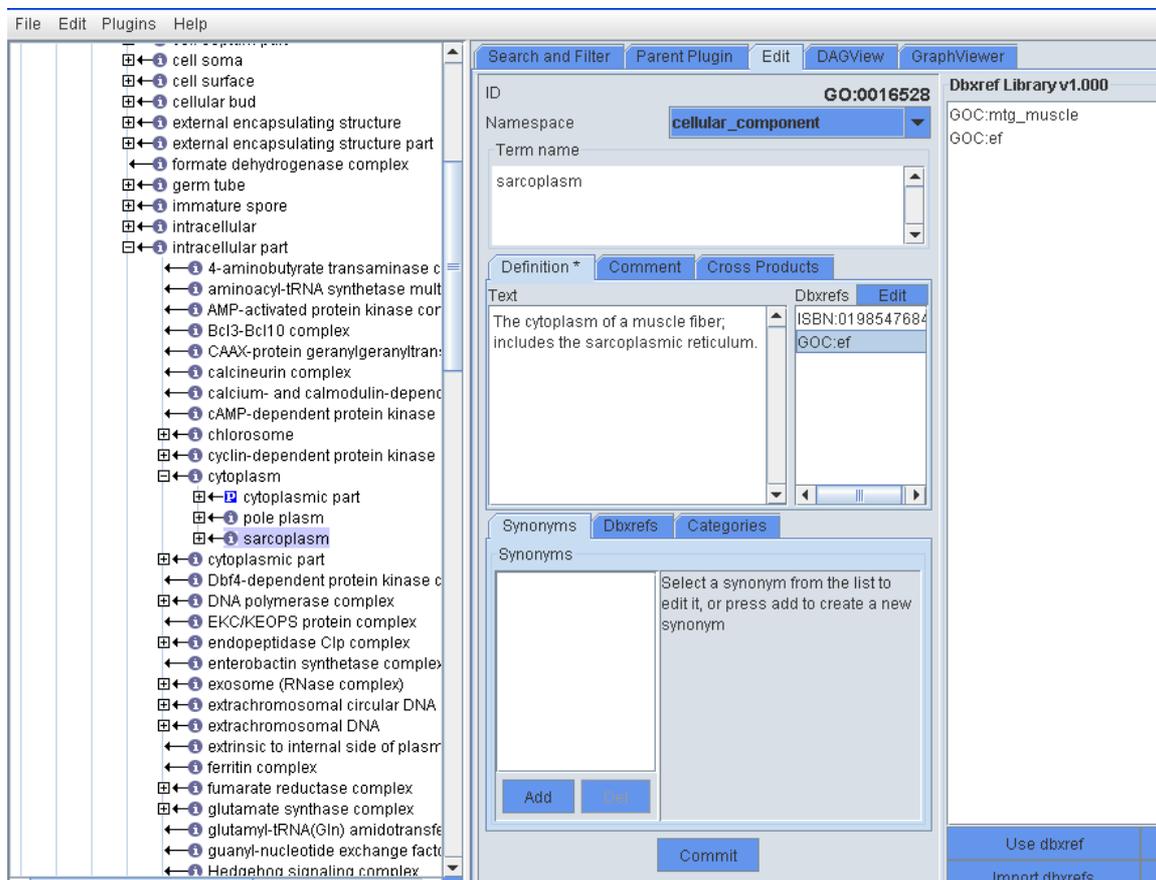


Figura 9: cosa si visualizza selezionando l'etichetta Edit

## Tipi di referenze

Ci possono essere diversi tipi di referenze:

GOC:initials (es. GOC:ef per Erika Feltrin)

GOC:mtg\_meeting (es. per il Content Meeting sul muscolo)

PMID:12345677 (es. per un articolo)

ISBN:325436 (es. per un libro)

<http://en.wikipedia.org> (es. per un sito internet)

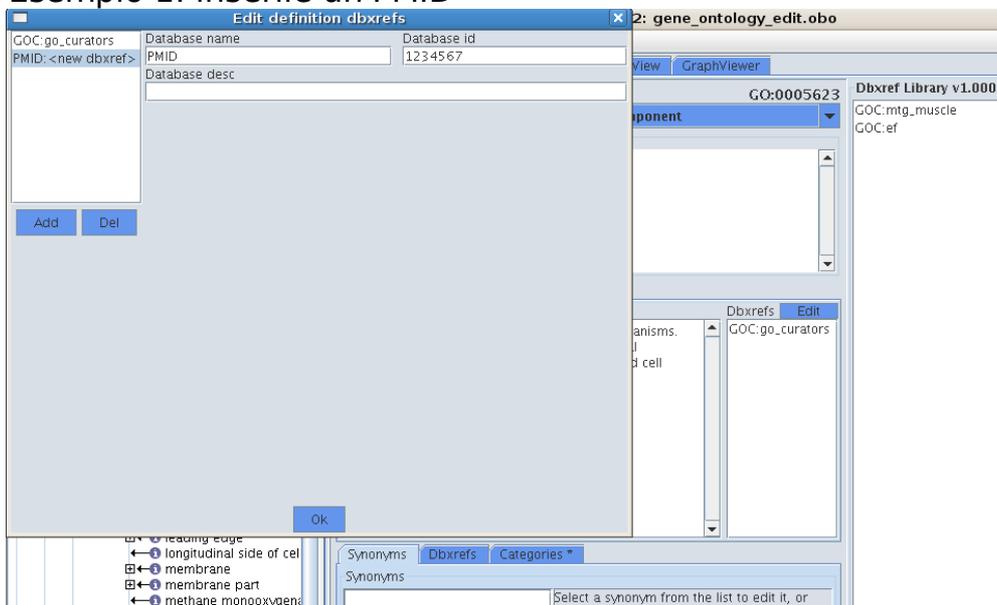
Per inserire una referenza ci sono due modi:

1 – trascinare la referenza dal box Dbxref library al box Dbxref

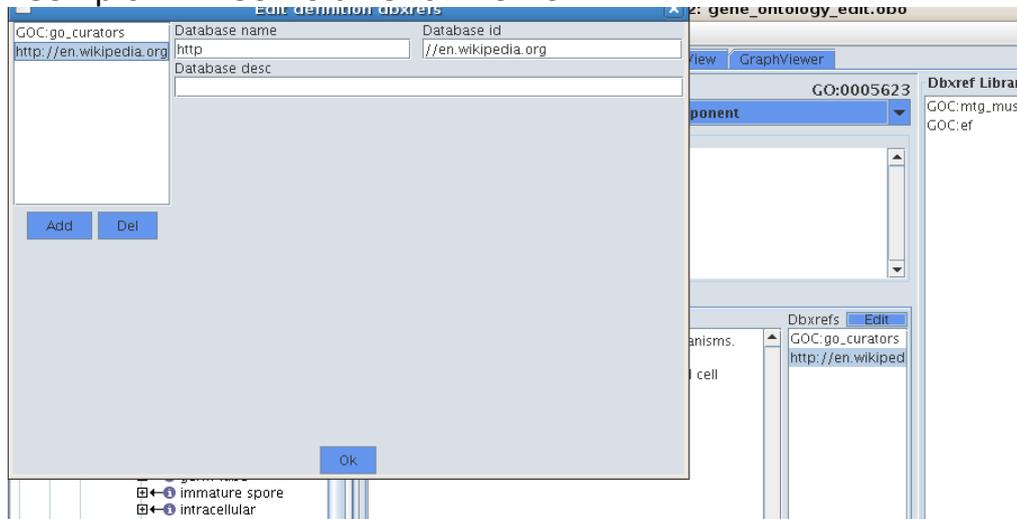
2 – cliccare sul tasto Edit nel box Dbxref. Compare a questo punto una finestra dove potete selezionare il tasto Add e inserire altre dbxref (Esempio 1: inserire un PMID ed Esempio 2: inserire un sito internet)

Infine schiacciare OK per salvare i dati inseriti

### Esempio 1: inserire un PMID



### Esempio 2 : inserire un sito internet



## Etichetta DAGview

Se invece siete interessati a vedere tutti i percorsi possibili che portano al termine selezionato, dovete usare l'etichetta DAGview (Figura 10). Potete così visualizzare tutte le relazioni del termine con gli altri termini della GO.

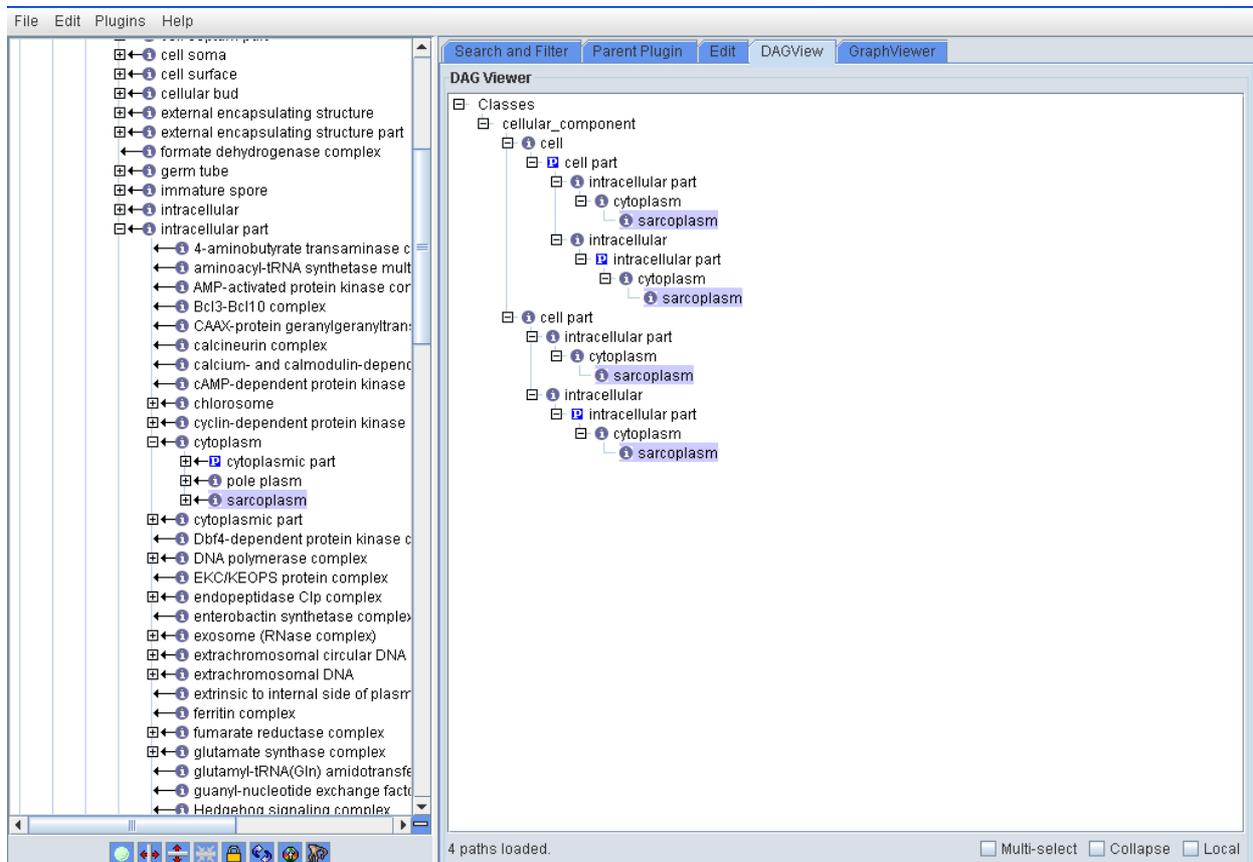


Figura 10: selezionando l'etichetta DAGedit potete visualizzare tutte le posizioni nell'ontologia del termine selezionato. E' importante notare che un termine può essere presente in diversi nodi della GO.

## Modifica di un termine già esistente

Esempio: vogliamo modificare la definizione di “natural killer cell proliferation”  
GO:0001787.

Cerchiamo il termine usando l'opzione Search and Filter.

Possiamo impostare la ricerca in due modi:

1. con questi parametri:

self	name	equals
natural killer cell proliferation		

2. con altri parametri:

self	ID	equals
GO:0001787		

Selezioniamo il termine cercato e andiamo sull'etichetta Edit.

Lasciamo la definizione già esistente intatta e alla fine inseriamo le parole.

“ **New definition:** ” seguita dalla nuova definizione come nella figura sotto.

Inoltre dobbiamo ricordarci di trascinare nelle Dbxref le nostre referenze (che si trovano a destra).

Alla fine cliccare sul tasto COMMIT (Figura 11).

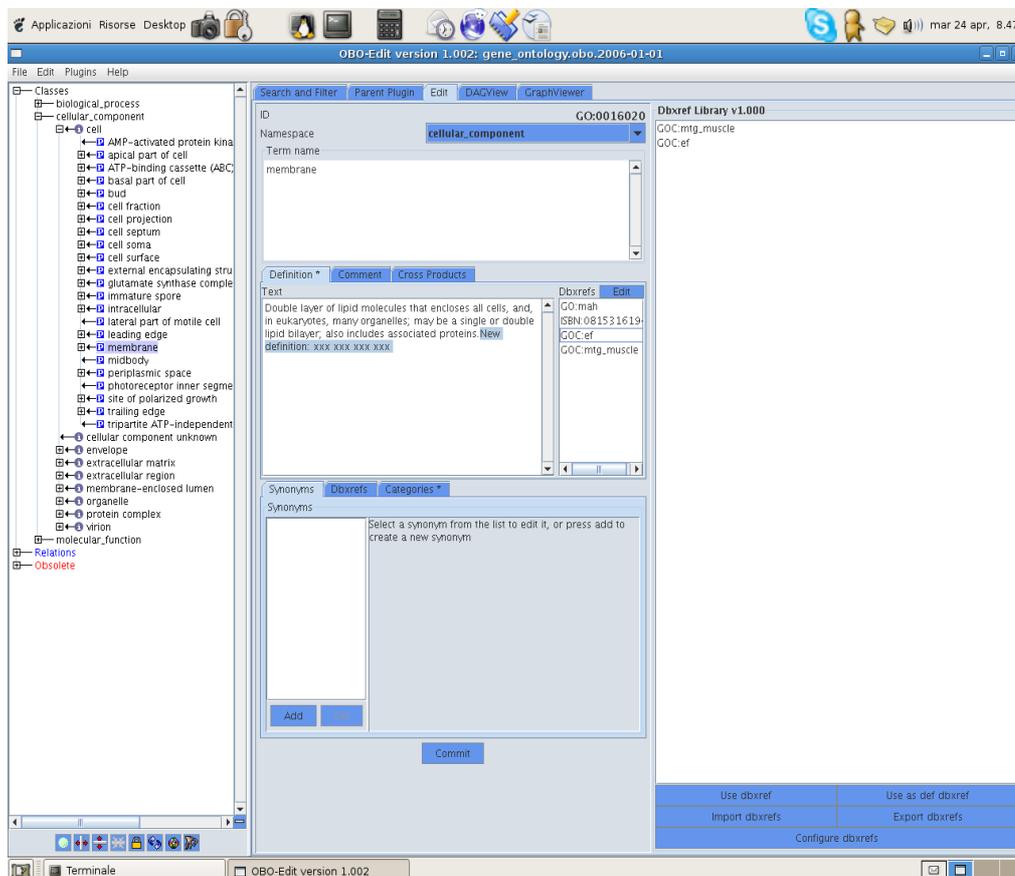
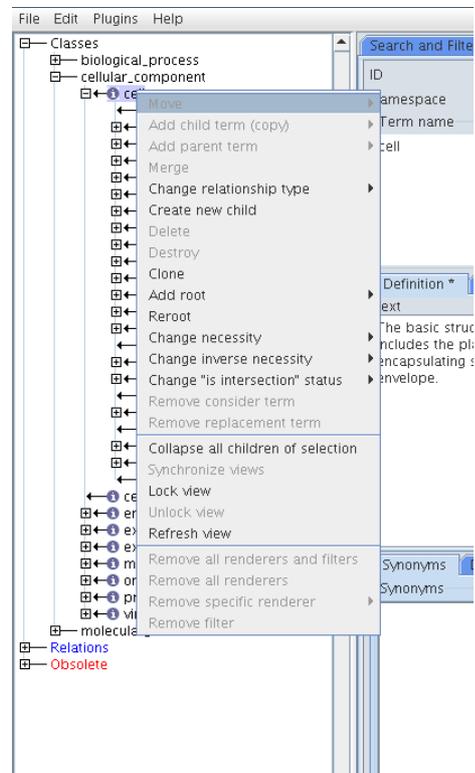
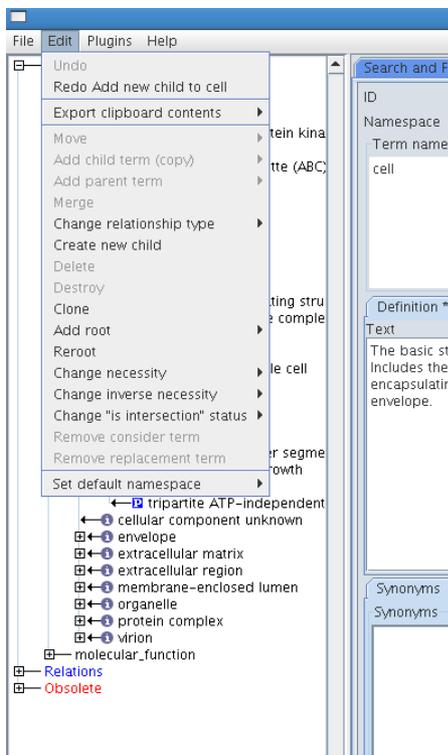


Figura 11: come posso modificare un termine

## MENU' EDIT

Le opzioni che potete trovare nel menù Edit e che Vi serviranno per il Vostro lavoro sono:

<b>Undo</b>	serve per annullare le operazioni eseguite.
<b>Redo</b>	utile per rifare un'operazione che si era annullata in precedenza.
<b>Move</b>	vedere sotto
<b>Add child term (copy)</b>	vedere sotto
<b>Merge</b>	vedere sotto
<b>Change relationship type</b>	se ritenete che la relazione di un termine con il termine padre sia sbagliata potete cambiarla.
<b>Create New Child</b>	per creare un nuovo termine nella posizione selezionata con il mouse.
<b>Delete</b>	per cancellare un termine che voi avete creato (NON SI POSSONO CANCELLARE TERMINI GIA' INSERITI NELLA GO).



Esempio 1: selezionando dal menù Edit

Esempio 2: cliccando con il tasto destro su cell

Le opzioni in **blu** possono essere visualizzate anche cliccando sul termine con il tasto destro del mouse.

Le opzioni in **arancione** sono attive solo se vengono selezionate **cliccando con il tasto sinistro del mouse sul termine di interesse e trascinandolo sopra un altro termine**. NON si possono attivare semplicemente andando sul menù EDIT.

Per usare le funzioni in arancione dovete prima selezionare **nella GO a sinistra il termine che volete spostare (MOVE) oppure unire (MERGE)**. Poi lo trascinate sopra il NUOVO TERMINE PADRE.

Provate per esempio a prendere il termine **membrane GO: 0016020** ed a trascinarlo sopra il termine **cell fraction GO:000267** fino a quando il termine cell fraction non viene sottolineato in giallo.

A questo punto lasciate il tasto del mouse e vedete che vi compaiono 4 opzioni:

Add child term (copy)	Permette di <b>copiare un termine in un'altra parte della GO</b> lasciandolo però anche nella posizione iniziale. E' come se faceste COPIA ed INCOLLA. Potete scegliere se copiare mantenendo la stessa relazione oppure cambiare anche la relazione.
Add parent term	Non ci interessa
Move	Permette di <b>muovere un termine da una posizione ad un'altra</b> spostandolo dalla posizione originale. E' come se faceste TAGLIA ed INCOLLA. Potete muovere lasciando la stessa relazione oppure cambiando la relazione con il nuovo termine padre.
Merge	Potete fondere il termine selezionato con il termine che viene sottolineato in giallo. E' un'operazione non molto diffusa e dovete essere certi che i termini che volete unire abbiano esattamente lo stesso significato.

Prima fase: Selezionare il termine membrane.

Seconda fase: trascinare il termine fino a quando cell fraction non viene sottolineato in giallo (Figura 12).

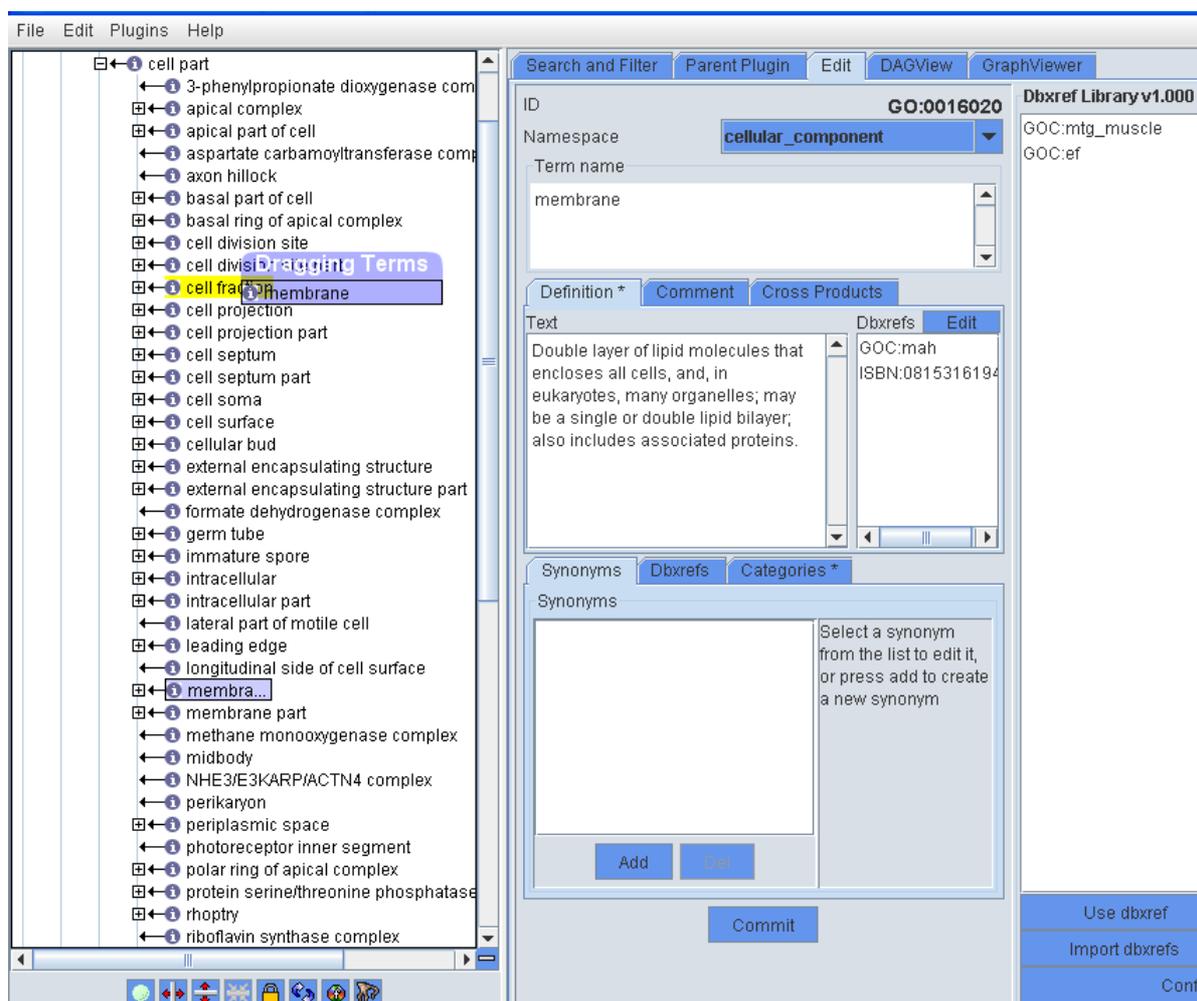


Figura 12: selezionare il termine membrane e trascinarlo sopra il termine cell fraction fino a quando non diventa giallo.

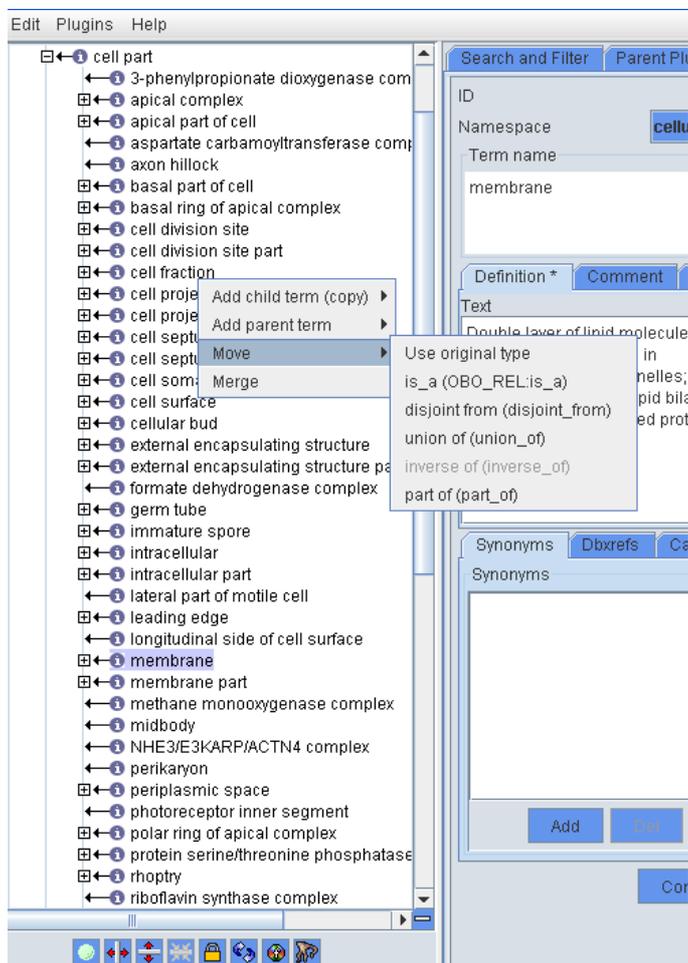
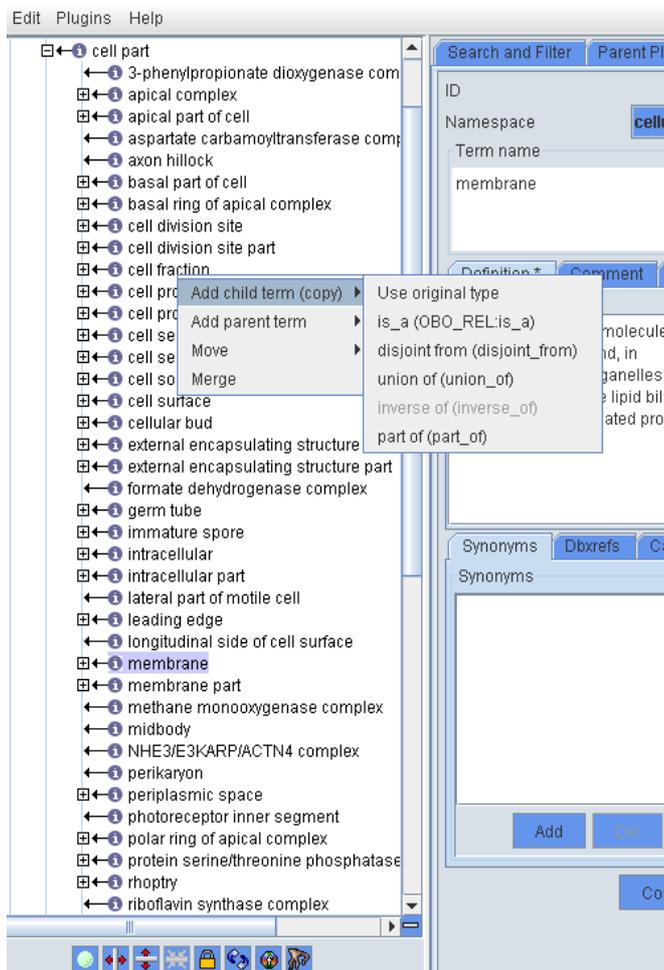
Terza fase: lasciare il tasto del mouse.

Quarta fase: selezionare l'opzione che vi interessa

Esempio 1: abbiamo selezionato add child term (copy)

Esempio 2: abbiamo selezionato move

## Esempio 1 e 2



## Aggiungere un nuovo termine

Se invece volessimo aggiungere un nuovo termine dobbiamo utilizzare le opzioni che si trovano nel menù Edit (subito affianco al menù File) oppure vi potete posizionare sul termine che volete sia il termine PADRE del vostro nuovo termine e cliccare il tasto destro del mouse.

Scegliete quindi l'opzione **create new child** e riempite tutti i campi che servono a definire il nuovo termine (Figura 13).

Controllate che l'ID del nuovo termine abbia le vostre iniziali e che ci siano le vostre dbxref.

Inserite correttamente le definizioni e se pensate che ci siano delle STANDARD DEFINITIONS già disponibili, potete collegarvi al sito della GO [www.geneontology.org](http://www.geneontology.org) :  
per Cellular Component: <http://www.geneontology.org/GO.component.guidelines.shtml>  
per Molecular Function: <http://www.geneontology.org/GO.function.guidelines.shtml>  
per Biological Process: <http://www.geneontology.org/GO.process.guidelines.shtml>

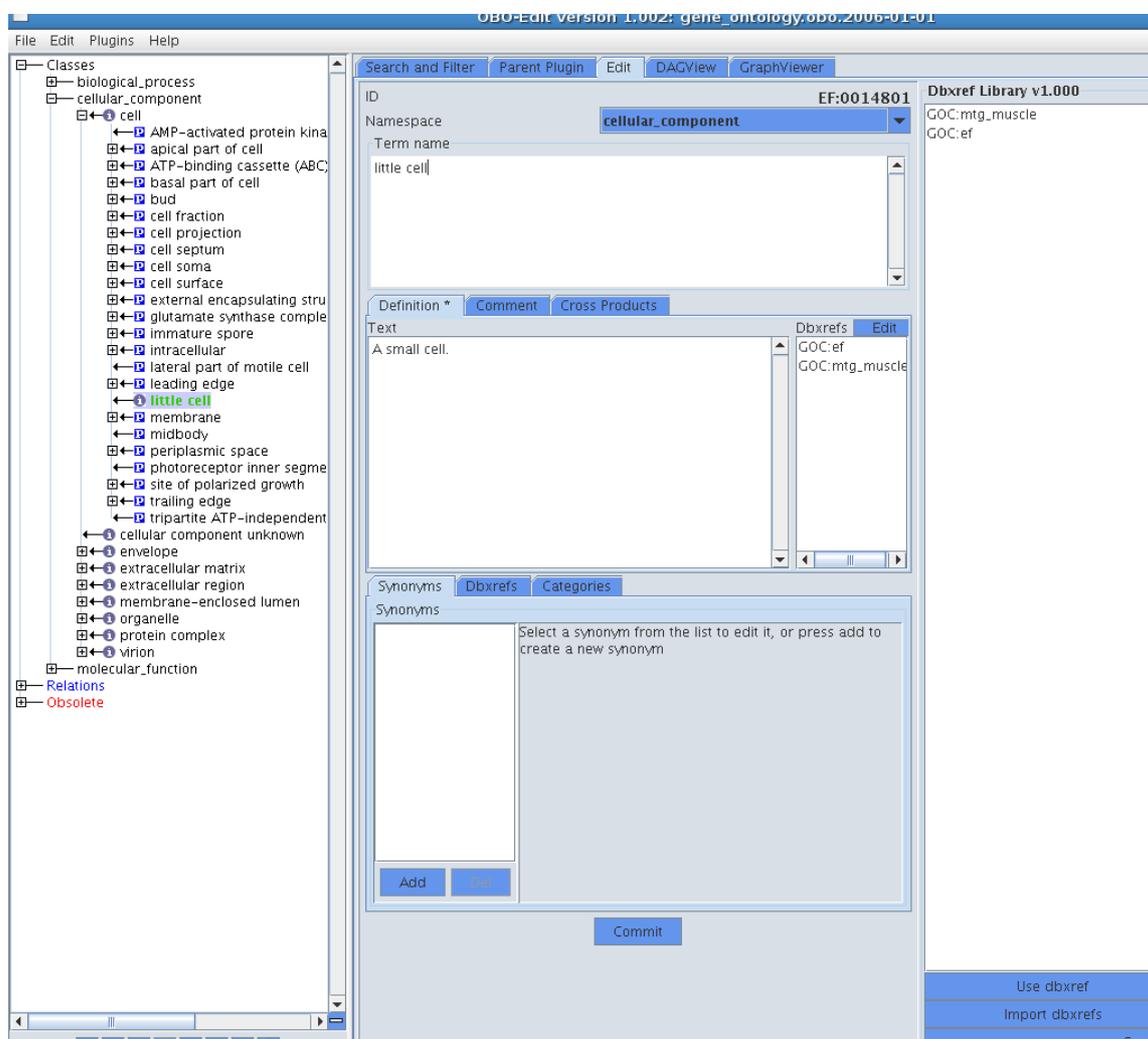


Figura 13: Come creare un nuovo termine. Esempio: il nuovo termine è "little cell" che è un IS\_A child di cell. Notate che ID del termine inizia con EF e non con GO, inoltre le dbxref sono GOC:ef e GOC:mtg\_muscle e che la definizione inizia con una lettera maiuscola e finisce con un punto.

A questo punto cliccate su COMMIT.