Digital Biology

TOMY DIGITAL BIOLOGY CO., LTD.

猫も杓子も

Geneious Prime でシークエンス解析

第 32 回 シークエンス間のアノテーションの転送 2

（Annotate from Database ツール 1）

geneious prime

Annotate from Database（データベースからのアノテーション）ツールは、その名前が示すように、目的のシークエンス内に見つかる可能性の高いアノテーションのデータベースを事前に作成する必要があります。データベースは興味のあるアノテーションをもつシークエンスを含むフォルダで構成されます。データベースには、目的のシークエンスに関連するゲノムシークエンスなど、複数のアノテーションを持つシークエンスや、単一の機能をコードするアノテーションシークエンスが含まれます。

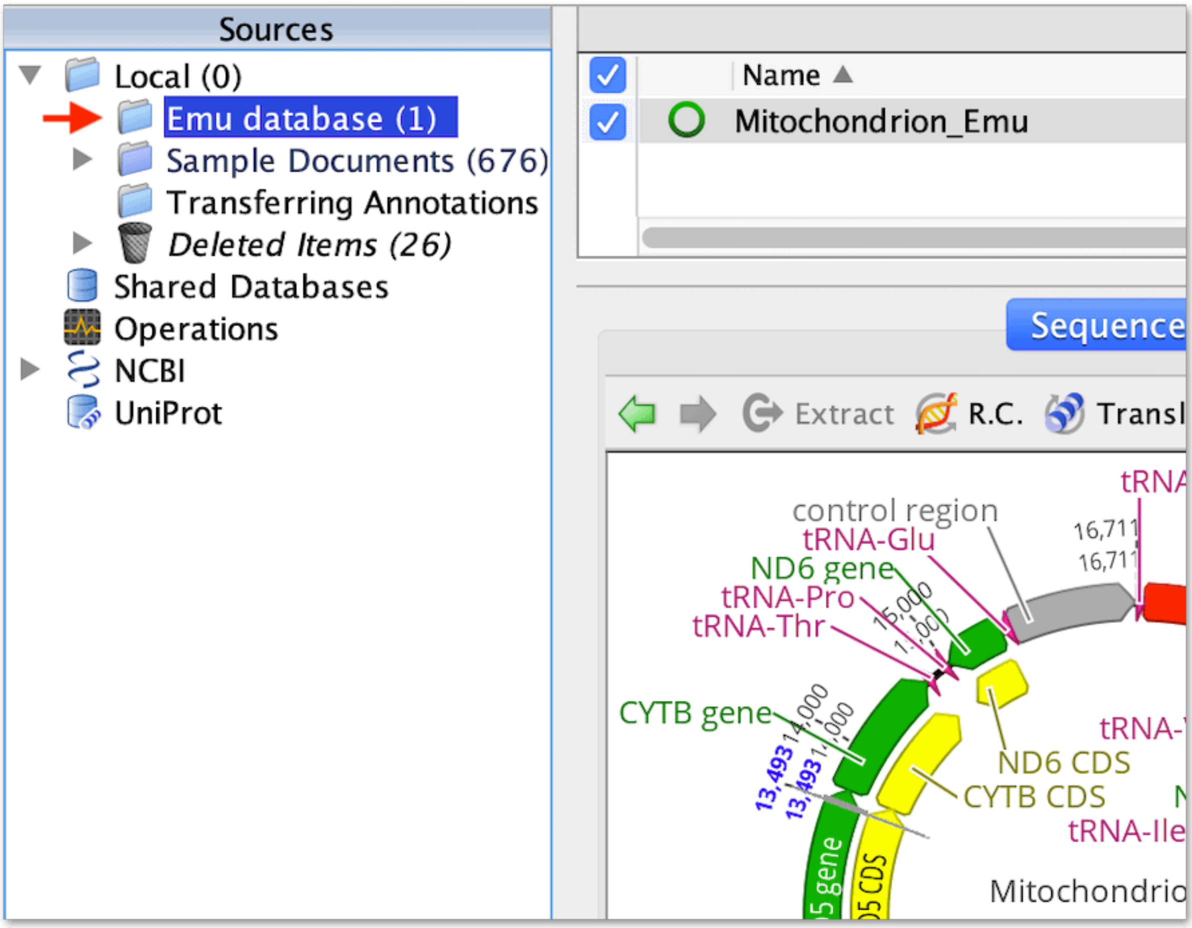
Geneious Prime 2019.2 以降では、アノテーションのないシークエンスも Source フォルダとして使用することができ、これらのシークエンスを、全長にわたって単一の misc_features アノテーションがあるものとして取り扱います。

Geneious Prime 2020 以降では、**Annotate from database** ツールに **Adjust CDS boundaries** オプションが追加されており、転送された CDS アノテーションの境界を指定された範囲内で対応する予測 ORF の開始コドンと停止コドンに一致するように自動的に調整することができます。このオプションはデフォルトでオンになっています。旧バージョンの Geneious ユーザーは、CDS の末端を確認し、必要な場合は手動で調整する必要があります。

こちらからダウンロードできるチュートリアルデータでは、アノテーションされていない Kiwi ミトコンドリアゲノムシークエンスを取り出し、アノテーションされた Emu ミトコンドリアゲノムシークエンスからなる簡単なデータベースを用いてアノテーションを行う操作を実際に試すことができます。

まず初めに、アノテーションの元となるデータベースを作成するため、新しいフォルダを作成します。**Source** パネルの **Local** フォルダを右クリック（または ALT/CTRL+クリック）し、**New Folder** を選択します。新しいフォルダの名前を **Emu database** としてください。

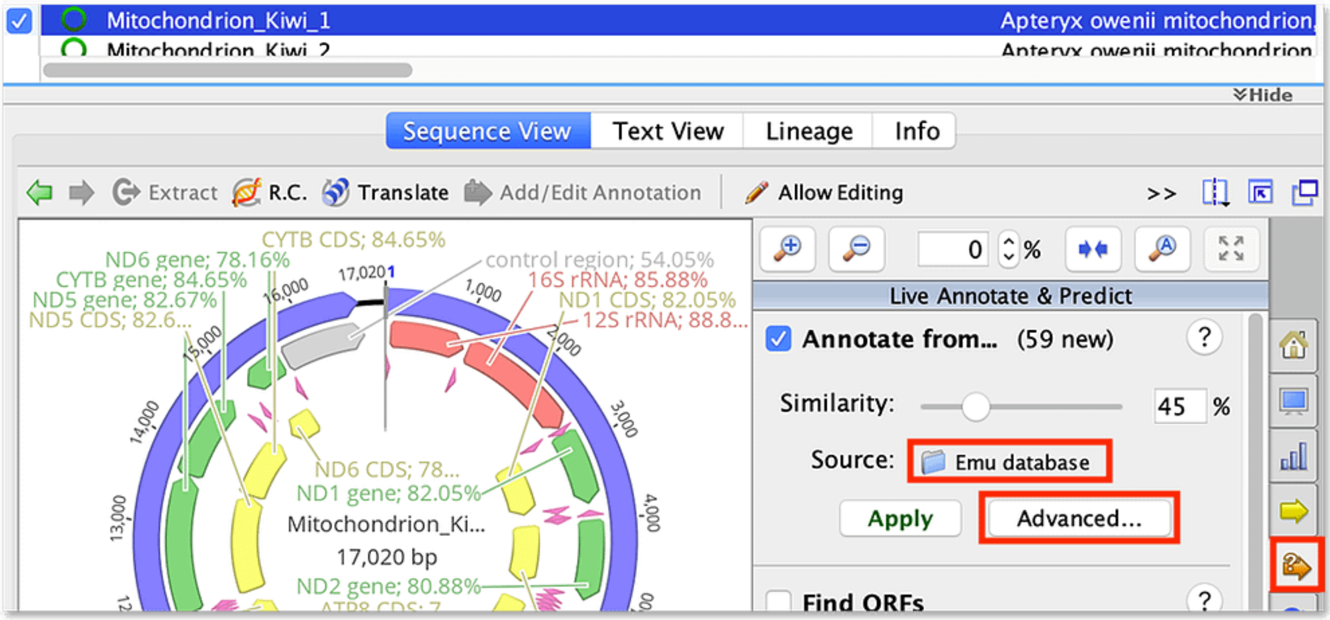
次に、インストールしたチュートリアルデータの **Transferring Annotations** フォルダ内にある **Mitochondrion_Emu** ファイルをコピーし、作成した **Emu database** フォルダにペーストします。非常にシンプルなものですが、これでアノテーションデータベースとして使用することができます。



Transferring Annotations フォルダに移動し、**Mitochondrion_Kiwi_1** という名前のアノテーションの無いシークエンスファイルを選択します。**Sequence View** パネルで、**Live Annotate and Predict** タブ(はてな矢印マーク)をクリックし、**Annotate from...**ボックスにチェックします。

Emu database フォルダをアノテーションデータベースとして設定するには、**Source:** をクリックすると、**Select Feature Folder** ウィンドウが開きますので、**Emu database** フォルダを検索して選択します。

データベースを指定すると、**Annotate From Database** ツールが、データベースフォルダ内のシークエンスにあるすべての機能アノテーションと、シークエンスの比較を開始します。大規模なデータベースまたはターゲットシークエンスの場合、アノテーション検索が"live"で進行中であることを示すプログレスバーが表示されます。**Similarity:** スライダーを約 50%以下まで調節してみると、Kiwi シークエンス上にもう新しい機能アノテーションが追加表示されないことがわかります。

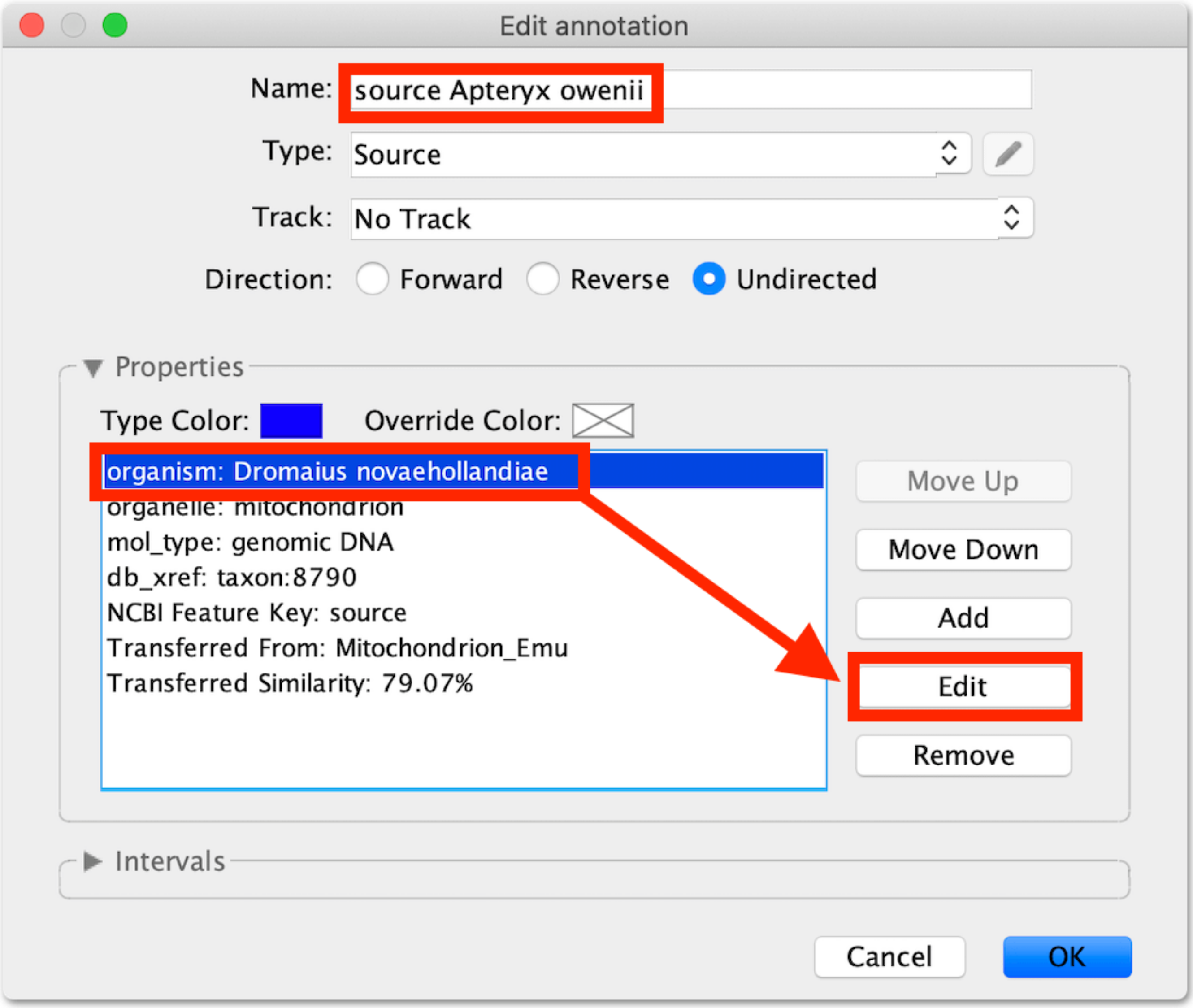


大部分の機能を特定することができたら、**Apply** ボタンをクリックすることで、シークエンスにアノテーションとして追加することができます。

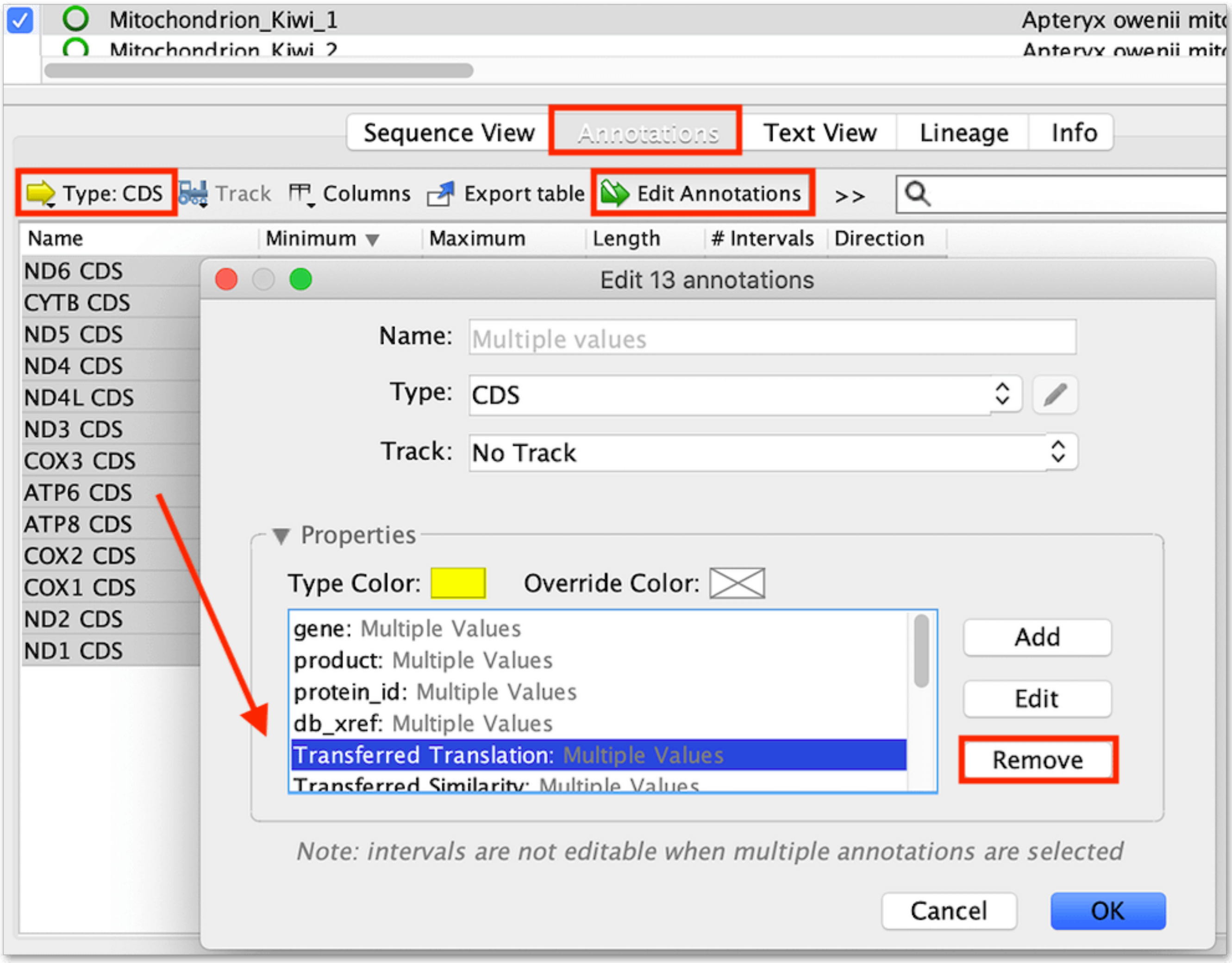
シークエンスビューアウィンドウで、新しく追加されたアノテーションの上にマウスカーソルを置くと、黄色いポップアップノートが表示され、名称、機能のタイプ、遺伝子産物の機能（既知の場合）、相同性、機能がコーディングシークエンス（CDS）の場合は翻訳予測など、アノテーションに関連する様々な情報が表示を表示することができます。

転送されたアノテーションのチェックと編集が完了したら、シークエンスを **Save** します。

Source のアノテーションを見てみると、**source Dromaius novaehollandiae**（エミューの学名）と表示された青いアノテーションも転送していますので（**Annotations** タブ（矢印マーク）で Source アノテーションの表示をオンにする必要があるかもしれません）、青い **Source** アノテーションをダブルクリックして編集し、**Name:** を **source Apteryx owenii**（キウイの学名）に変更します。さらに、Edit Annotations ウィンドウを閉じる前に、**Properties** をクリックし、**organism:** プロパティをダブルクリックして、プロパティ値を **Apteryx owenii** に変更します。また、**Intervals** をクリックし、ゲノムシークエンス全体（1-17,020 bp）をカバーするようにインターバルを編集します。



また、CDS の上にマウスカーソルを置くと、黄色のポップアップで、そのアノテーションに”Transferred Translation”という修飾子がついていることがわかります。もし新しくアノテーションしたシークエンスを GenBank に提出する予定である場合は、すべての CDS アノテーションからこれらの”Transferred Translations”修飾子を削除する必要があります。
これを行うためには、Mitochondrion_Kiwi_1 ファイルを選択して、**Annotations** タブをクリックし、**Type** を **CDS** に設定して、Annotations テーブルにリストされているすべての CDS を選択し、**Edit Annotations** をクリックします。**Properties** で **Transferred Translation** を選択し、**Remove** をクリックして Transferred Translation 修飾子を削除します。



次回は Transfer Annotations ツールについて、具体的な使用例をご紹介する予定です。

Geneious 製品概要・フリートライアルリクエストについてはこちら

『Geneious Prime で猫も杓子もシークエンス解析』過去の記事はこちらでチェック！

トミーデジタルバイオロジー株式会社
Phone 03-6240-0843 Fax 03-6240-0461