

第35回 シークエンス間のアノテーションの転送5



(Copy to...機能)

第31回 シークエンス間のアノテーションの転送1(はじめに)

<u>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)</u> 第33回 シークエンス間のアノテーションの転送3(Annotate from Database ツール2) 第34回 シークエンス間のアノテーションの転送4(Transfer Annotations ツール)

Copy to...機能によるアノテーションの転送では、転送または結合したい異なるアノテーションを持つ2つ以上の相同シークエンスのアラインメントまたはアセンブリが必要となります。

この方法は、あるシークエンスからアラインメント内の他のシークエンス、またはアラインメントのコン センサスシークエンスへ、個々のアノテーション、アノテーションのグループ、またはアノテーションセッ ト全体を転送するために使用することができます。

アラインメント内の**アノテーションを一括して迅速に転送**することができますが、**シークエンス間の相** 同性は比較または考慮しませんので、アラインメント内のシークエンスが全長に渡って高い相同性を 共有していることがすでにわかっている場合にのみ使用することができます。

アラインメントが、アラインメントを生成するために使用された親シークエンスへのリンクを保持している場合、アラインメントへの変更を保存する際に、転送されたアノテーションを親シークエンスに適用するオプションが使用できます。

<u>チュートリアルデータ</u>では前回までと同様に、エミューのアノテーション済みミトコンドリアゲノムのシ ークエンスから、キウイのアノテーションされていないゲノムシークエンスにアノテーションを転送する 操作を試すことができます。

ドキュメントリストから Mitochondrial_Emu と Mitochondrion_Kiwi_4 の 2 つのシークエンス ファイルを選択して、**Sequence view** パネルを選択し、**General** タブを選択して、アノテーション を表示するオプションがオンになっていることを確認します。

Sequence view パネルには、アノテーション付きの Emu シークエンスと、アノテーションのない Kiwi シークエンスの 2 つのシークエンスが表示されるはずです。



はじめにシークエンスをアラインメントする必要があります。2 つのファイルを選択した状態で、ツール バーの Align/Assemble ボタン → Pairwise align を選択し、MAFFT アライナーを選択して OK をクリックすると2つのゲノムシークエンスがアラインメントされ、 Nucleotide alignment 2 というアライメントファイルが作成されます。ファイルリストからこのファイルを選択して表示すると、ア ラインメントの大部分でシークエンスが高い相同性を共有していることがわかります。

次のステップは、Emu シークエンスから Kiwi シークエンスにすべてのアノテーションを転送すること です。Mitochondrial_Emu シークエンスのタイトルを右クリック(または Alt/Ctrl+クリック)する と、シークエンスとこのシークエンスに関連するすべてのアノテーションが選択され、コンテキストメニ ューが表示されます。メニューから Annotation \rightarrow Copy all in selected region to \rightarrow Mitochondrion_Kiwi_4 を選択します。

Identity	Copy Sequence Name and Bases		and the second second second second
C* 1. Mitochondrion_Em C* 2. Mitochondrion_Kiw	Paste Paste with Active Link	OX1 C C A C A. ND4 C ND4 C NO OX1 g C A C NON ND4 g M source Dromaius novaehollandiae	ID5 CDS CYT N ID5 gene CYT (N contro
	Select Entire Sequence		
	Annotation >	Copy Properties Revert Selected Edit Add Celete Celete Annotations of this Type	
	📲 Sort 🔹 🕨		
	 Extract Regions Reverse Complement Translate 		
	Set as reference sequence	Copy to Copy all of same type to	
	🛯 Go to Referenced Sequence	Copy all in selected region to	Consensus Mitochondrion Kiwi 2
	Come Common Nome		Mitochonumon_Kiwi_S

すべてをコピーすると Kiwi シークエンスにすべてのアノテーションが追加されたことが確認できるは ずですので、アラインメントを Save します。アラインメントは親シークエンスにリンクされていますの で、Apply the changes to the original (unaligned) sequence オプションが表示されま す。元の Mitochondrion_Kiwi_4 シークエンスに変更を適用するには、必ず Yes を選択してくださ い。

単一のフィーチャー、または単一のクラスのフィーチャー(例えば CDS のみ)を転送したい場合は、 個々のフィーチャーを右クリックすると、コンテキストメニューのオプションが変更され、これを実行で きるようになります。

Mitochondrion_Kiwi_4 ファイルを選択し、必要であればズームアウトすると、転送されたすべての アノテーションが含まれていることがわかります。アノテーションの上にマウスを置くと、転送されたア ノテーションの詳細が表示されます。CDS アノテーションの場合は、アノテーションの座標で示される 領域の自動翻訳が表示されます。前回の Transfer Annotations ツールと同様に、転送された CDS アノテーションの境界は手動で確認し、必要であれば調整する必要があります。



Source アノテーション(青色)も Emu ファイルから転送されていることにご注意ください。 Annotate from Database の時と同様に、**Source アノテーション**を編集して Apteryx owenii を source organism として指定し、プロパティの organism: と、Intervals も編集し て修正する必要があります。

Geneious 製品概要・フリートライアルリクエストについては<u>こちら</u> 『Geneious Prime で猫も杓子もシークエンス解析』 過去の記事は<u>こちらでチェック!</u>

> TDB News 11. 2024 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