

猫も杓子も

Geneious Prime でシーケンス解析

第 35 回 シーケンス間のアノテーションの転送 5



(Copy to...機能)

[第 31 回 シーケンス間のアノテーションの転送 1 \(はじめに\)](#)

[第 32 回 シーケンス間のアノテーションの転送 2 \(Annotate from Database ツール1\)](#)

[第 33 回 シーケ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 シーケ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 つ以上の相同シーケ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、あるシーケンスからアラインメント内の他のシーケンス、またはアラインメントのコンセンサスシーケンスへ、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、シーケ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ケ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ケ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ケンスに適用するオプションが使用できます。

[チュートリアルデータ](#)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ケンスから、キウイのアノテーションされていないゲノムシーケ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 つのシーケ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 シーケンスと、アノテーションのない Kiwi シーケンスの 2 つのシーケンスが表示されるはずですが。

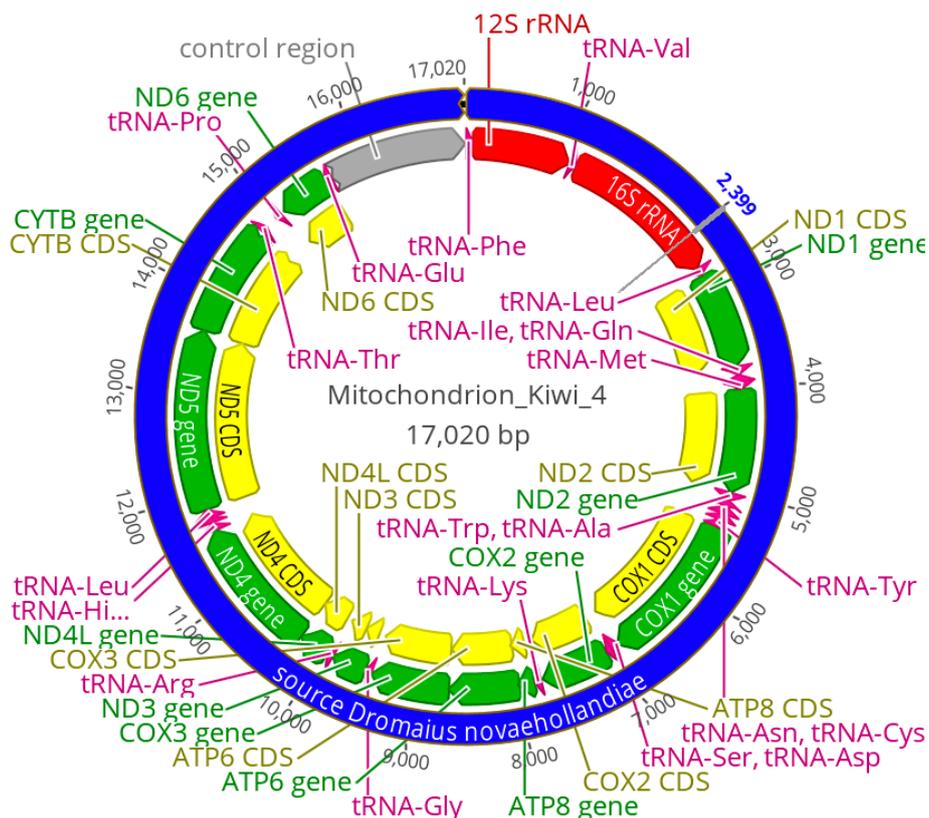
はじめにシーケンスをアラインメントする必要があります。2つのファイルを選択した状態で、ツールバーの **Align/Assemble** ボタン → **Pairwise align** を選択し、**MAFFT** アライナーを選択して **OK** をクリックすると2つのゲノムシーケンスがアラインメントされ、**Nucleotide alignment 2** というアラインメントファイルが作成されます。ファイルリストからこのファイルを選択して表示すると、アラインメントの大部分でシーケンスが高い相同性を共有していることがわかります。

次のステップは、Emu シーケンスから Kiwi シーケ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** シーケ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、シーケンスとこのシーケ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** → **Copy all in selected region to** → **Mitochondrion_Kiwi_4** を選択します。

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るので、**Apply the changes to the original (unaligned) sequence** オプションが表示されず。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[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!](#)