

# Ensembl チュートリアル

Ensemblはゲノム解読された真核生物を対象として自動アノテーションを行い、その結果をデータベースとして公開している EMBL-EBIとSanger Centreが共同で進めているプロジェクトです。NCBI MapViewerのようにゲノムベースでその上にアノテーションされている遺伝子などの情報を閲覧すると共に、ホモロジー検索や必要なデータのダウンロードなどの機能を提供しています。

Ensemblから提供されている情報は、ゲノムに関してはNCBI, UCSCゲノムブラウザと同じですが、アノテーションに関してはEnsembl独自のパイプラインによって予測されているものが多いため、NCBI Mapviewerなどと情報が多少異なります。この予測パイプラインでは、タンパク質コード遺伝子をできる限り精度よく予測することに注力しているため、その予測精度は高いとされていますが、ゲノム決定後提供されるまでに比較的長い時間がかかり、その他のブラウザと比べてゲノムのバージョンが古い場合が見受けられますので、注意する必要があります。

このチュートリアルでは、Ensembl（ヒトゲノム版）の使い方をGDNF遺伝子の探索を通して学びます。用いている例はMapViewerミニコースに合わせてありますので、照らし合わせながら見ていくとNCBI MapViewerと Ensemblの違いなどがよくわかると思います。

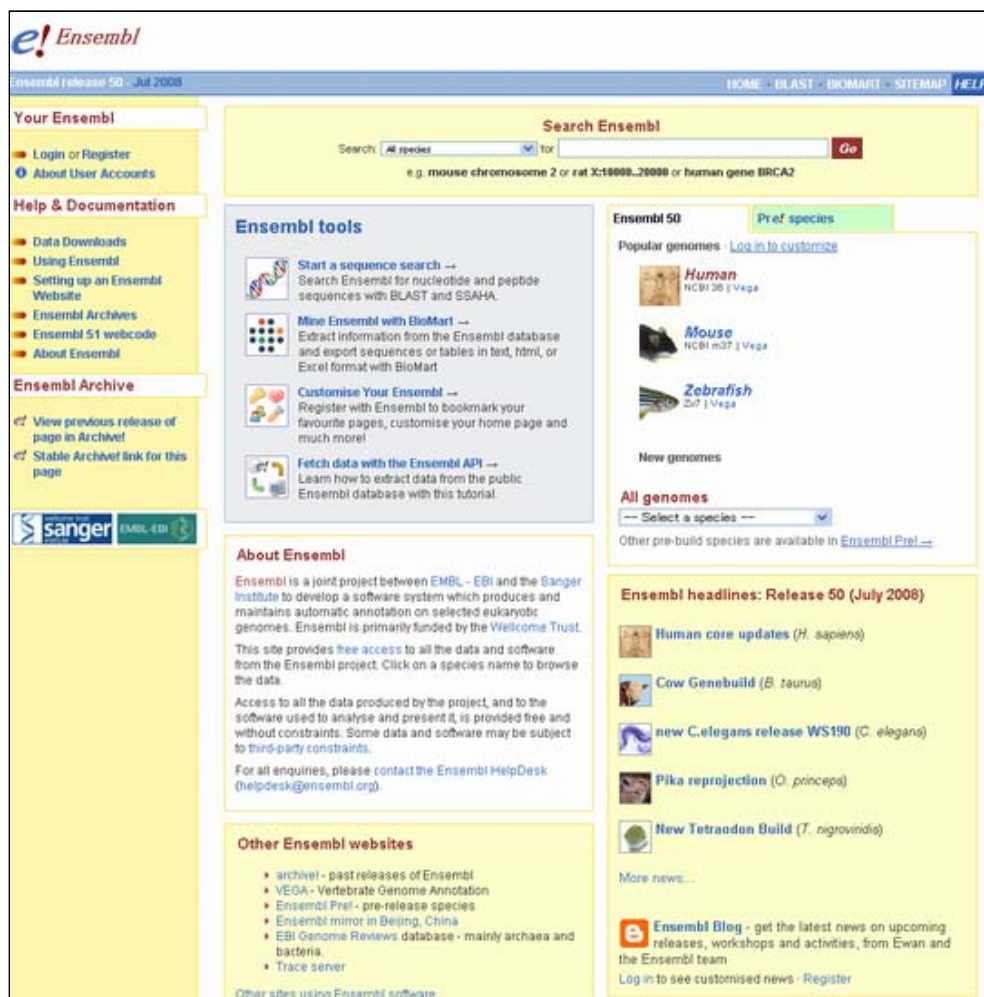
## 1. ヒト遺伝子GDNFをEnsemblで探してみる

では、グリア細胞由来の神経栄養因子遺伝子GDNFを例にとってEnsemblの使い方を見て行くことにしましょう。GDNFは変異を起こすと、ヒルシュスブルング病の原因となると推測されている遺伝子です。

### ■1-1. ヒト遺伝子の情報をEnsemblで探してみる

#### Ensemblの立ち上げ

まず、Ensemblのトップページを開いてみましょう。 [Ensembl \(http://www.ensembl.org/\)](http://www.ensembl.org/) をクリックしてみてください。



上図のようなトップページが立ち上がります。この中で、ゲノム情報のブラウザは画面右側に並んでいる生物種名

をクリック、あるいはプルダウンメニューからの選択で行います。

### Ensembl tools

- Start a sequence search** → Search Ensembl for nucleotide and peptide sequences with BLAST and SSAHA.
- Mine Ensembl with BioMart** → Extract information from the Ensembl database and export sequences or tables in text, html, or Excel format with BioMart
- Customise Your Ensembl** → Register with Ensembl to bookmark your favourite pages, customise your home page and much more!
- Fetch data with the Ensembl API** → Learn how to extract data from the public Ensembl database with this tutorial.

### About Ensembl

Ensembl is a joint project between EMBL - EBI and the Sanger Institute to develop a software system which produces and maintains automatic annotation on selected eukaryotic genomes. Ensembl is primarily funded by the Wellcome Trust.


This site provides **free access** to all the data and software from the Ensembl project. Click on a species name to browse the data.

Access to all the data produced by the project, and to the software used to analyse and present it, is provided free and without constraints. Some data and software may be subject to **third-party constraints**.


For all enquiries, please **contact the Ensembl HelpDesk** ([helpdesk@ensembl.org](mailto:helpdesk@ensembl.org)).

Ensembl 50
Pref species


Popular genomes - [Log in to customize](#)



**Human**  
NCBI 36 | Vega



**Mouse**  
NCBI m37 | Vega



**Zebrafish**  
Zv7 | Vega

New genomes

### All genomes

-- Select a species --

- Primates
  - Bushbaby
  - Chimpanzee
  - Human**
  - Macaque
  - Mouse Lemur
  - Orangutan
- Rodents etc.
  - Guinea Pig
  - Mouse
  - Pika
  - Rabbit
  - Rat
  - Squirrel
  - Tree Shrew
- Laurasiatheria
  - Cat
  - Cow - NEW ASSEMBLY
  - Dog
  - Hedgehog

Ensembl Pref →

50 (July 2008)

190 (C. elegans)

ヒトゲノム  
を選択

Humanを選択してみてください。下図のようなヒトゲノムトップページが立ち上がります。

**Ensembl Human**

ensembl release 50 - Jul 2008

HOME - BLAST - BIOMART - SITEMAP - HELP

**Your Ensembl**




- Login or Register
- About User Accounts

**Help & Documentation**

- Data Downloads
- Using Ensembl
- Setting up an Ensembl Website
- Ensembl Archives
- Ensembl 51 webcode
- About Ensembl

**Ensembl Archive**

- View previous release of page in Archive!
- Stable Archive! link for this page

## Explore the *Homo sapiens* genome

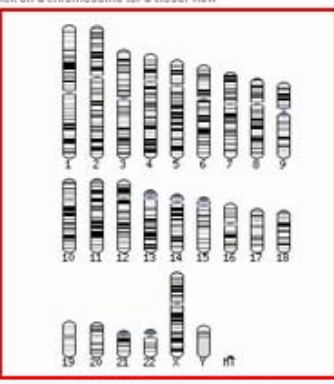
**Search Ensembl *Homo sapiens***

Search:  Go

e.g. chromosome X or 12:10000..20000 or BRCA2

### Karyotype

Click on a chromosome for a closer view



Jump directly to sequence position

Chromosome: 1 or region

From (bp):

To (bp):  Go

### About the Human genome

**Assembly**

This release is based on the NCBI 36 assembly of the [human genome](#) (November 2005). The data consists of a reference assembly of the complete genome plus the Celera V005 and a number of alternative assemblies of individual haplotypic chromosomes or regions.

[Full list of assemblies](#)

The International Human Genome Sequencing Consortium have published their scientific analysis of the finished human genome.

- [Nature 421, 931 - 945 \(21 October 2004\)](#)
- [VIT Sanger Institute Press Release](#)

**Annotation**

Since release 38 (April 2006) the gene annotation presented has been a combined Ensembl-Havana geneset, which incorporates more than 18,000 full-length protein-coding transcripts annotated by the Havana team with the Ensembl automatic gene build. The human genome sequence is now considered sufficiently stable that since 2004 the major genome browsers have come together to produce a common set of identifiers where CDS annotations of transcripts can be agreed and these identifiers are also shown.

- More information about the [CCDS project](#).

The [ENCODE](#) (ENCyclopedia Of DNA Elements) project aims to find functional elements in the human genome.

- More information about the [ENCODE resources](#) at Ensembl.

### What's New in Ensembl 50

***Homo sapiens* News**

- Human core updates**  
Ensembl Human includes a new gene set, using ditags to build the UTRs. It also contains an improved merge between Ensembl-predicted genes and the latest Havana manually-annotated gene set. More genes have been removed from the Alphaus set.
- Regulatory build**  
The regulatory build contains a set of predicted regulatory elements...

### Statistics

<b>Assembly:</b>	NCBI 36, Oct 2005
<b>Genebuild:</b>	Ensembl, Dec 2006
<b>Database version:</b>	50.361
<b>Known protein-coding genes:</b>	20,067

## Ensemblでの遺伝子検索

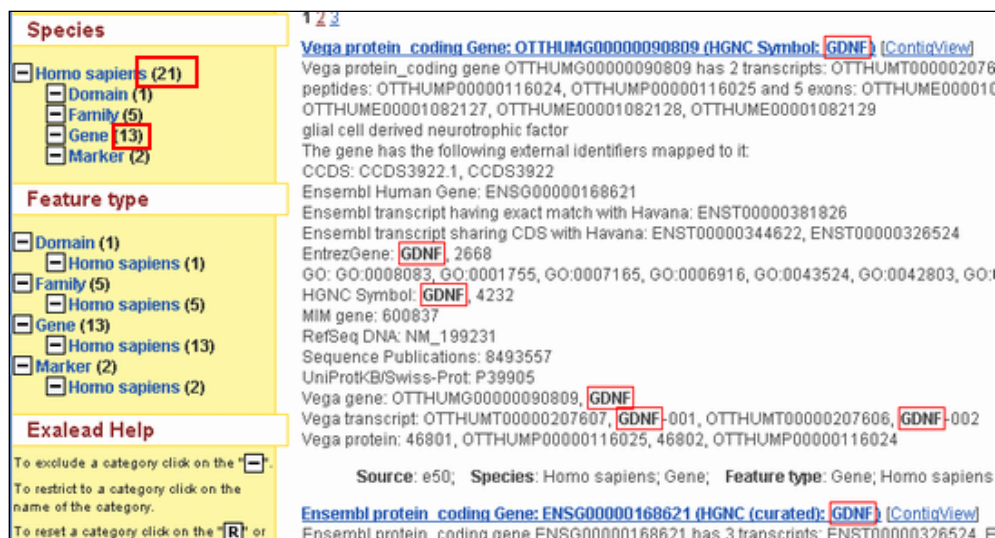
Ensemblでは必要な情報へのアクセスは基本的に、赤四角で囲まれた染色体をクリックし、ゲノムの一部を拡大していったどり着くか、あるいは青四角で囲まれた検索窓を利用してたどり着くかのどちらかになります。

検索窓では、[染色体番号]:[start position]..[end position] (例えば12:10000..20000というように) と指定することで、特定染色体の一部をゲノムビューア上で見ることもできれば、キーワード検索で目的のデータにたどり着くこともできます。

GDNFと検索窓に入力し、検索を実行してみましょう。



下図のようにEnsemblで文字列検索を実施すると、遺伝子名やマーカー名といった要素名に検索キーワードが含まれているかのみならず、各要素に関する説明文などテキストとして表されている情報に対する文字列検索が実施されます。



GDNFで検索すると全部で21件のヒットがあり、その中で遺伝子に関するものが13件あることがわかります。

### ■1-2. ヒト遺伝子をEnsemblのContigView上で見る

#### 遺伝子名に検索キーワードが含まれている遺伝子を探す

画面右側に表示されている21件のヒットを順に見ていくと、遺伝子名にGDNFが含まれているものは1番目と2番目の2件しかありません。



**Vega protein coding Gene: OTTHUMG00000090809 (HGNC Symbol: **GDNF**)** [ContigView]  
 Vega protein\_coding gene OTTHUMG00000090809 has 2 transcripts: OTTHUMT00000207606, OTTHU peptides: OTTHUMP00000116024, OTTHUMP00000116025 and 5 exons: OTTHUME00001082125, OTTHUME00001082127, OTTHUME00001082128, OTTHUME00001082129  
 glial cell derived neurotrophic factor  
 The gene has the following external identifiers mapped to it:  
 CCDS: CCDS3922.1, CCDS3922  
 Ensembl Human Gene: ENSG00000168621  
 Ensembl transcript having exact match with Havana: ENST00000381826  
 Ensembl transcript sharing CDS with Havana: ENST00000344622, ENST00000326524  
 EntrezGene: **GDNF**, 2668  
 GO: GO:0008083, GO:0001755, GO:0007165, GO:0006916, GO:0043524, GO:0042803, GO:0051584, GO:0051585  
 HGNC Symbol: **GDNF**, 4232  
 MIM gene: 600837  
 RefSeq DNA: NM\_199231  
 Sequence Publications: 8493557  
 UniProtKB/Swiss-Prot: P39905  
 Vega gene: OTTHUMG00000090809, **GDNF**  
 Vega transcript: OTTHUMT00000207607, **GDNF**-001, OTTHUMT00000207606, **GDNF**-002  
 Vega protein: 46801, OTTHUMP00000116025, 46802, OTTHUMP00000116024

**Source:** e50; **Species:** Homo sapiens; **Gene:** **GDNF**; **Feature type:** Gene; Homo sapiens;

**Ensembl protein coding Gene: ENSG00000168621 (HGNC (curated): **GDNF**)** [ContigView]  
 Ensembl protein\_coding gene ENSG00000168621 has 3 transcripts: ENST00000326524, ENST00000344622, ENST00000381826 associated peptides: ENSP00000317145, ENSP00000339703, ENSP00000371248 and 8 exons: ENSE000001249170, ENSE000001366924, ENSE000001390090, ENSE000001489963, ENSE000001489964, ENSE000001489965, ENSE000001489966, ENSE000001489967  
 Glial cell line-derived neurotrophic factor precursor (Astrocyte- derived trophic factor) (ATF) (h**GDNF**).  
 [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P39905]  
 The gene has the following external identifiers mapped to it:  
 Affymx Microarray Focus: 221359\_at  
 Affymx Microarray HuGeneFL: L19063\_at  
 Affymx Microarray Human Exon 1.0 ST v2: 2807081, 2807087  
 Affymx Microarray U133: Hs.29590.0.A1\_3p\_at, g4503974\_3p\_at, 221359\_at, 230090\_at  
 Affymx Microarray U95: 50149\_at  
 Agilent CGH: A\_14\_P121586

NCBI MapViewerで同じような検索を実行した場合と比べて、検索件数が非常に少なくなっています。これは、NCBIではヒトゲノム自身にいくつかのバージョンがあったり、遺伝子もEntrez Geneのようにきっちり精査されたものから、そうでないものまで非常に多く含まれているのに対し、Ensemblでは統一的なプロトコルに従ってきっちりデータを精査しているため、情報が絞り込まれていることによるものです。

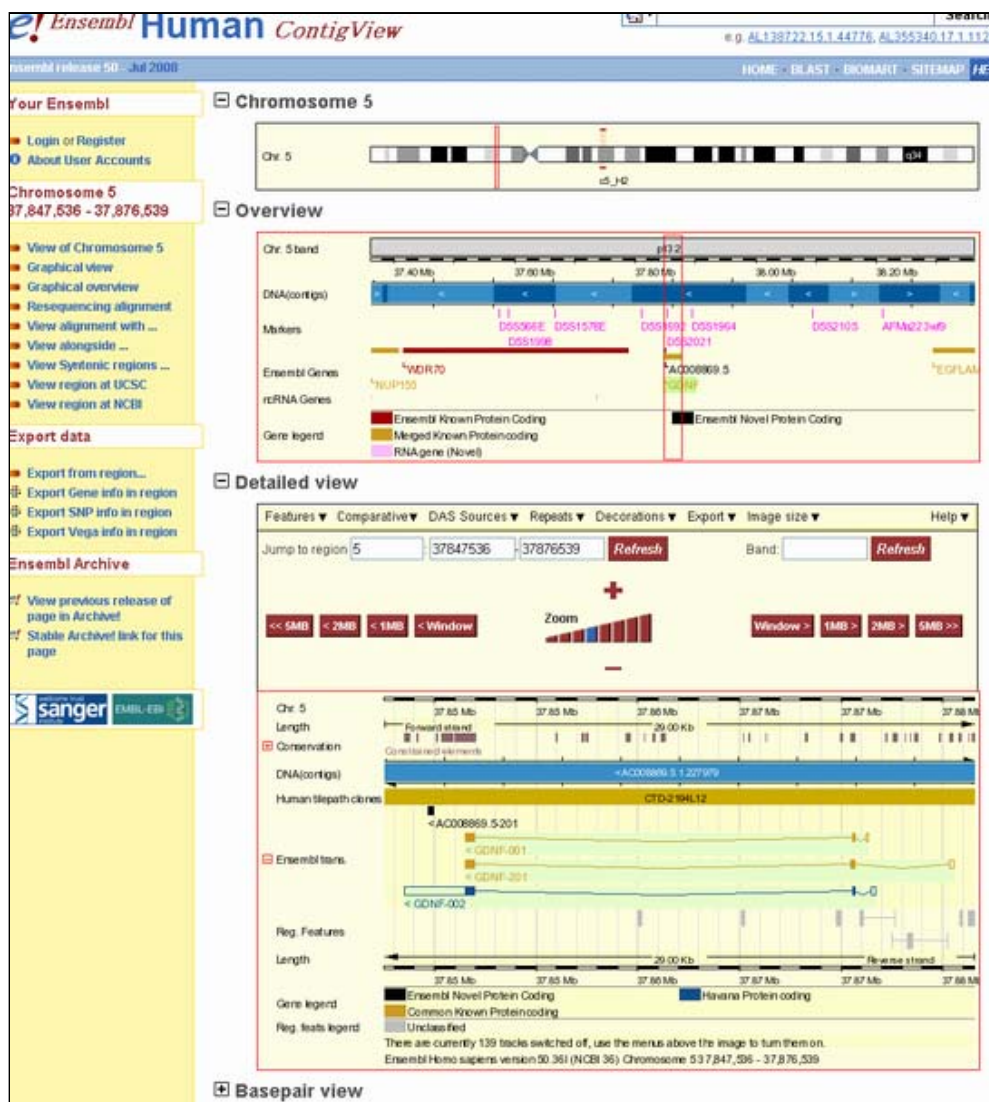
それでもEnsemblでGDNFとされた遺伝子が二つあります。一番目はVegaと呼ばれるSanger Centreにおいて人の目を通してきっちりチェックした遺伝子、二番目がEnsemblプロトコルに従って予測された遺伝子です。Vegaは人の目を通していているので信頼度は高いのですが、網羅性に乏しいという欠点があります。

### 目的の遺伝子をContigView上で見る

ここでは、二番目のEnsembl proteinと書かれた方のGDNFを見ていくことにしましょう。名前の横の [Contig View]と書かれた箇所をクリックしてください。

**Ensembl protein coding Gene: ENSG00000168621 (HGNC (curated): **GDNF**)** [ContigView]  
 Ensembl protein\_coding gene ENSG00000168621 has 3 transcripts: ENST00000326524, ENST00000344622, ENST00000381826 associated peptides: ENSP00000317145, ENSP00000339703, ENSP00000371248 and 8 exons: ENSE000001249170, ENSE000001366924, ENSE000001390090, ENSE000001489963, ENSE000001489964, ENSE000001489965, ENSE000001489966, ENSE000001489967  
 Glial cell line-derived neurotrophic factor precursor (Astrocyte- derived trophic factor) (ATF) (h**GDNF**).  
 [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P39905]  
 The gene has the following external identifiers mapped to it:  
 Affymx Microarray Focus: 221359\_at  
 Affymx Microarray HuGeneFL: L19063\_at  
 Affymx Microarray Human Exon 1.0 ST v2: 2807081, 2807087  
 Affymx Microarray U133: Hs.29590.0.A1\_3p\_at, g4503974\_3p\_at, 221359\_at, 230090\_at  
 Affymx Microarray U95: 50149\_at  
 Agilent CGH: A\_14\_P121586

Ensemblでは様々な“View”を通して情報が提供されていますが、ゲノムの一部分を拡大して表示しているページを“ContigView”と呼びます。

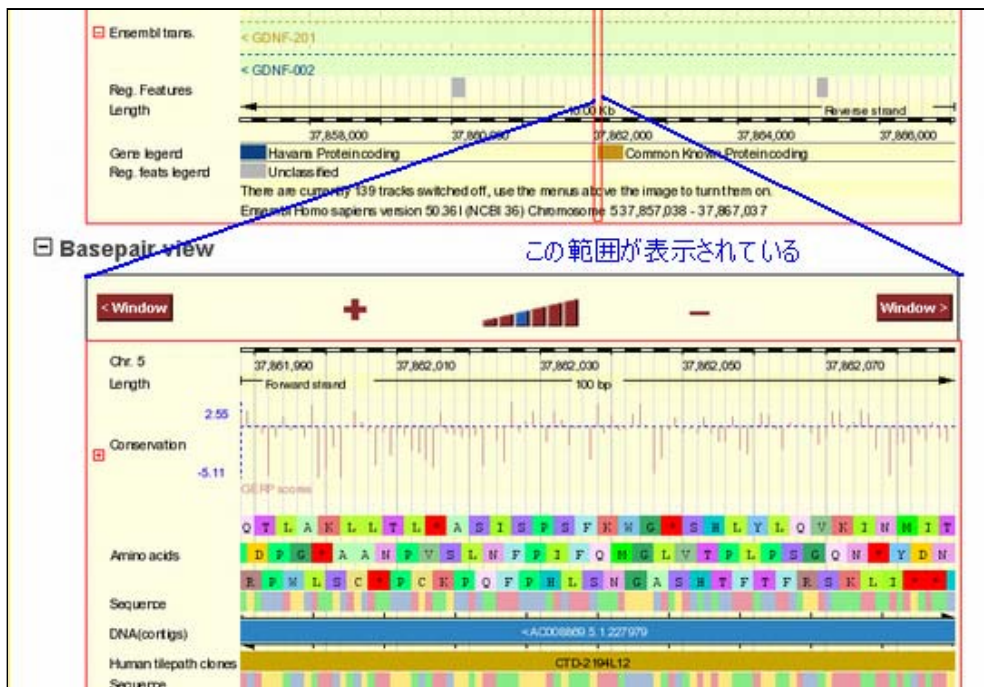


“ContigView”では、ゲノム上のある一定範囲に関する情報が図示化されています。上から3段目にある“Detailed view”にユーザが指定した範囲の情報が主に表示されており、一つ上の“Overview”では “Detailed view”の表示範囲を中心に1Mbを俯瞰できるように縮小表示されています。

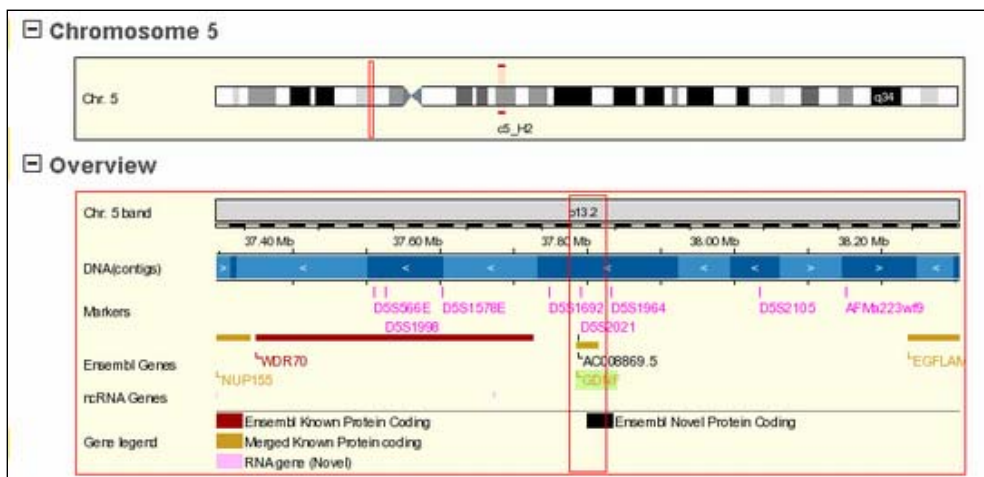
さらに一番上では染色体上での位置が認識できるようにと、上から下に行くに従って拡大表示されるようになっていきます。

“Detailed View”で表示されている範囲は、“Overview”，“chromosome”では、赤い四角で囲まれた領域としておよその位置が分かるようになっています。

また、画面一番下には“Basepair view”があり（デフォルトでは表示されていません）。“+”をクリックすることで塩基レベルの情報が拡大表示されます。



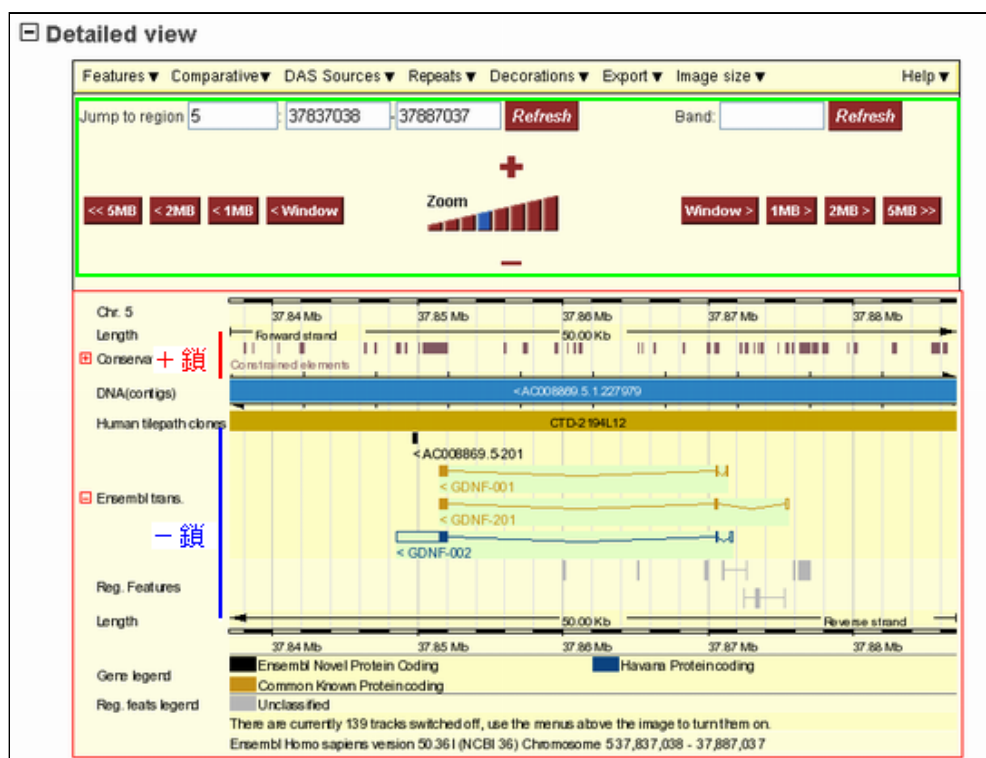
さて今は、先ほど選択したGDNF遺伝子を“ContigView”上で見ているわけですが、何番染色体のどのあたりに位置しているでしょうか？



一番上部のイデオグラムからも分かるように、GDNFは5番染色体の短腕側に位置しています。

### [ContigView内Detailed viewの見方](#)

続いて、“Detailed view”を見ていくことにしましょう。



画面上部の緑四角で囲んだ領域では今現在の位置情報が表示されると共に、表示範囲の変更を行えるコントローラになっています。今は5番染色体の37,837,038bpから37,887,038bpの50kbがDetailed viewで表示されていることがわかります。これはGDNF遺伝子を選択したことにより、この遺伝子が含まれる適切な領域を Ensemblが自動的に選択したことによるものです。

表示させたい領域の染色体番号、左端の位置、右端の位置を入力後Refreshボタンを押すとその領域に直接ジャンプします。また、その下の“<<5MB”ボタンを押すと表示範囲が左（上流）へ5Mb移動します。同様に“<2MB”を押すと上流に2Mb, “<1MB”を押すと上流に1Mb, “Window”を押すと上流に今画面に表示されている範囲分（今の例では50Kb）移動します。右側の矢印に関しても同様に下流方向に移動します。

また、中央部のZoomと書かれた領域をクリックすると表示範囲の拡大、縮小が行えます。

その下の領域に、各種ゲノム上にアノテートされた情報が図示化されています。多少わかりにくいですが、DNA (contigs)と書かれた右の青い部分に、このゲノム領域を構成する塩基配列が含まれるエントリのアクセッション番号が書かれ、その下にタイリングパスを構成するクローン名が書かれています。

そしてその上に+鎖にアノテートされた遺伝子情報が表示されます。（今は何も表示されていません）その下に-鎖にアノテートされた遺伝子情報が表示されます。

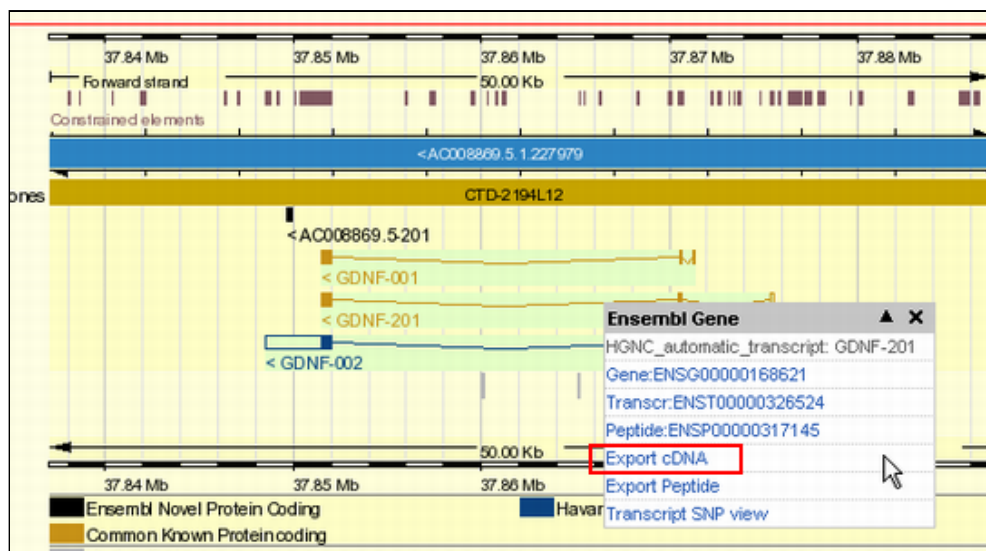
ですので、GDNFは-鎖の37.85~37.87Mb付近にアノテートされていることが確認できます。GDNFと書かれたデータが何種類か微妙に異なって表示されていますが、これは黄土色によるものがEnsembl Gene、青色によるものが先ほど説明したVega geneで、Ensembl GeneではAlternativeな転写産物を区別して表現しているためにこのように複数見えていることになります。

### ■1-3. 遺伝子周辺のゲノム配列をEnsemblからダウンロードする

#### 遺伝子周辺のゲノム配列をダウンロードする

次に、GDNF周辺のゲノム配列をダウンロードしてみましょう。そのためには、まずダウンロードしたい遺伝子（転写産物）上をマウスでクリックして、以下のようなメニューを表示させてください。





このメニューの下から3番目にある、“Export cDNA”をクリックしてください。

すると、以下のようなExportViewと呼ばれる配列をFASTA形式でダウンロードするための設定画面に移ります。

設定画面では、ダウンロードしたい配列の種類をゲノム、cDNA（デフォルト）、コード領域配列、アミノ酸配列、5' UTR、3' UTRから複数選ぶことができ、出力形式もHTML、Text、テキストの圧縮から選ぶことができます。

GDNF遺伝子を含むゲノム配列（イントロンを含む）をダウンロードするためにはGenomicを選択し、“Continue”ボタンをクリックしてください。



## Results

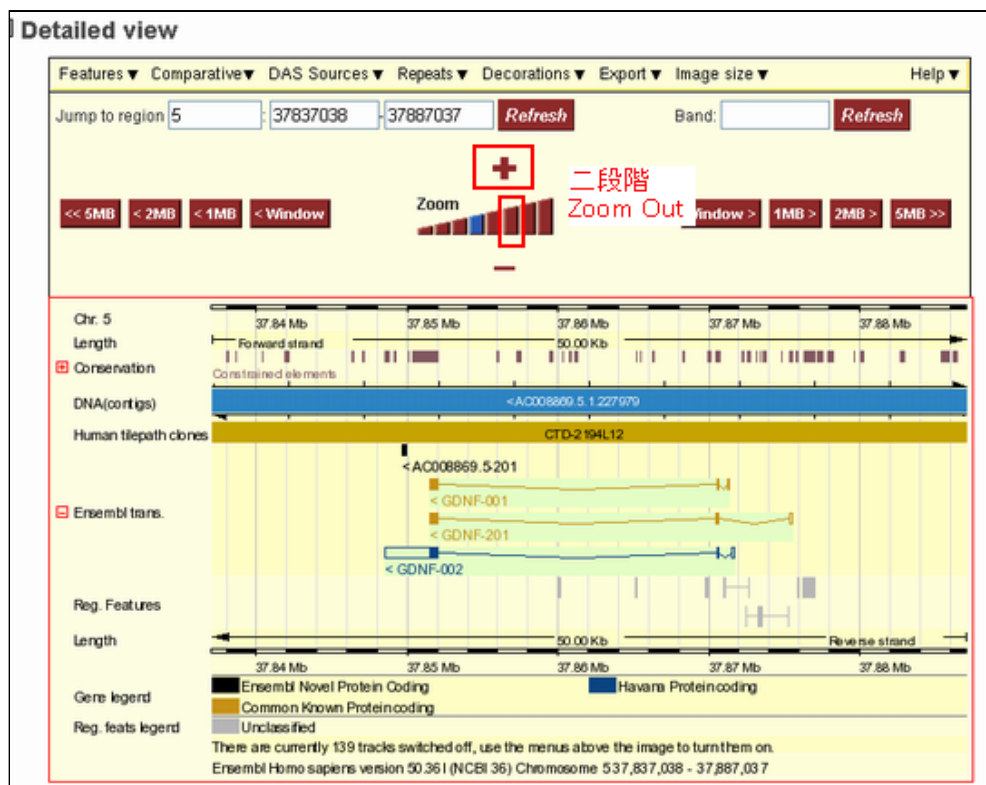
```
>5 dna:chromosome chromosome:NCBI36:5:37851510:37875539:1
TCAGATACATCCACACCTTTTAGCGGAATGCTTCTTAGAATATGGTAAACCAGGTTATC
ATCTAAAAACGACAGGTCATCATCAAAAGGCGATGGGTCTGCAACATGCCCTGCCCTACTTT
GTCACCTCACCAGCCTTCTATTTCTGGATAACTTTTCAATATTTTGTCTACGTTGTCTC
AGCTGCATCGCAAGAGCGCGTGCAGTACCTAAAAATCAGTTCTCCTTGGTTTCATAGCC
CAGACCCAAAGTCAGTGACATTTAAATGTATTGCAATTAAAGACACAACCCCGGTTTTGCC
CCTCTGGCCTCTCCGACCTTTTCTCTGGAAATCTCTGGGTGGCAGCTGCAGCCTGCCG
ATTCGCTCTCTTCTAGGAAGCACTGCCATTTGTTTATCTGGTGACCTTTTCACTTTT
AATGGTGGCTTGATAAAAATCCATGACATCATCGAACTGATCAGGATATCTCTGGCAT
ATTTGCTGTTCAAAAAGAAAAGAGAAAATGGCACATGAGACAAAATGATCATTTCAAGCC
GTCTTCAAGATCAAAAGTCCCTTAAAGTCAGCAAAAATTTGGACCCACAGCAAAAATAT
CAGCCGATTAAAGTATAGGACCACTGTATCCCAAAAACAGAGGCAAAAATGCACAGAA
GAAAGATGATTTAGTTGGAGAGGAGACTAATGTGGTGGTGACATCTTTCTCGAAGAAA
ACAAATCCTTAGAAGCATAGTTTTCATTTGATAACTTACCATTTTAACAAAGTCCAT
GCAGAGCTTGCTGTAGCTGGCANTCTTAGGGGCATTTTCTTGCCTAGTCACACAA
CCTAGAGTAGTGGTTCTCAATGTGATATGCAGGAAAATACCTGGATATTGACTACCA
TGCAAGATTCTTGGCCTACCTTGGAGACAAATGAGTCATTTGGTCTGGGGAGGGACCAAG
GATCTGCAATTTCTAACAGCCTCAAGGAATTTCTAATGTAAAAGATCCACACCAAGAA
TCCACGCACTAAACTTTGAGAGACACCGTCTTAGAGGGTGAAAAAATCAGGCTTCCAC
TATGGCTACCTTCACTGGAACTAGTGGTGTCTTCCCTGAAACTTGCTTTGATTCTGTG
TGCTGTAGTGGGACAAAGAACATTTCTGACAGAACAAATGAAAGCTCAGGAATGCAACTA
TAGTTTAAATTTCTTAAAAATCATAAAGGAACAGGAAAACAGTTTATATTTTACTAAC
AAAAAGACTAATTTACCGCTTCTTTTGAACAGCATGACTTTAAACAAAAAGTCCAGTGAT
AGAGTAAATGGCATTTATGTATCAGAGCAATAAATGAAATGAGATGCTGTTGCTGCAT
GAAGCAGCCTGCCCCCAAGGGTGAGGTCCAGCCTCAGCTGCAAGCTGTACATGGCTCC
CACTGTCTGGCTGCAAGCAGGACAAAGAGGCTCATTAGGGAGATCACATGGAGGAAGGATG
CAGGGACACTAAGATGTCTGAGACTTTGGTGAAGATATAATCAGCAGTCTCTTAGTGC
TTTCTGCCGGATTTCAAGTGTGTTTTGCTTGGCCAAATCAAGTCAGCAGAGAAAAATAACTAAT
GGAAACATGTATAAATTTCTAAACGGGGGAAAAACAAATCCAAACACTGTTTCTTGGG
TAGTAGGCCTCTTATGCCCCCTCACCTCATTTTTCAAGTCATTTAGTATGTTAGGATT
CTAAGTGGCTTAGAGAAATAAACCAAGAGAGGTTGTAGCAAGAGTAAATGTTTTTGC
CAAGATTGTATTAAGCATAGAAAGATTACATTTATGTATACCCATGTCAAAATTGTTTTG
TCATAAACCTAACCTATTTAATTGTTAAATATATCAGGTATCCCTCTATAGAACAAAA
TCTAGCAAAAGCAACTTAACCACTGTGTGTAGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
AATATATAAACATATGATATATATATGAAAGACTGGTGATTGGAAATCCGTAGAAATG
CCTAGTTGCTATCTGAATTTAGCATTTGGCAGGATCAGCTGCACGGAAATCACAAAGCTG
TTTCCACACTGGCTGAAGCCCTGTCACTCTTGGCTGGATAAACACAGTGGCCCTGAAAC
TGGGCTTCTCATTTCTACCTTACCCACTTCGATCTATTTTCTACCCAGCACCCAGAGG
GATACTTTAAACGAGAACATAACCTCCTCTGCTCAAAACCTTCAATAGCTCTCTGTTA
CTCTTAGAGAAAAGCCAAATCCACACTGGCCCTAAGGGCTTACTGACTGGCTGGC
```

Resultsとして結果が得られます。

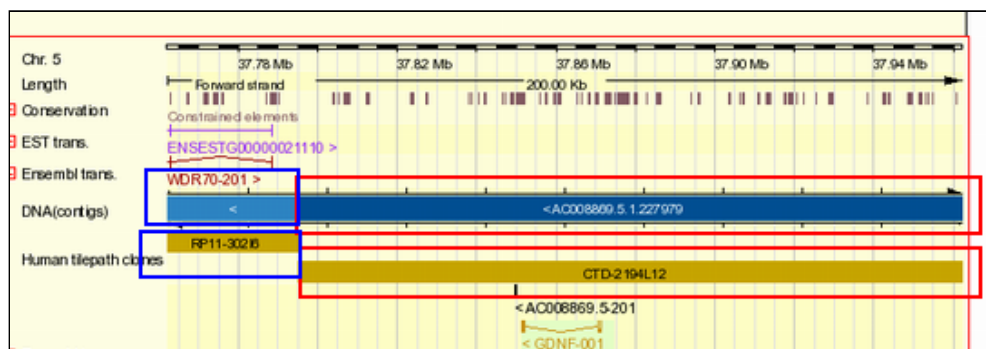
### ■1-4. ContigView上でクローン関連情報を見る

#### [ContigView上にクローン情報を表示する](#)

続いてContigView上でこのゲノム領域に対応したクローン情報を表示してみましょう。まずは、ContigViewの画面まで戻ってください。

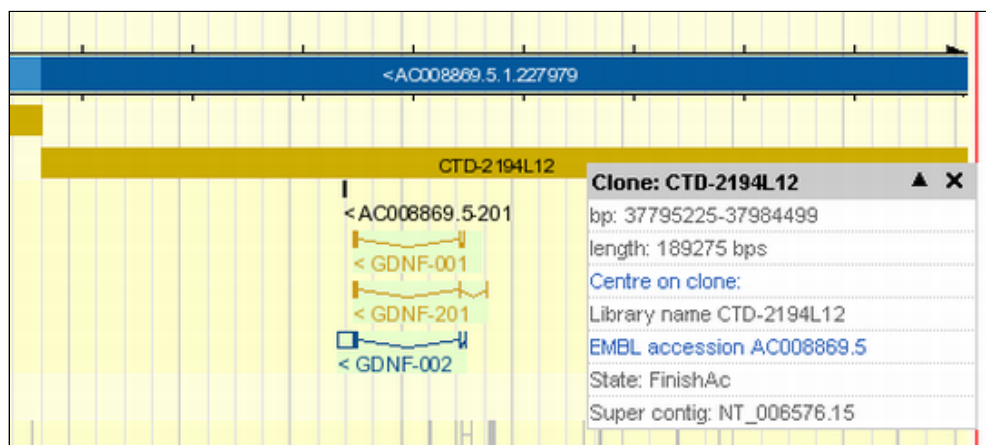


もう少し広範囲を見るために二段階ほど表示範囲を広げてみてください。それにはZoomの+ボタンを二回クリックするか、今表示されているレベルの二つとなりのボタンをクリックすることで実現できます。



すると、画面の中央部から37.8Mb付近より上流側（青四角で囲んだ部分）と下流側（赤四角で囲んだ部分）とで異なったクローン／コンティグからこの付近のゲノム領域は成り立っていることがわかります。

上流側はRP11-302I6で、下流側はCTD-2194L12というクローンです。このクローンの上をマウスでクリックして見てください。



長さやStatus（シーケンシングが終了とかドラフトとか）などの情報が表示されます。（NCBI MapViewer にあ

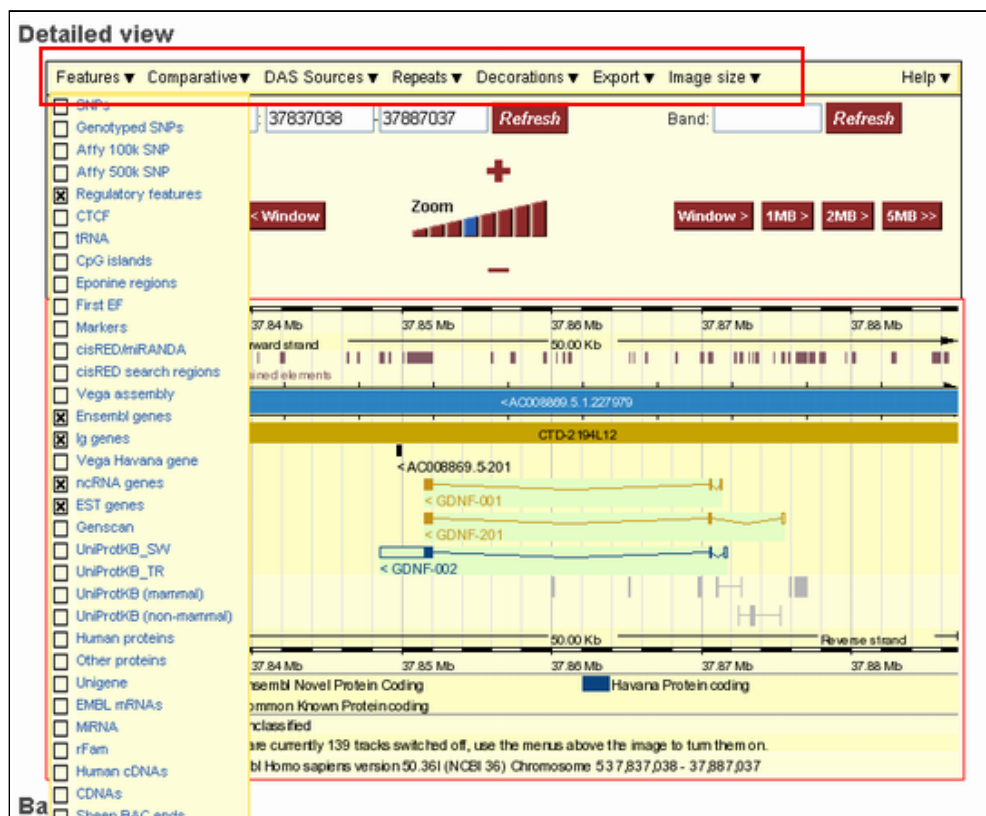
ったクローンの注文などの機能はありません。)

#### ■1-5. ContigView上に様々な転写産物データを表示する

##### ContigView上に様々な転写産物データを表示する

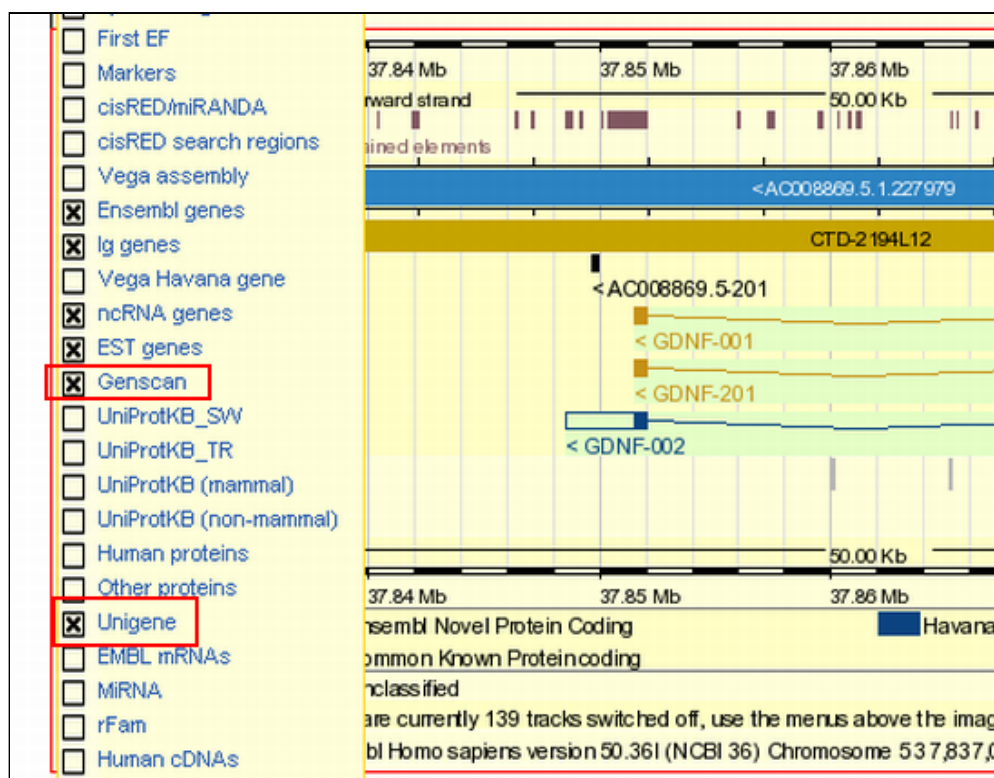
ContigView内のDetailed viewをもう一度見てください。画面上部にプルダウンメニューがあります。

このプルダウンメニューからDetailed viewに表示したい情報をコントロールすることができます。一番左の“Features” をクリックしてみてください。

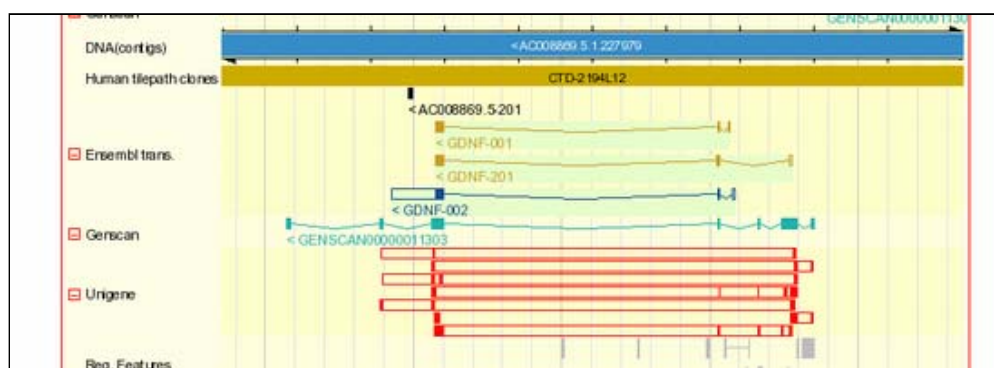


SNPからCpGアイランド情報、遺伝子、転写産物情報からDNAチップのプローブ情報に至るまで、様々な情報が表示可能なことがわかんと思います。表示したい場合には、左横のチェックボックスをクリックしてみてください。

では例としてGenscanとUnigeneに新たにチェックを入れてみてください。



その後でプルダウンメニュー最下部のClose Menuをクリックしてプルダウンメニューを閉じてください。Detailed viewにGenscanとUnigeneのトラックが追加されていることがわかります。GDNF遺伝子の周辺を見るといずれもEnsembl Geneと似ているものの、微妙に異なった遺伝子構造を持っていることがわかります。



このようにEnsemblでは、NCBIから提供されているUnigeneなどの情報を表示することも可能ですが、モデルメーカーのようなユーザがインタラクティブな操作で遺伝子候補を作成したりすることはできません。

#### ■1-6. ContigView上で他生物種の遺伝子データを表示する

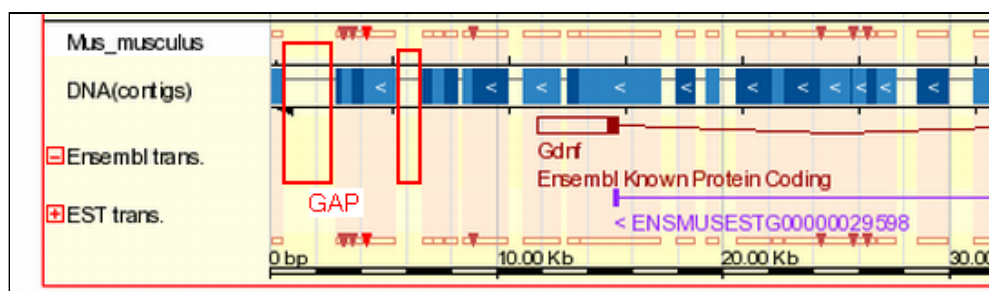
##### ContigView上で他生物種の遺伝子データを表示する (その1)

この画面上で他生物種の遺伝子データを表示してみましょう。実現にはいくつか方法がありますが、このチュートリアルではAlignSliceViewとMultiContigViewを使う方法を二通り紹介することにします。

ContigView画面左側のプルダウンメニューから、“View alignment with”と書かれた箇所にマウスを重ねてみてください。



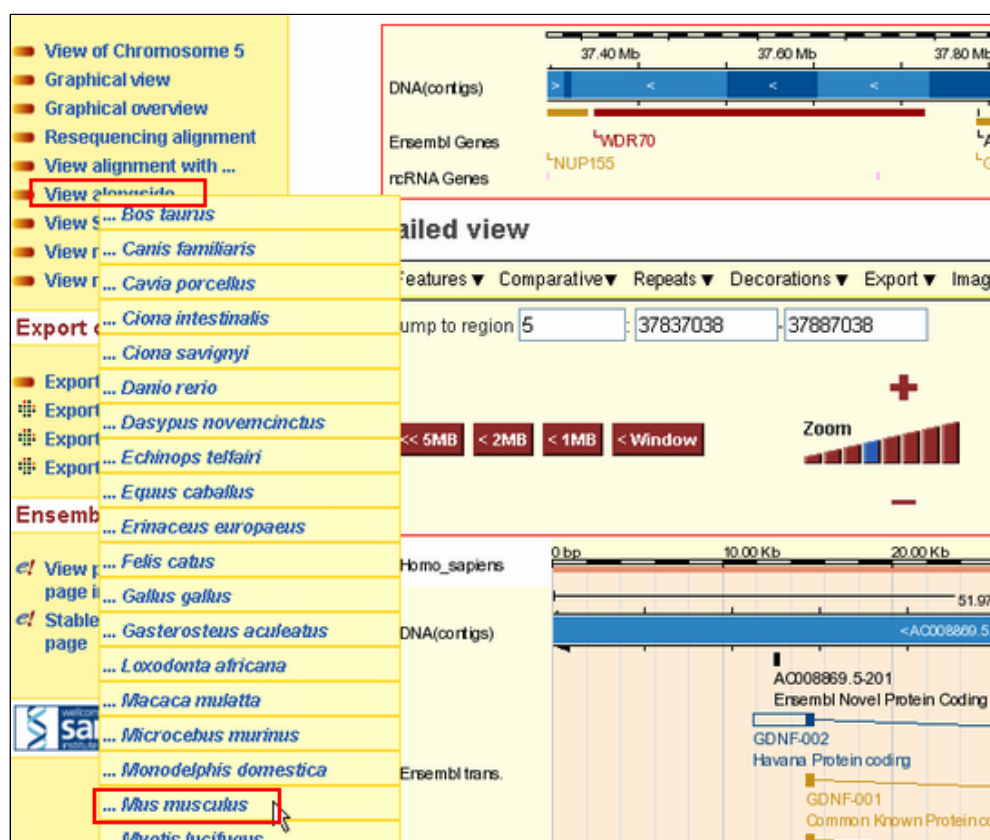




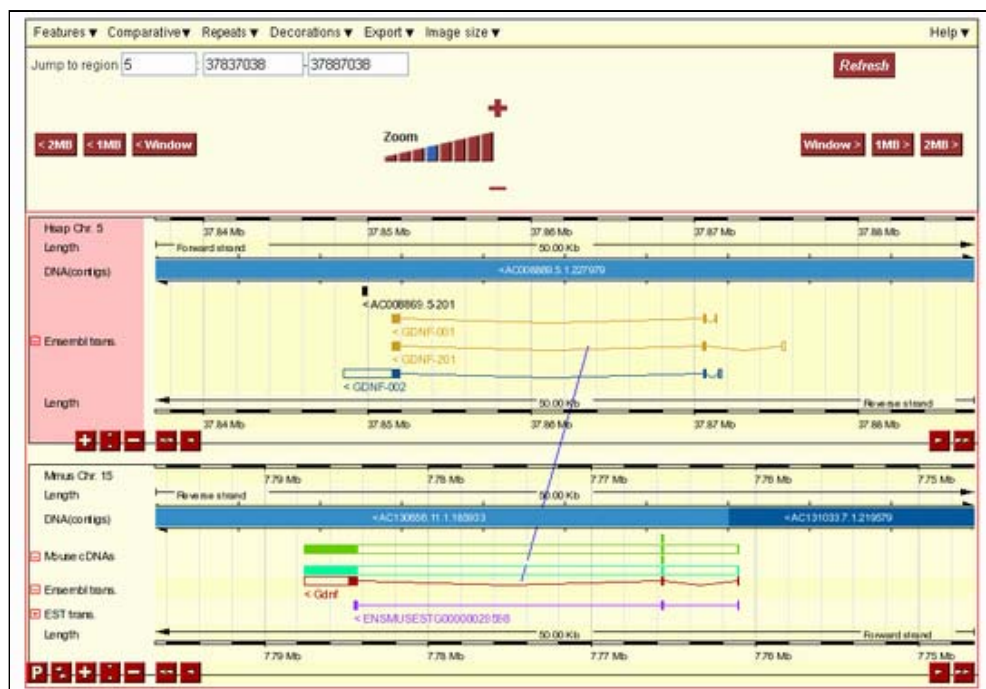
具体的に説明すると、マウスゲノム上で薄い赤で塗られているところ以外（DNA(contigs)では、青く塗られていない領域）は、その上部のヒトゲノムに関し相同な領域がマウスゲノム上では見つからなかったことを示しており、GAPとして扱われているわけです。（ヒトをマスターマップにしているため、ヒトにしかない領域はこのようにGAPで表現されていますが、マウスにしかない領域は表示されていません。これを表示したい場合にはマウスゲノムをマスターマップとしてAlign with...でヒトゲノムを選択してください。）

### ContigView上で他生物種の遺伝子データを表示する（その2）

続いて、もう一通りContigView上で他生物種の遺伝子データを表示する方法を紹介しましょう。今度は画面左側のメニューの“View alongside...”にマウスを重ねてください。



この場合にも生物種の一覧が表示されますので、“Mus musculus”（マウス）を選択してみてください。



すると、現在注目していたヒトゲノムの領域に対応するマウスゲノムのシンテニー領域に関する情報がDetailed viewの下部に別枠で追加されており、ヒトの情報と比べると、ほぼ同じ構造のマウスGdnf遺伝子がアノテートされていることがわかります。

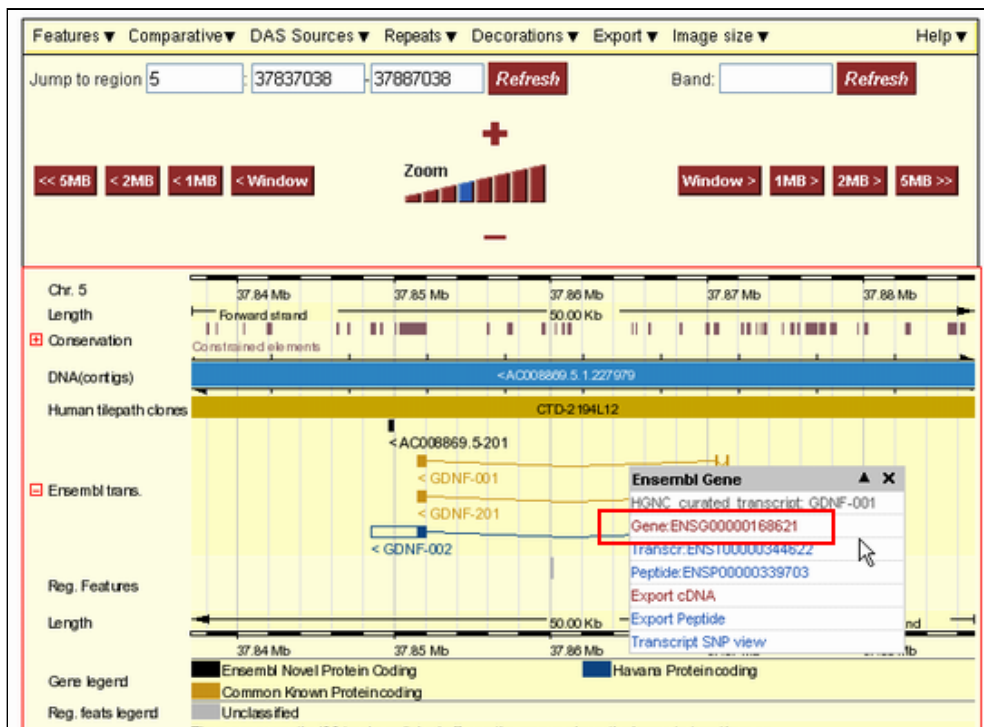
この表示方法は“MultiContigView”と呼ばれ、ヒトゲノムのビューアとその表示範囲と相同な領域がマウスゲノムのビューアとして並んだ形で表示されています。それぞれは各ビューアの下アイコンの操作で、独立に移動、拡大、縮小することが可能で、“AlignSliceView”とは異なり、ヒトゲノムと相同性を持たない領域も含め、スケールもヒトに合わせた形ではなく別のものとして表示されています。

なお、対応する遺伝子間は青の線で結ばれています。

## ■1-7. Ensembl上で遺伝子の詳細情報を表示する

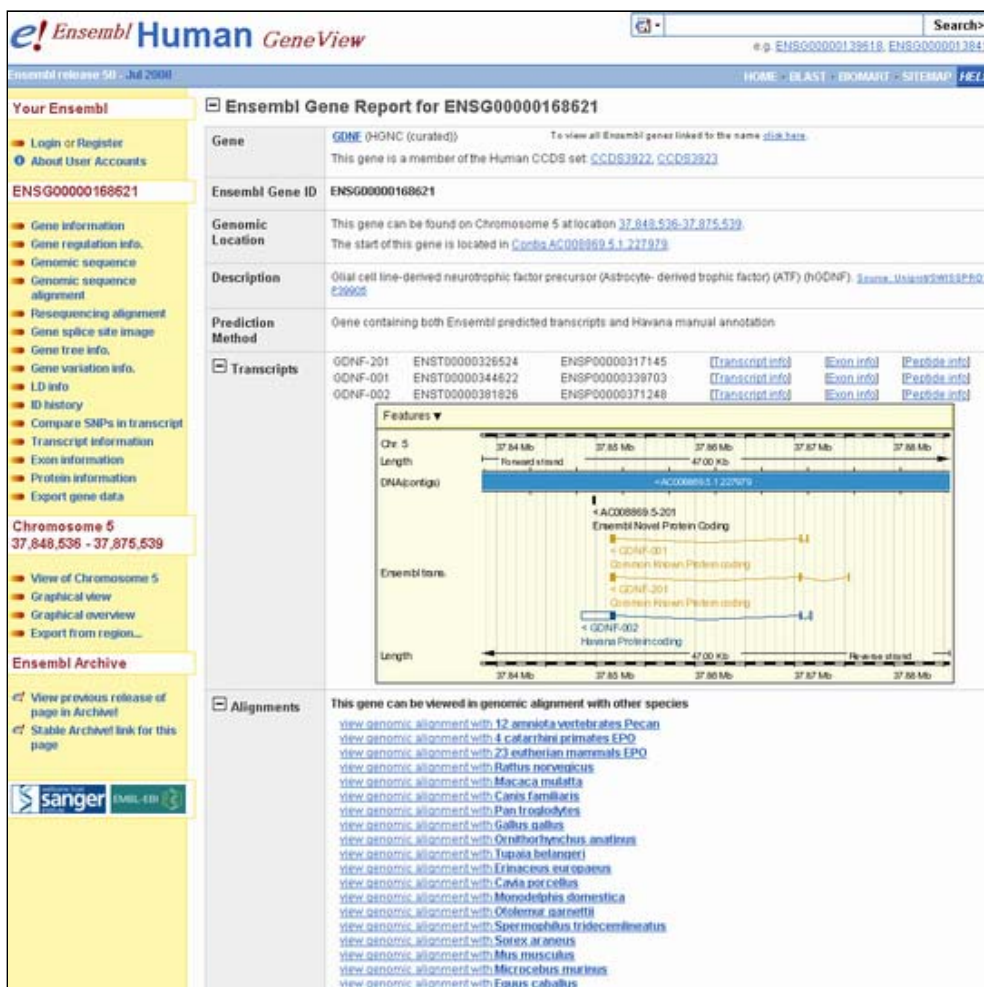
### Ensembl上で遺伝子の詳細情報を表示する

さてContigViewの画面に戻って、この画面からGDNF遺伝子の詳細情報を取得することにしましょう。そのためにはまず、GDNF遺伝子の上をクリックしメニューを表示してください。



この中から“Gene”と書かれた箇所をクリックしてみてください。

すると下図のようなGDNFに関する詳細な“GeneView”のページへと移動します。詳細に関しては別のチュートリアルで紹介することとします。





---

作成日：2008年10月30日

---

All Rights Reserved, Copyright(C) 1997-2008 Japan Science and Technology Agency(JST)

