

# **分子系統樹推定に適した 配列データセットの作成**



# 演習

- NCBI から Drosophila のミトゲノム全長配列を取得
- COX2 領域の塩基配列を切り出す
- COX2 塩基配列をアミノ酸配列に翻訳
- COX2 アミノ酸配列を整列
- 整列したアミノ酸配列に基づいて COX2 塩基配列を整列
- COX2 の開始・終止コドンの配列除去
- 16S rRNA 領域の塩基配列を切り出す
- 16S rRNA 塩基配列を整列
- 整列した 16S rRNA 塩基配列をトリミング
- 配列 (OTU) 名を COX2 と 16S rRNA のファイル間で揃える

# Internet Explorer を起動



NCBI



キーワードに「NCBI」と入力して Enter



すべて

画像

動画

地図

ニュース

保存した項目

39,400,000 件の検索結果

時間指定なし ▾

言語で絞り込む ▾

PubMed／日本語で検索 | 翻訳機能で論文が一目で見つ...

[pmc.carenet.com/](https://pmc.carenet.com/) ▾

【広告】 タイトルとアブストを一画面表示。保存機能で後からチェックも楽々（登録・利用無料） 医師専用PubMed. 原著の保存管理も楽々. iPhoneでいつでも閲覧OK. 日本語操作で使いやすい. 先月、1万人以上のユーザーが carenet.com を訪問しました

日本語で注目海外論文

疾患別の解説 特集

患者向け説明用資料

National Center for Biotechnology Information

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov> ▾ このページを翻訳

2019/05/14 - Welcome to **NCBI** The National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information.

場所: 8600 Rockville Pike, Bethesda, MD

PubMed

PubMed comprises more than 29 million citations for biomedical literature from ...

Blast

The Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) finds regions of local ...

検索

Standard Nucleotide BLAST

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=bla...> ▾ このページを翻訳

Use the browse button to upload a file from your local disk. The file may contain a single sequence or a list of sequences. The data may be either a list of database accession numbers, **NCBI** gi numbers, or sequences in ...

国立生物工学情報センター



国立生物工学情報センター（こくりつせいぶつこうがくじょうほうセンター、英: National Center for Biotechnology Information、NCBI）は、アメリカ合衆国の国立衛生研 ... +



Wikipedia



Twitter



公式サイト

設立: 1988年

他の人は以下も検索しています



欧州バイオ  
インフォマ  
ティク ...

アメリカ国  
立衛生研究  
所

欧州分子生  
物学研究所

すべて表示 (15+)

データ提供: Wikipedia

編集を提案する

←→https://www.bing.com/search?q=NCBI&src=IE-SearchBox&FORM=IESR4S&pc=EUPP\_

NCBI

NCBI - Bing

NCBI

Switch to Bing in English ログイン

すべて画像動画地図ニュース | 保存した項目

39,400,000 件の検索結果 時間指定なし 言語で絞り込む

PubMed / 日本語で検索 | 翻訳機能で論文が一目で見つ...

pmc.carenet.com/

広告 タイトルとアブストを一画面表示。保存機能で後からチェックも楽々 (登録・利用無料) 医師専用PubMed. 原著の保存管理も楽々. iPhoneでいつでも閲覧OK. 日本語操作で使いやすい. 先月、1 万人以上のユーザーが carenet.com を訪問しました

日本語で注目海外論文 疾患別の解説 特集

患者向け説明用資料

National Center for Biotechnology Information

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/ このページを翻訳

2019/05/10 Welcome to NCBI The National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information.

場所: 8600 Rockville Pike, Bethesda, MD

PubMed

PubMed comprises more than 29 million citations for biomedical literature from ...

Blast

The Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) finds regions of local ...

.ncbi.nlm.nih.gov から結果を検索

検索

Standard Nucleotide BLAST

https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=bla... このページを翻訳

Use the browse button to upload a file from your local disk. The file may contain a single sequence or a list of sequences. The data may be either a list of database accession numbers, NCBI gi numbers, or sequences in ...

国立生物工学情報センター



国立生物工学情報センター (こくりつせいぶつこうがくじょうほうセンター、英: National Center for Biotechnology Information、NCBI) は、アメリカ合衆国の国立衛生研 ...

Wikipedia

Twitter

公式サイト

設立: 1988年

他の人は以下も検索しています

EMBL-EBI

NIH

EMBL

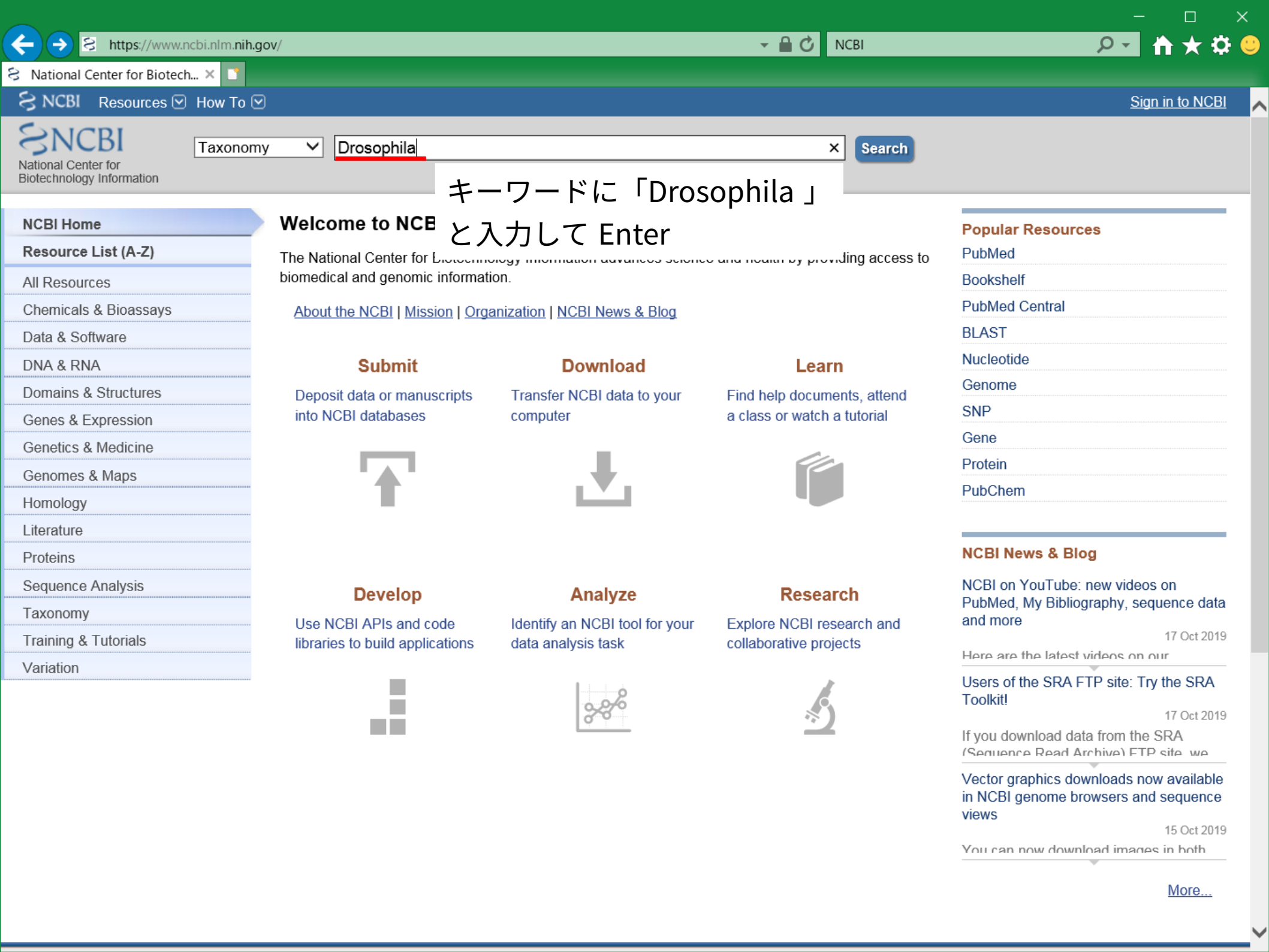
欧州バイオインフォマティクス ... アメリカ国立衛生研究所 欧州分子生物学研究所

すべて表示 (15+)

データ提供: Wikipedia

編集を提案する





https://www.ncbi.nlm.nih.gov/



NCBI



National Center for Biotech... x

NCBI Resources How To

Sign in to NCBI



Taxonomy

Drosophila



Search

キーワードに「Drosophila」  
と入力して Enter

NCBI Home

Resource List (A-Z)

All Resources

Chemicals & Bioassays

Data & Software

DNA & RNA

Domains & Structures

Genes & Expression

Genetics & Medicine

Genomes & Maps

Homology

Literature

Proteins

Sequence Analysis

Taxonomy

Training & Tutorials

Variation

Welcome to NCBI

The National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information.

[About the NCBI](#) | [Mission](#) | [Organization](#) | [NCBI News & Blog](#)

Submit

Deposit data or manuscripts  
into NCBI databases



Download

Transfer NCBI data to your  
computer



Learn

Find help documents, attend  
a class or watch a tutorial



Develop

Use NCBI APIs and code  
libraries to build applications



Analyze

Identify an NCBI tool for your  
data analysis task



Research

Explore NCBI research and  
collaborative projects



Popular Resources

[PubMed](#)

[Bookshelf](#)

[PubMed Central](#)

[BLAST](#)

[Nucleotide](#)

[Genome](#)

[SNP](#)

[Gene](#)

[Protein](#)

[PubChem](#)

NCBI News & Blog

NCBI on YouTube: new videos on  
PubMed, My Bibliography, sequence data  
and more

17 Oct 2019

Here are the latest videos on our

Users of the SRA FTP site: Try the SRA  
Toolkit!

17 Oct 2019

If you download data from the SRA  
(Sequence Read Archive) FTP site, we

Vector graphics downloads now available  
in NCBI genome browsers and sequence  
views

15 Oct 2019

You can now download images in both

[More...](#)



←

→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy/?term=Drosophila

NCBI

🏠

★

⚙️

😊

Drosophila - Taxonomy - N... x

NCBI Resources How To

Sign in to NCBI

Taxonomy

Taxonomy

Drosophila

×

Search

Create alert Limits Advanced

Help

Display Settings: Summary

Send to: Filters: Manage Filters

Search results

Items: 3

☐ [Drosophila](#)

1. genus, basidiomycetes

[Nucleotide](#)

☐ [Drosophila](#)

2. subgenus, flies

[Nucleotide](#) [Protein](#)

☐ [Drosophila](#)

3. (fruit flies) genus, flies

[Nucleotide](#)

Display Settings: Summary

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

Drosophila [All Names]

Search

See more...

Send to: Recent activity

Turn Off Clear

🔍 Drosophila (3)

Taxonomy

🔍 txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter] AND mitochondrion[filter]... (12)

Nucleotide

🔍 txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter]) (870234)

Nucleotide

🔍 txid7215[Organism:exp] (3092203)

Nucleotide

🔍 drosophila (3)

Taxonomy

See more...

リンク先へ

Search for  as  ☒ lock Go Clear

Display 3 levels using filter: none

- ☐ Nucleotide
 ☐ Protein
 ☐ Structure
 ☐ Genome
 ☐ Popset
 ☐ SNP
 ☐ Conserved Domains
 ☐ GEO Datasets
 ☐ PubMed Central  
☐ Gene
 ☐ HomoloGene
 ☐ SRA Experiments
 ☐ LinkOut
 ☐ BLAST
 ☐ GEO Profiles
 ☐ Protein Clusters
 ☐ Identical Protein Groups
 ☐ SPARCLE  
☐ Bio Project
 ☐ Bio Sample
 ☐ Bio Systems
 ☐ Assembly
 ☐ dbVar
 ☐ Genetic Testing Registry
 ☐ Host
 ☐ Viral Host
 ☐ Probe  
☐ PubChem BioAssay

**Lineage** (full): [cellular organisms](#); [Eukaryota](#); [Opisthokonta](#); [Metazoa](#); [Eumetazoa](#); [Bilateria](#); [Protostomia](#); [Ecdysozoa](#); [Panarthropoda](#); [Arthropoda](#); [Mandibulata](#); [Pancrustacea](#); [Hexapoda](#); [Insecta](#); [Dicondylia](#); [Pterygota](#); [Neoptera](#); [Holometabola](#); [Diptera](#); [Brachycera](#); [Muscomorpha](#); [Eremoneura](#); [Cyclorrhapha](#); [Schizophora](#); [Acalyptratae](#); [Ephydroidea](#); [Drosophilidae](#); [Drosophilinae](#); [Drosophilini](#)

- [Drosophila](#) (fruit flies) *Click on organism name to get more information.*

**Arthropoda**

**Dros**

**sophila**

angor group

- Drosophila angor
- Drosophila hei
- Drosophila velox
- annulimana group
  - Drosophila annulimana
  - Drosophila aracataca
  - Drosophila ararama
  - Drosophila gibberosa
  - Drosophila pseudotalamancana
  - Drosophila talamancana
- bizonata group
  - Drosophila bizonata
- bromeliae group
  - Drosophila bromeliae
  - Drosophila aff. florum KVDL-2010
- calloptera group
  - Drosophila atrata
  - Drosophila calloptera
  - Drosophila ornatipennis
  - Drosophila schildi
  - Drosophila calloptera group sp. PM



Search for  as  complete name ☐ lock

Display  3 levels using filter:  none

## Drosophila<sup>1)</sup>

Taxonomy ID: 7215 (for references in articles please use NCBI:txid7215)

current name

***Drosophila*** Fallen, 1823

Genbank common name: **fruit flies**

NCBI BLAST name: **flies**

Rank: **genus**

Genetic code: [Translation table 1 \(Standard\)](#)

Mitochondrial genetic code: [Translation table 5 \(Invertebrate Mitochondrial\)](#)

Other names:

common name(s)

**fruit fly**

### Lineage( full )

[cellular organisms](#); [Eukaryota](#); [Opisthokonta](#); [Metazoa](#); [Eumetazoa](#); [Bilateria](#); [Protostomia](#); [Ecdysozoa](#); [Panarthropoda](#); [Arthropoda](#); [Mandibulata](#); [Pancrustacea](#); [Hexapoda](#); [Insecta](#); [Dicondylia](#); [Pterygota](#); [Neoptera](#); [Holometabola](#); [Diptera](#); [Brachycera](#); [Muscomorpha](#); [Eremoneura](#); [Cyclorrhapha](#); [Schizophora](#); [Acalyptratae](#); [Ephydroidea](#); [Drosophilidae](#); [Drosophilinae](#); [Drosophilini](#)

### Notes:

- 1) Duplicate name. This name, above species rank, is duplicated within the NCBI classification 1) due to its independent use within separate Codes of Nomenclature; 2) its valid duplication at different ranks within a single Code (e.g. genus and subgenus); or 3) unresolved lineage placement.

Entrez records		
Database name	Subtree links	Direct links
<a href="#">Nucleotide</a>	<a href="#">3,092,203</a>	<a href="#">45</a>
<a href="#">Protein</a>	<a href="#">1,08</a>	<a href="#">2</a>
<a href="#">Structure</a>		<a href="#">2</a>
<a href="#">Genome</a>		-
Popset		
Conserved Domains		
<a href="#">GEO Datasets</a>	<a href="#">71,349</a>	-
<a href="#">PubMed Central</a>	<a href="#">148,076</a>	<a href="#">148,071</a>
<a href="#">Gene</a>	<a href="#">501,020</a>	-
<a href="#">HomoloGene</a>	<a href="#">7,016</a>	-
<a href="#">SRA Experiments</a>	<a href="#">64,126</a>	-
<a href="#">GEO Profiles</a>	<a href="#">1,154,679</a>	-
<a href="#">Protein Clusters</a>	<a href="#">13</a>	-
<a href="#">Identical Protein Groups</a>	<a href="#">663,236</a>	<a href="#">2</a>
<a href="#">Bio Project</a>	<a href="#">3,244</a>	<a href="#">29</a>
<a href="#">Bio Sample</a>	<a href="#">64,876</a>	-
<a href="#">Bio Systems</a>	<a href="#">4,577</a>	-
<a href="#">Assembly</a>	<a href="#">165</a>	-
<a href="#">Probe</a>	<a href="#">148,492</a>	-
<a href="#">PubChem BioAssay</a>	<a href="#">395</a>	<a href="#">55</a>
<a href="#">Taxonomy</a>	<a href="#">1,141</a>	<a href="#">1</a>

リンク先へ

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/?term=txid7215[Organism:exp]

NCBI

txid7215[Organism:exp] - N...

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]

Search

Create alert Advanced

Help

Species

Animals (3,070,218)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (978,131)

mRNA (2,030,962)

rRNA (1,497)

Customize ...

Source databases

INSDC (GenBank) (2,218,755)

RefSeq (870,234)

Customize ...

Sequence type

Nucleotide (1,030,000)

...

Summary

20 per page

Sort by Default order

Send to:

Filters: Manage Filters

Items: 1 to 20 of 3092203

<< First < Prev Page 1 of 154611 Next > Last >>

☐ Synthetic construct commupc 2084 region 939 sequence

1. 1,022 bp linear other-genetic

Accession: MK688557.1 GI: 1757428794

Taxonomy

GenBank FASTA Graphics

☐ Synthetic construct commupc 2084 region 379 sequence

2. 453 bp linear other-genetic

Accession: MK688556.1 GI: 1757428793

Taxonomy

☐ Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome

4. 16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

BioProject Protein PubMed Taxonomy

GenBank FASTA Graphics

☐ Drosophila melanogaster d10-3 mutant vasa gene, intron 1, partial sequence

5. 446 bp linear DNA

Accession: LC503775.1 GI: 1757992307

Taxonomy

GenBank FASTA Graphics

Results by taxon

Top Organisms [Tree]

Drosophila melanogaster (1315342)

Drosophila simulans (199655)

Drosophila sechellia (101289)

Drosophila ananassae (93162)

Drosophila pseudoobscura (78289)

All other taxa (1304466)

More...

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

txid7215[Organism:exp]

Search

See more...

Recent activity

Turn Off Clear

txid7215[Organism:exp] (3092203)

Nucleotide

drosophila (3)

Source databases の RefSeq をクリックして RefSeq の配列エントリのみに絞る

←→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore

NCBI

🔍

🏠★⚙️😊

txid7215[Organism:exp] - N... ×

NCBIResourcesHow ToSign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]

×

Search

Create alertAdvancedHelp

Species

Animals (870,234)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (194,384)

mRNA (641,121)

rRNA (1,443)

Customize ...

Source databases

clear

INSDC (GenBank) (0)

✓ RefSeq (870,234)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (870,234)

Genetic compartments

Mitochondrion (12)

Sequence length

Custom range

Release date

Summary

20 per page

Sort by Default order

Send to:

Filters: Manage Filters

Items: 1 to 20 of 870234

<< First < Prev Page 1 of 43512 Next > Last >>

Filters activated: RefSeq. Clear all

☐ [Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome](#)

1. 16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ [PREDICTED: Drosophila novamexicana U6 spliceosomal RNA \(LOC115770965\), ncRNA](#)

2. 107 bp linear ncRNA, snRNA

Accession: XR\_004018910.1 GI: 1732886366

[BioProject](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ [PREDICTED: Drosophila novamexicana U6 spliceosomal RNA \(LOC115770964\), ncRNA](#)

3. 107 bp linear ncRNA, snRNA

Accession: XR\_004018909.1 GI: 1732886365

☐ [PREDICTED: Drosophila novamexicana aurora kinase C \(LOC115770962\), mRNA](#)

5. 1,556 bp linear mRNA

Accession: XM\_030716433.1 GI: 1732886363

[BioProject](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

Results by taxon

Top Organisms [Tree]

Drosophila rhopaloa (47166)

Drosophila ananassae (36349)

Drosophila melanogaster (36083)

Drosophila virilis (35482)

Drosophila navojoa (35460)

All other taxa (679694)

More...

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

txid7215[Organism:exp] AND refseq[filter]

Search

See more...

Recent activity

Turn Off Clear

🔍 txid7215[Organism:exp] AND (refseq [filter]) (870234) Nucleotide

🔍 txid7215[Organism:exp] (3092203)

Genetic compartments の

Mitochondrion

をクリックして mtDNA の配列エントリのみに絞る

[15770963 \(LOC115770963\),](#)

←→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore

NCBI

🔍🏠★⚙️😊

txid7215[Organism:exp] - N... ×

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]

×

Search

Create alert Advanced Help

Species

Animals (12)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (12)

Customize ...

Source databases

✓ RefSeq (12)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (12)

Genetic compartments

✓ Mitochondrion (12)

Sequence length

Custom range...

Release date

Custom range...

Revision date

Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary

20 per page

Sort by Default order

Send to:

Filters: Manage Filters

Items: 12

Filters activated: RefSeq, Mitochondrion. Clear all

☐ Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome

1. 16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila formosana mitochondrion, complete genome

3. 16,100 bp circular DNA

Accession: NC\_028518.1 GI: 959122399

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila incompta mitochondrion, complete genome

4. 15,640 bp circular DNA

Accession: NC\_025936.1 GI: 733386688

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila albomicans mitochondrion, complete genome

5. 15,846 bp circular DNA

Accession: NC\_027937.1 GI: 937407879

[BioProject](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

Results by taxon

Top Organisms Tree

Drosophila littoralis (1)

Drosophila formosana (1)

Drosophila albomicans (1)

Drosophila mercatorum (1)

Drosophila incompta (1)

All other taxa (7)

More...

Analyze these sequences

Run BLAST

Find in these sequences

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter] AND mitochondrion[filter])

Search

See more...

必要であれば、さらに長さや分類群、登録日時などで絞り込める



←

→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore

NCBI

🏠

★

⚙️

😊

txid7215[Organism:exp] - N... x

NCBI

Resources

How To

Sign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]

Search

Create alert

Advanced

Help

Species

Animals (12)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (12)

Customize ...

Source databases

clear

RefSeq (12)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (12)

Genetic compartments

clear

Mitochondrion (12)

Sequence length

Custom range...

Release date

Custom range...

Revision date

Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary

20 per page

Sort by Default order

Send to:

Filters: Manage Filters

Items: 12

Filters activated: RefSeq, Mitochondrion. Clear all

☐

Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome

1. 16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

Drosophila melanogaster mitochondrion, complete genome

2. 19,524 bp circular DNA

Accession: NC\_024511.2 GI: 669671270

[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

Drosophila formosana mitochondrion, complete genome

3. 16,100 bp circular DNA

Accession: NC\_028518.1 GI: 959122399

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

Drosophila incompta mitochondrion, complete genome

4. 15,640 bp circular DNA

Accession: NC\_025936.1 GI: 937407879

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

Drosophila albomicans mitochondrion, complete genome

5. 15,846 bp circular DNA

Accession: NC\_027937.1 GI: 937407879

[BioProject](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

Results by taxon

Top Organisms Tree

Drosophila littoralis (1)

Drosophila formosana (1)

Drosophila albomicans (1)

Drosophila mercatorum (1)

Drosophila incompta (1)

All other taxa (7)

More...

Analyze these sequences

Run BLAST

Find in these sequences

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter] AND mitochondrion[filter])

Search

See more...

絞り込み内容を検索語として入力する場合の書き方が表示されている





←→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore

NCBI

🏠★⚙️😊

txid7215[Organism:exp] - N...

NCBIResourcesHow ToSign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]

Search

Create alertAdvancedHelp

Species

Animals (12)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (12)

Customize ...

Source databases

clear

✓ RefSeq (12)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (12)

Genetic compartments

clear

✓ Mitochondrion (12)

Sequence length

Custom range...

Release date

Custom range...

Revision date

Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary20 per pageSort by Default order

Items: 12

Filters activated: RefSeq, Mitochondrion. Clear all

☐

[Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome](#)

1. 16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

[Drosophila melanogaster mitochondrion, complete genome](#)

2. 19,524 bp circular DNA

Accession: NC\_024511.2 GI: 669671270

[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

[Drosophila formosana mitochondrion, complete genome](#)

3. 16,100 bp circular DNA

Accession: NC\_028518.1 GI: 959122399

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

[Drosophila incompta mitochondrion, complete genome](#)

4. 15,640 bp circular DNA

Accession: NC\_025936.1 GI: 733386688

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

[Drosophila albomicans mitochondrion, complete genome](#)

5. 15,846 bp circular DNA

Accession: NC\_027937.1 GI: 937407879

[BioProject](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

Send to

Filters: Manage Filters

☒ Complete Record

☐ Coding Sequences

☐ Gene Features

Choose Destination

☐ File

☐ Collections

クリック

on

[\[Tree\]](#)

oralis (1)

mosana (1)

omicans (1)

rcatorum (1)

ompta (1)

All other taxa (7)

More...

Analyze these sequences

Run BLAST

Find in these sequences

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter] AND mitochondrion[filter])

Search

See more...

←→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore

NCBI

🏠★⚙️😊

txid7215[Organism:exp] - N...

NCBIResourcesHow ToSign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]

Search

Create alertAdvancedHelp

Species

Animals (12)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (12)

Customize ...

Source databases

clear

✓ RefSeq (12)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (12)

Genetic compartments

clear

✓ Mitochondrion (12)

Sequence length

Custom range...

Release date

Custom range...

Revision date

Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary20 per pageSort by Default order

Items: 12

Filters activated: RefSeq, Mitochondrion. Clear all

1. [Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome](#)

16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

2. [Drosophila melanogaster mitochondrion, complete genome](#)

19,524 bp circular DNA

Accession: NC\_024511.2 GI: 669671270

[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

3. [Drosophila formosana mitochondrion, complete genome](#)

16,100 bp circular DNA

Accession: NC\_028518.1 GI: 959122399

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

4. [Drosophila incompta mitochondrion, complete genome](#)

15,640 bp circular DNA

Accession: NC\_025936.1 GI: 733386688

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

5. [Drosophila albomicans mitochondrion, complete genome](#)

15,846 bp circular DNA

Accession: NC\_027937.1 GI: 937407879

[BioProject](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

Send to:Filters: Manage Filters

☒ Complete Record

☐ Coding Sequences

☐ Gene Features

Choose Destination

☒ File

☐ Clipboard

☐ Collections

☐ Analysis Tool

Download 12 items.

Summary

GenBank

GenBank (full)

FASTA

ASN.1

XML

INSDSeq XML

TinySeq XML

Feature Table

Accession List

GI List

GFF3

plダウソメソユから「GenBank」をソ択

sequences

sequences

Find items

Search details

txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter] AND mitochondrion[filter])

Search

See more...

←

→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore

NCBI

txid7215[Organism:exp] - N...

Sign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]

Search

Create alert

Advanced

Help

Species

Animals (12)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (12)

Customize ...

Source databases

clear

RefSeq (12)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (12)

Genetic compartments

clear

Mitochondrion (12)

Sequence length

Custom range...

Release date

Custom range...

Revision date

Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary

20 per page

Sort by Default order

Items: 12

Filters activated: RefSeq, Mitochondrion. Clear all

☐

Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome

1. 16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

Drosophila melanogaster mitochondrion, complete genome

2. 19,524 bp circular DNA

Accession: NC\_024511.2 GI: 669671270

[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

Drosophila formosana mitochondrion, complete genome

3. 16,100 bp circular DNA

Accession: NC\_028518.1 GI: 959122399

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

Drosophila incompta mitochondrion, complete genome

4. 15,640 bp circular DNA

Accession: NC\_025936.1 GI: 733386688

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐

Drosophila albomicans mitochondrion, complete genome

5. 15,846 bp circular DNA

Accession: NC\_027937.1 GI: 937407879

[BioProject](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

Send to:

Filters: Manage Filters

☒ Complete Record

☐ Coding Sequences

☐ Gene Features

Choose Destination

☒ File

☐ Clipboard

☐ Collections

☐ Analysis Tool

Download 12 items.

Format

GenBank

Sort by

Default order

Show GI ☐

Create File

Database: Select

Find items

Search details

txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter] AND mitochondrion[filter])

Search

See more...

クリック

←→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore

NCBI

🏠★⚙️😊

txid7215[Organism:exp] - N...

NCBIResourcesHow ToSign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]

Search

Create alertAdvancedHelp

Species

Animals (12)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (12)

Customize ...

Source databases

clear

RefSeq (12)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (12)

Genetic compartments

clear

Mitochondrion (12)

Sequence length

Custom range...

Release date

Custom range...

Revision date

Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary20 per pageSort by Default order

Send to:Filters: Manage Filters

Items: 12

Filters activated: RefSeq, Mitochondrion. Clear all

☐ Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome

1. 16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila melanogaster mitochondrion, complete genome

2. 19,524 bp circular DNA

Accession: NC\_024511.2 GI: 669671270

[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila formosana mitochondrion, complete genome

3. 16,100 bp circular DNA

Accession: NC\_028518.1 GI: 959122399

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila incompta mitochondrion, complete genome

4. 15,640 bp circular DNA

Accession: NC\_025936.1 GI: 733386688

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila albomicans mitochondrion, complete genome

5. 15,846 bp circular DNA

Results by taxon

Top Organisms Tree

Drosophila littoralis (1)

Drosophila formosana (1)

Drosophila albomicans (1)

Drosophila mercatorum (1)

Drosophila incompta (1)

All other taxa (7)

More...

Analyze these sequences

Run BLAST

Find in these sequences

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter] AND mitochondrion[filter])

ncbi.nlm.nih.gov から sequence.gb を開くか、または保存しますか?

ファイルを開く(O)

保存(S)

キャンセル(C)

クリック

←→

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore

NCBI

🔍

🏠

★

⚙️

😊

txid7215[Organism:exp] - N...

NCBIResourcesHow ToSign in to NCBI

Nucleotide

Nucleotide

txid7215[Organism:exp]Search

Create alertAdvancedHelp

Species

Animals (12)

Customize ...

Molecule types

genomic DNA/RNA (12)

Customize ...

Source databases

clear

RefSeq (12)

Customize ...

Sequence Type

Nucleotide (12)

Genetic compartments

clear

Mitochondrion (12)

Sequence length

Custom range...

Release date

Custom range...

Revision date

Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary20 per pageSort by Default order

Send to:Filters: Manage Filters

Items: 12

Filters activated: RefSeq, Mitochondrion. Clear all

☐ Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome

1. 16,024 bp circular DNA

Accession: NC\_044669.1 GI: 1747251453

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila melanogaster mitochondrion, complete genome

2. 19,524 bp circular DNA

Accession: NC\_024511.2 GI: 669671270

[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila formosana mitochondrion, complete genome

3. 16,100 bp circular DNA

Accession: NC\_028518.1 GI: 959122399

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila incompta mitochondrion, complete genome

4. 15,640 bp circular DNA

Accession: NC\_025936.1 GI: 733386688

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ Drosophila albomicans mitochondrion, complete genome

5. 15,846 bp circular DNA

Results by taxon

Top Organisms Tree

Drosophila littoralis (1)

Drosophila formosana (1)

Drosophila albomicans (1)

Drosophila mercatorum (1)

Drosophila incompta (1)

All other taxa (7)

More...

Analyze these sequences

Run BLAST

Find in these sequences

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

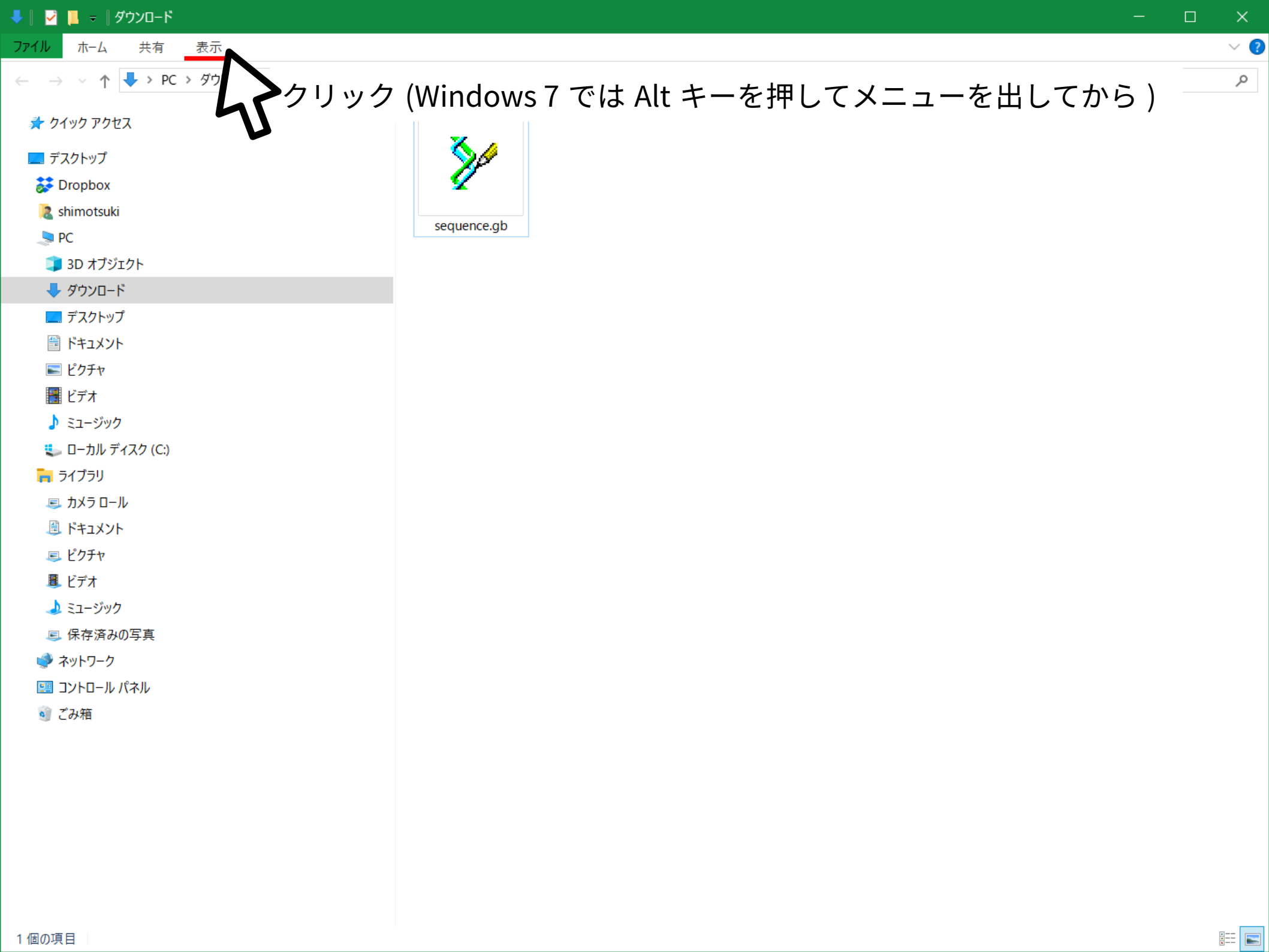
txid7215[Organism:exp] AND (refseq[filter] AND mitochondrion[filter])

sequence.gb のダウンロードが完了しました。

ファイルを開く(O)フォルダーを開く(D)ダウンロードの表示(V)

See more...

クリック



クリック (Windows 7 では Alt キーを押してメニューを出してから )

★ クイック アクセス

デスクトップ

Dropbox

shimotsuki

PC

3D オブジェクト

ダウンロード

デスクトップ

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

ローカル ディスク (C:)

ライブラリ

カメラ ロール

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

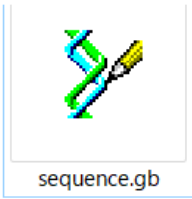
ミュージック

保存済みの写真

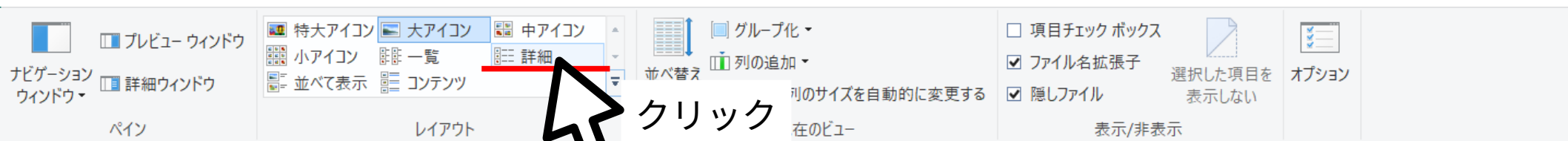
ネットワーク

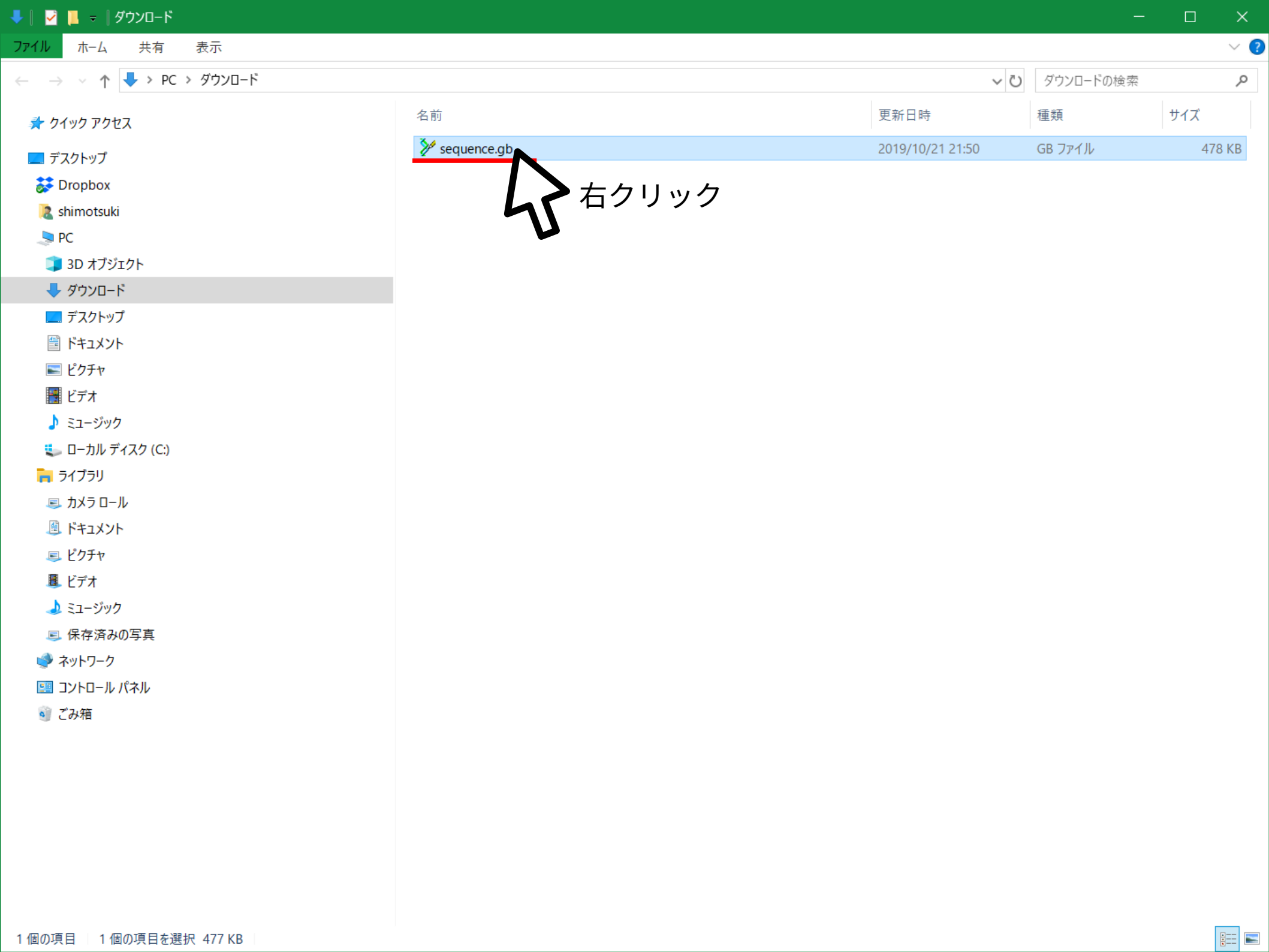
コントロール パネル

ごみ箱



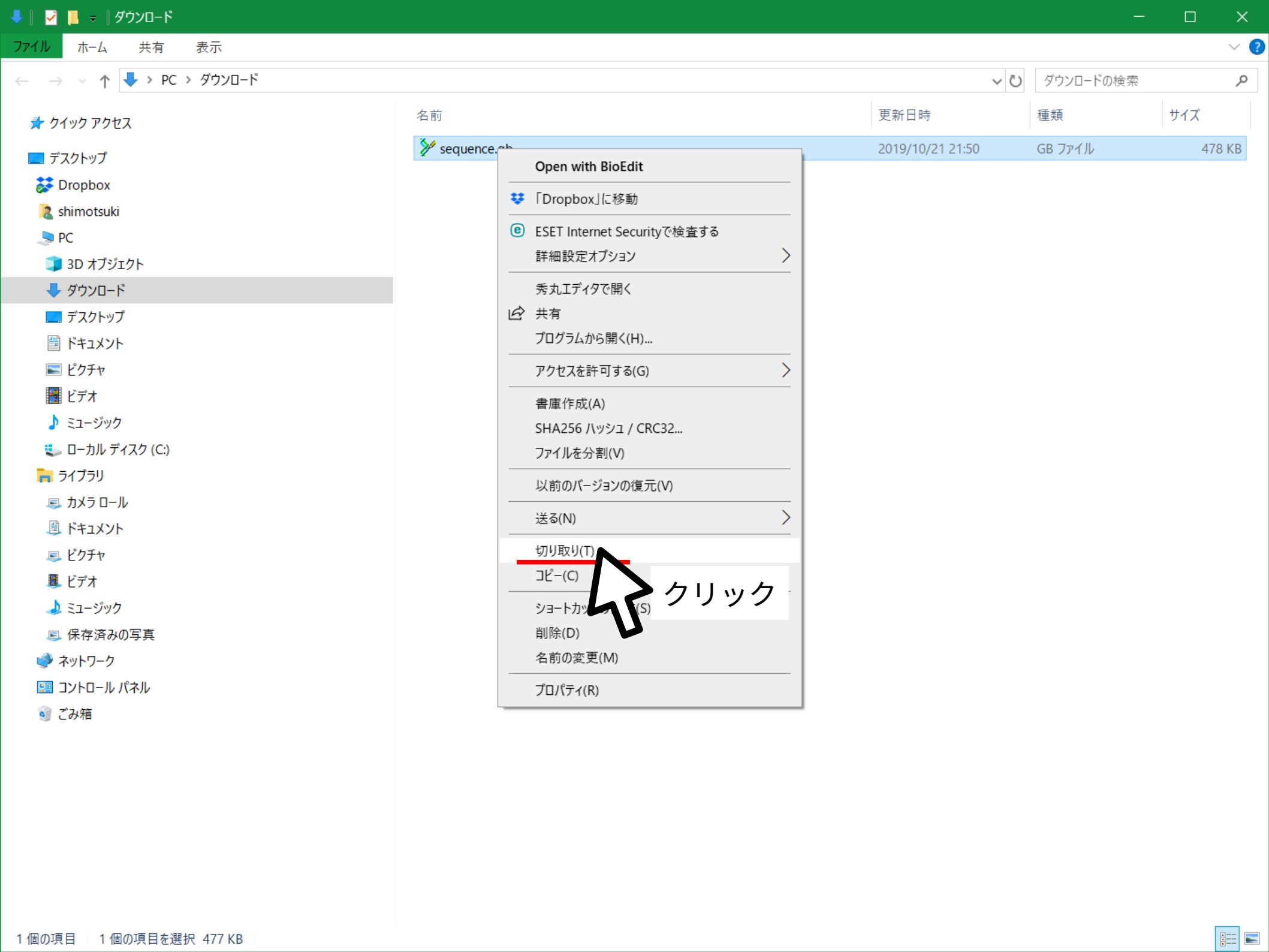
sequence.gb

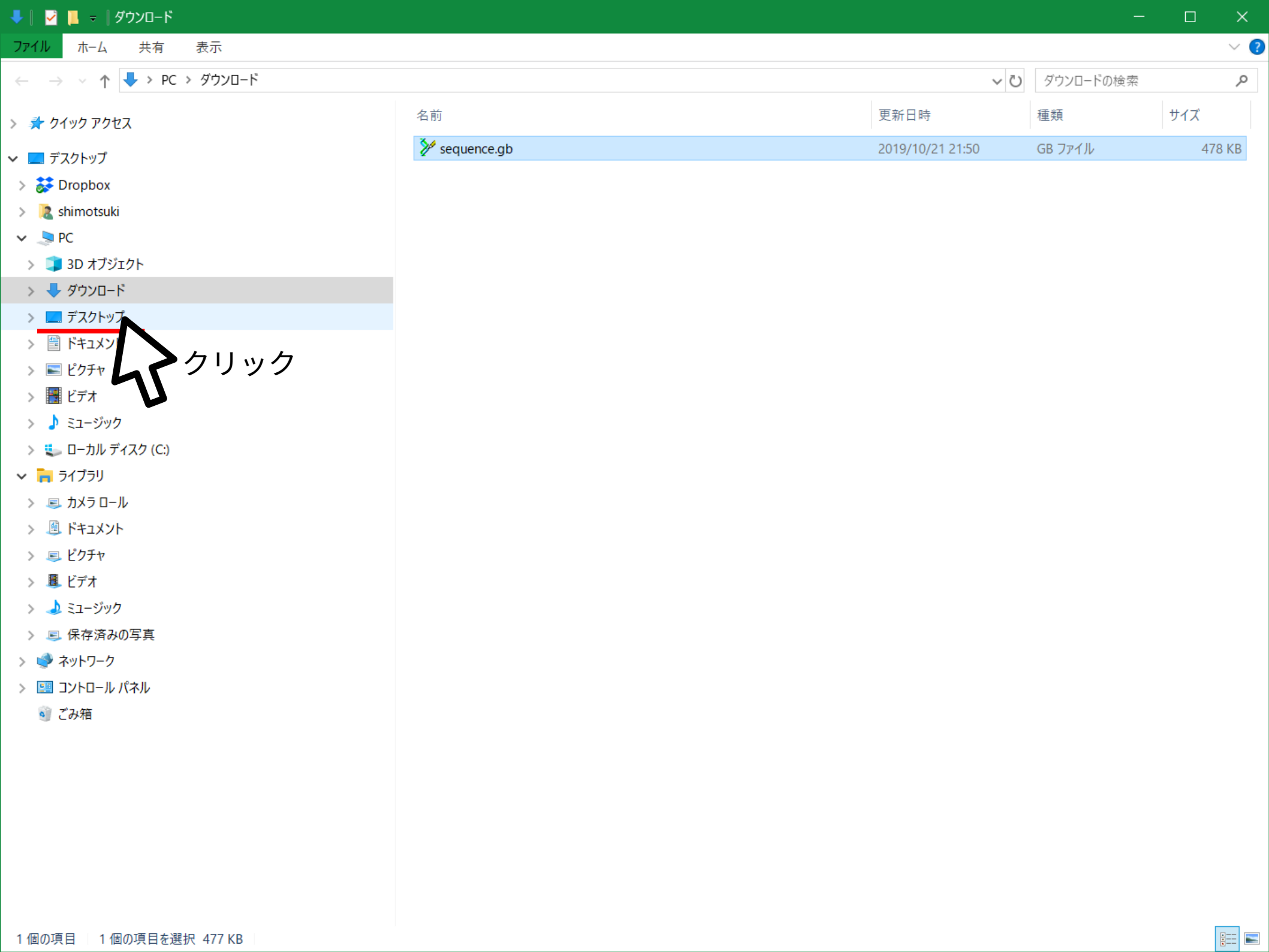
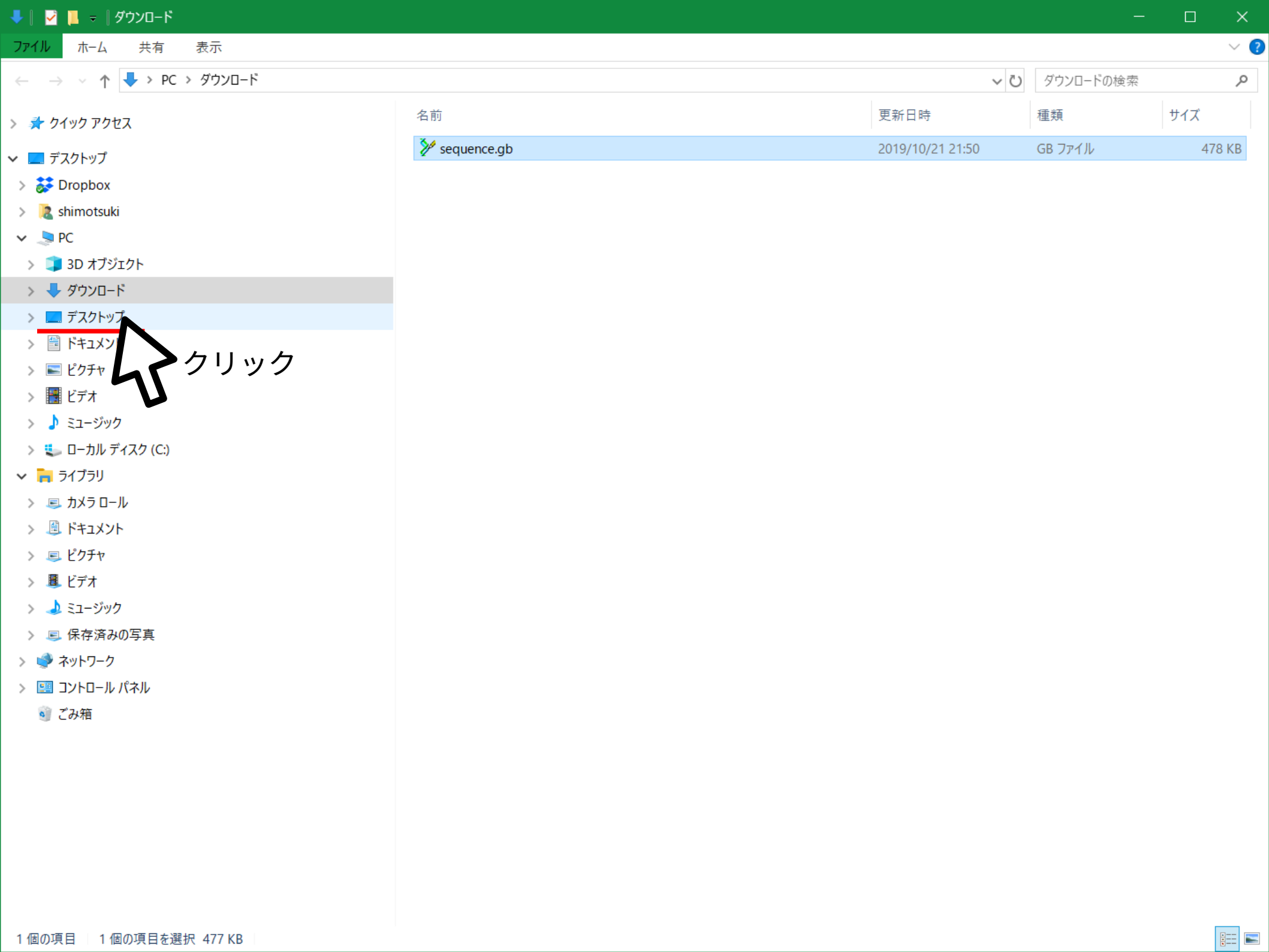


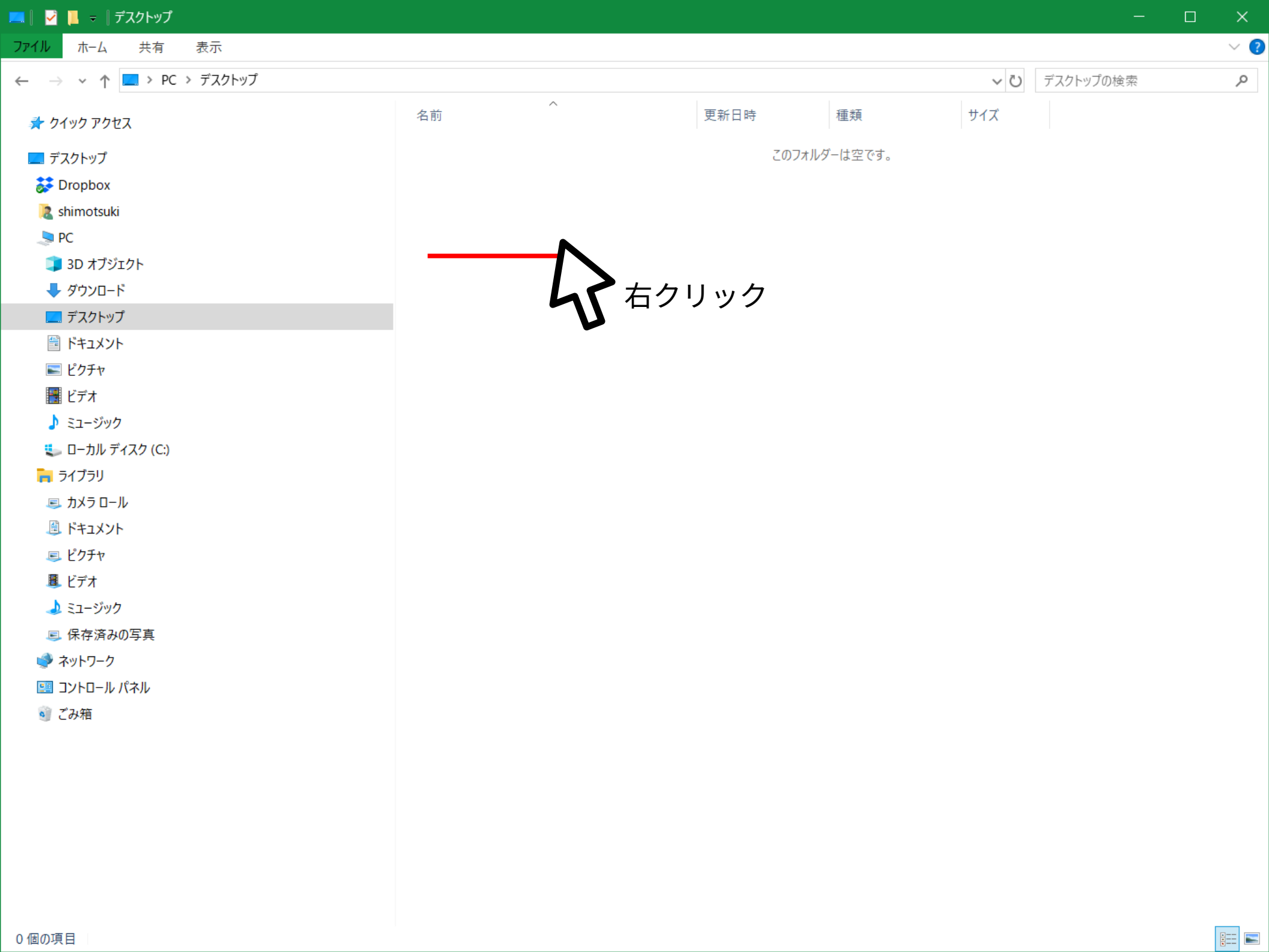


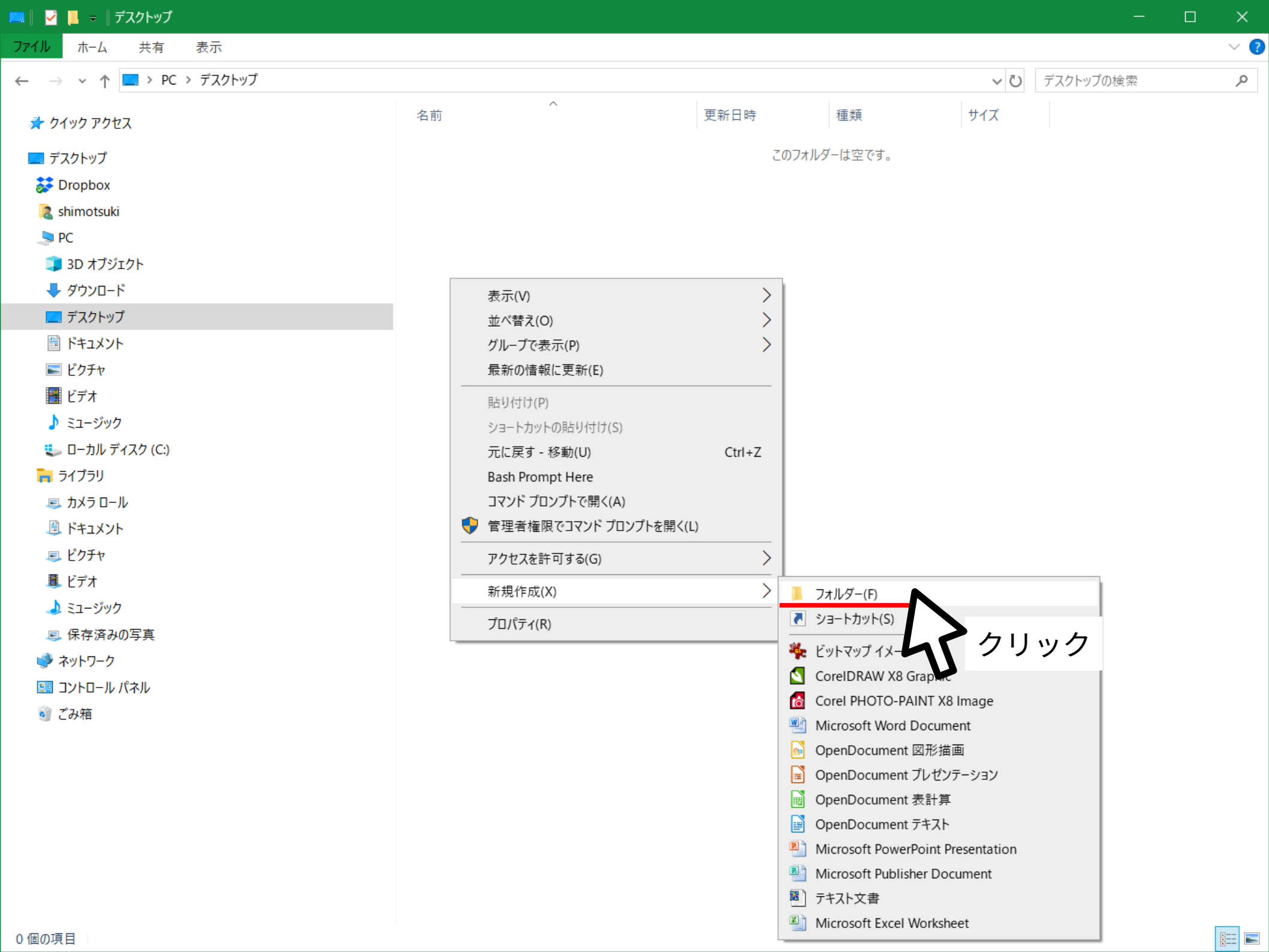
ダウンロード				
ファイル   ホーム   共有   表示				
← → ↑ ↓ > PC > ダウンロード				
<div>★ クイック アクセス</div> <div>デスクトップ</div> <div>Dropbox</div> <div>shimotsuki</div> <div>PC</div> <div>3D オブジェクト</div> <div>ダウンロード</div> <div>デスクトップ</div> <div>ドキュメント</div> <div>ピクチャ</div> <div>ビデオ</div> <div>ミュージック</div> <div>ローカル ディスク (C:)</div> <div>ライブラリ</div> <div>カメラ ロール</div> <div>ドキュメント</div> <div>ピクチャ</div> <div>ビデオ</div> <div>ミュージック</div> <div>保存済みの写真</div> <div>ネットワーク</div> <div>コントロール パネル</div> <div>ごみ箱</div>	名前	更新日時	種類	サイズ
	sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB
1 個の項目   1 個の項目を選択   477 KB				







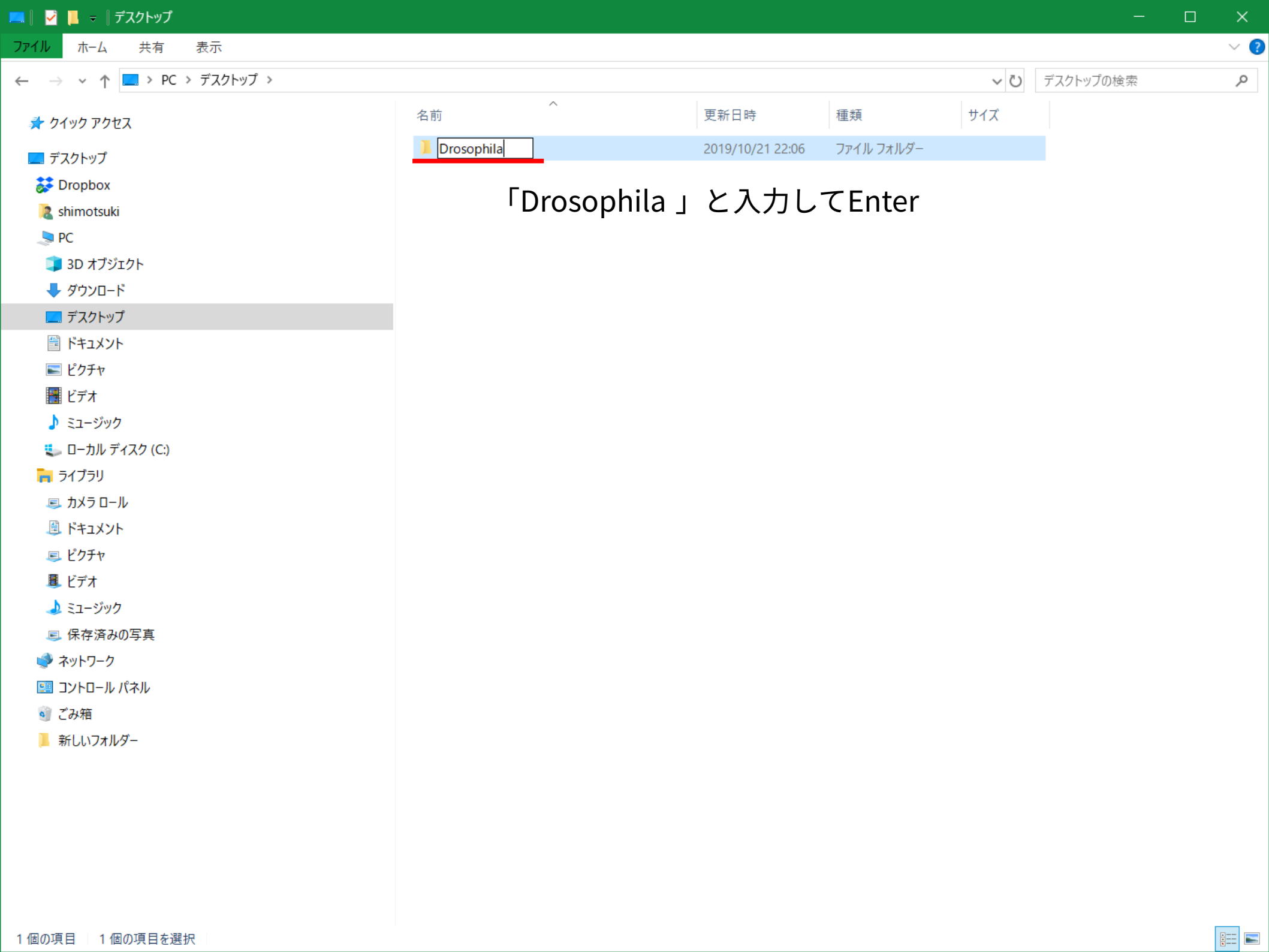




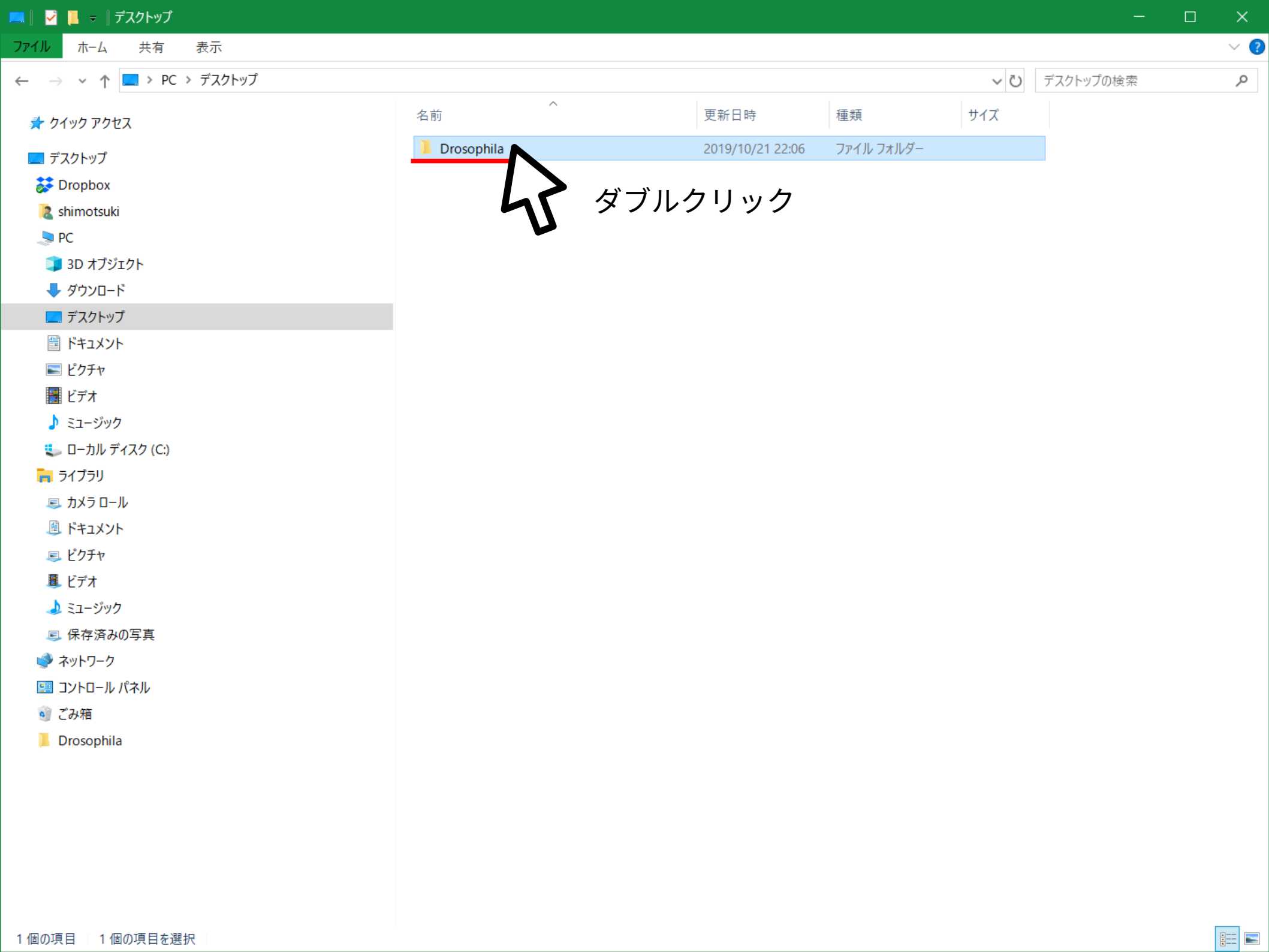
- 表示(V) >
- 並べ替え(O) >
- グループで表示(P) >
- 最新の情報に更新(E)
- 貼り付け(P)
- ショートカットの貼り付け(S)
- 元に戻す - 移動(U) Ctrl+Z
- Bash Prompt Here
- コマンド プロンプトで開く(A)
- 管理者権限でコマンド プロンプトを開く(L)
- アクセスを許可する(G) >
- 新規作成(X) >
- プロパティ(R)

- フォルダー(F)
- ショートカット(S)
- ビットマップ イメージ
- CorelDRAW X8 Graphic
- Corel PHOTO-PAINT X8 Image
- Microsoft Word Document
- OpenDocument 図形描画
- OpenDocument プレゼンテーション
- OpenDocument 表計算
- OpenDocument テキスト
- Microsoft PowerPoint Presentation
- Microsoft Publisher Document
- テキスト文書
- Microsoft Excel Worksheet

クリック



「Drosophila 」と入力してEnter



★ クイック アクセス

- デスクトップ
- Dropbox
- shimotsuki
- PC
- 3D オブジェクト
- ダウンロード
- デスクトップ
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- ローカル ディスク (C:)
- ライブラリ
  - カメラ ロール
  - ドキュメント
  - ピクチャ
  - ビデオ
  - ミュージック
  - 保存済みの写真
- ネットワーク
- コントロール パネル
- ごみ箱
- Drosophila

名前

更新日時

種類

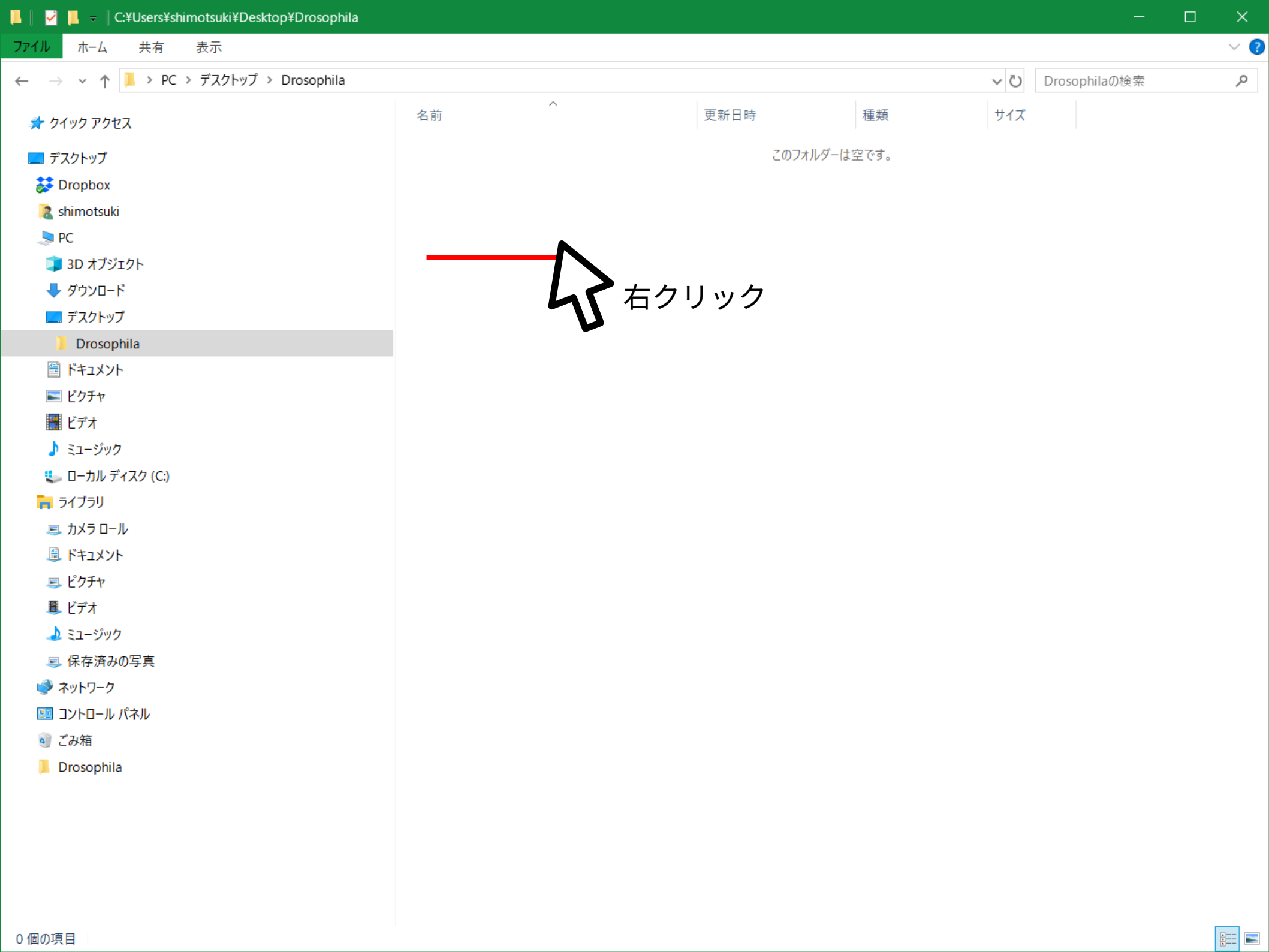
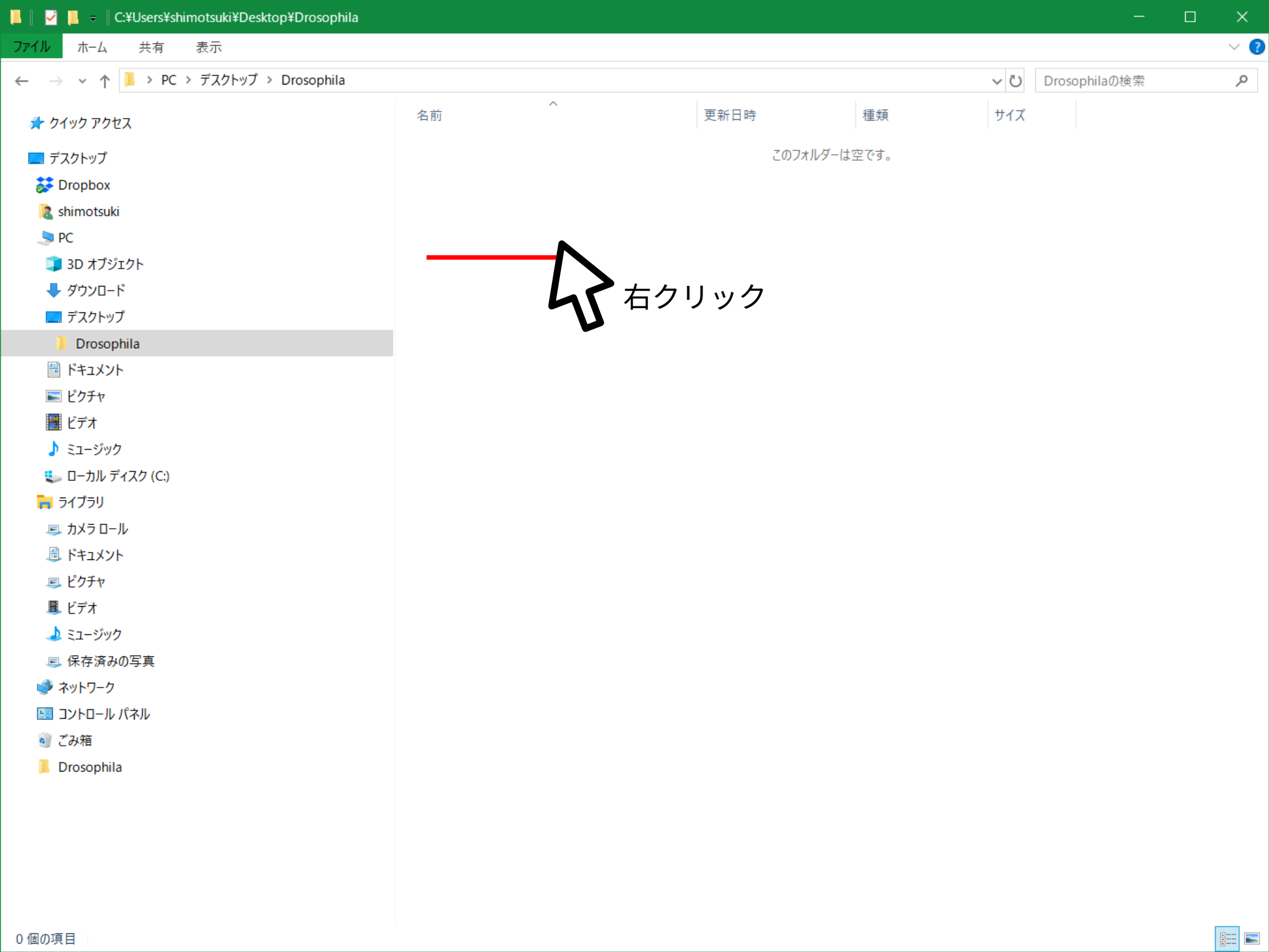
サイズ

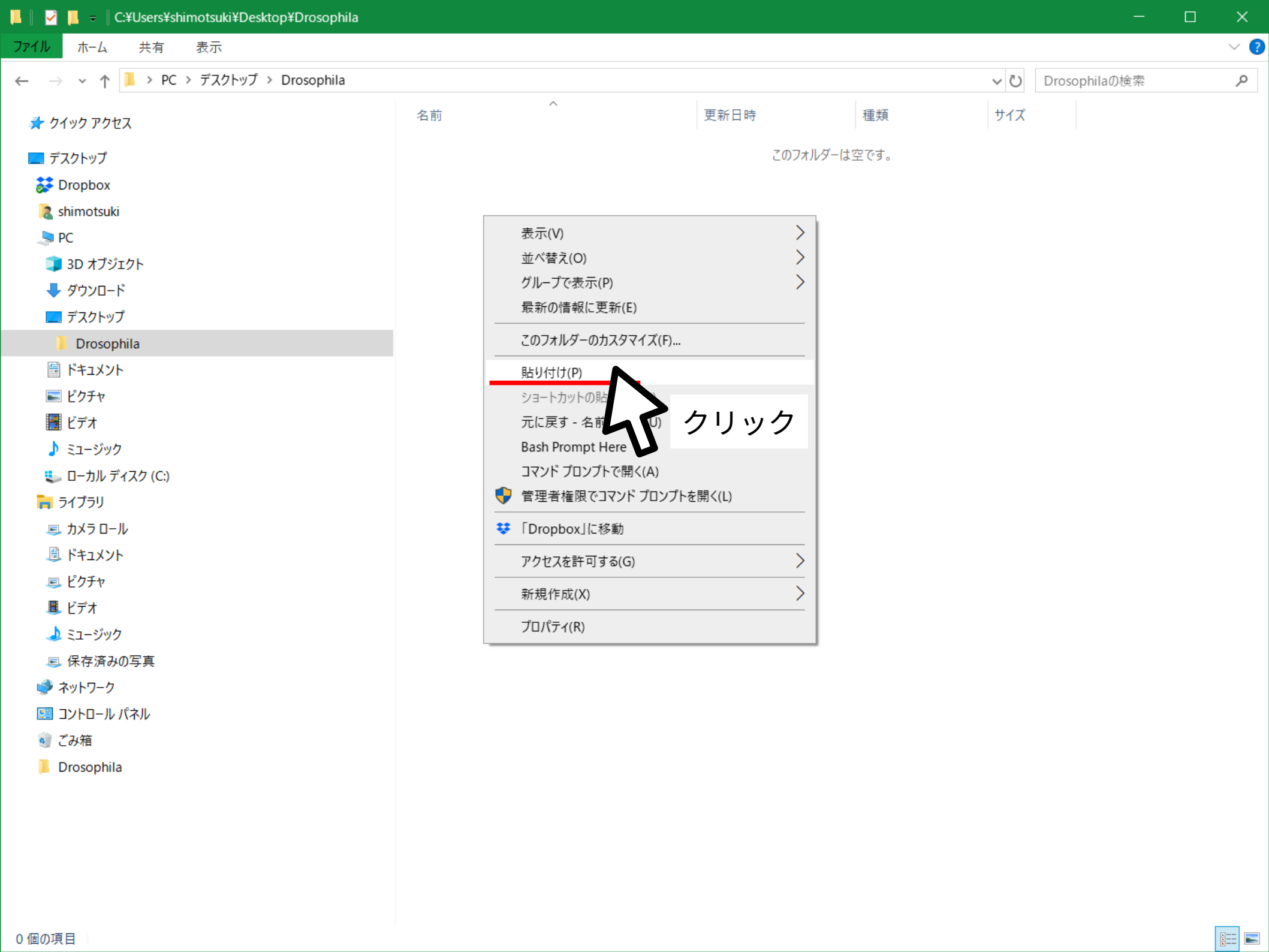
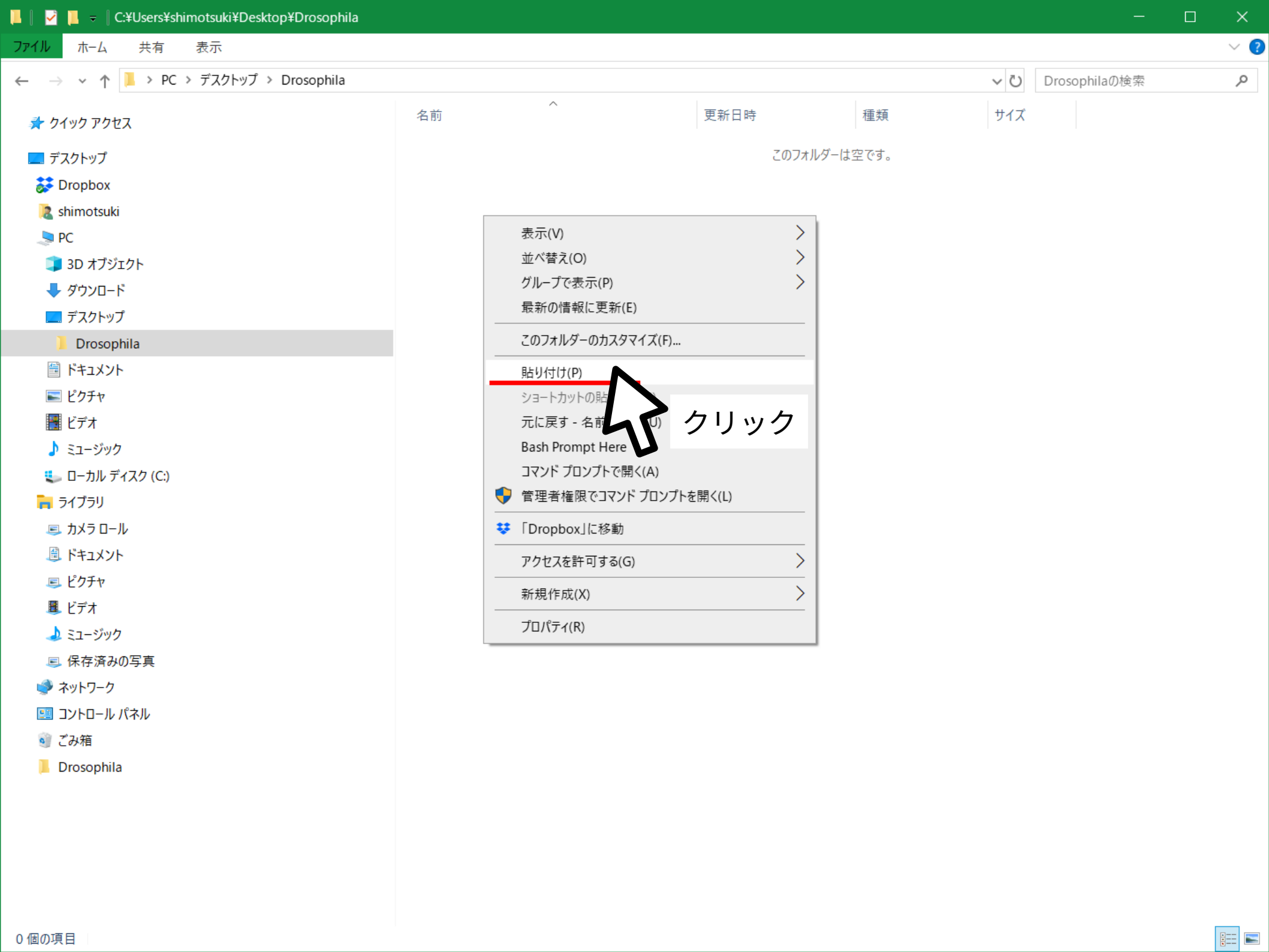
Drosophila

2019/10/21 22:06

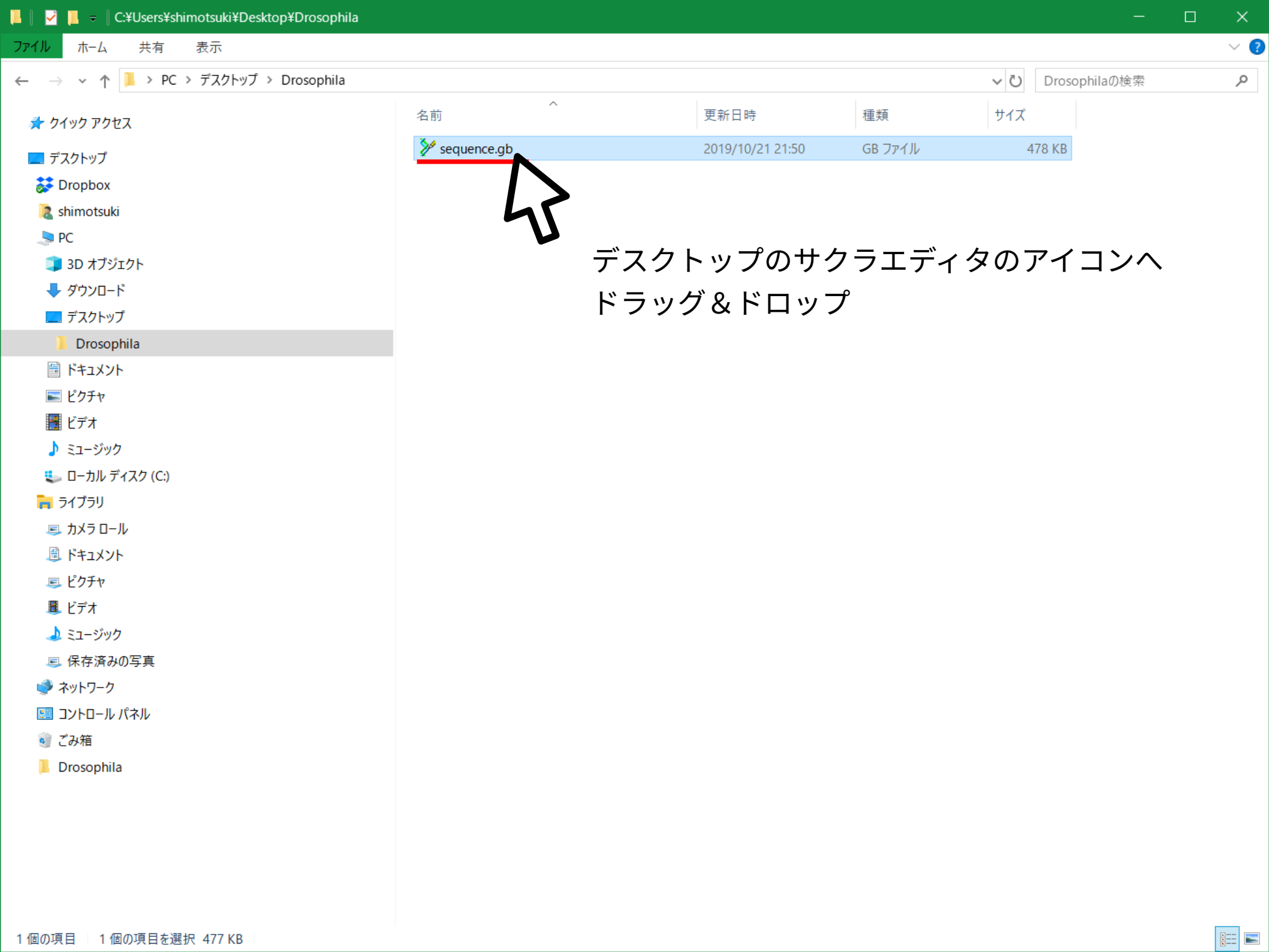
ファイル フォルダー

ダブルクリック






























デスクトップのサクラエディタのアイコンへ  
ドラッグ&ドロップ

名前	更新日時	種類	サイズ
sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB

デスクトップ¥Drosophila¥sequence.gb - sakura 2.2.0.1

ファイル(F) 編集(E) 変換(C) 検索(S) ツール(T) 設定(O) ウィンドウ(W) ヘルプ(H)





0123456789

1 LOCUS NC\_044669 16024 bp DNA circular INV 11-OCT-2019↓

2 DEFINITION Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome.↓

3 ACCESSION NC\_044669↓

4 VERSION NC\_044669.1↓

5 DBLINK BioProject: PRJNA573206↓

6 KEYWORDS RefSeq.↓

7 SOURCE mitochondrion Drosophila mercatorum↓

8 ORGANISM Drosophila mercatorum↓

9 Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta;↓

10 Pterygota; Neoptera; Holometabola; Diptera; Brachycera;↓

11 Muscomorpha; Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.↓

12 REFERENCE 1 (bases 1 to 16024)↓

13 AUTHORS Wang,A., Du,Z., Luo,X., Zhang,F., Zhang,J. and Li,H.↓

14 TITLE The conserved mitochondrial genomes of Drosophila mercatorum↓

15 (Diptera: Drosophilidae) with different reproductive modes and↓

16 phylogenetic implications↓

17 JOURNAL Int. J. Biol. Macromol. 138, 912-918 (2019)↓

18 PUBMED 31362022↓

19 REMARK Publication Status: Available-Online prior to print↓

20 REFERENCE 2 (bases 1 to 16024)↓

21 CONSRM NCBI Genome Project↓

22 TITLE Direct Submission↓

23 JOURNAL Submitted (20-SEP-2019) National Center for Biotechnology↓

24 Information, NIH, Bethesda, MD 20894, USA↓

25 REFERENCE 3 (bases 1 to 16024)↓

26 AUTHORS Wang,A., Li,H. and Cai,W.↓

27 TITLE Direct Submission↓

28 JOURNAL Submitted (27-FEB-2019) China Agricultural University, Entomology,↓

< 1行 1桁 LF 4C SJIS REC 挿入



## ドラッグしてスクロール

デスクトップ¥Drosophila¥sequence.gb - sakura 2.2.0.1

ファイル(F) 編集(E) 変換(C) 検索(S) ツール(T) 設定(O) ウィンドウ(W) ヘルプ(H)

0123456789

33FEATURESLocation/Qualifiers↓

34source1..16024↓

35/organism="Drosophila mercatorum"↓

36/organelle="mitochondrion"↓

37/mol\_type="genomic DNA"↓

38/db\_xref="taxon:7253"↓

39gene1..64↓

40/gene="trnI"↓

41/locus\_tag="F6D20\_mgt01"↓

42/db\_xref="GeneID:41793674"↓

43tRNA1..64↓

44/gene="trnI"↓

45/locus\_tag="F6D20\_mgt01"↓

46/product="tRNA-Ile"↓

47/db\_xref="GeneID:41793674"↓

48genecomplement(95..163)↓

49/gene="trnQ"↓

50/locus\_tag="F6D20\_mgt02"↓

51/db\_xref="GeneID:41793638"↓

52tRNAcomplement(95..163)↓

53/gene="trnQ"↓

54/locus\_tag="F6D20\_mgt02"↓

55/product="tRNA-Gln"↓

56/db\_xref="GeneID:41793638"↓

57gene217..285↓

58/gene="trnM"↓

59/locus\_tag="F6D20\_mgt03"↓

60/db\_xref="GeneID:41793639"↓

33行 41桁 LF LF SJIS REC 挿入

配列のどこからどこまでが  
どんな領域かという情報  
が書いてある

デスクトップ¥Drosophila¥sequence.gb - sakura 2.2.0.1

ファイル(F) 編集(E) 変換(C) 検索(S) ツール(T) 設定(O) ウィンドウ(W) ヘルプ(H)

144

145

146

147

148

149

150

151

152

153

154

155

156

157

158

159

160

161

162

163

164

165

166

167

168

169

170

171

CDS

COX2  
遺伝子領域  
の情報

gene

tRNA

/gene="COX2"↓

/locus\_tag="F6D20\_mgp11"↓

/db\_xref="GeneID:41793646"↓

3145..3832↓

/gene="COX2"↓

/locus\_tag="F6D20\_mgp11"↓

/note="TAA stop codon is completed by the addition of 3' A↓

residues to the mRNA"↓

/codon\_start=1↓

/transl\_except=(pos:3832,aa:TERM)↓

/transl\_table=5↓

/product="cytochrome c oxidase subunit II"↓

/protein\_id="YP\_009690000.1"↓

/db\_xref="GeneID:41793646"↓

/translation="MSTWANLGLQDSASPLMEQLTFFHDHALLILVMITVLVGYLMFM↓

LFFNNYVNRFLFHGQLIEMIWTILPAIILLFIALPSLRLLYLLDEINEPSVTLKSIGH↓

QWYWSYEYSDFNNIEFDSYMIPTNELSIDSFRLLDVDNRIVLPMNSQIRILVTAADVI↓

HSWTIPALGVKVDGTPGRLNQTNFFMNRPGLFYGCSEICGANHSFMPIVIESVPVNY↓

FIKWISSNMNS"↓

3833..3902↓

/gene="trnK"↓

/locus\_tag="F6D20\_mgt08"↓

/db\_xref="GeneID:41793647"↓

3833..3902↓

/gene="trnK"↓

/locus\_tag="F6D20\_mgt08"↓

/product="tRNA-Lys"↓

/db\_xref="GeneID:41793647"↓

147行 1桁 LF 20 SJIS REC 挿入

16S rRNA  
領域の情報



デスクトップ¥Drosophila¥sequence.gb - sakura 2.2.0.1

ファイル(F) 編集(E) 変換(C) 検索(S) ツール(T) 設定(O) ウィンドウ(W) ヘルプ(H)

0123456789

462 /locus\_tag="F6D20\_mgt21"↓

463 /product="tRNA-Leu"↓

464 /db\_xref="GeneID:41793670"↓

465 gene complement(12814..14142)↓

466 /locus\_tag="F6D20\_mgr02"↓

467 /db\_xref="GeneID:41793671"↓

468 rRNA complement(12814..14142)↓

469 /locus\_tag="F6D20\_mgr02"↓

470 /product="16S ribosomal RNA"↓

471 /db\_xref="GeneID:41793671"↓

472 gene complement(14143..14214)↓

473 /gene="trnV"↓

474 /locus\_tag="F6D20\_mgt22"↓

475 /db\_xref="GeneID:41793673"↓

476 tRNA complement(14143..14214)↓

477 /gene="trnV"↓

478 /locus\_tag="F6D20\_mgt22"↓

479 /product="tRNA-Val"↓

480 /db\_xref="GeneID:41793673"↓

481 gene complement(14215..15005)↓

482 /locus\_tag="F6D20\_mgr01"↓

483 /db\_xref="GeneID:41793672"↓

484 rRNA complement(14215..15005)↓

485 /locus\_tag="F6D20\_mgr01"↓

486 /product="12S ribosomal RNA"↓

487 /db\_xref="GeneID:41793672"↓

488 misc\_feature 15006..16024↓

489 /note="control region"↓

クリック

<

468 行 46 桁 LF LF SJIS REC 挿入

ファイルホーム共有表示

← → ↑ ↓ PC > デスクトップ > Drosophila

Drosophilaの検索

クイック アクセス

デスクトップ

Dropbox

shimotsuki

PC

3D オブジェクト

ダウンロード

デスクトップ

**Drosophila**

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

ローカル ディスク (C:)

ライブラリ

カメラ ロール

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

保存済みの写真

ネットワーク

コントロール パネル

ごみ箱

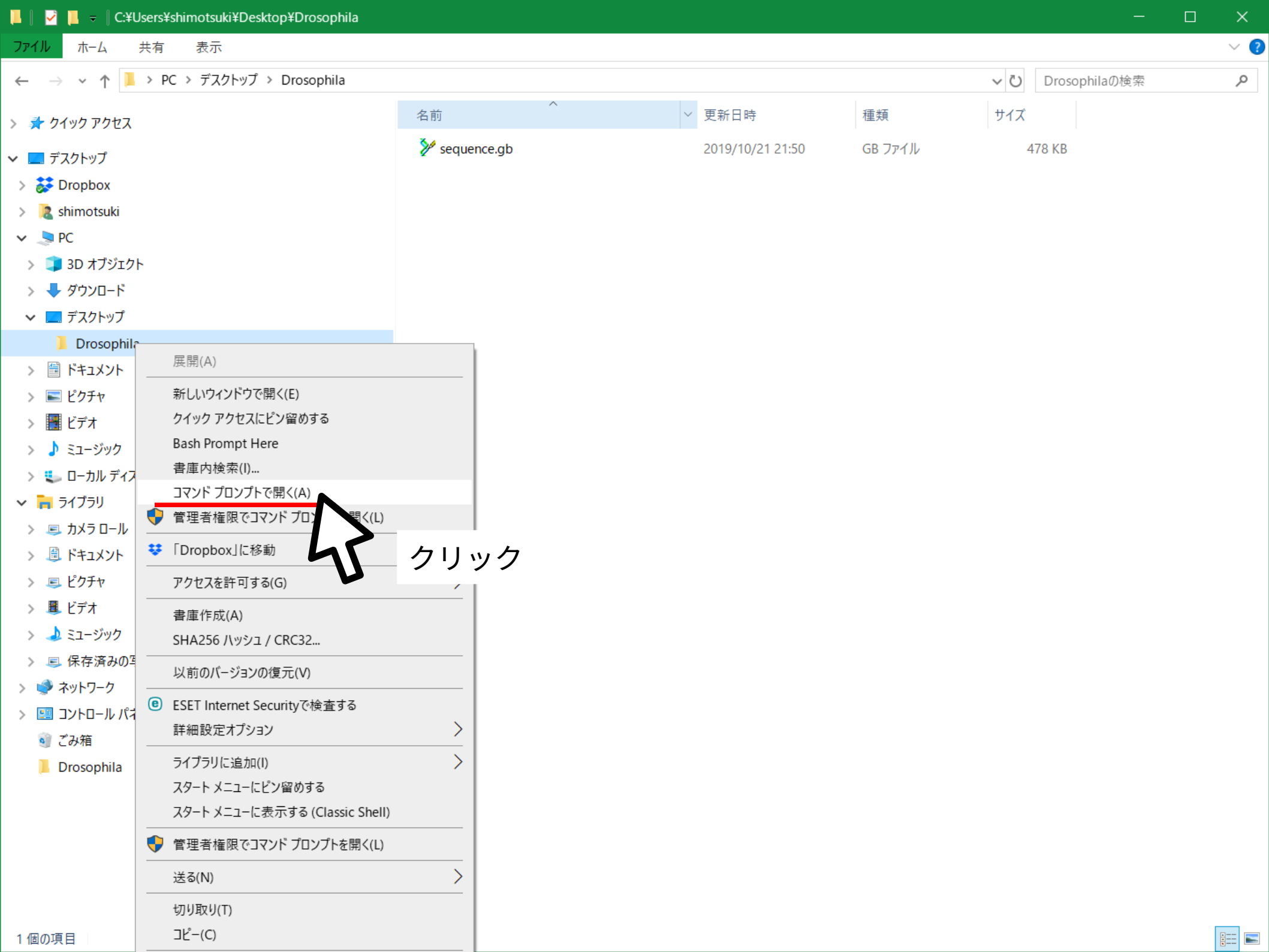
Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB

1 個の項目

右クリック





クイック アクセス

デスクトップ

Dropbox

shimotsuki

PC

3D オブジェクト

ダウンロード

デスクトップ

Drosophila

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

ローカル ディス

ライブラリ

カメラ ロール

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

保存済みの互

ネットワーク

コントロール パ

ごみ箱

Drosophila

- 展開(A)
- 新しいウィンドウで開く(E)
- クイック アクセスにピン留めする
- Bash Prompt Here
- 書庫内検索(I)...
- コマンド プロンプトで開く(A)
- 管理者権限でコマンド プロンプトを開く(L)
- 「Dropbox」に移動
- アクセスを許可する(G)
- 書庫作成(A)
- SHA256 ハッシュ / CRC32...
- 以前のバージョンの復元(V)
- ESET Internet Securityで検査する
- 詳細設定オプション
- ライブラリに追加(I)
- スタート メニューにピン留めする
- スタート メニューに表示する (Classic Shell)
- 管理者権限でコマンド プロンプトを開く(L)
- 送る(N)
- 切り取り(T)
- コピー(C)

クリック

Microsoft Windows [Version 10.0.18362.356]  
(c) 2019 Microsoft Corporation. All rights reserved.

C:\Users\shimotsuki\Desktop\Drosophila>\_

# COX2 領域の切り出し

下記のコマンドを入力して Enter

<code>extractfeat \</code>	… コマンド名
<code>-type CDS \</code>	… タンパクコード領域で
<code>-tag gene \</code>	…gene が
<code>-value "COX2 COII" \</code>	…COX2 である部分を切り出す
<code>sequence.gb \</code>	… 入力ファイル名
<code>COX2.nuc.fas</code>	… 出力ファイル名

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること

# COX2 塩基配列をアミノ酸に翻訳

下記のコマンドを入力して Enter

pgtranseq \	… コマンド名
--table=5 \	… 遺伝暗号表は 5 番（無脊椎ミトコン）
COX2.nuc.fas \	… 入力ファイル名
COX2_unaligned	… 出力ファイル名の接頭辞

COX2\_unaligned\_aa.fasta と COX2\_unaligned\_nuc.fasta ができる  
各配列の開始コドン位置が違って自動的に揃えてくれる  
逆ストランドの配列が混じっていても、自動的に修正してくれる

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること

# COX2 アミノ酸配列を多重整列

下記のコマンドを入力して Enter

mafft \	… コマンド名
--auto \	… やり方はおまかせ
--thread 4 \	…CPU を 4 個使う
COX2_unaligned_aa.fasta \	… 入力ファイル名
> COX2_aligned_aa.fasta	… 出力ファイル指定

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること

```
sueff_global = 0.100000
Loading 'hat3' ... done.
done.
scoremtx = 1

10 / 12
Segment 1/ 1 1- 231
001-0020-1 (thread 4) identical
Converged.
done
C:\MolPhyPack64\c\bin\ms\lib\mafft\dvtditr.exe (aa) Version 7.222 alg=A, model=B
LOSUM62, 1.53, -0.00, -0.00, noshift, amax=0.0
4 thread(s)
```

Strategy: MAFFT で使用されたアルゴリズムを記録しておく (論文に必要)

L-INS-i (Probably most accurate, very slow)

Iterative refinement method (<16) with LOCAL pairwise alignment information

If unsure which option to use, try 'mafft --auto input > output'.

For more information, see 'mafft --help', 'mafft --man' and the mafft page.

The default gap scoring scheme has been changed in version 7.110 (2013 Oct).  
It tends to insert more gaps into gap-rich regions than previous versions.  
To disable this change, add the --leavegapppyregion option.

C:\Users\shimotsuki\Desktop\Drosophila>

# 整列済 COX2 アミノ酸配列をガイドにして COX2 塩基配列を整列

下記のコマンドを入力して Enter

```
pgaligncodon \           … コマンド名
--alignment=COX2_aligned_aa.fasta \
                           … 整列済みアミノ酸配列ファイル名
COX2_unaligned_nuc.fasta \ … 未整列塩基配列ファイル名
COX2_aligned_nuc.fas      … 出力ファイル名
```

遺伝暗号に関係なく 1 アミノ酸が 3 塩基と仮定して整列する

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること

## ★ クイック アクセス

デスクトップ

Dropbox

shimotsuki

PC

3D オブジェクト

ダウンロード

デスクトップ

Drosophila

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

ローカル ディスク (C:)

ライブラリ

カメラ ロール

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

保存済みの写真

ネットワーク

コントロール パネル

ごみ箱

Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
COX2.nuc.fas	2019/10/21 22:27	FAS File	10 KB
COX2_aligned_aa.fasta	2019/10/21 22:28	FASTA File	4 KB
COX2_Pfas	2019/10/21 22:32	FAS File	10 KB
COX2_unaligned_aa.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	4 KB
COX2_unaligned_nuc.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	10 KB
sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB

デスクトップの MEGA-X のアイコンへ  
ドラッグ&ドロップ



[illegible]

[illegible]

先頭の 3 塩基は開始コドンなので削除することにする  
(ここでは覚えておくだけ)



末尾の 6 塩基は終始コドンを含むので削除することにする  
(ここでは覚えておくだけ)

残す予定の最後の塩基のカラムの塩基をクリック



◀ カラムの値を見えておく ▶



[illegible]

# COX2 の塩基配列から開始コドンと終止コドンを含む塩基の ラムを削除する（それ以外を切り出す）

下記のコマンドを入力して Enter

pgspliceseq \	… コマンド名
4-684 \	…4 塩基目から 684 塩基目を切り出す
COX2_aligned_nuc.fasta \	… 入力ファイル名
COX2_P.fas	… 出力ファイル名

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること



ファイル ホーム 共有 表示

← → ↑ ↓ PC > デスクトップ > Drosophila

Drosophilaの検索

クイック アクセス

- デスクトップ
- Dropbox
- shimotsuki
- PC
- 3D オブジェクト
- ダウンロード
- デスクトップ
- Drosophila**
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- ローカル ディスク (C:)
- ライブラリ
- カメラ ロール
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- 保存済みの写真
- ネットワーク
- コントロール パネル
- ごみ箱
- Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
COX2.nuc.fas	2019/10/21 22:27	FAS File	10 KB
COX2_aligned_aa.fasta	2019/10/21 22:28	FASTA File	4 KB
COX2_aligned_nuc.fas	2019/10/21 22:32	FAS File	10 KB
<b>COX2_Pfas</b>	2019/10/21 22:55	FAS File	9 KB
COX2_unaligned_aa.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	4 KB
COX2_unaligned_nuc.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	10 KB
sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB

デスクトップのサクラエディタのアイコンへ  
ドラッグ&ドロップ

7 個の項目 1 個の項目を選択 8.97 KB



1 >NC\_044669\_3145\_3832 [CDS] Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome.↵  
2 TCAACATGAGCTAATTTAGGACTAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTTATAA  
3 >NC\_024511\_3083\_3767 [CDS] クリック melanogaster mitochondrion, complete genome.↵  
4 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGAAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
5 >NC\_028518\_3099\_3783 [CDS] Drosophila formosana mitochondrion, complete genome.↵  
6 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
7 >NC\_025936\_3683\_4370 [CDS] Drosophila incompta mitochondrion, complete genome.↵  
8 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCCCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTAATAA  
9 >NC\_027937\_3150\_3837 [CDS] Drosophila albomicans mitochondrion, complete genome.↵  
10 TCAACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCAGCTCTTTTAATTTTAGTAATAA  
11 >NC\_023825\_3083\_3767 [CDS] Drosophila santomea strain san\_BS11 mitochondrion, complete genome.↵  
12 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
13 >NC\_005781\_3086\_3770 [CDS] Drosophila simulans mitochondrion, complete genome.↵  
14 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
15 >NC\_005779\_3086\_3770 [CDS] Drosophila mauritiana mitochondrion, complete genome.↵  
16 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
17 >NC\_005780\_3086\_3770 [CDS] Drosophila sechellia mitochondrion, complete genome.↵  
18 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
19 >NC\_001322\_3083\_3767 [CDS] Drosophila yakuba mitochondrion, complete genome.↵  
20 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
21 >NC\_011596\_3082\_3769 [CDS] Drosophila littoralis mitochondrion, complete genome.↵  
22 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCATGCTTTATTGATTTTAGTAATAA  
23 >NC\_018348\_3082\_3766 [CDS] Drosophila pseudoobscura mitochondrion, complete genome.↵  
24 TCTACATGAGCTAACTTAGGTTTACAAGATAGAGCCTCTCCATTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGACCACGCGTTATTAATTTTAGTAATAA  
[EOF]

置換

置換前(N) |

置換後(P) |

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☐ 正規表現(E)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

置換(R)

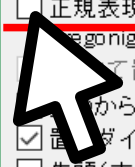
すべて置換(A)

ヘルプ(H)

先頭(末尾)から再検索する(Z)

ファイル全体(Q)

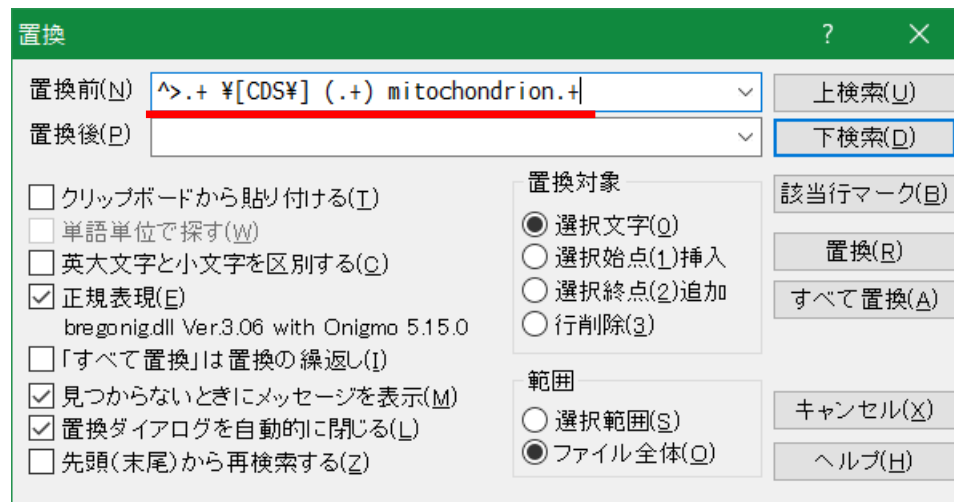
ヘルプ(H)



チェックボックスにチェックを入れる

矢印部にはスペースを入れる

↓ ↓ ↓  
^>.+ \[CDS\] (.+) mitochondrion.+



# 正規表現について

矢印部にはスペースを入れる

↓ ↓ ↓  
^>.+ \[CDS\] (.+) mitochondrion.+  
行頭

# 正規表現について

矢印部にはスペースを入れる

↓ ↓ ↓  
^>.+ \[CDS\] (.+) mitochondrion.+

あらゆる文字 1 文字以上

# 正規表現について

矢印部にはスペースを入れる

↓ ↓ ↓  
^>.+ \[CDS\] (.)+ mitochondrion.+

[] の特別な意味を打ち消す  
( つまりただの [] にマッチする )

# 正規表現について

矢印部にはスペースを入れる

↓ ↓ ↓  
^>.+ \[CDS\] (.+) mitochondrion.+

中の正規表現にヒットした文字列を記憶して参照できるようにする

() にはヒットしない

() にヒットさせたい場合は \ を前に付ける



>\$1

置換

置換前(N) ^>. + ¥[CDS¥] (.+) mitochondrion.+

置換後(P) >\$1

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonigdll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)

# 正規表現について

>\$1

検索で記憶した 1 つめの () 内の文字列

置換

置換前(N) ^>.+ ¥[CDS¥] (.+) mitochondrion.+

置換後(P) >\$1

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonigdll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(O)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

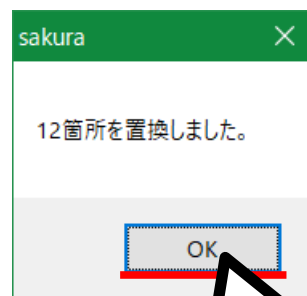
置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル

ヘルプ(H)

クリック



クリック



0 1 2 3 4 5 6 7 8 9

1 >Drosophila mercatorum<  
2 TCAACATGAGCTAATTTAGGACTACAAGATAGAGCCTCACCTTTAATAGAACAATTAACCTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTTATAA  
3 >Drosophila melanogaster<  
4 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
5 >Drosophila formosana<  
6 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGC 置換後の状態を確認 ATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
7 >Drosophila incompta<  
8 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCCCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTAATAA  
9 >Drosophila albicans<  
10 TCAACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCACGCTCTTTTAATTTTAGTAATAA  
11 >Drosophila santomea strain san BS11<  
12 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
13 >Drosophila simulans<  
14 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
15 >Drosophila mauritiana<  
16 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTCCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
17 >Drosophila sechellia<  
18 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
19 >Drosophila yakuba<  
20 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
21 >Drosophila littoralis<  
22 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCATGCTTTATTGATTTTAGTAATAA  
23 >Drosophila pseudoobscura<  
24 TCTACATGAGCTAACTTAGGTTTACAAGATAGAGCCTCTCCATTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGACCACGCGTTATTAATTTTAGTAATAA  
[EOF]



0 1 2 3 4 5 6 7 8 9

1 >Drosophila mercatorum クリック TACCTTTAATAGAACAATTAACCTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTTATAA

2 TCAACATGAGCTAATTTAGGACTA

3 >Drosophila melanogaster

4 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA

5 >Drosophila formosana

6 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA

7 >Drosophila incompta

8 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCCCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTAATAA

9 >Drosophila albomicans

10 TCAACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCAGCTCTTTTAATTTTAGTAATAA

11 >Drosophila santomea strain san\_BS11

12 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA

13 >Drosophila simulans

14 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA

15 >Drosophila mauritiana

16 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA

17 >Drosophila sechellia

18 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA

19 >Drosophila yakuba

20 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA

21 >Drosophila littoralis

22 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCATGCTTTATTGATTTTAGTAATAA

23 >Drosophila pseudoobscura

24 TCTACATGAGCTAACTTAGGTTTACAAGATAGAGCCTCTCCATTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGACCACGCGTTATTAATTTTAGTAATAA

[EOF]

# スペース

置換

置換前(N)

置換後(P)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

brgonigdll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)

# アンダースコア

置換

置換前(N)  上検索(U)

置換後(P)  下検索(D)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonig.dll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

該当行マーク(B)

置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)



置換

置換前(N)

置換後(P)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

brgonigdll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

置換(R)

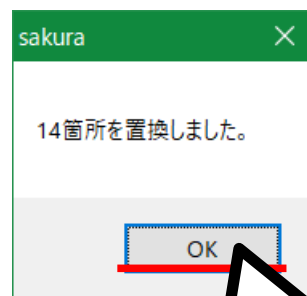
すべて置換(A)

キャンセル(N)

ヘルプ(H)



クリック



クリック



0 1 2 3 4 5 6 7 8 9

1 >Drosophila\_mercatorum<  
2 TCAACATGAGCTAATTTAGGACTACAAGATAGAGCCTCACCTTTAATAGAACAATTAACCTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTTATAA  
3 >Drosophila\_melanogaster<  
4 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
5 >Drosophila\_formosana<  
6 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGC 置換後の状態を確認 ATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
7 >Drosophila\_incompta<  
8 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCCCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTAATAA  
9 >Drosophila\_albomicans<  
10 TCAACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCAGCTCTTTTAATTTTAGTAATAA  
11 >Drosophila\_santomea\_strain\_san\_BS11<  
12 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
13 >Drosophila\_simulans<  
14 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
15 >Drosophila\_mauritiana<  
16 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTCCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
17 >Drosophila\_sechellia<  
18 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
19 >Drosophila\_yakuba<  
20 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
21 >Drosophila\_littoralis<  
22 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCATGCTTTATTGATTTTAGTAATAA  
23 >Drosophila\_pseudoobscura<  
24 TCTACATGAGCTAACTTAGGTTTACAAGATAGAGCCTCTCCATTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGACCACGCGTTATTAATTTTAGTAATAA  
[EOF]



0 1 2 3 4 5 6 7 8 9

1 >Drosophila mercatorum<

2 TCAACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTAATAA

3 >Drosophila\_melanogaster<

4 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA

5 >Drosophila\_formosana<

6 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA

7 >Drosophila\_incompta<

8 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCCCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTAATAA

9 >Drosophila\_albomicans<

10 TCAACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCAGCTCTTTTAATTTTAGTAATAA

11 >Drosophila\_santomea\_strain\_san\_BS11<

12 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA

13 >Drosophila\_simulans<

14 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA

15 >Drosophila\_mauritiana<

16 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTCCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA

17 >Drosophila\_sechellia<

18 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA

19 >Drosophila\_yakuba<

20 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA

21 >Drosophila\_littoralis<

22 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCATGCTTTATTGATTTTAGTAATAA

23 >Drosophila\_pseudoobscura<

24 TCTACATGAGCTAACTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCATTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGACCACGCGTTATTAATTTTAGTAATAA

[EOF]



0 1 2 3 4 5 6 7 8 9

1 >Drosophila\_mercatorum<  
2 TCAACATGAGCTAATTTAGGACTACAAGATAGAGCCTCACCTTTAATAGAACAATTAACCTTTTTTCATGATCATGCTTTA1 クリック ATAA  
3 >Drosophila\_melanogaster<  
4 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
5 >Drosophila\_formosana<  
6 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
7 >Drosophila\_incompta<  
8 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCCCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCTTTATTAATTTTAGTAATAA  
9 >Drosophila\_albomicans<  
10 TCAACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCACGCTCTTTTAATTTTAGTAATAA  
11 >Drosophila\_santomea\_strain\_san\_BS11<  
12 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
13 >Drosophila\_simulans<  
14 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
15 >Drosophila\_mauritiana<  
16 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTCCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
17 >Drosophila\_sechellia<  
18 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCACGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
19 >Drosophila\_yakuba<  
20 TCTACATGAGCTAATTTAGGTTTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGATCATGCATTATTAATTTTAGTAATAA  
21 >Drosophila\_littoralis<  
22 TCAACATGAGCTAATTTAGGCCTACAAGATAGAGCTTCTCCTTTAATAGAACAATTAATTTTTTTTCACGATCATGCTTTATTGATTTTAGTAATAA  
23 >Drosophila\_pseudoobscura<  
24 TCTACATGAGCTAACTTAGGTTTACAAGATAGAGCCTCTCCATTAATGGAACAATTAATTTTTTTTCATGACCACGCGTTATTAATTTTAGTAATAA  
[EOF]

# サクラエディタを使わず Perl で置換する場合

下記のコマンドを入力して Enter

perl \	… コマンド名
-i.bak \	… ファイルを直接書き換える
-n \	… 先頭から行単位で処理する
-p \	… 結果を print する
-e \	… 次の引数で処理内容を記述する
"s/^>.+ \[CDS\] (.+) mitochondrion.+/>\$1/;s/ /_/g;" \	
COX2_P.fas	… 処理対象のファイル名

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること

# 16S rRNA 領域の切り出し

下記のコマンドを入力して Enter

<code>extractfeat \</code>	… コマンド名
<code>-type rRNA \</code>	…rRNA コード領域で
<code>-tag product \</code>	… 産物が
<code>-value "l-rRNA 16S* large*subunit*" \</code>	…16S の領域を切り出す
<code>sequence.gb \</code>	… 入力ファイル名
<code>16S.nuc.fas</code>	… 出力ファイル名

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること

# 16S 塩基配列を多重整列

下記のコマンドを入力して Enter

mafft \	… コマンド名
--auto \	… やり方はおまかせ
--thread 4 \	…CPU を 4 個使う
16S.nuc.fas \	… 入力ファイル名
> 16S.nuc.aligned.fas	… 出力ファイル指定

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること



```
generating a scoring matrix for nucleotide (dist=200) ... done
done
done
scoremtx = -1
```

```
10 / 12
Segment 1/ 1 1-1388
003-0020-1 (thread 4) identical
Converged.
done
C:\MolPhyPack64\c\bin\ms\lib\mafft\dvtditr.exe (nuc) Version 7.222 alg=A, model=
DNA200 (2), 1.53 (4.59), -0.00 (-0.00), noshift, amax=0.0
4 thread(s)
```

Strategy: MAFFT で使用されたアルゴリズムを記録しておく (論文に必要)

L-INS-i (Probably most accurate, very slow)

Iterative refinement method (<16) with LOCAL pairwise alignment information

If unsure which option to use, try 'mafft --auto input > output'.

For more information, see 'mafft --help', 'mafft --man' and the mafft page.

The default gap scoring scheme has been changed in version 7.110 (2013 Oct).  
It tends to insert more gaps into gap-rich regions than previous versions.  
To disable this change, add the --leavegapppyregion option.

```
C:\Users\shimotsuki\Desktop\Drosophila>
```

ファイル ホーム 共有 表示

← → ↑ ↓ PC > デスクトップ > Drosophila

Drosophilaの検索

★ クイック アクセス

- デスクトップ
- Dropbox
- shimotsuki
- PC
- 3D オブジェクト
- ダウンロード
- デスクトップ
- Drosophila**
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- ローカル ディスク (C:)
- ライブラリ
  - カメラ ロール
  - ドキュメント
  - ピクチャ
  - ビデオ
  - ミュージック
  - 保存済みの写真
- ネットワーク
- コントロール パネル
- ごみ箱
- Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
16S.nuc.aligned.fas	2019/10/22 0:07	FAS File	18 KB
16S.nuc.fas			
COX2.nuc.fas			
COX2_aligned_aa.fasta			
COX2_aligned_nuc.fas			
COX2_Pfas	2019/10/21 23:35	FAS File	9 KB
COX2_unaligned_aa.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	4 KB
COX2_unaligned_nuc.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	10 KB
sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB

デスクトップのサクラエディタのアイコンへ  
ドラッグ&ドロップ

9 個の項目 | 1 個の項目を選択 17.8 KB



0 1 2 3 4 5 6 7 8 9

1 >NC\_044669\_12814\_1414 [rRNA] Drosophila mercatorum mitochondrion, complete genome.<

2 -----ttagattttatttaaa クリック ttttaa-atagattattaaaa<

3 taattatataataaaaagtttttagtaccgcaaaaataaat-ttaattatagtt<

4 tattagttattgtaaaagaaaattgaaataaattgaaaaatttttataaaaaaagaaaatt<

5 taatttattgtacctgtgtatcagtgtttatcaataaaaaaatattta-aaatattttt<

6 ctcgatttttaaagagttaatgtaatatataaagttaatgtagtaaaattatttttaatat<

7 tacattagaaatgaaatgttattcgtttttaaggtatctagtttttcaagaaatgaatt<

8 taattcagaattttataaatttatttaataaa-ttttttaattaaataatttataaattta<

9 atattttatgggataagctataaaaataaatttttataaataataaataatatttaataaa<

10 tatatgcttagaattagcaattgttttaaattatgttataattttattttataatataaat<

11 tattttttatatttttaaataattttattgaaattttaattttaattaaattaattaat<

12 aatgataaaaattagatataaaagtttgtatttatataaaatttaagtgaagtttaa<

13 aaagaattcggcaaaaattaatccgcctgtttaacaaaaacatgtctttttgaatttaa<

14 tttaaagtctaacctgcccactg-aattatttaaattggccgcagtttctaactgtgcaa<

15 aggtagcataatcatttagtcttttaattgaaggctggaatgaatgggttgacgagatatt<

16 aactgtttcattttaaaatttttttagaattttatttttttagtcaaaaagctaaaatttaa<

17 ttaaagacgagaagaccctataaatctttata--ctttattttattttaaatgtaaaggt<

18 tattttttttataataaaaataaagtattttattggggtgatattaaaatttaaaaaactt<

19 ttaatttgattaaatcattaatttatgaatagttgatccattaataatgattaaaaattt<

20 aagttacttttagggataacagcgtaatttttttgagagttcttatcgataaaaaagatt<

21 gcgacctcgatgttgattaagatatattttgggtgtagccgttcaaattttaagtcctg<

22 ttcgacttttaattcttacatgatctgagttcagaccggcgtaagccaggttggtttct<

23 atctttaataaattataatatttttagtacgaaaggaccaaatattaaaataattatattt<

24 tt-atgttgaatatcattaaattaaat-----<

25 -----<

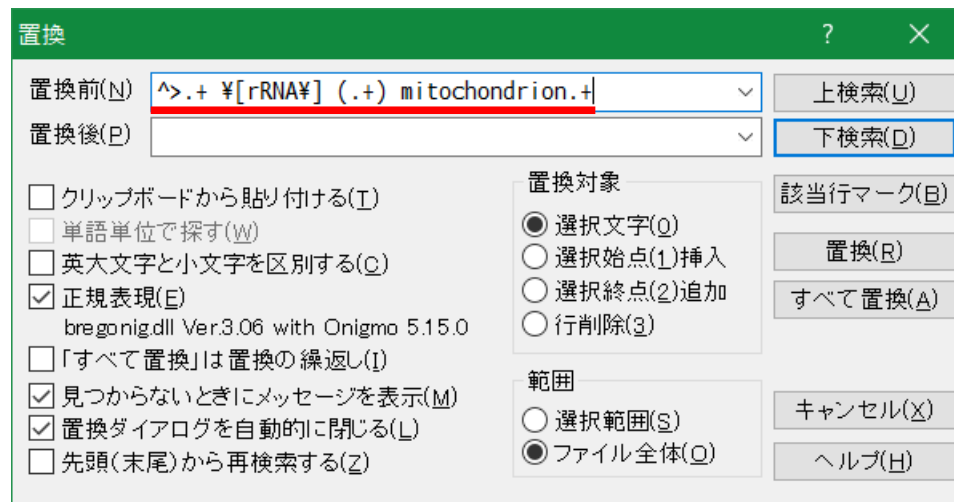
26 >NC\_024511\_12735\_14058 [rRNA] Drosophila melanogaster mitochondrion, complete genome.<

27 -----gtagttttttatttatttaa-tttttattatttttta-aaaaattattagaaa<

28 taactataaaaatttaaaqttttaqtattqtttaaaqaaaaaataatt-ttaataataqtt<

矢印部にはスペースを入れる

↓ ↓ ↓  
^>.+ \[rRNA\] (.+) mitochondrion.+



>\$1

置換

置換前(N) ^>.+ ￥[rRNA￥] (.+) mitochondrion.+

置換後(P) >\$1

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonigdll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)

置換

置換前(N) ^>.+ ¥[rRNA¥] (.+) mitochondrion.+

置換後(P) >\$1

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonigdll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

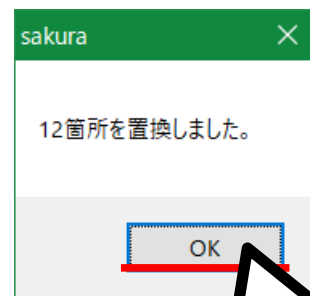
置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(N)

ヘルプ(H)

クリック



クリック

**200** | tadtctatctgtaccccttqtqtatcdaqcttttatctdaattaaaaadttatuu    atatatcccc\



# スペース

置換

置換前(N)

置換後(P)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonigdll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)

# アンダースコア

置換

置換前(N)  上検索(U)

置換後(P)  下検索(D)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonig.dll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

該当行マーク(B)

置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)

置換

置換前(N)  上検索(U)

置換後(P)  下検索(D)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

pregonig.dll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(O)

該当行マーク(B)

置換(R)

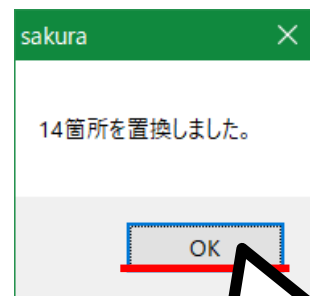
すべて置換(A)

キャンセル(N)

ヘルプ(H)



クリック



クリック



```
253 cttttagtattgttttaagaaaaataatt-ttaataatagtt<
254 taaagtgtaaaagaaattgaaatattttgaaaaatttttattttaaaagaaaatt<
255 taatttattgtaccttggtatcagcgtttattaaataaaaaatatttaaataattttt<
256 ctcgattttaaaagagttagtataataaaaagttaatgtgataaaattattttaaatat<
257 tatattagaaatgaaatgttattcgtttttaaaggtagtattttcgagaaataaatt<
258 taatttagaaattgtaaatttatttaaaaaattttttaattaaataatttgtaatttta<
259 atattttatgggataagctataaaaataaatttttataaataataaaataa-atttaaaaa<
260 tatatgcttagaattagcaattattaaaaattgtgtttataattttattttataaattaaat<
261 tattttattatttttaaatttttatcgaaatattaatttttaatttttaaaattaagtaat<
262 aatgatagaattagtata----ttt-tattgtaaaaataaatttaagtgaataagtttaa<
263 aaagaattcggcaaaaaataatccgcctgtttaacaaaaacatgtctttttgaattaaa<
264 tttaaagtctaacctgcccactgaaaaattttaaatggccgcagtattttaactgtgcaa<
265 aggtagcataatcattagtccttttaattgaaggctggaatgaatggttggacgagatat<
266 aactgtttcattttaattttttatagaattttatttttttagtcaaaaagctaaaatttat<
267 ttaaaagacgagaagaccctataaatctttata--ttttattttattttaattataaagat<
268 tatttttattataataaattaaaatattttattgggggtgatattaaaatttaaaaaactt<
269 ttaa-tgatttaaatcattaatgtatgaatatattgatccatttataatgattaaaaattt<
270 aagttactttagggataacagcgtaatttttttgagagttcatatcgataaaaaagatt<
271 gcgacctcgatgttggattaagagataattttgggtgtagccgttcaaattttaagtcgt<
272 ttcgacttttaattcttacatgatctgagttcaaaccggcgtaagccaggttggtttct<
273 atctttaaaaaattataatatttttagtacgaaaggaccaaatattagaataattttattt<
274 ta-aaatagaataatattaattaata-----<
275 -----<
276 >Drosophila_pseudoobscura<
277 |-----ttaatttttattttattaa-tttttttgttttaaaa-tttaaatattagaaa<
278 taactataaaaatttaaagtttttagtattgttttaagaaaaaaataatt-ttaataatagtt<
279 taatagtagtattgtaaaagaaaattgaaataatttgaaaaatttttattttaaaagaaaatt<
280 taatttattgtaccttqtatcagcgtttattaaataaaaaaatataa--atatattttt<
```



253 caattatattagaaaaagtttttagtattgttttaagaaaaaataatt-ttaataatagtt<  
254 taatagtagtattgtaaaagaaaattgaaatatTTTgaaaaattttttatttttaaagaaaatt<  
255 taatttattgtaccttggtgtatcagcgtttattaaataaaaaatattttaatatattttt<  
256 ctcgatttttaaagagtttagtataataataaaagttaatgtgataaaattatttttaaatat<  
257 tatattagaaatgaaatgttattcgttttttaaaggtagtctagtttttcgagaaataaatt<  
258 taatttagaaattgtaaatttattttaaaaaatttttttaattaaataatttgtaatttta<  
259 atattttatgggataagctataaaaataaattttttataaataataaaataa-atttaaaaaa<  
260 tatatgcttagaattagcaattattaaaaattgtgtttataattttattttataaattaaat<  
261 tattttattatatTTTaaatttttatcgaaatattaatttttaatttttaaaattaagtaat<  
262 aatgatagaatttagtata---ttt-tattgtaaaataaatttaagtataagtttaaat<  
263 aaagaattcggcaaaaaataatatccgcctgtttaacaaaaacatgtctttttgaattaaa<  
264 tttaaagtctaacctgcccactgaaaaattttaaatggccgcagtagttttaactgtgcaa<  
265 aggtagcataatcatttagtcttttaattgaaggctggatgaatggttggacgagatatt<  
266 aactgtttcattttaaattttttatagaattttatttttttagtcaaaaagctaaaatttat<  
267 ttaaaagacgagaagaccctataaatctttata--ttttattttattttaattataaagat<  
268 tattttttattataaataaattaaaatattttattgggggtgatattaaaatttaaaaaactt<  
269 ttaa-tgatttaaatcattaatgtatgaatatTTTgatccatttataatgattaaaaattt<  
270 aagttacttttagggataacagcgtaatttttttggagagttcatatcgataaaaaagatt<  
271 gcgacctcgatgttggattaagagataattttgggtgtagccgttcaaattttaagtcgt<  
272 ttcgacttttaaatctttacatgatctgagttcaaaccggcgtaagccaggttggtttct<  
273 atctttaaaaaattataatatTTTtagtacgaaaggaccaaatattagaataattttattt<  
274 ta-aaatagaataatattaattaata-----<  
275 -----<  
276 >Drosophila\_pseudoobscura<  
277 |-----ttaatttttattttattaa-ttttttttgttttaaaa-tttaaatattagaaa<  
278 taactataaaaatttaaagtttttagtattgttttaagaaaaaataatt-ttaataatagtt<  
279 taatagtagtattgtaaaagaaaattgaaataatttgaaaaattttttatttttaaagaaaatt<  
280 taatttattgtaccttqtgtatcaqcqtttattaaataaaaaaatataa--atatattttt<

クリック

# サクラエディタを使わず Perl で置換する場合

下記のコマンドを入力して Enter

perl \	… コマンド名
-i.bak \	… ファイルを直接書き換える
-n \	… 先頭から行単位で処理する
-p \	… 結果を print する
-e \	… 次の引数で処理内容を記述する
"s/^>.+ \[rRNA\] (.+) mitochondrion.+/>\$1/;s/ /_/g;" \	
16S.nuc.aligned.fas	… 処理対象のファイル名

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること

# 整列の怪しい部分をトリミング

下記のコマンドを入力して Enter

<code>trimal \</code>	… コマンド名
<code>-in 16S.nuc.aligned.fas \</code>	… 入力ファイル指定
<code>-out 16S.fas \</code>	… 出力ファイル指定
<code>-automated1</code>	… やり方はおまかせ

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること



ファイルホーム共有表示

← → ↑ ↓ PC > デスクトップ > Drosophila

Drosophilaの検索

★ クイック アクセス

デスクトップ

Dropbox

shimotsuki

PC

3D オブジェクト

ダウンロード

デスクトップ

Drosophila

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

ローカル ディスク (C:)

ライブラリ

カメラ ロール

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

保存済みの写真

ネットワーク

コントロール パネル

ごみ箱

Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
16S.fas	2019/10/22 0:28	FAS File	17 KB
16S.nuc...			
16S.nuc...			
COX2.nuc...			
COX2_aligned_aa.f			
COX2_aligned_nuc.fas	2019/10/21 22:32	FAS File	10 KB
COX2_Pfas	2019/10/21 23:35	FAS File	9 KB
COX2_unaligned_aa.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	4 KB
COX2_unaligned_nuc.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	10 KB
sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB

デスクトップのサクラエディタのアイコンへ  
ドラッグ&ドロップ

10 個の項目 | 1 個の項目を選択 16.3 KB

1 行	1 桁	CRLF	3E	SJIS	REC	挿入
-----	-----	------	----	------	-----	----

矢印部にはスペースを入れる

↓ ↓  
\  
d+ bp

置換

置換前(N) ¥d+ bp

置換後(P)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonig.dll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(O)

# 正規表現について

矢印部にはスペースを入れる

↓      ↓  
\d+ bp

1 文字以上の数字

# 空欄

置換

置換前(N) ¥d+ bp

置換後(P)

上検索(U)

下検索(D)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

breonig.dll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

該当行マーク(B)

置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)

置換

置換前(N) ¥d+ bp

置換後(P)

☐ クリップボードから貼り付ける(I)

☐ 単語単位で探す(W)

☐ 英大文字と小文字を区別する(Q)

☒ 正規表現(E)

pregonig.dll Ver.3.06 with Onigmo 5.15.0

☐ 「すべて置換」は置換の繰返し(I)

☒ 見つからないときにメッセージを表示(M)

☒ 置換ダイアログを自動的に閉じる(L)

☐ 先頭(末尾)から再検索する(Z)

置換対象

☒ 選択文字(Q)

☐ 選択始点(1)挿入

☐ 選択終点(2)追加

☐ 行削除(3)

範囲

☐ 選択範囲(S)

☒ ファイル全体(Q)

上検索(U)

下検索(D)

該当行マーク(B)

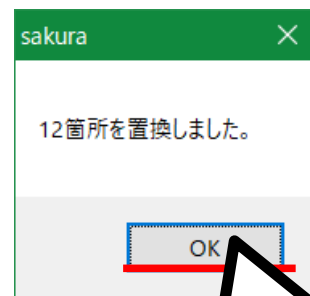
置換(R)

すべて置換(A)

キャンセル(X)

ヘルプ(H)

クリック



クリック



231 > クリック alis<

232 ttat tttttttttttttttataaattttattcaaaagtattaaaatcaattatatta<

233 gaaaaagtttttagtattgttttaagaaaaaataattttaataatagtttaatagtattgt<

234 aaaagaaaattgaaatat ttttgaaaaattttttatttttaaaagaaaatttaatttattgta<

235 ccttgtgtatcagcgtttattaaataaaaaatatttatataatttttctcgattttaaaag<

236 agttagtataataaaaagttaatgtgataaaattatttttaaataattatattagaaatga<

237 aatgttattcgttttttaaaggtagtctagtttttcgagaaaataaatttaatttagaaattg<

238 taaatttattttaaaaaattttttaattaaataatttgtaattttaataattttatgggata<

239 agctataaaaataaattttttataaataataaataaattttaaaaaatatatgcttagaatta<

240 gcaattattaaaaattgtgttataattttattttataaaattaaattattttattatatttta<

241 aattttttatcgaaatattaatttttaatttttaaaattaagtaataatgatagaattagta<

242 ttttt-tattgtaaaataaatttaagtataagtttaaaataaagaattcggcaaaaaataa<

243 tatccgcctgtttaacaaaaacatgtctttttgaattaaatttaaagtctaacctgcca<

244 ctgaaaatttttaaatggccgcagtattttaactgtgcaaaggtagcataatcattagtct<

245 ttttaattgaaggctggaatgaatggttgacgagatattaactgtttcattttaaattttt<

246 tatagaattttatttttttagtcaaaaagctaaaattttattttaaaagacgagaagacccta<

247 taaatctttatatttttattttttaattataaagattatttttattataataaattaaa<

248 atattttattggggtgatattaaaatttaaaaaacttttaattgatttaaatcattaatgt<

249 atgaatatttgatccattttataatgattaaaaatttaagttacttttagggataacagcgt<

250 aatttttttgagagttcatatcgataaaaaagattgcgacctcgatgttgattaagag<

251 ataattttgggtgtagccgttcaaattttaagtctgttcgacttttaaattcttacatga<

252 tctgagttcaaaccggcgtaagccagggtggtttctatctttaaaaaattataatatttt<

253 agtacgaaaggaccaaataattagaataattttatttttaaaatagaataatattaattaa<

254 >Drosophila\_pseudoobscura<

255 ttaattttttattttattaattttttttgttttaaaatttaaatattagaaataactataaaa<

256 ttttaaagtttttagtattgttttaagaaaaaataattttaataatagtttaatagtattgt<

257 aaaagaaaattgaaataatttgaaaaattttttatttttaaaagaaaatttaatttattgta<

258 ccttqtatcaqcgtttattaaataaaaaatataaataataatttttctcgattttaaaag<





```
231 >Drosophila_littoralis<
232 ttagattttatttattaattttataaattttattcaaaagtattaaaatcaattatatta<
233 gaaaaagtttagtattgtttaagaaaaataattttaataatagtttaatagtattgt<
234 aaaagaaaattgaaatattttgaaaaattttatttttaaagaaaatttaatttattgta<
235 ccttgtgtatcagcgtttattaaataaaaaatatttatataattttctcgattttaaaag<
236 agttagtataataaaaagttaatgtgataaaattattttaaatatttatattagaaatga<
237 aatgttattcgttttttaaaggtagtctagtttttcgagaaataaatttaatttagaaattg<
238 taaatttattttaaaaaattttttaattaaataatttgtaattttaatattttatgggata<
239 agctataaaaataaatttttataaataataaataaattttaaaaaatatatgcttagaatta<
240 gcaattattaaaaattgtgttataattttattttataaattaaattatttattatatttta<
241 aatttttatcgaaatattaatttttaatttttaaaattaagtaataatgatagaattagta<
242 tttt-tattgtaaaataaatttaagtataagtttaataaagaattcggcaaaaaataa<
243 tatccgcctgtttaacaaaaacatgtctttttgaattaaatttaaagtctaacctgccca<
244 ctgaaaattttaaatggccgcagtattttaactgtgcaaaggtagcataatcattagtct<
245 ttttaattgaaggctggaatgaatggttgacgagatattaactgtttcattttaaattttt<
246 tatagaattttatttttttagtcaaaaagctaaaatttattttaaaagacgagaagacccta<
247 taaatctttatatattttatttttaattataaagattatttttattataataaattaaa<
248 atattttattggggtgatattaaaatttaaaaaacttttaattgattttaatcattaatgt<
249 atgaatatttgatccattttataatgattaaaaatttaagttacttttagggataacagcgt<
250 aatttttttgagagttcatatcgataaaaaagattgcgacctcgatggttgattaagag<
251 ataattttgggtgtagccgttcaaattttaagtcgttcgacttttaaattcttacatga<
252 tctgagttcaaaccggcgtaagccagggtgggttctatctttaaaaaattataatatttt<
253 agtacgaaaggaccaaataattagaataattttatttttaaataagaataatattaattaa<
254 >Drosophila_pseudoobscura<
255 ttaatttttatttattaattttttttgtttaaaatttaaatatttagaaataactataaaa<
256 tttaaagtttagtattgtttaagaaaaataattttaataatagtttaatagtattgt<
257 aaaagaaaattgaaataatttgaaaaattttatttttaaagaaaatttaatttattgta<
258 ccttqtatcaqcgtttattaaataaaaaatataaataataattttctcgattttaaaag<
```

クリック

# サクラエディタを使わず Perl で置換する場合

下記のコマンドを入力して Enter

perl \	… コマンド名
-i.bak \	… ファイルを直接書き換える
-n \	… 先頭から行単位で処理する
-p \	… 結果を print する
-e \	… 次の引数で処理内容を記述する
"s/ \d+ bp//;" \	
16S.fas	… 処理対象のファイル名

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意  
ただしスペースは入れること