

AJACS蝦夷3



微生物ゲノムアノテーションツール「MiGAP」

**Microbial
Genome
Annotation
Pipeline**

2013年11月6日

情報・システム研究機構 (ROIS) ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS)
科学技術振興機構 (JST) バイオサイエンスデータベースセンター (NBDC)

河野 信

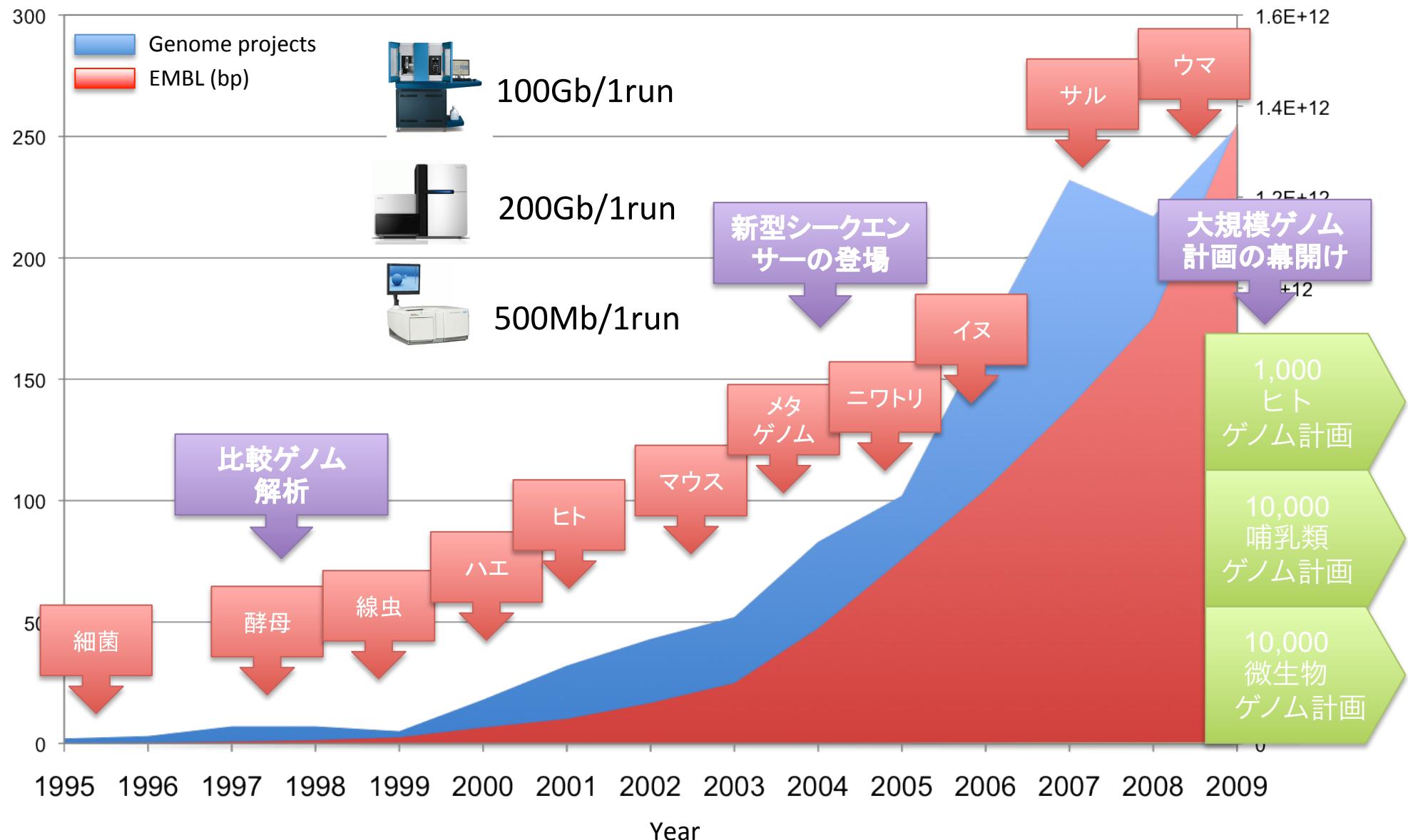
MiGAPの開発者



- 黒川顕 (東京工業大学・地球生命研究所)
- 大山彰 (インシリコバイオロジー株式会社)
- 菅原秀明 (国立遺伝学研究所)

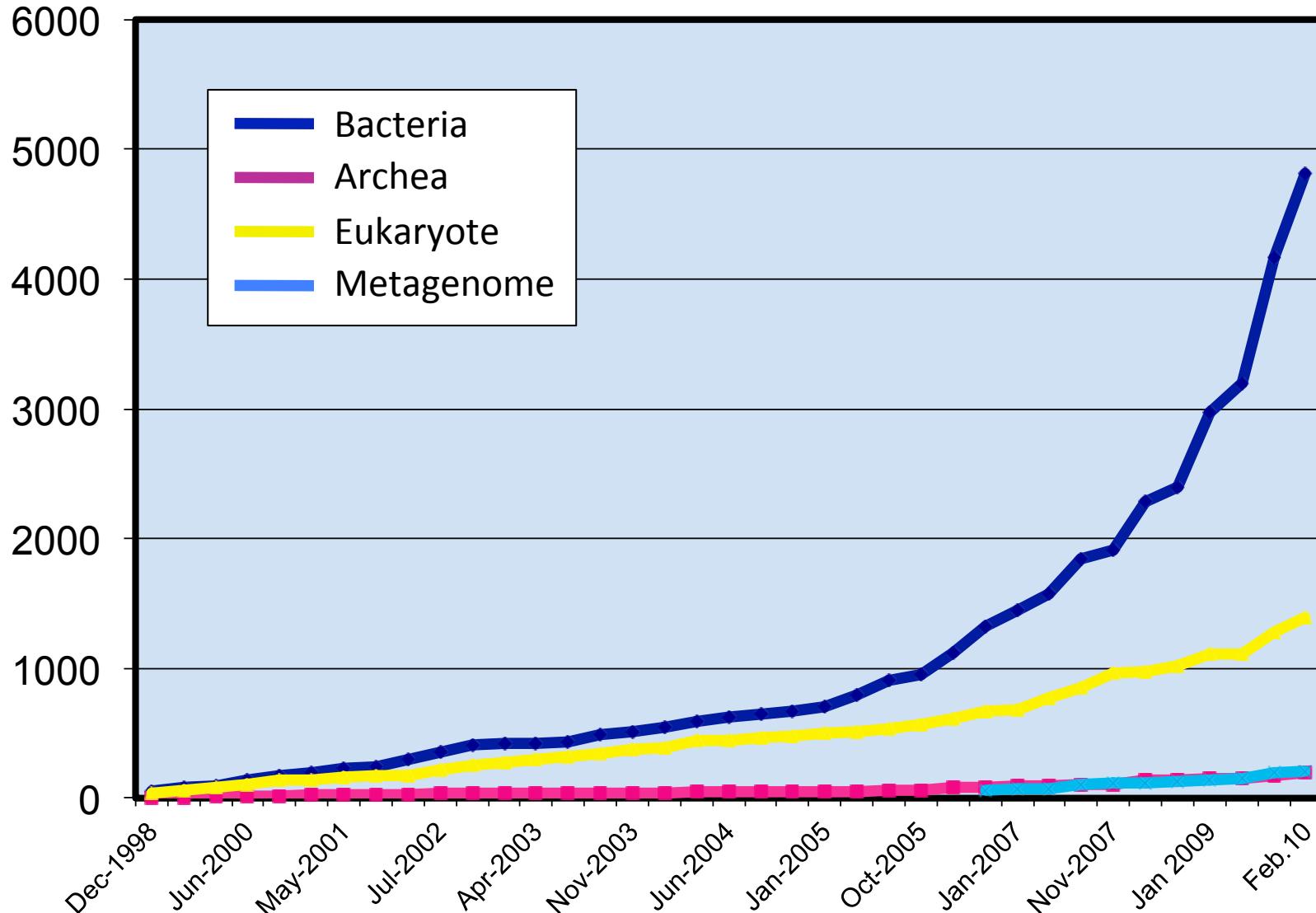
MiGAPが開発された背景

ゲノム科学の爆発的発展

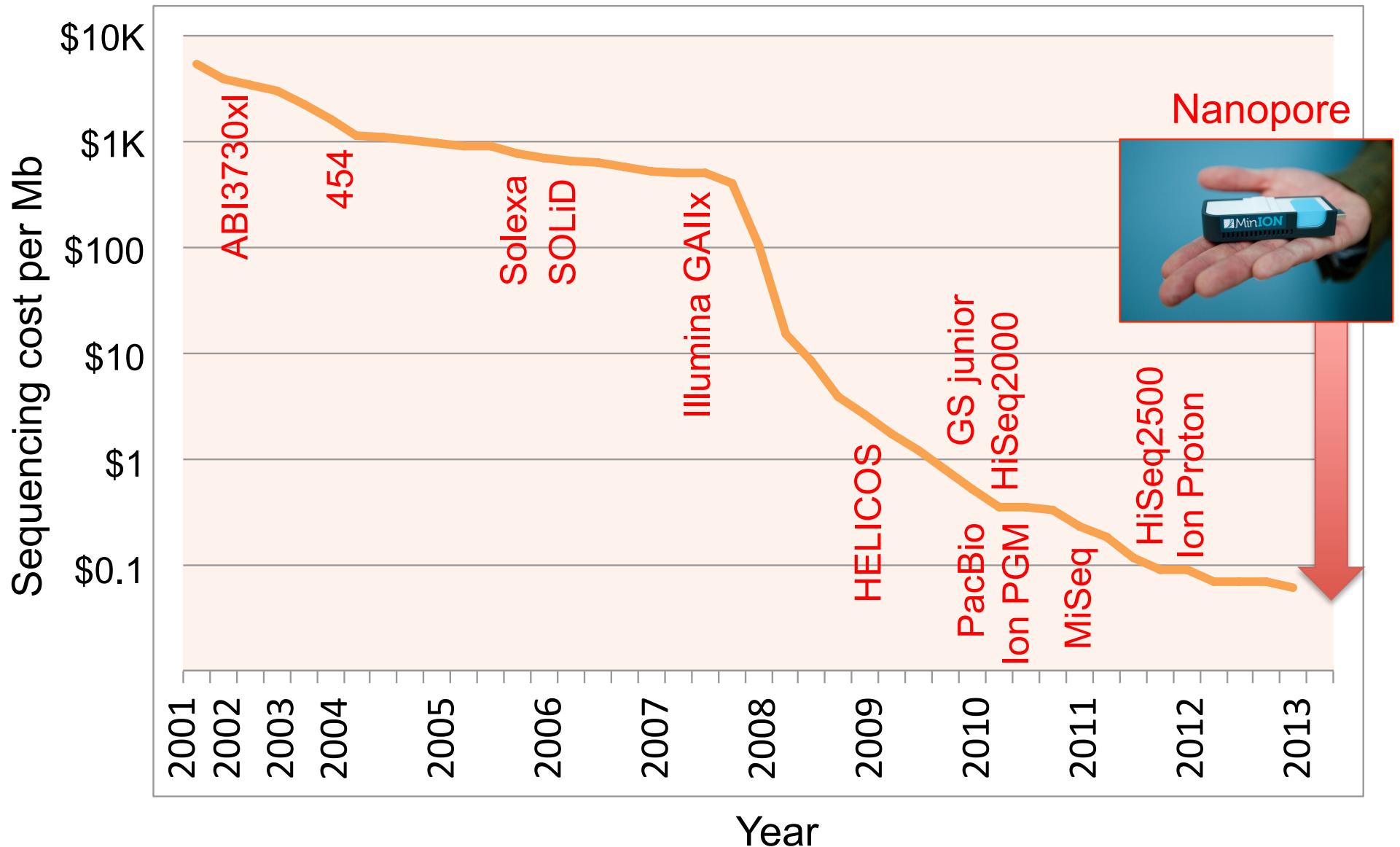


ゲノム科学の爆発的発展

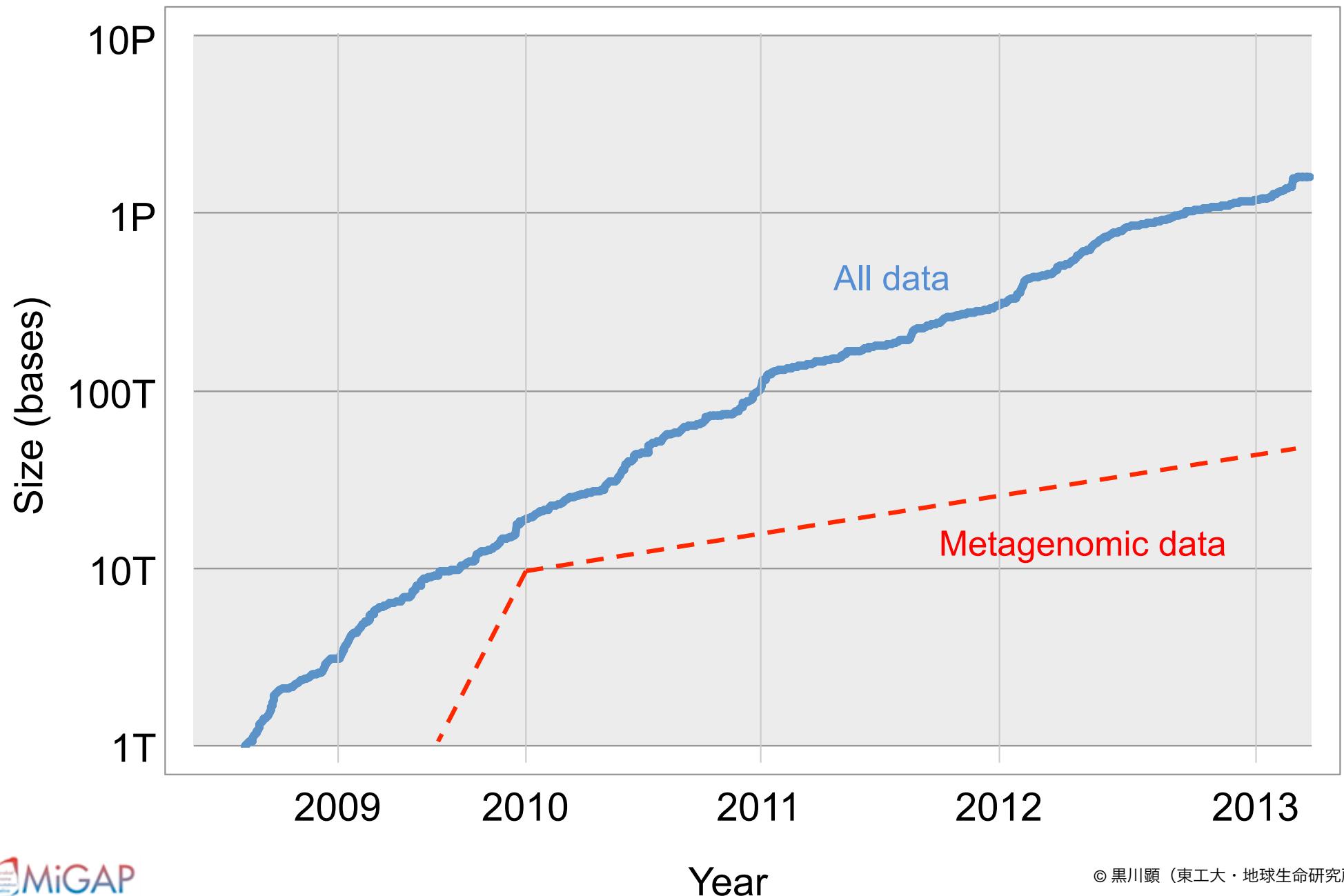
Genome projects ~ Feb. 2010



Cost per Raw Mb of DNA Seq



NCBI SRA DataBase Growth



遺伝子アノテーションの例

ORIGIN

```
1 aagtttcgg gtgtgggtgc gtctgggttg atcagggtgt gcctgtcctg gcaaggaaag
61 gttcccggtg tgggttccgg catggtgcgg gcatgtcgat gtcggggctt gtgataaaat
121 tacaactgcc cccaggtcgat
181 tggatgtttat gatcgggacg
241 atgtttcggtt aattacgcgg catctggttc cggtttgtgt cgtatcgat tttgagttcg
301 cgtctttggg gatatgttaag atctgtatgc gttgatttcc atgtatgactg aagaaaacaa
361 ttctccgacc gcaagtgggg tcggggcgcacg ttccattatg tcggatcgatgg cggcgatggg
421 aggggcgcacg gtgtttcat ccacccgtgc gttcgcacac cccgcggccgg atgcgggtggc
481 gcagcaatgg gccatcttc /translation="MSVMAAMGGAQVLSTGAFADPAPDAVAQQWAIFRAKYLRPSSGR
541 gggcaatgggt ggcgaatcc VVDTGNNGGEHSEGQGYGMLFAASAGDLASFQSMMMWARTNLQHTNDKLFWRFLKGH
601 ggcgggggac cttgcgtcg QPPVPDKNNATGDLLIALALGRAGKRFQRPDYIQDAMAIYGDVLNLMTMKAGPYVVL
661 taccaatgac aagctgttt MPGAVGFTKKDSVILNLSYYVMPSSLQAFDLTADPRWRQVMEDGIRLVSAGRFGQWRL
721 caagaacaat gccacacat PPDWLAVNRATGALSIASGWPPRFSYDAIRVPLYFYWAHMLAPNVLADFTRFWNNFGA
781 gcgtttccag cgccccgat NALPGWVDLTTGARSPYNAPPGYLAVAECTGLDSAGELPTLDHAPDYYSAALTLLVYI
841 cctgtatgacg atgaaggcc ARAEETIK"
901 caagaaggac agcgtatcc
961 gttcgacctt acggccgac egegetgggg ttaggtgtg gaagacgggg ttegeettgt
1021 ttccggccggg cggttcgggc agtggcgct gccccccgac tggctccgg tgaatcgcc
1081 caccaataca ctatcaataca catcaaaaata accacccacac ttttcgtatg atgcgattcg
1201 ccgattctgg aataatttcg gggctaatgc cctgcggggatggatccatc tgacaacagg
1261 ggcgcgttcg ccgtacaacg cccccctgg atatcttgcgttgcgatgcacggggct
1321 tgattctgtt gggaaactcc cgacactggatcatgcggcc gattatattccgcacgtt
1381 gacgctgttc gtttacatcg cgccggccggaaatgcgttgcgtt
1441 gatgaggtgg ctgggggagg gcagg homology to endoglucanases
1501 tctttgggtg tcgaagggtgg gcagt
```

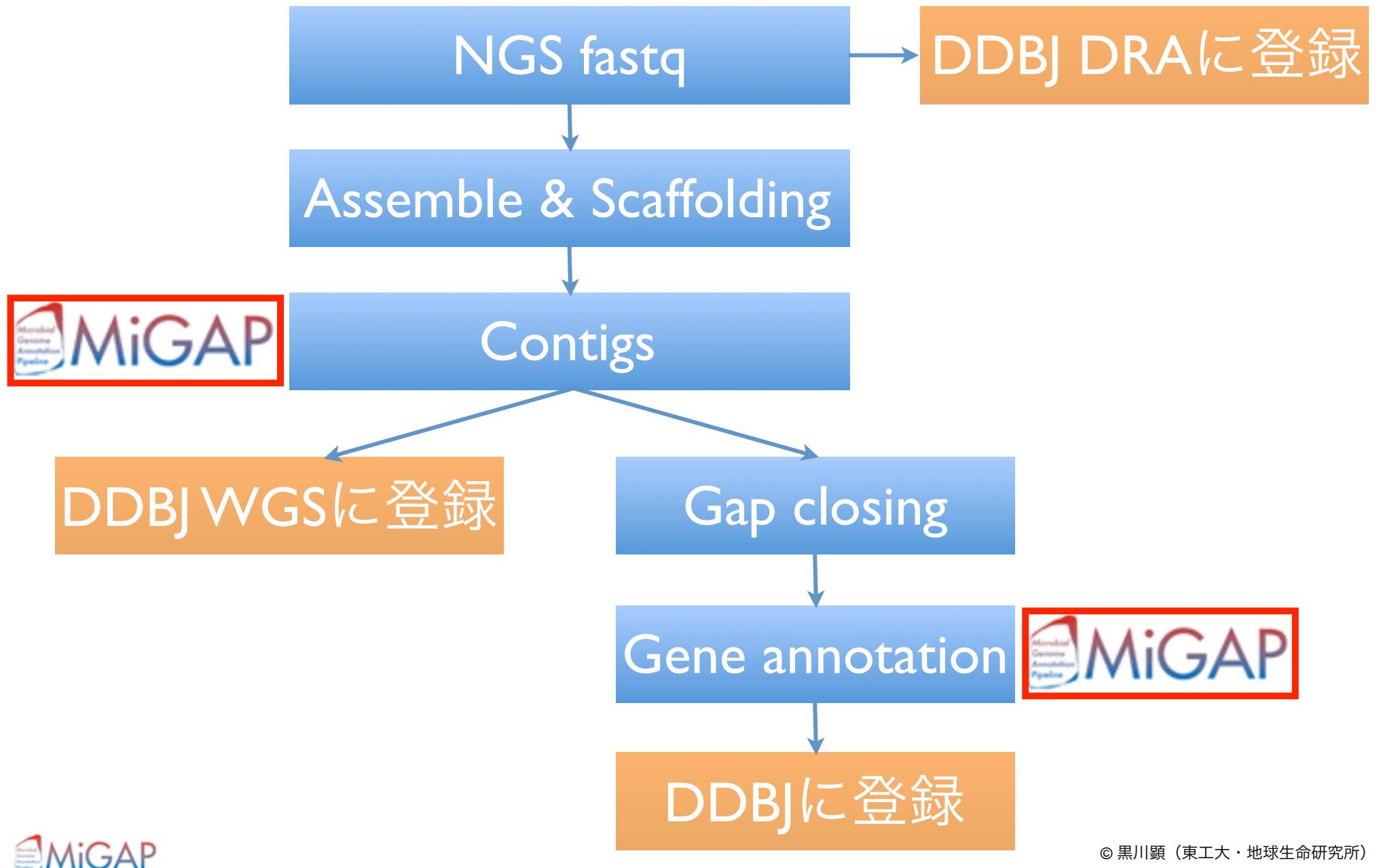
構造アノテーション (Structural annotation)

機能アノテーション (Functional annotation)

遺伝子のアノテーション

- ・生物の暗号を人間に理解できるように
 - 分子生物学のデータの多くは配列、数値
 - ・配列を説明する「タグ」を付ける = アノテーション
 - ・地図に説明をつけるのと基本的に同じ

微生物ゲノム解析の流れ



本日の内容

- MiGAPとは？
- 投入できる塩基配列データと最終結果
- MiGAPの基本操作
- アノテーションと注釈付塩基配列ファイル
- ユーザレベルとその違い
- パイプラインの構造
- アノテーションの自動付加
- s-MiGAPの機能と操作
- g-MiGAPフローエディターの操作方法
- 運用について

MiGAPとは？

- 真核微生物を含む未知微生物ゲノム塩基配列に自動的にアノテーションを付加するパイプラインです
- MiGAPで付加するアノテーション情報 構造アノテーション
 - ✓ ORF(CDS)の同定とフィーチャーとしての登録
 - ▶ de novo 予測 ⇒ MetaGeneAnnotator, Glimmer, Augustusを使用
 - ▶ RBSの登録 (MGAのみ) → スタートコドン
 - ✓ rRNAの予測
 - ▶ de novo 予測 ⇒ RNAmmer
 - ▶ 既知 rRNA 配列との相同意検索結果からの予測
 - ✓ tRNAの予測
 - ▶ de novo 予測 ⇒ tRNAscan-SE
 - ✓ ORF(CDS)のアミノ酸配列翻訳
 - ✓ 既知遺伝子アミノ酸配列との3段階にわたる相同意検索結果の転記
 - ▶ トップヒットを採用する (現在)
 - ▶ ヒットエントリーからの注釈自動転記
- パイプラインとは？ 機能アノテーション
 - ✓ 前のプロセスの出力結果が、後のプロセスの入力となるような、複数のプロセスを直列に連結し、最初の入力データから最後の出力結果までが自動的に処理される仕組み
 - ✓ MiGAPは分岐・並列パイプライン

投入できるデータと最終結果

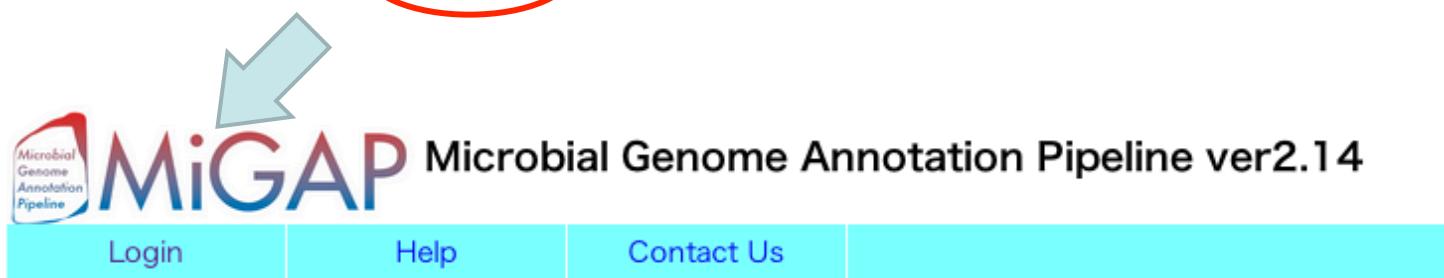
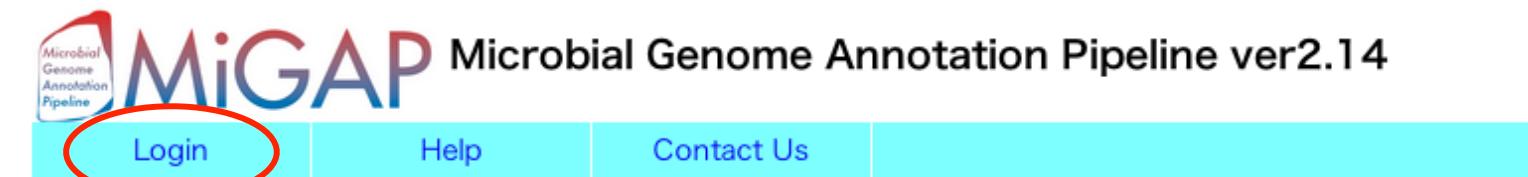
- パイプラインの入口から投入することができるデータ
 - ✓ ゲノム塩基配列
 - ▶ 塩基配列のフォーマット ⇒ FastA 形式あるいは Text 形式
 - ▶ 複数のコンティグに分かれても構わない ⇒ Multiple FastA ファイル
 - ただし、現在の運用制限では、最大投入可能コンティグ数は、1万個
 - ▶ 次世代シーケンサの Short Read の Singleton を投入することは避ける
- パイプラインの最終処理結果
 - ✓ ダウンロードファイルへのリンク
 - ▶ 実行ログファイル ⇒ pipeline.log
 - ▶ 同定されたORF配列（核酸配列、アミノ酸配列） ⇒ *-na, *-aa
 - ▶ ベースとなる塩基配列ファイル ⇒ *.fasta
 - ▶ Feature定義ファイル ⇒ *.csv, *.annt
 - ▶ 注釈つき塩基配列ファイル ⇒ *.ddbj, *.embl, *.gbk
 - ✓ 複数コンティグからなるファイル ⇒ (*.tar.gz)
 - ✓ ORF同定段階 ⇒ result.*
 - ✓ Annotation段階 ⇒ result-a.*

パイプラインの入口

<http://www.MiGAP.org/>



パイプライン入口



Login

UserID:	<input type="text"/>
Password:	<input type="password"/>

ログイン後の画面

The screenshot shows the MiGAP interface with several menu elements highlighted by red boxes:

- Horizontal Menu:** A blue bar at the top contains three buttons: "Logout", "Help", and "Contact Us".
- Vertical Menu (Left):** A vertical menu on the left is enclosed in a red box. It has a light blue header "Pipe Line" and six items below it: "Pipe Line", "History", "Change", "User Level", "Current", and "Process".
- User Information:** On the right, there is user information: "LDAP_kawano (b-MiGAP) 2013/10/15 14:19:01" followed by "[View Menu]" and "[Hide Menu]".

Annotations with arrows point to specific features:

- A large blue arrow points from the "Vertical Menu (Left)" text to the vertical menu on the left.
- A smaller blue arrow points from the "Horizontalメニュー: Logout, Help, Contact" text to the horizontal menu bar.
- A blue arrow points from the "垂直メニューの表示・非表示切換" text to the "[View Menu]" and "[Hide Menu]" links.

垂直メニュー:
パイプライン投入
パイプライン投入履歴
利用者レベル切換
現在実行中ジョブ

MiGAP基本操作

利用者レベル切換

MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

Logout Help Contact Us

Pipe Line Pipe Line History Change User Level Current Process

Change User Level

b-MiGAP ← 投入数10回まではb-MiGAP
 s-MiGAP
 g-MiGAP

Set

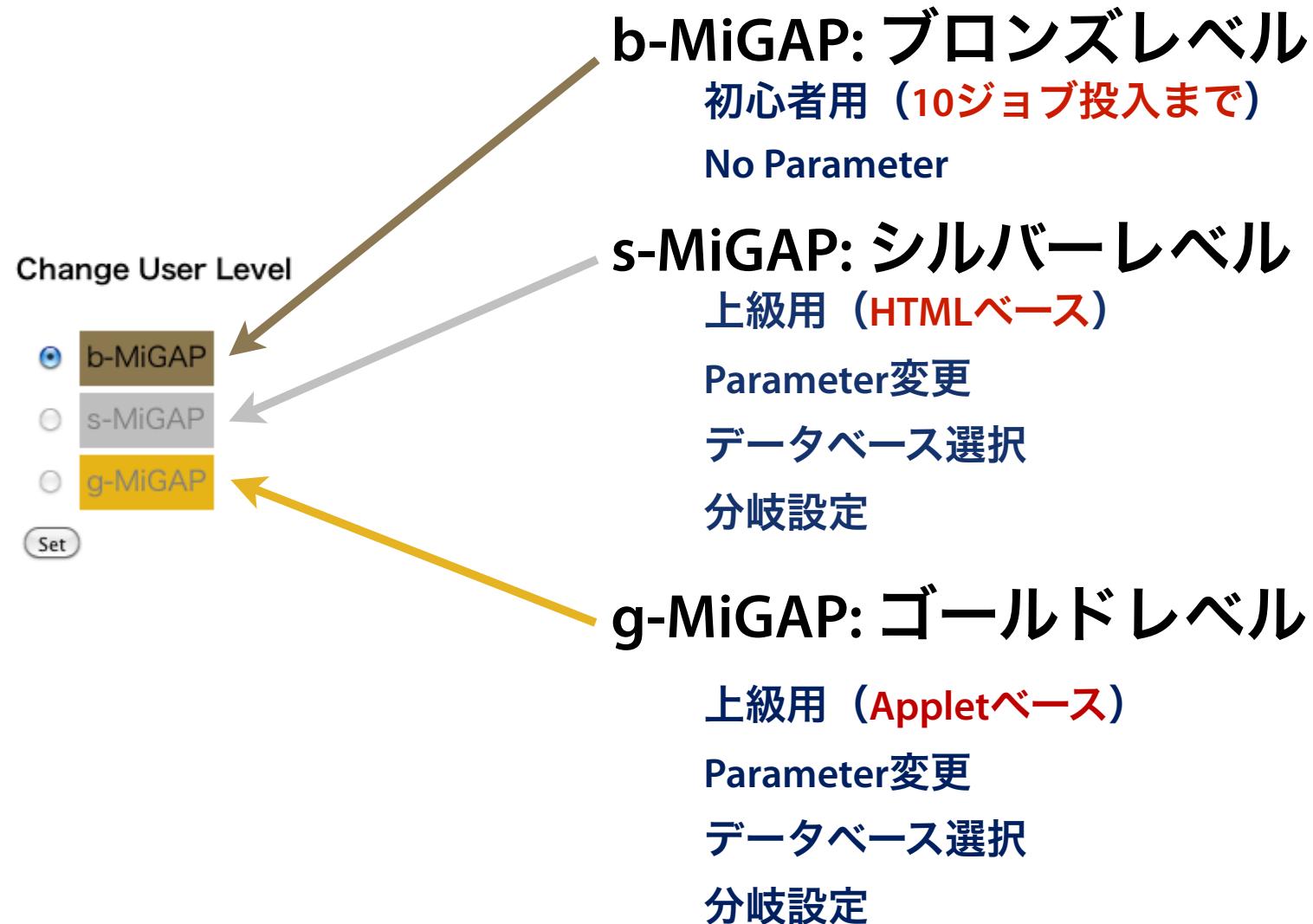
Pipe Line Pipe Line History Change User Level Current Process Excluded Qualifier

Change User Level

b-MiGAP
 s-MiGAP
 g-MiGAP

Set

b-MiGAP, s-MiGAP, g-MiGAP



Current Job



MiGAP

Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

[Logout](#)[Help](#)[Contact Us](#)[Pipe Line](#)[Pipe Line](#)[History](#)[Change](#)[User Level](#)[Current](#)[Process](#)

計算中のジョブ
は進行状況が
表示される

Pipe Line List

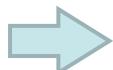
JOB CANCEL

	Start	Status
		Search ORF Search tRNA Search rRNA
	2013/10/15 14:33:21	Annotation Phase-1 Annotation Phase-2 Annotation Phase-3
		Search ORF Search tRNA Search rRNA
	□ 2013/10/15 14:37:31	Annotation Phase-1 Annotation Phase-2 Annotation Phase-3
	□ 2013/10/15 14:38:33	Waiting List: 1

これは他の利用者が投入したジョブ



計算待ち



自分が投入したジョブは
背景がカラーで表示される

パイプラインへのジョブ投入

MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

Logout Help Contact Us

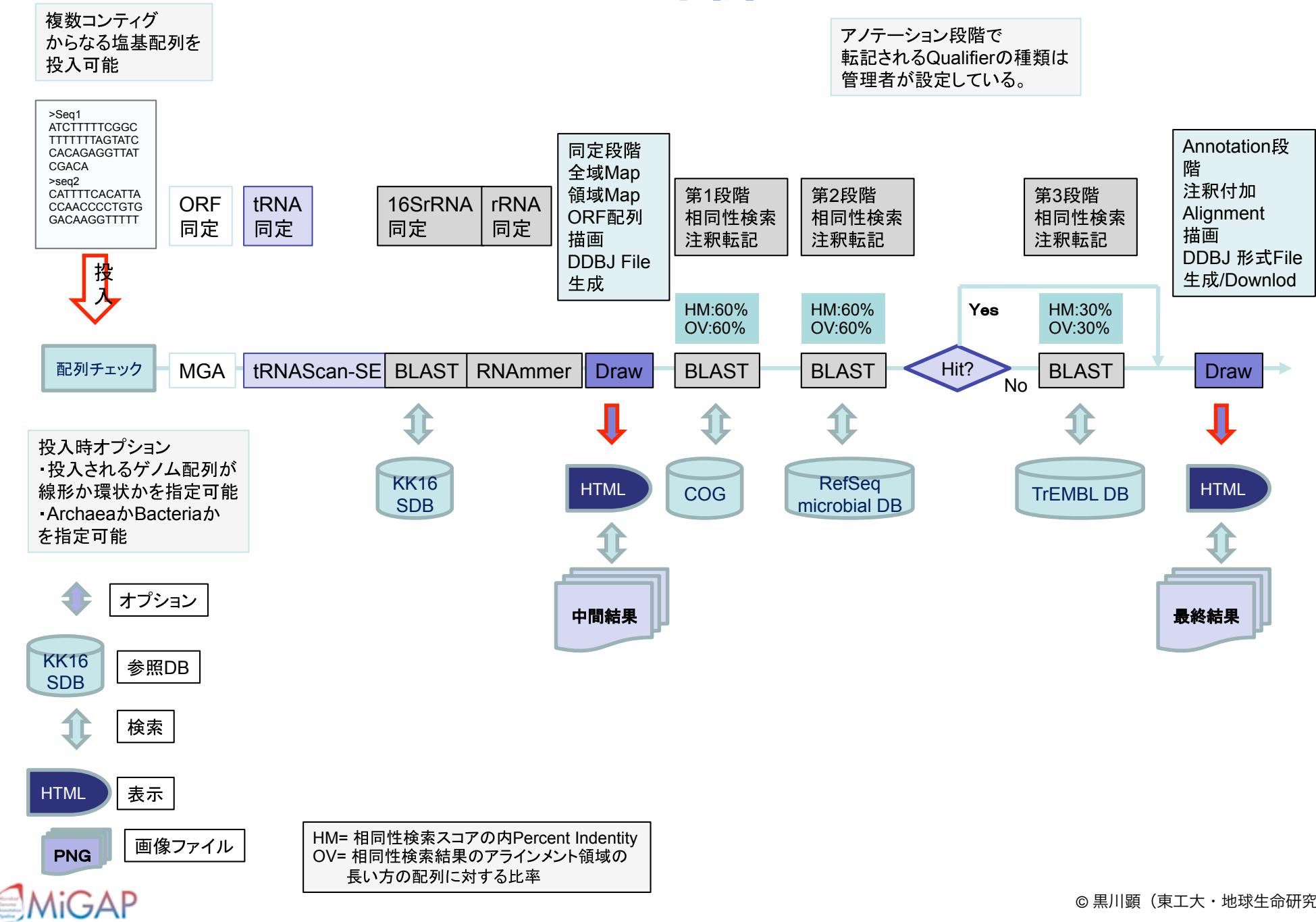
Pipe Line
Pipe Line History
Change User Level
Current Process

Input Pipe Line [Running:4 Waiting:1] ← 現在4解析が実行中
1解析が実行待ち

Pipe Line Name:
Upload Filename: 選択されていません
or paste data in box below. ([Sample data](#))
ゲノム塩基配列をペーストする領域

Linear Circular Bacteria Archaea Eukarya *FUNGI*

b-MiGAP 解析フロー



パイプラインジョブ投入履歴



MiGAP

Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

[Logout](#)[Help](#)[Contact Us](#)[Pipe Line](#)[Pipe Line](#)[History](#)[Change](#)[User Level](#)[Current](#)[Process](#)[History](#)

LDAP_kawano | Hidden Data
List

<< < [1/1] > >>

2013/10/15 14:56:49
2013/10/15 14:55:48
2013/10/15 14:39:41
2013/10/15 14:38:33
2013/10/15 14:37:31
2013/10/15 14:36:28
2013/10/15 14:35:25
2012/08/02
16:52:25(whole)
2012/08/01 14:38:37
Solanum lycopersicum DNA,
contig: SISBM_S00131_04

自分が投入した現在実行中のジョブはキャンセルできる

MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

Logout Help Contact Us LDAP_kawano (b-MiGAP) 2013/10/15 14:19:01 [View Menu] [Hide Menu]

Pipe Line History Process Status

Pipe Line History Start::2013/10/15 14:57:52 [Waiting List:5]

Change User Level Current Process

LDAP_kawano | Hidden Data List Contig

History [1/1] 2013/10/15 14:57:52 2013/10/15 14:56:49 2013/10/15 14:55:48 2013/10/15 14:39:41 2013/10/15 14:38:33 2013/10/15 14:37:31 2013/10/15 14:36:28 2013/10/15 14:35:25 2012/08/02 16:52:25(whole) 2012/08/01 14:38:37 Solanum lycopersicum DNA, contig: SISBM_S00131_04

Process Command or DB Status

Read Parameter File Done[2013/10/15 14:57:52]

Read Sequence File Waiting

Search ORF Metagene Waiting

Search RNA tRNAscan Waiting

RNAmer Waiting

16S rRNA Waiting

Output Result File Genbank Waiting

EMBL Waiting

DDBJ Waiting

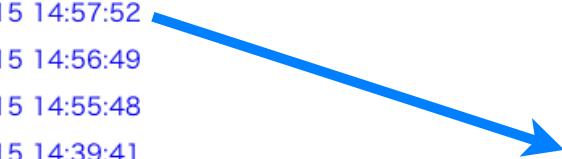
Information Waiting

Feature Waiting

Output Image File Genome Map Waiting

Feature map Waiting

JOB CANCEL



Current Process表示画面からも投入したジョブのキャンセル

MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

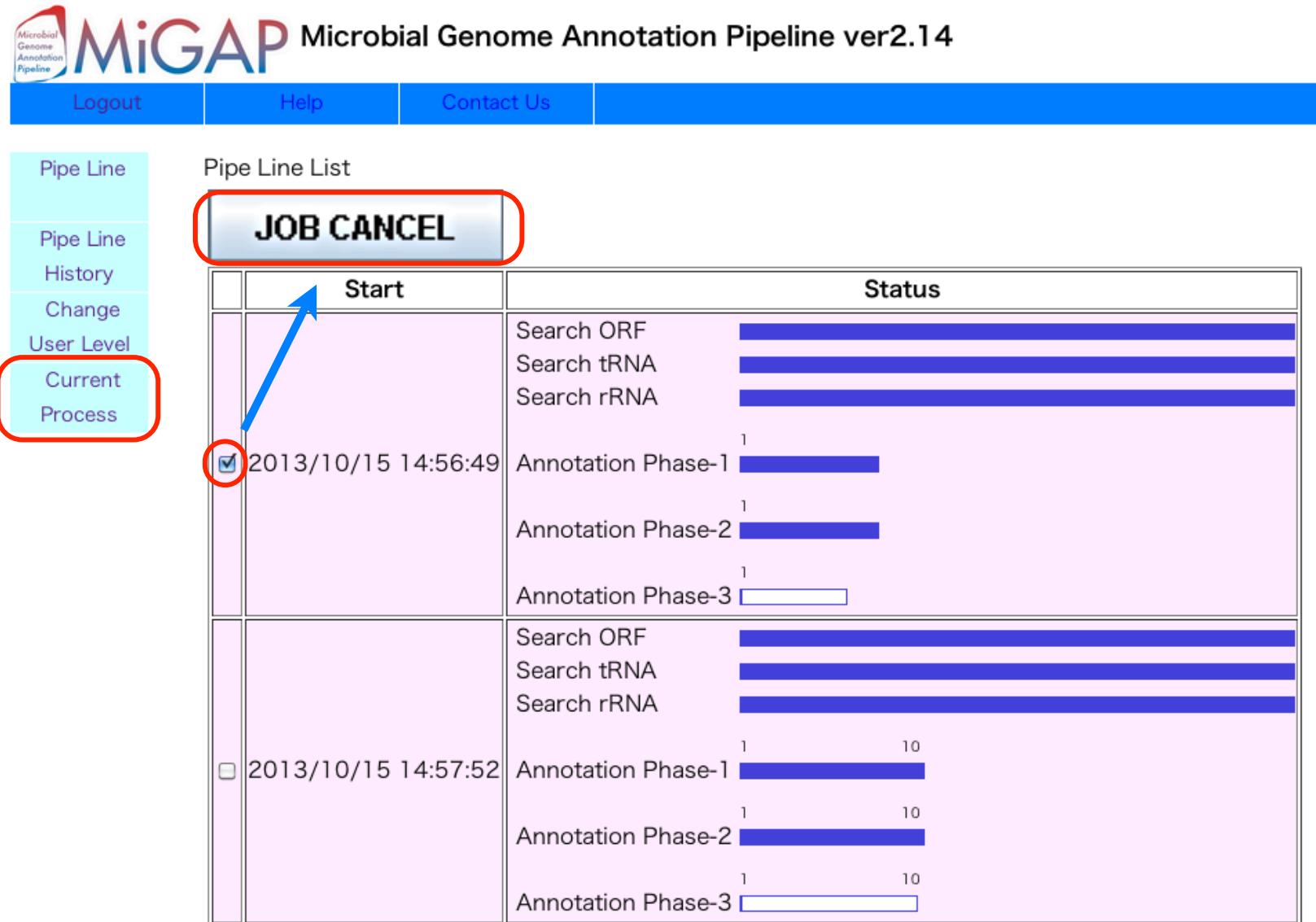
Logout Help Contact Us

Pipe Line List

JOB CANCEL

	Start	Status
<input checked="" type="checkbox"/>	2013/10/15 14:56:49	Search ORF Search tRNA Search rRNA Annotation Phase-1 1 Annotation Phase-2 1 Annotation Phase-3 1
<input type="checkbox"/>	2013/10/15 14:57:52	Search ORF Search tRNA Search rRNA Annotation Phase-1 1 10 Annotation Phase-2 1 10 Annotation Phase-3 1 10

Current Process



現在表示されている結果をHidden Listに移動する

MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

Logout Help Contact Us

Pipe Line History

Pipe Line History Change User Level Current Process

LDAP_kawano | Hidden Data List

Contig [1/1] contig

2013/10/15 15:34:34
2013/10/15 15:33:31
2013/10/15 14:57:52
2013/10/15 14:56:49
2013/10/15 14:55:48
2013/10/15 14:39:41
2013/10/15 14:38:33
2013/10/15 14:37:31
2013/10/15 14:36:28
2013/10/15 14:35:25
2012/08/02
16:52:25(whole)
2012/08/01 14:38:37
Solanum lycopersicum DNA,
contig: SISBM_S00131_04

Hide

Hideボタンをクリック

Basic Information

Filename: direct
Contig: 1
Total Length: 10530
rRNA: 3
tRNA: 2
CDS: 3
RBS: 3
Run: 2013/10/15 15:34:34

ORF & RNA Extract

Start: 2013/10/15 15:34:34
End: 2013/10/15 15:35:53
Software: MetaGeneAnnotator 1.0
tRNAscan-SE 1.23
NCBI BLAST 2.2.18
RNAmmer 1.2

Annotation

Start: 2013/10/15 15:35:53
End: 2013/10/15 15:40:17
Software: NCBI BLAST 2.2.18
DB: COG[20030417]:3
RefSeq release56[20130314]:3
TrEMBL release2013_03[20130306]:0

LDAP_kawano (b-MiGAP) 2013/10/15 14:19:01 [View Menu] [Hide Menu]

この解析結果がHidden Listに格納される

Hidden Listの表示と完全な削除



Logout | Help | Contact Us

Pipe Line

History

LDAP_kawano [Hidden Data List]

[<<] [<] [1/1] [>] [>>]

2013/10/15 15:34:34
2013/10/15 15:33:31

2013/10/15 14:30:20
2013/10/15 14:35:25
2012/08/02
16:52:25(whole)
2012/08/01 14:38:37
Solanum lycopersicum DNA,
contig: SISBM_S00131_04

Hidden Data List

Restore Delete

Pipe Line Name	Start
	2013/10/15 14:57:52
	2013/10/15 14:57:52
<input checked="" type="checkbox"/>	2013/10/15 14:57:52
<input checked="" type="checkbox"/>	2013/10/15 14:57:52
	2013/10/15 14:57:52

処理したいジョブをチェックする

削除したくないが、
まだ閲覧する可能性がある
ジョブ結果を格納しておく

Hidden Listに入れておくと、
履歴表示時間の短縮となる

完全な削除はHidden Listから
実行できる

Restoreで通常のリストに戻す
Deleteで完全に削除する

コンテイグを選択すると

MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

Logout Help Contact Us

Pipe Line History

Pipe Line History List

LDAP_kawano | Hidden Data List

Contig

1/1 contig

2013/10/15 15:34:34
2013/10/15 15:33:31
2013/10/15 14:57:52
2013/10/15 14:56:49
2013/10/15 14:55:48
2013/10/15 14:39:41
2013/10/15 14:38:33
2013/10/15 14:37:31
2013/10/15 14:36:28
2013/10/15 14:35:25
2012/08/02
16:52:25(whole)
2012/08/01 14:38:37
Solanum lycopersicum DNA,
contig: SISBM_S00131_04

Basic Information

Contig ID: contig
Length: 10530
CDS: 3
RBS: 3
rRNA: 3
tRNA: 2
GC%: 47.22%

Annotation

DB: COG[20030417]:3
RefSeq release56[20130314]:3
TrEMBL release2013_03[20130306]:0

Download

Log File: [16S_rRNA.log](#)
[annotation.log](#)
N.A.: [result-na.fasta](#)
A.A.: [result-aa.fasta](#)

Before Annotation

CSV: [result.csv](#)
Genbank: [result.gbk](#)
EMBL: [result.embl](#)
DDBJ: [result.fasta](#)
[result.annt](#)

LDAP_kawano (b-MiGAP) 2013/10/15 14:19:01 [View Menu] [Hide Menu]

GC CONTENT

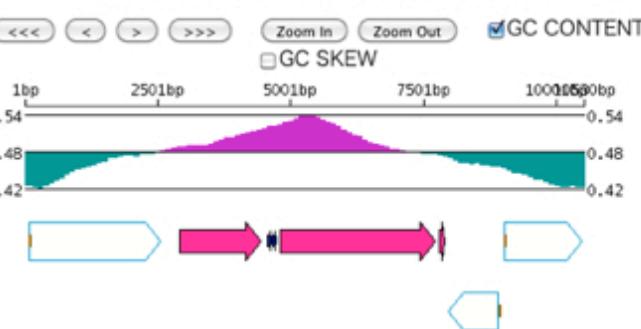
GC SKEW

1bp 2501bp 5001bp 7501bp 10001bp 1500bp

0.54 0.48 0.42 0.54

0.48 0.42

<<< < > >>> Zoom In Zoom Out GC SKEW



フィーチャーをクリックするとアノテーション内容表示

Description

Feature: CDS Location: 95..2560

Qualifier:

/note=	"gene_1"
/note=	"identified by MetaGeneAnnotator; putative"
/transl_table=	11
/codon_start=	1
/migap_code=	963633396
/classification=	"L"
/classification=	"COG0188"
/function=	"Type II A topoisomerase (DNA gyrase/topo II, topoisomerase IV), A subunit"
/db_xref=	"GI:16077075"
/db_xref=	"ref:NP_387888.1"
/note=	"DNA gyrase subunit A [Bacillus subtilis subsp. subtilis str. 168]"
/organism=	"Bacillus subtilis subsp. subtilis str. 168"
/strain=	"168"
/sub_species=	"subtilis"
/db_xref=	"taxon:224308"
/product=	"DNA gyrase subunit A"
/EC_number=	"5.99.1.3"
/function=	"16.3: Control"
/function=	"16.2: Construct biomass (Anabolism)"
/function=	"16.9: Replicate"
/calculated_mol_wt=	91968
/gene=	"gyrA"

付加された注釈

Nucleotide Acid:

```
ATGAGTGAACAAAACACACCACAAGTCGTGAAATAAATATCA
GTCAGGAATCGCTACGTCTTCTTGATTATGCAATGAGCGTT
ATCGTGTCTTCGTGACGGTTAAACCG
GGTCATAATGAATGATTAGGCATGAC
AAGTGACACCGCGTATCGTGGAGAA
GTTATCGGAGGTGATTAGCAGCGGTATATGA
ATCCATGGTCAGAACATGGCTCAGGATTCAACTACCGTTATATGC
```

核酸配列

クリップボードにコピーする

Amino Acid:

```
MSEQNTPQVREINISQEMRTSFLDYAMSVIVSRALPDVRDGLKPVHRRILYAMNDLGNTSPVVKSCAPVCEFLVCKVLPICDGSavyESMRMAQDFNYRMLVNSKISMEILRDITKDGMATNIPPHOLGE
TIDYQDNYDIIIGVLAVSENIRKAYESGRGSITIRAKAIEEQTSSGKERIVTELPYQVNKAKEIADLVRDKKIEGITDLRDESDRTGMRVIEIRR DANANVILNNLYKQTALQTSFGINLLALVDGQP
```

アミノ酸配列

クリップボードにコピーする

各段階の相同意検索リスト

Homology Site:

DB	Subject	Identity	Alignment length	Mismatches	Gap openings	Query start	Query end	Subject start	Subject end	E-value	Bit score	Alignment	Alignment
COG 20030417	BS_gyrA	100.00%	821	0	0	1	821	1	821	0.00E0	1660.00	=====	Show
RefSeq 20130314	gi 16077075 ref NP_387888.1 DNA gyrase subunit A [Bacillus subtilis subsp. subtilis str. 168]	100.00%	821	0	0	1	821	1	821	0.00E0	1660.00	=====	Show

アライメント表示

Alignment

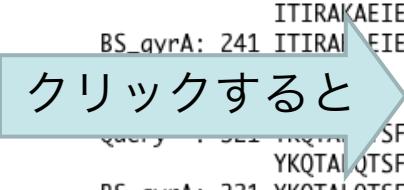
Query : 1 MSEQNTPQVREINISQEMRTSFLDYAMSVIVSRALPDVRDGLKPVHRRILYAMNDLGMTSDKPYKKSARIVGEVIGKYHP
 BS_gyrA: 1 MSEQNTPQVREINISQEMRTSFLDYAMSVIVSRALPDVRDGLKPVHRRILYAMNDLGMTSDKPYKKSARIVGEVIGKYHP

Query : 81 HGDSAVYESMVRMAQDFNYRYMLVDGHGNFGSVDGDSAAAMRYTEARMSKISMEILRDIRKTIDYQDNYDGSEREPVVM
 HGDSAVYESMVRMAQDFNYRYMLVDGHGNFGSVDGDSAAAMRYTEARMSKISMEILRDIRKTIDYQDNYDGSEREPVVM
 BS_gyrA: 81 HGDSAVYESMVRMAQDFNYRYMLVDGHGNFGSVDGDSAAAMRYTEARMSKISMEILRDIRKTIDYQDNYDGSEREPVVM

Query : 161 PSRFPNLLVNGAAGIAVGМАTNIPPHQLGEIIDGVLAVENTPDITIPELMEVIPGPDFPTAGQILGRSGIRKAYESGRGS
 PSRFPNLLVNGAAGIAVGМАTNIPPHQLGEIIDGVLAVENTPDITIPELMEVIPGPDFPTAGQILGRSGIRKAYESGRGS
 BS_gyrA: 161 PSRFPNLLVNGAAGIAVGМАTNIPPHQLGEIIDGVLAVENTPDITIPELMEVIPGPDFPTAGQILGRSGIRKAYESGRGS

Object start	Subject end	E-value	Bit score	Alignment	Alignment
1	821	0.00E0	1660.00	=====	
1	821	0.00E0	1660.00	=====	

クリックすると



Query : 241 ITIRAKAEIEQTSSGKERIIVTELPHYQVNKAKLIEKIADLVRDKKIEGITDLRDESDRTGMRIVIEIRR DANANVILNNL
 ITIRAKAEIEQTSSGKERIIVTELPHYQVNKAKLIEKIADLVRDKKIEGITDLRDESDRTGMRIVIEIRR DANANVILNNL
 BS_gyrA: 241 ITIRAKAEIEQTSSGKERIIVTELPHYQVNKAKLIEKIADLVRDKKIEGITDLRDESDRTGMRIVIEIRR DANANVILNNL

Query : 321 YKQTALQTSFGINLLALVDGQPKVLTLKQCLEHYLDHQKVVI RRTAYELRKAEARAHILEGLRVALDHDAVISLIRNS
 YKQTALQTSFGINLLALVDGQPKVLTLKQCLEHYLDHQKVVI RRTAYELRKAEARAHILEGLRVALDHDAVISLIRNS
 BS_gyrA: 321 YKQTALQTSFGINLLALVDGQPKVLTLKQCLEHYLDHQKVVI RRTAYELRKAEARAHILEGLRVALDHDAVISLIRNS

Query : 401 QTAEIARTGLIEQFSLTEKQAQAI DMRLQRLTGLE REKIEEEYQSLVKLIAELKDILANEYKVLEII REELTEIKERFN
 QTAEIARTGLIEQFSLTEKQAQAI DMRLQRLTGLE REKIEEEYQSLVKLIAELKDILANEYKVLEII REELTEIKERFN
 BS_gyrA: 401 QTAEIARTGLIEQFSLTEKQAQAI DMRLQRLTGLE REKIEEEYQSLVKLIAELKDILANEYKVLEII REELTEIKERFN

Query : 481 DERRTEIVTSGLETIEDEDLIERENIVTLTHNGYVKRLPASTYRSQKRGGKGVQGMGTNEDDFVEHLISTSTHD TILFF
 DERRTEIVTSGLETIEDEDLIERENIVTLTHNGYVKRLPASTYRSQKRGGKGVQGMGTNEDDFVEHLISTSTHD TILFF
 BS_gyrA: 481 DERRTEIVTSGLETIEDEDLIERENIVTLTHNGYVKRLPASTYRSQKRGGKGVQGMGTNEDDFVEHLISTSTHD TILFF

Query : 561 SNKGKVYRAKGYEIPEYGRATAKGIPIINLLEVEKGEWINAIIPVTEFNAELYLFTTKHGVS KRTSLSQFANIRNNGLIA
 SNKGKVYRAKGYEIPEYGRATAKGIPIINLLEVEKGEWINAIIPVTEFNAELYLFTTKHGVS KRTSLSQFANIRNNGLIA
 BS_gyrA: 561 SNKGKVYRAKGYEIPEYGRATAKGIPIINLLEVEKGEWINAIIPVTEFNAELYLFTTKHGVS KRTSLSQFANIRNNGLIA

パイプラインで生成されダウンロードできる結果出力ファイル

Pipeline-log: 実行ログファイル

Result-na.fasta (.tar.gz): ORF別の核酸配列ファイル

Result-aa.fasta (.tar.gz): ORF別のアミノ酸配列ファイル

Result.csv (.tar.gz): コンティグ別全ORFのFeature定義CSVファイル (ORF同定段階終了後生成)

Result-a.csv (.tar.gz): コンティグ別全ORFのFeature定義CSVファイル (Annotation段階終了後生成)

Result.gbk (.tar.gz): コンティグ別GenBankファイル (ORF段階)

Result-a.gbk (.tar.gz): コンティグ別GenBankファイル (Annotation段階)

Result.embl (.tar.gz): コンティグ別EMBLファイル (ORF段階)

Result-a.embl (.tar.gz): コンティグ別EMBLファイル (Annotation段階)

Result.fasta (.tar.gz): コンティグ別の塩基配列ファイル (ベース) (ORF段階)

Result.annt (.tar.gz): DDBJファイル生成用Feature定義ファイル (ORF段階)

Result.ddbj (.tar.gz): コンティグ別のDDBJファイル (ORF段階)

Result.ddbj (.tar.gz(multi)): コンティグ別のMultiple DDBJファイル (ORF段階)

Result-a.fasta (.tar.gz): コンティグ別の塩基配列ファイル (ベース) (Annotation段階)

Result-a.annt (.tar.gz): DDBJファイル生成用Feature定義ファイル (Annotation段階)

Result-a.ddbj (.tar.gz): コンティグ別のDDBJファイル (Annotation段階)

Result-a.ddbj (.tar.gz(multi)): コンティグ別のMultiple DDBJファイル (Annotation段階)

pipeline.log

```
Read Parameter File=Done[2013/10/15 15:34:34]
Pipe Line Name=
Sequence Filename=direct
Read Sequence File=Done[2013/10/15 15:34:34]
Number of Contig=1
Total Length of Sequence=10530
Write Genbank File=Done[2013/10/15 15:40:17]
Write EMBL File=Done[2013/10/15 15:40:17]
Write DDBJ File=Done[2013/10/15 15:40:17]
Write Information File=Done[2013/10/15 15:40:17]
Write Feature File=Done[2013/10/15 15:40:17]
Create Genome Map=Done[2013/10/15 15:35:52]
Create Feature Map=Done[2013/10/15 15:35:53]
Start Time=1381818874257
End Time=1381818953410
Process ID=49748
Waiting List=0
Unexpected Error=
Memory Status=11MB / 15271MB
Detail=End Annotation
A Start Time=1381818953411
A End Time=1381819217194
Metagene=Done[2013/10/15 15:34:40]
Metagene Version=MetaGeneAnnotator 1.0
Metagene Parameter=-m
tRNAscan=Done[2013/10/15 15:35:52]
tRNAscan Version=tRNAscan-SE 1.23
tRNAscan Parameter=-B
RNAmmer=Done[2013/10/15 15:34:44]
RNAmmer Version=RNAmmer 1.2
RNAmmer Parameter=-S bac -m tsu,lsu
```

ジョブのパラメータやデータベース、ソフトウェアのバージョンなどが記録されている

Blast Version=NCBI BLAST 2.2.18

1st DB Name=COG

1st DB Version=20030417

1st DB Count=3

1st DB Revision=

Phase-1=Done[3/3]

2nd DB Name=RefSeq

2nd DB Version=20130314

2nd DB Count=3

2nd DB Revision=release56

Phase-2=Done[3/3]

3rd DB Name=TrEMBL

3rd DB Version=20130306

3rd DB Count=0

3rd DB Revision=release2013_03

Phase-3=Waiting

16S rRNA=Done[2013/10/15 15:34:42]

16S rRNA Parameter=-F F -a 4

16S rRNA Name=16S rRNA

16S rRNA Version=20090220

16S rRNA Count=1

16S rRNA Revision=

A.A. Mapping Name=bbgbk

Annotation=Phase-2 Done[3/3][2013/10/15 15:40:17]

Annotation Parameter=-F F

使用した
解析ソフトウェア

参照したデータベース

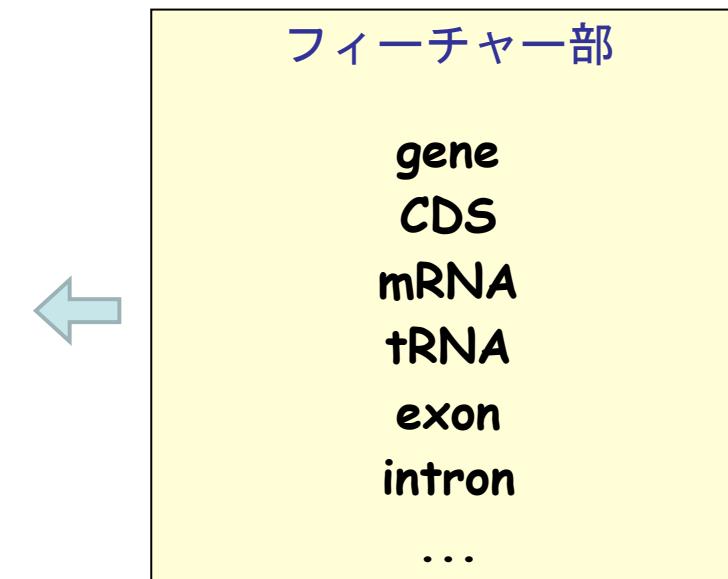
アノテーション付配列の構造

アノテーションと注釈付塩基配列フ

イル

DNAアノテーション付配列の構造 (GenBankフォーマット)

```
LOCUS AL009126        4215606 bp    DNA    circular BCT 13-JUN-2013
DEFINITION Bacillus subtilis subsp. subtilis str. 168 complete genome.
ACCESSION AL009126 Z99104-Z99124
VERSION AL009126.3 GI:225184640
DBLINK BioProject: PRJNA76
KEYWORDS complete genome.
SOURCE Bacillus subtilis subsp. subtilis str. 168
ORGANISM Bacillus subtilis subsp. subtilis str. 168
          Bacteria; Firmicutes; Bacilli; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus.
REFERENCE 1 (bases 1 to 4215606)
...
...
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..4215606
        /organism="Bacillus subtilis subsp. subtilis str. 168"
        /mol_type="genomic DNA"
        /strain="168"
        /sub_species="subtilis"
        /db_xref="taxon:224308"
gene   410..1750
        /gene="dnaA"
        /locus_tag="BSU00010"
CDS    410..1750
        /gene="dnaA"
        /locus_tag="BSU00010"
        /function="16.9: Replicate"
        /experiment="publication(s) with functional evidences,
        PMID:12682299, 16120674, 1779750, 2167836, 2846289"
        /note="Evidence 1a: Function experimentally demonstrated
        in the studied strain; PubMedId: 12682299, 16120674,
        1779750, 2167836, 2846289; Product type f: factor"
        /codon_start=1
        /transl_table=11
        /product="chromosomal replication initiator protein DnaA"
        /protein_id="CAB11777.1"
        /db_xref="GI:2632268"
        /db_xref="GOA:P05648"
        /db_xref="InterPro:IPR001957"
        /db_xref="SubtiList:BG10065"
        /db_xref="UniProtKB/Swiss-Prot:P05648"
...
...
ORIGIN
       1 atcttttcg gctttttta gtatccacag aggttatcga caacatttc acattaccaa
       61 cccctgtgga caaggaaaa tcaacaggtt gtccgcattt tggataagat tgtgacaacc
      121 attgcaagct ctcgtttatt ttggattat atttgtgttt taactcttga ttactaatcc
...
//
```



Feature定義ファイルの構造 (CSV)

Featureの位置

EC番号

Function

Feature	Location	/anticodon=	/blast=	/blast=	/calculated_mc	/classification=	/classification=	/coded_by=	/codon_start=	/culture_collec	/culture_collec	/db_xref=	/EC_number=	/function=	/function=	/function=	/function=	/function=	
Circular Genome																			
CDS	95..2560		AA<COG200:AA<RefSeq[200]		91968	L		COG0188	NC_000964.3:61		1		GI:16077075	ref:NP_387886	5.99.1.3	Type IIA topoisomerase	16.3: Control	16.2: Construct	16.9: Replicate
RBS	83..88																		
CDS	complement(79..7.8894)		AA<COG200:AA<RefSeq[200]		37831				complement(Nr)		1	BGSC:3A27	NRRLB-14823	GI:384173669	ref:YP_005555054.1				
RBS	complement(89..8.8913)																		
CDS	9015..10481		AA<COG200:AA<RefSeq[200]		52584	F		COG0516	NC_006270.3:10		1		GI:52078500	ref:YP_0772911					
RBS	9001..9006																		
rRNA	2911..4461		NA<16S rRNA																
rRNA	4811..7736																		
rRNA	7794..7908																		
tRNA	4564..4640	GAT																	
tRNA	4652..4727	GTC																	

Feature定義ファイルの構造 (annt)

```
entry1 RBS    83..88 note    "identified by MetaGeneAnnotator; putative"
CDS      95..2560 note    "gene_1"
          note    "identified by MetaGeneAnnotator; putative"
          transl_table 11
          translation "MSEQNTPQVREINISQEMRTSFLDYAMSVIVSRALPDVRDGLKPVHRRILYAMNDLGMTSDKPYKKSARIVGEVIGKYH
PHGDSAVYESMVRMAQDFNYRYMLVDGHGNFGSVGDAAAMYRTEARMSKISMEILRDITKDITDQYQDNYDGSEREPVV
MPSRFPNLLVNGAAGIAVGМАТНIPPHQLGEIIDGVLAVENTPДИPELMЕVIPGPDFPTAGQILGRSGIRKAYEGRG
SITIRAKAEIEQTSSGKERIIVTELПQVNKAКLIEKIADLVRDKKIEGITDLRDESRTGMRIVIEIRRДANANVILNN
LYKQTALQTSFGINLLALVDGQPKVLTQKQCLEHYLDHQKVVIIRRТАYELRKAEARAHILEGRLRVALDHLDAVISLIRN
SQTAEIARTGLIEQFSLTEKQQAQAIQDMRLQRLTGLEREKIEEYQSLVKLIAELKDILANEYKVLEIIRELTEIKERF
NДERRTEIVTSGLETIEDELIЕRENIVVTЛTHNGYVKRLPASTYRSQKRGGKVQGMGTNEDDFVEHLISTSTHDILF
FSNKGVYRAKGYEIPЕYGRATAKГIPIINLLEVEKGEWINAIIPVTEFNAELYLFFTTKHGVSKRTSLSQFANIRNNGLI
ALSLREDDELMGVRLTDGTQIIIGTKNGLLIRFPETDVREMГRTAAGVKGITLTDDVVVGMEILEEESHVLIVTEKGY
GKRTPAEEYRTQSRGGKGLKTAKITENNGQLVAVKATKGEEDLMIITASGVLIRMDINDISITGRVTQGVRLIRMаEEEH
VATVALVEKNEEDENEEQEEV"
codon_start      1
function        "Type IIA topoisomerase (DNA gyrase/topo II, topoisomerase IV), A subunit"
db_xref "GI:16077075"
db_xref "ref:NP_387888.1"
note   "DNA gyrase subunit A [Bacillus subtilis subsp. subtilis str. 168]"
db_xref "taxon:224308"
product "DNA gyrase subunit A"
EC_number      "5.99.1.3"
function        "16.3: Control"
function        "16.2: Construct biomass (Anabolism)"
function        "16.9: Replicate"
gene   "gyrA"
note   "negatively supercoils closed circular
double-stranded DNA"
db_xref "GeneID:940002"
note   "DNA gyrase subunit A; Validated"
db_xref "CDD:180128"
note   "DNA Topoisomerase, subtype IIA; domain A';
bacterial DNA topoisomerase IV (C subunit, ParC),
bacterial DNA gyrases (A subunit, GyrA),mammalian DNA
topoisomerases II. DNA topoisomerases are essential
enzymes that regulate the conformational changes in
DNA...; cd00187"
db_xref "CDD:29149"
note   "CAP-like domain"
note   "primary dimer interface [polypeptide binding]"
note   "DNA gyrase C-terminal domain, beta-propeller;
pfam03989"
db_xref "CDD:202843"
rRNA    2911..4461 product "ribosomal RNA-16S"
tRNA    4564..4640 anticodon    "GAT"
```

塩基配列ファイルとFeature定義ファイルから 注釈ファイルを作成

>95..2560
ATGAGTGAACAAAACACCCAAGTCGTAAATAAATCAGTCAGGAATGCGTACGTCTTGGATTATGCAAT
GAGCGTTATCGTGTCCCGTCTTCCGGATGTTCTGACGGTTAAACCGGTTATGACGGATTGTTATGCAATGA
ATGATTAGGCATGACAAGTGACAAGCTTATAAAAATCCCGCGTATCGTTGGAGAATTATCGGGAAATACCCCG
CACGGTATTACGGTATATGAATCCATGGTCAAATGGCTCAGGATTCAACTACCGTTATGCTCGTTGACGGTCA
CGGAAACTT
AGATTCTT
CCTCAAGG
GCTGGGAGA
CAGGGCCTG
ATCACGATC
AGTAAATAA
+
**塩基配列ファイル
(FastAフォーマット)**

**注釈定義ファイル
(CSVフォーマット)**

Feature	Location	/anticodon=	/blast=	/blast=	/calculated_mo	/classification=	/classification=	/coded_by=	/codon_start=
Circular Genome									
CDS	95..2560		AA ◇ COG[200]	AA ◇ RefSeq[20]	91968	L	COG0188	NC_000964.3:6	1
RBS	83..88								
CDS	complement(7947..8894)		AA ◇ COG[200]	AA ◇ RefSeq[20]	37831			complement(Nr)	1
RBS	complement(8908..8913)								
CDS	9015..10481		AA ◇ COG[200]	AA ◇ RefSeq[20]	52584	F	COG0516	NC_006270.3:10	1
RBS	9001..9006								
rRNA	2911..4461		NA ◇ 16S rRNA						
rRNA	4811..7736								
rRNA	7794..7908								
tRNA	4564..4640	GAT							
tRNA	4652..4727	TGC							



DDBJ, EMBL, GenBankファイルを生成できる

b-MiGAP, s-MiGAP, g-MiGAP
ユーザレベルとその違い

b-MiGAP, s-MiGAP, g-MiGAP

 MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver2.14

Logout Help Contact Us

Pipe Line
Pipe Line History
Change User Level
Current Process

Input Pipe Line [Running:4 Waiting:1]

Pipe Line Name:

Upload Filename: 選択されていません
or paste data in box below. ([Sample data](#))

Linear Circular Bacteria Archaea Eukarya *FUNGI*

b-MiGAP, s-MiGAP, g-Migap

MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver1.057

Logout Help Contact Us

Pipe Line Input Pipe Line [Running:2 Waiting:2]

Pipe Line Name:

Upload Filename: 選択されていません

Pipe Line History or pass

Change User Level Current Process Excluded Qualifier

Linear Circular
Run Option... Clear

User defined Option
Search ORF
 Metagene... Glimmer... AUGUSTUS... Save Load
Option... Option... Option...

Search RNA
 tRNAscan... Option... 16S rRNA 20090220... Option...
 18S rRNA 20090221... Option...
 5.8S rRNA 20090222... Option...

ここをクリックすると
パラメータを表示

実行する解析
プログラムを選択

クリックして
オプションを指定

28S rRNA 20090223... Option...
RNAmer... Option...
 A.A. Mapping hk6... Option...
Essential Genes Mapping... Option...
Search IS
 Rfam... Option...
Reference Database
 RefSeq 20110512... TrEMBL 20110531... COG 20030417... KOG 20030417... NR 20110624... Split NR 20110624... eggNOG 20090915... Related Species 20110414...
 Branch1
 Branch2
 Branch3
Feature Map... Option...
Genome Map... Option...
After processing is completed
 the confirmation mail is sent to akr@insilicobiology.co.jp.

b-MiGAP, s-MiGAP, g-MiGAP

MiGAP Microbial Genome Annotation Pipeline ver1.057

Logout Help Contact Us DBCLS_aki (s-MiGAP) 2011/06/27 19:01:56 [View]

Pipe Line User defined Option Run Clear Save
Pipe Line History Change User Level Current Process Excluded Qualifier

Start パイプラインフロー End

解析用ソフトウェア 参照データ 分岐

ORF RNA IS Blast DB Branch

MetaGene2 tRNAscan 5_8S rRNA A.A. Map RefSeq Blast eggNOG Hit?

Glimmer 18S rRNA 28S rRNA Est Map TrEMBL NR Related Hit?

AUGUSTUS 18S rRNA RNAmmer COG Split NR

Genome Map Option... After processing is completed the confirmation mail is sent to akr@insilicobiology.co.jp.

フローデザインに命名しあとで参照する

ソフトウェアやデータ、分岐をドラッグ&ドロップしてフロー設計

The screenshot shows the MiGAP pipeline interface. At the top, there's a navigation bar with links for Logout, Help, Contact Us, and a timestamp. Below the navigation is a 'User defined Option' section with a dropdown menu, a 'Load' button, a text input field, and a 'Save' button. To the right of this is a large blue arrow pointing right, labeled 'パイプラインフロー' (Pipeline Flow). Above this arrow is a red box containing the text 'フローデザインに命名しあとで参照する' (Name the flow design and refer to it later). Below the 'User defined Option' section is a 'Start' node connected by a line to an 'End' node. In the center, there's a grid of software and databases. The '解析用ソフトウェア' (Analysis Software) section includes ORF predictors (MetaGene2, Glimmer, AUGUSTUS), RNA predictors (tRNAscan, 5_8S rRNA, A.A. Map, 18S rRNA, 28S rRNA, Est Map, 18S rRNA, RNAmmer), and an IS predictor (Rfam). The '参照データ' (Reference Data) section includes BLAST databases (Blast, RefSeq, KOG, eggNOG, TrEMBL, NR, Related, COG, Split NR) and a 'Branch' section with two decision diamonds labeled 'Hit?' and 'Hit?'. A large blue arrow points upwards from the bottom right towards the 'Branch' section, with the text 'ソフトウェアやデータ、分岐をドラッグ&ドロップしてフロー設計' (Drag & drop software and data, and branch to design the flow) to its right. The bottom left contains a Creative Commons license logo and a link to the license terms. The bottom right has a copyright notice for 黒川顕 (東工大・地球生命研究所).



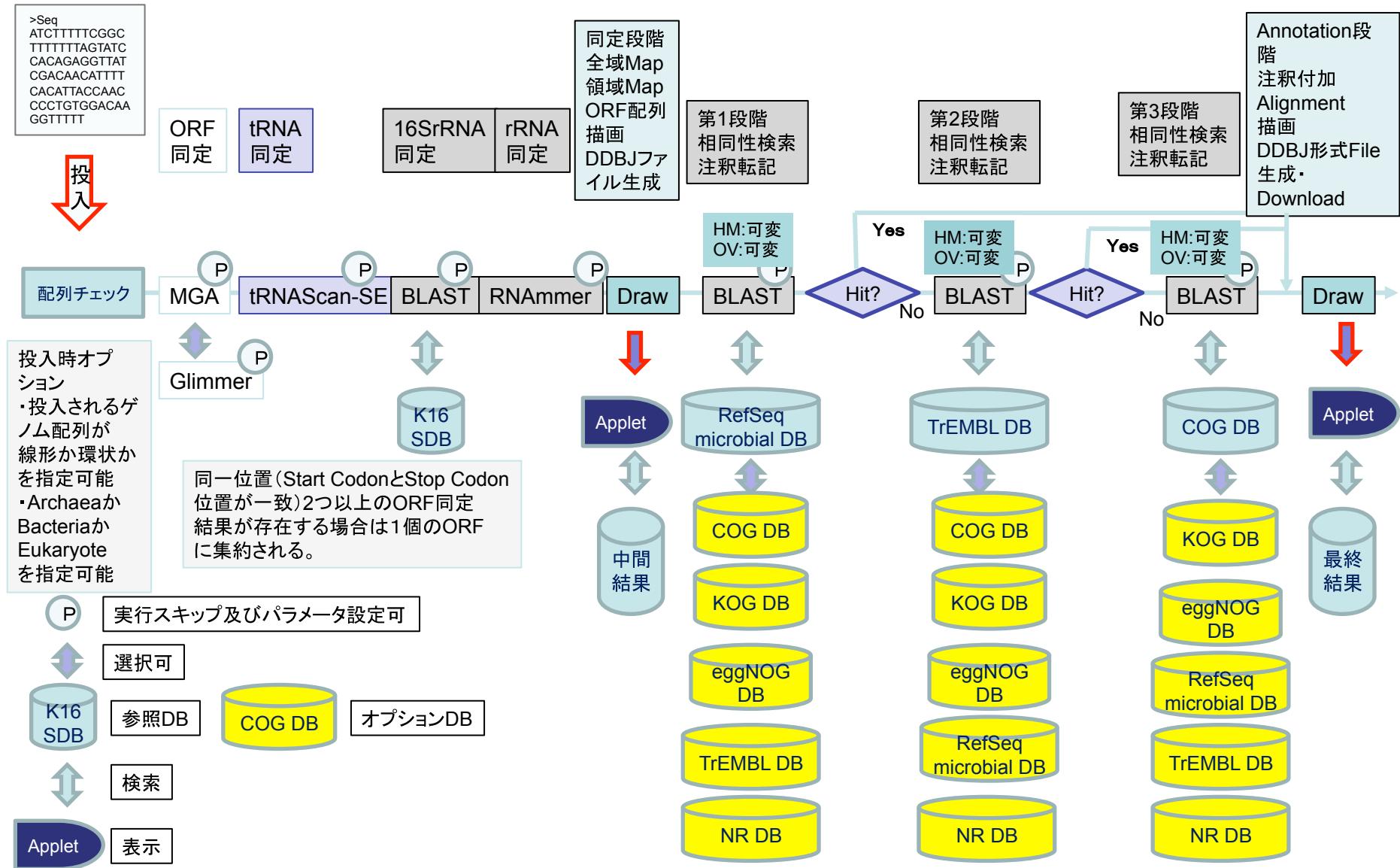
MiGAP is licensed under http://creativecommons.org/licenses/by-sa/2.1/jp/deed.en_US
The author and licensor of the contents is Database Center for Life Science (DBCLS).

パイプラインの構造

s-MiGAP 解析フロー

複数コンティグ
からなる塩基配列を
投入可能

転記されるQualifierの種類は管理者が
設定している。



MiGAPで使用できる解析ソフトウェア

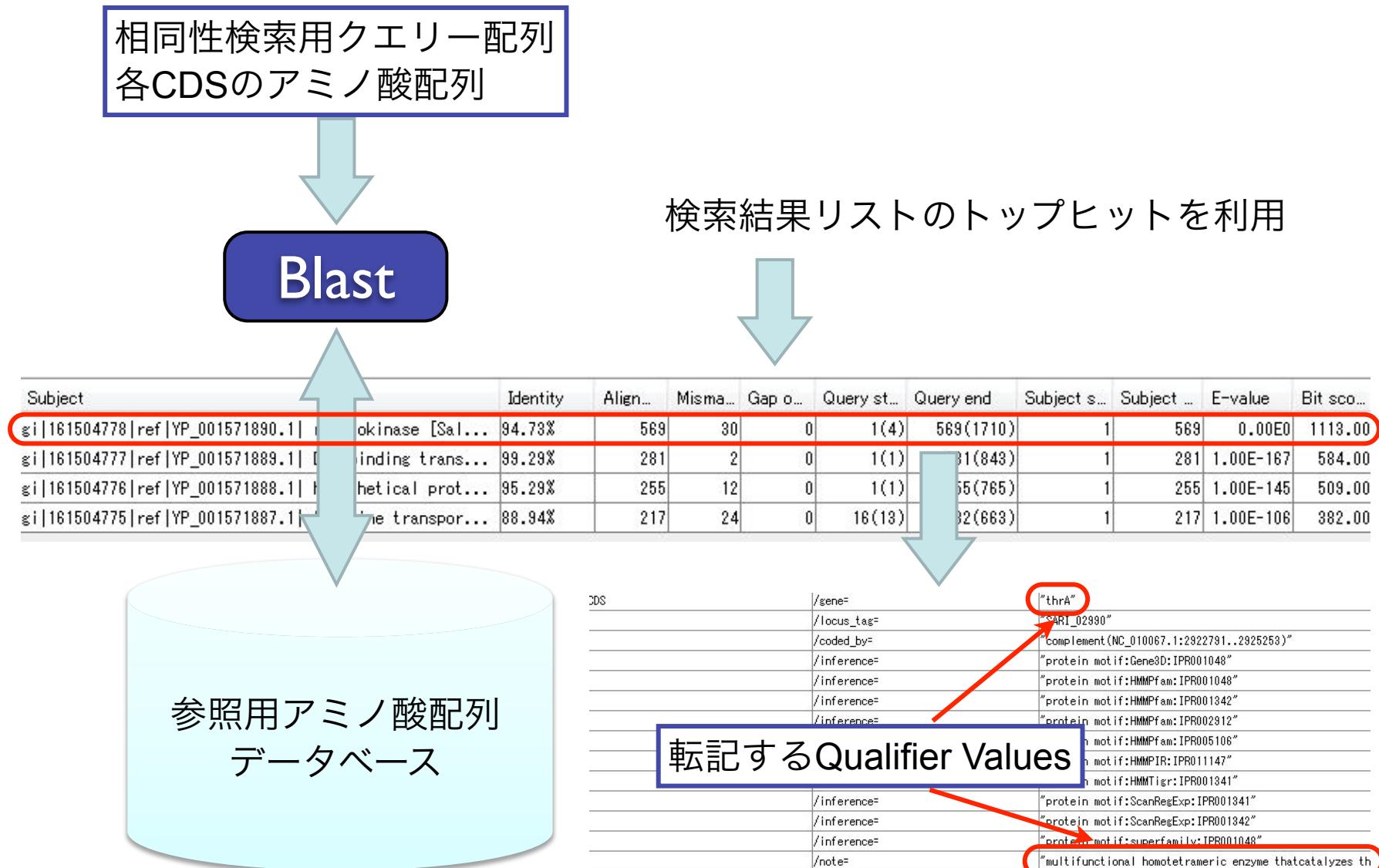
ソフトウェア	機能	対象	備考
MetaGeneAnnotator	CDS予測	原核生物用	
Glimmer	CDS予測	原核生物用	真核用はモデル要
AUGUSTUS	CDS予測	真核生物用	モデル要
tRNAScan-SE	tRNA予測		
RNAmmer	rRNA予測		
NCBI Blast	相同性検索		

MiGAP 参照データベース

RNA用	状況・更新頻度	アミノ酸DB	用途	更新頻度
5S	de novo予測	COG	オーソログ参照	更新なし
16S	相同性予測・不定期	KOG	オーソログ参照	不定期
23S	de novo予測	EGGNOG	オーソログ参照	不定期
5.8S	de novo予測	NRAA	Non Redundant 参照	毎日更新
18S	de novo予測	TrEMBL	Non Redundant 参照	毎日更新
28S	de novo予測	RefSeq	Non Redundant 参照	隔月更新
		RefSeq	近縁種参照	隔月更新
		RefSeq	Mappingによる 真核生物のCDS同定用	隔月更新

アノテーションの自動付加

Featureの生成とQualifiersの転記



Pipe Line	Change User Level
Pipe Line	<input type="radio"/> b-MiGAP
History	<input checked="" type="radio"/> s-MiGAP
Change	<input type="radio"/> g-MiGAP
User Level	<input type="button" value="Set"/>
Current	
Process	
Excluded	
Qualifier	

s-MiGAPの機能と操作

s-MiGAP用実行パラメータ設定 (利用者が設定できる)

User defined Option

 Load Save

Search ORF

Metagene Option...

Glimmer Option...

AUGUSTUS Option...

Search RNA

tRNAscan Option...

16S rRNA 20090220 Option...

18S rRNA 20090221 Option...

5_8S rRNA 20090222 Option...

28S rRNA 20090223 Option...

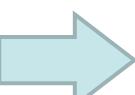
RNAmmer Option...

A.A. Mapping hk6 Option...

Esseintial Genes Mapping Option...

Linear Circular

Run Option... Clear



Search IS

Rfam Option...

Reference Database Option...

<input type="checkbox"/> 1st <input type="button"/> Option...	<input checked="" type="radio"/> RefSeq 20110512	<input checked="" type="radio"/> TrEMBL 20110531	<input checked="" type="radio"/> COG 20030417	<input checked="" type="radio"/> KOG 20030417	<input checked="" type="radio"/> NR 20110624	<input checked="" type="radio"/> Split NR 20110624	<input checked="" type="radio"/> eggNOG 20090915	<input checked="" type="radio"/> Related Species 20110414
<input type="checkbox"/> Branch1								
<input type="checkbox"/> 2nd <input type="button"/> Option...	<input checked="" type="radio"/> RefSeq 20110512	<input checked="" type="radio"/> TrEMBL 20110531	<input checked="" type="radio"/> COG 20030417	<input checked="" type="radio"/> KOG 20030417	<input checked="" type="radio"/> NR 20110624	<input checked="" type="radio"/> Split NR 20110624	<input checked="" type="radio"/> eggNOG 20090915	<input checked="" type="radio"/> Related Species 20110414
<input type="checkbox"/> Branch2								
<input type="checkbox"/> 3rd <input type="button"/> Option...	<input checked="" type="radio"/> RefSeq 20110512	<input checked="" type="radio"/> TrEMBL 20110531	<input checked="" type="radio"/> COG 20030417	<input checked="" type="radio"/> KOG 20030417	<input checked="" type="radio"/> NR 20110624	<input checked="" type="radio"/> Split NR 20110624	<input checked="" type="radio"/> eggNOG 20090915	<input checked="" type="radio"/> Related Species 20110414

Feature Map Option...

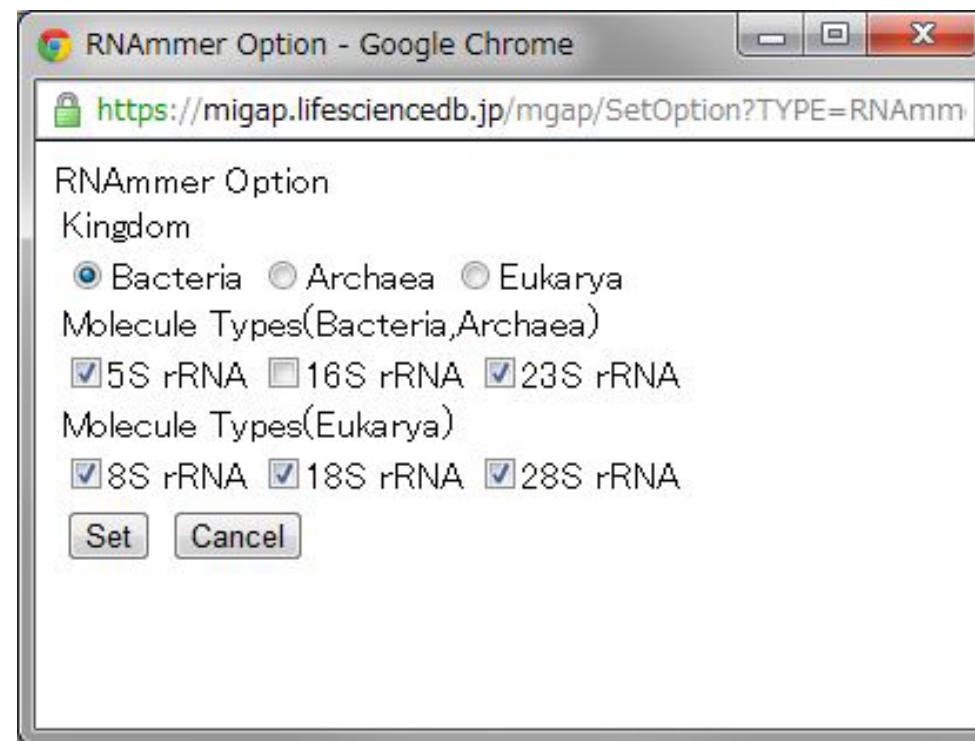
Genome Map Option...

After processing is completed

the confirmation mail is sent to .

RNAmerのパラメータ変更

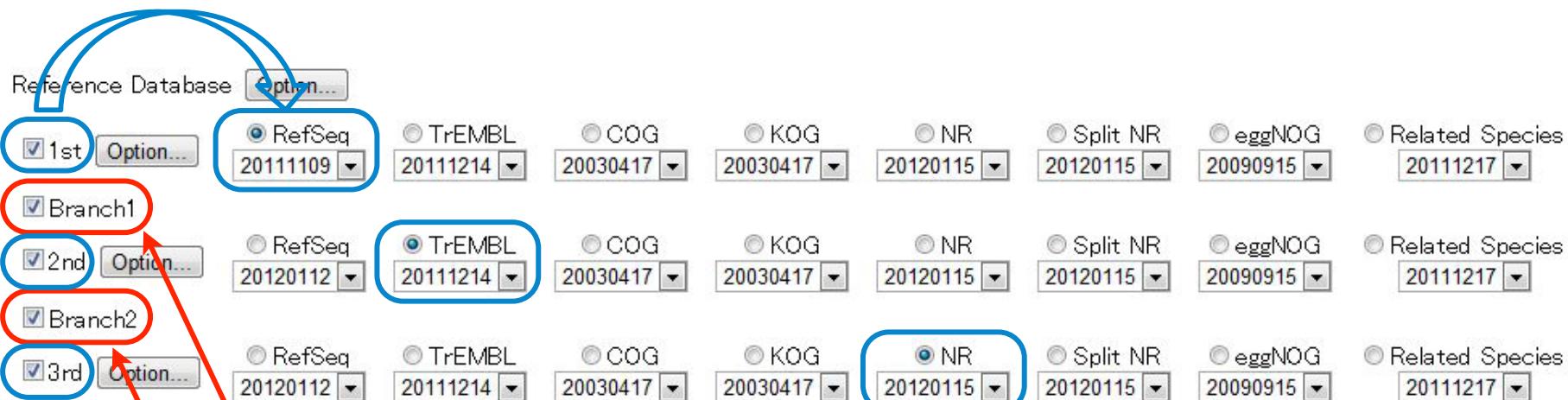
チェックしたrRNAを予測



参照データベースの選択と分岐設定

参照データベースの選択：

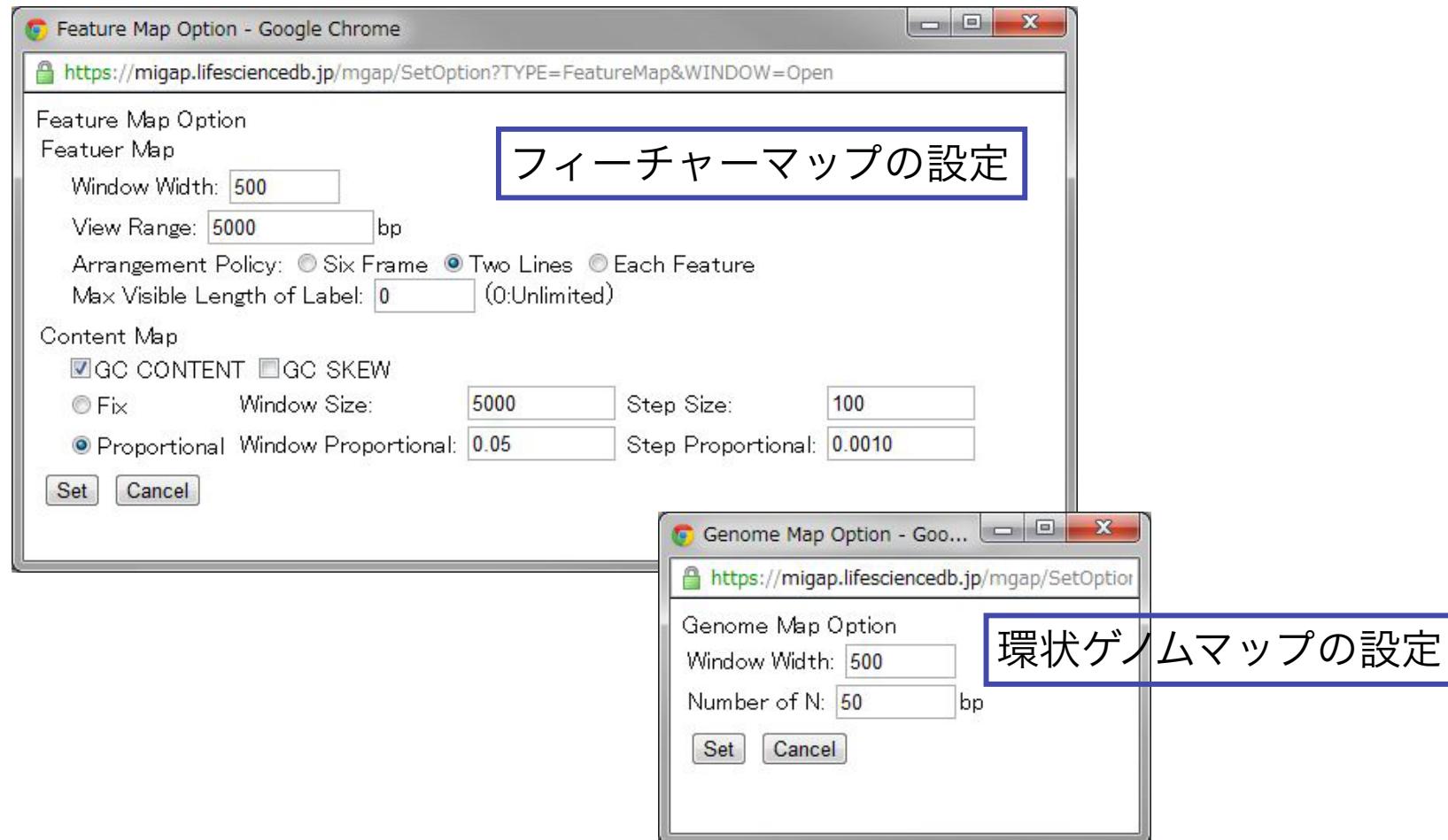
実行する段階をチェックし、その段階で参照するデータベースを選択する
データベースのリリース日を選択可能



分岐の設定：

チェックすると前段階でヒットしたクエリーは次段階以降では検索しないため、
実効速度が速くなる

フィーチャーマップと環状ゲノムマップのカスタマイズ



rRNAデータベースの選択

Search RNA

tRNAscan [Option...](#)

16S rRNA 20090220 [Option...](#)

18S rRNA 20090221 [Option...](#)

5_8S rRNA 20090222 [Option...](#)

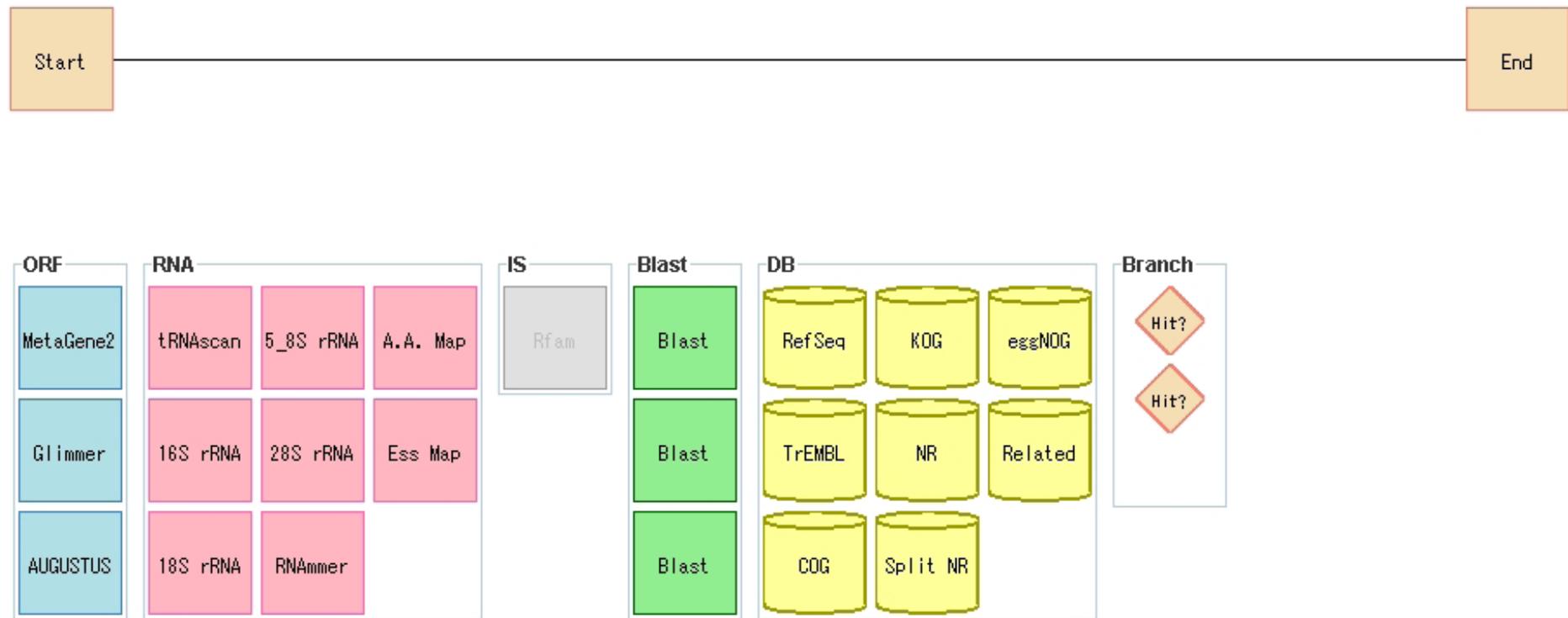
28S rRNA 20090223 [Option...](#)

RNAmmer [Option...](#)

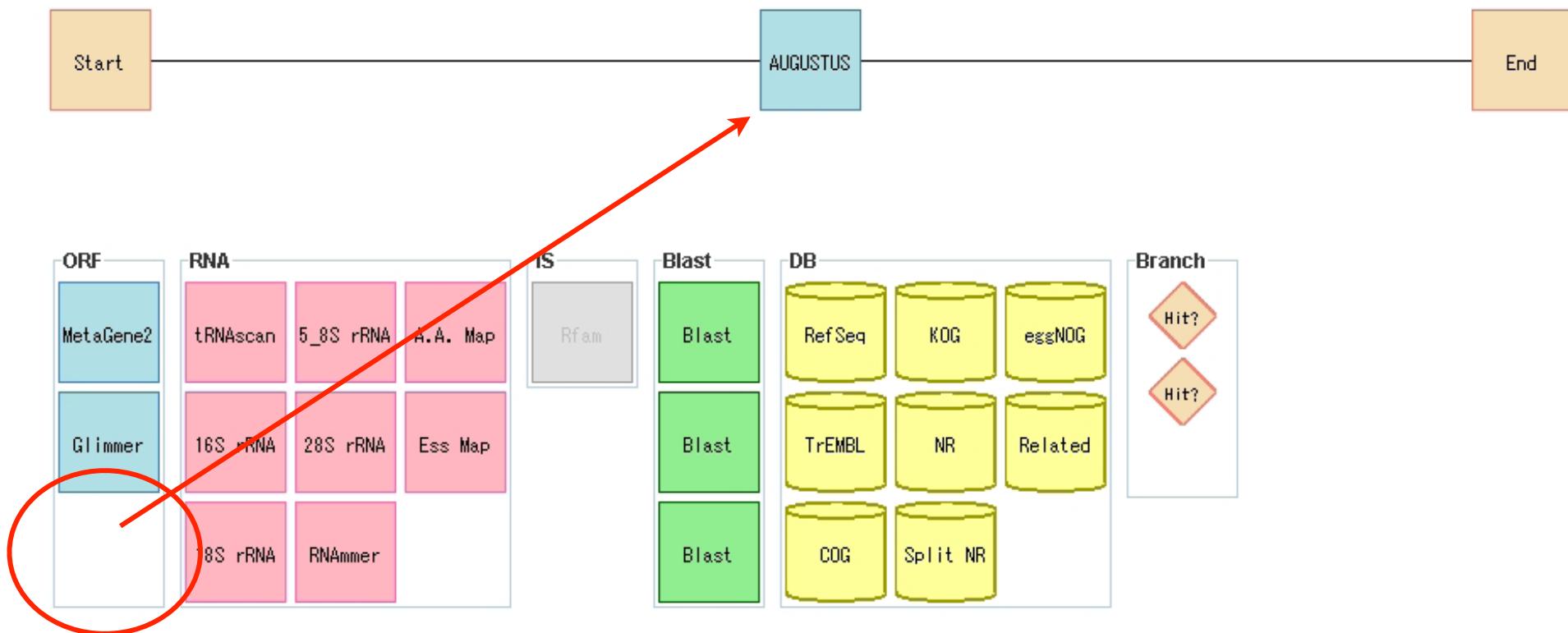
- ・利用者がパイプラウンを自由に設計できる
- ・設計されたフローデザインは名前をつけて保存できる

g-MiGAPフローエディタの操作

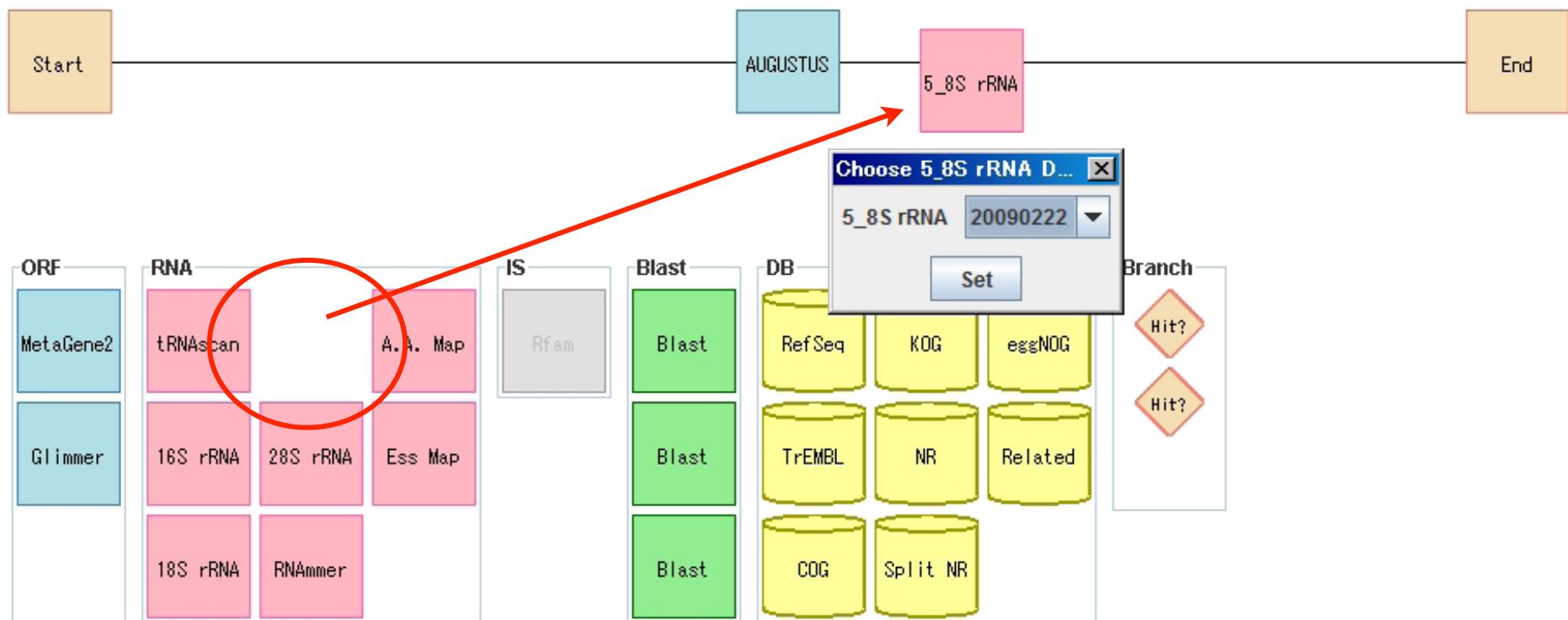
何も登録されていない初期フロー



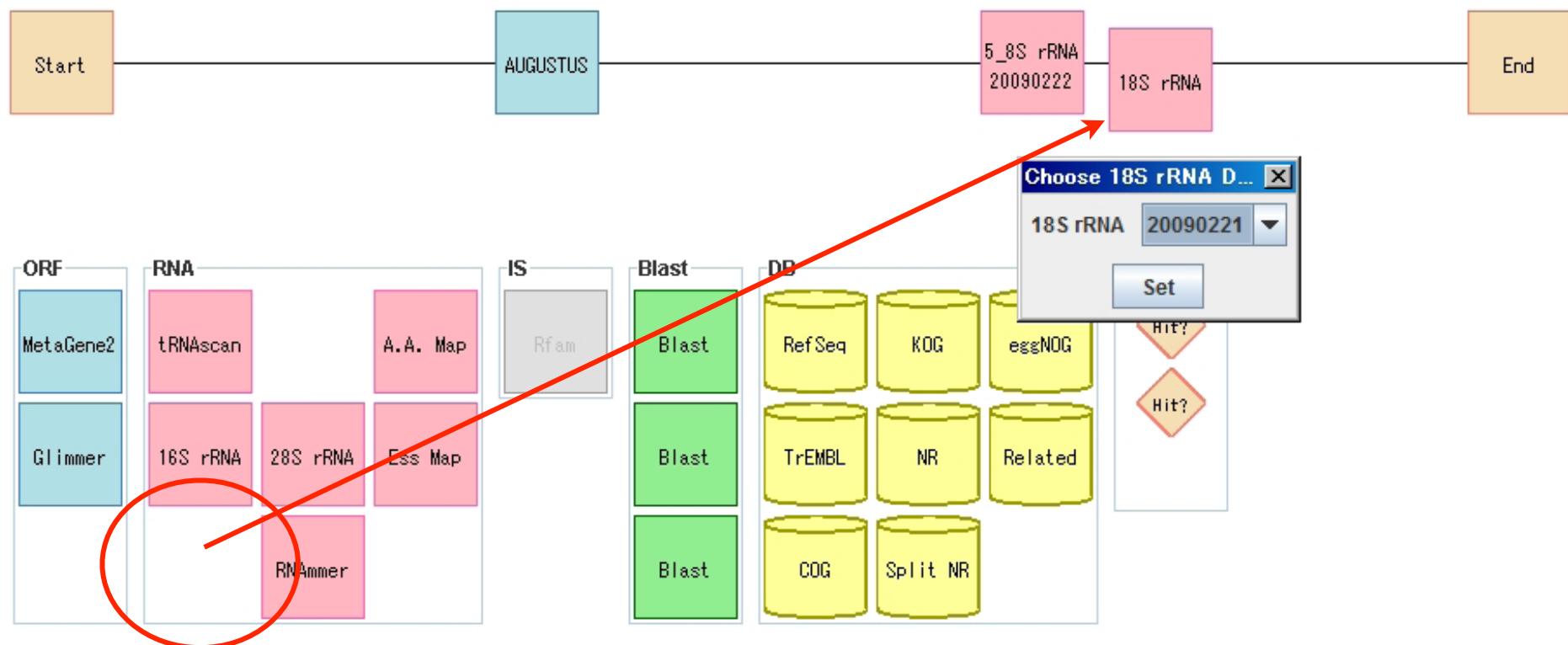
AUGUSTUSをドラッグアンドドロップ登録



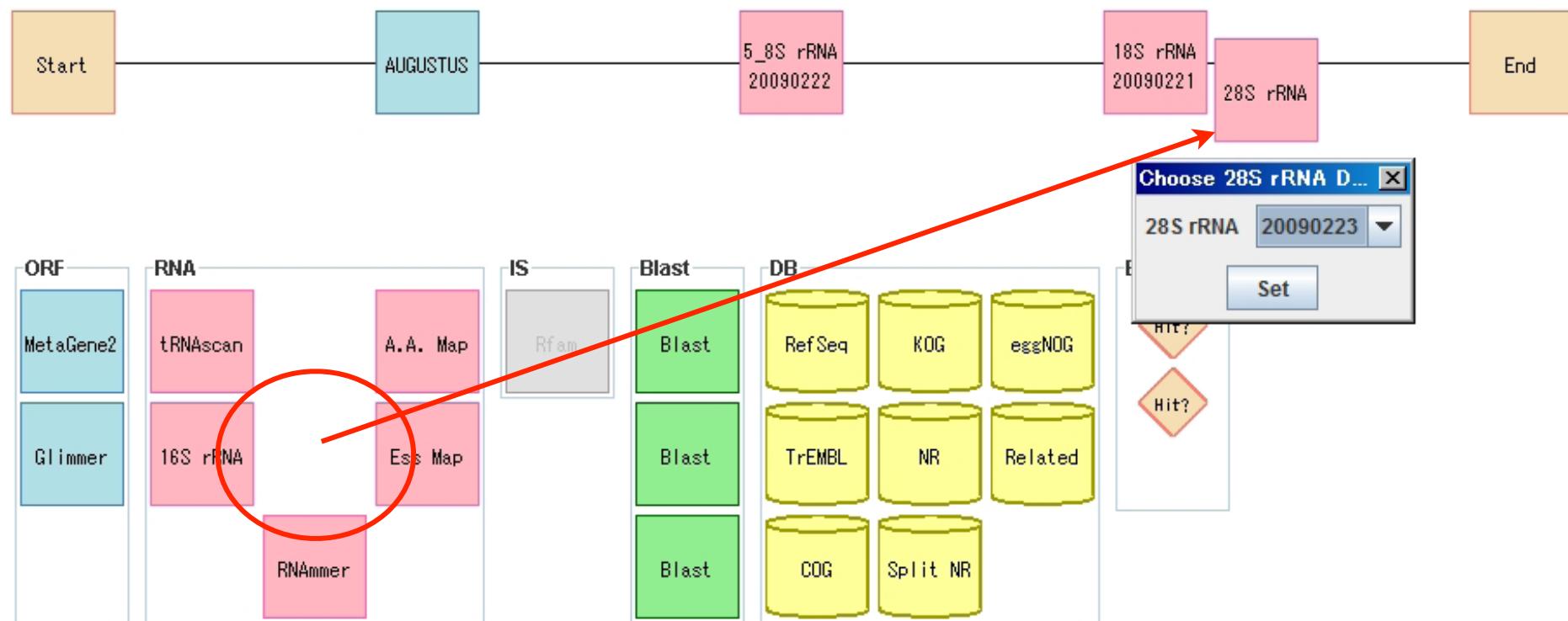
5.8SrRNAデータベースを登録、日付指定



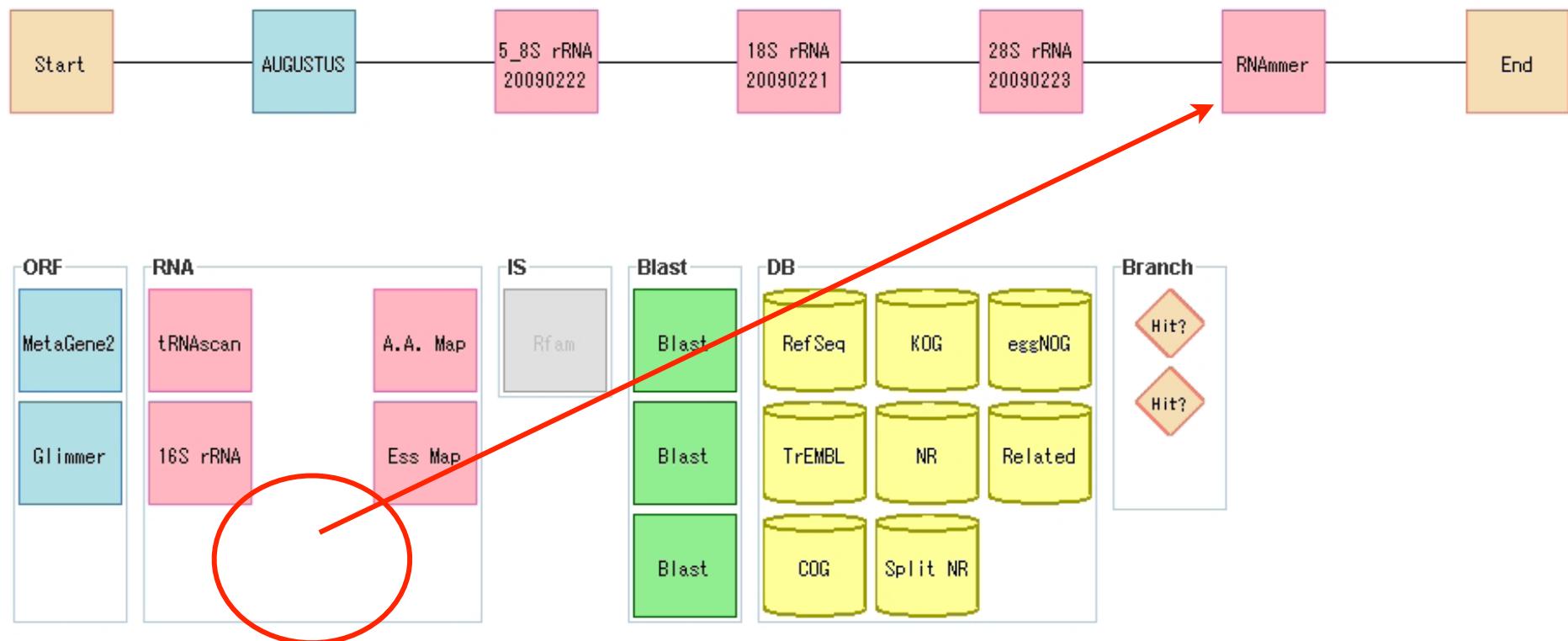
18SrRNAデータベースを登録、日付指定



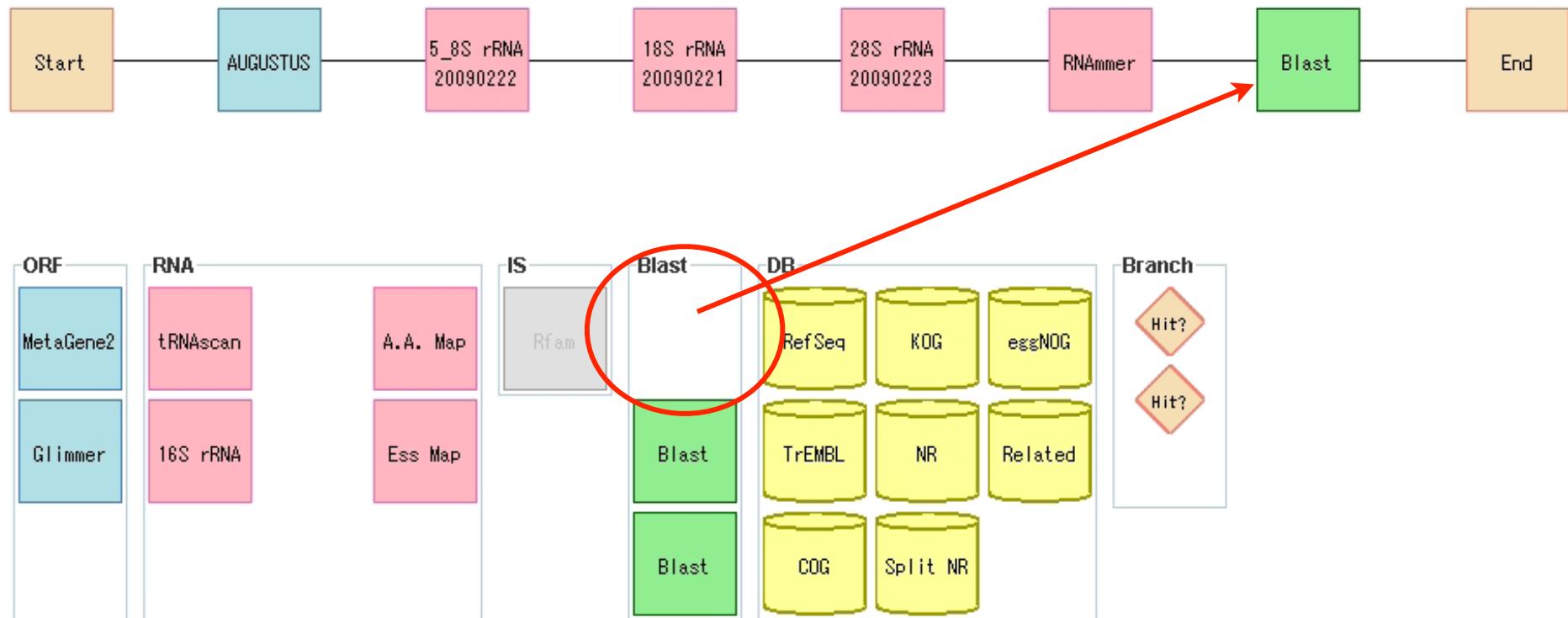
28SrRNAデータベースを登録、日付指定



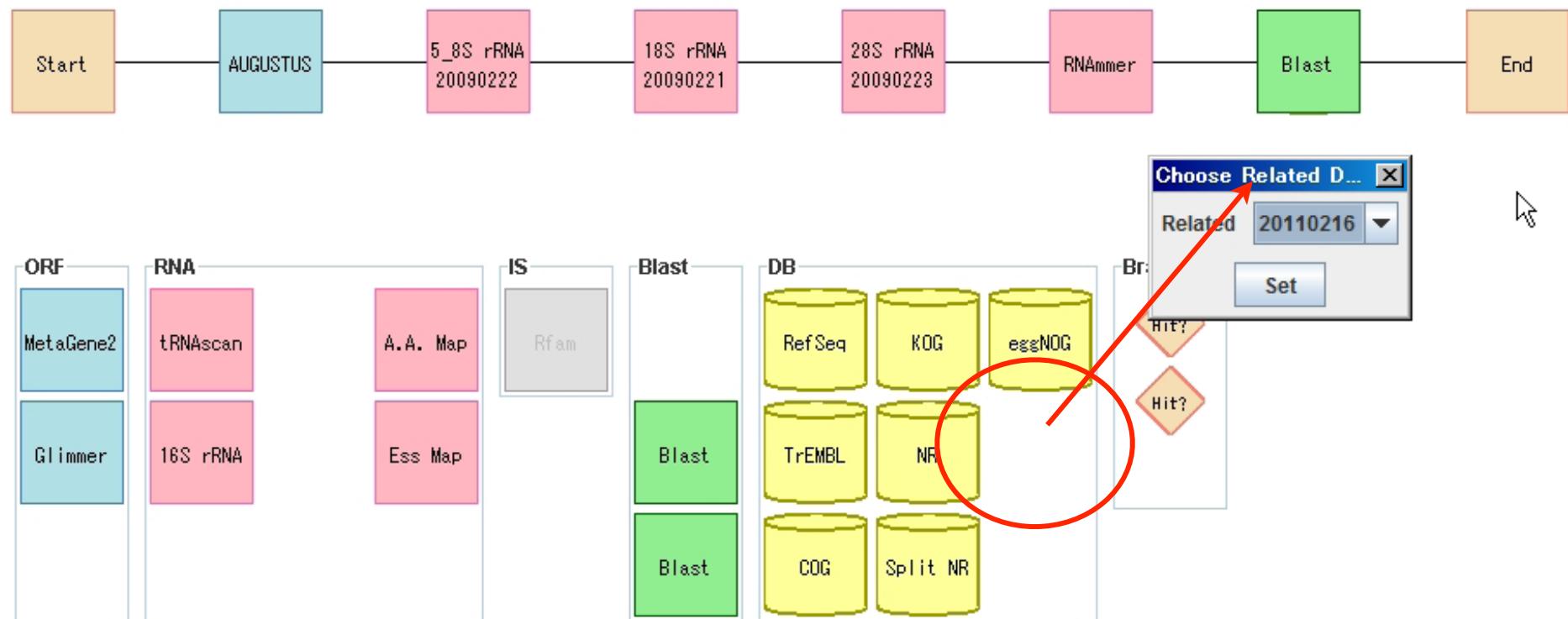
RNAmerを登録（オプション）



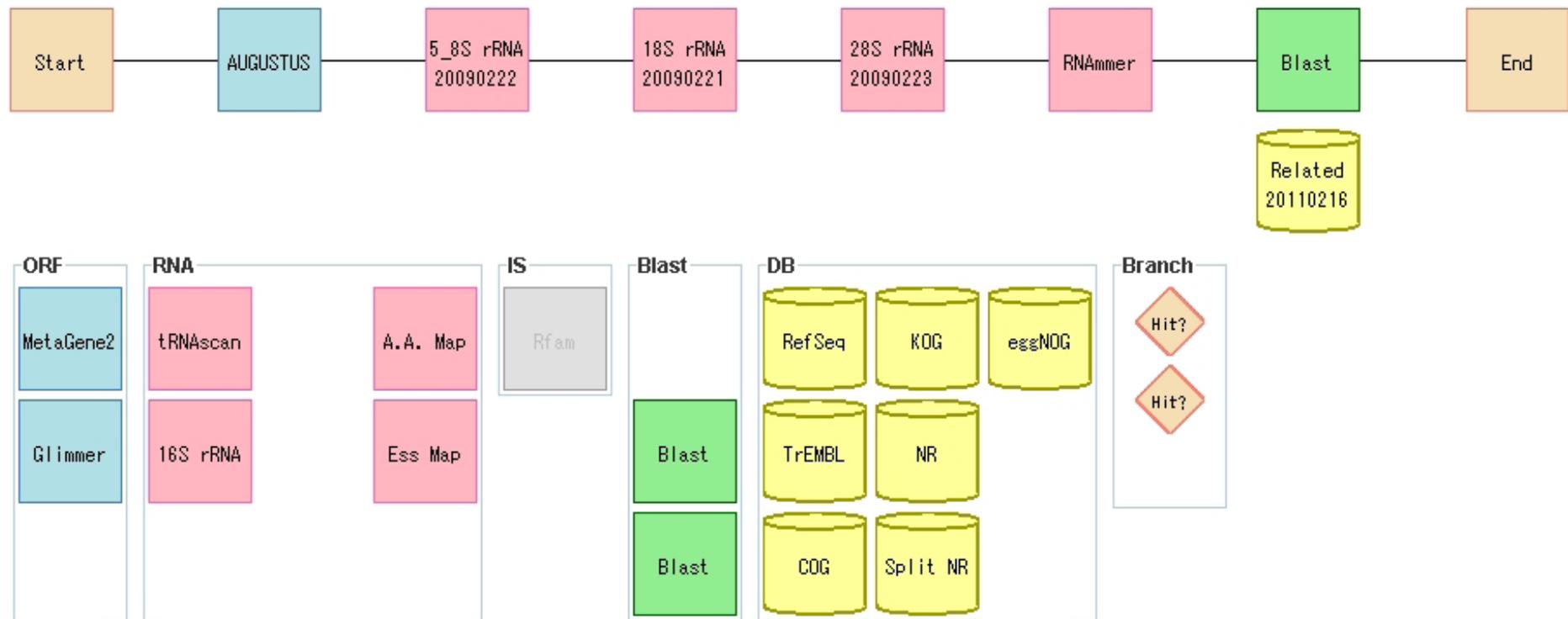
第1段階Blastを登録



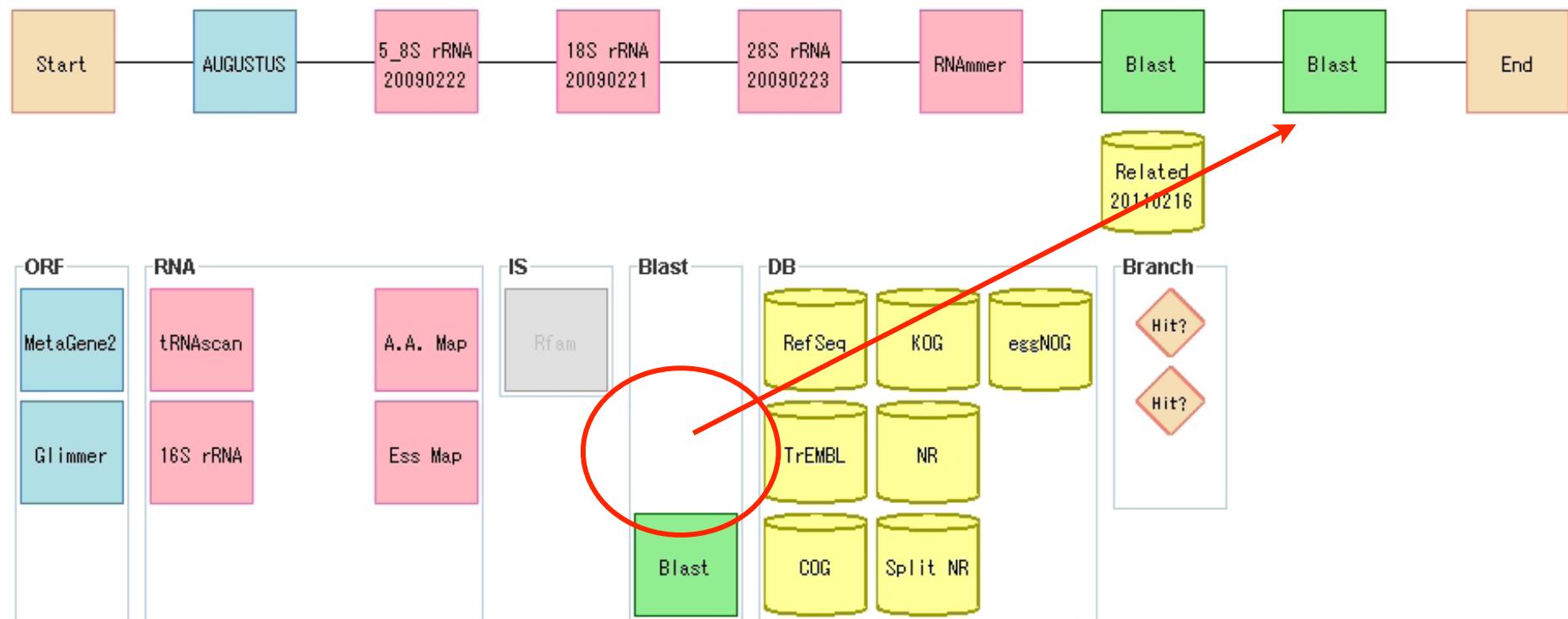
参照するデータベースを登録、日付指定



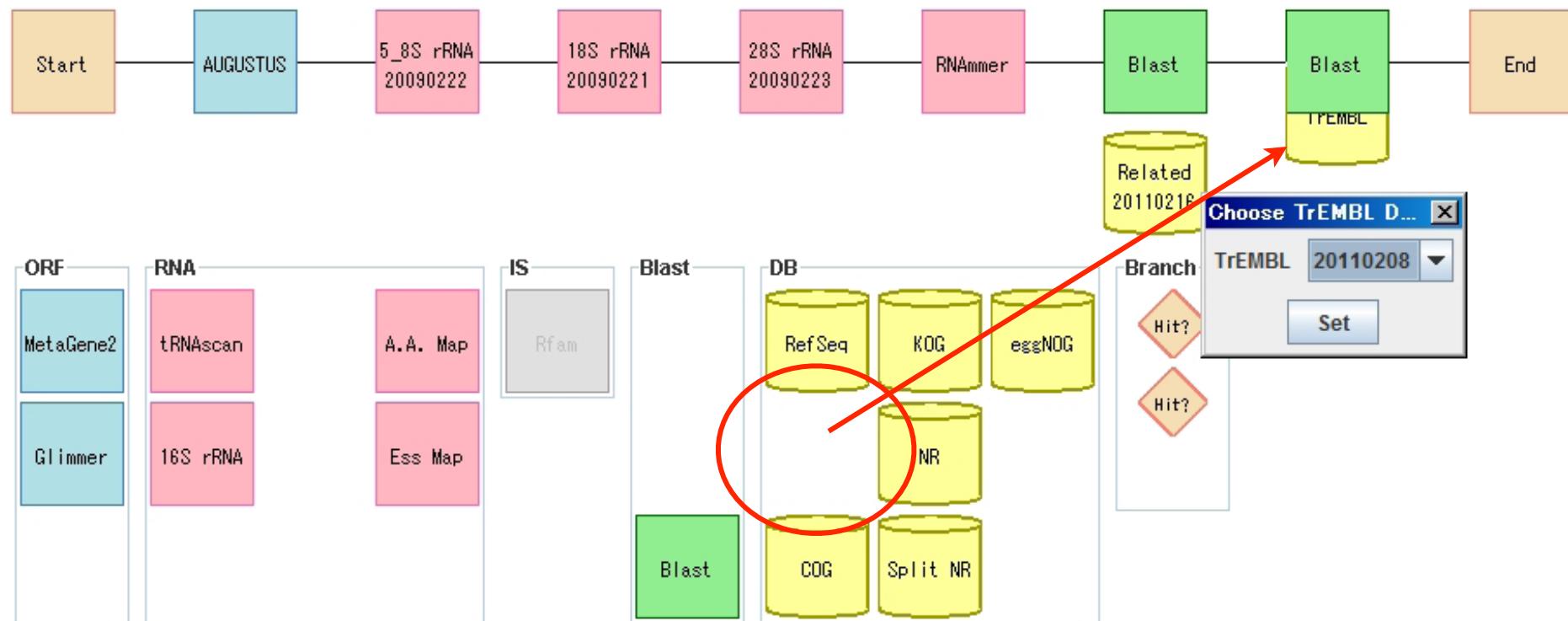
第1段階Blast登録完了



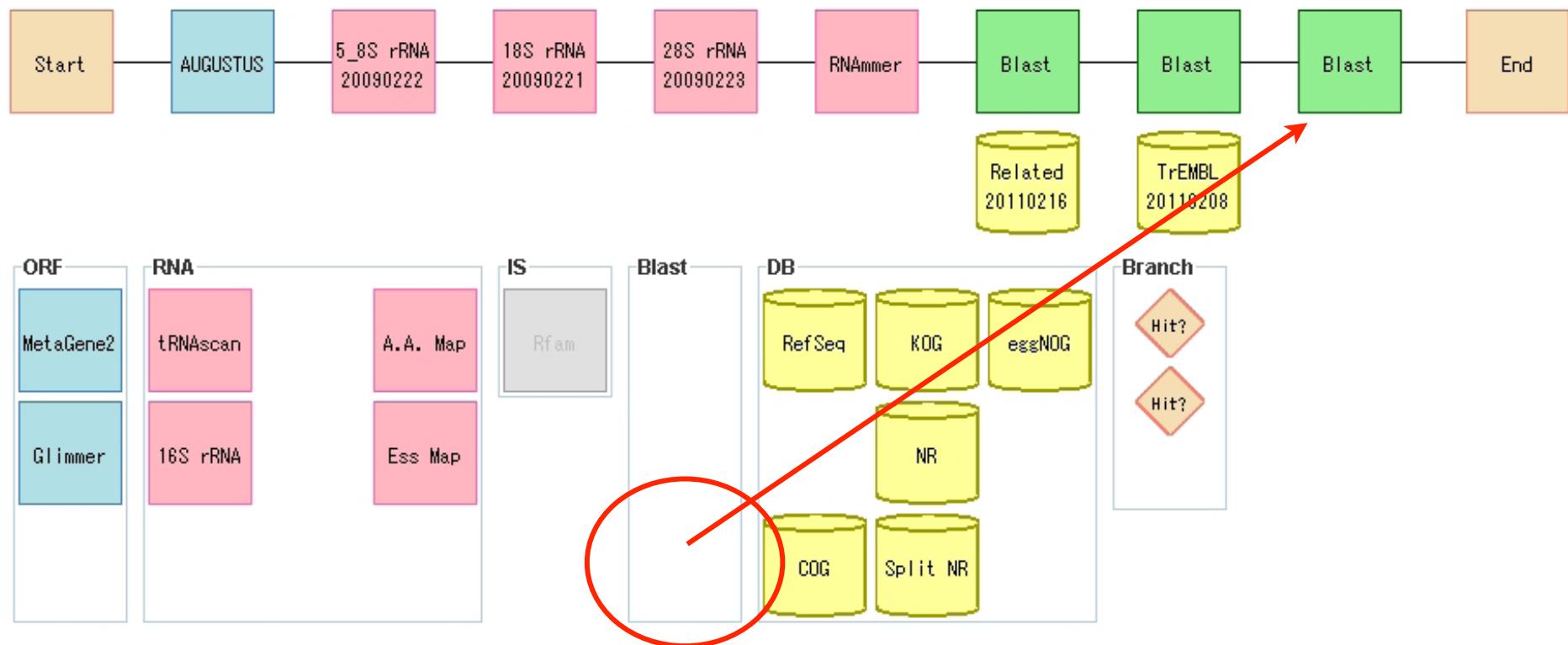
第2段階Blastをドラッグアンドドロップ登録



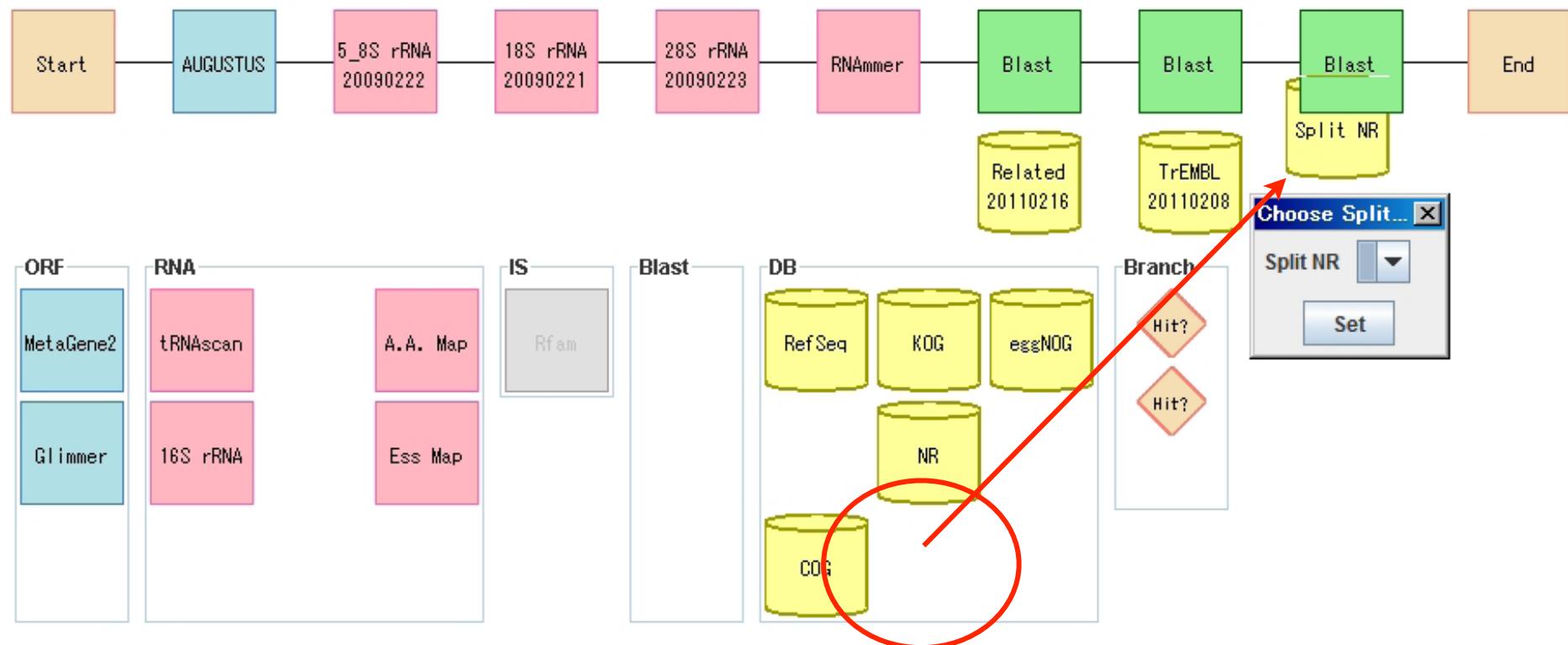
第2段階Blastの参照データベース登録、日付指定



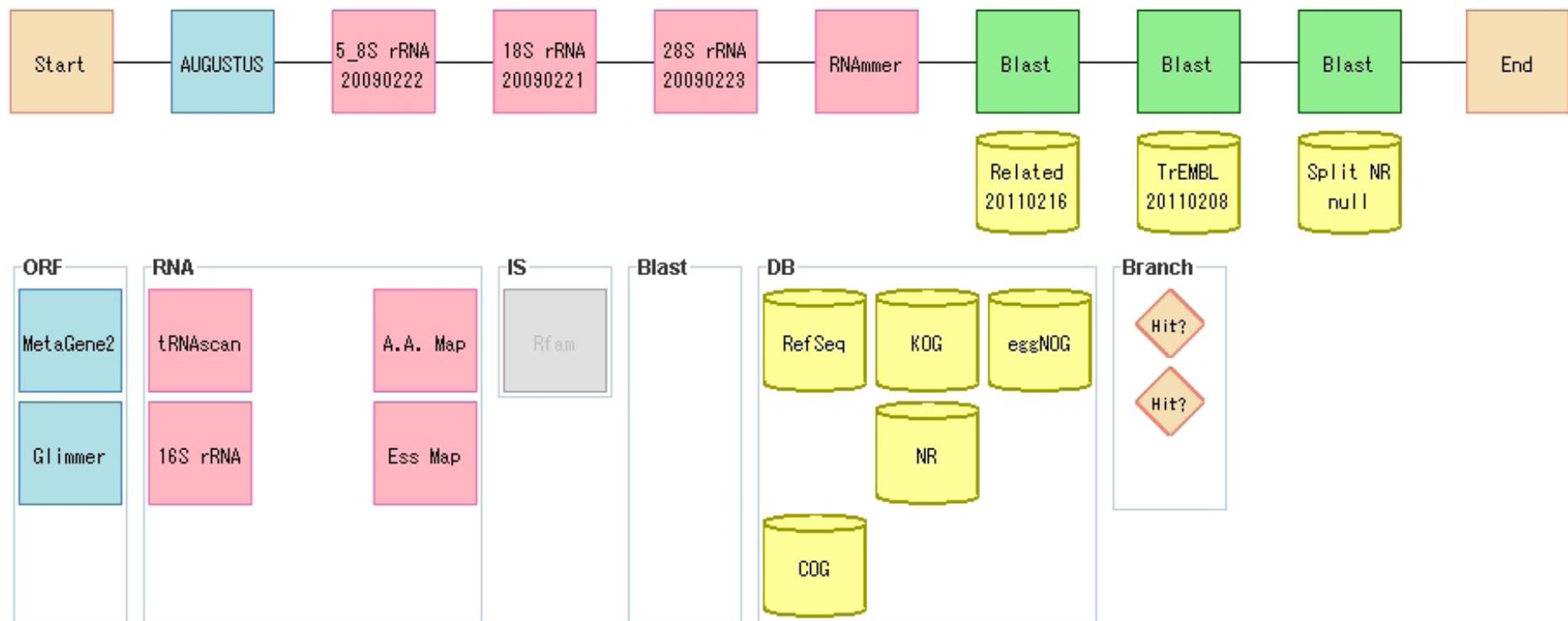
第3段階Blastの登録



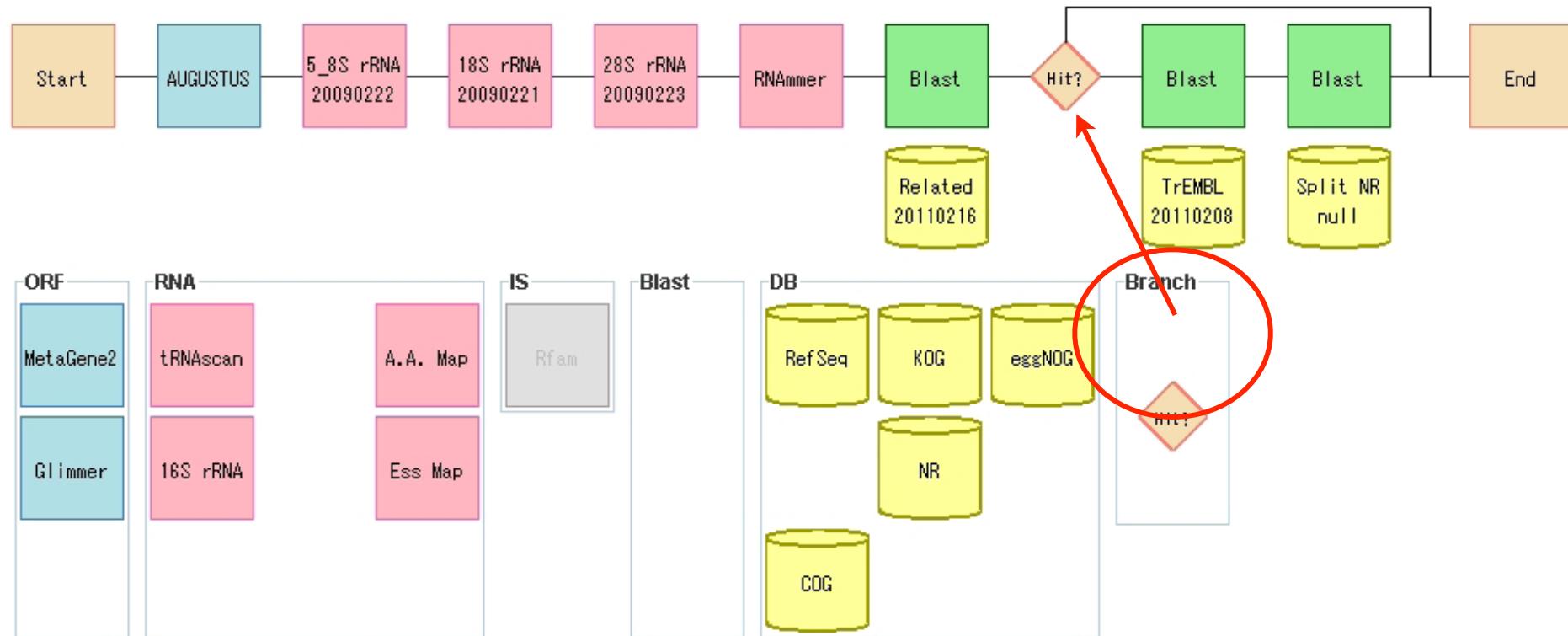
第3段階Blastの参照データベース登録、日付指定



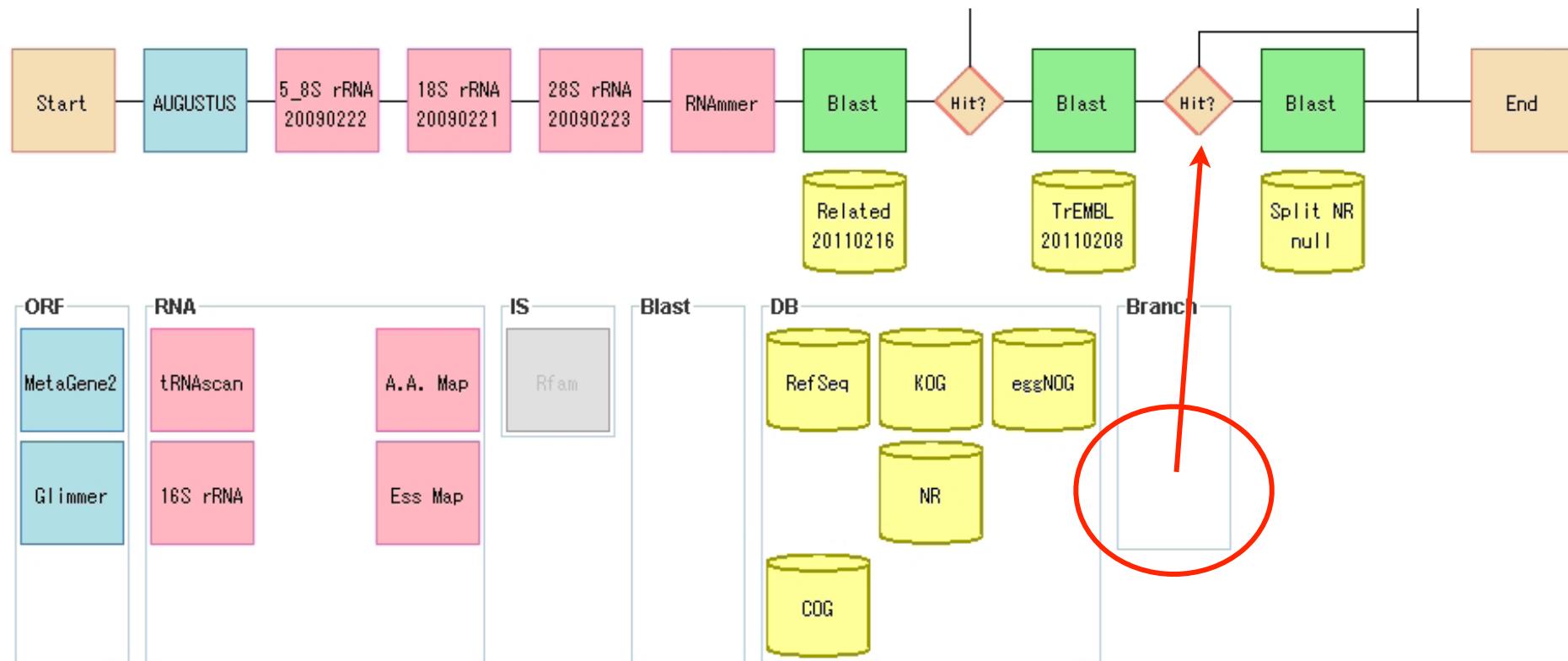
第3段階Blastの登録完了



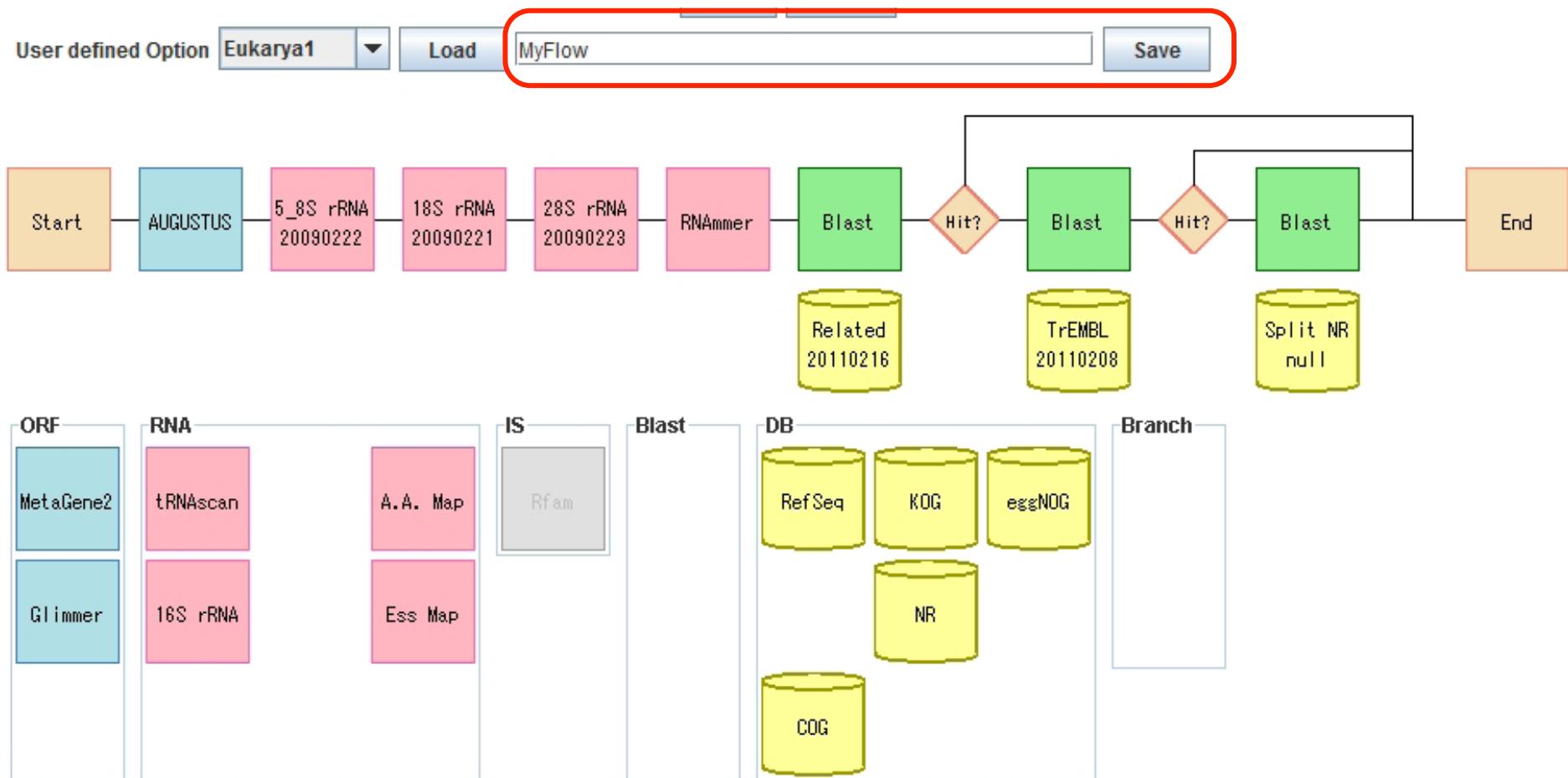
第1段階Blast終了時点での分岐登録



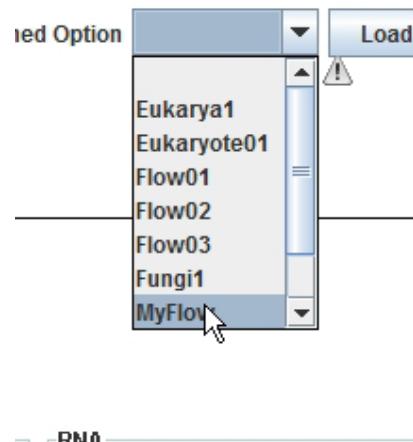
第2段階Blast終了時点での分岐登録



設計したフローへの名称登録



登録されたフローを呼び出す



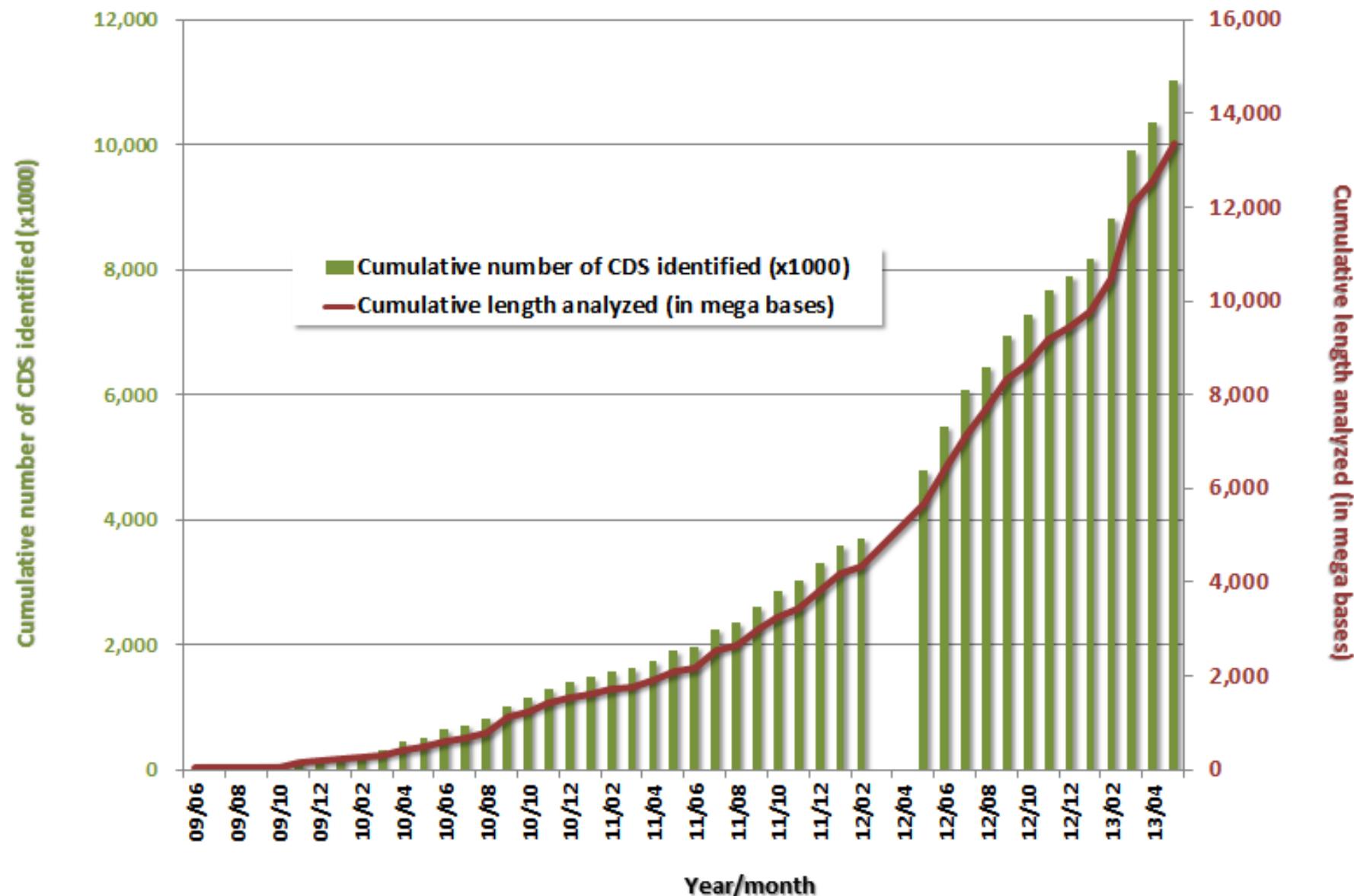
限られたリソース上での運用のため、制限があります
運用について

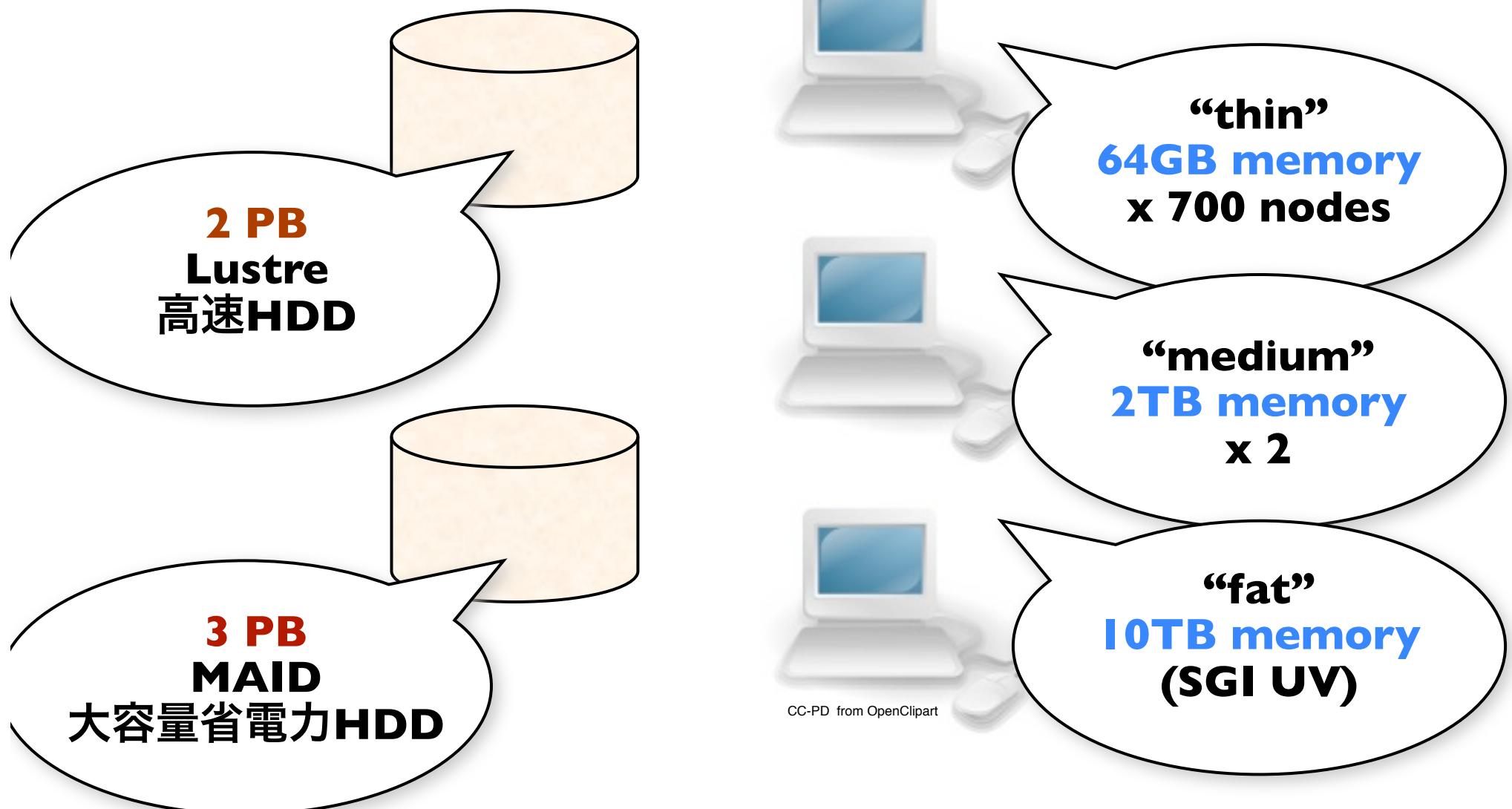
運用上の制限

1. 1つのジョブで投入できるコンティグ数は10,000個まで
2. 同時に実行されるジョブは1個。他のジョブは待ち行列をつくる
3. ジョブの優先度は同一で、追い抜きはできない
4. 投入されたジョブの総塩基数によって、次のジョブを投入できるまでの時間が異なる
 - ・短い配列のジョブは短いインターバルで投入可能
 - ・長い配列のジョブは長いインターバルが必要

お願い

NRやTrEMBLを参照データベースとする場合は、検索時間がかかります。
上記2種を連続して指定する場合は、分岐を設定するようにしてください。
分岐を指定すると、直前の参照データベースでヒットした場合は次の参照
データベースへの検索をスキップします





まとめ

- MiGAPとは?
 - ✓ 微生物ゲノムアノテーションパイプライン
- 投入できる塩基配列データと最終結果
 - ✓ ゲノム塩基配列を投入し、アノテーションが付いた結果を得る
- MiGAPの基本操作
 - ✓ 設定するパラメータはほとんどない
- アノテーションと注釈付塩基配列ファイル
- ユーザレベルとその違い
 - ✓ b-MiGAP, s-MiGAP, g-MiGAP
- パイプラインの構造
- アノテーションの自動付加
- s-MiGAPの機能と操作
- g-MiGAPフローエディターの操作方法
- 運用について

参考資料

- 統合TV

- ✓ 微生物ゲノムアノテーションツールMiGAP

- ▶ 開発者である黒川先生による講習会の動画
 - <http://youtu.be/ujxI6LJlbUE>
 - <http://tогotv.dbcls.jp/20131024.html>

- ✓ MiGAPの使い方～導入と基本操作

- ▶ 動画による解説
 - <http://youtu.be/oXAEZgoc5Eo>
 - <http://tогotv.dbcls.jp/20100624.html>

お知らせ

- 11/7～11/12まで、遺伝研の法定点検のためスパコンが止まり、MiGAPが使えなくなりますのでご注意ください