

Bioinformatics Lab.

NCBI에서 Sequin 다운받아 인스톨하기

1. go to <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Ftp/>

2. Sequin 찾아 클릭

3. sequin.win.exe 클릭하면 프로그램 다운.

또는 Plant Systematics Lab web site에서 다운.

(수업에서는 같은 version의 프로그램의 사용을 위해서 Plant Systematics Lab web site에서만 다운할 것)

SEQUIN을 이용한 *Amborella*의 *PISTILLATA* 유전자의 mRNA (cDNA)

서열 결정 후 sequence submission

1. Sequence file의 준비

FASTA form 으로 single sequence를 txt file로 준비

>AmPI-mRNA

ATGGGGAGGGGGAAGATTGAGATAAAGCGGATAGAGAACTCGGCGAACAGGCAGGTGACTTATTCGAAGA

GGAAGAGCGGAATACTGAAGAAGGCCAAGGAGATTTCGGTTCTATGCGAT ...

2. Open SEQUIN

3. Start new submission

4. Tentative title for manuscript

"2012 Bioinformatics practice" 이 단계에서 "Release Date" 조절가능

5. contact 입력

6. Authors 입력

consortium: "Amborella Genome Project" 등

7. affiliation 입력

8. click "next form"

9. check "single sequence", "FASTA", "original submission" and click "next form"

10. click "import Nucleotide FASTA" and input file name

이 상태에서 "Add/Modify Sequence"를 이용하여 edit도 가능

11. click "Specify Molecule" and select "mRNA[cDNA]"

12. click "Specify Topology" and select 'Linear"

13. click "Next Page"

14. click "Add Organisms, Locations, and Genetic Codes"

15. Organism: "Amborella trichopoda", Location: genomic, Genetic code: standard.

16. click "Accept"

17. click "Next Page"

18. check "CDS", Protein Name: "Amborella trichopoda PISTILLATA", Gene Symbol: "AmPI"

19. click "next form"

20. double click "Locus" area

21. Completeness: complete, Strand: single "Accept"

Bioinformatics Lab.

22. double click "Accession" area

이곳에서 여러 가지 다른 sequence 정보 입력 가능. 여기서는 통과.

23. double click "Source" area

24. click "Location", Origin of Sequence: Natural

25. click "Lineage", input the following taxonomic information then "Accept"

Eukaryota: Viridiplantae: Streptophyta: Embryophyta: Tracheophyta: Spermatophyta:
Magnoliophyta: basal Magnoliophyta: Amborellales: Amborellaceae: Amborella

25. click "Done" --> 파일이름 입력

26. AmPl.sqn 파일의 생성됨. e-mail로 이 파일을 NCBI로 보내면 됨.

gb-sub@ncbi.nlm.nih.gov

Multiple Sequence의 submission

1. Start new submission

2. File --> import submitter info --> 이전에 저장한 파일에서 불러옴

3. 위와 동일

4. Sequence format에서 check "phylogenetic study"

5. Import Nucleotide FASTA --> 여러 sequence가 저장된 FASTA file 불러옴

6. 위와 동일하나 sequence의 정보 각각 입력

Assignment 3

웹사이트의 SEQUIN DATA에서 제공된 2개의 시퀀스를 multiple

sequence submission을 위해 SEQUIN file을 만들어

adanson2000@gmail.com 을 GenBank라고 생각하고 sequence를
submission 할 것.

금요일 까지!!! 그래야 검토하고 다음주 월요일에 결과를 알려줄 수
있음.