

2. ANOTACE MITOCHONDRIÁLNÍHO GENOMU KONĚ A OSLA

Cíl úlohy

Proveďte anotaci (identifikaci genů) v části mitochondriálního genomu získaného u třech zástupců rodu *Equus*. Získané výsledky anotace porovnejte s výsledky uvedenými v mezinárodní bioinformatické databázi NCBI. Pokud budou v sekvenci identifikovány geny kódující tRNA, vyhodnoťte strukturu transkribované tRNA. Pokud bude v sekvenci identifikován gen pro *nad2*, stanovte jeho nukleotidovou sekvenci. Určete rovněž aminokyselinovou sekvenci enzymu *nad2*, který je tímto genem kódován. Graficky vyhodnoťte polohu genu *nad2* v mitochondriálním genomu včetně genů nacházejících se v jeho okolí. Stanovte rovněž ortology genu *nad2* studovaných zástupců rodu, které se nacházejí u dalších savčích rodů. Vyhodnoťte jejich podobnost s hodnocenými druhy rodu *Equus*.

Řešení úlohy bude demonstrováno u druhu *Equus asinus somalicus*. Své znalosti a dovednosti si vyzkoušejte následně u druhů *Equus caballus* a *Equus hemionus*.

Vstupní data

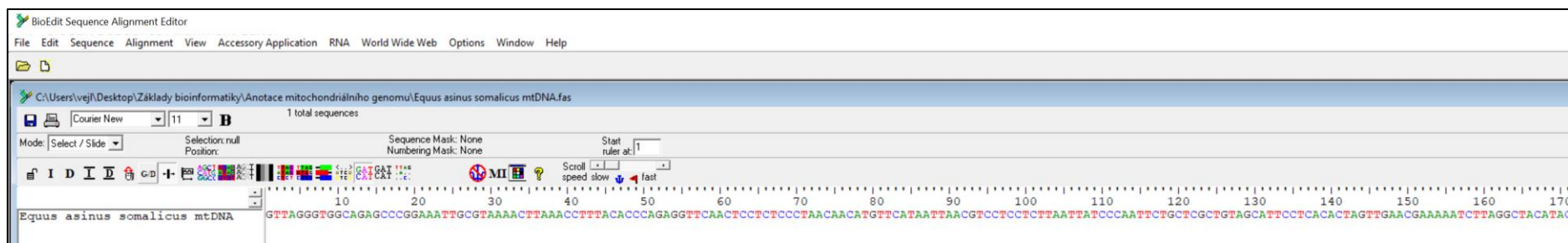
- Sekvence ve formátu FASTA, které jsou přiloženy k této úloze. Sekvence představují vlákna s orientací 5'-3'.

Potřebné bioinformatické nástroje

- BioEdit 7.2 (<https://bioedit.software.informer.com/7.2/>)
- MitoS <http://mitos.bioinf.uni-leipzig.de/index.py>
- NCBI <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- Ensembl <https://www.ensembl.org/index.html>
- Expasy <https://web.expasy.org/translate/>

Návod na řešení úlohy

1. Pomocí programu BioEdit otevřete sekvenci vybraného druhu.



2. Spustíte internetovou aplikaci programu Mitos (<http://mitos.bioinf.uni-leipzig.de/index.py>) a nahrajte patřičný soubor se sekvencí hodnoceného druhu. Současně zadejte vaše jméno, e-mailovou adresu, název analýzy a typ genetického kódu.

MITOS WebServer

Name: Pavel Vejl
Email: vejl@af.czu.cz
Job identifier: Equus
Genetic Code*: 02 - Vertebrate
Fasta File*: Procházet... Soubor nevybrán.
* = required
Proceed >>
Advanced >>

A tutorial on how to use **MITOS**, including an [example](#) and the used sample data, can be found [here](#).

MITOS is now available on usegalaxy.eu.
MITOS2 can be found [here](#)!

Citation: M. Bernt, A. Donath, F. Jühling, F. Externbrink, C. Florentz, G. Fritzsch, J. Pütz, M. Middendorf, P. F. Stadler
MITOS: Improved de novo Metazoan Mitochondrial Genome Annotation
Molecular Phylogenetics and Evolution 2013, 69(2):313-319 [link](#)

Po spuštění aplikace bude program zpracovávat zadaná data. Výsledky se zobrazí přímo na obrazovce a budou současně zaslána na zadanou e-mailovou adresu.

3. Výsledky anotace budou zpracovány následující grafickou a tabulkovou formou. V tabulce je uveden přehled detekovaných genů, jejich pozice v rámci hodnoceného fragmentu mtDNA, + nebo – vlákno, ze kterého jsou transkribovány. Pokud dané sekvence vytvářejí specifické struktury je uveden rovněž odkaz pro jejich zobrazení.

MITOS WebServer

Downloads:
[BED file](#)
[GFF file](#)
[TBL file](#)
[Gene Order file](#)
[FAS file](#)
[FAA file](#)

Raw data:
[protein plot](#)
[ncRNA plot](#)
[raw data](#)

Misc:
[Job settings](#)

Jobid: Equus (Equus)

Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
trnL2(tta)	1	75	+	75	svg ps
nad1	84	1028	+	945	
trnI(atc)	1034	1102	+	69	svg ps
trnQ(caa)	1100	1172	-	73	svg ps
nad4	1224	1238	+	15	
nad2	1244	2269	+	1026	
trnW(tga)	2283	2351	+	69	svg ps
trnA(gca)	2357	2425	-	69	svg ps
trnN(aac)	2427	2499	-	73	svg ps
trnC(tgc)	2532	2597	-	66	svg ps
trnY(tac)	2598	2664	-	67	svg ps
cox1	2666	4204	+	1539	
trnS2(tca)	4208	4276	-	69	svg ps
trnD(gac)	4285	4351	+	67	svg ps
cox2	4352	5032	+	681	
trnK(aaa)	5039	5107	+	69	svg ps
atp8	5109	5303	+	195	
atp6	5270	5944	+	675	
cox3	5950	6732	+	783	
trnG(gga)	6734	6803	+	70	svg ps

■ tRNA gene ■ rRNA gene ■ protein coding gene

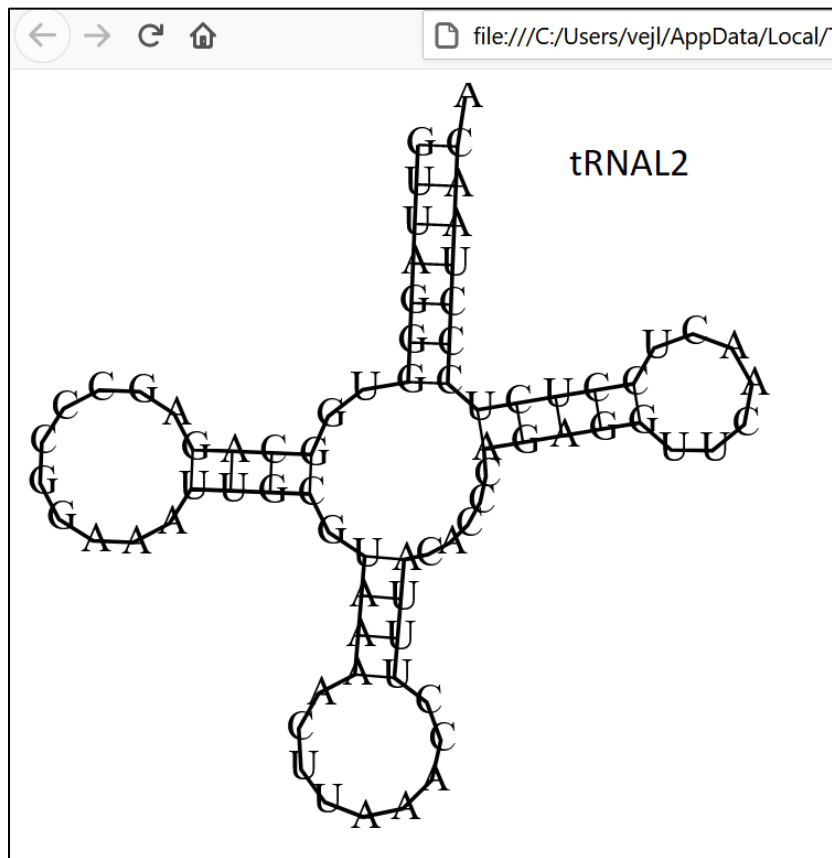
Warning(s) and peculiarities:

- Genes not found: cob, nad3, nad4l, nad5, nad6, trnE, trnF, trnH, trnL1, trnM, trnP, trnR, trnS1, trnT, trnV, rrrS, rrrL

Tip(s):

- Consult the protein and ncRNA plots if there is a signal for the genes that MITOS could not determine automatically.

4. Geny transkribované do molekul tRNA jsou ve výše uvedeném schématu znázorněny modrou barvou. Geny kódující proteiny jsou vyznačeny modře. Konformační struktury tRNA jsou ve výsledkové tabulce uloženy rovněž jako grafické soubory (svg ps), které je možné zobrazit.



5. Sekvenci genů kódujících proteiny je možné zjistit po otevření souboru FAS file, který je modře vyznačen v levé části obrazovky. Výsledek lze otevřít v Poznámkovém bloku a je zde uvedena i sekvence genu *nad2*.

MITOS WebServer

Downloads:
[BED file](#)
[GFF file](#)
[TBL file](#)
[Gene Order file](#)
[FAS file](#)
[FAA file](#)

Raw data:
[protein plot](#)
[ncRNA plot](#)
[raw data](#)

Misc:
[Job settings](#)

Contact: mitos@bioinf.uni-leipzig.de

Equus.fas-2 - Poznámkový blok

Soubor Úpravy Formát Zobrazení Nápověda

```

AGAAATATGCTGACAAAAGAGTTACTTTGATAGAGTAAACATAGAGGTTCAAACCCCTC
TTATTTCTA
>Equus; 1100-1172; -; trnQ(caa)
TAGGCATGGTGAATTTGGTAGCACGGAGGATTTGAATCTCAGGAGCAGGTTCAATT
CCTGTGGTTCTAG
>Equus; 1224-1238; +; nad4
ATTACACCCTTCCCG
>Equus; 1244-2269; +; nad2
ATAAACCCCTTATCCTCACAAATATCTAATAACAGTTTTCTAGGAACATAATCGTT
ATAGCAAGCTCACACTGACTAATAATCTGAATCGGATTCGAAATAAATCTACTAGCCATC
ATCCCATCCTAATAAAAAAATAAATCCTCGAGCTATAGAGGCCCGACCAAGTACTCT
TTAACCCAAGCCACCGCATCCATACTCCTCATAATAGCAATCATCATCAACCTCATACAC
TCAGGCCAATGAACAATCACAAAAGTTTTAACCCACAGCATCCATCATCAACTTTA
GCCCTCGCCATAAACTTGGACTGACACCATCCATTTCTGAGTGCCTGAAAGTACACAG
GGCATCTCACTAACATCAGGCTCATCTACTCACATGACAAAACAGCCCAATATCA
ATCCTATATCAAATCTCACCTTCAATTAACTGGACATCCTACTAACCATAGCCGTGCTA
TCAATCCTAGTAGGAGGCTGAGGTGGCCTCAACCAACCAACTACGAAAAATATGGCA
TACTCGTCAATTGCCATATAGGATGAATAACAGCTATCTTAGTGTACAACCAACACTG
ACAATACTGAACATACTAATTTACATTATAATAACACTCACAATTTCTACTGTTTATC
CACAGCTCCTTACCACAACACTATCACTCTCACACACATGAAACAAAACACTCTAATC
ACCACACTAATCCTAATCACTTGCTATCTATAGGAGGCCCTCCCCCACTATCAGGATTC
ATACCCAAATGAATAATCATCCAAGAACTCACCAAAACAGCAGTATCATTCTCCCTACC
CTAATAGCTATTATAGCCCTACTCAATCTCTACTTCTACATGCGACTAACCTATTCCACC
TCCTTAACCTATATCCCATCCATAAATAATATAAAAAATAAAATGACAATTCGAAACCAA
CAAATACCTCTTACCCTCAATTAATATCGCATCTTCCCTACTCTCCCTCAACCCCT
ATACTA
>Equus; 2283-2351; +; trnW(tga)
AGGAATTTAGGTTAACATCCAGACCAAGAGCCTTCAAAGCTCTAAGCAAGTGATTTCACT
TAATTCCTG
>Equus; 2357-2425; -; trnA(gca)
AAGGGCTTAGCTTAATGAAAGTGTTGATTTGCGTTCAATTGATGTGAGATAGAGTCTTG
CAGTCCTTA
>Equus; 2427-2499; -; trnN(aac)
TAGATTGAAGCCAGTTGATTAGGATTTAGCTGTTAACTAAAATTTCTGGGATGATAG
CCCACCAATCTAG

```

Jobid: Equus (Equus)

Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
trnL2(tta)	1	75	+	75	svg ps
nad1	84	1028	+	945	
trnI(atc)	1034	1102	+	69	svg ps
trnQ(caa)	1100	1172	-	73	svg ps
nad4	1224	1238	+	15	
nad2	1244	2269	+	1026	
trnW(tga)	2283	2351	+	69	svg ps
trnA(gca)	2357	2425	-	69	svg ps
trnN(aac)	2427	2499	-	73	svg ps
trnC(tgc)	2532	2597	-	66	svg ps
trnY(tac)	2598	2664	-	67	svg ps
cox1	2666	4204	+	1539	
trnS2(tca)	4208	4276	-	69	svg ps
trnD(gac)	4285	4351	+	67	svg ps
cox2	4352	5032	+	681	
trnK(aaa)	5039	5107	+	69	svg ps
atp8	5109	5303	+	195	
atp6	5270	5944	+	675	
cox3	5950	6732	+	783	
trnG(gga)	6734	6803	+	70	svg ps

■ tRNA gene ■ rRNA gene ■ protein coding gene

Warning(s) and peculiarities:

genes not found: cob, nad3, nad4l, nad5, nad6, trnE, trnF, trnH, trnL1, trnM, trnP, trnR, trnS1, trnT, trnV, rrnS, rrnL

Tip(s):

- Consult the protein and ncRNA plots if there is a signal for the genes that MITOS could not determine automatically.

6. Pomocí myši si vyberte sekvenci genu *nad2* i s názvem, tak aby odpovídal formátu FASTA. Text vložte do nového souboru Poznámkového bloku a soubor uložte. Tuto sekvenci budete potřebovat pro vyřešení dalších částí úlohy. Sekvence má následující tvar.

```
nad2 – Poznámkový blok
Soubor Úpravy Formát Zobrazení Nápověda
>Equus; 1244-2269; +; nad2
ATAAACCCCTTATCCTCACAATTATTCTAATAACAGTTTTCTAGGAACTATAATCGTT
ATAGCAAGCTCACACTGACTAATAATCTGAATCGGATTCGAAATAAATCTACTAGCCATC
ATCCCCATCCTAATAAAAAAATAAATCCTCGAGCTATAGAGGCCTCCACCAAGTACTTC
TTAACCCAAGCCACCGCATCCATACTCCTCATAATAGCAATCATCATCAACCTCATAAC
TCAGGCCAATGAACAATCACAAAAGTTTTAAACCCACAGCATCCATCATATAACTTTA
GCCCTCGCCATAAAACTTGGACTGACACCATTCCATTTCTGAGTGCCCGAAGTCACACAG
GGCATCTCACTAACATCAGGCCTCATCTACTCACATGACAAAACTAGCCCAATATCA
ATCCTATATCAAATCTCACCTTCAATTAACCTGGACATCCTACTAACCATAGCCGTGCTA
TCAATCCTAGTAGGAGGCTGAGGTGGCCTCAACCAAACCAACTACGAAAAATTATGGCA
TACTCGTCAATTGCCCATATAGGATGAATAACAGCTATCTTAGTGTACAACCCAACACTG
ACAATACTGAACATACTAATTTACATTATAATAACACTCACAAATTCATACTGTTTATC
CACAGCTCCTCTACCACAACACTATCACTCTCACACACATGAAACAAAACACCTCTAATC
ACCACACTAATCCTAATCACCTTGCTATCTATAGGAGGCCTCCCCCACTATCAGGATTC
ATACCCAAATGAATAATCATCCAAGAACTACCAAAAAACAGCAGTATCATTCTCCCTACC
CTAATAGCTATTATAGCCCTACTCAATCTCTACTTCTACATGCGACTAACCTATTCCACC
TCCCTAACTATATTCCCATCCATAAATAATAAAAAATAAAATGACAATTCGAAACCAA
CAAATTACCCTCTACCCCATTAATTATCGCATCTTCCCTACTCCTCCCCCTAACCCCA
ATACTA|
```

Sekvenci můžete z tohoto zdroje kopírovat a vkládat do dalších programů, které použijete pro řešení úlohy.

7. Pro stanovení aminokyselinové sekvence enzymu kódovaného genem *nad2* spusťte internetovou aplikaci Expsy (<https://web.expasy.org/translate/>). Z výstupů programu Mitoš víte, že gen *nad2* je transkribován podle + vlákna a že první aminokyselina polypeptidu by měla být kódována fyzicky prvním tripletem. Do okna programu Expsy pro vstupní data vložte sekvenci genu *nad2* ve formátu FASTA a zadejte parametry podle následujícího obrázku.

ExPASy Translate

Programmatic access

Translate is a tool which allows the translation of a nucleotide (DNA/RNA) sequence to a protein sequence.

DNA or RNA sequence

```
>Equus: 1244-2269; +; nad2
ATAAACCCCTTATCCTCACAAATATCTAATAACAGTTTTCTAGGAACTATAATCGTT
ATAGCAAGCTCACACTGACTAATAATCTGAATCGGATTCGAAATAAATCTACTAGCCATC
ATCCCCATCCTAATAAAAAAATAATAATCCTCGAGCTATAGAGGCTCCACCAAGTACTTC
TTAACCCAAAGCCACCGCATCCATACTCCTCATAATAGCAATCATCAACCTCATACAC
TCAGGCCAATGAACAATCACAAAAGTTTTAAACCCCAAGCATCCATCATATAACTTTA
GCCCTGCCATAAACTTGGACTGACACCATTCCTTTCTGAGTGCCTGAGTCAACAG
GGCATCTCACTAAGATCAGGCTCATCCTACTCAGATGACAAAACCTAGCCCAATATCA
```

Output format

- Verbose: Met, Stop, spaces between residues
- Compact: M, -, no spaces
- Includes nucleotide sequence
- Includes nucleotide sequence, no spaces

DNA strands

- forward
- reverse

Genetic codes - See NCBI's genetic codes

Vertebrate mitochondrial

reset TRANSLATE!

8. Získáte následující výsledek translace.

ExPASy Translate

Translate is a tool which allows the translation of a nucleotide (DNA/RNA) sequence to a protein sequence.

DNA or RNA sequence

```
ataaaccoccttattctacaattattctaaataaacgcttttctaggaactataatgctatagcaagctcacactgactaataatctgaatgattcgaataaaatctactagccatcctcccacataaaaaataaac  
ctogagctatagaggcctccacaagtacttotaaccocagccacgcgcatactctcataatagcaatcatcaactcctactagccatgaacaatcaaaaagttttaaccocacagatccatcactcaaac  
tttagcctggcacaataactggactgacacaccattcattctgagtcgacagctcaacagggatctcaactcaacacagcctcctactcactcactcaatgacaaaaactagcccacatacattatcaaatcactcca  
atlaactggacatcctactaacatagccctgataatcctagtagggctgaggtgctcaacacaacacactcaaaaattatggcactcctcaattgcccataagatgaataaacagatacttaggtacaac  
caacactgacaactgacaactaattacattataaacactcaaatctcaactgctttatcaaacacactcctcacaacacatcactcctcaacacatgaacaacacactcaatcaccacatacctaatcaac  
ctgctatctataggagcctccccacatagaggtcaatacaaaatgaataatcacaagaactcaacaacagcattatcctccocaccataagctattatagcctcactcaatcctcctcactcaatgagcacta  
acctattccactcctaataattccactcctaataataataaaaataaaatgacaattcgaacaacaaaatctaccctcctaccocactaattatgcatcttccactcctcccacaccocacta
```

Output format

- Verbose: Met, Stop, spaces between residues
- Compact: M, -, no spaces
- Includes nucleotide sequence
- Includes nucleotide sequence, no spaces

DNA strands

- forward
- reverse

Genetic codes - See [NCBI's genetic codes](#)

Vertebrate mitochondrial

reset TRANSLATE!

Results of translation

- Open reading frames are highlighted in red
- Select your initiator on one of the following frames to retrieve your amino acid sequence

Download all the translated frames

5'3' Frame 1

```
MNELLITILMTVFLGTMVMASSHWLMWIGFEMNLLAIIPIILMKKNPRAMEASTKYFLTOATASMLLMAAIIINLMHSQWITIKVFNPTASIIIMTLALAMKLGLPFFHWVPEVTQGISLTSGLLITWQKLPMSILYQISPSINLDLITMAVLSILVGGWGLNQTQLRKIMAYSSIAHMGWMTAILVYNPTLMLN  
LIYIMTILMFMFIHSSSTTTLSLSHWNKPLITLITLITLLSMGGLPPLSGFMFKWMIQELTKNSSIILPTLMAIMALLNLYFYMRITSTSLTFPSNMNMKMKWQFETKQITLLPPLIIASSLLELTPM
```

5'3' Frame 2

```
-TPLSQLF--QFF-EL-SL-QAHTD--SEDSK-IY-PSSPS--KIMILEL--PPFST-SKPPHPYSS--QSSSTSYTQANEQSQKFLTPQHPSS-L-PSP-NLDWHHSISECPKSH-ASH-HQASSYSHDKN-POYQSYIKSHLQLTWTSY-P-PCYQS--EAEVASTKPNYEKLWHTQLPM-DE-QLS-CTTQHWQYWTY  
-FTL--HSQYSYCLSTAPLPQHYHSHHETKHL-SPH-S-SPCYL-EASPHYQDSYFNE-SSKNPKTAVSFSLP--LL-PYSLSTSTCD-PIPPP-LYSHP-MM-K-NDNSKPNKLPSPYH-LSHLYSPS-PPY
```

5'3' Frame 3

```
KPPYPHNSNSFS-NYNRYSKLTLNNLNRIRNKSTSHHPNKMM-SSSY-GLHQVLLNPSHRIHTPHNSNHQPHTL-PMNHNKSE-PHSIHHNFSPRHKTWDTIIPFLSARSHTGLTNI-PHPTRMTKTPSNINPMSNLTFN-PGHPHNSRAINPS--L-WFPQNPNTKNYMLNCPY-MNNSYLSVQPNIDNTEHT  
NLHYNNTHNIHTVYQQLYHNTITLTHMKQNTSNHHTNPHLAIY--PPPTI-IHTMMNHP-THQKQYHSPYNSYSPTQSLHLHATNLFHLPNIPIHK-YRNMTRNQTNYPPPTINRYIFPTFPNPH
```

3'5' Frame 1

```
-YGG-GEE-G-CDN-WG-EGNLEGFELSFFYIYIYWEYS-GGGMG-SHVEVEIE-GYNSY-G-ENDTAVFGEFLDDYSFGEYSW-WGEASY--QGD-D-CGD--CFVSCVWEW-CCG-GAVDKQEYCECYNPNV-YVQYCCQVWV-DSCYSSYMGNRVCHNES-LGLVEATSASY-DW-HYG--DVQVNW-WDLM-DWYV  
G-FLSCE-DEAWC-WDALCDFGHSEMEWCQSKFYGEG-SYDDGCGGVNFCDCLAWVEYVDDDCYEEYGGGGGLG-EVLGGGLYSS-IMFFY-DGDDG--IYFESDSY-SVWACYNDYSS-KNCY-NNCEDKGVY
```

3'5' Frame 2

```
SMGV-G-S-EDAMINGG--VICLVSNCHFIWMLFMDGNMV-EVE-VSRM-K--LS-AMMAI-VG-MMLLFLVSSMIHILGMNPDSSG-PPMDSKVI-ISVVI-GVLHVCESSVSVVVELMNSMNVSVIIM-ISMFSVSVGLYTRMAVIHFMVAIDEYAMIFRSVWVL-PPQPPT-IDSTAMVS-MS-LIEGEIWI-IDIG  
ASFCHVS-M-PDVSEMPCVTSGTRKWNQVSPSFPMA-AKVMMDAVGLRTFVIVHWPFCM-LAMIAIM-SMDAVAVRKYLVKVEASMRGLYFTI-MGMMA-SFISNPQIISQCELAHTIMVP-KTVI-MIV-M-GF
```

3'5' Frame 3

```
VWGLGGVGRMR-LMGVG-FVWFRIVLELYLMMCM-LG-WN-LVAC-S-DWVGL--LLG-GEWYCCFVWGLWFIWVWMLVGGGLD-MA-WLGLVWLVVFCFMCV-VMVDW--SCG-TVMMLWVLL-CRLKVSVLSVLGCTL--LFLYQLTSMF-FVVGFGWHLSSLLGLMARLWLVGCPG-LKV-FDMLGLD  
LVFVMVVGWGLMLV-CPVWRAL-N-MVSVQVLRGLKLDWVWMLG-KLLMLFGLSVWGWVLLWGVWMLVWVWGLD-STWV-PL-LDYIFLLGWWVLDVLRFR-LVSVSLL-RL-FLEKLLLE-LWG-GGL
```

Z výsledků je patrné, že translace skutečně probíhá podle + vlákna s orientací 5'-3'a to podle čtecího rámce 1 (Frame 1). První triplet skutečně kóduje první aminokyselinu.

9. Pro vyhledání kodónů jednotlivých aminokyselin polypeptidu provedte nastavení programu Expsy podle následujícího schématu.

Translate is a tool which allows the translation of a nucleotide (DNA/RNA) sequence to a protein sequence.

DNA or RNA sequence

```
ataaaccccttatctccacaattattctaataacagttttcttaggaactataatcgttatagcaagctcacactgactaataatctgaatcggattogaataaatctactagccatcctccatcctaataaaaaataatac
ctogagctatagaggctccaccaagctctttaaccaagccacgcctccatactcctataatagcaatcatcaactcctcactcagcgaatgaacaatcacaagaagttttaacccaagcagcctcctcctataac
tttagcctcgcataaaaactggactgacacccatccattctgagtgccgaagtccacagggcctctcactaacatcaggcctcctcactcactgacaaaactagcccaatcaatcctatatcaaatctcactc
atcaactggacatcctactaaccatagcgtgctcaatcctagtaggaagctgaggtgctcaaccaaaccaactacgaaaaatattggcactcgtcaattgcccataataggatgaataacagctatcttagtcaacc
caaacctgacatctgacatacaattacattataataaacctcaaatattcctatgtttatccagcgtcctctcaaccaactatcactctcaacacatgaaacaaaacccctaatcaacacataatcctcaatc
ctgctctatagaggcctcccccactcaggattcacaacaaaagaataatcacaagaactcaccaaaacagcagatcattctcctcctcaataggattatagcctcctcaactctcactctacatgogacta
acctattccactcctcaactatttccatcctaataataaaaaaaatgacatcgaacccaacaaatccctcctaccoccttaattatcogactctccctcctcctcccccataccccatacta
```

Output format

- Verbose: Met, Stop, spaces between residues
- Compact: M, -, no spaces
- Includes nucleotide sequence
- Includes nucleotide sequence, no spaces

DNA strands

- forward reverse

Genetic codes - See NCBI's genetic codes

Vertebrate mitochondrial

reset TRANSLATE!

Results of translation

- Open reading frames are highlighted in red
- Select your initiator on one of the following frames to retrieve your amino acid sequence

Download all the translated frames

5'3' Frame 1

```
ataaaccccttatctccacaattattctaataacagttttcttaggaactataatcgtt
(M N P L I L T I I L M T V F L G T M I V
atagcaagctcacactgactaataatctgaatcggattogaataaatctactagccatc
M A S S H W L M I W I G F E M N L L A I
atccccatcctaataaaaaataatacctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctc
I P I L M K K Y N P R A M E A S T K Y F
ttaacccaagccaagcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctc
L T Q A T A S M L L M M A I I I N L M H
tcaggccaatgaacaatcacaagaagttttaacccaagcagcctcctcctcctcctcctc
S G Q W T I T K V F N P T A S I I M T L
gccctcgcataaaaactggactgacacccatccattctgagtgccgaagtcacacag
A L A M K L G L T P P F H F W V P E V T Q
ggcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctc
G I S L T S G L I L L T W Q K L A P M S
atcctatatcaaatctcactcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctc
I L Y Q I S P S I N L D I L L T M A V L
tcaatcctagtaggagctgaggtgctcaaccaaaccaactacgaaaaatattggca
S I L V G G W G G L N Q T Q L R K I M A
tactcgtcaattgcccataataggatgaataacagctatcttagtgtaacccaactg
Y S S I A H M G W M T A I L V Y N P T L
acaactgacatacctaatttaccattataataaacactcacaatattcactgtttacc
T M L N M L I Y I M M T L T M F M L F I
cacagctcctcaccacaacactatcctctcacacacatgaaacaaaacctcctaatc
H S S S T T T L S L S H T W N K T P L I
accacactaatcctaatacctgctatctataggagcctccccactatcaggattc
T T L I L I T L L S M G G L P P L S G F
atcccaaatgaaatcatccaagaactcaccaaaacagcagatcattcctcctacc
M P K W M I I Q E L T K N S S I I L P T
cctaagctattatagcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctc
L M A I M A L L N L Y F Y M R L T Y S T
tcctaactatattccatccataataataaaaaaaatgacaattcgaacccaaa
S L T M F P S M N N M K M K W Q F E T K
caaataccctcctaccocctaatattcgcactctcctcctcctcctcctcctcctc
Q I T L L P P L I I A S S L L L P L T P
atacta
M L
```

10. Pro vyhledání genů lokalizovaných v okolí mitochondriálního genu *nad2* a pro hodnocení ortologů použijte bioinformatickou databázi Ensembl (<https://www.ensembl.org/index.html>)

The screenshot shows the Ensembl website interface. At the top, there is a navigation bar with the Ensembl logo and links for BLAST/BLAT, VEP, Tools, BioMart, Downloads, Help & Docs, and Blog. A search bar is located in the top right corner with the text "Search all species...". Below the navigation bar, there are four main tool sections: "Tools" (All tools), "BioMart" (Export custom datasets from Ensembl with this data-mining tool), "BLAST/BLAT" (Search our genomes for your DNA or protein sequence), and "Variant Effect Predictor" (Analyse your own variants and predict the functional consequences of known and unknown variants). In the center, there is a search box with a dropdown menu for "All species" and a "Go" button. Below the search box, there is a text input field with a "Go" button and a hint: "e.g. BRCA2 or rat 5:62797383-63627669 or rs699 or coronary heart disease". On the left side, there is a section for "All genomes" with a dropdown menu for "Select a species" and a list of species including Goat, Goat breeds, Greater horseshoe bat, Hedgehog, Horses (highlighted), Hybrid - Bos Indicus, Hybrid - Bos Taurus, Leopard, Lion, Meerkat, Megabat, Microbat, Narwhal, Panda, Pig, Pig breeds, Polar bear, Red fox, Sheep, and Sheep breeds. On the right side, there is a section for "Favourite genomes" with icons and names for Human (GRCm38.p13), Mouse (GRCm38.p6), and Zebrafish (GRCz11). Below these sections, there are several utility boxes: "Find SNPs and other variants for my gene", "Gene expression in different tissues", "Retrieve gene sequence", "Find a Data Display", and "Use my own data in Ensembl". At the bottom left, there is a footer with the text "Ensembl release 102 - November 2020 © EMBL-EBI". At the bottom right, there is a logo for "elixir Core Data Resource" and a link for "Permanent link - View in archive site".

V databázi Ensembl vyberte studovanou skupinu živočichů (horses).

11. V ovládací liště databáze Ensembl vyberte funkci BLAST, která slouží k porovnávání sekvencí. Vyberte cílový organismus a vložte sekvenci genu *nad2* ve formátu FASTA.

The screenshot displays the Ensembl BLAST/BLAT search interface. The browser address bar shows the URL: <https://www.ensembl.org/Multi/Tools/Blast?db=core>. The Ensembl logo is visible in the top left corner. The main navigation bar includes links for BLAST/BLAT, VEP, Tools, BioMart, Downloads, Help & Docs, and Blog. A dropdown menu for 'BLAST/BLAT' is open, showing various web tools such as Variant Effect Predictor, Linkage Disequilibrium Calculator, File Chameleon, Assembly Converter, ID History Converter, VCF to PED Converter, Data Slicer, and Post-GWAS. The 'BLAST/BLAT search' section is active, featuring a 'New job' button and a 'Sequence data:' label. The text area contains a FASTA sequence for the *nad2* gene from Equus (1244-2269; +). Below the text area, there is a link to 'Add more sequences' and radio buttons for 'DNA' (selected) and 'Protein'. The 'Search against:' field is set to 'Horse'. Below this, there are radio buttons for 'DNA database' (selected) and 'Protein database', with dropdown menus for 'Genomic sequence' and 'Proteins (Ensembl)' respectively. The 'Search tool:' is set to 'BLASTN' and the 'Search Sensitivity:' is set to 'Normal'. There is also an optional 'Description' field.

12. Funkce BLAST identifikovala 100 oblastí v genomu koně, které se shodují s různě vysokou sekvenční homologií se zadanou sekvencí genu *nad2*. Z výsledků je patrné, že nejvyšší sekvenční homologie je mitochondriální lokus MT-ND2, kde je u koně domácího (*Equus caballus*) lokalizován gen *nad2*. Podobnost (%ID) mezi sekvencí *Equus asinus somalicus* a *Equus caballus* je rovna 91,03 %.

Results for Equus; 1244-2269; +; nad2

Job details: Equus; 1244-2269; +; nad2
Species: Horse (Equus caballus)
Assembly: EquCab3.0
Search type: BLASTN (NCBI Blast)

Results table (2 hidden columns):

Genomic Location	Overlapping Gene(s)	Orientation	Query start	Query end	Length	Score	E-val	%ID
MT:3937-4962	MT-ND2	Forward	1	1026	1026	1301	0.0	91.03
27:5217401-5218386		Reverse	1	886	886	1079	0.0	88.84
1:94323252-94323315	ENSECAG0000023388	Reverse	346	409	64	111	8e-22	96.88
9:40135625-40135681		Reverse	904	960	57	73.6	2e-10	91.23
19:8266985-8267084		Forward	3	122	120	71.7	7e-10	82.50
19:53989522-53989834		Reverse	614	826	315	69.7	3e-09	78.10
9:31131642-31131684		Reverse	66	108	43	61.8	6e-07	93.02
9:31130870-31131099		Reverse	667	797	131	59.8	2e-06	80.92
9:31130823-31130863		Reverse	910	950	41	57.8	1e-05	92.68
24:26466781-26466832		Forward	245	316	72	55.9	4e-05	84.72
9:31131182-31131214		Reverse	547	579	33	49.9	0.002	93.94
5:7293473-7293577	FMO1	Forward	846	950	105	49.9	0.002	80.95
3:6999040-6999072	FTQ	Forward	387	420	34	49.9	0.002	94.12
9:65791053-65791085	ENSECAG0000028121	Reverse	547	578	33	48.0	0.009	93.94
14:91799243-91799294		Reverse	244	296	53	48.0	0.009	86.79
14:91799431-91799470		Reverse	69	108	40	48.0	0.009	90.00
18:49321371-49321393	CCDC173	Forward	920	942	23	46.0	0.036	100.00
2:94057892-94057713		Reverse	922	943	22	44.0	0.14	100.00
1:136696034-136696054	CCPS1, PIGB	Reverse	929	949	21	42.0	0.56	100.00
3:22791507-22791531	PHLPP2	Reverse	924	949	26	42.0	0.56	96.15
PJAA01003623:60479-60499	ENSECAG0000031184	Reverse	929	949	21	42.0	0.56	100.00
PJAA01003330:4239-4269		Forward	929	949	21	42.0	0.56	100.00
23:43541220-43541240		Reverse	603	623	21	42.0	0.56	100.00
20:59282167-59282192		Reverse	924	948	26	42.0	0.56	96.15
1:48762949-48762972	BICC1	Reverse	921	945	25	40.0	2.2	100.00
1:100933433-100933452		Forward	27	46	20	40.0	2.2	100.00
3:92293061-92293084		Reverse	787	811	25	40.0	2.2	96.00
3:112942314-112942333		Reverse	922	941	20	40.0	2.2	100.00
14:85021781-85021784		Forward	922	945	24	40.0	2.2	95.83
18:15196376-15196400	DPP10	Reverse	922	945	25	40.0	2.2	96.00
18:41786870-41786883	TANK	Reverse	922	945	24	40.0	2.2	95.83

13. Nabídka Overlapping Genes zobrazí geny lokalizované v okolí studovaného genu *nad2* u referenčního genomu *Equus caballus*. V databázi Ensembl je gen *nad2* označen jako MT-ND2 a na obrázku je vyznačen žlutou barvou.

The screenshot displays the Ensembl genome browser interface for the gene **Gene: MT-ND2** (ENSECAG00000027681) in the *Equus caballus* genome. The browser shows the gene's location on the mitochondrial chromosome, with a primary assembly of MT_3.937-4.977 on the forward strand. The central track visualizes various genomic features, including protein-coding genes (red bars) and non-protein-coding genes (purple bars). The gene *nad2* (MT-ND2) is highlighted in yellow. The browser also displays a detailed view of the gene structure, including exons and introns, and provides a legend for the gene models. The legend indicates that red bars represent Ensembl protein-coding genes and purple bars represent non-protein-coding genes (RNA genes).

14. Pro identifikaci ortologů genu nad2 *Equus caballus* je nutné použít funkci Paralogues v levé ovládací liště na obrázku u kroku 13. Výstupem je přehled paralogů, které jsou seřazeny sestupně podle míry sekvenční podobnosti.

The screenshot displays the Ensembl genome browser interface for the gene **MT-ND2** in *Equus caballus*. The left sidebar shows navigation options, with 'Orthologues' selected. The main content area provides details for the gene, including its description as a mitochondrially encoded NADH:ubiquinone oxidoreductase core subunit 2. Below this, the 'Orthologues' section is expanded, showing a summary table and a detailed list of orthologues.

Summary of orthologues of this gene

Species set	Show details	With 1:1 orthologues	With 1:many orthologues	With many:many orthologues	Without orthologues
Primates (27 species) Humans and other primates	<input type="checkbox"/>	15	0	0	12
Rodents and related species (32 species) Rodents, lagomorphs and tree shrews	<input type="checkbox"/>	17	0	0	15
Laursiatheria (44 species) Carnivores, ungulates and insectivores	<input type="checkbox"/>	16	0	0	28
Placental Mammals (106 species) All placental mammals	<input type="checkbox"/>	52	0	0	56
Sauropside (69 species) Birds and Reptiles	<input type="checkbox"/>	13	0	0	56
Fish (66 species) Ray-finned fishes	<input type="checkbox"/>	34	0	0	52
All (280 species) All species, including invertebrates	<input checked="" type="checkbox"/>	107	0	0	173

Selected orthologues

Species	Type	Orthologue	Target %Id	Query %Id	GOC Score	WGA Coverage	High Confidence
Goat (<i>Capra hircus</i>)	1-to-1	ND2 (ENSCHIG0000000010) View Gene Tree Compare Regions (MT:3,907-4,948:1) View Sequence Alignments	80.69 %	80.92 %	75	100.00	Yes
Sheep (weasel) (<i>Ovis aries</i>)	1-to-1	ND2 (ENSOARG0000000010) View Gene Tree Compare Regions (MT:3,910-4,951:1) View Sequence Alignments	80.12 %	80.35 %	75	100.00	Yes
American bison (<i>Bison bison bison</i>)	1-to-1	MT-ND2 (ENSBBSG0000000011) View Gene Tree Compare Regions (MT:4,264-5,305:1) View Sequence Alignments	78.67 %	78.90 %	75	n/a	Yes
Wild yak (<i>Bos mutus</i>)	1-to-1	ND2 (ENSBMUG0000000011) View Gene Tree Compare Regions (MT:4,798-5,839:1) View Sequence Alignments	78.67 %	78.90 %	75	n/a	Yes
Pig (<i>Sus scrofa</i>)	1-to-1	ND2 (ENSSSCG00000018069) View Gene Tree Compare Regions (MT:5,087-6,128:1) View Sequence Alignments	78.96 %	79.19 %	75	100.00	Yes

15. Nyní vyhodnoťte, zda mitochondriální geny a jejich pořadí detekované programem MitoS odpovídají údajům uvedeným v databázi NCBI. Otevřete si v programu BioEdit vstupní data – sekvenci DNA. Tuto sekvenci si zkopírujte do schránky ve formátu FASTA.



16. Spuště vyhledávací aplikaci BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) a zvolte nabídku Nucleotide BLAST.

The screenshot shows the BLAST web interface. At the top, there is a navigation bar with the NCBI logo and links for Home, Recent Results, Saved Strategies, and Help. The main content area features a 'Basic Local Alignment Search Tool' section with a description and a 'Learn more' link. A 'Web BLAST' section is highlighted with a red box, containing three options: 'Nucleotide BLAST' (nucleotide to nucleotide), 'blastx' (translated nucleotide to protein), and 'Protein BLAST' (protein to protein). Below this is a 'BLAST Genomes' section with a search input field and a 'Search' button. At the bottom, there are sections for 'Standalone and API BLAST' and 'Specialized searches' including SmartBLAST, Primer-BLAST, Global Align, and CD-search.

17. Do vkládacího okna vložte zkopírovanou sekvenci ve formátu FASTA. Vyberte zoologický druh a parametr Optimize for Highly similar sequences. Ostatní parametry vyhledávání ponechte v implicitním nastavení. Vlastní vyhledání zahájíte spuštěním funkce BLAST v levém dolním rohu.

The screenshot displays the NCBI BLAST web interface. The browser address bar shows the URL: https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome. The page title is "BLAST » blastn suite".

The main section is titled "Standard Nucleotide BLAST". Below this, there are navigation tabs for "blastn", "blastp", "blastx", "tblastn", and "tblastx".

The "Enter Query Sequence" section is highlighted with a red box. It contains a text area with the following FASTA sequence:

```
>Equus asinus somalicus mRNA
GTATGGTGTGCAAGCCCGGAAATCTCTTAAACTTAAACCTTACACCCAGAGTTCA
ACTCCCTCCCTAAGACATGTCATATTAACCTCCCTCTAATATCCCAATTC
CTCCCTCTGCTGCTTCCATATTAACCAAAATCTTACGATATACACATTC
CTAAGACCAACATCGTAGCCCTACGGCTACTACAGCTATCCCTGATCCCTT
AAACTATTAACCAACCTACACCTTACATCTACATCTACATCTATTCATAT
CCGACCAATCTAGCCCTACCTAGCTTAAACCATATGATCCCTTACCAATCCAT
```

Below the text area, there are options to "Or, upload file" (with "Browse" and "Submit new upload" buttons) and a "Job Title" field containing "Equus asinus somalicus mRNA".

The "Choose Search Set" section is also highlighted with a red box. It includes:

- Database: Standard databases (nr etc.): rRNA/ITS databases Genomic + transcript databases Betaoronavirus
- Organism: Equus asinus somalicus (taxid:73336) Exclude
- Exclude: Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences
- Limit to: Sequences from type material
- Entrez Query:

The "Program Selection" section is highlighted with a red box. It includes:

- Optimize for: Highly similar sequences (megablast) More dissimilar sequences (discontiguous megablast) Somewhat similar sequences (blastn)

At the bottom, there is a "BLAST" button and a checkbox for "Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Megablast (Optimize for highly similar sequences)" which is checked. Below it is a link for "Algorithm parameters".

At the bottom right, there are links for "Support center" and "Mailing list".

18. Program BLAST zobrazí vyhledané záznamy databáze NCBI a seřadí je podle míry sekvenční podobnosti. Pro vyhodnocení použijte první sekvenci, která vykazuje 100% sekvenční identitu.

The screenshot displays the NCBI BLAST interface. At the top, the NIH logo and 'U.S. National Library of Medicine' are visible. The main heading is 'BLAST » blastn suite » results for RID-0WUGRZRS013'. Below this, there are navigation links like 'Home', 'Recent Results', 'Saved Strategies', and 'Help'. A search summary section includes 'Edit Search', 'Save Search', and 'Search Summary'. A message states: 'Your search is limited to records that include: Equus asinus somalicus (taxid:73336)'. The search parameters are listed: Job Title (Equus asinus somalicus mtDNA), RID (0WUGRZRS013), Program (BLASTN), Database (nt), Query ID (lcl|Query_31897), Description (Equus asinus somalicus mtDNA), Molecule type (dna), and Query Length (6803). The 'Filter Results' section allows filtering by Organism, Percent Identity, E value, and Query Coverage. Below this, a table titled 'Sequences producing significant alignments' shows three results. The first result is circled in red:

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Equus asinus somalicus isolate Gina mitochondrion, complete genome	Equus asinus somalicus	12563	12563	100%	0.0	100.00%	16663	MG885769.1
Equus asinus somalicus mitochondrion, partial genome	Equus asinus somalicus	12563	12563	100%	0.0	100.00%	16610	KM881681.1
Equus asinus somalicus mitochondrial DNA, almost complete genome	Equus asinus somalicus	12373	12373	100%	0.0	99.29%	16500	AP012271.1

19. Myší klikněte na název sekvence červeně označené na předchozím obrázku. Zobrazí se vám porovnání obou sekvencí. Sekvence označená jako Query představuje vámi zadanou sekvenci. Sekvence označená jako Sbjct je sekvence vyhledaná v databázi NCBI.

The screenshot displays the NCBI BLAST interface. At the top, the NIH logo and 'U.S. National Library of Medicine' are visible. The search results are for 'BLAST -> blastn suite -> results for RID-0WUGRZR5013'. The job title is 'Equus asinus somalicus mtdNA'. The search parameters include: RID: 0WUGRZR5013, Program: BLASTN, Database: nt, Query ID: lcl|Query_31897, Description: Equus asinus somalicus mtdNA, Molecule type: dna, and Query Length: 6803. The 'Filter Results' section shows 'Organism' set to 'Equus asinus somalicus' and 'Percent Identity' set to 100%. The 'Alignments' tab is active, showing a pairwise alignment of the query sequence (1-6803) against the subject sequence (1-6803). The alignment is a perfect match. A red box highlights the 'Graphics' link in the alignment view. The 'Download' button is also visible.

20. Nyní použijte grafické zobrazení na určení, které geny se v daném regionu mtDNA nacházejí. Spusťte grafické zobrazení, které je červeně označeno na předchozím obrázku. Zaznamenejte si pořadí genů, jejich pozici a porovnejte výsledky s výstupem programu MitoS.

The screenshot displays the NCBI GenBank interface for the complete genome of *Equus asinus somalicus* isolate Gina mitochondrion (GenBank: MG885769.1). The main content area shows a genomic map with various genes and tRNAs annotated. The genes shown include ND1, ND2, COX1, COX2, ATP8, and ATP6. The tRNAs shown include tRNA-Leu, tRNA-Met, tRNA-Ile, tRNA-Ala, tRNA-Tyr, tRNA-Trp, tRNA-Gln, tRNA-Asn, tRNA-Cys, tRNA-Asp, tRNA-Lys, and tRNA-Ser. The map also shows the positions of ND1, ND2, COX1, COX2, ATP8, and ATP6. The sequence is displayed in FASTA format, and the BLAST results for the query are shown below the sequence. The right sidebar contains several sections: 'Analyze this sequence' (highlighted in red), 'Related information', 'LinkOut to external resources', and 'Recent activity'. The 'Analyze this sequence' section includes links for 'Run BLAST' and 'Pick Primers'. The 'Related information' section includes links for 'Protein', 'Taxonomy', and 'PubMed (Weighted)'. The 'LinkOut to external resources' section includes links for 'Order ND5 cDNA clone/Protein/Antibody/RNAi' and 'Order ND6 cDNA clone/Protein/Antibody/RNAi'. The 'Recent activity' section includes a link for 'Equus asinus somalicus isolate Gina mitochondrion, complete genome'.

21. Nyní se vraťte do okna, kde jsou stále zobrazeny výsledky uvedené na obrázku 19. kroku analýzy. Nyní vyberte funkci GenBank, která se nachází vedle použité funkce Graphics. Program vám zobrazí informace o genech lokalizovaných v hodnocené oblasti mtDNA, ale v textové podobě. Kromě pozice genů zde získáte informace o jejich sekvencích. V případě, že se jedná o strukturální geny, jsou zde informace i aminokyselinových sekvencí kódovaných proteinů.

GenBank
Send to: ▾

Equus asinus somalicus isolate Gina mitochondrion, complete genome

GenBank: MG885769.1
[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to: ☑

LOCUS MG885769 6803 bp DNA linear MAM 25-FEB-2018

DEFINITION Equus asinus somalicus isolate Gina mitochondrion, complete genome.

ACCESSION MG885769 REGION: 2691..9493

VERSION MG885769.1

KEYWORDS .

SOURCE mitochondrion Equus asinus somalicus

ORGANISM [Equus asinus somalicus](#)
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Perissodactyla; Equidae; Equus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 6803)
AUTHORS Jang-Liaw,N.-H., Hou,H.-Y., Chang,R.-X. and Cheng,Y.-N.
TITLE Complete mitochondrial genome sequence for the Somali wild ass Equus asinus somalicus

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 6803)
AUTHORS Jang-Liaw,N.-H., Hou,H.-Y., Chang,R.-X. and Cheng,Y.-N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (01-FEB-2018) Taipei Zoo, Conservation Reach Center, No. 30, Sec.2, Xinguang Rd., Wenshan Dist., Taipei 116, Taiwan

COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source	1..6803
	/organism="Equus asinus somalicus"
	/organelle="mitochondrion"
	/mol_type="genomic DNA"
	/isolate="Gina"
	/isolation_source="female Somali wild ass born on June 13, 2013"
	/sub_species="somalicus"
	/db_xref="taxon:73336"
	/sex="female"
	/note="#664 in the Somali wild ass international studbook"
tRNA	1..75
	/product="tRNA-Leu"
gene	78..1033
	/gene="ND1"
CDS	78..1033
	/gene="ND1"
	/note="TAA stop codon is completed by the addition of 3' A residues to the mRNA"
	/codon_start=1
	/transl_except=(pos:3722..3723,aa:TERM)
	/transl_table=2
	/product="NADH dehydrogenase subunit 1"
	/protein_id="AVG10475.1"
	/translation="MFMINVLLLIIPILLAVFLTLVERKILGYMQLRKGPNIVGPGYLLQPIADALKLFTKEPLQPLTSSTSMPIIAPILALTLALTMNIPLEMPYPLINMNLGILFMLAMSSLAIVSILWSGWSNSKVALIGALRAVAQTISYEVTLAIILLSVLLMSGSFTLSTLIITQEYLNLIFFSNPLAMMNFISTLAETNRAPFDLTEGESSELVSGFNVEYAGPFALFFLAEYANIIMMNIPTTLFLGAFHSPYLPPELYSINFIMTKLLLLTCSFLWIRASYRFRYDQLMHLNWNFLPLTLALCMGHWVSLPIMLSSIPPQT"
tRNA	1034..1102
	/product="tRNA-Ile"
tRNA	complement(1100..1174)
	/product="tRNA-Gln"
tRNA	1175..1243
	/product="tRNA-Met"
gene	1244..2282
	/gene="ND2"
CDS	1244..2282
	/gene="ND2"
	/note="TAA stop codon is completed by the addition of 3' A residues to the mRNA"
	/codon_start=1
	/transl_except=(pos:4972,aa:TERM)

Change region shown
 Whole sequence
 Selected region
from: 2691 to: 9493

Customize view
▾

Analyze this sequence

Related information

LinkOut to external resources

Recent activity