

# 生物配列解析基礎

## 配列データベースとホモロジー検索

法政大学 生命科学部  
応用植物科学科

大島 研郎



HOME

応用植物科学科とは

4年間の学びの体系

授業内容

教員紹介

卒業生の声

交通アクセス

法政大学 生命科学部

# 応用植物科学科

2014年4月 開設

植物医科学専修



## 大島 研郎（おおしま けんろう）教授

### 専門(担当)分野

植物細菌学、植物メディカルゲノム学

### 経歴

東京大学アグリバイオインフォマティクス人材養成ユニット 特任助教、東京大学大学院農学生命科学研究科特任准教授

### 主な業績

植物病原細菌ファイトプラズマの全ゲノム解読、ファイトプラズマの病原性因子の解析など

# 本日の講義資料



## 1. 生物配列解析基礎

### 授業の目標・概要

生命科学のためのデータベースの利用と基本的な解析手法について講義します。配列データベースや機能データベースの使用法を紹介するとともに、ホモロジー検索、モチーフ解析、プログラミング、系統解析などの基本的な手法について、実習形式で解説します。バイオインフォマティクス関連の各種データベースにアクセスしたことのない人は、ぜひ本講義を受講して下さい。

### 担当教員

清水謙多郎（東大・農・応用生命工学専攻 / 教授）

大島研郎（法政大学生命科学部 / 教授）

### 講義日程

講師：大島研郎

- ▶ [2021\\_生物配列解析基礎\\_1回目\\_資料.pdf](#)
- ▶ [kiso1](#)
- ▶ [Mgenitalium.faa](#)
- ▶ [Mpneumoniae.faa](#)
- ▶ [parse-blast.py](#)
- ▶ [test1.seq](#)
- ▶ [test2.seq](#)
- ▶ [test3.seq](#)
- ▶ [Ureaplasma.faa](#)

本日の講義で使用する、Webページへのリンクが載せてあります。

デスクトップに「blast」フォルダを作成してください



**test1.seq**

**test2.seq**

**test3.seq**

**Mgenitalium.faa**

**Mpneumoniae.faa**

**Ureaplasma.faa**

**parse-blast.py**

の7つのファイルをダウンロードして

作成したblastフォルダに入れてください

講師：大島研郎

▶ 2021\_生物配列解析基礎\_1回目\_資料.pdf

▶ kiso1

▶ Mgenitalium.faa

▶ Mpneumoniae.faa

▶ parse-blast.py

▶ test1.seq

▶ test2.seq

▶ test3.seq

▶ Ureaplasma.faa

※ ユーザ名に日本語が使われているときなどに、デスクトップではうまく作動しない場合があります。その場合は、blastフォルダを C:ドライブの直下に移動させてみてください。

## BLAST (stand-alone BLAST) のインストール

- 「講義で使用予定のソフトウェア」の中からBLASTにアクセスします。  
<ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/executables/blast+/LATEST/>

[Parent Directory](#)  
[ChangeLog](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-1.src.rpm](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-1.src.rpm.md5](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-1.x86\\_64.rpm](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-1.x86\\_64.rpm.md5](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-src.tar.gz](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-src.tar.gz.md5](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-src.zip](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-src.zip.md5](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-win64.exe](#) ← 2  
[ncbi-blast-2.11.0+-win64.exe.md5](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-x64-linux.tar.gz](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-x64-linux.tar.gz.md5](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-x64-macosx.tar.gz](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-x64-macosx.tar.gz.md5](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-x64-win64.tar.gz](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+-x64-win64.tar.gz.md5](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+.dmg](#)  
[ncbi-blast-2.11.0+.dmg.md5](#)

- ▶ R (多くの科目で使用予定)
- ▶ RStudio (多くの科目で使用予定)
- ▶ Anaconda (農学生命情報科学特論)
- ▶ ActivePerl (生物配列解析基礎と分)
- ▶ BLAST (生物配列解析基礎)
- ▶ MEGA (生物配列解析基礎)
- ▶ Python (生物配列解析基礎)
- ▶ UCSF Chimera (構造バイオインフ)
- ▶ Modeller (構造バイオインフオマ)
- ▶ CCP4 Software Suite (構造バイ)

Windowsの場合は,  
2のファイルをダウンロードします

ダウンロードしたファイルをダブルクリックしてインストールします

※ PCのバージョンによっては古いソフトをインストールしないとうまく動かないことがあります

## BLAST がインストールされているかどうかの確認方法

- コマンドプロンプトを立ち上げてください  
(Mac OS の場合はターミナル)

 スタート → Windowsシステムツール → コマンドプロンプト

```
C:¥Users¥student>
```

- 以下, 省略して

```
>
```

と記述します

← スペースが入ります

- 「blastp -help」と入力して, リターン

```
> blastp -help
```

BLASTについての説明が表示されれば, OKです

# Python のインストール

- 「講義で使用予定のソフトウェア」の中からPythonにアクセスします。

<https://www.python.org/>

- ▶ **Anaconda** (農学生命情報科学特論)
- ▶ **ActivePerl** (生物配列解析基礎と分)
- ▶ **BLAST** (生物配列解析基礎)
- ▶ **MEGA** (生物配列解析基礎)
- ▶ **Python** (生物配列解析基礎)
- ▶ **UCSF Chimera** (構造バイオイン)
- ▶ **Modeller** (構造バイオインフォーマ)
- ▶ **CCP4 Software Suite** (構造バイ

1

The screenshot shows the Python.org website. The 'Downloads' menu is open, and the 'Python 3.9.2' button is highlighted. A red arrow labeled '2' points to the 'Downloads' menu, and another red arrow labeled '3' points to the 'Python 3.9.2' button. The website header includes the Python logo, a 'Donate' button, and a search bar. The navigation bar contains links for 'About', 'Downloads', 'Documentation', 'Community', 'Success Stories', and 'News'. The 'Downloads' menu lists options: 'All releases', 'Source code', 'Windows', 'Mac OS X', 'Other Platforms', 'License', and 'Alternative Implementations'. The 'Download for Windows' section includes a note: 'Note that Python 3.9+ cannot be used on Windows 7 or earlier.' and a link to 'View the full list of downloads.'

ダウンロードしたファイルをダブルクリックしてインストールします

## Python がインストールされているかどうかの確認方法

- コマンドプロンプトを立ち上げてください

 スタート → Windowsシステムツール → コマンドプロンプト

スペースが入ります

- 「python -help」と入力して, リターン

```
> python -help
```

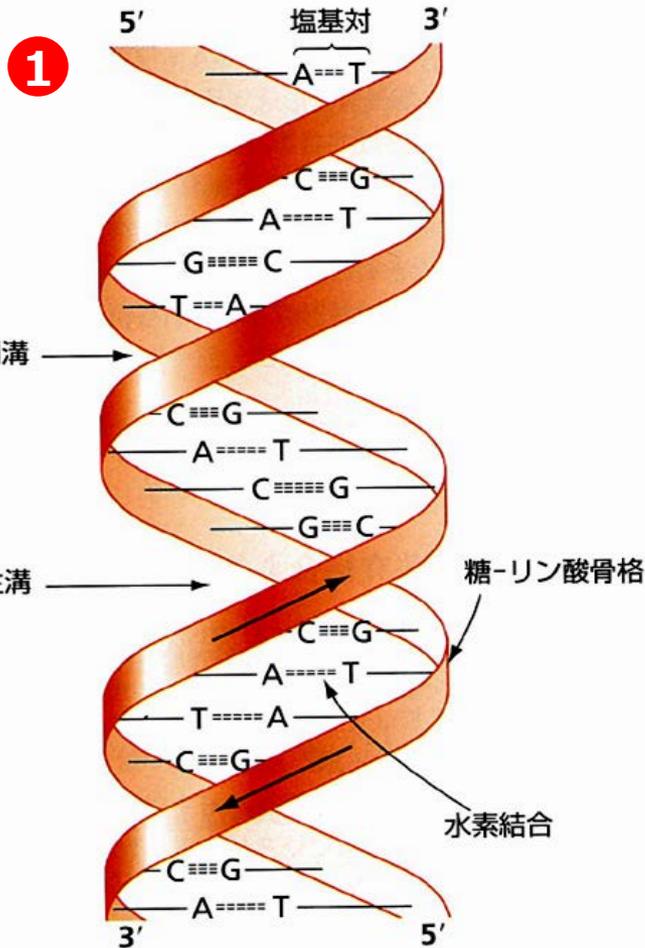
Python についての説明が表示されれば, OKです

```
C:\Users\kenro>python -help
usage: python [option] ... [-c cmd | -m mod | file | -] [arg] ...
Options and arguments (and corresponding environment variables):
-b          : issue warnings about str(bytes_instance), str(bytearray_instance)
              and comparing bytes/bytearray with str. (-bb: issue errors)
```

生物配列 = 塩基配列、およびアミノ酸配列

塩基配列 = DNAの塩基 (G A T C) の並び順

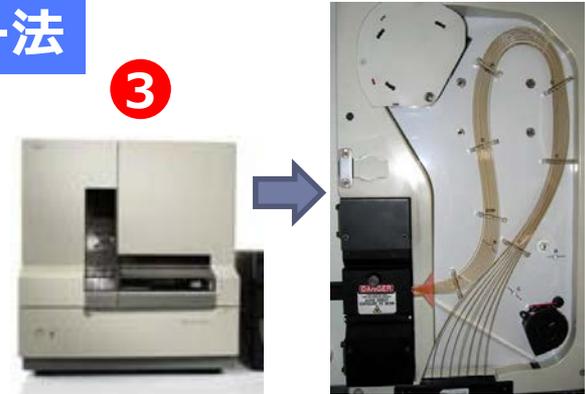
■ どのようにして、塩基配列を読むのか？



サンガー法



ABI377シーケンサー



ABI3100シーケンサー

次世代シーケンサー



Ion PGM



イルミナMiSeq

# 核酸配列データベース

GenBank (National Center for Biotechnology Information)

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

DDBJ (日本DNAデータバンク)

<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>

EMBL (European Bioinformatics Institute)

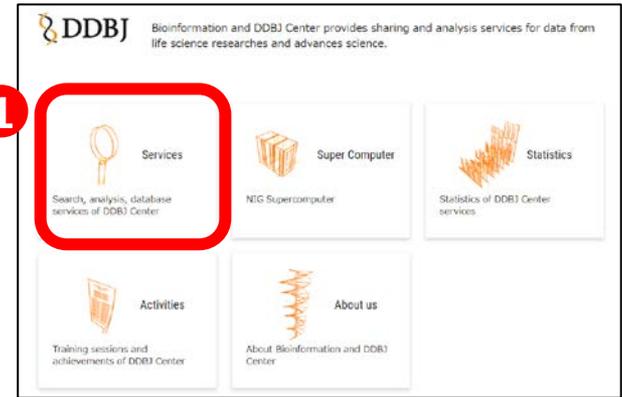
<http://www.ebi.ac.uk/embl/index.html>

- GenBank, DDBJ, EMBLのデータベースは、**3者が情報交換しながら連携**して、“国際データベース”として運営・維持されている
- データベースとは、関連性のある情報を集めて、**一定のフォーマット** (様式) に従って使いやすいように整理したもの。

# DDBJ

日本DNAデータバンク. GenBankやEMBLと連携して国際塩基配列データベースを構築している

<http://www.ddbj.nig.ac.jp>



1

2 データベース検索

**AGD**  
 database DDBJ  
 AGD is a controlled-access database for sharing individual-level genotype and phenotype information among specific researchers.

**AOE**  
 search DBCLS  
 Statistics and trends of gene expression data

**ARSA**  
 search DDBJ  
 DDBJ annotated/assembled data retrieval by accession numbers and keywords  
 HELP Web API

**BLAST**  
 search analysis DDBJ  
 Nucleotide homology search  
**ホモロジー検索**  
 HELP Web API

**BioProject**  
 database submission DDBJ  
 A BioProject is a collection of biological data related to a single project. A BioProject record provides links to the diverse data types generated for that project.

**BioSample**  
 database submission DDBJ  
 The BioSample database contains descriptions of biological source materials used in experimental assays.

**CRISPRdirect**  
 search DBCLS  
 Designing CRISPR/Cas9 guide RNA with reduced off-target sites

**ClustalW** **アラインメント**  
 analysis DDBJ  
 Multiple alignment and tree-making  
 HELP Web API

**DBCLS SRA**  
 search DBCLS  
 Statistics and trends of SRA data

**DDBJ**  
 database submission DDBJ  
 An annotated collection of genome, gene and transcript sequences.  
**塩基配列の登録**

**DDBJ-LD**  
 DDBJ

**DFAST** **アノテーション**  
 analysis submission annotation DDBJ  
 DFAST is an automatic annotation service for prokaryotic genomes. DFAST generates an annotation file submittable to DDBJ.  
 HELP

**ARSA (Search Condition)**

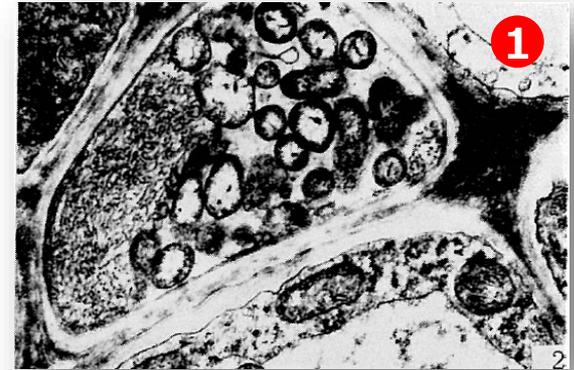
---

**Quick Search**

AP009356

Search AND ▾

1 ← AP009356 と入力



**List of Entries**

1 - 1 entries / Number of founds: 1  FlatFile  XML  Fasta

PrimaryAccessionNumber ◆ Definition ◆ SequenceLength ◆ MolecularType ◆ Organism ◆

**AP009356** Definition: Onion yellows phytoplasma OY-W genomic DNA, partial sequence. SequenceLeng  
Organism: Onion yellows phytoplasma OY-W



LOCUS AP009356 80504 bp DNA linear BCT 15-DEC-2007  
 DEFINITION Onion yellows phytoplasma OY-W genomic DNA, partial sequence.  
 ACCESSION [AP009356](#)  
 VERSION AP009356.1  
 KEYWORDS .  
 SOURCE Onion yellows phytoplasma OY-W  
 ORGANISM [Onion yellows phytoplasma OY-W](#)  
 Bacteria; Tenericutes; Mollicutes; Acholeplasmatales;  
 Acholeplasmataceae; Candidatus Phytoplasma; Candidatus Phytoplasma  
 asteris.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 80504)  
 AUTHORS Oshima,K., Kakizawa,S., Arashida,R., Kagiwada,S. and Namba,S.  
 TITLE Direct Submission

Genbank  
フォーマット

## ファイトプラズマ

- 植物の師部細胞に寄生する **植物病原細菌**
- 感染植物では、がくや花弁が**葉化する**

# National Center for Biotechnology Information

通称：NCBI

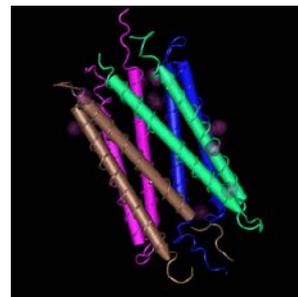
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/

- 米国の国立衛生研究所 (NIH) の国立医学図書館 が運営するWebサイト
- GenbankやPubMed、BLASTなど、有用なデータベースがまとめられている

↓  
各データベースの該当件数が表示される

Protein	43,816
Protein Clusters	0
Sparcle	4
Structure	2 4

3  
PHYL1の立体構造



- Nucleotide  
塩基配列データベース
- Gene  
遺伝子データベース
- Genome  
ゲノムデータベース
- GEO DataSets  
遺伝子発現データベース

① 「SEP3」と入力して検索する



【SEP3】

花の形態形成に関わる転写因子

Literature	Genes
Bookshelf 3	Gene 2
MeSH 2	GEO DataSets 57
NLM Catalog 0	GEO Profiles 4,584
PubMed 202	HomoloGene 2
PubMed Central 727	PopSet 14

【Gene】

遺伝子のデータベース

Name/Gene ID	Description	Location	Aliases
<input type="checkbox"/> <b>SEP3</b> ③ ID: 839040	K-box region and MADS-box transcription factor family protein [ <i>Arabidopsis thaliana</i> (thale cress)]	Chromosome 1, NC_003070.9 (8593536..8596123, complement)	AT1G24260, AGAMOUS-like 9, AGL9, F3I6.19, F3I6_19, SEPALLATA3, TRANSCRIPTION FACTOR AGL9

シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) のSEP3を選択する

Gene ID: 839040, updated on 6-Mar-2021

Summary

Gene symbol SEP3  
 Gene description K-box region and MADS-box transcription factor family protein  
 Primary source [Araport:AT1G24260](#)  
 Locus tag AT1G24260  
 Gene type protein coding  
 RefSeq status REVIEWED  
 Organism [Arabidopsis thaliana \(ecotype: Columbia\)](#)  
 Lineage Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Brassicales; Brassicaceae; Camelineae; Arabidopsis  
 Also known as AGAMOUS-like 9; AGL9; F316.19; F316\_19; SEPALLATA3; TRANSCRIPTION FACTOR AGL9  
 Summary Member of the MADS box transcription factor family. SEP3 is redundant with SEP1 and 2. Flowers of SEP1/2/3 triple mutants show a conversion of petals and stamens to sepals. SEP3 forms heterotetrameric complexes with other MADS box family members and binds to the CARG box motif.

**NEW** Try the new [Gene table](#)  
 Try the new [Transcript table](#)

周辺の遺伝子マップや、遺伝子産物の機能についての情報が得られる

Genomic context

Location: chromosome: 1 See SEP3 in [Genome Data Viewer](#)  
 Exon count: 8  
 Sequence: Chromosome: 1; NC\_003070.9 (8593536..8596123, complement)



Genomic regions, transcripts, and products

Genomic Sequence: NC\_003070.9 Go to reference sequence details  
 Go to nucleotide: [Graphics](#) [FASTA](#) [GenBank](#)



## FASTAフォーマット

### Arabidopsis thaliana chromosome 1 sequence

NCBI Reference Sequence: NC\_003070.9

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

```
>NC_003070.9:c8596123-8593536 Arabidopsis thaliana chromosome 1 sequence
TC TGAGAGTATATTAGAAAAGAGAATATTTCAAGTAATGAAGCTGACATGTTTATATGTAACATTTGAGAGAA
GTGTTGTGAGATTTGTACAAATGTATATGTACACTTTAAAAAGCAATATAAGATAGATAAAAAAATATA
AAGAAAAAAGAAAAGAAAAGAAAAGAAAAGAGAGAGAGGCTCATATATATAGAATTGGCTTGCAAGGAAA
GAGAGAGAGAGAGATTGAGATATCTTTTGGGAGAGGAGAAAAGAAAAGAAAATGGGAAGAGGGAGAGTAG
AATTGAAGAGGATAGAGAACAAGATCAATAGGCAAGTGACGTTTGC AAAAGAGAAGGAATGGCTTTTGAA
GAAAGCATACGAGCTTTCAGTTCTATGTGATGCAGAAAGTTGCTCTCATCATCTTCTCAAATAGAGGAAAG
CTGTACGAGTTTTGCAGTAGTTCGAGGTATATATCTACTTTTGTATATATATTACTTATAACATAACAT
TTTATATACATATTAAGTAACACAAAAATGCTTTGTATGTATGGGCTCTCTGTGTATGTGTGTTGTTGTTG
GTACGTACGTGTTCTATCATATCTCTTTTAAAAGAAGCAAAAGAGGAAAAAAATTTGGGATACCCCAATC
```

## GenBankフォーマット

### Arabidopsis thaliana chromosome 1 sequence

NCBI Reference Sequence: NC\_003070.9

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

```
LOCUS NC_003070 2588 bp DNA linear CON 14-FEB-2001
DEFINITION Arabidopsis thaliana chromosome 1 sequence.
ACCESSION NC_003070 REGION: complement (8593536..8596123)
VERSION NC_003070.9
DBLINK BioProject: PRJNA116
BioSample: SAMN03081427
Assembly: GCF_000001735.4
KEYWORDS RefSeq.
SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
ORGANISM Arabidopsis thaliana
```

# データベースカタログ

http://integbio.jp/dbcatalog/?lang=ja

- 生命科学系データベースを一覧から探す -

English

## Integbio データベースカタログ

全条件をリセット

一覧内を検索する

一覧を絞り込む

生物種

- + 動物 (1035)
- + 植物 (404)
- + 原生生物 (92)
- + 菌類 (189)
- + 真正細菌 (257)
  - 古細菌 (81)
  - ウイルス (93)

タグ <対象>

- ゲノム/遺伝子 (920)
- cDNA/EST (285)
- 遺伝的多様性 (248)

+ 続きを読む

タグ <データの種類>

- 表現型 (158)
- バイオリソース (193)
- 手法 (175)

+ 続きを読む

稼動状況

- 稼動中
- 休止

データベースのレコード一覧 (件数: 2484)

最初へ 前へ 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 次へ 最後へ

並び替え: レコード公開順 ▾



### 追加 INSDC: International Nucleotide Sequence Database Collaboration

運用機関: European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ センター, National Center for Biotechnology Information (NCBI)

生物種: All

説明: 本サイトは、3大DNAデータベースであるDDBJ、ENA(European Nucleotide Archive)、NCBIの協力で運営されるINSDC(International Nucleotide Sequence Database Collaboration)のポータルサイ... [詳細へ](#)



### 追加 LRG: Locus Reference Genomic

運用機関: European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), National Center for Biotechnology Information (NCBI)

生物種: *Homo sapiens*

説明: ゲノム、転写産物、タンパク質のリファレンス配列のデータベースです。臨床に関連する変異配列を報告するためのリファレンス配列を、NCBI (RefSeq) とEMBL-EBI (Ensembl / GENCODE) の協力... [詳細へ](#)

一括ダウンロード可



### eDDAs: 農耕地eDNAデータベース

運用機関: 国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構

生物種: *bacteria* | *Fungi* | *Nematoda*

説明: 全国各地の農耕地で収集された土壌物理・化学性、作物栽培様式、およびその畑土壌由来のeDNA (environmental DNA) 解析情報を収納した「国内初の農耕地 eDNA バンク」です。 [詳細へ](#)

LSDBアーカイブへ

一括ダウンロード可



### DDBJ BioSample

運用機関: 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ センター

生物種: All

説明: BioSample は実験データを得るために使われた生物試料(サンプル)についての情報を管理するデータベースです。データはDDBJ、EBIとNCBIのBioSample データベース間で共有されます。生物... [詳細へ](#)

統合TVへ



### MedDRA: Medical Dictionary for Regulatory Activities

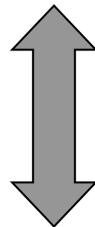
運用機関: 医薬品規制調和国際会議 (ICM)

一括ダウンロード可

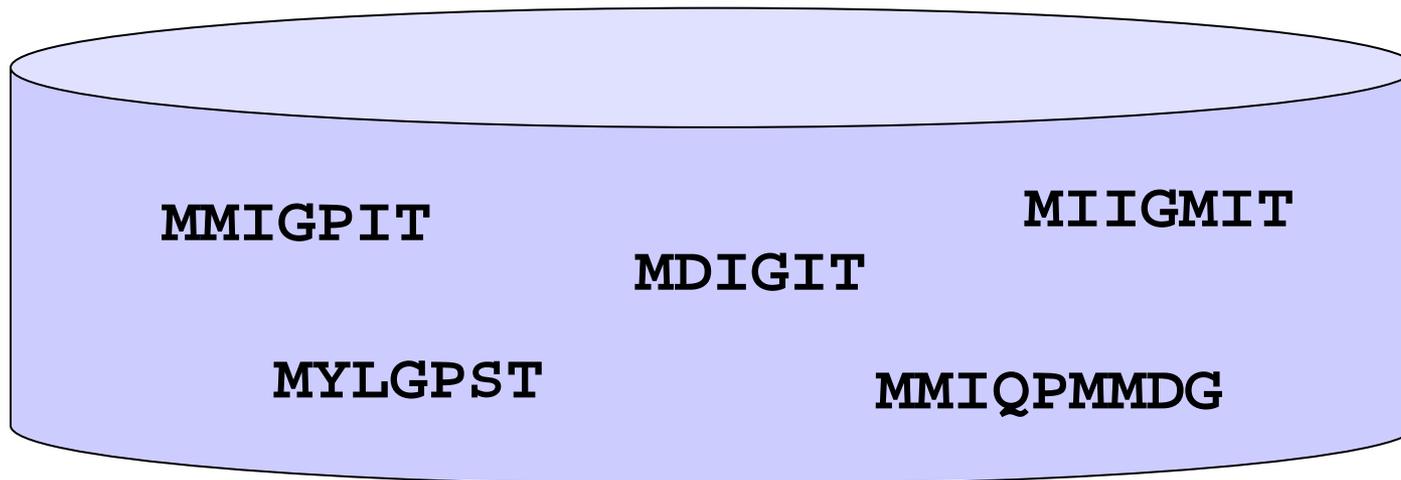
## 相同性検索 (ホモロジー検索)

- 相同性検索は、配列の類似性から類縁の遺伝子・タンパク質を検索する方法で、進化・系統分類の解析、機能解析などを目的とした配列解析の最も基本的な手法の一つである。

質問配列  
(Query)      MIGMMIT

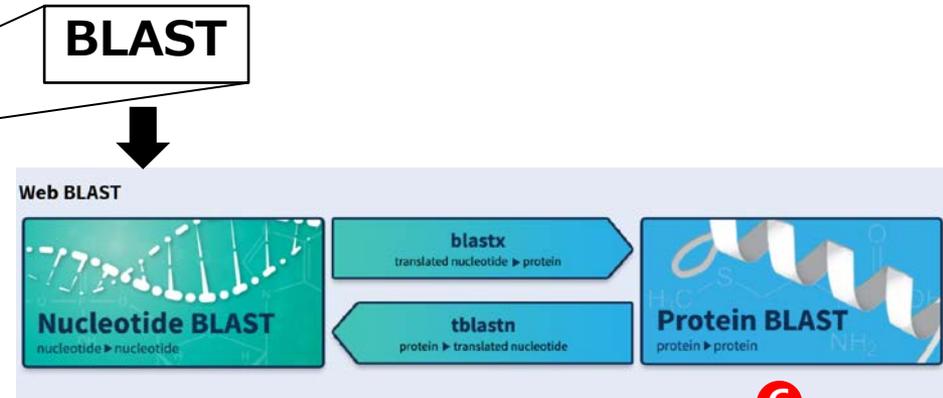


質問配列と類似した（相同な）配列を、  
データベース上から探索する



# BLAST検索のwebページ

https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi



## BLAST検索には5種類がある

	プログラム名	質問配列 (query)	検索対象
①	protein blast	アミノ酸配列	アミノ酸配列データベース
②	blastx	塩基配列	アミノ酸配列データベース
③	nucleotide blast	塩基配列	塩基配列データベース
④	tblastn	アミノ酸配列	塩基配列データベース
⑤	tblastx	塩基配列	塩基配列データベース

# BLASTP検索 (protein blast)

<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

Enter Query Sequence

Enter accession number, gi, or FASTA sequence  Clear Query subrange  From  To

② 貼り付ける

Or, upload file  参照

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search

Align two or more sequences

Choose Search Set

Database

Organism

Optional Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown.

Entrez Query

Optional

Program Selection

Algorithm

blastp (protein-protein BLAST)

PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)

PHI-BLAST (Pattern Hit Initiated BLAST)

Choose a BLAST algorithm

**BLAST** Search database nr using Blastp (protein-protein BLAST)

Show results in a new window

Algorithm parameters

```
>sample1
MNRVFLFGKLSFTPNRLQTKNGTLGATFSMECLDS
SGFNNAKSFIRVTAWGKVASFIVAQNPGVMLFVEG
RLTTYKITNSENKNTYALQVTADKIFHPDEKTTNE
EPIKSTVVDSPFMNPKASVTEAEFEQAFPHQDET
D FNNITPIFENDVQLEEEESDD
```

① 配列をコピーする  
(">"の行は入れても入れなくてもよい)

③ データベースを選ぶ  
(nr)

④ 「BLAST」を押す

nr : 冗長性をなくした (non-redundant) アミノ酸データベース

- 質問配列と類似した（**相同な**）アミノ酸配列のリストが表示される
- 一番上が最も**相同性の高い**アミノ酸配列（タンパク質）

## 5 Alignmentsのタブをクリック

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download ▾

Manage Columns ▾

Show

select all 100 sequences selected

[GenPept](#)

[Graphic](#)

[Distance t](#)

[of res](#)

[M](#)

1	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">single-stranded DNA-binding protein [Mycoplasma genitalium]</a>	330	330	100%	3e-114	100.00%
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">single-stranded DNA-binding protein [Mycoplasma pneumoniae]</a>	202	202	100%	1e-63	58.18%
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">puative 19 kDa protein [Mycoplasma pneumoniae]</a>	70.1	70.1	43%	9e-13	50.00%
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">single-stranded DNA-binding protein [Brevibacillus borstelensis]</a>	57.4	57.4	75%	4e-07	31.54%
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">single-stranded DNA-binding protein [Firmicutes bacterium CAG:170]</a>	57.0	57.0	83%	4e-07	25.36%
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">single-stranded DNA-binding protein [Phorcysia thermohydrogeniphila]</a>	56.2	56.2	68%	6e-07	32.17%
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">single-stranded DNA-binding protein [Candidatus Colwellbacteria bacterium RIFCSPHIGHO2_02_FULL_43_15]</a>	56.2	56.2	72%	1e-06	33.33%
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">single-stranded DNA-binding protein [Veillonella seminalis]</a>	54.7	54.7	61%	2e-06	33.98%
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">single-stranded DNA-binding protein [Candidatus Colwellbacteria bacterium RIFCSPLOWO2_12_FULL_43_11]</a>	54.7	54.7	72%	3e-06	32.52%

① ヒットした配列のGenBankフォーマットデータへのリンク

[Download](#) [GenPept](#) [Graphics](#)

single-stranded DNA-binding protein [*Mycoplasma pneumoniae*]

Sequence ID: [WP\\_010874586.1](#) Length: 166 Number of Matches: 1

See 16 more title(s) [v](#)

全長は166アミノ酸 ⑥

Range 1: 1 to 165 [GenPept](#) [Graphics](#)  
スコア E-value ④

⑤ 相同性 (identity) 相同性 (similarity) ギャップ

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
202 bits(514)	1e-63	Compositional matrix adjust.	96/165(58%)	126/165(76%)	5/165(3%)

Query	1	MNRVFLFGKLSFTPNRLQTKNGTLGATFSMECLDSSGFNNAKSFIRVTAWGKVASFIVAQ	60
Sbjct	1	MNRVFLFGKLSF PN+LQT+ +GA+FS+ C+DSSGFN++KS+IR+TAWGKVASF++	60
Query	61	NPGVMLFVEGRLTTYKITNSEN----KNTYALQVTADKIFHPDEKTTNEEPI-KSTVVDS	115
Sbjct	61	KPGDSVFVEGRLSTYKMNNRSDDPNSKATYALQVIADKVYRPDEENSLEQPVDKATVIDS	120
Query	116	PFMNPKASVTEAEFEQAFPHQDETDFNNTPIFENDVQLEEEESDD	160
Sbjct	121	PFLAAKTNATENELAQAFPISLDDDDDDINPILNNSQLEEEESDD	165

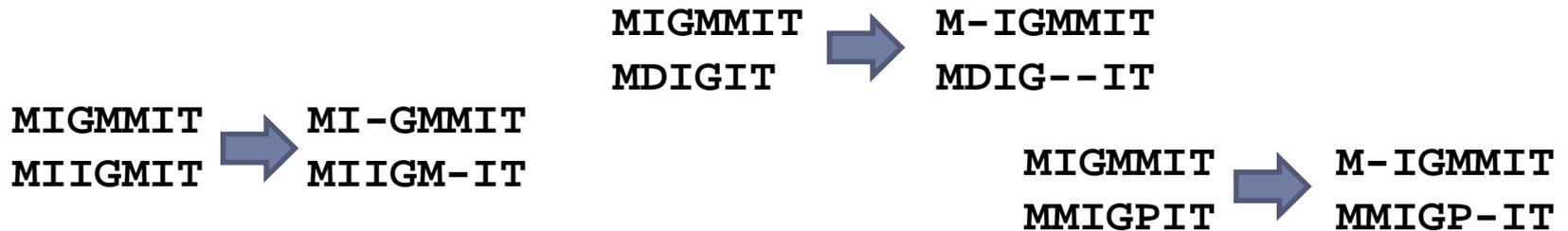
② Query : 質問配列  
中段: 一致するアミノ酸、あるいは+ (類似アミノ酸)  
Sbjct : Blast検索の結果, ヒットした配列

⑦  
全長ではないので注意  
(本当は166番目にEがある)

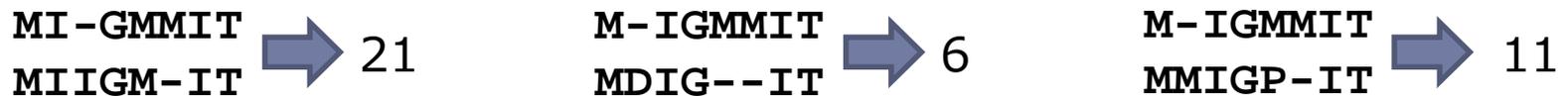
# 相同性検索のアルゴリズム

(BLASTのサーバの中で行われている手順)

- 1 質問配列とデータベース上の各配列との**アラインメント**を作成する



- 2 2つの配列がどのくらい似ているか、アラインメントに点数 (**スコア**) をつける



- 3 点数 (スコア) の順番に並べて表示する

配列	スコア
MIIGMIT	21
MMIGPIT	11
MDIGIT	6

# アラインメント

①

**MIGMMIT**  
**MMIGPIT**

二つのアミノ酸配列を整列化させるにはどのように並べればよいか？

## アラインメント（並置）

- ・ 2つの配列を要素ごとに対応づけて並べる操作
- ・ 進化の過程で生じ得る配列要素の挿入・欠失を ギャップ (-) に対応づける

②

グローバルアラインメント  
– 配列全体の類似性を考慮

a = M-IGMMIT  
b = MMIGP-IT

③

ローカルアラインメント  
– 局所的な類似性を考慮

a = MIGMMIT---  
b = ---MMIGPIT

## アラインメントスコアの計算

- 配列の類似度 = アラインメントのスコア
- アラインメントのスコアの計算
  - 対応する各要素の類似度スコアの和
  - ギャップの挿入にはペナルティを与える

$$\begin{array}{l}
 \text{1} \quad \text{AFDC} \\
 \text{AEEC}
 \end{array}
 \quad
 \begin{array}{cccc}
 s(A, A) & + & s(F, E) & + & s(D, E) & + & s(C, C) & = & 8 \\
 3 & & -7 & & 3 & & 9 & & 
 \end{array}$$

$$\begin{array}{l}
 \text{2} \quad \text{AFDGC} \\
 \text{AEE-C}
 \end{array}
 \quad
 \begin{array}{cccccc}
 s(A, A) & + & s(F, E) & + & s(D, E) & + & \text{gap} & + & s(C, C) & = & 0 \\
 3 & & -7 & & 3 & & -8 & & 9 & & 
 \end{array}$$

完全に一致するアミノ酸や、類似アミノ酸には高い点数を与えたい

→ 各アミノ酸の点数はどのように求めればよいか？

# BLOSUMスコア

BLOSUM: BLOcks amino acid Substitution Matrix

- BLAST検索に使用されるスコア表
- 同一アミノ酸や類似アミノ酸が縦に並んだ時には高い点数が付くようになっている

## ① BLOSUM50マトリックス

- 例えば、アラインメント上で RとKが並んだ場合は、3点が増えらる

### 【練習】

以下のアラインメントのスコアを計算しなさい。

ただし、ギャップ = -8 とする。

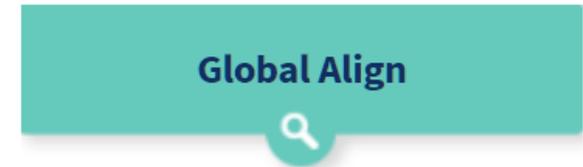
**MIGMM-IT**  
**M-GMIGIT**

	A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V
A	5	-2	-1	-2	-1	-1	-1	0	-2	-1	-2	-1	-1	-3	-1	1	0	-3	-2	0
R	-2	7	-1	-2	-4	1	0	-3	0	-4	-3	3	-2	-3	-3	-1	-1	-3	-1	-3
N	-1	-1	7	2	-2	0	0	0	1	-3	-4	0	-2	-4	-2	1	0	-4	-2	-3
D	-2	-2	2	8	-4	0	2	-1	-1	-4	-4	-1	-4	-5	-1	0	-1	-5	-3	-4
C	-1	-4	-2	-4	13	-3	-3	-3	-3	-2	-2	-3	-2	-2	-4	-1	-1	-5	-3	-1
Q	-1	1	0	0	-3	7	2	-2	1	-3	-2	2	0	-4	-1	0	-1	-1	-1	-3
E	-1	0	0	2	-3	2	6	-3	0	-4	-3	1	-2	-3	-1	-1	-1	-3	-2	-3
G	0	-3	0	-1	-3	-2	-3	8	-2	-4	-4	-2	-3	-4	-2	0	-2	-3	-3	-4
H	-2	0	1	-1	-3	1	0	-2	10	-4	-3	0	-1	-1	-2	-1	-2	-3	2	-4
I	-1	-4	-3	-4	-2	-3	-4	-4	-4	5	2	-3	2	0	-3	-3	-1	-3	-1	4
L	-2	-3	-4	-4	-2	-2	-3	-4	-3	2	5	-3	3	1	-4	-3	-1	-2	-1	1
K	-1	3	0	-1	-3	2	1	-2	0	-3	-3	6	-2	-4	-1	0	-1	-3	-2	-3
M	-1	-2	-2	-4	-2	0	-2	-3	-1	2	3	-2	7	0	-3	-2	-1	-1	0	1
F	-3	-3	-4	-5	-2	-4	-3	-4	-1	0	1	-4	0	8	-4	-3	-2	1	4	-1
P	-1	-3	-2	-1	-4	-1	-1	-2	-2	-3	-4	-1	-3	-4	10	-1	-1	-4	-3	-3
S	1	-1	1	0	-1	0	-1	0	-1	-3	-3	0	-2	-3	-1	5	2	-4	-2	-2
T	0	-1	0	-1	-1	-1	-1	-2	-2	-1	-1	-1	-1	-2	-1	2	5	-3	-2	0
W	-3	-3	-4	-5	-5	-1	-3	-3	-3	-3	-2	-3	-1	1	-4	-4	-3	15	2	-3
Y	-2	-1	-2	-3	-3	-1	-2	-3	2	-1	-1	-2	0	4	-3	-2	-2	2	8	-1
V	0	-3	-3	-4	-1	-3	-3	-4	-4	4	1	-3	1	-1	-3	-2	0	-3	-1	5

# アラインメントのアルゴリズム

## ■ Needleman-Wunschのアルゴリズム

- 2つの配列の最適なグローバルアラインメントを、ダイナミックプログラミング（動的計画法）により求める



Compare two sequences  
across their entire span  
(Needleman-Wunsch)

## ■ Smith-Watermanのアルゴリズム

- 2つの配列の部分配列間の一致を探索する
- 最も高いスコアをもつ一致箇所を示すアラインメントを求める  
→ ダイナミックプログラミング（動的計画法）

# FASTAとBLAST

- 動的計画法による検索方法 (SSERACH) は、 $mn$ に比例した時間を要する ( $m, n$ は配列の長さ)
- 配列データベースに登録されている配列の数は膨大  
→時間がかかりすぎてしまう

## FASTA

- 最初に一致する配列断片を高速に検索して絞り込む
- Lipman and Pearson (1985)

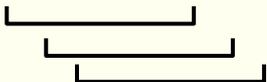
## BLAST

- 最初に局所的に類似の部分配列を高速に検索して絞り込む
- Altschul (1990)

# BLAST検索

- 他の方法に比べて高速であり、ホモロジー検索の方法として最もよく利用されている
  - 質問配列を固定長の断片（**ワード**）に区切る
  - まずは、**ワード単位**で類似する断片をデータベース上から検索
  - 類似度が**最大になるまで**両方向にアラインメントを伸ばす
  - 最後にこれらの**局所的**なアラインメントを結合する

## ① MAGPVFGIPSCSF



MAGPVF  
AGPVFG  
GPVFGI

ワードの切り出し

Defaultの設定ではアミノ酸の場合は6文字、  
塩基配列は28文字.

↓ 一致する部分を検索

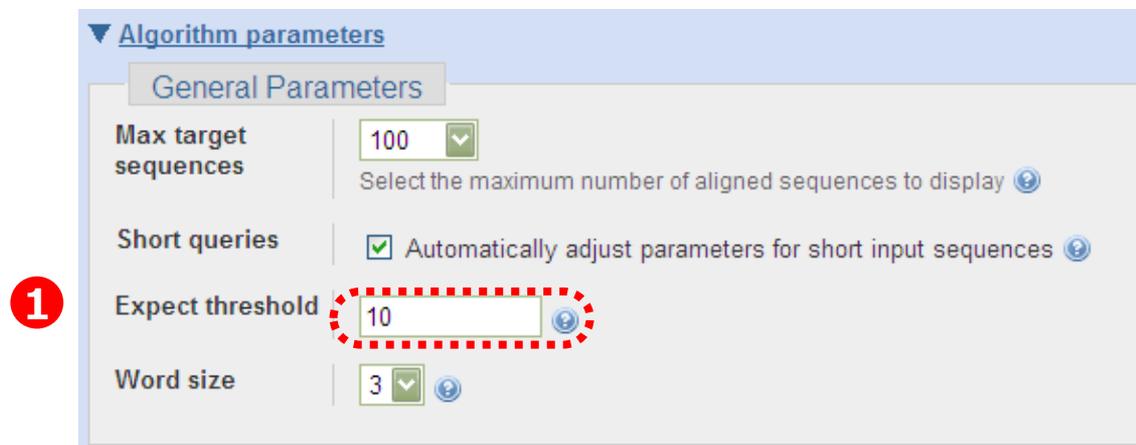
## ② MSGPVFGIP...

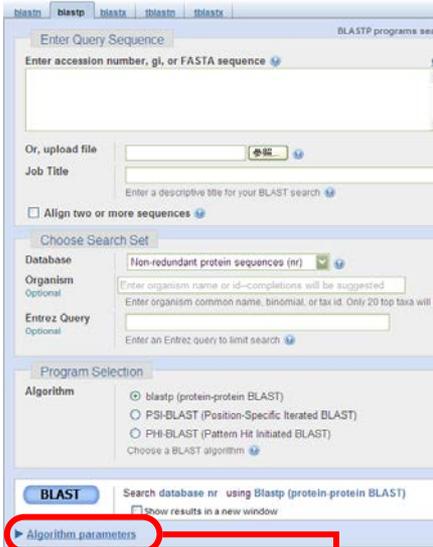


一致したワードを中心にして両方向にアラインメントを伸ばしていく  
(類似度が下がってきたらアラインメントを終了する)

# E-value

- BLAST検索では、**相同性の指標としてE-valueがよく用いられる**
- E-valueとは ⇒ ランダムな配列同士を比較したときに、今回の検索結果と同じスコアになる**配列数の期待値**
- E-valueが**小さい**ほど偶然には起こり得ない  
= 「よく似ている」 ことを示している
- BLAST検索の際にE-valueの**しきい値**を設定することで、その値よりも小さいE-valueの検索結果しか表示されないようにすることもできる





1



**Algorithm parameters**

**General Parameters**

**Max target sequences** | 100  **検索結果の表示件数 2**  
 Select the maximum number of aligned sequences to display

**Short queries** |  Automatically adjust parameters for short input sequences

**Expect threshold** | 10  **E-valueのしきい値 3**

**Word size** | 3   **BLAST検索時のWordサイズ 4**

---

**Scoring Parameters**

**Matrix** | BLOSUM62   **マトリックスの種類を選ぶ 5**

**Gap Costs** | Existence: 11 Extension: 1   **ギャップのスコア設定 6**

**Compositional adjustments** | Conditional compositional score matrix adjustment   **7 E-value計算時の設定**

---

**Filters and Masking**

**Filter** |  Low complexity regions  **冗長配列を取り除く場合はチェック**

**Mask** |  Mask for lookup table only  **冗長配列を取り除く場合の設定 8**  
 Mask lower case letters  **小文字を無視する場合の設定**

---

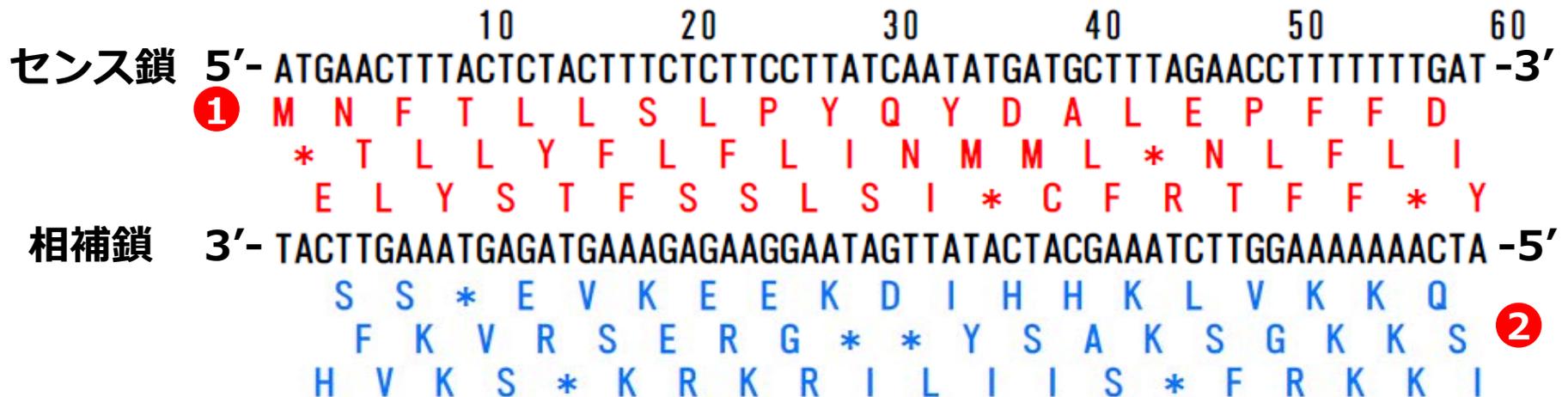
**BLAST** | Search database nr using Blastp (protein-protein BLAST)  
 Show results in a new window

# blastx

塩基配列を入力



6通りのreading frameのすべてについて翻訳し，アミノ酸配列データベースに対して検索してくれる



- ・塩基配列を決定したが，**どんなタンパク質コードされているかわからない**とき
- ・**non-coding領域**に，タンパク質がコードされていないかどうかを調べたいときなど

BLAST<sup>®</sup> » blastp suite » results for RID-8SS47UDA016



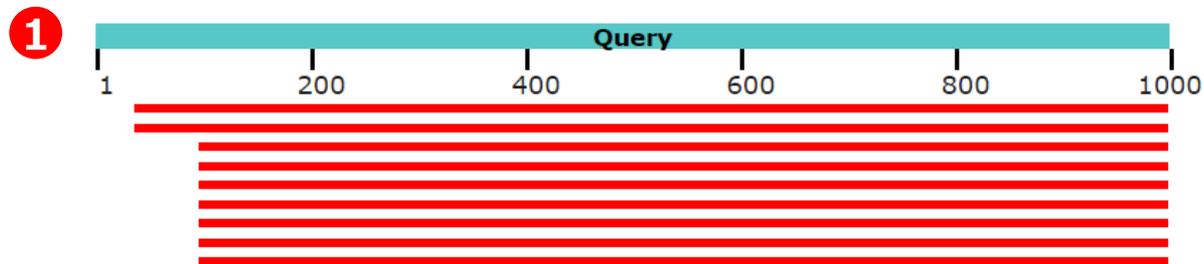
↑ 上部のBLASTをクリックし、blastx のページへ

## ■ sample2の塩基配列を blastx検索にかける

>sample2

```
AATTAGAGAAAACAACAGAGTTGTTATTTCTAGTGATGTTCTTGTTAACAACCTAAAC
GAACAATGTTTGTGTTTTCTTGTTTTATTGCCACTAGTCTCTAGTCAGTGTGTTAATC
TTACAACCAGAACTCAATTACCCCTGCATACACTAATTCTTTCACACGTGGTGTTT
ATTACCCTGACAAAGTTTTTCAGATCCTCAGTTTTTACATTCAACTCAG...
```

### Distribution of the top 100 Blast Hits on 100 subject sequences



surface glycoproteinがコードされていることがわかる

# blastn (nucleotide blast)

上部のBLASTをクリックし、blastn のページへ

```
>sample3  
TTGAAGAGGACTTGGAACCTTCGAT
```

①配列をコピーする  
(">"の行は入れても入れなくてもよい)

③データベースを選ぶ  
(nr/nt)

④「BLAST」を押す

blastn blastp blastx tblastn tblastx

Enter Query Sequence

BLASTN programs search nucleotide databases using a nu

Enter accession number, gi, or FASTA sequence  Clear Query subrange

From  To

Or, upload file  参照...

Job Title  Enter a descriptive title for your BLAST search

Align two or more sequences

Choose Search Set

Database  Human genomic + transcript  Mouse genomic + transcript  Others (nr etc.):  
Nucleotide collection (nr/nt)

Organism Optional  Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown.

Entrez Query Optional

Program Selection

Optimize for  Highly similar sequences (megablast)  More dissimilar sequences (discontiguous megablast)  Somewhat similar sequences (blastn)  
Choose a BLAST algorithm

**BLAST** Search database nr using Megablast (Optimize for highly similar sequences)  
 Show results in a new window

ⓘ Your search parameters were adjusted to search for a short input sequence.

と表示され、短い配列用の設定で検索される

## tblastn

アミノ酸配列を入力



データベース上の塩基配列を，6通りのreading frameのすべてについて翻訳し，このアミノ酸配列データに対して検索してくれる

- **EST配列**や**ドラフトゲノム**など，アノテーション情報が整備されていないデータから相同な配列を探したいときに便利

## tblastx

塩基配列を入力



6通りのreading frameのすべてについて翻訳



データベース上の塩基配列も，6通りのreading frameのすべてについて翻訳し，このアミノ酸配列データに対して検索

- ・ 質問配列，データベースとも，**アノテーション情報が整備されていない**場合に便利

# BLAST検索 (GenomeNet)

```
>sample5
MDENETQFNKLNQVKNLKIIVVFVGGAGNNIVDASLYHYPN
LASENIHFYAINSDLQHLAFKTNVKNLLIQDHTNKGFGAGG
DPAKGASLAISFQEQFNTLTDGYDFCIVLVAGFGKGTGTGATP
VFSKILKTKKILNVAIVTYPVSLNEGLTVRNKATKGLEILNKA
TDSYMLFCNEKCTNGIYQLANTEIVSAIKNLIELITIPLQQN
IDFEDVRAFFQTKKTNQDQQLFTVTHPFSFSFDSKDSIEQFA
KQFKNFEKVSYFDHSIVGAKKVLKANINQKIVKLNFKQIQD
IIWTKIDNYQLEIRLGVDVFTTIPNIQIFILSEHKNPVSLPI
DNKSTENNQNKLKLLDELKELGMKYVKHQNQIY
```

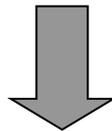
①配列をコピーする  
 (“>”の行は入れても入れなくてもよい)

③Favorite organisms を選択

④「mge mpn uur」と入力

mge: *Mycoplasma genitalium*  
 mpn: *Mycoplasma pneumoniae*  
 uur: *Ureaplasma parvum*

⑤「Compute」を押す



Entry	bits	E-val
Top 10 <input type="button" value="Clear"/> <input type="button" value="Select operation"/> <input type="button" value="Exec"/>		
<input checked="" type="checkbox"/> mge:MG_224 ftsZ; cell division protein FtsZ ; K03531 cell divisi...	679	0.0
<input checked="" type="checkbox"/> mpn:MPN317 ftsZ, F10_orf380; cell division protein FtsZ ; K03531...	358	e-100
<input checked="" type="checkbox"/> uur:UU317 hypothetical protein	28	0.53
<input checked="" type="checkbox"/> mpn:MPN257 galE, A65_orf338; UDP-glucose 4-epimerase	28	0.68

} Ureaplasmaは、ftsZを持っていないことがわかる

- **大量の質問配列**についてBLAST検索を行いたい
- 自分の持っている**未公開のデータ**に対して検索したい
- ホモロジー検索を用いて**比較ゲノム解析**を行いたい

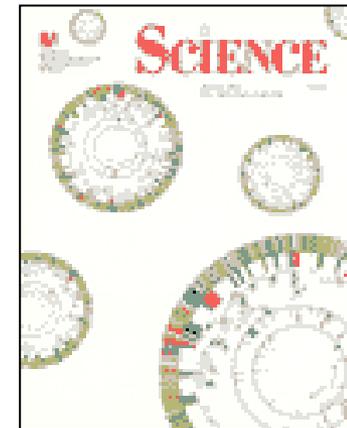
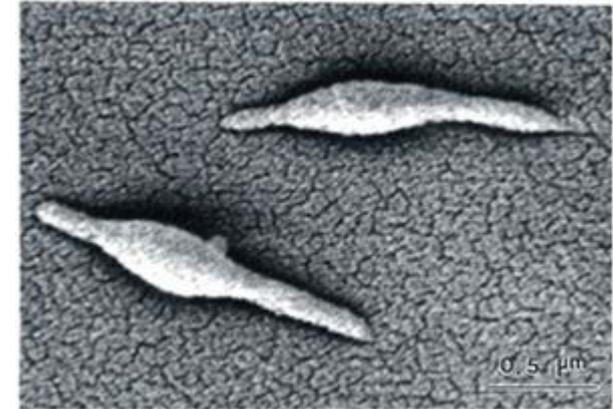


**Stand-alone BLAST**を利用する

(ローカルなコンピュータで動くBLASTのプログラム)

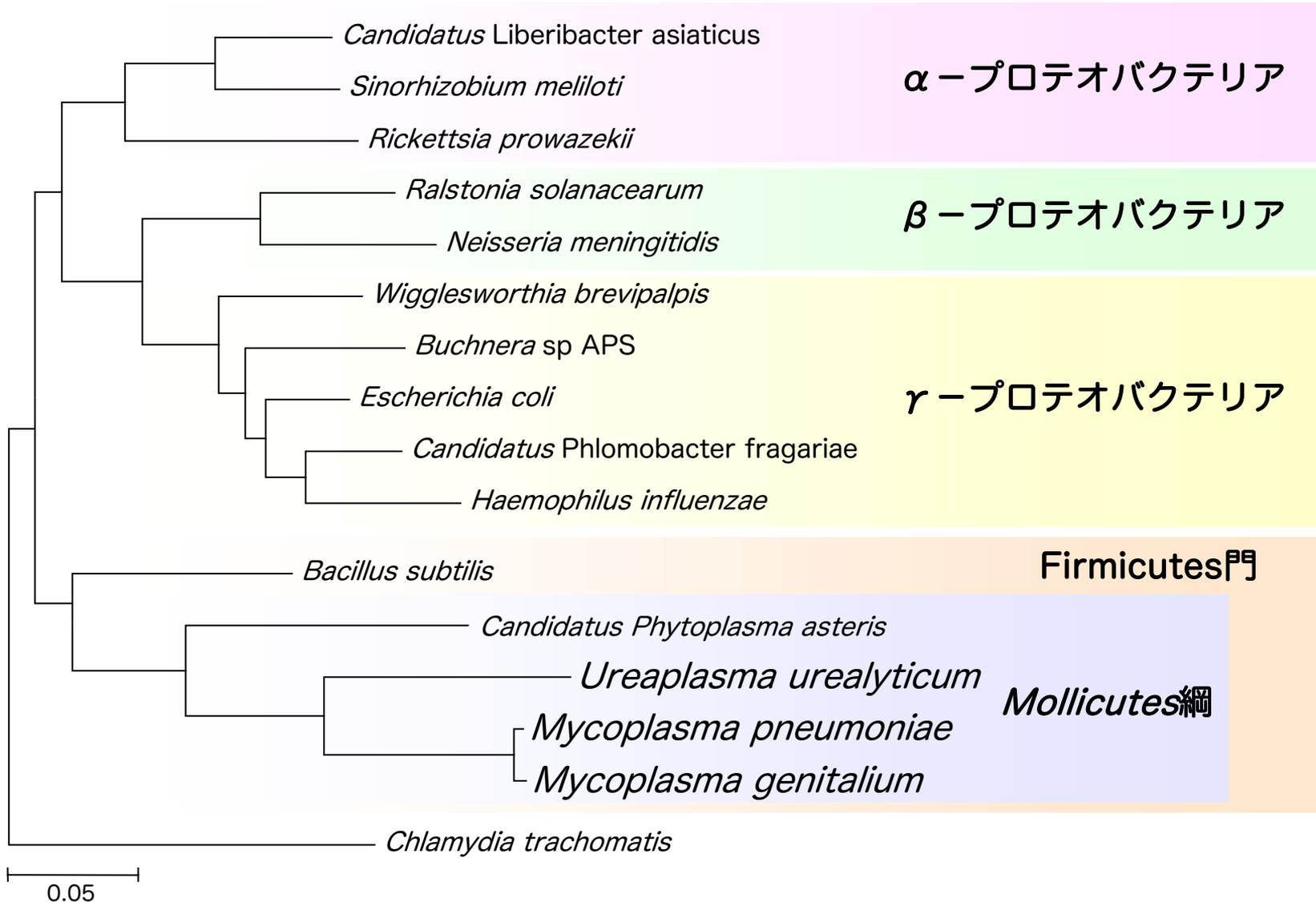
# 細菌の全ゲノム解読の歴史

生物種	ゲノムサイズ (Mbp)	全ゲノム解読 された年
<i>Haemophilus influenzae</i>	1.83	1995
★ <i>Mycoplasma genitalium</i>	0.58	1995
★ <i>Mycoplasma pneumoniae</i>	0.82	1996
・		
・		
・		
<i>Bacillus subtilis</i>	4.21	1997
<i>Escherichia coli</i>	4.67	1997
・		
★ <i>Ureaplasma parvum</i>	0.75	2000
・		
・		



- ◆ マイコプラズマ類は、ゲノムサイズが小さいため、ゲノムプロジェクトで取り上げられることが多かった

# マイコプラズマの系統学的位置



## ■ blastフォルダに移動します

```
> cd C:\Users\iu\Desktop\blast
```

「cd (スペース)」を打ち込む → blastフォルダをドラッグして  
→ コマンドプロンプトの上にドロップ → リターンを押します

以下のように表示されます

```
C:\Users\iu\Desktop\blast>
```

## ■ blastフォルダ内のファイルを表示します

```
> dir
```

```
2009/03/11  19:52    <DIR>          .
2009/03/11  19:52    <DIR>          ..
2005/04/21  23:34   222,447 Mgenitalium.faa
2005/04/21  23:33   307,006 Mpneumoniae.faa
.
.
```

# データベースの準備

- 練習用に *Mycoplasma genitalium* のゲノムデータを用います
- blastフォルダの中に **Mgenitalium.faa** という **Multi-FASTAフォーマット形式** のファイルが置いてあります
- 中身を見てみましょう

```
> more Mgenitalium.faa
```

## moreコマンドについて

指定したファイルの内容を表示します。次ページを見るには [Space]キー、1行ずつ見るには[Enter]キー、終了するには[Q]キー押します。

blastフォルダ内のファイルを，メモ帳等で開いてもOKです

## データベースの準備

- stand-alone BLASTはMulti-FASTAフォーマットのままでは、データベースとして使うことができません
- **BLAST用のデータベースへ変換する**ために以下のコマンドを実行します

```
> makeblastdb -in Mgenitalium.faa -dbtype prot
```

1

**-in** オプション：データベース指定

2

**-dbtype** オプション：データがアミノ酸配列の場合は prot

データが塩基配列の場合は nucl

上記の方法でエラーが出る場合は、以下の方法を試してみてください

```
makeblastdb -in Mgenitalium.faa -dbtype prot -max_file_sz 1000000
```

※ ユーザ名に日本語が使われているときなどに、デスクトップではうまく作動しない場合があります。その場合は、blastフォルダを C:ドライブの直下に移動させてみてください。

# stand-alone BLASTの実行

- Query (質問配列) には test1.seq を用います

```
> more test1.seq
```

```
>gi|16130505|ref|NP_417075.1| uracil-DNA-glycosylase  
[Escherichia coli str. K-12 substr. MG1655]  
MANELTWHDVLAEEKQQPYFLNTLQTVASERQSGVTIYPPQKDVFNFRFTELG  
DVKVVILGQDPYHGPQAHGLAFSVRPGIAIPPSLLNMYKELENTIPGFTRPNH  
GYLESWARQGVLLLNTVLTVRAGQAHSHASLGWETFSDKVISLINQHREGVVFL  
LWGSHAQKKGAIIDKQRHHVLKAPHPSPLSAHRGFFGCNHFVLANQWLEQRGET  
PIDWMPVLP AESE
```

## 楽にコマンドを入力するコツ

ファイル名 (例えば test1.seq) を入力するときに, 「t」や「te」など  
最初の数文字を入力した後, **Tabを押す**ことで, その文字から始まるファイル名  
を自動的に表示させることができます

## stand-alone BLASTの実行

- test1.seqを質問配列として用いて、Mgenitalium.faaデータベースに対してblastp検索を行うために、以下のコマンドを実行します

```
> blastp -db Mgenitalium.faa -query test1.seq
```

1

2

**-db** : データベースを指定

**-query** : 質問配列 (query) を指定

## 検索結果をテキストファイルとして出力する

- 検索結果をファイルとして出力するには, `-out`オプションを用います

※ 講義資料で改行するところにはスペースが入ります

```
> blastp -db Mgenitalium.faa -query test1.seq  
-out result1.txt  
> more result1.txt
```

`-out` : 出力ファイル指定

### 楽にコマンドを入力するコツ

↑ (上矢印) を押すと, 過去に入力したコマンドが出てきます

- リダイレクトという機能を使って出力することもできます

```
> blastp -db Mgenitalium.faa -query test1.seq  
> result1.txt
```

# ■ メモ帳やワードパッドを使って result1.txt を開いてください

検索対象として用いた  
データベース →

質問配列の名前 →

アラインメント →

```

BLASTP 2.9.0+

Reference: Stephen F. Altschul, Thomas L. Madden, Alejandro A.
Schaffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J.
Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of
protein database search programs", Nucleic Acids Res. 25:3389-3402.

Reference for composition-based statistics: Alejandro A. Schaffer,
L. Aravind, Thomas L. Madden, Sergei Shavirin, John L. Spouge, Yuri
I. Wolf, Eugene V. Koonin, and Stephen F. Altschul (2001),
"Improving the accuracy of PSI-BLAST protein database searches with
composition-based statistics and other refinements", Nucleic Acids
Res. 29:2994-3005.

Database: Mgenitalium.faa
         484 sequences; 175,929 total letters

Query= gi|16130505|ref|NP_417075.1| uracil-DNA-glycosylase [Escherichia
coli str. K-12 substr. MG1655]

Length=229

Sequences producing significant alignments:

          Score          E
          (Bits)         Value

gi|12044949|ref|NP_072759.1| uracil DNA glycosylase (ung) [Mycopl... 108      6e-31
gi|12045134|ref|NP_072945.1| guanosine-3',5'-bis(diphosphate) 3'-... 23.1     2.8
gi|12044874|ref|NP_072684.1| GTP-binding protein, putative [Mycop... 22.3     5.1
gi|12045072|ref|NP_072883.1| cytdherence accessory protein (hmw2... 21.6     8.8

>gi|12044949|ref|NP_072759.1| uracil DNA glycosylase (ung) [Mycoplasma
genitalium G-37]
Length=245

Score = 108 bits (271), Expect = 6e-31, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 72/226 (32%), Positives = 106/226 (47%), Gaps = 14/226 (6%)

Query  6      TWHVDVLAEEKQPPYFLNLTLOTVASERQSGVTIYPPQKDFVNAFRFTELGDVKVVLGQDP 65
      +W  + EE ++PYF  L+ + + +   TI P  + +F  F F +  D KV+I GQDP
Sbjct 17      SWRAFIDEVKKPYFQALLEKLKALK---ATIIPKPELIFRVVFSFFKPIDTKVIIFGQDP 73

Query 66      YHGPQQAHLAFSVRPGIAIPPSLLNMYKELENTIPGFTRPN---HGYLESWARQGVLLL 122
      Y  P  A GLAF+          P SL  +  LE  P  + +          +L +WA QGVLLL
Sbjct 74      YPSPNDACGLAFASNNS-KTPASLKRIILRLEKEYPSLQESSWQQNFLLNWAEQGVLLL 132
    
```

スコア ↓

E value ↙

# E value設定

- E-valueが小さいほど、配列同士の相同性が高いことを示します
- BLAST検索の際にE valueのしきい値を設定することで、その値よりも小さいE valueの検索結果しか出力されなくなります
- しきい値を設定するには、`-evaluate`オプションを用います

```
> blastp -db Mgenitalium.faa -query test1.seq  
-out result1.txt -evaluate 1e-10  
  
> more result1.txt
```

1 (いち) と 1 (エル) の違いに注意してください

# BLASTX

- 次にblastX検索を行ってみましょう
- test2.seqには塩基配列データが入っています

```
> more test2.seq  
> blastx -db Mgenitalium.faa -query test2.seq  
-evaluate 1e-10 -out result2.txt  
> more result2.txt
```

- メモ帳やワードパッドを使って result2.txt を開いてください

# 大量Queryのホモロジー検索法

- stand-alone BLASTは、**Multi-FASTA形式の質問配列**にも対応しています
- 例えば、下のような**複数の配列を含むファイル**を質問配列として用いると、それぞれをBLAST検索した結果が**つながった一つ**のファイルとして出力されます

```
>gi|49176138|ref|NP_416237.3| 6-phosphofructokinase II [Escherichia coli K12]
MVRIYTLTLAPSLDSATITPQIYPEGKLRCTAPVFEPGGGGINVARAIAHLGGSATAIFPAGGATGEHLV
SLLADENVPVATVEAKDWTRQNLHVHVEASGEQYRFVMPGAALNEDEFRQLEEQVLEIESGAILVISGSL
PPGVKLEKLTQLISAAQKQGIRCIVDSSGEALSAALAIIGNIELVKPNQKELSALVNRELTQPDDVRKAAQ
EIVNSGKAKRVVSLGPQALGVDSENCIQVPPVPPVKSQSTVVGAGDSMVGAMTLKLAENASLEEMVRFV
AAGSAATLNQGTRRLCSHDDTQKIYAYLSR

>gi|16132212|ref|NP_418812.1| phosphoglyceromutase 2 [Escherichia coli K12]
MLQVYLVRHGETQWNAERRIQGQSDSPLTAKGEQQAMQVATRAKELGITHIISDDLGRTRRTAEIIAQAC
GCDIIFDSRLRELNMGVLEKRHIDSLTEEEENWRRQLVNGTVDGRIPEGESMQELSDRVNAALESCRDLP
QGSRPLLVSHGIALGCLVSTILGLPAWAERLRLRNCISIRVDYQESLWLASGWVETAGDISHLDPAL
DELQR

>gi|16131851|ref|NP_418449.1| glucosephosphate isomerase [Escherichia coli K12]
MKNINPTQTAAWQALQKHFDEMKDVTIADLFAKDGDRFSKFSATFDDQMLVDYSKNRITEETLAKLQDLA
KYCDLAGAIKSMFSGEIKINRTENRAVLHVALRNRSNTPILVDGKDVMPVNAVLEKMKTFSEAIISGEWK
GETTGKAITDVVNIIGGSDLGPYMVTEALRPYKNHLNMHFVSNVDGTHIAEVLKKNVPETTLFLVASKTF
TTQETMTNAHSARDWFLKAAGDEKHVAKHFAALSTNAKAVGEFGIDTANMFEFWDWVGGRYSLWSAIGLS
IVLSIGFDNFVELLSGAHAMDKHFSTTPAEKNLPVLLALIGIWNFFGAETEAILPYDQYMHRFAAYFQ
QGNMESNGKYVDRNGNVVDYQTGPIIWGEPGTNGQHAFYQLIHQGTKMVPCDFIAPAITHNPLSDHHQKL
LSNFFAQTEALAFGKSREVVEQEYRDQGKDPATLDYVVPFKVFEGRPTNSILLREITPFSLGALIALYE
HKIFTQGVILNIFTFDQWGVELGKQLANRILPELKDDKEISSHDSSTNGLINRYKAWRG
```

## 大量Queryのホモロジー検索法

- test3.seqには、100個分のアミノ酸配列がMulti-FASTAフォーマットで記述してあります

```
> more test3.seq
```

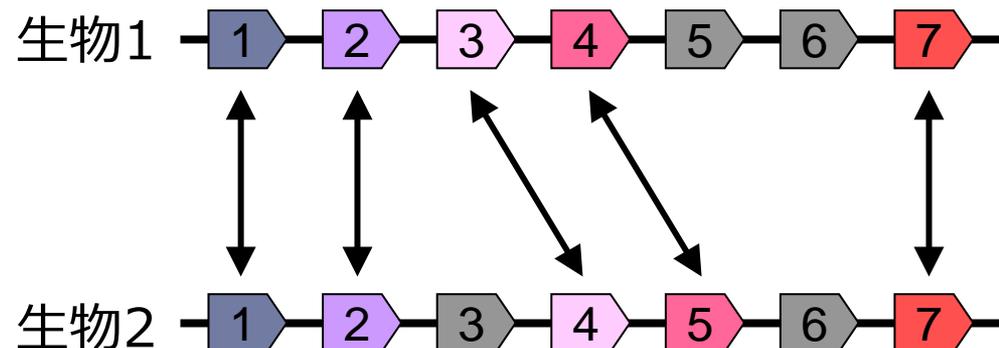
- これらと相同なアミノ酸配列がMgenitalium.faa内にあるかどうかを調べるために、以下のコマンドを実行してください

```
> blastp -db Mgenitalium.faa -query test3.seq  
-evaluate 1e-10 -out result3.txt
```

- メモ帳やワードパッドを使って result3.txt を開いて、結果を確認してください

# ホモロジー検索を用いた比較ゲノム解析

- アミノ酸配列が類似したタンパク質は、**機能も似ている**ことが推測されます
- 類似性が高く、おそらく共通の祖先タンパク質から派生したと考えられるタンパク質のことを、「**オーソログ**」と呼びます
- 片方の生物種の**すべてのタンパク質**を質問配列として用いて、相手の**すべてのタンパク質**に対してホモロジー検索を行うことで、オーソログ遺伝子を網羅的に同定できます



## ホモロジー検索を用いた比較ゲノム解析

- Mpneumoniae.faaには, *Mycoplasma pneumoniae* のゲノムにコードされる全アミノ酸配列がMulti-FASTAフォーマットで記述してあります

```
> more Mpneumoniae.faa
```

- これらと相同なアミノ酸配列を *M. genitalium*が持っているかどうかを調べるために, 以下のコマンドを実行してください

```
> blastp -db Mgenitalium.faa -query Mpneumoniae.faa  
-evaluate 1e-10 -out result4.txt
```

- メモ帳やワードパッドを使って result4.txt を開いて、結果を確認してください

# Pythonを用いたデータ処理

- 大量の質問配列を使ってBLAST検索を行うと、**結果が羅列**した形で出力されます
- **Python**などのプログラミング言語を用いることで、この中から必要な情報だけを取り出すことができます
- 質問配列のアクセッション番号や、検索の結果ヒットしたタンパク質の情報などのリストを作成してみましょう

Query GI	ref No.	Function	Length	Score	E-value	Identity
16132212	NP_014926.1	Yor283wp	230	62.8	4.00E-11	48%
16131851	NP_009755.1	Glucose-6-phosphate isomerase; Pgi1 p	554	641	0	73%
16131757	NP_010335.1	triosephosphate isomerase; Tpi1 p	248	192	4.00E-50	60%
16131754	NP_011756.1	phosphofructokinase alpha subunit; Pfk1 p	987	184	2.00E-47	51%
16131018	NP_009362.1	Pyruvate kinase; Cdc19p	500	40.8	2.00E-04	50%
16130827	NP_009938.1	3-phosphoglycerate kinase; Pgi1 p	416	255	7.00E-69	57%
16130826	NP_012863.1	aldolase; Fba1 p	359	352	4.00E-98	68%
16130686	NP_011770.1	enolase I; Eno1 p	437	359	1.00E-100	62%
16130106	NP_009965.1	ribokinase; Rbk1 p	333	35.4	0.012	59%
16129807	NP_009362.1	Pyruvate kinase; Cdc19p	500	247	3.00E-66	49%
16129733	NP_012483.1	Glycerinaldehyde-3-phosphate dehydrogenase	332	427	1.00E-120	77%

- "Query=" で始まる行に**質問配列の情報**が書かれており, ">"で始まる行に**ヒットした遺伝子の情報**が書かれています.
- これらの情報を抜き出して表示するプログラム **parse-blast.py** を用意しておきました.

※ Stand-alone BLASTのバージョンが古いと parse-blast.pyがうまく作動しないことがあります。その場合は、parse-blast2.pyで試してみてください

1

```
Query= gi|13507740|ref|NP_109689.1| DNA polymerase III beta subunit
[Mycoplasma pneumoniae M129]
```

```
Length=380
```

Sequences producing significant alignments:	Score (Bits)	E Value
gi 12044851 ref NP_072661.1  DNA polymerase III, subunit beta (dn...	525	0.0

2

```
>gi|12044851|ref|NP_072661.1| DNA polymerase III, subunit beta
(dnaN) [Mycoplasma genitalium G-37]
```

```
Length=364
```

3

```
Score = 525 bits (1352), Expect = 0.0, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 257/364 (71%), Positives = 315/364 (87%), Gaps = 0/364 (0%)
```

Query	17	LNNVIVSNNKMKPYHSYLLIEATEKEINFYANNEYFSAKCTLAENIDVLEEGERVIVKGI	76
		+NNVI+SNNK+KP+HSY LIEA EKEINFYANNEYFS KC L +NID+LE+G +IVKGI	
Sbjct	1	MNNVVISNNKIKPHHSYFLIEAKEKEINFYANNEYFSVKCNLNKNIDILEQGLIVKGI	60

- Pythonのプログラミングについては、次回の講義で扱います.

- 以下のコマンドを入力して, result4.txtを構文解析します  
→ list1.txt というファイルが新たに出来上がります

```
> python parse-blast.py -in result4.txt -out list1.txt
```

- Excel を開きます (空白のブック)
- list1.txt を Excel上にドラッグ&ドロップしてください

**1** 質問配列の情報

**2** BLAST検索でヒットした配列の情報  
(ヒットしなかった場合は空欄)

**3** スコア, E-value, Identity

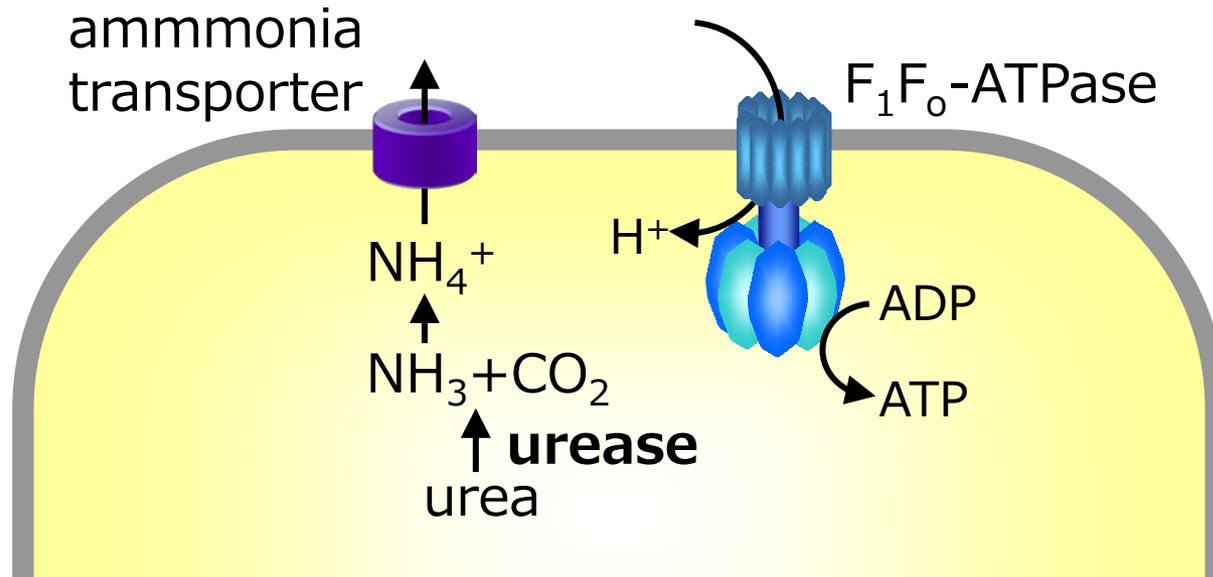
**4**

Query GI	Query	Hit_ref No.	Hit_Function	Hit_Length	Score	E-value	Identity
gi 13507740	DNA polymerase III beta subu	NP_072661.1	DNA polymerase III, subunit k	364	516	1.00E-148	70%
gi 13507741	similar to J-domain of DnaJ[M	NP_072662.1	dnaJ-like protein [Mycoplasm	310	437	1.00E-125	83%
gi 13507742	DNA gyrase subunit B [Mycoc	NP_072663.1	DNA gyrase subunit B (gyrB)	650	1184	0	86%
gi 13507743	DNA gyrase subunit A [Mycoc	NP_072664.1	DNA gyrase subunit A (gyrA)	836	1330	0	84%
gi 13507744	seryl-tRNA synthetase [Mycoc	NP_072665.1	seryl-tRNA synthetase (serS	417	669	0	76%
gi 13507745	thymidylate kinase [Mycoplasi	NP_072666.1	thymidylate kinase (tmk) [Myc	210	280	1.00E-77	62%
gi 13507746	similar to DNA-polymerase su	NP_072667.1	hypothetical protein MG007 [	254	281	4.00E-78	72%
gi 13507747	thiophene and furan oxidator	NP_072668.1	thiophene and furan oxidator	442	573	1.00E-166	63%
gi 13507748	hydrolase [Mycoplasma pneur	NP_072669.1	hypothetical protein MG009 [	262	365	1.00E-103	64%
gi 13507749	hypothetical protein MPN010						
gi 13507750	hypothetical protein MPN011						
gi 13507751	hypothetical protein MPN012						
gi 13507752	hypothetical protein MPN013						
gi 13507753	hypothetical protein MPN014	NP_072670.1	hypothetical protein MG010 [	218	230	9.00E-63	70%
gi 13507754	hypothetical protein MPN015	NP_072671.1	hypothetical protein MG011 [	287	325	3.00E-91	82%
gi 13507755	similar to ribosomal S6modific	NP_072672.1	hypothetical protein MG012 [	287	368	1.00E-104	62%

M. genitaliumゲノム上には、これらと相同なタンパク質がコードされていない

◆ *Ureaplasma* はウレアーゼを用いて尿素を分解し、その結果生じたプロトン濃度勾配を利用してATPを合成する



Query GI	Query	Hit_ref No.	Hit_Function
gi 1335799	urease complex component[Ureaplasma parvum		
gi 1335799	urease complex component[Ureaplasma parvum		
gi 1335799	urease complex component[Ureaplasma parvum		
gi 1335799	urease complex component[Ureaplasma parvum		
gi 1335799	urease subunit alpha [Ureaplasmaparvum serovar		
gi 1335799	urease complex component[Ureaplasma parvum		
gi 1335799	urease complex component[Ureaplasma parvum		
gi 1335799	ferrichrome transport ATP-bindingprotein [Ureap	NP_109882.1	cobalt transport ATP-binding protein [Myc
gi 1335799	hemolysin [Ureaplasma parvumserovar 3 str. ATC		
gi 1335800	hypothetical protein UU437[Ureaplasma parvum	NP_110226.1	UV protection protein MucB [Mycoplasma
gi 1335800	holliday junction DNA helicase(fragment) [Ureapl	NP_110225.1	Holliday junction DNA helicase RuvB [Myc

ウレアーゼは、*Ureaplasma*ゲノムにだけコードされていることがわかる

## 本日の課題

- Ureaplasma.faa には, *Ureaplasma parvum*のゲノムにコードされる全タンパク質がMulti-FASTAフォーマットで記述してあります
- 「Mpneumoniae.faa」をデータベース, 「Ureaplasma.faa」を質問配列にしてBLAST検索を行い, *Ureaplasma*のタンパク質と相同なものが*M. pneumoniae*ゲノム上にもあるかどうか調べてください (E-valueのしきい値は,  $1e-3$ に設定してください)
- parse-blast.pyを使って, ヒットしたアミノ酸配列のリストを作成してください
- 作成したエクセルファイルを提出してください

- 作成した**エクセルファイル**を、メールに添付して提出してください
- 送付先は kenro[at]hosei.ac.jp です ([at]を@に変換)
- メールのはじめの件名は「**BLAST課題**」にしてください
- メール本文に、以下のように「**氏名**」「**所属**」「**学生証番号**」「**本日の講義の感想**」を記載してください

氏名：○○ ○○

所属：××××専攻 △△△△研究室

学生証番号：□□□□□

講義の感想：