Feature/Qualifier Usage Matrix: Alphabetical Order

Qualifier keys for source feature

	altitude	bio_material	cell_line	cell_type	chromosome	clone	clone_lib	collected_by	collection_date	country	cultivar	culture_collection	dev_stage	ecotype	environmental_sample	focus	germline	haplogroup	haplotype	host	identified_by	isolate	isolation_source	lab_host	lat_lon	macronuclear	map	mating_type	mol_type	note	organelle	organism	PCR_primers	plasmid	proviral	rearranged	segment	serotype	serovar	sex	specimen_voucher	strain	submitter_seqid	sub_clone	sub_species	sub_strain	tissue_type	transgenic	variety
source	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	◎	○	○	◎	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○

Frequently used features are indicated in red boxes. In general, you can describe standard annotation with them.
"*" shows often used feature

Qualifier keys for general features

Feature keys	allele	anticodon	artificial_location	bound_moiety	codon_start	compare	direction	EC_number	estimated_length	exception	experiment	frequency	function	gap_type	gene	gene_synonym	inference	linkage_evidence	locus_tag	mobile_element_type	mod_base	ncRNA_class	note	number	operon	PCR_conditions	product	pseudo	pseudogene	regulatory_class	replace	ribosomal_slippage	rpt_family	rpt_type	rpt_unit_seq	satellite	tag_peptide	translation	transl_except	transl_table	trans_splicing
* assembly_gap									◎					◎				3																								
C_region	○										○				○	1	○		○				○					○	○													
* CDS	○		○		○			○		2	○		○		○	1	○		○				○		○		○	2	2			○						2	○	○	○
centromere											○						○						○																		
D-loop											○				○	1	○						○																		
D_segment	○										○				○	1	○		○				○					○	○													
* exon											○				○	1	○		○				○	○				○	○													○
gap									◎		○												○																		
* intron											○				○	1	○		○				○	○				○	○													○
J_segment	○										○				○	1	○		○				○					○	○													
* mat_peptide	○							○			○		○		○	1	○		○				○				○	○	○													
misc_binding				◎							○		○		○	1	○						○																		
misc_difference						○					○				○	1	○		○				○								○										
* misc_feature	○										○		○		○	1	○		○				○				○	○	○													
* misc_RNA											○		○		○	1	○		○				○		○			○	○													○
misc_structure											○		○		○	1	○						○																		
* mobile_element											○				○	1	○			◎			○									○	○								
modified_base											○	○			○	1	○		○		◎		○																		
mRNA	○		○								○				○	1	○		○				○		○			○	○													○
* ncRNA											○		○		○	1	○		○			◎	○		○		○	○	○													○
operon	○										○		○				○						○		◎			○	○													
oriT				○			○				○						○						○									○	○	○							
precursor_RNA											○				○	1	○		○				○		○																○
primer_bind											○				○	1	○						○			○															
* propeptide	○										○		○		○	1	○		○				○				○	○	○												
protein_bind				◎							○				○	1	○						○		○																
* regulatory	○		○	○							○				○	1	○		○				○		○			○	○	◎												
* repeat_region											○				○	1	○						○									○	○	○	○						
rep_origin							○				○		○		○	1	○						○																		
* rRNA											○				○	1	○		○				○		○		○	○	○												
* sig_peptide	○										○		○		○	1	○		○				○					○	○												
* stem_loop											○		○		○	1	○						○		○																
telomere											○						○						○										○	○							
* tmRNA											○				○	1	○		○				○				○	○	○								○				
transit_peptide	○										○		○		○	1	○		○				○					○	○												
* tRNA		○									○				○	1	○		○				○				○	○	○												○
unsure						○					○				○	1			○				○								○										
V_region	○										○				○	1	○		○				○					○	○												
V_segment	○										○				○	1	○		○				○					○	○												
* variation	○					○					○	○			○	1	○		○				○								○										
* 3'UTR	○										○		○		○	1	○		○				○																		○
* 5'UTR	○										○		○		○	1	○		○				○																		○

◎	mandatory
○	available
	not available
1	foot note 1)
2	foot note 2)
3	foot note 3)

1) To use gene_synonym, either gene or locus_tag is required for the same feature.
2) exception must be used with translation. translation must be used with exception.
exception, pseudo and pseudogene cannot be used at the same time.
3) linkage_evidence is mandatory, when value of gap_type is "within scaffold" or "repeat within scaffold".

Feature/Qualifier Usage Matrix: Classified Order

Qualifier keys for source feature

	altitude	bio_material	cell_line	cell_type	chromosome	clone	clone_lib	collected_by	collection_date	country	cultivar	culture_collection	dev_stage	ecotype	environmental_sample	focus	germline	haplogroup	haplotype	host	identified_by	isolate	isolation_source	lab_host	lat_lon	macronuclear	map	mating_type	mol_type	note	organelle	organism	PCR_primers	plasmid	proviral	rearranged	segment	serotype	serovar	sex	specimen_voucher	strain	submitter_seqid	sub_clone	sub_species	sub_strain	tissue_type	transgenic	variety
source	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	◎	○	○	◎	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○

Frequently used features are indicated in red boxes. In general, you can describe standard annotation with them.
"*" shows often used feature

Qualifier keys for general features

		allele	anticodon	artificial_location	bound_moiety	codon_start	compare	direction	EC_number	estimated_length	exception	experiment	frequency	function	gap_type	gene	gene_synonym	inference	linkage_evidence	locus_tag	mobile_element_type	mod_base	ncRNA_class	note	number	operon	PCR_conditions	product	pseudo	pseudogene	regulatory_class	replace	ribosomal_slippage	rpt_family	rpt_type	rpt_unit_seq	satellite	tag_peptide	translation	transl_except	transl_table	trans_splicing
Feature keys	**Frequently used features (In general, you can describe standard annotation with them.)**																																										
	* CDS	○		○		○			○		2	○		○		○	1	○		○				○		○		○	2	2			○						2	○	○	○
	* rRNA											○				○	1	○		○				○		○		○	○	○													
	* tRNA		○									○				○	1	○		○				○				○	○	○													○
	* ncRNA											○		○		○	1	○		○			◎	○		○		○	○	○													○
	* tmRNA											○				○	1	○		○				○				○	○	○							○						
	* mobile_element											○				○	1	○			◎			○									○	○									
	* repeat_region											○				○	1	○						○									○	○	○	○							
	* variation	○					○					○	○			○	1	○		○				○								○											
	* misc_feature	○										○		○		○	1	○		○				○				○	○	○													
	* misc_RNA											○		○		○	1	○		○				○		○			○	○													○
	transcripts																																										
	* exon											○				○	1	○		○				○	○				○	○													○
	* intron											○				○	1	○		○				○	○				○	○													○
	* 3'UTR	○										○		○		○	1	○		○				○																			○
	* 5'UTR	○										○		○		○	1	○		○				○																			○
	mRNA	○		○								○				○	1	○		○				○		○			○	○													○
	modified_base											○	○			○	1	○		○		◎		○																			
	precursor_RNA											○				○	1	○		○				○		○																	○
	peptides																																										
	* mat_peptide	○							○			○		○		○	1	○		○				○				○	○	○													
	* propeptide	○										○		○		○	1	○		○				○				○	○	○													
	* sig_peptide	○										○		○		○	1	○		○				○					○	○													
	transit_peptide	○										○		○		○	1	○		○				○					○	○													
	related to transcription, translation or other regulation																																										
	operon	○										○		○				○						○		◎			○	○													
	* regulatory	○		○	○							○				○	1	○		○				○		○			○	○	◎												
	related to replication, or recombination																																										
	centromere											○						○						○																			
	telomere											○						○						○										○	○								
	D-loop											○				○	1	○						○																			
	rep_origin							○				○		○		○	1	○						○																			
	oriT				○			○				○						○						○									○	○	○								
	structure																																										
	protein_bind				◎							○				○	1	○						○		○																	
	misc_binding				◎							○		○		○	1	○						○																			
	misc_structure											○		○		○	1	○						○																			
	* stem_loop											○		○		○	1	○						○		○																	
	related to immune system, for Ig or TCRbeta gene																																										
	C_region	○										○				○	1	○		○				○					○	○													
	V_region	○										○				○	1	○		○				○					○	○													
	D_segment	○										○				○	1	○		○				○					○	○													
	J_segment	○										○				○	1	○		○				○					○	○													
	V_segment	○										○				○	1	○		○				○					○	○													
	genome mapping, landmark, quality																																										
	primer_bind											○				○	1	○						○			○																
	misc_difference						○					○				○	1	○		○				○								○											
	unsure						○					○				○	1			○				○								○											
	* assembly_gap									◎					◎				3																								
	gap									◎		○												○																			

◎ mandatory
○ available
not available
1 foot note 1)
2 foot note 2)
3 foot note 3)

1) To use gene_synonym, either gene or locus_tag is required for the same feature.
2) exception must be used with translation. translation must be used with exception.
exception, pseudo and pseudogene cannot be used at the same time.
3) linkage_evidence is mandatory, when value of gap_type is "within scaffold" or "repeat within scaffold".