# 运行记录

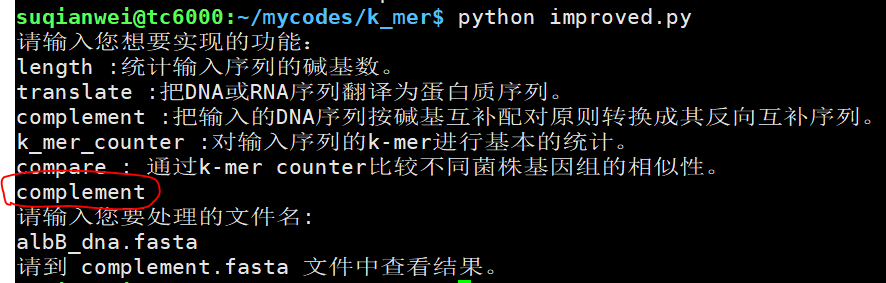
苏茜薇

记录的比较乱，图比较多，请打开视图-显示-导航窗格来查看，方便跳转。

## 实现complement和translate的功能

测试这两个功能的DNA序列为albB\_dna.fasta, 它是我本科的时候用过的一个蛋白序列，这里提供的是它的DNA序列，需要先把该序列转变为反向互补序列，再对得到的反向互补序列进行翻译，才能得到蛋白序列。

### Complement功能





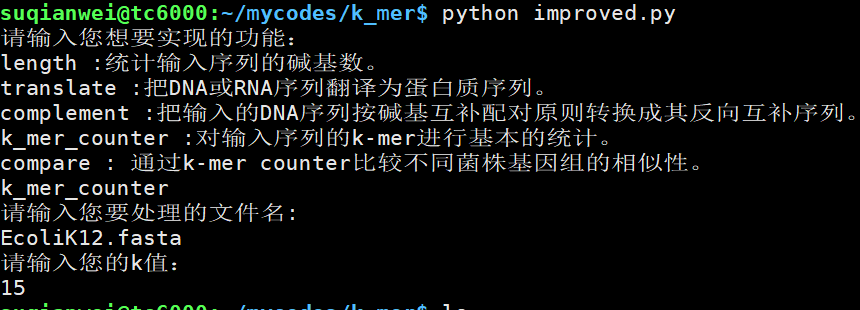
### Translate功能

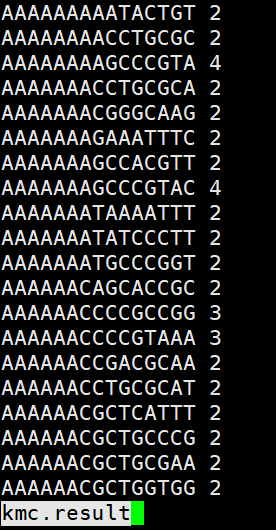


## k-mer counter 功能

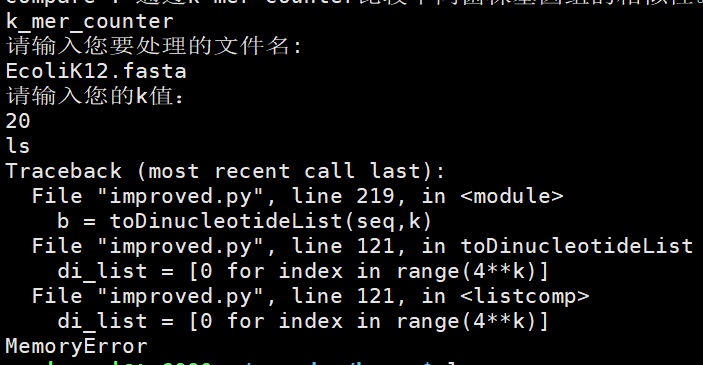
### 单个序列的k-mer计数

对于单个序列的k-mer 计数，使用大肠杆菌的测试数据，k=15时可以得到结果，k=20时就有内存错误。

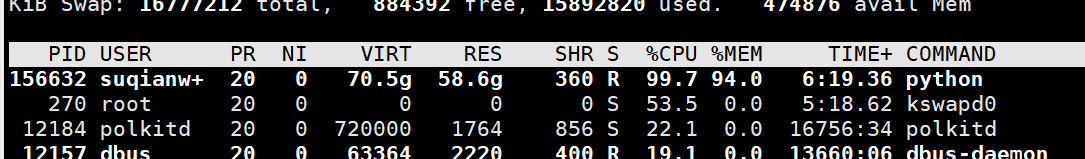




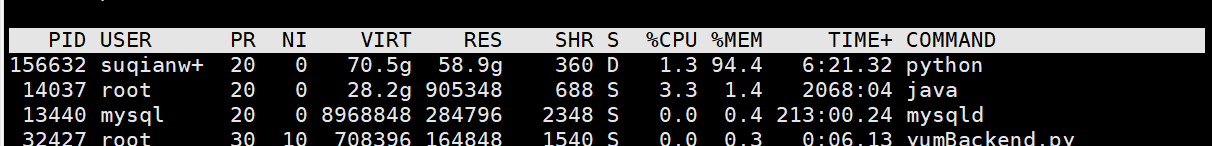
K=20时出现内存错误



开始时cpu和内存占用都很高

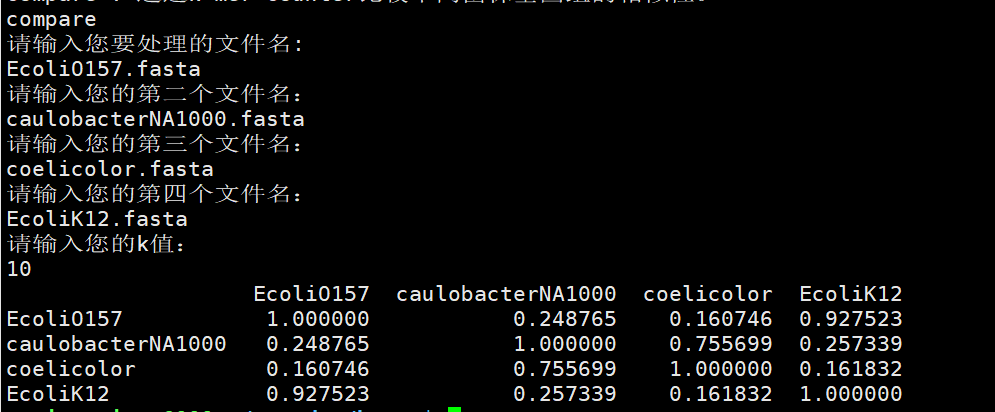


一段时间后，cpu占用降下来了，但内存占用持续，再过一会儿就报内存错误



### 通过k-mer对四个序列进行相似性比较

K值设置为10时，程序可以较快给出结果（几分钟内）



分析一下这个结果，两个大肠杆菌很相似，相似性有0.93；caulobacterNA1000与coelicolor较相似，相似性有0.75，coelicolor是我本科做过的菌，天蓝色链霉菌，是一个格兰氏阳性细菌。

这个相关性矩阵可以做个可视化，等我去R里面搞个热图过来。

K值设置为15时，程序无法正常运行出结果：



K=12时，也还可以。

