

1)

برای حصول اطمینان از نقشه‌برداری از همه موارد، تمام تطابق‌های حداکثر به‌عنوان لنگر هم‌ترازی (-maxmatch) استفاده شد و به دلیل شباهت توالی، حداقل اندازه خوشه به 100 (-c 100) افزایش یافت. دو فایل خروجی با رشته‌ای که با گزینه p- مشخص شده است پیشنهاد می‌شوند. nucmer.delta یک فایل رمزگذاری شده است که نشان دهنده تراز بین دو ورودی است. در این مرحله تراز دو ورودی کامل می‌شود، اما لازم است فایل nucmer.delta با ابزارهای ارائه شده تجزیه شود تا اطلاعات مفیدی از مقایسه استخراج شود.

```
/Users/shayanaryania/MUMmer3.23/nucmer -maxmatch -c 100 -p nucmer /  
Users/shayanaryania/Desktop/HW3/wga/NUCmer_input/B_anthraxis_Mslice.fasta  
/Users/shayanaryania/Desktop/HW3/wga/NUCmer_input/  
B_anthraxis_contigs.fasta
```

```
Last login: Fri May 3 20:45:07 on ttys005  
shayanaryania@Shayans-MBP ~ % /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/nucmer -maxmatch -  
c 100 -p nucmer /Users/shayanaryania/Desktop/HW3/wga/NUCmer_input/B_anthraxis_Ms  
lice.fasta /Users/shayanaryania/Desktop/HW3/wga/NUCmer_input/B_anthraxis_contigs  
.fasta > /Users/shayanaryania/Desktop/HW3/wga/NUCmer_input/nucmer.delta  
1: PREPARING DATA  
2,3: RUNNING mummer AND CREATING CLUSTERS  
# reading input file "nucmer.ntref" of length 312601  
# construct suffix tree for sequence of length 312601  
# (maximum reference length is 536870908)  
# (maximum query length is 4294967295)  
# process 3126 characters per dot  
#.....  
.....  
# CONSTRUCTIONTIME /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/mummer nucmer.ntref 0.05  
# reading input file "/Users/shayanaryania/Desktop/HW3/wga/NUCmer_input/B_anthra  
cis_contigs.fasta" of length 308869  
# matching query-file "/Users/shayanaryania/Desktop/HW3/wga/NUCmer_input/B_anthr  
axis_contigs.fasta"  
# against subject-file "nucmer.ntref"  
# COMPLETETIME /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/mummer nucmer.ntref 0.16  
# SPACE /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/mummer nucmer.ntref 0.60  
4: FINISHING DATA  
shayanaryania@Shayans-MBP ~ %
```

2)

این دستور مختصات، درصد هویت و سایر آمارهای مفید هر تراز را در یک جدول فهرست می کند. هر خط از جدول نشان دهنده یک تراز زوجی مجزا است و هر خط بر اساس مختصات مرجع اولیه (r-) مرتب شده است. اطلاعات اضافی مانند پوشش تراز (c-) و طول دنباله (l-) را می توان با گزینه های مناسب به جدول اضافه کرد. خروجی stdout است، بنابراین ما آن را به فایل nucmer.coords هدایت کردیم.

```
/Users/shayanaryania/MUMmer3.23/show-coords -r -c -l nucmer.delta > nucmer.coords
```

```
shayanaryania@Shayans-MBP ~ % /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/show-coords -r -c -l nucmer.delta > nucmer.coords
```

3)

این یک گزارش از تمام SNP های داخلی به ترازهای موجود در فایل nucmer.delta ایجاد می کند. هر خط از جدول نشان دهنده یک عدم تطابق واحد در تراز زوجی است. با گزینه -C، فقط SNP ها از مناطق تراز منحصر به فرد گزارش می شوند. اطلاعات اضافی را می توان با سوئیچ های خط فرمان توضیح داده شده در دفترچه راهنما اضافه یا حذف کرد. خروجی stdout است، بنابراین ما آن را به فایل nucmer.snps هدایت کردیم.

```
/Users/shayanaryania/MUMmer3.23/show-snps -C nucmer.delta > nucmer.snps
```

```
shayanaryania@Shayans-MBP ~ % /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/show-snps -C nucmer.delta > nucmer.snps
```

4)

این دستور کانتیگ ها و موقعیت هایی را فهرست می کند که حداکثر پوشش هم تراز را در سرتاسر دنباله مرجع با استفاده از کمترین مقدار ممکن ایجاد می کنند. این خروجی می تواند به بسته شدن پیش نویس ژنوم زمانی که یک ارگانسیم نزدیک به آن به پایان رسیده باشد کمک کند.

```
/Users/shayanaryania/MUMmer3.23/show-tiling nucmer.delta > nucmer.tiling
```

```
shayanaryania@Shayans-MBP ~ % /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/show-tiling nucmer.delta > nucmer.tiling
```

5)

`/Users/shayanaryania/MUMmer3.23/mapview -n 1 -p mapview /Users/shayanaryania/nucmer.coords`

6)

`/Users/shayanaryania/MUMmer3.23/mummerplot -postscript -p /Users/shayanaryania/nucmer.tiling`

```
shayanaryania@Shayans-MBP ~ % /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/mummerplot -postscript -p /Users/shayanaryania/nucmer.tiling
Can't use 'defined(%hash)' (Maybe you should just omit the defined()) at /Users/shayanaryania/MUMmer3.23/mummerplot line 884.
```

مثل مامر در هنگام خروجی گرفتن به ارور بالا برخورد میکنم