

Sabi - Käyttöohje

Ohjelman käyttö

Sabi (Sekvenssianalyysiä Bioinformatiikkaan) on tekstipohjainen ohjelma. Tämä tarkoittaa sitä, että et tarvitse Sabia käyttäessäsi hiirtä laisinkaan. Kaikki valinnat tehdään kultaisen 80-luvun tyyliin yksi kerrallaan ja valittuasi jotakin takaisin ei pääse. Mikäli siis teet virheen, aja ohjelma kerran ja aloita alusta.

Käynnistäessäsi ohjelman esiin tulee ohjelman nimi ja aloitusvalikko:

```
Sequence Algorithms

Select problem type:
1 - Longest Common Substring
2 - Global Sequence Alignment
3 - Local Sequence Alignment
4 - Global Sequence Alignment with gap penalties
0 - Quit
>
```

Valittavanasi on neljä erilaista algoritmia. Valitse haluamasi algoritmi kirjoittamalla sitä vastaava numero ja painamalla `[enter]`. Oletusarvoisena toimintana on lopetus, joten ohjelma päättyy mikäli annat jonkin muun syötteen kuin algoritmin numeron.

Seuraavaksi pääset tiedostonvalintavalikkoon.

```
Enter file name (default: input.txt):
>
```

Kaikissa algoritmeissa syöte luetaan tiedostosta. Mikäli haluat käyttää oletusarvoista syötetiedostoa `input.txt`, paina `[enter]`. Mikäli haluat käyttää jotakin muuta tiedostoa, anna tiedoston nimi ja paina `[enter]`. Huomaa, että syötetiedoston tulee olla hakemistossa *Tiralabra_maven*, eli samassa hakemistossa kuin oletustiedosto *input.txt*.

Longest Common Subsequence

Mikäli valitsit Longest Common Subsequence -algoritmin, muuta ei tarvita. Sabi laskee pisimmän alisekvenssin ja tulostaa sen ruudulle, minkä jälkeen pääset tallennustiedoston valintaan (ks alla).

```
Solve time: 1
Solution:
acctggttttgttc
```

Local/Global Sequence alignment

Mikäli valitsit Local/Global sequence alignment -algoritmin, pääset seuraavaksi valikkoon, jossa päätetään pisteytyksen valinnasta.

```
0 - Use default scoring
1 - Use simple scoring scheme
>
```

Oletusarvona on default scoring. Mikäli haluat määritellä itse pisteytyksen valitse 1 ja paina [enter]. Ohjelma kysyy tämän jälkeen pisteytyksen yksi arvo kerrallaan. Anna jokaiselle numeroarvo ja paina [enter]. Muista, että penalty-arvot tulee antaa negatiivisina!

```
Enter match bonus:
>7
Enter mismatch penalty (negative):
>-4
Enter indel penalty (negative):
>
```

Gap Penalty

Mikäli valitsit Global Sequence Alignment with gap penalties, ohjelma kysyy vielä lisäksi sakkopisteet aloitetun aukon jatkamiselle.

```
Enter gap penalty (negative):
>
```

Tämän jälkeen Sabi laskee sekvenssien kohdistuksen ja tulostaa ratkaisun ruudulle.

```
Using match bonus 5, mismatch penalty -3, indel penalty -1  
and gap penalty 0.
```

```
Solve time: 4
```

```
Solution:
```

```
aaaccgtgagtta---ttcgttctagaa
```

```
caccctaaggtacctttggttc-----
```

Tallennustiedoston valinta

Lopuksi sinulta kysytään tiedostoa, johon tulos kirjoitetaan.

```
Enter file name (default: output.txt):
```

```
>
```

Mikäli haluat käyttää oletustiedostoa, paina [enter]. Muussa tapauksessa anna tiedoston nimi ja paina [enter]. Tulos kirjoitetaan tiedostoon ja Sabi palaa aloitusvalikkoon seuraavaa kierrosta varten.

Syötetiedoston käyttö

Syötetiedostossa tulee olla kaksi vertailtavaa sekvenssiä eroteltuna toisistaan rivinvaihdolla. Kaikki versiossa 1.x olevat algoritmit vertailevat ainoastaan kahta sekvenssiä keskenään. Näinollen mikäli syötetiedostossa on useampia rivejä, kaikki kolmannesta rivistä alkaen jätetään huomiotta. Javan rajoituksista johtuen vertailtavien sekvenssien pituuksien tulo ei tulisi olla yli 10^8 . Ohjelma kestää siis hyvinkin pitkiä sekvenssejä, mikäli toinen sekvensseistä on lyhyt.