1.FASTA Dosya Formatı

FASTA dosya formatı biyoinformatik biliminde yaygın kullanılan dosya türlerinden biridir. Bu dosya formatının içerisinde protein veya nükleotid sekanslarına metin olarak yer verilmektedir.

FASTA dosya formatı aslında bir yazılım paketine ait bir formattır. Fakat biyoinformatik alanlarında yaygın hale gelip pyhton gibi dillerle kolayca işlenebilmektedir.

1.2 FASTA Dosya Formatının Yapısı

FASTA dosyaların yapı olarak iki kısımdan meydana gelir.

İlk kısım ">" sembolü ile başlar ve dosya yapısı gereği sembolün kullanılması bir zorunluluktur. Bu sembol sonrası dosyadaki veriler ile ilgili, isteğe bağlı olarak ve herhangi bir kısıtlama olmadığından istenilen şekilde, açıklama eklenebilir. Burada kısıtlama olmasa da NCBI FASTA kuralları olarak bilinen kurallara uygun açıklama eklemek ve NCBI tanımlama ifadelerini kullanmak, dosyanın çalışacağı uygulamada veya arama için kullanılacağı veri tabanında sorun yaşanmasının önüne geçecektir.

Diğer kısımda ise protein veya nükleotid sekansları yer alır. Bu sekanslar genellikle uzun olduklarından her 60 ila 100 karakterlik sekans yazımı sonrası alt satıra geçilerek devam edilir.

FASTA dosya formatında birden fazla sekansın tek dosya içerisinde yer almasına izin verilir.

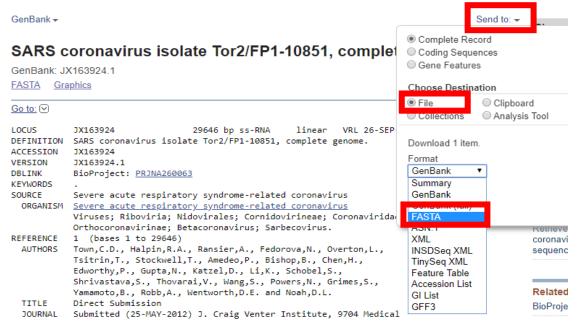
Şekil 1. FASTA dosyası

FASTA dosya formatının uzantısında .fasta, .fna, .ffn, .faa, .frn uzantıları kullanılır.

1.3 FASTA Dosyalarının Kullanım Amaçları

FASTA dosyaları DNA veya protein sekanslarını hizalama yöntemleri ile ortak ve farklı noktaları bulmak adına yapılan karşılaştırma işlemlerinde yaygın olarak kullanılır. Bunun yanı sıra günümüzde pek çok veri tabanında DNA veya protein araması yapılırken kullanılır.

- 1.4 Projede Kullanılan FASTA Dosyaları
- 1.4.1 Projenin FASTA Dosyalarının İndirilme Aşaması
- 1.4.1.1 Canlıya Ait Tüm Sekansın İndirilmesi



Şekil 2. Pubmed veri tabanı aranan canlı sekanslarını veren örnek bir sayfa

Proje ödevinde istenilen SARS coronavirus ve nCovid(2019) virüslerinin nükleotid dosyalarını NCBI sitesindeki Pubmed biyomedikal veri tabanı üzerinde aranıp elde edilmiştir.

İstenilen canlıya ait "complete genom" olan bir doküman seçilir. *Şekil* 2 'deki gibi bir sayfa açılır.

Dosyayı indirmek için sayfada sağ üstte bulunan "Send To" kısmı seçilir. Ardından açılan dosyadan "file" seçilip format bölümünden de FASTA dosyası seçilir ve "create file" butonuna basılarak dosya indirilir.

1.4.1.2 Canlıda Bulunan Özel Bir Proteinin İndirilmesi

Şekil 1'de yer alan sayfa içerisinde canlıya ait proteinler ve bilgilerinin bulunduğu sayfaya ait link bulunmaktadır. Bu proteinlere ait sekansları indirirken

Sekil 2' deki gibi ilgili gene ait linke tıklanır ve Sekil 3' deki proteine ait sayfaya geçilir.

```
gene 225..21445
/gene="PP1ab"

join(225..13358,13358..21445)
/gene="PP1ab"
/ribosomal_slippage
/codon_start=1
/product="polyprotein_orf1ab"
/protein_id="AFR58685.1"
/translation= MESLVLGVNEKTHVQLSLPVLQVRDVLVRGFGDSVEEALSEARE
Şekil 3. Canlıda bulunan protein linki
```

Bu işlem arkasından açılan sayfada yine 1.4.1.1 başlığı altındaki adımlar takip edilir.

1.5 Projede Kullanılacak FASTA Dosya Listesi

Projede SARS ve nCovid(2019) virüslerine ait virüsün tüm nükleotitlerinin, her iki virüste de bulunan "nucleocapsid" proteinlerinin , "polyprotein" proteinlerinin FASTA dosyaları projede girdi olarak kullanılmıştır.

COVID.fasta	5.03.2020 14:07	FASTA Dosyası	30 KB
COVID_Nucleocapsid.fasta	5.03.2020 14:09	FASTA Dosyası	1 KB
COVID_Polyprotein.fasta	5.03.2020 14:08	FASTA Dosyası	8 KB
SARS.fasta	5.03.2020 14:06	FASTA Dosyası	30 KB
SARS_Nucleocapsid.fasta	5.03.2020 14:12	FASTA Dosyası	1 KB
SARS_Polyprotein.fasta	5.03.2020 14:10	FASTA Dosyası	8 KB

Şekil 4. Girdi olarak kullanılan FASTA dosyaları

1.6 Proje Modülleri, Açıklamaları ve Çıktıları

Projede yapılan temel modüller; DNA sekanslarına ait amino asit sekansları 1gram, 2gram, 3gram olarak üretmek, ORF bölgelerini nükleotid ve protein bazında çıkarılması, Needleman Wunsch algoritması kullanılarak "nucleocapsid protein" ve "polyprotein" Blosum62 matrisi baz alınarak hizalamalarının yapılması ve iki virüse ait proteinlerin farklı olan kısımlarının başlangıç konumları belirtilerek çıkartılması.

1.6.1 FASTA DOSYA Sınıfı

FASTA dosyalarını işlemek adına oluşturulan sınıftır. Bu sınıf içerisinde sınıf yapıcısı (constructor) , genomDosyaDonusturucu , proteinDosyaDonusturucu , dosyaOkuma , donusturucu , dosyaYazma, orfBulAminoAsit , orfBulNukleotit fonksiyonları bulunmaktadır.

1.6.1.1 FASTA_DOSYA Sınıfı Yapıcısı (Constructor)

```
class FASTA DOSYASI():

def __init__(self,dosya_adi,dosya_yolu):
    self.dosya_adi = dosya_adi
    self.dosya_yolu = dosya_yolu
```

Şekil 5. FASTA DOSYASI sınıfının yapıcısı

FASTA dosyasının işlenmesi için oluşturulan sınıftan nesne oluştururken kullanılan fonksiyondur. Bu fonksiyon parametreleri FASTA dosyasının adı , dosyanın yoludur.

1.6.1.2 Program Akışı ve Kullanılan Fonksiyonlar

```
Fasts_arr_mucleocopiid_refetibosysbonesturucu()

fasts_arr_mucleocopiid_refetibosysbonesturucu()

fasts_arr_mucleocopiid_refetibosysbonesturucu()

fasts_arr_mucleocopiid_refetibosysbonesturucu()

fasts_arr_mucleocopiid_refetibosysbonesturucu()

fasts_arr_polyrotein_refetibosysbonesturucu()

fasts_covid_mucleocopiid_refetibosysbonesturucu()

fasts_covid_mucleocopiid_refetibosysbonesturucu()

fasts_covid_mucleocopiid_refetibosysbonesturucu()

fasts_covid_polyrotein_refetibosysbonesturucu()

fasts_covid_polyrotein_refetibosy
```

Şekil 6. Main fonksiyonu

SARS, nCovid virüslerine ait "polyprotein" ve "nucleocapsid" protein FASTA dosyaları proteinDosyaDonusturucu fonksiyonu ile düzenleniyor.

SARS, nCovid virüslerinin tam sekans FASTA dosyaları ile pars edilerek düzelenmek üzere genomDosyaDonusturucu fonksiyonuna gönderiliyor. Kod parçacıkları aşağıda verilmiştir.

```
def genomDosyaDonusturucu(self):
    fasta_dosyasi = open(self.dosya_yolu, "r")
    data = fasta_dosyasi.read()
    sekans_baslangic = data.find("genome")
    dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\'+
self.dosya_adi +'.txt', "w")
    dosya.write(data[sekans_baslangic+6:])

def proteinDosyaDonusturucu(self):
    fasta_dosyasi = open(self.dosya_yolu, "r")
    data = fasta_dosyasi.read()
    protein_dizilim_baslangic = data.find("]")
    dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\' +
self.dosya_adi + '.txt', "w")
    dosya.write(data[protein_dizilim_baslangic+1:])
```

Şekil 6 'te görüldüğü gibi ilk önce FASTA_DOSYASI isimli sınıftan sars ve covid nesneleri oluşturulur. Ardından sınıf içerisinde tanımlanan *Şekil* 7 'da görünen dosya okuma fonksiyonu çağrılır.

FASTA dosyalarının okunup işlenirken dosya işlemleri yapılırken sorun oluşturacak olan boşlukların kaldırılmasını replace fonksiyonu ile sağlar ve okuma işlemi sonrası düzenlenen veriyi nükleotid bazlı ORF bulan *Şekil 8*'deki orfBulNükleotit fonksiyonuna gönderir.

```
def dosyaOkuma(self):
    dosya = open(self.dosya_yolu, "r")
    sekanslar = dosya.read()
    sekanslar = sekanslar.replace("\n", "")
    sekanslar = sekanslar.replace("\r", "")
    self.orfBulNukleotit(sekanslar)
    self.donusturucu(sekanslar)
```

Şekil 7. FASTA DOSYASI sınıfına ait dosya okuma fonksiyonu

orfBulNükleotit fonksiyonunda kodonları tutacak bir dizi oluşturulur. Ardından "ATG" başlangıcı kodonu ile bitiş kodonları arasında yer alan kodonları tutmak adına bir değişken içerisi boş olarak tanımlanır. Bu fonksiyon sonucu nükleotit bazlı ORF çıktı verilerinin kaydedileceği dosya yazmak üzere açılır.

Sonrasında bir for döngüsü ile parametre olarak alınan sekans kodonlara ayrılır ve diziye eklenir.

Diziye eklenen kodonlardan ORF olan yani başlangıç ve bitiş kodonları arasında bulunan sekanslar *Şekil 8* 'deki gibi döngü ve koşullar ile tespit edilerek tanımlanan değişken içerisine atılır.

Her bitiş kodonu görüldükten sonra yeni bir ORF başlayabileceğinden dosyada düzenli görülmesi için değişkene yeni satır kaçış karakteri eklenir.

Tüm bu işlemler sonucunda açılan dosya içerisine değişkende toplanan ORF verileri yazılır.

Projede bu fonksiyon kullanılarak nCovid ve SARS virüslerindeki nükleotit bazlı ORF verileri üretilmiştir.

```
def orfBulWukleotit(self, sekanslar):
    orf_sekans= []
    orf_gen= ""
    dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\'+ self.dosya_adi +' GEN_ORF.txt', 'w')

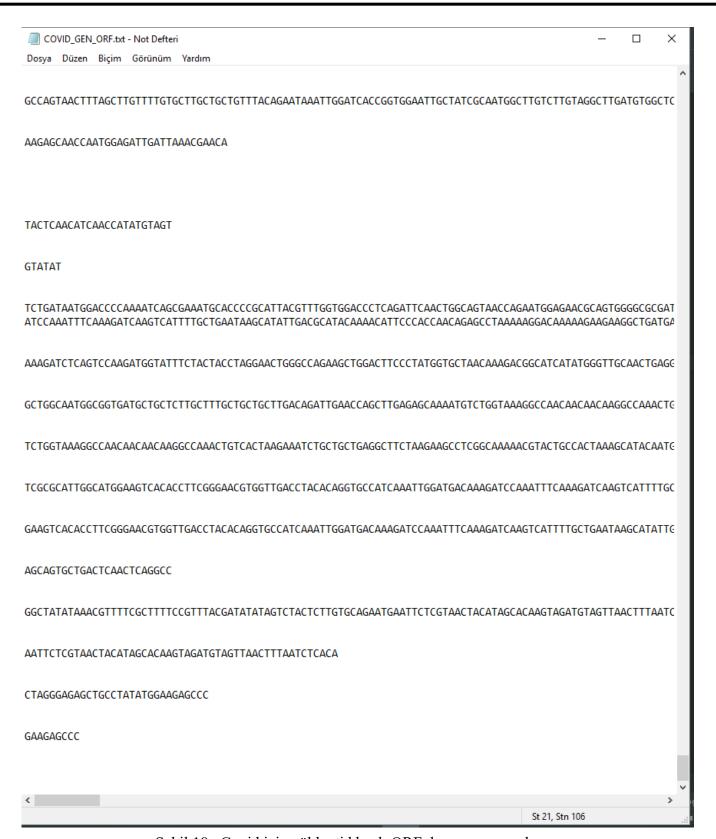
for i in range(0, len(sekanslar)-1, 3):
    if len(sekanslar) > i+3:
        kodon = sekanslar[i:i + 3]
        orf_sekans.append(kodon)

for i in range(0, len(orf_sekans)-1,1):
    if orf_sekans[i] == "ATG" and (i+1) < len(orf_sekans):
        i += 1
        while (orf_sekans[i] != "TAA") and (orf_sekans[i] != "TAG") and (orf_sekans[i] != "TGA"):
        orf_gen += orf_sekans[i]
        if (i + 1) < len(orf_sekans):
        i += 1
        else:
            break
        orf_gen += "\n\n\n"
        dosya.write(orf_gen)</pre>
```

Şekil 8 Nükleotit bazlı ORF bulan fonksiyon

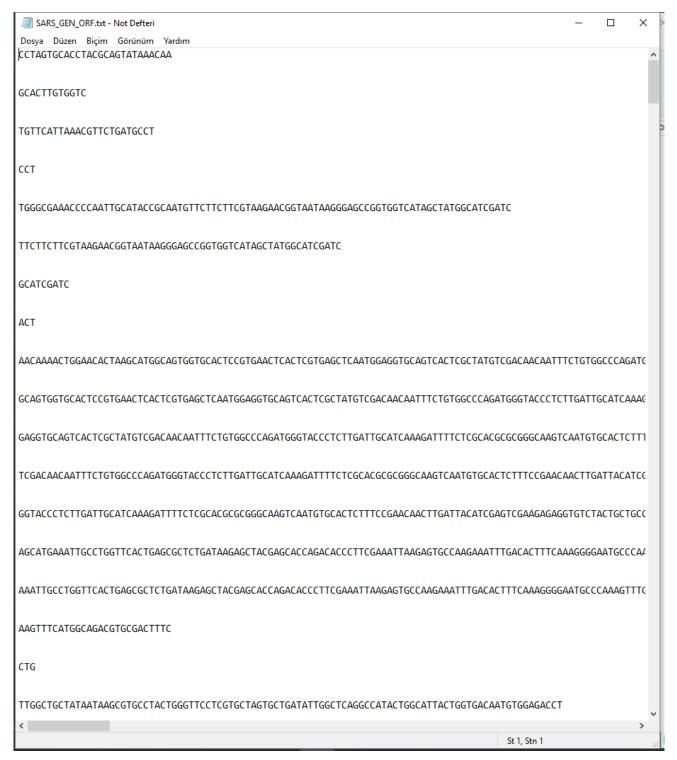
n
Covid virüsüne ait nükleotit bazlı ORF çıktı dosyasının resimler
i $\mbox{\it Sekil 9}$ ve $\mbox{\it Sekil 10}$ 'da verilmiştir.

COVID_GEN_ORF.txt - Not Defteri		×
Dosya Düzen Biçim Görünüm Yardım		
CTTAGTGCACTCACGCAGTATAAT		^
GAGAGCCTTGTCCCTGGTTTCAACGAGAAAACACACGTCCAACTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTCGCGACGTGCTCGTACGTGGCTTTGGACTTTGGACTTTGTGGCACTGAGAATTTGACTAAAGAAGAGGTGCCACTACTTGTGGTTACTTAC	CACAATTCAGAA GATTGTACAGAA GGTTGTTAATGG ATAGTTTCAAC CCAATTTAGAT AAATAATAGTT GAATGTACAAC GTAAAATTGTTA	AGT AAG CAG TAT TCT TAA TAT AAT
TACAGTCATGTAGTTGCCTTTAATACTTTACTATTCCTTATGTCATTCACTGTACTCTGTTTAACACCAGTTTACTCATTCTTACCTGGTGTT TAGATTATGACTGTGTCTCTTTTTTGTTACATGCACCATATGGAATTACCAACTGGAGTTCATGCTGGCACAGACTTAGAAGGTAACTTTTATC AGGTATTGTTTTTATGTGTGTTGAGTATTGCCCTATTTTCTTCATAACTGGTAATACACTTCAGTGTATAATGCTAGTTTATTGTTTCTTAGC ATCCAACAGGTTGTAGATGCAGATAGTAAAATTGTTCAACTTAGTGAAATTAGTATGGACAATTCACCTAATTTAGCATGGCCTCTTATTGTA	GGACCTTTTGT GCTATTTTTGT/	TGA ACT
GTTGAGCTGGTAGCAGAACTCGAAGGCATTCAGTACGGTCGTAGTGGTGAGAACACTTGGTGTCCTTGTCCCTCATGTGGGCGAAATACCAGTC CTAGCGCTAACATAGGTTGTAACCATACAGGTGTTGTTGGAGAAGGTTCCGAAGGTCTTAATGACAACCTTCTTGAAATACTCCAAAAAGAGA ACCTACTAGTGAAGCTGTTGAAGCTCCATTGGTTGGTACACCAGTTTGTATTAACAGGGCTTATGTTGCTCGAAATCAAAGACACAGAAAAGTA CTTGCTAAACACTGTCTTCATGTTGTCGGCCCAAATGTTAACAAAGGTGAAGACATTCAACTTCTTAAGAGTGCTTATGAAAATTTTAATCAC GCTATGTAACACATGGCTTAAATTTTGGAAGAAGCTGCTCGGTATATGAGATCTCCAAAGTGCCAGCTACAGTTTCTGTTTCTTCACCTGATC AGCTACAAAAATATCTAGTACAACAGGAGTCACCTTTTGTTATGATGTCAGCACCCACC	AAAGTCAACATO ACTGTGCCCTTO GCACGAAGTTCT GCTGTTACAGCO GTGCTAGTGAGT TTGTACTAATT GATAAAGCTGGT ATGACAAAGCTT AATGTACTAAAAGA TCTTACTCTAA	CAA GCA TAC GTA TAC ATA TCA TGC AGT AGT GGT
CGTGAGCTTAACGGAGGGGCATACACTCGCTATGTCGATAACAACTTCTGTGGCCCTGATGGCTACCCTCTTTGAGTGCATTAAAGACCTTCTACTAAAAAAAGGTGCCTGGAATATTGGTGAACAAGAAATCAATACTGAGTCCTCTTTATGCATTTGCATCAGCAGGCTGCTCGTTTGTACGATCACACTCTCTCT	ATTTTCTCCGG AATTACTTACAG ITAGAAAAATCAG ITTACAACAGTAG ITGATCTTGTAG AATGTCTAATT CCAATGTACTAG ATTGCTATGG ATTGCTATGGT CTCAAGAAGCT CACTGGTACTGG AACTTCATGGCAACTGGAACGT CACTGGTACTGGAACGT CACTGGTACTGGAACGCAACGC	CAC CCA AAG AGA CCA TAG TTC GAA TAC TGC TAT GTC
TAGAGTTTCTTAGAGACGGTTGGGAAATTGTTAAATTTATCTCAACCTGTGCTTGTGAAATTGTCGGTGGACAAATTGTCACCTGTGCAAAGCAGTGATGATGATAGTCAACAAACTGTTGGTCAACAAGCGCAGTGAGGACAATCAGACAACTACTATTCAAACAATTGTTGAGGTTCAACCTCAACAGACAATTATATAACCACTTACCCGGGTCAGGGTTTAAATGGTTACACTGTAGAGGAGGACAAGACAGTGCTTAAAAAAGTGTAAAAAGTGCC	AATTAGAGATG	GA4
C		>
St 21. Stn 106		

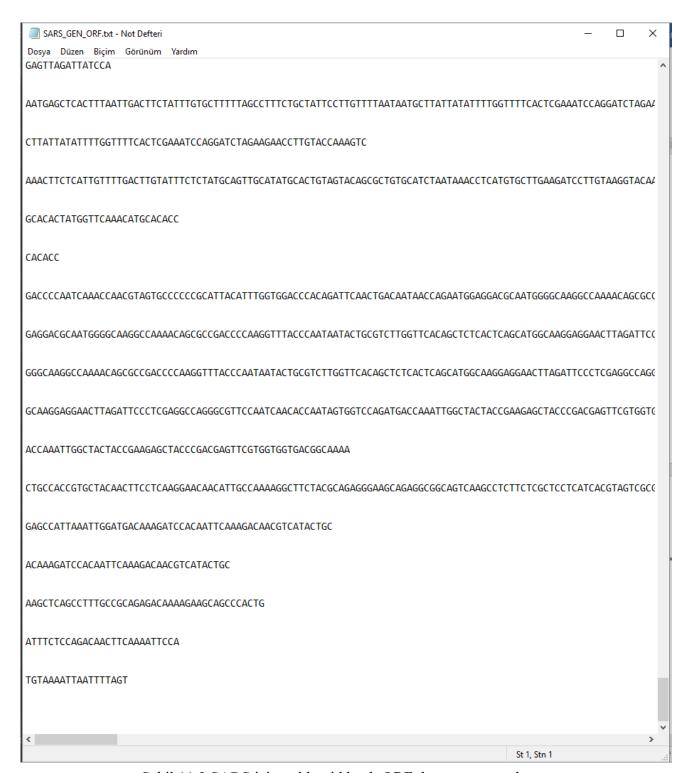


Şekil 10 nCovid için nükleotid bazlı ORF dosyasının son kısmı

SARS virüsüne ait nükleotit bazlı ORF çıktı dosyasının resimleri *Şekil 11.1* ve *Şekil 11.2* 'de verilmiştir.



Şekil 11.1 SARS için nükleotid bazlı ORF dosyasının baş kısmı



Şekil 11.2 SARS için nükleotid bazlı ORF dosyasının son kısmı

Bu çıktılar elde edildikten sonra fonksiyonun çağrıldığı dosyaOkuma fonksiyonuna geri dönülür.

Geri dönüldüğünde sıradaki komut DNA sekanslarını aminoaside dönüştüren *Şekil 12'* de verilen "donusturucu" isimli fonksiyonun çağrılmasıdır.

Şekil 12 DNA'dan amino asit üretimini yapan fonksiyon

Bu fonksiyonda dictionary veri türünde kodonlara karşılık gelen amino asit alfabesi tanımlandı. Ardından verilen sekansta yer alan kodonların üzerinden çıkarılan amino asitlerin dosyaya yazılmak üzere birleştirilebilmesi adına bir boş değişken tanımlandı. Ardından 3 for döngüsü ile kodonlar çıkarılıp amino asit alfabesindeki karşılıklarına göre sekans tarandı. 3 for döngüsünden ilki ödevde istenen 1gram, ikincisi 2gram ve üçüncüsü ise 3gram göre amino asit dönüşümünü vermektedir.

Bu fonksiyonda 1grama göre amino asit çıkarıldıktan sonra amino asit bazlı ORF çıkarım fonksiyonu çağrılmaktadır.

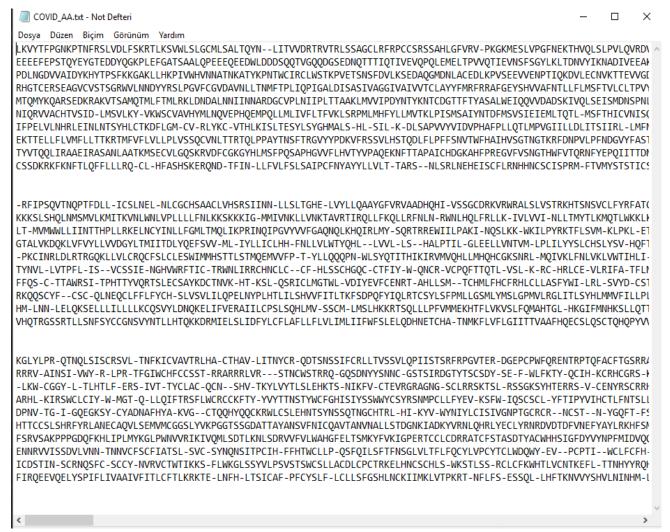
Her for döngüsü sonrası dosyaya yazılırken düzen sağlamak adına yeni satır kaçış karakteri dosyaya yazılacak veriye eklenmektedir.

Son olarak oluşturulan veri *Şekil* 13' teki dosyaYazma fonksiyonuna verilerek dosyaya yazılmaktadır.

```
def dosyaYazma(self_amino_asit_sekansi):
    dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\'+ self.dosya_adi +' AA.txt', 'w')
    dosya.write(amino_asit_sekansi)
```

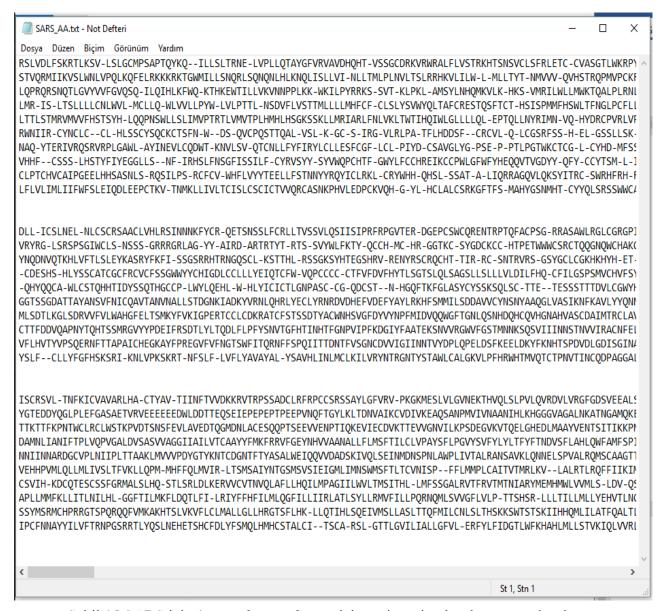
Şekil 13 dosyaYazma isimli fonksiyon

Bu fonksiyon sonucu nCovid virüsüne ait çıktılar Şekil 14 'te verilmiştir.



Sekil 14 nCovid için 1gram, 2gram, 3gram için aminoasit çıktı dosyasının baş kısmı

Bu fonksiyonun SARS virüsüne ait amino asit dosya çıktısı Şekil 15'te verilmiştir.



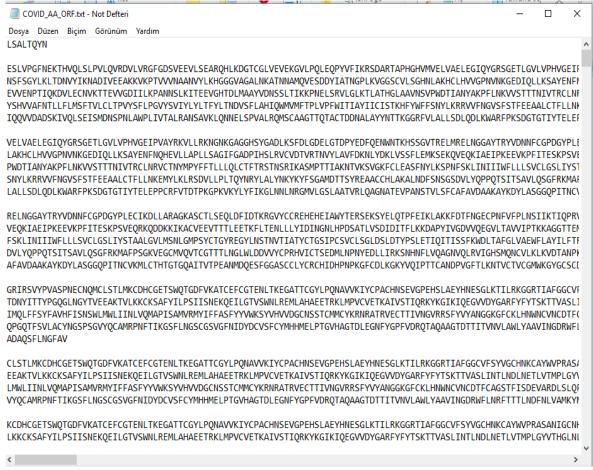
Şekil 15 SARS için 1gram, 2gram, 3gram için aminoasit çıktı dosyasının baş kısmı

Her iki çıktı dosyasında da ilk paragraf 1gram yani 1 numaralı konumdan itibaren üretilen amino asit sekansını, ikinci paragraf 2gram yani 2 numaralı konumdan başlandığında üretilen amino asit sekansını ve son paragraf ise 3gram yani 3 numaralı konumdan başlandığında üretilen amino asit sekansını göstermektedir.

Bu fonksiyon içerisinde ilk for döngüsü sonrası çağrılan orfBulAminoAsit fonksiyonu *Şekil 16*' da verilmiştir. Verilen fonksiyon amino asit sekansları içerisinde başlangıç amino asidi ile bitiş amino asitlerine bakarak amino asit bazlı ORF çıkarımı yapmaktadır. Sonuçları dosyaya yazılmaktadır.

Şekil 16 orfBulAminoAsit fonksiyonu

Bu fonksiyonda işlenen nCovid virüs amino asitlerinin sonucunda oluşturulan ORF dosyası *Şekil 17* ve *Şekil 18* ' de verilmiştir.

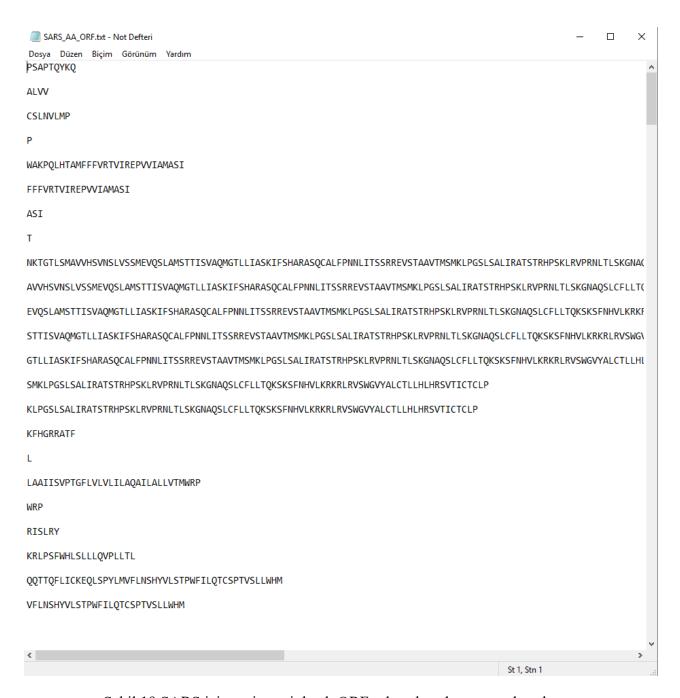


Şekil 17 nCovid için amino asit bazlı ORF sekansları dosyasının baş kısmı

COVID_AA_ORF.txt - Not Defteri	_	П	X
Dosya Düzen Biçim Görünüm Yardım			^
ASNFSLFCACCCLQNKLDHRWNCYRNGLSCRLDVAQLLHCFFQTVCAYAFHVVIQSRN			^
KSNQWRLIKRT			
YSTSTICS			
W			
SDNGPQNQRNAPRITFGGPSDSTGSNQNGERSGARSKQRRPQGLPNNTASWFTALTQHGKEDLKFPRGQGVPINTNSSPDDQIGYYF	RRATRRIRGGDGKMKDLSP	RWYFYY	LG1
KDLSPRWYFYYLGTGPEAGLPYGANKDGIIWVATEGALNTPKDHIGTRNPANNAAIVLQLPQGTTLPKGFYAEGSRGGSQASSRSSS	RSRNSSRNSTPGSSRGTS	PARMAG	NG(
AGNGGDAALALLLLDRLNQLESKMSGKGQQQQGQTVTKKSAAEASKKPRQKRTATKAYNVTQAFGRRGPEQTQGNFGDQELIRQGTE	YKHWPQIAQFAPSASAFF	GMSRIG	ME\
SGKGQQQQGQTVTKKSAAEASKKPRQKRTATKAYNVTQAFGRRGPEQTQGNFGDQELIRQGTDYKHWPQIAQFAPSASAFFGMSRIG	SMEVTPSGTWLTYTGAIKL	DDKDPN	FK[
SRIGMEVTPSGTWLTYTGAIKLDDKDPNFKDQVILLNKHIDAYKTFPPTEPKKDKKKKADETQALPQRQKKQQTVTLLPAADLDDFS	SKQLQQSMSSADSTQA		
EVTPSGTWLTYTGAIKLDDKDPNFKDQVILLNKHIDAYKTFPPTEPKKDKKKKADETQALPQRQKKQQTVTLLPAADLDDFSKQLQQ	QSMSSADSTQA		
SSADSTQA			
GYINVFAFPFTIYSLLLCRMNSRNYIAQVDVVNFNLT			
NSRNYIAQVDVVNFNLT			
LGRAAYMEEP			
EEP			
<			>
	St 1, Stn 1		:

Şekil 18 nCovid için amino asit bazlı ORF sekansları dosyasının son kısmı

Bu fonksiyonda işlenen SARS virüs amino asitlerinin sonucunda oluşturulan ORF dosyası *Şekil 19* ve *Şekil 20* ' de verilmiştir.



Şekil 19 SARS için amino asit bazlı ORF sekansları dosyasının baş kısmı

SARS_AA_ORF.txt - Not Defteri Dosya Düzen Biçim Görünüm Yardım		-		×
EAQFLYLYALIYFLQCINACRIIMRCWLCWKCKSKNPLLYDANYFVCWHTHNYDYCIPYNSVTDTIVVTEGDGISTPKLKEDYQIGO	CVSEDBHCC///DV/	WHCV	ETEV	VOL E
RCWLCWKCKSKNPLLYDANYFVCWHTHNYDYCIPYNSVTDTIVVTEGDGISTPKLKEDYQIGGYSEDRHSGVKDYVVVHGYFTEVYY				
DPIYDEPTTTTSVPL	IGLESIÓTLIDIGT	ENATE	FIFNK	LVKL
YSFVSEETGTLIVNSVLLFLAFVVFLLVTLAILTALRLCAYCCNIVNVSLVKPTVYVYSRVKNLNSSEGVPDLLV				
CLSGGQL				
FHLVDFQVTIAEILIIIMRTFRIAIWNLDVIISSIVRQLFKPLTKKNYSELDDEEPMELDYP				
RTFRIAIWNLDVIISSIVRQLFKPLTKKNYSELDDEEPMELDYP				
ELDYP				
NELTLIDFYLCFLAFLLFLVLIMLIIFWFSLEIQDLEEPCTKV				
LIIFWFSLEIQDLEEPCTKV				
KLLIVLTCISLCSCICTVVQRCASNKPHVLEDPCKVQH				
AHYGSNMHT				
нт				
DPNQTNVVPPALHLVDPQIQLTITRMEDAMGQGQNSADPKVYPIILRLGSQLSLSMARRNLDSLEARAFQSTPIVVQMTKLATTEE	PDEFVVVTAK			
EDAMGQGQNSADPKVYPIILRLGSQLSLSMARRNLDSLEARAFQSTPIVVQMTKLATTEELPDEFVVVTAK				
GQGQNSADPKVYPIILRLGSQLSLSMARRNLDSLEARAFQSTPIVVQMTKLATTEELPDEFVVVTAK				
ARRNLDSLEARAFQSTPIVVQMTKLATTEELPDEFVVVTAK				
TKLATTEELPDEFVVVTAK				
LPPCYNFLKEQHCQKASTQREAEAAVKPLLAPHHVVAVIQEIQLLAAVGEILLLEWLAEVVKLPSRYCC				
EPLNWMTKIHNSKTTSYC				
TKIHNSKTTSYC				
KLSLCRRDKRSSPL				
ISPDNFKIP				
<	St 1, Stn 1			>

Şekil 20 SARS için amino asit bazlı ORF sekansları dosyasının son kısmı

Bu fonksiyonlar çalıştıktan sonra amino asit ve ORF sekansları çıkarılıp dosyaya aktarılmış olup ödevin a ve b kısımları tamamlanır. Hatta a ve b kısımına ek olarak amino asit bazlı ORF sekanslarının çıkarılması da gerçekleştirilmiş olunur.

Fonksiyon çalışmaları bitince main fonksiyonuna geri dönülür ve Needleman Wunsch modülünde yer alan iki sekanstaki farkı bulmaya yarayan farkBul fonksiyonu çağrılır.

Fonksiyon verilen sekanslardaki konum nükleotitlerini karşılaştırır ve farklı nükleotitlei gördüğünde konum bilgisi ile birlikte bir değişkende toplanır. Tüm sekans tarandıktan sonra sonuç dosyaya yazılır.

Fonksiyon parametre olarak virüslere ait proteinlerin dosya yollarını alır ve kayıt esnasında dosya oluşturulurken ad verilmesinde kullanılmak üzere proteinin adını da almaktadır.

Fonksiyon kodu aşağıda verilmiştir.

```
farkBul(covid , sars , protein_turu):
         covid protein = proteinDizisiOku(covid)
         sars protein = proteinDizisiOku(sars)
         covid_uzunluk = len(covid_protein)-1
         sars_uzunluk = len(sars_protein)-1
         maX uzunluk = max(covid uzunluk , sars uzunluk)
         dosya_metni = ""
         i = 0
         while i<maX_uzunluk:</pre>
             fark_metni=""
             fark_sars =""
             fark_nCovid = ""
             if i<covid uzunluk and i<sars uzunluk :</pre>
                  if covid_protein[i] != sars_protein[i]:
                      fark_metni += "Konum : " +str(i)
                      while covid_protein[i] != sars_protein[i] and i<covid_uzunluk and</pre>
     i<sars_uzunluk:
                          fark_sars += sars_protein[i]
                          fark_nCovid += covid_protein[i]
                      fark_metni += "\nnCovid = " + fark_nCovid + "\nSARS = " + fark_sars +
             elif i>=covid uzunluk and i<=sars uzunluk:</pre>
                  fark_metni += "Konum : " +str(i)
                  while i<sars_uzunluk:</pre>
                      fark_sars += sars_protein[i]
                      fark nCovid += "-
```

```
i += 1
    fark_metni += "\nnCovid = " + fark_nCovid + "\nSARS = "+fark_sars +
    "\n\n************\n\n"

elif i>=sars_uzunluk and i<=covid_uzunluk:
    fark_metni += "Konum : " +str(i) + "\n"

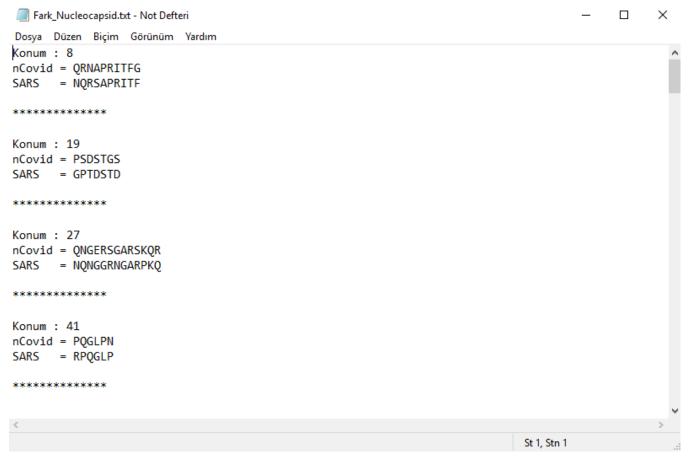
while i<covid_uzunluk:
    fark_sars += "-"
    fark_nCovid += covid_protein[i]
    i += 1

fark_metni += "\nnCovid = " + fark_nCovid + "\nSARS = " + fark_sars +
    "\n\n**********\n\n"
    i+=1

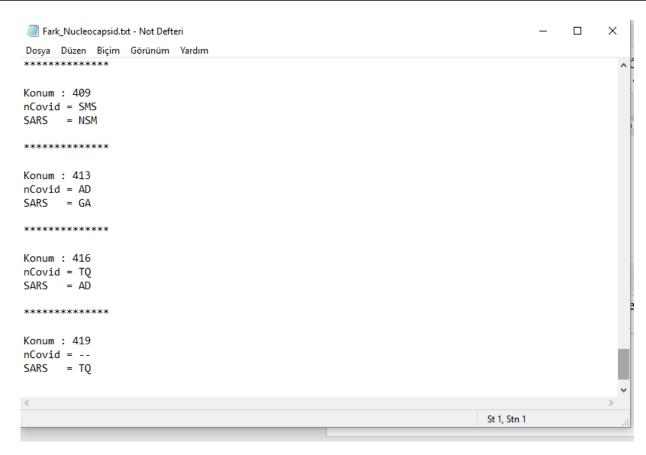
if fark_metni != "":
    print(fark_metni)
    dosya_metni += fark_metni

dosya = open("C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\Fark_"+ protein_turu +
    ".txt", "w")
    dosya.write(dosya_metni)</pre>
```

Bu fonksiyonun çalıştırılması sonucu nCovid ve SARS virüslerine ait nucleocapsid proteinlerinin fark dosya çıktısı *Şekil 21* ve *Şekil 22*' de verilmiştir.

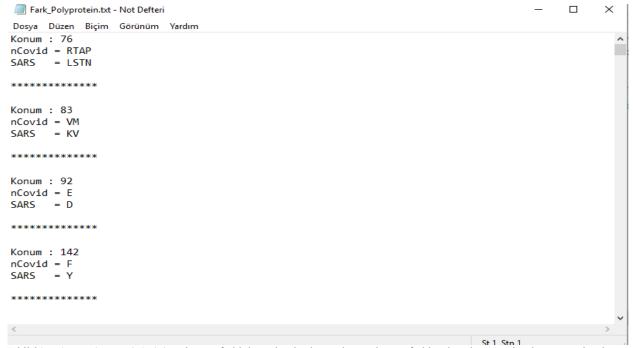


Şekil 21 Nucleocapsid proteinlerinin sekansta farklı kısımları başlangıç konumları ve farklı sekanslarının çıktı dosyasının baş kısmı

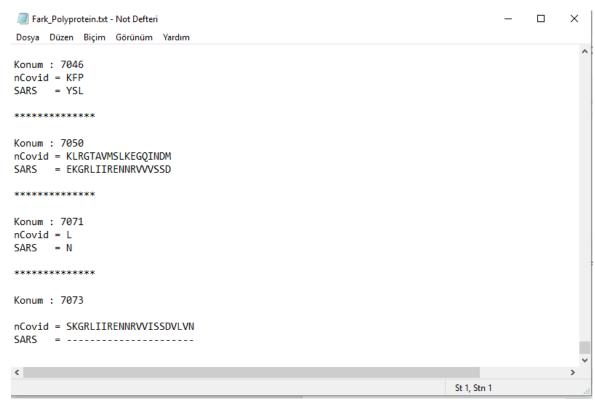


Şekil 22 Nucleocapsid proteinlerinin sekansta farklı kısımları başlangıç konumları ve farklı

Bu fonksiyonun çalıştırılması sonucu nCovid ve SARS virüslerine ait polyprotein proteinlerinin fark dosya çıktısı *Şekil 23* ve *Şekil 24*' te verilmiştir.



Şekil 23 Polyprotein proteinlerinin sekansta farklı kısımları başlangıç konumları ve farklı sekanslarının çıktı dosyasının baş kısmı



Şekil 24 Polyprotein proteinlerinin sekansta farklı kısımları başlangıç konumları ve farklı sekanslarının çıktı dosyasının son kısmı

Dosyaya fark sekansları yazıldıktan sonra main fonksiyona dönülür ve nucleocapsid ve polyprotein için Needleman Wunsch algoritması çağrılır.

Bu fonksiyonda kullanılacak BLOSUM62 modülünün içerisinde skorBul fonksiyonu tanımlanmıştır.

BLOSUM62 modülündeki skorBul fonksiyonu aşağıda verilmiştir.

```
def skorBul(satir_degeri , sutun_degeri):

blosum62 = {
    'WF': 1, 'LR': -2, 'SP': -1, 'VT': 0,
    'QQ': 5, 'NA': -2, 'ZY': -2, 'WR': -3,
    'QA': -1, 'SD': 0, 'HH': 8, 'SH': -1,
    'HD': -1, 'LN': -3, 'WA': -3, 'YM': -1,
    'GR': -2, 'YI': -1, 'YE': -2, 'BY': -3,
    'YA': -2, 'VD': -3, 'BS': 0, 'YY': 7,
    'GN': 0, 'EC': -4, 'YQ': -1, 'ZZ': 4,
    'VA': 0, 'CC': 9, 'MR': -1, 'VE': -2,
    'TN': 0, 'PP': 7, 'VI': 3, 'VS': -2,
    'ZP': -1, 'VM': 1, 'TF': -2, 'VQ': -2,
    'KK': 5, 'PD': -1, 'IH': -3, 'ID': -3,
    'TR': -1, 'PL': -3, 'KG': -2, 'MN': -2,
    'PH': -2, 'FQ': -3, 'ZG': -2, 'XL': -1,
    'TM': -1, 'ZC': -3, 'XH': -1, 'DR': -2,
    'BW': -4, 'XD': -1, 'ZK': 1, 'FA': -2,
    'ZW': -3, 'FE': -3, 'DN': 1, 'BK': 0,
```

```
'XX': -1, 'FI': 0, 'BG': -1, 'XT': 0,
    deger = blosum62[satir degeri+sutun degeri]
except:
```

```
deger = 100
if deger == 100:
    deger = blosum62[(satir_degeri+sutun_degeri)[::-1]]
return deger
```

Needleman Wunsch algoritması needleman Wunsch fonksiyonunda tanımlanmıştır. Boşluk cezası (-4) olarak bir değişkene atanmış ve sekanslar matriste satır ve sütun olarak kullanılacağından başlarına boşluk değerini ifade edebilmek adına "-" karakteri eklenmiştir.

Matrisi oluşturmak için numpy kütüphanesi modüle eklenmiştir.

İki matris tanımlanmış ve biri yol biri skor bilgilerini tutmaktadır.

Tanımlamalar sonrası skor ve yol matrisinin [0,...] satırı ve [...,0] sütunu başlangıç için doldurulmuştur.

Başlangıç atamaları sonrası matrisi dolaşmak adına iç içe for döngüsü oluşturulmuştur.

Döngü içerisinde öncelikli olduğundan ilk olarak nCovid ve SARS sekanslarının mevcut matris konumlarında eşit olup olmadıklarına bakılmış ve eşitler ise skor tablosundaki diagonalde bulunan skora blosum62 modülünün skorBul fonksiyonundan gelen değer eklenip skor matrisine yazılması ve yol matrisine de mevcut konum için 3 yazılması kodlanmıştır. (Yol matrisinde 0 en sol köşeyi , 1 solu , 2 yukarıyı ve 3 diagonali temsil etmektedir.)

Eşit değiller ise diagonale , sola ve yukarıya göre skor hesaplaması yapılıp en büyük olanı seçilerek matrislere gerekli verilerin yazılması sağlanmıştır.

Matrisler tamamen dolduktan sonra döngülerden çıkılır ve hizalamalarda kullanılmak üzere nCovid ve SARS değişkenleri tanımlanmıştır. Yol matrisinin sağ en altından başlayacak şekilde indeks tanımlamaları yapılmış ve ardından bir while döngüsü ile yol matrisindeki değer en sol üst köşe olan 0 değerine ulaşılana kadar matris incelenmesi sağlanmıştır.

İncelemede okunan değer 1 ise sola hareketten dolayı sütun değeri ilgili değişkene eklenirken satır değerine boşluk anlamında "-" karakteri eklenip sütunu ifade eden indeks değeri 1 azaltılır.

İncelemede okunan değer 2 ise yukarı hareketten dolayı satır değeri ilgili değişkene eklenirken sütun değerine boşluk anlamında "-" karakteri eklenip satırı ifade eden indeks değeri 1 azaltılır.

Son durum ise incelemede okunan değerin 3 olmasıdır. Bu değer diagonal hareketi temsil eder. Bundan dolayı satır ve sütun değerleri kendileri ile ilgili olan değişkene eklenip her ikisinin de indeks değerleri 1 azaltılır.

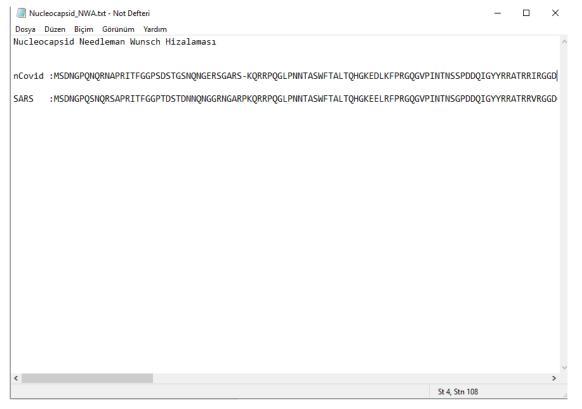
İncelenen değerde 0 değeri görülürse while döngüsünden sonraki adım olan dosya oluşturma ve dosyaya hizalama sonuçlarını yazma işlemi gerçekleştirilir.

Fonksiyon kodu aşağıda verilmiştir.

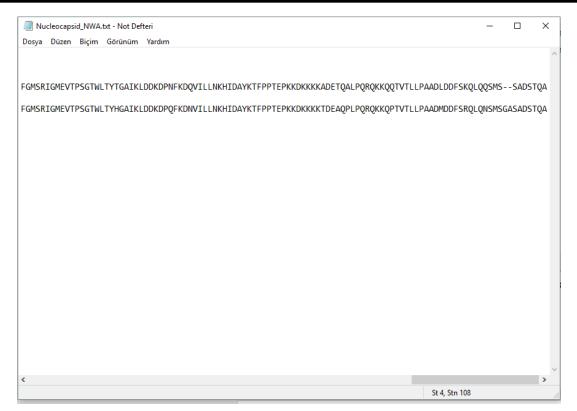
```
import BLOSUM62
import numpy as np
def needlemanWunsch(covid , sars , protein_turu):
    bosluk_ceza_puani = -4
    covid protein ="-"+proteinDizisiOku(covid)
    sars protein ="-"+proteinDizisiOku(sars)
    sat = len(covid_protein)
    sut = len(sars_protein)
    skor matrisi = np.zeros([sat , sut])
    yol matrisi = np.zeros([sat,sut])
    for i in range(0,sut,1):
        skor_matrisi[0][i] = i * bosluk_ceza_puani
    for j in range(0,sat,1):
        skor_matrisi[j][0] = j * bosluk_ceza_puani
    yol_matrisi[0][0] = 0
    for i in range(1,sut,1):
        yol_matrisi[0][i] = 1
    for j in range(1,sat,1):
        yol_matrisi[j][0] = 2
    for satir in range(1,sat,1):
        for sutun in range(1,sut,1):
            if covid protein[satir] == sars protein[sutun]:
                 skor_matrisi[satir][sutun]=skor_matrisi[satir-1][sutun-
1]+BLOSUM62.skorBul(covid_protein[satir],sars_protein[sutun])
                yol_matrisi[satir][sutun]= 3
            else:
                 skor_diagonal = skor_matrisi[satir - 1][sutun - 1] +
BLOSUM62.skorBul(covid_protein[satir], sars_protein[sutun])
                skor_yukari = skor_matrisi[satir-1][sutun] +
BLOSUM62.skorBul(covid_protein[satir],sars_protein[sutun])
                 skor_sol = skor_matrisi[satir][sutun-1] +
BLOSUM62.skorBul(covid_protein[satir],sars_protein[sutun])
                 if skor yukari >= skor sol and skor yukari >= skor diagonal:
                     skor_matrisi[satir][sutun] = skor_sol
                     yol_matrisi[satir][sutun] = 2
                elif skor_sol >= skor_yukari and skor_sol >= skor_diagonal:
    skor_matrisi[satir][sutun] = skor_yukari
                    yol matrisi[satir][sutun] = 1
                     skor_matrisi[satir][sutun] = skor_diagonal
                    yol_matrisi[satir][sutun] = 3
    hizalama_sonucu_covid = "'
    hizalama_sonucu_sars = ""
    yol sutun = sut-1
```

```
yol satir = sat-1
    adim = yol_matrisi[yol_satir][yol_sutun]
    while(adim != 0 ):
        if adim ==1:
            hizalama_sonucu_sars += sars_protein[yol_sutun]
            hizalama_sonucu_covid += "-"
            yol_sutun -= 1
        elif adim == 2:
             hizalama_sonucu_sars += "-"
             hizalama_sonucu_covid += covid_protein[yol_satir]
            yol_satir -= 1
        elif adim == 3:
            hizalama_sonucu_covid += covid_protein[yol_satir]
             hizalama_sonucu_sars += sars_protein[yol_sutun]
            yol_satir -= 1
            yol_sutun -= 1
        adim = yol matrisi[yol satir][yol sutun]
    hizalama_dosyasi = open("C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\\"+protein_turu+"_NWA.txt" , "w")
hizalama_dosyasi.write(protein_turu+ " Needleman Wunsch Hizalaması
 n\n\n" + "nCovid :" + hizalama_sonucu_covid[::-1] + "\n\nSARS
hizalama sonucu_sars[::-1] )
```

Bu fonksiyon sonucu nucleocapsid proteinine ait dosya çıktısı *Şekil 25* ve *Şekil 26* 'da verilmiştir.



Şekil 25 Nucleocapsid proteinlerinin hizalanmış halinin dosyasını baş kısmı



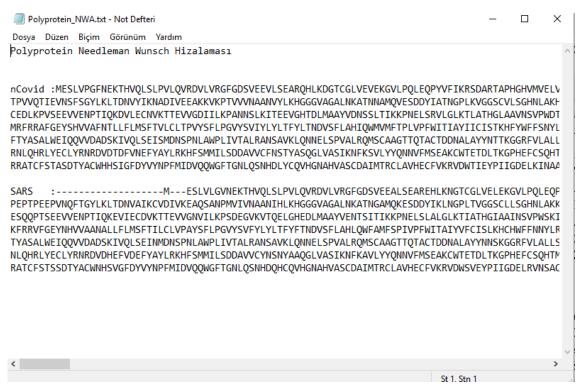
Şekil 26 Nucleocapsid proteinlerinin hizalanmış halinin dosyasını son kısmı

Dosya içerisindeki nCovid ve SARS nucleocapsid sekanslarının tamamı aşağıdaki gibidir.

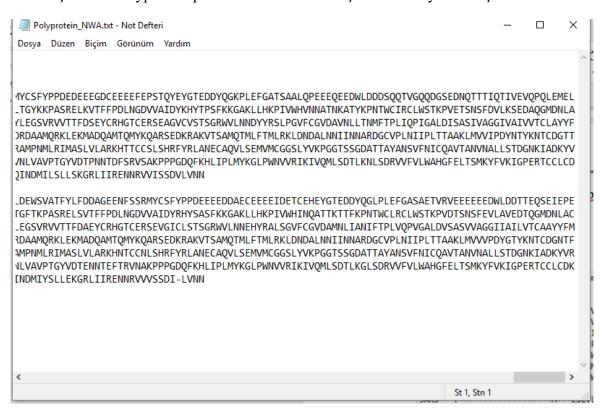
nCovid: MSDNGPQNQRNAPRITFGGPSDSTGSNQNGERSGARS-KQRRPQGLPNNTASWFTALTQHGKEDLKFPRGQGVPINTNSSPDDQIGYYRRA TRRIRGGDGKMKDLSPRWYFYYLGTGPEAGLPYGANKDGIIWVATEGALNTPK DHIGTRNPANNAAIVLQLPQGTTLPKGFYAEGSRGGSQASSRSSSRSSRNSSRNST PGSSRGTSPARMAGNGGDAALALLLLDRLNQLESKMSGKGQQQQGQTVTKKS AAEASKKPRQKRTATKAYNVTQAFGRRGPEQTQGNFGDQELIRQGTDYKHWP QIAQFAPSASAFFGMSRIGMEVTPSGTWLTYTGAIKLDDKDPNFKDQVILLNKH IDAYKTFPPTEPKKDKKKKADETQALPQRQKKQQTVTLLPAADLDDFSKQLQQ SMS—SADSTQA

SARS:MSDNGPQSNQRSAPRITFGGPTDSTDNNQNGGRNGARPKQRRPQGLPNN TASWFTALTQHGKEELRFPRGQGVPINTNSGPDDQIGYYRRATRRVRGGDGKM KELSPRWYFYYLGTGPEASLPYGANKEGIVWVATEGALNTPKDHIGTRNPNNN AATVLQLPQGTTLPKGFYAEGSRGGSQASSRSSSRSRGNSRNSTPGSSRGNSPA RMASGGGETALALLLLDRLNQLESKVSGKGQQQQGQTVTKKSAAEASKKPRQ KRTATKQYNVTQAFGRRGPEQTQGNFGDQDLIRQGTDYKHWPQIAQFAPSASA FFGMSRIGMEVTPSGTWLTYHGAIKLDDKDPQFKDNVILLNKHIDAYKTFPPTE PKKDKKKKTDEAQPLPQRQKKQPTVTLLPAADMDDFSRQLQNSMSGASADST QA

Bu fonksiyon sonucu polyprotein proteinine ait dosya çıktısı *Şekil 27* ve *Şekil 28* 'de v erilmiştir



Şekil 27 Polyprotein proteinlerinin hizalanmış halinin dosyasını baş kısmı



Şekil 28 Polyprotein proteinlerinin hizalanmış halinin dosyasını son kısmı

Dosya içerisindeki nCovid ve SARS polyprotein sekanslarının tamamı aşağıdaki gibidir.

nCovid:MESLVPGFNEKTHVOLSLPVLOVRDVLVRGFGDSVEEVLSEAROHLKDGTCGLVEVEK GVLPQLEQPYVFIKRSDARTAPHGHVMVELVAELEGIQYGRSGETLGVLVPHVGEIPVAYRKVL LRKNGNKGAGGHSYGADLKSFDLGDELGTDPYEDFQENWNTKHSSGVTRELMRELNGGAYTR YVDNNFCGPDGYPLECIKDLLARAGKASCTLSEQLDFIDTKRGVYCCREHEHEIAWYTERSEKSY ELQTPFEIKLAKKFDTFNGECPNFVFPLNSIIKTIQPRVEKKKLDGFMGRIRSVYPVASPNECNQM CLSTLMKCDHCGETSWQTGDFVKATCEFCGTENLTKEGATTCGYLPQNAVVKIYCPACHNSEV GPEHSLAEYHNESGLKTILRKGGRTIAFGGCVFSYVGCHNKCAYWVPRASANIGCNHTGVVGEG SEGLNDNLLEILQKEKVNINIVGDFKLNEEIAIILASFSASTSAFVETVKGLDYKAFKQIVESCGNF KVTKGKAKKGAWNIGEQKSILSPLYAFASEAARVVRSIFSRTLETAQNSVRVLQKAAITILDGISQ YSLRLIDAMMFTSDLATNNLVVMAYITGGVVQLTSQWLTNIFGTVYEKLKPVLDWLEEKFKEG VEFLRDGWEIVKFISTCACEIVGGQIVTCAKEIKESVQTFFKLVNKFLALCADSIIIGGAKLKALNL GETFVTHSKGLYRKCVKSREETGLLMPLKAPKEIIFLEGETLPTEVLTEEVVLKTGDLQPLEQPTS EAVEAPLVGTPVCINGLMLLEIKDTEKYCALAPNMMVTNNTFTLKGGAPTKVTFGDDTVIEVQG YKSVNITFELDERIDKVLNEKCSAYTVELGTEVNEFACVVADAVIKTLQPVSELLTPLGIDLDEWS MATYYLFDESGEFKLASHMYCSFYPPDEDEEGDCEEEEFEPSTQYEYGTEDDYQGKPLEFGATS AALQPEEQEEDWLDDDSQQTVGQQDGSEDNQTTTIQTIVEVQPQLEMELTPVVQTIEVNSFSGY LKLTDNVYIKNADIVEEAKKVKPTVVVNAANVYLKHGGGVAGALNKATNNAMQVESDDYIAT NGPLKVGGSCVLSGHNLAKHCLHVVGPNVNKGEDIQLLKSAYENFNQHEVLLAPLLSAGIFGAD PIHSLRVCVDTVRTNVYLAVFDKNLYDKLVSSFLEMKSEKQVEQKIAEIPKEEVKPFITESKPSVE QRKQDDKKIKACVEEVTTTLEETKFLTENLLLYIDINGNLHPDSATLVSDIDITFLKKDAPYIVGD VVQEGVLTAVVIPTKKAGGTTEMLAKALRKVPTDNYITTYPGQGLNGYTVEEAKTVLKKCKSA FYILPSIISNEKQEILGTVSWNLREMLAHAEETRKLMPVCVETKAIVSTIQRKYKGIKIQEGVVDY GARFYFYTSKTTVASLINTLNDLNETLVTMPLGYVTHGLNLEEAARYMRSLKVPATVSVSSPDA VTAYNGYLTSSSKTPEEHFIETISLAGSYKDWSYSGQSTQLGIEFLKRGDKSVYYTSNPTTFHLDG EVITFDNLKTLLSLREVRTIKVFTTVDNINLHTQVVDMSMTYGQQFGPTYLDGADVTKIKPHNSH EGKTFYVLPNDDTLRVEAFEYYHTTDPSFLGRYMSALNHTKKWKYPQVNGLTSIKWADNNCYL ATALLTLQQIELKFNPPALQDAYYRARAGEAANFCALILAYCNKTVGELGDVRETMSYLFQHAN LDSCKRVLNVVCKTCGQQQTTLKGVEAVMYMGTLSYEQFKKGVQIPCTCGKQATKYLVQQES PFVMMSAPPAQYELKHGTFTCASEYTGNYQCGHYKHITSKETLYCIDGALLTKSSEYKGPITDVF YKENSYTTTIKPVTYKLDGVVCTEIDPKLDNYYKKDNSYFTEOPIDLVPNOPYPNASFDNFKFVC DNIKFADDLNQLTGYKKPASRELKVTFFPDLNGDVVAIDYKHYTPSFKKGAKLLHKPIVWHVNN ATNKATYKPNTWCIRCLWSTKPVETSNSFDVLKSEDAOGMDNLACEDLKPVSEEVVENPTIOKD VLECNVKTTEVVGDIILKPANNSLKITEEVGHTDLMAAYVDNSSLTIKKPNELSRVLGLKTLATH GLAAVNSVPWDTIANYAKPFLNKVVSTTTNIVTRCLNRVCTNYMPYFFTLLLQLCTFTRSTNSRI KASMPTTIAKNTVKSVGKFCLEASFNYLKSPNFSKLINIIIWFLLLSVCLGSLIYSTAALGVLMSNL GMPSYCTGYREGYLNSTNVTIATYCTGSIPCSVCLSGLDSLDTYPSLETIQITISSFKWDLTAFGLV AEWFLAYILFTRFFYVLGLAAIMQLFFSYFAVHFISNSWLMWLIINLVQMAPISAMVRMYIFFASF YYVWKSYVHVVDGCNSSTCMMCYKRNRATRVECTTIVNGVRRSFYVYANGGKGFCKLHNWN CVNCDTFCAGSTFISDEVARDLSLOFKRPINPTDOSSYIVDSVTVKNGSIHLYFDKAGOKTYERHS LSHFVNLDNLRANNTKGSLPINVIVFDGKSKCEESSAKSASVYYSQLMCQPILLLDQALVSDVGD SAEVAVKMFDAYVNTFSSTFNVPMEKLKTLVATAEAELAKNVSLDNVLSTFISAARQGFVDSDV ETKDVVECLKLSHQSDIEVTGDSCNNYMLTYNKVENMTPRDLGACIDCSARHINAQVAKSHNIA LIWNVKDFMSLSEQLRKQIRSAAKKNNLPFKLTCATTRQVVNVVTTKIALKGGKIVNNWLKQLI KVTLVFLFVAAIFYLITPVHVMSKHTDFSSEIIGYKAIDGGVTRDIASTDTCFANKHADFDTWFSQ RGGSYTNDKACPLIAAVITREVGFVVPGLPGTILRTTNGDFLHFLPRVFSAVGNICYTPSKLIEYTD FATSACVLAAECTIFKDASGKPVPYCYDTNVLEGSVAYESLRPDTRYVLMDGSIIOFPNTYLEGS VRVVTTFDSEYCRHGTCERSEAGVCVSTSGRWVLNNDYYRSLPGVFCGVDAVNLLTNMFTPLIQ PIGALDISASIVAGGIVAIVVTCLAYYFMRFRRAFGEYSHVVAFNTLLFLMSFTVLCLTPVYSFLP GVYSVIYLYLTFYLTNDVSFLAHIQWMVMFTPLVPFWITIAYIICISTKHFYWFFSNYLKRRVVFN GVSFSTFEEAALCTFLLNKEMYLKLRSDVLLPLTQYNRYLALYNKYKYFSGAMDTTSYREAACC HLAKALNDFSNSGSDVLYQPPQTSITSAVLQSGFRKMAFPSGKVEGCMVQVTCGTTTLNGLWLD

DVVYCPRHVICTSEDMLNPNYEDLLIRKSNHNFLVQAGNVQLRVIGHSMQNCVLKLKVDTANP KTPKYKFVRIQPGQTFSVLACYNGSPSGVYQCAMRPNFTIKGSFLNGSCGSVGFNIDYDCVSFCY MHHMELPTGVHAGTDLEGNFYGPFVDRQTAQAAGTDTTITVNVLAWLYAAVINGDRWFLNRF TTTLNDFNLVAMKYNYEPLTQDHVDILGPLSAQTGIAVLDMCASLKELLQNGMNGRTILGSALL EDEFTPFDVVRQCSGVTFQSAVKRTIKGTHHWLLLTILTSLLVLVQSTQWSLFFFLYENAFLPFA MGIIAMSAFAMMFVKHKHAFLCLFLLPSLATVAYFNMVYMPASWVMRIMTWLDMVDTSLSGF KLKDCVMYASAVVLLILMTARTVYDDGARRVWTLMNVLTLVYKVYYGNALDQAISMWALIIS VTSNYSGVVTTVMFLARGIVFMCVEYCPIFFITGNTLQCIMLVYCFLGYFCTCYFGLFCLLNRYFR LTLGVYDYLVSTQEFRYMNSQGLLPPKNSIDAFKLNIKLLGVGGKPCIKVATVQSKMSDVKCTS VVLLSVLQQLRVESSSKLWAQCVQLHNDILLAKDTTEAFEKMVSLLSVLLSMQGAVDINKLCEE MLDNRATLQAIASEFSSLPSYAAFATAQEAYEQAVANGDSEVVLKKLKKSLNVAKSEFDRDAA MORKLEKMADQAMTOMYKQARSEDKRAKVTSAMQTMLFTMLRKLDNDALNNIINNARDGCV PLNIIPLTTAAKLMVVIPDYNTYKNTCDGTTFTYASALWEIQQVVDADSKIVQLSEISMDNSPNLA WPLIVTALRANSAVKLONNELSPVALROMSCAAGTTQTACTDDNALAYYNTTKGGRFVLALLS DLQDLKWARFPKSDGTGTIYTELEPPCRFVTDTPKGPKVKYLYFIKGLNNLNRGMVLGSLAATV RLQAGNATEVPANSTVLSFCAFAVDAAKAYKDYLASGGQPITNCVKMLCTHTGTGQAITVTPEA NMDQESFGGASCCLYCRCHIDHPNPKGFCDLKGKYVQIPTTCANDPVGFTLKNTVCTVCGMWK GYGCSCDQLREPMLQSADAQSFLNRVCGVSAARLTPCGTGTSTDVVYRAFDIYNDKVAGFAKF LKTNCCRFQEKDEDDNLIDSYFVVKRHTFSNYQHEETIYNLLKDCPAVAKHDFFKFRIDGDMVP HISRQRLTKYTMADLVYALRHFDEGNCDTLKEILVTYNCCDDDYFNKKDWYDFVENPDILRVY ANLGERVRQALLKTVQFCDAMRNAGIVGVLTLDNQDLNGNWYDFGDFIQTTPGSGVPVVDSYY SLLMPILTLTRALTAESHVDTDLTKPYIKWDLLKYDFTEERLKLFDRYFKYWDQTYHPNCVNCL DDRCILHCANFNVLFSTVFPPTSFGPLVRKIFVDGVPFVVSTGYHFRELGVVHNQDVNLHSSRLSF KELLVYAADPAMHAASGNLLLDKRTTCFSVAALTNNVAFQTVKPGNFNKDFYDFAVSKGFFKE GSSVELKHFFFAQDGNAAISDYDYYRYNLPTMCDIRQLLFVVEVVDKYFDCYDGGCINANQVIV NNLDKSAGFPFNKWGKARLYYDSMSYEDODALFAYTKRNVIPTITOMNLKYAISAKNRARTVA GVSICSTMTNRQFHQKLLKSIAATRGATVVIGTSKFYGGWHNMLKTVYSDVENPHLMGWDYPK CDRAMPNMLRIMASLVLARKHTTCCSLSHRFYRLANECAQVLSEMVMCGGSLYVKPGGTSSGD ATTAYANSVFNICQAVTANVNALLSTDGNKIADKYVRNLQHRLYECLYRNRDVDTDFVNEFYA YLRKHFSMMILSDDAVVCFNSTYASQGLVASIKNFKSVLYYQNNVFMSEAKCWTETDLTKGPH EFCSQHTMLVKQGDDYVYLPYPDPSRILGAGCFVDDIVKTDGTLMIERFVSLAIDAYPLTKHPNQ EYADVFHLYLQYIRKLHDELTGHMLDMYSVMLTNDNTSRYWEPEFYEAMYTPHTVLQAVGAC VLCNSOTSLRCGACIRRPFLCCKCCYDHVISTSHKLVLSVNPYVCNAPGCDVTDVTOLYLGGMS YYCKSHKPPISFPLCANGQVFGLYKNTCVGSDNVTDFNAIATCDWTNAGDYILANTCTERLKLF AAETLKATEETFKLSYGIATVREVLSDRELHLSWEVGKPRPPLNRNYVFTGYRVTKNSKVQIGEY TFEKGDYGDAVVYRGTTTYKLNVGDYFVLTSHTVMPLSAPTLVPQEHYVRITGLYPTLNISDEFS SNVANYQKVGMQKYSTLQGPPGTGKSHFAIGLALYYPSARIVYTACSHAAVDALCEKALKYLPI DKCSRIIPARARVECFDKFKVNSTLEQYVFCTVNALPETTADIVVFDEISMATNYDLSVVNARLR AKHYVYIGDPAQLPAPRTLLTKGTLEPEYFNSVCRLMKTIGPDMFLGTCRRCPAEIVDTVSALVY DNKLKAHKDKSAOCFKMFYKGVITHDVSSAINRPOIGVVREFLTRNPAWRKAVFISPYNSONAV ASKILGLPTQTVDSSQGSEYDYVIFTQTTETAHSCNVNRFNVAITRAKVGILCIMSDRDLYDKLQF TSLEIPRRNVATLQAENVTGLFKDCSKVITGLHPTQAPTHLSVDTKFKTEGLCVDIPGIPKDMTYR RLISMMGFKMNYQVNGYPNMFITREEAIRHVRAWIGFDVEGCHATREAVGTNLPLQLGFSTGV NLVAVPTGYVDTPNNTDFSRVSAKPPPGDQFKHLIPLMYKGLPWNVVRIKIVQMLSDTLKNLSD RVVFVLWAHGFELTSMKYFVKIGPERTCCLCDRRATCFSTASDTYACWHHSIGFDYVYNPFMID VQQWGFTGNLQSNHDLYCQVHGNAHVASCDAIMTRCLAVHECFVKRVDWTIEYPIIGDELKIN AACRKVQHMVVKAALLADKFPVLHDIGNPKAIKCVPQADVEWKFYDAQPCSDKAYKIEELFYS YATHSDKFTDGVCLFWNCNVDRYPANSIVCRFDTRVLSNLNLPGCDGGSLYVNKHAFHTPAFD KSAFVNLKQLPFFYYSDSPCESHGKQVVSDIDYVPLKSATCITRCNLGGAVCRHHANEYRLYLD AYNMMISAGFSLWVYKQFDTYNLWNTFTRLQSLENVAFNVVNKGHFDGQQGEVPVSIINNTVY TKVDGVDVELFENKTTLPVNVAFELWAKRNIKPVPEVKILNNLGVDIAANTVIWDYKRDAPAHI STIGVCSMTDIAKKPTETICAPLTVFFDGRVDGQVDLFRNARNGVLITEGSVKGLQPSVGPKQAS LNGVTLIGEAVKTQFNYYKKVDGVVQQLPETYFTQSRNLQEFKPRSQMEIDFLELAMDEFIERY KLEGYAFEHIVYGDFSHSQLGGLHLLIGLAKRFKESPFELEDFIPMDSTVKNYFITDAQTGSSKCV

CSVIDLLLDDFVEIIKSQDLSVVSKVVKVTIDYTEISFMLWCKDGHVETFYPKLQSSQAWQPGVA MPNLYKMQRMLLEKCDLQNYGDSATLPKGIMMNVAKYTQLCQYLNTLTLAVPYNMRVIHFGA GSDKGVAPGTAVLRQWLPTGTLLVDSDLNDFVSDADSTLIGDCATVHTANKWDLIISDMYDPKT KNVTKENDSKEGFFTYICGFIQQKLALGGSVAIKITEHSWNADLYKLMGHFAWWTAFVTNVNA SSSEAFLIGCNYLGKPREQIDGYVMHANYIFWRNTNPIQLSSYSLFDMSKFPLKLRGTAVMSLKE GQINDMILSLLSKGRLIIRENNRVVISSDVLVNN

SARS :------M--

ESLVLGVNEKTHVQLSLPVLQVRDVLVRGFGDSVEEALSEAREHLKNGTCGLVELEKGVLPQLE QPYVFIKRSDALSTNHGHKVVELVAEMDGIQYGRSGITLGVLVPHVGETPIAYRNVLLRKNGNK GAGGHSYGIDLKSYDLGDELGTDPIEDYEQNWNTKHGSGALRELTRELNGGAVTRYVDNNFCG PDGYPLDCIKDFLARAGKSMCTLSEQLDYIESKRGVYCCRDHEHEIAWFTERSDKSYEHQTPFEI KSAKKFDTFKGECPKFVFPLNSKVKVIOPRVEKKKTEGFMGRIRSVYPVASPOECNNMHLSTLM KCNHCDEVSWQTCDFLKATCEHCGTENLVIEGPTTCGYLPTNAVVKMPCPACQDPEIGPEHSVA DYHNHSNIETRLRKGGRTRCFGGCVFAYVGCYNKRAYWVPRASADIGSGHTGITGDNVETLNE DLLEILSRERVNINIVGDFHLNEEVAIILASFSASTSAFIDTIKSLDYKSFKTIVESCGNYKVTKGKP VKGAWNIGQQRSVLTPLCGFPSQAAGVIRSIFARTLDAANHSIPDLQRAAVTILDGISEQSLRLVD AMVYTSDLLTNSVIIMAYVTGGLVQQTSQWLSNLLGTTVEKLRPIFEWIEAKLSAGVEFLKDAW EILKFLITGVFDIVKGQIQVASDNIKDCVKCFIDVVNKALEMCIDQVTIAGAKLRSLNLGEVFIAQS KGLYROCIRGKEOLOLLMPLKAPKEVTFLEGDSHDTVLTSEEVVLKNGELEALETPVDSFTNGAI VGTPVCVNGLMLLEIKDKEQYCALSPGLLATNNVFRLKGGAPIKGVTFGEDTVWEVQGYKNVR ITFELDERVDKVLNEKCSVYTVESGTEVTEFACVVAEAVVKTLQPVSDLLTNMGIDLDEWSVAT FYLFDDAGEENFSSRMYCSFYPPDEEEEDDAECEEEEIDETCEHEYGTEDDYQGLPLEFGASAET VRVEEEEEDWLDDTTEQSEIEPEPEPPPEEPVNQFTGYLKLTDNVAIKCVDIVKEAQSANPMVIV NAANIHLKHGGGVAGALNKATNGAMQKESDDYIKLNGPLTVGGSCLLSGHNLAKKCLHVVGP NLNAGEDIQLLKAAYENFNSQDILLAPLLSAGIFGAKPLQSLQVCVQTVRTQVYIAVNDKALYEQ VVMDYLDNLKPRVEAPKQEEPPNTEDSKTEEKSVVQKPVDVKPKIKACIDEVTTTLEETKFLTNK LLLFADINGKLYHDSQNMLRGDDMSFLEKDAPYMVGDVITSGDITCVVIPSKKAGGTTEMLSRA LKKVPVDEYITTYPGQGCAGYTLEEAKTALKKCKSAFYVLPSEAPNAKEEILGTVSWNLREMLA HAEETRKLMPICMDVRAIMATIQRKYKGIKIQEGIVDYGVRFFFYTSKEPVASIITKLNSLNEPLVT MPIGYVTHGFNLEEAARCMRSLKAPAVVSVSSPDAVTTYNGYLTSSSKTSEEHFVETVSLAGSYR DWSYSGQRTELGVEFLKRGDKIVYHTLESPVEFHLDGEVLSLDKLKSLLSLREVKTIKVFTTVDN TNLHTQLVDMSMTYGQQFGPTYLDGADVTKIKPHVNHEGKTFFVLPSDDTLRSEAFEYYHTLDE SFLGRYMSALNHTKKWKFPQVGGLTSIKWADNNCYLSSVLLALQQLEVKFNAPALQEAYYRAR AGDAANFCALILAYSNKTVGELGDVRETMTHLLQHANLESAKRVLNVVCKHCGQKTTTLTGVE AVMYMGTLSYDNLKTGVSIPCVCGRDATQYLVQQESSFVMMSAPPAEYKLQQGTFLCANEYTG NYQCGHYTHITAKETLYRIDGAHLTKMSEYKGPVTDVFYKETSYTTTIKPVSYKLDGVTYTEIEP KLDGYYKKDNAYYTEQPIDLVPTQPLPNASFDNFKLTCSNTKFADDLNQMTGFTKPASRELSVT FFPDLNGDVVAIDYRHYSASFKKGAKLLHKPIVWHINOATTKTTFKPNTWCLRCLWSTKPVDTS NSFEVLAVEDTQGMDNLACESQQPTSEEVVENPTIQKEVIECDVKTTEVVGNVILKPSDEGVKVT QELGHEDLMAAYVENTSITIKKPNELSLALGLKTIATHGIAAINSVPWSKILAYVKPFLGQAAITT SNCAKRLAQRVFNNYMPYVFTLLFQLCTFTKSTNSRIRASLPTTIAKNSVKSVAKLCLDAGINYV KSPKFSKLFTIAMWLLLLSICLGSLICVTAAFGVLLSNFGAPSYCNGVRELYLNSSNVTTMDFCEG SFPCSICLSGLDSLDSYPALETIOVTISSYKLDLTILGLAAEWVLAYMLFTKFFYLLGLSAIMOVFF GYFASHFISNSWLMWFIISIVQMAPVSAMVRMYIFFASFYYIWKSYVHIMDGCTSSTCMMCYKR NRATRVECTTIVNGMKRSFYVYANGGRGFCKTHNWNCLNCDTFCTGSTFISDEVARDLSLQFKR PINPTDQSSYIVDSVAVKNGALHLYFDKAGQKTYERHPLSHFVNLDNLRANNTKGSLPINVIVFD GKSKCDESASKSASVYYSQLMCQPILLLDQALVSDVGDSTEVSVKMFDAYVDTFSATFSVPMEK LKALVATAHSELAKGVALDGVLSTFVSAARQGVVDTDVDTKDVIECLKLSYHSDLEVTGDSCN NFMLTYNKVENMTPRDLGACIDCNARHINAQVAKSHNVSLIWNVKDYMSLSEQLRKQIRSAAK KNNIPFRLTCATTRQVVNVITTKISLKGGKIVSTCFKLMLKATLLCVLAALVCYIVMPVHTLSIHD GYTNEIIGYKAIQDGVTRDIISTDDCFANKHAGFDAWFSQRGGSYKNDKSCPVVAAIITREIGFIVP GLPGTVLRAINGDFLHFLPRVFSAVGNICYTPSKLIEYSDFATSACVLAAECTIFKDAMGKPVPYC YDTNLLEGSISYSELRPDTRYVLMDGSIIQFPNTYLEGSVRVVTTFDAEYCRHGTCERSEVGICLS TSGRWVLNNEHYRALSGVFCGVDAMNLIANIFTPLVQPVGALDVSASVVAGGIIAILVTCAAYY FMKFRRVFGEYNHVVAANALLFLMSFTILCLVPAYSFLPGVYSVFYLYLTFYFTNDVSFLAHLO WFAMFSPIVPFWITAIYVFCISLKHCHWFFNNYLRKRVMFNGVTFSTFEEAALCTFLLNKEMYLK LRSETLLPLTQYNRYLALYNKYKYFSGALDTTSYREAACCHLAKALNDFSNSGADVLYQPPQTS ITSAVLQSGFRKMAFPSGKVEGCMVQVTCGTTTLNGLWLDDTVYCPRHVICTAEDMLNPNYED LLIRKSNHSFLVQAGNVQLRVIGHSMQNCLLRLKVDTSNPKTPKYKFVRIQPGQTFSVLACYNGS PSGVYQCAMRPNHTIKGSFLNGSCGSVGFNIDYDCVSFCYMHHMELPTGVHAGTDLEGKFYGPF VDRQTAQAAGTDTTITLNVLAWLYAAVINGDRWFLNRFTTTLNDFNLVAMKYNYEPLTQDHV DILGPLSAQTGIAVLDMCAALKELLQNGMNGRTILGSTILEDEFTPFDVVRQCSGVTFQGKFKKI VKGTHHWMLLTFLTSLLILVQSTQWSLFFFVYENAFLPFTLGIMAIAACAMLLVKHKHAFLCLFL LPSLATVAYFNMVYMPASWVMRIMTWLELADTSLSGYRLKDCVMYASALVLLILMTARTVYD DAARRVWTLMNVITLVYKVYYGNALDQAISMWALVISVTSNYSGVVTTIMFLARAIVFVCVEY YPLLFITGNTLQCIMLVYCFLGYCCCCYFGLFCLLNRYFRLTLGVYDYLVSTQEFRYMNSQGLLP PKSSIDAFKLNIKLLGIGGKPCIKVATVQSKMSDVKCTSVVLLSVLQQLRVESSSKLWAQCVQLH NDILLAKDTTEAFEKMVSLLSVLLSMQGAVDINRLCEEMLDNRATLQAIASEFSSLPSYAAYATA OEAYEOAVANGDSEVVLKKLKKSLNVAKSEFDRDAAMORKLEKMADOAMTOMYKOARSEDK RAKVTSAMQTMLFTMLRKLDNDALNNIINNARDGCVPLNIIPLTTAAKLMVVVPDYGTYKNTC DGNTFTYASALWEIQQVVDADSKIVQLSEINMDNSPNLAWPLIVTALRANSAVKLQNNELSPVA LRQMSCAAGTTQTACTDDNALAYYNNSKGGRFVLALLSDHQDLKWARFPKSDGTGTIYTELEP PCRFVTDTPKGPKVKYLYFIKGLNNLNRGMVLGSLAATVRLQAGNATEVPANSTVLSFCAFAVD PAKAYKDYLASGGQPITNCVKMLCTHTGTGQAITVTPEANMDQESFGGASCCLYCRCHIDHPNP KGFCDLKGKYVQIPTTCANDPVGFTLRNTVCTVCGMWKGYGCSCDQLREPLMQSADASTFLNR VCGVSAARLTPCGTGTSTDVVYRAFDIYNEKVAGFAKFLKTNCCRFQEKDEEGNLLDSYFVVKR HTMSNYOHEETIYNLVKDCPAVAVHDFFKFRVDGDMVPHISRORLTKYTMADLVYALRHFDEG NCDTLKEILVTYNCCDDDYFNKKDWYDFVENPDILRVYANLGERVRQSLLKTVQFCDAMRDAG IVGVLTLDNQDLNGNWYDFGDFVQVAPGCGVPIVDSYYSLLMPILTLTRALAAESHMDADLAK PLIKWDLLKYDFTEERLCLFDRYFKYWDQTYHPNCINCLDDRCILHCANFNVLFSTVFPPTSFGPL VRKIFVDGVPFVVSTGYHFRELGVVHNQDVNLHSSRLSFKELLVYAADPAMHAASGNLLLDKR TTCFSVAALTNNVAFQTVKPGNFNKDFYDFAVSKGFFKEGSSVELKHFFFAQDGNAAISDYDYY RYNLPTMCDIRQLLFVVEVVDKYFDCYDGGCINANQVIVNNLDKSAGFPFNKWGKARLYYDSM SYEDODALFAYTKRNVIPTITOMNLKYAISAKNRARTVAGVSICSTMTNROFHOKLLKSIAATRG ATVVIGTSKFYGGWHNMLKTVYSDVETPHLMGWDYPKCDRAMPNMLRIMASLVLARKHNTC CNLSHRFYRLANECAQVLSEMVMCGGSLYVKPGGTSSGDATTAYANSVFNICQAVTANVNALL STDGNKIADKYVRNLQHRLYECLYRNRDVDHEFVDEFYAYLRKHFSMMILSDDAVVCYNSNYA AQGLVASIKNFKAVLYYQNNVFMSEAKCWTETDLTKGPHEFCSQHTMLVKQGDDYVYLPYPD PSRILGAGCFVDDIVKTDGTLMIERFVSLAIDAYPLTKHPNQEYADVFHLYLQYIRKLHDELTGH MLDMYSVMLTNDNTSRYWEPEFYEAMYTPHTVLQAVGACVLCNSQTSLRCGACIRRPFLCCKC CYDHVISTSHKLVLSVNPYVCNAPGCDVTDVTOLYLGGMSYYCKSHKPPISFPLCANGOVFGLY KNTCVGSDNVTDFNAIATCDWTNAGDYILANTCTERLKLFAAETLKATEETFKLSYGIATVREV LSDRELHLSWEVGKPRPPLNRNYVFTGYRVTKNSKVQIGEYTFEKGDYGDAVVYRGTTTYKLN VGDYFVLTSHTVMPLSAPTLVPQEHYVRITGLYPTLNISDEFSSNVANYQKVGMQKYSTLQGPP GTGKSHFAIGLALYYPSARIVYTACSHAAVDALCEKALKYLPIDKCSRIIPARARVECFDKFKVNS TLEOYVFCTVNALPETTADIVVFDEISMATNYDLSVVNARLRAKHYVYIGDPAOLPAPRTLLTKG TLEPEYFNSVCRLMKTIGPDMFLGTCRRCPAEIVDTVSALVYDNKLKAHKDKSAQCFKMFYKG VITHDVSSAINRPQIGVVREFLTRNPAWRKAVFISPYNSQNAVASKILGLPTQTVDSSQGSEYDYV IFTQTTETAHSCNVNRFNVAITRAKIGILCIMSDRDLYDKLQFTSLEIPRRNVATLQAENVTGLFK DCSKIITGLHPTQAPTHLSVDIKFKTEGLCVDIPGIPKDMTYRRLISMMGFKMNYQVNGYPNMFIT REEAIRHVRAWIGFDVEGCHATRDAVGTNLPLQLGFSTGVNLVAVPTGYVDTENNTEFTRVNA KPPPGDQFKHLIPLMYKGLPWNVVRIKIVQMLSDTLKGLSDRVVFVLWAHGFELTSMKYFVKIG PERTCCLCDKRATCFSTSSDTYACWNHSVGFDYVYNPFMIDVOOWGFTGNLOSNHDOHCOVH GNAHVASCDAIMTRCLAVHECFVKRVDWSVEYPIIGDELRVNSACRKVQHMVVKSALLADKFP VLHDIGNPKAIKCVPQAEVEWKFYDAQPCSDKAYKIEELFYSYATHHDKFTDGVCLFWNCNVD

RYPANAIVCRFDTRVLSNLNLPGCDGGSLYVNKHAFHTPAFDKSAFTNLKQLPFFYYSDSPCESH GKQVVSDIDYVPLKSATCITRCNLGGAVCRHHANEYRQYLDAYNMMISAGFSLWIYKQFDTYN LWNTFTRLQSLENVAYNVVNKGHFDGHAGEAPVSIINNAVYTKVDGIDVEIFENKTTLPVNVAF ELWAKRNIKPVPEIKILNNLGVDIAANTVIWDYKREAPAHVSTIGVCTMTDIAKKPTESACSSLTV LFDGRVEGQVDLFRNARNGVLITEGSVKGLTPSKGPAQASVNGVTLIGESVKTQFNYFKKVDGII QQLPETYFTQSRDLEDFKPRSQMETDFLELAMDEFIQRYKLEGYAFEHIVYGDFSHGQLGGLHL MIGLAKRSQDSPLKLEDFIPMDSTVKNYFITDAQTGSSKCVCSVIDLLLDDFVEIIKSQDLSVISKV VKVTIDYAEISFMLWCKDGHVETFYPKLQASQAWQPGVAMPNLYKMQRMLLEKCDLQNYGEN AVIPKGIMMNVAKYTQLCQYLNTLTLAVPYNMRVIHFGAGSDKGVAPGTAVLRQWLPTGTLLV DSDLNDFVSDADSTLIGDCATVHTANKWDLIISDMYDPRTKHVTKENDSKEGFFTYLCGFIKQKL ALGGSIAVKITEHSWNADLYKLMGHFSWWTAFVTNVNASSSEAFLIGANYLGKPKEQIDGYTM HANYIFWRNTNPIQLSSYSLFDMSKFPLKLRGTAVMSLKENQINDMIYSLLEKGRLIIRENNRVVV SSDI-LVNN

1.7 Program Kodunun Tamamı

1.7.1 Dosyalslemleri Modülü

```
import Needleman Wunsch
class FASTA_DOSYASI():
    def __init__(self,dosya_adi,dosya_yolu):
        self.dosya adi = dosya adi
        self.dosya_yolu = dosya_yolu
    def genomDosyaDonusturucu(self):
        fasta_dosyasi = open(self.dosya_yolu, "r")
        data = fasta_dosyasi.read()
        sekans_baslangic = data.find("genome")
        dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\'+
self.dosya_adi +'.txt', "w")
        dosya.write(data[sekans baslangic+6:])
    def proteinDosyaDonusturucu(self):
        fasta_dosyasi = open(self.dosya_yolu, "r")
        data = fasta_dosyasi.read()
        protein_dizilim_baslangic = data.find("]")
        dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\' +
self.dosya_adi + '.txt', "w")
        dosya.write(data[protein_dizilim_baslangic+1:])
    def dosyaOkuma(self):
        dosya = open(self.dosya yolu, "r")
        sekanslar = dosya.read()
        sekanslar = sekanslar.replace("\n", "")
        sekanslar = sekanslar.replace("\r", "")
        self.orfBulNukleotit(sekanslar)
        self.donusturucu(sekanslar)
    def donusturucu(self, sekanslar):
        amino_asit_tablosu = {
            'ATA': 'I', 'ATC': 'I', 'ATT': 'I', 'ATG': 'M', 'ACA': 'T', 'ACC': 'T', 'ACG': 'T', 'ACT': 'T', 'AAC': 'K', 'AAG': 'K',
```

```
'AGC': 'S', 'AGT': 'S', 'AGA': 'R', 'AGG': 'R', 'CTA': 'L', 'CTC': 'L', 'CTG': 'L', 'CTT': 'L', 'CCA': 'P', 'CCC': 'P', 'CCG': 'P', 'CCT': 'P',
        protein = ""
        for i in range(0, len(sekanslar), 3):
             if len(sekanslar) > i+3:
                 kodon = sekanslar[i:i + 3]
                 protein += amino_asit_tablosu[kodon]
        self.orfBulAminoAsit(protein)
        protein += "\n\n\n'
        for j in range(1, len(sekanslar) - 2, 3):
             if len(sekanslar) \rightarrow (j + \overline{3}):
                 kodon = sekanslar[j:j + 3]
                 protein += amino_asit_tablosu[kodon]
        protein += "\n\n\n"
        for k in range(2, len(sekanslar) - 1, 3):
             if len(sekanslar) > (k + 3):
                 kodon = sekanslar[k:k + 3]
                 protein += amino_asit_tablosu[kodon]
        self.dosyaYazma(protein)
    def dosyaYazma(self,amino_asit_sekansi):
        dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\'+
self.dosya_adi +'_AA.txt', 'w')
        dosya.write(amino asit sekansi)
    def orfBulAminoAsit(self, protein):
        orf protein = "
        dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\'+
self.dosya_adi +'_AA_ORF.txt', 'w')
for i in range(0, len(protein) - 1, 1):
             if (protein[i] == 'M'):
                 while (protein[i] != '-' and i < len(protein) - 1):</pre>
                      orf_protein += protein[i]
                 if (protein[i] == '-'):
                      dosya.write(orf protein + '\n\n')
                 orf protein = "
        dosya.write(orf protein)
    def orfBulNukleotit(self, sekanslar):
        orf_sekans= []
        orf_gen= ""
        dosya = open('C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\\'+
elf.dosva adi +' GEN ORF.txt', 'w')
```

```
for i in range(0, len(sekanslar)-1, 3):
            if len(sekanslar) > i+3:
                kodon = sekanslar[i:i + 3]
                orf sekans.append(kodon)
        for i in range(0,len(orf sekans)-1,1) :
            if orf sekans[i] == "ATG" and (i+1) < len(orf sekans):</pre>
                while (orf_sekans[i] != "TAA") and (orf_sekans[i] != "TAG")
and (orf_sekans[i] !="TGA"):
                    orf_gen += orf_sekans[i]
                    if (i + 1) < len(orf_sekans):</pre>
                        i+=1
                        break
                orf gen += "\n\n\n"
        dosya.write(orf gen)
def main():
    fasta_sars_nucleocapsid = FASTA_DOSYASI("SARS_Nucleocapsid",
'C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik Hesaplama\SARS Nucleocapsid.fasta")
    fasta sars nucleocapsid.proteinDosyaDonusturucu()
    fasta_sars_polyprotein =
FASTA DOSYASI("SARS Polyprotein","C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\SARS Polyprotein.fasta")
    fasta sars polyprotein.proteinDosyaDonusturucu()
    fasta covid nucleocapsid =
FASTA_DOSYASI("COVID_Nucleocapsid", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
    fasta covid nucleocapsid.proteinDosyaDonusturucu()
    fasta_covid_polyprotein =
FASTA DOSYASI("COVID Polyprotein", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\COVID Polyprotein.fasta")
    fasta covid polyprotein.proteinDosyaDonusturucu()
    fasta_sars = FASTA_DOSYASI("SARS",
    fasta_sars.genomDosyaDonusturucu()
    fasta_covid = FASTA_DOSYASI("COVID",
    fasta_covid.genomDosyaDonusturucu()
    sars = FASTA DOSYASI("SARS", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
   sars.dosya0kuma()
    covid = FASTA_DOSYASI("COVID", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
    covid.dosyaOkuma()
    Needleman_Wunsch.farkBul("C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\COVID Nucleocapsid.txt", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
```

```
Hesaplama\SARS_Nucleocapsid.txt", "Nucleocapsid")
    Needleman_Wunsch.farkBul("C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\COVID_Polyprotein.txt", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\SARS_Polyprotein.txt", "Polyprotein")

    Needleman_Wunsch.needlemanWunsch("C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\COVID_Nucleocapsid.txt", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\SARS_Nucleocapsid.txt", "Nucleocapsid")
    Needleman_Wunsch.needlemanWunsch("C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\COVID_Polyprotein.txt", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\SARS_Polyprotein.txt", "C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\SARS_Polyprotein.txt", "Polyprotein")

if __name__ == "__main__":
    main()
```

1.7.2 BLOSUM62 Modülü

```
def skorBul(satir_degeri , sutun_degeri):
    blosum62 = {
        'PH': -2, 'FO': -3, 'ZG': -2, 'XL': -1,
        'NN': 6, 'WM': -1, 'QC': -3, 'WI': -3,
        'NR': 0, 'HC': -3, 'YN': -2, 'GQ': -2,
                            'WD': -4,
```

```
deger = blosum62[satir degeri+sutun degeri]
except:
    deger = 100
if deger == 100:
    deger = blosum62[(satir_degeri+sutun_degeri)[::-1]]
return deger
```

1.7.3 Needleman Wunsch Modülü

```
import BLOSUM62
import numpy as np

def needlemanWunsch(covid , sars , protein_turu):
    bosluk_ceza_puani = -4
    covid_protein ="-"+proteinDizisiOku(covid)
    sars_protein ="-"+proteinDizisiOku(sars)
    sat = len(covid_protein)
    sut = len(sars_protein)
```

```
skor_matrisi = np.zeros([sat , sut])
    yol_matrisi = np.zeros([sat,sut])
    for i in range(0,sut,1):
        skor_matrisi[0][i] = i * bosluk_ceza_puani
    for j in range(0,sat,1):
        skor_matrisi[j][0] = j * bosluk_ceza_puani
    yol matrisi[0][0] = 0
    for i in range(1,sut,1):
        yol_matrisi[0][i] = 1
    for j in range(1,sat,1):
        yol_matrisi[j][0] = 2
    for satir in range(1,sat,1):
        for sutum in range(1,sut,1):
             if covid_protein[satir] == sars_protein[sutun]:
                 skor_matrisi[satir][sutun]=skor_matrisi[satir-1][sutun-
1]+BLOSUM62.skorBul(covid_protein[satir],sars_protein[sutun])
                yol matrisi[satir][sutun]= 3
                 skor_diagonal = skor_matrisi[satir - 1][sutun - 1] +
BLOSUM62.skorBul(covid protein[satir], sars protein[sutun])
                 skor yukari = skor matrisi[satir-1][sutun] +
BLOSUM62.skorBul(covid_protein[satir],sars_protein[sutun])
                 skor_sol = skor_matrisi[satir][sutun-1] +
BLOSUM62.skorBul(covid_protein[satir],sars_protein[sutun])
                 if skor_yukari >= skor_sol and skor_yukari >= skor_diagonal:
    skor_matrisi[satir][sutun] = skor_sol
                yol_matrisi[satir][sutun] = 2
elif skor_sol >= skor_yukari and skor_sol >= skor_diagonal;
                     skor_matrisi[satir][sutun] = skor_yukari
                     yol matrisi[satir][sutun] = 1
                     skor matrisi[satir][sutun] = skor diagonal
                     yol matrisi[satir][sutun] = 3
    hizalama_sonucu_covid = ""
    hizalama_sonucu_sars = ""
    yol_sutun = sut-1
    yol satir = sat-1
    adim = yol_matrisi[yol_satir][yol_sutun]
    while(adim != 0 ):
        if adim ==1:
            hizalama_sonucu_sars += sars_protein[yol_sutun]
            hizalama_sonucu_covid += "-"
            yol sutun -= 1
        elif adim == 2:
            hizalama_sonucu_sars += "-"
            hizalama_sonucu_covid += covid_protein[yol_satir]
            yol satir -= 1
        elif adim == 3:
            hizalama_sonucu_covid += covid_protein[yol_satir]
            hizalama sonucu sars += sars protein[yol sutun]
```

```
yol_satir -= 1
            yol_sutun -= 1
        adim = yol_matrisi[yol_satir][yol_sutun]
    hizalama dosyasi = open("C:\\Users\ASUS\Desktop\8.Dönem\Genomik
Hesaplama\\"+protein_turu+"_NWA.txt" , "w")
    hizalama dosyasi.write(protein turu+ " Needleman Wunsch Hizalaması
\n\n\n" + "nCovid :" + hizalama_sonucu_covid[::-1] + "\n\nSARS :" +
hizalama sonucu sars[::-1] )
def proteinDizisiOku(dosya yolu):
    dosya = open(dosya_yolu, "r")
    protein = dosya.read()
    protein = protein.replace("\n", "")
protein = protein.replace("\r", "")
    return protein
def farkBul(covid , sars , protein_turu):
    covid protein = proteinDizisiOku(covid)
    sars protein = proteinDizisiOku(sars)
    covid uzunluk = len(covid protein)-1
    sars_uzunluk = len(sars_protein)-1
   maX_uzunluk = max(covid_uzunluk , sars_uzunluk)
    dosya_metni = ""
    i = 0
    while i<maX_uzunluk:</pre>
        fark_metni=""
        fark_sars =""
        fark_nCovid = ""
        if i<covid uzunluk and i<sars uzunluk :</pre>
            if covid_protein[i] != sars_protein[i]:
                fark metni += "Konum : " +str(i)
                while covid_protein[i] != sars_protein[i] and i<covid_uzunluk</pre>
and i<sars_uzunluk:
                     fark_sars += sars_protein[i]
                     fark_nCovid += covid_protein[i]
                fark_metni += "\nnCovid = " + fark_nCovid + "\nSARS = " +
fark_sars + "\n\n**********\n\n"
                i += 1
        elif i>=covid uzunluk and i<=sars uzunluk:</pre>
            fark metni += "Konum : " +str(i)
            while i<sars uzunluk:</pre>
                fark_sars += sars_protein[i]
                fark_nCovid += "-
            fark_metni += "\nnCovid = " + fark_nCovid + "\nSARS = " +
fark sars + "\n\n***********\n\n
```

1.8 Girdi ve Çıktı Dosyalarının Toplandığı Klasörün Görünümü

SARS_Polyprotein.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	8 KB
SARS_Nucleocapsid.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	1 KB
SARS_GEN_ORF.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	22 KB
SARS_AA_ORF.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	8 KB
SARS_AA.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	29 KB
SARS.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	30 KB
Polyprotein_NWA.txt	6.03.2020 13:38	Metin Belgesi	14 KB
Nucleocapsid_NWA.txt	6.03.2020 13:14	Metin Belgesi	1 KB
Fark_Polyprotein.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	38 KB
Fark_Nucleocapsid.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	3 KB
COVID_Polyprotein.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	8 KB
COVID_Nucleocapsid.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	1 KB
COVID_GEN_ORF.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	574 KB
COVID_AA_ORF.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	192 KB
COVID_AA.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	30 KB
COVID.txt	6.03.2020 16:06	Metin Belgesi	31 KB
SARS_Polyprotein.fasta	5.03.2020 14:10	FASTA Dosyası	8 KB
SARS_Nucleocapsid.fasta	5.03.2020 14:12	FASTA Dosyası	1 KB
SARS.fasta	5.03.2020 14:06	FASTA Dosyası	30 KB
COVID_Polyprotein.fasta	5.03.2020 14:08	FASTA Dosyası	8 KB
COVID_Nucleocapsid.fasta	5.03.2020 14:09	FASTA Dosyası	1 KB
COVID.fasta	5.03.2020 14:07	FASTA Dosyası	30 KB

1.9 Sonuç

Verilen ödevde istenilen tüm aşamalar gerçekleştirilmiştir. Ayrıca ek olarak; ORF tespitinde istenen nükleotit bazlı sonucu üretmenin yanı sıra amino asit bazlı ORF tespitini yapan fonksiyonda yazılmıştır.