亲爱的用户您好：

嗨，这感觉怪怪的，毕竟我是第一次完整写实用程序，相信以后多了会容易一些。

1. **使用的基本方法**

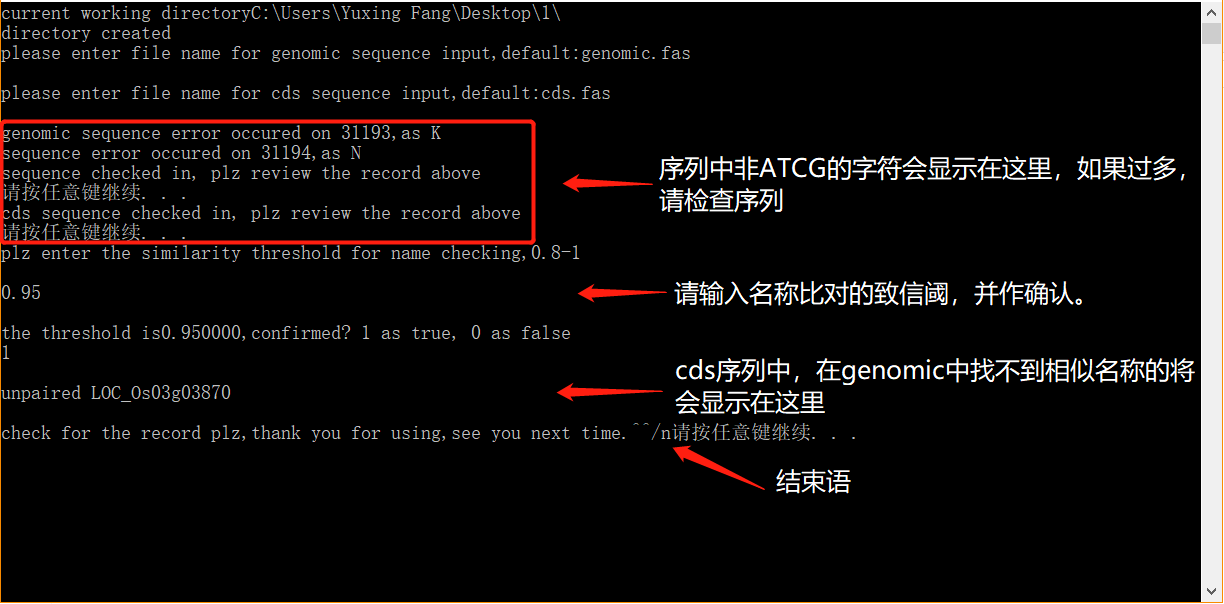
基本准备：存有genomic序列和cds序列的fasta格式文件,并将其与本程序**放入同一文件夹**。

基本界面



运行过程

此时输入存有genomic和cds序列的文件名，您亦可将相应文件分别改名为**genomic.fas,和cds.fas**，直接回车不作输入，系统将自动以默认名输入。



此后系统将对genomic和cds文件中的序列名进行相应序列匹配，请您输入匹配的致信阈，并在随后输入1做确认，如果不小心输错了或没考虑清楚没关系，在后一行确认时输入0即可重新输入。回车输入完毕。

致信阈的提示：

（1）如果只有基因**全名**，或者是自己**编的号**，建议直接填**1**，即**必须完全匹配**如以下这种：

>LOC\_Os04g51110

>LOC\_Os01g45570

或是

>1

>2…

(2)如果带上了许多其他信息，则根据对应的genomic和cds名称有多高相似度进行确认，0.8即10个字符中有8个相同，0.9即10个中有9个相同，请注意，名称少于10个字符时，0.9仍始终宽容1个字符的不同，**因此如果是编号，请使用1作为阈值。**

等待程序终止即可。

程序会在运行过程中列出在genomic中无法查找到匹配名称的cds序列，请您注意看是否是名称相差高于阈值。

1. **运行结果**



（1）在cds的文件夹中您将获得类似这样的结果，每个exon被两个换行隔开，以便您选择。



（2）如果一段序列没有在genomic中未得到匹配，则其会以全大写形式录入在结果中，而全小写无换行，证明这个基因只有一个exon。

>LOC\_Os06g50900

AAATGCATATGCACCCCCCCTCCCTAATCAAATCCTTAATACCACTGTTCATCATTTATTACAGGGAATAATTGTCTCCTACAAACTCCTCCATATATTAATCCCCCCCCTGTCCTCTCACCTTCTCCATCCCCTCCATTTCACACCAATAACCACCTGTGCAGCTAGCTAAGCTGTGCTGCTGTGCTCTCTCTCTCTCTCACACACACAAGCAATCTTAGCTAAGCTATAGCTGCAGCTGAAGCAAAGCAAAGGGAAGAAGAGAGGAAGGAGatggagctggatgagcaggcgttcttggaggagctcttctcgctgaggagggacgcgtgggagtacaatgccatgggggacttcttctcgccggcgtgcgccgccatggacggcttccaagaacggcaccagtccaccaccacggtcagcgtcctccccaccttcacggcctcctacgagcagccgccgccggcgccggcggccgggttcgactgcctcagcgaggtctacggcaacgccgccgccgcattcgggcccaatgccggcggcggcggcggcgagtacggcggcggcggcgacatggggtttcttgatgtggttgagcccaaggcgagtatggtggtggatggcggcgggctcggggtgtgcaaggtggagcccgggctgcaggcggagggcgggttcagcgcagcggcggcggcgccggcgtcgaagaagaagagggtggaagggatgccgtcgaagaacctgatggcggagcggcggcggcgcaagcggctgaacgaccgcctctccatgctccggtccgtggtgcccaagatcagcaaggtatatagagtacttagtgaatcattttgtgttgcgattgggattgcgagtgcgagagagatgagattagatgatgtatgtgtttgcgagtagATGGACAGGACATCGATTCTTGGGGACACGATCGACTACATGAAGGAGTTGCTGGAGAGGATCAGGCAGCTGCAGGAGGAGATCGAGGAGCAGCAGCAGCAGGAGACGCCCGGGGTGCTCAGCGTCTTCAGGGAGCTCAACCCCAACGAGATGCTGGCCAGGAACACACCCAAGGTAGCTGCATCCATCCATTGCTGGATATATAATGAGGAGGATGATGGGATTAATGGAGTTTGTGAGGTGCAGTTCGATGTGGAGAGGAAGGAGGGGGGCGACACGCGGGTGGAGATCTACTGCGCGGCCAAGCCAGGGCTGCTCCTGTCCACGGTGAGCACGCTGGAGACGCTGGGCCTCGACATCCAGCAGTGCGTCGTCAGCTGCTTCAACGACTTCGGCATGCACGCCTCCTGCTCCGAGGTTCTTCCTCCTCTTTCTTTCTTTCTTTCTTTCATTCACCTAATTACTATTAATCTTTCTTTCTTCCTTTTCTACTATAGTTGTTACTACTACTAGTGCAATGGATGAAATGCTGAAATAATAATGATGTTGGTGAAATTTCAGATGCAGAGGGAGAGGATGAGCGCGGACATGATAAAGCAGGAGCTGTTCAAGAACGCCGGCTATGGAGGAGGATGCTTGTAGAGAGAGGACACCGAGAGCAGCAGCAATAAAAGTAGCAGCAGCAATGGTAATAGTGGTGGTAGCAGCAGCAGATCGAGCAGAAAGAAAGAGAGAGGGTTTCAGAGTTCAGTGTTGTTGAGTAGTAGGGCAGGAGAGGAAAAGGCAGATTCGGGAGGCCTTTTTGCAATCCATCTCCCCCATCGTTCCTCGTAACCATGCAACGCAATACTACTACATTACATTACATGTGGTTGTGCCCGTCTGTCCATGAATCATCATCATCAATCAGACTCTTTCTTTCTCTTAACAACTTTTCTCTTTTAATGATTGATCTACTCGCACTTTTTTTCGCCATCCCTAATGTTTCTTCTTATATTAATTGTTTCCTAGTATGTTCTCATGTCCCTCTCTCCTGTATTCAAGAAAGGGCTTGGGACTCAAAAAAGGATTAGTGGTGTCACTCCTGTGTTGTTATAA

（3）genomic中的序列将会以大写（intron）小写（exon）相间的格式反应。同样的，没有匹配到的genomic将会是全大写的格式。

1. **注意点**
2. 最大输入量为**60条**序列，genomic和cds都是如此，单条序列不可超过**7000bp**，超出会有提示。
3. 单条序列的名称请尽量不要超过**50个**字符，请不要在名称的开头插入奇怪的字符或空格，这可能会造成错误匹配如： AAALOC\_Os06g50900就不大好。
4. 请不要将程序放在过于深入的目录运行，目录识别系统上限为20字符
5. 请不要试图玩弄他，他还是个孩子。。

感谢您的使用，我乐于回答您的任何疑问，如果您对新功能有要求或建议，也请不吝赐教。

本程序遵循GPL协议。

方宇星

20200327

e-mail：fangyuxing@126.com