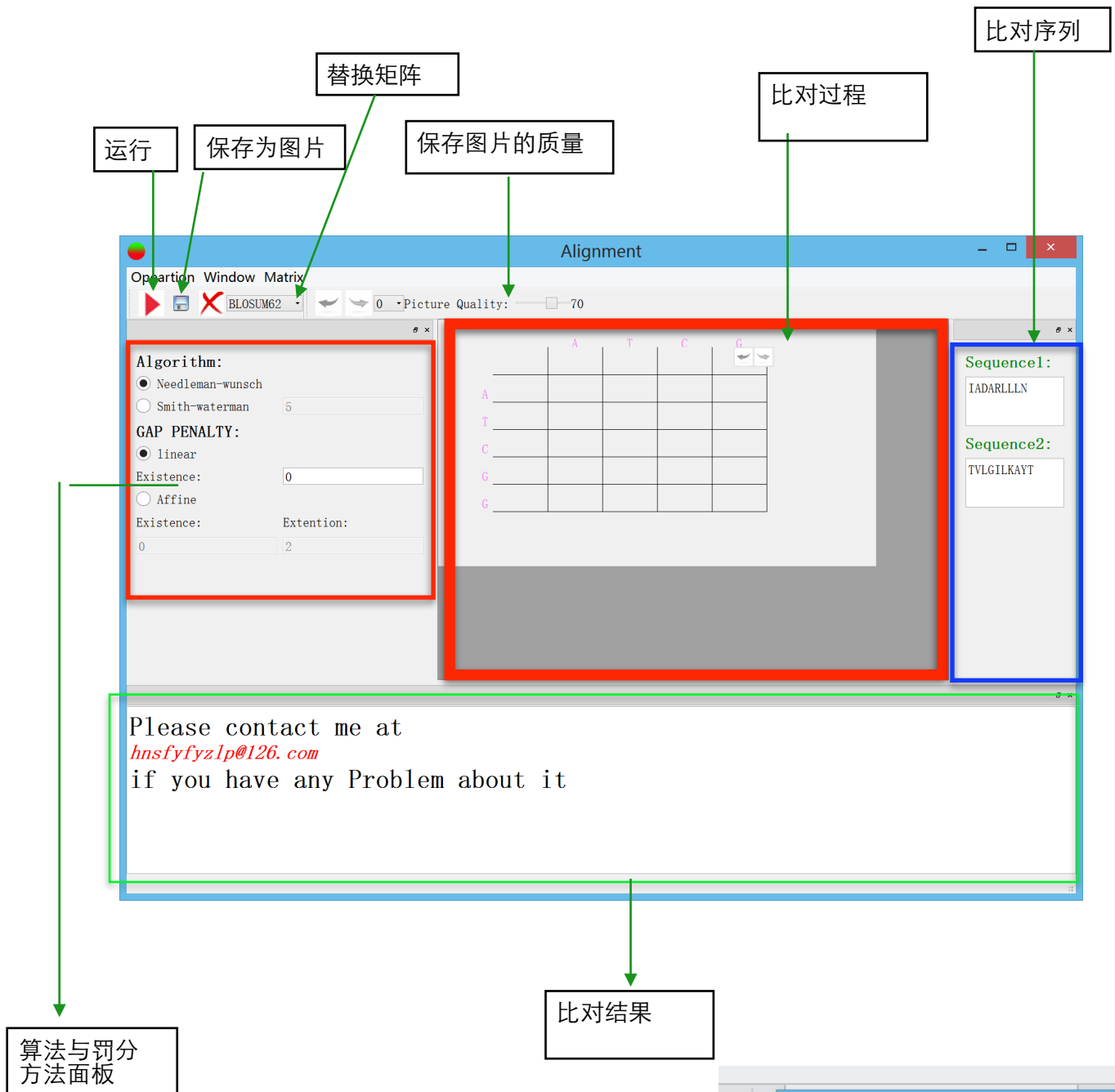
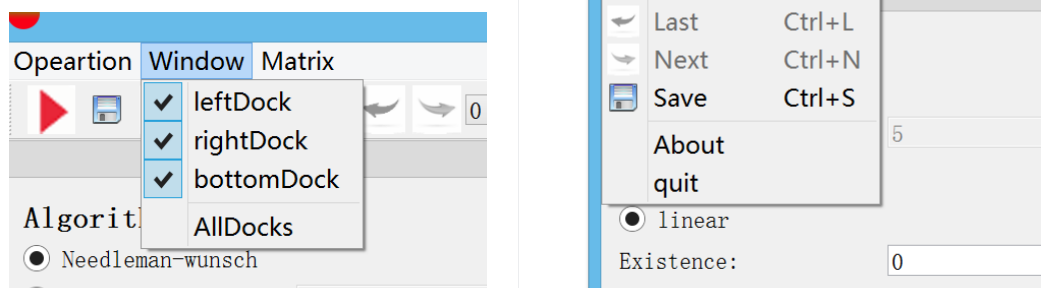


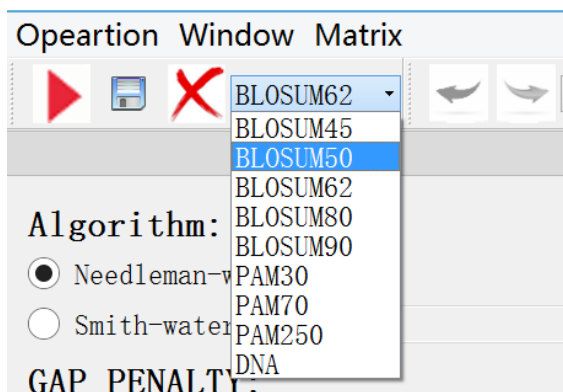
基于动态规划算法的DNA、蛋白质序列比对工具

• 程序工作界面：



• 程序菜单：

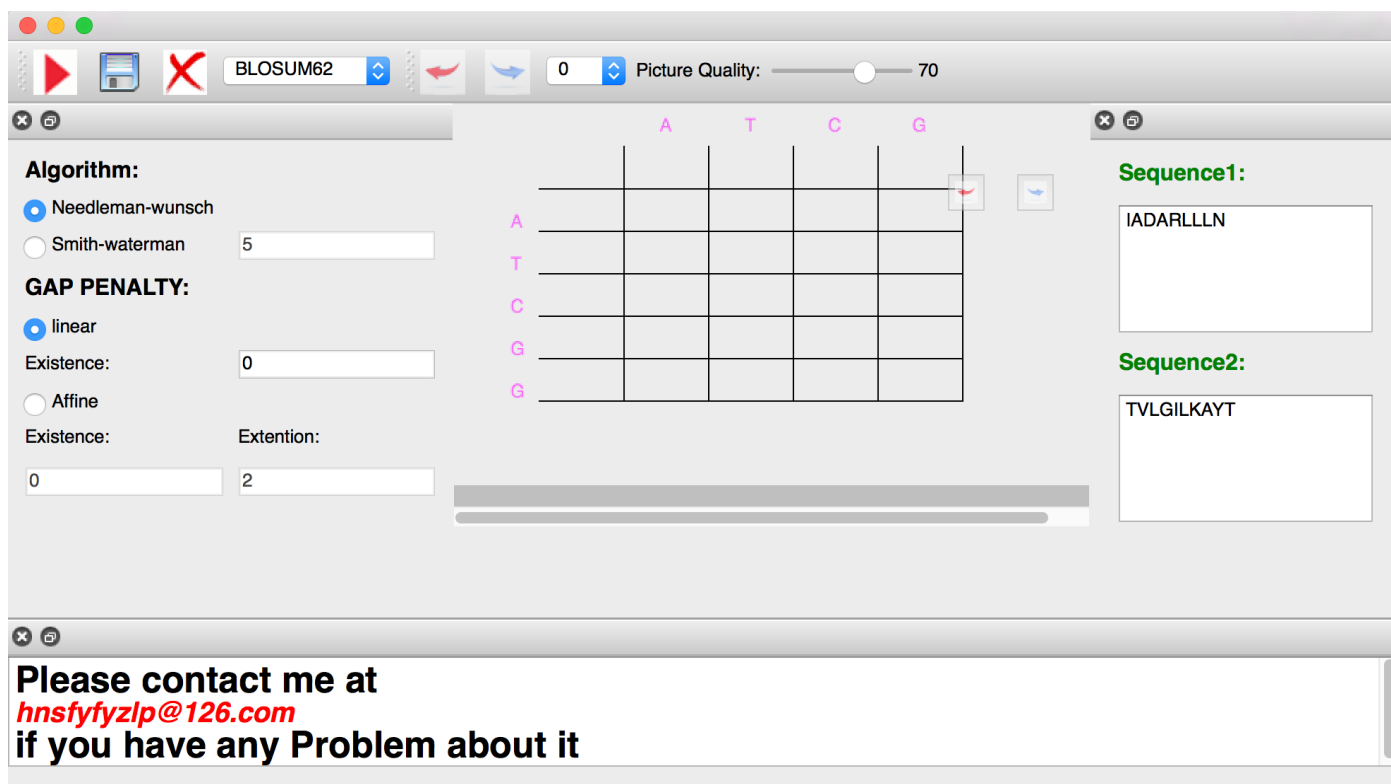




比对时可以选择替换矩阵，有八种蛋白质矩阵，和一种DNA矩阵。点击菜单上的Matrix或者快捷键Ctrl+M（Command + M in Mac OS）可以打开并查看矩阵，可以对它进行修改。

	A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V	B	Z	X
A	4	-1	-2	-2	0	-1	-1	0	-2	-1	-1	-1	-1	-2	-1	1	0	-3	-2	0	-2	-1	0
R	-1	5	0	-2	-3	1	0	-2	0	-3	-2	2	-1	-3	-2	-1	-1	-3	-2	-3	-1	0	-1
N	-2	0	6	1	-3	0	0	0	1	-3	-3	0	-2	-3	-2	1	0	-4	-2	-3	3	0	-1
D	-2	-2	1	6	-3	0	2	-1	-1	-3	-4	-1	-3	-3	-1	0	-1	-4	-3	-3	4	1	-1
C	0	-3	-3	-3	9	-3	-4	-3	-3	-1	-1	-3	-1	-2	-3	-1	-1	-2	-2	-1	-3	-3	-2
Q	-1	1	0	0	-3	5	2	-2	0	-3	-2	1	0	-3	-1	0	-1	-2	-1	-2	0	3	-1
E	-1	0	0	2	-4	2	5	-2	0	-3	-3	1	-2	-3	-1	0	-1	-3	-2	-2	1	4	-1
G	0	-2	0	-1	-3	-2	-2	6	-2	-4	-4	-2	-3	-3	-2	0	-2	-2	-3	-3	-1	-2	-1
H	-2	0	1	-1	-3	0	0	-2	8	-3	-3	-1	-2	-1	-2	-1	-2	-2	2	-3	0	0	-1
I	-1	-3	-3	-3	-1	-3	-3	-4	-3	4	2	-3	1	0	-3	-2	-1	-3	-1	3	-3	-3	-1
L	-1	-2	-3	-4	-1	-2	-3	-4	-3	2	4	-2	2	0	-3	-2	-1	-2	-1	1	-4	-3	-1
K	-1	2	0	-1	-3	1	1	-2	-1	-3	-2	5	-1	-3	-1	0	-1	-3	-2	-2	0	1	-1
M	-1	-1	-2	-3	-1	0	-2	-3	-2	1	2	-1	5	0	-2	-1	-1	-1	-1	1	-3	-1	-1
F	-2	-3	-3	-3	-2	-3	-3	-1	0	0	-3	0	6	-4	-2	-2	1	3	-1	-3	-3	-1	-1
P	-1	-2	-2	-1	-3	-1	-1	-2	-2	-3	-3	-1	-2	-4	7	-1	-1	-4	-3	-2	-2	-1	-2
S	1	-1	1	0	-1	0	0	0	-1	-2	-2	0	-1	-2	-1	4	1	-3	-2	-2	0	0	0
T	0	-1	0	-1	-1	-1	-1	-2	-2	-1	-1	-1	-1	-2	-1	1	5	-2	-2	0	-1	-1	0
W	-3	-3	-4	-4	-2	-2	-3	-2	-3	-2	-3	-2	-3	-1	1	-4	-3	-2	11	2	-3	-4	-2
Y	-2	-2	-2	-3	-2	-1	-2	-3	2	-1	-1	-2	-1	3	-3	-2	-2	2	7	-1	-3	-2	-1
V	0	-3	-3	-3	-1	-2	-2	-3	3	1	-2	1	-1	-2	-2	0	-3	-1	4	-3	-2	-1	-1
B	-2	-1	3	4	-3	0	1	-1	0	-3	-4	0	-3	-3	-2	0	-1	-4	-3	-3	4	1	-1
Z	-1	0	0	1	-3	3	4	-2	0	-3	-3	1	-1	-3	-1	0	-1	-3	-2	-2	1	4	-1
X	0	-1	-1	-1	-2	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-2	0	0	-2	-1	-1	-1	-1	-1	-1

* MAC OS下的工作界面：



• 图标与快捷键介绍

	运行（比对）	Ctrl + M	如果序列太长，会运行得很慢
	比对过程保存为图像	Ctrl + S	以图片的格式存储比对过程
	删除比对工程	Ctrl + D	删除比对过程可以释放内存
	回退到上一次比对	Ctrl + L	每一次比对都会存储在内存中，可以回头查看
	前进到后一次比对	Ctrl + N	

Algorithm:

☒ Needleman-wunsch

☐ Smith-waterman

5

GAP PENALTY:

☒ linear

Existence:

0

☐ Affine

Existence:

Extention:

0

2

这里实现了两种算法：

- Needleman-Wunsch

- Smith-Waterman

局部比对可以设置阈值，比如左边就是设置5.

罚分方式有两种：

- 线性罚分
- 放射空位罚分

• 比对示例

DNA序列:

Seq1: ATGTGTGATGA

Seq2: TCGTAGATGAT

1. 向序列框中输入序列:

Sequence1:

ATGTGTGATGA

Sequence2:

TCGTAGATGAT

2. 选择算法和打分方法和矩阵:

Algorithm:

☐ Needleman-wunsch

☒ Smith-waterman

GAP PENALTY:

☐ linear

Existence:

☒ Affine

Existence: Extention:

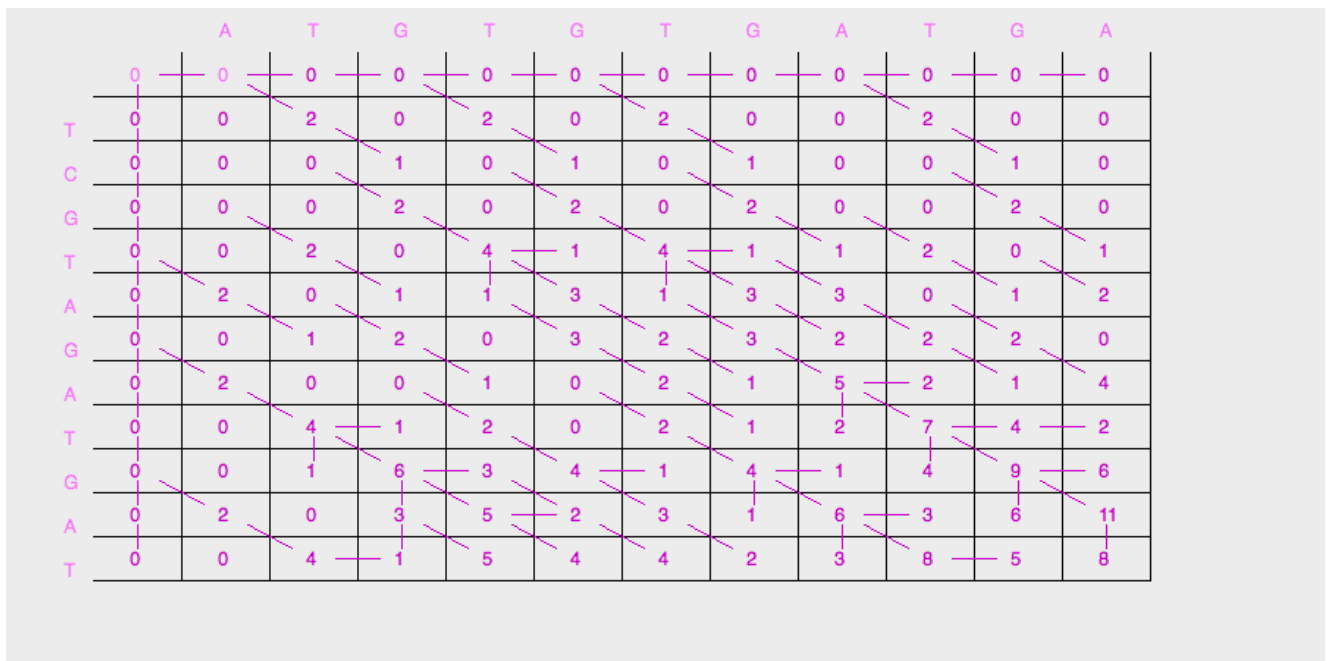
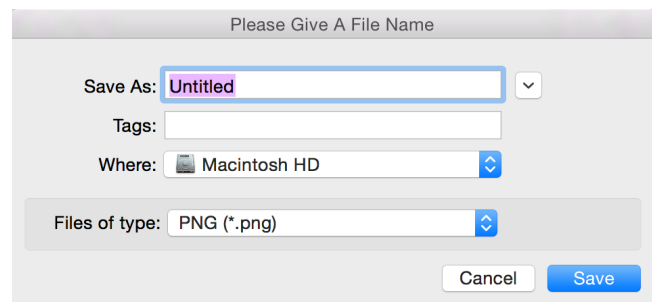
DNA

	A	T	C	G	
A	<input type="text" value="2"/>	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="-1"/>	<input type="button" value="Confirm"/> <input type="button" value="cancel"/>
T	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="2"/>	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="-1"/>	
C	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="2"/>	<input type="text" value="-1"/>	
G	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="-1"/>	<input type="text" value="2"/>	

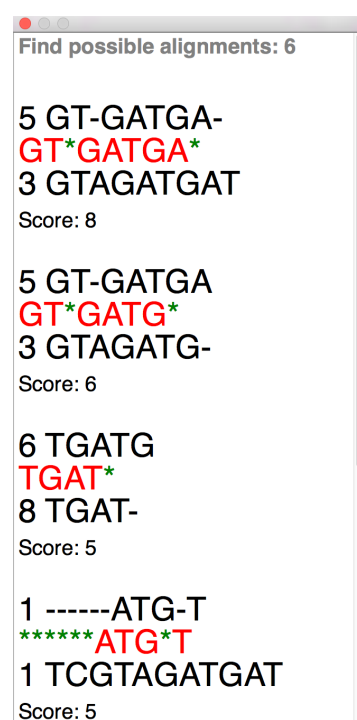
3-1. 结果呈现：存储图片

Ctrl + S或点击图标：

* 选择格式存储：



3-2. 呈现阈值以上的结果：



再比如蛋白质全局比对，线性罚分为3，采用BLOSUM62矩阵

Seq1: IADARLLLN

Seq2: TVLGILKAYT

	I	A	D	A	R	L	L	L	N	
T	0	-3	-6	-9	-12	-15	-18	-21	-24	-27
V	-3	-1	-3	-6	-9	-12	-15	-18	-21	-24
L	-6	0	-1	-4	-6	-9	-11	-14	-17	-20
G	-9	-3	-1	-4	-5	-8	-5	-7	-10	-13
I	-12	-6	-3	-2	-4	-7	-8	-9	-11	-10
L	-15	-8	-6	-5	-3	-6	-5	-6	-7	-10
K	-18	-11	-9	-8	-6	-5	-2	-1	-2	-5
A	-21	-14	-12	-10	-9	-4	-5	-4	-3	-2
Y	-24	-17	-10	-13	-6	-7	-5	-6	-5	-5
T	-27	-20	-13	-13	-9	-8	-8	-6	-7	-7
	-30	-23	-16	-14	-12	-10	-9	-9	-7	-7

Find possible alignments: 1

1 -IADARL-LLN

*****L*****

1 TVLGI-LKAYT

Score: -7