摘要：搜索基因组中CpxR潜在结合位点并用pssm打分。

生成pwm（Position-Weight Matrices）数据源：表格1

生成pssm（Position-Specific Scoring Matrices）：pseudocounts=0.5，log2，假定四种碱基背景概率相等。

PSSM信息：

打分矩阵见表格2。

mean = 11.43, standard deviation = 4.22

max = 19.53, min = -42.31

mean即相对熵

Searching for matches using the PSSM score：

基因组：NC\_000913.3（W3110） CP009273.1(BW25113)

Score threshold=7.22 #越小序列越多，实际意义：2^x倍的背景概率

结果说明：pos代表cpxR结合第一个碱基位置，“\_c”代表互补链，seq为序列。Score即以上打分，默认按照序列 位置排序，这样容易发现一个基因存在多个潜在结合位点的情况。也可以按照score自行排序，也可给定其它筛选阈值我来重新给出结果。Location代表潜在结合位点所在位置的基因信息。

tail列说明：

NULL：基因间

gene short than 200bp

left 100bp

right 100bp

注意：所谓左右没有管基因方向，只是从基因组序列的5'到3'

表格1：CpxR结合位点数据源

注：ppiD以及ldtC (ycfS)序列更长，无法纳入打分。

|  |  |
| --- | --- |
| acrD | GTATAAAAGGGCATG |
| aer | GTAACAGAGTGAAAG |
| alx (ygjT) | GTAAAACAGTGTAAA |
| aroG | GTAAAACCCCGTTTA |
| bacA | GTAAAGCGGCGAAAA |
| bamE | GCAAAACGCCGTAAG |
| cpxR/cpxP1 | GTAAAACAACGTAAA |
| cpxR/cpxP2 | GCAAACATGCGTCAG |
| csgB1 | GTAACGCAGCGTTAA |
| csgB2 | GTAAAAAATTGTCCA |
| csgD1 | GTAACTAAATGTAAC |
| degP1 (htrA) | gtaaagacgaacaat |
| degP2 | gtaaattaccgtcag |
| dgcZ (ydeH) | gtcaatattttcata |
| dsbC | GTAAAGGCAACAAAG |
| efeU\*(ycdN) | ggaatgtttataaaa |
| fabA | gtagaagaaggcaaa |
| fabB | gtaaggctgcgcaaa |
| ftnB | Gtaaaaatatataaa |
| ldtD | GCAACTCCCTGAAAC |
| marR | gcaagtataagtcaa |
| motA | GTAAAAAGACGTAAA |
| mviM | GTAAATCACCGTCAA |
| mzrA (yqjA) | Gtcagcctgtgtaaa |
| ompC | GTAAAGAAGGGTAAA |
| ompF1 | GTAACCAAAAGTAAA |
| ompF2 | GTAATATTCCGTAAC |
| ppiA | Gtaaaattaggtaaa |
| psd | GTAAAAACGCGTAAA |
| rseD | GTAAAGTTCCGTAAC |
| skp | GTAAAACCTGGTAAG |
| slt | GTAACGTGGCGTAAA |
| spy | gtaaaacaatgaaag |
| srkA (yihE) | gtaaaagcttgtaag |
| tomB (ybaJ) | GTAATTTTTCGTAAT |
| tsr | GTAAAGTAAGGTAAA |
| ung | GCAAAAAAATGTAAA |
| yccA | gtaaagatgggtaaa |
| yebE | gtatatcgagacaaa |
| yidQ | GTAAAGCGGGGATAA |
| yqaE | GTAAATGAGAGTAAA |

表格2 Position-Specific Scoring Matrices

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 |
| A: | -4.43 | -4.43 | 1.88 | 1.84 | 1.46 | 0.7 | 0.43 | 0.62 | 0.33 | -0.73 | -1.62 | -0.52 | 1.64 | 1.8 | 1.3 |
| C: | -4.43 | -0.97 | -2.1 | -4.43 | -0.73 | -1.62 | 0.43 | -0.52 | -0.52 | 0.53 | -2.84 | -0.73 | -0.97 | -2.84 | -1.26 |
| G: | 1.95 | -2.84 | -4.43 | -2.84 | -1.62 | 0.22 | -0.97 | -0.73 | 0.53 | -0.18 | 1.72 | -4.43 | -4.43 | -4.43 | -0.18 |
| T: | -4.43 | 1.72 | -4.43 | -2.1 | -1.62 | -0.18 | -0.34 | 0.22 | -0.73 | 0.1 | -2.1 | 1.41 | -1.62 | -1.62 | -2.1 |