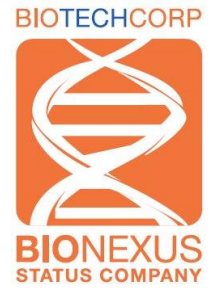




Malaysian
Genomics
Resource
Centre



SynaBlast-Mega

用户指南

目录

1. SynaBlast-Mega.....	1
2. 操作流程.....	1
3. 参数说明.....	2
4. 提交结果.....	4
5. 输出格式.....	6
6. 核苷酸-核苷酸.....	10
7. 蛋白质-蛋白质.....	11
8. 核苷酸-蛋白质.....	12

Synamatix Sdn Bhd 保留所有 Synamatix、SynaBASE 名称和知识产权，包括相关的印刷材料（除文义另有所指者外）。未经产权自拥有者许可，不得非法复制本文件或其任何部分。所有第三方知识产权均为各自拥有者的产权。

1. SynaBlast-Mega

SynaBlast-Mega™是一个多序列比对工具，使用户可以搜索多个蛋白质和核苷酸序列。这个工具使研究人员能够更容易分析及提交大量序列。此工具提供综合对比选项及最后输出各别不同对比格式的结果。SynaBlast-Mega 允许在 SynaBASE 进行核苷酸-核苷酸、蛋白质-蛋白质和蛋白质-核苷酸搜索。SynaBlast-Mega 是采用 FASTA 格式作为输入序列查询。

2. 操作流程

The screenshot displays the SynaBlast-Mega web interface with six numbered steps indicating the workflow:

- 1** Query type: Nucleotide - Nucleotide
- 2** Query sequences: Query Sequence Input (FASTA format) Total query: 0
- 3** Target database: SynaBASE H_sapiens Genome NCBI-GRC Release 37.1 Word size: 15
- 4** Report options: Bit score threshold: 0 E-value cut-off: 10.0 Format: Pairwise alignment view Maximum results reported per query: 10
- 5** Advanced options: - Show
- 6** Submit Be notified by email (An email will be sent to the address provided when the results are available)

1. 选择查询类型
2. 请输入查询序列搜索
3. 选择 SynaBASE
4. 设置'报告选项'
5. 设置'高级选项'（可选）
6. 运行 SynaBlast-Mega。选择复选框以接收电子邮件通知

3. 参数说明

查询类型:

指定查询类型。在核苷酸-核苷酸、核苷酸-蛋白质或蛋白质-蛋白质三个选项之中择其一搜索。

查询序列:

提交查询序列。选择以下其中一个方式提交查询序列:

1. 序列

粘贴序列（有效格式）（以 FASTA 格式或原有格式）。

2. 上载序列文件

在您计算机上的文件中，上载一个序列（以 FASTA 格式或原有格式）。

3. 从序列数据库/序列表达式中选择序列

通过选择一个 SynaBase，搜索其关键词或序列头表达式，以获取参考序列（s）。

测试序列:

选一个可用的模范序列来测试应用程序功能。

选择 SynaBASE:

根据查询类型选择一个合适的目标 SynaBASE。每个 SynaBASE 将有它自己一套的默认搜索参数设置。但这些参数可调整。

文字大小:

SynaBASE 匹配搜索是依据字长或“最小匹配长度”，即是初始模式的字长。一般来说，一个较短的匹配将寻获更多的结果，并花时较长。

选项

每个 SynaBASE 将有它自己一套的默认搜索参数/选项

报告选项

Bit 值门槛

对比 Bit 值低于所设 Bit 值将不会报告。

E-值门槛

对比 E-值大于所设 E-值将不会报告。

格式

提交结果的输出格式：

1. 成对排列查看（默认）
2. 点击表格排列查看
3. Blat PSL 格式

每个查询的最多结果报告

此设置限制了每个查询的最高得分报告数目。

高级选项

间隔成本

这成本创造并扩大在同一个排列的间隔。

匹配与不匹配分数

一个奖励和处罚记分系统用以匹配和不匹配碱基。

插入/缺失

插入/缺失是可允许间隔大小在搜索上。

分数

分数是在一个排列及指定的窗口长度中,字符模式匹配的累计数。

窗口长度

窗口长度是查询序列用以初始化搜索的长度。

重复筛选：

重复筛选将在播种过程中去掉高频模式。关闭重复筛选可允许所有的播种查询模式被采用；而显示返回低复杂性和重覆又不要的排列比对结果。播种过程中的所有模式和查询可能会返回不想要的路线，低复杂性和重复。

数值：关闭 - MRF（最大相对频率）0.0，弱 - MRF 10.0，低 - MRF 3.0，中 - MRF 2.0，

强 – MRF 1.0。例如，在播种前，如选择“弱”来重复筛选，那么平均 10 倍频率的模式将被滤掉。

重叠筛选

这是指重叠对比被筛选的百分比。

4. 提交结果


Query Summary

Job title : pox
 Query type : Nucleotide/Nucleotide
 Total query : 4
 Target SynaBASE : Viral RefSeq Genome NCBI Release 39
 Word size : 13

Report options	Bit score threshold	E-value cut-off	Format	Maximum results reported per query
	0	10.0	Pairwise alignment view	10

Scoring options	Gap Existence	Gap Extension	Matches Rewards	Mismatch Penalty
	5	2	1	-2

Filter options	Indels	Score	Window Length	Repeat filter	Overlap filter
	10	20	300	Weak - Maximum Relative Frequency (MRF) 10.0	10

Submission Progress :
 Completed!

Result Preview (Please click on the "Download Result File" to get the complete result file)

```

# SynaBASE      : Synabase API Version: ; Build: Dec 14 2010, 01:51:40
# Database      : vri_rsg_ncbi-39_sb3.0.9
# Min. Length   : 13
# Max. Length   : 0
# Max. RelFreq  : 10.0
# Filter Length : 300
          
```

查询摘要

简要概述包括任务名称和/或提交任务的账号以及使用查询参数解释于第 3 项。

提交过程

提交过程的进度会在结果页面上显示。提交过程中，用户可以取消当点击“取消过程”按钮位于提交进度选项。通过检索和下载“下载结果文件”按钮，用户可以下载完整过程的结果。

结果预览

结果预览选项提供用户预览提交文件的结果。用户下载完整档案之前，可以在 500 条线上，预览结果档案的样本。

透过任务账号检索结果

透过提交任务账号，用户允许检索结果。任务账号是每一个查询的身份识别号码，其提供于查询页。

SYNABLAST-MEGA [Retrieve Result \(by Job ID\)](#)

Query

Query type: Nucleotide - Nucleotide

Query sequences: Query Sequence Input (FASTA format) Total query : 0

Query input (FASTA format)

(Paste query sequence(s) here)

Job title: Job ID: 647727318186 (Job ID is used for result retrieval)

Target database

SynaBASE: H_sapiens Genome NCBI-GRC Release 37.1 Word size: 15

Report options

Bit score threshold: 0 E-value cut-off: 10.0 Format: Pairwise alignment view Maximum results reported per query: 10

Advanced options

[- Show](#)

Be notified by email (An email will be sent to the address provided when the results are available)

当提交查询后，若是网页浏览器关闭，用户仍然可以通过访问检索，通过“检索结果（按任务账号）”在查询页面的链接“SynaBlast-Mega 检索结果”页面查询提交状态或结果。

SYNABLAST-MEGA [Query Page](#)

SynaBlast-Mega Result Retrieval

Key in the unique Job ID: 647727318186

Query Summary


Job ID : 647727318186
Query type : Nucleotide/Nucleotide
Total query : 50
SynaBASE : Plant Refseq Genome NCBI Release 42
Word size : 16

Report options	Bit score threshold	E-value cut-off	Format	Maximum results reported per query
	0	10.0	Pairwise alignment view	10

Scoring options	Gap Existence	Gap Extension	Match Rewards	Mismatch Penalty
	5	2	1	-2

Filter options	Indels	Score	Window length	Repeat filter	Overlap filter
	10	24	300	Weak - Maximum Relative Frequency (MRF) 10.0	10

Submission Progress :



52%

The result file will be available online for 7 days, before being deleted.

5. 输出格式

下面的例子说明了 SynaBlast-Mega 的使用和输出格式。查询进行了全面搜查透过一个包含目标序列的 SynaBASE。

成对排列查看

```
# SynaBASE      : Synabase API Version: ; Build: Dec 14 2010, 01:51:40
# Database      : sprt_prtn_upkb-release_2010_09_sb3.0.9
# Min. Length   : 6
# Max. Length   : 0
# Max. RelFreq  : 1.0
# Filter Length : 300
# Indels        : 5
# Score         : 15
# Fuzzy         : 0
# Overlap Filter : 10%
# Min. % Identity: no limit
# Min. BitScore : 5.0
# Max. E-value  : 10.0
# Search Mode   : PP
# NW            : on
# Scoring Matrix : BLOSUM62
# Gap Opening Penalty : 11
# Gap Extension Penalty: 1
# Extension Cutoff : 20
# Output Format   : pairwise
# Strand         : F+ only
# Max. Output per Query: 5
# Min. alignment length: no limit
# Major Min. identity: no limit
SynaSearch 1.4.1 [2010/02/08]
```

```

Reference: Synamatix Sdn Bhd Application Development,
"SynaSearch, a database search and alignment tool using SynaBASE",
All rights reserved.
Database: Swiss-Prot UPKB Release 2010_09
          519,348 sequences; 183,273,162 total letters

Query= sp|O34788|BDHA_BACSU (R,R)-butanediol dehydrogenase OS=Bacillus subtilis GN=bdhA
PE=3 SV=1 |kw|Complete proteome;Metal-binding;NAD;Oxidoreductase;Zinc;
(346 letters)

Sequences producing significant alignments:
                                     Score      E
                                     (Bits)  Value

sp|O34788|BDHA_BACSU (R,R)-butanediol dehydrogenase OS=Bacillu... 687 0E0
sp|Q65JE7|TDH_BACLD L-threonine 3-dehydrogenase OS=Bacillus li... 119 2.245E-26

>sp|O34788|BDHA_BACSU (R,R)-butanediol dehydrogenase OS=Bacillus subtilis GN=bdhA PE=3 SV=1
|kw|Complete proteome;Metal-binding;NAD;Oxidoreductase;Zinc;
Length = 346

Score = 687 bits (1772), Expect = 0E0
Identities = 346/346 (100%), Positives = 346/346 (100%)

Query: 1  MKAARWHNQKDIRIEHIEEPKTEPGKVKIKVKWCGICGSDLHEYLGGPPIFIPVDKPHPLT 60
          MKAARWHNQKDIRIEHIEEPKTEPGKVKIKVKWCGICGSDLHEYLGGPPIFIPVDKPHPLT
Sbjct: 1  MKAARWHNQKDIRIEHIEEPKTEPGKVKIKVKWCGICGSDLHEYLGGPPIFIPVDKPHPLT 60

Query: 61  NETAPVTMGHEFSGEVVEVGEVGENYKVGDRVVVEPIFATHGHQGAYNLDEQMGFLGLAG 120
          NETAPVTMGHEFSGEVVEVGEVGENYKVGDRVVVEPIFATHGHQGAYNLDEQMGFLGLAG
Sbjct: 61  NETAPVTMGHEFSGEVVEVGEVGENYKVGDRVVVEPIFATHGHQGAYNLDEQMGFLGLAG 120

Query: 121  GGGGFSEYVSVDEELLFKLPDELSYEQGALVEPSAVALYAVRSSKLGKAGDKAAVFGCGPI 180
          GGGGFSEYVSVDEELLFKLPDELSYEQGALVEPSAVALYAVRSSKLGKAGDKAAVFGCGPI
Sbjct: 121  GGGGFSEYVSVDEELLFKLPDELSYEQGALVEPSAVALYAVRSSKLGKAGDKAAVFGCGPI 180

Query: 181  GLLVIEALKAAGATDIYAVELSPERQQKAEELGAIIVDPSKTDVVVAEIAERTGGGVDDVA 240
          GLLVIEALKAAGATDIYAVELSPERQQKAEELGAIIVDPSKTDVVVAEIAERTGGGVDDVA
Sbjct: 181  GLLVIEALKAAGATDIYAVELSPERQQKAEELGAIIVDPSKTDVVVAEIAERTGGGVDDVA 240

Query: 241  FEVTGVPVVLQRQAIQSTTIAGETVIVSIWEKGAEIHPNDIVIKERTVKGIIGYRDIFPAV 300
          FEVTGVPVVLQRQAIQSTTIAGETVIVSIWEKGAEIHPNDIVIKERTVKGIIGYRDIFPAV
Sbjct: 241  FEVTGVPVVLQRQAIQSTTIAGETVIVSIWEKGAEIHPNDIVIKERTVKGIIGYRDIFPAV 300

Query: 301  LSLMKEGYFSADKLVTKKIVLDDLIEEGFGALIKEKSQVKILVRPN 346
          LSLMKEGYFSADKLVTKKIVLDDLIEEGFGALIKEKSQVKILVRPN
Sbjct: 301  LSLMKEGYFSADKLVTKKIVLDDLIEEGFGALIKEKSQVKILVRPN 346

>sp|Q65JE7|TDH_BACLD L-threonine 3-dehydrogenase OS=Bacillus licheniformis (strain DSM 13 /
ATCC 14580) GN=tdh PE=3 SV=1 |kw|Complete proteome;Cytoplasm;Metal-
binding;NAD;Oxidoreductase;Zinc;
Length = 346

Score = 119 bits (298), Expect = 2.245E-26
Identities = 86/287 (29%), Positives = 147/287 (51%), Gaps = 11/287 (3%)

Query: 65  PVTMGHEFSGEVVEVGEVGENYKVGDRVVVEPIFATHGH----QGAYNLDEQMGFLGLAG 120
          P GHEFSGEVV+VGE V K G+ V E G ++ ++ LG+
Sbjct: 62  PYVFGHEFSGEVVQVGENVTTVKEGEYVSAETHIVCGKCLPCLTGKEHVCKKTLILGV-D 120

Query: 121  GGGGFSEYVSVDEELLFKLPDELSYEQGALVEPSAVALYAVRSSKLGKAGDKAAVFGCGPI 180
          G F+EYV + ++K P + + ++ EP A++ V + + AG K AV GCGPI
Sbjct: 121  TDGCF AEYVKMPAANIWKNPAGMPEDLASIQEPLGNAVHTVLTG-MTAGVKVAVVVGCGPI 179

Query: 181  GLLVIEALKAAGATDIYAVELSPERQQKAEELGAIIVDPSKTDVVVAEIAERTGG-GVDV 239
          GL+ + KA+GA + A++ + R A ++GA + + +D + ++ T G G D+
Sbjct: 180  GLMAVAVAKASGAAQVIAIDKNEYRLDLALQMGATDIIISVEKEDPLKNSALTNGEGADL 239

Query: 240  AFEVTGVPVVLQRQAIQSTTIAGETVIVSIWEKGAEIH-PNDIVIKERTVKGIIGYR--DI 296
          E++G P +RQ+++ G ++S+ E I NDIV K TV+GI G + +
Sbjct: 240  VCEMSGHPTAIRQSLKMAANGRRVHVLSLPEHPVCIDMTNDIVFKGLTVQGITGRKMFET 299

Query: 297  FPAVLSLMKEGYFSADKLVTKKIVLDDLIEEGFGALIKEKSQVKILV 343
          + V L++ G ++T + +++ E+GF + K + +L+
    
```

```
Sbjct: 300 WRQVSGLLQSGTIQIKPVITHRFPMEEF-EKGFELMRKGQCGKVLI 345
```

```
Database: Swiss-Prot UPKB Release 2010_09
Number of letters in database: 183273162
Number of sequences in database: 519348
```

```
Gapped
```

```
Lambda      K      H
0.267      0.0410  0.140
```

```
Matrix: BLOSUM62
```

```
Gap Penalties: Existence: 11, Extension: 1
Number of Sequences: 519348
Length of database: 183273162
```

```
# Total reads      = 6
# Unique hit       = 0, 0.0%
# Multiple hits    = 6, 100.0%
# Repeat hits      = 0, 0.0%
# Missed hits      = 0, 0.0%
#
# Elapsed time     : 130 milliseconds
```

点击表格排列查看

```
# SynaBASE      : Synabase API Version: ; Build: Dec 14 2010, 01:51:40
# Database      : sprt_prtn_upkb-release_2010_09_sb3.0.9
# Min. Length   : 6
# Max. Length   : 0
# Max. RelFreq  : 10.0
# Filter Length : 300
# Indels        : 5
# Score         : 9
# Fuzzy         : 0
# Overlap Filter : 10%
# Min. % Identity: no limit
# Min. BitScore : 0.0
# Max. E-value  : 10.0
# Search Mode   : PP
# NW            : on
# Scoring Matrix : BLOSUM62
# Gap Opening Penalty : 11
# Gap Extension Penalty: 1
# Extension Cutoff : 20
# Output Format   : hit table
# Strand         : F+ only
# Max. Output per Query: 10
# Min. alignment length: no limit
# Major Min. identity: no limit

# SynaSearch 1.4.1
# Query: >sp|O34788|BDHA_BACSU (R,R)-butanediol dehydrogenase OS=Bacillus subtilis GN=bdhA
PE=3 SV=1 |kw|Complete proteome;Metal-binding;NAD;Oxidoreductase;Zinc;
# Database: sprt_prtn_upkb-release_2010_09_sb3.0.9
# Fields: Query id, Target id, % identity, alignment length, mismatches, gap openings, q.
start, q. end, s. start, s. end, e-value, bit score
sp|O34788|BDHA_BACSU      sp|O34788|BDHA_BACSU      100.00  346      0      0
1      346      1      346      0E0      687
sp|O34788|BDHA_BACSU      sp|Q06004|DHSD_BACSU      36.06   355      151     7
1      346      9      352      6.073E-48 191
sp|O34788|BDHA_BACSU      sp|P77280|YDJJ_ECOLI      32.14   336      147     9
12     339      14     338      1.148E-38 160
sp|O34788|BDHA_BACSU      sp|Q1PSI9|IDND_VITVI      29.28   345      159     5
10     342      29     363      1.658E-37 156
sp|O34788|BDHA_BACSU      sp|Q58D31|DHSD_BOVIN      30.09   329      148     5
7      326      14     332      6.299E-37 154
sp|O34788|BDHA_BACSU      sp|P07846|DHSD_SHEEP      29.36   327      151     3
7      326      13     330      6.299E-37 154
sp|O34788|BDHA_BACSU      sp|Q07993|XYL2_YEAST      33.61   241      101     3
64     293      63     301      3.954E-31 135
```

```
# SynaSearch 1.4.1-SNAPSHOT
# Query: >sp|P82974|AMPD_CITFR 1,6-anhydro-N-acetylmuramyl-L-alanine amidase AmpD
OS=Citrobacter freundii GN=ampD PE=1 SV=1 |kw|3D-structure;Cell wall
biogenesis/degradation;Cytoplasm;Hydrolase;Metal-binding;Zinc;
# Database: sprt_prtn_upkb-release_2010_09_sb3.0.9
# Fields: Query id, Target id, % identity, alignment length, mismatches, gap openings, q.
start, q. end, s. start, s. end, e-value, bit score
sp|P82974|AMPD_CITFR      sp|P82974|AMPD_CITFR      100.00  187      0      0
1      187      1      187      6.392E-111      397
sp|P82974|AMPD_CITFR      sp|P30013|AMPD_SALTY      89.84   187      12     0
1      187      1      187      1.131E-99 360
sp|P82974|AMPD_CITFR      sp|P13016|AMPD_ECOLI      88.83   179      12     0
1      179      1      179      2.44E-94 342
sp|P82974|AMPD_CITFR      sp|P82973|AMPD_ENTCL      80.21   187      18     0
1      187      1      187      3.647E-90 328

# Total reads      = 6
# Unique hit       = 0, 0.0%
# Multiple hits    = 5, 83.3%
# Repeat hits      = 1, 16.7%
# Missed hits      = 0, 0.0%
#
# Elapsed time     : 233 milliseconds
```

BLAT's psl 格式

```
# SynaBASE      : Synabase API Version: ; Build: Dec 14 2010, 01:51:40
# Database      : sprt_prtn_upkb-release_2010_09_sb3.0.9
# Min. Length   : 6
# Max. Length   : 0
# Max. RelFreq  : 10.0
# Filter Length : 300
# Indels        : 5
# Score         : 9
# Fuzzy         : 0
# Overlap Filter : 10%
# Min. % Identity: no limit
# Min. BitScore : 0.0
# Max. E-value  : 10.0
# Search Mode   : PP
# NW            : on
# Scoring Matrix : BLOSUM62
# Gap Opening Penalty : 11
# Gap Extension Penalty: 1
# Extension Cutoff : 20
# Output Format   : psl
# Overlap Chaining : 5%
# Strand         : F+ only
# Max. Output per Query: 10
# Min. alignment length: no limit
# Major Min. identity: no limit

match      mis-      rep.      N's      Q gap      Q gap      T gap      T gap      strand  Q
Q          Q          Q          T          T          T          T          block     blockSizes
qStarts   tStarts
size      match      match      name      count      bases      count      bases      name
start      end
-----
346        0          0          0          0          0          0          0          +
          sp|O34788|BDHA_BACSU      346        1          346        sp|O34788|BDHA_BACSU
346        1          346        1          346,      1,          1,
128        151         0          0          0          0          0          0          +
          sp|O34788|BDHA_BACSU      346        1          346        sp|Q06004|DH50_BACSU
353        9           352        1          355,      1,          9,
108        147         0          0          0          0          0          0          +
          sp|O34788|BDHA_BACSU      346        12         339        sp|P77280|YDJJ_ECOLI
```

347	14	338	1	336,	12,	14,		
101	159	0	0	0	0	0	0	+
		sp O34788 BDHA_BACSU		346	10	342	sp Q1PSI9 IDND_VITVI	
366	29	363	1	345,	10,	29,		
99	148	0	0	0	0	0	0	+
		sp O34788 BDHA_BACSU		346	7	326	sp Q58D31 DHSO_BOVIN	
356	14	332	1	329,	7,	14,		
98	133	0	0	0	0	0	0	+
		sp O34788 BDHA_BACSU		346	11	293	sp P22144 XYL2_PICST	
363	14	301	1	298,	11,	14,		
97	132	0	0	0	0	0	0	+
		sp O34788 BDHA_BACSU		346	64	345	sp Q9Z9U1 DHSO_BACHD	
343	54	341	1	293,	64,	54,		
96	151	0	0	0	0	0	0	+
		sp O34788 BDHA_BACSU		346	7	326	sp P07846 DHSO_SHEEP	
354	13	330	1	327,	7,	13,		
93	130	0	0	0	0	0	0	+
		sp O34788 BDHA_BACSU		346	65	343	sp A7Z4X0 TDH_BACA2347	
62	346	1	287,	65,	62,			
89	113	0	0	0	0	0	0	+
		sp O34788 BDHA_BACSU		346	65	307	sp Q8R7K0 TDH_THETN347	
62	310	1	251,	65,	62,			
# Total reads = 6								
# Unique hit = 0, 0.0%								
# Multiple hits = 5, 83.3%								
# Repeat hits = 1, 16.7%								
# Missed hits = 0, 0.0%								
#								
# Elapsed time : 253 milliseconds								

6. 核苷酸-核苷酸

核苷酸-核苷酸搜索用于搜索和识别数据库中的相似序列，并找到基因组内的序列位置。一般核苷酸-核苷酸搜索的参数设置如下：

推荐参数：

查询类型 : 核苷酸-核苷酸
 查询序列 : 核苷酸序列 FASTA 格式
 目标 SynaBASE : 核苷酸 SynaBASE
 文字大小 : 默认值依据所选数据库

报告格式

Bit 值门槛 : 0 (默认)
 E-值门槛 : 10.0 (默认)
 格式 : 成对排列查看 (默认)
 最多结果报告 : 10 (默认)

高级选项

间隔成本	: 存在: 5 ; 扩大: 2 (默认)
匹配与不匹配分数	: 1, -2 (默认)
插入/缺失	: 10 (默认)
分数	: 默认值依据所选数据库
窗口长度	: 300 (默认)
重复筛选	: 弱 (默认)
重叠筛选	: 10 (默认)

7. 蛋白质-蛋白质

在 SynaBlast-Mega, 蛋白质-蛋白质排列是用来搜索和辨别 SynaBASE 蛋白质相同的序列。

推荐参数:

查询类型	: 蛋白质-蛋白质
查询序列	: 蛋白质序列 FASTA 格式
目标 SynaBASE	: 蛋白质 SynaBASE
文字大小	: 默认值依据所选数据库

报告格式

Bit 值门槛	: 0 (默认)
E-值门槛	: 10.0 (默认)
格式	: 成对排列查看 (默认)
最多结果报告	: 10 (默认)

高级选项

间隔成本	: 存在: 11 ; 扩大: 1 (默认)
矩阵	: BLOSUM62
插入/缺失	: 5 (默认)
分数	: 默认值依据所选数据库
窗口长度	: 300 (默认)
重复筛选	: 弱 (默认)
重叠筛选	: 10 (默认)

8. 核苷酸-蛋白质

核苷酸-蛋白质排列用于搜索和识别相同序列，透过标准转译列表，在正和反方向上将核苷酸序列转译成氨基酸成三个阅读框。每个氨基酸序列，然后排列依据储存在蛋白质 SynaBASE 的序列。

推荐参数:

查询类型	: 核苷酸-蛋白质
查询序列	: 核苷酸序列 FASTA 格式
目标 SynaBASE	: 蛋白质 SynaBASE
文字大小	: 默认值依据所选数据库

报告格式

Bit 值门槛	: 0 (默认)
E-值门槛	: 10.0 (默认)
格式	: 成对排列查看 (默认)
最多结果报告	: 10 (默认)

高级选项

间隔成本	: 存在: 11 ; 扩大: 1 (默认)
匹配与不匹配分数	: 1, -2 (默认)
插入/缺失	: 10 (默认)
分数	: 默认值依据所选数据库
窗口长度	: 300 (默认)
重复筛选	: 弱 (默认)
重叠筛选	: 10 (默认)