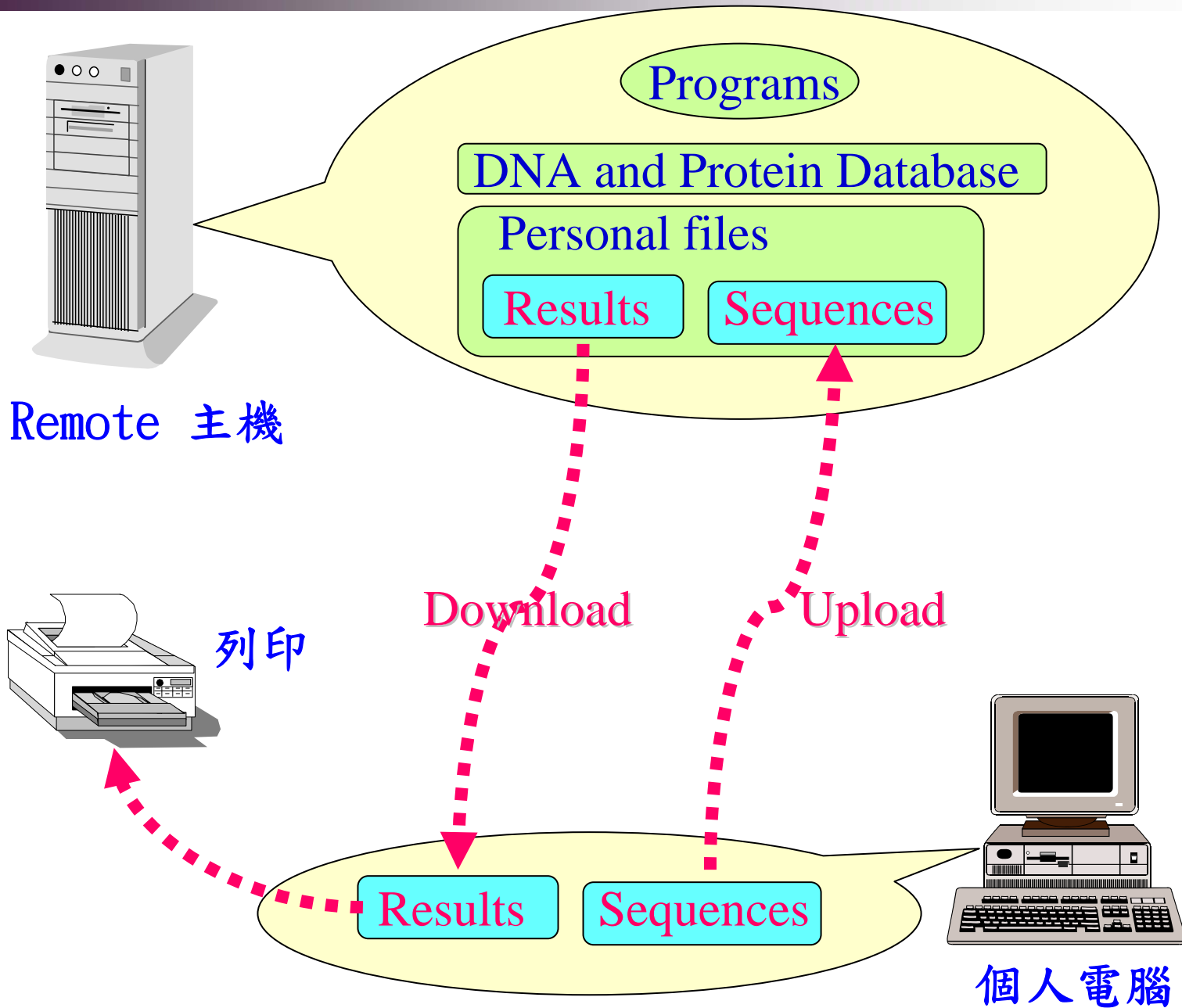


# Command Mode EMBOSS

## 簡介及基本操作





# Remote

# Local

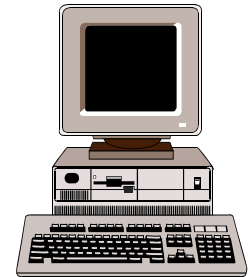
## Server

Command Mode EMBOSS

Telnet



FTP



利用telnet方式連接遠端主機，進行序列分析，  
以ftp方式上傳與下載序列和結果

## Server

JEMBOSS

Java 視窗



利用Java視窗執行工作，序列分析在Server端分析，  
結果在PC端呈現，並可直接儲存結果

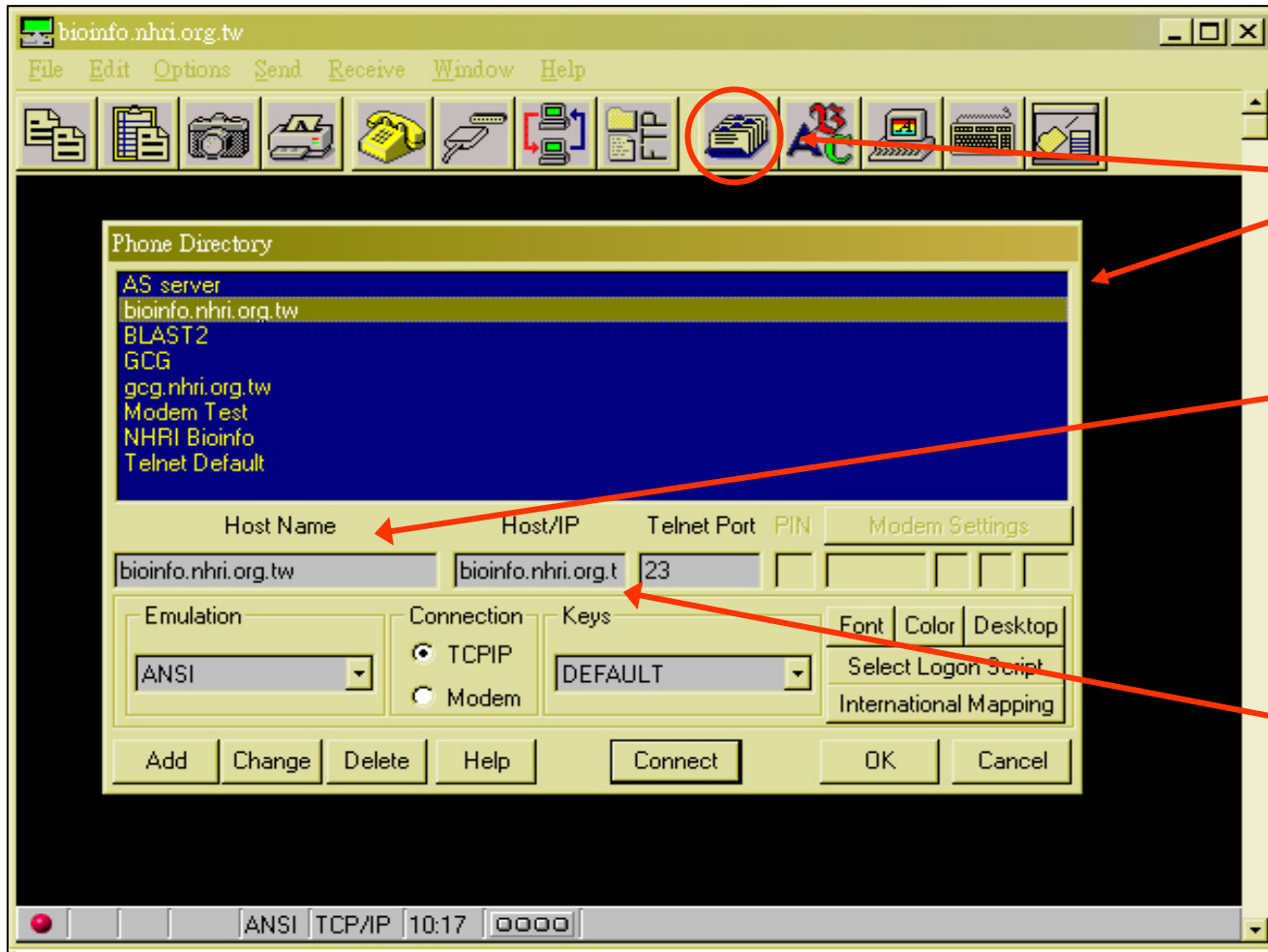
## 需要利用到的工具程式

<http://bioinfo.nhri.org.tw/gcg/faqs/tools.htm>

功能	程式
與EMBOSS主機連線 (Telnet)	Netterm
檔案傳輸 (FTP)	WS-FTP、Cute FTP
由螢幕上查看主機的分析結果圖形	Xwindow (Xwin32、Exceed)
於個人電腦中觀看、修改或列印圖形	Internet Explorer, ACDSee, Photoshop等 (for png file) GS-Tools、Corel Draw、PhotoShop (for ps file)

# Login CMD EMBOSS

以 telnet方式登入(使用 windows之終端機或NetTerm程式)

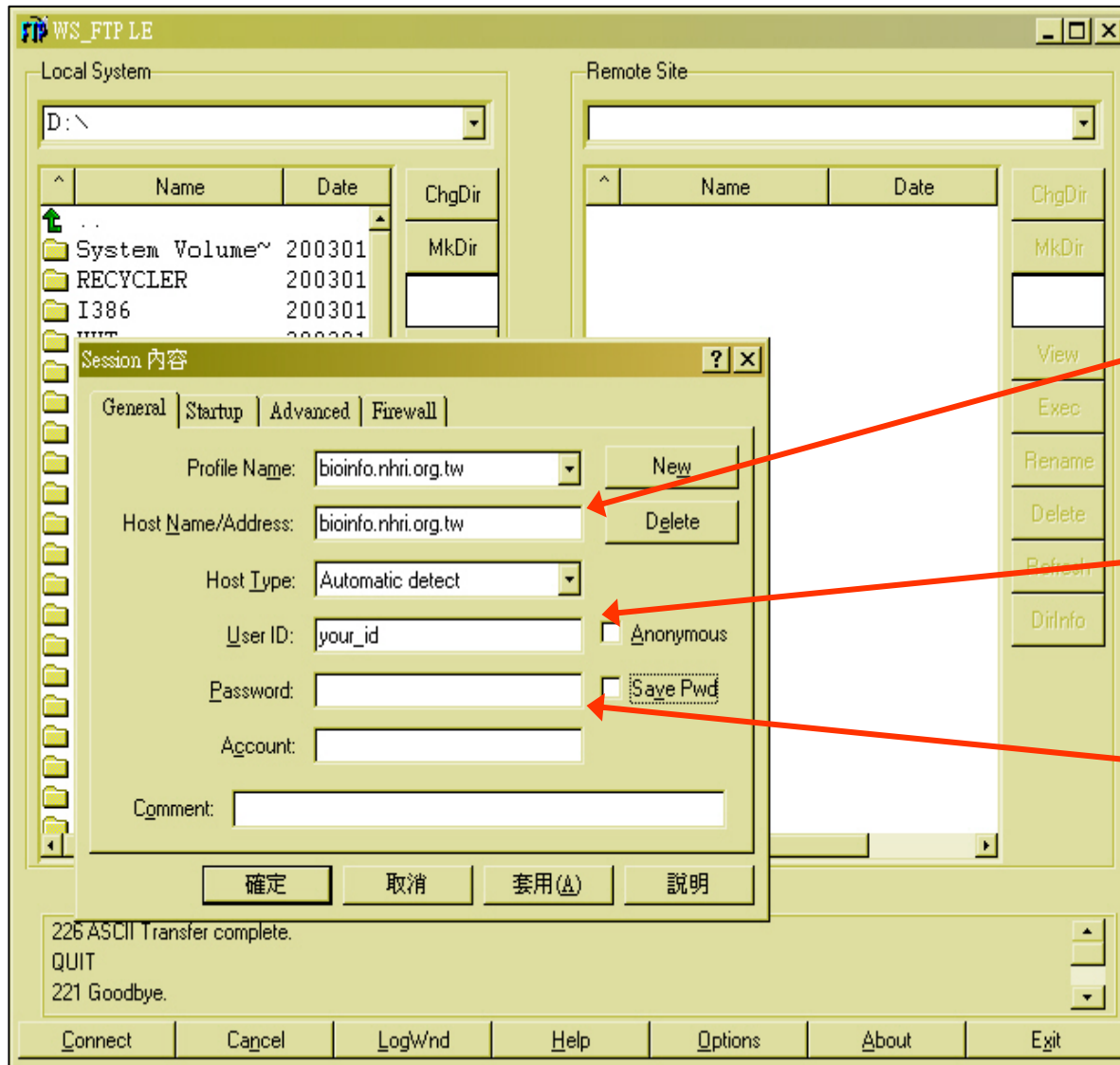


經由電話簿建立 Host/ip 位址

輸入名稱

輸入主機 ip位址 或 domain name

# 利用Ftp 傳輸序列與結果



以 WS\_FTP 為例

設定好 host name  
(即主機 ip 或 domain  
name，此處請輸入  
“bioinfo.nhri.org.tw”)

輸入 user id

不必輸入密碼

Session 內容

General Startup Advanced Firewall

Initial Remote Site Folder:

Initial Local Folder:

d:\temp\sequence

Initialize Command: (use ';' to separate multiple commands)

Local file mask: Time offset in hours: 0

Remote file mask:

確定 取消 套用(A) 說明

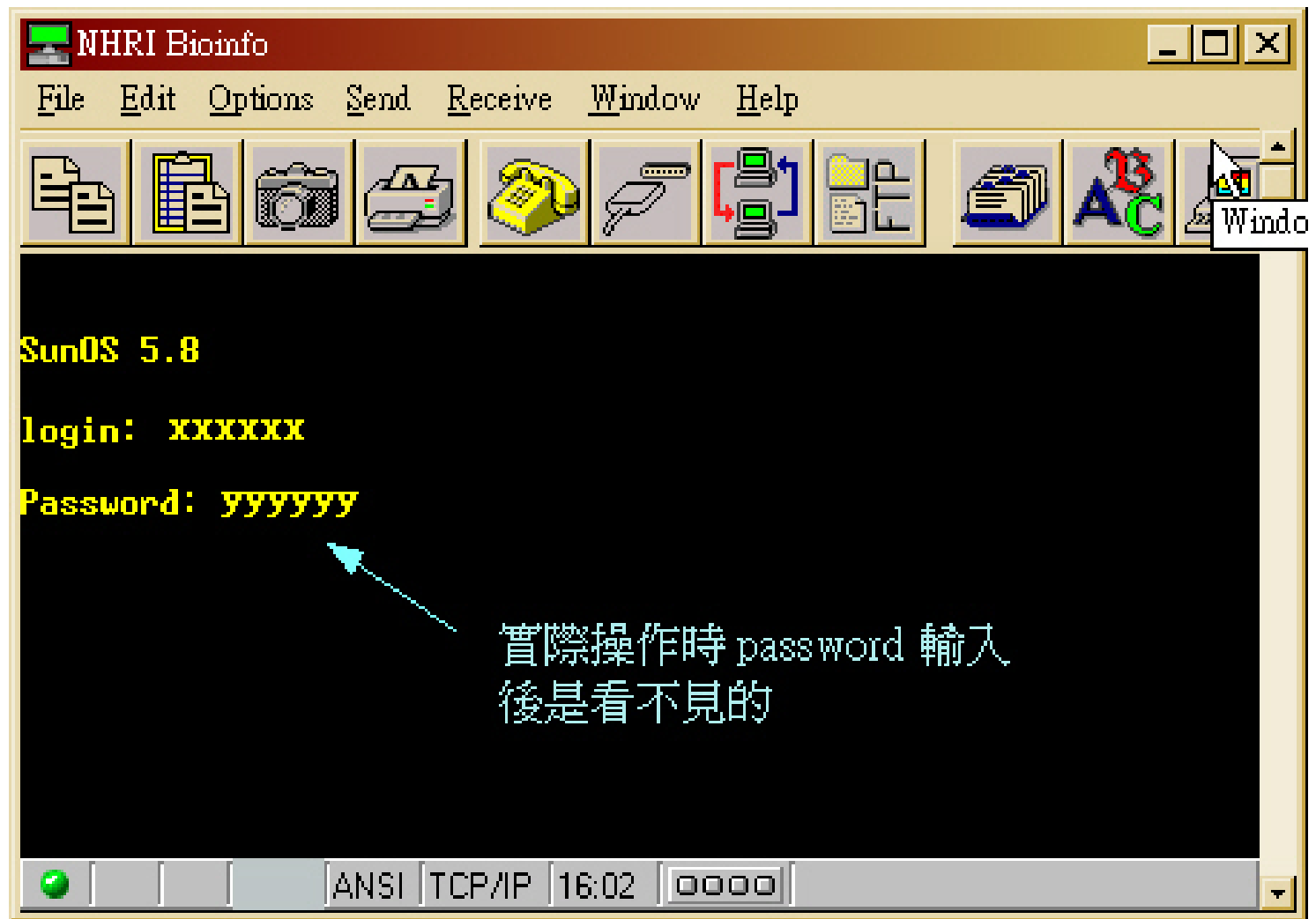
指定個人電腦中  
資料所存放的路徑

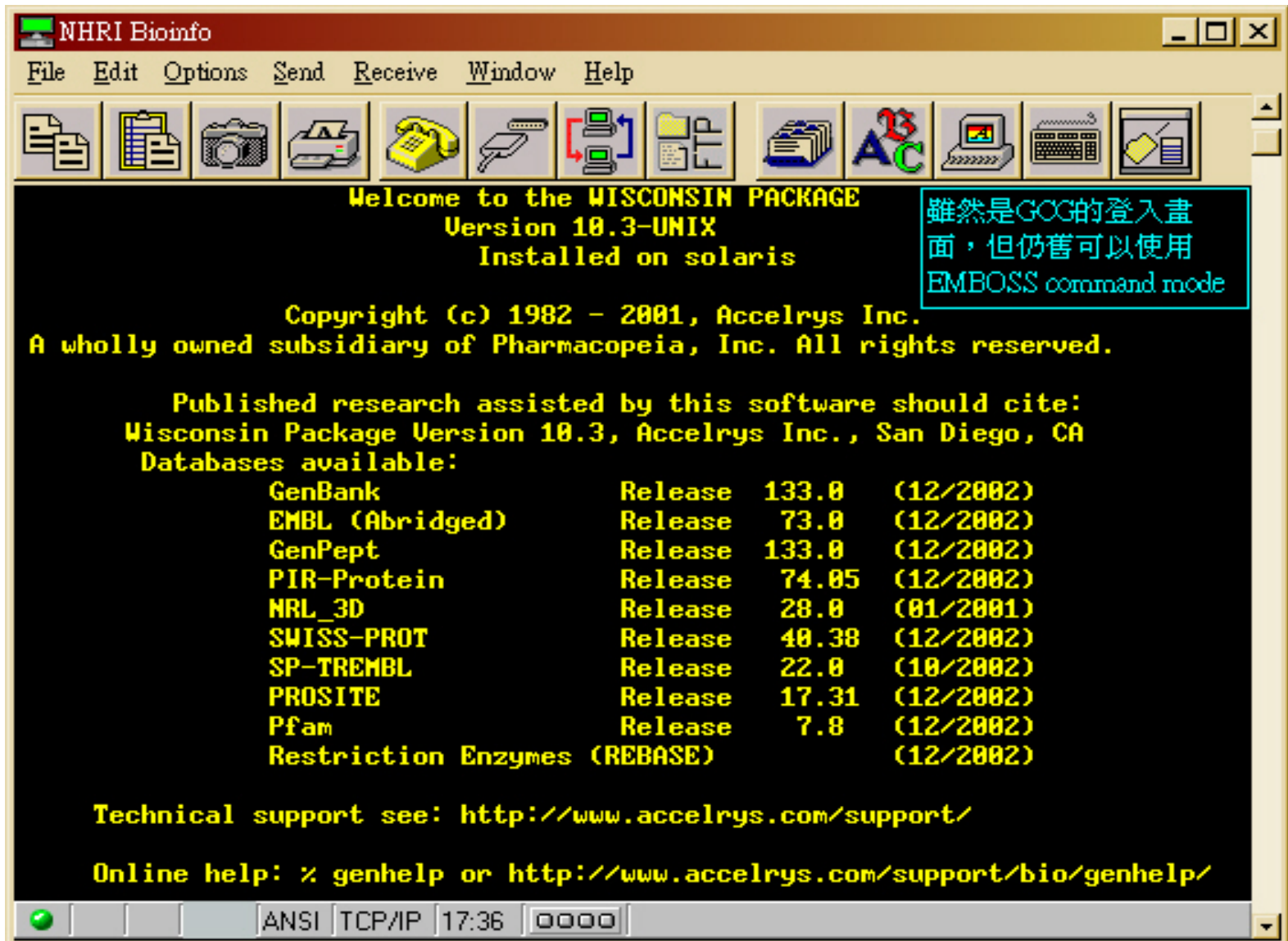
## 常用Unix指令

指 令	說 明
passwd	更改密碼
ls	列出現有目錄內的檔案
ls -al	列出現有目錄內的檔案, 包含隱藏檔及檔案屬性
more a.file	逐頁列出現有檔案(a.file)內容
cp a.file b.file	將 a.file 檔案內容複製到 b.file
mv a.file b.file	將 a.file 檔案改名為 b.file
rm a.file	刪除 a.file 檔案
cd abc	進入子目錄 abc
cd ..	移至上一個目錄區
mkdir abc	開新子目錄 abc
rmdir abc	刪除子目錄 abc
pwd	顯示現在位於那個子目錄
ctrl/c	中斷未執行完的指令
ctrl/z	暫停正在執行的指令



# 登入畫面





## 使用方式：

- 直接鍵入程式名稱  
如：wosname, seqret, dottup .....等
- 鍵入程式名稱後加上參數  
加上 -opt 列出各程式的詳細選項，可供使用者參考  
加上 -seq 直接針對指定的序列執行分析

# wosname -- CMD EMBOSS 使用的第一個程式 (輸入關鍵字以列出並查看程式名稱)

```
apdb1: sea99 [users/sea99]>  
apdb1: sea99 [users/sea99]> wosname -opt  
Finds programs by keywords in their one-line documentation  
Keyword to search for, or blank to list all programs:  
Use the expanded group names [N]:  
Output program details to a file [stdout]: all.woss  
Format the output for HTML [N]:  
Output only the group names [N]:  
Output an alphabetic list of programs [N]: y  
apdb1: sea99 [users/sea99]>
```

加上-opt參數，列出選項

依程式類別分群

輸出至檔案

依首字母排序

# Seqret -- 擷取資料庫序列、輸出成他種序列格式

## ■ 擷取資料庫序列

```
apdb1: sea99 [users/sea99]> seqret -seq embl:eclac  
Reads and writes (returns) sequences  
Output sequence [eclac.fasta]:  
apdb1: sea99 [users/sea99]>
```

加上-seq參數  
直接擷取序列

輸出檔名

```
apdb1: sea99 [users/sea99]> seqret -opt  
Reads and writes (returns) sequences  
Input sequence(s): embl:eclac  
Output sequence [eclac.fasta]:  
apdb1: sea99 [users/sea99]>
```

加上-opt參數，列出選項

輸入要擷取的序列

## ■ 將序列以別種格式輸出

例1：將序列以 gcg 格式輸出

```
apdb1: sea99 [users/sea99] > seqret -osf gcg  
Reads and writes (returns) sequences  
Input sequence(s): eclac.fasta  
Output sequence [eclac.gcg]:  
apdb1: sea99 [users/sea99] >
```

加上-osf參數，表示  
output sequence format

輸入要更改的序列檔案

輸出檔名

例2：將序列以 msf 多序列並列分析格式輸出

```
apdb1: sea99 [sea99/0821] > seqret -osf msf  
Reads and writes (returns) sequences  
Input sequence(s): capb.aln  
Output sequence [capb_human.msf]:  
apdb1: sea99 [sea99/0821] >
```

Emma輸出的aln檔  
也可轉換為msf格式

另一種轉換方式：在output sequence 後鍵入“序列格式::檔名”

如：Output sequence [eclac.fasta]: **gcg::eclac.gcg**

# dottup -- 雙序列比對程式

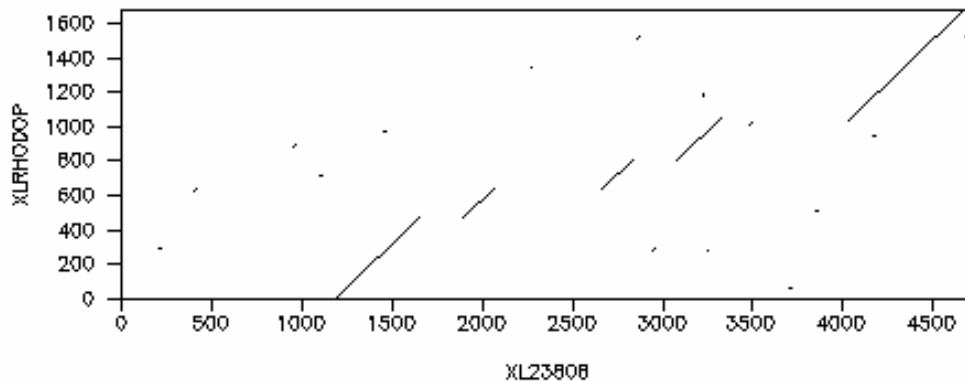
```
apdb1: sea99 [users/sea99]> dottup -opt  
Displays a wordmatch dotplot of two sequences  
Input sequence: embl:x123808  
Second sequence: embl:xlrhodop  
Word size [10]:  
Display as data [N]:  
Graph type [x11]: png  
Draw a box around dotplot [Y]:  
Created dottup.1.png
```

加上-opt參數，列出選項

輸入要比對的兩條序列

選擇圖形輸出模式，  
png 或 postscript皆可

dottup (19/08/03)



結果：dottup.1.png

# emma -- 多序列比對程式

```
apdb1: sea99 [sea99/0821]> emma -opt
Multiple alignment program - interface to ClustalW program
Input sequence(s): @capb.list
Do you want to produce only the dendrogram file? [No]:
Do you want to use an old dendogram file? [No]:
Insist that the sequence type is changed to protein [No]:
Do you want to carry out slow or fast pairwise alignment
  s : slow
  f : fast
Please select one [s]:
Input value for gap open penalty [10.0]:
Input value for gap extension penalty [0.1]:
Protein pairwise alignment matrix options
  b : blosum
  p : pam
  g : gonnet
  i : id
  o : own
```

加上 -opt 參數，列出選項

僅接受 list file，  
前面需加 @ 符號



Select matrix [b]:

Protein multiple alignment matrix options

b : blosum

p : pam

g : gonnet

i : id

o : own

Select matrix [b]:

Enter gap penalty [10.0]:

Enter variable gap penalty [5.0]:

Use end gap separation penalty [Yes]:

Gap separation distance [8]:

No residue specific gaps [No]:

List of hydrophilic residues [GPSNDQEKR]:

No hydrophilic gaps [No]:

Cut-off to delay the alignment of the most divergent sequences [30]:

Output sequence [capb\_bovin.aln]: **msf::capb.msf**

Output file [capb\_bovin.dnd]:

轉換輸出格式，轉為msf檔



# Command mode EMBOSS 和 GCG 的交互應用

由於 Command mode EMBOSS 和 Command mode GCG 已經整合在一起，因此登入之後，使用者可以同時使用這兩項服務

## 使用方法

- 以 EMBOSS 裡的程式分析從 GCG 擷取到的序列  
例：以 GCG 的 lookup 或 netfetch 的方法擷取序列，再利用 EMBOSS 特有的程式如 dotmatcher, einverted.....等分析序列。
- 以 GCG 的程式分析從 EMBOSS 擷取到的序列  
例：先將序列轉為 GCG 格式，再利用習慣的 GCG 程式分析序列，如 remap+mapplot, findpatterns (可搭配 data files).....等。
- 利用 EMBOSS 及 GCG 的程式互補彼此之不足  
例：以 EMBOSS 的 emma 進行多序列並列分析 (沒有序列長度限制)，再將分析結果 (存成 msf 檔) 執行 pretty 或 prettybox 程式 (可顯示較漂亮的 consensus sequence)