

- 头条新闻
- 综合新闻
- 学术活动
- 科研动态
- 传媒扫描

孙艳波博士发布生物序列处理工具FasParser2

2018-03-12 | 作者: 孙艳波 | 来源: 两栖爬行类多样性与进化学科组 | 【小中大】【打印】【关闭】

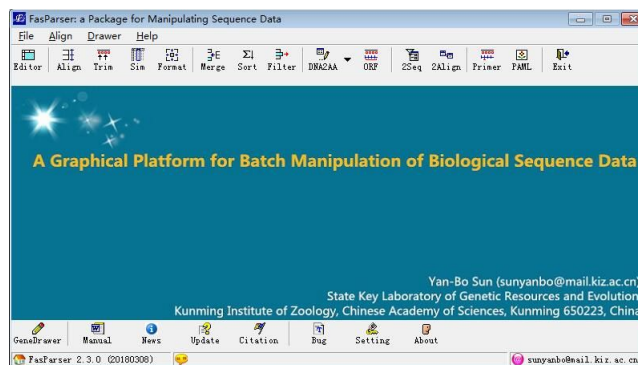
从大量的序列数据中挖掘有用的生物学信息,已成为众多研究领域的必备手段,这就需要我们掌握一些常用的序列处理操作。针对序列的处理,已有一些优秀的工具包供使用,大致可以分为两类:一类是命令行程序,如EMBOSS等,这一类工具的特点是运行速度较快,灵活性很高,可以和其他工具融合形成分析流程和批处理化。然而,这类工具往往需要用户熟悉Unix-like操作系统的使用,甚至要求用户具有编写脚本的能力。另一类是窗口程序,如MEGA、BioEdit等,这一类工具具有友好的用户操作界面,使用起来非常方便,但是它们往往只能对单文件进行操作,且很难和其他程序形成自动化分析流程,导致它们难以应付越来越多的序列文件。基于此,中国科学院昆明动物研究所/两栖爬行类多样性与进化研究组的孙艳波博士于2017年在

《Zoological Research》发布了FasParser程序,以实现在友好的界面窗口下对一些常规序列操作,尤其像多基因的中联合并、序列的提取、低质量序列的鉴定等,进行批处理化。

近日,孙艳波博士对FasParser进行了较大幅度的更新,并以“FasParser2: A Graphical Platform for Batch Manipulation of Tremendous Amount of Sequence Data”于生物信息学国际期刊《Bioinformatics》在线发布了新版本(链接地址: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty126>),以满足科研人员对序列操作更高的需求。最新程序(v2.3.0)可在该地址免费下载: <https://github.com/Sun-Yanbo/FasParser/releases>。

增加的功能主要包括: 1) 重新设计的文件上传界面具有更好的批处理效率; 2) 增加了有效过滤序列比对质量的模块,尤其适用于大规模检测序列中经历达尔文正选择的位点,以及重建系统发育等分析; 3) 增加若干序列过滤的功能,可实现序列中对非同源序列的清除,尤其适用于从一堆数据中抽取感兴趣的序列; 4) 增加了蛋白质序列的一些操作接口,如利用蛋白质序列的比对结果生成DNA的比对结果等; 5) 增加了检测正选择(借助于PAML)、PCR引物设计(借助于Primer3)的功能; 6) 增加了专门的序列编辑工具(FasParser:Editor),以实现更方便的序列查看和编辑功能; 以及7)其他一些附属功能。

该工作得到了国家自然科学基金面上项目、中国科学院战略先导专项(B)、以及中国科学院青年创新促进会的支持。



友情链接

- [云南实验动物网](#)
- [“中国两栖类”信息系统](#)
- [中国科学院科技产业网](#)
- [灵长类动物模型学术论坛](#)
- [政府采购机票管理网站](#)
- [云南省地方税务局发票查询](#)
- [职工之家—工会](#)
- [中央政府采购网](#)
- [中国政府采购网](#)
- [中科院昆明分院](#)
- [昆明植物研究所](#)
- [西双版纳热带植物园](#)
- [云南医保网](#)
- [国家自然科学基金委员会](#)
- [中华人民共和国科学技术部](#)



Copyright© 2007-2019 中国科学院昆明动物研究所 .All Rights Reserved

地址: 云南省昆明市五华区教场东路32号 邮编: 650223 电子邮件: zhanggu@mail.kiz.ac.cn 滇ICP备05000723号