

收藏本站 设为首页

English 联系我们 网站地图 邮箱 旧版回顾



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展,  
率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



官方微博



官方微信

[首页](#) [组织机构](#) [科学研究](#) [人才教育](#) [学部与院士](#) [资源条件](#) [科学普及](#) [党建与创新文化](#) [信息公开](#) [专题](#)

搜索

[首页](#) > [科研进展](#)

## 昆明动物所发布生物序列处理工具FasParser2

文章来源: [昆明动物研究所](#) 发布时间: 2018-03-19 【字号: 小 中 大】

[我要分享](#)

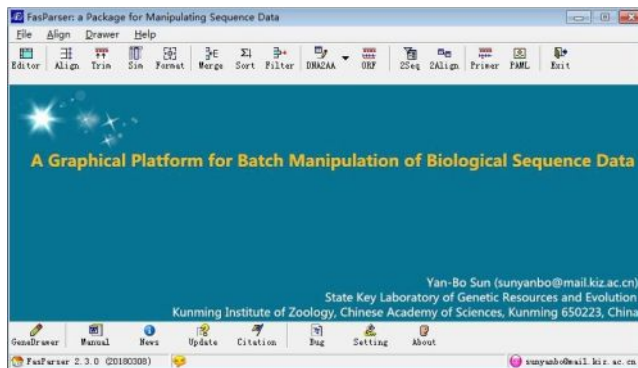
从大量的序列数据中挖掘有用的生物学信息, 已成为众多研究领域的必备手段。针对数据挖掘过程中序列处理的操作, 已有一些优秀工具包供使用, 大致可以分为两类: 一类是EMBOSS等命令行程序, 其特点是运行速度较快, 灵活性高, 可与其他工具融合形成分析流程和批处理化。但这类工具往往需要用户熟悉Unix-like操作系统, 甚至要求用户具有编写脚本能力。另一类是MEGA、BioEdit等窗口程序, 该类工具具有友好的用户操作界面, 使用起来方便, 但往往只能对单文件进行操作, 且难与其他程序形成自动化分析流程, 难以应付越来越多的序列文件。2017年, 中国科学院昆明动物研究所两栖爬行类多样性与进化研究组博士孙艳波于2017年在 *Zoological Research* 发布了FasParser程序, 以实现在友好界面窗口下对一些常规序列的操作, 尤其是对多基因串联合并、序列提取、低质量序列鉴定等进行批处理化。

近日, 孙艳波对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* 为题, 在生物信息学期刊 *Bioinformatics* 上发布了新版本, 以满足科研人员对序列操作更高的需求。更新内容包括: 重新设计的文件上传界面具有更好的批处理效率; 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达尔文正选择的位点, 以及重建系统发育等分析; 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; 增加了蛋白序列的一些操作接口, 如利用蛋白序列的比对结果生成DNA的比对结果等; 增加了检测正选择(借助PAML)、PCR引物设计(借助Primer3)的功能; 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; 增加其它一些附属功能。

该研究得到了国家自然科学基金面上项目、中科院战略性先导科技专项、中科院青年创新促进会的资助。

[论文链接](#)

[程序下载链接 \(v2.3.0\)](#)



昆明动物所发布生物序列处理工具FasParser2

(责任编辑: 程博)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们  
地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864

### 热点新闻

#### 中国科大举行2018级本科生开学典礼

中科院“百人计划”“千人计划”青年项...  
中国散裂中子源通过国家验收  
我国成功发射两颗北斗导航卫星  
中科院与青海省举行科技合作座谈会  
“4米量级高精度碳化硅非球面反射镜集成...

### 视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【中国新闻】楚雄禄丰发现恐龙新属种——程氏星宿龙

### 专题推荐

