

技术与方法

SSRHunter, 一个本地化的SSR位点搜索软件的开发

李 强, 万建民

南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室, 江苏省植物基因工程中心, 南京 210095

收稿日期 2004-6-15 修回日期 2004-7-16 网络版发布日期 接受日期

摘要 基因组研究的发展, 使得利用生物信息学方法在一个相对狭小的基因组区段内开发新的SSR标记成为可能。要实现这一点, 首先面临的任務就是潜在的SSR位点的搜索。已有的方法或多或少存在这样或那样的缺陷。文章介绍了利用Visual Basic语言开发本地化的SSR位点搜索软件的尝试。所编制的SSRHunter软件能够出色地完成这一任务。此外, SSRHunter还提供了自动序列预处理, 常规的序列整理和序列变换功能以及方便的结果输出方式。

关键词 [SSR](#); [VB](#); [生物信息学](#); [SSRHunter](#)

分类号 [Q343](#)

SSRHunter: Development of a Local Searching Software for SSR Sites

LI Qiang ,WAN Jian-Min

State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Plant Gene Engineering Center of Jiangsu Province, Nanjing,210095, China

Abstract

Progress in genome research has made it possible to develop new SSR markers by bioinformatics in a relatively narrow region of genome. To realize it, the first thing is to search for potential SSR sites. Any known methods have more or less defects. Efforts were made to develop a local SSR sites searching software in this study. The resultant software, SSRHunter, could accomplish this task perfectly. Furthermore, SSRHunter could provide automatic pretreatment of sequences, routine arrangement of sequences, sequence transformation and convenient report output.

Key words [SSR](#); [VB](#); [Bioinformatics](#); [SSRHunter](#)

DOI:

通讯作者 万建民 wanjm@mail.njau.edu.cn

扩展功能
本文信息
▶ Supporting info
▶ PDF(0KB)
▶ [HTML全文](0KB)
▶ 参考文献
服务与反馈
▶ 把本文推荐给朋友
▶ 加入我的书架
▶ 加入引用管理器
▶ 复制索引
▶ Email Alert
▶ 文章反馈
▶ 浏览反馈信息
相关信息
▶ 本刊中 包含 “SSR; VB; 生物信息学; SSRHunter” 的相关文章
▶ 本文作者相关文章
· 李 强
· 万建民