

分子遺伝学関連リンク集

塩基・アミノ酸配列を扱う分子遺伝学関連のリンク集。

オンラインリソース

BLAST

配列データベースからの相同性検索。

FASTA

同上。

SSEARCH

同上。

SQmatch

正規表現で相同性検索。

GeneFisher

PCR 用プライマー設計補助サイト。

ソフトウェア

Phred

オートシーケンサからの出力波形を解析して配列を出力するプログラム。波形から配列の Quality 値を算出することが可能。

ClustalW

累進法を採用した multiple sequence alignment software。

PRRN

これも multiple sequence alignment software。累進法に反復改善法を組み合わせている。出力は良いが演算は多い。

SAGA

これも multiple sequence alignment software。累進法に、遺伝的アルゴリズムによる改善法を組み合わせている。演算量多し。

MAFFT

高速フーリエ変換を応用して大量のデータを高速に処理する multiple sequence alignment software。

Muscle

高速で reasonable な結果を出す multiple sequence alignment software。

HMMer

アミノ酸配列に対して隠れマルコフモデルに基づく相同性検索や profile alignment を行うソフト。

Infernal

rRNA/tRNA をコードしている領域の塩基配列に対して相同性検索や profile alignment を行うソフト。

Gblocks

multiple sequence alignment から alignment の信頼性の低い座位を探し出して除去するためのソフト。

trimAl

Gblocks を発展させてパラメータ自動設定機能を充実させたようなもの。

CAP

二つの配列を類似部分で接続するプログラム。

Phrap

二つ以上の配列を類似部分で接続するプログラム。Phred による Quality 値を考慮することができる。

BioEdit

Windows 用の multiple sequence alignment editor。ClustalW が同梱されており、プログラム内から呼び出してアライメントが可能。ABI/SCF 形式の波形解析もできる。系統解析ソフトもいくつか付いており、これだけで十分という人もいる。

SeaView

multiple sequence alignment editor。Windows だけでなく Mac、UNIX でも動作する。アライメントには ClustalW を採用している。

SeqPup

multiple sequence alignment editor。C++ 版と Java 版がある。

GeneAlign

multiple sequence alignment editor。ClustalW を呼び出す。Java プログラム。

Jalview

Java プログラムな multiple sequence alignment editor。アライメントのクオリティを図示してくれる。ただし私の環境でデフォルト設定ではプロポーショナルフォントになっているようで表示がおかしかった。カラー表示にすると正常に表示された。

Sequence Analysis

Java 製の Primer デザイン支援用ソフト。

ESPrpt

multiple sequence alignment を PostScript 出力してくれるソフトウェア。

BoxShade

multiple sequence alignment を PostScript 出力してくれるソフトウェア。

DNArates

サイトごとの塩基置換速度を求めるプログラム。

EMBOSS

塩基配列操作ユーティリティの詰め合わせ。[Windows 版はここ。](#)

ncbitools

NCBI のプログラムとか色々。[BLAST](#) も入っている。

FASTA

著名なホモロジーサーチプログラム。

ReadSeq

塩基配列フォーマット相互変換プログラム。

BioPerl

主に配列操作用の [Perl](#) モジュール集。

BioRuby

同じく Ruby モジュール集。

BioPython

同じく Python モジュール集。

BioJava

同じく Java クラス集。