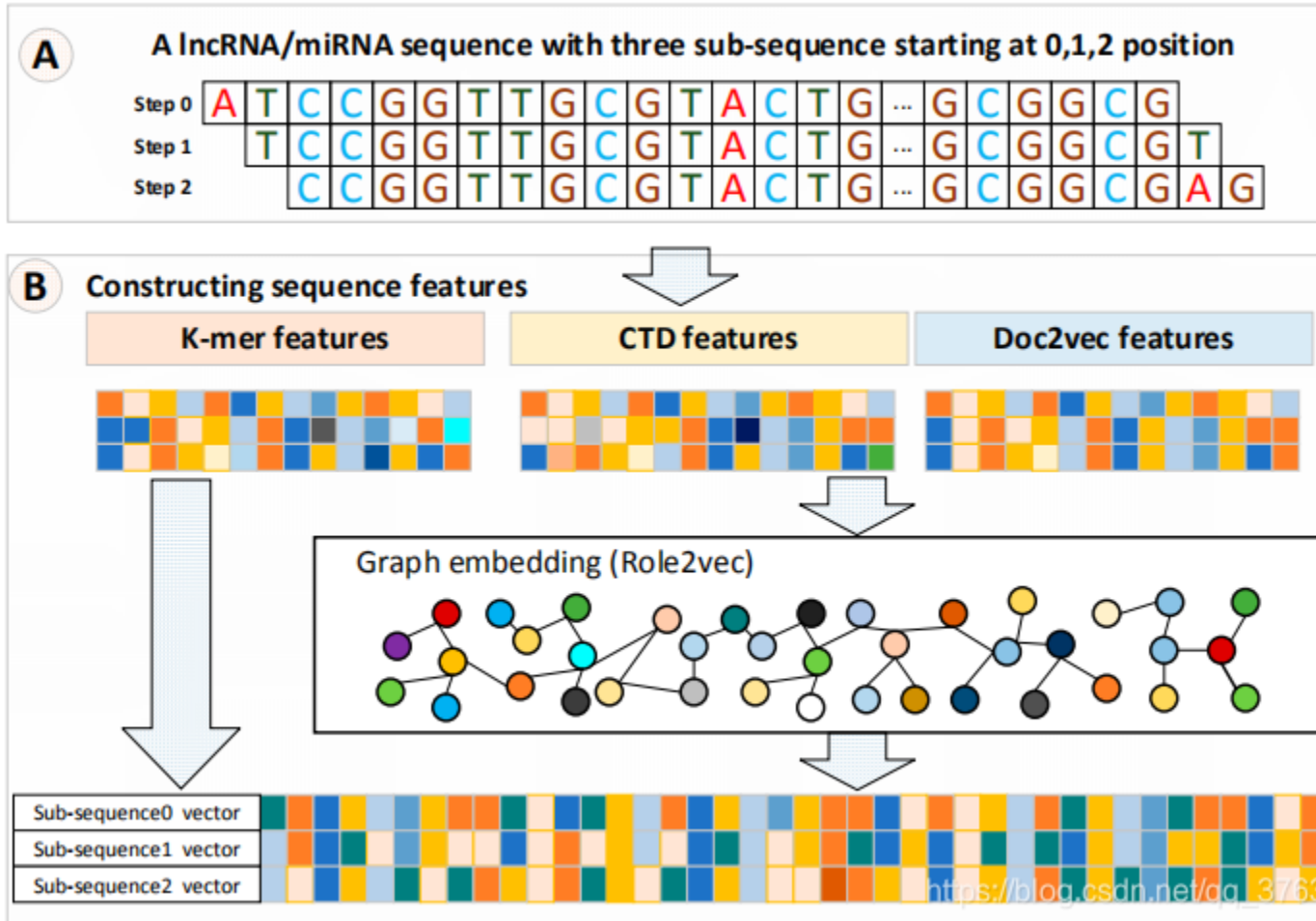




第4章 核酸序列分析





第4章 核酸序列分析

一、核酸蛋白序列整理统计

二、序列转换

三、引物设计

四、第一代测序数据分析



一、核酸蛋白序列整理统计

序列操作工具箱

格式转换工具

合并FASTA格式序列
EMBL格式转换为FASTA格式
EMBL特征抽取器
EMBL翻译信息提取
DNA序列清理
蛋白序列清理
GenBank格式转换成FASTA格式
GenBank文件特征提取器
GenBank翻译信息提取
氨基酸单字母到三字母
DNA子串提取
蛋白序列子串提取
反向互补序列计算
密码子分离器
FASTA文件分割
氨基酸三字母到单字母
滑动窗口方式提取DNA子串
滑动窗口方式提取蛋白序列子串

序列分析工具

绘制密码子谱
密码子使用频率表计算
CpG岛分析
DNA分子量计算
正则表达式查找DNA子串
DNA碱基统计
模糊方式获取DNA子串
模糊方式获取蛋白子串

序列操作工具箱(Version 2)

使用必读：鼠标放到左边的菜单上时，系统会提示相应工具的介绍。

- 序列操作套件V2翻译自Sequence Manipulation Suite(Version 2),它是一款JavaScript程序集合,可用于生成、格式化、分析相对较短的DNA序列和蛋白序列。一般被分子生物学家用于教学和程序算法测试。
- 联系了解每一个程序的详细信息,请参见[关于序列操作套件V2](#)
- 您可以直接镜像[英文版程序操作套件](#)到您的网站,此程序可以单机版运行。您也可以在线联系[中文版程序操作套件](#)技术支持,索取中文版。
- 此程序为第二版本,它是对前一个版本的完全重构。新版本更快并引入了更多特性。如果想获取第一个版本请访问[序列操作套件第一版](#)。
- 联系原作者[stothard\(at\)ualberta.ca](mailto:stothard@ualberta.ca)

[新窗口打开](#) | [SMS2汉化版](#) | [引用文献](#)

Thu Aug 27 17:17:36 2015

<https://www detaibio.com/sms2/index.html>



一、核酸蛋白序列整理统计

DNA Entry

- [Filter DNA](#)
- [GenBank Feature Ext](#)
- [GenBank to FASTA](#)
- [Random DNA Sequen](#)

DNA Manipulation

- [Reverse Complement](#)
- [Shuffle DNA](#)

DNA Figures

- [Group DNA](#)
- [Primer Show](#)
- [Rest and Trans Map](#)
- [Show Translation](#)

DNA Analysis

- [Codon Plot](#)
- [Codon Usage](#)
- [CpG Islands](#)
- [DNA Pattern Find](#)
- [DNA Stats](#)
- [ORF Finder](#)
- [Positional Base Frequ](#)
- [Restriction Summary](#)
- [Simple Plot](#)
- [TestCode](#)
- [Translate](#)

Protein Entry

The Sequence Manipulation Suite

- The Sequence Manipulation Suite is a collection of web-based programs for analyzing and formatting DNA and protein sequences.
- The output of each program is a set of HTML commands, which is rendered by your web browser as a standard web page. You can print and save the results, and you can edit them using an HTML editor or a text editor.
- Check out some [figures](#) made using the Sequence Manipulation Suite.
- If you are having trouble using a program in the Sequence Manipulation Suite check the [FAQ](#).

[\[home\]](#)

<http://www.bioinformatics.org/sms/>



一、核酸蛋白序列整理统计

本地软件：



BioEdit



DNASTar



二、序列转换

序列操作工具箱

格式转换工具

合并FASTA格式序列
EMBL格式转换为FASTA格式
EMBL特征抽取器
EMBL翻译信息提取
DNA序列清理
蛋白序列清理
GenBank格式转换成FASTA格式
GenBank文件特征提取器
GenBank翻译信息提取
氨基酸单字母到三字母
DNA子串提取
蛋白序列子串提取
反向互补序列计算
密码子分离器
FASTA文件分割
氨基酸三字母到单字母
滑动窗口方式提取DNA子串
滑动窗口方式提取蛋白序列子串

序列分析工具

绘制密码子谱
密码子使用频率表计算
CpG岛分析
DNA分子量计算
正则表达式查找DNA子串
DNA碱基统计
模糊方式获取DNA子串
模糊方式获取蛋白子串

序列操作工具箱(Version 2)

使用必读：鼠标放到左边的菜单上时，系统会提示相应工具的介绍。

- 序列操作套件V2翻译自Sequence Manipulation Suite(Version 2),它是一款JavaScript程序集合,可用于生成、格式化、分析相对较短的DNA序列和蛋白序列。一般被分子生物学家用于教学和程序算法测试。
- 联系了解每一个程序的详细信息,请参见[关于序列操作套件V2](#)
- 您可以直接镜像[英文版程序操作套件](#)到您的网站,此程序可以单机版运行。您也可以在线联系[中文版程序操作套件](#)技术支持,索取中文版。
- 此程序为第二版本,它是对前一个版本的完全重构。新版本更快并引入了更多特性。如果想获取第一个版本请访问[序列操作套件第一版](#)。
- 联系原作者[stothard\(at\)ualberta.ca](mailto:stothard@ualberta.ca)

[新窗口打开](#) | [SMS2汉化版](#) | [引用文献](#)

Thu Aug 27 17:17:36 2015

<https://www.detaibio.com/sms2/index.html>



二、序列转换

DNA Entry

- [Filter DNA](#)
- [GenBank Feature Ext](#)
- [GenBank to FASTA](#)
- [Random DNA Sequen](#)

DNA Manipulation

- [Reverse Complement](#)
- [Shuffle DNA](#)

DNA Figures

- [Group DNA](#)
- [Primer Show](#)
- [Rest and Trans Map](#)
- [Show Translation](#)

DNA Analysis

- [Codon Plot](#)
- [Codon Usage](#)
- [CpG Islands](#)
- [DNA Pattern Find](#)
- [DNA Stats](#)
- [ORF Finder](#)
- [Positional Base Frequ](#)
- [Restriction Summary](#)
- [Simple Plot](#)
- [TestCode](#)
- [Translate](#)

Protein Entry

The Sequence Manipulation Suite

- The Sequence Manipulation Suite is a collection of web-based programs for analyzing and formatting DNA and protein sequences.
- The output of each program is a set of HTML commands, which is rendered by your web browser as a standard web page. You can print and save the results, and you can edit them using an HTML editor or a text editor.
- Check out some [figures](#) made using the Sequence Manipulation Suite.
- If you are having trouble using a program in the Sequence Manipulation Suite check the [FAQ](#).

[\[home\]](#)

<http://www.bioinformatics.org/sms/>



三、引物设计

 An official website of the United States government [Here's how you know](#)

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Log in

Primer-BLAST

A tool for finding specific primers

Finding primers specific to your PCR template (using Primer3 and BLAST).

Primers for target on one template

Primers common for a group of sequences

[Retrieve recent results](#) [Publication](#) [Tips for finding specific primers](#)

[Save search parameters](#)

[Reset page](#)

PCR Template

Enter accession, gi, or FASTA sequence (A refseq record is preferred) ?

[Clear](#)

Range ?

[Clear](#)

Or, upload FASTA file

[选择文件](#) 未选择任何文件

	From	To
Forward primer		
Reverse primer		

Primer Parameters

Use my own forward primer
(5'→3' on plus strand)

?

[Clear](#)

Use my own reverse primer (5'→3' on minus strand)

?

[Clear](#)

PCR product size

Min	Max
70	1000

of primers to return

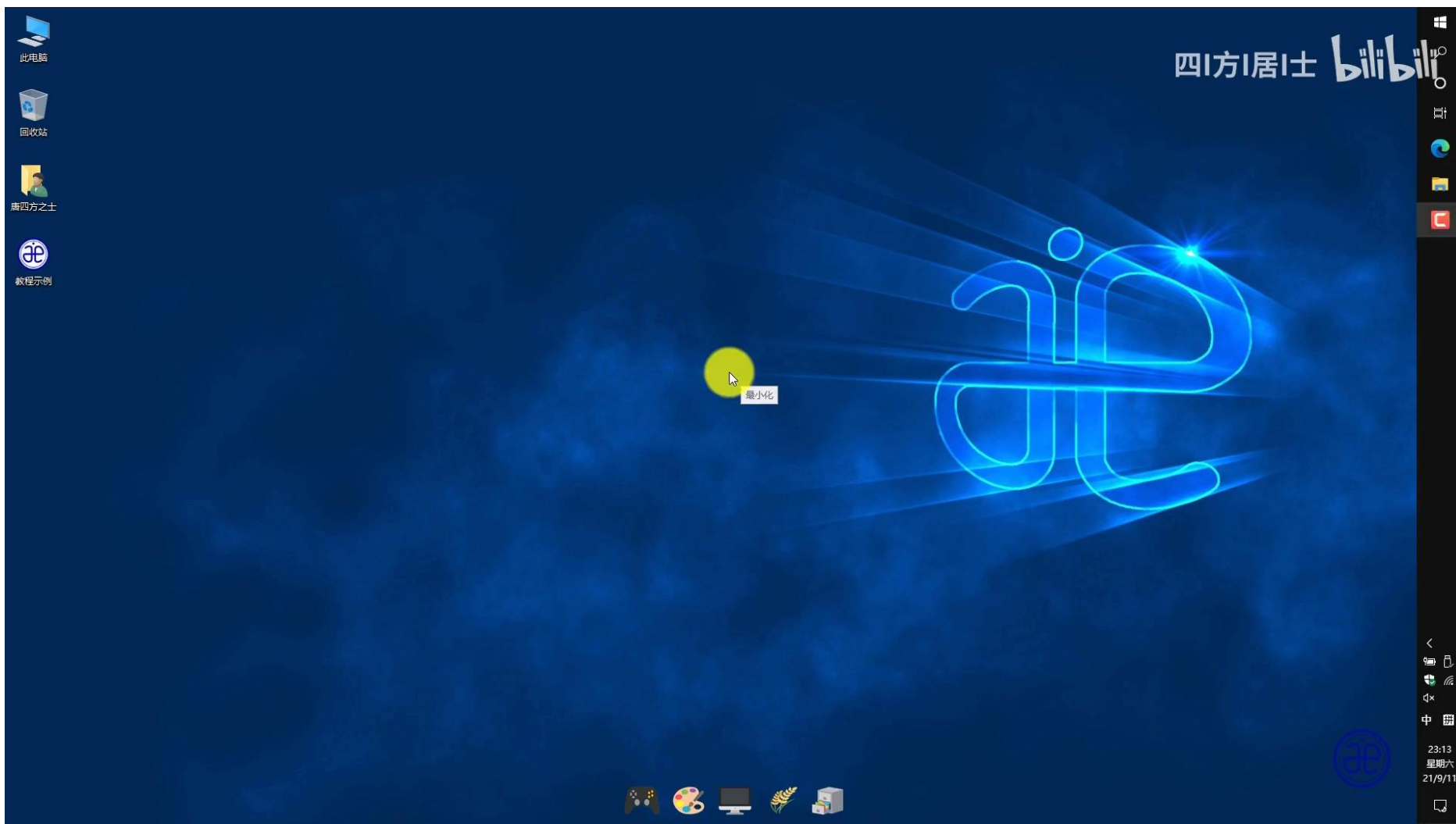
Primer melting temperatures

Min	Opt	Max	Max T _m difference
57.0	60.0	63.0	3 ?

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast>



三、引物设计





四、第一代测序数据分析





四、第一代测序数据分析

数据下载:

[http://www.wangsui.net.cn/resource/database/Course/
Plant_Bioinformatics_Experimental/Sanger_sequencing/
0009_31821010401031_\(24966\)_%5b24966-F%5d.ab1](http://www.wangsui.net.cn/resource/database/Course/Plant_Bioinformatics_Experimental/Sanger_sequencing/0009_31821010401031_(24966)_%5b24966-F%5d.ab1)

[http://www.wangsui.net.cn/resource/database/Course/
Plant_Bioinformatics_Experimental/Sanger_sequencing/
0009_31821010401031_\(24966\)_%5b24966-F%5d.seq](http://www.wangsui.net.cn/resource/database/Course/Plant_Bioinformatics_Experimental/Sanger_sequencing/0009_31821010401031_(24966)_%5b24966-F%5d.seq)

Thank you

