

## 附录：序列分析软件目录

\*此目录包括了一些通用序列分析软件，部分专业性较强的软件及网站可参阅书中相应章节

### (一) 商品化的序列分析软件

名称	用途	出处
Ball&Stick	有关 Macintosh 微机的分子图像显示，打印及其他操作；通过 ftp.bio.indiana.edu 可演示相关信息	Cherwell Scientific Publishing 27 Park End Street Oxford, OX1 1HU, UK
ChemDraw Chem 3D	二维和三维化学结构的排版，对于杂志上的制图及分子结构的图示特别有用	Cambridge Scientific Computing 875 Massachusetts Ave., Suite 61 Cambridge, MA 02139
DNA Strider	一套简单有用的 Macintosh 序列分析程序，可进行限制酶作图，或根据 DNA 序列作环状质粒图	Christian Marck Service de Biochimie—Bat 142 Center d'Etudes Nucleaires de Saclay 91191 Gif-sur-Yvette Cedex France
EUGENE&SAM	用于 Sun Microsystems 系统 SPARC 工作站的多用途核酸蛋白质分析软件包，包括用于序列检索的 FASTA，还可对 DNA 和蛋白质数据库快速进行关键词检索	Lark Sequencing Technologies 9545 Katy Freeway, Suite 200 Houston, TX 77024
GCG	包括核酸蛋白质序列分析、测序计划管理、数据库检索、RNA 折叠、蛋白质二级结构预测、序列基序的推出及检索等程序的软件包，用于 VMS 及 UNIX 多用户系统	Genetics Computer Group University Research Park 575 Science Drive, Suite B Madison, WI 53711
Gene Construction Kit DNA Inspector	与大多数分析软件不同，它管理并显示克隆策略中的分子构建过程，包括分子构建，电泳条带。另外，还可以质粒作图(有序列没序列均可)。涉及展示工具 DNA Inspector 是 Macintosh 的基本分析程序带演示盘	Textco 27 Gilson Road West Lebanon, NH 03784, 可在 <a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a> 下载
GENEPRO	DOS 系统的全套序列分析软件，包括核	Riverside Scientific

		酸及氨基酸分析, 可从软盘上检索 GenBank、EMBL DNA 数据库或 PIR、SWISS-PROT 蛋白质数据库, 带演示盘	Enterprises 15705 Point Monroe Drive N. E. Bainbridge Island, WA 98110
HIBIO PROSIS	DNASIS	DOS 系统的全套 DNA 和蛋白质分析软件, 包括限制酶谱分析, 二级结构预测、测序计划管理、可支持数字化仪和语声合成仪, 可通过 CD-ROM 光盘驱动器进行数据库检索	Hitachi Software Engineering America Compute Division 1111 Bayhill Drive, Suite 395 San Bruno, CA 94066
Intelligenetics Suite PC Gene Gene Works		多功能序列分析软件包, Intelligenetics Suite 适用于 VMSSun 和 Microsystem 系统; PC Gene 适用于 DOS 系统; 而 Gene Works 适用于 Macintosh	Intelligenetics 700 East El Camino Real Mountain View, CA 94040
LaserGene Protean		优秀的核酸及氨基酸序列分析软件包, 适用于 DOS 及 Macintosh 计算机; 带有序列比较和比对、笔记和分析、测序计划管理、限制酶谱分析和限制酶谱作图, 以及数据库检索程序, 带演示盘	DNASStar, Inc. 1228 South Park Street Madison, WI 53715
MacMolly		适用于 Macintosh 的较好的基本序列分析软件包	Soft Gene Berlin Offenbacher Str 5, D-100 Berlin, 33 Germany
MacVector		适用于 Macintosh 的全套软件包, 包括限制酶谱显示, 序列比较及通过硬盘或 CD-ROM 光盘驱动器进行数据库检索, 蛋白质二级结构分析	International Biotechnologies P. O. Box 9558 New Haven, CT 06535
Pearson Sequence Analysis Package FASTA		适用于 UNIX、VMS、Macintosh 和 DOS 系统的序列分析软件, 可进行数据库快速检索, 可贮存于硬盘或 CD-ROM 光盘	William R. Pearson Department of Biochemistry Box 440 Jordan Hall University of Virginia Charlottesville, VA 22908
Plasmid Artist		适用于 Macintosh, 可制作适于出版用的高质量限制酶图谱	Clontech Laboratory 4030 Fabian Way Palo Alto, CA 94303
Pro-RFLP		适用于 Macintosh 及 DOS 系统的凝胶分析软件, 可与扫描仪或电视摄像机联用。可提供校准建立未知序列的数据库、检索与未知序列相配的序列等功能, 并带有完备的打印输出功能	DNA ProScan Inc. P. O. Box 12185 Nashville, TN 37212

Rodger Programs	Staden	数种序列组装及分析软件、全套 UINX 分析软件包, 其功能包括可分析从 ABI 自动测序仪上输出的荧光追踪记录	Rodger Staden MRC Lab of Molecular Biology Hills Road Cambridge, England CB2 2QH
Sequencher		适用于 Macintosh 的测序支持软件, 包括筛选载体、寻找开放读框、翻译、限制酶谱等, 以及与荧光测序仪相联的接口	Gene Codes Corporation 2901 Hubbard Road Ann Arbor, MI 48105
XQS ALIGN PSQ NAQ ATLAS		数据库管理和检索软件, 其特点是在 VMS 系统中进行极快及较为弹性的关键词检索	National Biomedical Research Foundation Georgetown University, Medical Center 3900 Research Road, N. W. Washington, DC 20007

## (二) 免费的序列分析软件

名称	说明	出处
Amplify	用于 PCR 实验的辅助设计, 分析甚至模拟	FTP: sumex-aim.stanford.edu
AnnHyb	AnnHyb2.2 是设计 PCR 引物和 DNA 探针的辅助软件	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
antheprot	蛋白分析软件, 可以提供一些物化参数, 二级结构预测, 可以找出 a-helix, b-sheet 等区域, 同源性比较等	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
Band Leader	电泳条带定量分析软件, 有扫描仪将拍下来的照片扫进计算机, 然后就可以用本软件操作进行分析	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
B inHex 4.0	用于对 FTP 文件及从邮件发送中心收取的文件进行解码的必需软件, 适用于 Macintosh	可从大多数 FTP 发送中心取得, 但从同事手中复制一份也许最简便
BLAST	超快速数据库检索程序, 适用于 UNIX 及 VMS 的 C 源程序	FTP: ncbi.nlm.nih.gov EM: <a href="mailto:netserve@ebi.ac.uk">netserve@ebi.ac.uk</a>
BioSCAN	来自北卡大学 (University of North Carolina) Chapel Hill 分校的以表格为基础的检索和设计提取程序	<a href="http://genome.cs.unc.edu/">http://genome.cs.unc.edu/</a>

---

BLOCKS Search	通过万维网(www)交付设计并与BLOCKS数据库中高度保守的蛋白质序列区段比较的一种以表格为基础的程序	<a href="http://www.blocks.fcrc.org/">http://www.blocks.fcrc.org/</a>
BoxShade	可制作符合出版要求的序列比对图,在所得的PostScript格式输出结果中,相似的序列区段带有阴影	EM: <a href="mailto:netsevr@ebi.ac.uk">netsevr@ebi.ac.uk</a>
ChemSite	观看模拟有机生物分子3D立体结构的软件	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
CHIME	IE和NETSCAPE插件,安装后,可以直接用浏览器观看PDB格式的文件,直接在浏览器中看3D分子	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
Clustal	进行多重序列比对并制作系统进化发育树,可适用于DOS、Macintosh、UNIX和VMS	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a> FTP: <a href="ftp://ch.embnet.org">ch.embnet.org</a>
Covariation	HyperCard组合程序,可分析一组比对序列,帮助识别共同变化的位点(即RNA分子战火两个或多个共同进化的位点)	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
Cyrillic	遗传族谱分析	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
Disinfectant	适用于Macintosh的出色的病毒检测和清除软件	FTP: <a href="ftp://ftp.acns.nwu.edu">ftp.acns.nwu.edu</a> FTP: <a href="ftp://sumex-aim.stanford.edu">sumex-aim.stanford.edu</a>
DNA Club	DNA Club是对DNA进行与PCR有关操作的一个简单软件。它的功能有:1、输入DNA序列;2、查找ORF序列;3、把DNA翻译成蛋白序列;4、查找酶切位点;5、查找PCR引物序列	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
DNA Sequence Polymorphism	对排列过的DNA多序列进行基因多态性分析的软件	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
DNASIS	综合性低级结构分析软件,包括DNA、RNA、蛋白质,与DOS下的PCGENE、windows下的Omega属同一类的软件	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
DNAssist	带完全功能(没有打印功能)的一个功能较强的核酸处理软件并带有部分蛋白分析功能	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
DNATools	与Omega、DNAsis、PC/Gene等软件属于同一类的综合性软件,操作简单功能多	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>

---

Entrez	可用于接通MEDLINE文献数据库中的遗传学和分子生物学子库, 适用于 Macintosh、Windows、UNIX 和 VMS, 必需以所用计算机为单位向 NCBI 办理登记, 但可免费办理登记手续	FTP: <a href="http://ncbi.nlm.nih.gov">ncbi.nlm.nih.gov</a> <a href="http://atlas.nlm.nih.gov:5700Entrez/index.html">http://atlas.nlm.nih.gov:5700Entrez/index.html</a>
Enzyme Kinetics	HyperCard 组合程序, 可分析酶动力学实验数据并作图	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
FASTA	适用于 UNIX 和 VMS 的数据库快速检索程序	FTP: <a href="ftp://uvaarpa.virginia.edu">uvaarpa.virginia.edu</a>
GDE	适用于 Sun Microsystems 系统 SPARC 工作站的上好分析软件包。包括多种序列比对、测序进化管理、数据库检索等等	FTP: <a href="ftp://golgi.harvard.edu">golgi.harvard.edu</a>
GenBank Search	HyperCard 组合程序, 所初始的一段电子邮件, 可提供给 GenBank FASTA 及序列提取的电子邮件发送中心需要 Macintosh 微机上的 MaCTCP 软件	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
GeneDoc	多序列编辑分析软件, 用于分析生物分子中结构和功能之间的关系	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
GeneMapper	适用于 Sun Microsystems 系统 SPARC 工作站的功能完备的编码区识别软件及其他软件	FTP: <a href="ftp://haywire.nmsu.edu">haywire.nmsu.edu</a>
GenoBase	由 NIH 提供的一个实验性的 www 信息源, 可为特定用途的分子生物学数据库提供表格及查询等功能	<a href="http://specter.dcrn.nig.gov:8004/">http://specter.dcrn.nig.gov:8004/</a>
GenQuest	以表格为基础的程序可通过 www 对基因组数据库进行检索, 可提供对 SWISS-PROT, 基因组数据库 (GSDB), Protein Databank (PDB) 和 Prosite 数据库所进行的 BLAST、FASTA 和 Smith-Waterman 检索	<a href="http://www.gdb.org">http://www.gdb.org</a>
Gopher	光顾 Internet 上不断增加的各种 Gopher 发送中心	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a> FTP: <a href="ftp://boombox.micro.umn.edu">boombox.micro.umn.edu</a>
K-Estimator	对排列过的 DNA 多序列进行基因分歧 Ks 和 Ka 分析的软件	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>

Linkage	对遗传标志进行连锁分析,适用于 UNIX、DOS 和 VMS 计算机	FTP: corona.med.utah
LoopViewer	在 Macintosh 计算机上展示 Zuker RNA 折叠程序的结果,其输出结果类似于图 7.7.4B	FTP: ftp.bio.indiana.edu
MACAW	多序列构建与分析软件。适用于 Microsoft Windows (微软视窗) 和 Macintosh 的优秀多重序列比对和编辑工具	FTP : ncbi.nlm.nih.gov 或 <a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
MacMolecule	展示并旋转核酸和蛋白质的分子结构,对教学很有帮助	FTP: <a href="http://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
MacPattern	适用于 Macintosh, 可利用 PROSITE 基序数据库检索蛋白质序列中的模序,可直接阅读 PROSITE 中的文件或输入用户定义的模序	FTP: <a href="http://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a> EM: <a href="mailto:netserver@ebi.ac.uk">netserver@ebi.ac.uk</a>
MacPlasMap	适用于 Macintosh 的质粒图绘制程序,限制酶起位点必须由用户输入	FTP: <a href="http://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a> EM: <a href="mailto:netserver@ebi.ac.uk">netserver@ebi.ac.uk</a>
Mage	动态图像 (Kinimage, kinetif image) 可以交互地在计算机上显示科学图例。可以选择性地让程序显示某部分图像,进行即时旋转,可以提供三维图像信息	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
MandM	用于安排实验方案的 HyperCard 组合程序	EM: <a href="mailto:netserver@ebi.ac.uk">netserver@ebi.ac.uk</a>
MapMaker	适用于 Sun Microsystems 系统和 VMS 系统,用于连锁分析 F <sub>2</sub> 和 CEPH 子集	EM: <a href="mailto:mapm@genome.wi.mit.edu">mapm@genome.wi.mit.edu</a> FTP: genome.wi.mit.edu
Mase	适用于 UNIX 的多种序列比对编辑软件	FTP: mbcrr.harvard.edu
MFOLD ( 或 LRNA&CRNA)	Zuker RNA 二级结构预测的 VMS 版本	FTP: amber.mgh.harvard.edu FTP: <a href="http://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
MulFold	由 Don Gibert 编制的 Zuker RNA 二级结构预测软件 MFOLD 的 Macintosh 版本	FTP: <a href="http://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
NCSA GelReader	利用自显影片或溴化乙锭染色的凝胶的插图在 Macintosh 微机上自动测重 DNA 片段长度,识别泳道和条带,然后将预测的条带大小输出为可供制表软件使用的文本文件	FTP: <a href="http://ftp.ncsa.uiuc.edu">ftp.ncsa.uiuc.edu</a>
NCSA Mosaic	Macintosh、Windows 和 UNIX 系统第一个 www 浏览软件,必须与 Internet 联网	FTP: <a href="http://ftp.ncsa.uiuc.edu">ftp.ncsa.uiuc.edu</a>

---

Netscape	商品化 www 浏览软件, 对教育系统用户免费, 适用于 Macintosh、Windows 和 UNIX, 可提供快速显示及 GIF 或 JPEG 编码格式的直接图像	FTP: <a href="ftp://ftp.netscape.com">ftp.netscape.com</a>
NIH Image	为生物学家设计的通用图像分析程序, 可使用 Macintosh 微机上的扫描图像	FTP: alw.nih.gov
Omiga	综合性核酸分析软件, 辅助文件: <a href="http://ftp.oxmol.com/pub/OMIGA/OMIGA20Docs.exe">http://ftp.oxmol.com/pub/OMIGA/OMIGA20Docs.exe</a> ; 载体库: <a href="ftp://ftp.oxmol.com/pub/OMIGA/Vecbank12.exe">ftp://ftp.oxmol.com/pub/OMIGA/Vecbank12.exe</a>	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
OSP	用于设计适当 PCR 引物的寡核苷酸选择程序, 可分析靶序列并通过计算 GC 含量、可能的二级结构、引物及扩增序列的长度进行引物设计	c/o Paula Kassos (Phil Green, Washington University, St. Louis) EM: <a href="mailto:pg@genome.wustl.edu">pg@genome.wustl.edu</a>
PAUP	适用于 DOS 和 Macintosh 的系统进化分析软件	EM : <a href="mailto:swofford@uxh.cso.uiuc.edu">swofford@uxh.cso.uiuc.edu</a> (David Swofford, Illinois Natural History Survey Champaign, IL)
pDRAW32	pDRAW32 是对核特别是质粒进行分析和作图的软件	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
PGEN	DOS 系统的寡核苷酸设计分析软件, 需要 EGA 或 VGA 图像接口, 可以在 360k 软盘驱动器上运行	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
Phred/Phrap/Consed	序列组装、检验、编辑软件系统, 适用于鸟枪法序列。	<a href="http://www.genome.Washington.edu/index.html">www.genome.Washington.edu/index.html</a>
Phylip	适用于 UNIX 的系统进化分析软件	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
Plasmid processor	本软件是根据位置画出一个质粒图, 但不能输入序列, 由序列自动作图	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
Plot/A	采用多种方法进行蛋白质二级结构预测的分析软件	FTP: ftp.bio.indiana.edu
PlotZ	适用于 UNIX 和 VMS 系统的限制酶谱绘制软件	FTP: amber.mgh.harvard.edu
PLSearch	适用于 UNIX, 通过分析 SWISS-PROT 数据库而确定的蛋白质一级结构模序的数据库	FTP: mbcrr.harvard.edu

---

Primer	适用于 UNIX、VMS、DOS 和 Macintosh 的引物设计软件，可分析靶序列并通过计算 GC 含量、可能的二级结构，以及引物和扩增产物的长度来设计引物	FTP: genome.wi.mit.edu
primer! for WWW	在线 PCR 引物设计，只要有图形界面的浏览器就可以使用	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
primer premier	设计引物，限制酶分析，核酸蛋白对应翻译，特定序列 (motif) 查找 Align 序列排列	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
Protein Sequence Editor with Multiple Alignment	可以导入以下格式文件 SWISS-PROT、PIR、FASTA (Pearson)、Intelligenetics、CLUSTAL、GCG；自动处理多序列 (使用 D. Higgins ClustalV 算法)；往多序列中加序列；合并不同文件中的序列；以不同的格式输出多序列；打印多序列；对选定区域序列比较；手工校正多序列；根据物化或进化特性对不同种类氨基酸用不同颜色表示，可以提供分析保守序列和变异序列的可能性等	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
RasMol	观看生物分子 3D 微观立体结构软件，可旋转，可多个模式观看	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
RNAdraw	RNA 二级结构分析	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
RNAstructure	根据 RNA 的一级序列，进行二级结构分析并作图	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
SeqApp	分析 DNA 和蛋白质序列，同时还可以简便地使用 WAIS 和 Internet Gopher 资源，由 Don Gilbert 设计，需要 Macintosh 计算机及 MacTCP	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
SeqSpeak	简单的 DNA 序列编辑软件，由 Keith Conover 为 Macintosh 而设计，可通过数字化的人工声音提供发声反馈	FTP: <a href="ftp://ftp.bio.indiana.edu">ftp.bio.indiana.edu</a>
Seqverter	本软件是一个文件格式转换工具	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
SLINK and FASTSLINK	适用于 UNIX 计算机的连锁分析软件	FTP: watson.hgen.pitt.edu



---

Spectrum	一个对排列好的多序列进行分析,按几种方式来计算各物种之间的距离,并能够以列表树型等方式显示。	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
Swiss PDB Viewer OpenGL	对蛋白质进行显示和分析的软件。它直观地提供了大量的菜单以满足查看显示蛋白的结构	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
Vector Suite	NTI 综合性蛋白核酸分析工具包	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
Virtual Library of BioScience	有关生物学的 Internet 资源的总汇,会不断更新,可作为了解 Internet 有关信息的极好的开端	<a href="http://golgi.harvard.edu/biopages.html">http://golgi.harvard.edu/biopages.html</a>
Visual sequence editor	1、可以同时显示编辑多达 200 个核酸蛋白序列 2、将所有程序打包成一个库文件 3、可以输入输出到很多格式序列: IG/Stanford; GenBank/GB; NBRF; GCG; DNA Strider; Fitch; Pieron/FASTA; PIR/CODATA 以及普通文本 4、可以直接读取 MACA 的文件,并能将各序列中的同源顺序标出 5、根据遗传密码(可以自定义)读出一种或六种阅读框	<a href="http://www.biosino.org/pages/download.html">www.biosino.org/pages/download.html</a>
WAIS	Wide area information service (大范围信息发送服务中心),可有效汇集和提供大量信息	FTP: think.com (NeXT, Motif 和 Macintosh 软件) FTP: samba.oit.unc.edu (DOS、SunView 和 VMS 软件)

---