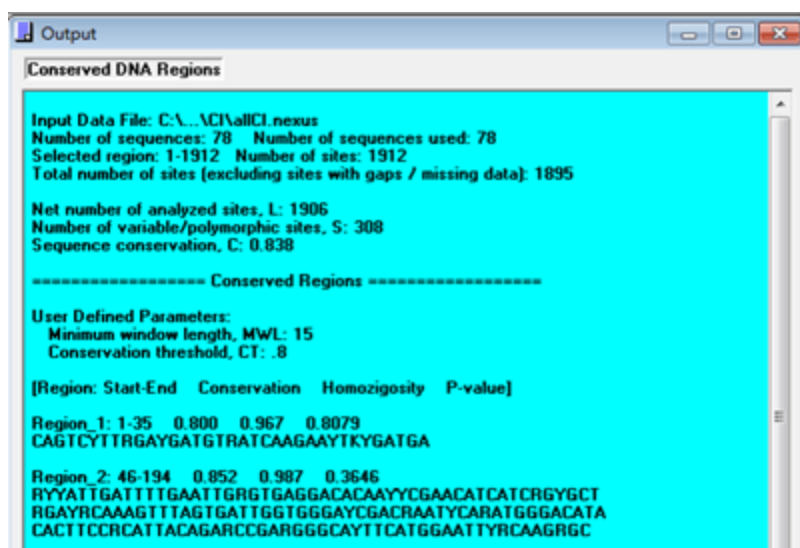


学会这些生物学使用技巧，让你的工作效率提高 90%!

做科研的，每天都要和生物学软件打交道，难免遇到各种奇葩问题。但实际上，很多软件都有特别的使用技巧，比如下面这些。

### Q1. 怎么查找序列保守区？

A1: 很多人查找序列保守区，一般通过序列多重比对后，肉眼判断序列保守区，但此法难免太主观，不具重复性，且选择的保守区无法受统计上的显著性检验。其实，实现这一目的，可以使用 DnaSP--> “Analysis” -->“Conserved DNA region”...



```
Output
Conserved DNA Regions
Input Data File: C:\...\ACI\allCI.nexus
Number of sequences: 78   Number of sequences used: 78
Selected region: 1-1912   Number of sites: 1912
Total number of sites (excluding sites with gaps / missing data): 1895

Net number of analyzed sites, L: 1906
Number of variable/polymorphic sites, S: 308
Sequence conservation, C: 0.838

----- Conserved Regions -----
User Defined Parameters:
  Minimum window length, MWL: 15
  Conservation threshold, CT: .8

[Region: Start-End   Conservation   Homozigosity   P-value]
Region_1: 1-35   0.800   0.967   0.8079
CA6TCYTTRGAYGATGTRATCAAGAAATKYGATGA
Region_2: 46-194   0.952   0.987   0.3646
RYYATTGATTTTGAATTGRTGAGGACACAAYYCGAACATCATCRGYGCT
RGAYRCAAAGTTTAGTGATTGGTGGGAYCGACRAATYCARATGGGACATA
CACTTCRCATTACAGARCCGARGGGCAYTTCATGGAATTYRCAAGRGC
```

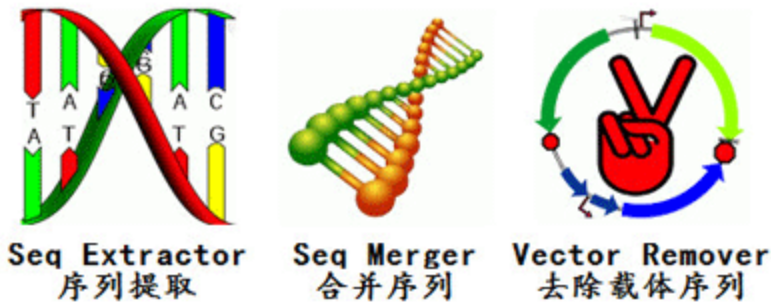
(小编注：设计简并引物，用此法，简单易用，强烈推荐...)

### Q2. 多个 FASTA 格式保存的单条序列如何批量快速合并为一个文件？

A2: 一条条添加，费时费劲，且容易出错。解决的办法有两个：一是可以通过 DNAMAN 的“多重序列比对”后导出功能，即：添加序列所在的目录，或全选相关文件，进行多重比对，导出 Clustal aln 文件，然后再转换为 FASTA；二是使用我们 2012 年新开发的序列火枪手套件的“Seq Merger.exe”即可快速实现合并。

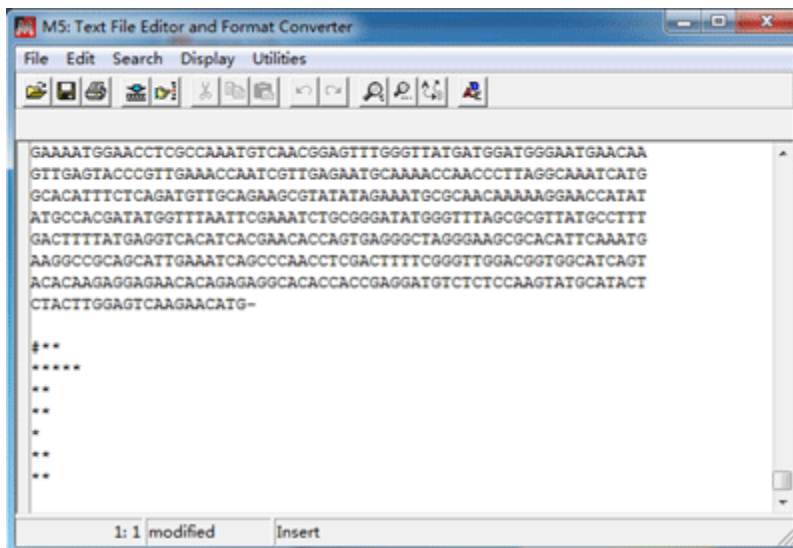
## 序列火枪手 (Seq Musketeers)

-谨以此工具献给科研工作者



Q3. 如何解决 Clustalx 多重比对 (\*.Aln 格式) 后转为 MEGA 格式时提示出错的问题?

A3: 检查所转换 MEGA 的 \*.meg 文件最后几行内容是否有\*号, 全部删减之即可。因为 Clustalx 多重比对后, 程序会自动添加一致序列。



Q4. 为什么 DNAMAN 软件的很多功能菜单都显示无法使用?

A4: DNAMAN 软件的精华在于通道 (Channel) 的应用, 遇到功能菜单呈灰度无法使用时, 不妨将序列载入通道后再试试... (So easy!)

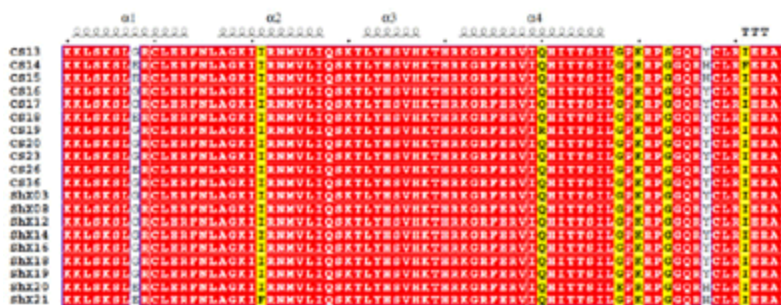
Q5. 如何让多重比对美观显示又不占篇幅?

A5: 推荐使用 Web Logo (<http://weblogo.berkeley.edu/logo.cgi>) 或 Sequence Logo 之类的在线工具处理。其实这类工具还有一个妙用—可用于设计简并引物, 简并序列一目了然, 如下图的第 7 个碱基位点, G/A=R。(这就是传说中的小而美, 有木有!)



Q6. 如何在多重比对序列的上方显示对应的蛋白质二级结构?

A6: 使用 ESPript (<http://espript.ibcp.fr/ESPrript/cgi-bin/ESPrript.cgi>) 对多重比对序列着色的同时, 上传预测的蛋白质结构文件\*.pdb 即可, 效果如下图所示。



Q7. 如何批量将核苷酸序列翻译为蛋白质序列?

A7: 推荐使用 MEGA 中的 Alignment Explorer, 先将待翻译的序列以 FASTA 格式保存, 鼠标右键“打开方式”选择用 MEGA 打开, 在 MEGA 界面点击 “Translated Protein Sequence”即可(下图箭头指示位置), 最后在“Data”菜单导出序列保存:



(.....待续, 本文来自 Rainy)



今天推出生物学软件使用技巧上集, 下集请留意关注基迪奥生物微信喔~




基迪奥生物  
GENE DENOVO



### 分享朋友

请点击右上角按钮选择  或 

### 订阅账号

请点击右上角按钮在弹出的菜单中选择 

或者在通讯录里点击  搜索“基迪奥生物”

关注基因 关注生命 关注基迪奥生物

 基迪奥生物