

真核转录组使用软件介绍

Analysis	Software	Version	Remarks
Mapping	Tophat	v2.0.7	与参考基因组进行比对
基因表达水平分析	HTSeq	v0.5.3p9	
可变剪切预测	cufflinks	2.1.1	
	ASprofile	1.0	
新转录本预测	cufflinks	2.1.1	
SNP detection	GATK2	v2.6-5	
差异表达分析	DEGSeq	1.2.2	对于有重复的样品使用 DESeq，无重复的样品使用 DEGSeq，特殊情况下使用 edgeR
	DESeq	1.12.0	
	edgeR	3.2.4	
GO 富集	GOSec, topGO, hmmscan	Release2.12	通过 hmmscan 得到新基因的 GO 注释文件
KEGG 富集	KOBAS	v2.0	
蛋白互作分析	BLAST	v2.2.27	若物种存在于数据库 string 中，则直接提取相应的互作信息；若无，则提取近缘物种的互作信息