**“Linux生物信息技术基础”课程小组总结报告**

组：G12 次：1 组长：马小凯 执笔：马小凯

**1.时间**

2023年3月5日

**2.方式**

线上腾讯会议

**3.主题**

EMBOSS软件包序列分析程序的替代选择

**4.内容**

EMBOSS软件包为核酸和蛋白质序列分析常用软件包。然而如今，部分生物学工作者仍不会使用甚至没有听说过EMBOSS软件包，我们小组对于该现象进行了讨论，认为可能是代码学习困难与当今有更为便捷易懂的软件与网站作为功能替代的原因。

Snapgene是如今实验室运用较多的分子生物学软件，能够非常直观的注释分析和DNA图谱。Snapgene能够进行序列格式转换、序列提取、序列变换、序列显示、双序列比对、开放读码框分析等多种功能。因此，Snapgene能够以图形化的界面实现EMBOSS软件包中seqret、coderet、extractfeat、revseq、msbar、infoseq、showseq、showfeat、needle、water、showorf等工具。除了Snapgene之外，如今还有许多便捷的网站与软件能够实现EMBOSS软件包中的其他部分功能，如EBI中的Clustal-Omega工具能够实现多序列比对，PredictProtein网站能够分析蛋白质的二级结构、三级结构等信息等。

因此，我们小组得出，如今有许多图形化的软件与网站能够实现EMBOSS软件包的部分功能，方便大部分研究者更直观的使用。然而，EMBOSS软件包仍有其巨大优势，首先，它是一个开源免费的软件包，任何人都可以免费获取与使用；其次，EMBOSS功能齐全，涵盖了众多核酸、蛋白质序列相关功能，使用者能够使用同一个软件包达到不同的目的；最后，EMBOSS软件包能进行一些更为高级的分析，如核酸序列组分分析等。综上所述，EMBOSS软件包仍是生物信息学习者与从业者的首选。

**5.问题**

暂无