

欢迎使用：中恢 8015 基因组信息查询程序 。
本应用目前有以下三个功能模块：



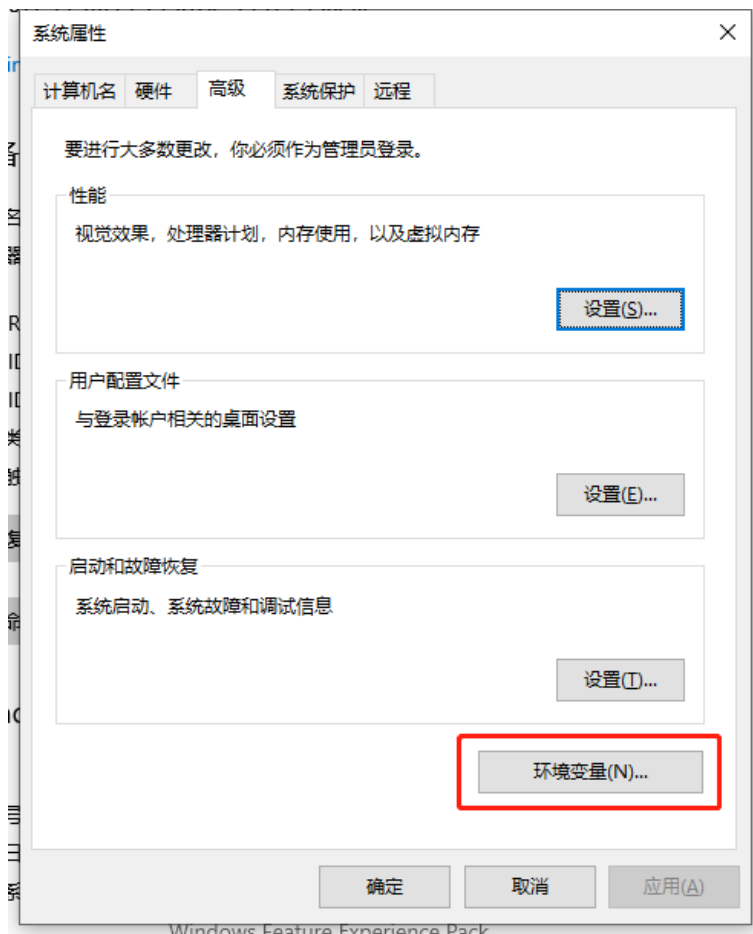
一、准备工作

在使用之前，请确保你**正确安装**了 NCBI 的 BLAST 程序：

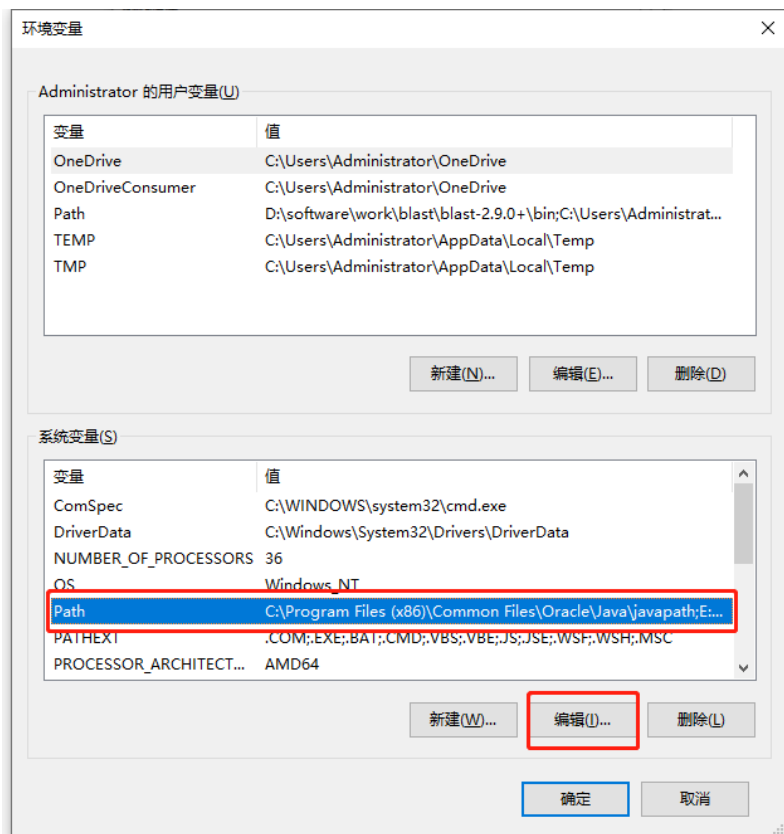
 本地blast安装程序.exe	2022/11/29 15:50	应用程序	94,223 KB
---	------------------	------	-----------

双击并安装后，如果 blast 功能仍然无法使用，请检查**环境变量**中是否包含 blast 安装路径：

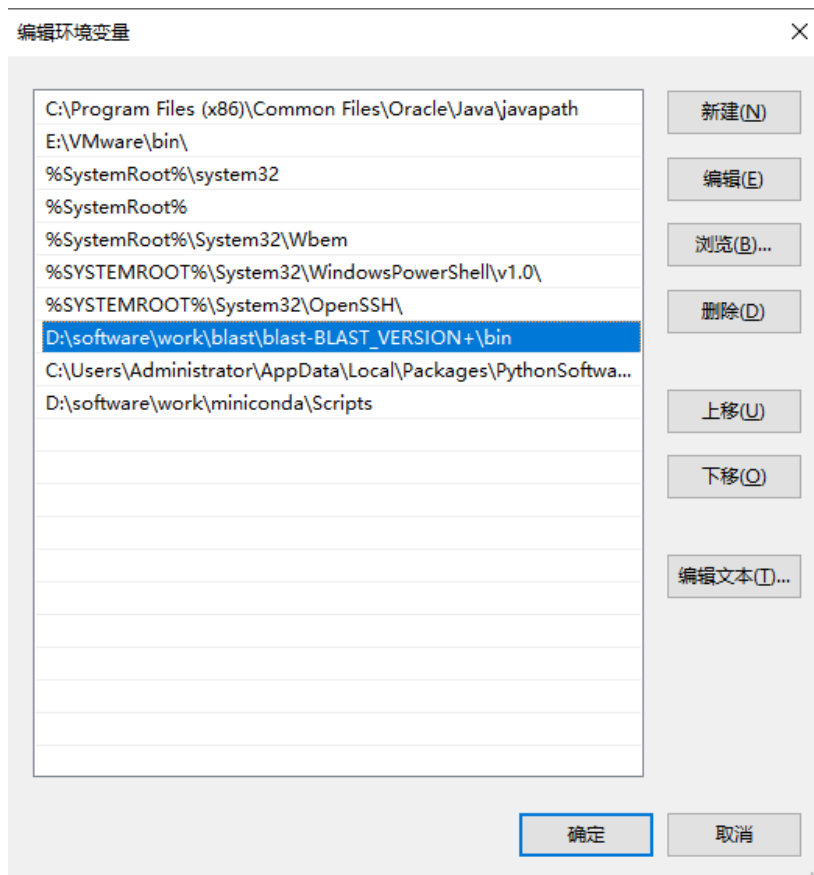




在“高级”选项栏中找到“环境变量”选项。



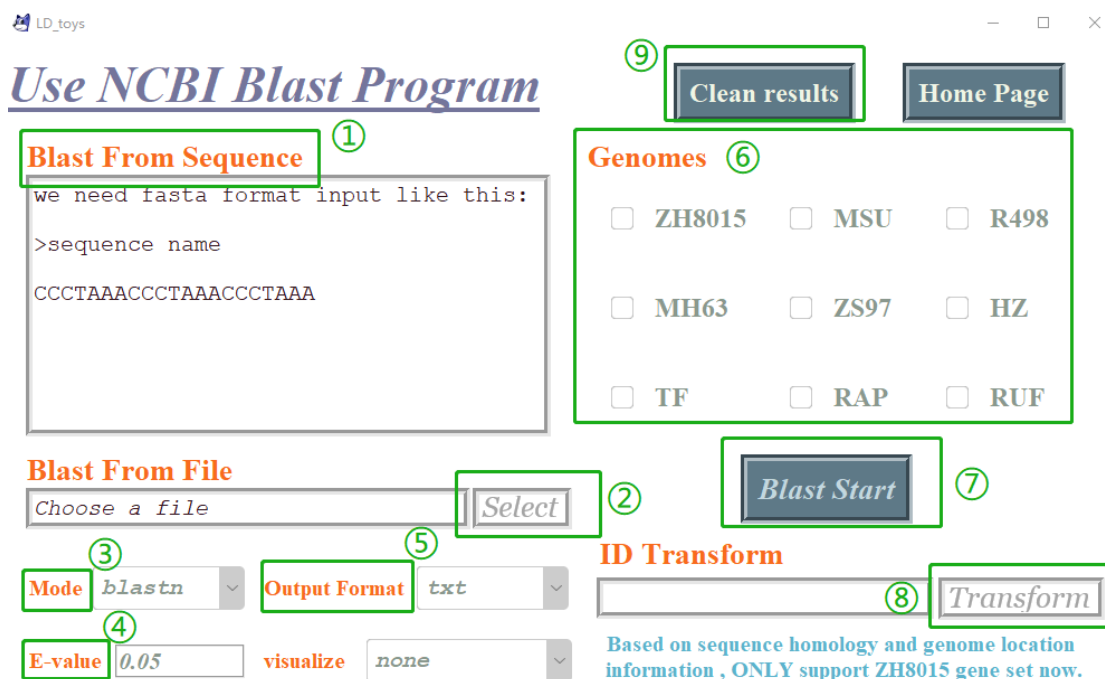
点击系统变量中的“path”后点击“编辑”。



如果没有看到安装 BLAST 的路径, 请点击“新建”并将安装路径输入点击“添加”, 之后“确定”、“应用”。

如果有如图类似的路径在环境变量中, 但仍无法使用, 请联系我。

二、BLAST 模块的使用:



界面说明：

①：输入序列以用于 BLAST：

注意，这里仅接受标准 fasta 格式的序列，也就是 > + 序列名称，下一行开始输入序列，序列部分单行多行均可。可以同时接受多个序列。

由于代码问题，避免使用带有空格或 tab 的序列名称，否则会失效。

同时，请不要将长序列（>50bp）和短的序列（<50bp，如引物序列）混在一起输入到 blast 中，会影响结果准确性。

②：选择含有序列的文件：

要求基本同上，文件后缀名必须为'.fasta'或者'.fa'。

③：选择 blast 模式，目前仅支持 blastn 和 blastp，且 blastp 速度较慢，需要耐心等待。

④：设置 E 值，低于这个值的 blast 结果将不会被展示。

⑤：设置输出格式，其中 txt 为文本格式，tsv 为制表符分割格式，sam 为比对格式。

⑥：选择 blast 目标基因组，可同时勾选多个，基因组越多，速度越慢。

⑦：BLAST 开始，如果没有反应则说明出现预料之外的问题，无法解决时请联系我。

⑧：序列转换功能，目前支持以下几种用法：

1.输入其他基因组的基因 ID，会转换为 ZH8015 基因组 ID，同时展示一致性（%）和位置相似性。后者越接近 1，说明两个基因在染色体上位置越相似，也相对越可信。

2.输入 ZH8015 基因 ID，并在基因组选择框中选择一个或若干个基因组，将转换为其他基因组的 ID 与其他信息。

3.输入 Gene Symbol，如 Ghd7，会搜索比对到的对应日本晴基因。支持模糊搜索，如输入“Ehd”，能匹配到 Ehd1、Ehd2 等。

⑨：清理 blast 结果文件夹，点击前请确保已经阅读并保存了重要的结果。

结果查看：

LD_toys

Previous

Next

Back

<i>sd-1</i>	Chr	Identity	Nearest Gene	Description
ZH8015	11	99.447	-	-
MSU	11	100.000	LOC_Os11g47920	SCARECROW putative expressed
R498	11	99.447	OsR498G1171201700.01	-
MH63	11	99.447	OsMH_11G0453000	-
ZS97	11	99.447	OsZS_11G0448400	-
HZ	11	99.447	osHZ11g00042350	Similar to SCL34: Scarecrow-like protein
TF	11	95.086	osTF11g00038547	Similar to SCL14: Scarecrow-like protein
RAP	11	100.000	Os11g0706100	Protein of unknown function DUF37 doma
RUF	11	99.773	gene:ORUF11G25590	-

对于 Blast 结果，点击“NEXT”和“PREVIOUS”可以切换不同 query 序列的结果；**双击基因组名称**可以查看该基因组的总体结果。

如果所给序列 blast 结果的同源区域涉及到**两个及以上基因**，则会以绿色标注出来。**双击**即可查看完整的注释信息（仅适用 Blastn，对于 Blastp，可以放大界面查看）。

三、序列提取

 LD_toys

— □ ×

Use Pyfastx ONLY FOR ZH8015 NOW !! [Home Page](#)

Use Gene ID	Use Genome location
ID : <input type="text"/>	Chr (e.g 06) : <input type="text"/>
Type : <input type="text"/>	Start(bp) : <input type="text"/>
Upstream(bp) : <input type="text" value="0"/>	End(bp) : <input type="text"/>
Downstream(bp) : <input type="text" value="0"/>	Type : <input type="text"/>
Out Directory : <input type="text" value="E:\workspace\LD_toys"/>	Extract
Select Open	

可以通过两种方式提取 ZH8015 基因组指定区域的序列：

1.直接输入 ZH8015 的基因 ID，并选择三种类型：

Full_Length = 全长

Transcript = 转录本（氨基酸序列）

CDS = CDS 序列

注意，**只有选择全长时**才能设置取上下游多少 bp 数。

2.通过染色体位置提取：

Chr 必须输入两位数字，如 06 、 07 、 11 等。

可以选择以下四种类型：

Normal ： 正向序列

Reverse ： 反向序列

Complement ： 互补序列

Antisense ： 反向互补序列

注意：两种模式**不能同时使用**，确保只有一边输入了参数。

最后在下方设置好输出文件夹（默认是安装路径）后点击“Extract”按钮即可。

四、注释查询

LD_toys

— □ ×

Based on 10 Databases

Home Page



Input ZH8015 Gene ID here

Search

The Functional Annotation was performed by InterproScan and BlastP.

35825 of 43038 predicted genes were annotated.

For more detailed annotations of the rice genome, please visit the following website :

<https://riceome.hzau.edu.cn/>

输入 ZH8015 的基因 ID，点击“search”即可。