|  |  |
| --- | --- |
| 软件类型 | 软件名称 |
| 基因组组装相关软件 | abyss、ALLpath、Canu、dbg2olc、ECTools、hifiasm、canu、hicanu、FALCON\_Unzip FALCON、HGAP、IDBA、intemap、Jabba、LoRDEC、MECAT、Proovread、PBSuite、pilon、SOAPdenovo、Spades、trinity、velvet、MEGAHIT、Shasta、Marvel、Raven、Flye、3D-DNA、Abruijn、ALLHiC、mecat2、Wtdbg2、Nextdenovo、NECAT、Miniasm、HINGE、SMARTdenovo、HERA、Wengan、Verkko、SALSA2、LACHESIS、YaHS、ALLHiC、HapHic、Arrow、Racon、Nextpolish2、gccp、Polin、Medaka、quartet、DEGAP、Gap-Aid、FGAP、Yagcloser、PbJelly、Winnowmap2、GapCloser、TGS-gapcloser、LR\_Gapcloser、GapFiller、IMAGE等 |
| 基因组分析相关 | AUGUSTUS、Circos、CRT、DIAMOND、EVM、Exonerate、GeMoMa、genBlastA、GENSCAN、GLEAN、GlimmerHMM、GMAP、infernal、islandpath\_dimob、Kraken、MEGAN、metaAnnotator、metaphlan、PASA、phispy、prodigal、prokka、RepeatMasker、TransDecoder、TransGeneScan、tRNAscan、tRNAscan-SE等 |
| 比较基因组软件 | Orthmcl、Muscle、PAML、phyml、MCScanX、nucmer、HGT\_Finder、Mugsy、picrust等 |
| 注释相关软件 | blast2go、DIAMOND、InterProScan、kohgpi、Kraken、MEGAN、metaAnnotator、metaphlan等 |
| 比对软件 | Blast、hmmer、blasr、bwa、daligner、Bowtie2、Blat、MECAT、genBlastA、GMAP、bwa、tophat、hisat2、HISAT2、bismark、ssearch36、Minimap2、Winnowmap2等 |
| 系统发育树软件 | MEGA、Phyml、RAxML、Exabayes、Mrbayes、figtree、splitstree、Phylip等 |
| 分化时间分析 | Paml、Beast2等 |
| 群体历史动态分析 | psmc、msmc等 |
| 基因流分析 | Treemix、ANGSD、G-PhoCS、Migrate-N等 |
| 高离散SNP筛选 | BayeScan、LFMM、bayenv2等 |
| 选择清除分析 | XP-CLR、XP-EHH、vcftools、PopGenome等 |
| LD分析 | Haploview、Plink等 |
| ka/ks分析 | Yn00、codeml等 |
| 分子方差分析 | Arlequin、poppr等 |
| 全基因组关联分析 | plink2、Haploview、Admixture、EIGENSOFT、tassel、emmax、Fast-LMM等 |
| QTL定位软件 | R/qtl、QTL Cartographer等 |
| 遗传图谱排图软件 | MSTmap、Onemap等 |
| 共表达分析 | WGCNA等 |
| 转录组组装 | trinity2.4.0、cufflinks、stringtie等 |
| 基因表达定量 | rsem、miRDeep2、stringtie、cufflinks等 |
| 基因表达差异分析 | DESeq、EBSeq、edgeR、MOABS等 |
| 富集分析 | topGO等 |
| 蛋白互作 | blast等 |
| 靶基因预测 | RNAhybrid、miranda、targetfinder、LncTar等 |
| 聚类去冗余 | cd-hit、tgicl等 |
| 转录因子预测 | iTAK等 |
| circRNA预测 | CIRI、find\_circ、CIRCexplorer等 |
| lncRNA预测 | CPC、CNCI、CPAT等 |
| SNP分析 | star、GATK、Samtools、BCFtools、FreeBayes、DeepVariant等 |
| CDS预测、SSR分析 | transdecoder、MISA等 |
| APA分析 | TAPIS等 |
| 抛光软件 | Racon、Medaka、NextPolish2、Polin |
| 其它软件 | astx\_toolkit、flash、HiC-Pro、LACHESIS、lefse、MCScanX、MEGA、mothur、python、qiime、R、samtools、sortmerna、stamp、trimmomatic、uclust、usearch、Delly、Manta等 |
|  |  |

3ddna

Blast

CPC2

Fastools

GenomeSyn

Hifiasm

KaKs

Calculator

LTR\_Finder

Mo17\_genome\_assembly

pal2nal

ppsPCP

RepeatMasker

Solve

Wgdi

Admixture

blast+

csvtk

FastTree

GenomeThreader

hisat2

Khaper

LTRharvest

MUMandCo

PAML

prepDE

RNAmmer

sra\_toolkit

WinMasker

ALLHiC

Blat

Cufflinks

featureCounts

Gepard

Hmmer

KOBAS

LTR\_retriever

Mummer

PANTHER

Prottest

Samtools

Stringtie

ANNOVAR

bowtie2

datamash

findGSE

gff3ToGenePred

html

KofamKOALA

Lumpy

MYSQLdb

PBcR

psMimic

StringTie

Aspera

Bwa

DEGAP

GAEP

GFF3toolkit

IGV

Kofamscan

MACS2

NanoCaller

PBJelly

purge\_dups

Sentieon

SubPhaser

Augustus

Cactus

DISCVRSeq

GATK4

Gffread

InterProScan

Last

Mafft

NLR\_Annotator

Seqkit

SVMU

Augustus

Café

DotPlotly

gb2ptt

Git

Iqtree

Latex

Mambaforge

NLR\_parser

Pgenes

Qtar

SGSGeneLoss

Syri

Bamtools

calc\_seitchErr

DupGen\_finder

Gcc

GlimmerHMM

iTAK

libcurl

MCscanX（jcvi）

nucl\_pro

picard

quartet

shc

SyRI

Bcftools

ChIA-PET\_Tool

Edgeturbo

Gdlib

Gnuplot

Java

Liblzma

OrthoFinder

Pigz

R

tophat2

bedGraphToBigWig

circus

EDTA

GEMMA

Gsl

juicebox\_scripts

LINKVIEW2

Merqury

OrthoMCL

Pilon

r8s

smartie-sv

Treebest

Bedtools

Clustal\_W

Fast3VmrMLM

GeneIDRename

HapHiC-main

Juicer

LncTar

minigraph

Pahang-associated-data

Plink

RAR

SMRT\_Link

Trimmomatic

biopython

CNCI

fasta-35

GeneTribe

HiCPlotter

k8

lnd

minimap2

Paircoil2

PP2PG

RAxML

snpEff

vg