

FastA ダウンロードとインストール

(バージニア大学のHP http://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_down.shtml の和訳です。このドキュメントは、11/01/31 日の情報にもとづいて書かれています。このドキュメントは ecobioinfo.com で独自に訳したものでバージニア大学とは関係ありません。)

FASTA プログラムの Unix/MacOSX のソースコードはこちらから利用できます。
<http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta>.

プログラムの最新バージョンは <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/CURRENT/> と <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/CURRENT/windows> にあります。

概要

FASTA プログラムをあなたのコンピュータで動作させるには、(1) プログラムをダウンロードしてインストール (2) 検索対象のデータベースをダウンロードする必要があります。

最新のバージョン- FASTA ダウンロードサイトの最新バージョンのクイックガイドはこちら http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta_versions.html にあります。

FASTA プログラムの最新バージョンは、バージョン 35 で(訳注1)、その中には、fasta35, ssearch35, fastx/y35, tfastx/y35, prss35, prfx35, lalign35 などが含まれています。それらの fasta3 プログラムの全ては、Unix/MacOSX ソースコード <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta3.tar.gz>、または、Windows ZIP アーカイブ <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta3/windows/fasta3.zip> として、ひとつのファイルでダウンロードできます。(fasta3.tar.gz と fasta3/windows/fasta3.zip のファイルはどちらも CURRENT のディレクトリの配下にあります。)

訳注1: 11.01.31 現在では既に 36 がリリースされています。

FASTA のバージョン 35 プログラムは、いくつかの大きな改良を含んでいます: 統計的推定がさらに正確; スレッドバージョンのプログラムがより効率的; そして、バージョン 35 では新しく lalign35、Webb Miller の sim アルゴリズム(そして Waterman & Eggert アプローチの実装, PubMed http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=pubmed&list_uids=2448477&dopt=Citation)を用いた多重ローカルアライメントを見つけるプログラムを含んでいます。さらに、FASTAv35 では、最適なグローバル-グローバルとグローバル-ローカルアライメントと検索を実行する ggsearch35 と glsearch35 を含んでいます。

旧バージョンー過去、FASTA プログラムの完全なインストールには、いくつかのプログラム、特に lalign と align は fasta2 でしか利用できないので、fasta3 と fasta2 プログラム両方のダウンロードが必要でした。今は lalign35 と ggsearch35 が fasta3 パッケージで利用できるので、fasta2 をダウンロードする理由はなおさら少なくなりました。それでもなお、最も新しい fasta2 プログラムは、Unix/MacOSX ソースコード <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta2/fasta2.shar.Z> または、Windows ZIP アーカイブ <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta2/windows/fasta2.zip> としてダウンロードできます。

FASTA3 プログラムのダウンロードとインストール

Unix/Linux マシンと Mac OSX の場合は、FASTA ソースコードファイル

<http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta3.tar.gz> をダウンロードしなければなりません:

1. fasta3.tar.gz ファイルを解凍と"un-tar"してください。Unix/Linux/MacOSX のコマンドラインで `gunzip -c fasta3.tar.gz | tar xvf -` とタイプしてください。

2. fasta35 ディストリビューションの Makefile は、linux, Sun Solaris, MacOSX (PowerPC と Intel 両方), freebsd, IBM/Aix などを含む最も一般的なアーキテクチャ用が make/ ディレクトリの中にあります。利用可能なアーキテクチャのリストを見るには(コマンドラインで) `ls -l make/Makefile.*` とタイプしてください。

あなたのマシン向けの Makefile を特定したら、例えば Linux64_sse2 (64-bit linux の SSE2)、src/ ディレクトリに移動する必要があります:

```
cd src/
```

そして、fasta プログラムだけをコンパイルするためには、

```
make -f ../make/Makefile.linux64_sse2 fasta35
```

または、全てのプログラムをコンパイルするためには、

```
make -f ../make/Makefile.linux64_sse2 all
```

とタイプしてください。プログラムのバイナリは ../bin ディレクトリにセーブされます。

いくつかのワーニングメッセージが出るかもしれませんが、それらは無視できます。

sse2 の Makefile (例えば、Makefile.linux32_sse2, Makefile.linux64_sse2, Makefile.os_x86, Makefile.os_x86_64) は、Intel SSE2 によって高速化された Smith-Waterman を含んでいます。それらの Smith-Waterman バージョンは、高速化されていないバージョンに比べて一般的には 10-15 倍以上は早くなり、Smith-Waterman 検索シーケンスとプロファイルを高速に与えます。Makefile.os_x は古い G4/G5 Mac OS マシン用にデザインされ、Smith-Waterman の Altivec 高速化バージョンを出力します。

さらに、名前に sql を含む makefile は、SQL データベースを直接リードすることができるプログラムのバージョンを作るために使用することができます。

3. プログラムがコンパイルされたら、

```
../bin/fasta35 -q ../seq/mgstm1.aa ../seq/prot_test.lseg
```

とタイプすることによって fasta が動くかテストすることができます。

これは、小さなテストライブラリのテストクエリーシーケンスを実行します。

4. プログラムがコンパイルされたら、例えば、/usr/local/bin や /segprg/bin のような、もっと目立つ場所にコピーしたくなることでしょう。

プログラムを全てコピーする最も簡単な方法は、コンパイルに使った Makefile を編集して、**XDIR=/segprg/bin** で始まる行に実行ファイルディレクトリを指定することです。

そして、プログラムをインストールするために、

```
make -f ../make/Makefile.linux64_sse2 install
```

とタイプできます。そして、不要なファイルをインストールディレクトリから削除するために、

```
make -f ../make/Makefile.linux clean-up
```

とします。

シーケンスデータベース ダウンロード

http://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_db_down.shtml

----- End of text -----