

FastA バージョン 要約

(バージニア大学のHP http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta_versions.html の和訳です。このドキュメントは、11/02/06 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。)

2010年3月

現在、FASTA ソフトウェア WWW サイト <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta> からダウンロードできる FASTA プログラムには5つの異なるバージョンがあります。最新バージョン `fasta-36`、<http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta36/> あるいは 2007 年から利用されている”クラシック”バージョン `fasta-35` <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/CURRENT/> 使うことを奨励します。

ここでは、主な違いについて説明したいと思います。

バージョン	新しいプログラム	その他の変更内容
fasta-36	なし	<p>FASTA v36 での主な改良点は、クエリシーケンスとライブラリシーケンスとの複数の重要なアライメント(マルチプル HSP)の算出と表示をする能力です。以前の FASTA バージョンは最高のアライメントしか表示しないという重大な欠点がありました。<code>tfastx36</code> のタンパク質とそのエクソンを含む遺伝子とのアライメントは、有効となる十分な長さの全てのエクソンアライメントを表示します。</p> <p>また、FASTA v36 ではより柔軟なデータベースファイルリストの検索方法を備え、そして <code>fasta-36.2</code> より後続のバージョンでは完全にスレッド化され、そのため、検索とアライメントの双方を効率的にスピードアップしたマルチプルプロセッサに分散させることができます。</p> <p>FASTA v36 の PVM/MPI パラレルバージョンは開発中です。</p>
fasta-35	<code>+lalign35</code> <code>+ggsearch35</code> <code>+glsearch35</code> <code>-prss3</code> <code>-prfx3</code>	<p>FASTA v35 の重要な改良点は、統計に基づく正確さとスレッド(マルチ CPU, マルチコア)環境でのプログラム効率の良さです。現状では、小さなライブラリが検索されたときにはプログラムは自動的に 500 の無作為のシャッフルを生成します。従って、<code>prss</code> と <code>prfx</code> はもはや必要とされません;<code>ssarch35</code> と <code>fastx35</code> が同様の機能を提供します。</p>
fasta34	<code>+ssearch3</code> <code>+fasts3/tfasts3</code> <code>+fastf3/tfastf3</code> <code>-lfasta</code> <code>-lalign</code> <code>-tfasta</code>	<p>FASTA v34 は、FASTA35 で重要な変更が導入される前の FASTA3 シリーズの最後のバージョンです。FASTA v3 プログラムは、マルチプロセッサ用スレッド対応コードと、より正確な統計的推定、そして <code>ssearch</code> の最適化された Smith-Waterman アルゴリズムと一緒に 1996 年に初めて発表されました。より最新のバージョン(v34)は、Altivec と SSE2 ベクタプロセッサを</p>

		使って高速化された Smith-Waterman 検索を提供します。 FASTA v34 は、もはやバグフィックスのためのアップデートは されません。
fasta2	+lfasta +tfasta	FASTA v2 は、ギャップのあるアライメントのスコア演算による 検出感度を強化して、1995 年に発表されました。 現状の FASTA バージョン (V34 と V35) は、注目に値すべきな のは、より強固な統計的推定、スレッドコード、そしてベクタ化 Smith-Waterman があり、そのため FASTA v2 はデータベース 検索では使うべきではないでしょう。 しかし、2007 年 3 月に lalign が FASTA v35 に加わるまでは、 FASTA v2 は lalign プログラムだけのためのソースでした。 今日では、FASTA v35 には無く、FASTA v2 だけで提供される プログラムは、Kyte-Doolittle hydrophathy plotter grease と古 典的な (しかし不正確な) 二次構造予測プログラムの chofas と garnier です。

最新の FASTA プログラムの安定バージョンは 35 で、バージョン 35 のより古いバージョンのリ
リースは、一貫性のあるソフトウェアのバージョンで働くソフトウェアパッケージを容易にメイクする
ために利用可能となっています <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta3/>。

しかし、FASTA の最新バージョン <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/CURRENT/> は可能な
ときには使うべきです。古いバージョンのソフトウェアには多くのバグ報告があります。

----- 補足: 各バージョンある場所

fasta-36 <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta36/>

fasta-35 <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta3/>

fasta3 <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta3/>

fasta2 <http://faculty.virginia.edu/wrpearson/fasta/fasta2/>

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