

	GCGコマンド	機能概要	代替コマンド (EMBOSS)	代替コマンド (スパコンシステム)
配列操作 DB形式変換 など	seqlab	GCGのX-Windowインターフェイス	-	
	seqed	シーケンスエディター	-	
			biosed	
			cutseq	
			degapseq	
			descseq	
			entret	
			extractfeat	
			extractseq	
			lister	
			maskfeat	
			maskseq	
			newseq	
			noreturn	
			notseq	
			nthseq	
			pasteseq	
			revseq	
			seqret	
			seqretsplit	
		skipseq		
		splitter		
		trimest		
		trimseq		
		union		
		vectorstrip		
		yank		
fetch		データベースのエントリのデータファイルを自分のディレクトリにコピーする。	seqret	
fetch+		入力した配列のピースから新たな配列を構成する。	seqretsplit	
assemble		相補鎖を表示する。	merger	
reverse		フォーマットをGCGフォーマットに変換する。	revseq	
reformat		staden形式からGCG形式に変換する。	seqret	
fromstaden		Fasta形式からGCG形式に変換する。	-	
fromfasta		staden形式に変換する。	seqret	
tofasta		Fasta形式に変換する。	seqret	
reformat		フォーマットの変換を行う。	seqret	
			nthseq	
fromtrace		ABIまたはSOFのトレースファイルをGCG形式で保存する。	-	
translate		塩基配列をアミノ酸配列に変換する。	transeq	
stringsearch		指定したキーワードをデータベースで検索する。	textsearch	
publish		配列を保護を巻いて表示する。	seqret	
			showseq	
lookup		name, accession number, author, organism, keyword, title, reference, feature, definition, link, dateなどの項目からデータベースから配列データを作成する。(GCGフォーマット)	dbflat	
dataset+			dbblast	
			dbigcg	
figure		他のGCGプログラムの結果からプロットを作成する。	-	
seqconv+		異なる形式の配列を変換するユーティリティプログラム。	-	
names		ローカス名およびエントリナンバーを用いて目的とする配列をデータベースで検索する。	infoseq	

ホモロジー検索 アライメント	bestfit	Smith-Watermanアルゴリズムを用いた2つの配列のローカルアライメント。	water	
	gap	Needleman-Wunschアルゴリズムを用いた2つの配列のすべての部分にギャップを考慮したアライメント。	needle	
	pileup	ペアワイズアライメントの蓄積によりマルチプルアライメントを行う。	emma	
	blast	データベースに対してホモロジー検索を行う。	dbblast	/bio/bin/blastall
	blast+		-	
	olddistances	グループ内の配列でペアワイズアライメントを行い、表示する。	-	
	fasta	Pearson-Lipmanアルゴリズムを用いたホモロジー検索を行う。	-	/bio/bin/fasta
	prettybox	マルチプルアライメントから相同性の高い領域を表示する。	cons	
			prettyplot	
			showalign	
		plotcon		
制限酵素地図	map	塩基配列上に制限酵素切断部位を示す。	restrict	
	mapplot	制限酵素地図を作成する。	remap	
	mapsort	対象の配列を認識する制限酵素を示し、切断箇所、断片の長さを出力する。	restover	
塩基配列解析 タンパク質解析	prime	塩基配列に対してPCRの条件などを入力し最適なプライマーを選択する。	epimer3	
	mfold	DNAまたはRNAの二次構造予測を行う。	-	
	plotfold	mfoldの結果を出力表示し、データのアップデートや追記も可能。	-	
	stemloop	逆方向反復配列予測。	palindrome	
			etandem	/bio/bin/meme
	meme	配列のグループから保存されたモチーフを探査する。	-	
	meme+	Profileデータは、モチーフ検索に使用できる。	-	
	motifsearch	データベースからprofileを検索する。	prophecy	
			profit	
	diverge	2つ~複数のコーディング配列間のパーセントダイバージェンス(分岐度)を計算する。	-	
	motifs	クエリー配列をPROSITEに対してモチーフ検索する。	patmatmotifs	
	peptidestructure	二次構造予測を行う。さらにアミノ酸の疎水性、表面に存在する残基、flexibility、antigenicityなどを計算	garnier	
	plotstructure	peptidestructureで計算された結果の図を表示する。	-	
	spscan	タンパク質のアミノ酸配列からシグナルペプチドを予測する。	sigoleave	
	transmem+	アミノ酸配列から膜貫通領域を予測する。	-	
	hmmrpfam	クエリー配列を隠れマルコフモデルを用いて、Pfamに対してモチーフ検索を行う。	-	/bio/bin/hmmpfam
	profilemake	アライメントした複数の配列からprofileと呼ばれるスコア表を作成する。	prophecy	
			prophet	
	isoelectric	タンパク質の等電点の計算を行う。	iep	
	hthscan	ヘリックス-ターン-ヘリックスの予測を行う。	helixturnhelix	
coilscan	βシート領域を予測する。	pepcoil		
peptidesort	一つまたは複数のタンパク質を酵素や試薬で処理したフラグメントを並べる。位置、分子量、HPLCの結果などを参考に並べる。	digest		
		pepstats		
pepplot	タンパク質の二次構造予測、アミノ酸の疎水性、疎水モーメントなどを表示する。	pepinfo		
moment	入力したタンパク質の各アミノ酸の回転角毎に疎水モーメントを計算し、等高線表示する。	pepnet		
		octanol		
helicalwheel	タンパク質の配列をhelical wheelにプロットする。	pepheel		