

软件名称: EBISA (Epidemiological Bacterial Identification Software Analysis)

版本信息: V1.0

图标:  ebisa

软件简介:

EBISA 是一款创新的生物信息学工具, 专门设计用于通过上传的 `fasta` 格式基因序列文件, 快速识别和比对 18 种重要细菌菌株。该软件在公共卫生、疾病控制和生物安全领域提供了宝贵的支持, 使得研究人员能够高效地鉴定病原体。

功能描述:

- 接收 `fasta` 格式的基因序列文件, 实现与内置细菌菌株数据库的比对。
- 识别包括炭疽芽孢杆菌、鼠疫耶尔辛菌、布鲁氏菌属、破伤风梭菌等在内的 18 种细菌菌株。
- 提供结果导出功能, 将比对结果输出为 Excel 文件, 便于数据分析和报告制作。

技术特点:

- 采用专用的电子探针 (`e-probes`) 技术, 确保了比对的精确性和速度。
- 支持单个探针检测即判定为阳性结果, 同时通过增加检测到的探针数量来提高结果的可靠性。
- 用户界面直观, 操作简便, 无需专业的生物信息学知识即可使用。

操作流程:

1. 安装并启动 EBISA 软件。
2. 登录账户, 选择“上传序列”功能。
3. 导入 `fasta` 格式的基因序列文件。
4. 设置比对参数, 启动比对分析。
5. 查看比对结果, 确认菌株鉴定。
6. 将结果导出为 Excel 文件, 保存或打印。

安装和部署:

1. 从官方网站下载 EBISA 软件安装包。
2. 遵循安装向导完成安装过程。

注意事项:

1. 在上传序列文件前, 请验证文件格式是否正确。
2. 定期更新软件和数据库, 以保持最新的菌株信息和比对算法。
3. 对于阳性结果, 建议进行实验室验证以确认鉴定结果。

4. 严格遵守数据保护法规，确保处理的数据符合隐私保护要求。
5. 如遇技术问题，可通过官方渠道寻求技术支持。

EBISA 软件为研究人员提供了一种高效的手段，用于细菌菌株的快速鉴定，对于及时响应传染病爆发和生物安全事件具有重要意义。