

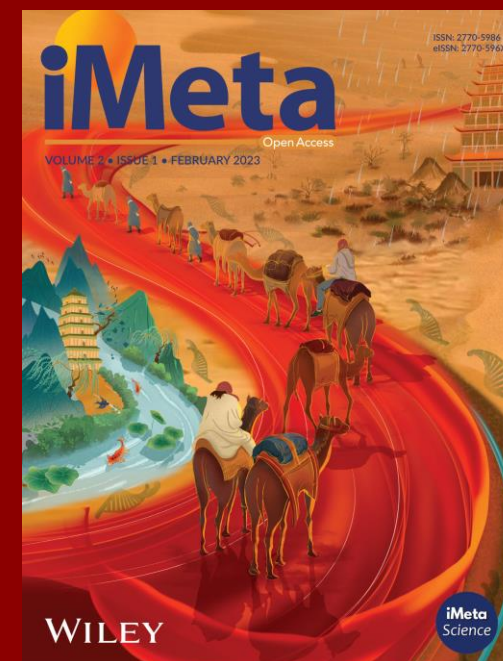


USEARCH 12: 微生物组和生物信息学领域 用于序列分析的开源软件

周远平¹，刘永鑫²，李雪萌¹

¹广东医科大学基础医学院，海洋生物医学研究院，
湛江市人体微生态与临床转化研究重点实验室

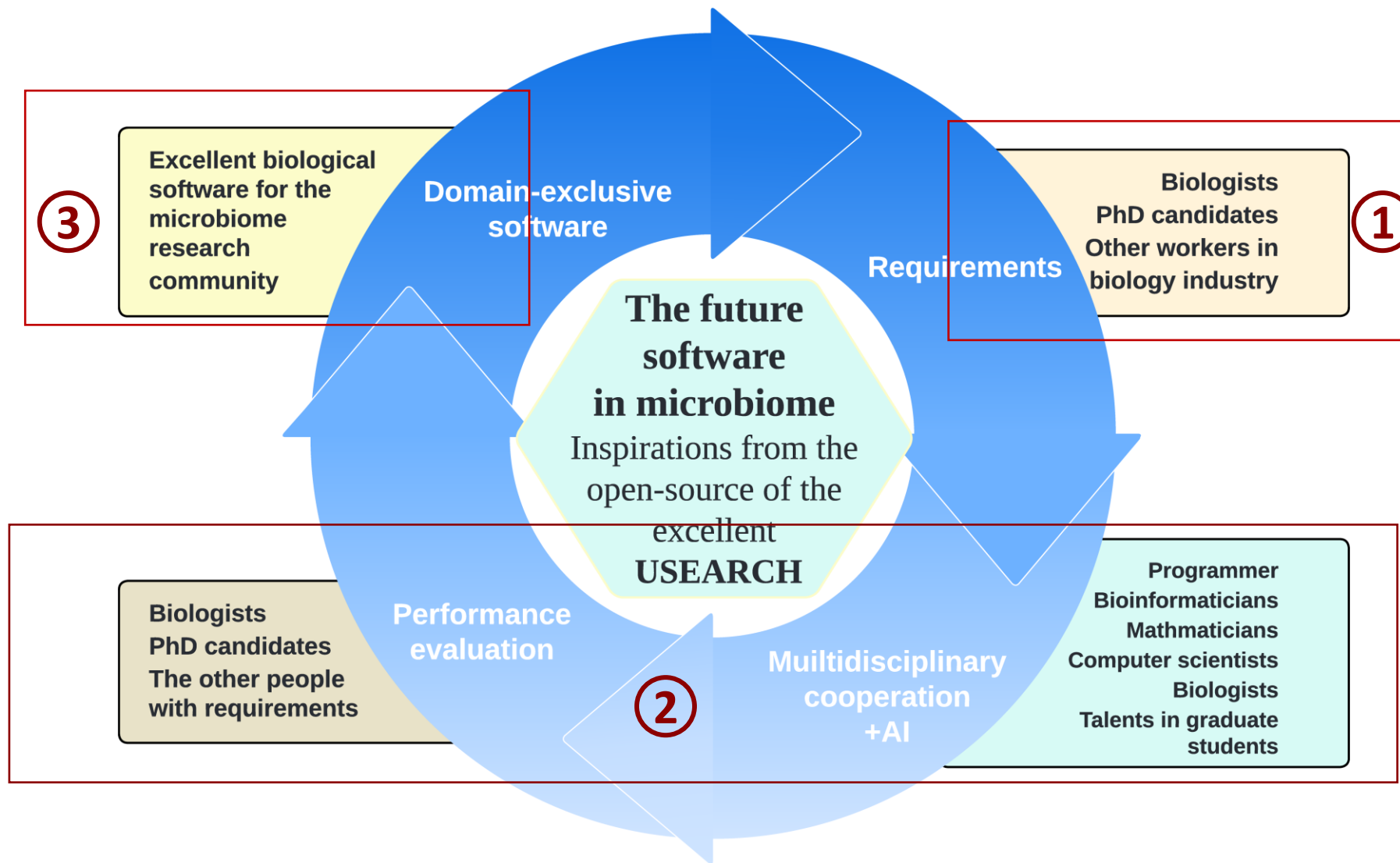
²中国农业科学院深圳农业基因组研究所



Zhou, Yuanping, Yong-Xin Liu, and Xuemeng Li. 2024. “USEARCH 12: Open-source software for sequencing analysis in bioinformatics and microbiome.” *iMeta* e236. <https://doi.org/10.1002/imt2.236>

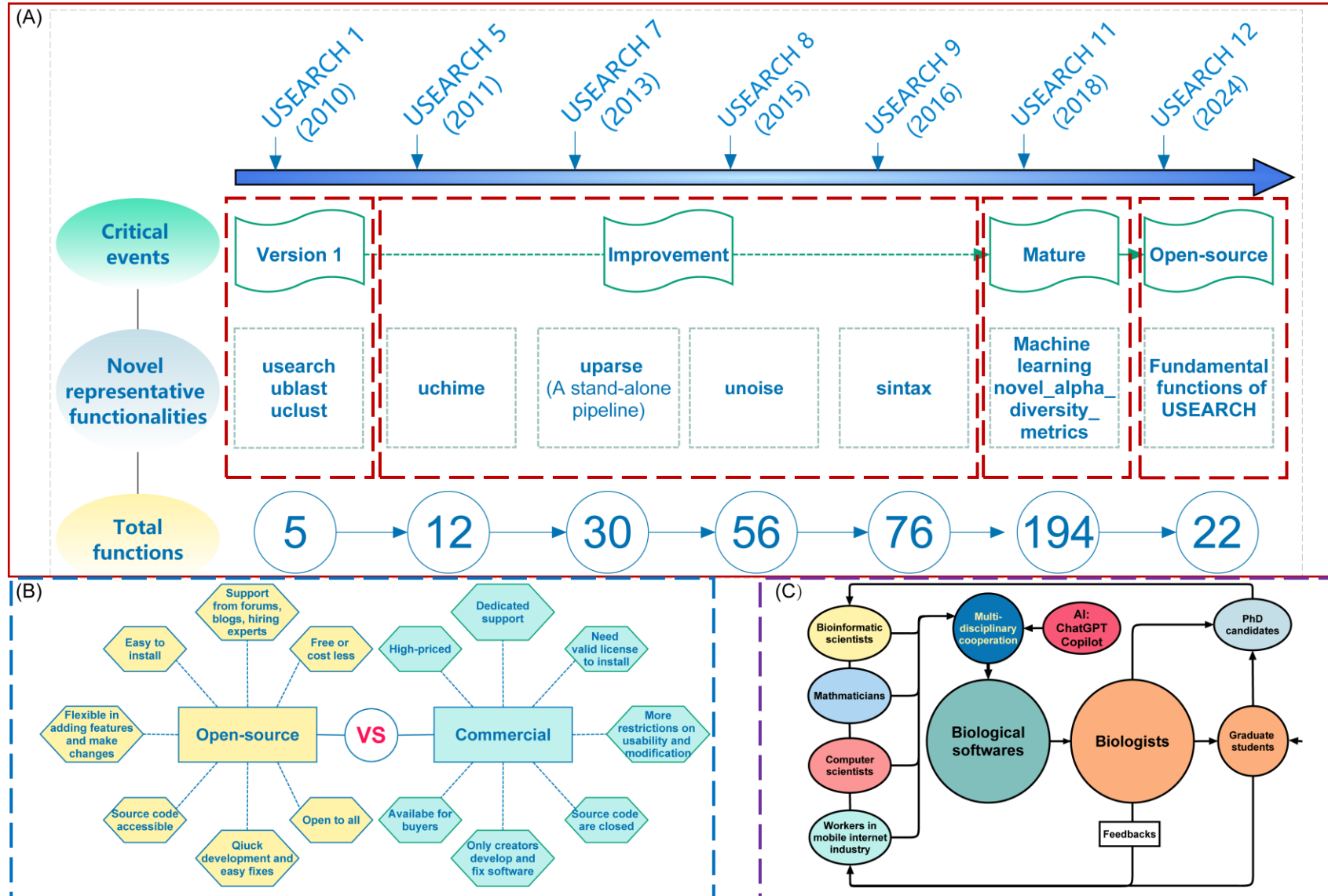


亮点





USEARCH发展历程、开源与商业软件比较 和未来流程开发建议

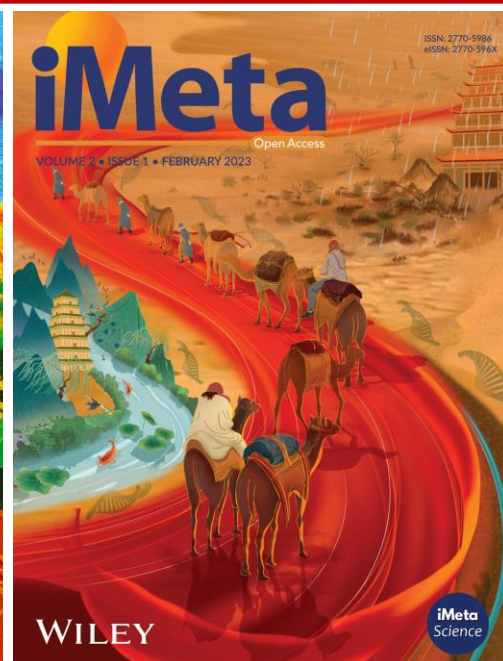




总结

- ❑ 在这篇评述中，我们及时告知了读者USEARCH软件的作者免费释放了所有64位软件，并开源了其最新版USEARCH软件（v12）的重大利好消息；
- ❑ 本文系统梳理了USEARCH从首次发表在《Bioinformatics》杂志到成熟开源的过程中软件的发展历程，提供了备份下载链接，比较了开源软件和商业软件的不同特点；
- ❑ 评述了未来微生物组和生物信息学领域优秀生物软件的开发挑战和机遇；
- ❑ 软件开源官方网站：<https://github.com/rcedgar/usearch12>;

Zhou, Yuanping, Yong-Xin Liu, and Xuemeng Li. 2024. "USEARCH 12: Open-source software for sequencing analysis in bioinformatics and microbiome." *iMeta* e236. <https://doi.org/10.1002/imt2.236>



“**iMeta**” (影响因子**23.7**) 由威立、肠菌分会和数千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。
收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注微生物组、生物信息、大数据和多组学等；
影响力：[ESCI/WOS/JCR](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.7**位列微生物学研究期刊全球第一；
时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；
“**iMetaOmics**” 主编赵方庆和于君教授，定位IF>10的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



宣传片



[iMeta](#)

