

运用二元阈值法识别日本血吸虫DNA序列的编码区

隋传宇;冯新港

(上海师范大学生命与环境科学学院, 中国农业科学院上海家畜寄生虫病研究所农业部动物寄生虫学重点实验室 上海200234 中国农业科学院上海家畜寄生虫病研究所农业部动物寄生虫学重点实验室)

中图分类号: Q811.4

摘要: 分析了日本血吸虫DNA序列的编码区特征,发现其能够很好地满足1/3规则. 研究表明,无论采用FTG还是序列谱(FFT)的方法,对于长度较短的序列都不适用. 该研究首次使用二元阈值(p, R)方法判别编码区,其判别能力优于一元(p)阈值. 统计试验结果为:单独使用z曲线方法,总的准确率为55.3%. 联合使用Z曲线和FTG方法,对大于951bp的序列编码区预测准确率可达到78.2%.

关键词: 日本血吸虫;;序列谱;;FFT;;FTG;;Z曲线;;编码区识别

 [阅读文章\(pdf\)](#)

关闭本页