

论著

细粒棘球蚴原头节mRNA测序及生物信息学初步分析

朱明星^{1,2,3} 王娅娜^{1,2} 巨艳⁴ 王志昇³ 朱佳佳^{1,2} 赵巍^{1,2*}

1750004银川, 宁夏医科大学医学科学技术研究中心; 2750004银川, 宁夏医学科学研究所; 3750004银川, 宁夏医科大学实验动物中心; 4750004银川, 宁夏疾病预防控制中心

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 【摘要】目的 利用RNA-seq技术对细粒棘球蚴原头节的转录组进行测序并对测序数据进行生物信息学分析,以揭示细粒棘球蚴原头节mRNA所包含的信息。方法 用Trizol法提取原头节总RNA,分离mRNA,利用Illumina公司的HiSeq2000高通量测序仪对mRNA序列进行测序。参考英国桑格研究院(Wellcome Trust Sanger Institute)公布的细粒棘球蚴基因组数据,对测序数据进行拼接组装,将获得的unigene与非冗余的蛋白序列数据库(non-redundant, Nr)、全球蛋白资源数据库(universal protein, UniProt)、基因本体数据库(gene ontology, GO)以及日本京都基因和基因组百科全书通路数据库(the kyoto encyclopedia of genes and genomes pathway, KEGG pathway)进行比对,获得该unigene的蛋白功能注释信息。结果 测序后共获得132 007 609条读段(reads),经过组装共形成91 342条unigene,平均长度为419 bp。通过GO分类注释,共有36 552个unigene获得了注释信息,分别归入到了生物学过程、分子功能、细胞组分3大类共计48个功能组。通过KEGG pathway的注释,有6 664条unigene注释到了KEGG上,参与了6大类生物过程中34个小类的代谢,共有227个代谢通路。结论 获得了细粒棘球蚴原头节转录组相关信息,为棘球蚴病的后续研究提供了研究数据,积累了研究资料。

关键词 [细粒棘球蚴原头节](#); [转录组](#); [高通量转录组测序](#); [生物信息学分析](#)

分类号

DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4122.2014.02.005

通讯作者:

赵巍 ZW-6915@163.com

作者个人主页: 朱明星^{1;2;3} 王娅娜^{1;2} 巨艳⁴ 王志昇³ 朱佳佳^{1;2} 赵巍^{1;2*}

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(1179KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“细粒棘球蚴原头节; 转录组; 高通量转录组测序; 生物信息学分析”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

• [朱明星1](#)

• [2](#)

• [3 王娅娜1](#)

• [2 巨艳 4 王志昇3 朱佳佳1](#)

• [2 赵巍1](#)

• [2*](#)