

论著

日本血吸虫EST序列的电子延伸及结果分析

刘翰腾^{1*}, 吴忠道², 邹赛德¹, 邵筱²

中山大学基础医学院1 计算机中心, 2 寄生虫学教研室, 广州 510080

*现在单位: 广州市卫生局信息鉴定和评估中心, 广州 510080

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要

目的 建立日本血吸虫表达序列标签(SjEST)序列自动分析系统, 筛选新基因、分析其表达谱。方法 建立本地化日本血吸虫专业数据库, 整合序列同源性比较软件(BLAST)及片段整合分析软件(PHRAP), 运用生物信息学策略编写程序控制EST自动延伸。建立本地化蛋白库, 对延伸结果进行蛋白库同源性分析。实现对成批数据大规模自动分析, 筛选出可能的新基因全长cDNA序列, 并进行基因表达谱分析。结果 延伸系统规则有效, 延伸结果序列与原始序列高度同源。对552条EST进行自动分析, 487条得到不同程度的延长, 其中有104条EST原始序列检索无同源性, 但经过延伸后获得高度同源性的联配序列信息。根据延伸结果尝试分析基因表达谱, 筛选出27个可能新基因。结论 建立了本地化的有效的SjEST序列自动分析系统。该系统为新基因的筛选及基因表达谱的分析提供了重要的参考信息。

关键词 [日本血吸虫](#) [表达的序列标记](#) [电子序列延伸](#) [序列分析](#) [计算生物学](#)

分类号

The in Silico Elongation and Analysis of the EST from *Schistosoma japonicum*

LIU Han-teng, WU Zhong-dao, ZOU Sai-de, SHAO Xiao

Computer Centre, the School of Pre-Clinical Medicine, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510089, China

Abstract

Objective To construct a platform for in silico elongation and batch analysis of *Schistosoma japonicum* (Sj) ESTs, acquire the potential novel genes and research the expression profile of the genes. Methods On the basis of Linux operating system and local ESTs database of Sj, the BLAST and PHRAP softwares were used to construct a program to achieve the elongation of ESTs. Stand alone BLAST search against the nr database helped analyze the elongated sequence. After finishing the batch analysis script, the platform was used to research the Sj gene expression profile and acquire the potential novel genes. Results The platform showed satisfactory efficiency and fidelity. 487 elongated sequences obtained from 552 and 307 elongated sequences showed high homology within the nr database downloaded from NCBI. Furthermore, 104 elongated sequences displayed significant homology but showed no homology before elongated. 27 potential novel genes were filtered out. Conclusion An effective platform for Sj ESTs data mining was accomplished and further information on the potential novel genes was acquired.

Key words [Schistosoma japonicum](#) [Expressed sequence tags \(EST\)](#) [In silico elongation](#) [Sequence analysis](#) [Computational biology](#)

DOI:

通讯作者

作者个人主页 刘翰腾^{1*}; 吴忠道²; 邹赛德¹; 邵筱²

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(543KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(OKB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“日本血吸虫”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [刘翰腾](#)
- [吴忠道](#)
- [邹赛德](#)
- [邵筱](#)