

植物保护

全基因组预测稻瘟菌的分泌蛋白

陈继圣, 郑士琴, 郑武, 周洁, 鲁国东, 王宗华

福建农林大学功能基因组学研究中心 / 福建农林大学生物农药与化学生物学教育部重点实验室

收稿日期 2006-1-17 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 【目的】分泌蛋白多为病原微生物与植物受体蛋白起作用的激发子和其它致病因子, 深入研究分泌蛋白将有助于明确植物与病原微生物互作的分子机制。利用稻瘟菌基因组学研究成果, 结合计算机技术和生物信息学的方法, 分析其分泌蛋白组学, 将有助于全面掌握其致病因子的结构与功能。【方法】利用SignalP对稻瘟菌基因库中所有ORF的N-端信号肽存在与否进行预测, 再依次通过Protcomp、TMHMM、big-PI Predictor和TargetP预测程序进行验证, 寻找出所有可编码信号肽的基因。【结果】对11 108个稻瘟菌的ORF进行分析, 最终预测出共有1 235个ORF可编码分泌蛋白。【结论】经验证此预测方法之可靠性较高, 这为深入研究分泌蛋白组学奠定了基础。

关键词 [稻瘟菌](#) [分泌蛋白](#) [信号肽](#) [预测程序](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

王宗华 zonghuaw@163.com; zhengwuz@163.com

作者个人主页: 陈继圣; 郑士琴; 郑武; 周洁; 鲁国东; 王宗华

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(394KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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“稻瘟菌”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [陈继圣](#)

· [郑士琴](#)

· [郑武](#)

· [周洁](#)

· [鲁国东](#)

· [王宗华](#)