

论著

日本血吸虫基因组核糖体移码序列的预测分析

王海彬^{1,2}, 杨忠³, 刘锋³, 胡薇^{2*}

1200237上海,华东理工大学生物工程学院; 2200025 上海,中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所,卫生部寄生虫病原与媒介生物学重点实验室,世界卫生组织疟疾、血吸虫病和丝虫病合作中心; 3200433上海,复旦大学生命科学院

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 目的预测日本血吸虫基因组中核糖体移码的基因序列并进行鉴定。方法挑选稳定并能够可靠预测RNA假结结构的软件,编写批量提交数据的程序并结合本地手段进行假结结构预测,计算序列最小自由能从而挑选稳定序列,进一步使用生物信息学软件Fsfinder分析序列中核糖体移码位点,进行开放性阅读框(open reading frame, ORF)分析,筛选出可能产生核糖体移码的日本血吸虫基因序列。利用日本血吸虫蛋白质组数据库中的肽段质谱数据进行比对,寻找对应的肽段信息。结果从日本血吸虫的8 452条基因编码序列中预测出26条可能含有促使核糖体移码假结结构的序列。经过日本血吸虫蛋白质组数据库中的肽段质谱数据进行比对,发现日本血吸虫输入蛋白(Sjimportin)移码之后产生的肽段。结论整合已有的RNA假结预测软件以及核糖体移码预测软件,建立了日本血吸虫预测核糖体移码序列数据库,并成功获取日本血吸虫蛋白Sjimportin核糖体移码表达证据。

关键词

[日本血吸虫](#); [核糖体移码](#); [假结](#); [生物信息学](#)

分类号

DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673 4122.2012.03.003

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(7028KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)
- ▶ [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 “](#)

[日本血吸虫; 核糖体移码; 假结; 生物信息学](#)

” 的 相关文章

▶ 本文作者相关文章

- [王海彬¹](#)
- [2 杨忠³ 刘锋³ 胡薇^{2*}](#)