

发育生物中的转录动力学

纳米孔长读长支持全长cDNA测序，
允许对基因表达进行定量和定性分析，
并详细鉴定新转录本。



Anthony Bayega和他的团队使用纳米孔长读长序列研究了橄榄果蝇胚胎在不同发育阶段的基因表达

研究影响

这些数据能够对橄榄果蝇胚胎发育相关转录机制进行深层次的鉴定。理解对性别决定基因的表达特征，可以用来识别这种农业害虫性别特异性遗传控制的潜在靶点。

结果

转录组多样性与目前的NCBI预测相比增加了四倍，为未来的下游研究提供了丰富的新基因和异构体资源。

98%

的序列成功比对到果蝇基因组

>50%

的表达基因在单个全长序列中成功测序

DSK

基因参与性别决定，并拥有性别特异性异构体结构

3553

个新基因，总共识别到11883个基因

79810

个转录本异构体被成功鉴定

怎样进行？

在发育的前6小时内，每隔一小时从橄榄果蝇胚胎中合成全长cDNA。在MinION™上进行测序，之后进行从头转录组组装。

试剂盒
在此获取：<https://nanopore.yilimart.com/Group/Kits1/>

设备
MinION

工具
定制流程分析，包括：
– Canu（纠错）
– GMAP（比对）
– CupcakeToFU（组装）
– SQANTI and PRAPI（组装成功）

在此了解更多关于可用分析流程的信息：
community.nanoporetech.com/knowledge/bioinformatics

了解更多：nanoporetech.com/applications/rna-sequencing

发表信息

A. Bayega et al. Transcriptome landscape of the developing olive fruit fly embryo delineated by Oxford Nanopore long-read RNA-Seq. BioRxiv (2018). DOI: <http://dx.doi.org/10.1101/478172>

网络研讨会

Anthony Bayega: Oxford Nanopore长读长RNA测序解析橄榄果蝇胚胎发育的转录组概况 (A. Bayega. Transcriptome landscape of the developing olive fruit fly embryo delineated by Oxford Nanopore long-read RNA-Seq.) 可在此观看：<https://nanoporetech.com/cn/resource-centre/anthony-bayegaoxford> [访问于2019年1月15日]



微信公众号: nanoporetech
<https://nanoporetech.com/cn>

Oxford Nanopore Technologies、Wheel（飞轮）图表和MinION是Oxford Nanopore Technologies公司在不同国家的注册商标。

© 2019 Oxford Nanopore Technologies.

Oxford Nanopore Technologies产品当前仅供研究使用。
BR_1003(EN)_V1_11Feb2019