1. mRNA结构：在3’端具PolyA结构；5’端具帽子结构。
2. 反转录引物：一般情况简单地说你的目的mRNA有playA尾，且基因较小2000bp以内吧都可以选择oligo dT；但如果你的目的mRNA没有playA尾或者你的基因较大时，由于RT酶的扩增能力问题就要用随机引物啦。
3. 转录组测序技术：芯片法+RNA-Seq法（结合了高通量测序），芯片法费事费力；故现在多选用RNA-Seq法，
4. 单细胞转录组测序技术：就是讲转录组测序加了一步分拣单个细胞的过程；其中RNA-Seq该方法操作过程需要进行扩增；考虑到单细胞转录，pcr扩增会有偏倚性，所以推出了ivt扩增（如MMALBAC）
5. RNA-Seq法同样针对不同高通量测序平台，延伸出不同的策略，包括mRNA-Seq; StRT; Smart-seq等

/Users/liuweiwei/Downloads/MacQIIME\_1.9.1-20150604\_OS10.7

/Users/liuweiwei/Downloads/MacQIIME\_1.9.1-20150604\_OS10.7

Quality control: 质量控制

组装：Assembly

genome：基因组

Denaturation：变性=Melt

Elongation：延伸=extension

Anneal：退火

Amplicon：扩增子

Quench：猝灭

测序深度Depth：是指测序得到的总碱基数与待测基因组大小的比值。假设一个基因大小为2M，测序深度为10X，那么获得的总数据量为20M。

覆盖度Coverage：是指测序获得的序列占整个基因组的比例。由于基因组中的高GC、重复序列等复杂结构的存在，测序最终拼接组装获得的序列往往无法覆盖有所的区域，这部分没有获得的区域就称为Gap。例如一个细菌基因组测序，覆盖度是98%，那么还有2%的序列区域是没有通过测序获得的。