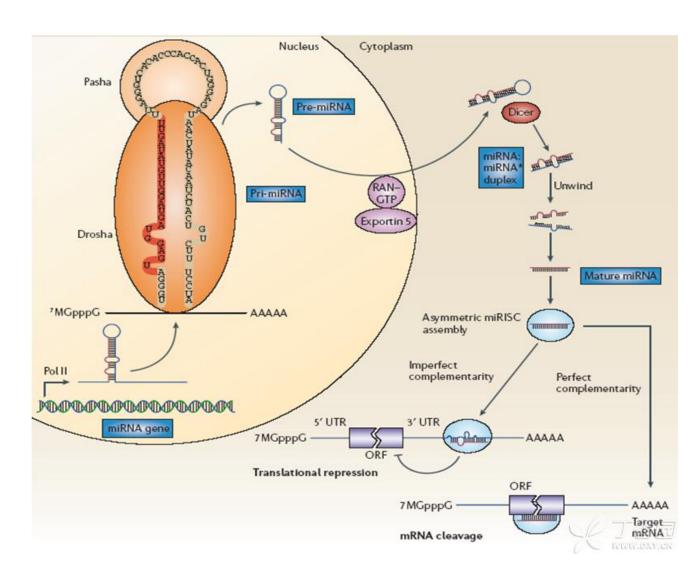
miRNA靶基因预测

作者邮箱: 2740881706@qq.com

miRNA靶基因

• microRNA (miRNA) 是 一类能够调节基因表达的 短单链内源非编码RNA (约22nt),通过与<u>互补</u> 的mRNA选择性地结合抑 制蛋白的产生,广泛存在 于动物、植物、病毒等多 种有机体中。



miRNA命名规则

- ▶ 命名包含三部分内容,即物种,microRNA类别,序号。三者间用短线连接。
 - 1. 物种一般用三个小写字母表示,如hsa,mmu和rno分别代表人,小鼠和大鼠。
 - 2. MicroRNA类别是指所命名的microRNA是pre-miRNA还是mature miRNA。pre-miRNA用mir表示,mature miRNA用miR表示。
 - 3. 序号为一阿拉伯数字,代表microRNA发现的先后。一般而言,数字越小,发现越早。
- ▶ 位于基因组不同部位但产生同样的mature miRNA的pre-miRNA在序号后添加短线和 阿拉伯数字以示区别,如hsa-mir-7-1, hsa-mir-7-2, hsa-mir-7-3。
- ➤ 有些pre-miRNA可以产生两个mature miRNA。对应pre-miRNA茎环结构5' 和3' 序列的mature miRNA分别加后缀-5p和-3p以示区分,如hsa-miR-769-5p和hsa-miR-769-3p。
- ▶ 对于仅相差1-2个碱基的mature miRNA,加一个小写字母后缀以示区别,如hsa-miR-19a, hsa-miR-19b。

靶基因预测方法

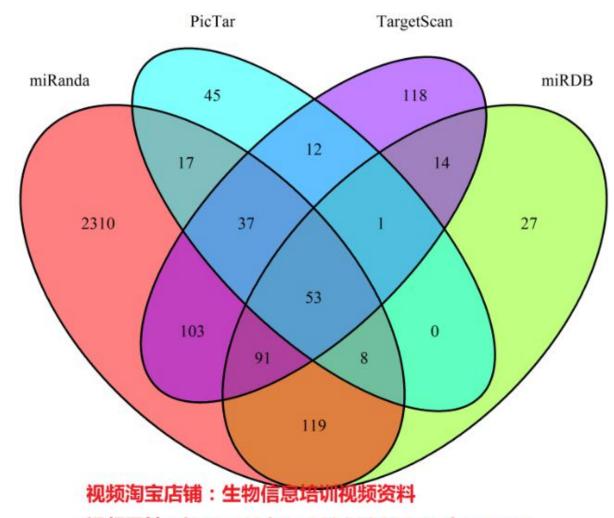
- ➤miRNA与靶基因的互补性;
- ➤ miRNA靶位点在不同物种之间的保守性;
- ➤miRNA-mRNA双链之间的热稳定性;
- ➤miRNA靶位点不会有复杂的二级结构;
- ➤miRNA 5' 端于靶基因的结合能力强于3' 端。

常用预测软件

软件	网址	检索范围	算法特点
TargetSca	n http://www.targetscan.org/	人, 小鼠, 大鼠, 狗, 鸡 黑猩猩, 恒河猴, 牛, 负鼠蛙	RNA间相互作用的热力学模型 与序列比对分析相结合,引入 了信号噪声比来评估预测结果 的准确度
miRDB	http://www.mirdb.org/miRDE	3人,小鼠,大鼠,狗 , 鸡	机器学习方法
PicTar	http://pictar.mdc-berlin.de/	脊椎动物、线虫	区分"完全匹配种子区"与 "不完全匹配种子区"
miRanda	http://www.microrna.org/microrna/home.do	人, 果蝇, 斑马鱼	序列匹配,miRNA与mRNA双 链的热稳定性,靶位点的保守 性

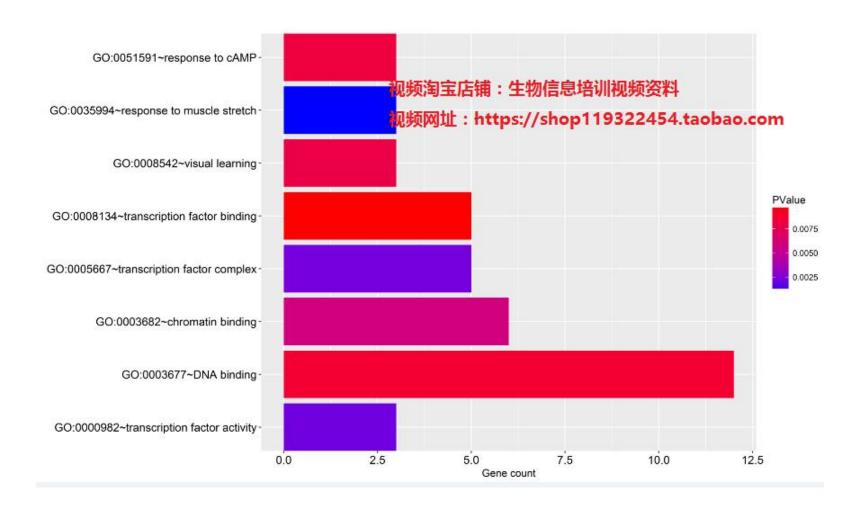
种子区(seed region)指的是miRNA上进化最为保守的片段,从第2个到第8个核苷酸,通常与mRNA 3'-UTR上的靶位点完全互补。

靶基因交集



视频网址:https://shop119322454.taobao.com

miRNA功能



Thanks!!!

作者邮箱: 2740881706@qq.com