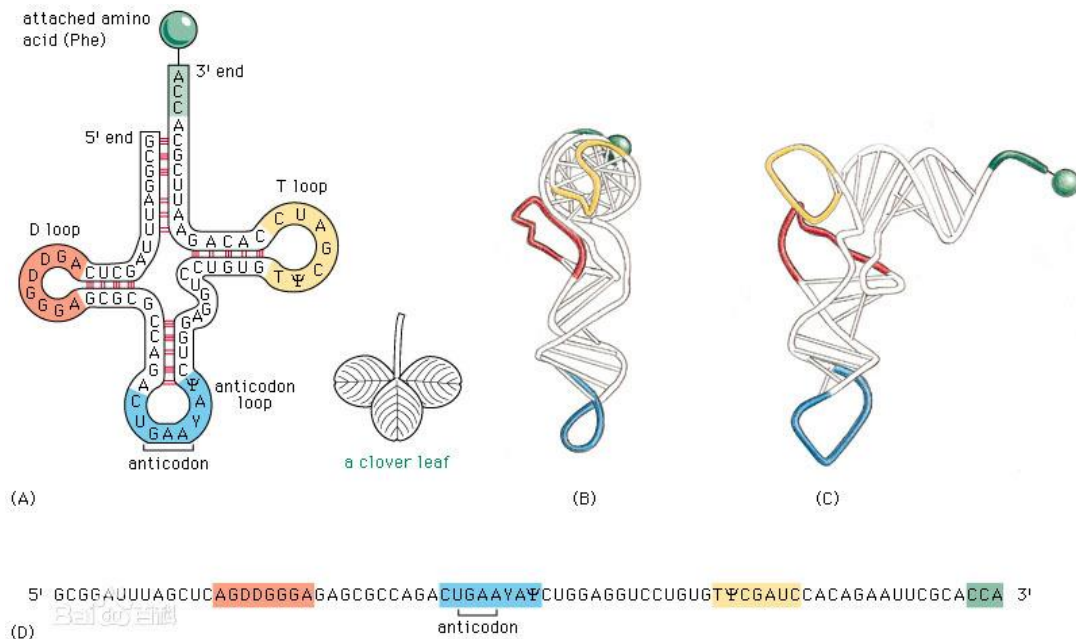




tRNAscan-SE介绍 及云平台使用

tRNA分子

- 转运RNA (Transfer RNA) , 最为丰富的短链非编码RNA分子, 通常简称为tRNA, 是一种由76-90个核苷酸所组成的RNA。



图一 (图片来自网络)

研究tRNA分子的重要性

- tRNA谱与细胞命运密切相关：细胞增殖、细胞分化和细胞凋亡等一系列的生命活动都伴随着tRNA水平的变化
- tRNA谱与疾病相关：如：癌症、精神类疾病、病毒感染等

tRNAscan-SE

- 一款用于基因组注释tRNA分子的软件，适用于真核、细菌、古细菌以及线粒体等。
- 整合了tRNAscan、EufindRNA 和Cove 这3个独立的tRNA检测软件。
- tRNAscan-SE 首先调用 tRNAscan和EufindRNA鉴定基因组序列中 tRNA区域，然后调用Cove进行验证。这样既保证了前者的敏感性，又保证了后者较低的假阳性概率，同时在搜索速度上提升了很多。
- tRNAscan-SE有多个版本，既可以下载本地运行，又可以利用云平台线上运行。



tRNAscan-SE安装以及使用

- linux版本可以直接使用wget <http://lowelab.ucsc.edu/software/tRNAscan-SE.tar.gz>进行下载
- `tar -xzvf tRNAscan-SE.tar.gz` 安装包解压缩
- `cd` 进入目录后, `make && make install`即可使用
- 或`conda install trnascan-se -c bioconda`



tRNAscan-SE安装以及使用

- 常规命令：

tRNAscan-SE -B -o tRNA.out -f tRNA.ss -m tRNA.stats test.fas

-B 适合于细菌基因组 -A 适合于古菌基因组 -G 适合于细菌和真核生物的混合序列 -

O 适合于线粒体和叶绿体基因组

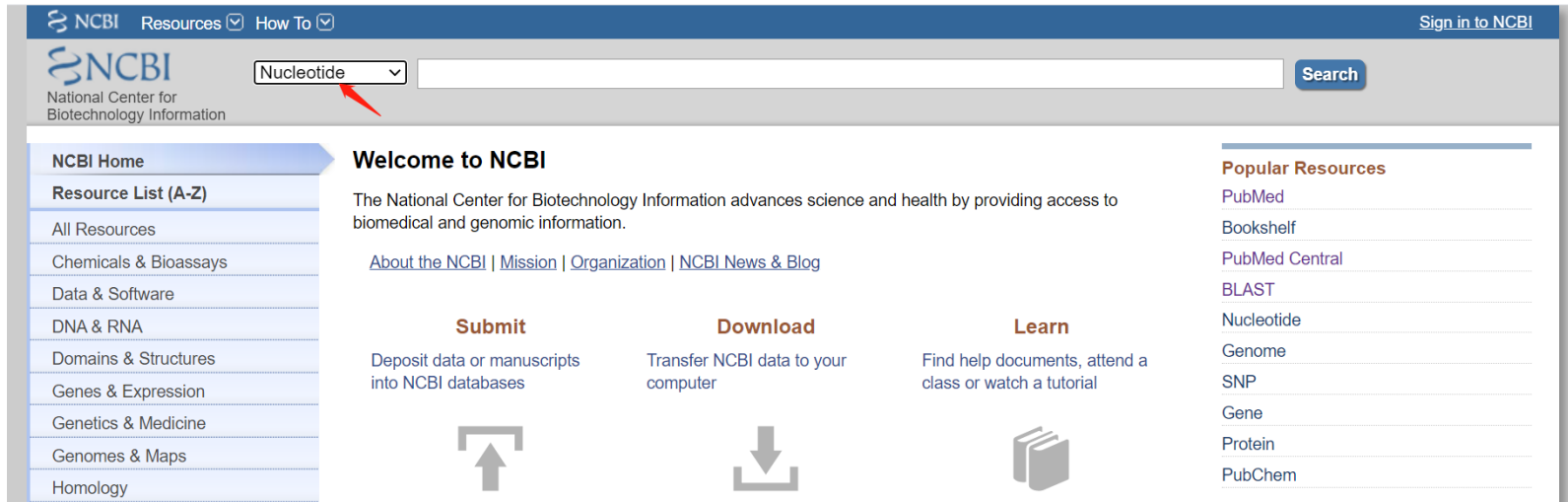
-o 结果保存文件

-f tRNA 的二级结构结果文件

-m 结果统计文件

tRNAscan-SE案例演示

- NCBI下载一株细菌基因组序列，利用云平台分析
(<http://www.nmdc.cn/analyze>)



图二 NCBI官网选择核酸库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)

tRNAscan-SE案例演示

- 以幽门螺杆菌为例下载一株基因组序列Helicobacter pylori

GSS (37)

Genetic compartments

Mitochondrion (238)

Plasmid (236)

Sequence length

Custom range...

Release date

Custom range...

Revision date

Custom range...

[Clear all](#)

[Show additional filters](#)

Items: 1 to 20 of 279944

<< First < Prev Page 1 of 13998 Next > Last >>

- ☐ [Helicobacter hepaticus ATCC 51449, complete genome](#)
 1. 1,799,146 bp circular DNA
 Accession: AE017125.1 GI: 32263428
[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)
- ☐ [Helicobacter pylori B38 complete genome, strain B38](#)
 2. 1,576,758 bp circular DNA
 Accession: FM991728.1 GI: 254000649
[Assembly](#) [BioProject](#) [BioSample](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)
- ☐ [Helicobacter pylori strain PeCan18B plasticity zone, containing type IV secretion system number three \(tfs3\) gene cluster, complete sequence](#)
 3. 56,651 bp linear DNA
 Accession: AF487344.3 GI: 38491969
[Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

helicobacter pylori[All Fields]

Search

See more...

Recent activity

[Turn Off](#) [Clear](#)

🔍 Helicobacter pylori (279944) Nucleotide

📄 Helicobacter pylori B38 complete genome, strain B38 Nucleotide

📄 Epitope-based peptide vaccines predicted against novel coronavirus disease cause...

📄 Spike protein-based epitopes predicted against SARS-CoV-2 through literature min...

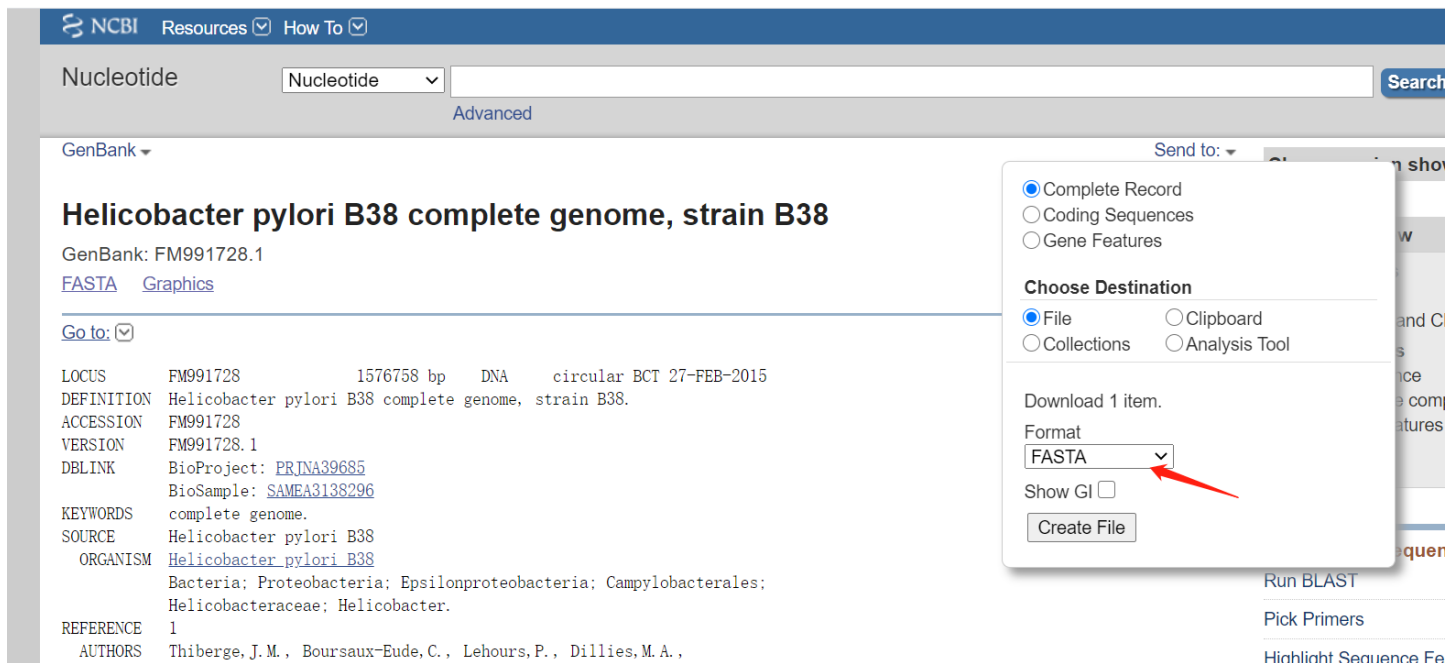
📄 The Gut Microbiome Signatures Discriminate Healthy From Pulmonary Tuberculosis P...

See more...

图三

tRNAscan-SE案例演示

- 选择fasta格式进行保留，可对下载序列进行编辑，注意文件名不要有空格



NCBI Resources How To

Nucleotide Nucleotide Search

Advanced

GenBank

Send to:

Helicobacter pylori B38 complete genome, strain B38

GenBank: FM991728.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to: [v]

LOCUS FM991728 1576758 bp DNA circular BCT 27-FEB-2015

DEFINITION Helicobacter pylori B38 complete genome, strain B38.

ACCESSION FM991728

VERSION FM991728.1

DBLINK BioProject: [PRNA39685](#)
BioSample: [SAMEA3138296](#)

KEYWORDS complete genome.

SOURCE Helicobacter pylori B38

ORGANISM [Helicobacter pylori B38](#)
Bacteria; Proteobacteria; Epsilonproteobacteria; Campylobacterales;
Helicobacteraceae; Helicobacter.

REFERENCE 1

AUTHORS Thiberge, J. M., Boursaux-Eude, C., Lehours, P., Dillies, M. A.,

☒ Complete Record
☐ Coding Sequences
☐ Gene Features

Choose Destination

☒ File ☐ Clipboard
☐ Collections ☐ Analysis Tool

Download 1 item.

Format
FASTA

Show GI ☐

Create File

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Fe

图四

tRNAscan-SE案例演示

- 国家微生物数据科学中心官网进行云平台使用 (<http://www.nmdc.cn/>) , 注意使用前先进行注册、登录

[登录](#)[注册](#)[English](#)[首页](#)[数据资源](#)[元数据](#)[数据下载](#)[分析工具](#)[数据汇交](#)[服务案例](#)[关于我们](#)

世界微生物
数据中心

World Data Centre for Microorganisms



图五

tRNAscan-SE案例演示

- 选择分析工具，搜索栏中输入tRNAscan-SE



图六

tRNAscan-SE案例演示

- 选择本地基因组序列上传，进行在线分析

 基本参数

项目名称

TempProject

*作业流程

选择

Tool_tRNAscanSEV1

*作业名称

Tool_tRNAscanSEV1-v1-2021-1-15-22-1-11

多样本输入

选择样本

作业目录

vol1@xtaotech2:iwand/koheallen/jobs/6a474d5cd11546319f1c80a5810a0798

优先级

0

提示：0是最低优先级，10是最高优先级

 流程参数

[从其他作业导入](#)

*genome: ?

请选择文件





图七

tRNAscan-SE案例演示

- 运行之后产生两个结果文件：

tRNAscanSE

* input_file

Select File

Run

Default Parameters

Results File

1. tRNA.out

2. tRNA.stats

图八

tRNAscan-SE案例演示

- 主要结果文件：tRNA.out，即预测tRNA结果详细情况

1	Sequence	tRNA	Bounds	tRNA	Anti	Intron	Bounds	Cove	
2	Name	tRNA #	Begin	End	Type	Codon	Begin	End	Score
3	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
4	FM991728.1	1	90816	90907	Ser GCT	0	0	69.60	
5	FM991728.1	2	331831	331907	Arg GCG	0	0	69.51	
6	FM991728.1	3	605120	605196	Met CAT	0	0	85.21	
7	FM991728.1	4	928451	928525	Gly GCC	0	0	85.93	
8	FM991728.1	5	928567	928653	Leu TAA	0	0	69.17	
9	FM991728.1	6	928727	928801	Cys GCA	0	0	75.44	
10	FM991728.1	7	928849	928936	Ser TGA	0	0	71.62	
11	FM991728.1	8	1061182	1061258	Ile GAT	0	0	90.80	
12	FM991728.1	9	1061275	1061350	Ala TGC	0	0	92.14	

图九

tRNAscan-SE案例演示

- 主要结果文件：tRNA.stats，即预测tRNA结果整体统计

Isotype / Anticodon Counts:

Ala : 2	AGC:	GGC: 1	CGC:	TGC: 1		
Gly : 2	ACC:	GCC: 1	CCC:	TCC: 1		
Pro : 2	AGG:	GGG: 1	CGG:	TGG: 1		
Thr : 2	AGT:	GGT: 1	CGT:	TGT: 1		
Val : 2	AAC:	GAC: 1	CAC:	TAC: 1		
Ser : 3	AGA:	GGA: 1	CGA:	TGA: 1	ACT:	GCT: 1
Arg : 4	ACG:	GCG: 1	CCG:	TCG: 1	CCT: 1	TCT: 1
Leu : 4	AAG:	GAG: 1	CAG:	TAG: 1	CAA: 1	TAA: 1
Phe : 1	AAA:	GAA: 1				
Asn : 1	ATT:	GTT: 1				
Lys : 1			CTT:	TTT: 1		
Asp : 1	ATC:	GTC: 1				
Glu : 2			CTC:	TTC: 2		
His : 1	ATG:	GTG: 1				
Gln : 1			CTG:	TTG: 1		
Ile : 1	AAT:	GAT: 1		TAT:		
Met : 3			CAT: 3			
Tyr : 1	ATA:	GTA: 1				
Supres: 0			CTA:	TTA:		
Cys : 1	ACA:	GCA: 1				
Trp : 1			CCA: 1			
SelCys: 0				TCA:		

图十

感谢观看！！！