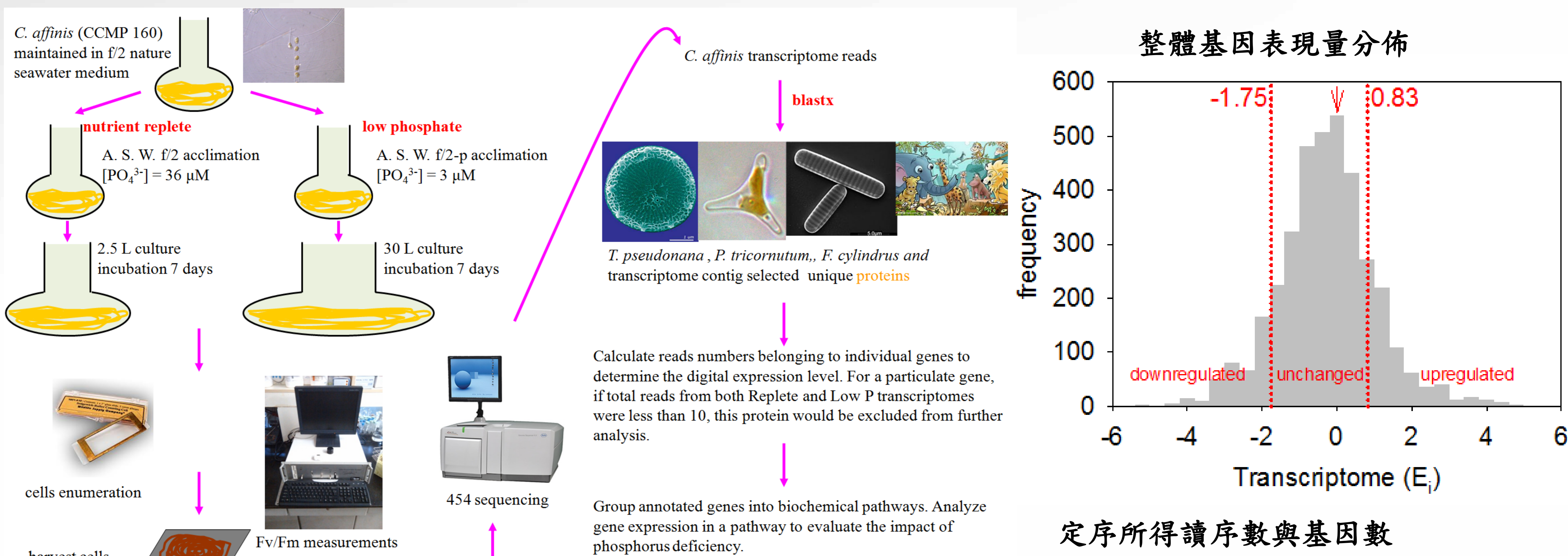


缺磷矽藻中整體基因表現與代謝途徑調節之變化

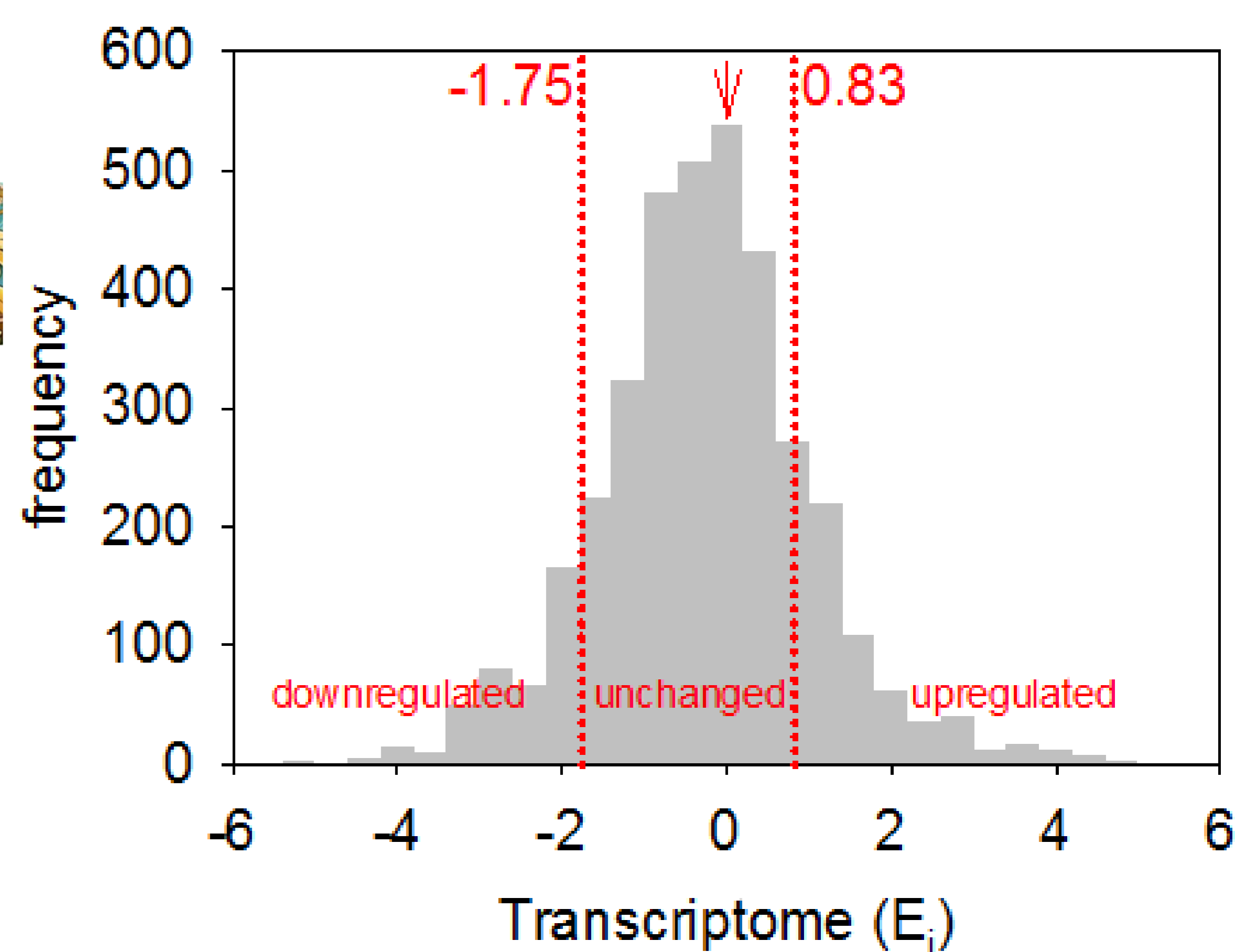
時繼宇, 康利國, 張正

國立臺灣海洋大學海洋生物研究所、海洋環境化學與生態研究所

本研究以大規模定序方式探討東海常見矽藻優勢種 *Chaetoceros affinis*，先建立各基因表現量測量方式，進而進行基因功能註解 (gene annotation)，再探討缺磷情況下受影響之代謝途徑。結果可在轉錄層級上解釋脂肪酸與醣類堆積，光合作用電子傳遞鏈受負面影響，調控細胞周期基因與族群細胞數變化的關連，以及 RNA 品質與含量劣化與減少的原因，並從中挑選缺磷環境的指標基因。



整體基因表現量分佈



定序所得讀序數與基因數

	Replete_A	LowP_A	LowP_B
mRNA isolation method	Clontech SMART kit	Clontech SMART kit	Invitrogen Dynabeads
Number of sequence (10^4)	54	45	67
Total residues (10^6 bases)	169	124	166
Shortest sequence (bases)	40	40	40
Longest sequence (bases)	1379	1013	1196
Average length (bases)	313.7	276.7	248.9
Clontech primer trimming	yes	yes	No
Number of sequence (10^4)	53	42	67
Total residues (10^6 bases)	164	113	166
Shortest sequence (bases)	50	50	50
Longest sequence (bases)	1312	1013	1196
Average length (bases)	307.5	266.7	248.9
Scaffolds assembled		29,285	

各代謝途徑中的基因

以定量 qPCR 與數位分析表現量的比較

