

# 如何比较多个基因的表达量\_\_怎样检测actin基因在不同组织的表达量高低-股识吧

## 一、用什么方法检测一种基因在不同组织中的表达量

将不同时期的同一基因表达量进行比较，找出相同点与不同之处、变化的性质与量有何增减以及发展变化的速度，幅度和大小，数据出来了，结果也就出来了！

## 二、基因的表达丰度怎么理解

也就是基因的表达量是多少的意思，表达量就是基因经过转录翻译的次数。

## 三、怎么查找一个细胞系所有基因的表达

HeLa细胞通过关闭某些信号通路(包括PI3K和MKK4/MAPK信号通路)，激活某些信号通路(包括cAMP、Ca<sup>2+</sup>—CaM、PKC、Ras和P38/MAPK信号通路)，激活或抑制不同的信号分子，使细胞产生具有针对性的细胞效应，包括诱导表达多种特异性蛋白(酶、细胞骨架蛋白、细胞因子等)、改变代谢途径、减弱某些代谢、加强另一些代谢以及提高胞内运输能力等，最终使自己可以适应痢疾杆菌的侵袭而生存下去。

为了鉴定在病原菌与寄主细胞相互作用中新的未知的EST序列，我们采用代表约4000个新基因的cDNA微阵列研究了痢疾杆菌入侵前和入侵后3h的人上皮细胞差异表达的新基因，结果共鉴定到 3倍或 0.33的差异表达的代表新基因的EST序列76条，然后这些EST序列采用Siclone软件分析，进行电子延伸，在BLAST比较分析之后，其中25个延伸序列鉴定为与重要的肠道功能相关的已知基因，包括痢疾杆菌-诱导的凋亡(TPP)、细胞骨架(如actin、talin、cofilin和gelsolin)、离子转运(calpain-5、Nedd4和Calcium-transporting ATPase)、离子通道功能(如ABCA8、TPD52等)、粘膜屏障防御(CLECSF2)、异型生物质代谢以及上皮细胞的保护机制(vof-16)。更为重要的是，通过RT-PCR克隆并测序，经BLAST搜索，鉴定到3个显著差异的新的EST序列，并用荧光实时定量RT-PCR实验证实这三个新序列的确在痢疾杆菌侵袭期间高表达。这三个基因是新的人基因或假基因，其相关信息已提交GeneBank，登录号为nos.AY776160，AY776161和AY776162。

我们认为它们在细胞对痢疾杆菌2457T侵袭反应中起重要的作用。这些结果促进了对痢疾杆菌分子致病机理的认识，也为形成预防和治疗痢疾的策略提供了理论基础。

## 四、怎样检测actin基因在不同组织的表达量高低

actin一般作为内参使用，意味着它的表达水平在多数细胞中是比较一致的。如果需要比较actin的话，就需要使用其他的内参了，比如GAPDH。具体选择什么基因作为内参，就和你选取的组织有关，最好查阅一下文献，然后多选择几个内参比较一下。

## 五、如何判定基因的表达量高低

一个代表转录水平；  
另一个代表翻译及其后的修饰水平。  
因为两者不一定是平行的。  
这也就是为什么基因组研究做过后，自然要向蛋白质组研究方向发展。  
免疫组化可以用来进行定位，但是不能精确定量，而且有时会有假阳性，不易与背景区分；  
Western blot可以特异性检测某个蛋白质分子，进行定量，但是不能定位。

## 六、如何分析不同时期的同一基因表达量变化

将不同时期的同一基因表达量进行比较，找出相同点与不同之处、变化的性质与量有何增减以及发展变化的速度，幅度和大小，数据出来了，结果也就出来了！

## 参考文档

[?????????????.pdf](#)

[???????????](#)

[???????????](#)

[???????????](#)

[?????????????.doc](#)

[??????????????????????...](#)

?????????????????????????????????????

<https://www.gupiaozhishiba.com/store/41977319.html>