

## NCBI数据库

### 1.访问官网

1.1 在浏览器中复制网址（<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>），进入NCBI官网

### 2.查找基因

2.1 选择“Gene”数据库，输入检索基因（如Ninj1），点击“Search”

### 3.查mRNA

3.1 点击“NCBI Reference Sequences (RefSeqs)”查看目的基因序列信息，mRNA一般重点关注NM开头的，点击转录本序列，查询详细信息

### 4.查蛋白质

4.1 点击“NCBI Reference Sequences (RefSeqs)”查看目的基因序列信息，蛋白质一般重点关注NP开头的，点击蛋白质序列，查询详细信息

### 5.查启动子

5.1 点开“Genomic context”确认Ninj1的基因方向为正向，再向下点开“Genomic regions, transcripts, and products”，点击“FASTA”进入基因序列的详细页，并在右侧“Selected region”选项中进行更改，启动子序列一般默认为基因上游2000 bp

### 6.查5'UTR

6.1 点开“Genomic regions, transcripts, and products”，点击“Tools”，选择“Tools”中的“sequence text view”选项，点击后能看到基因的序列信息，蓝色标记序列代表的是5'UTR或3'UTR

### 7.PubMed

7.1 官网上的常用工具和数据库，点击“PubMed”链接，进入PubMed search界面，采用布尔运算符（AND, OR, NOT）来组合关键词进行检索

# 常见问题解析

## 1. 在NCBI中无法找到目标基因/蛋白序列?

①确认物种是否存在完整注释（如小鼠基因可能因预测不全缺失）；②使用同源物种序列进行BLAST比对，寻找潜在同源基因；③检查标识符是否正确（如Accession Number是否输入错误）；④若为新发现的研究领域，可能需通过PCR扩增或测序获得原始数据。

## 2. 下载的基因序列格式错误或无法打开?

①确认选择FASTA、GenBank等通用格式，避免选择系统默认的复杂格式；②使用文本编辑器（如记事本）或生物信息学软件（如Excel、BLAST工具）打开文件；③检查下载过程中是否误选“摘要”或“部分记录”。

## 3. PubMed文献无法获取全文?

①确认文献是否在PubMed Central开放库中，若未开放，尝试通过大学图书馆或原文链接获取；②检查文献出版时间，若为近期论文，可能尚未满足12个月开放期限。