

# 水稻基因组中的tRNA和rRNA基因

王希胤<sup>1, 2, 3</sup>, 史晓黎<sup>1, 2</sup>, 郝柏林<sup>2, 4, 5</sup>, ①

1.北京大学生物信息中心;北京100871; 2.中国科学院北京基因组研究所;北京101300; 3.河北理工大学理学院;唐山063009; 4.复旦大学理论生命科学研究中心;上海200433; 5.中国科学院理论物理研究所;北京100080

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 在最近完成测序的水稻籼稻和粳稻两个亚种基因组中, 各找到564和519个较为可靠的tRNA基因, 进一步证实了于2002年发表的基于基因组序列草图的分析结果。修正的摆动假设, 即至少需要46种tRNA基因才能译出61种可能的反密码子, 在这两个亚种中均准确成立。在这46种tRNA中, 有些在籼稻和粳稻中的序列均全同。有18种水稻tRNA与拟南芥中的相应序列全同。在籼稻基因组序列中还发现了384个5S rRNA基因, 一批17S 和5.8S rRNA基因以及一个25S rRNA基因。这些rRNA基因的不完备是由于它们通常以串接阵列形式存在于异染色质区域, 而后者在全基因组霰弹法测序中不易完整测出。在tRNA和rRNA基因序列之间发现了多处互补片段, 这将有助于研究它们的进化和相互作用。

**关键词** [tRNA](#) [rRNA](#) [水稻基因组](#) [修正的摆动假设](#) [籼稻](#) [粳稻](#)

分类号

1. Center of Bioinformatics; Peking University; Beijing 100871;China; 2. Beijing Genomic Institute; Chinese Academy of Sciences; Beijing 101300;China; 3. College of Mathematics; Heibei Polytechnic University; Tangshan 063009;China; 4. T-Life Research Center; Fudan University; Shanghai 200433;China; 5. Institute of Theoretical Physics; Chinese Academy of Sciences; Beijing 100080; China

## Abstract

**Key words** [tRNA](#) [rRNA](#) [rice genome](#) [modified wobble hypothesis](#) [indica](#) [japonica](#)

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(331KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

### 服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“tRNA”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

· [王希胤](#)

· [史晓黎](#)

· [郝柏林](#)