

人与小鼠核糖体蛋白基因内含子中的转录调控位点分析

李慧敏^{1, 2}, 陈丹^{2, 3}

1. 云南民族大学数学与计算机科学学院, 昆明 650031 2. 云南大学数学与统计学院, 昆明 650091 3. 云南大学生物资源保护和利用重点实验室, 昆明 650091

LI Hui-Min^{1, 2}, CHEN Dan^{2, 3}

1. School of Mathematics and Computer Science, Yunnan University of Nationalities, Kunming 650031, China 2. School of Mathematics and Statistics, Yunnan University, Kunming 650091, China 3. Laboratory for Conservation and Utilization of Bio-resources, Yunnan University, Kunming 650091, China

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

Download: PDF (370KB) HTML (1KB) Export: BibTeX or EndNote (RIS) Supplementary data

摘要 前期对酵母和果蝇核糖体蛋白(Ribosomal protein, RP)基因内含子序列中的寡核苷酸分析表明, 内含子中含有潜在的转录因子结合位点。为进一步发掘核糖体蛋白基因内含子参与转录调控的证据, 文章首先基于频率分析方法抽提出人和小鼠核糖体蛋白基因第一内含子中高频(Over-represented)出现的寡核苷酸片段(亦称模体, Motif), 这些寡核苷酸中超过85%与已知的转录因子结合位点吻合, 是潜在的转录调控元件。对抽提出的寡核苷酸进行碱基组成分析, 发现95%以上的寡核苷酸富含碱基C和G, 而较少富含A和T。从寡核苷酸在内含子中的分布情况看, 它们相对靠近第一内含子的5'端, 即距离基因转录起始位点和上游区域较近。推测这些特征可能与基因转录调控有关。

关键词: 人 小鼠 RP基因 内含子 转录调控

Abstract: Previous studies from oligonucleotides in the ribosomal protein (RP) genes of the yeast and fruitfly indicated that the potential transcriptional regulatory sites are located in the introns of the genes. The transcriptional regulatory sites in introns are still poorly understood. To explore the functional significance of transcriptional regulation of introns, we extracted over-represented oligonucleotides (also known as motifs) in the first introns of the human and mouse ribosomal protein genes by statistical comparative analysis, and found that over 85% of these oligonucleotides were consistent with the known transcriptional factor binding sites, which might be potential transcriptional regulatory elements. By analyzing the base compositions of these elements, we found that a majority (>95%) of the detected motifs were rich in C and G and only a few of them were rich in A and T. Moreover, the oligonucleotides were close to the 5'-ends of the first introns (the distances between the motifs and the transcriptional start sites or upstream regions of genes are short). We speculated that the properties of over-represented motifs in the first introns might be associated with the transcriptional control.

Keywords: human, mouse, RP gene\intron, transcriptional regulation

收稿日期: 2012-04-19; 出版日期: 2012-12-25

基金资助:

国家自然科学基金项目(编号: 31160181), 云南省应用基础研究基金项目(编号: 2007A023M)和云南民族大学引进人才科研项目资助

通讯作者 陈丹 Email: danchen@ynu.edu.cn

引用本文:

李慧敏, 陈丹. 人与小鼠核糖体蛋白基因内含子中的转录调控位点分析. 遗传, 2012, 34(12): 1577-1582.

LI Hui-Min CHEN Dan. Analysis of transcriptional regulatory sites in introns of human and mouse ribosomal protein genes. HEREDITAS, 2012, V34(12): 1577-1582.

链接本文:

http://www.chinagene.cn/Jwk_yc/CN/10.3724/SP.J.1005.2012.01577 或 http://www.chinagene.cn/Jwk_yc/CN/Y2012/V34/I12/1577

没有本文参考文献

- [1] 文少卿 谢小冬 徐丹. 接触与混合——从Y染色体的角度看东乡人群及其语言的关系[J]. 遗传, 2013, 35(6): 761-770
- [2] 张俊芳 朱化彬 张留光 郝海生 赵学明 秦彤 路永强 王栋. 精子形成期基因转录表达的研究进展[J]. 遗传, 2013, 35(5): 587-594
- [3] 沈延 肖安 黄鹏 王唯晔 朱作言 张博. 类转录激活因子效应物核酸酶(TALEN)介导的基因组定点修饰技术[J]. 遗传, 2013, 35(4): 395-409
- [4] 朱智慧, 胡敬杰, 常长青, 彭金荣. 斑马鱼 *leg1* 直系同源基因 *mu-leg1* 在小鼠中的表达谱分析[J]. 遗传, 2012, 34(9): 1174-1180

Service

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ Email Alert
- ▶ RSS

作者相关文章

- ▶ 李慧敏
- ▶ 陈丹

- [5] 刘昭廷, 魏爽, 王强. Nodal信号靶基因*dusp4*抑制斑马鱼中内胚层形成[J]. 遗传, 2012,34(9): 1153-1158
- [6] 杨晓丹, 韩威, 刘峰. DNA甲基化与脊椎动物胚胎发育[J]. 遗传, 2012,34(9): 1108-1113
- [7] 郭文婷, 徐汪洋, 顾鸣敏. 无义介导的mRNA降解机制及其在单基因遗传病中的作用[J]. 遗传, 2012,34(8): 935-942
- [8] 杨小亮, 白大章, 邱巍, 董慧琴, 李大全, 陈芳, 马润林, Hugh T Blair, 高剑峰. 以绵羊MHC区段BAC克隆酶切片段为探针杂交筛选绵羊混合组织cDNA文库[J]. 遗传, 2012,34(7): 887-894
- [9] 高山, 张宁, 李勃, 徐硕, 叶彦波, 阮吉寿. 下一代测序中ChIP-seq数据的处理与分析[J]. 遗传, 2012,34(6): 773-783
- [10] 阴彦辉, 孙敏, 陈庭锋, 张亚妮, 朱才业, 李伟, 李碧春. 睾丸注射法制备携带山羊*H-FABP*基因的转基因小鼠[J]. 遗传, 2012,34(6): 727-735
- [11] 秘彩莉, 郭光艳, 张晓, 田彦辉, 沈银柱. 尼安德特人基因组学研究进展[J]. 遗传, 2012,34(6): 659-665
- [12] 侯宁, 王剑, 李振华, 曹阳, 范开吉, 杨晓. 心肌细胞过表达miR-27b导致小鼠发生心肌纤维化和线粒体损伤[J]. 遗传, 2012,34(3): 326-334
- [13] 李文超, 赵淑清. 人工microRNAs对拟南芥*At1g13770*和*At2g23470*基因的特异沉默[J]. 遗传, 2012,34(3): 348-355
- [14] 汤敏中, 蔡永林, 郑裕明, 曾毅. 人类白细胞抗原与鼻咽癌的相关性[J]. 遗传, 2012,34(12): 1505-1512
- [15] 刘军, 周常文, 韦秋兰, 庄建龙, 林绍华, 郑杰辉. 成年大脑神经细胞特异性*ADAM10*基因敲除小鼠模型的建立与鉴定[J]. 遗传, 2012,34(12): 1570-1576