

SARS冠状病毒基因组复制酶起始结合位点的预测

曾雅梅[1], 陆文蔚[1], 肖明[2]

([1]上海师范大学生命与环境科学学院, 上海200234;; [2]复旦大学生命科学学院, 上海200432)

中图分类号: R373 Q939.47

摘要: 严重急性呼吸综合征(Severe Acute Respiratory Syndrome, SARS)传染性强, 死亡率高, 给全世界约30个国家造成了巨大损失. 其病原体为SARS冠状病毒(Severe acute Respiratory Syndrome Associated Coronavirus, SARS—CoV), 是冠状病毒(Coronavirus)的新变异种. 作者以“最大信息量”理论和方法为基础, 使用结合位点搜寻软件等生物信息学方法, 对冠状病毒基因组的3'非翻译区(Untranslated Regions, UTRs)进行分析, 预测出了2株SARS—CoV(来自北京的SARSBJ01和浙江的SARSZJ01)以及其他38株冠状病毒株的复制酶起始结合位点(Replicase initial binding sites, RIBS). 在该预测结果中, 不难发现, 这些RIBS的序列与前人的研究成果有很大的相似之处, 与公认的冠状病毒的顺式作用元件极为相似的基序也存在其中, 而且其预测的二级结构与鼠肝炎病毒MHV基因组的某些蛋白结合位点类似. 因此, 预测的RIBS在病毒的复制中可能起重要作用.

关键词: SARS冠状病毒 3' ; ;非翻译区;;信息量;;起始结合位点

 [阅读文章\(pdf\)](#)

关闭本页