

研究论文

串联重复序列的物种差异及其生物功能

高焕^{1,2,3}, 孔杰¹

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所 农业部海洋渔业资源可持续利用重点开放实验室, 山东 青岛 266071
2. 中国科学院海洋研究所, 山东 青岛 266071
3. 中国科学院研究生院, 北京 100039

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 串联重复序列是指1~200个碱基左右的核心重复单位, 以头尾相串联的方式重复多次所组成的重复序列。它广泛存在于真核生物和一些原核生物的基因组中, 并表现出种属、碱基组成等的特异性。在基因组整体水平上, 各种优势的重复序列类型不同。即使在同一重复序列类型内部, 不同重复拷贝类别(如AT、AC等)在基因组中的存在也表现出很大的差异。同时, 这些重复序列类型和各重复拷贝类别在同一物种的不同染色体间, 以及基因的编码区和非编码区间也表现种属和碱基组成差异。这些差异显示了重复序列起源和进化的复杂性, 可能涉及到多种机制和因素, 并与生物功能密切相关。另外, 由于重复序列分析软件和统计标准还存在算法、重复长度、完美性等问题, 需要进一步探讨。此外, 串联重复序列的自身进化关系、全基因组水平上的进化地位、在基因组中的生物功能、重复序列数据库建立和应用研究等, 将是今后研究的主要课题。

关键词 [串联重复序列](#) [微卫星](#) [小卫星](#) [基因组](#) [起源与进化](#)

分类号 [Q31](#); [Q75](#); [Q819](#)

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [高焕^{1,2,3}](#); [孔杰¹](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (519KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“串联重复序列”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [高焕](#)
 -
 -
 - [孔杰](#)