

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,
undefined - undefined 页

题目: 恶性疟原虫 *abstrakt* 同源基因 *FH1F* 的克隆及 DEAD 盒家族蛋白的序列分析 (英文)

作者: 宋平^{1,2*} 张竞男² Pawan MALHOTRA³ Narendra TUTEJA³ Virender Singh CHAUHAN³

- 1 华中农业大学动物科技学院, 武汉 430070
- 2 武汉大学生命科学学院教育部发育生物学重点实验室, 武汉 430072, 中国
3. 联合国遗传工程和生物技术国际中心, 新德里 110067, 印度

摘要: DEAD 盒蛋白家族的 ATP 依赖性的 RNA 解旋酶类参与细胞内几乎所有的 RNA 代谢过程, 在几乎所有生物的细胞生长发育过程中扮演着众多不可或缺的角色。在本实验中, 通过 PCR 和探针杂交相结合的筛选方法, 筛选恶性疟原虫 (*Plasmodium falciparum*) 的基因组文库, 克隆了 *FH1F*——*abstrakt* 同源基因的完整序列。通过搜索已经完成测序的恶性疟原虫基因组数据库, 推测 *FH1F* 序列定位在第 5 条染色体上。*FH1F* 全长 2 804 bp, 包含一个 1 161 bp 的完整阅读框, 编码一个由 386 个氨基酸组成的蛋白。对 *FH1F* 蛋白序列用 BlastP 进行搜索和分析以及用 DNASar 与许多典型的 DEAD 盒蛋白序列进行比对分析, 结果均提示 *FH1F* 蛋白应该是 DEAD 盒家族的一个 *Abstrakt* 蛋白。另一方面, 用 DNASar 对已知所有完整的 DEAD 盒蛋白进行详细的序列分析以及用 Mega 对这些序列进行系统发育研究的结果都显示: DEAD 盒家族的蛋白聚类成为若干不同的亚群; 与 DEAD 盒蛋白的一般保守序列相比, *Abstrakt*, *eIF-4A*, *Vasa*, *P68* 等不同亚群的 DEAD 盒蛋白在保守区具有各自不同的结构特征。本文对不同的 DEAD 盒蛋白的结构特征进行了总结并试图给出不同亚群分类上的结构标准, 对 *Abstrakt* 蛋白在本应高度保守的位点上异常于其它 DEAD 盒蛋白的氨基酸残基的取代也进行了相关的初步分析 [动物学报 50 (3): 420-430, 2004]。

关键词: *Abstrakt* RNA 解旋酶 DEAD 盒 序列分析

通讯作者: 宋平 (E-mail: songping@whu.edu.cn)。

这篇文章摘要已经被浏览 1206 次, 全文被下载 937 次。

[下载PDF文件 \(494616 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kxcb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>