

DNA单链二级结构预测与单链构象多态性分析的一致性研究

The Comparison of Predicted Second Structure of DNA Single Strand with Single Strand Conformation Polymorphism Analysis Results

投稿时间: 2001-3-16 最后修改时间: 2001-5-28

稿件编号: 20010619

中文关键词: [突变检测](#) [DNA单链二级结构预测](#) [单链构象多态性分析](#)

英文关键词: [single strand conformation polymorphism \(SSCP\)](#) [mutation detect](#) [structure prediction of DNA single strand](#)

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(39760034和39960030) 云南省基金资助项目(1999C002Z).

作者	单位
何云刚	云南大学生物技术系, 昆明 650091
谭德勇	云南大学生物技术系, 昆明 650091
钱伟	云南大学生物技术系, 昆明 650091
赖建华	云南大学生物技术系, 昆明 650091
谢咏芳	云南大学生物技术系, 昆明 650091

摘要点击次数: 93

全文下载次数: 10

中文摘要:

单链构象多态性(SSCP)分析是一种简便,快速检测DNA突变的方法,它在基因突变检测、遗传分析、进化研究等领域有着广泛的应用价值.但是这种方法的突变检出率随DNA序列不同而变化,一般只能达到70%~80%.这主要是有的碱基突变对单链DNA的构象影响较小,不能通过SSCP检测出来.将计算机对DNA二级结构的预测结果和实验结果作了对比,发现二者有很高的一致性.这一结果表明计算机的DNA单链二级结构预测分析可用于PCR-SSCP分析的辅助设计,提高SSCP的突变检出率.

英文摘要:

Single strand conformation polymorphism (SSCP) has been widely used for mutation detecting. But the theory about it is not strong enough to guide application. Recently, many computer programs have been designed for predicting the folding of single strand DNA or RNA. Second structures of three DNA segments with RNAstructure 3.2 have been predicted and have been compared with their results of SSCP. The comparison shows there is closely relation between them. The kinds of prediction can guide operator to select primers for SSCP analysis and accurately estimate mutated ratio.

[查看全文](#)

[关闭](#)

[下载PDF阅读器](#)

您是第473681位访问者.

主办单位: 中国科学院生物物理研究所和中国生物物理学会 单位地址: 北京市朝阳区大屯路15号
服务热线: 010-64888459 传真: 010-64889892 邮编: 100101 Email: prog@sun5.ibp.ac.cn
本系统由勤云公司设计, 联系电话: 010-62862645, 网址: <http://www.e-tiller.com>
京ICP备05002794号