

SARS-CoV(BJ01)基因预测及功能推测

陈廷贵, 吴松锋, 万平, 杜春娟, 荔建琦, 李栋, 魏广智, 李滨, 王中胜, 薛晓芳, 朱云平^①, 贺福初^②

北京放射医学研究所系统生物学实验室;北京 100850

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 摘要: 通过对有关SARS-CoV文献的调研, 指出了有关基因预测和功能研究的不足。为制备有效的药物和疫苗, 对SARS-CoV(BJ01)重新进行了基因预测和功能推测。比较12种基因预测方法对冠状病毒属中已知基因的预测优劣, 选用Heuristic models、Gene Identification、ZCURVE_CoV和ORF FINDER 4种较好的方法来预测基因, 然后运用ATGpr分析第一起始密码子的可能性及是否符合Kozak规则, 同时搜索转录调控序列, 以提高基因预测的准确性。共预测出34个ORF, 排除NCBI及有关文献中完全相同或有微弱差别的13个, 得到21个大于50个氨基酸的可能新基因。对于预测出的蛋白质, 运用ProtParam分析它们的物理化学特征, 用SignalP分析蛋白是否有信号肽, 用BLAST、FASTA分析是否有相似序列, 用TMpred、TMHMM、PFAM和HMMTOP分析结构域或模体, 以提高基因功能推测的可靠性。根据4种基因预测方法使用情况、与其他冠状病毒属已知基因匹配分值、匹配预期值、已知基因与预测基因长度差别, 将21个可能的新基因按出现可能性分为4类。同时对结果进行了讨论。

关键词 [SARS-CoV](#) [基因预测](#) [基因功能](#)

分类号

Laboratory of Systems Biology;Beijing Institute of Radiation Medicine;Beijing 100850;China

Abstract

Key words [SARS-CoV](#) [gene prediction](#) [gene function](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(266KB\)](#)
- ▶ [HTML全文\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ 本刊中 包含“SARS-CoV”的 [相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [陈廷贵](#)
- [吴松锋](#)
- [万平](#)
- [杜春娟](#)
- [荔建琦](#)
- [李栋](#)
- [魏广智](#)
- [李滨](#)
- [王中胜](#)
- [薛晓芳](#)