



新闻公告

通知公告

新闻快讯

下载中心

更多>>

- 浙江省医学遗传学重点实验室突发事件应急预案 [12-20]
- 浙江省医学遗传学重点实验室管理制度 [12-20]
- 浙江省医学遗传学重点实验室财务管理制度 [12-20]
- 学院会议室使用管理规定 [12-20]
- 基因诊断室准入须知 [12-20]

新闻快讯

您现在的位置: 首页 > 新闻公告 > 新闻快讯

Science: 人巨细胞病毒病毒基因组测序

浏览次数: 100 来源: 生物谷 作者: Beyond 发布时间: 2012-11-27 返回

人巨细胞病毒是一种很常见的疱疹病毒, 感染约50-100%的成人, 但通常没有不良影响, 并且它可以保持潜伏多年。人巨细胞病毒感染是比较常见的, 发展中国家感染人数比发达国家人数多。

该病毒可导致出新生儿生缺陷和免疫系统受损, 可能会导致致命疾病。该病毒也与癌症发展有关联。这项新的研究分析了病毒的蛋白质组, 并描述了所有表达的蛋白质。

研究人员认为, 以往研究潜在编码蛋白质的基因组很大程度上是计算机模型上的, 这是不完整的。二十多年来, 16个病毒株人巨细胞病毒基因组已被测序。

这是一个特别大的病毒基因组中, 约240,000个碱基对。该小组开始研究感染HCMV的人成纤维细胞的核糖体。核糖体是细胞内制造蛋白质的细胞器。他们用质谱分析以确定是否存在预测的蛋白质。

研究发现了数百计的蛋白质编码基因, 这些基因此前未被确定在基因组中。编码蛋白质的DNA片段被称为开放阅读框架, 在基因组序列的分析基础上, 以前的研究预测有200帧。

了解病毒基因组表达的蛋白质可能有助于确定该病毒是如何影响宿主细胞的。相关研究论文发表在*Science*上, 研究小组说核糖体分析技术和质谱相结合方法可用于研究其他复杂病毒的蛋白质组。(生物谷: Bioon.com)



doi:10.1126/science.12279

PMC:

PMID:

Decoding Human Cytomegalovirus

Noam Stern-Ginossar, Ben Weisburd, Annette Michalski, et al.

The human cytomegalovirus (HCMV) genome was sequenced 20 years ago. However, like those of other complex viruses, our understanding of its protein coding potential is far from complete. We used ribosome profiling and transcript analysis to experimentally define the HCMV translation products and follow their temporal expression. We identified hundreds of previously unidentified open reading frames and confirmed a fraction by means of mass spectrometry. We found that regulated use of alternative transcript start sites plays a broad role in enabling tight temporal control of HCMV protein expression and allowing multiple distinct polypeptides to be generated from a single genomic locus. Our results reveal an unanticipated complexity to the HCMV coding capacity and illustrate the role of regulated changes in transcript start sites in generating this complexity.

友情链接:



