

3.2 BIC[12]

BIC は avian leukosis virus(ALV) の挿入サイトで、文献 [12] ではヒト (21q21.2)、マウス、ニワトリの配列を比較している。2次構造予測は各々を MFOLD で予測し、この結果を比較して保存されている2次構造を特定している。文献 [12] の Fig.7. を図 2 に示した。BIC が non-coding RNA である状況証拠としては、保存されている ORF が無いが保存性の高い領域がある、保存2次構造候補には共置換が見られることを挙げている。RNAz に予測ではヒトで 197-346b、マウス 118-267b、ニワトリ 313-462b の領域のアライメントを RNA と予測している。これは文献 [12] で保存されている2次構造と特定された領域より後の配列保存性の高い領域である。また、RNAalifold の予測結果を見る限りでは図 2 に見られる構造は見つけれなかった。

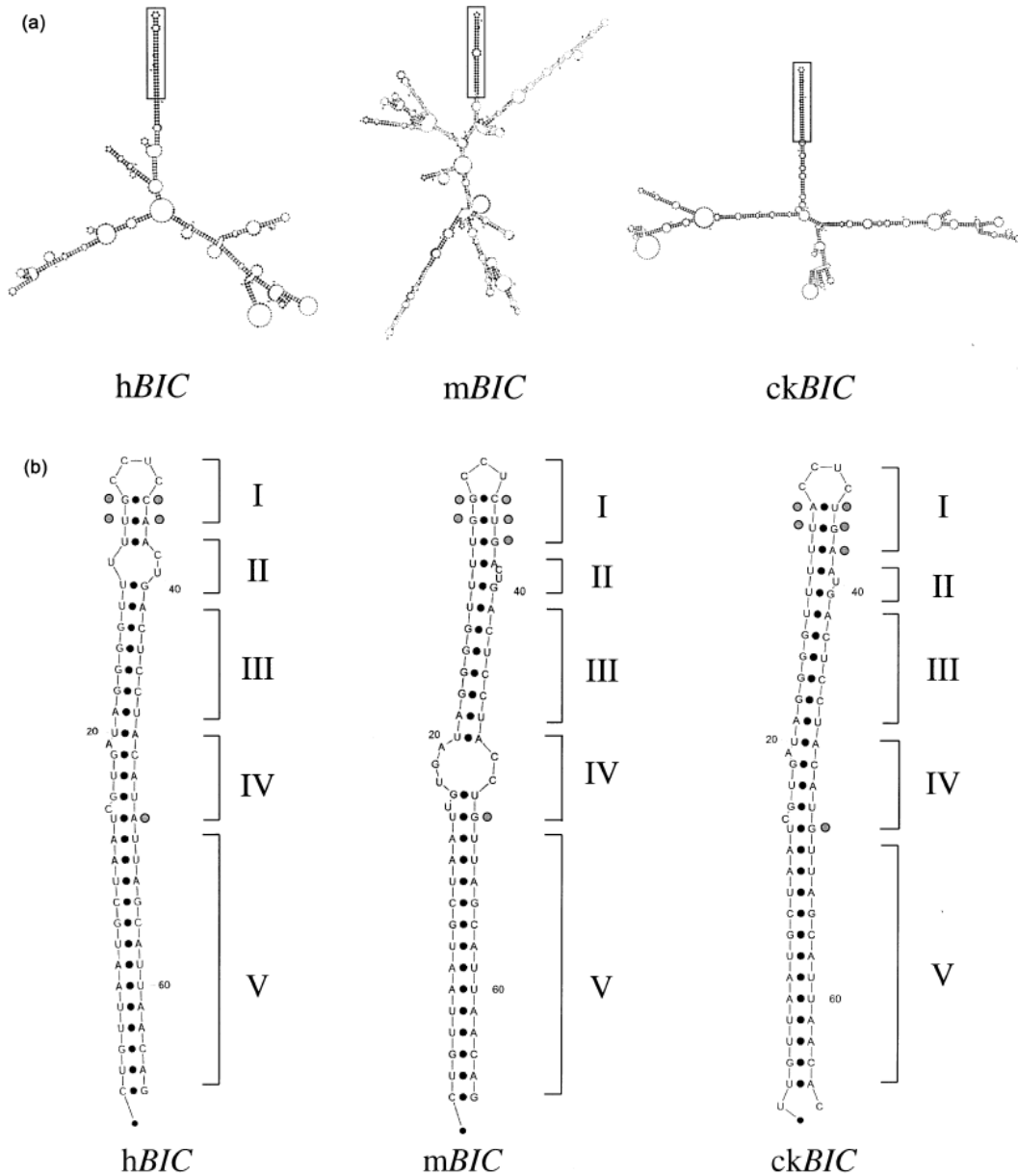


図 2: (a) Computer-generated RNA secondary structure of human, mouse and chicken BIC. The region predicted with a high degree of certainty (Zuker and Jacobson, 1998) to form an imperfect RNA duplexed structure is boxed. (b) Evolutionary conservation of RNA secondary structure in BIC. The boxed region in (a) is magnified to show the similarities of the imperfect RNA duplex between species. The different regions (I-V, see text) of this RNA structure are indicated. The positions within the stable stem that show covariance (two circles) and semi-covariance (one circle) are shown.