

3.3 SRA[9]

論文ではヒト (5q31)8.6kb の領域となっているが、Erdmann の DB では 875b の配列として登録されており、他にウサギ *reticulocytelysate* で発現させた 918b、918b、921b 配列が登録されていた。SRA はステロイドホルモン受容体の N 末端と幾つかのタンパク質と共に結合して標的遺伝子の転写を活性化させる。ORF が存在するが、コードしているタンパクは得られていない。MFold の energy dot blot を使って彼ら曰く comparative low-resolution RNA modeling を行って 11 個のモチーフを得ている。その後、機能解析の実験からステロイドレセプターの活性に影響を与える 2 次構造領域を 5 つに絞っている。これは、ORF 上ではアミノ酸配列を変えずにステムを壊す置換、アミノ酸配列を変えるがステムを保存する置換によって確認されている。ただし活性が全くなくなる特定のモチーフはなかった。これに 3' 末端の活性に影響のある領域 (MFold では予測出来ず) を加えた 6 つのモチーフを Fig. 4B に示している。これを図 3 に示す。尚、文献 [10] では 5' 末端側に 37b 長い isoform ではタンパクが作られていると報告しているようである。RNAz に予測では 100-249b、450-649b、750-884b の範囲で RNA と予測された。

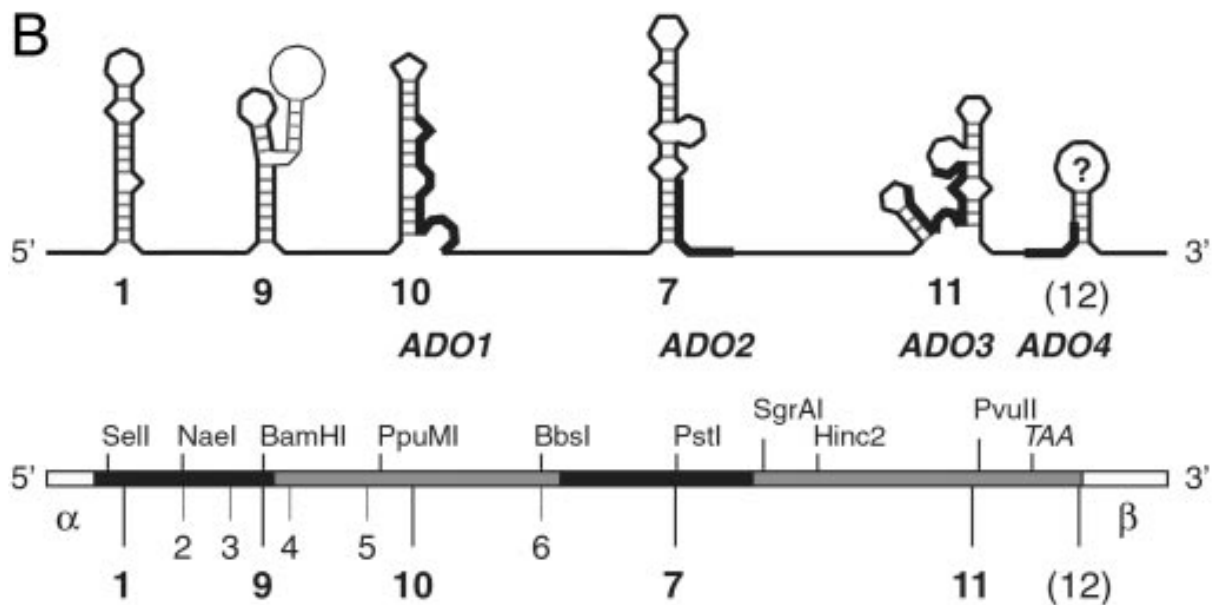


図 3: (B) Deduced map of functional substructures of SRA. At the top is a schematic representation of SRA and the identified secondary substructures, their assigned motif numbers (underneath), and location of the ADOs (and thickened lines in the illustrations of the substructures). At the bottom is a schematic illustration of the SRA cDNA showing selected restriction sites, the exon structure (different shadings), and position of inferred substructures. α and β indicate different SRA isoform-specific sequences outside the SRA core region.