

蛙病毒核糖核酸酶 III 基因结构及其序列分析*

吕 玲, 何建国**, 何华虹, 邓 敏, 翁少萍, 王晓红

(中山大学生命科学学院, 广东广州 510275)

Identification and Characterization of the RNase III Gene
of the Tiger Frog Virus

LU Ling, HE Jian-guo, HE Hau-hong, DENG Min, WENG Shao-ping, WANG Xiao-hong

(School of life sciences, Zhongshan University, Guangzhou 510275)

Abstract: From the tiger frog virus (TFV) genome, an open reading frame (ORF), whose deduced amino acid sequence (aa) shows identity with RNase III, was identified. The ORF has 1 113bp long and codes a putative protein of 371 aa with a predicted molecular mass of 40.47kD and a G + C content of 56.63%. Stem loops and short dyad sequences appear in the downstream of the translation stop codon. Compared with the RNase IIIs found in TFV and other species, the higher homology among TFV and the two iridovirus is present, and TFV has lower identity with other species, especially yeast and rhabditida.

Key words: TFV; RNase III; Sequence analysis

摘要: 对蛙病毒 (TFV) 核糖核酸酶 III 基因序列进行分析。TFV 基因组中含有完整的核糖核酸酶 III 基因序列, 全长为 1 113bp, GC 含量为 56.63%。其推定蛋白质的分子量为 40.47kD, 等电点为 7.99。序列结构分析发现在编码区的下游有可形成茎环的反向重复序列和形成发夹结构的回文序列。与其它物种相比, TFV 与虹彩病毒的 LCDV-1 和 CIV 的核糖核酸酶 III 基因的氨基酸序列同源性较高, 与酵母、线虫等物种的相应基因的同源性较低。

关键词: 蛙病毒 (TFV); 核糖核酸酶 III; 序列分析

中图分类号: S852.65 **文章标识码:** A **文章编号:** 1003-5125(2002)03-0257-06

近年来, 在许多国家和地区陆续有报道由虹彩病毒引起水生经济动物发生暴发性流行病, 造成这些动物的大批死亡, 使水产养殖业损失严重。在我国, 虹彩病毒在水产养殖中也有发现, 如鳊鱼的 ISKNV^[1]、沼泽绿牛蛙的 RGV^[2] 和深圳中华鳖的 STIV^[3] 等。最近, 在广东养殖的虎纹蛙 (*Rana tigrina rugulosa*) 中, 发现其蝌蚪大量死亡, 对其病原进行研究, 发现是由一种虹彩病毒——蛙病毒 (tiger frog virus, 简称 TFV) 引起的。

虹彩病毒属于细胞质内寄生的 DNA 病毒, 二十面体结构, 能够感染无脊椎动物 (如昆虫), 以及冷

血脊椎动物。虹彩病毒的基因组结构很有特点, 如其基因组是末端富余 (terminanl redundancy) 环状变换 (circular permutation) 的^[4]; 脊椎动物虹彩病毒的基因组, 有 20% 胞嘧啶甲基化^[5]。对于虹彩病毒的复制、转录和翻译等过程所涉及的功能基因的研究相对不多。在蛙病毒属的代表种蛙病毒 3 型 (Frog virus 3, 简称 FV3) 中, 仅有几个基因有报道, 其中研究较多的是主衣壳蛋白 (MCP) 基因和胞嘧啶 5-甲基转移酶 (DMet) 等^[6,7]。在我们测定的蛙病毒 (TFV) 序列中, 发现有与核糖核酸酶 III 基因 (ribo-nuclease III, RNase III) 同源的序列。核糖核酸酶

收稿日期: 2001-10-22, 修回日期: 2001-12-20

* 基金项目: 国家“973”项目 (G1999012010); 广东省自然科学基金资助项目 (990255)

作者简介: 吕 玲 (1966-), 女, 辽宁省丹东籍, 博士研究生, 主要研究水生动物病害及分子生物学

** 通讯作者: 何建国 (1962-), 男, 广东省南海籍, 教授, 博士, 主要研究水生生物学。

Correspondence author. E-mail: lsbr05@zsu.edu.cn.

Ⅲ在 vRNA 和 mRNA 前体加工中起重要的作用。是病毒转录过程的一个重要的酶。这个酶在淋巴囊肿瘤病毒 I 型(囊肿瘤病毒属的代表种,简称 LCDV-I)和二化螟虹彩病毒(虹彩病毒属的代表种,简称 CIV)中也存在,但未见有详细报道。本文对 TFV 核糖核酸酶Ⅲ基因进行了分析,并与 LCDV-1 和 CIV 等相应基因做了同源性比较。

1 材料与方法

1.1 病毒和细胞系

鱼的细胞 fathead minnow (FHM)、grass carp ovary (CO)和 *epithelioma papillosum cyprini* (EPC) 分别生长于含 10% (w/w) 胎牛血清的 M199 培养基 (GIBCO/BRL 公司) 中,并加入 100IU/mL 青霉素和 100 μ g/mL 链霉素。病毒液由患病虎纹蛙蝌蚪中分离得到,感染这三种细胞系,出现细胞病理变化 (cytopathogenic effects, CPE) 后,收集细胞液,用于病毒的纯化。

健康的蝌蚪匀浆液接种至细胞中,作为负对照。

1.2 病毒粒子的分离纯化及核酸的提取

感染病毒的细胞出现 CPE 后,反复冻融,用差速离心法得到病毒的粗提液。病毒液重悬后铺于 20%~50% (w/w) 蔗糖梯度上,用 Beckman SW40 Ti 转子 4 $^{\circ}$ C, 25 000r/min 离心 2h,将病毒带取出,用 PBS (pH7.2) 重悬,4 $^{\circ}$ C, 25 000r/min 离心 40min,沉淀加 PBS (pH7.4) 溶解,再置于透析袋中,透析过夜。纯化的病毒粒子悬液中分别加入 SDS 和蛋白酶 K,至终浓度分别为 0.5% (w/v) 和 0.5mg/mL,于 55 $^{\circ}$ C 消化 3h,随后用酚/氯仿抽提、乙醇沉淀得到病毒 DNA。

1.3 TFV 基因组序列的测定

将纯化的病毒 DNA 用超声波破碎仪破碎,得到的 DNA 片段大小在 1-2kb 之间;回收 1-2kb 的片段,对末端进行补平,然后平端连接在 pUC18 质粒中 (Sma I 位点),再将连接好的质粒转入感受态细胞。筛选阳性克隆,使用 M13 引物对这些阳性克隆进行双向测序,并采用 PE 公司的 ABI3700 型全自动测序分析仪进行测序。将测得各片段序列用分析软件 InnerPeace 进行拼接、编辑和校对。

1.4 DNA 序列分析

核酸和蛋白质的数据分析采用 Omega2.0、DNASIS (V4.0) 和 DNASTar 等序列分析软件,并通过 Internet 输入 GenBank/EMBL/DDBJ,用 BLAST 和 FASTA 软件进行同源性比较,用 BLOCKS 和 PrositeSearch 进行蛋白 Pattern 搜索,用 MegAlign 程序进行多序列比较。

2 结果

2.1 TFV RNase Ⅲ 基因的核苷酸序列特征

我们所得到的这段开放读码框 (ORF) 序列,在公共数据库 GenBank 上比较分析表明,它含有完整的 RNase Ⅲ 基因。TFV RNase Ⅲ 基因编码区全长 1 113bp,GC 含量为 56.63%。在终止密码子 TAG 下游,分别有可形成茎环的反向重复序列 (TTAAA CCTTTTCCCCTAGGGGAAAAGGTTTAA)、形成发夹结构的回文序列 (TATCTTAAGATA) 以及二联体结构 (CTTTCAGAAGACTTTC) (图 1),无 poly (A) 加尾信号。

2.2 TFV RNase Ⅲ 基因的氨基酸序列特征

TFV RNase Ⅲ 基因预计编码 371 个氨基酸的蛋白质,推测其分子量为 40.47kDa,等电点为 7.99。在结构域搜索中发现,TFV RNase Ⅲ 基因含两个结构域,分别为 Ribonuclease Ⅲ family 和 RNase 3 domain (图 2)。

将 TFV 与 LCDV-1 (accession No. NP-078726.1)、CIV (accession No. AF003534) 以及其它物种的 RNase Ⅲ 基因的氨基酸序列进行同源性比较,如小球藻病毒 1 型 (*Paramecium bursaria chlorella virus 1*, PBCV-1; accession No. Q98514)、酵母 (*Schizosaromyces pombe*, accession No. CAB41233)、线虫 (*Caenorhabditis elegans*, accession No. 001326)、三种细菌 (*Bacillus subtilis*, accession No. P51833; *Borrelia burgdorferi*, No. 051648; *Aquifex aedicus*, No. 067082) 等,发现 TFV 与虹彩病毒 LCDV-1 和 CIV 的同源性相对高,其中与 LCDV-1 的同源性最高,为 38.2%;与其它物种的同源性相对低,不到 20%,其中与线虫的同源性最低,为 10.8% (表 1)。

比较 TFV 与其它物种的 RNase Ⅲ 基因的氨基酸序列,可见其同源性较高的区域 (图 3)。

1	GGC AAA CAG GGT CAT GGG CTC GTC GGC GGA CCT AGT TTG CCT CTG CAG GGC GTG CAC CCT OCT GCT CCC	69
70	GCA CCC GGG GCA TTT TAC GGT CCC CTC CTC GAC CTT TCC CAG AGG CCT GTA CAG CCT CTG CTC GCA CAT	138
139	CCT CAG GCT CGC AAA ACG TCC GTG GGA GAA CCC GGA GCC CCC TTC TCC GTA CTC CTC GAC GAG CGC CGC	207
208	GTT CCA CTC TGA CTC GTA ATC TCT CTG AAA AGA CAT TGC TAG TGT TGA AAA TTA TCA GCG ACT TAT GTC	276
277	TTA GAA AAA AAC AAG TCA CTC GAG ATG GAA GGT TGG TTG AGA AAC TTG CTC GCA AAG AGC GTC AAA GAC	345
1	M E G W L R N L L A K S V K D	15
346	AAG TAC ATC CCC ATC ATA GTG GGG AGA CGA GAC CTG TGG AAC AAG GTG TTT ACG CCC AAG AGT GTG AAC	414
16	K Y I P I I V G R R D L W N K V F T P K S V N	38
415	CCC GAC GAC AAC TAC GAG GCT CTG GAG ATT GTG GGG GAC GGA GTG GCG TCC TAC TTT TTC CCC TCT TAC	483
39	P D D N Y E A L E I V G D G V A S Y F F P S Y	61
484	TTT CTC AAG AGG TTC CCA CAG CTC AAC AGC CCC AAG GGT GTC AAG ACA GTA GCG AGG TTA AAG ATT TAC	552
62	F L K R F P Q L N S P K G V K T V A R L K I Y	84
553	TAC GGC TCC AAG AAA TCT TTC TCC TCC ATA GCA GAC TCT CTG GGG TTT TGG AAG TTT ATA AGG TCG GGC	621
85	Y G S K K S F S S I A D S L G F W K F I R S G	107
622	CCC ATG CCC GTC AAC CCC TCT ACC AGG GAG AGC CTG CTC GAA GAC ACC TTC GAG GCA TTC CTG GGA GCG	690
108	P M P V N P S T R E S L L E D T F E A F L G A	130
691	GTG TGC ATG GCC GTG GAC GAT GAG TAC TCC ATA GAC GGC CTG GGG GCA GTT GTG GCC TAC AAG ATA ATG	759
131	V C M A V D D E Y S I D G L G A V V A Y K I M	153
760	GCA GAC ATT TTC GAC GAC ATG GAC ATC AGC CTG GAA TAC ACG GCT CTG TTT GAC ACA GTA ACC AGG CTC	828
154	A D I F D D M D I S L E Y T A L F D T V T R L	176
829	AAG GAG CTC ATG GAC GTC AAG AAG GAC GTG CTA GGA GGG GAC GCA GTC TAC AAC CAC ATG GGA GAC ACT	897
177	K E L M D V K K D V L G G D A V Y N H M G D T	199
898	ACA GTC ATC ACC CTC AAT GGT AGG GTC ATC GGG AAG GCG ACT GGA GCC ATA AAG AGA GAC AGG GCA AAG	966
200	T V I T L N G R V I G K A T G A I K R D R A K	222
967	GAG GCG GCC GGG CAG GCC CTG GAC CTC CTC AGG CGC GAG GGG CAC TTT AGG GAG CAC GAT GAC GAC GCG	1035
223	E A A G Q A L D L L R R E G H F R E H D D D A	245
1036	GTG GTC AAG GTG GCA AAG GGT CCC GCC GGA GAC GGC CTG GTC GTC GCG CAG TCT GCG CTC GGA GGC TTC	1104
246	V V K V A K G P A G D G L V V A Q S A L G G F	268
1105	ACG GTG TTC GGA GCA GAG TCG GGA GTT GTT GAG GGT AGT GGG GGT ACC GTG GCT CAG GCC CTG TCC AGG	1173
269	T V F G A E S G V V E G S G G T V A Q A L S R	291
1174	GTG GTG GGG ACC AAG AGA CCC TCT GCC GTG GAG GTT GCG GGC GGA GAC TAC AAG TCC CTC CTG AAA GAG	1242
292	V V G T K R P S A V E V A G G D Y K S L L K E	314
1243	TAC CTA GAG TCT GTG GGA GAG ACA GAC TCT GTA AAC TAC ATC CAC GAA GGC GTG ACT GTG ACC ATG ACG	1311
315	Y L E S V G E T D S V N Y I H E G V T V T M T	337
1312	AGA AAG GGA AAG CCG GTG GCG ACC GCC AAC CAC CTC GTA AAA AAG GTT CGA GAG CAG CTT GCG TCC AGG	1380
338	R K G K P V A T A N H L V K K V R E Q L A S R	360
1381	GAC TAC TAT AGG ACC GTT CAT GCC AAG GGA GTA TAG ATA GAG TTT TAA ACC TTT TCC CCT CCA AGG GGA	1449
361	D Y Y R T V H A K G V *	372
1450	AAA GGT TTA AGT GAG AAT GAG GTG TAA CAA CAT TTA TAG ACC TCT AGA TAC TTT CTA GGA GAT GTT ACA	1518
1519	TAT CAA GAC TAA TAT CGC AAG ATA GTA GTA CTC TTA ATA TAT ATA TCT CTT TCA GAA AAG CTA <u>CTA TCT</u>	1587
1588	<u>TAA GAT ATA TTT TTT CAG AAG ACT TTC</u> AGG ACG AGA AAG GAG GTG TAA CAA CAT TTA TAG ACC ATT ATC	1656
1657	GTA GAT ACT TAA GAT AGA TCT CAC <u>TAT CTT AAG ATA</u> CTT TAC TAC TAT AGT AAG ATA	1713

图 1 TFV RNase III 基因及其开放读码框的分析

Fig. 1 Complete nucleotide sequence and deduced amino acid sequence of the putative TFV RNase III gene
The methionine initiation codon is blackened and the stop codon is indicated by * .

表 1 TFV 与其它 8 个物种 RNase III 基因氨基酸序列的同源性比较

Table 1 Comparison of RNase III genes from 9 species

	LCDV-1	CIV	PBCV-1	BB	BS	AA	Yeast	RHA
TFV	38.2	22.3	14.2	14.6	16.9	17.6	11.6	10.8
LCDV-1		25.1	16.7	14.6	16.9	15.8	14.3	13.5
CIV			14.5	14.2	15.7	17.6	13.0	12.0
PBCV-1				25.6	22.9	24.9	15.6	17.8
BB					38.2	33.0	21.1	24.0
BS						25.8	18.9	25.7
AA							19.5	21.7
Yeast								14.8

Note: TFV, tiger frog virus; LCDV-1, lymphocystis disease virus 1; CIV, *chilo iridescent virus*; PBCV-1, *Paramecium bursaria chlorella virus 1*; BB, *Bacillus subtilis*; BS, *Borrelia burgdorferi*; AA, *Aquifex aedicus*; Yeast, *Schizosaromyces pombe*; RHA, *Caenorhabditis elegans*

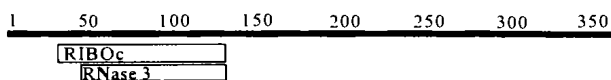


图 2 TFV 核糖核酸酶 III 基因结构域

Fig. 2 Organization of domains in TFV RNase III gene

2.3 蛋白质特性分析

用 PrositeSearch 进行蛋白 Pattern 搜索, 对 TFV RNase III 基因蛋白质二级结构、抗原性、亲/疏

水性等进行预测分析, 可见其抗原区几乎都在亲水区, 并表现为高度的柔性(图 4)。

2.4 系统发育分析

根据 TFV 与其它物种 RNase III 基因的氨基酸序列建立的系统进化树(图 5), 可见这些物种有两大分支, 一支为虹彩病毒, 包括 TFV、LCDV-1 和 CIV, 另外一支为其它物种, 包括 PBCV-1、酵母、线虫和三种细菌。

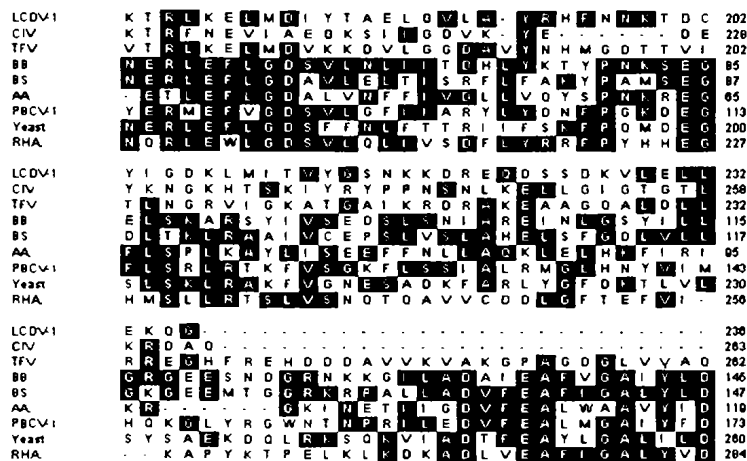


图 3 TFV 与其它物种 RNase III 氨基酸序列比较

Fig. 3 Multiple amino acid sequence alignment of RNase III encoded by TFV and other species

The identical amino acids are indicated by shading. Gaps are indicated by a dash (-).

3 讨论

从原核生物到真核生物均有 RNase III 的存在, 它在转录后加工中起重要作用。转录是以 DNA 为模板, 转录出初级转录物, 进行剪接等加工修饰步

骤, 形成成熟的 RNA。这个过程需要 RNase III 的作用, 因此, 它是转录过程中必不可少的酶^[8,9]。RNase III 可识别 RNA 的茎环结构, 并在其茎部进行切割^[8]。一些 mRNA 可由于 RNase III 的裂解而使其翻译过程激活, 而另一些 mRNA 可能由于 RNase

III 的裂解而对外切酶的攻击变得敏感^[10]。在大肠杆菌 *E. coli* RNase III 基因序列的一段非编码区中,可能形成“茎—膨大—茎”的二级结构,是 RNase III 的作用位点^[8]。在 TFV RNase III 基因序列的非编码区,也有能形成茎环和发夹结构的序列,可能与 RNase III 功能有关,但也有一些保守结构在 TFV 中

没有出现。低等与高等生物的 RNase III 基因相比较,一些保守结构不尽相同,说明 RNase III 在进化上不是很保守,其构建的系统树可作为进化上的参考。在虹彩病毒中,除了 TFV 中有 RNase III 基因外,LCDV-1 以及 CIV 中都有发现,其功能有待于进一步深入研究。

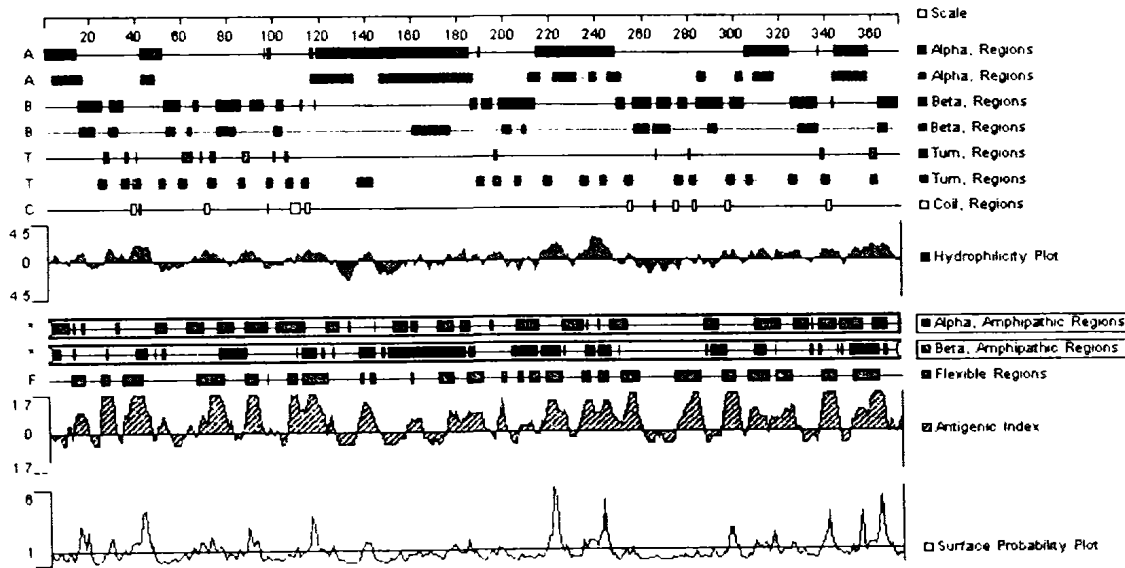


图 4 TFV RNase III 蛋白质的二级结构、抗原性及其疏水性/亲水性预测

Fig. 4 Secondary structure, antigenicity predictions and hydropathy plot of TFV RNase III protein

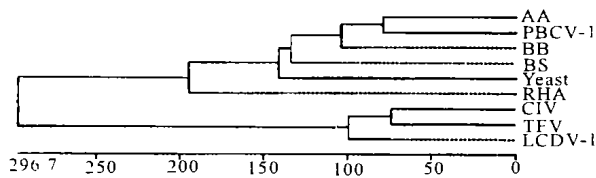


图 5 根据 9 个物种的 RNase III 氨基酸序列建立的分子系统进化树(无根)

Fig. 5 Phylogenetic analysis of nine species

A phylogenetic tree(untrooted) was constructed using the MegAlign program of DNASTAR based on the alignment shown in Figure 3.

根据国际病毒分类委员会(ICTV)第 7 次报告^[11],虹彩病毒科(Iridoviridae)分为 4 个属,即感染无脊椎动物昆虫的虹彩病毒属(Iridovirus)和绿虹彩病毒属(Chloriridovirus);感染生活史中有水生阶段的变温动物(如鱼类、两栖类和爬行类)的蛙病毒属(Ranavirus)和淋巴囊肿病毒属(Lymphocystivirus)。Mao 等^[12]比较了 9 种虹彩病毒(寄主包括鱼、两栖类和爬行类)的酶切图谱、甲基化反应和 PCR 扩增产物的序列分析,认为这些虹彩病毒与蛙病毒属的代表种 FV3 更相近,并且从同一地区分离

的病毒更相似。Hyatt 等^[13]比较了来自澳洲、南美洲、北美洲、欧洲、东南亚的不同宿主的 30 种脊椎动物虹彩病毒,认为大多数属于蛙病毒属,而将原属于蛙病毒属的 DFV 和 GV6 分离出来,作为虹彩病毒分类未定种。本文对 TFV RNase III 基因的分析,可见其与虹彩病毒的相应基因的同源性高,结合对 TFV 的形态结构、组织病理、与 FV3 等的序列比较^[14],可确定 TFV 属于虹彩病毒科、蛙病毒属。

参考文献

[1] 何建国,翁少萍,黄志坚,等. 鳃鱼暴发性传染病病毒病原研究[J]. 中山大学学报(自然科学报), 1998, 37:74-77.
 [2] 张奇亚,李正秋,江育林,等. 沼泽绿牛蛙病毒的分离及其细胞感染的初步研究[J]. 水生生物学报, 1996, 20:390-392.
 [3] Chen Z X, Zheng J C, Jiang Y L, et al. A new iridovirus isolated from soft-shelled turtle[J]. Virus Res, 1999, 63:147-151.
 [4] Goorha R, Murti K G. The genome of frog 3, an animal DNA virus, is circularly permuted and terminally redundant[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1982, 79:248-252.
 [5] Willis D B, Granoff A. Frog virus 3 DNA is heavily methylated at CpG sequences[J]. Virology, 1980, 107:250-257.

- [6] Mao J, Tham T N, Gentry G A, *et al.* Cloning, sequence analysis, and expression of the major capsid protein of the iridovirus frog virus 3[J]. *Virology*, 1996, 216:431 - 436.
- [7] Kaur K, Rohozinski J, Goorha R. Identification and characterization of the frog virus 3 DNA methyltransferase gene[J]. *J Gen Virol*, 1995, 76:1937 - 1943.
- [8] March P E, Ahnn J, Inouye M. The DNA sequence of the gene (*rnc*) encoding ribonuclease III of *Escherichia coli*[J]. *Nucleic Acids Res*, 1985, 13:4677 - 4685.
- [9] Lino Y, Sugimoto A, Yamamoto M. *S pombe pacI*, whose over-expression inhibits sexual development, encodes a ribonuclease III-like RNase[J]. *EMBO J*, 1991, 10:221 - 226.
- [10] Saito H, Richardson C C. Processing of mRNA by ribonuclease III regulates expression of gene 1.2 of Bacteriophage T7[J]. *Cell*, 1981, 27:533 - 542.
- [11] Regenmortel M H V, Fauquet C M, Bishop D H L, *et al.* Virus taxonomy-seventh report of the international committee on taxonomy of viruses[R]. New York:Academic press, 1999.
- [12] Mao J, Hedrick R P, Chinchar V G. Molecular characterization, sequence analysis and taxonomic position of newly isolated fish iridoviruses[J]. *Virology*, 1997, 229:212 - 220.
- [13] Hyatt A D, Gould A R, Zupanovic Z, *et al.* Comparative studies of piscine and amphibian iridoviruses[J]. *Arch Virol*, 2000, 145:301 - 331.
- [14] He J G, Lü L, Deng M, *et al.* Sequence analysis of the complete genome of an iridovirus isolated from the tiger frog[J]. *Virology*, 2002, 292:185 - 197.

(上接第 256 页)

“朊病毒”与“朊毒”这两个译名之间仅有一字之差,在含义上的差别则是与病毒的关系有亲有疏。笔者认为,Prion 尽管是一种全新意义上的生物实体,但从学科分类、学术渊源、生物学本质等角度考虑,都与病毒有密切的关系,因此在命名上不必刻意与病毒划清界限,甚至应有意拉近两者的关系。

Prion 是由病毒学家们发现并继续主要是由病毒学家们进行研究的对象。目前,有关 Prion 的系统、完整资料应到病毒学教科书或在以病毒为主要对象的各种资料库中去寻找。在毛院士的短文中举证过的 Fields 教授主编的目前世界上最权威的大型教科书《Virology》中,就有三章是专门或主要讨论 Prion 的。

Prion 目前还属国际病毒学分类委员会(ICTV)管辖,ICTV 将 Prion 正式分类为亚病毒(Subvirus)的一员,以区别于经典的病毒即真病毒(Euvirus)。

目前 ICTV 在亚病毒这个范畴中包括了 Satellite、Viroid 和 Proin。其中 Viroid 的中文名是“类病毒”,其相应的原文词根也未“与由病毒衍生的名词脱钩”。亚病毒与真病毒的生物学本质确实有重大区别,但既然 Viroid 可以不与病毒“脱钩”,Prion 似也不必非与之脱钩不可。

Prion 具备传统的或者说广义的病毒的若干基本特征:如滤过性、致病性、传染性、宿主适应性和特异性等。尽管它与现行有关“真病毒”的严格定义有一定的冲突,但这种冲突说不定在不久的将来能用病毒概念的新发展来包容。

对 Prion 与真病毒在组成、结构与功能上的异同及相关机制的深入研究正是更新生物学的若干基本观念的良好契机。

三、“朊毒”作为 Prion 的中文译名的缺点,是易与其他物理、化学毒物相混淆,不能反映其作为生物因子的本质特征。

由于 Prion 与疯牛病、老年性痴呆病等涉及人类健康的重大问题密切相关,目前世界各国都在逐渐增加相关研究的投入,Prion 的译名必将越来越频繁地出现在大众媒体上。对于广大的非专业人士来讲,其中相当比例的人对媒体上出现的新名词望文生义在客观上是不可避免的。对于这部分人来讲,将 Prion 误认为是某种特殊的新型病毒总比误解成是某种理化因子要好,因为如前所述,Prion 与病毒的关系毕竟要比它与其他理化因子的关系要密切得多。

基于以上几点考虑,笔者认为 Prion 的中文名定为“朊病毒”要更合适一些。