活性计数远比用三氯乙酸沉淀并用 Whatman 3MM 滤纸片者为高。这是由于 DE81 阴离子交换纸吸附的新合成的 DNA 片段较完全，避免了10%三氯乙酸沉淀不完全的缺点。Wang[9] 和 Coleman[7] 在测定其他酶活性时，都已指出酸沉淀不完全和应用 DE81 纸片法的优越性。

此外，我们还比较了 0.45μl 微孔滤膜收集酸沉淀的效果与 DE81 吸附新合成 DNA 能力。实验采用部分纯化的小牛胸腺 DNA 聚合酶 α,用 10% 冷三氯乙酸沉淀反应液，0℃放置 10 分钟，加在微孔滤膜上，抽滤，再用 5% 三氯乙酸洗涤三次，在 60℃ 烘干，在同样的闪烁液中计数。同样酶量，同样反应条件，同样反应时间，不同方法后处理。微孔滤膜的计数为 22,846c. p. m.，而 DE81 纸片为 38,245c. p. m.。尽管一般认为微孔滤膜对 ^3H 的计数效率高于 DE81 纸片。此结果表明酸沉淀法使新合成的 DNA 片段丢失很多。

再则，DE81 纸片可用测定较大量的样品，处理简单，价格低廉。

2. 在 DNA 生物合成的抑制物中，有多种化合物是与 DNA 分子起嵌合作用，如溴乙啶能嵌入 DNA 双螺旋上下碱基对之间[12]。

本实验比较了活化的小牛胸腺 DNA，变性的和天然的同一 DNA 为模板时淋巴细胞 DNA 聚合酶 α 的作用，以及溴乙啶对这些反应的抑制作用。以活化 DNA 为模板时，DNA 聚合酶 α 活性，亦即 DNA 合成，依反应时间增长而增高；以变性 DNA 为模板时，DNA 的合成较低；以天然 DNA 为模板时，DNA 合成更低。说明在活化 DNA 链上有较多的切口，便于 DNA 聚合酶的作用。变性 DNA 的双链松开，对 DNA 聚合酶 α 作用是有利的，但在这些链上的切口不可能比活化 DNA 的多。在天然 DNA 中单链少，切口亦少。关于溴乙啶的抑制作用，变性 DNA 与天然 DNA 的情况相似，然而在活化 DNA 中由于 DNA 切口多和切断的 DNA 片段亦较多，溴乙啶的嵌入相对地减少，所以 DNA 聚合酶 α 的活性显著增高。至于在环状 DNA 的情况下，开放的双链和溴乙啶的结合较未开放者为多，似与线形 DNA（如小牛胸腺 DNA）与溴乙啶结合者亦有所不同。这个问题尚待进一步探讨。

活化 DNA，变性 DNA 和天然 DNA 的荧光激发光谱图也说明在天然 DNA 链中氢键配对程度高，活化 DNA 的氢键配对程度低，因此，溴乙啶嵌入程度最高的为天然 DNA，活化 DNA 最低。这个结果和溴乙啶对这三种 DNA 的作用是相符合的。

参 考 文 献

[1] Weissbach, A.: *Arch. Biochem. Biophys.*, **198**, 386, 1979.
[2] Aktipis, S. et al.: *FEBS Letter*, **49**, 149, 1979.
[3] Kuby, S. A. et al.: *Methods in Enzymology*, II, 605, 1955.
[4] Marmur, J.: *J. Mol. Biol.*, **3**, 208, 1961.
[5] Kornberg, A. et al.: *J. Biol. Chem.*, **237**, 519, 1962.
[6] Kaftory, A. et al.: *Nucleic Acid Res.*, **5**, 2679, 1978.
[7] Coleman, M. S.: *Nucleic Acid Res.*, **4**, 4305, 1977.
[8] Falaschi, A., Spadar, S.: *DNA Synthsis present and future*, p. 487, 1979.
[9] Mertalsmann, R.: *Leukemia*, **2**, 57, 1978.
[10] Wang, T. S. F. et al.: *J. Biol. Chem.*, **250**, 7040, 1975.
[11] Fujisawa, T. et al.: *Biochem. Biophy. Acta*, **475**, 611, 1977.
[12] Kornberg, A.: *DNA Synthesis*, p. 20, 1974.

[本文于1982年4月16日收到]

科 技 消 息

视觉系统对物体的识别与"老祖母细胞"

有人根据视觉系统内较低级水平上有一些"特征"检测细胞只对物体的某一简单特征起反应的事实推测：这类特征检测器的输出在较高级水平上可能会聚到某些细胞上而成为复杂特征检测器。如此逐级"提高"，最终就可能由若干细胞形成物体检测器，它只对某一物体的存在起反应。这种只能检测特定物体的细胞有人戏称之为"老祖母细胞"。

最近，美国普林斯顿大学心理系的 C. Bruce, R.

（下转第 29 页）

(图 4)420nm 左右峰消失；该峰是 Fe_4S_4 原子簇的特征。这些结果说明，NEM 修饰钼铁蛋白之后，引起了 Fe_4S_4 原子簇脱落，同时活性下降。全修饰后每分子蛋白含有 12—14 个铁原子和两个钼原子，相当两个 FeMo-Co 的组成。说明修饰没有引起 FeMo-Co 的明显脱落。

从氨基酸分析结果(表 2)表明，修饰时只有 S-琥珀酰半胱氨酸含量不断增加，而可能产生副反应的赖氨酸，组氨酸含量没有明显变化。说明修饰专一性很好，只修饰了半胱氨酸。由此，我们认为 Fe_4S_4 原子簇是通过半胱氨酸的 $-S^-$ 与蛋白质连接。而 FeMo-Co 与蛋白连接主要不是通过半胱氨酸的 $-S^-$。

从修饰后钼铁蛋白的电泳行为、分子量，α-螺旋度无明显变化说明修饰没有引起高级结构的明显变化。活性的变化是由于 Fe_4S_4 原子簇脱落所引起。

2. 三硝基苯磺酸 (TNBS) 在偏碱性 (pH8.0) 条件下与 $-NH_2$($-NH$) 反应。即专一的修饰氨基。从图 6 可以看出活性丧失速度远较修饰巯基时快。从 Sephadex G-15 柱层析图谱(图 7)，可以看到修饰后出现单独 FeMo-Co 的峰(50ml 处)，该峰含有 Mo 和 Fe。60ml 处的峰含 Fe 量很少，可能是三硝基苯磺酸与赖氨酸形成的化合物的峰。修饰后的蛋白化学分析结果(表 3)表明，随活性下降，钼含量由每分子 2 个降为 1 个。铁含量由每分子 30—32 个降为 23 个左右，钼铁含量的损失数，相当于脱落一个 FeMo-Co。测定修饰后蛋白在 345nm处的吸收值，发现随修饰时间的增加而增加。说明修饰的氨基位于蛋白上。用消光系数计算，每修饰 2 个左右的氨基就脱落一个 FeMo-Co。由此可见 FeMo-Co 是通过氨基与蛋白质连结。由于 FeMo-Co 是络合、活化、还原氮分子的核心，因此，修饰氨基必然引起活性的迅速丧失。至于为什么尚有一个 FeMo-Co 没有脱落，还不能很好解释。

以上结果对于解释用 N-甲基甲酰胺抽提 FeMo-Co 是有用的。它不单纯是一个溶解过程，可能主要还是一个配位取代过程，即 NMF 中的 $=NH$ 取代了蛋白质的氨基配位，而将 FeMo-Co 拉下来。近来我们用几种较强的 N-配位取代剂作了实验，有的能很好的将 FeMo-Co 全部拉下来。用配位取代法我们可以找到提纯 FeMo-Co 的新方法。至于 FeMo-Co 与蛋白质分子中哪一种氨基结合？处于肽段的什么位置？尚需进一步深入研究。

感谢中国科学院上海生物化学研究所、植物生理研究所、沈阳林业土壤研究所等单位对本工作的支持和帮助。

参 考 文 献

[1] Kurtz, D. M. et al.: *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, **76**, 4986, 1979.
[2] L. E. Mortenson, et al.: *Ann. Rev. Biochem.*. **48**, 387, 1979.
[3] Shah, V. K. et al.: *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S A.*, **74**, 3249, 1977.
[4] 化学系固氮组：《吉林大学自然科学学报》，1978 年，第 4 期，73 页。
[5] Shah, V. K. et al.: *Biochem. Biophys. Res. Comm*, **81**, 232, 1978.
[6] Lundell, D. J. et al.: *J. Biol. Chem.*, **256**, 6385, 1981.
[7] Садков, А. П., и Д., *Извести. Академи, Наука С.С.С.Р.*, **4**, 610, 1977.
[8] Shah, V. K. et al.: *Biochim. Biophys. Acta.*, **305**, 445, 1973.
[9] 化学系固氮组：《吉林大学自然科学学报》，1973 年，第2 期，85 页。
[10] 化学系固氮组：《吉林大学自然科学学报》，1977 年，第 3 期，82 页。

[本文于1982年2月4日收到]

(上接第 36 页)

Desimone 和 C. Gross 用麻醉的短尾猴作实验，在上颞多种感觉区 (STP) 记录到 7 个细胞，它们的最适宜视觉刺激是人或猴的面孔，而对手和其它形状都无反应。这种细胞对各种脸的照片或图画不管大小及细微差别如何，都有很强烈的反应；将照片上的眼睛挖出，反应减弱；把照片剪成 16 块，再杂乱地拼在一起，就不能引起反应。这些都说明这些细胞只选择"脸"这个总的形状，而并非其中某一特征。作者认为这些细胞要么是皮层上特化的专伺识别面孔或面部表情的系统的一个组成部分，要么是参与对面孔的运动反应的系统。

[*J. Nenwphysiol.*, **46**, 369, 1981。刁云程编译]