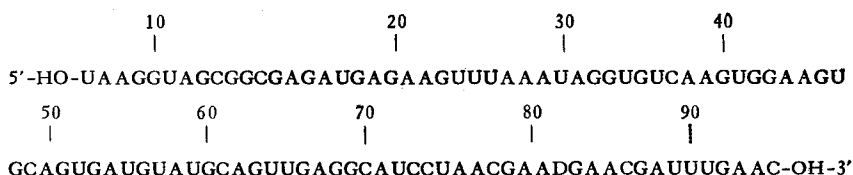


水稻叶绿体 4.5S rRNA 核苷酸全顺序测定

刘笑洋 华 陵 程振起

(中国科学院生物物理研究所)

用 RNase 部分降解结合快速凝胶电泳直 顺序:
读法确定了水稻叶绿体 4.5 SrRNA 95 个核苷酸



通过与已知的几种植物的叶绿体 4.5S rRNA 一级结构的比较,证实了植物叶绿体 4.5S rRNA 分为两类:一类具有 103 个核苷酸;另一类为在第一类的第 28 至 34 位核苷酸位点上缺失一段七核苷酸顺序,成为 95 个核苷酸长的小分子 RNA。除去这七核苷酸片段缺失的因素来比较各种植物的叶绿体 4.5 S rRNA 一级结构,其同源性是较高的,一般在 85% 以上。由于七核苷酸片段缺失的现象仅发现于玉米、小麦、大麦及我们测定的水稻的叶绿体 4.5 S rRNA 中,而迄今在别的植物中都没有发现类似现象,因此我们推测,这七核苷酸片段的缺失可能是单子叶禾本科植物的独有现象,它可以作为这类植物的一个分子特征。有研究表明,在禾本科植物的叶绿体 4.5 S rRNA 分子中缺失的这七核苷酸片段,在别的植物中是处于叶绿体 70 S 核糖体中 50 S 大亚基的外表面的^[1]。为什么亲缘关系与原核生物较近的叶绿体 4.5 S rRNA^[2]随着

从原核到真核、从低等植物到较高等的禾本科植物的进化过程中,会以失去七个核苷酸的方式演化,这的确是个有趣而又尚未解决的问题。

在分离和纯化水稻叶绿体 4.5S rRNA 时,我们发现其在 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳中呈现出两条相近的区带。序列测定的结果表明,其中分子量稍大、迁移较慢的区带为常见的叶绿体 4.5S rRNA;而另一条迁移较快的区带的部份序列分析表明,它不具有叶绿体 4.5S rRNA 序列的常见特征。这个未知的小分子 RNA 的序列测定和基因定位工作正在进行之中。

参 考 文 献

- [1] Kumagai, I. et al.: *Nucl. Acids Res.*, 11, 961—970, 1983.
- [2] Machatt, M. A. et al.: *Nucl. Acids Res.*, 9, 1533—1549, 1981.

[本文于 1987 年 4 月 15 日收到]