

定量的方法只有在荧光强度相差二倍时,才能判断出来,而细胞荧光光度计能客观的记录细微的荧光变化。

3. 神经传递介质的细胞荧光光度测定 用甲醛蒸气或乙酸处理冰冻干燥的组织,可使生物胺、儿茶酚胺、5-羟色胺和多巴胺等产生荧光。由于每种生物单胺的荧光发射光谱不同,所以用细胞荧光分光光度计分别测定激发光谱和发射光谱,就可鉴别某种生物单胺的存在与否。

4. 酶的动力学研究 细胞荧光光度术特别适用于活细胞或没有固定的组织切片酶的动力学研究,例如通过测定还原型辅酶 I 结合到蛋白质的荧光变化来分析氧化酶体系的变化。

5. 微体积的显微荧光光度测定 免疫化学和酶化学研究常需要测定包含在微滴、微毛细管或人工基质微球中微小体积的荧光反应产物。细胞荧光光度计能准确的测定直径为 1—50 微米大小“微池”中的荧光。

6. 双荧光法或双色荧光法 在同一个细胞中测定二种或二种以上的物质如 DNA 和免

疫荧光、DNA 和 RNA、DNA 和蛋白质、孚尔根 DNA 和血红蛋白,也可在同一个细胞核中同时测定 DNA 含量和放射自显影银粒的数目。

目前限制细胞荧光光度术发展的主要问题是缺少特异性并且符合化学计量学的荧光染色方法。随着新的荧光染料的发现,细胞荧光光度术在生物学和医学上的应用将会有更大的发展。

参 考 文 献

- [1] 59175 部队:《荧光显微术》,上海科学技术情报研究所,1976.
- [2] Fukuda, M. et al.: *Cytophotometry and its Biological Application*, Gustav Fischer Verlag, 1978.
- [3] Pleom, J. S.: in *Analytical and Quantitative methods in Microscop* (G. A. Meek and H. Y. Elder Ed.), Cambridge Univ. Press, 1977.
- [4] Ruch, F. et al.: in *Molecular Biology, Biochemistry and Biophysics*, (V. Neuhoff Ed.), Vol. 14, *Micromethods in Molecular Biology*, Springer Verlag Berlin-Hedelberg New York, 1973.
- [5] Prenna, G. et al.: *Histochemical J.*, 6, 259, 1974.

[本文于1982年7月1日收到]

核酸序列资料的微型计算机处理

乐树云 江寿平 贾继萍

(中国科学院上海生物化学研究所)

DNA 分子的顺序测定和分析是分子生物学研究中基本问题之一。近几年来由于 Sanger^[1] 和 Maxam, Gilbert^[2] 等人建立简便而快速测定 DNA 顺序方法,使测定和分析的工作有了迅速地发展。自第一个完整的 DNA 分子(噬菌体 ϕ X174 DNA) 的序列被测定以来,人们已经积累了大量的 DNA 分子序列资料。序列数据量大,而且不断增多,因此,科学工作者进行了利用电子计算机来储存比较、分析,处理已获得的核酸序列信息的工作^[3]。为了在国内开展这方面的研究,我们进行了关于核酸序列资料的微型计算机管理系统的软件开发工作,并已经取

得了初步成果^[4]。现将管理系统中关于在核酸序列中检索任意指定的片段核酸序列的工作简要报道如下:

管理系统文件是在 TRS—80 微型机上实现的。首先完整的 DNA 分子序列可以通过管理系统中核酸序列数据输入文件输入到计算机的内存(如果用户需要永久保存,可将数据资料储存在软磁盘中)由于使用了外存贮器,输入的序列长度不受机器内存容量的限制。被检索的任意指定的片段序列可由键盘输入。对于各种不同专一性的限制性核酸内切酶识别的序列已经须先存贮在软磁盘中。一旦需要构造 DNA 序

NAME	SEQUENCE	POSITION
BAMH I	GGATCC (1)	276 1780 2692
	NUMBER: 3	
ALU I	AGCT (2)	191 892 1078 1177 1252 1307
	NUMBER: 6	

图 1

列的限制性内切酶图谱时,可对 74 种不同专一性的核酸内切限制酶在用户指定的 DNA 分子上任意一区域中进行检索。在输出表中包括限制性内切酶的名称,识别序列,切点在识别序列中位置和识别序列在待检索的 DNA 序列上位置。利用本程序我们已对 ϕ x174, M13^[5] (噬菌体)以及 B 型肝炎病毒 DNA^[6] 序列等一系列 DNA 分子序列进行了内切酶图谱的构造(见图 1)。

在图 1 中表示了对 B 型肝炎病毒 DNA 分子序列(全长 3182 核苷酸)内切限制酶 Alu I 和 BAMH I 识别序列的检索结果。对于内切酶 Alu I (AGCT) 它在序列中识别位置的起始位置为第 191、892、1078、1177、1252、1307(5'—3' 计数),共有六处;而 BAMH I (G¹GATCC)在序列中识别位置的起始位置分别为第 276、1780、和第 2692,共三处。输出表中圆括号内的数字即表示该酶在识别序列中切点位置。若将被酶所分割的各片段序列加以存储,它又可作为核酸序列重组程序的输入数据。

总之计算机技术在核酸序列分析中应用已得到人们的重视。现在已经通过计算机对 DNA 一级结构的处理在 tRNA 基因预言^[7],和 DNA (或 RNA)序列的二级结构的预言^[8]中得到了应用。这是应该引起人们的注意。

参 考 文 献

- [1] Sanger, F. and Coulson, A. R.: *J. Mol. Biol.*, **94**, 441, 1975.
- [2] Maxam, A. M. and Gilbert, W.: *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, **74**, 560, 1977.
- [3] Thomas, R. G. and Richard J. Roberts.: *Science*, **209**, No. 4463, 1322, 1980.
- [4] 乐树云、江寿平:《分子科学学报》,《生物化学生物物理学报》,待发表。
- [5] Peter, M. G. F. et al.: *Gene*, **11**, 129, 1980.
- [6] Francis Galibert, et al.: *Nature*, **281**, No. 5733, 646, 1979.
- [7] Staden, R.: *Nucleic Acids Research*, **8**, 817, 1980.
- [8] Feldmann, R. J. et al.: *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, **75**, 5409, 1978; Nussinov, Ruth., et al.: *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, **77**, 6309, 1980.

[本文于 1982 年 3 月 29 日收到]

用 Sepharose 2B 柱层析制备大肠杆菌质粒 DNA 的简便方法

卜 明 方荣祥 莽克强

(中国科学院微生物研究所)

大规模制备细菌质粒 DNA,通常采用氯化铯-溴化乙锭 (CsCl-Ethiolium Bromide) 平衡密度梯度离心^[1,2],去除细胞 RNA 和染色体 DNA,

获得纯化的超螺旋质粒 DNA。这个方法非常有效,但所用试剂昂贵,超离心时间较长,一般纯化要经过一次或两次 40 小时以上的超离心。