

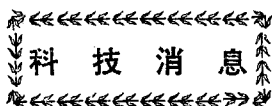
板很薄,加样小槽又小,所以对微量试样的分析尤其合适。我们用以上方法制备了5—15%梯度的聚丙烯酰胺超薄凝胶,对大鼠肌肉的单肌纤维进行了大批量的分析,获得了大鼠不同类型单肌纤维肌球蛋白的轻链图谱特征(图2见封3)。我们剥取的大鼠单肌纤维长仅0.5—1厘米,粗20—40微米,解离后的加样体积不足1—2微升,用上述超薄梯度电泳仍获得了清晰的电泳结果。我们还检测过0.0008 μg 的牛血清白蛋白,比文献^[1]报道的用考马斯亮蓝染色

检测到的蛋白量的灵敏度,提高了近一个数量级。

如果要进行一般的、无需用梯度凝胶来分离蛋白的实验,或者要测定微量蛋白的分子量,此种超薄板装置亦完全适用,而且方法更为简化,只要用常规的制备凝胶方法即可。

参 考 文 献

- [1] Oakley B. R. et al.: *Anal. Biochem.*, **105**, 361, 1980.



mRNA 拼接的中间体首次被发现

七年前几个实验室同时发现真核生物的许多基因被一些称为内含子(intron)的非编码区所打断。于是生物学家就试图弄清内含子是怎样精确地从 mRNA 前体切除的,但进展甚少。障碍主要在于没有找到一个好的、能重复的体外拼接体系,而这种体系对分析拼接过程所涉及的组份和中间物是必不可少的。去年(1983)这个障碍被克服了。

1984年与麻省理工学院 Phillips Sharp 等在《细胞》上报道说:在他们的拼接体系中,被切除的插入序列的构型象一个套索。1984年冷泉港有关“RNA 加工”的讨论会上, Michael Green 与哈佛大学 Tom, Maniatis 共同提出与此相似的结果。内含子呈套索状的观点很有吸引力,因为这样的 RNA 结构是非同寻常的。

按拼接特性的不同,前体 RNA 分子分为三类。一类是 tRNA 前体分子。它紧密地形成典型的二级结构,其内含子切除的精确性不仅决定于内含子序列,还决定于 tRNA 的结构。至于 rRNA 和线粒体 mRNA 的拼接,似乎部分依赖于内含子中的四段短的保守序列。第三类即核 mRNA 的内含子总是在两端分别以核苷酸 GT 和 AG 加上一短的“同感序列”为界,此序列被认为对识别拼接位点起一定作用。tRNA 和 rRNA 拼接机制研究,尽管不断取得进展,可是有关 mRNA

加工机制还是不清楚。人们只知道,一段称为 U1 的附加小分子 RNA 肯定参与了拼接过程,而 U1 的一部分核苷酸序列和同感序列中的一个很相似。

Sharp 等人用他们建立的体外拼接体系,研究 mRNA 前体的内含子切除动力学。在体内没能分离出切掉的内含子。人们认为这是它们被很快被降解了。好在体外系统的降解似乎消失,使人便于观察。

Sharp 等人用凝胶电泳分析拼接反应产物时,注意到几种假定的中间物,包括内含子本身的迁移速度比预料的慢,同时又受到 Pittsburgh 大学 M. Edamons 等观察到的多聚(A)分子分枝结构这一事实的启发,理解到他们可能也在和一个分枝状的 RNA 分子打交道。他们的结论是这个分枝是套索构型的一部分。

上述的结果好似排除了现在流行的磨损切除假说: mRNA 内含子是由核糖核酸酶把核苷酸一个个地“啃”掉的。他们又指出,拼接过程很吸引人,因为很多内含子从 mRNA 前体分子移走了,却对拼接无影响,而在此拼接过程中的内含子的一个序列可能有很重要的作用。

[*Science*, **225**, 4659, 1984.]

北京大学生物系张微编译]