

# 蛋白质突变体的命名问题

卓肇文

(中山大学生物系生化教研室,广州)

**关键词** 蛋白质突变体,命名

近年来新的蛋白质突变体在文献中大量涌现<sup>[1-3]</sup>。它们出现的速率已经达到对数期<sup>[4]</sup>。但是,对不同实验室得到的有关蛋白质结构的数据进行比较时以及在汇编数据时缺少一种标准就容易产生问题。蛋白质突变体的适当命名不仅可以反映蛋白质的某些结构特点在决定蛋白质功能方面是否起重要作用,而且可以促进蛋白质的结构与功能关系的研究工作。因此有关的工作者希望早日确定蛋白质突变体的标准命名体系。

最近, R. Wetzel 在题为‘蛋白质的结构、功能与命名’的评论文章中提出,应在《蛋白质工程》杂志的评论栏内进行公开交换意见,以便较为方便地达成广泛的协议<sup>[4]</sup>。与此同时《蛋白质工程》杂志的编辑们也欢迎各国学者提出自己的意见和建议<sup>[4]</sup>。

关于点突变的命名, R. Wetzel 以第58位野生型苯丙氨酸残基被酪氨酸置换为例,指出至少已经有以下若干种说明氨基酸置换的方式:

- |                         |                                       |
|-------------------------|---------------------------------------|
| Phe-58 → Tyr-58         | Phe-58 → Tyr                          |
| 58Phe → Tyr             | Phe-58 → 酪氨酸                          |
| Phe <sup>58</sup> → Tyr | Y58                                   |
| Phe58 → Tyr             | FY58                                  |
| F58Y                    | Tyr <sub>58</sub>                     |
| Phe <sub>58</sub> → Tyr | Phe <sup>53</sup> 到 Tyr <sup>58</sup> |
| Tyr-58                  | Tyr58                                 |

目前用于命名蛋白质突变体的方法以甜味蛋白质 *thaumatin* 中的同一个氨基酸置换为例,至少有以下几种:

*thaumatin* (Phe → Tyr58) [Tyr<sup>58</sup>]-*thaumatin*

Tyr58-*thaumatin*                      *thaumatin* (F58Y)  
*thaumatin* (Phe<sup>58</sup> → Tyr)      *thaumatin*-Tyr 58  
*thaumatin* (Tyr-58)

其中用得最广泛的一类命名包含残基号、野生型残基与新残基。R. Wetzel 主张将‘Phe 58 → Tyr’体系用于文章中的氨基酸置换而平行地将简短形式‘F58 Y’用于命名蛋白质突变体,例如 *thaumatin* (F58Y)。仅用残基号和新残基的一些命名,例如‘Tyr58’有两方面的不足。首先,它们很容易与野生型残基相混淆。其次,它们与包含野生型残基的命名相比所含的信息较少。在一篇描述同一个蛋白质有几个不同突变的综述文章中,不包括野生型残基就使得一般读者需要经常回溯描述这种变化的原始文章。况且在命名中包括野生型残基可以对残基号进行内部交叉检验,而残基号在有些场合可能是很不确定的。写在下方或上方的标志以及连字号既增加写作与出版工作麻烦又不能因此而更清楚。箭头有一定的作用,它可以使名称对于一般读者都明白。然而省去箭头成为‘Phe 58 Tyr’也可能被广泛接受。作者认为从长远考虑用单字符号表示氨基酸残基更合适,例如用‘F 58 Y’代替‘Phe 58 Tyr’。这样,可以与 *thaumatin* (F 58 Y) 一致。

当文章中讨论一种以上的蛋白质变化或者讨论相同蛋白质的几种多重置换突变体以及进行综述与数据汇编时,也有必要选定一种正式的标准方法把蛋白质突变体命名为已知的结构衍生物。当相同的蛋白质有多处置换时列出的

(下转第36页)

与基因定位中的应用。随着科学进步,会发现更多适用的内切酶,结合分子杂交技术,使更多的遗传病机理变得更加清楚。

### 三、结 语

很明显,大分子染色体的凝胶电泳技术在比较生物分子核型方面是一个非常有用的工具。已应用在相近的生物种、亚种及株的鉴定和某些人类遗传病的临床诊断上。结合分子杂交技术,可将寄生虫的某些抗原基因定位在染色体上,这对研究寄生虫特有的免疫现象“免疫逃避”和疫苗效果的鉴定具有重要作用。同时通过基因定位可研究染色体的重排、易位、缺失等遗传变异,从而使人类遗传病的机理变得更加清楚。

### 参 考 文 献

- 1 Schwartz D C *et al. Cell*, 1984; 37: 67
- 2 Carle G F *et al. Nucleic Acids Res*, 1984; 12: 5647
- 3 Carle G F *et al. Science*, 1986, 232: 65
- 4 Dawkins H J S *et al. Nucleic Acids Res*, 1987; 15: (8) 3634
- 5 Chu G *et al. Science*, 1986, 234: 1582

- 6 Clark S M *et al. Science*, 1988; 241: 1203
- 7 Giannini S H *et al. Science*, 1986, 232: 762
- 8 Scholler J K *et al. Mol Biochem Parasitol*, 1986; 20: 279
- 9 Comeau A M *et al. Mol Biochem Parasitol*, 1986; 21: 161
- 10 Bishop R P *et al. Mol Biochem Parasitol*, 1987, 24(3): 263
- 11 Samaras N *et al. Mol Biochem Parasitol*, 1987; 25: 279
- 12 Spithill T W *et al. Mol Biochem Parasitol*, 1987; 24: 23
- 13 Van der Ploeg L H T *et al. The EMBO Journal*, 1984; 3(13), 3109
- 14 Van der Ploeg L H T *et al. Cell*, 1984; 39: 213
- 15 Masaka R A *et al. Mol Biochem Parasitol*, 1988; 30(2): 105
- 16 Van der Ploeg L H T *et al. Cell*, 1984; 37: 77
- 17 Langsley G *et al. Exp Parasitol*, 1988; 65(2): 168
- 18 Van der Ploeg L H T *et al. Science*, 1985; 225: 658
- 19 Kemp D G *et al. Nature*, 1985; 315: 347
- 20 Shaw D J *et al. Journal of Medical Genetics*, 1986; 23: 421
- 21 Kenwrich S *et al. Cell*, 1987; 48: 351
- 22 Michiels F *et al. Science*, 1987; 236: 1305.
- 23 Burmeister M *et al. Nature*, 1986; 324: 582
- 24 den Dunnen J T *et al. Nature*, 1987; 329: 640

[本文于1988年10月4日收到]

(上接第37页)

突变要用斜线隔开。例如, 'T4溶菌酶(I3C/C54T/A146T)'. 括号内I3C表示野生型T4溶菌酶第3位Ile被Cys置换, C54T表示野生型第54位Cys被Thr置换, A146T表示野生型第146位Ala被Thr置换。这样可以用较少的字数命名一个特定蛋白质的多重突变体。

关于肽链中氨基酸顺序的插入与缺失, R. Wetzl 用乙酰胆碱受体的 $\alpha$ 亚基突变体中的一种<sup>[9]</sup>为例。该突变体可以表示为 'AchR- $\alpha$ ( $\Delta$ 224-237/+224 PSS)'. 其中 AchR- $\alpha$  表示乙酰胆碱受体的 $\alpha$ 亚基, 括号内的标志表示突变的内容,  $\Delta$ 224-237表示缺少该种野生型亚基第224-237位的十四个氨基酸残基, +224 PSS表示从第224位开始引入三个新的氨基酸残基, 即第224位Pro第225、226位Ser。作

者认为用 'AchR- $\alpha$  ( $\ominus$ 224-237/ $\oplus$ 224 PSS) 表示可能更清楚些并且可以避免对 '—' 产生不同的理解('到'或'减少')。

此外, R. Wetzl 还提出了不同情况下所形成蛋白质变异体(variant)的残基编号以及翻译后经过修饰而形成的蛋白质肽链内二硫键位置与肽链相连的糖基位置及组成的命名问题。

总之, 蛋白质突变体与变异体的命名问题是应该及早解决的。

### 参 考 文 献

- 1 Leatherbarrow R J Fersht A R. *Protein Eng*, 1986; 1: 7
- 2 Shaw W V. *Biochem J*, 1987; 246: 1
- 3 Gerlt J A. *Chem Rev*, 1987; 87: 1079
- 4 Wetzl R. *Protein Eng*, 1988; 2: 1
- 5 Mishina M *et al. Nature*, 1985; 313: 364

[本文于1988年9月16日收到]