

- Acta, 1992; **1118**: 218
- 18 Halling P J. *Biotechnol Techniques*, 1992; **6**: 271
- 19 Kuhl P, Halling P J, Jakubke H-D. *Tetrahedron Lett.* 1990; **31**: 5213
- 20 Zaks A, Klivanov A M. *Science*, 1984; **224**: 1249
- 21 Zaks A, Klivanov A M. *J Am Chem Soc.* 1986; **108**: 2767
- 22 Rubio F, Fernandez-Mayorales A, Klivanov A M. *J Am Chem Soc.* 1991; **113**: 695
- 23 Fitzpatrick P A, Klivanov A M. *J Am Chem Soc.* 1991; **113**: 3166
- 24 Riva S, Chopineau J, Kieboom A P G *et al.* *J Am Chem Soc.* 1988; **110**: 584
- 25 Laane C, Boeren S, Vos K *et al.* *Biotechnol Bioeng.* 1987; **30**: 81
- 26 Stevenson D E, Storer A C. *Biotechnol Bioeng.* 1991; **37**: 519
- 27 Schneider L V. *Biotechnol Bioeng.* 1991; **37**: 627
- 28 Khmel'nitsky Yu L, Mozhaev V V, Belova A B *et al.* *Eur J Biochem.* 1991; **198**: 31
- 29 Ryu K, Dordick J S. *Biochemistry*, 1992; **31**: 2588
- 30 Adlercreutz P. In: Tramper J *et al.* eds. *Biocatalysis in non-conventional media.* Amsterdam; Elsevier, 1992; 55
- 31 Reslow M, Adlercreutz P, Mattiasson B. *Eur J Biochem.* 1988; **172**: 573
- 32 Yang Z. Tyrosinase activity in low-water environments. U. K.; Ph. D. Thesis, Univ. of Strathclyde, 1992
- 33 Adlercreutz P. *Eur J Biochem.* 1991; **199**: 609
- 34 Zaks A, Klivanov A M. *Proc Natl Acad Sci USA.* 1985; **82**: 3192
- 35 Russell A J, Klivanov A M. *J Biol Chem.* 1988; **263** (24): 11624
- 36 Kazandjian R Z, Klivanov A M. *J Am Chem Soc.* 1985; **107**: 5448
- 37 Hall G F, Best D J, Turner A P F. *Enzyme Microb Technol.* 1988; **10**: 543
- 38 Kirchner G, Scollar M P, Klivanov A M. *J Am Chem Soc.* 1985; **107**: 7072
- 39 Kitaguchi H, Fitzpatrick P A, Huber J E *et al.* *J Am Chem Soc.* 1989; **111**: 3094

植物凝集素的超级家族

孙建忠 王克夷

(中国科学院上海生物化学研究所, 上海 200031)

摘要 凝集素是一类专一、可逆地和糖类结合的蛋白质. 迄今已经分离纯化并测定了氨基酸序列的凝集素已有不少, 一些凝集素以及它们与配体糖相互结合的复合物的高级结构也已经给出, 许多工作已深入到基因水平. 就目前已有的知识, 说明植物凝集素是一个庞大的蛋白质家族.

关键词 植物凝集素, 同源性比较, 蛋白质超级家族

糖和蛋白质的相互作用参与了生物体内许多重要的生理和病理过程, 因此糖结合蛋白也必然会受到人们的重视. 糖结合蛋白的范围很大, 其中研究得较多的是凝集素, 尤其是植物凝集素.

另一方面, 蛋白质结构和功能的研究, 揭示了蛋白质可以分为许多的家族. 已有的证据表明, 植物凝集素是一类非常相关的蛋白质. 那么, 它们究竟是怎样的一类蛋白质? 它们所组成的家族又与植物分类有什么样的关系?

1 凝集素的基本特性

一般地, 凝集素是一类非酶, 非抗体的糖结合蛋白^[1].

自 1936 年 Sumner 第一个分离纯化植物凝集素——伴刀豆球蛋白 A (Con A) 以来, 对它们的性质, 分子结构及功能已经作了大量的工作. 植物凝集素大多是一类能非共价地和糖类结合的蛋白质, 而其本身可以是不含糖的简

单蛋白,也可以是含有共价结合糖链的糖蛋白.多数是一些寡聚蛋白,二聚体或四聚体;少数是含有两个糖结合部位的单体(如蓖麻毒蛋白).大多又有着同工凝集素.随着各种各样的检测方法的建立和完善,越来越多的凝集素将被发现.

植物凝集素的最主要的特性是能和糖类结合,早年根据单糖对凝集活性的抑制作用来研究它们的糖结合专一性,进而把它们分成了下列几类:葡萄糖/甘露糖(Glc/Man)结合,N-乙酰半乳糖胺/半乳糖(GalNAc/Gal)结合,几丁质(chitin)或寡聚N-乙酰葡萄糖胺(oligo GlcNAc)结合,L-岩藻糖(L-Fuc)结合,唾液酸(Sia)结合等五类.目前只对寡糖专一结合的凝集素也经常被发现,为此对凝集素的分类应该考虑采用其新的特性.以前,一种植物中往往只分得一种凝集素,但近年则一种植物可以分得多种凝集素.

到目前为止,已有许多植物凝集素的一级结构被测定,如ConA,兵豆凝集素(LCA),豌豆凝集素(PSL),蚕豆凝集素(VFL),山豆属的一些凝集素(如LOL-I);大豆凝集素(SBA),花生凝集素(PNA),蓖麻凝集素(RCA),双花扁豆凝集素(DBL),羊蹄甲凝集素(BPL);麦胚凝集素(WGA);荆豆凝集素(UEL)等等.也有一些凝集素以及凝集素与配体结合的复合物的三维立体结构已被测定,如ConA^[2],PSL^[3,4],VFL^[5],LOL-I^[6,7];刺桐凝集素(EcorL)^[8],西非单叶豆凝集素(GS4)^[9];蓖麻毒蛋白^[10,11];WGA^[12]等.一些凝集素的基因结构也已阐明^[13].在已知这些蛋白质结构和基因结构比较的基础上,发现它们有许多的相似性,这种结构上的相似性也说明了它们在进化上的保守性和同源性.

当然这么一类保守性很强的蛋白质,在生物体内肯定是有其特殊的生理功能的.目前对凝集素的生理功能众说纷纭,难以有一个统一的定论.同时也正是这种不统一性,说明了凝集素功能的复杂性和多样性.相比之下,动物凝集素的生理功能比植物凝集素研究得更为清

楚些.

2 植物凝集素——一些同源性蛋白

随着计算机技术的发展,蛋白质数据库的建立和蛋白质氨基酸序列的广泛比较,从迄今已经知道的凝集素的氨基酸序列可以发现,它们中的许多具有很大的同源性.或者,从局部的某些区域(domain)来看,存在很大的相似性.

2.1 豆科植物凝集素

豆科植物种子中有许多对Gal/GalNAc专一结合的凝集素,也有一些结合Man/Glc(特别是Viciae属植物).一般地分为两类:一类是由同种亚基组成的凝集素如ConA,有四个亚基;另一类则是由两种肽链(即两种亚基)组成的凝集素,如Viciae属的大多数凝集素,LCA,PSL等,各由二种不同的亚基组成,它们都是蛋白质翻译后加工的产物.大部分的豆科植物凝集素都需要金属离子,如Ca²⁺,Mn²⁺等.氨基酸组成中酸性氨基酸和羟基氨基酸的含量较多.

有许多豆科植物的凝集素,其氨基酸序列已被测定,从中可以发现,不管是属间还是属内,或者在同一种内(即同工凝集素),它们的氨基酸序列都有很大的同源性,并且在某些部位还具有特别的保守性^[14,15].

表1列出了一些豆科植物凝集素之间的同源程度^[16].

从表1可以看出,这些凝集素与LAA-I之间的同源性都相当大,均在40%左右.另外,经过蛋白质序列的分析,结合结构与功能关系的研究,可以得出一些非常有意思的结论.由于ConA的结构研究得比较清楚,参照ConA可以发现,ConA中的金属离子结合部位(E8,D10,N14,D19,H24),在LAA-I中也同样存在,是完全保守的. ConA中构成疏水部位的8个氨基酸(Y54,L81,L85,V89,F111,V179,F191,F212),在LAA-I中,有7个是完全一样的.参与糖结合的几个氨基酸,LAA-I中有4/6与ConA的相同(Y12,N14,G98,

D208). 另外, 亚基与亚基相互接触的一些氨基酸, 也非常保守. 甚至, 比较这些凝集素的 hydrophathy 图也可以发现它们之间的相似性; 二级结构预测上, 都有形成广泛的 β -折叠结构的趋向, 提示它们可能具有相同的肽链折叠模式. 这么一类结构高度相似的蛋白质, 毋庸置疑, 也肯定是众多蛋白质家族中崭新的一员.

表 1 *Laburnum alpinum* 凝集素 I (LAA-I, 甲壳寡糖专一的) 和另外一些豆科植物凝集素之间的同源程度比较

凝集素	糖结合专一性	同源程度/%
UEL-I	L-Fuc	51.4
UEL-II	chitin	82.7
Con A	D-Man/Glc	39.9
SBA	D-GalNAc	48.2
DBL	D-GalNAc	45.4
VFL	Man/Glc	40.0
LCA	Man/Glc	34.8
PSL	Man/Glc	41.0
OVL	Man	37.6
PHA	寡糖	45.2
LOL-I	Man/Glc	42.7
ECorL	Gal	37.7

LAA 和 UEL 并非是一属植物的蛋白质, 更谈不上同一种, 但是糖结合专一性都为几丁质的 LAA-I 和 UEL-II 之间的同源性却达到了 82.7%, 比同一种植物来源的二种同工凝集素 UEL-I 和 II 的同源程度 52.0% 还要大, 这不能不从另外一个角度说明了一些问题. 凝集素是按照其糖结合能力来定义的, 可以说是一类功能定义的蛋白质, 最初把它划为一类, 并无结构上的必然的联系. 但是随着自然界生物进化的发展, 这种功能上的一致性, 又必然会导致结构上的趋同性. 因此, 糖结合专一性相同的两种不同的凝集素具有更大的同源性, 也就不奇怪了. 或许这就是植物凝集素之间具有广泛的同源性的另一个主要的因素, 其它的一些蛋白质家族又何尝不是如此呢?

当然, 按照凝集素的糖结合性质来区分并非一个很好的标准, 人为性很大. 许多不同糖

结合专一性的凝集素在其一级结构上却有很大的同源性; 或者改变凝集素的糖结合部位的氨基酸残基, 其糖结合性质可以有根本性的改变^[17]. 用蛋白质工程的方法改变 BPL (Gal 专一的) 中金属离子结合的一段氨基酸序列, 换以 LCA (Man 专一的) 中对应的一段, 结果发现新的嵌合 (chimeric) 凝集素具有对 Man 专一的糖结合活性.

然而, 所有这些植物蛋白与植物本身的进化及它们之间的亲缘关系还是有很大的相关性的. 亲缘关系相近的植物中的凝集素, 它们的同源性相对地说也就大些. 如同是云实亚科中的西非单叶豆凝集素与羊蹄甲凝集素 (BPL) 的序列就非常相似. 西非单叶豆中还存在四种不同的同工凝集素, 它们的同源性也很大.

另一方面, 从基因结构上来看, 以菜豆凝集素 E 和 L 为例^[13], 它们在基因结构上是顺序连接的二个基因, 同时另外还有一些类似于凝集素的基因, 一个是 α -淀粉酶抑制剂基因, 另一个是 arcelin 基因, 它们并不具有凝集素的功能, 但同源性却很大. 很有可能, 这就是基因突变的结果.

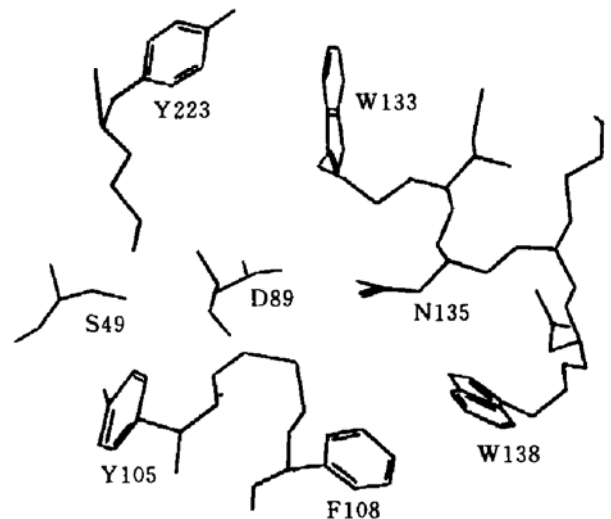


图 1 GS4 中的糖结合部位的氨基酸残基对人血型 Lewis b 末端四糖单位结合, 氨基酸残基仅以主链走向表示.

这种同源性以及它们种内的同工凝集素的相似性有力地说明了凝集素基因在进化过程中

的多样性和复杂性。

许多这一类凝集素从其氨基酸序列上来看是一类同源性很大的蛋白。同时从 X 射线衍射的晶体结构的数据来看,凝集素的高级结构也有其共同的特性。

特别是豆科植物凝集素的糖结合部位,它们通常位于暴露在蛋白质表面的环状结构上。

往往对它的糖结合性质而言是保守的,但对不同的糖类结构,则具有可变性。图 1 代表了 GS4 中的糖结合部位的氨基酸残基(对人血型 Lewis b 末端四糖单位结合)。

其中,133—138 这一段在其它豆科植物凝集素中非常保守。图 2 列出了相对于 GS4 中这一段序列的其它凝集素的氨基酸序列。

GS4:	(126) VAVEFDTWI ----NKDWNPPYP---H IGIDVNS IVS
BPL:	(130) VAVEFDWTP ----NTEWSDLRYP---H IGINVNSTVS
DBL:	(120) VAVEFDLTS ----NSGW-DPSM-K---H IGIDVNS IKS
SBA:	(121) VAVEFDLFR ----NS-W-DPPNP---H IGINVNS IRS
PLA:	(119) VAVEFDLCH ----NLDW-DK-NS I AV NLGIGSVPWNF
EcorL:	(124) LGVEFDLFS ----NQ-W-DPPQV P---H IGIDVNS IRS
UEL- I :	(123) VAVEFDLIG S P-V NF-W-DPG-F P---H IGIDVNRVKS
UEL- II :	(127) IAVEFDSY F G K T Y NP-W-DPD-F K---H IGIDVNS I KS
LTA:	(121) VAVEFDSYH ----NI-W-DPKSL RS SHVGIDVNS IMS
VFL (beta):	(119) VAVEFDLTFY ----NAAW-DPSNG KR-H ICIDVNS I KS
PSL (beta):	(116) VAVEFDLTFY ----NAAW-DPSNR DR-H IGIDVNS I KS
LCA (beta):	(118) VAVEFDLTFY ----NAAW-DPSNK ER-H IGIDVNS I KS
LOL-I (beta):	(119) VAVEFDLTFY ----NTAW-DPSNG ER-H IGIDVNS I KS
ConA:	(005) VAVELDTYP ----NTD I GDPS-Y P---H IGID I KSV RS

图 2 Gal 结合的、抗-H(O)血型的、Man 结合的凝集素中的相应于 GS4 中的一段肽段
括号内的数字为该蛋白质氨基酸序列的位置,虚线是为了得到最大的同源性而插入的空格。

这种糖结合部位的保守性不仅提示凝集素在进化过程中的重要性,而且其在生物体内肯定是有特殊的生理功能。许多凝集素与它们的糖配体的 X 射线衍射的晶体结构已经测定,从中可以看到氢键, Vander Waals 力及疏水作用等在糖和蛋白质的相互作用中起到主要的作用,可以说这也就是糖和蛋白质相互作用的本质。

2.2 大戟科植物凝集素

大戟科植物中已经发现,并测定了一级结构的凝集素有蓖麻凝集素和蓖麻毒蛋白等。蓖麻毒蛋白的 B 链含有二个主要的结构域(domain),每一个含有一个 Gal 的结合位点;并且每个结构域含有 3 个重复性的,40 个左右氨基酸残基组成的结构单元。可以推测,它是由原始的 40 个左右残基的肽单元进化而来的,并且在进化过程中,也必定由于突变而产生了许

其它类似的蛋白质。最近,蓖麻中的蓖麻凝集素/蓖麻毒蛋白的多基因家族已经鉴定^[18], cDNA 探针的分子杂交结果显示它由 8 个成员组成,其中至少有 3 个已被鉴定为凝集素的假基因,不具有凝集素功能。

我们实验室中发现的天花粉凝集素,属于葫芦科,也有类似于蓖麻毒蛋白的分子性质,并且两者有一定的同源性。这种情况说明植物凝集素的家族可以是广泛存在于各科属中的,并不一定受植物分类的限制。

随着这些科内其它凝集素序列的测定,以及序列的比较,必将会发现这又是一个同源性的大家族。

2.3 石蒜科和百合科植物的凝集素

雪花莲 (*Galanthus nivalis*) 凝集素的一级结构,生物合成,以及基因结构已经搞清^[19]。它是由 105 个氨基酸残基组成的成熟蛋白,其中

包括3个重复性的同源片段,每个约25个氨基酸残基.另外,它的5个同工凝集素的分子克隆也已鉴定^[20].从其它各方面的性质来看,石蒜科和百合科内的其它凝集素与雪花莲凝集素非常相似,它们都是Man专一结合(不对Glc结合)的凝集素,具有相似的分子量及氨基酸组成,亚基分子量为11 500—14 000,二聚体或四聚体(并且没有二硫键连接).大多数还是一些同工凝集素的混合物.因此,它必定也代表了植物凝集素这一超级家族中的又一家族.

另外,天南星科的半夏凝集素(我们实验室的工作)也有类似的分子性质.

2.4 几丁质结合的凝集素

对几丁质结合的凝集素来说,可以其糖结合部位的特征来说明这一类既相同又不同的家族的存在.

榆科中,荨麻凝集素(UDL)的一级结构最近已经阐明,这是一个含有89个氨基酸残基的蛋白质,含有二个hevein结构域(每个约43个氨基酸残基),可以说是双结构域的一类蛋白质^[21].

禾本科本身就是一个很大的科,WGA代表了这一家族的结构特征.WGA同工凝集素之一由各171个残基组成的两亚基组成,每个亚基由4个重复性的约41个残基组成的肽单元,相当于4个hevein结构域,即4个结构域的蛋白质.其它禾本科植物的凝集素与之类似,因此,它代表了植物凝集素中的又一个家族.

茄科植物中,以马铃薯凝集素为例,其肽链可分为两部分,N端是糖结合区域,C端是羟脯氨酸和糖链高度集中的部位.其糖结合区域包含了四个与WGA类似的结构域^[22].

当然不同植物本身的生长发育是一个复杂的过程,凝集素在植物体内的结构和功能的复杂性也就可想而知了.首先,不同植物本身的基因组各不相同;其次,同一植物不同的器官组织,如根、茎、叶、种子等,有不同的基因表达;再者,同一组织不同的发育时期基因所表达的产物也不尽相同.诸多复杂的因素使得凝集素的结构和功能研究变得扑朔迷离.

不同种属的植物凝集素在基因的进化发展过程中存在着保守性;同时同一基因的进化历程则经历着扩增,变异等过程,从而演变为多基因控制的基因表达,再经过转录、翻译,蛋白质产物的后加工,如糖基化等,以及一些目前尚不明了的机制,而产生了现今如此丰富多样的凝集素世界.

尽管如此,从目前已经发现并测定了它们的一级结构及高级结构的情况来看,不能不说植物凝集素是这么一个由多个蛋白质家族组成的超级家族.

随着越来越多的凝集素序列被测定,它们的高级结构的模式的建立,以及它们基因水平上的深入研究,必将证明植物凝集素在结构和功能上的相关性以及基因进化起源上的规律性.而且亦会发现越来越多的各个不同的蛋白质家族.

参 考 文 献

- 1 Liener I E, Sharon N, Goldstein I J. The lectins: properties, functions and applications in biology and medicine. Orlando: Academic, 1986: 600
- 2 Derewenda Z, Yariv J, Helliwell J R *et al.* EMBO J, 1989; 8 (8): 2189
- 3 Einspahr H M, Parks E H, Suguna K *et al.* J Biol Chem, 1986; 261 (35): 16518
- 4 Rini J M, Carver J P, Hardman K W. J Mol Biol, 1986; 189: 259
- 5 Reeke G N, Becker J W. Science, 1986; 234: 1108
- 6 Bourne Y, Roussel A, Frey M *et al.* Proteins: Stru Funct Genetics, 1990; 8: 365
- 7 Bourne Y, Rouge P, Cambillau C. J Biol Chem, 1992; 267 (1): 197
- 8 Shannan B, Lis H, Sharon N. Science, 1991; 254: 862
- 9 Delbaere L T J, Vandonselaar M, Prasad L *et al.* Can J Chem, 1990; 68: 1116
- 10 Montfort W, Villafranca J E, Monzingo A F *et al.* J Biol Chem, 1987; 262 (11): 5398
- 11 Rutenber E, Katzin B J, Ernst S *et al.* Proteins: Stru Funct Genetics, 1991; 10: 240
- 12 Wright C S. J Mol Biol, 1987; 194: 501
- 13 Chrispeels M J, Raikhel N V. The Plant Cell, 1991; 3: 1
- 14 Yamamoto K, Konami Y, Kusui K *et al.* FEBS lett, 1991; 281 (1, 2): 258

- 15 Yamamoto K, Konami Y, Osawa T *et al.* J Biochem, 1992; **111** (1): 87
- 16 Konami Y, Yamamoto K, Toyoshima S *et al.* FEBS lett, 1991; **286** (1, 2): 33
- 17 Yamamoto K, Konami Y, Osawa T *et al.* J Biochem, 1992; **111**: 436
- 18 Tregear J W, Roberts L M. Plant Mol Biol, 1992; **18**: 515
- 19 Vandamme E J M, Kaku H, Perini F *et al.* Eur J Biochem, 1991; **202** (1): 23
- 20 Vandamme E J M, De Clereq N, Claessens F *et al.* Planta, 1991; **186**: 35
- 21 Beintema J J, Peumans W J. FEBS lett, 1992; **299** (2): 131
- 22 Sharon N, Lis H. Lectins. London: Chapman and Hall, 1989: 55

纤维粘连蛋白的分子生物学研究

王玲 王振义

(上海血液研究所, 上海 200025)

戚正武

(中国科学院上海生物化学研究所, 上海 200031)

摘要 纤维粘连蛋白是一双链结构、由多个功能区构成的大分子糖蛋白。多肽链分子由三种形式的结构模型重复出现所构成, 相邻的几个重复结构组成一个功能区。体内仅一条 FN 基因, 经选择剪切产生多种形式的 FN 多肽, 它们之间的区别在于三个可变区氨基酸残基的不同。纤维粘连蛋白参与广泛的病理及生理过程, 其功能区结构及基因结构的深入研究, 有利于阐明其结构与功能的关系。

关键词 纤维粘连蛋白, 重复序列结构, 选择剪切

纤维粘连蛋白 (fibronectin, Fn) 是广泛存在于血浆及各种体液中的一种糖蛋白, 也存在于多种细胞膜及细胞外基质中, 前者称血浆型纤维粘连蛋白 (pFn), 后者称细胞型纤维粘连蛋白 (cFn)。Fn 是一种多功能的蛋白质, 参与细胞的粘附、变形与分布, 在止血与血栓、癌基因转染等过程中均起作用, 因而对其结构和功能的分子生物学研究引起人们广泛兴趣。

1 纤维粘连蛋白分子的结构特点

Fn 是双链结构的大分子, 分子量约

440000, 仅有的一对链间二硫键位于 C 末端 20 个氨基酸内。含糖量 5%, PI 为 5.6—6.0。两单链之间及不同组织来源的 Fn 之间, 其肽链结构和组成上极相似, 但不完全一致, 在链上几个可变区内的氨基酸有差异, 每条单链约有 30 个链内二硫键。生理状态下双链 Fn 的部分肽链呈“蠕虫样”卷曲, 圆二色谱和电镜结果显示, 多肽结构中无 α -螺旋, 仅有少量 β -结构。

1.1 肽链结构中的重复序列

Fn 蛋白序列的部分测定及利用重组 DNA 克隆测序方法, 已推导出人和其它几种动物

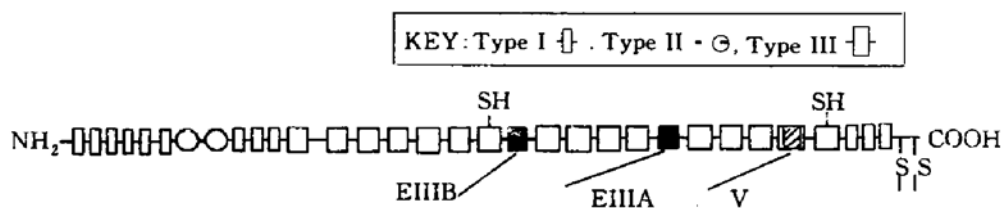


图 1 纤维粘连蛋白单链一级序列结构示意图

Enzyme Catalysis in Low-Water Organic Media. Yang Zhen, D. A. ROBB, Ji Liangnian.

(Center for Biotechnology, Department of Chemical Engineering, University of Pittsburgh, Pittsburgh, PA 15261, USA). *Prog. Biochem. Biophys.* (China), 1994; 21 (2): 98

Enzymes are catalytically active not only in aqueous solution but also in organic media (low-water solvent system, reversed micelles, monophasic cosolvent system, and biphasic organic/aqueous system). Of special interest is the low-water solvent system, because it is important to organic synthesis. In this review, attention is focused on the factors that influence enzyme catalysis in a low-water solvent including the role of water, selection of the solvent and support, some special properties acquired by enzymes in such a system are discussed. Examples of applications with the use of enzymes in organic synthesis, analysis, and polymer chemistry, are listed.

Key words enzymatic catalysis, enzyme activity, organic media, low-water solvent system

The Superfamily of Plant Lectins. Sun Jianzhong, Wang Keyi.

(Shanghai Institute of Biochemistry Academia Sinica, Shanghai 200031). *Prog. Biochem. Biophys.* (China), 1994; 21 (2): 104

Lectins are a kind of carbohydrate-binding proteins. Though they differ in their carbohydrate specificities, they resemble each other in many physicochemical properties. By now, a lot of plant lectins have been sequenced, and some of their three-dimensional structures have been established. A few lectin genes have been cloned. Comparison of their primary sequences and tertiary structures, we can find that plant lectins are several large groups of homologous

proteins belonging to a superfamily.

Key words plant lectins, homology comparison, protein superfamily

Progress in the Molecular Biological Research on Fibronectin. Wang Ling, Wang Zhenyi, Qi Zhengwu.

(Shanghai Institute of Hematology, Shanghai Second Medical University, Shanghai 200025). *Prog. Biochem. Biophys.* (China), 1994; 21 (2): 109

Fibronectin (Fn) is a high molecular dimer of glycoprotein with a series of discrete structural domains. It is composed of three type repeats, type I, II and III. A serial repeats form a functional domain. There is only one Fn gene in body, and by alternative splicing it produces many kinds of Fn polypeptides, which have different sequences in three variable regions. Fn is involved in a variety of biological functions. It is very important to elucidate the relationship between the function and structure relationship by deeply analysing the structures of its domains and gene.

Key words fibronectin, repeats, alternative splicing

Progress in Topography of Ribosomal RNA and RNA N-Glycosidase Research (I). Zhang Jinsong, Liu Wangyi.

(Shanghai Institute of Biochemistry, Academia Sinica, Shanghai 200031). *Prog. Biochem. Biophys.* (China), 1994; 21 (2): 113

The α -sarcin domain of 28S rRNA is involved in protein synthesis reaction catalyzed by ribosomes. It was demonstrated that trichosanthin is an RNA N-glycosidase, and a new method for RNA N-glycosidase assay was preliminarily established. Trichosanthin cleaves the supercoiled double-stranded DNA to produce nicked