



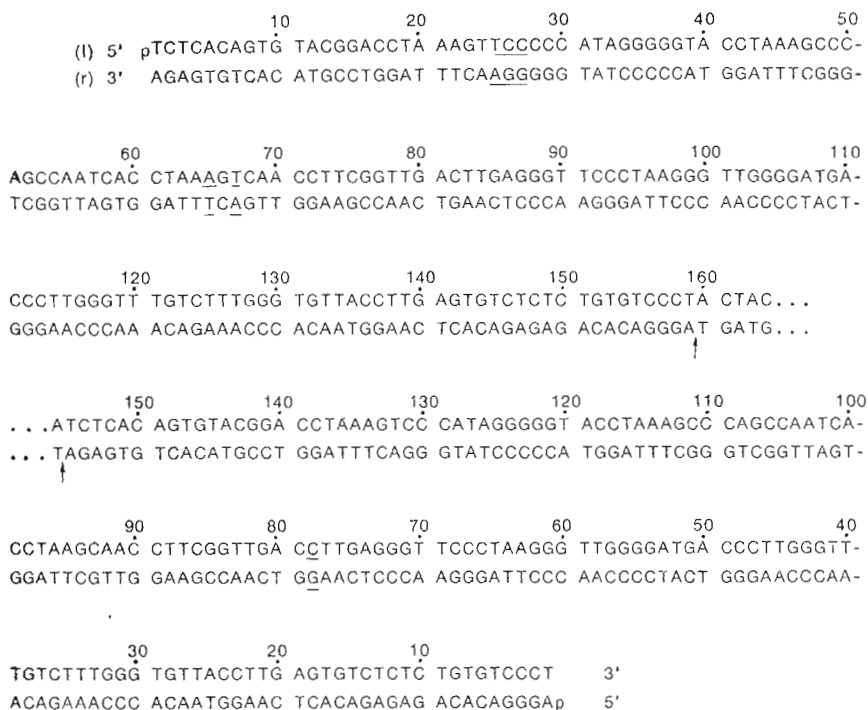
УДК 547.963.32.02

НУКЛЕОТИДНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ КОНЦЕВОГО ПОВТОРА В ДНК ФАГА Т7

Коробко В. Г., Грачев С. А., Колосов М. Н.

*Институт биоорганической химии им. М. М. Шемякина
Академии наук СССР, Москва*

Интересной особенностью фага Т7 и некоторых других вирусов, хромосома которых представляет собой линейную двухцепочечную ДНК, является концевая избыточность. Она имеет важное функциональное значение, так как репликация линейной ДНК неизбежно должна протекать через конкатемерные структуры, а необходимым условием их образования является наличие идентичных последовательностей на концах цепей [1]. В связи с этим мы исследовали концевые участки ДНК фага Т7 [2], но выяс-



Нуклеотидная последовательность концевого повтора в ДНК фага Т7. Границы повтора отмечены стрелками, подчеркнуты «лишние» нуклеотиды, имеющиеся только в одном из двух концевых участков ДНК

ненные в то время последовательности (65 нуклеотидов в *l*-цепи и 84 в *r*-цепи) оказались слишком короткими для выявления концевой повтора. Определяя дальнейшую структуру этих цепей, мы теперь обнаружили почти совершенный повтор длиной более 150 пар оснований.

Меченые концевые фрагменты *Hae*III-1300 и *Hae*III-150 получали из ДНК T7, как в предыдущей работе [2], и анализировали методом Максама — Гилберта [3] с описанными ранее изменениями [4, 5]. Частичную модификацию ДНК по звеньям G [5], A + G [4], C + T и C [3] проводили при 20° в течение, соответственно, 4, 9, 14 и 12 мин. Продукты деградации разделяли электрофорезом в 12,5% полиакриламидном геле (30 × 80 × 0,09 см). Установленная структура представлена на рисунке.

Из этой структуры следует, что 159-членная 3'-концевая последовательность *r*-цепи (или 5'-концевая *l*-цепи) может спариваться 154 основаниями с 155-членной 3'-концевой последовательностью *l*-цепи (соответственно, с 5'-концом *r*-цепи), причем только 6 нуклеотидов остаются вне дуэкса. Левый конец ДНК T7 содержит два сайта *Hind*II в положениях 66—71 и 77—82, что хорошо согласуется с данными работы [6], тогда как расположение крайнего правого сайта *Hind*II (нуклеотиды 79—84, считая от правого конца) противоречит сообщению [7], что эта рестриктаза отщепляет от правого конца ДНК T7 фрагмент длиной 30 пар оснований.

ЛИТЕРАТУРА

1. Watson J. D. (1972) *Nature New Biol.*, **219**, 197—201.
2. Коробко В. Г., Чувпило С. А., Колосов М. Н., Грачев М. А., Зайчиков Е. Ф., Плетнев А. Г. (1978) *Биоорганическая химия*, **4**, 1132—1134.
3. Maxam A. M., Gilbert W. (1977) *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, **74**, 560—564.
4. Коробко В. Г., Грачев С. А. (1977) *Биоорганическая химия*, **3**, 1420—1422.
5. Коробко В. Г., Грачев С. А., Колосов М. Н. (1978) *Биоорганическая химия*, **4**, 1281—1283.
6. Hsieh Tao-shin, Wang J. C. (1976) *Biochemistry*, **15**, 5776—5783.
7. Ludwig R. A., Summers W. C. (1975) *Virology*, **68**, 360—373.

Поступило в редакцию
31.VIII.1978

THE NUCLEOTIDE SEQUENCE OF THE TERMINAL REPETITION IN PHAGE T7 DNA

KOROBKO V. G., GRACHEV S. A., KOLOSOV M. N.,

*M. M. Shemyakin Institute of Bioorganic Chemistry,
Academy of Sciences of the USSR, Moscow*

The sequences of 164 and 156 nucleotides at the left and right ends, respectively, of T7 DNA have been determined. They were found to contain almost perfect terminal repetition 154 base pair long with only nucleotides 25—27, 65, and 67 of the left-terminal sequence and the nucleotide 78 of the right-terminal sequence having no counterparts.