



# БИООРГАНИЧЕСКАЯ ХИМИЯ

том 4 \* № 12 \* 1978

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 T7 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 T7 [2], но выяс-

10	20	30	40	50	
(l) 5' pTCTCACAGTG	TACGGACCTA	AAGTT <u>CCCCC</u>	ATAGGGGTA	CCTAAAGGCC	
(r) 3'	AGAGTGTAC	ATGCCTGGAT	TTCA <u>AGGGGG</u>	TATCCCCAT	
60	70	80	90	100	110
AGCCAATCAC	CTAAAG <u>TCA</u>	CCTTCGGTTG	ACTTGAGGGT	TCCCTAAGGG	TTGGGGATG
TCGGTTAGTG	GATT <u>TCA</u> GT	GGAA <u>GCC</u> AAC	TGA <u>ACTCCC</u>	AGGGATTCCC	AACCC <u>CTACT</u>
120	130	140	150	160	
CCCTGGGTT	TGTCTTG	TGTTACCTTG	AGTGTCTCT	TGTGTCCCTA	CTAC...
GGGAACCCAA	ACAGAAACCC	ACAATGGAAC	TCACAGAGAG	ACACAGGGAT	GATG...
↑					
150	140	130	120	110	100
...ATCTCAC	AGTGTACGG	CCTAAAGTC	CATAGGGG	ACCTAAAGCC	CAGCCAATCA
...TAGAGTG	TCACATGCC	GGATTCAGG	GTATCCCCA	TGGATTCGG	GTCGGTTAGT
↓					
90	80	70	60	50	40
CCTAAAGCAAC	CTTCGGTTG	<u>C</u> TTGAGGGT	TCCCTAAGGG	TTGGGGATG	CCCTTGGGTT
GGATTGTTG	GAAGCCAACT	<u>G</u> GA <u>ACTCCC</u>	AGGGATTCCC	AACCC <u>CTACT</u>	GGGAACCCAA
30	20	10			
TGTCTTG	TGTTACCTTG	AGTGTCTCT	TGTGTCCCT	3'	
ACAGAAACCC	ACAATGGAAC	TCACAGAGAG	ACACAGGGAp	5'	

Нуклеотидная последовательность концевого повтора в ДНК фага T7. 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 концевого повтора. Определяя дальнейшую структуру этих цепей, мы теперь обнаружили почти совершенный повтор длиною более 150 пар оснований.

Меченные концевые фрагменты *HaeIII*-1300 и *HaeIII*-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 С [3] проводили при 20° в течение, соответственно, 4, 9, 14 и 12 мин. Продукты деградации разделяли электрофорезом в 12,5% полиакриламидном геле ( $30 \times 80 \times 0,09$  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 дуплекса. Левый конец ДНК T7 содержит два сайта *HindII* в положениях 66—71 и 77—82, что хорошо согласуется с данными работы [6], тогда как расположение крайнего правого сайта *HindII* (нуклеотиды 79—84, считая от правого конца) противоречит сообщению [7], что эта рестрикция отщепляет от правого конца ДНК T7 фрагмент длиною 30 пар оснований.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Watson J. D. (1972) *Nature New Biol.*, **219**, 197—201.
2. Коробко В. Г., Чувшило С. А., Колосов М. Н., Грачев М. А., Зайчиков Е. Ф., Плетнев А. Г. (1978) *Биоорганская 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) *Биоорганская химия*, **3**, 1420—1422.
5. Коробко В. Г., Грачев С. А., Колосов М. Н. (1978) *Биоорганская 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.