

标准,按需定量,以量定种植面积,按质论价,优质优价。厂家负责收购,科研推广部门负责提供良种和技术指导,生产部门组织生产,确保优质大麦原料的生产。

(五)开展大麦的综合利用开发研究  
大麦用途广泛,应开展大麦的综合利用,开展大麦在食品、保健、配合饲料、化工等方面的应用研究,拓宽大麦利用领域。

## 玉米转座子 *spm* 的分子遗传学的概述

史桂荣 祁永红

齐玫馨

(黑龙江省农科院玉米研究中心)

(龙江县种子管理站)

目前,用遗传学方法已从玉米中鉴定出了十余个转座子体系,但只有其中两个体系在分子水平上研究的较为清楚,这就是 *Ac-Ds* 体系(Activator—dissociation system)和 *spm* 体系(Suppressor—mutator system)。*spm* 是由 B. McClintock 和 P. A. Peterson 于五十年代分别独立发现的。当时,McClintock 将其命名为 *spm*,而 Peterson 则将其命名为 Enhancer (*En*)。后来遗传学和分子生物学的研究结果都表明:*En* 和 *spm* 是完全相同的,具有相同的分子结构和遗传功能,因而现在通常将其表示为 *En/spm*,或 *spm(En)*。

### 1. *spm* 的分子结构

*spm* 的长度为 8.3kb,末端带有 13bp 的完整反向重复序列(IRs)。同时,在转录单位的

两侧的次末端区有一个次末端重复性片段(Subterminal repetitive region),该片段由几百个碱基对组成,其中有很多个正向或反向排列的结构单元。该结构单元与 12bp 的交感序列(consensus sequence)CCGACTCTTA 同源程度很高,但却与 13bp IRs 不同源。

*spm* 转录单位由 11 个外显子和 10 个内含子组成。第一个内含子很大,占据该因子的 5' 端的一大半,内含两个紧密相联的开放阅读框(ORF),前面与 0.4kb 的第一个外显子相连,其余的 9 个内含子都很短。转录单位的第一个外显子不翻译,在 5' 端开始处富含 Gc 碱基,在该外显子内有 11 个同向的重复序列,该序列与 17bp 组成的交感序列 CGGGCGGGC-GGCCTCGC 同源性极强(见图)。

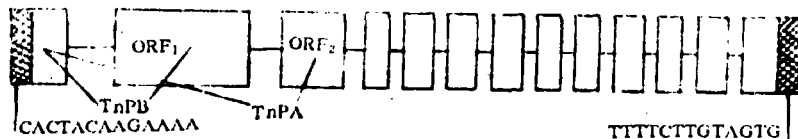


图 *spm* 的分子结构

图中两端的影格部分代表末端反向重复序列,空格代表 *TnPA* 的外显子,*TnPA* 从第二个外显子处开始翻译。

*spm* 至少编码 *TnPA* 和 *TnPB* 两种蛋白,*TnPA* 蛋白的分子量为 69kDa,由 2.5kb 的转录本编码,该基因结构现已研究得较清楚。*TnPB* 由 6kb 的转录本编码,其基因结构尚不清楚。不过,杂交结果表明 *TnPB* 或至少部分

*TnPB* 由 *tnPA* 基因的第二个内含子内的 *ORF1* 和 *ORF2* 所编码(见图)。细胞中 *TnPA-mRNA* 的含量大约是 *TnPB-mRNA* 含量的 100 倍。*TnPA* 的转录(或许还有 *TnPB* 的转录)起始于 *spm* 5' 端的第 209 号碱基,因而这两个转

录本是重叠的,是由一个共同的前体转录本在不同位置终止而形成的。

除了完整的 *spm* 外,还从玉米中分离到了很多结构不完整的 *spm* 因子,称之为缺陷性 *spm*,写作 *dspm*。*dspm* 是由 *spm* 的内部缺陷形成的,只有在 *spm* 存在的情况下,才能激活 *dspm*,使其具有转座功能。因而 *spm* 为自主型的,而 *dspm* 为非自主型的,这与 AC-DS 的关系一样。另外还分离到了一类转座功能介于 *dspm* 与 *spm* 之间的中间型转座子—弱化 *spm* 转座子,记作 *spm-w*。*spm-w* 是在标准的 *spm* 的第一个内含子的开放阅读框缺失 1.6kb 之后形成的。突变体 *spm-w-80* 转座能力较低,但保留了转座的主要功能。这表明,尽管 ORF 不是 *spm* 转座所必须的,但它可能对转座效率影响很大。

## 2. *spm* 的分子转座模型

转座子一般由编码转座酶的部分和与其相连的转座底物结合序列所组成。通过转座酶以及其它一些细胞因子与转座底物的相互作用,完成转座子的切离及再插入的过程。*spm* 的转座过程尽管与染色体的复制相偶联,但却是非复制型的。在各种情况下,该因子从供体上切离下来和插入到目的位点,往往都发生在同一染色体的相邻位点之间。

Saedler 和 Nevers 提出了一个“切割—粘合”的转座机制模型,该模型认为转座酶先识别转座子的端点,然后在靶序列的重复末端产生错位的缺口,再以同样的方式完成再插入过程。现已得到作用于切离位点的 DNA 修复酶与处于转座复合物中心的转座子相互作用的复合物。而 Coen 模型认为,切离和再插入的切割活性是不同的,错位的缺口只在受体位点形成,而处于供体位点的转座子被精确地从转座子的两端切开而被释放出来。切离过程在切离位点产生两个发夹式结构。这两模型都认为转座子有一种自由的中间体存在,这一中间体与染色体 DNA 无关。现已从玉米 MUI 转座子中发现了这种非染色体的考贝。

最近,又出现了一个新的模型用以解释转座过程往往容易发生在相邻位置的原因。该模型认为是供体与受体位点物理作用的结果,首先只在转座子的一端产生一个切口,产生的自由端连在受体位点上,然后转座子的另一端从供体上切下来再连接到受体上。上述两模型的切割方式均能完成本模型的切割作用。本模型不认为有转座子的“正常的”转座中间产物存在。

## 3. *spm* 的功能分析

如前所述,*spm* 的末端由两个区域组成;最端点的 13bp 长的完整的 TIR,以及次末端的由几段 12bp 单元序列正反向重复组成的区域。该区域在 5'端长度为 180bp,3'端为 300bp。

去除 *spm* 端点的 13bp 的 TIR 可极大地降低该因子的切除频率,在次末端区部分地切除 12bp 的重复单元也可以降低切离频率,降低的程度与切除的程度成比例。该因子的一端将 12bp 重复单元全部切除,就使得该因子彻底失去了切离能力。总之,上述结果证明:13pb 的 TIRs 和次末端区的 12bp 的重复单元都具有编码 *spm* 体系切离底物的功能。

含量较丰富的 TnPA 的 cDNA 在大肠杆菌中表达后,合成的是一种 DNA 结合蛋白,该蛋白识别 *spm* 次末端的 12bp 结构单元,该单元决定 *spm* 的顺式转座作用。根据 TnPA 结合 *spm* 的特点,可以推测 TnPA 就是 *spm* 体系中的抑制子(Suppressor)部分。

抑制子的功能可以用几种等位基因检测,在这些等位基因中较小的缺陷性 *spm* 因子插入频率降低了,但并不降低基因表达程度。然而,当同一基因组内有表达 TnPA 的 *spm* 因子存在时,基因表达就受到抑制,因为结合 TnPA 后阻止了转录过程的完成,在烟草原生质内瞬间检测抑制子时,发现 TnPA 结合到不同的 12bp 结构单元组合时,所表现的抑制程度也不同。

*spm* 结合 TnPA 后,对有的基因表达反倒起激活作用,如激活 *al-m* 基因的表达,这

是因为转座子 *spm* (未结合 *TnPA* 以前) 插入后破坏了 *A<sub>1</sub>* 基因的起动区的连续性, 因而抑制了该基因的表达, 然而当 *spm* 与 *TnPA* 结合后, *TnPA* 使部分恢复了该基因的表达, 这可能是 *TnPA* 激活了 *A<sub>1</sub>* 起动子。

*TnPA* 结合位点在转座子两端的对称分布, 也是 *TnPA* 发挥作用所必需的。在转座子的任一端如果没有 *TnPA* 结合位点, 就不能完成切离过程。不过应强调的是, 仅靠 *TnPA* 本身是无法完成切离作用的。比如 *spm* 的缺陷性突变体 *spm-w-8011* 和 *En<sub>2</sub>* (*ORF<sub>1</sub>* 和 *ORF<sub>2</sub>* 的序列缺失了) 尽管仍然表达 *TnPA*, 但却不能完成切离作用。这一结果表明转座作用至少还需要第二个功能产物—*TnPB*, *TnPB* 至少与部分的 *ORF<sub>1</sub>* 和 *ORF<sub>2</sub>* 有关, 它可能由 6kb 的 mRNA 所编码。目前尚未能对 *TnPB* 进行生化分析, 因其转录本含量很低。不过, 通过与其它植物的类似于 *spm* 的转座子进行比

较, 可以预测 *TnPB* 的作用。

总之, *spm* 的转座过程有两个产物 *TnPA* 和 *TnPB* 的参与; *TnPA* 结合到次末端区的结构单元上, 维持转座复合物的稳定性; *TnPB* 与末端的 13bp TIRs 联合作用完成切割核酸的作用。

## 参 考 文 献

- [1] Doring, H. K. et al.; (1986) *Ann. Rev. Genet.* 20, 175~200
- [2] Fedoroff, N. V. et al.; (1988) *Genetics* 120: 559~577
- [3] Fedoroff, N. V. (1989) *Cell* 56: 181~191
- [4] Masson, P.; (1987) *Genetics* 177: 117~137
- [5] Nevers P. et al; *Nature* 268: 109~115
- [6] Peferson PA; (1987) *CRC Crit. Rev. Plant Sci.* 6, 105~208
- [7] Schiefelbein, J. W. et al; (1985) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 82: 44783~7

## 国外科技动态

# 淀粉和非淀粉因素对日本加盐白面条食用品质的影响

日本每年需要45万吨面粉用于生产加盐白面条。这种面条的最重要品质指标是食感品质(面条质地), 其次是色泽、风味、外观及煮后的重量和体积; 面条质地要求光滑、柔软具弹性, 外观要求光亮具奶油色。中国和朝鲜也生产类似的面条, 他们要求这类面条质地较硬、色泽白。

澳大利亚西部的标准白麦是生产日本加盐白面条的上选原料, 这类小麦软质、面团强度中等, 其淀粉糊化性质能保证生产出的面条具有较优的品质, 这种糊化性质表现为: 高淀粉糊峰粘度、低糊化温度、到达峰粘度时间短及淀粉崩解大。蛋白质含量也影响面条品质。

本研究试图将淀粉糊粘度性质、蛋白质含量、子粒硬度及面粉色泽与日本加盐白面条的感观品质联系起来。

## 材料和方法

选用1988~1989年度澳大利亚小麦品种试验区种植的现有品种或高代品系共42份材料, 测定子粒硬度(粒度指数 PSI)和蛋白质含量(N×5.7), 用 Buhler 实验磨磨制面粉, 出粉率控制到60%, 采用 Simon 色泽等级系列 N 测定面粉色泽等级。

制作日式加盐白面条, 由经训练的品尝小组人员根据日本标准对品质进行评价, 采用改进