

31. A. Crossway et al. *Mol. Gen. Genet.* 202, 1986, 179.
32. T. J. Reich, V. N. Iver and B. L. Miki. *BioTechnology* (NY) 4, 1986, 1001.
33. J. R. S. Fincham, *Nature*, 306, 1083, 425-426.
34. H. P. Doring, E. Tillmann and P. Strlinger. *Nature* 307, 1984, 127-130.
35. N. Grimsley, T. Hohn, J. W. Davies and B. Hohn. *Nature*, 325, 1987, 177.
36. N. Brisson, J. Paszkowski, J. R. Penswick, B. Gronenborn, I. Portykus and T. Hohn. *Nature* 310, 1984, 511-514.
37. J. Stanley. *Nature* 305, 1983, 643-645.
38. L. Comai, D. Facciotti, R. W. Hiatt, G. Thompson, R. E. Rose and D. M. Stalker. *Nature* 317, 1985, 741-744.
39. D. M. Shah, R. B. Horsch, H. J. Klee, G. M. Kishore, J. E. Wnter, N. E. Tumer, C. M. Hironaka, P. R. Sanders, C. S. Gasser, S. Aykent, N. R. Siegel, S. G. Rogers and R. T. Fraley. *Science* 233, 1986, 478-481.
40. C. J. Houwing and E. M. J. Jaspars. *FEBS Lett.* 209, 1986, 284-288.
41. L. S. Loesch-Fries, D. Merlo, T. Zinnen, L. Burhop, K. Hill, K. Krahn, N. Jarvis, S. Nelson and E. Halk. *EMBO J.* 6, 1987, 1845-1851.
42. M. Vaeck, A. Reynaerts, H. Hofte, S. Jansens, M. De Beuckeleer, C. Dean, M. Zabeau, M. Van Montagu and J. Leemans. *Nature* 328, 1987, 33-37.
43. G. M. S. Hooykaas-van Slogteren, P. J. J. Hooykaas and Scilperoot, *Nature* 311, 1984, 763-764.
44. M. Boutry, F. Nagy, C. Poulsen, K. Aoyagi and N. C. Chua. *Nature* 328, 1987, 340-342.
45. D. W. Ow et al. *Science* 234, 1986, 856.
46. M. P. Timko, A. P. Kausch, C. Castresana, J. Fassler, L. Herrera-Estrella, G. van den Broeck, M. Van Montagu, J. Schell and A. R. Cashmore. *Nature* 318, 1985, 579-582.
47. R. A. Jefferson, T. A. Kavanagh and M. W. Bevan. *EMBO J.* 6, 1987, 3901 - 3907.

Stale rozszerzające się badania kwasów rybonukleinowych powodują gromadzenie się olbrzymiej ilości danych strukturalnych (sekwencje nukleotydów, struktury I-rzędowe), których przechowywanie i analiza są obecnie prawie niemożliwe bez wykorzystania maszyn matematycznych.

Zbiory struktur czy sekwencji nazywamy krótko bankami. Niektóre z nich są przygotowywane przez wielkie organizacje naukowe np. Europejska Organizacja Biologii Molekularnej (EMBO), inne natomiast przez niewielkie grupy badawcze. Oczywiście te ostatnie są bardziej wyspecjalizowane i mają mniejszy zasięg.

Prowadzone od wielu lat w Zakładzie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu badania kwasów rybonukleinowych, głównie transferowych, spowodowały nasze zainteresowania w tworzeniu własnych kompilacji. Początkowo takie zestawienie wydano w postaci skryptu (1), a następnie w formie książkowej (2). Szybki rozwój metod określania sekwencji nukleotydów w kwasach rybonukleinowych, ale nie tylko, spowodował wzrost ilości poznanych struktur I-rzędowych, których gromadzenie w tradycyjny sposób okazało się niemożliwe. Wykorzystując posiadane własne zbiory oraz innych autorów (3,4) stworzyliśmy w Zakładzie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu 2 banki struktur:

- 1) transferowych kwasów rybonukleinowych (tRNA),
- 2) rybosomalnych 5S rRNA.

Bank tRNA zawiera wszystkie struktury I-rzędowe tych kwasów poznane do połowy 1987. Podstawowe informacje zawarte tutaj to sekwencje nukleotydowe oraz dane literaturowe. Integralną częścią banku jest pakiet programów opracowanych przez nas i służących do: wykreślenia struktury II-rzędowej tRNA, porównywania sekwencji nukleotydowych różnych tRNA oraz do analizowania występowania modyfikowanych nukleotydów itd. Dalsze programy są w opracowaniu.

Bank 5S rRNA zawiera wszystkie struktury I-rzędowe tego rodzaju kwasów nukleinowych zgromadzone do 1987. Szybkość narastania informacji jest tutaj szczególnie duża. Publikacje na ten temat ukazują się na łamach różnych czasopism (także małospecjalistycznych), co w pewnej mierze

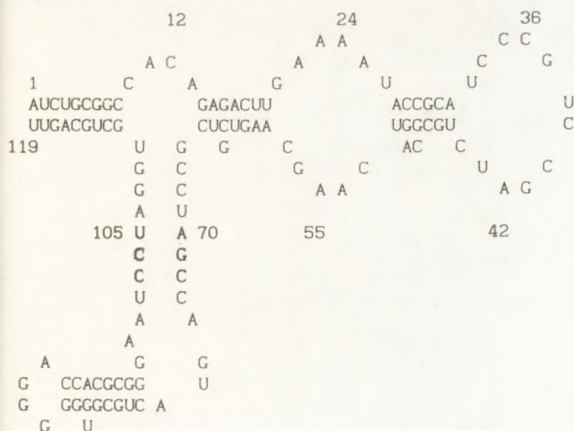
Informacja o bankach kwasów nukleinowych

Jan BARCISZEWSKI
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Poznań

utrudnia utrzymywanie zbioru w wersji najaktualniejszej.

Bank zawiera informacje dostępne w literaturze (4) oraz zebrane przez nas, głównie jednak sekwencje nukleotydowe oraz dane literaturowe. Jesteśmy w posiadaniu niewielkiego pakietu programów (będącego w rozbudowie) służącego do zapisu struktury II-rzędowej oraz analizy stabilności termodynamicznej. Przykładowy wydruk informacji dotyczącej jednego z 5S rRNA grzybów (zob. rys.).

```
ID  USTILAGO.MAYDIS.5SRRNA; RNA; 118 BP.
SQ  SEQUENCE 118 BP; 26 A; 35 C; 22 U; 35 G.
AUCUGCGCCACAGACUUGAAAAUACCGCAUCCGGUCCGAUCUGCGCAGUCAAGCAAG
UCGUCGCCUAGCCAGUACUGCGGGGGGACCACCGGGAAUCCUAGGUGCUGCAGUU
DT  10-MAY-1985
DE  5S RRNA
KW  5S RRNA; RIBOSOMAL RNA; BASE SEQUENCE; PHYLOGENETIC TREE.
OS  USTILAGO MAYDIS GD 1042
OC  EUKARYOTA; MYCOTA; BASIDIOMYCETES; USTOMYCETES.
HS  ZEA MAYS (MAIZE, MAYS, MAIS)
HC  EUKARYOTA; CHLOROBIONTA; CORMOPHYTA; SPERMATOPHYTA;
HC  ANGIOSPERMAE; LITIATAE; POALES; POACEAE.
RN  [1]
RA  BLANZ P.A., GOTTSCHALK M.;
RT  'A COMPARISON OF 5S RIBOSOMAL RNA NUCLEOTIDE SEQUENCES
RT  FROM SMUT FUNGI'
RL  SYSTEM. APPL. MICROBIOL. 5:518-526(1984)
LT  50734
SP  USTILAGO MAYDIS (BASIDIOMYCOTA, USTOMYCETES)
ST  1 9, 110 118
ST  14 21, 57 62 64 65
ST  27 32, 45 48 51 52.
ST  66 71, 104 109
ST  78 82 84 86, 91 98
```



Rys. Przykładowy wydruk informacji jednego z 5S RNA grzybów.

Prace nad aktualizacją banków danych oraz poszerzeniem pakietów programów są kontynuowane.

Literatura:

1. J. Barciszewski, A. Rafalski, K. Szyfter, Atlas struktur pierwszorzędowych transferowych kwasów rybonukleinowych, Wyd. UAM, Poznań 1974.
2. J. Barciszewski, A. Rafalski, Atlas of Transfer Ribonucleic Acids Sequences and Modified Nucleosides, PWN, Warszawa-Poznań 1981.
3. M. Sprinzl, T. Hartmann, F. Meissner, J. Moll, T. Vorderwülbecke, Compilation of tRNA Sequences and Sequences of tRNA Genes, Nucleic Acids Res. 15, r53 - r188 (1987).
4. V. Erdmann, J. Wolters, Collection of Published 5S, 5.8 S and 4.5 S Ribosomal Sequences, Nucleic Acids Res. 14, r1 - r59 (1986).

