



УДК 577.212.3 : 579.841.51

НУКЛЕОТИДНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ
АРХЕБАКТЕРИАЛЬНОГО МОБИЛЬНОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО
ЭЛЕМЕНТА ISH S1

Звяга Т. А., Зозуля С. А., Гурьев С. О.

Филиал Института биоорганической химии им. М. М. Шемякина
Академии наук СССР, Пущино Московской обл.

Определена полная первичная структура архебактериального мобильного генетического элемента ISH S1 из *Halobacterium halobium*. На основании сравнительного анализа нуклеотидной последовательности ISH S1 с другими мобильными генетическими элементами галобактерий предложена гипотетическая модель галобактериального промотора.

Экстремально галофильные бактерии семейства *Halobacteriaceae*, а также некоторые термоацидофильные и метаногенные бактерии являются, как известно, представителями отдельной основной эволюционной ветви — первичного царства архебактерий [1, 2]. Изучение генетики архебактерий может пролить свет на фундаментальные вопросы молекулярной эволюции генома и расширить представления об общих принципах его функционирования.

Ранее мы уже сообщили о клонировании и частичной характеристике мобильных генетических элементов ISH 2 и ISH S1 из *H. halobium* в процессе изучения генетики бактериородопсина [3, 4]. В данной работе приведены результаты определения первичной структуры мобильного элемента ISH S1 и ее анализа.

Источником определяемой последовательности служила описанная ранее плаزمида pZK1S1 [3, 4], содержащая клонированный *Pst*I-фрагмент (6,5 тыс. п.о.) геномной ДНК *H. halobium* S1 с мутантным геном бактериородопсина, инактивированным вставкой мобильного генетического элемента ISH S1. Стратегия определения первичной структуры этого элемента и прилегающих к нему участков гена бактериородопсина показана на рис. 1. Анализ последовательностей проводили методом Сэнгера [5, 6]. Для этого плазмиду pZK1S1 гидролизовали либо совместным действием рестриктаз *Bam*HI и *Kpn*II, либо рестриктазой *Xba*I и выделяли фрагменты ДНК, содержащие участки последовательности ISH S1. После «шотган»-клонирования в составе одноцепочечной ДНК фага M13mp8 субфрагментов, полученных расщеплением вышеупомянутых фрагментов рестрикционными эндонуклеазами *Sau*3A, *Hae*III, *Taq*I, *Hpa*II, *Alu*I, определяли их нуклеотидную последовательность. Кроме того, было проведено клонирование *Eco*RI-фрагмента ISH S1, а затем и входящих в его состав субфрагментов с последующим секвенированием ДНК полученных клонов. В результате была установлена полная нуклеотидная последовательность мобильного элемента ISH S1 длиной в 1449 п.о. (рис. 2) и прилегающих к нему участков гена бактериородопсина. В ходе секвенирования последовательность была определена полностью по двум цепям ДНК и каждый нуклеотид последовательности был прочитан в среднем 9,2 раза. Наряду с определением первичной структуры ISH S1 была проведена оценка копийности и распределения этого элемента в ДНК различных штаммов *H. halobium* (дикого типа, R1, S1, R1M1, R1mR). Блот-гибридизация *Eco*RI-фрагмента ISH S1 с рестриктами тотальной ДНК показала, что мобильный элемент ISH S1 представлен в ДНК этих штаммов в количествах от одной до трех копий на геном.

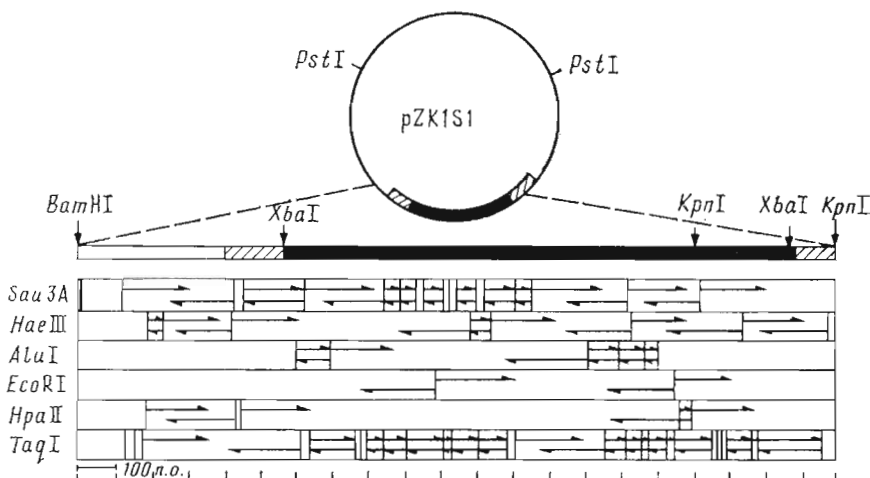
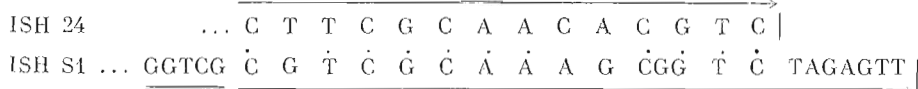


Рис. 1. Стратегия определения нуклеотидной последовательности мобильного генетического элемента ISH S1. Последовательность ISH S1 изображена зачерненной линией, последовательность гена бактериоопсина заштрихована. Указано расположение участков расщепления рестриционными эндонуклеазами, использованными для получения субфрагментов. Стрелками указано направление секвенирования и длина установленных последовательностей субфрагментов ДНК

При анализе нуклеотидной последовательности ISH S1 и сравнении ее со всеми известными последовательностями археобактериальных мобильных генетических элементов — ISH 1 [7], ISH 2 [8], ISH 50 [9] и ISH 1.8 [10] выявляется ряд интересных черт. Ранее мы уже сообщали о наличии 26-членных нуклеотидных повторов на концах ISH S1 [4]. Кроме того, при встраивании элемента в ген бактериоопсина 8-членный нуклеотидный участок состава 5' AAAGAAAT 3' (так называемый целевой сайт) дуплицируется, образуя прямые повторы по обе стороны от элемента [4] (схема). Аналогичная картина наблюдается для большинства мобильных генетических элементов прокариот и для большинства известных IS-элементов галобактерий [11], отражая, видимо, принципиально общие механизмы транспозиции. Однако при сравнении целевых сайтов разных мобильных элементов галобактерий, включая ISH S1, не обнаруживается значительной гомологии их между собой. Концевые участки ISH S1 также не имеют существенной гомологии с таковыми у ISH 1, ISH 2, ISH 50 и ISH 1.8, в том числе не содержат общего пентануклеотида TGTTG, обнаруженного в концевых повторах некоторых IS-элементов *H. halobium* и *E. coli* [12]. Существует заметная гомология концевых обращенных повторов элемента ISH 24 [12] с повторами ISH S1:



Эта гомология может говорить об эволюционном родстве ISH 24 и ISH S1, однако отсутствие дополнительной структурной информации об элементе ISH 24 не позволяет провести более детальный сравнительный анализ.

Интересна значительная гомология концевых обращенных повторов ISH S1 с ДНК гена бактериоопсина по обе стороны от участка внедрения элемента (схема). Подобная гомология отмечена также для ISH 1 [7], ISH 50 [9] и для многих IS-элементов и транспозонов *E. coli*, например IS 1, Tn 3, Tn 9 [12], и, вероятно, связана с сайт-специфичностью транспозиции мобильных генетических элементов.

Строго говоря, для ISH S1 на основании имеющихся данных нельзя однозначно установить структуру целевого сайта и обращенных повторов из-за концевой симметрии второго порядка в приписываемом целевом сайте AAAGAAAT. Целевым сайтом может быть и последовательность

1	GGTCGTAACG	CAAAGCGGTC	TAGAGTTCAG	TAGCAACTGG	CTCCCCTGAG	50
51	GAACGGGACG	CCTCTGGTGT	CCACCCAAGA	GGTGTCCCAT	GCACGCCACA	100
101	ATCGACGTGC	GTTTGACCGT	TAGCATCGAC	GACGACAAAA	CGATACCGCT	150
151	GGCCACGCTT	GCCGAGTTCA	TCACTGACCA	GAACGTTGAA	TCAGTCTCTC	200
201	TGGAAGGACT	CGTCGAGAGC	CTCGACCGGG	CTCGCGTCTGA	GGCGCTCTGT	250
251	GGCGAGAAAC	ACGCTCACGG	CAATGGTGAT	CAGCGATTCC	AACGCGCCGG	300
301	TACCGACACC	CGCACAGCCG	TCA [↓] CAACCGC	CGGTGAACAC	GAATTCGACC	350
351	TTCACTTACC	TCGAAGATAC	CGCCGCTGAC	CACGACGAAT	CCAGCTACTT	400
401	CCGCCCCGTC	GAAGATGTTC	TCAGCTTCGA	CGGGCAAAAC	CGCTATCAGC	450
451	AGGACATTGC	GGCCAAAGAGC	GTCGATCTCG	CCACCTCGCT	CAGTACCCGT	500
501	GATGCTGCTG	ACCACGGCGA	CGGCATCCTC	TCGAAGATGC	CGTCGCGGAC	550
551	CACCATTAAC	CGCCGCGCCA	GAGAATACGG	CAGCAAGCTC	AAGCAGTTC	600
601	TTCAGACTG	TGTCGCTGAC	ACAGACGCTG	ACGCCCTTAT	TCCTGACGGC	650
651	ACGAAGGTTC	ACAGCCAAGA	CGACGACCGC	ACGTAC [↓] CAC [↓] T	CCGTCCAAGC	700
701	CACGCTCGGC	GAAGACACCG	CTGAGGAATC	ACGCTCTCTA	CTGGATCTCT	750
751	CGGTGAACGC	TGACTGGGAC	CAAACAGCAG	CCGATCTCGA	TGATATCGAC	800
801	GCAGTCACTG	ACGACGCGAC	GGTCGTCACT	GACGCTGATG	ACGGCATCGT	850
851	TACGGCCTTT	ACCAGCGAAT	ACAGCGATCA	CCAACTCGAT	CTCCTCCACG	900
901	TCGGCCGAAC	GCTGGACTAC	AACCTCTGGG	ACGACGGCGT	GTTCTCCTTG	950
951	GATCGACGGA	ACGAGATCGT	CTCGGAGGTG	ATCGACGAGG	TGTTCCATCT	1000
1001	GAAGAATTCC	CTCGCCAAGC	ACCGTCCAAA	CGAGGACTTC	GCGCCGATCC	1050
1051	GCGAACGGAT	CGCGCGAACC	ACCGAGCGTA	TCGAAAAGAC	AGCCTGGCAG	1100
1101	TTGGATCACT	ACGGGTCAGA	GAAGGCTGCG	GGGTATCTTC	GGCGGTGGCT	1150
1151	GCCGTCGATC	GTGACGTTTG	CCGAGCAGGC	TGCCGAGGGG	TTCGAGGTGC	1200
1201	CGTGGACCTC	GAACCCCGTC	GAACGGCTGA	TGGGGGAAGT	CAGCAAGCGC	1250
1251	TGTAAGAACC	AGTGGATGCG	CTGGACAACG	GAGGGATTAG	AGGCGATACT	1300
1301	CCAGCTTCGG	CTGGTGAAGT	ACGCCGACCC	AGAGTACTAC	CAGTCTGTTCC	1350
1351	TCGACGAATT	GCTCCAGCGA	TCGACCAAAA	CAGCAATGAG	CTGTGACCTC	1400
1401	TCAGTTGAGA	GCACCAGAGG	CAAAC [↓] CT [↓] TAG [↓]	ACCGCTTTGC	GACGCGACC	1450

Рис. 2. Нуклеотидная последовательность мобильного генетического элемента ISH S1 *H. halobium*. Инвертированные повторы на концах и внутри элемента указаны стрелками. Отмечены иницирующие и терминирующие кодоны для двух наиболее протяженных рамок считывания

ААGAAA, тогда обращенные концевые повторы элемента удлинятся на одну нуклеотидную пару и он будет начинаться на 5'-конце последовательностью TG и кончатся CA, как большинство эукариотических мобильных генетических элементов, а также другой IS-элемент *H. halobium* — ISH 1 [10]. Для решения этого вопроса нужно определить первичную структуру стыков в месте внедрения ISH S1 с другой сайт-специфичностью.

Еще одной интересной чертой структуры ISH S1 является большое количество инвертированных нуклеотидных повторов внутри элемента. Так, последовательность содержит 6 совершенных инвертированных повторов в 9 и более нуклеотидов длиной (рис. 2). Наличие большого количества обращенных повторов было отмечено также и для других IS-элементов галобактерий — ISH 1 [7], ISH 2 [8], ISH 50 [9], ISH 1.8 [10].

При компьютерном анализе структуры ISH S1 была обнаружена большая открытая рамка считывания (ОРС) и несколько существенно меньших ОРС на обеих цепях элемента (рис. 2). Большая ОРС ISH S1, начинающаяся с GTG-кодона и кончающаяся TGA-кодоном, имеет длину 1182 п.о., что составляет 81,6% общей длины элемента. Потенциальный продукт этой ОРС — белок с молекулярной массой 43,9 кДа, содержащий



Схема встройки элемента ISH S1 в ген бактериоопсина и строение его концевых участков. Дублированный целевой сайт заключен в рамку. Обращенные концевые повторы указаны стрелками. Области гомологии обозначены звездочками

394 аминокислотных остатка. Вторая по величине OPC элемента расположена на комплементарной цепи ISH S1 в одном кодон-кодонном регистре с большой OPC. Она кодирует потенциальный полипептид размером в 122 аминокислотных остатка с молекулярной массой 12,9 кДа. Очень похожая картина наблюдается для большого ряда других IS-элементов *H. halobium* — ISH 1 [7], ISH 50 [9], ISH 2 [8] и *E. coli* — IS 2, IS 4, IS 5, IS 102, IS 903, IS 30 [12]. Все эти элементы содержат одну большую OPC, занимающую большую часть длины всего элемента, и малую OPC, находящуюся в противоположной цепи в той же фазе считывания.

Мы не имеем экспериментальных данных, подтверждающих экспрессию двух вышеупомянутых OPC ISH S1. Однако для ряда IS-элементов *E. coli* было показано, что две соответствующие OPC экспрессируются *in vivo* [12], а в случае галобактериального элемента ISH 1 показано существование *in vivo* стабильного транскрипта, соответствующего его большой OPC [13]. Принимая во внимание удивительную консервативность структурной организации IS-элементов из совершенно различных эволюционно организмов, можно предположить, что, как и в случае других элементов, обсуждаемые OPC ISH S1 кодируют белки — транспозазу и репрессор транспозазы (резольвазу), обеспечивающие транспозицию ISH S1.

Принимая во внимание эволюционную удаленность архебактерий от обычных бактерий-прокариотов, представляет интерес выяснение структуры участка (участков) ДНК, ответственных за инициацию транскрипции галобактериальных генов. Известно, что ДНК-зависимые РНК-полимеразы галобактерий существенно отличаются по свойствам и субъединичному составу от своих прокариотических аналогов, напоминая больше РНК-полимеразы эукариот [14, 15]. Не удивительно поэтому, что анализ всех известных либо предполагаемых промоторсодержащих участков ДНК галобактерий не выявил гомологий с типичными последовательностями зубактериальных промоторов (области (-10) и (-35)). Ряд экспериментальных данных, полученных при изучении гена бактериоопсина [13] и рибосомального оперона *H. halobium* [16] и *H. cutirubrum* [17], говорит о том, что элементы, необходимые и достаточные для инициации транскрипции у галобактерий, должны занимать не более 100 п. о., подобно промоторам зубактерий.

Реальным подходом к выявлению структуры галобактериального промотора может служить сравнительный анализ и поиск гомологии промоторных областей разных галобактериальных генов. Их список включает в себя области, предшествующие гену бактериоопсина [18], рибосомальным оперонам *H. halobium* [16] и *H. cutirubrum* [17], гипотетическому гену *Brp* [19] и открытым рамкам считывания мобильных генетических элементов галобактерий [7—10]. В эту выборку входят разнородные генетические структуры, промоторы которых, очевидно, различаются по свой-

Области гомологий в последовательностях ДНК, предшествующих
большим ОРС IS-элементов галобактерий и гену *brp*

Элемент	«AGTT-бокс»	Расстояние между боксами (п. о.)	«GACGC-бокс»
ISH S1	aaTCAGTTCT ⁻⁵¹	25	⁻²⁵ GACGCGGCTCGCgTC
ISH 50	ggTCAGTTCT ⁻⁵⁷	33	⁻²³ GACGCGGC-CGCcTC
ISH 2	ctTtAGTTaa ⁻¹⁰⁴	39	⁻⁶⁴ GACGCGGCTgag
ISH 1	gggaAGTTtc ⁻⁶⁰	43	⁻¹⁶ GACGCcGtctGg
ген <i>brp</i>	cTCcAGTTCT ⁻⁵⁶	40	⁻¹⁵ GACGtGtGt
Усредненная последова- тельность	RRRT _T CAGTT _T CT(25—43 п.о.) GACGCGG _T C(5—20 п.о.)		

* Строчными буквами обозначены последовательности, негомологичные ISH S1. Подчеркнуты абсолютно консервативные во всех случаях последовательности. Указаны положения консервативных областей относительно инициаторных кодонов соответствующих открытых рамок считывания.

ствам, а значит, и по уровню гомологии. Существует ряд гипотез о роли тех или иных нуклеотидных последовательностей в инициации транскрипции у галобактерий [6, 13, 16, 19]. Эти гипотезы носят взаимно противоречивый характер и не создают цельной картины структуры промотора. Очевидно, что наиболее статистически значимой выборкой функционально родственных генетических структур галобактерий являются в настоящий момент мобильные генетические элементы, число известных последовательностей которых (ISH 1, ISH 2, ISH 50, ISH 1.8), учитывая секвенирование ISH S1, возрастает до 5.

В данной работе мы провели наряду с общим поиском гомологий между элементами сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей, непосредственно предшествующих наиболее протяженным ОРС галобактериальных IS-элементов. Существенных гомологий нуклеотидных последовательностей элементов обнаружено не было. Однако сравнение областей, предшествующих большому ОРС, позволяет выявить два отчетливых консервативных блока размером 8—10 п.о., отстоящих друг от друга на 30—40 нуклеотидов (таблица). К сожалению, невозможно точно определить положение этих областей относительно начала транскриптов, поскольку точки старта транскрипции ни в одном из этих случаев не известны.

Интересно отметить очень высокую гомологию этих блоков у элементов ISH S1 и ISH 50. Сходство различных структурно-функциональных характеристик этих элементов (копийность, частота транспозиций, размер концевых обращенных повторов, дупликация 8-членного целевого сайта, наличие гомологий между концевыми повторами и ДНК-мишенью) делает этот факт более понятным.

Блок из восьми нуклеотидов GACGCGGC (GACGC-бокс) в районе 20—30 п.о. с 5'-конца от инициаторного кодона большой ОРС гомологичен на 100% у трех галобактериальных элементов — ISH S1, ISH 50 и ISH 2. У ISH 1 этот блок отличается лишь двумя заменами, но первые пять нуклеотидов в блоке GACGC полностью идентичны.

Второй район гомологий RRTCAGTTCT (AGTT-бокс) тоже практически полностью совпадает у элементов ISH S1 и ISH 50, за исключением того, что первые два нуклеотида представлены в них разными пуринами. У элементов ISH 1 и ISH 2 гомология в этой области выражена слабее, хотя структура GGNAGTT в случае ISH 1 и TNAGTT в ISH 2 сохраняется.

Области, гомологичные этим блокам, были обнаружены также при анализе последовательностей, предшествующих гену бактериоопсина и

гену гипотетического регулярного бейка *brp*. Так, перед геном *brp* в области (-55)–(-66) есть последовательность СТССАГТТСТ, а в области (-8)–(-16) – последовательность ГАСГТГТГТ, соответствующие нашей модели (таблица). Перед геном бактериоописина (-69)–(-79) находится последовательность САТССГТСТ, также обладающая некоторой гомологией с «АГТТ-боксом».

Единственным исключением из ряда IS-элементов является элемент ISH 1.8, обладающий рядом «нетипичных» свойств (отсутствие концевых обращенных повторов и дублируемого целевого сайта). Этот элемент в отличие от всех остальных не содержит протяженной ОРС, перекрывающей большую часть его последовательности. Поиск консервативных «ГАСГС- и АГТТ-боксов» перед несколькими малыми ОРС ISH 1.8 не позволяет выявить области с высоким уровнем гомологий.

На основании изложенного нами предлагается модель галобактериального промотора, состоящего из двух консервативных областей («ГАСГС- и АГТТ-боксы»), разделенных 30–40 п.о. и расположенных непосредственно (5–20 п.о.) вверх от старта транскрипции (таблица).

Обнаруженные нами гомологии согласуются с рядом литературных данных. Так, при анализе структуры ISH 50 *Ksu* [9] отметил, что последовательность GGTCAGTTCG напоминает усредненный «САТ-бокс» эукариотического промотора (GGPyCAATCT). Мы выявили ту же структуру в ISH 50 при поиске гомологий, как «АГТТ-бокс» (таблица). Рядом авторов было указано на то, что усредненная последовательность ААГТТА представляет собой важный компонент архебактериального промотора [13, 17]. Центральная часть этой последовательности (АГТТ) абсолютно консервативна во всех обнаруженных нами «АГТТ-боксах» (таблица). Вторая выявленная нами консервативная область («ГАСГС-бокс») обладает высокой гомологией с усредненной последовательностью T³NTCGACGC, предложенной Манькиным и др. [16] как функционально-важный компонент промоторов рибосомального оперона *H. halobium*. Несмотря на все вышеупомянутые сходства между гипотетическими промоторными областями, предложенными нами и другими авторами, сохраняется неоднозначность в вопросах их взаимного расположения и функциональной роли. Возможно, эта неясность объясняется большей дивергентностью структур галобактериальных промоторов по сравнению с прокариотическими. Ответ на этот вопрос может дать выявление первичных структур других архебактериальных генов и структурно-функциональный анализ гипотетических промоторов.

Экспериментальная часть

Определение первичной структуры ISH S1 проводили модифицированным методом Сэнгера [5, 6] с использованием ³²P-меченого праймера. В работе использовали рестриктазы *AluI*, *HpaII*, *Sau3A*, *HaeIII* (Reanal, Венгрия), *TaqI* (Boehringer-Mannheim, ФРГ), фрагмент Клепова ДНК-полимеразы *E. coli* (P. L. Biochemicals, США). Полинуклеотидкиназа фага T4 представлена А. В. Честухиным (ИБХ АН СССР). [γ -³²P]АТФ с уд. акт. 5000 Кп/ммоль – препарат фирмы Amersham (Англия), 2'-дезоксид- и 2',3'-дидезокси-5'-трифосфаты – препараты фирмы P. L. Biochemicals (США).

Сборку структуры по результатам секвенирования и анализ полученной последовательности проводили с применением ПЭВМ «Искра-226» и пакета программ для анализа последовательностей ДНК/РНК SEQBUS, предоставленного А. А. Александровым и сотр. (ИМГ АН СССР), а также программы STACK, разработанной в ВЦ ИБХ АН СССР.

Авторы благодарят чл.-кор. АН СССР Е. Д. Свердлова и Е. М. Зайцеву за ценные советы и помощь в работе.

ЛИТЕРАТУРА

1. Woese C. R., Fox G. E. // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 1977. V. 74. № 9. P. 5088–5090.
2. Woese C. R., Magrum L. J., Fox G. E. // J. Mol. Evol. 1978. V. 11. № 2. P. 245–252.
3. Зозуля С. А., Зайцева Е. М., Свердлов Е. Д. // Биоорган. химия. 1984. Т. 10. № 1. С. 124–126.
4. Овчинников Ю. А., Зозуля С. А., Зайцева Е. М., Гурьев С. О., Свердлов Е. Д., Крупенко М. А., Александров А. А. // Биоорган. химия. 1984. Т. 10. № 4. С. 560–563.

5. Sanger F., Nicklen S., Coulson A. R. // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 1977. V. 74. № 10. P. 5463-5467.
6. McGraw R. A. // Anal. Biochem. 1984. V. 143. № 2. P. 298-303.
7. Simsek M., DasSarma S., RajBhandary U. L., Khorana H. G. // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 1982. V. 79. № 23. P. 7268-7272.
8. DasSarma S., RajBhandary U. L., Khorana H. G. // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 1983. V. 80. № 8. P. 2201-2205.
9. Xu W. L., Doolittle W. F. // Nucl. Acids Res. 1983. V. 11. № 12. P. 4195-4199.
10. Schnabel H., Palm P., Dick K., Grampp B. // EMBO J. 1984. V. 3. № 6. P. 1717-1722.
11. Хесин П. Б. // Непостоянство генома. М.: Наука, 1985. С. 36-77.
12. Pfeifer F., Friedman J., Boyer H. W., Bellach M. // Nucl. Acids Res. 1984. V. 12. № 5. P. 2489-2497.
13. DasSarma S., RajBhandary U. L., Khorana H. G. // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 1984. V. 81. № 1. P. 125-129.
14. Huet J., Schnabel R., Seutenac A., Zillig W. // EMBO J. 1983. V. 2. № 5. P. 1291-1294.
15. Прангишвили Д. А. // Молекуляр. биология. 1983. Т. 17. № 2. С. 234-248.
16. Mankin A. S., Teterina N. L., Rubtsov P. M., Baratova L. A., Kagramanova V. K. // Nucl. Acids Res. 1984. V. 12. № 18. P. 6537-6546.
17. Dennis P. P. // J. Mol. Biol. 1985. V. 186. № 4. P. 457-461.
18. Dunn R., McCoy J., Simsek M., Majumdar A., Chang S. H., RajBhandary U. L., Khorana H. G. // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 1981. V. 78. № 11. P. 6744-6748.
19. Bellach M., Friedman J., Boyer H. W., Pfeifer F. // Nucl. Acids Res. 1984. V. 12. № 20. P. 7949-7959.

Поступила в редакцию

19.XI.1986

После доработки

28.I.1987

THE NUCLEOTIDE SEQUENCE OF THE ARCHAEBACTERIAL TRANSPOSABLE GENETIC ELEMENT ISH S1

ZVYAGA T. A., ZOZULYA S. A., GURIEV, S. O.

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

The complete primary structure (1449 b. p.) of mobile genetic element ISH S1 from *Halobacterium halobium* has been elucidated using the dideoxy/M13 sequencing procedure. Computer analysis of the structure reveals similarity in overall structural organization of ISH S1 and other known transposable genetic elements of halobacteria and makes it possible to propose a hypothetical model of halobacterial promoter.