



УДК 547.963.3:547.853

ПИРИМИДИНОВЫЕ ОЛИГОНУКЛЕОТИДЫ И СОСТАВ ДНК МИКРООРГАНИЗМОВ

Мазин А. Л., Александровичкина Н. И., Ванюшин Б. Ф.

*Межфакультетская лаборатория биоорганической химии
Московского государственного университета им. М. В. Ломоносова*

Изучена частота встречаемости пириимидиновых олигодезоксирибонуклеотидов разной длины и нуклеотидный состав ДНК 33 видов бактерий. Характер распределения пириимидинов в изученных ДНК отличен от случайного. Определена степень сблоченности пириимидинов в ДНК (β), которая может варьировать для исследованных видов бактерий от 3,18 до 5,50. Содержание *G-C*-пар оснований в ДНК у изученных видов варьирует от 32,7 до 74,2%. Установлена отрицательная корреляция между содержанием *G-C* и степенью сблоченности пириимидинов в ДНК. На основании величины показателя сблоченности определена степень асимметрии комплементарных цепей ДНК (H/L). Величина отношения H/L для изученных видов варьирует от 1,02 до 1,15. Сделано заключение, что все три исследованных параметра структуры ДНК — *G-C*, β , H/L — взаимосвязаны.

Существующие в настоящее время аналитические приемы позволяют количественно охарактеризовать структуру ДНК по крайней мере по трем различным параметрам: нуклеотидному составу (*G-C*, %), степени сблоченности пириимидинов β и степени асимметрии комплементарных цепей ДНК H/L .

Нуклеотидный состав отражает содержание в ДНК различных типов азотистых оснований. Представление о нуклеотидной последовательности ДНК можно получить, анализируя частоту встречаемости пириимидиновых олигодезоксирибонуклеотидов различной длины и состава, освобождающихся в результате специфического химического гидролиза ДНК [1, 2]. Показатель сблоченности пириимидинов в ДНК β отражает соотношение между количеством более коротких и более длинных пириимидиновых фрагментов (изоплитов) в ДНК и является однозначной и вместе с тем весьма точной обобщающей характеристикой первичной структуры ДНК [3, 4]. Степень асимметрии комплементарных цепей ДНК характеризует отношение содержания пириимидинов в «тяжелой» *H*-цепи и в легкой *L*-цепи ДНК (H/L).

Ранее мы установили, что между степенью сблоченности пириимидинов в двуспиральных ДНК разных микроорганизмов и степенью асимметрии в распределении пириимидиновых остатков между комплементарными цепями ДНК существует положительная корреляция [5]. Чем выше содержание пириимидинов в одной из цепей ДНК, тем выше вероятность появления в ней длинных пириимидиновых блоков, и наоборот. Эксперименты показали, что для ДНК некоторых микроорганизмов степень сблоченности пириимидинов в *H*-цепи заметно выше, чем в *L*-цепи [6–8]. Вместе с тем

Содержание пиримидиновых изоплитов и состав ДНК некоторых микроорганизмов

Виды	n	Изоплиты										β	G-C, %	H/L
		I	II	III	IV	V	VI	VII	≥VIII					
1. <i>Tiopsis roseopersicina</i>	4	10,98±0,20	13,83±0,20	7,02±0,16	5,21±0,10	4,37±0,18	3,91±0,24	—	4,73±0,20	5,38±0,12	64,8	1,13		
2. <i>Rhodospirillum rubrum</i>	4	11,04±0,25	13,48±0,10	6,62±0,22	5,04±0,11	4,52±0,16	4,03±0,19	—	5,27±0,12	4,72±0,09	66,2	1,11		
3. <i>Achromobacter agile</i>	4	11,36±0,18	12,84±0,21	9,31±0,15	6,29±0,24	4,43±0,20	2,57±0,18	—	3,20±0,19	4,85±0,11	41,3	1,12		
4. <i>Listeria monocytogenes</i> , 766	6	12,09±0,23	12,21±0,20	8,28±0,07	5,78±0,22	3,97±0,12	2,45±0,06	2,01±0,05	3,21±0,19	4,63±0,22	42,6	1,11		
5. <i>L. grayi</i>	5	11,93±0,50	12,23±0,27	8,07±0,42	5,40±0,34	4,00±0,46	2,43±0,16	—	5,94±0,09	4,67±0,32	43,5	1,11		
6. <i>Arrobacter citreus</i> , BKMB	5	12,24±0,18	14,20±0,23	8,36±0,02	5,61±0,10	3,66±0,07	2,67±0,20	—	3,29±0,42	4,26±0,09	65,0	1,09		
7. <i>Bacillus megaterium</i>	6	11,57±0,11	12,09±0,11	8,10±0,18	5,81±0,15	3,61±0,17	2,34±0,15	1,70	4,78±0,27	4,74±0,09	38,6	1,11		
8. <i>Bacterium scabigenum</i>	4	11,12±0,29	14,23±0,11	8,26±0,06	6,03±0,40	3,99±0,09	3,09±0,59	—	3,28±0,19	4,79±0,16	52,3	1,11		
9. <i>Pasteurella pestis</i> , EB	5	12,33±0,98	15,82±0,14	7,74±0,19	5,64±0,04	3,32±0,70	1,72±0,10	—	3,43±0,13	3,77±0,16	48,6	1,06		
10. <i>Lactobacillus</i> sp.	4	12,87±0,20	13,23±0,32	9,14±0,18	6,25±0,27	3,97±0,14	2,64±0,11	—	1,90±0,17	4,27±0,05	39,1	1,09		
11. <i>L. lactis</i> , 64	4	11,34±0,28	12,79±0,13	9,79±0,21	6,65±0,18	5,03±0,15	3,61±0,18	—	0,79±0,04	5,38±0,12	43,5	1,13		
12. <i>Micrococcus luteus</i>	3	13,13±0,24	13,07±0,24	9,08±0,03	6,10±0,04	3,77±0,11	1,65±0,07	—	3,20±0,15	3,97±0,03	71,9	1,07		
13. <i>Sarcina flava</i>	5	13,97±0,27	14,18±0,24	8,07±0,27	5,50±0,21	3,44±0,13	2,25±0,27	—	2,69±0,23	3,73±0,08	67,8	1,06		
14. <i>Staphylococcus albus</i>	3	12,28±0,17	12,64±0,17	8,74±0,34	5,95±0,67	4,13±0,22	2,56±0,11	—	3,71±0,28	4,55±0,11	32,7	1,10		
15. <i>St. aureus</i>	3	12,23±0,49	12,89±0,14	8,50±0,06	5,55±0,13	4,10±0,07	2,51±0,28	1,89±0,07	2,33±0,10	4,48±0,05	32,7	1,10		
16. <i>St. cytreaus</i>	5	12,20±0,24	12,42±0,36	9,21±0,56	5,98±0,17	3,86±0,19	2,21	—	4,12±0,10	4,44±0,18	33,9	1,10		
17. <i>Escherichia coli</i> , MRE-600	5	13,64±0,06	14,35±0,18	7,74±0,34	5,30±0,13	3,61±0,12	2,01±0,45	1,40±0,15	1,95±0,23	3,77±0,09	51,0	1,06		

18. <i>E. coli</i> , C	3	13,54±0,19	14,73±0,43	7,87±0,31	5,09±0,08	3,67±0,09	2,16±0,21	—	2,94±0,10	3,82±0,06	51,2	1,06
19. <i>Salmonella typhimurium</i>	3	11,06±0,01	14,81±0,09	8,29±0,03	6,21±0,12	3,57±0,03	2,12	—	3,34±0,25	4,18±0,02	50,2	1,08
20. <i>Propionibacterium petersonii</i>	4	13,16±0,18	15,21±0,24	8,94±0,19	5,82±0,27	3,50±0,19	1,70	—	1,67±0,19	3,66±0,05	67,5	1,05
21. <i>P. freudenreichii</i>	4	13,26±0,17	15,86±0,42	8,29±0,18	5,60±0,12	3,68±0,20	2,15	—	1,16±0,26	3,69±0,05	67,4	1,05
22. <i>P. schermanii</i>	4	12,65±0,31	15,85±0,20	9,52±0,17	5,71±0,18	3,47±0,19	1,75	—	1,05±0,24	3,66±0,06	68,2	1,05
23. <i>P. rubrum</i>	4	12,14±0,19	16,10±0,35	8,90±0,15	6,14±0,21	3,95±0,18	2,17±0,17	—	0,60±0,09	3,92±0,03	67,9	1,07
24. <i>P. vannielie</i>	4	12,71±0,06	15,39±0,03	8,21±0,02	6,02±0,13	4,20±0,15	2,07	—	1,40±0,17	3,34±0,03	63,4	1,07
25. <i>Agrobacterium tumefaciens</i>	4	11,76±0,27	12,40±0,45	8,35±0,23	5,80±0,15	3,80±0,36	2,33±0,08	1,30	4,26±0,19	4,63±0,15	58,6	1,11
26. <i>Nocardia</i> sp.	3	13,59±0,14	14,41±0,31	9,12±0,18	5,47±0,24	3,65±0,13	1,66±0,17	—	2,10±0,18	3,66±0,05	71,4	1,05
27. <i>Proactinomyces polichromogenes</i> , NRBA	4	14,12±0,15	15,31±0,25	9,64±0,27	5,50±0,31	3,00±0,16	1,38±0,35	—	1,06±0,12	3,33±0,06	68,6	1,03
28. <i>Mycobacterium academia</i>	4	12,16±0,47	15,75±0,24	8,82±0,10	5,44±0,26	3,38±0,18	1,23±0,09	—	3,22±0,13	3,68±0,08	68,8	1,05
29. <i>M. albus</i>	5	13,26±0,19	16,72±0,26	9,79±0,39	5,50±0,28	2,88±0,17	0,92±0,08	—	0,94±0,11	3,18±0,09	70,0	1,01
30. <i>M. cansaci</i>	4	12,59±0,08	16,20±0,39	8,80±0,11	5,11±0,07	3,08±0,22	1,66±0,35	—	2,56±0,80	3,58±0,08	69,4	1,05
31. <i>M. bovis</i> , BCG	1	12,10	15,13	8,44	5,21	3,09	1,62	—	4,41	4,03	66,9	1,08
32. <i>Micococcus</i> sp. 8H	3	12,79±0,30	14,83±0,36	9,07±0,15	6,00±0,04	3,67±0,15	1,44±0,35	0,87±0,05	1,33±0,21	3,75±0,11	69,3	1,06
33. <i>M.</i> , sp. 94H	4	12,55±0,11	14,24±0,16	9,38±0,04	6,05±0,26	3,57±0,23	2,01±0,09	—	2,20±0,17	3,97±0,06	74,2	1,07

Примечание: n — число параллельных определений, β — показатель смоченности пирамидинов в ДНК, H/L — степень асимметрии комплементарных цепей ДНК.

по мере увеличения асимметрии цепей природных ДНК частота появления длинных пиримидиновых олигонуклеотидов растет значительно быстрее, чем можно было бы ожидать на основании вероятностного закона [5]. В данной работе мы предприняли попытку выяснить характер взаимосвязи между степенью сблоченности и степенью асимметрии цепей ДНК и нуклеотидным составом ДНК.

В качестве объектов исследования были выбраны 33 вида бактерий разных семейств. Нуклеотидный состав ДНК этих видов, частота встречаемости пиримидиновых изоцитов разной длины, величина показателя сблоченности ДНК β и рассчитанные значения степени асимметрии цепей соответствующих ДНК [5] приведены в таблице. На основании полученных результатов могут быть сделаны следующие выводы.

1. Характер распределения пиримидинов в ДНК большинства исследованных видов значительно отличается от случайного. Значения показателя сблоченности β могут быть больше или меньше, чем при вероятностном распределении.

2. Общие черты строения нуклеотидной последовательности ДНК бактерий довольно сходны между собой и существенно отличаются от ДНК высших организмов [3]. Около половины всех пиримидинов в ДНК микроорганизмов находится в составе моно- и динуклеотидов. Количество монопиримидинов обычно несколько меньше, чем дипиримидинов, а содержание остальных изоцитов уменьшается по мере увеличения их длины.

3. Степень сблоченности пиримидинов может варьировать в ДНК бактерий от 3,18 до 5,50. Некоторые из изученных видов содержат ДНК с близкой к минимальной теоретически возможной степенью сблоченности ($\beta=2,73$) [5]. Эти виды, очевидно, должны содержать примерно одинаковое количество пиримидинов и пуринов в каждой из цепей ДНК, т. е. иметь близкие к симметричным тяжи. Максимальная степень сблоченности, известная для ДНК микроорганизмов, составляет $\sim 6,50$ [9]. Многие из изученных видов могут быть использованы для разделения комплементарных цепей ДНК.

4. Судя по степени сблоченности пиримидинов, все исследованные виды бактерий имеют ДНК с асимметричными тяжами. Отношение Н/Л может варьировать от 1,02 до 1,15.

5. Нуклеотидный состав ДНК у изученных микроорганизмов варьирует от 32,7 до 74,2% G·C.

6. Между составом оснований и степенью сблоченности ДНК существует определенная взаимосвязь (рис. 1). Виды с низким содержанием G·C имеют, как правило, относительно более высокую степень сблоченности ДНК. Виды с более высоким содержанием G·C в основном содержат ДНК с низкой степенью сблоченности. Коэффициент корреляции между G·C, % и β (r^2 0,66) вполне достоверен (t 6,87; $p < 0,01$ [10]). Ранее возможность подобной взаимосвязи была отмечена нами для ДНК некоторых беспозвоночных животных [11].

Наличие корреляции между составом и степенью сблоченности ДНК в известной степени согласуется с тем фактом, что дезоксирибонуклеотиды в ДНК из различных источников значительно более редки по сравнению с идентичными им по длине тимидиновыми блоками [1, 2, 6—9, 12, 13]. Из-за чрезвычайно низкого содержания (даже в ДНК G·C-типа) долгое время вообще не удавалось выделить цитидиловые олигонуклеотиды с длиной цепи n пять или более остатков. В то же время блоки T_5 — T_6 и даже T_{10} и T_{11} были обнаружены в ряде ДНК [8, 9, 14, 15]. Анализ частоты встречаемости пиримидиновых олигонуклеотидов различного состава привел к установлению одной общей закономерности: отношение C_n/T_n уменьшается с ростом длины соответствующих блоков [16]. Это отношение также уменьшается в пиримидиновых блоках состава $(C \cdot T)_n$ по мере увеличения n . Следовательно, цитидиловые остатки в ДНК

преимущественно локализованы в более коротких фрагментах, а тимидиновые нуклеотиды преобладают в более длинных пиримидиновых последовательностях. Это заключение справедливо для ДНК А·Т- и G·C-типа [13]. Таким образом, в структуре ДНК реализуется тенденция к образованию сблоченных фрагментов преимущественно из А·Т-пар. Обогащенные G·C-парами ДНК, напротив, должны обладать меньшей степенью сблоченности. Можно заключить поэтому, что степень сблоченности ДНК зависит не только от степени асимметрии цепей ДНК, но также и в известной мере от природы образующих ДНК нуклеотидных остатков.

Известное представление о степени сблоченности ДНК можно получить на основании данных по частоте встречаемости 16 возможных пар соседствующих нуклеотидов в ДНК

[17—19]. Принципиальным эквивалентом показателю сблоченности β будет в этом случае величина отношения сумм всех «сблоченных» дуплетов (А·А, А·G, G·А, G·G, С·С, С·Т, Т·С, Т·Т) к сумме всех динуклеотидов, содержащих один пиримидин (Pur) и один пурин (Pur) (А·Т, Т·А, А·С, С·А, С·G, G·С, G·Т, Т·G), т. е. $d = \frac{\sum(\text{PurPur} + \text{PurPur})}{\sum(\text{PurPur} + \text{PurPur})}$. Чем выше содержание в ДНК длинных пиримидиновых и пуриновых блоков, тем с большей частотой должны встречаться дуплеты типа PurPur и PurPur ($d > 1$). Напротив, чем больше в ДНК коротких пиримидиновых

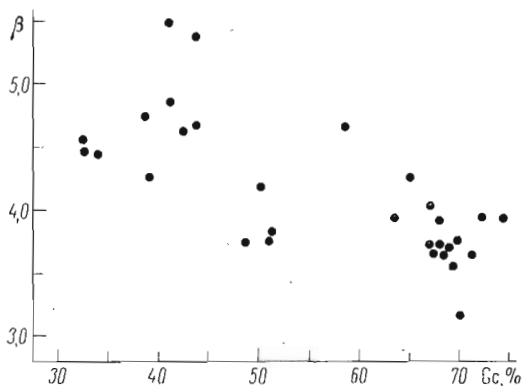


Рис. 1. Корреляция между нуклеотидным составом (G·C, %) и степенью сблоченности пиримидинов β в ДНК некоторых бактерий. Названия видов приведены в таблице. Коэффициент корреляции $r^2 0,66$; $p < 0,01$

и пуриновых последовательностей, тем чаще должны появляться «пограничные» дуплеты PurPur и PurPur ($d < 1$). При случайном распределении нуклеотидов вероятность всех пар должна быть одинаковой ($d = 1$).

Частота встречаемости различных типов дуплетов, определяющая величину d , может значительно варьировать в ДНК разных видов ($0,81 \leq d \leq 1,49$). Следует заметить, что виды с более высокой степенью сблоченности β , как правило, характеризуются и более высокими значениями показателя d . Например, *E. coli* ($\beta 3,77$, $d 0,92$), бактериофаг λ ($\beta 4,17$, $d 1,00$), *B. megaterium* ($\beta 4,74$, $d 1,06$), *B. subtilis* ($\beta 5,50$, $d 1,11$) и т. д. Тем самым оба показателя (и β и d) действительно отражают одну и ту же особенность строения ДНК — степень сблоченности нуклеотидов. Между количеством G·C в ДНК и значениями d для соответствующих видов вирусов, бактерий и высших организмов можно установить (рис. 2) достоверную корреляцию ($r^2 0,61$; $p < 0,001$ [10]). Совпадение результатов, полученных столь различными методами анализа ДНК, может определенно свидетельствовать о наличии тесной взаимосвязи между нуклеотидным составом и степенью сблоченности нуклеотидов в природных ДНК.

Полученные в данной работе результаты показывают, что низкое содержание G·C-пар обычно сочетается с большей сблоченностью ДНК, и наоборот (рис. 1 и 2). Отсутствие точек в левом нижнем и правом верхнем углах рисунков может указывать на существование запрещенных комбинаций в структуре ДНК бактерий, которые, по-видимому, элиминируются естественным отбором. Частота различных типов дуплетов равновероятна ($d = 1$) лишь в ДНК с близким к эквимолярному составу оснований (G·C = 50%). Обогащение ДНК А·Т- или G·C-парами приводит к соответствующему увеличению или уменьшению степени сблоченности (рис. 1 и 2). Вполне возможно, что это объясняется наличием определенных термодина-

мических ограничений, например, связанных с «плавлением» цепей ДНК в процессе репликации или транскрипции.

Существование взаимосвязи между составом, степенью сблоченности и асимметрии цепей ДНК можно проследить также и на примере анализа различных фракций одной и той же ДНК. С помощью термического фракционирования по составу ранее мы выделили из тотальной ДНК тимуса теленка две фракции, составляющие ~25% от исходного образца [20, 21].

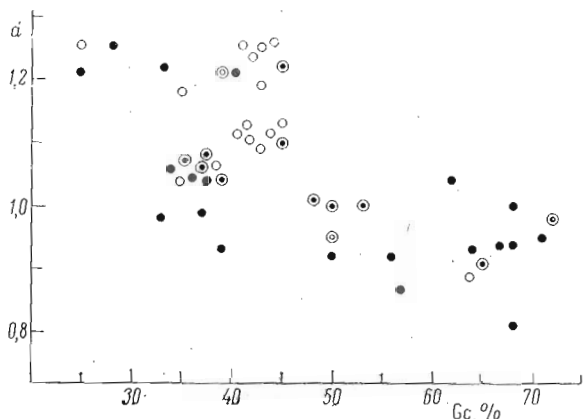


Рис. 2. Корреляция между нуклеотидным составом (G·C, %) и степенью сблоченности ДНК некоторых организмов *d*. Величина *d* рассчитана на основании данных по частоте встречаемости пар соседствующих нуклеотидов [17—19]. ● — вирусы и фаги, ○ — высшие организмы. Коэффициент корреляции r^2 0,61; $p < 0,001$.

Одна из них имела ~56,1%, другая — 34,4% G·C, тогда как исходный суммарный препарат ДНК содержал 44% G·C. G·C-фракция тимусной ДНК отличалась относительно более низкой степенью сблоченности пиримидинов ($55,2 \pm 0,4$) по сравнению с A·T-фракцией той же ДНК ($57,0 \pm 0,2$). Адварди и Венетианер [22] путем хроматографии на колонках с метилированным альбумином получили из фрагментированной, денатурированной ДНК *S. typhimurium* ряд фракций. Оказалось, что по мере уменьшения содержания G·C в этих фракциях отношение P_{UG}/P_{UG} , как правило, увеличивается от 0,91 до 1,24. Следует упомянуть о данных Мармура и Кордеса [23], которые нашли, что фаговые ДНК с содержанием G·C < 50% весьма часто имеют комплементарные цепи разного состава, тогда как в ДНК с G·C > 50% этого не наблюдается.

Таким образом, приведенные в работе данные могут указывать на существование определенной взаимосвязи между составом, сблоченностью ДНК и асимметрией цепей ДНК. Можно предположить, что, зная один из этих параметров структуры ДНК, можно с определенной вероятностью предсказать и два других. Структура ДНК, следовательно, представляется в виде системы с детерминированными связями, в которой каждый параметр структуры (G·C, β и H/L) в известной степени определяет все остальные.

Экспериментальная часть

Типовые культуры бактерий, полученные из музеев Института микробиологии АН СССР, а также кафедры микробиологии МГУ, выращивали на оптимальной среде и собирали в начале стационарной фазы роста. После разрушения клеток ДНК выделяли по методу Мармура [24]. Очистку ДНК проводили, инкубируя раствор с панкреатической РНКазой (100 мкг/мл 37°, 60 мин) и затем с проназой (100 мкг/мл 37°, 30 мин) с последующей депротенизацией смесью хлороформ — изоамиловый спирт (24:1) и пересаживанием из изопропанола [24]. Содержание РНК и белка в препаратах ДНК обычно не превышало 1,0—1,5% [25, 26].

Гидролиз ДНК до пиримидиновых олигонуклеотидов состава $P_{n+1}P_n$ проводили в 67%-ной HCOOH, содержащей 2%-ный дифениламин, в запа-

ивной стеклянной ампуле при 37° в течение 20 ч по ранее описанному методу [1, 2]. Около 20–30 ОЕ (A_{271}) гидролизата в 7 М мочеvine (рН 9,0) наносили на колонку (0,4×40 см) с ДЕАЕ-сефадексом А-25, подготовленным, как описано ранее [2, 4]. Разделение смеси пиримидиновых олигонуклеотидов на изоплиты в соответствии с их длиной осуществляли с использованием линейного градиента концентраций NaCl (0,05 до 0,35 М) в присутствии 0,05 М ацетата натрия и 7 М мочеvины при рН 5,8. Профили элюции регистрировали с помощью проточного трехканального УФ-денситометра при 254,7 нм. Количество нуклеотидного материала во фракциях определяли спектрофотометрически при рН 1,0 без учета их гиперхромизма.

Нуклеотидный состав ДНК определяли путем гидролиза ДНК в 72%-ном HClO_4 при 100° в течение 60 мин и последующего разделения оснований восходящей БХ (ватман № 1) в растворителе метанол — конц. HCl — вода (75 : 20 : 5) и спектрофотометрического определения оснований [27].

Степень асимметрии комплементарных цепей ДНК рассчитывали на основании эмпирического уравнения: $H/L=0,85+0,055\beta$, полученного нами ранее [5].

Препараты ДНК стафилококков были любезно предоставлены В. К. Васильевым, ДНК микобактерий — А. С. Антоновым, ДНК микрококков — А. Н. Добрицей. Выражаем им искреннюю благодарность. За консультации по микробиологии благодарим Е. Н. Кондратьеву и Л. Б. Богорова.

ЛИТЕРАТУРА

1. Burton K., Petersen G. V. (1960) *Biochem. J.*, **75**, 17–27.
2. Мазин А. Л., Ванюшин Б. Ф. (1967) *Биохимия*, **32**, 377–386.
3. Мазин А. Л., Ванюшин Б. Ф. (1969) *Молекулярн. биология*, **3**, 846–855.
4. Мазин А. Л., (1972) *Строение ДНК и положение организмов в системе*, стр. 44–57, МГУ, М.
5. Мазин А. Л., Ванюшин Б. Ф. (1974) *Молекулярн. биология*, **8**, 340–346.
6. Mushynski W. E., Spencer J. H. (1970) *J. Mol. Biol.*, **52**, 91–120.
7. Rudner R., LeDoux M., Mazelis M. (1972) *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, **69**, 2745–2749.
8. Rudner R., LeDoux M. (1974) *Biochemistry*, **13**, 118–125.
9. Tate W. P., Petersen G. V. (1974) *Virology*, **57**, 64–84.
10. Плохинский Н. А. (1971) *Биометрия*, «Наука», Новосибирск.
11. Мазин А. Л., Ванюшин Б. Ф., Сулимова Г. Е. (1969) *Биохимия*, **34**, 1202–1208.
12. Burton K., Lunt M. R., Petersen G. V., Siebke J. C. (1964) *Cold. Spring. Harb. Symp. Quant. Biol.*, **28**, 27–34.
13. Rudner R., Shapiro H. S., Chargaff E. (1966) *Biochim. et biophys. acta*, **129**, 85–103.
14. Cerny R., Mushynski W. E., Spencer J. H. (1968) *Biochim. et biophys. acta*, **169**, 439–450.
15. Ling V. (1972) *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, **69**, 742–746.
16. Chargaff E. (1964) *New Perspectives Biology*, p. 85, Amst.—Land.—New York.
17. Russel G. J., Follett T. A. C., Subak-Sharp J. H., Harrison B. D. (1971) *J. Gen. Virol.*, **11**, 129–138.
18. Josse J., Kaiser A. D., Kornberg A. (1961) *J. Biol. Chem.*, **236**, 864–875.
19. Swartz M. N., Trautner T. A., Kornberg A. (1962) *J. Biol. Chem.*, **237**, 1961–1971.
20. Мазин А. Л., Сулимова Г. Е., Ванюшин Б. Ф., (1970) *Молекулярн. биология*, **4**, 265–274.
21. Сулимова Г. Е., Мазин А. Л. (1971) *Вестн. МГУ*, **2**, 100–103.
22. Udvardy A., Venetianer P. (1973) *Biochim. et biophys. acta*, **308**, 234–241.
23. Marmur J., Cordes S. (1963) *Structure of the complementary strands of bacteriophage DNA*, p. 79, N. Y.—London.
24. Marmur J. (1961) *J. Mol. Biol.*, **3**, 208–218.
25. Спириин А. С. (1958) *Биохимия*, **23**, 656–663.
26. Lowry O. H., Rosenbrought N. J., Farr A. L., Randall R. J. (1951) *J. Biol. Chem.*, **193**, 265–269.
27. Ванюшин Б. Ф. (1964) *Современные методы в биохимии*, **1**, стр. 236, Медицина, М.

Поступила в редакцию
18.VII.1974

PYRIMIDINE OLIGONUCLEOTIDES AND THE COMPOSITION OF DNA OF MICROORGANISMS

MAZIN A. L., ALEXANDRUSHKINA N. I., VANYUSHIN B. F.

*Laboratory of Bioorganic Chemistry, M. V. Lomonosov State
University, Moscow*

Frequency of occurrence of purimidine oligodeoxyribonucleotides of different length and the nucleotide composition in DNA from 32 species of bacteria have been studied. The degree of clustering of pyrimidines in DNA (β), which in these species may vary from 3.18 to 5.50, has been determined. The content of GC pairs in the DNA of these species changes from 32.7 to 74.2%. A negative correlation has been established to exist between the GC content and the degree of clustering of pyrimidines in DNA. Basing on the β value, the degree of asymmetry of the complementary chains of DNA (H/L) has been determined. The value of H/L ranges from 1.02 to 1.15 for the species studied. The conclusion is made that all the three parameters of DNA, i. e. GC, β and H/L, are interrelated.
