**资料**

**核酸的分子结构**

**一个脱氧核糖核酸的结构模型**

J. D. Watson F. H. C. Crick

我们希望为脱氧核糖核酸（D.N.A.）的盐提出一个结构。这个结构有可以引起相当大的生物学影响的新奇的特征。

Pauling和Corey早前已提出过一种核酸结构的模型。他们友善地在发表之前向我们公开了他们的手稿。他们的模型包涵三条相互缠绕的链，磷酸分布在纤维中轴的附近，而碱基在外侧。在我们看来，这个模型不合适之处有二：（1）我们认为被打出X射线谱的物质是盐，而非自由状态下的核酸。没有酸性氢离子，我们不清楚是什么作用力在维持核酸的结构，尤其是在中轴线旁的带负电的膦酸根离子会相互排斥的情况下。（2）一些范德华作用的实际距离显得过小。

Fraser也提出了另一个三链模型。在他的模型中，磷酸朝外，碱基朝内而以氢键连接。这个结构也如作者形容，是欠明了的，所以在此我们也不多加评论。

我们希望提出一个相当不同的脱氧核糖核酸盐的结构。这个结构由两条螺旋的链沿同一中轴盘卷而成（见图）。我们做出常见的化学假设，即是说，每条链由呋喃型β-D-脱氧核糖残基以3’,5’键与磷酸基形成磷酸二酯的形式构成。两条链（但不包括他们的碱基）是由垂直于纤维中轴的对子相连的。两条链都遵循右手螺旋，但因为对子的缘故，两边链原子连接的序列是反向的。每条链大概相似于Furberg的第1号模型：碱基是在螺旋的内侧，而磷酸是在外侧。糖和附近原子的排列分布与Furberg的标准分布很像，糖与相连碱基大致呈垂直。在每条链上，每3.4 A 就会在z-方向出现一个残基。我们假设同一条链中邻近的残基之间呈36°，就是说该结构以10个残基为一循环，一循环长度为34 A 。磷原子到中轴的距离的为10 A 。因为磷酸是在外侧的，正离子很容易接近它们。

这是个开放式的结构，它的结合水量相当高。在结合水量更低时我们可以让碱基倾斜，这样结构将会更加致密。

这个结构的新颖之处在于两条链通过嘌呤和嘧定结合在一起的方式。碱基平面与纤维中轴垂直。碱基连接成对，一条链上的一个碱基与另一条链上的一个碱基以氢键连接，这样来两个碱基肩并肩地分布在同一坐标轴z的两侧。碱基对的其中之一必为嘌呤，而另一个必为嘧啶，这样才会发生氢键键连。氢键是以如下方式缔结的：嘌呤1号位对应嘧啶1号位；嘌呤6号位对应嘧啶6号位。

如果假设碱基对仅发生在最合理的互变异构体中（就是说羰基以酮的形式而非烯醇式存在），我们会发现只有特定的碱基能结合成对。这些对子是：腺嘌呤对胸腺嘧啶，鸟嘌呤对胞嘧啶。

换言之，如果一个腺嘌呤参与了一个碱基对的形成，那按这种假设，在另一条链上该碱基对上另一个组成必然是胸腺嘧啶；对鸟嘌呤和胞嘧啶亦是同理。在各种程度上，一条链上碱基的顺序并没有受到限制。但是，如果只有特定的碱基对能形成，这样来会有这样的情况：当一条链上碱基顺序被给出，那另一条链上碱基的顺序也自然被决定了。

通过实验已经被发现在脱氧核糖核酸中，腺嘌呤对胸腺嘧啶的比例，和鸟嘌呤对胞嘧啶的比例，是非常接近一致的。

用核糖来代替脱氧核糖来构筑这样的结构大概是不可能的，因为多出的那个氧原子与结构中另一原子的距离比范德华距离小太多。

过去公布的脱氧核糖核酸的X射线谱数据不足以作为一个严谨的证据来证明我们的结构。到目前我们只能说，这些数据大体上不与我们的实验结果相矛盾，但我们的结果在它经受住更多更精确的数据检验之前必须被视作未证实的。有一些数据来自后来的一些交流。我们在构思我们的结构时没有注意到那些实验得到的结果，我们的结构主要却不完全靠被公开的实验数据和立体化学争论来支撑。

我们同时注意到我们提出的特定的碱基配对的理论将会导出一个可能的基因物质复制的原理。

我们结构的完整细节，包括构筑它时假定的条件，还有一系列原子的坐标，会被公布在别处。

我们实在感激Dr. Jerry Donohue长久以来的建议和评论，尤其是在原子间距离方面。我们也受到伦敦国王学院Dr. M. H. F. Wilkins、Dr. R. E. Franklin 和他们的同事的未发表的实验结果和思路的启发。我们之中Watson也曾受到国家小儿麻痹症基金的赞助。

生物分子结构学系药物研究委员会，

卡文迪许实验室，剑桥大学.

1953年4月2日.

**附：英文版**

** **