

差就愈大。上述电子计算机法的结果准确，因为它是完全以数字运算为基础，但由于这种运算太复杂，缺少电子计算机便无能为力。作图分析法要依靠工作者“肉眼”的估计，准确性较差，但却极为简便。Berson 和 Yalow (1959) 很早就运用了这一方法。他们将双曲线两端的渐近线的负斜率近似地看作是 K_1 和 K_2 ，保持斜率不变，向左移动这两条直线，把它们在 Y 轴的截距之和调整到与曲线的 Y 轴截距相等。那么，这两直线在 X 轴的截距就分别是 q_1 和 q_2 。Buller 等 (1976) 比 Berson 和 Yalow 前进了一步，他们由作图引进了双曲线的四个参数 α , β , γ 和 δ 进行运算，得到更为准确的 K_1 , K_2 , q_1 , q_2 值，这可以说是介于作图和运算二者之间的方法。但我们发现，Buller 等的原文中计算公式有多处错误。另外，Buller 等的原文所述 $K_1 \approx \alpha$, $K_2 \approx \beta$ 这种近似算法的条件是 $\alpha \gg \beta$ ，实际如上所述推导过程表明的，充分的条件应是 $\alpha \gg \frac{\gamma}{\delta} \gg \beta$ ，仅有 $\alpha \gg \beta$ 是不够的。忽略 γ/δ 这个因素，近似解的误差就会增大。本文采用我们关于孕酮-子宫胞浆受体互相作用的实验数据为例来说明作图分析法的应用。图 4 示实验结果(黑点)及由实验结果配合的双曲线(曲线 2)。作图得到的 α , β , γ 和 δ 经计算后得到的参数为 $K_1 = 1.4 \times 10^9 M^{-1}$, $K_2 = 3.0 \times 10^7 M^{-1}$, $q_1 = 1.45 \times 10^{-10} M$, $q_2 = 22.0 \times 10^{-10} M$ 。将这四参数的值代入方程式(13)，得到理论曲线(曲线 1)，可以见到它十分接近于实验曲线。该例 $\alpha : \frac{\gamma}{\delta} : \beta = 29:3:1$ ，采用近似解法得到 $K_1 = 1.0 \times 10^9 M^{-1}$, $K_2 = 3.3 \times 10^7 M^{-1}$, $q_1 = 2.03 \times 10^{-10} M$, $q_2 = 22.0 \times 10^{-10} M$ 。

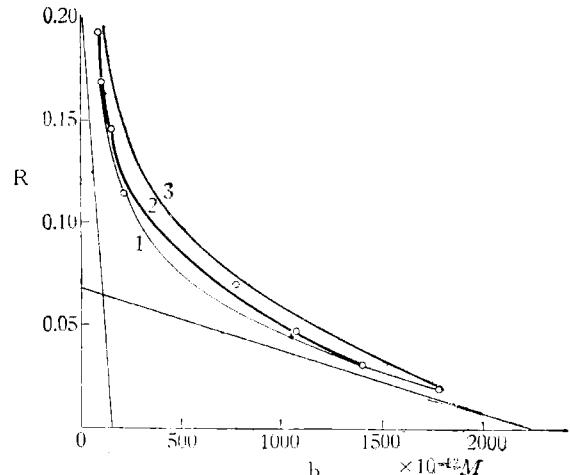


图 4 孕酮-受体(兔子宫胞液 O301)互相作用实验
数据的 SCATCHARD 图分析

曲线 2 为根据实验资料(实心圆点)所作曲线；曲线 1 为根据渐近线参数计算法得出的一种配基两种结合位点理论曲线；曲线 3 为根据渐近线位置调整法得出的一种配基两种结合位点理论曲线

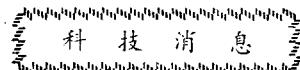
$10^{-10} M$ 。这四个值规定的理论曲线(曲线 3)偏离实验曲线稍远一些。

最后强调一下，作图分析法主要依靠“肉眼”，误差是不可避免的，但可以采用反复尝试的办法逐步地逼近实验曲线。实际上，非直线 SCATCHARD 图两端的误差一般较大，所以在采用作图分析法时，尤其是确定 γ 和 δ 时，必须反复尝试，逐步逼近，直到理论曲线相当好地符合实验得到的点子为止，这样就能得到十分准确的参数值。

参 考 文 献

- [1] Feldman, H. A.: *Anal. Biochem.*, 48, 317, 1972.
- [2] Buller et al.: *J. Steroid Biochem.*, 7, 321, 1976.
- [3] Brinkman: *Cellular Uptake of Steroids*, 1972.
- [4] Berson and Yalow: *J. Clin. Invest.*, 38, 1996, 1959.

[本文于 1979 年 1 月 4 日收到]



左 旋

继 26 年前华生-克立克公布右旋 DNA 螺旋模型之后，79 年 MIT Wang 及 Rich 等公布了左旋 DNA 片段。他们研究了六对 G-C 碱基对的片段(荷兰科学家合成)，由于片段很小，因此用 X-线散射可得到高分辨率型。CIT 的科学家也在 4 个碱基对的片段看到了左旋结构，但不完全相同。普

DNA

渡大学则在 1000 个 G-C 碱基对长片段同样看到了左旋结构。MIT 深入的工作已发现在左旋的 DNA 可以有两种盘旋方式，他们命名 α -DNA 与 β -DNA，扭曲情况不同。垂直看底部鸟嘌呤的排列完全不同。

(摘自 *Sci. News*, 116 (25-26), 420, 1979)