

Е. ЧАРГАФФ І ГЕНОСИСТЕМАТИКА

В. П. Пішак

Буковинський державний медичний університет, м. Чернівці

E. CHARGAFF AND GENOSYSTEMATICS

V. P. Pishak

Bukovynian State Medical University, Chernivtsi

Визначено внесок Е. Чаргаффа у вивчення біохімії ДНК.

There was defined E. Chargaff's contribution in the study of DNA biochemistry.

Вступ. Систематика рослин і тварин є складовою навчальної програми загальної біології загальноосвітньої школи та медичної біології вищого навчального закладу. Існуюча система класифікації організмів ґрунтується на порівняльному морфологічному аналізі ознак фенотипу. Проте вона не позбавлена суттєвого недоліку, – немає надійного кількісного морфологічного критерію, за яким не завжди можна чітко визначити приналежність групи видів до роду, родини, ряду, надряду.

Основна частина. Останнім часом все більшого поширення набуває еволюційна систематика, що ґрунтується на хімічному складі організмів, зокрема ДНК. Макромолекули ДНК у всіх живих істот побудовані за одним і тим же планом, що підпорядковується жорсткій двоспиральній структурі. Завдяки працям Е. Чаргаффа (уродженця м. Чернівці, пізніше емігрував до США) на початку 50-х років ХХ ст. доведено, що всі молекули ДНК незважаючи на різне походження підпорядковані правилам Чаргаффа. Їх суть у наступному: 1) сума пуринових нуклеотидів дорівнює сумі

піримідинових нуклеотидів, або $\frac{G + A}{C + T} = 1$; 2) вміст аденіну дорівнює вмісту тиміну, вміст гуаніну

дорівнює вмісту цитозину, або $\frac{A}{T} = 1$ і $\frac{G}{C} = 1$; 3) відношення суми концентрацій Г+Ц або суми

концентрацій А+Т у різних видів значно змінюється: Г+Ц / А+Т – це співвідношення видоспецифічне (його називають коефіцієнтом специфічності).

Вміст Г+Ц і А+Т може коливатися в широких межах. Тому ДНК властивий надзвичайно різноманітний склад та послідовність нуклеотидів.

Згідно останнього правила впливає, що відсоток пар Г+Ц, у процесі еволюції є видоспецифічним і може мати таксономічне значення.

Класифікація організмів, коли в основу беруть організацію генетичного матеріалу, отримала назву геносистематика. Термін запровадив О.М. Белозерський (Росія). Визначають частоти зустрічальності ГЦ– і АТ – пар нуклеотидів. Це дозволяє виявити відмінності між генофондом окремих таксонів (роди, родини, ряди, класи) і є базисом для визначення їх гетерогенності.

Висновок. Запровадження методу молекулярної гібридизації ДНК дозволяють успішно використовувати геносистематику та внести відповідні корективи і поправки до феносистематики.