مهروماه

ژنتیک
به زبان آدمیزاد

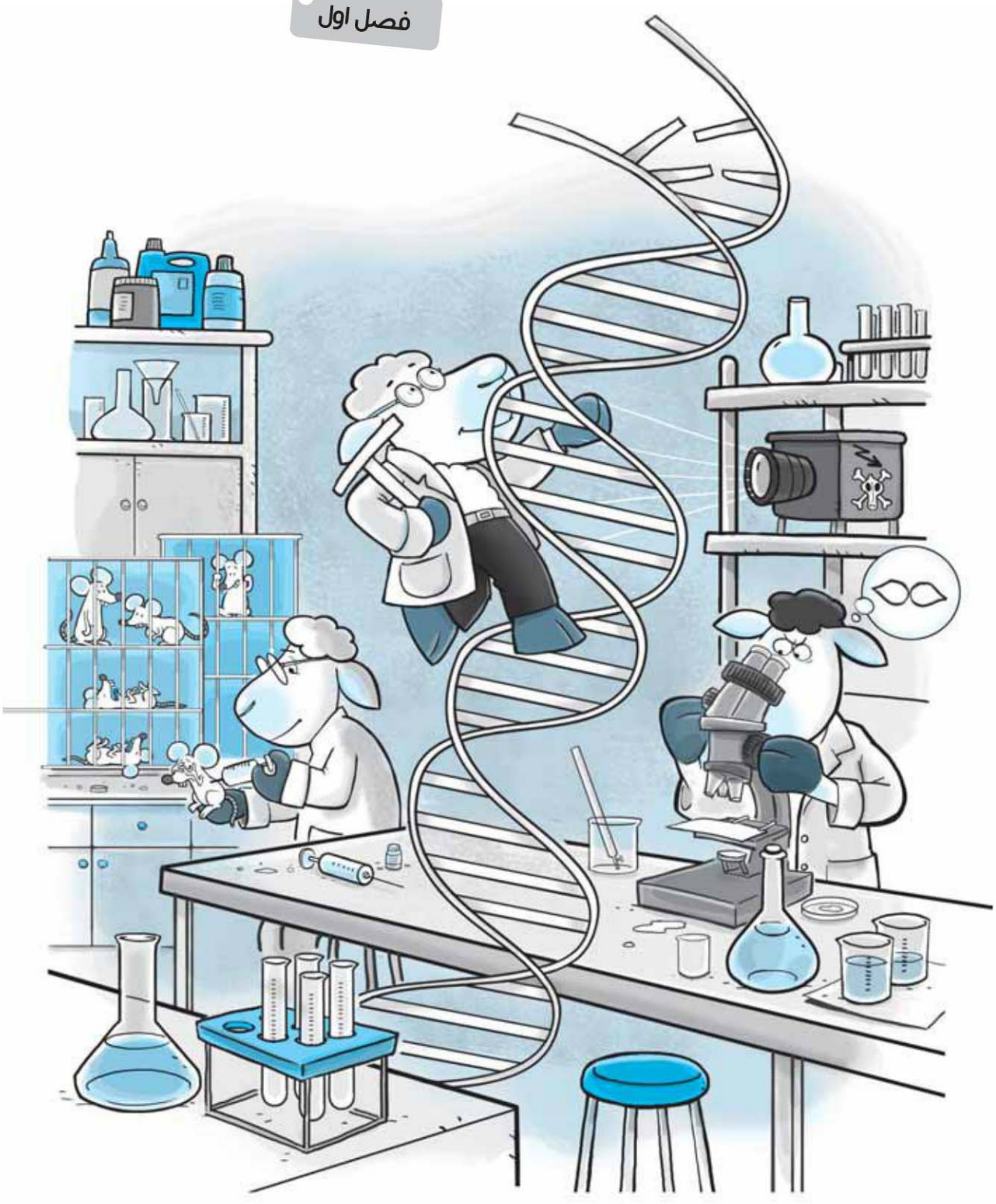
جامع ترین کتاب ژنتیک کنکور

ژنتیک مندلی | ژنتیک گیاهی | ژنتیک جمعیت | ژنتیک قارچ‌ها | ژنتیک اغازیان | و ...

دکتر حامد اختیاری • دکتر صاعد نصیریان

ماده ژنتیک

فصل اول



ماده‌ی ژنتیک
ساختمان و همانندسازی

در جست‌وجوی ماده‌ی ژنتیک

زیست‌شناسان عاملی را که باعث انتقال خصوصیات و ویژگی‌های یک نوع جاندار، از نسلی به نسل دیگر می‌شود، **ماده‌ی ژنتیک** می‌نامند. برای آن‌که مولکولی بتواند نقش ماده‌ی ژنتیک را ایفا کند، باید ویژگی‌های خاصی داشته باشد. مثلاً بتواند اطلاعات ژنتیک را در خود ذخیره کند، آن‌ها را از نسلی به نسل دیگر منتقل کند و در عین حال نسبتاً پایدار باشد تا بتواند در سراسر زندگی فرد، خود را حفظ کند.

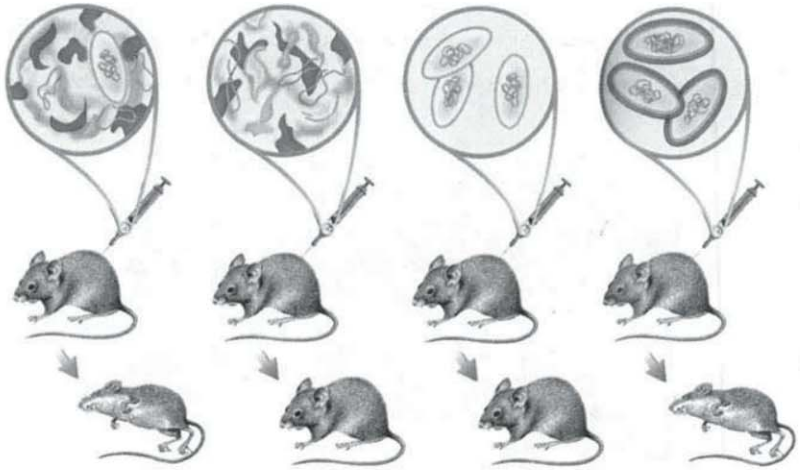
همکام با دانشمندان

آزمایش فردریک گریفیت

من باکتری‌شناسی بودم که در سال ۱۸۷۹ در انگلستان به‌دنیا آمدم. در سال ۱۹۲۸ هنگامی‌که سعی می‌کردم واکسنی علیه باکتری مولد ذات‌الریه کشف کنم، به پدیده‌ی جالبی برخوردم. این باکتری را ما زیست‌شناسان **استرپتوکوکوس نومونیا** می‌نامیم. من روی دو نوع (سویه) از این باکتری‌ها کار می‌کردم. یکی از این سویه‌ها، کپسولی پلی‌ساکاریدی دارد که اطراف باکتری را احاطه می‌کند. این کپسول عامل محافظت از باکتری در برابر دستگاه ایمنی است و باعث بیماری‌زایی باکتری می‌گردد. سویه‌ی دیگر این باکتری، بدون کپسول پلی‌ساکاریدی است و به همین دلیل موجب بیماری‌زایی نمی‌گردد. من روی این باکتری‌ها چهار آزمایش انجام دادم:

از آزمایش شماره ۳ به این نتیجه رسیدم که کپسول عامل مرگ موش‌ها نیست.

از آزمایش شماره ۴ نتیجه‌ای غیرمنتظره به‌دست آوردم! مشاهده کردم که همه‌ی موش‌هایی که باکتری‌های کپسول‌دار کشته شده و بدون کپسول زنده را دریافت کرده بودند، در اثر ابتلا به بیماری ذات‌الریه مردند. سپس خون این موش‌های مرده را بررسی کردم و با کمال تعجب مشاهده کردم که در خون این موش‌ها، بعضی از باکتری‌های بدون کپسول، کپسول‌دار شده‌اند. این‌گونه تفسیر کردم که باکتری‌های بدون کپسول، تغییر شکل داده‌اند و به باکتری‌های کپسول‌دار تبدیل شده‌اند.



۱. باکتری‌های کپسول‌دار موش را می‌کشند.

۲. باکتری‌های بدون کپسول موش را نمی‌کشند.

۳. باکتری‌های کپسول‌داری که با گرما کشته شده‌اند، موش را نمی‌کشند.

۴. باکتری‌های کپسول‌داری که با گرما کشته شده‌اند، همراه با باکتری زنده‌ی بدون کپسول، موش را می‌کشند!

ترانسفورماسیون

آن‌چه گریفیت مشاهده کرده بود، امروزه **ترانسفورماسیون** نام دارد. در فرآیند ترانسفورماسیون، باکتری با دریافت مواد ژنتیک از محیط، در خصوصیات ظاهری خود، تغییراتی پدید می‌آورد. با آزمایش‌هایی که گریفیت انجام داد، علت ترانسفورماسیون باکتری‌های بدون کپسول و تبدیل آن‌ها به باکتری کپسول‌دار، مشخص نشد.

همکام با دانشمندان

آزمایش اسوالد ایوری

من و همکارانم توانستیم عامل ترانسفورماسیون را شناسایی کرده و ماهیت ماده‌ی ژنتیک را آشکار سازیم. ما می‌دانستیم که در سلول، چهار نوع ماده‌ی شیمیایی اصلی، شامل کربوهیدرات‌ها، لیپیدها، پروتئین‌ها و اسیدهای نوکلئیک وجود دارد. پس عامل ترانسفورماسیون، یکی از این چهار نوع است. ما آنزیم‌های تخریب‌کننده‌ی این چهار نوع ماده‌ی شیمیایی اصلی را هم در اختیار داشتیم.

ما ابتدا عصاره‌ی سلولی باکتری‌های کپسول‌دار کشته شده را استخراج کردیم. می‌دانیم که عصاره‌ی سلولی شامل همه‌ی مواد شیمیایی درون باکتری‌هاست. سپس این عصاره را به چندین قسمت تقسیم کردیم و به هرکدام، یک نوع از آنزیم‌های تخریب‌کننده را اضافه نمودیم. همچنین سعی کردیم با هر قسمت به‌طور جداگانه، باکتری بدون کپسول زنده را وادار به ترانسفورماسیون کنیم.

مشاهده کردیم که ترانسفورماسیون فقط هنگامی رخ می‌دهد که DNA تخریب نشده باشد و این‌گونه تفسیر کردیم که عامل ترانسفورماسیون، همان DNA موجود در باکتری‌های کپسول‌دار است.

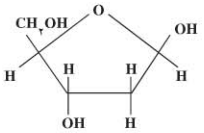
قبل از ما، دوستان زیست‌شناسان اطلاعات چندانی در مورد DNA نداشتند؛ اما چون می‌دانستند پروتئین‌ها بسیار متنوع‌اند و کارهای مختلفی را در سلول انجام می‌دهند، گمان می‌کردند که عامل ترانسفورماسیون، نوعی پروتئین است.

بنده برای اثبات ادعای خود، DNAی باکتری کپسول‌دار را به‌طور خالص، تهیه و به باکتری‌های بدون کپسول، اضافه کردم و سپس مشاهده نمودم که آن‌ها به باکتری‌های کپسول‌دار تبدیل شدند.

ساختار شیمیایی نوکلئیک اسیدها

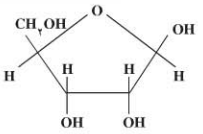
در سال ۱۸۷۰ **فردریک میشر** از هسته‌ی سلول، ماده‌ای استخراج کرد که خاصیت اسیدی داشت و بر همین اساس، آن را نوکلئیک اسید (اسید هسته‌ای) نام‌گذاری کرد. بعد از مدتی معلوم شد که نوکلئیک اسیدهای موجود در سلول، بر دو نوع‌اند:

- ریبونوکلئیک اسید یا به اختصار RNA که در ساختمان آن قند ریبوز وجود دارد.
- دئوکسی‌ریبونوکلئیک اسید یا به اختصار DNA که در ساختمان آن قند دئوکسی‌ریبوز وجود دارد.



دئوکسی ریبوز

$C_5H_{10}O_4$



ریبوز

$C_5H_{10}O_5$

فوت‌کوزه‌گری

ریبوز و دئوکسی ریبوز، هر دو از مونوساکاریدهای ۵ کربنی (پنتوز) هستند و فقط در یک اتم O با هم اختلاف دارند. ریبوز یک اتم O بیش‌تر از دئوکسی ریبوز دارد.

معمولاً RNA، تک‌رشته‌ای ولی DNA، دو رشته‌ای است.

نوکلئیک اسیدها، همانند کربوهیدرات‌ها و پروتئین‌ها پلی‌مر هستند. واحدهای مونومری نوکلئیک اسیدها، **نوکلئوتید** نام دارد.

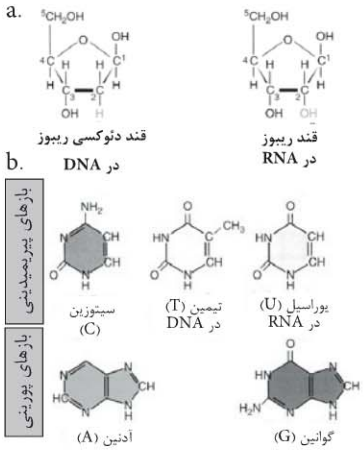
هر نوکلئوتید از سه بخش تشکیل شده است:

الف یک **قند پنج کربنی** که ریبوز یا دئوکسی ریبوز است.

ب **یک تا سه گروه فسفات**

ج یک **باز آلی نیتروژن‌دار** (که پورینی یا پیریمیدینی است.)

ساختار بازهای پورینی که شامل **آدنین (A)** و **گوانین (G)** هستند، دوحلقه‌ای است. ساختار بازهای پیریمیدینی که شامل **تیمین (T)**، **سیتوزین (C)** و **یوراسیل (U)** هستند، تک‌حلقه‌ای است.



فوت‌کوزه‌گری

تفاوت نوکلوئیدها در درون یک مولکول DNA یا RNA، تنها دو نوع باز آلی آن‌ها می‌باشد.

مونومرهای به‌کار رفته در ساختار DNA و RNA به دلیل تفاوت در قند موجود در آن‌ها متفاوت‌اند.

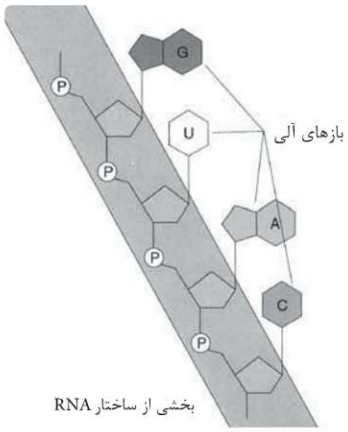
AMP حلقوی در واقع نوکلئوتیدی آدنین‌دار و سه فسفاته بوده که دو گروه فسفات خود را از دست داده و ساختاری حلقوی پیدا کرده است.

از اتصال نوکلئوتیدها با یک‌دیگر، پلی‌مری خطی به‌وجود می‌آید. اتصال نوکلئوتیدها به یک‌دیگر از طریق برقراری پیوند کووالان بین گروه قند یک نوکلئوتید با گروه فسفات نوکلئوتید دیگر صورت می‌گیرد. پیوند بین دو نوکلئوتید را پیوند **فسفو دی‌استر** می‌نامند.

فوت‌کوزه‌گری

نوکلئوتیدها به‌صورت آزاد، سه گروه فسفات دارند؛ اما هنگام برقراری پیوند با یک‌دیگر، دو گروه از سه گروه فسفات خود را از دست می‌دهند و فقط با یک گروه فسفات خود در رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی جای می‌گیرند.

دو انتهای رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی مثل هم نیستند. در یک انتها، گروه فسفات وجود دارد و در انتهای دیگر گروه فسفات یافت نمی‌شود (در انتهای دیگر گروه قند وجود دارد). از آن‌جا که دو انتهای رشته مثل هم نیستند، می‌گویند رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی دارای **قطبیت** است.



بخشی از ساختار تک رشته‌ای یک مولکول RNA:
(به حضور باز یوراسیل و عدم وجود باز تیمین توجه کنید.)

قانون چارگف

در آغاز دهه‌ی ۱۹۵۰، اروین چارگف، مقدار بازهای C، T، A و G را در DNAی جانداران مختلف اندازه گرفت. او دریافت در همه‌ی DNAهایی که او بررسی کرده بود، نسبت A به T $(\frac{A}{T})$ و C به G $(\frac{C}{G})$ برابر ۱ بود.

این امر نشان‌دهنده‌ی این بود که در مولکول DNA، مقدار A با مقدار T $(A = T)$ و مقدار C با مقدار G $(C = G)$ برابر است.

با بسط دادن این دو قاعده به نتایج زیر می‌رسیم:

$$\rightarrow A+G=C+T \rightarrow \frac{T+G}{A+C}=1 \rightarrow A+C=T+G \rightarrow \frac{A+G}{T+C}=1$$

فوت‌کوزه‌گری

از قانون چارگف به این نتیجه می‌رسیم که همیشه در مولکول DNA، تعداد نوکلئوتیدهایی که باز پورینی دارند، برابر با تعداد نوکلئوتیدهایی است که باز پیریمیدینی دارند.

قانون چارگف و قواعد حاصل از آن، برای توالی‌های تک‌رشته‌ای (مثل RNA)، رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی و DNA تک‌رشته‌ای (مثل انتهای چسبنده)، قابل تعمیم نیست.

بین بازهای A و T، دو پیوند هیدروژنی و بین بازهای C و G، سه پیوند هیدروژنی برقرار می‌شود.

همکام با دانشمندان

آزمایش واتسون و کریک

ما (واتسون و کریک) در سال ۱۹۵۳ توانستیم مدلی برای ساختار مولکول DNA پیشنهاد کنیم. برای این‌کار از یافته‌های دوست عزیزمان، اروین چارگف و هم‌چنین موریس ویلکینز و روزالین فرانکلین که با روش پراش پرتو X داده‌هایی را در مورد مولکول DNA کشف کرده بودند، استفاده کردیم. البته شناخت قبلی ما نیز در مورد پیوندهای شیمیایی کمک شایانی در ارائه‌ی این مدل برای DNA کرد.

داده‌های حاصل از پراش پرتو X

در دهه‌ی ۱۹۵۰ دانشمندان شروع به بررسی ساختار مولکول‌ها با کمک پراش پرتو X کردند. در این روش، پرتو ایکس مستقیماً به بلور جسمی که می‌خواهند به ساختار آن پی ببرند، تابانده می‌شود. پرتوهای X پس از برخورد به جسم، پراکنده می‌شوند و پرتوهای پراکنده شده، روی صفحه‌ی حساس فیلم که در پشت بلور قرار دارد، ثبت می‌شوند. پژوهشگران با تجزیه و تحلیل الگوهای پیچیده‌ای که روی فیلم ثبت می‌شود، می‌توانند ساختار مولکول را تعیین کنند.

این کار مثل آن است که بخواهیم با تجزیه و تحلیل سایه‌ی یک جسم، به شکل و ساختار آن پی ببریم.

همگام با دانشمندان

آزمایش موریس ویلکینز و روزالین فرانکلین

من و روزالین (!) با توجه به روشی که توضیح داده شد، توانستیم از مولکول DNA تصویری به‌دست بیاوریم.

ما پرتو X را مستقیماً به بلور مولکول DNA تاباندیم و صفحه‌ی حساس فیلم را در پشت بلور مولکول DNA قرار دادیم. پرتوهای X پراکنده‌شده، روی صفحه‌ی حساس فیلم که در پشت بلور مولکول DNA قرار داشت، ثبت شدند.

من و روزالین در مرحله‌ی بعد، این تصاویر ثبت شده روی فیلم را تجزیه و تحلیل کردیم و به این نتیجه رسیدیم که مولکول DNA، مولکولی مارپیچی است که از دو یا سه زنجیره تشکیل شده است.

مشت نمونه فروار

● **کدام عبارت نادرست است؟ «در مطالعات .....، مشخص شد که .....»**

۱) ایوری ـ عامل ترانسفورماسیون همان مولکول DNA است.

۲) چارگف ـ در مولکول DNA، بازهای آلی A با T و C با G مکمل هستند.

۳) گریفیت ـ باکتری‌های بدون کپسول می‌توانند به باکتری‌های کپسول‌دار تبدیل شوند.

۴) واستون و کریک ـ وجود رابطه‌ی مکملی بین بازهای آلی، در فرآیند همانندسازی نقش اساسی دارد.

پاسخ: گزینه‌ی «۲»

براساس مشاهدات چارگف مشخص شد که در همه‌ی DNAهایی که او بررسی کرده بود، نسبت A به T و C به G برابر ۱ است. جفت شدن بازهای آلی (A با T و C با G) اصل چارگف را توجیه می‌کند.

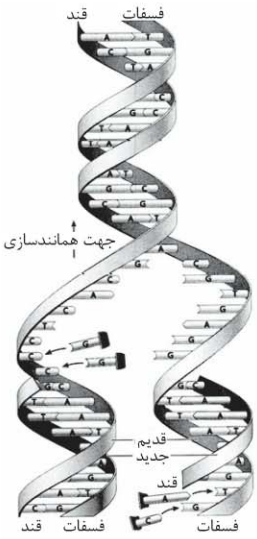
مدل مارپیچ دوگانه DNA

مدلی که امروزه از DNA ارائه می‌شود، همان مدل واتسون و کریک است. بر طبق این مدل، DNA از دو رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی تشکیل شده است که حول یک محور فرضی، به دور یک‌دیگر پیچیده‌اند.

مارپیچ دو رشته‌ای در واقع شبیه نردبانی است که حول محور طولی خود پیچ خورده است. نرده‌های این نردبان را گروه‌های قند ـ فسفات تشکیل می‌دهند. پله‌های این نردبان را بازهای دو رشته‌ای که به‌وسیله‌ی پیوندهای هیدروژنی در مقابل هم قرار می‌گیرند، تشکیل می‌دهند. پیوند هیدروژنی بین بازها، دو رشته را کنار یک‌دیگر نگه می‌دارد.

دو بازی را که با یک‌دیگر پیوند هیدروژنی دارند، **جفت باز** می‌نامند. جفت شدن بازها از قوانین خاصی پیروی می‌کند. به‌گونه‌ای که در مولکول DNA، آدنین یک زنجیره با تیمین زنجیره‌ی مقابل و سیتوزین آن با گوانین زنجیره‌ی مقابل، جفت می‌شود. علت این نحوه‌ی جفت شدن، این است که بازهای A و T و هم‌چنین بازهای C و G از نظر ساختار سه‌بعدی، مکمل یک‌دیگرند. براساس نحوه‌ی جفت شدن بازها، می‌توان گفت که هر رشته مکمل رشته‌ی مقابل است.

اطلاعات وراثتی را ترتیب و تعداد بازها، تشکیل می‌دهند.



مارپیچ دورشته‌ای DNA به گونه‌ای که جهت دو رشته‌ی مقابل عکس یک‌دیگر و توالی بازهای آن‌ها مکمل هم باشد.

محل عملکرد آنزیم هلیکاز (باز شدن مارپیچ دوگانه و شکسته شدن پیوندهای هیدروژنی)

هر رشته‌ی قدیمی الگویی برای ساخت رشته‌ی مکمل (جدید) می‌شود.

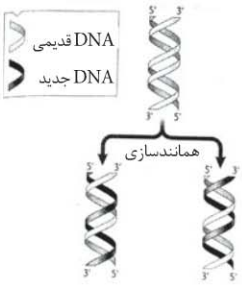
محل عملکرد مولکول DNA پلی‌مراز: پس از جفت شدن نوکلئوتیدهای آزاد درون سلول به مکمل‌های خود در رشته‌ی قدیمی، عملکرد مولکول‌های DNA پلی‌مراز موجب تشکیل پیوند قند - فسفات (فسفو دی‌استر) و تشکیل رشته‌ی DNA مکمل (جدید) می‌شود.

همانندسازی DNA

همانندسازی DNA به کمک آنزیم‌ها صورت می‌گیرد. در همانندسازی DNA، ابتدا دو رشته‌ی آن به کمک آنزیم **هلیکاز**، مانند زیپ از یک‌دیگر جدا می‌شوند و سپس به کمک آنزیم **DNA پلی‌مراز** از روی هر رشته، رشته‌ی جدیدی ساخته می‌شود؛ به این ترتیب که DNA پلی‌مراز در طول هر رشته‌ی DNA حرکت می‌کند و با استفاده از نوکلئوتیدهای آزاد که در سیتوپلاسم وجود دارند، در مقابل نوکلئوتید آدنین‌دار (A)، نوکلئوتید تیمین‌دار (T) و در مقابل نوکلئوتید سیتوزین‌دار (C)، نوکلئوتید گوانین‌دار (G) قرار می‌دهد.

فوت‌کوزه‌گری

در روند ساخته شدن مولکول RNA از روی DNA (رونویسی) که با کمک آنزیم RNA پلی‌مراز صورت می‌گیرد، در مقابل نوکلئوتید آدنین‌دار (A)، ریبونوکلئوتید یوراسیل‌دار (U) قرار می‌گیرد.
آنزیم محدودکننده همانند آنزیم DNA پلی‌مراز توانایی شکستن پیوندهای فسفو دی‌استر را دارد. پس از اثر آنزیم محدودکننده بر روی مولکول DNA و شکسته شدن پیوندهای فسفو دی‌استر، پیوندهای هیدروژنی نیز شکسته می‌شوند. آنزیم DNA لیگاز همانند آنزیم DNA پلی‌مراز توانایی برقرار پیوند فسفو دی‌استر را دارد.



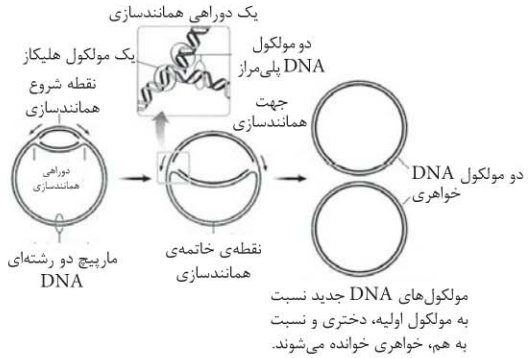
بعد از همانندسازی مولکول DNA، دو مولکول DNA دختر داریم که هریک دارای یک رشته DNA جدید و یک رشته DNA قدیمی هستند. چون هر DNA دختر، یک رشته‌ی جدید و یک رشته‌ی قدیمی دارد، می‌گویند همانندسازی DNA به طریقه‌ی **نیمه‌حفظ شده** صورت می‌گیرد. آنزیم DNA پلی‌مراز توانایی دیگری نیز دارد و آن **ویرایش** است؛ در صورتی‌که نوکلئوتید اشتباهی به DNAهای دختر اضافه شود، یعنی مکمل آن نباشد، آنزیم DNA پلی‌مراز برمی‌گردد و نوکلئوتید غلط را جدا و آن را با نوکلئوتید درست تعویض می‌کند. با این حال به‌ندرت یک نوکلئوتید غلط در DNAهای دختر باقی می‌ماند و به نسل بعد سلول منتقل می‌شود. این اشتباه‌های تصحیح نشده، **جهش** نام دارند.

فوت‌کوزه‌گری

آنزیم هلیکاز به DNA دو رشته‌ای اولیه (مادر) متصل و سبب شکسته شدن پیوندهای هیدروژنی می‌شود.
آنزیم DNA پلی‌مراز به DNA تک‌رشته‌ای اولیه (مادر) متصل و باعث تشکیل شدن پیوند فسفو دی‌استر بین نوکلئوتیدها و ساخت یک رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی جدید می‌شود.
آنزیم DNA پلی‌مراز مسئول برقراری رابطه‌ی مکملی بین نوکلئوتیدهای جدید و نوکلئوتیدهای اولیه است.
آنزیم DNA پلی‌مراز در عمل ویرایش، پیوند فسفو دی‌استر بین نوکلئوتیدهای غلط و نوکلئوتیدهای صحیح را می‌شکند و کار خود را تصحیح می‌کند!

همانندسازی DNA در پروکاریوت‌ها

باکتری‌ها که دارای DNA حلقوی هستند، معمولاً دو دوراهی همانندسازی ایجاد می‌کنند. این دوراهی‌ها در یک نقطه‌ی خاص به‌وجود می‌آیند و به تدریج از یک‌دیگر دور می‌شوند، تا این‌که در نقطه‌ی مقابل حلقه‌ی DNA، به هم برسند. در هریک از دوراهی‌های همانندسازی، یک آنزیم هلیکاز و دو آنزیم DNA پلی‌مراز مشغول به‌کارند!

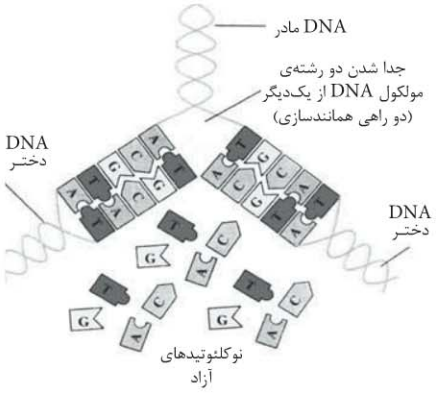


فوت‌کوزه‌گری

باکتری‌ها و سیانوباکتری‌ها، DNA حلقوی دارند. DNA موجود در میتوکندری و کلروپلاست سلول‌های یوکاریوتی نیز حلقوی است.
پلازمید باکتریایی هم از نوع DNA حلقوی است. پلازمیدها در بعضی از باکتری‌ها وجود دارند.
پلازمیدها می‌توانند مستقل از کروموزوم اصلی همانندسازی کنند؛ یعنی که پلازمیدها می‌توانند حتی در مواقعی که باکتری در حال تولیدمثل نیست نیز همانندسازی کنند.

همانندسازی DNA در یوکاریوت‌ها

در سلول‌های یوکاریوتی، هر کروموزوم از یک مولکول DNA طویل تشکیل شده است. طول DNA آن‌قدر طویل است که اگر قرار باشد یک کروموزوم انسان، مانند باکتری همانندسازی را از یک نقطه آغاز کند، همانندسازی هر کروموزوم ۳۳ روز طول می‌کشید! از این رو همانندسازی در سلول‌های انسانی و سایر سلول‌های یوکاریوتی در نقاط مختلف انجام می‌شود. دوراهی‌های همانندسازی مختلف، سبب می‌شوند تا یک کروموزوم انسانی در حدود ۸ ساعت به‌طور کامل همانندسازی کند.



فوت‌کوزه‌گری

در همانندسازی DNA، نوکلئوتید پورین‌دار در مقابل نوکلئوتید پیریمیدین‌دار قرار می‌گیرد.
از هر مولکول DNA، پس از n نسل همانندسازی، 2^n مولکول DNA حاصل می‌آید.

مسائل عددی ماده‌ی ژنتیک

در این‌جا یک سری فرمول مزخرف (منظور فرمول بیهوده نیست بلکه فرمول‌های طلایی!) آوردیم که مسائل عددی این فصل را با آن‌ها حل و فصل می‌کنیم. البته به نظر ما بهترین راه‌حل برای این مسائل حفظ این فرمول‌ها نیست، بلکه رسم یک یا چند نمونه مولکول DNA با تعداد مشخصی نوکلئوتید و به‌دست آوردن این فرمول‌ها از تصاویر رسم شده است. این کار اگرچه کمی وقت‌گیر است اما هرگز فراموش نمی‌شود و ضریب اطمینان بالاتری دارد.

اگر تعداد کل نوکلئوتیدها n باشد آن‌گاه:

الف در DNA حلقوی:

n= تعداد پیوند فسفو دی‌استر = تعداد پیوندهای بین قند و باز آلی = تعداد قندها = تعداد بازهای آلی

$\frac{n}{2}$ = تعداد بازهای پورینی = تعداد بازهای پیریمیدینی

2n= تعداد پیوند بین قند و فسفات

ب در DNA خطی:

2-n= تعداد پیوند فسفو دی‌استر

n= تعداد پیوندهای بین قند و باز آلی = تعداد قندها = تعداد بازهای آلی

$\frac{n}{2}$ = تعداد بازهای پورینی = تعداد بازهای پیریمیدینی

2n-2= تعداد پیوند بین قند و فسفات

ج تعداد حلقه مربوط به بازهای آلی نیتروژن‌دار:

در DNAی یوکاریوتی و پروکاریوتی برابر $\frac{3n}{2}$ است.

(در واقع به ازای هر جفت ($\frac{n}{2}$)، سه حلقه‌ی مربوط به بازهای آلی نیتروژن‌دار وجود دارد.)

د تعداد حلقه‌های آلی در ساختار DNA:

در DNAی یوکاریوتی و پروکاریوتی برابر $\frac{5n}{2}$ است.

(در واقع به ازای هر نوکلئوتید یک حلقه مربوط به قند موجود در ساختار نوکلئوتید وجود دارد که به همراه حلقه‌های بازهای نیتروژن‌دار، حلقه‌های آلی در ساختار DNA را می‌سازند.)

هـ تعداد پیوند هیدروژنی:

حداکثر تعداد پیوند هیدروژنی هنگامی است که همه‌ی پیوندها سه‌گانه باشند (همه‌ی نوکلئوتیدهای مولکول DNA، دارای بازهای آلی C و G باشند). در این حالت، تعداد پیوندهای هیدروژنی برابر است با: $\frac{3n}{2}$

حداقل تعداد پیوندهای هیدروژنی هنگامی است که همه‌ی پیوندهای دوگانه باشند (همه‌ی نوکلئوتیدهای مولکول DNA، دارای بازهای آلی A و T باشند). در این حالت، تعداد پیوندهای هیدروژنی برابر است با: n

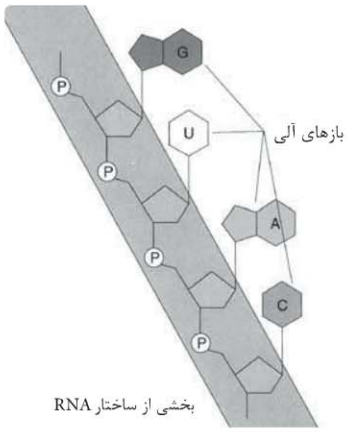
از آن‌جایی که در انواع مولکول DNA، نوکلئوتیدها دارای انواع باز آلی می‌باشند، تعداد پیوندهای هیدروژنی بین حالت حداکثر و حداقل متغیر می‌باشد: $n \leqslant$ تعداد پیوند هیدروژنی $\leqslant \frac{3n}{2}$

از اتصال نوکلئوتیدها با یک‌دیگر، پلی‌مری خطی به‌وجود می‌آید. اتصال نوکلئوتیدها به یک‌دیگر از طریق برقراری پیوند کووالان بین گروه قند یک نوکلئوتید با گروه فسفات نوکلئوتید دیگر صورت می‌گیرد. پیوند بین دو نوکلئوتید را پیوند **فسفو دی‌استر** می‌نامند.

فوت‌کوزه‌گری

نوکلئوتیدها به‌صورت آزاد، سه گروه فسفات دارند؛ اما هنگام برقراری پیوند با یک‌دیگر، دو گروه از سه گروه فسفات خود را از دست می‌دهند و فقط با یک گروه فسفات خود در رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی جای می‌گیرند.

دو انتهای رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی مثل هم نیستند. در یک انتها، گروه فسفات وجود دارد و در انتهای دیگر گروه فسفات یافت نمی‌شود (در انتهای دیگر گروه قند وجود دارد). از آن‌جا که دو انتهای رشته مثل هم نیستند، می‌گویند رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی دارای **قطبیت** است.



بخشی از ساختار تک رشته‌ای یک مولکول RNA:
(به حضور باز یوراسیل و عدم وجود باز تیمین توجه کنید.)

قانون چارگف

در آغاز دهه‌ی ۱۹۵۰، اروین چارگف، مقدار بازهای C، T، A و G را در DNAی جانداران مختلف اندازه گرفت. او دریافت در همه‌ی DNAهایی که او بررسی کرده بود، نسبت A به T $(\frac{A}{T})$ و C به G $(\frac{C}{G})$ برابر ۱ بود.

این امر نشان‌دهنده‌ی این بود که در مولکول DNA، مقدار A با مقدار T $(A = T)$ و مقدار C با مقدار G $(C = G)$ برابر است.

با بسط دادن این دو قاعده به نتایج زیر می‌رسیم:

$$\rightarrow A+G=C+T \rightarrow \frac{T+G}{A+C}=1 \rightarrow A+C=T+G \rightarrow \frac{A+G}{T+C}=1$$

فوت‌کوزه‌گری

از قانون چارگف به این نتیجه می‌رسیم که همیشه در مولکول DNA، تعداد نوکلئوتیدهایی که باز پورینی دارند، برابر با تعداد نوکلئوتیدهایی است که باز پیریمیدینی دارند.

قانون چارگف و قواعد حاصل از آن، برای توالی‌های تک‌رشته‌ای (مثل RNA)، رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی و DNA تک‌رشته‌ای (مثل انتهای چسبنده)، قابل تعمیم نیست.

بین بازهای A و T، دو پیوند هیدروژنی و بین بازهای C و G، سه پیوند هیدروژنی برقرار می‌شود.

همکام با دانشمندان

آزمایش واتسون و کریک

ما (واتسون و کریک) در سال ۱۹۵۳ توانستیم مدلی برای ساختار مولکول DNA پیشنهاد کنیم. برای این‌کار از یافته‌های دوست عزیزمان، اروین چارگف و هم‌چنین موریس ویلکینز و روزالین فرانکلین که با روش پراش پرتو X داده‌هایی را در مورد مولکول DNA کشف کرده بودند، استفاده کردیم. البته شناخت قبلی ما نیز در مورد پیوندهای شیمیایی کمک شایانی در ارائه‌ی این مدل برای DNA کرد.

داده‌های حاصل از پراش پرتو X

در دهه‌ی ۱۹۵۰ دانشمندان شروع به بررسی ساختار مولکول‌ها با کمک پراش پرتو X کردند. در این روش، پرتو ایکس مستقیماً به بلور جسمی که می‌خواهند به ساختار آن پی ببرند، تابانده می‌شود. پرتوهای X پس از برخورد به جسم، پراکنده می‌شوند و پرتوهای پراکنده شده، روی صفحه‌ی حساس فیلم که در پشت بلور قرار دارد، ثبت می‌شوند. پژوهشگران با تجزیه و تحلیل الگوهای پیچیده‌ای که روی فیلم ثبت می‌شود، می‌توانند ساختار مولکول را تعیین کنند.

این کار مثل آن است که بخواهیم با تجزیه و تحلیل سایه‌ی یک جسم، به شکل و ساختار آن پی ببریم.

همگام با دانشمندان

آزمایش موریس ویلکینز و روزالین فرانکلین

من و روزالین (!) با توجه به روشی که توضیح داده شد، توانستیم از مولکول DNA تصویری به‌دست بیاوریم.

ما پرتو X را مستقیماً به بلور مولکول DNA تاباندیم و صفحه‌ی حساس فیلم را در پشت بلور مولکول DNA قرار دادیم. پرتوهای X پراکنده‌شده، روی صفحه‌ی حساس فیلم که در پشت بلور مولکول DNA قرار داشت، ثبت شدند.

من و روزالین در مرحله‌ی بعد، این تصاویر ثبت شده روی فیلم را تجزیه و تحلیل کردیم و به این نتیجه رسیدیم که مولکول DNA، مولکولی مارپیچی است که از دو یا سه زنجیره تشکیل شده است.

مشت نمونه فروار

● **کدام عبارت نادرست است؟ «در مطالعات .....، مشخص شد که .....»**

۱) ایوری ـ عامل ترانسفورماسیون همان مولکول DNA است.

۲) چارگف ـ در مولکول DNA، بازهای آلی A با T و C با G مکمل هستند.

۳) گریفیت ـ باکتری‌های بدون کپسول می‌توانند به باکتری‌های کپسول‌دار تبدیل شوند.

۴) واستون و کریک ـ وجود رابطه‌ی مکملی بین بازهای آلی، در فرآیند همانندسازی نقش اساسی دارد.

✔ **پاسخ:** گزینه‌ی «۲»

براساس مشاهدات چارگف مشخص شد که در همه‌ی DNAهایی که او بررسی کرده بود، نسبت A به T و C به G برابر ۱ است. جفت شدن بازهای آلی (A با T و C با G) اصل چارگف را توجیه می‌کند.

مدل مارپیچ دوگانه DNA

مدلی که امروزه از DNA ارائه می‌شود، همان مدل واتسون و کریک است. بر طبق این مدل، DNA از دو رشته‌ی پلی‌نوکلئوتیدی تشکیل شده است که حول یک محور فرضی، به دور یک‌دیگر پیچیده‌اند.

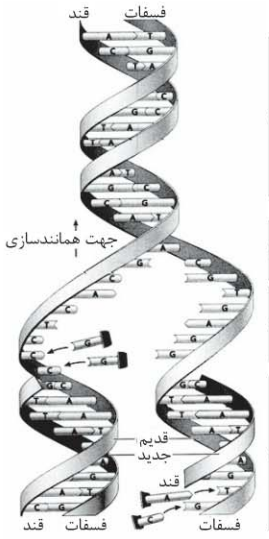
مارپیچ دو رشته‌ای در واقع شبیه نردبانی است که حول محور طولی خود پیچ خورده است. نرده‌های این نردبان را گروه‌های قند ـ فسفات تشکیل می‌دهند. پله‌های این نردبان را بازهای دو رشته‌ای که به‌وسیله‌ی پیوندهای هیدروژنی در مقابل هم قرار می‌گیرند، تشکیل می‌دهند. پیوند هیدروژنی بین بازها، دو رشته را کنار یک‌دیگر نگه می‌دارد.

دو بازی را که با یک‌دیگر پیوند هیدروژنی دارند، **جفت باز** می‌نامند. جفت شدن بازها از قوانین خاصی پیروی می‌کند. به‌گونه‌ای که در مولکول DNA، آدنین یک زنجیره با تیمین زنجیره‌ی مقابل و سیتوزین آن با گوانین زنجیره‌ی مقابل، جفت می‌شود. علت این نحوه‌ی جفت شدن، این است که بازهای A و T و هم‌چنین بازهای C و G از نظر ساختار سه‌بعدی، مکمل یک‌دیگرند. براساس نحوه‌ی جفت شدن بازها، می‌توان گفت که هر رشته مکمل رشته‌ی مقابل است.

اطلاعات وراثتی را ترتیب و تعداد بازها، تشکیل می‌دهند.

همانندسازی DNA

همانندسازی DNA به کمک آنزیم‌ها صورت می‌گیرد. در همانندسازی DNA، ابتدا دو رشته‌ی آن به کمک آنزیم **هلیکاز**، مانند زیپ از یک‌دیگر جدا می‌شوند و سپس به کمک آنزیم **DNA پلی‌مراز** از روی هر رشته، رشته‌ی جدیدی ساخته می‌شود؛ به این ترتیب که DNA پلی‌مراز در طول هر رشته‌ی DNA حرکت می‌کند و با استفاده از نوکلئوتیدهای آزاد که در سیتوپلاسم وجود دارند، در مقابل نوکلئوتید آدنین‌دار (A)، نوکلئوتید تیمین‌دار (T) و در مقابل نوکلئوتید سیتوزین‌دار (C)، نوکلئوتید گوانین‌دار (G) قرار می‌دهد.



مارپیچ دورشته‌ای DNA به گونه‌ای که جهت دو رشته‌ی مقابل عکس یک‌دیگر و توالی بازهای آن‌ها مکمل هم باشد.

محل عملکرد آنزیم هلیکاز (باز شدن مارپیچ دوگانه و شکسته شدن پیوندهای هیدروژنی)

هر رشته‌ی قدیمی الگویی برای ساخت رشته‌ی مکمل (جدید) می‌شود.

محل عملکرد مولکول DNA پلی‌مراز: پس از جفت شدن نوکلئوتیدهای آزاد درون سلول به مکمل‌های خود در رشته‌ی قدیمی، عملکرد مولکول‌های DNA پلی‌مراز موجب تشکیل پیوند قند - فسفات (فسفو دی‌استر) و تشکیل رشته‌ی DNA مکمل (جدید) می‌شود.

Genetics 4 Dummies

ویژگی های این کتاب

- تسلط بیش از ۲۰۰۰ پرسش چهارگزینه‌ای کنکورهای سراسری داخل و خارج از کشور
- آموزش کلیدی مباحث ژنتیک (ژنتیک مندلی، ژنتیک کیفی، ژنتیک جمعیت، ژنتیک در سختی و تکاملی
- ارائه‌ی جزءبه‌جزء مسائل جامع و مطلق با کنکورهای اخیر با نگرش تفهیم سوالات از طریق لیازیان و فلاچ‌ها) در لابلای کتاب‌های درسی جدید
- تفکیک پرسش‌های چهارگزینه‌ای هم فصل به علوم مبحث به مبحث
- ارائه‌ی نکات کلیدی و مهم در قالب فوت کوزه‌گری و زن درمانی
- درجه‌بندی تست‌های واقعا تشریحی و کاربردی به همراه بررسی دقیق تمامی نکات سوال
- ارائه‌ی پاسخ‌های هر مبحث در یک روال منطقی با مناسبت به پیش‌نیازها

سرفصل‌های این کتاب

انتشارات مهروماه
۶۶۴۰۸۱۰۰-۲
www.mehromah.ir
since ۲۰۰۰-۲۲۱۲۰