۱- از بین ماکرومولکولهای زیستی، اسیدهای نوکلئیک و پروتئین ها را مولکولهای اطلاعاتی می نامند، زیرا که توالی سه نوکلئوتیدی (کد ژنتیکی) موسوم به ژن، رمزی برای ورود آمینواسیدها به ساختمان پروتئین ها است.

۲- آمینواسیدها، واحد ساختمانی پروتئین:

**نکته ۱)** آمینو اسیدهای قطبی (واجد بار) در pH فیزیولوژیک به دو گروه واجد بار مثبت = قلیایی و دارای بار منفی = اسیدی تقسیم می شوند.

۱ - قلیایی: لیزین (PI=9.7)، هیستیدین (PI=7.6) و آرژنین (PI=10.8)

۲ - اسیدی: اسید آسپارتیک (PI=2.7)، اسید گلوتامیک (PI = 3.2)

**نکته ۲)** وزن متوسط رزیدو= باقیمانده = آمینو اسید شرکت کننده در ساختمان پروتئین، برابر ۱۱۰ دالتون و به فرم آزاد ۱۳۸ دالتون است.

**نکته ۳)** فراوانی آمینو اسیدها در ساختمان پروتئین ها به دو عامل «تعداد کدهای ژنتیکی» و «وزن مولکولی اسید آمینه» وابسته است.

**نکته ٤)** به استثناء اسیدهای آمینه تریپتوفان و متیونین، بقیه اسیدهای آمینه دارای ۲ یا چند کد ژنتیکی اند.

**نکته ٥)** ایزولوسین و ترئونین دارای ۲ اتم کربن نامتقارن هستند ( ترکیب فعال نوری با n کربن نامتقارن دارای $2^n$ ایزومر نوری است)

**نکته ٦)** مخلوط مساوی از دوآنانتیومر D , L اسیدآمینه (یا هر ترکیب فعال نوری دیگر) را مخلوط راسمیک می‌نامند.

در شرایط *in vivo* آنزیمی که دو ایزومر D, L را به یکدیگر تبدیل می کند، «راسماز» نامیده می شود.

۳- پیوند پپتیدی عامل اصلی اتصال آمینواسیدها در ساختمان پروتئینی:

پلیمریزاسیون اسیدهای آمینه در ساختمان پروتئین ها یک فرایند «تراکمی = Condensation» است ( در یک فرایند تراکمی ایجاد پیوند با خروج مولکولهای کوچک مانند آب توأم است).

**نکته ۱)** به استثنای اتصال x-Pro که به هر دو صورت «سیس» و «ترانس» وجود دارد، شکل غالب اتصال پپتیدی حالت ترانس است.

**نکته ۲)** در شرایط *in vivo* آنزیمی موسوم به سیس- ترانس پرولیل ایزومراز تبدیل دو ایزومر سیس/ترانس را به هم کاتالیز می کند. این آنزیم نقش مهمی در folding پروتئین ها بازی می کند.

**نکته ۳)** پیوند پپتیدی دارای خاصیت «رزونانسی» است ( الکترون های ناپیوندی نیتروژن بر روی اتمهای پیوندی در حال حرکت اند) به همین دلیل این پیوند به صورت مسطح بوده و در یک صفحه واقع است.

**نکته ٤)** از چرخش صفحه آمیدی مسطح حول دو محور $C_\alpha$-C , $C_\alpha$-N دو زاویه $\phi,\psi$ ایجاد می شود. ( نمودار راماچاندران همان

**هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است**



تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول - شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ -website:www.DKG.ir

نمودار $\psi$ برحسب $\phi$ است).

٤- سطوح ساختمانی در پروتئین ها:

I. ساختمان اول همان ساختمان کوالانسی پروتئین هاست: که معرف ساختمان خطی اسیدهای آمینه، توالی و ترتیب قرار گرفتن آنها در یک رشته پروتئینی است (پیوند پپتیدی = پیوند آمیدی).

**نکته ۱)** پیوندهای دی سولفیدی نیز بخشی از ساختمان اول را تشکیل می دهند.

**نکته ۲)** در روش تجزیه ادمن، از معرف «ادمن = فنیل ایزوتیوسیانات =PITC» در محیط قلیایی استفاده می شود. این معرف به گروه آمین اسید آمینه‌ی انتهای N زنجیره پلی پپتید متصل شده و با کاهش خاصیت قلیایی (ایجاد شرایط اسیدی ضعیف) اسید آمینه از بقیه‌ی زنجیره پپتیدی جدا می شود، اسیدآمینه‌ی جدا شده توسط روش های کروماتوگرافی تعیین می شود.

II. ساختمان دوم پروتئین ها: این ساختمان معرف آرایش فضایی محلی (موضعی) و منظم چارچوب زنجیره پلی پپتیدی است (بدون در نظر گرفتن ساختمان فضایی زنجیره های جانبی اسیدهای آمینه)

**نکته ۱)** پیوند هیدروژنی مهمترین عامل پایداری ساختمان دوم پروتئین هاست.

**نکته ۲)** ساختمان دوم پروتئین ها:

۱- گروه I : ساختمانهای هلیکسی (helix) و صفحات بتا (β-Sheet)

این گروه ساختمان های منظم و دارای بخش های تکرار شونده اند.

۲- گروه II: ساختمان چرخش های معکوس و لوپ ها

این گروه ساختمان های منظم اند اما بدون بخش های تکرار شونده.

α-helixA: شایعترین ساختار هلیکسی در پروتئین ها محسوب می شود (helix ۳/٦$_{۱۳}$). در این helix پیوند هیدروژنی بین کربونیل اسیدآمینه n و گروه آمین اسید آمینه n+4 برقرار است و در هر دور کامل (Pitch=p) ۳/٦ رزیدو وجود دارد.

**نکته ۱)** به طور کلی L – آمینواسیدها، هلیکس راستگرد پایدار و D – آمینواسیدها، هلیکسی چپ‌گرد پایدار ایجاد می‌کند.

**نکته ۲)** در ساختار هلیکسی، دافعه بین بارهای مجاور و هم نام بودن عوامل موجود در گروه جانبی اسید آمینه‌های باردار باعث ناپایداری ساختار هلیکسی به شمار می رود.

**نکته ۳)** از آنجایی که یک انتهای helix (N ترمینال) مثبت و انتهای دیگر آن (C ترمینال) منفی است، هلیکس یک دو قطبی محسوب می شود.

**نکته ٤)** پرولین آغاز کننده و خاتمه دهنده α-helix است.



هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است

تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول - شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ -website:www.DKG.ir

β-sheet.B: ساختمان β، شامل زنجیره های β و صفحات β است. از کنار هم قرار گرفتن زنجیره هایβ، صفحات چین دارβ تشکیل می شود. در هر دور از زنجیره β تنها ۲ اسید آمینه حضور دارد به همین دلیل در اثر کشیدن یک زنجیره β کمترین افزایش طول زنجیره مشاهده می شود.

**نکته ۱)** در زنجیره های تشکیل دهنده صفحات β، گروههای کربونیل و آمین زنجیره های مقابل هم، با یکدیگر پیوند هیدروژنی تشکیل می دهند.

**نکته ۲)** گروههای R (جانبی) اسیدهای آمینه که به صورت یک در میان در بالا و پایین صفحه واقع می شوند در ایجاد پیوند هیدروژنی نقشی ندارند.

**نکته ۳)** پایداری صفحات چین دارβ موازی ناهمسو از نوع همسو بیشتر است.

۱- Turn (چرخش معکوس = چرخش = پیچش): معروف ترین چرخش معکوس β-Turn است. در این پیچش اغلب ٤ رزیدو شرکت دارند که آمینو اسید دوم در اغلب موارد پرولین است. پیوند هیدروژنی بین آمینواسید n ام و n+۳ برقرار می شود.

پرولین و گلاسین بیشترین تمایل را برای قرار گرفتن در ساختمان چرخش های معکوس دارند.

۲- Loop (لوپ): معروف ترین نوع لوپ، لوپ "Ω" امگا است. دلیل این نامگذاری شباهت ساختمانی این ساختار به حرف امگا است. این loop ها دارای ١٦-٦ اسیدآمینه اند و در اغلب پلی پپتیدهایی که بیش از ٦٠ اسید آمینه دارندی یافت می شود.

از جمله متداول ترین روشها برای مطالعه ساختمان دوم پروتئین ها می توان به روش های طیف سنجی CD ،IR , ORD اشاره کرد.

III. ساختمان سوم پروتئین ها: به ساختمان کامل سه بعدی (فضایی) پروتئین‌ها اطلاق می شود که در برگیرنده ساختمان های اول و دوم نیز می باشد.

**نکته ۱)** مهمترین عامل موثر در فرآیند فولدینگ ( ساختمان سوم) پروتئین‌ها ، برهم کنش‌های آبگریز (هیدروفوب) است.

**نکته ۲)** فعالیت بیولوژیک پروتئین ها فقط در صورت داشتن ساختمان سوم بروز می کند.

**نکته ۳)** حداقل ۷۵ رزیدو برای آغاز فرایند فولدینگ پروتئین ها ضروری است.

**نکته ٤)** مهمترین روش‌ها برای مطالعه حدواسط ها استفاده از روش‌های طیف سنجی مانند فلورسانس و کالریمتری است.

**نکته ٥)** پروتئین های دخیل در فرایند فولدیک پروتئین ها:

A ) دی سولفید ایزومراز: این پروتئین در ایجاد پیوندهای صحیح دی سولفیدی نقش دارد.

B ) چاپرون‌ها: که علاوه بر فرایند فولدینگ در انتقال مولکول ها به خصوص پروتئین ها در درون سلول‌ها نیز نقش دارند.

**هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است**



تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول - شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ -website:www.DKG.ir

۱- چاپرونین: پروتئین های استوانه ای شکل و دارای خاصیت $ATP_{ase}$ اند.

۲- پروتئین های شوک حرارتی (HSP): که تحت شرایط استرس زا به خصوص افزایش دمای محیط در درون سلول افزایش می یابند، اغلب HSP ها ( به جزء HSP های کوچک) دارای خاصیت $ATP_{ase}$ اند.

C) سیس- ترانس پرولیل ایزومراز: که کاتالیز کننده تبدیل دو فرم سیس و ترانس پیوند پپتیدی در x-Pro است.

**نکته ٦)** بهترین ابزار برای بررسی ساختمان سوم پروتئین ها، تکنیک طیف سنجی NMR و کریستالوگرافی اشعه x است.

**نکته ۷)** علاوه بر برهم کنش های هیدروفوبی، پیوند های کوالانسی از نوع دی سولفید نیز نقش مهمی در پایداری ساختمان سوم دارند.

IV. ساختمان چهارم پروتئین ها: اغلب پروتئین هایی که وزن مولکول بیش از ۱۰۰ کیلو دالتون دارند دارای چندین زیرواحد اند. این زیر واحدها با آرایش فضایی ویژه ای به هم متصل شده و ساختمان چهارم پروتئین ها را می سازند.

مهمترین عامل در شکل گیری ساختمان چهارم پروتئین ها، نیروهای آبگریز (هیدروفوب) و برهم کنش‌های واندروالسی لاندن است. در این حالت ممکن است بین زیرواحدهای مجاور پیوند دی سولفیدی (S-S) نیز تشکیل شود.

۵- اثر عوامل دناتوره کننده بر روی پروتئین ها:

۱- دترجنت ها = شوینده ها = سورفکتانت = Detergents : بخش هیدروکربنی این ترکیبات ضمن ایجاد برهم کنش با بخش های هیدروفوب پروتئین ها باعث تضعیف و تداخل این برهم‌کنش‌ها شده و در نتیجه ساختمان سوم پروتئین ها را دچار تغییر خواهد کرد.

۲- اوره (۸ مولار): باعث شکستن پیوندهای هیدروژنی و احتمالاً میانکش‌های هیدروفوبیک می شود.

۳- حلال‌های آلی مانند اتانل و اتیلن گلیکول: باعث ایجاد پیوند هیدروژنی با ریشه های قطبی (زنجیره جانبی) در سطح پروتئین ها می شود.

٤-دی تیوترتیول (DTT) و مرکاپتواتانول: باعث شکست برگشت پذیر پیوندهای دی سولفیدی می‌شوند.

۵- اسید فرمیک و اسید پرفرمیک: باعث شکست برگشت ناپذیر پیوندهای دی سولفیدی می شوند.

٦- برهمکنش لیگاند- پروتئین:

چنانچه $K_a$ ( ثابت تعادل تجمعی واکنش)$P+L \Rightarrow PL$ باشد، خواهیم داشت:

$$K_a = \frac{[PL]}{[P][L]}$$

$K_a$ : معیاری برای تحلیل برهم‌کنش لیگاند (L) به پروتئین (P) است به نحوی که هرچه $K_a$ بیشتر باشد، تحلیل اتصال پروتئین به لیگاند (قدرت برهم کنش لیگاند به پروتئین) بیشتر است.



هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است

تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول - شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ -website:www.DKG.ir

در اغلب مواقع به جای $K_a$ از $K_d$ = ثابت تعادل تفکیک استفاده می شود:

$$K_d.K_a = ۱ \Rightarrow K_d = \frac{۱}{K_a}$$

کسر اشباع یا θ: نسبت جایگاه اشغال شده با لیگاند به کل جایگاههای اتصال است، طبق معادله «اسکاچارد» برای پروتئینی با یک جایگاه اتصال به لیگاند خواهیم داشت:

$$\frac{\theta}{[L]} = \frac{۱}{K_d}(۱-\theta)$$

و برای پروتئینی با n جایگاه اتصال به لیگاند نیز داریم:

$$\frac{\theta}{[L]^n} = \frac{۱}{K_d}(۱-\theta)$$

تفاوت دو رابطه فوق فقط در توان [L] است که بیانگر تعداد جایگاه اتصال به لیگاندهاست از بازآرایی رابطه فوق می توان به معادله Hill (هیل) دست یافت:

$$\log\frac{\theta}{(۱-\theta)} = n\log[L] - \log k_d$$

**نکته ۱)** در این رابطه n معرف شیب نمودار هیل است و ضریب هیل را با نماد $n_H$ نشان می دهند:

زمانی که $n_H = ۱$ باشد، جایگاههای اتصال از هم مستقل اند.

زمانی که $n_H > ۱$ باشد، جایگاههای اتصال فرایند تعاونی مثبت دارند.

زمانی که $n_H < ۱$ باشد، جایگاههای اتصال فرایند تعاونی منفی دارند.

**نکته ۲)** برای پروتئینی با n جایگاه اتصال دو نوع ثابت تعادل تعریف می شود:

A) ثابت تعادل تفکیک ظاهری = ماکروسکوپیک = $K'_d$ = Macroscopic = Extrinsic

B) ثابت تعادل تفکیک واقعی = ذاتی = میکروسکوپیک = $K_d$ = Microscopic = Intrinsic

رابطه ثابت تعادل ذاتی و ظاهری به صورت زیر است:

$$k_i = \frac{n-i+۱}{i}k'_i$$

در رابطه فوق، n؛ معرف تعداد جایگاههای اتصال برای لیگاند و i؛ معرف i امین لیگاندی است که به جایگاه اتصالش متصل می شود.

نکته ۳) به عبارت $\left(\frac{n-i+۱}{i}\right)$ در اصطلاح فاکتور آماری گفته می‌شود.

۷- سینتیک آنزیمی:

هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است



تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول - شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱- website:www.DKG.ir

۱) طبق معادله‌ی میکائیلیس – منتن:

$$V = V_{max}\frac{[S]}{[S]+K_m}$$

در این رابطه $[S]$= غلظت سوبسترا و $V$ : سرعت واکنش است.

ثابت میکائیلیس یا $K_m$ به صورت زیر تعریف می شود:

$$K_m = \frac{K_{-۱}+K_۲}{K_۱}$$

$K_m$؛ غلظتی از سوبستراست که در آن سرعت فرایند آنزیمی نصف سرعت حداکثر باشد.

۲) معادله لینوویور – برگ:

این معادله فرم خطی و درجه اول معادله میکائیلیس– منتن است و به نمودار معکوس سرعت نیز شهرت دارد.

$$\frac{۱}{V} = \left(\frac{K_m}{V_m}\right)\frac{۱}{[S]} + \frac{۱}{V_m}$$

۳) معادله ادی – هافستی:

این معادله نیز، معادله درجه اول و خطی دیگری از معادله میکائیلیس – منتن است.

$$\frac{V}{[S]} = \frac{V_m}{K_m} - \frac{V}{K_m}$$

۸- برهمکنش بازدارنده (I) – آنزیم (E):

بازدارنده های آنزیمی به دو گروه برگشت ناپذیر و برگشت پذیر تقسیم می شوند:

۱- بازدارنده های برگشت ناپذیر:

a) پنی سیلین: مهار آنزیم ترانس پپتیداز

b) یون سیانید: مهار متالوآنزیمهایی که در دهانه فعال خود فلز واسطه دارند.

c) دی ایزوپروپیل فلوروفسفات: مهار آنزیم های سرین پروتئاز

d) یدواستامید: مهار آنزیم های سیستئین پروتئاز



هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است

تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب– جنب سینما پارس– مجتمع تجاری پارس– طبقه اول – شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ –website:www.DKG.ir

۲- بازدارنده های برگشت پذیر:

a) بازدارنده رقابتی (Competitive): در غلظت بالای سوبسترا رفع می شود و تنها بر روی $K_m$ آنزیم تاثیر گذاشته و آن را افزایش می دهد.

b) بازدارنده غیررقابتی (Un- competitive): در حضور این بازدارند $V_m$ آنزیم کاهش می یابد.

c) بازدارنده نارقابتی (Non competitive): این بازدارنده بر روی آنزیم آزاد جایگاه اتصال ندارد و فقط به کمپلکس ES (آنزیم – سوبسترا) متصل می شود. این بازدارنده $K_m$ و $V_m$ را کاهش می دهد.

***چند تعریف ساده***

۱- pH ایزوالکتریک (pI): نقطه ایزوالکتریک یک پروتئین و pH معینی است که در آن جمع جبری بارهای مثبت و منفی برروی مولکول صفر گردد. در این حالت پروتئین در میدان الکتریکی فاقد تحرک است، در نقطه ایزوالکتریک حلالیت پروتئین به حداقل خود می رسد.

۲- ساختمان طبیعی (Native): منظور ساختمان فیزیولوژیک آن پروتئین است و یا به عبارت بهتر ساختمانی است که پروتئین در محیط طبیعی بدن و یا سلول دارد.

۳- اثر هایپرکرومیک: ضمن فرایند دناتوراسیون، معمولاً میزان جذب نوری افزایش می یابد که به این پدیده هایپرکرومیک گویند.

٤- اثر تعاونی (Cooperative): بدین معناست که اتصال یک لیگاند به جایگاه اتصالش، تمایل اتصال دیگر لیگاندها را به جایگاه اتصال متاثر می کند.

۵- اثر تعاونی هوموتروپیک: اتصال یک لیگاند بر پروتئین، تمایل پروتئین برای لیگاندهایی از همان نوع را متاثر می‌کند.

٦- اثر تعاونی هتروتروپیک: اتصال لیگاند A به پروتئین، میل پروتئین را برای برهم کنش با لیگاند متفاوت مثلاً B را تغییر می‌دهد.

۹- اسیدهای نوکلئیک:

پلیمرهایی خطی هستند که از تکرار واحدهایی به نام نوکلئوتید به وجود آمده اند که خود شامل سه جزء؛ قند پنج کربنه پنتوز، باز هتروسیکلیک و گروه فسفات است. قند موجود در ساختمان RNA، از نوع D ریبوز و در DNA از نوع ′۲ داکسی – D- ریبوز است. در DNA و RNA باز از طریق پیوند β -N گلیکوزیدی به کربن شماره ۱ قند متصل است. دو کلاس از بازهای مهم در اسیدهای نوکلئیک، پورین ها و پیریمیدین ها هستند. پورین ها (گوانین و آدنین) از طریق نیتروژن شماره ۹ خود (N-9) به کربن شماره ۱ قند (′C-1) متصل می شوند و پیریمیدین های مهم (سیتوزین، یوراسیل و تیمین) از طریق N-1 به′C-1 متصل شده اند.

نکته ۱) در داخل سلول، ساختارهای نوکلئوتیدی دیگری وجود دارند که گروههای فسفات آنها در موقعیت غیر کربن '۵ است. مانند: آدنوزین '۳–'۵منوفسفات حلقوی (cAMP) و گوانوزین '۳–'۵ منوفسفات حلقوی (cGMP) که در انتقال پیام و کنترل بیان ژن نقش دارند.

هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است



تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول – شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ –website:www.DKG.ir

۱۰- جذب نور ماوراء بنفش:

اسیدهای نوکلئیک به دلیل دارا بودن پورین و پیریمیدین و وجود رزونانس در ساختمان مولکولی آنها، به سهولت نور ماوراء بنفش (UV) را جذب می کنند. در مطالعات بیولوژیک بیشترین جذب را در حدود ۲۶۰nm در نظر می‌گیرند. جذب نور بازهای پورینی ۱۰ برابر انواع پیریمیدین است.

نکته ۱) : علاوه بر روش های طیف سنجی، برای آنالیز و جداسازی نوکلئوتیدها و اسیدهای نوکلئیک از روشهای کروماتوگرافی (HPLC، کاغذی، TLC و ...) و الکتروفورز نیز می توان استفاده کرد.

نکته ۲) : دمای ذوب DNA :

$$Tm(DNA) = ۱۶/۶\log I + ۰/۴۳(GC\%) + ۸۱/۵$$

۱۱- پوکرینگ قندی = چروکیدگی قندی = **Sugar Puckering** :

در حلقه سیکلوپنتان، قند ریبوز دارای دو صورت بندی پاکتی (Envelope) و نیم صندلی (Half chair) است که به سرعت به یکدیگر تبدیل می شوند، این دو حالت از چروکیدگی قند با تغییر مکان کربن های '۲,۳ در بالای سطح اتمها مشخص می شوند. برطبق قرارداد « بالا» جهتی است که در آن باز و 'C۵ از حلقه بیرون زده و این سطح (وجه) در ساختار پنتوز endo نامیده می شود (اگر 'C۲ در بالای حلقه پنتوز قرار گرفته باشد به آن 'C۲endo اطلاق می شود( به این صورت بندی گهگاه صورت بندی S یا South نیز گفته می شود).

**نکته ۱)** ریبونوکلئیک اسیدها دارای پوکرینگ قندی 'C-۳ اند (endo).

**نکته ۲)** قندهای داکسی ریبوزوم در فرم B-DNA دارای پوکرینگ قندی 'C-۲endo هستند.

۱۲- نیروهای موثر در پایداری **DNA**:

الف) پیوندهای هیدروژنی: گروههای عاملی متعدد موجود بر روی حقه باز آلی نیتروژن دار به عنوان دهنده و گیرنده پیوند هیدروژنی عمل می کنند. پیوندهای هیدروژنی موجود به دو دسته A) پیوندهای هیدروژنی واتسون - کریکی (w-c) و B) غیرواتسون - کریکی (هاگستین و هاگستین معکوس) تقسیم می شوند.

طبق قاعده شارگاف (چارگاف) در ساختمان DNA مقدار بازهای پورینی و پیریمیدینی با هم برابر است:

$$[A]+[G]=[C]+[T]$$
$$\Rightarrow \frac{[A]}{[T]}=\frac{[G]}{[C]}=۱$$

ب ) برهم کنش هیدروفوب ( آبگریز): چهارچوب اصلی دو رشته ناهمسوی DNA در تماس با محیط آبی است در نتیجه بازهای غیرقطبی و هیدروفوب به سمت داخل دو رشته‌ی DNA حرکت کرده و پله های مارپیچ دو رشته را می سازند.



هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است

تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول - شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ -website:www.DKG.ir

ج ) استاکینگ بازها: نیروی عمودی پایدار کننده ساختمان DNA، استاکینگ بازهاست. این نیرو برهم‌کنشی از، برهم کنش آبگریز و واندروالسی لاندن است که بین صفحات بازهایی که در یک رشته، در مجاورت هم و در فاصله نیروی واندروالسی قرار دارند ایجاد می شوند. این نیرو در اسیدهای نوکلئیک مشابه نیروی هیدروفوبیسیته در پروتئین هاست.

نکته ۱) تفاوت نیروی استاکینگ بین بازها و هیدروفوبیسیته

I) استاکینگ بازها نیاز به صفحات موازی دارد که در شعاع واندروالسی قرارمی گیرند. ( این شرایط در مورد هیدروفوبیسیته، صدق نمی کند)

II) استاکینگ بازها گرمازاست و انجام پذیری واکنش آن براساس آنتالپی است، در حالی که هیدروفوبیسیته گرما گیر بوده و انجام پذیری واکنش براساس آنتروپی ( تمایل به بی‌نظمی) است.

۱۳- پلی مورفیسم DNA :

تبدیل اشکال مختلف DNA (پلی مورفیسم) به یکدیگر در تنظیم بیان ژن نقش دارد.

A) B-DNA : در شرایط *in vivo* شکل غالب DNA به صورت B-DNA است. مولکولی دو رشته راست گرد، متشکل از دو زنجیره فسفو دی استر ضد موازی مارپیچی است. جفت بازهای مکمل باعث ایجاد هندسه منظم برای جفت های CG , AT می شود. طول یک نوکلئوتید به موازات محور طولی مارپیچ ۳/٤°A (آنگستروم) و تعداد جفت بازها در یک دور کامل ۱۰ است.

B) A-DNA : در شرایط *in vitro* با کاهش آب محیط از ۹۲٪ به ۷۵٪ ضمن افزودن الکل یا نمک های سدیم و یا پتاسیم به محیط A-DNA تغییر شکل می دهند ( در ضمن کاهش بیشتر آب محیط در نواحی غنی از CG , Z-DNA تشکیل می دهد. ارتفاع یک دور کامل در A-DNA برابر ۲۸°A است.

C) Z-DNA : این نوع DNA در توالی های $(CG)_n$ و در محلول نمکی غلیظ مشاهده گردیده است.

بازهای سیتوزین در Z-DNA به فرم anti و اتصال به قند از نوع ۲'endo است (پوکرینگ قندی) بازهای گوانین نیز به فرم Syn و اتصال به قند داکسی ریبوز در حالت ۳'endo است.

به طور کلی Z-DNA طویل تر و باریکتر از B-DNA است، فاصله دو باز متوالی در طول مارپیچ ۳/۸°A درجه است و در هر دور مارپیچ آن ۱۲ جفت باز وجود دارد.

**نکته ۱)** قسمت هایی از RNA که به صورت دو رشته ای هستند مانند بخش سنجاق سری و یا حتی هیبرید RNA و DNA از نظر ساختمانی بسیار به فرم A-DNA نزدیک اند.

**نکته ۲)** ۲'-OH موجود در RNA از ایجاد پیوند هیدروژنی کریک - واتسون جلوگیری می کند در نتیجه RNA نمی‌تواند ساختاری شبیه به B-DNA را ایجاد کند.

**نکته ۳)** پوکرینگ قندی در A,B-DNA، ۳'endo و در Z-DNA به هر دو صورت ۲',۳'endo مشاهده می شود.

هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است



تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول - شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ -website:www.DKG.ir

۱٤- **DNA** های سه و چهار رشته ای:

I) DNA سه رشته ای (H-DNA): در بخش های کوچکی از B-DNA در محل شیار بزرگ آن درست در جایی که یک رشته پلی پورین و رشته دیگری پلی پیریمیدین است تشکیل می شود. رشته‌ی سوم با DNA دو رشته‌ای از طریق پیوندهای هیدروژنی هاگستینی ارتباط برقرار می کند.

H-DNA احتمالاً در کنترل بیان ژن ها دخالت دارد.

II) DNA چهار رشته: اغلب در محل تلومرها به صورت موازی همسو و موازی ناهمسو دیده می شود.

DNA ناحیه تلومر اغلب واجد یک بخش دو رشته ای و یک ناحیه تک رشته ای در انتهای '۳است. گاهی بخش‌های تک رشته ای انتهای '۳ تلومر به وسیله پیوندها هیدروژنی هاگستینی به هم مربوط می شوند و ساختاری را ایجاد می کنند که چهار رشته موازی همسو خوانده می شود.

اگر ناحیه تک رشته تلومر در انتهای '۳ بر روی خودش تابخورد و انتهای دو تلومر تاخورده '۳ به وسیله برهم‌کنش هیدروژنی به هم مربوط شوند ایجاد ساختار چهار رشته ای موازی ناهمسو را کرده اند.

A. I-DNA: از نوع DNA های چهار رشته ای است که در نتیجه قرار گرفتن قطعات DNA غنی از سیتوزین در مجاورت یکدیگر است.

B. G-DNA: پیوند هیدروژنی هاگستین بین چهار باز گوانین که باعث ایجاد صفحات تکراری حلقوی موسوم به G-quartet می کنند. در این حالت ٤ گوانین به صورت چهار وجهی در مقابل همدیگر قرار می گیرند و از لحاظ ساختمانی ۲ تا از آنها فرم anti و ۲ تا فرم Syn دارند. گوانین ها از طریق پیوند هاگستین و واتسون - کریک در ارتباط اند.

۱۵- محلول‌های کلوئیدی:

محلول جامد در مایعی است که ذرات حل شونده دارای ابعادی در حدود $10^{-7} - 10^{-9}$ m اند، این ذرات همانند محلول‌های حقیقی قادر به عبور از صافی‌های متداول اند، اما برخلاف محلول‌های حقیقی قادرند مسیر نور را تغییر داده و ایجاد شکست کنند (اثر تیندال). در سیستم‌های کلوئیدی بین ذرات حل شونده و حلال مرز مشخصی وجود دارد و ذرات موجود با اولترامیکروسکوپ قابل رؤیت‌اند. اغلب کلوئیدها قابلیت تبلور ندارند مانند؛ صمغ گیاهان، آلبومین تخم مرغ، دکسترین، خون و. ...

پروتئین ها، لیپیدها، لیپوپروتئین‌ها و ... در مایعات برون سلولی و حتی در درون سلول نوعی محلول کلوئیدی محسوب می‌شوند.

بهترین ابزار برای بررسی و جداسازی اجزاء محلول های کلوئیدی اولترامیکروسکوپ ها و تست کیسه دیالیز است.

محلول‌های کلوئیدی به دو فرم: ۱- نیمه جامد (ژل) و ۲- مایع (سُل) طبقه بندی می‌شوند؛

تبدیل سُل به ژل و ژل به سل در سلولهایی که دارای حرکت آمیبوئیدی اند و همچنین سیکلوز، از معروف ترین مثال‌های محلول‌های کلوئیدی در سیستم‌های زیستی است.



هر گونه کپی و واگذاری به غیر شرعاً حرام است

تهران- ضلع جنوب غربی میدان انقلاب- جنب سینما پارس- مجتمع تجاری پارس- طبقه اول - شماره تماس ۶۶۵۶۸۶۲۱-۰۲۱ -website:www.DKG.ir