هنوز اهمیت بسیاری از ردیفهای پالیندرومی معلوم نشده است

یکی از نتایج غیرمنتظره تعیین ردیف DNA، شناسایی ردیفهای پالیندرومی بود. ردیف پالیندرومی به ردیفی گفته می‌شود که حول یک محور فرضی به طور متقارن قرار گرفته باشد مانند توالی زیر:

$$\begin{matrix} GTATCC & GGATAC \\ CATAGG & CCTATG \end{matrix}$$

بعضی از پالیندروم‌های وارونه مانند آنهایی که به وسیله آنزیم‌های محدودکننده تشخیص داده می‌شوند، از سه تا ده جفت باز تشکیل شده‌اند (جدول). در حالی که برخی دیگر طویلتر بوده و مشخصات پالیندروم کامل را ندارند، بدین معنی که یک یا چند نوکلئوتید غیرمربوط در بین جفت بازهای پالیندروم قرار می‌گیرند و یا ممکن است بین دو قسمت توالی پالیندروم قطعات طویل قرار گیرند. چنانچه قطعه طویلی از DNA بین دو قطعه متقارن پالیندروم قرار گیرد قطعاتی حاصل می‌شوند که به نام عوامل ژنی متحرک خوانده می‌شوند. وجود چنین ردیفهای طویلی که بین دو قسمت پالیندروم قرار گرفته‌اند امکان قطع و قرارگرفتن معکوس ردیف بازهای یک ژن در یک کروموزوم را بوجود می‌آورند.

بسیاری از پالیندروم های معکوس جایگاه تشخیصی برای پروتئین‌های مولتی‌مری که به DNA متصل می‌شوند هستند. این پروتئین‌ها دارای زیر واحدهای یکسان می‌باشند (مانند پروتئین‌های سدکننده). اهمیت پالیندروم های طویل و یک پارچه معلوم نیست ولی همان گو نه که قبلاً بحث شد اگر توالی پالیندروم تقریباً به طور ممتد و در ناحیه ابرمارپیچ قرار گرفته باشد، ممکن است آرایشهای نسبتاً

Enzyme	Recognition Site (Axis; Cut bond)		Enzyme	Recognition Site (Axis of symmetry; Cut bond)	
Eco RI	5′-GAA CTT	TTC AAG	*Hin* dII	5′-GTPy CAPu	PuAC PyTG
Hin dIII	AAG TTC	CTT GAA	*Hpa* I	GTT CAA	AAC TTG
Hpa II	CC GG	GG CC	*Hae* III	GG CC	CC GG
Acy I	GPuC CPyG	GPyC CPuG	*Afl* III	ACPu TGPy	PyGT PuCA
Aha II	GPuG CPyG	GPyC CPuG	*Ase* I	CPyC GPuG	GPuG CPyC
Cfr I	PyGG PuCC	CCPu GGPy	*Gdi* II	PyGG PuCC	CCG GGC
Hae II	PuGC PyCG	GCPy CGPu	*Hgi* CI	GGPy CCPu	PuCC PyGG
Hgi JII	GPuG CPyC	CPyC GPuG	*Nsp* CI	PuCA PyGT	TGPy ACPu
Alu I	AG TC	CT GA	*Asu* II	TTC AAG	GAA CTT
Cla I	ATC TAG	GAT CTA	*Bse* PI	GCG CGC	CGC GCG

نقاط تشخیص آنزیم های محدود کننده مختلف پیکانها محل قطع پیوند فسفو دی استر را نشان می دهند.

پورین $= Pu$ و پیریمیدین $= Py$ در کلیه قطعات فوق انتهای $5'$ زنجیره بالایی در سمت چپ قرار دارد

پایداری بوجود آورد که در آن‌ها توالیهای مکمل هر رشته با یکدیگر جفت شده و اشکال سنجاق سری ایجاد کرده باشند. اشکال فوق از محور مارپیچ مضاعف به سمت خارج امتداد می‌یابند. حلقه‌های

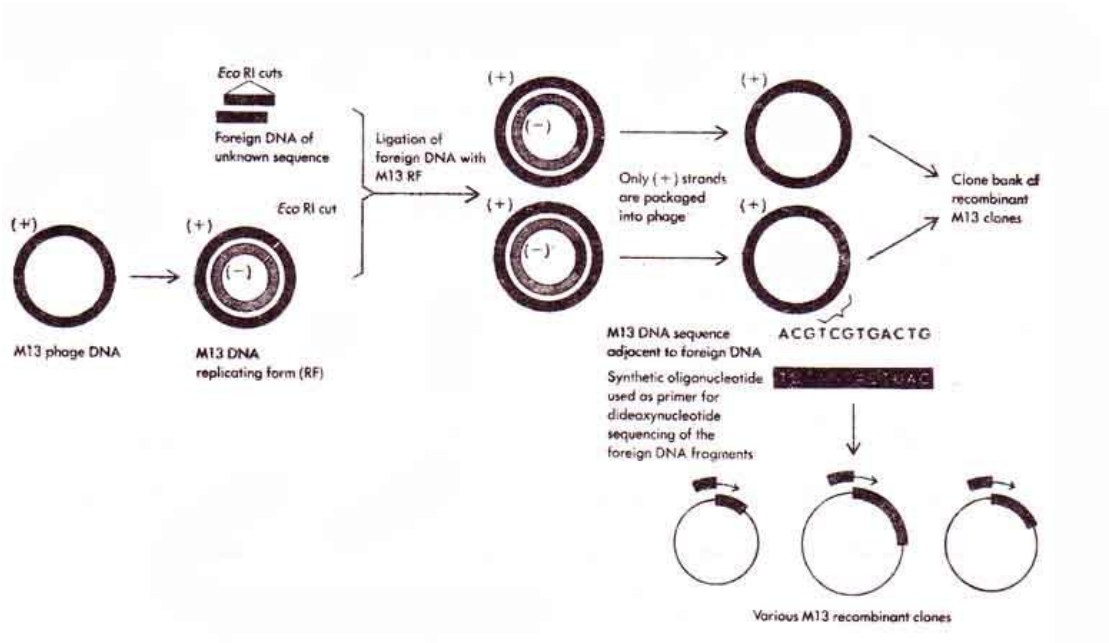
سنجاق‌سری قسمتی از فشار ناشی از ابرمارپیچ بودن DNA را کاسته و ضمناً می توانند جایگاه تشخیصی برای بسیاری از پروتئین‌های اختصاصی محسوب شوند.

به هر حال قسمتهایی از مولکول RNA که از پالیندروم رونویسی شده‌اند نیز حلقه‌های سنجاقی شکل تشکیل می‌دهند که پایداری آرایش آنها به درجه کامل بودن تقارن پالیندروم بستگی دارد. در نتیجه ممکن است علت وجودی بعضی از پالیندروم‌ها تراکم ساختمانی محصول RNA تک‌رشته‌ای آنها باشد.

ذخیره اطلاعات DNA در کامپیوتر

امروزه برای ذخیره اطلاعات مربوط به توالی نوکلئوتیدهای DNA از کامپیوتر استفاده می‌شود. اطلاعات به دست آمده از ژل مستقیماً به حافظه کامپیوتر منتقل می‌شوند و نیازی به دوباره نویسی توالی فوق بر روی کاغذ نیست چرا که ممکن است در حین نوشتن اشتباهی رخ دهد. با داشتن اطلاعات لازم در کامپیوتر میتوان در جستجوی ردیفهای تشخیص آنزیم‌های محدودکننده بود و یا نقاط شروع و ختم بیوسنتز RNA را مشخص کرد. همچنین حضور پالیندروم‌های معکوس، توالیهایی که توان تشکیل $Z-DNA$ را دارند(توالیهای متناوب پورین $-$ پیریمیدین) و توالیهایی که حاوی اطلاعات خاصی در مورد فعالیت بیولژیک سلول هستند را می‌توان با استفاده از کامپیوتر مشخص کرد. امروزه نرم‌افزارهای بسیاری در بازار موجود است و با افزایش روز افزون آنها میتوان گفت که دیگر عمر کامپیوترهای ساده برای مطالعه خصوصیات DNA به سر رسیده است و برای مطالعه و تحقیقات نوترکیبی DNA باید از مینی‌کامپیوترهای پیچیده‌ای چون VAX استفاده شود.

بکارگیری کامپیوتر، سرعت تعیین توالی DNA را افزایش داده است. با این حال تعیین نقشه محدودکننده (تعیین ردیفهایی که به وسیله آنزیم‌های محدودکننده مختلف در یک کروموزوم تشخیص داده می‌شوند)، از تعیین توالی DNA وقت گیرتر است. برای تعیین نقشه محدودکننده کروموزوم باید ترتیب قرار گرفتن قطعات DNA در کنار یکدیگر مشخص شود. به این منظور یک کروموزوم هر بار به وسیله یک آنزیم محدودکننده معین قطعه‌قطعه می‌گردد و بعد از تعیین توالی قطعات فوق، کامپیوتر ردیف قسمتهایی که بر هم منطبق می‌شوند را شناسایی می‌کند و بدین ترتیب نحوه قرار گرفتن قطعات DNA مشخص می‌شود. امروزه با بکارگیری روش دی‌دزاکسی و با استفاده از فاژ $M13$ این عمل سریعتر صورت می‌گیرد (شکل).



روش تعیین توالی DNA به کمک فاژ $M13$. ابتدا قطعه DNAای که به وسیله آنزیم محدودکننده $EcoRI$ بریده شده است در مولکول DNA تک‌رشته‌ای $M13$ قرار داده و تکثیر می‌شود. با استفاده از قطعه پرایمری که مکمل قسمتی از مولکول $M13$ است که درست مجاور محل قرار گرفتن DNA مورد نظر می‌باشد و با استفاده از روش سنگر می‌توان توالی DNA را تعیین نمود.

روش کار بدین ترتیب است که ابتدا قطعات DNA حاصل از آنزیم‌های محدودکننـــده را در فـــاژ M_{13} قرار داده (هر بار یک قطعه) و سپس فاژ فوق تکثیر (کلن) می‌شود. با استفاده از پرایمری (پرایمر قطعه اولیگو نوکلئوتیدی است که جهت شروع سنتز DNA برای آنزیم DNA پلیمراز لازم می‌باشد.) که مکمل قطعه‌ای است که درست قبل از ناحیه قرار گرفتن DNA بیگانه وجود دارد، می توان با استفاده از روش دی‌دزاکسی توالی فوق را تعیین کرد. با این روش سرعت تعیین توالی قطعات بزرگ DNA به طـــور غیرقابل تصوری افزایش یافته است (در حدود دو هزار جفت باز در هفته) و تعیین توالی کروموزوم‌هـــای ویروسی که حاوی حدود 10^5 جفت باز هستند با این روش در حـــال انجـــام اســـت و تـــوالی کرومـــوزوم کلی‌باسیل (به طول 4×10^6 جفت باز) در آینده نزدیک به اتمام خواهـــد رســـید. اگـــر چـــه کرومـــوزوم سلولهای مهره‌داران بسیار طویل‌تر از کروموزوم ویروس یا باکتری است، با این حـــال تـــوالی قـــسمتهای مهمی از کروموزوم‌های سلولهای فوق در شرف تعیین است.