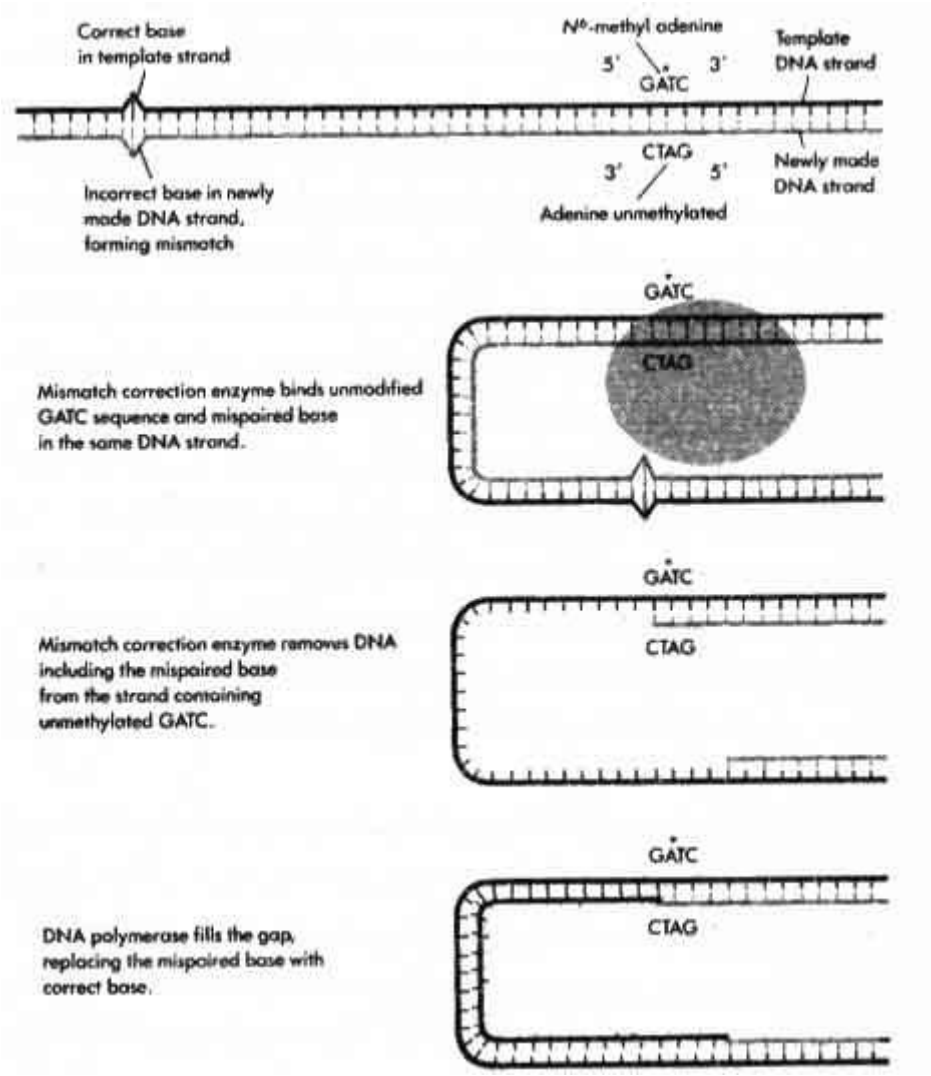
چنانچه بعضی از خطاها در هنگام تصحیح بر طرف نگردیده باشند سیستم دیگری که مکمل بودن بازها را کنترل می‌کند خطا را مرتفع می‌نماید

بعضی از بازها که به طور غلط جفت شده‌اند حتی از فعالیت تصحیح‌کنندگی DNA پلیمراز باکتری در امان می‌مانند. به طور کلی عمل تصحیح نیز مانند پلیمریزه کردن علیرغم دقت زیاد، محدودیت دارد. میزان خطای DNA پلیمراز در هنگام همانندسازی 10^{-8} است ولی میزان جهش بسیار کمتر از این مقدار یعنی حدود $10^{-10} - 10^{-11}$می‌باشد. بنابراین باید کنترل دیگری صورت گرفته باشد تا میزان خطا در این حد کاهش یافته باشد. کنترل نهایی صحت جفت بودن بازها در کلی‌باسیل به عهده آنزیم خاصی است که به نام «تصحیح‌کننده بازهای غیرمکمل» خوانده می‌شود. این آنزیم به وسیله ژنهای Mut H، $Mut\ L$ و $Mut\ S$ سنتز می‌گردد. آنزیم فوق DNA تازه سنتز شده را جهت یافتن بازهای غیرمکمل جستجو می‌کند و در صورت برخورد با یک جفت غلط قطعه تک‌رشته‌ای که باز غلط در آن قرار دارد را حذف می‌کند. سپس DNA پلیمراز با پرکردن حفره فوق به وسیله باز صحیح، عمل تصحیح را ادامه می‌دهد. سئوالی که در اینجا پیش می‌آید این است که از یک جفت باز غیرمکمل کدام یک صحیح است و باز غلط کدام می‌باشد و اصولاً آنزیم چگونه می‌تواند این شناسایی را انجام دهد. اگر تنها بر حسب تصادف یکی از بازها برداشته شود، نیمی از اوقات این عمل به جای جلوگیری از جهش، سبب بروز آن می‌گردد. در واقع عمل فوق تصادفی نیست و علائم خاصی وجود دارند که سیستم تصحیح را منحصراً به سوی رشته تازه سنتز شده هدایت می‌کنند. آنزیم تصحیح کننده تنها باز غیرمکمل را از رشته‌ای که در نزدیکی توالی $GATC$ قرار دارد حذف می‌کند (شکل).



مدلی برای نشان دادن سیستم ترمیم بازهای غیرمکمل. این سیستم می‌تواند بازهای غلط یا بازهایی که خوب جفت نشده‌اند را ترمیم کند.

چنانچه آدنین توالی فوق در ازت شماره ۶ متیله شده باشد آنزیم قادر به حذف باز غلط نخواهد بود. در سلول آنزیمی وجود دارد که توسط ژن *Dam* سنتز می‌شود این آنزیم آدنین توالی *GATC* را چند ثانیه تا چند دقیقه پس از سنتز، متیله می‌نماید ولی به هر حال مدت فوق کافی است که آنزیم تصحیح کننده با توالی غیرمتیله مواجه شود و باز غلط قرار داده شده مجاور آن را شناسایی و حذف کند. این سیستم آنزیمی نه تنها باعث تصحیح جفتهای غیرمکمل می‌شود بلکه قادر به تصحیح حذف و

اضافه‌های کوچک ایجاد شده نیز می‌باشد و در این صورت احتمال بروز جهش‌های تغییر قاب را نیز کاهش می‌دهد.

به کمک نوترکیبی رشته آسیب‌دیده و یک رشته DNA از یک مارپیچ مضاعف دیگر عمل ترمیم می‌تواند صورت گیرد

همان‌گونه که ملاحظه شد چنانچه تنها یکی از رشته‌ها آسیب‌دیده باشد قطعه آسیب دیده می‌تواند حذف گردد و با اطلاعات موجود در رشته مکمل عمل ترمیم صورت می‌گیرد. به این نوع ترمیم ترمیم حذفی گفته می‌شود. حال اگر رشته مکملی وجود نداشته باشد ترمیم چگونه صورت می‌گیرد مثلاً در هنگام همانندسازی اگر یک تیمین دیمر وجود داشته باشد و یا در شرایطی که اعضاء یک جفت باز هر دو آسیب دیده باشند (موادی چون میتومایسین C باعث ایجاد پل عرضی در DNA می‌شوند) و یا اگر قطع در هر دو رشته DNA پدید آمده باشد خصوصاً در حالتی که قطعه‌ای از مارپیچ به طور کامل افتاده (حذف) شده باشد ترمیم به طور مستقیم نمی‌تواند انجام شود و احتمال زیادی وجود دارد که اتصال به طور صحیح انجام نشود. در چنین مواردی تمامی اطلاعات موجود در ناحیه آسیب‌دیده از بین می‌رود و تنها در صورتی که قطعه DNA دیگری که کاملاً مشابه DNA فوق است در دسترس باشد ترمیم امکان‌پذیر است. به این نوع ترمیم «ترمیم از طریق نوترکیبی» گفته می‌شود. در سلول همواره DNA مشابه در دسترس است به عنوان مثال چنانچه پس از همانندسازی خطایی باقی بماند DNA دختر دیگر، دقیقاً همان اطلاعات را دارا خواهد بود و یا اگر هر دو رشته یک DNA که در حال همانندسازی نیست دچار آسیبی شوند توالیهای مشابهی به منظور فوق یافت می‌گردند. در باکتری‌های در حال رشد همواره

یک یا چند نسخه کروموزوم اضافی وجود دارد و در سلول‌های عالیتر بـه دلیـل دیپلوئیـد بـود از هـر کروموزوم دو نسخه موجود است که برای تامین توالیهای همتا می‌توانند مورد استفاده قرار گیرند.

آنزیم اصلی که در ترمیم از طریق نوترکیبی شرکت می‌کند سبب جفت کردن توالیهای دو طـرف ناحیه آسیب‌دیده با رشته همتای آن از مارپیچ مضاعف دیگر می‌شود. بدین ترتیب قطعـه‌ای کـه حامـل اطلاعات حذف شده است مشخص می‌گردد. این عمل مهم در کلی‌باسیل توسط پروتئین $RecA$ صـورت می‌گیرد.