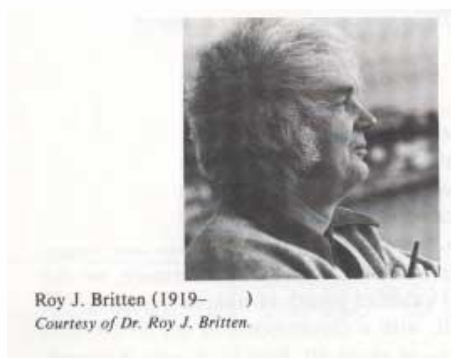


## نواحی تکرار در کروموزوم یوکاریوتی:

### هیپریداسیون $DNA - DNA$ :

می توانیم نواحی تکرار نشده  $DNA$  در ژنوم یوکاریوتی بررسی کنیم این مفهوم توسط  $R. Britten$  و دانشجویانش برای نخستین بار ارائه شد.

شکل



طبیعت سازماندهی  $DNA$  در کروموزوم های یوکاریوتی را می توان بوسیله تکنیک هیپریداسیون

$DNA - DNA$  مورد مطالعه قرار داد.

هنگامی که  $DNA$  گرم می شود، دناتوره می شود و به صورت تک رشته در می آید و هنگامی که سرد

می شود دوباره به حالت اولیه باز می گردد. سرعت رناتوراسیون به غلظت تک رشته های  $DNA$  و توالی آن

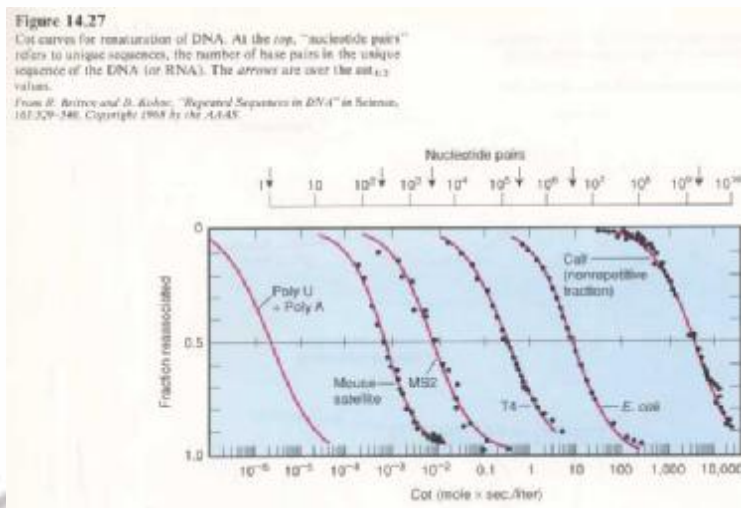
ها بستگی دارد به شرطی که دمای رناتوراسیون ثابت نگاه داشته شود و نمونه به قطعات کوچک و

متحدالشکل شکسته شده باشد

### Cot curves :

اگر  $C_0$  غلظت اولیه  $DNA$  تک رشته ای ( دناتوره شده ) بر حسب مول بر لیتر باشد و  $t$  زمان سپری شده بر حسب ثانیه باشد، حاصلضرب آن ها  $(C_0t)$  یک مقیاس برای رناتوراسیون بوجود می آورد که  $cot$  نامیده می شود هنگامی که نمودار  $cot$  بر حسب مقدار  $DNA$  تک رشته ای باقیمانده رسم شود منحنی که منحنی  $cot$  نامیده می شود دارای اطلاعات ویژه ای می باشد نقطه وسط که از آن به عنوان  $cot_{1/2}$  یاد می شود میزان همولوژی در  $DNA$  و یا به طور دقیق تر طول  $DNA$  یگانه در نمونه را تخمین می زند. منظور از  $DNA$  یگانه طولی از  $DNA$  در نمونه است که توالی تکراری ندارد. برای مثال فرض می کنیم کروموزوم  $E.coli$  واقعاً یگانه است، در شکل زیر کسر  $DNA$  رناتوره شده در برابر  $cot$  رسم شده است.

شکل



همانطور که در این شکل نشان داده شده است نمونه های  $DNA$  نشان داده شده نمودارهای  $cot$  تقریباً با شکل مشابهی تولید می کنند هر چند  $DNA$  ها متفاوت ( با طول های یگانه متفاوت ) به کار گرفته

شده اند. هر چه بیشتر به راست می رویم اسید نوکلئیک های تک رشته ای آهسته تر رناتوره می شوند.

بعلاوه می توان  $\cot_{\frac{1}{2}}$  را به طول توالی یگانه ارتباط داد. برای مثال *E.coli* با کروموزوم حاوی  $4/2 \times 10^6$

جفت - باز،  $\cot_{\frac{1}{2}}$  در حدود 10 دارد، رشته های *polyU + poly A* که طول یگانه آن ها فقط یک جفت -

باز می باشد دارای  $\cot_{\frac{1}{2}}$  برابر  $2 \times 10^{-6}$  می باشند. از روی این اعداد و اعداد مربوط به اسید های نوکلئیک

فاژهای *T4, MS2* و سایر نمونه ها محور جفت های نوکلئوتیدی بالای شکل فوق بدست آمده است.

### unique and repetitive DNA :

*DNA* همراه یوکاریوتی  $\cot_{\frac{1}{2}}$  کمی دارد زیرا طول *DNA* یگانه آن در حدود 200 جفت - باز می

باشد و از آن که مقدار این *DNA* به ازای هر سلول بسیار بیشتر از این ها است *DNA* همراه باید یک

*Highly repetitive* باشد و نسخه های بسیاری از یک توالی در برداشته باشد. براساس میزان *DNA* همراه

موجود در یک سلول باید بیش از یک میلیون تکرار از این توالی 200 جفت - نوکلئوتیدی در آن وجود داشته

باشد.

نمودار  $\cot$  برای کل ژنوم یک یوکاریوت با آنچه در شکل فوق دیدیم متفاوت است منحنی  $\cot$  مربوط

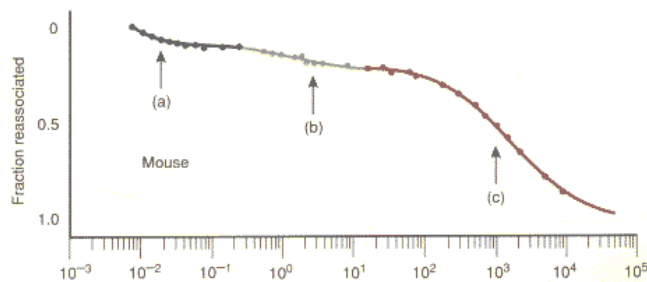
به *DNA* یک موش در شکل زیر نشان داده شده است.

شکل



**Figure 14.28**  
Cot curve for mouse DNA. Arrows indicate approximate  $\text{cot}_{1/2}$  values of the three apparent segments that make up this single cot curve: highly repetitive (a), moderately repetitive (b), and nonrepetitive (unique) DNA (c).

From Betty L. McConaughy and Brian J. McCarthy: "Related Base Sequences in the DNA of Simple and Complex Organisms. VI. The Extent of Base Sequence Divergence among the DNAs of Various Rodents" in *Biochemical Genetics*, 4:425-446. Copyright © 1970 Plenum Publishing Corporation, New York, NY.



توجه کنید که این شکل در واقع از سه منحنی  $\text{Cot}$  جداگانه تشکیل شده است که  $\text{Cot}_{1/2}$  هر کدام با

یک فلش نشان داده شده است.

براساس  $\text{Cot}_{1/2}$  و درصدی از ژنوم که هر قطعه در بردارد، درجه تکرار نشدگی هر قطعه قابل تعیین است

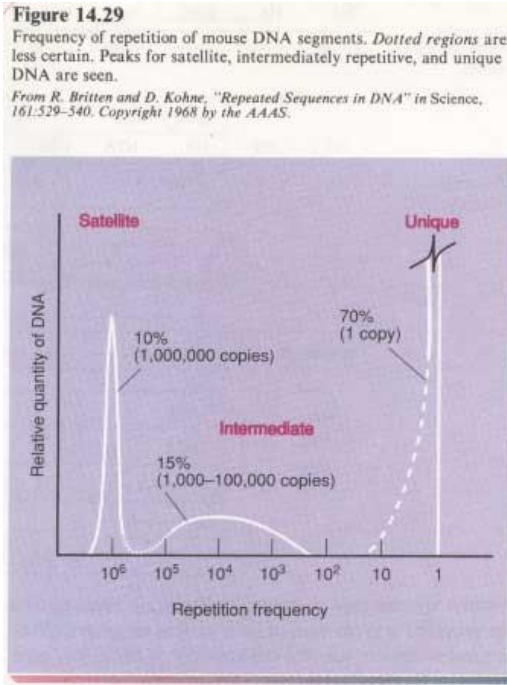
بنابراین قطعات DNA را می توان به سه نوع -یک نوع با تکرار زیاد (مانند DNA همراه)، با تکرار متوسط

DNA یگانه تقسیم بندی کرد این قطعات به ترتیب حدود 10% و 15% و 70% کل DNA موش را تشکیل می

دهند

شکل





*DNA* های همراه که تکرار بسیار زیاد دارند بیشتر در اطراف سانترومرها و تلومرها یافت می شوند و هنوز نمی دانیم که رونویسی می شوند یا نه. *DNA* یگانه ژن های ساختاری را پدید می آورند و قسمت اعظم آن ها رونویسی می شود.

