بسم الله الرحمن الرحیم

دانشگاه تربیت مدرس

دانشکده علوم ریاضی

پایان نامه دوره ی کارشناسی ارشد ریاضی محض

عنوان: بعضی از مسائل مرتبط با *DNA* دایره ای

نگارنده:

روح اله فتاحی

استاد راهنما:

پروفسور علی ایرانمنش

بهمن ۱۳۹۱

بسمه تعالی

دانشگاه تربیت مدرس

دانشکده علوم ریاضی

تأییدیه اعضای هیأت داوران حاضر در جلسه دفاع از پایان‌نامه کارشناسی‌ارشد

اعضای هیأت داوران نسخهٔ نهایی پایان‌نامه **آقای روح‌اله فتاحی** رشته **ریاضی‌محض** به شماره دانشجویی **۸۹۵۲۰۵۱۲۱۳** تحت عنوان: «**بعضی از مسائل مرتبط با DNA دایره‌ای**» را در تاریخ **۱۳۹۱/۱۱/۲۱** از نظر فرم و محتوا بررسی نموده و آن را برای اخذ درجهٔ کارشناسی‌ارشد مورد تأیید قرار دادند.

اعضای هیأت داوران	نام و نام‌خانوادگی	رتبه علمی	امضاء
۱- استاد راهنما	دکتر علی ایرانمنش	استاد	
۲- استاد ناظر داخلی	دکتر یوسف جمالی	استادیار	
۳- استاد ناظر داخلی	دکتر موسی گل‌علی‌زاده	استادیار	
۴- استاد ناظر خارجی	دکتر سیدشهریار عرب	استادیار	
۵- نماینده تحصیلات تکمیلی	دکتر موسی گل‌علی‌زاده	استادیار	

آیین نامه چاپ پایان‌نامه (رساله)های دانشجویان دانشگاه تربیت مدرس

نظر به اینکه چاپ و انتشار پایان نامه (رساله)های تحصیلی دانشجویان دانشگاه تربیت مدرس، مبین بخشی از فعالیتهای علمی - پژوهشی دانشگاه است بنابراین به منظور آگاهی و رعایت حقوق دانشگاه،دانش آموختگان این دانشگاه نسبت به رعایت موارد ذیل متعهد می‌شوند:

ماده ۱: در صورت اقدام به چاپ پایان نامه (رساله)ی خود، مراتب را قبلاً به طور کتبی به «دفتر نشر آثارعلمی» دانشگاه اطلاع دهد.

ماده ۲: در صفحه سوم کتاب (پس از برگ شناسنامه) عبارت ذیل را چاپ کند:

«کتاب حاضر، حاصل پایان نامه کارشناسی ارشد/ رساله دکتری نگارنده در رشته ریاضی محض است که در سال ۱۳۹۱ در دانشکده علوم ریاضی دانشگاه تربیت مدرس به راهنمایی سرکار خانم/جناب آقای دکتر علی ایرانمنش ، مشاوره سرکار خانم/جناب آقای دکتر ــــ و مشاوره سرکار خانم/جناب آقای دکتر ــــ از آن دفاع شده است.»

ماده ۳: به منظور جبران بخشی از هزینه‌های انتشارات دانشگاه، تعداد یک درصد شمارگان کتاب (در هر نوبت‌چاپ) را به «دفتر نشر آثارعلمی» دانشگاه اهدا کند. دانشگاه می‌تواند مازاد نیاز خود را به نفع مرکز نشر درمعرض فروش قرار دهد.

ماده ۴: در صورت عدم رعایت ماده ۳، ۵۰٪ بهای شمارگان چاپ شده را به عنوان خسارت به دانشگاه تربیت‌مدرس، تأدیه کند.

ماده ۵: دانشجو تعهد و قبول می کند در صورت خودداری از پرداخت بهای خسارت، دانشگاه می‌تواند خسارت مذکور را از طریق مراجع قضایی مطالبه و وصول کند؛ به علاوه به دانشگاه حق می‌دهد به منظور استیفای حقوق خود، از طریق دادگاه، معادل وجه مذکور در ماده ۴ را از محل توقیف کتابهای عرضه شده نگارنده برای فروش، تامین نماید.

ماده ۶: اینجانب روح‌الله فتاحی دانشجوی رشته ریاضی محض مقطع کارشناسی ارشد تعهد فوق وضمانت اجرایی آن را قبول کرده، به آن ملتزم می شوم.

نام و نام خانوادگی: روح‌الله فتاحی

تاریخ و امضا: ۹۱/۱۲/۱

آیین‌نامه حق مالکیت مادی و معنوی در مورد نتایج پژوهشهای علمی دانشگاه تربیت مدرس

مقدمه: با عنایت به سیاست‌های پژوهشی و فناوری دانشگاه در راستای تحقق عدالت و کرامت انسانها که لازمه شکوفایی علمی و فنی است و رعایت حقوق مادی و معنوی دانشگاه و پژوهشگران، لازم است اعضای هیأت علمی، دانشجویان، دانش‌آموختگان و دیگر همکاران طرح، در مورد نتایج پژوهشهای علمی که تحت عناوین پایان‌نامه، رساله و طرحهای تحقیقاتی با هماهنگی دانشگاه انجام شده است، موارد زیر را رعایت نمایند:

ماده ۱- حق نشر و تکثیر پایان نامه/ رساله و درآمدهای حاصل از آنها متعلق به دانشگاه می باشد ولی حقوق معنوی پدید آورندگان محفوظ خواهد بود.

ماده ۲- انتشار مقاله یا مقالات مستخرج از پایان‌نامه/ رساله به صورت چاپ در نشریات علمی و یا ارائه در مجامع علمی باید به نام دانشگاه بوده و با تایید استاد راهنمای اصلی، یکی از اساتید راهنما، مشاور و یا دانشجو مسئول مکاتبات مقاله باشد. ولی مسئولیت علمی مقاله مستخرج از پایان نامه و رساله به عهده اساتید راهنما و دانشجو می باشد.

تبصره: در مقالاتی که پس از دانش‌آموختگی بصورت ترکیبی از اطلاعات جدید و نتایج حاصل از پایان‌نامه/ رساله نیز منتشر می‌شود نیز باید نام دانشگاه درج شود.

ماده ۳- انتشار کتاب، نرم افزار و یا آثار ویژه (اثری هنری مانند فیلم، عکس، نقاشی و نمایشنامه) حاصل از نتایج پایان‌نامه/ رساله و تمامی طرحهای تحقیقاتی کلیه واحدهای دانشگاه اعم از دانشکده ها، مراکز تحقیقاتی، پژوهشکده ها، پارک علم و فناوری و دیگر واحدها باید با مجوز کتبی صادره از معاونت پژوهشی دانشگاه و براساس آئین نامه های مصوب انجام شود.

ماده ٤- ثبت اختراع و تدوین دانش فنی و یا ارائه یافته ها در جشنواره‌های ملی، منطقه‌ای و بین‌المللی که حاصل نتایج مستخرج از پایان‌نامه/ رساله و تمامی طرح‌های تحقیقاتی دانشگاه باید با هماهنگی استاد راهنما یا مجری طرح از طریق معاونت پژوهشی دانشگاه انجام گیرد.

ماده ٥- این آیین‌نامه در ٥ ماده و یک تبصره در تاریخ۸۷/٤/۱ در شورای پژوهشی و در تاریخ ۸۷/٤/۲۳ در هیأت رئیسه دانشگاه به تایید رسید و در جلسه مورخ ۸۷/۷/۱۵ شورای دانشگاه به تصویب رسیده و از تاریخ تصویب در شورای دانشگاه لازم‌الاجرا است.

«اینجانب ..... دانشجوی رشته ..... ورودی سال تحصیلی ۱۳۸۹ ..... مقطع ..... دانشکده ..... متعهد می شوم کلیه نکات مندرج در آئین نامه حق مالکیت مادی و معنوی در مورد نتایج پژوهش های علمی دانشگاه تربیت مدرس را در انتشار یافته های علمی مستخرج از پایان نامه / رساله تحصیلی خود رعایت نمایم. در صورت تخلف از مفاد آئین نامه فوق الاشعار به دانشگاه وکالت و نمایندگی می دهم که از طرف اینجانب نسبت به لغو امتیاز اختراع بنام بنده و یا هر گونه امتیاز دیگر و تغییر آن به نام دانشگاه اقدام نماید. ضمناً نسبت به جبران فوری ضرر و زیان حاصله بر اساس برآورد دانشگاه اقدام خواهم نمود و بدینوسیله حق هر گونه اعتراض را از خود سلب نمودم»

امضا: .....

تاریخ: ۹۱/۱۲/۱ .....

تقدیم به . . .

مهربان ترین پدر و صبور ترین مادر

آنان که توانشان رفت تا به توان برسم

و مویشان سپید گشت تا رویم سپید بماند

آنانکه راستی قامتم در شکستگی قامتشان بقا یافت

تقدیم به آنان که وجودم برایشان همه رنج بود و وجودشان برایم همه مهر.....

تقدیر و تشکر

در آغاز با حمد و سپاس خداوند علم که هادی ما در مسیر علم و تربیت است و به ما آموخت چگونه با امید به آینده‌ای روشن در کوچه‌های علم و دانش قدم زنیم و افق‌های جدیدی پیش روی خود بگشاییم.

با تقدیر و تشکر شایسته از استاد ارجمندم جناب پروفسور علی ایرانمنش که با راهنمایی و مساعدت خود صحیفه‌های سخن را علم پرور نمود و همواره راهنما و راه‌گشای من در نگارش این پایان نامه بوده است، از خداوند سبحان توفیقات روزافزون را برای ایشان خواستارم.

از اساتید فرهیخته دانشگاه تربیت مدرس بویژه اساتید بزرگوار گروه ریاضی نهایت سپاس و قدردانی را دارم.

در پایان بر خود لازم می‌دانم از خانواده عزیزم که در تمامی لحظات زندگی در کنارم بوده و همواره گرمای حضورشان را حس کرده‌ام کمال تشکر و سپاس را داشته باشم.

چکیده

روش محاسبه مولکولی یا محاسبه *DNA* اولین بار توسط ادلمن در سال ۱۹۹۴ بیان شد. وی به کمک مولکول *DNA* و تکنیک های مولکولی توانست یک راه حل جدید برای مسائل *NP* کامل طراحی نماید. ارائه چنین روشی یک ایده جدید و جالب بود چرا که حل چنین مسائلی به وسیله کامپیوتر های پیشرفته امروزی بسیار وقت گیر است.

همچنین محاسبه با *DNA* یک علم جدید میان رشته ای است که زیست شناسی مولکولی، ریاضی، شیمی و علوم کامپیوتر را با هم ادغام می کند.

امروزه یک مدل جدید بر پایه *DNA* ابداع شده که این مدل از مولکول های *DNA* دایره ای، باسیل های زنجیری-کاتدی و دانه های مغناطیسی ساخته شده است.

در این مطالعه ابتدا مدل را برای محاسبه مسأله بزرگترین خوشه (*MCP*) توسط یک الگوریتم ۵ مرحله ای با استفاده از دستگاه *PCR* به کار می بریم که مرتبط با مرجع [۲۹] می باشد و این الگوریتم به صورت کامل توضیح داده خواهد شد، سپس به بررسی خواص و روابط مرتبط به *DNA* دایره ای خواهیم پرداخت.

واژه های کلیدی: مدل محاسبه ای بر پایه *DNA*، مولکول *DNA* دایره ای، مسائل *NP* کامل، کاتالیزگر، دانه های مغناطیسی-کاتدی

فهرست مطالب

عنوان **صفحه**

مقدمه ۱

۱- تعاریف و مفاهیم مقدماتی ۲

۱-۱- اسید نوکلوئیک ۳

۱-۱-۱- ساختمان رشته ای *DNA* ۴

۱-۱-۲- مارپیچ دو رشته ای ۶

۱-۲- واکنش زنجیره ای پلیمراز ۷

۱-۳- واکنش زنجیره ی پلیمراز کمی ۸

۱-۳-۱- اصول واکنش زنجیره ی پلیمراز کمی ۸

۱-۳-۲- انتقال انرژی رزونانس فلوروسانس ۹

۱-۳-۳- سیکل آستانه ۱۰

۱-۳-۴- مزایای روش واکنش زنجیره ی پلیمراز کمی ۱۰

۱-۳-۵- انواع اندازه‌گیری کمی با واکنش زنجیرهای پلیمراز کمی ۱۰

۱-۳-۶- انواع تکنیکهای واکنش زنجیره ی پلیمراز کمی ۱۲

۱-۳-۷- کنترل های واکنش زنجیره ی پلیمراز کمی ۱۴

۱-۴- مفاهیم اولیه نظریه گراف ۱۴

۱-۵- روش های تحلیل الگوریتم ۱۶

۱-۵-۱- الگوریتمها وپیچیدگی آنها ۱۶

۱-۵-۲- نظریه پیچیدگی محاسباتی ۱۶

۱-۵-۳- کلاس مسائل *P* ۱۷

۱-۵-۴- کلاس *NP* ۱۷

۱-۵-۵- کاهش ۱۸

۱-۵-۶- کلاس *NP* کامل ۱۹

۱-۵-۷- کلاس *NP* سخت ۱۹

۲- *DNA* دایره ای (حلقوی) ۲۰

۲-۱- *DNA* دایره ای (حلقوی) ۲۱

۲-۱-۱- تفاوت *DNA* دایره ای و *DNA* خطی ۲۴

۲-۱-۲- نمایی از DNA خطی ونحوه تبدیل آن به DNA دایره ای ۲۴
۲-۲- کلاف پیچ خورده DNA..... ۲۴
۲-۲-۱- مفاهیم پایه..... ۲۴
۲-۲-۱-۱- DNA حلقه ای بسته و عدد اتصال..... ۲۴
۲-۲-۱-۲- تفاوت عدد اتصال و تراکم مارپیچ کلافی شکل توپوایزومر ۲۶
۲-۲-۱-۳- پیچش و کلاف شدن..... ۲۸
۲-۲-۲- سوالات پایه..... ۳۰
۲-۲-۳- مطالعه تجربی کلاف در هم پیچیده DNA..... ۳۱
۲-۲-۳-۱- اندازه گیری ΔLK..... ۳۱
۲-۲-۳-۲- بدست آوردن DNA با ΔLK از پیش تعیین شده ۳۲
۲-۲-۴- توزیع معادل توپوایزومرها..... ۳۳
۲-۲-۴-۱- انرژی آزاد کلاف پیچیده..... ۳۳
۲-۲-۵- ساختارهای کلاف در هم پیچیده DNA..... ۳۴
۲-۲-۵-۱- چگونه در هم پیچیدگی بر عملکرد بیولوژیکی DNA اثر میگذارد ... ۳۴
۲-۲-۶- تشکیل ساختارهای غیر استاندارد یا غیر متعارف ۳۵
۲-۲-۶-۱- ملاحظات کلی..... ۳۵
۲-۲-۶-۲- تشخیص تجربی ساختارهای غیر صلیبی ۳۷
۲-۲-۶-۳- روش های تعیین محل انتقالات ساختاری ۳۷
۲-۲-۶-۴- روش ژل دو بعدی الکتروفورز..... ۳۸
۲-۲-۷- ترمودینامیک و سنتیک در کنار هم قرار گرفتن DNA..... ۳۹
۲-۳- گره خوردن و ارتباطات در DNA..... ۴۰
۲-۳-۱- انواع گره ها و ارتباطات..... ۴۱
۲-۳-۲- تعادل توپولوژیکی..... ۴۲
۲-۳-۳- احتمال تعادل گره ها در DNA حلقوی ۴۳
۲-۴- پیاده سازی الگوریتم..... ۴۵
۲-۴-۱- مسائل خوشه..... ۴۶
۲-۴-۲- آنالیز پیچیدگی الگوریتم..... ۴۸
۲-۴-۳- فرآیند الگوریتم..... ۵۰
۲-۴-۴- دستگاه PCR..... ۵۰

۲-۴-۴-۱- گام های دستگاه *PCR*..... ۵۱
۲-۵- نتیجه گیری و پیشنهادات..... ۵۳
مراجع **٥٤**

فهرست جداول

عنوان **صفحه**

جدول ۲-۱: دنباله های اولیه ساخته شده از رشته های *DNA*..... ۴۷

فهرست تصاویر

عنوان **صفحه**

شکل ۱-۱: ساختار *DNA*..... ۴
شکل ۱-۲: منحنی استاندارد..... ۱۲
شکل ۱-۳: کلاس پیچیدگی زمانی..... ۱۷
شکل ۱-۴: الگوریتم کاهش..... ۱۸

شکل ۲-۱: تغییر شکل *DNA*..... ۲۳
شکل ۲-۲: *DNA* دایره ای..... ۲۳
شکل ۲-۳: تبدیل *DNA* خطی به دایره ای..... ۲۴
شکل ۲-۴: *DNA* بسته..... ۲۵
شکل ۲-۵: ارتباط بین دو رشته از مارپیچ دوتایی..... ۲۵
شکل ۲-۶: علامت بردار در محاسبه انتگرال گاوسی..... ۲۶
شکل ۲-۷: تشکیل ساختار کلاف پیچیده *DNA*..... ۲۷
شکل ۲-۸: شبیه به عدد ۸..... ۲۹
شکل ۲-۹: نموداری از مارپیچ های ساده و مارپیچ های به طرف درون ۳۰
شکل ۲-۱۰: تفکیک به وسیله ژل الکتروفورزی و توپوایزومرهای *PUG9 DNA* ۳۲
شکل ۲-۱۱: تعادل و توزیع توپوایزومرهای *DNA* حلقه ای، با ۱۰/۰۰۰ جفت پایه در طول ۳۳
شکل ۲-۱۲: مدل *DNA* برای ویژگی های ساختاری در مقیاس بزرگ در مارپیچ دوتایی .. ۳۵
شکل ۲-۱۳: تشکیل منطقه باز در *DNA* دو رشته..... ۳۵
شکل ۲-۱۴: تشکیل *DNA* دو رشته ای صلیبی شکل..... ۳۶
شکل ۲-۱۵: تشکیل ساختار *Z* از داخل بخش..... ۳۶
شکل ۲-۱۶: تشکیل شکل *H* داخل بخش های *B- DNA*..... ۳۷
شکل ۲-۱۷: احتمال در کنار هم قرار گرفتن دو محل، جدا شده روی صفحه *DNA*..... ۴۰
شکل ۲-۱۸: یک گره کمپوزیت..... ۴۱
شکل ۲-۱۹: جدولی از گره های ساده با کمتر از شش محل تقاطع ۴۱
شکل ۲-۲۰: جدولی از گره ها با کمتر از هفت تقاطع..... ۴۲

شکل ۲-۲۱: احتمال تعادل ساده ترین گره در *DNA* حلقوی ۴۵
شکل ۲-۲۲: گراف *G* و مکمل آن..... ۴۶
شکل ۲-۲۳: دیاگرام الگوریتم..... ۴۹
شکل ۲-۲۴: گام های دستگاه *PCR*..... ۵۱
شکل ۲-۲۵: نمایی از تقویت یک ژن در دستگاه *PCR*..... ۵۱
شکل ۲-۲۶: لوله های آزمایش..... ۵۲
شکل ۲-۲۷: ژلهای الکتروفروسیس..... ۵۲

مقدمه

در سال ۱۹۹۴ ادلمن[۱] مولکول های *DNA* خطی را برای حل یک مسأله *NP* کامل به کار برد (مسأله هفت رأس همیلتونی). وی به کمک *DNA* و تکنیک های مولکولی توانست راه حل جدیدی برای حل آن مسأله ارائه نماید.

پس از آن در سال ۱۹۹۵، لیپتون[۲] یک روش کلی بر پایه *DNA* برای انجام محاسبات ارائه داد. در سال ۱۹۹۷ اویانگ[۳] یک راه حل بر پایه *DNA* برای حل مسأله ماکزیمم خوشه (*MCP*) ارائه نمود.

مائو[۴] در سال ۲۰۰۰ یک اثر را در مجله *Nature* ارائه داد که یک مدل محاسباتی بر پایه *DNA* برای انجام محاسبات منطقی بود که درب جدیدی در انجام محاسبات *DNA* گشود و به دنبال آن در سال ۲۰۰۷ بران[۵] یک مدل را بر پایه *DNA* برای انجام محاسبات جمع و ضرب پیشنهاد نمود.

ما در فصل اول علاوه بر تعاریف مربوطه به بررسی ساختار رشته ای *DNA* و همچنین تحلیل مزایای روش واکنش زنجیره ای پلیمراز و انواع تکنیک های آن خواهیم پرداخت. در فصل بعدی موضوع مورد بررسی، *DNA* دایره ای، تفاوت های آن با *DNA* خطی و همچنین مزایای محاسبه با *DNA* دایره ای و اندازه گیری داده های مورد نظر می باشد.

---

۱ *Adleman*
۲ *Lipton*
۳ *Oyang*
٤ *Mao*
٥ *Brun*

فصل اول

تعاریف و مفاهیم مقدماتی

۱-۱. اسید نوکلوئیک[۱]

سلول های زیستی از چهار ماکرو ملکول عمده تشکیل شده اند:

۱- کربوهیدرات ها (قند ها) که در طبیعت به وفور یافت شده و گلوکز که مهمترین سوخت سلولها می باشد در دسته کربوهیدراتها قرار می گیرد.

۲- لیپیدها (اسید های چرب) گروهی از ملکول های زیستی می باشند که در آب نامحلولند و بعلت عملکرد های مختلف در بدن مانند ذخیره انرژی، نقش ویتامینی و نقش هورمونی دارای اهمیت می باشند.

۳- پروتئین ها مهمترین جزء تشکیل دهنده سلولهای زیستی می باشند و عملکردهای بسیار متنوع و مهمی دارند.

۴- اسیدهای نوکلئیک

با وجودی که شناخت اسیدهای نوکلئیک به یک قرن پیش بر می گردد ولی اطلاعات اساسی در مورد ساختمان آنها فقط طی چند دهه اخیر کشف شده است .کشف ماده ای که بعداً *DNA* نام گرفت در سال ۱۸۶۹ بوسیله فریدریک میشر[۲] انجام شد. این دانشمند درهنگام مطالعه روی گلبولهای سفید، هسته این سلولها را استخراج کرد وسپس روی آن محلول قلیایی ریخت. حاصل این آزمایش رسوب لزجی بود که بررسی های شیمیایی آن نشان داد که ترکیبی از کربن، هیدروژن، اکسیژن، نیتروژن ودرصد بالایی از فسفر می باشد. میشر این ماده را نوکلئین نامید. زمانی که ماهیت اسیدی این ماده مشخص گردید نام آن به اسید نوکلئیک تغییر یافت [۱].

تعریف ۱-۱-۱. مولکولهای کوچک: سلولهایی که از اتم های کوچک مانند H,O,N و C تشکیل شده اند و حدود ۹۹٪ از جرم آن را تشکیل داده اند.

تعریف ۱-۱-۲. نوکلئوتید: یک مولکول کوچک است که شامل یک باز، یک قند و یک مولکول فسفات میباشد.

تعریف ۱-۱-۳. پلیمر: ماکرو مولکولی که از تعدادی مولکول کوچک مشابه یا یکسان تشکیل شده است.

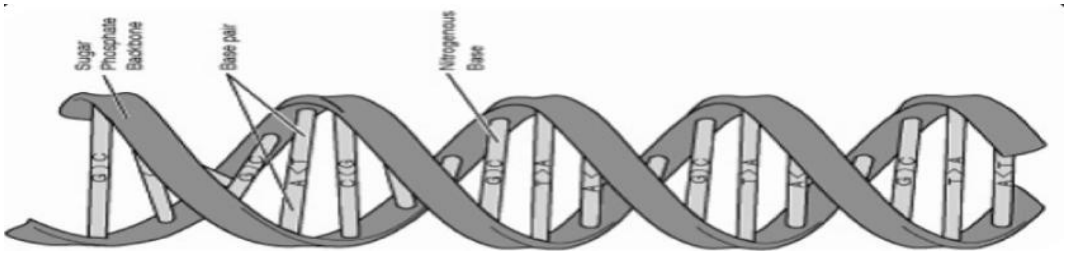
---

۱ *Nucleic Acid*

۲ *Friedrich Miesher*

تعریف ۱-۱-٤. *DNA*[۱]: پلیمری است که از ترکیب نوکلئوتیدها بدست آمده است.

نکته ۱-۱-۵. *DNA* دارای ساختار دو رشته ای و مارپیچ است.



شکل ۱-۱. ساختار *DNA*

هر رشته *DNA* توالی ای از نوکلئوتیدهاست که از ۴ باز آلی تشکیل شده اند. آدنین[۲]، گوانین[۳]، سیتوزین[۴] و تیمین[۵] که به اختصار T , C , G , A نامیده می‌شوند.

نکته ۱-۱-٦. دو رشته *DNA* در مقابل هم قرار دارند و G مکمل C و A مکمل T است و درتشکیل مارپیچ دو گانه *DNA* فقط G با C و A با T پیوند دارد.

نکته ۱-۱-۷. پیوندهای بین دو رشته از نوع هیدروژنی و پیوندهای بین بازهای سازنده آن از نوع کووالانس است.

نکته ۱-۱-۸. پیوندهای هیدروژنی از کووالانس ضعیف تر است بنابراین با حرارت معینی میتوان دو رشته *DNA* را از هم باز کرد بدون اینکه پیوند بین بازها گسسته شود.

۱-۱-۱. ساختمان رشته ای *DNA*

از کشف نوکلئین به وسیله فردریک میشر تا اطلاعات گسترده امروزی در مورد ساختمان سه بعدی *DNA* مسیری بسیار طولانی وپیچیده طی شده است. ابتدا ساختمان اجزای تشکیل دهنده مشخص شد، سپس نحوه اتصال زیر واحدها به یکدیگر ودر نهایت ساختمان سه بعدی *DNA* در فضا تعیین گردید.

---

۱ *Deoxy riboNocleic Acid*
۲ *Adenine*
۳ *Guanine*
٤ *Cytosine*
۵ *Thymine*

سرعت پیشرفت تعیین ساختمان *DNA* بسیار کند بوده است .در سال ۱۹۳۰ کاسل و لوین[۱] دریافتند که نوکلئین درواقع اسید دزوکسی ریبونوکلئیک (*DNA*) است .بررسیهای شیمیایی آن مشخص کرد که زیر واحد تکرار شونده اصلی *DNA* نوکلوئوتید می باشد که از سه قسمت:

۱- قند (۲- دزوکسی-*D*- ریبوز)

۲- یک گروه ۵ - فسفات

۳- یک باز آلی

تشکیل شده است.

کارهای بعدی لوین چگونگی اتصال این سه جزء به یکدیگر را نشان داد. او ثابت کرد که بازهای آلی (*A-G-T-C*) به کربن C_1 قند ۲-دزوکسی ریبوز از طریق یک پیوند گلیکوزیدی(پیوند بین دو قند) متصل می شوند. او این مجموعه قند و باز آلی را نوکلئوزید نامید[۲-۱]. همچنین نشان داد که گروه فسفات می تواند به کربن C_3 و یا C_5 قند متصل شود.

لوین با توجه به این نکته که یون فسفات می تواند هم به کربن ۳ و هم به کربن ۵ متصل شود پیوند بین دو نوکلئوتید را استنباط کرد. تمامی نوکلئوتید ها در یک زنجیره پلی نوکلئوتیدی دارای جهت یکسان می باشند به این صورت که نوکلئوتید انتهایی در یک سمت زنجیره دارای یک گروه ۵ آزاد و نوکلئوتید انتهایی در سمت دیگر زنجیره دارای یک گروه ′۳ آزاد می باشد. بنابراین زنجیره پلی نوکلئوتیدی دارای جهت بوده واین جهت را به صورت ′۵ ⟵ ′۳ نشان میدهند. بنابراین اگر در نوکلئوتید ابتدایی کربن ′۵ در بالای حلقه پنتوز وکربن ′۳ در زیر آن باشد در تمامی نوکلئوتیدهای بعدی زنجیره کربن ′۵ در بالای حلقه پنتوز جای خواهد داشت. نسبت مولی باز های تشکیل دهنده *DNA* یا به عبارت دیگر ترکیب بازی *DNA* را می توان از طریق روش ساده کروماتوگرافی کاغذی به دست آورد. اروین شارگاف[۲] این روش را به کار برد و دریافت که در هر نمونه *DNA* تعداد مولهای *A* برابر تعداد مولهای *T* و تعداد مولهای *C* برابر تعداد مولهای *G* می باشد

---

۱ *A.Kossel & P.Levene*

۲ *E.chargaff*

و DNA یک پلیمر رشته ای متشکل از واحدهای ۲ دزوکسی ریبونوکلئیک اسید می باشد که به وسیله پیوند های $5' \longrightarrow 3'$ به هم متصل می باشند.

۱-۱-۲. مارپیچ دو رشته ای

در سال ۱۹۵۳ ساختمان سه بعدی DNA به وسیله واتسون وکریک[۱] کشف شد . آنها با استفاده از اشعه X رشته های DNA که قبلاً تهیه شده بود وهمچنین مدلها واستنباط های شخصی خود، مدل فضایی را ارائه دادند. در سال ۱۹۶۲ واتسون، کریک و دیکنز به خاطر کشف ساختمان DNA مشترکاً جایزه نوبل را دریافت کردند.

مدل پیشنهادی آنها چنین بود DNA یک مارپیچ دو رشته ای است که رشته های آن به دور یک محور مرکزی معمولاً به صورت راستگرد می چرخد. طبق مدل واتسون وکریک ستون های قند- فسفات همانند نرده های پلکان به دور قسمت خارجی بازهای آلی پیچیده و به این ترتیب در معرض محیط آبکی داخل سلول و بازهای آلی که خاصیت آبگریزی دارند در داخل مارپیچ قرار می گیرند.

هنگام تشکیل مارپیچ رشته ها به صورت موازی مقابل هم قرار می گیرند یعنی اگر جهت یک رشته $3' \longrightarrow 5'$ باشد جهت رشته دیگر $5' \longrightarrow 3'$ خواهد بود.

پیوندهای هیدروژنی بین باز آدنین از یک رشته، با باز تیمین رشته مقابل و باز گوانین یک رشته، با باز رشته سیتوزین رشته مقابل بوجود می آیند. لذا به دلیل وجود گروههای شیمیایی روی بازهای A,T,C,G پیوند هیدروژنی مناسب فقط بین $A \rightarrow T, C \rightarrow G$ برقرار می شود وایجاد پیوند بین $A \rightarrow C, G \rightarrow T$ ممکن نیست.

به دلیل اینکه در رشته های DNA همواره باز A مقابل T و باز C مقابل G قرار دارد این دو رشته را مکمل می نامند. بنابراین توالی موجود در یک رشته DNA توالی مقابل را تعیین میکند.

ماهیت وراثتی وچگونگی انتقال آن بین نسل های مختلف یکی از قدیمیترین سوالات زیست شناسی بوده است. امروزه به طور قاطع ثابت شده است که این ماده وراثتی همان ژنوم سلولی و یا در واقع همان DNA سلول می باشد [۳].

---

۱ *Watson & Crick*