

منابع آموزشی برای مرحله اول المپیادهای علمی

المپیاد زیست‌شناسی



نخبان جوان و
استعدادهای برتر

ژنتیک کلاسیک

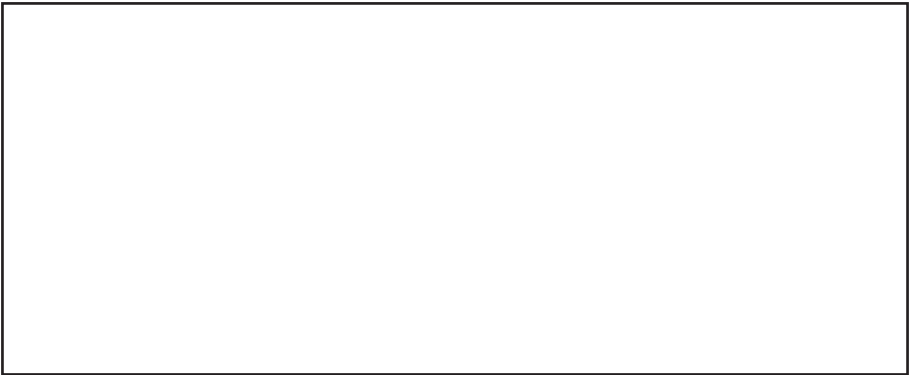
مؤلف: رضا شاه‌نظر نژاد خالصی

سر ویراستار: محمد کرام‌الدینی
عضو کمیته المپیاد زیست‌شناسی باشگاه دانش‌پژوهان جوان

مدیر اجرایی مجموعه: حسین میرزایی



انتشارات فاطمی



هفت	درباره ناب
نه	سخن ناشر
یازده	پیشگفتار مؤلف

۱	فصل ۱. زیربنای وراثت
۱	۱-۱ شاخه‌های علم ژنتیک
۴	۲-۱ سلول و وراثت
۶	زنگ آمار: زنگ اول - اصل جمع و اصل ضرب
۱۰	۱-۲-۱ وراثت در پروکاریوت‌ها
۱۱	۲-۲-۱ وراثت در یوکاریوت‌ها
۱۴	۳-۱ چرخه سلولی
۱۷	۱-۳-۱ میتوز
۲۱	۲-۳-۱ میوز
۲۶	۴-۱ از ژنوتیپ تا فنوتیپ
۲۸	۱-۴-۱ حکم محوری (Central Dogma)
۳۰	۵-۱ تنوع
۳۱	۱-۵-۱ تنوع ژنتیکی
۳۷	زنگ آمار: زنگ دوم - مبانی احتمال
۴۲	زنگ آمار: زنگ سوم - احتمال متمم
۴۵	۲-۵-۱ تنوع با ژنوتیپ یکسان
۴۶	پرسش‌های فصل ۱

۴۹	فصل ۲. الگوهای وراثت یک ژن
۴۹	۱-۲ قواعد پایه‌ای در ژنتیک کلاسیک
۵۲	۲-۲ وراثت صفات تک‌ژنی مستقل
۵۳	۱-۲-۲ الگوهای دو اللی اتوزوم و آمیزش آزمون
۵۸	۲-۲-۲ الگوهای دو اللی وابسته به جنس
۵۹	۳-۲-۲ تشخیص الگوی وراثت از روی شجره‌نامه
۶۱	۴-۲-۲ الگوهای وراثت چند اللی
۶۵	زنگ آمار: زنگ چهارم - جایگشت و ترکیب
۶۸	زنگ آمار: زنگ پنجم - نکاتی درباره ترکیبیات
۶۸	۳-۲ آزمایش‌های مندل و مورگان
۶۹	۱-۳-۲ آزمایش‌های مندل
۷۲	۲-۳-۲ آزمایش‌های مورگان
۷۷	پرسش‌های فصل ۲

۸۱	فصل ۳. الگوهای وراثت چند ژن
۸۱	۱-۳ وراثت چند ژن مستقل
۸۱	۱-۱-۳ آمیزش دی‌هیبریدی
۸۵	۲-۱-۳ آمیزش پلی‌هیبریدی
۸۷	۲-۳ وراثت چند ژن پیوسته
۸۷	۱-۲-۳ پیوستگی
۹۲	۲-۲-۳ کراسینگ اوور و نوترکیبی
۹۴	۳-۲-۳ تهیه نقشه ژنی
۹۹	پرسش‌های فصل ۳

۱۰۳	فصل ۴. ژنتیک جمعیت
۱۰۳	۱-۴ خزانه ژنی
۱۰۶	۲-۴ تعادل هاردی - واینبرگ
۱۱۲	۳-۴ کاربرد ژنتیک جمعیت در حل مسائل ژنتیک مندلی
۱۱۶	۴-۴ کاربرد احتمال شرطی در حل مسائل ژنتیک

۱۱۶	زنگ آمار: زنگ ششم - احتمال شرطی
۱۲۲	۵-۴ عوامل برهم زننده تعادل هاردی - واینبرگ
۱۲۲	۱-۵-۴ انتخاب طبیعی
۱۲۶	۲-۵-۴ جهش
۱۲۷	۳-۵-۴ شارش و رانش ژن
۱۲۸	۴-۵-۴ آمیزش غیر تصادفی
۱۳۲	۶-۴ صفات نادر
۱۳۴	پرسش‌های فصل ۴
۱۳۹	فصل ۵. الگوهای خاص وراثت
۱۳۹	۱-۵ وراثت کروموزوم‌های جنسی در موجودات مختلف
۱۳۹	۱-۱-۵ تعیین جنسیت
۱۴۰	۲-۱-۵ جبران مقداری
۱۴۱	۳-۱-۵ آزمایش‌های بریجز
۱۴۴	۲-۵ بروز شرطی فنوتیپ‌ها
۱۴۴	۱-۲-۵ اثر شرایط محیطی در بروز فنوتیپ
۱۴۴	۲-۲-۵ نفوذ و تجلی
۱۴۵	۳-۲-۵ اثر جنسیت بر فنوتیپ
۱۴۷	۳-۵ اپیستازی
۱۵۳	۴-۵ خویشاوندی
۱۵۳	۱-۴-۵ محاسبه تشابه (قربت) ژنتیکی
۱۵۵	۲-۴-۵ اثر تشابه ژنتیکی بر حل مسائل ژنتیک
۱۵۵	۳-۴-۵ درجه خویشاوندی
۱۵۷	۵-۵ وراثت سیتوپلاسمی
۱۵۸	۶-۵ اپی ژنتیک
۱۵۹	پرسش‌های فصل ۵
۱۶۱	پیوست ۱: پرسش‌های زنگ آمار
۱۶۵	پیوست ۲: صفات و بیماری‌های ژنتیکی مهم
۱۶۹	منابع

درباره ناب

ناب بخشی است در مؤسسه فرهنگی فاطمی که وظیفه تأمین منابع آموزشی مفید برای نخبگان جوان و استعداد‌های برتر کشور را بر عهده دارد. رشد خلاقیت، افزایش توان رقابت، و ارتقای علمی دانش‌پژوهان علاقه‌مند به مسابقات علمی، به‌ویژه المپیادهای علمی داخلی و بین‌المللی، مورد توجه این بخش است. کتاب‌ها و منابع آموزشی ناب در همین چارچوب با همکاری کارشناسان و صاحب‌نظران باتجربه با شیوه نوآورانه، و دقت بالای علمی تألیف و منتشر می‌شود. کتاب‌های ناب علاوه بر آنکه برای دانش‌آموزان مشتاق به حضور در مسابقات و المپیادهای علمی مفید است، برای کلیه دانش‌آموزانی که علاقه‌مند به فراگیری عمیق مطالب علمی در سطحی فراتر از برنامه‌های عادی مدارس هستند نیز سودمند خواهد بود. دانشجویان و دبیران محترم نیز می‌توانند از «کتاب‌های ناب» به‌عنوان مرجعی قابل اعتماد استفاده کنند.

سخن ناشر

از رویدادهای نویدبخش سال‌های اخیر، توجه وزارت آموزش و پرورش و استقبال دانش‌آموزان ممتاز دوره دبیرستان از المپیادهای علمی است. بسیاری از دانش‌آموزان مستعد برای عضویت در تیم‌های ملی المپیاد و حضور در مسابقات علمی در سطح جهان تلاش می‌کنند. بی‌شک موفقیت در این عرصه مستلزم پشتکار، وسعت و عمق معلومات، مهارت در حل مسئله، خلاقیت و نوآوری است. اما از سوی دیگر وجود منابع آموزشی سودمند و قابل اعتماد نیز برای کسب موفقیت‌ها ضروری و حتمی است.

مجموعه منابع آموزشی برای مرحله اول المپیادهای علمی شامل بیش از ۴۰ عنوان کتاب درسی و کتاب تمرین و مسائل است که براساس برنامه‌های درسی المپیادهای داخلی کشور در رشته‌های ریاضی، کامپیوتر، فیزیک، نجوم، شیمی، زیست‌شناسی و ادبیات فارسی طراحی شده است. این مجموعه را جمعی از مؤلفان با تجربه که در تدریس کلاس‌های المپیاد سابقه ممتد دارند و استادانی که تجربه سرپرستی تیم‌های المپیاد جهانی را بر عهده داشته‌اند تألیف و ویرایش کرده‌اند.

در طراحی و تألیف کتاب‌ها تلاش شده است تا آنجا که ممکن است تمام سرفصل‌های برنامه درسی المپیاد پوشش داده شود. بنابراین، این مجموعه می‌تواند به عنوان یک منبع درسی قابل اعتماد در کلیه مدارس کشور که دانش‌آموزان را برای رقابت در مسابقات علمی کشور آماده می‌کنند مورد استفاده قرار گیرد. از طرف دیگر روش نگارش کتاب‌ها و وجود مثال‌های حل شده فراوان این امکان را نیز فراهم می‌کند تا دانش‌آموزان علاقه‌مند در اقصی نقاط کشور بتوانند، حتی بدون نیاز به معلم، با مطالعه آنها خود را برای رقابت در المپیادهای علمی آماده کنند.

برای پشتیبانی علمی از کتاب‌های این مجموعه و تعامل با دانش‌آموزان و مدرسان، وبگاه مخصوصی پیش‌بینی شده است که به زودی راه‌اندازی می‌شود.

بخش مهمی از پرسش‌های آزمون‌های المپیاد کشوری و جهانی زیست‌شناسی هم از نظر کمیت و هم از نظر دشواری به مبحث ژنتیک کلاسیک اختصاص دارد. از این‌رو، تسلط بر این مبحث و توانایی پاسخ به این پرسش‌ها همواره موجب افزایش اختلاف نمره دانش‌پژوهان می‌شود. از دیدگاهی دیگر وسعت مطالب و استفاده از علومی مانند ریاضیات و آمار در مسائل ژنتیک کلاسیک این مبحث را برای دانش‌پژوهان جذاب و چالش برانگیز کرده است. بدین ترتیب برای پیشبرد دانش‌پژوهان در جهت آموزش و ایجاد تبحر در پاسخ به مسائل ژنتیک کلاسیک به کتاب درسی مناسب در این زمینه نیاز است. سبک تألیف درسنامه‌ای برای ژنتیک کلاسیک در مقایسه با سایر مباحث المپیاد زیست‌شناسی بسیار متفاوت است؛ زیرا هدف از ارائه مطالب گردآوری شده بیش از آن که افزایش محفوظات ذهنی خواننده باشد، جهت‌دهی ذهن دانش‌پژوه به درک بهتر، آموزش چگونگی برخورد با مسائل و افزایش توانایی او در خلق ایده‌های نو برای پاسخ به مسائل است. اما تاکنون تلاش‌های کمی برای تهیه چنین کتاب‌هایی انجام شده است؛ درسنامه‌های موجود حداقل مربوط به ۱۰ سال پیش (از زمان نگارش این متن) اند و با توجه به پویایی رو به رشد سبک طراحی پرسش‌های آزمون‌های المپیاد پاسخگوی نیازهای کنونی دانش‌پژوهان نیستند. از این رو انگیزه نگارش این کتاب رفته‌رفته پررنگ‌تر شد.

این کتاب درسنامه‌ای شامل همه سرفصل‌های مورد نیاز ژنتیک کلاسیک در المپیاد زیست‌شناسی است. مطالب تا حد امکان به زبانی ساده و خلاصه بیان شده است. سبک طرح مباحث این کتاب براساس تجارب تدریس و طراحی سؤال بوده و به شیوه‌ای تنظیم شده است که سریع‌ترین و عمیق‌ترین تأثیر آموزشی را بر خواننده بگذارد؛ در نتیجه، ساختار این کتاب، بیشتر شبیه به مطالب ارائه شده در کلاس درس است تا کتب مرجع. به عنوان مثال، از آن‌جا که تسلط بر برخی مباحث آمار و احتمالات در پاسخ به مسائل ژنتیک کلاسیک نیاز است؛ در کتب آموزشی ژنتیک معمولاً پیش از آغاز مطالب زیستی، به تفصیل به آموزش آمار و احتمالات به زبان کاملاً ریاضیاتی (و بعضاً خسته کننده) پرداخته می‌شود، در حالی که برخی از آنها اصلاً در ژنتیک کلاسیک کاربرد ندارند!

برای اینکه این مطالب خسته کننده نشود بهتر است آموزش بر اساس «مبنای زیست‌شناختی» ژنتیک کلاسیک باشد و مباحث آماری، در کنار پرسش‌های مطرح شده تدریس شود. در این کتاب این گونه عمل شده است و مباحث آموزشی آمار و احتمالات در کادرهایی مجزا از متن اصلی با نام «زنگ آمار» قرار گرفته است.

با توجه به اینکه هدف نهایی دانش‌پژوه از خواندن این کتاب کسب مهارت در حل مسئله ژنتیک است؛ همراه آموزش مطالب، مثال‌هایی (تألفی یا از پرسش‌های سال‌های گذشته المپیاد) با پاسخ تشریحی آنها آورده شده است. سعی شده است این مثال‌ها به نحوی انتخاب شوند که حاوی نکات مهم آموزشی باشند. اساس شیوه یافتن پاسخ، یافتن سریع‌ترین روش برای حل مسائل است به نحوی که دانش‌پژوه خود به یافتن روش‌های محتمل دیگر بیندیشد!

بی‌شک، آموزش ژنتیک کلاسیک بدون حل مسئله و تمرین مداوم میسر نخواهد بود. به همین علت در انتهای هر فصل مجموعه‌ای از پرسش‌های دوره‌های اخیر المپیاد جهانی زیست‌شناسی (IBO) یا مجموعه‌ای از پرسش‌های تألفی که مرتبط با مطالب آموخته شده در هر فصل اند (تا حدی که محدودیت‌های موجود در راه تألیف اجازه داده است) گردآوری شده است. این تمرین‌ها اکثراً حاوی نکات ریز و آموزنده‌ای اند که در درسنامه مجالی برای پرداختن به آنها نیست، لذا اکیداً پیشنهاد می‌شود که آنها را همچون متن درسنامه مطالعه کنید و پاسخ درست آنها را بیابید. در انتهای کتاب دو پیوست قرار دارد. اولین پیوست، پرسش‌هایی برای تثبیت و تمرین آموخته‌های بخش‌های «زنگ آمار» است. تجربه نشان داده است که وجود پاسخ تمرینات در کتاب‌ها انگیزه خواننده را در حل مسائل کم می‌کند، لذا از ارائه پاسخ پرسش‌های انتهای فصل‌ها و پیوست ۱ کتاب خودداری شده است. پیوست ۲ حاوی خلاصه‌ای از شیوه وراثت صفات و بیماری‌های ژنتیکی است تا یکی از مشکلات دیرینه دانش‌پژوهان که نبود منبعی کامل و خلاصه برای به‌خاطر سپردن آن‌ها در المپیاد زیست‌شناسی است برطرف شود.

نکته مهم این است که این کتاب به گونه‌ای تألیف شده است تا خواننده‌ای که در زمینه ژنتیک پیشینه اطلاعاتی ندارد همه جزئیات لازم ژنتیک کلاسیک را، مانند فردی که در یک کلاس درس نشسته است، بیاموزد. همچنین برای آن دسته از خوانندگانی که از پیش اطلاعاتی در زمینه ژنتیک کلاسیک دارند دو اقدام صورت گرفته است. یکی آنکه سعی شده است عناوین مطالب، گویای ریز مطالب مطرح شده باشد و از ساده به پیچیده بیان شود. دیگر اینکه موارد اضافه بر متن اصلی درسنامه مانند مثال‌ها، زنگ آمار، و بیندیشید (حاوی

پرسش‌هایی برای ترقیب خواننده به تفکر و تحقیق بیشتر) در کادرهای مجزا تعبیه شده‌اند؛ تا خواننده‌ای که به این مطالب تسلط دارد به راحتی از آن‌ها بگذرد. مخاطبان کتاب در درجه اول داوطلبان شرکت در آزمون‌های المپیاد زیست‌شناسی کشوری (مرحله اول، مرحله دوم و دوره تابستانه) و جهانی و نهایتاً دانشجویان علاقه‌مند به گسترش دانش خود درباره ژنتیک کلاسیک‌اند.

این اثر نتیجه سه سال تألیف و ویرایش است. با این وجود می‌دانیم که هیچ اثری خالی از اشکال نیست. لذا خواهشمندم از طریق پست الکترونیکی reza.shahnazar@gmail.com انتقادات و پیشنهادات احتمالی خود را با ما در میان بگذارید و ما را برای هرچه بهتر کردن ویرایش‌های بعدی کتاب یاری کنید.

دانسته‌های من از ژنتیک کلاسیک مسلماً حاصل زحمات اساتیدی است که مستقیم یا غیرمستقیم در آموزش من نقش داشته‌اند و بسیاری از پرسش‌های مطرح‌شده در این کتاب خواسته و یا ناخواسته از آموزه‌ها و سخنان اساتیدم منشأ گرفته است؛ در نتیجه لازم است از تمامی این عزیزان صمیمانه سپاسگزاری کنم. لازم می‌دانم از آقای محمد کرام‌الدینی که پیشنهاد تألیف این کتاب را به من دادند و در این باره راهنمایی‌های ارزشمندی به من ارائه کردند، همچنین از آقایان حسین میرزایی، فرید مصلحی و سایر عزیزان فعال در انتشارات فاطمی که به صورت حرفه‌ای برای به ثمر رسیدن این کتاب زحمات فراوان کشیدند تشکر کنم. در نهایت از همسرم، خانم مریم حاجی‌بابایی که در آماده‌سازی بخش‌های مختلف این مجموعه نقشی کلیدی داشته‌اند تشکر و قدردانی می‌کنم.

رضا شاه‌نظر نژاد خالصی

بهار ۱۳۹۲

فصل ۱

زیربنای وراثت

«به نظرت اون بچه بیشتر شبیه مادرشه یا پدرش؟» احتمالاً این سؤال را بارها در زندگی تان شنیده‌اید یا پرسیده‌اید. انتظار تشابه فرزندان به والدین حقیقتی است که از گذشته‌های دور به صورت تجربی پذیرفته شده است. در حالی که امروزه می‌دانیم وراثت صفات، پدیده‌ای علمی و قابل آزمایش است. علاوه بر این مثال، موارد گوناگونی وجود دارند که تقریباً همه انسان‌ها آنها را بی چون و چرا پذیرفته‌اند، با وجود اینکه ریشه آنها در شاخه‌های علوم زیست‌شناسی دنبال شده است. مثلاً اینکه زاده دو سنجاب نمی‌تواند یک میمون باشد! تیزبینی و تعمق دانشمندان بر چنین شواهدی به ایجاد شاخه‌ای جدید در علم زیست‌شناسی منجر شد. این علم که چگونگی وراثت (انتقال صفات از والدین به فرزندان) را بررسی می‌کند، ژنتیک نام دارد.

۱-۱ شاخه‌های علم ژنتیک

اولین گام‌های پیدایش علم ژنتیک زمانی برداشته شد که کشاورزان و دامپروران با حذف موجودات زنده در حال پرورش خود که کیفیت پایینی داشتند، برای بهسازی نسل به نسل آنها تلاش می‌کردند. این کار را امروزه اصلاح نژاد می‌نامند. اساس این کار چنین است: با توجه به اینکه انتظار می‌رود نسل حاصل از گیاهان ذرت کم‌محصول، گیاهانی مشابه (کم‌محصول) باشد، اگر در هر نسل، گیاهان کم‌کیفیت را از بین ببریم، سهم آنها را در تولید گیاهان نسل بعد کم کرده‌ایم، در نتیجه غالب گیاهان نسل بعد کیفیتشان بالاتر خواهد بود و محصولات مرغوب‌تری تولید می‌کنند. از دیگر گام‌های تاریخی علم ژنتیک که پیشینیان انجام می‌دادند، پیش‌بینی خصوصیات ظاهری و رفتاری فرزندان براساس خصوصیات والدینشان بود.

رفته‌رفته این مشاهدات ساختاری جدی‌تر و علمی‌تر به خود گرفت تا اینکه در سال ۱۸۶۶م (۱۲۴۵هـ ش) کشیشی اتریشی به نام **گرگور مندل**^۱ (شکل ۱-۱) نتایج مطالعات خود دربارهٔ چگونگی وراثت صفات را در قالبی جدید ارائه کرد و اولین انقلاب بزرگ علم ژنتیک را رقم زد. مندل در آن زمان مسئول حفاظت از باغچه‌ای در یک صومعه بود. از طرفی او در دانشگاه وین در رشتهٔ ریاضیات تحصیل کرده بود و اطلاعات مناسبی در زمینهٔ آمار به دست آورده بود. او آزمایش‌هایی روی گیاه نخود فرنگی انجام داد و وراثت صفات را بررسی کرد و با توجه به تعداد زاده‌های واجد هر صفت، سعی کرد برای توجیه نتایج خود فرضیه‌سازی کند. شواهد نشان می‌دهد که قبل از مندل، کشاورزی انگلیسی به نام **نایت**^۲ این آزمایش‌ها را انجام داده بود؛ اما دلیل برتری یافتن کار مندل، تسلط او بر مبانی ریاضیات و بررسی آماری نتایج کارش است.



شکل ۱-۱ گرگور مندل (۱۸۲۲-۱۸۸۴)

مندل کشیش، باغبان، دبیر دبیرستان، ریاضی‌دان و دانشمند بود. مندل با بررسی نخودفرنگی که در باغچهٔ صومعه کاشته بود اصول بنیادی وراثت را بنا نهاد. این اصول پایه و اساس دانش ژنتیک امروز را تشکیل می‌دهند.



در فصل دوم این کتاب بررسی خواهیم کرد که مندل دقیقاً چه آزمایش‌هایی را انجام داد و به چه نتایجی رسید. او قواعدی را مطرح کرد که بر اساس آن عموماً می‌توان نوع صفت به ارث رسیده از والدین به فرزندان را پیش‌بینی کرد. مثلاً *فرزند دو انسان با موی مجعد به احتمال ۲۵٪ موی صاف خواهد داشت*.

کارهای مندل زمانی انجام شد که هنوز هیچ دانش ویژه‌ای دربارهٔ بنای شیمیایی وراثت یا مکانیسم وراثت وجود نداشت. همه‌چیز در هاله‌ای از ابهام و صرفاً محدود به فرضیه‌هایی احتمالی بود. به این ترتیب در زمان حیات مندل، کارهای او را زیاد جدی نگرفتند و تنها گذر زمان بود که توانست رفته‌رفته پرده از ارزش کارش بردارد.

وراثت، رفته‌رفته سهم بیشتری در تحقیقات زیست‌شناختی پیدا کرد. دانشمندانی سعی بر

1. Gregor Johan Mendel

2. Night

کشف عوامل شیمیایی وراثت و مفهوم دقیق آن کردند. روند رو به رشدی که در این زمینه در نیمه اول قرن بیستم میلادی وجود داشت (که تفصیل آن از حوصله این کتاب خارج است)، منجر به انقلابی دیگر در تاریخ علم ژنتیک و زیست شناسی شد، یعنی **کشف ساختار شیمیایی DNA!** DNA، که مخفف کلمه دئوکسی ریبونوکلیک /سید^۱ است، نام مولکول حامل کننده اطلاعات وراثتی در سلول است. در این موفقیت دانشمندان مختلفی نقش داشتند که در رأس آنها **واتسون و کریک**^۲ قرار دارند (شکل ۱-۲). اما مهم تر آن است که این رخداد نه تنها رشد نمایی تحقیقات علوم زیست شناسی را کلید زد بلکه ارزش انقلاب قبلی علم ژنتیک (کارهای مندل) را روشن ساخت. از آن زمان کم کم مفاهیم انتزاعی و فرضیه مانند مندل به صورت شهودی و منطقی درآمد و علم زیست شناسی را متحول کرد^۳. پروژه ژنوم انسان (HGP)^۴، شبیه سازی^۵ موجودات مختلف و ... همه از نتایج این رخداد مهم به حساب می آیند.



شکل ۱-۲ سمت راست: فرانسیس کریک، سمت چپ: جیمز واتسون
مدل مارپیچ دورشته ای آنها در میان شکل قرار دارد.



به این ترتیب امروزه دورویکرد مختلف ژنتیک را بررسی می کنند. یکی رویکرد اولیه مندل یعنی مطالعه و پیش بینی الگوهای وراثتی و بررسی های آماری وراثت در افراد و جمعیت هاست که به رغم قدمت بیشتر آن **ژنتیک کلاسیک** نامیده می شود و رویکرد دوم، بررسی شیمیایی و مولکولی وراثت است که به نام

1. Deoxy-Ribo Nucleic Acid

2. Francis Crick , James D.Watson

۳. این مسئله آن قدر مهم بود که باعث شد در سال ۱۹۶۲ یعنی تنها ۹ سال پس از کشف ساختار DNA این دو دانشمند (واتسون و کریک) به همراه موریس ویلکینز که تحقیقات او نیز تأثیر مهمی در این کشف داشت جایزه نوبل دریافت کنند.

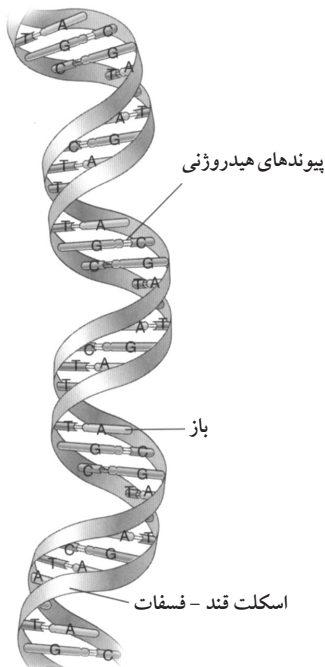
۴. Human Genome Project پروژه ای بین المللی بود که در آن اطلاعات و توالی دقیق DNA انسان را به دست آوردند.

5. cloning

ژنتیک مولکولی شهرت دارد. در ژنتیک مولکولی، از ساختار مولکول‌های درگیر در وراثت و مکانیسم‌های شیمیایی تعیین‌کننده صفات سخن به میان می‌آید. البته این دو رویکرد، ارزش خود را در موازات هم پیدا خواهند کرد و در پاره‌ای از اوقات مرز مشخصی هم بین آنها نیست.

۲-۱ سلول و وراثت

می‌دانیم که کوچک‌ترین واحد زنده موجودات، سلول است. در حقیقت برخی از موجودات تنها از یک سلول (موجودات تک‌سلولی) و برخی دیگر از تعداد زیادی سلول مرتبط با هم تشکیل شده‌اند (پرسلولی). هر سلول به طور مجزا، خصوصیات و عملکردهای خاصی را به نمایش می‌گذارد. آنچه تعیین‌کننده نوع این خصوصیات است، اطلاعات وراثتی نهفته در آنهاست که در قالب مولکول‌های شیمیایی DNA قرار دارد. می‌دانیم که DNA مولکولی با ساختار سه‌بعدی مارپیچ دو رشته‌ای است که هر رشته آن زنجیره‌ای از چهار نوع مختلف (براساس نوع باز آلی شرکت کرده در ساختار هر کدام) از نوکلئوتیدها است. همان‌طور که در شکل هم می‌بینید ساختار سه‌بعدی این دو رشته به واسطه پیوندهای هیدروژنی که میان بازهای آلی مجاور هم (در مرکز مارپیچ) برقرار می‌شود پایدار خواهد بود (شکل ۱-۳).

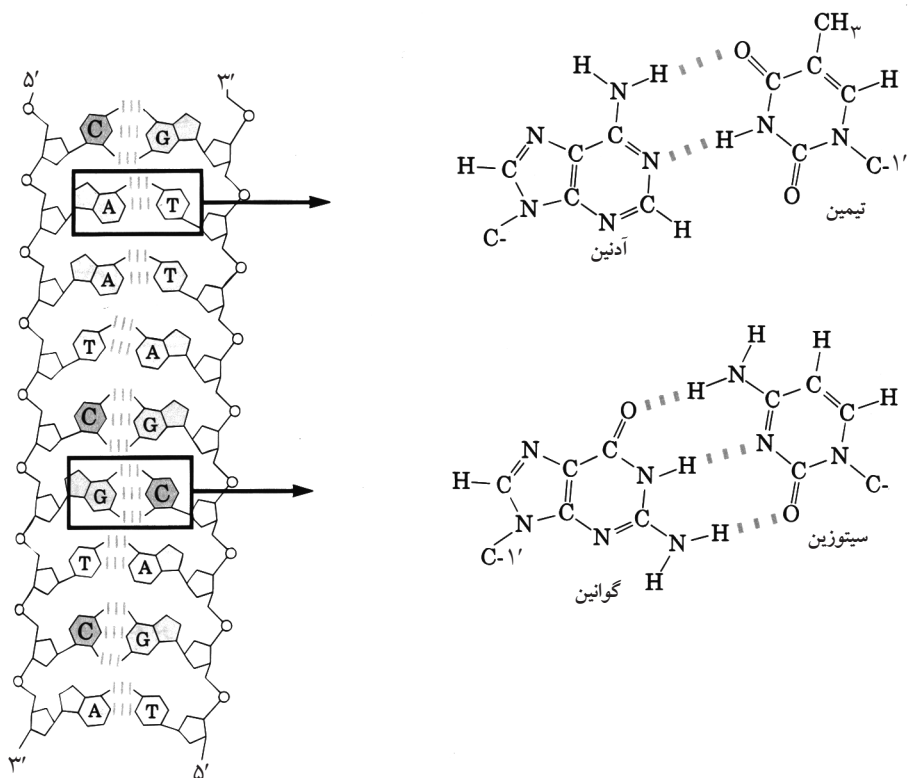


شکل ۱-۳ ساختار DNA اسکلت هر زنجیره (که به شکل نوار نشان داده شده) از مولکول‌های متناوب قند و فسفات تشکیل شده است که نوکلئوتیدها را به هم متصل می‌کنند. دو زنجیره با الگوهای ویژه‌ای از پیوندهای هیدروژنی بین جفت بازها در کنار هم نگه‌داشته می‌شوند. به این صورت که A به T و G به C متصل می‌شود. زنجیره‌ها حول محوری مرکزی می‌پیچند و مارپیچی دوگانه ایجاد می‌کنند. چون همیشه یک باز دو حلقه‌ای A یا G (موسوم به پورین‌ها) به یک باز تک حلقه‌ای T یا C (موسوم به پیریمیدین‌ها) متصل می‌شود، قطر مارپیچ دوگانه در تمام طولش یک اندازه است. در هر دوره از مارپیچ، ده نوکلئوتید وجود دارد. در این شکل فقط قسمت کوچکی از مدل مولکول DNA نشان داده شده است.





در یک DNA نوع باز آلی قرار گرفته در یک نقطه از یک رشته، تعیین کننده نوع باز آلی همان نقطه در رشته مقابل است. زیرا همیشه بازهای آدنین (A) و تیمین (T) در مقابل هم قرار می گیرند و با دو پیوند هیدروژنی به هم متصل اند و بازهای سیتوزین (C) و گوانین (G) نیز همواره در مقابل هم قرار می گیرند و با سه پیوند هیدروژنی به هم اتصال می یابند (شکل ۴-۱).



شکل ۴-۱ الگوهای ایجاد پیوند هیدروژنی در جفت های بازی تعریف شده توسط واتسون و کریک (پیوندهای هیدروژنی با سه خط موازی نشان داده شده اند).

همان طور که در شکل ۴-۱ مشاهده می کنید دو انتهای یک رشته پلی نوکلئوتیدی DNA، با یکدیگر تفاوت ساختاری دارند. در یک انتها گروه فسفات (متصل به کربن ۵' قند) و در انتهای دیگر، گروه هیدروکسیل (R-OH) (متصل به کربن ۳' قند) قرار دارد. به این ترتیب یک رشته DNA را اصطلاحاً قطبی می نامیم. همچنین با دقت بیشتر در شکل می بینید که جهت گیری دو رشته نسبت به هم در مارپیچ طوری است که قطب های دو رشته برخلاف هم اند، یعنی در یک

انتها، سمت ۵' یک رشته اما سمت ۳' رشته مقابل وجود دارد، به این ترتیب رشته‌های DNA را ناهمسو (antiparallel) نیز می‌نامند.

اطلاعات ذخیره شده در DNA همان توالی خاص نوکلئوتیدهای موجود در رشته‌های آن است (درست همان‌طور که در زبان رایانه، توالی ارقام ۰ و ۱ تعیین‌کننده نوع اطلاعات است). نوشتن توالی یک قطعه DNA، ساده است. مثلاً توالی DNA شکل ۱-۴ به صورت زیر است:

۵'-CAATCGTCA-۳'

۳'-GTTAGCAGT-۵'

چگونه سلول‌ها زبان این اطلاعات را ترجمه می‌کنند و صفات را پدید می‌آورند؟ در بخش ۴-۱ به اختصار به آن می‌پردازیم.

رنگ‌آمار!

«رنگ اول» : اصل جمع و اصل ضرب

پیش از هر توضیح به یک سؤال پاسخ دهید:

اگر برای رنگ‌آمیزی یک دیوار از یکی از ۴ رنگ روشن یا ۳ رنگ تیره موجود در انبار استفاده کنیم، در مجموع دیوار به چند رنگ ممکن است درآید؟

حتماً جواب شما ۷ است که از جمع دو عدد ۴ و ۳ به دست آمده است.

به این‌گونه استفاده از عمل جمع که بارها از آن در مسائل استفاده کرده‌اید اصل جمع می‌گویند. اصل جمع زمانی کاربرد دارد که از یک طرف n راه و از طرف دیگر m راه برای انجام دادن کاری وجود داشته باشد. آنگاه کل راه‌های ممکن را با $m+n$ محاسبه می‌کنیم. همان‌طور که در مثال دیدید معمولاً در این‌گونه پرسش‌ها از کلمه «یا» استفاده می‌شود. (اما ممکن است چنین کلمه‌ای هم در آن نباشد!) حال، به سؤال دیگری توجه کنید:

با استفاده از رقم‌های ۰ و ۱ و ۲ چند عدد دو رقمی می‌توان نوشت؟ (توجه داشته باشید که یک عدد دورقمی نمی‌تواند دهگان ۰ داشته باشد.)

می‌دانیم دو رقم ۱ و ۲ برای دهگان و سه رقم ۰ و ۱ و ۲ برای یکان استفاده می‌شود. حال اگر دهگان را ۱ بگذاریم سه عدد ۱۰ و ۱۱ و ۱۲ امکان‌پذیرند و اگر دهگان را ۲ بگذاریم، سه عدد ۲۰ و ۲۱ و ۲۲ امکان‌پذیر خواهند بود، پس تعداد اعداد ممکن از ضرب ۲ در ۳ به دست می‌آید یعنی ۶.