

Language Index

- 1) Language: [English.](#)
- 2) Language: [Marathi](#)
- 3) Language: [Hindi](#)
- 4) Language: [Malayalam](#)
- 5) Language: [Greek](#)

SYN-BIO WORKBOOK

iGEM 2021



Chapter 0: Preface

This workbook is an endeavour by the iGEM Team of the Indian Institute of Science Education and Research (IISER) Bhopal to create an interest in synthetic biology among the general public, secondary and high school students.

In the early 2000s, scientists wondered if organisms could be built in the same manner that lego blocks are being used to create a variety of toys. Publications illustrating the possibility of running microbial genetic circuits as applets motivated this concept. In discovery of rules and standards to compose organisms, biologists began to think like engineers. The concept of well-defined components linked together to form modules and networks acquired experimental confirmation. Engineering biology became a field of study. School students who are planning to contribute in these emerging areas may find the information helpful. It would help to have a basic knowledge of molecular biology to enjoy the science discussed in this book. It was difficult to cover all that is relevant to synthetic biology due to the vastness of these fields. For more in-depth information on various issues, one should examine more specialised publications and books. We hope that this offers a useful starting point for thinking about good problems in synthetic biology. We would consider our efforts successful, if good research problems are identified by readers after reading the chapters.

Chapter 1: Introduction to Synthetic Biology

What is Synthetic Biology?

Synthetic Biology is an emerging field of science that involves integrating engineering principles and biology. The convergence of advances in various fields of science and engineering, including but not limited to computer science, chemistry and biology, allows us to modify cells to serve useful purposes. The main objective of synthetic biology is to create a repository of well-characterized ‘biological parts’ (i.e. enzymes, genetic circuits, metabolic networks, etc.) that can be modelled, tuned and optimized to behave predictably and meet certain performance criteria such as optimized expression levels and none to minimal side effects. The parts can then be assembled into larger systems or devices that can be used to come up with frugal solutions to global problems. Here is an analogy: just as engineers now design integrated circuits based on the known physical properties of materials and then fabricate functioning circuits and entire processors (with relatively high reliability), synthetic biologists will soon design and build engineered biological systems.

Synthetic Biology vs. Genetic Engineering

Synthetic biology is often confused with a similar field - Genetic Engineering. However, the two are markedly different: while the former involves stitching together long pieces of DNA (found in other organisms or completely novel) which are inserted into organisms such as bacteria, the latter involves making changes to the DNA of the host organism itself (Confused?? Don't worry! We'll tackle this in later chapters!).

The Design-Build-Test-Learn Cycle

Any system that needs to be engineered and built from scratch needs to follow a particular workflow. What parts do we need? How should we put them together? Will they work as we expect them to? - these are some questions that are answered by following the *Design-Build-Test-Learn (DBTL) cycle*

Suppose we want to engineer bacteria to convert agricultural waste into biofuel.

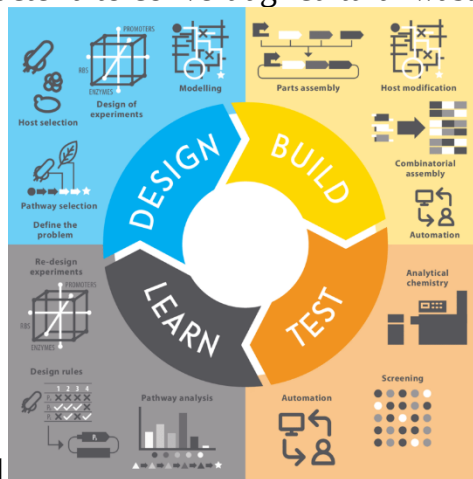


Figure 1

To achieve this, we will use the DBTL cycle, addressing one step at a time:

1. Design

We know the problem - turning agricultural waste into biofuel. The design phase mainly consists of finding out answers to questions that might pop up in your head while you think of achieving your goal. This is an example of what popped up into our heads:

- Which bacteria/organism (called host or host organism) should we pick to do this? (Usually, bacteria or yeast are preferred since they can be easily cultivated and they multiply rapidly)
- Which metabolic pathway can we use so that the organism is not adversely affected?
- Which biological parts should we use to construct this metabolic network in the host? Is there data available for these parts?
- How will we insert these parts into the host? (Design experiments)
- Can we predict how much fuel each host cell will produce? (Mathematical Modelling)

1. Build

We have thought about how we want to build the system. Now we actually get to building it.

- Stitch together all the parts that we shortlisted during the design phase.
- Insert the stitched parts into the selected host organism.
- Ensure that we can grow the host organism in the laboratory environment.

1. Test

After we build the system, the next step is to test it and make sure it works.

- a. Is the host organism producing biofuel?
- b. How much biofuel is it producing for every gram of agricultural waste?
- c. Is producing biofuel causing harm to the host organism?

1. **Learn**

The final step in this process is to analyze the data collected during the testing phase.

a. *If the host organism is producing biofuel:* Can we increase the amount of biofuel each host produces? If the fuel is harming the cell, how can we alter the system to increase cumulative production?

b. *If the host organism is not producing biofuel:* What went wrong? Do we need to change a part that we used? Is the metabolic pathway we are using not the right one? If the host is not growing, what do we need to change?

After going through multiple iterations of the cycle do we arrive at the most efficient system that gives us the desired output - in this case, a biofuel that can be extracted from the host organism.

Above, we have discussed the entire process of how scientists go about redesigning the host organism. But, can we use humans as my host? If the host organism is a bacteria/fungus, will it cause harm to people around me?

Ethical Implications

Are humans manipulating and exploiting nature by redesigning organisms using synthetic biology techniques? How will we equitably distribute new treatments for deadly diseases that arise out of the use of synthetic biology? What are the environmental impacts of introducing modified organisms into the ecosystem? Scientists and policymakers are continuously working to address these issues and this will continue as long as technology evolves and changes. The relevant authorities always have to weigh the benefits against the potential harm that redesigned organisms can cause while answering these questions. Another key ethical aspect that synthetic biologists need to take care of is the possibility of 'dual use' - ensuring that your ideas, information and materials cannot be used by others to cause public harm. Every individual who is working in the exciting field of synthetic biology is responsible to ensure that their work is not misused, and does not harm the environment or the flora and fauna around them.

(Psssst!! If you did not get it by now, just a heads-up to tell you that you absolutely CANNOT perform experiments on humans)

In this chapter, what we have tried to do is, in layman language, try to explain what synthetic biology is, how synthetic biology techniques are used to redesign organisms, the DBTL cycle, and most importantly, the ethical implications of synthetic biology.

In further chapters, we dive into relevant information that one must know to engineer an organism using synthetic biology techniques. Each chapter, including this one, will be followed by a few questions to ensure that you have learned the concepts that we are trying to convey. The answers to all the questions will be provided at the end of the workbook.

We have also included a feedback form at the end of the workbook and we would love to hear from you!

Summary

- Synthetic Biology is an emerging field of science that involves integrating engineering principles and biology.
- The main objective of synthetic biology is to create a repository of well-characterized 'biological parts' (i.e. enzymes, genetic circuits, metabolic networks, etc.) that can be modelled, tuned and optimized to behave predictably and meet certain performance criteria.
- A *Design-Build-Test-Learn (DBTL)* cycle is followed for building any synthetic biology machine:-
 - Design involves determining the chassis or host organism in which to perform the manipulations to obtain the desired functioning, which metabolic pathway to use, any biological parts needed to build a metabolic network, how to insert these parts in the host, and the mathematical modelling to predict the efficiency of the host post manipulation.
 - Building involves stitching together the parts and checking whether the host can then be grown in the laboratory.
 - Testing is the phase where we check the generation of the expected product, the efficiency of the product formed per unit of input and whether the metabolic reprogramming caused by the manipulation is harming the host in any way.
 - Learning is the process of analyzing the information obtained from testing and remedying any problems that were found.
- Every individual working in the exciting field of synthetic biology is responsible for ensuring that their work is not misused and does not harm the environment or flora and fauna around them.

References:

1. [Synthetic Biology](#).
2. [What is Synthetic/Engineering Biology?](#)
3. [The Bio-Engineering Cycle](#)

Chapter 2: The Composition of Life - Biomolecules

Before we talk about how we engineer living organisms, we need to understand what living organisms are made up of. When we start thinking about this, one fundamental question arises in our minds - do all living organisms have the same chemical composition? Are we, humans, fishes and insects made up of the same chemicals even when we look so different?

The answer - a resounding YES!! If you take a piece of plant tissue (eg. leaf) and animal tissue (eg. piece of meat) and try to separate all the chemical compounds present in these two, you can broadly classify them into four major categories:

- a. *Carbohydrates/Saccharides (Sugars)*
- b. *Lipids (Fats and oils)*
- c. *Amino acids (protein components)*
- d. *Nucleic Acids*

Let us take a look at each of these components - called biomolecules - in more detail.

a. Carbohydrates/Saccharides

Carbohydrates, commonly referred to as saccharides in biochemistry, are a class of biomolecules that have an empirical formula $C_mH_{2n}O_n$ (where 'm' may or may not be equal to 'n'). Saccharides are classified into three major groups:

1. *Monosaccharides*: It is the most basic form of sugars and the building block of carbohydrates. The most well-known monosaccharide is glucose. Ribose and deoxyribose are important components of nucleotides (discussed later)

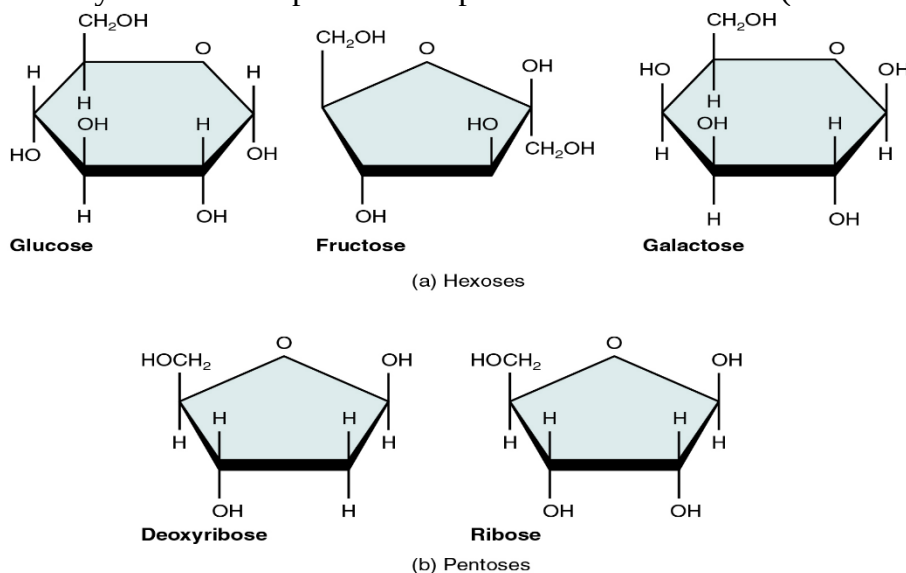


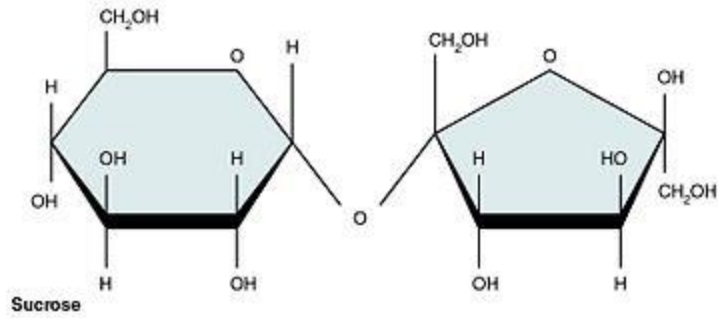
Figure 2

Examples Of Monosaccharides.

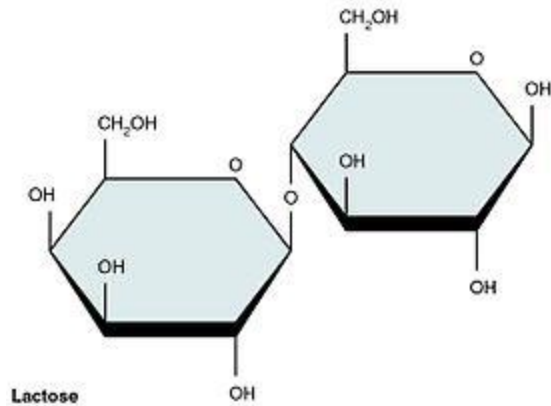
Hexoses (Glucose, Fructose, Galactose) contain 6 carbon atoms whereas pentoses (Ribose, Deoxyribose) contain 5 carbon atoms.

1. *Disaccharides*: Two monosaccharides linked by glycosidic bonds. Sucrose and Lactose are the most well-known examples.

(a) The monosaccharides glucose and fructose bond to form sucrose



(b) The monosaccharides galactose and glucose bond to form lactose.



(c) Two glucose monosaccharides bond to form maltose.

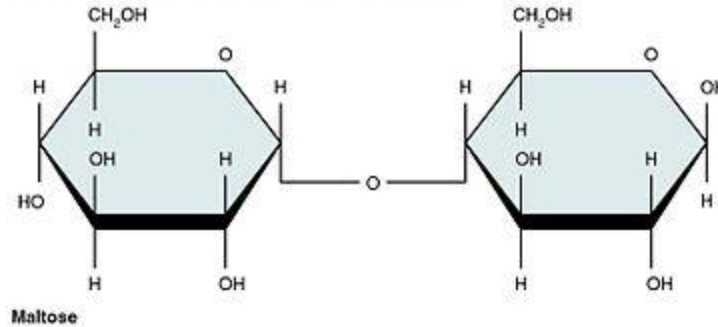


Figure 3

Examples Of Disaccharides.

1. *Oligosaccharides*: A polymer of a small number of monosaccharides. For example: raffinose, which is composed of galactose, glucose and fructose.

Oligosaccharides

Raffinose

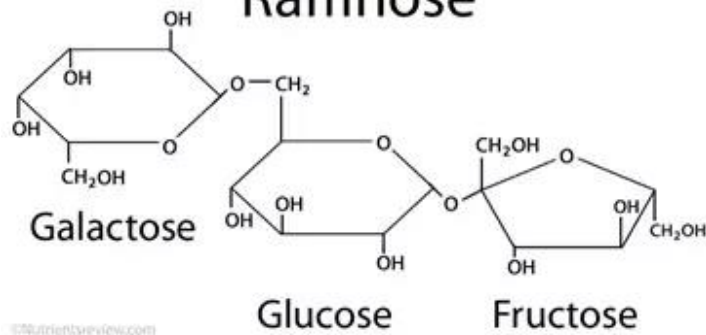
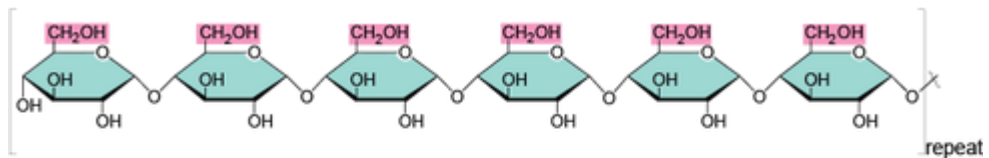


Figure 4

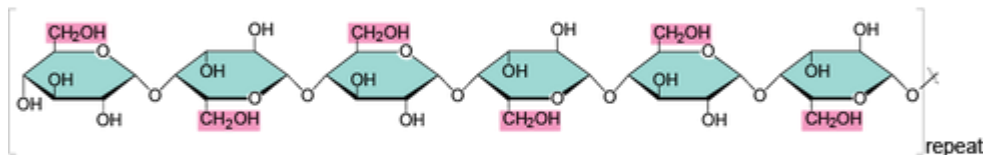
Example Of Oligosaccharides.

1. *Polysaccharides*: It is a long chain of monosaccharides held together by glycosidic linkages. They are most abundant in food. For example: cellulose (present in plant cell walls), starch (energy reserve in plants) and glycogen (energy reserve in animals).

starch



cellulose



glycogen

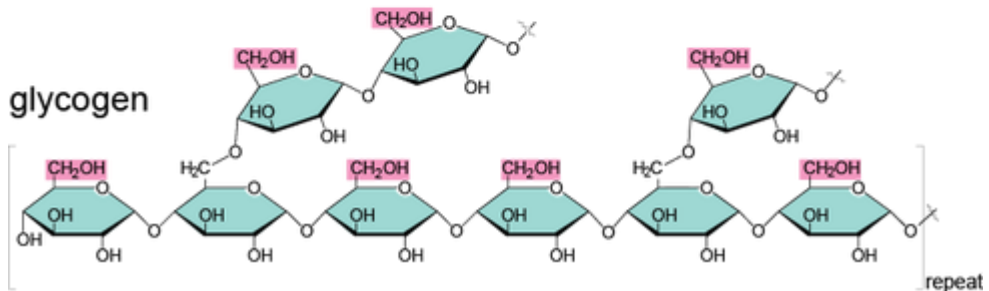


Figure 5

Examples Of Polysaccharides.

b. Lipids

Lipids are generally water-insoluble and constitute the cell membrane's building blocks that provide structure to the cell. Fats, oils, vitamins and hormones are examples of lipids.

Fats, a subgroup of lipids, are fatty acids that contain an alkyl group (-R) attached to a -COOH group i.e. R-COOH. The R-group could be all the way up to 18 carbon atoms long. If the R-group does not contain a double bond between carbon atoms, the fat molecules are called **saturated fatty acids**, whereas those fat molecules that contain a double bond are called **unsaturated fatty acids**.

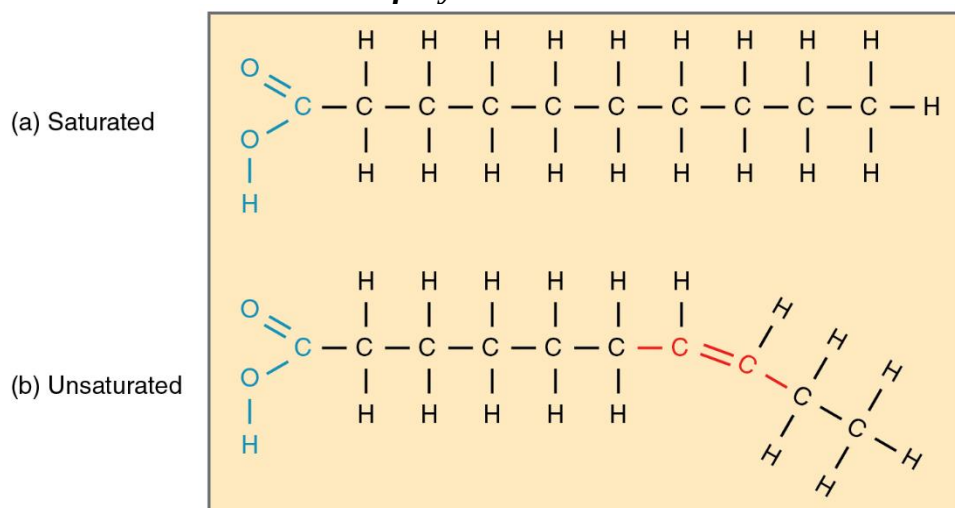


Figure 6
Saturated and Unsaturated Fatty Acids

Fatty acids can also become esterified with glycerol and are known as **glycerides**. Depending upon the number of hydroxyl groups esterified, they can be called monoglycerides, diglycerides or triglycerides.

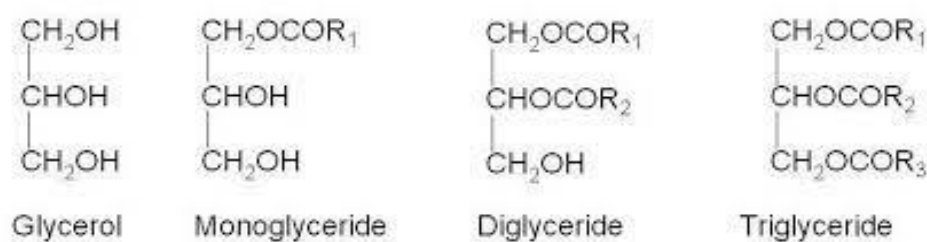


Figure 7
Glycerol and Glycerides

Some lipids have a phosphate group attached to them and are called **phospholipids**. These phospholipids form a major component of the cell membrane giving it shape and preventing the contents of our cells from flowing out into the environment.

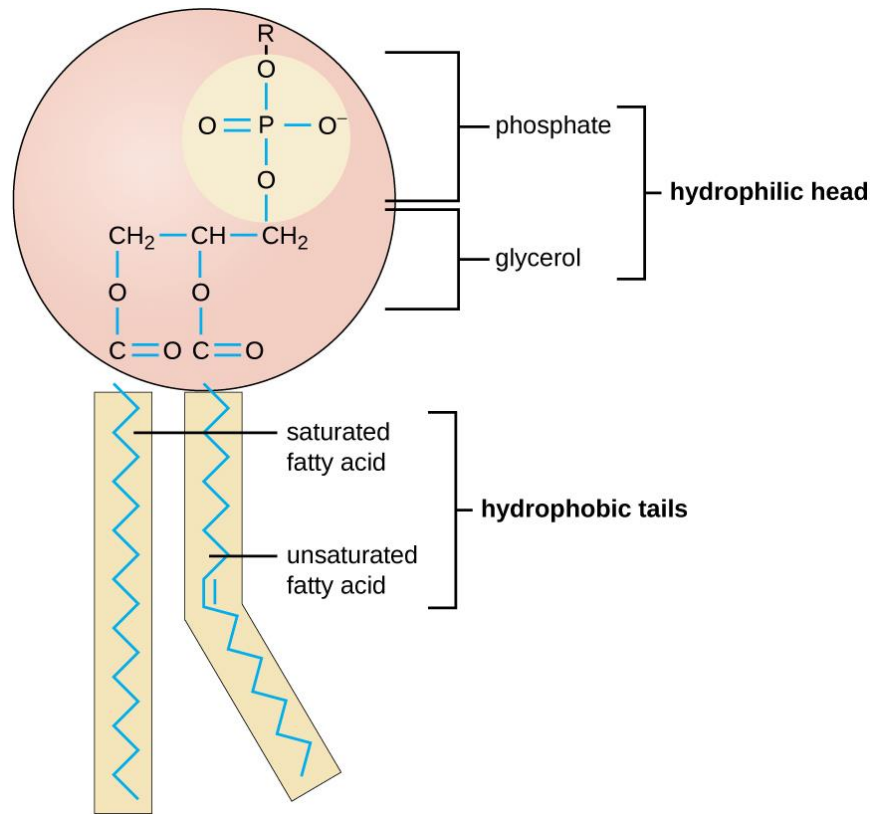


Figure 8

Phospholipid structure

Hydrophilic means water-loving; hydrophobic means water-repelling.

BOX: Mammals like dolphins and seals store lipids in a tissue called “blubber” which also helps in increasing their buoyancy and insulating their bodies from the cold water, especially near the poles

c. Amino Acids

Amino acids are organic compounds that contain two major functional groups on the same carbon: an amino (-NH₂) group and a carboxyl (-COOH) group, in addition to a hydrogen (-H) atom and a variable group designated as R. Do not confuse the R that we use while referring to an amino acid with an alkyl group. Basically, an amino acid is a trisubstituted methane molecule where three hydrogen atoms have been replaced with the aforementioned functional groups.

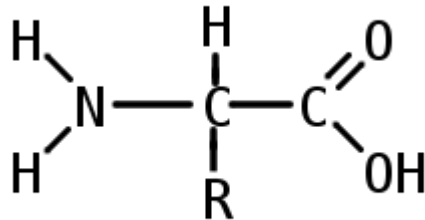


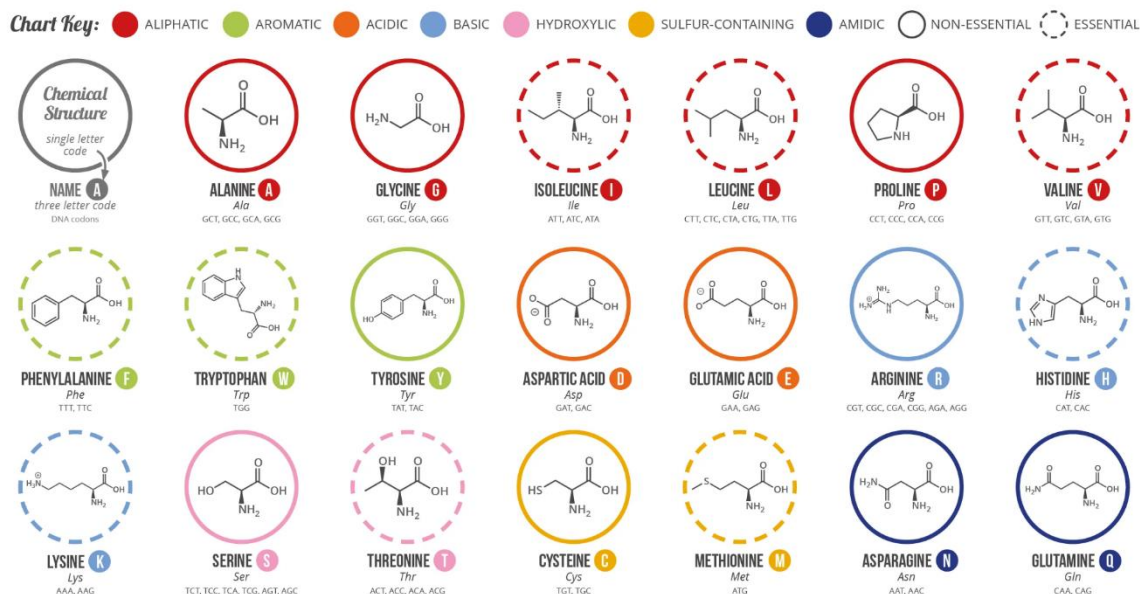
Figure 9

General structure of amino acids.

Based on the nature of the R group, the properties of the amino acid change and 20 of them occur in a majority of proteins. If the R group is: a hydrogen atom (-H), then the amino acid is called **Glycine**; a methyl group (-CH₃), then the amino acid is called **Alanine** and so on. Each amino acid can be represented by a single letter code (e.g. Glycine = G, Alanine = A). The chemical properties of amino acids are decided by the R functional group in addition to the amino and carboxyl groups, and can be classified as acidic (aspartate, glutamate), basic (asparagine, glutamine), neutral (glycine, alanine) and aromatic (tyrosine, phenylalanine) amino acids. Figure 10 shows the chemical structure of all the amino acids, their names and their single letter code. Do not worry about remembering the structures or the codes at this stage. You can use this figure as a ready reference whenever we refer to amino acids.

A GUIDE TO THE TWENTY COMMON AMINO ACIDS

AMINO ACIDS ARE THE BUILDING BLOCKS OF PROTEINS IN LIVING ORGANISMS. THERE ARE OVER 500 AMINO ACIDS FOUND IN NATURE - HOWEVER, THE HUMAN GENETIC CODE ONLY DIRECTLY ENCODES 20. 'ESSENTIAL' AMINO ACIDS MUST BE OBTAINED FROM THE DIET, WHILST NON-ESSENTIAL AMINO ACIDS CAN BE SYNTHESISED IN THE BODY.



Note: This chart only shows those amino acids for which the human genetic code directly codes for. Selenocysteine is often referred to as the 21st amino acid, but is encoded in a special manner. In some cases, distinguishing between asparagine/aspartic acid and glutamine/glutamic acid is difficult. In these cases, the codes asx (B) and glx (Z) are respectively used.

© COMPOUND INTEREST 2014 - WWW.COMPOUNDCHEM.COM | Twitter: @compoundchem | Facebook: www.facebook.com/compoundchem
Shared under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives licence.



Figure 10

A Guide To 20 Common Amino Acids.

The -NH₂ and -COOH groups of amino acids are ionizable i.e. they can be converted into -NH₃⁺ and -COO⁻ based on the pH of the surrounding medium. The pH at which the net charge on the amino acid is zero is called the **isoelectric point (pI)**.

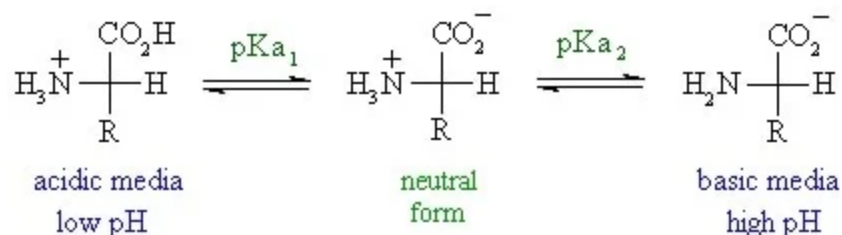


Figure 11

pI of Glycine: pKa refers to the equilibrium constant when one form of an amino acid (protonated) converts to another form (deprotonated). The pH at which the neutral form is present is known as pI.

Proteins are linear chains of amino acids linked to each other by peptide bonds i.e. each protein is a polymer of amino acids. They will be discussed in detail in the next chapter.

d. Nucleic Acids

Nucleotides, the building blocks for nucleic acids, are organic compounds that consist of three major components:

1. A **5-carbon (pentose) sugar** - called ribose (C₅H₁₀O₅) or deoxyribose (C₅H₁₀O₄)
2. A **nitrogenous base** - these are heterocyclic compounds made up of carbon, hydrogen, oxygen and nitrogen. The bases are named adenine (A), guanine (G), cytosine (C), thymine (T) and uracil (U). They are classified into two categories, the first two being classified as purines and are double-ring compounds whereas the latter three are pyrimidines and are single-ring compounds.
3. A **phosphate group (-PO₄³⁻)** - derived from phosphoric acid. It has three active hydroxyl (-OH) groups out of which two are involved in strand formation.

A nucleotide without its phosphate group is a **nucleoside**. In simple terms:

Nucleotide = Sugar + Nitrogenous base + Phosphate

Nucleoside = Sugar + Nitrogenous base

Nucleotide = Nucleoside + Phosphate

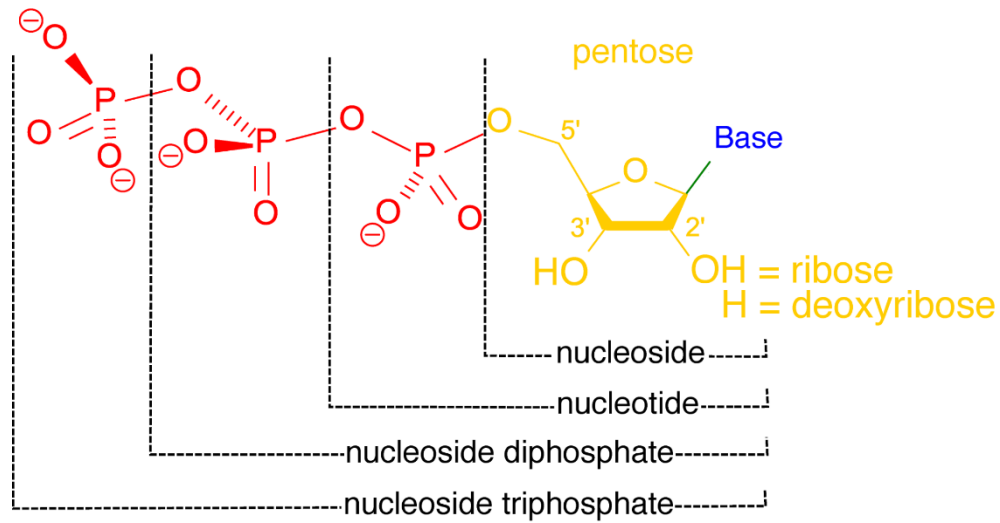


Figure 12

Nucleoside and Nucleotide

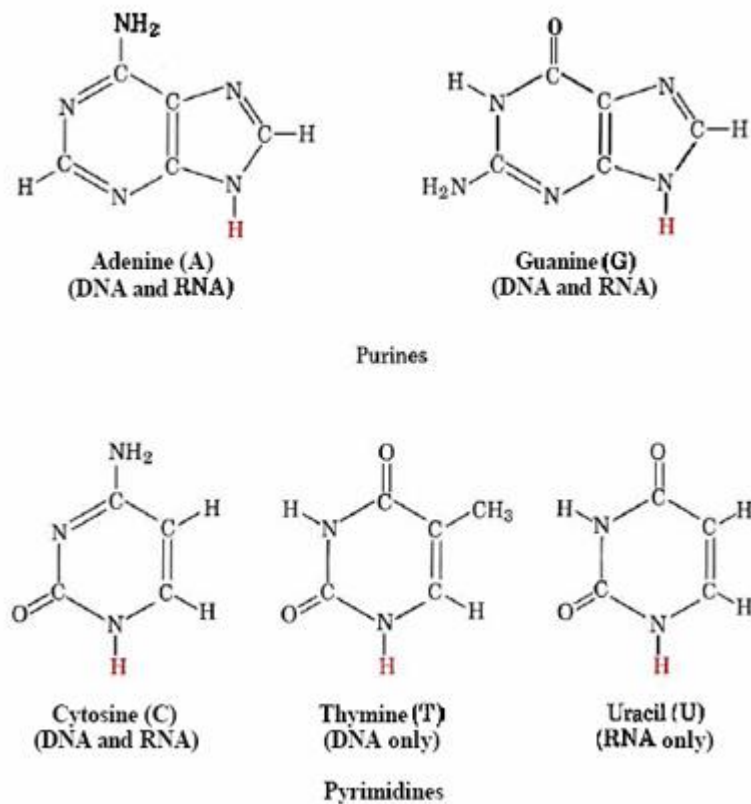


Figure 13

Purines and Pyrimidines

Nucleotides and nucleosides are named according to their nitrogenous bases. Hence, a nucleoside that contains an adenine (A) base is called **adenosine**. Similarly, G for

guanosine, C for **cytidine**, T for **thymidine** and U for **uridine**. In a nucleotide, the nitrogenous base (A/G/C/T) is attached to the 1st carbon atom (1' position) of the sugar molecule by a glycosidic bond and a phosphate group is linked to the 5th carbon atom via a **phosphomonoester** linkage.

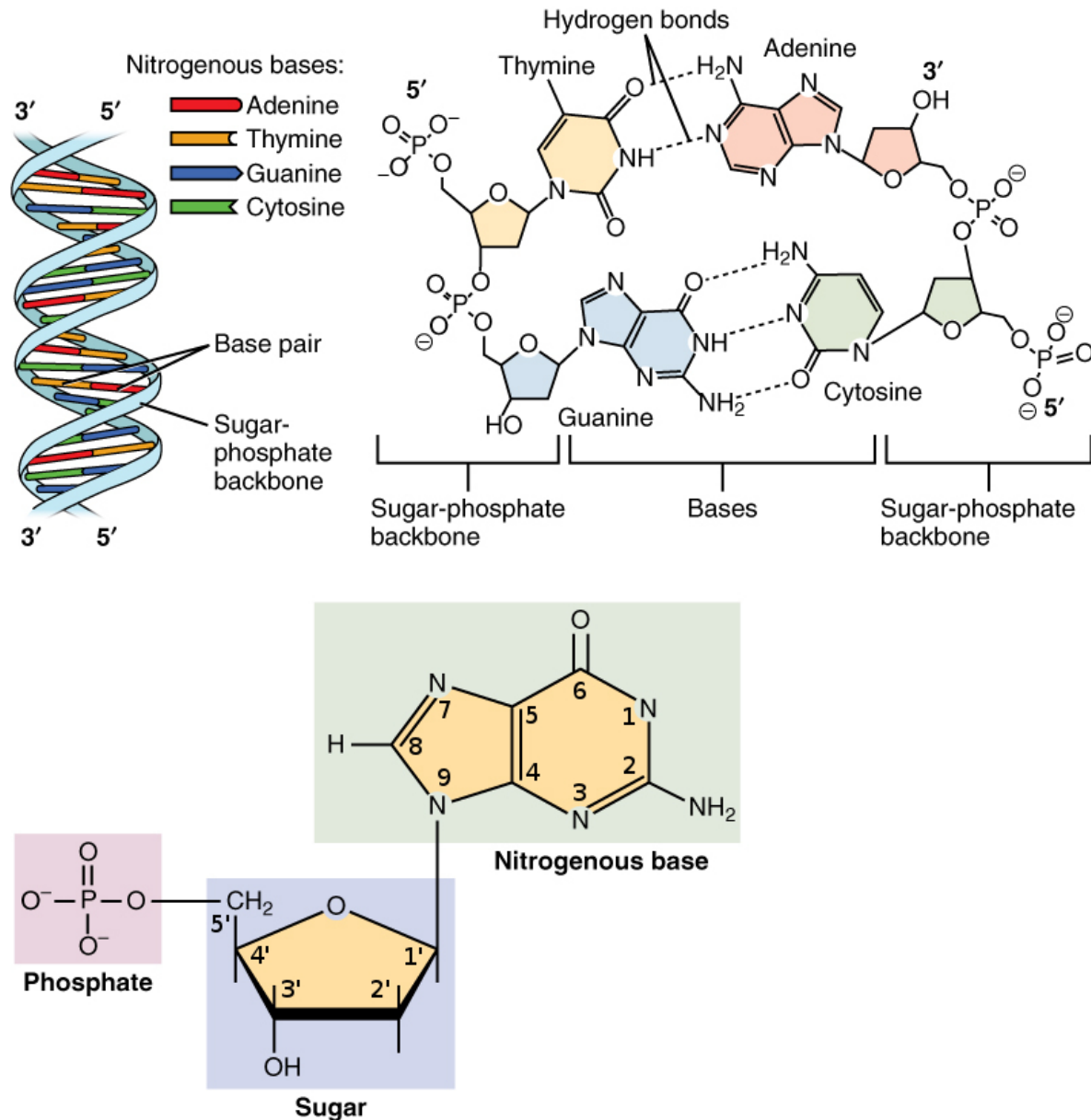


Figure 14

Nucleotide Structures In DNA

In nucleotides, the atoms of the bases are numbered as 1, 2, 3... whereas the atoms of the sugar are numbered as 1', 2', 3'...

Nucleotides, like amino acids, can assemble into a long polymer containing millions of nucleotides which are called nucleic acids. Based on the pentose sugar, these can be classified into two broad types: **Deoxyribonucleic Acid (DNA)**, which contains the

deoxyribose sugar and **Ribonucleic Acid (RNA)** which contains ribose sugar. Both these sugars differ only at the 2' position - the former contains a 2'-H whereas the latter contains a 2'-OH.

In the next chapter, we will take a look at DNA, RNA and Proteins in detail.

Summary

- The chemical compounds in all organisms can broadly classify them into four major categories:
 - a. *Carbohydrates/Saccharides (Sugars)*
 - b. *Lipids (fats and oils)*
 - c. *Amino acids (protein components)*
 - d. *Nucleic Acids*
- Carbohydrates commonly referred to as saccharides in biochemistry, are a class of biomolecules that have an empirical formula $C_mH_{2n}O_n$ (where 'm' may or may not be equal to 'n'). Saccharides are classified into the following major groups:
 - a. Monosaccharides, eg: glucose, ribose, deoxyribose etc.
 - b. Disaccharides, eg: sucrose, lactose etc.
 - c. Oligosaccharides - polymer of a small number of monosaccharides.
 - d. Polysaccharides, eg: cellulose, starch, glycogen etc.
- Lipids are generally water-insoluble and constitute the cell membrane's building blocks that provide structure to the cell. Fats, oils, many vitamins, and hormones are examples of lipids.
- Amino acids are organic compounds that contain two major functional groups on the same carbon: an amino ($-NH_2$) group and a carboxyl ($-COOH$) group, in addition to a hydrogen ($-H$) atom and a variable group designated as R. Do not confuse the R that we use while referring to an amino acid with an alkyl group.
- Nucleotides, the building blocks for nucleic acids, are organic compounds that consist of three major components:
 1. A 5-carbon (pentose) sugar - called ribose ($C_5H_{10}O_5$) or deoxyribose ($C_5H_{10}O_4$).
 2. A nitrogenous base - these are heterocyclic compounds made up of carbon, hydrogen, oxygen and nitrogen. The bases are named adenine (A), guanine (G), cytosine (C), thymine (T) and uracil (U).
 3. A phosphate group ($-PO_4^{3-}$) - derived from phosphoric acid. It has three active hydroxyl ($-OH$) groups out of which two are involved in strand formation.

Chapter 3: The Molecules of Life - DNA, RNA and Proteins

In the previous chapter, we studied the basic molecules that make up life. These molecules can undergo polymerization to give rise to much larger, complex structures. In this chapter, we will be taking a look at the three biomacromolecules that are essential for the functioning of all life which are also the focus of attention of synthetic biologists - DNA, RNA and Protein.

a. Deoxyribonucleic Acid (DNA)

DNA is the molecule that contains the instructions that an organism needs to develop, live and reproduce. It is the “genetic material” for a majority of the living organisms on earth, including some viruses. In eukaryotes, it is exclusively found in the nucleus. Prokaryotes, however, do not have membrane-bound organelles and the DNA floats in the cytoplasm.

(BOX: DNA is the genetic material - The Hershey-Chase Experiment)

The road to the discovery of DNA as the genetic material was not straightforward. Many scientists performed experiments that initially identified a component called the “transforming principle”, and finally, after decades of efforts, it was proved that DNA indeed is the transforming principle and the genetic material. One such experiment was performed in 1952 by two scientists - Alfred Hershey and Martha Chase.

It was known by this time that nucleotides exclusively contained phosphorus and proteins exclusively contained sulphur. They used bacteriophages, which are viruses that infect bacteria to replicate, to prove that DNA indeed is the genetic material. Bacteriophages have a relatively simple overall structure: an outer PROTEIN coat that contains DNA. The DNA is injected into the bacteria while the protein coat remains outside. They radioactively labelled or marked the protein and DNA components of the phages so that they could be distinguished - a technique called isotope labelling. In one set of bacteriophages, the proteins were labelled and in the other, the DNA was labelled. These bacteriophages were then added to two separate bacterial suspensions. Then, the bacterial suspension was centrifuged such that the bacteria settled at the bottom of the tube. They observed that the bacteria showed the presence of labelled DNA while the supernatant (the solution above the bacteria) contained labelled proteins. After making careful considerations from these results, they finally proved that DNA and not proteins is the genetic material, contrary to what was thought earlier.)

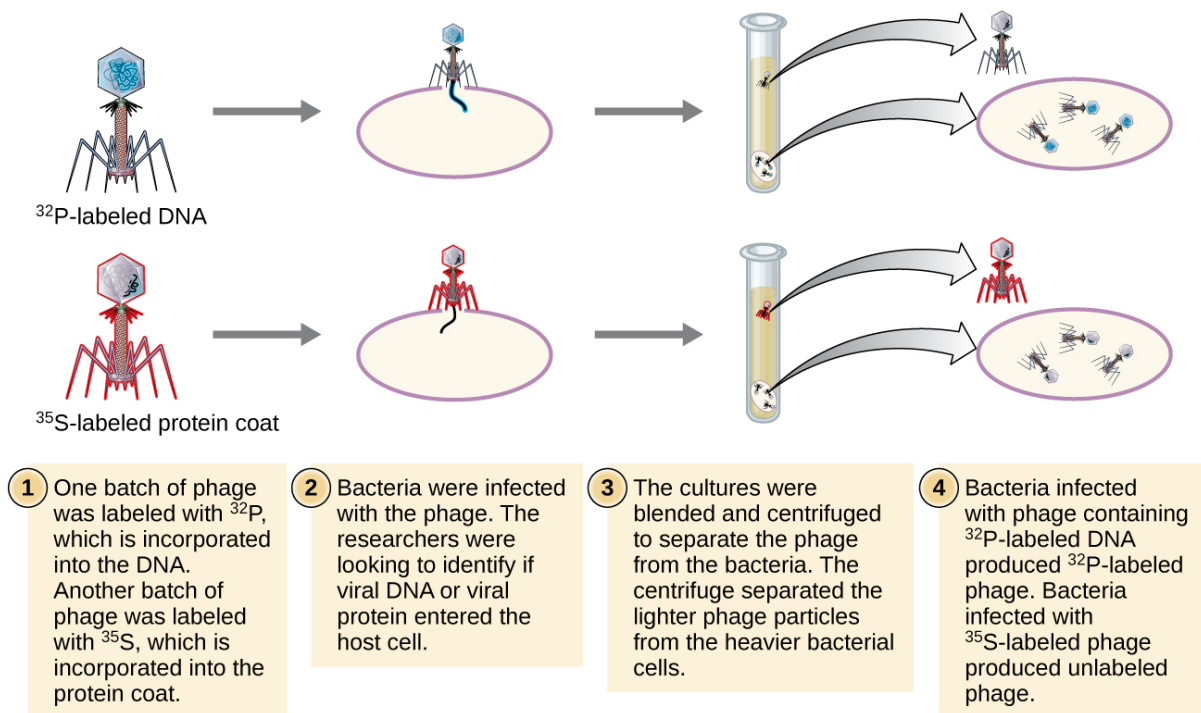


Figure 15
Hershey Chase Experiment

Structure of DNA

The structure of the DNA molecule was discovered by Watson and Crick who used the data from the famous ‘Photograph 51’ captured by Maurice Wilkins and Rosalind Franklin.

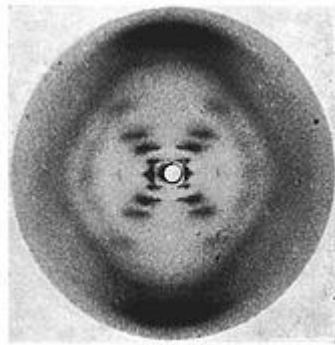


Figure 16
Photograph 51

In DNA, the 3'-carbon of one sugar of one nucleotide is linked to the 5'-carbon of the adjacent nucleotide via a phosphodiester bond.

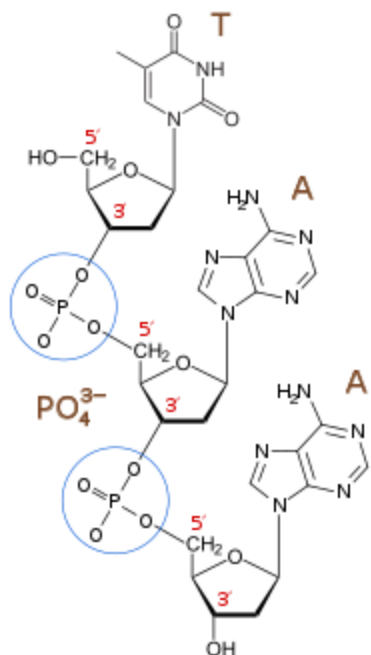


Figure 17

Phosphodiester Bond

DNA has a double-helical structure (a twisted ladder) with the two strands of polynucleotides running in opposite directions. The sugar-phosphate-sugar chain forms the backbone and The nitrogenous bases (A, G, T and C; U is present only in RNA) project inward, perpendicular to the backbone.

Complementary Base Pairing

The A and G bases on one strand compulsorily pair with the T and C bases respectively on the other strand by hydrogen bonding. This is known as the complementarity of DNA bases and since the sequence present on one strand of DNA decides the sequence of the other, the strands are termed as *complementary strands*. There are two hydrogen bonds between A and T (A=T) and three hydrogen bonds between G and C (G≡C).

Dimensions

Each rung of the twisted DNA ladder is rotated by 36° from the previous rung and one full helical turn involves 10 rungs or 10 base pairs. The distance between two adjacent base pairs is 3.4Å and the diameter of DNA, i.e. the distance between the two backbones is 20Å.

Chargaff's Rule - The Purine: Pyrimidine Ratio

Due to complementary base pairing, *the total number of purine bases is always equal to the total number of pyrimidine bases*. This is called Chargaff's rule. This was one of the many contributions that helped decode the structure of DNA.

$$A + G = T + C \text{ or } A + G + T + C = 1$$

Polarity of DNA

Each strand of DNA has a specific **polarity**. This is due to the 3rd and 5th carbon atoms of the deoxyribose sugar. One end is considered as the 5' end, which contains a free -PO₄³⁻ group and the other is considered the 3' end, which contains a free -OH group.

One strand runs in the 5' to 3' direction while the other runs in the 3' to 5' direction due to which the 5' end of one strand lies close to the 3' end of the other. This arrangement of the two strands of DNA is considered *antiparallel*.

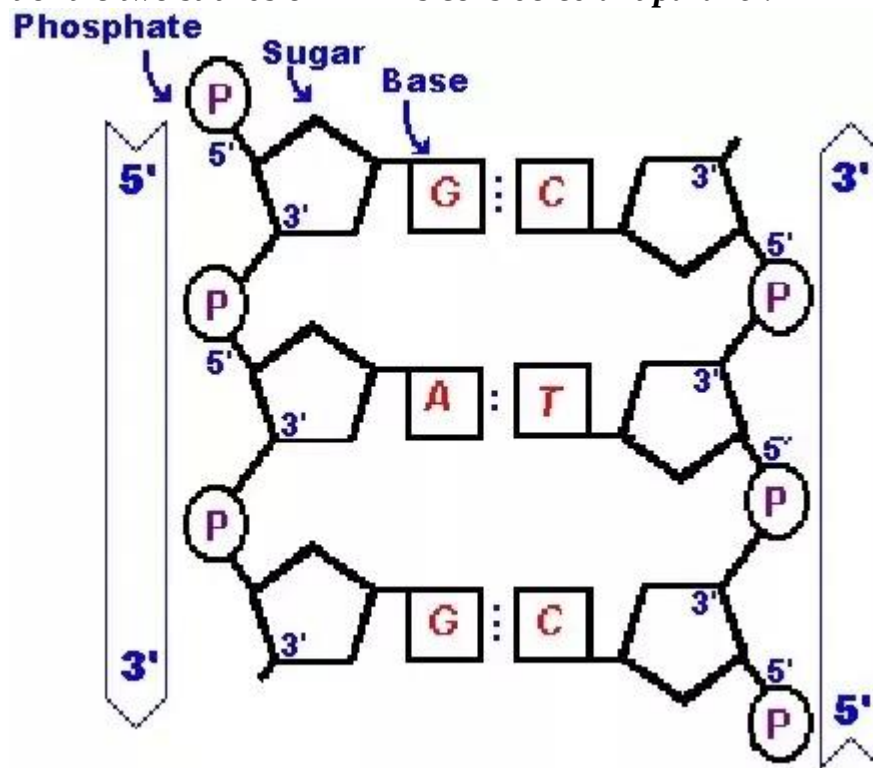


Figure 18
[Antiparallel Nature Of DNA](#)

Major and Minor Grooves

The strands of a double-stranded DNA (dsDNA) molecule undergo right-handed coiling around a central imaginary axis. This coiling results in the formation of major (deep) grooves and minor (shallow) grooves, which are found in an alternate manner.

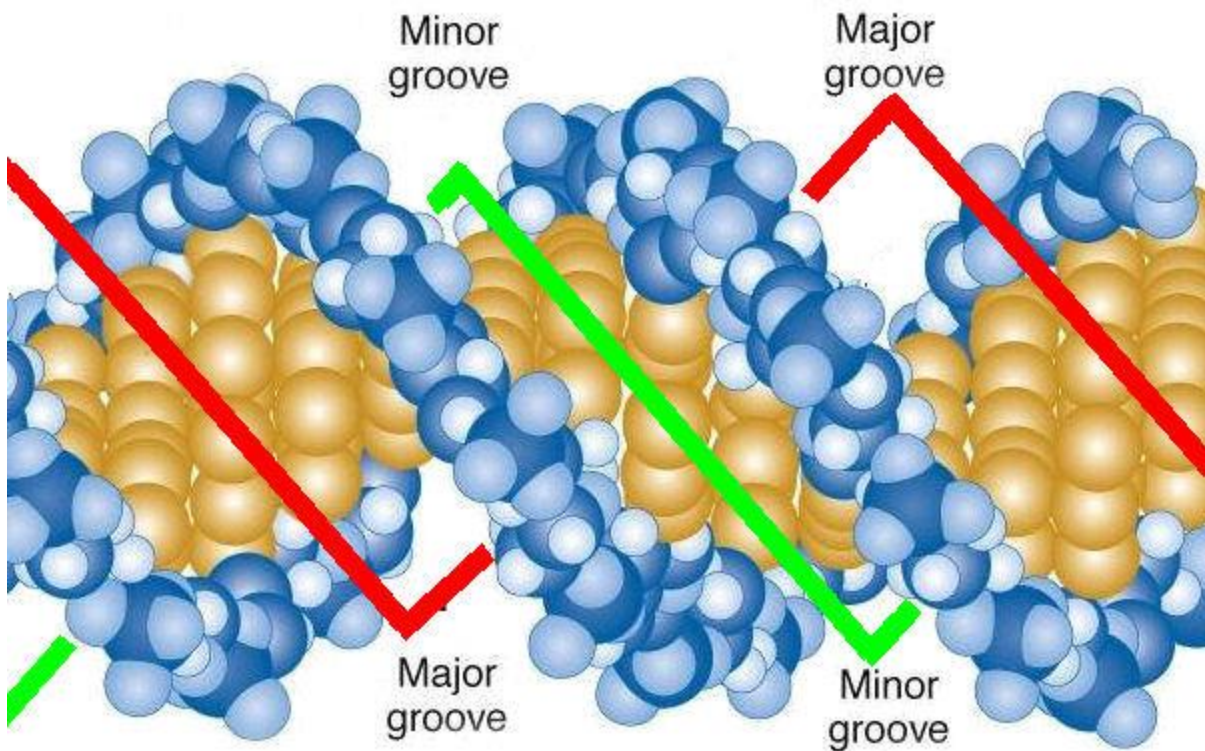


Figure 19
Major and minor grooves of DNA

Representing DNA on Paper

A DNA molecule can be represented as a sequence of nucleotides on paper while mentioning the polarity of the strand. If no polarity is mentioned, then the left end is considered to be the 5'-end of the DNA strand.

5' - ATGCGCTAGCTAGCTAGTAGCTA - 3'
 3' - TACGCGATCGATCGATCATCGAT - 5'

If you observe closely, here you can see that A is base-paired with T and G is base-paired with C. DNA can also be single-stranded and can be represented as follows:

5' - ATGCGCTAGCTAGCTAGTAGCTA - 3'

While most organisms have a dsDNA genome, some viruses have a single-stranded DNA (ssDNA) genome.

(Box: A genome is an organism's complete set of genetic instructions. Each genome contains all of the information needed to build that organism and allow it to grow and develop.)

b. Ribonucleic Acid (RNA)

RNA is a structurally versatile polynucleotide found in the nucleus as well as the cytoplasm of eukaryotic cells. Two adjacent nucleotides in RNA are joined by phosphodiester linkages, as in DNA. There are two main types of RNA: Genetic and

non-genetic. The former serves as the genetic material for some viruses while the latter is involved in protein synthesis in most organisms.

Structure

RNA is a single-stranded molecule that can be linear or variously folded upon itself due to intramolecular complementary base pairing.

Complementary Base Pairing

The nucleotides present in RNA are A, G, U and C and A pairs with U instead of T. T is replaced with U, which is present only in RNA and absent in DNA.

(Box: Food for thought: Why does DNA not contain U while RNA does?)

Since RNA is single-stranded, the base pairing is not definite. Hence, RNA does not follow Chargaff's rule.

Non-Genetic RNA

There are three types of non-genetic RNA: mRNA, rRNA and tRNA. They play an important role in protein synthesis in both prokaryotes and eukaryotes and are produced on the DNA template by a process called transcription.

1. Messenger RNA (mRNA)

mRNAs are linear molecules that carry the information necessary for protein synthesis from the DNA to ribosomes - the protein synthesis factories. A sequence of three nucleotides on the mRNA molecule is called a **codon**. Each 'triplet' codon specifies a single amino acid and is called **the genetic code**. The codon at the 5' end of the mRNA is called the **start codon** and is usually AUG (recall that RNA contains U instead of T). AUG codes for the amino acid methionine. The codon at the 3' end is the **stop codon** and can be either UAA or UAG or UGA. Stop codons do not specify any amino acid and lead to the termination of protein synthesis.

Thus, mRNA carries coded information about the sequence of amino acids in the polypeptide chain from DNA to ribosomes during protein synthesis.

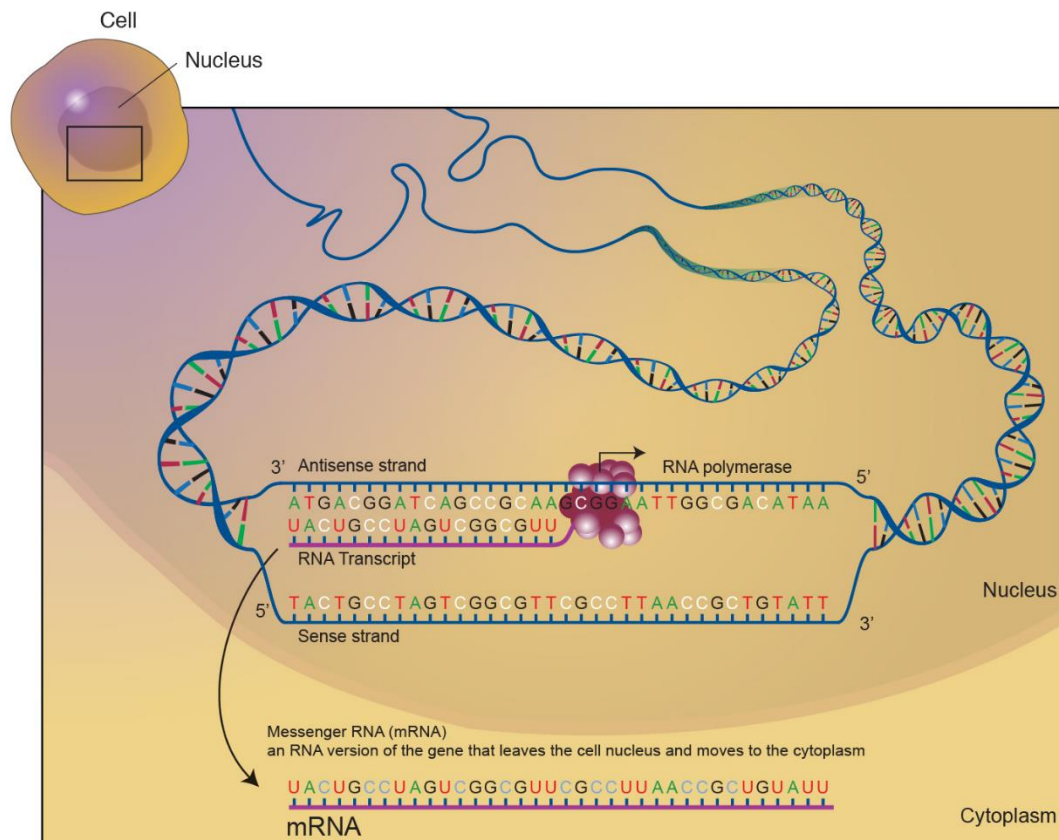


Figure 20
mRNA

(Box: THE GENETIC CODE)

In RNA there are four types of nitrogenous bases (A, U, G and C) that can give rise to 64 possible combinations of triplet codons. Among these 3 serve as stop codons (nonsense codons) and 61 codons code for the 20 amino acids required for protein synthesis. These 61 codons are called sense codons. Due to the large number of sense codons, the genetic code is **degenerate** i.e. two or more codons can specify the same amino acid. The genetic code is **non-ambiguous** and **universal**. The most important feature of the genetic code is that it is **directional** and hence each RNA sequence between the start and stop codons can code only for a single protein molecule.

		second letter					
		U	C	A	G		
first letter	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA stop UAG stop	UGU } Cys UGC } UGA stop UGG Trp	U C A G	third letter
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G	
	A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G	
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G	

Figure 21

List Of Codons And The Respective Amino Acids That They Code For

(Food for thought: Why does a codon have three bases and not two or one? Use a little mathematics to get to the answer)

1. Ribosomal RNA (rRNA)

rRNA is a single-stranded structure that is variously folded upon itself due to intramolecular complementary base pairing. rRNAs are an essential component of ribosomes. rRNAs provide a binding site for mRNAs and ensure that the codons on the mRNA molecule are properly read.

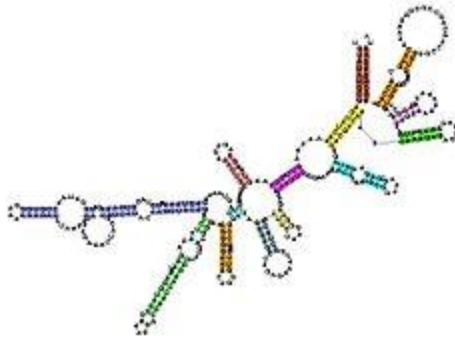
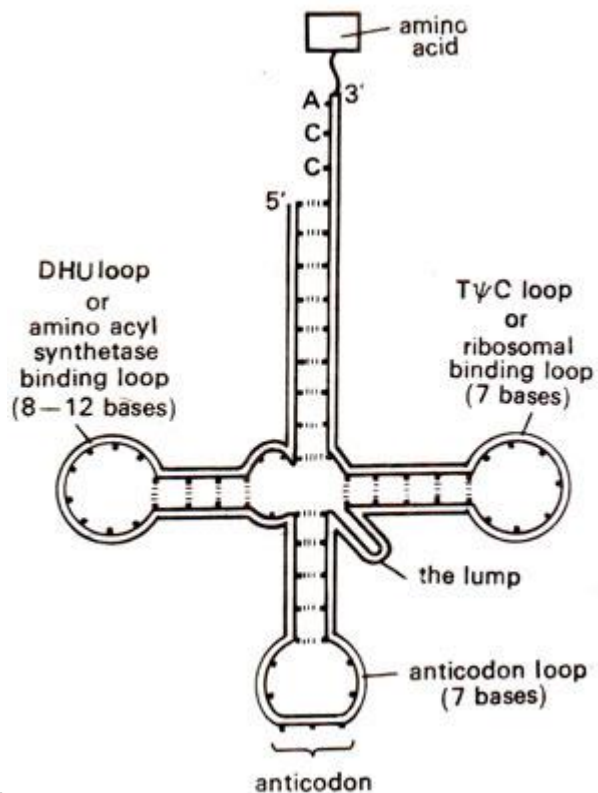


Figure 22
rRNA structure

1. Transfer RNA (tRNA)

The tRNA molecule is also single-stranded, and its structure is explained by two



models: the hairpin model and the cloverleaf model. Both models have two features in common - the anticodon loop which contains a triplet of nucleotides complementary to the codon present on mRNA and the 5'-CCA-3' end where the amino acid is attached to the tRNA molecule.

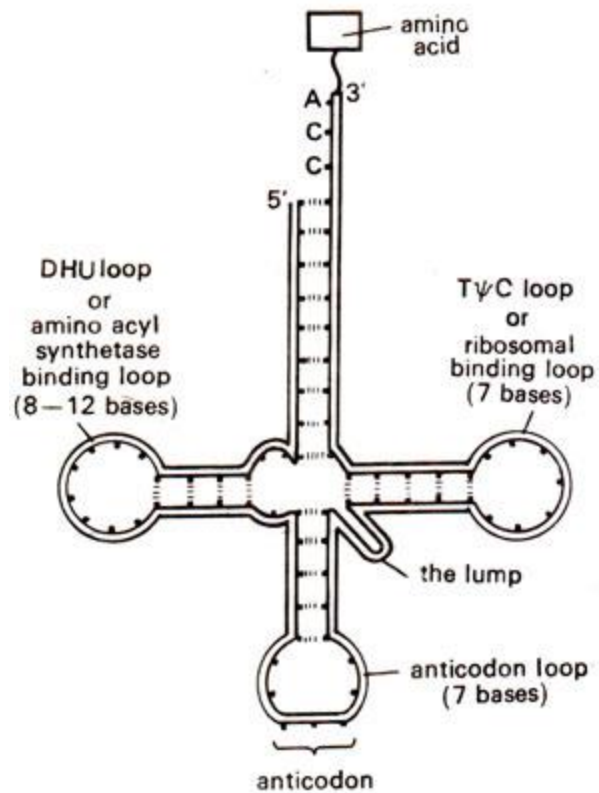


Figure 23

Cloverleaf model of tRNA

For the hairpin model, couldn't find a good one. We can crop this and use else just draw a simple illustration of the same.

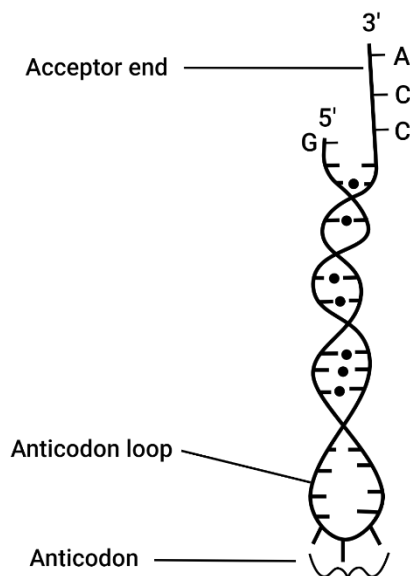


Figure 24

hairpin model

Just like DNA, RNA can also be represented as a string of the nucleotides A, U, G and C while mentioning the polarity of the strand. It is important to remember that RNAs are single-stranded molecules and will be represented in a linear fashion like ssDNA.

c. **Proteins**

Proteins are linear chains of amino acids linked to each other by peptide bonds i.e. each protein is a polymer of amino acids. Peptide bonds are formed when the carboxyl moiety ($-\text{COOH}$) of one amino acid reacts with the amino group ($-\text{NH}_2$) of the neighbouring amino acid to form a bond, releasing a molecule of H_2O in the process.

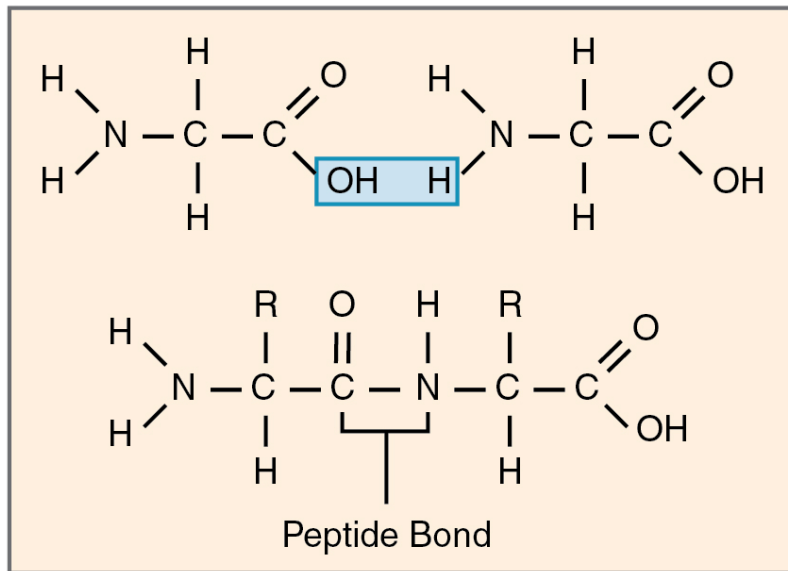


Figure 25

Peptide bond formation

Although proteins are a string of amino acids, they can fold to give rise to unimaginable complexity. The structure of proteins can be described at four levels:

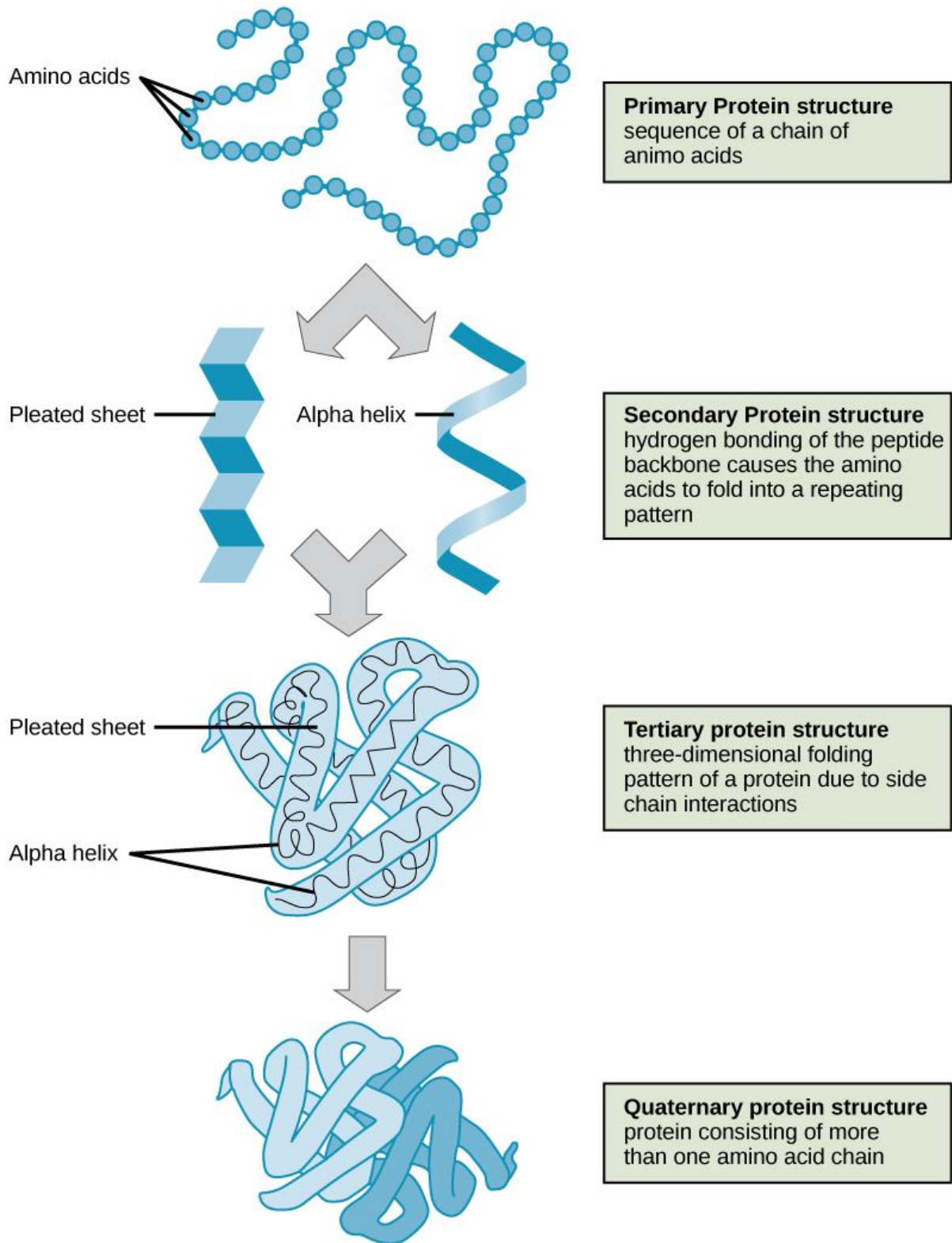


Figure 26
Protein Structures

1. Primary Structure

It is the sequence of amino acids present in a protein, i.e. the first amino acid, second amino acid, and so on. For example, AGLAMMKMGGMMLAKALKCMAGH is the sequence of amino acids (represented using their single-letter codes) and it determines the primary structure.

If you imagine a protein molecule to be a piece of string, then the left end is the first amino acid called the N-terminal or amino-terminal amino acid and the right end of the string is the last amino acid also called the C-terminal or the carboxyl-terminal amino acid.

(Box: Fun fact: If a protein molecule is 10 amino acids long, there are 10.2 trillion possible amino acid sequences.)

1. Secondary Structure

Just like a string, the protein molecule can also be folded in the form of a helix (called α -helix) that resembles a spring, or β -sheets which look like the pleats in a frock. These structures are held together by hydrogen bonds which can be considered as supporting pillars that provide rigidity. Note that an entire protein cannot fold into helices and sheets; only parts of it can.

(Box: A hydrogen bond is formed due to the attractive interaction between an electron-loving element such as Oxygen, Fluorine or Nitrogen and Hydrogen. It is weaker than ionic or covalent bonds but stronger than Van der Waal's forces.)

1. Tertiary Structure

If this string containing these secondary structures and the unfolded regions of the protein fold further, then it gives rise to a tertiary structure. These complex structures are stabilized by electrostatic and hydrophobic interactions between amino acids, disulfide bridges, hydrogen bonds and dipole-dipole interactions. Tertiary structures are **ABSOLUTELY NECESSARY** for a protein to carry out its functions.

1. Quaternary Structure

If two folded protein molecules, or polypeptides to be more specific, come together to create a larger structure, then it is called a quaternary structure. Each protein molecule in a quaternary structure is called a subunit. Haemoglobin, the oxygen-carrying protein in the blood, has four subunits.

Synthetic biologists frequently deal with proteins that catalyze reactions within the cell. These proteins are called **enzymes**. Enzymes are proteins that act as biological catalysts. They act upon molecules called **substrates** and give rise to molecules called **products**. A general enzyme-substrate reaction can be shown as follows:



(E = Enzyme; S = Substrate; ES = Enzyme-Substrate Complex and P = Product)

Central Dogma of Molecular Biology

This chapter discussed all about DNA, RNA and proteins that comprise all living organisms. However, how DNA gives rise to protein was not very well understood in the early days.

The Central Dogma of molecular biology was proposed by Crick. It states that “DNA determines the sequence of amino acids in a polypeptide chain through mRNA”. Basically, the central dogma explains the flow of genetic information from DNA to Protein. The process of production of RNA from DNA is called **transcription** and the process of synthesis of protein from RNA is called **translation**.

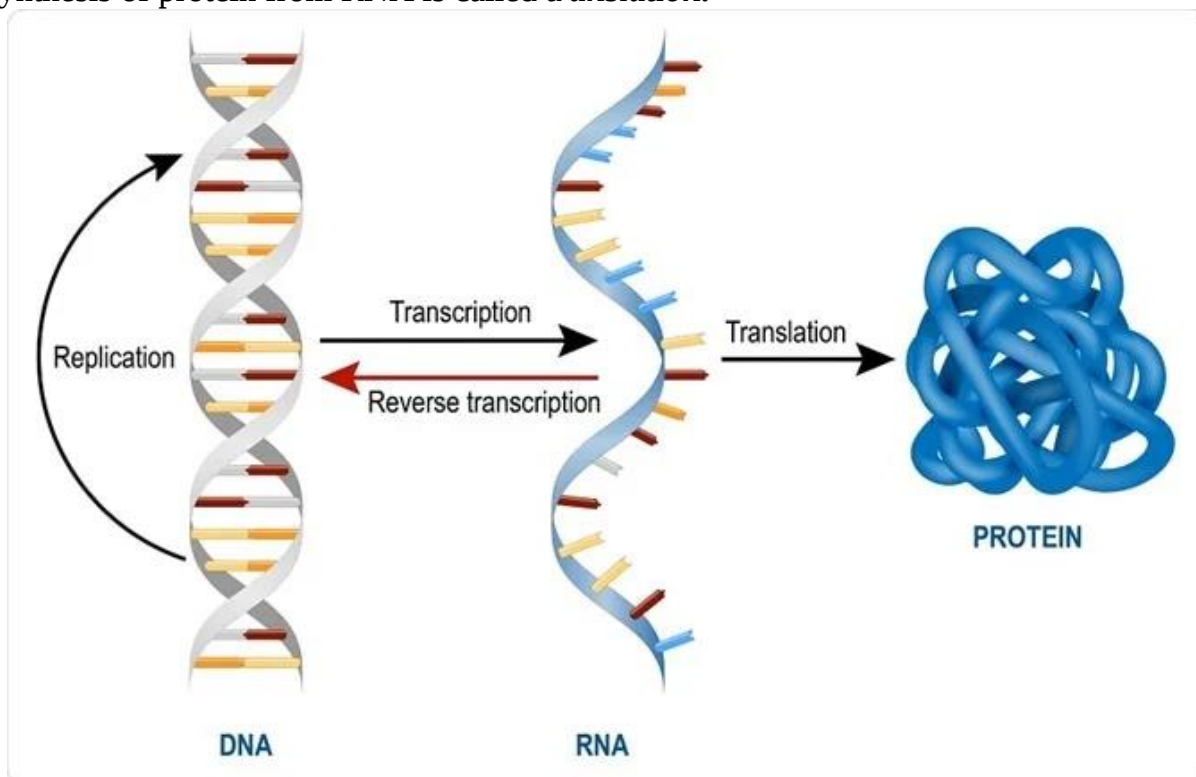


Figure 27
Central dogma of molecular biology

This chapter discussed the three basic molecules of life DNA, RNA and Proteins which are the centre of interest for most synthetic biologists. In the next chapter, we will take a look at the functional units of DNA called genes and try to understand how synthetic biologists use genes to engineer organisms with desired traits/functions.

Summary

Nucleic acids are long polymers of nucleotides. DNA generally helps in storing genetic information, while RNA mostly helps in the transfer of genetic information. Though DNA and RNA can serve the purpose of storing genetic information, DNA being more chemically and structurally stable is more preferred. mRNA carries information for protein synthesis. rRNA are single-stranded structures that provide the binding sites for mRNA. tRNA helps in decoding the mRNA. Proteins are linear chains of amino acids linked to each other by peptide bonds. Tertiary structures are necessary for proteins to carry out their function. Enzymes are proteins that act as biological catalysts. The central dogma of

molecular biology is “DNA determines the sequence of amino acids in a polypeptide chain through mRNA”. Transcription is the process of production of RNA from DNA. Translation is the process of synthesis of protein from RNA.

References

1. [Hershey and Chase experiment](#)
2. [Central Dogma of Molecular Biology](#)
3. Biology - Class XII; MSBSHSE

Chapter 4: Genes, Gene Expression and Recombinant DNA Technology

All living organisms are characterised by the remarkable ability to reproduce and transmit characteristics from one generation to another. This is made possible by the most fundamental molecule that every living organism contains - DNA, the genetic material for a majority of the organisms. However, not all the DNA present in an organism can be transcribed and translated into RNA and proteins respectively as dictated by the central dogma and only specific segments of DNA can do so.

DNA is organized into functional units of inheritance called **genes**. A gene is a segment of DNA that contains the instructions for (codes for) the synthesis of a specific protein (via an mRNA molecule) or a particular type of RNA molecule such as rRNA or tRNA molecule. Genes can range in length from a few hundred base pairs to thousands of base pairs. The process of synthesizing an RNA or protein molecule from the DNA template is called **gene expression**. In other words, the process of transcribing and translating a DNA sequence into an RNA or protein molecule respectively is called gene expression.

Gene expression can be regulated at various levels:

- a. Transcriptional: The synthesis of RNA from a particular gene can be regulated by the surrounding DNA sequences
- b. Post-transcriptional: The RNA can be modified by enzymes in the nucleus or cytoplasm
- c. Post-translational: The protein molecule synthesized from a particular gene can be modified by cellular enzymes. These modifications might enhance or attenuate protein function, or cause protein degradation.

Understanding the concepts of genes and gene regulation is fundamental to engineering organisms. The technique of manipulating the genome of a cell or organism to obtain a desirable trait is called Recombinant DNA (rDNA) Technology. What's the difference then between rDNA Technology and Synthetic Biology? Synthetic Biology also has a greater goal - the creation of a repository of standard biological parts which is beyond the scope of rDNA Technology.

Upon careful thought, one would realize that it is not feasible to modify an organism's genome every time we want to engineer any trait into the same. For example, the most commonly used bacterium *Escherichia coli* (*E. coli*) has a genome size of 4.6 million base

pairs and has about 4,000 genes. So how is it that it is so easy to engineer organisms in 2021?

Plasmids - to the rescue

One indispensable component required for engineering an organism is an easily editable piece of DNA that can be modified in the lab and easily inserted into the organism of interest. This piece of DNA is called a **plasmid**.

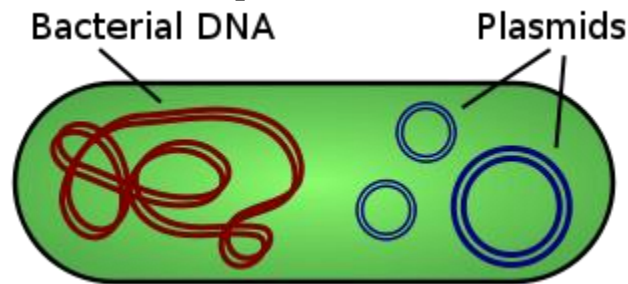
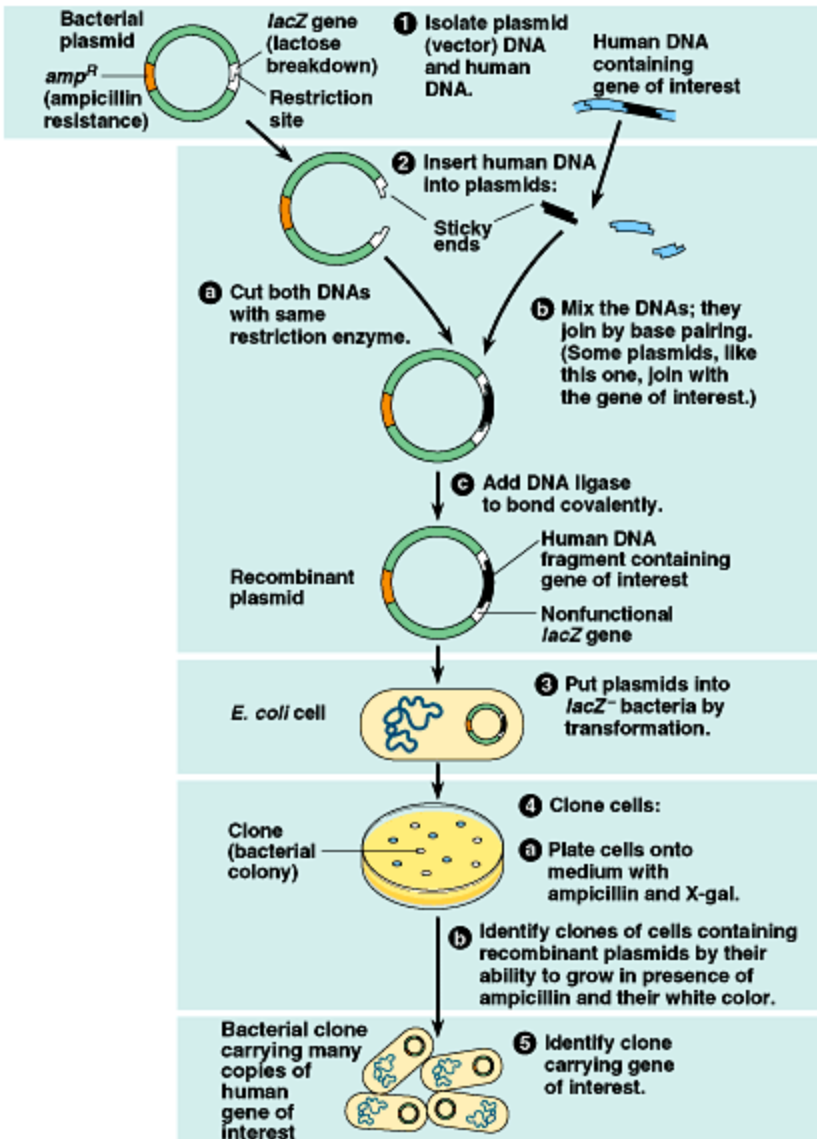


Figure 28
Bacterial Plasmid

Plasmids are extrachromosomal (present outside the genome), circular, double-stranded DNA molecules that are usually present in bacteria, fungi and some eukaryotic cells in addition to the cell's genome. They can replicate independently of the cell's genome and usually give the cell an advantage such as antibiotic resistance. The genes present on a plasmid behave just like those present in the genome. These genes can be transcribed and translated to give rise to RNA and protein molecules respectively. Scientists have been able to isolate and synthesize a repository of plasmids that can be used for various synthetic biology applications.

Plasmids are the principal components that simplify reprogramming an organism, be it bacteria, fungi or plants. We will now outline the steps for actually modifying an organism and in further chapters go into the details of the techniques used.

1. Isolate the genomic DNA from the 'donor' organism. The donor can be a plant, animal, bacteria or fungus
 2. Chop the genomic DNA into small pieces using enzymes. (Note: these enzymes are called restriction endonucleases and will be discussed in later chapters)
 3. Identify the gene fragment which contains the gene of interest (eg. Insulin)
 4. Insert the fragment containing the gene of interest into the plasmid or **cloning vector**. This plasmid is now known as a recombinant vector.
 5. Insert the recombinant vector into a competent host cell
(**BOX: A competent host cell is an organism that can take up a recombinant vector**)
1. Culture these cells to obtain multiple copies of or **clones** of the desired fragment of DNA
 1. Isolate the clones and "transform" a suitable host cell so as to express the desired gene.



Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

Figure 29

[Online Biology Notes Gene cloning-Steps involved in gene cloning - Online Biology Notes](#)

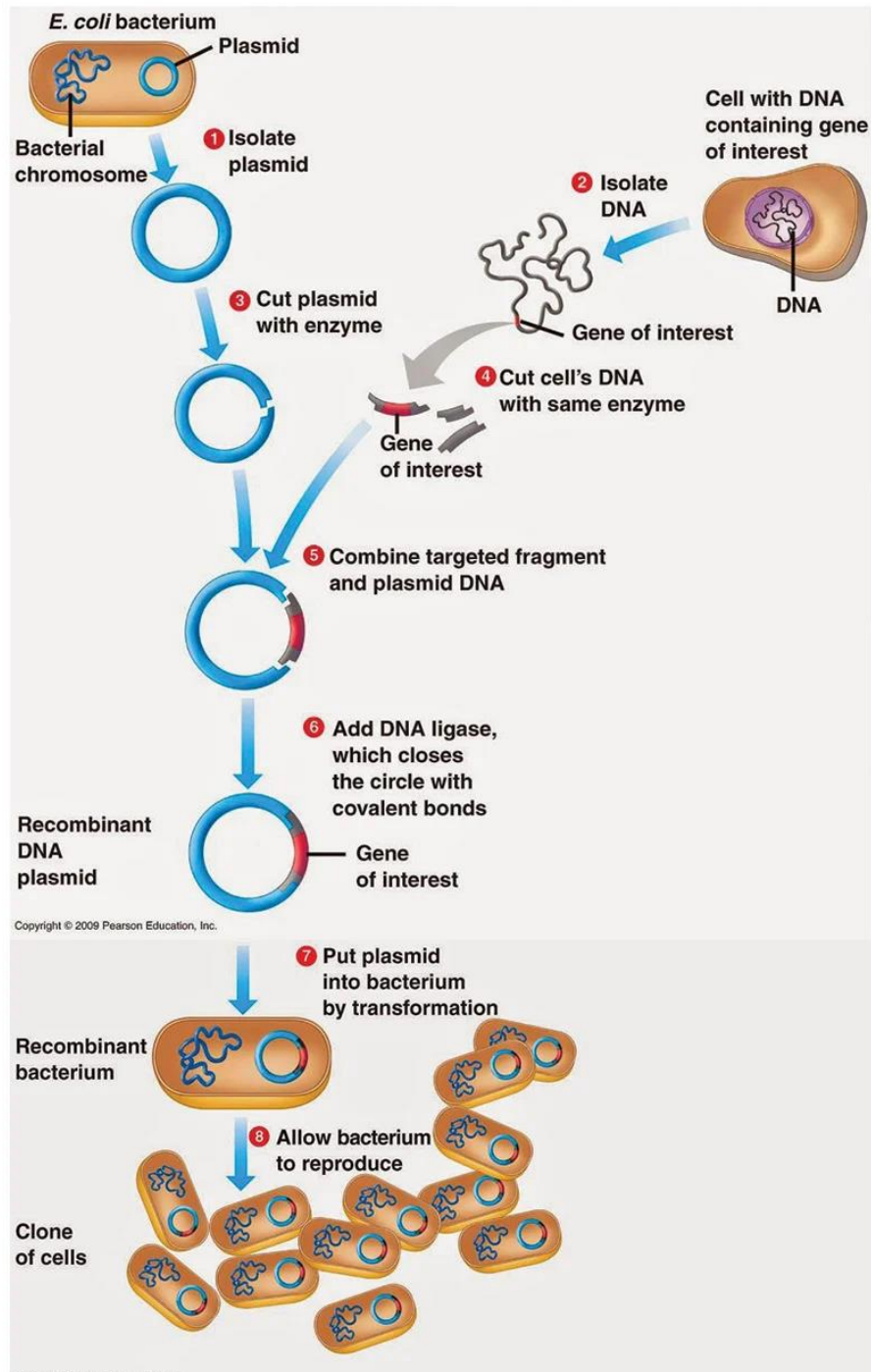


Figure 30
Gene Cloning Steps.

Summary:-

- DNA is organized into functional units of inheritance called **genes**. A gene is a segment of DNA that contains the instructions for (codes for) the synthesis of a specific protein (via an mRNA molecule) or a particular type of RNA molecules such as rRNA or tRNA molecule.

- Transcribing and translating a DNA sequence into an RNA or protein molecule respectively is called gene expression.
- Plasmids are extrachromosomal (present outside the genome), circular, double-stranded DNA molecules that are usually present in bacteria, fungi and some eukaryotic cells in addition to the cell's genome. They can replicate independently of the cell's genome and usually give the cell an advantage such as antibiotic resistance.

References

1. [Plasmid](#)
2. [Recombinant DNA Technology](#)
3. [More on Plasmids and Recombinant DNA Technology](#)

Chapter 5: Techniques in Synthetic Biology

Over the years, several synthetic biology techniques have been introduced and developed to facilitate the concise and convenient execution of experiments. In this chapter, we will be discussing three important lab techniques which are crucial for most Synthetic Biology experiments.

1. Gel electrophoresis:

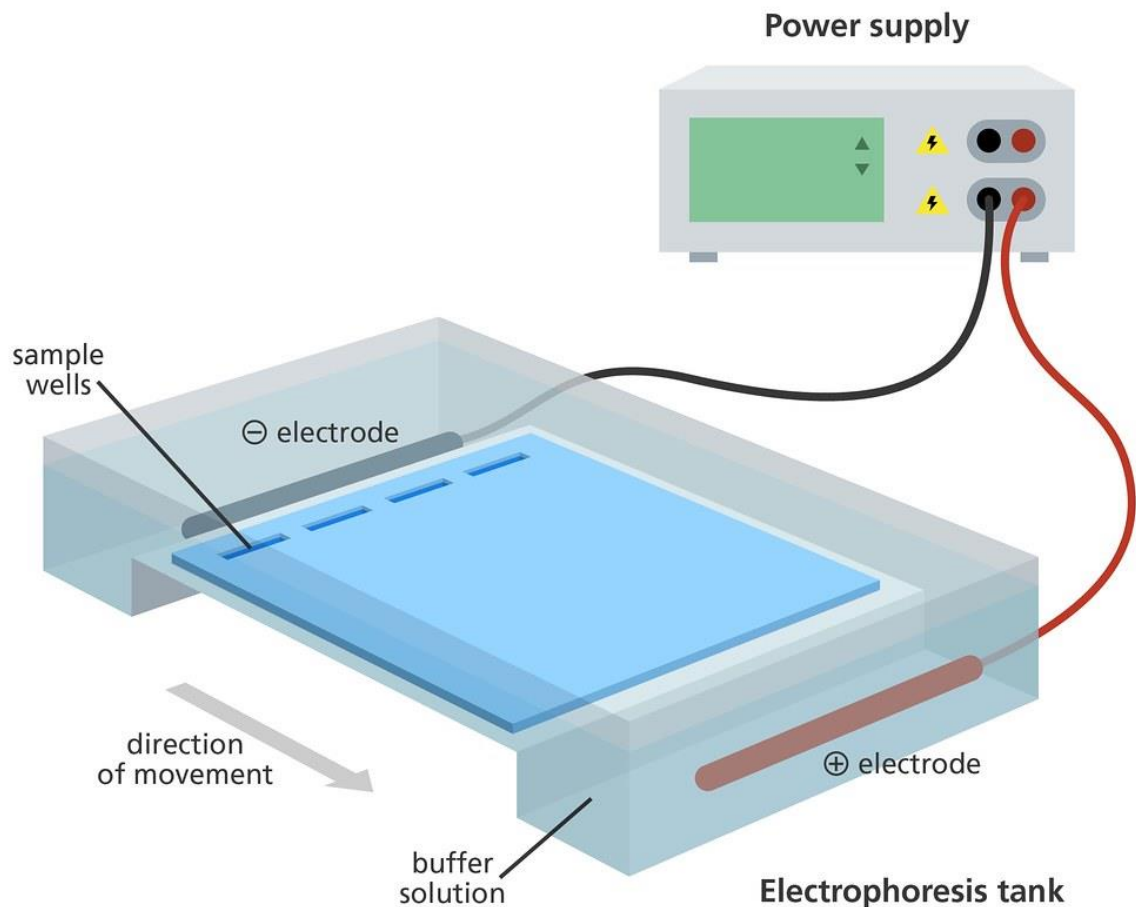


Figure 31
[Gel Electrophoresis Setup](#)

There will be times in the experimental protocols where you would feel the need to check whether your previous step worked or not- be it PCR (Polymerase Chain Reaction) where you amplify the desired target DNA fragment or DNA cloning (we'll be dealing with this next) where you try to paste the desired gene fragment into a plasmid vector (imagine a vehicle for transporting DNA to the desired location).

Worry not- Gel electrophoresis will help you. 'Electro' implies electricity which is used for 'Phoresis' which means movement or migration in Greek, and all this takes place in Gel. Hence the name- gel electrophoresis. Gel electrophoresis is a very common lab technique wherein you make the DNA fragments run on a gel (Jello-like substance made up of a polysaccharide called Agarose which is derived from a certain red seaweed) full of minute pores by applying an electrical field. The agarose gel is made by adding solid agarose powder to an electrophoresis buffer. Usually, Tris Acetic Acid EDTA (TAE) buffer is used.

As we know, DNA is negatively charged because of those phosphate groups present on them. Each phosphate group contains one negative charge. Hence, as the mass of the DNA fragment increases, its negative charge increases at the same rate accordingly. This makes

the charge to mass ratio of the various query DNA fragments constant and hence, they are separated purely on the basis of their size alone. The lighter DNA fragments would move faster in the gel because of less hindrance from the pores present in the gel. Correspondingly, the heavier DNA fragments are obstructed to a greater degree than the lighter DNA fragments and thus move slower competitively. This forms the crux of the fundamental idea of gel electrophoresis.

A rough outline of the above steps would look something like this:

1. Prepare the gel box by connecting positive and negative electrodes to two sides of a box and filling it with a conductive buffer (water with some specific salts which makes it resistant to any pH change) to a level where it barely covers the gel.
2. Place those DNA fragments into wells- which are pocket like indentations on the positive electrode side of the gel box (These wells are formed by placing a comb in the yet to be formed gel solution.)
3. Load DNA samples into wells.
4. After loading, add a tracking dye (Orange G or Bromophenol Blue) to track the location of the DNA fragments while running on the gel. A solution of glucose or sucrose is also added as a component of the tracking dye to increase the density of the sample and thus facilitate loading.
5. Turn on the power for activating electrodes.
6. After DNA migration, stain the DNA with a DNA-binding gel. Under Ultraviolet (UV) light, the DNA samples would glow as separate bands thus allowing us to see the DNA present at different locations along the length of the gel.

A lot of factors can be explored here- like the shape or orientation of the molecule that can affect their migration through the gel. For example-plasmids can move faster than they should for their size in the gel because they can take on a supercoiled state which is a skinny shape thus helping it quicker through the pores present in the gel.

Box: While loading the sample DNA, one well in the gel is reserved for a DNA ladder. DNA ladder is a standard reference that contains fragments of DNA which are of known lengths. This makes it easier for comparison of the sample DNA on a relative basis. The size of the sample DNA can be gauged based on its location relative to the DNA ladder fragments. |

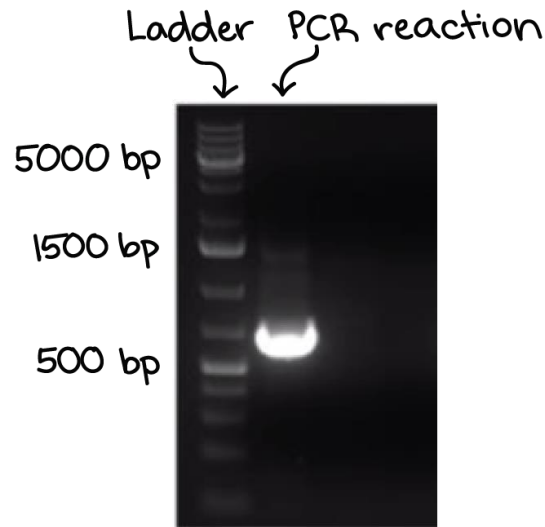


Figure 32
[DNA ladder](#)

2) PCR (Polymerase Chain Reaction):

Whether you're a forensic pathologist trying to amplify suspected DNA fragments from an extremely tiny sample or you're conducting an RT-PCR test for a suspected SARS-CoV 2 patient; you would always have to know the basic nitty-gritty of Polymerase Chain Reaction inside-out. Used widely in fields like forensics, genetic testing, molecular biology, medical diagnostics and ecology, the fundamental aim of PCR is to create copies of a desired region of the query DNA or RNA(in RT-PCR) invitro(i.e in the lab rather than inside the organism)- billions of them in just a couple of hours!

You would need a PCR machine, DNA primers specific to the region you mean to amplify and a thermostable DNA polymerase(for extending the DNA fragment after the primer binds to the target region). Through repeated cycles of fluctuating temperatures, the target DNA region gets amplified exponentially reaching millions or billions amounting to up to micrograms of DNA from a minuscule sample size. The final goal is to have such a large sample size ready at hand that any further analysis like genetic marker analysis or experimentation like sequencing followed by gel electrophoresis and cloning can be carried out comfortably.

Now let's discuss a brief overview of the overall process. PCR consists of three broad steps: Denaturation, primer annealing and primer extension.

- **Denaturation:** DNA strands are denatured, i.e. separated from one another by applying a high temperature of around 96°C. This provides a single-stranded DNA template for the next step.
- **Primer annealing:** The complementary DNA primers bind to the target DNA region. This step is carried out at 55-65°C. Two kinds of primers bind to the 3' end of the template strand- forward primer and reverse primer.

- **Primer extension:** A thermostable DNA polymerase (usually Taq polymerase derived from a heat-tolerant bacterium living in hot springs and hydrothermal vents: *Thermus aquaticus*) extends the annealed DNA primer. This step is carried out at 72°C. Taq polymerase is most active at 70°C.

The following figure gives an overview of the entire process:

Polymerase chain reaction - PCR

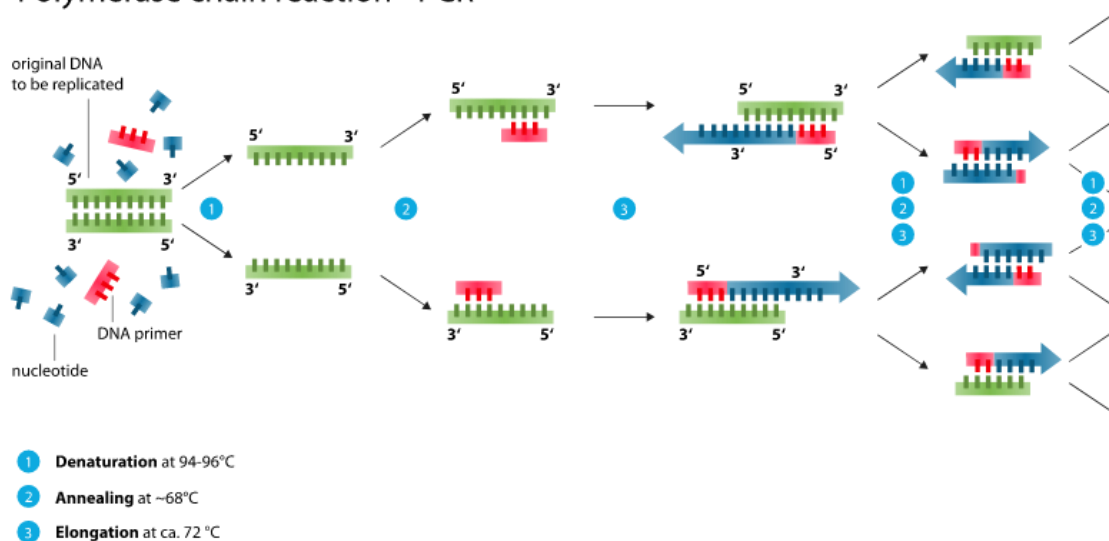


Figure 33

Polymerase Chain Reaction (PCR)

There are several different types of PCR: Hotstart, Gradient, Touchdown, Nested, Colony, Fusion, Reverse-Transcriptase (RT-PCR) etc. In RT-PCR, a reverse transcriptase is used first to convert RNA into DNA, then PCR amplified. Each one has its own pros and cons and can be selected according to the experimental conditions and requirements.

3) Blotting:

Blotting is basically when you transfer molecules from one membrane to another. Blotting techniques are used to detect a particular desired fragment from a mixture of different fragments of the same type.

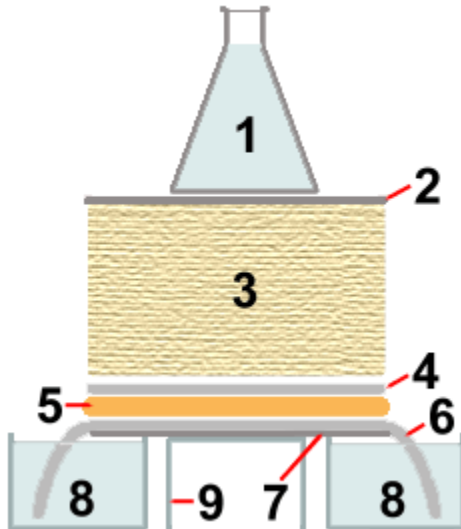
For example, Southern blotting is used to isolate a single DNA fragment from a mixture of DNA fragments, Northern blotting is used to isolate a particular RNA fragment from a mixture of RNA fragments whereas western blotting is for isolating a particular protein molecule from a mixture of protein molecules. The principle of Northern and Southern Blotting is very similar.

We'll be discussing Northern blotting here.

Northern blotting has 6 broad steps:

1. RNA isolation.

2. Separation of RNA molecules using gel electrophoresis. The specific type of gel electrophoresis used to separate RNA molecules is formaldehyde agarose gel electrophoresis.
3. Blotting (Transferring RNA molecules from agarose gel to nitrocellulose membrane.) The setup looks like a giant burger as shown below:



Legend:

- 1- A weight of about 0.5 kg
- 2- A plate, made of glass, PVC or similar.
- 3- A stack of dry paper towels
- 4- A sheet of pre-wetted nylon blotting membrane with a double layer of pre-wetted gel blotting paper put on top
- 5- The gel
- 6- The wick: a double layer of pre-wetted gel blotting paper
- 7- A plate similar to 2
- 8- Two open containers filled with 0.4M NaOH
- 9- A supporting empty container, upside down.

Figure 34
Blotting Setup

1. Probing (Labelling with radioactive or fluorescent tags attached to cDNA-complementary DNA probes)
 1. Washing of excess probes.
 1. Visualization (By using Autoradiography- x-ray film produced by tracing the pattern of decay emissions from the distribution of a particular radioactive substance.)
- The entire process can be visualized with the help of the following figure:

Northern blot

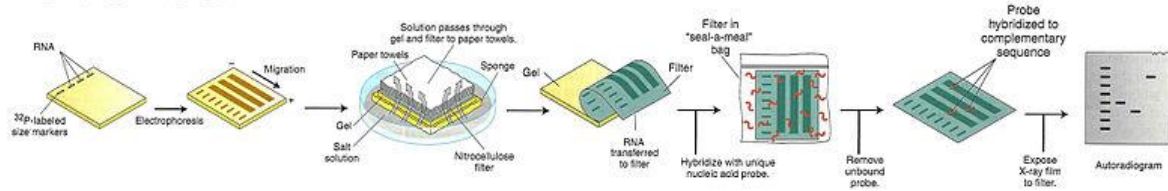


Figure 35
Northern Blotting

Box:

Southern Blotting was named after its creator- Edward M. Southern at Edinburgh University in 1975. Two years later, a biologist with a sense of humour- J.C. Alwine discovered a method to identify a particular RNA fragment within a complex mixture of RNA molecules using a radiolabeled DNA probe. And guess what he named it as an allusion to Southern Blotting. Yes, he named it Northern Blotting! And from here started the tradition of naming further specific isolation methods- some based as allusions to previous methods and some referring to the geographical locations of the places where the technique was discovered- as Western (for specific protein isolation- named by W.Neal Burnette), South-western (for specific DNA binding proteins' isolation- named by Bowen) and Far-eastern (for lipid analysis) Blotting.

Here are some interesting questions. Feel free to give them a go.

1. What is the typical voltage used for carrying out gel electrophoresis?

Answer: 80-120 V

1. Arrange the following from fastest to slowest:

- Open circular DNA or oc (DNA which has been nicked in one strand to release any superhelical turns present)
- Linear DNA
- Covalently closed circular DNA or ccc (Supercoiled)

Answer: c, b, a

1. In the annealing step, won't the separated DNA strands reanneal with each other rather than annealing with the DNA primers given that their complementarity would favour stronger bonding?

Answer: The DNA primers are taken in an excess concentration and so the probability of reannealing with the same strand after separation is very low.

1. At which temperature is Taq polymerase the most active?

Answer: Around 70°C.

1. Why is formaldehyde used in the gel electrophoresis step of Northern blotting?

Answer: RNA molecules are single-stranded but form self-loops. These loops are formed as a result of self-complementarity and for separating

different RNA molecules, they need to be denatured, i.e. in a single-stranded form. Formaldehyde helps break these self-complementarity bonds.

1. Why is nitrocellulose used as a popular matrix for protein blotting?

Answer: Because of its protein-binding efficiency, its ability to immobilize proteins, glycoproteins and nucleic acids and its compatibility with a variety of detection methods like chemiluminescence (the emission of light during a chemical reaction), chromogenicity (involving the production of colour or pigments) property and fluorescence.

Summary:-

- Gel electrophoresis: Here, the negatively charged (due to the phosphate group - PO_4^{3-}) DNA molecule migrates through an agarose gel having minute pores to give the sieving effect under an applied electric field (from cathode to anode).
 - The rate of flow of DNA fragments in the gel depends on the size and conformation of the DNA molecule because the sieving effect or drag provided by the agarose gel pores slow down the movement of the heavier or less compact DNA fragments.
- Polymerase Chain Reaction: In this, a DNA polymerase amplifies a DN fragment demarcated by the primers as the polymerase merely extends the primers till the time the denaturation step is repeated. Denaturation, annealing (of primer and template) and extension (of primers by polymerase) are the 3 steps in a single cycle of PCR. Denaturation, primer annealing and primer extension.
- Blotting is basically when you transfer molecules from one membrane to another. Blotting techniques are used to detect a particular desired fragment from a mixture of different fragments of the same type.

References:

1. [Gel Electrophoresis](#)
2. [More on Gel Electrophoresis](#)
3. [Polymerase Chain Reaction](#)
4. [More on Polymerase Chain Reaction](#)
5. [Blotting](#)
6. [More on Blotting](#)
7. [Box Reference](#)

Chapter 6- Genetic Circuits:

A genetic circuit is a collection of biological components that encode RNA or protein and allow individual cells to respond and interact with one another to accomplish logical operations. Utilizing biological synthetic systems, scientists expect to design functioning biological parts to produce biochemicals, biomaterials, and biofuels. Genetic circuits could be developed using synthetic biology technologies, allowing host organisms to work as sensors. Environmental contaminants are detected and broken down using biosensors and bioreactors.

A wide range of cellular regulating systems have been studied using genetic circuits (a synthetic biology form of metabolic engineering). Many cellular regulatory systems, including promoters, repressors, oscillators, and others, are known to be encoded as regulatory motifs on the DNA level. Intrinsic and external stimuli can influence gene activity, including transcriptional regulation and posttranscriptional pathways. It's one of the hottest issues in the field of manipulating metabolic pathways to produce more products of industrial interest. Several researchers have attempted to modify existing biosynthetic processes, while others have attempted to establish biological processes in model microbes. In most cases, the metabolic pathways were engineered or redesigned to increase the bacterial productive capacity.

Gene expression is the process through which information stored in our DNA is translated into instructions for protein synthesis or other elements. The process through which the instructions in our DNA are transformed into a useful molecule, such as a protein, is known as gene expression. Gene expression is a strictly controlled process that allows a cell to respond to changes in its surroundings. It serves as an on/off switch for controlling when proteins are created as well as a volume control for increasing or decreasing the amount of proteins produced. Transcription and translation are the two most important steps in the synthesis of a protein (Transcription is when DNA is converted to RNA, and translation is when RNA is converted to protein.)

Components of a typical genetic circuit are as follows:

1. **Promoter**- It is a DNA sequence that initiates the transcription of RNA from the downstream DNA sequence. Proteins or RNA can attach to it to regulate its expression.
2. **Ribosome Binding Site(RBS)**- An RNA sequence found in mRNA that ribosomes can attach to and activate translation.
3. **Gene of Interest**- It is a fragment of DNA that codes for the desired trait that the experimenter wants to express.
4. **Terminator**- A terminator is an RNA sequence that causes transcription to cease at the ending of a gene.

Feedback:

Positive and negative feedback loops, which operate as switches, oscillators, and excitable devices, are significant genetic elements in gene regulatory networks. Genetic circuits will undoubtedly operate as more precise regulation modulators in the future, as a combination of varied feedback loops.

Figure 36

Positive and Negative Feedback loops

Summary:-

- Components of a typical genetic circuit are:-
 - Promoter - where the RNA polymerase binds and begins transcription
 - Ribosome Binding Site - the site where the ribosome binds and begins translation (from start codon)
 - Coding sequence - the sequence of DNA that actually gets expressed as amino acids of a protein
 - Terminator - the sequence which causes the RNA polymerase to stop transcribing
- Feedback refers to the looping back of the signal or the effect of the expression of a gene that causes its own regulation. Feedback can be positive - where gene expression reinforces further expression via downstream effects, or negative - where it is downregulated via downstream effects.

Chapter 7: BioBricks™ and Gene Expression Cassettes

Recall from the first chapter that the objective of Synthetic Biology is to create a repository of standard 'biological parts'. Each part in this repository is called a BioBrick™. A BioBrick™ is an artificial elementary DNA sequence that codes for RNA or Protein and can be readily assembled to produce more complex biological systems.

BioBricks™ are Modular DNA Sequences that can be Easily Assembled like Lego®

To better understand BioBricks™, think of them as Lego® blocks. Each block has standard-sized protrusions on its surface and grooves below, allowing any two blocks to be put together with relative ease. Similarly, each BioBrick™ is constructed such that two compatible parts (with the same protrusions and grooves) can be readily assembled. This compatibility is governed by the **assembly standards**. Each BioBrick™ can conform to multiple assembly standards and two parts that conform to the same standard(s) can be assembled readily.

What is the advantage of having BioBricks™?

Suppose that you want to create a bacteria that produces the smell of apples. To achieve this, you assemble BioBricks A to D as shown below and BioBrick C produces a protein that gives you the smell of apples.

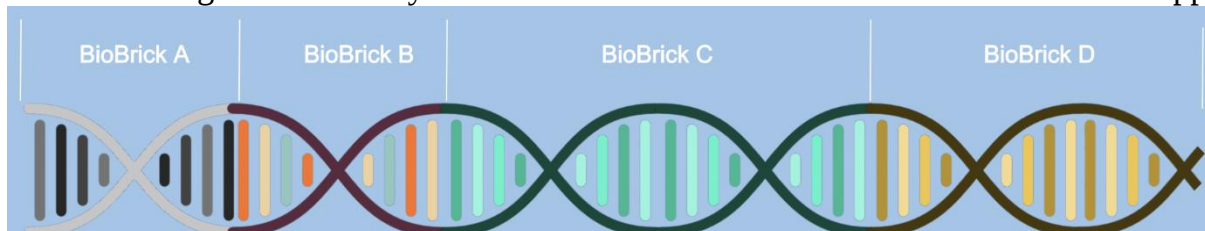


Figure 37

General Biobricks Assembly

Now if you decide that you don't like this smell and want the bacteria to produce the smell of lemons. Then what you simply have to do is replace BioBrick C with BioBrick E that produces the protein to give you a lemon smell. Here, it is important to note that for BioBrick C or E to function, BioBricks A, B and D are essential.

Let's breakdown the function of each of the five BioBricks that we discussed:

1. BioBrick A: **Promoter** - Recruits the transcription machinery (recall from Chapter 3 that transcription is the process of synthesizing RNA from DNA)
2. BioBrick B: **Ribosome Binding Site (RBS)** - Site on the synthesized mRNA where the ribosome binds
3. BioBrick C or E: **Coding Sequence** - Encodes amino acid sequence of the protein
4. BioBrick D: **Terminator** - Causes transcription to stop

The assembly of BioBricks A, B, C and D or A, B, E and D is called a ***gene expression cassette***.

It is not always practical to show a gene expression cassette as pieces of DNA. Therefore, Synthetic Biologists have agreed upon standard symbols to show various parts of a gene expression cassette. These symbols are dictated by the ***Synthetic Biology Open Language***. The figure below shows the commonly used symbols for various parts of an expression cassette.

Sequence Feature Glyphs

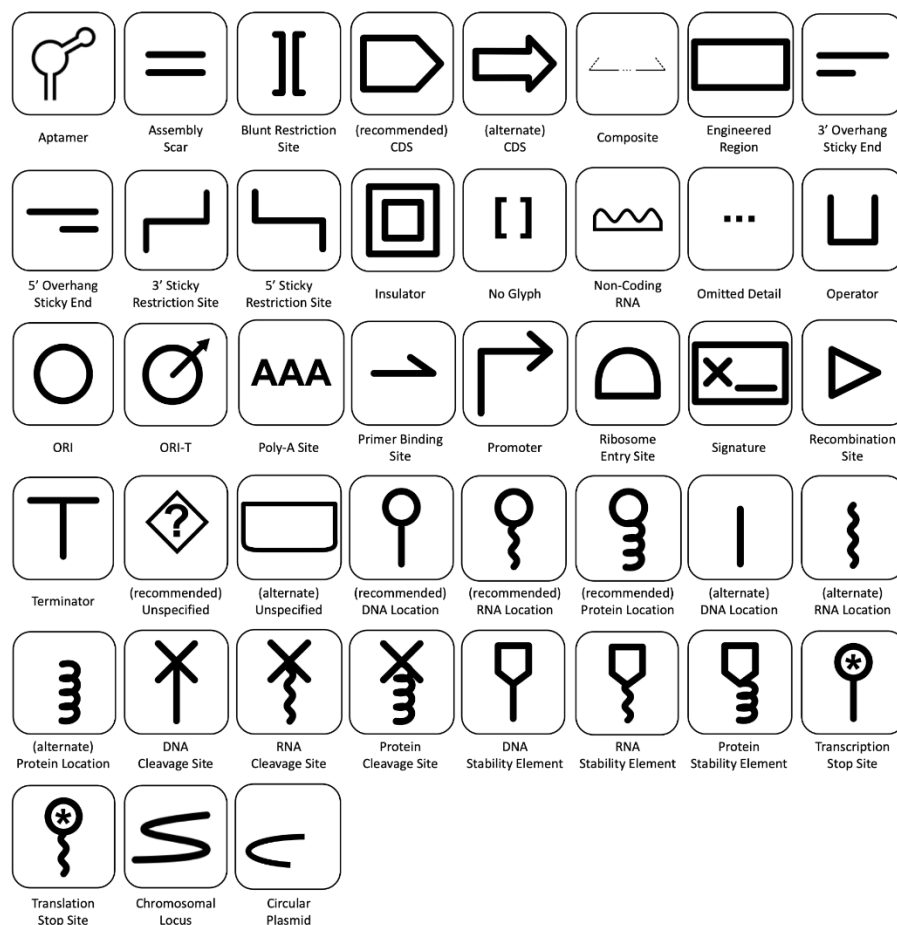


Figure 38

Commonly Used Symbols in an Expression Cassette

So, the assembly of biobricks that we had shown to you earlier would now look something like this:

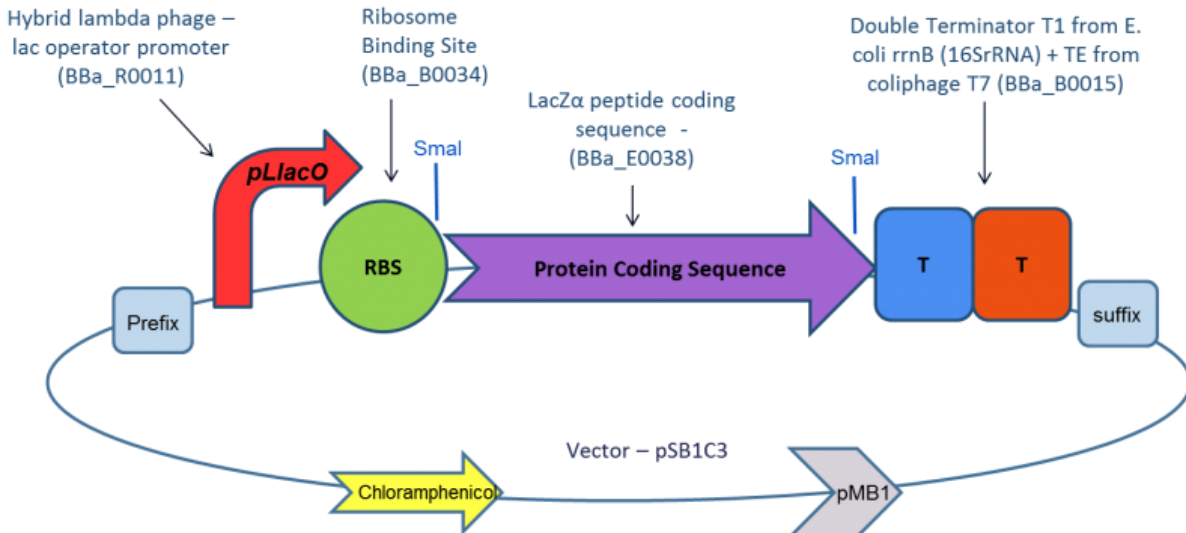


Figure 39

Example Of A Gene Expression Cassette

(BOX: It is important to remember that the Promoter and RBS should be present at the left end of the CDS and the Terminator should always be present after the head of the CDS. Any change in the order shown in the figure will not give you the desired result)

In addition, the use of BioBricks also:

1. Speeds up the designing process
2. Reduces the chances of error during assembly
3. Enables sharing data in the synthetic biology community

The RFC10 Assembly Standard

The most widely used assembly standard is the *Assembly Standard 10 (RFC10)* and was developed by Tom Knight. The RFC10 standard involves the use of restriction enzymes which were discussed in detail in the previous chapter. Each BioBrick™ part is a DNA sequence carried by a plasmid which acts as a transport system to carry the part. Each DNA sequence is flanked by defined restriction sites or cutting sites at the 5' and 3' ends and are known as prefixes and suffixes respectively. It is important to note that the prefixes, suffixes and the plasmid are not a part of the BioBrick™ and are only required for the assembly of multiple parts. For the RFC10 standard, the prefixes are EcoRI (E) and XbaI (X) and the suffixes are SpeI (S) and PstI (P). To facilitate the assembly process, it is crucial to ensure that either of the E, X, S and P restriction sites are not present in the BioBrick™ DNA sequence itself.

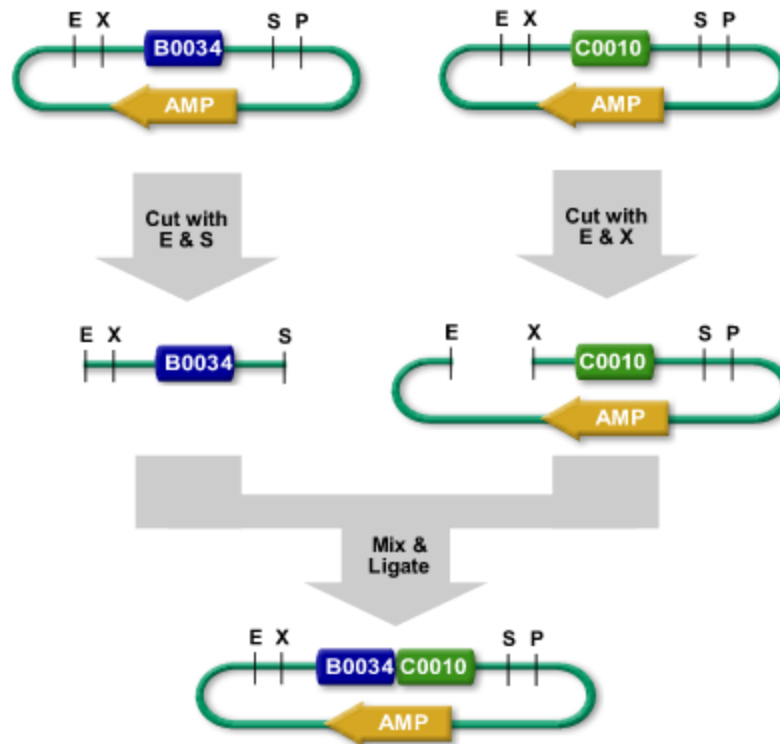


Figure 40

Standard Assembly

The X and S sites are isocaudomers, i.e. the one DNA fragment cut with XbaI and the other with SpeI have the same overhangs and can be ligated (stuck together) to give rise to a single DNA fragment. This results in the formation of a 6 base pairs long scar site that cannot be cut with any other restriction enzyme.

Suppose you have an RFC10-compatible composite part that contains an RBS, a coding sequence and a terminator and you want to ligate a promoter to it to create a gene expression cassette. Then you would digest the promoter part with EcoRI and SpeI and the composite part with EcoRI and XbaI. The EcoRI sites are complementary and can be ligated to each other. The XbaI and SpeI sites, as mentioned earlier, are also complementary and can be ligated to each other. So, effectively, you would have added the promoter part to the composite part before the RBS creating a functional gene expression cassette.

3A (3 Antibiotic) Assembly Method

This assembly method involves two parts and a third vector called the destination plasmid. The destination plasmid contains a toxic gene that can kill the bacteria upon transformation and also has a different antibiotic resistance gene.

For example, if the BioBrick™ parts contain ampicillin and tetracycline resistance genes then the destination vector can contain any other antibiotic resistance gene (e.g. kanamycin

resistance). All three plasmids are digested with the appropriate combination of restriction enzymes and then allowed to ligate. Only the correctly assembled part will produce a viable composite part contained in the destination plasmid allowing easy selection of the transformed bacteria.

Summary:-

- A BioBrick™ is a man-made elementary DNA sequence that codes for RNA or protein and can be readily assembled to produce more complex biological systems.
- Assembly methods:-
 - The most widely used assembly standard is **Assembly Standard 10 (RFC10)**. Each DNA sequence is flanked by defined restriction sites or cutting sites at the 5' and 3' ends and are known as prefixes and suffixes respectively. It is important to note that the prefixes, suffixes and the plasmid are not a part of the BioBrick™ and are only required to assemble multiple parts. The prefixes and suffixes need to be compatible for the different parts to be ligated for successful assembly.
 - **3A (3 Antibiotic) Assembly Method:** This assembly method involves two parts and the destination plasmid's third vector. The destination plasmid contains a toxic gene that can kill the bacteria upon transformation and has a different antibiotic resistance gene. Here again, the prefixes and suffixes of different fragments must be compatible and the destination plasmid will get linearized upon successful ligation which will help in the survival of the transformed bacteria upon screening.

References:

1. [BioBrick](#)
2. [3A Assembly](#)

Chapter 8: Mathematical Modelling:-

Synthetic biology is an engineering discipline that builds on our mechanistic understanding of molecular biology to program microbes to carry out new functions. Such predictable manipulation of a cell requires modelling and experimental techniques to work together. The modelling component of synthetic biology allows one to design biological circuits and analyze their expected behaviour.

Modelling can provide a mechanistic understanding of a given system. Models that can predict the behaviour of a system correctly, allowing engineers to program new cellular behaviour without having to perform large numbers of trial-and-error experiments.

When building models of metabolic networks, signalling pathways, or gene regulatory networks, one of the most common assumptions is that the molecular species are uniformly distributed inside the cell; this assumption allows one to eliminate diffusion rates from the model altogether because there are no concentration gradients. It should be noted, however, that this assumption may become invalid in some situations. Models involving enzyme kinetics or transcriptional regulation often make additional assumptions that some of the chemical reactions are at equilibrium or steady-state. These assumptions can further

simplify the model without significantly affecting its ability to reproduce observed behaviour. When models fail to reproduce observed behaviours, some of the assumptions must be revisited.

Simple example:-

A classical example of a chemical reaction model is an enzyme-catalyzed reaction:-

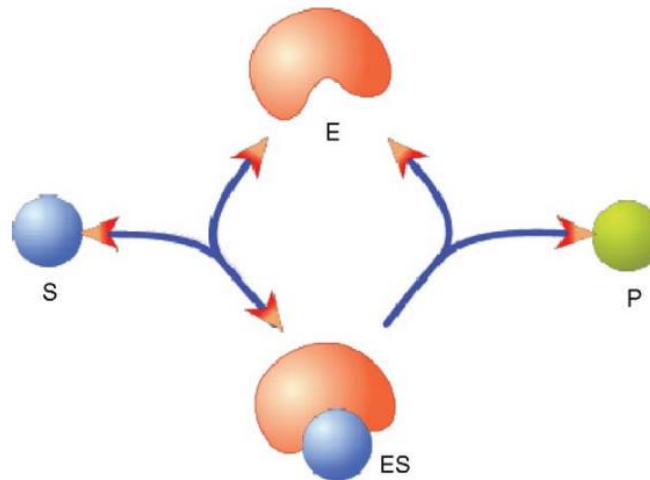


Figure 41

Suppose the system of interest has four species: the substrate (S), the enzyme (E), the product (P), and the enzyme-substrate complex (ES). There are three reactions in this system:-

Reaction	Reaction rate or velocity of reaction
$E + S \rightarrow ES$	$k_1*[E]*[S]$
$ES \rightarrow E + S$	$k_2*[ES]$
$ES \rightarrow E + P$	$k_3*[ES]$

Here, [E], [S], and [ES] are the concentrations of the respective species, and k_1 , k_2 , and k_3 are the rate constants of the respective reactions.

The deterministic chemical reaction model:-

Deterministic mathematical models do not include any random fluctuations. Differential equation models are one of the most common types of deterministic models.

- Differential equation model:-

Once the rate equations are formulated for each of the reactions, then a deterministic model can be constructed by defining the rate of change for each of the species in the following way:-

$$dX/dt = \text{production rate} - \text{consumption rate}$$

In the above formula, X represents a particular species in the system; the term 'production rate' represents the sum of the rates for all the reactions where X is produced; the term 'consumption rate' is the sum of the rates for all the reactions where X is degraded or consumed as a substrate.

For example, the differential equation for the species S would be as follows:-

$\frac{dS}{dt} = (k_2*[ES]) - (k_1*[E]*[S])$ where:-

$(k_2*[ES])$ is the production rate of S from the reaction $ES \rightarrow E + S$ and $(k_1*[E]*[S])$ is the consumption rate of S from the reaction $E + S \rightarrow ES$

The complete differential equation model would consist of four such differential equations, one for each of the four species.

Gene regulatory network (GRN) modelling:-

GRN models make use of the fact that transcription factor binding and unbinding are much faster than transcription and translation of genes. Owing to this difference in speed, one can assume that the transcription factor binding and unbinding reactions are always at equilibrium. Thus, the protein production rate becomes a function of the equilibrium concentrations of bound and unbound transcription factors.

As an example, consider a situation where a transcription factor regulates a single gene.

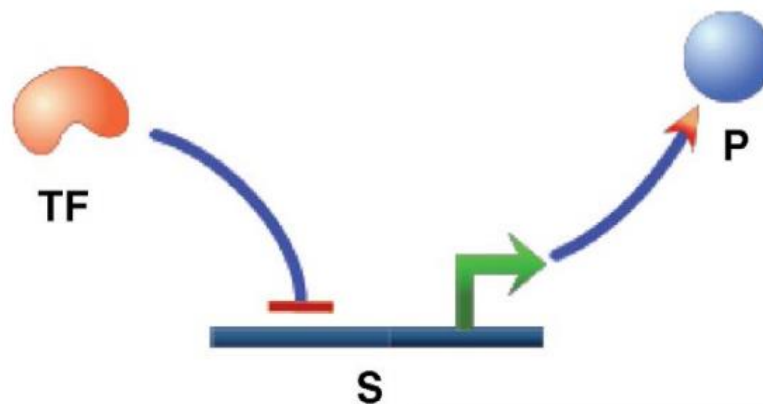


Figure 42

The following formula captures the fraction of transcription factors that are bound:-

$u = \frac{TF}{K_d + TF}$, where TF is the monomeric transcription factor, and K_d is the dissociation constant.

If TF is an activator that increases the production of the protein, P, then the rate of production of P will be proportional to u . If TF is a repressor, then the rate will be proportional to $(1 - u)$.

When there is cooperativity or multimerization of the transcription factor, an additional parameter called the Hill coefficient, h , is included in the equation: $u = \frac{TF^h}{K_d + TF^h}$, where:-

- $h > 1$, **Positively cooperative binding**: Once one ligand molecule is bound to the enzyme, its affinity for other ligand molecules increases. For example, the Hill coefficient of oxygen binding to haemoglobin (an example of positive cooperativity) falls within the range of 1.7–3.2.
- $n < 1$, **Negatively cooperative binding**: Once one ligand molecule is bound to the enzyme, its affinity for other ligand molecules decreases.
- $n = 1$, **Noncooperative (completely independent) binding**: The affinity of the enzyme for a ligand molecule is not dependent on whether or not other ligand molecules are already bound.

Using this formula, one can model the dynamics of a gene regulatory network by formulating the rate of production and rate of degradation or dilution for each protein in the network. A typical equation for the rate of change of a protein, P, is as follows:-

$$dp/dt = (k_1(TF^h / (K_d + TF^h)) - (\lambda_p * P))$$
, where TF is the transcription factor that positively regulates the production of protein P, k_1 is the rate of expression of the protein (transcription and translation) and λ_p is the degradation rate for P. The equation becomes more complex when multiple transcription factors are involved in the regulation of the same gene.

Summary:

A model is a mathematical representation that permits to predict the dynamics of a system (i.e., how species concentrations change over a given time interval) under precise assumptions and after defining the system's initial conditions. The modelling component of synthetic biology allows one to design biological circuits and analyze its expected behaviour.

Differential equation model: a differential equation model is based on the equation that relates one or more functions and their derivatives.

Gene Regulatory network model: It is a model of genetic circuits that is a collection of molecular regulators that interact with each other and with other substances in the cell to determine the gene expression levels of mRNA and proteins.

References:

Introduction in Synthetic Biology (springer) by Mario Andrea Marchisio
[Mathematical modelling and synthetic biology](#)

Chapter 9: iGEM and iGEM IISER Bhopal 2021

The International Genetically Engineered Machine (iGEM) Championship is an international competition dedicated to advancing synthetic biology, education, and developing an open community and collaboration. It gives students (high school, undergraduate, and overgraduate) an opportunity to push the boundaries of synthetic biology by tackling everyday issues faced by the world, with multidisciplinary teams working on designing, building, test, and measure a system using interchangeable biological parts.

iGEM projects can span a wide variety of applications such as therapeutics, diagnostic, environment, food and nutrition, energy, and manufacturing, to name a few. Over 350

teams from over 40 countries participate in iGEM every year and contribute to the advancement of synthetic biology and spread awareness among the general population about synthetic biology.

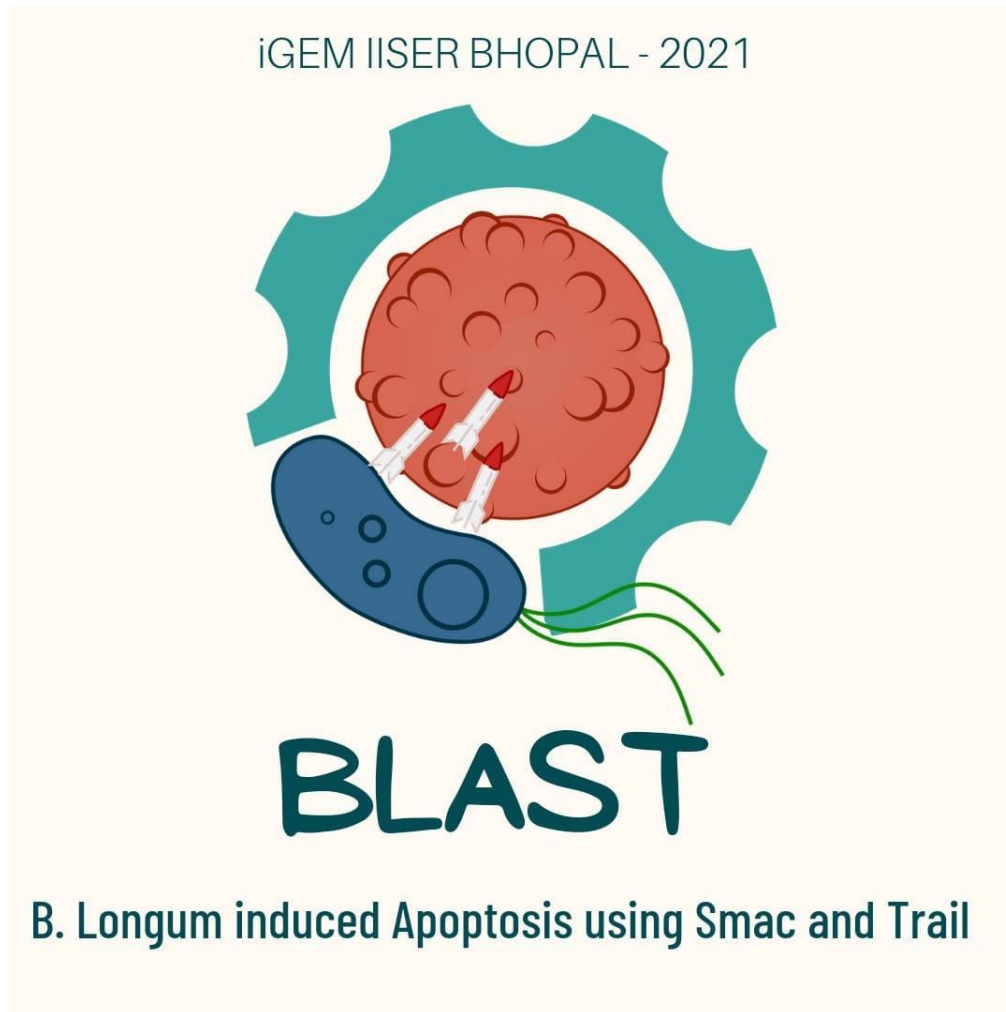


Figure 43
Our team name and logo

This year, our team is working on a project that aims to reduce the cancer load by significantly regressing tumour size, using an effective antitumour therapy that will lead to tumour-cell-specific apoptosis while ensuring no damage to normal cells. Our solution uses *Bifidobacterium longum*, an obligate anaerobe shown to localize in hypoxic tumour regions in vivo, and secrete tumour-specific apoptosis-inducing peptides in the tumour microenvironment.

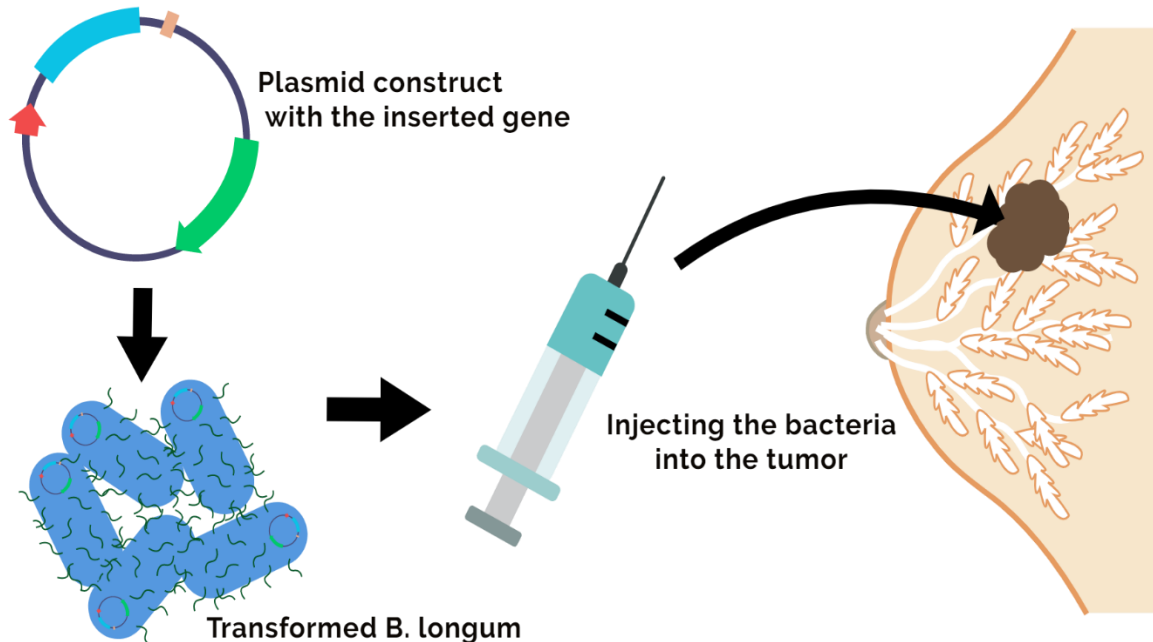


Figure 44

A simplified form of our solution if it would be performed in the case of breast cancer

We plan to transform a fusion of the TRAIL-Smac gene, the human TRAIL gene (mediates apoptosis via extrinsic pathway), and a cell-permeable Smac/DIABLO gene (mediates apoptosis via intrinsic pathway) in our chassis. We will design an AND gate for the promoter of TRAIL and Smac/DIABLO fusion peptide such that secretion occurs only in tumour cells where high lactate concentration and hypoxia are present. Furthermore, to prevent the environmental release of the engineered bacteria and ensure patient safety, we will include a lactate-inducible Holin-Antiholin Kill Switch to ensure that bacteria would only survive in an environment where the lactate concentration is above a certain threshold level. This would kill bacteria that localise at the vicinity of normal tissue where the high lactate level condition is not satisfied thereby preventing damage to normal cells.

Chapter 10: Applications of Synthetic Biology

Now that you have taken a look at what iGEM is and what we are working on this year, it is time to look at a few other exemplary iGEM projects that have worked to solve local problems with immeasurable consequences.

A unique solution to the widespread problem of paan/catechu stains

From railway stations to walls or streets to random corners, the ubiquitous paan stain has always haunted most South Asian countries, including India and the issue seems to have

spiralled out of control. The iGEM team from Ramnarain Ruia College Mumbai in 2018 devised an outstanding solution to tackle this problem. They designed *Catechewing coli*, an engineered bacterial system that degrades the stubborn red stains returning the disfigured places back to their pristine state.

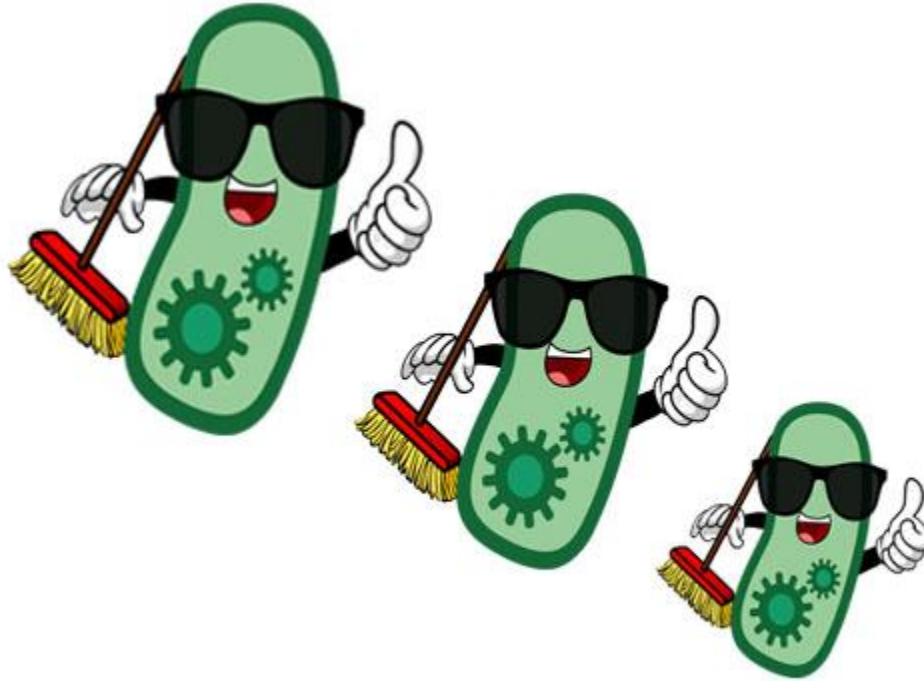


Figure 45
Catechewing Coli

The nefarious red-brown colour of paan stains mainly comes from catechu and slaked lime - the former gives the red colour while the latter intensifies it. The genetically engineered *E. coli* produces a concoction of enzymes that are secreted into the environment. These enzymes work to degrade the coloured components of the paan stain within a few hours of application to the same. To increase the enzyme's affinity towards the stain that contains calcium due to the slaked lime, they also added a calcium-binding domain to their enzymes. We have learnt in earlier chapters that releasing genetically modified bacteria can cause harm to the environment. They have incorporated a **kill switch** activated by the paan stain's degradation products to counter this issue. So once the bacteria finishes its work, bye-bye! This makes their project environment friendly, time-saving, non-labour intensive, and a wide area application system without the involvement of large quantities of water and corrosive chemicals.

A remarkable endeavour to solve the sombre issue of Colony Collapse Disorder of bees

Straight out of an episode from Black Mirror, the Colony Collapse Disorder threatens to wipe out entire bee populations, which would mean an inevitable collapse of entire local ecosystems. One of the causes of CCD is infection from the spores of *Nosema ceranae*, also known as microsporidian fungus, which is a unicellular parasite. The infection spreads by exchanging substances via mouthparts or feeding food to sac broods.

The iGEM team of National Yang Ming University (NYMU), Taipei in 2013 came up with an innovative take to help eradicate this issue. They genetically engineered the bacteria *E. coli* into ***Bee coli***!



Figure 46

Bee Coli

The team aimed to encapsulate the *Bee. Coli*, suspend it in a sugar solution and then feed it to bees. The *Bee coli* would then proliferate in the bees' midgut to build up immunity against *Nosema ceranae*. The capsule dissolves exclusively in the bee's gut and does not spread wantonly to other body parts. *Nosema*'s polar filaments, which are needle-like protrusions, are key in infecting the bees. *Bee coli* blocks the production of these polar filaments and thus curbs the infection from spreading, ultimately saving the bees!

Furthermore, if the modified bee is killed or ingested by any other organism, the team incorporated a blue light-induced kill switch, which would lyse the *Bee coli* and prevent any contamination of the natural environment.

References:

1. [iGEM Team: Ruia-Mumbai - 2018](#)
2. [iGEM Team: NYMU-Taipei - 2013](#)

6)Language: Marathi.

□□□□□ □□□□□□□

□□□ 1

□□□□□ 0: □□□□□□□□□

□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□
□□□□□□□□□ (□□□□□□□□□) □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□
□□□□□□ □□□□, □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□
□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□ □□□□.

□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□ □□□□ □□, □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□

□□□□ □□□□ □□□□□□, □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□□□□ □□□□, □□ □□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□ .

□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□ □'□□□□ □□□'(□□□□□□ □□□□□□, □□□□□□□□□□
 □□□□□□, □□□□□□ □□□□□□□□ □.) □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□

□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□, □□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□
□□□□

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□

[illegible]

□□□□□□ □□□□□□. □□□□ □□ □□□□□□□□ □□□: □□□ □□□□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□

[illegible]

□□□□□□□□ (□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□), □□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□

[illegible]

-
 ,

□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□ : □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ (□□□□□□

□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□) □□
□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□

[illegible][illegible]

□□□□□□-□□□□□□-□□□□□□-□□□□□□ □□□□□□

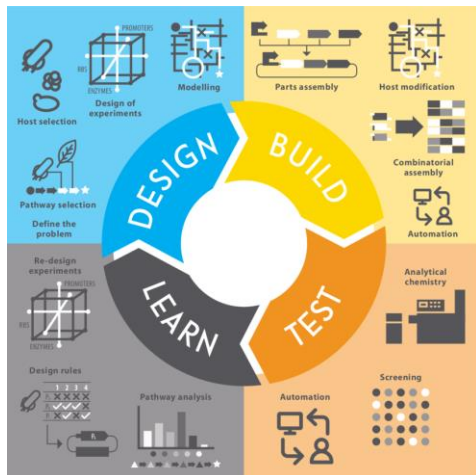
DBTL의 주요 구성 요소는 무엇이며, 각각의 역할은 무엇인가?
 DBTL의 주요 구성 요소는 Design, Build, Test, Learn의 네 가지 단계로 나뉘며, 각각의 역할은 다음과 같다.

Design 단계는 문제를 정의하고 실험을 설계하는 과정이다. Build 단계는 실험을 수행하고 데이터를 수집하는 과정이다. Test 단계는 실험 결과를 분석하고 모델을 검증하는 과정이다. Learn 단계는 모델을 업데이트하고 새로운 실험을 설계하는 과정이다.

DBTL의 주요 구성 요소는 무엇이며, 각각의 역할은 무엇인가? - DBTL의 주요 구성 요소는 Design, Build, Test, Learn의 네 가지 단계로 나뉘며, 각각의 역할은 다음과 같다.

DBTL의 주요 구성 요소는 무엇이며, 각각의 역할은 무엇인가? (DBTL)의 주요 구성 요소

DBTL의 주요 구성 요소는 무엇이며, 각각의 역할은 무엇인가? DBTL의 주요 구성 요소는 Design, Build, Test, Learn의 네 가지 단계로 나뉘며, 각각의 역할은 다음과 같다.



DBTL의 주요 구성 요소는 무엇이며, 각각의 역할은 무엇인가? 1

DBTL의 주요 구성 요소는 무엇이며, 각각의 역할은 무엇인가? DBTL의 주요 구성 요소는 Design, Build, Test, Learn의 네 가지 단계로 나뉘며, 각각의 역할은 다음과 같다.

1. DBTL의 주요 구성 요소

DBTL의 주요 구성 요소는 무엇이며, 각각의 역할은 무엇인가? - DBTL의 주요 구성 요소는 Design, Build, Test, Learn의 네 가지 단계로 나뉘며, 각각의 역할은 다음과 같다.

DBTL의 주요 구성 요소는 무엇이며, 각각의 역할은 무엇인가? DBTL의 주요 구성 요소는 Design, Build, Test, Learn의 네 가지 단계로 나뉘며, 각각의 역할은 다음과 같다.

□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□, □□□□ □□ □□□□□
□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□□ □□□□.

[illegible][illegible]

4. ☐ ☐ ☐ ☐

□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□.

□. □□ □□□□ □□ □□ □□□ □□□ □□□ □□: □□□ □□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□?

□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□ ? □□ □□□□
 □□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□□, □□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□□
 □□□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□ ?

□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□: □□□ □□□ □□□□?
□□□□□□ □□□ □□□ □□

□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□ ? □□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□ □□□□□ □□□□

□□? □□□□ □□□□ □□□□□□, □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□?

[illegible][illegible][illegible][illegible][illegible]

O □□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□

□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□ □□□□□□ □□□

[illegible]

□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□, □□ □□□ □□□ □□□□□□

□□□□□ □□□□□, □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□

[illegible]

O □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□

□□ □□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□

[illegible]

Is □□□□□ □□ □□ □□□□□ □□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□

[illegible]

 .

O □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□

[illegible]

Synt □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□
 □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□

[illegible]

□ □ □ □ □ :

[illegible]

2. [□□□□□□/□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□?](#)

3. [□□□□-□□□□□□□□□□ □□□□□](#)

□□□□□□ **2:** □□□□□□□ □□□□ - □□□ □□□

□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□□□

□□□□□□□□□□□□□□, □□□ □□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□□
□□□

□□□ □□□□□□ □□□□□. □□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□□,
□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□

□□□□ □□ - □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□ □□□? □□□□
□□□□ □□□□ □□□?

□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□
□□□ □□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□?

□□□□□ - □□□□ **!!** □□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ (□□□□.
□□□□) □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□

(□□□□. □□□□□□□□ □□□□□) □□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□, □□□□□□□
□□ □□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□:

□. □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□/□□□□□□□□□□ (□□□□□□□□)

□ □□□□□□ (□□□□□ □□□ □□□)

c □□□□□□ □□□□□□(□□□□□□□□ □□□)

d □□□□□□□□□□ □□□□□□

□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ - □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□ - □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□.

□. □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□/□□□□□□□□□□

□□□□□□□□□□□□□□□□□□, □□□□□□ □□□□□□□□□□: □□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□, □□ □□ □□□□ □□□

□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ **C m H 2n O n**
□□□□ (□□□□□ 'm' □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ '□□' □□□□□

The image displays the chemical structures of sucrose and fructose. Sucrose is a disaccharide, and fructose is a monosaccharide. The structures show the cyclic forms of these sugars with their respective hydroxyl groups and hydroxymethyl groups.

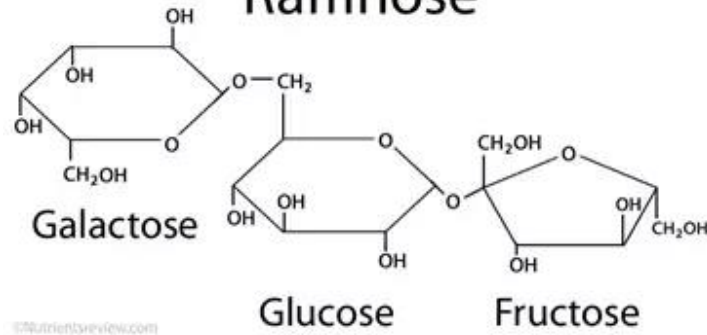
The diagram shows the chemical structure of Lactose, a disaccharide. It consists of two six-membered rings (pyranose rings) connected by an oxygen atom at the C1 position of the left ring and the C4 position of the right ring. The left ring is a glucose unit in its beta-form, and the right ring is a galactose unit. Both rings are shown in a chair conformation. The left ring has a CH₂OH group at C5 and OH groups at C2, C3, and C6. The right ring has a CH₂OH group at C5 and OH groups at C2, C3, and C6. The label "Lactose" is written below the left ring.

Maltose

□□□□□□, □□ □□□□□□□□, □□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□.

Oligosaccharides

Raffinose



□□□□□ 4

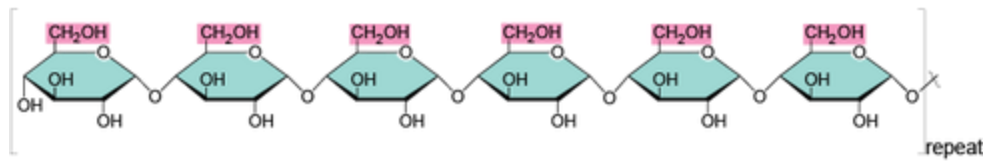
Oligosaccharides □□ □□□□□□.

4. □□□□□□□□□□□□□□: □□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□□

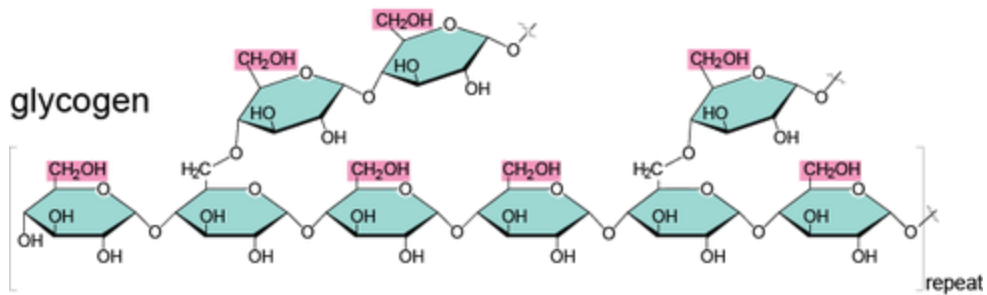
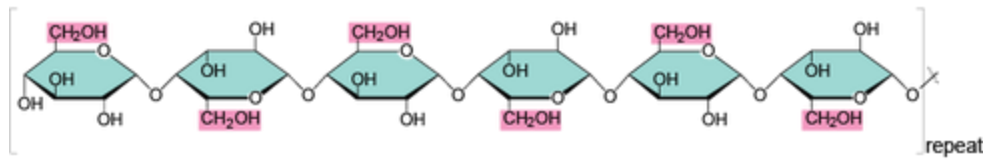
. □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□. □□□□□□□□□□□□: □□□□□□□□□□ (□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□

□□□□□□), □□□□□□□□ (□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□) □□□ □□□□□□□□□□□ (□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□).

starch



cellulose



□□□□□ 5

□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□.

□. □□□□□□□

□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□

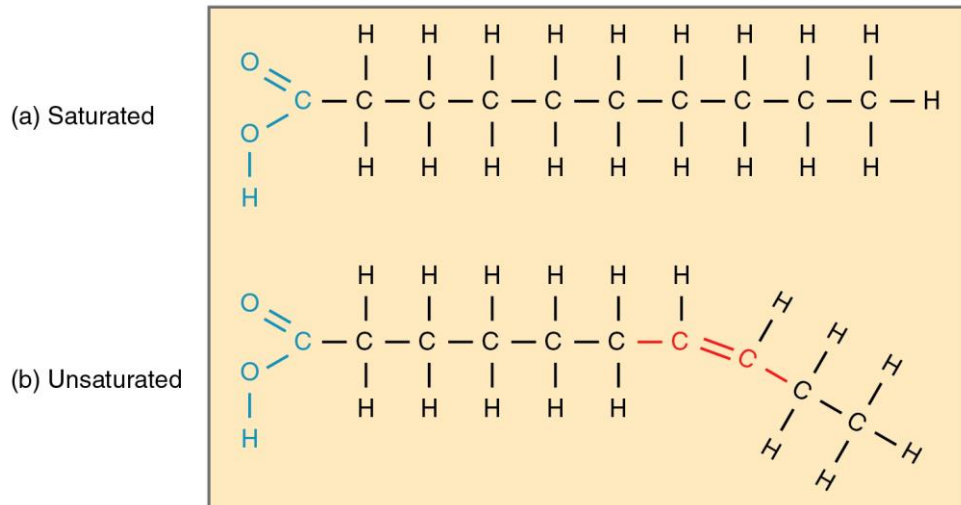
□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□. □□□□, □□□□, □□□□□□□□□□□ □□□
□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□.

□□□□, □□□□□□ □□ □□□□□□, □□□□□ □□□□ □□□□□□ □□ (-R)
□□□□□ □□□□□□□□□□

-COOH □□, □□□□□□□ R-COOH .R-□□□□□ 18 □□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□ □□□□.

□□ □□-□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□
□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□

脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。
 脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。
 脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。

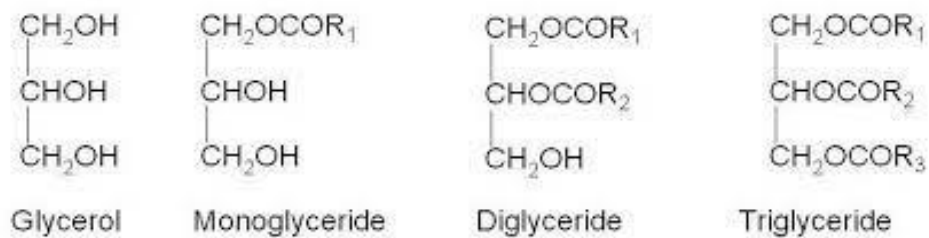


脂肪酸 6

脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。

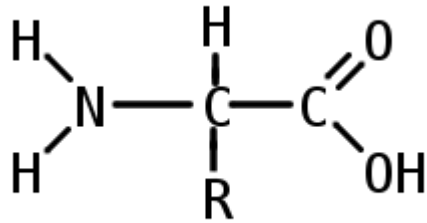
脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。
 脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。
 脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。

脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。
 脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。



脂肪酸 7

脂肪酸的碳鏈長度不同，其物理性質也不同，如熔點、沸點、溶解度等。



□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□. □□ R □□ □□□: □□
□□□□□□□□ □□□ (-H), □□ □□□□□ □□□□

□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□ □□ □□□ (□□□. Glycine = G, Alanine = A).

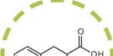
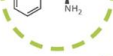
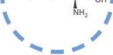
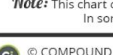
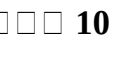
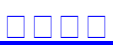
□□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□, □□□ □□□□□□ (□□□□□□□□□□, □□□□□□□□□□), □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□

³. **10**

,

• 00000 000 00000 0000 00 000000 0000 000000 0000 00
00000 0000 000000 000000 00000 0000.

AMINO ACIDS ARE THE BUILDING BLOCKS OF PROTEINS IN LIVING ORGANISMS. THERE ARE OVER 500 AMINO ACIDS FOUND IN NATURE - HOWEVER, THE HUMAN GENETIC CODE ONLY DIRECTLY ENCODES 20. 'ESSENTIAL' AMINO ACIDS MUST BE OBTAINED FROM THE DIET, WHILE NON-ESSENTIAL AMINO ACIDS CAN BE SYNTHESISED IN THE BODY.

Chemical Structure		single letter code		three letter code		DNA codons	
	ALANINE A	<i>Ala</i>	GCT, GGC, GCA, GCG				
	GLYCINE G	<i>Gly</i>	GGT, GGC, GGA, GGG				
	ISOLEUCINE I	<i>Ile</i>	ATT, ATC, ATA				
	LEUCINE L	<i>Leu</i>	CTT, CTC, CTA, CTG, TTA, TTG				
	PROLINE P	<i>Pro</i>	CCT, CCC, CCA, CCG				
	VALINE V	<i>Val</i>	GTT, GTC, GTA, GTG				
	PHENYLALANINE F	<i>Phe</i>	TTT, TTC				
	TRYPTOPHAN W	<i>Trp</i>	TGG				
	TYROSINE Y	<i>Tyr</i>	TAT, TAC				
	ASPARTIC ACID D	<i>Asp</i>	GAT, GAC				
	GLUTAMIC ACID E	<i>Glu</i>	GAA, GAG				
	ARGININE R	<i>Arg</i>	CGT, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG				
	HISTIDINE H	<i>His</i>	CAT, CAC				
	LYSINE K	<i>Lys</i>	AAA, AAG				
	SERINE S	<i>Ser</i>	TCT, TCC, TCA, TCG, AGT, AGC				
	THREONINE T	<i>Thr</i>	ACT, ACC, ACA, ACG				
	CYSTEINE C	<i>Cys</i>	TGT, TGC				
	METHIONINE M	<i>Met</i>	ATG				
	ASPARAGINE N	<i>Asn</i>	AAT, AAC				
	GLUTAMINE Q	<i>Gln</i>	CAA, CAG				

Note: This chart only shows those amino acids for which the human genetic code directly codes for. Selenocysteine is often referred to as the 21st amino acid, but is encoded in a special manner. In some cases, distinguishing between asparagine/aspartic acid and glutamine/glutamic acid is difficult. In these cases, the codes asx (B) and glx (Z) are respectively used.

© COMPOUND INTEREST 2014 - WWW.COMPOUNDCHEM.COM | Twitter: @compoundchem | Facebook: www.facebook.com/compoundchem
Shared under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives licence



20 □□□□□□ □□□□□ **ids** □□□□□□ □□□□□□□□□□.

□□□□ □□□□ -NH₂ □□□ -COOH □□ □□ □□□□□□□□ □□□□
 □□□□□□ □□ -NH₃⁺ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□ -COO⁻
 □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ pH □□ □□□□□□. □□□□ pH □ □□
 □□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□
 □□□□□□□□□□□□ □□□□□ (□□□□) □□□□□□□□.

□□□□□ (□□) □□□ □□□□□□□ (□□). □□□□□□□ □□□ □□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□ □□□, □□□□□ □□□

pyrimidines are single-ring structures. They are found in both DNA and RNA. They are nitrogenous bases.

pyrimidines are single-ring structures. They are found in both DNA and RNA. They are nitrogenous bases.

3. The structure of a nucleotide is shown below. The phosphate group is labeled $(-PO_4^{3-})$. The sugar is labeled pentose. The base is labeled Base.

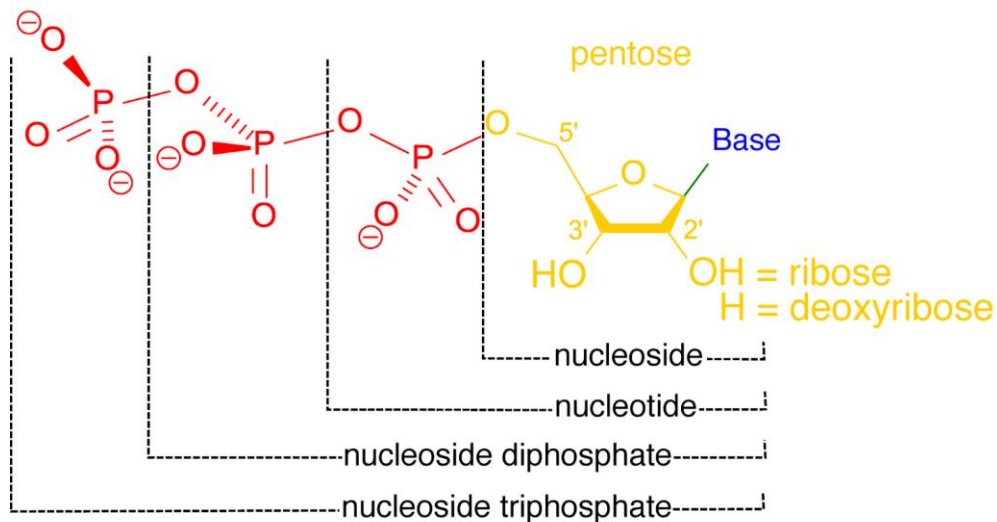
(-Base) is the nitrogenous base. It is found in both DNA and RNA. It is a purine or a pyrimidine.

The structure of a nucleotide is shown below. The phosphate group is labeled $(-PO_4^{3-})$. The sugar is labeled pentose. The base is labeled Base.

The structure of a nucleotide is shown below. The phosphate group is labeled $(-PO_4^{3-})$. The sugar is labeled pentose. The base is labeled Base.

The structure of a nucleotide is shown below. The phosphate group is labeled $(-PO_4^{3-})$. The sugar is labeled pentose. The base is labeled Base.

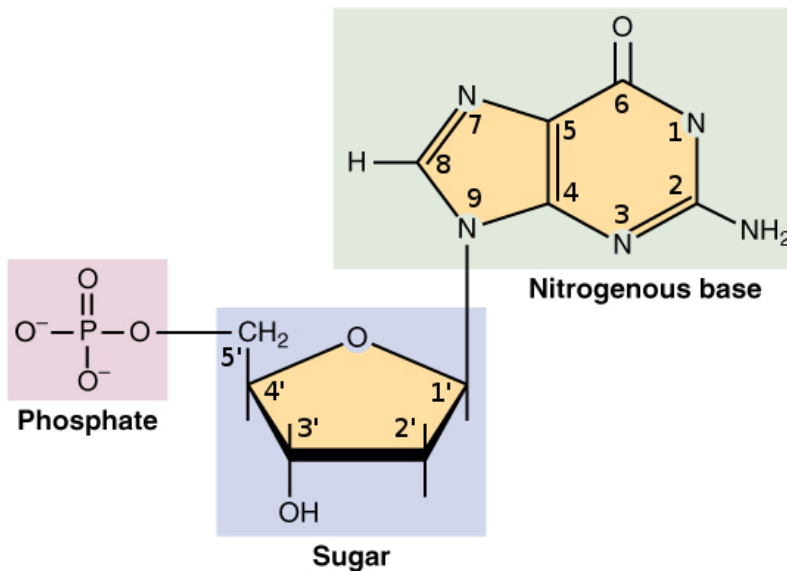
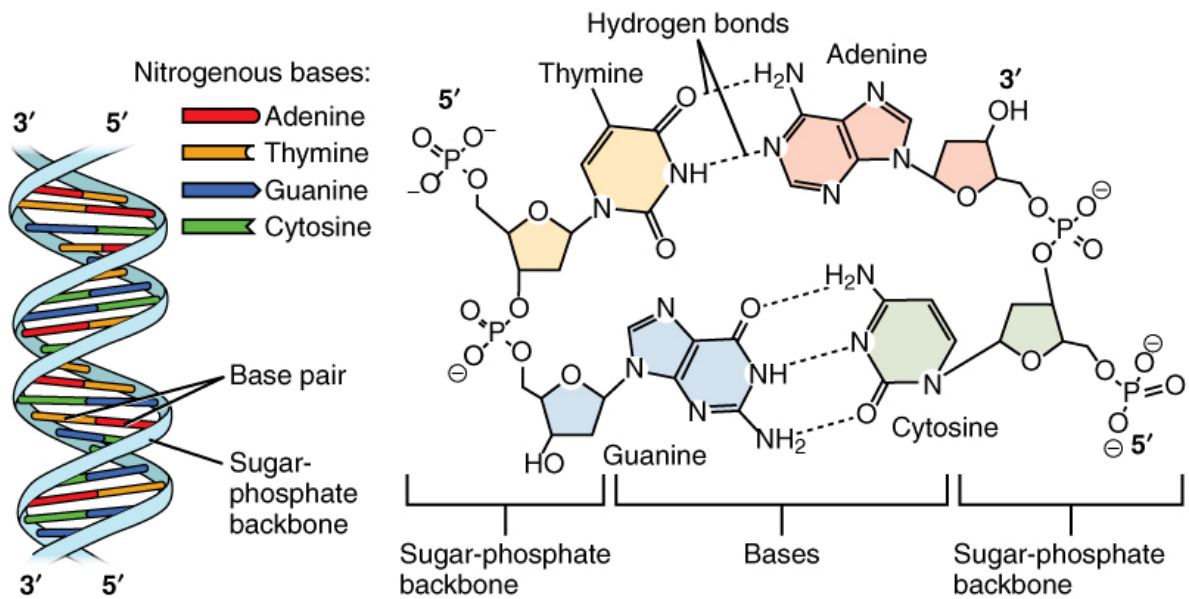
The structure of a nucleotide is shown below. The phosphate group is labeled $(-PO_4^{3-})$. The sugar is labeled pentose. The base is labeled Base.



12



13



14

, 1, 2, 3 ...

1', 2', 3' ...

, ...

.

● α -D-ribose is a five-carbon sugar that is a component of nucleic acids. It is a monosaccharide and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

● α -D-ribose is a five-carbon sugar that is a component of nucleic acids. It is a monosaccharide and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

1. α -D-ribose (C₅H₁₀O₅) is a five-carbon sugar that is a component of nucleic acids. It is a monosaccharide and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

3. α -D-ribose (C₅H₁₀O₅) is a five-carbon sugar that is a component of nucleic acids.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

It is a pentose sugar and is found in the form of a cyclic hemiacetal. It is a component of nucleic acids and is found in the form of a cyclic hemiacetal.

3. α -D-ribose (C₅H₁₀O₅) is a five-carbon sugar that is a component of nucleic acids.

000000 0000000000 0000000000, 00 00000 0000000000
 00 00000 00000 0000000000 00000000 000. 00000000000000
 00000

□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□: □□ □□□□ □□□□□□ □□□□
□□□□□□□□ □□□□□ □□□. □□□□□ □□□□

[illegible][illegible]

- □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ . □□□□□□□□□□□□□□□□
□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□

[illegible]

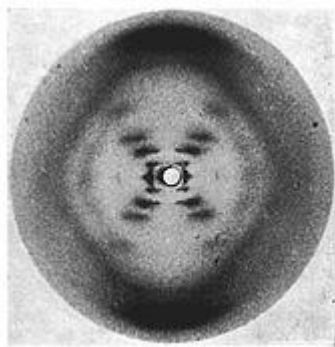
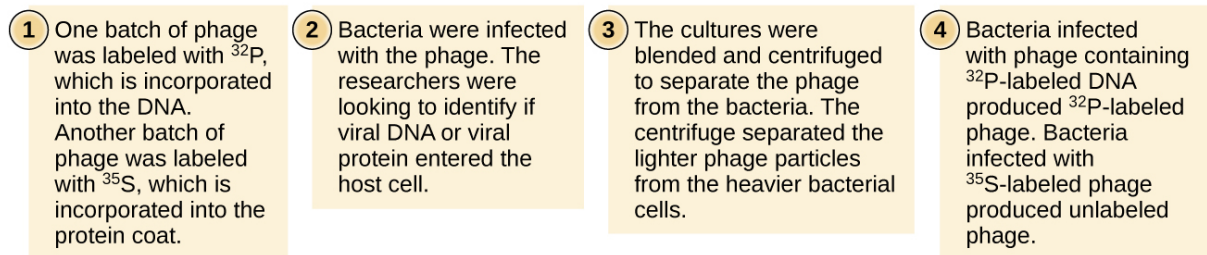
□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□. □□, □□□□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□

[illegible]

()

□□□□□□□□ □□□□□□□. □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□□□□□□□, □□ □□□□□ □□□□□ □□□□□

□□□□ □□ □□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□, □□
□□□ □□□□ □□□ □□□ □□□ □□□.)



□ □ □ □ □ □ □ □ □ **51**

□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□. □□□□ □□□□□□
□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□

□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□, □□□□□□□

□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□. □ □□□ □□□□□ □□□
□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□

T (A = T) □□□ G □□□ C (G≡C) □□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□.

□□□□□□□

□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□□□□□□
36 □ □□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□

□□□□□□ □□□□□□□□□□ 10 □□□□ □□□□□ 10 □□□ □□□□□□□ □□□□□□.
□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□□ □□□□□

3.4Å □□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□, □□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□ 20Å □□□□.

Chargaff □□□□ □□□□ - □□□□□□□□: **Pyrimidine** □□□□□□□

□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□, □□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□□
□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□

□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□□. □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□□□□□. □□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□

□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□.

$A + G = T + C$ □□□□□□ □

+

= 1

□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□

□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□
□□□□□. □□ 3 □□ □□□ 5 □□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□

□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□. □□ □□□ 5 '□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□,
□□□□□□ □□□□□□□□□□□ -PO 4 □□□□□

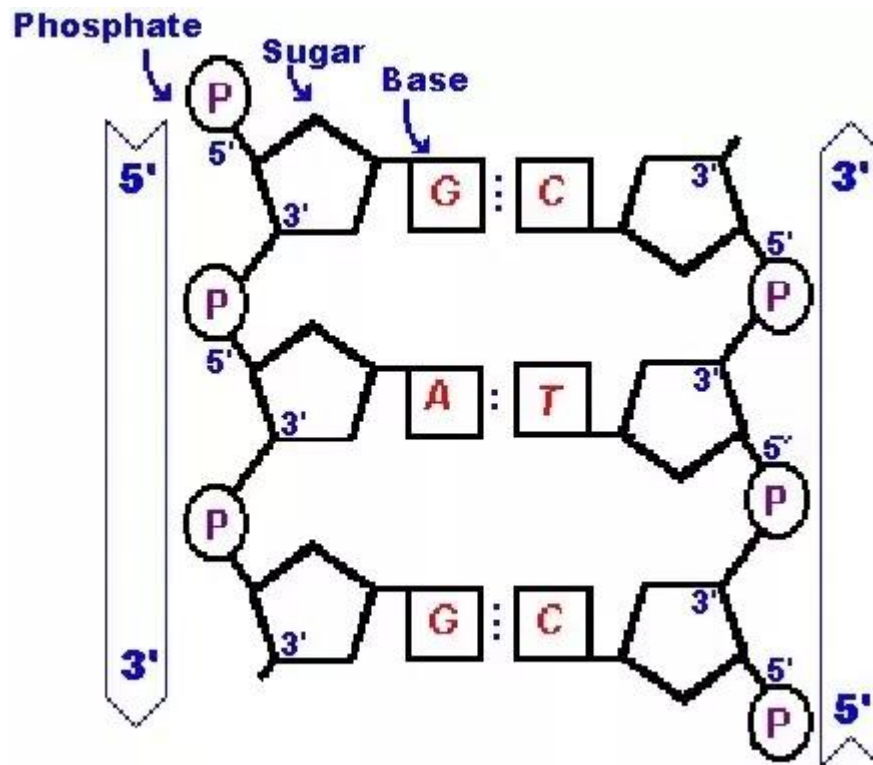
3-

□□ □□□ □□□□□ 3' □□□ □□□□□ □□□□, □□□□□ □□ □□□□□ - □□□□ □□ □□□. □□ □□□□□□□□

5' □□ □□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□ 3' □□ □□ 5' □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ 5'

□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ 3' □□□□□ □□□□□□ □□□. □□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□

□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□ .



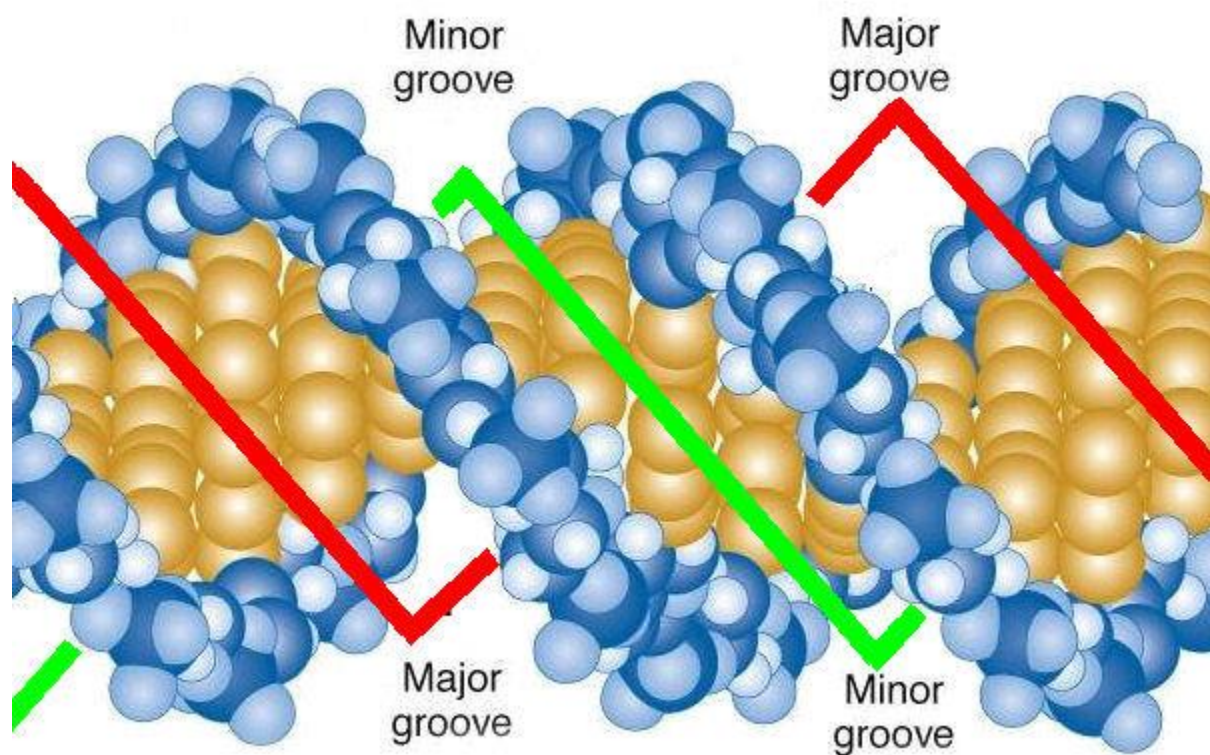
□□□□□ 18

□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□

□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□

□□□□□□□-□□□□□□□□□□ □□ □□ □ (□□ □□ □□□□□) □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□

1. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 (磷酸) 和 脫氧核糖 交替排列。
 2. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。



3. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

4. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

5. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

6. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

7. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

8. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

9. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

10. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

11. DNA 的雙螺旋結構，其骨架由磷酸和脫氧核糖組成，
 磷酸和 脫氧核糖 交替排列。

□□ □□ □□□□□ □□□-□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□ □□□
□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□:

5 ' - ATGCGCTAGCTAGCTAGTAGCTA - 3'

□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□ □□□□, □□ □□□□
□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□

(ssDNA) □□□□□.

(□□□□□: □□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□ □□□ □□□. □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□

□□ □□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□
□□□ □□ □□□□ □□□ □□□□□□ □□□ □□□□□.)

□ □□□□□□□□□□□□ *id*□□□□ (□□□□□□)

□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□

□□□□□□□□□□□ □□□□□□□. □□□□□ □□□□ □□□ □□□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□□ □□□□,

□□□□□ □□□□□□□. □□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□:
□□□□□□□□□ □□□ □□□-□□□□□□□□□□□. □□□□□ □□□□ □□□□

□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□
□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□

□□□□□□ □□□.

□□□□□

□□□□□ □□ □□□-□□□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□ □□□ □□□□
□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□ □□□□

□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□.

□□□□ □□□□ □□□□□

RNA □□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□ A, G, U □□□□ C □□□□ A
□□□□□□□ T □□□□□ U □□□□□□. T □□□□

በሕዝብ ጥቅም፣ በሕዝብ ጥቅም ለሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም.

(በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
ሕዝብ ጥቅም?)

በሕዝብ ጥቅም-ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም፣ በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም.
በሕዝብ ጥቅም፣ በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም.

በሕዝብ ጥቅም-ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም: በሕዝብ ጥቅም፣
በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም. በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
በሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
በሕዝብ ጥቅም.

1. በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም (በሕዝብ ጥቅም)

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም - በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
በሕዝብ ጥቅም. በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም .
በሕዝብ ጥቅም 'በሕዝብ ጥቅም' ሕዝብ **a** በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም .
MRNA ሕዝብ 5 'በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም **AUG** ሕዝብ (በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ **RNA**
በሕዝብ ጥቅም **T** ሕዝብ **U** ሕዝብ).

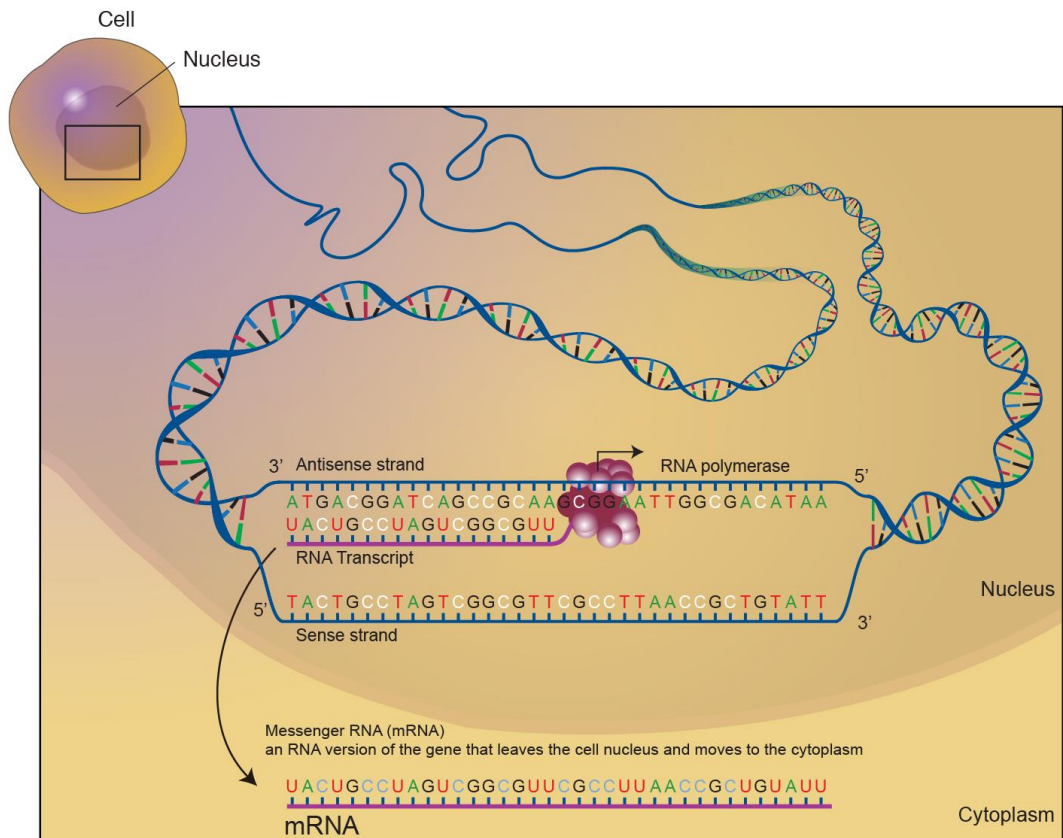
በሕዝብ ጥቅም **acid** ሕዝብ ሕዝብ ሕዝብ ሕዝብ **AUG** ሕዝብ. 3 'በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

በሕዝብ ጥቅም **UAA** በሕዝብ ጥቅም **UAG** በሕዝብ ጥቅም **UGA** ሕዝብ ሕዝብ ጥቅም. በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም
በሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም ሕዝብ ጥቅም

□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□.

□□□□□□□□□□, □□□□□□□ □□□□□ □□□□□ *ids*□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□

□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□.



□□□□□ 20

mRNA

(□□□□□: □□□□□□□ □□□)

□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ (□, □□, □□ □□□□
□□) □□□□ □□ 64 □□ □□□□ □□□ □□□□□□

□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□. □□□□□□ 3 □□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□ □□□ □□□□□□ (□□□□□□□□□□)

codons) □□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□ 20 □□□□□
ids□□□□□□□ 61 □□□□ □□□. □□

61 □□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□. □□□□□ □□□□□□□□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□□□□, □□□□□□□□□

□□□ □□: □□□□ □□□ □□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□
□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□. □□□□□□□□□□

□□□ □□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□ □□□. □□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□

□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□

□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□ □□□□□.

		second letter					
		U	C	A	G		
first letter	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA stop UAG stop	UGU } Cys UGC } UGA stop UGG Trp	U C A G	third letter
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G	
	A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G	
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G	

□□□□ 21

□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□

(□□□□□□□□□ □□□□: □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□
□□ □□□□? □□□□ □□□□□)

□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□)

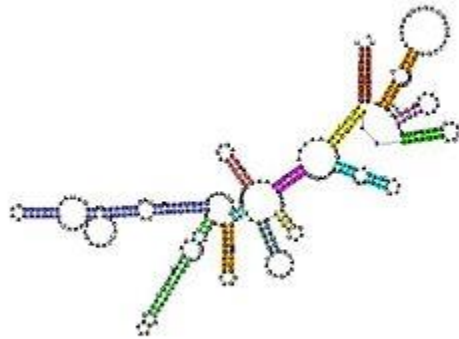
2. □□□□□□□□□ □□□□□ (□□□□□□□)

□□□□□□□ □□ □□□-□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□

□□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□. rRNAs □□ □□□□□□ □□□
□□□□

□□□□□□□□□□ rRNAs mRNAs □□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□
□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□ □□

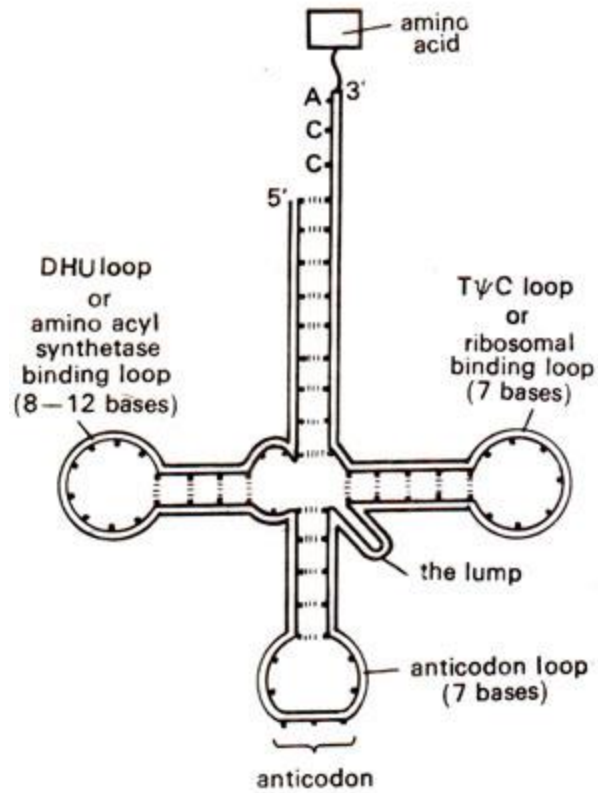
mRNA □□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□.



□□□□□ 22

□□□□□□□□ □□□□□

3. □□□□□ (□□□□□□□□) □□□□□□□□□□ □□□



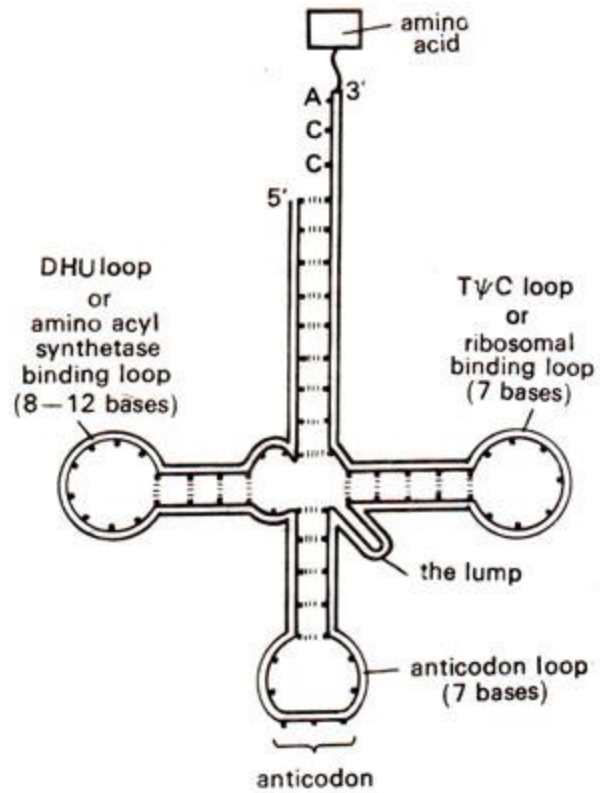
The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule. The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule. The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule.

The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule. The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule. The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule.

The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule. The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule. The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule.

The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule. The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule. The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule.

The amino acid is attached to the 3' end of the tRNA molecule.



□□□□ 23

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□

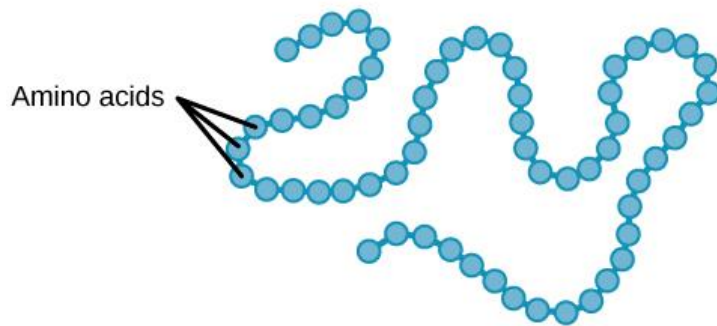
□□□□□□ □□□□ □□□□, □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□. □□□□□□ □□
□□□□□□ □□□ □□□□ □□□ □□□ □□□□□□ □□□□ a □□□□ □□□□

□□□□□□ □□□□ □□□□□□.

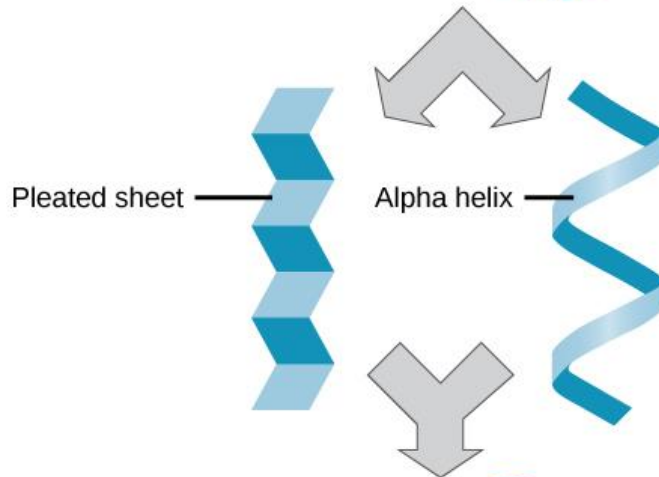
□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□

□□□ □□□□□□□ □□□□□ **ids**□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□ □□
□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□

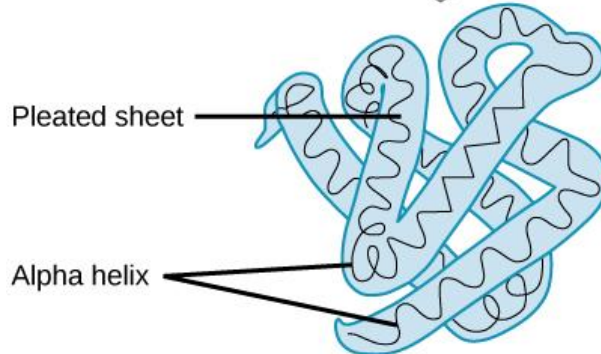
□□□□□□□□. □□□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□
□□□ □□□□:



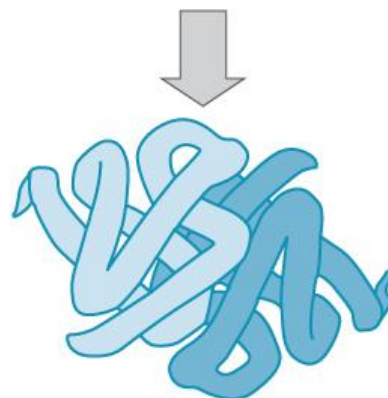
Primary Protein structure
sequence of a chain of amino acids



Secondary Protein structure
hydrogen bonding of the peptide backbone causes the amino acids to fold into a repeating pattern



Tertiary protein structure
three-dimensional folding pattern of a protein due to side chain interactions



Quaternary protein structure
protein consisting of more than one amino acid chain

□□□□□□ □□□□□□

1. □□□□□□□□ □□□□

□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□, □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□, □□□□□

□□□□□ acid□□□, □□□ □□□□. □□□□□□□□□□, **AGLAMMKMGGMMLAKALKCMAGH** □□□

□□□□□ ids□□□□□ □□□□ (□□□□□□□□ □□□-□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□) □□□ □□ □□□□□□□□□□□ □□□□

□□□□□□□□□ □□□□.

□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□□ □□□

□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□-□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□-□□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□

□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□ □□-□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□-□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□

□□□□□

(□□□□□□: □□□□□□□ □□□□□: □□ □□□□□□□□ □□□□ **10** □□□□□□ ids□□□□ □□□□□ □□□□ □□ **10.2** □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□

□□□□□□ □□□□□ □□□□□.)

2. □□□□□□□ □□□□

□□□□□□□□□ □□□□□□□□, □□□□□□□□ □□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□ (□□□□□□□□

α -□□□□□□□□) □□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□□, □□□□□□ β -□□□□□□□□ □□

□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□. □□

□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□

□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□. □□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□
□□□□□;

□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□
□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□. □□

□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ . □□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□
□□ □□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□ . □□ □□□□□□ □□□□□□

[illegible]

-
:

$$+ \rightarrow \rightarrow +$$

(□ = □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□; □□ = □□;
□□□ = □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□-
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□ = □□□□□□□)

□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□, □□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□.

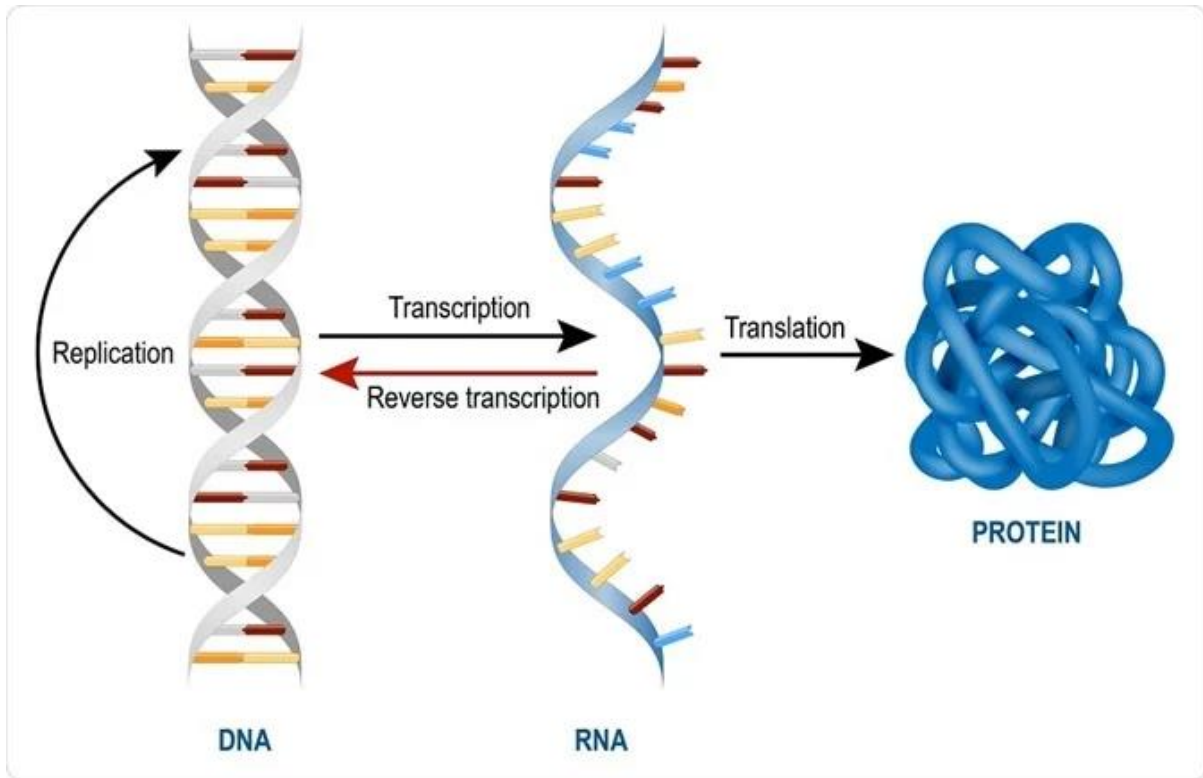
□□□□□, □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□
□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□.

□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□ □□□□ □□□□. □□□□□ □□□□□□ □□□ □□ “□□□□□□
□□□□□

□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ ids□□□□□
□□□□. □□□□□, □□□□□

□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□. □□□□□□□ □□□□□□□□□□

[illegible]



□□□□□ 27

□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□

□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□, □□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□

□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□. □□□□□ □□□□□□□□, □□□□□ □□ □□□ □□□□

□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□

□□□□□□ □□□□□□□/□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□.

□□□□□□

□□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□. □□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□

□□□□□□, □□ □□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□. □□□□ □□□□□ □□□

□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□ □□□ □□□□, □□□□□ □□□□ □□□□□□□□□ □□□ □□□□

mRNA □□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□-□□□□□□□□
□□□□. □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□

□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□
□□□□□. □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□

□□□□□ □□□□□□□□□□. □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□ "□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□

□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ ids□□□□□.

□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□

DNA □□□□ RNA □□ □□□□□□. □□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□
□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□.

--	--	--	--	--	--

1. □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□
2. □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
3. □□□□□□□□□ - □□□□□□; MSBSHSE

QUESTION 4: _____

[illegible]

□□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□. □□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□

□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□ - □□□□□, □□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□

C □□□□□□□□□□ : □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
 □□□□ □□□□

2. 2019年12月，世界卫生组织宣布新型冠状病毒肺炎为全球大流行病。
(来源：世界卫生组织官网)

2019年12月，世界卫生组织宣布新型冠状病毒肺炎为全球大流行病。
(来源：世界卫生组织官网)

3. 2019年12月，世界卫生组织宣布新型冠状病毒肺炎为全球大流行病。
(来源：世界卫生组织官网)

4. 2019年12月，世界卫生组织宣布新型冠状病毒肺炎为全球大流行病。
(来源：世界卫生组织官网)

2019年12月，世界卫生组织宣布新型冠状病毒肺炎为全球大流行病。
(来源：世界卫生组织官网)

5. 2019年12月，世界卫生组织宣布新型冠状病毒肺炎为全球大流行病。
(来源：世界卫生组织官网)

6. 2019年12月，世界卫生组织宣布新型冠状病毒肺炎为全球大流行病。
(来源：世界卫生组织官网)

7. 2019年12月，世界卫生组织宣布新型冠状病毒肺炎为全球大流行病。
(来源：世界卫生组织官网)

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□ (□□□) □□□□□ □□□□□

(□□□□□□ □□□□ □□□□□□) □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□ □□□□

DNA □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□

S □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ (□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□), □□□□□□, □□□□□□-□□□□□□ □□□□□

□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□, □□□□□ □□□ □□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□

[illegible][illegible]

--	--	--	--	--	--

- [illegible]

□□□□□ 5: □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□

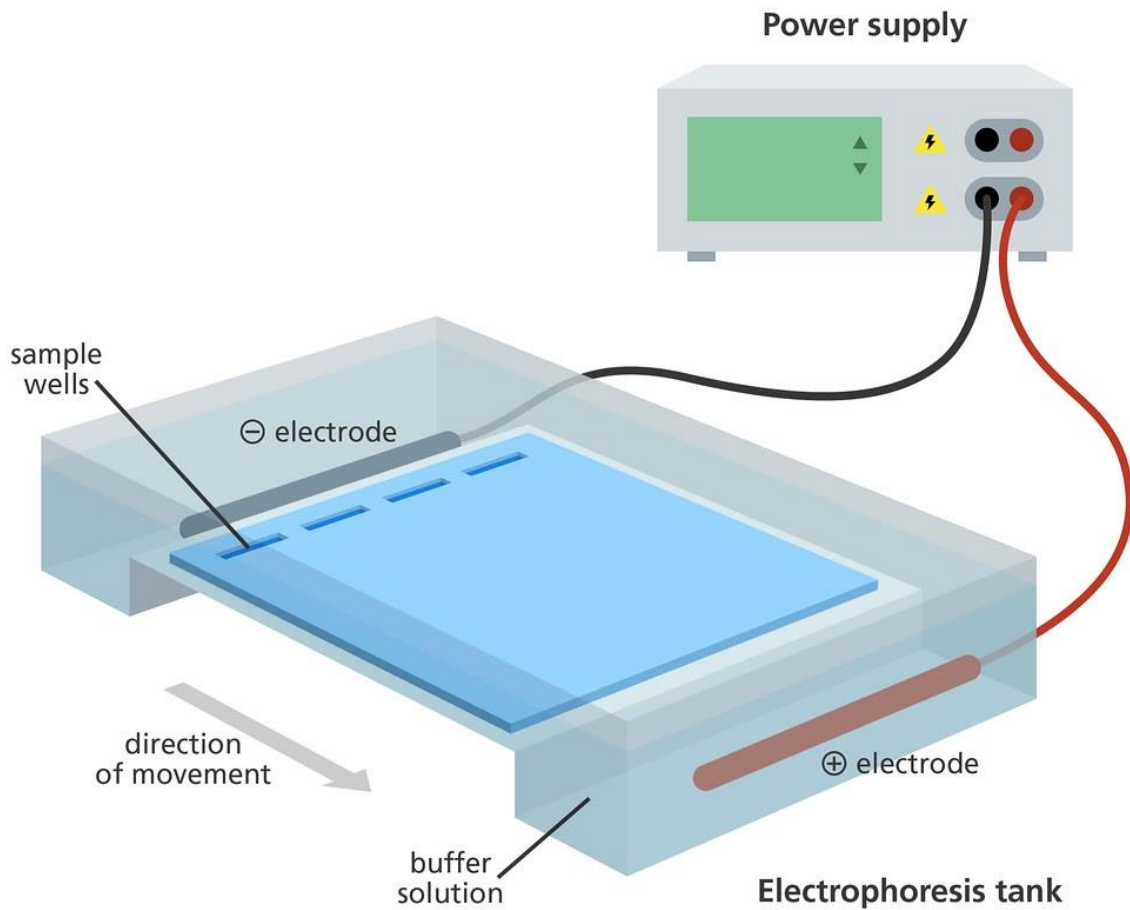
□□□□□□□□□□, □□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□
□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□

[illegible]

□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□

□□□□□□.

1) □□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□:



□□□□□ 31

□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□

□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□

□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□ □□□□ □□□□□ □□□□- □□□□□□ □□□□□□
(□□□□□□ □ □□□ □□□□□□□□□□) □□□□□

□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□ (□□□□□□ □□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□) □□□□□

□□□□□□□□□□ □□□. □□ □□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□
□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□.

□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□:

1. □□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□ □□□□ □□□

□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□ (□□□□ □□□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□)

□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□) □□□ □□□□□□□ □□□□
□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□.

2. □□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□- □□
□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□

□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□ (□□ □□□□□□ □□□□□□ □□
□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□)

□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□.)

3. □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□□.

4. □□□ □□□□□□□□□□□, □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□ (□□□□□ □□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□) □□□□□

□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□. □□□□□□□ □□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□

□□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□□□□ □□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□

□□□ □□□□□□□□ □□□.

5. □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□.

6. □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□, □□□□□ □□□□□-□□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□ □□□□. □□□□□□□ (UV) □□□□□□□□

□□□□□□, □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□

□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□.

□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□- □□□ □□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□□□

□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□. □□□□□□□□□□□- □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□

□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□ □□ □□□□

□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□ □□□□□.

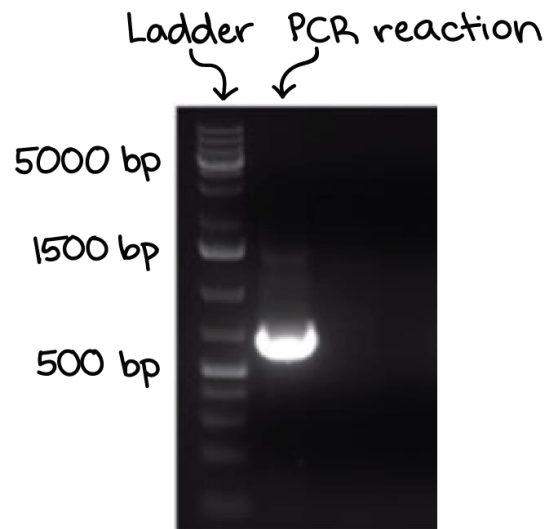
□□□□□□: □□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□, □□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□.

□□□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□

□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□. □□□□□

□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□

□□□□□□.



□□□□□□ 32

[□□□□□□ □□□□□](#)

[illegible]

SARS-CoV 2 □□□□□; □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□

□□□□, □□□□□ □□□□□□□□, □□□□□□□ □□□□ □□□□
□□□□□□□ □□□□□□, □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□

□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□□□)- □□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□ □□□□ □□□□□□□□!

□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□, □□□□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□
□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□

[illegible][illegible][illegible][illegible][illegible][illegible]

□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□□□.

□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□. □□□□□□□
□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□

□□□□□□□: □□□□□□□□□□, □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□.

● □□□□□□□□□□ : □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□, □□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□

□□□□□□□ 96 □□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□ □□□□ □□□□□. □□
□□□□-□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□

□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□.

● □□□□□□□□ □□□□□□□□: □□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□

□□□□□□□ □□ □□□□□□ 55-65 C □□ □□□□□□. □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ 3
'□□ □□□□□□□□

□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□- □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□□.

● □□□□□□□□ □□□□□□□□: □□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □
(□□□□□ □□□ □□□□□□□ □

□□□□□□□-□□□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□

vents: *Thermus aquaticus*) annealed DNA □□□□□□□□ □□□□□□. □□ □□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□□

72 at C □□ □□□□□□. □□□□ □□□□□□□ □ 70 □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□□.

□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□:

□□□□□□□□□□, □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□
□□□□

□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□, □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□
□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□ □ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□
□□□□ □□□□

□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□
□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□

□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□. □□□□□□ □□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□

□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□.

□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□.

□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ 6 □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□:

1) □□□□□ □□□□□□.

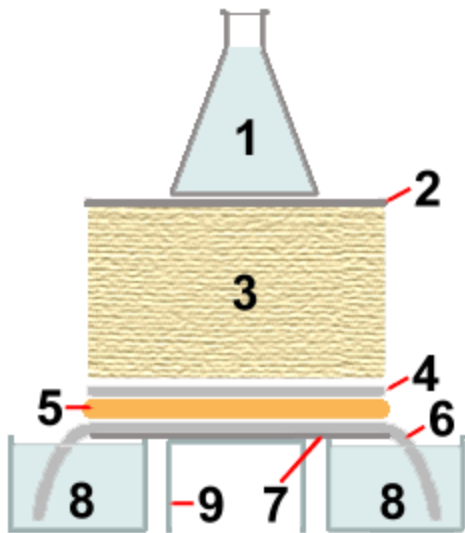
2) □□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□ □ □□□□□□□
□□□□□□□□□□. □□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□

□□□□□ □□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□

□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□

3) □□□□□□□□□ (□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□ □□ □□ □ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□.)

□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□
□□□□□□:



□□□□□□□□:

1 - □□□□□□ 0.5 □□□□ □□□

2- □□ □□□□□, □□□□□□, □□□□□□□□ □□□□ □□□□□.

3- □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□ □□□

4- □□□□-□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□-□□□□□□
□□□□□□ □□□□□□

□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□

5- □□□

6- □□□: □□□□-□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□

7- 2 □□□□□□ □□□□□□

8- 0.4M NaOH □□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□□

9- □□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□, □□□□□.

□□□□□ 34

□□□□□□□□ □□□□□□

4) □□□□□□□□ (□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□-)

□□□□□□ □□□□□- □□□□□. □□□ □□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□),
□□□□□□-□□□□□□ (□□□□□□□□ □□□□□□□□□□)

□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□- □□□□□□□ □□□ □□□□□) □□□
□□□□□□-□□□□□□ (□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□)

□□□□□□□□.

□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□. □□□□□□□□ □□
□□□□□□□□□□□□ □□□□□.

1) □□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□?

□□□□□: 80-120 □□□□□

2) □□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□:

a) □□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□ (□□□□□□ □□□□□□ □□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□)

□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□)

□) □□□□□ □□□□□□

c) □□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□
(□□□□□□□□□□□)

□□□□□: c, b, a

3) ne□□□□□□ □□□□□□□□□□□□, □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□

□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□

□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□?

□□□□□: □□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□
□□□ □□□□□□□

□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□□.

4) □□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□?

DNA □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□ □□□□
□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□

□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□

□□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□
□□□□

□□□□□□□ □□□□□.

● □□□□□□□□ □□□ □□action□□□□: □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□
□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□

□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□

□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□ □□□□. □□□□□□□□□, ne□□□□□□□
(□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□) □□□

□□□□□□□ (□□□□□□□ □ □□□□□□ □□□□□□□□□) □□□□□□□ □□ □□□□
□□□□□□□□ 3 □□□□□□□□ □□□□.

□□□□□□□□□, □□□□□□□ □□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□□.

Basically □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□.

□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□

□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□.

□□□□□□□:

1. □□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□
2. □□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□
3. □□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□
4. □□□□□□ □□□ □□action□□□□ □□ □□□□
5. □□□□□□□□
6. Blotting □□ □□□□
7. □□□□□ □□□□□□

□□□□□□□□□ □□□□□□□:

□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□ □□
 □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□

□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□
 □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□

□□□□□□□□□□□□.

1. 在 2023 年 12 月 31 日，本集团持有的金融资产，其公允价值与账面价值的差额为 100 万元。该差额是由于公允价值变动产生的，且该金融资产属于以公允价值计量且其变动计入当期损益的金融资产。

2. 在 2023 年 12 月 31 日，本集团持有的金融资产，其公允价值与账面价值的差额为 200 万元。该差额是由于公允价值变动产生的，且该金融资产属于以公允价值计量且其变动计入当期损益的金融资产。

3. 在 2023 年 12 月 31 日，本集团持有的金融资产，其公允价值与账面价值的差额为 300 万元。该差额是由于公允价值变动产生的，且该金融资产属于以公允价值计量且其变动计入当期损益的金融资产。

4. 在 2023 年 12 月 31 日，本集团持有的金融资产，其公允价值与账面价值的差额为 400 万元。该差额是由于公允价值变动产生的，且该金融资产属于以公允价值计量且其变动计入当期损益的金融资产。

5. 在 2023 年 12 月 31 日，本集团持有的金融资产，其公允价值与账面价值的差额为 500 万元。该差额是由于公允价值变动产生的，且该金融资产属于以公允价值计量且其变动计入当期损益的金融资产。

□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□.

□□□□□□□□ □□□□□□ (□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□). □□□□□□□□
□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□,
□□□ □□□□□□, □□□□□□□□ □□□ □□□, □□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□. □□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□

□□□□ □□□ □□□□□ - □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□. □□
□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□

□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□.□□□□

[illegible]

□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□ □□□□. □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□, □□□□□□

3) □□□ □□ □□□□□□□□ - □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□ □□ □□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□ □□□□

[illegible]

4) □□□□□□□□ - □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□

□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ .

□ □ □ □ □ □ □ □ ● ●

□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□, □□ □□□□□, □□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□□

□□□□□, □□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□. □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□
□□□□□□ □□□□□ □□□□, □□ □□□□□□ □□□□□□

□ □ □ □ □ **36**[illegible]

□ □ □ □ □ □ : -

Genetic □□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□ □□□□:-

○ □□□□□□ - □□□□ □□□□ □□□□ □ □□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□ □□□□

Ib

[illegible]

O □□□□□ □□□□□□ - □□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□
 □□□□□□ □□□□□□ □□□□

□ □ □ □ □ □ □ □ □ □

Erm □□□□□□□□ - □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□

ଶରୀରରେ ଘଟୁଥିବା ପ୍ରକ୍ରିୟାଗୁଡ଼ିକର ସ୍ଥିତିକୁ ନିୟନ୍ତ୍ରଣ କରିବା ପାଇଁ ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଉପସ୍ଥାପିତ ହୋଇଥାଏ । ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ । ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ । ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।

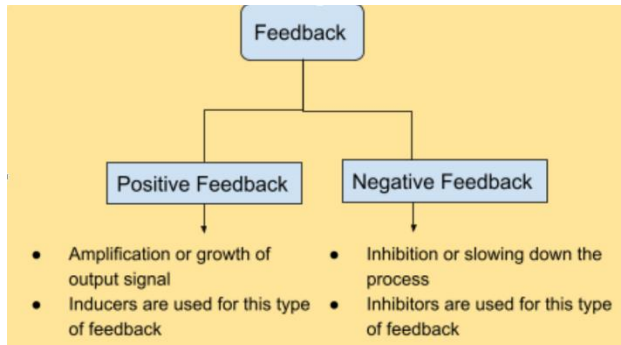


Figure 36

ଶରୀରରେ ଘଟୁଥିବା ପ୍ରକ୍ରିୟାଗୁଡ଼ିକର ସ୍ଥିତିକୁ ନିୟନ୍ତ୍ରଣ କରିବା ପାଇଁ ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଉପସ୍ଥାପିତ ହୋଇଥାଏ ।

ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ:-

- ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରରେ ଘଟୁଥିବା ପ୍ରକ୍ରିୟାଗୁଡ଼ିକର ସ୍ଥିତିକୁ ନିୟନ୍ତ୍ରଣ କରିବା ପାଇଁ ଉପସ୍ଥାପିତ ହୋଇଥାଏ :-
 - ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ - ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।
 - ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।
 - ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।
 - ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।
- ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରରେ ଘଟୁଥିବା ପ୍ରକ୍ରିୟାଗୁଡ଼ିକର ସ୍ଥିତିକୁ ନିୟନ୍ତ୍ରଣ କରିବା ପାଇଁ ଉପସ୍ଥାପିତ ହୋଇଥାଏ :-
 - ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ - ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।
 - ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।
 - ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।
 - ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରର ଗୋଟିଏ ଅଂଶରୁ ଆସୁଥିବା ସୂଚନାକୁ ଶରୀରର ଅନ୍ୟ ଅଂଶକୁ ପ୍ରଦାନ କରିଥାଏ ।

ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ 7: ଫିଡ୍‌ବ୍ୟାକ୍ ଯନ୍ତ୍ରଣା ଗୁଡ଼ିକ ଶରୀରରେ ଘଟୁଥିବା ପ୍ରକ୍ରିୟାଗୁଡ଼ିକର ସ୍ଥିତିକୁ ନିୟନ୍ତ୍ରଣ କରିବା ପାଇଁ ଉପସ୍ଥାପିତ ହୋଇଥାଏ ।

本集团及本公司之附属公司（以下合称“本集团”）于2014年12月31日止年度，根据香港联合交易所有限公司证券上市规则（以下简称“上市规则”）第13.91条，须披露有关本集团之环境资料。本集团之环境资料披露，旨在提供有关本集团对环境之影响，以及本集团为减低对环境之影响所采取之措施之资料。本集团之环境资料披露，旨在提供有关本集团对环境之影响，以及本集团为减低对环境之影响所采取之措施之资料。

[illegible]

bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.05.11.242811>; this version posted May 11, 2020. The copyright holder for this preprint (which was not certified by peer review) is the author/funder, who has granted bioRxiv a license to display the preprint in perpetuity. It is made available under aCC-BY-NC-ND 4.0 International license.

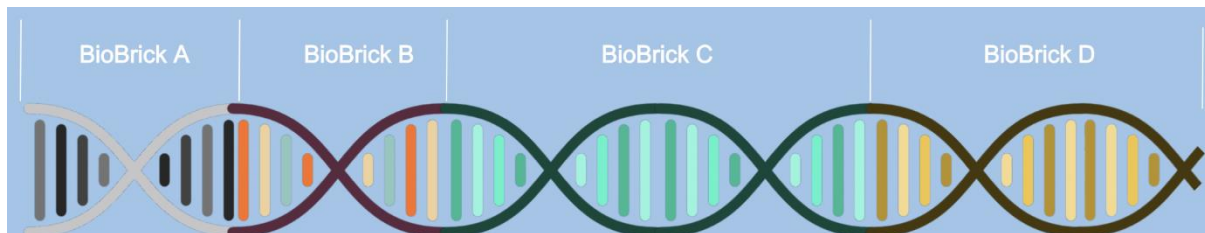


Figure 37

[illegible]

1. 在图 1 中， C 为常数， E 为常数， A, B, D 为常数。

[illegible]

- [illegible]

[illegible][illegible]

□□□□□□□□□□, □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□:

1. □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□
2. □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□
3. □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□
□□□□ □□□□□□ □□□□□

RFC10 □□□□□□ □□□□

□□□□□□□□ □□□□□□□□ **10 (RFC10)** □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□ □□□ □□□□□□□
□□□□□□ □□□□ □□□. **RFC10** □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□. □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□ □□□□
□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□.
□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ **5 '□□□□ 3'** □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□.

□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□, □□□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ **TM** □□ □□□ □□□□□ □□□ □□ □□□□□
□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□. **RFC10**
□□□□□□□□□□□□, □□□□□□□ **EcoRI (E)** □□□□ **XbaI (X)** □□□□□ □□□ □□□□□□□□
SpeI (S) □□□□ **PstI (P)** □□□□□. □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□□□□□□□, □□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□ □□, **E, X, S**
□□□□ **P** □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□.

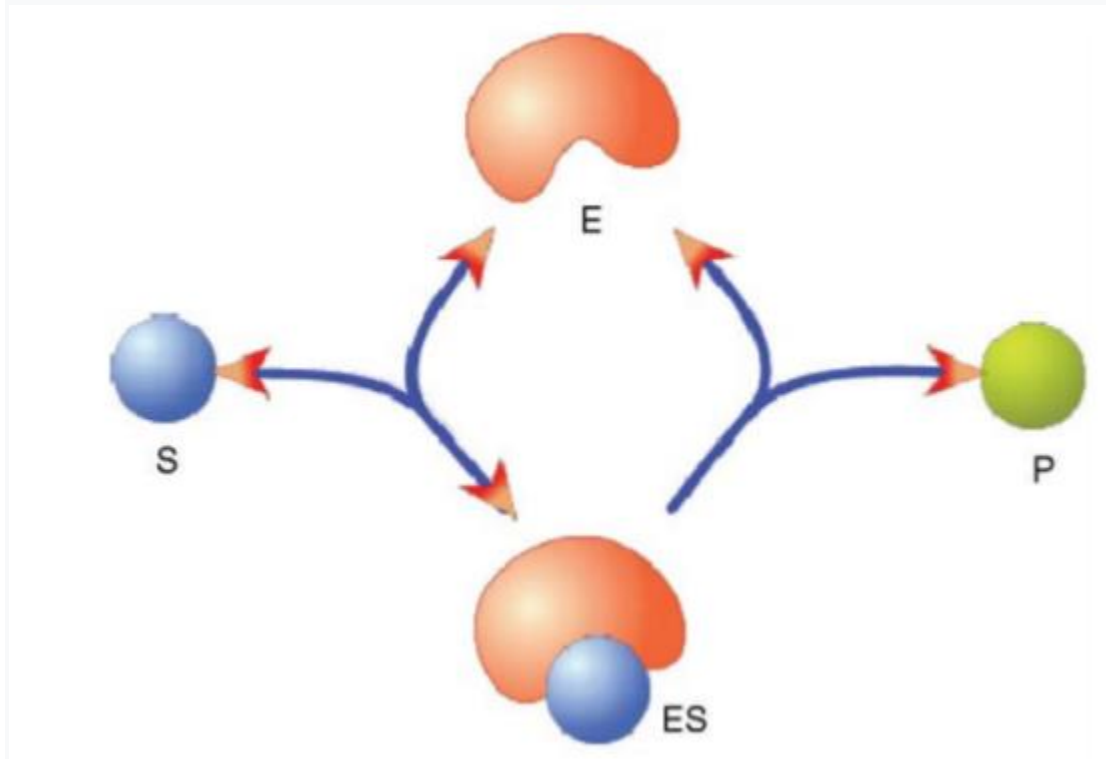
2. 3A Assembly

□ □ □ □ □ □ 8: □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ :-

[illegible]

□□□□ □□□□□□:-

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□-□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□:-



□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□:
□□□□□□□□□ (□□), □□□□□□□ (□), □□□□□□□□
(□□), □□□ □□□□□□□-□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ (□□□□).

□□ □□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□:-

□□□ □□□□□□□□□	□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□
□ + □□ → □□□□	□1 * [□] * [□]
□□□ → □ + □□	□2 * [□□]

The diagram illustrates the process of transcription initiation. An orange, irregularly shaped molecule labeled 'TF' (Transcription Factor) is shown binding to a specific DNA sequence (represented by a red bar). A green arrow indicates the recruitment of a blue, spherical molecule labeled 'P' (Polymerase) to the DNA sequence, where it begins to synthesize an RNA strand (represented by a blue line).

□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□
 □□□□□□ □□□□:-

$$u = \frac{TF}{K_d + TF}$$
 □□□□ TF □□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
 □□□□□□ □□□, □□□□ K_d □□ □□□□□□□□□ □□□
 □□□□□□
 □□ TF □□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□, □□ □□ □□□□□□□□
 □□□□□□, □□ □□□□□□□□ □□
 P □□ □□□□□□ u □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□. □□ TF □□□□ □□□□□□ □□□□□□
 □□ □□ (1 - u) □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□.
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□
 □□□□ □□□□□□□□, h, □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□: $u = \frac{TFh}{K_d + TFh}$
 / (□□□□□□ + □□□□□□□□
),
 □□□□□□:-
 ● $h > 1$, □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□: □□□□ □□ ligand □□□□□
 □□□□□□□□□□ □□□□
 □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□, □□□□ ligand
 □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□. □□□□□□□□□□□□, □□□□□□

□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□

(□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□)

1.7-3.2 □□□□ □□□□□□□□ □□□□.

<N <1, □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□: □□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□

□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□, □□□ ligand □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□.

● n = 1, □□□ -□□□□□□□□□□□□ (□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□) □□□□□□□□□: □□ □□□□□□□□□

□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□

□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□.

□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□, □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□

□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□ □□□□

□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□

□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□. □

□□□□□□□□, □□, □□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□

□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□:-

$dp/dt = (k_1 (TFh$

$/ (K_d + TFh)) - (\Delta p * P)$, □□□□ TF □□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□ □□

□□□□□□□□□□ □□□

□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□, □□ 1 □□

□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□ (□□□□□□□□□□

□□□□ □□□□□□□□) □□□□ Δp □□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□. □□□□□□□□

□□□□ □□□□ □□□□

□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□

□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□.

□□□□□□□□:

□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□□□

□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□

(□□□□□□□□, □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□

□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□)

□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□

□□□□□□□□□□□□. □□ □□□□□□□□□□ □□□□

□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□

□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□

□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□.

□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□: □□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□

□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□

□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□.

□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□: □□ □□□□□□□□
□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□
□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□□□□□ □□□.

□□□□□□□:

□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
(□□□□□□□□□□) □□□□□ □□□□□□

Mathematical modelling and synthetic biology

□□□□□□ 9: iGEM □□□ iGEM IISER □□□□□ 2021

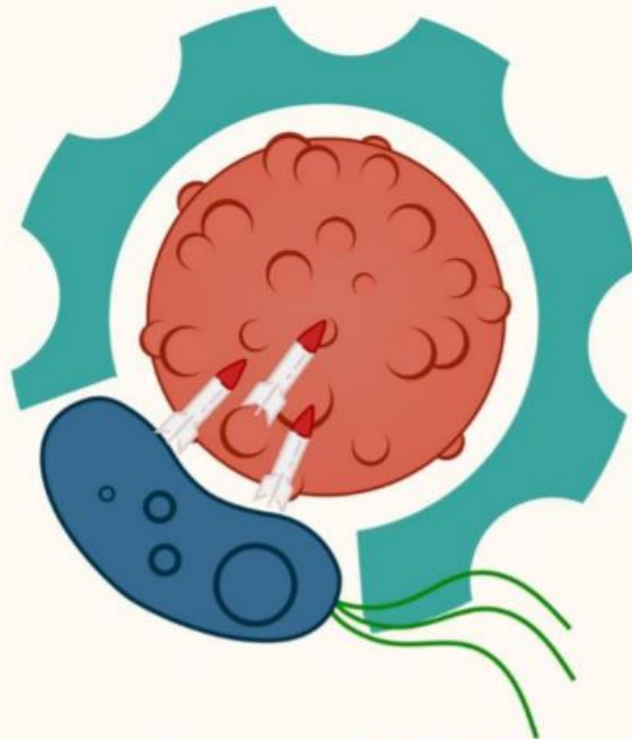
□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ (□□□□□□□□)
□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□, □□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□ □□□ □□□□□□□□. □□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□
(□□□□□□□□□□, □□□□□□□□, □□□□
□□□□□□□□) □□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□, □□□□ -□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□ □□□□□, □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□
□□□□□, □□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□.

iGEM □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□ □□ □□□□□□, □□□□□□□, □□□□□□□□
□□□□□□□□□□, □□□□□ □□□ □□□□□, □□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□, □□□□□ □□□□□.

350 □□□□□□□ □□□□□ □□□□

□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ 40 □□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□
□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□.

iGEM IISER BHOPAL - 2021

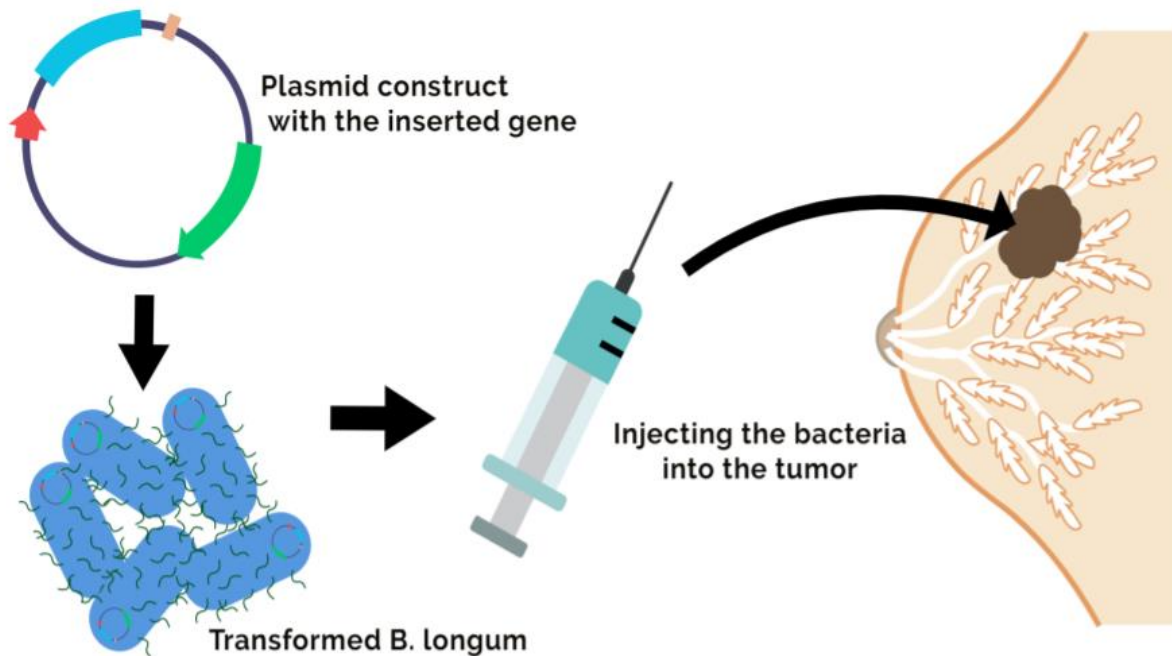


BLAST

B. Longum induced Apoptosis using Smac and Trail

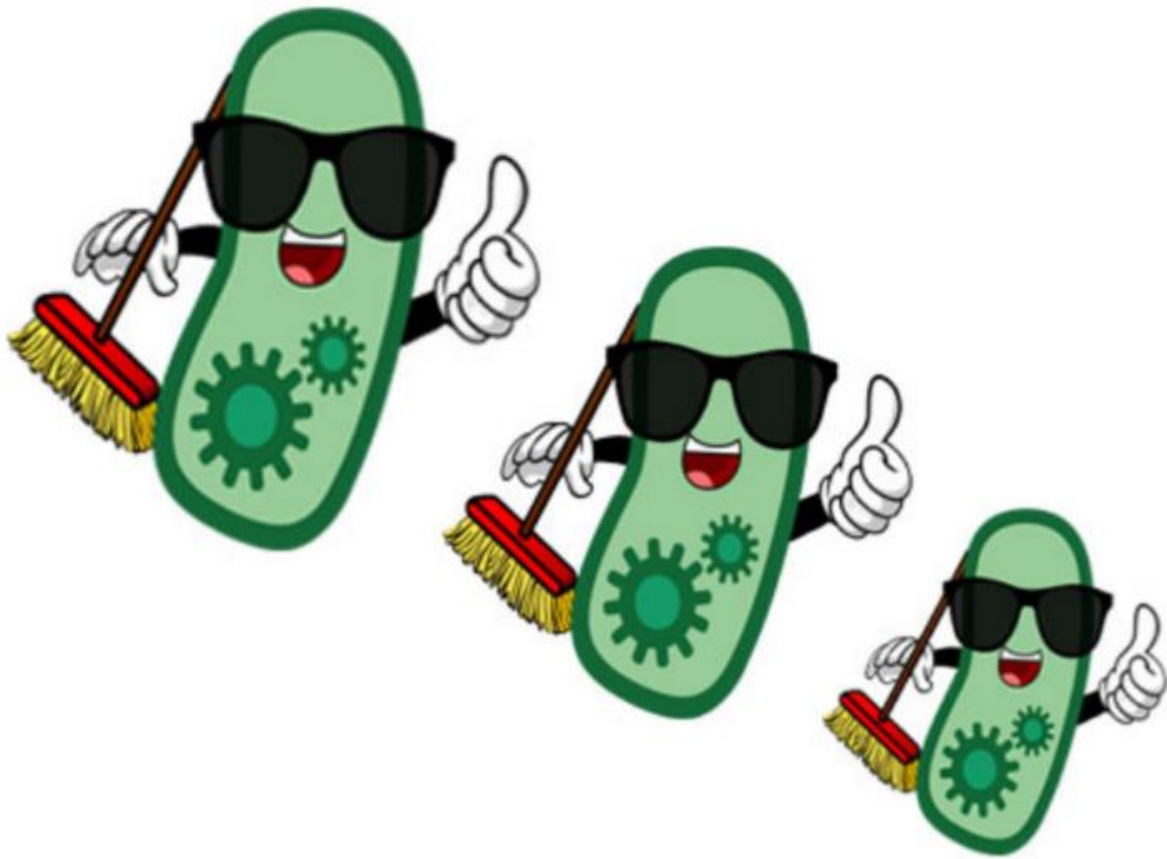
□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□, □□□□ □□□
□□□□□□□□□□ □□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□
□□□□□□□□□□ □□□ □□□ □□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□, □□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□
□□□□□□-□□□□-□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□. □□□□□
□□□□□□ □□□□□□

1. 构建含有插入基因的质粒构建体
 2. 将质粒构建体插入到 B. longum 基因组中
 3. 转化 B. longum 细胞
 4. 将转化后的 B. longum 细胞注射到肿瘤中
 5. 观察肿瘤的生长和消退



1. 构建含有插入基因的质粒构建体
 2. 将质粒构建体插入到 B. longum 基因组中
 3. 转化 B. longum 细胞
 4. 将转化后的 B. longum 细胞注射到肿瘤中
 5. 观察肿瘤的生长和消退

1. 构建含有插入基因的质粒构建体
 2. 将质粒构建体插入到 B. longum 基因组中
 3. 转化 B. longum 细胞
 4. 将转化后的 B. longum 细胞注射到肿瘤中
 5. 观察肿瘤的生长和消退



Catechewing Coli :

□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ -□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□
 □□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ -
 □□□□□ □□□ □□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□.
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □.
 □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□
 □□□□□□ □□□□ □□□□. □□ □□□□□□
 □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□
 □□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□

61

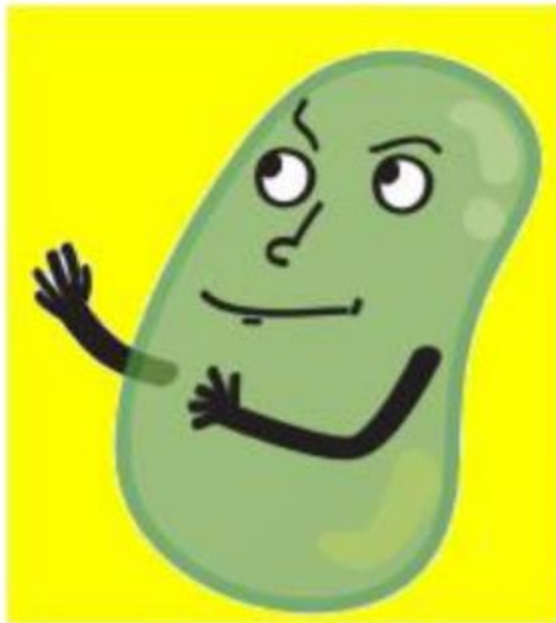
□□□□. □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□
 □□□□□□□ □□□□, □□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□□□□□-□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□.
 □□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□
 □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□ □□□□ □□□□□

□□□□□□□□□□. □□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□
□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□. □□
□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□, □□□-□□□!
□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□, □□□
□□□□□□□□, □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□
□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□.

□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□ □□□□□□□.

□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□ □□□□□, □□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□ □□□□
□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□, □□□□□□□ □□□□ □□□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□, □□
□□□□□□□ □□□□□□ □□□. □□□□□□ □□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□
□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□.

2013 □□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□ (NYMU),
□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□. □□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ **E. coli** □□□□□□□□□ □□□□
□□□□□□ □□□□ □□□□□□!



Bee Coli :

□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□. □□□□□, □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□
□□□□ □□ □□□□□□ □□□□
□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□
□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□

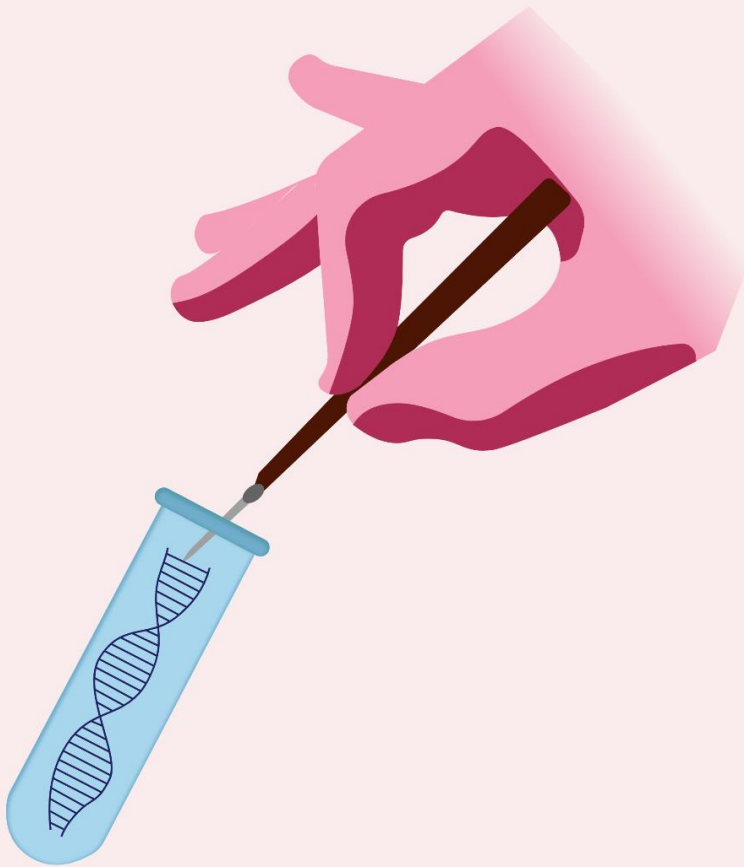
□□□□□□ □□□□□□□□. □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□
□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□. □□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□, □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□, □□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□.
□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□
□□□ □□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□ □□□□□□, □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□!
□□□□□□, □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□ □□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□, □□ □□□□
□□□□ □□□□□□□□-□□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□□□□□ □□□□ □□□□, □□□
□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□.
□□□□□□□□:

1. iGEM Team: Ruia-Mumbai - 2018
2. iGEM Team: NYMU-Taipei - 2013

7)Language: Hindi.

SYN-BIO WORKBOOK

iGEM 2021



□□□□□ □: □□□□□□□□□□

□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□
□□□□□□□ (IISER) □□□□□ □□ iGEM □□□ □□□□□□ □□ □□□□□,
□□□□□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□□
□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□ □□□
2000 □□ □□□ □□ □□□□□□ □□□, □□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□
□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□
□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ □□ □□□ □□□□ □□□□□ □□ □□□□□□
□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□
□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□
□□□□ □□ □□□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□ □□□, □□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□
□□□□□ □□ □□□ □□ □□□ □□□□□ □□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□
□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□□ □□ □□ □□□□□ □□□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□
□□ □□□□□ □□□ □□□ □□□, □□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□
□□□ □□ □□□□□□ □□□ □□□□□ □□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□□ □□□□
□□ □□□ □□□□□ □□□ □□□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□
□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□□

□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□ □□□
□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□
□□□□□□□□ □□ □□□□, □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□
□□ □□□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□
□□ □□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□□ □□□
□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□
□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□ □□, □□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□
□□□ □□□□□□□□□□

[illegible]

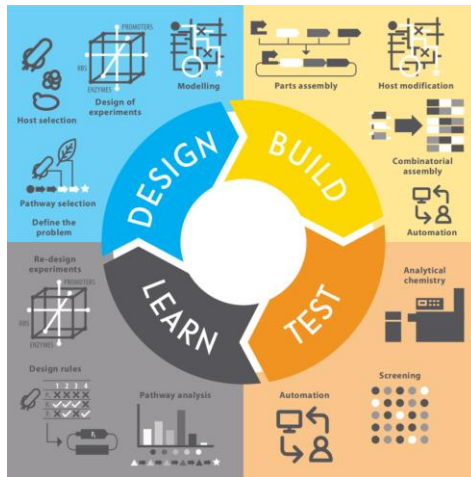
☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ?

00000000 00000000 00000000 00 00 000000 0000 00000000
 00 0000000 00000000000000 000000000000 00 0000 00000000 00
 00000000 00000 000000 0000 0000000000 00000000, 000000
 00000000 00 0000 000000000 00000 000000000 00 00000000000000
 00 000000000 000000000000 0000 00000000 00 00000000, 00000
 00000000 0000000000000 00 00000000 00 0000 0000000000 00
 000000000 00000 00 00000000 00000 0000 00000000000 0000
 000000000 00 0000000 00000000000 0000000 0000 00 0000000000 00000
 '0000000 0000000'(000000 00000000, 00000000000 00000000, 00000000
 00000000, 0000) 00 00 000000 0000000 00, 00000 00000000000 0000
 00 000000000 00000 00 0000 00000000000 00000000000 00 00000
 00000 00 0000 000000000, 0000000 00 00000000000 00000 00 00000
 00 00000 00 00000000000 00000000000000 00000 00 0000000000 00000
 00000000 00 0000 0000 0000000 00000 0000 0000000000 00 00000
 00000000000000 00 0000000000 0000 000000000 00000 00 00000 00
 0000000 0000000 0000000000 00000000000 00 00000000000 00000000 00
 0000 000000 00 000000 0000 00000 00 0000000000 00: 0000 0000
 00000000000 00 0000000000 00 0000000 0000000 0000000 00 000000 00
 00000000 00000000 000000000 000000 0000 0000 00 0000 000000000 00000000
 00 00000 00000000000 (000000000000000 00000 00000000000000 00
 0000) 0000000 0000, 00000000000 0000000000000000 00000 00
 000000000000 0000000 000000000000000 00 000000000 00 0000000000
 00000000000

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□
□□□□□□ □□□□ □□ - □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□, □□□□□□
□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□: □□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□ □□ □□□□□
□□□□□□□ (□□□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□
□□□□□ □□□□) □□ □□ □□□ □□□□□ □□□□ □□□□□ □□, □□ □□□□□□□□□□□
□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□, □□□ □□□□ □□□ □□□□□□ □□□
□□ □□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□ □□ (□□□□ □□□□?? □□□□□□
□ □□□□! □□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□□□□□!)

□□□□□□□-□□□□□□-□□□□□□-□□□□ □□□□□□□
□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□
□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□, □□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□
□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□ □□□ □□□□□ □□
□□□□□□□□ □□? □□□□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□□□? □□□□
□□ □□□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□? - □□ □□□□
□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□-□□□□□□-□□□□□□-□□□□□
(DBTL) □□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□

□□□ □□□□□ □□ □□ □□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□
□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□ □□□□□



DBTL 是一個系統化的方法，用於設計、建造、測試和學習，以優化生物系統。

DBTL 的步驟如下：

1. 設計 (Design)

在設計階段，我們需要定義問題，並選擇合適的宿主和途徑。這通常涉及大量的實驗和模擬，以確定最佳的設計方案。設計階段是整個過程的起點，也是最重要的階段之一。

- 我們需要定義問題，並選擇合適的宿主和途徑。這通常涉及大量的實驗和模擬，以確定最佳的設計方案。設計階段是整個過程的起點，也是最重要的階段之一。
- 我們需要定義問題，並選擇合適的宿主和途徑。這通常涉及大量的實驗和模擬，以確定最佳的設計方案。設計階段是整個過程的起點，也是最重要的階段之一。
- 我們需要定義問題，並選擇合適的宿主和途徑。這通常涉及大量的實驗和模擬，以確定最佳的設計方案。設計階段是整個過程的起點，也是最重要的階段之一。
- 我們需要定義問題，並選擇合適的宿主和途徑。這通常涉及大量的實驗和模擬，以確定最佳的設計方案。設計階段是整個過程的起點，也是最重要的階段之一。

□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□ □□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□□
□□, □□ □□ '□□□□□□ □□□□□□' □□ □□□□□□□□ - □□ □□□□□□□□□□ □□□□
□□ □□□□ □□□□□□□□, □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□□□ □□
□□□□ □□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□
□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□ □□ □□□ □□, □□ □□□□□□□□□□
□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□□□□ □ □□,
□□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□
□□□□□□ □ □□□□□□□□
(□□□□ □□ □□□ □□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□ □□□, □□ □□ □□□□ □□
□□□□□□ □□ □□□ □□ □□ □□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□
□□□□ □□□□)

□□ □□□□□□ □□□, □□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□, □□ □□□□□□ □□
□□□□□ □□ □□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□ □□, □□□□□□ □□
□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□, □□□□□□□□□ □□□□, □□
□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□, □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□

০০০০ ০০ ০০০০০০০০০ ০০০, ০০ ০০০০০০০০০০ ০০০০০০০০ ০০০০ ০০০০
 ০০০০০০ ০০০০ ০০ ০০০০০ ০০ ০০০০০০০০০ ০০০০ ০০০০০০০০ ০০০০০০০০ ০০
 ০০০০০০ ০০০০০ ০০০০০ ০০০০ ০০ ০০০০০০০০০ ০০০০০ ০০ ০০০ ০০০০০০
 ০০০০০০০ ০০ ০০০০০০০ ০০০০০ ০০০০০০০০০০ ০০০০০০০ ০০ ০০০০ ০০
 ০০০০০০০০০০০ ০০০০০ ০০ ০০০০ ০০০০ ০০০০০০০ ০০০০০০০ ০০ ০০০০০ ০০
 ০০০০০০০০০০০ ০০ ০০০০ ০০০০০ ০০ ০০০০০০০০ ০০ ০০০০০০০ ০০০০০ ০০
 ০০০০০০০ ০০ ০০০০ ০০০০০ ০০০০ ০০০০০০০০০০ ০০ ০০০০০০
 ০০০০০০০০০০০০০০০০০ ০০ ০০০০ ০০০০ ০০০০ ০০০০০০০০ ০০০০০০০০ ০০০০০
 ০০০০০০০০০০০০০০০০০০ ০০ ০০০০ ০০০০ ০০ ০০০০০০০০ ০০০০০০ ০০ ০০০০০০
 ০০০০০ ০০ ০০ ০০০০০ ০০০০০ ০০০০০০০ ০০০০০০০ ০০০০০০!

□ □ □ □ □ □

- 00000000 00000000 00000000 00 00 000000 0000
00000000 00 0000000 000000000000 000000000000 00
000 00000000 00 0000000 0000 000000 0000
- 000000000 0000 00000000 00 000000 000000000 000000
0000 00 00000'0000 00000 '000000 000000'(00000 00000000,
0000000000 00000000, 00000000 00000000, 0000) 00 00 000000
000000 00, 00000 00000000000 0000 00 000000000 000000 00
0000 00000000000 00000000000 00 000000 000000 00 0000
000000000, 0000000 00 00000000000 000000 00 000000 0000

☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐

□□□□□□-□□□□□□-□□□□□□-□□□□□□ (□□□□□□□□) □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□

□ □ □ □ □ □ : -

- [illegible]

□□□□□□□□ □□□□ □□, □□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□

- □□□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□
□□□□□□ □□ □□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□
□□ □□□□ □□□□
- □□□□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□
□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□, □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□
□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□
□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□
□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□
- □□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□
□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□
□□□□□□□□□□ □□□□
- □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□
□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□
□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □ □□ □□
□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□
□□□□□□ □ □□□□□□□□

□□□□□□□□:

1. □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□
2. □□□□□□□□/□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□?
3. □□□□□-□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□

References:

1. [Synthetic Biology.](#)
2. [What is Synthetic/Engineering Biology?](#)
3. [The Bio-Engineering Cycle](#)

□□□□□ 2: □□□□ □□ □□□□□□ - □□□□□□□□□□□□□□

□□□□ □□□□ □□ □□ □□ □□□□ □□□ □□□ □□ □□ □□□□ □□□□□
□□ □□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□, □□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□ □□ □□
□□□□□ □□□ □□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□ □□ □□ □□□□ □□□ □□□□□
□□□□ □□□□ □□□, □□ □□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□
□□ - □□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□
□□? □□□□ □□ □□□□□, □□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□ □□□□□ □□
□□□□□□ □□ □□ □□□□□ □□ □□□ □□□?

□□□□□ - □□ □□□□□□ □□□ !! □□□ □□ □□□□ □□ □□□ (□□□□□ □□□□□)
□□ □□□ □□□ (□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□) □□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□
□□ □□ □□□□□ □□□ □□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□
□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□, □□ □□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□:

1. □□□□□□□□□□□□□□□□/□□□□□□□□□□□□ (□□□□□□□)
2. □□□□□□ (□□□□ □□ □□□)
3. □□□□□□ □□□□ (□□□□□□□□ □□□)
4. □□□□□□□□□□ □□□□

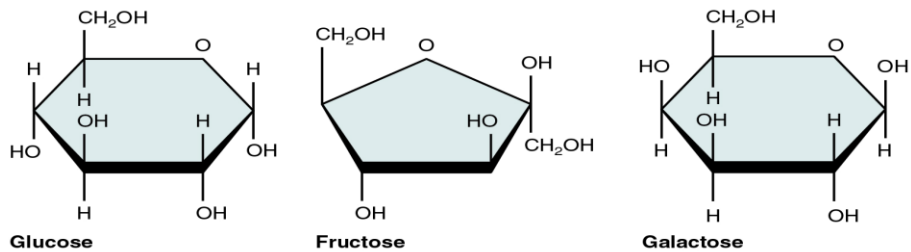
□□□ □□ □□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□ □□□□ □□□□□ - □□□□
□□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□ - □□ □□□□ □□□□□□□□ □□□

1. □□□□□□□□□□□□□□□□ / □□□□□□□□□□□

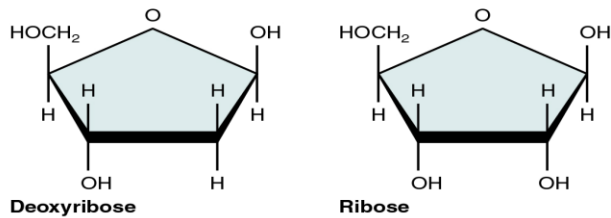
□□□□□□□□□□□□□□□□, □□□□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□□
□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□, □□□-□□□□□ □□ □□ □□□□ □□ □□□□□
□□ □□□□□□□□□ □□□□□ $C_mH_{2n}O_n$ (□□□□ 'm' 'n' □□ □□□□□ □□ □□□□
□□ □□ □□□□ □□ □□ □□□□ □□) □ **Saccharides** □□ □□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□ □□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□:

1. □□□□□□□□□□□□□□□□: □□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□ □□□ □□ □□
□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□ □□□ □□□□ □□□□□□□□□

糖類は、糖鎖の構成成分として、細胞表面の糖タンパク質や糖脂質の形成に関与している。糖鎖は、細胞の識別、情報伝達、免疫応答などに重要な役割を果たしている。糖鎖の構造は、糖の配列、糖鎖の長さ、糖鎖の分岐の有無によって決まる。糖鎖の構造は、細胞の機能や病気の発症に関与している。糖鎖の構造を解析することは、細胞の機能や病気の発症を理解するために重要な手段である。



(a) Hexoses



(b) Pentoses

糖鎖の構造 2

糖鎖の構造は、糖の配列、糖鎖の長さ、糖鎖の分岐の有無によって決まる。糖鎖の構造は、細胞の機能や病気の発症に関与している。糖鎖の構造を解析することは、細胞の機能や病気の発症を理解するために重要な手段である。糖鎖の構造は、細胞の識別、情報伝達、免疫応答などに重要な役割を果たしている。糖鎖の構造は、糖の配列、糖鎖の長さ、糖鎖の分岐の有無によって決まる。糖鎖の構造は、細胞の機能や病気の発症に関与している。糖鎖の構造を解析することは、細胞の機能や病気の発症を理解するために重要な手段である。

The diagram shows the chemical structure of sucrose, a disaccharide composed of glucose and fructose. The glucose molecule is on the left, shown in its cyclic Haworth projection. It has a CH₂OH group at the top, and hydroxyl (OH) groups at the 2, 3, and 6 positions. The fructose molecule is on the right, shown in its cyclic furanose projection. It has a CH₂OH group at the top, and hydroxyl (OH) groups at the 2, 3, and 6 positions. The two molecules are linked by an oxygen atom (O) between their anomeric carbons (C1 of glucose and C2 of fructose). The entire structure is labeled "Sucrose" at the bottom left.

The diagram shows the chemical structure of Lactose, a disaccharide. It consists of two six-membered pyranose rings. The left ring is a glucose molecule in its cyclic form, with a CH₂OH group at the top and an OH group at the bottom. The right ring is a galactose molecule, also in its cyclic form, with a CH₂OH group at the top and an OH group at the bottom. The two rings are connected by a glycosidic bond between the C1 of the glucose ring and the C4 of the galactose ring. The bond is labeled with an 'O' at the junction. The entire structure is labeled 'Lactose' at the bottom left.

Maltose

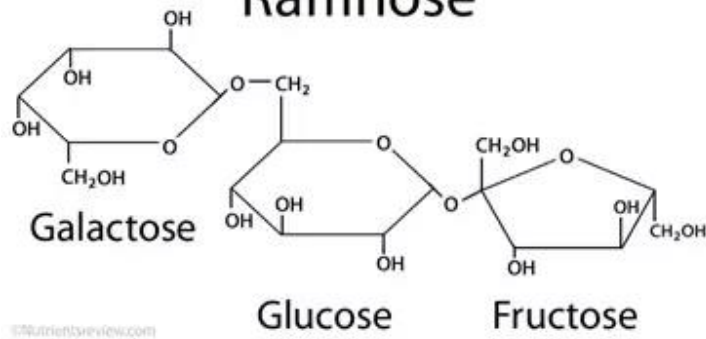
2.

□□□□□□ □□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□ □□□: □□□□□□□□, □□

□□□□□□□□, □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□

Oligosaccharides

Raffinose



□□□□□ 4

3.□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□

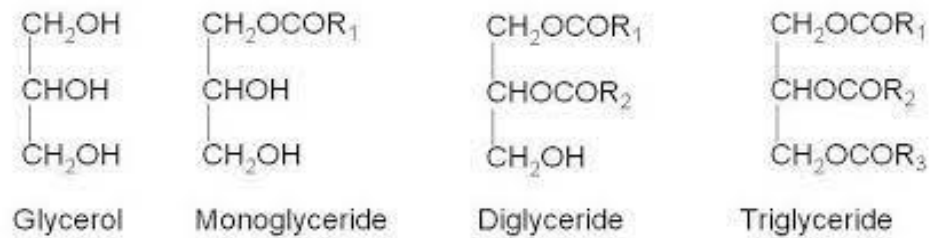
□□□□□□□□□□□□□□: □□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□
 □□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□ □□ □□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□
 □□□□□□□ □□ □□□: □□□□□□□□□□ (□□□□□ □□ □□□□□□□ □□
 □□□□□□□□ □□□ □□□□□□), □□□□□□□□ (□□□□□□ □□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□) □□ □□□□□□□□□□ (□□□□□□□□ □□□ □□□□□□
 □□□□□□□□)□

□□□□□ 5

4.□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□

2.□□□□□□

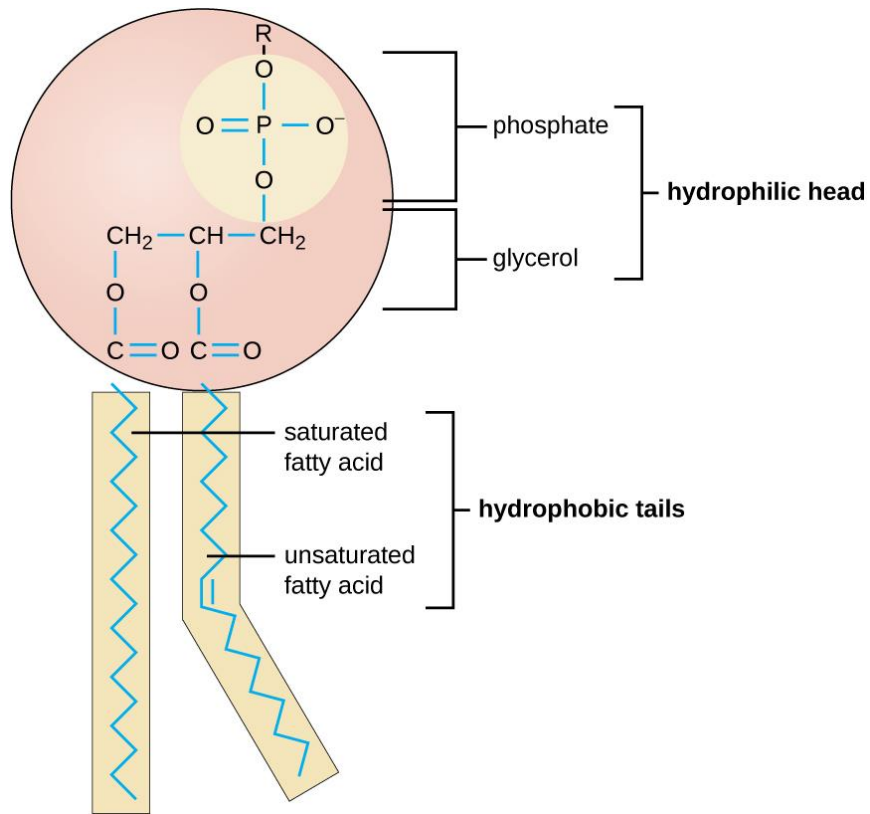
糖類 糖類 糖 糖類糖類糖類 糖 糖類 糖類糖類糖類糖類糖類 糖 糖類
 糖類 糖 糖類糖類糖類糖類 糖 糖類 糖類 糖類糖類 糖類糖類 糖類
 糖類糖類糖類糖類糖類 糖類糖類糖類糖類糖類 糖類糖類 糖 糖類糖類 糖
 糖類糖 糖, 糖類糖類 糖類糖類糖類糖類糖類糖類, 糖類糖類糖類糖類糖類
 糖 糖類糖類糖類糖類糖類糖類糖類 糖類 糖 糖類糖 糖類



糖類糖 7

糖類糖類糖類 糖 糖類糖類糖類糖類

糖類 糖類糖類 糖類 糖 糖類糖類糖類 糖類糖 糖類糖類 糖類糖 糖 糖
 糖類糖類糖類 糖類糖類糖類糖類糖類 糖類 糖類糖 糖類 糖 糖類糖類糖類糖類糖類
 糖類糖類糖 糖類糖類糖 糖 糖 糖類糖類糖 糖類 糖類糖類 糖類 糖 糖類
 糖類糖 糖類糖 糖類 糖 糖類糖類 糖類糖類糖類糖類 糖 糖類糖類糖類 糖
 糖類糖類糖類糖類 糖類 糖類糖 糖 糖類糖類 糖類糖



□□□□□ 8

□□□□□□□□□□ □□□□□□

□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□ □□-□□□□□□; □□□□□□□□□□□□
 □□ □□□□ □□ □□□□□□□□

□□□□□: □□□□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□

"□□□□□" □□□□ □□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□

□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□□ □□

□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□ □□□□□ □□, □□□□□□ □□□□□□□□

□□ □□□□

3. □□□□□ □□□□

□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□ □□ □□

□□□□□□ □□ □□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□: □□

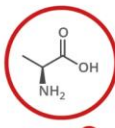
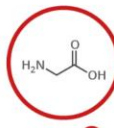
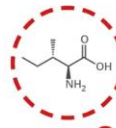
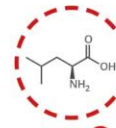
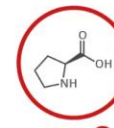
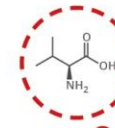
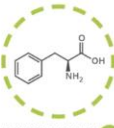
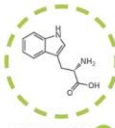
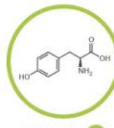
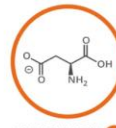
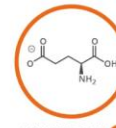
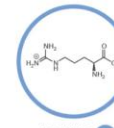
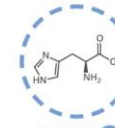
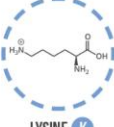
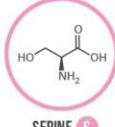
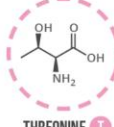
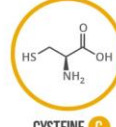
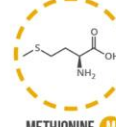
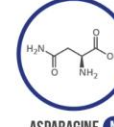
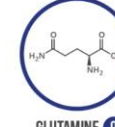
□□□□□□□□ □□□□□□, □□□□ □□□ □□ □□□□ □□□ □□□□ □□ □□
 □□□□□□□□ □□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□ □□□ □□□□
 □□ □□□□□ □□□□□ □□ □□ □□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□□□
 □□□ □□ □□ □□ □□□□□□ □□ □□ □□□□□ □□□□□□ □□ □□□ □□□

□□□□□□ □□ □□□□ □□□□

A GUIDE TO THE TWENTY COMMON AMINO ACIDS

AMINO ACIDS ARE THE BUILDING BLOCKS OF PROTEINS IN LIVING ORGANISMS. THERE ARE OVER 500 AMINO ACIDS FOUND IN NATURE - HOWEVER, THE HUMAN GENETIC CODE ONLY DIRECTLY ENCODES 20. 'ESSENTIAL' AMINO ACIDS MUST BE OBTAINED FROM THE DIET, WHILST NON-ESSENTIAL AMINO ACIDS CAN BE SYNTHESISED IN THE BODY.

Chart Key: ● ALIPHATIC ● AROMATIC ● ACIDIC ● BASIC ● HYDROXYLIC ● SULFUR-CONTAINING ● AMIDIC ○ NON-ESSENTIAL ○ ESSENTIAL

 Chemical Structure single letter code A three letter code DNA codons	 ALANINE A <i>Ala</i> GCT, GCC, GCA, GCG	 GLYCINE G <i>Gly</i> GGT, GGC, GGA, GGG	 ISOLEUCINE I <i>Ile</i> ATT, ATC, ATA	 LEUCINE L <i>Leu</i> CTT, CTC, CTA, CTG, TTA, TTG	 PROLINE P <i>Pro</i> CCT, CCC, CCA, CCG	 VALINE V <i>Val</i> GTT, GTC, GTA, GTG
 PHENYLALANINE F <i>Phe</i> TTT, TTC	 TRYPTOPHAN W <i>Trp</i> TGG	 TYROSINE Y <i>Tyr</i> TAT, TAC	 ASPARTIC ACID D <i>Asp</i> GAT, GAC	 GLUTAMIC ACID E <i>Glu</i> GAA, GAG	 ARGININE R <i>Arg</i> CGT, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG	 HISTIDINE H <i>His</i> CAT, CAC
 LYSINE K <i>Lys</i> AAA, AAG	 SERINE S <i>Ser</i> TCT, TCC, TCA, TCG, AGT, AGC	 THREONINE T <i>Thr</i> ACT, ACC, ACA, ACG	 CYSTEINE C <i>Cys</i> TGT, TGC	 METHIONINE M <i>Met</i> ATG	 ASPARAGINE N <i>Asn</i> AAT, AAC	 GLUTAMINE Q <i>Gln</i> CAA, CAG

Note: This chart only shows those amino acids for which the human genetic code directly codes for. Selenocysteine is often referred to as the 21st amino acid, but is encoded in a special manner. In some cases, distinguishing between asparagine/aspartic acid and glutamine/glutamic acid is difficult. In these cases, the codes asx (B) and glx (Z) are respectively used.

© COMPOUND INTEREST 2014 - WWW.COMPOUNDCHEM.COM | Twitter: @compoundchem | Facebook: www.facebook.com/compoundchem
Shared under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives licence.



□□□□□ 10
 20 □□ □□□□ □□□□ □□ □□□ □□ □□□□□
 □□□□□ □□□□ □□ -NH₂ □□ -COOH □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□
 □□□□□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□ pH □□ □□□□ □□ -NH₃⁺ □□
 -COO- □□□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ pH □□ □□□□□
 □□□□ □□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□

(pI) □□□□ □□□□

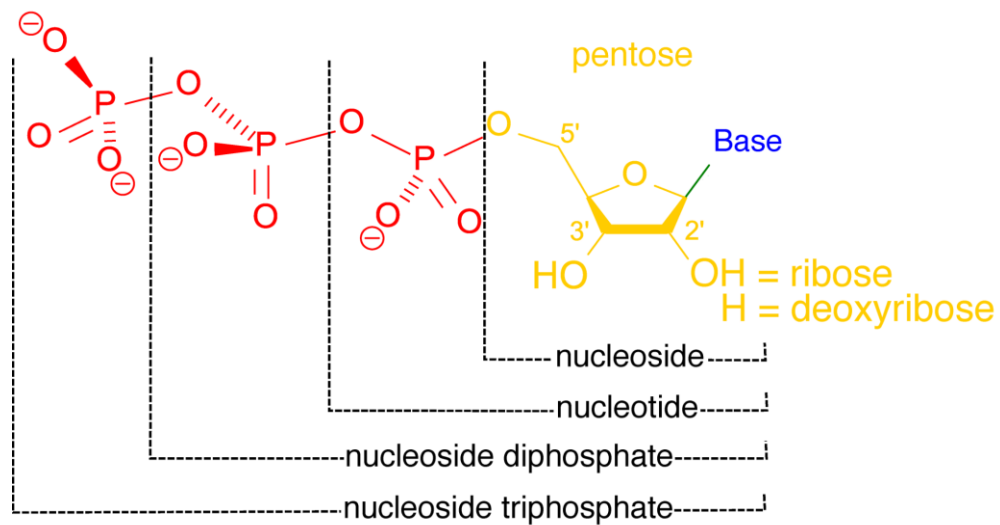
糖核苷酸 磷酸, 糖核苷酸 磷酸 磷酸 磷酸 磷酸 磷酸 磷酸 磷酸 磷酸 磷酸
 磷酸

糖 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸
 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸:

糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 = 糖核苷酸 + 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 +
 糖核苷酸

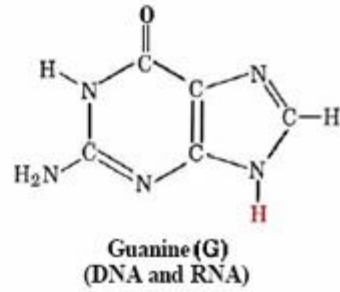
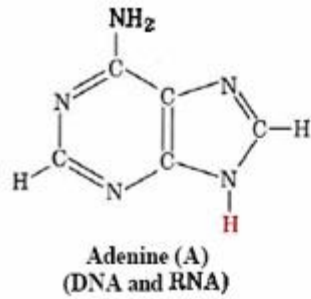
糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 = 糖核苷酸 + 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸

糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 = 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 + 糖核苷酸

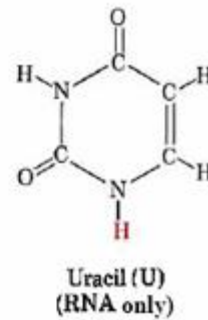
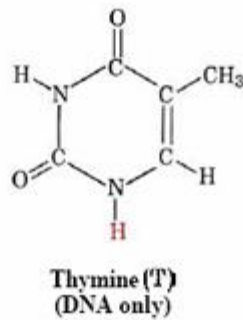
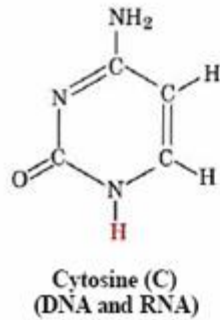


糖核苷酸 12

糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸 糖核苷酸



Purines

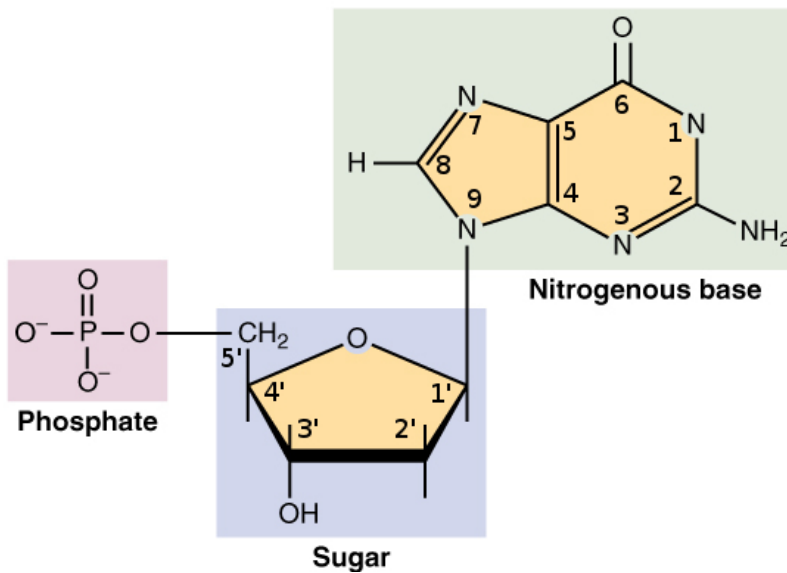
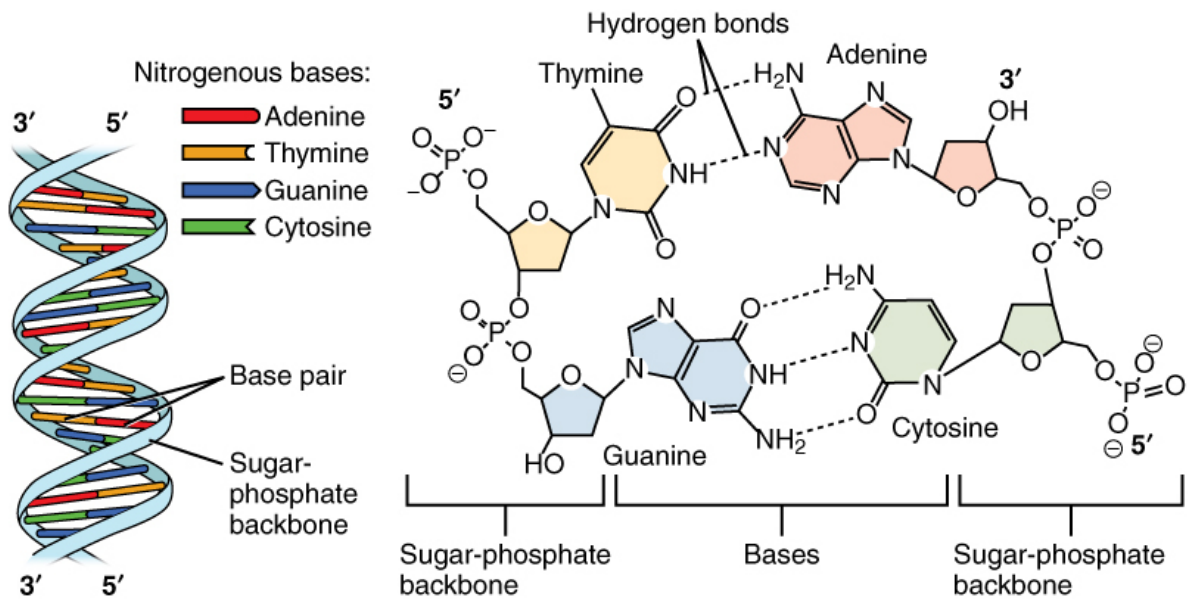


Pyrimidines

□□□□□ 13

□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□

□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□ □□□□
 □□□□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□ □□□ □□□ □□□□□, □□
 □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ (□) □□□□ □□□□ □□,
 □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□ □□□, □□□□□□□□□□ □□ □□□ □□,
 □□□□□□□□ □□ □□□ □□, □□□□□□□□ □□ □□□ □□ □□ □□□□□□ □□
 □□□ □□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□, □□□□□□□□□□ □□□
 (□/□□/□□/□□) □□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□
 □□□□ □□□□□□ □□□□□□ (1' □□□□□□) □□ □□□□□ □□□□ □□ □□ □□
 □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ 5 □□□□
 □□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□



□□□□□ 14

□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□

- □□□□□□□□□□□□□□□□ □□, □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□
 □□□□□□ 1, 2, 3... □□ □□□ □□□ □□ □□□□ □□□□ □□
 □□□□□□□□ □□ □□□□□□ 1', 2', 3'...
- □□□□□□□□□□□□□□, □□□□□ □□□□ □□ □□□, □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□
 □□ □□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□

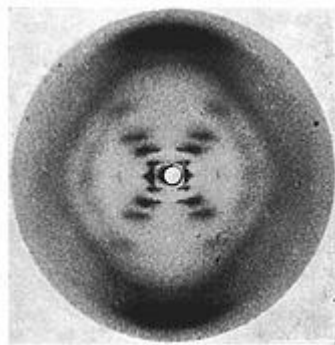
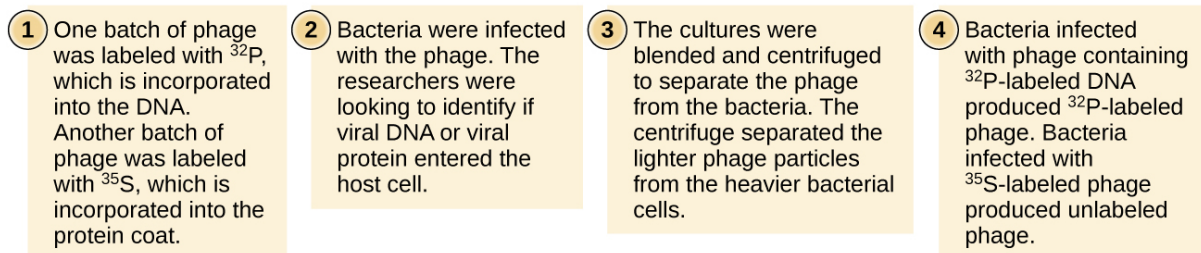
- 000000000000, 0000: 0000000000, 00000000,
0000000000 0000
- 00000 00000 00 0000 000 000000000 0000 000 00
0000000 0000000 00 00000000 000 000000 000 00 0000000
00 0000000 0000000 00000 00000 000, 000, 00 00000000 00
00000000 000000 00 0000000 00000
- 000000 00000 0000000000 000000 00000 000 0000000 00 00
0000000 00 00 0000000 0000000000000 00000 00000 000: 00
000000 (-00000 2) 00000 00 00 00000000000000 (-0000000)
00000, 00000000000 (-00) 0000000 00 00 00 000 000 000000
00 00 00000 00 0000000 00 00 00 0000000 0 00000 000000
000000 00 00 0000000 00000 00 000 000000 00000 00
0000000 00000 0000 00000 00000
- 00000000000000000000, 00000000000 00000 00 00000000
000, 0000000000 000000 0000 00000000 0000 00000000 0000
00000 000:

00 5-0000000 (0000000) 00000 - 00000 0000000 (C5H10O5) 00

00000000000000000 (C5H10O4) 0000 00000 0000

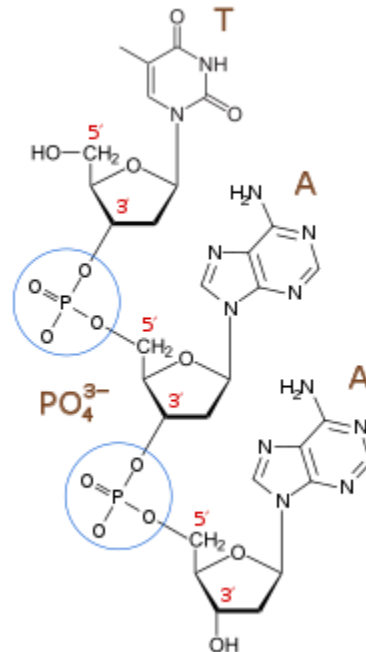
- 00 00000000000000 0000 - 00 0000000, 00000000000, 00000000
00 00000000000 00 000 00000000000000000000000 000000 00000
0000000 00 0000000 (00), 0000000 (00), 0000000000 (00),
0000000 (00) 00 000000000 (00) 0000 00000 0000 0000
- 00 000000000 00000 (-PO43-) - 00000000000 00000 00 000000000
00000 0000 0000000 0000 00000000 00000000000000000 (-OH) 00000
00000 000, 00000000 00 00 00000000000 0000000 0000 0000000
00000 00000

00000000 **3:** 00000 00 0000 - 000000, 0000000 00 000000000



□ □ □ □ 51

□□□□□ □□□, □□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□ □□ 3'-□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□ □□ 5'-□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□



□□□□□ 17

□□□□□□□□□□□□□□ □□□□

□□□□□ □□□ □□ □□□-□□□□□□ □□□□□□ (□□ □□□□□ □□□ □□□□□)
 □□□□ □□, □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□
 □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□□□-
 □□□□□□□□-□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□□ □□ □□
 □□□□□□□□□□□ □□□□ (□, □□, □□ □□ □□; □□ □□□□ □□□□□ □□□
 □□□□□ □□) □□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□

□□□□□ □□□□□ □□□□□□

□□ □□□□□□□□ □□ □ □□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□□ □□ □□ □□ □□
 □□□ □□ □□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□
 □□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□
 □□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□

□□□□□□□□ □□ □□ □□□□ □□, □□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□

□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□ □ □□ □□ (□ = □□) □□ □□□ □□

□□□□□□□□□□ □□□□ □□ □□ □□ □□ (□□≡□□) □□ □□□ □□□

□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□

□□□□

□□□□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□

□□□□□□ □□ **36o** □□□□□□ □□□□ □□ □□ □□ □□□□□ □□□□□□ □□□□

□□□ **10** □□□□□□ □□ **10** □□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□

□□□□□ □□□□ □□□□□ □□ □□□ □□ □□□□ **3.4Å** □□ □□□□□ □□

□□□□□ □□, □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□ □□ □□□ □□ □□□□ **20Å** □□□

□□□□□ □□ □□□□ - □□□□□□□□: □□□□□□□□□□ □□□□□□

□□□□ □□□ □□□□□□□ □□ □□□□, □□□□□□□ □□□ □□ □□□ □□□□□□

□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□ □□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□

□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□□□□ □□□

□□ □□ □□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□

□□□ □□□

$$\square + \square\square = \square\square + \square\square \square\square \square + \square\square\square\square + \square\square = 1$$

□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□

□□□□□□ □□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□ □□□□□□□

□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□

□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□ □□ □□□ □□ **5'** □□□

□□□□ □□□□ □□, □□□□□□ □□ □□□□□□ **-PO43-** □□□□ □□□□ □□ □□

□□□□□ □□ **3'** □□□□ □□□□ □□□□ □□, □□□□□□ □□ □□□□□□ **-OH** □□□□

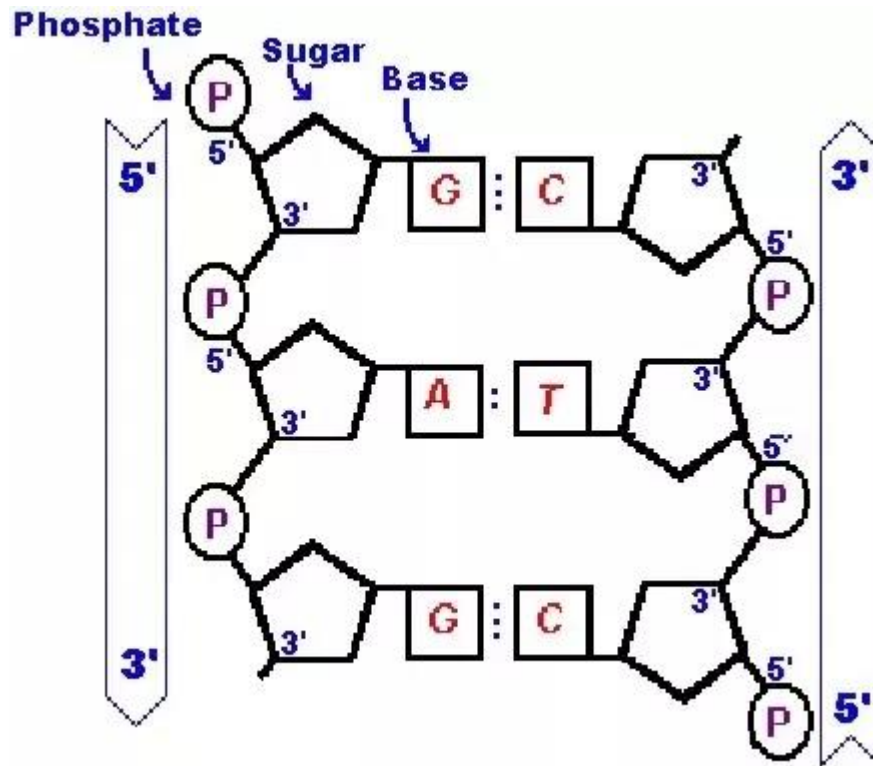
□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□□ **5'** □□ **3'** □□□□ □□□ □□□□ □□ □□□□

□□□□□□ **3'** □□ **5'** □□□□ □□□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□

□□ **5'** □□□□ □□□□□ □□ **3'** □□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□ □□□□□ □□ □□

□□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□

□□□



□□□□□ 18

□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□

□□□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□

□□ □□□-□□□□□□□□□□□ □□□□□ (dsDNA) □□□ □□ □□□□□□□□ □□

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□ □□ □□

□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□

□□□□□□□ (□□□□□) □□□□□□ □□ □□□□□ (□□□□□) □□□□□□ □□□□□ □□□, □□

□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□□□

□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□ dsDNA □□□□□ □□□□□ □□, □□□
□□□□□ □□□ □□□-□□□□□ □□□□□ (ssDNA) □□□□□ □□□□□ □□□

(□□□□□: □□ □□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□
□□□□□ □□□ □□□ □□□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□ □□□ □□ □□□□□ □□
□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□ □□ □□□ □□□□□□ □□□
□□□□□□□□ □□□□ □□□)

2.□□□□□□□□□□□□□□ □□□□ (□□□□□)

□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□ □□ □□□-□□□
□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□
□□□□ □□□ □□□□□ □□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□, □□□□ □□□□□
□□□□ □□□□□ □□ □□ □□□□□ □□□□□□ □□□: □□□□□□□□ □□ □□□-
□□□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□
□□ □□□ □□□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□
□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□ □□□□

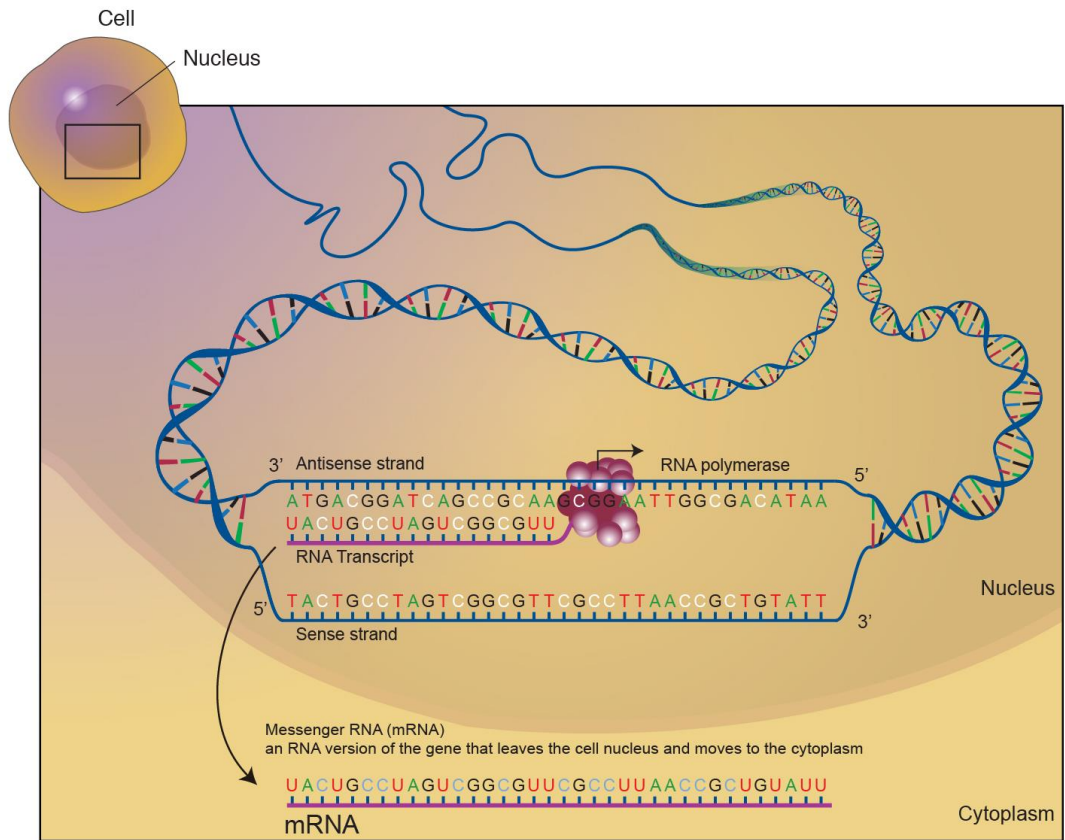
□□□□□□□

□□□□□ □□ □□□-□□□□□ □□□ □□ □□ □□□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□
□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□ □□□ □□ □□□□□ □□
□□□□□ □□□ □□ □□□□ □□□

□□□□□ □□□□□ □□□□□□

□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□ □, □□, □□ □□ □□ □□□
□□ □□ □□ □□□□ □□ □□ □□□ □ □□□□□ □□□□ □□ □□ □□ □□ □□□
□□□□ □□□□ □□, □□ □□□□ □□□□□ □□□ □□□□□ □□□□ □□ □□
□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□

(□□□□□: □□□□□ □□ □□□ □□□□: □□□□□ □□□ □□ □□□□□ □□□□
□□□□ □□□□ □□□□□ □□□ □□□□ □□?)



□□□□□ 20

□□□□□□□

(□□□□□: □□□□□□□□ □□□)

□□□□□ □□□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□ (□, □□, □□

□□□□□) □□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□ 64 □□□□□□□□

□□□□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□ 3 □□□□□□□□

□□□□□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□

□□□□ (□□□□□□ □□□□) □□ 61 □□□□ □□□ □□□ □□□□ □□□□□□

□□□□ □□□□ □□ 61 □□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□

□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□ □□□□, □□□□□□□□ □□□□

□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□ □□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□

□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□

□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□ □□

□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□ □□ □□ □□□□□□□□ □□

□□ □□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□□□□□

□□□□□ □□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□ □□□ □□ □□□ □□□ □□

□□□□ □□□

		second letter					
		U	C	A	G		
first letter	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA stop UAG stop	UGU } Cys UGC } UGA stop UGG Trp	U C A G	third letter
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G	
	A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G	
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G	

□□□□ 21

□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□□ □□ □□□

□□□□ □□□

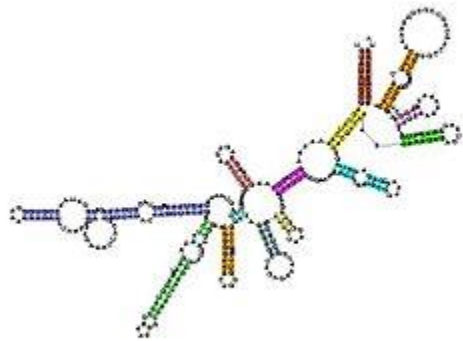
(□□□□□ □□ □□□ □□□□: □□ □□□□ □□ □□□ □□□□ □□□□□ □□□□ □□□

□□ □□ □□ □□ □□□□? □□□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□□ □□□□ □□

□□□□□□ □□□□)

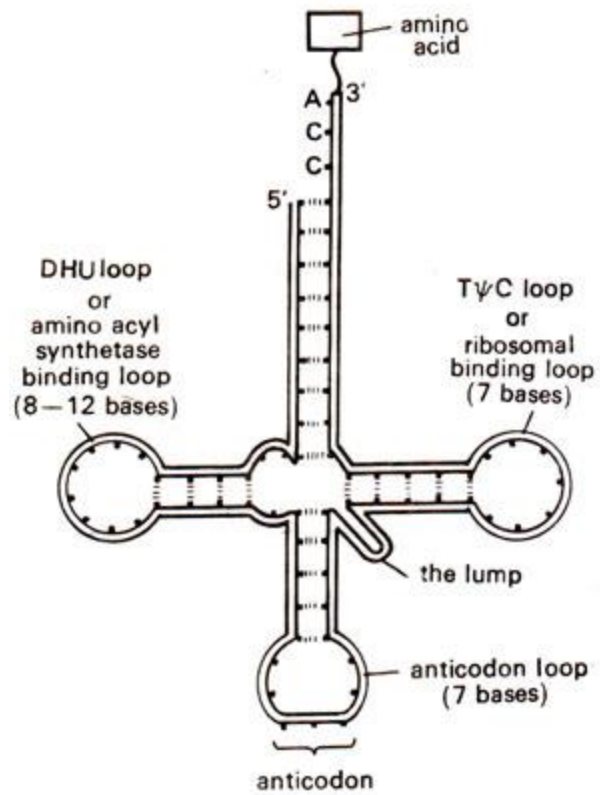
□□□□□□□□ □□□□ (□□□□□□□)

2.□□□□□□ □□ □□-□□□□ □□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□□□□□□□
□□□□ □□□ □□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□□□□ □□□ □□
□□□□□ □□□ □□□ rRNAs □□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□ □□□ □□□□
□□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□
□□□□ □□□ □□ □□ □□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□□ □□□ □□
□□□□ □□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□



3.□□□□□□□□□□ □□□□□ (□□□□□□□)

□□□□□□□ □□□ □□ □□□-□□□□ □□□ □□□, □□ □□□□ □□□□□□ □□
□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□ □□: □□□□□□□ □□□□ □□
□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□□□
□□□□ □□□ - □□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□
□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□ □□□□
□□ □□ 5'-□□□□□ -3 '□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□□□
□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□



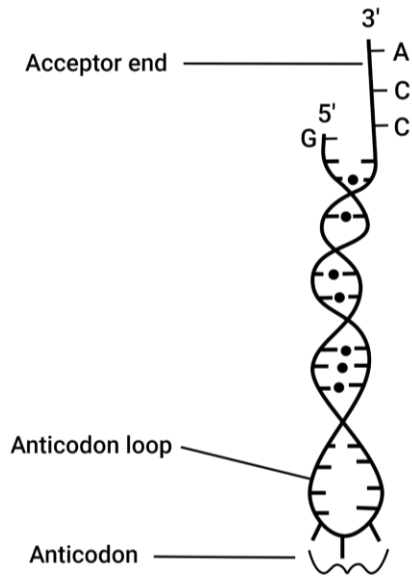
□□□□□ 23

□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□

□□□□□□□ □□□□ □□ □□□, □□ □□□□□ □□□□ □□□□□ □□ □□□

□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□

□□□□ □□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□



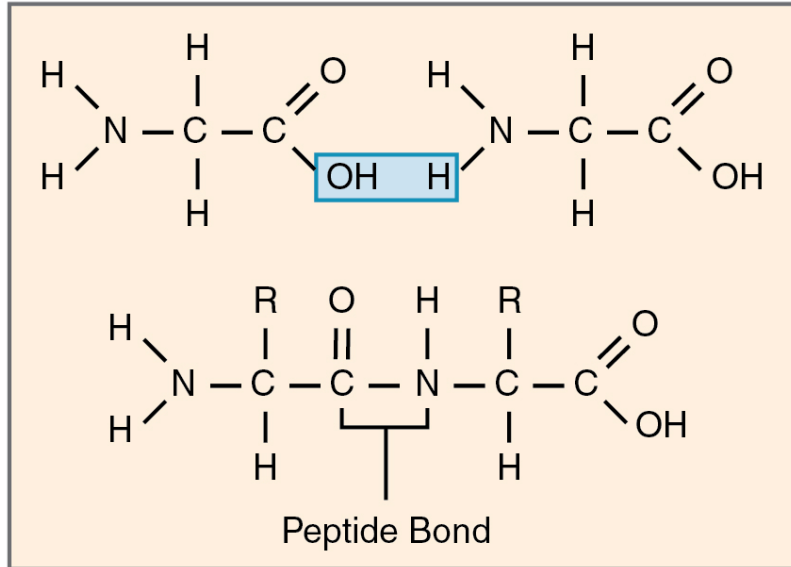
□□□□□ 24

□□□□□□□ □□□□

□□□□□ □□ □□□, □□□□□ □□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□
 □□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □, □□, □□ □□
 □□ □□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□
 □□ □□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□ □□□-□□□□ □□□□
 □□□ □□ **ssDNA** □□ □□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□
 □□□□ □□□□□□□□

4. □□□□□□□□

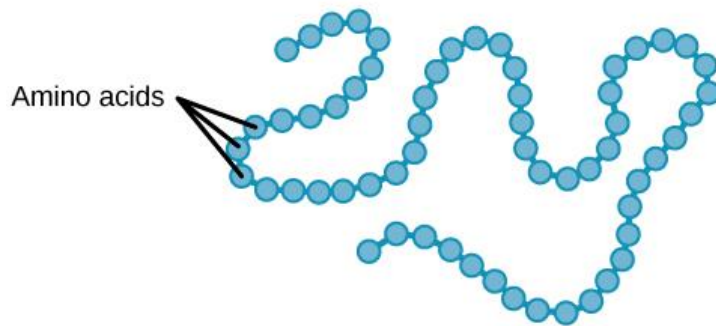
□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□
 □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□
 □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□□
 □□□ □□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□ □□ □□ □□□□□ □□□□□
 □□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ (-COOH) □□□□□□ □□□□□ □□□□□
 □□ □□□□□ □□□□□ (-NH₂) □□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□
 □□□□□ □□□□□ □□, □□ □□□□□□□□□□ □□□ **H₂O** □□ □□ □□□□
 □□□□□ □□□□□ □□□□



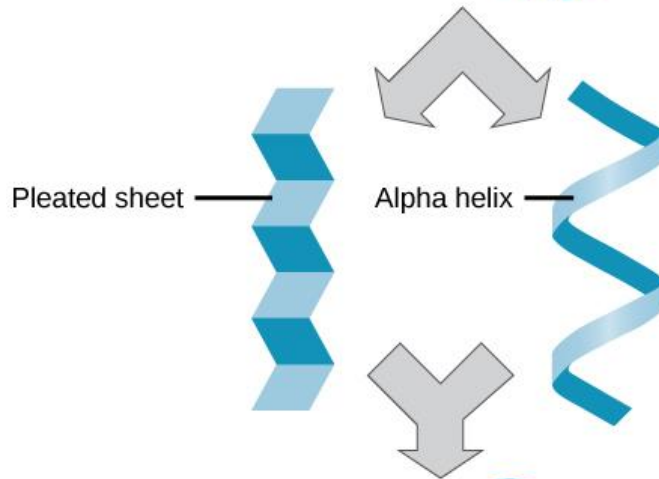
□□□□□ 25

□□□□□□□□ □□□□ □□□□

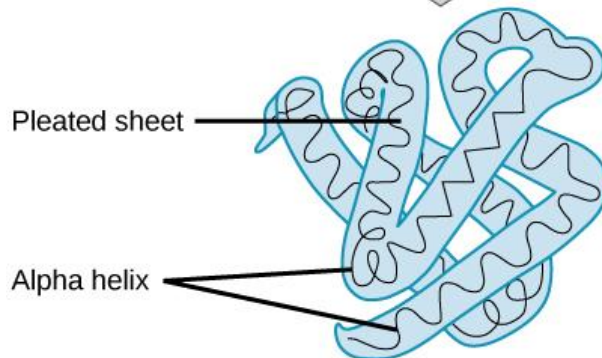
□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□ □□ □□□□□□□□ □□□,
 □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□
 □□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□
 □□□□□ □□ □□□□□ □□:



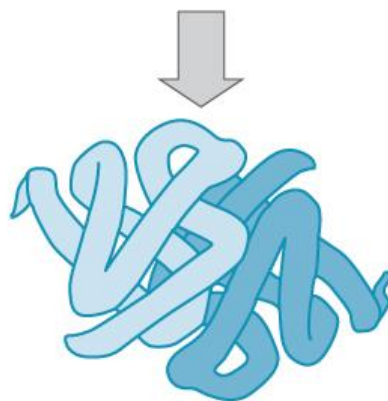
Primary Protein structure
sequence of a chain of amino acids



Secondary Protein structure
hydrogen bonding of the peptide backbone causes the amino acids to fold into a repeating pattern



Tertiary protein structure
three-dimensional folding pattern of a protein due to side chain interactions



Quaternary protein structure
protein consisting of more than one amino acid chain

1. 实验目的与原理

本实验旨在通过测定不同浓度的 AGLAMMKMGGMMLAKALKCMAGH 溶液对某种酶的抑制作用，探究其抑制类型及抑制常数。实验原理基于酶促反应速率的测定，通过改变底物浓度，观察反应速率的变化，从而确定抑制常数 K_i 。

实验步骤如下：首先，配制一系列不同浓度的 AGLAMMKMGGMMLAKALKCMAGH 溶液。然后，将酶与底物混合，加入不同浓度的抑制剂，测定反应速率。通过 Lineweaver-Burk 图分析，确定抑制类型及抑制常数 K_i 。

(实验结果：测定不同浓度的 AGLAMMKMGGMMLAKALKCMAGH 溶液对酶的抑制作用，发现其抑制常数 K_i 为 10.2 mmol/L。)

2. 实验结果与讨论

实验结果表明，AGLAMMKMGGMMLAKALKCMAGH 对酶的抑制作用符合 Michaelis-Menten 方程。通过 Lineweaver-Burk 图分析，确定其抑制类型为竞争性抑制。抑制常数 K_i 为 10.2 mmol/L。

(□□□□□: □□□□□□□, □□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□
 □□□□ □□□□□□□□□□□-□□□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□
 □□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□
 □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□ □□□□ □□□ □□
 □□□□□□ □□ □□□□□ □□)

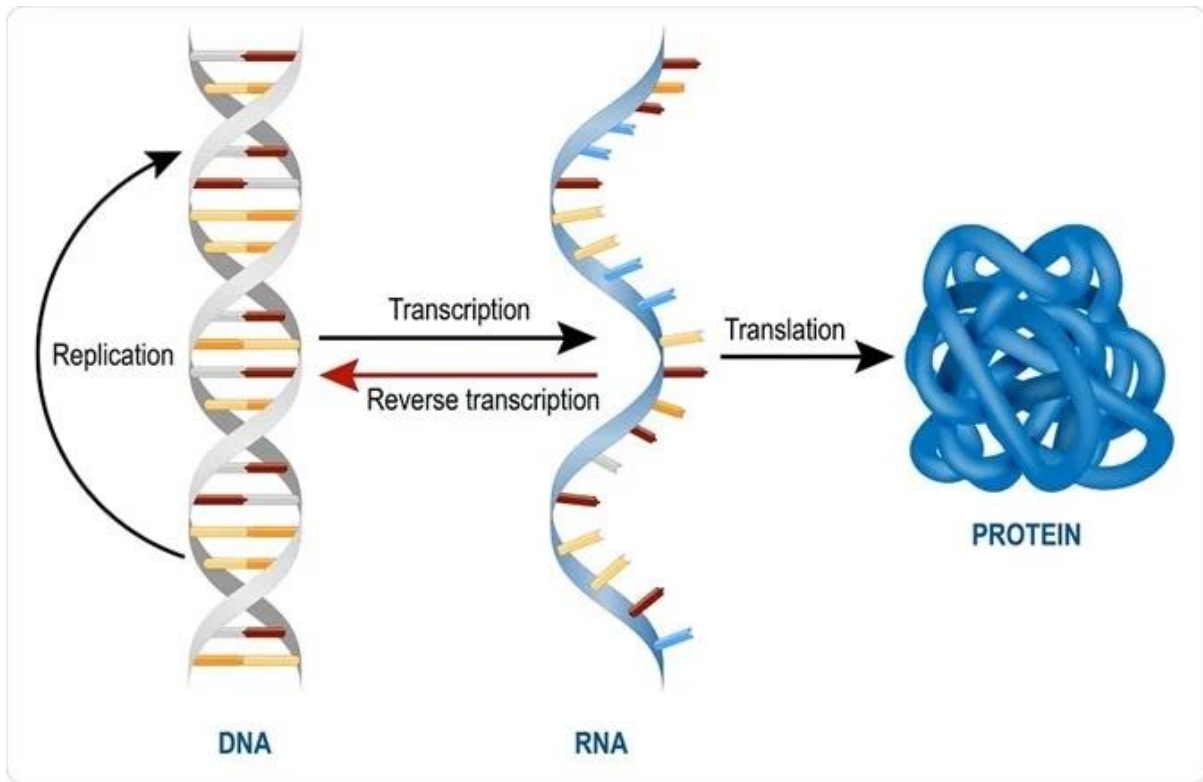
3. □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

[illegible]

□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□-□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□
□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□:
□ + □□□□□□ + □□
(□ = □□□□□□; □□ = □□□□□□□□□□; □□□ = □□□□□□-□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□ □□ □□ = □□□□□□)

□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□, □□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□
□□□□□□ □□ □□ □□ □□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□
□□□□□□□□, □□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□, □□
□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□
□□□□

□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□ □□□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□
"□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□
□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□
□□"□ □□□ □□□ □□, □□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□
□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□
□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□
□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□ □□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□
□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□



.□□□□□ 27

□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□

□□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□, □□□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□
 □□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□ □□ □□ □□ □□ □□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□
 □□□, □□ □□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□ □□□□
 □□□□□□□ □□□□□□□ □□□ □□□ □□□ □□ □□ □□ □□□□□ □□ □□□□□
 □□□□□□ □□ □□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□/□□□□□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□
 □□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□

□□□□□□□

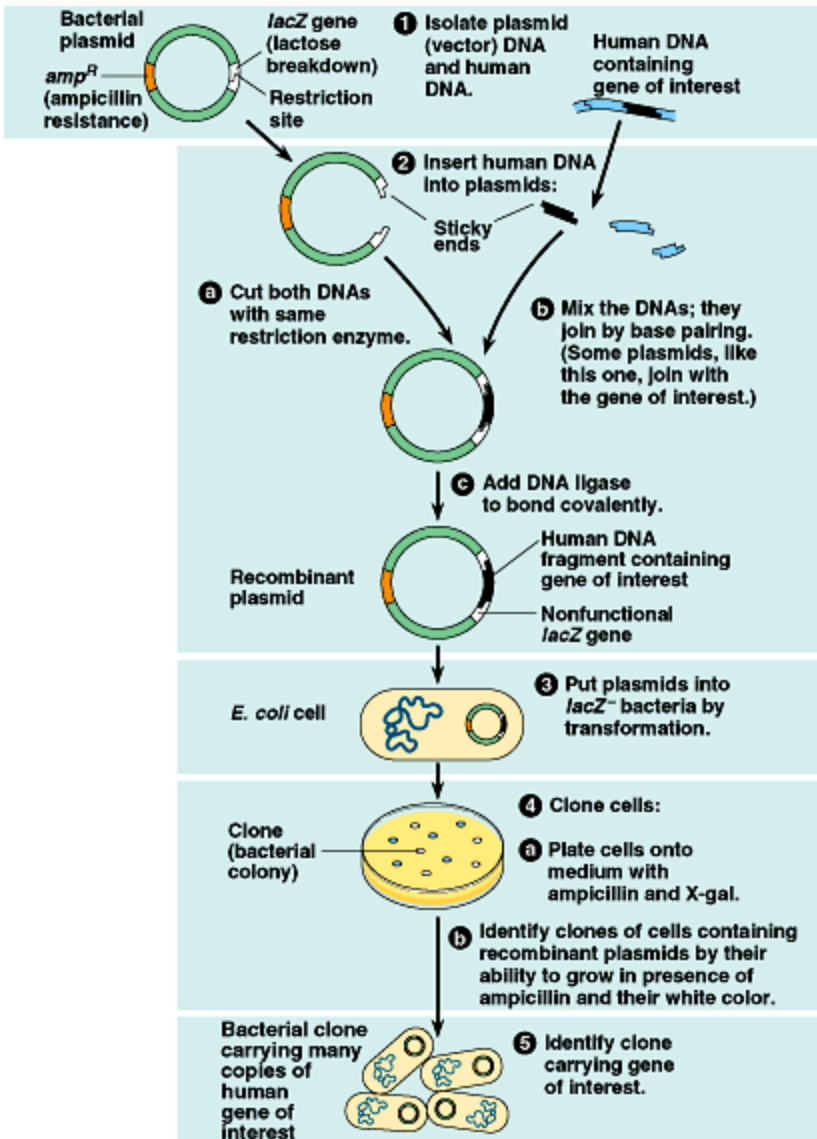
□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□□□
 □□□□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□

□□□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□□
□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□ □□□□□□□□

- □□□□□□□ □□□□□ □□ '□□□□' □□□ □□ □□□ □□□□□ □□□□ □□
□□□□, □□□□□, □□□□□□□□□□□ □□ □□□ □□ □□□□ □□
- □□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□
□□□□□□□ □□□ □□□ □□□□ (□□□□: □□ □□□□□□□□ □□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□ □□ □□□ □□
□□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□□)
- □□ □□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□
□□□□ □□ (□□□□ □□□□□□□)
- □□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□ □□□
□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□
- □□ □□□□□ □□□□□□ □□□ □□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□
(□□□□□□: □□ □□□□□ □□□□□□□ □□□ □□ □□□ □□ □□ □□ □□□□
□□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□ □□)

□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□
□□□□□□□ □□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□
□□□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□

"□□□□□□□□□ □□□□" □□□□ □□□□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□
□□□□□



Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□-□□□ □□□□□□□□
 □□□ □□□□□ □□□ - □□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□

□□□ □□□□□ □□ □□ □□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□
□□□□□□□ (□□ □□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□) □□ □□ □□□□□
□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□
□□□ □□ □□□□□□□□ (□□□□ □□ □□□) □□ □□□□□□□ □□□□ □□□□
● □□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□ □□□ □□□
□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□
● □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ (□□□□□□ □□ □□□□□
□□□□□□), □□□□□□□□, □□□□-□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□
□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□□
□□□□□□□□□□□, □□□ □□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□
□□□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□□□□□
□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□□□
□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□ □□□□□□□

□□□□□□□
□□□□□□□□□□
□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□

References

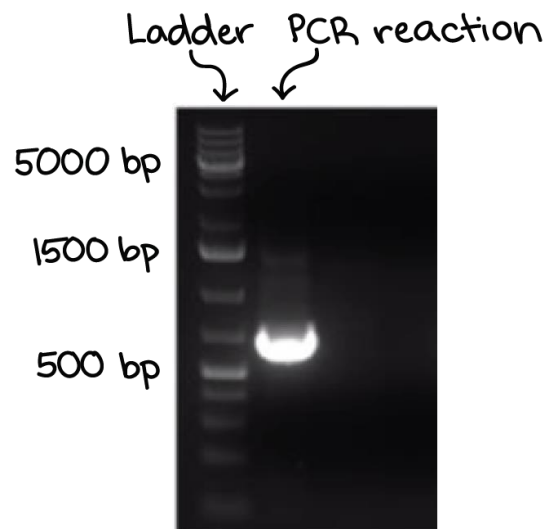
1. [Plasmid](#)
2. [Recombinant DNA Technology](#)
3. [More on Plasmids and Recombinant DNA Technology](#)

□□□□□□ **5:** □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□
□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□, □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□ □□
□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□ □□□□□
□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□□, □□ □□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□

□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□
□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ □□□

- □□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□ □□□□ □□-
□□□□ □□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□ □□□ □□
□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□
□□□□□□ □□ □□□-□□□□□□□□□□ □□□ □□□ □□□□ □□□□ □□
□□□□□ □□□ □□□□ □□ □□□ □□□ □□□□ □□□ □□□□□□□ □□
□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□ □□ □□ □□□□
□□□□□ □□□□ □□ □□ □□ □□ □□□□□□ □□□ □□□ □□□□□
□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□ □□□ □□ □□□ □□□□ □□□

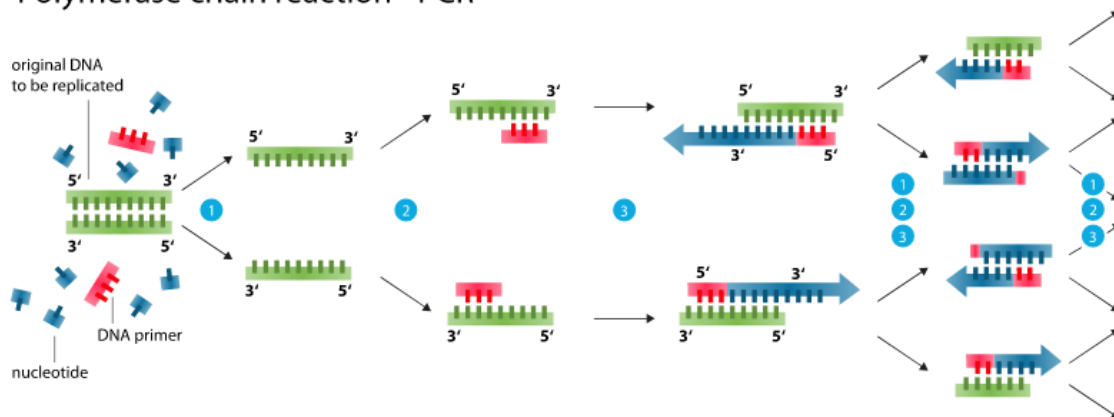
□□□□□: □□□□□ □□□□□ □□□ □□□□ □□□, □□□ □□□ □□ □□□□
□□□□□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□ □□□□□
□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□
□□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□□ □□□□□ □□
□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□
□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□
□□□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□



□□□□□ 32

□□□□□ □□□□□

Polymerase chain reaction - PCR



- 1 **Denaturation** at 94-96°C
- 2 **Annealing** at ~68°C
- 3 **Elongation** at ca. 72 °C

PCR is a technique used to amplify a specific DNA sequence. It involves repeated cycles of heating and cooling to denature the DNA, anneal primers, and extend the DNA strands. The process is highly specific and efficient, allowing for the amplification of even small amounts of DNA. The amplified DNA can then be used for various applications, such as DNA fingerprinting, genetic testing, and molecular biology research.

3) Applications:

PCR has a wide range of applications in molecular biology and forensic science. It is used to identify individuals, diagnose genetic diseases, and study the evolution of species. In forensic science, PCR is used to analyze DNA evidence from crime scenes. In molecular biology, PCR is used to study gene expression, identify mutations, and clone genes.

PCR is a powerful tool that has revolutionized molecular biology and forensic science. Its ability to amplify specific DNA sequences has made it an essential technique in many laboratories. The process is highly sensitive and specific, allowing for the detection of even small amounts of DNA. PCR has many applications, including DNA fingerprinting, genetic testing, and molecular biology research.

□□□□□:

1- □□□□ 0.5 □□□□ . □□ □□□

2- □□□□, □□□□□□ □□ □□□ □□□ □□ □□□□□□

3- □□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□

4- □□□□-□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□ □□ □□ □□□

□□□□□ □□□ □□□□-□□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□

□□□□ □□□□ □□□

5- □□□

6- □□□□: □□□□□-□□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□ □□□ □□□

7- 2 . □□ □□□□ □□ □□□□□

8- 0.4M NaOH □□ □□□ □□ □□□□ □□□□□□

9- □□ □□□□□ □□□□ □□□□□□, □□□□□□

□□□□ (□□□□□□□□-□□□□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□□

□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□ □□ □□□□ □□□□□□□□)

□□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□

□□□□□□□□□□□□□ (□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□-

□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□

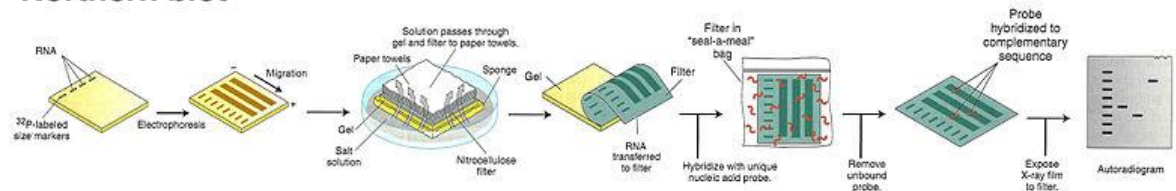
□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□□□□□□ □□□□-□□

□□□□□□)

□□□□ □□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□

□□ □□□□ □□:

Northern blot



□□□□□ 35

□□□□□□ □□□□□□

□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□ 1975 □□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□□□□- □□□□□□ □□.
□□□□□ □□ □□□ □□ □□□ □□□ □□□ □□ □□□ □□□, □□□□□ □□
□□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□□□□□□- □□□□ □□□□□□ □□ □□□□□
□□□□□ □□ □□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□□
□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□ □□□ □□ □□□□ □□ □□□ □□□
□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ □□
□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□ □□□
□□□□ □□□ □□□□□ □□□, □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□ □□! □□ □□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□
□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□- □□□
□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□ □□□ □□ □□□ □□ □□□□□
□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□ □□□□ □□□□□
□□ □□□ □□ □□ □□- □□□□□□□ □□ □□□ □□□ (□□□□□□□
□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□- □□□□□□□□ □□□ □□□□□□ □□□□□□
□□□□□)), □□□□□□-□□□□□□□ (□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□- □□□□□ □□□□□□ □□□□□) □□
□□□□□-□□□□□□ (□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□) □□□□□□□□□□

□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□
□□□□

1.□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□□ □□□□ □□□□
□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□ □□?

□□□□□: 80-120 □□

2.□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□ □□ □□□□ □□□□ □□□ □□
□□□□□□□□□□ □□□□:

□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□ □□□ (□□□□□ □□□□ □□□□ □□
□□□□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□ □□)

□□□□□□□□□□□□ (□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□
 □□□□□□ □□ □□□□□□□□), □□□□□□□□□□□□□□ (□□□□ □□
 □□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□) □□□□□□□□ □□
 □□□□□□□□□□□□□□

□ □ □ □ □ □ :-

- [illegible]

□□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□
□□□□ □□□

□□□□□□□:

□□□ □□□□□□□□□□□□□□

□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□

□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□

□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□ □□□□

□□□□□□

□□□□□□□□ □□ □□□□

□□□□□ □□□□□□

References:

1. [Gel Electrophoresis](#)
2. [More on Gel Electrophoresis](#)
3. [Polymerase Chain Reaction](#)
4. [More on Polymerase Chain Reaction](#)
5. [Blotting](#)
6. [More on Blotting](#)
7. [Box Reference](#)

□□□□□□ **6:** □□□□□□□□ □□□□□□

□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□ □□ □□□□□□ □□ □□
□□□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□□□
□□□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□, □□ □□□□□
□□ □□□ □□□□□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□
□□□□ □□ □ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□,
□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□, □□□ □□□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□
□□□□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□□□
□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□

1. 在 2023 年 12 月 31 日，本集团持有的金融资产和负债的公允价值如下：

□□□□□□□□ □□□□□□ (□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□
□□□ □□□□□□□□ □□□) □□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□

1. 在 2019 年 12 月 31 日，公司应收账款账面余额为 1,234,567.89 元，坏账准备余额为 123,456.78 元，应收账款净额为 1,111,111.11 元。

[illegible][illegible][illegible]

□□□□□□□□ □□□□□□ □□□, □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□

[illegible][illegible][illegible][illegible][illegible][illegible][illegible]

[illegible]

1. □□□□□□- □□ □□ □□□□ □□□□□□ □□ □□ □□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□
□□□□ □□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□□
□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□□
2. □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ (**RBS**) - □□□□□□ □□□ □□□□
□□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□
□□□□ □□ □□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□
3. □□□□ □□□□ □□□- □□ □□□□□ □□ □□ □□□□□□ □□ □□ □□□□□□
□□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□ □□□□□ □□□
4. □□□□□□□□□- □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□ □□□ □□□
□□ □□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□

□□□□□□□□□- □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□,
□□ □□□□□, □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□
□□□ □□□□ □□□, □□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□
□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□□
□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□□□□□

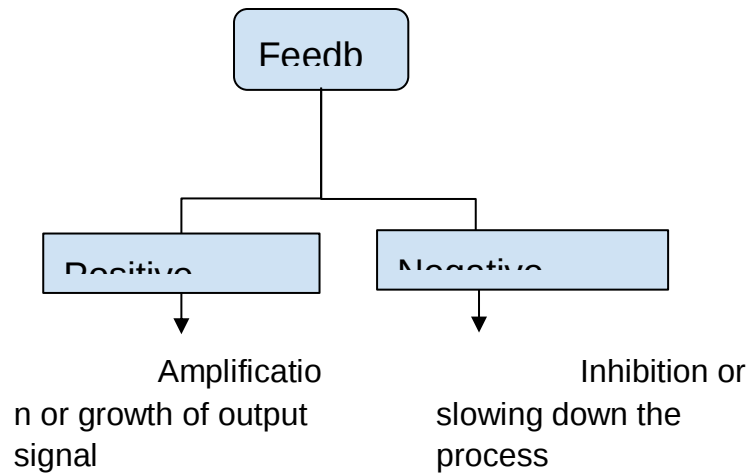


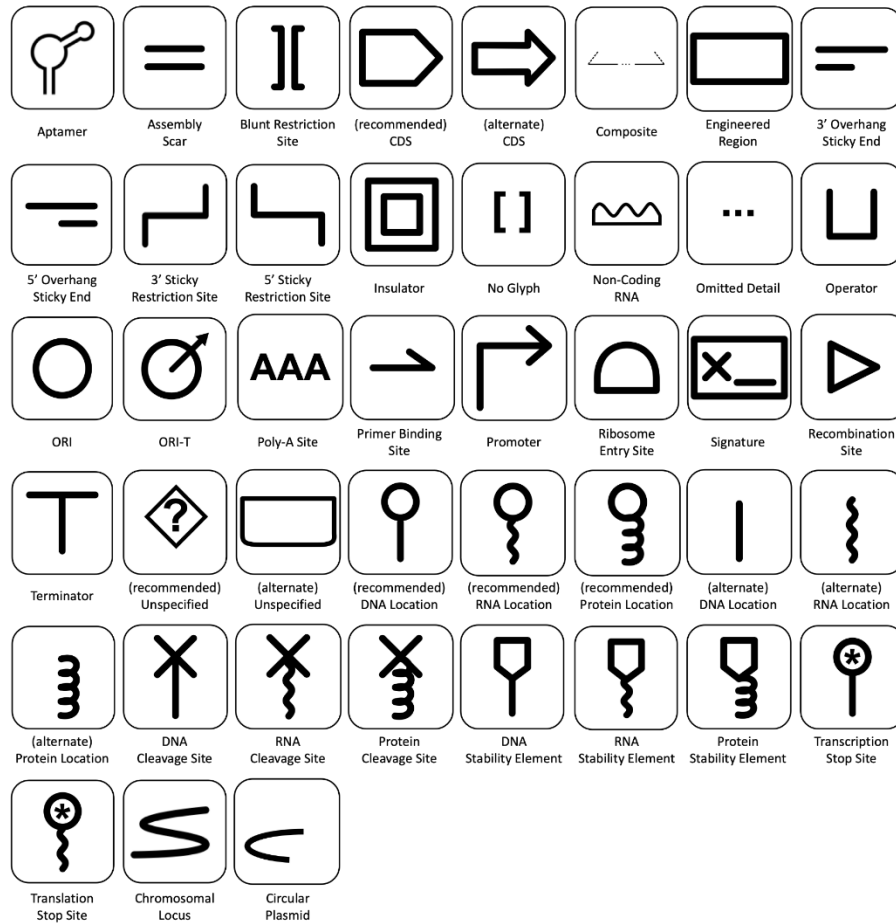
Figure 36
Positive and Negative Feedback loops

□□□□□□:-

- □□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□□ □□ □□ □□□:-
 - □□□□□□ - □□□□ □□□□ □□□□□□□ □□□□□□ □□ □□
□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□
 - □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□ - □□ □□□□ □□□□
□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□□□□ □□□□
□□□□ □□ (□□□□□□□ □□□□ □□)
 - □□□□□□ □□□□□□□ - □□□□□ □□ □□ □□□□ □□ □□□□□□
□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□□□ □□□□ □□
 - □□□□□□□□□ - □□ □□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□ □□
- □□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□
□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□ □□□□ □□
□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□
□□ □□□□ □□ - □□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□
□□□□ □□, □□ □□□□□□□□□ - □□□□ □□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□

□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□□
□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□
□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□ □□□□ □□□□
□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□ □□
□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□
□□□□□□□ □□□

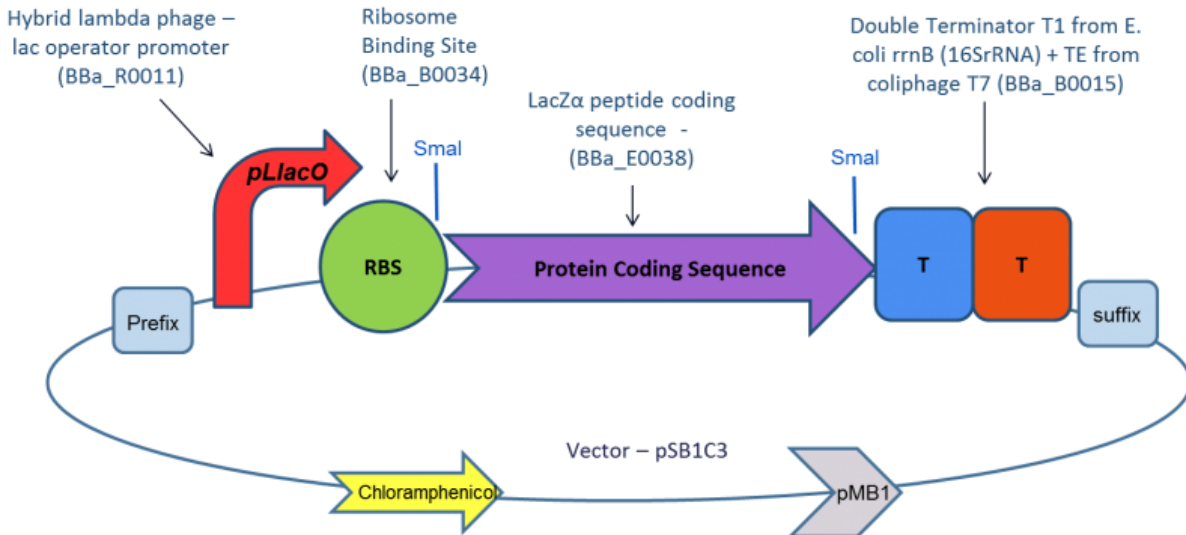
Sequence Feature Glyphs



□□□□□ 38

□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□

□□, □□□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□□□
□□, □□ □□ □□□ □□ □□□ □□□□□□□□:



(□□□□□: □□ □□□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□ □□
 □□□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□□ □□
 □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□□□
 □□□□□□ □□□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□ □□□ □□□□□ □□□□□
 □□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□)

□□□□ □□□□□, □□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□:

1. □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□
2. □□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□ □□□□ □□
3. □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□
□□□□ □□□□□ □□□□□ □□

[illegible]

□□□□ □□□□ □□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□
 □□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ **10 (RFC10)** □□ □□ □□□ □□□□
 □□□□□□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□□ **RFC10** □□□□ □□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□ □□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□□

□□□□ □□□ □□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□□□□□ □□ □□□□□□
□□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□
□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□
□□□□ □□ □□□□□

□□□□□□:-

□□ **BioBrickTM** □□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□
□□ □□□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□ □□ □□ □□□□ □□□□
□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□□ □□
□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□ □□□□

□□□□□□□□ □□ □□□□□□:-

□□□□ □□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□
□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□ **10 (RFC10)** □□□ □□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ **5 '□□ 3'** □□□□□ □□
□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□ □□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□
□□□□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□ □□□□
□□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□□, □□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□
BioBrickTM □□ □□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□□□
□□□□ □□ □□□ □□□□□□□ □□□□□

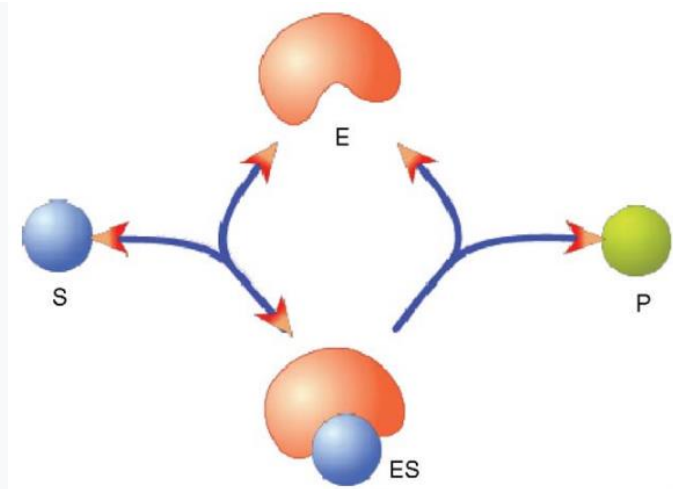
□□□ □□□□□□□ □□ □□□ □□□-□□□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□
□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□□□□

3□ (3 □□□□□□□□□□□) □□□□□□□ □□□□□: □□ □□□□□□□ □□□□ □□□
□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□ □□
□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□ □□ □□□□□ □□ □□□□
□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□

00000000 00000000, 00000000 000000, 00 00 000000
 00000000 00 0000 00 00000000 0000 0000, 0000 00 00000000
 000 00 00 00 00 00 000000 0000000000 00 00000000 00
 0000 0000 000 00 0000000 0000 0000 00; 00 00000 0000 00
 0000 00 00 00 0000 000 00 0000000 0000 0000 0000000 0000
 00 0000000 000 000000000 00000000000 0000 0000
 00000000, 00 00000 0000 0000 00000 00 000 0000000000
 000 00 00000 000000 00 0000 000 00000000000 00
 000000000000000000 000000000 00 00000 0000 000000
 00000000 00000 00000 000 00 - 000 00000000
 0000000000000000 000000 00 00000 000000 000 0000 00
 0000000 0000 00 0000000 00 0000: 000000 00 000000 00

1. 1913년 알버트 마이컬리스와 몰리우디스 멘던트: 효소의 작용 메커니즘을 연구하여, 효소가 기질과 결합하여 효소-기질 복합체를 형성하고, 이 복합체가 분해되어 생성물을 방출하고 효소가 다시 활성 상태로 돌아오는 과정을 설명하였다.

2. 1927년 존 비디얼: 효소의 작용 메커니즘을 연구하여, 효소가 기질과 결합하여 효소-기질 복합체를 형성하고, 이 복합체가 분해되어 생성물을 방출하고 효소가 다시 활성 상태로 돌아오는 과정을 설명하였다.

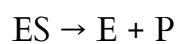
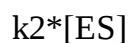
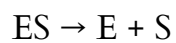
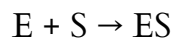


41

3. 1929년 존 비디얼: 효소의 작용 메커니즘을 연구하여, 효소가 기질과 결합하여 효소-기질 복합체를 형성하고, 이 복합체가 분해되어 생성물을 방출하고 효소가 다시 활성 상태로 돌아오는 과정을 설명하였다.

4. 1933년 존 비디얼: 효소의 작용 메커니즘을 연구하여, 효소가 기질과 결합하여 효소-기질 복합체를 형성하고, 이 복합체가 분해되어 생성물을 방출하고 효소가 다시 활성 상태로 돌아오는 과정을 설명하였다.

5. 1937년 존 비디얼: 효소의 작용 메커니즘을 연구하여, 효소가 기질과 결합하여 효소-기질 복합체를 형성하고, 이 복합체가 분해되어 생성물을 방출하고 효소가 다시 활성 상태로 돌아오는 과정을 설명하였다.



Reaction	Reaction rate or velocity of reaction
$E + S \rightarrow ES$	$k_1 * [E] * [S]$
$ES \rightarrow E + S$	$k_2 * [ES]$
$ES \rightarrow E + P$	$k_3 * [ES]$

$[E]$, $[S]$, $[ES]$ are the concentrations of enzyme, substrate, and enzyme-substrate complex respectively. k_1 , k_2 , and k_3 are the rate constants for the three reactions.

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

- The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

$$\frac{dX}{dt} = k_1[E][S] - k_2[ES]$$

where X is the concentration of the enzyme-substrate complex.

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

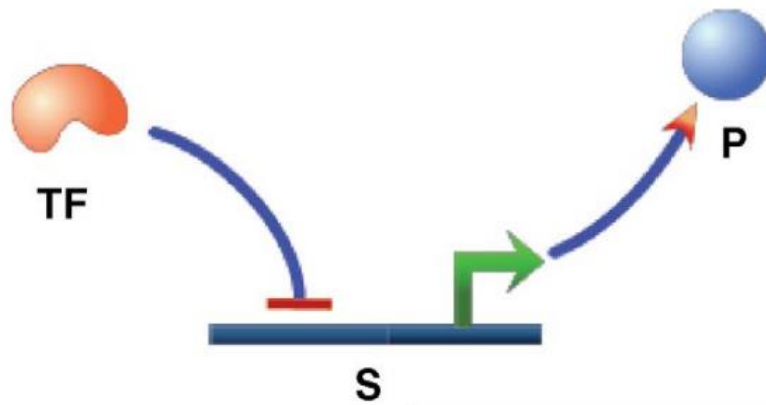
$$\frac{dS}{dt} = (k_2[ES]) - (k_1[E][S])$$

The rate of change of the concentration of the enzyme-substrate complex is given by:

$(k_2*[ES])$ $ES \rightarrow E + S$ S $(k_1*[E]*[S])$ $E + S \rightarrow ES$ S

GRN (GRN)

GRN ka ki



42

$u = \frac{TF}{Kd + TF}$

□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□ □□ □□
 □□□□□□□□ □□□□ □□, □□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□
 □□□□□□, h □□□□ □□□□ □□, □□ □□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□:
 $u = TF^h / (Kd + TF^h)$, □□□□□: -

- $h > 1$, □□□□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ - □□ □□□□ □□ □□
 □□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□, □□ □□□□ □□□□□□
 □□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□
 □□ □□□□, □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□
 □□□□□□ □□□□□□ (□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□ □□□□□□□) 1.7–
 3.2 □□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□
- $h < 1$, □□□□□□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□□□□ - □□ □□□□ □□ □□
 □□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□, □□ □□□□ □□□□□□
 □□□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□ □□□□ □□□□
- $h = 1$, □□□□-□□□□□□□□ (□□□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□) □□□□□ - □□
 □□□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□ □□
 □□□□□□ □□□□ □□ □□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□□
 □□□□ □□ □□□□□□

□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□, □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□
 □□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□
 □□□□□ □□□□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□ □□ □□□□□□□□, P □□ □□□□□□□□
 □□ □□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□ □□□□: -

$$dp/dt = (k1(TF^h / (Kd + TF^h)) - (\Delta p * P), \text{ □□□□ } TF \text{ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□}$$

□□ □□ □□□□□□□□ P □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□

□□□□□□□□□□ □□□□ □□, $k1$ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□ □□

(□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□) □□ ($\Delta p P$ □□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□

□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□ □□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□□□

□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□□□ □□□□□

□□□□□□□□ -

□□ □□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□
 □□ □□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□
 □□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□
 □□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□ (□□□□□, □□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□

000 000000 00000000 0000: 00 00000000 000000 00 00
 0000 00 00 000000 0000000000 00 00 000000 00 00 00000000
 00 00000000 00 0000 000000000000 00 000000 00 0000000000
 0000 00 0000 00 000000 00 0000 00 **cell** 000 0000 0000000000 00
 0000 00000000 00000 00000

[illegible]

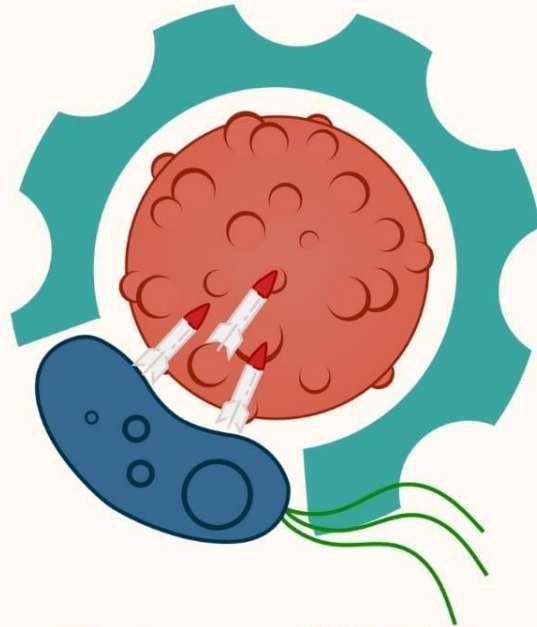
☐ ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ **9:**

1. 项目背景与意义 (iGEM)
 2. 项目目标与任务
 3. 项目组织与分工
 4. 项目进展与成果
 5. 项目总结与反思
 6. 项目附录与参考文献
 7. 项目致谢
 8. 项目附件

00000000 000000000000 0000000000 00000000, 000000,
 00000000, 000000 00 0000, 000000 00 000000000000 0000 00
 0000000 00 0000000000000 00 00000000 00 00000 00000 00 00

□□□□ □□□□□ □□ □□□ □□ □□□□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□□□ □□□
□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□ □□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□ □□□□ □□□
□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□

iGEM IISER BHOPAL - 2021



BLAST

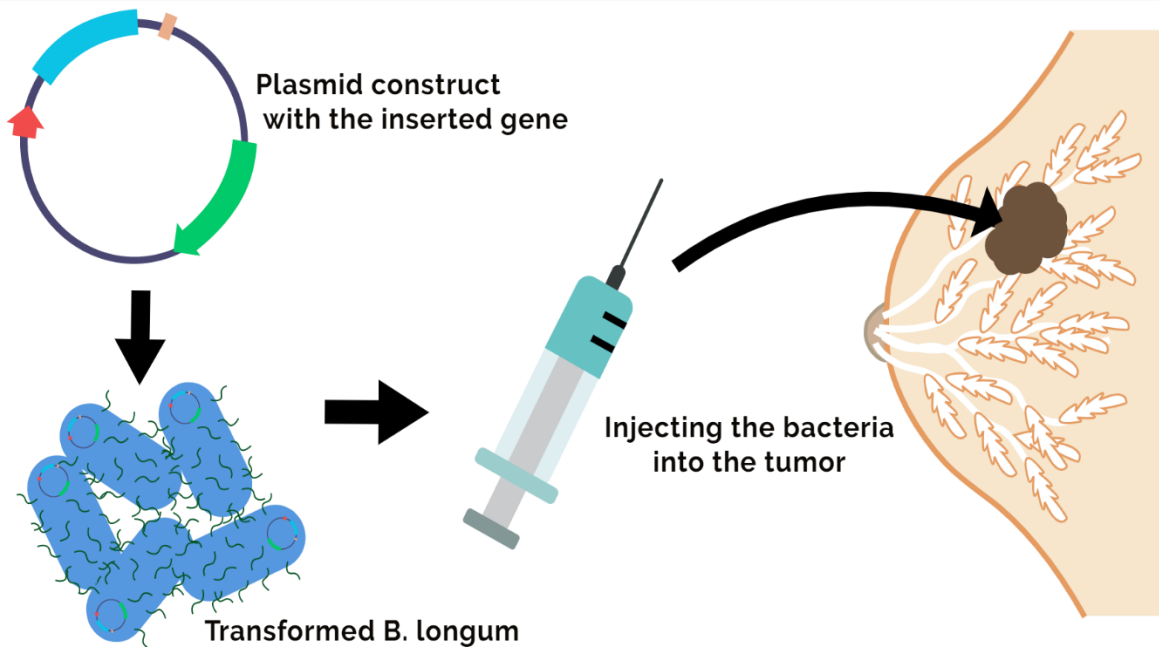
B. Longum induced Apoptosis using Smac and Trail

□□□□□ 43

□□□□□ □□□ □□ □□□ □□ □□□□

□□ □□□, □□□□□ □□□ □□ □□□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□ □□□ □□
□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□ □□
□□□□□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□ □□ □□
□□□□ □□□□□ □□ □□□ □□ □□ □□□□ □□, □□ □□□□□□□ □□□□□□□□
□□ □□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□ □□□-□□□ □□□□□□□-□□□□-

□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□, □□ □□□□ □□□
 □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□
 □□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□, □□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□-□□□□□□□ □□□□□□□□□□-
 □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□ □□□□

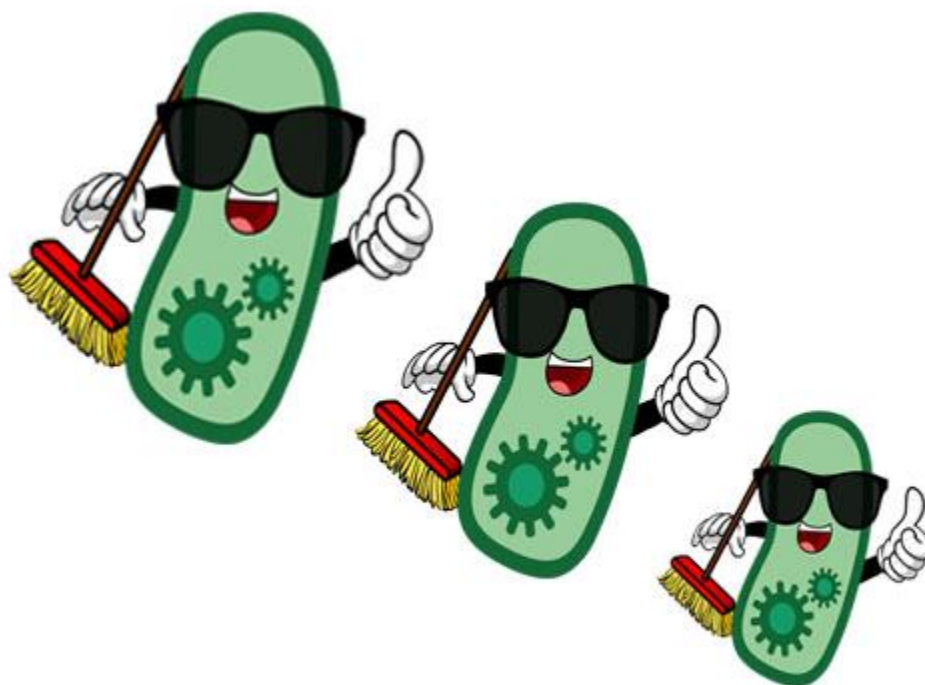


□□□□□ 44

□□□□□ □□□□□□ □□ □□ □□□□□□□ □□□ □□□ □□ □□□□ □□□□□ □□
 □□□□□ □□□ □□□□ □□□□□

□□ □□□□ □□□□□ □□□ TRAIL-Smac □□□, □□□□□ TRAIL □□□ (□□□□□
 □□□□□ □□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□), □□ □□
 □□□-□□□□□□□ □□□□□ / DIABLO □□□ (□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□
 □□ □□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□) □□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□
 □□□ □□□□ □□ TRAIL □□ Smac/DIABLO □□□□□□□ □□□□□□□□ □□
 □□□□□□□ □□ □□□ □□ AND □□□ □□□□□□ □□□□□□□, □□□□ □□□□□
 □□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□,

□□□ □□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□ □□□□ □□□□□□ □□ □□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□ □□□□ □□ □□□□ □□□



□□□□□ 45

□□□□□□□□□□ □□□□

□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□-□□□□□ □□□ □□□□□ □□□ □□ □□□□□
□□ □□□□ □□□ □□□□ □□ □□□ □□ - □□□□ □□□ □□□ □□□ □□ □□□□
□□□ □□□□ □□□ □□□ □□□□ □□□ □□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□.
□□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□ □□□□□□□
□□□□□ □□□□ □□□ □□ □□□□□□ □□□ □□ □□□ □□ □□□□ □□□□□ □□
□□□ □□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□ □□ □□□□ □□□□ □□□□□ □□ □□□
□□□□ □□□□ □□□□ □□□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□□ □□
□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□ □□□, □□□□□□□□
□□□□ □□□□□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□-□□□□□□□□□ □□□□□ □□
□□□□□□□

[illegible][illegible]

2013 年 12 月 31 日 (星期四),
 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日
 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日
 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日
 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日 12 月 31 日
 12 月 31 日!

□□□□□□□ □□□□



□□□□□ 45

Bee Coli

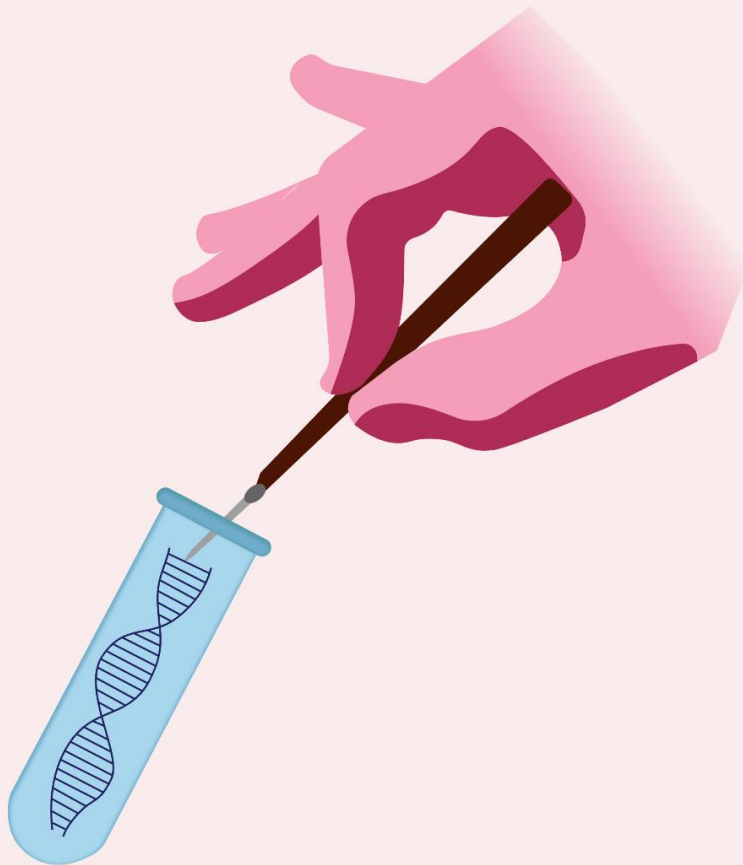
□□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□□□ □□□□□, □□□
□□□□ □□ □□□ □□□ □□□□□ □□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□ □□□□□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□□□
□□ □□□□□□ □□□□ □□ □□□ □□□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□ □□□
□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□□□ □□□ □□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□□
□□□ □□□□ □□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□ □□□
□□ □□□□ □□□□□ □□□ □□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□, □□ □□□ □□
□□□ □□□□ □□□ □□□□ □□□, □□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□
□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□□
□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□ □□□□□ □□ □□ □□ □□□□□□ □□□□□□□ □□
□□□□□ □□ □□□□□ □□, □□□□□ □□□□□□□□□□□ □□ □□□□□ □□!

□□□□ □□□□□, □□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□ □□□□ □□□□ □□
□□ □□□□ □□□□ □□□ □□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□ □□, □□ □□□ □□ □□
□□□□ □□□□□ □□ □□□□□□□ □□□ □□□□□ □□ □□□□□ □□□□, □□ □□
□□□□□ □□ □□□□ □□ □□□□ □□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□
□□ □□□□□□ □□ □□□ □□□□□

8)Language: Malayalam.

SYN-BIO WORKBOOK

iGEM 2021



[illegible]

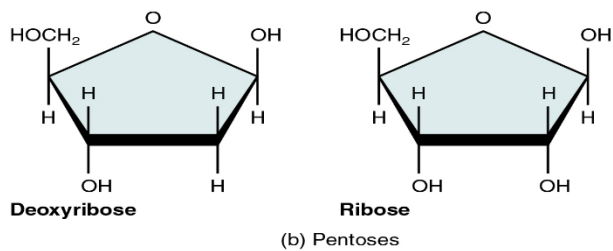
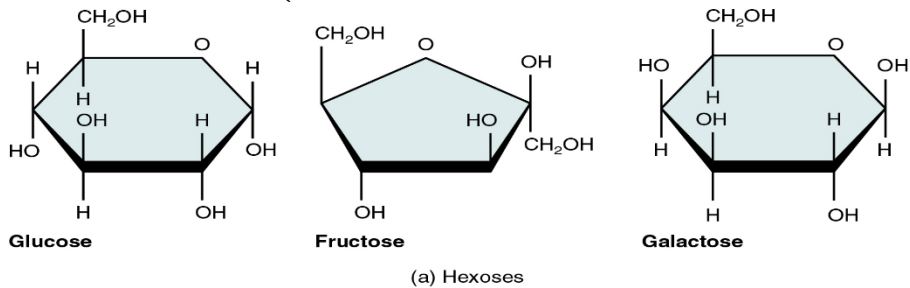
d. 糖類はどのように分類されるか

糖類は単糖、二糖、多糖に分類される。単糖は糖の最も単純な形式であり、二糖は二つの単糖が結合した形式であり、多糖は多くの単糖が結合した形式である。

a. 糖類の化学式はどのように表されるか/ 糖類の化学式はどのように表されるか

糖類の化学式は、 $C_mH_{2n}O_n$ の形で表される。ここで、 m は炭素の原子数、 n は水素の原子数、 n は酸素の原子数を表す。糖類は、 $C_mH_{2n}O_n$ の形で表される。ここで、 m は炭素の原子数、 n は水素の原子数、 n は酸素の原子数を表す。糖類は、 $C_mH_{2n}O_n$ の形で表される。ここで、 m は炭素の原子数、 n は水素の原子数、 n は酸素の原子数を表す。

1. 糖類の化学式は、 $C_mH_{2n}O_n$ の形で表される。ここで、 m は炭素の原子数、 n は水素の原子数、 n は酸素の原子数を表す。糖類は、 $C_mH_{2n}O_n$ の形で表される。ここで、 m は炭素の原子数、 n は水素の原子数、 n は酸素の原子数を表す。



糖類はどのように分類されるか

糖類はどのように分類されるか

糖類は単糖、二糖、多糖に分類される。単糖は糖の最も単純な形式であり、二糖は二つの単糖が結合した形式であり、多糖は多くの単糖が結合した形式である。

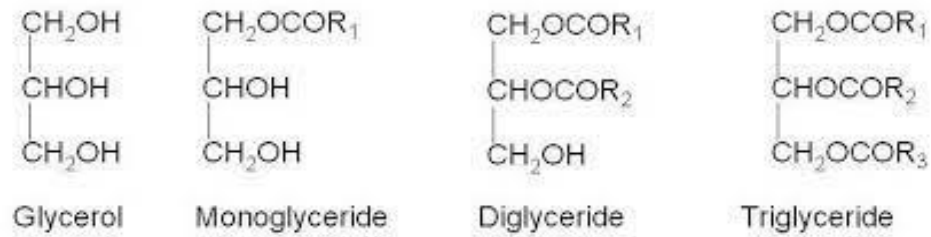
1. 糖類の化学式は、 $C_mH_{2n}O_n$ の形で表される。ここで、 m は炭素の原子数、 n は水素の原子数、 n は酸素の原子数を表す。糖類は、 $C_mH_{2n}O_n$ の形で表される。ここで、 m は炭素の原子数、 n は水素の原子数、 n は酸素の原子数を表す。

The diagram illustrates the chemical structure of Lactose, a disaccharide. It consists of two six-membered pyranose rings. The left ring is a β -D-glucopyranose unit, and the right ring is a β -D-galactopyranose unit. They are connected by a β -1,4-glycosidic bond. The glucose unit has hydroxyl groups at C2, C3, and C6, and a hydroxymethyl group at C4. The galactose unit has hydroxyl groups at C2, C3, and C6, and a hydroxymethyl group at C4. The label 'Lactose' is positioned at the bottom left of the diagram.

The diagram shows the chemical structure of sucrose, a disaccharide. It consists of two monosaccharide units linked by an α -1,2-glycosidic bond. The left unit is α -D-glucopyranose, shown in its cyclic pyranose form. The right unit is β -D-fructofuranose, shown in its cyclic furanose form. The bond connects the C1 of glucose to the C2 of fructose. The structure includes labels for various atoms: H, OH, CH₂OH, O, and the glycosidic oxygen atom.

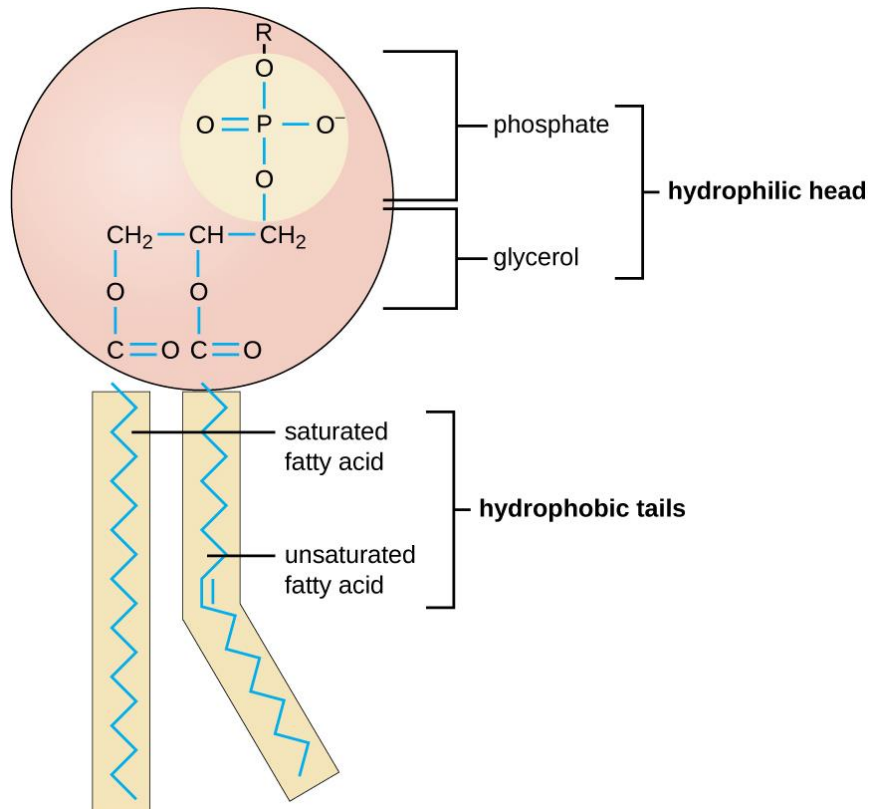
[illegible]

1. □□□
□□□.
□□□,
□□□.



7

The chemical structures of glycerol, monoglyceride, diglyceride, and triglyceride are shown above. Glycerol is a three-carbon chain with hydroxyl groups. Monoglyceride, diglyceride, and triglyceride are formed by the esterification of glycerol with one, two, and three fatty acids, respectively. The R groups represent the fatty acid chains.



8

The diagram shows a phospholipid molecule with a hydrophilic head and two hydrophobic tails. The head is composed of a phosphate group and a glycerol backbone. The tails are composed of two fatty acid chains, one saturated and one unsaturated.

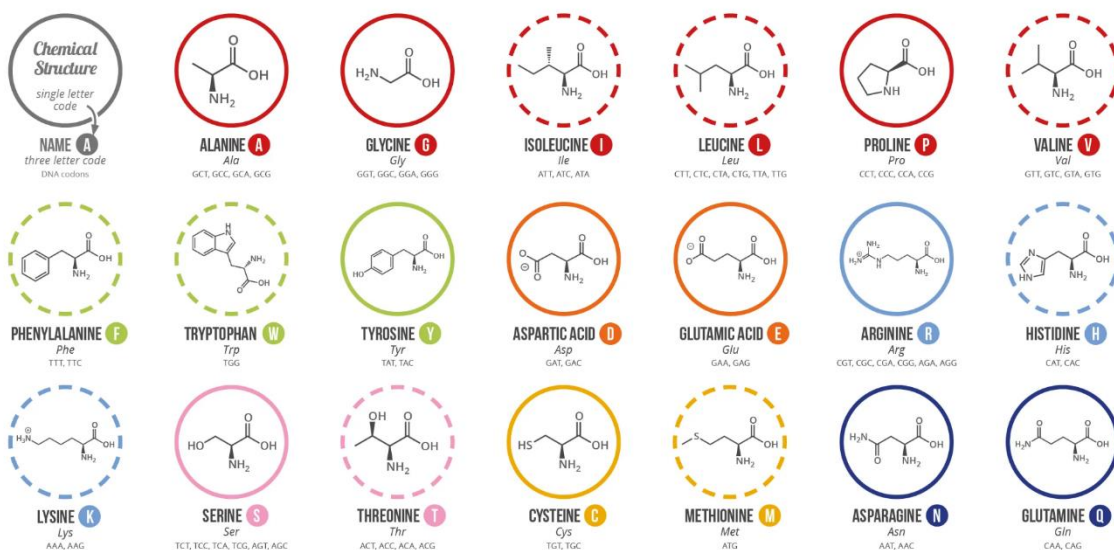
The phospholipid molecule is shown in a cross-section of a cell membrane. The hydrophilic heads are on the outside of the membrane, and the hydrophobic tails are on the inside.

□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□. □□□□□□ 10 □□□□□□
 □□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□. □
 □□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□. □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □ □□□□□□ □□□
 □□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□.

A GUIDE TO THE TWENTY COMMON AMINO ACIDS

AMINO ACIDS ARE THE BUILDING BLOCKS OF PROTEINS IN LIVING ORGANISMS. THERE ARE OVER 500 AMINO ACIDS FOUND IN NATURE - HOWEVER, THE HUMAN GENETIC CODE ONLY DIRECTLY ENCODES 20. 'ESSENTIAL' AMINO ACIDS MUST BE OBTAINED FROM THE DIET, WHILST NON-ESSENTIAL AMINO ACIDS CAN BE SYNTHESISED IN THE BODY.

Chart Key: ● ALIPHATIC ● AROMATIC ● ACIDIC ● BASIC ● HYDROXYLIC ● SULFUR-CONTAINING ● AMIDIC ○ NON-ESSENTIAL ○ ESSENTIAL



Note: This chart only shows those amino acids for which the human genetic code directly codes for. Selenocysteine is often referred to as the 21st amino acid, but is encoded in a special manner. In some cases, distinguishing between asparagine/aspartic acid and glutamine/glutamic acid is difficult. In these cases, the codes asx (B) and glx (Z) are respectively used.

© COMPOUND INTEREST 2014 - WWW.COMPOUNDCHEM.COM | Twitter: @compoundchem | Facebook: www.facebook.com/compoundchem
Shared under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives licence.

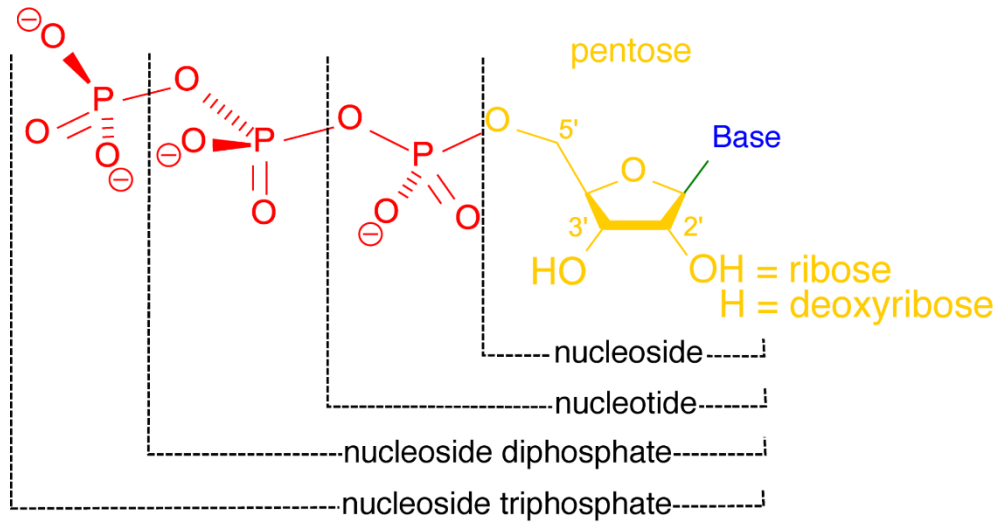


□□□□□□ 10

A Guide To 20 Common Amino Acids

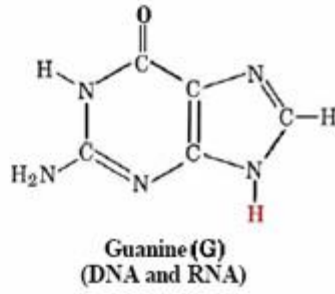
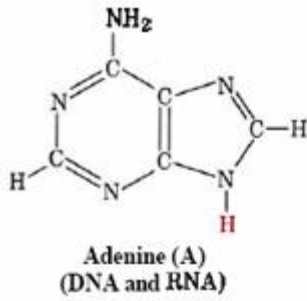
□□□□□ □□□□□□□□□□ -NH₂, -COOH □□□□□□□□□ □□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□. □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□ pH □□□□□□□□□□□□□□□ □□□□ -NH₃⁺, -COO-
 □□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
 □□
 □□
 □□
 □□

1. 在 DNA 複製過程中，DNA 聚合酶需要什麼原料？
 2. 這些原料是什麼？
 3. 這些原料的結構是什麼？
 4. 這些原料的組成是什麼？
 5. 這些原料的命名是什麼？

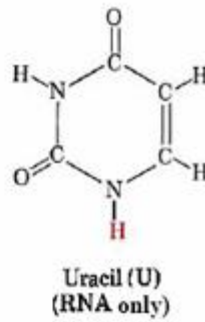
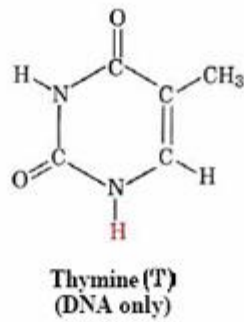
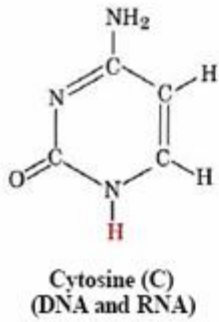


12

[1. 在 DNA 複製過程中，DNA 聚合酶需要什麼原料？](#)



Purines

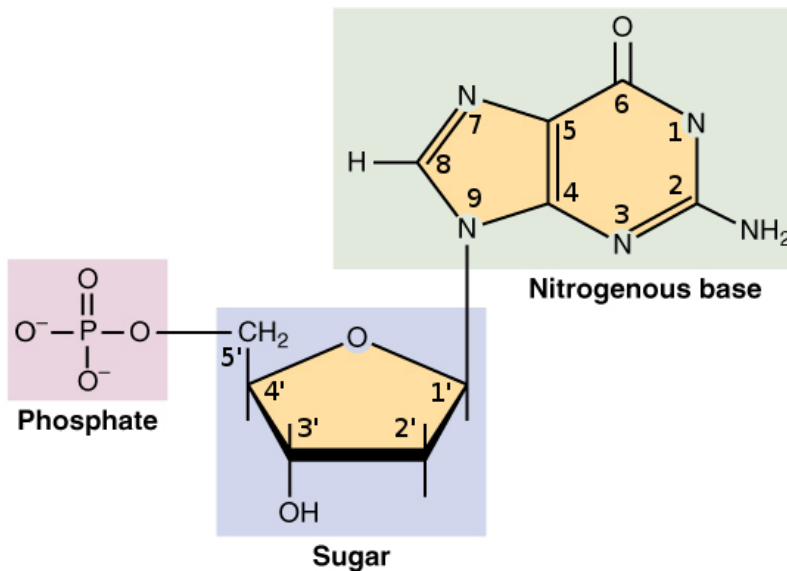
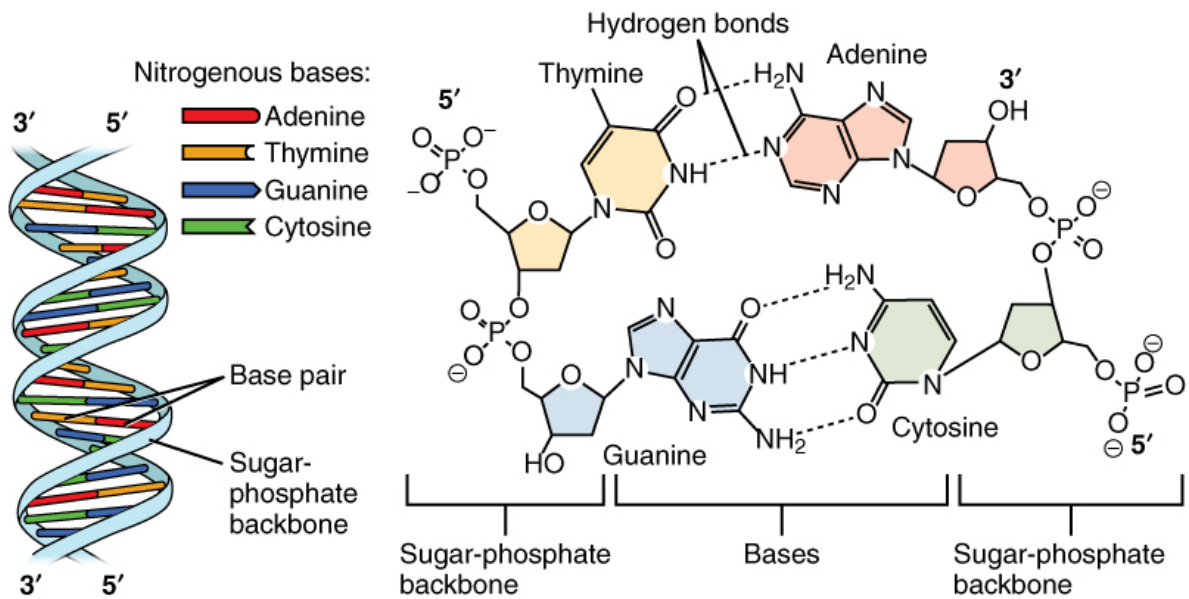


Pyrimidines

13

13

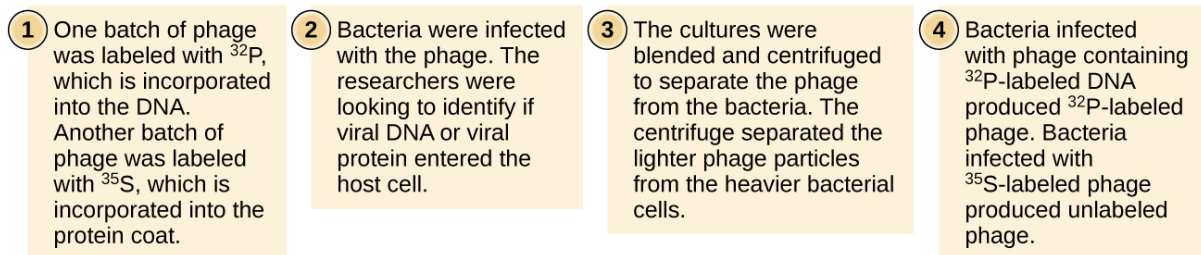
The structure of a nucleotide is shown below. The sugar-phosphate backbone is represented by the circles, and the nitrogenous base is represented by the rectangle. The sugar is deoxyribose in DNA and ribose in RNA. The phosphate group is represented by the circle with a P. The nitrogenous base is represented by the rectangle with a label (A, G, C, T, or U). The sugar is attached to the base at the 1' position. The phosphate group is attached to the sugar at the 5' position. The structure is shown in a simplified manner, focusing on the basic components of a nucleotide.



14

14

1, 2, 3
 1', 2', 3' ...
 ,
 ,
 .
 .
 :
 ()



□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □

□□□□□□□□ □□□
 □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ '□□□□□□□□□□□□ 51' □
 □□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□.



□□□□□

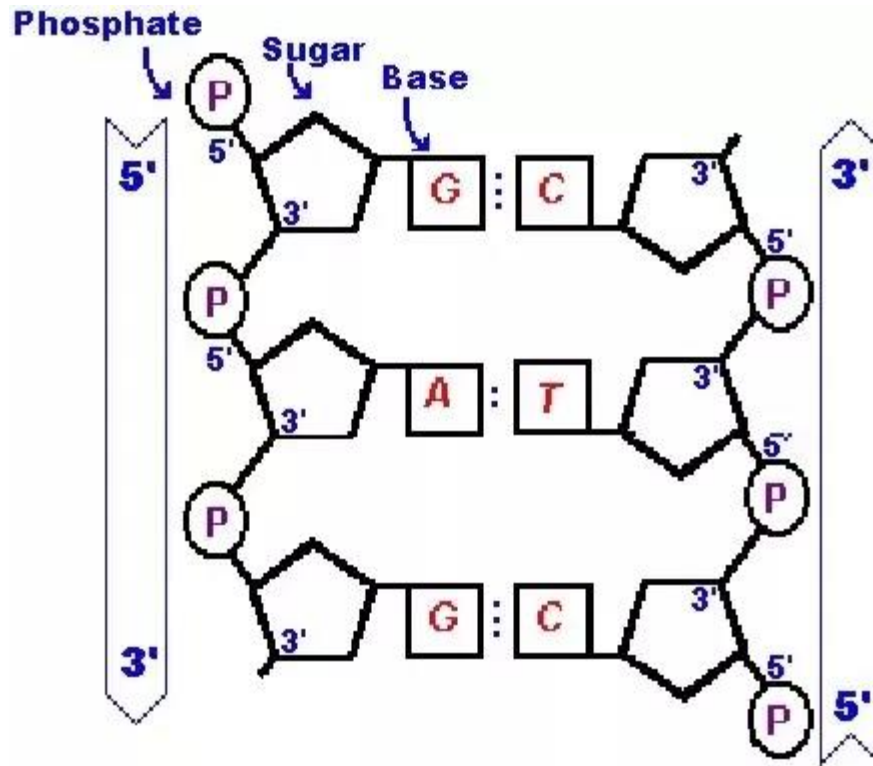
□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□ □□□□□ □□□□□□□□
□□□□□ □□□□□ 36° □□ □□□□□□□□□□, □□□□□ □□ □□□□□
□□□□□□□ □□□□ 10 □□□□□□ 10 □□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□. □□□□□ □□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□ □□□□ $3.4\text{\AA}$ □□□. □□□□□□□□ □□□□□□, □□□□□□
□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□ $20\text{\AA}$ □□□.

□□□□□□□□□□ □□□□□ - □□□□□□□: □□□□□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□
□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□. □□□□□
□□□□□□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□. □□□□□□□□□ □□□
□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□ □□□.

$A + G = T + C$ □□□□□□□□□□□ $(A + G)/(T + C) = 1$

□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□

□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□. □□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□□. □□□ □□□□□ $5'$ □□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□, □□□□ □□□ □□□□□□□□□ -PO43-
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□. □□□□□□□□□ $3'$ -□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□. □□□□ □□□ □□□□□□□□□□ -OH
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□. □□□ □□□□□□□□□□□ $5'$ □□□□
 $3'$ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ $3'$ □□□□ $5'$ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□. □□□□□□ □□□ □□□□□□□□□□□□□□ $5'$
□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□ $3'$ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□. □□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□ □ □□□□□□□□□
'□□□□□□□□□□□' □□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□.



□□□□□ 18

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□

□□□□, □□□□ □□□□□□□□
 □□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ (dsDNA) □□□□□□□□□□□□
 □□□□□□ □□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□. □ □□□□□
 □□□□ (□□□□□□□□□□□□) □□□□□□□□□□□□ □□□□□ (□□□□□□□□□□□□)
 □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□. □□
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□.

□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□ □□□□
 □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□ (□□□□□□□□□□) □□□□□ □□□□□.

b. □ (RNA)

□ □ □

(□□□□□: □□□□□□□□□: □□□□ □□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ '□□'
□□□?)

□ □ □ □ □ □ 20
mRNA

□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□
 □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□
 □□□□□□□ □□□□ □□□□□□□ □□□□□.

		second letter					
		U	C	A	G		
first letter	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA stop UAG stop	UGU } Cys UGC } UGA stop UGG Trp	U	C
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U	C
	A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U	C
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U	C
						A	G

□□□□□ 21

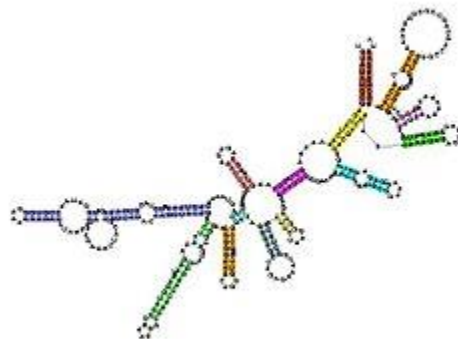
□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□
□□□□□□□□□□□□ □□□□□□

(□□□□□□□□□□□□ □□□□□: □□□□□□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□, □□□□□ □□□□□ □□□□□□□? □□□□□□
 □□□□□□□□ □□□ □□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□)

1. □□□□□□□ RNA (rRNA)

□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□
 □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□ □□□ □□□□-□□□□□□□ rRNA. rRNA- □□

1. RNA (tRNA)
 tRNA 是细胞中含量最丰富的 RNA，其功能是将氨基酸运送到核糖体，参与蛋白质的合成。tRNA 的分子结构呈 L 形，由 76 个核苷酸组成。其 3' 末端具有 CCA 序列，用于与氨基酸结合。tRNA 的分子结构由四个臂组成：受体臂、T 臂、反密码子臂和 TψC 臂。受体臂和 T 臂形成 L 形的两个垂直臂，反密码子臂和 TψC 臂形成另外两个垂直臂。反密码子臂末端具有反密码子，用于识别 mRNA 上的密码子。TψC 臂末端具有 TψC 序列，用于与核糖体结合。



22
[rRNA](#)

1. RNA (tRNA)

tRNA 是细胞中含量最丰富的 RNA，其功能是将氨基酸运送到核糖体，参与蛋白质的合成。tRNA 的分子结构呈 L 形，由 76 个核苷酸组成。其 3' 末端具有 CCA 序列，用于与氨基酸结合。tRNA 的分子结构由四个臂组成：受体臂、T 臂、反密码子臂和 TψC 臂。受体臂和 T 臂形成 L 形的两个垂直臂，反密码子臂和 TψC 臂形成另外两个垂直臂。反密码子臂末端具有反密码子，用于识别 mRNA 上的密码子。TψC 臂末端具有 TψC 序列，用于与核糖体结合。

mRNA 是细胞中含量最丰富的 RNA，其功能是将遗传信息从 DNA 传递到核糖体，用于蛋白质的合成。mRNA 的分子结构呈线性，由 5' 末端到 3' 末端。5' 末端具有 5'-CCA-3' 序列，用于与核糖体结合。mRNA 的分子结构由 5' 末端、5' 帽、5' 非翻译区、5' 翻译区、5' 终止区和 5' 非翻译区组成。

tRNA 的分子结构由四个臂组成：受体臂、T 臂、反密码子臂和 TψC 臂。受体臂和 T 臂形成 L 形的两个垂直臂，反密码子臂和 TψC 臂形成另外两个垂直臂。反密码子臂末端具有反密码子，用于识别 mRNA 上的密码子。TψC 臂末端具有 TψC 序列，用于与核糖体结合。

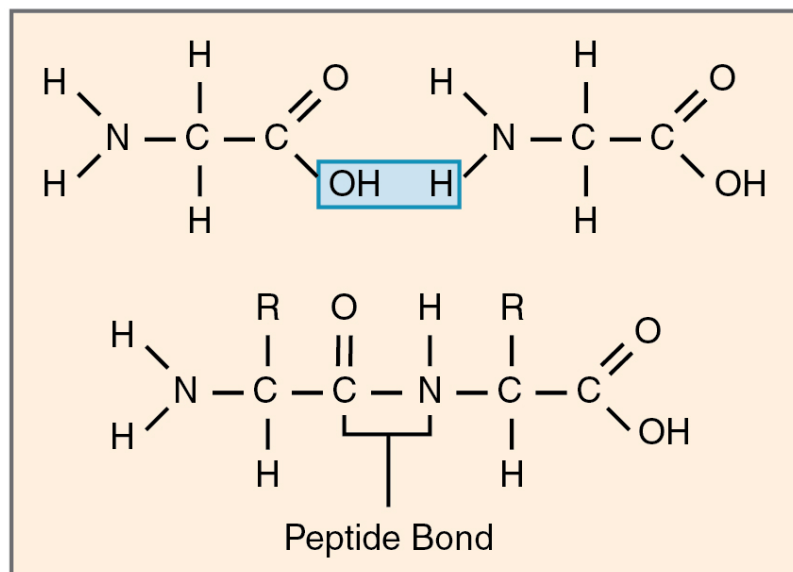
5'-CCA-3' 序列用于与核糖体结合。

[illegible]

□□, □□, □□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□.

c. □□□□□□□□□□

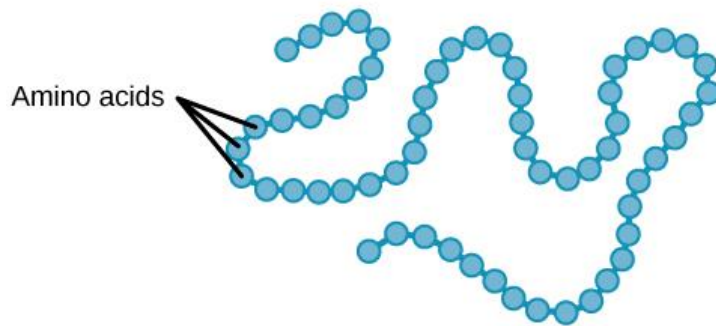
□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□
 □□□□□□□□ □□□□□□□□□□. □□□□□□ □□ □□□□□□□□□□
 □□□□ □□□□□□□□□ □□□□□ □□. □□ □□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□ □□□□□ (-COOH) □□ □□□□ □□□□□□ □□□□
 □□□□□□□□□□ (-NH₂) □□□□□□□□□□□□□□□□ H₂O □□□□
 □□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□ □□□□□□□□□□.



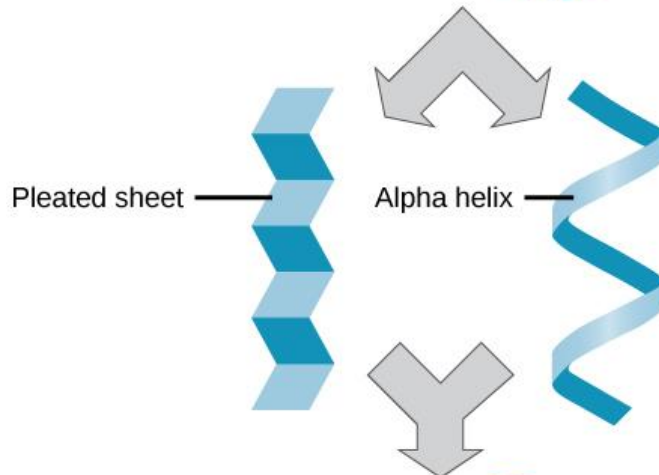
□□□□□ 25

□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□

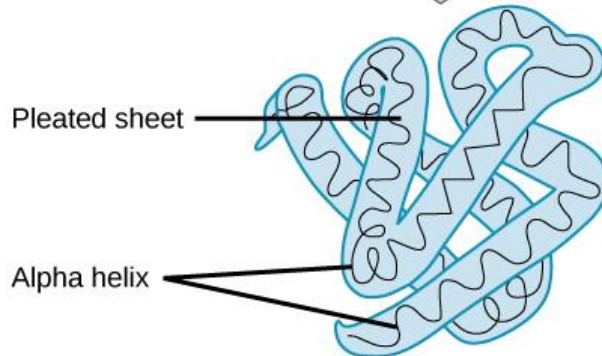
□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□. □□□□□□□□□□□□□□ □□□
 □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□:



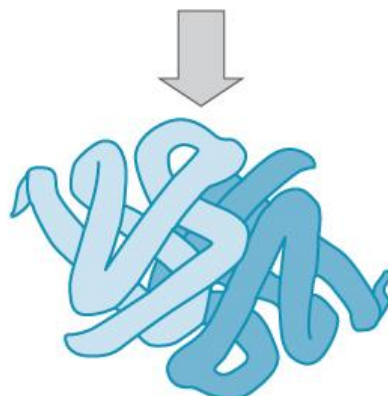
Primary Protein structure
sequence of a chain of amino acids



Secondary Protein structure
hydrogen bonding of the peptide backbone causes the amino acids to fold into a repeating pattern



Tertiary protein structure
three-dimensional folding pattern of a protein due to side chain interactions



Quaternary protein structure
protein consisting of more than one amino acid chain

1. Enzyme Activity
 The enzyme activity is measured by the rate of reaction. The reaction is monitored by the change in absorbance of the substrate. The absorbance is measured at 405 nm. The reaction is initiated by the addition of the substrate. The reaction is stopped by the addition of a stop solution. The absorbance is measured immediately after the addition of the stop solution. The reaction is repeated three times. The average absorbance is calculated. The reaction rate is calculated from the absorbance. The reaction rate is expressed as $\mu\text{mol/min}$.

1. Enzyme Activity

The enzyme activity is measured by the rate of reaction. The reaction is monitored by the change in absorbance of the substrate. The absorbance is measured at 405 nm. The reaction is initiated by the addition of the substrate. The reaction is stopped by the addition of a stop solution. The absorbance is measured immediately after the addition of the stop solution. The reaction is repeated three times. The average absorbance is calculated. The reaction rate is calculated from the absorbance. The reaction rate is expressed as $\mu\text{mol/min}$.

The enzyme activity is measured by the rate of reaction. The reaction is monitored by the change in absorbance of the substrate. The absorbance is measured at 405 nm. The reaction is initiated by the addition of the substrate. The reaction is stopped by the addition of a stop solution. The absorbance is measured immediately after the addition of the stop solution. The reaction is repeated three times. The average absorbance is calculated. The reaction rate is calculated from the absorbance. The reaction rate is expressed as $\mu\text{mol/min}$.

$$E + S \rightleftharpoons ES$$

(E = Enzyme; S = Substrate; ES = Enzyme-Substrate complex)

The enzyme activity is measured by the rate of reaction. The reaction is monitored by the change in absorbance of the substrate. The absorbance is measured at 405 nm. The reaction is initiated by the addition of the substrate. The reaction is stopped by the addition of a stop solution. The absorbance is measured immediately after the addition of the stop solution. The reaction is repeated three times. The average absorbance is calculated. The reaction rate is calculated from the absorbance. The reaction rate is expressed as $\mu\text{mol/min}$.

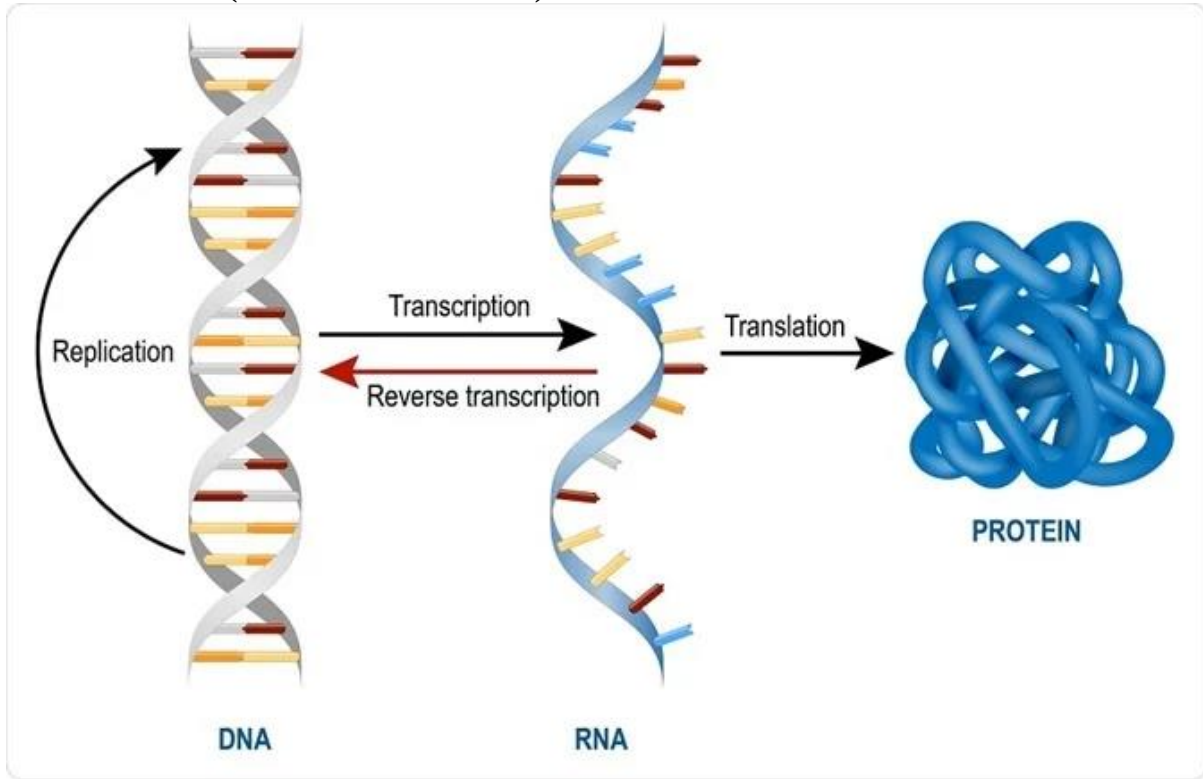
The enzyme activity is measured by the rate of reaction. The reaction is monitored by the change in absorbance of the substrate. The absorbance is measured at 405 nm. The reaction is initiated by the addition of the substrate. The reaction is stopped by the addition of a stop solution. The absorbance is measured immediately after the addition of the stop solution. The reaction is repeated three times. The average absorbance is calculated. The reaction rate is calculated from the absorbance. The reaction rate is expressed as $\mu\text{mol/min}$.

1. 复制 (Replication): DNA 分子在细胞分裂前进行自我复制，产生两个完全相同的 DNA 分子。

2. 转录 (Transcription): DNA 分子的一条链作为模板，合成一条与之互补的 RNA 链。

3. 翻译 (Translation): RNA 链在核糖体上被翻译成蛋白质。

4. 逆转录 (Reverse transcription): 某些病毒 (如 HIV) 的 RNA 可以在逆转录酶的作用下，合成 DNA-RNA 杂交体，进而合成 DNA 分子。



27

[1. 复制 \(Replication\): DNA 分子在细胞分裂前进行自我复制，产生两个完全相同的 DNA 分子。](#)

2. 转录 (Transcription): DNA 分子的一条链作为模板，合成一条与之互补的 RNA 链。

3. 翻译 (Translation): RNA 链在核糖体上被翻译成蛋白质。

4. 逆转录 (Reverse transcription): 某些病毒 (如 HIV) 的 RNA 可以在逆转录酶的作用下，合成 DNA-RNA 杂交体，进而合成 DNA 分子。

1. 复制 (Replication): DNA 分子在细胞分裂前进行自我复制，产生两个完全相同的 DNA 分子。

2. 转录 (Transcription): DNA 分子的一条链作为模板，合成一条与之互补的 RNA 链。

3. 翻译 (Translation): RNA 链在核糖体上被翻译成蛋白质。

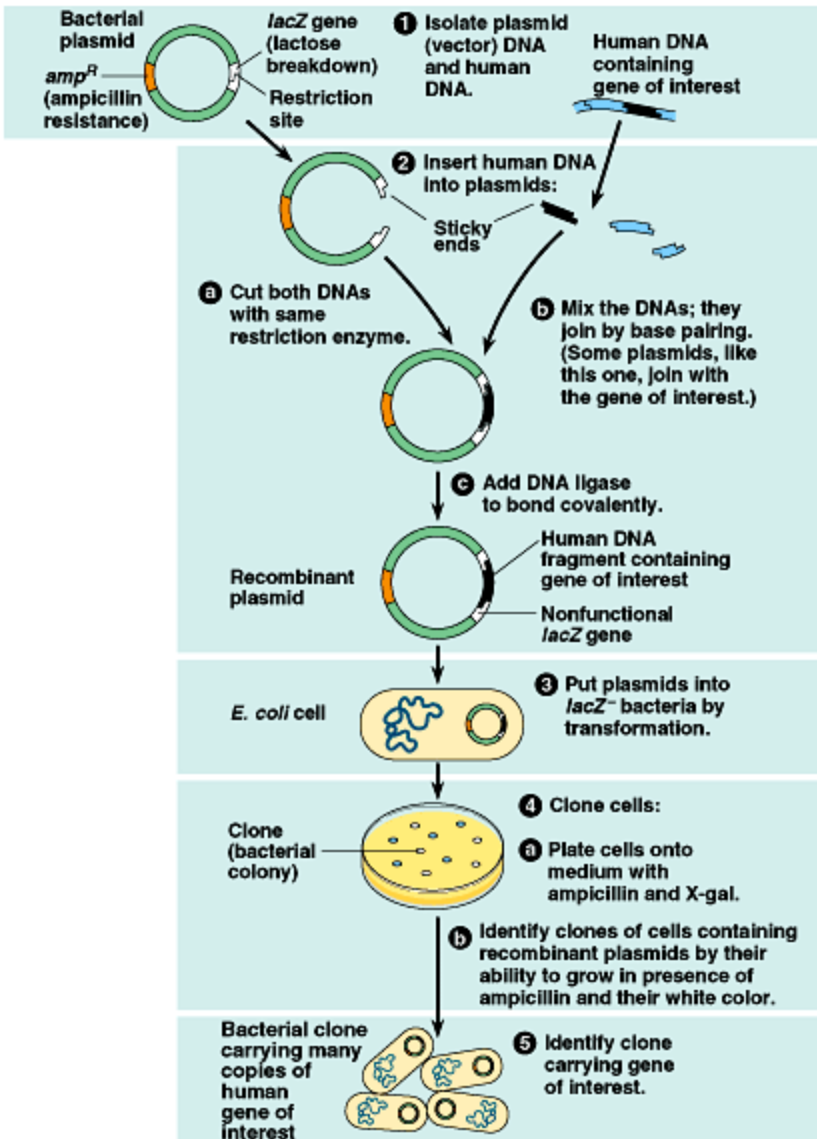
4. 逆转录 (Reverse transcription): 某些病毒 (如 HIV) 的 RNA 可以在逆转录酶的作用下，合成 DNA-RNA 杂交体，进而合成 DNA 分子。

[illegible]

□□□□□□□□ □□□□□□. □□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□
 □□.

00000000, 00000 0000000000 00000000 0000000000
 000 000000 00000000000000000000 00000000000000
 000000 0000000000 000000000000. 00000000000000 000
 000000 000000000000000000000000000000 00000000 00000
 000000 000000000000000000 0000000 000000000000
 0000000000 000000000000000000000000
 000000000000000000000000 00000000.

1. 00000000 000000000000 0000000 000000 000000
00000000000000. 0000000 000 0000000 000000
0000000000000 000000 0000.
 2. 000000000 00000000000 000000 000000 000000
000000000000 00000000000. (000000000: 0 0000000000
000000000000000 0000000000000000000 000000
00000000000000. 000000000000 000000000000000 000
0000000000000)
 3. 0000000000000000 000 0000000000000000000000 00000000
0000000000000 (000. 00000000).
 4. 000000000000 000000000000 000000000000
0000000000000000000 00000000000000000 000 00000000
0000 00000000. 0 00000000000 0000000 000
00000000000000 000000000 00000000000000000000.
 5. 0000000000000 000000000 00000000000000 00000000
000000000000000000 0000000000 000000000
(0000000: 000 00000000000 000000000 000 000 0000
0000000 0000000000 000000000000000000000000 000 0000000000)
1. 00000000000 000000000000 0000000000000 000000000000
000000000000 0000000000000 000000000 00000000000000000 0
0000000000 000000000000000.
1. 000000000000 000000000000000 00000000000000 000
000000000000000000000000000000000 0000000000000 0000000000 000
"0000000000000000000000000".

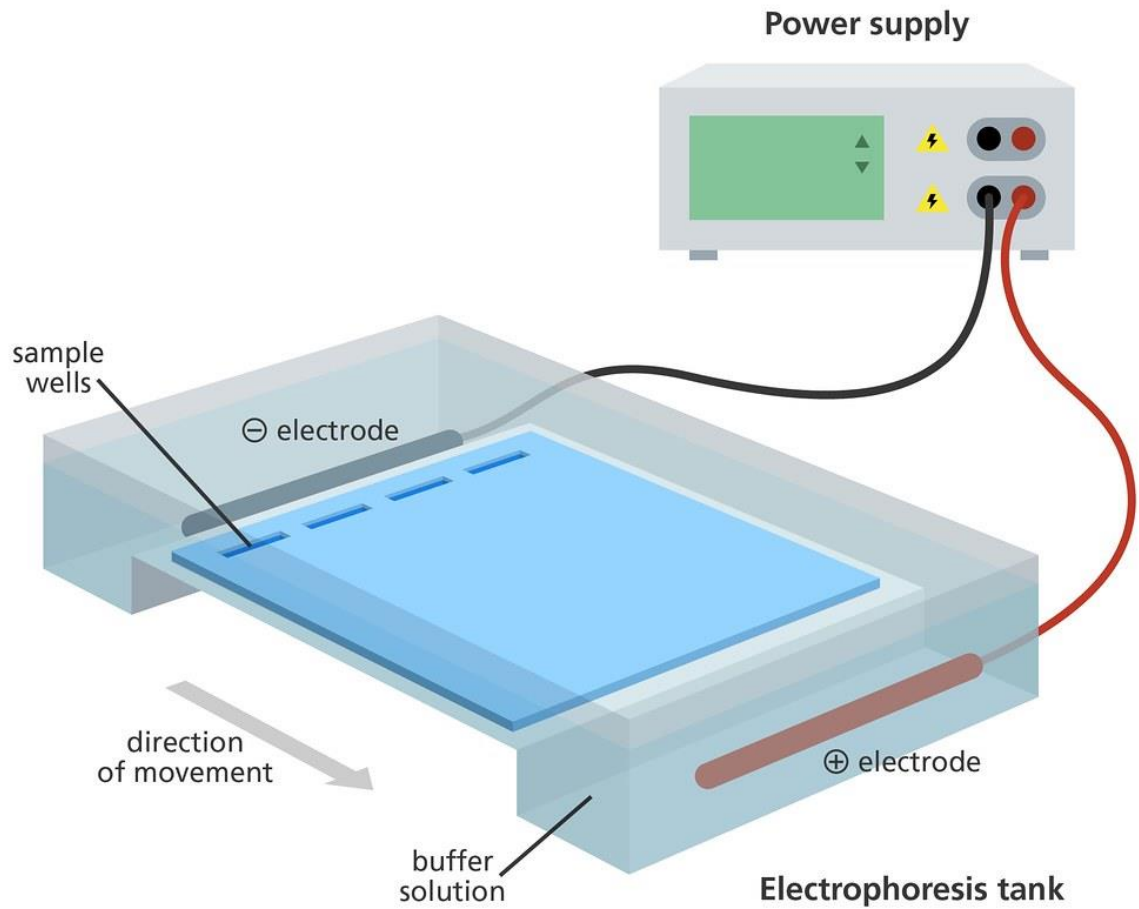


Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

_____ - _____

_____ - _____

- [illegible]



□□□□□ 31

□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□

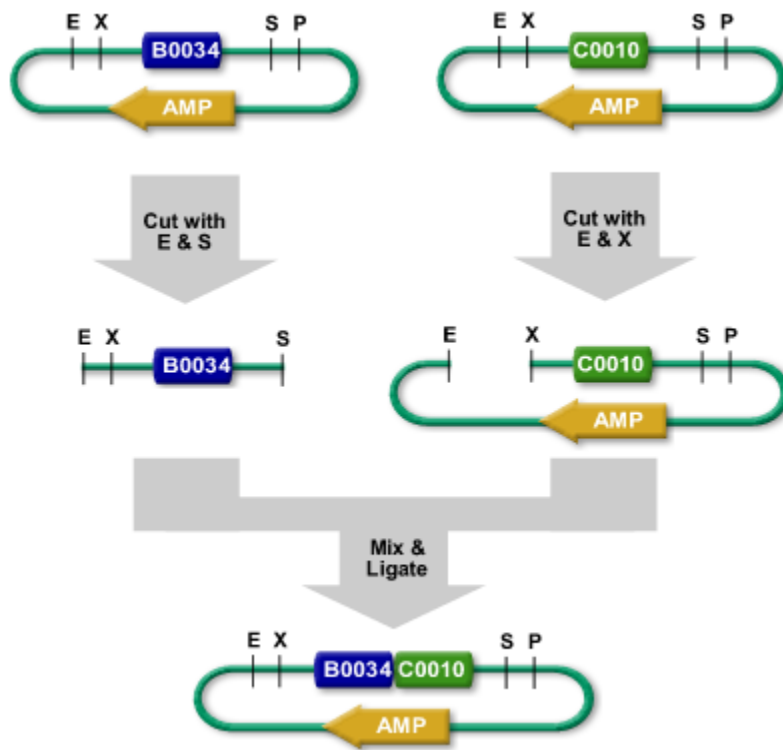
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□- □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ PCR
 (□□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□) □□□□□ □□□□ □□□□□□□□
 □□□□□ □□□(□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□).
 □□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ (□□□□□
 □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□
 □□□□□ □□□□□□□□□□□□□).
 □□□□□□□□□□□- □□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□
 □□□□□□□□□□. □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□ □□□□□□□□□
 □□□□□□□□□ □□□□□ '□□□□□□□□□'□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□ '□□□□□□□□□' □□□□□□□□□□□□□□□□□□.

- [illegible]

Sequence Feature Glyphs

[illegible]

1. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 2. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 3. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 4. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 5. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 6. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 7. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 8. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 9. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。
 10. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。



40

[1. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI \(E\), XbaI \(X\) 和 SpeI \(S\), PstI \(P\) 酶切。](#)

X, S 1. 将质粒和插入片段分别用 EcoRI (E), XbaI (X) 和 SpeI (S), PstI (P) 酶切。

□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□ □□□
 □□□□□□□□□□ □□□ □□□□□□. □□□ **6** □□□□ □□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□. □□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□.

10-
 EcoRI,
 SpeI
 EcoRI, XbaI
 XbaI, SpeI

3A (**3** □□□□□□□□□□) □□□□□□□ □□□□

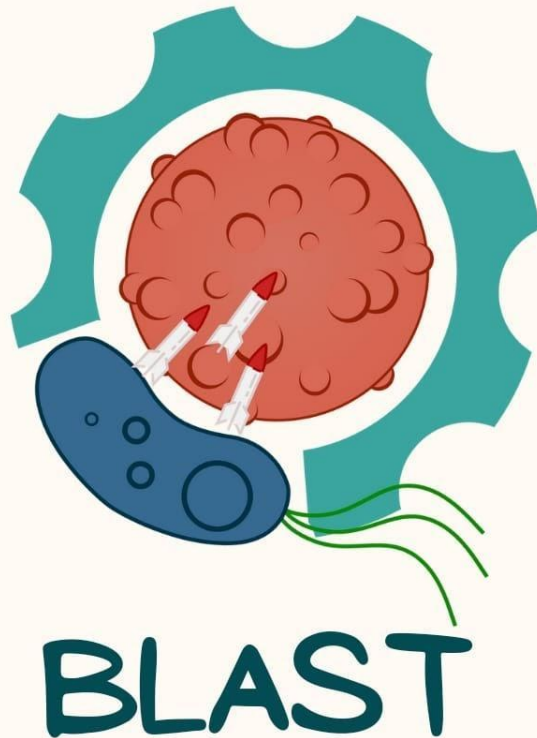
□ □□□□□□□ □□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□. □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□ □□□ □□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□. □□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
 □□□□□□□□□□. □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□ □□□□□.

□□□□□□□□□□ □□□□□□□□TM □□□□□□□□ □□□□□□□□,
 □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□
 □□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
 □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□
 (□□□. □□□□□□□□ □□□□□□□□)

[illegible]

000000000000 0000000000000000, 0000000000 00000
 0000000000 000 000000000000 0000000000000000
 00000000000 0000000 000000000000000000 0000000
 000000000 0000000000000000000 000000000 000000
 0000000000000000 0000000 000000 0000000000000000
 00000000; 000000000000 0000000000000000
 00000000000000 000000 000000 00000000 000000000
 00000000000 0000000000000 0 0000000 00000
 00000000000000000. 0000000000000000, 000 0000000000000
 0 0000000 0000000000000000 000000
 000000000000000000000. 00000 0000000000000
 00000000000 000000000000000000 0000000 000000000000
 0000000 0000000000 000 0000000000000000000
 000000000000000000 00000000000 000000 0000
 00000000000 000000000000000. 000000000 00000000

iGEM IISER BHOPAL - 2021



B. Longum induced Apoptosis using Smac and Trail

□□□□□□ 43

□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□ □□□□□□□□

□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□-
□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□
□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□
□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□ □ □□□□
□□□□□□□ □□ □□□□□□□□□□□□□□□□□. □□□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□. □□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□.
□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□
□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□.

[illegible]

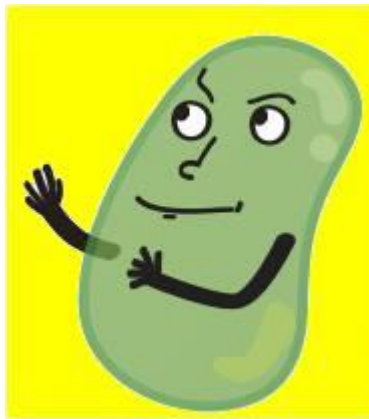
0000 0000000000000000 0000 000000-00000000 0000
 000000000000 000000000000 0000 000000 00000000 0000
 0000000000 0000000000 00000000 - 0000000000 00000000
 0000 00000000, 000000000000 000
 0000000000000000. 00000000000 0000000000 00000
 0.0000(E. coli) 0000000000000000 000000000000
 000000000000 000 00000000 00000000000000. 0 00000000
 000 0000000000000000 00000000 0000000000 000000000000
 000000 0000000000000000000000 00000 00000000
 0000000000. 00000000 00000000 00000000
 00000000000000000000 000000000 0000000000 00000000
 000000000000000000000000 000 000000000000000000
 0000000 00000000000000000000 000000000 00000000.
 0000000000 00000000 0000000000000000
 0000000000000000000000 000000000000 0000 000000000000
 00000 000 00000000000000 00000 0000000000000000. 0
 0000000000 00000000 000 0000000000000000 0000000000
 000000000000 000000000000 000 000 00000000 000
 000000000000000000000000. 000000000 00000000
 0000000000 000000000000000000, 00-00! 000 000000
 000000000000 0000000000 000000000 0000

「Colony Collapse Disorder」(蜂群崩溃失调症) 是指蜜蜂在蜂巢中死亡的现象。这种现象在蜜蜂中非常普遍，尤其是在美国。这种现象的成因尚不清楚，但可能与多种因素有关，包括农药使用、气候变化、寄生虫感染等。

「Colony Collapse Disorder」(蜂群崩溃失调症) 是指蜜蜂在蜂巢中死亡的现象。这种现象在蜜蜂中非常普遍，尤其是在美国。这种现象的成因尚不清楚，但可能与多种因素有关，包括农药使用、气候变化、寄生虫感染等。

「Colony Collapse Disorder」(蜂群崩溃失调症) 是指蜜蜂在蜂巢中死亡的现象。这种现象在蜜蜂中非常普遍，尤其是在美国。这种现象的成因尚不清楚，但可能与多种因素有关，包括农药使用、气候变化、寄生虫感染等。这种现象的成因尚不清楚，但可能与多种因素有关，包括农药使用、气候变化、寄生虫感染等。这种现象的成因尚不清楚，但可能与多种因素有关，包括农药使用、气候变化、寄生虫感染等。

2013 - NYMU iGEM Taipei 团队在「Colony Collapse Disorder」(蜂群崩溃失调症) 的研究中，发现了一种新的方法来防止这种现象的发生。这种方法是通过在蜂巢中引入一种新的细菌，这种细菌可以杀死蜜蜂的寄生虫，从而防止蜂群崩溃失调症的发生。



□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□
□□□□ □□□□□□□□□□□□. □□□□ □□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□
□□□□□ □□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□. □□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□(□□□□□□□□□□)
□□ □□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□. □□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□. □□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□
□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□□. □□ □□ □□□□ □
□□□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□. □□□□□□
□□□□□ □□□□□□□□□□□□□ □□□□□ □□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□□□□□□□ □□□□□□□□□□!

□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□□□□□
□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□□□□□ □□□□
□□□□□□-□□□□□□□□□□ □□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□□□ □□
□□□□ □□□□□□□ □□□□□□□□□□ □□□□□□□-□□□□□□□□□□
□□□□□□□□□□ □□□□□□□□ □□□□□□□.

□□□□□□□□□□:

1. [iGEM Team: Ruia-Mumbai - 2018](#)
2. [iGEM Team: NYMU-Taipei - 2013](#)

9)Language: Greek.

SYN-BIO WORKBOOK

iGEM 2021



Κεφάλαιο 0: Πρόλογος

Αυτό το βιβλίο είναι μία προσπάθεια της ομάδας iGEM του Ινδικού Ινστιτούτου Επιστημονικής Εκπαίδευσης και Έρευνας (IISER) Bhopal να δημιουργήσει ένα ενδιαφέρον στη συνθετική βιολογία μεταξύ του κοινού, των μαθητών γυμνασίου και λυκείου.

Στις αρχές της δεκαετίας του 2000, οι επιστήμονες αναρωτιόνταν αν οι οργανισμοί μπορούν να κατασκευαστούν με τον ίδιο τρόπο που τουβλάκια Lego χρησιμοποιούνται για τη δημιουργία ποικιλίας παιχνιδιών. Δημοσιεύσεις αναπαριστώντας την πιθανότητα να τρέξουμε μικροβιακά γενετικά κυκλώματα όπως εφαρμογές έδιναν κίνητρο σε αυτό το σκεπτικό. Με την ανακάλυψη κανόνων και μονάδων για τον σχηματισμό οργανισμών, οι

βιολόγοι άρχισαν να σκέφτονται σαν μηχανικοί. Η ιδέα της ένωσης των καλώς καθορισμένων στοιχείων μεταξύ τους για τη σύνθεση μονάδων και δικτύων απέκτησε πειραματική επιβεβαίωση. Η μηχανική βιολογία έγινε πεδίο έρευνας. Μαθητές σχολείων που σχεδιάζουν να συμβάλλουν σε αυτά τα αναδυόμενα πεδία μπορεί να βρουν αυτές τις πληροφορίες χρήσιμες. Θα βοηθούσε να υπάρχει μια βασική γνώση μοριακής βιολογίας για να ευχαριστηθούν την επιστήμη σε αυτό το βιβλίο. Ήταν δύσκολο να καλυφθούν σε βάθος διάφορα θέματα, θα μπορούσε κάποιος να εξετάσει πιο εξειδικευμένες δημοσιεύσεις και βιβλία. Ελπίζουμε αυτό να προσφέρει ένα χρήσιμο εναρκτήριο σημείο για σκέψη σχετικά με ωραία προβλήματα στη συνθετική βιολογία. Θα θεωρούσαμε τις προσπάθειές μας επιτυχείς, εάν καλά ερευνητικά προβλήματα αναγνωριστούν από τους αναγνώστες μετά την ανάγνωση των κεφαλαίων.

Κεφάλαιο 1: Εισαγωγή στη Συνθετική Βιολογία

Τι είναι η Συνθετική Βιολογία;

Η Συνθετική Βιολογία είναι ένα αναδυόμενο επιστημονικό πεδίο που περιλαμβάνει ενσωμάτωση αρχών μηχανικής και βιολογίας. Η σύγκλιση των εξελίξεων σε ποικίλα επιστημονικά πεδία και πεδία μηχανικής, συμπεριλαμβανομένου αλλά χωρίς περιορισμό και της πληροφορικής, της χημείας και της βιολογίας, μας επιτρέπει να τροποποιήσουμε κύτταρα για να εξυπηρετούν χρήσιμους σκοπούς. Ο κύριος στόχος της συνθετικής βιολογίας είναι να δημιουργηθεί ένα αποθετήριο από καλώς χαρακτηρισμένα «βιολογικά μέρη» (ήτοι ένζυμα, γενετικά κυκλώματα, μεταβολικά δίκτυα, κ.α. που μπορούν να μοντελοποιηθούν, να συντονιστούν και να βελτιστοποιηθούν για να συμπεριφέρονται προβλέψιμα και να πληρούν συγκεκριμένα κριτήρια απόδοσης όπως τα βέλτιστα επίπεδα έκφρασης και καμία έως ελάχιστες παρενέργειες. Τα μέρη μπορούν τότε να συναρμολογηθούν σε μεγαλύτερα συστήματα ή συσκευές που μπορούν να χρησιμοποιηθούν για να βρεθούν μικρές λύσεις σε παγκόσμια προβλήματα. Ορίστε μία αναλογία: όπως οι μηχανικοί τώρα σχεδιάζουν ενσωματωμένα κυκλώματα βασισμένα στις γνωστές φυσικές ιδιότητες των υλικών και τότε εφευρίσκουν λειτουργικά κυκλώματα και ολόκληρους επεξεργαστές (με σχετικά μεγάλη αξιοπιστία), οι συνθετικοί βιολόγοι σύντομα θα σχεδιάζουν και θα κατασκευάζουν βιολογικά συστήματα.

Συνθετική Βιολογία vs. Γενετική Μηχανική

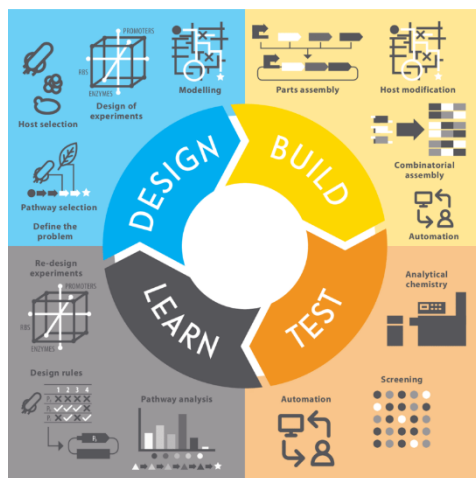
Η συνθετική βιολογία συχνά συγχέεται με ένα παρόμοιο πεδίο - τη Γενετική Μηχανική. Παρόλα αυτά, τα δύο πεδία είναι αξιοσημείωτα διαφορετικά: ενώ το πρώτο περιλαμβάνει συνένωση μεγάλων τμημάτων DNA (που βρίσκονται σε άλλους οργανισμούς ή είναι εντελώς καινούρια) που ενσωματώνονται σε οργανισμούς όπως τα βακτήρια, το δεύτερο

περιλαμβάνει τη δημιουργία αλλαγών στο DNA του οργανισμού ξενιστή (Μπερδεύτηκες;; Μην ανησυχείς! Θα το αντιμετωπίσουμε σε επόμενα κεφάλαια!).

Ο κύκλος Σχεδίαση-Κατασκευή-Τεστ-Γνώση

Οποιοδήποτε σύστημα που χρειάζεται μηχανική και κατασκευάζεται από το μηδέν χρειάζεται να ακολουθήσει ένα συγκεκριμένο τρόπο εργασίας. Ποια μέρη χρειαζόμαστε; Πώς θα τα τοποθετήσουμε μαζί; Θα λειτουργήσουν όπως το περιμένουμε; - αυτές είναι κάποιες ερωτήσεις που απαντώνται με το να ακολουθήσουμε τον κύκλο Σχεδίαση-Κατασκευή-Τεστ-Γνώση (ΣΚΤΓ).

Ας υποθέσουμε ότι θέλουμε να κατασκευάσουμε βακτήρια που να μετατρέπουν γεωργικά απορρίμματα σε βιοκαύσιμα.



Εικόνα 1

Για να το καταφέρουμε, θα χρησιμοποιήσουμε τον κύκλο ΣΚΤΓ, ένα βήμα τη φορά:

1. Σχεδίαση

Ξέρουμε το πρόβλημα - η μετατροπή των αγροτικών αποβλήτων σε βιοκαύσιμα. Η φάση σχεδίασης αποτελείται κυρίως από την εύρεση απαντήσεων σε ερωτήσεις που μπορεί να εμφανιστούν στο κεφάλι σου ενώ

σκέφτεσαι την επίτευξη του στόχου σου. Αυτό είναι ένα παράδειγμα που εμφανίστηκε στα δικά μας κεφάλια:

α. Ποια βακτήρια/οργανισμός (ονομαζόμενος ξενιστής ή οργανισμός ξενιστής) χρειάζεται να διαλέξουμε για να το κάνουμε αυτό; (Συνήθως, τα βακτήρια ή η μαγιά προτιμώνται αφού μπορούν εύκολα να καλλιεργηθούν και πολλαπλασιάζονται ραγδαία!

β. Ποιο μεταβολικό μονοπάτι μπορούμε να χρησιμοποιήσουμε ώστε ο οργανισμός να μην επιβαρύνεται;

γ. Ποια βιολογικά μέρη χρειάζεται να χρησιμοποιήσουμε για να κατασκευάσουμε αυτό το μεταβολικό δίκτυο στον ξενιστή; Υπάρχουν διαθέσιμα δεδομένα για αυτά τα μέρη;

δ. Πώς θα εισάγουμε αυτά τα μέρη στον ξενιστή; (Σχεδίαση πειραμάτων)

ε. Μπορούμε να προβλέψουμε πόσα καύσιμα θα παράγει κάθε κύτταρο ξενιστής; (Μαθηματική Μοντελοποίηση)

2. Κατασκευή

Έχουμε σκεφτεί πώς θέλουμε να φτιάξουμε το σύστημα. Τώρα μένει να το κατασκευάσουμε πραγματικά.

α. Συρραφή όλων των μερών που κρατήσαμε κατά την φάση σχεδίασης.

β. Εισαγωγή των συρραμμένων μερών στον επιλεγμένο οργανισμό ξενιστή.

γ. Σιγουρευόμαστε ότι μπορούμε να μεγαλώσουμε τον οργανισμό ξενιστή στο περιβάλλον του εργαστηρίου.

3. Τεστ

Αφού κατασκευάσουμε το σύστημα, το επόμενο βήμα είναι να το τεστάρουμε και να σιγουρευτούμε ότι λειτουργεί.

- α. Παράγει ο οργανισμός ξενιστής βιοκαύσιμα;
- β. Πόσα βιοκαύσιμα παράγει για κάθε γραμμάριο αγροτικών αποβλήτων;
- γ. Παράγει βιοκαύσιμα που προκαλούν βλάβη στον οργανισμό ξενιστή;

4. Γνώση

Το τελευταίο βήμα σε αυτή τη διαδικασία είναι να αναλύσουμε τα δεδομένα που συλλέχθηκαν κατά τη φάση του τεστ.

- α. *Αν ο οργανισμός ξενιστής παράγει βιοκαύσιμα:* Μπορούμε να αυξήσουμε το ποσό των βιοκαυσίμων που παράγει κάθε ξενιστής; Αν τα καύσιμα βλάπτουν το κύτταρο, πώς μπορούμε να τροποποιήσουμε το σύστημα ώστε να αυξήσουμε την συσσωρευτική παραγωγή;
- β. *Αν ο οργανισμός ξενιστής δεν παράγει βιοκαύσιμα:* Τι πήγε λάθος; Χρειάζεται να αλλάξουμε το μέρος που χρησιμοποιήσαμε; Είναι το μεταβολικό μονοπάτι που χρησιμοποιούμε λάθος; Αν ο ξενιστής δεν μεγαλώνει, τι χρειάζεται να αλλάξουμε;

Αφού περάσουμε πολλές επαναλήψεις το κύκλου φτάνουμε στο πιο αποδοτικό σύστημα που μας δίνει το θεμιτό αποτέλεσμα - σε αυτή την περίπτωση, ένα βιοκαύσιμο που μπορεί να απομονωθεί από τον οργανισμό ξενιστή.

Παραπάνω, συζητήσαμε ολόκληρη τη διαδικασία του πώς οι επιστήμονες επανασχεδιάζουν τον οργανισμό ξενιστή. Αλλά, μπορούμε να χρησιμοποιήσουμε ανθρώπους ως τον ξενιστή; Αν ο οργανισμός είναι ένα βακτήριο/μύκητας, θα προκαλέσει κακό στους ανθρώπους γύρω μου;

Ηθικές συνέπειες

Μήπως οι άνθρωποι χειραγωγούν και εκμεταλλεύονται τη φύση με το να επανασχεδιάζουν οργανισμούς χρησιμοποιώντας τεχνικές συνθετικής βιολογίας; Πώς θα κατανέμουμε εξίσου νέες θεραπείες για θανατηφόρες ασθένειες που προκύπτουν από τη συνθετική βιολογία; Ποιος είναι ο περιβαλλοντικός αντίκτυπος του να εισάγουμε τους τροποποιημένους οργανισμούς στο οικοσύστημα; Οι επιστήμονες και οι διαμορφωτές της πολιτικής συνεχώς εργάζονται για να αντιμετωπίσουν αυτά τα θέματα και αυτό θα συνεχιστεί όσο η τεχνολογία εξελίσσεται και αλλάζει. Οι σχετικές αρχές πάντα πρέπει να ζυγίσουν τα πλεονεκτήματα ενάντια στην πιθανή βλάβη που οι επανασχεδιασμένοι οργανισμοί μπορούν να προκαλέσουν καθώς απαντούν σε αυτές τις ερωτήσεις. Άλλη μία σημαντική ηθική πλευρά είναι ότι οι συνθετικοί βιολόγοι χρειάζεται να φροντίσουν για την πιθανότητα της “διπλής χρήσης” - να σιγουρευτούν ότι οι ιδέες σου, οι πληροφορίες και τα υλικά δεν μπορούν να χρησιμοποιηθούν από άλλους για να προκαλέσουν δημόσια βλάβη. Κάθε άτομο που εργάζεται στο συναρπαστικό πεδίο της συνθετικής βιολογίας είναι υπεύθυνο για να σιγουρευτεί ότι η δουλειά του δεν θα χρησιμοποιηθεί με λάθος τρόπο, και ότι δεν θα προκαλέσει βλάβη στο περιβάλλον ή τη χλωρίδα και την πανίδα γύρω τους.

(Πσστ! Αν δεν το κατάλαβες μέχρι τώρα, θα ήθελα να σου πω ότι με τίποτα ΔΕΝ ΜΠΟΡΕΙΣ να κάνεις πειράματα σε ανθρώπους)

Σε αυτό το κεφάλαιο, αυτό που προσπαθήσαμε να κάνουμε είναι, με ερασιτεχνική γλώσσα, να προσπαθήσουμε να εξηγήσουμε αυτό που είναι η συνθετική βιολογία, πώς οι τεχνικές συνθετικής βιολογίας χρησιμοποιούνται για να επανασχεδιαστούν οργανισμοί, τον ΣΚΤΓ κύκλο, και κυρίως, τις ηθικές επιπλοκές της συνθετικής βιολογίας.

Σε επόμενα κεφάλαια, θα εμβαθύνουμε σε σχετικές πληροφορίες που πρέπει κανείς να ξέρει για να σχεδιάσει έναν οργανισμό χρησιμοποιώντας τεχνικές της συνθετικής βιολογίας. Κάθε κεφάλαιο, συμπεριλαμβανομένου και αυτού, θα ακολουθείται από μερικές ερωτήσεις για να σιγουρευτείς ότι έχεις μάθει τις έννοιες που προσπαθούμε να μεταλαμπαδεύσουμε. Οι απαντήσεις σε όλες τις ερωτήσεις παρέχονται στο τέλος του βιβλίου. Επίσης έχουμε συμπεριλάβει μία φόρμα σχολίων στο τέλος του βιβλίου και θα θέλαμε πολύ να ακούσουμε τη γνώμη σου!

Περίληψη

- Η συνθετική βιολογία είναι ένα ανερχόμενο πεδίο της επιστήμης που περιλαμβάνει τον συνδυασμό αρχών μηχανικής με τη βιολογία.
- Ο κύριος στόχος της συνθετικής βιολογίας είναι να δημιουργήσει ένα αποθετήριο από καλώς χαρακτηρισμένα “βιολογικά μέρη” (δηλαδή ένζυμα, γενετικά κυκλώματα, μεταβολικά δίκτυα, κ.α.) που μπορούν να μοντελοποιηθούν, να συντονιστούν και να βελτιστοποιηθούν για να συμπεριφέρονται προβλέψιμα και να πληρούν συγκεκριμένα κριτήρια απόδοσης.
- Ένας κύκλος Σχεδίαση-Κατασκευή-Τεστ-Γνώση (ΣΚΤΓ) ακολουθείται για την κατασκευή οποιασδήποτε μηχανής συνθετικής βιολογίας:
 - Η Σχεδίαση περιλαμβάνει τον καθορισμό του chassis ή οργανισμού ξενιστή πραγματοποιούμε τους χειρισμούς για να αποκτήσουμε τη θεμιτή λειτουργία, ποιο μεταβολικό μονοπάτι θα χρησιμοποιηθεί, οποιαδήποτε βιολογικά μέρη χρειάζονται για να κατασκευαστεί το μεταβολικό μονοπάτι, πώς να ενσωματώσουμε αυτά τα μέρη στον ξενιστή, και τη μαθηματική μοντελοποίηση για να προβλέψουμε την απόδοση του οργανισμού μετά τους χειρισμούς.
 - Η Κατασκευή περιλαμβάνει τη συρραφή μερών μεταξύ τους και τον έλεγχο του αν ο ξενιστής μπορεί να μεγαλώσει στο εργαστήριο.

- Το Τεστ είναι η φάση όπου ελέγχουμε τη γενιά την δημιουργία του αναμενόμενου προϊόντος, την αποδοτικότητα του προϊόντος που δημιουργείται ανά μονάδα τροφοδοσίας και εάν ο μεταβολικός επαναπρογραμματισμός που προκαλείται από τους χειρισμούς βλάπτουν τον ξενιστή με κάποιο τρόπο.
- Η Γνώση είναι η διαδικασία ανάλυσης των πληροφοριών που αποκτήθηκαν από τον έλεγχο και η διόρθωση προβλημάτων που ίσως βρέθηκαν.
- Κάθε άτομο που εργάζεται στο συναρπαστικό πεδίο της συνθετικής βιολογίας είναι υπεύθυνο να σιγουρευτεί ότι οι δουλειά του δεν βλάπτει το περιβάλλον ή τη χλωρίδα και την πανίδα γύρω του.

Αναφορές:

1. [Synthetic Biology](#).
2. [What is Synthetic/Engineering Biology?](#)
3. [The Bio-Engineering Cycle](#)

Κεφάλαιο 2: Η Σύνθεση της Ζωής - Βιομόρια

Πριν μιλήσουμε για το πως σχεδιάζουμε ζωντανούς οργανισμούς, πρέπει να καταλάβουμε από τι αποτελούνται οι ζωντανοί οργανισμοί. Όταν αρχίσουμε να το σκεφτόμαστε, μία θεμελιώδης ερώτηση εμφανίζεται στο μυαλό μας - έχουν όλοι οι ζωντανοί οργανισμοί την ίδια χημική σύνθεση; Είμαστε οι άνθρωποι, τα ψάρια και τα έντομα φτιαγμένοι από τις ίδιες χημικές ουσίες παρόλο που φαινόμαστε τόσο διαφορετικοί;

Η απάντηση - ένα ηχηρό ΝΑΙ!! Αν πάρεις ένα κομμάτι φυτικού ιστού (π.χ. φύλλο) και ζωικού ιστού(π.χ. ένα κομμάτι κρέας) και προσπαθήσεις να διαχωρίσεις όλα τα χημικά συστατικά αυτών των δύο, μπορείς σε γενικές γραμμές να τις ταξινομήσεις σε τέσσερις μεγάλες κατηγορίες:

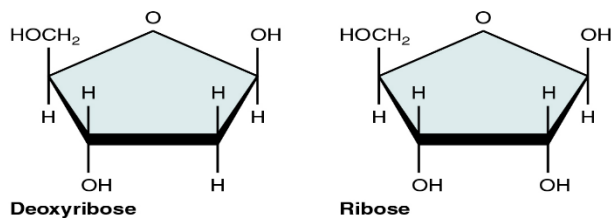
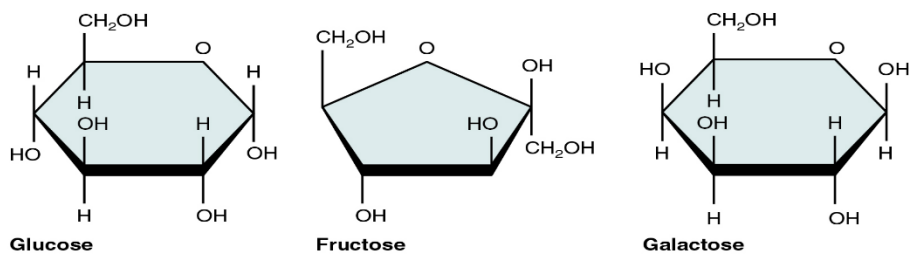
- α. Υδατάνθρακες/Σάκχαρα
- β. Λιπίδια (Λίπη και έλαια)
- γ. Αμινοξέα (Συστατικά πρωτεϊνών)
- δ. Νουκλεϊκά οξέα

Ας ρίξουμε μια ματιά σε καθένα από αυτά τα συστατικά - που λέγονται βιομόρια - με μεγαλύτερη προσοχή.

α. Υδατάνθρακες/Σάκχαρα

Οι υδατάνθρακες, που συχνά αναφέρονται ως σάκχαρα στη βιοχημεία, είναι μία τάξη βιομορίων που έχουν τον εμπειρικό τύπο $C_mH_{2n}O_n$ (όπου το “m” μπορεί να ισούται με το “n”). Τα σάκχαρα ταξινομούνται σε τρεις μεγάλες ομάδες:

1. *Μονοσακχαρίτες*: Είναι η πιο βασική μορφή σακχάρων και το δομικό στοιχείο των υδατανθράκων. Ο πιο γνωστός μονοσακχαρίτης είναι η γλυκόζη. Η ριβόζη και η δεοξυριβόζη είναι τα πιο σημαντικά συστατικά των νουκλεοτιδίων (θα συζητηθεί αργότερα).



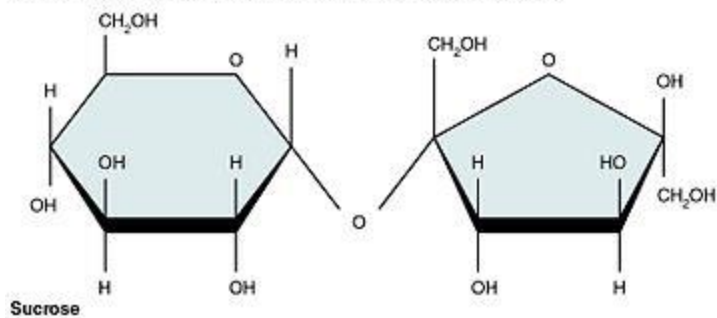
Εικόνα 2

Παραδείγματα Μονοσακχαριτών

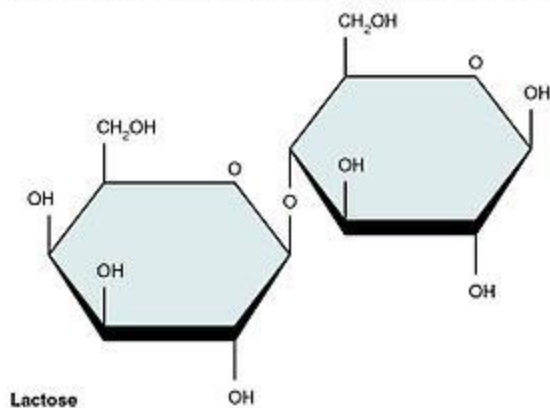
Εξόζες (Γλυκόζη, Φρουκτόζη, Γαλακτόζη) περιέχουν 6 άτομα άνθρακα ενώ οι πεντόζες (Ριβόζη, Δεοξυριβόζη) περιέχουν 5 άτομα άνθρακα.

2. *Δισακχαρίτες*: Δύο μονοσακχαρίτες που ενώνονται με γλυκοσιδικούς δεσμούς. Η σουκρόζη και η λακτόζη είναι τα πιο γνωστά παραδείγματα.

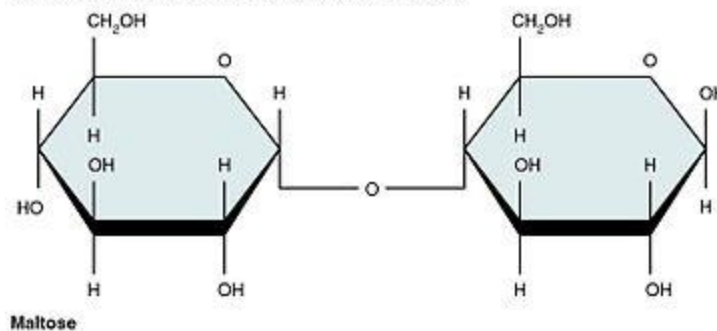
(a) The monosaccharides glucose and fructose bond to form sucrose



(b) The monosaccharides galactose and glucose bond to form lactose.



(c) Two glucose monosaccharides bond to form maltose.



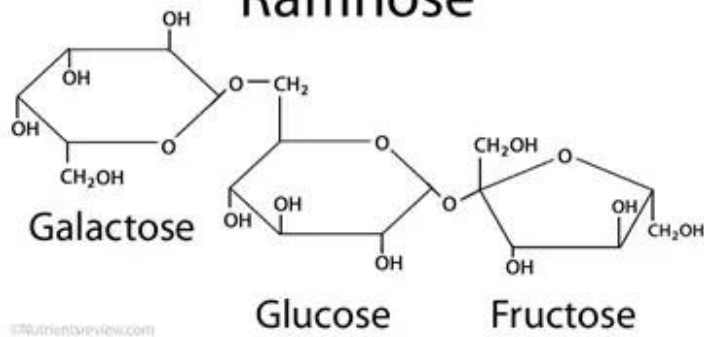
Εικόνα 3

Παραδείγματα Δισακχαριτών

3. *Ολιγοσακχαρίτες*: Ένα πολυμερές από μικρό αριθμό μονοσακχαριτών. Για παράδειγμα: η ραφινόζη, που αποτελείται από γαλακτόζη, γλυκόζη και φρουκτόζη.

Oligosaccharides

Raffinose

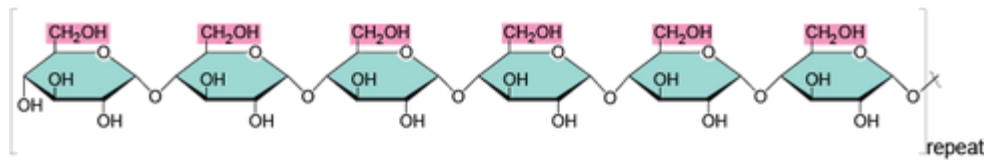


Εικόνα 4

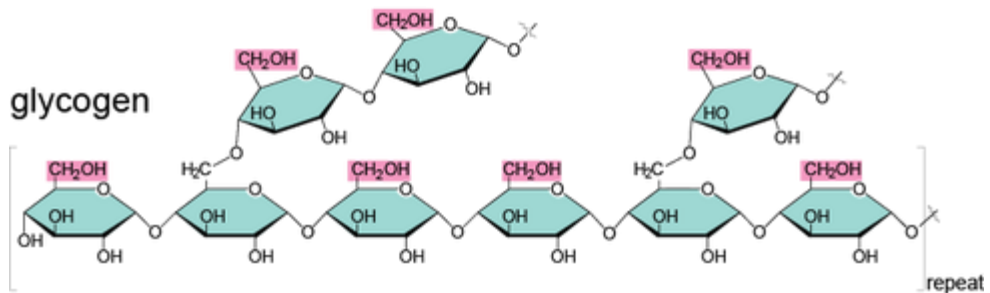
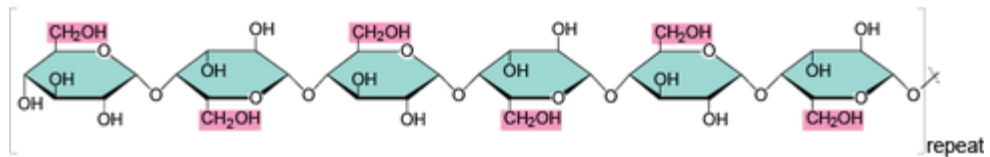
Παράδειγμα Ολιγοσακχαριτών

4. *Πολυσακχαρίτες*: Είναι μία μακριά αλυσίδα μονοσακχαριτών που κρατιούνται μαζί με γλυκοσιδικούς δεσμούς. Είναι οι περισσότερο άφθονοι στο φαγητό. Για παράδειγμα: η κυτταρίνη (παρούσα στο κυτταρικό τοίχωμα φυτών), το άμυλο (ενέργεια αποθηκευμένη σε φυτά) και το γλυκογόνο (ενέργεια αποθηκευμένη σε ζώα).

starch



cellulose

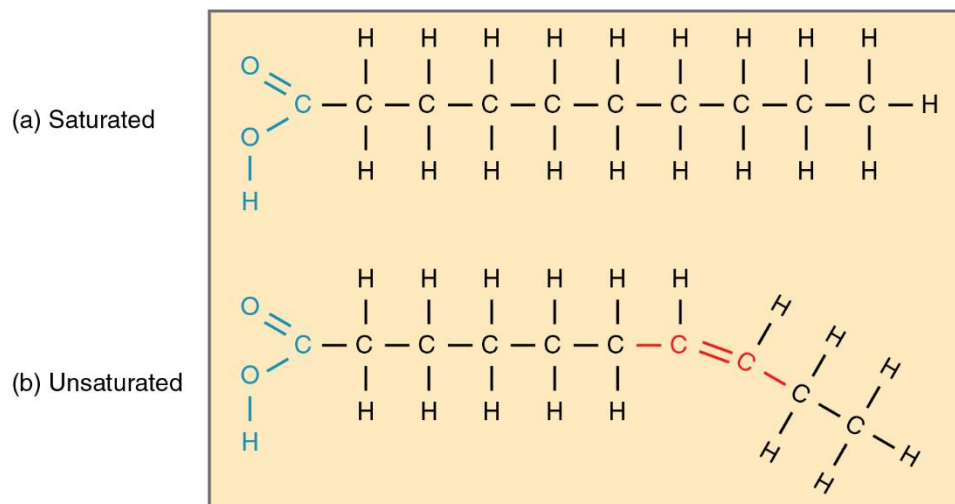


Εικόνα 5

Παραδείγματα Πολυσακχαριτών

β. Λιπίδια

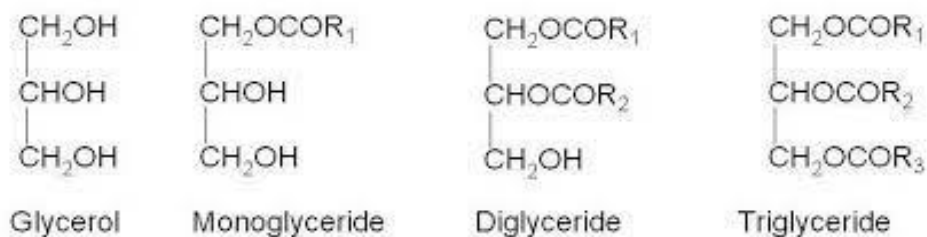
Τα λιπίδια είναι γενικά μη διαλυτά στο νερό και αποτελούν τα δομικά στοιχεία της κυτταρικής μεμβράνης που παρέχουν δομή στο κύτταρο. Τα λίπη, τα έλαια, οι βιταμίνες και οι ορμόνες είναι παραδείγματα των λιπιδίων. Τα **λίπη**, μία υποομάδα των λιπιδίων, είναι λιπαρά οξέα που περιέχουν μία αλκαλική ομάδα (-R) προσδεμένη σε μία -COOH ομάδα δηλαδή R-COOH. Η R-ομάδα μπορεί να έχει μήκος μέχρι και 18 άτομα άνθρακα. Αν η R-ομάδα δεν περιέχει διπλό δεσμό ανάμεσα στα άτομα άνθρακα, τα μόρια λίπους ονομάζονται **κορεσμένα λιπαρά οξέα**, ενώ αν τα μόρια λίπους δεν περιέχουν διπλό δεσμό ονομάζονται **ακόρεστα λιπαρά οξέα**.



Εικόνα 6

Κορεσμένα και ακόρεστα λιπαρά οξέα

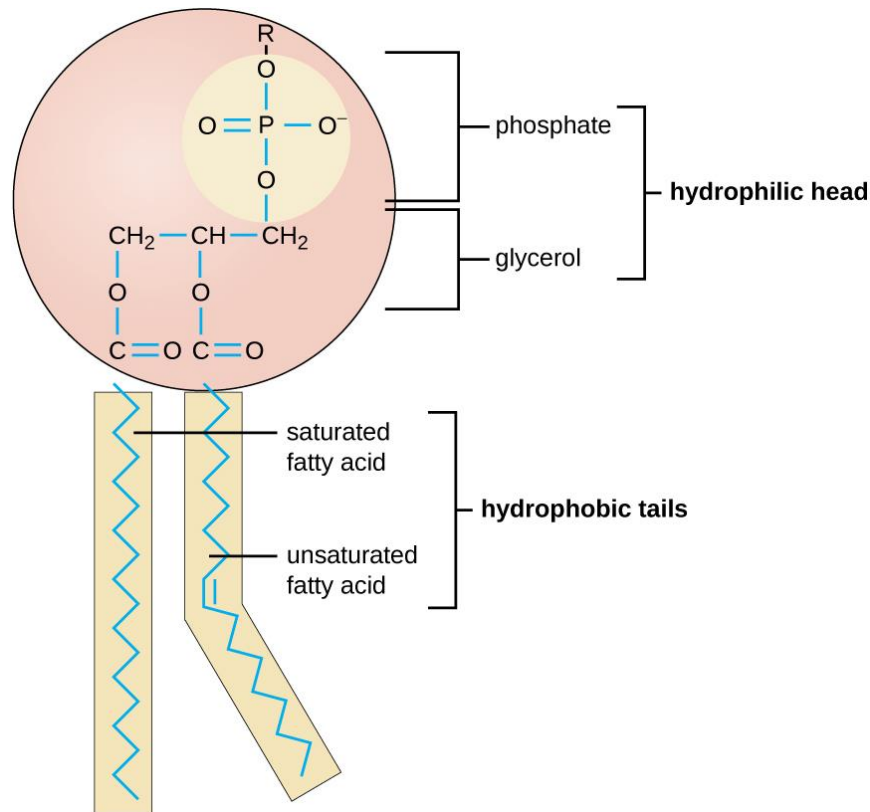
Τα λιπαρά οξέα μπορούν να εστεροποιηθούν με γλυκερόλη και είναι γνωστά ως **γλυκερίδια**. Ανάλογα με τον αριθμό των ομάδων υδροξυλίου που εστεροποιούνται, μπορεί να ονομάζονται μονογλυκερίδια, διγλυκερίδια ή τριγλυκερίδια.



Εικόνα 7

Γλυκερόλη και Γλυκερίδια

Κάποια λιπίδια έχουν μία φωσφορική ομάδα συνδεδεμένη σε αυτά και ονομάζονται **φωσφολιπίδια**. Αυτά τα φωσφολιπίδια αποτελούν ένα σημαντικό συστατικό της κυτταρικής μεμβράνης που της δίνει σχήμα και εμποδίζει τα συστατικά του κυττάρου να εξέλθουν προς το περιβάλλον.



Εικόνα 8

Δομή φωσφολιπιδίου

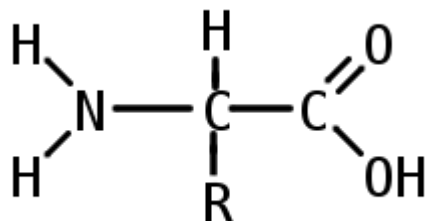
Υδρόφιλο σημαίνει ότι το ελκύει το νερό, υδρόφοβο σημαίνει ότι το απωθεί το νερό

ΚΟΥΤΙ: Τα θηλαστικά όπως τα δελφίνια και οι φώκιες αποθηκεύουν λιπίδια σε έναν ιστό που ονομάζεται “blubber”, που επίσης βοηθάει στην αύξηση της πλευστότητας και στην μόνωση των σωμάτων τους από το κρύο νερό, ιδιαίτερα κοντά στους πόλους

γ. Αμινοξέα

Τα αμινοξέα είναι οργανικές ενώσεις που περιέχουν δύο βασικές λειτουργικές ομάδες στον ίδιο άνθρακα: μία αμινομάδα ($-\text{NH}_2$) και μία καρβοξυλομάδα ($-\text{COOH}$), επιπροσθετα ενός ατόμου υδρογόνου ($-\text{H}$) και μίας μεταβλητής ομάδας που ορίζεται ως R. Ας μην μπερδεύουμε το R που χρησιμοποιούμε όταν αναφερόμαστε σε ένα αμινοξύ με μία αλκυλομάδα. Βασικά, ένα αμινοξύ είναι ένα μόριο μεθανίου

υποκατεστημένο σε τρεις θέσεις όπου τρία άτομα υδρογόνου έχουν αντικατασταθεί από τις προαναφερόμενες λειτουργικές ομάδες.



Εικόνα 9

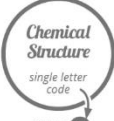
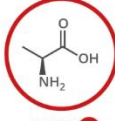
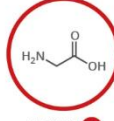
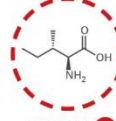
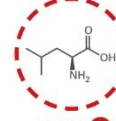
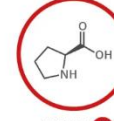
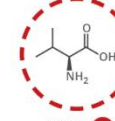
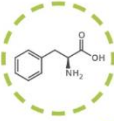
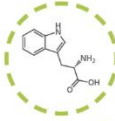
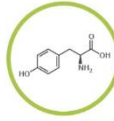
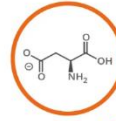
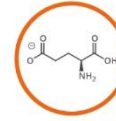
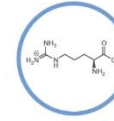
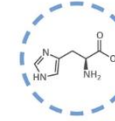
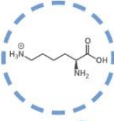
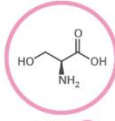
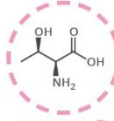
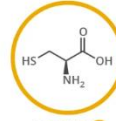
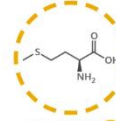
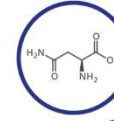
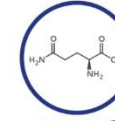
Γενική δομή αμινοξέων

Βασιζόμενες στη φύση της ομάδας R, οι ιδιότητες του αμινοξέος αλλάζουν και 20 από αυτά απαντώνται στην πλειονότητα των πρωτεϊνών. Αν η R ομάδα είναι: ένα άτομο υδρογόνου (-H), τότε το αμινοξύ ονομάζεται **Γλυκίνη**, μία μεθυλομάδα (-CH₃), τότε το αμινοξύ ονομάζεται **Αλανίνη** και ούτω καθεξής. Κάθε αμινοξύ μπορεί να αναπαρασταθεί με ένα μοναδικό κωδικό γράμμα (π.χ. Γλυκίνη=G, Αλανίνη=A). Οι χημικές ιδιότητες των αμινοξέων αποφασίζονται από την R λειτουργική ομάδα επιπλέον των αμινομάδων και των καρβοξυλομάδων, και μπορούν να κατηγοριοποιηθούν ως όξινα (ασπαρτικό, γλουταμικό), βασικά (ασπαραγίνη, γλουταμίνη), ουδέτερα (γλυκίνη, αλανίνη) και αρωματικά (τυροσίνη, φαινυλαλαμίνη) αμινοξέα. Η εικόνα 10 δείχνει τη χημική σύσταση όλων των αμινοξέων, τα ονόματά τους και το μοναδικό κωδικό γράμμα. Μην ανησυχείς για το να θυμάσαι τις δομές ή τους κωδικούς σε αυτό το σημείο. Μπορείς να χρησιμοποιήσεις αυτή την εικόνα ως μία έτοιμη αναφορά οποτεδήποτε αναφερόμαστε σε αμινοξέα.

A GUIDE TO THE TWENTY COMMON AMINO ACIDS

AMINO ACIDS ARE THE BUILDING BLOCKS OF PROTEINS IN LIVING ORGANISMS. THERE ARE OVER 500 AMINO ACIDS FOUND IN NATURE - HOWEVER, THE HUMAN GENETIC CODE ONLY DIRECTLY ENCODES 20. 'ESSENTIAL' AMINO ACIDS MUST BE OBTAINED FROM THE DIET, WHILST NON-ESSENTIAL AMINO ACIDS CAN BE SYNTHESISED IN THE BODY.

Chart Key: ● ALIPHATIC ● AROMATIC ● ACIDIC ● BASIC ● HYDROXYLIC ● SULFUR-CONTAINING ● AMIDIC ○ NON-ESSENTIAL ○ ESSENTIAL

 CHEMICAL STRUCTURE single letter code NAME A three letter code DNA codons	 ALANINE A <i>Ala</i> GCT, GCC, GCA, GCG	 GLYCINE G <i>Gly</i> GGT, GGC, GGA, GGG	 ISOLEUCINE I <i>Ile</i> ATT, ATC, ATA	 LEUCINE L <i>Leu</i> CTT, CTC, CTA, CTG, TTA, TTG	 PROLINE P <i>Pro</i> CCT, CCC, CCA, CCG	 VALINE V <i>Val</i> GTT, GTC, GTA, GTG
 PHENYLALANINE F <i>Phe</i> TTT, TTC	 TRYPTOPHAN W <i>Trp</i> TGG	 TYROSINE Y <i>Tyr</i> TAT, TAC	 ASPARTIC ACID D <i>Asp</i> GAT, GAC	 GLUTAMIC ACID E <i>Glu</i> GAA, GAG	 ARGININE R <i>Arg</i> CGT, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG	 HISTIDINE H <i>His</i> CAT, CAC
 LYSINE K <i>Lys</i> AAA, AAG	 SERINE S <i>Ser</i> TCT, TCC, TCA, TCG, AGT, AGC	 THREONINE T <i>Thr</i> ACT, ACC, ACA, ACG	 CYSTEINE C <i>Cys</i> TGT, TGC	 METHIONINE M <i>Met</i> ATG	 ASPARAGINE N <i>Asn</i> AAT, AAC	 GLUTAMINE Q <i>Gln</i> CAA, CAG

Note: This chart only shows those amino acids for which the human genetic code directly codes for. Selenocysteine is often referred to as the 21st amino acid, but is encoded in a special manner. In some cases, distinguishing between asparagine/aspartic acid and glutamine/glutamic acid is difficult. In these cases, the codes asx (B) and glx (Z) are respectively used.

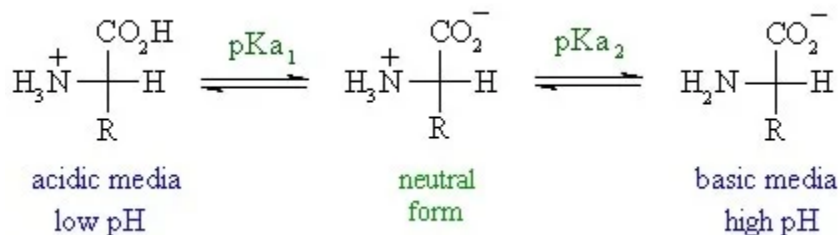
© COMPOUND INTEREST 2014 - WWW.COMPOUNDCHEM.COM | Twitter: @compoundchem | Facebook: www.facebook.com/compoundchem
Shared under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives licence.



Εικόνα 10

Ένας οδηγός για τα 20 συνηθέστερα αμινοξέα

Η $-NH_2$ και $-COOH$ ομάδες των αμινοξέων είναι ιονιζόμενες, δηλαδή μπορούν να μετατραπούν σε $-NH_3^+$ και $-COO^-$ βασιζόμενες στο pH του περιβάλλοντος μέσου. Το pH στο οποίο η φόρτιση του αμινοξέος είναι μηδέν ονομάζεται **ισοηλεκτρικό σημείο (pI)**.



Εικόνα 11

pI της Γλυκίνης

Το pKa αναφέρεται στην σταθερά ισορροπίας όταν μία μορφή ενός αμινοξέος (πρωτονιωμένο) μετατρέπεται σε μια άλλη μορφή (αποπρωτονιωμένο). Το pH στο οποίο η ουδέτερη μορφή είναι παρούσα ονομάζεται pI.

Οι **πρωτεΐνες** είναι γραμμικές αλυσίδες από αμινοξέα που συνδέονται το ένα με το άλλο με πεπτιδικούς δεσμούς δηλαδή κάθε πρωτεΐνη είναι ένα πολυμερές από αμινοξέα. Αυτά θα τα συζητήσουμε με λεπτομέρειες σε επόμενο κεφάλαιο.

δ. Νουκλεϊκά Οξέα

Τα **νουκλεοτίδια**, τα δομικά συστατικά των νουκλεϊκών οξέων, είναι οργανικές ενώσεις που αποτελούνται από τρία βασικά συστατικά:

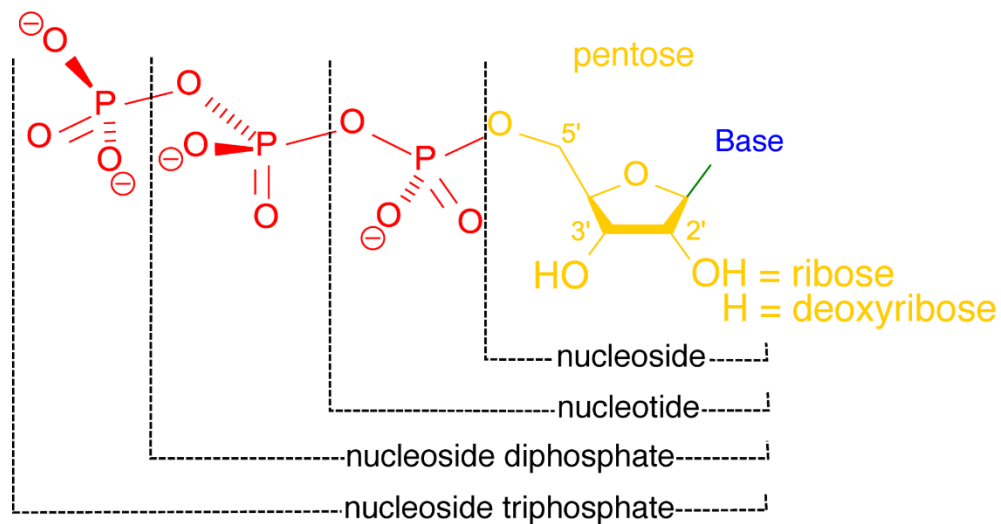
1. Ένα **5-ανθρακικό (πεντόζη) σάκχαρο** - λέγεται ριβόζη($C_5H_{10}O_5$) ή δεοξυριβόζη ($C_5H_{10}O_4$)
2. Μία **νιτρώδη βάση** - αυτές είναι ετεροκυκλικές ενώσεις που αποτελούνται από άνθρακα, υδρογόνο, οξυγόνο και άζωτο. Αυτές οι βάσεις ονομάζονται αδερίνη (A), γουανίνη (G), κυτοσίνη (C), και ουρακίλη (U). Ταξινομούνται σε δύο κατηγορίες οι πρώτες δύο ταξινομούνται ως πουρίνες και είναι ενώσεις διπλού δακτυλίου, ενώ οι άλλες τρεις είναι πυριμιδίνες και είναι ενώσεις μονού δακτυλίου.
3. Μία **φωσφορική ομάδα ($-PO_4^{3-}$)** - προέρχεται από το φωσφορικό οξύ. Έχει τρεις ενεργές υδροξυλομάδες ($-OH$) δύο από τις οποίες εμπλέκονται στη διαμόρφωση της αλυσίδας.

Ένα νουκλεοτίδιο χωρίς τη φωσφορική του ομάδα είναι ένα **νουκλεοσίδιο**. Με απλούς όρους:

$$\text{Νουκλεοτίδιο} = \text{Σάκχαρο} + \text{Νιτρώδης βάση} + \text{Φωσφορικό}$$

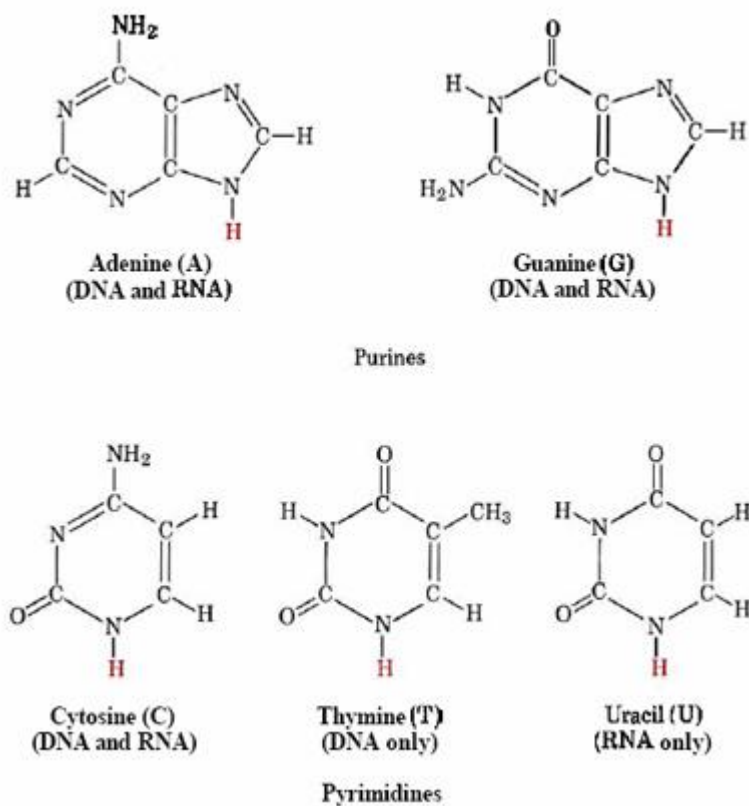
$$\text{Νουκλεοσίδιο} = \text{Σάκχαρο} + \text{Νιτρώδης βάση}$$

Νουκλεοτίδιο = Νουκλεοσίδιο + Φωσφορικό



Εικόνα 12

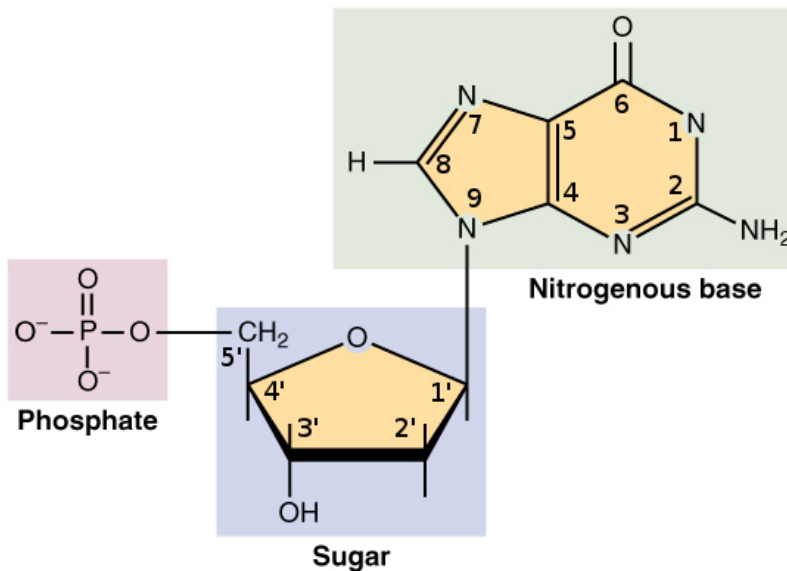
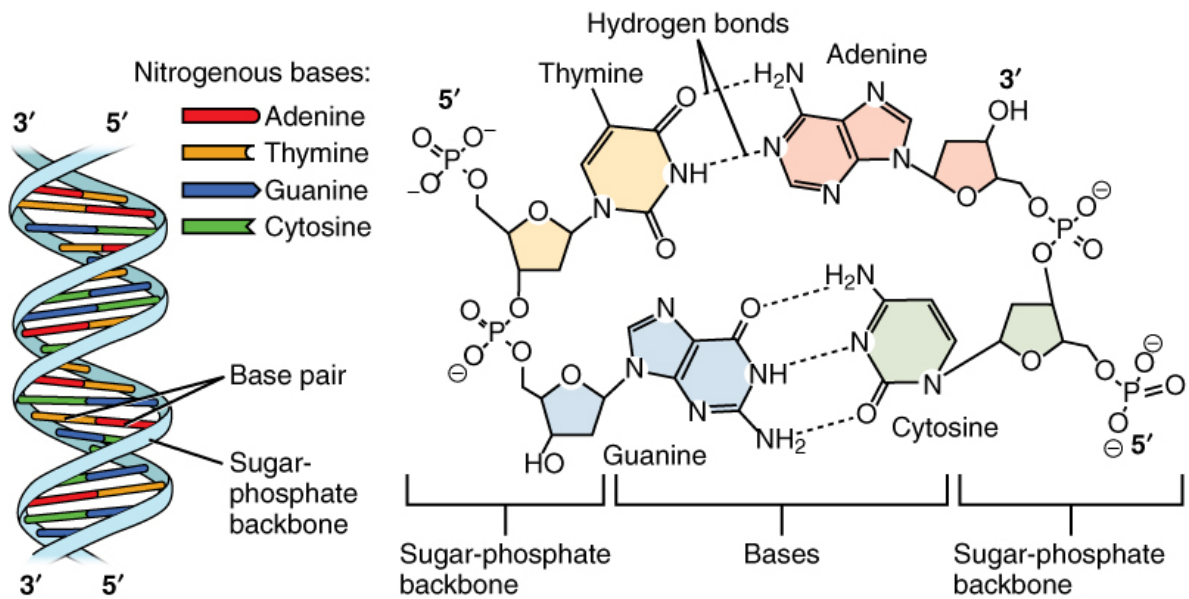
Νουκλεοσίδιο και Νουκλεοτίδιο



Εικόνα 13

Πουρίνες και Πυριμιδίνες

Τα νουκλεοτίδια και τα νουκλεοσίδια ονομάζονται ανάλογα με τις αζωτούχες βάσεις τους. Συνεπώς, ένα νουκλεοσίδιο που περιέχει μία βάση αδενίνης (A) ονομάζεται **αδενοσίνη**. Παρόμοια, G για **γουανοσίνη**, C για **κυτιδίνη**, T για **θυμιδίνη** και U για **ουριδίνη**. Σε ένα νουκλεοτίδιο, η αζωτούχος βάση (A/G/C/T) είναι συνδεδεμένη στο 1ο άτομο άνθρακα (1' θέση) του μορίου σακχάρου με γλυκοσιδικό δεσμό και μία φωσφορική ομάδα είναι συνδεδεμένη στο 5ο άτομο άνθρακα μέσω ενός φωσφομονοεστερικού δεσμού.



Εικόνα 14

Νουκλεοτιδικές δομές στο DNA

Στα νουκλεοτίδια, τα άτομα των βάσεων αριθμούνται ως 1,2,3 ... ενώ τα άτομα του σακχάρου αριθμούνται ως 1',2',3'...

Τα νουκλεοτίδια, όπως τα αμινοξέα, μπορούν να συναρμολογηθούν σε μεγάλα πολυμερή που περιέχουν εκατομμύρια νουκλεοτίδια που ονομάζονται νουκλειϊκά οξέα. Βασισμένα στο σάκχαρο πεντόζη, ταξινομούνται σε δύο ευρείς τύπους: **Δεοξυριβονουκλεϊκό οξύ**

(DNA), που περιέχει το σάκχαρο δεοξυριβόζη και **Ριβονουκλεϊκό οξύ (RNA)** που περιέχει το σάκχαρο ριβόζη. Και τα δύο σάκχαρα διαφέρουν μόνο στη 2' θέση - το πρώτο περιέχει ένα 2'-H ενώ το δεύτερο περιέχει ένα 2'-OH.

Στο επόμενο κεφάλαιο, θα ρίξουμε μια ματιά στο DNA, το RNA και τις πρωτεΐνες με λεπτομέρεια.

Σύνοψη

- Οι χημικές ενώσεις σε όλους τους οργανισμούς κατηγοροποιούνται γενικά σε τέσσερις βασικές κατηγορίες:
 - A. Υδατάνθρακες/Σακχαρίτες (Σάκχαρα)
 - B. Λιπίδια (λίπη και έλαια)
 - C. Αμινοξέα (συστατικά πρωτεϊνών)
 - D. Νουκλεϊκά Οξέα
- Οι υδατάνθρακες συχνά αναφέρονται ως σακχαρίτες στη βιοχημεία, είναι μία τάξη βιομορίων που έχουν τον εμπειρικό τύπο $C_mH_{2n}O_n$ (όπου το 'm' μπορεί να είναι ίσο με το 'n'). Οι σακχαρίτες ταξινομούνται στις εξής βασικές ομάδες:
 - a. Μονοσακχαρίτες π.χ.: γλυκόζη, ριβόζη, δεοξυριβόζη κλπ.
 - b. Δισακχαρίτες, π.χ.: σουκρόζη, λακτόζη κλπ.
 - c. Ολιγοσακχαρίτες - πολυμερή από έναν μικρό αριθμό μονοσακχαριτών
 - d. Πολυσακχαρίτες, π.χ.: κυτταρίνη, άμυλο, γλυκογόνο κλπ.
- Τα λιπίδια είναι γενικά μη υδατοδιαλυτά και αποτελούν τα δομικά συστατικά της κυτταρικής μεμβράνης που προσδίδουν δομή στο κύτταρο. Τα λίπη, τα έλαια, πολλές βιταμίνες και οι ορμόνες είναι παραδείγματα λιπιδίων.
- Τα αμινοξέα είναι οργανικές ουσίες που περιέχουν δύο μείζονες λειτουργικές ομάδες στον ίδιο άνθρακα: μία αμινομάδα ($-NH_2$) και μία καρβοξυλομάδα ($-COOH$), επιπρόσθετα ενός ατόμου υδρογόνου ($-H$) και μιας μεταβλητής ομάδας

που σημειώνεται ως R. Ας μην μπερδεύουμε το R που χρησιμοποιούμε όταν αναφερόμαστε στο αμινοξύ με μια αλκυλομάδα.

- Τα νουκλεοτίδια, τα δομικά συστατικά των νουκλεϊκών οξέων, είναι οργανικές ενώσεις που αποτελούνται από τρία βασικά στοιχεία:
 1. Ένα 5-καρβο (πεντόζη) σάκχαρο - που ονομάζεται ριβόζη ($C_5H_{10}O_5$) ή δεοξυριβόζη ($C_5H_{10}O_4$).
 2. Μία νιτρώδη βάση - αυτές είναι ετεροκυκλικές ενώσεις που αποτελούνται από άνθρακα, υδρογόνο, οξυγόνο και άζωτο. Οι βάσεις ονομάζονται αδενίνη (A), γουανίνη (G), κυτοσίνη (C), θυμίνη (T) και ουρακίλη (U).
 3. Μία φωσφορική ομάδα ($-PO_4^{3-}$) - προέρχεται από το φωσφορικό οξύ. Έχει τρεις ενεργές υδροξυλομάδες ($-OH$) από τις οποίες οι δύο εμπλέκονται στον σχηματισμό αλυσίδας.

Κεφάλαιο 3: Τα μόρια της ζωής - DNA, RNA και Πρωτεΐνες

Στο προηγούμενο κεφάλαιο, μελετήσαμε τα βασικά μόρια που συνθέτουν τη ζωή. Αυτά τα μόρια μπορούν να υποστούν πολυμερισμό για να δώσουν πολύ μεγαλύτερες, περίπλοκες δομές. Σε αυτό το κεφάλαιο, θα ρίξουμε μια ματιά στα τρία βιομακρομόρια που είναι απαραίτητα για τη λειτουργία όλης της ζωής και που επίσης βρίσκονται στο επίκεντρο της προσοχής των συνθετικών βιολόγων - DNA, RNA και Πρωτεΐνες.

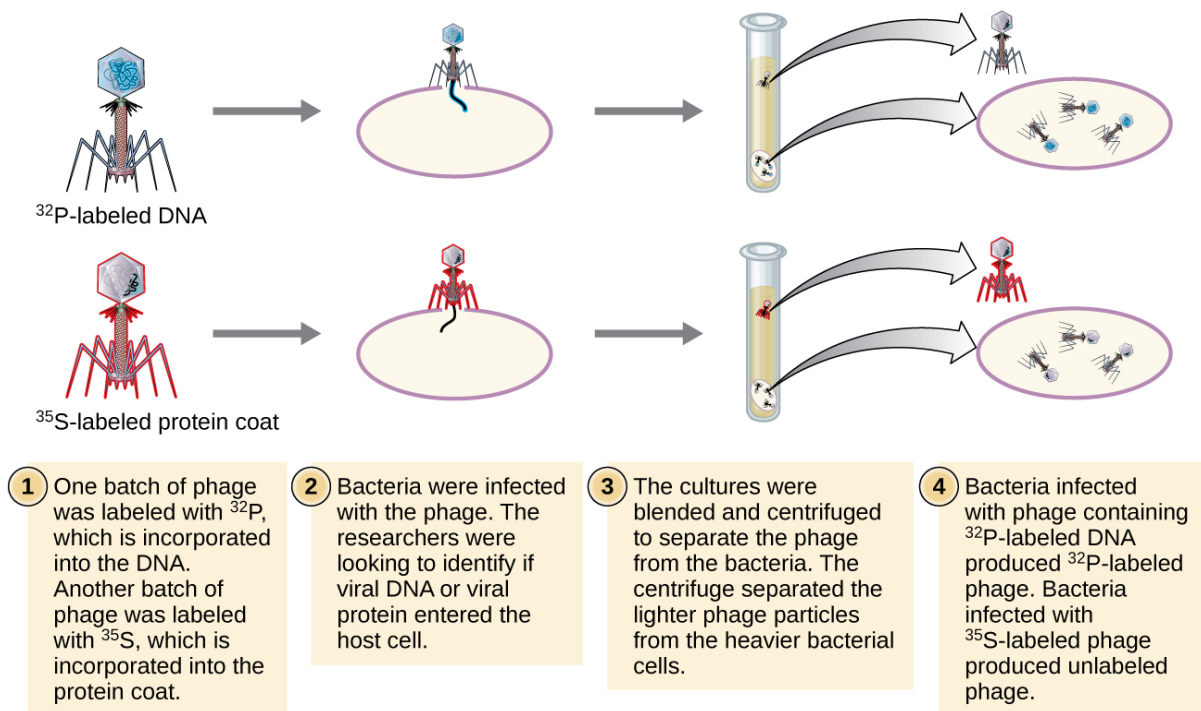
a. Δεοξυριβοουκλεϊκό οξύ (DNA)

Το DNA είναι ένα μόριο που περιέχει τις πληροφορίες που χρειάζεται ένας οργανισμός για να αναπτυχθεί, να ζήσει και να αναπαραχθεί. Είναι το “γενετικό υλικό” για την πλειονότητα των ζωντανών οργανισμών στη γη, συμπεριλαμβανομένων κ κάποιων ιών. Στους ευκαρυώτες, βρίσκεται αποκλειστικά στον πυρήνα. Οι προκαρυώτες, ωστόσο, δεν έχουν οργανίδια που περιορίζονται από μεμβράνες και το DNA πλέει στο κυτταρόπλασμα.

(ΚΟΥΤΙ: Το DNA είναι το γενετικό υλικό - Το πείραμα των Hershey-Chase

Ο δρόμος προς την ανακάλυψη του DNA ως το γενετικό υλικό δεν ήταν ευθύς. Πολλοί επιστήμονες διεξήγαγαν πειράματα που αρχικά ταυτοποίησαν ένα συστατικό που λεγόταν η “μεταμορφωτική αρχή”, και τελικά, μετά από δεκαετίες προσπάθειας, αποδείχθηκε ότι το DNA όντως είναι η μεταμορφωτική αρχή και το γενετικό υλικό. Ένα τέτοιο πείραμα διεξήχθη το 1952 από δύο επιστήμονες - τον Alfred Hershey και την Martha Chase.

Ήταν γνωστό τότε ότι τα νουκλεοτίδια αποκλειστικά περιείχαν φώσφορο και οι πρωτεΐνες αποκλειστικά περιείχαν θείο. Χρησιμοποίησαν βακτηριοφάγους, που είναι ιοί που μολύνουν βακτήρια για να πολλαπλασιαστούν, για να αποδείξουν ότι το DNA είναι όντως το γενετικό υλικό. Οι βακτηριοφάγοι έχουν μία σχετικά απλή γενική δομή: Ένα εξωτερικό πρωτεϊνικό κάλυμμα που περιέχει DNA. Το DNA ενίεται στα βακτήρια ενώ το πρωτεϊνικό κάλυμμα μένει εκτός. Σήμαναν με ραδιενέργεια τις πρωτεΐνες και το DNA των φάγων ώστε να τους ξεχωρίσουν - μία τεχνική που λέγεται σήμανση ισοτόπων. Στη μία ομάδα βακτηριοφάγων, οι πρωτεΐνες σημάνθηκαν και στην άλλη σημάνθηκε το DNA. Αυτοί οι βακτηριοφάγοι προστέθηκαν σε δύο διαφορετικές βακτηριακές καλλιέργειες. Τότε, οι βακτηριακές καλλιέργειες φυγοκεντρήθηκαν ώστε τα βακτήρια να μείνουν στον πάτο του σωληναρίου. Παρατήρησαν ότι τα βακτήρια έδειχναν την παρουσία του σημασμένου DNA ενώ το υπερκείμενο (το διάλυμα πάνω από τα βακτήρια) περιείχε τις σημασμένες πρωτεΐνες. Αφού σκέφτηκαν τα αποτελέσματα προσεκτικά, απέδειξαν εν τέλει ότι το DNA και όχι οι πρωτεΐνες είναι το γενετικό υλικό, αντίθετα από το τι πίστευαν πριν.)

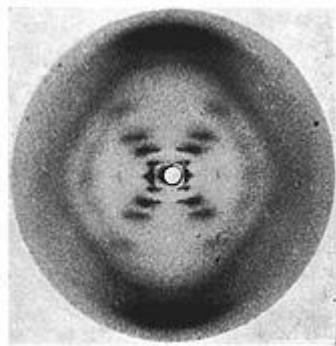


Εικόνα 15

Το πείραμα των Hershey-Chase

Η δομή του DNA

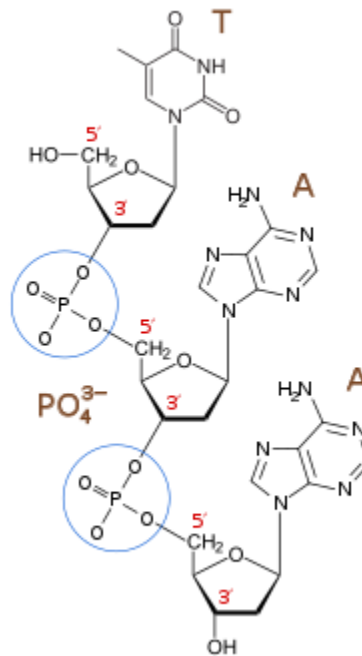
Η δομή του μορίου του DNA ανακαλύφθηκε από τους Watson και Crick που χρησιμοποίησαν τα δεδομένα από την περίφημη ‘Φωτογραφία 51’ των Maurice Wilkins και Rosalind Franklin.



Εικόνα 16

Φωτογραφία 51

Στο DNA, ο 3'-άνθρακας του ενός σακχάρου ενός νουκλεοτιδίου συνδέεται με τον 5'-άνθρακα του διπλανού νουκλεοτιδίου μέσω ενός φωσφοδιεστερικού δεσμού.



Εικόνα 17

Φωσφοδιεστερικός δεσμός

Το DNA έχει δομή διπλής έλικας (μία περιστραμμένη σκάλα) με τις δύο αλυσίδες πολυνουκλειοτιδίων να κατευθύνονται προς διαφορετικές κατευθύνσεις. Η αλυσίδα σακχάρου-φωσφορικού-σακχάρου διαμορφώνει τον σκελετό και οι αζωτούχες βάσεις (A,G, T και C - η U είναι παρούσα μόνο στο RNA) να προβάλλουν εσωτερικά, κάθετα προς τον σκελετό.

Συμπληρωματικό ζευγάρωμα βάσεων

Οι A και G βάσεις της μίας αλυσίδας υποχρεωτικά συνδέονται με τις T και C βάσεις αντίστοιχα της άλλης αλυσίδας με δεσμούς υδρογόνου. Αυτό είναι γνωστό ως η συμπληρωματικότητα των βάσεων του DNA και αφού η αλληλουχία της μίας αλυσίδας DNA καθορίζει την αλληλουχία της άλλης, οι αλυσίδες ονομάζονται

συμπληρωματικές. Υπάρχουν δύο δεσμοί υδρογόνου ανάμεσα στις A και T (A=T) και τρεις δεσμοί υδρογόνου ανάμεσα στις G και C (G≡C).

Διαστάσεις

Κάθε σκαλί της περιεστραμμένης σκάλας του DNA περιστρέφεται κατά 36° από το προηγούμενο σκαλί και μία πλήρης στροφή έλικας περιλαμβάνει 10 σκαλιά ή 10 ζεύγη βάσεων. Η απόσταση ανάμεσα σε δύο γειτονικά ζεύγη βάσεων είναι 3.4Å και η διάμετρος του DNA, δηλαδή η απόσταση ανάμεσα στους δύο σκελετούς είναι 20Å.

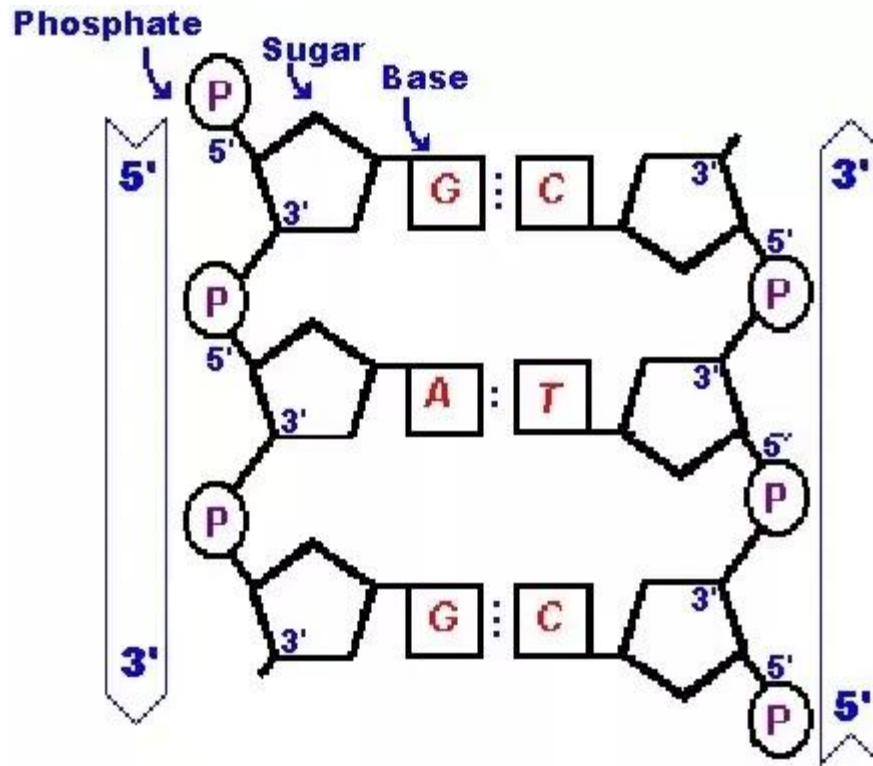
Ο κανόνας του Chargaff - Η αναλογία πουρινών:πυριμιδινών

Λόγω των συμπληρωματικών ζευγών βάσεων, ο συνολικός αριθμός βάσεων πουρινών είναι πάντα ίσος με τον συνολικό αριθμό πυριμιδινών. Αυτό ονομάζεται ο κανόνας του Chagaff. Αυτή είναι μία από τις πολλές συνεισφορές που βοήθησαν στην αποκρυπτογράφηση της δομής του DNA.

$$A + G = T + C \text{ or } \frac{\square + \square}{\square + \square} = 1$$

Η πολικότητα του DNA

Κάθε αλυσίδα του DNA έχει συγκεκριμένη **πολικότητα**. Αυτό οφείλεται στα τρίτα και πέμπτα άτομα άνθρακα του σακχάρου δεοξυριβόζη. Η μία άκρη θεωρείται η 5' άκρη, που περιέχει μία ελεύθερη -PO₄³⁻ ομάδα και η άλλη θεωρείται η 3' άκρη, που περιέχει μία ελεύθερη -OH ομάδα. Η μία αλυσίδα κατευθύνεται από την 5' προς την 3' κατεύθυνση ενώ η άλλη από την 3' στην 5' κατεύθυνση λόγω του οποίου η 5' άκρη της μίας αλυσίδας βρίσκεται κοντά στην 3' άκρη της άλλης. Αυτή η διάταξη των δύο αλυσίδων του DNA θεωρείται **αντιπαράλληλη**.

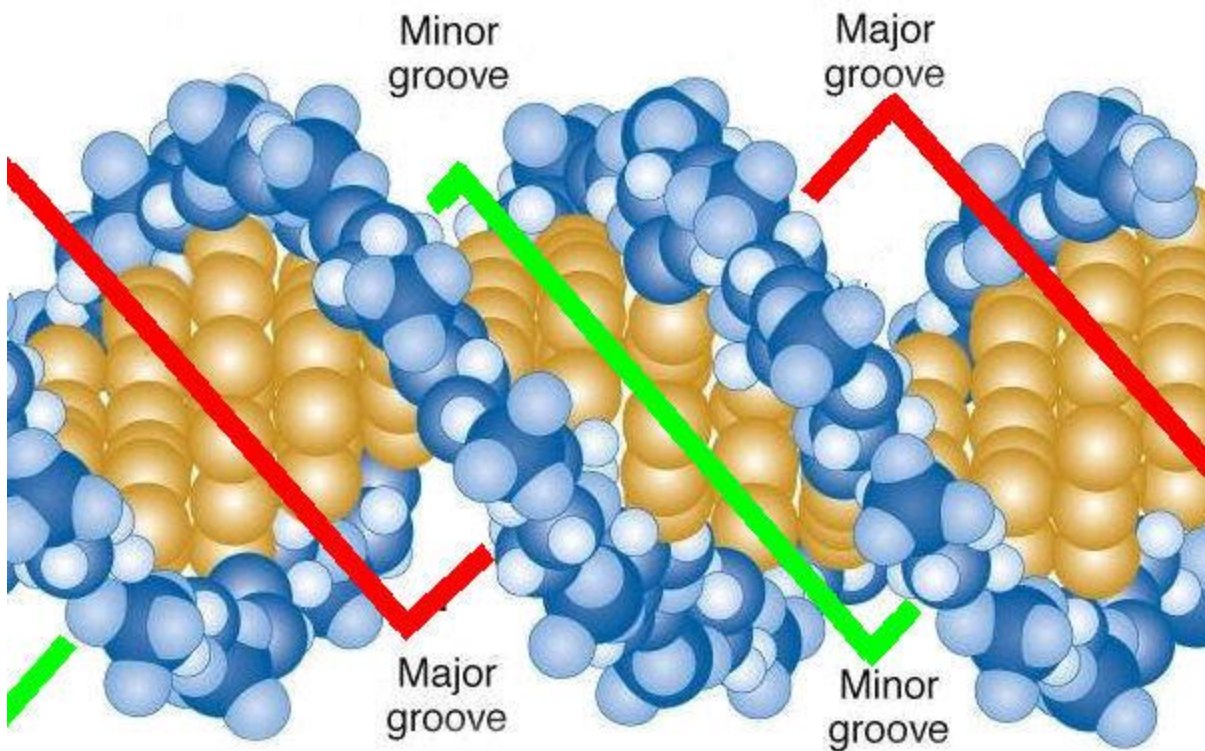


Εικόνα 18

Η αντιπαράλληλη φύση του DNA

Μείζονες και ελάσσονες αύλακες

Οι αλυσίδες του δίκλωνου μορίου DNA (dsDNA) υποβάλλεται σε δεξιόστροφη σπείρα γύρω από έναν φανταστικό κεντρικό άξονα. Αυτή η σπείρα οδηγεί στη διαμόρφωση των μείζονων (βαθιών) αυλάκων και των ελασσόνων (ρηχών) αυλάκων, που εναλλάσσονται μεταξύ τους.



Εικόνα 19

Μείζονες και ελάσσονες αύλακες του DNA

Αντιπροσώπευση στο χαρτί

Το μόριο του DNA μπορεί να αντιπροσωπευτεί ως μία σειρά από νουκλεοτίδια στο χαρτί με αναφορά και στην πολικότητα της αλυσίδας. Αν δεν αναφέρεται η πολικότητα, το αριστερό άκρο θεωρείται το 5'-άκρο της αλυσίδας του DNA.

5' - ATGCGCTAGCTAGCTAGTAGCTA - 3'

3' - TACGCGATCGATCGATCATCGAT - 5'

Αν παρατηρήσεις προσεκτικά, μπορείς να δεις ότι η βάση A είναι ζευγάρι με την T και η G με την C. Το DNA μπορεί επίσης να είναι μονόκλωνο και αντιπροσωπεύεται ως εξής:

5' - ATGCGCTAGCTAGCTAGTAGCTA - 3'

Ενώ οι περισσότεροι οργανισμοί έχουν γονιδίωμα dsDNA, κάποιοι ιοί έχουν μονόκλωνο DNA (ssDNA) για γονιδίωμα.

(Κουτί: Το γονιδίωμα είναι το σύνολο των γενετικών οδηγιών ενός οργανισμού. Κάθε γονιδίωμα περιέχει όλες τις πληροφορίες που χρειάζονται για να κατασκευαστεί αυτός ο οργανισμός και του επιτρέπει να μεγαλώνει και να αναπτύσσεται.)

b. Ριβονουκλεϊκό οξύ (RNA)

Το RNA είναι ένα δομικά ευέλικτο πολυνουκλεοτίδιο που βρίσκεται στον πυρήνα του κυττάρου καθώς και στο κυτταρόπλασμα των ευκαρυωτικών κυττάρων. Δύο γειτονικά νουκλεοτίδια στο RNA συνδέονται με φωσφοδιεστερικούς δεσμούς, όπως στο DNA. Υπάρχουν δύο κύριοι τύποι RNA: το γενετικό και το μη-γενετικό. Το πρώτο λειτουργεί ως γενετικό υλικό για κάποιους ιούς ενώ το δεύτερο εμπλέκεται στη σύνθεση πρωτεϊνών στους περισσότερους οργανισμούς.

Δομή

Το RNA είναι μονόκλωνο μόριο που μπορεί να είναι γραμμικό ή να ποικίλει ως διπλωμένο με τον εαυτό του λόγω της ενδομοριακής συμπληρωματικότητας των ζευγών βάσεων.

Συμπληρωματικότητα ζευγών βάσεων

Τα νουκλεοτίδια που είναι παρόντα στο RNA είναι τα A, G, U και C και το A ζευγαρώνει με το U αντί για το T. Το T αντικαθίσταται από το U, που είναι παρόν μόνο στο RNA και απόν στο DNA.

(Κουτί: Τροφή για σκέψη: Γιατί το DNA δεν περιέχει U και το RNA έχει;)

Αφού το RNA είναι μονόκλωνο, το ζευγάρωμα των βάσεων δεν είναι απόλυτο. Γι' αυτό, το RNA δεν ακολουθεί τον κανόνα του Chargaff.

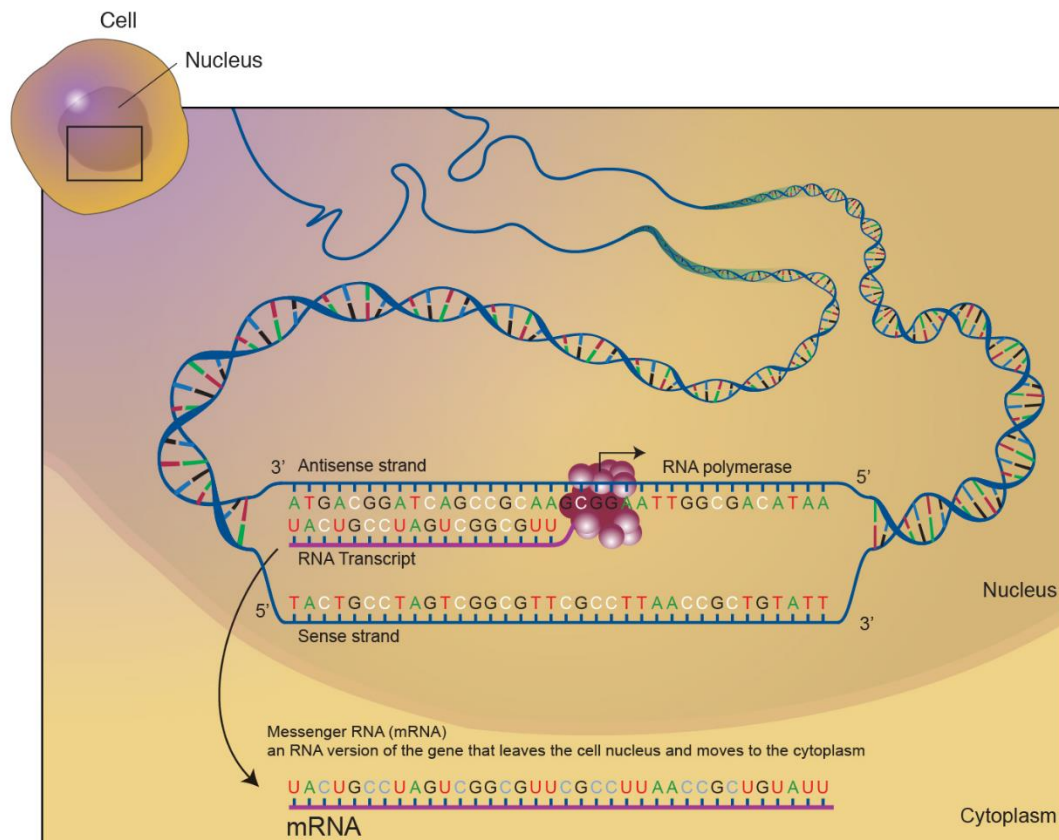
Μη-Γενετικό RNA

Υπάρχουν τρεις τύποι μη-γενετικού RNA: mRNA, rRNA και tRNA. Αυτοί παίζουν σημαντικό ρόλο στη σύνθεση πρωτεϊνών και στους προκαρυώτες και στους ευκαρυώτες και παράγονται με πρότυπο το DNA με μία διαδικασία που ονομάζεται μεταγραφή.

1. Αγγελιοφόρο RNA (mRNA)

Τα mRNA είναι γραμμικά μόρια που μεταφέρουν τις πληροφορίες που είναι απαραίτητες για τη σύνθεση πρωτεϊνών από το DNA στα ριβοσώματα - τα εργοστάσια παραγωγής πρωτεϊνών. Μία αλληλουχία από τρία νουκλεοτίδια στο μόριο του mRNA ονομάζεται **κωδικόνιο**. Κάθε ‘τριπλέτα’ κωδικόνιο προσδιορίζει ένα μοναδικό αμινοξύ και ονομάζεται **γενετικός κώδικας**. Το κωδικόνιο στο 5’ άκρο του mRNA ονομάζεται **κωδικόνιο έναρξης** και συνήθως είναι το AUG (θυμήσου ότι το RNA περιέχει U αντί για T). Το AUG κωδικοποιεί το αμινοξύ μεθειονίνη. Το κωδικόνιο στο 3’ άκρο είναι το **κωδικόνιο λήξης** και μπορεί να είναι ή UAA ή UAG ή UGA. Τα κωδικόνια λήξης δεν προσδιορίζουν κάποιο αμινοξύ και οδηγούν σε λήξη της σύνθεσης πρωτεϊνών.

Έτσι, το mRNA μεταφέρει κωδικοποιημένες πληροφορίες για την αλληλουχία των αμινοξέων στην πολυπεπτιδική αλυσίδα από το DNA στα ριβοσώματα κατά την πρωτεϊνοσύνθεση.



Εικόνα 20

mRNA

(Κουτί: Ο ΓΕΝΕΤΙΚΟΣ ΚΩΔΙΚΑΣ)

Στο RNA υπάρχουν τέσσερις τύποι αζωτούχων βάσεων (A, U, G και C) και δίνουν 64 πιθανούς συνδυασμούς τριπλετών κωδικονίων. Ανάμεσα σε αυτούς, 3 λειτουργούν ως κωδικόνια λήξης (μη κωδικοποιητικά κωδικόνια) και 61 κωδικόνια κωδικοποιούν τα 20 αμινοξέα που απαιτούνται για τη σύνθεση πρωτεϊνών. Αυτά τα 61 κωδικόνια. Λόγω του μεγάλου αριθμού των κωδικοποιητικών κωδικονίων, ο γενετικός κώδικας είναι **εκφυλισμένος** δηλαδή δύο ή περισσότερα κωδικόνια προσδιορίζουν το ίδιο αμινοξύ. Ο γενετικός κώδικας είναι **μη επικαλυπτόμενος** και **καθολικός**. Το πιο σημαντικό χαρακτηριστικό το γενετικού κώδικα είναι ότι

είναι **συνεχής** και επομένως κάθε αλληλουχία RNA ανάμεσα στο κωδικόνιο έναρξης και το κωδικόνιο λήξης μπορεί να κωδικοποιεί μόνο ένα πρωτεϊνικό μόριο.

		second letter					
		U	C	A	G		
first letter	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA stop UAG stop	UGU } Cys UGC } UGA stop UGG Trp	U C A G	third letter
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G	
	A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G	
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G	

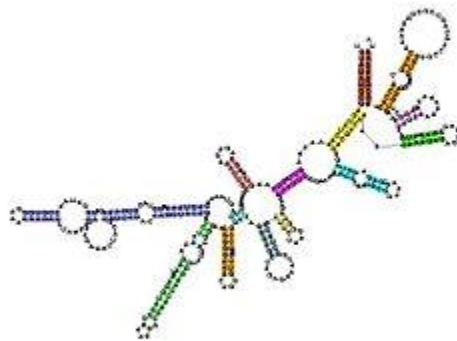
Εικόνα 21

Η λίστα των κωδικονίων και τα αντίστοιχα αμινοξέα που κωδικοποιούν

(Τροφή για σκέψη: Γιατί ένα κωδικόνιο έχει τρεις βάσεις και όχι δύο ή μία;
Χρησιμοποίησε λίγα μαθηματικά για να βρεις την απάντηση)

2. Ριβοσωμικό RNA (rRNA)

Το rRNA είναι μία μονόκλωνη δομή που διπλώνεται ποικιλόμορφα με τον εαυτό του λόγω του ενδομοριακού ζευγαρώματος των βάσεων. Το rRNA είναι απαραίτητο συστατικό των ριβοσωμάτων. Τα rRNA παρέχουν ένα σημείο πρόσδεσης για τα mRNA και εξασφαλίζουν ότι τα κωδικόνια στο μόριο του mRNA θα διαβαστούν σωστά.

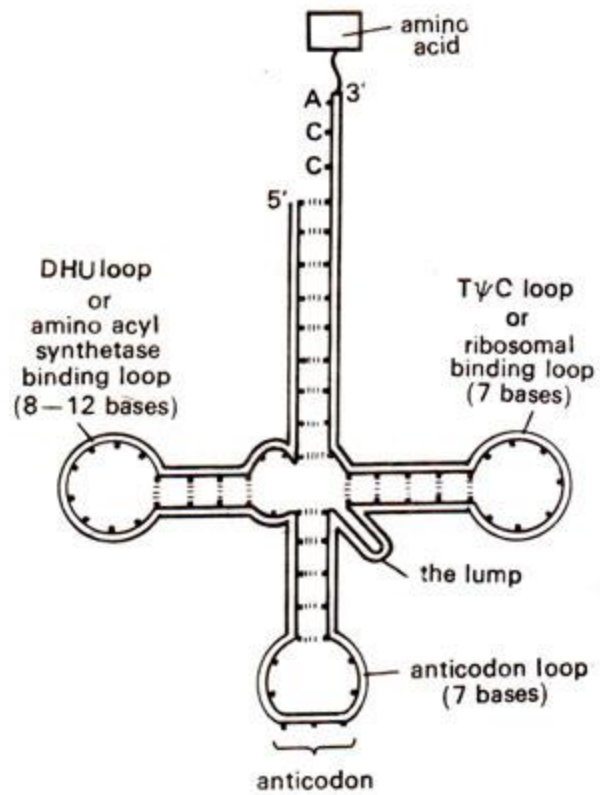


Εικόνα 22

Η δομή του rRNA

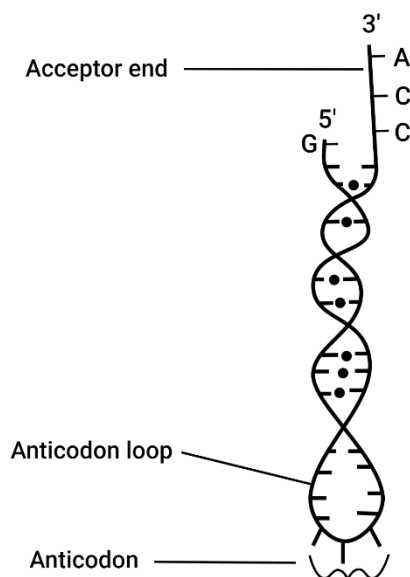
3. Μεταφορικό RNA (tRNA)

Το μόριο του tRNA είναι επίσης μονόκλωνο, και η δομή του εξηγείται από δύο μοντέλα: το μοντέλο της φουρκέτας και το μοντέλο του τριφυλλιού. Και τα δύο μοντέλα έχουν δύο κοινά χαρακτηριστικά - η λούπα του αντικωδικονίου που περιέχει μία τριπλέτα από νουκλεοτίδια συμπληρωματικά του κωδικονίου του mRNA και το 5'-CCA-3' άκρο όπου το αμινοξύ προσδένεται στο μόριο του tRNA.



Εικόνα 23

Το μοντέλο τριφυλλιού του tRNA



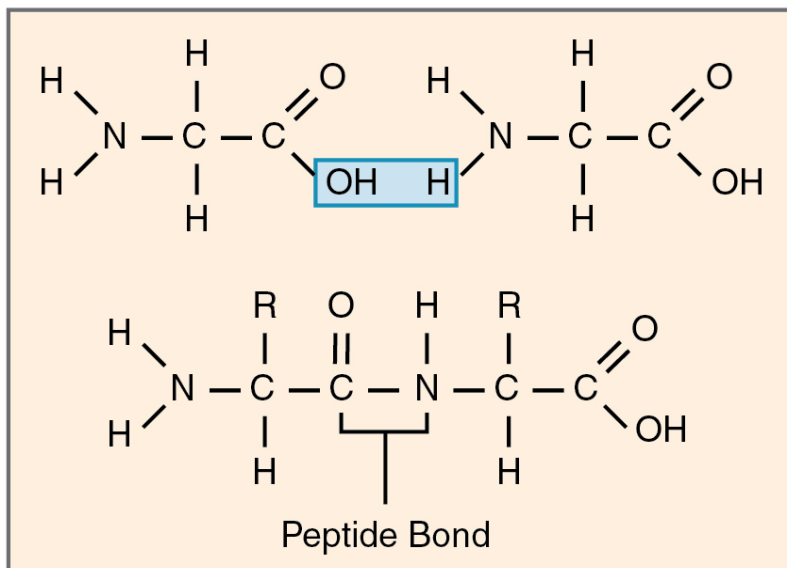
Εικόνα 24

Μοντέλο φουρκέτας

Όπως και στο DNA, το RNA μπορεί να αντιπροσωπευτεί ως ένα σκοινί από τα νουκλεοτίδια A, U, G και C ενώ αναφέρεται και η πολικότητα της αλυσίδας. Είναι σημαντικό να θυμόμαστε ότι τα RNA είναι μονόκλωνα μόρια και μπορούν να αντιπροσωπευτούν με γραμμικό τρόπο όπως το ssDNA.

ε. Πρωτεΐνες

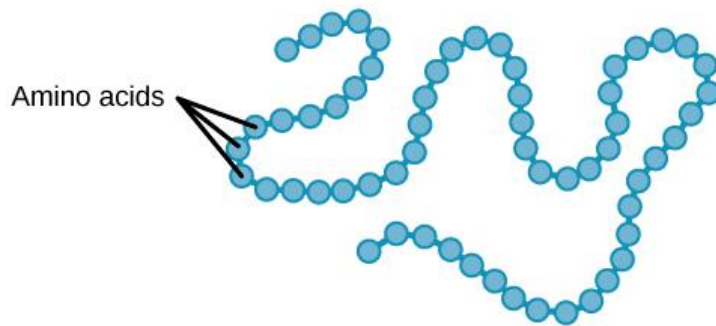
Οι **πρωτεΐνες** είναι γραμμικές αλυσίδες από αμινοξέα που συνδέονται μεταξύ τους με πεπτιδικούς δεσμούς δηλαδή κάθε πρωτεΐνη είναι ένα πολυμερές από αμινοξέα. Οι πεπτιδικοί δεσμοί διαμορφώνονται όταν το καρβοξυλικό ήμισυ ($-\text{COOH}$) ενός αμινοξέος αντιδρά με την αμινομάδα ($-\text{NH}_2$) του γειτονικού αμινοξέος για να διαμορφωθεί ένας δεσμός, απελευθερώνοντας ένα μόριο H_2O στην πορεία.



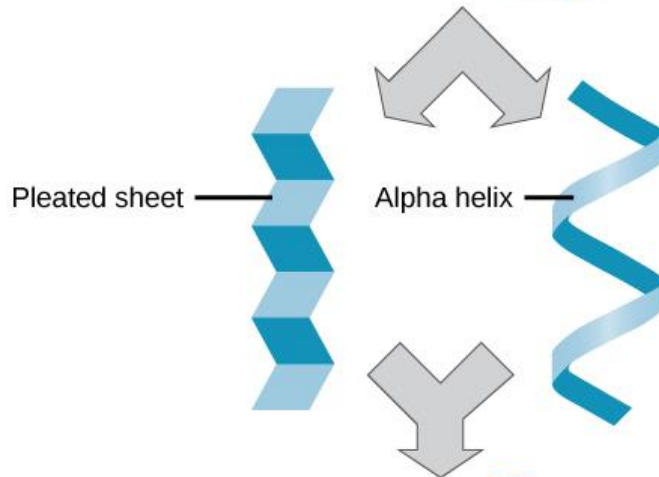
Εικόνα 25

Η διαμόρφωση πεπτιδικών δεσμών

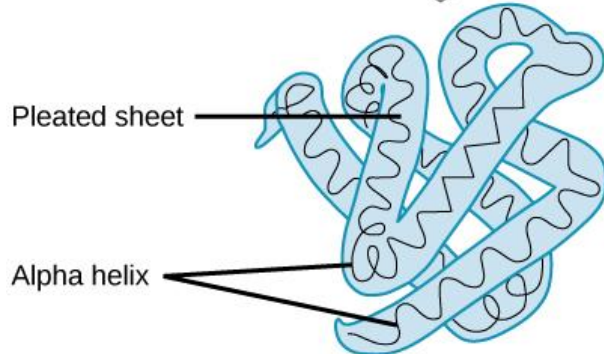
Παρόλο που οι πρωτεΐνες είναι μια αλυσίδα από αμινοξέα, μπορούν να διπλωθούν για να δημιουργήσουν αφάνταστη πολυπλοκότητα. Η δομή των πρωτεϊνών μπορεί να περιγραφεί σε τέσσερα επίπεδα:



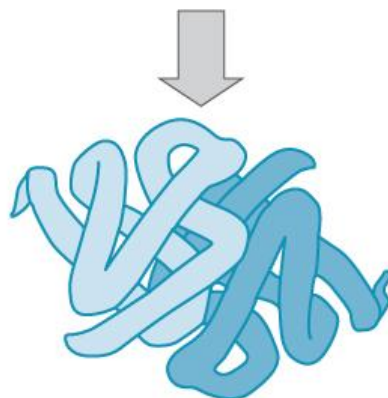
Primary Protein structure
sequence of a chain of amino acids



Secondary Protein structure
hydrogen bonding of the peptide backbone causes the amino acids to fold into a repeating pattern



Tertiary protein structure
three-dimensional folding pattern of a protein due to side chain interactions



Quaternary protein structure
protein consisting of more than one amino acid chain

Εικόνα 26

Δομές πρωτεϊνών

1. Πρωτοταγής Δομή

Είναι η δομή των αμινοξέων που είναι παρούσα σε μία πρωτεΐνη, δηλαδή το πρώτο αμινοξύ, δεύτερο αμινοξύ, και ούτω καθεξής. Για παράδειγμα, AGLAMMKMGGMMLAKALKCMAGH είναι η αλληλουχία των αμινοξέων (αντιπροσωπεύεται χρησιμοποιώντας τους κωδικούς μοναδικών γραμμάτων) και καθορίζει την πρωτοταγή δομή.

Αν φανταστείς ένα πρωτεϊνικό μόριο σαν ένα κομμάτι κλωστής, τότε το αριστερό άκρο είναι το πρώτο αμινοξύ που λέγεται το N-άκρο ή αμινοτελικό αμινοξύ και το δεξί άκρο της κλωστής είναι το τελευταίο αμινοξύ που ονομάζεται C-άκρο ή καρβοξυτελικό αμινοξύ.

(Κουτί: Περίεργο γεγονός: Αν ένα πρωτεϊνικό μόριο έχει μήκος 10 αμινοξέα, υπάρχουν 10,2 τρισεκατομμύρια πιθανοί συνδυασμοί αμινοξέων.)

2. Δευτεροταγής δομή

όπως μία κλωστή, το πρωτεϊνικό μόριο μπορεί και αυτό να διπλωθεί με τη μορφή μιας έλικας (που ονομάζεται α-έλικα) που αντιπροσωπεύει μία κλωστή, ή β-στρώματα που μοιάζουν με πιέτες σε φόρεμα. Αυτές οι δομές συγκρατώνται από δεσμούς υδρογόνου που μπορούν να θεωρηθούν ως υποστηρικτικές κολώνες που παρέχουν ακαμψία. Σημειώστε ότι ολόκληρη η πρωτεΐνη δεν μπορεί να διπλωθεί σε έλικες και στρώματα, μόνο μέρη αυτής μπορούν.

(Κουτί: Ένας δεσμός υδρογόνου διαμορφώνεται λόγω της ελκτικής αλληλεπίδρασης ανάμεσα σε ένα στοιχείο που ελκύει τα ηλεκτρόνια όπως το Οξυγόνο, το Φθόριο ή το Άζωτο και το Υδρογόνο. Είναι πιο αδύναμος

από τον ιονικό ή τον ομοιοπολικό δεσμό αλλά πιο ισχυρός από τις δυνάμεις του Van der Waal.)

3. Τριτοταγής Δομή

Αν η κλωστή που περιέχει τις δευτεροταγείς δομές και τις μη διπλωμένες περιοχές της πρωτεΐνης διπλωθούν περαιτέρω, δίνει την τριτοταγή δομή. Αυτές οι περίπλοκες δομές σταθεροποιούνται από ηλεκτροστατικές και υδροφοβικές αλληλεπιδράσεις ανάμεσα στα αμινοξέα, γέφυρες δισουλφιδίου, δεσμούς υδρογόνου και αλληλεπιδράσεις διπόλων. Οι τριτοταγείς δομές είναι **ΑΠΟΛΥΤΩΣ ΑΠΑΡΑΙΤΗΤΕΣ** για να πραγματοποιήσει μία πρωτεΐνη τις λειτουργίες της.

4. Τεταρτοταγής δομή

Αν δύο διπλωμένα πρωτεϊνικά μόρια, ή πολυπεπτίδια για να είμαστε πιο ακριβείς, σχηματίσουν μαζί μία μεγαλύτερη δομή, τότε ονομάζεται τεταρτοταγής δομή. Κάθε πρωτεϊνικό μόριο σε μία τεταρτοταγή δομή ονομάζεται υπομονάδα. Η αιμοσφαιρίνη, μία πρωτεΐνη του αίματος που μεταφέρει οξυγόνο, έχει τέσσερις υπομονάδες.

Οι συνθετικοί βιολόγοι συχνά ασχολούνται με πρωτεΐνες που καταλύουν αντιδράσεις μέσα στο κύτταρο. Αυτές οι πρωτεΐνες ονομάζονται **ένζυμα**. Τα ένζυμα είναι πρωτεΐνες που συμπεριφέρονται ως βιολογικοί καταλύτες. Δρουν πάνω σε μόρια που ονομάζονται **υποστρώματα** και δίνουν μόρια που ονομάζονται **προϊόντα**. Μία γενική αντίδραση ενζύμου-υποστρώματος μπορεί να γραφεί ως εξής:

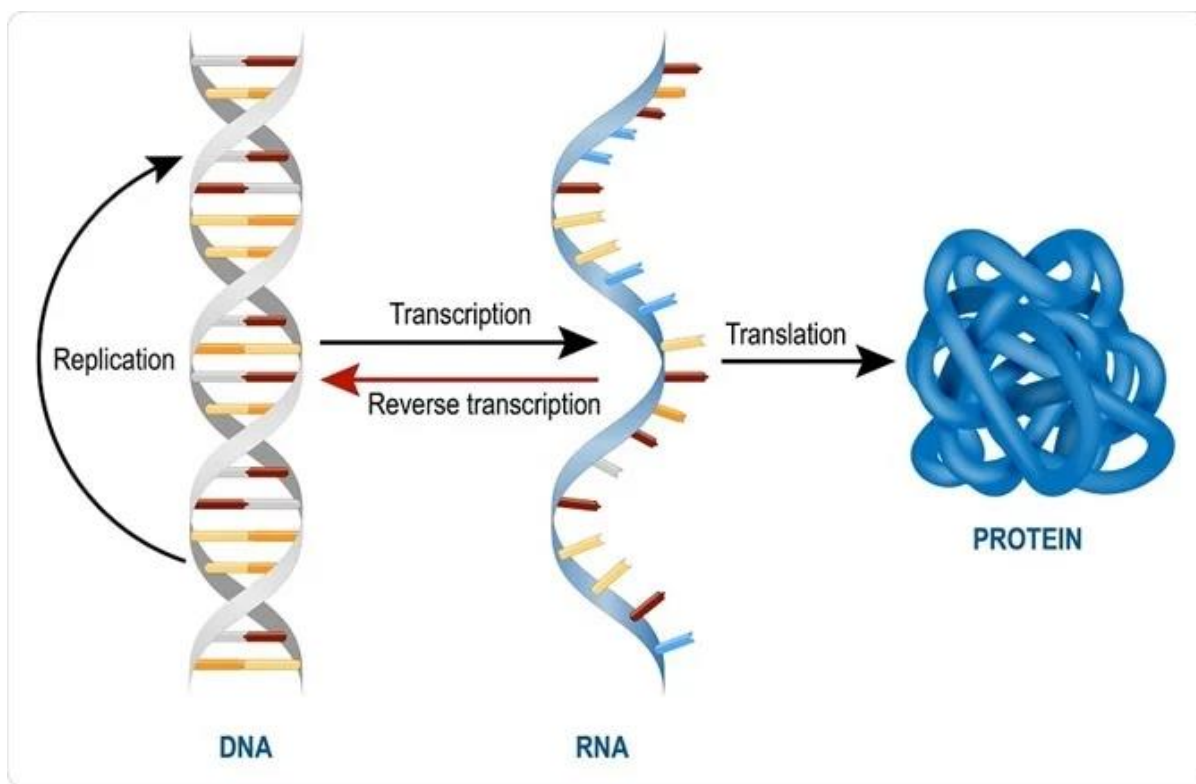


(E= Ένζυμο, S= Υπόστρωμα, ES= Σύμπλεγμα Ενζύμου-Υποστρώματος και P=Προϊόν)

Κεντρικό Δόγμα της Μοριακής Βιολογίας

Αυτό το κεφάλαιο συζήτησε τα πάντα για το DNA, RNA και πρωτεΐνες που αποτελούν όλους τους ζωντανούς οργανισμούς. Ωστόσο, το πως το DNA δίνει τις πρωτεΐνες δεν ήταν πολύ κατανοητό παλιότερα.

Το Κεντρικό Δόγμα της μοριακής βιολογίας προτάθηκε από τον Crick. Δηλώνει ότι “το DNA καθορίζει την αλληλουχία των αμινοξέων στην πολυπεπτιδική αλυσίδα μέσω του mRNA”. Βασικά, το κεντρικό δόγμα εξηγεί τη ροή της γενετικής πληροφορίας από το DNA στις πρωτεΐνες. Η διαδικασία της παραγωγής από το RNA στο DNA ονομάζεται **μεταγραφή** και η διαδικασία της σύνθεσης των πρωτεϊνών από το RNA ονομάζεται **μετάφραση**.



Εικόνα 27

[Κεντρικό δόγμα μοριακής βιολογίας](#)

Αυτό το κεφάλαιο συζήτησε για τα τρία βασικά μόρια της ζωής, το DNA, το RNA και τις πρωτεΐνες που είναι στο επίκεντρο του ενδιαφέροντος για τους περισσότερους συνθετικούς βιολόγους. Στο επόμενο κεφάλαιο, θα ρίξουμε μια ματιά στις λειτουργικές μονάδες του DNA που ονομάζονται γονίδια και θα προσπαθήσουμε να κατανοήσουμε πώς οι συνθετικοί βιολόγοι χρησιμοποιούν τα γονίδια για να κατασκευάσουν οργανισμούς με τα επιθυμητά χαρακτηριστικά/λειτουργίες.

Σύνοψη

Τα νουκλεϊκά οξέα είναι μεγάλα πολυμερή από νουκλεοτίδια. Το DNA γενικά βοηθά στην αποθήκευση γενετικών πληροφοριών, ενώ το RNA κυρίως βοηθά στη μεταφορά γενετικών πληροφοριών. Ενώ το DNA και το RNA εξυπηρετούν τον σκοπό της αποθήκευσης των γενετικών πληροφοριών, το DNA αφού είναι πιο σταθερό χημικά και δομικά προτιμάται. Το mRNA μεταφέρει τις πληροφορίες για τη σύνθεση πρωτεϊνών. Τα rRNA είναι μονόκλωνες δομές που παρέχουν τις θέσεις σύνδεσης για το mRNA. Το tRNA βοηθά στην αποκωδικοποίηση του mRNA. Οι πρωτεΐνες είναι γραμμικές αλυσίδες αμινοξέων που συνδέονται μεταξύ τους με πεπτιδικούς δεσμούς. Οι τριτοταγείς δομές είναι απαραίτητες για να εκτελέσουν τις λειτουργίες τους οι πρωτεΐνες. Τα ένζυμα είναι πρωτεΐνες που λειτουργούν ως βιολογικοί καταλύτες. Το κεντρικό δόγμα της μοριακής βιολογίας είναι “το DNA καθορίζει την αλληλουχία των αμινοξέων στην πολυπεπτιδική αλυσίδα μέσω του mRNA”. Το μεταγραφή είναι η διαδικασία της παραγωγής του RNA από το DNA. Η μετάφραση είναι η διαδικασία της σύνθεσης των πρωτεϊνών από το RNA.

Αναφορές

1. [Hershey and Chase experiment](#)
2. [Central Dogma of Molecular Biology](#)
3. Biology - Class XII; MSBSHSE

Κεφάλαιο 4: Γονίδια, Γονιδιακή Έκφραση και Τεχνολογία Ανασυνδυασμένου DNA

Όλοι οι ζωντανοί οργανισμοί χαρακτηρίζονται από την αξιοσημείωτη ικανότητα να αναπαράγονται και να μεταδίδουν χαρακτηριστικά από τη μία γενιά στην άλλη. Αυτό γίνεται δυνατό από το πιο θεμελιώδες μόριο που περιέχει κάθε ζωντανός οργανισμός - το DNA, το γενετικό υλικό για την πλειονότητα των οργανισμών. Ωστόσο, δεν μπορεί όλο το DNA ενός οργανισμού να μεταγραφεί και να μεταφραστεί σε RNA και πρωτεΐνες αντίστοιχα όπως υπογορεύεται από το κεντρικό δόγμα και μόνο συγκεκριμένα τμήματα του DNA μπορούν.

Το DNA οργανώνεται σε λειτουργικές μονάδες κληρονομικότητας που ονομάζονται **γονίδια**. Ένα γονίδιο είναι ένα τμήμα του DNA που περιέχει οδηγίες (κωδικοποιεί) για τη σύνθεση μιας συγκεκριμένης πρωτεΐνης (μέσω ενός mRNA μορίου) ή ενός συγκεκριμένου τύπου RNA όπως ένα rRNA ή tRNA μόριο. Τα γονίδια μπορεί να ποικίλουν σε μήκος από μερικές εκατοντάδες ζεύγη βάσεων μέχρι χιλιάδες ζεύγη βάσεων. Η διαδικασία της σύνθεσης του RNA ή μία πρωτεΐνης από το καλούπι του DNA που ονομάζεται **γονιδιακή έκφραση**. Με άλλα λόγια, η διαδικασία της μεταγραφής και μετάφρασης μιας αλληλουχίας DNA σε μόριο RNA ή πρωτεΐνη αντίστοιχα που ονομάζεται γονιδιακή έκφραση.

Η γονιδιακή έκφραση ελέγχεται σε διάφορα επίπεδα:

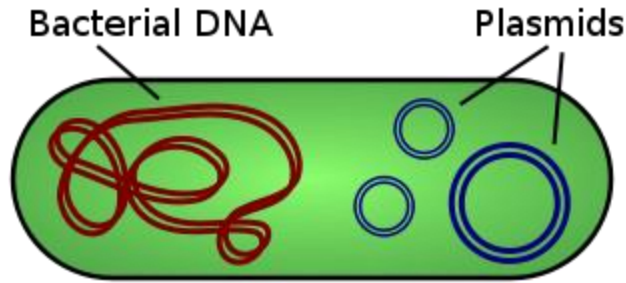
- a. Μεταγραφικό: Η σύνθεση του RNA από ένα συγκεκριμένο γονίδιο μπορεί να ρυθμιστεί από τις γύρω αλληλουχίες DNA
- b. Μετα-μεταγραφικό: Το RNA μπορεί να τροποποιηθεί από ένζυμα στον πυρήνα ή το κυτταρόπλασμα
- c. Μετα-μεταφραστικό: Το πρωτεϊνικό μόριο που συντίθεται από ένα συγκεκριμένο γονίδιο μπορεί να τροποποιηθεί από κυτταρικά ένζυμα. Αυτές οι τροποποιήσεις μπορούν να ενισχύσουν ή να μετριάσουν τη λειτουργία της πρωτεΐνης, ή να προκαλέσουν πρωτεϊνική αποσύνθεση.

Η κατανόηση της ιδέας των γονιδίων και της γονιδιακής έκφρασης είναι θεμελιώδης στην κατασκευή των οργανισμών. Η τεχνική της χρήσης του γονιδιώματος ενός κυττάρου ή οργανισμού για την απόκτηση ενός επιθυμητού χαρακτηριστικού ονομάζεται Τεχνολογία Ανασυνδυασμένου DNA (rDNA). Ποια είναι η διαφορά τότε ανάμεσα στην Τεχνολογία rDNA και τη συνθετική βιολογία; Η συνθετική βιολογία έχει έναν απώτερο στόχο - τη δημιουργία ενός αποθετηρίου από βιολογικά μέρη που βρίσκεται εκτός του φάσματος της Τεχνολογίας rDNA.

Μετά από προσεκτική σκέψη, θα συνειδητοποιούσε κανείς ότι δεν είναι εφικτό να τροποποιούμε το γονιδίωμα ενός οργανισμού κάθε φορά που θέλουμε να δημιουργήσουμε ένα χαρακτηριστικό σε αυτόν. Για παράδειγμα, Το πιο συχνά χρησιμοποιούμενο βακτήριο *Escherichia coli* (*E. coli*) έχει γονιδίωμα μεγέθους 4,6 εκατομμυρίων ζευγών βάσεων και έχει περίπου 4.000 γονίδια. Άρα πως γίνεται να είναι τόσο εύκολος ο χειρισμός οργανισμών το 2021;

Πλασμίδια - στη διάσωση

Ένα απαραίτητο συστατικό που απαιτείται για την τροποποίηση ενός οργανισμού είναι ένα εύκολα τροποποιήσιμο τμήμα DNA που μπορεί να μεταβληθεί στο εργαστήριο και εύκολα να εισαχθεί στον επιθυμητό οργανισμό. Αυτό το τμήμα DNA ονομάζεται **πλασμίδιο**.



Εικόνα 28

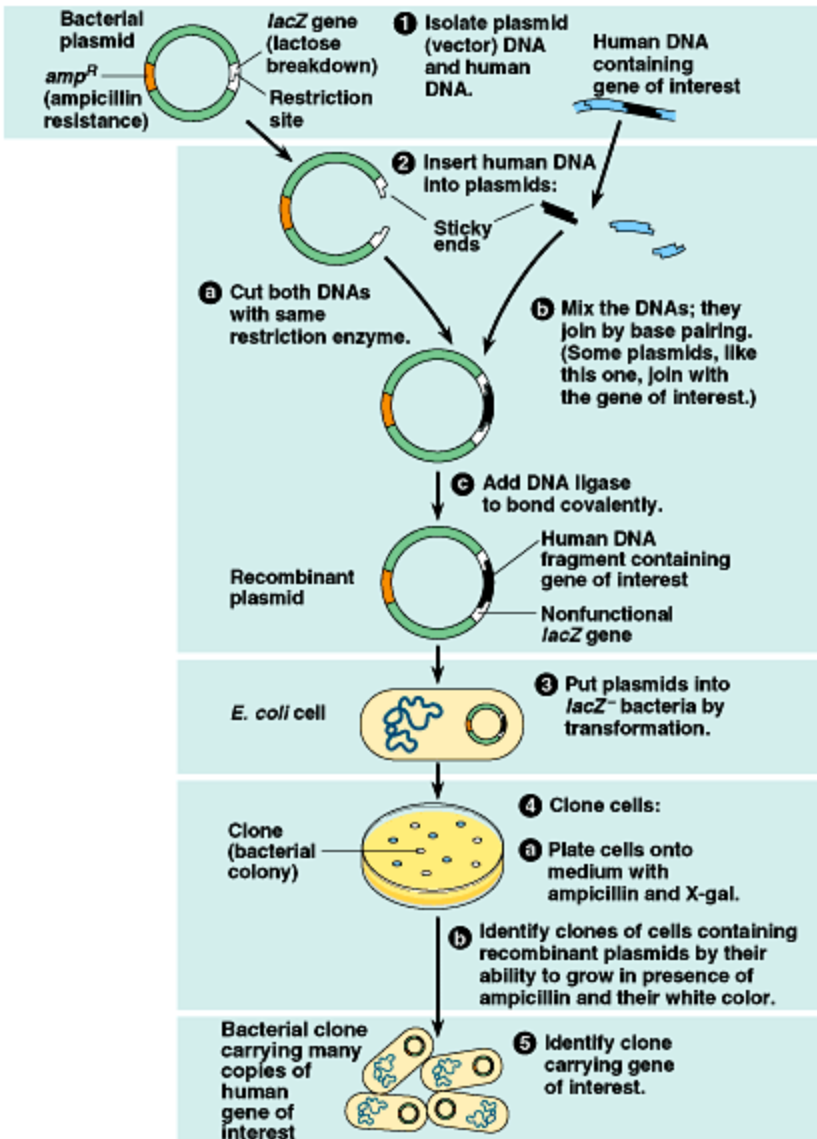
Βακτηριακό Πλασμίδιο

Τα πλασμίδια είναι εξωσρωσωματικά (παρόντα έξω από το γονιδίωμα), κυκλικά, δίκλωνα μόρια που είναι συνήθως παρόντα στα βακτήρια, τους μύκητες και κάποια ευκαρυωτικά κύτταρα επιπλέον του γονιδιώματος του κυττάρου. Μπορούν να αντιγραφούν ανεξάρτητα του γονιδιώματος του κυττάρου και συνήθως δίνουν κάποιο πλεονέκτημα στο κύτταρο όπως αντίσταση σε αντιβιοτικά. Τα γονίδια που είναι παρόντα σε ένα πλασμίδιο συμπεριφέρονται όπως αυτά που βρίσκονται στο γονιδίωμα. Αυτά τα γονίδια μπορούν να μεταγραφούν και να μεταφραστούν για να δώσουν το RNA και τις πρωτεΐνες αντίστοιχα. Οι επιστήμονες έχουν καταφέρει να απομονώσουν και να συνθέσουν ένα αποθετήριο από πλασμίδια που μπορούν να χρησιμοποιηθούν για διάφορες εφαρμογές της συνθετικής βιολογίας.

Τα πλασμίδια είναι τα κύρια συστατικά που απλοποιούν τον επαναπρογραμματισμό ενός οργανισμού, είτε αυτός είναι βακτήριο είτε μύκητας είτε φυτό. Θα περιγράψουμε τώρα τα νήματα για την πραγματική τροποποίηση ενός οργανισμού και σε επόμενα κεφάλαια θα μπούμε σε λεπτομέρειες για τις τεχνικές που χρησιμοποιούνται.

1. Απομόνωση του γενωμικού DNA από έναν οργανισμό “δότη”. Ο δότης μπορεί να είναι φυτό, ζώο, βακτήριο ή μύκητας

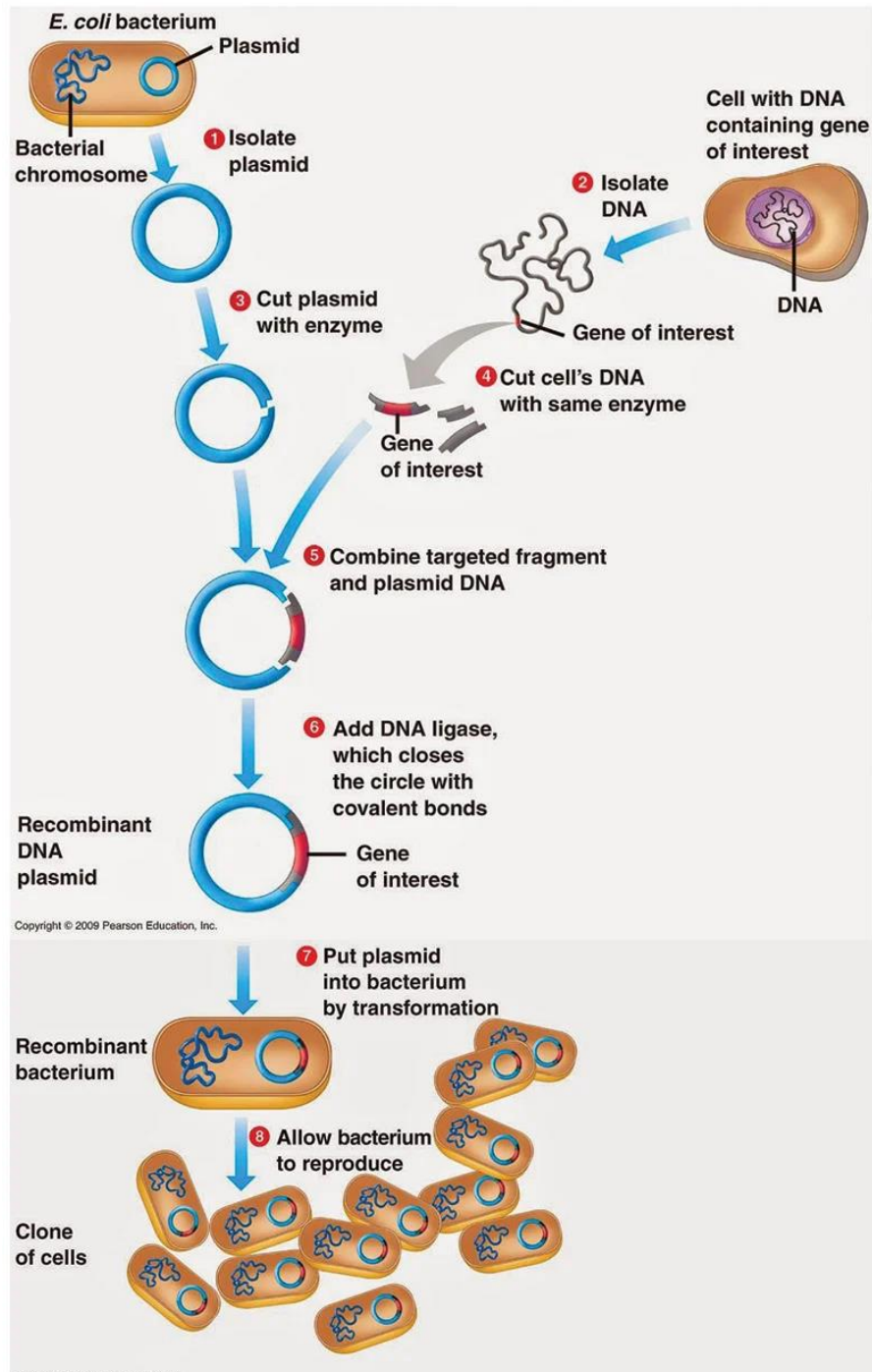
2. Τμήση του γενωμικού DNA σε μικρότερα τμήματα χρησιμοποιώντας ένζυμα (Σημείωση: αυτά τα ένζυμα ονομάζονται ενδονουκλεάσες περιορισμού και θα συζητηθούν σε επόμενα κεφάλαια)
3. Αναγνώριση του γονιδιακού τμήματος που περιέχει το γονίδιο ενδιαφέροντος (π.χ. Ινσουλίνη)
4. Ενσωμάτωση του τμήματος που περιέχει το γονίδιο ενδιαφέροντος σε ένα πλασμίδιο ή **φορέα κλωνοποίησης**. Αυτό το πλασμίδιο τώρα ονομάζεται ανασυνδυασμένος φορέας.
5. Ενσωμάτωση του ανασυνδυασμένου φορέα σε ένα ικανό κύτταρο ξενιστή (**ΚΟΥΤΙ**: Ένα ικανό κύτταρο ξενιστής είναι ένας οργανισμός που μπορεί να λάβει έναν ανασυνδυασμένο φορέα)
6. Καλλιέργεια αυτών των κυττάρων για την απόκτηση πολλαπλών αντιγράφων ή κλώνων του επιθυμητού τμήματος DNA
7. Απομόνωση των κλώνων και “μετασχηματισμός” ενός κατάλληλου κυττάρου ξενιστή για να εκφράζει το επιθυμητό γονίδιο.



Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

Eukóva 29

[Online Biology Notes Gene cloning-Steps involved in gene cloning - Online Biology Notes](#)



Εικόνα 30

Στάδια γονιδιακής κλωνοποίησης

Σύνοψη

- Το DNA οργανώνεται σε λειτουργικές μονάδες κληρονομικότητας που ονομάζονται **γονίδια**. Ένα γονίδιο είναι ένα τμήμα DNA που περιέχει τις οδηγίες (κωδικοποιεί) για τη σύνθεση μιας συγκεκριμένης πρωτεΐνης (μέσω ενός μορίου mRNA) ή ενός συγκεκριμένου τύπου RNA μορίου όπως ένα rRNA ή tRNA μόριο.
- Η μεταγραφή και η μετάφραση μιας αλληλουχίας DNA σε ένα RNA ή πρωτεϊνικό μόριο αντιστοίχως ονομάζεται γονιδιακή έκφραση.
- Τα πλασμίδια είναι εξωχρωμοσωματικά (παρόντα έξω από το γονιδίωμα, κυκλικά, δίκλωνα μόρια DNA που είναι συνήθως παρόντα σε βακτήρια, μύκητες και σε κάποια ευκαρυωτικά κύτταρα επιπλέον του γονιδιώματος του κυττάρου. Μπορούν να πολλαπλασιάζονται ανεξάρτητα του γονιδιώματος του κυττάρου και συνήθως δίνουν στο κύτταρο ένα πλεονέκτημα όπως αντίσταση σε αντιβιοτικά.

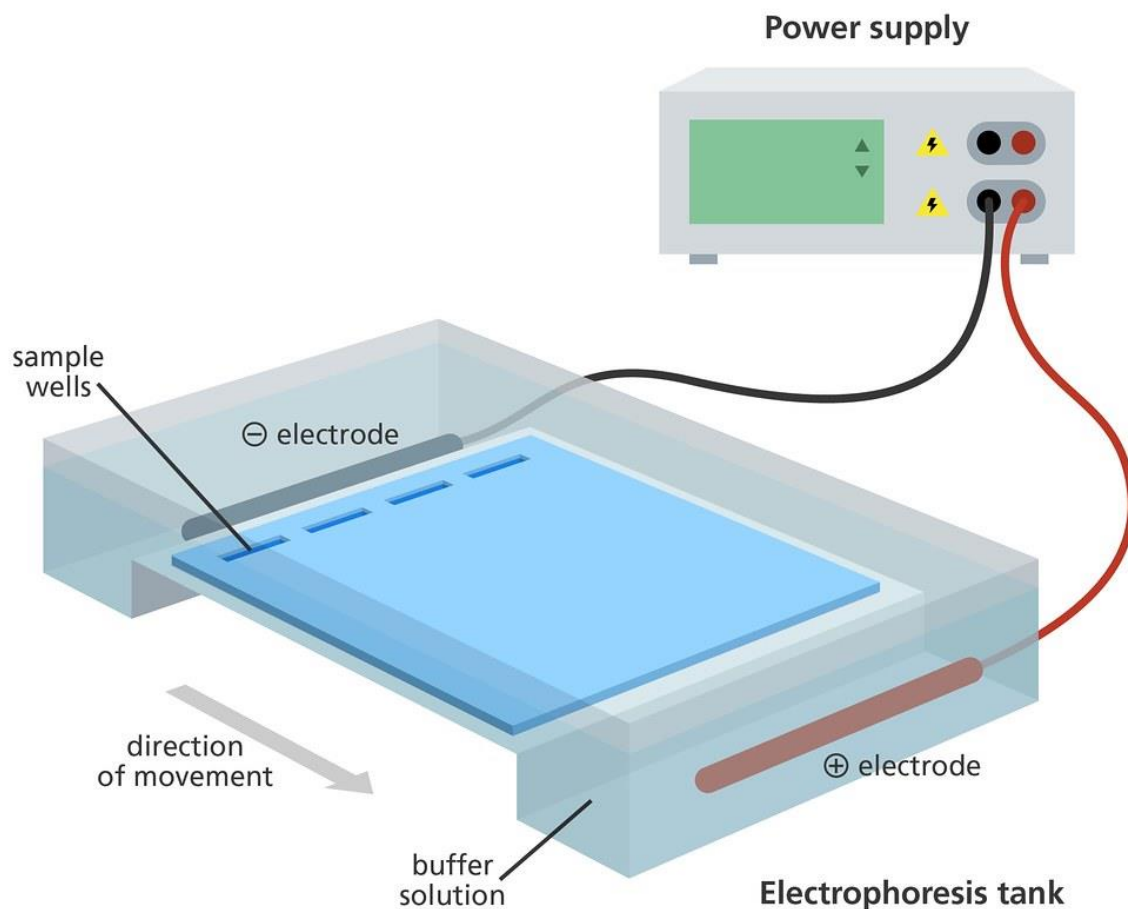
Αναφορές

1. [Plasmid](#)
2. [Recombinant DNA Technology](#)
3. [More on Plasmids and Recombinant DNA Technology](#)

Κεφάλαιο 5: Τεχνικές στη Συνθετική Βιολογία

Με το πέρασμα των χρόνων, πολλές τεχνικές συνθετικής βιολογίας έχουν συσταθεί και αναπτυχθεί για να εξυπηρετήσουν την συνοπτική και βολική διεξαγωγή των πειραμάτων. Σε αυτό το κεφάλαιο, θα συζητήσουμε τρεις σημαντικές εργαστηριακές τεχνικές που είναι σημαντικές για τα περισσότερα πειράματα συνθετικής βιολογίας.

1) Ηλεκτροφόρηση σε γέλη



Εικόνα 31

Εξοπλισμός για ηλεκτροφόρηση σε γέλη

Θα υπάρξουν φορές στα πειραματικά πρωτόκολλα όπου θα νιώσεις την ανάγκη να ελέγξεις εάν το προηγούμενο βήμα δούλεψε ή όχι - είτε αν είναι PCR (Αλυσιδωτή αντίδραση πολυμεράσης) όπου πολλαπλασιάζεις το επιθυμητό τμήμα DNA στόχο είτε είναι κλωνοποίηση DNA (θα ασχοληθούμε με αυτό μετά) όπου προσπαθείς να επικολλήσεις το επιθυμητό τμήμα γονιδίου σε έναν πλασμιδιακό φορέα (φαντάσου ένα όχημα για τη μεταφορά του DNA στην επιθυμητή τοποθεσία).

Μην ανησυχείς- Η ηλεκτροφόρηση σε γέλη θα σε βοηθήσει. Το 'Ηλεκτρο' υπονοεί ότι ηλεκτρισμός χρησιμοποιείται για το 'φόρηση' που σημαίνει μεταφορά ή μετανάστευση στα ελληνικά και όλα αυτά συμβαίνουν στη γέλη. Εξ' ου και το όνομα - ηλεκτροφόρηση σε γέλη. Η ηλεκτροφόρηση σε γέλη είναι μία πολύ συχνή εργαστηριακή τεχνική όπου κάνεις τμήματα DNA να τρέξουν σε μια γέλη (ουσία σαν ζελέ που αποτελείται από έναν πολυσακχαρίτη που ονομάζεται αγαρόζη, που προέρχεται από ένα συγκεκριμένο κόκκινο φύκι) γεμάτο από μικροσκοπικούς πόρους με την εφαρμογή ηλεκτρικού πεδίου. Η γέλη αγαρόζης δημιουργείται με προσθήκη σκόνης στερεής αγαρόζης σε ένα διάλυμα ηλεκτροφόρησης. Συνήθως, Τριοξικό οξύ EDTA (TAE) χρησιμοποιείται ως διάλυμα.

Όπως γνωρίζουμε, το DNA είναι αρνητικά φορτισμένο λόγω των φωσφορικών ομάδων που υπάρχουν σε αυτό. Κάθε φωσφορική ομάδα περιέχει ένα αρνητικό φορτίο. Άρα, καθώς η μάζα του τμήματος DNA αυξάνεται, το αρνητικό του φορτίο αυξάνεται με τον ίδιο ρυθμό αναλόγως. Αυτό κάνει την αναλογία του φορτίου προς τη μάζα των διαφόρων τμημάτων DNA σταθερό και συνεπώς, διαχωρίζονται αποκλειστικά με βάση το μέγεθός τους. Τα πιο λεφάρια τμήματα DNA θα κινηθούν γρηγορότερα στη γέλη λόγω της λιγότερης παρεμπόδισης από τους πόρους που υπάρχουν στη γέλη. Αντίστοιχα, τα μεγαλύτερα τμήματα DNA εμποδίζονται σε μεγαλύτερο βαθμό από τα πιο ελαφριά τμήματα και επομένως κινούνται πιο αργά. Αυτό δημιουργεί το κύριο σημείο της θεμελιώδους ιδέας της ηλεκτροφόρησης σε γέλη.

Ένα αδρό σχεδιάγραμμα των παραπάνω βημάτων θα ήταν κάπως έτσι:

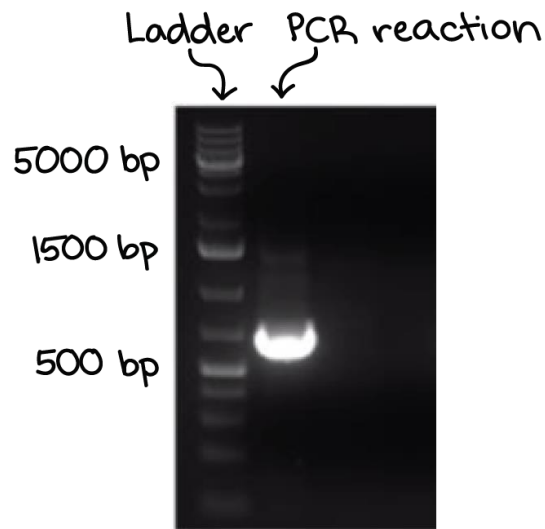
1. Προετοιμασία του κουτιού της γέλης με σύνδεση των θετικών και αρνητικών ηλεκτροδίων στις δύο πλευρές ενός κουτιού και γέμισμά του με ένα αγωγίμο διάλυμα (νερό με κάποια συγκεκριμένα άλατα που το κάνουν ανθεκτικό σε οποιαδήποτε αλλαγή του pH) στο σημείο που να καλύπτει ριακά τη γέλη.
2. Τοποθέτηση των τμημάτων DNA στα πηγάδια - που είναι βαθουλώματα σαν τσέπες στην πλευρά του θετικού ηλεκτροδίου του κουτιού γέλης (αυτά τα

πηγάδια δημιουργούνται με την τοποθέτηση μιας χτένας στο διάλυμα γέλης που πρόκειται να διαμορφωθεί)

3. Τοποθέτηση των δειγμάτων DNA στα πηγάδια.
4. Μετά την τοποθέτηση, προσθέτουμε μία χρωστική παρακολούθησης (πορτοκαλί G ή μπλε της βρωμοθυμόλης) για την ανίχνευση της τοποθεσίας των τμημάτων DNA καθώς τρέχουν στη γέλη. Ένα διάλυμα με γλυκόζη ή σουκρόζη προστίθεται επίσης ως συστατικό της χρωστικής για να αυξηθεί η πυκνότητα του δείγματος και να διευκολυνθεί η τοποθέτηση.
5. Ανοίγουμε το ρεύμα για την ενεργοποίηση των ηλεκτροδίων.
6. Μετά την μετανάστευση του DNA, χρωματίζουμε το DNA με μία γέλη που να προσδένεται στο DNA. Με υπεριώδες (UV) φως, τα δείγματα DNA θα έλαμπαν ως ξεχωριστές λωρίδες, επιτρέποντάς μας να δούμε το DNA που είναι βρίσκεται σε διαφορετικές θέσεις κατά μήκος της γέλης.

Πολλοί παράγοντες μπορούν να εξερευνηθούν εδώ - όπως το σχήμα ή ο προσανατολισμός του μορίου που μπορεί να επηρεάσει τη μετανάστευση κατά μήκος της γέλης. Για παράδειγμα - τα πλασμίδια κινούνται γρηγορότερα απ' ότι θα έπρεπε για το μέγεθός τους επειδή λαμβάνουν μία υπερσυμπυκνωμένη μορφή όπου το λεπτό τους σχήμα τα βοηθάει να κινούνται γρηγορότερα μέσα από τους πόρους της γέλης.

Κουτί: Καθώς τοποθετούμε το δείγμα του DNA, ένα πηγάδι στη γέλη μένει για μια σκάλα DNA. Η σκάλα DNA είναι μία σταθερή αναφορά που περιέχει τμήματα DNA γνωστού μήκους. Αυτό κάνει πιο εύκολη τη σύγκριση ενός δείγματος DNA σε μια σχετική βάση. Το μέγεθος του δείγματος DNA μπορεί να εκτιμηθεί με βάση την τοποθεσία του σε σχέση με τη σκάλα τμημάτων DNA.



Εικόνα 32

[Σκάλα DNA](#)

2) PCR (Αλυσιδωτή Αντίδραση Πολυμεράσης):

Είτε είσαι ένας εγκληματολογικός παθολογοανατόμος που προσπαθεί να πολλαπλασιάσει ύποπτα τμήματα DNA από ένα μικρό δείγμα είτε κάνεις ένα test RT-PCR από έναν υποπτευόμενο ασθενή SARS-coV 2 ασθενή - θα έπρεπε πάντα να ξέρεις τα βασικά για την Αλυσιδωτή Αντίδραση Πολυμεράσης μέσα κι έξω. Χρησιμοποιούμενη στην εγκληματολογία, στον γενετικό έλεγχο, τη μοριακή βιολογία, την ιατρική διάγνωση και την οικολογία, ο θεμελιώδης στόχος της PCR είναι να δημιουργήσει αντίγραφα από μια επιθυμητή περιοχή του ζητούμενου DNA ή RNA (ή RT-PCR) *in vitro* (δηλαδή στο εργαστήριο αντί για μέσα στον οργανισμό)- εκατομμύρια από αυτή μόνο σε κανα δυο ώρες!

Θα χρειάζονται ένα μηχάνημα PCR, υποκινητές DNA συγκεκριμένους για την περιοχή που θέλεις να πολλαπλασιάσεις και μία θερμοσταθερή πολυμεράση (για την επέκταση του τμήματος DNA αφού ο υποκινητής προσδεθεί στην περιοχή στόχο). Με επαναλαμβανόμενους κύκλους με κυμαινόμενες θερμοκρασίες, η

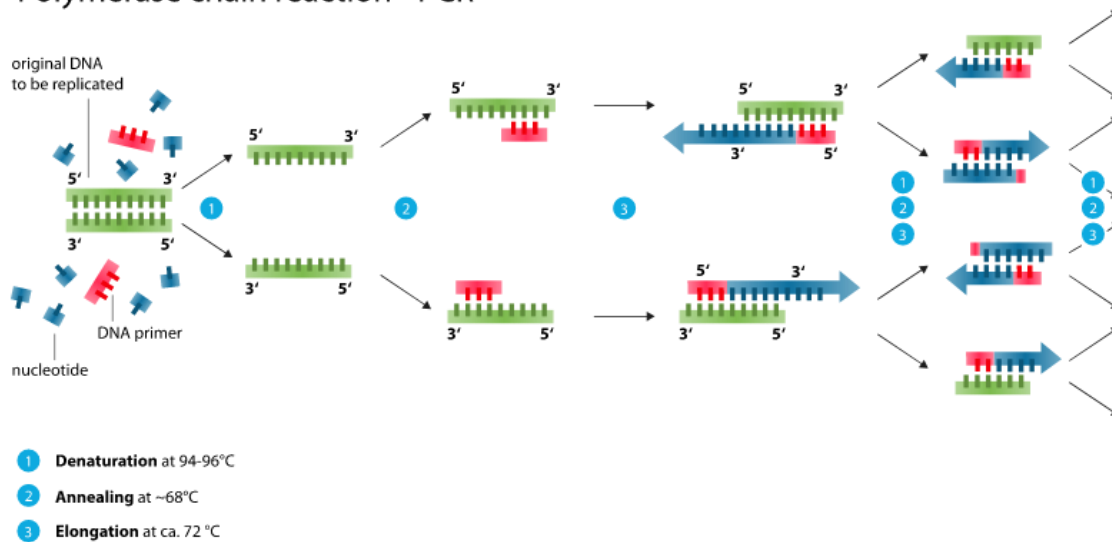
περιοχή στόχος του DNA πολλαπλασιάζεται εκθετικά φτάνοντας τα εκατομμύρια ή δισεκατομμύρια που φτάνουν μέχρι και μικρογραμμάρια από DNA από ένα απειροελάχιστο δείγμα. Ο τελικός στόχος είναι να έχουμε ένα μεγάλο μέγεθος έτοιμο για οποιαδήποτε περαιτέρω ανάλυση όπως την ανάλυση γενετικών δεικτών ή τον πειραματισμό όπως αλληλούχιση που ακολουθείται από ηλεκτροφόρηση σε γέλη και κλωνοποίηση που μπορούν να διεξαχθούν άνετα.

Τώρα ας δούμε εν συντομία την όλη διαδικασία. Η PCR αποτελείται από τρία ευρεία βήματα: μετουσίωση, σύνδεση υποκινητών και επέκταση υποκινητών.

- **Μετουσίωση:** Οι αλυσίδες του DNA μετουσιώνονται, δηλαδή διαχωρίζονται η μία από την άλλη με την εφαρμογή υψηλής θερμοκρασίας γύρω στους 96°C. Αυτό παρέχει ένα μονόκλωνο καλούπι DNA για το επόμενο βήμα.
- **Σύνδεση υποκινητών:** Οι συμπληρωματικοί υποκινητές DNA προσδένονται στην περιοχή-στόχο του DNA. Αυτό το βήμα γίνεται στους 55-65°C. Δύο τύπου υποκινητών προσδένονται στο 3' άκρο της αλυσίδας-καλουπιού - ο μπροστινός υποκινητής και ο ανάστροφος υποκινητής.
- **Επέκταση υποκινητή:** Μία θερμοσταθερή DNA πολυμεράση (συνήθως Taq πολυμεράση που προέρχεται από ένα θερμοανθεκτικό βακτήριο που ζει σε θερμές πηγές και υδροθερμικούς πόρους: *Thermus aquaticus*) επεκτείνει τον προσδεμένο υποκινητή DNA. Αυτό το βήμα γίνεται στους 72°C. Η Taq πολυμεράση είναι περισσότερο ενεργή στους 70°C.

Η ακόλουθη εικόνα δίνει μια γενική εικόνα για ολόκληρη τη διαδικασία:

Polymerase chain reaction - PCR



Εικόνα 33

Αλυσιδωτή Αντίδραση Πολυμεράσης (PCR)

Υπάρχουν πολλοί διαφορετικοί τύποι PCR: Hotstart, Gradient, Touchdown, Nested, Colony, Fusion, Reverse-Transcriptase (RT-PCR) κτλ. Στην RT-PCR, μία αντίστροφη μεταγραφάση χρησιμοποιείται πρώτα για να μετατρέψει το RNA σε DNA, και μετά πολλαπλασιάζεται με PCR. Καθεμία έχει τα δικά της προτερήματα και μειονεκτήματα και μπορεί να επιλεγθεί ανάλογα με τις πειραματικές συνθήκες και απαιτήσεις.

3) Blotting:

Στην τεχνική blotting μεταφέρουμε μόρια από μία μεμβράνη στην άλλη. Οι τεχνικές αυτές χρησιμοποιούνται για να ανιχνεύσουμε ένα συγκεκριμένο επιθυμητό τμήμα από ένα μείγμα διαφορετικών τμημάτων του ίδιου τύπου.

Για παράδειγμα, το Southern blotting χρησιμοποιείται για την απομόνωση ενός τμήματος DNA από ένα μείγμα τμημάτων DNA. Το Northern blotting χρησιμοποιείται για την απομόνωση ενός συγκεκριμένου τμήματος RNA από ένα μείγμα τμημάτων RNA ενώ το

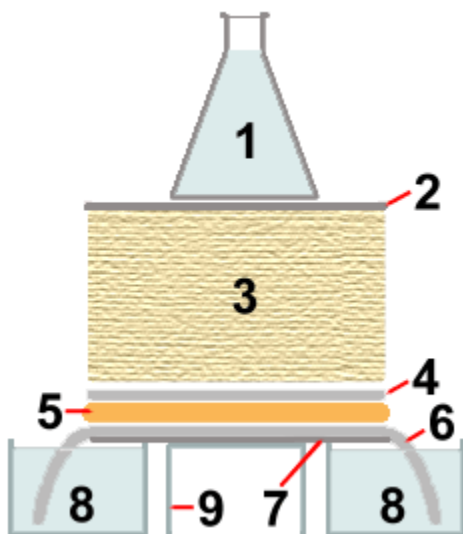
Western blotting χρησιμοποιείται για την απομόνωση συγκεκριμένου πρωτεϊνικού μορίου από ένα μείγμα πρωτεϊνικών μορίων. Η αρχή των Northern και Southern blotting είναι πολύ παρόμοια.

Θα συζητήσουμε εδώ το Northern blotting.

Το Northern blotting έχει 6 ευρεία βήματα:

1. Απομόνωση RNA
2. Διαχωρισμός των μορίων RNA χρησιμοποιώντας ηλεκτροφόρηση σε γέλη. Ο συγκεκριμένος τύπος ηλεκτροφόρησης που χρησιμοποιείται για τον διαχωρισμό των μορίων RNA είναι η ηλεκτροφόρηση σε γέλη αγαρόζης με φορμαλδεΰδη.
3. Το Blotting (η μεταφορά των RNA μορίων από τη γέλη αγαρόζης σε μεμβράνη νιτροκυτταρίνης.)

Ο εξοπλισμός μοιάζει με γιγάντιο μπέργκερ όπως παρακάτω:



1- Βάρος περίπου 0,5kg

2-Πιάτο από γυαλί, PVC ή παρόμοιο υλικό.

3-Στοιβα από στεγνές χαρτοπετσέτες

4-Φύλλο από προ-εφυγραμένη μεμβράνη blotting με διπλή στρώση από προ-εφυγραμένο χαρτί blotting από πάνω

5-Γέλη

6-Το φιλί: Διπλή στρώση από προ-εφυγρασμένο χαρτί blotting

7-Πιάτο σαν το 2

8-Δύο ανοιχτά δοχεία γεμισμένα με 0,4M NaOH

9-Υποστηρικτικό άδειο δοχείο, αναποδογυρισμένο

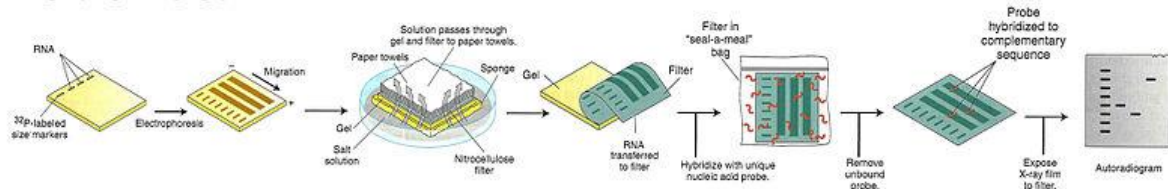
Εικόνα 34

Εξοπλισμός Blotting

4. Ανίχνευση (Σήμανση με ραδιενεργό ή φωσφορούχο χρωστική σε cDNA-συμπληρωματικούς DNA ανιχνευτές)
5. Απομάκρυνση της περίσσειας ανιχνευτών.
6. Απεικόνιση (Με χρήση Αυτοραδιογραφίας- φιλμ ακτινογραφίας που παράγεται με σχεδιασμό του μοτίβου των εκπομπών αποσύνθεσης από την κατανομή μιας συγκεκριμένης ραδιενεργής ουσίας.)

Ολόκληρη η διαδικασία μπορεί να απεικονιστεί με τη βοήθεια της παρακάτω εικόνας:

Northern blot



Εικόνα 35

Northern Blotting

Κουτί:

Το Southern Blotting ονομάστηκε από τον δημιουργό του- Edward M. Southern στο πανεπιστήμιο του Εδιμβούργου το 1975. Δύο χρόνια αργότερα, ένας βιολόγος με χιούμορ - ο J.C. Alwine ανακάλυψε μία μέθοδο για να αναγνωρίζει ένα συγκεκριμένο τμήμα RNA μέσα σε ένα πολύπλοκο μείγμα από RNA μόρια χρησιμοποιώντας έναν ανιχνευτή DNA ραδιενεργά σσημασμένο. Και μάντεψε πώς το ονόμασε ως μνεία προς το Southern Blotting. Ναι, το ονόμασε Northern Blotting! Και από εκεί ξεκίνησε την παράδοση της ονομασίας των επόμενων μεθόδων απομόνωσης- κάποιες ως αναφορές σε προηγούμενες μεθόδους και κάποιες αναφερόμενες στις γεωγραφικές τοποθεσίες των περιοχών όπου η τεχνική ανακαλύφθηκε- όπως Western (για την απομόνωση μιας συγκεκριμένης πρωτεΐνης- ονομαζόμενη από τον W.Neal Burnette), το South-western (για την απομόνωση συγκεκριμένων πρωτεϊνών που προσδένονται στο DNA- ονομασμένο από τον Bowen) και το Far-eastern (για την ανάλυση λιπιδίων) Blotting.

Ορίστε κάποιες ενδιαφέρουσες ερωτήσεις. Νιώσε ελεύθερος να τις απαντήσεις.

- 1) Ποια είναι η συνηθισμένη τάση που χρησιμοποιείται για την εκτέλεση της ηλεκτροφόρησης σε γέλη;

Απάντηση: 80-120 V

- 2) Ταξινόμησε τα παρακάτω από το πιο γρήγορο στο πιο αργό:

- a) Ανοιχτό κυκλικό DNA ή oc (DNA που έχει κοπεί στη μία αλυσίδα για να απελευθερωθούν όσες υπερελικωμένες στροφές υπάρχουν)
- b) Γραμμικό DNA
- c) Κυκλικό DNA που έχει κλείσει ομοιοπολικά ή ccc

3) Στο βήμα της σύνδεσης, γιατί δεν επανασυνδέονται οι διαχωρισμένες αλυσίδες DNA μεταξύ τους αντί να συνδεθούν με τους υποκινητές αφού η συμπληρωματικότητά τους ευνοεί την πιο ισχυρή σύνδεση;

Απάντηση: Οι υποκινητές λαμβάνονται σε περίσσεια συγκέντρωση και έτσι η πιθανότητα της επανασύνδεσης με την ίδια αλυσίδα μετά τον διαχωρισμό είναι πολύ μικρή.

4) Σε ποια θερμοκρασία είναι περισσότερο ενεργή η Taq πολυμεράση;

Απάντηση: Περίπου στους 70°C.

5) Γιατί χρησιμοποιείται φορμαλδεΰδη στο βήμα της ηλεκτροφόρησης στο Northern blotting;

Απάντηση: Τα μόρια RNA είναι μονόκλωνα αλλά δημιουργούν θηλιές με τον εαυτό τους. Αυτές οι θηλιές δημιουργούνται ως αποτέλεσμα της αυτο-συμπληρωματικότητας και για τον διαχωρισμό των διαφορετικών RNA μορίων, χρειάζεται να μετουσιωθούν, δηλαδή να βρεθούν σε μονόκλωνα μορφή. Η φορμαλδεΰδη βοηθά να σπάσουν αυτοί οι αυτο-συμπληρωματικοί δεσμοί.

6) Γιατί είναι η νιτροκυττάρίνη χρησιμοποιείται ως δημοφιλής καλούπι για το blotting πρωτεϊνών;

Απάντηση: Λόγω της αποδοτικότητας της σύνδεσης των πρωτεϊνών, η ικανότητά του να ακινητοποιεί της πρωτεΐνες, τις γλυκοπρωτεΐνες και τα νουκλεϊκά οξέα και η συμβατότητα με ποικιλία διαγνωστικών μεθόδων όπως ο χημειοφθορισμός (η εκπομπή φωτός κατά τη διάρκεια μιας χημικής αντίδρασης), η χρωμογένεια (περιλαμβάνει την παραγωγή χρώματος ή χρωστικών) και ο φθορισμός.

Σύνοψη:--

- Ηλεκτροφόρηση: Εδώ, το αρνητικά φορτισμένο (λόγω της φωσφορικής ομάδας - PO_4^{3-}) μόριο DNA μεταναστεύει μέσα από τζελ αγαρόζης που έχει μικροσκοπικούς πόρους για να δώσουν την ιδέα κόσκινου ή τριβής που εφόσον οι πόροι του τζελ αγαρόζης επιβραδύνουν την κίνηση των βαρύτερων ή λιγότερο συμπαγών τμημάτων DNA.
- Αλυσιδωτή Αντίδραση Πολυμεράσης: Σε αυτή, μία DNA πολυμεράση πολλαπλασιάζει ένα τμήμα DNA που προσδιορίζεται από τους υποκινητές καθώς η πολυμεράση απλά επεκτείνει τους υποκινητές μέχρι το βήμα της μετουσίωσης επαναληφθεί. Μετουσίωση, πρόσδεση Ο(του υποκινητή στο δείγμα) και επιμήκυνση (των υποκινητών από την πολυμεράση) είναι τα 3 βήματα ενός κύκλου PCR. Μετουσίωση, σύνδεση υποκινητών και επιμήκυνση.
- Το blotting είναι βασικά όταν μεταφέρονται μόρια από μία μεμβράνη σε άλλη. Οι τεχνικές blotting χρησιμοποιούνται για την ανίχνευση ενός συγκεκριμένου επιθυμητού τμήματος από ένα μείγμα διαφορετικών τμημάτων του ίδιου τύπου.

References:

1. [Gel Electrophoresis](#)
2. [More on Gel Electrophoresis](#)
3. [Polymerase Chain Reaction](#)
4. [More on Polymerase Chain Reaction](#)
5. [Blotting](#)
6. [More on Blotting](#)
7. [Box Reference](#)

Κεφάλαιο 6: Γενετικά κυκλώματα

Ένα γενετικό κύκλωμα είναι μία συλλογή από βιολογικά συστατικά που κωδικοποιούν RNA ή πρωτεΐνη και επιτρέπουν σε μεμονωμένα κύτταρα να απαντούν και να

αλληλεπιδρούν με τα υπόλοιπα για να επιτεύξουν λογικές λειτουργίες. Χρησιμοποιώντας τα συνθετικά βιολογικά συστήματα, οι επιστήμονες περιμένουν να σχεδιάσουν λειτουργικά βιολογικά μέρη για να παράγουν βιοχημικά, βιοϋλικά και βιοκαύσιμα. Τα γενετικά κυκλώματα θα μπορούσαν να αναπτυχθούν χρησιμοποιώντας τεχνολογίες συνθετικής βιολογίας, επιτρέποντας σε οργανισμούς ξενιστές να λειτουργούν ως αισθητήρες. Οι περιβαλλοντικοί ρύποι ανιχνεύονται και αποσυντίθενται χρησιμοποιώντας βιοαισθητήρες και βιοαντιδραστήρες. Ένα μεγάλο εύρος ρυθμιστικών κυτταρικών συστημάτων έχει μελετηθεί χρησιμοποιώντας γενετικά κυκλώματα (μία μορφή μεταβολικής κατασκευής της συνθετικής βιολογίας). Πολλά ρυθμιστικά κυτταρικά συστήματα συμπεριλαμβανομένων υποκινητών, καταστολέων, ταλαντωτών και άλλων, είναι γνωστό ότι κωδικοποιούνται ως ρυθμιστικά μοτίβα στο επίπεδο του DNA. Εσωτερικά και εξωτερικά ερεθίσματα μπορούν αν επηρεάσουν τη γονιδιακή δραστηριότητα, συμπεριλαμβανομένης της μεταγραφικής ρύθμισης και των μεταμεταφραστικών μονοπατιών. Είναι ένα από τα πιο φλέγοντα ζητήματα στο πεδίο της χειραγώγησης μεταβολικών μονοπατιών για την παραγωγή περισσότερων προϊόντων βιομηχανικού ενδιαφέροντος. Αρκετοί ερευνητές έχουν επιχειρήσει να τροποποιήσουν υπάρχουσες βιοσυνθετικές διαδικασίες, ενώ άλλοι έχουν επιχειρήσει να εγκαθιδρύσουν βιολογικές διαδικασίες σε μικροβιακά μοντέλα. Στις περισσότερες περιπτώσεις, τα μεταβολικά μονοπάτια φτιάχνονται ή επανασχεδιάζονται για να αυξήσουν την παραγωγική δυνατότητα των βακτηρίων.

Η γονιδιακή έκφραση είναι η διαδικασία μέσω της οποίας πληροφορίες αποθηκευμένες στο DNA μεταφράζονται σε οδηγίες για τη σύνθεση πρωτεϊνών ή άλλων στοιχείων. Η διαδικασία μέσω της οποίας οι οδηγίες από το DNA μετατρέπονται σε ένα χρήσιμο μόριο, όπως μια πρωτεΐνη, είναι γνωστή ως γονιδιακή έκφραση. Η γονιδιακή έκφραση είναι μια αυστηρά ελεγχόμενη διαδικασία που επιτρέπει στο κύτταρο να ανταποκριθεί στις αλλαγές του περιβάλλοντός του. Δρα ως ένας διακόπτης για τον έλεγχο του πότε δημιουργούνται οι πρωτεΐνες καθώς και του όγκου, για την αύξηση ή μείωση του ποσού των πρωτεϊνών που παράγονται. Η μεταγραφή και η μετάφραση είναι τα δύο πιο σημαντικά βήματα στη

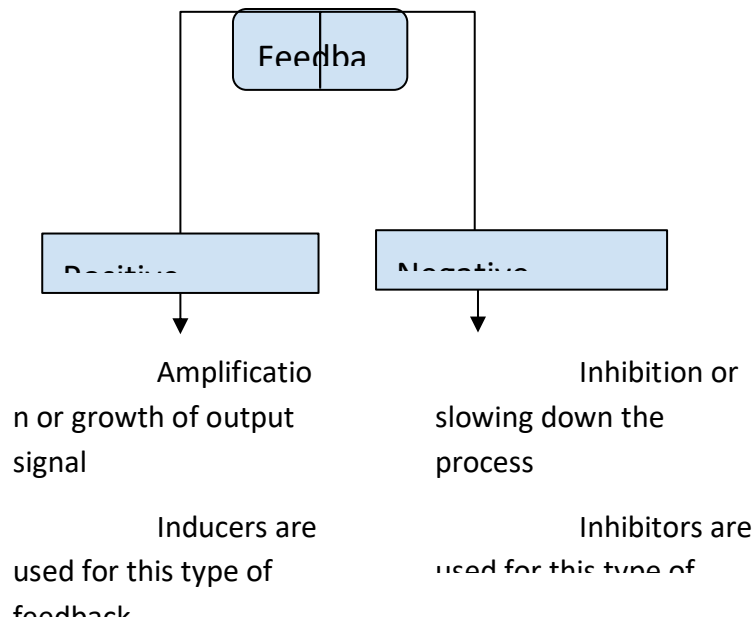
σύνθεση μιας πρωτεΐνης (η μεταγραφή είναι όταν το DNA μετατρέπεται σε RNA, και η μετάφραση είναι όταν το RNA μετατρέπεται σε πρωτεΐνη).

Τα συστατικά ενός τυπικού γενετικού κυκλώματος είναι ως εξής:

- 1) Υποκινητής-** Είναι μια αλληλουχία DNA που αρχίζει τη μεταγραφή του RNA από την επόμενη αλληλουχία DNA. Οι πρωτεΐνες ή το RNA μπορούν να συνδεθούν σε αυτόν και να ρυθμίσουν την έκφρασή του.
- 2) Θέση σύνδεσης ριβοσώματος (RBS)-** Μία αλληλουχία RNA που βρίσκεται στο mRNA όπου τα ριβοσώματα προσδένονται και ενεργοποιούν τη μετάφραση.
- 3) Γονίδιο ενδιαφέροντος-** Είναι ένα τμήμα DNA που κωδικοποιεί το επιθυμητό χαρακτηριστικό που ο πειραματιστής θέλει να εκφράσει.
- 4) Περιοχή λήξης-** Η περιοχή λήξης είναι μία αλληλουχία RNA που προκαλεί τον τερματισμό της μεταγραφής στο τέλος ενός γονιδίου.

Ανατροφοδότηση:

Οι κύκλοι θετικής και αρνητικής ανατροφοδότησης, που λειτουργούν ως διακόπτες, ταλαντωτές, και διεγειρόμενες συσκευές, είναι σημαντικά γενετικά στοιχεία στα δίκτυα γενετικής ρύθμισης. Τα γενετικά κυκλώματα θα λειτουργήσουν αναμφίβολα ως πιο ακριβείς ρυθμιστές στο μέλλον, ως συστατικό ποικίλων κύκλων ανατροφοδότησης.



Εικόνα 36

Κύκλοι θετικής και αρνητικής ανατροφοδότησης

Σύνοψη:-

- Τα συστατικά ενός τυπικού γενετικού κυκλώματος είναι:-
 - Υποκινητής - όπου η RNA πολυμεράση προσδένεται και αρχίζει τη μετάφραση
 - Θέση σύνδεσης ριβοσώματος - η περιοχή όπου συνδέεται το ριβόσωμα και ξεκινά τη μετάφραση (από το κωδικόνιο έναρξης)
 - Κωδικοποιητική αλληλουχία - η αλληλουχία του DNA που όντως εκφράζεται ως αμινοξέα σε πρωτεΐνη
 - Περιοχή λήξης - η αλληλουχία που κάνει την RNA πουμετάση να σταματήσει να μεταφράζει
- Η ανατροφοδότηση αναφέρεται στον κύκλο πίσω προς το σήμα ή το αποτέλεσμα της έκφρασης ενός γονιδίου που προκαλεί την ίδια του τη ρύθμιση. Η ανατροφοδότηση μπορεί να είναι θετική - όταν η γονιδιακή έκφραση επιβάλλει

περισσότερη έκφραση μέσω αποτελεσμάτων στο μονοπάτι, ή αρνητική - όταν μειώνεται μέσω αποτελεσμάτων στο μονοπάτι

Κεφάλαιο 7: BioBricks™ και Κασέτες Γονιδιακής Έκφρασης

Θυμάσαι από το πρώτο κεφάλαιο ότι σκοπός της συνθετικής βιολογίας είναι να δημιουργήσει ένα αποθετήριο από ‘βιολογικά μέρη’. Κάθε μέρος σε αυτό το αποθετήριο ονομάζεται ένα BioBrick™. Ένα BioBrick™ είναι μία συνθετική στοιχειώδης αλληλουχία DNA που κωδικοποιεί ένα RNA ή μια πρωτεΐνη και μπορεί εύκολα να συναρμολογηθεί για να παράγει περισσότερο πολύπλοκα βιολογικά συστήματα.

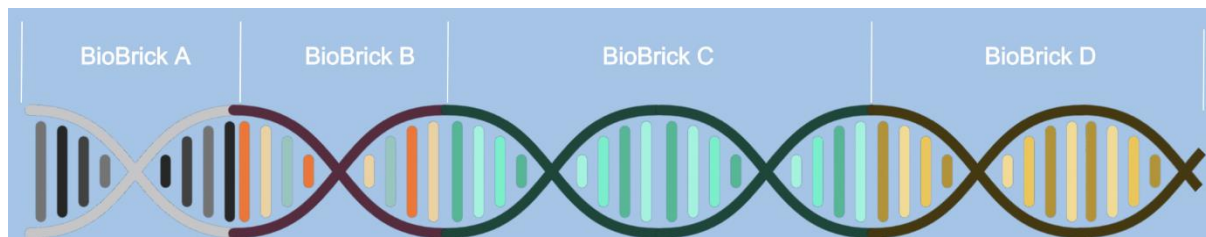
BioBricks™ και Αρθρωτές περιοχές DNA που μπορούν εύκολα να συναρμολογηθούν σαν Lego®

Για να κατανοήσεις καλύτερα τα BioBricks™, σκέψου τα σαν τουβλάκια Lego® . Κάθε τουβλάκι έχει προεξοχές συγκεκριμένου μεγέθους στην επιφάνειά του και αύλακες κάτω, επιτρέποντας δύο τουβλάκια να τοποθετηθούν μαζί με σχετική ευκολία. Παρομοίως, κάθε BioBrick™ κατασκευάζεται έτσι ώστε δύο συμβατά μέρη (με τις ίδιες προεξοχές και αύλακες) να μπορούν εύκολα να συναρμολογηθούν. Αυτή η συμβατότητα διέπεται από τα

πρότυπα συναρμολόγησης. Κάθε BioBrick™ μπορεί να προσαρμοστεί σε πολλαπλά πρότυπα συναρμολόγησης και δύο μέρη που προσαρμόζονται στα ίδια πρότυπα μπορούν εύκολα να συναρμολογηθούν.

Ποια είναι τα πλεονεκτήματα των BioBricks™;

Υπέθεσε ότι θέλεις να δημιουργήσεις ένα βακτήριο που παράγει τη μυρωδιά μήλων. Για να το πετύχεις αυτό, συναρμολογείς τα BioBricks A έως D όπως φαίνεται παρακάτω και το BioBrick C παράγει μια πρωτεΐνη που σου δίνει τη μυρωδιά μήλων.



Εικόνα 37

Γενική συναρμολόγηση BioBricks

Τώρα αν αποφασίσεις ότι δεν σου αρέσει αυτή η μυρωδιά και θέλεις τα βακτήρια να παράγουν τη μυρωδιά λεμονιών. Τότε αυτό που πρέπει απλά να κάνεις είναι να αντικαταστήσεις το BioBrick C με το BioBrick E που παράγει την πρωτεΐνη που σου δίνει τη μυρωδιά λεμονιού. Εδώ, είναι σημαντικό να τονίσουμε ότι για να δουλέψουν τα BioBricks C μέχρι E, τα BioBricks A,B και D είναι απαραίτητα.

Ας αναλύσουμε τη λειτουργία καθενός από τα πέντε BioBricks που συζητήσαμε:

1. BioBrick A: **Υποκινητής** - Επιστρατεύει τα μηχανήματα της μετάφρασης (θυμήσου από το κεφάλαιο 3 ότι η μεταγραφή είναι η διαδικασία σύνθεσης RNA από DNA)
2. BioBrick B: **Θέση σύνδεσης ριβοσώματος (RBS)** - Το σημείο πάνω στο συντιθέμενο mRNA όπου προσδένεται το ριβόσωμα

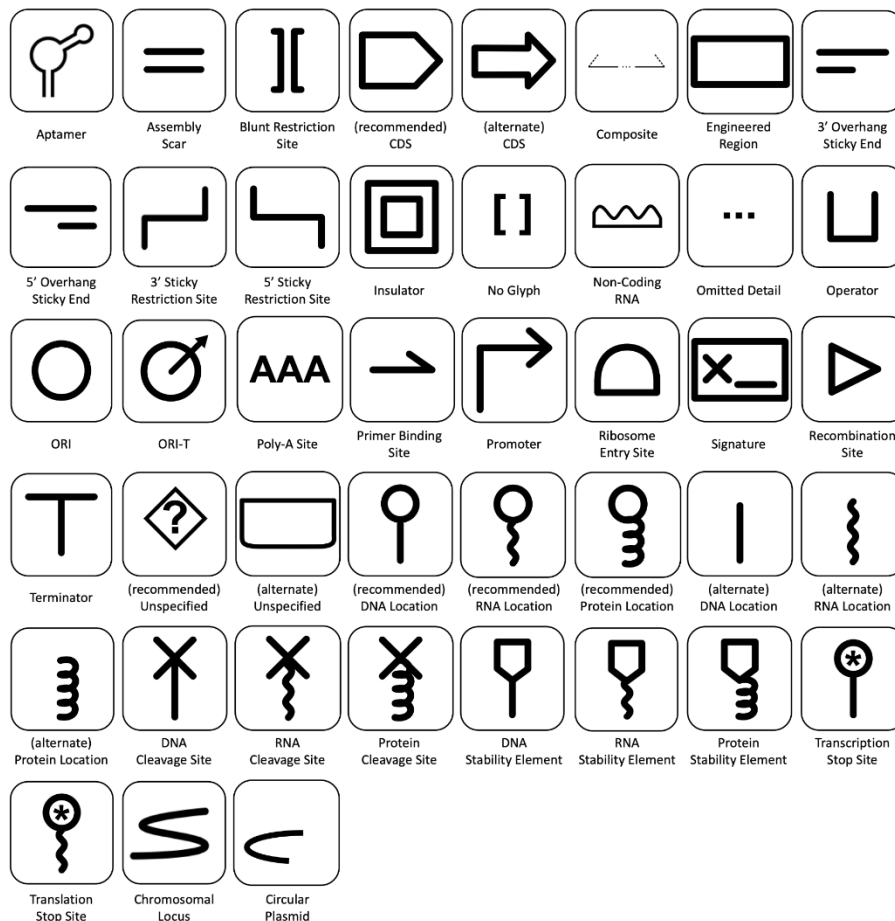
3. BioBrick C ή E: **Κωδικοποιητική αλληλουχία** - Κωδικοποιεί την αλληλουχία αμινοξέων της πρωτεΐνης

4. BioBrick D: **Αλληλουχία λήξης** - Σταματά την μεταγραφή

Η συναρμολόγηση των BioBricks A,B,C και D ή A, B, E και D λέγεται **κασέτα γενετικής έκφρασης**.

Δεν είναι πάντα πρακτικό να δείξουμε την κασέτα γενετικής έκφρασης ως τμήματα DNA. Γι' αυτό, οι συνθετικοί βιολόγοι έχουν συμφωνήσει σε συγκεκριμένα σύμβολα που δείχνουν τα διάφορα μέρη μιας κασέτας έκφρασης γονιδίων. Αυτά τα σύμβολα ορίζονται από την **Ανοιχτή Γλώσσα Συνθετικής Βιολογίας**. Η εικόνα παρακάτω δείχνει τα σύμβολα που χρησιμοποιούνται συχνά για διάφορα μέρη μιας κασέτας έκφρασης.

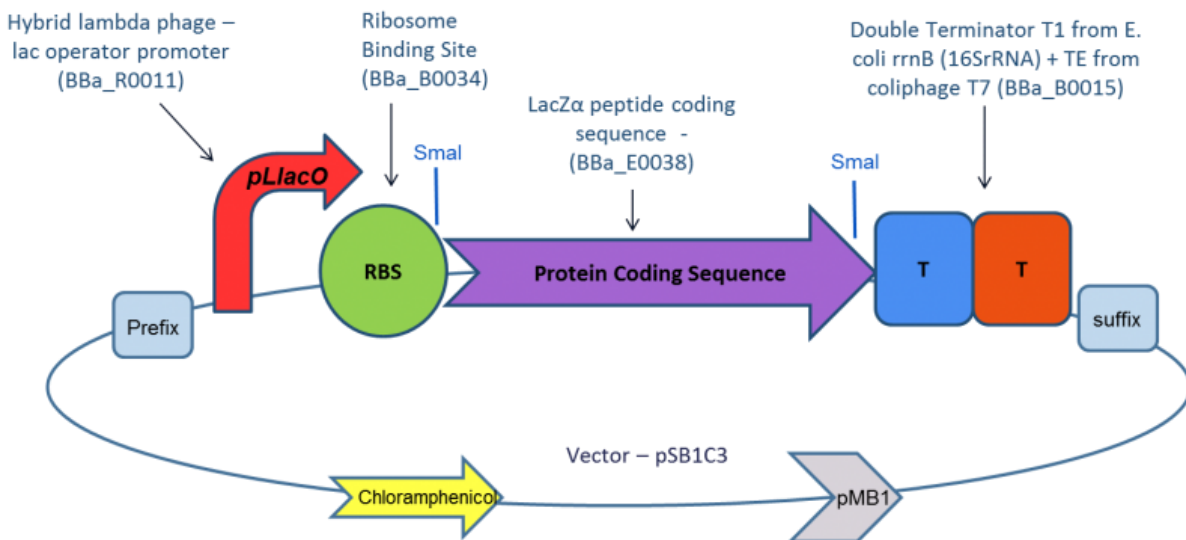
Sequence Feature Glyphs



Εικόνα 38

Συχνά χρησιμοποιούμενα σύμβολα σε μια κασέτα έκφρασης

Οπότε, η συναρμολόγηση των BioBricks που σου δείξαμε νωρίτερα τώρα θα έμοιαζε κάπως έτσι:



Εικόνα 39

Παράδειγμα κασέτας γονιδιακής έκφρασης

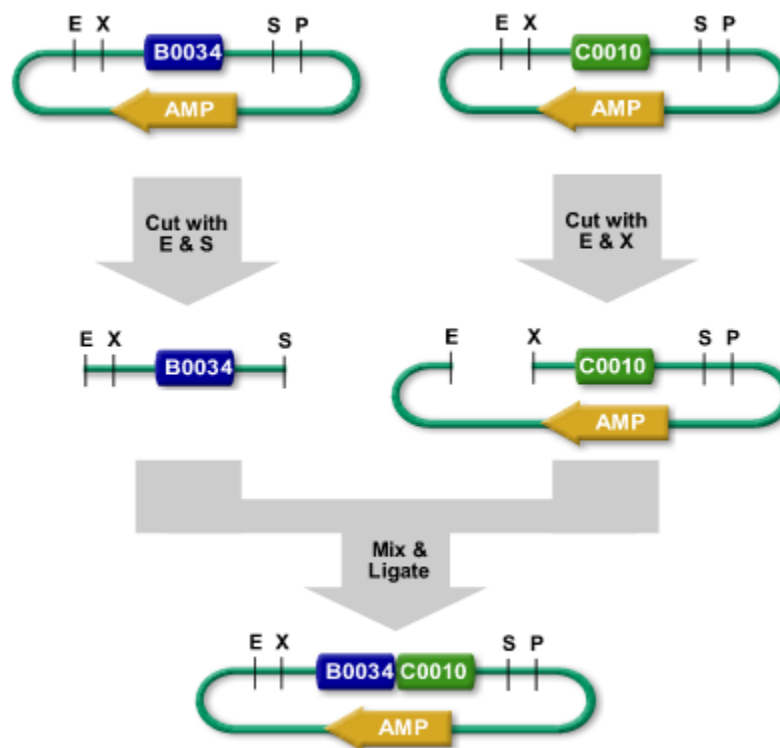
Επιπρόσθετα, η χρήση των BioBricks:

1. Επιταχύνει τη διαδικασία σχεδιασμού
2. Μειώνει τις πιθανότητες λάθους κατά τη συναρμολόγηση
3. Επιτρέπει τον διαμοιρασμό δεδομένων στην κοινότητα της συνθετικής βιολογίας

Το πρότυπο συναρμολόγησης RFC10

Το πιο συχνά χρησιμοποιούμενο πρότυπο συναρμολόγησης είναι το **Πρότυπο Συναρμολόγησης 10 (RFC10)** και αναπτύχθηκε από τον Tom Knight. Το πρότυπο RFC10 περιλαμβάνει τη χρήση περιοριστικών ενζύμων που συζητήθηκαν με λεπτομέρεια στο προηγούμενο κεφάλαιο. Κάθε μέρος BioBrick™ είναι μια αλληλουχία DNA που φέρεται

σε ένα πλασμίδιο που λειτουργεί ως σύστημα μεταφοράς για να μεταφέρει το μέρος. Κάθε αλληλουχία DNA αφορίζεται από καθορισμένες θέσεις περιορισμού ή θέσεις κοπής στα 5' και 3' άκρα και είναι γνωστά ως προθήματα και επιθήματα αντίστοιχα. Είναι σημαντικό να σημειώσουμε ότι τα προθήματα, επιθήματα και το πλασμίδιο δεν είναι ένα μέρος του BioBrick™ και χρειάζονται μόνο για την συναρμολόγηση πολλαπλών μερών. Για το πρότυπο RFC10, τα προθήματα είναι EcoRI (E) και XbaI (X) και τα επιθήματα είναι SpeI (S) and PstI (P). Για να διευκολυνθεί η διαδικασία της συναρμολόγησης, είναι σημαντικό να εξασφαλίσουμε ότι οποιαδήποτε από τις E, X, S and P θέσεις περιορισμού δεν είναι παρούσες στην αλληλουχία του BioBrick™.



Εικόνα 40

Το πρότυπο συναρμολόγησης

Οι θέσεις X και S είναι ισοκαυδομερή, δηλαδή το ένα τμήμα DNA κομμένο με το XbaI και το άλλο με το SpeI έχουν τα ίδια άκρα και μπορούν να συνδεθούν για να δώσουν ένα

τμήμα DNA. Αυτό οδηγεί στη διαμόρφωση ενός σημείου 6 ζευγών βάσεων που δεν μπορεί να κοπεί από κανένα άλλο περιοριστικό ένζυμο.

Υπέθεσε ότι έχεις ένα σύνθετο μέρος συμβατό με το RFC10 που περιέχει μια RBS, μία κωδικοποιητική αλληλουχία και μια αλληλουχία λήξης και θέλεις να συνδέσεις έναν υποκινητή σε αυτό για να δημιουργήσεις μία κασέτα γονιδιακής έκφρασης. Τότε θα έπεπτες το μέρος του υποκινητή με τις EcoRI και SpeI και το σύνθετο μέρος με τις EcoRI και XbaI. Οι θέσεις της EcoRI είναι συμπληρωματικές και μπορούν να συνδεθούν η μία με την άλλη. Οι θέσεις των XbaI και SpeI, όπως προαναφέρθηκε, είναι επίσης συμπληρωματικές και μπορούν να συνδεθούν μεταξύ τους. Άρα, αποτελεσματικά, θα είχες προσθέσει το μέρος του υποκινητή στο σύνθετο μέρος πριν την RBS δημιουργώντας μία λειτουργική κασέτα γονιδιακής έκφρασης.

Μέθοδος συναρμολόγησης 3A (3 αντιβιοτικά)

Αυτή η μέθοδος συναρμολόγησης περιλαμβάνει δύο μέρη και έναν τρίτο φορέα που λέγεται πλασμίδιο προορισμός. Το πλασμίδιο προορισμός περιέχει ένα τοξικό γονίδιο που μπορεί να σκοτώσει βακτήρια σε μετασχηματισμό και επίσης έχει ένα διαφορετικό γονίδιο ανθεκτικότητας.

Για παράδειγμα, αν τα μέρη BioBrickTM περιέχουν γονίδια ανθεκτικότητας στην αμπικιλίνη και την τετρακυκλίνη τότε ο φορέας προορισμός μπορεί να περιέχει οποιοδήποτε άλλο γονίδιο ανθεκτικότητας σε αντιβιοτικό (π.χ. ανθεκτικότητα στην καναμυκίνη). Και τα τρία πλασμίδια πέπτονται με τον κατάλληλο συνδυασμό περιοριστικών ενζύμων και αφήνονται να συνδεθούν. Μόνο τα σωστά συναρμολογημένα

μέρη θα παράγουν ένα βιώσιμο σύνθετο μέρος που περιέχεται στο πλασμίδιο προορισμού επιτρέποντας την εύκολη επιλογή των μετασχηματισμένων βακτηρίων.

Συνοψη:-

- Ένα BioBrick™ είναι μία στοιχειώδης συνθετική αλληλουχία DNA που κωδικοποιεί RNA ή πρωτεΐνη και μπορεί εύκολα να συναρμολογηθεί για να παράγει πιο περίπλοκα βιολογικά συστήματα.
- Μέθοδοι συναρμολόγησης:-
 - Το πιο κοινά χρησιμοποιούμενο πρότυπο συναρμολόγησης είναι το **Πρότυπο Συναρμολόγησης 10 (RFC10)**. Κάθε αλληλουχία DNA αφορίζεται από ορισμένες θέσεις περιορισμού ή θέσεις κοπής στα 5' και 3' άκρα και είναι γνωστές ως προθήματα και επιθήματα αντίστοιχα. Είναι σημαντικό να σημειώσουμε ότι τα προθήματα, επιθήματα και το πλασμίδιο δεν είναι μέρος του BioBrick™ και είναι απαραίτητα μόνο για τη σύνθεση πολλαπλών μερών.

Τα προθήματα και επιθήματα πρέπει να είναι συμβατά με τα διάφορα μέρη για να συνδεθούν προς μια επιτυχή συναρμολόγηση.
 - **Μέθοδος Συναρμολόγησης 3A (3 Αντιβιοτικά):** Αυτή η μέθοδος συναρμολόγησης περιλαμβάνει δύο μέρη και τον τρίτο φορέα του πλασμιδίου προορισμού. Το πλασμίδιο προορισμού περιέχει ένα τοξικό γονίδιο που σκοτώνει γονίδια σε μετασχηματισμό και έχει ένα διαφορετικό γονίδιο ανθεκτικότητας σε αντιβιοτικά.

Και πάλι εδώ, τα προθήματα και τα επιθήματα διαφορετικών τμημάτων πρέπει να είναι συμβατά και το πλασμίδιο προορισμού θα ευθυγραμμιστεί με επιτυχή σύνδεση που θα βοηθήσει στην επιβίωση των μετασχηματισμένων γονιδίων κατά την ανίχνευση.

References:

1. [BioBrick](#)
2. [3A Assembly](#)

Κεφάλαιο 8: Μαθηματική μοντελοποίηση:-

Η συνθετική βιολογία είναι ο κλάδος της μηχανικής που χτίζει τη μηχανιστική κατανόηση της μοριακής βιολογίας για τον προγραμματισμό των μικροβίων για να διεξάγουν νέες λειτουργίες. Αυτή η προβλέψιμη χειραγώγηση ενός κυττάρου χρειάζεται μοντελοποίηση και πειραματικές τεχνικές για να δουλέψουν μαζί. Το κομμάτι της μοντελοποίησης της συνθετικής βιολογίας επιτρέπει σε καθέναν να σχεδιάζει βιολογικά κυκλώματα και να αναλύει την προβλεπόμενη συμπεριφορά.

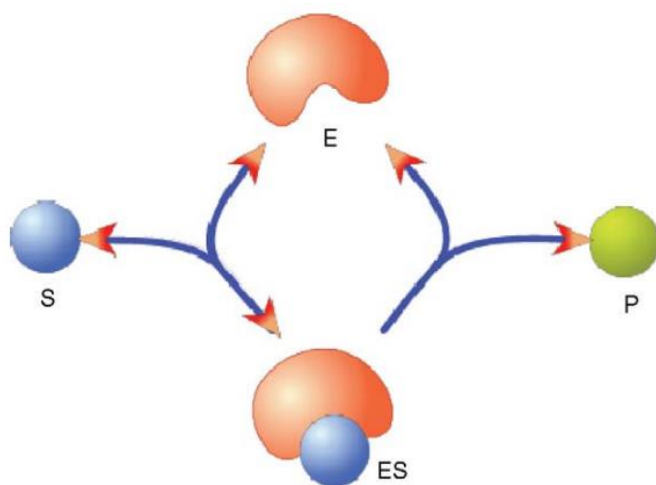
Η μοντελοποίηση μπορεί να παρέχει μία μηχανιστική κατανόηση ενός συστήματος. Τα μοντέλα μπορούν να προβλέψουν τη συμπεριφορά ενός συστήματος σωστά, επιτρέποντας στους μηχανικούς να προγραμματίζουν νέα κυτταρική συμπεριφορά χωρίς να πρέπει να διεξαχθούν πολλά πειράματα δοκιμής και σφάλματος.

Όταν χτίζουμε μοντέλα μεταβολικών δικτύων, σηματοδοτικών μονοπατιών, ή δικτύων γενετικής ρύθμισης, μία από τις πιο συχνές υποθέσεις είναι ότι τα μοριακά είδη είναι ομοιόμορφα κατανεμημένα μέσα στο κύτταρο. Αυτή η υπόθεση επιτρέπει σε καθέναν να εξαλείψει τους ρυθμούς διάχυσης από το μοντέλο συνολικά επειδή δεν υπάρχουν κλίσεις

συγκέντρωσης. Πρέπει να αναφερθεί ωστόσο ότι αυτή η υπόθεση μπορεί να γίνει άκυρη σε κάποιες περιπτώσεις. Τα μοντέλα που περιλαμβάνουν ενζυματική κινητική ή μεταγραφική ρύθμιση συχνά κάνουν επιπλέον υποθέσεις για το ότι κάποιες χημικές αντιδράσεις είναι σε ισορροπία. Αυτές οι υποθέσεις Μπορούν περαιτέρω να απλοποιήσουν το μοντέλο χωρίς να επηρεάσουν σημαντικά την ικανότητά του να αναπαράγει την παρατηρούμενη συμπεριφορά. Όταν τα μοντέλα αποτυγχάνουν να αναπαράγουν τις παρατηρούμενες συμπεριφορές, κάποιες από τις υποθέσεις πρέπει να τις ξαναδούμε.

Απλό παράδειγμα:

Ένα κλασσικό παράδειγμα ενός μοντέλου χημικών αντιδράσεων είναι μία αντίδραση καταλυόμενη από ένζυμο:



Εικόνα 41

Ας υποθέσουμε ότι το σύστημα ενδιαφέροντος έχει τέσσερα είδη: το υπόστρωμα (S), το ένζυμο (E), το προϊόν (P) και το σύμπλεγμα ενζύμου-υποστρώματος (ES). Υπάρχουν τρεις αντιδράσεις σε αυτό το σύστημα:

Αντίδραση	Ρυθμός αντίδρασης ή ταχύτητα
-----------	------------------------------

	αντίδρασης
$E + S \rightarrow ES$	$k_1 * [E] * [S]$
$ES \rightarrow E + S$	$k_2 * [ES]$
$ES \rightarrow E + P$	$k_3 * [ES]$

Εδώ, το [E], το [S] και το [ES] είναι οι συγκεντρώσεις των αντίστοιχων ειδών, και τα k_1 , k_2 και k_3 είναι οι σταθερές ρυθμού των αντίστοιχων αντιδράσεων.

Το καθοριστικό μοντέλο χημικών αντιδράσεων :-

Τα καθοριστικά μαθηματικά μοντέλα δεν περιλαμβάνουν τυχαίες διακυμάνσεις. Τα μοντέλα διαφορικών εξισώσεων είναι ένας από τους πιο συνηθισμένους τύπους καθοριστικών μοντέλων.

- Μοντέλο διαφορικής εξίσωσης:-

Μόλις οι εξισώσεις ρυθμού έχουν καθοριστεί για καθεμιά από τις αντιδράσεις, τότε ένα καθοριστικό μοντέλο μπορεί να δημιουργηθεί με τον καθορισμό του ρυθμού αλλαγής κάθε είδους με τον εξής τρόπο:-

$$dx/dt = \text{ρυθμός παραγωγής} - \text{ρυθμός κατανάλωσης}$$

Στον παραπάνω τύπο, το x αναπαριστά ένα συγκεκριμένο είδος στο σύστημα. Ο όρος 'ρυθμός κατανάλωσης' είναι το άθροισμα των ρυθμών για όλες τις αντιδράσεις όπου το x αποσυντίθεται ή καταναλώνεται ως υπόστρωμα.

Για παράδειγμα, η διαφορική εξίσωση για το είδος S θα ήταν ως εξής:-

$$dS/dt = (k_2 * [ES]) - (k_1 * [E] * [S])$$

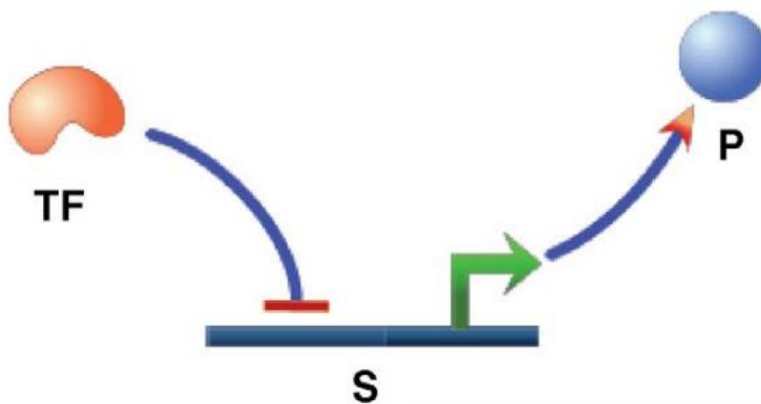
Όπου:

$(k_2*[ES])$ είναι ο ρυθμός παραγωγής του S από την αντίδραση $ES \rightarrow E + S$ και $(k_1*[E]*[S])$ είναι ο ρυθμός κατανάλωσης του S από την αντίδραση $E + S \rightarrow ES$

Ολόκληρο το μοντέλο διαφορικής εξίσωσης θα αποτελούνταν από τέσσερις τέτοιες διαφορικές εξισώσεις, μία για καθένα από τα τέσσερα είδη.

Μοντελοποίηση δικτύου γενετικής ρύθμισης (GRN):

Τα GRN μοντέλα χρησιμοποιούν το γεγονός ότι η σύνδεση και αποσύνδεση των μεταγραφικών παραγόντων είναι πολύ πιο γρήγορη από τη μεταγραφή και τη μετάφραση των γονιδίων. Από αυτή τη διαφορά στην ταχύτητα, θα μπορούσε κανείς να υποθέσει ότι οι αντιδράσεις σύνδεσης και αποσύνδεσης των μεταγραφικών παραγόντων βρίσκονται συνεχώς σε ισορροπία. Έτσι, ο ρυθμός παραγωγής πρωτεϊνών γίνεται λειτουργία της ισορροπίας συγκεντρώσεων των προσδεμένων και μη προσδεμένων μεταγραφικών παραγόντων.



Για παράδειγμα: σκέψου μια κατάσταση όπου ένας μεταγραφικός παράγοντας ρυθμίζει ένα μοναδικό γονίδιο.

Εικόνα 42

Ο παρακάτω τύπος επισημαίνει το κλάσμα των μεταγραφικών παραγόντων που έχουν συνδεθεί:-

$u = TF/(K_d + TF)$, όπου TF είναι ο μονομετρικός μεταγραφικός παράγοντας, και K_d είναι η σταθερά απομάκρυνσης.

Αν ο TF είναι ένας ενεργοποιητής που αυξάνει την παραγωγή της πρωτεΐνης, P, τότε ο ρυθμός παραγωγής της P είναι ανάλογος προς το u. Αν ο TF είναι καταστολέας, τότε ο ρυθμός θα είναι ανάλογος στο $(1 - u)$. Ότα υπάρχει συνεργασία ή πολυμερισμός του μεταγραφικού παράγοντα, μία επιπλέον παράμετρος που ονομάζεται συντελεστής Hill, h, συμπεριλαμβάνεται στην εξίσωση: $u = TF^h/(K_d + TF^h)$, όπου:-

- $h > 1$, **Θετικά συνεργατική σύνδεση**: Μόλις ένα μόριο-προσδέτης συνδεθεί στο ένζυμο, η προτίμησή του για άλλο συνδετικό μόριο αυξάνεται. Για παράδειγμα, ο συντελεστής Hill για τη σύνδεση του οξυγόνου στην αιμοσφαιρίνη (ένα παράδειγμα θετικής συνεργατικότητας) βρίσκεται στο εύρος του 1,7-3,2.
- $h < 1$, **Αρνητικά συνεργατική σύνδεση**: Μόλις ένα συνδετικό μόριο προσδεθεί στο ένζυμο, η προτίμησή του για άλλα συνδετικά μόρια μειώνεται.
- $h = 1$, **Μη-συνεργατική (πλήρως ανεξάρτητη) σύνδεση**: Η προτίμηση του ενζύμου για ένα συνδετικό μόριο δεν είναι εξαρτημένη από το εάν άλλα συνδετικά μόρια είναι ήδη συνδεδεμένα.

Χρησιμοποιώντας αυτόν τον τύπο, μπορούμε να μοντελοποιήσουμε τις δυναμικές ενός δικτύου ρύθμισης γονιδίων με την τυποποίηση του ρυθμού παραγωγής και του ρυθμού αποσύνθεσης ή διάλυσης της κάθε πρωτεΐνης στο δίκτυο. Μία τυπική εξίσωση του ρυθμού μεταβολής μιας πρωτεΐνης, P, είναι η εξής:-

$dp/dt = (k_1(TF^h / (K_d + TF^h)) - (\Delta p * P))$, όπου TF είναι ο μεταγραφικός παράγοντας που ρυθμίζει θετικά την παραγωγή της πρωτεΐνης P, k_1 είναι ο ρυθμός έκφρασης της πρωτεΐνης (μεταγραφή και μετάφραση) και Δp είναι ο

ρυθμός αποσύνθεσης της P. Η εξίσωση γίνεται περισσότερο περίπλοκη όταν πολλοί μεταγραφικοί παράγοντες εμπλέκονται στη ρύθμιση του ίδιου γονιδίου.

Σύνοψη:

Ένα μοντέλο είναι μια μαθηματική αναπαράσταση που επιτρέπει την πρόβλεψη της δυναμικής ενός συστήματος (δηλαδή πώς είδη συγκεντρώσεων αλλάζουν ανά κάποιο χρονικό διάστημα) κάτω από ακριβείς υποθέσεις και αφού καθοριστούν οι αρχικές συνθήκες του συστήματος. Το συστατικό συνθετικής βιολογίας στη μοντελοποίηση επιτρέπει σε κάποιον να σχεδιάζει βιολογικά κυκλώματα και να αναλύσει την προβλεπόμενη συμπεριφορά του.

Μοντέλο διαφορικής εξίσωσης: ένα μοντέλο διαφορικής εξίσωσης βασίζεται στην εξίσωση που συσχετίζει μία ή περισσότερες λειτουργίες και των παραγώγων τους.

Μοντέλο δικτύου γονιδιακής ρύθμισης: Είναι ένα μοντέλο γενετικών κυκλωμάτων που αποτελεί μία συλλογή από μοριακούς ρυθμιστές που αλληλεπιδρούν μεταξύ τους και με άλλες ουσίες στο κύτταρο για να καθορίσουν τα επίπεδα γονιδιακής έκφρασης του mRNA αι των πρωτεϊνών.

Αναφορές:

Introduction in Synthetic Biology (springer) by Mario Andrea Marchisio

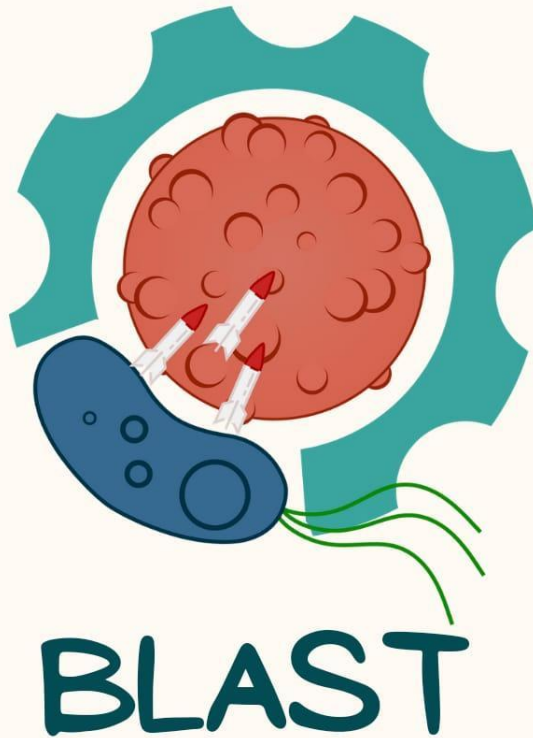
[Mathematical modelling and synthetic biology](#)

Κεφάλαιο 9: iGEM και iGEM Bhopal 2021

Ο Παγκόσμιος Διαγωνισμός Γενετικής Τροποποιημένης Μηχανής (iGEM) είναι ένας παγκόσμιος διαγωνισμός αφιερωμένος στην πρόοδο της συνθετικής βιολογίας, την εκπαίδευση και την ανάπτυξη μιας ανοιχτής κοινότητας και συνεργασίας. Δίνει σε μαθητές (λυκείου, προπτυχιακού και μεταπτυχιακού) μία ευκαιρία να ωθήσουν τα σύνορα της συνθετικής βιολογίας με την αντιμετώπιση καθημερινών προβλημάτων του κόσμου, με διεπιστημονικές ομάδες που δουλεύουν στον σχεδιασμό, την κατασκευή, το έλεγχο και τη μέτρηση ενός συστήματος χρησιμοποιώντας εναλλάξιμα βιολογικά μέρη.

Τα προγράμματα iGEM μπορεί να εκτείνονται σε μία μεγάλη ποικιλία εφαρμογών όπως θεραπευτικές, διαγνωστικές, περιβαλλοντικές, διατροφικές, ενεργειακές και βιομηχανικές, για να ονομάσουμε μερικές από αυτές. Περισσότερες από 350 ομάδες από περισσότερες από 40 χώρες συμμετέχουν στον iGEM κάθε χρόνο και συνεισφέρουν στην πρόοδο της συνθετικής βιολογίας και ευαισθητοποιούν τον γενικό πληθυσμό για τη συνθετική βιολογία.

iGEM IISER BHOPAL - 2021

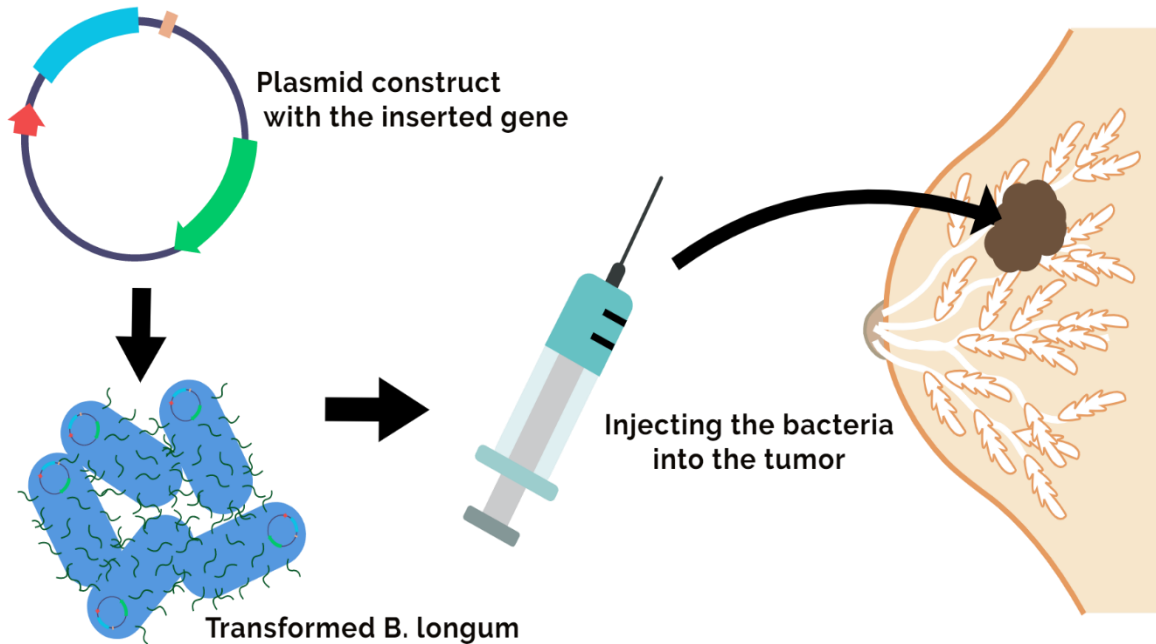


B. Longum induced Apoptosis using Smac and Trail

Εικόνα 43

Το όνομα και το logo της iGEM Bhopal

Φέτος, η ομάδα iGEM Bhopal εργάζεται πάνω σε ένα πρότζεκτ που στοχεύει στη μείωση του ποσού του καρκίνου με τη σημαντική μείωση του μεγέθους του όγκου, χρησιμοποιώντας μία αποτελεσματική αντικαρκινική θεραπεία που θα οδηγήσει σε απόπτωση των καρκινικών κυττάρων, χωρίς βλάβη στα φυσιολογικά κύτταρα. Η λύση αυτή περιλαμβάνει το βακτήριο *Bifidobacterium longum*, ένα υποχρεωτικά αναερόβιο που έχει αποδειχθεί να εντοπίζεται σε υποξικές περιοχές όγκων *in vivo*, και να εκλύει ειδικά των όγκων πεπτίδια που προκαλούν απόπτωση στο μικροπεριβάλλον του όγκου.



Εικόνα 44

Μία απλοποιημένη μορφή της λύσης εάν αυτή πραγματοποιούνταν στον καρκίνο του μαστού

Σκοπεύουμε να μετασχηματίσουμε τον φορέα μας με μία συγχώνευση του γονιδίου TRAIL-Smac, του ανθρώπινου γονιδίου TRAIL (οδηγεί σε απόπτωση μέσω εξωτερικού μονοπατιού), και το γονίδιο Smac/DIABLO που διαπερνά το κύτταρο (οδηγεί σε απόπτωση μέσω εσωτερικού μονοπατιού). Θα σχεδιάσουμε μία πύλη AND για τον υποκινητή του TRAIL και πεπτίδιο συγχώνευσης Smac/DIABLO ώστε η έκκριση να πραγματοποιείται μόνο στα νεοπλασματικά κύτταρα όπου υπάρχει υψηλή συγκέντρωση γαλακτικού και υποξία. Επιπλέον, για να προλάβουμε την περιβαλλοντική απελευθέρωση των τροποποιημένων βακτηρίων και να διασφαλίσουμε την ασφάλεια του ασθενούς, θα συμπεριλάβουμε έναν διακόπτη Holin-Antiholin ενεργοποιούμενο από το γαλακτικό για να διασφαλίσουμε ότι τα βακτήρια θα επιβιώσουν μόνο σε ένα περιβάλλον όπου η συγκέντρωση του γαλακτικού είναι μεγαλύτερα από ένα όριο. Αυτό θα σκοτώσει τα

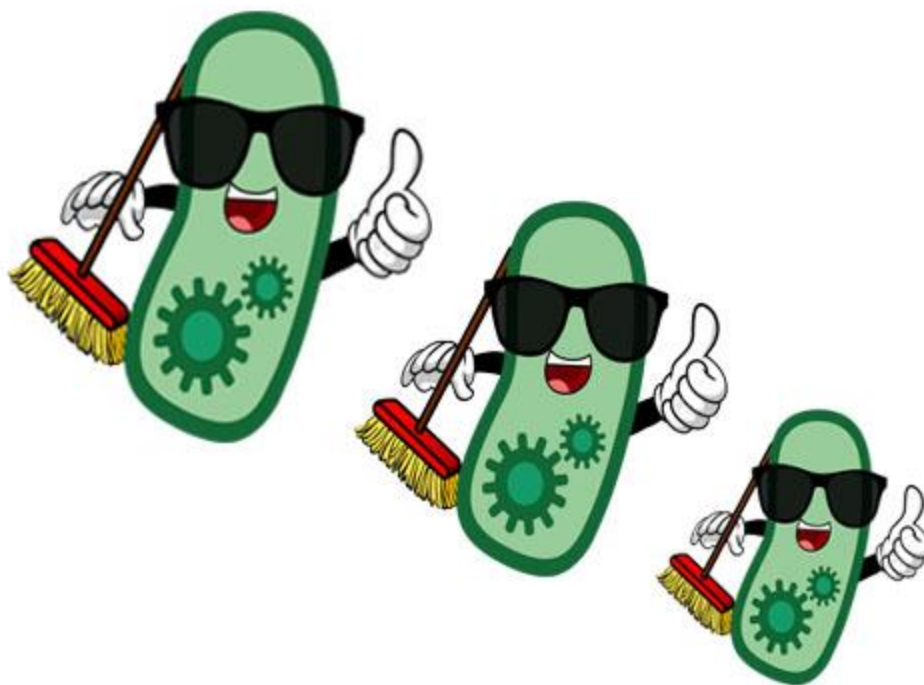
βακτήρια που εντοπίζονται κοντά σε υγιείς ιστούς όπου τα υψηλά επίπεδα γαλακτικού δεν υπάρχουν, προλαμβάνονται τη βλάβη σε φυσιολογικά κύτταρα.

Κεφάλαιο 10: Εφαρμογές της Συνθετικής Βιολογίας

Τώρα που έριξες μια ματιά στο τι είναι ο iGEM και πάνω σε τι δουλεύουμε φέτος, ήρθε η ώρα να δούμε μερικά άλλα παραδείγματα από πρότζεκτ ομάδων iGEM που έχουν δουλέψει για να λύσουν τοπικά προβλήματα με ανυπολόγιστες επιπτώσεις

Μία μοναδική λύση για το ευρύ πρόβλημα των λεκέδων από paan/catechu

Από τους σταθμούς τρένων μέχρι τους τοίχους ή τους δρόμους και γωνιές, ο πανταχού παρών λεκές έχει στοιχειώσει τις περισσότερες χώρες της Νότιας Ασίας, συμπεριλαμβανόμενης και της Ινδίας και το πρόβλημα φαίνεται να έχει ξεφύγει εκτός ελέγχου. Η ομάδα iGEM από το Κολλέγιο Ramnarain Ruia στη Mumbai το 2018 επινόησε μία εκπληκτική λύση για την αντιμετώπιση αυτού του προβλήματος. Σχεδίασαν το **Catechewing coli**, ένα κατασκευασμένο βακτηριακό σύστημα που αποσυνθέτει τους επίμονους κόκκινους λεκέδες επαναφέροντας τα παραμορφωμένα μέρη πίσω στην παρθένα μορφή τους.



Εικόνα 45

Catechewing Coli

Το ειδικό καφεκόκκινο χρώμα των λεκέδων raan προέρχεται από το catechu και το slaked lime - το πρώτο δίνει το κόκκινο χρώμα και το δεύτερο το ενισχύει. Το γενετικώς τροποποιημένο E.coli παράγει ένα συνονθύλευμα ενζύμων που έχουν εκκριθεί στο περιβάλλον. Αυτά τα ένζυμα δουλεύουν για να αποσυνθέσουν τα χρωματισμένα συστατικά του λεκέ raan σε λίγες ώρες μετά την εφαρμογή. Για να αυξηθεί η προτίμηση του ενζύμου προς τον λεκέ που περιέχει ασβέστιο λόγω του slaked lime, πρόσθεσαν επίσης στο ένζυμο μία περιοχή που προσδένει ασβέστιο.

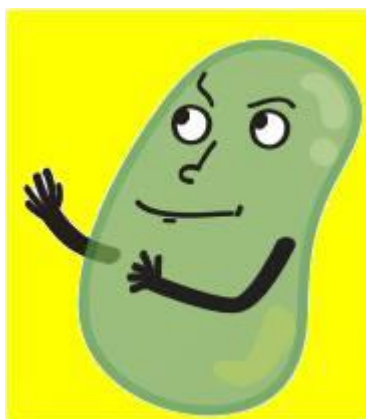
Έχουμε μάθει σε προηγούμενα κεφάλαια ότι η απελευθέρωση γενετικώς τροποποιημένων βακτηρίων μπορεί να προκαλέσει κακό στο περιβάλλον. Έχουν συμπεριλάβει έναν **διακόπτη θανάτου** που ενεργοποιείται από τα προϊόντα αποσύνθεσης του λεκέ raan για να αντιρροπήσουν το πρόβλημα. Οπότε όταν τα βακτήρια τελειώνουν τη δουλειά τους, αντί! Αυτό κάνει το πρότζεκτ τους φιλικό προς το περιβάλλον, εξοικονομεί χρόνο, δεν

χρειάζεται κόπο και έχει σύστημα εφαρμογής σε ευρεία περιοχή χωρίς την εμπλοκή μεγάλων ποσοτήτων νερού και διαβρωτικών χημικών.

Μία αξιοσημείωτη προσπάθεια για τη λύση του σοβαρού προβλήματος της Διαταραχής Κατάρρευσης των Αποικιών των μελισσών

Σαν να έχει βγει από επεισόδιο του Black Mirror, η Διαταραχή Κατάρρευσης των Αποικιών απειλεί να εξαλείψει ολόκληρους πληθυσμούς μελισσών, που θα σήμαινε την αναπόφευκτη κατάρρευση ολόκληρων τοπικών οικοσυστημάτων. Μία από τις αιτίες της ΔΚΑ είναι η μόλυνση από σπόρους του *Nosema ceranae*, γνωστό και ως μύκητας μικροσποριδίου, που είναι ένα μονοκύτταρο παράσιτο. Η μόλυνση επεκτείνεται με την ανταλλαγή ουσιών μέσω στομάτων ή το τάισμα των προνυμφών.

Η ομάδα iGEM του Εθνικού Πανεπιστημίου του Yang Ming (NYMU), από την Ταϊπέι το 2013 σκέφτηκε μία καινοτόμα προσέγγιση για να βοηθήσει την εξάλειψη του προβλήματος. Τροποποίησαν γενετικά τα βακτήρια *E.coli* στα **Bee coli!**



Εικόνα 46

Bee Coli

Η ομάδα στόχευσε να περιλάβει σε κάψα το Bee Coli, να το περιλάβει σε ένα διάλυμα ζάχαρης και μετά να το ταΐσει σε μέλισσες. Το Bee coli θα πολλαπλασιαζόταν στο μεσόκολο των μελισσών για να αναπτύξει την ανοσία κατά του *Nosema ceranae*. Η κάψουλα διαλύεται αποκλειστικά στο κόλον της μέλισσας και δεν επεκτείνεται άσκοπα σε άλλα σωματικά μέρη. Τα πολικά νήματα της *Nosema*, που είναι σαν βελονοειδείς προσεκβολές, είναι κλειδί για τη μόλυνση των μελισσών. Το Bee coli εμποδίζει την παραγωγή των πολικών νημάτων και συνεπώς περιορίζει την επέκταση της μόλυνσης, σώζοντας τελικά τις μέλισσες!

Επιπρόσθετα, αν η τροποποιημένη μέλισσα σκοτωθεί ή πεφθεί από κάποιον άλλο οργανισμό, η ομάδα συμπεριέλαβε έναν διακόπτη θανάτου ενεργοποιούμενο από το μπλε φως, που θα έλυνε το Bee coli και θα προλάμβανε οποιαδήποτε επιμόλυνση του φυσικού περιβάλλοντος.

Αναφορές:

1. [iGEM Team: Ruia-Mumbai - 2018](#)
2. [iGEM Team: NYMU-Taipei - 2013](#)