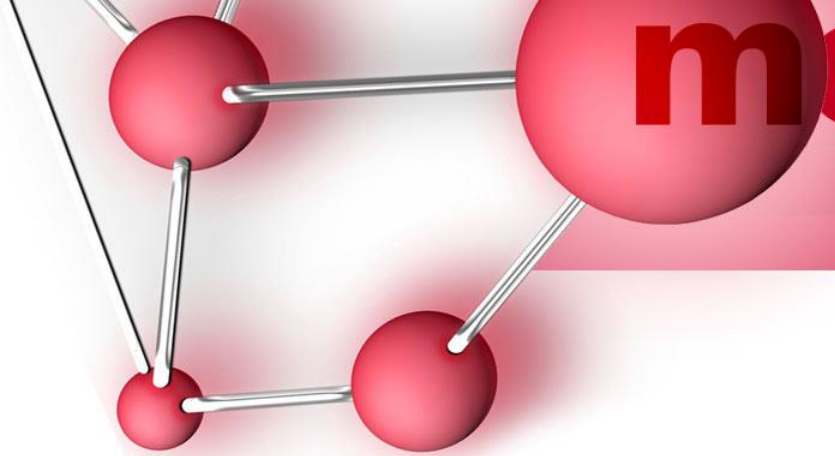
بسم الله الرحمن الرحیم

بیوشیمی ۲

دکتر رضا جمشیدی

عضو هییت علمی دانشگاه سمنان

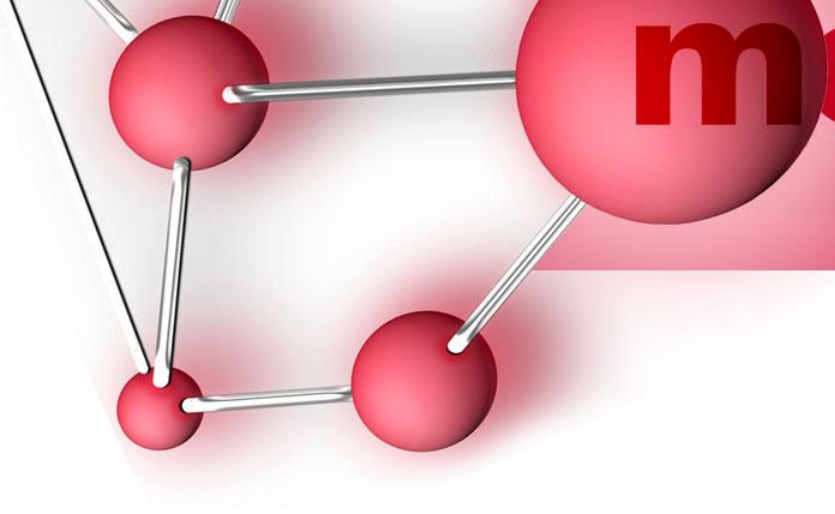
fppt.com



هدف آموزشی کلی

آشنایی با دانش بیوشیمی ،عناصر و ترکیبات اصلی سازنده ماده زنده و برخی پدیده های شیمیایی مهم درگیر در واکنش های زیستی.

fppt.com



فصل ششم

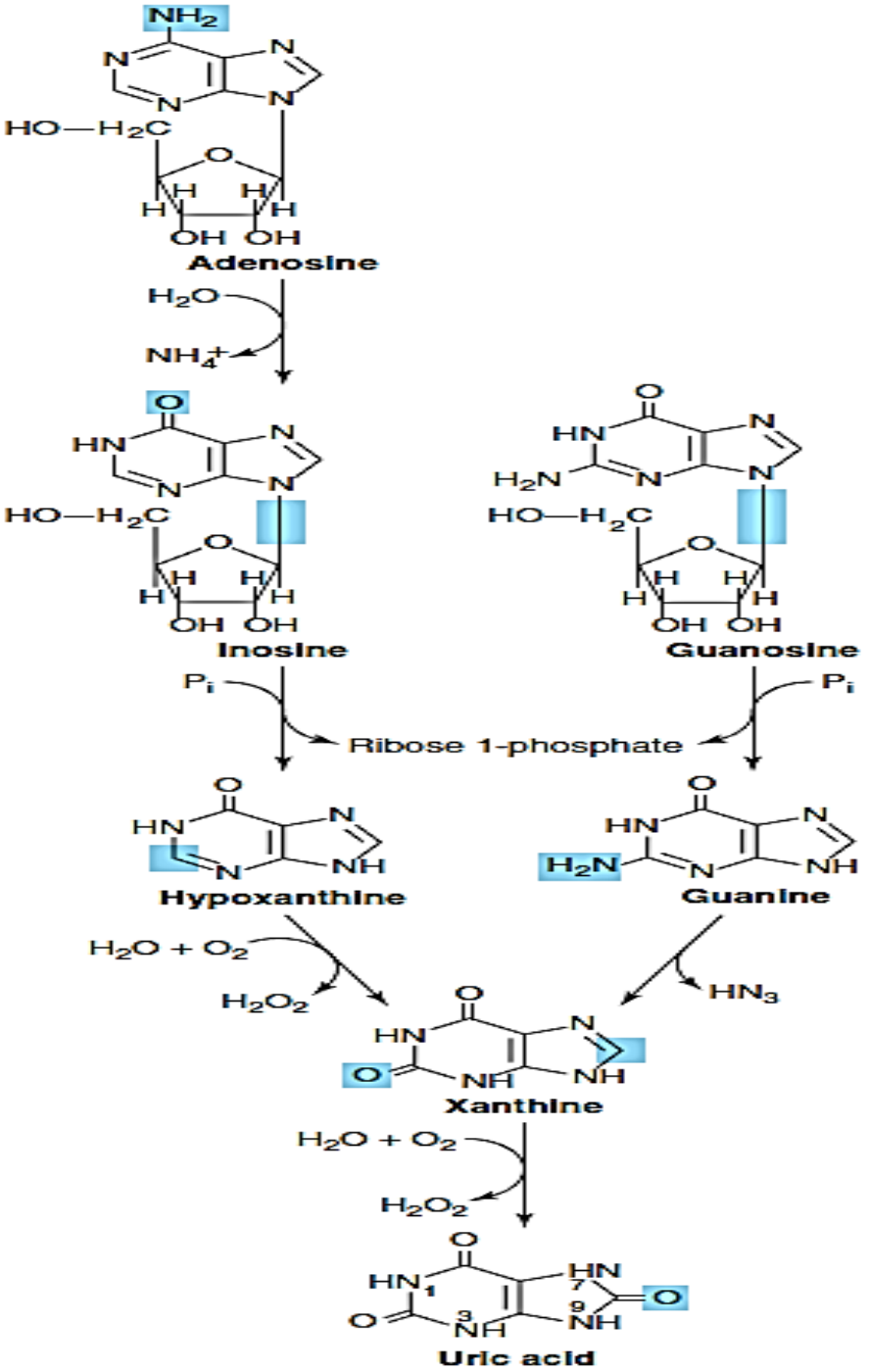
- ✓ متابولیسم نوکلئوتیدها
- ✓ اسیدهای نوکلئیک ،
- ✓ متابولیسم اسیدهای نوکلئیک (DNA,RNA)
- ✓ آنابولیسم پروتئین ها
- ✓ تنظیم بیان ژن

fppt.com

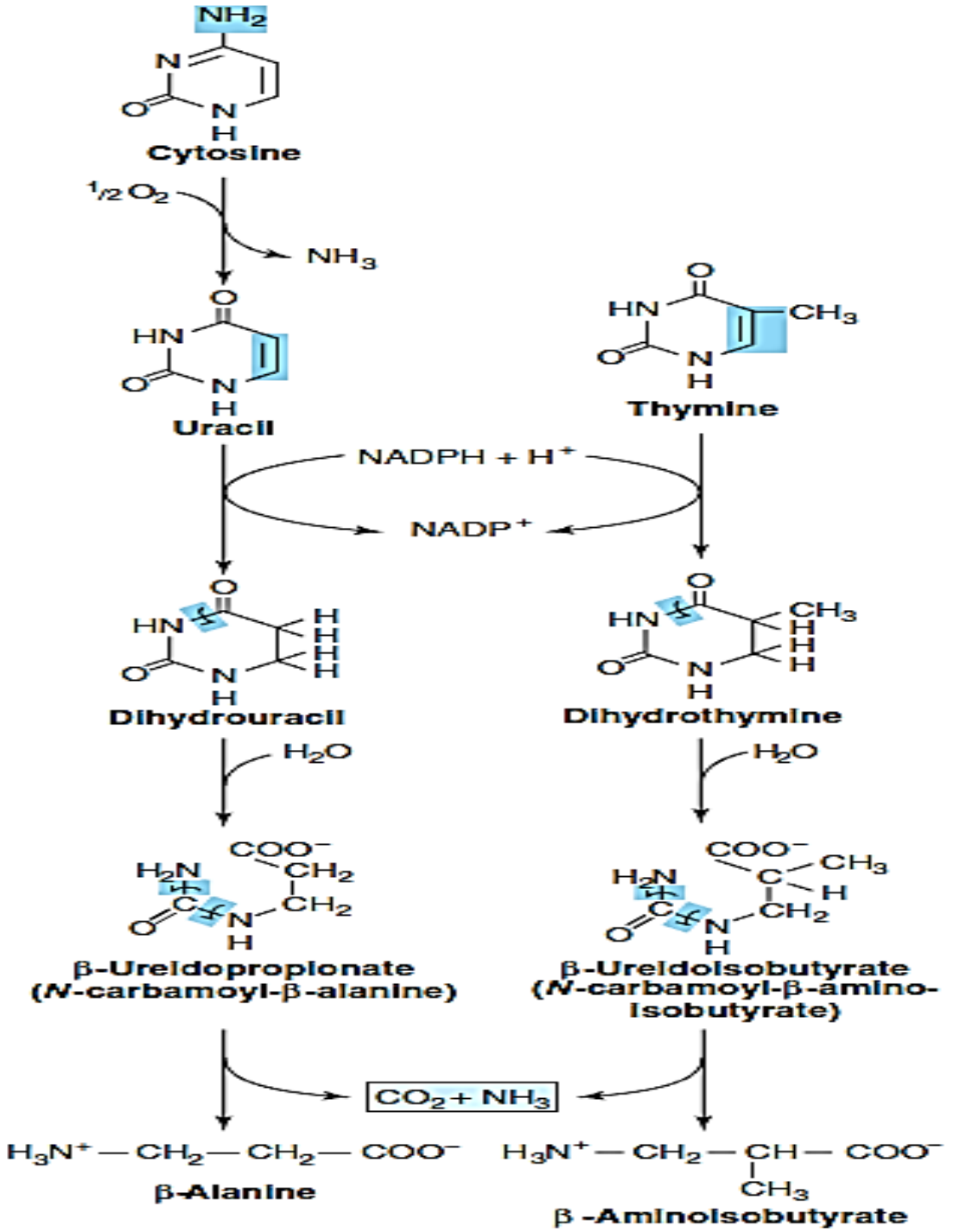
کاتابولیسم پورین ها

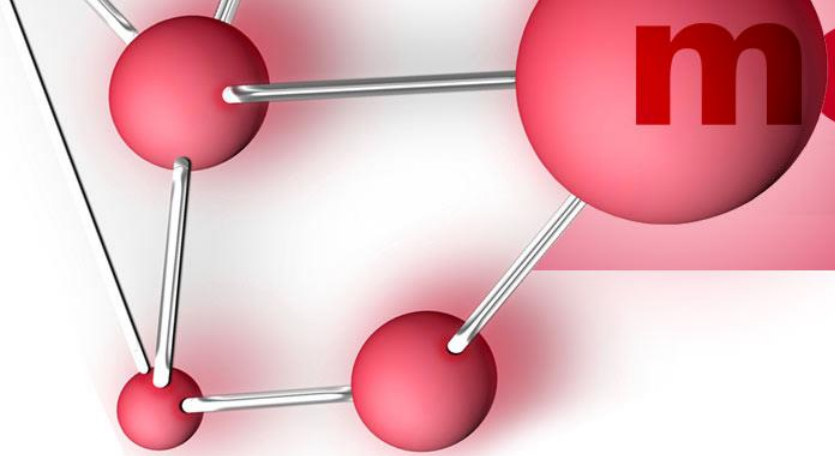
تشکیل اسید اوریک از نوکلئوزیدهای پورینی به کمک بازهای پورینی هیپوگزانتین، گزانتین وگوانین.

داکسی ریبونوکلئوزیدهای پورینی توسط همین مسیر کاتابولیک و همین آنزیم‌ها (که همگی در مخاط دستگاه گوارش پستانداران یافت می شوند) تخریب می شوند.



کاتابولیسم پیریمیدین





بیوسنتز بازهای پورین

سه روند در بیوسنتز نوکلئوتیدهای پورین دخالت دارند:

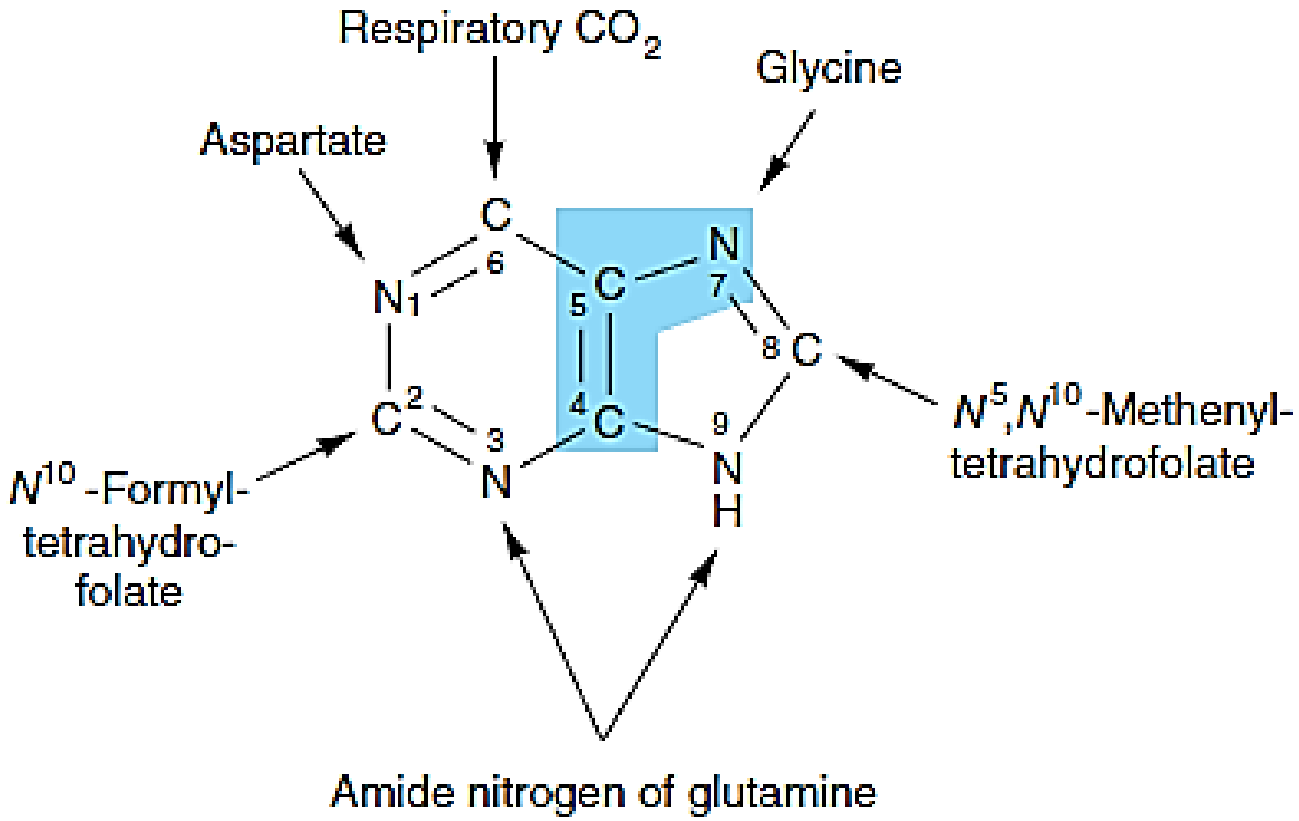
1. بیوسنتز از واسطه های آمفی بولیکDenovo
2. فسفوریبوزیلاسیون پورین آزاد Salvage
3. فسفوریلاسیون نوکلئوتیدهای پورین

fppt.com

بیوسنتز پورین از واسطه ها

منبع اتم های نیتروژن و کربن حلقه پورین.

اتم های ۴ ، ۵ و ۷ از گلیسین مشتق می شوند.



fppt.com

بیوسنتز پورین از ریبوز ۵ – فسفات

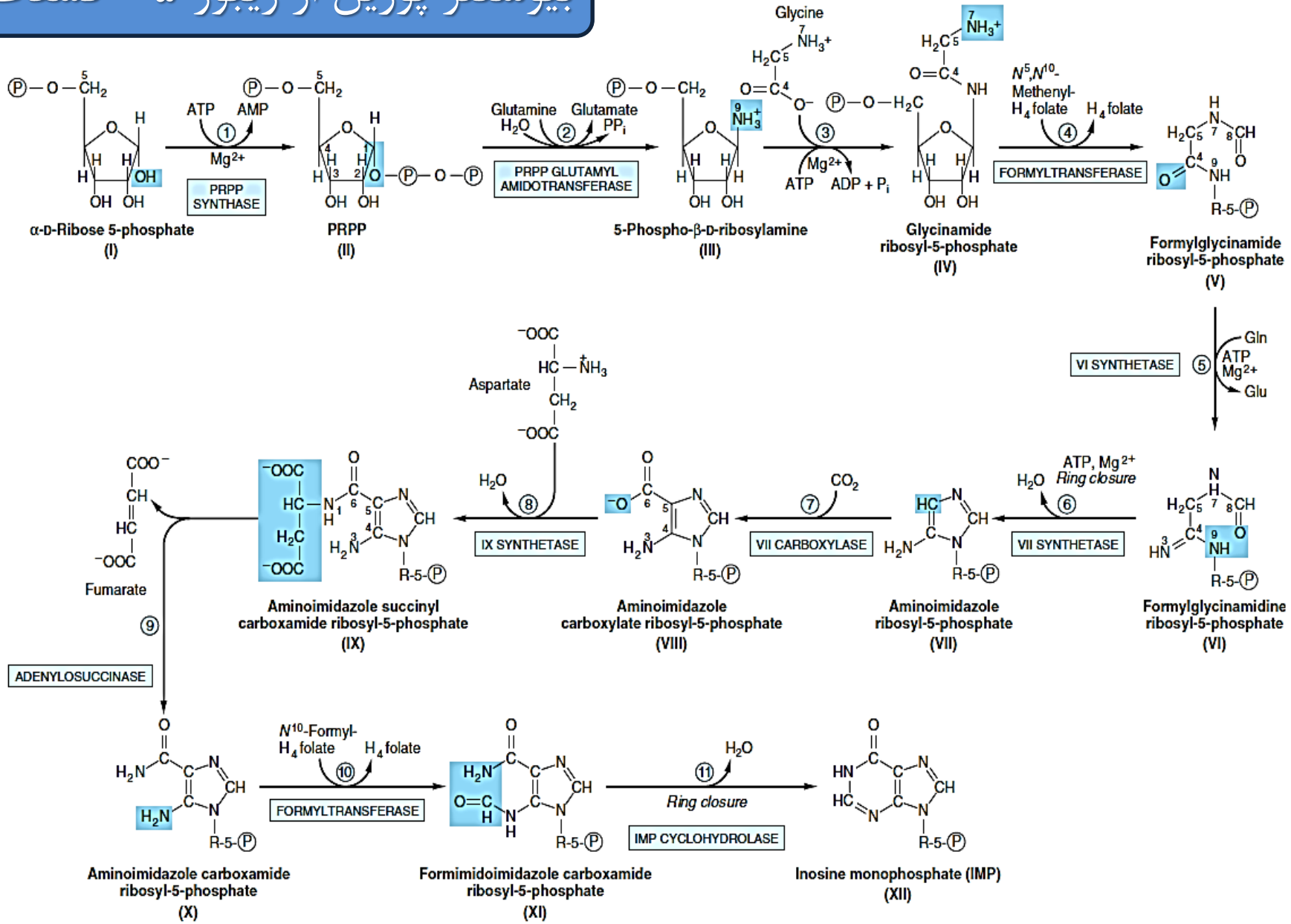
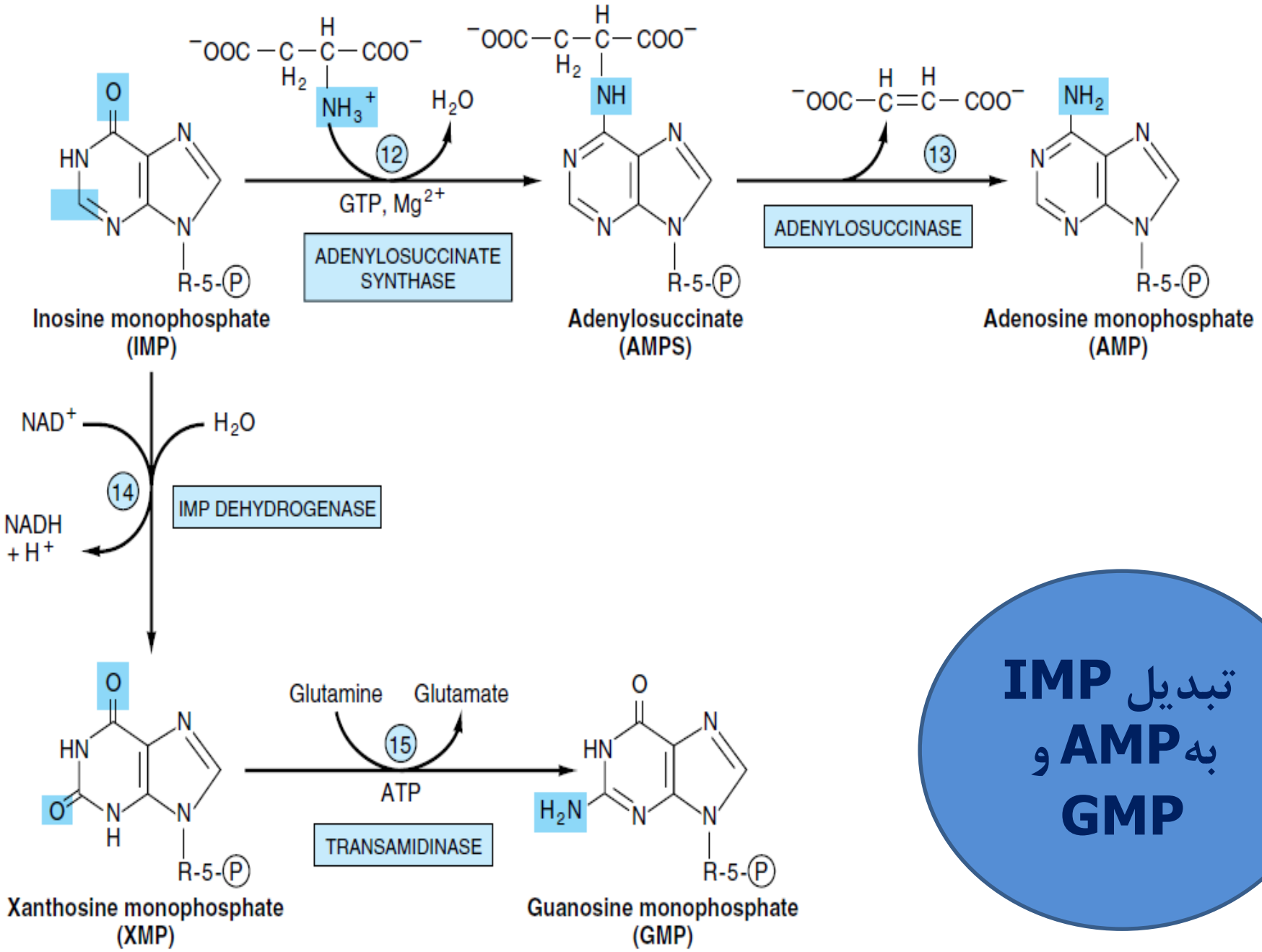
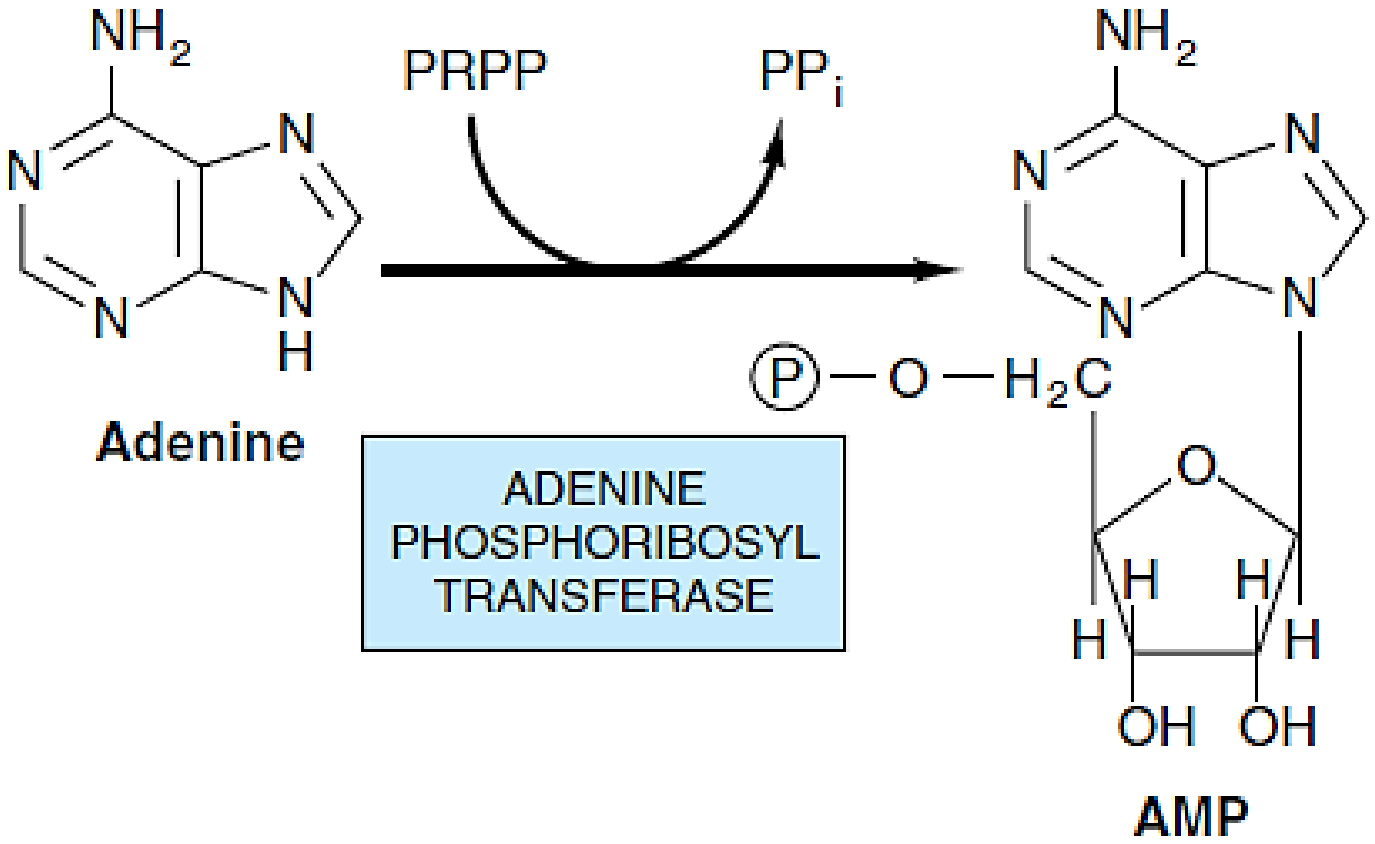


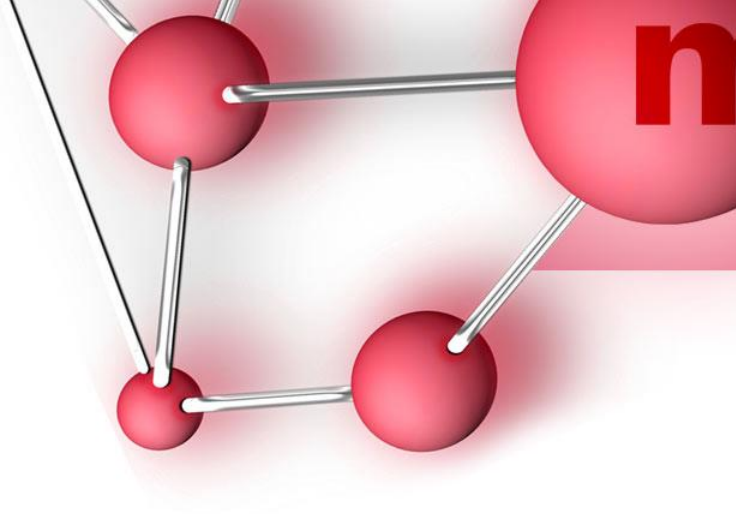
Figure 34–2. Purine biosynthesis from ribose 5-phosphate and ATP. See text for explanations. (Ⓟ, PO_3^{2-} or PO_2^-.)

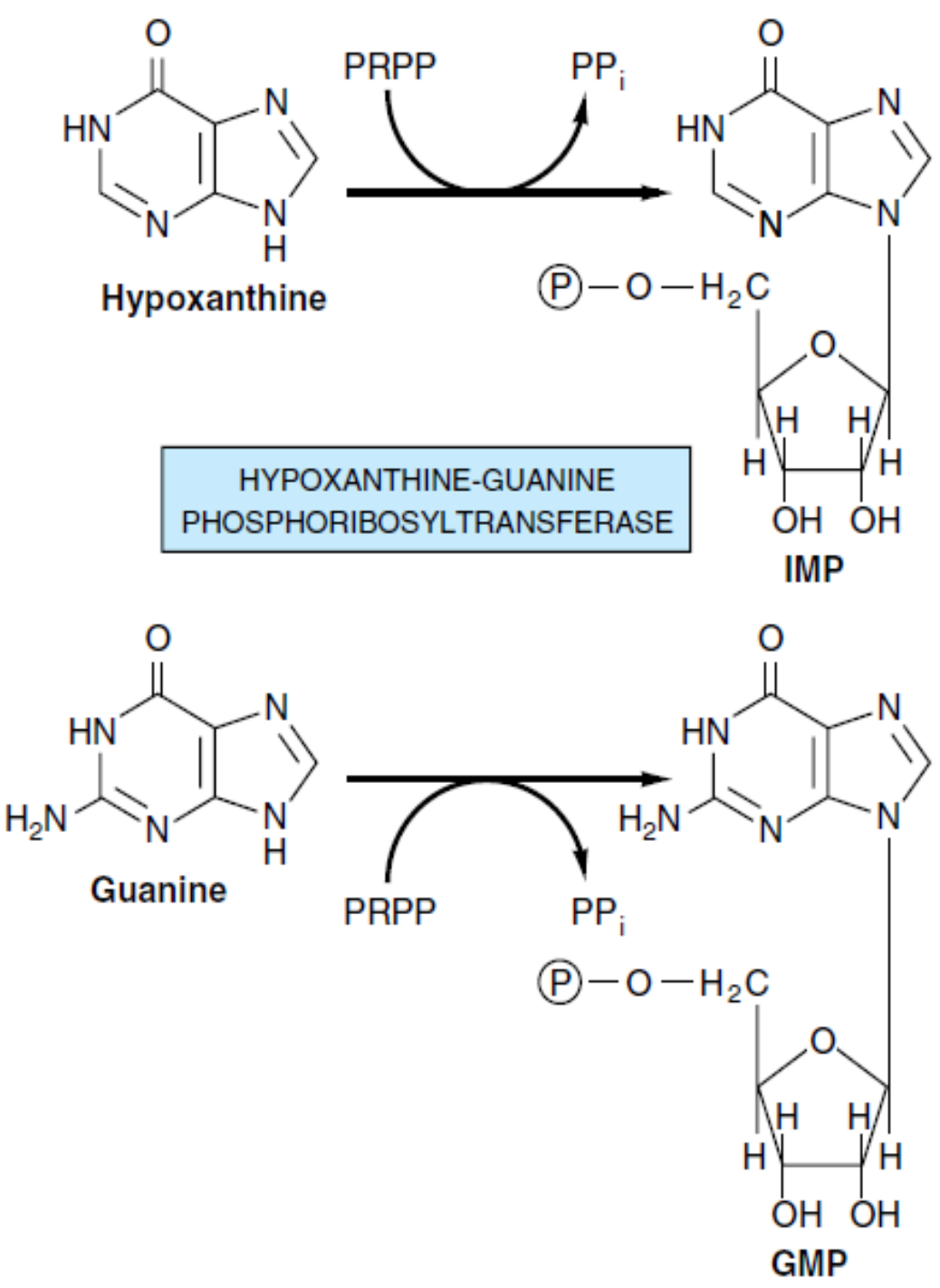

Inosine monophosphate (IMP)
GTP, Mg2+
ADENYLOSUCCINATE SYNTHASE
Adenylosuccinate (AMPS)
ADENYLOSUCCINASE
Adenosine monophosphate (AMP)
NAD+
H2O
NADH + H+
IMP DEHYDROGENASE
Xanthosine monophosphate (XMP)
Glutamine
Glutamate
ATP
TRANSAMIDINASE
Guanosine monophosphate (GMP)
تبدیل IMP به AMP و GMP

فسفوریبوزیلاسیون آدنین برای تشکیل AMP

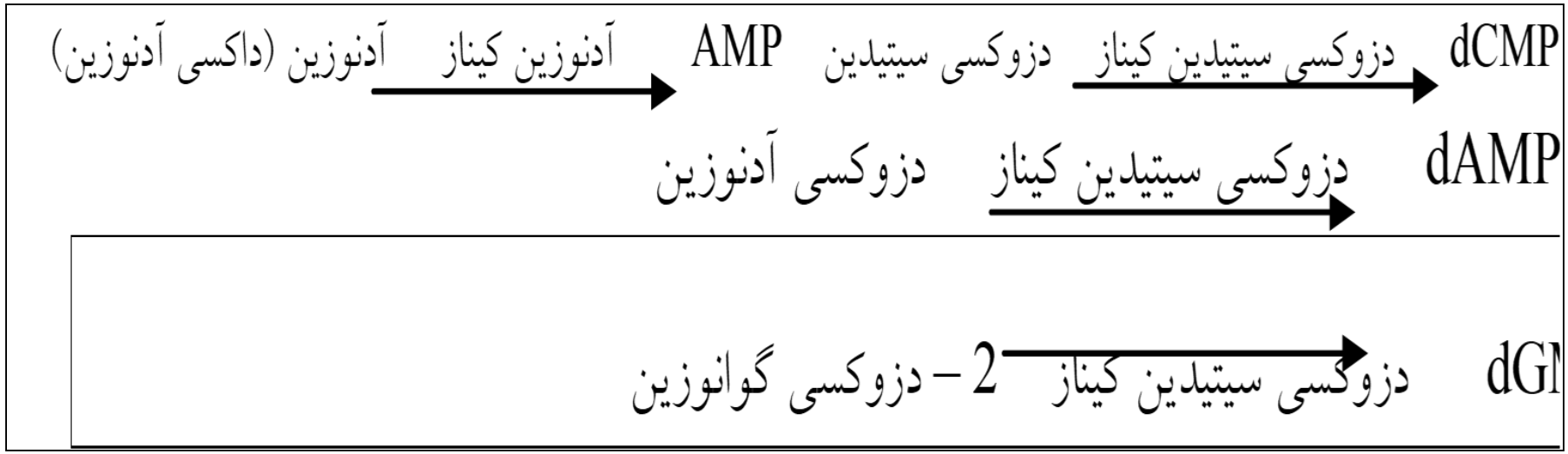


فسفوریبوزیلاسیون هیپوگزانتین و گوانین برای تشکیل IMP و GMP

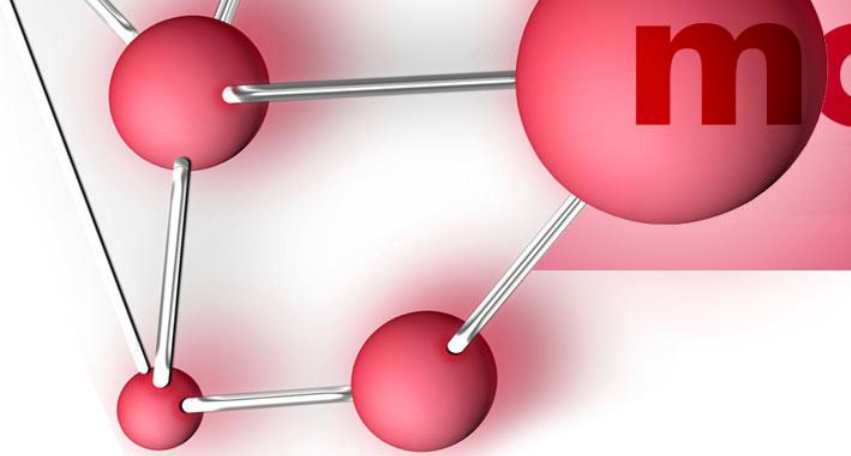




فسفوریلاسیون مستقیم ریبونوکلئوزید پورین



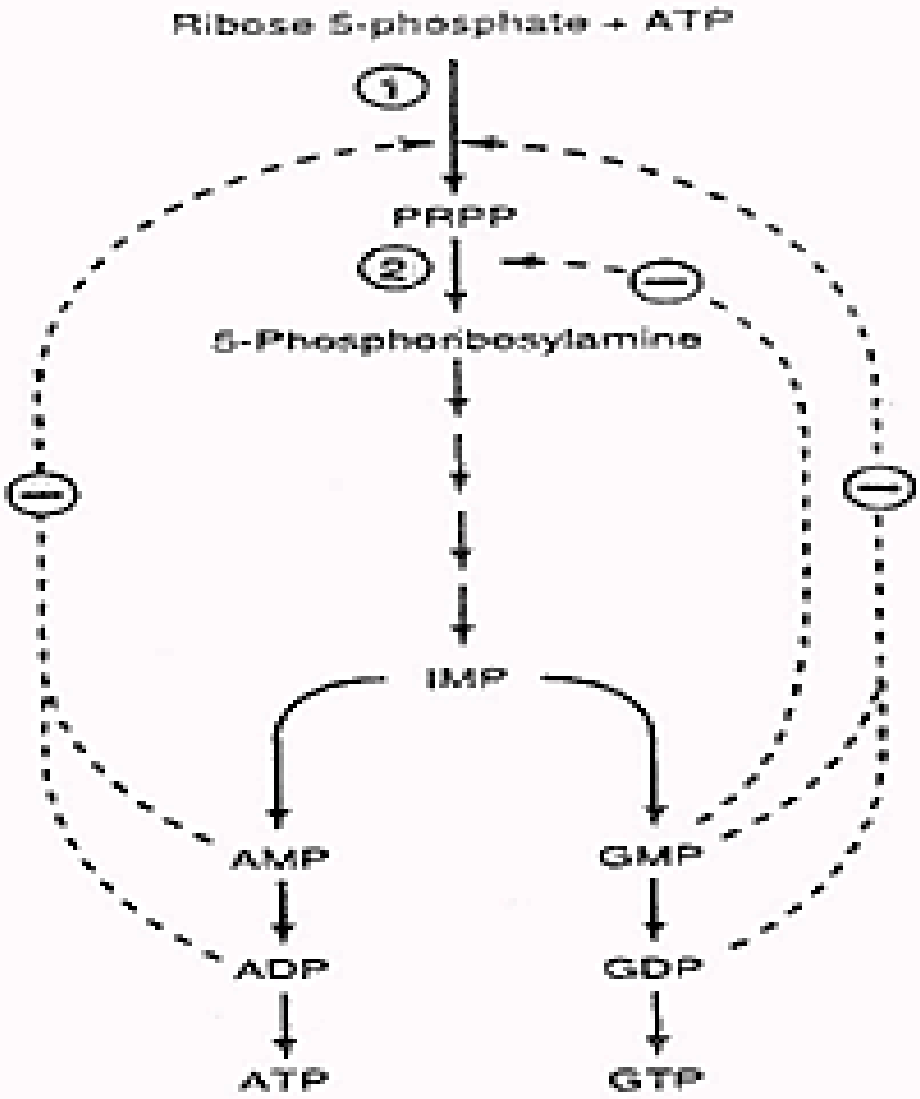
fppt.com



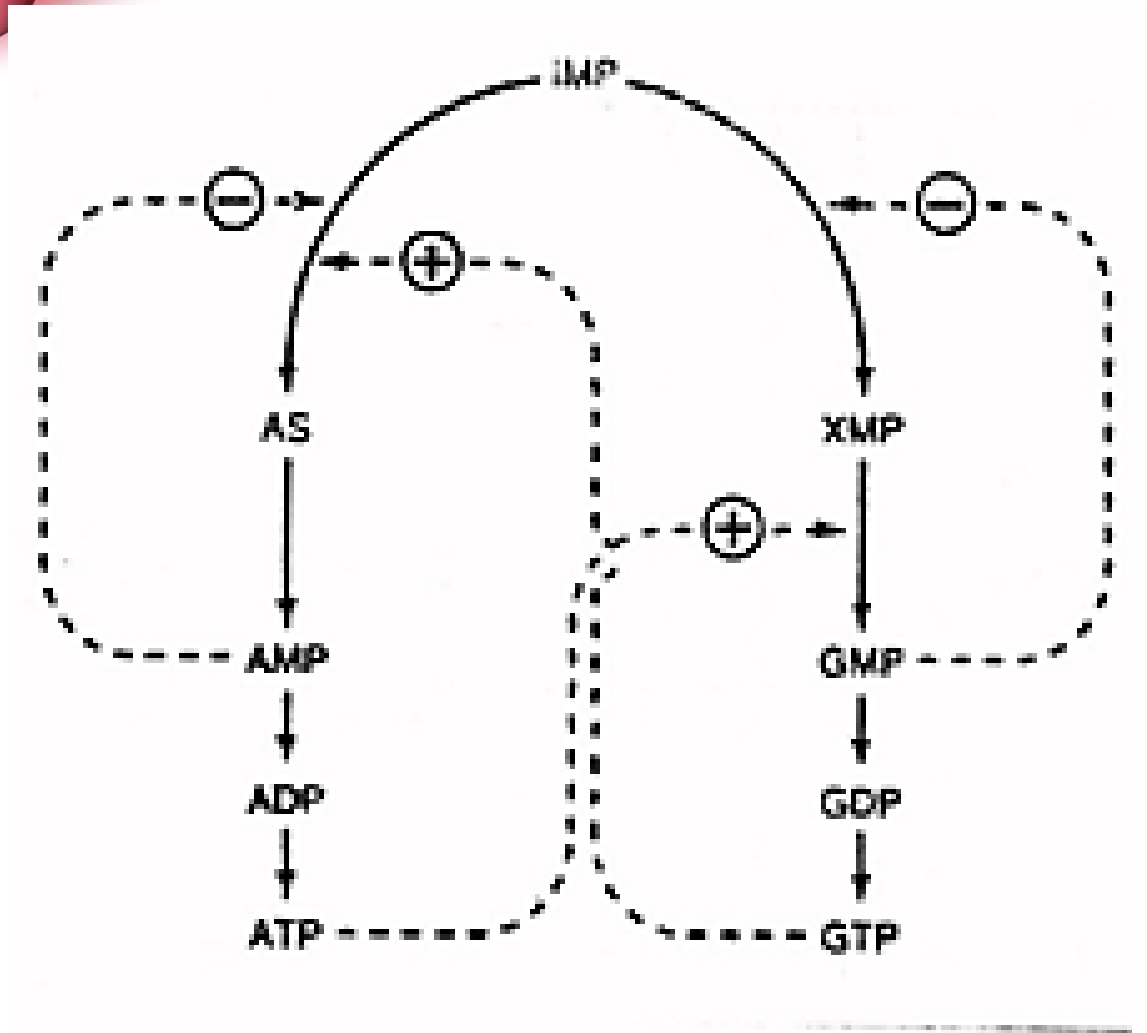
کنترل سرعت ساخت نوکلئوئید های پورینی در بدن.

خطوط تیره نمایانگر مسیر متابولیت هاست و خط چین ها نشانه مهار فیدبک توسط محصولات نهایی.

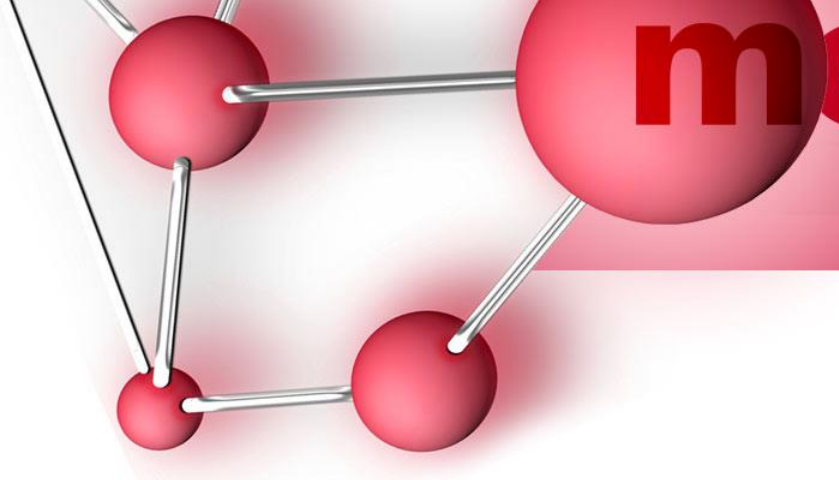
مسیر واکنش های ۱ و ۲ به ترتیب با PRPP سنتاز و PRPPگلوآمید و ترانسفراز کاتالیز می شوند.



molecule



fppt.com

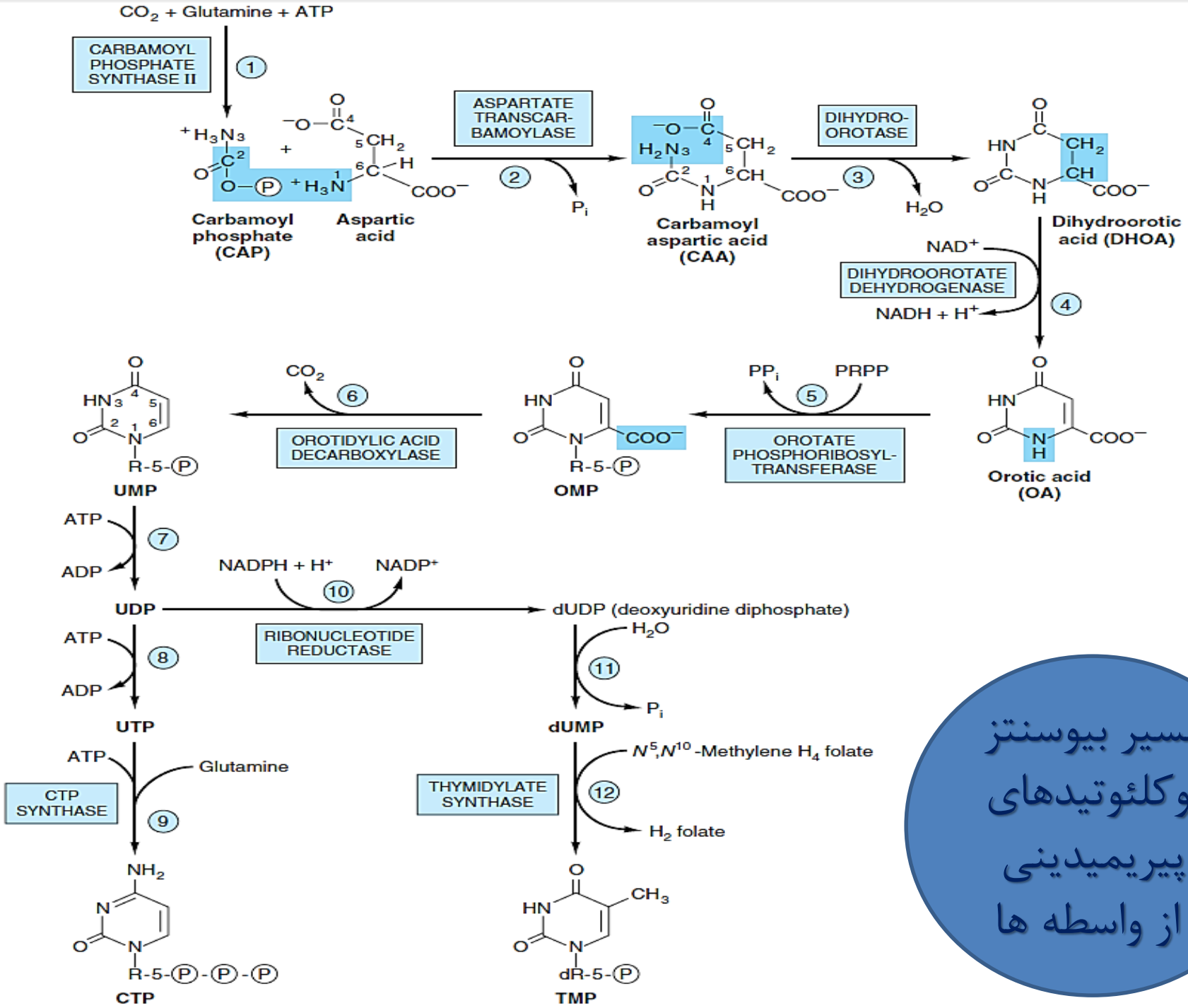


بیوسنتز بازهای پریمیدین

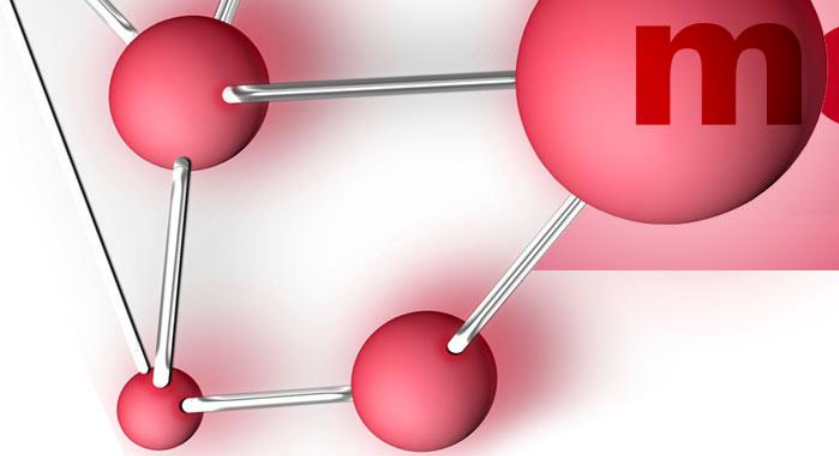
سه روند در بیوسنتز نوکلئوتیدهای پریمیدین دخالت دارند:

1. بیوسنتز از واسطه های آمفی بولیکDenovo
2. فسفوریبوزیلاسیون پریمیدین آزاد Salvage
3. فسفوریلاسیون نوکلئوتیدهای پریمیدین

fppt.com

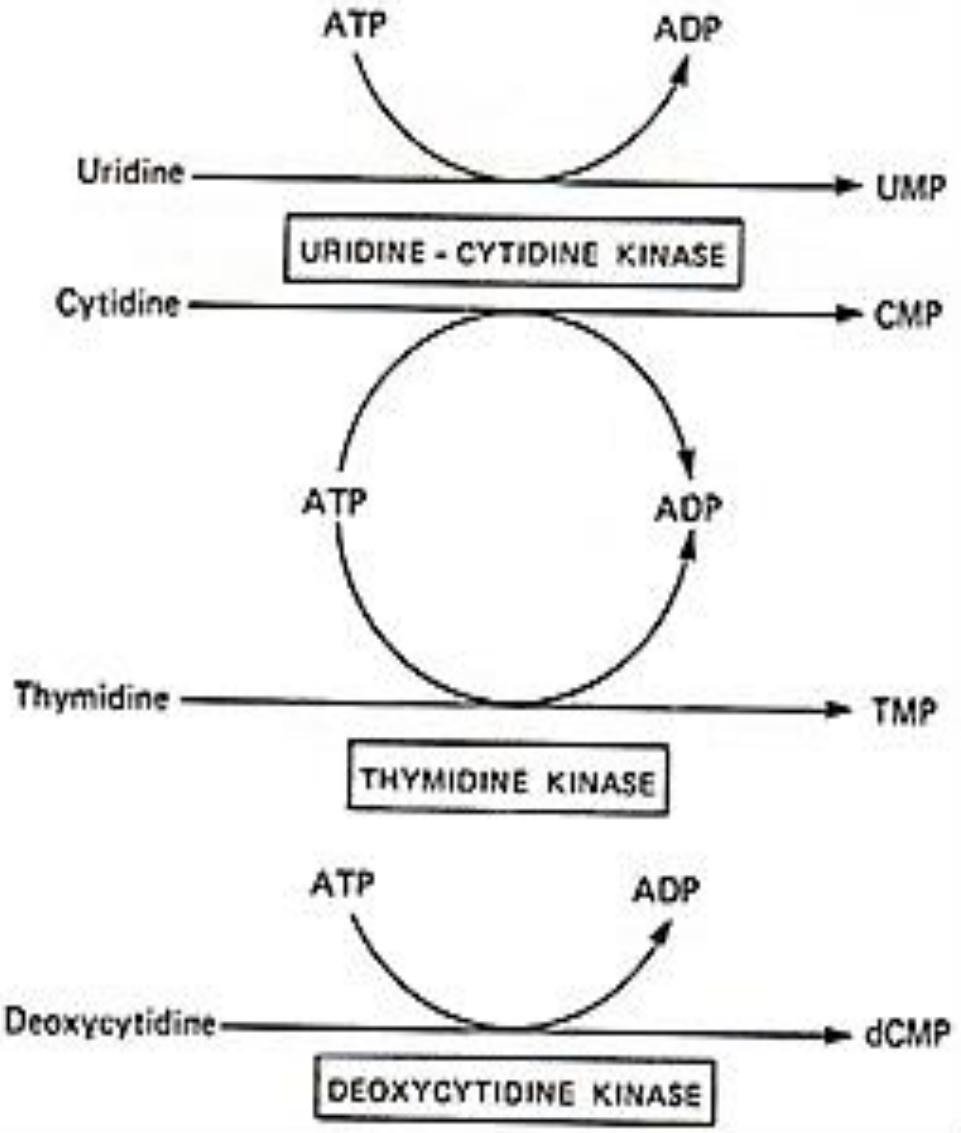


مسیر بیوسنتز نوکلئوتیدهای پیریمیدینی از واسطه ها



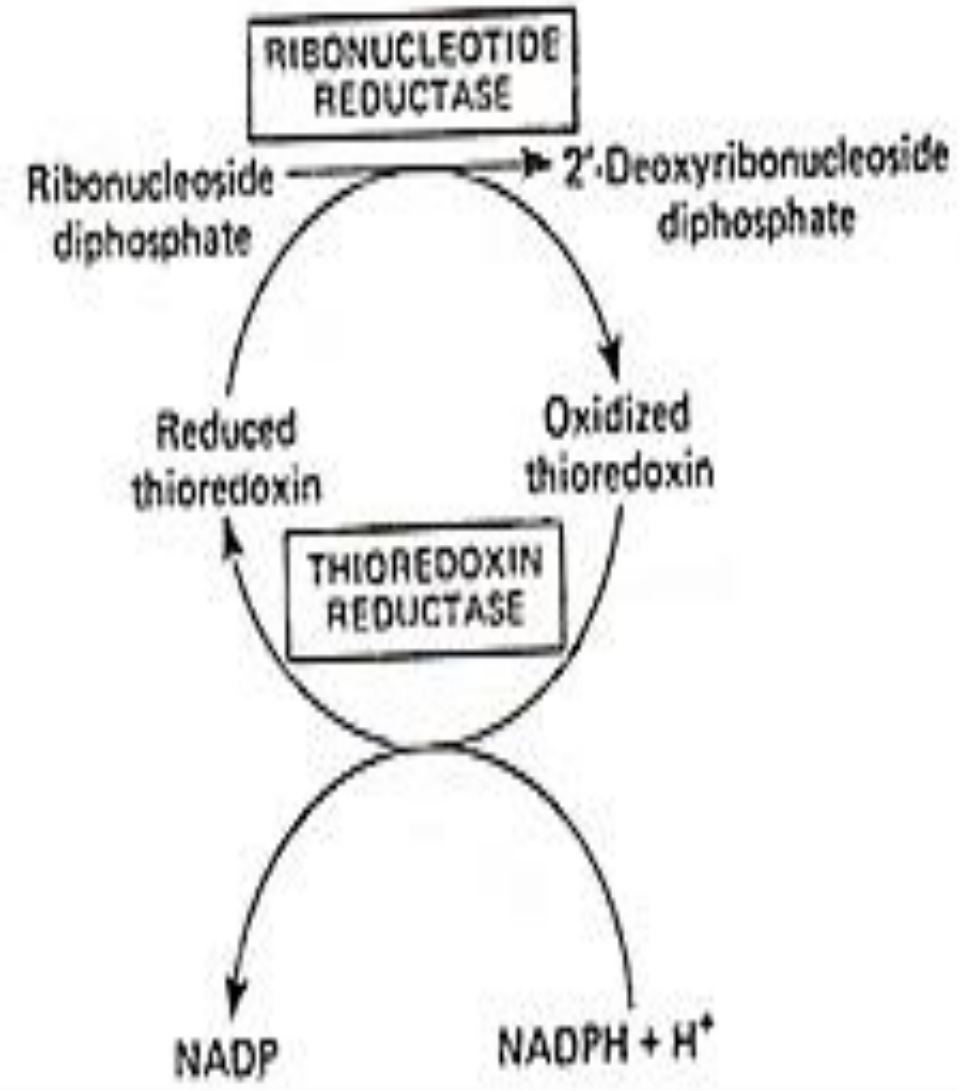
واکنش های پیریمیدین نوکلئوزیدکیناز

که مسئوول ساخت پیریمیدین نوکلئوزید منوفسفات ها هستند.



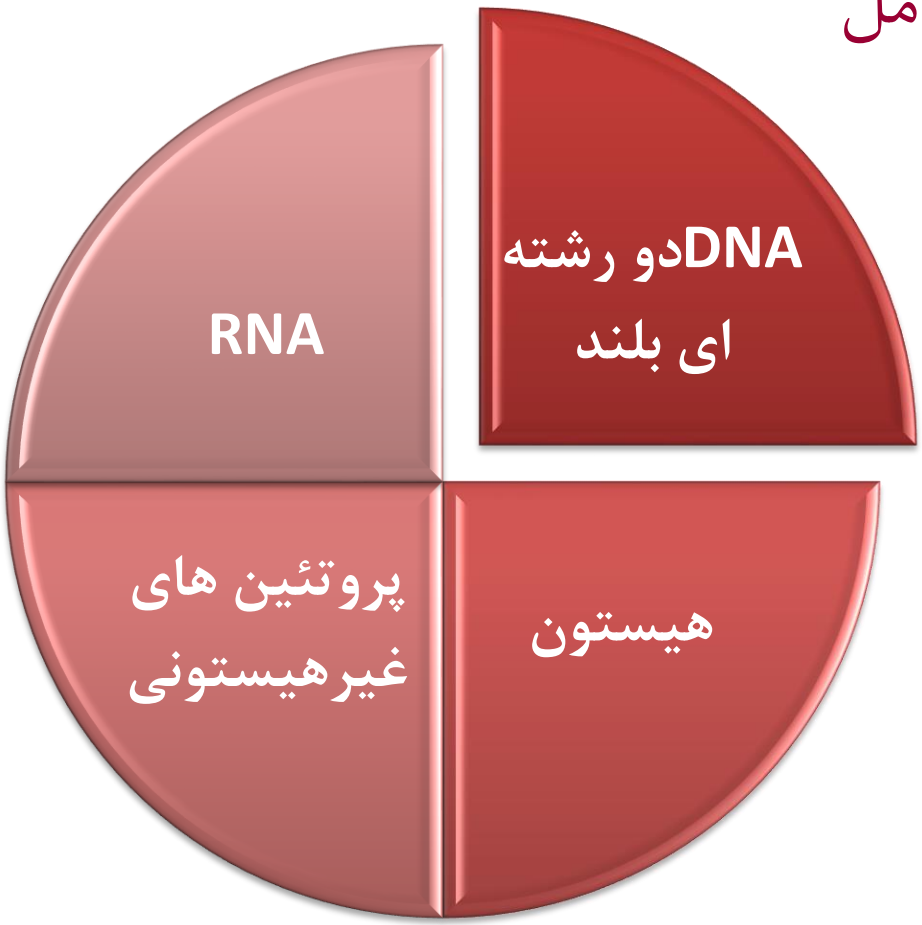
بیوسنتز دزوکسی ریبونوکلئوتیدها

احیا شدن ریبونوکلئوزید دی فسفات به ۲' – داکسی ریبونوکلئوزید دی فسفات.



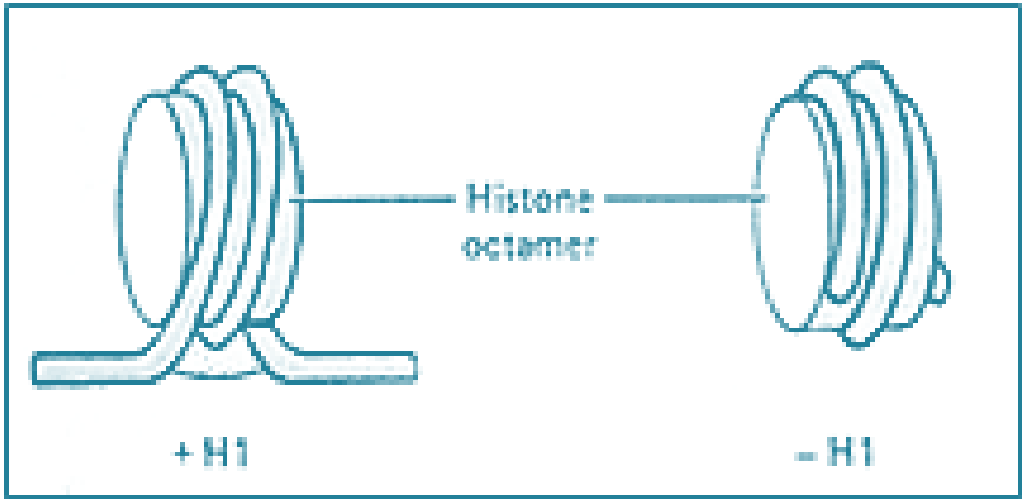
ساختار همانند سازی و ترمیم DNA

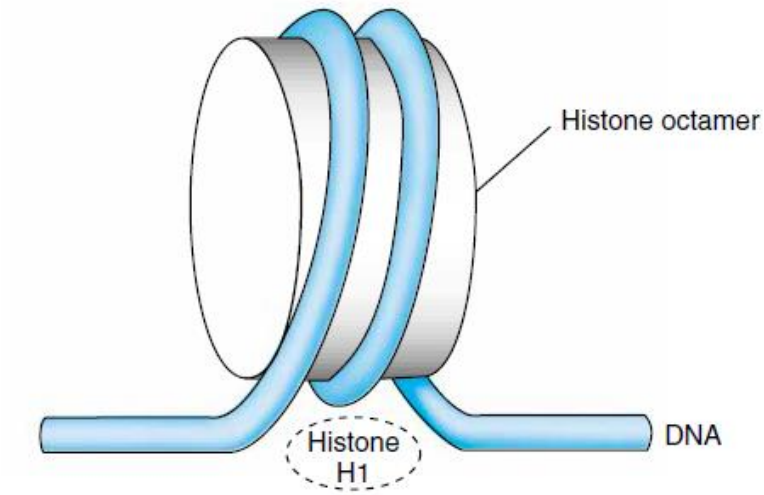
هرکروماتین شامل



fppt.com

ساختار ساختمان نوکلئوزوم



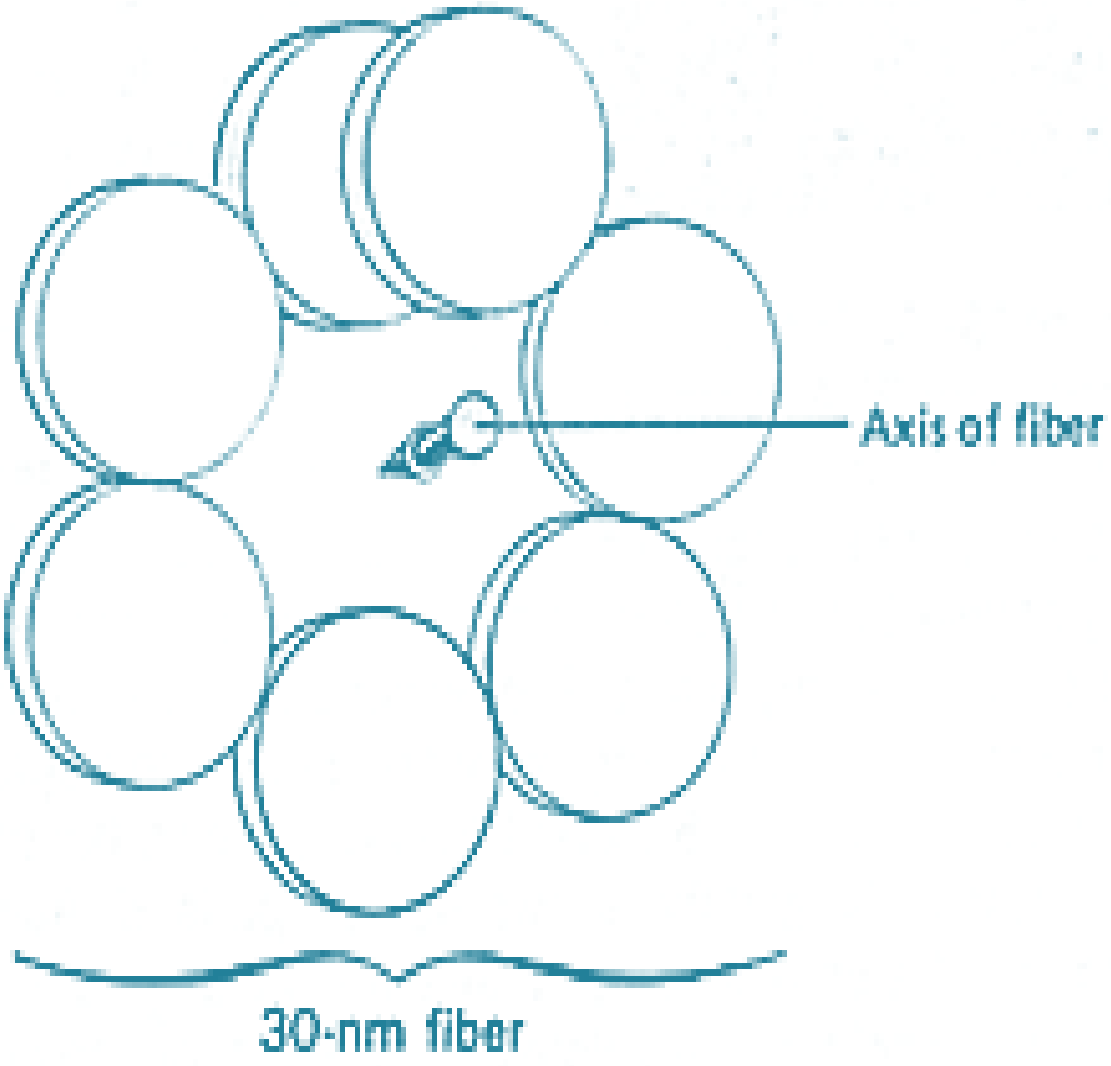


fppt.com

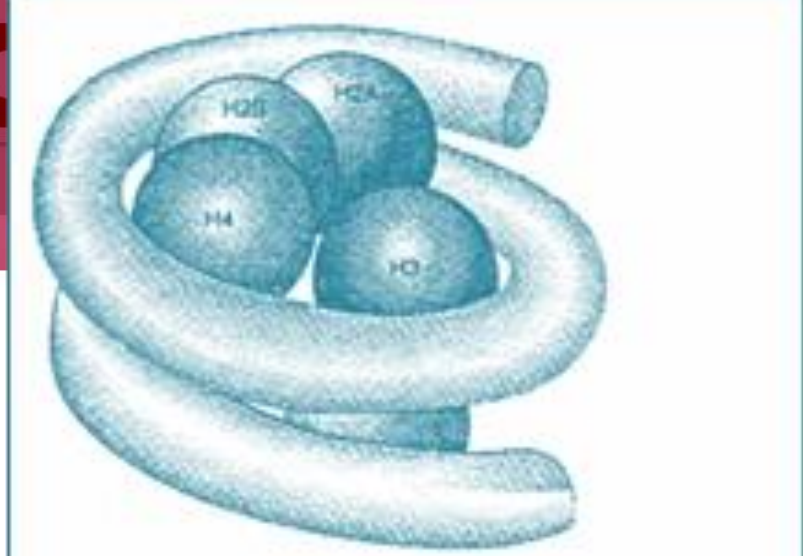
فیبر ۳۰نانومتری

ساختمان فرضی فیبر ۳۰ نانومتری کروماتین که از فوق مارپیچ های دارای فیبریل های ۱۰ نانومتری نوکئوزوم ها تشکیل شده است.

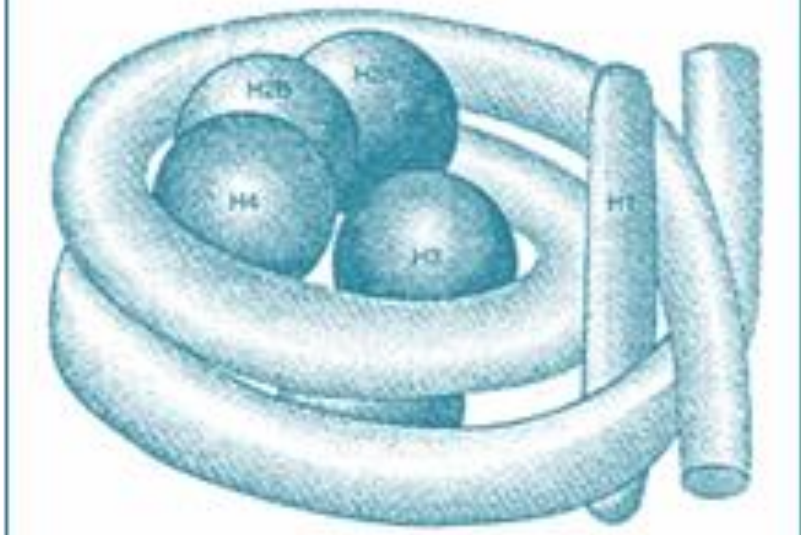
محور فیبر ۳۰نانومتری عمود بر صفحه است.



فیبر ۳۰نانومتری



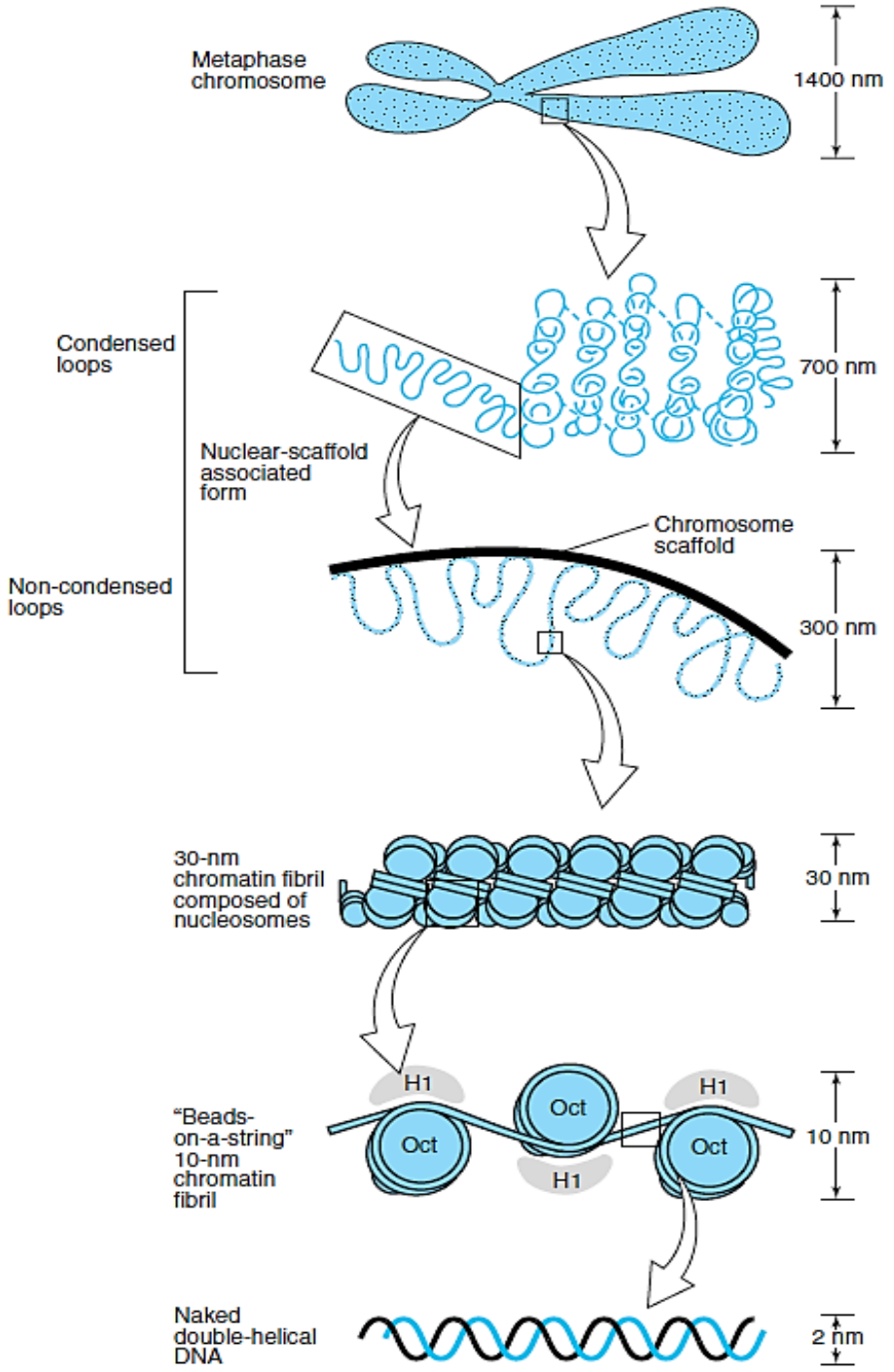
Nucleosome core
(1 3/4 turn particle)



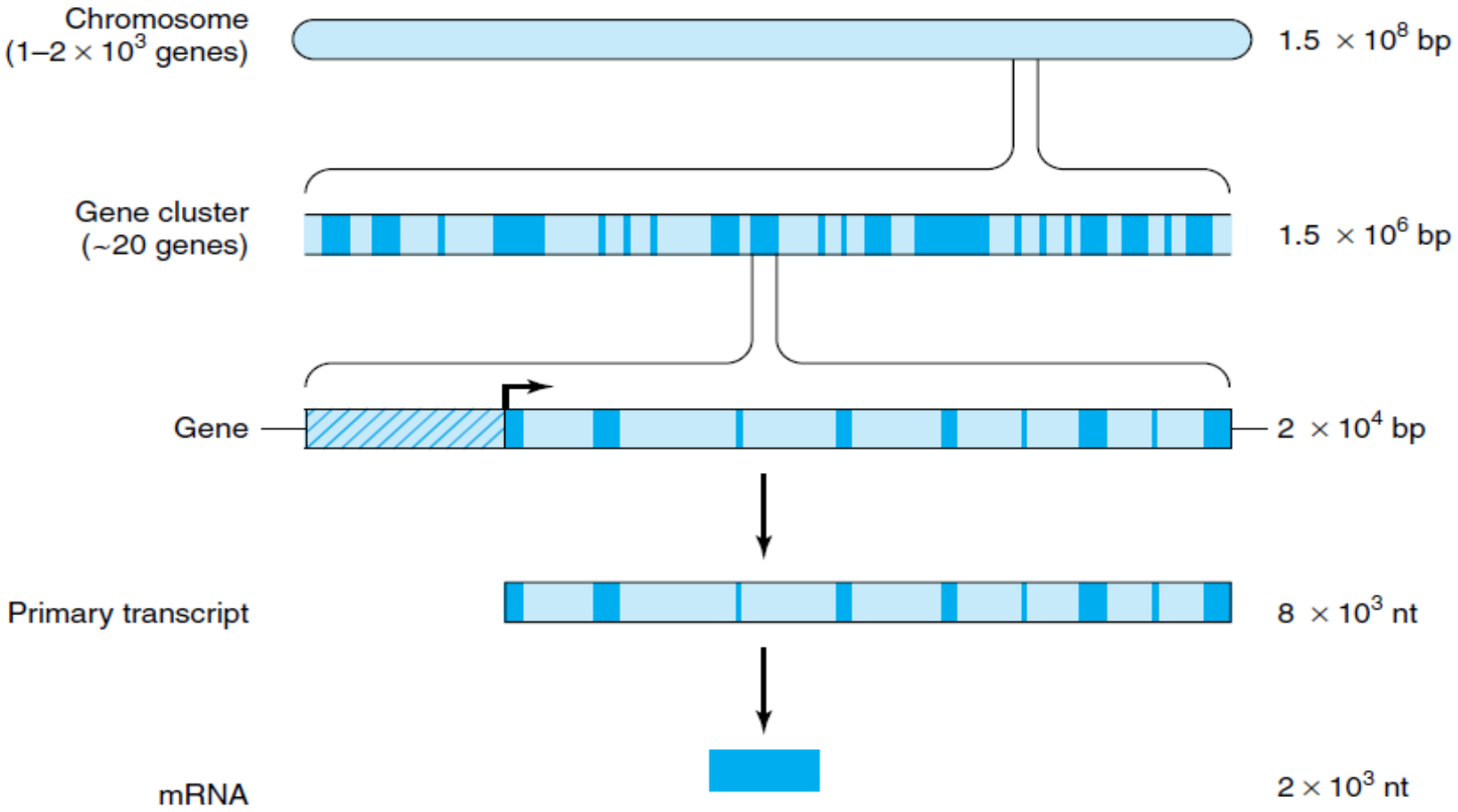
Chromatosome
(Two-turn particle +H1)

ساختار کروموزوم

این شکل نشان دهنده میزان متراکم شدن DNA در کروموزوم های مرحله متافاز (بالا) تا DNA دو رشته ای مشخص شده (پایین) است



ارتباط بین DNAوmRNA



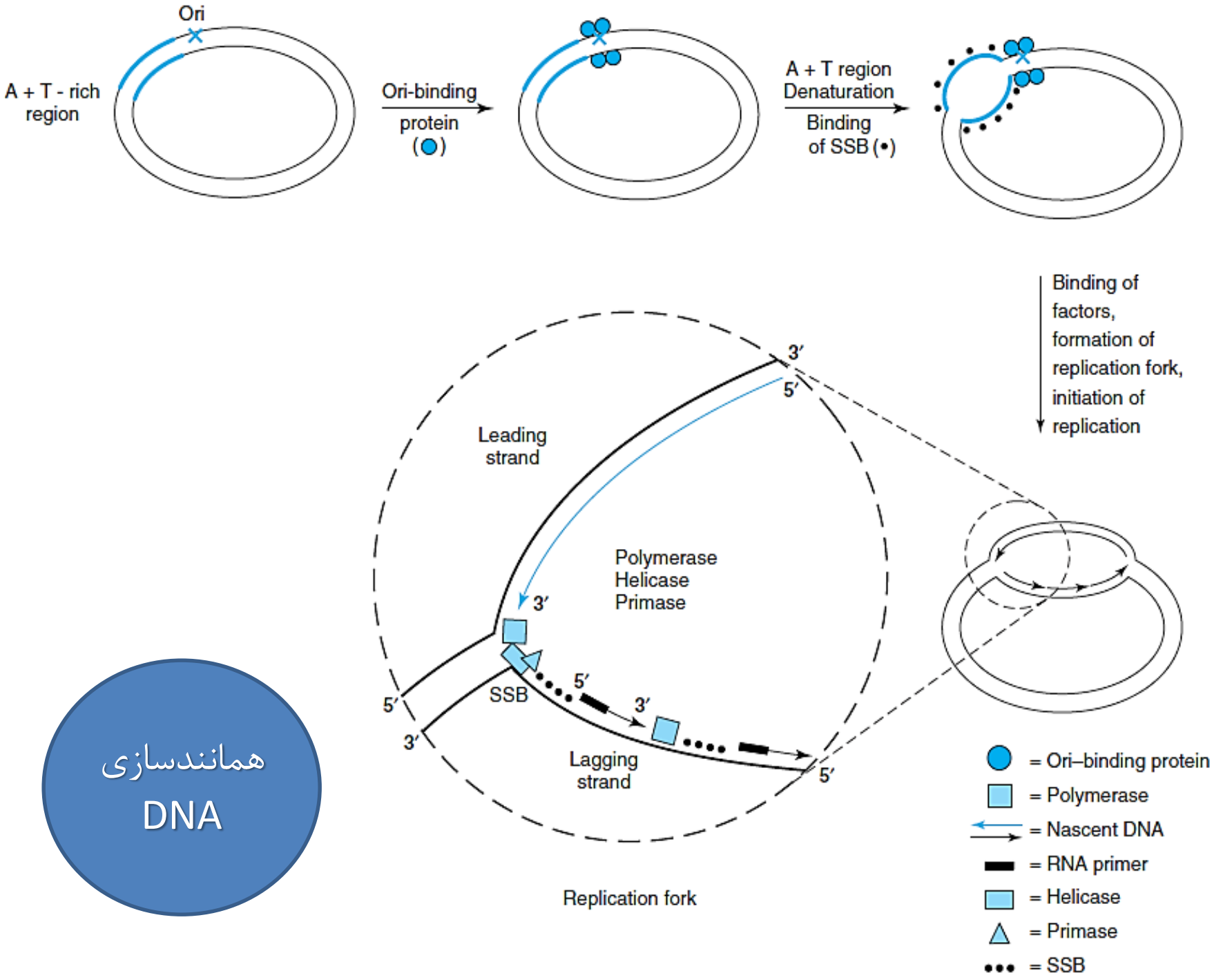
همانندسازی DNA

مراحل دخیل در همانند سازی

DNAاین شکل همانند سازی DNAدر یک سلول E.Coliرا توضیح می دهد، ولی مراحل کلی در یوکارت‌ها نیز مشابه است. پیوند اختصاصی یک پروتئین (پروتئین Oبا مبدأ همانند سازی ((oriباعث باز شدن موضعی مارپیچ DNAدر منطقه غنی از A+Tمجاور می‌شود. DNAدر این محل به وسیله پروتئین‌های اتصال یابنده به DNAتک رشته ای ((SSBsبه شکل تک رشته ای ((ssDNAنگه داشته می شود. این امر به انواع مختلف پروتئین‌ها از جمله هلیکاز، پریماز و DNAپلیمراز امکان می دهند که به DNAاتصال یابند و سنتز آن را شروع کنند. همانطور که سنتز DNAبه صورت پیوسته (پیکان بلند) بر روی رشته رهبر و به صورت ناپیوسته (پیکان های کوتاه) بر روی رشته دنباله رو صورت می گیرد، چنگال همانند سازی پیش می رود. DNAجدید همیشه در جهت' ۵ به' ۳ سنتز می شود، همچنین DNAپلیمرازها یک نوکلئوتید را تنها به انتهای' ۳ یک رشته DNAاضافه می کنند.

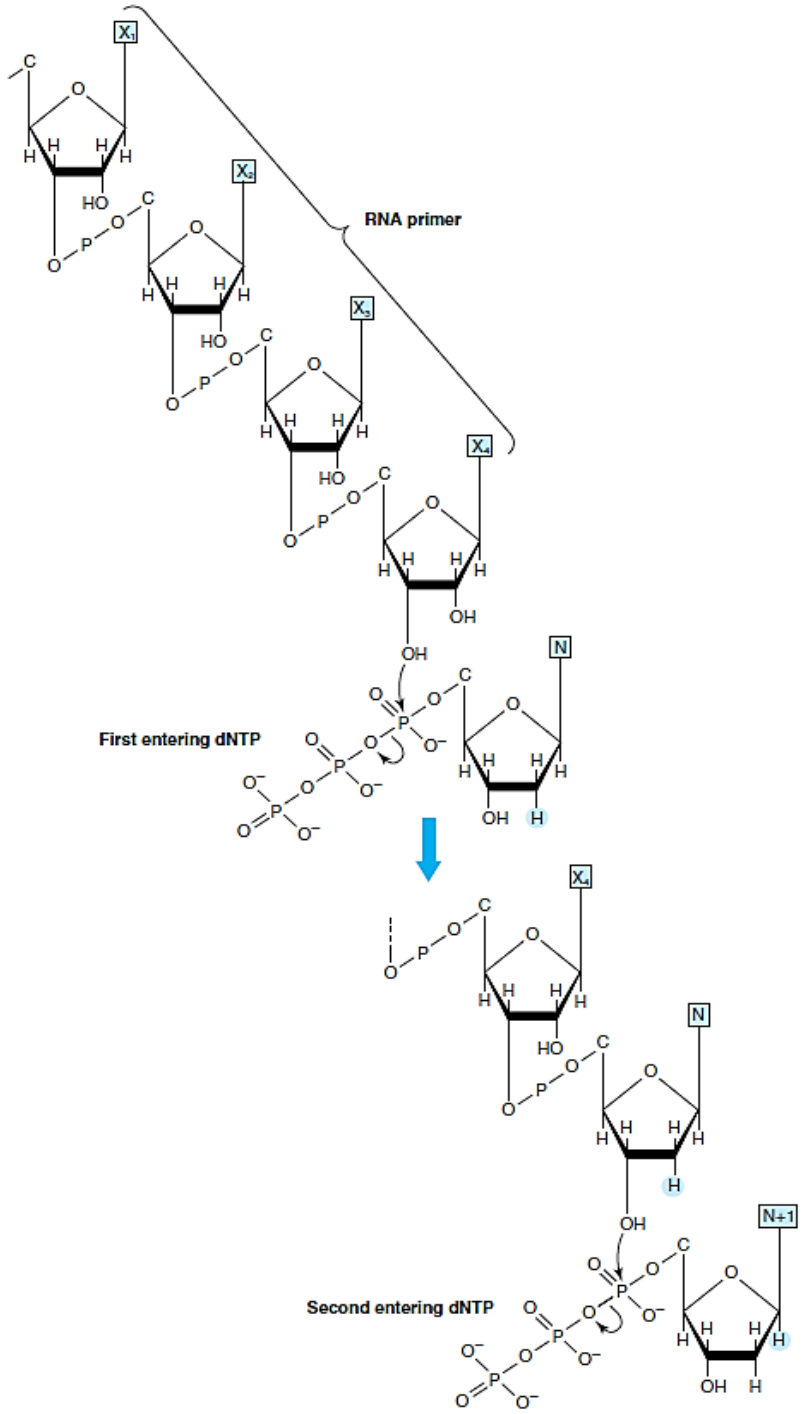
fppt.com

همانندسازی DNA



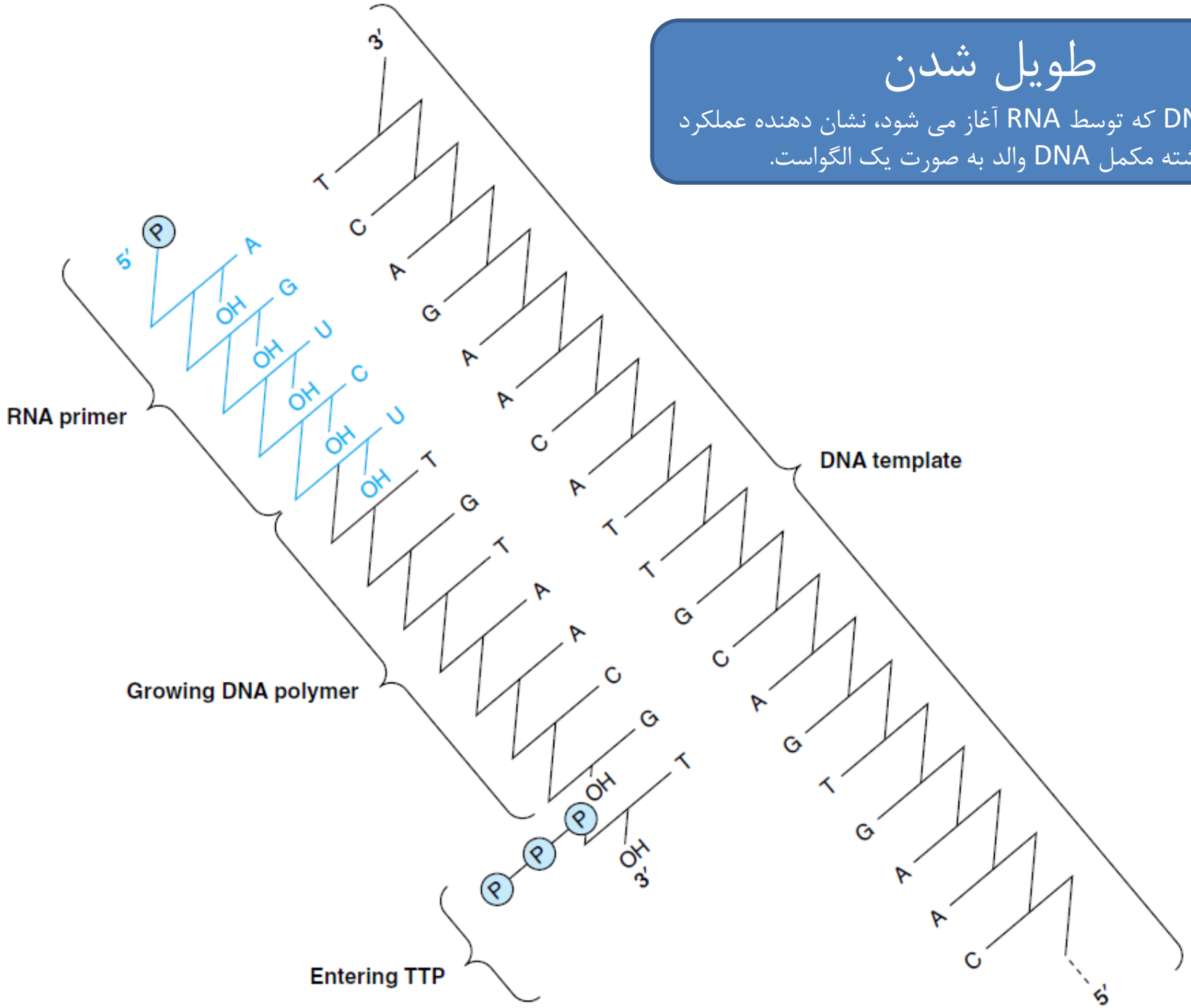
شروع بیوسنتز DNA

بر روی یک RNA آغازگر و سپس اتصال داکسی ریبونوکلئوزید تری فسفات دوم.



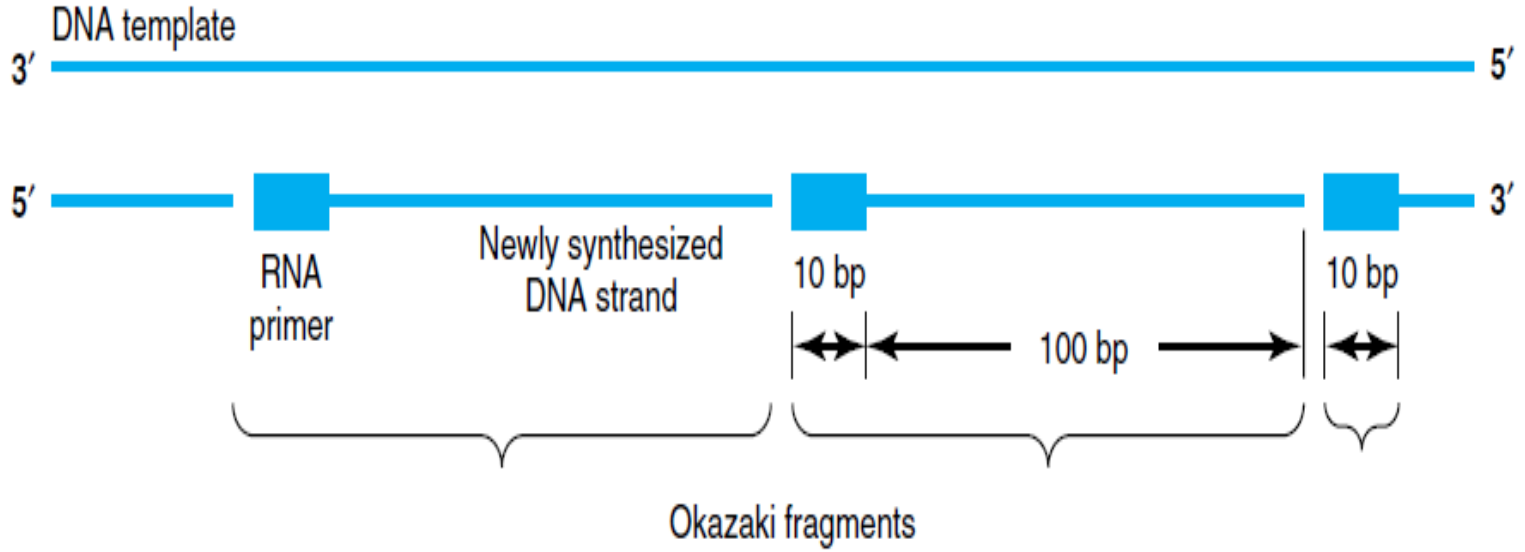
طویل شدن

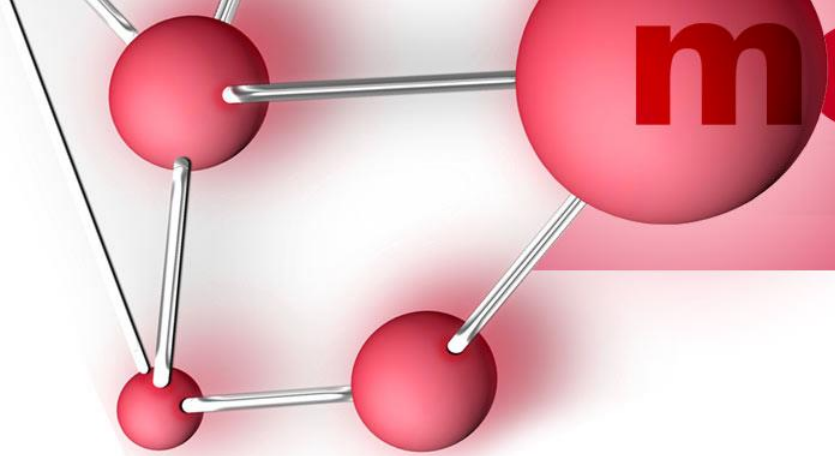
بیوسنتز DNA که توسط RNA آغاز می شود، نشان دهنده عملکرد رشته مکمل DNA والد به صورت یک الگواست.



پلیمریزاسیون در رشته دنباله رو

پلیمریزاسیون ناپیوسته دزوکسی ریبونوکلئوتیدها بر روی رشته دنباله رو، تشکیل قطعات اکازاکی در هنگام سنتز DNA رشته دنباله رو نشان داده شده است.



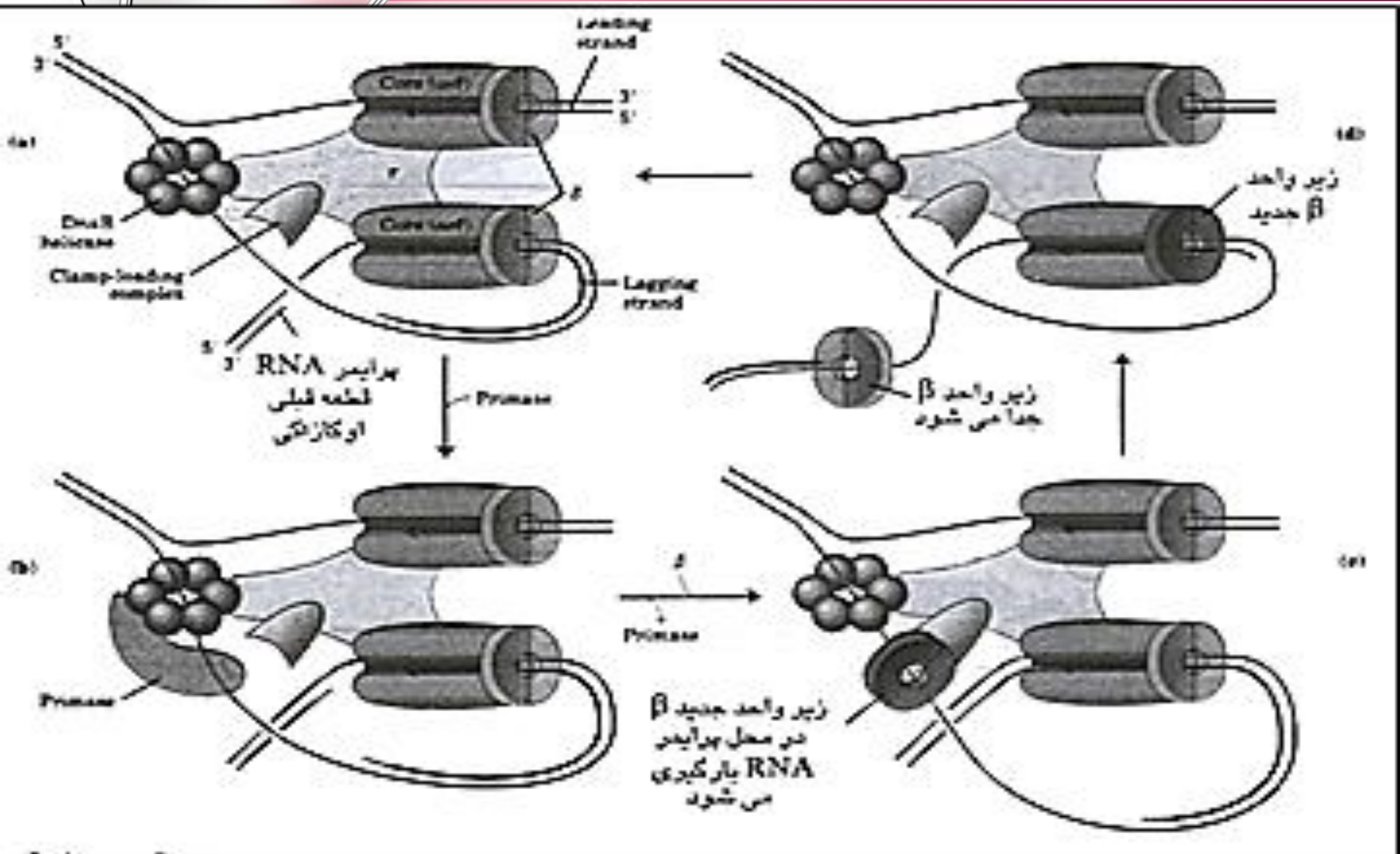


بیوسنتز DNA

سنتزDNA بر روی رشته های رهبر و پیرو. در داخل چنگال همانندسازی، رویدادها بطور هماهنگ توسط یک دیمر DNA پلیمراز III واحد در یک کمپلکس همراه با هلیکاز DnaB بوقوع می پیوندند. این شکل فرایند همانند سازی را نشان می دهد که در شرف وقوع می باشد.رشته پیرو به شکل قوس درآمده تا سنتزDNA به طور همزمان بر روی هر دو رشته رهبر و پیرو توسط دو سری از زیر واحدهای هسته ایDNA پلیمراز III به انجام برسد. پیکان انتهای '۳ دو رشته جدید و جهت سنتز DNA را نشان می دهند. یک قطعه اوکازاکی بر روی رشته پیرو در حال سنتز می باشد.

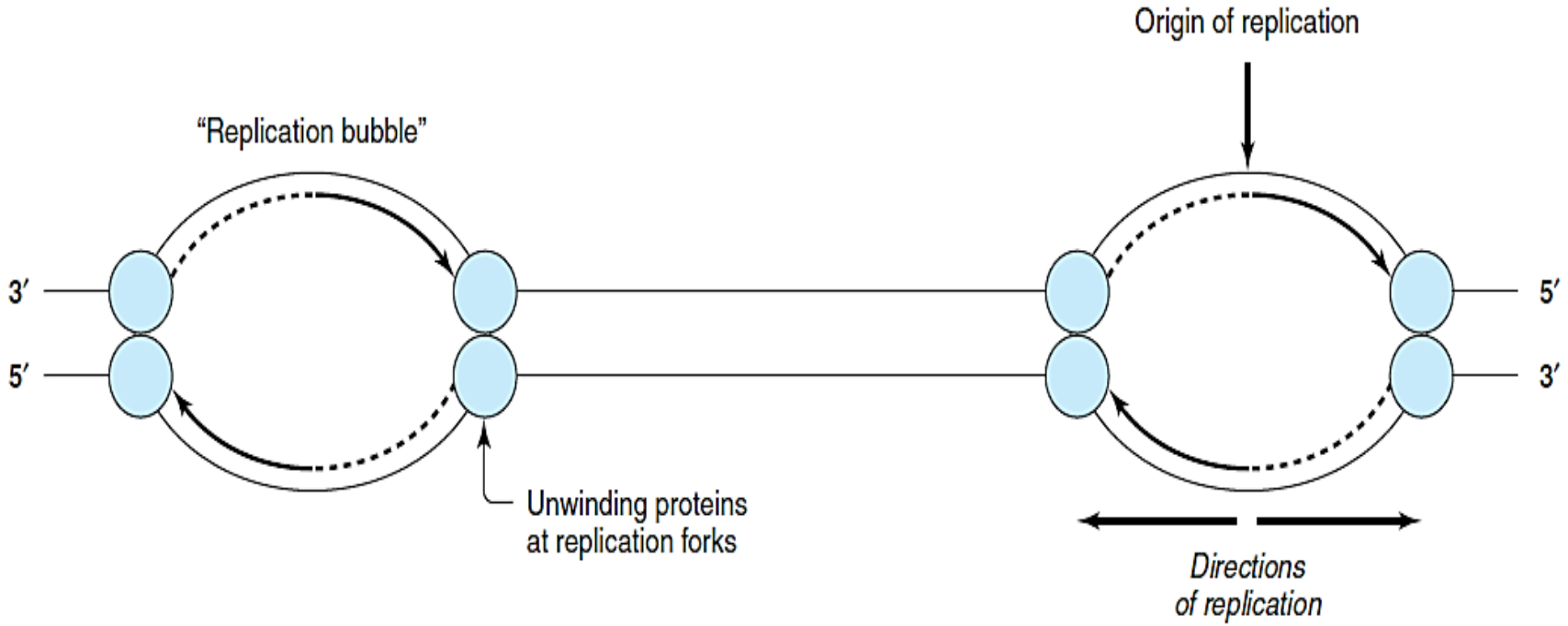
fppt.com

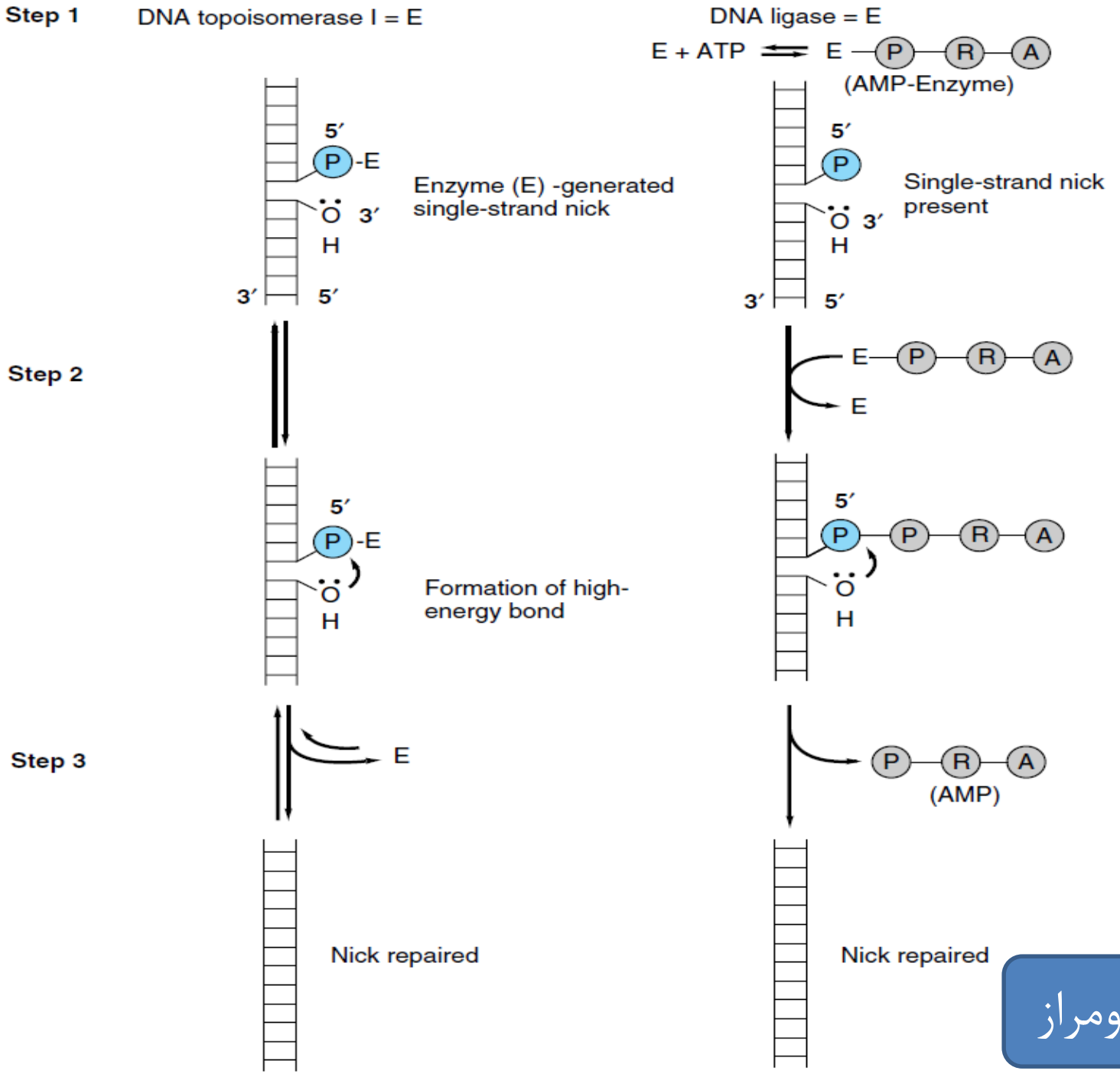
بیوسنتز DNA


Leading strand
Core (αα')
Core (ββ')
DnaB helicase
Clamp-loading complex
Lagging strand
پرایمر RNA
قطعه قبلی
اوکازاکی
Primase
زیر واحد β
جدا می شود
زیر واحد β جدید

تشکیل حباب

ایجاد حباب‌های همانند سازی طی روند سنتز DNA . همانند سازی دو جهته و موقعیت‌های پیشنهادی پروتئین‌های بازکننده مارپیچ در چنگال همانند سازی نشان داده شده اند



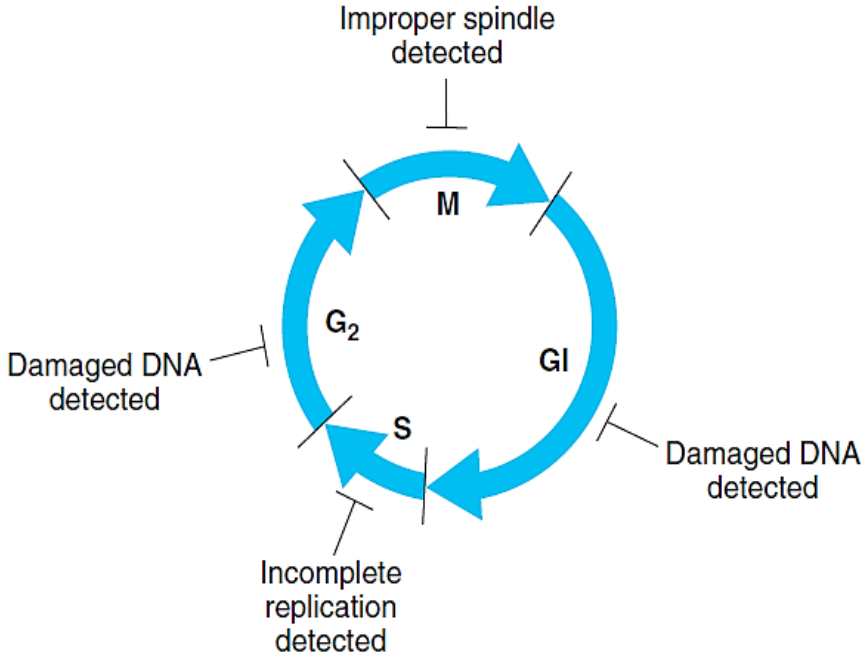


نقش توپوایزومراز

چرخه سلولی

چرخه سلولی پستانداران و مناطق بازرسی:

درست بودن DNA ، کروموزوم و جدا شدن کروموزوم ها مرتباً در سرتاسر چرخه سلولی بازبینی می شود.



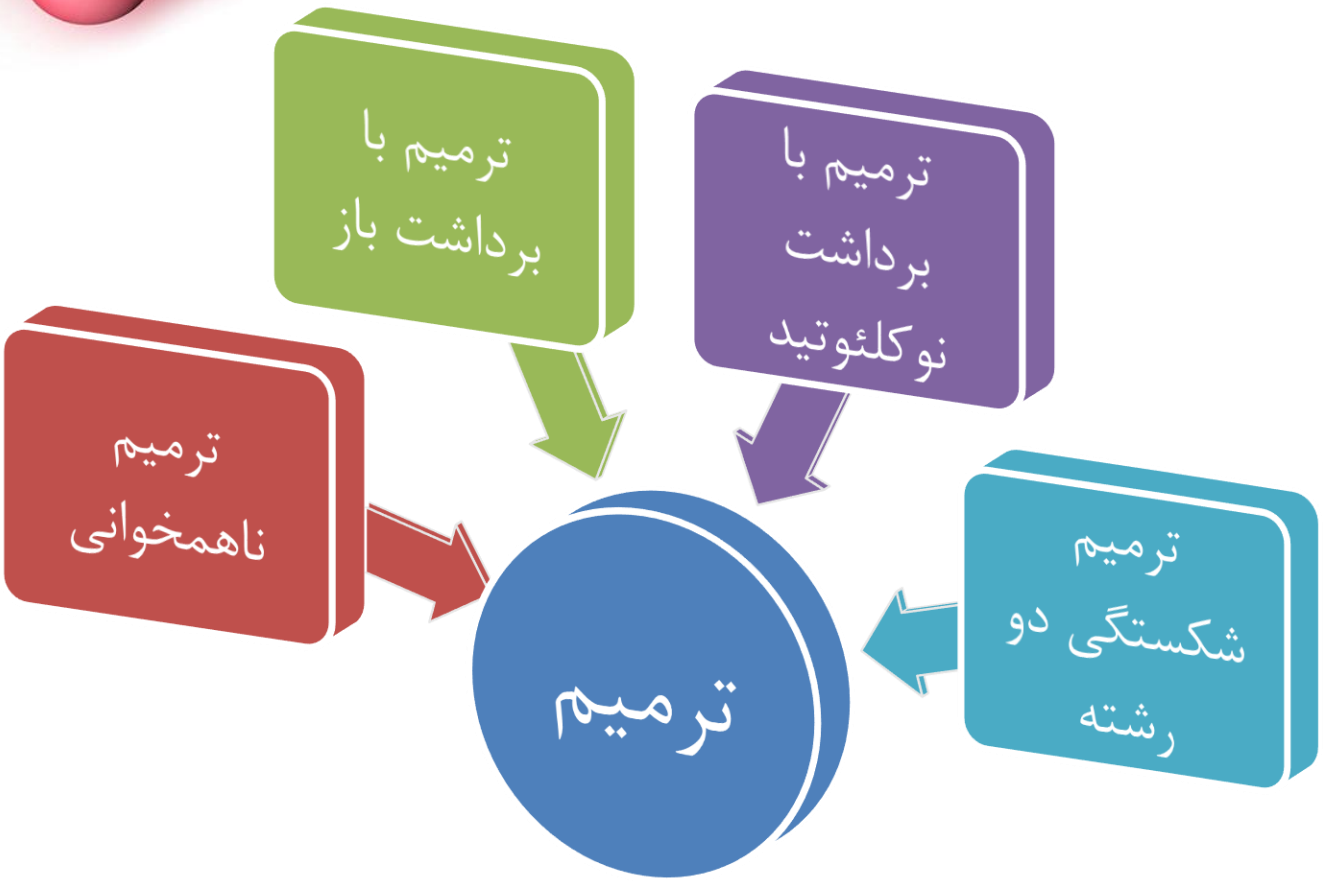
اگر در مراحل G1 یا G2 چرخه سلولی آسیب دیدن DNA شناسایی شود، یا اگر روند طبیعی جدا شدن کروموزوم ها ناکامل باشد.

سلول‌ها از مرحله ای از چرخه سلولی که در آن آسیب‌ها مشخص شده اند عبور نخواهد کرد.

در برخی موارد اگر آسیب قابل ترمیم نباشد، سلولی برنامه ریزی شده (آپوپتوز Apoptosis) خواهند شد.

fppt.com

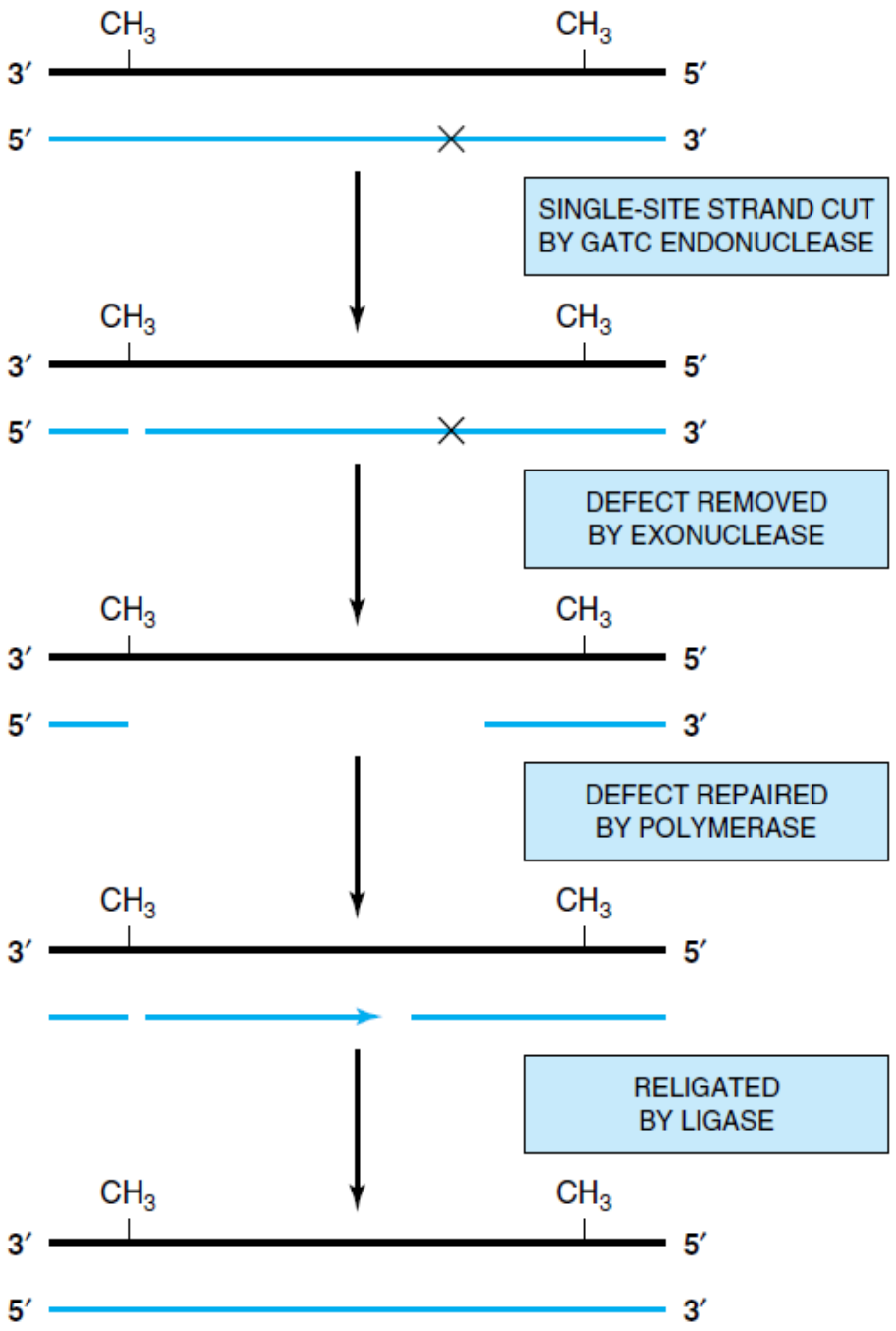
ترمیم DNAآسیب دیده

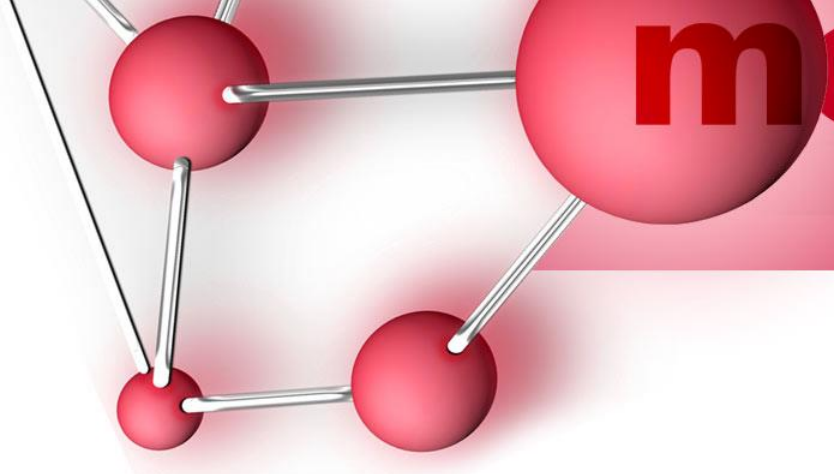


fppt.com

ترمیم بد - جورشدگی DNA

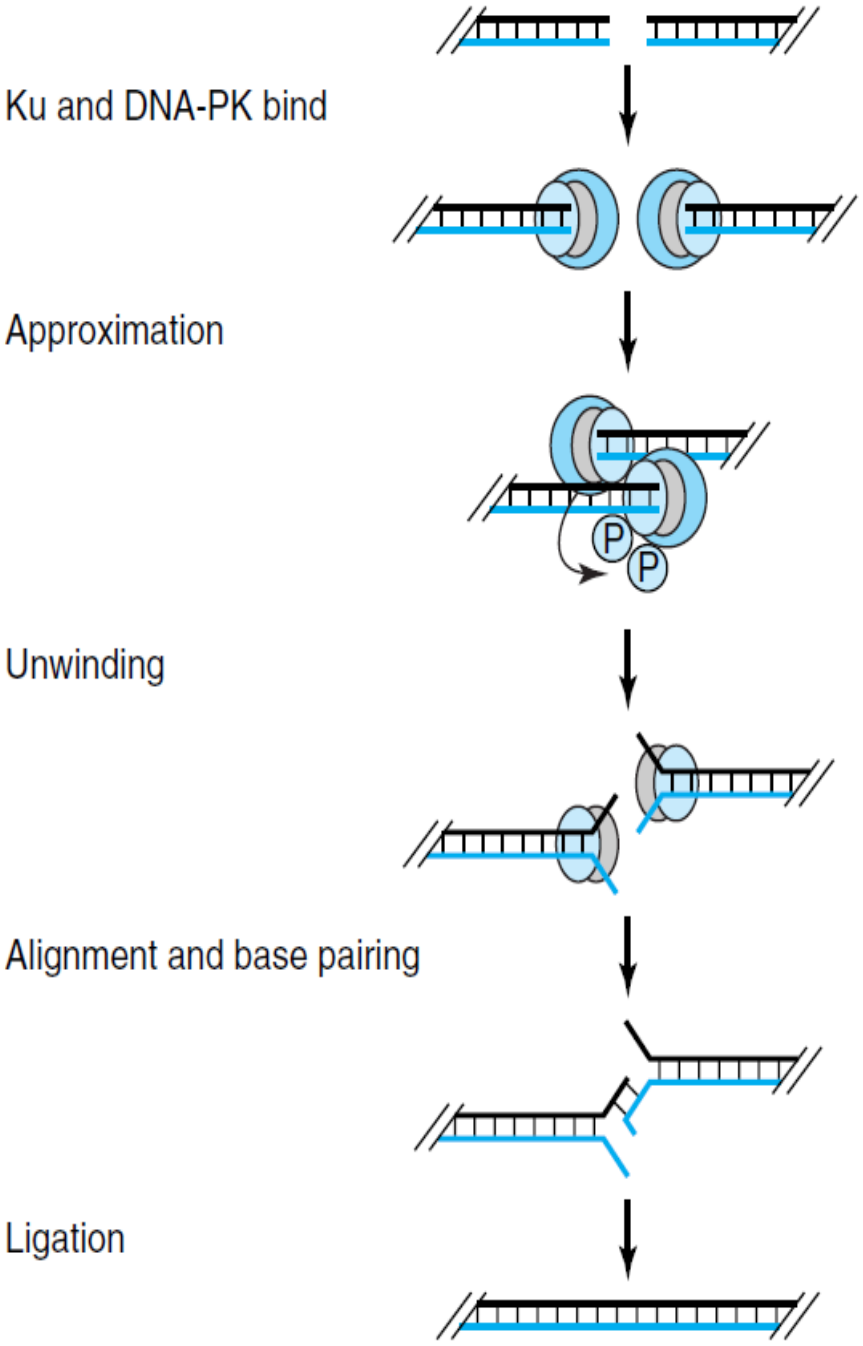
این مکانیسم یک جفت باز را که به صورت نادرست جور شده اند(مثلاً C با A به جای T با A)یا منطقه کوتاهی از DNA جفت نشده را تصحیح می کند. منطقه معیوب به وسیله اندونوکلئازی شناسایی می شود، که در توالی GATC متیله مجاور، برشی در یکی از رشته ها ایجاد می کند. رشته DNA تا محل جهش کاملاً حذف می شود، جایگزین می گردد و مجدداً به رشته اصلی اتصال می یابد.





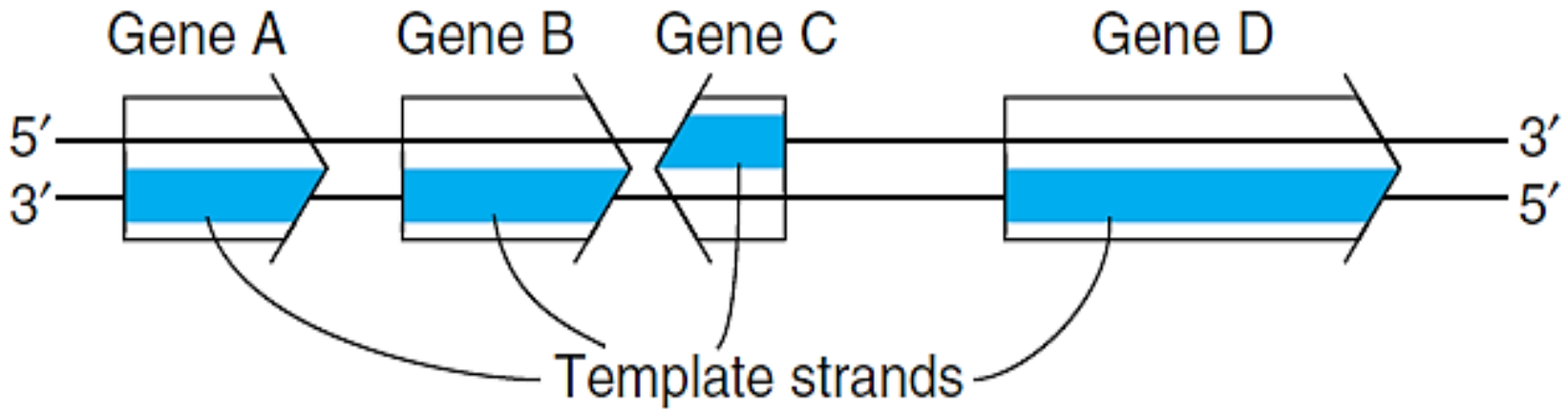
ترمیم شکستگی رشته مضاعف DNA

پروتئینهای Ku و پروتئین کیناز وابسته به DNA به هم اتصال می یابند و باعث می شوند دو رشته به هم نزدیک شده و مارپیچ دوتایی آن‌ها باز شود. بازهای قطعات حاصله با یکدیگر جفت می شوند، انتهاهای اضافی (احتمالاً به وسیله یک اندو یا اگزونوکلئاز وابسته بهDNA-PK) برداشته می شوند و فواصل پر می شوند، و پیوستگی رشته به وسیله اتصال قطعات به هم حفظ می شود



نسخه برداری

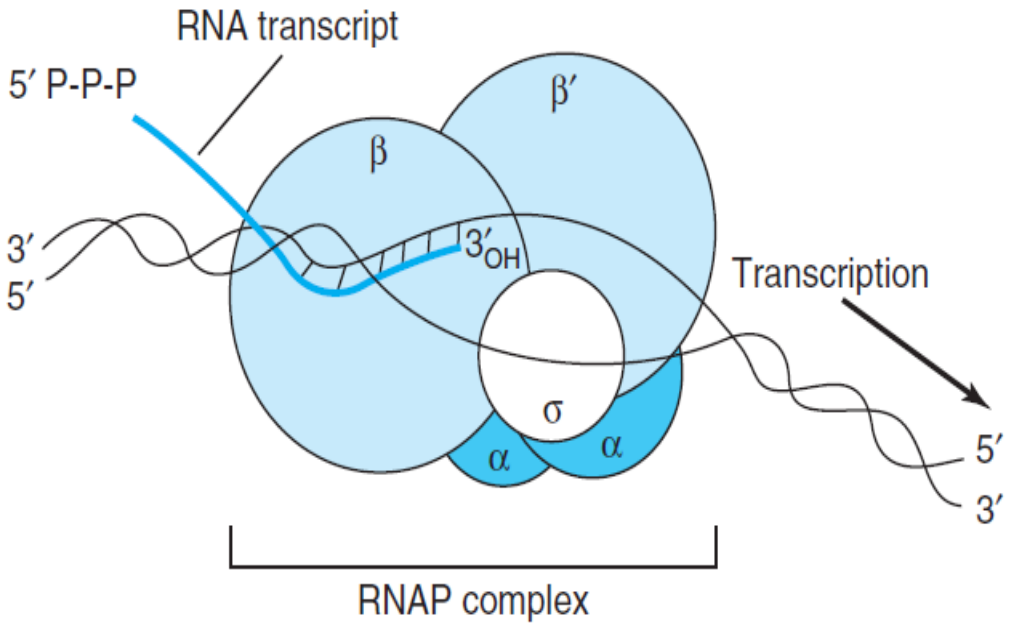
این شکل نشان می دهد که ژن ها می توانند ازهردو رشته DNA نسخه برداری شوند. سرفلش‌ها نمایانگر جهت نسخه برداری (قطبیت) است. توجه داشته باشید که رشته الگو همیشه در جهت ۳' به ۵' خوانده می شود. رشته مقابل،رشته کد کننده نامیده می‌شودزیرا (به استثنای تغییر T به جای U) مشابه نسخه mRNA (نسخه اولیه در سلول‌های یوکاریوت)است که محصول پروتئینی ژن راکدگذاری میکند.



RNAپلیمراز

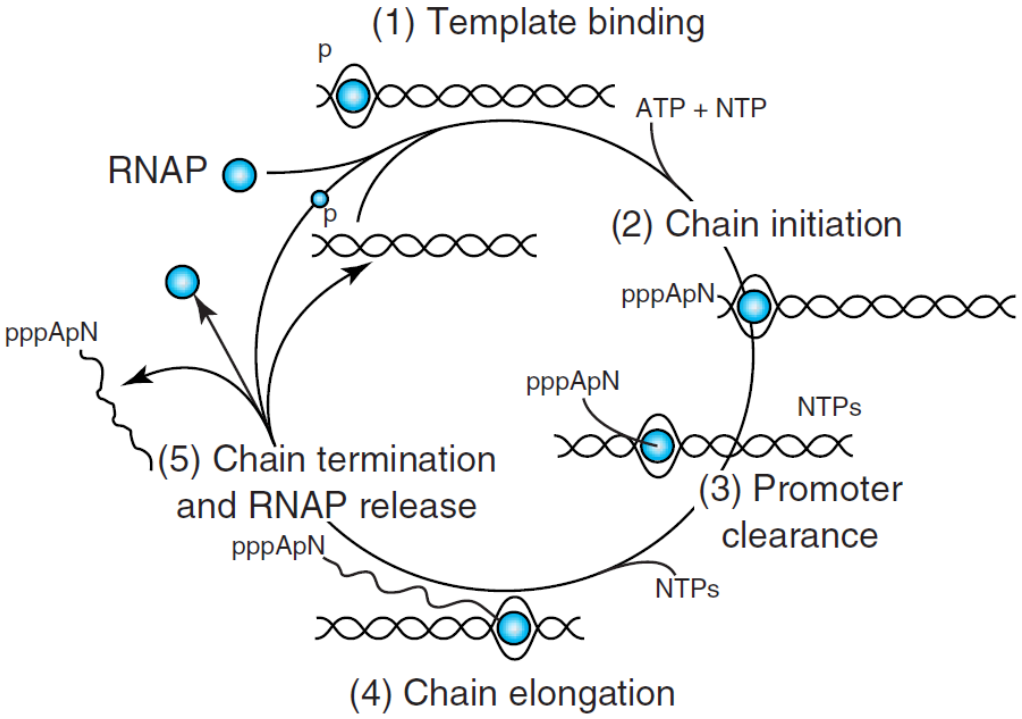
*RNA*پلیمراز (RNAP) ، کاتالیزور پلیمریزاسیون ریبونوکلئوتیدها و تشکیل یک توالی RNA است، توالی فوق ، مکمل رشته الگوی ژن است. نسخه RNA همان قطبیت رشته کد کننده را دارا است (۵' به ۳')، ولی به جای T حاوی U است. RNAP اشریشیا کولی متشکل از یک کمپلکس مرکزی از دو زیر واحد α و دو زیر واحدβ (β'وβ) است.

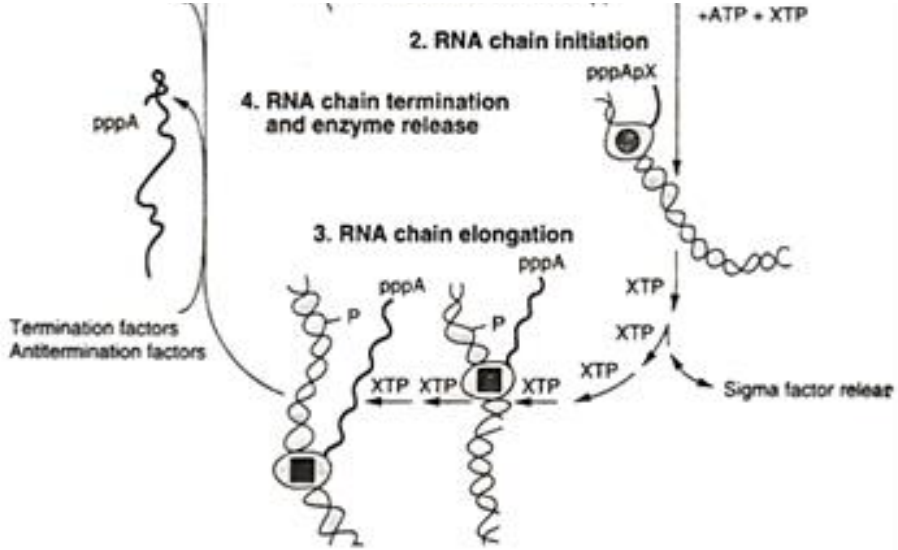
آنزیم کامل(holoenzyme)
شامل زیر واحد$\alpha_2\beta\beta'\varsigma$ مرکزی
متصل می شود. زیر واحد ωنشان
داده شده است حباب نسخه برداری
ناحیه ای حدود۲۰ bp از DNA
ذوب شده است. کل کمپلکس
بسته به شکل فضایی RNAP
ناحیه ای بین۳۰ bp تا
۷۵ را می پوشاند.



fppt.com

سیکل بیوسنتز RNA





چرخه نسخه برداری در باکتری ها. نسخه برد
باکتریای در چهار مرحله توضیح داده شده ا
(۱) اتصال به رشته الگو: RNA پلیمراز(NAP
DNA اتصال می یابدو یک پروموتر را شناسا
دو رشته DNA را از هم باز می کند تا یک کم
پیش از شروع (PIC) تشکیل شود.
(۲) شروع زنجیره : هولوآنزیم RNAP (قسمت
یکی از چندین عامل سیگما) کاتالیزور اتصال باز اول
(معمولاً ATP یا GTP) به ریبونوکلئوزید تری فسفات
دوم و تشکیل یک دی نوکلئوتید است.
(۳) طویل شدن زنجیره : واحدهای متوالی به پایانه -3'
OH مولکول RNA تازه تشکیل شده اضافه می شوند،
(۴) خاتمه و آزاد شدن : زنجیره RNA کامل شده و
RNAP از رشته الگو رها می شوند. هولوآنزیم RNAP
مجدداً تشکیل می گردد، یک پروموتر را پیدا می کند و
چرخه تکرار می شود

fppt.com

نامگذاری و خواص RNA پلیمراز های وابسته به DNAدر پستانداران

نوع آنزیم	حساسیت به آلفا – آمانیتین	محصولات اصلی
I (A)	غیر حساس	rRNA
II (B)	حساس به غلظتهای پائین	hnRNA (mRNA)
III (C)	حساس به غلظتهای بالا	tRNA و 5SRNA

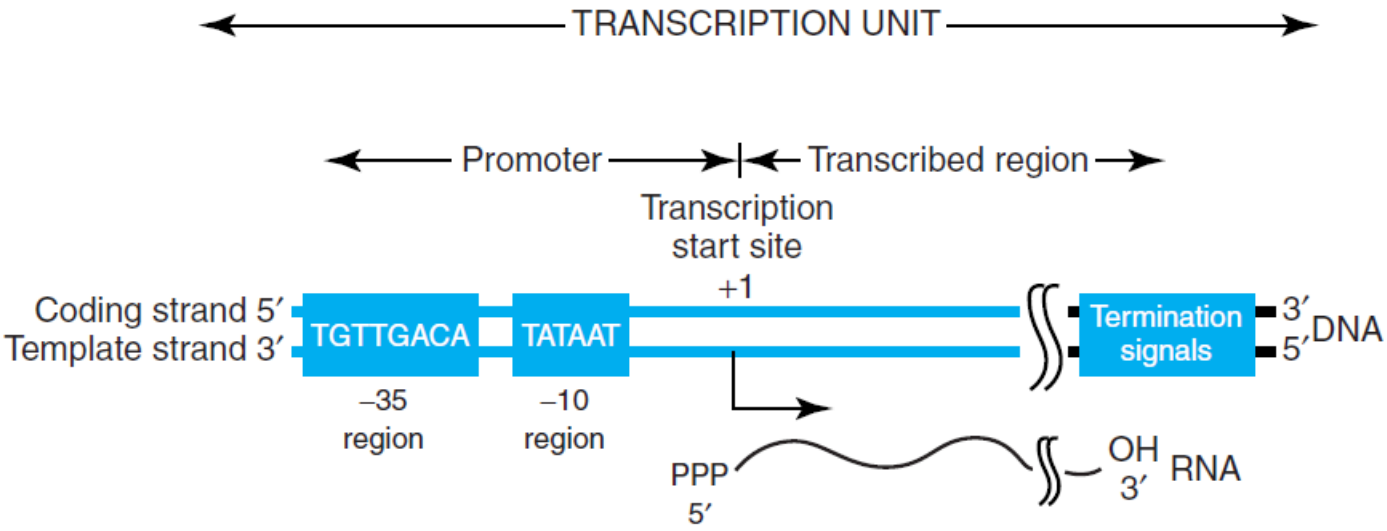
fppt.com

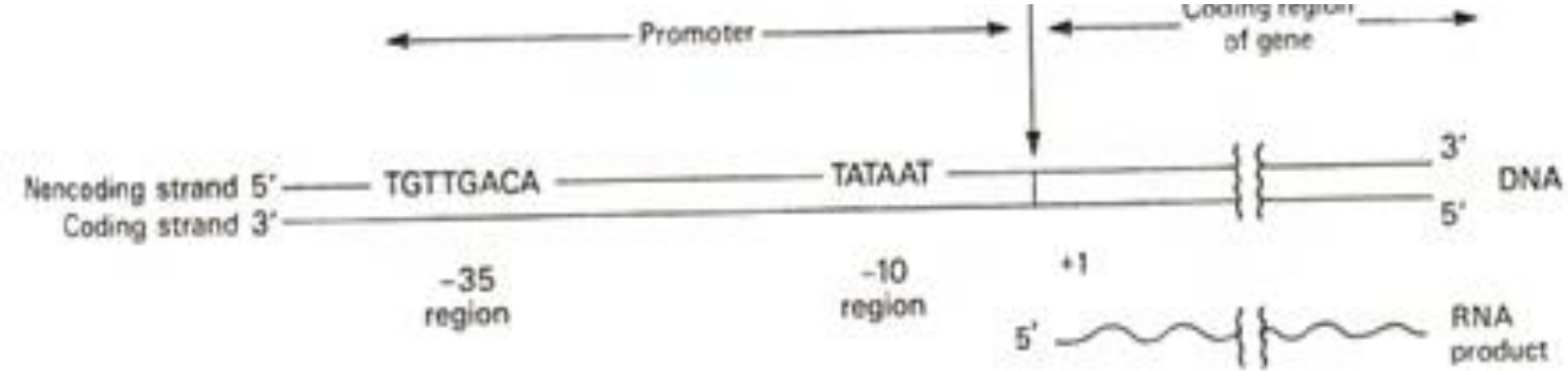
پروموتر شروع

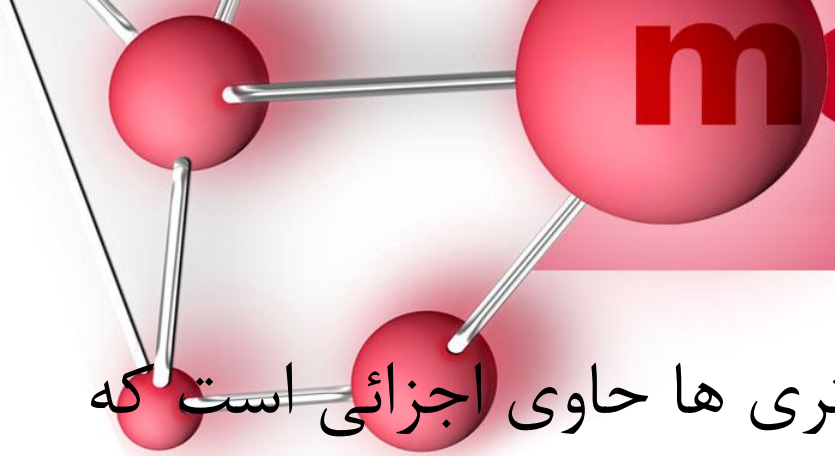
پروموترهای باکتریای، مانند پروموترE.Coli که در اینجا به نمایش درآمده است ، در دو منطقه حاوی توالی‌های نوکلئوتیدی شدیداً حفظ شده با یکدیگر اشتراک دارند. این مناطق pb ۳۵ وpb ۱۰ قبل از (در جهت' ۵ رشته کد کننده) نقطه شروع نسخه برداری (در ۱+) قرار گرفته اند، بر حسب قرارداد کلیه نوکلئوتیدهایی که قبل از نقطه شروع نسخه برداری (+۱) قرار گرفته اند با علامت منفی شماره گذاری می شوند. و توالیهای مجاور' ۵ (-'5 flanking seguences)نامیده می شوند. همچنین بر حسب قرار داد، توالیهای تنظیم کننده DNA (جعبه TATA و ...) در جهت '۵ به' ۳ و به همان صورتی که بر روی رشته کد کننده قرار دارند، بیان می شوند. با این وجود، اجزای فوق تنها در DNA دو رشته ای عملکرد دارند. توجه داشته باشید که نسخه تولید شده از این واحد نسخه برداری دارای همان جهت یا sense(یعنی جهت '۵ به' ۳) رشته کد کننده است. عاملcis خاتمه گر (termination cis element)در انتهای واحد نسخه برداری قرار می گیرد (برای جزئیات بیشتر شکل۳۲-۶را ببینید) بنابر قرارداد توالی‌های بعد از (downesteam)جایگاهی که در آن ختم نسخه برداری صورت می گیرند توالی‌های مجاور'۳ نامیده می‌شوند.

fppt.com

پروموتر شروع





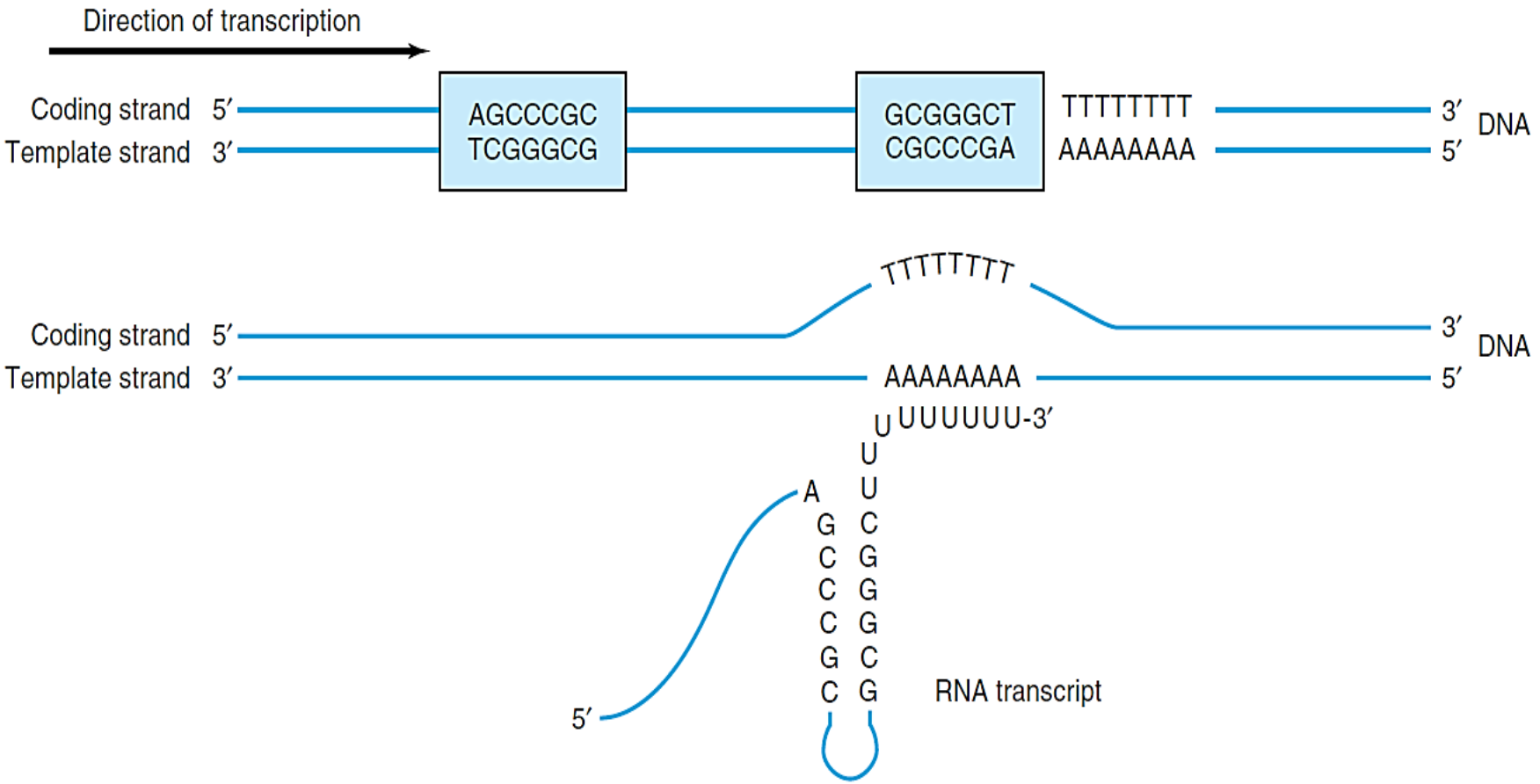


پروموتر خاتمه

پیام خاتمه نسخه برداری اصلی در باکتری ها حاوی اجزائی است که با فاصله قرار گرفته اند و بصورت معکوس تکرار می شوند (دو قسمتی که داخل کادر آورده شده اند) و به دنبال آن قطعه ای از جفت بازهای AT می آید (شکل بالا). هنگامی که این توالی تکراری معکوس به صورت RNA نسخه برداری شود، قادر به تولید ساختمان دوم در نسخه RNA است که در شکل پایین نشان داده شده است. تشکیل این RNA سنجاق سری ، باعث می شود که RNA پلی مراز متوقف شود و متعاقب آن خاتمه گر رو(ρ) به پلی مراز متوقف شده متصل شده و به طریقی باعث ختم زنجیره RNA شود.

fppt.com

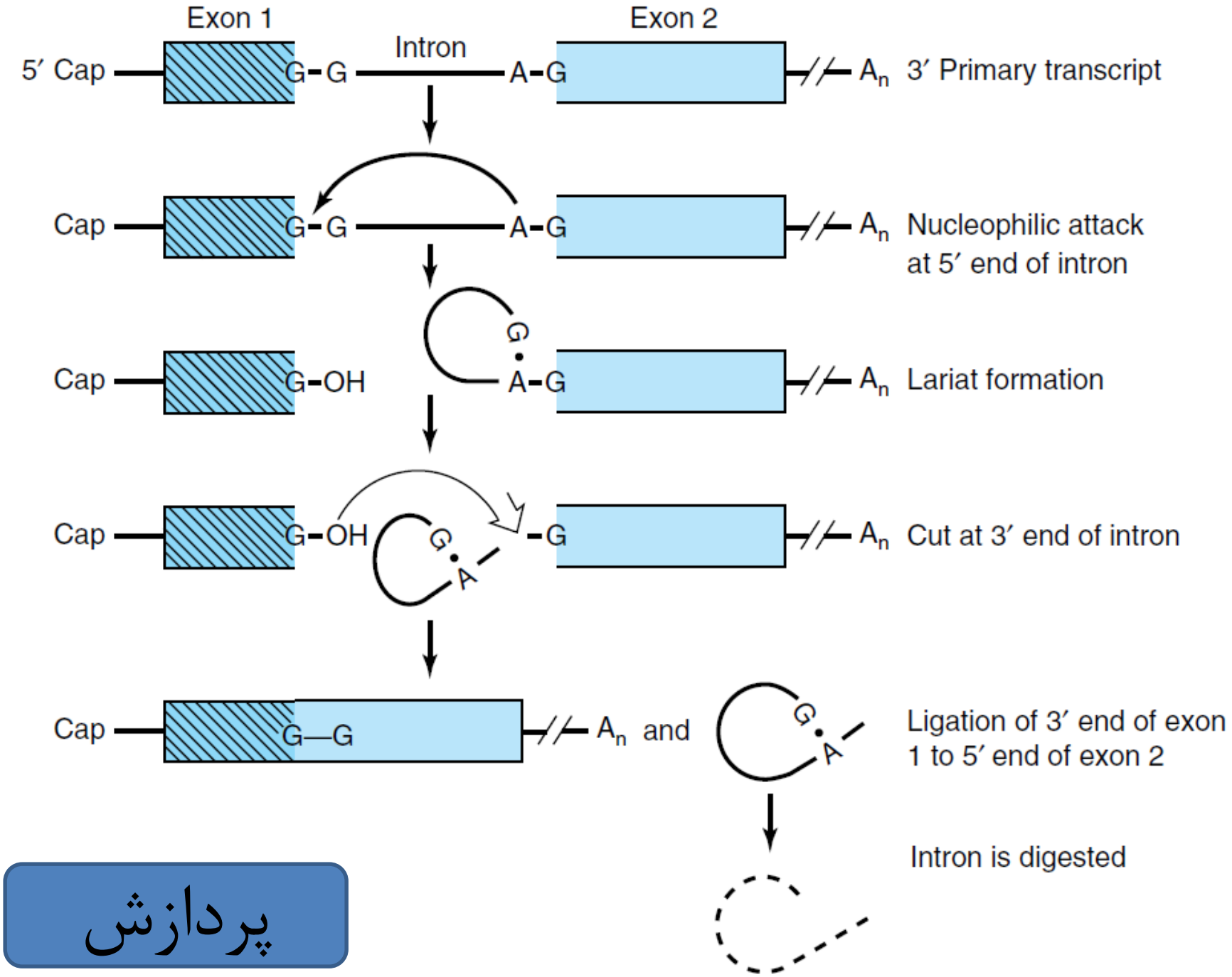
پروموتر خاتمه



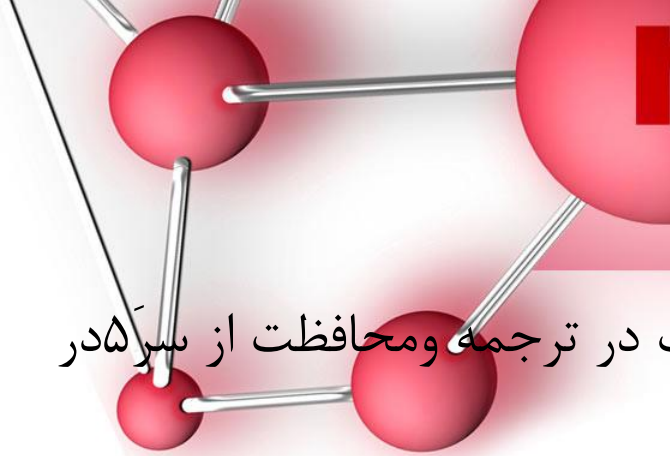
پردازش

پردازش نسخه اولیه به mRNA . در این نسخه فرضی ، انتهای ' ۵ چپ اینترون قطع شده است (↓) و قوسی بین G در انتهای ' ۵ اینترون و یک A در نزدیکی انتهای ' ۳ و در توالی مشترک UACUAAC تشکیل می شود. توالی اخیر، محل انشعاب نامیده می شودو این ' ۳ ترین A است که پیوند ' ۲-' ۵ با G برقرار می کند. آن گاه انتهای ' ۳ (راست) اینترون قطع می شود(⇓) . این امر باعث آزاد شدن قوس می شود. قوس ، تجزیه می شود و اگزون ۱ در واحدهای G به اگزون ۲ متصل می شود.

fppt.com


Exon 1
Intron
Exon 2
5′ Cap
G–G
A–G
A_n
3′ Primary transcript
Cap
Nucleophilic attack at 5′ end of intron
G–OH
Lariat formation
Cut at 3′ end of intron
G—G
and
Ligation of 3′ end of exon 1 to 5′ end of exon 2
Intron is digested

پردازش



تغییرات mRNA

1) . اضافه شدن کلاهکcapبه انتهای ´۵که وظیفه آن دخالت در ترجمه ومحافظت از سر´۵در برابر حمله اگزونوکلئازها میباشد.
2) ۲۰نوکلئوتید پایین تر از توالی AAUAAقطع شده و سپس دنباله پلی A به انتهای ´۳اضافه میشود، وظیفه آن حفاظت از دم ´۳در برابر حمله اگزونوکلئازهاست.
3) در هر دو سر ´۵و ´۳منطقه کد کننده mRNAنوکلئوتیدهای اضافی در مناطق ترجمه نشدنی یا غیر کد کننده وجود دارد،وظیفشون در پردازش،انتقال،تجزیه و ترجمه ست.
4) اصلاح RNA منجر به تغییرات اطلاعات کدکننده میشود به طوری که توالی کد کننده mRNAبا توالی DNAمربوط به خود متفاوت است.
5) بعد از ورود mRNAبه سیتوپلاسم ، متیلاسیون ثانویه mRNAبر روی اجزا ´۲هیدروکسی وَN۶ آدنیل روی میدهد.
6) آنزیمی که در تولید نقش داردRNAپلیمراز۲ ست.
7) نقطه اتصال در لبه سمت چپ اینترون معمولا تولی AGGUرا دارد و در لبه سمت راست معمولا به دنبال توالی ثابت Guبا توالی AGمیاید.

fppt.com

تغییرات tRNA

1) . تغییراتی در بازهایtRNAمانند متیلاسیون،دزآمیناسیون،احیا وآرایش مجدد پیوند گلیکوزیدی رخ میدهد.
2) tRNA بصورت پیش سازهای بزرگی رونویسی میشوند،آنها شامل توالی بیش از یک tRNA هستند و سپس به وسیله ریبونوکلئازهای خاصی مورد پردازش نوکلئولیزی و کاهش اندازه واقع میشوند.
3) ژن های بعضی از مولکول های tRNA یک اینترون به طول ۴۰-۱۰ نوکلئوتید دارند که در نزدیکی حلقه آنتی کدون قرار دارد، از روی آن درون ژن های tRNAرونویسی انجام میشود.
4) آنزیم هایی که tRNAرا مورد پردازش قرار میدهند علاوه برساختمان خطی قادر به شناسایی ساختمان سه بعدی آن هم هستند.
5) آلکیلاسیون نوکلئوتیدها.
6) اتصالCCA به انتهای ´۳توسط آنزیم نوکلئوتیدیل ترانسفراز که احتمالا در سیتوپلاسم صورت میگیرد.
7) آنزیمی که در تولید نقش داردRNAپلیمراز ۳ ست.

fppt.com

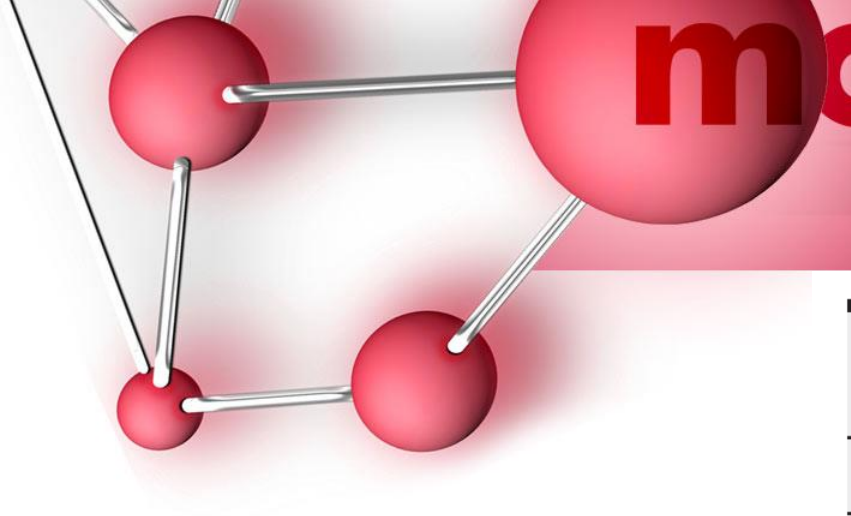
تغییراتrRNA

1) .ابتدا یک مولکول RNAمورد رونویسی قرار گرفته سپس پیش ساز در هستک مورد پردازش تا به اجزای مورد نیاز تبدیل شود. رونوشت اولیه مولکول 45s است که در هستکمتیله میشود.ژن های rRNA در هستک های سلول پستانداران واقع است.
2) عمل پردازش برخلافmRNA توسط واکنش های اندونوکلئولیتیک و اگزونوکلئولیتیک صورت میگیرد rRNAمجددا در پردازش متیله میشود.
3) زیرواحد کوچک40sریبوزوم از مولکول rRNA18s و ۳۰ پروتئین ریبوزومی بوجود میاید.زیر واحد بزرگ60s ریبوزوم از مولکول 5/8s ,28s ، ۵۰ پروتئین ریبوزومی بوجود میاید.
4) آنزیمی که پیش واحد را تولید میکند RNAپلیمراز ۱ است.

fppt.com

تنظیم مقدارmRNA

fppt.com



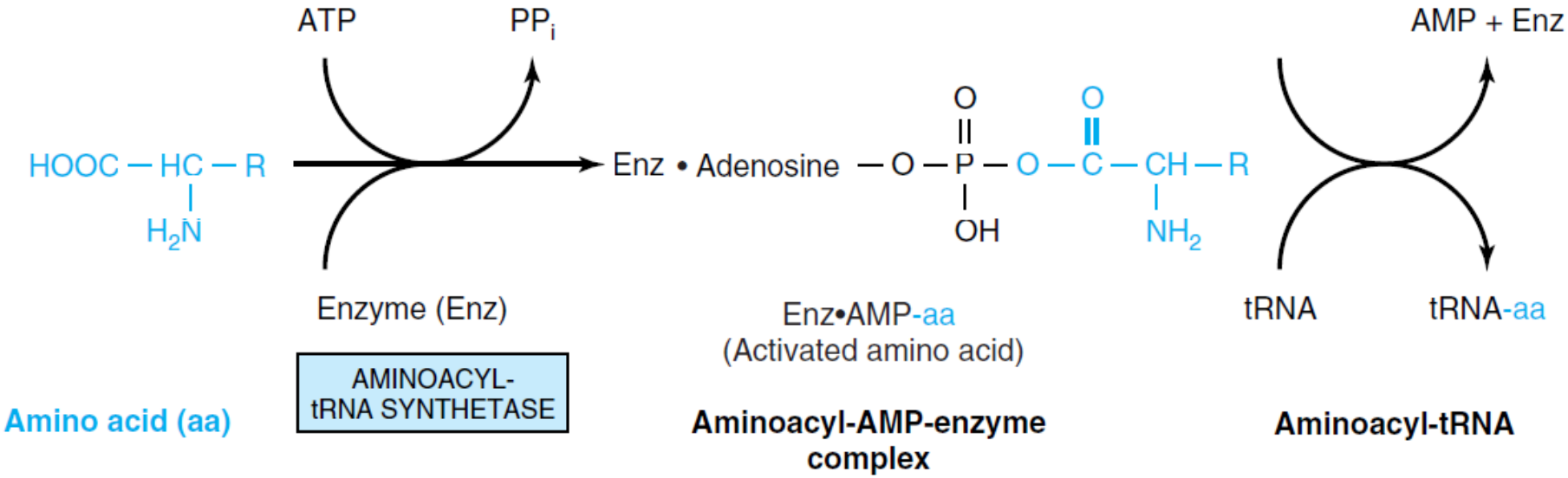
رمز ژنتیکی

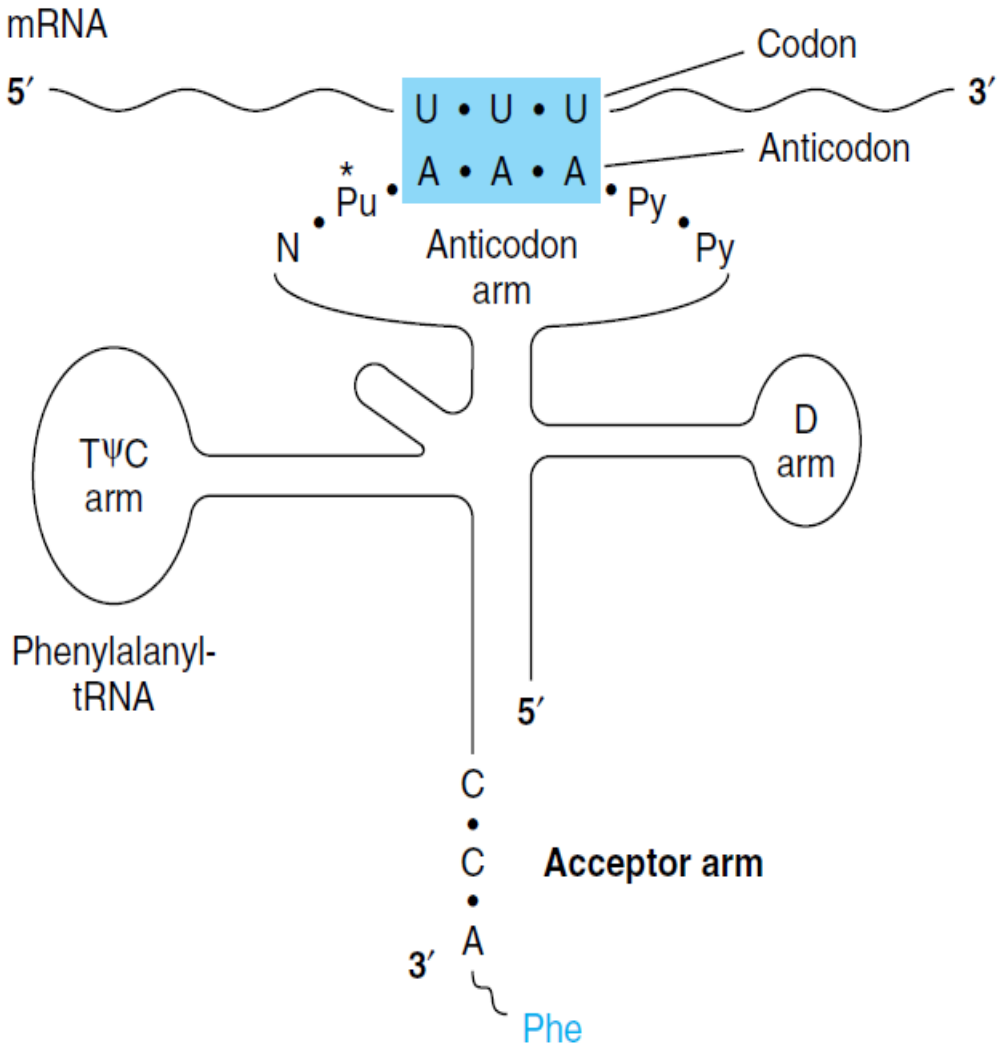
(نشانه های کدون های موجود در RNA پیامبر پستانداران)

First Nucleotide	Second Nucleotide				Third Nucleotide
	U	C	A	G	
U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U
	Phe	Ser	Tyr	Cys	C
	Leu	Ser	Term	Term[2]	A
	Leu	Ser	Term	Trp	G
C	Leu	Pro	His	Arg	U
	Leu	Pro	His	Arg	C
	Leu	Pro	Gln	Arg	A
	Leu	Pro	Gln	Arg	G
A	Ile	Thr	Asn	Ser	U
	Ile	Thr	Asn	Ser	C
	Ile[2]	Thr	Lys	Arg[2]	A
	Met	Thr	Lys	Arg[2]	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	U
	Val	Ala	Asp	Gly	C
	Val	Ala	Glu	Gly	A
	Val	Ala	Glu	Gly	G

تشکیل آمینوآسیل

تشکیل آمینوآسیل– tRNA. یک واکنش دو مرحله ای با دخالت آنزیم آمینوآسیل – tRNA سنتتاز منجر به تشکیل آمینوآسیل – tRNA می شود. واکنش اول عبارت است از تشکیل یک کمپلکس AMP– اسید آمینه – آنزیم . سپس این اسید آمینه فعال شده ، به مولکول tRNA مربوطه منتقل می شود.AMP و آنزیم آزاد می گردند و آنزیم می تواند مجدداً مورد استفاده قرار گیرد. واکنش های باردار شدن tRNA میزان خطایی کمتر از $۱۰^{-۴}$ دارند و لذا صحت فوق العاده ای دارند.



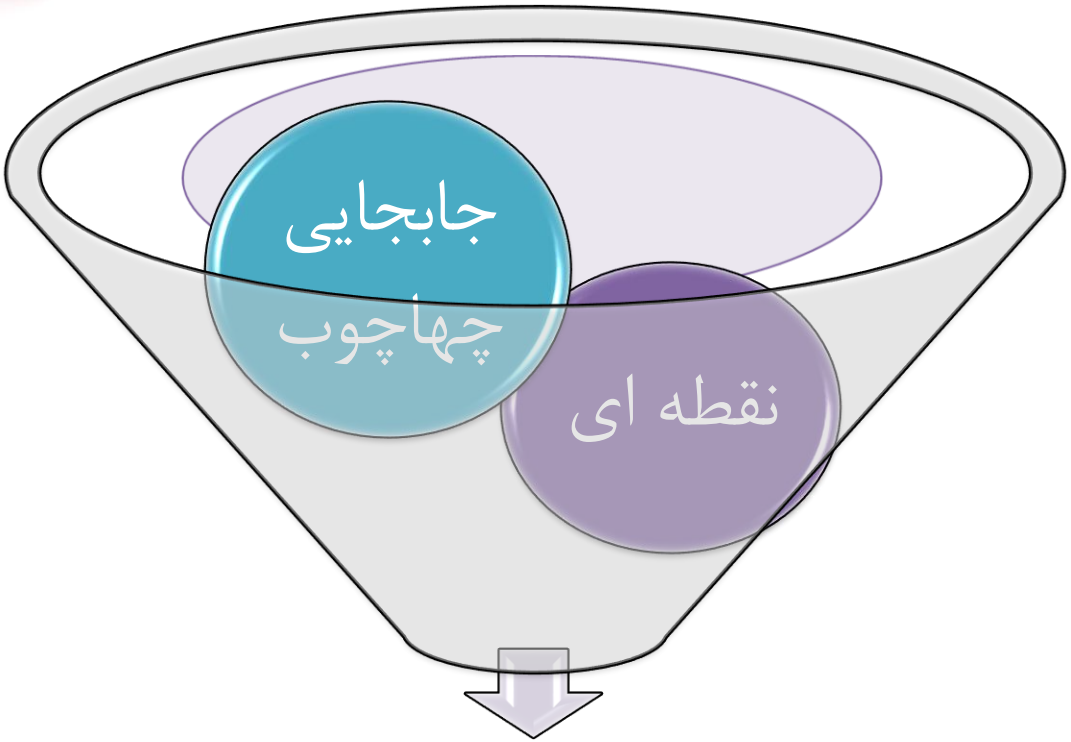


شناسایی کدون توسط آنتی کدون

یکی از کدون های مربوط به فنیل آلانین UUU است. tRNA حامل فنیل آلانین دارای توالی مکمل AAA است، لذا کمپلکسی از جفت باز با کدون تشکیل می دهد. به طور معمول منطقه آنتی کدون از یک توالی هفت نوکلئوتیدی تشکیل می یابد: متغیر N پورین تغییر یافته (Pu) Z,Y,X, و دو پیریمیدین (Py) درجهت ' ۳ به ' ۵

fppt.com

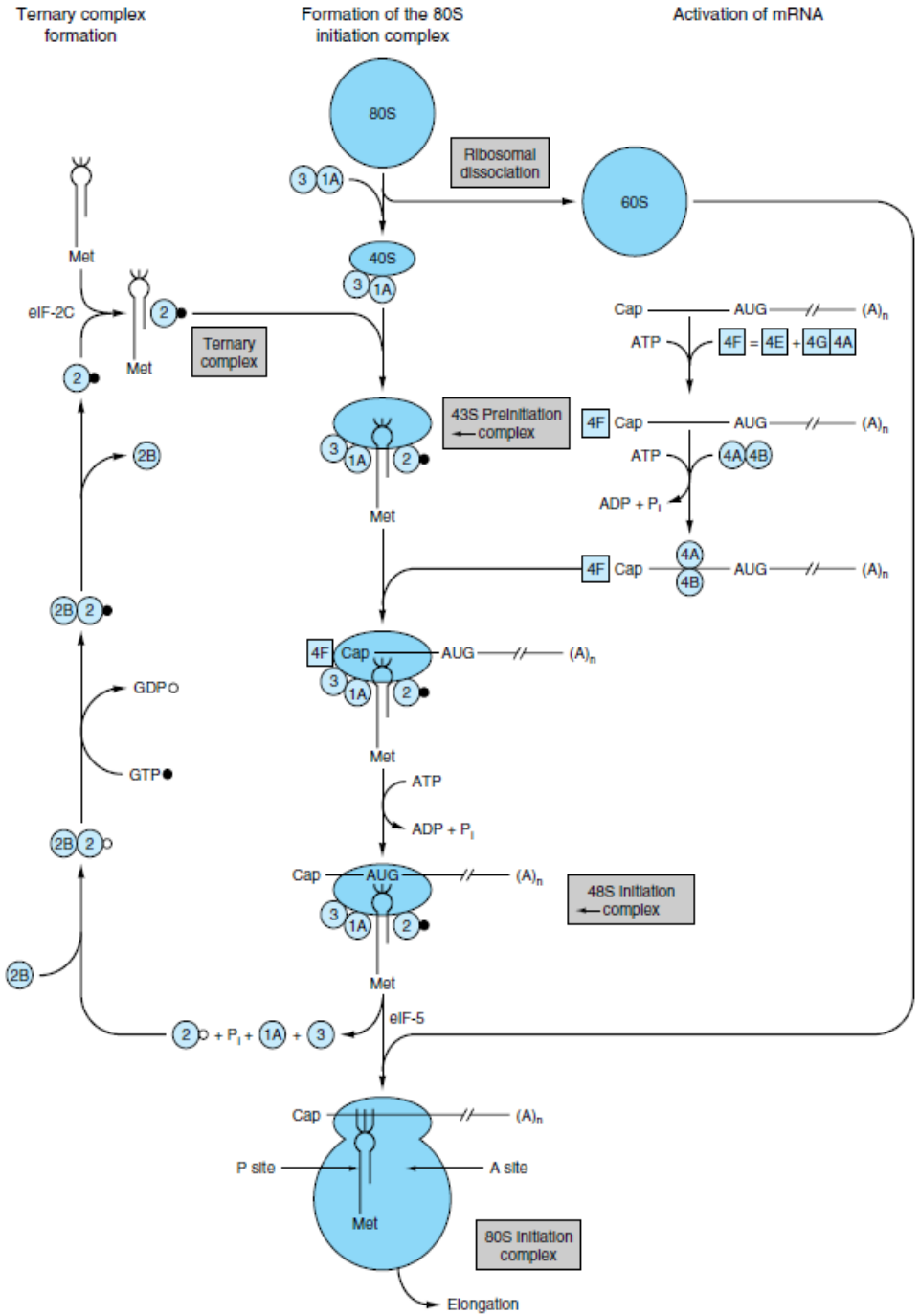
جهش یا موتاسیون



جهش

fppt.com

شروع بیوسنتز

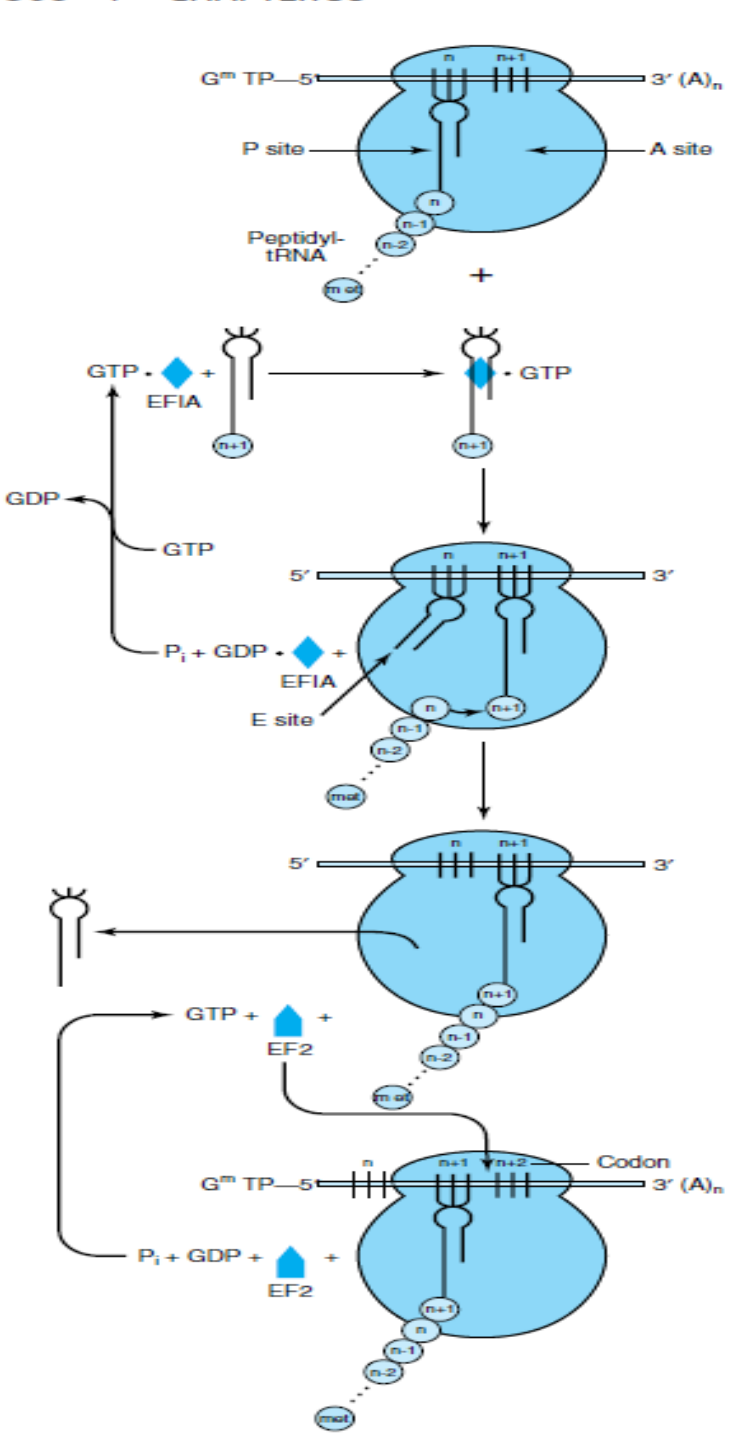


نمایش شروع سنتز پروتئین بر روی رشته الگوی mRNA حاوی یک کلاهک ۵' (G^mTP-5') و پایانه ۳' پلی[A_n]A 3'. این کار در سه مرحله انجام می گیرد: (۱) فعال شدن mRNA (۲) تشکیل کمپلکس سه تایی متشکل از metTRA، عامل شروع eIF-2 و GTP و (۳) تشکیل کمپلکس شروع 80S فعال. (برای پی بردن به جزئیات به متن مراجعه کنید.) GTP=● GDP=o عوامل مختلف شروع به شکل مخفف به صورت دایره یا مربع آورده شده اند، مثلاً ③=eIF-3 ، □=eIF-4F . 4F کمپلکسی متشکل از 4E و 4A متصل به 4G است. بر اثر اتصال فاکتورهای پروتئینی و زیر واحد شود.هنگامی که این کمپلکس به mRNA اتصال یابد، کمپلکس پیش از شروع 48S را می سازد.

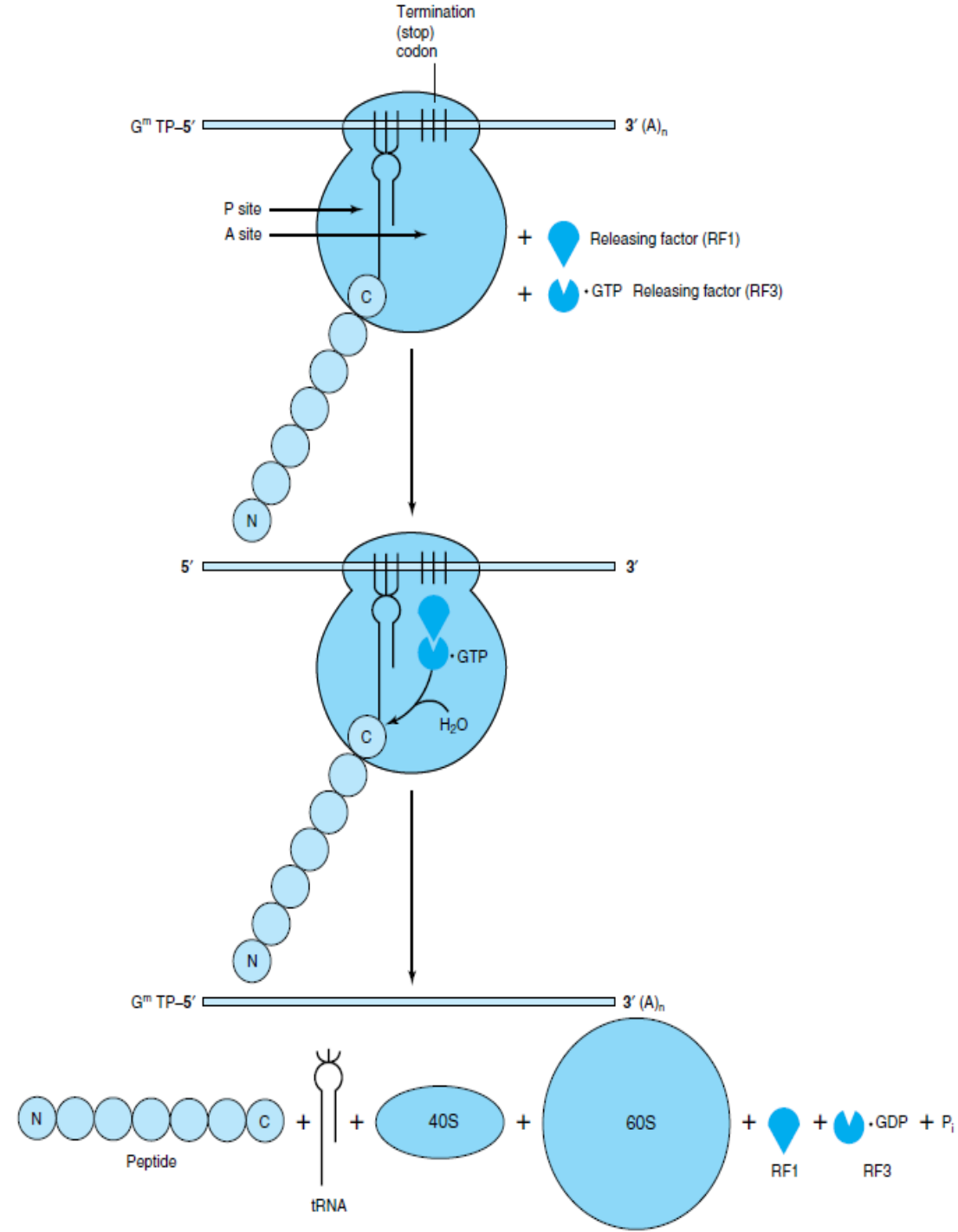
fppt.com

طویل شدن:

- اتصال آمینوآسیل tRNA به جایگاه A
- تشکیل پیوند پپتیدی
- جابجایی



خاتمه بیوسنتز



نمایش روند خاتمه در سنتز پروتئین . جایگاه های پپتیدیل – tRNA و آمینوآسیل – tRNA به ترتیب به صورت جایگاه P و A نمایش داده شده اند. کدون خاتمه (توقف) بوسیله ۳ خط عمودی نشان داده شده است. فاکتور رها کننده(Releasing Factor) RF1 به کدون توقف متصل می شود فاکتور رها کننده RF3 با GTP متصل به آن به RF1 می چسبد هیدرولیز کمپلکس پپتیدیل – tRNA بصورت ورود یک H_2O نشان داده شده است. N و C به ترتیب بیانگر اسیدهای آمینه پایانه آمین و کربوکسیل هستند، و جهت دار بودن پروتئین را نشان می دهند.

fppt.com

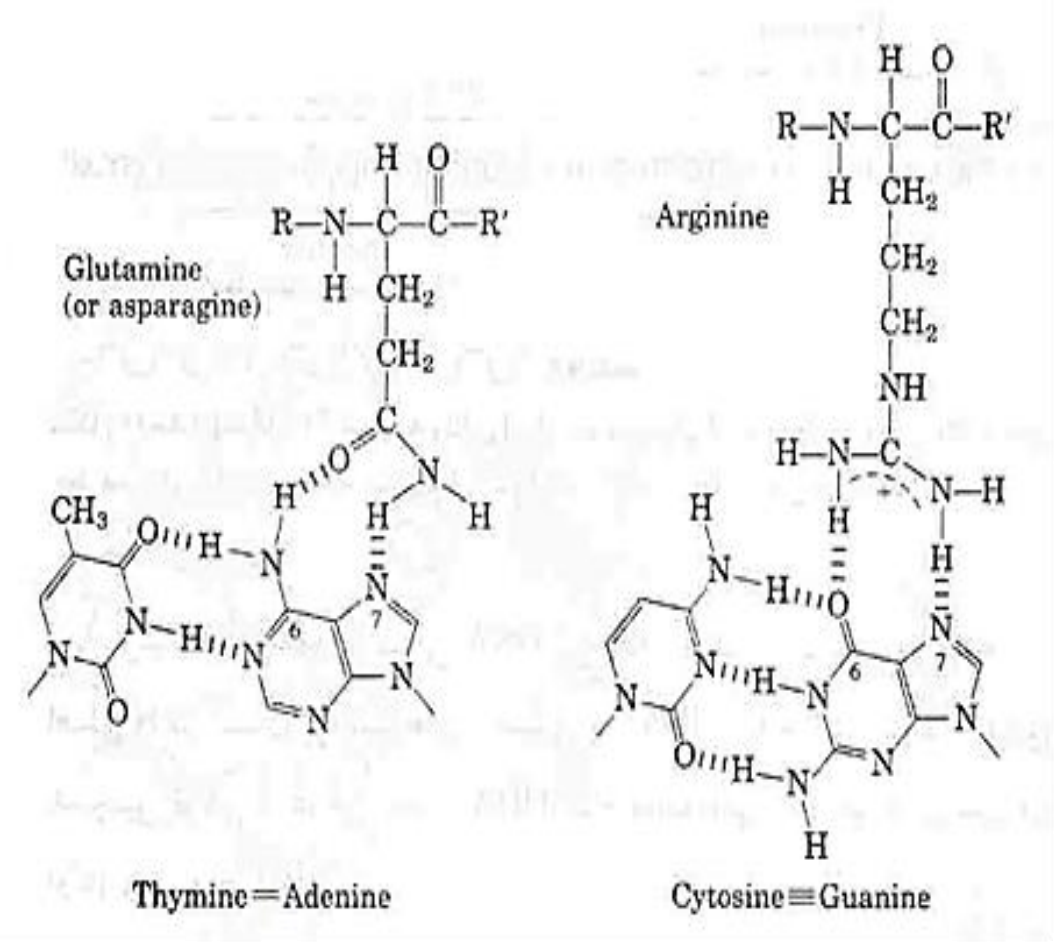
اصول بیان ژن

fppt.com

دو مثال از واکنش‌های متقابل اختصاصی آمینواسید –جفت باز که در اتصال پروتئین – DNA مشاهده شده‌است

fppt.com

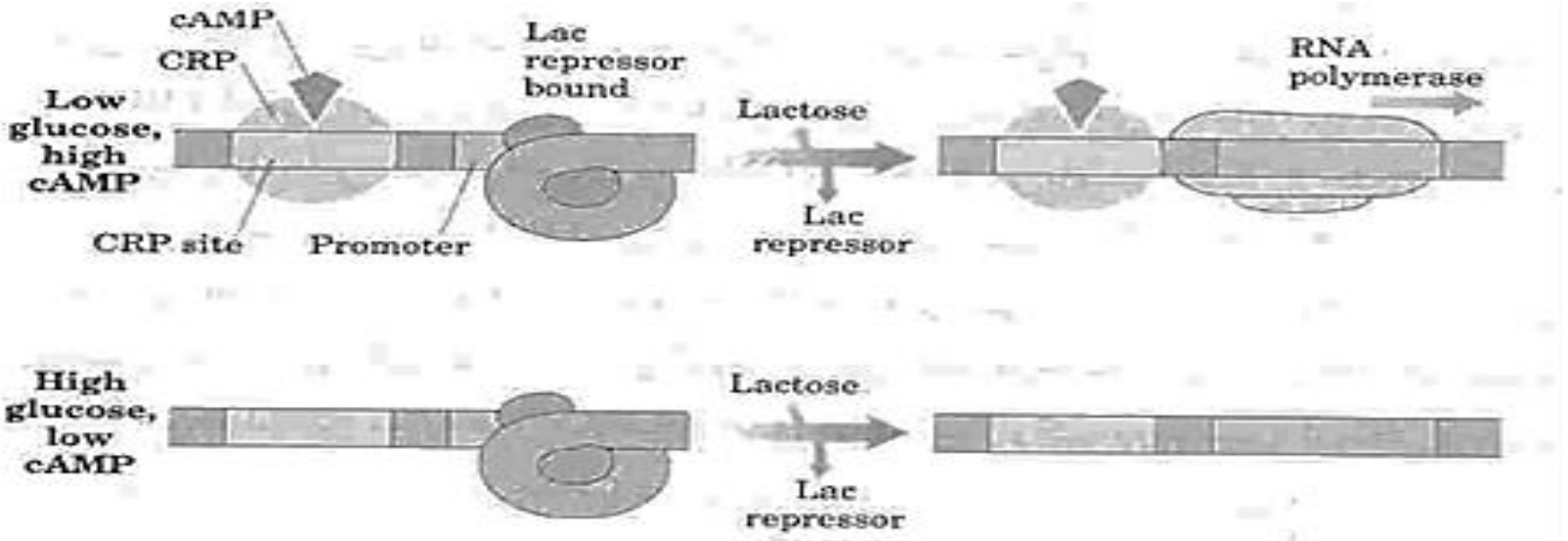
اپرون پروکاریوتی شاخص. ژن‌های mRNA بر روی یک C و A،B پلی‌سیسترونیک رونویسی می‌شوند. توالی‌های تنظیمی شاخص شامل جایگاه‌های اتصالی برای پروتئین‌های است که رونویسی را از محل پروموتر یا فعال و یا مهار *می‌نمایند.*



fppt.com

اپران لک

اثرات مرکب گلوکز و لاکتوز بر روی بیان اپرون lac. رونویسی تنها زمانی رخ می‌دهد که غلظت گلوکز پایین بوده(به‌طوریکه مقادیر cAMP بالا بوده و CRP متصل می‌باشد)و غلظت‌های لاکتوز بالا باشد(به‌طوریکه یک رپرسور lac اتصال نمی‌یابد).



fppt.com

پایان فصل پنجم

fppt.com