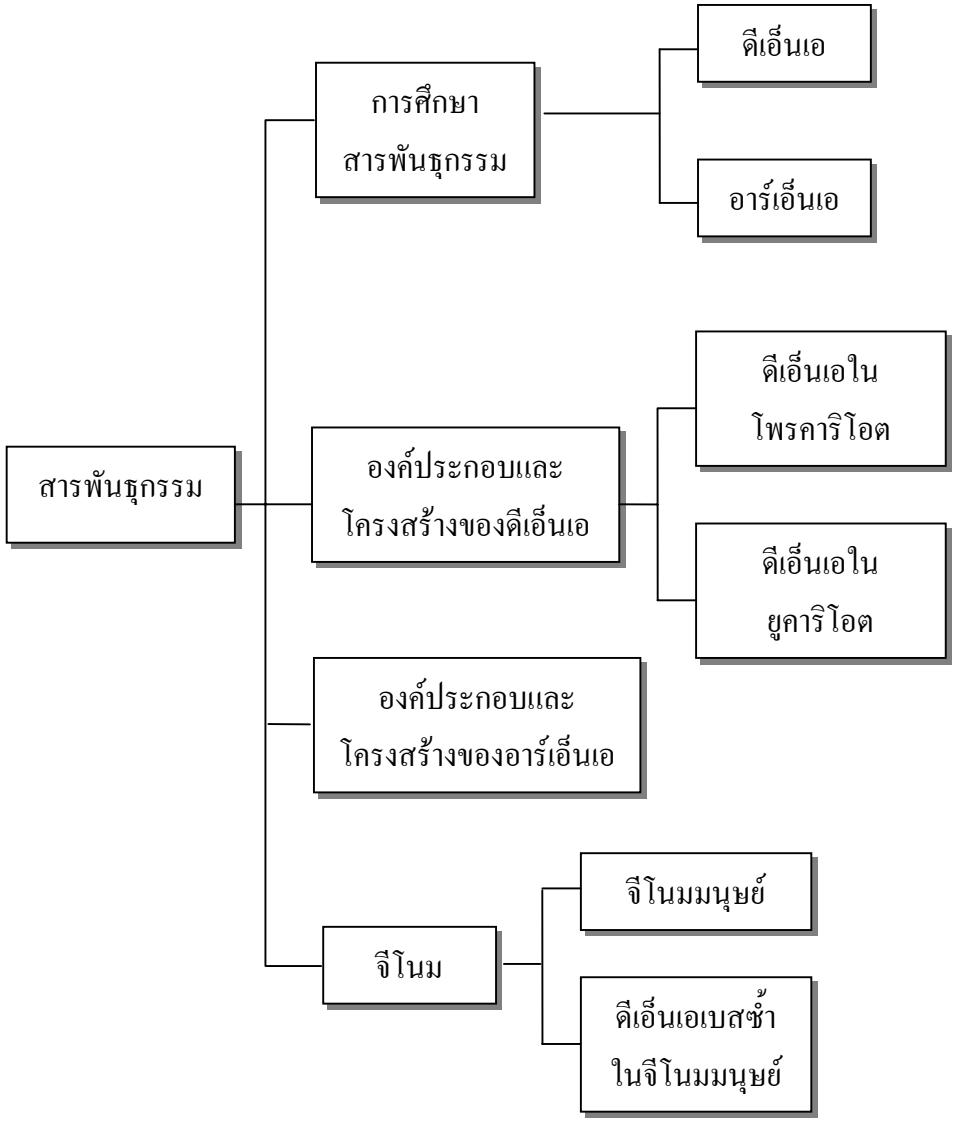
บทที่ 2 *สารพันธุกรรม*

แผนผังมโนทัศน์

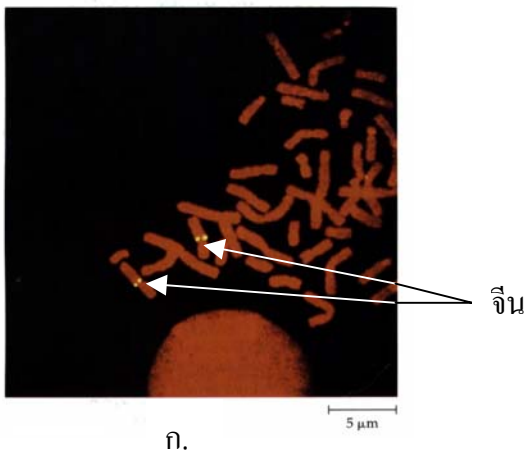


การศึกษาสารพันธุกรรม

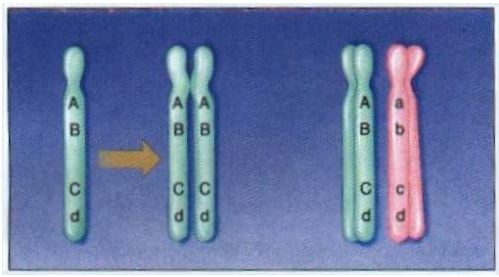
การที่สิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดมีลักษณะพันธุกรรมเฉพาะตัวไม่เหมือนกับสิ่งมีชีวิตอื่น หรือลักษณะพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตชนิดเดียวมีหลายลักษณะที่แตกต่างกัน เนื่องจากภายในเซลล์สิ่งมีชีวิตมีจีนซึ่งเป็นสารพันธุกรรมเป็นตัวควบคุม นักวิทยาศาสตร์จึงได้พยายามศึกษาค้นคว้าเพื่อพิสูจน์ว่า สารพันธุกรรมเป็นสารชนิดใด มีองค์ประกอบโครงสร้างอย่างไร โดยมีแนวความคิดว่าสารพันธุกรรมควรมีโครงสร้างถาวรหรือเกิดการเปลี่ยนแปลงได้น้อย มีข้อมูลพันธุกรรม (Genetic information) ที่สามารถถ่ายทอดไปยังสิ่งมีชีวิตรุ่นต่อไปได้ รวมทั้งสามารถสร้างขึ้นใหม่ให้เหมือนเดิมในระหว่างการเจริญเติบโตและการแบ่งเซลล์

เริ่มจากปี ค.ศ. 1869 **โยฮันน์ ฟรีดริช มีเชอร์** (ค.ศ. 1844-1895) นักชีวเคมีชาวสวิส สามารถแยกสารชนิดหนึ่งออกมาจากนิวเคลียสของเซลล์ สารนี้ประกอบด้วยธาตุคาร์บอน ไฮโดรเจน ออกซิเจน ไนโตรเจน และฟอสฟอรัส แต่สารนี้ไม่ใช่คาร์โบไฮเดรต ลิพิด และโปรตีน จึงได้ตั้งชื่อสารนี้ว่า ***นิวคลีอิน*** (Nuclein) ภายหลังพบว่าสารนี้มีคุณสมบัติเป็นกรด จึงเรียกชื่อใหม่ว่า ***กรดนิวคลีอิก*** (Nucleic acid)

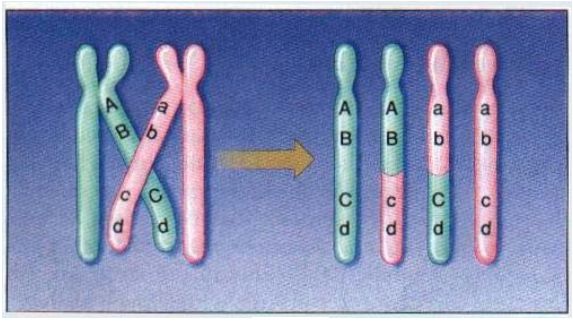
ปีค.ศ. 1902 **วอลเตอร์ สแตนบะระ ซัตตัน** (Walter Stanborough Sutton ค.ศ. 1877 – 1919) ชาวอเมริกัน เป็นผู้ค้นพบว่าจีนอยู่บนโครโมโซม (ดูภาพ 2-1) ด้วยเหตุนี้เองทำให้จีนซึ่งเป็นสิ่งที่ควบคุมลักษณะพันธุกรรมตามความคิดของเมนเดลมาสัมพันธ์กับโครโมโซม เพราะเมื่อฮอมอโลกัสโครโมโซมแยกตัวออกจากกันในกระบวนการแบ่งเซลล์แบบไมโอซิส ทำให้คู่จีนซึ่งอยู่บนโครโมโซมที่เข้าคู่กัน แยกตัวออกจากกันเข้าสู่เซลล์สืบพันธุ์เซลล์ละ 1 จีน ตามกฎของเมนเดลกฎข้อที่ 1 กฎการแยกตัวของจีน (รายละเอียดดูได้ในบทที่ 3)



ก.



ข.



ค.

ภาพ 2-1 แสดงจีนอยู่บนโครโมโซม

ก. ภาพถ่ายโครโมโซมของมนุษย์จากกล้องจุลทรรศน์ธรรมดาชนิดใช้แสง โดยใช้สีย้อมเรืองแสง แสดงตำแหน่งของจีนบนโครโมโซมที่ (ปลายลูกศรชี้) ควบคุมการสังเคราะห์เอนไซม์ไกลโคเจนฟอสฟอริเลส

ข. ภาพวาดจีนเรียงตัวเป็นชุดบนโครโมโซม ก่อนที่จะมีการแบ่งเซลล์ โครโมโซมจะมีการจำลองตัวเองเช่นเดียวกับจีนก็มีการจำลองตัวเอง

ค. ภาพวาดแต่ละคู่โครโมโซมที่เหมือนกันจะมีชุดของจีนที่ควบคุมลักษณะเดียวกัน

(Campbell. 1993 : 280 และ Starr and Taggart. 1992 : 184)

ค.ศ. 1904 **ทอมัส ฮันต์ มอร์แกน** (Thomas Hunt Morgan ค.ศ. 1866 – 1945) ชาวอเมริกันผู้ค้นพบความสัมพันธ์ของกฎและกลไกทางพันธุกรรมโดยตั้ง***ทฤษฎีโครโมโซมของพันธุกรรม*** (Chromosome theory of heredity) จากการทดลองศึกษาการถ่ายทอดพันธุกรรมในแมลงหวี่ *(Drosophils melanogaster)* ทำให้พบลักษณะตาสีแดงของแมลงหวี่ถูกควบคุมโดยจีนบนโครโมโซม X ซึ่งเป็นการสนับสนุนการค้นพบของซัตตันที่ว่า จีนอยู่บนโครโมโซมได้ดียิ่งขึ้น

ต่อมามีนักวิทยาศาสตร์หลายท่านได้ทำการทดลองและอาศัยหลักฐานต่าง ๆ สรุปได้ว่าสารพันธุกรรม คือกรดนิวคลีอิกซึ่งได้แก่ ดีเอ็นเอ (DNA ย่อมาจาก Deoxyribo Nucleic Acid) และอาร์เอ็นเอ (RNA ย่อมาจาก Ribo Nucleic Acid) นั่นเอง

ดีเอ็นเอ

หลักฐานและการทดลองที่แสดงว่าดีเอ็นเอเป็นสารพันธุกรรม มีดังนี้

1. ดีเอ็นเอส่วนใหญ่มักจะปรากฏในโครโมโซม ส่วนอาร์เอ็นเอและโปรตีนมักจะปรากฏในไซโทพลาสซึม
2. ปริมาณดีเอ็นเอจะสัมพันธ์กับจำนวนชุดของโครโมโซม คือ ปริมาณของดีเอ็นเอในเซลล์ร่างกายจะเป็น 2 เท่าของปริมาณดีเอ็นเอในเซลล์สืบพันธุ์
3. ดีเอ็นเอในเซลล์เนื้อเยื่อต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิตชนิดหนึ่งจะมีปริมาณเท่ากัน และคงที่เสมอ ไม่ว่าจะมีการเปลี่ยนแปลงของสิ่งแวดล้อม อาหาร อายุ หรือสภาพของเซลล์ เช่น ดีเอ็นเอในเซลล์เนื้อเยื่อต่าง ๆ ของมนุษย์จะเท่ากันดังตาราง 2 - 1

ตาราง 2–1 แสดงปริมาณดีเอ็นเอในเซลล์เนื้อเยื่อต่าง ๆ ของมนุษย์

ชนิดของเนื้อเยื่อ	ปริมาณดีเอ็นเอ (กรัมต่อเซลล์) $\times 10^{12}$
ไต	6.34
ต่อมน้ำเหลือง	6.50
ปอด	6.04
นม	6.50
ตับ	6.30

(สิรินทร์ วิโมกข์สันถว์. 2521 : 158)

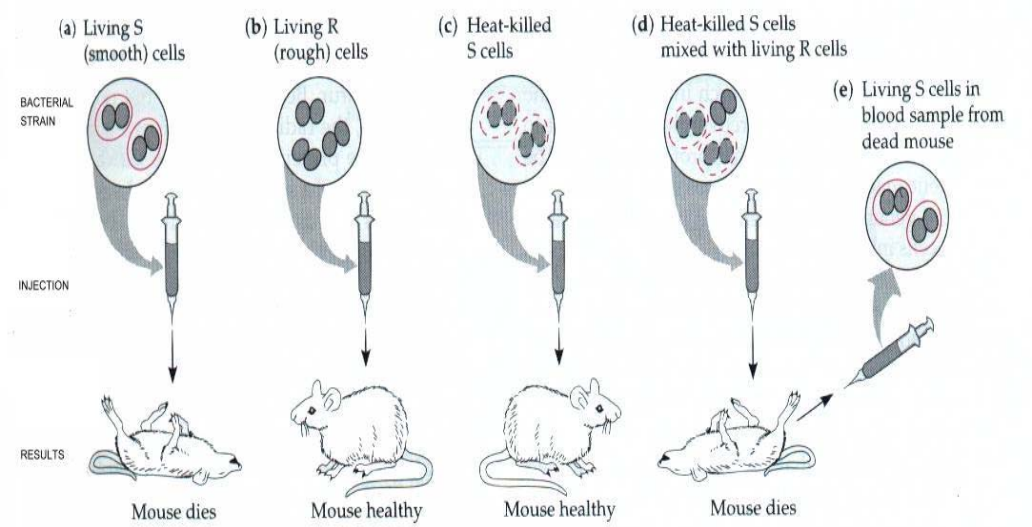
4. สัตว์หรือพืชต่างชนิดกัน มักจะมีปริมาณดีเอ็นเอต่างกัน เซลล์ที่มีโครงสร้างง่าย ๆ จะมีดีเอ็นเอน้อยกว่าเซลล์ที่มีโครงสร้างซับซ้อน เช่น ปริมาณดีเอ็นเอของแบคทีเรียจะน้อยกว่าของรา และปริมาณดีเอ็นเอของราจะน้อยกว่าของมนุษย์หรือพืช ทั้งนี้เพราะแบคทีเรียมีจำนวนจีนน้อยกว่า รา คน และพืช (ดูตาราง 2–2 ประกอบ)

ตาราง 2–2 แสดงปริมาณดีเอ็นเอในสิ่งมีชีวิตบางชนิด

ชนิดของสิ่งมีชีวิต	**ปริมาณดีเอ็นเอ (กรัมต่อเซลล์) X 10^{12}**
สัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม	6
สัตว์เลื้อยคลาน	5
นก	2
ปลา	2
หอย	1.2
พืช	2.5
รา	0.02 – 0.17
แบคทีเรีย	0.002 – 0.06
เฟจ (Phage) T_4	0.00024

(สิรินทร์ วิโมกข์สันถว์. 2521 : 159)

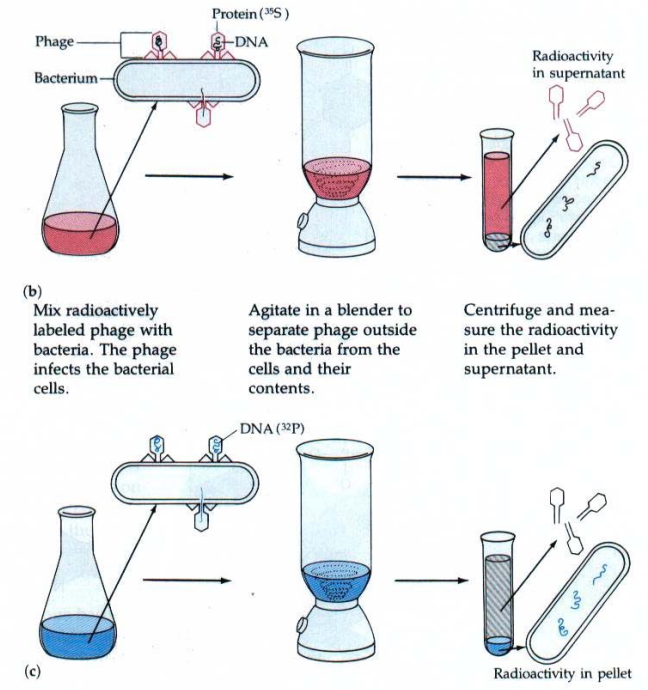
5. ในปีค.ศ. 1928 **เฟรด กริฟฟิท** (Fred Griffith) แพทย์ชาวอังกฤษศึกษาแบคทีเรียที่ทำให้เกิดโรคปอดบวมในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม *(Streptococcus pneumoniae)* ปรากฏว่ามี 2 สายพันธุ์ คือ สายพันธุ์แรกสามารถสร้างแคปซูลห่อหุ้มเซลล์ป้องกันไม่ให้เซลล์ถูกทำลายโดยระบบภูมิคุ้มกันของสัตว์ เมื่อใส่แบคทีเรียสายพันธุ์นี้เข้าไปในตัวหนู จะทำให้หนูเป็นโรคและตาย ส่วนอีกสายพันธุ์หนึ่งไม่ทำให้เกิดโรคและไม่ทำให้หนูตาย เมื่อเอาแบคทีเรียชนิดที่ทำให้เกิดโรคฆ่าด้วยความร้อนใส่เข้าไปในตัวหนูพร้อมกับแบคทีเรียที่ไม่ทำให้เกิดโรค หนูจะตาย (ภาพ 2 – 2) กริฟฟิทตั้งสมมติฐานว่า การที่หนูตายเนื่องสารพันธุกรรมจากแบคทีเรียที่ทำให้เกิดโรคและทำให้ตายโดยความร้อนเข้าไปก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงในแบคทีเรียที่ไม่ทำให้เกิดโรค กลายเป็นแบคทีเรียที่ทำให้เกิดโรค การทดลองนี้แสดงว่า ***ข้อมูลพันธุกรรมในดีเอ็นเอสามารถถ่ายทอด***ได้



ภาพ 2–2 การทดลองของเฟรด กริฟฟิต และคณะ
(Campbell. 1993 : 301)

ในปีค.ศ. 1944 **ออสวาลด์ เอเวอรี** (Oswald Avery) กับคณะได้แก่ **แมคลิน แมคคาร์ที** (Maclyn McCarty) และ**โคลิน เอ็ม. แมคลอร์ด** (Colin M. Macleod) ได้ทดลองศึกษาสารเคมีในแบคทีเรียที่ทำให้เกิดโรคซึ่งถูกทำให้ตายโดยความร้อน และสรุปรายงานการทดลองว่า การเปลี่ยนแปลงของแบคทีเรียเกิดจากดีเอ็นเอของแบคทีเรียที่ทำให้เกิดโรคและถูกทำให้ตายโดยความร้อนไม่ใช่เกิดจากโปรตีนหรือสารอื่น

นอกจากนี้ในปี ค.ศ. 1952 **อัลเฟรด เฮอร์ชีย์** (Alfred Herchey) และ**มาร์ทา เชส** (Martha Chase) ได้ทำการทดลองสร้างเฟจ (Phage มาจากคำว่า Bacteriophage หมายถึงไวรัสพวกที่ทำลายเซลล์แบคทีเรีย) ซึ่งมีกำมะถันกัมมันตรังสี (S^{35}) ในโปรตีนห่อหุ้มตัว (Coat protein) และฟอสฟอรัสซึ่งมีกัมมันตรังสี (P^{32}) ในดีเอ็นเอ เมื่อใช้เฟจนี้ทำลายแบคทีเรียพบว่า ดีเอ็นเอหรือ P^{32} เท่านั้นที่เข้าไปในตัวแบคทีเรีย ไม่มี S^{35} จากโปรตีนที่ห่อหุ้มตัวเข้าไปได้เลย ดีเอ็นเอที่เข้าไปนั้นสามารถเจริญเติบโตกลายเป็นเฟจหลายเฟจที่มีลักษณะเหมือนเฟจเดิม (ภาพ 2–3) แสดงว่า ***ข้อความทางพันธุกรรมมีอยู่ในดีเอ็นเอและสามารถถ่ายทอดไปยังเฟจตัวใหม่ได้***



ภาพ 2–3 การทดลองของเฮอร์ชีย์และเชส

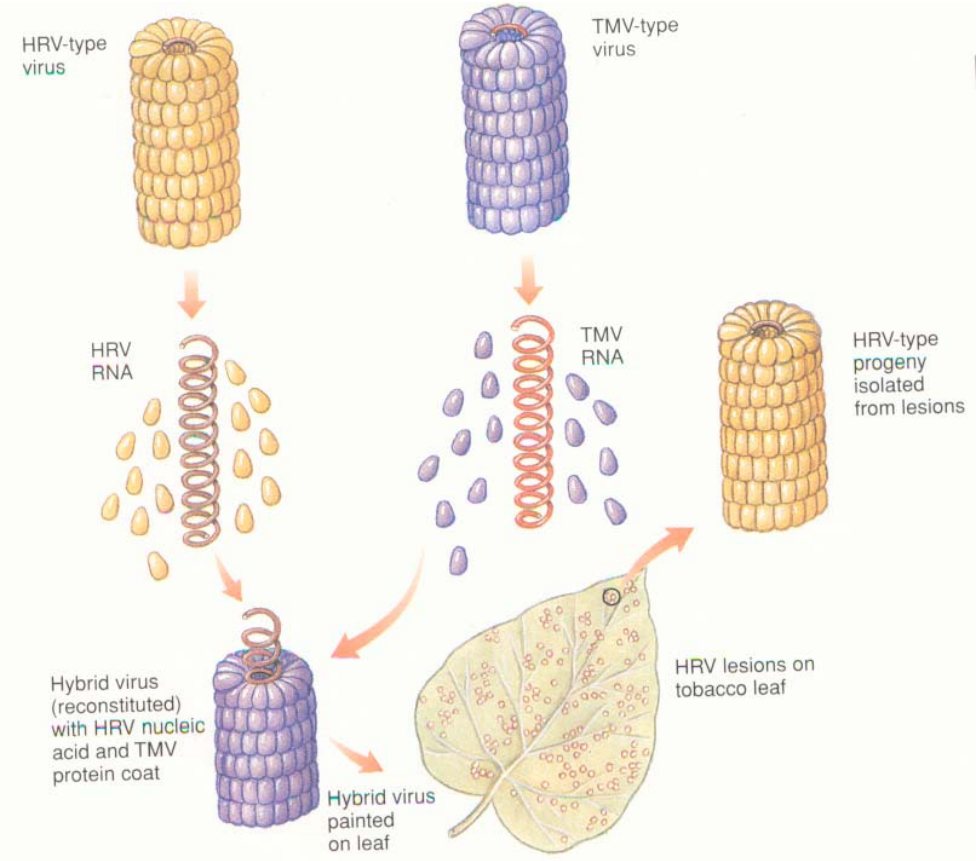
(Campbell. 1993 : 303)

อาร์เอ็นเอ

การทดลองที่แสดงว่าอาร์เอ็นเอเป็นสารพันธุกรรม มีดังนี้

ปี ค.ศ. 1957 **ไฮนซ์ แฟรนเคล คอนแรท** (Heinz Fraenkel Conrat) ทดลองแยกโปรตีนและอาร์เอ็นเอของไวรัสที่ทำให้ยาสูบเกิดโรคใบด่าง (Tobacco mosaic virus เรียกชื่อย่อว่า TMV) ออกจากกัน แล้วนำไปถูบนใบยาสูบ ปรากฏว่าโปรตีนไม่ทำให้เกิดโรคใบด่าง แต่อาร์เอ็นเอทำให้เกิดโรคใบด่างได้ และทำให้เกิดไวรัสชนิดเดิมเพิ่มจำนวนมากขึ้น จึงแสดงว่าอาร์เอ็นเอเป็นสารพันธุกรรมในไวรัสชนิดนี้

ต่อมาคอนแรทได้แยกโปรตีนและอาร์เอ็นเอของไวรัส 2 สายพันธุ์ คือสายพันธุ์ HRV และสายพันธุ์ TMV แล้วนำเอาโปรตีนและอาร์เอ็นเอของไวรัสต่างสายพันธุ์มารวมกันใหม่ กล่าวคือเอาโปรตีนสายพันธุ์ TMV รวมกับอาร์เอ็นเอสายพันธุ์ HRV จากนั้นนำไปถูกับใบยาสูบ ปรากฏว่าทำให้เกิดโรคใบด่างขึ้น และเมื่อตรวจสอบโปรตีนในไวรัสที่เกิดขึ้นใหม่ พบว่าเป็นโปรตีนชนิดเดียวกับไวรัสสายพันธุ์ HRV ที่แยกเอาอาร์เอ็นเอออกมา (ภาพ 2-4) แสดงว่า ไวรัสบางชนิดมีอาร์เอ็นเอเป็นสารพันธุกรรม เช่น ไวรัสที่ทำให้ยาสูบเกิดโรคใบด่าง ไวรัสไข้หวัดใหญ่ (Influenza virus)



ภาพ 2-4 การทดลองของไฮนซ์ แฟรนเคล คอนแรท

(Johnson. 1997 : 140)

ไวรัสที่ทำให้สมองอักเสบ (Encephalitis virus) ไวรัสก่อให้เกิดมะเร็ง (Rous sarcoma virus เรียกชื่อย่อว่า RSV) และไวรัสโรคเอดส์ (Human immunodeficiency virus เรียกชื่อย่อว่า HIV) เป็นต้น เนื่องจากพบว่า เมื่อแยกอาร์เอ็นเอของไวรัสดังกล่าวข้างต้นออกมาจากไวรัสแล้วยังมีคุณสมบัติที่สามารถทำให้เกิดโรคได้เช่นกัน แต่ก็มีไวรัสอีกหลายชนิดที่มีดีเอ็นเอเป็นสารพันธุกรรม เช่น ไวรัสของแบคทีเรียอี.โคไล (*E.coli มาจาก Escherichia coli*) ที่อยู่ในลำไส้ใหญ่ของมนุษย์

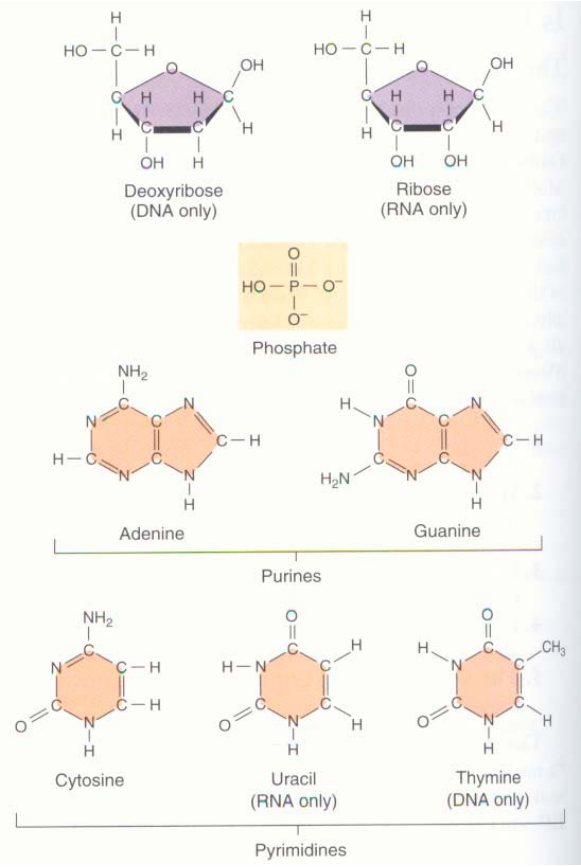
ดังนั้นอาจกล่าวได้ว่า สารพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตระดับเซลล์จะเป็นดีเอ็นเอ ส่วนไวรัสซึ่งเป็นสิ่งมีชีวิตที่ไม่ใช่เซลล์ พบว่าบางชนิดมีสารพันธุกรรมเป็นดีเอ็นเอ บางชนิดมีสารพันธุกรรมเป็นอาร์เอ็นเอ

ในเซลล์ยูคาริโอตพบว่า สารพันธุกรรมจะอยู่ในนิวเคลียส แต่อาจพบอยู่ในออร์แกเนลล์อื่นภายในเซลล์ได้ด้วย เช่น ในไมโทคอนเดรีย และคลอโรพลาสต์ สารพันธุกรรมหรือดีเอ็นเอในออร์แกเนลล์เหล่านี้จะมีกลไกและหลักการถ่ายทอดส่วนมากเป็นการถ่ายทอดทางเดียว (Uniparental inheritance) โดยผ่านทางเซลล์สืบพันธุ์ของแม่ การถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรมของไมโทคอนเดรียนั้นไม่สมบูรณ์ในตัวเอง ต้องอยู่ในความควบคุมของจีนบนโครโมโซมในนิวเคลียส

องค์ประกอบและโครงสร้างของดีเอ็นเอ

ค.ศ. 1953 **เจมส์ ดิวอีย์ วอตสัน** (James Dewey Watson) ชาวอเมริกัน **และฟรานซิส แฮร์รี คอมป์ตัน คริก** (Francis Harry Compton Crick) ชาวอังกฤษได้ร่วมกันเสนอโครงสร้างสามมิติของดีเอ็นเอโดยอาศัยหลักฐานประกอบดังนี้

1. ดีเอ็นเอจัดเป็นสารประกอบกรดนิวคลีอิก โมเลกุลของกรดนิวคลีอิกประกอบด้วยน้ำตาลที่มีคาร์บอน 5 อะตอม หมู่ฟอสเฟต(Phosphate) และเบส (Base) (ดูสูตรโครงสร้างได้จากภาพ 2-5) ในสัดส่วน 1 : 1 : 1



ภาพ 2-5 แสดงสูตรโครงสร้างของน้ำตาล หมู่ฟอสเฟต และเบส ในสารประกอบกรดนิวคลีอิก

(Raven and Johnson. 2002 : 284)

ค.ศ. 1949 **เออร์วิน ชาร์กาฟ** (Erwin Chargaff) พบว่า เบสในดีเอ็นเอมี 4 ชนิด และแบ่งออกเป็น 2 กลุ่ม ดังนี้ (ดูภาพ 2-5 ประกอบ)

1.1 เบสไพริมิดีน (Pyrimidine) ประกอบด้วยวงแหวน 1 วง เบสในกลุ่มนี้ได้แก่ไซโทซีน (Cytocine ใช้สัญลักษณ์ C) และไทมีน (Thymine ใช้สัญลักษณ์ T)

1.2 เบสพิวรีน (Purine) ประกอบด้วยวงแหวน 2 วง คือ วงแหวนไพริมิดีนเชื่อมกับวงแหวนอิมิดาโซล (Imidazole) เบสในกลุ่มนี้ได้แก่ อะดีนีน (Adenine ใช้สัญลักษณ์ A) และกัวนีน (Guanine ใช้สัญลักษณ์ G)

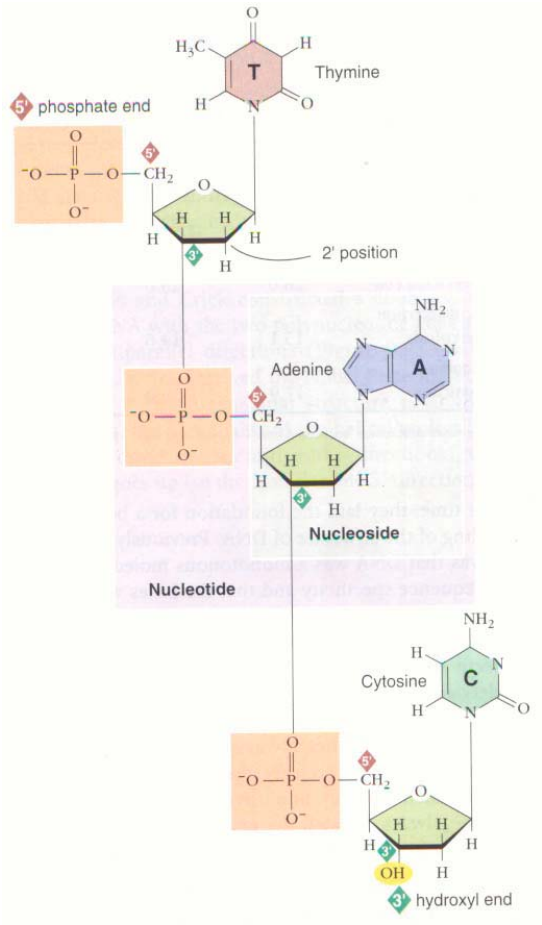
ปริมาณเบสทั้ง 4 ชนิด มีอัตราส่วนที่แน่นอน คือ อะดีนีน (A) จะเท่ากับไทมีน (T) กัวนีน (G) จะเท่ากับไซโทซีน (C) เสมอ ไม่ว่าเบสจะมาจากเซลล์ชนิดใด (ดูตาราง 2–3)

ตาราง 2–3 ปริมาณของเบสในดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตชนิดต่าง ๆ

ชนิดของสิ่งมีชีวิต	ปริมาณของเบส (โมล%)				อัตราส่วนเบส		
	A	T	G	C	A/T	G/C	$\frac{A+T}{G+C}$
สัตว์							
คน	30.9	29.4	19.9	19.8	1.05	1.0	1.52
ไก่	28.8	29.2	20.5	21.5	0.99	0.95	1.38
ตั๊กแตน	29.3	29.3	20.5	20.7	1.00	1.00	1.41
ปูทะเล	47.3	47.3	2.7	2.7	1.00	1.00	17.5
พืช							
ข้าวสาลี	27.3	27.1	22.7	22.8	1.01	1.00	1.19
ฟังไจ							
ราดำ	25.3	24.9	25.1	25.0	1.00	1.00	1.00
แบคทีเรีย							
Escherichia coli	24.7	23.6	26.5	25.7	1.04	1.01	0.93
แบคทีรีโอเฟจ							
T_4	26.0	26.0	24.0	24.0	1.00	1.00	1.00

(สิรินทร์ วิโมกข์สันถว์. 2521 : 160)

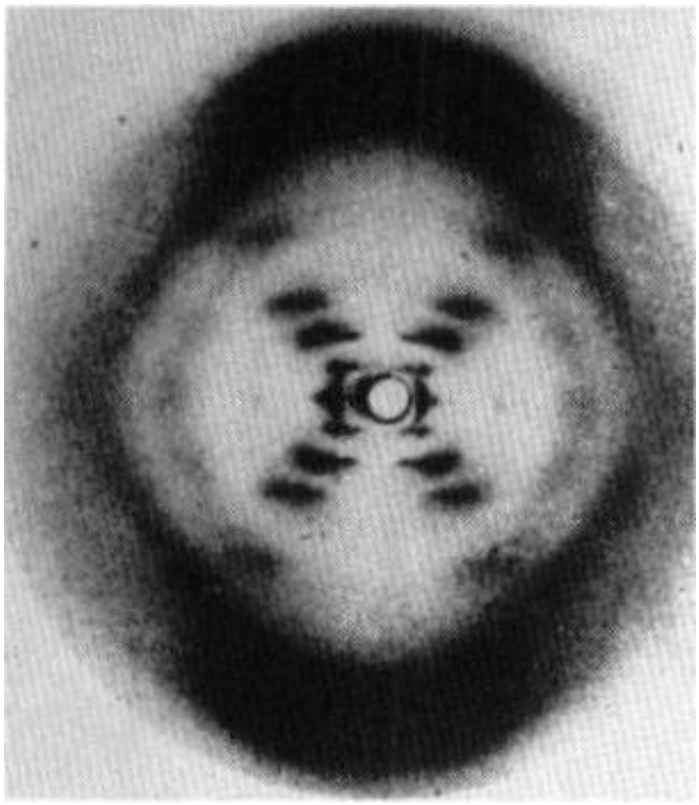
สายดีเอ็นเอแต่ละสาย เป็นสายของพอลินิวคลีโอไทด์ที่เกิดจากการเชื่อมต่อกันของนิวคลีโอไทด์ โดยเบสบนดีเอ็นเอจะต่ออยู่กับน้ำตาลดีออกซิไรโบสที่คาร์บอนตำแหน่งที่ 1′ (C - 1′) โดยมีหมู่ฟอสเฟตเป็นตัวเชื่อมระหว่างคาร์บอนตำแหน่งที่ 3′ (C - 3′) ของน้ำตาลโมเลกุลหนึ่งกับคาร์บอนตำแหน่งที่ 5′ (C - 5′) ของน้ำตาลโมเลกุลที่อยู่ถัดไปด้วยพันธะฟอสโฟไดเอสเตอร์ สายพอลินิวคลีโอไทด์ที่เกิดขึ้นมีทิศทางปลายข้างหนึ่งเป็น 5′ ปลายอีกข้างหนึ่งเป็นปลาย 3′ (ภาพ 2-6) หมู่ฟอสเฟตทำให้ดีเอ็นเอมีประจุลบและมีคุณสมบัติเป็นกรด แต่ละนิวคลีโอไทด์ในสายดีเอ็นเอจะประกอบด้วยน้ำตาลและฟอสเฟตเหมือนกัน จะต่างกันที่ การเรียงตัวของเบส 4 ชนิด ในรูปแบบต่าง ๆ กัน ทำให้ดีเอ็นเอเป็นแหล่งเก็บข้อมูลที่แตกต่างกันได้เป็นจำนวนมาก ตัวอย่างเช่น สายดีเอ็นเอที่ประกอบด้วยนิวคลีโอไทด์ 1,000 หน่วย จะมีการเรียงตัวให้ข้อมูลที่แตกต่างกันได้ถึง 4^{1000} แบบ ข้อมูลที่แตกต่างกันและบรรจุอยู่ในโมเลกุลดีเอ็นเอเป็นตัวกำหนดคุณสมบัติที่สำคัญของสิ่งมีชีวิต ในการที่จะควบคุมกิจกรรมต่าง ๆ ของเซลล์ และควบคุมลักษณะของสิ่งมีชีวิตนั้น ๆ



ภาพ 2-6 โครงสร้างทางเคมีของสายดีเอ็นเอหนึ่งสาย

(Atherly, Girton and McDonald. 1999 : 257)

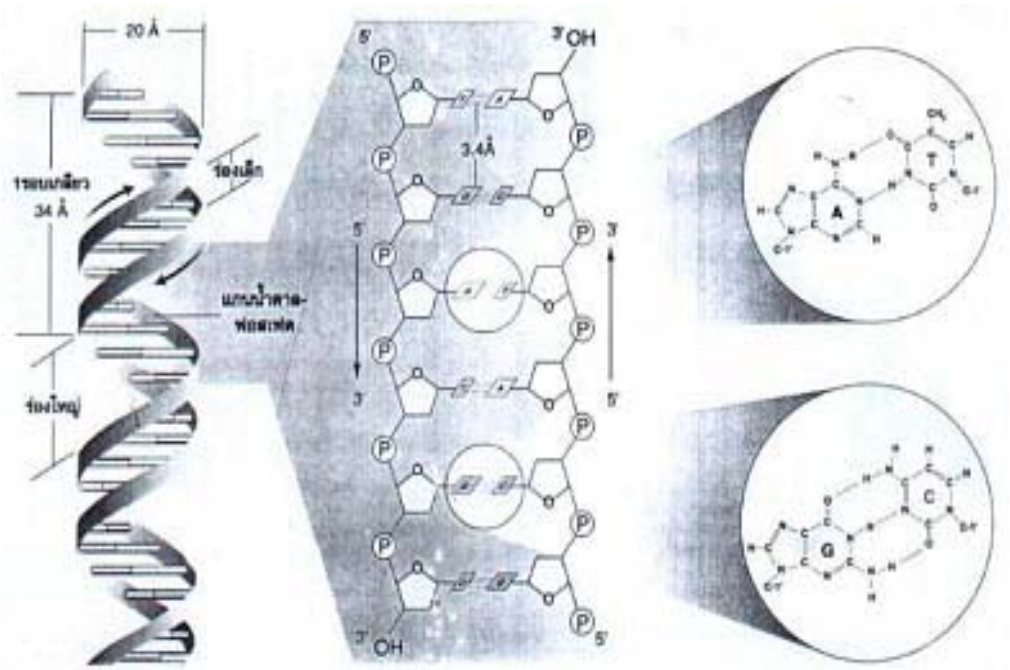
2. ค.ศ. 1953 **เจมส์ ดิวอีย์ วอตสัน** (James Dewey Watson) ชาวอเมริกัน และ **ฟรานซิส แฮร์รี่ คอมป์ตัน คริก** (Francis Harry Compton Crick) ชาวอังกฤษได้ร่วมกันเสนอโครงสร้างสามมิติของดีเอ็นเอโดยอาศัยหลักฐานของ **มอริช วินคินส์** (Maurice Wilkins) ชาวอังกฤษ และ **โรซาไลนด์ แฟรงคลิน** (Resalind Franklind) ชาวอังกฤษ ซึ่งเป็นภาพการเลี้ยวเบนของรังสีเอกซ์ของดีเอ็นเอ (ภาพ 2–7) วอตสันและคริก สรุปว่า ***ดีเอ็นเอมีโครงสร้างเป็นเกลียวคู่*** (Double helix) คล้ายขดลวดสปริง และเกลียวมีลักษณะวนขวา การพันเกลียวของดีเอ็นเอทำให้เกิดเป็นร่องขึ้น 2 ขนาด คือ ร่องขนาดใหญ่มีขนาด 3.4 mm. และร่องขนาดเล็ก มีขนาด 0.34 mm. (ภาพ 2–8 ก.) เกลียวคู่นี้คือสายพอลินิวคลีโอไทด์สองสายที่มีทิศสวนทางกัน โดยมีน้ำตาลและหมู่ฟอสเฟตเป็นแกนของเกลียวดีเอ็นเอ (DNA backbone) และมีเบสอยู่ภายในเกลียว โดยมีระนาบของเบสตั้งฉากกับแกนของเกลียวคล้ายราวบันไดวนกับขั้นบันได (ภาพ 2-8 ข.) เส้นผ่าศูนย์กลางของเกลียว 2 mm. แต่ละรอบเกลียวจะประกอบด้วยเบส 10 คู่



ภาพ 2-7 ภาพการเลี้ยวเบนของรังสีเอกซ์ของดีเอ็นเอ

(Mix, Farber and King. 1992 : 274)

3. เกลียวคู่ของดีเอ็นเอถูกยึดด้วยพันธะไฮโดรเจนระหว่าง***เบสคู่สมกัน*** (Complementary base) ที่อยู่บนสายตรงข้ามกันโดยมีเบส A จับคู่กับเบส T ด้วยพันธะไฮโดรเจน 2 พันธะ และเบส C จับคู่กับเบส G ด้วยพันธะไฮโดรเจน 3 พันธะ (ภาพ 2-8 ค.) นอกจากนี้ยังมี***แรงไฮโดรโฟบิก*** (Hydrophobic interaction) ที่เกิดขึ้นระหว่างเบสที่ซ้อนอยู่ในสายเดียวกัน (Stacking bases) ช่วยยึดโครงสร้างเกลียวคู่ให้มีความเสถียร



ก. **ข.** **ค.**

ภาพ 2–8 โครงสร้างของดีเอ็นเอ

ก. โครงสร้างเกลียวคู่ของดีเอ็นเอ

ข. มีน้ำตาลและหมู่ฟอสเฟตเป็นแกน

ค. มีเบสภายในทำหน้าที่ยึดสายดีเอ็นเอเกลียวคู่ด้วยพันธะไฮโดรเจน

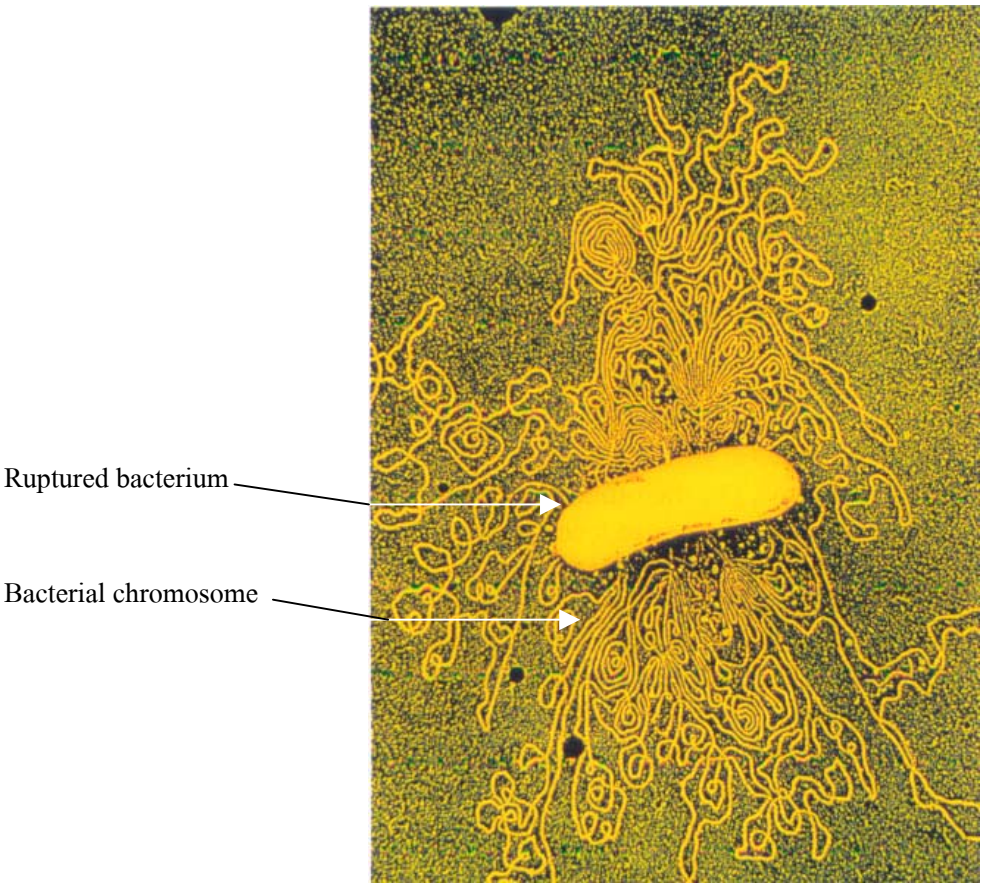
(วิชัย บุญแสง และคณะ. 2541 : 5)

การจับคู่กันของเบสบนสายของดีเอ็นเอเป็นกระบวนการที่จำเพาะ และจะเกิดได้อย่างสมบูรณ์เมื่อเบสบนสายดีเอ็นเอเป็นเบสคู่สมกัน อย่างไรก็ดีสายดีเอ็นเอต่างชนิดกันที่มีเบสบางส่วนที่เป็นเบสคู่สมกัน อาจเกิดการจับกันเป็นเกลียวได้ในสภาวะที่ทำให้มีอุณหภูมิต่ำและความเข้มข้นของสารละลายเหมาะสม การจับกันของเบสบนสายดีเอ็นเอที่ต่างชนิดกัน เรียกว่า

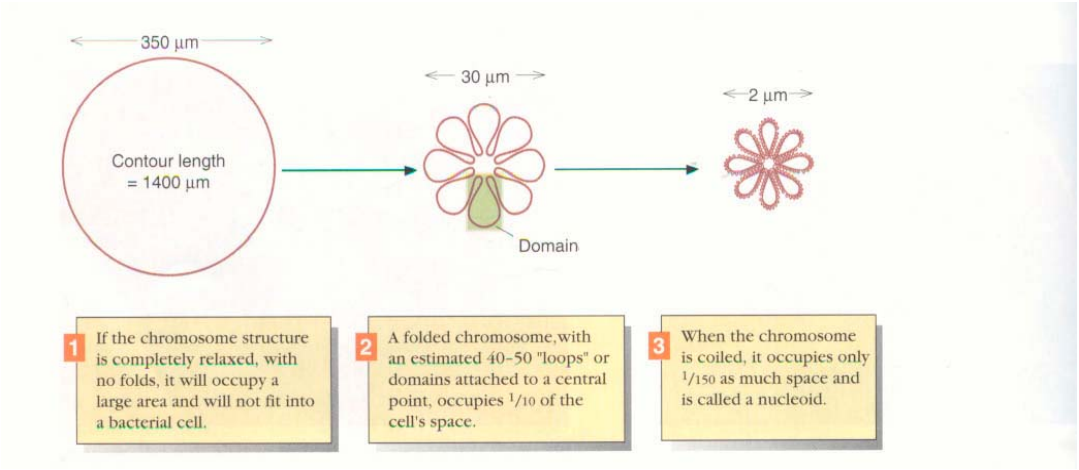
ไฮบริไดเซชัน (Hybridization) สิ่งมีชีวิตที่มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันจะมีลำดับเบสบนดีเอ็นเอคล้ายกัน จึงเกิดไฮบริไดเซชันได้ดีกว่าสิ่งมีชีวิตที่มีความแตกต่างกัน ดังนั้นความสามารถในการเกิดไฮบริไดเซชันของดีเอ็นเอที่มาจากสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันจะช่วยให้เข้าใจถึงความสัมพันธ์ของวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตได้ดีขึ้น

ดีเอ็นเอในโพรคาริโอต

แบคทีเรียเป็นโพรคาริโอตที่มีดีเอ็นเอซึ่งอาจเรียกว่า โครโมโซม และมีโครงสร้างไม่ซับซ้อน แบคทีเรียชนิดที่นิยมนำมาศึกษาดีเอ็นเอกันมาก คือ *Escherichia coli* หรือเรียกสั้น ๆ ว่า *E. coli* มีโครโมโซมที่ประกอบด้วยดีเอ็นเอรูปวงแหวน 1 โมเลกุล ขนาดความยาวประมาณ 1,100 ไมโครเมตร (μm) มีการสร้างห่วง (Loop) ขึ้นมาประมาณ 40-100 ห่วง แต่ละห่วงจะยึดติดอยู่กับแกนกลางซึ่งเป็นอาร์เอ็นเอและโปรตีน (RNA-protein core) โดยแต่ละห่วงเป็นอิสระต่อกันและเกิดการพันกันแน่นเรียกว่า ***นิวคลอยด์*** (Nucloid) (ภาพ 2-9)



ก.



ข.

ภาพ 2-9 โครโมโซมของแบคทีเรีย

ก. โครโมโซมของ *E. coli*

ข. แสดงการพันกันของโครโมโซมหรือดีเอ็นเอของ *E. coli* เป็นนิวคลอยด์

(Atherly, Girton and McDonald. 1999 : 284)

ดีเอ็นเอในยูคาริโอต

สำหรับยูคาริโอตโครโมโซมมีขนาดใหญ่กว่าของโพรคาริโอต จึงทำให้ดีเอ็นเอของยูคาริโอตมีขนาดใหญ่กว่าของโพรคาริโอตด้วย จากการศึกษาโครโมโซมของแมลงหวี่พบว่าดีเอ็นเอมีความยาวถึง 1.2 เซนติเมตร เชื่อว่าโครโมโซมแต่ละแท่งของยูคาริโอต ประกอบด้วยดีเอ็นเอ 1 โมเลกุล พันกันแน่นและเกาะตัวอยู่กับโปรตีนฮีสโตน และโปรตีนที่ไม่ใช่ฮีสโตน ในระยะอินเทอร์เฟสดีเอ็นเอของยูคาริโอตจะอยู่ในสภาพโครมาทิน ซึ่งเกิดจากดีเอ็นเอรวมกับโปรตีนกลายเป็นองค์ประกอบที่ซับซ้อนของนิวคลีโอโปรตีน และจะเกิดการพันเกลียวซ้อนเกลียวของสายโครมาทินกลายเป็นแท่งโครโมโซมที่สามารถเห็นได้ชัดเจนในระยะโพรเฟส เมื่อใช้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนศึกษาโครงสร้างของโครมาทิน พบว่าถ้าอยู่ในสภาพพันเกลียวอย่างหนาแน่นจะมีโครงสร้างซับซ้อนมาก แต่เมื่อทำให้คลายตัวในน้ำ จะกลายเป็นนิวคลีโอโซมมีโครงสร้างคล้ายลูกปัด (ดังได้กล่าวมาแล้วในบทที่ 1)

องค์ประกอบและโครงสร้างของอาร์เอ็นเอ

อาร์เอ็นเอ เป็นสารประกอบกรดนิวคลีนิกเช่นเดียวกับดีเอ็นเอ มีส่วนประกอบทางเคมีคล้ายดีเอ็นเอมาก แตกต่างกันตรงชนิดของน้ำตาลและเบส คืออาร์เอ็นเอมีน้ำตาลไรโบส (Ribose) แทนที่จะเป็นดีออกซีไรโบส และจะมีเบสยูราซิล (Uracil ใช้สัญลักษณ์ U) แทนไทมีน

นอกจากนั้นยังพบว่า อัตราส่วนของเบสพิวรีนและไพริมิดีน ไม่เท่ากับ 1:1 นั่นคือ ปริมาณของกัวนีน (G) ไม่เท่ากับไซโทซีน (C) และอะดีนีน (A) ไม่เท่ากับยูราซิล (U) ซึ่งแสดงว่าไม่มีการจับคู่กันระหว่างเบสเหล่านี้ ทำให้สรุปได้ว่า อาร์เอ็นเอมีโครงสร้างที่ประกอบด้วยสายพอลินิวคลีโอไทด์เพียงสายเดียว (Single strand) แทนที่จะเป็นสายคู่อย่างดีเอ็นเอ อย่างไรก็ดีอาร์เอ็นเอของไวรัสบางชนิดอาจเป็นสายคู่ก็ได้ ซึ่งอาจจะเกิดจากสายอาร์เอ็นเอ เกิดการพับจนเบสที่ควรจะจับคู่กันมาอยู่ในตำแหน่งที่ตรงกันทำให้อะตอมของไฮโดรเจนเข้าเชื่อมต่อระหว่างเบสที่เป็นไพริมิดีนและพิวรีน อาร์เอ็นเอแบ่งออกได้เป็น 3 ประเภท ดังนี้

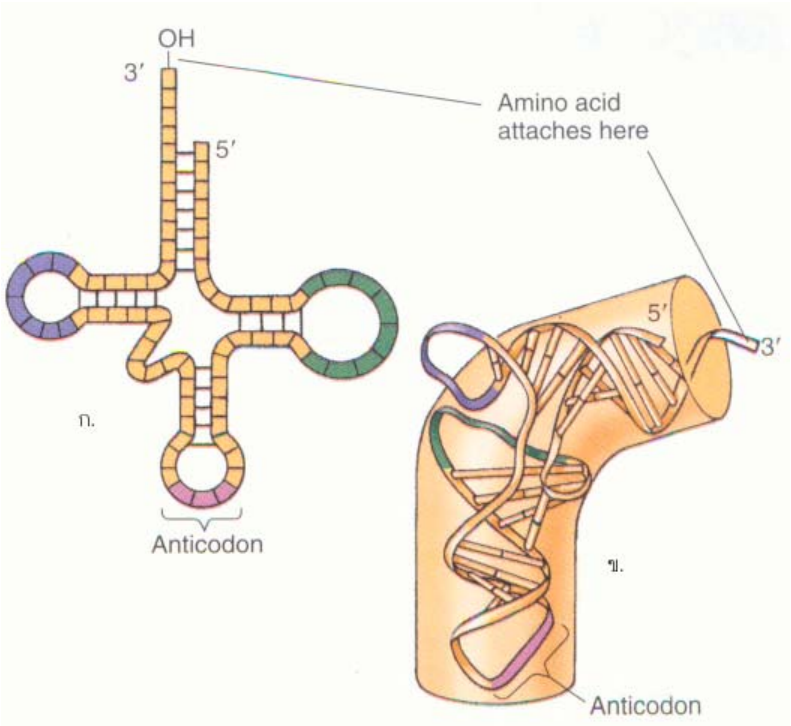
1. ***เอ็มอาร์เอ็นเอ*** (mRNA) หรือ ***อาร์เอ็นนำรหัส*** (Messenger RNA) อาร์เอ็นเอชนิดนี้มีประมาณ 2-4 เปอร์เซ็นต์ ของอาร์เอ็นเอทั้งหมดที่พบภายในเซลล์ mRNA ทำหน้าที่เป็นสื่อกลางระหว่างดีเอ็นเอในนิวเคลียส และไรโบโซมในไซโทพลาสซึม คือ เป็นตัวนำ***รหัสพันธุกรรม*** (Genetic code) บนดีเอ็นเอในนิวเคลียส ผ่านผนังนิวเคลียสไปยังไรโบโซมซึ่งอยู่ในไซโทพลาสซึม เพื่อใช้ในการสังเคราะห์โปรตีน

m RNA แต่ละชนิดมีความยาวเท่ากับหนึ่งจีน หมายความว่า mRNA หนึ่งชนิดยาวเท่ากับรหัส (Codon) ของพอลิเพปไทด์ (Polypeptide) หนึ่งชนิด แต่ละ mRNA ของแบคทีเรีย *E.Coli* ยาวตั้งแต่ 900 ถึง 1500 นิวคลีโอไทด์ ก็จะสอดคล้องกับความยาวของพอลิเพปไทด์ เพราะพบว่าพอลิเพปไทด์ของ *E.Coli* มีความยาว 300 ถึง 500 กรดอะมิโน (รหัสของแต่ละกรดอะมิโนยาวเท่ากับ 3 นิวคลีโอไทด์ รายละเอียดจะกล่าวถึงในบทที่ 3)

2. ***ทีอาร์เอ็นเอ*** (tRNA) หรือ ***อาร์เอ็นเอถ่ายโอน*** (Transfer RNA) อาร์เอ็นเอชนิดนี้มีหน้าที่นำกรดอะมิโนไปยังไรโบโซม เพื่อใช้ในการสร้างสายพอลิเพปไทด์ของโปรตีน กรดอะมิโนแต่ละชนิดจะมี tRNA เฉพาะตัวอย่างน้อยหนึ่งชนิด tRNAแต่ละชนิดมีรูปร่างและลำดับของนิวคลีโอไทด์แตกต่างกัน แต่มักมีขนาดใกล้เคียงกันประมาณ 75 ถึง 85 นิวเคลีโอไทด์ ส่วนปริมาณของ tRNA ภายในเซลล์มีประมาณ 10 เปอร์เซ็นต์ ของอาร์เอ็นเอทั้งหมด

ปีค.ศ. 1965 มีการเสนอว่า รูปร่างของ tRNA เป็นแบบเกลียวคู่ ซึ่งเกิดจากการบังของสาย tRNA จนทำให้เบสคู่สมกันมาอยู่ในตำแหน่งที่ตรงกันจับคู่กันได้ แต่ต่อมามีการพบว่ารูปร่างของ tRNA ตลอดจนชนิดของนิวคลีไอไทด์ที่พบแตกต่างไปจากเดิม กล่าวคือ นิวคลีโอไทด์นอกจากมีเบส A, G, C และU เป็นส่วนประกอบแล้ว tRNA ยังมีเบสในนิวคลีโอไทด์อีกหลายชนิด ได้แก่ อิโนซีน (Inosine ใช้สัญลักษณ์ I) เมทิลไลโนซีน (Methylinosine ใช้สัญลักษณ์ IMe)

เมทิลกัวโนซีน (Methylguanosine ใช้สัญลักษณ์ MeG) ไดไฮโดรยูริดีน (Dihydrouridine ใช้สัญลักษณ์ UH_2) ซูโดยูริดีน (Psucdouridine) เป็นต้น



ภาพ 2 – 10 โครงสร้างของทีอาร์เอ็นเอ
ก. โครงสร้าง 2 มิติ
ข. โครงสร้าง 3 มิติ
(Raven and Johnson. 2002 : 301)

จากภาพ 2-10 จะเห็นได้ว่า สายพอลินิวคลีโอไทด์พับไปมาทำให้เกิดรอยโป่งปรากฏเป็นรูปแฉก (Cloverleaf model) โดยมีการจับคู่ระหว่างเบส A กับ U และ C กับ G แต่ไม่มีการจับคู่ระหว่างเบสชนิดอื่น ให้สังเกตว่าตรงส่วนที่โป่งออกตำแหน่งหนึ่งมีหมู่ของนิวคลีโอไทด์ 3 หมู่เรียกหมู่ ดังกล่าวนี้ว่า ***ตัวถอดรหัส*** (Anticodon) ซึ่งจะแตกต่างกันไปตามชนิดของ tRNA แต่ก็จับคู่ได้พอดีกับรหัสบน m RNA ซึ่งใช้สำหรับเลือกชนิดของกรดอะมิโน ตรงปลายทางด้าน 3′ ของ tRNA มีเบส C-C-A เรียงต่อกัน โดยมี A อยู่ในตำแหน่งปลายสุด ถ้าเบส C-C-A ตรงปลายนี้ขาดหายไป tRNA ก็จะไม่สามารถรับส่งกรดอะมิโนได้ เพราะ A เป็นจุดเชื่อมต่อกับกรดอะมิโนนั่นเอง

3. ***อาร์อาร์เอ็นเอ*** (rRNA) หรือ ***อาร์เอ็นเอไรโบโซม*** (Ribosomal RNA) เป็นอาร์เอ็นเอที่พบประมาณ 85 ถึง 90 เปอร์เซ็นต์ ของอาร์เอ็นเอทั้งหมดภายในเซลล์ อยู่ในส่วนของไรโบโซมซึ่งเป็นแหล่งที่มีการสังเคราะห์โปรตีนในไซโทพลาสซึม

จากการศึกษา *E coli* พบว่า ไรโบโซมประกอบด้วยโปรตีน 60 เปอร์เซ็นต์ และ r RNA 40 เปอร์เซ็นต์ แต่ละไรโบโซมประกอบด้วยหน่วยย่อย 2 หน่วย เช่น ไรโบโซมของ *E coli* ขนาด 70 S ประกอบด้วยหน่วยย่อยขนาด 30 S และ 50 S (S คือ Svedberg unit ใช้บอกขนาด ถ้าค่า S สูง แสดงว่าเป็นหน่วยขนาดใหญ่) การรวมกันของหน่วยย่อยขึ้นอยู่กับความเข้มข้นของแมกเนเซียมไอออน (Mg^{2+}) ถ้าไอออนดังกล่าวมีความเข้มข้นต่ำกว่า 1.0 mM หน่วย 70S จะแตกตัวออกเป็น 50S และ 30S แต่ถ้าไอออนมีความเข้มข้นสูงถึง 1.0 mM ก็จะพบหน่วย 70S และ 100S ดังนี้

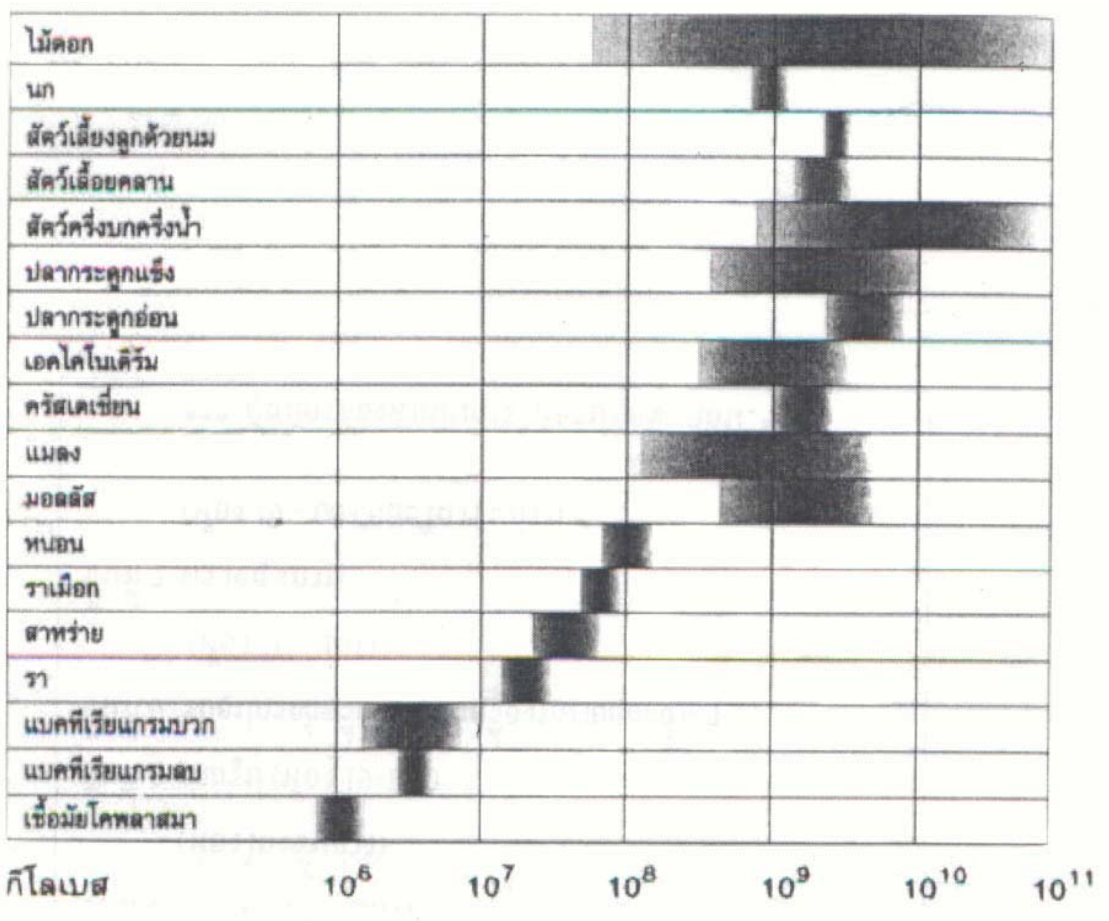
หน่วยย่อย		ไรโบโซม		พอลิโซม
2 (30S) +2 (50S)	$\rightleftharpoons$	2 (70S)	$\rightleftharpoons$	100S
	Mg^{2+} (low)		Mg^{2+} (low)	

ไรโบโซม 100S นี้เรียกว่า ***พอลิโซม*** (Polysome) หรือ***พอลิไรโบโซม*** (Polyribosome) ส่วนไรโบโซมในพวกยูคาริโอต พบว่า มีขนาด 80S ประกอบด้วยหน่วยย่อย 40S และ 60S

สิ่งมีชีวิตหลายชนิดมีดีเอ็นเอประมาณ 0.3 เปอร์เซ็นต์ที่ทำหน้าที่ควบคุมการสังเคราะห์ rRNA ในแมลงหวี่พบดีเอ็นเอซึ่งทำหน้าที่สังเคราะห์ไรโบโซมอยู่บริเวณนิวคลีโอลาร์ออร์แกไนเซอร์ (Nucleolar organizer)

จีโนม

จีโนม (Genome) หมายถึงสารพันธุกรรม หรือดีเอ็นเอทั้งหมดในเซลล์ที่เป็นแฮพลอยด์ 1 เซลล์ ขนาดของจีโนมนิยมบอกเป็นกิโลเบส (kb) ซึ่งหมายถึงจำนวนเบสบนเกลียวคู่ของสายดีเอ็นเอ คูณด้วย 10^3 (ภาพ 2-11)

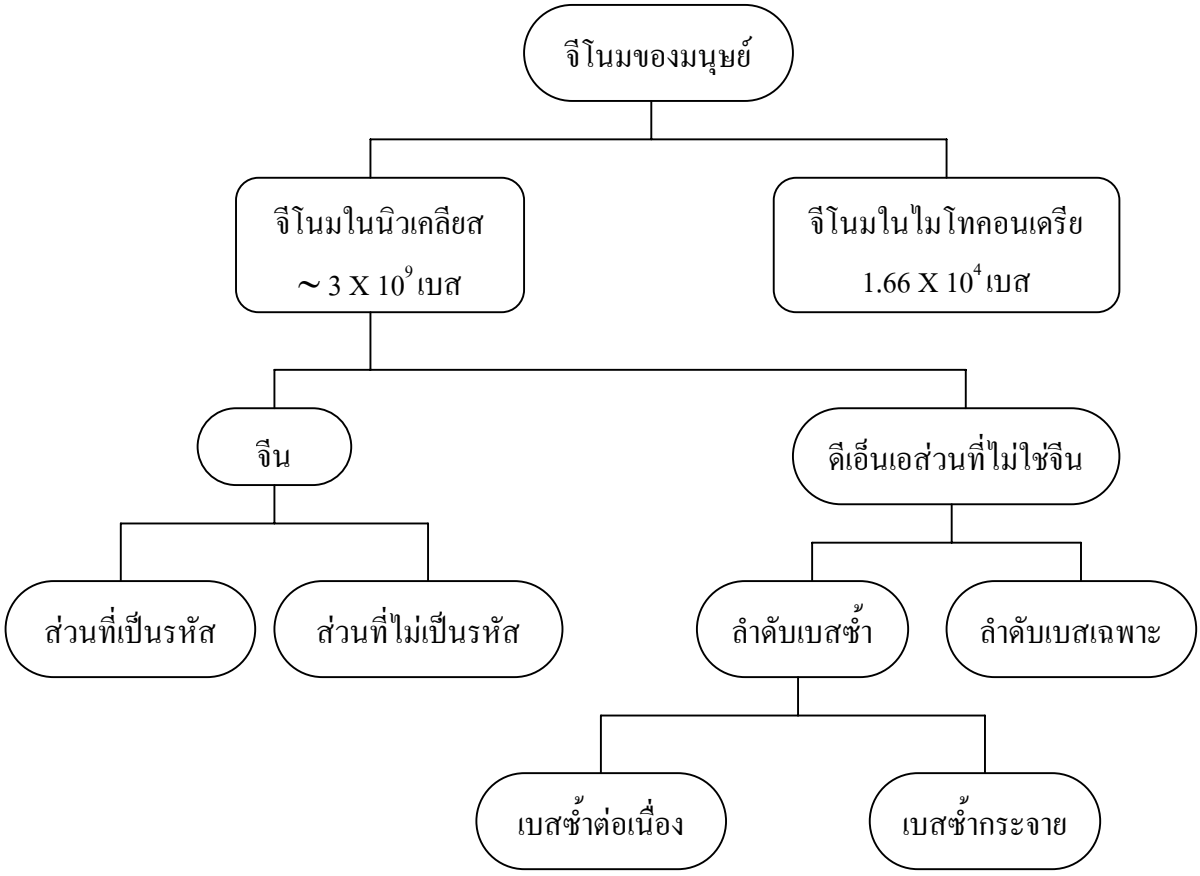


ภาพ 2-11 ขนาดจีโนมของสิ่งมีชีวิตชนิดต่าง ๆ
(วิชัย บุญแสง และคณะ. 2541 : 6)

จีโนมมนุษย์

การศึกษาจีโนมในสิ่งมีชีวิตต่าง ๆ รวมทั้งมนุษย์ ทำได้โดยการทำ***แผนที่จีโนม*** (Genome mapping) หรือ***แผนที่จีน*** (Gene mapping) โดยใช้เทคโนโลยีพันธุกรรม (รายละเอียดเพิ่มเติมดูได้ในบทที่ 7) พบว่าจีโนมมนุษย์ประกอบด้วยส่วนที่อยู่ในนิวเคลียสและไมโทคอนเดรีย จีโนมในนิวเคลียสเป็นดีเอ็นเอสายเกลียวคู่ มีขนาด $3X10^9$ เบส กระจายอยู่ในโครโมโซมทั้ง 23 แท่ง จีโนม

ในไมโทคอนเดรียเป็นรูปวงมีขนาดเพียง 16,569 เบส ดีเอ็นเอเกือบทั้งหมดในไมโทคอนเดรีย ทำหน้าที่เป็นจีนซึ่งจะถูกถอดรหัสเป็น rRNA, tRNA หรือแปลรหัสเป็นสายพอลิเพปไทด์ ดีเอ็นเอในนิวเคลียส 80 เปอร์เซ็นต์เป็นส่วนที่ไม่ใช่จีน (Extragenic) 20 เปอร์เซ็นต์เป็นจีนซึ่งแยกเป็นจีนที่มีลำดับเบสที่ไม่เป็นชุดรหัส (Non-coding sequences) ของจีน เรียกว่า ***อินทรอน*** (Intron) ส่วนที่เป็นชุดรหัส (Coding sequences) ของจีนเรียกว่า ***เอกซอน*** (Exon) มีเพียง 50,000-130,000 จีน คิดเป็น 5-10 เปอร์เซ็นต์ของจีโนมทั้งหมด โดยเฉลี่ยจีนของมนุษย์มีขนาดประมาณ 5-10 กิโลเบส ซึ่งสามารถสร้างโปรตีนที่ประกอบด้วยกรดอะมิโนประมาณ 300 โมเลกุล นอกจากนี้พบว่าส่วนที่ไม่ใช่จีนจะมีลำดับเบสซ้ำ (Repetitive sequences) ซึ่งยังไม่ทราบหน้าที่ชัดเจน (ภาพ 2-12)



ภาพ 2-12 จีโนมของมนุษย์ซึ่งประกอบด้วยส่วนที่อยู่ในนิวเคลียสและส่วนที่อยู่ในไมโทคอนเดรีย
(วิชัย บุญแสง และคณะ. 2541 : 15)

ดีเอ็นเอเบสซ้ำในจีโนมมนุษย์

จีโนมของมนุษย์มีดีเอ็นเอที่ประกอบด้วยส่วนที่เป็นเบสซ้ำประมาณ 30 เปอร์เซ็นต์ ดีเอ็นเอบางชุดมีเบสซ้ำในจีโนมมากกว่า 100,000 ครั้ง ลำดับเบสซ้ำเหล่านี้มีความแตกต่างกันทั้งขนาดและจำนวน แบ่งออกเป็น 2 แบบ ได้แก่

1. เบสซ้ำต่อเนื่อง (Tandem repeats) คือ ดีเอ็นเอมีเบสซ้ำต่อเนื่องกันเป็นช่วงยาว แบ่งเป็น 2 แบบย่อย (ดูภาพ 2-13 ประกอบ)

1.1 แซทเทลไลต์ (Satellite) มีเบสซ้ำขนาด 1-6 เบส หรือเบสซ้ำขนาดมากเป็นจำนวนร้อยเบส โดยมีจำนวนซ้ำแต่ละตำแหน่ง 10^3-10^7 ครั้ง จัดเป็นการซ้ำของเบสจำนวนมากจะพบแซทเทลไลท์แต่ละแบบ1-2 ตำแหน่งต่อ 1 โครโมโซม และมักจะพบบริเวณเซนโทรเมียร์

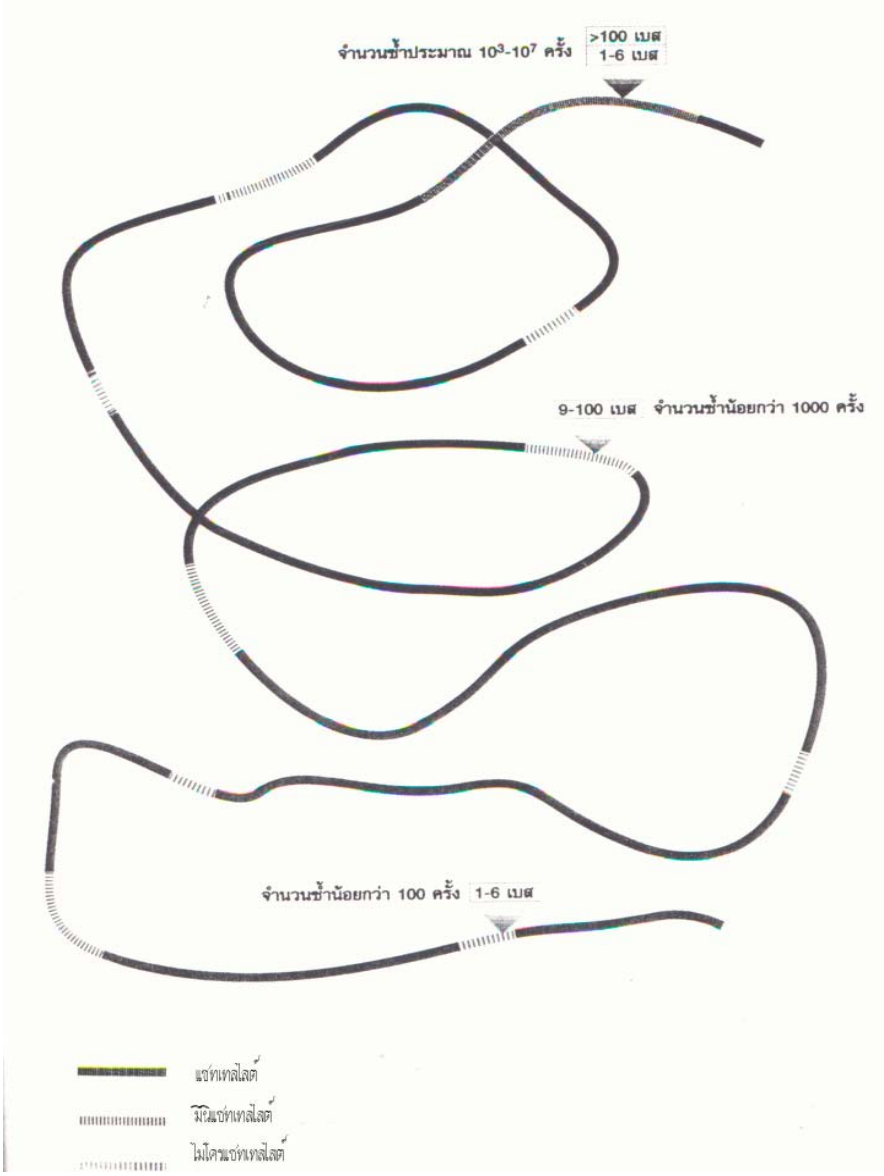
1.2 มินิแซทเทลไลต์ (Minisettellite) คือ มีเบสซ้ำขนาด 9-100 เบส มีจำนวนซ้ำตั้งแต่ 10 และไม่เกิน 1,000 ครั้ง จัดอยู่ในกลุ่มที่มีการซ้ำของเบสระดับปานกลาง (Moderately repetitive DNA) จากการศึกษาพบว่ามินิแซทเทลไลต์จำนวนมากมีความคล้ายคลึงกันของลำดับเบส หรือมีลำดับเบสแกน (Core sequence) เดียวกัน ดีเอ็นเอในบริเวณนี้มีความหลากหลายสูงเนื่องจากความแตกต่างในจำนวนซ้ำ บางครั้งจึงมีผู้เรียกว่า Variable number of tandem repeats หรือ VNTR)

1.3 ไมโครแซทเทลไลต์ มีเบสซ้ำขนาด 1-6 เบส โดยที่มีจำนวนซ้ำแต่ละตำแหน่งไม่เกิน 100 ครั้ง บางครั้งอาจเรียก เบสซ้ำชนิดนี้ว่า Simple sequence repeats (SSR) หรือ Short tandem repeats (STR) เบสซ้ำชนิดนี้พบกระจายอยู่ในบริเวณต่าง ๆ ของจีโนม

2. เบสซ้ำกระจาย (Interspersed repeats) คือ กลุ่มของเบสซ้ำที่พบกระจายอยู่ที่บริเวณต่าง ๆ ในจีโนม ต่างจากกลุ่มเบสซ้ำแบบต่อเนื่องนั้น คือจะไม่พบซ้ำกันเป็นช่วงต่อเนื่องแต่จะอยู่ในลักษณะเดี่ยว (Individual unit) กระจายทั่วไป ซึ่งแบ่งได้เป็น 2 กลุ่มย่อยตามความยาวของเบสซ้ำ ได้แก่

2.1 เบสซ้ำกระจายแบบเส้น (Short interspered elements หรือ SINES) เป็นเบสซ้ำกระจายแบบสั้น มีขนาดประมาณ 130-300 เบส พบอยู่ในจีโนมลักษณะที่เดี่ยว ๆ แต่มีอยู่หลายพันชุดในจีโนม SINES ในสิ่งมีชีวิตชนิดเดียวกันจะมีลำดับเบสคล้ายคลึงกันประมาณ 80 เปอร์เซ็นต์ แต่ในสิ่งมีชีวิตต่างสปีชีส์กันจะเหมือนกันประมาณ 50 เปอร์เซ็นต์

2.2 เบสซ้ำแบบกระจายยาว (Long interspersed elements หรือ LINES) เป็นเบสซ้ำกระจายแบบยาว มีขนาดตั้งแต่ 500 เบสขึ้นไป พบประมาณ 1-2 เปอร์เซ็นต์ ของจีโนม



ภาพ 2–13 การเรียงตัวของเบสซ้ำต่อเนื่องลักษณะต่าง ๆ

(วิชัย บุญแสง และคณะ. 2541 : 17)

สรุป

จากการศึกษาสารพันธุกรรมนักวิทยาศาสตร์พบว่า สารพันธุกรรมเป็นสารประกอบกรดนิวคลีอิก 2 ชนิด คือ กรดดีออกซีไรโบนิวคลีอิก เรียกชื่อย่อว่า ดีเอ็นเอ และกรดไรโบนิวคลีอิก เรียกชื่อย่อว่า อาร์เอ็นเอ

ดีเอ็นเอประกอบด้วยสาย 2 สายของพอลินิวคลีโอไทด์ที่พันกันแบบเกลียวคู่ โดยแต่ละนิวคลีโอไทด์ประกอบด้วยน้ำตาลดีออกซีไรโบส ฟอสเฟตและเบสในอัตราส่วน 1:1:1 เบสในดีเอ็นเอแบ่งเป็น 2 กลุ่ม คือ เบสไพริมิดีน ได้แก่ เบสไซโทซีนกับไทมีน และเบสพิวรีน ได้แก่ อะดีนีนกับกัวนีน โดยสาย 2 สายเกิดพันธะไฮโดรเจนระหว่างเบสอะดีนีนกับไทมีน ไซโทซีนกับกัวนีน

อาร์เอ็นเอประกอบด้วยสายพอลินิวคลีโอไทด์ 1 สาย โดยแต่ละนิวคลีโอไทด์ประกอบด้วยน้ำตาลไรโบส ฟอสเฟต และเบสในอัตราส่วน 1:1:1 โดยเบสในอาร์เอ็นเอจะมียูราซิลแทนไทมีน อาร์เอ็นเอแบ่งเป็น 3 ชนิด คือ อาร์เอ็นเอนำรหัส อาร์เอ็นเอถ่ายโอน และอาร์เอ็นเอไรโบโซม

จีโนม คือสารพันธุกรรมหรือดีเอ็นเอทั้งหมดในแฮพลอยด์เซลล์ ขนาดของจีโนมนิยมบอกเป็นกิโลเบส จีโนมมนุษย์พบในนิวเคลียสเป็นสายดีเอ็นเอเกลียวคู่ และในไมโทคอนเดรียเป็นรูปวง นอกจากนี้พบว่า จีโนมมนุษย์มีดีเอ็นเอที่เป็นเบสซ้ำ 2 แบบใหญ่คือ เบสซ้ำต่อเนื่อง และเบสซ้ำกระจาย

คำถามท้ายบทที่ 2

1. หลักฐานและการทดลองที่แสดงว่าดีเอ็นเอเป็นสารพันธุกรรมมีอะไรบ้าง
2. การทดลองใดบ้างที่แสดงว่าอาร์เอ็นเอเป็นสารพันธุกรรม
3. จงอธิบายองค์ประกอบและโครงสร้างของดีเอ็นเอ
4. จงอธิบายองค์ประกอบและโครงสร้างของอาร์เอ็นเอ
5. อาร์เอ็นเอมีกี่ชนิดอะไรบ้าง แต่ละชนิดทำหน้าที่อะไร
6. จีโนมคืออะไร
7. จีโนมของมนุษย์มีเบสซ้ำกี่แบบ อะไรบ้าง