अध्याय-6

वंशागति का आणविक आधार

MPBOOKSOLUTION.in

न्यूक्लिक अम्ल की खोज स्वीडन के वैज्ञानिक फ्रीड रिच मिशर (Fried Rich Meischer, 1869) ने पस (pus) कोशिकाओ में की| चूँकि यह पदार्थ केन्द्रक से मिला था, इसलिए मिशर ने इसे न्यूक्लिन (nuclein) नाम दिया| अल्ट्मान (Altmann, 1899) ने इसकी अम्लीय प्रकृति के कारण, इस पदार्थ को न्यूक्लिक अम्ल का नाम दिया| न्यूक्लिक अम्ल दो प्रकार के होते हैं–

1. DNA (deoxyribonucleic acid),
2. RNA (ribonucleic acid)|

DNA सभी सजीवों का आनुवंशिक पदार्थ है, सिवाय कुछ विषाणुओं के, जिनका आनुवंशिक पदार्थ RNA है| DNA केन्द्रक (nucleus) में पाया जाता है किन्तु RNA प्रायः कोशिकाद्रव्य (Cytoplasm) में अधिक होता है|

DNA आनुवंशिक पदार्थ होता है-

सन 1902 में सटन तथा बोवेरी ने प्रस्तावित किया कि आनुवंशिक सूचनाएँ एक पीढ़ी से अगली पीढ़ी में गुणसूत्रों के माध्यम से स्थानान्तरित होती हैं| लेकिन अनेक वर्षों तक विवाद बना रहा कि गुणसूत्रों में आनुवंशिक पदार्थ DNA है या प्रोटीन|

DNA के आनुवंशिक या जेनेटिक पदार्थ होने के पक्ष में प्रमाण- DNA के आनुवंशिक या जेनेटिक पदार्थ होने के पक्ष में अग्रलिखित प्रमाण हैं–

1. ग्रिफिथ का जीवाणु का रूपांतरण प्रयोग- ग्रिफिथ ने सन 1928 में अधिकाँश स्तनधारियों में निमोनिया उत्पन्न करने वाले जीवाणु न्यूमोकोकस (Pneumococcus) या डिप्लोकोकस न्यूमोनी (Diplococcus pneumoniae) पर अपने प्रयोग किये| उन्होंने निमोनिया रोग के कारक जीवाणु डिप्लोकोकस न्यूमोनी के दो विभेदों (strains) का पता लगाया–

(i) उग्र विभेद (virulent strains or S-strain)- इस विभेद के जीअनु चिकनी भित्ति (smooth walled) होती हैं| इनका बाहरी आवरण या खोल (capsule) पॉलीसैकेराइड का बना होता है| ये जीवाणु निमोनिया रोग उत्पन्न करने में सक्षम होते हैं| अतः इन्हें उग्र विभेद (virulent strain) कहा गया|

(ii) अनुग्र विभेद (Non-virulent strain or R-strain)- इस विभेद के जीवाणु खुरदुरी भित्ति वाले होते हैं| इन पर पॉलीसैकेराइड का आवरण नही होता है| इसी कारण जीवाणु कोशिकाएँ अनियमित आकार की दिखाई देती हैं| ये जीवाणु निमोनिया रोग उत्पन्न नही कर पाते इसीलिए इन्हें अनुग्र विभेद (non-virulent strain) कहते हैं|

जब जीवाणुओं के इन विभेदों को बारी-बारी से निम्न प्रकार चूहों में प्रवेश कराया गया, तो अलग-अलग तथ्य सामने आये- जोकि निम्नलिखित हैं–

(a) जब उग्र विभेद (S-strain) के जीवाणुओं को चूहों में प्रवेश कराया जाता है, तो इनमे निमोनिया रोग हो जाता है जिससे चूहे मर जाते हैं|

S-strain → Inject into mice → Mice die

(b) जब अनुग्र विभेद (R-strain) के जीवाणुओं को चूहों में प्रवेश कराया जाता है, तो चूहों में निमोनिया रोग नहीं होता और चूहे जीवित रहते हैं|

R-strain → Inject into mice → Mice live

MPBOOKSOLUTION.in

(c) जब उग्र विभेद (S-strain) को लगभग 60° C ताप पर गर्म किया जाता है (अर्थात जीवाणु को मृत करने के बाद) और इसके बाद इसे चूहों में प्रवेश कराया जाता है, तो चूहे नही मरते हैं|

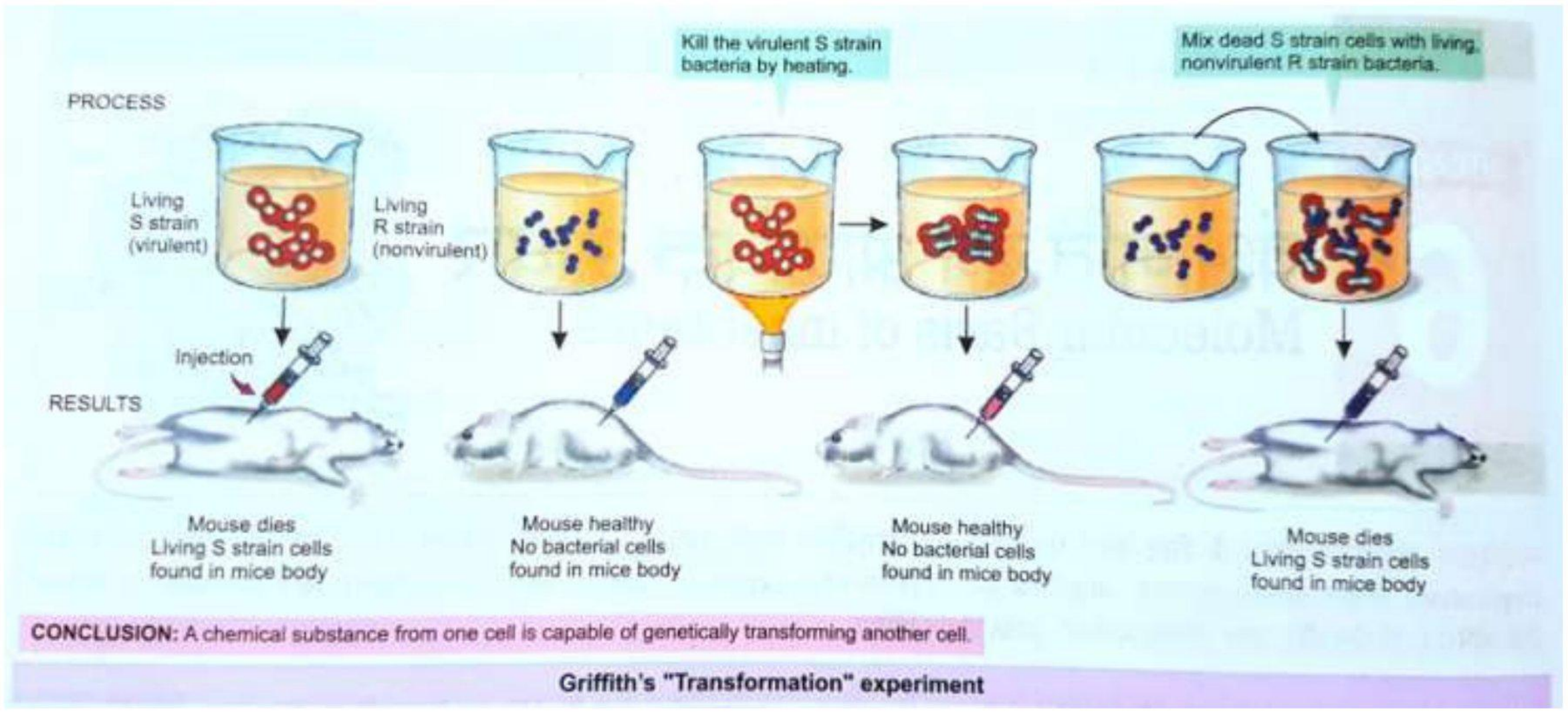
S-strain (Hest killed) → Inject into mice → Mice live

(d) गर्म किये गए उग्र विभेद (S-strain) को अनुग्र विभेद (R-strain) के साथ मिश्रित करके चूहों में प्रवेश कराने पर चूहों में निमोनिया हो गया जिससे ये मर गए|

S-strain (heat killed) + R-strain (live) → Inject into Mice → Mice die

(e) जब इस मृत चूहों के रुधिर का परीक्षण किया गया, तो इसमें दोनों विभेद के जीवाणु उपस्थित थे|

चूँकि उष्माहत (heat killed) S-strain में जीवाणुओं की सभी कोशिकाएँ मृत थी| ऐसा माना गया कि S-strain की मृत कोशिकाओं में कोई ऐसा पदार्थ था जिससे अनुग्र विभेद R-strain की कुछ कोअहिकाएं उग्र विभेद S-strain में रूपांतरित हो गयी| यद्यपि ग्रिफिथ ये नहीं जानते थे कि जीवाणुओं के विभेद में परिवर्तन में चूहों की भूमिका क्या है तथा कौन स कारक इसे उग्र विभेद में परिवर्तित करता है| फिर भी जीवाणुओं के एक विभेद से दूसरे विभेद में रूपांतरण को ग्रिफिथ प्रभाव या जीवाणु रूपांतरण कहते हैं| S-strain की मरी हुई कोशिकाओं के उस घटक, जिसके कारण रूपांतरण होता है, को रूपांतरण कारक पदार्थ कहते हैं| यद्यपि ग्रिफिथ के प्रयोगों से रूपांतरण की खोज तो हुई लेकिन इनसे इस बात का कोई संकेत नही मिला कि DNA रूपांतरण करक पदार्थ है|



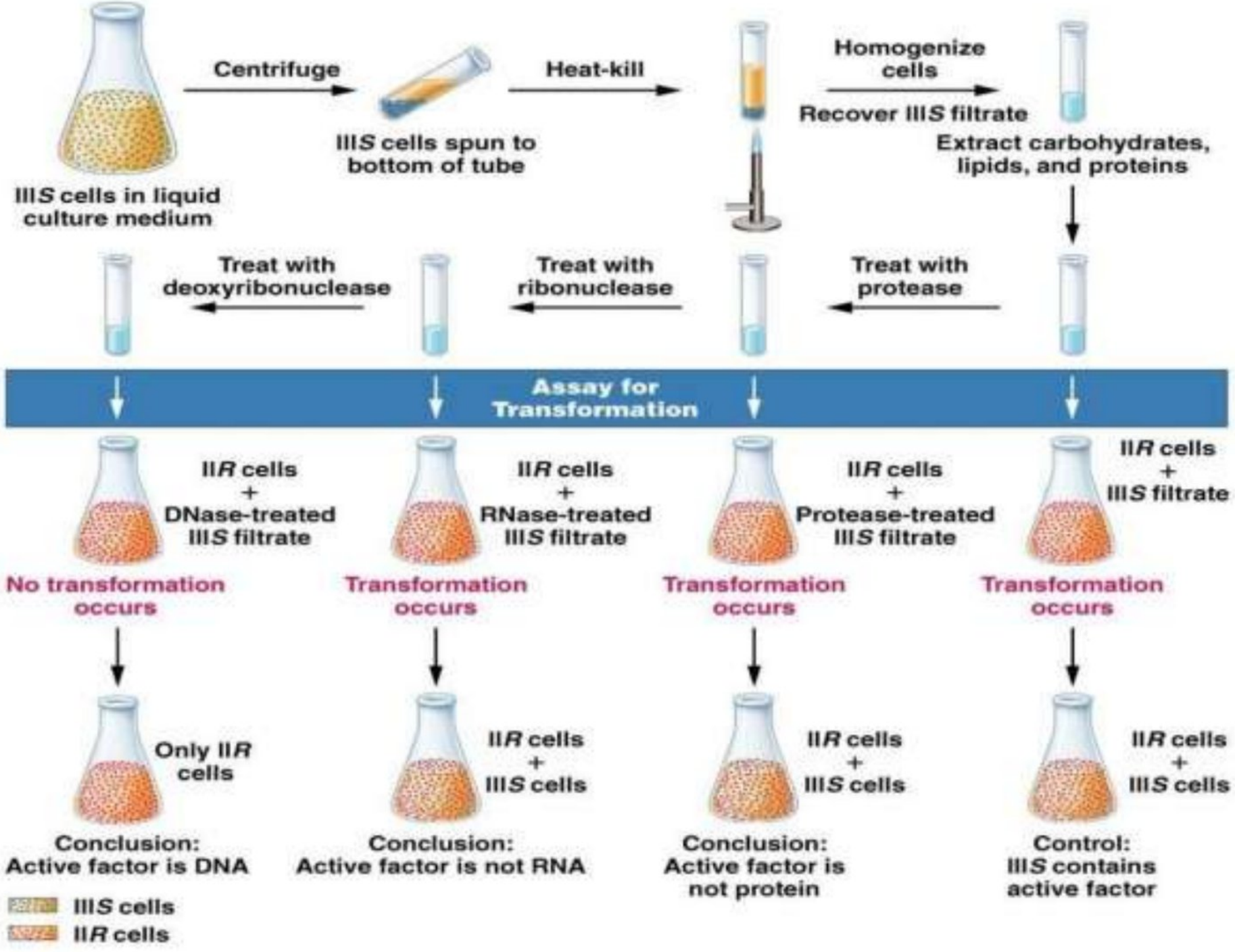
Griffith's "Transformation" experiment

2. ऐवेरी, मैकलिओड एवं मैक्कार्टी के प्रयोग- इन वैज्ञानिकों ने पाने अध्ययनों के परिणाम सन 1944 में प्रकाशित कराए| इन्होने ग्रिफिथ के प्रयोगों को जीवे (in vivo) अर्थात चूहों में न करके पात्रे (in vitro, काँच के पात्रों) में करा और इस प्रकार रूपांतरण कारक पदार्थ की पहचान की| इन्होने कुछ पेट्रीप्लेटों में सूक्ष्म जैविकी संवर्धन माध्यम (culture medium) में डिप्लोकोकस न्यूमोनी (Diplococcus pneumoniae) के अनुग्र जीवाणु R-strain का संवर्धन तैयार किया| उग्र प्रकार S-strain के जीवाणुओं के प्रोटीन, DNA तथा कार्बोहाइड्रेट को अलग-अलग कर दिया| इनमे से प्रत्येक को जीवित 'R' प्रकार की जीवाणु कोशिकाओं के पोषक माध्यम में अलग-अलग मिला दिया| कुछ समय बाद उन्होंने देखा कि जिस संवर्धन

MPBOOKSOLUTION.in

माध्यम में DNA निलया गया था, केवल उसी में 'R' प्रकार के जीवाणु 'S' प्रकार में परिवर्तित हो गए, किन्तु शेष दोनों नही हुए| 'S' प्रकार के DNA सार को दो भागों में बांटा गया| एक भाग में राइबोन्यूक्लिएज (ribonuclease) एंजाइम तथा दूसरे में डीऑक्सीराइबोन्यूक्लिएज (deoxyribonuclease) एंजाइम मिलाया| ये एंजाइम क्रमशः RNA तथा DNA का विघटन करते हैं| जब S-strain के DNA+राइबोन्यूक्लिएज को R-strain के अनुग्र बैक्टीरियल कोशिकाओं (R) के पोषक माध्यम में मिलाया, तो S-strain तथा R-strain दोनों प्रकार की जीवाणु कोशिकाएँ बनीं परन्तु जब S-strain के DNA को डीऑक्सीराइबोन्यूक्लिएज एंजाइम के आठ मिलाया और फिर इसको 'R' प्रकार की अनुग्र जीवाणु कोशिकाओं के पोषक माध्यम में मिलाया, तो केवल R-strain की कोशिकाएँ बनीं|

उपर्युक्त परिणामों से स्पष्ट हो गया कि S-strain की उग्र कोशिकाओं का DNA 'R' प्रकार की अनुग्र कोशिकाओं को उग्र कोशिकाओं में बदलता है| अतः DNA ही आनुवंशिक पदार्थ है|



3. हर्षे एवं चेज का प्रयोग- DNA को आनुवंशिक पदार्थ के रूप में सर्वमान्य रूप से सिध्द करने का श्रेय अल्फ्रेड डी० हर्षे (Alfred D. Hershey) तथा मार्था चेज (Martha chase) को जाता है| इन्होने सन 1952 में इश्चेरिचिया कोलाई (Escherichia coli) पर जीवाणुभोजी (bacteriophage) के जीवन-चक्र के अध्ययन व्दारा यह सिध्द किया कि संतति (progeny) जीवाणुभोजियों में जनक जीवाणुभोजियों का केवल DNA ही संचरित (transmit) होता है|

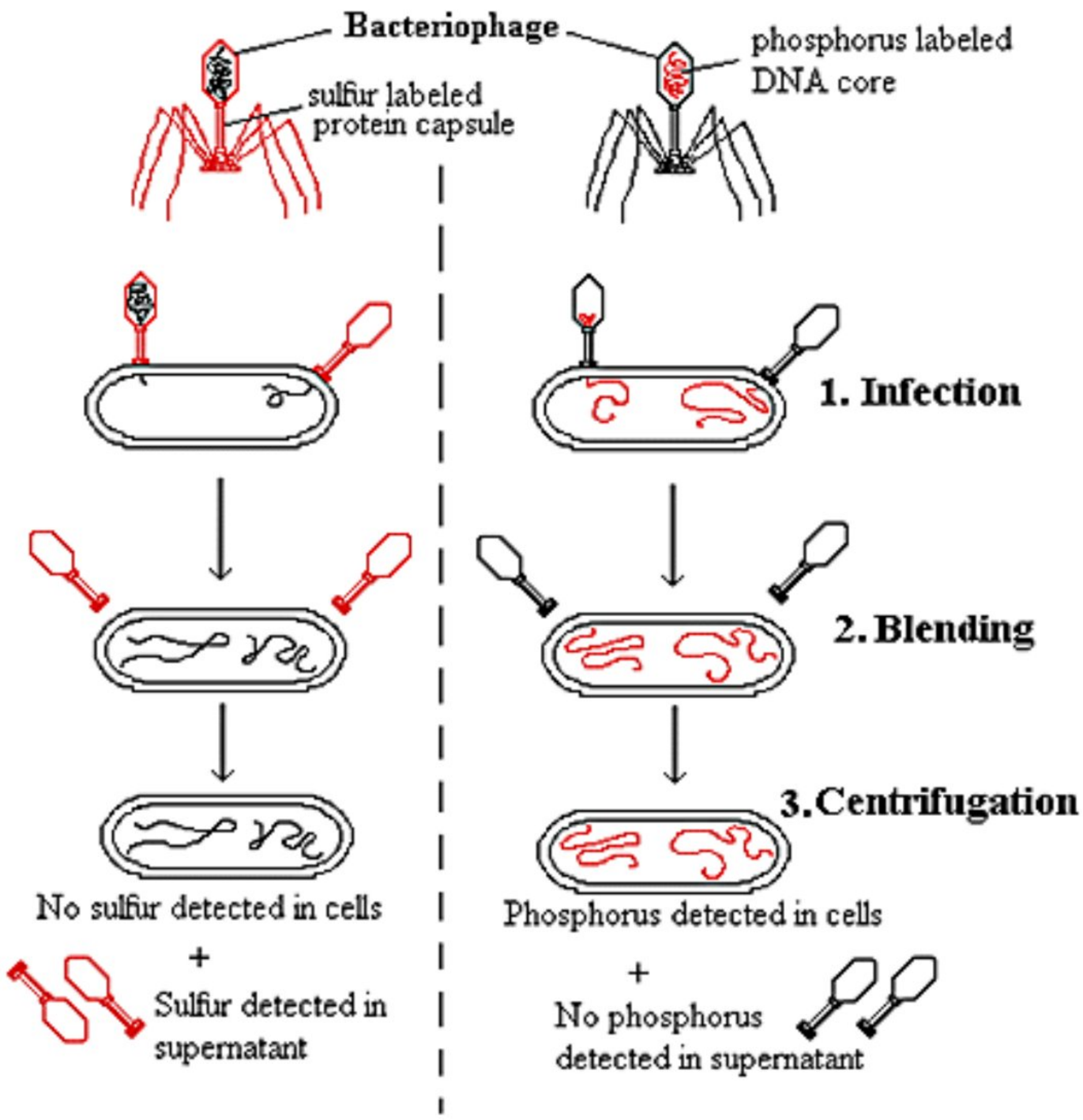
ये जीवाणुभोजी केवल ई०कोलाई जीवाणु की जीवित कोशिका के अन्दर ही जनन कर सकते हैं|

हर्षे एवं चेज ने दो अलग-अलग प्रयोग किये जिनमे जीवाणुभोजी T_2 के DNA एवं प्रोटीन को चिन्हित किया गया| DNA में फॉस्फोरस तो पाया जाता है किन्तु सल्फर नही पाया जाता है| इसके विपरीत प्रोटीन में सल्फर होता है किन्तु फॉस्फोरस

नहीं होता है| इस आधार पर इन्होने DNA के लिए P^{32} का तथा प्रोटीन के लिए S^{35} का चिन्हांकन किया| P^{32} से चिन्हित किये गए जीवाणुभोजियों को ई०कोलाई की कोशिकाओं के साथ मिश्रित किया गया| कुछ समय पश्चात् जब इन्होने मिश्रण का अध्ययन किया तो पाया कि संतति जीवाणुभोजियों में भी P^{32} उपस्थित था|

एक अन्य प्रयोग में हर्षे एवं चेज ने S^{35} से चिन्हित किये गए जीवाणुभोजियों को ई०कोलाई कोशिकाओं के साथ मिश्रित किया और जब कुछ समय पश्चात् इस मिश्रण का अध्ययन किया तो पाया कि संतति जीवाणुभोजियों में S^{35} की बहुत ही कम मात्रा थी|

इन प्रयोगों से स्पष्ट होता है कि DNA जनक जीवाणुभोजियों से संतति जीवाणुभोजियों में संचरित होता है, जबकि प्रोटीन संचरित नही होता| अतः कम-से-कम जीवाणुभोजियों में तो DNA ही आनुवंशिक द्रव्य होता है|



The Hershey-Chase Experiment

आनुवंशिक पदार्थ के गुण- एक अणु जो आनुवंशिक पदार्थ के रूप में कार्य कर सकता है वह निम्नलिखित मानदंडो को अवश्य पूर्ण करता है–

1. यह अपना प्रतिकृति (replica) बनाने में सक्षम है|
2. इसे रचना रासायनिक संगठन के आधार पर स्थिर होना चाहिए|
3. इनमें धीमें परिवर्तनों (उत्परिवर्तन) की संभावना होती है जो विकास के लिए आवश्यक है|

4. इसे स्वयं 'मेंडल के लक्षण' के अनुरूप अभिव्यक्त होना चाहिए|

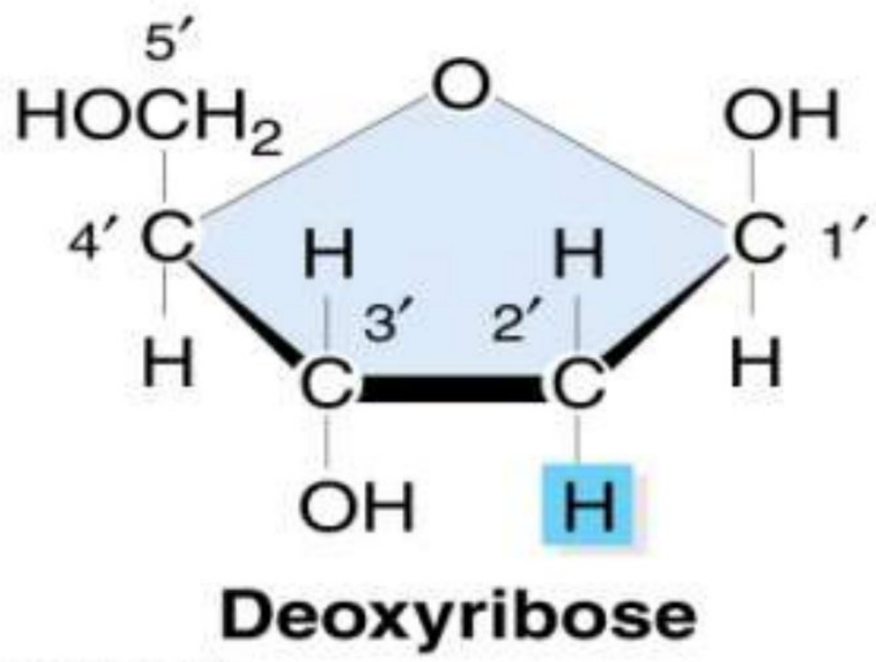
आर०एन०ए० (RNA- Ribonucleic acid)- RNA पहला आनुवंशिक पदार्थ था| RNA आनुवंशिक पदार्थ के साथ एक उत्प्रेरक (catalyst) अर्थात कुछ रासायनिक अभिक्रियाओं के लिए एंजाइम की भांति भी कार्य करता है| RNA उत्प्रेरक के रूप में क्रियाशील लेकिन अस्थायी है| इस कारण से RNA के रासायनिक रूपांतरण से DNA का विकास हुआ, जिससे यह अधिक स्थायी है|

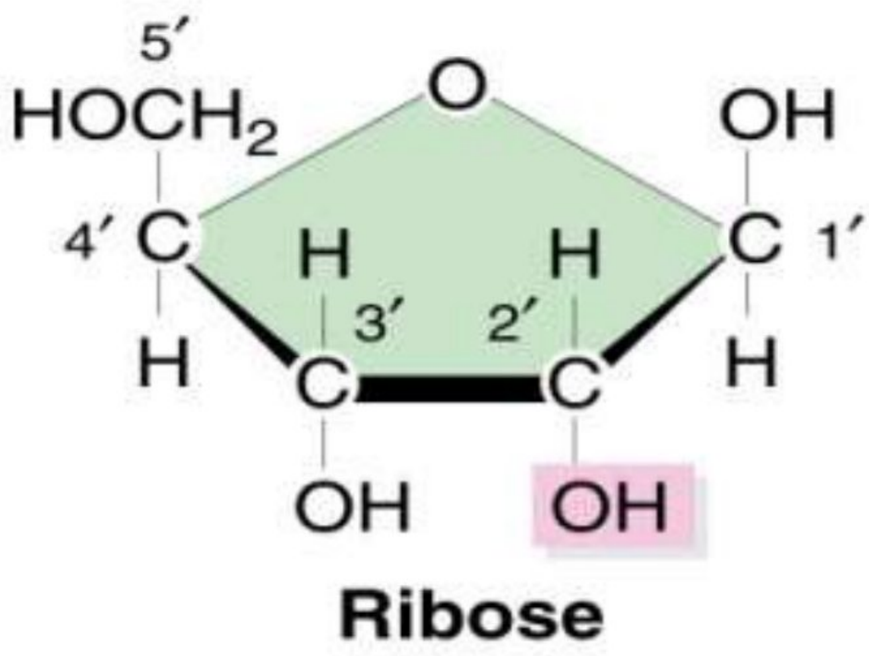
आनुवंशिक RNA (Genetic RNA)- कुछ विषाणुओं जैसे- तम्बाकू का मोजेक विषाणु (Tobacco Mosaic Virus=TMV) आदि में DNA नहीं पाया जाता है| इन विषाणुओं में केवल प्रोटीन व RNA होता है और इनमे RNA ही आनुवंशिक पदार्थ का कार्य करता है| कुछ अन्य विषाणुओं; जैसे- जंतु विषाणुओं पोलियोमाइलिटिस (Poliomyletis), इन्फ्लूएंजा (Influenza), एड्स (AIDS), एन्सिफैलाइटिस (Encephalitis) आदि, पौधों के अधिकांश विषाणु एवं कुछ छोटे जीवाणुभोजी जैसे- I2, MS2, R17 आदि में भी RNA ही आनुवंशिक पदार्थ होता है| इन विषाणुओं व्दारा, संक्रमण के पश्चात् आनुवंशिक RNA के प्रतिलोम अनुलेखन (reverse transcription), (RNA की टेम्पलेट के रूप में उपयोग करके DNA संश्लेषण) से DNA धागे का निर्माण होता है| प्रतिलोम अनुलेखन रिवर्स ट्रांसक्रिप्टेज (reverse transcriptase) एंजाइम व्दारा उत्प्रेरित होता है|

डी०एन०ए० (DNA- Deoxyribonuleic acid)- DNA डीऑक्सीराइबोन्यूक्लियोटाइड्स (deoxyribonucleotides) का एक लम्बा बहुलक (polymer) है| इसकी लम्बाई सामान्यतया इसमें मिलने वाले न्यूक्लियोटाइड्स की संख्या पर निर्भर करती है| यह किसी भी जीव की विशेषता है|

DNA की संरचना (Structure of DNA)- DNA दो पॉलीन्यूक्लियोटाइड्स श्रृंखलाओं का बना होता है| न्यूक्लियोटाइड के तीन घटक होते हैं- नाइट्रोजनी क्षार, पेन्टोज शर्करा (RNA में राइबोज तथा DNA में डीऑक्सीराइबोज) और एक फॉस्फेट ग्रुप| नाइट्रोजनी क्षार दो प्रकार के होते हैं –प्यूरीन (एडिनीन व ग्वानिन) व पिरिमिडीन (साइटोसीन, यूरेसिल व थाइमीन)| साइटोसीन DNA व RNA दोनों में मिलता है, जबकि थाइमीन DNA में मिलता है| RNA में थाइमीन के स्थान पर यूरेसिल मिलता है|

1. डीऑक्सीराइबोज शर्करा (Deoxyribose sugar):- DNA में डीऑक्सीराइबोज प्रकार की शर्करा होती है, इसे पंचकार्बनीय शर्करा भी कहते हैं| इसके विपरीत RNA में सिर्फ राइबोज शर्करा ही पायी जाती है|

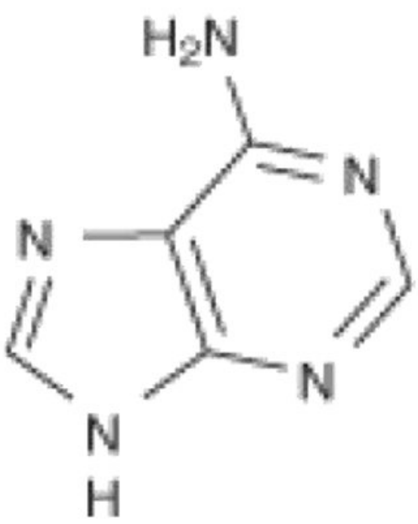




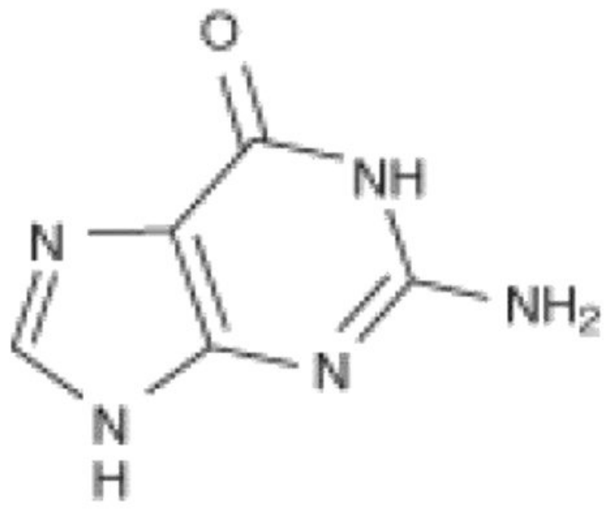
2. नाइट्रोजनी क्षार (Nitrogenous base)- ये निम्नलिखित दो प्रकार के होते हैं–

(i) प्यूरीन (Purines)- प्यूरीन क्षारक एडीनीन (adenine) व ग्वानिन (guanine) है जो व्दिचक्रीय (dicyclic) प्रवृत्ति के होते हैं|

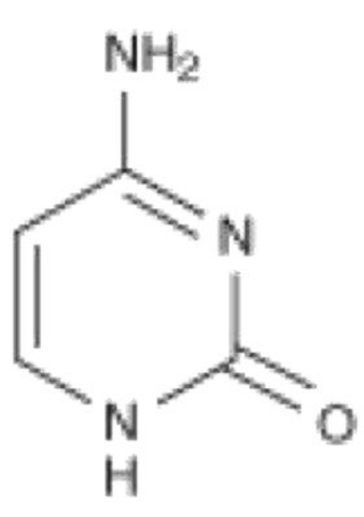
(ii) पिरिमिडीन (Pyrimidines)- पिरिमिडीन क्षारक थाइमीन (thymine) व साइटोसिन (cytosine) हैं| पिरिमिडीन क्षारक एकचक्रीय (monocyclic) प्रवृत्ति के होते हैं|



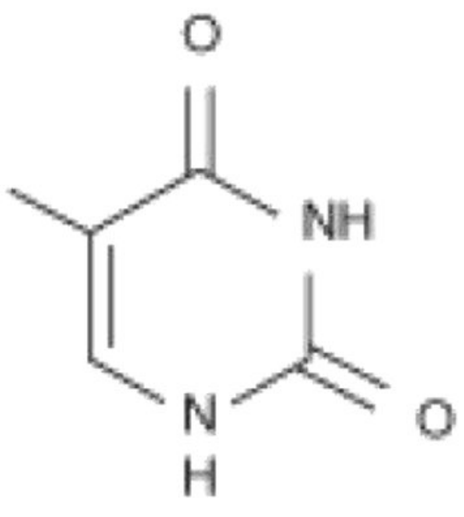
Adenine



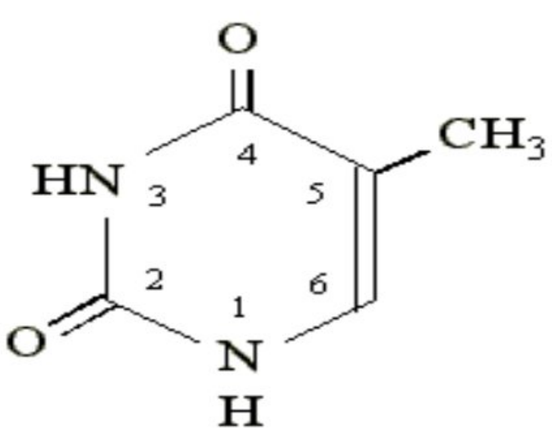
Guanine



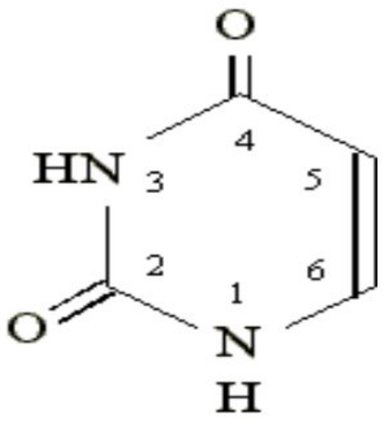
Cytosine



Thymine



Thymine
(DNA)



Uracil
(RNA)

न्यूक्लिओसाइड (Nucleoside)- न्यूक्लिओसाइड प्यूरीन या पिरिमिडीन नाइट्रोजनी क्षारकों व पेन्टोज शर्करा के बने होते हैं| नाइट्रोजनी क्षारक एक N-ग्लाइकोसिडिक बंध (N-glycosidic linkage) व्दारा पेन्टोज शर्करा से जुड़कर, न्यूक्लिओसाइड (nucleoside) बनाता है| DNA के न्यूक्लिओसाइड, डीऑक्सीराइबोन्यूक्लिओसाइड (deoxyribonucleoside) कहलाते हैं|

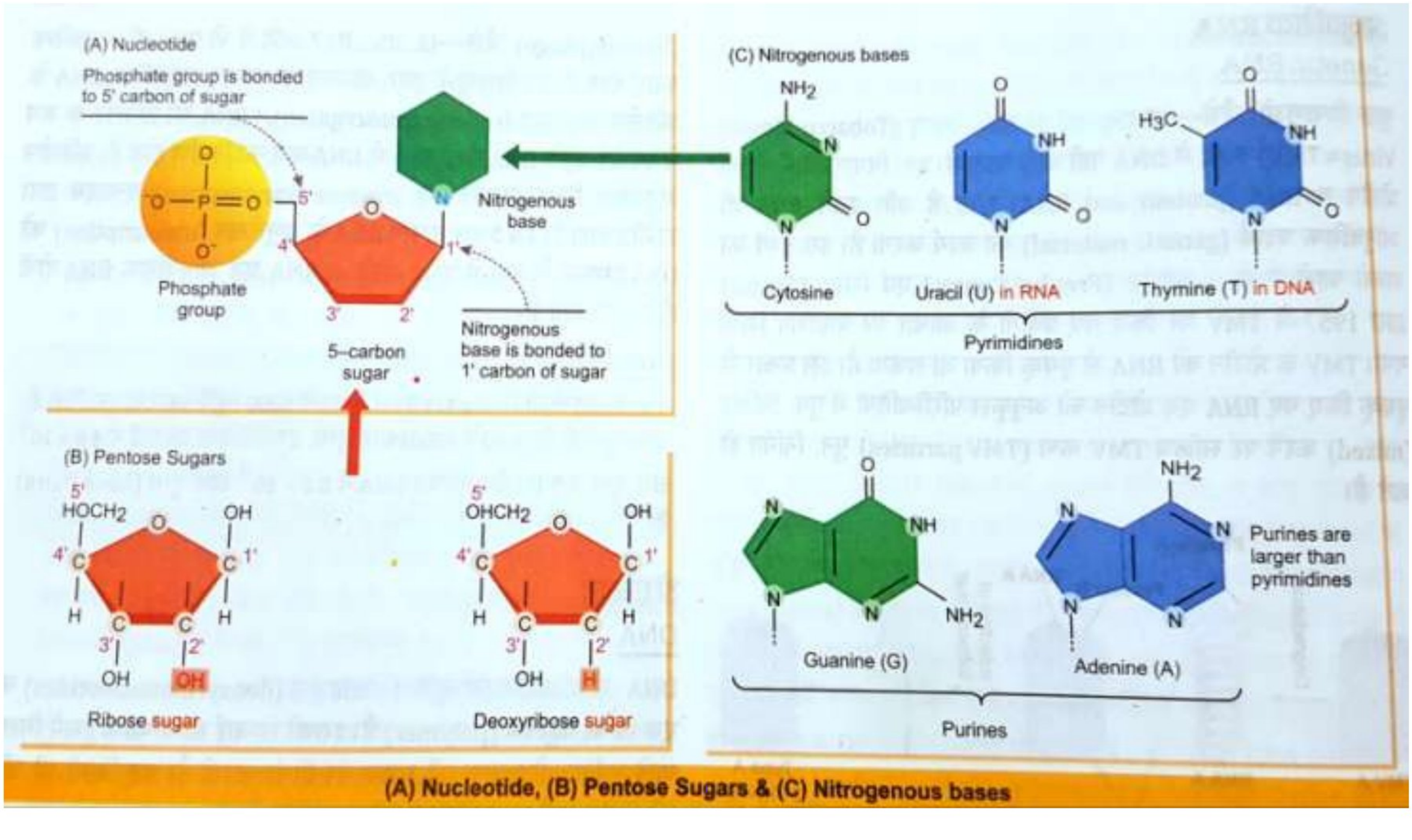
DNA में चार प्रकार के न्यूक्लिओसाइड होते हैं–

1. डीऑक्सीएडिनोसीन (deoxyadenosine)
2. डीऑक्सीग्वानोसीन (deoxyguanosine)
3. डीऑक्सीथाइमिडीन (deoxythymidine)
4. डीऑक्सीसाइटिडीन (deoxycytidine)

न्यूक्लिओटाइड (Nucleotide)- न्यूक्लिओटाइड के एक अणु में प्यूरिन या पिरिमिडीन, नाइट्रोजनी क्षार डीऑक्सीराइबोज पेन्टोज शर्करा व्दारा जुड़े रहते हैं| डीऑक्सीराइबोज पेन्टोज शर्करा के पांचवें स्थान का कार्बन परमाणु (C5-atom)

फास्फोरिक अम्ल के एक अणु से 5-फॉस्फोएस्टर बन्ध (5-phosphoester bond) के व्दारा जुड़कर डीऑक्सीराइबोन्यूक्लियोटाइड (deoxyribonucleotide) बनाता है| चूँकि DNA में चार प्रकार के नाइट्रोजनी क्षार होते है, अतः न्यूक्लिओटाइड भी चार प्रकार के होते हैं–

1. डीऑक्सीएडीनिलिक अम्ल (deoxyadenylic acid)
2. डीऑक्सीग्वानीलिक अम्ल (deoxyguanylic acid)
3. डीऑक्सीसाइटीडिलिक अम्ल (deoxycytidylic acid)
4. डीऑक्सीथाइमीडिलिक अम्ल (deoxythymidylic acid)

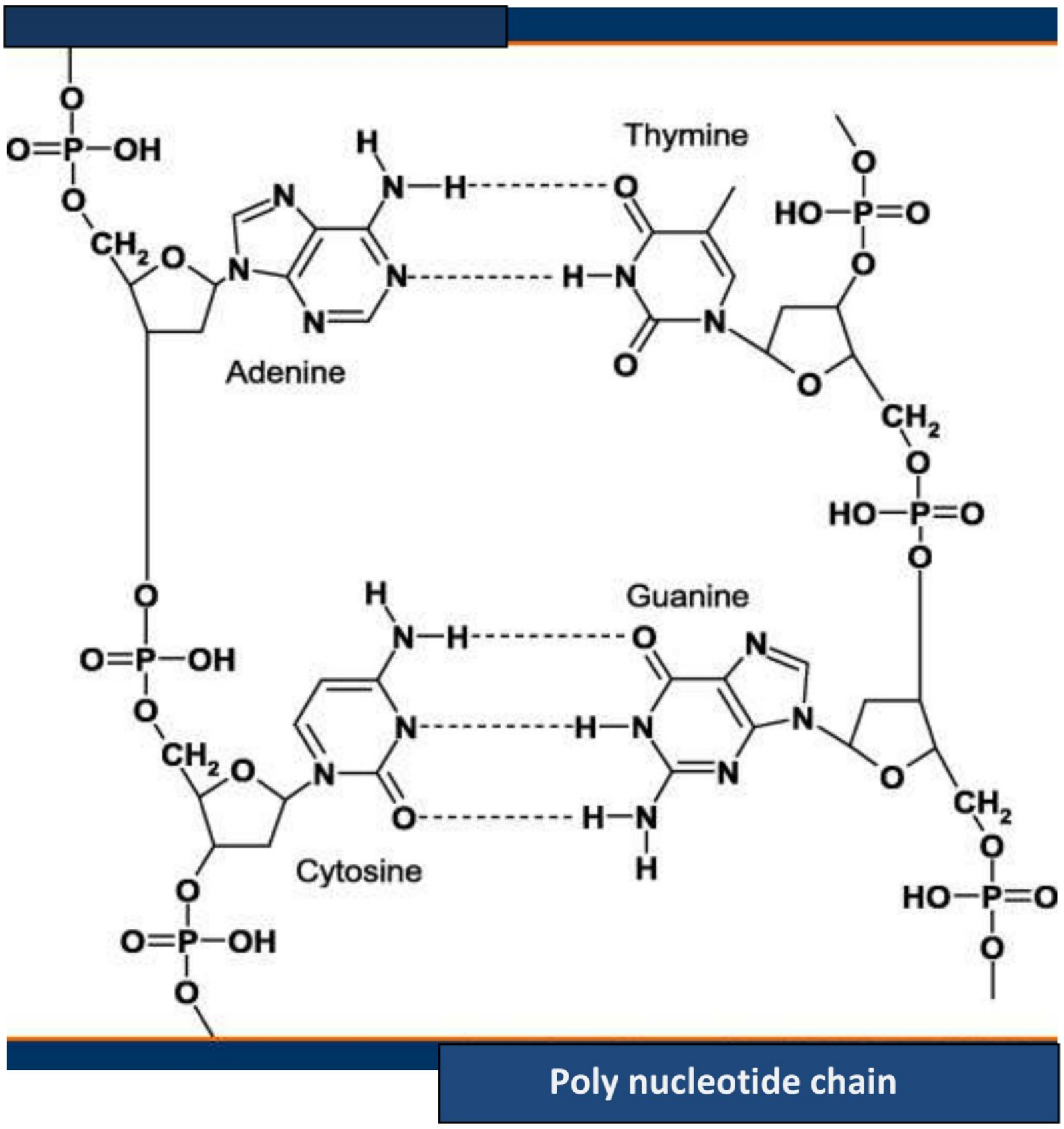


(A) Nucleotide, (B) Pentose Sugars & (C) Nitrogenous bases

पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखला (polynucleotide chain)- चार प्रकार के न्यूक्लिओटाइड्स के अलग-अलग क्रम में जुड़ने से पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखला का निर्माण होता है| प्रत्येक श्रृंखला में एक न्यूक्लिओटाइड की डीऑक्सीराइबोज शर्करा में पांचवें स्थान के C5 कार्बन से जुड़ा फॉस्फेट समूह, अन्य न्यूक्लिओटाइड की डीऑक्सीराइबोज शर्करा में तीसरे स्थान पर C3 कार्बन से फॉस्फोडाइएस्टर बंध (Phosphodiester bond) व्दारा जुड़ा रहता है| अतः यह बंध 5-3 फॉस्फोडाइएस्टर बंध (5-3 Phosphodiester bond) कहा जाता है| पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखला में दो न्यूक्लिओटाइड्स के शर्करा फॉस्फेट अणु व्दारा आपस में जुड़े रहते हैं| अतः शर्करा-फॉस्फेट-शर्करा के संयोजन से दंड के समान संरचना बनती है जो पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखला का मेरु दण्ड बनाती है| नाइट्रोजन क्षारक इसमें भाग नही लेते हैं

तथा शर्करा अणुओं के 1 कार्बन (C1) से जुड़े रहकर पार्श्व समूह के रूप में दण्ड के समकोण के रूप में व्यवस्थित रहते हैं| फॉस्फेट समूह की उपस्थिति के कारण, ये श्रृंखलाएँ अम्लीय (acidic) प्रवृत्ति की होती हैं| एक डीऑक्सीराइबोन्यूक्लिओटाइड

श्रृंखला का एडीनिन हमेशा दूसरी श्रृंखला के थाइमीन से दो हाइड्रोजन बंधों (A=T) व्दारा जुड़ा रहता है| इसी प्रकार एक श्रृंखला का साइटोसीन, दूसरी श्रृंखला के ग्वानीन से तीन हाइड्रोजन बंधों व्दारा जुड़ा रहता है| श्रृंखला के ऊपरी सिरे या 5' सिरे पर शर्करा अणु के C5 कार्बन पर जुड़ा फॉस्फेट समूह (PO4) स्वतन्त्र रहता है व यह 5' सिरा कहलाता है| श्रृंखला के दूसरे सिरे पर शर्करा अणु के C3 कार्बन पर जुड़ा हाइड्राक्सिल समूह (-OH समूह) स्वतंत्र रहता है व इसे 3' सिरा कहते हैं|



व्दिकुंडली DNA की संरचना की खास विशेषताएँ निम्नलिखित हैं–

1. यह दो पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखलाओं (polynucleotide chains) का बना होता है जिसका आधार शर्करा-फॉस्फेट (sugar-phosphate) का बना होता है व क्षार भीतर की ओर प्रक्षेपी होता है|

2. दोनों श्रृंखलाएँ प्रति समानांतर (antiparallel) ध्रुवणता (polarity) रखती हैं| इसका मतलब यदि एक श्रृंखला की ध्रुवणता 5' से 3' की ओर हो, तो दूसरे की ध्रुवणता 3' से 5' की तरफ होगी|

3. दोनों रज्जुकों के क्षार आपस में हाइड्रोजन बंध व्दारा युग्मित होकर क्षार युग्म बनाते हैं| एडीनिन व थाइमीन जो विपरीत रज्जुकों में होते हैं आपस में दो हाइड्रोजन बंध से तथा ग्वानीन व साइटोसीन तीन-हाइड्रोजन बंध व्दारा बंधा रहता है, इससे कुंडली के दोनों रज्जुकों के बीच लगभग समान दूरी बनी रहती है|

4. दोनों श्रृंखलाएँ दक्षिणावर्ती (right handed) कुंडलित होती हैं| कुंडली का पिच 3.4 नैनोमीटर अर्थात 34A० होता है तथा प्रत्येक घुमाव में लगभग 10 क्षार युग्म मिलते हैं, परिणामस्वरूप एक कुंडली में एक क्षार युग्म के बीच लगभग 0.34 नैनोमीटर (3.4 A०) की दूरी होती है|

5. व्दिकुंडली में एक क्षार युग्म की सतह के ऊपर दूसरे स्थित होते हैं| इसके अतिरिक्त हाइड्रोजन बंध कुंडलिनी संरचना को स्थायित्व प्रदान करते हैं|

जीव विज्ञान में फ्रांसिस क्रिक ने मूल सिध्दान्त (सेंट्रल डोग्मा) का विचार प्रस्तुत किया जिससे स्पष्ट है कि आनुवंशिक सूचनाओं का बहाव DNA से RNA व इससे प्रोटीन की तरफ रहता है|

DNA → RNA →प्रोटीन

कुछ विषाणुओं में उपरोक्त बहाव विपरीत दिशा RNA से DNA की तरफ भी होता है|

DNA की व्दिकुंडल संरचना (Double helix structure of DNA)- चारग्राफ (Chargraff) व अन्य वैज्ञानिकों ने DNA का रासायनिक विश्लेषण किया व चारग्राफ ने अपना नियम प्रस्तुत किया|

चारग्राफ का नियम (chargraff's Rule)- इरविन चारग्राफ ने सन 1950 में DNA में क्षारकों की मात्रा का मापन किया व उसने बताया-

1. A=T, अतः प्यूरीन सदैव पिरिमिडीन के बराबर होते हैं| मात्रात्मक रूप से, A=T व A/T=1. एडीनिन की मोलर मात्रा थाइमीन के बराबर होती है|

2. साइटोसीन की मोलर मात्रा, ग्वानिन के बराबर होती है, C=G अथवा C/G=1.

3. A+G=T+C, यह अनुपात एक ही जाति के जीवों में समान किन्तु भिन्न-भिन्न जाति के जीवों में भिन्न-भिन्न होता है|

DNA की व्दिकुंडलन संरचना के प्रमाण-

DNA का वाटसन एवं क्रिक मॉडल- जेम्स वाटसन व फ्रांसिस क्रिक ने 1953 में DNA की व्दिकुंडलन संरचना का त्रिविम मॉडल प्रस्तुत किया था| इस मॉडल के अनुसार, DNA अणु दोहरी हेलिक्स (helix) से बना होता है| एक हेलिक्स एक सीढ़ी के आकार का होता है| दोहरे हेलिक्स दो श्रृंखलाओं के बीच पिरिमिडीन तथा प्यूरीन सेतु बनाते हैं| एडीनीन तथा थाइमीन की जोड़ी दो हाइड्रोजन बंधों व्दारा तथा ग्वानिन तथा साइटोसीन की जोड़ी तीन हाइड्रोजन बंधों व्दारा बनती है| हेलिक्स का प्रत्येक मोड़ लगभग 34A० लम्बा होता है तथा इसमें न्यूक्लियोटाइड्स के 10 युग्म होते हैं जो एक-दूसरे से 3.4A० की दूरी पर स्थित होते हैं| दोहरे हेलिक्स का व्यास 20A० होता है| DNA के एक स्ट्रैंड में एडीनीन के मात्रा DNA के दूसरे स्ट्रैंड में थाइमीन की मात्रा के बराबर होती है| फॉस्फोरस अम्ल का अणु डीऑक्सीराइबोज अणु के पांचवे कार्बन से एस्टर बंध व्दारा जुड़ा रहता है| दो न्यूक्लियोटाइड्स में से एक का फॉस्फेट अणु दूसरे के शर्करा अणु के तीसरे कार्बन परमाणु (C3) से फॉस्फोडाइएस्टर बंध व्दारा जुड़ा रहता है| अतः इसे पॉलीन्यूक्लियोटाइड्स श्रृंखला कहते हैं| नाइट्रोजनी क्षार डीऑक्सीराइबोज के प्रथम कार्बन (C1) से जुड़ा रहता है| अतः पॉलीन्यूक्लियोटाइड्स श्रृंखला के एक सिरे की श्रृंखला का C3 तथा दूसरे सिरे की शर्करा का C5 किसी भी न्यूक्लियोटाइड्स से नही जुड़ते तथा इन्हें 3' और 5' सिरे कहते हैं|

वाटसन एवं क्रिक के मॉडल के प्रमुख बिन्दु निम्नलिखित हैं–

1. प्रत्येक DNA अणु में पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखलाओं के दो हेलिक्स होते हैं|

2. पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखलाएँ एक-दूसरे के विपरीत दिशा में कुंडलित होते हैं अर्थात एक श्रृंखला में शर्करा के कार्बन 5'→3' दिशा में दूसरे के 3'→5' दिशा में होते हैं|

3. प्रत्येक न्यूक्लियोटाइड, नाइट्रोजनी क्षारक, डीऑक्सीराइबोज शर्करा व फॉस्फोरिक अम्ल के एक-एक अणु से बना होता है|

4. न्यूक्लियोटाइड्स के शर्करा अणु फॉस्फेट अणुओं से 5', 3' फॉस्फोडाइएस्टर बंध व्दारा जुड़े रहते हैं|

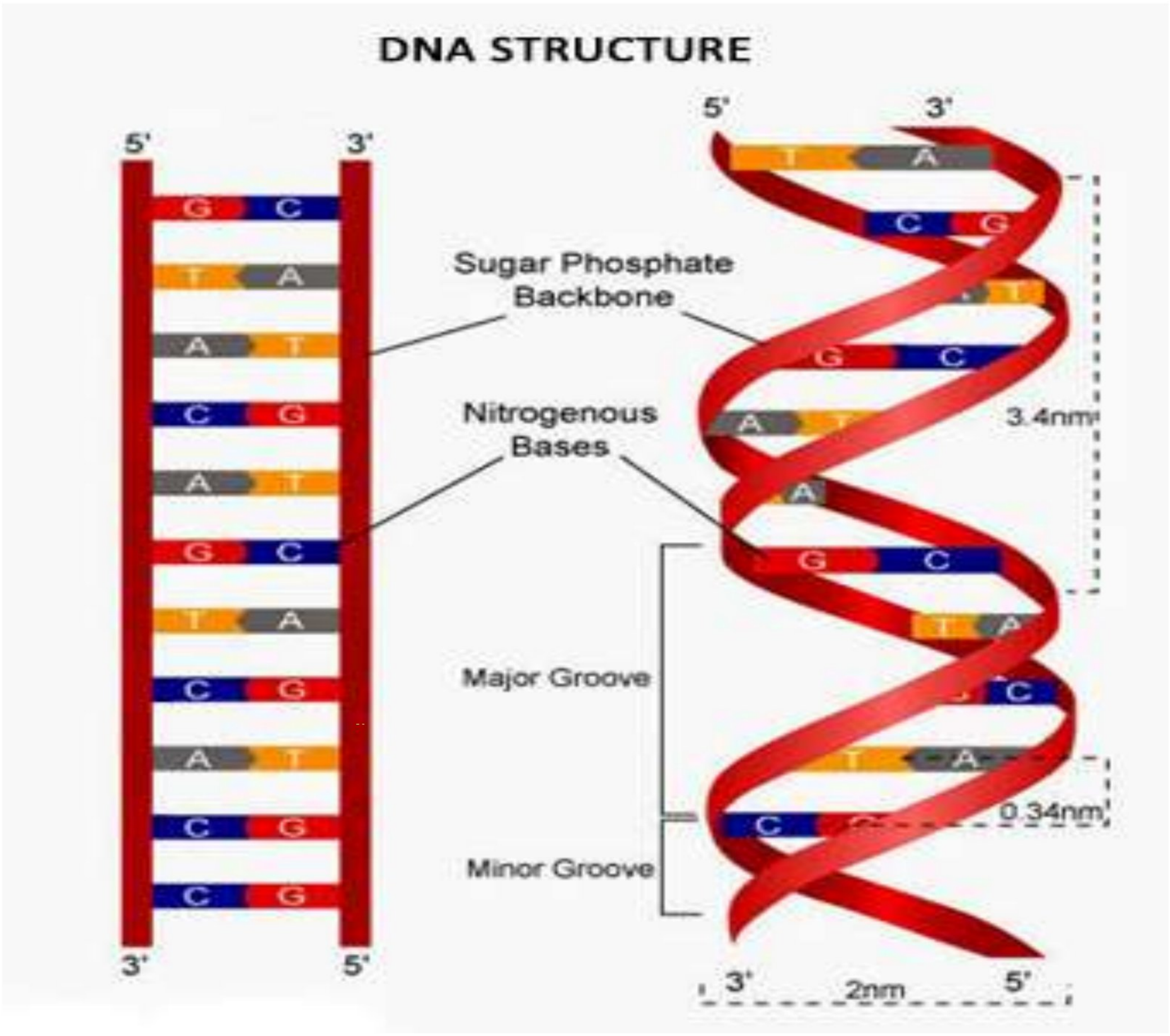
5. दोनों हेलिक्स के न्यूक्लियोटाइड्स हाइड्रोजन बंध व्दारा आपस में जुड़े रहते हैं|

6. DNA की एक हेलिक्स में प्यूरीन की मात्रा दूसरे हेलिक्स में पिरिमिडीन के बराबर होती है| अतः यह हेलिक्स में एडीनीन तो दूसरे में इसके सामने थाइमीन होगा व साइटोसीन के सामने ग्वानिन होगा|

7. DNA में शर्करा व फॉस्फेट अणु का अनुपात समान होता है|

8. एडीनीन व थाइमीन के मध्य दो हाइड्रोजन बंध, जबकि साइटोसीन व ग्वानिन के मध्य तीन हाइड्रोजन बंध होते हैं|

9. दोनों श्रृंखलाओं के मध्य 20A० की दूरी, एक श्रृंखला के दो न्यूक्लियोटाइड जोड़े के मध्य 3.4A० की दूरी व हेलिक्स का एक चक्कर 34A० के अंतराल पर पूरा होता है



DNA के विभिन्न प्रारूप- DNA के विभिन्न प्रारूप निम्नलिखित हैं–

1. रेखाकार व वृत्ताकार DNA (Linear and Circular DNA)- DNA की दो प्रकार की आकृतियाँ होती हैं –रेखाकार व वृत्ताकार| रेखाकार DNA के दोनों छोर स्वतन्त्र होते हैं तथा ये यूकैरिओटिक कोशिकाओं में पाए जाते हैं| ये व्दिवलयक (double stranded) होते हैं तथा हिस्टोन प्रोटीन से जुड़कर गुणसूत्रों का निर्माण करते हैं| वृत्ताकार DNA के दोनों छोर स्वतन्त्र नही होते हैं व एक-दूसरे से जुड़े रहते हैं| ये हिस्टोन प्रोटीन से सम्बन्धित नही होते हैं| ये प्रोकैरियोटिक कोशिकाओं तथा यूकैरियोटिक कोशिकाओं के माइटोकान्ड्रिया व लवकों में पाए जाते हैं| कुछ विषाणुओं में रेखाकार DNA जबकि कुछ अन्य में वृत्ताकार DNA पाया जाता है|

2. DNA के पांच स्वरुप- DNA के पाँच स्वरुप A,B,C,D व Z-DNA पाए जाते हैं| इनमे न्यूक्लियोटाइड युग्मों के मध्य की दूरी एवं कुण्डलिनी में न्यूक्लियोटाइड युग्मों की संख्या व कुंडलन की दिशा में विभिन्नताएँ होती हैं|

(i) A-DNA- इसके प्रत्येक कुण्डलिनी में 11 क्षार युग्म होते हैं व दोनों श्रृंखलाएँ दक्षिणावर्ती कुंडलित (clockwise coiled) होती हैं|

(ii) B-DNA- इसके प्रत्येक कुण्डलिनी में 10 क्षार युग्म होते हैं व दोनों श्रृंखलाएँ दक्षिणावर्ती कुंडलित होती हैं|

(iii) C-DNA- इसके प्रत्येक कुण्डलिनी में 9.33 क्षार युग्म होते हैं व दोनों श्रृंखलाएँ दक्षिणावर्ती कुंडलित होती हैं|

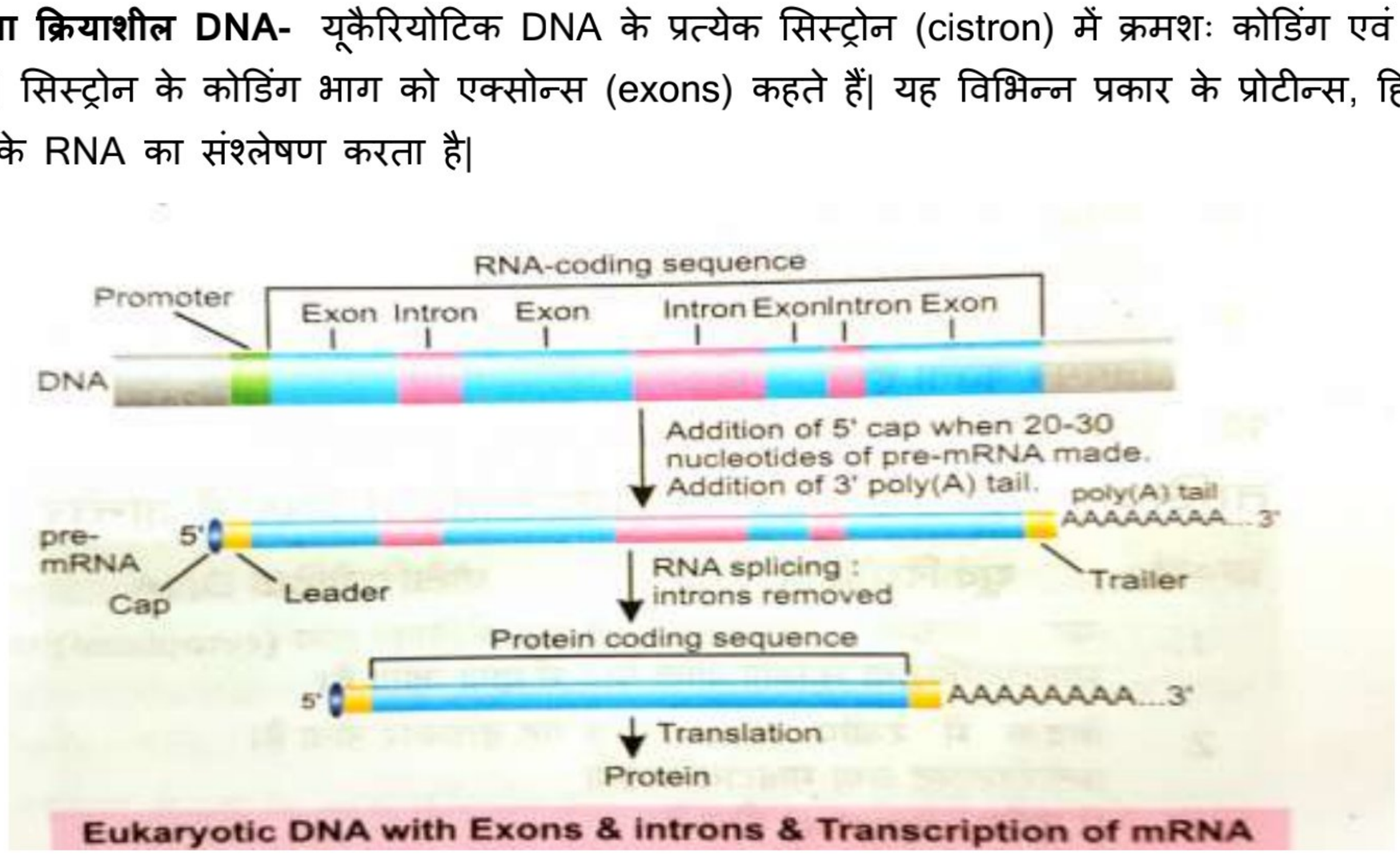
(iv) D-DNA- इसके प्रत्येक कुण्डलिनी में 8 क्षार युग्म होते हैं व दोनों श्रृंखलाएँ दक्षिणावर्ती कुंडलित होती हैं|

(v) Z-DNA- इसके प्रत्येक कुण्डलिनी में 12 क्षार युग्म होते हैं व दोनों श्रृंखलाएँ वामावर्ती कुंडलित (anticlockwise coiled or left handed) होती हैं| चूँकि इसकी शर्करा फॉस्फेट रज्जु टेढ़े-मेढ़े (zig-zag) होते हैं अतः इसे Z-DNA कहा गया| यह ड्रोसोफिला की लार ग्रंथि तथा गुणसूत्र में पाया जाता है|

कोडिंग व नॉन-कोडिंग DNA (Coding and Noncoding DNA)- यूकैरियोटिक कोशिकाओं में DNA दो प्रकार का होता है–

1. कोडिंग या क्रियाशील DNA
2. नॉन-कोडिंग या अक्रियाशील DNA

1. कोडिंग या क्रियाशील DNA- यूकैरियोटिक DNA के प्रत्येक सिस्ट्रोन (cistron) में क्रमशः कोडिंग एवं नॉन-कोडिंग क्षेत्र पाए जाते हैं| सिस्ट्रोन के कोडिंग भाग को एक्सोन्स (exons) कहते हैं| यह विभिन्न प्रकार के प्रोटीन्स, हिस्टोन प्रोटीन तथा सभी प्रकार के RNA का संश्लेषण करता है|



Eukaryotic DNA with Exons & introns & Transcription of mRNA

2. नॉन-कोडिंग या अक्रियाशील DNA- DNA का अधिकतर भाग RNA में अनुलेखन नही होता है तथा आनुवंशिकी व कोशिका कार्यिकी में किसी प्रकार से भाग नही लेता है, अतः इसे नॉन-कोडिंग DNA या अक्रियाशील DNA या इन्ट्रोंस (introns) कहते हैं|

DNA के कार्य- DNA के प्रमुख कार्य निम्नलिखित है–

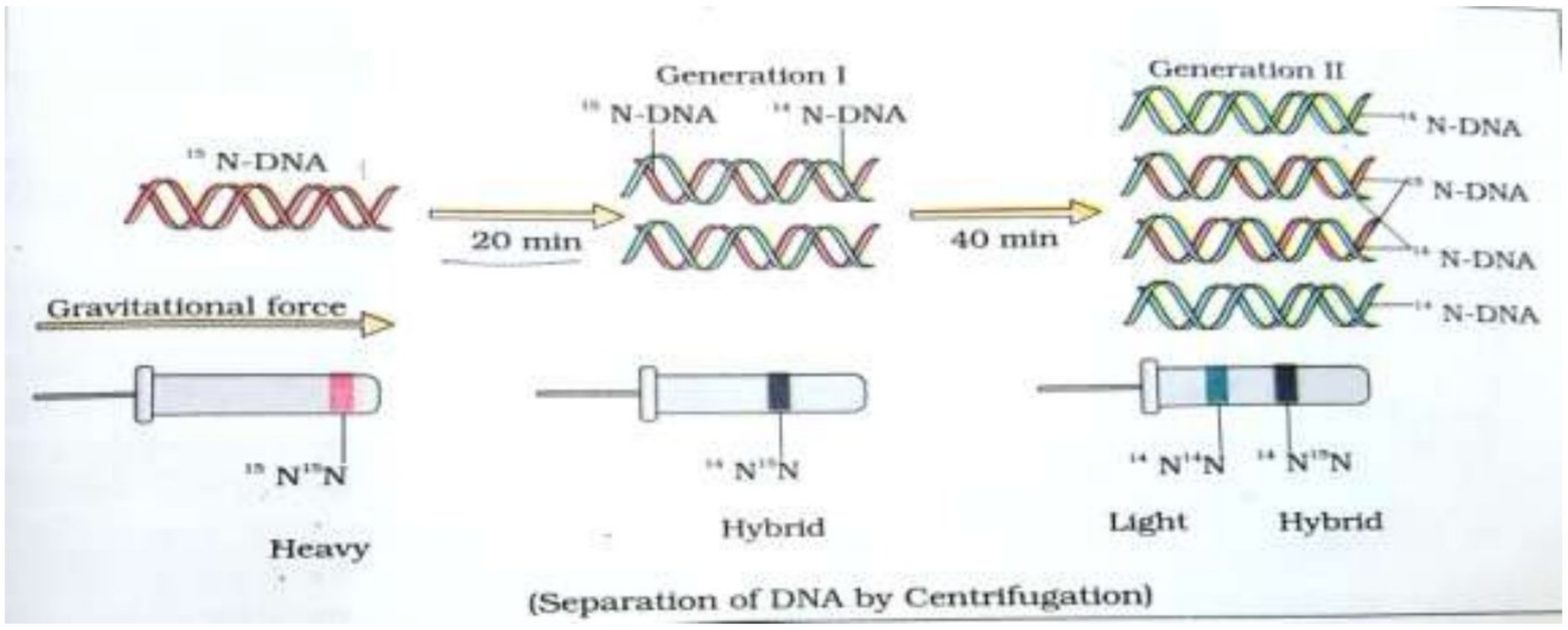
1. DNA जीवधारियों का आनुवंशिक पदार्थ है, अतः यह जनकों के आनुवंशिक लक्षणों को संतानों में स्थानान्तरित करता है|
2. DNA एंजाइमेटिक प्रोटीन्स के संश्लेषण का नियन्त्रण करके उपापचयी सम्बन्धी क्रियाओं का नियन्त्रण करता है|
3. DNA कोशिकीय क्रियाओं, विभाजन, वृध्दि व संरचनात्मक प्रोटीन की संश्लेषण क्रिया का नियन्त्रण करता है|
4. DNA जीन का घटक है, अतः इसके व्दारा ही जीवों में जीन उत्परिवर्तन होता है|
5. DNA विनिमय के दौरान पुनर्संयोजन निर्माण व्दारा जीवों में विभिन्नता उत्पन्न करता है|
6. यह प्रोटीन संश्लेषण सम्बन्धी सूचनाओं को mRNA व्दारा, राइबोसोम्स तक भेजता है|

DNA प्रतिलिपिकरण (DNA Replication)- DNA के दोनों रज्जुक अलग होकर सांचा (template) के रूप में कार्य कर नए पूरक रज्जुकों का निर्माण करते हैं| इसे ही DNA का प्रतिलिपिकरण करते हैं (दूसरे शब्दों में एक DNA से दो नए DNA का बनना DNA प्रतिलिपिकरण कहलाता है| प्रतिकृति के पूर्ण होने के बाद जो DNA अणु बनता है उसमे एक पैतृक व एक नई निर्मित लड़ी रज्जुक होती है| DNA की यह योजना अर्धसंरक्षी (semiconservative) कहलाती है|

DNA प्रतिलिपिकरण अर्धसंरक्षी होता है पक्ष में प्रायोगिक प्रमाण- अब यह सिध्द हो चुका है कि DNA का अर्धसंरक्षी प्रतिकृतियन (semiconservative replication) होता है| इसके बारे में सर्वप्रथम जानकारी इश्चेरिचिया कोलाई से प्राप्त हुई और आगे जाकर उच्च जीवों जैसे पौधों व मानव कोशिकाओं में पता लग पाया| मैथ्यूमेसेल्सन व फ्रैंकलिन स्टाल ने 1928 में DNA की अर्धसंरक्षी प्रतिकृतियन को स्पष्ट करने के लिए निम्नलिखित प्रयोग किया–

1. इन्होने ई०कोलाई को ऐसे संवर्धन माध्यम में विकसित किया जिसमे NH_4Cl (अमोनिया क्लोराइड) का भारी नाइट्रोजन समस्थानिक N^{15} कई पीढ़ियों तक केवल नाइट्रोजन का स्रोत है| जिसके परिणामस्वरुप नवनिर्मित DNA एवं अन्य दूसरे नाइट्रोजनयुक्त यौगिकों में N^{15} व्यवस्थित हो जाता है|

N15 संवर्धन माध्यम में DNA का प्रतिकृति कराने पर प्रथम पीढ़ी में प्राप्त दोनों DNA में एक धागा जनक प्रकार का (parental type) अर्थात N14 प्रकार का और प्रत्येक का दूसरा धागा (newly synthesized strand) N15 प्रकार के नाइट्रोजन युक्त नाइट्रोजनी क्षारों वाला था| इससे स्पष्ट हो जाता है कि DNA का प्रतिलिपिकरण अर्धसंरक्षी होता है| नए बने दोनों संकर DNA (N15-N14) को जब पुनः N15 संवर्धन माध्यम में प्रतिलिपिकरण कराया जाता है तब व्दितीय पीढ़ी में प्राप्त चार DNA में से दो N15 प्रकार के थे जबकि दो DNA N15 –N14 प्रकार के (संकर DNA) थे| इस प्रयोग से यह सिध्द होता है कि गुणसूत्र में DNA अर्ध-संरक्षीय तरह से प्रतिकृति करता है|

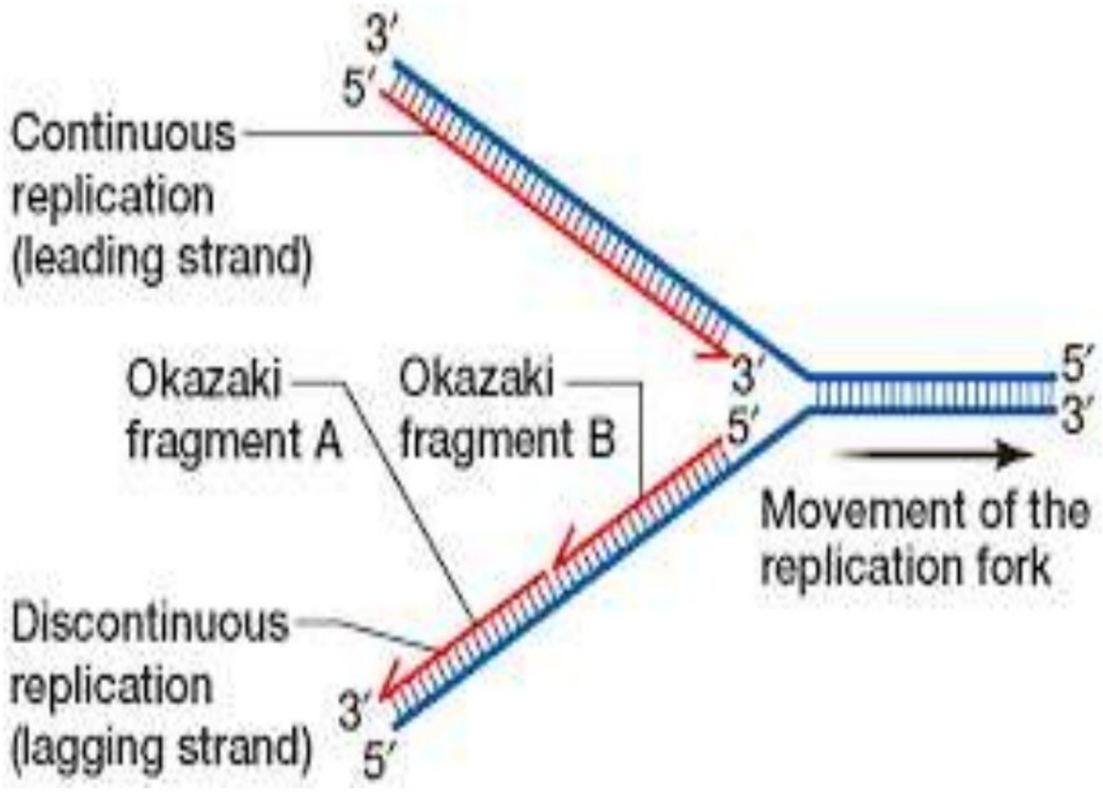


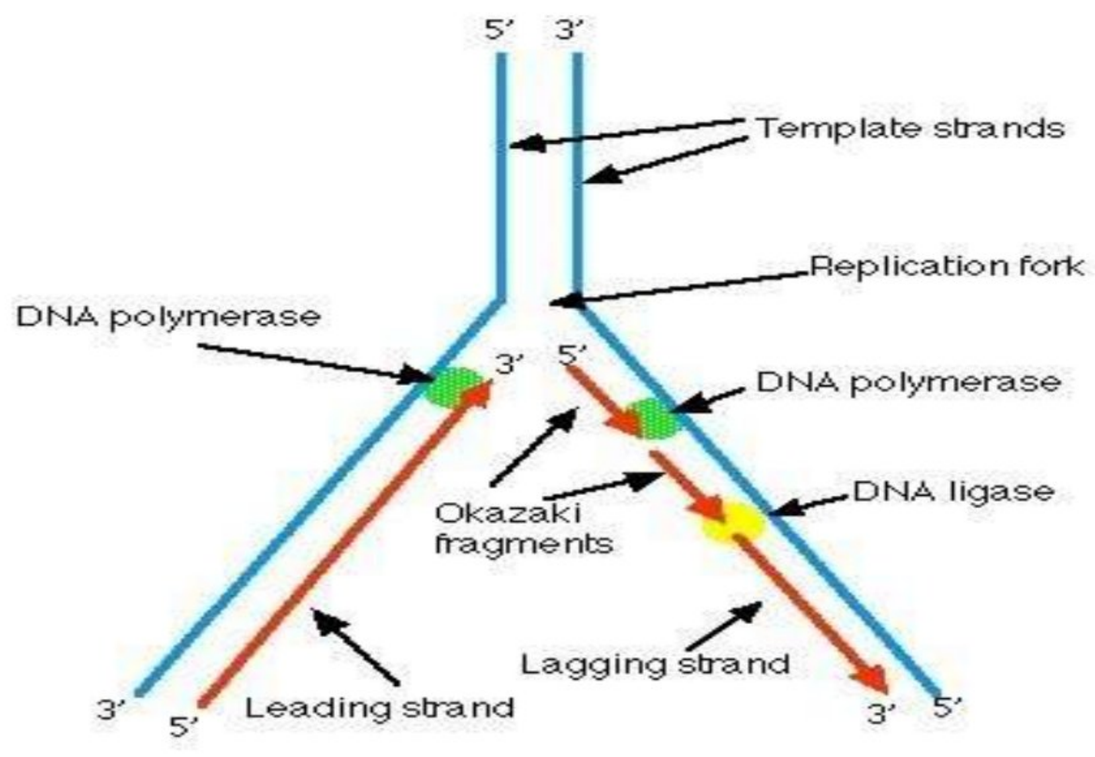
(Separation of DNA by Centrifugation)

DNA प्रतिलिपिकरण-क्रियाविधि एवं एंजाइम- सजीव कोशिकाओं में प्रतिकृति हेतु एंजाइम के समूहों की आवश्यकता होती है| मुख्य एंजाइम जो DNA पर निर्भर है, वह DNA पॉलीमरेज है| यह DNA टेम्पलेट का उपयोग कर डीऑक्सीराइबोन्यूक्लियोटाइड्स के बहुकलन को उत्प्रेरित करता है| DNA प्रतिलिपिकरण के लिए आवश्यक एंजाइम निम्न है–

1. DNA पॉलीमरेज
2. DNA लाइगेज
3. DNA गाइरेज
4. टोपोआइसोमरेजया या गाइरेज
5. RNA पॉलीमरेज
6. हेलिकेज

प्रतिकृति हेतु DNA कुण्डलिनी छोटे-छोटे भाग में खुलते हैं, जिसे प्रतिकृति व्दिशाख (replication fork) कहते हैं| DNA पर निर्भर DNA पॉलीमरेज केवल एक दिशा 5' से 3' (5' →3') की ओर बहुकलन को उत्प्रेरित करता है| यह प्रतिकृति व्दिशाख पर कुछ जटिलता पैदा करती है, फलस्वरूप (3' →5) ध्रुवता वाली टेम्पलेट की लड़ी पर प्रतिकृति सतत (continuous) होता रहता है, जबकि दूसरी लड़ी (5' →3') ध्रुवता वाली टेम्पलेट पर यह असतत (discontinuous) एवं विपरीत दिशा में होता है| तत्पश्चात यह सतत रूप से संश्लेषित खण्ड एंजाइम DNA लाइगेज व्दारा आपस में जुड़ जाते हैं|





*यूकैरियोटिक कोशिकाओं में DNA की प्रतिकृति कोशिका चक्र के एस० प्रावस्था में होती है|

DNA व्दिगुणन के प्रमुख चरण- प्रोकैरियोटिक एवं यूकैरियोटिक कोशिकाओं में DNA व्दिगुणन की क्रिया मूल रूप में समान होती है| यह निम्नलिखित पदों में पूरी में होती है:

1. डीऑक्सीराइबोन्यूक्लियोटाइड्स का सक्रियकरण|
2. DNA अणुओं के पराकुंडलों का अकुन्डलन|
3. DNA व्दिकुंडलिनी (helix) का अकुंडलन|
4. RNA प्राइमर का संश्लेषण|
5. क्षारक युगलों का निर्माण|
6. डीऑक्सीराइबोन्यूक्लियोटसाइड ट्राइफॉस्फेट का मोनोफॉस्फेट या डीऑक्सीराइबोन्यूक्लियोटाइड्स में परिवर्तन|
7.नयी DNA श्रृंखलाओं का निर्माण|

1. डीऑक्सीराइबोन्यूक्लियोटाइड्स का सक्रियकरण- केन्द्रकद्रव्य में चार प्रकार के डीऑक्सीराइबोन्यूक्लियोटाइड पाए जाते हैं| ये dAMP,dGMP,dCMP तथा dTMP अर्थात डीऑक्सीएडिनोसीन मोनोफॉस्फेट, डीऑक्सीग्वानोसिन मोनोफॉस्फेट, डीऑक्सीसाइटिडीन मोनोफॉस्फेट तथा डीऑक्सीथाइमिडीन मोनोफॉस्फेट हैं| DNA व्दिगुणन के समय एंजाइम फोस्फोराइलेज की मदद से ATP से दो फॉस्फेट अणु ग्रहण कर सभी मोनोफॉस्फेट ऊर्जावित ट्राइफॉस्फेट बनाते हैं| इस प्रकार डीऑक्सीएडीनोसीन ट्राइफॉस्फेट (dATP), डीऑक्सीग्वानोसिन ट्राइफॉस्फेट (dGTP), डीऑक्सीसाइतिडीन ट्राइफॉस्फेट (dCTP) तथा डीऑक्सीथाइमिडीन ट्राइफॉस्फेट (dTTP) बनते हैं| इस क्रिया को फॉस्फेटीकरण या फॉस्फोराइलेशन (phosphorylation) कहते हैं|

2. DNA प्रतिकृति का समारम्भन- DNA अणु का व्दिगुणन केवल कुछ निर्दिष्ट स्थलों पर प्रारम्भ होता है| इन्हें व्दिगुणन मूल बिन्दु (replication origin) कहते हैं| इस स्थल में क्षारकों की संख्या 100-200 तक होती है|

विषाणुओं तथा जीवाणुओं के DNA में व्दिगुणन के समारम्भन के लिए केवल एक मूल बिन्दु (origin) होता है| यह उस स्थान पर होता है जहाँ DNA अणु कोशिकाकला से जुड़ा होता है| इसे ओरी C (ori C) कहते हैं| जीवाणु का गुणसूत्र वृत्ताकार होता है| अतः व्दिगुणन इस बिन्दु से शुरू होता है, उसी पर समाप्त होता है| यूकैरियोटिक कोशिकाओं में DNA अणु लम्बे और बहुत बड़े होते हैं| अतः इनमे व्दिगुणन के लिए कई मूल बिन्दु होते है और DNA व्दिगुणन कई स्थानों पर एक साथ शुरू होता है|

3. DNA अणुओं के पराकुण्डलन का अकुण्डलन- केन्द्रक के अन्दर DNA अणु सीमित स्थानों में अतिकुंडलित अवस्था में संघनित रहते हैं| व्दिगुणन से पहले इन पराकुण्डलों का अकुंडलन आवश्यक है| एंजाइम टोपोआइसोमरेज DNA के पराकुण्डलों को खोलता है| DNA अणु के छोटे-छोटे स्थानीय खण्ड धीरे-धीरे अकुन्डलित होते हैं| टोपोआइसोमरेज दो प्रकार के कार्य करते हैं-

(i) व्दिगुणन के लिए DNA अणु के पराकुण्डलों को खोलना (अकुण्डलन)

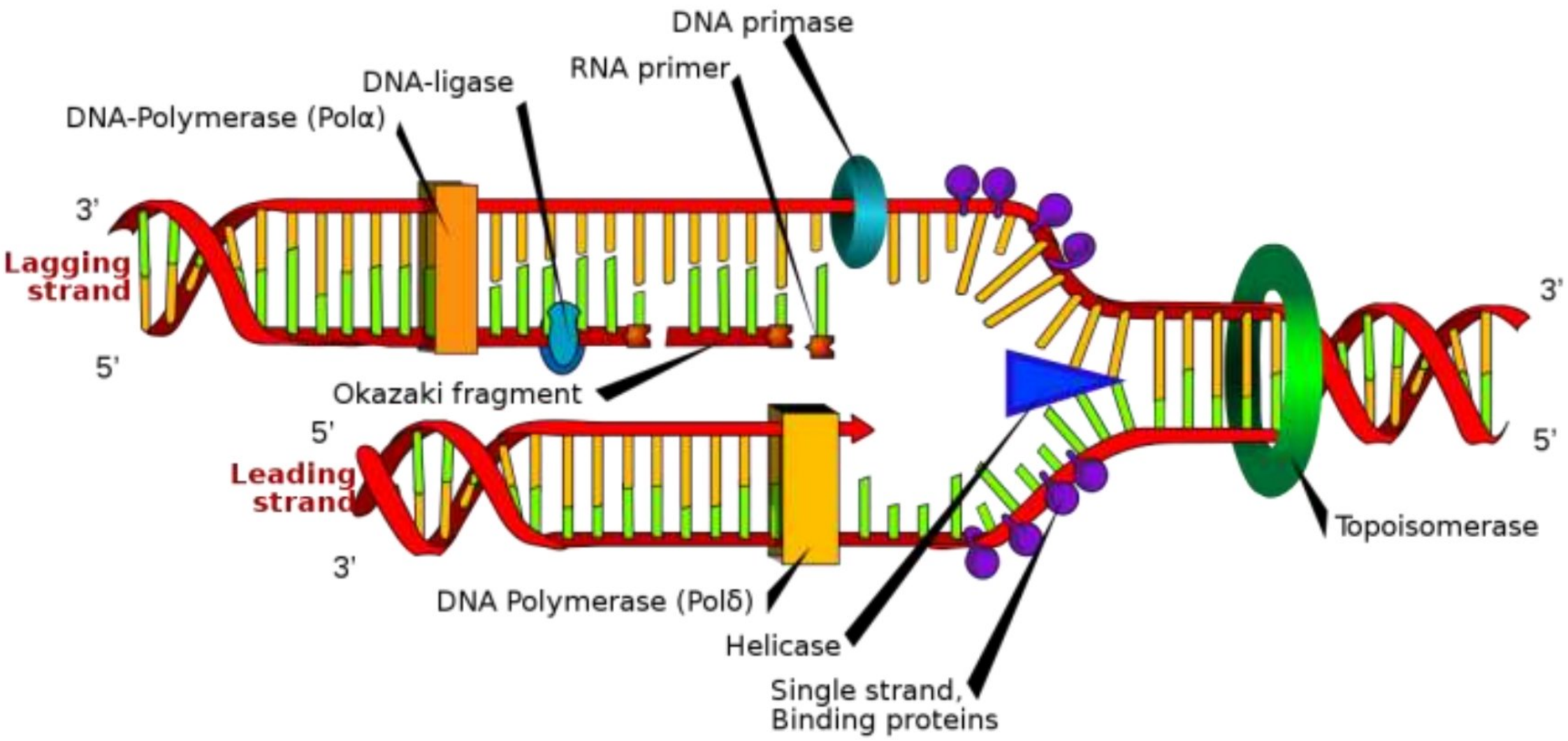
(ii) अकुण्डलित DNA खण्डों का पुनःकुण्डलन (recoiling)

4. RNA प्राइमर का निर्माण- DNA में व्दिगुणन व्दिशाख (replication fork) बनते ही प्रत्येक व्दिशाख पर अलग हुए DNA वलयकों पर 5’→3’ दिशा में एक छोटी-सी RNA श्रृंखला का संश्लेषण होता है| इसे RNA प्राइमर कहते है| इसमें 50

से 100 तक राइबोन्यूक्लियोटाइड अणु होते हैं| इसे DNA का पूरक कहते हैं| RNA प्राइमर के संश्लेषण के लिए RNA पॉलीमरेज की आवश्यकता होती है| इस एंजाइम को DNA प्राइमेज (DNA primase) भी कहते हैं| DNA प्राइमेज DNA हेलिकेज के साथ जुड़कर प्राइमोसोम नामक संयुक्त संरचना बनाते हैं|

5 क्षारक युगलों का निर्माण- DNA पॉलीमरेज एंजाइम की सहायता से DNA की खुली श्रृंखलाओं के नाइट्रोजिनस क्षारकों से पूरक डीऑक्सीराइबोन्यूक्लिओसाइड ट्राइफॉस्फेट हाइड्रोजन बंधो की सहायता से जुड़ना शुरू कर देते है|

6. नयी DNA श्रृंखलाओं का निर्माण- DNA पॉलीमरेज एंजाइम व्दारा DNA टेम्पलेट पर जुड़े निकटवर्ती न्यूक्लियोटाइड्स जुड़ जाते हैं और एक नई DNA पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखला बन जाती है| इस प्रकार एक पैतृक DNA अणु से दो संतति DNA अणुओं का निर्माण पूरा होता है|

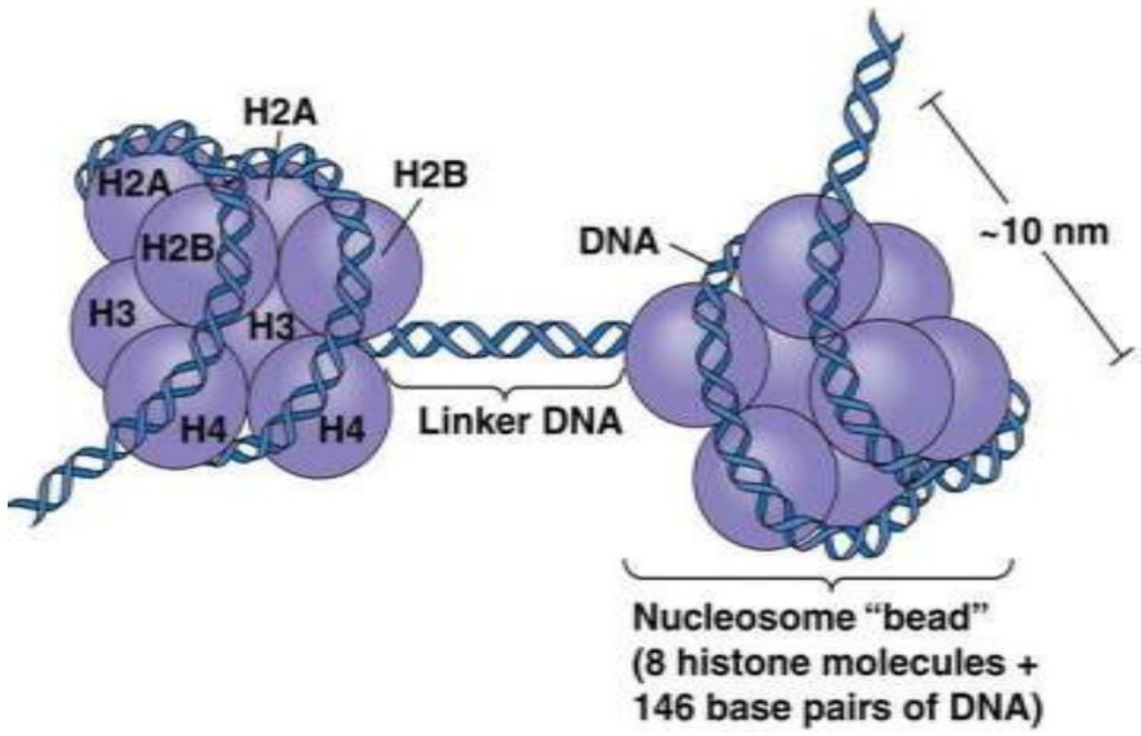


DNA प्रतिलिपिकरण

DNA की पैकेजिंग- प्रोकैरियोटिक जैसे- ई०कोलाई में स्पष्ट केन्द्रक नहीं मिलता है इसके बावजूद भी DNA पूरी कोशिका में नही फैला होता है| DNA (ऋणात्मक आवेशित) कुछ प्रोटीन्स (धनात्मक आवेशित) से बंधकर एक जगह पर स्थित होते हैं, जिसे केन्द्रकाभ (Nucleoid) कहते हैं|

यूकैरियोटिक जीवों में धनात्मक आवेशित क्षारीय प्रोटीन का समूह होता है जिसे हिस्टोन कहते हैं| हिस्टोन में क्षारीय अमीनो अम्ल लाइसीन व आर्जिनीन अधिक मात्रा में मिलते हैं| हिस्टोन व्यवस्थित होकर आठ हिस्टोन अणुओं की एक इकाई बनाता है, जिसे हिस्टोन अष्टक (histone octamere) कहते हैं| धनात्मक आवेशित हिस्टोन अष्टक चारों तरफ से ऋणात्मक आवेशित DNA से सटा होता है| इस सम्पूर्ण संरचना को न्यूक्लियोसोम (Nucleosome) कहते हैं| दो समीपस्थ न्यूक्लियोसोम्स के बीच का DNA खण्ड संयोजक DNA (linker DNA) कहलाता है| H1 नामक हिस्टोन संयोजक DNA पर जुड़ा होता है| केन्द्रक में मिलने वाली एक संरचना जिस पर न्यूक्लियोसोम्स एक के बाद एक मिलते हैं उसे क्रोमैटिन कहते हैं– जो केन्द्रक में अभिरंजित धागे की तरह की संरचना होती है| इलेक्ट्रान सूक्ष्मदर्शी से देखने पर न्यूक्लियोसोम्स क्रोमैटिन 'मोतियों के माला के समान' (Beads ओं string) की तरह से दिखाई पड़ते हैं| बीड्स युक्त क्रोमैटिन धागे आगे कुंडलित व

संघनित होकर कोशिका विभाजन की मध्यावस्था में गुणसूत्र का निर्माण करते हैं| एक प्रारूपी केन्द्रक में कुछ जगहों पर क्रोमैटिन ढीले-ढाले बंधे (हल्के अभिरंजित) होते हैं जिसे 'यूक्रोमैटिन' (euchromatin) कहते हैं| क्रोमैटिन जो काफी अच्छे ढंग से बंधे होते हैं व गाढे रंग के दिखाई पड़ते हैं, उन्हें 'हेटेरोक्रोमैटिन' (Heterochromatin) कहते हैं|



न्यूक्लियोसोम (Nucleosome)

राइबोन्यूक्लिक अम्ल (Rbonucleic Acid- RNA)- प्रकृति में RNA लम्बे अशाखित राइबोन्यूक्लियोटाइड्स अणुओं की बनी एकल श्रृंखला के रूप में पाया जाता है| प्रत्येक राइबोन्यूक्लियोटाइड तीन अणुओं से बनता है – एक फॉस्फेट समूह, एक पेन्टोज शर्करा व एक नाइट्रोजन क्षारक| राइबोज शर्करा RNA अणु में रीढ़ की हड्डी का कार्य करती है| RNA में प्यूरीन क्षारक एडीनीन व ग्वानीन होते हैं, जबकि पिरिमिडीन क्षारक साइटोसीन व यूरेसिल होते हैं| नाइट्रोजनकारी क्षारक राइबोज-शर्करा से N-C ग्लाइकोसिडिक बंध व्दारा जुड़े रहते हैं| RNA अधिकतर केन्द्रिका (Nucleolus) में व कोशिकाद्रव्य (Cytoplasm) में पाया जाता है|

RNA का संगठन- RNA का निर्माण चार प्रकार के न्यूक्लियोटाइड मोनोमर्स से निर्मित बहुलकों व्दारा होता है| RNA में 70-12,000 न्यूक्लियोटाइड्स पाए जाते हैं| RNA को बनाने वाले राइबोन्यूक्लियोटाइड्स चार प्रकार के होते हैं–

1.एडीनिलिक अम्ल (adenylic acid)

2.ग्वानिलिक अम्ल (guanylic acid)

3.साइटीडिलिक अम्ल (cytidylic acid)

4.यूरिडिलिक अम्ल (uridylic acid)

RNA के राइबोन्यूक्लियोटाइड्स फॉस्फोडाइएस्टर बंधो व्दारा 3'→5' दिशा में रैखिक क्रम में जुड़े रहते हैं|

RNA के प्रकार- आणविक आकार व कार्यों के आधार पर कोशिका में तीन प्रकार के RNA पाए जाते हैं–

1. संदेशवाहक RNA (Messenger RNA or mRNA)

2. स्थानान्तरण RNA (transfer RNA or tRNA)

3. राइबोसोमल RNA (ribosomal RNA or rRNA)

ये तीनों RNA,DNA के सांचे (DNA template) से केन्द्रक में बनते हैं|

1. संदेशवाहक RNA (mRNA)

संदेशवाहक RNA का निर्माण केन्द्रक के अन्दर DNA से संरचनात्मक जीन के अनुलेखन व्दारा, DNA के एक वलयक के पूरक प्रतिलिपि के रूप में होता है| यह DNA में कूटित सूचनाओं को निहित रखता है व इन्हें कोशिकाद्रव में ले जाकर, अंत में राइबोसोम्स से संलग्न हो जाता है| यह प्रोटीन संश्लेषण हेतु एक साँचा (template) बनाता है|

यूकैरियोटिक कोशिकाओं का mRNA सिर्फ एक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के संश्लेषण की सूचना का वहन करता है, अतः इसे मोनोसिस्ट्रोनिक mRNA (monocistronic mRNA) कहा जाता है|

प्रोकैरिओटिक कोशिका के mRNA में एक से अधिक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखलाओं के संश्लेषण की सूचना निहित रहती है, अतः इसे पॉलीसिस्ट्रोनिक mRNA (polycistronic mRNA) कहते हैं|

कोशिका के कुल RNA का 3-5% भाग ही mRNA होता है| एक संसाधित mRNA के निम्नलिखित भाग होते हैं–

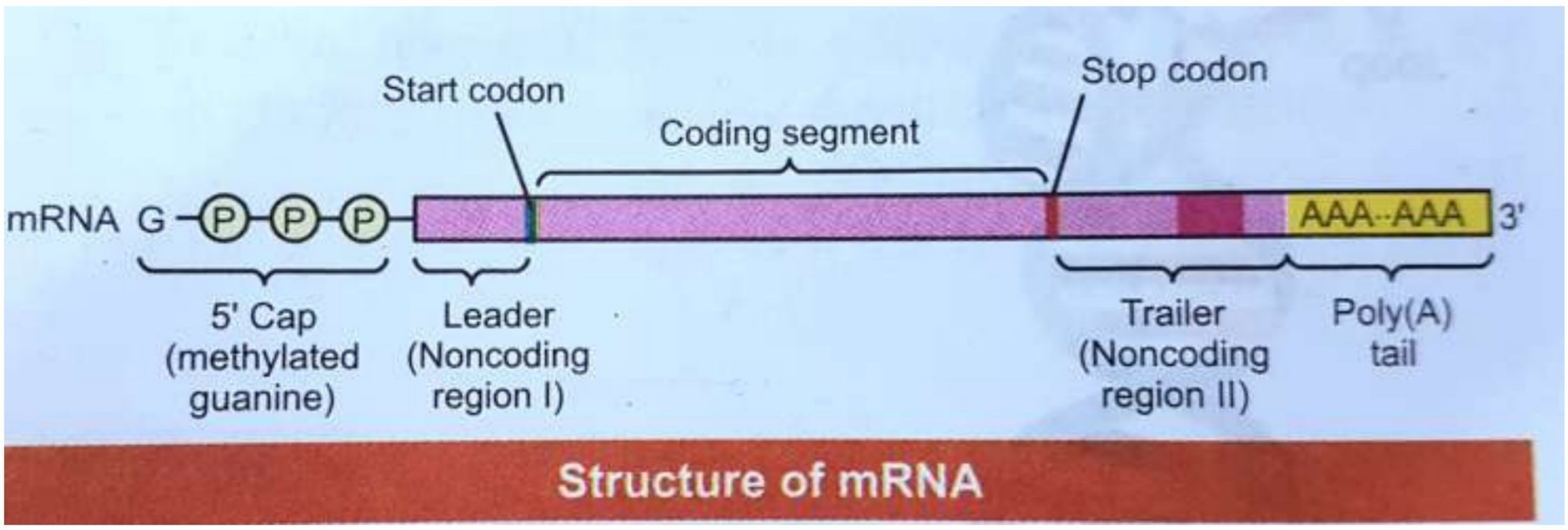
(i) mRNA के 5' छोर पर मिथाइलेटेड ग्वानोसिन (methylated guanosine) की टोपीनुमा संरचना जो कैप (cap) कहलाती है|

(ii) कैप के ठीक पीछे प्रारंभन कोडॉन (initiation codon) AUG मौजूद रहता है जिसका कार्य पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के अनुवादन को आरम्भ करना है|

(iii) प्रारंभन कोडॉन के पीछे, एक दीर्घ कोडिंग क्षेत्र होता है जिसमें उपस्थित कोडॉन पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के अनुवादन में आवश्यक होते हैं|

(iv) mRNA के 3' छोर पर समापन कोडॉन UAA, UAG व UGA होते हैं, इनका कार्य पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के अनुवादन को समाप्त करना है|

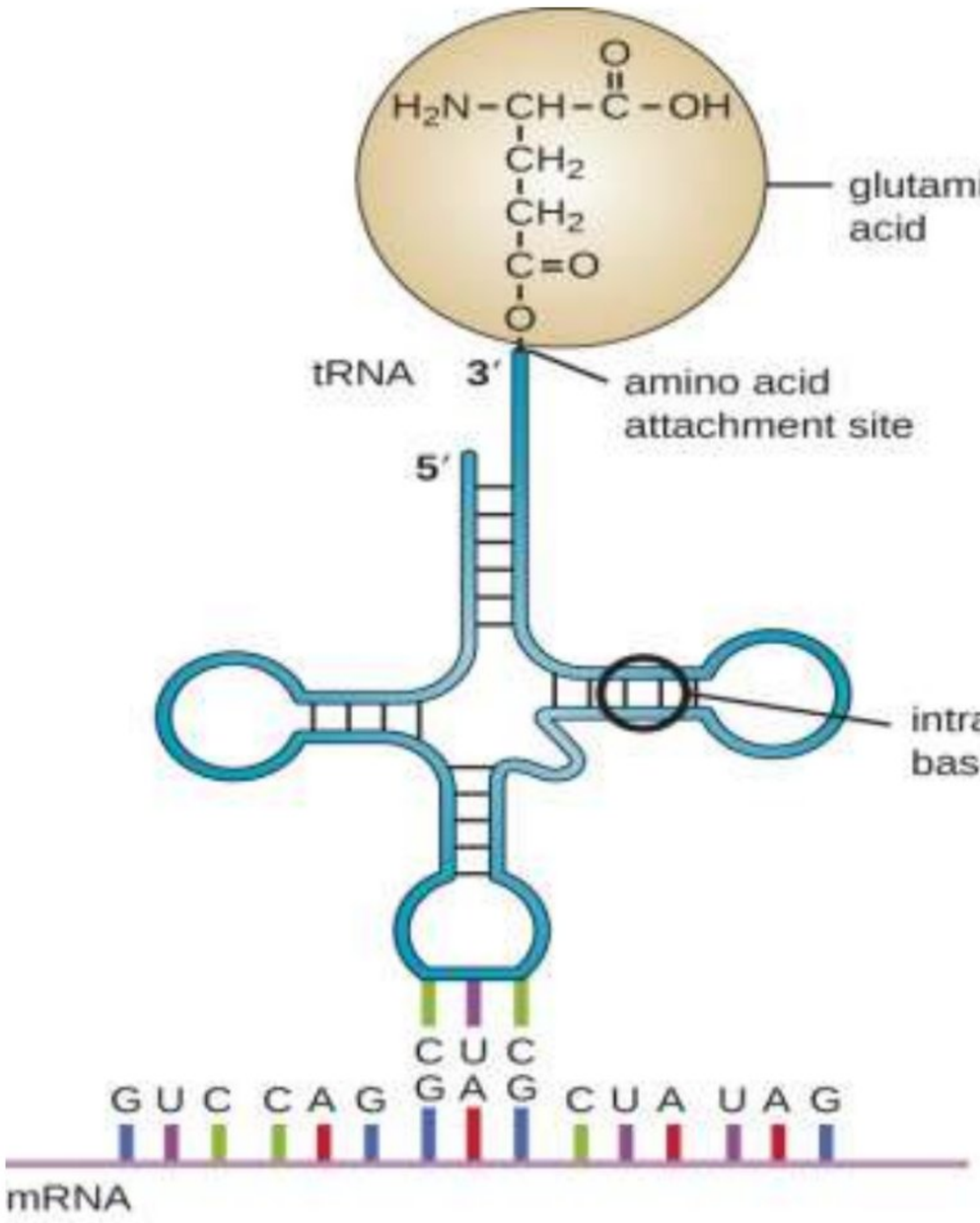
(v) mRNA के 3' छोर पर समापन कोडॉन के पश्चात् पॉली-A व्दारा निर्मित पूँछ होती है जो अनेक एडिनिलिक न्यूक्लियोटाइड्स से बनी होती है|



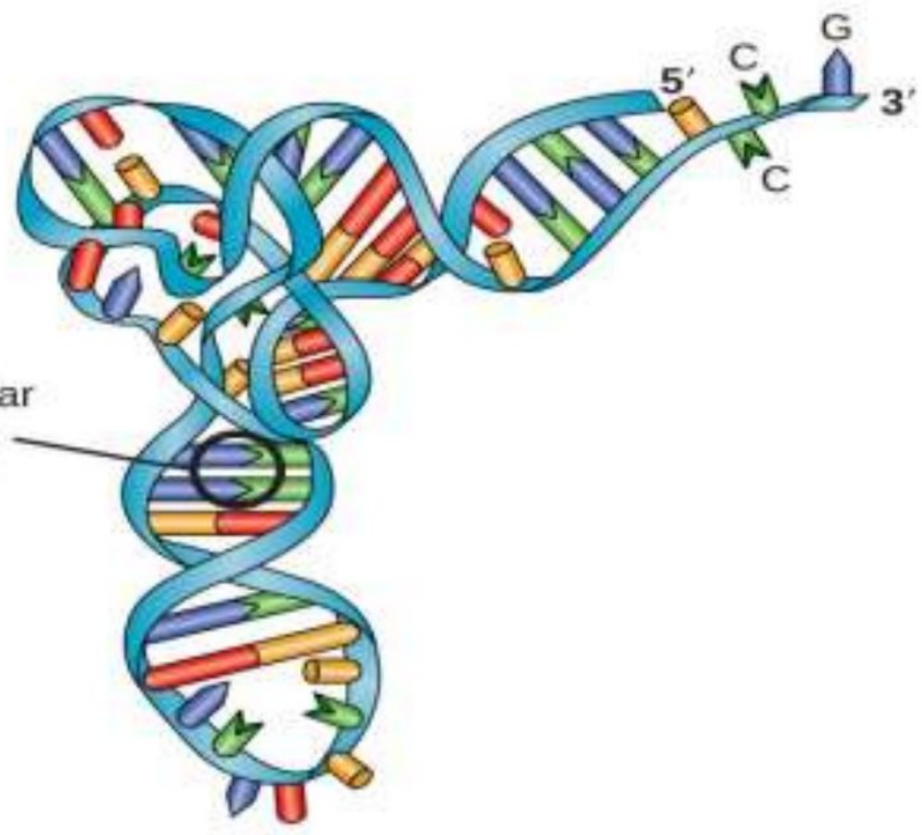
Structure of mRNA

2. स्थानान्तरण RNA (Transfer RNA or tRNA)- यह भी केन्द्रक के भीतर, DNA अनुलिपिकरण (transcription) व्दारा बनता है| यह कोशिकाद्रव्य में पाया जाता है व कोशिकाद्रव्य के अमीनो अम्लों को पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला में सही क्रम में व्यवस्थित करता है| कोशिका में कुल RNA का 16-18% tRNA होता है और जल में विलेय होता है, अतः इसे घुलनशील RNA (soluble RNA or sRNA) भी कहा जाता है|

tRNA क्लोवर लीफ प्रारूप- tRNA की संरचना व्दिविमीय अथवा त्रिविमीय होती है| व्दिविमीय संरचना में यह क्लोवर पत्रक के जैसा जबकि त्रिविमीय संरचना में यह L के आकार का होता है|



tRNA व्दिविमीय संरचना



tRNA त्रिविमीय संरचना

3. राइबोसोमल RNA (ribosomal RNA or rRNA)- यह राइबोसोम्स में पाया जाता है, अतः इसे राइबोसोमल RNA कहा जाता है| राइबोसोम्स प्रोटीन संश्लेषण का स्थल है व कोशिका में सर्वाधिक संख्या इन्ही की होती है| राइबोसोमल RNA कोशिका का कुल RNA का 80% भाग होते हैं, इसमें 65% भाग rRNA का 35% भाग प्रोटीन अणुओं का होता है|

अन्य प्रकार के राइबोन्यूक्लिक अम्ल- कोशिका में पाए जाने वाले अन्य राइबोन्यूक्लिक अम्ल निम्न है–

1. जीनी RNA (genetic RNA)- ये कुछ विषाणुओं में पाया जाता है जिनका RNA आनुवंशिक पदार्थ का कार्य करता है|

2. लघुकेन्द्रकीय RNA (smaller nuclear RNA or SnRNA)- ये केन्द्रक में पाए जाते हैं तथा mRNA व rRNA के संश्लेषण एवं स्प्लाइसिंग (splicing) में सहायक होते हैं|

3. राइबोजाइम (ribozymes)- कुछ RNA जीव उत्प्रेरक का कार्य करते हैं| इन्हें राइबोजाइम्स कहा जाता है|

अनुलेखन (transcription)- DNA की एक रज्जुक से आनुवंशिक सूचनाओं को RNA में प्रतिलिपिकरण करने की प्रक्रिया को अनुलेखन कहते हैं| यहाँ भी पूरकता का सिध्दान्त अनुलेखन प्रक्रम को नियंत्रित करता है जिसमें एडीनोसीन थाइमीन की जगह पर यूरेसिल के साथ क्षार युग्म बनाता है| यद्यपि प्रतिकृति प्रक्रम के विपरीत किसी जीव के कुल DNA व्दिगुणित होकर अनुलेखन के दौरान केवल अपने एक रज्जुक (strand) का ही उपयोग करता है|

अनुलेखन इकाई (transcriptional unit)- DNA का वह खण्ड जो RNA के अनुलेखन में भाग लेता है, अनुलेखन इकाई कहलाता है| अनुलेखन इकाई में मुख्यतया तीन भाग होते हैं–

1. उन्नायक (promoter)

2. समापक भाग (termination region)

3. संरचनात्मक जीन (structural gene)

DNA निर्भर RNA पॉलीमरेज बहुकलन केवल एक दिशा 5' से 3' (5' →3') की ओर उत्प्रेरित होते हैं| रज्जुक जिसमें ध्रुवत्व 3' से 5' (3'→5') को ओर होता है, वह टेम्पलेट की तरह कार्य करते हैं इसलिए यह टेम्पलेट रज्जुक (template strand) कहलाता है| दूसरी लड़ी जिसमें ध्रुवत्व 5' →3' दिशा में होता है, वह रज्जुक (जो किसी भी चीज के लिए कोड (कूटलेखन) नही करता है) कूटलेखन रज्जुक (coding strand) कहलाता है|

1. उन्नायक क्षेत्र (promoter region)- यह अनुलेखन इकाई का अग्रस्थ छोर (upstreem) है| प्रोमोटर भाग अपने विशेष प्रकार के क्षार अनुक्रमों की सहायता से RNA पॉलीमरेज की पहचान करके उसे प्रोमोटर से जुड़ने को प्रेरित करता है|

2. समापक भाग (termination region)- यह start point के दूरस्थ छोर (down stream) पर सांचा DNA धागे (template DNA strand) के 5' सिरे (5' end) पर (या coding strand के 3' end पर) स्थित होता है| यह रोह (ρ) कारक (Rho factor) को जुड़ने के लिए स्थान देता है| जब RNA पॉलीमरेज अनुलेखन करते हुए यहाँ पंहुचता है, तब Rho factor के कारण पॉलीमरेज DNA से मुक्त हो जाता है, RNA का अनुलेखन बंद हो जाता है तथा RNA श्रृंखला स्वतंत्र हो जाता है| इसे RNA अनुलेखन का समापन (termination) कहते है|

3 संरचनात्मक जीन (structural gene)- साँचा धागे का वह भाग जो RNA का अनुलेखन करता है, संरचनात्मक जीन कहलाता है| सिस्ट्रोन DNA का वह खण्ड है जो पॉलीपेप्टाइड का कूटलेखन करता है| अनुलेखन इकाई में संरचनात्मक जीन मोनोसिस्ट्रोनिक (अधिकतर यूकैरियोट में) या पॉलीसिस्ट्रोनिक (अधिकतर जीवाणु में या प्रोकैरियोट में) हो सकता है| यूकैरियोट में मोनोसिस्ट्रोनिक संरचनात्मक जीन मिलती है जिसमें कूटलेखन अनुक्रम या व्यक्तेक (exons) एवं अव्यक्तेक (introns) भाग क्रमशः मिलते हैं| अव्यक्तेक अनुक्रम (introns) संसाधित RNA (processed RNA) में अनुपस्थित होता है क्योंकि यह पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला में अमीनो अम्लों की कोडिंग नही करता है|

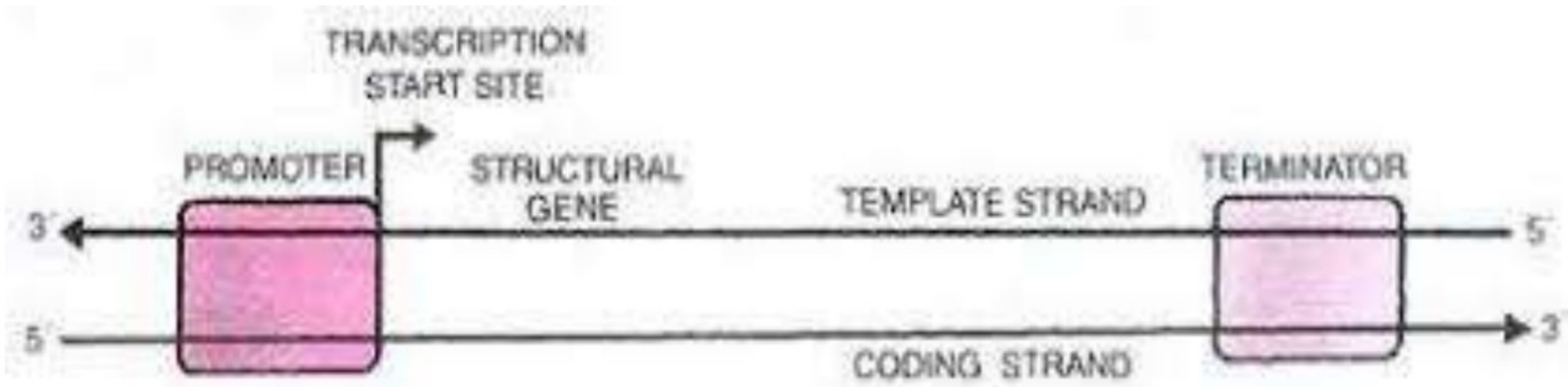
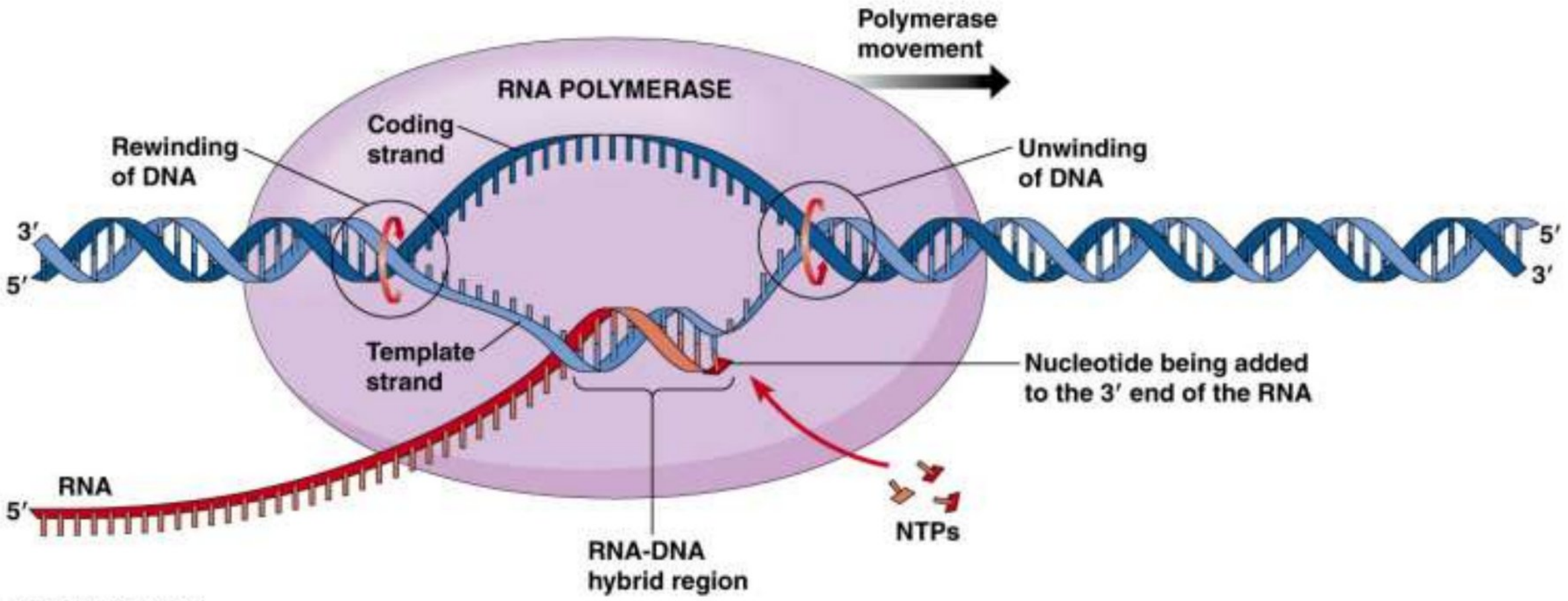


Fig. 6.16. Components of a transcription unit.

अनुलेखन का प्रक्रम (process of transcription)- RNA के संश्लेषण में चार प्रकार के राइबोन्यूक्लियोटाइड्स (AMP, GMP, CMP और UMP) भाग लेते हैं| प्रोकैरियोटिक RNA पॉलीमरेज एक सिग्मा कारक (sigma factor ' σ') युक्त होलोएंजाइम है| यह प्रमोटर क्षेत्र के प्रारम्भ संकेत की पहचान करके उससे जुड़ जाता है| सिग्मा कारक RNA अनुलेखन की शुरुआत करके RNA पॉलीमरेज से अलग हो जाता है, इसलिए सिग्मा कारक को शुरूआती कारक (initiation factor) कहते हैं| RNA पॉलीमरेज DNA पर आगे बढ़ते हुए RNA श्रृंखला का दीर्घीकरण (elongation) तब तक करता रहता है जब तक कि यह DNA के समापन बिन्दु (termination end) पर नही पंहुच जाता है| जैसे ही RNA पॉलीमरेज समापन बिन्दु पर पंहुचता है, एक अन्य कारक, रोह कारक (rho factor 'ρ') समापन बिन्दु से जुड़कर RNA पॉलीमरेज को आगे बढ़ने से रोक

देता है, जिससे RNA अनुलेखन प्रक्रिया रुक जाती है, परिणामस्वरुप RNA पॉलीमरेज व नई बनी RNA श्रृंखला मुक्त हो जाती है|



© 2012 Pearson Education, Inc.

अनुलेखन (transcription)

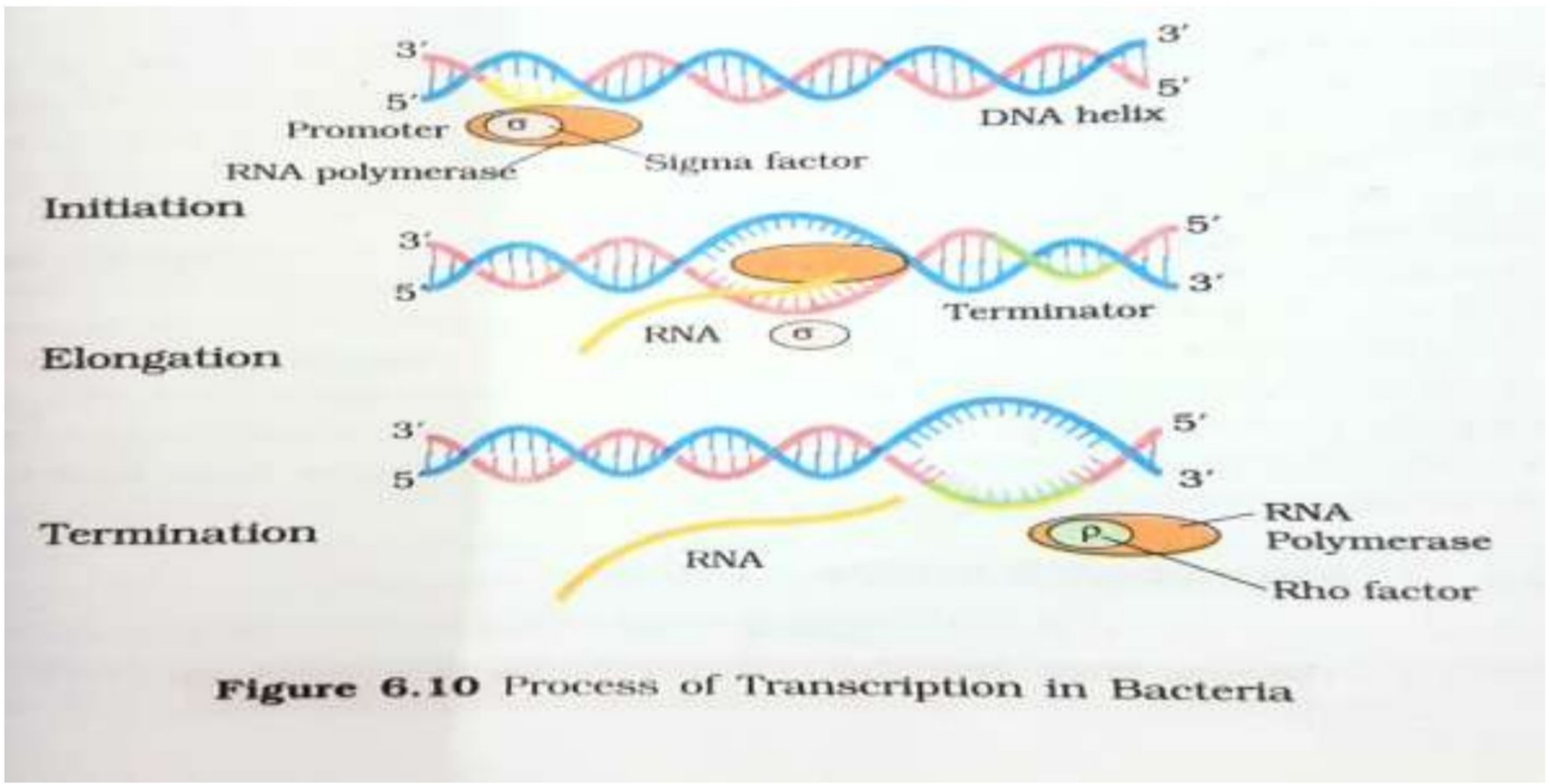


Figure 6.10 Process of Transcription in Bacteria

अनुलेखन (transcription)

जीवाणु में सक्रिय दूत mRNA के निर्माण में संसाधन की आवश्यकता नही होती है क्योंकि इसके जीन में introns अनुपस्थित होते हैं|

सुकेन्द्रकी में दो अतिरिक्त जटिलताएँ हैं–

1. यूकैरियोटिक के केन्द्रक में कम से कम तीन प्रकार के RNA पॉलीमरेज I,II एवं III मिलते हैं| RNA पॉलीमरेज I राइबोसोमल RNA (rRNA) (28s, 18s व 5.8s) को अनुलेखित करता है, जबकि RNA पॉलीमरेज III tRNA, 5sr RNA व snRNA (छोटा केन्द्रकीय RNA) के अनुलेखन के लिए जिम्मेदार है| RNA पॉलीमरेज II दूत RNA (mRNA) के पूर्ववर्ती (precusor) रूप विषमांगी केन्द्रकीय RNA (hnRNA) का अनुलेखन करता है|

2. दूसरी जटिलता यह है कि प्रारम्भिक अनुलेखन में व्यक्तेक व अव्यक्तेक (exons and introns) दोनों मिलते हैं अतः प्रारम्भिक RNA (precursor RNA) असक्रिय होते हैं| चूँकि यह एक प्रक्रम से गुजरता है जिसे समबंधन (splicing) कहते हैं जिसमें अव्यक्तेक (introns) अलग हो जाता है व व्यक्तेक (exons) एक निश्चित क्रम में आपस में जुड़ जाते हैं| hnRNA दो अतिरिक्त प्रक्रियाओं आच्छादन व पुच्छन से होकर गुजरता है| आच्छादन में एक असाधारण न्यूक्लियोटाइड (मेथिल ग्वानोसीन ट्राइफॉस्फेट) hnRNA के 5' किनारे पर cap के रूप में जुड़ता है| पुच्छन में एडीनीन समूह (200-300) स्वतन्त्र रूप hnRNA के 3' किनारे पर poly (A) sequence के रूप में जुड़ जाता है| पूर्ण संसाधित hnRNA को अब दूत RNA (mRNA) कहते हैं जो स्थानान्तरण हेतु केन्द्रक से कोशिकाद्रव्य में स्थानान्तरित हो जाता है|

आनुवंशिक कूट (Genetic code)- प्रतिकृति व अनुलेखन के दौरान एक न्यूक्लिक अम्ल से दूसरे न्यूक्लिक अम्ल का प्रतिलिपिकरण होता है| अमीनो अम्लों के लिए न्यूक्लियोटाइड में कोई पूरकता नही होती है, फिर भी स्थानान्तरण की प्रक्रिया में आनुवंशिक सूचनाएँ न्यूक्लियोटाइड के बहुलक से अमीनो अम्लों के बहुलक की ओर स्थानांतरित होती है| न्यूक्लिक अम्ल में परिवर्तन से प्रोटीन के अमीनो अम्ल में भी परिवर्तन हो जाता है| इस विचार के समर्थन हेतु पर्याप्त प्रमाण है| इससे आनुवंशिक कूट (genetic code) की परिकल्पना का प्रतिपादन हुआ जो प्रोटीन संश्लेषण के दौरान अमीनो अम्लों के अनुक्रम को निर्धारित करते हैं|

जार्ज गेमो एक भौतिकविद थे जिनका विचार था यदि क्षार केवल चार है तो इन बीस अमीनो अम्लों का कूटलेखन किस रूप में होता है, अतः कूट के निर्माण में क्षारों का समूह बनता है| इनका विचार था कि सभी बीस अमीनो अम्लों के कूटे हेतु, कोड तीन न्यूक्लियोटाइड के बने होते हैं| यह एक बहुत ठोस विचार था, जिसमें $4^3(4\times4\times4)$ के प्रति उत्परिवर्तन समुच्चय से 64 कोड का निर्माण हुआ| इनसे बनने वाले कोड आवश्यकता से अधिक थे| प्रकूट त्रिक (codon triplet) होते हैं|

Second letter

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

64 codons

आनुवंशिक कूट की प्रमुख विशेषताएँ निम्न हैं–

1. प्रकूट त्रिक होता है अर्थात तीन समीपस्थ नाइट्रोजनी क्षार से मिलकर एक कोडॉन बनता है| एक कोडॉन एक अमीनो अम्ल का कूटलेखन करता है: जैसे- मिथियोनीन के लिए AUG|

टर्मिनेशन कोडॉन (termination codon)- 64 कोडॉन में से 61 कोडॉन विभिन्न अमीनो अम्लों का कूटलेखन करते हैं| किन्तु तीन कोडॉन UAA, UAG एवं UGA कूटलेखन नही करता है परन्तु पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के संश्लेषण को रोकता है| अतः इन्हें टर्मिनेशन कोडॉन कहते हैं|

2. एक प्रकूट केवल एक अमीनो अम्ल का कूटलेखन करता है| इस कारण से यह असंदिग्ध (unambiguous) व विशिष्ट (specific) होता है|

3. कुछ अमीनो अम्ल का कूटलेखन एक से अधिक कोडॉन व्दारा होता है, इस कारण से इन्हें अपह्रासित कोडॉन (degenerate codon) कहते हैं|

4. कोडॉन कॉमाविहीन होते हैं, क्योंकि कोडॉन mRNA में लगातार पढ़े जाते हैं| ये बीच में रुके हुए नही होते हैं|

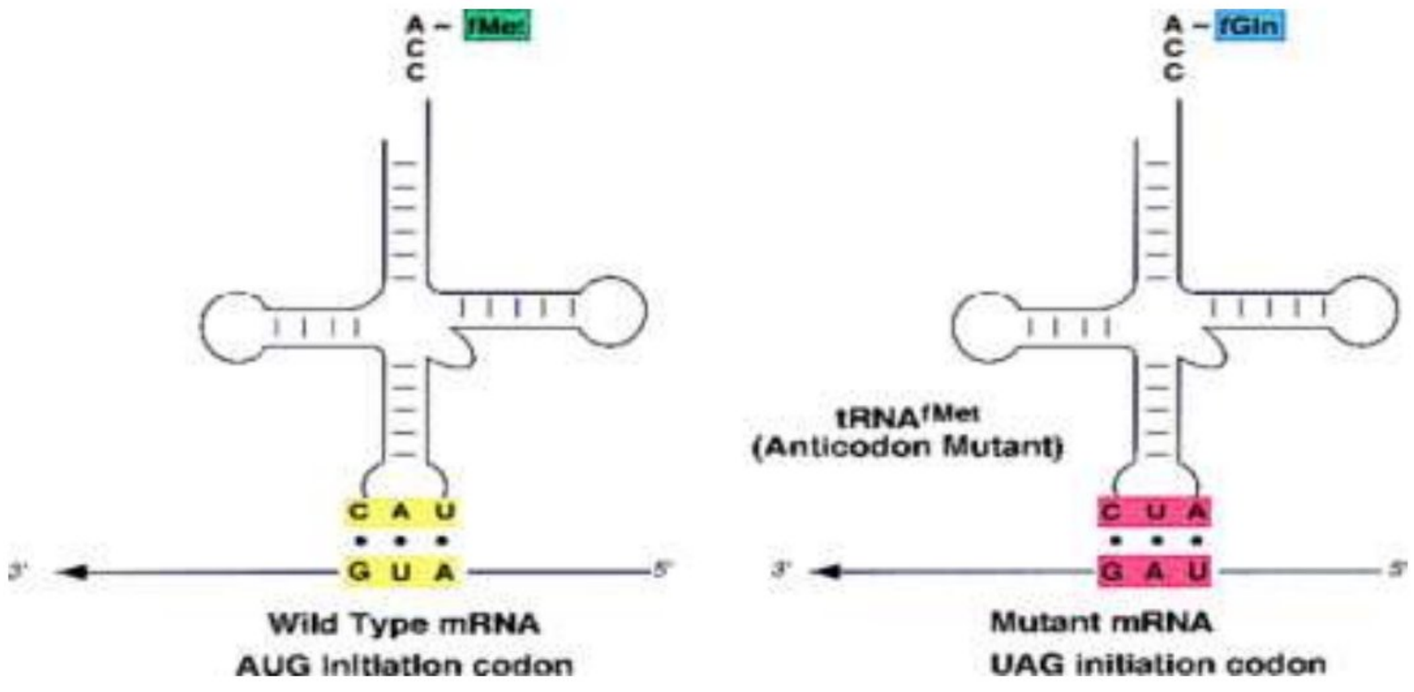
5. कुछ लगभग सौर्वभौमिक (universal) होते हैं, उदाहरणार्थ- जीवाणु से मनुष्य में UUU फेनिलऐलेनिन का कूटलेखन करता है| इस नियम के कुछ अपवाद माइटोकान्ड्रिया के कोडॉन व कुछ जन्तुओं आदि (प्रोटोज़ोआ) में मिलता है|

6. AUG दोहरा कार्य करता है| यह मिथियोनिन का कूटलेखन करता है| यह एक प्रारम्भक कोडॉन के रूप में कार्य करता है|

7. mRNA पर उपस्थित कोडॉन को सदैव 5’ →3’ दिशा में पढ़ा जाता है| इससे स्पष्ट होता है कि कोडॉन ध्रुवता (polarity) प्रदर्शित करता है|

स्थानान्तरण RNA अनुकूलक अणु (tRNA: the adopter molecule)- फ्रेनसिस क्रिक के अनुसार, अमीनो अम्ल में कोई संरचनात्मक विशिष्टता नहीं होती जिससे कि यह कूट को विशेष ढंग से पढ़ सके| इसके अनुसार एक अनुकूलतम अणु जो एक तरफ से कूट को पढता है व दूसरे तरफ इससे विशिष्ट अमीनो अम्ल जुड़ जाते हैं| जिसे स्थानान्तरण RNA (tRNA) कहते हैं|

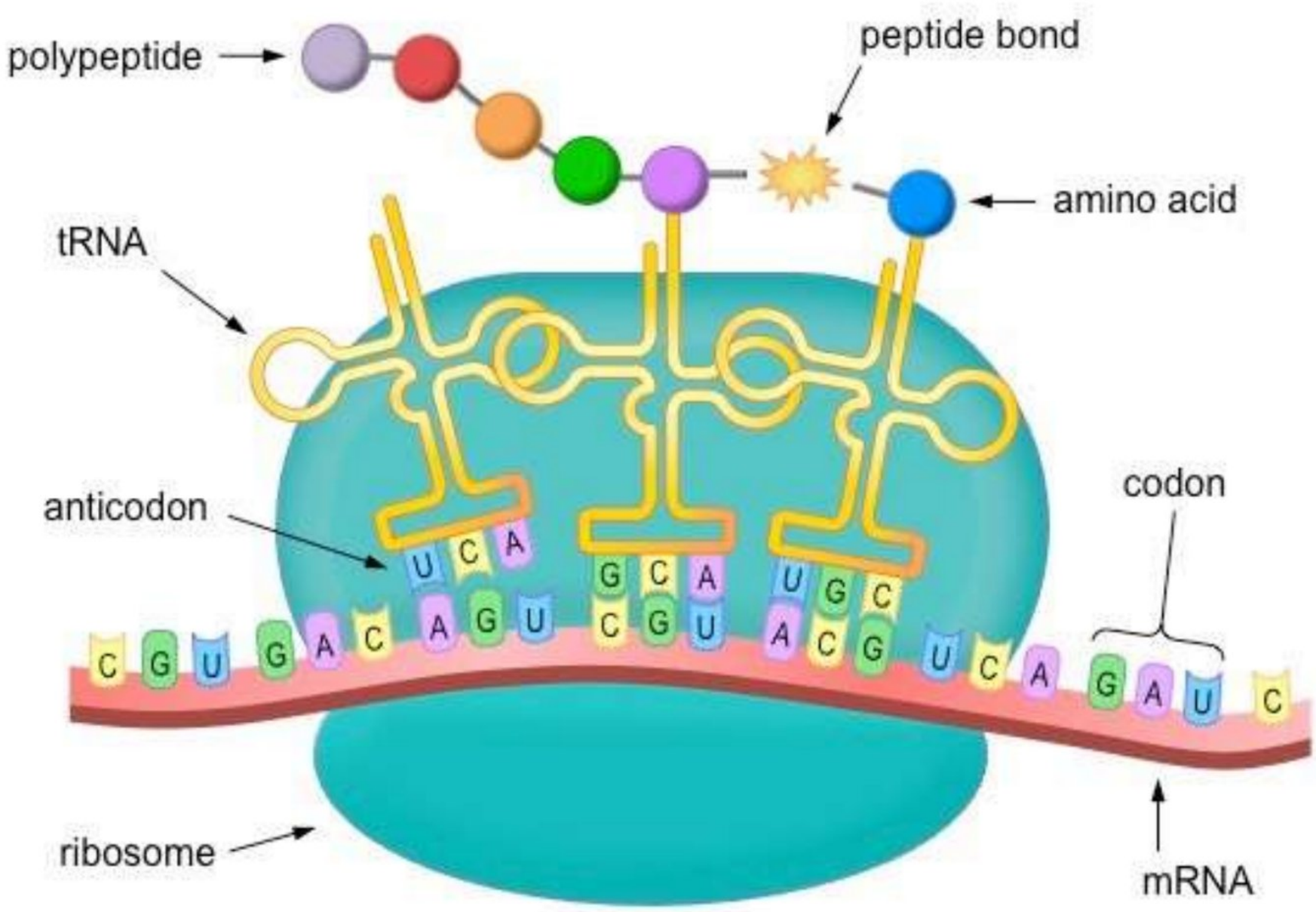
tRNA में एक प्रति प्रकूट (Anticodon) फंदा होता है जिसमें कोडॉन के पूरक क्षार मिलते हैं व tRNA के 3’ end पर इसमें एक अमीनो अम्ल स्वीकार्य छोर होता है जिससे जिससे यह अमीनो अम्ल से जुड़ जाता है| प्रत्येक अमीनो अम्ल के लिए विशिष्ट tRNA होते हैं| प्रारम्भन हेतु दूसरा विशिष्ट tRNA होता है जिसे प्रारम्भक tRNA (initiation tRNA) कहते हैं| रोध प्रकूट (termination codon) के लिए कोई स्थानान्तरण RNA नही होता है|



स्थानान्तरण (रूपान्तरण) (Translation)- स्थानान्तरण या रूपान्तरण वह प्रक्रिया है जिसमें अमीनो अम्लों के बहुकलन से पॉलीपेप्टाइड का निर्माण होता है| अमीनो अम्ल पेप्टाइड बंध व्दारा जुड़े होते हैं|

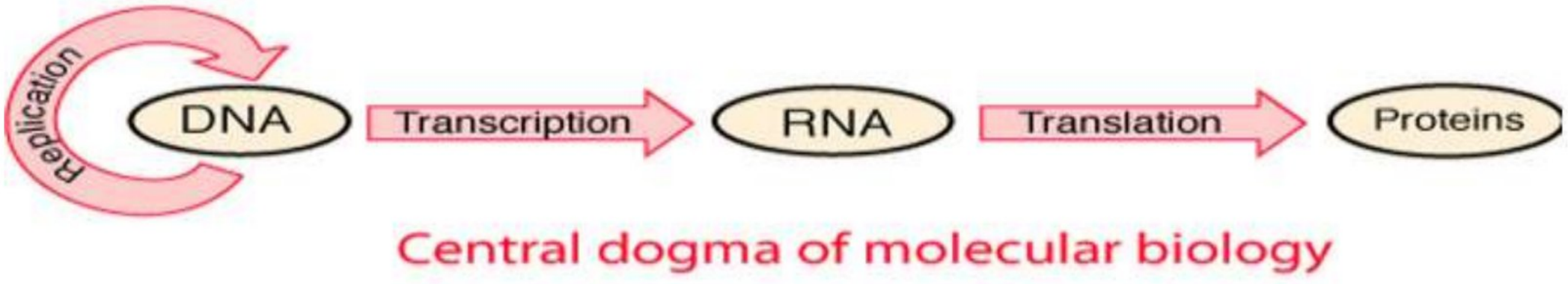
कोशिकीय कारखाना जो प्रोटीन संश्लेषण के लिए आवश्यक है वह राइबोसोम है| राइबोसोम दो उपइकाइयों एक बड़ी व एक छोटी उपइकाइयों से मिलकर बना होता है| राइबोसोम पेप्टाइड बन्ध के निर्माण में उत्प्रेरक का काम करता है|

mRNA में स्थानान्तरण इकाई RNA का अनुक्रम है जिसके किनारों पर प्रारम्भक कोडॉन (AUG) तथा अंत में रोध कोडॉन (stop codon) मिलते हैं जो पॉलीपेप्टाइड का कूटलेखन करते हैं| प्रारंभन हेतु राइबोसोम mRNA के प्रारम्भक कोडॉन (AUG) से बंधता है जिसकी पहचान प्रारम्भक स्थानान्तरण RNA (initiator tRNA) व्दारा की जाती है| राइबोसोम इसके बाद प्रोटीन संश्लेषण की दीर्घीकारन प्रावस्था की ओर बढ़ता है| इस अवस्था में अमीनो अम्ल tRNA से जुड़कर एक जटिल रचना का निर्माण करते हैं जो आगे चलकर tRNA के प्रतिकोडॉन (anticodon) mRNA से पूरक क्षार युग्म बना कर जुड़ जाते हैं| राइबोसोम mRNA के एक कोडॉन से दूसरे कोडॉन की ओर जाता है| एक के बाद एक अमीनो अम्लों के जुड़ने से पॉलीपेप्टाइड अनुक्रमों का स्थानान्तरण होता है जो DNA व्दारा निर्देशित व mRNA व्दारा निरुपित होते हैं| अंत में विमोचक कारक (termination factor) के रोध कोडॉन (stop codon) से जुड़ने से स्थानान्तरण प्रक्रिया समाप्त हो जाती है व राइबोसोम से पूर्ण पॉलीपेप्टाइड अलग हो जाते हैं|



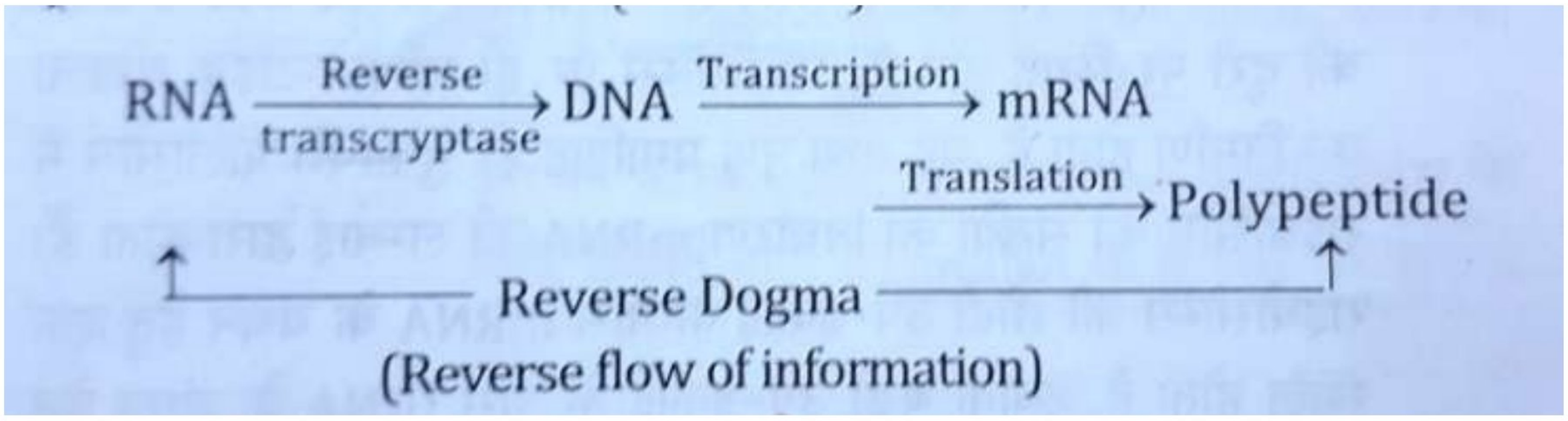
रूपान्तरण (Translation)

आणविक जीव विज्ञान का सेंट्रल डोग्मा (Central dogma of molecular biology)- इसे क्रिक ने सन 1958 में प्रस्तुत किया| उन्होंने बताया कि सूचना का प्रवाह (flow of information) एक दिशात्मक (unidirection) होता है| DNA से सूचना ट्रांसक्रिप्शन व्दारा RNA को जाती है और फिर RNA से ट्रांसलेशन व्दारा पॉलीपेप्टाइड को जाती है| इसे ही आणविक जीव विज्ञान का सेंट्रल डोग्मा कहते हैं|



Central dogma of molecular biology

एच० टेमिन व डी० बाल्टीमोर ने वर्ष 1970 में बताया कि कुछ विषाणुओं जैसे रेट्रोवायरस में आनुवंशिक पदार्थ RNA पाया जाता है| अतः इन विषाणुओं में रिवर्स ट्रान्सक्रिप्टेज एंजाइम व्दारा RNA से DNA का संश्लेषण होता है जिसे रिवर्स ट्रान्सक्रिप्शन कहते हैं| पुनः DNA से mRNA का संश्लेषण होता है तथा mRNA ट्रान्सलेशन व्दारा पॉलीपेप्टाइड का संश्लेषण करता है| इस प्रकार से रेट्रोवायरस में सूचना का प्रवाह विपरीत दिशा अर्थात RNA से DNA फिर mRNA एवं प्रोटीन में होता है| इसे ही रिवर्स डोग्मा (reverse dogma) कहते हैं| इसे रिवर्स ट्रांसक्रिप्शन भी कहा जाता है|



प्रोटीन संश्लेषण हेतु यंत्रावली- प्रोटीन संश्लेषण हेतु निम्नलिखित यंत्रावली आवश्यक होती है–

1. अमीनो अम्ल- प्रोटीन संश्लेषण हेतु 20 प्रकार के अमीनो अम्ल की आवश्यकता होती है| प्रोटीन की संरचनात्मक इकाई, अमीनो अम्ल होते हैं तथा ये प्रोटीन संश्लेषण के लिए कच्चे माल (raw material) का निर्माण करते हैं| प्रोटीन अमीनो अम्ल के बहुलक होते हैं|

2. DNA (विशिष्ट नियन्त्रण हेतु)- प्रोटीन संश्लेषण हेतु विशिष्ट नियन्त्रण की आवश्यकता होती है जिससे अमीनो अम्ल सही क्रम में सही प्रकार से जुड़कर वांछनीय प्रोटीन बना सके| इस प्रकार का विशिष्ट नियन्त्रण DNA में होता है जो कि mRNA व्दारा लागू होता है|

3. mRNA अथवा सन्देशवाहक RNA- mRNA का कार्य DNA से प्राप्त निर्देशों को राइबोसोम्स तक ले जाना है, अतः इसे दूत RNA कहा जाता है| DNA में कोडॉन के रूप में उपलब्ध सूचनाएँ पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के संश्लेषण के लिए आवश्यक होती है तथा ये mRNA में अभिलेखित होती हैं|

4. स्थानान्तरण RNA (tRNA)- tRNA विशेष प्रकार के अमीनो अम्ल का वहन करके राइबोसोम्स तक ले जाते हैं| कोशिका में 20 प्रकार के अमीनो अम्ल हेतु 20 प्रकार के tRNA अणु होते हैं| tRNA के अणु mRNA के विशिष्ट कोडॉन से प्रतिकोडॉन (anticodon) व्दारा जुड़ते हैं|

5. राइबोसोमी RNA (rRNA)- प्रोटीन का निर्माण राइबोसोम पर होता है, अतः राइबोसोम्स को प्रोटीन निर्माण की फैक्ट्री भी कहते हैं| प्रत्येक राइबोसोम्स दो इकाइयों का बना होता है| प्रोटीन संश्लेषण के दौरान दोनों इकाइयां आपस में जुड़ जाती है व प्रोटीन संश्लेषण के रुकने की स्थिति में ही अलग होती है| राइबोसोम्स की उप-इकाइयों के जुड़ने के लिए Mg=2 इ आवश्यकता होती है| प्रोटीन संश्लेषण के समय mRNA राइबोसोम्स के जुड़ने से एक कतार बन जाती है जिसे पॉलीराइबोसोम्स अथवा पॉलीसोम्स कहते हैं|

पॉलीसोम्स पर ही पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का निर्माण होता है|

प्रोटीन संश्लेषण की प्रक्रिया- प्रोटीन संश्लेषण की जटिल प्रक्रिया निम्नलिखित पदों में पूरी होती है–

1. अमीनो अम्ल का सक्रियकरण (activation of amino acids)- कोशिकाद्रव्य में सभी अमीनो अम्ल निष्क्रिय अवस्था में होते हैं| tRNA की ग्राही भुजा से संलग्न होने से पूर्व अमीनो अम्ल का सक्रियकरण होता है| अमीनो अम्ल अमीनो एसाइल सिन्थेटेज (amino acyl synthetase) विकर की उपस्थिति में ATP की ऊर्जा व्दारा सक्रिय होते हैं| ये ATP से क्रिया करके, एक विशेष एंजाइम की उपस्थिति में अमीनो एसिल-AMP एंजाइम (AA-AMP-E) जटिल व पाइरोफॉस्फेट बनाते हैं| प्रत्येक अमीनो अम्ल हेतु एक विशेष अमीनो एसाइल सिन्थेटेज विकर उपलब्ध होता है| इस प्रकार 20 अमीनो अम्ल के लिए 20 अमीनो एसाइल सिन्थेटेज विकर होते हैं|

2. सक्रिय अमीनो अम्ल का tRNA पर स्थानान्तरण- अमीनो एसाइल-AMP एंजाइम जटिल (aminoacyl AMP-E-complex) विशिष्ट tRNA के साथ प्रक्रिया करके अमीनो अम्ल का tRNA पर स्थानान्तरण करता है| इस दौरान अमीनो एसाइल-AMP एंजाइम जटिल के अमीनो अम्ल का कार्बोक्सिल समूह tRNA के CCA सिरे पर पाए जाने वाले अन्तस्थ एडीनोसीन के राइबोज के 3'OH समूह पर स्थानांतरित हो जाता है|

3. mRNA का राइबोसोम से जुड़ना- राइबोसोम की छोटी उप-इकाई से mRNA के प्रथम कोडॉन जुड़कर, समारम्भन जटिल उत्पन्न करता है| तत्पश्चात बड़ी उप-इकाई इसमें जुड़कर, सक्रिय राइबोसोम का निर्माण करती है|

4. पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का प्रारंभन- पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का प्रारंभन प्रोकैरियोटिक व यूकैरियोटिक कोशिकाओं में अलग अलग प्रकार से होता है| इनका वर्णन निम्नलिखित है–

प्रोकैरियोटिक कोशिका में पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का प्रारंभन- ई०कोलाई जीवाणु में प्रारंभन जटिल निम्न प्रकार बनता है-

(i) प्रारंभन कारक- राइबोसोम की स्वतंन्त्र उप-इकाई 30s, प्रारंभन कारक IF3 एवं Mg+2 की उपस्थिति में mRNA से जुड़कर 30s-mRNA complex बनाता है| तत्पश्चात यह इकाई किसी 50s उप-इकाई से जुड़ नही पाती है|

(ii) अब 30s उप-इकाई IF3 जटिल (30s-IF3 complex) mRNA पर इस प्रकार व्यवस्थित होता है कि इसका P-स्थल AUG (आरंभक कोडॉन) पर स्थित हो जाता है|

(iii) फर्मियोमेथियोनिल-tRNAf (formylmethionyl-tRNA or f met-tRNA) जिसे प्रारम्भक tRNA कहते हैं, IF2 से संलग्न होकर बाइनरी जटिल का निर्माण करता है| यह जटिल GTP अणु के साथ, 30s उप-इकाई के P-स्थल में मौजूद AUG कोडॉन से जुड़ता है| P-स्थल पर कोई और अमीनो अम्ल-tRNA प्रत्यक्ष रूप से नहीं जुड़ सकता है|

(iv) अब राइबोसोम की उप-इकाई mRNA की 30s उप-इकाई से जुड़ती है| GTP का जलीय अपघटन होता है तथा IF2 एवं IF3 प्रारंभन जटिल से स्वतन्त्र हो जाते हैं|

यूकैरियोटिक कोशिका में पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का प्रारंभन- यूकैरियोटिक कोशिका में श्रृंखला के प्रारंभन हेतु 3 से अधिक प्रारम्भक कारको की आवश्यकता होती है| यूकैरियोटिक कोशिका में प्रारंभन निम्नलिखित प्रकार के होते हैं–

(i) प्रारंभन कारक eIF4 (e- पूर्व्लाग्न→ यूकैरियोट्स के लिए प्रयुक्त होता है) mRNA के 5' सिरे पर जुड़ता है|

(ii) तत्पश्चात प्रारम्भ अमीनो एसाइल-tRNA (met-tRNA or methionyl-tRNA) eIF2-GTP से जुड़कर एक जटिल आबध्द बनाता है|

(iii) अमीनो एसाइल-tRNA, -eIF2-GTP जटिल (met tRNA-eIF2-GTP complex) एक स्वतन्त्र 40s उप-इकाई के P स्थल पर जुड़ता है|

(iv) अब 40s उप-इकाई, mRNA के 5' सिरे पर जुड़कर तब तक आगे बढती है जब तक इसका P स्थल, mRNA के प्रारम्भक कोडॉन AUG पर स्थिर नही हो जाता है| इस प्रक्रिया हेतु eIF3, eIF4, eIF4A व eIF4B जैसे अनुवादन प्रारम्भक कारक की आवश्यकता होती है|

(v) राइबोसोम की स्वतन्त्र 60s उप-इकाई से eIF6 जुड़ जाता है|

(vi) AUG कोडॉन पर 80s राइबोसोम एकत्रित हो जाता है व शेष अन्य प्रारंभन कारक मुक्त हो जाते है|

5. पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का दीर्घीकरण- यह निम्नलिखित प्रकार से होता है–

(i) mRNA का प्रथम कोडॉन, राइबोसोम के दाता स्थल (donor site-D) पर स्थित होता है| इस स्थल पर सर्वप्रथम मिथयोनिन (methionine) अमीनो अम्ल युक्त tRNA जुड़ जाता है तथा पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला प्रारम्भ कर देता है| राइबोसोम के ग्राही स्थल पर दूसरा AA-tRNA जटिल (AA-tRNA complex) जुड़ जाता है व mRNA के व्दितीय कोडॉन से आबध्द हो जाता है|

(ii) दाता स्थल (D-site) के पेप्टाइडल-tRNA के अमीनो अम्ल के कार्बोक्सिल समूह (-COOH) व A स्थल के अमीनो एसाइल-tRNA के अमीनो अम्ल के अमीनो समूह (-NH2) के मध्य पेप्टाइड बंध का निर्माण peptidyl transferase एंजाइम व्दारा होता है| इस प्रकार मिथियोनिन अमीनो अम्ल का अन्य tRNA पर स्थानान्तरण हो जाता है| प्रथम tRNA स्वतन्त्र होकर mRNA से अलग हो जाता है|

(iii) दो अमीनो अम्ल युक्त tRNA का A-स्थल से D-स्थल पर स्थानान्तरण होता है| इस कार्य में GTP व ट्रांसलोकेज एंजाइम आवश्यक होते हैं| इस प्रक्रिया में राइबोसोम mRNA पर 5' →3' दिशा में गमन करता है जिसके फलस्वरूप राइबोसोम के A-स्थल पर mRNA का दूसरा कोडॉन आ जाता है| प्रत्येक राइबोसोम पर एक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का निर्माण होता है जो अलग-अलग आकार की होती है| mRNA पर राइबोसोम के आगे बढ़ने के साथ-साथ, पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला लम्बी होती है|

6. पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का समापन- पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के समापन हेतु 3 कोडॉन होते हैं, UAA, UAG या UGA| ये किसी भी अमीनो अम्ल को इंगित नही करते हैं| अतः नॉन-सेन्स कोडॉन कहलाते हैं| समापन कोडॉन के आगमन पर पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला अब भी राइबोसोम की 50s उप-इकाई के A-स्थल से संलग्न रहते हैं| इस पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला को मुक्त करने के लिए RF-1 व RF-2 कारक आवश्यक होते हैं| पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के अलग होने पर अंतिम tRNA तथा mRNA भी अलग कर दिए जाते हैं|

जीन (gene)- गुणसूत्र पर स्थित, आनुवंशिक इकाई जो जीव के फीनोटाइपिक लक्षण का निर्धारण करती है, जीन कहलाती है|

जीन की परिभाषा- DNA का एक खण्ड जिसमें किसी लक्षण का आनुवंशिक कोडॉन निहित हो, वह जीन कहलाता है|

जीन एक आनुवंशिक इकाई है| ये गुणसूत्रों के ऊपर रेखीय क्रम में पाए जाते हैं|

कार्यों के आधार पर जीन को निम्न रूप में परिभाषित किया जाता है–

1. सिस्ट्रोन (Cistron)- DNA खण्ड जो पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला को कूटित करता है, सिस्ट्रोन कहलाता है|

2. रेकोन (Recon)- सिस्ट्रोन का ऐसा भाग जो विनिमय (crossing over) तथा पुनर्संयोजन (recombination) दर्शाता है, रेकोन कहलाता है|

3. म्यूटोन (Muton)- DNA के छोटे-छोटे खण्ड जो उत्परिवर्तित हो सकते हैं, म्यूटोन कहलाते हैं|

जीन संकल्पना (gene concept)- सर्वप्रथम सटन तथा बोवेरी ने जीन की संरचना, व्यवहार व प्रकृति के लिए जीन संकल्पना का प्रतिपादन किया था| जीन संकल्पना की विशेषताएँ निम्नलिखित हैं–

1. प्रत्येक जीन गुणसूत्र पर स्थित होता है|

2. जीन जीवों के भौतिक तथा शरीर क्रियात्मक लक्षणों का निर्धारण करते हैं तथा पीढ़ी-दर-पीढ़ी माता पिता से संतानों में वंशागत होते हैं|

3. सभी जीवों में गुणसूत्रों की संख्या की तुलना में जीन की संख्या अधिक होती है|

4. जीन गुणसूत्रों पर रेखीय क्रम में माला के मोतियों की भांति लगे रहते हैं|

5. प्रत्येक जीन एक विशिष्ट गुणसूत्र पर, विशिष्ट स्थान पर स्थित होता है जिसे बिन्दुपथ (locus) कहते हैं|

6. जीन एक से अधिक अवस्थाओं में मिल सकते हैं| सामान्य से अधिक जीन की अतिरिक्त अवस्थाएं युग्मविकल्पी या एलील कहलाती है|

7. जीन के संगठन में अचानक परिवर्तन से इसकी अभिव्यक्ति में भी परिवर्तन आ जाता है, इस घटना को उत्परिवर्तन तथा जीन को उत्परिवर्तित जीन (mutant gene) कहते हैं|

एक जीन एक एंजाइम परिकल्पना (one gene one enzyme hypothesis)- जार्ज बीडल व एडवर्ड टेटम ने सन 1944 में न्यूरोस्पोरा क्रेसा (Neurospora crassa) नामक कवक पर अपने प्रयोगों व्दारा स्पष्ट किया कि एक एंजाइम के संश्लेषण का नियन्त्रण एक जीन व्दारा होता है| उन्होंने बताया कि एक एंजाइम में यदि किसी भी प्रकार का उत्परिवर्तन होता है, तो उससे बनने वाला एंजाइम दोषपूर्ण होता है| इसके लिए उन्होंने एक जीन एक एंजाइम परिकल्पना प्रस्तुत की|

one gene → mRNA → Protien → Enzyme

किन्तु बाद के अध्ययनों से स्पष्ट हुआ कि बीडल और टेटम व्दारा प्रतिपादित एक जीन एक एंजाइम परिकल्पना में कुछ दोष हैं, क्योंकि एक जीन से एक mRNA और एक mRNA से एक पॉलीपेप्टाइड का संश्लेषण होता है तथा एक एंजाइम एक से अधिक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखलाओं का बना हो सकता है| अतः यह कहना अधिक उपयुक्त होगा कि एक जीन एक पॉलीपेप्टाइड परिकल्पना|

onegene → mRNA → polypeptide

जीन अभिव्यक्ति का नियमन (Regulation of gene expression)- जीन अभिव्यक्ति का नियमन जीन के स्विच ऑफ एवं ऑन होने की क्रियाविधि है, जो विकास की अवस्थाओं एवं कोशिका की आवश्यकता पर आधारित होती है| जीन अभिव्यक्ति के परिणामस्वरुप पॉलीपेप्टाइड का निर्माण होता है जिसे कई स्तरों पर नियमित कर सकते हैं| सुकेन्द्र्की कोशिकाओं में नियमन कई स्तर पर हो सकता है – 1. अनुलेखन स्तर (transcriptional level), 2. संसाधन स्तर पर

(processing or splicing level), 3. दूत RNA का केन्द्रक से कोशिकाद्रव्य में अभिगमन, 4. स्थानान्तरीय स्तर (translational level)

प्रचालेक (The operon)- लैक ओपेरोन के बारे में स्पष्ट जानकारी फ्रेंक्वास जैकब व जैक्वे मोनाड ने प्रस्तुत किया| लैक-प्रचालेक (यहाँ लैक का मतलब लैक्टोज है) में पॉलीसिस्ट्रोनिक संरचनात्मक जीन का नियमन एक सामान्य उन्नायक व नियामक जीन (promoter and regulatory genes) व्दारा होता है| इस तरह की व्यवस्था जीवाणु में बहुत सामान्य है इसे प्रचालेक (operon) कहते हैं| ऐसे कुछ उदाहरण हैं- लैक प्रचालेक, ट्रिप प्रचालेक, हिस प्रचालेक व वैल प्रचालेक आदि|

एक ओपेरोन में कम से कम चार प्रकार के जीन होते हैं| ये सभी एक साथ नियंत्रित एवं कियान्वित होते हैं|

1. नियंत्रक जीन (Regulatory Gene)- यह एक जैव रसायन का निर्माण करता है, जो ऑपरेटर जीन की क्रिया का नियमन करता है|

2. ऑपरेटर जीन (Operator Gene)- यह ओपेरोन के कार्यों को नियंत्रक जीन के उत्पाद (जैव रसायन) की उपस्थिति या अनुपस्थिति के आधार पर प्रभावित करता है|

3. प्रोमोटर जीन (Promoter Gene)- यह संरचनात्मक जीन के ट्रांसक्रिप्शन के लिए आवश्यक RNA पॉलीमरेज को संपर्क स्थल प्रदान करता है|

4. संरचनात्मक जीन (Structural Gene)- ये mRNA का ट्रांसक्रिप्शन करते हैं–

प्रचालेक दो मुख्य प्रकार का होता है–

1. इन्ड्यूसीबल ओपेरोन तंत्र (Inducible Operon system)

2. रिप्रेसिबल ओपेरोन तंत्र (Repressible operon system)

1. इन्ड्यूसीबल ओपेरोन तंत्र (Inducible Operon system)- जैकब व मोनाड व्दारा E.coli जीवाणु में दिया गया लैक ओपेरोन इन्ड्यूसीबल ओपेरोन तंत्र का एक उदाहरण है| यह एक ऐसा नियंत्रित ओपेरोन तंत्र है जिसमें संरचनात्मक जीन का स्विच तब तक ऑफ रहता है, जब तक कि एक इन्ड्यूसर (inducer) अर्थात लैक्टोज (lactose) माध्यम में उपस्थित नही होता है| जैसे ही इन्ड्यूसर माध्यम में उपस्थित होता है, संरचनात्मक जीन का स्विच ऑन हो जाता है| लैक ओपेरोन के निम्न भाग हैं–

(a) नियन्त्रण जीन (Regulatory Gene)- इसे i-जीन (inhibitory gene) भी कहते हैं| यह mRNA एक जैव रसायन का संश्लेषण करता है जिसे रिप्रेसर कहते हैं| रिप्रेसर एक चतुष्कीय प्रोटीन है| इस प्रोटीन के पास दो संलग्नक बिन्दु होते हैं| एक ऑपरेटर जीन से जुड़ने के लिए तथा दूसरा इन्ड्यूसर से जुड़ने के लिए| यदि यह प्रोटीन इन्ड्यूसर से पहले जुड़ जाये, तो ऑपरेटर से नही जुड़ता है|

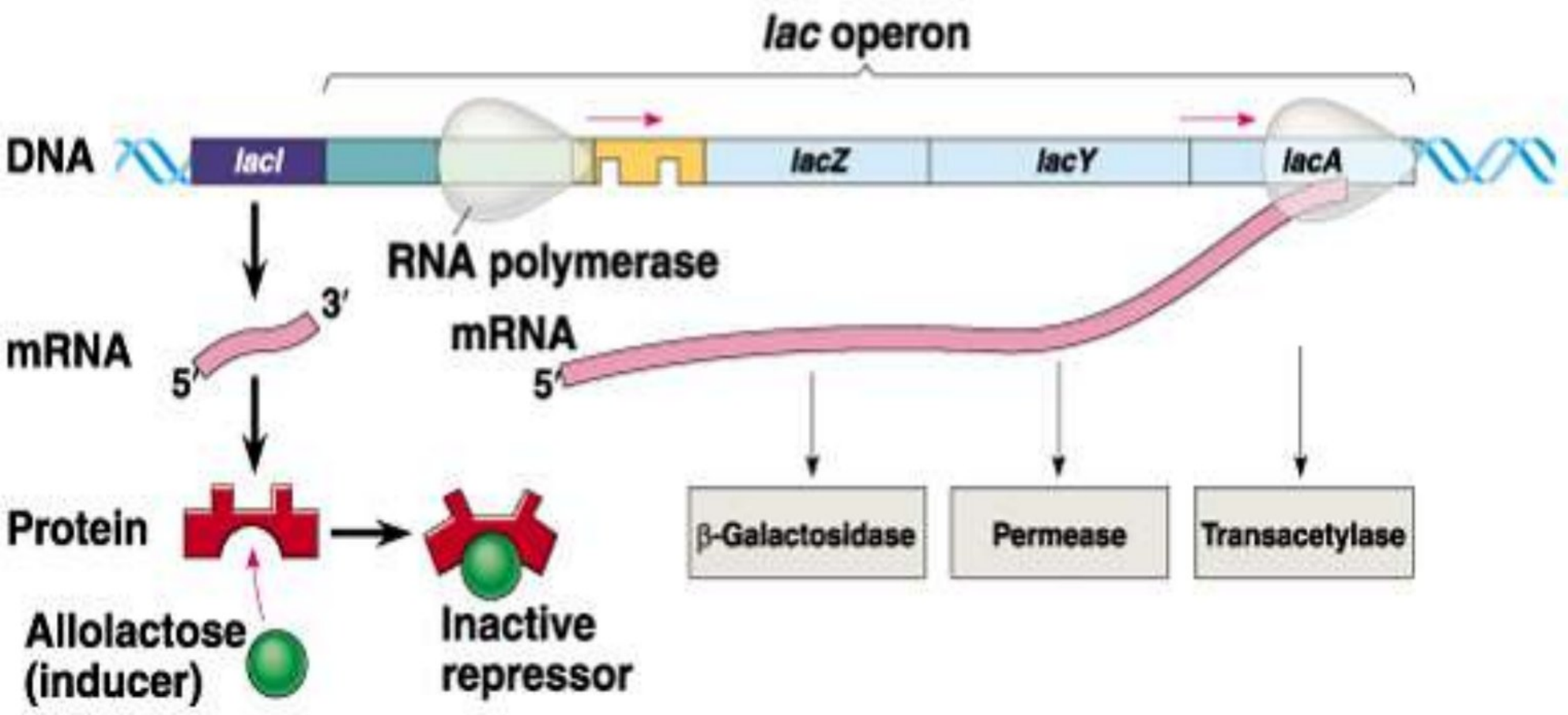
(b) प्रोमोटर जीन (Promoter Gene)- यह जीन cAMP की उपस्थिति में क्रियाशील होता है| यह RNA पॉलीमरेज के लिए स्थान प्रदान करता है| अर्थात RNA पॉलीमरेज एंजाइम प्रोमोटर जीन से जुड़ा रहता है|

(c) ऑपरेटर जीन (Operator Gene)- यह संरचनात्मक जीन के क्रियात्मकता का नियन्त्रण करता है| यदि ऑपरेटर जीन से रिप्रेसर जुड़ा हो तो संरचनात्मक जीन का स्विच ऑफ होता है| किन्तु रिप्रेसर यदि इन्ड्यूसर से जुड़कर रिप्रेसर- इन्ड्यूसर काम्प्लेक्स (RI complex) बना ले तब RNA पॉलीमरेज को प्रोमोटर जीन से संरचनात्मक जीन तक पंहुचना आसान हो जाता है तथा संरचनात्मक जीन का स्विच ऑन हो जाता है|

(d) संरचनात्मक जीन (structural gene)- इश्चीरिचिया कोलाई (E.coli) के लैक ओपेरोन में तीन संरचनात्मक जीन Z, Y व A होते हैं| तीनों जीन सम्मिलित रूप से केवल एक mRNA का ट्रांसक्रिप्शन करता है| इस प्रकार के mRNA को पॉलीसिस्ट्रोनिक mRNA कहते हैं| यह mRNA तीन एंजाइम का संश्लेषण करता है| जीन 'Z' β गैलेक्टोसाइडेज, जीन 'Y' गैलेक्टोसाइड परमिएज तथा जीन 'A' गैलेक्टोसाइड एसिटाइलेज का संश्लेषण करता है|

β गैलेक्टोसाइडेज लैक्टोज का जल विघटन करके गैलेक्टोज व ग्लूकोस का निर्माण करता है| परमिएज जीवाणु कोशिका के लिए β गैलेक्टोसाइडेज की पारगम्यता को बढ़ाता है| एसिटाइलेज ऐसिटिल समूह को β गैलेक्टोसाइड में स्थानान्तरित करता है|

उपरोक्त से यह स्पष्ट होता है कि यदि जीवाणु के संवर्धन में लैक्टोज शर्करा डाल दिया जाये, तो लैक ओपेरोन का स्विच ऑन हो जाता है, अर्थात लैक्टोज एक प्रेरक की तरह कार्य करता है|



(b) Lactose present, repressor inactive, operon on

2. रिप्रेसिबल ओपेरोन तंत्र (Repressible operon system)- E.coli जीवाणु का ट्रिप्टोफान ओपेरोन (ट्रिप ओपेरोन) एक रिप्रेसिबल ओपेरोन तंत्र है| यह उपापचय मार्गों में पाया जाता है| ट्रिप्टोफान एक अमीनो अम्ल है, जिसकी उपस्थिति या अनुपस्थिति इस तंत्र की क्रिया का नियमन एवं नियन्त्रण करता है|

यूकैरियोट में जीन नियन्त्रण- यूकैरियोट में भी जीन का नियमन एवं नियन्त्रण जीवाणु के ओपेरोन मॉडल जैसा ही होता है| इनमे भी इन्ड्यूसीबल एवं रिप्रेसिबल दोनों प्रकार के जीन नियन्त्रण पाए जाए हैं|

यूकैरियोटिक कोशिकाओं में जीन अभिव्यक्ति के नियन्त्रण हेतु पाँच प्रकार के जीन पाए जाते हैं, जो निम्नवत हैं–

1. संरचनात्मक या उत्पादक जीन (structural or producer gene)- यूकैरियोटिक कोशिकाओं में उत्पादक जीन mRNA का ट्रांसक्रिप्शन करते हैं| इनमे बनने वाला mRNA मोनोसिस्ट्रोनिक होता है|

2. ऑपरेटर या ग्राही जीन (Operator or Receptor gene)- प्रत्येक उत्पादक जीन का एक अपना एवं पास में स्थित ग्राही जीन होता है| यह RNA पॉलीमरेज के लिए संपर्क स्थल प्रदान करता है|

3. नियंत्रक जीन (regulatory gene)- यह एक सक्रिय RNA का निर्माण करके प्रोटीन संश्लेषण व्दारा जैव रसायन बनाकर ग्राही जीन के कार्य का नियन्त्रण करता है|

4. संवेदी जीन (sensor gene)- यह विभिन्न उपापचयी पदार्थों, विटामिन, रोगजनक आदि के रूप में कोशिकीय अन्तःवातावरण की सूचना प्राप्त करता है| इन प्राप्त सूचनाओं के अनुसार, समीपस्थ स्थित इंटीग्रेटर जीन के सक्रिय या निष्क्रिय होने जैसी क्रिया का नियमन एवं नियन्त्रण करता है|

5. वर्धक एवं प्रशान्तक जीन (Enhancer and silencer genes)- वर्धक जीन संरचनात्मक जीन के कार्य दर को बढाते हैं, जबकि प्रशान्तक जीन इनकी क्रिया दर को घटा देते हैं|

मानव जीनोम परियोजना (Human Genome project)- DNA अनुक्रमों को शीघ्र जानने के लिए साधारण तकनीक के विकास से सन 1990 में मानव जीनोम के अनुक्रमों को पता लगाने के लिए एक महत्वाकांक्षी योजना की शुरुआत हुई जो मानव जीनोम परियोजना (HGP) महायोजना (मेगा प्रोजेक्ट) कहलाती है| मानव जीनोम में 3×10^9 क्षार युग्म मिलते हैं|

मानव जीनोम परियोजना के लक्ष्य-

1. (लगभग- 20,000-25,000 सभी जीनों) के बारे में पता लगाना|
2. मानव DNA को बनाने वाले 3 बिलियन रासायनिक क्षार युग्मों के अनुक्रमों को निर्धारित करना|
3. उपरोक्त जानकारी को आंकड़ों के रूप में सग्रहीत करना|
4. आंकड़ों के विश्लेषण हेतु नई तकनीक का सुधार करना|
5. योजना व्दारा उठने वाले नैतिक, कानूनी व सामाजिक मुद्दों के बारे में विचार करना|

कार्य प्रणालियाँ- इन विधियों में दो महत्वपूर्ण तरीकों का उपयोग किया गया है| पहले प्रयास में उन सभी जीन जो RNA के रूप में व्यक्त होते हैं उनके बारे में ध्यान देना इसे व्यक्त अनुक्रम घुंडी (expressed sequence tags, EST) कहते हैं| दूसरा प्रयास यह है कि जीन में मिलने वाले सभी जीनोम के व्यक्तेक (introns) व अवयक्तेक (Exons) अनुक्रमों की जानकारी प्राप्त कर उनके कार्यों को निर्धारित करना (इसे अनुक्रम टिप्पण- sequence annotation कहते है) है| कोशिका के पूर्ण DNA में स्थित क्षार अनुक्रमों की जानकारी के लिए पहले DNA को कोशिका से अलग करके छोटे-छोटे खण्डों में तोड़ा गया और इन खण्डों का क्लोनिंग करने के लिए संवाहकों की सहायता से उचित पोषक (host) में भेजा गया| क्लोनिंग प्रत्येक DNA के प्रवर्धन में सहायता करता है जिससे इन अनुक्रमों के बारे में जानकारी मिलना आसान हो जाता है| सामान्यतया उपयोगी पोषक (host) जीवाणु व यीस्ट है और संवाहकों को BAC (bacterial artificial chromosome) व YAC (yeast artificial chromosome) कहते हैं|

मानव जीनोम की मुख्य विशेषताएँ-

1. मानव जीनोम में 3164.7 करोड़ क्षार मिलते हैं|
2. औसतन प्रत्येक जीन में 3000 क्षार स्थित हैं जिनके में अधिक विभिन्नताएँ हैं| मनुष्य की ज्ञात सबसे बड़ी जीन डिस्ट्रोफिन (dystrophin) में 2.4 करोड़ क्षार मिले हैं|
3. जीन की संख्या 30,000 है जो पहले की अनुमानित संख्या 80,000 तथा 1,40,000 से काफी कम है| सभी लोगो में मिलने वाले लगभग सभी न्यूक्लियोटाइड्स क्षार (about 99.9%) एक समान है|
4. खोजी गयी 50 प्रतिशत से अधिक जीन के कार्य के बारे में जानकारी प्राप्त है|

5. दो प्रतिशत से कम जीनोम प्रोटीन का कूटलेखन करते हैं|

6. DNA का वह भाग जो पुनरावृत्ति अनुक्रमों को रखता है, सैटेलाइट DNA (satellite DNA) कहलाता है| 10 से 50 क्षार युग्म लम्बे, अत्यधिक भिन्न पुनरावृत्तिक्रमों को जो लगभग हजारों बार पुनरावृत्ति होते हैं, मिनीसैटेलाइट (minisatellite) कहलाते हैं| मानव जीनोम में लगभग 30,000 मिनीसैटेलाइट लोसाई (loci) पायी जाती हैं, ये ''variable number tandem repeats'' (VNTRs) कहलाती हैं| इनका प्रयोग DNA फिंगर प्रिंटिंग में होता है| 10 से कम क्षार युग्म वाले पुनरावृत्ति क्रमों को सरल क्रम की पुनरावृत्तियां या माइक्रोसैटेलाइट कहते हैं| इन अनुक्रमों का सीधा कूटलेखन में कोई कार्य नहीं हैं लेकिन इनसे गुणसूत्र की संरचना, गतिकीय व विकास के बारे में जानकारी मिलती है|

7. गुणसूत्र 1 में सर्वाधिक जीन (2968) व Y गुणसूत्र में सबसे कम जीन (231) मिलते हैं|

DNA अंगुलि छापी (DNA finger printing)- मनुष्यों में मिलने वाले क्षार अनुक्रम (base sequence) लगभग 99.9 प्रतिशत समान होते हैं| केवल 0.1 प्रतिशत (3×10^6) क्षार अनुक्रम अलग-अलग व्यक्तियों में भिन्न होते हैं| इन्हीं अंतरों के कारण आनुवंशिक विभिन्नता मिलती है| दो व्यक्तियों के DNA अनुक्रमों के बीच तुलना करने के हेतु DNA अंगुलिछापी एक त्वरित विधि है|

DNA अणु में कोडिंग एवं नॉन-कोडिंग अनुक्रम क्रमशः पाए जाते हैं| कोडिंग अनुक्रमों (coding sequence) को एक्सान (exons) कहते हैं, जो प्रोटीन संश्लेषण से सम्बन्धित सूचनाएँ रखते हैं| नॉन-कोडिंग अनुक्रमों को इन्ट्रोंस (introns) कहते हैं| ये प्रोटीन संश्लेषण में भाग नही लेते हैं| इन्हीं नॉन-कोडिंग अनुक्रमों में विभिन्नताओं के कारण व्यक्तियों में विभिन्नताएँ पायी जाती है| कुछ नॉन-कोडिंग खण्डों में क्षार अनुक्रमों का अत्यधिक बार पुनरावृत्ति होती है, जो DNA की पूरी लम्बाई में कई जगहों पर पाए जाते हैं| यह पुनरावृत्ति प्रत्येक व्यक्ति के लिए अत्यधिक विशिष्ट होती है| क्योंकि किसी भी एक व्यक्ति के DNA की पुनरावृत्ति अनुक्रमों की संख्या दूसरे व्यक्ति से मेल नही करती है| मानव जीनोम के अधिकांश भाग में मिलने वाले ये पुनरावृत्ति अनुक्रम उच्चश्रेणी बहुरूपता प्रदर्शित करते हैं| इन्हें सरल अनुबध्द पुनरावृत्ति (simple tandem repeats- STPs) या सैटेलाइट DNA कहते हैं| सैटलाइट DNA ही अंगुलिछापी का आधार है|

लम्बाई व पुनरावृत्ति इकाइयों की संख्या के आधार पर सैटेलाइट DNA दो मुख्य प्रकार के होते हैं, जिसमें से एक अतिपरिवर्तनशील पुनरावृत्त मिनीसैटलाइट क्रम होता है जो अनुबध्द पुनरावर्तक की विभिन्न संख्या (variable number tandem repeats- VNTRs) कहलाता है| प्रत्येक VNTRs में 10-60 क्षार युग्म होते हैं|

प्रत्येक संतान में DNA का 50% पिता से तथा 50% माता से प्राप्त होता है, अर्थात 23 जोड़ी गुणसूत्रों में प्रत्येक जोड़े में एक माता तथा एक पिता का गुणसूत्र होता है| इसीलिए दो समजात गुणसूत्रों के एक विशिष्ट क्षेत्र में VNTRs की संख्या अलग-अलग होती है जिसके परिणामस्वरुप प्रत्येक व्यक्ति VNTRs के एक स्पष्ट संयोजन वाला होता है और यह संयोजन केवल उसी व्यक्ति के लिए विशिष्ट होता है|

किसी भी व्यक्ति के विभिन्न ऊतकों (जैसे-खून, बाल, त्वचा, हड्डी, लार, शुक्राणु आदि) से प्राप्त DNA में एक समान बहुरूपता मिलती है जो न्यायालय उपयोग में इअक पहचान औजार के रूप में उपयोगी है|

DNA फिंगर प्रिंटिंग तकनीकी- DNA अंगुलिछापी तकनीकी का प्रारम्भिक विकास एलेक जेफरीज व्दारा किया गया| इन्होने अनुषंगी DNA को प्रोब के रूप में उपयोग किया जिसमें काफी बहुरूपता मिलती है| इसके निम्न महत्वपूर्ण चरण हैं–

1. DNA का स्रोत- त्वचा, खून, बाल, लार आदि से फिंगर प्रिंटिंग के लिए DNA प्राप्त किया जा सकता है| इन स्रोतों से DNA प्राप्त करने के लिए तीव्र रफ़्तार के रेफ्रिजरेटेड अल्ट्रासेंट्रीफ्युगेशन विधि का प्रयोग किया जाता है| इस विधि व्दारा केन्द्रक से DNA अलग किया जाता है|

2. DNA का विस्तारण- यदि निष्कासित या प्राप्त किये गए DNA की मात्र कम होती है, तब पॉलीमरेज श्रृंखला अभिक्रिया व्दारा प्राप्त DNA का बहुलीकरण करके उनकी असंख्य कापियाँ उत्पन्न कर ली जाती है|

3. DNA का विखंडन- प्रतिबन्ध एंडोन्यूक्लिएज एंजाइम की सहायता से पृथक किये गए DNA को छोटे-छोटे खण्डों में बांटा जाता है|

4. DNA खण्डों का पृथक्करण- टुकड़े वाले DNA (जिसे VNTRs कहते हैं) को ऐग्रोज बहुलक जेल पर कणिकापारण (electrophoresis) के लिए डाला जाता है| इस जेल पर VNTRs पृथक हो जाते हैं क्योंकि ये खण्ड लम्बाई एवं आवेश के आधार पर जेल में व्यवस्थित हो जाते है| पृथक VNTRs को रोगन (dye) से अभिरंजित करके पहचाना जाता है क्योंकि UV विकिरणों में ये खण्ड स्पष्ट हो जाते हैं|

5. एकल श्रृंखला वाले DNA का निर्माण- VNTRs को क्षारीय रसायन के साथ अभिकृत कराकर उनको एकल श्रृंखला वाले DNA में तोडा जाता है|

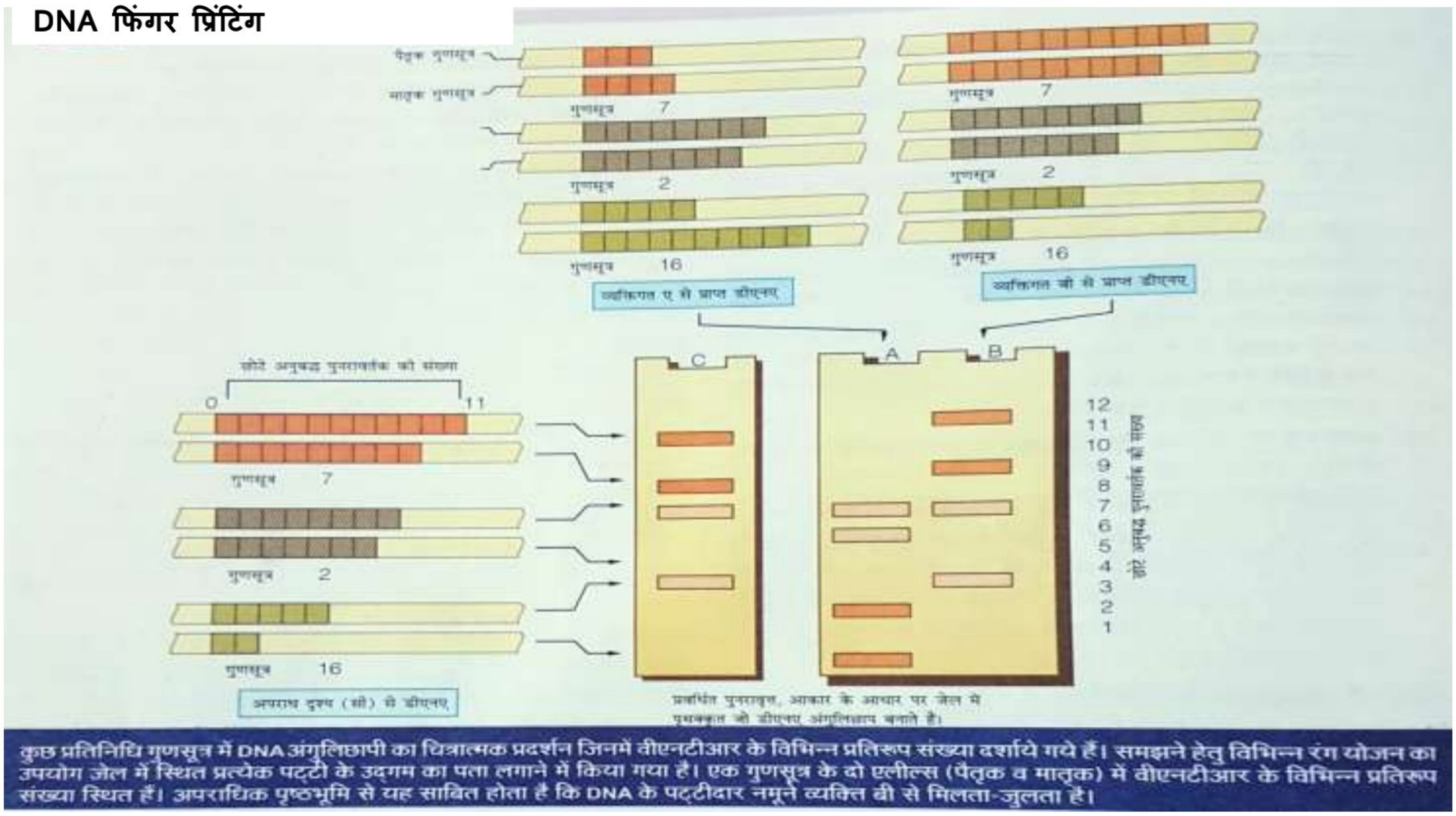
6. सदर्न ब्लोटिंग- एकल श्रृंखला वाले पृथक किये गए VNTRs क्रम को जेल पर रखी नॉयलोन झिल्ली या नाइट्रोसेल्युलोज पर स्थानान्तरित किया जाता है|

7. DNA प्रोब्स- ये नाइट्रोजनी क्षारक के ज्ञात क्रमों वाले छोटे-छोटे रेडियोएक्टिव संश्लेषित DNA खण्ड होते हैं|

8. संकरण- अब VNTRs युक्त नाइट्रोसेल्युलोज को एक बाथ में डुबाया जाता है| इस बाथ में DNA प्रोब्स भी होते हैं| DNA प्रोब्स परिपूरक न्यूक्लियोटाइडक्रम रखने वाले एकल श्रृंखला वाले VNTRs से जुड़ जाते हैं|

9. X-किरण फिल्म पर डालना- संकर रेडियोएक्टिव DNA प्रोब्स व VNTRs वाली नाइट्रोसेल्युलोज झिल्ली पर X-किरण फिल्म डाली जाती है| इस X-किरण फिल्म में संकरित रेडियोएक्टिव VNTRs गहरी पट्टियों के रूप में दिखाई देती है| यह फिल्म DNA प्रिंट कहलाती है, अब इसके तुलनात्मक अध्ययन से सम्बन्धो को जाना जा सकता है|

DNA फिंगर प्रिंटिंग



कुछ प्रतिनिधि गुणसूत्र में DNA अंगुलिछापी का चित्रात्मक प्रदर्शन जिनमें वीएनटीआर के विभिन्न प्रतिरूप संख्या दर्शाये गये हैं। समझने हेतु विभिन्न रंग योजन का उपयोग जेल में स्थित प्रत्येक पट्टी के उद्गम का पता लगाने में किया गया है। एक गुणसूत्र के दो एलील्स (पैतृक व मातृक) में वीएनटीआर के विभिन्न प्रतिरूप संख्या स्थित हैं। अपराधिक पृष्ठभूमि से यह साबित होता है कि DNA के पट्टीदार नमूने व्यक्ति बी से मिलता-जुलता है।

DNA फिंगर प्रिंट के अनुप्रयोग-

1. इससे विभिन्न प्रकार के अपराधिक मामलों, क़त्ल व बलात्कार जैसे अपराधियों को पहचानने के लिए प्रयोग किया जाता है|

2. पैतृत्व-मातृत्व झगड़ों में संतान के वास्तविक माता-पिता की पहचान के लिए|

3. मानव वंशावली के अध्ययन में इसका प्रयोग किया जाता है|

4. आनुवंशिक बिमारियों के पहचान हेतु|

5. जंगली जानवरों के आनुवंशिक विविधताओं के अध्ययन एवं उनमे breeding patterns की जानकारी हेतु|

FINISHED

MP BOOKSOLUTION.in