

जीव विज्ञान

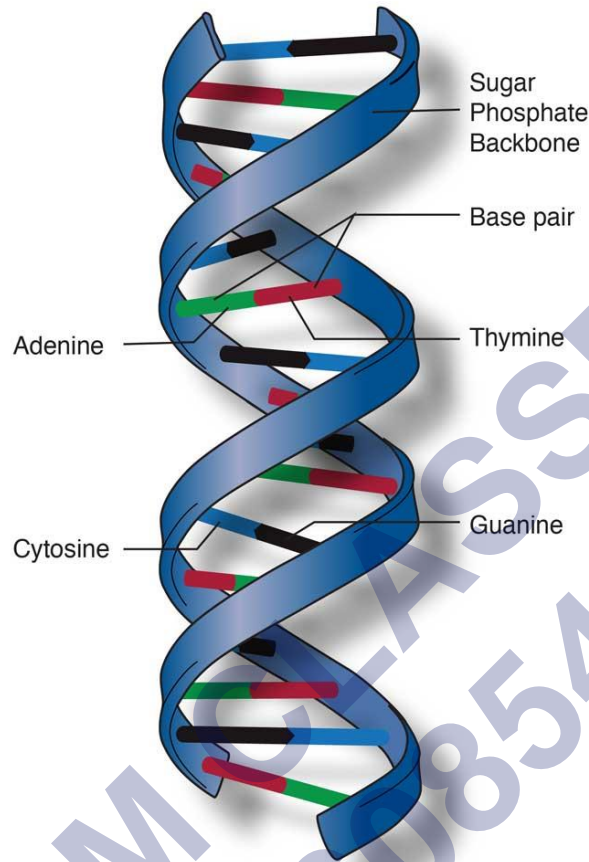
अध्याय-6: वंशागति का आणविक

आधार



SHIVOM CLASSES
8696608541

डीएनए

**डीएनए की संरचना का परिचय (Introduction):-**

कोशिका में केंद्रक (Nucleus) होता है इस केन्द्रक में गुणसूत्र Chromosome पाये जाते हैं, जिनमें जीन होते हैं।

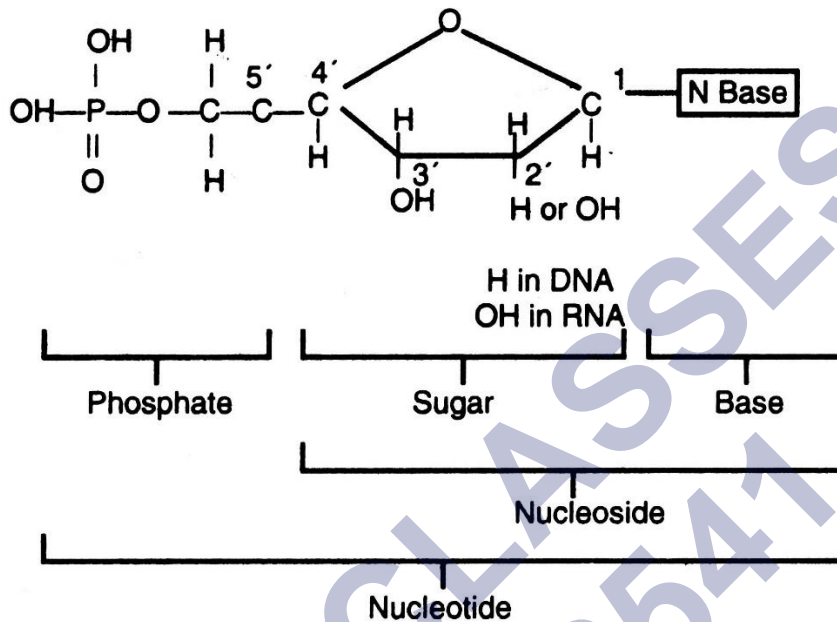
जीन आनुवंशिक सूचना के वाहक होते हैं। जीन स्वयं DNA का छोटा खण्ड है।

जीवाणुभोजी (Bacteriophage) 174 में 5386 न्यूक्लियोटाइड पाए जाते हैं।

जीवाणुभोजी लैब्डा में 48502 क्षार युग्म (base pair) जीवाणु इस्चेरिया कोलाई में 4.6×10^6 क्षार युग्म व मनुष्य के अगुणित डीएनए में 3.3×10^9 क्षार युग्म होते हैं।

डीएनए की रासायनिक प्रकृति (The Chemical Nature of DNA)

डीएनए का पूरा नाम डिऑक्सीराइबोज न्यूक्लिक अम्ल (Deoxyribose Nucleic Acid) है। यह आनुवंशिक पदार्थ है। जो सभी जीवों की कोशिकाओं में पाया जाता है। प्रोकैरियोट में यह वृताकार (Circular) जबकि यूकेरियोट में यह रैखिक (Linear) होता है।



DNA एक बहुलक (Polymer) है। जो पॉलीन्यूक्लियोटाइड की दो श्रृंखलाओं का बना होता है। पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखलाएं न्यूक्लियोटाइड इकाइयों से मिलकर बनी होती है। प्रत्येक न्यूक्लियोटाइड की तीन उप इकाइयाँ होती है।

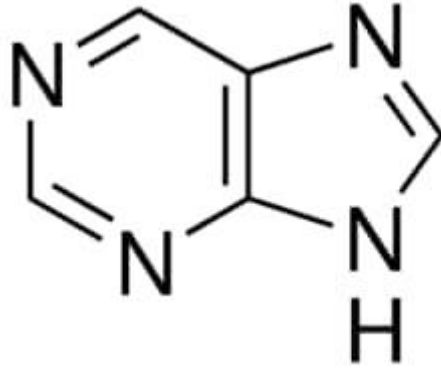
पेण्टॉज शर्करा (5 कार्बन शर्करा) (Pantose Sugar)-

यह 5C युक्त कार्बोहायड्रेट है। इसे डिऑक्सीराइबोज शर्करा भी कहते हैं, क्योंकि राइबोज शर्करा के दूसरे कार्बन पर -OH (हाइड्रोक्सिल) की जगह पर केवल -H (हाइड्रोजन) पाया जाता है। इसको β -2' डिऑक्सीराइबोज शर्करा भी कह सकते हैं।

नाइट्रोजन क्षार (Nitrogen Base) -

ये दो प्रकार के होते हैं-

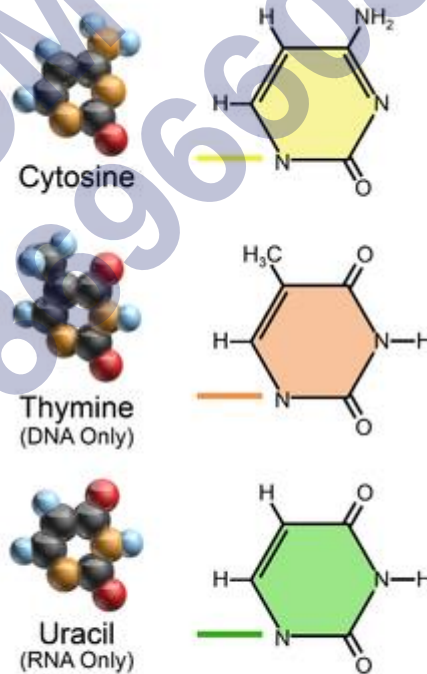
A) प्यूरीन क्षार (Purine):-



ये नाइट्रोजन युक्त दो वलय से बनी होती है। जिनमें एक हेक्सा वलय जिसे पाइरिमिडीन वलय तथा दूसरी वलय पेण्टा वलय होती है। जिसे इमीडीजोल वलय कहते हैं। ऐडेनीन (A) तथा ग्वानीन (G) प्यूरीन क्षार के अंतर्गत आते हैं।

B) पाइरिमिडीन क्षार (Pyrimidine): -

इनमें केवल एक वलय हेक्सा वलय (पाइरिमिडीन वलय) पायी जाती है। इसमें थाइमीन (T), साइटोसीन (C), तथा युरेसिल (U) सम्मिलित हैं।



Pyrimidines

पेण्टॉज शर्करा तथा नाइट्रोजन क्षार ग्लाइकोसिडिक बंध (glycosidic bond) द्वारा जुड़कर न्यूक्लियोसाइड का निर्माण करते हैं।

पेण्टॉज शर्करा + नाइट्रोजन क्षार = न्यूक्लियोसाइड

उदाहरण-

- एडिनिन + डिऑक्सीराइबोज शर्करा = डिऑक्सीएडिनोसिन (DNA)
- ग्वानिन + डिऑक्सीराइबोज शर्करा = डिऑक्सीग्वानोसिन (DNA)
- साईटोसिन + डिऑक्सीराइबोज शर्करा = डिऑक्सीसाईटीडीन (DNA)
- थायमिन + डिऑक्सीराइबोज शर्करा = डिऑक्सीथायमिडीन (DNA)

C) फॉस्फेट समूह (PO₄) (Phosphate Group)-

यह H₃PO₄ से प्राप्त होता है। न्यूक्लियोसाइड फॉस्फोरिक अम्ल से फॉस्फोएस्टर बंध से जुड़कर न्यूक्लिओटाइड बनते हैं।

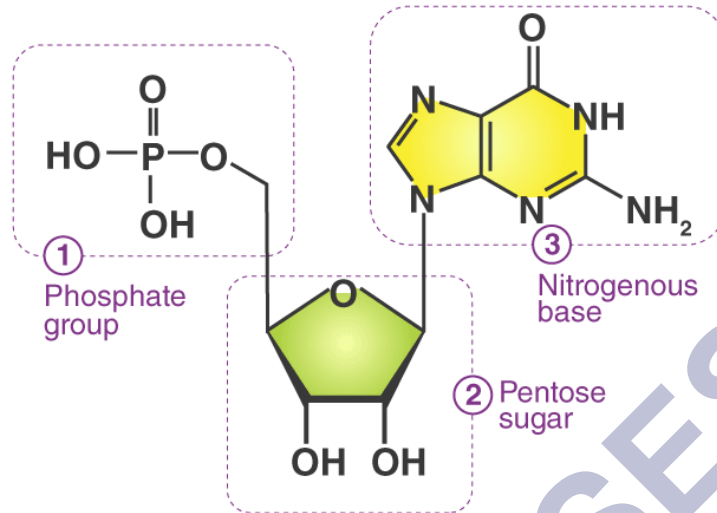
पेण्टॉज शर्करा + नाइट्रोजन क्षार + फॉस्फेट समूह = न्यूक्लिओटाइड

उदाहरण -

- डिऑक्सीएडिनिलिक अम्ल or Deoxyadenylate
- डिऑक्सीग्वानिलिक अम्ल or Deoxythymidylate
- डिऑक्सीसाईटीडीलिक अम्ल or Deoxycytidylate
- डिऑक्सीथायमिडीलिक अम्ल or Deoxyguanylate

पॉलीन्यूक्लिओटाइड (Polynucleotide): -

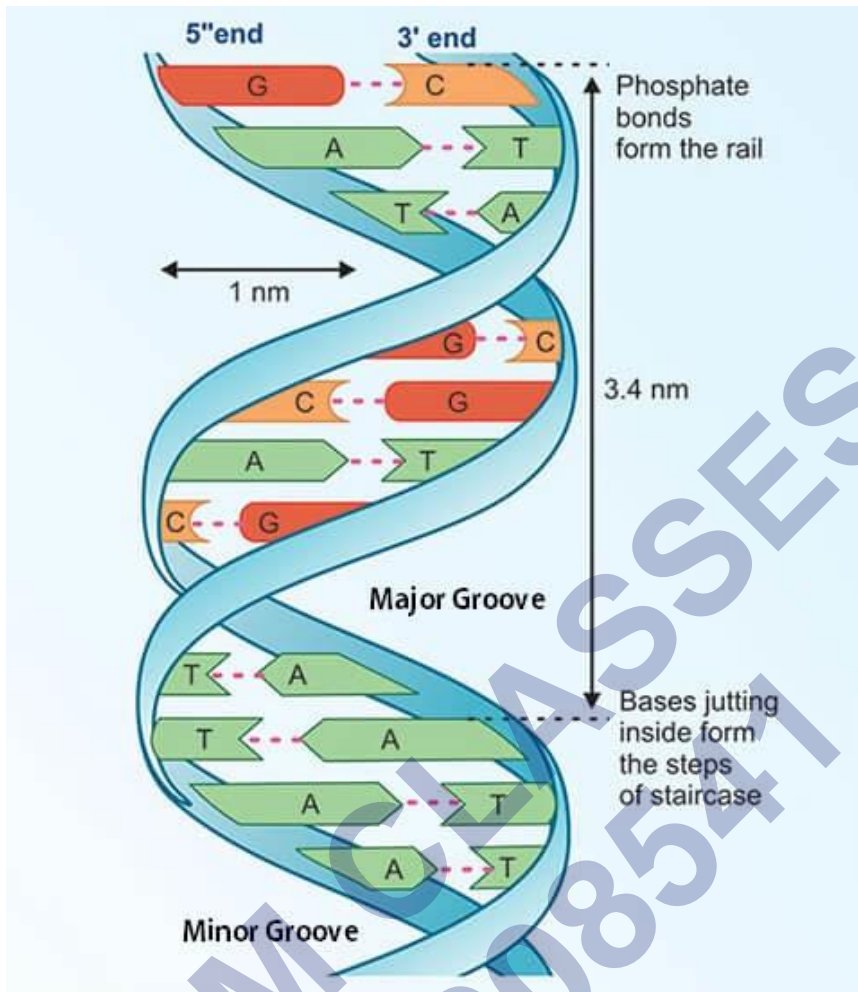
दो न्यूक्लिओटाइड आपस में 3'-5' फॉस्फोडाईएस्टर बंध से जुड़कर डीएनए का निर्माण करते हैं, और कई न्यूक्लिओटाइड आपस में फॉस्फोडाईएस्टर बंध द्वारा जुड़कर पॉलीन्यूक्लिओटाइड का निर्माण करते हैं। दो पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखलाओं के प्युरिन तथा पाइरिमिडीन एक दूसरे से हाइड्रोजन बंध से जुड़कर कुंडलित होकर डीएनए बनाते हैं।



एडिनिन, थायमिन से दो हाइड्रोजन बंध के द्वारा तथा ग्वानिन, साईटोसिन से तीन हाइड्रोजन बंध के द्वारा जुड़ा होता है।

DNA की भौतिक संरचना (The Physical Structure of DNA)–

डीएनए अणु त्रिविमीय होता है। और दो रज्जुक (Strain)) ओं से बना होता है। जो कि एक दूसरे के चारों ओर कुंडलित होते हैं। आल्टमान ने इनको न्यूक्लिक अम्ल नाम दिया फ्रैंकलिन और विल्किन्स ने DNA के X किरण विवर्तन के अध्ययन से यह दर्शाया है। कि DNA द्विकुंडलित होता है। 1953 में जेम्स वाटसन व फैंसिस क्रिक को DNA की संरचना की खोज करने के लिये नोबेल पुरस्कार दिया गया। वाटसन और क्रिक मॉडल के अनुसार-



- DNA अणु दो कुंडलियों (DOUBLE HELIX) से निर्मित हैं जिसमें DNA के दो रज्जुक (Strain) होते हैं। दोनों रज्जुक (Strain) प्रतिसमांतर रूप में रहते हैं जिसका आशय यह हुआ कि एक रज्जुक (Strain) में न्यूक्लियोटाइड का अनुक्रम 5' से 3' की दिशा में और दूसरे रज्जुक (Strain) में 3' से 5' की दिशा में होता है। (3' व 5' का आशय उन कार्बन परमाणुओं से है। जिससे फॉस्फेट समूह जुड़े रहते हैं।)
- कुण्डली का आधार शर्करा फॉस्फेट से निर्मित होता है। और नाइट्रोजन क्षार शर्करा से सहलग्न होते हैं।
- दोनों रज्जुकों (Strain) के क्षार हाइड्रोजन बंधों द्वारा जुड़े होते हैं।

4. A व T के बीच दो हाइड्रोजन बंध तथा G व C के बीच तीन हाइड्रोजन बंध होते हैं। एक DNA कुण्डली में एक पूरा कुण्डलीय घुमाव 3.4Nm (नैनोमीटर) या 34 Å के लम्बा होता है। इस पूरे घुमाव में 10 क्षार युग्म होते हैं। प्रत्येक क्षार युग्म परस्पर 0.34 nm (3.4Å) दूरी से पृथक्कृत

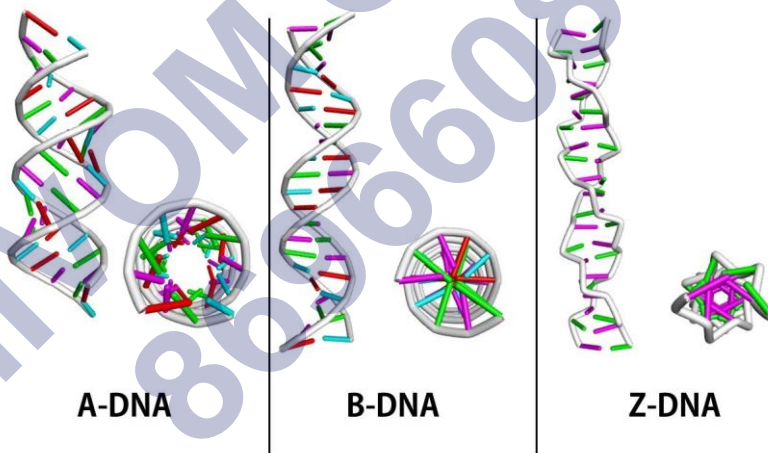
होते हैं। दोहरे कुण्डलित DNA अणु का व्यास 2nm होता है। वाटसन व क्रिक मॉडल इस बात की भलीभाँति व्याख्या करता है। कि किस प्रकार अणु DNA के दो रज्जुक (Strain), प्रतिकृति (REPLICATION) व अनुलेखन (TRANSCRIPTION) के दौरान पृथक होकर पुनः कुण्डलित हो सकते हैं।

चारगाफ का नियम

चारगाफ के नियमानुसार क्षार युग्मन अति विशिष्ट होता है। एक एडेनीन (ADENINE) प्यूरीन क्षार सदैव थाइमीन (THYMINE) – पिरिमिडीन क्षार के साथ युग्मित होता है। प्यूरीन क्षार ग्वानीन (GUANINE) – पिरिमिडीन क्षार, साइटोसीन (CYTOSINE) के साथ संयुक्त होता है। क्षार के ये युग्म पूरक क्षार (COMPLEMENTARY BASE) कहलाते हैं।

डीएनए के प्रकार (Type of DNA) –

जीवों में मुख्यतः तीन प्रकार के DNA पाये जाते हैं –



A-DNA –

इस प्रकार के DNA का कुण्डलित रज्जुक छोटा, चौड़ा, तथा एक गहरे बड़े व छोटे उथले खांच युक्त होता है। इसमें दोनों खांचो की गहराई समान होती है। A-DNA वामावर्त कुण्डलित होता है। इसमें प्रत्येक कुण्डलन में 10.9 / 11 क्षार युग्म पाये जाते हैं। तथा क्षार, कुण्डलन की मुख्य अक्ष से 130° दूरी पर होते हैं।

B-DNA –

इस प्रकार के DNA का कुंडलित रज्जुक पतला व लम्बा होता है। इसमें एक खांच गहरी तथा दूसरी उथली होती है। B-DNA वामावर्त कुंडलित होता है। इसमें प्रत्येक कुंडलन में 10.9 / 11 क्षार युग्म पाये जाते हैं। तथा क्षार, कुंडलन की मुख्य अक्ष से 20 दूरी पर होते हैं।

Z-DNA -

इस प्रकार के DNA का कुंडलित रज्जुक पतला, लम्बा, तथा एक गहरी खांच युक्त होता है। Z-DNA दक्षिणावर्त कुंडलित होता है। इसमें प्रत्येक कुंडलन में 12 क्षार युग्म पाये जाते हैं। यह टेढ़ा-मेढ़ा दिखाई देने के कारण इसे Z-DNA कहते हैं।

डीएनए की रासायनिक प्रकृति

DNA एक बहुलक है जो पॉलीन्यूक्लियोटाइड की दो श्रंखलाओं का बना होता है है पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रंखलाओं न्यूक्लियोटाइड इकाइयों से मिलकर बनी है। प्रत्येक न्यूक्लियोटाइड की तीन उप इकाइयाँ होती हैं।

1. पेन्टोस शर्करा (5 कार्बन शर्करा)-

यह 5C युक्त कार्बोहायड्रेट है इसे डिऑक्सीराइबोज शर्करा भी कहते हैं। क्योंकि राइबोज शर्करा के दूसरे कार्बन पर -OH (हाइड्रोक्सिल) की जगह पर केवल -H (हाइड्रोजन) पाया जाता है। इसको 2' डिऑक्सीराइबोज शर्करा भी कह सकते हैं

2. नाइट्रोजनी क्षारक (क्षार)-

ये दो प्रकार के होते हैं

A) प्यूरीन क्षार

ये नाइट्रोजन युक्त दो वलय से बनी होती है जिनमें एक हेक्सा वलय जिसे पाइरिमिडीन वलय तथा दूसरी वलय पेण्टा वलय होती है जिसे इमीडीजोल वलय कहते हैं ऐडेनीन (A) तथा ग्वानीन (G) प्यूरीन क्षार के अंतर्गत आते हैं

B) पाइरिमिडीन क्षार

इनमें केवल एक वलय हेक्सा वलय (पाइरिमिडीन वलय) पायी जाती है इसमें थाइमीन (T), साइटोसीन (C), तथा युरेसिल (U) सम्मिलित है।

फॉस्फेट समूह (PO₄) - जो H₃PO₄ से प्राप्त होता है।

एक क्षार और शर्करा मिलकर एक न्यूक्लियोसाइड का निर्माण करते हैं, एक फॉस्फेट समूह के इसके साथ संयुक्त हो जाने से यह एक न्यूक्लिओटाइड बन जाता है।

DNA की भौतिक संरचना-

DNA अणु त्रिविमीय होता है और दो तंतुओं से बना होता है जोकि एक दूसरे के चारों ओर कुंडलित होते हैं। फ्रैंकलिन और विल्किन्स ने DNA के X किरण विवर्तन के अध्ययन से यह दर्शाया है कि DNA द्विकुंडलित होता है। 1953 में जेम्स वाटसन व फैंसिस क्रिक को DNA की संरचना की खोज करने के लिये नोबेल पुरस्कार दिया गया। वाटसन और क्रिक मॉडल के अनुसार-

1. DNA अणु दो कुंडलियों (DOUBLE HELIX) से निर्मित हैं जिसमें DNA के दो तंतु होते हैं। दोनों तंतु प्रतिसमांतर रूप में रहते हैं जिसका आशय यह हुआ कि एक तंतु में न्यूक्लिओटाइड का अनुक्रम 5' से 3' की दिशा में और दूसरे तंतु में 3' से 5' की दिशा में होता है। (3' व 5' का आशय उन कार्बन परमाणुओं से है जिससे फॉस्फेट समूह जुड़े रहते हैं।)
2. कुण्डली का आधार शर्करा फॉस्फेट से निर्मित होता है और नाइट्रोजनी क्षारक शर्करा से सहलग्न होते हैं।
3. दोनों तंतुओं के क्षारक हाइड्रोजन बंधों द्वारा जुड़े होते हैं।
4. शार्गपफ़ के नियमानुसार क्षारक युग्मन अति विशिष्ट होता है। एक एडेनीन (ADENINE) प्यूरीन क्षारक सदैव थाइमीन (THYMINE) - पिरिमिडीन क्षारक के साथ युग्मित होता है। प्यूरीन क्षारक ग्वानीन (GUANINE) - पिरिमिडीन क्षारक, साइटोसीन (CYTOSINE) के साथ संयुक्त होता है। क्षारक के ये युग्म पूरक क्षारक (COMPLEMENTARY BASE) कहलाते हैं।

5. A व T के बीच दो हाइड्रोजन बंध तथा G व C के बीच तीन हाइड्रोजन बंध होते हैं। एक DNA कुण्डली में एक पूरा कुण्डलीय घुमाव 3.4Nm (नैनोमीटर) या 34 Å के लम्बा होता है। इस पूरे घुमाव में 10 क्षारक युग्म होते हैं। प्रत्येक क्षारक युग्म परस्पर 0.34 nm (3.4Å) दूरी से पृथक्कृत होते हैं। दोहरे कुण्डलित DNA अणु का व्यास 2nm होता है। वाटसन व क्रिक मॉडल इस बात की भलीभाँति व्याख्या करता है कि किस प्रकार अणु DNA के दो तंतु, प्रतिकृति (REPLICATION) व अनुलेखन (TRANSCRIPTION) के दौरान पृथक् होकर पुनः कुण्डलित हो सकते हैं।

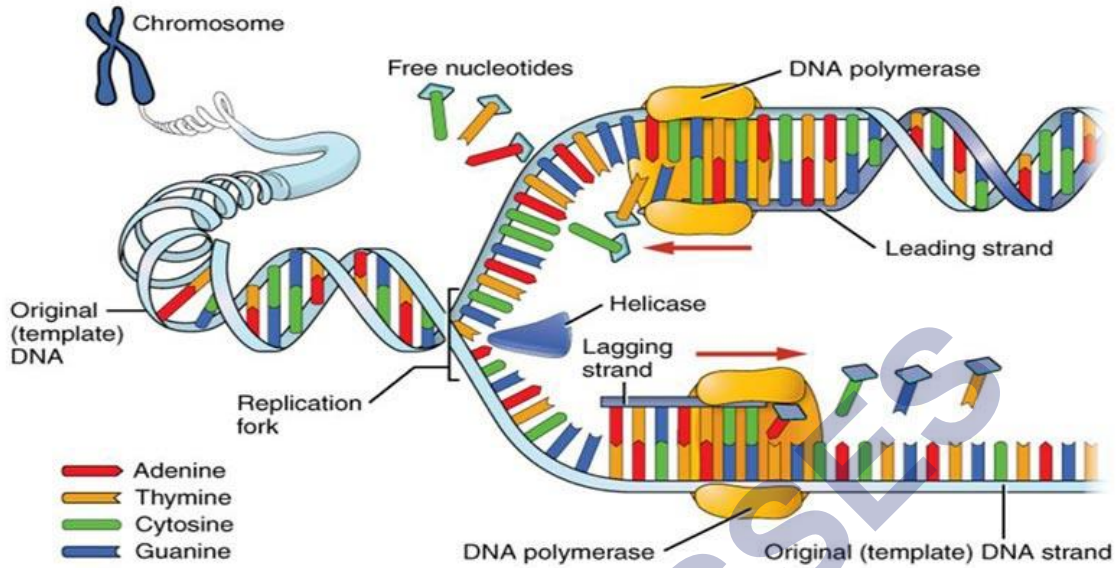
डी एन ए की प्रतिकृति

- 5 '→ 3' दिशा में DNA प्रतिकृति होती है।
- प्रत्येक न्यूक्लियोटाइड में 5 कार्बन युक्त एक डीऑक्सीरीडबॉज अणु होता है, कार्बन 1 से नाइट्रोजन बेस और कार्बन 5 से फॉस्फेट समूह जुड़ा
- डीएनए प्रतिकृति में केवल 3' सिरा में डीएनए न्यूक्लियोटाइड जोड़ा जाता है

प्रोकेरीओट्स में DNA प्रतिकृति की प्रक्रिया

एंजाइम-

1. Helicase: Coiled DNA को unwinding करती है DNA के पूरक रज्जुक को अलग करके एक प्रतिकृति द्विशाखा का निर्माण करती है

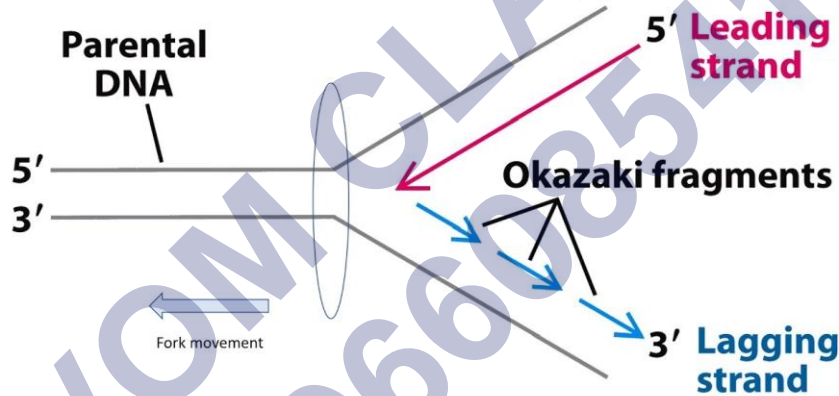


2. RNA Primase: DNA Polymerase-III DNA न्यूक्लियोटाइड को केवल DNA के स्वतंत्र 3' सिरे पर जोड़ने में सक्षम है इसलिए RNA Primase DNA टेम्पलेट का उपयोग एक छोटे 10 न्यूक्लियोटाइड अनुक्रम युक्त आरएनए को संश्लेषित करता है जो आरएनए प्राइमर के रूप में जाना जाता है
3. DNA polymerase-III: डीएनए पॉलीमरेज़-III पूर्ववर्ती डीएनए के एकल रज्जुक का उपयोग टेम्पलेट के रूप में करता है यह Dioxynucleoside triphosphate (dNTP) को DNA के टेम्पलेट रज्जुक पर पूरक आधार युग्मन नियमों (Complementary)के अनुसार (A=T, G=C) जोड़ता है डीएनए पॉलीमरेज़- III डीएनए न्यूक्लियोटाइड को केवल DNA के स्वतंत्र 3' सिरे पर जोड़ सकता है DNA के दो रज्जुक में से केवल एक पर ही DNA लगातार संश्लेषित होता है: यह अग्रगामी रज्जुक के रूप में जाना जाता है
4. DNA polymerase-I: DNA पॉलीमरेज़ I एक प्रूफरीडिंग एंजाइम है यह आरएनए प्राइमर के आरएनए न्यूक्लियोटाइड को हटा देता है और उनकी जगह डीएनए न्यूक्लियोटाइड को जोड़ता है
5. DNA ligase: ओकाज़ाकी खण्ड को सहसंयोजक बंधन के द्वारा जोड़ता है पश्चगामी रज्जुक (Lagging Strain) के ओकाज़ाकी खण्ड को जोड़कर DNA संश्लेषण पूरा करता है

6. Topo-isomerase: यह DNA unwinding के समय अतिकुण्डलन को हटाता है और DNA में तनाव को कम करता है
7. SSB protein(Single Strain Binding): यह खुले हुए DNA रज्जुक को पुनः जुड़ने से रोकता है

Okazaki Fragments

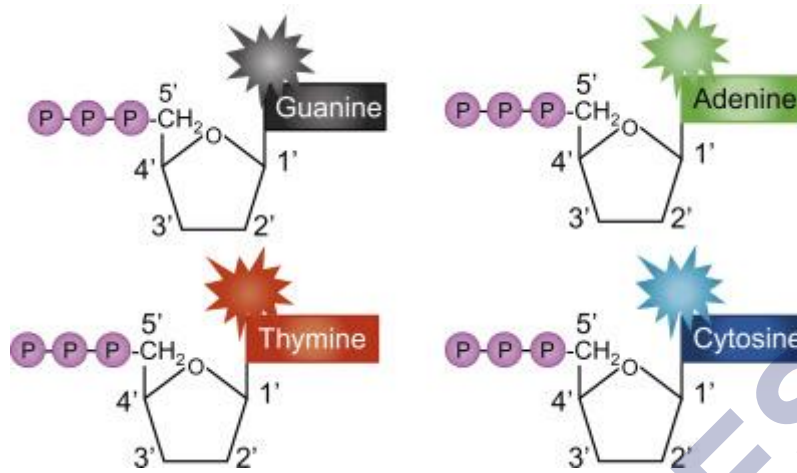
डीएनए पोलिमेरेज III सीधे पश्चगामी रज्जुक (Lagging Strain) पर काम करने में असमर्थ है क्योंकि इसमें मौजूदा DNA किनारा पर एक मुक्त 3' सिरा नहीं है इसलिए, संश्लेषण की शुरुआत तब शुरू होती है जब आरएनए प्राइमेज DNA टेम्पलेट का इस्तेमाल करके एक आरएनए प्राइमर (छोटे 10 आरएनए न्यूक्लियोटाइड अनुक्रम) को संश्लेषित करता है



DNA पोलिमेरेज III तब आरएनए प्राइमर के मुक्त 3' सिरा का उपयोग करता है ताकि DNA के अनुक्रमों को संश्लेषित किया जा सके (लगभग 100 डीएनए न्यूक्लियोटाइड) जिसे ओकाजाकी टुकड़े के रूप में जाना जाता है

Deoxyribonucleoside Triphosphate

फॉस्फेट समूह के हाइड्रोलिसिस के द्वारा न्यूक्लियोटाइड के बीच फोस्फोडाइस्टर सहसंयोजक बंधन बनाने के लिए ऊर्जा प्राप्त होती है



डीएनए अनुलेखन की प्रक्रिया

DNA से आनुवंशिक सूचनाओं का RNA में स्थानान्तरण अनुलेखन (transcription) कहलाता है।

प्रारम्भन (Initiation): जीन में प्रमोटर क्षेत्र (promoter) (अनुलेखन के लिए शुरुआती बिंदु) 5' सिरे की ओर पाया जाता है प्रमोटर क्षेत्र में TATAAT क्षार क्रम पाये जाते हैं इसे TATA BOX भी कहते हैं। इससे RNA POLYMERASE जुड़कर DNA के रज्जुक को खोलने का कार्य करता है।

DNA का 3-5' रज्जुक (strain) Template की तरह काम करता है एवं 5-3' दिशा में RNA का संश्लेषण होता है।

दीर्घीकरण (Elongation): आरएनए पोलिमेरेज़ DNA के प्रतिअर्थ रज्जुक (Non coding/ template रज्जुक) का उपयोग करके NTP (nucleoside triphosphate) जोड़कर एक पूरक आरएनए रज्जुक को संश्लेषण करता है।

समापन (Termination): आरएनए पोलिमेरेज़ जब जीन के समापन क्षेत्र (terminator) तक पहुंचता है तो समापन कारक Rho factor DNA के रज्जुक से जुड़ता है तथा DNA, RNA तथा RNA Polymerase को पृथक कर देता है।

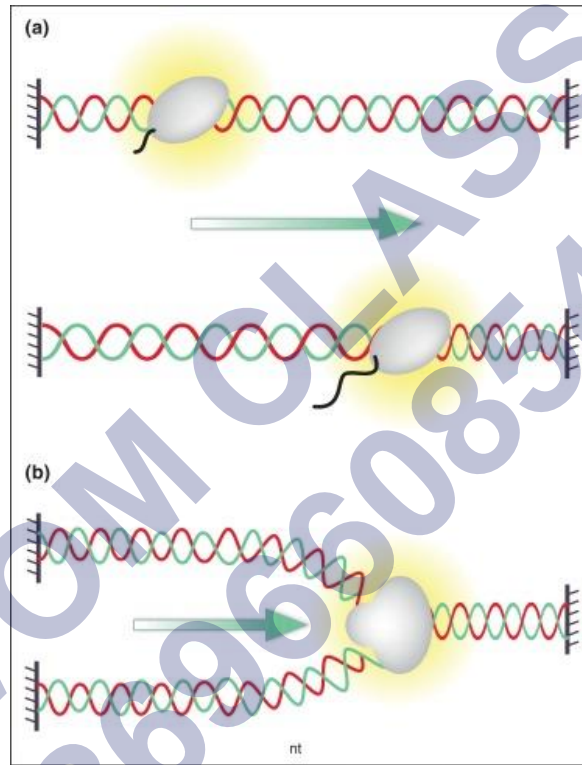
DNA प्रतिकृति

डीएनए के द्वारा अपने समान नया डीएनए बनाने की प्रक्रिया को डीएनए प्रतिकृति कहते हैं।

DNA की प्रतिकृति चरणों में पूरी होती है -

पराकुण्डलन को खोलना (Uncoiling of Supercoiling):-

DNA कुंडली में पाये जाने वाले पराकुण्डलन (Spuercoiling) को Topoisomerase द्वारा अकुंडलित किया जाता है। Topoisomerase Enzymeमें डीएनए रज्जुक (Strand) काटने (Nuclease) तथा उनको पुनः जोड़ने (Ligase) की क्षमता होती है। Topoisomerase दो प्रकार का होता है। -



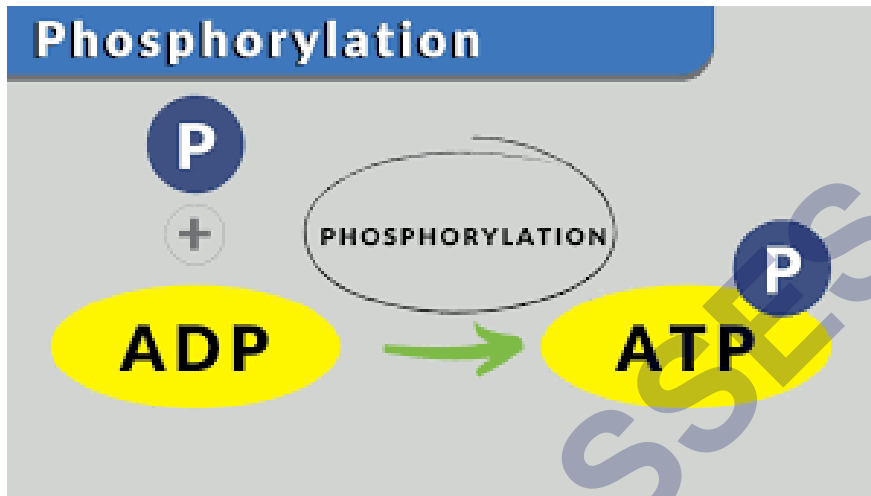
Topoisomerase-I

Topoisomerase-II - E.coli में इसे DNA gyrase भी कहते हैं।

2. फॉस्फॉलिरिकरण (Phosphorylation):-

डीएनए के संश्लेषण (synthesis) में काम आने वाले न्यूक्लिओटाइड में केवल एक ही फॉस्फेट समूह जुड़ा होने के कारण मोनोफॉस्फेट के रूप में होता है। डीएनए के सभी चार प्रकार के मोनोफॉस्फेट ATP से 2-2 अणु फॉस्फेट के लेकर ट्राई फॉस्फेट बनाते हैं। इसे फॉस्फॉलिरिकरण

(Phosphorylation) कहते हैं। यह प्रक्रिया फोस्फोराइलेज (Phosphorilase) एंजाइम की उपस्थिति में होती है। इससे चार प्रकार के डिऑक्सीन्यूक्लिओटाइड ट्राईफॉस्फेट (dNTP) बनते हैं



- डिऑक्सीएडिनोसिन ट्राईफॉस्फेट (dATP)
- डिऑक्सीग्वानोसिन ट्राईफॉस्फेट (dGTP)
- डिऑक्सीसाईटीडीन ट्राईफॉस्फेट (dCTP)
- डिऑक्सीथायमिडीन ट्राईफॉस्फेट (dTTP)

3. आरंभन स्थल (Replication Origin Site):-

DNA प्रतिकृति की क्रिया डीएनए के कुछ विशिष्ट स्थानों से शुरू होती जिनको आरंभन स्थल, समारम्भन स्थल या द्विगुणन मूल कहते हैं। एक ही शब्द का हिंदी में अलग-अलग अनुवाद किया जाता है इसलिए मैं आपको English शब्दों पर भी ध्यान देने का सुझाव दुगा। प्रोकेरियोट कोशिका में केवल एक ही आरंभन स्थल (Replication Origin Site) होता है। जो कोशिका झिल्ली से जुड़ा रहता है। इसे Ori-C कहते हैं। जबकि यूकेरियोट में बहुत सारे आरंभन स्थल होते हैं। जिसके कारण यूकेरियोट में प्रतिकृति कई स्थानों से शुरू होती है।

4. डीएनए कुण्डली का पृथक्करण (Unwinding of DNA double helix):-

डीएनए के दोनों रज्जुक (Strand) को पृथक् करने का कार्य Helicase Enzyme द्वारा किया जाता है। रज्जुक को लड़ी, वलयक आदि भी कहा जाता है।

Helicase आरंभन स्थल से जुड़कर दोनों रज्जुको के क्षार युग्म के Hydrogen बंध को तोड़कर दोनों रज्जुक (Strand) को अलग कर देता है। इस एंजाइम को Origin Binding Protein भी कहा जाता है।

जब Helicase दोनों रज्जुको को अलग करने के बाद दोनों रज्जुको को स्थिरता प्रदान करने तथा फिर से कुंडलित होने से रोकने के लिए DNA Binding Protein (DBP) अलग हुए दोनों रज्जुक (Strand) से जुड़ जाती है। इस प्रोटीन को Single Stranded Binding protein (SSB Protein) या हेलिक्स स्थाई कारक प्रोटीन (Helix Stabilising Protein) भी कहते हैं। डीएनए के दोनों पृथक रज्जुक (Strand) Y आकार की संरचना बनाते हैं। जिसे प्रतिकृति द्विशाखा (Replication Fork) कहते हैं।

5. नये डीएनए रज्जुक का संश्लेषण (Synthesis of New DNA Strand):-

डीएनए रज्जुक (DNA Strand) पर नये रज्जुक (Strand) का निर्माण डीएनए पालीमरेज एंजाइम द्वारा किया जाता है। लेकिन यह बहुलकीकरण (Polymerization) की शुरुआत नहीं कर सकता इसलिए DNA निर्भर RNA Polymerase (DNA dependent RNA Polymerase) के द्वारा 60-70 न्यूक्लिओटाइड युक्त छोटे पूरक लड़ी (Complementary Chain) का निर्माण किया जाता है। जिसे RNA Primer कहते हैं। जिससे बहुलकीकरण (Polymerization) की शुरुआत होती है।

RNA Primer बनने के बाद DNA Polymerase एंजाइम इसके 3' सिरे के हाइड्रोक्सिल (-OH) से नये dNTP को जोड़कर 5'-3' की दिशा में नये डीएनए का संश्लेषण (synthesis) करते हैं। याद रखें की DNA Polymerase एंजाइम केवल 5'-3' दिशा में ही बहुलकीकरण (Polymerization) करता है।

6. सतत एवं असतत DNA संश्लेषण (Continuous and Discontinuous DNA Synthesis)

DNA Polymerase एंजाइम केवल 5'-3' दिशा में ही बहुलकीकरण (Polymerization) करता है। इसलिए 3'-5' रज्जुक (Strand) पर नए सतत रज्जुक (Continuous Strand) का

संश्लेषण (synthesis) 5'-3' दिशा में होता है। जबकि 5'-3' रज्जुक (Strand) पर छोटे-छोटे RNA Primer का निर्माण होता है। जिससे 3'-5' दिशा में असतत रज्जुक (Discontinuous Strand) का संश्लेषण (synthesis) होता है। इस असतत डीएनए रज्जुक (Discontinuous Strand) को ओकाजाकी खण्ड (Okazaki Fragment) कहते हैं। ये ओकाजाकी खण्ड सिर्फ RNA Primer के बने होते हैं।

7. अग्रगामी एवं पश्चगामी रज्जुक (Leading and Lagging Strand):-

DNA के सतत रज्जुक (Strand) को अग्रगामी रज्जुक (Leading Strand) कहते हैं। इसमें केवल एक ही RNA Primer होता है। इनका निर्माण Replication Fork की तरफ होता है। तथा असतत डीएनए रज्जुक (Discontinuous DNA Strand) को पश्चगामी रज्जुक (Lagging Strand) कहते हैं। इसमें कई RNA primers होते हैं। इनका निर्माण Replication Fork से विपरीत दिशा में होता है। RNA primers को DNA Polymerase-I द्वारा पृथक किया जाता है। और DNA ligase द्वारा इन खण्ड को जोड़ दिया जाता है।

8. DNA प्रतिकृति की समाप्ति (Termination of DNA Replication):-

E.coli में DNA प्रतिकृति प्रक्रिया की समाप्ति में लिए समापक अनुक्रम (Terminating Sequence) पाये जाते हैं। जिनको Ter site कहते हैं। DNA प्रतिकृति की समाप्ति के लिए Tus Protein सहायता करती है।

प्रोकैरियोट तथा यूकेरियोट दोनों में DNA प्रतिकृति की द्विदिशात्मक (Bidirectional) होता है।

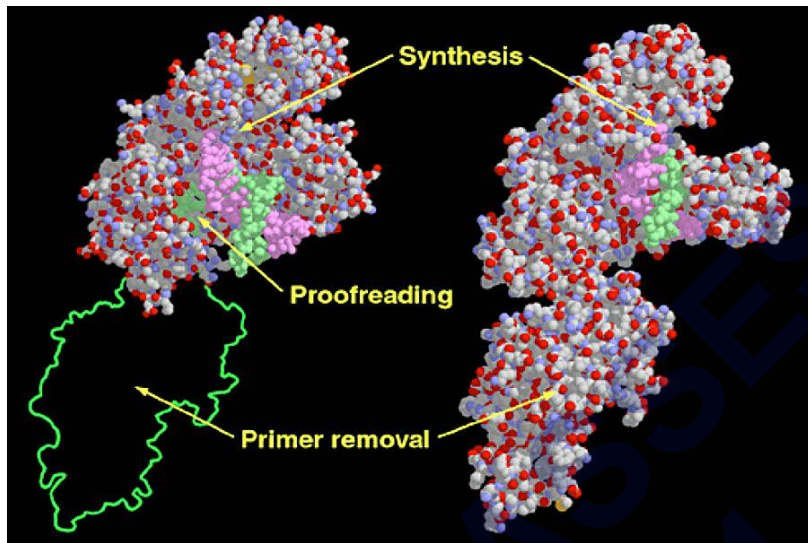
DNA Polymerase के प्रकार -

प्रोकैरियोट में DNA Polymerase तीन प्रकार का होता है -

(1) DNA Polymerase-I

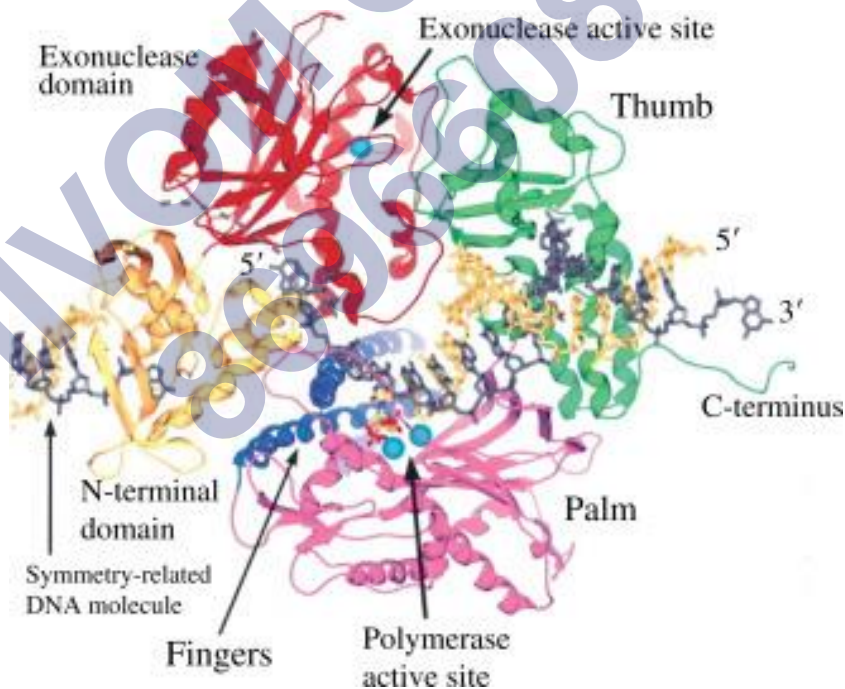
इसे DNA Polymerase-A भी कहा जाता है। ये ओकाजाकी खंडों को हटा कर नये डीएनए के संश्लेषण (synthesis) का काम करता है। ये Proofreading (सम्भावित संशोधन हेतु DNA

अनुक्रम को पढ़ना) का कार्य करता है। इसे कोर्नबर्ग एंजाइम (Kornberg Enzyme) भी कहते हैं।



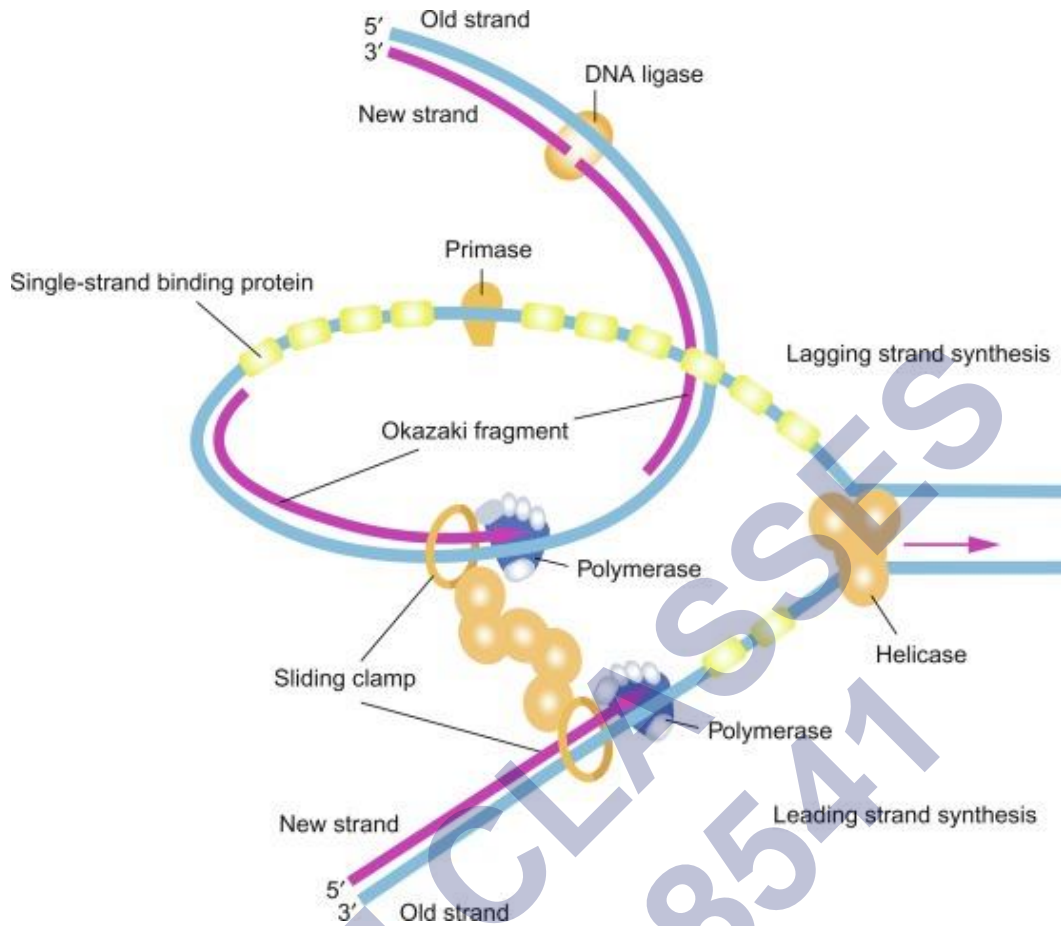
(2) DNA Polymerase-II

इसे DNA Polymerase-B भी कहा जाता है। ये डीएनए की मरम्मत का कार्य करता है।



(3) DNA Polymerase-III

इसे DNA Polymerase-C भी कहा जाता है। ये डीएनए रज्जुक (Strand) का दीर्घीकरण (Elongation) करता है। यह भी Proofreading का कार्य करता है।



यूकेरियोट में DNA Polymerase पांच प्रकार का होता है। -

(1) DNA Polymerase- α

ये प्रतिकृति की शुरुआत करता है। इसमें Primase क्षमता होती है।

(2) DNA Polymerase- β

ये डीएनए की मरम्मत का कार्य करता है।

(3) DNA Polymerase- γ

ये mt-DNA की प्रतिकृति बनाता है।

(4) DNA Polymerase- δ

ये डीएनए संश्लेषण (synthesis) में भाग लेता है। और डीएनए रज्जुक (Strand) का दीर्घीकरण (Elongation) करता है।

(5) DNA Polymerase- ϵ

ये डीएनए की मरम्मत का कार्य करता है।

SSB- Replication Protein A also called as Rp-A

PCNA- Proliferating Cell Nuclear Antigen

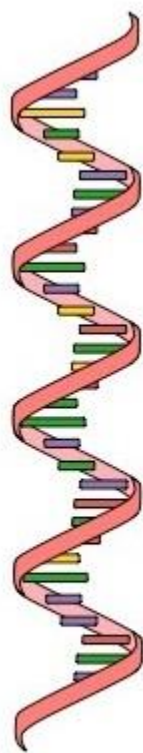
Rf-C – Replication factor- C

आरएनए की संरचना, प्रकार तथा उनके कार्य

RNA का पूरा नाम राईबोज न्यूक्लिक अम्ल होता (Ribose Nucleic Acid) है। यह एकल पॉलीराईबोन्यूक्लियोटाइड श्रृंखला (Single Polyribonucleotide Chain) का बना होता है। इसमें राईबोन्यूक्लियोसाइड (Ribonucleoside) तथा राईबोन्यूक्लियोटाइड (Ribonucleotide) होते हैं। राईबोन्यूक्लियोटाइड चार प्रकार के होते हैं –

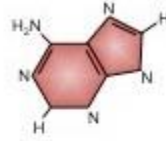
- एडीनिलिक अम्ल Adenylic Acid (AMP)
- ग्वानिलिक अम्ल Guanylic Acid (GMP)
- साईटीडीलिक अम्ल Cytidylic Acid (CMP)
- युरिडीलिक अम्ल Uridylic Acid (UMP)

RNA तीन प्रकार का होता है –



RNA

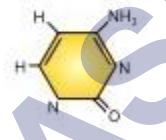
Adenine



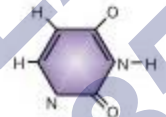
Guanine



Cytosine

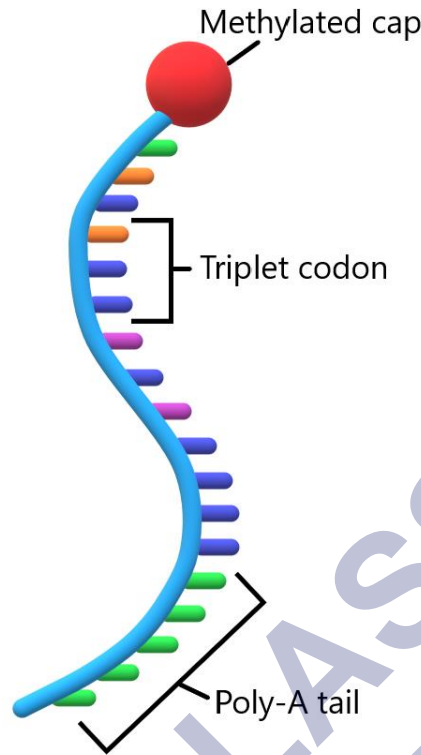


Uracil



1. mRNA या संदेशवाहक RNA (Messenger RNA): –

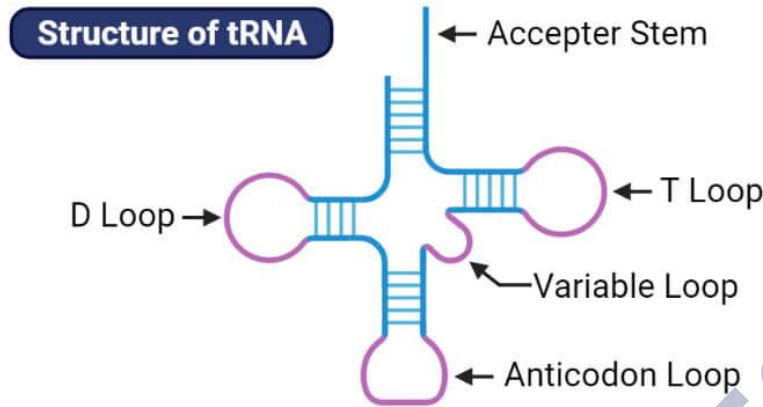
mRNA या संदेशवाहक RNA प्रोटीन संश्लेषण के लिये केन्द्रक (Nucleus) में स्थित DNA से प्रोटीन संश्लेषण के स्थान तक सूचना प्राप्त करता है। mRNA का निर्माण DNA के रज्जु को टेम्पलेट के रूप में प्रयोग करके किया जाता है। जिसके कारण mRNA में पूरक क्षार (Complimentary Base) होते हैं। एक कोशिका में कुल RNA का 3-5% भाग t-RNA होता है।



प्रोकैरियोटिक कोशिकाओं में एक ही mRNA से एक से अधिक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखलाओं (Polypeptide Chain) का निर्माण होता है। इसलिए इन mRNA को पॉलीसिस्ट्रोनिक (Polycistronic) RNA कहते हैं। जबकि यूकेरियोटिक कोशिका में एक mRNA से केवल एक ही पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला बनाने के संश्लेषण के लिए सूचनाएँ होती हैं। जिसे मोनोसिस्ट्रोनिक (Monocistronic) RNA कहते हैं।

2. tRNA या ट्रांसफर RNA (Transfer RNA) :-

यह सबसे छोटा RNA है। जिसमें 75-95 राईबोन्यूक्लियोटाइड पाये जाते हैं। यह प्रोटीन के संश्लेषण के समय राइबोसोम के A-स्थल में अमीनो अम्ल का स्थानांतरण करता है। प्रत्येक 20 amino acids के लिए विशिष्ट tRNA होते हैं। प्रत्येक tRNA एक ही अमीनो अम्ल के लिये विशिष्ट होता है। और प्रोटीन संश्लेषण के लिए अमीनो अम्ल को कोशिका द्रव्य से राइबोसोम में ले जाता है। अतः एक कोशिका में tRNA या ट्रांसफर RNA को घुलनशील (Soluble RNA) या Adaptor RNA भी कहा जाता है। एक कोशिका में कुल RNA का 16-18% भाग t-RNA होता है।



रोबर्ट हॉली ने tRNA की क्लोवर लीफ (Clover Leaf) संरचना प्रस्तुत की जिस के अनुसार tRNA में चार भुजाएँ होती हैं -

ग्राही भुजा (Acceptor Arm) -

इस भुजा से 5' तथा 3' सिरे होते हैं। 3' सिरे पर CCA (साइटोसिन-साइटोसिन एडेनिन) क्षार होते हैं तथा 5' सिरे पर G(ग्वानिन) होता है। अमीनो अम्ल का कार्बोक्सिल समूह (-COOH) है। 3' सिरे पर CCA के एडेनोसिन के द्वारा जुड़ता है।

प्रतिकोडॉन भुजा (Anticodon Arm) -

यह भुजा ग्राही भुजा के विपरीत भुजा होती है। इस पर तीन क्षार का एक विशेष अनुक्रम होता है। जिसे प्रतिकोडॉन कहते हैं। ये प्रतिकोडॉन mRNA पर स्थित कोडॉन के पुरक होते हैं। जैसे यदि mRNA पर AUG कोडॉन होते हैं तो tRNA UAG कोडॉन होंगे।

T ψ C भुजा (T ψ C Arm) -

यह भुजा tRNA को राइबोसोम से जोड़ने में सहायता करती है।

DHU भुजा (DHU Arm) -

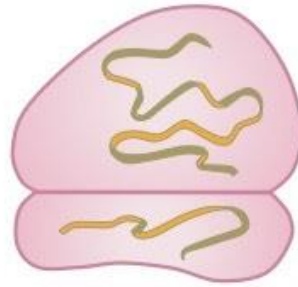
यह भुजा एंजाइम से जुड़ने में सहायता करती है। यह DHU का पूरा नाम डाइहाइड्रोयूरिडीन है, जो एक असामान्य क्षार है।

tRNA में कुछ असामान्य क्षार होते हैं जैसे इनोसिन (Inosine) व डाइहाइड्रोयूरिडीन (Dihydrouridine) आदि।

3. rRNA या राइबोसोमल RNA (Ribosomal RNA): –



Messenger RNA (mRNA)



Ribosomal RNA (rRNA)



Transfer RNA (tRNA)

1. rRNA राइबोसोम का एक घटक है। यह Ribosome का 80% भाग बनता है। राइबोसोम राइबोन्यूक्लियो प्रोटीन तथा rRNA से मिलकर बना होता है। rRNA का संश्लेषण क्रोमोसोम के न्यूक्लिओलर आर्गनाइजर क्षेत्र में पायी जाने वाली राइबोसोमल जीनों में निहित सूचना से होता है। एक कोशिका में पाये जाने वाले कुल RNA का 80% भाग rRNA होता है।
2. प्रोकैरियोटिक कोशिका, माइटोकांड्रिया, तथा लवक में 70s प्रकार का ribosome पाया जाता है। जो दो उप-इकाइयों 50s तथा 30s से मिलकर बना होता है।
3. 50s राइबोसोम में 23s rRNA, 5s rRNA होता है। जबकि 30s राइबोसोम में 16s rRNA होता है।
4. 23s rRNA में लगभग 3000 राइबोन्यूक्लियोटाइड, 5s rRNA में लगभग 120 राइबोन्यूक्लियोटाइड 16s rRNA 1500 राइबोन्यूक्लियोटाइड पाये जाते हैं।
5. यूकेरियोटिक कोशिका में 80s प्रकार का ribosome पाया जाता है। जो दो उप-इकाइयों 60s तथा 40s से मिलकर बना होता है।
6. 60s राइबोसोम में 28s, 5.8s तथा 5s rRNA होता है। जबकि 40s राइबोसोम 18s rRNA होता है। 28s rRNA में 5000 राइबोन्यूक्लियोटाइड, 5.8s rRNA में 160 राइबोन्यूक्लियोटाइड, 5s rRNA में 120 राइबोन्यूक्लियोटाइड पाये जाते हैं। जबकि 18s rRNA में 1800 राइबोन्यूक्लियोटाइड होते हैं।
7. rRNA संरचनात्मक अणु (Structural Molecule) है। जबकि tRNA तथा rRNA क्रियात्मक अणु (Functional Molecule) है।

8. राइबोसोम की इकाइयों व इनमें पाये जाने वाले rRNA को स्वेदवर्ग इकाई (Swedberg Unit) (S) द्वारा प्रदर्शित किया जाता है। यह इन अणुओं की अवसादन दरों (Sedimentation Rate) को प्रदर्शित करते हैं।

अन्य प्रकार के RNA –

1. snRNA – Small Nuclear RNA
2. scRNA – Small Cytoplasmic RNA
3. Ribozyme – RNA एंजाइम की भांति कार्य करता है।
4. miRNA – MicroRNA
5. piRNA – Piwi-interacting RNA
6. snoRNA – Small Nucleolar RNA
7. hnRNA – Hetero Nuclear RNA

अनुलेखन (Transcription)

प्रोटीन के निर्माण के लिए डीएनए पर विशिष्ट अनुक्रम (Specific Sequence) पाए जाते हैं। प्रोटीन के निर्माण के लिए आरएनए की आवश्यकता होती है।

अतः DNA को टेम्पलेट (Templet) के रूप में उपयोग करके आरएनए का निर्माण किया जाता है, इस प्रक्रिया को अनुलेखन (Transcription) कहते हैं।

DNA से आनुवंशिक सूचनाओं का RNA में स्थानान्तरण अनुलेखन (Transcription) कहलाता है।

आइए अनुलेखन (Transcription) के बारे में ओर अधिक जानकारी प्राप्त करते हैं। अ

नुलेखन (Transcription) की प्रक्रिया कोशिका के केंद्रक में होती है। यह प्रक्रिया कोशिका चक्र के G1 तथा G2 अवस्था में होती है।

अनुलेखन इकाई (Transcriptional Unit):-

DNA का वह खंड (Fragment) जिसके अनुलेखन (Transcription) से केवल एक आरएनए का निर्माण होता है। अनुलेखन इकाई (Transcriptional Unit) कहलाता है।

अनुलेखन इकाई (Transcriptional Unit) के तीन भाग होते हैं -

1. प्रारंभन स्थल
2. समापक स्थल
3. संरचनात्मक जीन

प्रारंभन स्थल (Initiation Site):-

DNA का वह क्षेत्र जहां से अनुलेखन (Transcription) की प्रक्रिया प्रारंभ होती है उसे प्रारंभन स्थल कहते हैं।

प्रारंभन स्थल के पहले प्रमोटर स्थल (Promotor) होता है। प्रमोटर स्थल को उन्नायक भी कहा जाता है। इस स्थल में 20 से 200 न्यूक्लियोटाइड पाए जाते हैं।

सजीवों में दो प्रकार के प्रमोटर स्थल होते हैं-

TTGACA:-

प्रथम TTGACA स्थल होता है। इस स्थल से आरएनए पोलिमेरेज एंजाइम का सिग्मा कारक (σ Factor) जुड़ता है। इसमें 35 न्यूक्लियोटाइड पाए जाते हैं। इसको पहचान स्थल (Recognition Sequence) भी कह सकते हैं।

Pribnow Box:-

दूसरा Pribnow बॉक्स होता है। जिसमें TATAAT अनुक्रम होते हैं। इसी स्थान से आरएनए पोलिमेरेज एंजाइम जुड़ता है। इसमें 10 न्यूक्लियोटाइड पाए जाते हैं। इसे TATA BOX तथा Hogness Box भी कहते हैं।

समापक स्थल (Terminator Site):-

समापक वह स्थल होता है, जहां अनुलेखन (Transcription) की प्रक्रिया समाप्त हो जाती है। यह टेम्पलेट रज्जुक के 3' सिरे की ओर होता है।

संरचनात्मक जीन (Structural Gene):-

प्रारंभिक स्थल तथा समापक स्थल के बीच संरचनात्मक जीन होती है। इसमें RNA coding sequence होते हैं। इस संरचनात्मक जीन के 5' - 3' रज्जुक को नॉन-टेम्पलेट (Templet) रज्जुक तथा 3' - 5' रज्जुक को टेम्पलेट (Templet) रज्जुक कहते हैं।

टेम्पलेट (Templet) रज्जुक के अनुक्रम का उपयोग करके उसके पूरक अनुक्रम (Complementary Sequence) वाला आरएनए बनता है। टेम्पलेट (Templet) रज्जुक को नॉन कोडिंग रज्जुक भी कहते हैं, तथा नॉन-टेम्पलेट (Templet) रज्जुक को कोडिंग रज्जुक भी कहते हैं।

अनुलेखन की क्रियाविधि (Mechanism of Transcription):-

प्रारम्भन (Initiation)

- जीन में प्रमोटर स्थल (promoter) (अनुलेखन के लिए शुरुआती बिंदु) टेम्पलेट रज्जुक के 5' सिरे की ओर पाया जाता है।
- DNA के प्रमोटर स्थल की पहचान करके सिग्मा कारक (σ Factor) उस से जुड़ जाता है और आरएनए पोलिमेरेज एंजाइम DNA से जुड़कर उसकी कुंडलियों के नाइट्रोजन क्षार के मध्य पाए जाने वाले हाइड्रोजन बंध को तोड़ने का कार्य करता है।
- DNA का 3' - '5'' रज्जुक (strain) Template कि तरह काम करता है एवं 5' - '3'' दिशा में RNA का सश्लेषण होता है।

दीर्घीकरण(Elongation):

जब दोनों रज्जुक (strain) अलग हो जाते हैं। तो आरएनए पोलिमेरेज DNA के प्रतिअर्थ रज्जुक(Non coding/ template रज्जुक) का उपयोग करके NTP (nucleoside

triphosphate) (इनको राइबोन्यूक्लियोटाइड ट्राई फॉस्फेट भी कहते हैं) जोड़कर एक पूरक आरएनए रज्जुक (strain) का संश्लेषण करता है।

राइबोन्यूक्लियोटाइड ट्राई फॉस्फेट निम्न प्रकार के होते हैं -

1. यूरिडीनट्राईफॉस्फेट (UTP)
2. ग्वानोसिनट्राईफॉस्फेट (GTP)
3. साइटोसिनट्राईफॉस्फेट (CTP)
4. एडिनिनट्राईफॉस्फेट (ATP)

आरएनए पोलिमेरेज राइबोन्यूक्लियोटाइड ट्राई फॉस्फेट का उपयोग करके उनको मोनो फॉस्फेट के रूप में जोड़ता है।

आरएनए पोलिमेरेज DNA पोलिमेरेज की तरह भी केवल 5'-3' दिशा में कार्य करता है अतः यह 5'-3' दिशा में ही RNA का संश्लेषण कर सकता है।

केवल टेम्पलेट (Templet) रज्जुक जो कि 3'-5' दिशा में होता है पर ही नए आरएनए का संश्लेषण होता है।

समापन (Termination):

आरएनए पोलिमेरेज जब जीन के समापन क्षेत्र (terminator) तक पहुंचता है। तो समापन कारक Rho factor DNA के रज्जुक से जुड़ता है तथा DNA, RNA व RNA Polymerase को पृथक कर देता है। इस प्रकार एक नए आरएनए का निर्माण होता है।

E.coli में समापन की प्रक्रिया Rho factor की अनुपस्थिति में होती है जिसे Rho Independent Termination भी कहते हैं।

आरएनए पोलिमेरेज की संरचना:-

RNA पोलिमेरेज में कुल 5' पॉलीपेप्टाइड इकाइयां होती हैं। जिनमें दो α , एक β , एक β' तथा एक सिग्मा कारक (σ Factor) होता है।

RNA पोलिमेरेज तीन प्रकार का होता है-

आरएनए पोलीमरेज-I

यह केन्द्रिक में पाया जाता है, इसके द्वारा rRNA का निर्माण होता है

आरएनएपोलीमरेज- II

यह केंद्रक में पाया जाता है इसके द्वारा mRNA का निर्माण होता है

आरएनए पोलीमरेज- III

यह tRNA का निर्माण करता है

इसको आप RMT से याद कर सकते हो जहां यानी R- rRNA, M-mRNA, T-tRNA जो एक क्रम में है।

पश्च अनुलेखन रूपान्तरण (Post-Transcription Modification)

Prokaryote में, अनुलेखन (Transcription) और अनुवादन (Translation) की प्रक्रिया दोनों एक ही समय में पूरी होती हैं। अनुलेखन (Transcription) होने से पहले ही अनुवादन (Translation) प्रारंभ हो जाता है। यूकेरियोट्स में, अनुवादन (Translation) प्रारंभ होने से पहले प्राथमिक आरएनए / पूर्व RNA (Pre-RNA) को संशोधित किया जाता है। इस चरण को RNA प्रसंस्करण (RNA processing) या अनुलेखन (Transcription) संशोधन या पश्च अनुलेखन रूपान्तरण (Post-Transcription Modification) कहा जाता है। RNA को केन्द्रक छिद्रों के माध्यम से साइटोप्लाज्म में आना होता है इसलिए RNA को RNAase से सुरक्षा के लिए संशोधित किया जाता है। सभी यूकेरियोटिक mRNA तथा बैक्टीरिया और यूकेरियोट दोनों के tRNA का प्रसंस्करण (Processing) होता है।

एक यूकेरियोटिक जीन में कोडिंग क्षेत्रों के साथ-साथ कई गैर-कोडिंग क्षेत्र भी पाये जाते हैं। कोडिंग क्षेत्रों को एक्सॉन या व्यक्तेक (Exon) तथा गैर-कोडिंग क्षेत्र को इंट्रॉन या अव्यक्तेक (Intron) कहते हैं। एक्सॉन के द्वारा प्रोटीन का कूटलेखन (Code) होता है, जबकि इंट्रॉन के द्वारा प्रोटीन का कूटलेखन (Code) नहीं होता। जब एक mRNA निर्माण होता है, तो उसमें इंट्रॉन तथा एक्सॉन दोनों ही पाए जाते हैं जिसे hnRNA (Heteronuclear RNA) कहते हैं। इस hnRNA का संशोधन

के पश्चात एक mature mRNA का निर्माण होता है RNA संशोधन की प्रक्रिया निम्न चरणों में होती है-

- (1) 5' सिरे पर आच्छादन (Addition of a Cap on the 5' end)
- (2) 3' सिरे पर पुच्छन (Addition of a Poly-A tail on the 3' end)
- (3) संबंधन (Splicing)

आच्छादन (5' Capping) –

mRNA अत्यंत अस्थायी होता है। राइबोन्यूक्लियेज एंजाइम (RNAase) से सुरक्षा के लिए इसके सिरों को सुरक्षित करना आवश्यक होता है इसके लिए guanyl transferase एंजाइम का उपयोग किया जाता है। अनुलेखन (Transcription) या ट्रांसक्रिप्शन (Transcription) शुरू होने के बाद जैसे ही 20-30 न्यूक्लियोटाइड का गठन होता आच्छादन (5' Capping) की प्रक्रिया शुरू हो जाती है। आच्छादन (5' Capping) प्रक्रिया में, संशोधित ग्वानिन guanine triphosphate (GTP जिसमें एक मिथाइल समूह जुड़ा रहता 7-methyl G) को mRNA के 5' सिरे पर जोड़ा जाता है।

पुच्छन (3' Poly A tail):-

यूकेरियोटिक mRNA में 80 से लेकर 250 एडीनोसिन युक्त श्रृंखला को 3' सिरे पर जोड़ा जाता है जिसे पाली (A) पूंछ कहते हैं यहाँ A का अर्थ एडीनोसिन है mRNA की पुच्छन (3' Poly A tail) प्रक्रिया निम्न घटनाओं में सहायता होती है –

- 1) यह केन्द्रक से परिपक्व mRNA को निर्यात (Export) करने में सहायता करता है।
- 2) यह mRNA की स्थायित्व (Stability) को बढ़ाता है।
- 3) यह अनुवादन (Translation) (Translation) के प्रारम्भ के समय अनुवादन (Translation)कारी कारकों (translational factors) के बंधन के लिए पहचान संकेत (recognition signa) के रूप में कार्य करता है।

संबंधन (Splicing):-

इंट्रॉन नॉनकोडिंग अनुक्रम (noncoding nucleotide sequence) है जो जीन में पायी जाती लेकिन प्रोटीन का कूटलेखन (Code) नहीं करती इंट्रॉन चार प्रकार समूह के होते हैं:

समूह I (Self-splicing Introns): –

इनका संबंधन (Splicing) स्वतः होता है। इनके संबंधन (Splicing) के लिए एंजाइम की आवश्यकता नहीं होती।

समूह II (Self-splicing Introns): –

इनका संबंधन (Splicing) भी स्वतः होता है संबंधन (Splicing) के लिए एंजाइम की आवश्यकता नहीं होती।

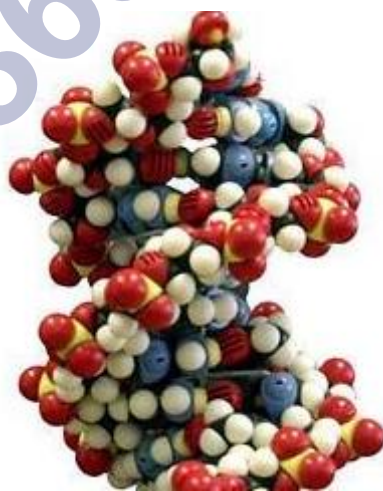
स्पलाईसीओसॉमल इंट्रॉन्स (Spliceosomal introns): –

इनका संबंधन (Splicing) स्वतः नहीं होता है। संबंधन (Splicing) के लिए एंजाइम की आवश्यकता होती।

इंट्रॉन

जिनके संबंधन (Splicing) के लिए एटीपी की आवश्यकता होती है।

आनुवंशिक कोड



इसकी खोज Nirenberg, Mathai, H.G. Khurana तथा Robert Hali ने की तथा Genetic code शब्द George Gamow ने दिया।

RNA में उपस्थित आनुवंशिक सूचनाओं (Genetic Information) का उपयोग करके एक प्रोटीन का संश्लेषण (Synthesis) करना किसी एक भाषा को दूसरे भाषा में अनुवाद (Translate) करने की तरह है।

प्रोटीन संश्लेषण के दौरान चार नाइट्रोजन क्षार (Nitrogen Base) का उपयोग करके 20 प्रकार के एमिनो अम्लों के लिए कोड तैयार किये जाते हैं।

आनुवंशिक कोड (Genetic Code) डीएनए और बाद में ट्रांसक्रिप्शन द्वारा बने mRNA पर नाइट्रोजन क्षार का विशिष्ट अनुक्रम (Sequence) है, जिनका अनुवाद प्रोटीन के संश्लेषण के लिए एमिनो अम्ल के रूप में किया जाता है।

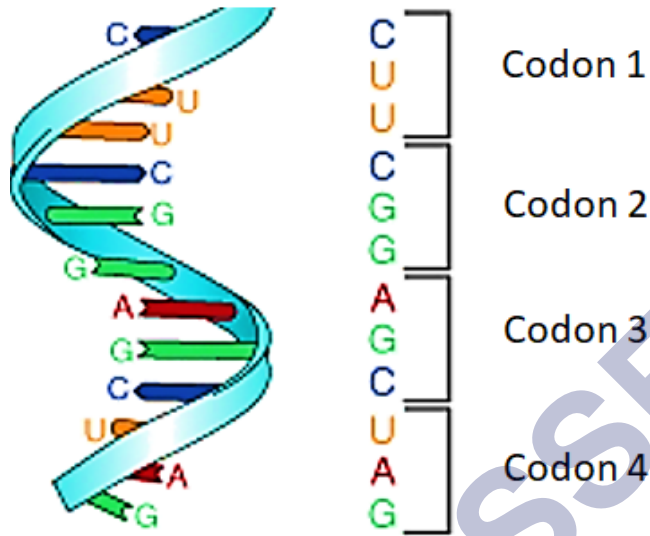
एक एमिनो अम्ल निर्दिष्ट करने वाले तीन नाइट्रोजन क्षारों के समूह को कोडन, कोड या प्रकुट (Codon) कहा जाता है।

आनुवंशिक कोड की विशेषताएँ (Specificity of Genetic Code):-

त्रिक प्रकुट या ट्रिपलेट कोड (Triplet Codon):-

mRNA में चार न्यूक्लियोटाइड अनुक्रम (Sequence) (U, G, A तथा C) का इस्तेमाल तीन नाइट्रोजन क्षार युक्त कोडोन ($4^3 = 64$) रूप में किया जाता है। अतः कोडोन त्रिक होते हैं क्योंकि यदि कोडोन एकल होते तो केवल चार ही कोड बनते ($4^1=4$) जो 20 प्रकार के एमिनो अम्ल का कूटलेखन नहीं कर सकते और यदि ये द्विक होते तो कुल 16 कोड बनते ($4^2=16$) जो एमिनो अम्ल को कूटलेखित नहीं कर सकते।

RNA

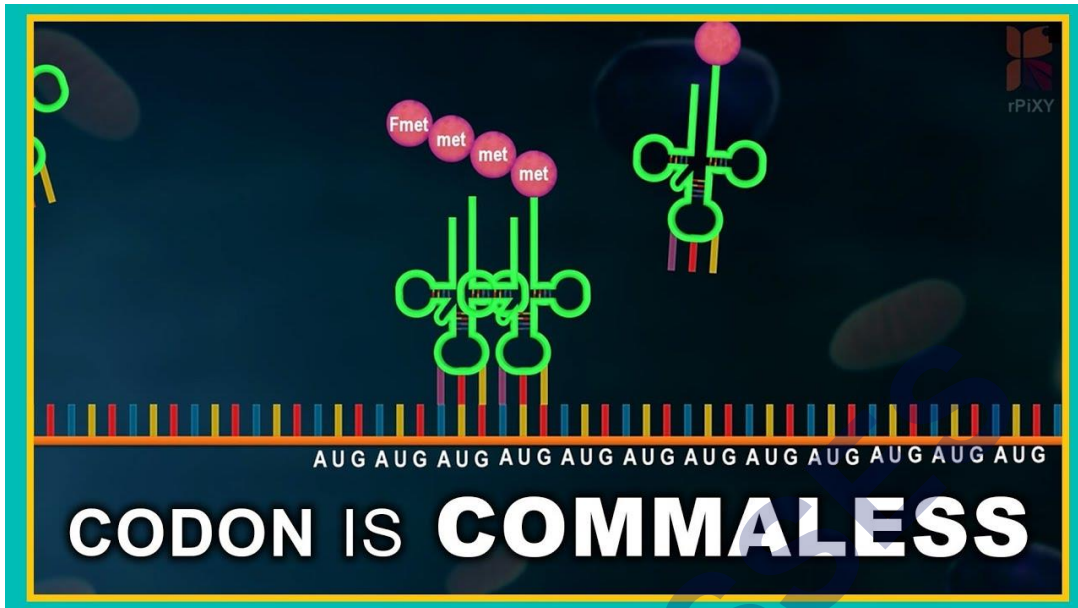


64 कोडो में अर्थ कोडोन्स (Sense Codons) और गैर अर्थ कोडोन्स (Non-sense Codons) शामिल हैं। अर्थ कोडोन्स वे कोडोन होते हैं, जो एमिनो अम्ल निर्दिष्ट करते हैं। तथा गैर अर्थ कोडोन्स वे हैं जो एमिनो अम्ल निर्दिष्ट नहीं करते हैं।

अर्थ कोडोन्स की संख्या 61 है। जबकि गैर अर्थ कोडोन्स की संख्या 3 होती है। एक कोडोन के द्वारा केवल एक ही एमिनो अम्ल को कोड किया जाता है। लेकिन एक ही एमिनो अम्ल के लिए एक से अधिक कोड होते हैं।

अर्द्धविराम विहीन कोड (Commaless Code): -

आनुवंशिक कोड (Genetic Code) के में बीच कोई विराम चिह्न (Comma or full stop) नहीं होता है। और न ही उनके मध्य कोई रिक्त स्थान (Gap) होता है। आनुवंशिक कोड (Genetic Code) लगातार होते हैं।

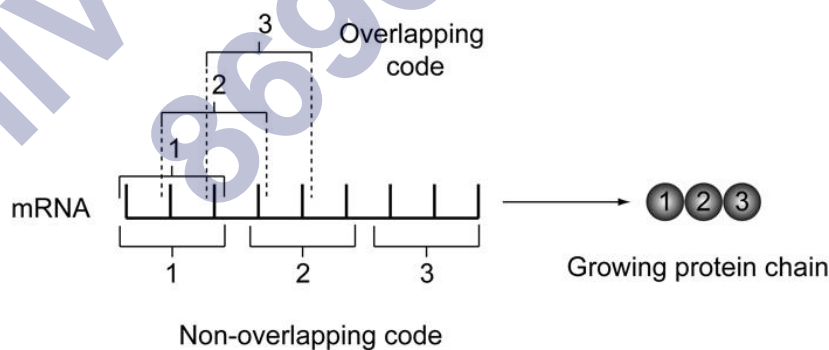


अन-आच्छादित या गैर-ओवरलैपिंग कोड (Non-overlap Code): -

आनुवंशिक कोड (Genetic Code) क्रमिक रूप से तीन के समूह में पढ़ा जाता है। ये एक दुसरे को ओवरलैपिंग नहीं करते हैं।

एक त्रिक (triplet) का कोई भी नाइट्रोजन क्षार दुसरे त्रिक (triplet) के साथ नहीं पढ़ा जा सकता।

प्रत्येक त्रिक को 5 ' → 3' दिशा से पढ़ा जाता है, इसलिए पहला नाइट्रोजन क्षार 5 ' क्षार होता है, उसके बाद मध्यम क्षार होता है उसके के बाद अंतिम क्षार होता है जो 3' नाइट्रोजन क्षार है।



अनुवादन (Translation)

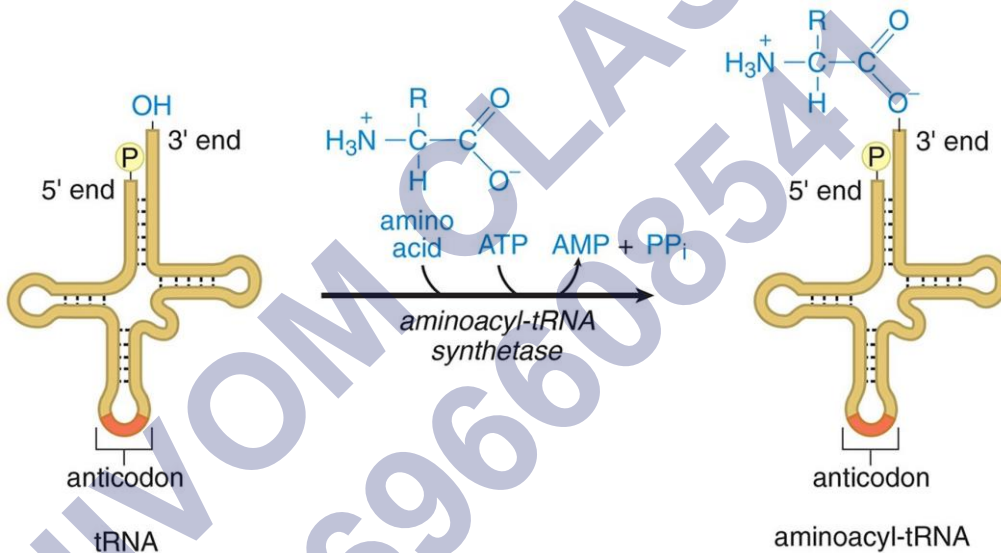
अनुवादन वह प्रक्रिया है। जिसमें mRNA पर उपस्थित जेनेटिक कोड का उपयोग करके प्रोटीन का निर्माण किया जाता है। अनुवादन की प्रक्रिया अंतः प्रद्रव्यी जलिका (Endoplasmic Reticulum) पर उपस्थित राइबोसोम में संपन्न होती है। अनुवादन की प्रक्रिया में जीवद्रव्य में उपस्थित अमीनो

अम्ल का उपयोग करके राइबोसोम द्वारा पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला (Polypeptide Chain) का निर्माण किया जाता है।

इसकी प्रक्रिया निम्न चरणों में संपन्न होती है-

अमीनो अम्ल का सक्रियण (Activation of Amino Acids)

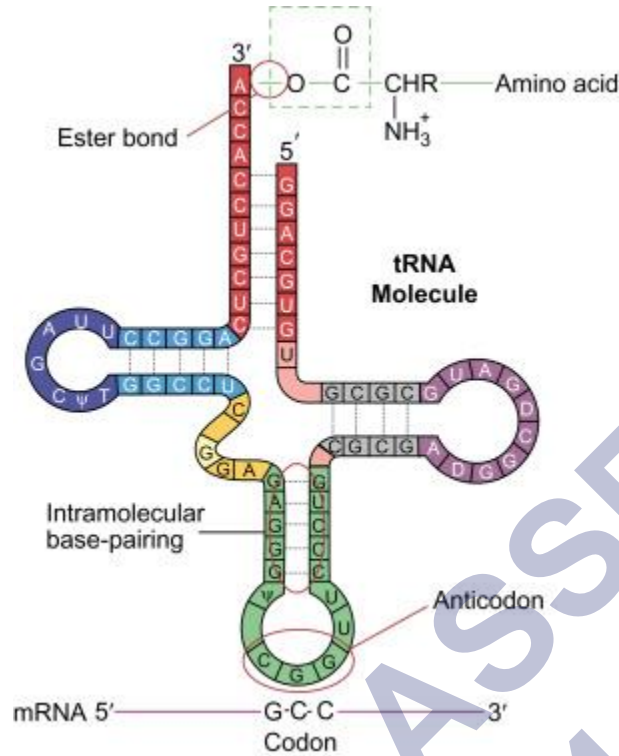
जीवद्रव्य में एमिनो एसाइल सिंथेटेज (Aminoacyl Synthetase) एंजाइम की उपस्थिति में एक अमीनो अम्ल ATP से जुड़ता है। इस अभिक्रिया में Mg^{2+} सहायता करता है। इस अभिक्रिया के फलस्वरूप एमिनो एसाइल एडीनाइलेट सम्मिश्र (Aminoacyl Adynylate Complex) का निर्माण होता है।



Amino Acid + ATP Aminoacyl Adynylate Complex

अमीनो अम्ल का tRNA पर स्थानांतरण (Transfer of Amino Acids on tRNA)

एमिनो एसाइल एडीनाइलेट सम्मिश्र (Aminoacyl Adynylate Complex) एक विशिष्ट प्रकार के tRNA के साथ जुड़ती है। जिससे आवेशित tRNA (Charged tRNA) का निर्माण होता है। और AMP का निष्कासन होता है। अमीनो अम्ल tRNA के 3' सिरे पर उपस्थित CCA अनुक्रम से जुड़ता है।



Aminoacyl Adynylate Complex + tRNA → Activated tRNA + AMP + Aminoacyl synthetase

अनुवादन का आरंभन (Initiation of Translation)

अनुवादन के आरंभन के लिए राइबोसोम की छोटी इकाई mRNA के साथ जुड़ती है तथा mRNA पर उपस्थित प्रारंभिक कोडोन AUG की पहचान करके methionine अमीनो अम्ल युक्त tRNA प्रारंभिक कोडोन से हाइड्रोजन बंध के द्वारा जुड़ जाता है। जिसमें GTP के द्वारा ऊर्जा प्रदान की जाती है। अब राइबोसोम की छोटी इकाई और mRNA के साथ राइबोसोम की बड़ी इकाई भी जुड़ जाती है। इस दौरान AUG P-स्थल में होता है।

अनुवादन का दीर्घीकरण (Elongation of Translation)

एक नया आवेशित tRNA (Charged tRNA) GTP की उपस्थिति में राइबोसोम के A- स्थल में उपस्थित कोडोन से जुड़ जाता है। इसके पश्चात P-स्थल में उपस्थित tRNA के अमीनो अम्ल A-स्थल में उपस्थित अमीनो अम्ल के साथ पेप्टाइड बंध (Peptide Bond) बनाता है। जिसको पेप्टिडाइल ट्रांसफेरेज (Peptidyl Transferase) एंजाइम द्वारा उत्प्रेरित किया जाता है।

P- स्थल के tRNA पर उपस्थित अमीनो अम्ल का स्थानांतरण A-स्थल में उपस्थित tRNA पर हो जाता है। जब राइबोसोम mRNA पर 5'-3' दिशा में गति करता है। तो P-स्थल में उपस्थित अनावेशित (Uncharged) tRNA E-स्थल में आ जाता है। और A-स्थल का tRNA P-स्थल में आ जाता है। इसी प्रकार A-स्थल में नया आवेशित tRNA प्रवेश करता है। और E-स्थल में उपस्थित अनावेशित tRNA राइबोसोम से बाहर निकल जाता है। यह प्रक्रिया लगातार चलती रहती है। इस प्रकार एक नए पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का संश्लेषण होता है।

अनुवादन का समापन (Termination of Translation)

जब राइबोसोम mRNA पर गति करता हुआ समापक (Stop) कोडोन (UAG, UGA, UAA) पर पहुंचता है। तो राइबोसोम के A-स्थल में कोई tRNA प्रवेश नहीं करता। जिसके कारण अनुवादन की प्रक्रिया समाप्त हो जाती है। जैसे ही अनुवादन की प्रक्रिया समाप्त होती है। पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला मुक्त हो जाती है और mRNA तथा राइबोसोम पृथक हो जाते हैं।

अनुवादन में काम आने वाले प्रोटीन कारक

इनको अनुवादन कारक भी कहा जाता है। ये तीन प्रकार के होते हैं -

1. आरंभन कारक (Initiation Factors)
2. दीर्घीकरण कारक (Elongation Factors)
3. समापन कारक (Termination or Release Factors)

आरंभन कारक (Initiation Factors)

ये तीन प्रकार के होते हैं -

- IF-1 - ये IF-3 के बंधने में सहायता करता है।
- IF-2 - ये 30S उप-इकाई के साथ GTP तथा tRNA को जोड़ता है।
- IF-3 - ये 30S उप-इकाई से जुड़ता है और समय से पूर्व 50S उप-इकाई को जोड़ने से रोकता है।

दीर्घीकरण कारक (Elongation Factors)

ये तीन प्रकार के होते हैं -

- EF-Tu – GTP तथा एमिनो एसाइल-tRNA को जोड़ता है।
- EF-Ts – EF-Tu से GTP को अलग करता है।
- EF-G – Translocation को बढ़ावा देता है।

समापन कारक (Termination or Release Factors)

ये चार प्रकार के होते हैं -

- RF-1 – UAA और UAG की पहचान करता है।
- RF-2 – UAA और UGA की पहचान करता है।
- RF-3 – RF-1 तथा RF-2 की सहायता करता है।
- RRF – EF-G के साथ मिलकर राइबोसोम की दोनों इकाईयों को अलग करता

अनुवादन की प्रक्रिया को रोकने वाले कारक -

निम्न एंटीबायोटिक द्वारा अनुवादन की प्रक्रिया को रोका जाता है-

- Chloramphenicol
- Streptomycin
- Puromycin
- Tetracycline
- Paromomycin
- Fusidic Acids
- Erythromycin
- Cycloheximide
- Diphtheria toxin

NCERT SOLUTIONS

अभ्यास (पृष्ठ संख्या 136-137)

प्रश्न 1 निम्न को नाइट्रोजनीकृत क्षार व न्यूक्लियोटाइड के रूप में वर्गीकृत कीजिए- एडेनीन, साइटीडीन, थाइमीन, ग्वानोसीन, यूरेसील व साइटोसीन।

उत्तर-

नाइट्रोजनीकृत क्षार- एडेनीन, थाइमिन तथा यूरेसील।

न्यूक्लियोटाइड- साइटीडीन, ग्वानोसीन तथा साइटोसीन।

प्रश्न 2 यदि एक द्विरज्जुक DNA में 20 प्रतिशत साइटोसीन है तो DNA में मिलने वाले एडेनीन के प्रतिशत की गणना कीजिए।

उत्तर- चारग्राफ के नियमानुसार द्विरज्जुक DNA में $\rightarrow A + G = T + C = 1$ होता है।

अर्थात्- एडेनीन = थाइमीन, ग्वानिन = साइटोसीन

चूँकि साइटोसीन की दी गई मात्रा 20% है तो ग्वानिन भी 20% होगा।

ग्वानिन + साइटोसीन = 20 + 20 = 40%

$A + G = 100 - 40\%$

$A + G = 60\%$

चूँकि $A = G$ होता है।

अतः एडेनीन की मात्रा = $\frac{60}{2} = 30$ होगी।

प्रश्न 3 यदि डी०एन०ए० के एकरज्जुक के अनुक्रम निम्नवत् लिखे हैं-

5' – ATGCATGCATGCATGCATGCATGC – 3' तो पूरक रज्जुक के अनुक्रम को 5 → 3 दिशा में लिखिए।

उत्तर- डी०एन०ए० द्विकुण्डली संरचना होती है अर्थात् यह दो पॉलिन्यूक्लियोटाइड श्रृंखलाओं (polynucleotide chains) से बना होता है। दोनों श्रृंखलाएँ प्रतिसमानान्तर ध्रुवणता रखती हैं। इसका तात्पर्य है यदि एक श्रृंखला की ध्रुवणता 5 से 3' की ओर हो तो दूसरे की ध्रुवणता 3 से 5' की तरफ होगी।

दोनों श्रृंखलाओं के नाइट्रोजनी क्षार परस्पर हाइड्रोजन बन्ध (bonds) द्वारा जुड़े रहते हैं। ऐडेनीन दो हाइड्रोजन बन्ध द्वारा थाइमीन (A = T) से और साइटोसीन तीन हाइड्रोजन बन्ध द्वारा ग्वानीन (C ≡ G) से जुड़े होते हैं। इसके फलस्वरूप प्यूरीन (purine) के विपरीत दिशा में पिरिमिडीन (pyrimidine) होता है। इससे डी०एन०ए० द्विकुण्डली के दोनों पॉलिन्यूक्लियोटाइड के मध्य समान दूरी बनी रहती है।

अतः डी०एन०ए० के पूरक रज्जुक (श्रृंखला) में नाइट्रोजनीकृत क्षार का अनुक्रम निम्नवत् होगा-

5' – ATGCATGCATGCATGCATGCATGC-3'

3' – TACGTACGTACGTACGTACGTACGTACG-5'

प्रश्न 4 यदि अनुलेखन इकाई में कूट लेखन रज्जुक के अनुक्रम को निम्नवत् लिखा गया है-

5'-ATGCATGCATGCATGCATGCATGC-3' तो दूत-आर०एन०ए० के अनुक्रम को लिखिए।

उत्तर- आर०एन०ए० का निर्माण डी०एन०ए० से होता है। आर०एन०ए० सामान्यतया एकरज्जुकी संरचना (single strand structure) होती है। इसमें थाइमीन नाइट्रोजनीकृत क्षार के स्थान पर यूरेसिल (uracil) पाया जाता है। डी०एन०ए० का एकरज्जुक (अनुलेखन इकाई) से आनुवंशिक सूचनाओं का दूत-आर०एन०ए० (m-R.N.A.) में प्रतिलिपिकरण करने की प्रक्रिया अनुलेखन (transcription) कहलाती है।

यदि कूटलेखन रज्जुक (coding strand) के अनुक्रम निम्नवत् हैं-

5'-ATGCATGCATGCATGCATGCATGC-3'।

तो दूत-आर०एन०ए० (m-R.N.A.) के अनुक्रम निम्नवत् होंगे-

5'-AUGCAUGCAUGCAUGCAUGCAUGCAUGC-3'।

प्रश्न 5 DNA द्विकुंडली की कौन-सी विशेषता ने वाटसन व क्रिक को DNA प्रतिकृति के सेमी कंजर्वेटिव रूप को कल्पित करने में सहयोग किया? इसकी व्याख्या कीजिए।

उत्तर- वाटसन व क्रिक का सहयोग करने वाली डीएनए द्विकुंडली की विशेषता:

दोनों रज्जुकों के क्षार आपस में हाइड्रोजन बंध द्वारा युग्मित होकर क्षार युग्मक बनाते हैं, जबकि एडेनिन व थाइमिन जो विपरीत रज्जुकों में होते हैं, आपस में दो हाइड्रोजन बंध बनाते हैं।

दो रज्जुक एक दूसरे के विपरीत होती हैं जिसमें क्षार हमेशा अपने समकक्ष A के साथ T तथा G के साथ C युग्म बनाते हैं।

प्रश्न 6 टेम्पलेट (डी०एन०ए० या आर०एन०ए०) की रासायनिक प्रकृति व इससे (डी०एन०ए० या आर०एन०ए०) संश्लेषित न्यूक्लीक अम्लों की प्रकृति के आधार पर न्यूक्लीक अम्ल पॉलिमरेज के विभिन्न प्रकार की सूची बनाइए।

उत्तर- न्यूक्लीक अम्ल पॉलिमरेज निम्नलिखित प्रकार के होते हैं-

1. **डी०एन०ए० पॉलिमरेज (D.N.A. polymerase)**- एन्जाइम प्रतिकृति (replication) के लिए आवश्यक है। यह डी०एन०ए० टेम्पलेट का उपयोग डि-ऑक्सीन्यूक्लियोटाइड के बहुलकन (polymerisation) को प्रेरित करने के लिए करता है। डी०एन०ए० अणुओं की दोनों श्रृंखलाएँ एकसाथ पृथक् नहीं होतीं। डी०एन०ए० द्विकुण्डली प्रतिकृति हेतु छोटे-छोटे भागों में खुलती है। इसके फलस्वरूप बनने वाले खण्ड परस्पर डी०एन०ए० लाइगेज (D.N.A. ligase) एन्जाइम द्वारा जुड़ जाते हैं। डी०एन०ए० पॉलिमरेज स्वयं प्रतिकृति प्रक्रम का प्रारम्भ नहीं कर सकते। यह कुछ निश्चित स्थल पर संवाहक (vector) की सहायता से होती है।
2. **आर०एन०ए० पॉलिमरेज (R.N.A. polymerase)**- यह डी०एन०ए० पर निर्भर आर०एन०ए० पॉलिमरेज (D.N.A. dependent R.N.A. polymerase) होता है। यह D.N.A. को सभी प्रकार के आर०एन०ए० के अनुलेखन (transcription) के लिए उत्प्रेरित करता है। आर०एन०ए० पॉलिमरेजे अस्थायी रूप से प्रारम्भन कारक या समापन कारक से

जुड़कर अनुलेखन का प्रारम्भ या समापन करता है। केन्द्रक में डी०एन०ए० पर निर्भर आर०एन०ए० पॉलिमरेज के अतिरिक्त निम्नलिखित तीन प्रकार के आर०एन०ए० पॉलिमरेज मिलते हैं-

- आरएनए पॉलीमरेज-I पर निर्भर डीएनए आर आरएनए का अनुलेखन करते हैं।
- आरएनए पॉलीमरेज-II पर निर्भर डीएनए दूत आरएनए (mRNA) के पूर्ववर्ती रूप का अनुलेखन करते हैं।
- आरएनए पॉलीमरेज-III पर निर्भर डीएनए अंतरण आरएनए (tRNA) का अनुलेखन करते हैं।

प्रश्न 7 DNA आनुवंशिक पदार्थ है, इसे सिद्ध करने हेतु अपने प्रयोग के दौरान हर्षे व चेस ने DNA व प्रोटीन के बीच कैसे अंतर स्थापित किया?

उत्तर- हर्षे वे चेस ने DNA को आनुवंशिक पदार्थ सिद्ध करने हेतु P^{32} व P^{32} आइसोटॉप्स युक्त माध्यम, में ई० कोलाई जीवाणु का संवर्द्धन कराया। कुछ समय वृद्धि करने के पश्चात् जीवाणु को जीवाणुभोजी द्वारा संक्रमित कराया गया। संक्रमण के पश्चात् देखा गया कि जीवाणुभोजी का प्रोटीन आवरण S^{35} रेडियोधर्मी युक्त हो गया था जबकि इसके DNA में सल्फर नहीं होता। इसके विपरीत जीवाणुभोजी का DNA P^{32} रेडियोधर्मी आइसोटॉप्स की उपस्थिति दिखा रहा था, क्योंकि DNA में फॉस्फोरस होता है। प्रोटीन आवरण में P^{32} अनुपस्थित था। P^{32} रेडियोधर्मी युक्त जीवाणुभोजी द्वारा ऐसे जीवाणु को संक्रमित कराया गया जिसमें रेडियोधर्मी तत्त्व नहीं थे। संक्रमण के पश्चात् देखा गया कि समस्त जीवाणु रेडियोधर्मी हो गये थे। अधिकांश रेडियोधर्मी आइसोटॉप्स जीवाणुभोजी की अगली पीढ़ी में भी स्थानांतरित हो गये थे।

रेडियोधर्मी तत्त्व रहित जीवाणुओं में S^{32} युक्त जीवाणुभोजी द्वारा संक्रमण कराने पर तथा जीवाणुभोजी पृथक् करने पर देखा गया कि जीवाणुओं में रेडियोधर्मी तत्त्व मौजूद नहीं थे बल्कि ये जीवाणुभोजी के प्रोटीन आवरण में ही रह गये थे। उपरोक्त प्रयोग सिद्ध करता है कि जीवाणुभोजी का DNA ही वह पदार्थ है जो नये जीवाणुभोजी उत्पन्न करता है व संक्रमण में भाग लेता है। यह सिद्ध हो गया कि DNA आनुवंशिक पदार्थ है, प्रोटीन नहीं। इसके अतिरिक्त DNA फॉस्फोरस युक्त

होता है जबकि प्रोटीन में फॉस्फोरस नहीं होता है। DNA सल्फर रहित होता है, जबकि प्रोटीन, सल्फर युक्त होता है।

प्रश्न 8 निम्न के बीच अंतर बताइए-

1. पुनरावृत्ति डीएनए एवं अनुषंगी डीएनए
2. एमआरएनए और टीआरएनए
3. टेम्पलेट रज्जु और कोडिंग रज्जु

उत्तर-

1. पुनरावृत्ति डीएनए एवं अनुषंगी डीएनए-

क्रम.	पुनरावृत्ति डीएनए	अनुषंगी डीएनए
1.	डीएनए अंगुलिछापी में डीएनए अनुक्रम में स्थित कुछ विशिष्ट जगहों के बीच विभिन्नता का पता लगाते हैं, जिसे पुनरावृत्ति डीएनए कहते हैं।	डीएनए ढेर एक बहुत बड़ा शिखर बनाता है जबकि साथ में अन्य छोटे शिखर बनते हैं जिसे अनुषंगी डीएनए कहते हैं।
2.	अनुक्रमों में डीएनए का छोटा भाग कई बार पुनरावृत्त होता है।	पुनरावृत्ति डीएनए को जीनोमिक डीएनए के ढेर से अलग करने के लिए जो विभिन्न शिखर बनाते हैं घनत्व प्रवणता अपकेंद्रीकरण द्वारा अलग करते हैं।

2. एमआरएनए और टीआरएनए-

क्रम.	एमआरएनए	टीआरएनए
1.	एमआरएनए टेम्पलेट प्रदान करता है।	टीआरएनए एमीनो अम्लों को लाने व आनुवांशिक कूट को पढ़ने का काम करता है।
2.	यह एक रैखिक अणु है।	इसका आकार तिपतिया (क्लोवर) की पत्ती जैसा होता है।

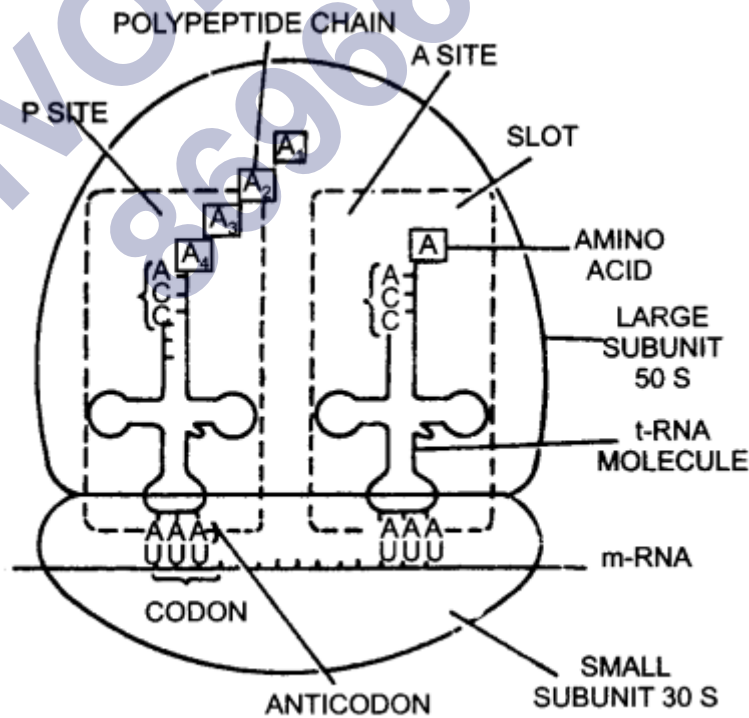
3.	यह आरएनए पॉलीमरेज-II द्वारा संश्लेषित होता है।	यह आरएनए पॉलीमरेज-III द्वारा संश्लेषित होता है।
----	--	---

3. टेम्पलेट रज्जु और कोडिंग रज्जु-

टेम्पलेट रज्जु	कोडिंग रज्जु
टेम्पलेट रज्जु में आरएनए अणुओं का अनुलेखन होता है।	इसका अनुक्रम एमआरएनए के समान होता है।
इसमें ध्रुवत्व 3'→5' होता है।	इसमें ध्रुवत्व 5'→3' होता है।

प्रश्न 9 स्थानान्तरण के दौरान राइबोसोम की दो मुख्य भूमिकाओं की सूची बनाइए।

उत्तर- स्थानान्तरण (Translation)- इस प्रक्रिया में ऐमीनो अम्लों के बहुलकन (polymerisation) से पॉलिपेप्टाइड का निर्माण होता है। ऐमीनो अम्लों के क्रम व अनुक्रम सन्देशवाहक आर०एन०ए० में पाए जाने वाले क्षारों के अनुक्रम पर निर्भर करते हैं। ऐमीनो अम्ल पेप्टाइड बन्ध (peptide bonds) द्वारा जुड़े रहते हैं। स्थानान्तरण प्रक्रिया पूर्ण होने पर पॉलिपेप्टाइड श्रृंखला राइबोसोम से पृथक् हो जाती है।



चित्र-राइबोसोम पर m-R.N.A. तथा t-R.N.A. अणुओं की स्थिति।

स्थानान्तरण में राइबोसोम की भूमिका-

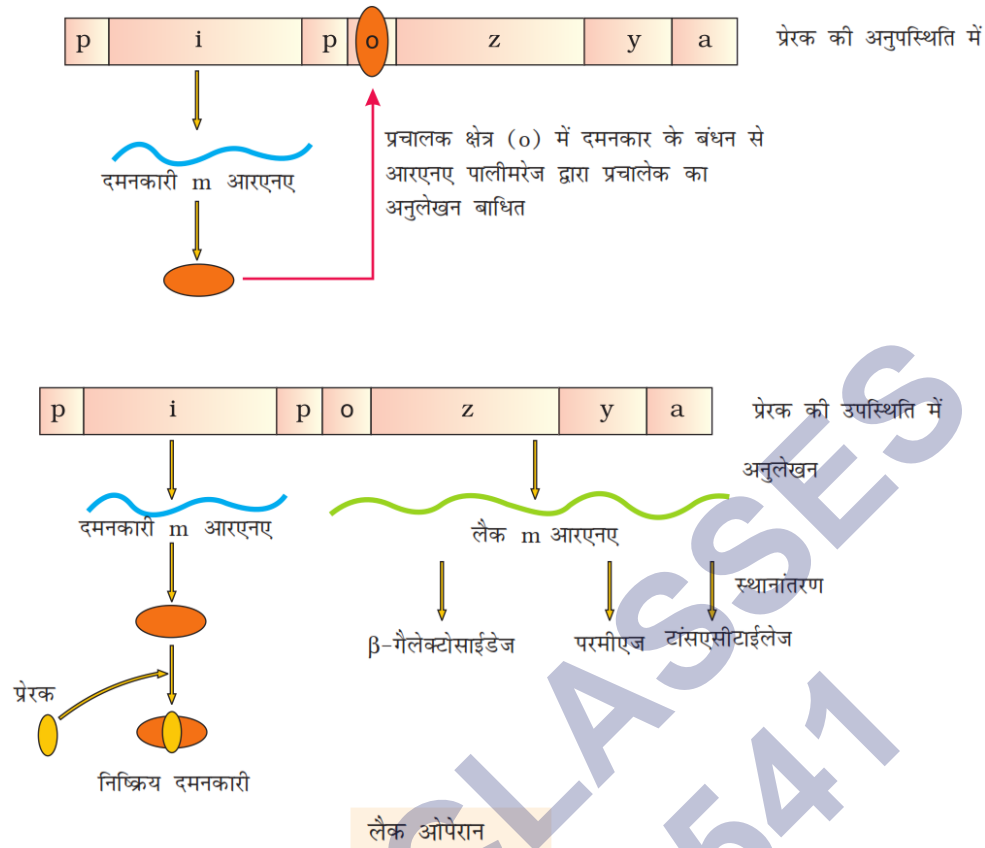
राइबोसोम का छोटा सबयूनिट m-R.N.A. के प्रथम कोडॉन (AUG) के साथ बन्धित होकर समारम्भ कॉम्प्लैक्स (initiation complex) ऐमीनो एसिल t-R.N.A. बनाता है जिसकी पहचान प्रारम्भक t-R.N.A. द्वारा की जाती है। ऐमीनो अम्ल t-R.N.A. से जुड़कर एक जटिल रचना बनाते हैं जो आगे चलकर t-R.N.A. के प्रति प्रकूट (anticodon) से पूरक क्षार युग्म बनाकर m-R.N.A. के उचित आनुवंशिक कोडॉन से जुड़ जाती है।

राइबोसोम के बड़े सबयूनिट पर t-R.N.A. अणुओं के जुड़ने के लिए दो खाँच होती हैं, इन्हें P-site या दाता स्थल और A-site या ग्राही स्थल कहते हैं। P-site (दाता-स्थल) पर पॉलिपेप्टाइड श्रृंखला को धारण करने वाला t-R.N.A. जुड़ता है। A-site (ग्राही स्थल) पर ऐमीनो एसिल t-R.N.A. जुड़ता है। बड़े सबयूनिट के पेप्टाइड सिन्थेटेज (peptide synthetase) एन्जाइम पॉलिपेप्टाइड श्रृंखला के ऐमीनो अम्ल के -COOH तथा ऐमीनो एसिल t-R.N.A. के ऐमीनो अम्ल के -NH, के मध्य पेप्टाइड बन्ध बनाता है।

प्रश्न 10 उस संवर्धन में जहाँ ई० कोलाई वृद्धि कर रहा हो लैक्टोज डालने पर लैक-ओपेरॉन उत्प्रेरित होता है, तब कभी संवर्धन में लैक्टोज डालने पर लैक-ओपेरॉन कार्य करना क्यों बन्द कर देता है?

उत्तर- लैक्टोज लैक ओपेरान की सक्रियता के आरंभ (आन) या निष्क्रियता समाप्ति (ऑफ) को नियमित करता है। यदि जीवाणु के संवर्धन माध्यम में लैक्टोज दाल दिया जाता है तब पारमिएड की क्रिया द्वारा लैक्टोज कोशिका के अंदर अभिगमन करता है।

ओपेरान का दमनकारी आई (i) जीन द्वारा संश्लेषित होता है। दमनकारी प्रोटीन ओपेरान के प्रचालक स्थल से बंधकर आरएनए पॉलीमरेज को निष्क्रिय कर देता है जिससे ओपेरान अनुलेखित नहीं हो पाता है। प्रेरक जैसे लैक्टोज की उपस्थिति में दमनकारी प्रेरक से क्रियाकर निष्क्रियित हो जाता है। इसके फलस्वरूप आरएनए पॉलीमरेज उन्नायक से बंध कर अनुलेखन की शुरुआत करता है।



प्रश्न 11 निम्न के कार्यों का वर्णन (एक अथवा दो पंक्तियों में) कीजिए-

- उन्नायक (प्रोमोटर)
- अन्तरण आर.एन.ए. (t-RNA)
- एकजान

उत्तर-

- उन्नायक प्रोमोटर-** DNA का यह अनुक्रम जीन अनुलेखन इकाई बनाता है तथा अनुलेखन इकाई में स्थित टेम्पलेट व कूटलेखन रज्जुक का निर्धारण करता है।
- अन्तरण आर.एन.ए. tRNA-** tRNA प्रोटीन संश्लेषण के दौरान अमीनो अम्लों को कोशिकाद्रव्य से राइबोसोम तक स्थानान्तरित करता है।
- एकजान (Exon)-** एकजान में नाइट्रोजनी क्षारकों का अनुक्रम होता है तथा ये mRNA के संश्लेषण में सहायता करते हैं।

प्रश्न 12 मानव जीनोम परियोजना को महापरियोजना क्यों कहा जाता है?

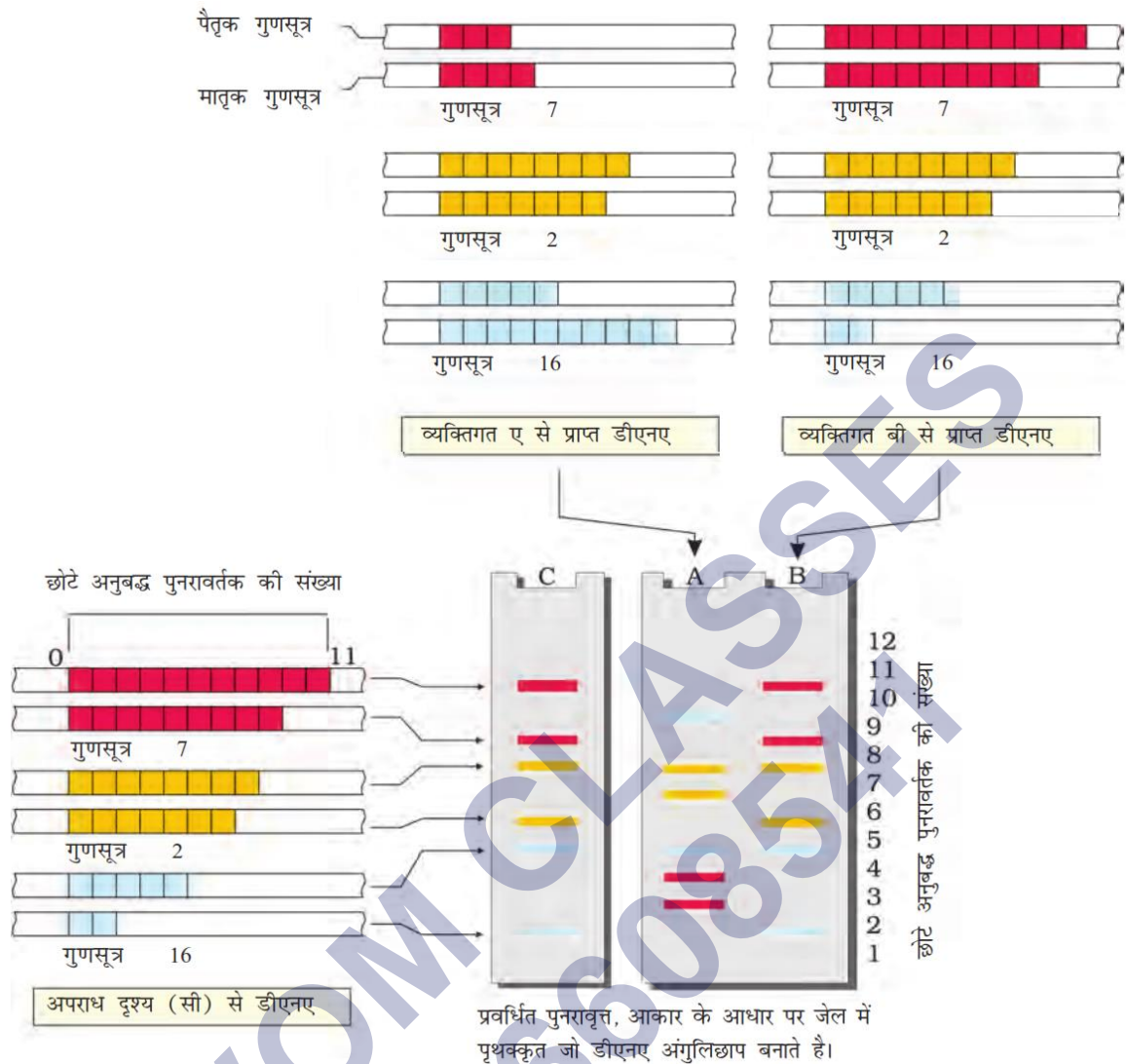
उत्तर- मानव जीनोम परियोजना को महापरियोजना कहा गया, क्योंकि-

1. इसका उद्देश्य संपूर्ण मानव जीनोम में स्थित न्यूक्लियोराइड क्रमों का निर्धारण था जो कि बड़ी संख्या में इस योजना का लक्ष्य था।
2. मानव जीनोम में लगभग 3×10^9 क्षार युग्म मिलते हैं तथा पूरी योजना पर खर्च होने वाली लागत लगभग 9 बिलियन अमेरिकी डॉलर थी।
3. सूचनाओं के संग्रह, विश्लेषण व पुनः उपयोग के लिए जैव सूचना विज्ञान के आँकड़ों तथा उच्च गतिकीय संगणक साधन की आवश्यकता होती थी।
4. इस समय परियोजना को पूरा करने के लिए कई देशों ने संयुक्त रूप से काम किया।

प्रश्न 13 डी०एन०ए० अंगुलिछापी क्या है? इसकी उपयोगिता पर प्रकाश डालिए।

उत्तर- **डी०एन०ए० अंगुलिछापी-** डी०एन०ए० फिंगर प्रिंटिंग तकनीक (अंगुलिछापी) को सर्वप्रथम एलेक जेफ्रे (Alec Jeffreys) ने इंग्लैण्ड में विकसित किया था। इसकी सहायता से विभिन्न व्यक्तियों अथवा जीवधारियों के मूल आनुवंशिक पदार्थ (D.N.A.) में भिन्नताओं को देखा जा सकता है। जैसा कि ज्ञात है कि जीवधारी की प्रजाति के सभी सदस्यों के डी०एन०ए० प्रारूप भिन्न होते हैं। यही कारण है कि समरूपी जुड़वाँ (identical twins) को छोड़कर किसी भी व्यक्ति का फिंगर प्रिन्ट एक-दूसरे से मेल नहीं करता। प्रत्येक जीवधारी की सभी कोशिकाओं में एक जैसा डी०एन०ए० पाया जाता है। डी०एन०ए० के कारण एक व्यक्ति दूसरे व्यक्ति से भिन्न होता है। डी०एन०ए० के फिंगर प्रिन्टिंग द्वारा डी०एन०ए० में स्थित उन क्षेत्रों की पहचान की जाती है जो एक व्यक्ति से दूसरे व्यक्ति में किसी भी मात्रा में भिन्नता दर्शाते हैं।

डी०एन०ए० के इन्हीं क्षेत्रों के कारण शरीर में विभिन्नताएँ उत्पन्न होती हैं। इन विभिन्नता दर्शाने वाले सैटेलाइट डी०एन०ए० (Satellite D.N.A.) को प्रोब (परीक्षण करने वाली सलाई) की भाँति प्रयोग करते हैं। इसमें काफी बहुरूपता होती है। एक्स-रे फिल्म पर एक पट्टिकाओं (bands) के क्रम के रूप में प्राप्त करके उनकी स्थिति, विशिष्टता और पहचान कर सकते हैं। किसी एक व्यक्ति के डी०एन०ए० के क्रम पट्टियों के रूप में अनिवार्य रूप से विशिष्ट होते हैं। समरूप जुड़वाँ के डी०एन०ए० पूर्णरूपेण समरूप हो सकते हैं।



इन पट्टियों का परिचित्र इलेक्ट्रोफोरेसिस तथा एक रेडियोएक्टिव पदार्थ की सहायता से प्राप्त किया जाती है। विद्युत क्षेत्र की उपस्थिति में क्षारों की मात्रा विलोमानुपाती ढंग से दूरियाँ तय करती है जो कि बैण्ड या पट्टिकाओं के रूप में दृष्टिगोचर होती है।

डी०एन०ए० फिंगर प्रिन्ट विभिन्न ऊतकों (खून, बाल पुटक, त्वचा, अस्थि, लार, शुक्राणु आदि) से प्राप्त किए जा सकते हैं। डी०एन०ए० फिंगर प्रिन्ट का उपयोग अपराध मामलों जैसे-खूनी, बलात्कारी को पहचानने के लिए, पितृत्व के झगड़ों में पारिवारिक सम्बन्धों को ज्ञात करने आदि में किया जाता है।

प्रश्न 14 निम्न का संक्षिप्त वर्णन कीजिए-

a. अनुलेखन

- b. बहुरूपता
- c. स्थानांतरण
- d. जैव सूचना विज्ञान

उत्तर-

- a. **अनुलेखन-** डीएनए की एक रज्जुक से आनुवांशिक सूचनाओं का आरएनए में प्रतिलिपीकरण करने की प्रक्रिया को अनुलेखन कहते हैं। पूरकता का सिद्धांत अनुलेखन प्रक्रम को नियंत्रित करता है जिसमें एडिनोसिन थाइमिन की जगह पर यूरेसील के साथ क्षारयुग्म बनाता है। केवल डीएनए का एक छोटा भाग पॉलीपेप्टाइड का कूटलेखन करता है।
- b. **बहुरूपता-** अव्यक्तेक अनुक्रमों में उत्परिवर्तन के माध्यम से उत्पन्न होने वाले डीएनए में भिन्नता को बहुरूपता कहा जाता है। इस तरह की विभिन्नताएँ डीएनए की विशिष्ट स्थलों के लिए अद्वितीय हैं और निवेशन, विलोपन या प्रतिस्थापन के कारण हो सकती हैं। यह इलेक्ट्रोफोरेसिस द्वारा डीएनए खंडों द्वारा पृथक्करण करके प्राप्त किया जा सकता है। डीएनए अनुक्रम में मिलने वाली बहुरूपता डीएनए अंगुलिछापी मानव जीनोम के आनुवांशिक नक्शे तैयार करने में लाभदायक है।
- c. **स्थानांतरण-** स्थानांतरण वह प्रक्रिया है जिसमें एमीनो अम्लों के बहुकलन से पॉलीपेप्टाइड का निर्माण होता है। एमीनो अम्लों के क्रम व अनुक्रम दूत आरएनए में पाए जाने वाले क्षारों के अनुक्रम पर निर्भर करता है।
- d. **जैव सूचना विज्ञान-** यह कम्प्यूटर विज्ञान और सूचना प्रौद्योगिकी का उपयोग होता है, जो प्रबंधन, जीनोमीक्स की बड़ी सूचनाओं को संशोधित करने, सूचना प्रसंस्करण, आँकड़ों का विश्लेषण करने और नए ज्ञान का निर्माण करने के साथ काम करता है।