वंशागति का आणविक आधार
(MOLECULAR BASIS OF INHERITANCE)

6 Chapter

INSIDE THIS CHAPTER

6.1 DNA (Deoxyribonucleic acid)
6.2 आनुवंशिक पदार्थ की खोज
6.3 RNA संसार
6.4 DNA प्रतिकृति
6.5 अनुलेखन
6.6 आनुवंशिक कूट
6.7 अनुवादन
6.8 जीन अभिव्यक्ति का नियमन
6.9 मानव जीनोम परियोजना
6.10 DNA अंगुलिछापी
6.11 Point to Interest
6.12 N.C.E.R.T. पाठ्य पुस्तक के प्रश्न उत्तर
6.13 अन्य महत्वपूर्ण प्रश्न
6.14 वस्तुनिष्ठ प्रश्न

- सभी सजीव कोशिकाओं (प्रोकेरियोटिक एवं युकेरियोटिक) में दो प्रकार के न्यूक्लिक अम्ल (Nucleic acid) DNA व RNA पाये जाते हैं।
- अधिकांशत: जीवों में आनुवांशिक पदार्थ DNA (Deoxyribonucleic acid) होता है। जबकि पादप विषाणुओं (Plant viruses) में RNA (Ribonucleic acid) आनुवांशिक पदार्थ के रूप में मिलता है।
- न्यूक्लिक अम्ल प्रोकेरियोटिक कोशिकाओं में स्वतंत्र तथा यूकेरियोटिक कोशिकाओं में हिस्टोन (Histone) से संयुक्त होकर न्यूक्लियोप्रोटीन्स (Nucleo proteins) बनाते हैं।
- कोशिका में स्थित क्रोमेटिन न्यूक्लियो प्रोटीन्स के बने होते हैं।
- न्यूक्लिक अम्ल न्यूक्लियोटाइड का बहुलक (Polymer) होता है।
- ये सभी सजीवों में आनुवांशिक संगठन का नियमन करते हैं तथा प्रोटीन संश्लेषण के लिये आवश्यक है।

6.1 DNA (Deoxyribonucleic acid)

- **DNA**– पादप विषाणुओं के अतिरिक्त सभी सजीवों में स्थित महत्वपूर्ण जैव रासायनिक यौगिक है, इसे शरीर की आत्मा कहा जाता है क्योंकि सभी सजीवों की जैव क्रियाओं के संदेश इसमें कोडित होते हैं। एक पीढ़ी से दूसरी पीढ़ी तक आनुवांशिक सूचनायें प्रदान करता है।
- DNA की लम्बाई सामान्यतया इसमें मिलने वाले न्यूक्लियोटाइड्स पर निर्भर है यह किसी भी जीव की विशेषता है। उदाहरणार्थ–जीवाणु भोजी **ϕX174 में 5386**, जीवाणु भोजी **λ (Lambda) में 48502,** *E. coli* में **4.6×10^6**, व मनुष्य के अगुणित **DNA में 3.3×10^9** न्यूक्लियोटाइड्स (क्षार युग्म) होते हैं।

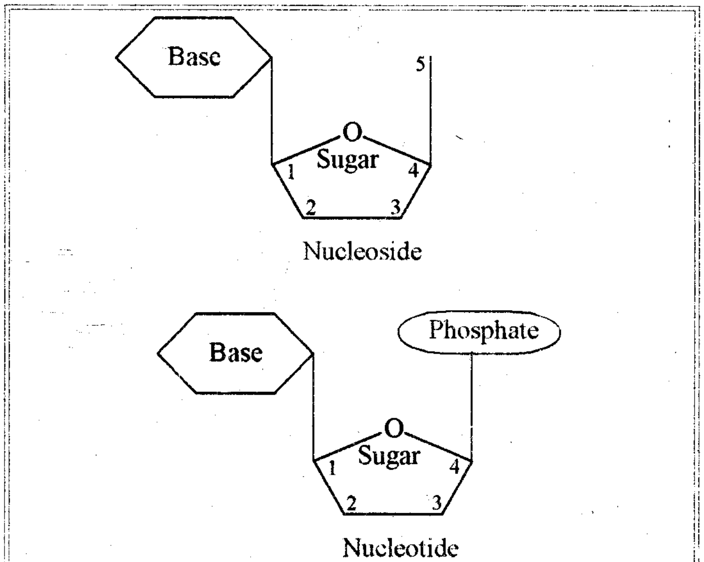
6.1.1 पॉली–न्यूक्लियोटाइड शृंखला की संरचना (Structure of Polynucleotide chain)

- DNA एक वृहत अणु है, इसके निर्माण में हजारो न्यूक्लियोटाइडो का उपयोग होता है। अत: DNA अणु एक पॉलीन्यूक्लियोटाइड संरचना है।
- न्यूक्लियोटाइड के तीन घटक होते हैं–नाइट्रोजनी क्षार, पेंटोज शर्करा और फास्फेट समूह।
- नाइट्रोजनी क्षार (Nitrogenous bases) दो प्रकार के होते हैं–

(i) प्यूरीन्स (Purines)— यह दो वलय वाले क्षार होते हैं, इनमें एक हेक्सा वलय दूसरी पेन्टा वलय होती है उदाहरण एडिनीन (Adenine) एवं ग्वानीन (Guanine)

(ii) पिरिमिडिन्स (Pyrimidines)— यह एक हेक्सा वलय का क्षार होता है। उदाहरण साइटोसीन (Cytosine) थाइमिन (Thymine) व यूरेसिल (Uracil)

- साइटोसीन DNA व RNA दोनों में मिलता है जबकि थाइमिन DNA में मिलता है। थाइमिन के स्थान पर यूरेसिल RNA में मिलता है।
- नाइट्रोजनी क्षार नाइट्रोजन ग्लाइकोसिडिक बंध द्वारा पेंटोज शर्करा से जुड़कर न्यूक्लियोसाइड (Nucleoside) बनाता है।

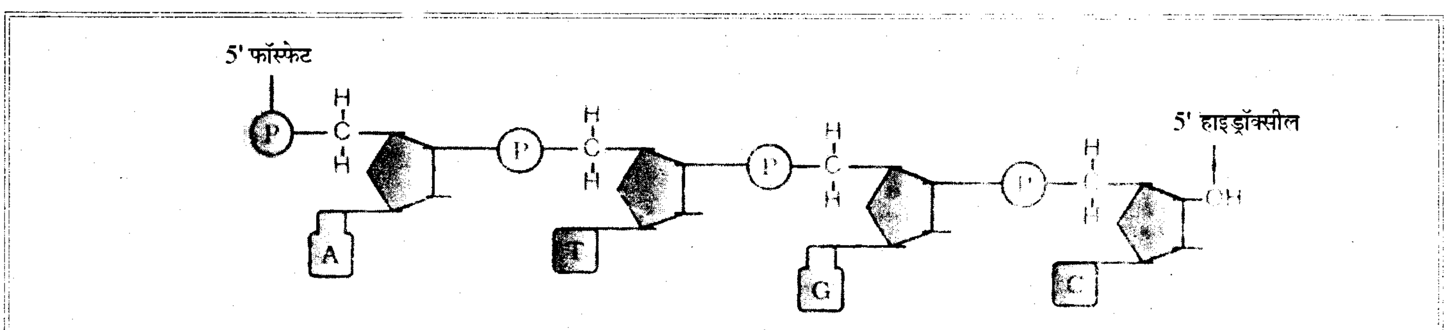


न्यूक्लियोसाइड एवं न्यूक्लियोटाइड की संरचना

- DNA में चार प्रकार के न्यूक्लियोसाइड्स होते हैं—
  (i) डी-ऑक्सी एडीनोसीन : एडेनीन + डी ऑक्सीराइबोज
  (ii) डी-ऑक्सी थाइमिडीन: थाइमीन + डीऑक्सीराइबोज
  (iii) डी-ऑक्सी साइटीडीन : साइटोसीन + डीऑक्सीराइबोज
  (iv) डी ऑक्सी ग्वानोसीन : ग्वानीन + डीऑक्सीराइबोज
- अब ये न्यूक्लियोसाइड फास्फोरिक अम्ल के अणु से क्रिया करके राइबोज तथा डी-ऑक्सीराइबोज न्यूक्लियोटाइड बना देते हैं।
- दो न्यूक्लियोटाइड्स 3'-5' फास्फोडाइस्टर बंध (Phosphodiester bond) द्वारा जुड़कर डाइन्यूक्लियोटाइड का निर्माण करता है इस तरह से कई न्यूक्लियोटाइड्स जुड़कर एक पालीन्यूक्लियोटाइड्स शृंखला का निर्माण करते हैं। (चित्र 6.1)
- DNA में चार प्रकार के न्यूक्लियोटाइड पाये जाते हैं—
  (i) डी-ऑक्सी एडिनीलिक अम्ल
  (ii) डी-ऑक्सी थाइमीडिलिक अम्ल
  (iii) डी-ऑक्सी साइटीडिलिक अम्ल
  (iv) डी-ऑक्सी ग्वानीलिक अम्ल
- प्रत्येक न्यूक्लियोटाइड आपस में शर्करा के 2', 3' और 5' स्थिति पर ही फास्फोडाइस्टर बंधों द्वारा जुड़े होते हैं।
- RNA में 2', 3' और 3', 5' फास्फोडाइस्टर बंध तथा DNA में केवल 3', 5' फास्फोडाइस्टर बंध पाये जाते हैं।
- स्विट्जरलैण्ड के प्रसिद्ध वैज्ञानिक **फ्रेडरिक मीश्चर** (Fredrick Miescher) ने सन् 1869 में केन्द्रक में मिलने वाले अम्लीय पदार्थ DNA की खोज की थी। इन्होंने इसे न्यूक्लीन नाम दिया।
- **आल्टमेन** (Altman) ने सन् 1899 में इसे न्यूक्लिक अम्ल नाम दिया।
- यह सभी जीवित कोशिकाओं में पाया जाने वाला एक वृहत अणु है जो **न्यूक्लियोप्रोटीन** (Nucleoprotein) के रूप में पाया जाता है।

DNA की संरचना (Structure of DNA)

- **मौरिस विल्किन्स व रोजलिन फ्रेंकलिन** (Morris Wilkins and Rosalind Frenklin) द्वारा एक्स-रे क्रिस्टलोग्राफी के आधार पर 1953 में **जेम्स वाट्सन व फ्रासिस क्रिक** ने DNA की संरचना का द्विकुंडली नमूना प्रस्तुत किया।
- **वाट्सन एवं क्रिक** (Watson and Crick) को DNA की संरचना समझाने तथा मॉडल प्रस्तावित करने के लिये 1962 में नोबेल पुरस्कार से सम्मानित किया गया था।
- **वाट्सन एवं क्रिक** के DNA मॉडल की निम्न संरचनात्मक विशेषताएँ हैं—



चित्र 6.1 : एक पॉलीन्यूक्लियोटाइड शृंखला

(i) DNA में दो पॉलीन्यूक्लियोटाइड शृंखलायें होती है। (चित्र6.2)

(ii) दोनों शृंखलायें अक्ष पर सर्पिल रूप में कुण्डलित (Spirally coiled) होती है। अत: DNA एक द्विकुण्डली संरचना है जिसमें दोनों शृंखलायें प्रति समानान्तर (antiparellel) दिशाओं में अभिविन्यासित रहती है।

(iii) दोनों रज्जुक आपस में हाइड्रोजन बन्धों की ऊर्जा तथा जल विरोधी अन्योन्य क्रिया (hydrophobic interaction) द्वारा जुड़े रहते है। ये हाइड्रोजन बंध N- क्षारों के मध्य होते हैं। A तथा T के मध्य दो H- बन्ध (A = T) तथा C व G के मध्य तीन H- बंध (C ≡ G) होते हैं।

- H- बन्ध अपेक्षाकृत कमजोर होते हैं, लेकिन संख्या में अधिक होने से ये DNA के दोनों रज्जुको को संयोजित करने में सफल होते हैं।

(iv) एक रज्जुक (Strand) के न्यूक्लियोटाइड क्रम में सूचनायें निहित रहती है इसे संवेदी (Sense) रज्जुक कहते हैं। इसके पूरक रज्जुक को प्रतिसंवेदी (antisense) रज्जुक कहा जाता है।

(v) DNA अणु का व्यास 20A तथा सर्पिल सूत्रों के एक कुडलन की लम्बाई 34Å होती है। प्रत्येक कुंडलन में 10 क्षार युग्म (Base pair) होते हैं। दो निकटवर्ती क्षार युग्मों के बीच की दूरी 3.4Å होती है।

(vi) एक शृंखला का पिरिमिमिडिन हमेशा दूसरी शृंखला के प्यूरिन से युग्म करता है यह संबंध अणु को 20A चौड़ाई प्रदान करता है।

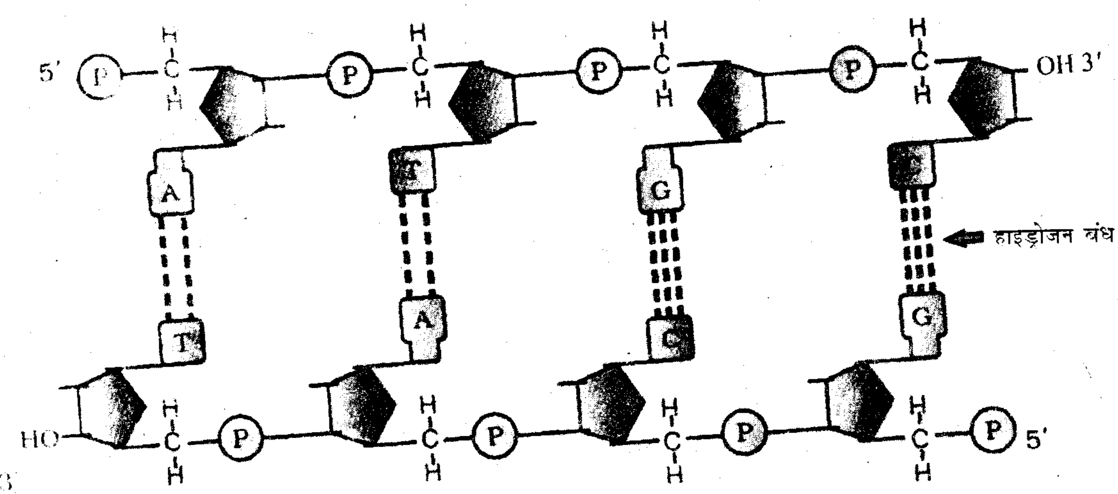
(vii) DNA में A से T व C से G युग्मित (Paired) होती है, लेकिन अणुओं की संख्या G की संख्या के समान होनी आवश्यक नहीं है और ठीक इसी प्रकार C एवं T अणुओं की संख्या में भी परस्पर कोई समानता नहीं होती है। (चित्र 6.3)

DNA के विभिन्न प्रारूप (Various Forms of DNA)

DNA के अनेक रूप देखने को मिलते हैं जो निम्न प्रकार हैं—

1. **रेखाकार और वृत्ताकार DNA** (Linear or Circular DNA)– DNA अणु दो प्रकार के होते हैं–रेखाकर और वृत्ताकार। रेखाकार DNA अणुओं के दोनों सिरे स्वतंत्र होते हैं और ये प्राय: सुकेन्द्रकीय कोशिकाओं (Eukaryotic cells) के केन्द्रकों में पाये जाते हैं। ये प्रोटीन से सम्बद्ध (associated with protein) होते हैं। ये अनेक गुणसूत्रों का निर्माण करते हैं और इनमें द्विवलयक स्थिति (Double stranded position) में होते हैं।

- वृत्ताकार DNA अणुओं के दोनों सिरे स्वतंत्र नहीं होते हैं अर्थात् एक दूसरे से जुड़े होते हैं। ये पूर्व-केन्द्रकीय कोशिकाओं (Prokaryotic cells) में पाये जाते हैं। इसके अतिरिक्त सुकेन्द्रकीय कोशिकाओं के माइटोकॉन्ड्रिया तथा लवकों में भी ये पाये जाते हैं। ये प्रोटीन से सम्बन्ध नहीं होते हैं। पूर्व-केन्द्रकीय DNA केवल एक गुणसूत्र को प्रदर्शित करता है। कुछ विषाणुओं (Viruses) में रेखाकार DNA तथा अन्यविषाणुओं में वृत्ताकार DNA अणु पाये जाते हैं। दोनों ही प्रकार के DNA अणु कुण्डलित होकर कम से कम स्थान में समाहित हो जाते हैं।



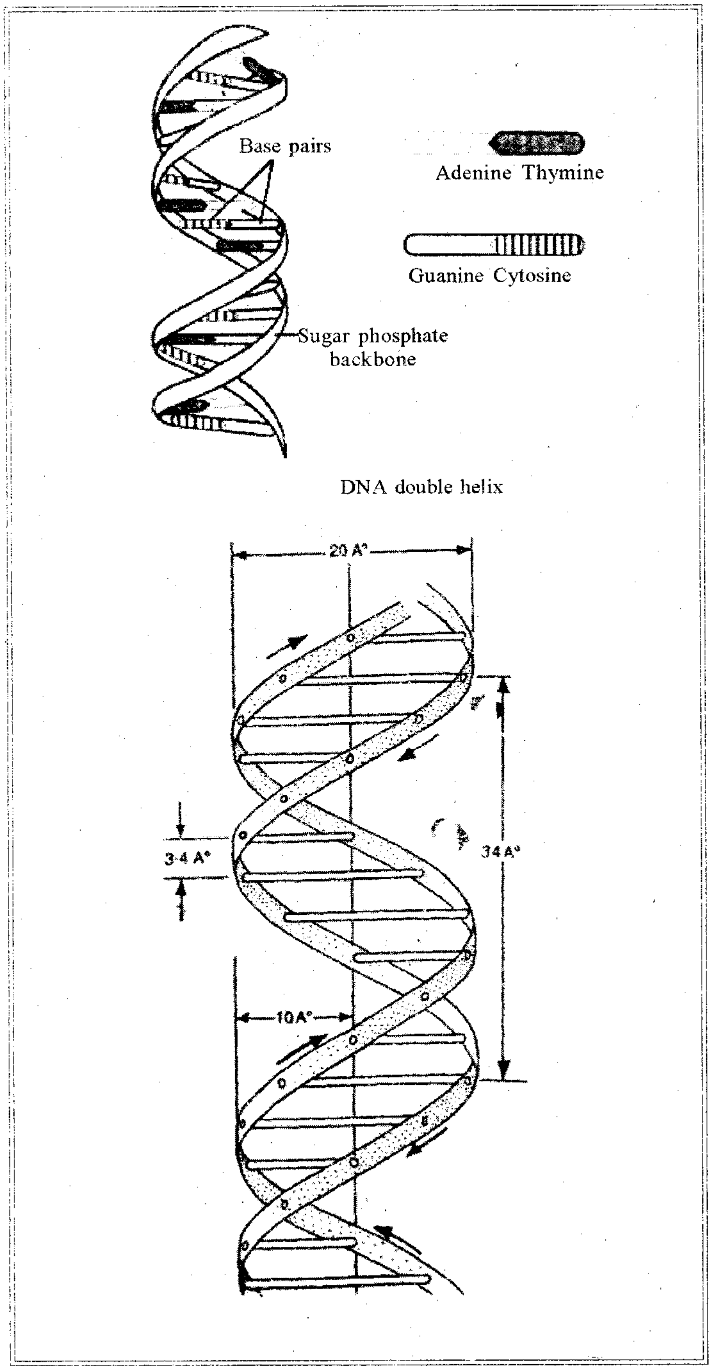
चित्र 6.2 : द्विरज्जुकीय पॉलीन्यूक्लियोटाइड शृंखला

- **चारगाफ** (Chargaff) ने विभिन्न DNA के विश्लेषण से ज्ञात किया कि A की मात्रा T व C की मात्रा G के बराबर होती है। (अर्थात् A = T, C = G)

(viii) दो शृंखलाओं के मध्य विपरीत ध्रुवता (opposite polarity) पायी जाती है। इस कारण ये एक-दूसरे से इस प्रकार विन्यासित रहती है कि शृंखला का 3' सिरा इसकी शृंखला के 5' सिरे के समीप स्थित होता है।

2. **पोषक व आनुवंशिक DNA** (Trophic and Genetic DNA)– सिलिएट (ciliate) प्राणियों में अलग-अलग पोषक DNA व आनुवंशिक DNA क्रमश: दीर्घकेन्द्रक (macronucleus) तथा लघु केन्द्रक (micro nucleus) में पाये जाते हैं। दीर्घकेन्द्रक कायिक क्रियाओं का तथा लघुकेन्द्रक जनन क्रियाओं का नियन्त्रण करता है।

3. **A, B, C, D और Z–DNA**— DNA के पाँच स्वरूपों का वर्णन किया गया है– A, B, C,D तथा Z। यद्यपि इन सभी DNA की संरचना वाटसन और क्रिक मॉडल (Watson and Crick Model) के अनुरूप होती है



चित्र: 6.3 द्विकुण्डली DNA

किन्तु न्यूक्लिओटाइड युगलों के बीच की दूरी, एक DNA कुण्डलिनी (DNA coil) में न्यूक्लिओटाइड जोड़ियों की संख्या तथा कुंडलन की दिशा में कुछ विभिन्नताएँ पायी जाती हैं।

(i) **A-DNA**- A-DNA में दोनों शृंखलाएँ दक्षिणावर्त कुण्डलित (clockwise coilded) होती है इसे दक्षिणावर्त (right handed) DNA भी कहते हैं। इस प्रारूप के DNA के प्रत्येक चूड़ी अंतराल (pitch) अर्थात् प्रत्येक कुण्डलन में 11 क्षारक युग्म (न्यूक्लिओटाइड जोड़ियाँ) होते हैं। चूडी अन्तराल वह लम्बवत् दूरी है जिसमें किसी कुण्डल (helix) का एक फेरा पूरा होता है।

(ii) **B-DNA**– B-DNA में भी दोनों शृंखलाएँ दक्षिणावर्त कुण्डलित (clockwise coiled or right handed) होती हैं। इसके प्रत्येक चूड़ी अन्तराल (pitch) या प्रत्येक कुण्डल में 10 न्यूक्लिओटाइड युगल (nucleotide pair) होते हैं। वाटसन एवं क्रिक ने जिस DNA अणु की संरचना का वर्णन किया था वह B-DNA ही था। यह DNA सभी कोशिकाओं में शरीर क्रियात्मक अवस्थाओं (physiological condition) में पाया जाता है। वास्तव में B-DNA के प्रत्येक कुण्डल में 10 के स्थान पर 10.4 क्षारक युग्म पाये जाते हैं और प्रत्येक का चूड़ी अंतराल 34 Å होता है।

(iii) **C-DNA**–C-DNA में भी दोनों शृंखलाएँ दक्षिणावर्त कुण्डलित होती हैं। इसके प्रत्येक कुण्डल में केवल 9 न्यूक्लिओटाइड युगल (nucleotide pairs) होते हैं इसका व्यास 19Å तथा चूड़ी अन्तराल 31Å होता है।

(iv) **D-DNA**–D-DNA में भी दोनों शृंखलाएँ दक्षिणावर्त कुण्डलित होती हैं। इसके प्रत्येक कुण्डल में केवल 8 न्यूक्लिओटाइड क्षार युग्म (nucleotide pairs) होते हैं।

(v) **Z-DNA**–Z-DNA में दोनों शृंखलाएँ वामावर्त कुण्डलित (Anticlockwise coilded or left handed) होती हैं। इसकी द्विकुंडलिनी टेढ़ी-मेढ़ी (zig-zag) होती है। इसके प्रत्येक कुण्डल में 12 न्यूक्लिओटाइड क्षार युग्म (nucleotide pairs) होते हैं। इसका चूड़ी अन्तराल 69Å होता है।

- Z-DNA मुख्यत: जीनोम में उन स्थानों पर पाया जाता है जो कोशिका कार्यिकी नियन्त्रण से सम्बन्धित है। **अलेक्जेण्डर रिच** एवं सहयोगियों (Alexender Rich at al, 1979) ने Z-DNA की खोज की तथा इसकी शर्करा फास्फेट रज्जु (Sugar-phosphate strand) के टेढ़े-मेढ़े होने के कारण Z-DNA नाम दिया।
- Z-DNA ड्रोसोफिला के **लारग्रन्थि गुणसूत्र** (salivary gland chromosome) में उपस्थित होता है। Z-DNA की खोज पात्रे (in vitro) में हुई थी और यह जीवे (in vivo) नहीं पाया गया।

DNA के A,B,C,D तथा Z- प्रारूप

लक्षण (Characters)	A-DNA	B-DNA	C-DNA	D-DNA	Z-DNA
1. कुण्डलन (coiling)	दक्षिणावर्त	दक्षिणावर्त	दक्षिणावर्त	दक्षिणावर्त	वामावर्त
2. चूड़ी अन्तराल (pitch)	28Å	34Å	31Å	–	69Å
3. क्षारक युग्म (base pair)	11.0	10(10-10.6)	9.33	8	12
4. व्यास (diameter)	23Å	19Å	19Å	–	18Å
5. प्रतिक्षारक युग्म लम्बवत् दूरी	2.56Å	3.38Å	3.32Å	–	571Å
6. शर्करा फॉस्फेट रज्जु का स्वरूप	नियमित	नियमित	नियमित	नियमित	टेढ़ा-मेढ़ा

कोडिंग तथा नॉन-कोडिंग DNA (Coding and Non-coding DNA)

सुकेन्द्रकीय कोशिकाओं (eukaryotic cells) में दो प्रकार का DNA पाया जाता है-क्रियाशील या कोडिंग DNA (Functioanl or coding DNA) तथा अक्रिय या नॉन-कोडिंग DNA (Non-functional or non-coding DNA)

1. **अक्रियाशील या नॉन-कोडिंग DNA (Non-functional or Non-coding DNA)**–

- सुकेन्द्रकीय कोशिकाओं में DNA का अधिकांश भाग RNA में अनुलेखित (code) नहीं होता है और यह कोशिका कायिर्की (cell physiology) व आनुवंशिकी (genetics) में भाग नहीं लेता है। इसी कारण इसे अक्रियाशील या नॉन-कोडिंग DNA कहते हैं।
- इसमें नाइट्रोजनी क्षारकों (nitrogenous bases) के अनुक्रमों की कई बार पुनरावृत्ति होती है। इसलिए ये खण्ड पुनरावृत्तीय (repetious) DNA भी कहलाते हैं। कुछ पुनरावृत्तीय खण्ड एक ही जाति के जीवों में एक निश्चित स्थान पर नहीं पाये जाते। इन्हें जम्पिंग जीन (jumping gene) कहते हैं।
- एक जपिंग जीन स्वयं की प्रतिलिपि बना सकता है किन्तु यह प्रतिलिपि जीनोम के किसी अन्य भाग में समाहित हो जाती है। वास्तविक जीन अपने ही स्थान पर बना रहता है और जम्प नहीं करता।
- जीवाणुओं में बहुत कम अक्रिय DNA पाया जाता है। अक्रिय DNA की उपस्थिति यह प्रदर्शित करती है कि सुकेन्द्रकीय जीव उनके कुल DNA का कुछ भाग ही प्रयोग करते हैं।

2. **क्रियाशील या कोडिंग DNA** (Functional or Coding DNA)– क्रियाशील या कोडिंग DNA वास्तव में सिस्ट्रॉन (cistron) को प्रदर्शित करते हैं। ये अक्रियाशील DNA अनुक्रमों के बीच-बीच में स्थित होते हैं। ये दो प्रकार के होते हैं— (i) कुछ DNA खण्ड (DNA fragment), rRNA, + RNA तथा हिस्टोन प्रोटीन (Histone protein) के संश्लेषण से सम्बन्धित होते हैं। कोशिका के अन्दर ऐसे खण्डों की अनेक प्रतिलिपियाँ (copies) पायी जाती है।

सेन्ट्रल डोग्मा (Central Dogma)

क्रिक (Crick) 1958 ने प्रस्तावित किया कि आनुवांशिक सूचनाओं का प्रवाह DNA से RNA व प्रोटीन की ओर एक दिशा (unidirectional) में होता है। इस तथ्य को क्रिक ने एक सिद्धान्त के रूप में प्रस्तावित किया जिसे अणु जीव विज्ञान (molecular biology) में **केन्द्रीय सिद्धान्त** (central dogma) कहते हैं।

$$DNA \xrightarrow[\text{(Duplication)}]{\text{द्विगुणन}} DNA \xrightarrow[\text{(Transcription)}]{\text{अनुलेखन}} mRNA \xrightarrow[\text{(Translation)}]{\text{अनुवादन}} Protein$$

- 1970 में **टेमिन** तथा **वाल्टीमोर** (Temin & Baltimore) ने RNA विषाणुओं पर कार्य करते हुये पाया कि RNA विपरीत क्रियायें करके DNA का संश्लेषण कर लेता है। इसे सूचना का विपरीत प्रवाह (Reverse flow of Inflormation) कहते हैं। इसे **टेमेनिज्म** (Temenism) भी कहते हैं।

$$DNA \underset{\text{Transcription}}{\overset{\text{Reverse Transcriptase}}{\rightleftharpoons}} RNA \xrightarrow[\text{Translation}]{} Protein$$

6.1.2 DNA कुण्डली का पैकेजिंग (Packaging of DNA)

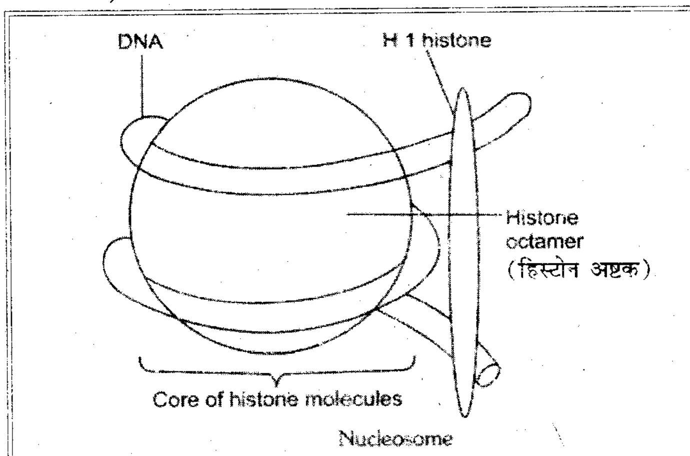
यह दो प्रकार से होता है—

(1) प्रोकेरियोट्स में DNA की पैकेजिंग

- इन कोशिकाओं में सुविकसित केन्द्रक नहीं पाया जाता है। DNA ऋणावेशित और वलयाकार होता है DNA कुछ धनावेशित नॉन-हिस्टोन प्रोटीन से जुड़कर एक जगह स्थित होते हैं जिसे केन्द्रकाभ (Nucleoid) कहते हैं।
- केन्द्रकाभ में DNA बड़े लूपों में व्यवस्थित होता है जो प्रोटीन से जुड़े होते हैं।

(2) यूकेरियोट्स में DNA की पैकेजिंग

- **रोजर कोरेनवर्ग** (1974) ने बताया कि गुणसूत्र DNA व प्रोटीन के बने होते हैं।
- DNA अणु की पूरी लम्बाई में अनेक ऋणावेशित स्थान होते हैं, इन्हीं स्थानों पर **धनावेशित हिस्टोन प्रोटीन** के अणु आबन्धित रहते हैं। DNA तथा प्रोटीन के इस सम्मिश्रण **को क्रोमेटिन** कहते हैं।
- DNA से संयुक्त हिस्टोन प्रोटीन पाँच प्रकार की होती है। (H_1, H_2A, H_2B, H_3 व H_4) । इनमें से H_1, H_2A, H_2B में लाइसिन की अधिकता तथा H_3, H_4 आर्जीनिन अधिकता वाली होती है।
- हिस्टोन मुख्यत: DNA की पैंकिंग में संरचनात्मक भूमिका निभाते हैं और DNA अणुओं को सघन रूप में पैकेंजिंग करते हैं, हिस्टोन का निर्माण या संश्लेषण **कोशिका-विभाजन के S- फेज** में होता है।
- H_2A, H_2B, H_3, H_4 हिस्टोन प्रोटीनों के दो-दो अणु (आठ अणु) मिलकर एक हिस्टोन अष्टक (Histone Octamer) बनाते हैं जो क्रोड कण (Core particles) कहलाता है। इस क्रोड के चारों तरफ DNA शृंखला के कुछ भाग (लगभग 146-147 क्षारीय जोड़े) लिपटे रहते हैं। अत: सभी क्रोड आपस में DNA द्वारा जुड़ी रहती है और लिपटे हुये DNA के मणिका (Bead) के रूप में दिखायी देती है।
- DNA सहित मणिका समान इन क्रोडों को **न्यूक्लियोसोम** (Nucleosome) कहते हैं।



चित्र 6.4 : न्यूक्लियोसोम (Nucleosome)

- दो न्यूक्लियोसोम को जोड़ने वाले DNA को लिंकर DNA (Linker DNA) कहते हैं इनमें लगभग 60 युग्म नाइट्रोजनी क्षार पाये जाते हैं।
- DNA का इस प्रकार मणियों पर लिपटना DNA पेंकिंग का पहला चरण होता है। (चित्र 6.4)
- पेंकिंग के दूसरे चरण में न्यूक्लियोसोम पर नलिका (Solenoid) के रूप में व्यवस्थिति हो जाती है। जिसके कारण क्रोमेटिन तन्तु की मोटाई 30nm हो जाती है। इसे क्रोमेटिन की द्वितीयक संरचना कहते हैं। सोलेनायड तन्तु फिर **कुण्डिलित होता** है जिसके फलस्वरूप एक अत्यन्त संघनित, सघन **क्रोमेटिन संरचना** अर्थात् गुणसूत्र बनता है। जो कोशिका विभाजन की **मध्यावस्था** में दिखायी देते हैं।
- उच्च स्तर पर क्रोमेटीन के पेकेजिंग के लिये अतिरिक्त प्रोटीन की आवश्यकता होती है जिसे सामूहिक रूप से गैर-हिस्टोन गुणसूत्रीय

प्रोटीन (Non-Histone chromosomal protein N.H.C.) कहते हैं।

- केन्द्रक में कुछ जगहों पर क्रोमेटीन **ढीले-ढाले व हल्के** अभिरंजित होते हैं इन्हें यूक्रोमेटिन (Euchromatin) कहते हैं। क्रोमेटीन जो अच्छे ढंग से बंधे होते हैं व अच्छे (गहरे) **अभिरंजित** होते हैं। **हेटरोक्रोमेटिन** कहलाते हैं। (चित्र 6.5)
- **यूक्रोमेटिन व हेटरोक्रोमेटिन** DNA के बने होते हैं।
- यूक्रोमेटिन भाग आनुवांशिक दृष्टि से सक्रिय होता है जबकि हेटरोक्रोमेटिन आनुवांशिक दृष्टि से **अक्रिय** होता है।
- **यूक्रोमेटिन** में हेटरोक्रोमेटिन की अपेक्षा जीन विनिमय की मात्रा अधिक होती है।
- यूक्रोमेटिन के द्वारा DNA से RNA का अनुलेखन (Transcription) होता है जबकि हेटरोक्रोमेटिन से **DNA से RNA** नहीं प्राप्त होता है।

EM picture 'Beads-on-String'.

चित्र 6.5 : डोरी पर मणिका (EM picture 'Beads-on-String')

स्वयं हल करें

प्र.1. न्यूक्लियोसोम किसे कहते हैं?

अथवा

धनावेशित प्रोटीन जिसके चारों ओर ऋणावेशित DNA लिपटा होता है, का नाम लिखिए।

प्र.2. DNA की लम्बाई की गणना सामान्यत: कैसे की जाती है?

प्र.3. मनुष्य के अगुणित DNA में कितने क्षार युग्म पाये जाते हैं।

प्र.4. DNA की पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखला के 5' सिरे व 3' सिरे पर राइबोज शर्करा से कौनसे समूह जुड़े रहते हैं?

प्र.5. DNA की खोज किसने की?

प्र.6. DNA की संरचना का द्विकुण्डली नमूना किसने प्रस्तुत किया?

प्र.7. क्रोमेटिन किसे कहते हैं?

उत्तरमाला

उ.1 धनावेशित हिस्टोन अष्टक व उसके चारों ओर लिपटे हुए ऋणावेशित DNA को सामूहिक रूप से न्यूक्लिओसोम कहते हैं।

उ.2 DNA की लम्बाई की गणना द्विसूत्री DNA में क्षार युग्मों या न्यूक्लिओटाइडों के युग्मों की संख्या से की जाती है।

उ.3 3.3×10^9 क्षार युग्म

उ.4 5' सिरे पर फॉस्फेट समूह व 3' सिरे पर हाइड्रॉक्सिल समूह।

उ.5 फ्रेडरिच मेस्चर (1869) ने।

उ.6 जेम्स वाट्सन व फ्रांसिस क्रीक (1953) ने।

उ.7 केन्द्रक में मिलने वाली उस संरचना को जिसमें न्यूक्लियोसोम एक के बाद एक मिलते हैं, क्रोमेटिन कहते हैं।

6.2 आनुवांशिक पदार्थ की खोज (Discovery of Genetic material)

- **मीशर** द्वारा **न्यूक्लीन** व मेंडल के वंशागति सिद्धान्तों द्वारा यह सिद्ध हो गया कि DNA आनुवांशिक पदार्थ के रूप में कार्य करता है। इसके साथ प्रोटीन पर अनेक अन्वेषण हुये तथा कई वैज्ञानिकों ने यह निष्कर्ष निकाला कि प्रोटीन की वंशागति में भूमिका होती है।
- ग्रिफीथ तथा अन्य वैज्ञानिकों के सहयोग से यह सही रूप से सिद्ध किया जा चुका है कि DNA एक आनुवांशिक पदार्थ है।

रुपान्तरीय सिद्धान्त (Transforming Principle)

- सन् 1928 में फेडेरिक ग्रिफीथ ने रूपान्तरण की खोज *स्ट्रेप्टोकोकस न्यूमोनी (Streptococus pneumoniae)* में की जो स्तनधारियों में न्यूमोनिया रोग उत्पन्न करता है।
- *स्ट्रेप्टोकोकस न्यूमोनी* जीवाणु को संवर्धन करने पर इसकी कॉलोनी चिकनी व खुरदरी प्राप्त होती है।
- चिकनी (smooth–S) या केप्सुलेटेड उग्र व निमोनिया कारक होती है जबकि खुरदरी (Roogh-R) उग्र नहीं होते व निमोनिया नहीं फैलाते।
- ग्रिफीथ (Griffith) ने दोनों विभेदों के संवर्धनों को चूहे के शरीर में भिन्न-भिन्न प्रकार से प्रवेश कराया जैसे–

  S- प्रभेद → चूहे ने प्रवेश कराया गया → चूहा मर जाता है।

  R- प्रभेद → चूहे ने प्रवेश कराया गया → चूहा जीवित रहता है।

  S- प्रभेद (ताप से मृत) → चूहे में स्थानान्तरित → चूहा जीवित रहता है

  S प्रभेद ताप से मृत + R प्रभेद → चूहे में स्थानान्तरित → चूहा मर जाता है।

(1) S- प्रभेद के जीवाणु को चूहे में प्रवेश कराने पर उसकी मृत्यु हो जाती है क्योंकि उसे निमोनिया हो जाता है।

(2) R- प्रभेद के जीवाणु को चूहे में प्रवेश कराने पर मृत्यु नहीं होती है।

(3) S- प्रभेद के जीवाणु को 65°C पर गर्म करने से ये अरोगकारक हो जाते हैं अत: इन्हें प्रवेश कराने पर चूहे की मृत्यु नहीं होती है।

(4) S को अधिक ताप देने के बाद तथा जीवित R प्रभेद के जीवाणु को एक साथ मिलाकर चूहे में प्रवेश कराया जातो चूहे को निमोनिया से मृत्यु हो गयी।

जाँच करने पर मृत चूहे से R तथा S प्रभेद वाले जीवाणु प्राप्त हुये अर्थात् R प्रकार के जीवाणु मृत S का आनुवांशिक पदार्थ ग्रहण कर S प्रकार की संतति उत्पन्न करते हैं जो रोगकारी होते हैं।

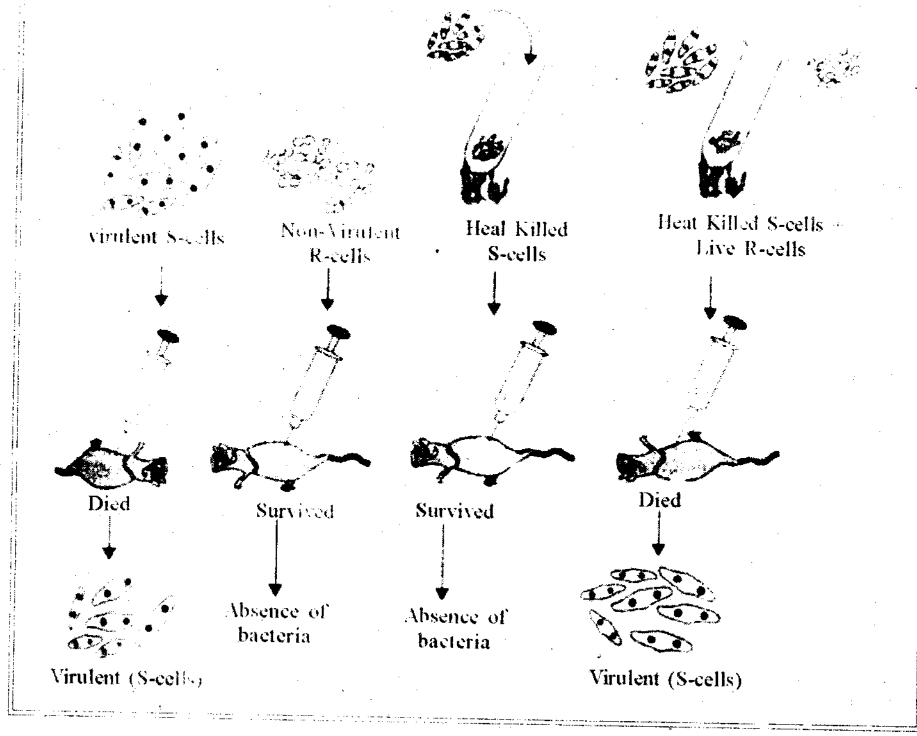
रुपांतरित सिद्धान्त के जीव रासायनिक लक्षण

(Biochemical characteristion of Transforming principle)

(i) 1943 में **एवेरी, मेकलियोड एवं मेकार्टी** (Avery, Macleod and Mac Carty) ने स्थानान्तरण होने वाले अवयव को पहचाना। इन्होंने गर्म किये गये मृत S- जीवाणु के निचोड़ से DNA के अतिरिक्त प्रोटीन, वसा तथा RNA को हटा दिया। यह DNA जीवाणु R जीवाणु में आसानी से स्थानान्तरित हो जाता है। (चित्र 6.6)

(ii) इन्होंने इस बात का भी पता लगाया कि प्रोटीन पाचक एंजाएम (प्रोटिऐज) व RNA पाचक एंजायम (RNase) इस रूपान्तरण को प्रभावित नहीं करते हैं, इस लिये रूपान्तरित पदार्थ प्रोटीन या RNA नहीं है।

(iii) DNase (डीऐनेज) से पाचन के बाद रूपान्तरण प्रक्रिया बंद हो जाती है। इससे स्पष्ट है कि DNA ही रूपानतरण के लिये जिम्मेदार है।



चित्र: 6.6 ग्रिफीथ का रूपान्तरण प्रयोग

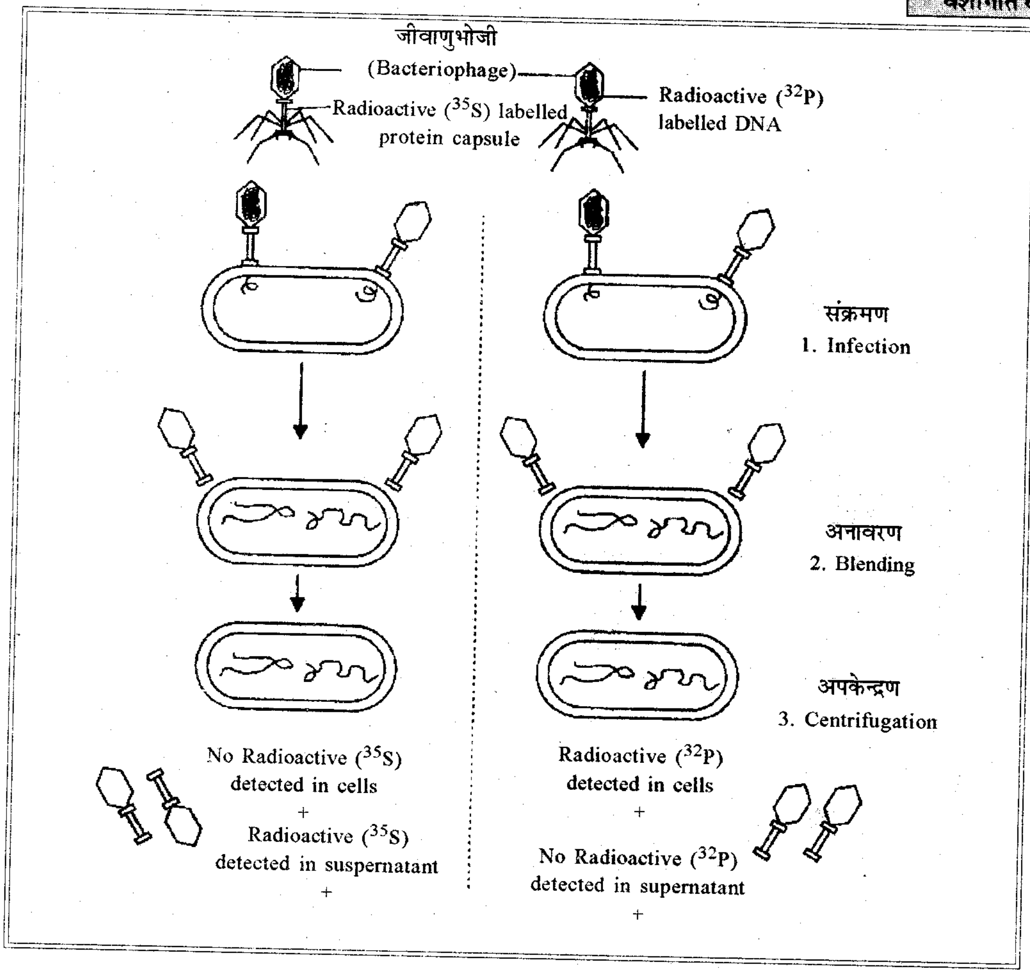
6.2.1 आनुवांशिक पदार्थ DNA है (DNA is Genetic Material)

- **हर्षे** व **चेस** (Hershey & Chase 1952) द्वारा प्रस्तुत प्रयोगों के परिणाम से यह सिद्ध हुआ कि DNA एक आनुवांशिक पदार्थ है। इन्होंने उन विषाणुओं पर कार्य किया जो जीवाणु को संक्रमित करते हैं जीवाणुभोजी कहते हैं। (चित्र 6.7)
- **हर्षे एवं चेस** ने रेडियोधर्मी फास्फोरस P^{32} व गन्धक S^{35} का उपयोग करते हुये जीवाणु भोजी के जीवन चक्र का अध्ययन किया। उन्होंने *ई. कोलाई (E. coli)* जीवाणु को P^{32} व S^{35} रेडियोधर्मी तत्वों युक्त माध्यमों पर अलग-अलग संवर्धित किया। ये रेडियोधर्मी सक्रिय तत्व जीवाणु के विभिन्न घटकों में स्वांगीकृत हो जाते हैं।

  इस प्रकार जीवाणुओं (*E.coli*) की दो प्रकार की कोलोनियां या समूह विकसित हो जाते हैं जिनमें से जीवाणुओं का एक समूह P^{32} रेडियो सक्रिय तत्व युक्त व दूसरा समूह S^{35} रेडियो सक्रिय तत्व युक्त होता है। P^{32} व S^{35} रेडियो सक्रिय तत्वों युक्त दोनों अलग-अलग जीवाणु कोलोनियों पर जीवाणुभोजी विषाणुओं का संक्रमण किया।
- जीवाणुभोजी अपनी पूंछ द्वारा जीवाणु से चिपक जाता है तथा इसके शीर्ष में उपस्थित DNA जीवाणु कोशिका में स्थानान्तरित हो जाता है।
- 30 मिनट बाद जीवाणुभोजी जीवाणु की कोशिका का विघटन कर विमुक्त हो जाते हैं। विश्लेषण से ज्ञात हुआ कि एक समूह के जीवाणुभोजी के DNA में रेडियो सक्रिय फास्फोरस P^{32} तथा दूसरे समूह के जीवाणुभोजी के बाह्य प्रोटीन केप्सिड (Capsid) में सल्फर S^{35} उपस्थित था।
- तत्पश्चात् P^{32} व S^{35} युक्त जीवाणुभोजियों को अलग-अलग सामान्य *ई. कोलाई* पर संक्रमण कराया गया।
- संक्रमण के कुछ मिनट बाद अपकेन्द्रण (Centrifugation) द्वारा जीवाणु को जीवाणुभोजी कणों से अलग कर जीवाणु तथा जीवाणु भोजी में रेडियोसक्रिय तत्वों का विश्लेषण किया गया।
- विश्लेषण में पाया गया कि जीवाणुभोजी का 95% P^{32} जो DNA में निहित था वह जीवाणु में अंतस्थापित हो जाता है, जबकि S^{35} की सम्पूर्ण मात्रा जीवाणुभोजी की प्रोटीन खोल में विद्यमान रहती है। इससे संकेत मिलता है कि प्रोटीन विषाणु से जीवाणु में प्रवेश नहीं करता है। इससे सिद्ध होता है कि आनुवांशिक पदार्थ DNA ही है जो विषाणु से जीवाणु में आता है।

आनुवांशिक पदार्थ के गुण (Characteristics of Genetic Material)

- यह अपनी प्रतिकृति बनाने में सक्षम है।
- यह रासायनिक व संरचनात्मक रूप से स्थायी होने चाहिये।
- यह सूचनाओं का संग्रहण करने के लिये समर्थ होने चाहिये।
- इनमें धीमे परिवर्तनों (उत्परिवर्तन) की संभावना होती है जो विकास के लिये आवश्यक है।
- इसे स्वयं मेंडल के लक्षण के अनुरूप अभिव्यक्त करना चाहिये।
- इसमें विभिन्न उपापचयी क्रियाओं के संचालन की क्षमता होती है, जिससे आवश्यक प्रोटीनों का संश्लेषण हो सके।
- इनमें उपार्जित या संचित गुणों को पीढ़ी दर पीढ़ी संतानों में संचारित करने की क्षमता होती है।
- इसमें प्रत्येक द्विगुणन या प्रतिकृति के पश्चात् अपनी यथार्थता बनाये रखने अर्थात् अनुलेखन तथा अनुवादन की क्षमता होती है।
- ये कोशिका की क्रियाओं, वृद्धि, विभाजन तथा संरचनात्मक प्रोटीन के संश्लेषण को नियंत्रित करता है।
- ये एन्जाइमी प्रोटीनों के निर्माण को नियंत्रित करके उपापचयी क्रियाओं पर नियंत्रण रखता है।



चित्र: 6.7 हर्षे व चेस का प्रयोग

- ये कोशिकाओं के विकास के समय उनमें विभेदन उत्पन्न करता है।
- ये कोशिका को विभिन्न संरचना एवं क्रियाओं की क्षमता प्रदान करते हैं।
- युवावस्था से मृत्यु तक के विकास को नियंत्रित करता है।

6.3 RNA संसार (The RNA World)

- **RNA** (Ribonucleic acid) पहला आनुवांशिक पदार्थ था।
- RNA सभी सजीव कोशिकाओं (प्रोकेरियोटिक एवं यूकेरियोटिक) में पाया जाता है केवल DNA विषाणुओं में इसका अभाव होता है।
- RNA कोशिका दृव्य, केन्द्रक द्रव्य तथा केन्द्रिका में पाये जाते हैं।
- RNA विषाणुओं में आनुवांशिक पदार्थ के रूप में होता है, बाकी सभी कोशिकाओं में प्रोटीन संश्लेषण करता है।
- RNA में अनेक न्यूक्लियोटाइड्स एक रेखिक क्रम में 3'–5' सिरे की ओर फास्फोडाइस्टर बन्धों द्वारा जुड़े होते हैं।
- RNA के न्यूक्लियोटाइड्स में राइबोज शर्करा होती है।
- RNA के न्यूक्लियोटाइड्स में नाइट्रोजन क्षार एडिनीन (A), ग्वानिन (G), साइटोसीन (C) एवं यूरेसिल (U) होते हैं।
- RNA अणु DNA की अपेक्षा छोटा होता है अतः इसका अणुभार (Mol wt) DNA से कम होता है।
- RNA कई जैव रासायनिक क्रियाओं में उत्प्रेरक का कार्य करता है।

RNA का संयोजन (Composition of RNA)

DNA की भाँति RNA का निर्माण भी चार प्रकार के न्यूक्लिओटाइड एकलकों (nucleotide monomers) से बने बहुलकों (polymers) से होता है। RNA अणुओं में न्यूक्लिओटाइड्स की संख्या 70 से 12,000 तक होती है।

- RNA अणु एकरज्जुकीय (Single stranded) पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखला के रूप में होते हैं। इनको निर्मित करने वाले न्यूक्लिओटाइड अणु **राइबोन्यूक्लिओटाइड्** (ribonucleotides) कहलाते हैं।
- ये चार प्रकार के होते हैं— (i) **एडीनिलिक अम्ल** (Adenylic acid : AMP), (ii) **ग्वानिलिक अम्ल** (Guanylic acid, GMP), (iii) **साइटिडिलिक अम्ल** (Cytidylic acid: CMP) तथा (iv) **यूरिडिलिक अम्ल** (Uridylic acid: UMP) RNA की निम्नलिखित विशेषताएँ होती है—

1. RNA के अणु एकसूत्रीय (single stranded) पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखलाओं के रूप में होते हैं। ये श्रृंखलाएँ 3' → 5' दिशा में होती है।

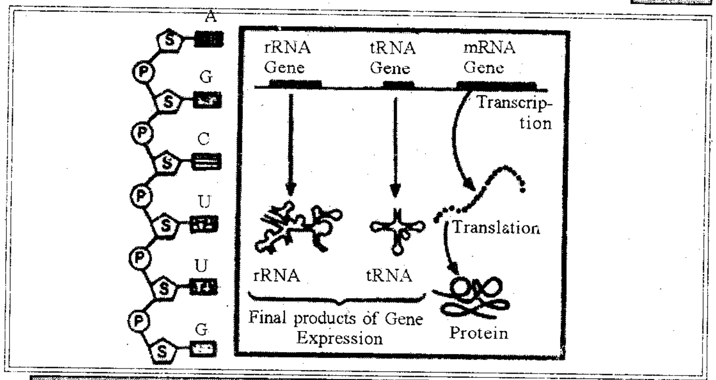
2. RNA के एकक (monomers) राइबोन्यूक्लिओटाइड (ribonucleotide) कहलाते हैं।
3. RNA में चार प्रकार के राइबोन्यूक्लिओटाइड या राइबोटाइड पाये जाते हैं— AMP, GMP, CMP तथा UMP
4. RNA में पाँच कार्बन वाली शर्करा राइबोज (ribose) होती है। फास्फेट अणु इसके C_5 कार्बन से जुड़े OH से संयोग करता है।
5. RNA में प्यूरीन्स व पिरिमिडीन्स समानुपाती नहीं होते हैं।
6. RNA में पिरिमिडीन क्षारक थाइमीन के स्थान पर यूरेसिल (Uracil =U) होता है।
7. एकरज्जुकी RNA अणु की पॉलीन्यूक्लिओटाइड श्रृंखला के राइबोटाइड्स के बीच अंतरआण्विक युग्मन (intramolecular pairing) पाया जाता है।
8. RNA तीन प्रकार के होते हैं। तीनों प्रकार के RNAs प्रोटीन संश्लेषण के अलग-अलग कार्य करते हैं। (चित्र 6.8)

RNA के प्रकार (Types of RNA)

प्रत्येक कोशिका में तीन प्रकार के RNAs पाये जाते हैं-संदेशवाहक RNA (Messenger RNA or mRNA), राइबोसोमल RNA (Ribsomal RNA of r-RNA) तथा स्थानान्तरण RNA (Transfer RNA or tRNA) तीनों प्रकार के RNAs DNA फर्मे (DNA templet) के विभिन्न भागों से प्रतिलिपि होते हैं जिस DNA रज्जु से RNA का निर्माण होता है, RNA श्रृंखला उसकी पूरक होती है। सभी RNAs प्रोटीन संश्लेषण में महत्वपूर्ण भूमिका निभाते हैं।

1. संदेशवाहक या दूत RNA (Messnger RNA : mRNA)- संदेशवाहक RNA का निर्माण केन्द्रक के अन्दर संरचनात्मक या क्रियात्मक जीन के DNA से अनुलेखन (transcription) द्वारा होता है। इसमें पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला (polypeptide chain) के संश्लेषण में अमीनो अम्लों के निश्चित क्रम को निर्धारित करने की सूचना निहित होती है। यह अनुलेखित सूचना या सन्देश की प्रतिलिपि (copy) को लेकर केन्द्रक से बाहर कोशिका द्रव्य में जाता है और यहाँ राइबोसोम्स से संलग्न होकर पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के संश्लेषण में अमीनो अम्लों के क्रम को निर्धारित करता है।

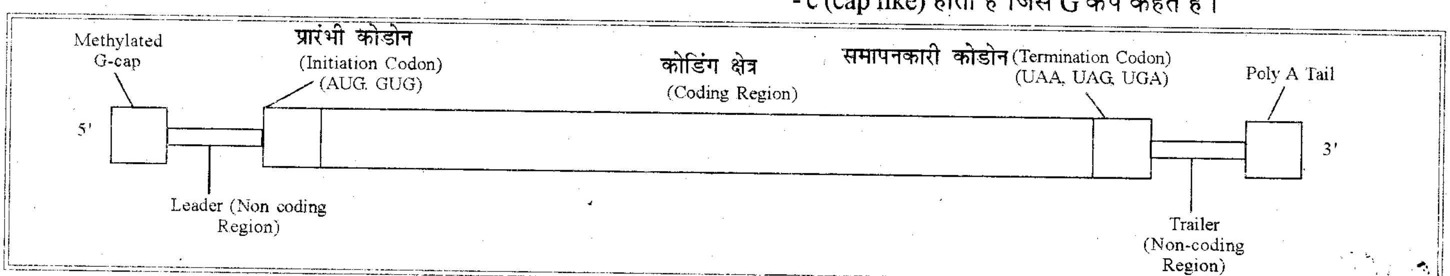
- प्रत्येक प्रकार के प्रोटीन संश्लेषण के लिए एक विशेष प्रकार का mRNA होता है। **जैकब** और **मोनाड** (Jacob and Monod) ने 1961 में इसे संदेशवाहक RNA नाम दिया।



चित्र 6.8 : RNA अणु का एक खण्ड, प्रोटीन संश्लेषण के लिए कोशिकाओं में तीन प्रकार के RNA का अनुलेखन

- संदेशवाहक RNA के अणु लम्बे, धागे जैसे एवं तुड़े-मुडे होते हैं। ये एकरज्जुकी (single stranded) होते हैं। इस RNA के अणुओं का अणुभार 5 लाख से 20 लाख तक होता है। पूर्व केन्द्रीय (prokaryotic) कोशिकाओं (जीवाणुओं) में एक ही संदेशवाहक RNA अणु में प्राय: एक से अधिक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखलाओं के बहुलकीकरण (polymerization) की सूचना निहित होती है। अत: इन mRNA अणुओं को **पोलीसिस्ट्रोनिक** (Polycistronic) कहते हैं।
- सुकेन्द्रकीय कोशिकाओं (Eukaryotic cells) के mRNA अणु में केवल एक ही पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के बहुलकीकरण की सूचना निहित होती है। इसलिए इन्हें **मोनोसिस्ट्रोनिक** (monocistronic) कहते हैं।
- सिस्ट्रोन (Cistron) DNA का वह खण्ड है जिसमें एक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के संश्लेषण की सूचना कोडित होती है। यह एक जीन के समतुल्य है। अत: सिस्ट्रोन शब्द का प्रयोग एक जीन के लिए ही किया जाता है। mRNA अणुओं की लम्बाई पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला की लम्बाई पर अर्थात् उसके लिए कोडोन्स (codons) की संख्या पर निर्भर करती है।
- पॉलीपेप्टाइड के बहुलकीकरण के पश्चात् mRNA अणुओं का शीघ्र ही अपघटन हो जाता है। अत: इनके बनने की दर अधिक होती है परन्तु फिर भी कोशिका के कुल RNA का 3–5% ,RNA होता है।
- प्रत्येक संसाधित संदेशवाहक RNA (Processed mRNA) अणु में निम्नलिखित भाग होते हैं—

(i) 5' सिरे पर मिथाइलेटेड ग्वानोसिन (Methylated guanosine) की cap - c (cap like) होती है जिसे G केप कहते हैं।



चित्र 6.9 : संदेशवाहक RNA श्रृंखला की संरचना

(ii) G-cap के तुरन्त पीछे प्रारम्भन कोडोन (initiation codon: AUG) होता है जो पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के अनुवादन को प्रारम्भ करता है।

(iii) प्रारम्भन कोडोन के पश्चात् एक लम्बा कोडिंग (coding) भाग होता है जिसमें पूरी पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के अनुवादन के लिए आवश्यक कोडोन होते हैं।

(iv) इसके पश्चात् अर्थात् mRNA के 3' सिरे के समीप समापन कोडोन (termination codon : UAA, UAG या UGA) होता है। यह पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के अनुवादन को समाप्त करता है।

(v) समापन कोडोन के पश्चात् 3' सिरे पर पोली-A (Poly -A) से बनी पूँछ होती है। यह बहुत से एडिनिलिक न्यूक्लिओटाइड्स की बनी होती है।

- कुछ mRNA अणुओं में 5' सिरे पर G-cap के बाद व प्रारम्भन कोडोन से पहले तथा 3' सिरे पर कोडिंग खण्ड व पोली-A के बीच एक-एक नॉन-कोडिंग खण्ड (non-coding segment) भी होता है अत: mRNA के दोनों सिरे निर्धारित होते हैं। (चित्र 6.9)

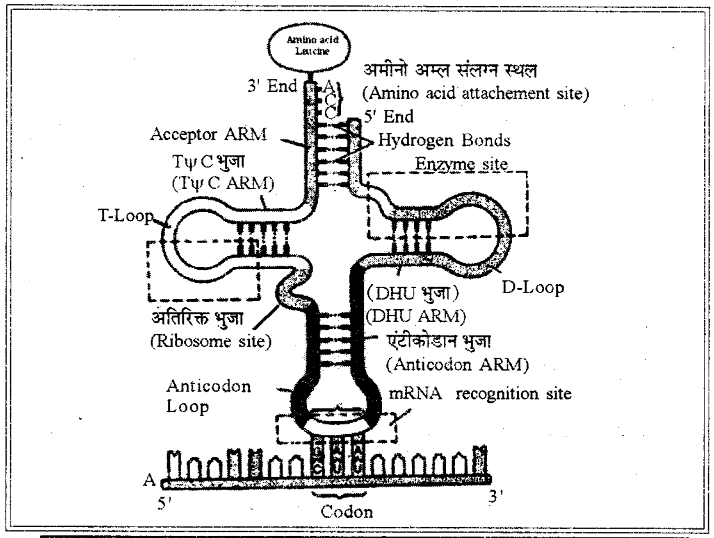
2. अभिगमन RNA या हस्तान्तरण RNA अथवा ट्रान्सफर RNA (Transfer RNA : tRNA) अनुकूलक अणु-

- हस्तान्तरण RNA(tRNA) के अणुओं का निर्माण भी केन्द्रक के अन्दर DNA से अनुलिपिकरण (transcription) द्वारा होता है। केन्द्रक से बाहर ये कोशिका द्रव्य में आ जाते हैं। tRNA अणु कोशिका द्रव्य में उपस्थित अमीनों अम्लों के अणुओं को राइबोसोम (ribosome) तक ले जाते हैं और राइबोसोम पर लगे mRNA पर निश्चित स्थान से जुड़कर अमीनों अम्ल अणुओं को पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला में निर्धारित क्रम में फिट करते हैं। यह कार्य पूरा हो जाने प र t-RNA अणु कोशिका द्रव्य में पुन: वापस लौट जाते हैं और पुन: अपना कार्य दोहराते हैं। इसलिए tRNA को अनुकूलक RNA (Adaptor RNA : aRNA) भी कहते हैं। क्योंकि ये अमीनों अम्लों के अनुकूलकों (adaptors) की तरह कार्य करते हैं।
- कोशिका के कुल RNA में से 16-18% भाग हस्तान्तरण RNA का होता है। tRNA अणु जल में विलेय होते हैं। अत: इन्हें घुलनशील RNA (Soluble RNA : sRNAs) भी कहते हैं। 20 अमीनों अम्लों के लिए लगभग 60 प्रकार के tRNA पाए जाते हैं।

  हस्तान्तरण RNA का क्लोवर लीफ प्रारूप (Clover leaf model of t-RNA)— हस्तान्तरण RNA (tRNA) अणु केवल 73-94 न्यूक्लिओटाइड एकलकों (nucleotide monomers) के बने सबसे छोटे अणु होते हैं। इसकी पॉलिन्यूक्लिओटाइड श्रृंखला अनेक स्थानों पर मुड़ी होती है जिसके कारण tRNA अणु विशेष त्रिविम आकृति (three dimensional) वाले होते हैं। (चित्र 6.10)
- **राबर्ट हॉली** (Robert Holley) ने सन् 1964 में tRNA अणु की संरचना का क्लोवर लीफ (Clover leaf) मॉडल प्रस्तुत किया। इसके लिए सन् 1968 में **हॉली** को **खुराना** एवं **नीरेनवर्ग** वैज्ञानिकों के साथ नोबेल पुरस्कार से सम्मानित किया गया। क्लोवर लीफ मॉडल के अनुसार tRNA अणु में निम्नलिखित चार भुजाएँ होती हैं जो दो विरोधी दिशाओं में स्थिर रहती है-

(i) **ग्राही भुजा (Acceptor Arm)**— इस भुजा को अमीनो अम्ल भुजा (AA Arm) भी कहा जाता है। इस भुजा में लूप नहीं होता वरन् tRNA श्रृंखला के दोनों सिरे (5' व 3' होते हैं। श्रृंखला के 3' छोर पर CCA क्षारकों के अनुक्रम से बना अन्तिम कोडोन होता है। अमीनों अम्ल अपने कार्बोक्सिल समूह (–COOH) द्वारा CCA में एडिनोसिन (adenosine) के 2' या 3' कार्बन के हाइड्रोक्सिल समूह (–OH) से जुड़ता है।

(ii) **प्रतिकोडोन भुजा (Anticodon Arm)**— यह भुजा ग्राही भुजा के विपरीत (opposite) होती है। इसके छोर पर एक लूप पाया जाता है। इस लूप के छोर पर तीन क्षारकों का एक विशेष अनुक्रम उपस्थित होता है। यह प्रतिकोडोन (Anticodon) कहलाता है। यह संदेशवाहक RNA के उसी कोडोन (codon) का सम्पूरक होता है जिसमें ग्राही भुजा (AA) से जुड़ने वाले अमीनों अम्लों की कूट या सांकेतिक सूचना होती है। लूप के प्रतिकोडोन वाले सिरे को mRNA पहचान छोर (mRNA recognition end) भी कहते हैं।



चित्र 6.10 : स्थानान्तरण RNA अणु का क्लोवर लीफ मॉडल

(iii) **TψC भुजा (TψC Arm)**— यह भुजा संदेशवाहक RNA को राइबोसोम से जोड़ती है। इसके लूप पर राइबोसोम से जुड़ने के लिए स्थान होता है।

(iv) **डाइ-हाइड्रोयूरीडीन भुजा (Di-hydrouridine or DHU Arm)**— इस भुजा में एन्जाइम के जुड़ने के लिए एक एन्जाइम स्थल (enzyme site) होता है। इस एन्जाइम के द्वारा विशिष्ट सक्रिय अमीनों अम्ल tRNA से जुड़ता है।

कुछ हस्तान्तरण अणुओं में परिवर्तनशील पाँचवीं भुजा और होती है। वास्तव में विभिन्न tRNA अणुओं में केवल एण्टी-कोडोन तथा पाँचवीं भुजा में अन्तर होता है।

3. राइबोसोमी RNA (Ribosomal RNA =rRNA)— ये ऐसे RNA अणु होते हैं जो सभी कोशिकाओं में उपस्थित राइबोसोम (Ribosome) नामक कोशिकांगों (cell organelles) की रचना तथा कार्यिकी में भाग लेते हैं। इसीलिए इन्हें राइबोसोमल RNA (ribosomal RNAs) कहा जाता है। राइबासोम्स उन स्थलों (sites) अर्थात् निर्माण मंचों (work benches) का काम रते हैं जिन पर प्रोटीन संश्लेषण (protein synthesis) होता है। इसीलिए कोशिकाओं में राइबोसोम्स की संख्या सबसे अधिक होती है।

- प्रत्येक prokaryotic कोशिकाओं में इनकी संख्या लगभग 15000 और प्रत्येक eukaryotic कोशिका में लाखों की संख्या में होते हैं। प्रत्येक राइबोसोम का लगभग 65% भाग राइबोसोमी RNA (rRNA) के अणुओं तथा शेष 35% भाग प्रोटीन अणुओं का बना होता है। इसीलिए कोशिका के समग्र RNA में से लगभग 80% rRNA होता है।
- **rRNA संरचनात्मक** (structural) अणु है जबकि mRNA तथा **tRNA क्रियात्मक** (functional) अणु हैं। इसी कारण कोशिका में rRNA की मात्रा सबसे अधिक होती है।
- Prokaryotic एवं Eukaryotic कोशिकाओं में विभिन्न प्रकार के राइबोसोम पाये जाते हैं। और उनमें पाये जाने वाले rRNA भी भिन्न-भिन्न प्रकार के होते हैं। prokryotic cells कोशिकाओं माइटोकॉण्ड्रिया (mictochondria) तथा लवकों (Plastids) में पाये जाने वाले राइबोसोम्स 70S कहलाते हैं। इनकी बड़ी उप इकाई 50S तथा छोटी उपइकाई 30S होती है।

- 50S उपइकाई में 23S तथा 5S rRNA तथा 30S उपइकाई में 16S rRNA होते हैं। 5SRNA में केवल 120 न्यूक्लिओटाइड्स 16SRNA में 1542 तथा 23S RNA में 2904 न्यूक्लिओटाइड्स होते हैं। eukaryotic कोशिकाओं में पाए जाने वाले राइबोसोम्स 80S प्रकार के होते हैं। इनकी बड़ी उप इकाई (Sub unit) 60S तथा छोटी उप इकाई 40S होती है।
- बड़ी 60S उप इकाई में तीन प्रकार के rRNA अणु होते हैं-28S, 5.8S एवं 5S छोटी उप इकाई 40S में 18S rRNA होता है। इनके 5S RNA में 120 न्यूक्लिओटाइड्स 5.8S RNA में 160, 18S RNA में 1874 तथा 28S में 4718 न्यूक्लिओटाइड्स होते हैं।
- सारे राइबोसोमी RNA अणुओं की लगभग एक ही प्रतिरूप (pattern) की त्रिविम (3-dimensional) आकृति होती है। इसमें मूल पॉलीन्यूक्लिओटाइड्स श्रृंखला को प्राथमिक संरचना कहते हैं। श्रृंखला में वलयों और लूपों के बनने से अणु की द्वितीयक एवं तृतीयक स्तरों की संरचना बन जाती है। फिर राइबोसोम्स में प्रोटीन अणुओं से मिलकर ये अणु राइबोन्यूक्लिओप्रोटीन सम्मिश्र (Ribonucleoprotein complex) बनाते हैं जिसमें और अधिक वलय के कारण इनकी चतुर्थक संरचना (quaternary structure) बन जाती है।
- राइबोसोम (ribosome) की इकाइयों व उनमें पायेजाने वाले RNA को S द्वारा प्रदर्शित किया जाता है। वास्तव में S मानक को स्वेदवर्ग इकाई (Swedberg's unit) कहते हैं। इन अणुओं की अवसादन दरों (sedimentation rate) को प्रदर्शित करते हैं। इसे अवसादन गुणांक कहते हैं। राइबोसोम्स का गुणांक सर्वप्रथम **स्वेदवर्ग** (Swedberg) ने किया। इन्हीं के नाम पर राइबोसोम की उप-इकाइयों को स्वेदवर्ग यूनिट कहते हैं।

अन्य प्रकार के राइबोन्यूक्लिक अम्ल (Other Types of Ribonucleic Acids)

उपर्युक्त RNAs के अतिरिक्त कोशिकाओं में कुछ अन्य प्रकार के RNA अणु भी पाये जाते हैं।

1. **लघु केन्द्रकीय RNA (Small Nuclear RNA; SnRNA)**— ये केन्द्रक में पाये जाते हैं। इसके अणु 100 से 215 राइबोन्यूक्लिओटाइड्स के बने होते हैं। ये DNA के द्विगुणन तथा mRNA व rRNA अणुओं के निर्माण में सहायक है।
2. **कोशिका द्रव्यी लघु RNA (Small Cytoplasmic RNA; scRNA)**— ये RNA कोशिका द्रव्य में पाये जाते हैं और राइबोसोम को अन्तःप्रद्रव्यी जालिका (endoplasmic reticulum) से जुड़ने में सहायता करते हैं।
3. **आनुवंशिक RNA (Genetic RNA : gRNA)**— कुछ विषाणुओं में RNA ही आनुवंशिक पदार्थ की भाँति कार्य करता है। इसका अण एकसूत्रीय या द्विसूत्रीय, वलयी या रैखिक प्रकार का हो सकता है।
4. **उत्प्रेरक RNA (Catalytic or Enzymatic RNAs)**— सुकेन्द्रकीय कोशिकाओं में 28S RNA अणु एवं पूर्व केन्द्रकीय कोशिकाओं में 23S RNA अणु पॉलिपेप्टाइड श्रृंखलाओं के संश्लेषण में अमीनों अम्लों के बीच बनने वाले पेप्टाइड बन्धों में उत्प्रेरक का कार्य करते हैं।

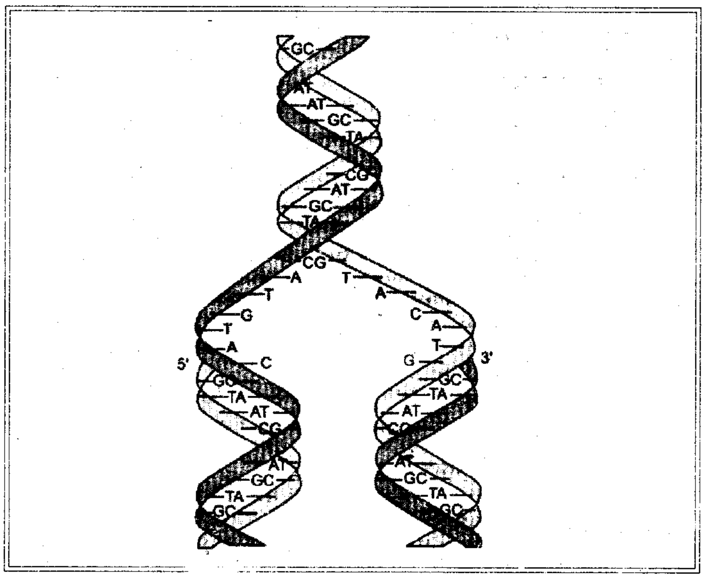
- **थामस सेक्स व सिडनी अल्टमान** (Thomas Cech and Sydney Altmann) ने 1980 में ज्ञात किया कुछ RNA अणु जैव उत्प्रेरक (biocatalyst) की भाँति कार्य करते हैं। इनको **राइबोजाइम्स** (ribozymes) का नाम दिया।

विभिन्न प्रकार के RNAs में अन्तर (Differences between Different Types of RNA)

क्र. सं.	लक्षण (Characters)	संदेशवाहक RNA (Messenger : mRNA)	अभिगमन RNA Transfer : tRNA)	राइबोसोमल RNA (Ribosomal : rRNA)
1.	स्थिति	कोशिका द्रव्य में राइबोसोम से जुड़े हुए पाये जाते हैं।	कोशिका द्रव्य में स्वतन्त्र तथा राइबोसाम्स पर पाये जाते हैं।	राइबोसोम के अन्दर पाये जाते हैं।
2.	अणुओं की लम्बाई	ये सबसे लम्बे अणु होते हैं।	सबसे छोटे अणु होते हैं।	कम लम्बाई वाले अणु होते हैं।
3.	अणुओं की आकृति	कुछ को छोड़कर रेखित होते हैं।	क्लोवर लीफ मॉडल की आकृति होते हैं।	अतिकुण्डलित या वलित होते हैं।
4.	अणुओं की किस्में	सभी अणु अलग-अलग प्रकार के होते हैं।	लगभग 60 प्रकार के प्रोकेरियोटिक व यूकेरियोटिक कोशिकाओं में समान।	ये 6 प्रकार के होते हैं, प्रोकेरियोटिक व यूकेरियोटिक कोशिकाओं में अलग अलग प्रकार के होते हैं।
5.	अणुभार	इनका अणुभार लगभग 50,0000 20,00,000 तक होता है।	इनका अणुभार 25,000-30,00,000 तक होता है।	इनका अणुभार 40,000-10,00,000 तक होता है।
6.	जीवन अवधि	इनकी जीवन-अवधि (life span) सबसे कम (2-4 मिनट) होती है। ये प्रोटीन अनुवादन के पश्चात् विघटित हो जाते हैं।	इनकी जीवन अवधि लम्बी होती ये प्रोटीन अनुवादन में बार-बार उपयोग में आते है।	इनकी जीवन अवधि अधिक लम्बी होती है तथा ये राइबोसाम में स्थाई रूप से बने रहते हैं।
7.	कार्य	प्रोटीन अनुवादन की सूचनाओं को DNA से प्राप्त करके कोशिका द्रव्य में आकर प्रोटीन संश्लेषण की क्रिया में सहायक।	कोशिका द्रव्य के सक्रिय अमीनों अम्लों को mRNA के कोडोन के अनुरूप पॉलिपेप्टाइड श्रृंखला में पहुँचना।	राइबोसोमो का निर्माण करते हैं।
8.	कोशिका में प्रतिशत मात्रा	लगभग 5%	लगभग 15%	लगभग 80%

6.4 DNA प्रतिकृति (DNA Replication)

- आनुवांशिक सूचनायें जनक से संतति में जनक DNA अणु की प्रतिकृति के द्वारा होती है।
- वाट्सन एवं क्रिक ने DNA की द्विकुंडल संरचना की प्रस्तावना दी उसी समय DNA प्रतिकृति की योजना प्रस्तुत की।
- इनके अनुसार DNA के पूरक क्षारीय जोडों की विशिष्टता ही DNA प्रतिकृति के लिये उत्तरदायी होती है।
- इनके अनुसार DNA द्विकुंडलन के दोनों रज्जुकों के मध्य के हाइड्रोजन बन्ध टूटने से अलग-अलग होने लगते हैं जिससे दोनों रज्जुकों के क्षारक (bases) अयुग्मित (Unpaired) हो जाते हैं।
- दोनों रज्जुक अलग होकर टेम्पलेट के रूप में कार्यकर नये पूरक (complementary) रज्जुकों का निर्माण करते हैं। इस प्रकार प्राप्त प्रत्येक DNA द्विकुंडलन में एक रज्जुक पुराना तथा दूसरा नया होगा। इस DNA प्रतिकृति की क्रिया विधि को अर्धसंरक्षी प्रतिकृति (Semiconservative replication) कहते हैं। (चित्र 6.11)



चित्र 6.11 वाटसन व क्रिक का DNA अर्धसंरक्षी प्रतिकृति

6.4.1 DNA की अर्धसंरक्षी प्रतिकृति के प्रमाण (Evidence for Semiconservative Replication of DNA)

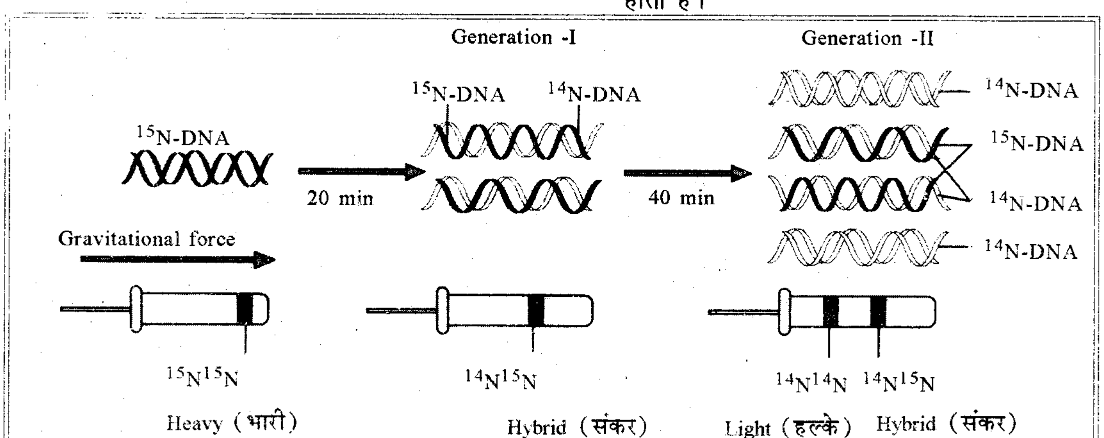
- अर्धसंरक्षी प्रतिकृति का प्रमाण सर्वप्रथम **मेसेल्सन** एवं **स्टाल** (Meselson and Stahl) द्वारा 1958 में प्रस्तुत किया गया। उन्होंने *ई.कोलाई* को नाइट्रोजन के भारी समस्थानिक (Isotope) (N^{15}) युक्त माध्यम पर कई पीढ़ियों तक वर्धित (Grow) किया। इन *ई.कोलाई* के DNA को N^{15} से चिन्हित हो जाता है। (चित्र 6.12)
- N^{15} नाइट्रोजन समस्थानिक सामान्यत: N^{14} से भारी होते हैं। इन नाइट्रोजन के भारी समस्थानिक (N^{15}) युक्त जीवाणुओं के DNA को सीजियम क्लोराइड (cesium chloride) के विलयन में लम्बे समय तक बहुत अधिक गति पर अपकेन्द्रित (centrifugation) किया जाता है।
- *ई. कोलाई* कोशिकाओं का जिनमें DNA N^{15} से पूर्णत: चिन्हित था, सामान्य नाइट्रोजन N^{14} माध्यम पर उगाया जाता है तब प्रथम पीढ़ी से प्राप्त DNA अणुओं का घनत्व संकरित या मध्यावर्ती था।
- दो कोशिका विभाजन (दो DNA प्रतिकृतियों) के बाद प्राप्त DNA अणु दो प्रकार के थे-

(i) कुछ DNA अणु मध्यावर्ती घनत्व वाले थे
(ii) कुछ DNA अणु हल्के थे।

हल्के तथा मध्यावर्ती प्रकार के DNA अणुओं का परिणाम लगभग 1:1 था।

टेलर का प्रयोग (Taylor's Experiments)

- यूकेरियोटिक गुणसूत्रों की अर्धसंरक्षी प्रतिकृति को 1958 में टेलर एवं सहयोगियों ने ऑटोरेडियोग्राफी द्वारा *विसिया फेबा (Vicia faba)* सेम की मूलाग्र कोशिकाओं में प्रदर्शित किया था।
- इन्होंने मूलाग्र कोशिकाओं को आठ घंटे तक **रेडियोऐक्टिव थाइमीडिन** वाले माध्यम में रखा।
- मूलाग्रो को रेडियोएक्टिव माध्यम से हटा कर, धोने के पश्चात् सामान्य कोल्चीसीन (Colchicine) युक्त माध्यम पर स्थानान्तरित कर दिया। कोल्चीसीन के कारण तर्कतन्तु नहीं बनते है तथा **गुणसूत्रों** में **एनाफेजिक** गति (Anaphasic movement) नहीं होती है। अत: प्रत्येक कोशिका के केन्द्रक में गुणसूत्रों की संख्या दुगुनी हो जाती है। इस प्रकार प्रति कोशिका चक्र में DNA का द्विगुणन होता है।
- गुणसूत्रों में द्विकुण्डलित DNA का पुराना रज्जुक रेडियोएक्टिव था जबकि नया रज्जुक रेडियोएक्टिव नहीं था।
- टेलर व सहयोगियों ने यह निष्कर्ष निकाला कि कोशिका विभाजन के समय गुणसूत्री DNA अर्धसंरक्षी रूप से विसंयोजित (Seggregate) होता है।



चित्र 6.12 : मेसेल्सन और स्टाल का प्रयोग

6.4.2 DNA प्रतिकृति की कार्यविधि (Mechnism of DNA Replication)

- सजीव कोशिकाओं जैसे-*ई.कोलाई* में प्रतिकृति के लिये उत्प्रेरकों (एंजाएम) के समूहों की आवश्यकता होती है जो निम्न प्रकार के हैं— DNA पॉलीमेरज I, II, III, DNA लाइगेज, हेलीकेज, DNA टोपो आइसोमरेज आदि।
- DNA पॉलीमेरेज की खोज **कोरेनवर्ग** (Korenberg) द्वारा *ई. कोलाई* में की गई, इसे **कोरेनवर्ग एंजायम** भी कहते हैं।

DNA की प्रतिकृति (DNA Replication)

E. coli जीवाणु में DNA प्रतिकृति की सम्पूर्ण प्रक्रिया के दौरान निम्न चरणों का होना पाया गया है—

1. **समारंभन बिन्दु का अभिज्ञान (Recognition of Initiation point)**— DNA की प्रतिकृति एक विशिष्ट बिन्दु से शुरू होती है, जिसे समारंमन बिन्दु या उद्भव बिन्दु (Origin point) कहते हैं।

- इन समारंभन बिन्दुओं से DNA शृंखला का विकुण्डलन प्रारम्भ होता है। यह कई प्रोटीनों की सहायता से होता है जिनमें तीन प्रमुख है- विकुण्डलन प्रोटीनें (Unwinding proteins), कुण्डल-अस्थायी कारक प्रोटीन (Helix destabilising proteins HDP) तथा DNA गाइरेज।
- विकुण्डलन प्रोटीनें जगह-जगह पर कुण्डल विकृतिकरण करती है जिससे जगह-जगह पर विकुण्डलन शुरू हो जाता है।
- विकुण्डलन के दोनों ओर उत्पन्न अतिकुण्डलों (ऐठनों) को कम करने के लिये DNA गाइरेज दोनों ओर से द्विकुण्डल को खण्डित कर देता है।

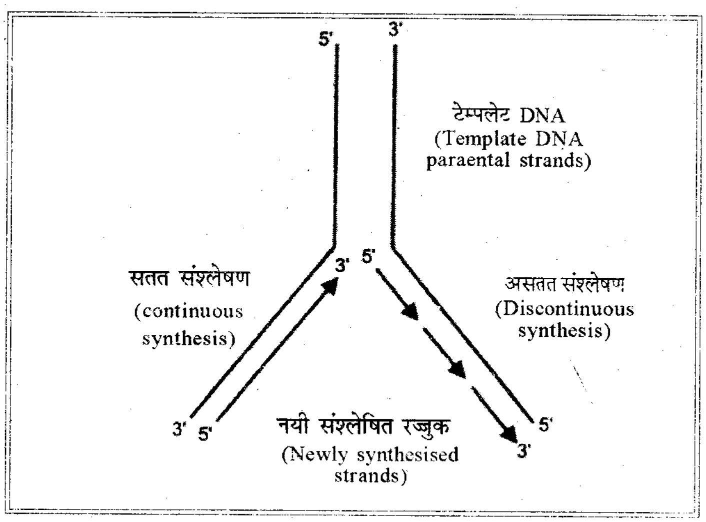
2. **RNA प्राइमर का निर्माण (Formation of RNA Primer)**

DNA प्रतिकृतिकरण में सबसे पहले DNA की कुडलित शृंखला का विकुण्डलन होता है, अत: इस खुली हुयी DNA शृंखला पर सबसे पहले RNA के एक छोटे खण्ड का संश्लेषण होता है जो DNA का पूरक होता है।

- RNA का यह संश्लेषण एक विशेष एंजाइम RNA पॉलीमरेज द्वारा उत्प्रेरित होता है जिसे प्राइमेज भी कहते हैं।
- यह RNA खण्ड DNA संश्लेषण के लिये आरंभक (Primer) का कार्य करता है।
- एक आरंभक (Primer) RNA लगभग 50 से 100 न्यूक्लियोटाइड्स का बना होता है।

3. **RNA आरंभक पर DNA का निर्माण (DNA formation on RNA Initial)**— RNA आरंभक पर ही DNA का संश्लेषण होता है। DNA के संश्लेषण में DNA पॉलीमेरेज महत्वपूर्ण भूमिका निभाता है तथा नाइट्रोजनी क्षारकों को एक-एक करके जुड़ने में सहायता करता है।

- जब DNA का विकुण्डलन एक बिन्दु तक होता है, जो देखने में 'Y' के आकार का होता है जिसे प्रतिकृति द्विशाख (Replication fork) कहते हैं। (चित्र 6.13)
- धीरे-धीरे प्रतिकृतिकरण की क्रिया आगे बढ़ती है और द्विशाख की दोनों भुजाओं को जोड़ने वाला बिन्दु (Forking point) आगे बढ़ता जाता है। अब DNA पॉलीमरेज केवल 5'–3' दिशा में ही न्यूक्लियोटाइडो को जोड़ सकता है।
- जनक (Parent) DNA की एक शृंखला 5'–3' दिशा तथा दूसरी 3' – 5' दिशा में होती है इसलिये पूरक शृंखलाओं का निर्माण भी क्रमश: 3'–5' तथा 5'–3' दिशाओं में होता है।
- 5' – 3' दिशा में नई शृंखला का निरन्तर संश्लेषण होता रहता है। इसे अग्रगामी शृंखला (Leading strand) कहते है। लेकिन 3'–5' दिशा में बनने वाली शृंखला खण्डों में अथवा असंतत् रूप से बनती है इसे पश्चगामी शृंखला (Lagging strand) कहते हैं। पश्चगामी शृंखला में बने हुये खण्ड **ओकाजाकी खण्ड (Okazaki fragment)** कहलाते हैं।
- ओकाजाकी खण्डों के बनने के पश्चात् इन ओकाजाकी खण्डों के बीच जो अंतराल रह जाते हैं वे DNA– पॉलीमरेज -I के सहयोग से पूरक डी-ऑक्सीराइबो न्यूक्लियोटाइड्स द्वारा भर दिये जाते हैं, अन्ततः निकटवर्ती 5' और 3' सिरे DNA लाइगेज द्वारा जोड़ दिये जाते हैं, जिससे DNA की एक शृंखला और तैयार हो जाती है।



चित्र 6.13 प्रतिकृति द्विशाख

6.5 अनुलेखन (Transcription)

- DNA की एक रज्जुक से आनुवांशिक सूचनाओं का RNA में प्रतिलिपीकरण करने की प्रक्रिया को अनुलेखन कहते हैं।
- आनुवांशिक सूचना का स्थानान्तरण DNA से m-RNA में होता है।
- DNA की एक शृंखला सांचे (Template) का कार्य कर एक RNA शृंखला का निर्माण करती है। यह क्रिया RNA पालीमरेज एन्जाइम द्वारा उत्प्रेरित होती है।

6.5.1 अनुलेखन इकाई (Transcription Unit)

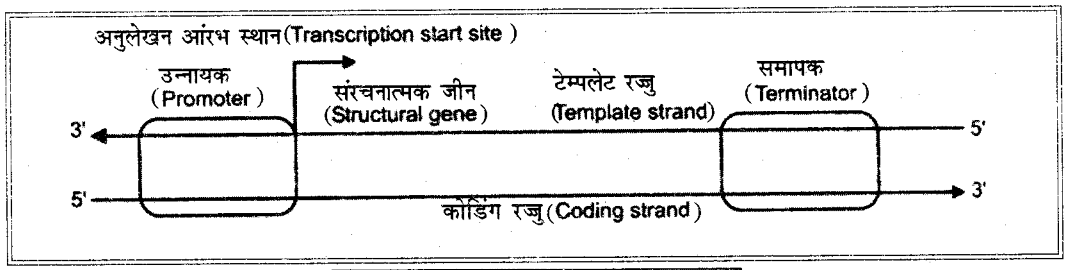
- एक DNA खण्ड जो RNA के अणु का अनुलेखन करता है, उसे अनुलेखन (Transcription unit) इकाई कहते हैं। अनुलेखन इकाई एक जीन के समान हो सकती है या इसमें कई सतत जीन हो सकते हैं।
- DNA में अनुलेखन इकाई के मुख्यतया तीन भाग होते हैं।
  (i) उन्नायक (Promotor) (ii) संरचनात्मक जीन (Structural gene)
  (iii) समापक (Terminator)
- DNA निर्भर RNA पालीमरेज बहुलकीकरण केवल एक दिशा 5' से 3' की ओर उत्प्रेरित होते हैं।
- **टेम्पलेट रज्जुक (Templated Strand)**
- DNA रज्जुक जिसमें ध्रुवता 3'–5' की ओर होती है उसे **टेम्पलेट रज्जुक** कहते हैं। DNA की दोनों रज्जुकों में से केवल एक रज्जुक का ही अनुलेखन होता है। (चित्र 6.14)
- **कूटलेखन रज्जुक (Coding Strand)**
  अनुलेखन इकाई के टेम्पलेट रज्जुक के पूरक 5'–3' सूत्र को कूटलेखन रज्जुक कहते हैं।
  3'–A–T–G–C–A–5' टेम्पलेट रज्जुक
  5'–T–A–C–B–T–3' कूटलेखन रज्जुक
- RNA प्रतिलिपि का क्षारक क्रम अनुलेखित किये गये DNA रज्जुक के क्षारक क्रम का पूरक होता है। अर्थात् DNA में उपस्थित A.G.C एवं T क्षारकों के स्थान पर प्रतिलिपि RNA में क्रमशः U.C.G एवं A उपस्थित होंगे। अनुलेखन सदैव 5'–3' दिशा में होता है।

6.5.2 अनुलेखन इकाई व जीन (Transcription unit and gene)

- **सिस्ट्रॉन** (Cistron) DNA का वह खण्ड है जो पालीपेप्टाइड का कूटलेखन करता है।
- अनुलेखन इकाई में संरचनात्मक जीन **मोनोसिस्ट्रोनिक यूकेरियोट्स** में पाये जाते हैं तथा **पालीसिस्ट्रोनिक प्रोकेरियोट्स** में पाये जाते हैं।
- यूकेरियोट्स में संरचनात्मक जीन एक पॉलीपेप्टाइड का संश्लेषण करती इसलिये इसे **मोनोसिस्ट्रोनिक** कहते है जबकि प्रोकेरियोट्स में एक से ज्यादा का करती है इसलिये इसे **पॉलीसिस्ट्रोनिक** कहते हैं।
- यूकेरियोट्स में जीन विखंडित होते हैं, DNA के कूटलेखन या अभिव्यक्त अनुक्रमों को **एक्जान** (Exon) तथा DNA के वह अनुक्रम जो अभिव्यक्ति नहीं करते **इन्ट्रान** (Intron) कहलाते हैं।
- m-RNA में **केवल** Exon पाये जाते हैं किन्तु Intron नहीं पाये जाते हैं।

6.5.3 प्रोकेरियोट्स में अनुलेखन (Transcription in Prokaryotes)

- प्रोकेरियोट्स में पॉलीसिस्ट्रानिक और सतत संरचनात्मक जीन पाये जाते हैं।
- जीवाणु में अनुलेखन द्वारा तीन प्रकार के RNA –(mRNA, t-RNA, r-RNA) मिलते हैं जोकि एक DNA निर्भर एंजायम RNA पालीमरेज से उत्प्रेरित होते हैं।
- *E. coli* जीवाणु के RNA पालीमरेज एंजाइम में पाँच इकाइयाँ होती है जो $\beta, \beta', \alpha, \alpha', \omega$ (ओमेगा) तथा σ (सिग्मा)।
- अनुलेखन तीन चरणों में पूर्ण होता है–**प्रारंभन** (Initiation), **विवर्धन** (Elongation) और **समापन** (Termination).



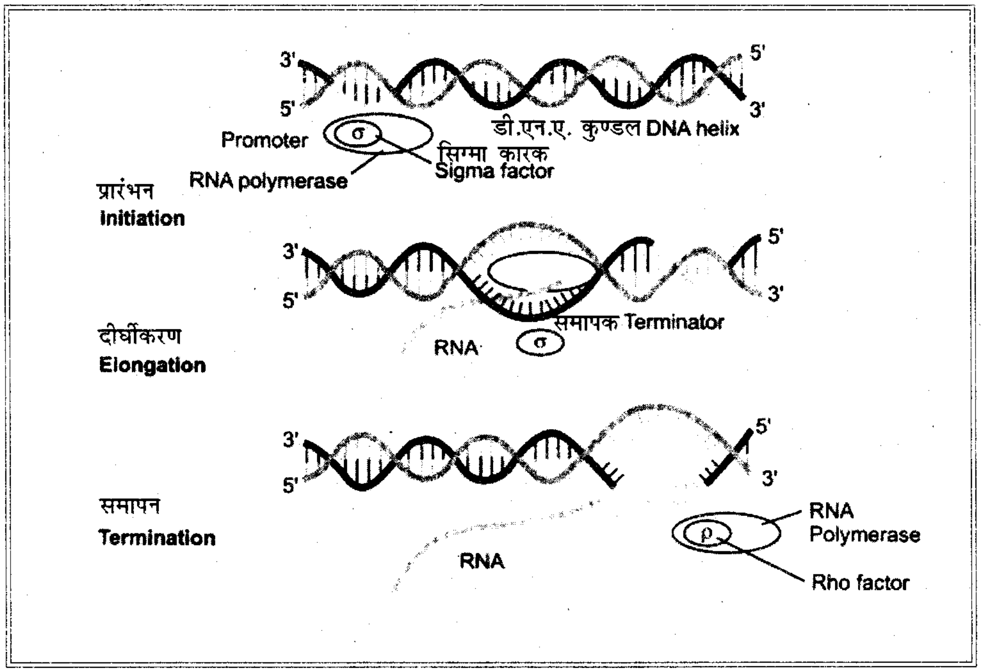
चित्र 6.14 : अनुलेखन की आरेखी संरचना

प्रारंभन (Initiation)

- **सिग्मा** (σ) कारक अनुलेखन का समारंभन करता है, यह प्रमोटर अनुक्रम के विशिष्ट वर्ग की पहचान करता है।
- RNA Polymerase DNA से बंधन बनाता है। बन्धन एक विशेष क्षेत्र में होता है जिसे प्रमोटर कहते हैं, जिसमें 40 क्षारीय युग्मों की विशिष्ट अनुक्रम होती है इस स्थान पर कई प्रकार की पारस्परिक क्रियायें होती है।
- जीवाणु में DNA पर निर्भर केवल एक RNA पॉलीमरेज होता है। जो सभी प्रकार के RNA के अनुलेखन को उत्प्रेरित करता है।
- **RNA पॉलीमरेज** प्रमोटर से जुड़कर अनुलेखन की शुरूआत करते हैं।
- RNA पॉलीमरेज में दो बन्धनकारी क्षेत्र (binding sites) होते हैं। जिन्हें क्रमशः **समारंभन** क्षेत्र (Initation site) व **विवर्धन** क्षेत्र (elongation site) कहते हैं।
- समारंभन क्षेत्र में हमेशा प्रथम क्षारक प्यूरीन–यूक्लियोसाइड ट्राईफास्फेट ATP या GTP जुड़ता है।

दीर्घीकरण (Elongation)

- RNA पॉलीमरेज DNA पर आगे बढ़ता है, आगे की ओर अकुंडलन (Unwinding) करता है तथा पीछे की ओर DNA में पुनः कुडलन बनते जाते हैं। लगभग 10 न्यूक्लियोटाइडो के संयोजन के पश्चात् सिग्मा (σ) कारक विच्छेदित हो जाता है।
- दीर्घीकरण शृंखला में प्रतिसेकण्ड लगभग 40 राइबोन्युक्लियोटाइड जुडते हैं।



चित्र 6.15 जीवाणु में अनुलेखन प्रक्रिया

समापन (Termination)

- RNA श्रृंखला का समापन उस समय होता है जब RNA पॉलीमरेज से समापन सिग्नल (Termination signal) बाँधकर उसे अप्रभावी कर देते हैं।
- समापन सिगनल के कारण अनुलेखन काम्प्लेक्स वियोजित हो जाता है तथा नवजात (Nascent) RNA से अलग हो जाता है।
- *E. Coli* में RNA समापन के लिये DNA अणु में विशिष्ट क्षारीय अनुक्रम होती है, जिसे समापनकारी (Terminators) कहते हैं।
- *E. coli* में RNA संश्लेषण के समापन के लिये दो कारक होते हैं, एक प्रकार से समापन चार भागों वाली **रो** (rho) प्रोटीन के द्वारा होता है। इस प्रोटीन की उपस्थिति में समापनकारी अनुक्रम RNA अनुलेखन का समापन करती है, इन्हें **रो** (rho) आधारित समापनकारी (rho dependent terminators) क्रिया कहते हैं। (चित्र 6.15)
- दूसरी अनुक्रम **रो** पर आधारित नहीं होती है, इन्हें **रो** स्वतंत्र समापनकारी (rho independent terminator) क्रिया कहते हैं।
- **रो** प्रोटीन वृद्धि करके RNA श्रृंखला से जुड़ जाती है, जिससे RNA पॉलीमरेज की संश्लेषण क्रिया में रुकावट आ जाती है तथा नवजात (Nascent) RNA श्रृंखला DNA टेम्पलेट से अलग हो जाती है।

यूकेरियोट्स में अनुलेखन (Transcription in Eukaryotes)

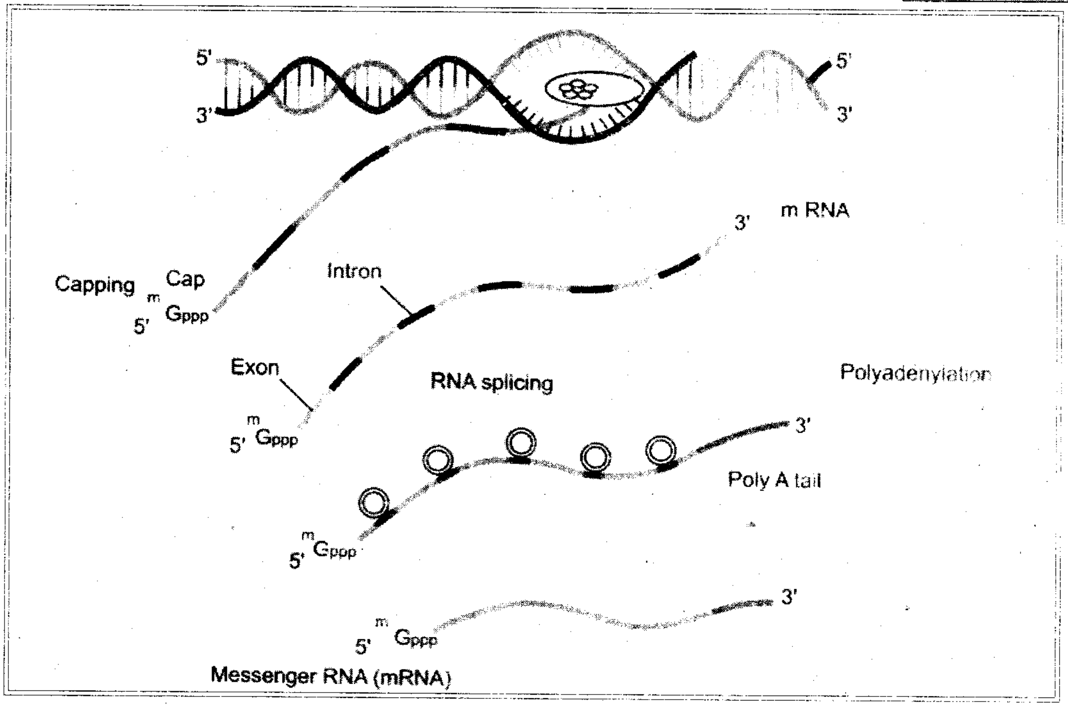
- यूकेरियोट्स में 3 अलग-अलग प्रकार के RNA का संश्लेषण तीन RNA पॉलीमरेज की सहायता से केन्द्रक में होता है।

(i) RNA पॉलीमरेज I– rRNA का अनुलेखन करता है।

(ii) RNA पॉलीमरेज II प्रोटीन कोडिंग जीनो का अनुलेखन करता है।

(iii) RNA पॉलीमरेज III कार्यात्मक जीनों का अनुलेखन कर t-RNA निर्मित करता है।

- RNA पॉलीमरेज II mRNA के पूर्ववर्ती रूप विषमांगी केन्द्रीय RNA (hn RNA) का अनुलेखन करते हैं।
- DNA के एन्टीसेन्स रज्जुक (Antisense strand) पर RNA पॉलीमरेज एंजाइम प्रेरक सिरे (Promotor end) पर संलग्न होकर 5' → 3' सिरे की ओर संश्लेषण करता है।
- DNA टेम्पलेट के जिस बिन्दु पर RNA अनुलेखन पूर्ण होता है, उसे समापन बिन्दु (Termination point) कहते हैं। यह पूर्ववर्ती mRNA टेम्पलेट रज्जुक से अलग हो जाता है। इसे विषमांगी केन्द्रीय RNA (heterogenous nuclear RNA, **hnRNA**) कहते हैं।
- hn RNA के 5' सिरे पर 7-मिथाइल ग्वानोसीन जुड़ता है तथा 3' सिरे पर **पोलीऐडीनिलिक** अम्ल (Polyadenylic acid Poly-A) की 200-300 न्यूक्लियोटाइड्स की श्रृंखला जुड़कर पूँछ (Tail) बनाती है। इसके उपरान्त इन्ट्रोन (Intron) की नॉन कोडिंग (Non-coding) अनुक्रम हटा दी जाती है तथा परिपक्व mRNA कोशिका द्रव्य में स्थानान्तरित कर दिया जाता है। (चित्र 6.16)



चित्र 6.16 यूकेरियोट में अनुलेखन की प्रक्रिया

स्वयं हल करें

प्र.1. DNA टेम्पलेट पर RNA संश्लेषण की क्रिया क्या कहलाती है?

प्र.2. जीन किस यौगिक का खण्ड है?

प्र.3. DNA में पाये जाने वाले पिरीमिडीन क्षारकों के नाम दीजिए।

प्र.4. प्यूरीन व पिरीमिडीन में एक अंतर लिखिये।

प्र.5. प्रथम आनुवंशिक पदार्थ किसे कहा जाता है?

प्र.6. यूकेरियोट्स से प्रतिकृति किस अवस्था में होती हैं?

प्र.7. सिस्ट्रान या संरचनात्मक जीन किसे कहते हैं?

प्र.8. आच्छादन प्रक्रिया के दौरान कौनसा एक असाधारण न्यूक्लिओटाइड hnRNA के 5 सिरे से जुड़ता है?

उत्तरमाला

उ.1. अनुलेखन (Transcription)

उ.2. जीन DNA का खण्ड होता है।

उ.3. (i) थायमीन (ii) साइटोसीन

उ.4. प्यूरीन प्रकार के क्षारकों में दो N-रिंग किन्तु पिरीमिडीन प्रकार के क्षारकों में एक ही N-रिंग होती है।

उ.5. RNA को।

उ.6. कोशिका चक्र की S-अवस्था में।

उ.7. DNA वह खंड जो पॉलीपेप्टाइड का कूटलेखन करता है, cistron कहलाता है।

उ.8. मेथिल ग्वानोसीन ट्राइफास्फेट।

6.6 आनुवांशिक कूट (Genetic Code)

- आनुवांशिक कूट के बारे में जानकारी देने का श्रेय नीरेनबर्ग (Nirenberg 1961) और उनके सहयोगियों को है। इनके अनुसार आनुवांशिक कूट एक सूक्ष्म इकाई है, जिसमें प्रोटीन संश्लेषण के लिये कूट संदेश निहित रहता है।
- किसी जीव के DNA में चार न्यूक्लियोटाइडो के अनुक्रम विभिन्न प्रकार के प्रोटीन संश्लेषण के लिये उत्तरदायी होते हैं।
- ये प्रोटीन अणु अपनी एंजाइमी प्रक्रिया से किसी जीव की समस्त क्रियाओं का निर्धारण करते हैं।
- DNA में उपस्थित नाइट्रोजनी क्षारकों का अनुक्रम जिसमें प्रोटीन अणुओं के संश्लेषण के लिये संदेश निहित रहते हैं, आनुवांशिक कूट (Genetic code) कहलाता है।
- mRNA पर उपस्थित न्यूक्लियोटाइडो की संख्या व अनुक्रम जो एक अमीनो अम्ल का विशिष्टीकरण करता है। एक कोडोन (Codon) कहलाता है।

- एक कोडोन तीन न्यूक्लियोटाइडो का समूह होता है। सम्पूर्ण कोडोनो का समुच्चय जो 20 अमीनो अम्लों को कोडित करते हैं। आनुवांशिक कूट या आनुवांशिक भाषा का कोडिंग शब्दकोश (Coding dictionary) कहलाता है।
- तीन न्यूक्लियोटाइडो के बने कोडे से $4^3 = 4 \times 4 \times 4 = 64$ कोड शब्द बनते हैं जो 20 अमीनो अम्लों को कोड करने के लिये पर्याप्त है।
- इस प्रकार तीन न्यूक्लियोटाइडों के बने कोडोन को त्रिकूट या त्रिक कोड (Triplet code) कहते हैं।

Table The Codons for the Various Amino Acids

(विभिन्न अमीनो अम्ल के लिये)

Second position द्वितीय स्थिति

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

विभिन्न अमीनो अम्ल व उनके कूट

1. Alanine (ala)	2. Arginine (arg)
3. Asparagine (asn)	4. Aspartic acid (asp)
5. Cystein (cys)	6. Glutamine (glu)
7. Glutamic acid (glu)	8. Glycine (gly)
9. Histidine (his)	10. Isoleucine (ilu)
11. Leucine (leu)	12. Lysine (lys)
13. Metheonie (met)	14. Phenylalanine (phe)
15. Proline (pro)	16. Serine (ser)

आनुवांशिक कूट की विशेषताएँ (Characteristics of Genetic code)

1. कूट त्रिक होता है, 61 कोडोन अमीनो अम्ल का कूट लेखन करते हैं व शेष तीन कोडोन किसी भी अमीनो अम्ल को कोडित नहीं करते।
2. एक कोडोन केवल एक अमीनो अम्ल का कूट लेखन करता है, इस कारण से यह असंदिग्ध व विशिष्ट होता है।
3. कूट अपह्रसित (Degenerate) होता है- इस प्रकार के कूट में एक से अधिक कोडोन एक दो अमीनो अम्ल को कोडित करते हैं- उदाहरणार्थ फिनायल एलनीन अमीनो अम्ल के लिये UUU व UUC कोडोन होते हैं।
4. **पठन दिशा (Reading direction)**— mRNA के ऊपर आनुवांशिक कूट का पठन 5' से 3' दिशा की तरफ होता है।
5. **समापन कोडोन (Termination codon)**— ये कूट प्रोटीन शृंखला के निर्माण को रोकने अथवा समापन के लिये होते हैं, किसी भी अमीनो अम्ल को कूट नहीं करते हैं। ये UAA, UAG एवं UGA है। इन्हें अनर्थक कोडोन (nonsense codons) भी कहते हैं।
6. **प्रारंभी कोडोन (Initiation codon)**— अधिकतर mRNA के प्रारंभ में 5' सिरे पर AUG कोडोन पाया जाता है, जिसे प्रारंभी कोडोन कहते हैं। यह मेथियोनीन (methionine) अमीनो अम्ल को कोड करता है।
7. **कूट सार्वत्रिक (Universal) - होता है**-जीवाणु से लेकर मानव तक एक समान आनुवांशिक कूट पाया जाता है। प्रत्येक कोडोन सभी जीवों में एक ही अमीनो अम्ल को कोडित करता है।
8. **कूट कोमारहित होता है (The code is commaless)**— दो कोडोनों के बीच विराम नहीं होता है। एक के बाद दूसरा कोडोन तुरंत प्रारम्भ हो जाता है।

6.6.1 उत्परिवर्तन व आनुवांशिक कूट (Mutation and genetic code)

- जीन व DNA के बीच आपसी संबंधों को उत्परिवर्तन द्वारा अच्छे ढंग से समझा जा सकता है।
- बिंदु उत्परिवर्तन का एक प्रतिष्ठित उदाहरण बीटाग्लोबिन शृंखला के जीन में एक क्षार युग्म में परिवर्तन के परिणामस्वरूप अमीनो अम्ल अवशिष्ट (Residue) ग्लूटामेट से वैलीन में परिवर्तित होता है। इसके परिणामस्वरूप होने वाले रोग को **सिकल सेल एनीमिया** कहते हैं।
- एक या दो क्षारों के निकलने या जुड़ने से रीडिंग फ्रेम बदल जाता है जिसे **फ्रेम शिफ्ट म्यूटेशन** कहते हैं। तीन या अधिक क्षारों के निवेशन (insertion) या विलोपन (deletion) से रीडिंग फ्रेम में कोई परिवर्तन नहीं होता है।

निवेशन (Insertion)— जब DNA खण्ड से एक या अधिक न्यूक्लियोटाइड्स जुड़ जाते हैं।

विलोपन (Deletion)— जब DNA खण्ड में एक या ज्यादा न्यूक्लियोटाइड कम हो जाते हैं, विलोपन कहलाता है।

उदाहरण—तीन अक्षर आनुवंशिक कूट की तरह मिलते हैं–

निवेशन–	RAM	HAS	RED	CAP	
B	RAM	HAS	BRE	DCA	P
BI	RAM	HAS	BIR	EDC	AP
BIG	RAM	HAS	BIG	RED	CAP
विलोपन–	RAM	HAS	RED	CAP	
R	RAM	HAS	EDC	AP	
RE	RAM	HAS	DCA	P	
RED	RAM	HAS	CAP		

ऐसे उत्परिवर्तनों को फ्रेम शिफ्ट निवेशन या विलोपन कहते हैं।

6.7 अनुवादन (Translation)

- m-RNA में न्यूक्लियोटाइडो की शृंखला का अमीनो अम्लों की पॉलीपेप्टाइड शृंखला में परिवर्तन को ही अनुवादन कहते हैं। यह क्रिया कोशिका द्रव्य में राइबोसोम की सतह पर होती है।
- राइबोसोम m-RNA के 5' सिरे पर जुड़ता है, तथा इसकी 3' सिरे की तरफ गति के होने से m-RNA के कोडोन अनुवादित हो जाते हैं।
- अनुवादन की क्रिया निम्न तीन चरणों में पूरी होती है।

(i) अमीनो अम्लों का सक्रियकरण (Activation of amino acids)

अमीनो अम्लों का सक्रियण ATP की उपस्थिति में अमीनो एसाइल सिन्थेटेज एन्जाइम द्वारा होता है।

$$AA + ATP \xrightarrow[\text{synthetases}]{\text{amino acyl}} AA - AMP - \text{Enzyme Complex} + PP$$

अमीनो एसिल AMP एजांयम जटिल   पायरोफास्फेट

इस क्रिया के फलस्वरूप मध्यवर्ती पदार्थ एमीनो एसाइल एडेनिलिक अम्ल AMP सिन्थेटेज जटिल (Amino acyladenylic AMP Synthetase Complex) बनता है तथा पायरोफास्फेट (Pyrophosphate) मुक्त होता है।

(ii) सक्रिय अमीनो अम्ल का t-RNA से जुड़ना— सक्रिय अमीनो अम्ल t-RNA से क्रिया करके उसके 3' सिरे पर जुड़ जाता है तथा एंजायम अलग हो जाता है।

$$AA\text{-}AMP(EN) + t\text{-}RNA \rightarrow AA\text{-}tRNA + AMP + En$$

(iii) पॉलीपेप्टाइड शृंखला का समारंभ (Initiation of polypeptide chain)— यह क्रिया निम्न चरणों में पूरी होती है।

(i) m-RNA राइबोसोम की छोटी उपइकाई (30S) से जुड़ जाता है।

(ii) अमीनो अम्ल t-RNA समिश्र, m-RNA-30S समिश्र से जुड़ जाता है। इस चरण में सर्वप्रथम फॉरमाइल मेथियोनीन t-RNA, m-RNA के प्रारंभिक कोडोन AUG से जुड़ता है।

(iii) m-RNA छोटी इकाई (30S)— अमीनो अम्ल t-RNA के समिश्र से राइबोसोम की बड़ी उपइकाई (50S) जुड़ जाती है। इस प्रकार m-RNA के ऊपर सम्पूर्ण राइबोसोम बन जाता है।

(iv) राइबोसोम पर आवेशित t-RNA के दो बंधन स्थल होते हैं। एक को P स्थल (Peptidyl स्थल) दूसरे को A स्थल (Amino acyl स्थल) कहते हैं।

(iv) पॉलीपेप्टाइड शृंखला की लम्बाई (Elongation of polypeptide Chain)

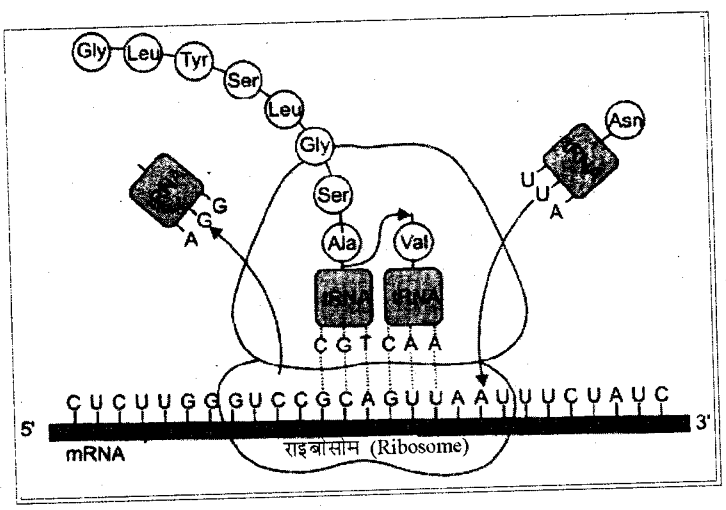
(i) राइबोसोम के A स्थल पर दूसरे किसी अमीनो अम्ल को लिये हुये t-RNA जुड़ जाता है। इसके पश्चात् प्रथम अमीनो अम्ल (मेथियोनीन) के COOH समूह और द्वितीय अमीनो अम्ल के NH_2 समूह के बीच में एक पेप्टाइड बन्ध बन जाता है। इस क्रिया को पेप्टाइडिल ट्रांसफरेज (Peptidyl transferase) एन्जाइम उत्प्रेरित करता है। प्रथम अमीनो अम्ल का t-RNA, P स्थल से हट जाता है।

(iii) इसके पश्चात् राइबोसोम m-RNA के ऊपर खिसक जाता है, जिससे A स्थल का t-RNA (दो अमीनो अम्ल युक्त) P स्थल पर आ जाता है एवं A स्थल खाली हो जाता है। इस क्रिया को स्थानान्तरण (Translocation) कहते हैं।

(iv) A स्थल पर तीसरे अमीनो अम्ल से युक्त t RNA आता है ओर पेप्टाइड बनने की क्रिया m-RNA के ऊपर 3' दिशा की ओर सतत चलती रहती है।

5. पॉलीपेप्टाइड का समापन (Termination of Polypeptide)

- दीर्घीकरण का क्रम सम्पूर्ण m-RNA के अनुवाद होने तक चलता रहता है।
- m-RNA के अंत में A स्थल पर किसी एक समापन कोडोन (Termination codon UAA, UAG अथवा UGA) के आने पर प्रोटीन संश्लेषण रुक जाता है और पॉलीपेप्टाइड शृंखला मुक्त हो जाती है।
- समापन कोडोन किसी भी अमीनो अम्ल के लिये विशिष्ट नहीं होते हैं।
- ये पॉलीपेप्टाइड को t-RNA से अलग कर देते हैं। राइबोसोम को दोनों उपइकाइयाँ भी इसके पश्चात् अलग हो जाती है। (चित्र 6.17)



चित्र 6.17 अनुवादन

प्रोकैरियोट्स एवं यूकैरियोट्स की प्रोटीन संश्लेषण क्रिया विधियों में अन्तर
(Differences between Mechanisms of Protein Synthesis of Prokarytoes and Eukaryotes)

क्र. सं.	लक्षण	प्रोकैरियोट्स (Prokaryotes)	यूकैरियोट्स (Eukaryotes)
1.	**mRNA**	सामान्यतया, polycistronic होता है। mRNA में पॉली A पुच्छ (poly A tail) नहीं होता है। mRNA में पुनरावर्ती क्रम (repetitive sequences) अनुपस्थित होते हैं।	सामान्यतया monocistronic होता है। अनेक mRNA में 50–100 एडीनीन 3' छोर पर पॉली A पुच्छ के रूप में होते हैं। जिनोपस (Xenopus) में पुनरावर्ती क्रम उपस्थित होता है।
2.	**rRNA एवं राइबोसोम**	70S के राइबोसोम जिसमें 50S व 30S की उप इकाइयाँ होती हैं। राइबोसोम कोशिका द्रव्य में स्वतन्त्र होते हैं। rRNA 16S (30S उप इकाई), 23S एवं 5S (50S उप इकाई) के।	80S के राइबोसोम जिनमें 60s एवं 40s की उपइकाइयाँ होती हैं। राइबोसोम अन्त:प्रदव्यी जालिका (endoplasmic reticulum) से जुड़े व कोशिका द्रव्य में स्वतन्त्र rRNA 18S (40S उप इकाई), 28S, 7S एवं 5S (60S उप इकाई) के।
3.	**tRNA अनुवादन**	$tRNA^{met}$ द्वारा समारम्भन स्थल पर फार्मिल मिथियोनीन का समावेश। अनुवादन एवं अनुलेखन लगभग एक साथ होते हैं। mRNA जब क्रोमोसोम से आबद्ध रहता है, तभी अनुवादन होने लगता है। mRNA का समारम्भन स्थल पहले राइबोसोम से आबद्ध होता है फिर उससे $tRNA_f^{met}$ आबद्ध होता है।	t RNA^{met} द्वारा समारम्भन स्थल पर मेथियोनीन का समावेश अनुवादन, अनुलेखन पूर्ण होने के बाद ही होता है। mRNA के केन्द्रक से कोशिका द्रव्य में स्थानान्तरण हो जाने के बाद ही अनुवादन होता है। $tRNA^{met}$ पहले राइबोसोम से आबद्ध होता है, इसके बाद ही mRNA राइबोसोम से आबद्ध होता है।
4.	**कोड शब्दकोष**	AUU कोडोन से आइसोल्यूसीन कोडित और AUA का इसके लिए सम्भवत: उपयोग नहीं होता।	AUA का उपयोग आइसोल्यूसीन को कोडित करने के लिए होता है।

6.8 जीन अभिव्यक्ति का नियमन (Regulation of Gene expression)

- जीन की अभिव्यक्ति के फलस्वरूप कोशकाओं में प्रोटीन का संश्लेषण होता है। जीनों द्वारा जैविक क्रियाओं या किसी उपापचयी परिपथ की अभिक्रियाओं के नियंत्रण को जीन नियमन (Gene regulation) कहते हैं।
- ऐसी क्रिया जिसके द्वारा जीन प्रोटीन के संश्लेषण को प्रारंभ अथवा बन्द कर देते हैं, जीन अभिव्यक्ति का नियमन कहलाती है।

जीन अभिव्यक्ति के नियमन के स्तर

(Levels of regulation of gene expression)

(i) अनुलेखन के स्तर पर
(ii) RNA संसाधन (RNA processing) के स्तर पर
(iii) RNA के केन्द्रक से कोशिका द्रव्य में स्थानान्तरण के स्तर पर
(iv) अनुवादन के स्तर पर
(v) **अनुवादोत्तर (Post translational) स्तर पर**

अधिकतर प्रोकेटियोट्स एवं यूकेटियोट्स कोशिकाओं में अनुलेखन के स्तर पर जीन अभिव्यक्ति के नियमन का अध्ययन किया गया है।

प्रोकेटियोट्स में जीन नियमन (Gene regulation in Prokaryotes)— प्रोकेकरियोट्स में दो प्रकार का जीन नियमन होता है– प्रेरणीय नियमन (Inducible regulation) एवं निरोधक नियमन (repressible regulation)

1. **प्रेरणीय नियमन (Inducible regulation)**— इस नियमन के द्वारा जीन को प्रोटीन उत्पन्न करने के लिये प्रेरित किया जाता है। वे पदार्थ जो प्रोटीन संश्लेषण को प्रेरित करते हैं, प्रेरक कहलाते हैं। उदाहरण– *ई.कोलाई* में लेक्टोज के अपचय का नियमन।

- **जेकब** एवं **मोनाड** (Jacob and Monad) ने जीन क्रिया के नियमन की आपेरान अवधारणा (Operon concept) का प्रतिपादन किया। इन्होंने *ई.कोलाई* में लेक्टोज के अपचय का अध्ययन किया।
- ऑपेरान अवधारणा के अनुसार जीनों का एक समूह एक ईकाई के रूप में नियंत्रित होता है, इसका नाम **ऑपेरान** दिया। लेक्टोज के अपचय को नियंत्रित करने वाले ऑपेरान को लेक आपेरान (Lac operon) कहा गया। इस operon में निम्नलिखित जीन पाये जाते हैं।

(i) **संरचनात्मक जीन (Structural gene)**— इन जीनों से एंजायम का संश्लेषण नियंत्रित होता है। लेक आपेरॉन में तीन संरचनात्मक जीन (Z, Y, A) पाये जाते हैं।

(ii) **वर्धक जीन (Promotor gene)**— DNA के इस भाग पर RNA पालीमरेज एंजाइम जुड़कर संरचनात्मक जीनों के अनुलेखन को समारंभ करता है।

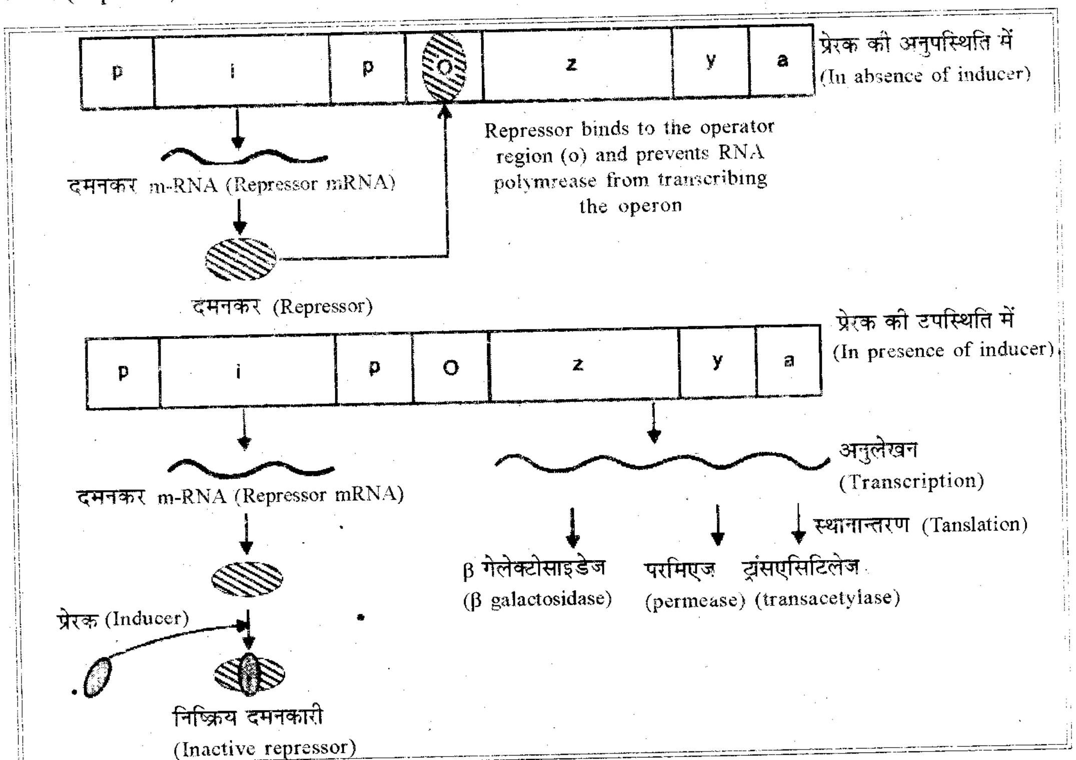
(iii) **प्रचालक जीन (Operator gene)**— DNA का वह भाग जो अनुलेखन का नियंत्रण करता है। नियामक जीन द्वारा उत्पन्न दमन प्रोटीन (repressor protein) प्रचालक जीन से जुड़ता है।

(iv) **नियामक जीन (Regulator gene)**— इस जीन से एक प्रोटीन संश्लेषित होती है जो एक दमनकारी (Repressor) पदार्थ की तरह कार्य करती है। कहते हैं जो अनुवादन प्रक्रिया के द्वारा दमनकारी प्रोटीन का निर्माण करता है।

- दमनकारी प्रोटीन ऑपरेटर से जुड़कर उसे बाँध देता है। जिससे कि RNA पॉलीमेरज प्रमोटर से जुड़ नहीं पाता और ओपेरान बन्द हो जाता है। जिससे अनुलेखन नहीं हो पाता है।

2. **जब लेक्टोज उपस्थित होता है—**

- लेक्टोज के उपस्थित होने पर यह स्वयं प्रेरक के रूप में कार्य करता है।
- ये दमनकर (repressor) के साथ जुड़कर अक्रिय दमनकर (Inactive repressor) बनाता है।
- यह प्रेरक दमनकर प्रोटीन से जुड़कर इसकी संरचना को इस तरह परिवर्तित कर देता है कि यह आपेरेटर जीन से नहीं जुड़ सकती।



चित्र 6.18 लेक ओपेरान

6.8.1 लेक आपेरॉन (Lactose Operon)

- *E. Coli* में लेक्टोज आपेरॉन (Lactose operon) के संगठन में तीन संरचनात्मक जीन होते हैं जिन्हें Z, Y तथा A जीन कहते हैं।
- तीनों सरंचनात्मक जीन एक वृहत पोली सिस्ट्रॉनिक m-RNA अणु का अनुलेखन करते हैं। (चित्र 6.18)
- **'Z' जीन बीटा**-गेलेक्टोसाइडेज (β-gal) का कूट लेखन करता है जो लेक्टोज से गेलेक्टोज व ग्लूकोज का निर्माण करता है।
- **'Y' जीन बीटा**-गेलेक्टो साइड परिमियेज (β-galactoside permease) एन्जाइम का कूट लेखन करता है।
- **'A' जीन बीटा**-गेलेक्टोसाइड ट्रॉस एसीटिलेज (β-galactoside transactylase) एंजायम का कूट लेखन करता है।
  इस तरह से लेक ओपेरॉन के सभी तीनों जीन के उत्पाद लेक्टोज उपापचय के लिये आवश्यक है।
- लेक ओपेरॉन को संचालित करने के लिये दो अवस्थायें होती है-

1. **जब लेक्टोज अनुपस्थित हो तब** — जब लेक्टोज अनुपस्थिति होता है तब वह (i) जीन के mRNA का उत्पादन करता है। दमनकारी mRNA

- आपेरेटर जीन के दमनकर (repressor) से मुक्त होने के कारण RNA पॉलीमरेज प्रोमोटर जीन से बंधित होकर संरचनात्मक जीन का अनुलेखन करता है।

2. **निरोधक नियम (Repressible regulation)**

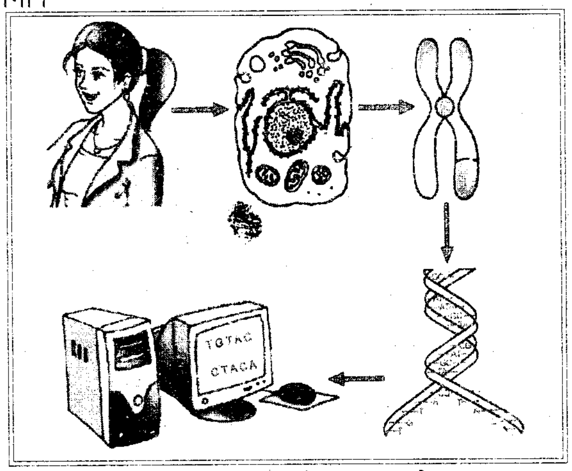
- इस क्रिया से जीन की सक्रियता निरुद्ध हो जाती है। जिसके फलस्वरूप विशिष्ट प्रोटीन का संश्लेषण कम या पूर्णतया रुक जाता है।
- वे पदार्थ जो प्रोटीन संश्लेषण को निरुद्ध करते हैं, दमनकर (repressor) कहलाते हैं। उदाहरण-*ई. कोलाई* के ट्रिप्टोफान आपेरॉन (Trp. operon). हिस्टीडीन आपेरॉन (His. Operon) आदि।

ऋणात्मक नियमन (Negative regulation)— इस नियमन में नियामक जीन का उत्पाद जीन की अभिव्यक्ति को रोक देता है।
उदाहरण लेक ओपेरॉन (Lac operon)

धनात्मक नियमन (Positive operon)
इसके अन्तर्गत नियामक जीन का उत्पाद संबंधित जीन को अनुलेखन के लिये सक्रिय करता है। उदाहरण-*ई. कोलाई* का एराबिनोज आपेरॉन (Arabinose Operon)

6.9 मानव जीनोम परियोजना (Human genome Project)

- आनुवांशिक अभियांत्रिक तकनीकों के विकास से किसी भी DNA खण्ड को विलगित व क्लोन किया जा सकता है।
- DNA अनुक्रमों को शीघ्र जानने के लिये साधारण तकनीक के विकास से 1990 में मानव जीनोम के अनुक्रमों को पता लगाने के लिये एक महत्वाकांक्षी योजना की शुरूआत हुई अत: इस योजना को **मानव जीनोम** योजना (HGP) नाम दिया गया।
- मानव जीनोम में लगभग 3×10^9 क्षार युग्म मिलते हैं यदि अनुक्रम जानने के लिये प्रति क्षार तीन अमेरिकन डॉलर (US$3) खर्च होते हैं तो पूरी योजना पर खर्च होने वाली लागत लगभग 9 विलियन अमेरिकी डॉलर होगा।
- प्राप्त अनुक्रमों को टंकणित रूप में किताब में संग्रहित किया जाये तो 1000 पृष्ठ होंगे तब इस तरह से एक मानव कोशिका के DNA सूचनाओं को संकलित करने हेतु 3300 किताबों की आवश्यकता होगी।



चित्र: HGP का निरुपक आरेख

- HGP के बारे में जानकारी जीव विज्ञान के इस नये क्षेत्र का तेजी से विस्तार से संभव हो पाया जिसे **जैव सूचना विज्ञान (Bioinformatics)** कहते हैं।

HGP के लक्ष्य (Goals of HGP)

- मानव DNA में मिलने वाले लगभग 20,000-25,000 जीनो के बारे में पता लगाना।
- मानव DNA को बनाने वाले 3 विलियन रसायनिक क्षार युग्मों के अनुक्रमों को निर्धारित करना।
- उपरोक्त जानकारी को आकड़ों के रूप में संग्रहित करना।
- आँकडों के विश्लेषण हेतु नयी तकनीक का सुधार करना।
- योजना द्वारा उठने वाले नैतिक, कानूनी व सामाजिक मुद्दों (Ethical legal and social issues-ELSI) के बारे में विचार करना।

कार्य प्रणाली (Methodologies)

इन विधियों में दो महत्वपूर्ण तरीकों का उपयोग किया गया है—

(a) **व्यक्त अनुक्रम घुंडी (Expressed Sequence Tags (ESTS)**— उन सभी जीनों की पहचान करना जो RNA के रूप में व्यक्त होते हैं।

(b) **अनुक्रम टिप्पण (Sequence annotation)**— जीन मिलने वाले सभी जीनोम के व्यक्तेक व अव्यक्तेक अनुक्रमों (coding and non coding sequences) की जानकारी प्राप्त कर उनके कार्यों को निर्धारित करना है।

- कोशिका के पूर्ण DNA में स्थित अनुक्रमों की जानकारी के लिये पहले इसे विलगित कर छोटे-छोटे यादृच्छिक (Random) खंड बना कर संवाहकों (Vector) का उपयोग करके उचित परपोषी में भेज देते हैं।
- क्लोनिग प्रत्येक DNA के प्रवर्धन में सहायता करता है, जिससे इन अनुक्रमों के बारे में जानकारी मिलना आसान हो जाता है।
- सामान्यता उपयोगी अतिथेय जीवाणु व यीष्ट है और संवाहकों को BACs (Bacterial artificial chromosomes) व YAcs (Yeast artificial chromosomes) कहते हैं।
- **फ्रेडरिक सेंगर** (Frederick Sanger) द्वारा विकसित विधि से DNA खण्ड स्वत: DNA अनुक्रमक का उपयोग कर अनुक्रमण करते हैं।
- इन अनुक्रमों को एक दूसरे में स्थित अतिव्यापन के आधार पर व्यवस्थित करते हैं।
- अनुक्रमण हेतु अतिव्यापन खंडों का निर्माण होना आवश्यक है। इन अनुक्रमों को मनुष्य द्वारा पंक्तिबद्ध करना संभव नहीं है। इस कारण से कम्पयूटर आधारित विशेष प्रोग्राम का विकास किया गया है।

6.9.1 मानव जीनोम की मुख्य विशेषताएँ (Salient features of human genome)

(i) मानव जीनोम में 3164.7 करोड़ क्षार मिलते हैं।

(ii) औसतन प्रत्येक जीन में 3000 क्षार स्थित है, मनुष्य में ज्ञात सबसे बड़ी जीन डिसट्रौफिंन (Dystrophin) में 2.4 करोड क्षार मिले हैं।

(iii) जीनों की संख्या 30,000 है जो पहले कही अनुमानित संख्या 80,000 से 140,000 से काफी कम है। लगभग सभी (99.9%) लोगों में मिलने वाले न्यूक्लियोटाइड क्षार एक समान है।

(iv) खोजी गयी 50 प्रतिशत से अधिक जीन के कार्य के बारे में जानकारी प्राप्त है।

(v) दो प्रतिशत से कम जीनोम प्रोटीन का कूटलेखन करते हैं।

(vi) मानव जीनोम के बहुत बड़े भाग का निर्माण पुनरावृत्ति अनुक्रम द्वारा होता है।

(vii) गुणसूत्र 1 में सर्वाधिक जीन (2968) व Y गुणसूत्र में सबसे कम जीन (231) मिलते हैं।

(viii) वैज्ञानिकों ने मानव में लगभग 1.4 करोड़ जगहों पर अलग एकल क्षारों (SNPs- एकल न्यूक्लियोटाइड बहुरूपता single nucleotide polymorphism) का पता लगाया।

उपयोग (Applications)

- DNA अनुक्रमों से प्राप्त सार्थक जानकारियाँ व शोधों से जैविक तंत्र को समझने में काफी सहूलियत रही है।
- विशेष ऊतक या अंग या अवुर्द (tumour) में मिलने वाले सभी अनुलेखों व हजारों जीन व प्रोटीन का अध्ययन करने में आसानी हो गयी है।
- इससे प्राप्त जानकारी द्वारा जीवन के रसायन को जैसे जीनों की संख्या और प्रोटीन के कार्य का पता लगाया जा सकता है।

6.10 DNA अंगुलिछापन (DNA Finger Printing)

- किसी व्यक्ति या विभेद के DNA का RFLP (Restriction fragment length polymorphism) बनाना ही DNA अंगुलीछापन कहलाता है।
- इस विधि की खोज **ऐलेक जैफरी** (Alec Jeffery) ने 1984 में की।
- DNA की संरचना तथा आनुवांशिकता प्रत्येक जीव में विशिष्ट प्रकार की होती है जो दूसरे व्यक्ति में भिन्नता प्रदर्शित करती है।
- प्रत्येक जीव का DNA क्रम उसके माता एवं पिता के DNA क्रम का

संयोग होता है।

- इस तकनीक द्वारा किसी व्यक्ति, अपराधी, बलात्कारी और किसी बच्चे के माता पिता की पहचान की जाती है।
- इस तकनीक द्वारा किसी भी व्यक्ति के विभिन्न ऊतकों (जैसे, खून, बाल, त्वचा, हड्डी, लार, शुक्राणु आदि) की सहायता से अपराधी की पहचान भी की जा सकती है।
- भारतवर्ष में इस तकनीक का प्रयोग सर्वप्रथम 1989 में मद्रास में किया गया। DNA **फिंगर प्रिंटिंग प्रयोगशाला हैदराबाद** में स्थित है।

DNA अंगुली छापन तकनीक (DNA Finger printing technique)

(1) DNA फिंगर प्रिंटिग के लिये व्यक्ति के शरीर को कोशिका के धब्बों, बाल, वीर्य के धब्बों से DNA प्राप्त किया जाता है। DNA नमूने को एण्डो न्यूक्लियेज एंजायम की सहायता से पचाया जाता है।

(2) इसके बाद DNA को क्षारीय विलयन से उपचारित करके एकल शृंखला में परिवर्तित किया जाता है।

(3) इसके उपरान्त DNA को बफर संतृप्त फिल्टर पेपर द्वारा छाना जाता है।

(4) प्राप्त DNA को पेपर टावल के ऊपर रखा जाता है और इसके ऊपर नाइट्रोसेल्यूलोस की झिल्ली को रखा जाता है।

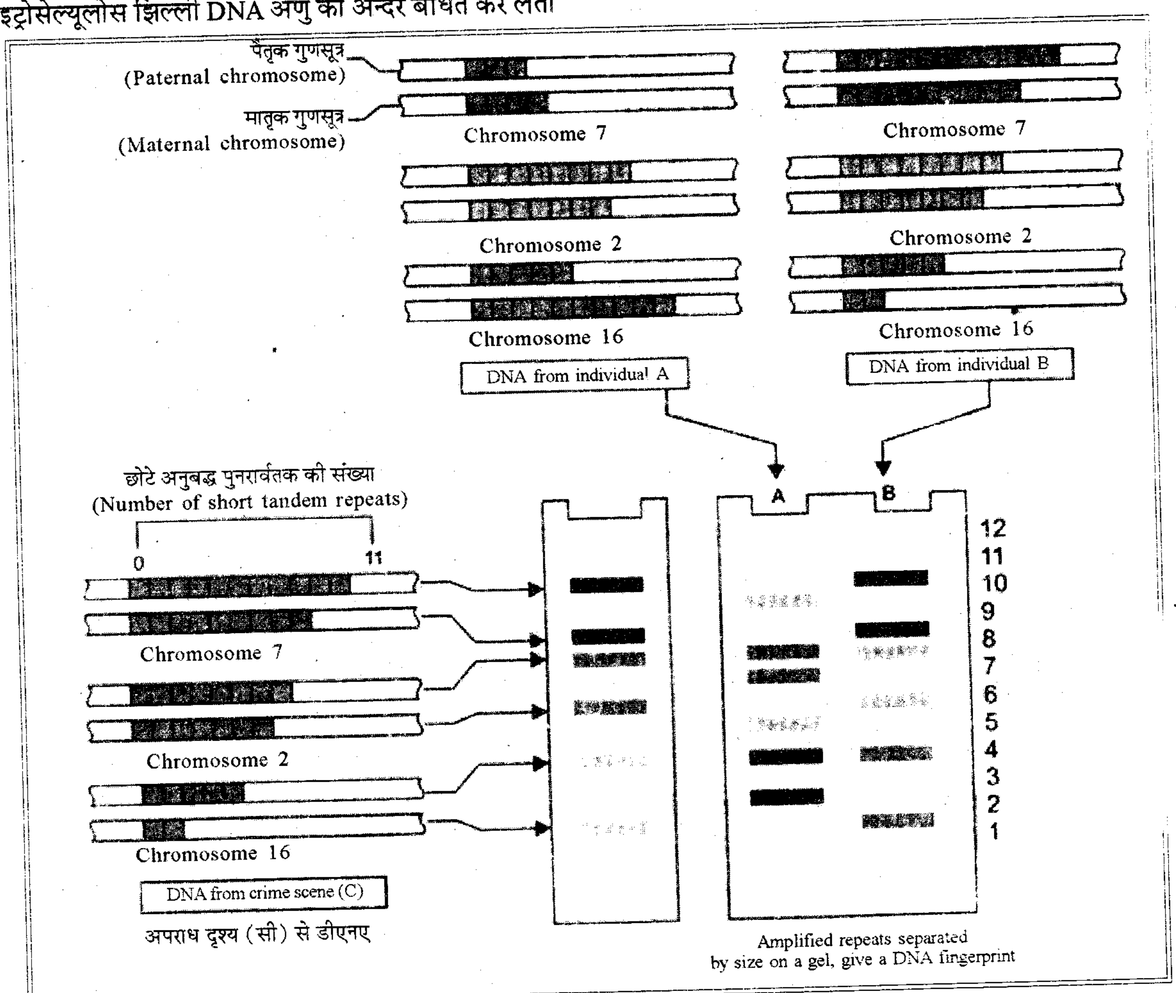
(5) इसके ऊपर 0.5 किग्रा. का भार रात भर के लिये रखा जाता है ऐसा करने से नाइट्रोसेल्यूलोस झिल्ली DNA अणु को अन्दर बंधित कर लेती है।

(6) नाइट्रोसेल्यूलोस झिल्ली की 80°C पर 2 से 3 घंटे के लिये रखा जाता है। जिससे DNA झिल्ली पर स्थिर हो जाता है। अब इस DNA का रेडियोग्राफ तैयार कर सम्भावित व्यक्ति के DNA के रेडियोग्राफ से मिलाया जाता है और इसकी पहचान की जाती है। (चित्र 6.19)

सर्दन ब्लाट हाइब्रिडाइजेशन तकनीक के प्रमुख चरण निम्नलिखित हैं-

(i) DNA का विलयन।
(ii) DNA का प्रतिबंधित एन्डो न्यूक्लियेज एंजायम द्वारा पाचन।
(iii) DNA खंडों का इलेक्ट्रोफोरेसिस द्वारा पृथक्करण।
(iv) पृथक्कृत खंडों का नाइट्रोसेल्यूलोस पेपर पर स्थानान्तरण।
(v) स्थानान्तरित DNA का चिन्हित VNTR प्रोब से संकरण।
(vi) संकरित DNA खण्डों का स्वविकिरणी चित्रण (Autoradiography) द्वारा पहचान करना।

- स्वविकिरण चित्रण में विभिन्न आकार की पट्टियाँ दिखायी देती हैं, ये पट्टियाँ (Band) व्यक्ति विशेष के DNA के विशिष्ट प्रारुप को व्यक्त करती है।
- ये पट्टियाँ किन्हीं भी दो व्यक्तियों की (एक युग्मज जुड़वां को छोड़कर) समान नहीं होती है।



चित्र 6.19 कुछ प्रतिनिधि गुणसूत्र में DNA अंगुलिछापी का चित्रात्मक प्रदर्शन जिनमें VNTR (Variable Number of Tandem Repeats) के विभिन्न प्रतिरूप संख्या दर्शाये गये हैं।

उपयोग

- इस तकनीक का उपयोग अपराधियों की पहचान ज्ञात करने में किया जाता है।
- जीव विज्ञान के आधार पर सही जनकों का निर्धारण करने में।
- जीव वैज्ञानिक क्रमिक विकास के पुन: लेखन हेतु प्रजातीय समूहों की पहचान करने में किया जाता है।

स्वयं हल करें

प्र.1. एक अमीनो अम्ल के लिये कोड में कितने क्षारक प्रयुक्त होते हैं?
प्र.2. कोडीन AUG के दो कार्य लिखिए।
प्र.3. कोडीन धारक व प्रतिकोडीन धारक अणुओं के नाम लिखिए।
प्र.4. समापन कोडोन कौन से होते हैं?
प्र.5. जीन अभिव्यक्ति के दौरान किसका निर्माण होता है?
प्र.6. लेक ऑपेरॉन किसे कहते हैं?
प्र.7. ओपेरॉन किसे कहते हैं?
प्र.8. अनुक्रम टिप्पण किसे कहते हैं?
प्र.9. DNA अंगुलिछापी की खोज किसने की थी?
प्र.10. VNTR का विस्तार लिखिये।

उत्तरमाला

उ.1. एक अमीनो अम्ल के लिए कोड (Code) में तीन क्षारक प्रयुक्त होते हैं।
उ.2. 1. यह समारंभ कोडोन (initiaton codon) की तरह कार्य करता है।
2. यह मेथियोनीन (Methionine) नामक अमीनो अम्ल को कोडित करता है।
उ.3. कोडोन धारक अणु mRNA तथा प्रतिकोडोन धारक अणु t-RNA है।
उ.4. UAA, UAG, UGA
उ.5. पालीपेप्टाइड (Polypeptide) का।
उ.6. लेक्टोज के अपचयन को नियंत्रित करने वाले ओपेरॉन को लेक ऑपेरोन कहते हैं।
उ.7. जीने का एक समूह जो एक इकाई के रूप में नियंत्रित होता है, ओपेरॉन कहलाता है।
उ.8. जीनोम के सभी जीन्स के व्यक्तेक व अव्यक्तेक अनुक्रमों को पहचान कर उनके कार्यों के निर्धारण को अनुक्रम टिप्पण कहते हैं।
उ.9. एलके जेफरी ने।
उ.10. Variable number of Tandem Repeats.

6.11 Point to Interest

- DNA की सूचना का अनुलेखन mRNA के रूप में होता है।
- कोडॉन त्रिक, सार्वत्रिक तथा असंदिग्ध होते हैं।
- 20 प्रकार के अमीनों अम्ल सभी प्रोटीनों के संश्लेषण में भाग लेते हैं।
- 64 प्रकार के कोडॉन 20 अमीनो अम्लों को कोडित करते हैं।
- अमीनो अम्लों को कोडित करने वाली नाइट्रोजनी क्षारकों के त्रिक को कोडॉन कहते हैं।
- tRNA पर स्थित वह त्रिक जो mRNA के कोडॉनों का पूरक होता है एण्टीकोडॉन कहलाता है।
- GUG तथा AUG प्रोटीन संश्लेषण के प्रारम्भन संकेत होते हैं।
- UAA, UAG एवं UGA समापन कोडॉन होते हैं।
- DNA का वह खण्ड जो इसके कार्य की इकाई को प्रदर्शित करता है सिस्ट्रॉन कहलाता है।
- सिस्ट्रॉन क्रियाशीलता को प्रेरित करने वाला पदार्थ प्रेरक कहलाता है।
- DNA में संचित सूचना के संचरण तथा फिर से प्रकट होने एवं लक्षणों के बनने को जीन भावाकृति कहते हैं।
- अनुलेखन (Transcription) द्वारा केन्द्रिय DNA की सूचना को mRNA तथा ट्रान्सलेशन द्वारा mRNA की सूचना को tRNA तक पहुँचाया जाता है।
- विभेदन का मुख्य कारण जीन क्रिया में परिवर्तन है।
- रेगुलेटर, प्रमोटर, ऑपरेटर तथा संरचनात्मक जीनों को एक साथ ओपेरॉन कहते हैं।
- यूकैरियॉटिक जीन का वह भाग जो mRNA के निर्माण में भाग लेता है, एक्सॉन कहलाता है।
- यूकैरियॉटिक जीन का वह भाग जो mRNA के निर्माण में भाग नहीं लेता इण्ट्रान कहलाता है।
- जो जीन अपनी अभिव्यक्ति को प्रदर्शित नहीं करते, साइलेण्ट जीन्स कहलाते हैं।
- आनुवांशिक रूप से समान कोशिकाओं अथवा जीवों को क्लोन तथा क्लोन निर्माण की क्रिया को क्लोनिंग कहते हैं।
- जब किसी जीव में इच्छित जीन को प्रवेश करा दिया जाता है तब इसे ट्रान्सजीनिक जीव कहते हैं।

6.12 NCERT पाठ्यपुस्तक के प्रश्न उत्तर

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

उत्तर- नाइट्रोजनी क्षार-एडीनीन, थायमीन, यूरेसिल, सायरोसीन,
न्यूक्लियोसाइड-सायटीडीन, ग्वानोसीन

प्र.2. यदि एक द्विरज्जुक डीएनए में 20 प्रतिशत साइटोसीन है तो डीएनए में मिलने वाले एडेनीन के प्रतिशत की गणना कीजिए।

उत्तर- साइटोसीन = 20%   ग्वानीन = 20%
चारगॉफ के अनुसार = $A + T = 100 - (G + C)$

A + T = 100 – 40 दोनों समान मात्रा में होते हैं।

एडीनीन $\frac{60}{2} = 30\%$

प्र.3. यदि डीएनए के एक रज्जुक के अनुक्रम निम्नवत् लिखे हैं–
5'–ATGCATGCATGCATGCATGCATGCATGC–3'
तो पूरक रज्जुक के अनुक्रम को 5' → 3' दिशा में लिखें।

उत्तर– 5' = ATGCATGCATGCATGCATGCATGCATGHC – 3'
3' = TACGTACGTACGTACGTACGTACGTACG - 5'

In 5' – 3' दिशा–5'– GCATGCATYGCATGCATGCATGCATGCAT–3'

प्र.4. यदि अनुलेखन ईकाई में कूटलेखन रज्जुक के अनुक्रम को निम्नवत् लिखा गया है–
5'–ATGCATGCATGCATGCATGCATGCATGC–3'
तो दूत आरएनए के अनुक्रम को लिखें।

उत्तर– 5'– AUGCAUGCAUGCAUGCAUGCAUGCAUGC – 3'

प्र.5. डीएनए द्विकुंडली की कौनसी विशेषता वाटसन व क्रिक को डीएनए प्रतिकृति के सेमी–कंजर्वेटिव रूप को कल्पित करने में सहयोग किया, इसकी व्याख्या कीजिए।

उत्तर– DNA की दो रज्जुक जो क्षार युग्मन में पूरक होती है तथा एक दूसरे से विपरीत दशा में होती है। अत: इस लक्षण ने वाटसन व क्रिक को DNA प्रतिकृति के अर्धसंरक्षी रूप को कल्पित करने में सहयोग किया। इसमें दोनों रज्जुक अलग होकर टेम्पलेट के रूप में कार्य कर नये पूरक रज्जुकों का निर्माण करते हैं।

प्र.6. टेंपलेट (डीएनए या आरएनए) के रासायनिक प्रकृति व इससे (डीएनए या आरएनए) संश्लेषित न्यूक्लिक अम्लों की प्रकृति के आधार पर न्यूक्लिक अम्ल पालीमरेज के विभिन्न प्रकार की सूची बनाइए।

उत्तर– **DNA टेम्पलेट**–(i) DNA प्रतिकृति के लिये DNA पॉलीमरेज

(ii) RNA संश्लेषण या अनुलेखन के लिये RNA पॉलीमरेज RNA टेम्पलेट

RNA टेम्पलेट–

(i) RNA का संश्लेषण विषाणुओं में RNA निर्भर RNA पॉलीमरेज द्वारा

(ii) C-DNA की संश्लेषण रिवर्स ट्रांन्स क्रिप्टेज द्वारा।

प्र.7. डीएनए आनुवंशिक पदार्थ हैं, इसे सिद्ध करने हेतु अपने प्रयोग के दौरान हर्षे व चेस ने डीएनए व प्रोटीन के बीच कैसे अंतर स्थापित किया?

उत्तर– इन्होंने अपना प्रयोग जीवाणुभोजी पर किया इन्होंने देखा कि जीवाणुभोजी जीवाणु से चिपकते हैं अपने आनुवांशिक पदार्थ को जीवाणु कोशिका में भेजते हैं।

- इन्होंने कुछ विषाणुओं को ऐसे माध्यम पर पैदा किया जिसमें एक को विकिरण सक्रिय फॉस्फोरस व दूसरे विषाणुओं को विकिरण सक्रिय सल्फर पर वृद्धि किया था।
- जिस विषाणु को विकिरण सक्रिय फॉस्फोरस की उपस्थिति में विकसित किया उसमें विकिरण सक्रिय DNA पाया गया जबकि विकिरण सक्रिय प्रोटीन नहीं था। क्योंकि DNA में फास्फोरस होता है, प्रोटीन नहीं।
- वे विषाणु जिन्हें विकिरण सक्रिय सल्फर की उपस्थिति में विकसित किया उनमें विकिरण सक्रिय प्रोटीन पाई गयी DNA विकिरण सक्रिय नहीं था क्योंकि DNA में सल्फर नहीं मिलता है।
- विकिरण सक्रिय जीवाणुभोजी *ई.कोलाई* जीवाणु से चिपक जाते हैं, कुछ समय बाद जीवाणु को अपकेन्द्रण द्वारा नष्ट कर जीवाणु तथा जीवाणुभोजी में विकिरण का विश्लेषण किया गया।
- जो जीवाणु विकिरण सक्रिय DNA रखने वाले विषाणु से संक्रमित हुये थे, वे विकिरण सक्रिय रहे, इससे स्पष्ट है कि जो पदार्थ विषाणु से जीवाणु में प्रवेश करता है वह DNA है, जो जीवाणु उन विषाणुओं से संक्रमित थे जिनमें विकिरण सक्रिय प्रोटीन था। वे विकिरण सक्रिय नहीं हुये।
- इससे सिद्ध होता है कि प्रोटीन विषाणु से जीवाणु में प्रवेश नहीं करता है अत: आनुवांशिक पदार्थ DNA है जो विषाणु से जीवाणु में जाता है।

प्र.9. स्थानांतरण के दौरान राइबोसोम की दो मुख्य भूमिकाओं की सूची बनाइए।

उत्तर– राइबोसोम के दो विभिन्न कार्य निम्नलिखित हैं—

(i) r-RNA पेप्टाइटल ट्रांसफिरेज की तरह कार्य करके पेप्टाइड बन्ध बनाता है।

(ii) राइबोसोम m-RNA को जुड़ने के लिये स्थल प्रदान करता है।

प्र.10. उस संवर्धन में जहाँ ई.कोलाई वृद्धि कर रहा हो लैक्टोज डालने पर लैक–ओपेरान उत्प्रेरित होता है। तब कभी संवर्धन में लैक्टोज डालने पर लैक ओपेरॉन कार्य करना क्यों बंद कर देता है?

उत्तर– लेक ओपेटॉन एक प्रेरक ऑपेरान है, अत: इसलिये लेक्टोज क्रियाधार की सान्द्रता कम होने पर ओपेरान बंद (Shut down) हो जाती है।

प्र.11. निम्न के कार्यों का वर्णन (एक या दो पंक्तियों से) करो–

(क) उन्नायक (प्रोमोटर)

(ख) अंतरण आरएनए (tRNA)

(ग) एक्जान

उत्तर– (क) उन्नायक **(Promotor)**—

- DNA का खण्ड जो ऑपरेटर के पास स्थित होता है जिससे DNA पर अनुलेखन के पूर्व RNA पॉलीमरेज बंधित होता है।

- DNA का वह भाग जो RNA पॉलीमरेज एंजायम की क्रियाशीलता पर नियंत्रण रखता है तथा mRNA का अनुलेखन करता है।

(ख) t-RNA

ये कोशिका द्रव्य में पाये जाते हैं तथा अमीनो अम्ल और mRNA में सम्बन्ध स्थापित करते हैं। ये प्रोटीन संश्लेषण के समय अमीनो अम्लों को एकत्रित करके राइबोसोम तक लाते हैं।

(ग) एक्जान (Exon)—

कूटलेखन अनुक्रम या अभिव्यक्ति अनुक्रमों को एक्जान कहते हैं। ये एक्जान वे अनुक्रम है जो परिपक्व या संसाधित RNA में मिलते हैं।

प्र.8. निम्न के बीच अंतर बताइए-

(क) पुनावृत्ति डीएनए एवं अनुषंगी डीएनए (ख) एमआरएनए और टीआरएनए (ग) टेम्पलेट रज्जु और कोडिंग रज्जु

उत्तर- (क) पुनरावर्ती DNA	सेटेलाइट DNA (अनुषंगी)
1. प्रकेरियोट्स की अपेक्षा यूकेरियोट्स में गुणसूत्र अधिक जटिल होते हैं। अगुणित गुणसूत्रों के DNA में वृद्ध क्षार अनुक्रम की कई प्रतिलिपियाँ होती है, DNA में इस प्रकार की पुनरावृत अनुक्रम पाई जाती है। तब इसे पुनरावर्ती DNA कहते हैं।	यूकेरियोटिक DNA को जब उच्च वेग पर CSCl के साथ अपकेन्द्रण किया जाता है तब साम्यावस्था पर एक बड़ी बेण्ड तथा एक या अधिक छोटे बेण्ड दिखायी देते हैं। इन DNA के छोटे बेण्डों को सेटेलाइट बेण्ड कहते हैं, तथा इन बेण्डों (Bands) में स्थित DNA को सेटेलाइट DNA कहते हैं।
2. कवकों के अतिरिक्त सभी जीवों में पुनरावर्ती DNA अनुक्रम पायी जाती है लेकिन अलग-अलग जीवों के जीनोम में इनका अनुपात अलग-अलग होता है।	सेटेलाइट DNA माइटोटिक गुणसूत्र में सेन्ट्रोमीटर के निकट हिटरोक्रोमेटिन में मिलता है।
3. अर्धसूत्री विभाजन के समय समजात गुणसूत्रों के मध्य युग्मन (Pairing) में सहायक होते हैं।	ये विभिन्न जीवों के जीनोम में अपसारिता (divergence) दर्शाते हैं, इन्हें मानचित्रण के लिये उपयोग किया जाता है।
4. ये Selfish DNA कहलाते हैं।	इन्हें Selfish DNA भी कहते हैं।
(ख) mRNA	**tRNA**
1. ये केन्द्र में संश्लेषित होता है तथा सूचना देकर कोशिका द्रव्य में विभिन्न स्थानों पर पहुँचाता है।	इनका निर्माण केन्द्रक में होता है। यह निश्चित अमीनो अम्लों को प्रोटीन संश्लेषण स्थल तक पहुँचाते हैं।
2. ये सम्पूर्ण RNA का 5-10% होता है।	ये 10-15% होता है।
3. ये बडे आकार का होता है।	ये क्लोवर पत्ती के समान छोटे आकार का होता है।
4. नाइट्रोजनी क्षार रुपान्तरित नहीं होते हैं।	नाइट्रोजनी क्षार रुपान्तरित हो सकते हैं।
(ग) टैम्पलेट रज्जु (Templates strand)	**कोडिंग रज्जु (Coading strand)**
1. DNA की वह रज्जुक जो अनुलेखन में भाग लेती है।	यह अनुलेखन में भाग नहीं लेती है।
2. इनकी ध्रुवता (polarity) 3' → 5' होती है।	इनकी ध्रुवता (Polarity) 5 → 3' होती है।

प्र.12. मानव जीनोम परियोजना को महापरियोजना क्यों कहा गया।

उत्तर- मानव जीनोम परियोजना को महापरियोजना कहा गया क्योंकि इसके बहुत से कारण हैं—

(i) मानव जीनोम में 3164.7 करोड़ क्षार मिलते हैं।

(ii) औसतन प्रत्येक जीन में 3000 क्षार मिलते हैं।

(iii) मनुष्य को ज्ञात सबसे बड़ी जीन डिसट्रॉफिन (Destrophin) में 2.4 करोड़ क्षार मिले हैं।

(iv) खोजी गई 50% से अधिक जीन के कार्य के बारे में जानकारी प्राप्त है।

(v) मानव जीनोम में लगभग 3×10^9 क्षार युग्म मिलते हैं। प्रति क्षार तीन अमेरिकन डालर खर्च होते हैं तथा पूरी योजना पर खर्च होने वाली लागत लगभग 9 विलियन अमेरिकी डॉलर होगा।

प्र.13. डीएनए अंगुलिछापी क्या है? इसके उपयोगिता पर प्रकाश डालिए।

उत्तर- किसी व्यक्ति या विभेद के DNA का RFLP बनाना ही अंगुलीछापन कहलाता है।

- DNA अंगुलीछापन का आविष्कार **एलेक जेफरी** द्वारा किया गया था। इन्होंने सेटेलाइट DNA को प्रोव के रूप में उपयोग किया जिसमें काफी बहुरुपता मिलती है इसे VNTRS (Variable number of tandem repeats) के रूप में जानते हैं।

उपयोग-

(i) इस तकनीक का उपयोग अपराधियों की पहचान ज्ञात करने में किया जाता है।

(ii) जीव विज्ञान के आधार पर सही जनकों का निर्धारण करने में।

(iii) जीव वैज्ञानिक क्रमिक विकास के पुन: लेखन हेतु प्रजातीय समूहों की पहचान करने में किया जाता है।

प्र.14. निम्न का संक्षिप्त वर्णन कीजिए-

(क) अनुलेखन **(ख) बहुरूपता**

(ग) स्थानांतरण **(घ) जैव सूचना विज्ञान**

उत्तर- **(क) अनुलेखन (Transcription)**— DNA की एक रज्जुक से आनुवांशिक सूचनाओं का DNA में प्रतिलिपीकरण करने की प्रक्रिया को अनुलेखन कहते हैं।

- आनुवांशिक सूचना का स्थानान्तरण DNA से m-RNA में होता है।
- DNA की एक शृंखला साँचे (Template) का कार्य कर एक RNA शृंखला का निर्माण करती है। यह क्रिया RNA पॉलीमरेज एंजायम द्वारा उत्प्रेरित होती है।

(ख) बहुरुपता (Polymorphism)—

आनुवांशिक बहुरुपता आनुवांशिक पदार्थ में एक से अधिक रूप में मिलती है, यह तीन प्रकार की होती है जैसे-एलीलिक, SNP और RFLP.

(i) **एलीलिक बहुरुपता (Allelic polymorphism)**— इस प्रकार की बहुरुपता बहु एलीलो के जीन में होती हे जो उत्परिवर्तन द्वारा प्रोटीन की संरचना व कार्य परिवर्तन कर देती है।

(ii) **S.N.P (Single nucleotide polymorphism)**— इस प्रकार की बहुरुपता मनुष्यों में 1.4 मिलियन एकल क्षार DNA के रूप में मिलते हैं।
SNP एलीलो को पहचानने में उपयोगी होता है।

(iii) **RFLP**– इस प्रकार की बहुरूपता का उपयोग अंगुलीछापन में किया जाता है।

(ग) स्थानान्तरण

mRNA में न्यूक्लियोटाइडो की शृंखला का अमीनो अम्लें की पॉलीपेप्टाइड शृंखला में परिवर्तन को अनुवादन या स्थानान्तरण कहते हैं। यह क्रिया प्रोकेरियोट व यूकेरियोट में कोशिका द्रव्य में होती है।

(घ) जैव सूचना विज्ञान (Bioinformatics)— विज्ञान की वह शाखा जिसके अंतर्गत विशाल सूचना जीनोमिक्स (Genomics) का रख-रखाव डाटाबेसस के रूप में रखा जाता है उसका विश्लेषण और जैव अणुओं के विभिन्न पहलुओं को जैव सूचना विज्ञान के द्वारा समझाया जाता है।

6.13 अन्य महत्वपूर्ण प्रश्न

प्र.1. सजीवों में पाये जाने वाले दो न्यूक्लिक अम्लों के नाम बताओ।
उत्तर- DNA और RNA

प्र.2. DNA की द्विरज्जुकी कुण्डिलित संरचना किसने बतायी थी।
उत्तर- जेम्स वाटसन और फ्रांसिस क्रिक ने 1953 में बतायी थी।

प्र.3. वाटसन व क्रिक के DNA मॉडल में उपयुक्त तकनीक का नाम बताओ।
उत्तर- X-ray क्रिस्टेलोग्राफी।

प्र.4. आण्विक जीव विज्ञान की सेन्ट्रल डोग्मा किसने प्रस्तावित की?
उत्तर- क्रिक ने।

प्र.5. सेन्ट्रल डोग्मा को लिखिये।
उत्तर- (प्रतिकृति) DNA —ट्रांसक्रिप्सन→ RNA —ट्रांसलेशन→ प्रोटीन

प्र.6. नाइट्रोजनी क्षार और पेटोज शर्करा के बीच लिकेंज क्या कहलाती है?
उत्तर- N- ग्लाइकोसिडिक लिकेंज

प्र.7. ऑपेरॉन संकल्पना को किस वैज्ञानिकों ने प्रतिपादित किया।
उत्तर- जेकब और मोनाड ने (1961)

प्र.8. तीन नानसेन्स कोडोन लिखिये।
उत्तर- UAA, UAG और UGA

प्र.9. ई. कोलाई के DNA प्रतिकृति के लिये मुख्य एंजाइम का नाम लिखिये।
उत्तर- मुख्य एंजाइम DNA पॉलीमरेज है।

प्र.10. कोशिका चक्र की किस अवस्था में DNA प्रतिकृति करता है।
उत्तर- S- अवस्था में (S-phase)

प्र.11. आनुवांशिक कूट क्या होते हैं?
उत्तर- आनुवांशिक कूट एक सूक्ष्म इकाई, जिसमें प्रोटीन संश्लेषण के लिये कूट संदेश निहित रहता है।

प्र.12. DNA पॉलीमरेज की खोज किसने की थी।
उत्तर- कोरेनवर्ग (Korenberg) ने *ई. कोलाई* में की थी।

प्र.13. निवेशन किसे कहते हैं?
उत्तर- जब DNA खण्ड से एक या अधिक न्यूक्लियोटाइड अणु जुड जाते हैं।

प्र.14. प्रारंभी कोडोन किसे कहते हैं।
उत्तर- अधिकतर mRNA के प्रारंभ में 5' सिरे पर AUG कोडोन पाया जाता है, जिसे प्रारंभी कोडोन कहते हैं। यह मेथियोनीन अम्ल को कोड करता है।

प्र.15. समापन कोडोन किसे कहते हैं।
उत्तर- m-RNA के अंत में A स्थल पर किसी एक समापन कोडोन UAA, UAG या UGA के आने पर प्रोटीन संश्लेषण रुक जाता है।

प्र.16. जीन अभिव्यक्ति का नियमन क्रिया को परिभाषित कीजिये।
उत्तर- ऐसी क्रिया जिसके द्वारा जीन प्रोटीन को संश्लेषण को प्रारंभ अथवा बन्द कर देते हैं, जीन अभिव्यक्ति का नियमन कहलाती है।

प्र.17. नाइट्रोजनी क्षार कितने प्रकार के होते हैं?
उत्तर- दो प्रकार के होते हैं- (1) प्यूरीन्स – एडनीन, ग्वानीन
(2) पिरिमिडिन्स–साइटोसीन, थायमीन व यूरेसिल

प्र.18. DNA की खोज किसने की थी?
उत्तर- फ्रेडरिक मीश्चर ने 1869 में केन्द्रक में मिलने वाले अम्लीय पदार्थ DNA की खोज की थी।

प्र.19. हिस्टोन प्रोटीन कितने प्रकार की होती है।
उत्तर- ये पाँच प्रकार की होती है-H_1, H_2A, H_2B, H_3 व H_4

दीर्घ उत्तरीय प्रश्न

प्र.1. आनुवांशिक अम्ल क्या है इनकी संरचना सहित व्याख्या कीजिये।
उत्तर- आनुवांशिक अम्ल DNA है।
यह न्यूक्लिओटाइड्स का बहुलक (पॉलीन्यूक्लिओटाइड) होता है। अर्थात् न्यूक्लिओटाइड DNA की इकाईयाँ होती है।

⇨ DNA के एक अणु में न्यूक्लिओटाइड्स की दो शृंखलाएँ एक दूसरे पर विपरीत कुंडलित होती है अर्थात् DNA प्राय: **द्विसूत्री** (Double Stranded) होता है।

⇨ प्रत्येक न्यूक्लिओटाइड तीन घटकों से मिलकर बना होता है-1. **नाइट्रोजनी क्षारक** (Nitrogenous Bases) 2. **पेन्टोज शर्करा** (Pentose Sugar) 3. **फास्फोरिक अम्ल** या फास्फेट (Phosphoric Acid or Phosphate)
(नाइट्रोजनी क्षारक + पेन्टोज शर्करा + फास्फेट = न्यूक्लिओटाइड)

⇨ नाइट्रोजनी क्षारक दो प्रकार के होते हैं— 1. प्यूरीन (Purine) 2. पिरीमिडीन (Pyrimidine)

⇨ **प्यूरीन**–एडीनिन (Adenine-A) तथा गुआनीन (Guanine-G) होते हैं।

⇨ **पिरीमिडीन** थाइमीन (Thymine-T) तथा साइटोसीन (Cytosine-C) होते है। [RNA में थाइमीन के स्थान पर यूरेसिल (Uracil-U) होता है।]

⇨ **पेन्टोज शर्करा**–DNA में पेन्टोज शर्करा के रूप में **डीऑक्सीराइबोज** (Deoxyribose) होती है। (RNA में पेन्टोज शर्करा के रूप में Ribose होती है।)

⇨ **फास्फोरिक अम्ल (H_3PO_4)**– यह फॉस्फेट के रूप में जाना जाता है।

⇨ **न्यूक्लिओसाइड**–नाइट्रोजनी क्षारक + पेन्टोज शर्करा
= नाइट्रोजनी क्षारक – **ग्लाइकोसिडिक बंध**–पेन्टोज शर्करा

⇨ **न्यूक्लिओटाइड** =न्यूक्लिओसाइड + फास्फोरिक अम्ल
=न्यूक्लिओसाइड – **फॉस्फोएस्टर बंध**–फास्फेट समूह

⇨ **डाइन्यूक्लिओटाइड**=न्यूक्लिओटाइड+ न्यूक्लिओटाइड
= न्यूक्लिओटाइड–**फास्फोडाइएस्टर बंध**–न्यूक्लिओटाइड

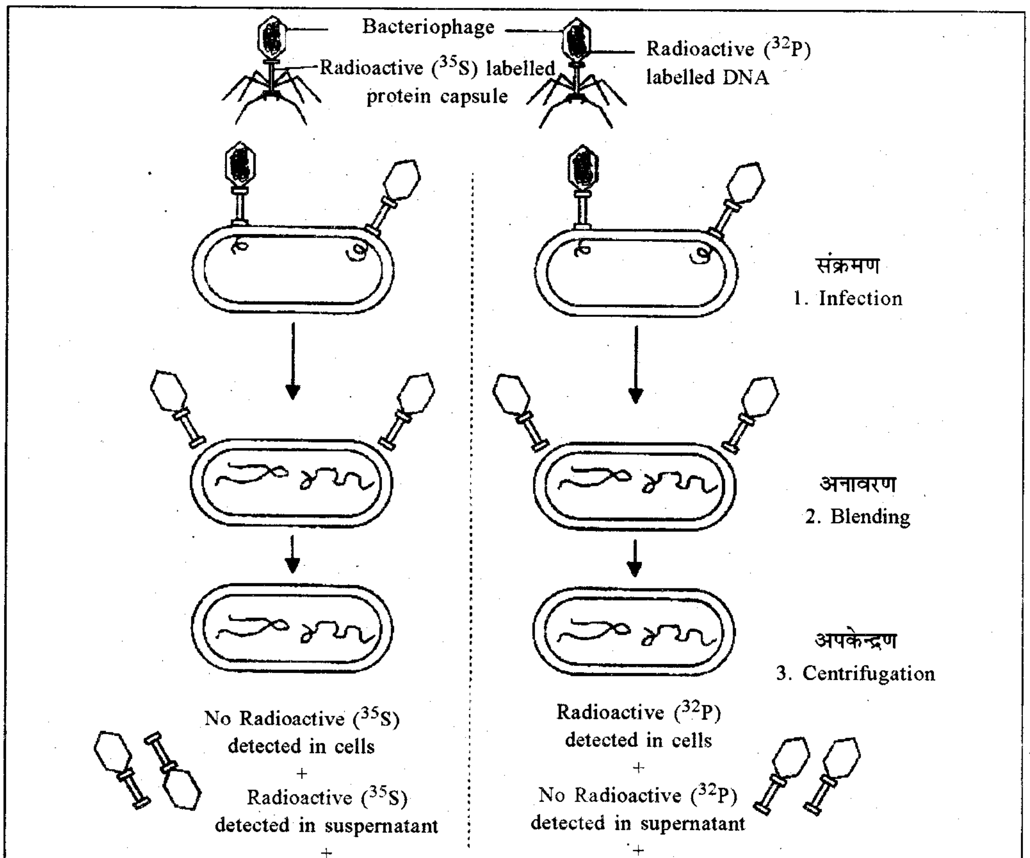
⇨ **पॉलीन्यूक्लिओटाइड** = न्यूक्लिओटाइड + न्यूक्लिओटाइड + न्यूक्लिओटाइड + ...

⇨ **न्यूक्लिक अम्ल** = पॉली न्यूक्लिओटाइड

प्र.2. आनुवांशिक पदार्थ DNA होता है, इसकी खोज किसने की तथा यह सिद्ध किसने किया प्रयोगों द्वारा बताइये।

उत्तर–

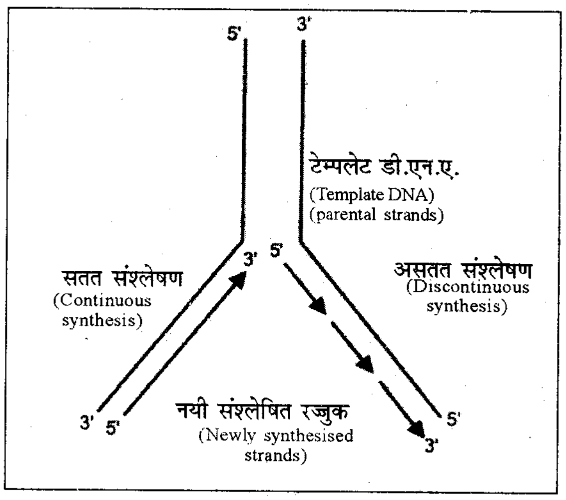
- **हर्षे व चेस** (Hershey & Chase 1952) द्वारा प्रस्तुत प्रयोगों के परिणाम से यह सिद्ध हुआ कि DNA एक आनुवांशिक पदार्थ है। इन्होंने उन विषाणुओं पर कार्य किया जो जीवाणु को संक्रमित करते हैं, इन्हें **जीवाणुभोजी** कहते हैं।
- **हर्षे** एवं **चेस** ने रेडियोधर्मी फास्फोरस ^{32}P व गन्धक ^{35}S का उपयोग करते हुये जीवाणु भोजी के जीवन चक्र का अध्ययन किया। उन्होंने ई. *कोलाई (E. coli)* जीवाणु को ^{32}P व ^{35}S रेडियोधर्मी तत्वों युक्त माध्यम पर संवर्धित किया। ये रेडियोधर्मी सक्रिय तत्व जीवाणु के विभिन्न घटकों में स्वांगीकृत हो जाते हैं।
- जीवाणुभोजी अपनी पूंछ द्वारा जीवाणु से चिपक जाता है इसके शीर्ष में उपस्थित DNA जीवाणु कोशिका में स्थानान्तरित हो जाता है।
- 30 मिनट बाद जीवाणुभोजी जीवाणु की कोशिका का विघटन कर विमुक्त हो जाते हैं। विश्लेषण से ज्ञात हुआ कि इनके DNA में रेडियो सक्रिय फास्फोरस P^{32} तथा बाह्य प्रोटीन केप्सिड (Capsid) में सल्फर S^{35} उपस्थित था।
- तत्पश्चात् P^{32} व S^{35} युक्त जीवाणुभोजियों को सामान्य *ई. कोलाई* पर संक्रमण कराया गया।
- संक्रमण के कुछ मिनट बाद जीवाणु को अपकेन्द्रण (Centrifugation) द्वारा नष्ट कर जीवाणु तथा जीवाणु भोजी में रेडियोसक्रिय तत्वों का विश्लेषण किया गया।
- विश्लेषण में पाया गया कि जीवाणुभोजी का 95% ^{32}P जो DNA में निहित था वह जीवाणु में अंतस्थापित हो जाता है, जबकि ^{35}S की सम्पूर्ण मात्रा जीवाणुभोजी की प्रोटीन खोल में विद्यमान रहती है। इससे संकेत मिलता है कि प्रोटीन विषाणु से जीवाणु में प्रवेश नहीं करता है। इससे सिद्ध होता है कि आनुवांशिक पदार्थ DNA ही है जो विषाणु से जीवाणु में आता है।



प्र.3. DNA प्रतिकृति को समझाइये।

उत्तर-

- DNA कुण्डली छोटे-छोटे भागों में खुलती है जहाँ DNA के दोनों सूत्र एक दूसरे से अलग होते हुए प्रतिकृति द्विशाख बनाते हैं। यहाँ DNA के दोनों सूत्रों में से एक (3'-5') पर 5'-3' दिशा में सतत लड़ी बनती है जिसे **अग्रगामी लड़ी** कहते हैं। दूसरे सूत्र (टेम्पलेट 5'-3') पर न्यूक्लिओटाइडों की लड़ी खण्डों में बनती है जिसे **असतत** या **पश्चगामी** सूत्र कहते हैं। इन छोटे-छोटे को **ओकाजाकी खण्ड** कहते हैं। ये खंड DNA लाइगेज एन्जाइम द्वारा जुड़ जाते हैं।
- DNA की प्रतिकृति जहाँ से शुरू होती है उस स्थल को प्रतिकृति का **उद्गम स्थल** कहते हैं। ये स्थल एक या अधिक तथा सुनिश्चित होते हैं।
- यूकेरियोटिक कोशिकाओं में DNA प्रतिकृति कोशिका चक्र की S-प्रावस्था में होती है।
- DNA प्रतिकृति के बाद यदि कोशिका विभाजन नहीं हो तो बहुगुणित की स्थिति उत्पन्न हो जाती है।



चित्र प्रतिकृति द्विशाख

प्र.4. अनुलेखन प्रक्रिया को समझाइये।

उत्तर- DNA के एक सूत्र से आनुवांशिक सूचनाओं को RNA में प्रतिलिपिकृत करने की प्रक्रिया को अनुलेखन कहते हैं।

यूकेरियोट्स (सुकेंद्रकी) में अनुलेखन-इसमें दो जटिलताएँ होती है।

1. केन्द्रक में मुख्यत: तीन प्रकार के RNA पॉलीमरेज पाये जाते हैं।

   (a) RNA पॉलीमरेज -I- यह RNA का अनुलेखन करता है।

   (b) RNA पॉलीमरेज-II- यह mRNA के पूर्ववर्ती (hn-RNA) का अनुलेखन करता है।

   (c) RNA पॉलीमरेज-III- t-RNA, 5-r-RNA, Sn-RNa का अनुलेखन करता है।

2. प्रारंभिक अनुलेखन में व्यक्तेक (exon) तथा अव्यक्तेक (Intron) दोनों मिलते हैं। बाद में समबंधन (Splicing) प्रक्रिया द्वारा अव्यक्तेक (Intron) को हटाकर व्यक्तेक (exon) को एक निश्चित क्रम में जोड़ दिया जाता है। hn-RNA आच्छादन व पुच्छन प्रक्रियाओं से होकर गुजरता है।

आच्छादन-के अन्तर्गत hn-RNA के 5' सिरे पर मेथिल ग्वानोसीन ट्राइफास्फेट जुड़ता है। पुच्छन प्रक्रिया के अन्तर्गत hn-RNA के 3' किनारे पर एडेनीन (200-300) समूह स्वतन्त्र रूप से जुड़ जाता है। इस प्रकार पूर्ण संसाधित hn-RNA को m-RNA कहते हैं।

मेथिल ग्वानोसिन ट्राईफॉस्फेट + 5' सिरा -hn-RNA-3' सिरा + एडेनीन समूह $\xrightarrow[\textit{splicing}]{\text{समबंधन}}$ m-RNA

प्र.5. अनुवादन प्रक्रिया को समझाइये।

उत्तर- **प्रारंभ में**-m-RNA का प्रारंभक प्रकूट (AUG) व राइबोसोम की छोटी उपइकाई एक दूसरे से जुड़ जाते हैं। इसके बाद t-RNA अमीन अम्ल को जोड़कर अपनी एन्टीकोडोन भुजा द्वारा m-RNA के प्रकूट (Codon) से जुड़ जाता है। m-RNA का Codon व t-RNA का Anticodon एक दूसरे के पूरक होते हैं। जैसे कोडोन AUG है तो उससे UAC एन्टीकोडोन वाला t-RNA सम्बन्ध बनायेगा। राइबोसोम m-RNA के एक प्रकूट से दूसरे प्रकूट पर जाता है तथा वहाँ पर भी m-RNA के प्रकूट के अनुसार t-RNA अमीनों अम्ल के साथ आकर जुड़ता है। यही क्रम आगे बढ़ता जाता है। t-RNA द्वारा राइबोसोम की सतह पर लाये गये अमीनो अम्ल राइबोसोम की बड़ी उपइकाई में एक दूसरे के समीप आकर पेप्टाइड बंध द्वारा जुड़ते जाते हैं। इस प्रकार अमीनो अम्लों की पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला की वृद्धि होती जाती है। अंत में विमोचक कारक समापन प्रकूट से जुड़ जाता है तथा अनुवादन की क्रिया बंद हो जाती है। इसके साथ ही पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला भी अलग हो जाती है। यह पूरी प्रक्रिया (अनुवादन) DNA द्वारा निर्देशित तथा m-RNA द्वारा निरूपित होती है अर्थात् DNA पर स्थित आनुवांशिक कूट से m-RNA के प्रकूट (Codon) में संदेश आता है तथा इस संदेश का अनुवादन (स्थानान्तरण) राइबोसोम की सतह पर t-RNA की सहायता से पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला के निर्माण के रूप में होता है।

प्र.6. लेक आपेरॉन की क्रिया विधि का सचित्र वर्णन करो।

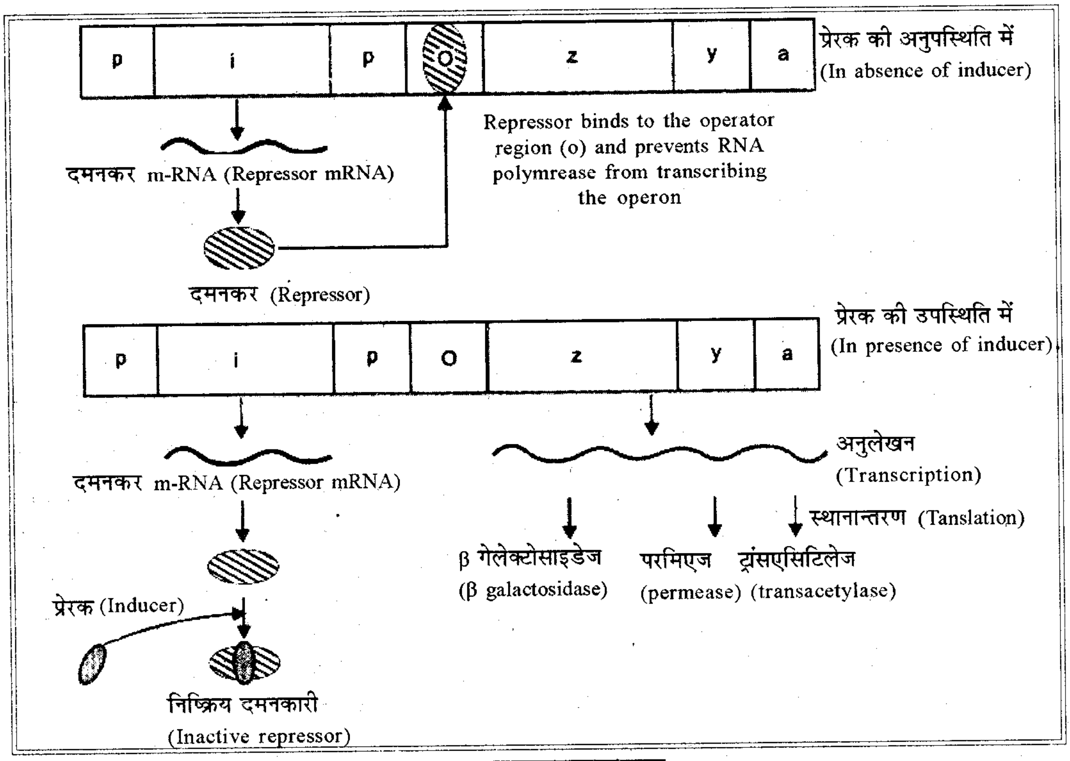
उत्तर- (a) लेक्टोज ओपेरॉन में तीन संरचनात्मक जीन होते हैं। जिन्हें z, y तथा a जीन कहते हैं।

- तीनों संरचनात्मक जीन एक वृहत पॉलीसिस्ट्रॉनिक m-RNA अणु का अनुलेखन करते हैं।
- z- जीन-β- galactosidase का (β- gal) का कूट लेखन करता है जो लेक्टोज से गेलेक्टोज व ग्लूकोज का निर्माण करता है।
- y जीन β- galactoside, permease एंजाइम का कूट लेखन करता है।
- A जीन β-galactoside trans acytelase एंजाइम का कूट लेखन करता

है।

(c) लेक्टोज की उपस्थिति β– galactosidase एंजाइम प्रेरक के रूप में कार्य करती है।

- ये दमनकर के साथ जुड़कर निष्क्रिय दमनकर बनाता है।
- यह प्रेरक दमनकर प्रोटीन से जुड़कर इसकी संरचना को इस तरह परिवर्तित कर देता है कि वह आपेरेटर जीन से नहीं जुड़ सकती।



चित्र : लेक ओपेरान

- आपेरेटर जीन के दमनकर से मुक्त होने के कारण RNA पॉलीमरेज प्रमोटर जीन से संलग्न होकर संरचनात्मक जीन का अनुलेखन करता है।

प्र.7. मानव जीनोम परियोजना का महत्व बताइये।

उत्तर–

1. जैविक तन्त्र को समझने में आसानी हुई।
2. जैविक अनुसंधान में नये आयामों की स्थापना हुई।
3. जीनोम में पाये जाने वाले जीनों का अध्ययन संभव हुआ।
4. **अन्य संभावित महत्व**–आनुवांशिक परामर्श, जीन थेरेपी, रोग का पूर्वानुमान, रोग निदान व उपचार, डिजायनर औषधियों का विकास व मानव स्वास्थ्य में उपयोगी।

प्र.8. DNA अंगुली छापन तकनीक व महत्व के बारे में बताइये।

उत्तर– किसी व्यक्ति या विभेद के DNA का RFLP (Restriction Fragment Length Poly morphism) पैटर्न बनाना ही **DNA अंगुलिछापी** कहलाता है।

⇨ जेफरीज ने अनुषंगी DNA को जिसमें काफी बहुरूपता मिलती है को प्रोब के रूप में काम में लिया। इसे **अनुबद्ध परावर्तक की विभिन्न संख्या** (Variable Number of Tandem Repeat-VNTR) के नाम से भी जाना जाता है। इनका आकार परिवर्तनशील होता है। (.1 से 20 किलो बेस)

⇨ विकिरण चिह्नित VNTR को प्रोब के रूप में प्रयोग करते हुए सदर्न ब्लाट हाइब्रिडाइजेशन तकनीक का विकास हुआ।

⇨ **सदर्न ब्लॉट हाइब्रिडाइजेशन तकनीक के अन्तर्गत निम्नलिखित पद प्रमुख हैं**—

(i) DNA विलगन।
(ii) DNA का प्रतिबंधन एण्डो न्यूक्लिएज द्वारा पाचन।
(iii) DNA खंडों का इलेक्ट्रोफोरेसिस द्वारा प्रथक्करण।
(iv) पृथक्कृत DNA खंडों का नाइट्रोसेलुलोज झिल्ली पर स्थानान्तरण।
(v) स्थानान्तरित DNA का चिह्नित VNTR प्रोब से संकरण।
(vi) संकरित DNA की स्वविकिरणी चित्रण (Autoradiograph) द्वारा पहचान करना।

⇨ स्वविकिरण चित्र में विभिन्न आकार की पट्टिया दिखाई देती है, जो व्यक्ति विशेष के DNA के विशिष्ट प्रारूप को व्यक्त करती है।

⇨ ये पट्टिया किन्हीं भी दो व्यक्तियों की (एक युग्मज जुड़वां को छोड़कर) समान नहीं होती।

महत्व–

1. DNA फिंगर प्रिटिंग द्वारा माता–पिता व उनकी संतानों की पहचान की जा सकती है।
2. इसके द्वारा अपराधियों की पहचान की जा सकती है। (न्यायालयीन विज्ञान में उपयोग)
3. जनसंख्या व आनुवांशिक विभिन्नता के निर्धारण में उपयोग।

प्र.9. ग्रिफीथ के रूपान्तरण सिद्धान्त को समझाइये।

उत्तर– स्ट्रेप्टोकोकस व मूषकों पर किये गये शृंखलाबद्ध प्रयोगों के आधार

पर ग्रिफिथ ने एक निष्कर्ष निकाला था कि R विभेद वाले बैक्टीरिया रूपान्तरित हो गये थे, इसे निम्नलिखित बिन्दुओं के अन्तर्गत समझा जा सकता है—

⇨ **रूपान्तरीय सिद्धान्त (Transforming principle)**– फ्रेडेरिक ग्रिफीथ (1928) ने प्रयोग कर सिद्ध किया कि ताप मृत S- प्रभेद से कोई पदार्थ स्थानान्तरित होकर R- प्रभेद में पहुँचकर R- प्रभेद को S- प्रभेद में रूपान्तरित कर देता है, इसे ही **रूपान्तरीय सिद्धान्त/ग्रिफीथ प्रभाव/बैक्टीरियल रूपान्तरण** कहते हैं।

⇨ **ग्रिफीथ का प्रयोग**–

S- प्रभेद–ये जीवाणु (स्ट्रेप्टोकोकस नीमोनी) चूहों में न्यूमोनिया रोग उत्पन्न करते हैं। इन जीवाणुओं की कोलोनी चिकनी चमकीली होती है। ये जीवाणु सम्पुट (Capsulated) युक्त होते हैं।

R- प्रभेद–ये जीवाणु चूहों में न्यूमोनिया रोग उत्पन्न नहीं करते हैं। इनकी कोलोनी खुरदरी होती है। ये जीवाणु बिना सम्पुट वाले होते हैं।

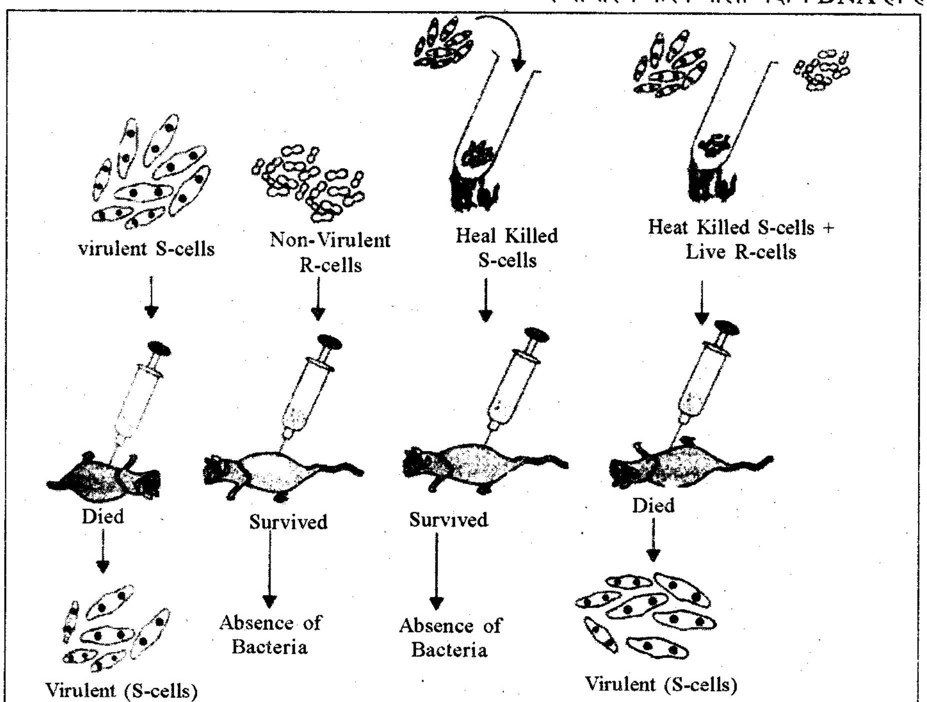
S- प्रभेद–चूहें में प्रवेश कराया गया तो चूहा न्यूमोनिया के कारण मर जाता है।

R- प्रभेद–चूहे में प्रवेश कराया गया तो चूहा जीवित रहता है, इसमें न्यूमोनिया के लक्षण नहीं प्रकट होते हैं।

S- प्रभेद (ताप मृत) व R–प्रभेद–चूहे में अन्त:क्षिप्त कराया गया तो चूहे की न्यूमोनिया से मृत्यु हो जाती है। इन चूहों में R- प्रभेद व S- प्रभेद के जीवाणु मिले क्योंकि ताप मृत S- प्रभेद से कोई पदार्थ (DNA) R- प्रभेद में स्थानान्तरित होकर R- प्रभेद को S- प्रभेद में रूपान्तरित कर देता है।

⇨ **रूपान्तरण सिद्धान्त के जैव रासायनिक लक्षण**–ओसवाल्ड एवेरी, कोलीन मैकलिओड व मक्लीन मैककार्टी (1933–44) ने प्रयोगों द्वारा सिद्ध किया कि R- प्रभेद को S- प्रभेद में रूपान्तरित करने वाला पदार्थ DNA है।

ताप मृत S- प्रभेद से जैव रसायन अलग करके उसकी प्रोटिएजिज व आर एनेज से क्रिया कराने पर रूपान्तरण पर कोई प्रभाव नहीं पड़ता लेकिन डीएनेज से क्रिया कराने के बाद इसे R- प्रभेद के संवर्धन में मिलाया जाता है तो R- प्रभेद S- प्रभेद में रूपान्तरित नहीं होता अत: रूपान्तरण करने वाला पदार्थ DNA ही है।



चित्र: ग्रिफीथ का रूपान्तरण प्रयोग

6.14 वस्तुनिष्ठ प्रश्न (Objective Questions)

1. DNA अणु के प्रतिसमान्तर (antiparallel) रज्जुकों का अर्थ है कि **[CBSE PMT 2006]**
   (a) दो DNA रज्जुकों के आरम्भ पर दो फॉस्फेट समूह विपरीत स्थितियों (ध्रुवों) पर होते हैं
   (b) एक रज्जुक वामावर्त घूमता है
   (c) एक रज्जुक दक्षिणावर्त घूमता है
   (d) दो DNA रज्जुकों के सिरों पर साझा फॉस्फेट समूह होते हैं
2. m-RNA अणु के साथ t-RNA अणु के किस स्थान पर हाइड्रोजन बंधन होता है **[MP PMT 1993, 2002; AMU 2006]**
   (a) प्रकूट (Codon) (b) प्रतिकूट (Anticodon)
   (c) t-RNA अणु का 5′ अंत (d) t-RNA अणु का 3′ अन्त
3. DNA में न्यूक्लियोटाइड का क्रम किसके द्वारा देखा जा सकता है **[VITEEE 2008]**
   (a) X-ray क्रिस्टलोग्राफी (b) इलेक्ट्रॉन माइक्रोस्कोप
   (c) अल्ट्रासेण्ट्रीफ्यूज (d) लाइट माइक्रोस्कोप
4. RNA में अनुपस्थित तत्व है **[AMU 2005]**
   (a) नाइट्रोजन (b) सल्फर
   (c) ऑक्सीजन (d) हाइड्रोजन
5. यूरिडीन मोनोफॉस्फेट किसमें पाया जाता है **[Kerala CET 2002]**
   (a) सेण्ट्रोसोम (b) लायसोसोम

(c) कोशिका भित्ति (d) RNA

6. फ्रैन्कलिन और विलकिन्स ने बताया कि DNA **[DPMT 1993]**
(a) में चार बेसेस होते हैं
(b) हैलिक्स होता है
(c) में एडीनाइन और थायमिन बराबर मात्र में होता है
(d) न्यूक्लियोटाइड्स का बना होता है

7. ट्रान्सक्रिप्शन (अनुलेखन) इकाई में इन्ट्रॉनों को निकाला जाना और एक्सॉनों को सुनिश्चित क्रम में जोड़ा जाना क्या कहलाता है **[CBSE PMT 2009]**
(a) स्प्लाइसिंग (b) टेलिंग
(c) ट्रान्सफॉर्मेशन (d) कैपिंग

8. यूकैरियोट्स में अर्धसंक्षी DNA रेप्लीकेशन प्रक्रिया की अवधारणा किसने प्रतिपादित की **[MP PMT 1993, 94, 96; DPMT 1996; AMU 1997; BHU 1997]**
(a) टायलर, वुड्स तथा ह्यूजेस
(b) मेसेल्सन तथा स्टॉल
(c) नीरेनबर्ग तथा खोराना
(d) वॉटसन तथा क्रिक

9. DNA का सेमीकंजरवेटिव द्विगुणन सर्वप्रथम किसमें प्रदर्शित किया गया था **[CBSE PMT 2009]**
(a) *ड्रोसोफिला मेलैनोगैस्टर* (b) *ईश्चीरिचिया कोलाई*
(c) *स्ट्रेप्टोकॉकस न्यूमोनी* (d) *साल्मोनेला टाइफीम्यूरियम*

10. DNA की अर्धसंरक्षी रेप्लीकेशन प्रक्रिया के प्रमाण हेतु N^{15} प्रकार की भारी नाइट्रोजन का किसने उपयोग किया **[MP PMT 1993; Kerala PMT 2008]**
(a) मास्टर्स तथा ब्रोडा (b) मेसेल्सन तथा स्टॉल
(c) वॉटसन तथा क्रिक (d) जेकोब तथा मोनाड

11. RNA का कौनसा प्रकार सर्वाधिक हेटरोजिनस होता है **[Haryana PMT 2005]**
(a) tRNA (b) mRNA
(c) rRNA (d) hnRNA

12. mRNA नाम किसने प्रतिपादित किया
(a) कोर्नबर्ग तथा खोराना (b) खोराना तथा नीरेबर्ग
(c) जेकब तथा मोनोड (d) मेसेल्सन तथा स्टॉल

13. न्यूक्लिक अम्ल का डेटोबेस क्रम होता है **[VITEEE 2006]**
(a) *EMBL* (b) *DDBJ*
(c) *NCBI* (d) उपरोक्त सभी

14. DNA डबल हैलिक्स मॉडल में, प्रत्येक क्षार युग्म अगले क्षार युग्म से कितनी दूरी पर स्थित होता है **[Kerala PMT 2006]**
(a) 3.4 nm (b) 0.34 nm
(c) 2.0 nm (d) 34 nm
(e) 0.034 nm

15. फॉस्फोडाइएस्टर बन्ध पाया जाता है **[AMU 2006]**
(a) ATM (b) ADP
(c) cAMP (d) उपरोक्त में से कोई नहीं

16. DNA खंडों को जोड़ने का कार्य कौनसा एन्जाइम करता है **[CBSE PMT 1996; Kerala PMT 2005, 09]**
(a) DNA पॉलीमरेज–III (b) एण्डोन्यूक्लिएज
(c) DNA पॉलीमरेज–I (d) DNA लाइगेज

17. DNA पोलीमरेज सहायक हैं **[BHU 1987; CPMT 2003]**
(a) DNA के भागों को जोड़ने में
(b) DNA के दो सूत्रों को पृथक करने अथवा लम्बाई में काटने में
(c) रीनेचुरेशन
(d) डीनेचुरेशन

18. निम्न में से एक का अनुपात भिन्न जातियों के DNA में सदैव एक समान होता है **[AIIMS 1986]**
(a) $A+T/C+G$ (b) $A+G/T+C$
(c) $A+C/U+G$ (d) $A+U/C+G$

19. आनुवांशिकी सूचनाओं के वाहक हैं **[DPMT 1991]**
(a) DNA (b) rRNA
(c) राइबोसोम (d) tRNA

20. निम्न में से कौन स्वद्विगुणन के लिये सक्षम है **[CPMT 1993; CMC Vellore 1994]**
(a) DNA (b) RNA
(c) एन्जाइम (d) प्रोटीन

21. चारगॉफ नियमानुसार **[VITEEE 2006, 08; RPMT 2006]**
(a) $A+G=T+C$ (b) $A+T=G+C$
(c) $A+C=T+C$ (d) उपरोक्त सभी

22. DNA में वास्तविक द्विगुणन किसके कारण संभव है **[Orissa JEE 2009]**
(a) हाइड्रोजन बंधता (b) फॉस्फेट बैकबोन
(c) पूरक क्षार युग्मन नियम (d) इनमें से कोई नहीं

23. DNA का रेप्लीकेशन होता है **[Pb. PMT 1999; MP PMT 2001; Haryana PMT 2005]**
(a) $3' \rightarrow 5'$ दिशा में
(b) $2' \rightarrow 5'$ दिशा में
(c) दोनों $3' \rightarrow 5'$ और $5' \rightarrow 3'$ दिशा में
(d) उपरोक्त में से कोई नहीं

24. DNA प्रतिकृति किसकी सहायता से होती है **[AFMC 1995; BCECE 2005; MP PMT 2007]**
(a) केवल DNA पॉलीमरेज द्वारा
(b) केवल DNA लायगेज द्वारा
(c) DNA पॉलीमरेज एवं लायगेज दोनों द्वारा
(d) RNA पॉलीमेरज द्वारा

25. न्यूक्लियोसाइड न्यूक्लियोटाइड से भिन्न होता है क्योंकि इसमें नहीं होता **[MP PMT 1995; J&K CET 2002]**
(a) फॉस्फेट (b) शर्करा
(c) नाइट्रोजन क्षारक (d) फॉस्फेट एवं शर्करा

26. वाट्सन एवं क्रिक विख्यात हैं अपनी खोज के कारण कि DNA **[MP PMT 1995; BCECE 1996; EAMCET 1996; J&K CET 2002; BVP 2004]**
(a) एकसूत्री कुण्डली की रचना का होता है
(b) में केवल डीऑक्सीराइबोज होता है
(c) एक द्विसूत्री कुण्डली की रचना का होता है

(d) rRNA का संश्लेषण करता है

27. DNA की प्रति समानांतर प्रकृति का अर्थ है **[DUMET 21009]**
(a) इसके आवेशित फॉस्फेट समूह
(b) विपरीत स्ट्रैण्ड्स के क्षारों के मध्य हाइड्रोजन बंधों का निर्माण
(c) दोनों स्ट्रैण्ड की विपरीत दिशा
(d) एक स्ट्रैण्ड के क्षार की दूसरे स्ट्रैण्ड के क्षार के साथ युग्मन

28. वह किण्वक जो DNA के अणु को खण्डों में काट सकता है उसे **[CPMT 1995; MP PMT 1995; BHU 1995; CBSE PMT 2001; Orissa PMT 2002]**
(a) DNA पॉलीमरेज (b) DNA लाइगेज
(c) रेस्ट्रिक्शन एन्जाइम (d) DNA गाइरेज

29. DNA दो पूरक न्यूक्लियोटाइड का बना होता है। यदि एक न्यूक्लियोटाइड की श्रृंखला का क्रम AGCTTCGA है तो दूसरे न्यूक्लियोटाइड की श्रृंखला का क्रम होगा **[BHU 1994; MP PMT 1995, 2000; DPMT 2003; BVP 2004]**
(a) TAGCATAT (b) GATCCTAG
(c) TCGAAGCT (d) GCTAAGCT

30. *ई. कोलाई* DNA के रेप्लीकेशन की विधि होती है **[CPMT 2005]**
(a) संरक्षी और एक दिशीय (b) अर्द्धसंरक्षी और एक दिशीय
(c) संरक्षी और द्विदिशीय (d) अर्द्धसंरक्षी और द्विदिशीय

31. ओकाजाकी खंड किस समय दिखाई देते हैं **[CBSE PMT 1996]**
(a) प्रतिलिपिकरण (Replication)
(b) पराक्रमण (Transduction)
(c) ट्रांसक्रिप्शन (Transcription)
(d) अनुलिपिकरण (Translation)

32. राइबोसोमल RNA का संश्लेषण किसमें होता है **[MPPMT 1996]**
(a) न्यूक्लियोलस (b) न्यूक्लियोसोम
(c) राइबोसोम (d) लाइसोसोम

33. विषाणुओं में RNA द्वारा DNA बनने में कौन–सा एन्जाइम प्रयोग में आता है **[MP PMT 1996]**
(a) DNA पॉलीमरेज (b) रिवर्स ट्रांसक्रिप्टेज
(c) एन्डोन्यूक्लियेज (d) लाइगेज

34. ओकोजाकी खण्ड का संश्लेषण होता है **[CPMT 2005]**
(a) DNA के सिर्फ लीडिंग स्ट्रेण्ड पर
(b) DNA के केवल लैंगिग स्ट्रेण्ड पर
(c) DNA के दोनों लीडिंग और लैगिंग स्ट्रेण्ड पर
(d) कॉम्प्लीमेन्टरी DNA पर

35. DNA का रासायनिक चाकू है **[CBSE PMT 1998; BHU 2008;**
(a) लाइगेज (b) पॉलीमरेज
(c) एण्डोन्यूक्रियेज (d) ट्रांसक्रिप्टेज

36. रेस्ट्रिक्शन एण्डोन्यूक्लियेज **[CBSE PMT 1998]**
(a) बैक्टीरिया के द्वारा संश्लेषित होते हैं
(b) DNA विघटन के लिये स्तनधारियों की कोशिकाओं में पाये जाते हैं
(c) आनुवांशिक अभियांत्रिकी में प्रयोग होते हैं
(d) बाह्य DNA संश्लेषण में प्रयोग होते हैं

37. DNA के हाइड्रोजन बंधों को तोड़ने वाला एंजाइम है **[Kerala CET 2002]**
(a) हैलिकेज (b) टोपोआइसोमरेज
(c) लाइगेज (d) पॉलीमरेज

38. *m*-RNA का एक्सॉन (Exon) भाग किसके लिए कोड रखता है **[CBSE PMT 2002]**
(a) प्रोटीन (b) लिपिड
(c) फॉस्फोलिपिड (d) कार्बोहाइड्रेट

39. DNA पॉलीमरेज एंजाइम की खोज किसने की थी **[Kerala CET 2003; Kerala PMT 2003]**
(a) कॉर्नबर्ग (b) ओकाजाकी
(c) वॉट्सन–क्रिक (d) जैकब–मोनॉड

40. क्लोवर लीफ की पत्ती के समान संरचना निम्न में से किस RNA की होती है **[CBSE PMT 2004]**
(a) *m* RNA (b) *t* RNA
(c) *r* RNA (d) *hn* RNA

41. DNA पर किये गये ग्रिफिथ प्रयोग में ट्रांसफॉरमिंग सिद्धांत किसके द्वारा खोजा गया **[MHCET 2004]**
(a) जिण्डर और लैडरबर्ग (b) ऐवेरी, मैकलॉयड, मैक कॉर्टी
(c) लैडरबर्ग और टॉटम (d) जिण्डर और टॉटम

42. ग्रिफिथ के प्रयोग में किस बैक्टेरिया का उपयोग किया गया था **[MHCET 2004]**
(a) *बैसीलस* (b) *मोनोकोकस*
(c) *डिप्लोकोकस* (d) स्पाइरिलम

43. DNA टेम्प्लेट पर नये स्ट्रेण्ड का प्रारम्भन किया जाता है **[MHCET 2002]**
(a) RNA पॉलीमरेज (b) DNA पॉलीमरेज
(c) DNA लाइगेज (d) उपरोक्त में से कोई नहीं

44. DNA रेप्लीकेशन के दौरान, स्ट्रेण्ड किसके द्वारा अलग होते हैं **[MHCET 2002]**
(a) DNA पॉलीमरेज (b) अनवाइंडेज
(c) गाइरेज (d) टोपोआइसोमरेज

45. घुलनशील RNA है
(a) *hn*RNA (b) *r*RNA
(c) *m*RNA (d) *t*RNA

46. आनुवांशिक सूचनायें केन्द्रक से साइटोप्लाज्म में किसके द्वारा स्थानांतरित की जाती हैं **[MP PMT 2005]**
(a) DNA (b) RNA
(c) लाइसोसोम (d) सभी

47. ओकाजॉकी खण्ड किस घटना से संबंधित है **[DPMT 2007]**
(a) ट्रांसलेशन (b) DNA का रेप्लीकेशन
(c) ट्रांसक्रिप्शन (d) रिवर्स ट्रांसक्रिप्शन

48. DNA की दो पॉलिन्यूक्लियोटाइड श्रृंखलाऐं कैसी होती है **[CBSE PMT 2007]**
(a) समांतर (Parallel)

(b) असंतत (Discontinuous)
(c) प्रतिसमांतर (Antiparallel)
(d) अर्ध संरक्षी (Semiconservative)

49. RNA का क्षार संगठन है **[BHU 2008]**
(a) A + T = G + C (b) A + G = T + C
(c) A + U = G + C (d) A + G = U + C

50. RNA से बनने वाले DNA को कहते हैं **[WB JEE 2008]**
(a) A–DNA (b) B–DNA
(c) C–DNA (d) Z–DNA

51. आनुवांशिक कूट की शब्दावली में 64 कोडॉन्स क्यो हैं **[CBSE PMT 1990]**
(a) कोशिका में 64 प्रकार के tRNA होते हैं
(b) 44 अर्थहीन तथा 20 कोडॉन्स अमीनो ऐसिड्स के लिये पाये जाते हैं
(c) 64 प्रकार की अमीनो अम्ल कोडिंग के लिए होते हैं
(d) आनुवांशिक कूट ट्रिप्लेट में होता है

52. निम्न में से अपहान्सित (degenerate) कोडिंग का समूह है **[Kerala PMT 2006]**
(a) UAA, UAG तथा UGA
(b) GUA, GUG, GCA, GCG तथा GAA
(c) UUC, UUG, CCU, CAA तथा CUG
(d) UUA, UUG, CUU< CUC तथा CUG
(e) AAC, AAG, GAC तथा CGG

53. श्रृंखला समापन कोडॉन (Stop codons) हैं
[CBSE PMT 1997; BVP 2001, 02; Kerala CET 2003; Pb. PMT 2004; DPMT 2006; Bihar, CECE 2006]
(a) TAG, TAA, TGA (b) GAT, AAT, AGT
(c) AGT, TAG, UGA (d) UAG, UGA, UAA

54. अनुवांशिक कूट में होते हैं **[CBSE PMT 1988; AFMC 1993]**
(a) 4 कोडॉन्स, प्रत्येक में दो न्यूक्लियोटाइड्स
(b) 16 कोडॉन्स, प्रत्येक में चार न्यूक्लियोटाइड्स
(c) 64 कोडॉन्स, प्रत्येक में दो न्यूक्लियोटाइड्स
(d) 64 कोडॉन्स, प्रत्येक में तीन न्यूक्लियोटाइड्स

55. आनुवांशिक कोड (Genetic code) एक त्रिक होता है, किसने प्रस्तावित किया **[BHU 1987]**
(a) गेमो (Gamow) (b) बीडल तथा टेटम
(c) एस. ब्रेनर (S. Brenner) (d) नीरेनबर्ग तथा मथाई

56. ऑपेरॉन कल्पना में, रेग्युलेटर जीन कोशिका में होने वाले रासायनिक अभिक्रियाओं का नियन्त्रण करता है **[AIIMS 1985]**
(a) अभिक्रियाओं में एन्जाइम्स का निष्क्रियण करके
(b) mRNA के ट्रान्सक्रिप्शन को रोककर
(c) mRNA का सायटोप्लाज्म में स्थानान्तरण को रोककर
(d) अभिक्रिया में सब्स्ट्रेट को रोककर

57. कृत्रिम जीन संश्लेषण के लिये नोबेल पुरस्कार से किसको सम्मानित किया गया था **[Kerala PMT 2004]**
(a) हरगोविन्द खुराना (b) एम.एस. स्वामीनाथन
(c) बी.पी. पाल (d) पी. माहेश्वरी

58. जब एक से अधिक प्रकूट किसी एक ही अमीनो अम्ल को संकेतित करता है, तो अनुवांशिक कूट की इस विशेषता को कहते हैं **[MP PMT 1998]**
(a) सार्वत्रिक प्रवृत्ति (b) अतिरिक्तता
(c) चिन्हांकन (d) निरन्तर प्रवृत्ति

59. ऑपेरॉन अवधारणा में रेग्यूलेटर जीन किस तरह कार्य करता है **[CBSE PMT 1999, KCET 2004]**
(a) रिप्रेसर (b) रेग्यूलेटर
(c) इनहीबीटर (d) सभी

60. संरचनात्मक जीन्स की क्रिया किसके द्वारा नियंत्रित होती है **[MP PMT 2001]**
(a) ऑपरेटर (b) प्रमोटर
(c) लाइगेज (d) रेगुलेटरी जीन

61. 64 कोडॉन्स में से 61 कोडॉन्स 20 अमीनो अम्ल को कोड करते हैं यह कहलाता है **[CBSE PMT 2002; MP PMT 2007]**
(a) कोडॉन की वॉबलिंग (b) जीन का अतिव्यापन
(c) कोडॉन्स की सार्वत्रिकता (d) जेनेटिक कोड का ह्रास

62. रेगुलेटरी जीन्स कहाँ स्थित होते हैं **[Kerala CET 2003]**
(a) संरचनात्मक जीन्स के साथ
(b) ऑपरेटर व संरचनात्क जीन्स के बीच
(c) संरचनात्मक जीन्स के मध्य में
(d) संरचनात्मक जीन्स के अंतिम सिरे पर

63. ओपेरॉन है **[Kerala PMT 2004]**
(a) प्राकैरियोट्स में उपापचयी पथ को नियंत्रित करने वाले पास–पास जुड़े हुए जीन्स का समूह है।
(b) तीन नाइट्रोजन बेस के क्रम को निर्धारित करने वाला एक अमीनो अम्ल
(c) mRNA में नाइट्रोजन बेस का क्रम जो सिंगल अमीनो अम्ल को कोड करते हैं
(d) एक जीन जो कि दूसरे जीन्स के स्विच को ऑन और ऑफ करने के लिये जिम्मेदार होता है
(e) एक DNA का खण्ड जो कि प्रोटीन संश्लेषण में एक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला को निर्दिष्ट करता है।

64. लैक–ओपेरॉन मौडल में रिप्रेशर प्रोटीन किस स्थान से जुड़ता है **[Manipal 2005; KCET 2006]**
(a) रेग्यूलर (b) प्रमोटर
(c) ओपरेटर (d) संरचनात्मक जीन्स

65. लैक–ओपेरॉन में, संरचनात्मक जीन स्विच ऑफ हो जाते हैं, जब **[Kerala CET 2005]**
(a) रिप्रेसर, ओपरेटर से बंधता है
(b) रिप्रेसर, प्रमोटर से बंधता है
(c) रिप्रेसर, रेगुलेटर से बंधता है
(d) रिप्रेसर, इन्ड्यूसर से बंधता है
(e) रिप्रेसर, एलोलेक्टोस से बंधता है

66. लैक ओपेरॉन परिकल्पना में संरचनात्मक जीन का क्रम होता है

[Karnataka CET 2007]

(a) Lac A, Lac Y, Lac Z (b) Lac A, Lac Z, Lac y
(c) Lac Y, Lac Z, Lac A (d) Lac Z, Lac Y, Lac A

67. सेन्ट्रल डोग्मा प्रतिपादित किया **[RPMT 1995]**
(a) क्रिक ने (b) बीडल एवं टेटम ने
(c) टेमिन तथा बाल्टीमोर ने (d) क्लग (Klug) ने

उत्तरमाला

1. (a)	2. (b)	3. (a)	4. (b)	5. (d)
6. (d)	7. (a)	8. (b)	9. (b)	10. (b)
11. (d)	12. (c)	13. (d)	14. (b)	15. (d)
16. (d)	17. (a)	18. (b)	19. (a)	20. (a)
21. (a)	22. (c)	23. (c)	24. (c)	25. (a)
26. (c)	27. (c)	28. (c)	29. (c)	30. (d)
31. (a)	32. (a)	33. (b)	34. (b)	35. (c)
36. (c)	37. (a)	38. (a)	39. (a)	40. (b)
41. (b)	42. (c)	43. (d)	44. (b)	45. (d)
46. (b)	47. (b)	48. (c)	49. (d)	50. (c)
51. (d)	52. (d)	53. (d)	54. (d)	55. (a)
56. (a)	57. (a)	58. (b)	59. (a)	60. (a)
61. (d)	62. (d)	63. (a)	64. (c)	65. (a)
66. (d)	67. (a)			

Solutions

2. (b) एन्टीकोडोन भुजा m-RNA में जुड़ने वाले कोडोन्स और उनको पहचानने के लिये उत्तरदायी होती है

5. (d) RNA में यूरेसिल क्षार पाया जाता है, इस प्रकार यूरीडीन मोनोफॉस्फेट RNA का न्यूक्लियोटाइड है।

10. (b) मेसेल्सन और स्टाहल ने (1958) ई. कोलाई बैक्टीरिया को संवर्धन माध्यम में संविर्धित करके DNA रेप्लीकेशन के अर्द्धसंरक्षण को सिद्ध किया।

11. (d) यूकैरियोटिक कोशिका द्वारा mRNA से ज्यादा लंबे अग्रसर RNA का अनुलेखन करती है इसे हिटरोजीनस न्यूक्लिर RNA कहते हैं।

12. (c) mRNA प्रोटीन के निर्माण के लिये आनुवांशिक सूचनाओं को साइटोप्लाज्म में ले जाता है। केवल इसी कारण से जैकॉब और मोनॉड द्वारा मेसेन्जर RNA नाम दिया गया। यह कुल RNA का 5% होता है।

18. (b) विभिन्न जातियों के DNAs में A + G/T + C अनुपात स्थिर होता है, किन्तु विभिन्न वंशों के जीवों में ये भिन्न–भिन्न होता है।

19. (a) DNA जीन के रूप में सूचनाओं को ले जाता है जीन आनुवांशिकता की इकाई है।

23. (c) DNA का रेप्लीकेशन एकदिशीय और द्विदिशीय होता है।

25. (a) न्यूक्लियोसाइड में प्यूरीन और पिरामिडीन नाइट्रोजीनस क्षार, डीऑक्सीराइबोज शर्करा के द्वारा जुड़े रहते हैं, जो कि फॉस्फेट समूह के साथ जुड़कर न्यूक्लियोटाइड का निर्माण करते हैं।

26. (c) वॉटसन और क्रिक मॉडल के अनुसार DNA अणु 2 लंबे समांतर श्रृंखलाओं जो कि अक्ष के चारों ओर सर्पिलाकार रूप से कुण्डलित होकर डबल हैलिक्स बनाते हैं।

29. (c)

$$\begin{array}{cccccccc} A & G & C & T & T & C & G & A \\ | & | & | & | & | & | & | & | \\ T & C & G & A & A & G & C & T \end{array}$$

31. (A) ओकाजाकी खण्डों का निर्माण सेमीडिस्कन्टीन्यूअस रेप्लीकेशन के समय होता है। ओकाजाकी खण्ड बाद में साथ–साथ जुड़कर एक निरंतर लैंगिंग स्ट्रेण्ड का निर्माण करते हैं।

32. (a) न्यूक्लियोलस का फाइब्रिलर क्षेत्र NOR कहलाता है, और इस क्षेत्र में 18s और 28s राइबोसोमल RNA को कोड करने वाले जीन्स पाये जाते हैं।

33. (b) रिवर्स ट्रांसक्रिप्टेज या RNA पर आधारित DNA पॉलीमरेज एन्जाइम द्वारा DNA का अनुलेखन कुछ वायरल RNA के द्वारा उत्प्रेरित होता है इस प्रक्रिया को टेमिनिज्म कहते हैं।

34. (b) डबल हैलिक्स के स्ट्रेण्ड विपरीत दिशा में गति करते हैं। (एक स्ट्रेण्ड लडिंग $(5' \to 3')$ और दूसरा लैगिंग) लैगिंग स्ट्रेण्ड विपरीत दिशा में संश्लेषित होता है, $(3' \to 5')$ और असतत् रूप से प्रतिलिपि करने के फलस्वरूप ओकाजाकी खण्डों में निर्माण होता है, (रेजी ओकाजाकी द्वारा 1968 में खोजा गया)

35. (c) एन्डोन्यूक्लियेज एन्जाइम DNA को विशिष्ट ऐच्छिक स्थानों पर काटते हैं, इसलिये इन्हें DNA का रासायनिक चाकू कहते हैं।

36. (c) रेस्ट्रिक्शन एन्डोन्यूक्लियेज DNA को विशिष्ट स्थानों पर काटते हैं, और इसका उपयोग जेनेटिक इंजीनियरिंग में किया जाता है।

37. (a) एन्जाइम हैलीकेज DNA हैलिक्स को खोलता है और DNA के दोनों स्ट्रेण्ड्स को अलग करता है (unzip)

38. (a) एक्सॉन *m*-RNA का सक्रिय भाग है, और इन्ट्रॉन *m*-RNA का अक्रिय भाग होता है, जो कि विशिष्ट प्रोटीन्स के निर्माण के लिये कोड करता है।

39. (a) कोर्नबर्ग एवं उनके सहयोगियों द्वारा 1955 में DNA पॉलीमरेज को खोजा गया।

40. (b) आर. डब्ल्यू एस. हॉली (1965) द्वारा प्रस्तुत tRNA अणु क्लोवर लीफ से समानता रखता है जो कि सेल्फ फोल्डिंग और बेस पेयरिंग का परिणाम है जो कि युग्मित स्टेम और अयुग्मित लूप बनाते हैं।

41. (b) ऐवेरी, मेक्लॉइड तथा मैक्कार्टी (1944) ने सिद्ध किया कि DNA एक ट्रांसफॉर्मिंग एजेन्ट होता है

42. (c) *डिप्लोकोकस न्यूमोनी* ।

44. (d) DNA के स्ट्रेण्ड को एन्जाइम DNA खण्डों के छोटे–छोटे टुकड़ों में $5' \to 3'$ दिशा में बनाते हैं जो कि RNA प्राइमर से शुरू होता है तथा प्राइमर का निर्माण प्राइमेज एन्जाइम की सहायता से होता है।

45. (d) tRNA के कई नाम होते हैं जैसे सोल्यूबल RNA या सुपरनेटेन्ट RNA या एडेप्टर RNA ।

51. (d) आनुवांशिक कोड एक ट्रिप्लेट कोड है तथा प्रत्येक ट्रिप्लेट कोड में तीन बेस (4^3) उपस्थित होते हैं

53. (d) सीमान्त (Termination) कोडोन को नॉनसेन्स कोडोन या समापन कोडोन कहते हैं, क्योंकि यह प्रोटीन संश्लेषण क्रिया को रोक देते हैं। इन पर ट्रांसलेशन क्रिया में अमीनो अम्ल का कोड नहीं होता।

54. (d) कोडोन mRNA में तीन नाइट्रोजन क्षारों का क्रम होता है, जोकि एक विशिष्ट अमीनों अम्ल का निर्धारण करता है। कोडोन कहलाता है। ट्रिप्लेट प्रकृति के कारण इसमें 64 कोडोन होते हैं

58. (b) आनुवांशिक कोड डिजेनरेट होते हैं अर्थात् इसमें विशेषीकृतता (specificity) का अभाव होता है और एक अमीनो अम्ल के लिये प्रायः एक से अधिक ट्रिप्लेट कोड होते हैं। केवल मिथियोनाइन और ट्रिप्टोफेन का एक अकेला ट्रिप्लेंट कोडोन होता है।

59. (a) रेगुलेटर जीन एक एपोदमनकारी को उत्पादित करते हैं। जो ऑपरेटर जीन से जुड़कर उनको निष्क्रिय बनाता है।

60. (a) संरचनात्मक जीन्स की सक्रियता का नियंत्रण ऑपरेटर जीन्स के द्वारा होता है।

62. (d) संरचनात्मक जीन्स वे होते हैं, जो कि वास्तविक रूप से mRNAs का संश्लेषण करते हैं।

65. (a) DNA का वह छोटा क्रम जहाँ रिप्रेसर जुड़ता है और RNA पॉलीमरेज को प्रमोटर से जुड़ने से बचाता है यह ट्रांसक्रिप्शन का बंद/चालू बटन कहलाता है।

❏❏❏