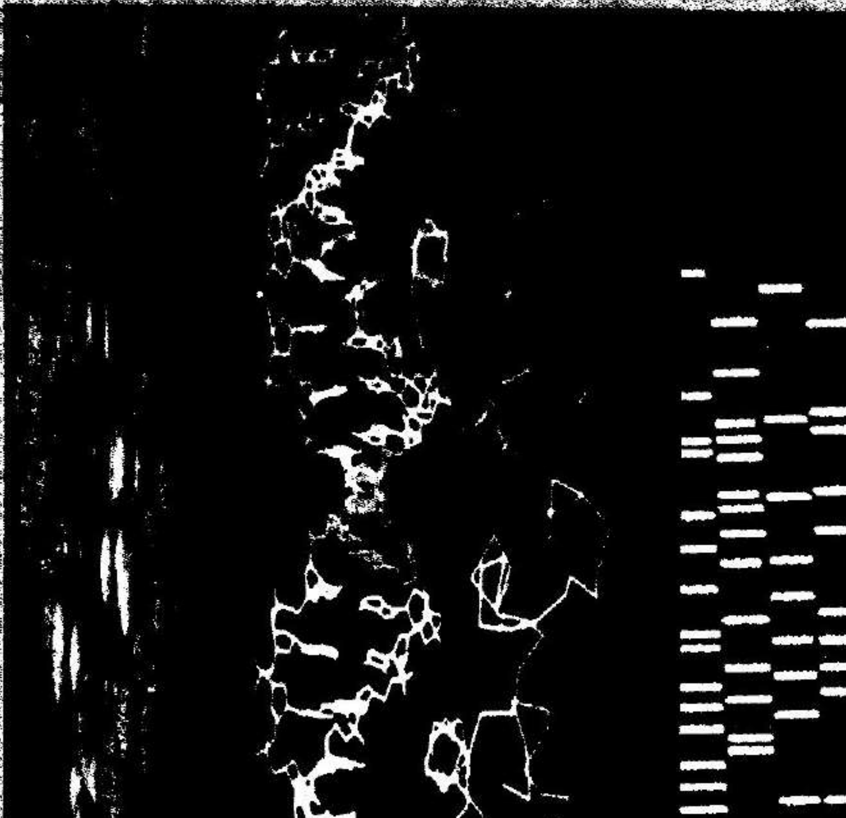
আণবিক জীববিজ্ঞান



মোস্তফা কামাল পাশা

আণবিক জীববিজ্ঞান

(দ্বিতীয় খণ্ড)

ড. মোস্তফা কামাল পাশা
প্রফেসর
উদ্ভিদবিজ্ঞান বিভাগ
চট্টগ্রাম বিশ্ববিদ্যালয় চট্টগ্রাম

বাংলা একাডেমী ঢাকা

আণবিক জীববিজ্ঞান (দ্বিতীয় খণ্ড)

(জীববিজ্ঞান : DNA ও RNA অণুর আণবিক পর্যায়ে বিশ্লেষণ ও তার জৈবিক গুরুত্ব)

প্রথম প্রকাশ
বৈশাখ ১৪০৫/এপ্রিল ১৯৯৮

বা/এ ৩৭৫৩
(৯৭–৯৮ পাঠ্যপুস্তক : জীকৃচি : ১০)

মুদ্রণ সংখ্যা : ১২৫০

পাণ্ডুলিপি প্রণয়ন ও মুদ্রণ তত্ত্বাবধান
জীববিজ্ঞান, কৃষিবিজ্ঞান ও চিকিৎসাবিদ্যা উপবিভাগ
জীকৃচি ২৫১

প্রকাশক
গোলাম মঈনউদ্দিন
পরিচালক
পাঠ্যপুস্তক বিভাগ
বাংলা একাডেমী ঢাকা ১০০০

মুদ্রক
ওবায়দুল ইসলাম
ব্যবস্থাপক
বাংলা একাডেমী প্রেস ঢাকা

প্রচ্ছদ
শামিমুর রহমান শামীম

মূল্য
একশত ষাট টাকা

ANABIC JIBBIJNAN (Molecular Biology Vol-II) by Dr. Mostafa Kamal Pasha. Published by Gholam Moyenuddin, Director, Textbook Division, Bangla Academy, Dhaka-1000, Bangladesh. First Edition : April 1998. Price : Tk. 160.00 only.

ISBN 984-07-3762-7

BANSDOC Library
Accession No. 18078
Date 10.6.04

উৎসর্গ

প্রিয়তমা স্ত্রী পিকি

যে প্রত্যহ লিখতে উৎসাহিত করেছে

এবং

স্নেহের ফয়সল, ক্যাসিয়া ও জুনায়েদ

যাঁরা লেখার একঘেয়েমি থেকে মুক্ত রেখেছে

ভূমিকা

আণবিক জীববিজ্ঞান (দ্বিতীয় খণ্ড) গ্রন্থে কেবল নিউক্লিক এসিড সম্পর্কে আলোচিত হয়েছে। নিউক্লিক এসিড হচ্ছে আণবিক জীববিজ্ঞানের প্রাণস্বরূপ। একে ঘিরেই আণবিক জীববিজ্ঞানের মূল বিষয়সমূহ রচিত হয়েছে। জীব তথা জীবন প্রক্রিয়া DNA অণুর কর্মকাণ্ডের কারণেই ছন্দময় হয়ে উঠেছে। আণবিক পর্যায়ে জীবনের গুরু রহস্য জানতে ও বুঝতে হলে DNA ও RNA–এর গঠন ও কার্যপ্রণালী সম্পর্কে সম্যক জ্ঞান লাভ করতে এই গ্রন্থটি বিশেষ সহায়ক হবে। এই খণ্ডে কেবল নিউক্লিক এসিডের বিভিন্ন বিষয়কে গুরুত্ব দিয়ে বিভিন্ন অধ্যায় রচনা ও বিন্যস্ত করা হয়েছে।

গত ১৯৫৩ সালে DNA অণুর দ্বিহেলিক্স গঠনাকৃতি আবিষ্কারের পর বিজ্ঞান জগতে এক আলোড়নের সৃষ্টি হয়। এই অণুর মাধ্যমে জীব ও জীবনের নানা প্রকার বিশ্লেষণের সুযোগ এসে যায়। কি উপায়ে জীব তার বংশগতিধারায় কৌলিক উপাদান বিবর্ধন ও সংরক্ষণ করছে; কি উপায়ে বংশপরম্পরায় তার চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য ধারণ ও বহন করছে; কেমন করে চরিত্রসমূহ সংকেত আকারে বিন্যস্ত থাকছে; কিভাবে জৈব সংকেত প্রবাহের সৃষ্টি করে জীবের সব ধরনের ক্রিয়াকর্ম নিয়ন্ত্রিত হচ্ছে ইত্যাদি নানাবিধ জটিল সব প্রশ্নের সমাধান এখন DNA ও RNA তথা নিউক্লিক এসিড নামক জৈব রাসায়নিক উপাদানের মাধ্যমে ব্যাখ্যা করা সম্ভব হচ্ছে।

DNA অণুই কৌলিক উপাদান। এই উপাদানটি সৃষ্টির পর থেকে বিভিন্ন উপায়ে সংগঠিত হয়ে জীব ও জৈব বৈচিত্র্যের সৃষ্টি করেছে। এ বিষয়টি বিস্তারিতভাবে গ্রন্থের প্রথম খণ্ডে তুলে ধরা হয়েছে। DNA অণুর গঠন প্রকৃতির গুরুত্ব বিবেচনা করে তা ব্যাপকভাবে এই খণ্ডের প্রথম অধ্যায়ে উপস্থাপিত হয়েছে। নিউক্লিক এসিড হিসেবে RNA নামক আরও এক প্রকার অণু রয়েছে। এই RNA অণুর গঠন প্রকৃতি DNA অণুর মত ততো গভীর নয়।

DNA অণুর দ্বিহেলিক্স গঠন প্রকৃতি প্রকাশিত হবার পর যে প্রশ্নটি তখন প্রকট হয়ে দেখা দেয় সেটি হলো যে, জৈব চরিত্র কি উপায়ে বংশপরম্পরায় সঠিক উপায়ে সঞ্চারিত হয়। সমলিপন পদ্ধতি ও তার বংশবৃদ্ধির কৌশল প্রক্রিয়া অত্যন্ত জটিল হলেও বেশ চমকপ্রদ। এই বিষয়সমূহ খুব সহজ ও সরলভাবে বইয়ের দ্বিতীয় অধ্যায়ে তুলে ধরা হয়েছে।

DNA অণুর গঠন ও সমলিপন পদ্ধতি ও প্রক্রিয়া আবিষ্কারের পর বিজ্ঞানীদের নিকট যে বিষয়টি সবচেয়ে বেশি আকৃষ্ট করে সেটি হচ্ছে জৈবিক সংকেত সংরক্ষণ ও তার প্রবাহ পদ্ধতি এবং প্রক্রিয়া। DNA অণুর এই ব্যক্তকরণ পদ্ধতি ও প্রক্রিয়া হচ্ছে DNA অণুর ভাষা তথা জীব ও জীবনেরও ভাষা। DNA তার এই ভাষাকেই ব্যক্ত করে জীবন প্রক্রিয়াকে সচল রাখে। জিন তথা DNA ব্যক্তকরণের পদ্ধতি সম্পর্কে Watson ১৯৫৬ সালে তার Central Dogma নামে এক বিখ্যাত মডেল দেন যা আণবিক জীববিজ্ঞানের অধিকাংশ অধ্যায়ে প্রতিফলিত হয়েছে। জীবে জিন ও জৈবিক সংকেত DNA অণুতে কিভাবে সংগঠিত হয়েছে সে সম্পর্কে তৃতীয় অধ্যায়ে আলোচিত হয়েছে।

জিন তথা DNA অণু যখন ব্যক্ত করবে তখন তা থেকে এক সংবাদ প্রবাহের সৃষ্টি হয়। এই প্রবাহের প্রথম ধাপে কয়েক প্রকার RNA অণু সৃষ্টি করে। অনুলিপিত RNA অণুগুলো জিনেরই প্রতিচ্ছবি হয়ে সৃষ্টি হয় যা বিভিন্ন উপায়ে পরবর্তী ধাপসমূহে অংশগ্রহণ করে সংকেত প্রবাহ সম্পন্ন করে। অনুলিপন প্রক্রিয়াও একটি জটিল উপায়ে সমাধা হয় যা চতুর্থ অধ্যায়ে ব্যাখ্যা করা হয়েছে।

DNA থেকে সৃষ্ট বিভিন্ন প্রকার অনুলিপিত RNA-এর মধ্যে একমাত্র mRNA ছাড়া আর সকলেই অনেকটা দীর্ঘস্থায়ী এবং সংকেত প্রবাহের শেষ ধাপ হিসেবে চিহ্নিত। সৃষ্ট mRNA অণু অন্যান্য RNA অণুর সহায়তায় অর্থকরণ করে অ্যামিনো এসিডের সমন্বয়ে প্রোটিন সৃষ্টি করে। প্রোটিনস্থ অ্যামিনো এসিডের অনুক্রম DNA-র ত্রিপদী শব্দ সংকেত নিয়মে সজ্জিত হয়। এর ফলে প্রোটিনস্থ অ্যামিনো এসিডগুলোর অনুক্রম সব সময় একটি জিনের ক্ষেত্রে একই রকম হয়। এভাবে DNA সংকেত প্রবাহের শেষে যে প্রোটিনটি সৃষ্টি হলো তা নির্দিষ্ট নিয়মে বিক্রিয়া করে একটি কাজ সম্পন্ন করে। এই অর্থকরণ প্রক্রিয়া পঞ্চম অধ্যায়ে আলোচিত হয়েছে।

প্রত্যেকটি জিন স্বাতন্ত্র্যভাবে অর্থকরণ করে। প্রত্যেক জীবে জিন সংখ্যা সুনির্দিষ্ট। সাধারণ ব্যাকটেরিয়ার কোষে রয়েছে প্রায় ২,০০০টি জিন অপরদিকে মানুষের কোষে রয়েছে প্রায় ১,০০,০০০ সক্রিয় জিন। এই বিপুল সংখ্যক জিন একই সময়ে সক্রিয় হয় না। প্রয়োজনে একটি জিন সক্রিয় হয়ে উঠে এবং অপ্রয়োজনে নিষ্ক্রিয় অবস্থায় থাকে। কিন্তু এই 'on' এবং 'off' অবস্থাটি অত্যন্ত সুনিয়ন্ত্রিত। এই জিন নিয়ন্ত্রণের ধারা প্রক্রিয়ার মূল বিষয়সমূহ ষষ্ঠ অধ্যায়ে ব্যাখ্যা করা হয়েছে।

DNA অণু একটি সুনির্দিষ্ট নিয়মে কার্যকর থাকে এবং একটি জীবনচক্র অতিবাহিত করে ও গতিশীল থাকে। যদি DNA অণুতে কোনো পরিবর্তন না ঘটে তবে তা প্রতি প্রজন্মে একই নিয়মে চলতে থাকবে। কিন্তু প্রতিবেশীয় নানা কারণে তার সঠিক চলার পথে মাঝে মাঝে ছন্দ পতন ঘটে। যদি গুরুত্বপূর্ণ অবস্থানের নিউক্লিওটাইডের পরিবর্তন ঘটে তবে তা অনুলিপন ও অর্থকরণে প্রতিফলিত হয়। DNA অণুতে ছোট বা বড় আকারের কোনো কোনো পরিবর্তন অনেক সময় বংশক্রমের উপরও স্থায়ী প্রভাব ফেলে। তবে DNA অণুর নিজস্ব কিছু ব্যবস্থা রয়েছে যার সাহায্যে অনেক ছোট বড় পরিবর্তন বা ক্ষতি সংশোধন ও মেরামত করে নিতে পারে। এ ছাড়াও DNA অণুতে কিছু সতর্কতামূলক ব্যবস্থা রয়েছে যার সাহায্যে সে সম্ভাব্য আক্রমণ থেকেও নিজকে রক্ষা করতে পারে।

উপরিল্লিখিত বর্ণনায় আধুনিক বিজ্ঞান হিসেবে আণবিক জীববিজ্ঞানের বিষয়ে সংক্ষিপ্ত পরিচিতিসহ গ্রন্থের বিষয়বস্তু শিক্ষার্থীমহলে সমাদৃত হবে আশাকরি। গ্রন্থটিতে কোনো অসম্পূর্ণতা বা ত্রুটি পরিলক্ষিত হলে অবহিত করার অনুরোধ রইলো।

গ্রন্থটি রচনা করতে যাঁদের সাহায্য ও সহযোগিতা কৃতজ্ঞতার সাথে স্মরণ করছি তাঁরা হলেন- Prof. S.P. Sen. Prof. M.A.A. Khan, Dr. Julian Chela-Flores, Dr. D.G. Datta Roy, Prof. Q.A. Baset ও Mr. T. Hossain.

সর্বোপরি বাংলা একাডেমী গ্রন্থটির মান রক্ষার্থে পরামর্শসহ প্রকাশ করার সার্বিক দায়িত্ব গ্রহণ করায় আমি কৃতজ্ঞতা বোধ করছি।

চট্টগ্রাম বিশ্ববিদ্যালয়
চট্টগ্রাম।

মোস্তফা কামাল পাশা

সূচিপত্র

প্রথম অধ্যায় : নিউক্লিক এসিড ১ – ৫১

১.১. নিউক্লিওটাইডের উপাদান ২

১.২. নিউক্লিওটাইডের গঠনাকৃতি ৬

১.৩. নিউক্লিক এসিডের শ্রেণিবিভাগ ১০

১.৪. ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিক এসিড ১১

১.৫. বহির্নিউক্লিক এসিড ৪৫

দ্বিতীয় অধ্যায় : DNA অণুর সমলিপন ৫২ – ৯৫

২.১. DNA [illegible] সমলিপন পদ্ধতি ৫৩

২.২. DNA অণুর সমলিপন প্রক্রিয়া ৫৯

২.৩. [illegible]

২.৪. [illegible]

২.৫. [illegible]

তৃতীয় অধ্যায় : [illegible] ৯৬ – ১২৯

৩.১. [illegible]

৩.২. জিন DNA অণুর [illegible] ৯৭

৩.৩. DNA অণুতে জিনের সংগঠন ৯৯

৩.৪. অনুলিপন [illegible]

চতুর্থ অধ্যায় : অনুলিপিত দ্রব্য ১৩০ – ১৬৮

৪.১. রাইবোজোমাল RNA ১৩১

৪.২. ট্রান্সফার RNA ১৪৫

৪.৩. বার্তাবাহক RNA ১৫৮

পঞ্চম অধ্যায় : DNA অণুর অর্থকরণ ১৬৯ – ২১৩

৫.১. কৌলিক সংকেত ১৬৯

৫.২. DNA অণুর অর্থকরণ প্রক্রিয়া ১৮২

৫.৩. অর্থকরণের যথার্থতা বা বিশ্বস্ততা ২০২

৫.৪. অর্থকরণের বাধক ২০৩

৫.৫. অর্থকরণ-পরবর্তী রূপান্তর ২০৫

৫.৬. আবদ্ধ ইউক্যারিওটিক রাইবোজোম ২১১

৫.৭. mRNA অণুর আয়ুষ্কাল ২১৩

BANSDOC Library * Dhaka *

ষষ্ঠ অধ্যায় : জিন নিয়ন্ত্রণ ২১৪ – ২৪৮

৬.১. জিনের কার্যনিয়ন্ত্রণ কৌশল ২১৫

৬.২. জিনের কার্যনিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া ২১৫

৬.৩. ল্যাকটোজ অপেরন ২১৯

৬.৪. অ্যারাবিনোজ অপেরন ২৩৩

৬.৫. ট্রিপটোফ্যান অপেরন ২৩৫

৬.৬. অ্যাটিনুয়েশন ২৩৮

৬.৭. ইউক্যারিওটে জিন নিয়ন্ত্রণ ২৪৩

সপ্তম অধ্যায় : কৌলিক উপাদানে পরিবর্তন ২৪৯ – ২৮৭

৭.১. পরিব্যক্তি ২৪৯

৭.২. DNA–এর স্থান বিনিময় ২৭৭

অষ্টম অধ্যায় : DNA অণুর রক্ষা ব্যবস্থা ২৮৮ – ৩১০

৮.১. নিজস্ব DNA রক্ষা পদ্ধতি ২৮৮

৮.২. DNA অণুর মেরামত ২৯৭

পরিশিষ্ট–এক ৩১১

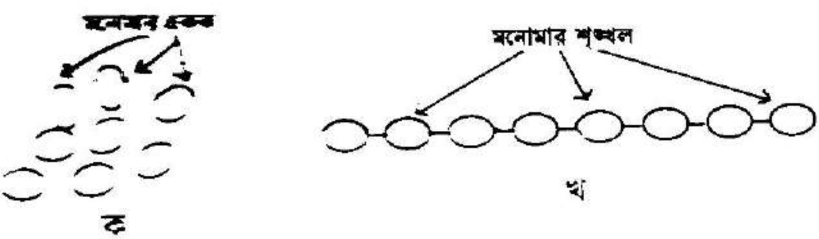
পরিশিষ্ট–দুই ৩১২

প্রথম অধ্যায়

নিউক্লিক এসিড

Nucleic acid.

জীবজগতের চরিত্র বহনকারী উপাদান ও কৌলিক উপাদান হিসেবে নিউক্লিক এসিডকে চিহ্নিত করা হয়। নিউক্লিক এসিড এক প্রকার পলিমারজাতীয় রাসায়নিক পদার্থ। নিউক্লিক এসিড এক প্রকার বৃহদাকার অণুবিশেষ এবং অধিক আণবিক ওজনসমৃদ্ধ। এই অণু অশাখান্বিত সরল রৈখিক শৃঙ্খলবিশিষ্ট। শৃঙ্খলগুলো বিভিন্ন দৈর্ঘ্যের হয়ে থাকে এবং তা নির্ভর করে তার মনোমার একক সংখ্যার উপর (চিত্র ১.১)।



চিত্র ১.১ : নিউক্লিক এসিডের গঠন প্রকৃতি (ক) মনোমার এককসমূহ ; (খ) মনোমারসমূহ পরপর সজ্জিত হয়ে শৃঙ্খলের সৃষ্টি।

নিউক্লিক এসিডের মনোমারকে নিউক্লুওটাইড বলা হয়। নিউক্লিওটাইড এক প্রকার জটিল জৈব অণুবিশেষ। তিনটি প্রধান উপাদান নিয়ে নিউক্লিওটাইড সৃষ্টি হয়ে থাকে। এসব উপাদানের নাম হচ্ছে—

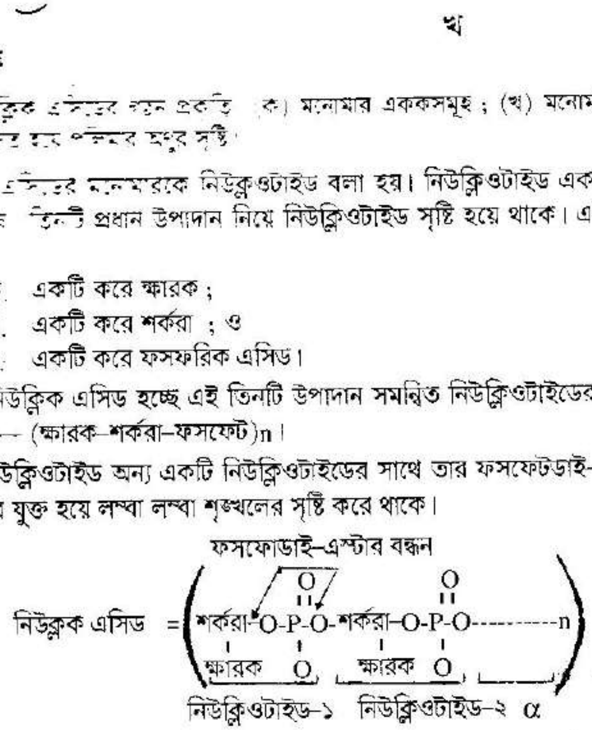
ক. একটি করে ক্ষারক ;

খ. একটি করে শর্করা ; ও

গ. একটি করে ফসফরিক এসিড।

সুতরাং নিউক্লিক এসিড হচ্ছে এই তিনটি উপাদান সমন্বিত নিউক্লিওটাইডের পলিমার। এর সংক্ষেপ হচ্ছে — (ক্ষারক–শর্করা–ফসফেট)n।

একটি নিউক্লিওটাইড অন্য একটি নিউক্লিওটাইডের সাথে তার ফসফেটডাই–এস্টার বন্ধনীর সাহায্যে পরপর যুক্ত হয়ে লম্বা লম্বা শৃঙ্খলের সৃষ্টি করে থাকে।

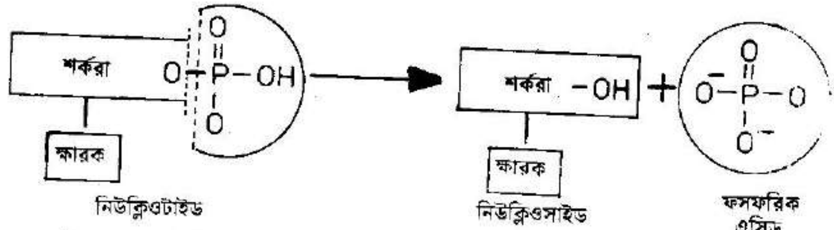


যখন দুটি নিউক্লিওটাইড ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনীর সাহায্যে সংযুক্ত হয় তখন তাকে ডাই-নিউক্লিওটাইড বলে।

যখন তিনটি পরপর একই নিয়মে সংযুক্ত হয় তখন তাকে ট্রাই-নিউক্লিওটাইড, চারটি হলে টেট্রা-নিউক্লিওটাইড, পাঁচটি হলে পেন্টা-নিউক্লিওটাইড শৃঙ্খলের সৃষ্টি হয়। এরূপ তিনটি নিউক্লিওটাইড থেকে ১২টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট ক্ষুদ্রাকৃতির শৃঙ্খলকে ওলিগোনিউক্লিওটাইড বলা হয়। এর অধিক সংখ্যক নিউক্লিওটাইড শৃঙ্খলকে পলিনিউক্লিওটাইড (polynucleotide) বলে।

যখন কোনো নিউক্লিক এসিড শৃঙ্খলকে আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করা হয় তখন ফসফোডই-এস্টার বন্ধন ভেঙে গিয়ে তা নিউক্লিওটাইড এককে পরিণত হয়।

নিউক্লিওটাইডকে পুনরায় আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করা হলে শর্করার সাথে ফসফেটের এস্টার বন্ধন ছুটে গিয়ে শর্করা-ক্ষারক যৌগ আলাদা হয়ে যায়। সৃষ্ট শর্করা-ক্ষারক যৌগটিকে তখন নিউক্লিওসাইড (nucleoside) বলা হয় (চিত্র ১.২)।



চিত্র ১.২ : নিউক্লিওটাইড আর্দ্রবিশ্লিষ্ট হয়ে নিউক্লিওটাইড ও ফসফরিক এসিডের সৃষ্টি।

১.১. নিউক্লিওটাইডের উপাদান (Components of nucleotide)

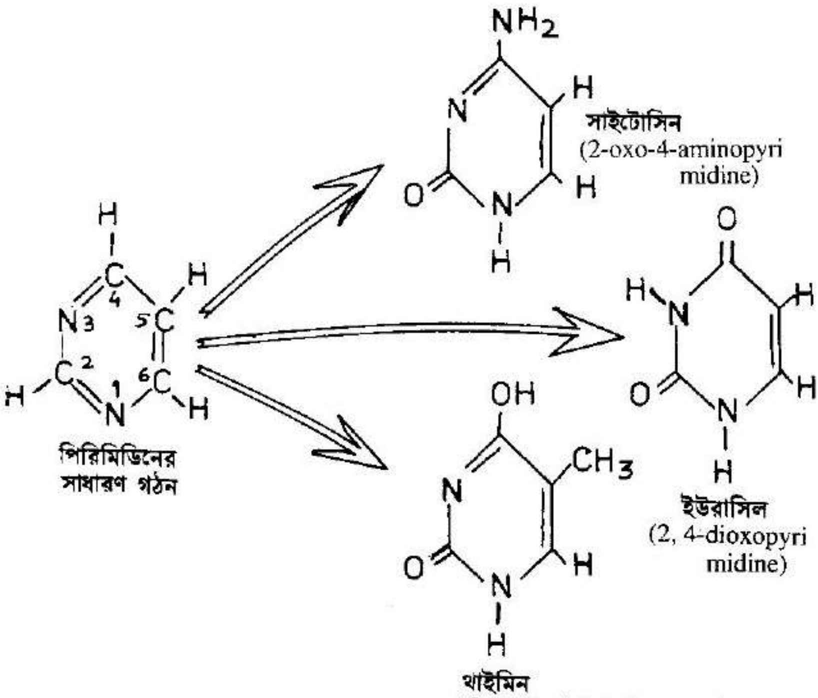
প্রত্যেক নিউক্লিওটাইডে মোট তিনটি করে উপাদান রয়েছে। এই তিনটি উপাদান মিলে একটি যৌগ অণুর সৃষ্টি করে।

ক্ষারক (Base) : নিউক্লিওটাইডের একটি উপাদান হচ্ছে নাইট্রোজেনঘটিত ক্ষারক। এরা মূলত "অ্যারোমেটিকজাতীয়" পদার্থ। রাসায়নিক গঠনের উপর ভিত্তি করে এই ক্ষারককে দুই ভাগে ভাগ করা হয়েছে। একটি পিরিমিডিন এবং অপরটি পিউরিন নামে পরিচিত।

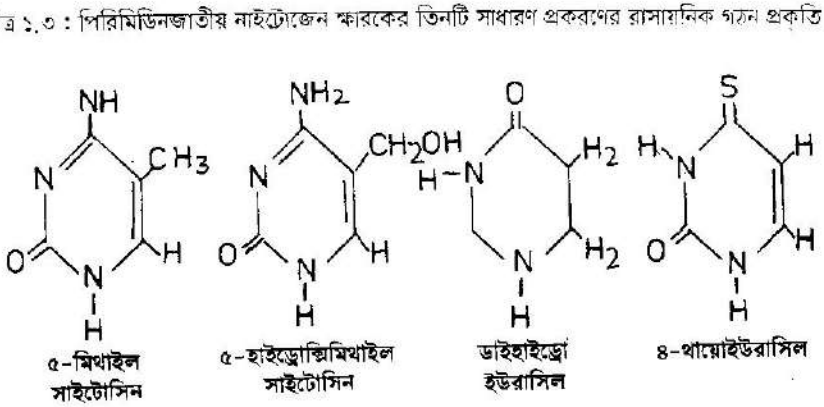
পিরিমিডিন (pyrimidine) : বেনজিনের ন্যায় এক রিঙবিশিষ্ট ক্ষারককে পিরিমিডিন বলে। এর সাধারণ রাসায়নিক সংকেত $C_4H_4N_2$। রাসায়নিক চরিত্রের উপর ভিত্তি করে পিরিমিডিনের কিছু প্রকরণ সনাক্ত করা সম্ভব হয়েছে।

এর মধ্যে সাইটোসিন (Cytosine), থাইমিন (Thymine) ও ইউরাসিল (Uracil) এই তিনটি প্রকরণ নিউক্লিক এসিডে সচরাচর পাওয়া যায় (চিত্র ১.৩)। পিউরিন রিঙ-এ অবস্থিত কার্বন ও নাইট্রোজেনকে একটি ধারাবাহিক সংখ্যা দ্বারা নির্দিষ্ট করা হয়।

উপরোক্ত তিনটি সাধারণ প্রকরণ ছাড়াও অসাধারণভাবে আরও কয়েকটি পিরিমিডিন প্রকরণ বিভিন্ন নিউক্লিওটাইডে পাওয়া যায় (চিত্র ১.৪)।



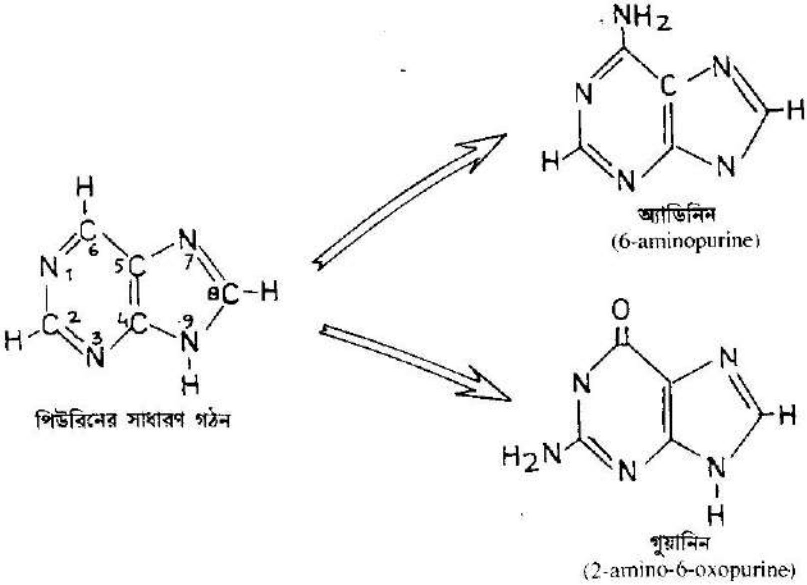
চিত্র ১.৩ : পিরিমিডিনজাতীয় নাইট্রোজেন ক্ষারকের তিনটি সাধারণ প্রকরণের রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি।



চিত্র ১.৪ : পিরিমিডিন ক্ষারকের অসাধারণ কয়েকটি প্রকরণের রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি।

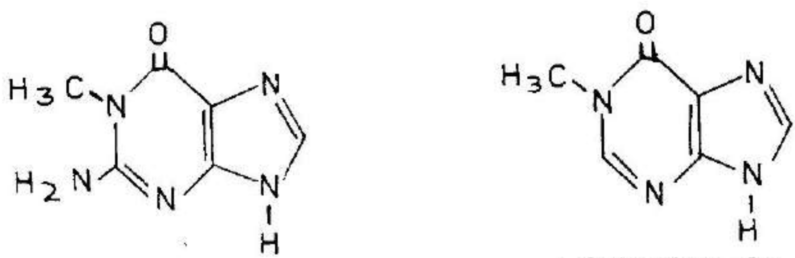
পিউরিন (Purine) : দুই রিংবিশিষ্ট ক্ষারককে পিউরিন বলে। পিউরিনের রিং দুটি অসমপ্রকৃতির। এর সাধারণ রাসায়নিক সংকেত $C_5 H_4 H_4$। রাসায়নিক বৈশিষ্ট্যের উপর ভিত্তি করে পিউরিনের কয়েকটি প্রকরণ সনাক্ত করা হয়েছে। এর মধ্যে অ্যাডিনিন (Adenine) ও

গুয়ানিন (Guanine) এই দুটি প্রকরণ নিউক্লিক এসিডে সচরাচর পাওয়া যায় (চিত্র ১.৫)। পিউরিন রিঙ-এ অবস্থিত নাইট্রোজেন ও কার্বনের অবস্থানকে, পিরিমিডিনের ন্যায়, একটি ধারাবাহিক সংখ্যা দিয়ে চিহ্নিত করা হয় (চিত্র ১.৫)।



চিত্র ১.৫ : পিউরিনজাতীয় ক্ষারকের দুটি সাধারণ প্রকরণের রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি।

উপরোক্ত দুই প্রকার সচরাচর প্রাপ্ত পিউরিন ছাড়া নিউক্লিক এসিডে আরও কয়েক প্রকার পিউরিন প্রকরণ মাঝে মাঝে পাওয়া যায় (চিত্র ১.৬)।



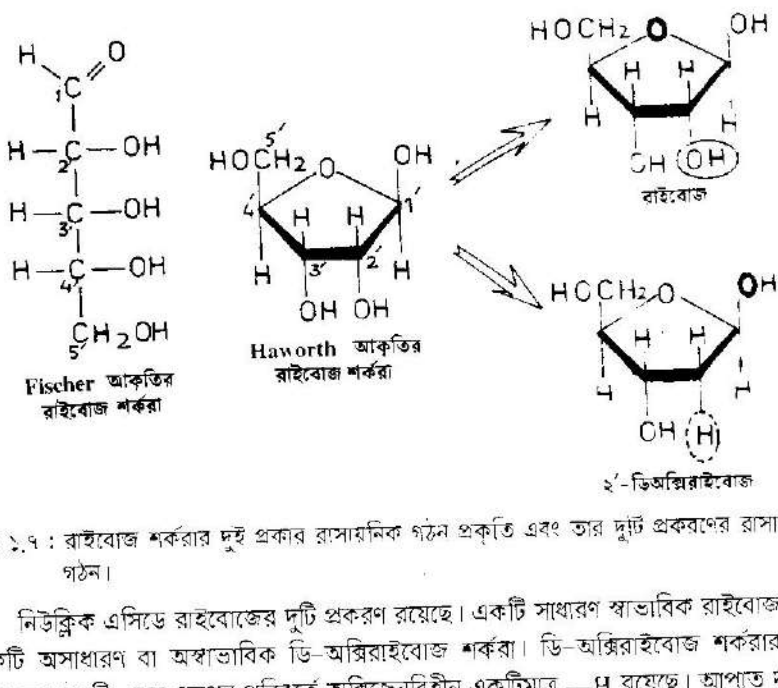
১-মিথাইল গুয়ানিন

১-মিথাইল হাইপোজ্যান্থিন

চিত্র ১.৬ : পিউরিন ক্ষারকের অসাধারণ দুটি প্রকরণের রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি।

শর্করা (Suger) : নিউক্লিক এসিডে যে শর্করা পাওয়া যায় তা সর্বজনীনভাবে একই প্রজাতির অন্তর্ভুক্ত। এটি ৫–কার্বনবিশিষ্ট রাইবোজ শর্করা। এর রাসায়নিক গঠন দুই প্রকৃতির। এটি এক

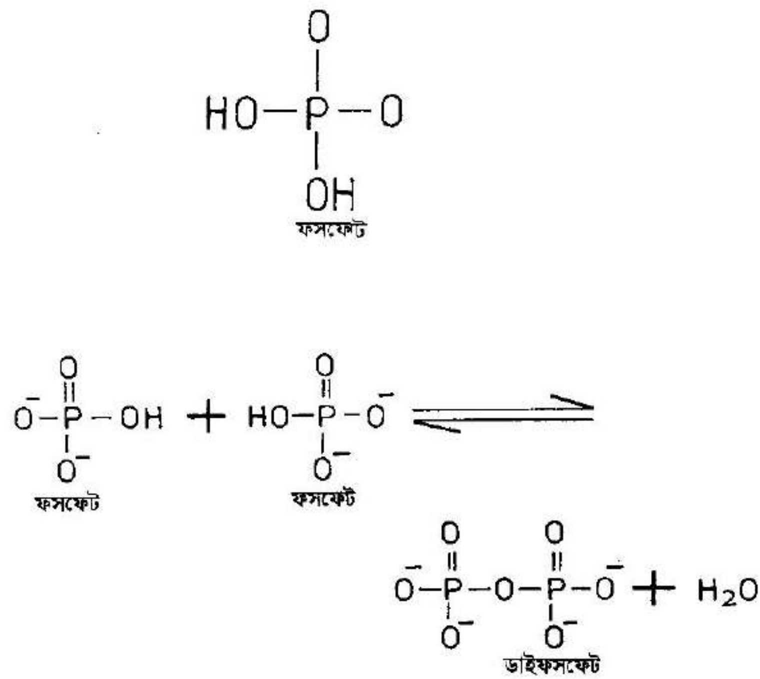
ধরনের লম্বা চেইন বা Fischer গঠনাকৃতির হতে পারে আবার রিঙ বা Haworth গঠনাকৃতির হতে পারে। তবে নিউক্লিক এসিডে কেবল Haworth রিঙ গঠন প্রকৃতির হয়ে থাকে। নিউক্লিওটাইডে অবস্থিত ক্ষারকগুলোর রিঙ অবস্থিত কার্বন ও নাইট্রোজেনকে তার সংখ্যা দিয়ে যেরূপ চিহ্নিত করা হয় সেরূপ শর্করার কার্বনগুলোকেও একটি ধারাবাহিক সংখ্যা দিয়ে চিহ্নিত করা হয় (চিত্র ১.৭)। একই নিউক্লিওটাইডে ক্ষারকের ধারাবাহিক কার্বন সংখ্যার সাথে রাইবোজ অণুর ধারাবাহিক সংখ্যার সাথে অনেক সময় বিভ্রান্তির সৃষ্টি হতে পারে বিধায় শর্করার ক্ষেত্রে প্রতিটি নম্বরের সাথে ডান পাশে একটি ড্যাস (/) ব্যবহার করা হয়। এক্ষেত্রে, এই ড্যাসটিকে প্রাইম (prime) বলা হয়। শর্করাস্থ কার্বন অণুর ধারাবাহিক নম্বরগুলোকে ১', ২' বা ৩', এইভাবে উল্লেখ করা হয় (চিত্র ১.৭)।



চিত্র ১.৭ : রাইবোজ শর্করার দুই প্রকার রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি এবং তার দুটি প্রকরণের রাসায়নিক গঠন।

নিউক্লিক এসিডে রাইবোজের দুটি প্রকরণ রয়েছে। একটি সাধারণ স্বাভাবিক রাইবোজ আর একটি অসাধারণ বা অস্বাভাবিক ডি-অক্সিরাইবোজ শর্করা। ডি-অক্সিরাইবোজ শর্করার ২'- অবস্থানে একটি –OH গ্রুপের পরিবর্তে অক্সিজেনবিহীন একটিমাত্র —H রয়েছে। আপাত দৃষ্টিতে ডি-অক্সিরাইবোজ শর্করার একটিমাত্র অক্সিজেন কম থাকলেও এর সুদূর প্রসারী গুরুত্ব রয়েছে। এ বিষয়ে DNA-এর গঠন প্রকৃতি আলোচনার সময় ব্যাখ্যা করা হয়েছে।

ফসফরিক এসিড (Phosphoric acid) : ফসফরিক এসিড থেকে (H_3PO_4) অজৈব ফসফেট সৃষ্টি হয়। এই ফসফেটটি অনেকটা স্থায়ী প্রকৃতির। ফসফরিক এসিডের পানিবিহীন প্রকৃতি হচ্ছে ফসফেট। একটি ফসফেট আর একটি কার্বন বা ফসফেটের সাথে তার ডাই-এস্টার বন্ধনের সাহায্যে সংযোগ ঘটাতে পারে (চিত্র ১.৮)।



চিত্র ১.৮ : ফসফেটের রাসায়নিক গঠন এবং ডাইফসফেট সৃষ্টি ও তার রাসায়নিক গঠন।

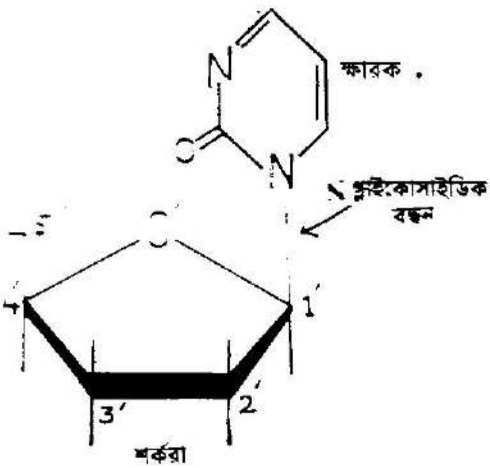
১.২. নিউক্লিওটাইডের গঠনাকৃতি (Structure of nucleotide)

যখন এক অণু পিউরিন বা পিরিমিডিন ক্ষারক এক অণু রাইবোজ শর্করার সাথে যুক্ত হয় তখন তাকে নিউক্লিওসাইড বলে। যখন পিউরিন রাইবোজের সাথে যুক্ত হবে তখন পিউরিনের ৯– নম্বরে অবস্থিত –N অণুর সাথে রাইবোজের ১´ –এ অবস্থিত কার্বন অণুর সাথে বন্ধনের সৃষ্টি করে। অপরদিকে যখন পিরিমিডিন রাইবোজের সাথে যুক্ত হবে তখন তার ১–নম্বরে অবস্থিত – N অণুর সাথে রাইবোজের ১´ –এ অবস্থিত কার্বনের সাথে বন্ধনের সৃষ্টি করে।

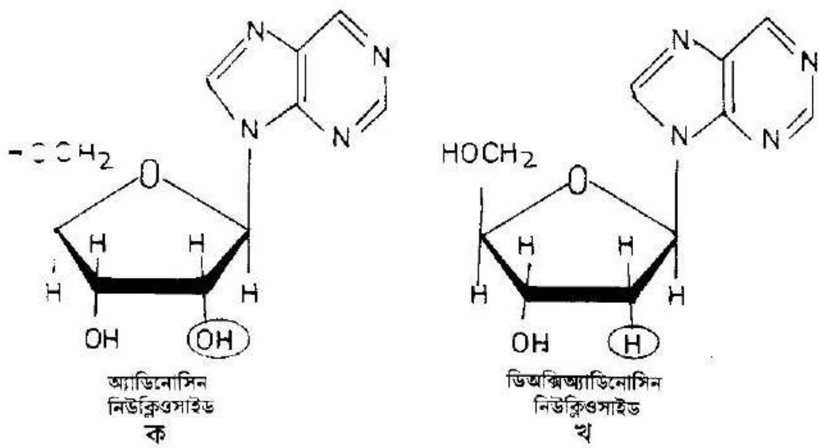
ক্ষারক ও শর্করার মধ্যে যে বন্ধনের সৃষ্টি হয় তাকে N-গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী বলা হয় (চিত্র ১.৯)।

যখন অ্যাডিনিন নামক ক্ষারক রাইবোজ শর্করার সাথে যুক্ত হয় তখন তাকে অ্যাডিনোসিন বলে (চিত্র ১.১০ ক)। অনুরূপ গুয়ানিন যোগ হলে গুয়ানোসিন, সাইটোসিন যোগ হলে সাইটিডিন, ইউরাসিল যোগ হলে ইউরোডিন বলা হয়।

কিন্তু যখন শর্করাটি ডি–অক্সিরাইবোজ হয় তখন যদি অ্যাডিনিন ক্ষারক যোগ হয় তখন তাকে ডি–অক্সিঅ্যাডিনোসিন বলা হয় (চিত্র ১.১০ খ)। অনুরূপভাবে গুয়ানিন যুক্ত হলে ডি–অক্সিগুয়ানোসিন, সাইটোসিন যুক্ত হলে ডি–অক্সিসাইটিডিন, থাইমিন যুক্ত হলে ডি–অক্সিথাইমিডিন বলা হয়।

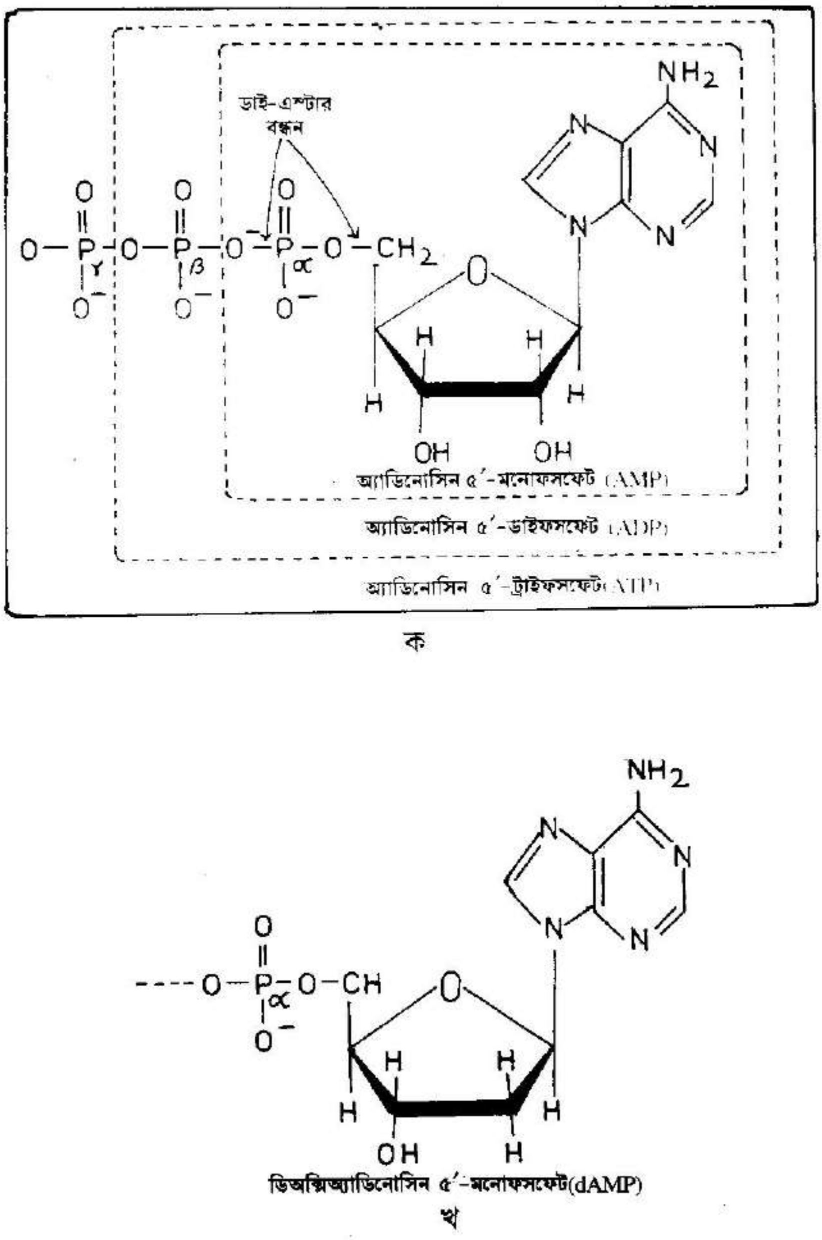


চিত্র [illegible] : শর্করার সাথে ক্ষারকের সংযুক্তি। রাসায়নিক বন্ধন সৃষ্টির সময় রাইবোজের ১′ – অবস্থানে যুক্ত [illegible]



চিত্র ১.১০ : দুই প্রকৃতির শর্করার সাথে একই প্রকৃতির ক্ষারক যুক্ত হলেও তার নামাকরণ প্রকৃতি ভিন্ন হয়। (ক) অ্যাডিনোসিন নিউক্লিওসাইড ; (খ) ডি–অক্সিঅ্যাডিনোসিন নিউক্লিওসাইড।

যখন কোনো নিউক্লওসাইডের সাথে ফসফেট যুক্ত হয় তখন তাকে নিউক্লিওটাইড বলে। নিউক্লিওসাইডের রাইবোজের ৫′ – কার্বনের সাথে ফসফেট তার এস্টার বন্ধনের সাহায্যে সংযুক্ত হয়ে থাকে। নিউক্লিওসাইডের নামানুসারে নিউক্লিওটাইডের নামকরণ করা হয়। যদি নিউক্লিওসাইডটি অ্যাডিনোসিন হয় তবে সৃষ্ট নিউক্লিওসাইডকে অ্যাডিনোসিন ৫′– মনোফসফেট (AMP) বলা হয় (চিত্র ১.১১ ক)। অনুরূপভাবে গুয়ানোসিন হলে গুয়ানোসিন ৫′–মনোফসফেট (GMP) ; সাইটিডিন হলে সাইটিডিন ৫′– মনোফসফেট (CMP) এবং থাইমিডিন হলে থাইমিডিন ৫′– মনোফসফেট জাতীয় (TMP) নিউক্লিওটাইডের সৃষ্টি হবে। অনেক সময় উক্ত মনোফসফেটের

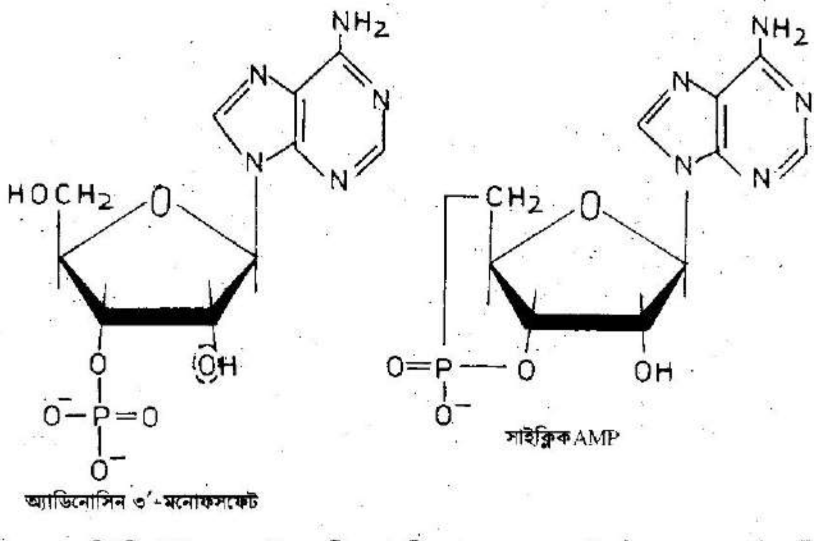


চিত্র ১.১১ : ফসফেট যুক্ত হয়ে নিউক্লিওসাইড থেকে নিউক্লিওটাইডে রূপান্তর এবং ফসফেটের সংখ্যানুপাতে নিউক্লিওটাইডের নামকরণ। (ক) রাইবোজ শর্করানুসারে নামকরণ ; (খ) ডি-অক্সিরাইবোজ শর্করানুসারে নামকরণ।

সঙ্গে ফসফেট ডাই-এস্টার বন্ধনের সাহায্যে একটি বা দুটি ফসফেট যুক্ত হয়ে থাকে। তখন নিউক্লিওটাইড মনোফসফেট রূপান্তর হয়ে নিউক্লিওটাইড ডাই-ফসফেট (ADP, GDP, CDP বা UDP) বা নিউক্লিওটাইড ট্রাইফসফেট (ATP, GTP, CTP বা TTP) সৃষ্টি হবে। এই সকল উক্ত নিউক্লিওটাইড নিউক্লিক এসিড শৃঙ্খল তৈরিতে অংশগ্রহণ ছাড়াও কোষে "তাৎক্ষণিক শক্তির" প্রয়োজনে বিভিন্ন বিক্রিয়ার সময় শক্তির যোগান দিয়ে থাকে।

নিউক্লিওটাইডের শর্করা যদি 2′-ডি-অক্সিরাইবোজ হয় তবে সে অনুযায়ী নিউক্লিওটাইডের নামকরণ পরিবর্তন হয়ে নিউক্লিওসাইডের নামানুসারে গঠিত হয়। ডি-অক্সিঅ্যাডিনোসিনের সাথে ফসফেট যুক্ত হলে তা ডি-অক্সিঅ্যাডিনোসিন ৫′-মনোফসফেট (dAMP) নামক নিউক্লিওটাইডের সৃষ্টি হয় (চিত্র ১.১১ খ)। অনুরূপভাবে ডি-অক্সিগুয়ানোসিন থেকে ডি-অক্সিগুয়ানোসিন ৫′-মনোফসফেট (dGMP) ; ডি-অক্সিসাইটিডিন থেকে ডি-অক্সিসাইটিডিন ৫′-মনোফসফেট (dCMP) এবং ডি-অক্সিথাইমিডিন থেকে ডি-অক্সিথাইমিডিন ৫′-মনোফসফেট (dTMP) নামক নিউক্লিওটাইডের সৃষ্টি হয়ে থাকে। উক্ত মনোফসফেটের সাথে ফসফেট ডাই-এস্টার বন্ধনের সহায়ে একটি বা দুটি ফসফেট পরপর যুক্ত হতে পারে। তখন নিউক্লিওটাইড মনোফসফেটসমূহ ডি-অক্সিনিউক্লিওটাইড ডাইফসফেট (dADP, dGDP, dCTP বা dTDP) বা ডি-অক্সিনিউক্লিওটাইড ট্রাইফসফেট (dATP, dGTP, dCTP বা dTTP) সৃষ্টি হয়।

নিউক্লিওটাইড শর্করায় ৫′-এর OH গ্রুপ ছাড়া ৩′- ও ২′- অবস্থানেও একটি করে OH গ্রুপ রয়েছে। এর ফলে ফসফেট গ্রুপ শুধু ৫′-এ যুক্ত না হয়ে ৩′-এবং ২′- অবস্থানেও যুক্ত হতে পারে। নামকরণের সময় ৫′-এর পরিবর্তে তখন ৩′ - বা ২′ - বসাতে হবে। অনেক সময় ফসফেট একই সাথে ৫′-এবং ৩′-এর সাথে সংযুক্ত হয়ে চক্রীয় AMP সৃষ্টি করে (চিত্র ১.১২)। এসব চক্রীয় AMP কোষে সংকেত আদান প্রদানে ব্যবহৃত হয়।



চিত্র ১.১২ : নিউক্লিওটাইড ফসফেট সংযুক্তি স্বাভাবিক ৫′- অংশে না ঘটে ৩′ - অংশে বা ৩′ - ৫′ এর সাথে যুক্ত হয়ে বিভিন্ন নিউক্লিওটাইড প্রকৃতির সৃষ্টি।

এখানে উল্লেখ্য, সে রাইবোজ নিউক্লিওটাইডে শর্করার ৫′–ছাড়াও ৩′ –এবং ২′– অবস্থানে একটি করে –OH গ্রুপ থাকাতে ফসফেট সংযুক্ত হলেও ডি–অক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইডের ক্ষেত্রে ২′–অবস্থানে কোনো–OH নেই ; ফলে ২′ – অবস্থানে কখনও ফসফেট যুক্ত হবার কোনো সুযোগ নেই।

১.৩. নিউক্লিক এসিডের শ্রেণিবিভাগ (Classification of nucleic acid)

নিউক্লিক এসিডের বিভিন্ন বৈশিষ্ট্যের উপর ভিত্তি করে একে মোট দু'ভাগে বিভক্ত করা হয়েছে। তবে প্রধানত শর্করার উপর ভিত্তি করে নিউক্লক এসিডকে দু'ভাগে ভাগ করা হয়েছে।

১. ডি–অক্সিরাইবোনিউক্লিক এসিড (Deoxyribonucleic acid) ও

২. রাইবোনিউক্লিক এসিড (Ribonuclcic acid)।

উক্ত দুই প্রকৃতির নিউক্লিক এসিডের রাইবোজ সুগারের উপর ভিত্তি করে তার নিউক্লিওটাইড ও নিউক্লিওসাইডের নামকরণ করা হয়। তাছাড়া ডি–অক্সিরাইবোনিউক্লিক এসিডে কোনো প্রকার ইউরাসিল ক্ষারক নেই। অপরদিকে রাইবোনিউক্লিক এসিডে থাইমিন ক্ষারক নেই (সারিণ ১.১)। ডি–অক্সিরাইবোনিউক্লিক এসিডের তুলনায় রাইবোনিউক্লিক অণু অনেক ছোট হয়। রাইবোনিউক্লিক এসিড সাধারণত একসূত্রক অবস্থায় থাকে। কিন্তু ডি–অক্সিরাইবোনিউক্লিক এসিড সাধারণত দ্বিসূত্রাকার অবস্থায় থাকে।

সারণি ১.১ : নিউক্লিক এসিডের শ্রেণিবিভাগ অনুযায়ী তার বিভিন্ন উপাদানের নামকরণ

নিউক্লিক এসিডের শ্রেণি	মনোমার একক	নিউক্লিওটাইড প্রকরণ	নিউক্লিওসাইড প্রকরণ	ক্ষারক প্রকরণ ও তার সংক্ষিপ্ত নাম	শর্করা প্রকরণ
ডি–অক্সিরাই–বোনিউক্লিক এসিড (DNA)	ডি–অক্সিরাই–বোনিউক্লিও–টাইড	২′ – ডি–অক্সি–অ্যাডিনোসিন ৫′–/৩′– ফসফেট	২′–ডি–অক্সিঅ্যাডিনোসিন (2′- deoxyadenosine)	অ্যাডিনিন (A) (Adenine)	ডি–অক্সি–রাইবোজ
		২′–ডি–অক্সিগুয়ানোসিন ৫′–/৩′–ফসফেট	২′–ডি–অক্সিগুয়ানোসিন (2′-deoxyguanosine)	গুয়ানিন (G) (Guanine)	
		২′–ডি–অক্সিসাইটিডিন ৫′–/৩′–ফসফেট	২′–ডি–অক্সিসাইটিডিন (2′-deoxycytidine)	সাইটোসিন (C) (Cytosine)	
		২′–ডি–অক্সিথাইমিডিন ৫′–/৩′–ফসফেট	২′–ডি–অক্সিথাইমিডিন (2′-deoxythimidine)	থাইমিন (T) (Thymine)	
রাইবোনিউ-ক্লিক এসিড (RNA)	রাইবোনিউ-ক্লিওটাইড	অ্যাডিনেসিন ৫′–/৩′–ফসফেট	অ্যাডিনোসিন (Adenosine)	অ্যাডিনিন (A) (Adinine)	রাইবোজ
		গুয়ানোসিন ৫′–/৩′–ফসফেট	গুয়ানোসিন (Guanosine)	গুয়ানিন (G) (Guamine)	
		সাইটিডিন ৫′–/৩′–ফসফেট	সাইটিডিন (Cytidine)	সাইটোসিন(C) (Cytosine)	
		ইউরিডিন ৫′–/৩′–ফসফেট	ইউরিডিন (Uridine)	ইউরাসিল (U) (Uracil)	

১.৪ ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিক এসিড (DNA (Deoxyribonucleic acid)

ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিক এসিড সংক্ষেপে DNA নামে সুপরিচিত। DNA এক শ্রেণির নিউক্লিক এসিড জাতীয় পদার্থ। DNA অণু এক প্রকার পলিমার শৃঙ্খল। পলিমারের একক হিসেবে রয়েছে মোট চার প্রকার মনোমার যা ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইড নামে পরিচিত। নিউক্লিওটাইডসমূহ পরস্পর সজ্জিত হয়ে একটি অণুশৃঙ্খলের সৃষ্টি করে। DNA শৃঙ্খল রৈখিক বা দণ্ডাকৃতির, অশাখান্বিত বৃহৎ অণুবিশেষ।

এর আণবিক ওজন নির্ভর করে তার শৃঙ্খলটিতে কতটি নিউক্লিওটাইড রয়েছে। যেহেতু চার প্রকার নিউক্লিওটাইডের সকলেই ভিন্ন ওজনবিশিষ্ট সেহেতু DNA-এর ওজন নিউক্লিওটাইডের প্রকৃত সংখ্যার উপরও তা নির্ভর করে। এক্ষেত্রে DNA অণুর আণবিক ওজন থেকে তার সঠিক চিত্র নির্ণয় করা বেশ অসুবিধাজনক। তাই DNA অণুতে কতগুলো এবং কোনো কোনো প্রকৃতির কতগুলো নিউক্লিওটাইড সজ্জিত রয়েছে তা দিয়ে বোঝানো হয়ে থাকে।

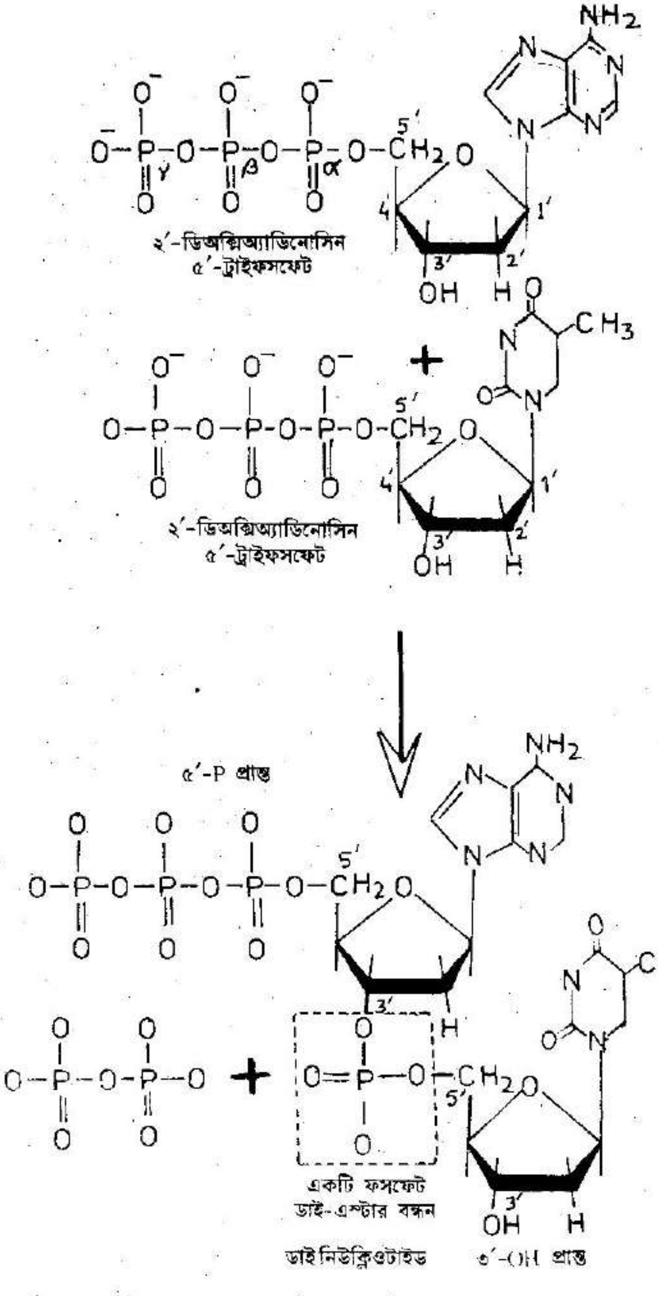
জীবজগতের চরিত্র বহনকারী উপাদান এবং কৌলিক উপাদান হিসেবে DNA-কে চিহ্নিত করার পর এর গঠনাকৃতি নিয়ে চিন্তা-ভাবনা শুরু হয়। জার্মান বিজ্ঞানী Friedrich Miescher (১৮৬৮) বিষয়টি প্রথমে Nuclein আবিষ্কারের মধ্যে দিয়ে যাত্রা শুরু করলেও বিংশ শতাব্দির প্রথমার্ধে যখন O.T. Avery, C.M. MacLeod ও M. McCarty (১৯৪৪) নিশ্চিতভাবে প্রমাণ করেন যে, DNA-ই কৌলিক ধারক বাহক কেবল তখন থেকেই এর গুরুত্ব বাড়তে থাকে।

এর পর থেকে এর রাসায়নিক গঠনাকৃতি ও তার প্রকৃতি জানার জন্য বিজ্ঞানীরা গুরুত্ব সহকারে গবেষণা শুরু করেন। কারণ এর গঠনাকৃতি জানতে না পারলে DNA-এর ক্রিয়াকর্ম সম্পাদন পদ্ধতি জানা সম্ভব হবে না বলে তখন গবেষকরা বুঝতে পারেন। কারণ জীবনের চিত্র মানে DNA-এর চিত্র ; জীবনের ভাষা মানে DNA-এর ভাষা ; জীবনের ক্রিয়া-কর্ম মানে DNA-এরই ক্রিয়া-কর্ম।

১.৪.১. DNA অণুর প্রাথমিক গঠন (Primary structure of DNA) : ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইডসমূহ একটির পর একটি সজ্জিত হয়ে যে রৈখিক শৃঙ্খলের সৃষ্টি করে তাকে DNA অণুর প্রাথমিক গঠন বলা হয়। নিউক্লিওটাইডের ৫′-কার্বনে অবস্থিত ∝- ফসফেটের সাথে পরবর্তী দ্বিতীয় নিউক্লিওটাইডের ৩′-কার্বনে অবস্থিত -OH গ্রুপকে সরিয়ে সংযুক্তি ঘটে।

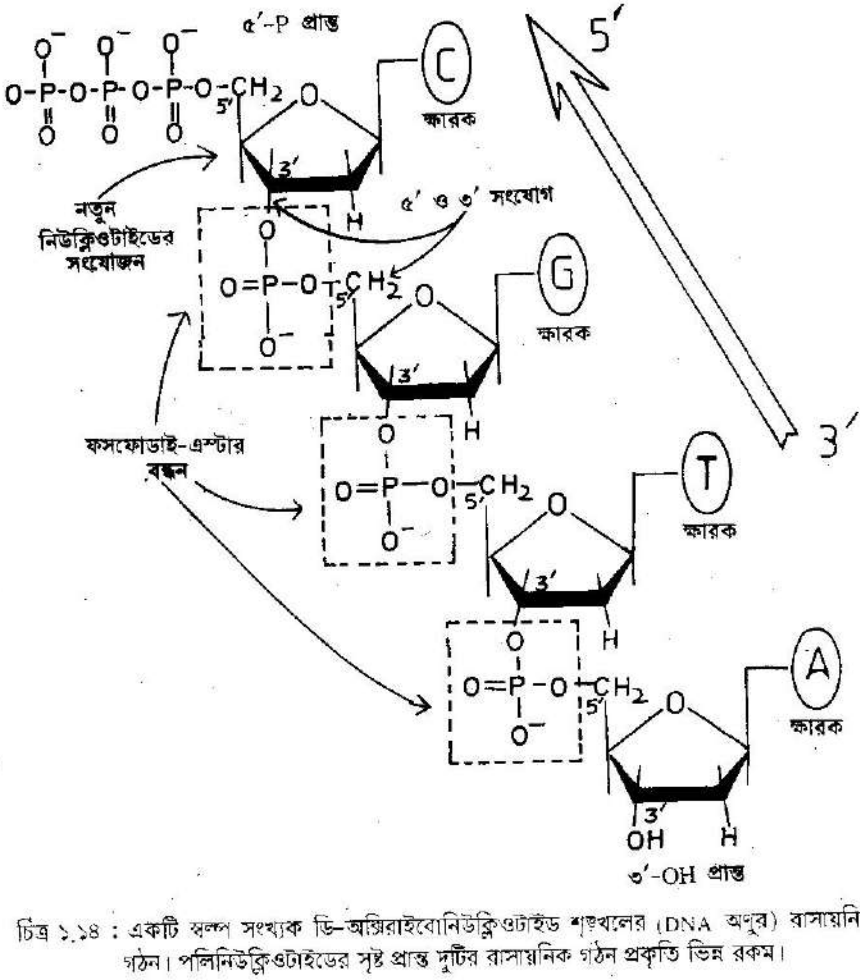
এরপর তৃতীয় একটি নিউক্লিওটাইড পূর্ববর্তী দ্বিতীয় নিউক্লিওটাইডের ৫′-কার্বনের সাথে, পূর্বের ন্যায়, তার ৩′- কার্বনের -OH গ্রুপকে সরিয়ে ∝- ফসফেট ডাই-এস্টার বন্ধন ঘটায়। শৃঙ্খলে অবস্থিত প্রথম নিউক্লিওটাইডের ৩′ - কার্বনের একটি -OH গ্রুপ থাকা সত্ত্বেও শৃঙ্খল বর্ধিত হবার সময় সেখানে কোনো নিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি ঘটতে দেখা যায় না। এর ফলে শৃঙ্খলের বর্ধন কেবল পূর্ববর্তী নিউক্লিওটাইড অবক্ষেপের ৫′-কার্বনের সাথে পরবর্তী অবক্ষেপের ৩′-কার্বনের সাথে সংযুক্তি ঘটবে (চিত্র ১.১৩)।

এখানে উল্লেখ্য যে, পলিনিউক্লিওটাইড সৃষ্টিতে কেবল নিউক্লিওটাইডের ট্রাইফসফেট অবস্থায় অংশগ্রহণ করে। নিউক্লওটাইড় সংযুক্ত হবার পর β-ও γ-ফসফেট কর্তিত হয়ে যায়। সুতরাং দেখা যাচ্ছে যে, পলিনিউক্লিওটাইড কেবল ৫′ ⟶ ৩′ মুখী হয়ে বর্ধিত হয়।



চিত্র ১.১৩ : দুটি ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইড ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনীর সাহায্যে একটি ডাই-নিউক্লিওটাইড অণু সৃষ্টি।

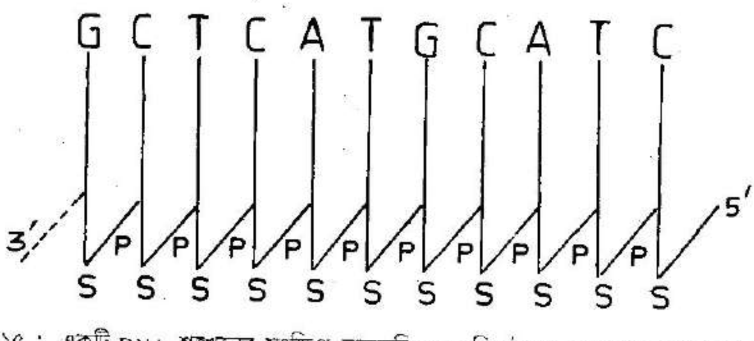
DNA অণুর প্রাথমিক শৃঙ্খলের ভিন্নমুখিতা (Distinctness of the Primary chain of DNA molecule) : DNA অণুশৃঙ্খলের একটি বৈশিষ্ট্য হচ্ছে যে, যখন নিউক্লিওটাইডগুলো পরস্পর ৫′ → ৩′ মুখী হয়ে রৈখিকভাবে সজ্জিত হয় তখন যে দুটি প্রান্তের সৃষ্টি হয় তা রাসায়নিকভাবে একই প্রকৃতির না হয়ে সম্পূর্ণ ভিন্ন প্রকৃতির সৃষ্টি হয়। কারণ প্রথম থেকেই যখন নিউক্লিওটাইডগুলো যুক্ত হয়ে বর্ধিত হতে থাকে তখন তার গতিমুখ হবে ৩′ → ৫′। কখনও ৫′ → ৩′ বা ৫′ → ৩′ মুখী হয়ে বর্ধিত হয় না। লক্ষ্য করলে দেখা যাবে যে, বর্ধিষ্ণু শৃঙ্খলে আগত নতুন নিউক্লিওটাইডটির ৫′-কার্বনে ট্রাইফসফেট যুক্ত থাকে। এই প্রান্তটিতে কোনো বিক্রিয়া ঘটার পূর্বে তার ৩′-কার্বনে অবস্থিত -OH গ্রুপটি শৃঙ্খলের সর্বশেষ নিউক্লিওটাইডের ৫′ –কার্বনে অবস্থিত ফসফেট গ্রুপের সাথে বিক্রিয়া ঘটিয়ে ফেলে। এর ফলে আগত নতুন নিউক্লিওটাইডটির ৩′– প্রান্তে যুক্ত হয়ে ৫′– প্রান্ত মুক্ত থাকছে। এই কারণে কোনো দুটি নিউক্লিওটাইড ৫′ –৫′ প্রান্তে সংযুক্তি



চিত্র ১.১৪ : একটি স্বল্প সংখ্যক ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইড শৃঙ্খলের (DNA অণুর) রাসায়নিক গঠন। পলিনিউক্লিওটাইডের সৃষ্ট প্রান্ত দুটির রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি ভিন্ন রকম।

ঘটে না। উপরোক্ত কারণে ৩´ → ৫´ হয়ে বর্ধিত হবার সুযোগ নেই। সুতরাং একটিমাত্র নিয়মে যে পলিনিউক্লিওটাইডের সৃষ্টি হবে তাতে সব সময় রাসায়নিকভাবে দুটি ভিন্ন প্রান্তের সৃষ্টি করবে। ৫´–প্রান্ত মুক্ত রেখে যে প্রান্তটির সৃষ্টি হবে তাকে ৫´–P প্রান্তস্থ (terminus) বা শুধু ৫´ দিয়ে চিহ্নিত করা হয় অপরদিকে যে প্রান্তটিতে ৩´–কার্বনের -OH গ্রুপটি নিষ্ক্রিয় অবস্থায় মুক্ত থাকছে সেই প্রান্তটিকে ৩´–OH প্রান্তস্থ (terminus) বা শুধু ৩´ বলে চিহ্নিত করা হয়ে থাকে। অর্থাৎ যখন একটি DNA অণুর প্রাথমিক শৃঙ্খলের সৃষ্টি হলো তখন তা ৫´→৩´ বা ৩´→৫´ মুখী হয়ে দৃশ্যমান হবে। DNA অণুর প্রান্ত দুটিও তার ভিন্নমুখিতার গুরুত্ব আণবিক জীববিজ্ঞানীদের নিকট অপরিসীম। কারণ DNA–এর সকল কর্মকাণ্ডের ব্যাখ্যা তার প্রান্ত ও মুখিতার অবস্থান দিয়ে ব্যাখ্যা করা হয় (চিত্র ১.১৪)।

১.৪.২. DNA অণুর সংক্ষেপ প্রকাশ (Short hand notation of DNA molecule) : DNA অণুর রাসায়নিক গঠন অন্যান্য রাসায়নিক অণুর ন্যায় সহজে প্রকাশ করা বেশ অসুবিধাজনক। কারণ এটি একটি জটিল যৌগ অণু। তবে এর সংক্ষেপ প্রকাশ করার জন্য কিছু পদ্ধতি উদ্ভাবন করা হয়েছে। এই নিয়মে ৩´–OH প্রান্তকে বামদিকে এবং ৫´–P প্রান্তকে ডানদিকে রেখে নিউক্লিওটাইডের ক্ষারকগুলোকে ধারাবাহিকভাবে সংক্ষেপে লেখা হয়। প্রথম দিকে সংক্ষেপে প্রকাশ করার নিয়মটি ছিলো একটু জটিল প্রকৃতির। সেখানে এক একটি কোণাকৃতির লাইন টেনে পরপর সজ্জিত নিউক্লিওটাইডগুলোকে বোঝানো হতো। কোণাকৃতি রেখার কোণে একটি S লিখে শর্করাকে নির্দেশ করা হতো এবং বাঁকানো লাইনে একটি ফসফেটের সংক্ষেপ P লিখে ফসফোডাই-এস্টার বন্ধন বুঝানো হতো। সরলরেখার অগ্রভাগে নিউক্লিওটাইডে অবস্থিত ক্ষারকগুলোর সংক্ষিপ্ত নাম A (অ্যাডিনিন), G (গুয়ানিন), C (সাইটোসিন) ও T (থাইমিন) লিখে DNA–এর প্রাথমিক গঠন প্রকৃতি বোঝানো হতো (চিত্র ১.১৫)।



চিত্র ১.১৫ : একটি DNA শৃঙ্খলের সংক্ষিপ্ত রাসায়নিক প্রকৃতি প্রকাশ করতে ইতোপূর্বে যে উপায় অবলম্বন করা হতো তার রূপ।

বর্তমানে উপরোক্ত পদ্ধতির বিলোপ সাধন করে আরও সহজ করা হয়েছে। পদ্ধতিটি Heppel, Ortiz এবং Ochoa (১৯৬৭) নামক বিজ্ঞানীত্রয় প্রথম প্রস্তাব করেন। এই পদ্ধতি গৃহীত হয়ে Rules of Commission on Biochemical Nomenclature হিসেবে তা প্রকাশ করা হয়। এই পদ্ধতিতে পূর্বের ন্যায় কোনো কোণাকৃতির রৈখিক চিহ্ন ব্যবহার করা হয় না। শুধু নিউক্লিওটাইডের সংক্ষেপ নামের ডান অথবা বাম পাশে ফসফেটের সংক্ষিপ্ত নাম P বসানো হয়। এক্ষেত্রে P যদি নিউক্লিওটাইডের ডান পাশে বসানো হয় তবে তা শর্করার ৩´–এর সাথে যুক্ত

[illegible] হবে [illegible] হয় (.........Ap Cp Gp Cp Gp ......)। অপরদিকে P যদি বামপাশে [illegible] হয় তবে তা 5′-এর সঙ্গে রয়েছে বলে বোঝানো হয় (...pA pC pG pC pG......)। এই [illegible] কিছু জটিলতা রয়েছে। কারণ বার বার P লেখা ও প্রান্ত নির্দেশের বিষয়টি তাৎক্ষণিক [illegible] মনে হওয়ায় বর্তমানে উক্ত পদ্ধতিকেও সহজতর করা হয়েছে।

[illegible] এবং ফসফেট যেহেতু সার্বজনীন তাই শুধু নিউক্লিওটাইডের নামানুসারে তার সংক্ষিপ্ত রূপ A, T, G ও C পরপর বসিয়ে প্রকাশ করা হয়। DNA শৃঙ্খলের ডান ও বাম প্রান্তদ্বয় তার [illegible] (5′ ও 3′) দিয়ে নির্দেশ করা হয়। নিউক্লিওটাইডের সংক্ষিপ্ত অক্ষরগুলো ক্রমানুসারে [illegible] প্রত্যেক নামের মাঝে একটি করে হাইফেন (–) বসিয়ে বা না বসিয়েও প্রকাশ করা হয় (চিত্র ১.১৩)।

5′—ATTCGCTAACGCCATTGGCC—3′

অথবা

3′—CCGGTTACCGCAATCGCTTA—5′

অথবা

5′—A-T-T-C-G-C-T-A-A-C-G-C-C-A-T-T-G-G-C-C—3′

অথবা

3′—C-C-G-G-T-T-A-C-C-G-C-A-A-T-C-G-C-T-T-A—5′

চিত্র ১.১৩ : DNA শৃঙ্খলের রাসায়নিক প্রকৃতি প্রকাশ করতে বর্তমানে যে উপায় অবলম্বন করা হয় তার রূপ।

১.৪.৩. **DNA অণুর দৈর্ঘ্য ও তার অনুক্রম** (Length of DNA molecule and its sequence) : একটি DNA অণুর শৃঙ্খলে উপস্থিত নিউক্লিওটাইড সংখ্যার কোনো নির্দিষ্টতা নেই। এই সংখ্যা কয়েক শত থেকে কয়েক লক্ষ পর্যন্ত হতে পারে। তবে নিউক্লিওটাইড সংখ্যা জীব প্রজাতি ও প্রকরণভিত্তিক সুনির্দিষ্ট। প্রত্যেক জৈব প্রকৃতির DNA অণু নির্দিষ্ট সংখ্যক নিউক্লিওটাইডের সমন্বয়ে সৃষ্টি হয়ে থাকে। একইভাবে DNA অণুতে কোন কোন নিউক্লিওটাইড কোনটির পর অবস্থান নেবে সে বিষয়েও নিশ্চিত কোনো নিয়ম নেই।

যে কোনো নিউক্লিওটাইড যে কোনো অবস্থানে বসতে পারে। যে প্রজাতি বা প্রকরণের DNA যে ধারাবাহিক ক্ষারক নিয়ে সৃষ্টি হয়েছে সেটি তার জন্য অত্যন্ত সুনির্দিষ্ট হয়ে থাকে। অর্থাৎ কোনো একটি জীবের সকল কোষের DNA অণুতে নিউক্লিওটাইড সংখ্যা ও তার ধারাবাহিক ক্ষারক একই রকম হবে। শৃঙ্খলে পর পর সজ্জিত নিউক্লিওটাইডের ধারাবাহিক অবস্থানকে DNA অনুক্রম (DNA sequence) বলে।

বিভিন্ন DNA অনুক্রম এতই বৈচিত্র্যপূর্ণ যে জীববিজ্ঞানীদের নিকট তা এক বিস্ময়ের সৃষ্টি করেছে। ছোট আকারের একটি DNA অণু দিয়ে বিষয়টি উপলব্ধি করা যায়। ধরা যাক একটি

BANSDOC Library Dhaka

DNA শৃঙ্খলে ১০টি নিউক্লিওটাইড রয়েছে। এমন যদি প্রশ্ন করা হয় যে, এই ১০টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট শৃঙ্খলের কতটি প্রকরণ হতে পারে। এর উত্তর হবে $৪^{১০}$ = ১০,৪৮,৫৭৬টি। এখানে চার প্রকার নিউক্লিওটাইডের মান ধরা হয়েছে ৪ (চিত্র ১.১৭)।

—A–C–G–T–T–A–G–G–T–C—

—A–(G)–G–T–T–A–G–G–T–C—

—A–C–(C)–T–T–A–G–G–T–C—

—A–C–G–(A)–T–A–G–G–T–C—

—A–C–G–T–T–A–G–G–(C)–C—

চিত্র ১.১৭ : মাত্র ১০টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট একটি DNA অণু যে মোট ১০,৪৮,৫৭৬টি প্রকরণ সৃষ্টি করতে পারে তার কেবল পাঁচটি প্রকরণ নমুনা দেখানো হলো।

১.৪.৪. DNA অণুর ক্ষারক অনুপাত (Bane composition of DNA molecule) : DNA অণুতে প্রধানত চার প্রকার ক্ষারকবিশিষ্ট নিউক্লিওটাইড রয়েছে (A,T,G ও C)। ১৯৪৪ সালের পর থেকে বিজ্ঞানীরা বিভিন্ন জীবের DNA অণুতে নিউক্লিওটাইডের অনুপাত জানার চেষ্টা করতে থাকেন। ১৯৪৫ থেকে ১৯৫০ সালের মধ্যে কলম্বিয়া বিশ্ববিদ্যালয়ের বিজ্ঞানী Erwin Chargaff এবং তার সহযোগী বিজ্ঞানীগণ DNA অণুতে ক্ষারক প্রকরণ ও তার অনুপাত সম্পর্কে প্রচুর গবেষণা করেন।

তারা একই জীবের বিভিন্ন অঙ্গের এবং বিভিন্ন জীবের বিভিন্ন অঙ্গের পরিস্রুত DNA সংগ্রহ করেন। রাসায়নিক বিক্রিয়ার মাধ্যমে প্রথমে নিউক্লিওটাইডসমূহ মুক্ত করে পেপার ক্রোমাটোগ্রাফি পদ্ধতিতে ক্ষারকগুলোকে সনাক্ত করে তার অনুপাত বিশ্লেষণ করেন।

তাঁরা লক্ষ্য করলেন একই জীব প্রজাতির বিভিন্ন অঙ্গের DNA অণুতে নিউক্লিওটাইডের প্রকরণ ও তার অনুপাত একই রকম। কিন্তু বিভিন্ন প্রজাতির ক্ষেত্রে তা কখনও একই রকম নয়। তাঁরা অত্যন্ত চমৎকৃত হয়ে আরও যে বিষয়সমূহ ব্যাখ্যা করেন তা হলো—

(ক) একটি অণুতে যে পরিমাণ 'A' থাকবে তার সমমোলার অনুপাতে 'T' থাকবে। অনুরূপ যে পরিমাণে 'G' থাকবে তার সমমোলার অনুপাতে 'C' থাকবে এবং

(খ) পিউরিনের যোগফল (A+G) পিরিমিডিনের যোগফল (C+T) সমান হবে (সারণি ১.২)।

DNA অণুতে অবস্থিত নিউক্লিওটাইডের এই সম্পর্ক বা যোগসূত্রকে, Chargaff-এর নামানুসারে, Chargaff's Rule বা Chargaff–এর সূত্র বলে সুপরিচিত।

এরউইন চারগ্যাফ
(Erwin Chargaff)
জন্ম : ১১-০৮-১৯০৫
জারনোভিজ শহর
অস্ট্রিয়া।

এরউইন চারগ্যাফ অস্ট্রিয়ার রাজধানী ভিয়েনায় পড়াশুনা করেন। ভিয়েনা বিশ্ববিদ্যালয় থেকে তিনি প্রাণরসায়ন বিষয়ে গবেষণা করেন এবং ১৯২৮ সালে পিএইচ. ডি ডিগ্রি অর্জন করেন।

এর কয়েক বছর পর ১৯৩৫ সালে তিনি যুক্তরাষ্ট্রে গমন করেন এবং নিউইয়র্কস্থ কলম্বিয়া বিশ্ববিদ্যালয়ে যোগদান করেন।

১৯৪০ এর দশকের প্রথম দিকে তিনি DNA নিয়ে গবেষণা শুরু করেন। ১৯৪৫ থেকে ১৯৫০ পর্যন্ত তিনি DNA অণুর ক্ষারক সংখ্যা ও তার অনুপাত বিষয়ক বেশকিছু চমৎকার তথ্য ও তত্ত্ব প্রকাশ করেন।

প্রধানত এই তত্ত্বের উপর ভিত্তি করে DNA অণুর ভৌত-রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি সম্পর্কে ধারণা পাওয়া সম্ভব হয়েছিল। তিনি অবশ্য তার এই গবেষণা নিয়ে অতি উৎসাহিত ছিলেন না।

কিন্তু তার গবেষণার ফলাফল এতই গুরুত্বপূর্ণ ছিল যে, সে বিষয়টিকে বুদ্ধিমত্তার সাথে কাজে লাগিয়ে Watson ও Crick ১৯৫৩ সালে DNA অণুর গঠন প্রকৃতি আবিষ্কার করেন।

সারণি ১.২ : বিভিন্ন প্রজাতির DNA অণুতে বিভিন্ন ক্ষারকের মোলার অনুপাতে

DNA–এর উৎস	বিভিন্ন নিউক্লিওটাইডের মোলার অনুপাত				
	অ্যাডিনিন (A)	গুয়ানিন (G)	সাইটোসিন (C)	থাইমিন (T)	৫–মিথাইল সাইটোসিন
গরুর থাইমাস (Bovine thymus)	২৮.২	২১.৫	২১.২	২৭.৮	১.৩
গরুর প্লীহা (Bovine spleen)	২৭.৯	২২.৭	২০.৮	২৭.৩	১.৩
গরুর শুক্রকীট (Bovine sperm)	২৮.৭	২২.২	২০.৭	২৭.২	১.৩
ইঁদুরের হাড়ের মজ্জা (Rat bone marrow)	২৮.৬	২১.৪	২০.৪	২৮.৪	১.১
গমের ভ্রুণ অংশ (wheat germ)	২৭.৩	২২.৭	১৬.৮	২৭.১	৬.১
ঈস্ট (yeast)	৩১.৩	১৮.৭	১৭.১	৩২.৯	–
E. coli	২৬.০	২৪.৯	২৫.২	২৩.৯	–
∅ x 174*	২৪.৩	২৪.৫	১৮.২	৩২.৩	–

* ভাইরাসটির DNA একসূত্রক হওয়ায় এর অনুপাত Chargaff's সূত্র মেনে চলে না।

কিছু কিছু DNA অণুতে ব্যাতিক্রমী ক্ষারকের উপস্থিতি লক্ষ্য করা যায়। বিশেষ করে গমের ভ্রূণে ৫–মিথাইল সাইটোসিন (5-methyl Cytosine) এবং কিছু ব্যাকটেরিয়াফাজে (T_2, T_4, T_6) ৫–হাইড্রোক্সিমিথাইল সাইটোসিন (5-hydroxy methl Cytosine) নামক অনিয়মিত ক্ষারক রয়েছে। যে সকল DNA তে অনিয়মিত ক্ষারক রয়েছে সেখানে Chargaff–এর সূত্র মেনে চলে না। তবে হিসাব করে দেখা গেছে, যেখানে যে পরিমাণ ৫–মিথাইল সাইটোসিন রয়েছে সেখানে সেই পরিমাণ সাইটোসিন (C) কম রয়েছে।

১.৪.৫. DNA অণুর দ্বৈতেয় গঠনাকৃতি (Secondary structure of DNA molecule) : প্রকৃতিতে DNA অণুকে তার প্রাথমিক গঠনাকৃতিতে সাধারণত দেখা যায় না। পক্ষান্তরে প্রায় সব সময়ে DNA অণুকে দ্বৈতেয় গঠনাকৃতিতে পাওয়া যায়। ১৯৫১ সালের ভিতর DNA-এর বিভিন্ন নিউক্লিওটাইড ও তার প্রাথমিক গঠন প্রকৃতি সম্পর্কে বিস্তারিত জানা সম্ভব হলেও এর দ্বৈতেয় গঠন প্রকৃতি নিয়ে বিজ্ঞানীরা তখনও বিশেষভাবে ভাবতে শুরু করেননি।

কিন্তু ১৯৫১ সালের পর থেকে কিছু বিজ্ঞানী DNA–এর দ্বৈতেয় গঠন জানার জন্য এক প্রতিযোগিতায় লিপ্ত হন। এই প্রতিযোগিতায় ক্যাম্ব্রিজ বিশ্ববিদ্যালয়ের James W. Watson এবং Francis H. Crick নামক দুই বিজ্ঞানী শেষপর্যন্ত জয়ী হন। এই বিজ্ঞানীদ্বয় ১৯৫৩ সালের জুন মাসে লন্ডনের Nature নামক বিজ্ঞান পত্রিকায় তাদের আবিষ্কৃত DNA অণুর দ্বৈতেয় গঠনের একটি মডেল প্রকাশ করে জীববিজ্ঞান তথা বিজ্ঞান জগতে এক যুগান্তকারী অবদান রেখেছেন। তাদের দেয়া এই মডেলের সাহায্যে জীবন প্রকৃতির বিভিন্ন রকম ব্যাখ্যা দেয়া আজ সম্ভব হয়ে উঠেছে।

বিজ্ঞানী Watson ও Crick তাদের প্রকাশিত DNA মডেলের রূপ দিতে বিভিন্ন বিজ্ঞানীর তত্ত্ব ও তথ্যের এক নিপুণ বুদ্ধিমত্তার প্রকাশ ঘটিয়েছেন। তাদের দ্বৈতেয় মডেলটি সৃষ্টি করতে

যাদের গবেষণা ফলাফল সবচেয়ে বেশি অবদান রেখেছিলো তাদের একটি হচ্ছে Chargaff–এর সূত্র এবং অন্যটি হচ্ছে এক্স–রে অপবর্তন বিশ্লেষণ (X-ray diffraction analysis)।

Chargaff–এর সূত্র : বিজ্ঞানী Watson ও Crick তাদের DNA–এর মডেলের চিন্তা ভাবনায় বিজ্ঞানী Chargaff-এর সূত্র প্রাথমিক পথ প্রদর্শক হিসেবে কাজ করেছিলো। তার সূত্রে DNA অণুস্থ বিভিন্ন ক্ষারকের গাণিতিক সম্পর্ক খুঁজে পাওয়া যায়। সূত্রে বলা হয়েছে DNA অণুতে যতোগুলো অ্যাডিনিন (A) থাকবে ততোগুলো থাইমিন (T) থাকবে এবং যতোগুলো সাইটোসিন (C) থাকবে ততোগুলো গুয়ানিন (G) থাকবে।

অর্থাৎ 'A'-এর সমানুপাত 'T' এবং 'C'- এর সমানুপাত 'G' হবে। এই সূত্রের আর একটি অন্তর্নিহিত নিয়ম হচ্ছে পিউরিনের যোগফল সবসময় পিরিমিডিনের যোগফলের সমান হবে।

অর্থাৎ A+G= C+T হবে। বিজ্ঞানী Chargaff– এর প্রকাশিত বিভিন্ন ফলাফল থেকে তার সূত্রের সমর্থনে একটি সংক্ষিপ্ত সারণি নিচে দেয়া গেল (সারণি ১.৩)।

সারণি ১.৩ : কয়েকটি প্রজাতিতে প্রাপ্ত DNA অণুর ক্ষারকসমূহের সর্বজনীন অনুপাতের ধারণা (Chargaff এর প্রকাশিত উপাত্ত থেকে সংক্ষিপ্ত হিসাব)।

	DNA নমুনায় ক্ষারকের অনুপাত	
জীব	A:T	G:C
গরু	১.০৪	১.০০
মানুষ	১.০০	১.০০
সালমন মাছ	১.০২	১.০২
E. coli	১.০৯	১.৯৯

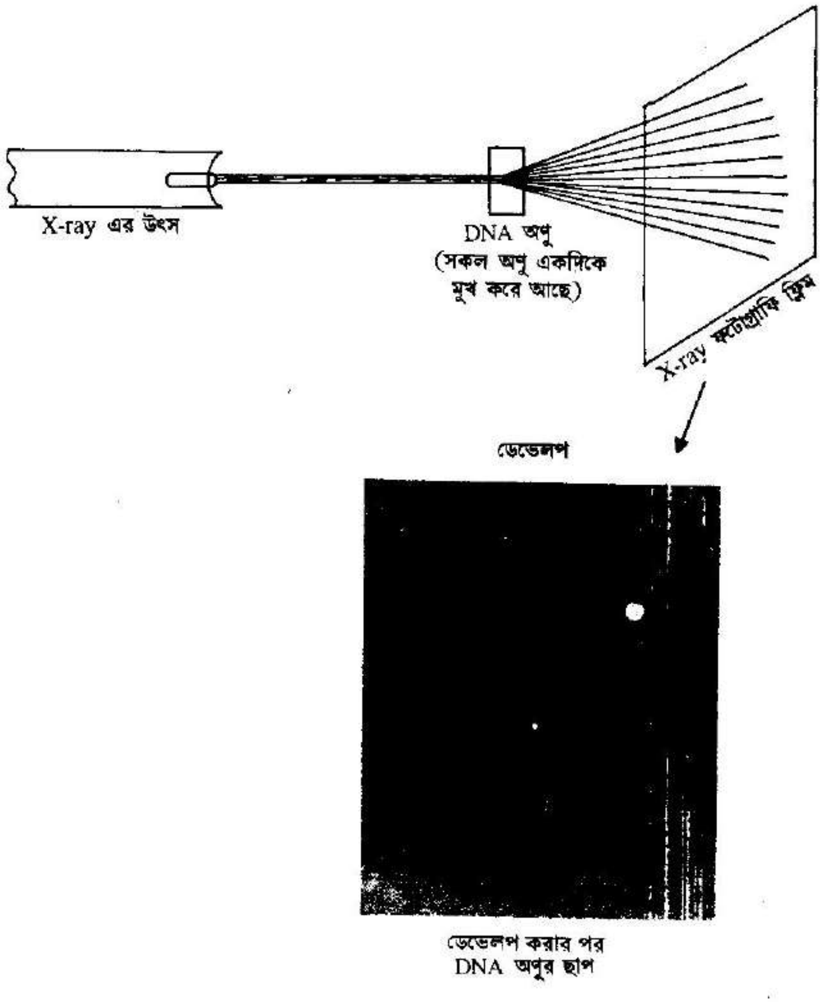
Chargaff তার গবেষণার বিভিন্ন ফলাফল থেকে DNA–এর গঠনাকৃতি সম্পর্কে কোনো দিক নির্দেশনা দেননি। তাছাড়া DNA কেন Chargaff-এর সূত্র মেনে চলছে সে ব্যাপারেও তিনি কোনো সঠিক ব্যাখ্যা দেননি।

এছাড়া সকল DNA অণুতে A=T এবং G=C অথবা A+G=C+T হলেও A+T কখনও G+C এর সমানুপাতিক হয় না। এই A+T এবং G+C এর মৌল অনুপাত বিভিন্ন জীবে বিভিন্ন রকম হলেও একটি জীবের ক্ষেত্রে তা সুনির্দিষ্টভাবে একই রকম সে বিষয়েও বিশেষ কোনো কারণ উল্লেখ করা হয়নি। DNA অণুর উপরোক্ত তিনটি বিচিত্র অথচ সুনির্দিষ্ট চরিত্রের বিষয়সমূহ কিভাবে সংরক্ষিত হচ্ছে যে বিষয়ে তখন কোনো ব্যাখ্যা দেয়া সম্ভব হয়ে উঠেনি।

X-ray অপবর্তন বিশ্লেষণ : দ্বিতীয় যে বিষয়টি Watson এবং Crick-এর নিকট গুরুত্বপূর্ণ ছিলো তা হলো X-ray অপবর্তন পদ্ধতিতে DNA গবেষণার ফলাফল।

লন্ডনস্থ কিংস কলেজের মহিলা বিজ্ঞানী Rosalind Franklin এবং তার শিক্ষক Maurice Wilkins ১৯৫২ সালে DNA অণুর স্ফটিক নমুনার কিছু X-ray অপবর্তন ছবি তোলেন। তাঁরা দেখতে পান X-ray ফিল্ম এর উপর কিছুদূর পরপর বিশেষ ভঙ্গিতে কালো কালো ছাপ পড়েছে (চিত্র ১.১৮)।

এই ছাপগুলোর প্রকৃতি দেখে Maurice ধারণা দেন যে DNA অণু একটি নির্দিষ্ট নিয়মে ঘূর্ণায়মান। কিন্তু এই ব্যাখ্যার সাথে Chargaff–এর ক্ষারক নিয়মের বিষয়টি DNA গঠনাকৃতির বিষয়ে কোনো সম্পর্ক রয়েছে কি–না তা তখন ভেবে দেখা হয়নি।



চিত্র ১.১৮ : Franklin ও Wilkins–এর x-ray অপবর্তন পদ্ধতি x-ray ফিল্মে তোলা DNA অণুসূত্রের প্রতিকৃতি।

Watson ও Crick তৎকালিন প্রাপ্ত সকল তথ্য ও উপাত্ত, বিশেষ করে Chargaff–এর সূত্র ও X-ray অববর্তন বিশ্লেষণসমূহ, একত্রিত করে তাদের বুদ্ধিমত্তার পরিচয় ঘটান।

মরিস উইলকিন্স
(Maurice Wilkins)
জন্ম : ১৫–১২–১৯১৬
পঙ্গারোয়া শহর
নিউজিল্যান্ড।

মরিস উইলকিন্স নিউজিল্যান্ডে জন্মগ্রহণ করেন ও সেখান থেকে স্কুল শিক্ষা শেষ করে উচ্চ শিক্ষার জন্য যুক্তরাজ্যে চলে যান। প্রথমে ১৯৩৮ সালে ক্যামব্রিজ বিশ্ববিদ্যালয় থেকে বি.এ. এবং ১৯৪০ সালে বার্মিংহাম বিশ্ববিদ্যালয় থেকে পদার্থবিজ্ঞানে পি.-এইচ.ডি ডিগ্রি অর্জন করেন।

কিন্তু ১৯৪৫ সালে প্রথম পারমাণবিক বোমা বিস্ফোরণের কারণে তিনি পদার্থবিজ্ঞানের গবেষণা ছেড়ে দিয়ে জীববিজ্ঞান বিষয়ক গবেষণার প্রতি ঝুঁকে পড়েন।

তিনি লন্ডনস্থ কিংস কলেজে যোগদান করেন। সেখানে তিনি প্রথমে ক্রোমোজোম ও জিনের গঠনপ্রকৃতি নিয়ে গবেষণায় পদার্থবিজ্ঞানকে কাজে লাগান।

১৯৫০ সালে তিনি বার্ন বিশ্ববিদ্যালয়ের বিজ্ঞানী Rudolf Singer–এর নিকট থেকে কিছু পরিমাণ বিশুদ্ধ DNA সংগ্রহ করেন। X-ray অপবর্তন ধরন পরীক্ষাকল্পে তিনি DNA অণুর ভৌত গঠন প্রকৃতি বিষয়ে গবেষণা শুরু করেন। ঠিক এই সময়ে প্যারি থেকে আগত মহিলা গবেষক Rosalind Franklin ১৯৫১ সালের জানুয়ারি মাসে উইলকিন্স এর গবেষণাগারে যোগদান করেন। তিনি বেশকিছু ছবি তুলতে সক্ষম হন যা থেকে পরিষ্কার ধারণা হয় যে, DNA অণুর গঠন প্রকৃতি দ্বি-কুণ্ডলায়িত।

কিন্তু শীঘ্রই উইলকিন্স এর সাথে ফ্রাঙ্কলিন এর মধ্যে ভুল বোঝাবুঝির সৃষ্টি হয়। যার কারণে এই দুই গবেষকের মধ্যে DNA নিয়ে গবেষণা মাঝ পথে থেমে যায়। এক সময় ফ্রাঙ্কলিন গবেষণা ত্যাগ করে Birkbeck College–এ শিক্ষকতায় যোগদান করেন। এর অল্প কিছুদিন পর ক্যান্সারে আক্রান্ত হয়ে মৃত্যুবরণ করেন।

যাহোক উইলকিন্স তার DNA গবেষণা নিয়ে এগিয়ে যান। ফ্রাঙ্কলিনের তোলা ছবি থেকে DNA আকৃতির ধারণা নিয়ে Watson ও Crick তাদের আবিষ্কার প্রকাশ করতে পেরেছিলেন। উইলকিন্সের DNA বিষয়ক গবেষণা কাজের স্বীকৃতিস্বরূপ ১৯৬২ সালে Watson ও Crick-এর সাথে যৌথভাবে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

তাঁরা DNA এর দ্বৈতেয় গঠনাকৃতির একটি মডেল সৃষ্টি এবং তা প্রকাশ করেন। তাদের এই মডেলটি বিখ্যাত DNA দ্বিহেলিক্স নামে সুপরিচিত।

এই মডেলটি আণবিক জীববিজ্ঞানের ইতিহাসে অনুপ্রেরণাদানকারী এক অনন্য আবিষ্কার হিসেবে চিহ্নিত হয়ে আছে। জীববিজ্ঞানের আর কোনো একক আবিষ্কার এত গুরুত্ব পায়নি।

এখানে উল্লেখ্য যে, প্রায় একই সময়ে Linus Pouling (১৯৫৩), ইতোমধ্যে প্রাপ্ত একজন নোবেল পুরস্কার বিজয়ী বিজ্ঞানী, প্রোটিনের ত্রৈতেয় গঠনাকৃতি দিয়ে খ্যাত হয়েছেন।

তিনি DNA–এর Triple helix নামক একটি DNA-এর মডেল (Watson ও Crick–এর মডেল প্রকাশের অল্পকদিন পূর্বে) প্রকাশ করেছিলেন। কিন্তু শীঘ্রই তার প্রস্তাবিত মডেলটি সঠিক নয় বলে বিবেচিত হয়।

বিজ্ঞানীদ্বয় Watson ও Crick যে মডেলটি দেন তা DNA–এর দ্বৈতেয় গঠনাকৃতির একটি ত্রিমাত্রিক চিত্র (চিত্র ১.১৯)। এই মডেলটির বৈশিষ্ট্যসমূহ নিচে উল্লেখ করা হলো।

১. হেলিক্স (helix) তন্তুটি দুটি DNA–এর প্রাথমিক শৃঙ্খল বিশেষ

DNA দ্বি–কুণ্ডলায়িত তন্তুটি দুটি প্রাথমিক শৃঙ্খলের সমন্বয়ে গঠিত। যখন একটি শৃঙ্খল আর একটি শৃঙ্খলের মুখোমুখী অবস্থানে আসে তখন তা একে অপরকে জড়িয়ে সুনির্দিষ্ট উপায়ে এক আবর্তনের সৃষ্টি করে। এসময় দেখতে অনেকটা দড়ির মতো পাকানো মনে হবে।

শর্করা ও ফসফেটের সমন্বয়ে সৃষ্ট তন্তুর ন্যায় যে কাঠামোটি রয়েছে সেটি বাইরের দিকে অবস্থান নেয় এবং ক্ষারকগুলোকে ঘুরিয়ে ভিতরের দিকে রাখে।

একটি সূত্রের ক্ষারক বিপরীত সূত্রের ক্ষারকের মুখোমুখী অবস্থান নিয়ে রাসায়নিক বন্ধনের সৃষ্টি করে। তখন একে দেখতে অনেকটা মইয়ের কাঠামোর মতো মনে হবে।

DNA–এর প্রাথমিক সূত্র দুটি মুখোমুখী এসে সংযুক্ত হবার পর তা আর সরল রেখায় না থেকে একটি সুনির্দিষ্ট উপায়ে বা ভঙ্গিতে ঘূর্ণির সৃষ্টি করে।

দুটি অণুসূত্রের এরূপ কুণ্ডলায়িত বা পাকানো অবস্থাকে হেলিক্স (helix) বলে।

হেলিক্স তন্তুটি সমান্তরালভাবে ~ 2nm ব্যাসবিশিষ্ট হয়ে থাকে। সূত্রদ্বয়ে অবস্থিত পিউরিন সবসময় পিরিমিডিন ক্ষারকের মুখোমুখী অবস্থানে থেকে রাসায়নিক বন্ধনের সৃষ্টি করে।

কখনও পিউরিন–পিউরিন বা পিরিমিডিন–পিরিমিডিন ক্ষারকের মধ্যে সংযোগ বা বন্ধন সৃষ্টি করবে না।

জেমস ওয়াটসন
(James Watson)
জন্ম : ০৬-০৪-১৯২৮
শিকাগো
যুক্তরাষ্ট্র।

জেমস ওয়াটসন খুব অল্প বয়সে (মাত্র ১৫ বছর) শিকাগো বিশ্ববিদ্যালয়ে ভর্তি হন এবং ১৯৪৭ সালে স্নাতক ডিগ্রি লাভ করেন। সেখানে উচ্চ শিক্ষা লাভে তিনি ইন্ডিয়ানা বিশ্ববিদ্যালয়ে গমন করেন।

সেখানে গবেষণা শেষে ১৯৫০ সালে পিএইচ.ডি ডিগ্রি অর্জন করেন। এ সময়ে তিনি একটি ফেলোশিপ নিয়ে কোপেন হেগেন–এ চলে যায়।

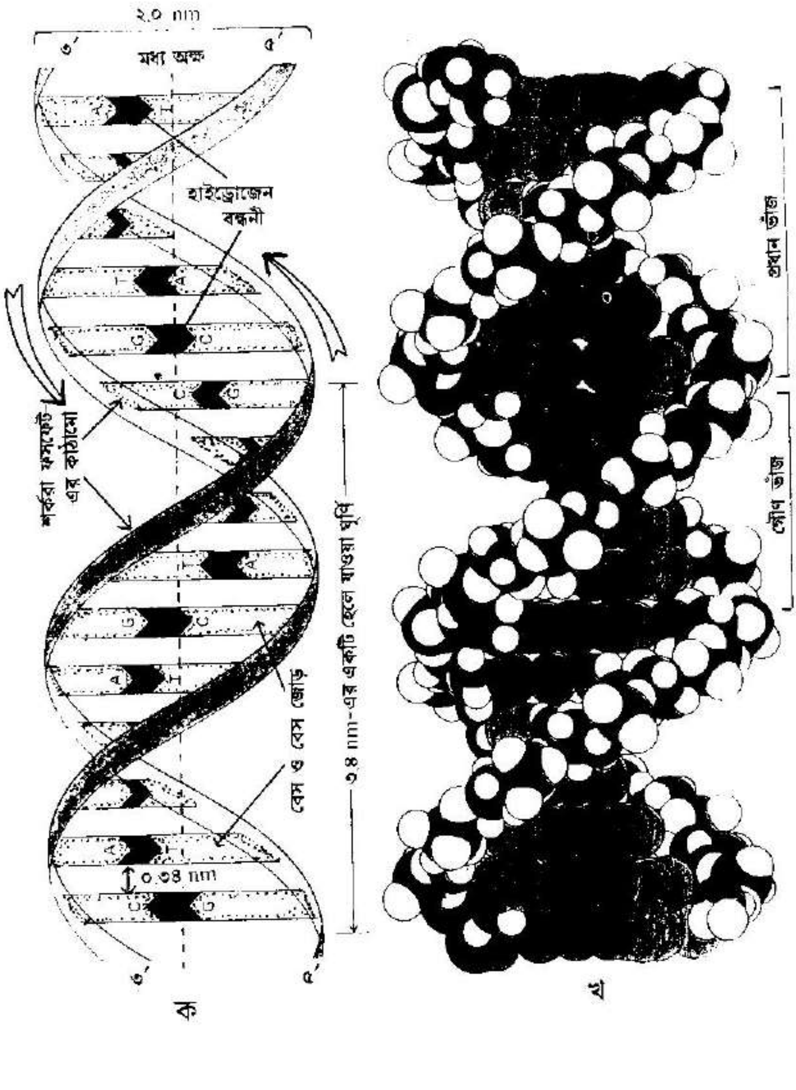
এর এক বছর পর তিনি ক্যামব্রিজ বিশ্ববিদ্যালয়ের ক্যাভেন্ডিস ল্যাবরেটরিতে যোগদান করেন। সেখানে তিনি জিনের ভৌত রসায়নিক চরিত্রের বিশ্লেষণ শুরু করেন। এখানে তিনি ক্রিক এর সাথে মিলিত হন।

ওয়াটসন ও ক্রিক এরপর একত্র হয়ে চারগ্যাফের ক্ষারক জোড় নিয়ম তত্ত্ব ও উইলকিন্স এর DNA অপবর্তন চিত্রের এক অপূর্ব সমন্বয় ঘটিয়ে DNA অণুর ভৌত রাসায়নিক গঠন আবিষ্কার করে অবিস্মরণীয় হয়ে আছেন।

DNA অণুর ভৌত রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি আবিষ্কারের মাধ্যমে কেবল মেন্ডেলের কৌলতত্ত্বের গবেষণা ধারায় আণবিক বিশ্লেষণ সম্ভবপর হয়ে উঠে। ওয়াটসন তার এই কাজের স্বীকৃতি স্বরূপ ক্রিক ও উইলকিন্স–এর সাথে যৌথভাবে ১৯৬২ সালে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

ওয়াটসন ১৯৫৩ সালেই, তাদের DNA দ্বিহেলিক্স প্রকাশের পর, তার মাতৃভূমিতে ফিরে যান এবং হার্ভার্ড বিশ্ববিদ্যালয়ে শিক্ষকতায় যোগদান করেন। সেখানে তিনি ১৯৭৬ সাল পর্যন্ত অধ্যাপনা করেন।

এরপর তিনি নিউইয়র্কস্থ Cold Spring Harbor ল্যাবরেটরির পরিচালকের দায়িত্ব নেন। তিনি হার্ভার্ড–এ থাকাকালে RNA সংশ্লেষণ ও প্রোটিন সংশ্লেষণের উপর প্রচুর গবেষণা করেন। যেখানে শীতপ্রধান বসন্তে গিয়ে ক্যান্সার রোগ সৃষ্টিতে ভাইরাসের ভূমিকা নিয়ে গবেষণায় নিয়োজিত থাকেন।



চিত্র ১.১৯ : DNA অণুর দ্বিহেলিক্স মডেল (ক, খ)। (ক) সাধারণ অঙ্কিত চিত্র ; (খ) কম্পিউটারে সৃষ্ট শূন্যস্থান পূর্ণকরণ (space filling) আকৃতি।

ফ্রান্সিস ক্রিক
(Francis Crick)
জন্ম : ০৮–০৬–১৯১৬
নর্থামটন
যুক্তরাজ্য

ফ্রান্সিস ক্রিক ক্যামব্রিজ বিশ্ববিদ্যালয়ে উচ্চতর গবেষণা করেন। তিনি মূলত পদার্থবিজ্ঞানের ছাত্র। তিনি তাঁর পিএইচ.ডি. গবেষণায় প্রোটিনের ভৌত রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি নিয়ে কাজ করেন।

তিনি দ্বিতীয় বিশ্বযুদ্ধের সময় বৃটিশ সেনাবাহিনীর জন্য মাইনের গঠন প্রকৃতির উপর কাজ করেন। কিন্তু দ্বিতীয় বিশ্বযুদ্ধ শেষে জীববিজ্ঞান বিষয়ক গবেষণার দিকে ঝুঁকে পড়েন।

১৯৫১ সালে তিনি J. Watson–এর সাথে পরিচিত হন। এখানে দুই বিখ্যাত বিজ্ঞানীর মহামিলন ঘটে। এর ফলে ১৯৫৩ সালে এই দুই বিজ্ঞানী DNA অণুর ভৌত–রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি আবিষ্কার করতে সক্ষম হন।

তিনি তাঁদের গবেষণার ইতিহাস ও কৌশল এবং বুদ্ধিমত্তার বিস্তারিত ঘটনা তার বিখ্যাত The Double Helix বইতে লিপিবদ্ধ করেন।

ওয়াটসন ও ক্রিক এই দুই অনন্য সাধারণ বিজ্ঞানীদ্বয়ের মিলন খুব সল্প সময়ের জন্য ঘটেছিলো।

১৯৫৩ সালে ওয়াটসন যখন আমেরিকায় ফিরে যান ক্রিক তখন ক্যামব্রিজেই থেকে যান ও তার গবেষণা চালিয়ে যান। এখানে থেকেই তিনি তার গবেষণা ধারায় আণবিক জীববিজ্ঞানের অনেক মৌলিক তত্ত্ব ও তথ্যের সমৃদ্ধি ঘটান যা আণবিক জীববিজ্ঞান গবেষণার বহু গুরুত্বপূর্ণ পথের সন্ধান দিয়েছে। এর মধ্যে কেন্দ্রীয় নীতি (Central Dogma) এক অনন্য সাধারণ অনুমান।

১৯৭৭ সালে তিনি যুক্তরাষ্ট্রে পাড়ি জমান এবং সেখানে দক্ষিণ ক্যালিফোর্নিয়ায় অবস্থিত Salk Institute এর কর্ণধার হিসেবে যোগদান করেন। তিনি Watson ও Wilkins এর সাথে যৌথভাবে ১৯৬২ সালে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

২. ক্ষারকগুলো হেলিক্সের ভিতরমুখী অবস্থানে থাকে

DNA সূত্রদ্বয়ে যে ক্ষারক রয়েছে তা ভিতরের দিকে মুখ করে এমনভাবে সাজানো থাকে যে তা দেখলে মনে হবে একটির উপর আর একটি প্লেট সমদূরত্বে একটি নির্দিষ্ট কোণ করে পরপর সজ্জিত রয়েছে। শৃঙ্খলের প্রধান কাঠামো সৃষ্টিকারী শর্করা ও ফসফেট অণুগুলো হেলিক্সের বাইরে অবস্থান নেয়।

ক্ষারকগুলোর চরিত্র হচ্ছে পানিবিকর্ষী। ভিতরের দিকে ঘুরে গিয়ে বিপরীতে অবস্থিত ক্ষারকগুলোর সাথে হাইড্রোজেন বন্ধনের সৃষ্টি করে তা DNA অণুর হেলিক্স কাঠামোর সৃষ্টি করে। ক্ষারকগুলো এই হেলিক্স কাঠামোর ভিতরে এমনভাবে অবস্থান করে যে এর মধ্যে পানি প্রবেশের পথ বন্ধ হয়ে যায়। DNA হেলিক্স যেহেতু পানি বা জলীয় পরিবেশে থাকে সেহেতু এর মেরুদেশে অবস্থিত ঋণাত্মক (negative) ফসফেট গ্রুপটি আয়োনাইড হয়ে DNA-কে প্রবল অম্লধর্মী অবস্থায় রাখে।

৩. হেলিক্সের সম্পূরক ক্ষারকগুলো হাইড্রোজেন বন্ধনের সৃষ্টি করে

বিপরীতমুখী সূত্রের সম্পূরক ক্ষারকগুলো যখন পিউরিন-পিরিমিডিন নিয়মে মুখোমুখী হয় তখন তাদের মধ্যে হাইড্রোজেন বন্ধনের সাহায্যে যোগসূত্র গড়ে উঠে। এই কারণেই প্রাথমিক সূত্র দুটি একে অপরকে নিবিড়ভাবে আলিঙ্গন করে। Chargaff-এর নিয়ম দুটি এই মডেলটির সাহায্যে চমৎকারভাবে ফুটিয়ে তোলা হয়েছে।

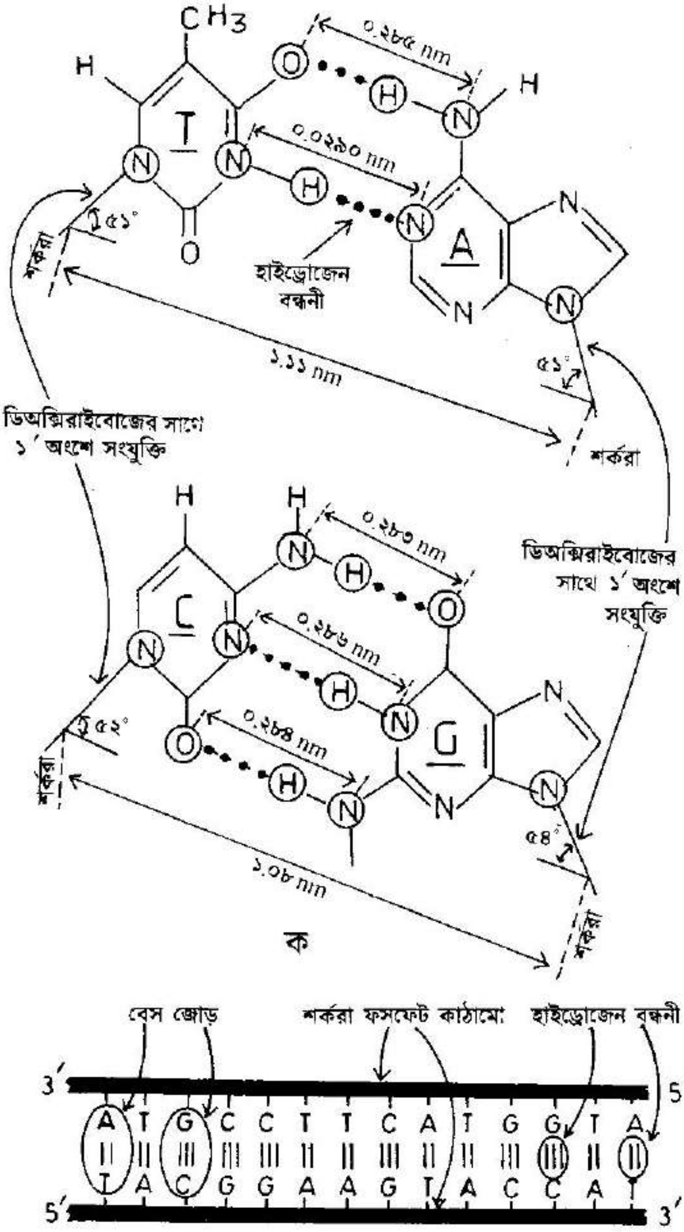
হেলিক্সের একটি সূত্রের কোনো অবস্থানে অ্যাডিনিন (A) থাকলে বিপরীতে অবস্থিত একই সমান্তরাল অবস্থানে থাইমিন (T) এবং গুয়ানিন (G) থাকলে বিপরীতে কেবল সাইটোসিন (C) থাকলে হাইড্রোজেন বন্ধনের সাহায্যে জোড় বাঁধবে : এর সাহায্যে এখানে Chargaff-এর স্বতঃসিদ্ধ নিয়মের প্রতিফলন ঘটেছে। এখানে 'A'-এর সম্পূরক হচ্ছে 'T' এবং 'G'-এর সম্পূরক হচ্ছে 'C'।

যখন A ও T পরস্পর জোড় বাধবে তখন তাদের মাঝে দুটি হাইড্রোজেন বন্ধনের সৃষ্টি হয়। একইভাবে যখন C ও G পরস্পর জোড় বাধে তখন তাদের মাঝে তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধনের
সৃষ্টি হয়।

এই হাইড্রোজেন বন্ধন সহযোজনী (covalent) বন্ধনের চেয়ে দুর্বল (৩-১০ kcal mol ; সহযোজনীর ক্ষেত্রে ৫০ kcal mol^{-1}) এবং বেশ লম্বা (০.২ nm ; সহযোজনীর ক্ষেত্রে ০.১ nm) হয়ে থাকে।

DNA হেলিক্সের সকল ক্ষারকগুলো বন্ধনের সৃষ্টি করে বলে সূত্র দুটি বেশ দৃঢ়ভাবে সংযুক্ত থাকে। 'A' এবং 'T'-এর মধ্যে দুটি হাইড্রোজেন বন্ধনের সৃষ্টি হয় বলে তা G ও C এর বন্ধনের তুলনায় বেশ দুর্বল। কারণ G ও C-এর মাঝে তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধন থাকে (চিত্র ১.২০)।

সাধারণ হাইড্রোজেন বন্ধনের ন্যায় এখানে কোনোরূপ টটোমারিক পরিবর্তন (tautomeric shift) হয় না। যদি এরূপ হতো তবে 'A' ক্ষারক 'C' এর সাথে এবং 'G' ক্ষারক 'T' এর সাথে জোড় বাধতে পারতো। হেলিক্সে -H বন্ধনের দৃঢ়তার জন্য অনিয়মিত জোড় বাধতে পারে না। এই কারণে DNA অণুতে সব সময় A/T এবং G/C-এর অনুপাত ১.০ হবে।



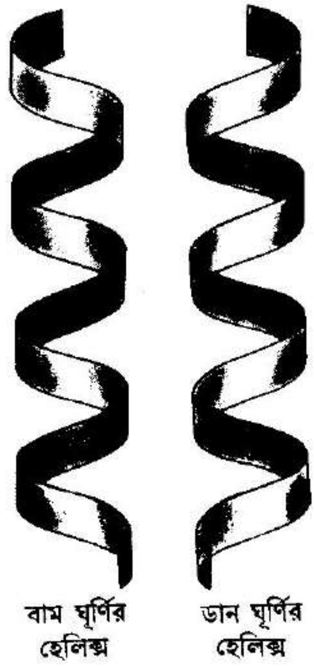
চিত্র ১.১০ : DNA দ্বিহেলিক্সের সম্পূরক ক্ষারক জোড় বন্ধনের রাসায়নিক চিত্র।
(ক) হাইড্রোজেন বন্ধন পদ্ধতি ;
(খ) দ্বিহেলিক্স বন্ধন প্রকৃতির সংক্ষেপ প্রকাশ।

৪. হেলিক্সের সূত্র দুটি একটি অপরটির বিপরীতমুখী

DNA–এর প্রাথমিক গঠনে সূত্রের প্রান্ত দুটি দ্বিমুখী চরিত্রের কারণে হেলিক্সের প্রান্ত দুটি ও দুই চরিত্রের হয়ে থাকে। কারণ হেলিক্সের সূত্র দুটি একটি অপরটির বিপরীতমুখী হয়ে অবস্থান নেয় $\begin{pmatrix} ৩' \longrightarrow ৫' \\ ৩' \longleftarrow ৫' \end{pmatrix}$। এখানে মনে রাখতে হবে যে, একটি সূত্র আর একটি সূত্রের বিপরীতমুখী এবং বিপরীত চরিত্রের ক্ষারক হলেও একটি আর একটির সম্পূরক (complementary)।

৫. প্রতি ঘূর্ণিতে ক্ষারক জোড় সংখ্যা ১০টি

DNA দ্বিহেলিক্স তন্তুকে যদি একটি কাল্পনিক কেন্দ্রীয় অক্ষের উপর দাঁড় করানো যায় তবে দেখা যাবে প্রতি ৩.৪nm দূরত্ব অতিক্রম করে একটি ঘূর্ণির সৃষ্টি হয়েছে। প্রতি ঘূর্ণিতে ১০টি করে ক্ষারক জোড় রয়েছে। প্রতি ক্ষারক জোড় ০.৩৪nm দূরত্বে অবস্থান করে। Franklin ও Wilkins-এর X-ray অপবর্তন ছবিতে DNA স্ফটিকের যে বিশেষ ভঙ্গিমার ছাপ পড়েছিলো তা এই ক্ষারক জোড় এবং দ্বিহেলিক্সের নির্দিষ্ট ছাপের প্রতিফলন ছিলো। হেলিক্সে প্রতিটি ক্ষারক জোড় প্রায় –৩৬° কোণ করে একটির পর আর একটি অবস্থান নেয়। এর ফলে প্রতি ১০টি ক্ষারক জোড় পরপর অবস্থান নিলে ৩৬০° (১০ × ৩৬°) ঘুরে এসে একটি পূর্ণাঙ্গ ঘূর্ণির সৃষ্টি হয়।



চিত্র ১.২১ : বাম ও ডান ঘূর্ণিবিশিষ্ট দ্বিহেলিক্সের তুলনা। লক্ষ্য করলে দেখা যাবে যে, এগুলোকে ১৮০ কোণে ঘুরিয়ে দিলেও এর ঘূর্ণি চরিত্রের পরিবর্তন ঘটবে না।

- **দ্বিহেলিক্সে দুটি ভিন্ন আকৃতির খাঁজ রয়েছে**

দ্বিহেলিক্স তন্তুটির ঘূর্ণয়নের ফলে দুটি ভিন্ন আকৃতির খাঁজের (groove) সৃষ্টি করে। তন্তু দুটি সমান্তরালে দড়ি বা খইয়ের মতো দৃশ্যমান হলেও এখানে দুই আকৃতির খাঁজ হয়। একটি অপেক্ষাকৃত ক্ষুদ্র এবং সরু (~12nm) এবং অপরটি অপেক্ষাকৃত বড় এবং চওড়া ~22nm)। প্রোটিনের সাথে DNA–এর সংযুক্তি, DNA–এর সমলিপন ও কৌলিক সংকেত সৃষ্টির বিষয়ে এই বৈশিষ্ট্যপূর্ণ খাঁজদ্বয়ের গুরুত্ব রয়েছে।

- **দ্বিহেলিক্স সূত্র ডান ঘূর্ণিবিশিষ্ট**

DNA দ্বিহেলিক্স সূত্রটি ডান ঘূর্ণি সিড়ির ন্যায় পাকানো। অর্থাৎ সূত্র নিজ অক্ষের উপর ডান দিকে বাকিয়ে ঘুরে অগ্রসর হয়। Watson ও Crick যে মডেলটি প্রকাশ করেছিলেন সেটি ডান ঘূর্ণির 'B' –প্রকৃতির গঠন বলে বিজ্ঞানীরা পরবর্তীকালে চিহ্নিত করেছেন (চিত্র ১.২১)। প্রকৃতিতে এই B-প্রকৃতির গঠন সক্রিয় অবস্থার প্রতিরূপ।

১.৪.৬. DNA **দ্বিহেলিক্সের গঠন** বৈচিত্র্য (The structural differences of DNA double helix) : কৌলিক উপাদান হিসেবে DNA–এর চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যসমূহ ও তার নানাবিধ ক্রিয়াকর্ম সম্পর্কে বুঝতে হলে তার গঠনশৈলির বিচিত্রতা সম্পর্কে ভালো ধারণা থাকা দরকার। Watson ও Crick এর মডেলটি যদিও নিখুঁত ছিলো এবং এর বৈশিষ্ট্য ও বর্ণনার ব্যাপারে অত্যন্ত তথ্যবহুল ছিলো তবুও তাদের মডেলটির দুটি বিষয়ে বিস্তারিত বিশ্লেষণ হয়নি। এগুলো হলো—

(১) ফসফেট শর্করা শৃঙ্খলের দ্বিমুখী চরিত্রের বৈশিষ্ট্যতা এবং

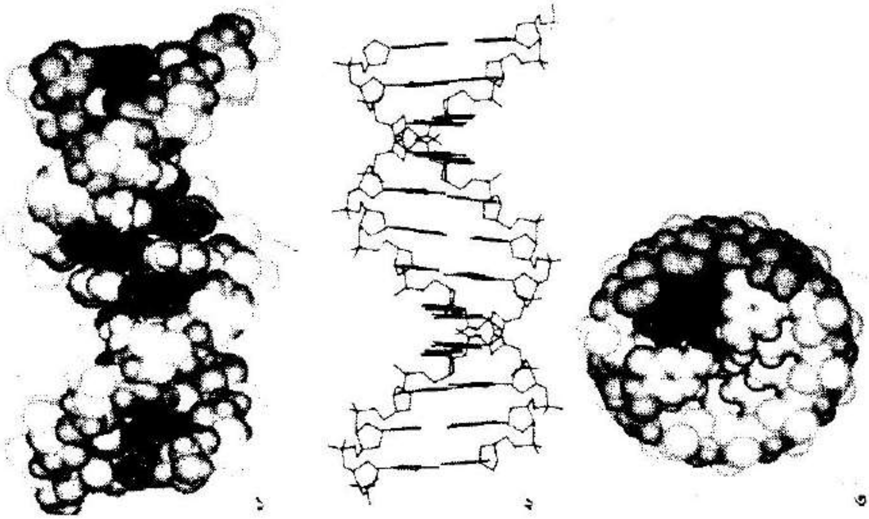
(২) দ্বিহেলিক্সের বিভিন্ন রকম ঘূর্ণি প্রকৃতি ও তার বিভিন্ন গঠনশৈলির বিচিত্রতা।

বিজ্ঞানী Watson-Crick–এর মডেলটির গ্রহণযোগ্যতা সম্পর্কে নিশ্চিত হবার পর বিজ্ঞানীরা এর রাসায়নিক গঠনের চেয়ে এর ভৌত গঠন ও তার বিচিত্র্যতা সম্পর্কে গবেষণায় বেশি মনোনিবেশ করেন। কারণ DNA এর ক্রিয়া–কর্ম তার রাসায়নিক গঠন প্রকৃতির সাথে সাথে তার ভৌত গঠন প্রকৃতিও গুরুত্বপূর্ণ বিষয় হিসেবে বিবেচিত হয়।

DNA–এর গঠনশৈলী তার Cation–এর প্রকৃতি ও তার বিভিন্ন পরিবেশে আর্দ্র অবস্থার উপর নির্ভর করে। Watson ও Crick–এর মডেলের পর বিভিন্ন বিজ্ঞানীগণ বিভিন্নভাবে গবেষণা করে আরও কয়েক প্রকার মডেল প্রকাশ করেন। প্রস্তাবিত মডেলগুলো বিভিন্ন শ্রেণীতে বিভক্ত করা হয়েছে। Watson ও Crick–এর মডেলটি B- শ্রেণিভুক্ত মডেল এবং তা স্বাভাবিক অবস্থার চিত্র (১.২২ ক) । কোষে এই B- প্রকৃতির গঠন সচরাচর অবস্থায় থাকে। B-গঠনাকৃতিতে গৌণ খাঁজের বামপাশের সূত্রটি ৫′ ⟶ ৩′ মুখী হয়ে থাকে।

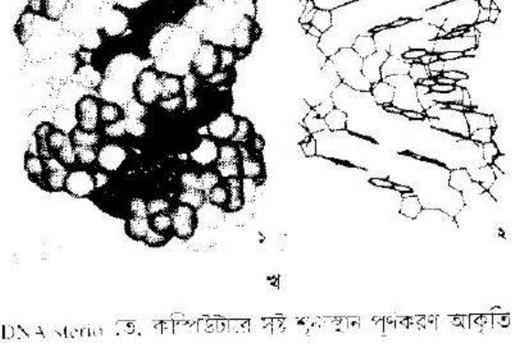
বিজ্ঞানী Watson ও Crick এর মডেল প্রকাশের পরপরই DNA দ্বি–হেলিক্সের কয়েকটি প্রজাতি ও প্রকরণ প্রকাশিত হয়েছে। বিজ্ঞানী Franklin ও Goshling (১৯৫৫) DNA–কে স্বল্পমাত্রার আর্দ্রতায় রেখে তার X-ray অপবর্তন পদ্ধতিতে পরীক্ষা করে কয়েকটি চিত্র প্রকাশ করেন। প্রধানত এসব চিত্রের উপর ভিত্তি করে Fuller *et al.*, (১৯৬৫) A-প্রকৃতি নামক আর এক প্রকার ডান ঘূর্ণির DNA মডেল প্রকাশ করেন (চিত্র ১.২২ খ)। A–প্রকৃতির মডেলে DNA হেলিক্সের প্রতি ঘূর্ণিতে ১১টি করে ক্ষারক জোড় অবস্থান নেয়। তখন DNA হেলিক্স তার স্বাভাবিক ~2.0 nm থেকে ~২.৩ nm ব্যাসে পরিবর্তন ঘটে। উপরোক্ত গবেষণায় DNA কে Na-লবণযুক্ত পরিবেশে রেখে পরীক্ষা করা হয়।

বিজ্ঞানী Marvin *et al.*, (১৯৬১) অনুরূপ আর একটি পরীক্ষা করেন। তিনি Na–লবণের পরিবর্তে Li–লবণযুক্ত DNA নিয়ে তাকে স্বল্পমাত্রার আর্দ্রতায় রেখে পরীক্ষা করে C-আকৃতির আর একটি ডান ঘূর্ণির মডেল প্রকাশ করেন। এখানে সাধারণের চেয়ে প্রতি ঘূর্ণিতে ক্ষারক জোড় সংখ্যা কম। তবে এ প্রকৃতির হেলিক্সের ব্যাস সাধারণের ন্যায় সমান থাকে (চিত্র ১.২৩)।



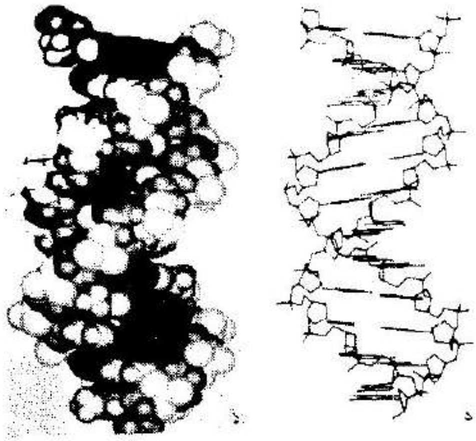
ক

চিত্র ১.২২ (ক) : B-DNA sterio তে, কম্পিউটারে সৃষ্ট শূন্যস্থান পূর্ণকরণ আকৃতি (উপরে বাঁয়ে) ও অনুরূপ অংশের রৈখিক চিত্র (উপরে ডানে) এবং শূন্যস্থান পূর্ণকরণ আকৃতিতে উপর থেকে (top view) দৃশ্য (৩)।



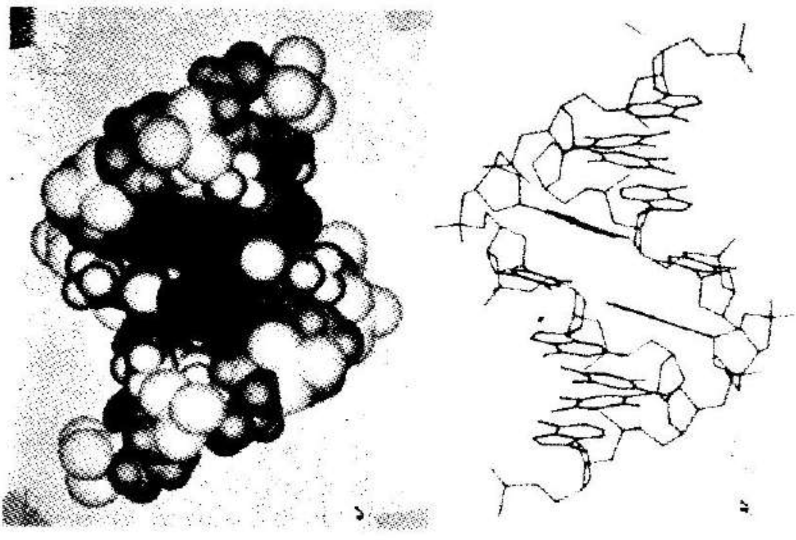
খ

চিত্র ১.২২ (খ) : A-DNA sterio তে, কম্পিউটারে সৃষ্ট শূন্যস্থান পূর্ণকরণ আকৃতি (বাঁয়ে) এবং অনুরূপ অংশের রৈখিক চিত্র (ডানে)।



[illegible] : C-DNA sterio তে, কম্পিউটারে সৃষ্ট শূন্যস্থান পূর্ণকরণ আকৃতি (বাঁয়ে) ও অনুরূপ অংশের রৈখিক চিত্র (ডানে)।

[illegible] কালে Hopkin (১৯৮১) Watson–Crick এর B-মডেলের সামান্য পরিবর্তিত রূপ B′ - [illegible] একটি মডেল প্রকাশ করেন। এই মডেলের DNA অণুসূত্রের ব্যাস সাধারণ B- [illegible] চেয়ে কিছুটা কম। B′– DNA এর বৃহৎ খাঁজ সাধারণ প্রকৃতির চেয়ে সামান্য বড় এবং [illegible] গৌণ খাঁজটি বিলীন হয়ে প্রায় মসৃণ হয়ে যায়। অনুরূপভাবে Haopkin. C′ – নামক C- [illegible] একটি প্রকরণ প্রকাশ করেন। এখানেও মুখ্য খাঁজটি বড় হয়ে গৌণ খাঁজটি প্রায় বিলীন [illegible] (সারণি ১.৪)।



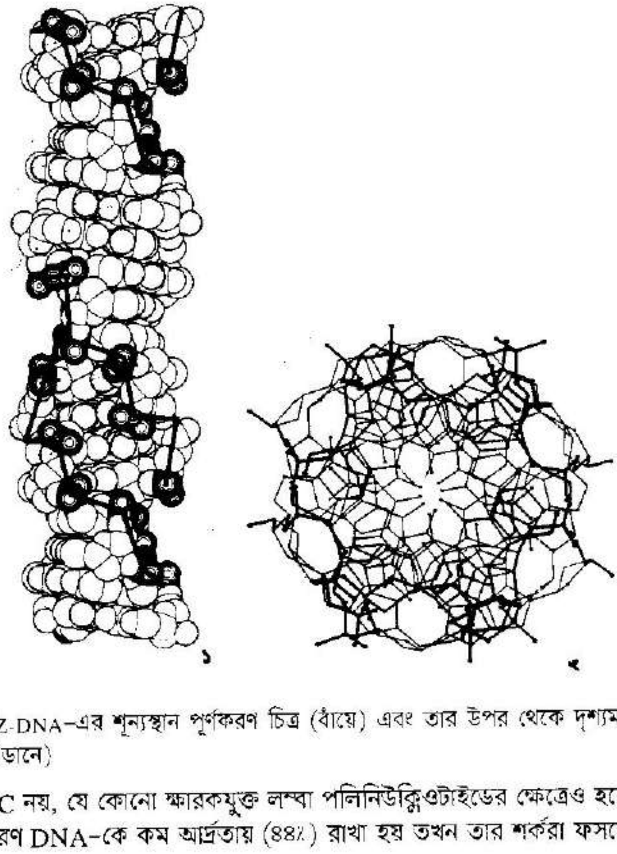
চিত্র ১.২৪ : D-DNA-এর শূন্যস্থান পূর্ণকরণ চিত্র (বাঁয়ে) এবং একই অংশের রৈখিক চিত্র (ডানে)।

সারণি ১.৪ : DNA দ্বিহেলিক্সের বিভিন্ন প্রকার আকৃতিগত বৈশিষ্ট্য

বৈশিষ্ট্য	X-ray অপবর্তন বিশ্লেষণ অনুযায়ী DNA'র শ্রেণিবিভাগ ও তার বৈশিষ্ট্য							
শ্রেণি	B - DNA						Z - DNA	
প্রজাতি	A	B	B́	C	Ć	D	Z	Ź
প্রকরণ								
হেলিক্স চরিত্র	ডান-ঘূর্ণি						বাম-ঘূর্ণি	
প্রতি ক্ষারক জোড় অবস্থান								
পরপর কোণ (°)	+ ৩৭.৭°	+ ৩৬°	+ ৩৪.২°	+ ৩৮.৬°	+ ৩১.৪°	+ ৪৫°	–৬২°/২	–৬০°/২
প্রতি ঘূর্ণিতে ক্ষারক জোড় সংখ্যা	১১	১০	১০	৯$\frac{১}{৩}$	৯$\frac{১}{৩}$	৮	১২	১২
প্রতি ঘূর্ণিতে তন্তুর ব্যাস (nm)	২.৩	২.০	১.৯	২.৯	১.৯	–	১.৮	১.৮
ক) খাঁজের বিস্তার (nm)								
গৌণ খাঁজ	১.১	০.৫৭	০.৫৭	০.৪৮	০.৪৮	০.১৩	–	–
মুখ্য খাঁজ	০.২৭	১.১৭	১.১৭	১.০৫	১.০৫	০.৮৯	–	–
খ) খাঁজের গভীরতা (nm)								
গৌণ খাঁজ	০.২৮	০.৭৫	–	০.৭৯	–	০.৬৭	–	–
মুখ্য খাঁজ	০.৩৫	০.৮৫	–	০.৭৫	–	০.৫৮		

[illegible] থেকে দেখা গেছে যে যখন DNAকে পর্যাপ্ত আর্দ্রতায় (৯২%) রাখা হয় তখন [illegible] B-DNA আকারে অবস্থান করে। ক্রমান্বয়ে পানি বিয়োজন বা কম আর্দ্রতায় (৬৬%) তা C-DNA আকারে একটি মধ্যবর্তী স্তর অতিক্রম করে A-DNA তে রূপান্তর ঘটায়। তাছাড়া কোনো DNA [illegible] যদি অস্বাভাবিক পরিমাণ AT বা GC জোড় থাকে তবে দেখা গেছে সেখানে [illegible] বৃদ্ধি হবার সাথে সাথে B-DNA আকৃতি পরিবর্তিত হয়ে D-আকৃতি নামে নতুন [illegible] একটি DNA-গঠন প্রজাতির সৃষ্টি করে। D-DNA হেলিক্সের প্রতি ঘূর্ণিতে ক্ষারক জোড় [illegible] হয়ে থাকে। ফলে তার অন্যান্য বৈশিষ্ট্যের পরিবর্তন ঘটে যায় (Arnott, ১৯৭৬ ; Hopkin, [illegible] চিত্র ১.২৪ ক,খ)।

[illegible] পর্যন্ত ধারণা করা হতো যে DNA গঠনাকৃতির যে-কোনো রূপান্তর সাধারণ ডান-ঘূর্ণিবিশিষ্ট B-DNA-এর পরিবর্তিত রূপ ছাড়া আর কিছু নয়। কিন্তু বিজ্ঞানী Wang (১৯৭৯) একটি ভিন্ন প্রকৃতির DNA আকৃতির প্রস্তাব দেন যা ডান-ঘূর্ণিবিশিষ্ট নয়। তিনি শুধু GC অনুক্রমবিশিষ্ট অলিগোনিউক্লিওটাইড (oligonucleotide) নিয়ে কাজ করার সময় পর্যবেক্ষণ করেন যে, এটি বাম-ঘূর্ণিরূপে আকৃতির পরিবর্তন ঘটাতে পারে। পরে তিনি পর্যবেক্ষণ করেন



চিত্র ১.২৫ : Z-DNA-এর শূন্যস্থান পূর্ণকরণ চিত্র (বাঁয়ে) এবং তার উপর থেকে দৃশ্যমান রৈখিক চিত্র (ডানে)

এটি শুধু GC নয়, যে কোনো ক্ষারকযুক্ত লম্বা পলিনিউক্লিওটাইডের ক্ষেত্রেও হতে পারে। যখন কোনো সাধারণ DNA-কে কম আর্দ্রতায় (৪৪%) রাখা হয় তখন তার শর্করা ফসফেট বন্ধনগুলো

আঁকাবাঁকা (zig-zag) হয়ে অগ্রসর হয়। তাই একে Z- আকৃতির DNA নামে অবিহিত করা হয়েছে (চিত্র ১:২৫)। যখন Z-DNA-এর পরিবেশে আর্দ্রতা বাড়ানো যায় তখন তা ডান-ঘূর্ণিতে রূপান্তরিত হয়ে A-DNA বা D-DNA-তে পরিবর্তন হতে পারে। তাছাড়া আরও দেখা গেছে যে, শুধু "পলি AC" বা "পলি GT" অথবা বিশেষ বিশেষ অবস্থায় পিউরিন এবং পিরিমিডিন ক্ষারকের পরপর অনুক্রম থাকলেও Z-আকৃতিতে DNA-এর পরিবর্তন ঘটতে পারে। এসব তথ্য থেকে এমন ধারণা করা হয় যে, প্রাকৃতিক অবস্থায় DNA-এর বিভিন্ন ক্রিয়া-কর্ম বিভিন্ন পরিবেশে তার আকৃতিগত পরিবর্তন ঘটিয়ে নিয়ন্ত্রণ করে থাকে। বিভিন্ন গবেষণা থেকে বিজ্ঞানীরা পর্যবেক্ষণ করেন যে, কোনো এন্টিবায়োটিক প্রয়োগের ফলে DNA-এর স্বাভাবিক হেলিক্স থেকে Z-আকৃতিতে পরিবর্তন হয়ে যায়। তাই অনেক বিজ্ঞানী এমন নিশ্চিতভাবে মনে করেন যে, বিভিন্ন অবস্থায় বিভিন্ন উপায়ে ক্রিয়া-কর্ম সম্পাদনের সময় DNA তার স্বাভাবিক আকৃতির রূপান্তর ঘটিয়ে তা নিয়ন্ত্রণ করে থাকে। আরও মনে করা হয় যে, একই সময়ে DNA-এর কিছু অংশ ডান-ঘূর্ণি এবং কিছু অংশ বাম-ঘূর্ণি অবস্থায়ও থাকতে পারে। এই ধারণার উপর ভিত্তি করে বিজ্ঞানী Sasisekharan (১৯৮৩, ১৯৮৪) একটি সম্পূর্ণ নতুন মডেলের ধারণা দেন। এই মডেলটি RL (Right and Laft handed) মডেল বলে পরিচিত (চিত্র ১.২৬)। Watson-Crick এর মডেলের সাথে RL মডেলের কিছু পার্থক্য রয়েছে —

চিত্র ১.২৬ : সংক্ষেপে RL মডেলের রৈখিক চিত্র। RL এর কিছু অংশ ডান-ঘূর্ণি (R-right) এবং কিছু অংশ বাম-ঘূর্ণি (L-left) প্রাপ্ত হয়ে কখনও সমান্তরাল আবার কখনও আঁকা-বাঁকা (Zig-Zag) প্রাপ্ত হয়।

১. [illegible]–DNA এর B-প্রকৃতির দ্বিহেলিক্স একটি ডান–ঘূর্ণি তন্তুবিশেষ ; অপরদিকে RL [illegible] DNA তন্তুর [illegible] বিশেষ একান্তরভাবে ডান ও বাম–ঘূর্ণি অবস্থায় থাকে।

২. B–DNA [illegible] স্থানের ১ ও ১১তম ক্ষারক জোড় একটি পূর্ণ ঘূর্ণির সাথে জড়িত [illegible] কিন্তু RL মডেলে সেটি 0° থেকে 36° ঘূর্ণির সাথে সম্পর্কযুক্ত।

[illegible] প্রকাশিত হওয়ার পর বিভিন্ন প্রকৃতির DNA–গঠন আবিষ্কারের ফলে এই [illegible] গুরুত্ব পাচ্ছে। বিভিন্ন পরিবেশে DNA–এর আকৃতিগত পরিবর্তন কোষের [illegible] সাথে সম্পর্কযুক্ত বলে বিজ্ঞানীরা এখন নানাভাবে গবেষণা করছেন। ইতোমধ্যে দেখা [illegible] বিভিন্ন প্রোটিন ও এনজাইম DNA অণুসূত্রের বিভিন্ন গাঠনিক খাঁজকে চিহ্নিত ও সনাক্ত [illegible] ক্রিয়া–কর্ম সম্পাদন করে থাকে।

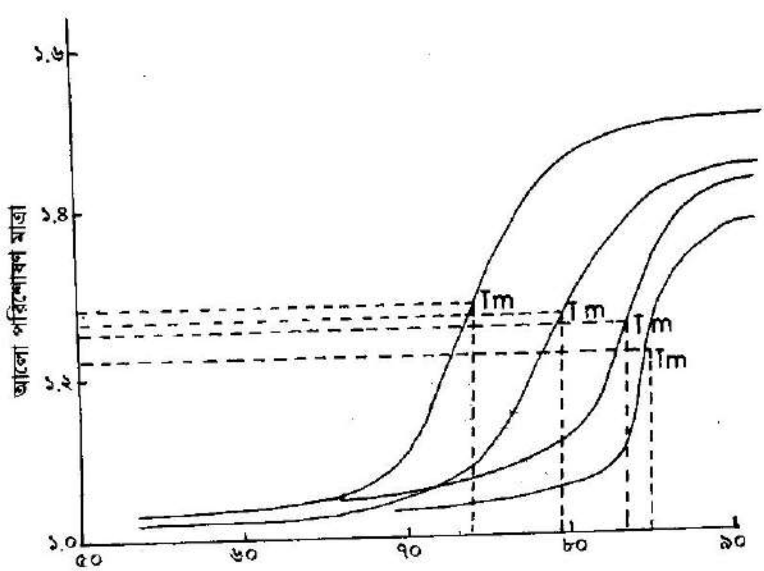
[illegible] DNA–এর স্বভাবচ্যুতি ও স্বভাব (Denaturation and renaturation of DNA) :

[illegible] এর স্বভাবচ্যুতি : DNA দ্বিহেলিক্সকে কোনো দ্রবণে রেখে উত্তপ্ত করলে তার দ্বৈতেয় গঠন [illegible] হয়। তাছাড়া কিছু রাসায়নিক পদার্থ, যেমন— ফরমামাইড প্রয়োগ করলেও DNA–এর স্বভাবচ্যুতি ঘটে। যখন কোনো DNA অণুর স্বভাবচ্যুতি ঘটে যায় তখন তার ক্ষারক জোড় [illegible] হাইড্রোজেন বন্ধনসমূহ ভেঙে যায়। এর ফলে দ্বিহেলিক্সের অণুসূত্র পরস্পর থেকে মুক্ত [illegible] একসূত্রক প্রাথমিক DNA অণুতে পরিণত হয়। স্পেক্ট্রোফটোমিটারের সাহায্যে DNA-এর [illegible] সঠিক তাপমাত্রা নির্ণয় করা হয়। DNA অণু ২৬০nm আলোক তরঙ্গ দৈর্ঘ্য সবচেয়ে [illegible] পরিশোষণ করে। দ্বিহেলিক্স অবস্থায় অণুস্থ ক্ষারকসমূহ যতোটুকু আলো পরিশোষণ করে [illegible] একসূত্রক অবস্থায় DNA–এর ক্ষারকগুলো তার চেয়ে কম আলো পরিশোষণ করে থাকে। [illegible] অবস্থায় তার ক্ষারকগুলো এত নিবিড়ভাবে অবস্থান করে থাকে যে প্রতিসরিত আলোর [illegible] তখন শোষণ করে নেয়। DNA অণুর দ্বিসূত্রক অবস্থায় এবং একসূত্রক অবস্থায় [illegible] এই ভিন্ন পরিশোষণ প্রকৃতিকে DNA–এর অতিতাপীয় প্রভাব (Hyperchromic effect) [illegible] DNA–এর অতিতাপীয় প্রভাবের সাহয্যে তার স্বভাবচ্যুতির সঠিক তাপমাত্রা নির্ণয় [illegible] হয়।

DNA–এর কোনো দ্রবণকে ক্রমান্বয়ে উত্তপ্ত করলে তার অতিতাপকতার (Hyperchromicity) যে পরিবর্তন হবে তাকে পরিমাপ করে একটি ছকে বিন্যস্ত করে নিয়ে যদি একটি রেখাচিত্র অঙ্কন করা হয় তবে দেখা যাবে তা একটি সিগময়েড আকৃতির (s-আকৃতি) রূপ নিয়েছে। এই রেখাচিত্রের যে স্থানে তার অর্ধেক গলনাঙ্ক তাপমাত্রা হয়েছে সেই স্থানটিতে পৌঁছাতে যে তাপমাত্রার প্রয়োজন হয় তাকে (Tm) বলে। এই Tm–কে কখনও কখনও ক্রান্তিকাল তাপমাত্রাও বলে। সাধারণত কোনো দুটি প্রজতির DNA অণুর Tm দুই রকম হয়। কারণ DNA অণুতে AT বা GC জোড় সংখ্যার উপর Tm মান নির্ভর করে। A=T জোড়ের মাঝে দুটি হাইড্রোজেন বন্ধন এবং G≡C জোড়ের মাঝে তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধন থাকার কারণে GC জোড়ের তুলনায় AT জোড় কম তাপমাত্রায় ভেঙে যায়। কোনো দুটি DNA অণুতে AT জোড় সংখ্যা কখনও এক রকম থাকে না।

এই কারণে Tm মান ভিন্ন ভিন্ন হয়ে থাকে, কিন্তু এই মান সুনির্দিষ্টভাবে প্রজাতিভিত্তিক (চিত্র ১.২৭)। কৃত্রিম পরিবেশে (*invitro*) AT ক্ষারক জোড় খুলতে ৬৫° থেকে ৭০° সে. তাপমাত্রার প্রয়োজন হয় এবং GC ক্ষারক জোড় খুলতে ৭২° থেকে ৭৫° সে. তাপমাত্রার প্রয়োজন হয়। কোষীয় পরিবেশে (*invivo*) তা যথাক্রমে ৭০° থেকে ৭৫° সে. এবং ৮০° থেকে ৯০° সে. এর মধ্যে ঘটে থাকে।

যদি কোনো প্রজাতির DNA অণুতে G≡C এর অনুপাত বেশি থাকে তবে Tm–মান বেড়ে যাবে। আর যদি A=T এর অনুপাত বেশি থাকে তবে Tm মান কমে যাবে। DNA অণুর Tm মান থেকে অণুতে AT এবং GC এর অনুপাত বের করা যায় (Marmar ও Doty, ১৯৬২)। তাছাড়া রেখাচিত্রের প্রকৃতি দেখে DNA অণুতে ক্ষারকগুলোর বা অনুক্রমের ধরন সম্পর্কেও সম্যক ধারণা পাওয়া যায়। স্বভাবচ্যুতির রেখাটি যদি একটু হেলে কার্ভটি সৃষ্টি হয় তবে ধারণা করা যায় যে, DNA অণুতে AT ও GC অনেকটা সমানুপাতিক হারে, কিন্তু একান্তর বা অনুক্রমিক উপায়ে সজ্জিত। আর যদি তা খাড়াভাবে দৃশ্যমান হয় তবে AT ও GC সমানুপাতিক হলেও এলাকাভিত্তিক সমৃদ্ধ অবস্থায় রয়েছে।



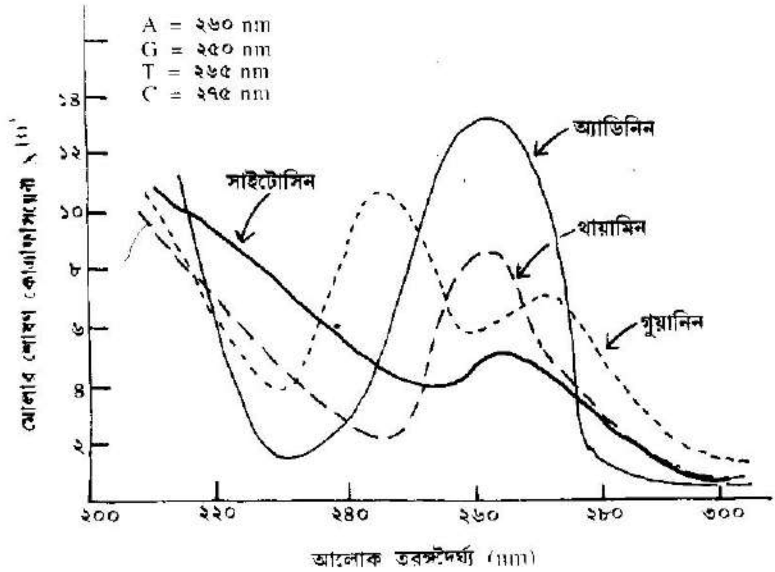
চিত্র ১.২৭ : উত্তাপে DNA–এর স্বভাবচ্যুতি। ব্যাকটেরিয়ার বিভিন্ন প্রজাতির DNA অণুর স্বভাবচ্যুতির তাপমাত্রা (Tm) বিভিন্ন রকম যা তার GC ক্ষারক জোড়ের পার্থক্যের কারণে ঘটে থাকে।

DNA–এর স্বভাব : একটি DNA অণু উত্তাপে তার স্বভাবচ্যুতি ঘটলেও তাকে আবার স্বভাবে ফিরিয়ে আনা যায়। যখন DNA অণুকে একটি দ্রবণে রেখে উত্তপ্ত করা হয় তখন দ্বিহেলিক্সের সূত্রদ্বয় মুক্ত হয়ে স্বভাবচ্যুতি ঘটে।

যদি উক্ত দ্রবণকে নির্দিষ্ট সময় ধরে ধীরে ধীরে তাপমাত্রা কমিয়ে আনা হয় তবে পুনরায় সূত্রদ্বয় ক্ষারক জোড় নিয়মে (A=T ; G=C) একত্রিত হয়ে স্বাভাবিক DNA দ্বিহেলিক্স চরিত্র ফিরে পায়। যদি উক্ত দ্রবণকে খুব দ্রুত ঠাণ্ডা করা হয় তবে তার ক্ষারকগুলো জোড় বাঁধতে সময় পায় না ; ফলে তার স্ববভাব ফিরে পেতে বাধাগ্রস্ত হয়। স্বভাব ফিরে পাবার অনুকূল তাপমাত্রা হচ্ছে ৫০° থেকে ৬০° সে.।

[redacted]-এর আর্দ্র বিশ্লেষণ (Hydrolysis of DNA) : DNA অণুকে আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করলে [redacted] ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনগুলো বিচ্ছিন্নভাবে বা পরপর খুলে যায়। প্রধাণত দুটি উপায়ে [redacted]-এর আর্দ্রবিশ্লিষ্ট হয়

[redacted] : DNA কে উচ্চ ঘনমাত্রার এসিডে রেখে উত্তপ্ত করলে তার ফসফোডাই– [redacted] বিচ্ছিন্নভাবে খুলে গিয়ে নিউক্লিওটাইডগুলো মুক্ত করে দেয়। অনেকক্ষণ ধরে [redacted] নিউক্লিওটাইড থেকে প্রথমে ফসফেট এবং পরে নিউক্লিওসাইড থেকে ক্ষারকগুলোও [redacted] DNA অণুস্থ বিভিন্ন প্রকার নিউক্লিওটাইড বা ক্ষারক অনুপাত বের করতে হলে ১২M [redacted] এসিড দিয়ে ১০০° সে. তাপমাত্রায় অথবা ৯৮% ফসফরিক এসিড দিয়ে ১৭° সে. [redacted] DNA-কে বিশ্লিষ্ট করা হয়। RNA অণুর ন্যায় মৃদু ক্ষারকের প্রয়োগ করে (০.৩M [redacted] ৩৭° সে. DNA কে আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করা যায় না। মুক্ত ক্ষারক বা নিউক্লিওটাইডগুলোকে [redacted]মিটার যন্ত্রে রেখে আলোক বর্ণালীর সাহায্যে পরিমাপ করা যায়। ক্ষারকগুলোর শোষণ [redacted] শীর্ষ হয় ২৬০nm এর কাছাকাছি (চিত্র ১.২৮)।



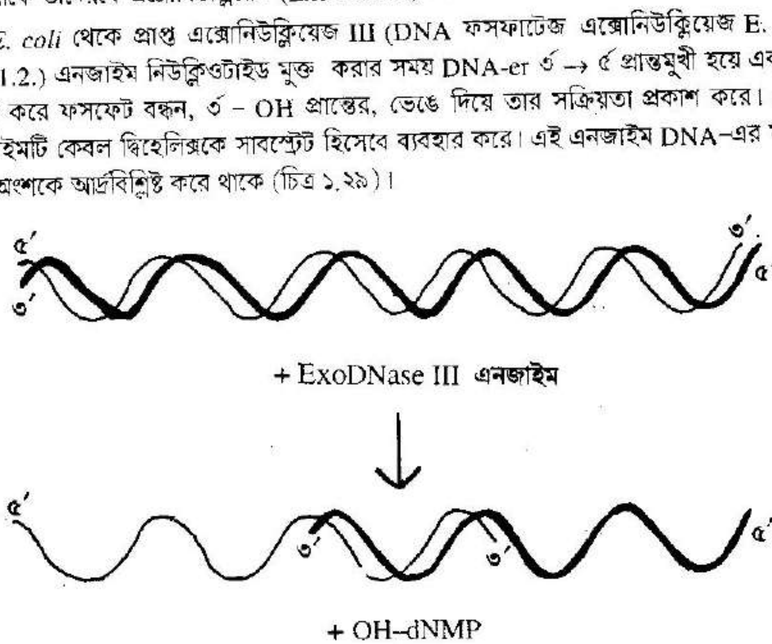
চিত্র ১.২৮ : পিউরিন ও পিরিমিডিন ক্ষারক বা বিভিন্ন নিউক্লিওটাইডের আলো শোষণ ও বর্ণালী (pH 7.0)

অন্য আর একটি পদ্ধতিতে DNA কে সরাসরি বা আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করে তাকে অম্লীয় পরিবেশে রেখে ডাই-ফিনাইল অ্যামিনের সাহায্যে রঙিন করে তার ক্ষারকের পরিমাণ বিশ্লেষণ করা যায়। ডাইফিনাইল অ্যামিন দিয়ে সামান্য উত্তপ্ত করলে DNA নীল রঙ ধারণ করে। স্পেক্ট্রোফটোমিটারের

সাহায্যে ৫৯৫nm আলোক তরঙ্গ দৈর্ঘ্য তার পরিশোষণ ঘনত্ব দেখে ক্ষারক বা নিউক্লিওটাইডের পরিমাণ নির্ণয় করা যায়।

২. **এনজাইমের সাহায্যে :** DNA হেলিক্সকে বিভিন্ন প্রকার এনজাইমের সাহায্যে আর্দ্র বিশ্লিষ্ট করা যায়। যেসব এনজাইম দিয়ে DNA-কে আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করা যায় তাদেরকে ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিয়েজ (DNase) বলে। DNase আবার দুই প্রকার। যেসব DNaseসমূহ DNA হেলিক্সের এক প্রান্ত থেকে অপর প্রান্ত পর্যন্ত একটির পর একটি নিউক্লিওটাইড মুক্ত করে অগ্রসর হতে থাকে তাদেরকে এক্সোনিউক্লিয়েজ (Exo-DNase) বলে।

E. coli থেকে প্রাপ্ত এক্সোনিউক্লিয়েজ III (DNA ফসফাটেজ এক্সোনিউক্লিয়েজ E. C. 3.1.11.2.) এনজাইম নিউক্লিওটাইড মুক্ত করার সময় DNA-er ৩′ → ৫′ প্রান্তমুখী হয়ে একটি একটি করে ফসফেট বন্ধন, ৩′ – OH প্রান্তের, ভেঙে দিয়ে তার সক্রিয়তা প্রকাশ করে। এই এনজাইমটি কেবল দ্বিহেলিক্সকে সাবস্ট্রেট হিসেবে ব্যবহার করে। এই এনজাইম DNA–এর মাত্র ৪৫% অংশকে আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করে থাকে (চিত্র ১.২৯)।

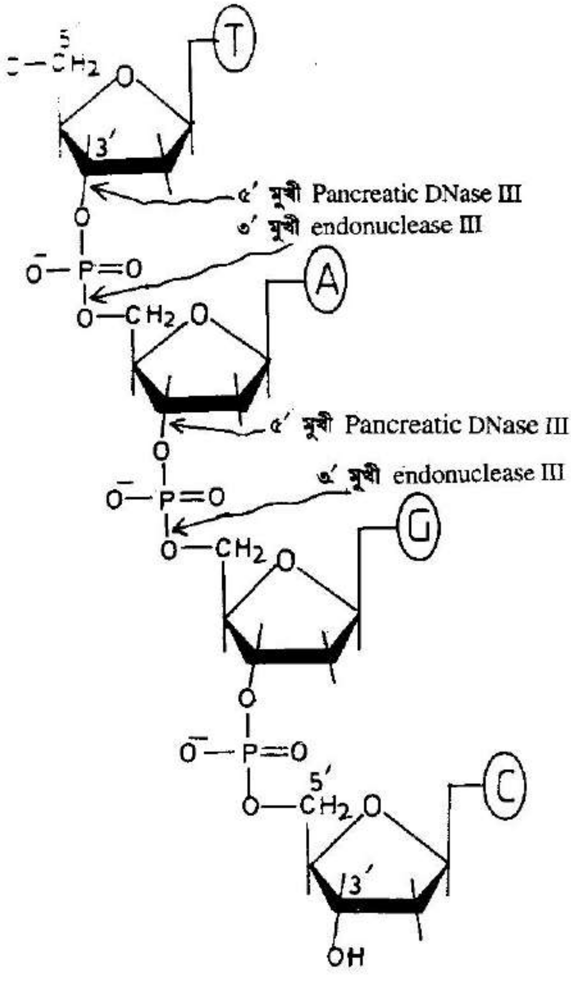


চিত্র ১.২৯ : Exonuclease III দ্বারা DNA অণুর আর্দ্র–বিশ্লিষ্টকরণ প্রকৃতি।

এক্সনিউক্লিয়েজ-1 (E. C. 3. 1.11.1) নামক একপ্রকার এনজাইম একসূত্রক DNA কে ৩′ → ৫′ প্রান্তমুখী হয়ে এক এক করে ১০০% নিউক্লিওটাইডকে মুক্ত করতে পারে। অপরদিকে যেসব DNaseসমূহ DNA হেলিক্সের যে কোনো স্থান থেকে বিচ্ছিন্নভাবে আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করে বিভিন্ন দৈর্ঘ্যের DNA বা একক নিউক্লিওটাইডকে মুক্ত করে তাকে এন্ডোনিউক্লিয়েজ (endonuclease) (Endo-DNase) বলে। Endo DNase বিচ্ছিন্নভাবে আক্রমণ করলেও তা সুনির্দিষ্ট উপায়ে প্রান্তমুখী।

অর্থাৎ DNA সূত্রের ৫′ বা ৩′ প্রান্তকে সনাক্ত করে একমুখী হয়ে অগ্রসর হতে থাকে। অগ্ন্যাশয় (Pancrease) থেকে প্রাপ্ত endo-DNase-1 (অগ্ন্যাশয়গত ডি–অক্সিরাইবোনিউক্লিয়েজ E. C. 3.1.2.1.1) কেবল ৫′ → ৩′ প্রান্তমুখী হয়ে ৫′ – NMP (N=যে কোনো নিউক্লিওটাইড) হিসেবে ডি–অক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইডকে বিশ্লিষ্ট করে।

কিন্তু *c. coli* থেকে প্রাপ্ত endo DNase-III নামক এনজাইম কেবল ৩′ → ৫′ প্রান্তমুখী হয়ে অগ্রসর হয়। এর মাধ্যমে ৩′ –NMP নিউক্লিওটাইডসমূহ মুক্ত করে থাকে (চিত্র ১.৩০)।



চিত্র ১.১০ : Endo-deoxyribonuclease দ্বারা DNA অণুর আর্দ্রবিশ্লিষ্টকরণ প্রকৃতি। বিভিন্ন এনজাইম-ঘটিত ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনের বিভিন্ন প্রাপ্ত মুক্তকরণ প্রক্রিয়া চিহ্নিত করা হয়েছে।

১.৪.৯. DNA-এর অনুক্রম শ্রেণি (Sequence classes of DNA) : DNA অণুর পুনঃমিলন (Reassociation) বা সংযুক্তি বিষয়ক পরীক্ষার মাধ্যমে দেখা গেছে যে, সেখানে মোট চার প্রকার DNA অনুক্রম রয়েছে। প্রোক্যারিওটের ক্ষেত্রে DNA অণুর এরকম কোনো প্রকারভেদ নেই। সেখানে DNA অনুক্রমের প্রকৃতি মাত্র এক প্রকার। কিন্তু ইউক্যারিওটের মধ্যে DNA অণুসূত্রে ক্ষারক অনুক্রম বিন্যাসের অনেক বৈচিত্র্য লক্ষ্য করা যায়।

ক্ষারক অনুক্রমের বৈচিত্র্য অনুযায়ী চার প্রকার শ্রেণিগুলো হচ্ছে :

ক. বিপরীত ভাঁজ অনুক্রম (inverted repeats)

খ. উচ্চ পুনঃপুনঃ অনুক্রম (Highly repetitive)

গ. পরিমিত পুনঃ পুনঃ অনুক্রম (Moderately repetitive) ও

ঘ. অনুপম অনুক্রম (Unique)

কোনো একটি DNA অণুতে উপরোক্ত শ্রেণিগুলো একই হারে থাকে না। বিভিন্ন DNA অণুতে বিভিন্ন হারে বিভিন্ন প্রকৃতির অনুক্রম বিন্যস্থ থাকে। DNA এর পুনঃমিলন পদ্ধতিতে বিভিন্ন 'cot' মাত্রা থেকে এই অনুক্রম এর শ্রেণিবিভাগ করা হয়েছে (Britten ও Cohn, ১৯৬৮)।

ক. বিপরীত ভাঁজ অনুক্রম : এই প্রকৃতির DNA অনুক্রমকে Zero (O) time reassociating ও বলা হয়। যখন কোনো একটি একসূত্রক অণুতে কাছাকাছি দুটি স্থানের অনুক্রম একে অপরের সম্পূরক বা পরিপূরক, কিন্তু বিপরীতমুখী হয়ে অবস্থান নেয় তখন তাকে বিপরীত ভাঁজ (inverted repeats) অনুক্রম বলা হয়। এই প্রকৃতির অনুক্রম থাকলে সম্পূরক ক্ষারক অনুক্রম অংশ ঘুরে এসে দ্রুত জোড় বাঁধে ও চুলের কাঁটার ন্যায় দ্বিসূত্রক গঠনাকৃতির সৃষ্টি করে। এক্ষেত্রে DNA অণু পুনঃমিলন পদ্ধতিতে খুব কম Cot মান (10^{-5}–10^{-3} মোল) অবস্থায় তাকে পৃথক করা যায়। বিপরীত ভাঁজ অনুক্রমকে অনেক সময় প্যালিনড্রোম (palindrome) হিসেবে চিহ্নিত করে। যখন DNA দ্বিহেলিক্সের কোনো অনুক্রম অংশ অণুসূত্রের যে কোনো একদিক থেকে পড়লে একই অনুক্রমে সাজানো থাকবে তাকে প্যালিনড্রোম বলে। যেমন –

৩́ –GAATTC-৩́

৩́ – CTTAAG-৫́

উপরোক্ত DNA অংশের ৫́ → ৩́ সূত্রে যে অনুক্রম সজ্জিত রয়েছে তার সম্পূরক অণুসূত্রেও একই অনুক্রম সজ্জিত রয়েছে।

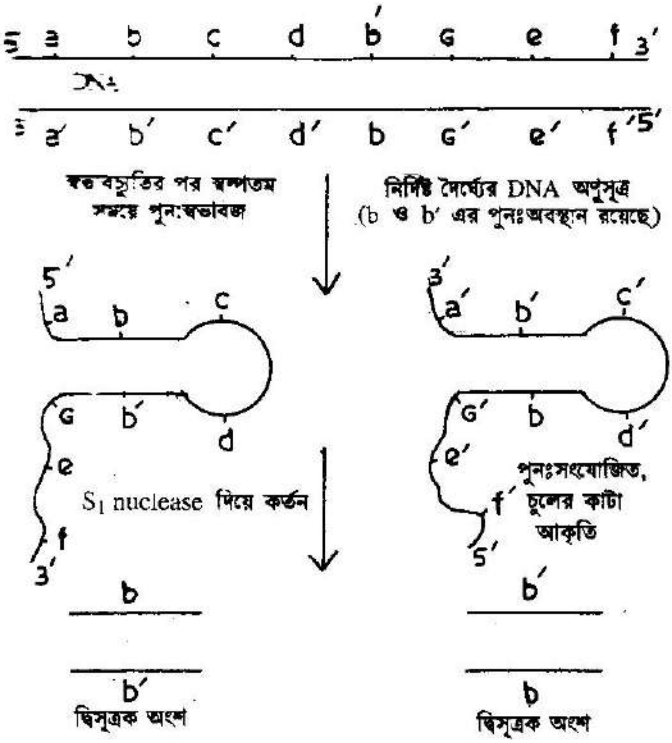
প্যালিনড্রোম অনুক্রম সাধারণত একটি ডায়াড প্রতিসাম্য (dyad symmetry) হিসেবে চিহ্নিত। এর মধ্যভাগ থেকে দুইদিকে বিপরীতমুখী অণুসূত্রে একই অনুক্রম সজ্জিত থাকে। যেমন– উল্লেখিত প্যালিনড্রোমটির মধ্যভাগ থেকে বা দিকে যে অনুক্রম রয়েছে$\binom{GAA}{CTT}$তার ডানদিকে, বিপরীত দিক থেকে একই অনুক্রম অর্থাৎ$\binom{TTC}{AAG}$রয়েছে। অনেক সময় বিপরীত ভাঁজ অংশটুকু ধারাবাহিকভাবে অবস্থান না করে একটু দূরেও অবস্থান করতে পারে।

যেমন –

GAA NNNN TTC
CTT NNNN AAG

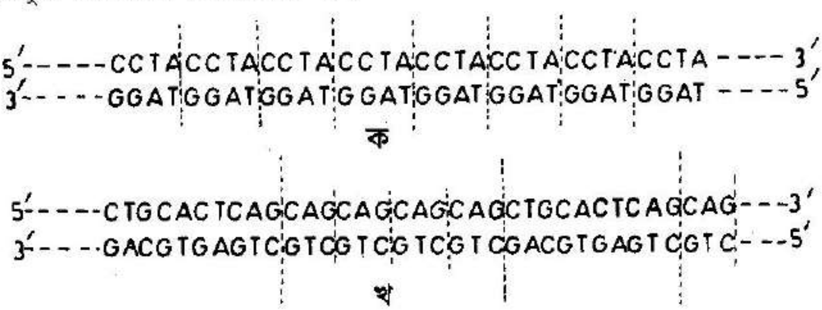
উক্ত অনুক্রমের বিপরীত ভাঁজ অনুক্রম অংশটুকুর মাঝখানে চারটি ক্ষারক জোড়ের ফলে দূরে অবস্থান নিয়েছে।

যদিও প্যালিনড্রোমজাতীয় অনুক্রম প্রোক্যারিওটেও দেখা যায় তথাপি এদের একসূত্রক অংশ ঘুরে এসে দ্বিসূত্রক DNA অংশ তৈরি করতে পারে না। কারণ এসব অনুক্রম অংশ খুবই ছোট। কিন্তু ইউক্যারিওটে এই শ্রেণির DNA অনুক্রম বেশ বড় হয় ফলে একসূত্রক অংশসমূহ ঘুরে এসে জোড় বাঁধতে পারে ও দ্বিসূত্রক DNA তৈরি করে অনেকটা স্থায়ী হয় (চিত্র ১.৩১)। মানুষের DNA–এর ৬ থেকে ৯ ভাগ অংশ বিপরীত ভাঁজ অনুক্রমবিশিষ্ট। এই জাতীয় DNA অনুক্রম সাধারণত জিনের নিয়ন্ত্রণকারী অংশে অবস্থান করে থাকে। এই প্রকৃতির অনুক্রমসমূহ DNA pol বা RNA pol সনাক্ত করে থাকে।



চিত্র ১.৩১ : বিপরীত ভাঁজ অনুক্রমের বৈশিষ্ট্য ও পৃথকীকরণ।

খ. উচ্চ পুনঃপুনঃ অনুক্রম : এই জাতীয় অনুক্রমকে সাধারণ অনুক্রমও বলা হয়। এই প্রকৃতির অনুক্রম স্বল্প সংখ্যক ক্ষারকের সমন্বয়ে গঠিত। সাধারণত ১০টি ক্ষারকের সমন্বয়ে এই ধরণের অনুক্রম অংশ সৃষ্টি হয়। DNA অণুসূত্রে এই প্রকৃতির অনুক্রম কয়েক হাজার বার পর্যন্ত পুনঃপুনঃ সজ্জিত হয়ে থাকে (চিত্র ১.৩২)।

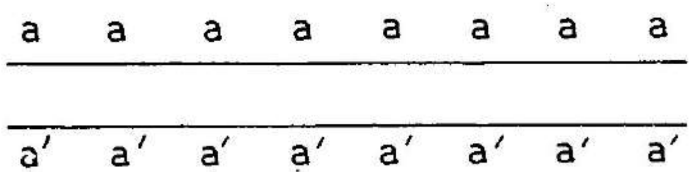


চিত্র ১.৩২ : উচ্চ পুনঃপুনঃ অনুক্রম। (ক) অনুক্রমে CCTA বা GGAT এর পুনঃপুনঃ অনুক্রম ; (খ) এখানে দুই প্রকৃতির পুনঃপুনঃ অনুক্রম দেখানো হয়েছে (CTGCACT (CAG)n) যেখানে ক্ষুদ্র অনুক্রম (CAG) বৃহৎ অনুক্রম অংশের তুলনায় অধিক হারে লক্ষ্য করা যায়।

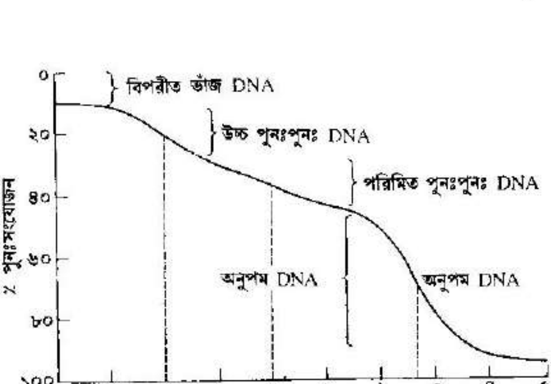
এই প্রকৃতির অনুক্রম বিভিন্ন জিনোমে বিভিন্ন হারে অবস্থান করে। যেমন— ইঁদুর বা মানুষের জিনোমের প্রায় ১০% DNA উচ্চ পুনঃপুনঃ অনুক্রমবিশিষ্ট। DNA–এর পুনঃমিলন পদ্ধতিতে কম 'Cot' মানে (১০$^{-২}$ – ১০ মোল) এই প্রকৃতির অনুক্রমকে পৃথক করা যায়।

DNA–এর অন্যান্য স্বাভাবিক অংশের তুলনায় উচ্চ পুনঃপুনঃ অনুক্রম অংশ ভিন্নভাবে আচরণ করে থাকে। জিনোমের মধ্যে এই প্রকৃতির অনুক্রমের গুরুত্ব সম্পর্কে বিজ্ঞানীগণ বিশেষ কিছু ধারণা দিতে পারেননি। তবে বিজ্ঞানীগণ নিশ্চিত হয়েছেন যে, সেন্ট্রোমিয়ার অঞ্চলে এই প্রকৃতির অনুক্রমের প্রাধান্য রয়েছে। এই প্রকৃতির অনুক্রম সাধারণত অনুলিপন করে না। ক্রোমোজোমের গঠনাকৃতিতে এই প্রকৃতির অনুক্রমের বিশেষ গুরুত্ব থাকতে পারে বলে বিজ্ঞানীরা মত প্রকাশ করেন।

গ. পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম : এই অনুক্রম অংশ বেশ জটিল প্রকৃতির। এই ধরনের অনুক্রম প্রায় ৫০০টি ক্ষারকবিশিষ্ট বা ২ থেকে ১০ কি: বে: পর্যন্ত হতে পারে (চিত্র ১.৩৩)। এরা সাধারণত উচ্চ পুনঃপুনঃ অনুক্রমের ন্যায় গুচ্ছাকারে না থেকে নির্দিষ্ট দূরে দূরে অবস্থান করে থাকে। এরা সাধারণত পুনরাবৃত্তিপ্রবণ জিনবিশেষ। বৃহৎ rRNA জিন, ss rRNA জিন, tRNA জিন এবং হিস্টোন জিনসমূহ সাধারণত পরিমিত পুনঃপুনঃ DNA অনুক্রম অংশ নিয়ে গঠিত। DNA–এর পুনঃসংযোজন পদ্ধতিতে ১০–১০$^{-২}$ মোল Cot মানে এই প্রকৃতির অনুক্রমকে পৃথক



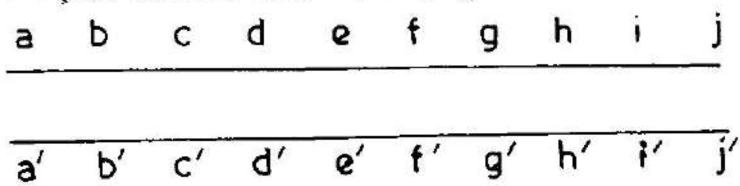
চিত্র ১.৩৩ : DNA অণুর পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম যা বারবার একটি বৃহৎ অংশ জুড়ে অবস্থান নেয়।



চিত্র ১.৩৪ : মানুষের DNA অণুর বিভিন্ন প্রকৃতির অনুক্রম-শ্রেণি অনুযায়ী বিভক্ত ও তাদের পুনঃ সংযোজন হার।

[illegible] ক্ষেত্রে প্রায় ১২% DNA এই শ্রেণিভুক্ত (চিত্র ১.৩৪)। RNA অণুর বিভিন্ন [illegible] হয়ে এমন নিশ্চিত হওয়া গেছে যে, পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম জিন দ্বারা [illegible]

[illegible] অনুপম অনুক্রম : অনুপম অনুক্রমকে অনেক সময় একক অনুলিপি অনুক্রম (single [illegible]) ও বলা হয়। কোনো একটি জিনোমে কোনো একাংশের DNA অনুক্রমের [illegible] পাওয়া যাবে না তখন তাকে অনুপম অনুক্রম বলে। এই সকল অনুক্রম [illegible] পুনঃ পুনঃ অনুক্রম দিয়ে বিভেদিত থাকে। অনুপম অনুক্রম সাধারণত একক [illegible] (চিত্র ১.৩৫)। DNA পুনঃসংযোজন পদ্ধতিতে $১০^২ - ১০^৪$ Cot মানে পৃথক [illegible] ক্ষেত্রে প্রায় ৫১% DNA অংশ এই শ্রেণিভুক্ত।



চিত্র ১.৩৫ : DNA অণুর অনুপম অনুক্রম।

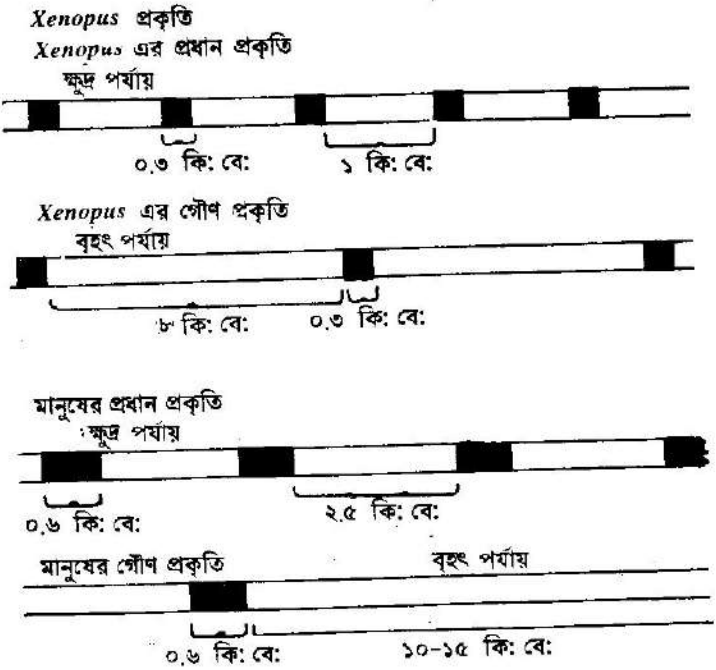
[illegible] অণুতে পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম এবং অনুপম অনুক্রমের ছেদ

[illegible] ইউক্যারিওটিক জীবের DNA–এর বেশ কিছু অংশের নিউক্লিওটাইড অনুক্রমের একটি [illegible] হয় একবার অনুপম হিসেবে অথবা প্রায় ১০০ বার পরিমিত পুনঃ পুনঃ অনুক্রম হিসেবে [illegible] এই দুই শ্রেণির অনুক্রম নিম্নোক্ত যে কোনো একটি প্রকৃতিতে সজ্জিত থাকে।

১. একটি দীর্ঘ অনুপম অনুক্রম আর একটি অনুপম অনুক্রম একটি পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম অংশ দিয়ে বিভেদিত। অথবা
২. লক্ষ্যহীনভাবে একাংশ অনুপম অনুক্রম এবং তারপর অসামঞ্জস্যপূর্ণ দৈর্ঘ্যের একটি পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম অংশ পরবর্তী আর একটি অনুপম অনুক্রমের মাঝে সজ্জিত। অথবা
৩. সামঞ্জস্যপূর্ণভাবে একাংশ অনুপম অনুক্রম এবং একাংশ পরিমিত পুনঃ পুনঃ অনুক্রম দিয়ে পর পর সজ্জিত।

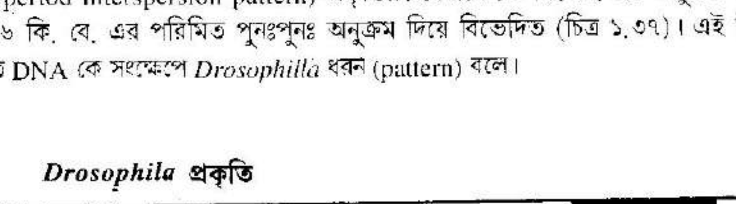
উপরোক্ত যে কোনো উপায়ে পরপর সাজানো অবস্থাকে ছেদের ধরন (interspersion pattern) বলে এবং DNA অণুর যতোটুকু অংশ যে শ্রেণির অনুক্রম দিয়ে সজ্জিত থাকে হয় তাকে একক অনুলিপির ব্লক (block of single copy) DNAবা মধ্যবর্তী পুনরাবৃত্তীয় ব্লকের (block of middle repetitve) DNA বলা হয়।

Xenopus laevis–এর যতোটুকু DNA রয়েছে তার প্রায় অর্ধেক এর বৈশিষ্ট্য হচ্ছে স্বল্পকালীন ছেদ প্রকৃতির; অর্থাৎ এর মধ্যে একটি অংশে প্রায় এক কি.বে. দৈর্ঘ্যের DNA অংশ অনুপম অনুক্রমবিশিষ্ট এবং প্রায় ০.৩ কি.বে. এর একটি অংশ পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম অংশ। *Xenopus laevis* এর DNA–এর আর $\frac{১}{৪}$ অংশের ধরন হচ্ছে ৪ কি. বে. এর অনুপম অনুক্রম অংশ যা ০.৩ কি. বে. এর একটি পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম অংশ দিয়ে বিভেদিত। মানুষের ক্ষেত্রে প্রায় ৫০% DNA–এর মধ্যে ২.৫ কি. বে. এর একাংশ অনুপম অনুক্রম এবং ০.৬ কি. বে. এর আর এক অংশ পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম দিয়ে বিভেদিত (চিত্র ১.৩৬)। এই উপায়ে সজ্জিত DNA কে সংক্ষেপে *Xenopus* ধরন বলে।



চিত্র ১.৩৬ : DNA অণুর ছেদ প্রকৃতি। সাধারণ *Xenopus* প্রকৃতিতে সজ্জিত প্রধান ও গৌণ প্রকৃতি দেখানো হয়েছে।

Drosophilla melanogaster এর DNA–এর অধিকাংশ অংশ দীর্ঘকালীন ছেদ ধরন (long period interspersion pattern) প্রকৃতির। যেখানে ১৩ কি. বে. এর অনুপম অংশ ৫ থেকে ৬ কি. বে. এর পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম দিয়ে বিভেদিত (চিত্র ১.৩৭)। এই উপায়ে সজ্জিত DNA কে সংক্ষেপে *Drosophilla* ধরন (pattern) বলে।

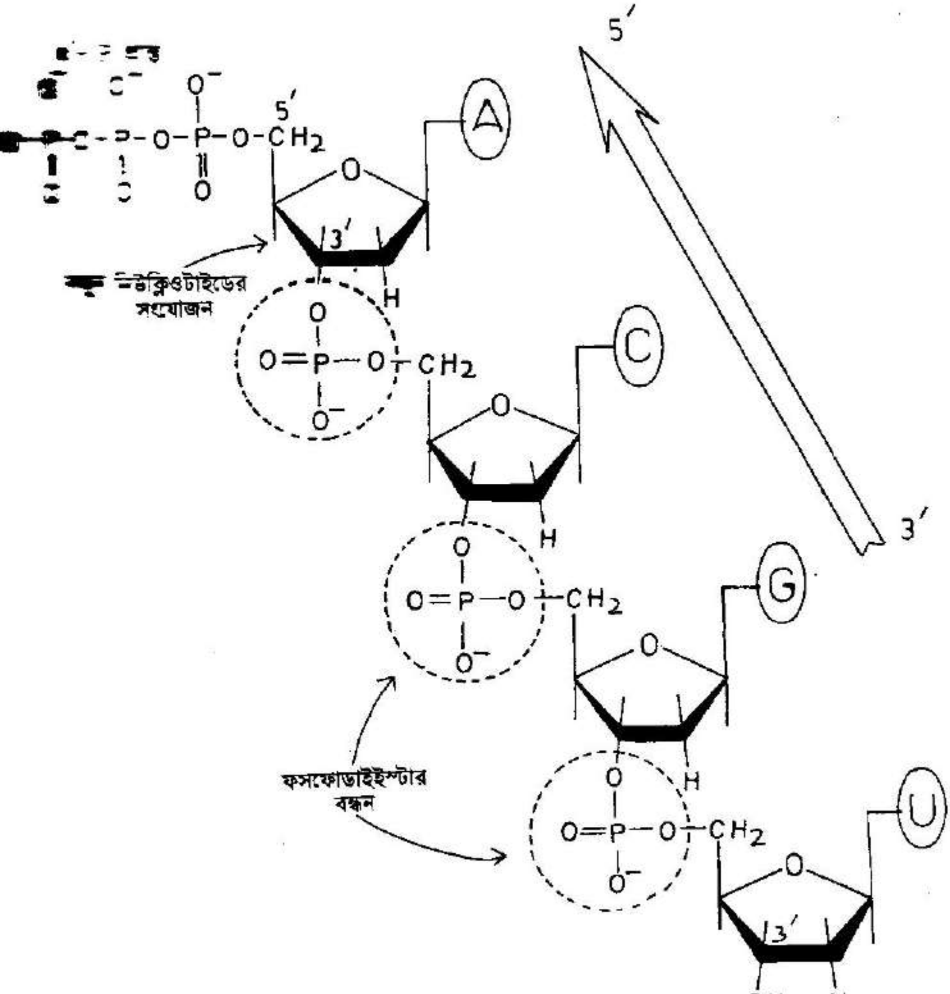


চিত্র ১.৩৭ : DNA অণুর ছেদ প্রকৃতি যেখানে *Drosophilla* প্রকৃতি দেখানো হয়েছে।

বিজ্ঞানীরা পরবর্তীকালে অন্যান্য আরও জীব নিয়ে গবেষণা করে পর্যবেক্ষণ করেছেন যে, উচ্চতর ইউক্যারিওটের DNA অণু *Xenopus* ধরন প্রকৃতির। তাই *Xenopus* ধরনটিকে আদর্শ বিন্যাস হিসেবে চিহ্নিত করা হয়েছে।

১.৮ রাইবোনিউক্লিক এসিড (Ribonucleic acid)

রাইবোনিউক্লিক এসিড সংক্ষেপে RNA নামে সুপরিচিত। সকল প্রকার জীবে এবং ভাইরাসে DNA কৌলিক উপাদান হিসেবে চিহ্নিত হলেও কোনো কোনো ভাইরাসে RNA-কে কৌলিক উপাদান হিসেবে দেখা যায়। DNA-এর মতো RNA ও এক প্রকার নিউক্লিক এসিডজাতীয় পদার্থ যা সকল জীবকোষে কম-বেশি পাওয়া যায়। DNA-এর পাশাপাশি RNA ও কোষের অনেক



চিত্র ১.৩৮ : একটি স্বল্প সংখ্যক রাইবোনিউক্লিওটাইড শৃংখলের (RNA অণুর) রাসায়নিক গঠন।

ক্রিয়া-কর্ম নিয়ন্ত্রণ ও সম্পাদন করে থাকে। DNA-এর ন্যায় RNA পলিনিউক্লিওটাইড যুক্ত এবং RNA-এর প্রাথমিক গঠন প্রকৃতিও DNA-এর প্রাথমিক গঠনের মতো। তবে RNA ও DNA-এর মধ্যে কিছু পার্থক্যও রয়েছে।

সাধারণত যে চার প্রকার নিউক্লিওটাইড নিয়ে RNA অনুশৃঙ্খল গঠিত। সেগুলো হলো—

Adenosine 5´- triphosphate (ATP)
Guanosine 5´- triphosphate (GTP)
Cytidine 5´ - triphosphate (CTP)
Uridine 5´ - triphosphate (UTP)।

সংক্ষেপে, এই চার প্রকার নিউক্লিওটাইডকে যথাক্রমে A, G, C ও U লিখে প্রকাশ করা হয়। DNA অণুর ন্যায় এই চার প্রকার নিউক্লিওফসফেটের সাহায্যে ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনের সাহায্যে পরপর সজ্জিত হয়ে ৩´ → ৫´ প্রান্তমুখী হয়ে সংশ্লেষণ হয় (চিত্র ১.৩৮)।

একটি RNA অণুশৃঙ্খল তৈরি হবার সময় নির্দিষ্ট চার প্রকার নিউক্লিওটাইড যে কোনো অবস্থানে পরপর সংযুক্ত হতে পারে। কোনো বিশেষ নিউক্লিওটাইডের কোনো প্রাধান্য নেই। RNA সাধারণ একটি অণুশৃঙ্খল অবস্থায় থাকে। DNA অণুর ন্যায় কোনো দ্বিহেলিক্স সৃষ্টি করে না। RNA অণুসূত্রে DNA-এর ন্যায়, দুটি ভিন্ন প্রকৃতির প্রান্ত রয়েছে যা ৩´ → ৫´ বা ৫´ → ৩´ প্রান্ত দ্বারা প্রকাশ করা হয়। DNA অণুসূত্রের ন্যায় RNA অনুসূত্রের নিউক্লিওটাইড সংক্ষেপে প্রকাশ করা হয়। অণুসূত্রের প্রান্ত দুটি প্রাইম সংখ্যা দ্বারা নির্দিষ্ট করে নিউক্লিওটাইড অনুক্রম সংক্ষেপে (A,C,G ও U) লিখে প্রকাশ করা হয় – যেমন-

৩´ .... ACGUCCAUGCGCGG ---৫´

অথবা

৫´ ....GGCGCGCGUACCUGCA--- ৩´।

১.৫.১. RNA অণুসূত্রে নিউক্লিওটাইডের বিন্যাস (Nucleotide distribution in RNA molecule) : মৃদু এসিড বা ক্ষারক প্রয়োগ করে RNA অণুশৃঙ্খলকে আর্দ্রবিশ্লিষ্ট করলে তার নিউক্লিওটাইডগুলো মুক্ত হয়ে যায়। তাছাড়া বেশ কিছু রাইবোনিউক্লিয়েজ এনজাইম (RNase) রয়েছে যা প্রয়োগ করেও নিউক্লিওটাইডকে বিশ্লিষ্ট করা যায়। বিভিন্ন জীব কোষের RNA নিয়ে তার অণুসূত্রে নিউক্লিওটাইডের অনুপাত বিশ্লেষণ করে দেখা গেছে DNA-এর ন্যায় RNA অণু Chargaff-এর সূত্র মেনে চলে না (সারণি ১.৫) এ থেকে পরিষ্কারভাবে ধারণা করা যায় যে DNA-এর ন্যায় RNA অণুসূত্র আর একটি সম্পূরক অণুসূত্রের সাথে একত্রিত হয়ে কোনোরূপ দ্বিহেলিক্স সৃষ্টি করে না। DNA অণুতে যে চার প্রকৃতির ক্ষারক রয়েছে তার মধ্যে থাইমিন ক্ষারক RNA তে পাওয়া যায় না। থাইমিনের পরিবর্তে ইউরাসিল (U) নামক একটি ক্ষারক সচরাচর পাওয়া যায়।

বিভিন্ন RNA অণুতে সাধারণ চার প্রকার নিউক্লিওটাইড ক্ষারক (A,U,C,G) ছাড়া আরও কিছু অপ্রচলিত নিউক্লিওটাইড ক্ষারক পাওয়া যায়। এই সব ক্ষারকগুলোর অধিকাংশই মেথিলেটেড ক্ষারকবিশিষ্ট (সারণি ১.৬)।

[illegible] : [illegible] থেকে প্রাপ্ত RNA অণুসূত্রের নিউক্লিওটাইডের অনুপাত।

[illegible]	Adenylic এসিড	Guanylic এসিড	Cytidylic এসিড	Uridylic এসিড	পিউরিন/পিরিমিডিন
[illegible]	১০	১৭.০	১০.৪	৭.৮	১.৪৯
[illegible]	১০	১৭.১	১৩.৬	১০.৬	১.১২
[illegible]	১০	৩৪.৬	২৭.৫	১১.০	১.২৬
[illegible]	১০	১৬.৯	১৪.৬	১০.৩	১.০৮
[illegible]	১০	১১.৯	৭.২	১১.৪	১.১৭
[illegible]	১০	৮.৫	৬.২	৮.৮	১.২৪

* [illegible] এসিডের মান ১০ ধরে G, C ও U–এর মান নির্ধারণ করা হয়েছে।

[illegible] : বিভিন্ন RNA থেকে প্রাপ্ত অপ্রচলিত কয়েকটি নিউক্লিওসাইড

[illegible]	সংক্ষিপ্ত নাম	নিউক্লিওসাইড	সংক্ষিপ্ত নাম
[illegible]guanosine	(m^1G)	Inosine (Hypoxanthosine)	(I)
[illegible]cytodine	(m^3C)	1-Methylinosine	(m^1I)
[illegible]lcytodine	(m^5C)	2´-0-Mehyladenosine	(2´-0-mA)
[illegible]uridine	(m^5U)	2´-0-Methylcytidine	(2´-0-mC)
[illegible]yluracil	(V)	7-Methylguanosine	(m^7G)
[illegible]ridine	ψ	N^1- Methylcytidine	(N^1-mC)
[illegible]uridine	(S^4U)	Dihydrouracil	(DHU)

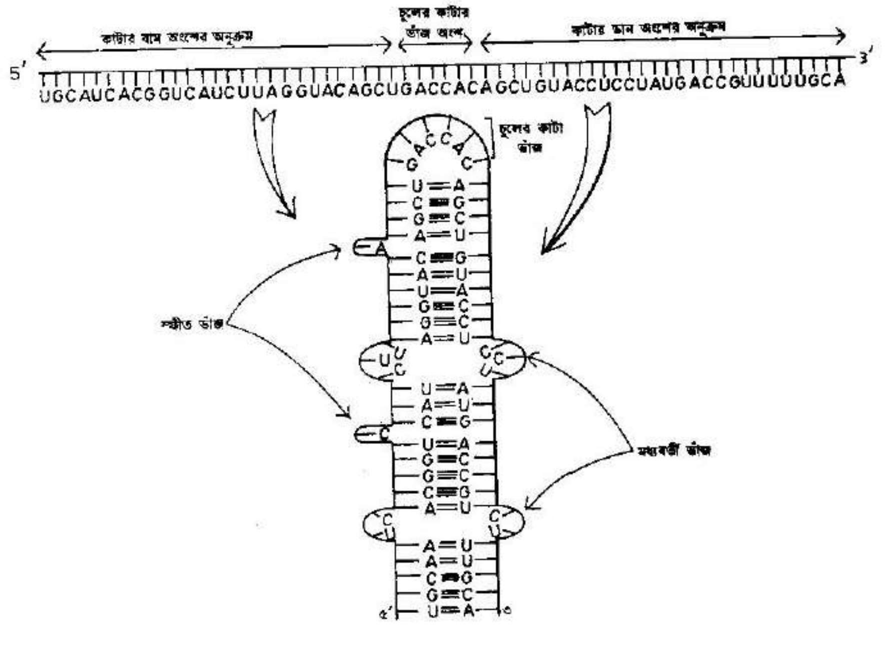
DNA অণুর তুলনায় RNA অণু অনেক ছোট। একটি কোষে মাত্র কয়েকটি DNA অণু থাকে ; কিন্তু RNA অণু কয়েকশত থেকে কয়েক হাজার পর্যন্ত থাকতে পারে। এই সংখ্যা নির্ভর করে [illegible] প্রকৃতি, কোষের বৈশিষ্ট্য ও তার ক্রিয়া–কর্মের উপর। কর্মব্যস্ত কোষগুলোতে RNA অণুর সংখ্যা সাধারণ অবস্থায় থাকা কোষের তুলনায় অনেক বেশি। একটি RNA অণুসূত্রের দৈর্ঘ্য নির্ভর করে তার নিউক্লিওটাইড সংখ্যার উপর। সবচেয়ে ছোট আকারের RNA অণুসূত্রে ৭৫টি নিউক্লিওটাইড রয়েছে এবং একটি বৃহৎ অণুতে ১০,০০০টি নিউক্লিওটাইড থাকতে পারে।

[illegible] RNA **অণুর দ্বৈতেয় ও ত্রৈতেয় গঠনাকৃতি** (Secondary and tertiary structure of RNA molecule) : কোষের বিভিন্ন রকম ক্রিয়া–কর্ম সম্পাদনের জন্য বিভিন্ন রকম RNA অণুসূত্রের প্রয়োজন হয়। নির্দিষ্ট ক্রিয়া–কর্মের জন্য সুনির্দিষ্ট RNA অংশগ্রহণ করে থাকে। সকল RNA–এর নিউক্লিওটাইড অনুক্রম, তার দৈর্ঘ্য, দ্বৈতেয় ও ত্রৈতেয় গঠনাকৃতি অত্যন্ত সুনির্দিষ্ট। এই বৈশিষ্ট্যসমূহ কৌলিক উপাদন, DNA, দ্বারা নিয়ন্ত্রিত। কারণ সকল RNA অণু DNA থেকে প্রত্যক্ষভাবে সৃষ্টি হয়ে থাকে।

RNA যখন কোনো দ্বৈতেয় গঠনাকৃতির সৃষ্টি করে তখন একটিমাত্র শৃঙ্খলের মধ্যে তা ঘটে থাকে, অণুসূত্র পেঁচিয়ে এসে নিজের সম্পূরক ক্ষারকগুলোর মধ্যে ক্ষারকজোড় বাঁধে। তখন DNA দ্বিহেলিক্সের ন্যায় দ্বৈতেয়-গঠনাকৃতির সৃষ্টি হয়। RNA অণুসূত্রে যখন দ্বৈতেয় গঠনাকৃতির

সৃষ্টি হয় তখন তা দেখতে অনেকটা A-DNA এর মতো দেখায়। কখনও কখনও দুটি অণুসূত্র পাশাপাশি অবস্থান নিয়েও DNA এর ন্যায় দ্বিহেলিক্সের সৃষ্টি করতে পারে। তবে প্রকৃতিতে এরূপ গঠন প্রকৃতি দেখা যায় না।

RNA যখন ঘুরে এসে নিজেদের মধ্যে ক্ষারক জোড় বাঁধে তখন সকল স্থানে তার সম্পূরক ক্ষারক না থাকায় তা একসূত্রক অবস্থায় থেকে যায়। এই একসূত্রক স্থানসমূহের দৈর্ঘ্য অনুযায়ী তখন বিভিন্ন ভাঁজের সৃষ্টি করে। আর যে স্থানগুলোতে ক্ষারক জোড় বাঁধে সেখানে দ্বিসূত্রের ন্যায় দৃশ্যমান হলেও DNA অণুর মতো সাবলীলভাবে দ্বিহেলিক্স গঠন করতে পারে না।



চিত্র ১.৩৯ : একটি RNA অণুসূত্রের দ্বৈতেয় গঠন প্রকৃতি যেখানে বিভিন্ন প্রকার ভাঁজ ফুটে উঠেছে।

একটি মোটামুটিভাবে সাবলীল দ্বিহেলিক্স সৃষ্টি করতে হলে অন্ততঃ ৫০টি নিউক্লিওটাইডের একটি নিয়মিত ক্ষারক জোড় অংশ থাকতে হবে। RNA–এর ক্ষেত্রে তা কখনও সম্ভব হয় না বলে মাঝে মাঝে যেসব ছোট বড় ভাঁজ সৃষ্টি করে তা দ্বিহেলিক্স গঠনে বাধাগ্রস্ত করে। এছাড়াও কোনোরূপ দ্বিসূত্রক অবস্থার সৃষ্টি করতে হলে কমপক্ষে তিনটি পরপর G≡C ক্ষারক জোড় থাকতে হবে। কারণ A=T ক্ষারক জোড় দুর্বল হওয়ায় তা সহজে জোড় বাঁধতে পারে না। এই বৈশিষ্ট্যের জন্য একটি সুদৃঢ় দ্বিসূত্রক অবস্থার সৃষ্টি করতে হলে যে কোনো প্রকৃতির ৬টি ক্ষারক জোড় পরপর অবস্থান করতে হবে। সুতরাং একটি RNA অণুসূত্র খুব কম অংশ জুড়ে সাবলীলভাবে দ্বিকুণ্ডলায়ন হতে পারে। বিভিন্ন প্রকৃতির RNA অণু তাই বিভিন্ন রকম দ্বৈতেয় গঠনাকৃতির সৃষ্টি

অনুসৃত হলে একক RNA অণুসূত্র প্রায় ৩০ থেকে ৭০ ভাগ অংশ বিভিন্ন ধরনের দ্বিসূত্রক অবস্থা সৃষ্টি করে এক বিচিত্র রকমের দ্বৈতেয় গঠনাকৃতির রূপ নেয়। একটি দ্বৈতেয় গঠনাকৃতির গঠন ভালভাবে পরীক্ষা করলে দেখা যাবে যে, অনুস্থ ক্ষারকগুলো তাদের ক্ষারক জোড় মিলাতে গিয়ে বিভিন্ন প্রকৃতির ভাঁজ হয়ে ফুলে ফুলে উঠেছে। প্রকৃতি ও অবস্থান অনুযায়ী এই ভাঁজগুলোকে তিনটি শ্রেণিতে বিভক্ত করা হয়েছে (চিত্র ১.৩৯)।

১. **চুলের কাঁটা ভাঁজ** (Hairpin loop) : যখন কোনো RNA অণুসূত্রের বিভিন্ন অংশ ঘুরে এসে ক্ষারকগুলো জোড় বেঁধে দ্বি-সূত্রাকার হয় তখন তার প্রান্তের কিছু অংশ যদি বেজোড় বিশিষ্ট নিউক্লিওটাইড থাকে তখন সে অংশ কিছুটা থেকে চুলের কাঁটার ন্যায় দৃশ্যমান হয়।

২. **অন্তবর্তী ভাজ** (Interior loop) : যখন কোনো অনুসূত্র ঘুরে এসে লম্বভাবে ক্ষারক জোড় বাঁধে তখন কিছু কিছু ক্ষুদ্রাকৃতির অংশে সম্পূরক ক্ষারক উপস্থিত না থাকায় সেই অংশটুকু একটু ফুলে ভাঁজের সৃষ্টি করে।

৩. **স্ফীত ভাজ** (Bulge loop) : যখন কোনো অণুসূত্র ঘুরে এসে লম্বভাবে ক্ষারক জোড় বাঁধে তখন একটি বেজোড় নিউক্লিওটাইড মাঝখানে পড়ে গেলে সে অংশটিতে একটি সরু স্ফীত ভাঁজের সৃষ্টি করে।

একটি RNA অণুসূত্রের দ্বৈতেয় গঠনের সময় কিছু অংশ দ্বিসূত্রক এবং কিছু অংশ একসূত্রক অবস্থায় থাকার ফলে বিভিন্ন প্রকৃতির পৃষ্ঠটানের সৃষ্টি করে। এর ফলে RNA-এর দ্বৈতেয় প্রকৃতির রূপান্তর ঘটে গিয়ে ত্রৈতেয় গঠনাকৃতির সৃষ্টি করে। rRNA এবং tRNA অণুগুলো দ্বৈতেয় ও ত্রৈতেয় গঠনাকৃতিতে কার্যকর হয়। কিন্তু mRNA সাধারণত প্রাথমিক গঠনাকৃতিতে কার্যকর হয়।

১.২.৩. **RNA অণুর নামকরণ ও শ্রেণিবিভাগ** (Nomenclature and Classification of RNA molecule) : কোষে নির্দিষ্ট ক্রিয়া-কর্ম সম্পাদনের জন্য সুনির্দিষ্ট RNA অণুসূত্রের প্রয়োজন হয়। RNA-এর গঠনাকৃতি ও তার ক্রিয়া প্রকৃতির উপর ভিত্তি করে RNA অণুকে মোট চারভাগে ভাগ করা হয়েছে–

১. রাইজোমীয় RNA (Ribosomal RNA) বা rRNA
২. স্থানান্তর RNA (Transfer RNA) বা tRNA
৩. বার্তাবাহক RNA (Messenger RNA) বা mRNA
৪. ক্ষুদ্র RNA (Small RNA) বা sRNA

১. **rRNA** : যেসব RNA অণু রাইবোজোম গঠনের প্রধান উপাদান হিসেবে কাজ করে তাকে রাইবোজোমীয় RNA (rRNA) বলে। এর বেশ কয়েকটি প্রকরণ রয়েছে। আল্ট্রাসেন্ট্রিফিউজ মেশিনে অণুর তলানি পড়ার হার Svedberg মান (S-value) অনুযায়ী বিভক্ত করা হয়েছে। সে অনুযায়ী rRNA-এর প্রকরণগুলোকে S-মান দিয়ে প্রকাশ করা হয়। প্রকরণগুলো হচ্ছে :

(ক) 5 S ;
(খ) 5.5 S ;
(গ) 16 S ;
(ঘ) 18 S ;
(ঙ) 23 S ; ও
(চ) 28 S।

কোষের প্রায় ৮০% RNA অণু rRNA শ্রেণিভুক্ত।

২. **tRNA** : এইজাতীয় RNA কোষের সাইটোপ্লাজমে পাওয়া যায়। প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় যেসব RNA অ্যামিনো এসিড বহন বা স্থানান্তর করে তাদেরকে স্থানান্তর RNA (tRNA) বলে। rRN-এর তুলনায় tRNA অণু অনেকটা ক্ষুদ্রাকৃতির হয়ে থাকে। নিউক্লিওটাইডের সংখ্যাও ক্রিয়া–কর্মের ভিন্নতার জন্য এদের অনেকগুলো প্রকরণ চিহ্নিত করা হয়েছে। অ্যামিনো এসিডের প্রকৃতি অনুযায়ী tRNA-কে মোট ২০টি প্রকরণে বিভক্ত করা হয়েছে। প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় যে tRNA অণু অ্যামিনো এসিডকে স্থানান্তর করে তার নামানুসারে সেই tRNAটির নামকরণ করা হয়ে থাকে। যেমন– যে tRNA অণু অ্যালানিন (Alanine) নামক অ্যামিনো এসিডকে স্থানান্তর করে তাকে $tRNA^{ala}$ নামকরণ করা হয়। অনুরূপভাবে যে tRNA অণু ফিনাইল অ্যালানিনকে (Phenylalanine) স্থানান্তর করে তাকে $tRNA^{phe}$ নামকরণ করা হয় (সারণি ১.৭)। এ ছাড়া প্রত্যেকটি tRNA প্রকরণের মধ্যে নিউক্লিওটাইড অনুক্রম ও তার সংখ্যার মধ্যে পার্থক্য রয়েছে। অ্যামিনো এসিডের সংখ্যানুপাতে tRNA-এর প্রকরণ সংখ্যা নির্দিষ্ট করা হলেও এর অ্যান্টিকোডন অংশে নিউক্লিওটাইড অনুক্রমে পার্থক্য থাকাতে প্রকরণগুলোকে পুনরায় উপ-প্রকরণে বিভক্ত করা হয়েছে। কৌলিক সংকেতের নিয়মানুযায়ী একে ২১টি উপ-প্রকরণে সনাক্ত করা হয়েছে। তবে

সারণি ১.৭ : অ্যামিনো এসিডের নামানুসারে tRNA এর প্রকরণসমূহ

অ্যামিনো এসিড	tRNA নামাকরণ	অ্যামিনো এসিড	tRNA নামাকরণ
Phenylalanine	$tRNA^{phe}$	Isolencine	$tRNA^{ile}$
Leucine	$tRNA^{leu}$	Iysine	$tRNA^{lys}$
Arginine	$tRNA^{arg}$	Methionine	$tRNA^{met}$
Alanine	$tRNA^{ala}$	Proline	$tRNA^{pro}$
Asparagine	$tRNA^{asp}$	Serine	$tRNA^{ser}$
Cysteine	$tRNA^{cys}$	Thrionine	$tRNA^{thr}$
Glutanine	$tRNA^{glu}$	Tryptophan	$tRNA^{trp}$
Glycine	$tRNA^{gly}$	Tryrosine	$tRNA^{tyr}$
Histidine	$tRNA^{his}$	Valine	$tRNA^{val}$

সব জীবকোষে সব প্রকরণ পাওয়া গেলেও সব উপ-প্রকরণ পাওয়া যায়নি। কোষে সর্বনিম্ন উপ-প্রকরণ রয়েছে মোট ১১টি। অর্থাৎ সর্বনিম্ন পর্যায়ে একটি কোষে tRNA প্রকরণ ও উপ-প্রকরণ সংখ্যা মোট ৩১টি এবং সর্বোচ্চ সংখ্যা ৪১টি। প্রত্যেকটি প্রকরণের উপ-প্রকরণ সংখ্যা সমান নয়। যেমন– $tRNA^{phe}$ প্রকরণের দুটি উপ-প্রকরণ রয়েছে। এর একটি হচ্ছে $tRNA^{phe}$ (UUU) এবং অপরটি হচ্ছে $tRNA^{phe}$ (UUC)। অনুরূপভাবে $tRNA^{leu}$-এর উপ-প্রকরণগুলো রয়েছে মোট ৬টি– যেমন– $tRNA^{lu}$ (UUA, UUG, CUU, CUC, CUA ও CUG)।বিভিন্ন প্রকরণের ন্যায় উপ-প্রকরণবিশিষ্ট tRNA'র নিউক্লিওটাইড সংখ্যা ও অনুক্রম বিভিন্ন রকম। tRNA অণুর প্রকৃতি অনুযায়ী বিভিন্ন S-মান রয়েছে। এর গড় S-মান হচ্ছে 8S (4S)।

৩. **mRNA** : যে সকল RNA অণু জিনের সংকেত প্রোটিন অণুতে অর্থকরণ করে থাকে তাদেরকে বার্তাবাহক RNA বলে। এজাতীয় RNA–এর প্রকৃতি সবচেয়ে বৈচিত্র্যপূর্ণ। জিনের প্রকৃতি অনুযায়ী mRNA–এর প্রকরণ ও নামকরণ নির্ধারণ করা হয়। যেমন— *lac* mRNA। এখানে lac, শব্দটি ল্যাকটোজের সংক্ষেপ নাম এবং তাকে mRNA নামের বাম পাশে রেখে তার

জিন সম্পাদনের বিষয়টিকে নির্দেশ করে। অর্থাৎ *lac* mRNA নামক প্রকরণ ল্যাকেটোজ ভাঙার প্রয়োজনীয় এনজাইম সৃষ্টি করে।

৪. sRNA : প্রোটিন RNA এক প্রকার যৌথ অণু যেখানে RNA সহকারী এনজাইম বা স্বতন্ত্র এনজাইম (রাইবোজাইম) হিসেবে কাজ করে থাকে। যেমন— RNase P। এই RNA গুলো এক ক্ষুদ্রাকৃতির অণু (রাইবোজাইম অধ্যায়ে এ বিষয়ে বিস্তারিত আলোচিত হয়েছে)। এই প্রকৃতির RNA শুধু ইউক্যারিওটজাতীয় কোষে পাওয়া যায়। sRNA অণু বেশ ক্ষুদ্রাকৃতির অণুবিশেষ। এসব RNA অণুতে ১০০ থেকে ৩০০টি নিউক্লিওইট থাকে। অবস্থান অনুযায়ী এদেরকে দু'ভাগে বিভক্ত করা হয়েছে।

যে সকল sRNA নিউক্লিয়াসে অবস্থান করে তাদেরকে ক্ষুদ্র নিউক্লিয়ার RNA (snRNA) এবং যেগুলো সাইটোপ্লাজমে অবস্থান করে তাদেরকে ক্ষুদ্র সাইটোপ্লাজমিক RNA (scRNA) বলা হয়। বিশেষ বিশেষ ক্ষুদ্রাকৃতির প্রোটিন অণুর সাথে যুক্ত হয়ে জটিল যৌগ অণুর সৃষ্টি করে। শ্রেণিবিভাগ অনুযায়ী এসব নিউক্লিওপ্রোটিনসমূহকে ক্ষুদ্র নিউক্লিয়ার রাইবো-নিউক্লিওপ্রোটিন (snRNA) এবং ক্ষুদ্র সাইটোপ্লাজমিক রাইবোনিউক্লিও প্রোটিন (scRNP) নামে অভিহিত করা হয়। প্রত্যেক sRNA অণুর নির্দিষ্ট ক্ষারক অনুক্রম ও কর্মপদ্ধতি রয়েছে।

তথ্যপঞ্জি

Arnott, S. 1976. *In* : Organization and expression of chromosomes (eds. V. G. Allfrey, E. K. F. Bauty, B. J. McCarthy, R.T. Schimke, and A.T. Tissiers) ; Dehlem Konferenzen, Berlin, pp. 209-222.

Avery, O. T., C. M. Macleod and M. McCarty. 1944. *J. Expt. Med.*, *79* : 137-158

Britten, R. J. and D. E. Cohn, 1968. *Science 161* : 529, 537.

Chargaff, E. 1950. *Experimentia 6* : 201-209.

Franklin, R. E. and R. G. Goshling, 1955. *Nature (Lond.), 172 : 156.*

Franklin, R. and M. Wilkins, 1952, *Proc. Natl, Acad Sci., USA. 38* : 54-55.

Fuller, W., M. H. F. Wilkins, H.R. Wilson and L.D. Hamilton, 1965. *J. Mol. Biol. 12* : 60-66.

Happel, L. A., P. J. Ortiz and S. Ochoa, 1967. *J. Bol. Chem. 229* : 679-685

Haffkin, R.C. 1981. *Science 211* : 289-291

Marmar, J and P. Doty, 1962 *J. Mol. Biol., 5* : 109-188.

Marvin, J..C.T. Kohn, and R. *Johns. 1961.* Bioclim *Biophys. Acta* 100 : 310-315.

Pauling, L. and R.B. Corey 1953. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA., 39* : 87-97.

Sasisekharan, V. 1983. *Proc. Cold Spring Harbor Symp. Quanti. Biol., 47* : 45.

Sasisekharan, V. 1984. *Proc. Indian Natl. Acad. Sci., 50 (6)* : 539-548.

Watson, J. D. and F. H. C. Crick. 1953. *Nature (Lond.) 171* : 737-738

Wang, A. H. J. 1979. *Nature, (Lond.), 282* : 680-686.

দ্বিতীয় অধ্যায়

DNA অণুর সমলিপন

Replication of DNA molecule

একটি কোষে যে কয়টি DNA অণু বা ক্রোমোজোম রয়েছে তার সব অংশ সঠিকভাবে সমলিপনের মাধ্যমে অণু সংখ্যা বৃদ্ধি করে থাকে। প্রত্যেকটি কোষের বংশবৃদ্ধির জন্য যতোবার বিভাজিত হয় ততোবারই তার জিনোম DNA অণুর সমলিপন সম্পন্ন হতে হয়। DNA অণুর সমলিপন মানে কোষের বংশবৃদ্ধি বা জীবের বংশবৃদ্ধি। কোষ বিভাজনের সময় সমলিপিত অণু কন্যা কোষে সঞ্চারিত হয়, ফলে তার চরিত্রসমূহ বংশপরম্পরায় একই নিয়মে প্রকাশিত হয়। জীবের সব চরিত্রের আধার হচ্ছে DNA অণু। কোষ বিভাজনের মাধ্যমে চরিত্রের সঠিক সঞ্চারণ করতে হলে DNA অণুকে অত্যন্ত সুনিপুণভাবে নিজকে সমলিপন সম্পন্ন করতে হয়।

বিজ্ঞানী Watson এবং Crick-এর DNA মডেল প্রকাশিত হওয়ার পর DNA অণুর সমলিপন বিষয়টির গুরুত্ব বাড়তে থাকে। কারণ মডেলটি প্রকাশ হওয়ার পর সমলিপনের ব্যাখ্যা ও সে বিষয়ের চিন্তা-ভাবনা একটি সুনির্দিষ্ট পথে অগ্রসর হতে থাকে। বিজ্ঞানী Watson ও Crick তাদের মডেলটি যে পত্রটিতে প্রকাশ করেন সেখানে DNA সমলিপনের বিষয়ে একটি সুচিন্তিত ধারণাও দিয়েছিলেন। তাদের উক্তিতে ছিলো " It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for genetic material"। তারা ব্যাখ্যা করতে গিয়ে যা বলতে চেয়েছেন তা হলো, DNA দ্বিহেলিক্সে যে ক্ষারক জোড় রয়েছে সেগুলো খুলে গিয়ে প্রত্যেক সূত্র একটি ছাঁচ (template) হিসেবে কাজ করে যা অবিকল একটি অণুসূত্রের জন্ম দিতে পারে।

DNA অণুসূত্র ঠিক কি উপায়ে অনুরূপ আর একটি অণু সমলিপন করে তা ব্যাখ্যা করতে গিয়ে আণবিক জীববিজ্ঞানীগণ প্রথমদিকে নিম্নলিখিত তিনটি বিষয়ের উপর গুরুত্ব আরোপ করেন —

১. DNA অণুতে দুটি অণুসূত্র রয়েছে। সূত্র দুটি কিভাবে খুলে গিয়ে তা ছাঁচ হিসেবে কাজ করে?

২. সমলিপন পদ্ধতি এক প্রকার জৈব-রাসায়নিক প্রক্রিয়া। তাই এই প্রক্রিয়া সম্পন্ন করতে বিভিন্ন রকম এনজাইম ও প্রোটিন অংশগ্রহণ করে থাকে। এই জটিল প্রক্রিয়াটি কি উপায়ে সম্পন্ন হয়ে থাকে এবং এর পর্যায়ক্রমিক অধ্যায়গুলো কিভাবে অগ্রসর হয়?

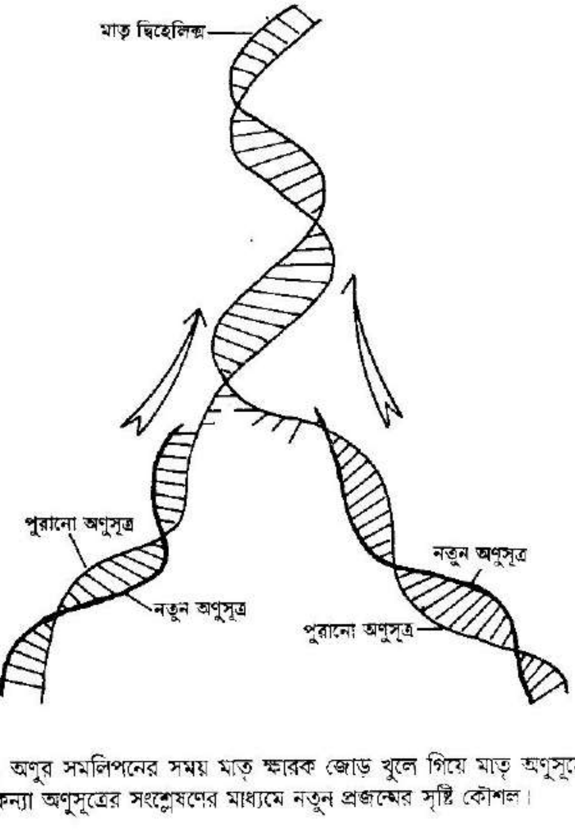
৩. বিভিন্ন প্রকৃতির জীবে জিনোম হিসেবে DNA বিভিন্ন উপায়ে সংগঠিত। সুতরাং বিভিন্ন প্রকার জীবে DNA কি একই উপায়ে সমলিপন প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে থাকে না-কি ভিন্ন ভিন্ন উপায়ে সম্পন্ন করে থাকে?

উপরোক্ত তিনটি বিষয়ের প্রতি গুরুত্ব দিয়ে বিজ্ঞানীগণ তার সমাধান দেয়ার জন্য পরবর্তীতে সচেষ্ট হন।

২.১ DNA দ্বিহেলিক্সের সমলিপন পদ্ধতি (Replication process of DNA helix)

Watson ও Crick ধারণা দেন যে, একটি DNA অনুরূপ আর একটি অণু সৃষ্টি করতে হলে তার দুটি সূত্রকে একই সাথে এবং একই সময়ে ছাঁচ হিসেবে কাজ করতে হবে (চিত্র ২.১)। দ্বিহেলিক্সের সূত্র দুটি একই সময়ে কিভাবে কাজ করবে তার ব্যাখ্যা করতে গিয়ে বিজ্ঞানীগণ তিনটি পদ্ধতির প্রস্তাব করেন। সমলিপন সম্পন্ন করতে এর যে কোনো এক বা একাধিক পদ্ধতি অনুসরণ করে তা সম্ভব হতে পারে বলে মতামত দেন।

১ **অর্ধরক্ষণশীল সমলিপন** (Semiconservative replication) : এই সমলিপন পদ্ধতিতে কন্যা DNA দ্বিহেলিক্সের একটি সূত্র মাতৃ DNA থেকে প্রাপ্ত হবে। অর্থাৎ DNA অণু যখন সমলিপন করবে তখন মাতৃ DNA অণুসূত্র দুটি নিজকে সঞ্চারিত করে দুই কন্যা DNA অণুসূত্রের সাথে জোড় বেধে দুটি DNA হেলিক্সের সৃষ্টি করবে। এই পদ্ধতিতে সৃষ্ট কন্যা দ্বিহেলিক্সের একটি পুরানো মাতৃ DNA-এর সূত্র এবং একটি সৃষ্ট নতুন কন্যা DNA সূত্রের সমন্বয়ে সৃষ্টি হচ্ছে বলে একে অর্ধসংরক্ষণশীল সমলিপন পদ্ধতি বলে (চিত্র ২.১)।



চিত্র ২.১ : DNA অণুর সমলিপনের সময় মাতৃ ক্ষারক জোড় খুলে গিয়ে মাতৃ অণুসূত্রের গায়ে ছাঁচের ন্যায় কন্যা অণুসূত্রের সংশ্লেষণের মাধ্যমে নতুন প্রজন্মের সৃষ্টি কৌশল।

ম্যাথিউ মেসেলসন
Matthew Meselson
জন্ম : ২৮-০৫-১৯৩০ ; ডেনভার
যুক্তরাষ্ট্র।

ম্যাথিউ মেসেলসন ডেনভারে লেখাপড়া শেষ করে Califonia Institute of Technology তে যোগদান করেন।

১৯৫৭ সালে তিনি সেখানে গবেষণা শেষ করেন ও পি-এইচ. ডি. ডিগ্রি লাভ করেন। ডিগ্রি প্রাপ্তির পর তিনি একই প্রতিষ্ঠানে কাজে যোগদান করেন।

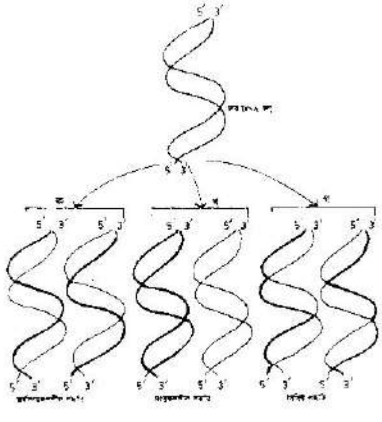
ম্যাথিউ মেসেলসন যখন ক্যালিফোর্নিয়ায় যোগদান করেন ঠিক তখনই ফ্রাঙ্কলিন স্টল (Franklin Stahl, জন্ম ১৯১০, বোস্টোন), যিনি রচেস্টার বিশ্ববিদ্যালয় থেকে সদ্য পি-এইচ. ডি. সম্পন্ন করেন, একই গবেষণাগারে যোগদান করেন। এখানেই এই দুই বিজ্ঞানী একত্রিত হয়ে একটি বিখ্যাত গবেষণা কাজ সল্প সময়ের মধ্যে সম্পন্ন করতে সক্ষম হন।

১৯৫৮ সালে এই দুই বিজ্ঞানী DNA অণুর সমলিপন পদ্ধতি আবিষ্কার করেন। এই আবিষ্কারের ফলে আণবিক জীববিজ্ঞান গবেষণার বিষয়ে একটি সঠিক পথে গতিলাভ করে।

মেসেলসন ১৯৬১ সালে ক্যালিফোর্নিয়া থেকে হার্ভাডে চলে আসেন, সেখানে S. Brenner ও F. Jacob-এর সাথে একত্রে গবেষণা করে প্রথমে mRNA অণু সনাক্ত করেন।

এছাড়া মেসেলসন পরবর্তীকালে রেস্ট্রিকশন এনজাইম (restriction enzyme) আহরণ পদ্ধতি আবিষ্কার করে আণবিক জীববিজ্ঞান গবেষণা ও প্রযুক্তিগত বিষয়ের প্রভূত উন্নতি সাধন করেন। তিনি পরবর্তীকালে তাঁর কাজের স্বীকৃতিস্বরূপ নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

২। **রক্ষণশীল সমলিপন** (Conservative replication) : এই পদ্ধতিতে মাতৃ DNA হতে নতুন DNA সৃষ্টির সময় মাতৃ অণুসূত্র দুটি সম্পূর্ণভাবে দুটি পৃথক কন্যা DNA হেলিক্সের সৃষ্টি করে। মাতৃ DNA অণুসূত্র দুটি তার কন্যা DNA অণুসূত্রের মধ্যে কোনোরূপ সঞ্চারিত না হয়ে হুবহু পূর্বাবস্থায় ফিরে যায় বলে একে রক্ষণশীল সমলিপন পদ্ধতি বলে (চিত্র ২.২ ক)।

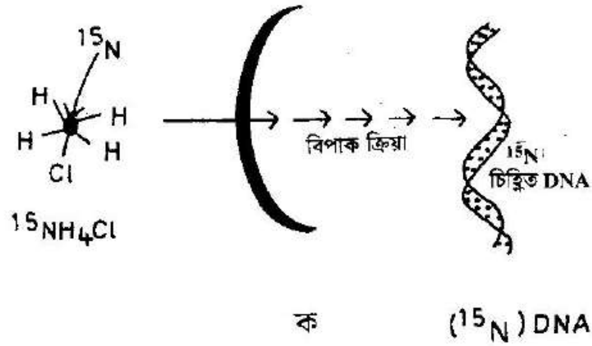


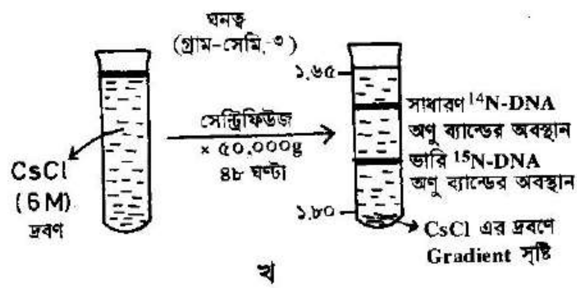
চিত্র ২.২ : DNA অণুর তিন প্রকার সম্ভাব্য সমলিপন কৌশল।

৩। **বিশ্লিষ্ট বা খণ্ডিত সমলিপন** (Dispersive replication) : এই পদ্ধতিতে কন্যা DNA সৃষ্টির সময় মাতৃ DNA অণুসূত্রদ্বয় বিশ্লিষ্ট অবস্থায় সঞ্চারিত হয়। সমলিপনের সময় মাতৃ DNA মাঝে মাঝে খণ্ডিত হয়ে নতুন দ্বিহেলিক্স সৃষ্টির সময় কিছু অংশ মাতৃ এবং কিছু অংশ সৃষ্ট কন্যা DNA পর পর সংযুক্ত হয়ে পূর্ণাঙ্গ DNA দ্বিহেলিক্সের সৃষ্টি করে। মাতৃ DNA খণ্ডিত হয়ে কিছু পুরানো ও কিছু নতুন অংশ নিয়ে যে কন্যা DNA দ্বিহেলিক্সের সৃষ্টি করবে তাকে বিশ্লিষ্ট পদ্ধতি বলে (চিত্র ২.২ খ)।

DNA যখন সমলিপন করে তখন উল্লেখিত তিনটি পদ্ধতির সবগুলো পদ্ধতি অবলম্বন করে না-কি একটি বা দুটি পদ্ধতি মেনে চলে তা নিয়ে নানা প্রকার মতভেদ এবং চিন্তা-ভাবনার অবতারণা হয়। সঠিক তথ্য প্রমাণের অভাবে বিষয়টি অনেকদিন পর্যন্ত রহস্যাবৃত ছিলো।

মেসেলসন স্ট্যালের সমলিপন পরীক্ষা : DNA দ্বিহেলিক্স মডেল প্রকাশিত হবার পর বিজ্ঞানীগণ প্রথম যে প্রশ্নটির সমাধান খুঁজছিলেন তা হলো DNA—এর সমলিপনের সঠিক পদ্ধতি কোনটি হবে। Califorria Inistitute of Technology বিষয়ে গবেষণারত বিজ্ঞানী Matthew Meselson ও Franklin Stahl (১৯৫৭) একটি সাধারণ পরীক্ষার মাধ্যমে DNA সমলিপন পদ্ধতির সুনির্দিষ্ট সমাধান দিয়ে এক অসাধারণ বুদ্ধিমত্তার পরিচয় দিয়েছেন।





চিত্র ২.৩ : ভারি আইসোটোপযুক্ত (^{15}N) NH_4Cl পুষ্টি দ্রবণে সরবরাহ করার ফলে সৃষ্ট DNA (ক) ; এবং CsCl দ্রবণে গ্র্যাডিয়েন্ট সেন্টিফিউজ করার পর সাধারণ (^{14}N) এবং ভারি (^{15}N) DNA–এর অবস্থান (খ)।

DNA সমলিপনের সময় যে কন্যা অণু সংশ্লেষণ হয় তার প্রয়োজনীয় নিউক্লিওটাইড ক্ষারকসমূহের প্রয়োজনীয় N_2 পরিবেশ থেকে সংগ্রহ করে নেয়। প্রকৃতিতে সচরাচর যে N_2 পাওয়া যায় তা সাধারণ আইসোটোপবিশিষ্ট (আণবিক ওজন ১৪.০০৮ ; সংক্ষেপে ^{14}N)।

কিন্তু এর আরও কয়েকটি আইসোটোপ রয়েছে (^{13}N এবং ^{15}N)। এই আইসোটোপগুলো কোনো তেজস্ক্রিয় রশ্মি বিকিরণ করে না।

কোষাভ্যন্তরে নিউক্লিওটাইড ক্ষারক সংশ্লেষণের সময় পরিবেশ থেকে যখন N_2 সংগৃহীত হয় তখন যদি ^{14}N–এর স্থলে ^{15}N উপস্থিত থাকে তবে তা থেকে সৃষ্ট DNA অণুকে সনাক্ত করা সম্ভব। কারণ ^{15}N আইসোটোপটি ^{14}N –এর চেয়ে ভারি।

বিজ্ঞানী মেসেলসন ও স্ট্যাল তাদের পরীক্ষার জন্য দ্রুত বর্ধনশীল ও দ্রুত প্রজননক্ষম *E. coli* নামক ব্যাকটেরিয়াকে বাছাই করেন। এই ব্যাকটেরিয়া প্রতি ২০ মিনিটে DNA সমলিপন সম্পন্ন করে এবং প্রতি ৩০ মিনিটের মধ্যে কোষ বিভাজন সম্পন্ন করে থাকে।

উক্ত বিজ্ঞানীদ্বয় সাধারণ কৃত্রিম আবাদ মাধ্যমে তাদের বংশ বৃদ্ধি করান। আবাদ মাধ্যমে প্রয়োজনীয় N_2 হিসেবে ^{15}N যুক্ত $^{15}NH_4Cl$ ব্যবহার করেন। কোষে ^{15}N যুক্ত ক্ষারক সংযুক্ত হয়ে তা 3'dNTP। (N=নিউক্লিওটাইডসমূহ) সৃষ্টি হবে। DNA সমলিপনের সময় যখন ^{15}N যুক্ত নিউক্লিওটাইড ব্যবহার করবে তখন তা সাধারণ ^{14}N যুক্ত নিউক্লিওটাইডের চেয়ে কিছুটা ভারি হবে বিধায় DNA অণুটিও ভারি হবে।

CsCl-density gradient সেন্ট্রিফিউজ পদ্ধতিতে যখন উক্ত দুই প্রকৃতির N_2 সমৃদ্ধ DNA কে ব্যবহার করা হয় তখন সেন্ট্রিফিউজ টিউবের ভিতর দুটি ভিন্ন ভিন্ন স্থানে তাদের সুনির্দিষ্ট অবস্থান ব্যান্ড আকারে সনাক্ত করা যায়। ^{15}N যেহেতু ^{14}N এর চেয়ে ভারি সেহেতু ^{15}N সমৃদ্ধ DNA এর রেখা বা ব্যান্ড সাধারণ ^{14}N সমৃদ্ধ DNA–এর চেয়ে কিছুটা নিচে অবস্থান নেবে (চিত্র ২.৩)।

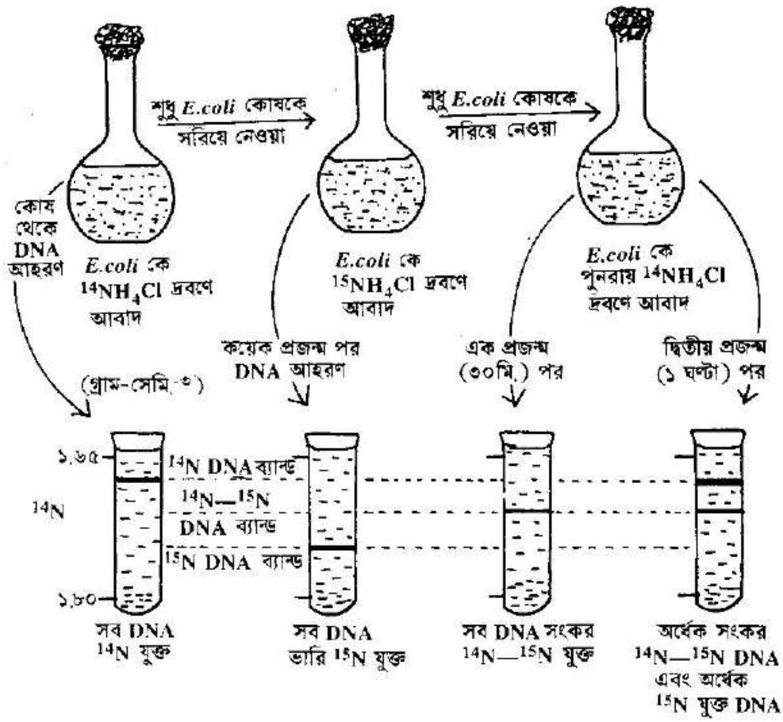
বিজ্ঞানী মেসেলসন ও স্ট্যাল যখন পরীক্ষাটি আরম্ভ করেন তখন তাঁরা কিছু *E. coli* কোষ নিয়ে সেখানে $^{15}NH_4Cl$ কে খাদ্যপুষ্টির একটি উপাদান হিসেবে কৃত্রিম আবাদের মাধ্যমে সরবরাহ করেন। ব্যাকটেরিয়া কোষ প্রতি আধ ঘন্টা পর পর তার বংশবৃদ্ধি করতে থাকে। কয়েকটি প্রজন্মের পর কোষ থেকে DNA বের করে নিয়ে সেন্ট্রিফিউজ করার পর দেখা গেল টিউবের ভিতর একটিমাত্র DNA ব্যান্ডের সৃষ্টি হয়েছে। এই ব্যান্ডটি ^{15}N সমৃদ্ধ DNA ব্যান্ডের (পূর্ব থেকে জানা) সমান্তরালে অবস্থান নেয়।

এবার উক্ত পাত্র থেকে শুধু ব্যাকটেরিয়া কোষগুলোকে সরিয়ে অন্য আর একটি পাত্রে স্থানান্তর করা হলো। পুনরায় বংশবৃদ্ধি করানোর জন্য নতুন পাত্রে খাদ্যপুষ্টি দ্রবণে সাধারণ $^{14}NH_4Cl$ সরবরাহ করা হলো।

এক প্রজন্ম পর (অর্থাৎ আধ ঘন্টার মধ্যে DNA একবার সমলিপন করে বংশবৃদ্ধির পর) তাঁরা কোষ থেকে DNA সংগ্রহ করে একইভাবে সেন্ট্রিফিউজ করেন। এবার যে DNA ব্যান্ড পাওয়া গেল সেটি ^{15}N–সমৃদ্ধ DNA–এর যে ব্যান্ড অবস্থান ছিলো তার সমান্তরালে অবস্থানে না থেকে একটু উপরে অবস্থান নেয়।

হিসাব করে দেখা গেছে, সৃষ্ট ব্যান্ডটির অবস্থান সাধারণ ^{14}N এবং ভারি ^{15}N সমৃদ্ধ DNA ব্যান্ডটির মাঝামাঝি। এ থেকে প্রমাণিত হয় যে, এই ব্যান্ডটির DNA একটি ^{14}N - ^{15}N–এর সংকরজাত। এমন এই পরীক্ষার ফলাফলের সাথে যদি প্রস্তাবিত তিনটি সম্ভাব্য সমলিপন পদ্ধতির সাথে সম্পর্ক খোঁজা হয় তবে দেখা যাবে রক্ষণশীল পদ্ধতির সাথে এই ফলাফলের কোনোরূপ সম্পর্ক খুঁজে পাওয়া যায় না। কারণ রক্ষণশীল সমলিপন পদ্ধতিতে কোন প্রকার সঙ্করজাত কন্যা DNA অণু সৃষ্টি হয় না।

যদি এই পদ্ধতিটি অনুসরণ করা হতো তবে এই পরীক্ষায় কেবল ^{14}N বা ^{15}N যুক্ত DNA–এর সমান্তরালে দুটি ব্যান্ড পাওয়া যেত। কিন্তু এই পরীক্ষায় একটিমাত্র DNA ব্যান্ড পাওয়া গেছে যা ^{14}N এবং ^{15}N ব্যান্ডের মাঝামাঝি। সমলিপনের তিনটি সম্ভাব্য পদ্ধতির মধ্যে কেবল অর্ধরক্ষণশীল ও বিশ্লিষ্ট পদ্ধতিতে এধরনের এক সংকর DNA (^{14}N - ^{15}N) অণুর সৃষ্টি হতে পারে। এই সিদ্ধান্ত থেকে রক্ষণশীল সমলিপন পদ্ধতির ধারণা সহজেই বাতিল করা যায়।



চিত্র ২.৪ : Meselson-Stahl-এর সমলিপন পদ্ধতি পরীক্ষা। Density Gradient টিউবের মধ্যে বিভিন্ন প্রকৃতির (ভারি ও হাল্কা) DNA-এর অবস্থান চিহ্নিত হয়েছে।

বিজ্ঞানী মেসেলসন ও স্ট্যাল এবার অর্ধরক্ষণশীল ও বিশ্লিষ্ট পদ্ধতির সমলিপনের ঠিক কোনটি প্রকৃতিতে ঘটে তা দেখার জন্য একই পাত্রে অবস্থিত, পূর্বের পরীক্ষার, ব্যাকটেরিয়াকে দ্বিতীয় আর একটি প্রজন্ম সৃষ্টির সময় দিয়ে একই পদ্ধতিতে DNA সংগ্রহ করে আবার সেন্ট্রিফিউজ করেন। তারা এবার আশ্চর্য হয়ে লক্ষ্য করলেন যে, সমচরিত্রের দুটি ব্যান্ডের সৃষ্টি হয়েছে যার একটির অবস্থান প্রথম প্রজন্ম থেকে নেয়া DNA–এর সমান্তরালে (অর্থাৎ ^{14}N-^{15}N এর অবস্থানে) এবং অন্যটি আর একটু উপরে অবস্থান নিয়েছে যা সাধারণ DNA (^{14}N) ব্যান্ড অবস্থানের সমান্তরাল। এবারে শুধু ^{15}N সমৃদ্ধ DNA অবস্থানের সমান্তরাল কোনো ব্যান্ড পাওয়া যায়নি (চিত্র ২.৪)। এ পরীক্ষা থেকে নিশ্চিতভাবে প্রমাণিত হয় যে DNA অণু একমাত্র অর্ধরক্ষণশীল পদ্ধতিতে তার সমলিপন সম্পন্ন করে থাকে। কারণ শেষ বারে যে DNA ব্যান্ড (^{14}N) পাওয়া গেছে তা একমাত্র অর্ধরক্ষণশীল পদ্ধতি অনুসরণ করলে পাওয়া সম্ভব। যদি বিশ্লিষ্ট উপায়ে সমলিপন হতো তবে প্রথম পরীক্ষার ন্যায় শেষ পরীক্ষাতেও একটিমাত্র সঙ্কর DNA অণুর ব্যান্ড পাওয়া যেত। এই পদ্ধতিতে পরিশুদ্ধভাবে ^{14}N–এর DNA কখনও পাওয়া যাবে না (চিত্র : ২.৪)।

পরবর্তীতে বিভিন্ন গবেষণাগারে বিভিন্ন গবেষকগণ পরীক্ষা করে DNA-এর অর্ধরক্ষণশীল সমলিপন পদ্ধতির সত্যতা প্রমাণ করেন। মেসেলসন ও স্ট্যাল তাদের এই মূল্যবান কাজের স্বীকৃতি স্বরূপ নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন। অর্ধরক্ষণশীল সমলিপন পদ্ধতির বিষয়টি নিশ্চিত হবার পর বিজ্ঞানীগণ DNA অণুর সমলিপন পদ্ধতির জৈব-রাসায়নিক প্রক্রিয়া জানার জন্য গবেষণায় মনোনিবেশ করতে থাকেন।

২.২ DNA অণুর সমলিপন প্রক্রিয়া (Replication Mechanism of DNA Molecule)

ইতিপূর্বে মেসেলসন ও স্ট্যাল তাদের পরীক্ষার মাধ্যমে অর্ধরক্ষণশীল উপায়ে DNA-এর সমলিপন পদ্ধতি সমাধান করার পরপরই ,বিজ্ঞানীগণ সমলিপন পদ্ধতির জৈব-রাসায়নিক প্রক্রিয়ার বিষয়ে গবেষণা শুরু করেন। DNA অণুর সমলিপন প্রক্রিয়া অত্যন্ত জটিল। এ বিষয়ে অনেক কিছু ইতোমধ্যে জানা সম্ভব হলেও এর কিছু কিছু বিষয় এখনও অজানা রয়ে গেছে।

ওয়াশিংটন বিশ্ববিদ্যালয়ের বিজ্ঞানী Arther Kornberg এবং তার কিছু সহযোগী বিজ্ঞানী ১৯৫৬ সালে DNAপলিমারেজ নামক একটি এনজাইম আবিষ্কার করে সমলিপন প্রক্রিয়ার বিষয়ে গবেষণার সূত্রপাত করেন। তারা *E. coli* ব্যাকটেরিয়া কোষের নির্যাস নিয়ে সেখানে তেজস্ক্রিয় α– ফসফেট (^{32}P) যুক্ত dATP, TTP, dGTP ও dCTP প্রয়োগ করে দেখেন যে সেখানে কিছু নতুন DNA সৃষ্টি হয়েছে যেখানে ^{32}p রয়েছে। তিনি তখন ধারণা দেন যে ^{32}P যুক্ত নিউক্লিওটাইড নিয়ে যে নতুন DNA সংশ্লেষণ হয়েছে তা এক প্রকার এনজাইমঘটিত ক্রিয়ার ফলে সম্ভব হয়েছে। ১৯৫৭ সালে Kornberg উক্ত সংশ্লেষণক্ষম এনজাইমকে সনাক্ত ও পরিশুদ্ধ করে তাকে DNA পলিমারেজ এনজাইম নামে অভিহিত করেন। এই এনজাইমটি যখন সক্রিয় হয় তখন একটি একটি করে dNTP (dN=deoxy-A.T. G ও C) নিয়ে DNA শৃঙ্খলের ৫'- প্রান্তে যুক্ত করে ৩'–৫' প্রান্তমুখী হয়ে একসূত্রক মাতৃ DNA শৃঙ্খলের ছাঁচে কন্যা DNAশৃঙ্খল সংশ্লেষণ করে এবং একই সাথে নিউক্লিওটাইডের β – ও – γ – ফসফেটকে মুক্ত করে। দেখা গেছে যে, সংশ্লেষণের সময় উক্ত চার প্রকার নিউক্লিওটাইডের যে কোনো এক প্রকার নিউক্লিওটাইডকে যদি সরবরাহ করা না হয় তবে DNA সংশ্লেষণ ঘটে না।

২.২.১ DNA পলিমারেজ (DNA polymerase, সংক্ষেপে DNA pol) : যে এনজাইম একটি DNA ছাঁচের (template) উপর ভিত্তি করে আর একটি DNA অণুসূত্র সংশ্লেষণ করতে পারে তাকে DNA পলিমারেজ এনজাইম বলে। Kornberg কর্তৃক প্রথমে এই এনজাইমকে আবিষ্কারের পর এখন আরও কয়েক প্রকৃতির পলিমারেজ এনজাইম আবিষ্কৃত হয়েছে। প্রোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটজাতীয় কোষ থেকে প্রাপ্ত DNA pol. এনজাইমের বেশ কিছু পার্থক্য লক্ষ্য করা গেছে। প্রোক্যারিওটজাতীয় জীবে এ পর্যন্ত DNA pol. I, II ও III নামক মোট তিন প্রকার এনজাইমকে সনাক্ত করা হয়েছে। ইউক্যারিওটজাতীয় জীবের DNA pol. প্রোক্যারিওটের DNA pol.--এর মতো একই চরিত্রের নয়। তবে এদের ক্রিয়া ও উদ্দেশ্য প্রায় একই রকম। ইউক্যারিওট জীবে DNA pol. - α, β ও γ নামক তিন প্রকার এনজাইম সনাক্ত করা হয়েছে। অল্প কিছু দিন পূর্বে আরও দুই প্রকার DNA pol. δ ও ε নামক এনজাইম আবিষ্কৃত হয়েছে (সারণি ২.১)।

সারণি ২.১ : ইউক্যারিওট জীবের DNA পলিমারেজ এনজাইম ও তার বৈশিষ্ট্য

বৈশিষ্ট্য	DNA পলিমারেজ				
	∝	β	γ	δ	ε
অবস্থান	কেন্দ্রিকায়	কেন্দ্রিকায়	মাইটোকন্ড্রিয়ায়	কেন্দ্রিকায়	কেন্দ্রিকায়
আণবিক ওজন	৩,০০,০০০	৪৫,০০০	১,৪০,০০০	২,৪০,০০০	২,৯০,০০০
উপ-অংশের সংখ্যা	৪	১	৪	২	২
সংশ্লেষণ ক্রিয়া (৫´→৩´ মুখী)	Lagging সূত্রের সমলিপন	মেরামতি	মাইটোকন্ড্রিয়ার DNA অণুর সমলিপন	Lagging সূত্রের সমলিপন ; সক্রিয়তার জন্য PCNA*–এর প্রয়োজন	δ এর অনুরূপ ; কিন্তু PCNA*–এর প্রয়োজন হয় না। ক্ষতিগ্রস্ত (UV-light) DNA অণুকে সারিয়ে তুলতে পারে।
Exonuclease ক্রিয়া	করে না	করে না	করে না	করে	করে

* PCNA -- proliferating cell nuclear antigen.

প্রোক্যারিওট জীবের DNA পলিমারেজ

Pol.-I : Kornberg প্রথমে যে এনজাইমটি আবিষ্কার করেছিলেন সেটি DNA পলিমারেজe-I (Pol-I : EC 2.7.7.7) নামে পরিচিত। প্রথম দিকে ধারণা করা হয়েছিলো যে DNA পলিমারেজ I বা pol. I এককভাবে সমলিপনের সময় কাজ করে থাকে। কিন্তু ১৯৬৯ সালে কয়েকজন বিজ্ঞানী দেখলেন যে *E. coli* তে যে জিন pol-I এনজাইম সৃষ্টি করে সেই জিনের পরিব্যক্তি ঘটলেও DNA সমলিপন সম্পন্ন হতে কোনো বাধার সৃষ্টি করে না। এরপর দেখা গেল pol- I এনজাইম সমলিপনে অংশগ্রহণ করলেও এটি সমলিপনের প্রয়োজনীয় প্রধান এনজাইম নয় (সারণি ২.২)। এই এনজাইমটি প্রধানত DNA শৃঙ্খলের ভাঙা অংশ জোড়া দিয়ে থাকে এবং সমলিপনের সময় প্রাইমারকে সরিয়ে সে অংশটুকুর DNA সংশ্লেষণ করতে সাহায্য করে।

Pol.- II : *E coli* কোষে DNA পলিমারেজ II নামে দ্বিতীয় আর এক প্রকার এনজাইম রয়েছে। এই এনজাইম সমলিপনের সময় বিভিন্নভাবে অংশগ্রহণ করলেও এর বিভিন্ন চরিত্রসমূহ এখনও বিশ্লেষিত হয়নি (সারণি ২.১)।

Pol. - III : *E. coli* কোষে DNA পলিমারেজ III নামক তৃতীয় আর এক প্রকার এনজাইম রয়েছে। ১৯৭২ সালে এই এনজাইমকে সনাক্ত করার পর দেখা গেল সমলিপনের জন্য এটি একটি মুখ্য এনজাইম। এই এনজাইমটি একটি বৃহৎ অণু বিশেষ এবং এর বেশ কয়েকটি উপ-অংশ রয়েছে (সারণি ২.২)।

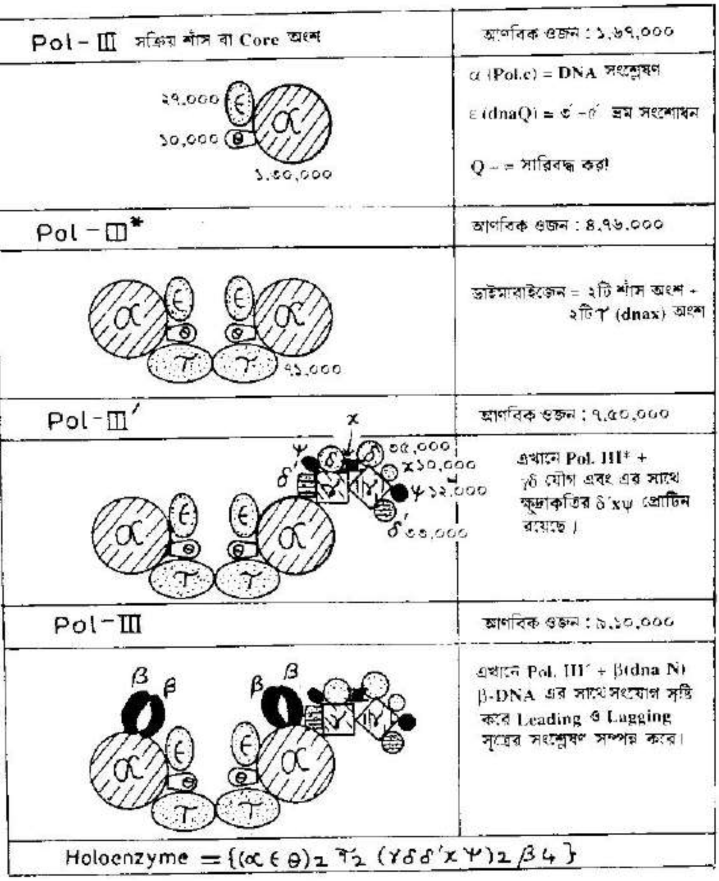
সারণি ২.২ : *E. coli.* কোষের বিভিন্ন প্রকার DNA পলিমারেজ

বৈশিষ্ট্য	DNA pol. I	DNA pol. II	DNA pol. III
আণবিক ওজন	১,০৯,০০০	১,২০,০০০	৯,০০,০০০
গঠন	মনোমার	অজানা	অসম মাল্টিমার
প্রতি কোষে অণু সংখ্যা	৪০০	অজানা	১০ থেকে ২০
সক্রিয়তা :			
5′ → 3′ বৃদ্ধিকরণ	হ্যাঁ	হ্যাঁ	হ্যাঁ
3′ → 5′ এক্সোনিউক্লিয়েজ	হ্যাঁ	হ্যাঁ	হ্যাঁ
5′ → 3′ এক্সোনিউক্লিয়েজ	হ্যাঁ	না	হ্যাঁ
সংশ্লেষণ হার (নিউক্লিওটাইড/মিনিটে)	৬০০	৩০	৮,৫০০

DNA pol. III এনজাইমের গঠন প্রকৃতি অত্যন্ত জটিল। এর গঠনের বিভিন্ন পর্যায়ক্রমিক ধাপ রয়েছে। বিভিন্ন ধাপে বিভিন্ন রকম সক্রিয়তা প্রকাশ পায়। এনজাইমের পূর্ণাঙ্গ গঠন প্রকৃতি ও পূর্ণ সক্রিয়তায় মোট ১০ প্রকার প্রোটিন (McHenry ও Kornberg ১৯৭৭ ; Maki ও Kornberg ১৯৮৮ ; O'Donnell ১৯৯২) অংশগ্রহণ করে থাকে (সারণি ২.৩)।

সারণি ২.৩ : *E. Coli* এর DNA পলিমারেজ III এনজাইমের হলোএনজাইমের প্রকৃতি ও তার বিভিন্ন গাঠনিক ধাপ

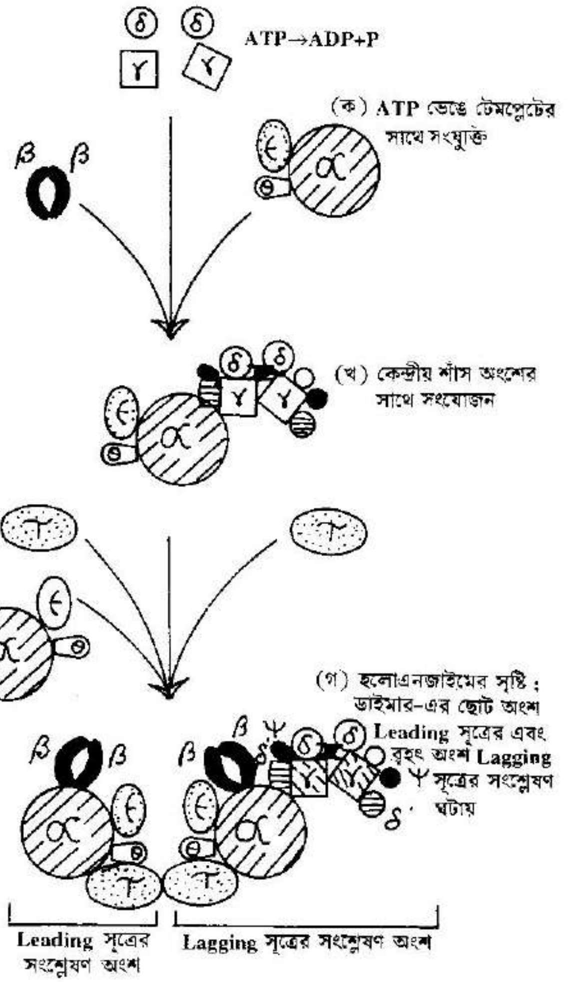
প্রোটিন উপাংশের নাম	জিনের নাম	আণবিক ওজন	বিভিন্ন অধ্যায়ের নাম	বিভিন্ন গাঠনিক ধাপ
α	pol. C	১,৩০,০০০	পলিমারেজ III	pol. III কোর এনজাইম (α, ε, θ); pol. III* (α, ε, θ, τ); pol. III′ (α – τ, γ জটিল যৌগ); পলিমারেজ III হলোএনজাইম (সকল)
ε	dna Q	২৭,০০০	3′ – 5′ এক্সোনিউক্লিয়েজ	
θ	--	১০,০০০	—	
τ	--	৭১,০০০	DNA নির্ভর ATPase	
γ	dna Z	৪৭,০০০	EF-II	γ জটিল যৌগ (γ, δ, δ′, X, ψ)
δ	dna X	৩৫,০০০	EF - III	
δ′, X, ψ	--	৩৩,০০০ δ′; ১৫,০০০ x; ১২,০০০ ψ	--; --; --	
β	dnaN	৪০,০০০	EF-I. Copol III*	



চিত্র ২.৫ : DNA পলিমারেজ – III এনজাইমের বিভিন্ন সক্রিয় অবস্থা এবং হোলো–এনজাইমের অপ্রতিসাম্য ডাইমার মডেল (Makai ও Kornberg, ১৯৮৮)।

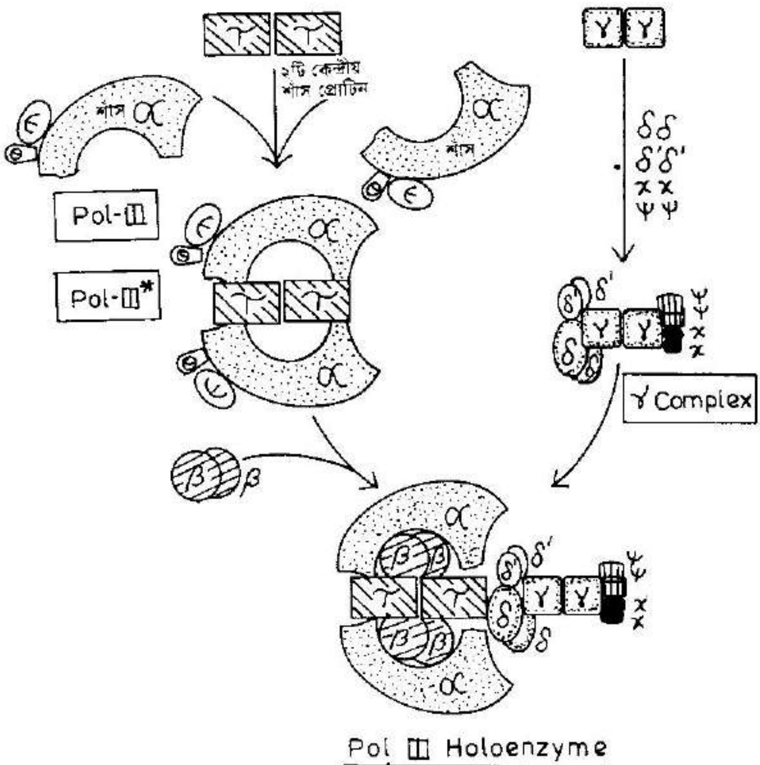
DNA pol. III এনজাইমের একটি শাঁস বা কোর (core) অংশ রয়েছে। এই অংশে মোট তিন প্রকৃতির প্রোটিন অণু (α, ε ও θ) রয়েছে। কেন্দ্রীয় বৃহৎ অণুটির নাম α। এই α–প্রোটিন অংশ DNA সংশ্লেষণের প্রধান এনজাইম হিসেবে কাজ করে। α–প্রোটিনের সাথে ε এবং θ নামক দুটি ক্ষুদ্রাকৃতির প্রোটিন মিলে একটি প্রাথমিক, pol. III core এনজাইম নামক, যৌগ গঠন করে। ε প্রোটিন–এনজাইমটি ৩´ → ৫´ মুখী হয়ে এক্সোনিউক্লিয়েজ উপায়ে ভুল সংশোধন করে থাকে। আর θ প্রোটিন DNA–এর সাথে এনজাইমকে সংযুক্তি ঘটাতে সাহায্য করে। এরপর τ –নামক মাঝারি আকৃতির একটি প্রোটিন সংযুক্তির সাথে সৃষ্ট যৌগ অণু অনুরূপ আর একটি যৌগ অণুর সংযুক্তি ঘটিয়ে একটি ডাইমারাইজেশন (Dimerization) ঘটে। পলিমারেজের পর্যায়ক্রমিক সক্রিয়তার এই অবস্থাকে pol-III* বলা হয়। γ এবং δ নামক দুই

[illegible] pol.- III' যৌগের যে কোনো এক প্রস্থের সাথে মিশে গিয়ে সক্রিয়তার আর [illegible] হয়, একই সাথে δ', x এবং ψ নামক ক্ষুদ্র ক্ষুদ্র আরও তিনটি প্রোটিন এসে [illegible] এক [illegible] উন্নিত ও সম্মিলিত এই জটিল যৌগটি তখন pol. III' নামে [illegible] গেছে, γδ অনুদ্ধয় প্রাইমার টেমপ্লেট-এর (primer-template) সাথে [illegible] ঘটায়। সক্রিয়তার শেষ পর্যায়ে pol.- III' যৌগের সাথে দুই প্রস্থ করে β-[illegible] প্রোটিনের সংযুক্তি ঘটে গিয়ে তখন একটি পূর্ণাঙ্গ সক্রিয় DNA পলিমারেজের হলো-[illegible] পরিণত হয় (চিত্র ২.৫)। এই হলো-এনজাইমটির আণবিক ওজন প্রায় ৯১০,০০০ [illegible]



চিত্র ২.৬ : DNA পলিমারেজ III হলো-এনজাইমের পর্যায়ক্রমিক সংগঠন (Baker ও Kornberg, ১৯৯১)।

DNA pol.- III হলোএনজাইমের একটি অপ্রতিসাম্য (assymetric) যৌগ অণু। প্রর্যায়ক্রমিক যৌগ সৃষ্টির এক পর্যায়ে যখন τ প্রোটিনের সংযুক্তি ঘটে তখন তার ডাইমারাইজেশন হয়। তার মাত্র একদিকে দুই প্রস্থ γ ও δ প্রোটিন থাকে। অন্য অংশে এই



চিত্র ২৭ : DNA পলিমারেজ III হলোএনজাইমের পর্যায়ক্রমিক সংগঠনের আর এক প্রকার মডেল (O'Donnell,১৯৯২)। এই মডেলটির সাহায্যে, O' Donnell, DNA সংশ্লেষণের সময় তার বিভিন্ন অংশের কার্যকারিতা ব্যাখ্যা করেন।

দুই প্রকৃতির প্রোটিনের অনুপস্থিতি লক্ষ্য করা গেছে। বিজ্ঞানীরা বলছেন, যেদিকে এই প্রোটিনদ্বয়ের অনুপস্থিতি রয়েছে সে অংশ DNA সমলিপনের সময় অগ্রণী সূত্রকের (leading strand) সংশ্লেষণ করে এবং যে অংশে γ এবং δ রয়েছে সে অংশটি ধীর-গতীয় সূত্রকের (lagging strand) সংশ্লেষণ করে থাকে। এ থেকে ধারণা করা হয় যে γ এবং δ প্রোটিনদ্বয় ধীর-গতীয় সূত্রকের সৃষ্ট ভাঁজ ধরে রেখে সংশ্লেষণে সাহায্য করে। হলোএনজাইম অণুটি দুই পাশ থেকে DNA-টেমপ্লেটের কে এমনভাবে ধরে রাখে যেন সেটি টেমপ্লেটের উপর গড়িয়ে অগ্রসর হতে পারে। হলো-এনজাইমটি যখন সংগঠিত হয় তখন তা বিভিন্ন ধাপে অগ্রসর হয় (চিত্র ২৬)। এই ধাপ যে উপায়ে সম্পন্ন হয়। সে ব্যাপারে Baker ও Kornberg (১৯৯১) একটি মডেল প্রকাশ করেন।

Dennell (১৯৯২) আর একটি মডেল প্রকাশ করেন। এই মডেলের ... DNA সংশ্লেষণের সময় যেভাবে এনজাইমটি পর্যায়ক্রমিকভাবে সংগঠিত হয়ে ... ব্যাখ্যা করেন (চিত্র ২.৭)।

২.২.২ DNA **সমলিপনের জৈব রাসায়নিক প্রক্রিয়া** (Mechanism of DNA replication) : DNA এর সমলিপন প্রক্রিয়া অত্যন্ত জটিল। বিষয়টি বোধগম্য করার জন্য প্রক্রিয়াটিকে কয়েকটি অধ্যায়ে বিভক্ত করা হয়েছে :

১. উৎপত্তি স্থান সনাক্তকরণ ;
২. মাতৃ দ্বিহেলিক্সের ক্ষারক জোড় খুলে গিয়ে ঘূর্ণি মুক্তকরণ ;
৩. দ্বিহেলিক্সের খুলে যাওয়া অংশকে পৃথক করে রাখা ;
৪. কন্যা DNA সংশ্লেষণ সূচনাকরণ ;
৫. কন্যা DNA শৃঙ্খল বর্ধিতকরণ ;
৬. পুনরায় দ্বিহেলিক্সের রূপান্তর ও সমলিপনের সমাপ্তিকরণ।

উপরোক্ত অধ্যায়গুলো অতি দ্রুত গতিতে কিন্তু নিরবিচ্ছিন্নভাবে এবং নিখুঁতভাবে সম্পন্ন হয়ে থাকে। এ পর্যন্ত সমলিপন প্রক্রিয়ার সাথে সম্পৃক্ত প্রায় ২০ প্রকার প্রোটিন ও এনজাইমকে সনাক্ত এবং তাদের কার্যপ্রণালী সম্পর্কে জানা সম্ভব হয়েছে (সারণি ২.৪)। সমলিপনের সাথে সম্পৃক্ত এনজাইম, প্রোটিন ও তার উপাদানগুলোকে একত্রে DNA রেপ্লিকেজ বলে সংক্ষেপে রেপ্লিজোম বলা হয়। সমলিপন প্রক্রিয়া বিভিন্ন জীবে বিভিন্নভাবে বৈচিত্র্যপূর্ণ হলেও উপরোক্ত অধ্যায়গুলো সব জীবের ক্ষেত্রে প্রায় একই রকম। এখানে যে DNA সমলিপন প্রক্রিয়া সম্পর্কে বর্ণনা করা হলো তা প্রধানত *E. coli.* নিয়ে গবেষণার ফলাফল থেকে প্রাপ্ত।

১। **উৎপত্তি স্থান সনাক্তকরণ** (Recognition of origin) : প্রোক্যারিওটজাতীয় জীবের DNA অণু একটি গোলাকৃতির দ্বিহেলিক্স তন্তুবিশেষ। কিন্তু ইউক্যারিওট জীবের ক্ষেত্রে DNA হেলিক্স প্রান্তবিশিষ্ট এবং তা একটি সুদীর্ঘ অণুবিশেষ যা নিউক্লিওজোম এবং ক্রোমোজোম আকৃতিতে সংগঠিত। এই দুই প্রকৃতির DNA অণুর সমলিপনের সূত্রপাত কোন স্থান থেকে হয়ে থাকে তা নিয়ে বিজ্ঞানীরা প্রথমেই সমস্যায় পড়ে যান। কারণ গোলাকার অণুর ক্ষেত্রে সকল স্থান সমপ্রকৃতির। অপর দিকে প্রান্তবিশিষ্ট DNA অণু এত সুদীর্ঘ হয়ে থাকে যে তার একপ্রান্ত থেকে শুরু করলে অপর প্রান্ত পর্যন্ত নির্দিষ্ট সময়ের মধ্যে তার সমলিপন সম্পূর্ণ করা সম্ভব নয়। ১৯৬০ এর দশকে তন্তু অটোরেডিয়োগ্রাফি (Fibre autoradiography) পদ্ধতি ও SEM – এর মাধ্যমে পরীক্ষা করে বিজ্ঞানীরা দেখেছেন যে, DNA সংশ্লেষণের সময় অণুসূত্রের মাঝে মাঝে দ্বিহেলিক্স খুলে গিয়ে একটি বুদবুদের আকৃতি নেয়। পরে এই বুদবুদটি একদিকে বা দুইদিকে বর্ধিত হতে থাকে। এক সময় তা শেষ হয়ে দুটি দ্বিহেলিক্স সৃষ্টি হয়। যখন কোনো বুদবুদ সৃষ্টি হয় তখন সেখান থেকে প্রতিটি অণুসূত্রের দুইদিকে একই সাথে সমলিপন শুরু করে বুদবুদের সাথে তা অগ্রসর হতে থাকে।

সারণি ২.৪ : সমলিপনের প্রয়োজনীয় জিন ও সেখান থেকে সৃষ্ট প্রোটিনসমূহ

জিন	এনজাইম/প্রোটিন	কার্যপ্রণালী
dna A	Dna A	*E. coli*–এর সমলিপন শুরু করে।
dna b	Dna B (Helicase)	এটি প্রাইমোজোমের অংশ ; সংশ্লেষণ বর্ধিত করে।
dna C	Dna C	DnaB প্রোটিনের সাথে যুক্ত হয়ে সংশ্লেষণের সময় শৃঙ্খল বর্ধিত করে।
dna D	Dna D	DnaC এর অনুরূপ কাজ করে।
dna E	Dna polymerase - III (∝)	DNA সংশ্লেষণ আরম্ভ ও শেষ করে।
dna F	Ribonucleotide reductase	প্রাইমিং এ সাহায্য করে।
dna G	Dna G (primase)	প্রাইমিং এর জন্য primer সৃষ্টি করে।
dna H	Dna H	DnaA–এর অনুরূপ ; ভালোভাবে জানা যায়নি।
dna I	Dna I	সংশ্লেষণের সময় অণুসূত্র বর্ধিত করে।
dna J	Dna J	সংশ্লেষণ সূচনা করে।
dna K	Dna K	সংশ্লেষণ সূচনা করে।
dna N	DNA pol. III (β)	সংশ্লেষণের সময় অণুসূত্রের সাথে আটকিয়ে রাখতে সাহায্য করে।
dna P	DNA pol. III (θ)	সংশ্লেষণের সময় অণুসূত্রের সাথে আটকিয়ে রাখতে সাহায্য করে।
dna Q	DNA pol. III (ε)	সংশ্লেষণের জন্য DNA টেমপ্লেটের সাথে সংযুক্তি ঘটায়।
dna X	DNA pol. III (δ)	সংশ্লেষণের জন্য DNA টেমপ্লেটের সাথে সংযুক্তি ঘটায়।
dna Z	DNA pol. III (γ)	সংশ্লেষণের জন্য DNA টেমপ্লেটের সাথে সংযুক্তি ঘটায়।
pol. A	DNA Pol. I	প্রাইমার কে সরিয়ে সেখানে DNA সংশ্লেষণ করে।
pol. B	DNA pol. II	এখনও জানা যায়নি।
lig	DNA ligase	ওকাজাকি খণ্ড যুক্ত করে।
gyr A	DNA gyrase A	∝– অংশ ; হেলিক্সের অতি ঘূর্ণিকে সাধারণ ঘূর্ণিতে পরিণত করে।
gyr B	DNA gyrase B	β – অংশ ; + ঘূর্ণিকে ঘূর্ণিমুক্ত করে।
rep	Helicase	সমলিপন দ্বি-বিভক্তির সম্মুখে DNA ঘূর্ণিমুক্ত করে।

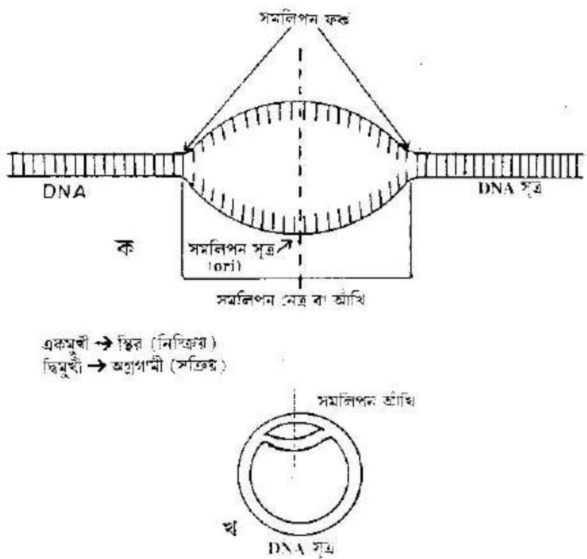
[illegible] [illegible]	dUTpase Uracil N-glycosilase	DNA অণুসূত্র থেকে ইউরাসিলকে সরিয়ে দেয়।
[illegible] [illegible]	DNA Topoisomerase I DNA Topoisomerase II	সমলিপন দ্বি-বিভক্তির সম্মুখে DNA ঘূর্ণিমুক্ত করে।
[illegible]	Helicase II	সমলিপন দ্বি-বিভক্তির সম্মুখে DNA ঘূর্ণিমুক্ত করে
[illegible]	SsB	হেলিক্স খুলে গেলে একসূত্রের সাথে সংযুক্ত হয়
সনাক্ত হয়নি	i, n, n′, n″	ØX174 এর DNA সংশ্লেষণের সময় প্রাইমিংয়ের প্রয়োজন।
সনাক্ত হয়নি	δ′x, ψ	Pol. III হলো-এনজাইমের সাথে সংযুক্ত প্রোটিন। সঠিক কর্মপ্রণালী জানা যায়নি।

সমলিপন প্রক্রিয়ার একটি গুরুত্বপূর্ণ বিষয় হলো যে, সমলিপন আরম্ভ করার জন্য একটি সুনির্দিষ্ট স্থান নির্বাচন করা। সমলিপন প্রক্রিয়ার সূত্রপাত ঘটাতে DNA অণুসূত্রের একটি সুনির্দিষ্ট স্থান থেকে ক্ষারক জোড় মুক্ত করে হেলিক্স খুলে যে বুদবুদের ন্যায় সৃষ্টি হয় তাকে সমলিপন সূত্রপাত (Replication origin) বা সংক্ষেপে ওরি (ori) বলে। অধিকাংশ ওরি অংশের দৈর্ঘ্য প্রায় ৩০০ নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট। ওরি অংশ থেকে একটি একটি করে ক্ষারক জোড় মুক্ত হয়ে কিছু দূর অগ্রসর হতেই বিচ্ছিন্ন DNA সূত্রদ্বয়কে টেমপ্লেট হিসেবে ব্যবহার করে DNA সংশ্লেষণের সূত্রপাত ঘটে। ওরি অংশ থেকে কিছু দ্বিহেলিক্স অংশ খুলে গিয়ে যে বুদবুদের সৃষ্টি হয় তাকে সমলিপন নেত্র (Replication eye) বলে।

সমলিপন নেত্রের দুইপাশে, যেখানে ক্ষারক জোড় খুলে অগ্রসর হয় সেখানে, একটি Y-আকৃতির সৃষ্টি হয়। সৃষ্ট এই Y– আকৃতির স্থানকে সমলিপন দ্বি-বিভক্তি (Replication fork) বলে। ওরি থেকে সমলিপন দ্বি-বিভক্তি একদিকে বা দুইদিকেই অগ্রসর হতে থাকে। সমলিপন প্রক্রিয়া একমুখী (unidirectional) হলে একটিমাত্র দ্বি-বিভক্তি সক্রিয় হয় এবং দ্বিমুখী (bidirectional) হলে দুটি দ্বি-বিভক্তি সক্রিয় হয়ে উঠে (চিত্র ২.৮ ক)। *E coli* এর ক্ষেত্রে সমলিপন নেত্রের দুটি দ্বি-বিভক্তি যখন সক্রিয় হয় তখন অণুটিকে দেখতে theta (θ) অক্ষরের ন্যায় দেখায় (চিত্র ২.৮ খ)।

DNA অণুর ওরি অংশ কিভাবে চিহ্নিত হয় তা নিয়ে কাজ করার জন্য বিজ্ঞানীগণ *Saccharomyces cerevisiae* নামক ঈস্টকে বেছে নেন। বিজ্ঞানীগণ লক্ষ্য করেন যেসব ওরি অংশে প্রায় ১১ টি নিউক্লিওটাইড (কখনও ১৪ টি) এর একটি সুনির্দিষ্ট অনুক্রম রয়েছে। তবে বিভিন্ন ওরি অংশের মধ্যে মাত্র ২ থেকে ৩টি নিউক্লিওটাইডের ভিন্নতা রয়েছে। ঈস্টের বিভিন্ন ওরি অংশের নিউক্লিওটাইড বিশ্লেষণ করে একটি কেন্দ্রীয় ঐকমত্য অনুক্রম (core consensus sequence) তুলে ধরেছেন।

BAMSDOC Library Dhaka



চিত্র ২.৮ : DNA সমলিপনের ওরি ও চোখ অংশ। (ক) দণ্ডাকৃতির DNA অণুর চোখ থেকে সৃষ্ট দ্বি-বিভক্তির একমুখীতা ও দ্বিমুখীতা ; (খ) গোলাকার DNA অণুর θ আকৃতির সমলিপন চোখ।

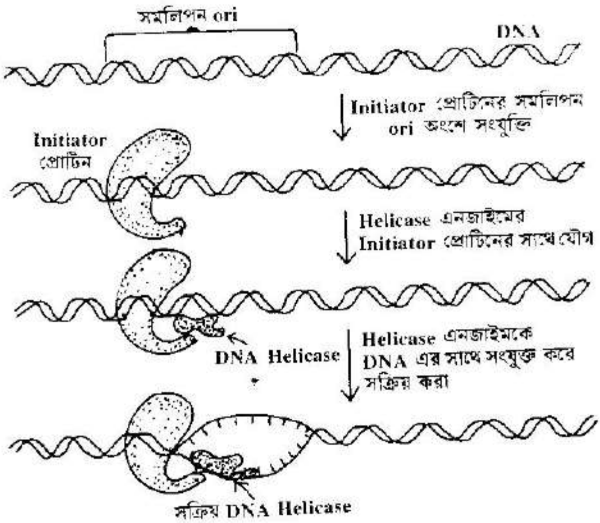
এই অনুক্রমটি সুনিয়ন্ত্রিত সমলিপন ধারা (Autonomously replicating sequence-ARS) নামেও পরিচিত (Fangman ও Brewer, ১৯৯১)। অনুক্রমটি নিম্নরূপ :

... (A/T) TTTA (C/T) (A/G) TTT (A/T) ......

ধারণা করা হয় ঈস্টের ন্যায় বিভিন্ন DNA অণুর এই বিশেষ অনুক্রমটি চিহ্নিত করে DNA হেলিকেজ নামক একটি এনজাইম সক্রিয় হয়ে ওঠে।

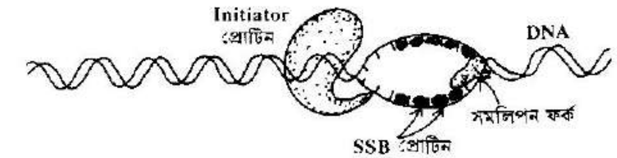
২। **মাতৃ দ্বিহেলিক্সের ক্ষারক জোড় খুলে ঘূর্ণিমুক্তকরণ** (Uniwinding of the parent duplex) : DNA অণুসূত্রে সমলিপন ওরি (replication ori) অংশ কিভাবে সনাক্ত হয় তা জানার জন্য গবেষণা করতে গিয়ে বিজ্ঞানীগণ কয়েকটি প্রোটিনের সন্ধান পেয়েছেন। এই প্রোটিনগুলোকে প্রারম্ভক প্রোটিন (initiator protein) হিসেবে নামকরণ করা হয়েছে। প্রারম্ভক প্রোটিন প্রথমে DNA-এর ক্ষারক অংশকে চিহ্নিত করে সে অংশের সাথে যুক্ত হয়ে একটি প্রোটিন যৌগের সৃষ্টি করে। এই যৌগকে সনাক্ত করে DNA-হেলিকেজ নামক এক প্রকার এনজাইম যুক্ত হয়ে সক্রিয় হয়। এসময় উক্ত এনজাইম DNA-এর উপর ক্রিয়া করার জন্য DNA সূত্রদ্বয়ের সাথে সংযুক্তি ঘটায়। একটি ATP-এর সহায়তায় হেলিকেজ তখন দ্বিহেলিক্সের ক্ষারক জোড় থেকে -H বন্ধনসমূহ মুক্ত করতে আরম্ভ করে (চিত্র ২.৯)। *E. coli* ব্যাকটেরিয়ায়

[illegible] হেলিকেজ (I, II ও III) সনাক্ত করে তার চরিত্র বিশ্লেষণ করা হয়েছে (Kuhn [illegible], Abdel Monem, ১৯৮০)। হেলিকেজ I ও III (MW ২ × ২০,০০০) দুটি DNA [illegible] শৃঙ্খলের উপর ক্রিয়াশীল। হেলিকেজ II (MW ৭৫,০০০) এনজাইম ৫ → [illegible] শৃঙ্খলের উপর ক্রিয়াশীল। একটি *E. coli* কোষে প্রায় ৫০০টি হেলিকেজ অণুসমষ্টি পাওয়া [illegible]

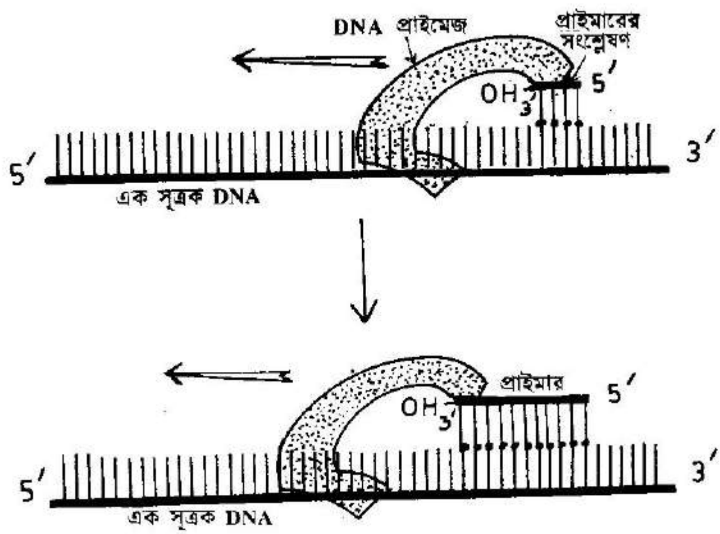


চিত্র ২.৯ : *E. coli* ও ব্যাকটেরিওফাজ λ-DNA অণুর সমলিপনের প্রারম্ভিক অবস্থায় সমলিপন নেত্র সৃষ্টি পদ্ধতি।

৩। দ্বিহেলিক্সের খুলে যাওয়া অংশকে পৃথক করে রাখা (Holding the opened double helical strands apart) : ওরি অংশে সমলিপন চোখ সৃষ্টি করে হেলিকেজ এনজাইম যখন অগ্রসর হতে থাকে তখন সমলিপনীয় দ্বি-বিভক্তি সৃষ্টি করে। হেলিকেজ একটি একটি ক্ষারক জোড় মুক্ত করে অগ্রসর হওয়ার সময় পেছনে ফেলে যাওয়া মুক্ত ক্ষারকগুলো পুনরায় যেন একত্রিত হতে না পারে সেজন্য এক প্রকার প্রোটিন উক্ত অংশে তখন যুক্ত করতে থাকে। এই প্রোটিনগুলো একক অণুসূত্র বন্ধনকৃত (Single stranded binding) প্রোটিন (SSBP) বা Helix destabilizing প্রোটিন (HDP) বলে অভিহিত করা হয়। SSB এক প্রকার ক্ষুদ্রাকৃতির প্রোটিন (MW ৩৫,০০০) যা প্রায় ১০টি নিউক্লিওটাইড ক্ষারক জুড়ে অবস্থান নেয় (চিত্র : ২.১০)। এই প্রোটিনগুলো এমনভাবে অবস্থান নেয় যেন অণুসূত্রের ক্ষারকগুলো উন্মুক্ত থাকে। SSBP শুধু সদ্যমুক্ত DNA শৃঙ্খলের পুনঃ একত্রিকরণে বাধা দেয় তাই নয় একই সূত্রের মধ্যে ঘুরে এসে ক্ষারকগুলোর মধ্যে চুলের কাঁটা আকৃতি নেবার সুযোগ থাকলে তাকেও বাধাদান করে। একটি *E. coli* কোষে প্রায় ৩০০ থেকে ৮০০ টি SSBP অণুর উপস্থিতি দেখা গেছে (Weiner *et. al.*, ১৯৭৫)।



চিত্র ২.১০ : DNA অণুর সমলিপনের সময় সমলিপন দ্বি-বিভক্তির কাছাকাছি SSB নামক প্রোটিনের সংযুক্তির ফলে সদ্য খুলে যাওয়া ছাঁচ (template) দুটির পৃথক হয়ে থাকার দৃশ্য।



চিত্র ২.১১ : DNA প্রাইমেজ এনজাইমের বিক্রিয়ার একটি সচিত্র দৃশ্য। এনজাইমের সাহায্যে একটি RNA প্রাইমার সৃষ্টির প্রক্রিয়া।

৪। কন্যা DNA শৃঙ্খল সৃষ্টিকরণ (Initiation of daughter strand) : DNA দ্বিহেলিক্সের অণুসূত্র দুটি দ্বিমুখী চরিত্র (৩′ → ৫′ এবং ৫′ → ৩′) বিশিষ্ট। সমলিপন দ্বি–বিভক্তি যখন অগ্রসর হতে থাকে তখন তার দ্বিমুখী চরিত্রটি ফুটে ওঠে। দ্বি–বিভক্তি (fork) অগ্রসর হতেই যে অণুসূত্র দুটি আলাদা হয়ে পড়ে তাকে টেমপ্লেট বলে। প্রত্যেকটি টেমপ্লেট তখন ছাঁচ–এর ন্যায় কাজ করে। এই টেমপ্লেট দুটির উপর ভিত্তি করেই কন্যা অণুসূত্রের সৃষ্টি হবে। হেলিকেজ অগ্রসর হতেই সক্রিয় দ্বি-বিভক্তির সৃষ্টি হয় যেখানে RNA প্রাইমেজ (বর্তমানে DNA প্রাইমেজ নামে পরিচিত) নামক একপ্রকার এনজাইম যুক্ত হয়।

RNA প্রাইমেজ (MW ৬০,০০০) বিশেষ প্রকৃতির RNA পলিমারেজ জাতীয় এনজাইম। এর সাথে আরও ৬টি বা ততোধিক পেপটাইড একই সাথে প্রাইমেজ-এর সাথে অংশগ্রহণ করে। প্রাইমেজ ও তার এই সকল সহযোগী পেপটাইডসমূহ DNA অণুসূত্রের সাথে মিশে যে জটিল যৌগের সৃষ্টি করে তাকে প্রাইমোজোম বলে।

প্রাইমেজ সক্রিয় হয়ে ওরি অংশ থেকে শুরু করে টেমপ্লেটের উপর ক্ষারক জোড় নিয়মানুযায়ী এক এক করে NTP (N=A,T,G ও C) সংযুক্ত করে একটি সল্প-দৈর্ঘ্যের RNA শৃঙ্খলের সৃষ্টি করে যাকে প্রাইমার বলে চিহ্নিত করা হয় (চিত্র ২.১১)। প্রোক্যারিওটের ক্ষেত্রে প্রাইমার-এর দৈর্ঘ্য প্রায় ৬০ নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট ; কিন্তু ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে তা মাত্র ১০ টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট হয়ে থাকে।

DNA সংশ্লেষণের জন্য এই প্রাইমার অংশটি অত্যন্ত প্রয়োজন। কারণ যদি কোন DNA pol.-III কোনো DNA সংশ্লেষণ করতে চায় তবে তার সূত্রপাত ঘটানোর জন্য একটি -OH প্রান্তের প্রয়োজন হয়। যে কোনো উন্মুক্ত স্থান থেকে টেমপ্লেটের উপর DNA pol III প্রারম্ভিক সংশ্লেষণ করতে পারে না। প্রাইমেজ সরে যাবার পর DNA pol. III এনজাইম প্রাইমারের পর থেকে একটি একটি করে, ক্ষারক জোড় নিয়মে, ডিঅক্সিনিউক্লিওটাইড বসিয়ে টেমপ্লেটের উপর DNA (কন্যা) সংশ্লেষণ শুরু করে।

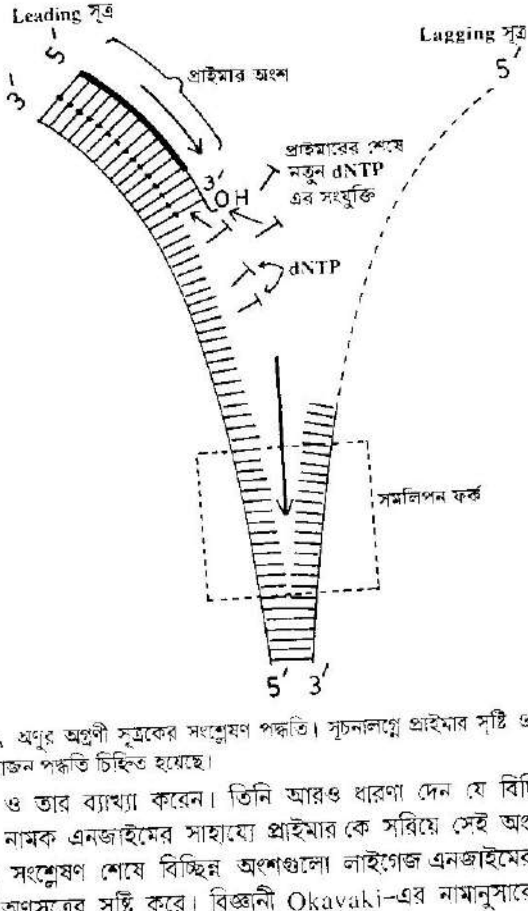
কিন্তু এখানে একটি সমস্যা হলো যে DNA pol. III কেবল ৩' → ৫' প্রান্তমুখী টেমপ্লেটটিকে সনাক্ত করতে পারে। উক্ত এনজাইমটি কেবল ৩' → ৫' প্রান্তমুখী সূত্রটিকে ঠিক করে তার উপর একটি একটি করে dNTP (dA, dT,dG ও dC) (ক্ষারক জোড় নিয়মে) প্রাইমিং সূত্রটিকে বর্ধিত করতে থাকে। পলিমারেজ এনজাইম অগ্রসর হবার সময় SSBP কে একই সাথে ক্রমে মুক্ত করতে থাকে। অর্থাৎ pol. - III ৫' → ৩' মুখী হয়ে নিরবিচ্ছিন্নভাবে (continuous) ৩' → ৫' টেমপ্লেটের উপর সংশ্লেষণ করতে থাকে।

যে টেমপ্লেটের উপর DNA pol. III নিরবিচ্ছিন্নভাবে DNA সংশ্লেষণ করতে থাকে তাকে অগ্রণী সূত্রক বলে। DNA-এর অন্য সূত্রটি ৫' → ৩' মুখী হয়ে অবস্থান করে বলে DNA পলিমারেজ তাকে সনাক্ত করতে পারে না। কিন্তু বিভিন্ন পরীক্ষায় প্রমাণিত হয়েছে যে, দুটি সূত্র একই সাথে সমলিপন করে থাকে।

তবে ৫' → ৩' সূত্রটির সমলিপন কিভাবে সম্পন্ন হয় তা নিয়ে বিজ্ঞানীদের নিকট বহুদিন ধরে তর্কের বিষয় ছিলো। অপরদিকে এমন কোনো DNA পলিমারেজ পাওয়া যায়নি যা ৫' → ৩' মুখী টেমপ্লেটকে সনাক্ত করতে পারে।

জাপানি বিজ্ঞানী রিজি ওকাজাকি (১৯৬৮) উক্ত সমস্যাটির সমাধান করে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন। তিনি *E. coli*-এর সমলিপন বিষয়ে পরীক্ষা করছিলেন। সংশ্লেষণ (s) অধ্যায়ের DNA আহরণ করে ক্ষারীয় সুক্রোজ নির্ণয়ে সেন্ট্রিফিউজ করতে গিয়ে তিনি লক্ষ্য করেন যে, সেখানে প্রধান DNA ছাড়াও ছোট ছোট টুকরার DNA ও পাওয়া যাচ্ছে। প্রথমে তিনি এগুলোকে ভাঙা DNA অংশ বলে মনে করেছিলেন। কিন্তু পরে তিনি দেখলেন যে, এগুলো সব সময়ে একটি নির্দিষ্ট আকারে বা দৈর্ঘ্যের মধ্যে সীমাবদ্ধ থাকছে। এই খণ্ডগুলোর মান ৮ থেকে ১০S-এর মধ্যে হয়ে থাকে। হিসাব করে দেখা গেছে যে, উক্ত 'S' – মানের খণ্ডগুলো প্রায় ১০০০ থেকে ২০০০ টি নিউক্লিওটাইড বিশিষ্ট। ওকাজাকি তখন এই টুকরাগুলো সম্পর্কে ধারণা দেন যে, DNA সূত্রের অন্য টেমপ্লেটটি যেহেতু ৫' → ৩' মুখী সেহেতু DNA pol. III তার স্বভাবমতো সমলিপন দ্বি-বিভক্তির উল্টা দিকে মুখ করে DNA সংশ্লেষণ করে থাকে। এই

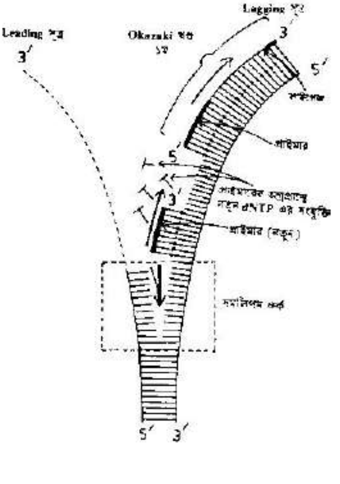
সংশ্লেষণ প্রক্রিয়াটি অগ্রণী সূত্রক অনুরূপ প্রাইমেজের সাহায্যে প্রাইমার সৃষ্টি করে এবং খণ্ড খণ্ড অংশে তার সংশ্লেষণ হয়। এর ফলে এখানে অগ্রণী সূত্রকের ন্যায় নিরবিচ্ছিন্ন উপায়ে না ঘটে বিচ্ছিন্ন (discontinuons) উপায়ে সম্পন্ন হয়। এই বিচ্ছিন্ন অংশের DNA গুলোই ওকাজাকি



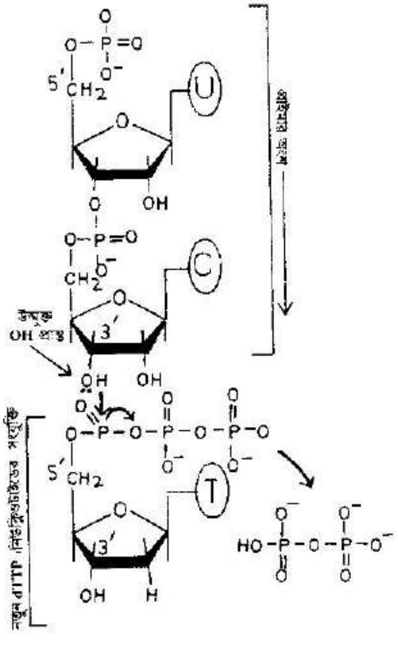
চিত্র ২.১২ : DNA অণুর অগ্রণী সূত্রকের সংশ্লেষণ পদ্ধতি। সূচনালগ্নে প্রাইমার সৃষ্টি ও তার প্রান্ত থেকে dNTP সংযোজন পদ্ধতি চিহ্নিত হয়েছে।

সনাক্ত করেন ও তার ব্যাখ্যা করেন। তিনি আরও ধারণা দেন যে বিচ্ছিন্ন অংশগুলো পরে DNA pol-I নামক এনজাইমের সাহায্যে প্রাইমার কে সরিয়ে সেই অংশটুকুর সংশ্লেষণ ঘটে (চিত্র ২.১২)। সংশ্লেষণ শেষে বিচ্ছিন্ন অংশগুলো লাইগেজ এনজাইমের সাহায্যে যুক্ত করে একটি পূর্ণাঙ্গ অণুসূত্রের সৃষ্টি করে। বিজ্ঞানী Okayaki-এর নামানুসারে তাঁর এই আবিষ্কৃত DNA খণ্ডগুলোকে ওকাজাকি খণ্ড নামে অভিহিত করা হয়েছে। এই টেমপ্লেটটিতে DNA খণ্ড খণ্ড উপায়ে সংশ্লেষিত হয় বলে একে ধীর-গতীয় সূত্রক বলে। এখানে যেহেতু উল্টা দিকে থেমে থেমে সংশ্লেষণ হয় তাই অগ্রণী সূত্রকের তুলনায় ধীর গতিসম্পন্ন। পরে বিভিন্ন বিজ্ঞানী প্রাণী ও উদ্ভিদ কোষ (ইউক্যারিওট) নিয়ে পরীক্ষা করে দেখেন যে, ওকাজাকি খণ্ড সেখানে যেগুলো পাওয়া যাচ্ছে সেগুলো ৪ থেকে ৫S মানের ; অর্থাৎ সেগুলো ১০০ থেকে ২০০ টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট DNA খণ্ড। বিজ্ঞানী Magnussen *et. al.*, (১৯৭৩) এবং Gautschi ও Clarleson (১৯৭৫) প্রমাণ করেন যে, ঐ সকল ছোট ছোট খণ্ডের DNA গুলো ওকাজাকি খণ্ড ছাড়া আর কিছু নয়। এ থেকে সহজেই অনুমিত হয় যে ওকাজাকি খণ্ডগুলো প্রোক্যারিওটের তুলনায় ইউক্যারিওটে বেশ ছোট হয়ে থাকে।

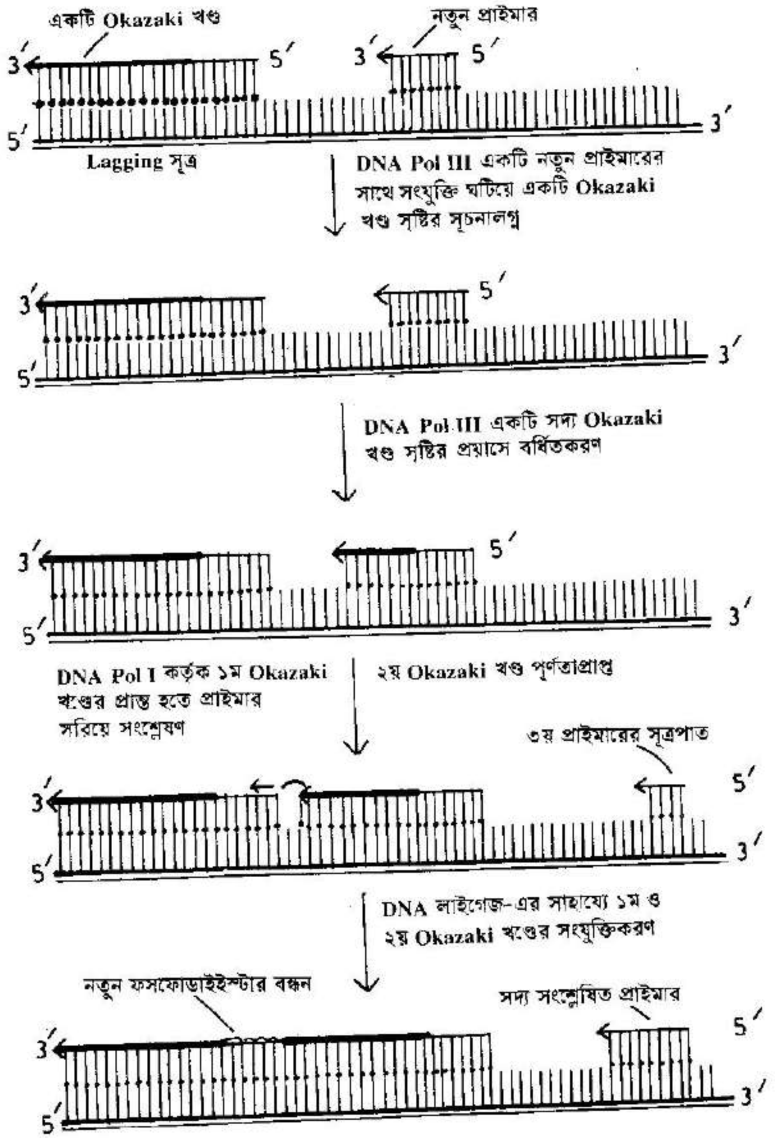
৩. কন্যা DNA শৃঙ্খল বর্ধিতকরণ (Elongation of daughter strand) : অগ্রণী সূত্রকে নতুন প্রাইমার সৃষ্টি হওয়ার পর সেটি ৫' → ৩' মুখী হয়ে অবস্থান করে। তখন প্রাইমারের মুক্ত ৩'–OH প্রান্তের সাথে একটি একটি করে dNTP এসে পরস্পর যুক্ত হতে থাকে। DNA পলিমারেজ III প্রতি উন্মুক্ত -OH এর সাথে dNTP যুক্ত করার পর পাইরোফসফেট মুক্ত করে (চিত্র ২.১৩) এবং একই সাথে SSBP কে সরিয়ে সমলিপন দ্বি-বিভক্তির সমতালে অগ্রসর হতে থাকে অর্থাৎ সংশ্লেষণের গতি অগ্রসরমান দ্বি-বিভক্তির গতির সমান হয়ে থাকে। এই একই উপায়ে একটি সমলিপন দ্বি-বিভক্তি শেষ না হওয়া পর্যন্ত ধারাবাহিক প্রক্রিয়াটি নিরবচ্ছিন্নভাবে চলতে থাকে (চিত্র ২.১৪)।



চিত্র ২.১৩ : DNA অণুর ধীর গতীয় সূত্রকের সংশ্লেষণ পদ্ধতি। সূচনালগ্নে বিপরীমুখী হয়ে প্রাইমার সৃষ্টি ও dNTP সংযোজন পদ্ধতি চিহ্নিত হয়েছে।

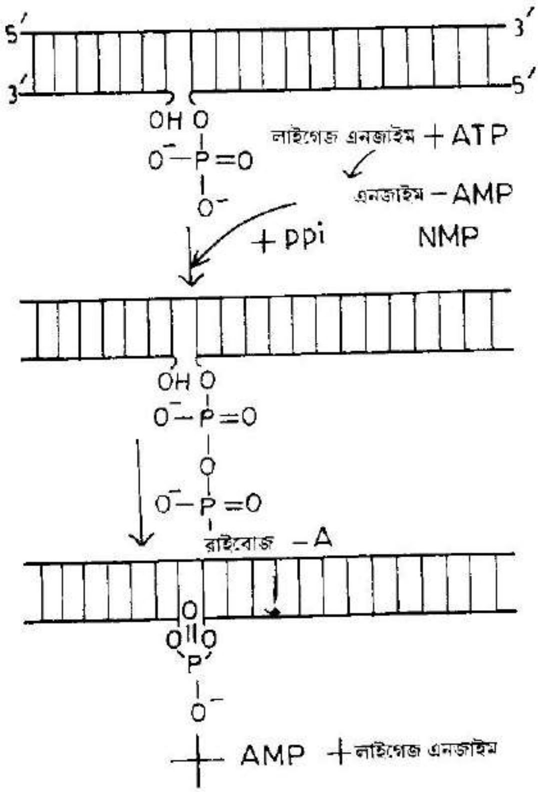


চিত্র ২.১৪ : সংশ্লেষণের শুরুতে প্রাইমারের শেষে উন্মুক্ত ৩'- OH এর সাথে প্রথম নিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি।



চিত্র ২.১৫ : অগ্রণী সূত্রকের উপর DNA সংশ্লেষণ প্রক্রিয়ার বিভিন্ন পর্যায়ক্রমিক ধাপ। প্রোক্যারিওটের ক্ষেত্রে প্রাইমারটি ৬০টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট দীর্ঘ এবং ওকাজাকি খণ্ডটি ১০০০ থেকে ২০০০টি ক্ষারকবিশিষ্ট দীর্ঘ। কিন্তু ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে যথাক্রমে তা ১০ ও প্রায় ২০০টি হয়ে থাকে।

[illegible] সূত্রকের সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া অগ্রণী সূত্রকের অনুরূপ হবে তবে তা বিপরীতমুখী হয় খণ্ডিত হতে থাকবে। সমলিপন দ্বি-বিভক্তি কিছুদুর অগ্রসর হওয়ার পর (প্রায় ১০০০ থেকে ২০০০টি নিউক্লিওটাইড পর্যন্ত) দ্বি-বিভক্তির বিপরীতমুখী হয়ে প্রথমে একটি প্রাইমার সংশ্লেষণ হয়। এরপর DNA pol.-III এসে অগ্রণী সূত্রকের ন্যায় তখন DNA সংশ্লেষণ করে ওরি অংশে নিতে শুরু হয়। ইতোমধ্যে সমলিপন দ্বি-বিভক্তিটি আরও প্রায় ১০০০ থেকে ২০০০টি নিউক্লিওটাইড দৈর্ঘ্য অতিক্রম করে ফেলে। এসময়ে দ্বিতীয় আর একটি প্রাইমার পূর্বের ন্যায়



চিত্র ২.১৬ : DNA লাইগেজ এনজাইম পাশাপাশি দুটি নিউক্লিওটাইডের মধ্যে ফসফোডাই-এস্টর বন্ধন সৃষ্টির মাধ্যমে জোড়া লাগানোর দৃশ্য।

একই নিয়মে সৃষ্টি হবার পর পলিমারেজ এসে DNA সংশ্লেষণ করে প্রথম ওকাজাকি খণ্ডের প্রাইমারের নিকট পৌঁছে। কিন্তু DNA পলিমারেজ প্রথম প্রাইমারের সাথে দ্বিতীয় DNA খণ্ডটির অগ্রভাগ যুক্ত না করে সেখান থেকে মুক্ত হয়ে যায়। ঠিক এই সময়ে DNA pol.-I দ্বিতীয় খণ্ডের প্রান্তে এসে যুক্ত হয়। এখানে বসে প্রথমে প্রাইমারের পশ্চাত প্রান্ত থেকে একটি রাইবোনিউক্লিওটাইড সরিয়ে সেখানে একটি ডিঅক্সি-রাইবোনিউক্লিওটাইড সংযোজন করে সংশ্লেষণের নিয়মে অগ্রসর হতে থাকে। এভাবে প্রাইমারকে সম্পূর্ণভাবে মুক্ত করে তদস্থলে

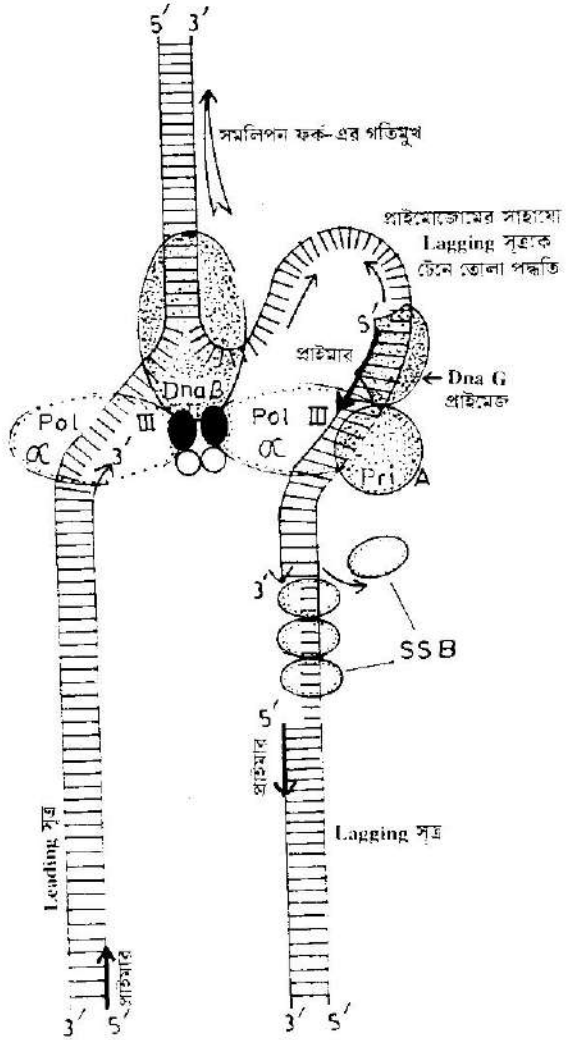
DNA প্রান্তকে প্রথম DNA খণ্ডের পশ্চাৎ প্রান্তের নিকট নিয়ে যায়। অনেক সময় DNA pol. -I সংশ্লেষণ করতে করতে প্রাইমার অংশটি পার হয়ে প্রথম অংশের DNA-এর কিছু নিউক্লিওটাইডও মুক্ত করে ফেলে। যেভাবেই অগ্রসর হোক না কেন প্রথম ও দ্বিতীয় DNA ওকাজাকি (okzaki) খণ্ডটির যুক্ত না করে pol-I মুক্ত হয়ে যায় (চিত্র ২.১৫)। অর্থাৎ একটিমাত্র ফসফোডাই-এস্টার বন্ধন সৃষ্টি না করার কারণে দুটি খণ্ড বিযুক্ত থাকছে।

এই বন্ধনটি সৃষ্টি করে তা জোড়া দেবার জন্য তখন লাইগেজ নামক একটি এনজাইম সক্রিয় হয়। লাইগেজ এসে এক ফসফোডাই-এস্টার বন্ধন সৃষ্টি করে প্রথম ও দ্বিতীয় DNA খণ্ড যুক্ত করে একটি ধারাবাহিক, বৃহৎ সূত্রের সৃষ্টি করে। এরপর ধারাবাহিকভাবে, একই নিয়মে, তৃতীয়, চতুর্থ, পঞ্চম ...ওকাজাকি খণ্ড সৃষ্টি ও তার সংযুক্ত ঘটে অগ্রণী সূত্রকের ন্যায় ধীরগতীয় সূত্রকটিতেও একটি পূর্ণাঙ্গ কন্যা DNA অণুসূত্র সংশ্লেষণ হয়। সুতরাং দেখা যাচ্ছে যে DNA অণুর দুটি সূত্র দুই উপায়ে সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে। DNA অণু সংশ্লেষণের এই দ্বিমুখী নিরবিচ্ছিন্ন ও বিচ্ছিন্ন (continuous ও discontinuous) রীতিকে অর্ধবিচ্ছিন্ন সমলিপন (semidiscontinuous replication) বলে।

DNA লাইগেজের বিক্রিয়ার সময় একটি NAD^+ এর প্রয়োজন হয় (ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে একটি ATP প্রয়োজন হয়)। লাইগেজ মোট দুই ধাপে বিক্রিয়াটি সম্পন্ন করে থাকে। প্রথম ধাপে এনজাইম – AMP নামক যৌগের সৃষ্টি হয়ে তার AMP ৫'– এর ফসফেটের সাথে যুক্ত হয়। দ্বিতীয় ধাপে, ৩'– OH এর সাথে ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনের সৃষ্টি করে এনজাইম ও AMP আলাদাভাবে মুক্ত হয় (চিত্র ২.১৬)।

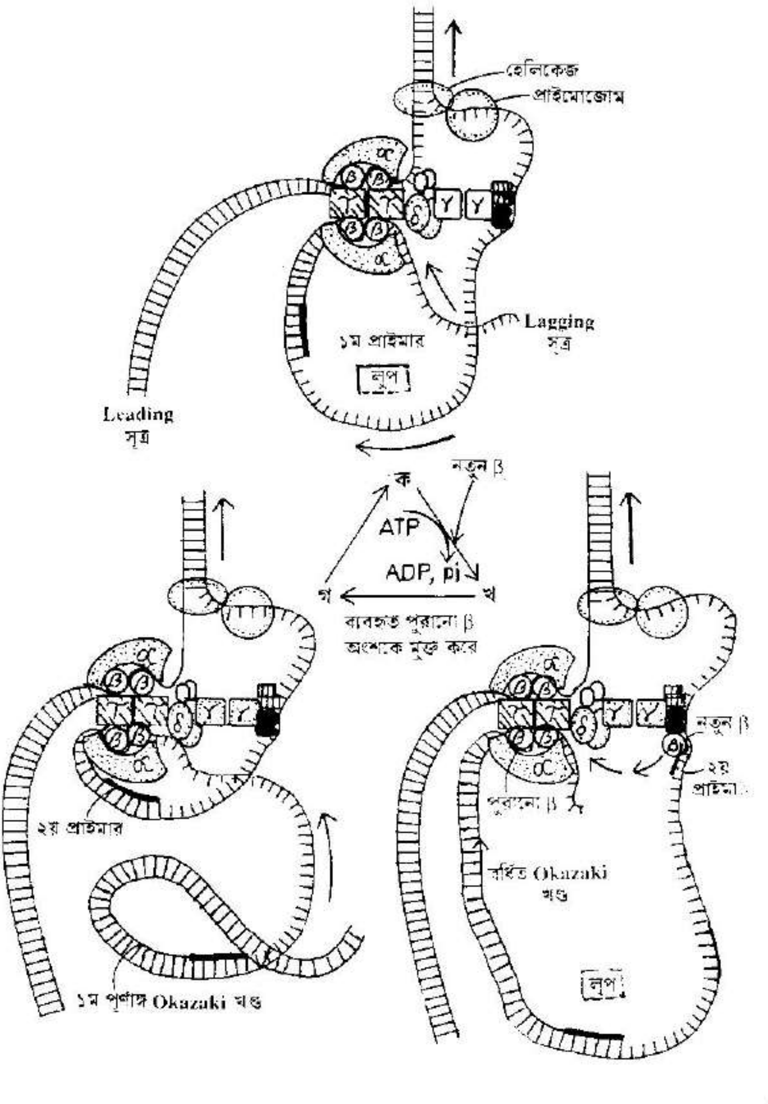
২.২.২.১. অগ্রণী ও ধীরগতীয় সূত্রদ্বয়ের সমন্বিত সংশ্লেষণ (Coordinating synthesis of leading and lagging strand) : DNA অণুর অর্ধবিচ্ছিন্ন সমলিপন প্রক্রিয়া জানার পর বিজ্ঞানীদের নিকট একটি রহস্যময় প্রশ্ন থেকে যায়। সমলিপন দ্বি-বিভক্তি যখন অগ্রসর হয় তখন অগ্রণী সূত্রকের সংশ্লেষণ যে অবস্থান থেকে বর্ধিত হতে থাকে ধীরগতীয় সূত্রকের সংশ্লেষণ তার চেয়ে পিছিয়ে 'পশ্চাৎমুখী' হয়। এরূপ অবস্থায় দুটি ভিন্নমুখী সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া কিভাবে সমন্বয় সাধন করে একই সাথে শেষ করে তা নিয়ে বিজ্ঞানীগণ বিভিন্নভাবে চিন্তা ভাবনা শুরু করেন। রেপ্লিজোম যখন DNA টেমপ্লেট ধরে অগ্রসর হতে থাকে তখন সেটি একই সাথে DNA হেলিক্সকে মুক্ত করে এবং অগ্রণী সূত্রকের সংশ্লেষণ করে অগ্রসর হয়। কিন্তু ধীরগতীয় সূত্রকের প্রাইমোজোম কিছুদূর পরপর ওকাজাকি খণ্ড তৈরির জন্য সক্রিয় হয়। প্রতি ওকাজাকি খণ্ড সৃষ্টির পর রেপ্লিকেজ মুক্তি পেয়ে নতুন ওকাজাকি খণ্ড সৃষ্টি জন্য একই পুরাতন যৌগ চক্রাকারে ব্যবহৃত হয় না-কি নতুন রেপ্লিকেজ ব্যবহৃত হয় সে বিষয়টি এখনও পরিষ্কার নয়। তবে দেখা গেছে DNA pol III হলো-এনজাইম যখন টেমপ্লেটের সন্নিকটে আসে তখন $\gamma\delta$ যৌগটি টেমপ্লেটকে সনাক্ত করে এবং β- প্রোটিনটি DNA টেমপ্লেটকে আঁকড়ে ধরে সংশ্লেষণের সূচনাপূর্ব যৌগ গঠন করে। Baker ও Kornberg (১৯৯১) DNA pol- III হলো-এনজাইমের অপ্রতিসম ডাইমারের যে মডেল দিয়েছেন সেখানে বলেছেন যে সংশ্লেষণের জন্য মুখ্য ∝- প্রোটিন দুটি একই সময় দুটি টেমপ্লেটের গায়ে স্থায়ীভাবে যুক্ত হয়ে প্রথম থেকে শেষ পর্যন্ত সংশ্লেষণ কাজ সম্পন্ন করে। হলো এনজাইম একই সময়ে দুটি টেমপ্লেটকে আঁকড়ে রেখে এমনভাবে সংশ্লেষণ করতে থাকে যে সেখানে অগ্রণী সূত্রক সহজ উপায়ে সংশ্লেষণ করে অগ্রসর হতে থাকে আর ধীরগতীয় সূত্রকে "টেনে তোলার ন্যায়" সৃষ্টি করে সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে। এসময়ে পশ্চাতে একটি লুপ (loop) বা ভাঁজের সৃষ্টি হয়। টেনে তোলার জন্য $\gamma\delta$ যৌগটি

শুরু করে থাকে। এই কারণে বিজ্ঞানীগণ মনে করেন যে $\gamma\delta$ যৌগটি ডাইমারের মাত্র একদিকে থাকে। এই প্রক্রিয়ায় একটি ওকাজাকি খণ্ড সৃষ্টি হলে ডাইমারটি দ্রুত সামনের দিকে অগ্রসর হয়ে পুনরায় যুক্ত হয়। $\gamma\delta$ যৌগ প্রাইমার অংশে পুনরায় যুক্ত হয়ে আবার টেনে তুলে দ্বিতীয় ওকাজাকি খণ্ড তৈরি করে (চিত্র ২.১৭)।



চিত্র ২.১৭ : সমলিপনের সময় DNA pol হলো-এনজাইমের সমন্বিত সমলিপন প্রক্রিয়ার একটি মডেল (pri A= priming অংশকে সনাক্ত করে) (Kaker & Kornberg, ১৯৯১)

এই প্রক্রিয়াটি চক্রাকারে চলতে থাকে এবং একই হলো-এনজাইম একটি সমন্বিত উপায়ে সমলিপন কাজ সুসম্পন্ন করে থাকে (Mok ও Morians ১৯৮৭ ; Maki ও Kornbe.g, ১৯৮৮ খ)



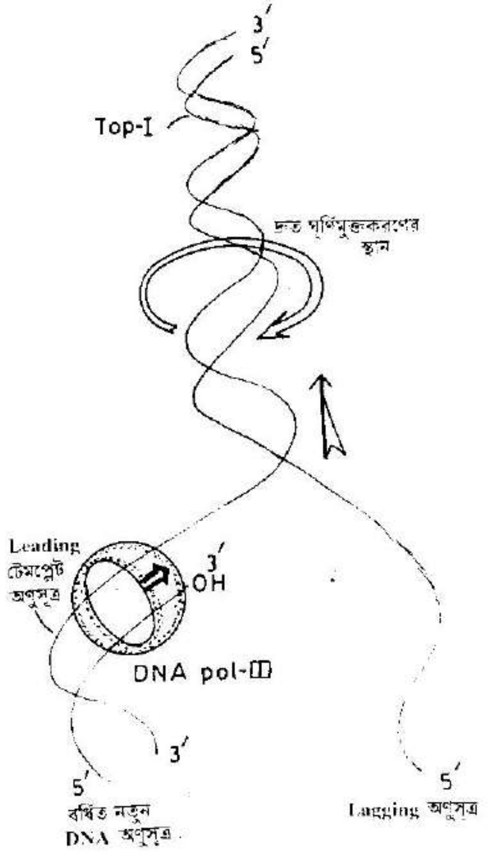
চিত্র ২.১৮ (ক, খ, গ) : সমলিপনের সময় DNA pol. III হলো-এনজাইমের সমন্বিত সমলিপন প্রক্রিয়ার একটি মডেল (O' Donnell, ১৯৯২)

সমন্বিত সংশ্লেষণ সম্পর্কে O'Donnell (১৯৯২) কিছুটা ভিন্নমত পোষণ করেন। তিনি এ বিষয়ে একটি যান্ত্রিক (mechanistic) মডেলের ধারণা দিয়েছেন। O'Donnell যে DNA pol. III হলো-এনজাইমের মডেল দিয়েছেন সেটিকে এখানে ব্যবহার করেছেন। ডাইমার আকৃতির এনজাইম β – প্রোটিন দিয়ে অগ্রণী সূত্রকে দৃঢ়ভাবে আটকিয়ে রেখে হেলিকেজ ও প্রাইমেজের সহায়তায় জোরে অগ্রসর হয়। হলো-এনজাইম এমনভাবে অবস্থান নেয় যেখানে তার ψ_2 ও χ_2 দুই প্রান্ত যে অংশটির সাথে ধীরগতীয় সূত্রক সংযুক্ত হতে পারে। γ – যৌগটি একটি ATP বিশ্লিষ্ট করে একটি β–প্রোটিনকে RNA–প্রাইমারের সাথে সংযুক্তি ঘটিয়ে তাকে সাথে সাথে শাস

প্রোটিনের সংস্পর্শে নিয়ে আসে। এটি এমনভাবে ∝ প্রোটিনের সাথে অবস্থান নেয় যেখানে সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া শুরু করতে পারে। সংশ্লেষণের ফলে একটি ওকাজাকি খণ্ড ততোক্ষণ ধীরগতীয় সূত্রকের নতুন অংশ এবং সংশ্লেষিত অংশ মিলে একটি বৃহৎ লুপ সৃষ্টি হয় (চিত্র ২.১৮ক)। ওকাজাকি খণ্ডটি যখন সম্পূর্ণ হয় তখন তার প্রান্তসহ β–প্রোটিনটি ∝–প্রোটিন বন্ধন থেকে মুক্ত হয়। মুক্ত হবার পূর্বে নতুন আর একটি β–প্রোটিন প্রাইমারে সাথে যুক্ত হয়ে পূর্বের ন্যায় একটি ATP বিশ্লিষ্ট করে তাকে ∝– প্রোটিনের নিকট হস্তান্তরের জন্য তৈরি হতে থাকে (চিত্র ২.১৮ খ)। প্রথম ওকাজাকি খণ্ড মুক্ত হতেই নতুন β– প্রোটিন – DNA যৌগকে স্থানান্তরের পর সংশ্লেষণ শুরু করে (চিত্র ২.১৮ গ) পুরাতন β–প্রোটিন কোনো এক সময় মুক্ত হয়ে যায়। ইতিমধ্যে দ্বিতীয় ওকাজাকি খণ্ডের সংশ্লেষণ কিছুদূর অগ্রসর হতেই তৃতীয় আর একটি β–প্রোটিন সক্রিয় হয়। এভাবে ১ম → ২য় → ৩য় → ১ম ..... চক্রাকারে চলতে থাকে। এই মডেলের সাহায্যে হলো–এনজাইমের অর্ধবিচ্ছিন্ন সমলিপনের সমন্বিত প্রক্রিয়াকে ব্যাখ্যা করা হয়েছে। *E. coli* কোষে pol.- III এনজাইমের তুলনায় β– প্রোটিনের সংখ্যা অনেক বেশি (১০ – ১০০)। এই মডেলটিতে প্রতি 'চক্রের' জন্য একটি করে নতুন β– প্রোটিনের প্রয়োজন হয় কিন্তু pol.- III একবারই প্রয়োজন হয়। এর মাধ্যমে β– প্রোটিনের আধিক্যের বিষয়ে যৌক্তিকতা ব্যাখ্যা করা হয়েছে।

২.২.২.২. DNA অণুর আকৃতিগত সমস্যা (Topological problem of DNA molecule) **:** DNA দ্বিহেলিক্সের অণুসূত্র দুটি একটি অপরটিকে সুনির্দিষ্ট উপায়ে পেচিয়ে রয়েছে। সমলিপনের সময় যখন DNA সমলিপন দ্বি-বিভক্তিটি অগ্রসর হয় তখন শুধু তার ক্ষারক জোড়গুলো খুলে যায় না সাথে সাথে তার ঘূর্ণিপাকও খুলে যায়। প্রতি ১০টি ক্ষারক জোড় অবস্থানের পর দ্বিহেলিক্সের একটি করে ঘূর্ণিপাক রয়েছে। একটি DNA অণুসূত্রের দৈর্ঘ্য অনুযায়ী তার ঘূর্ণিপাক সংখ্যা নির্ভর করে। উদাহরণস্বরূপ, *E. coli*–এর DNA অণুতে প্রায় ৪,৫০০ কি. বে. জোড় রয়েছে। এক্ষেত্রে ঘূর্ণির সংখ্যা হবে প্রায় ৪,৫০,০০০টি। *E. coli* তে প্রতি DNA সমলিপনের সময় নেয় মাত্র ২০ মি.। এই সল্প সময়ের মধ্যে সমলিপন করতে হলে সম্পূর্ণ DNA অণুকে প্রথম থেকে ঘূর্ণিপাক খুলে অগ্রসর হতে গেলে সম্পূর্ণ অণুসূত্রটি মিনিটে কমপক্ষে ৬,৫০০ বার ঘুরতে হবে। বিজ্ঞানীগণ এটাকে অসম্ভব বলে মত দেন। কারণ কোষাভ্যন্তরে স্বল্পপরিসর স্থানে এই হারে ঘুরতে হলে তা সহজেই জড়িয়ে যাবে। তাছাড়া উক্ত গতিতে সম্পূর্ণ "ক্রোমোজোমকে" ঘুরে পাক খুলতে যে বিপুল পরিমাণে জৈব শক্তির প্রয়োজন হবে তা কোষের পক্ষে যোগান দেয়া সম্ভব নয়। তাছাড়া বড় বড় ক্রোমোজোমের ক্ষেত্রে সমস্যাটি আরও প্রকট হবে। এরূপ একটি জটিল সমস্যার মুখোমুখী হয়ে বিজ্ঞানীগণ সঠিক কোনো ব্যাখ্যাও উপস্থাপন করতে পারছিলেন না (চিত্র ২.১৯)। এ অবস্থায় ১৯৭৯ সালে কিছু বিজ্ঞানী

ঘোষণা করে বসলেন (*cf.* Crick *et. al.*, ১৯৭৯) যে Watson-Crick-এর দ্বিহেলিক্স মডেলটি সঠিক নয়। তারা তখন ধারণা দেন যে দুটি অণুসূত্র ঘূর্ণিপাকে না পেচিয়ে পাশাপাশি হেলেদুলে অবস্থান করে।

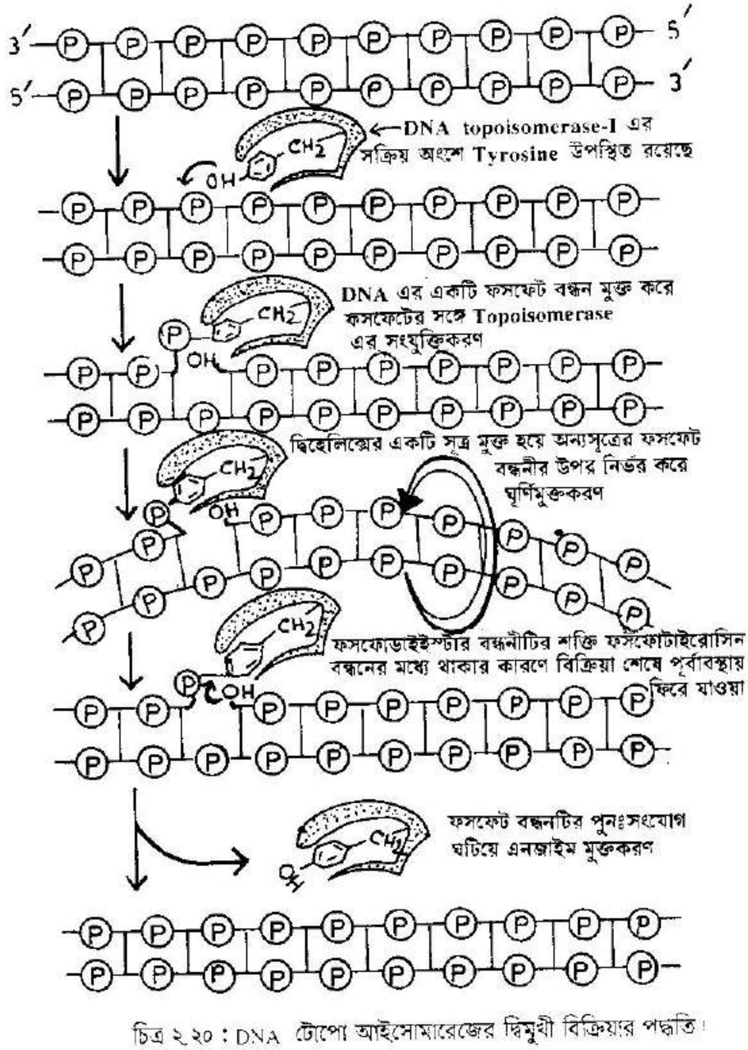


চিত্র ২.১৯ : DNA সমলিপনের সময় ঘূর্ণিমুক্তকরণের চিত্র। (*E. coli*-এর সমলিপন দ্বি-বিভক্তিটিকে প্রতি সেকেন্ডে ৫০০টি নিউক্লিওটাইড দীর্ঘ অতিক্রম করতে হলে দ্বি-বিভক্তির সম্মুখে মাতৃ DNA হেলিক্সটিকে কমপক্ষে ৫০ বার ঘুরে আসতে হবে)।

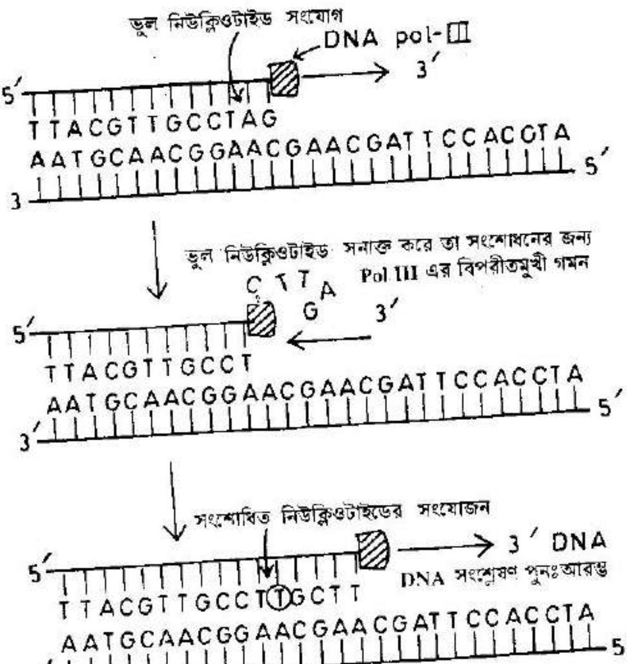
সৌভাগ্যবশত সেই সময়ে এক নতুন প্রকৃতির এনজাইম আবিষ্কারের ফলে এই সমস্যাটির সমাধান দেয়া সম্ভব হয়েছে। এই নতুন প্রকৃতির এনজাইমের নাম DNA টোপো-আইসোমারেজ। এই এনজাইমের টোপো-আইসোমারেজ-I ও টোপো-আইসোমারেজ-II নামক দুটি প্রকরণ সনাক্ত করা হয়েছে। দুটি প্রকরণই DNA কে না ঘুরিয়ে হেলিক্স মুক্ত করতে পারে। টোপো-আইসোমারেজ যখন সক্রিয় হয় তখন দ্বিহেলিক্সের কিছুদূর পরপর ক্ষণিক ভেঙে (transient breakage) দিয়ে কাজটি সম্পন্ন করে থাকে। টোপো-আইসোমারেজ-I প্রকরণ

... সমলিপন দ্বি-বিভক্তির অগ্রভাগের অনতিদূরে যে কোনো একটি অণুসূত্রের একটিমাত্র ফসফেট বন্ধনকে মুক্ত করে ফেলে। সমলিপন দ্বি-বিভক্তি ও ভেঙে দেয়া অংশটুকুর মাঝখানে যে ঘূর্ণিপাক রয়েছে সেগুলোকে একটি অণুসূত্রের ফসফেট বন্ধানের উপর ভর করে ঘুরাতে পারে। অপরদিকে টোপো-আইসোমারেজ-II DNA-এর দুটি সূত্রের উপর সমক্রিয়াশীল, যার ফলে দুটি শৃঙ্খলকেই কেটে দিয়ে ঘূর্ণিপাক খুলে দেয়। উভয় ক্ষেত্রে ঘূর্ণি মুক্ত হয়ে গেলে ফসফেট ডাই-এস্টার বন্ধন পুনঃসংযোজন করে এনজাইম নিষ্ক্রিয় হয়ে মুক্ত হয়।

উভয় ক্ষেত্রে ফসফেট ডাই-এস্টার সম্পূর্ণভাবে মুক্ত না করে তার সাথে একপ্রকার সহযোজী বন্ধনের সৃষ্টি করে। সুতরাং দেখা যাচ্ছে, এই এনজাইমের সক্রিয়তা দ্বিমুখী চরিত্রের (Wang, ১৯৮৫) (চিত্র ২.২০)।



চিত্র ২.২০ : DNA টোপো আইসোমারেজের দ্বিমুখী বিক্রিয়ার পদ্ধতি।



চিত্র ২.২১ : সমলিপনের সময় DNA pol. এর ত্রুটিসমন্বিত(mismatch)ভুল সংশোধন পদ্ধতি।

২.২.২.৩. অণুর সমলিপনের সময় ত্রুটি সংশোধন (Proof reading during replication of DNA molecule) : DNA সমলিপনের সময় DNA পলিমারেজ যখন কন্যা DNA অণুসূত্র সৃষ্টি করে তখন কিছু কিছু ত্রুটি করে থাকে। সংশ্লেষণের সময় ক্ষারক জোড় নিয়মে নির্দিষ্ট নিউক্লিওটাইডকে নির্দিষ্ট স্থানে না বসিয়ে কোনো কোনো সময় ভুল করে অনিয়মিত নিউক্লিওটাইড বসিয়ে ফেলে। দেখা গেছে যে, *E. coli* –এর ক্ষেত্রে প্রতি ১,০০০টি নিউক্লিওটাইড বসাতে গিয়ে গড়ে একটি করে ভুল করে বসে। এই হারে ভুল হতে থাকলে কয়েক প্রজন্মের পর জীবের অস্তিত্বের বিষয়ে হুমকি হয়ে পড়বে। এই বিপর্যয় থেকে রক্ষা করার জন্য পলিমারেজ এনজাইম দ্বৈত ভূমিকা পালন করে থাকে। পলিমারেজ DNA সংশ্লেষণ শুরু করে অগ্রসর হওয়ার সময় কোথাও ভুলক্রমে অপ্রচলিত নিউক্লিওটাইড বসে গেলে সে বুঝতে পেরে থমকে দাঁড়ায়। তখন পলিমারেজ বিপরিত দিকে, অর্থাৎ ৩′→ ৫′ মুখী হয়ে অগ্রসর হয়। ফিরে যাবার পথে সংশ্লেষিত নিউক্লিওটাইড অবক্ষেপগুলো একটি একটি করে আবার মুক্ত করে ভুল নিউক্লিওটাইডের নিকট এসে তাকে সরিয়ে সঠিক নিউক্লিওটাইডকে বসিয়ে আবার সম্মুখ পানে, অর্থাৎ ৫′→ ৩′ মুখী হয়ে অগ্রসর হতে থাকে (চিত্র ২.২১)। এই প্রকৃতির ত্রুটি সংশোধনকে ত্রুটিসমন্বয় পরীক্ষণ পাঠ (mismatch proof reading) পদ্ধতি বলে। এরূপ ত্রুটি সংশোধনের পরেও কিছু থেকে যায়। তখন ভুলের হার সর্বনিম্নপর্যায়ে, প্রতি ১০⁹–

... টি নিউক্লিওটাইডের মধ্যে মাত্র একটিতে নেমে আসে। অর্থাৎ *E. coli* –এর DNA অণুর নিউক্লিওটাইড সংখ্যা ৪.৫ × ১০^{৬} টি। এক্ষেত্রে DNA অণুটি প্রায় ১,০০০ বার সমলিপন করলে একটিমাত্র ত্রুটি থেকে যেতে পারে। কিন্তু DNA–এর অনুলিপন ও অর্থকরণের সময় ত্রুটির হার এর চেয়ে অনেক বেশি হয়ে থাকে।

৬। পুনঃদ্বিহেলিক্সে পুন: রূপান্তর ও সমলিপনের পরিসমাপ্তি : (Rewinding and termination of replication) : DNA অণুর সমলিপন শুরু হওয়ার প্রথম থেকে কন্যা অণুসূত্রটির সংশ্লেষণ হতে হতে তার স্বাভাবিক দ্বিহেলিক্স ঘূর্ণিতে পরিণত হয়ে অগ্রসর হয়। অগ্রণী সূত্রকটির সংশ্লেষণ ধারাবাহিক ও নিরবিচ্ছিন্ন হবার কারণে সমলিপন দ্বি-বিভক্তিটি শেষ হতেই সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া শেষ হয়ে শৃঙ্খলটি মুক্ত হয়ে যায় না। কারণ তখনও ধীরগতীয় সূত্রকটির সংশ্লেষণ ধীর গতি সম্পন্ন হওয়ায় শেষ হয়ে যায়নি। দুটি অণুসূত্রের সংশ্লেষণ শেষ হলেই কেবল তখন পলিমারেজ যৌগ হতে বিচ্ছিন্ন হয়ে যায়। এই সাথে দুটি কন্যা DNAও পূর্ণতা লাভ করে মুক্ত হয়ে পড়ে। তবে যখন সমলিপন সম্পন্ন হয়ে যায় তখন কন্যা DNA অণুর শেষ প্রান্তে যে প্রাইমারটি থেকে যায় তা কিভাবে মুক্ত হয় সে সম্পর্কে এখনও পরিষ্কারভাবে কিছু জানা সম্ভব হয়নি।

২.৩ সমলিপনের গতিবেগ (Rate of replication)

DNA সমলিপনের গতিবেগ তার পরিবেশের তাপমাত্রা ও ডিঅক্সি–রাইবোনিউক্লিওটাইডের প্রাপ্যতার উপর নির্ভর করে। Cairns (১৯৬৩) হিসাব করে বলেছেন যে *E. coli*–এর ক্ষেত্রে প্রতি সেকেন্ডে প্রায় ১৭০০টি ক্ষারক সংশ্লেষণ করে কন্যা DNA সংশ্লেষণ করে। DNA–এর সমলিপন প্রক্রিয়া যেহেতু দ্বিমুখী তাই প্রতিমুখী সংশ্লেষণ প্রক্রিয়ায় তা প্রায় ৮৫০টি হবে। অপরদিকে ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে প্রতি সেকেন্ডে মাত্র ৬০টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট DNA সংশ্লেষ হয় (Hausman ও Humberman, ১৯৭৫)। এখন প্রশ্ন হচ্ছে ইউক্যারিওটের DNA বহুগুণ বড় কিন্তু DNA সংশ্লেষণ গতি খুবই ধীরগতি সম্পন্ন হয়েও তা প্রায় একই সময়ের মধ্যে কিভাবে সম্পন্ন করে? এবিষয়ে ব্যাখ্যা দিতে গিয়ে বিজ্ঞানীগণ বলেছেন যে *E. coli* –এর DNA অণুতে একটিমাত্র রিপ্লিকন রয়েছে। কিন্তু ইউক্যারিওটে বহু সংখ্যক ছোট ছোট রেপ্লিকন থাকার ফলে প্রায় একই সময়ের মধ্যে সমলিপন প্রক্রিয়া সম্পন্ন করতে পারে। *E. coli* -এর প্রতি রেপ্লিকনের গড় দৈর্ঘ্য প্রায় ১,৩০০ μm। অপরদিকে ইউক্যারিওটের প্রতি রেপ্লিকনের গড় দৈর্ঘ্য মাত্র ৩০ μm।

২.৪ সমলিপনের কয়েকটি বিশেষ প্রকৃতি (Nature of some specific replication)

সব জীবের সমলিপন পদ্ধতি ও প্রক্রিয়া একই রকম। তবে সমলিপন প্রকৃতির মধ্যে কিছু কিছু পার্থক্য লক্ষ্য করা যায়। বিশেষভাবে বৈচিত্রপূর্ণ কয়েক প্রকৃতির জিনোমের সমলিপন প্রক্রিয়া আলোচনা করা গেল যা থেকে সমলিপনের সাধারণ বৈশিষ্ট্য সম্পর্কে ধারণা আরও সুস্পষ্ট হয়ে উঠবে।

২.৪.১. একসূত্রক DNA বিশিষ্ট ক্ষুদ্রাকৃতির ফাজ (Single stranded DNA small phage) : একসূত্রক DNA জিনোম বিশিষ্ট ক্ষুদ্রাকৃতির ফাজসমূহের মধ্যে M13, G_4 ও ØX174 বিশেষভাবে উল্লেখযোগ্য। এদের জিনোম ক্ষুদ্রাকৃতি রিঙবিশিষ্ট DNA। এই DNA

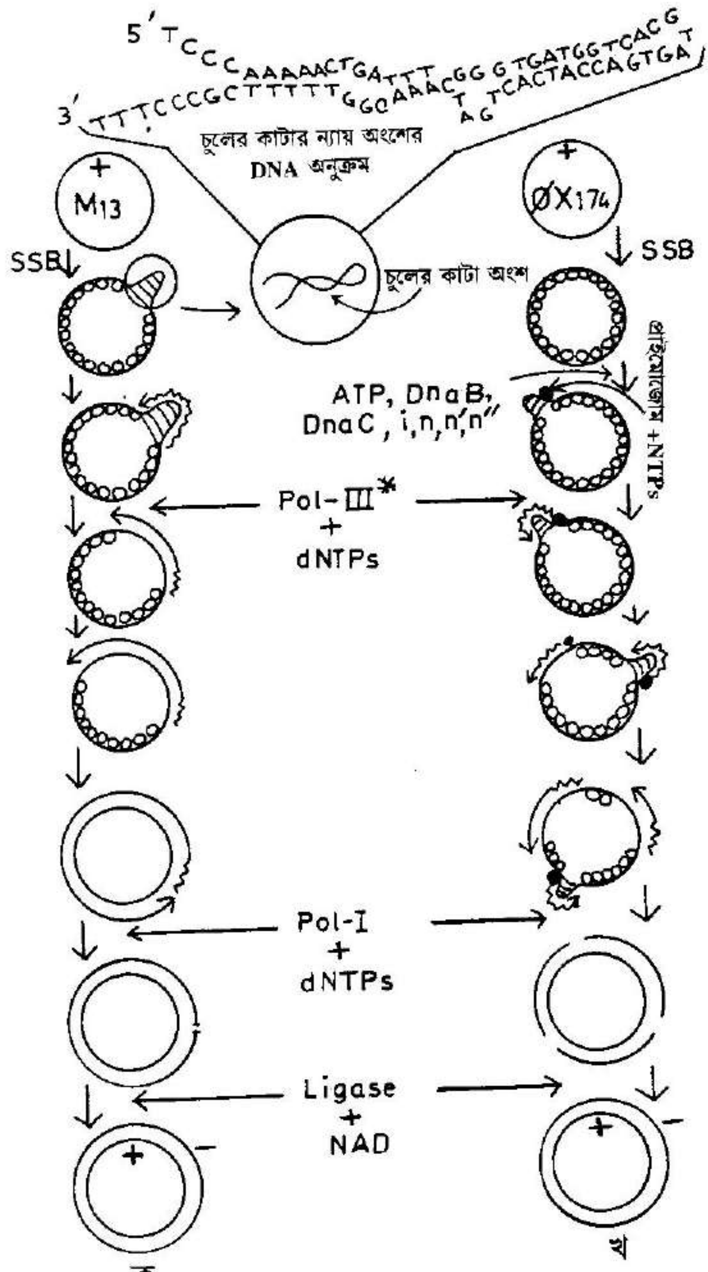
অণুগুলো দ্বিহেলিক্সের পরিবর্তে একসূত্রক হয়ে থাকে। প্রশ্ন হতে পারে যেহেতু DNA অণুটি একসূত্রক সেহেতু অগ্রণী বা ধীরগতীয় সূত্রক বলতে এখানে কিছু আছে কি? বিজ্ঞানীগণ বলছেন উপস্থিত সূত্র অগ্রণী সূত্রক হিসেবে টেমপ্লেটে পরিণত হয়। এই টেমপ্লেটকে '+' সূত্রক বলা হয়। সমলিপনের সময় '+' সূত্রক প্রথমে তার সম্পূরক সূত্রের সংশ্লেষণ করে নিয়ে দ্বিহেলিক্সে রূপান্তর ঘটায়। যে নতুন সূত্রটি সংশ্লেষিত হলো তাকে '—' সূত্রক বলে। এই ক্ষণস্থায়ী দ্বিসূত্রক DNA অণু এখন Replicative for DNA (RF) বলে পরিচিত। একসূত্রক '+' দ্বিসূত্রক DNA অণুতে পরিণত হলেও দেখা গেছে অল্প সময়ের মধ্যে '—' সূত্রটি মুক্ত হয়ে যায় এবং '+' সূত্রটি অধিকাংশ সময় একসূত্রক অবস্থায় অবস্থান করে।

এই সকল ভাইরাস আক্রমণের পর তার DNA যখন পোষক কোষের ভিতর প্রবেশ করে তখন তার অণুসূত্রটির সমলিপন ঘটে। প্রক্রিয়ার প্রারম্ভে পোষক কোষের SSBP এসে সম্পূর্ণ অণুসূত্রটিতে একটি আবরণের সৃষ্টি করে। SSBP সমূহের সংযুক্তি খুবই সুশৃঙ্খলভাবে ঘটে থাকে। DNA অণুতে একটি ওরি অংশ রয়েছে। এই অংশের পর থেকে কিছু বাদ দিয়ে একটি একটি করে SSBP অণু পর পর এসে যুক্ত হতে থাকে। প্রথম SSBP অণুর সংযোগ ঘটলে পরবর্তী অণুগুলো খুবই দ্রুত যোগ হতে থাকে। M_{13} – DNA–এর ওরি অংশ থেকে ৫৯ টি নিউক্লিওটাইড বাদ দিয়ে SSBP–এর যোগসূত্র ঘটে।

যে অংশটুকুতে SSBP যুক্ত হয় না সে অংশটুকুতে ক্ষারকগুলো এমনভাবে সজ্জিত যে তা ঘুরে এসে চুলের কাঁটার ন্যায় একটি দ্বিহেলিক্সের সৃষ্টি করে। চুলের কাটার যে প্রান্ত $3' \rightarrow 5'$ মুখী হয়ে অবস্থান নেয় সেই প্রান্তের ৬টি নিউক্লিওটাইড অংশ বাদ দিয়ে সমলিপন শুরু হয়। RNA পলিমারেজ কি উপায়ে এই নির্দিষ্ট অংশটুকু সনাক্ত করে তা এখনও জানা যায়নি। উক্ত স্থানে যখন ২০ থেকে ৩০টি রাইবোনিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট একটি RNA প্রাইমার সংশ্লেষণ হয় তখন ইতোপূর্বে সৃষ্ট চুলের কাঁটার ন্যায় দ্বিহেলিক্স অংশটি একসূত্রকে পরিণত হয়। এবার সদ্য খুলে যাওয়া বাকি অংশটুকুতে SSBP অণু এসে মুক্ত হয়ে যায়। ঠিক এসময়ে পোষক কোষের DNA pol. III সক্রিয় হয়ে প্রাইমারের পর থেকে DNA সংশ্লেষণ শুরু করে এবং তা বর্ধিত করতে থাকে। সমলিপনের সাধারণ নিয়মানুযায়ী সংশ্লেষণের সাথে সাথে SSBP মুক্ত হয়ে যায়। সংশ্লেষণ শেষে '—' সূত্রটির প্রান্ত প্রাইমারের পিছনে এসে দাঁড়ায়। ধারণা করা হয় যে, সাধারণ নিয়মে এখানেও DNA pol.-I–এর সাহায্যে প্রাইমারটি মুক্ত হয়ে DNA সংশ্লেষণ সম্পন্ন হয় এবং সবশেষে লাইগেজের সাহায্যে কন্যা শৃঙ্খলের দুটি প্রান্তের সংযোগ ঘটিয়ে সমলিপন প্রক্রিয়া সম্পূর্ণ হয় (চিত্র ২.২২)।

M_{13} ফাজ DNA অণুর সমলিপনের সময় দেখা গেছে যে, এক্ষেত্রে সাধারণ RNA pol. (৭৪,০০০ আণবিক ওজন) এনজাইম প্রাইমার তৈরি করে। কিন্তু G_4 নামক ফাজের ক্ষেত্রে যে এনজাইমটি প্রাইমার তৈরি করে সেটি একটি ভিন্ন প্রকৃতির প্রোটিন। এটি *dna* G নামক জিন থেকে সৃষ্ট একটি মনোমার এনজাইম। এই এনজাইমকে *dna* G প্রোটিন – (৬০,০০০ আণবিক ওজন) এনজাইম বলে চিহ্নিত করা হয়েছে। সমলিপনের অন্যান্য প্রক্রিয়া M_{13}-এর অনুরূপ।

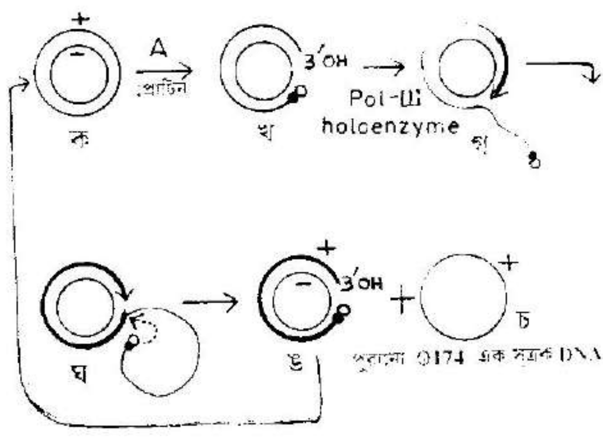
ØX174 ফাজ DNA অণুর সমলিপন প্রক্রিয়াটি M_{13} বা G_4 থেকে কিছুটা ভিন্ন প্রকৃতির। সমলিপনের প্রারম্ভে SSBP সম্পূর্ণভাবে DNA সূত্রকে আবৃত করে ফেলে। এই DNA অণুতে কোনো নির্দিষ্ট 'ori' অংশ সনাক্ত করা যায়নি। তবে এখানে প্রাইমিং–এর পূর্বে একটি প্রিপ্রাইমিং স্তর অতিক্রম করে। প্রিপাইমিং–এর জন্য n, n', n'', Dna T, Dna B ও Dna C নামক ছয়টি ভিন্ন ভিন্ন প্রকৃতির প্রোটিনের প্রয়োজন হয়। প্রিপ্রাইমিং-এর প্রথম স্তরে M_{13}–এর মতো একটি চুলের কাঁটার ন্যায় দ্বিহেলিক্স সৃষ্টি হয়। চুলের কাঁটার ন্যায় অংশের এক



চিত্র ২.২২ : M_{13} ও ØX174 ভাইরাসের একসূত্রক DNA থেকে দ্বিসূত্রক DNA অণুতে রূপান্তরের পদ্ধতি। (ক) M_{13} ভাইরাল DNA ; (খ) ØX174 ভাইরাল DNA.

প্রান্তে উক্ত ৬টি প্রোটিনের প্রয়োজন হয়। প্রোটিনগুলো চুলের কাঁটার ন্যায় অংশের গোড়ায় বিশেষ অংশে একত্রিত হয়ে DNA–প্রিপ্রাইমিং যৌগ গঠন করে। যৌগের মধ্যে অবস্থিত Dna G প্রোটিন প্রাইমেজ হিসেবে টেমপ্লেটকে সনাক্ত করে। এরপর M_{13} – DNA–এর অনুরূপ সমলিপন প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে। এখানে একটি বৈশিষ্ট্যপূর্ণ চরিত্র হচ্ছে যে M_{13} এবং G_4–এর DNA অণুসূত্রে একটিমাত্র চুলের কাঁটার ন্যায় আকৃতি গঠন করে । কিন্তু ∅X174–এর ক্ষেত্রে একই সময়ে বিভিন্ন স্থানে ৪ থেকে ৫টি চুলের কাঁটা আকৃতি সৃষ্টি করে (চিত্র ২.২৩)। মনে করা হয় যে, প্রাইমিং প্রোটিনগুলো বিভিন্ন স্থান নির্বাচন করে প্রাইমেজকে সক্রিয় করে তোলে। M_{13} বা G_4 এর ন্যায় ∅X174-এর ক্ষেত্রে নির্দিষ্ট অনুক্রমের প্রয়োজন হয় না (Ogawa ও Okazaki, ১৯৮০)।

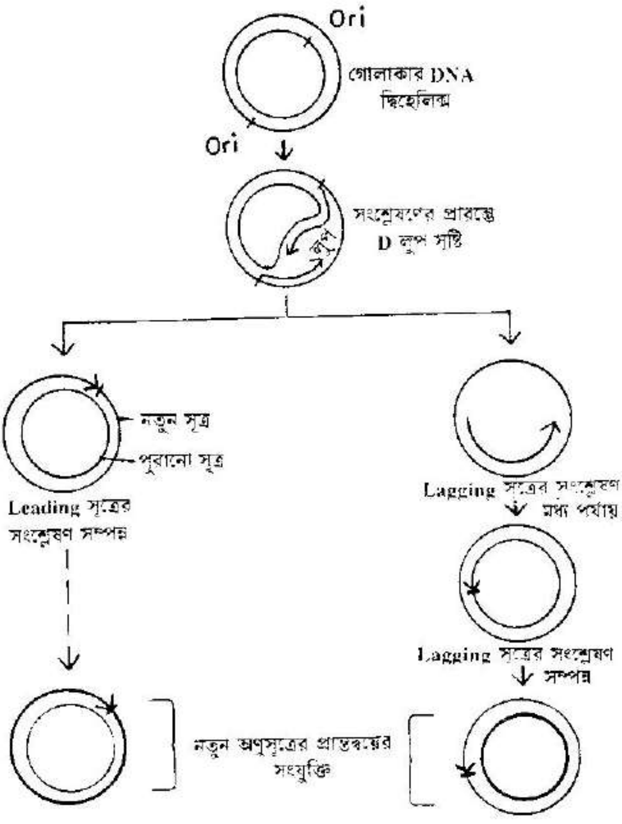
ভাইরাসের জিনোম DNA যখন দ্বিসূত্রক DNA তে (+ এবং —) পরিণত হয় তখন তা Rolling Circle Replication (RCR) পদ্ধতিতে '+' সূত্রকে মুক্ত করে দিয়ে '—' সূত্রটির উপর RCR প্রদ্ধতিতে প্রয়োজনীয় সংখ্যক অনুলিপি বা কপি তৈরি করে ফেলে (চিত্র ৬.২৩)।



চিত্র ২.২৩ : ∅X174 DNA সূত্র টেমপ্লেট হিসেবে একসূত্রক Viral circle। (ক) একসূত্রক DNA দ্বিসূত্রকে রূপান্তর ; (খ) A-প্রোটিন + DNA অণুসূত্রটির একটি p বন্ধনী মুক্ত হয়ে Ori অংশ সৃষ্টি করে ৫'– প্রান্তে যোগ হয় ; (গ) এবার '–' সূত্রটিকে Rolling Circle Replication (RCR) এর মাধ্যমে '+' সূত্রটিকে সরিয়ে ফেলে '–' সূত্রটিকে ব্যবহার করে সংশ্লেষণ শুরু করে ; (ঘ) সমলিপন দ্বি–বিভক্তিটি যখন ওরি অংশে পৌঁছে যায় তখন A-প্রোটিনটি সেখানে কেটে দেয় এবং নতুন DNA এর ৫'– প্রান্তে পুনঃসংযোগ ঘটায় ; (ঙ) 'খ' এর ন্যায় পুনরায় (RCR) সংশ্লেষণ করে, (চ) '+' সূত্রটিকে মুক্ত করে এবং সেটি সহযোজনী বন্ধনীর সাহায্যে প্রান্তদ্বয় সংযোজন করে পর্বাবস্থায় ফিরে যায়।

২.৪.২. মাইটোকন্ড্রিয়া এবং ক্লোরোপ্লাস্ট DNA অণুর সমলিপন (Replication of mitochondrial and chloroplast DNA molecule) : মাইটোকন্ড্রিয়া এবং ক্লোরোপ্লাস্ট DNA অণু দ্বিহেলিক্স এবং রিঙবিশিষ্ট। ব্যাকটেরিয়ার DNA অণুর সমলিপনের ন্যায় মাইটোকন্ড্রিয়া ও ক্লোরোপ্লাস্ট DNA অণুর সমলিপন ঘটে। তবে ব্যাকটেরিয়ার ন্যায় দ্বিমুখী না হয়ে একমুখী হয়ে অগ্রসর হয় (Clayton, ১৯৮২)। ব্যাকটেরিয়ার ন্যায় এখানে ওরি ('ori') অংশের অনুক্রম সুনির্দিষ্ট। এখানে উল্লেখ্য যে, দুটি সূত্রের ওরি অংশ ব্যাকটেরিয়ার মতো একই

হয়ে থাকে না, বরং দুটি ভিন্ন স্থানে উপস্থিত থাকে। প্রথমে H-নামক সূত্রের (৫'- মুখী) ওরি মুখ্য অগ্রণী সূত্রক) প্রাইমারিং হয়। এরপর DNA-pol টেমপ্লেটের উপর যখন প্রায় ৪৫০ টি নিউক্লিওটাইড সংশ্লেষ করে তখন তাকে দেখতে অনেকটা D- আকৃতির দেখায়। প্রাথমিক সমলিপন অবস্থায় এই D-আকৃতির গঠনকে D- লুপ (looped) বলা হয়। D-লুপের এই সংশ্লেষিত DNA অংশ বেশ ক্ষণস্থায়ী হয়। এই লুপটি আরও বৃদ্ধির পূর্বে ভেঙে যায় এবং একই নিয়মে আরও কয়েকবার এই লুপটি সৃষ্টি হয় এবং ভেঙে যায়। এভাবে কয়েকবার ঘটার পর যখন একটি স্থায়ীরূপ নেয় তখন কন্যা অণুসূত্রটি অগ্রণী সূত্রকের টেমপ্লেটের উপর বর্ধিত হতে থাকে সম্পূর্ণ অণুর প্রায় ৬০% অতিক্রম করার পর (*Drosophilla* -এর মাইটোকন্ড্রিয়ার ক্ষেত্রে প্রায় ৯৯%) যখন L-নামক সূত্রের ওরি অংশ পার হয়ে যায় তখন (ধীরগতীয় সূত্রক) সেই সূত্রটি সক্রিয় হয়ে প্রথমে প্রাইমিং হয় এবং পরে সংশ্লেষণ শুরু হয় (চিত্র ২.২৪)। মাইটোকন্ড্রিয়ার DNA সংশ্লেষণের সময় সাধারণভাবে সক্রিয় DNA pol. - III-এর পরিবর্তে DNA pol - γ নামক একটি ভিন্ন প্রকৃতির এনজাইম দ্বারা সম্পন্ন হয় (Zimmerman *et al.*, ১৯৮০)।



চিত্র ২.২৪ : ম্যামালিয়ান মাইটোকন্ড্রিয়ার সমলিপন প্রক্রিয়ার সময় D- লুপ সৃষ্টি। অগ্রণী ও ধীরগতীয় সূত্র দুটি ভিন্ন অংশ থেকে সৃষ্ট।

DHAKA

২.৫ ক্রোমোজোমের সমলিপন (Replication of chromosome)

একটি ইউক্যারিওট জীব কোষের বিভাজনের সময় ক্রোমোজোমের অনুরূপ আর একটি ক্রোমোজোম সৃষ্টি করে থাকে। কোষ যখন তার বিভাজনের জন্য প্রস্তুতি নেয় তখন তাকে তার পর্যায়-মধ্যক (interphase) স্তর পাড়ি দিতে হয়। এই পর্যায়-মধ্যক স্তরকে আবার তিনটি অধ্যায়ে বিভক্ত করা হয়েছে। প্রথমে G_1 নামক একটি জৈব সংশ্লেষণ অধ্যায় রয়েছে। এরপর যে গুরুত্বপূর্ণ অধ্যায় রয়েছে তাকে S বা DNA সংশ্লেষণ অধ্যায় বলে। এই অধ্যায়ে DNA অণুর সমলিপন কাজ সম্পন্ন হয়। একটি আদর্শ ইউক্যারিওটিক কোষে এই অধ্যায়টি পাড়ি দিতে প্রায় ৮ ঘণ্টা সময়ের প্রয়োজন হয়। এরপর রয়েছে G_2 অধ্যায়। এই অধ্যায়ে একটি ক্রোমাটিন আর একটি ক্রোমাটিনের সৃষ্টি করে। এই ক্রোমাটিন দুটি সেন্ট্রোমিয়ারের সাহায্যে যুক্ত থাকে। শেষ M অধ্যায়ে ক্রোমাটিনদ্বয় পরস্পর থেকে মুক্ত হয়ে ক্রোমোজোমে সংগঠিত হয়ে যায় যার পরিণতিতে কোষও বিভাজিত হয়ে কন্যা কোষে পরিণত হয় (চিত্র ২.২৫)। এখানে ক্রোমাটিন বা ক্রোমোজোমের সংখ্যা দ্বিগুণ করলেই হবে না, তার ক্রোমোজোমীয় হিস্টোন প্রোটিনেরও নতুন সেট তৈরি করতে হয়। প্রোক্যারিওটের ন্যায় DNA অণুসূত্র মুক্ত না থেকে নিউক্লিওজোমে সংগঠিত থাকে। ফলে এখানে সমলিপন প্রক্রিয়া অত্যন্ত জটিল উপায়ে সম্পাদন হয়।

চিত্র ২.২৫ : ইউক্যারিওটজাতীয় কোষ চক্রের বিভিন্ন অধ্যায়সমূহ।

ইউক্যারিওটের সমলিপন ওরি গুচ্ছাকারে সক্রিয় হয় (Replication origins are activated in clusters in eukaryotes) : প্রোক্যারিওট DNA অণুর সমলিপন তার একটিমাত্র ওরি অংশ থেকে শুরু করে। অর্থাৎ এর মাত্র একটি রেপ্লিকন রয়েছে। এখানে দুটি সমলিপন দ্বি-বিভক্তি সৃষ্টি হয়ে তা দ্বিমুখী উপায়ে অগ্রসর হয়। প্রতিটি দ্বি-বিভক্তি প্রতি সেকেন্ডে কমপক্ষে প্রায় ৮০০ নিউক্লিওটাইড অতিক্রম করে এক সময় দুটি কন্যা DNA হেলিক্সের সৃষ্টি করে।

[illegible] এর শেষ দিকে বিজ্ঞানীগণ ইউক্যারিওট DNA–এর সমলিপন প্রক্রিয়া উদ্ঘাটনের [illegible] নিবিড় পরীক্ষা নিরীক্ষা শুরু করেন। তেজস্ক্রিয় dNTP নিয়ে পরীক্ষা করে প্রাথমিকভাবে [illegible] দ্বি-বিভক্তির অস্তিত্ব ও তার গতি প্রকৃতি নির্ণয় করতে বিজ্ঞানীরা সক্ষম হন। দেখা [illegible] সমলিপন দ্বি-বিভক্তি প্রতি সেকেন্ডে মাত্র গড়ে ৫০ থেকে ৬০ টি নিউক্লিওটাইড অতিক্রম [illegible] – প্রোক্যারিওটের তুলনায় মাত্র $\frac{১}{১৬}$ অংশ। তাছাড়া এখানে রেপ্লিকনের সংখ্যা কয়েকশত [illegible] থেকে হাজার হয়ে থাকে থাকে। রিপ্লিকনের দৈর্ঘ্য নির্ণয় করে দেখা গেছে তা কয়েকশ [illegible] থেকে হাজার কিলো ক্ষারক জোড় পর্যন্ত হতে পারে। (সারণি ২.৫)। এ থেকে সহজেই অনুমান করা যায় যে, ক্রোমাটিন DNA–এর সাথে হিস্টোন প্রোটিনের যে নিবিড় সম্পর্ক (নিউক্লিওজোম) রয়েছে তা অবশ্যই সমলিপনের গতিকে ধীর করে দিচ্ছে।

সারণি ২.৫ : প্রোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটের রেপ্লিকন সংখ্যা ও তার গতিপ্রকৃতি।

প্রজাতি	রেপ্লিকন সংখ্যা	গড় দৈর্ঘ্য (কি.বে.)	দ্বি–বিভক্তির গতি (ক্ষারক জোড়/মিনিট)
E. coli	১	৪,৫০০	৫০,০০০
Saccharomyces cerevisiae	৫০০	৪০	৩,৬০০
Drosophila melanogaster	৩,৫০০	৪০	২,৬০০
Xenopus laevis	১৫,০০০	২০০	৫০০
Muscus muscullus	২৫,০০০	১৫০	২,২০০
Vicia faba	৩৫,০০০	৩০০	—

ইউক্যারিওটের কোষে একাধিক ক্রোমোজোম থাকে। প্রতিটি ক্রোমোজোমে একটিমাত্র DNA অণু রয়েছে এবং এর দুটি মুক্ত প্রান্ত রেয়েছে। উদারহণস্বরূপ, মানুষের কোষে ক্রোমোজোম রয়েছে ২৩ জোড়া। হিসাব করে দেখা গেছে, মানুষের একটি ক্রোমোজোমে যে DNA অণুসূত্র রয়েছে সেখানে গড়ে প্রায় ১৫০ মিলিয়ন নিউক্লিওটাইড জোড় রয়েছে। যদি ব্যাকটেরিয়ার মতো একটিমাত্র ওরি অংশ থেকে সমলিপন দ্বি-বিভক্তির সৃষ্টি হয় এবং তার গতি যদি প্রতি সেকেন্ডে মাত্র ৫০ থেকে ৬০ টি করে নিউক্লিওটাইড দৈর্ঘ্য অতিক্রম করে তবে তা শেষ করতে সময় লাগবে প্রায় ৮০০ ঘন্টা ($০.০২ \times ১৫০ \times ১০^{৬} = ৩.০ \times ১০^{৬}$ /সেকেন্ড)। কিন্তু বিভাজনক্ষম কোষের কোষ–চক্রের S- অধ্যায়টি সম্পন্ন হতে সময় লাগে মাত্র ৭ ঘন্টা। এই অল্প সময়ের মধ্যে সমলিপন কাজটি কিভাবে সম্পন্ন করবে তা দেখতে গিয়ে বিজ্ঞানীগণ পুনরায় তেজস্ক্রিয় dNTP নিয়ে পরীক্ষা শুরু করেন। তাঁরা দেখতে পান যে DNA অণুসূত্রের বিভিন্ন স্থানে বিভিন্ন দৈর্ঘ্যের দ্বি-বিভক্তি রয়েছে। এই সকল দ্বি-বিভক্তির অনেকগুলো একটি আর একটির সাথে কোনো কোনোটি মিশে গেছে। তবে এই দ্বি-বিভক্তিসমূহ এলাকাভিত্তিক। অর্থাৎ ক্রোমাটিনের একটি অংশে যখন অনেকগুলো দ্বি-বিভক্তি সৃষ্টি হচ্ছে তখন অন্য অংশে একটিও সৃষ্টি হয়নি। পরবর্তীকালে আরও অন্যান্য পরীক্ষা দ্বারা বিজ্ঞানীগণ নিম্মোক্ত বিষয় সম্পর্কে স্থির সিদ্ধান্তে উপনীত হন।

১. (ক) সমলিপন ওরি অংশ একই সময়ে এলাকাভিত্তিক গুচ্ছাকারে সক্রিয় হয়। এই গুচ্ছাকার ওরিকে সমলিপন একক (replication unit) বলে। প্রতি এককে ওরির সংখ্যা ২০ থেকে ৮০টি।

(খ) ওরি অংশ নিউক্লিওজোমের বাইরের linker DNA অংশে অবস্থিত (Grun ও Sugo, ১৯৯২)।

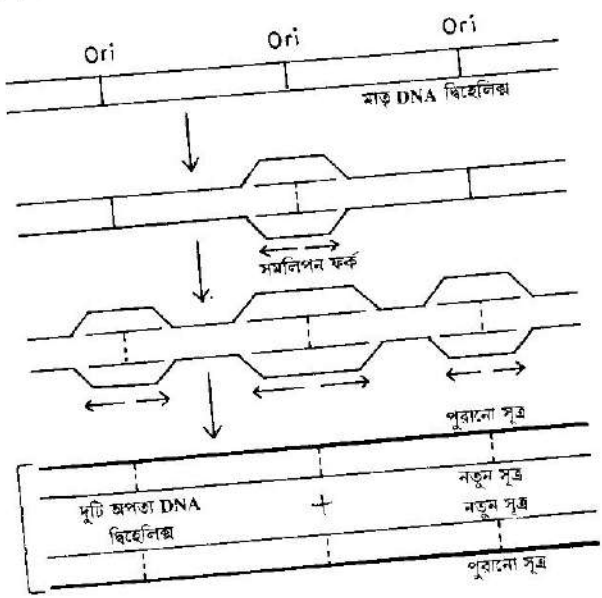
২. একটি সমলিপন এককের সমলিপন শেষ হলে অন্য এলাকা একই উপায়ে সক্রিয় হয় এবং এভাবে বিভিন্ন একক বিভিন্ন সময়ে আরম্ভ ও শেষ হয়ে সম্পূর্ণ DNA অণুটি এক সময়ে দুটি কন্যা DNA অনুর সৃষ্টি করে।

৩. কোনো সমলিপন একক একবার সক্রিয় হলে নির্দিষ্ট S-অধ্যায়ে দ্বিতীয়বার সক্রিয় হয় না।

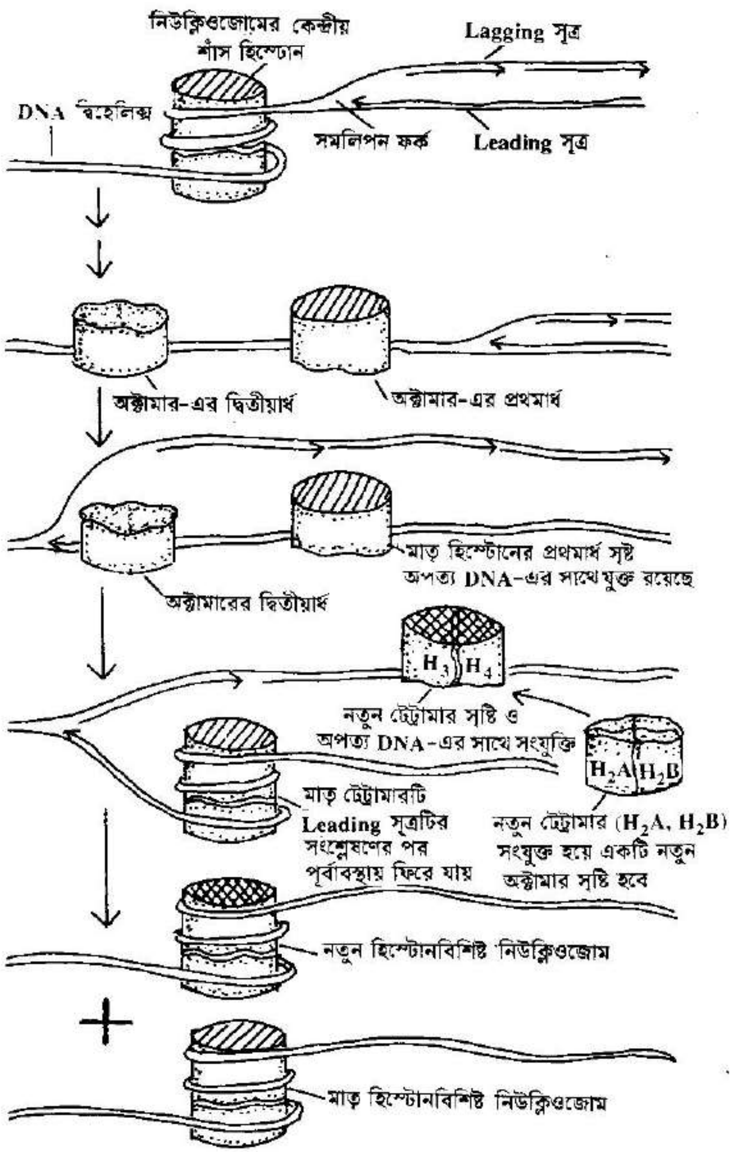
৪. প্রতিটি এককের অন্তর্গত একটি ওরি থেকে আর একটি ওরি প্রায় ৩০,০০০ থেকে ৩,০০,০০০টি নিউক্লিওটাইড দূরত্বে অবস্থান করে।

৫. ব্যাকটেরিয়ার মতো প্রতি ওরি অংশে একটি দ্বি-বিভক্তির সৃষ্টি হয়ে দ্বিমুখী হয়ে অগ্রসর হতে থাকে। অন্য আর একটি দ্বি-বিভক্তির মুখোমুখী হলে তখন দ্বি-বিভক্তি দুটি মিশে যায়। এ উপায়ে একটি সমলিপন এককের সমলিপন শেষ হয়ে ধাপে ধাপে অন্য এককসমূহের শেষে তা মিশে গিয়ে একটি বৃহৎ DNA অণুসূত্রের সমলিপন সম্পূর্ণভাবে শেষ হয় (চিত্র ২.২৬)।

৬. DNA-এর প্রাইমিং এবং DNA-এর সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া প্রোক্যারিওটের মতো। এখানে DNA পলিমারেজের প্রকৃতি ভিন্ন হয়ে থাকে। অগ্রণী সূত্রকটির সংশ্লেষণের জন্য DNA পলিমারেজ ডেল্টা (DNA pol-δ)-এর ধীরগতীয় সূত্রকের সংশ্লেষণের জন্য DNA পলিমারেজ আলফা (DNA pol - ∝) এনজাইমের প্রয়োজন হয়।



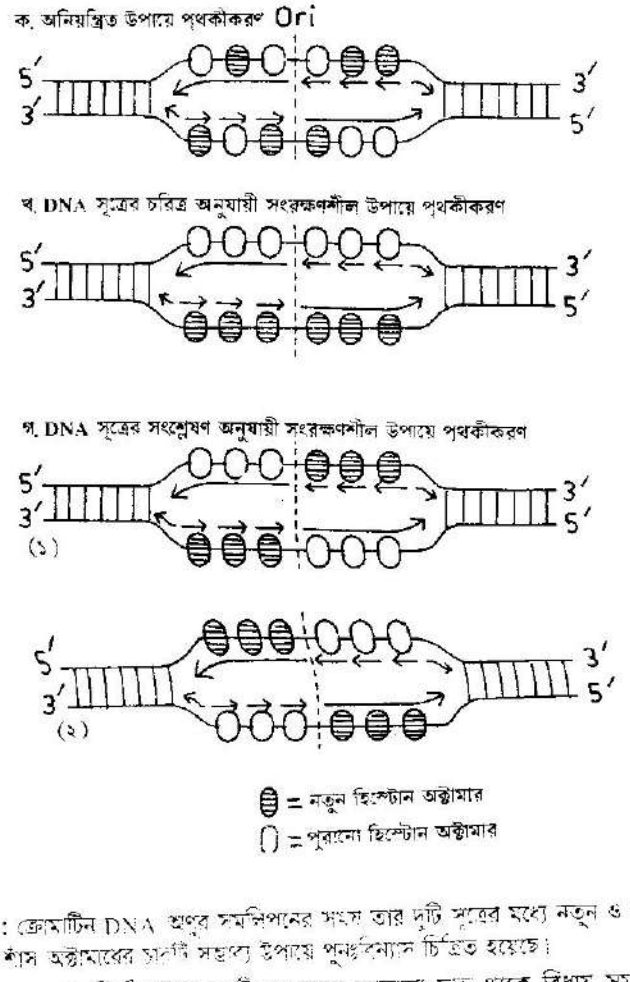
চিত্র ২.২৬ : ইউক্যারিওটিক DNA-এর সমলিপন প্রক্রিয়ার ধারণা যা প্রথমদিকে বিজ্ঞানীগণ বি পরীক্ষা থেকে প্রমাণ করেন। দুটি সমলিপন ওরি অংশ একটি থেকে আর একটির দূরত্ব প্রায় ৩০,০০০ থেকে ৩,০০,০০০টি নিউক্লিওটাইড।



চিত্র ২.২৭ : ইউক্যারিওটিক ক্রোমাটিনে নিউক্লিওজোম যে কৌশলে বিভক্ত হয়ে DNA অণুর সমলিপন সম্পন্ন করে তার একটি কল্পিত মডেল।

ইউক্যারিওট DNA-এর সমলিপন বিষয়ে আর একটি সমস্যা হলো যে, DNA সূত্রটি হিস্টোন প্রোটিনের চারদিকে পেঁচিয়ে নিউক্লিওজোমে সুসংগঠিত রয়েছে। যেহেতু DNA অণুসূত্র

অর্ধরক্ষণশীল পদ্ধতিতে সমলিপন করে থাকে সেহেতু হিস্টোন প্রোটিনসমূহ কিভাবে দুটি অণুসূত্রের মধ্যে পুনঃবিন্যস্থ হবে তা এখনও পরিষ্কারভাবে জানা সম্ভব হয়নি। সমলিপনের পর ক্রোমাটিন দ্বিগুণ হবার জন্য সমপরিমাণ হিস্টোন প্রোটিনের প্রয়োজন হয়। অধিকাংশ প্রোটিন G_1 অধ্যায়ে সংশ্লেষণ হয়ে থাকলেও দেখা গেছে হিস্টোন প্রোটিনসমূহ কেবল S-অধ্যায়ে সংশ্লেষণ হয় (Kedis, ১৯৭৯)। যখন কোনো হিস্টোন প্রোটিন DNA–এর সাথে কোনো স্থানে সংযুক্ত হয় তখন তা স্থায়ীভাবে একই স্থানে অবস্থান করতে থাকে।



চিত্র ২.২৮ : ক্রোমাটিন DNA অণুর সমলিপনের সময় তার দুটি সূত্রের মধ্যে নতুন ও পুরাতন হিস্টোন প্রোটিন অক্টামারের সার্বিক সম্ভাব্য উপায়ে পুনর্বিন্যাস চিত্রিত হয়েছে।

DNA অণুসূত্রটি হিস্টোন প্রোটিনের সাথে দৃঢ়ভাবে যুক্ত থাকে বিধায় সমলিপনের সময় সমলিপন দ্বি-বিভক্তিটি কিভাবে অগ্রসর হয় বা পলিমারেজ এনজাইম কিভাবে কাজ করে থাকে সে সম্পর্কে বিজ্ঞানীগণ বিভিন্ন উপায়ে ব্যাখ্যা করেছেন। একটি মতে উল্লেখ করা হয়েছে যে, সমলিপনের সময় প্রতিটি নিউক্লিওজোম ক্ষণস্থায়ী বিভক্ত হয়ে "অর্ধনিউক্লিওজোমে" পরিণত

[illegible] এসময়ে সমলিপন দ্বি-বিভক্তি হিস্টোনের পৃষ্ঠদেশ ঘেঁষে অগ্রসর হয় এবং তখনই [illegible] এনজাইমসমূহ সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে। সমলিপন দ্বি-বিভক্তির পশ্চাতে অগ্রণী সূত্রটিতে যে কন্যা অণুসূত্রটি সংশ্লেষণ করে অগ্রসর হতে থাকে সেটি তখন হিস্টোন থেকে টেম্পলেট সূত্রকটি মুক্ত হতে থাকে। বিভক্ত হিস্টোন অংশ পার হয়ে পরবর্তী নিউক্লিওজোমে [illegible] করলে পূর্বে খুলে যাওয়া নিউক্লিওজোমের হিস্টোন অংশের পুনঃসংযোগ ঘটে যায়। এই পদ্ধতিতে পুরানো মাতৃ হিস্টোনসমূহ অগ্রণী সূত্রকের দ্বিহেলিক্সটি উত্তরাধিকার প্রাপ্ত হয় এবং টেম্পলেট সূত্রকটিতে সম্পূর্ণভাবে নতুন হিস্টোনসমূহ প্রাপ্ত হয় (চিত্র ২.২৭)।

অন্য আর একটি মত হচ্ছে, কিছু পুরাতন ও কিছু নতুন হিস্টোন মিলে কন্যা ক্রোমাটিডদ্বয়ের সৃষ্টি হয়। ইতোমধ্যে কিছু কিছু প্রমাণ দাঁড় করানো হয়েছে যে ক্রোমাটিনে নতুন ও পুরাতন হিস্টোনের সংমিশ্রণ হলেও যে কোনো একটি অক্টামারের মধ্যে কখনও সংমিশ্রণ ঘটে না। হিস্টোনের এই রক্ষণশীল চরিত্র থেকে ধারণা দেয়া হয় যে, নতুন এবং পুরাতন দুইয়ের লক্ষহীন উপায়ে কন্যা DNA অণুসূত্রদ্বয়ে পুনঃসংযোজন ঘটে (চিত্র ২. ২৮)।

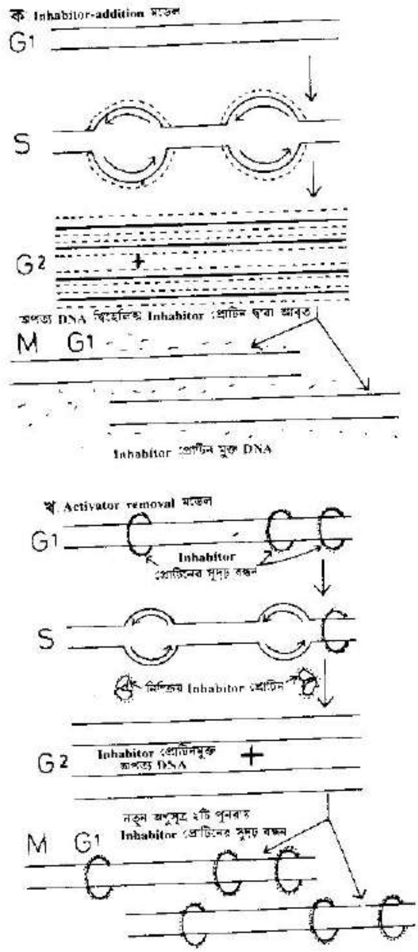
নতুন অক্টামার ধাপে ধাপে সৃষ্টি হয়। যেখানে DNA অণুসূত্রের গায়ে একটি নতুন অক্টামার সৃষ্টি হবে সেখানে প্রথমে H_3 এবং H_4 হিস্টোনের দুই প্রস্থ করে অণু এসে সংযুক্তি ঘটাবে। DNA-এর সংশ্লেষণ চলতে থাকা অবস্থায় উক্ত হিস্টোনদ্বয়ের সাথে দ্বিতীয় ধাপে H_2A এবং H_2B হিস্টোনদ্বয়ে দুই প্রস্থ করে অণুর সংযোজন হয়ে হিস্টোন কোর বা শাঁস অক্টামার সৃষ্টি করে (Gruss ও Sago. ১৯৯২) সবশেষে H1 হিস্টোনের সংযোগ ঘটে।

ক্রোমোজোমের বিভিন্ন অংশ বিভিন্ন সময়ে সমলিপন করতে থাকে : কোষবিজ্ঞানীগণ যখন ক্রোমোজোম রঞ্জিত করে ক্যারিওটাইপ (karyotype) পরীক্ষা করেন তখন তাঁরা বিভিন্ন রঞ্জক পদার্থ ব্যবহার করে থাকেন। মাইটোসিসের প্রারম্ভে রঞ্জক পদার্থ দিয়ে ক্রোমোজোম রঞ্জিত করলে তা সমভাবে রঙ গ্রহণ করে না। কোথাও হাল্কা (R-বন্ধনী) এবং কোথাও গাঢ় (G-বন্ধনী) রঙ ধারণ করে। এরূপ অবস্থায় একটি ক্রোমোজোমে প্রায় ২,০০০ টি R-বন্ধনী এবং অনুরূপ সংখ্যক G-বন্ধনীর অস্তিত্ব গণনা করা হয়েছে। আণবিক জীববিজ্ঞানীগণ দেখেছেন যে, R-বন্ধনী অংশগুলো G≡C সমৃদ্ধ এবং G-বন্ধনী গুলো A=T সমৃদ্ধ। এ চরিত্র থেকে বিজ্ঞানীগণ ধারণা দেন যে S-অধ্যায়ে এইসব A=T ও G≡C অঞ্চলসমূহ একই সাথে বা একই সময়ে সমলিপন না করে ভিন্ন ভিন্ন সময়ে সমলিপন করে থাকে। GC সমৃদ্ধ অঞ্চলসমূহ S-অধ্যায়ের প্রথমার্ধে এবং AT সমৃদ্ধ অঞ্চলসমূহ S-অধ্যায়ের দ্বিতীয়ার্ধে সমলিপন করে (Lewin. ১৯৯৪)।

কোনো একটি ক্রোমাটিন সূত্রের বিভিন্ন অঞ্চল বিভিন্ন সময়ে সমলিপন করলে তা কিভাবে নিয়ন্ত্রিত হয় সে সম্পর্কেও বিজ্ঞানীগণ বিভিন্নভাবে ব্যাখ্যা করেছেন। কোনো এক অংশে সমলিপন শেষ হলে, দেখা গেছে, অন্য অংশে তখনও আরম্ভ হয়নি। অথচ কোনো অংশের সমলিপন একবার সম্পন্ন হলে সেই কোষচক্রে তা আর দ্বিতীয়বার সক্রিয় হয় না।

বিজ্ঞানীগণ এই বিষয়টিকেও দু'ভাবে ব্যাখ্যা করেছেন। একটি ব্যাখ্যায় বলা হয়েছে সমলিপন সূচনাকারী প্রোটিন সমলিপনের পরও DNA-এর সাথে সুদৃঢ়ভাবে সংযুক্ত থাকে ফলে তা দ্বিতীয়বার সমলিপনে বাধা দেয়।

অন্য আর একটি ব্যাখ্যায় বলা হয়েছে যে, সমলিপন বাধা দানকারী প্রোটিনসমূহ সমলিপন দ্বি-বিভক্তি অগ্রসর হওয়ার সময় তা মুক্ত হয়ে যায় এবং পরে কন্যা DNA সৃষ্টি হয়ে গেলে G_2 অধ্যায়ে তাকে প্রোটিন দিয়ে সংরক্ষণ করে রাখে (চিত্র ২.২৯)।



চিত্র ২.২৯ : সমলিপনের সময় সমলিপন ব্লক পদ্ধতিতে যে উপায়ে বিভিন্ন অংশের সংশ্লেষণ একই কোষচক্রে সুনিয়ন্ত্রিত হয় তার সম্ভাব্য প্রক্রিয়া। (ক) বাঁধাদানকারী সংযোজন (Inhibitor addition) মডেল ; (খ) সক্রিয়ক বিমুক্তি (Activator removal) মডেল।

তথ্যপঞ্জি

Abdel-Monem. M. and H. Hoffman-Berling. 1980. *Trends Biochem. Sci.*. 5 : 128-136.

Baker, T.A. and A. Kornberg. 1991. *DNA replication. 2nd. ed.* W.H. Freeman and Co. New York.

[illegible] 1963. *J. Mol. Biol.*, 6 : 208-213.

[illegible] T.A. 1982. *European J. Biol.*, 57 : 112-130.

[illegible] H.C. J.C. Wang and C. Bauer. 1979. *J. Mol. Biol.*, *129* : 449-461.

[illegible], W.L. and B.J. Brewer. 1991. *Ann. Rev. Cell Biol.*, 7 : 375-402.

[illegible], J.R. and J.M. Clarkson. 1975. *European J. Biochem.*, *50* : 403-412.

[illegible] and Jose' M. Sago. 1992. *Bio Essays*, *14(1)* : 1- 8.

[illegible], C. and T. Humberman. 1975. *European J. Biochem.*, *50* : 615-620.

[illegible], L. 1979. *Ann. Rev. Biochem.*, *48* : 837-870.

[illegible], A. 1961. The Enzymatic synthesis of DNA. Wiley, London.

[illegible], B., M. Abdel-Monem, H. Krell and H. Hoffman -- Berling. 1978. *J. Biochem, European.*, *53* : 113-118.

[illegible], B. 1994. *Gene* V ; Oxford Univ. Press, London.

Magnussen, G., V. Pigiel, E.L. Winnacher, R. Abrams and P. Richard. 1973. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA.*, *70* : 412-415

Maki, S. and A. Kornberg 1988. *J. Biol. Chem.* *263* ; 6561-6569.

Maki, H., S. Maki and A. Kornberg. 1988. *J. Biol. Chem.*, *263* : 6570-6578.

McHenry, C. and A. Kornberg, 1977. *J. Biol. Chem.*, *255* : 111O-1117.

Meselson, M. and F.W. Stahl. 1957. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, *44* : 671-682.

Mok, M. and K. J. Marians. 1987. *J. Mol. Biol.*, *94* : 127-131.

O' Donnell, M. 1992. *BioEssays*, *14 (2)* : 102-111

Ogata, T. and T. Okazaki. 1980. *Ann. Rev. Biochem.* *49* : 421-457.

Okazaki. R., T. Okazaki. K. Sakabe, K. Sugimoto and A. Sugino. 1968. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 59 : 598-605.

Wang, J.C. 1985. *Ann. Rev. Biochem.*, *54*: 665-698.

Weiner, J.H.I.L.L. Bertsch and A. Kornberg. 1955. *J. Biol. Chem.*, *250*. 1972-1979

Zimmerman, W. S.M. Chen, A. Bolden and A. Weissbach. 1980. *J. Biol. Chem.*, *255* : 11847-11852.

তৃতীয় অধ্যায়

জিন ও জৈবিক সংকেত

Gene and Biological Information

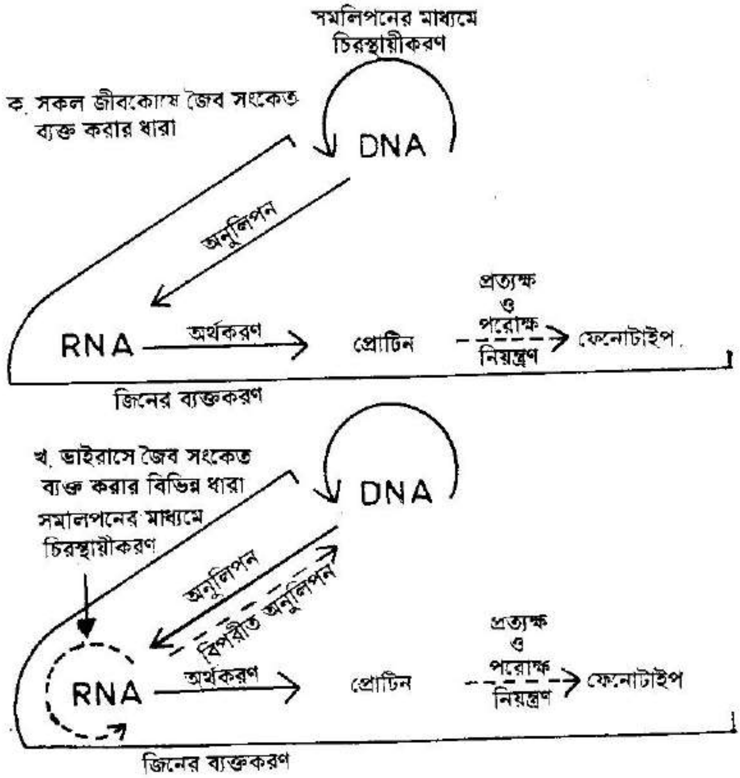
জীবের সকল চরিত্র তার জিনোম তথা DNA অণু বা অণুসমষ্টির মধ্যে নিহিত। জৈবনিক সব চরিত্র ও জীবের বিপাকীয় ক্রিয়া-কর্ম প্রত্যক্ষ এবং পরোক্ষভাবে DNA নিয়ন্ত্রণ করে থাকে। নিয়ন্ত্রক পদার্থ হিসেবে DNA সরাসরি এনজাইম ও প্রোটিন অণু সৃষ্টি করে। একটি *E. coli* নামক সরল ক্ষুদ্রকায় ব্যাকটেরিয়ার সব ক্রিয়া-কর্ম সম্পাদন করতে প্রায় ১,৮০০টি এনজাইম বা প্রোটিনের প্রয়োজন হয়। এসব এনজাইম ও প্রোটিন আবার একই সময়ে সৃষ্টি না হয়ে তা বিভিন্ন প্রয়োজনে বিভিন্ন সময়ে সৃষ্টি করে এবং প্রয়োজনে বা অপ্রয়োজনে ধ্বংস হয়। এই বিপুল ক্রিয়া-কর্ম অত্যন্ত সুনির্দিষ্ট এবং সুনিপুণ উপায়ে পরিচালিত হয়।

জীবন ধারণের জৈবনিক ক্রিয়া-কর্ম কি উপায়ে পরিচালিত হয় তা নিয়ে জৈব রসায়ন বিজ্ঞান ও শারীরবিজ্ঞানের অনেক তথ্য ও তত্ত্ব ইতোপূর্বে সমৃদ্ধি লাভ করলেও এর সামগ্রিক কেন্দ্রবিন্দু হিসেবে DNA অণুর নিয়ন্ত্রণ ক্ষমতার বিষয়টি মাত্র কয়েক বছর পূর্বে ব্যাপক স্বীকৃতি লাভ করে। Watson-Crick – এর DNA মডেল প্রকাশিত হবার পর এ বিষয়ে বিভিন্ন রহস্য উন্মোচনের ধারা সঠিক গতিপথে অগ্রসর হতে থাকে। জীবের প্রত্যেক ক্রিয়া-বিক্রিয়া যেসব এনজাইম ও প্রোটিনের মাধ্যমে নিয়ন্ত্রিত হয় তার সকলেই DNA অণুর বিভিন্ন অংশ থেকে সুনির্দিষ্ট উপায়ে সৃষ্টি হতে থাকে। DNA অণুর এই সুনির্দিষ্ট নিয়ন্ত্রণকারী অংশকে জিন (Gene) বলে। ১৯০৩ সালে বিজ্ঞানী Johansen প্রথমে বংশচরিত্রের নিয়ন্ত্রক বস্তুকে জিন নামে অবিহিত করেন। জিনকে জৈব চরিত্রের নিয়ন্ত্রণকারী একক হিসেবে চিহ্নিত করা হয়। বর্তমানে DNA অণুর যে অংশবিশেষ একটি পলিপেপটাইড উৎপাদনের সংকেত বহন ও তার প্রকাশ করার ক্ষমতা রাখে তাকে জিন বলে।

৩.১. সেন্ট্রাল ডগমা (Central Dogma)

জিন যখন কার্যকর হয় তখন তার সংকেত ব্যক্ত করে থাকে। জিনের সংকেত ব্যক্ত করার উপায় সম্পর্কে ধারণা দিতে গিয়ে ১৯৫৬ সালে Crick একটি মতবাদ প্রকাশ করেন, যা সেন্ট্রাল ডগমা বা কেন্দ্রিয় নীতি (Central Dogma) নামে সুপরিচিত। জিনের অন্তর্গত DNA অংশে যে জৈব সংকেত নিহিত রয়েছে তা প্রথমে একটি RNA অণু এবং পরে একটি প্রোটিন অণুতে রূপান্তর বা পরিবর্তন করে থাকে। বিজ্ঞানী Crick আরও ধারণা দেন যে, DNA-এর এই সংকেত প্রবাহ সবসময় একমুখী। অর্থাৎ DNA থেকে একবার সংকেত স্থানান্তর হয়ে গেলে তার কোনো অধ্যায় থেকে বিপরীতমুখী হয়ে DNA অণুতে আর ফিরে আসে না। Crick-এর এই ধারণাটি বিভিন্ন গবেষণার মাধ্যমে শীঘ্রই প্রতিষ্ঠা লাভ করে। এসময়ে Temin ও Baltimore নামক দুই বিজ্ঞানী আলাদা আলাদাভাবে ঘোষণা দেন যে, কোনো কোনো ভাইরাসে (retroviruses) জিনোম হিসেবে যে, RNA অণু রয়েছে সেটি তার প্রয়োজনে সংবাদ প্রবাহের সময় প্রথমে একটি DNA অণু সৃষ্টি

করে সংকেত স্থানান্তর করে এবং তারপর উক্ত প্রবাহ সেন্ট্রাল ডগমার নিয়ম অনুসরণ করে চলে। এ সত্ত্বেও সেন্ট্রাল ডগমার মূল ধারণার পরিবর্তন ঘটেনি। আণবিক জীববিজ্ঞানীদের নিকট তাই সেন্ট্রাল ডগমা একটি মৌলিক ধারণা হিসেবে সুবিবেচিত (চিত্র ৩.১)।



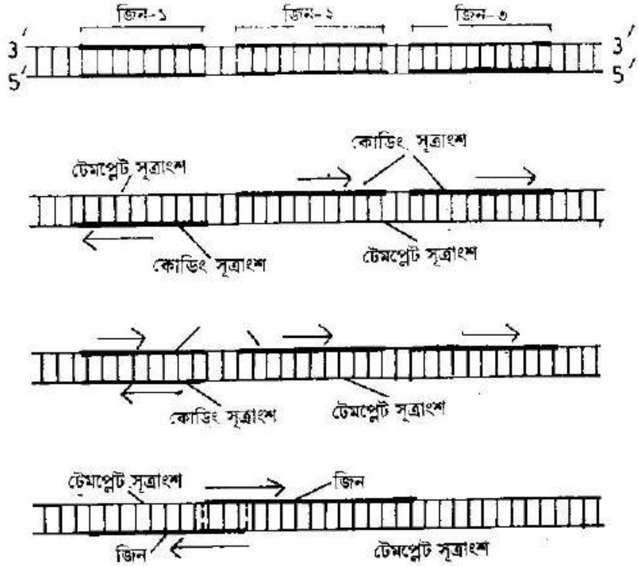
চিত্র ৩.১ : Crick এর প্রস্তাবিত সেন্ট্রাল ডগমা ও তার আধুনিক ধারণা।

সেন্ট্রাল ডগমার সাহায্যে Crick দুটি বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ বিষয়ের অবতারণা করেন। একটি বিষয় হচ্ছে DNA অণুতে যে সংকেত রয়েছে তার চিরস্থায়ীকরণ (perpetuation) বা বিলুপ্ত থেকে রক্ষা করে। আর একটি হচ্ছে সংরক্ষিত সংকেতের বিকাশ (expression) সাধন। DNA অণু যে সংকেত বহন করছে তাকে একটি স্থায়ী রূপ দিতে নিজকে সমলিপনের মাধমে বংশ পরম্পরায় সংরক্ষণ করে যাচ্ছে। এর ফলে তার সাংকেতিক চরিত্র কখনও হারিয়ে যায় না। প্রতি বংশধারায় বা জনুধাপে সংরক্ষিত সংকেতসমূহ অনুলিপন ও অর্থকরণের মাধ্যমে প্রকাশ করে সমন্বিত উপায়ে একটি জীব সৃষ্টি করে।

৩.২. জিন DNA অণুর অংশবিশেষ (Genes are segments of DNA molecule)

DNA অণু তার সংরক্ষিত সংকেত প্রকাশ করার জন্য সৃষ্টি করে এক জটিল জৈবনিক ভাষা। ভাষার অর্থবোধক পূর্ণাঙ্গ বিশেষ বিশেষ সংকেত বহনকারী DNA অংশকে জিন বলে চিহ্নিত করা

হয়। একটি জিন কি প্রকৃতির কাজ করবে বা জিনটি কি প্রকৃতির জৈবনিক সংকেত বহন করছে তা নির্ভর করে তার DNA অংশের ক্ষারক অনুক্রমের মধ্যে। সুতরাং দেখা যাচ্ছে, DNA অণুতে যে বিপুল সংখ্যক ক্ষারক জোড় রয়েছে তার নির্দিষ্ট অংশে নির্দিষ্ট জৈব সংকেত সংরক্ষণ করে এবং তা প্রয়োজনে প্রকাশ করে থাকে।



চিত্র ৩.২ : DNA অণুসূত্রে জিনের অবস্থান ও তার মুখীতা। (ক) পরপর সজ্জিত জিন ও তার বিভক্ত অংশ; (খ) জিনের কোডিং এবং টেমপ্লেট সূত্র ও তার মুখীতা ; (গ) ম্যামালিয়ান মাইটোকন্ড্রিয়াল জিনের দুটি DNA সূত্রই কোডিং ও টেমপ্লেট হিসেবে ব্যবহৃত হয় ; (ঘ) একটি জিনের ভিতর আর একটি জিনের অবস্থান ও তার কোডিং সূত্র।

DNA অণুর যে অংশে একটি জৈব সংকেত (জিন) ক্ষারক অনুক্রমে সজ্জিত রয়েছে তা প্রথমে একটি RNA অনুলিপনের মাধ্যমে রূপান্তর বা ব্যক্ত করে থাকে। সৃষ্ট RNA অণু শীঘ্র পরবর্তী ধাপে অর্থকরণের মাধ্যমে একটি এনজাইম বা প্রোটিন তৈরি করে। জৈব সংকেত প্রকাশের প্রধান এই দুটি ধাপকে জিনের বিকাশ (gene expression) বলে। প্রত্যেকটি জিন একে অপর থেকে ভিন্ন। কারণ এদের প্রত্যেকের রয়েছে ভিন্ন ভিন্ন ক্ষারক সংখ্যা ও ক্ষারক অনুক্রম। যেমন– একটি বইতে যে অনুচ্ছেদ গঠন করা হয় সেখানে কোনো দুইটি বাক্য একই রকম নয়। বাক্য গঠনের জন্য যে সকল শব্দ বা অক্ষর পরপর সজ্জিত করা হয়ে থাকে তা অত্যন্ত বৈচিত্র্যপূর্ণ উপায়ে অর্থবোধক সংকেত বহন করে থাকে। জিনের অন্তর্গত DNA সূত্রের ক্ষারক অনুক্রমেও বিশেষ বিশেষ অর্থবোধক সংকেত নিহিত রয়েছে। DNA অণু দ্বিসূত্রক, কিন্তু জিনের সংকেত তার যে কোনো একটিমাত্র হেলিক্সে সংরক্ষিত। দ্বি-হেলিক্সের যে সূত্রটি জিনের সংকেত বহন করে তাকে কোডিং সূত্র বলে। কোডিং সূত্রের বিপরীতে যে সূত্রটি থাকে তাকে টেমপ্লেট বলে। উক্ত

... সূত্রটি এই ক্ষেত্রে অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ। কারণ RNA অনুলিপনের জন্য এর অপরিহার্য ভূমিকা রয়েছে। এই টেমপ্লেট সূত্রটির উপর যে RNA অনুলিপন হবে সেটি কোডিং সূত্রের অনুরূপ। এখানে উল্লেখ্য যে, প্রত্যেকটি জিনের একটিমাত্র কোডিং সূত্র থাকলেও কোনো দুইটি জিনের কোডিং অংশ একই সূত্রে নাও থাকতে পারে (চিত্র ৩.২ ক, খ)। অপর দিকে একটি জিনের কোডিং সূত্র অন্য আর একটি জিনের টেমপ্লেট সূত্র হতে পারে (চিত্র ৩.২ গ)। কখনও কখনও, বিশেষ করে ভাইরাসের কোনো কোনো জিন আর একটি জিনের অংশবিশেষ বা তার ... অবস্থান করে (চিত্র ৩.২ ঘ)। ম্যামালিয়ান মাইটোকন্ড্রিয়ার অনেক জিনের দুটি DNA সূত্রই টেমপ্লেট হিসেবে ব্যবহার করে।

কোনো একটি জিনের ক্ষারক অনুক্রমের ন্যায় তার ক্ষারক সংখ্যাও অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ। ধরা যাক, একটি জিনে মোট ১৫০টি ক্ষারক রয়েছে। এই নির্দিষ্ট সংখ্যাকে যদি ধ্রুবক ধরা হয় আর যদি ... ক্ষারক অনুক্রমকে প্রকরণকারী ধরা হয় তবে দেখা যাবে সেখানে মোট $৪^{১৫০}$টি প্রকরণের DNA তৈরি হচ্ছে। এই অগণিত সংখ্যক প্রকরণের মধ্যে মাত্র ১টি বা কয়েকটি DNA সূত্রকে জিন হিসেবে চিহ্নিত বা অর্থবোধক করা হয়েছে (আমরা যেভাবে আমাদের ভাষা রচনা করি)। সুতরাং যে কোনো ক্ষারক সংখ্যা বা ক্ষারক অনুক্রম দিয়ে জিন তৈরি হয়নি। এ পর্যন্ত জানা সবচেয়ে ক্ষুদ্রতম জিনে ৭৫টি নিউক্লিওটাইড এবং সবচেয়ে বৃহত্তম জিনে প্রায় ৪০,০০০টি নিউক্লিওটাইড রয়েছে।

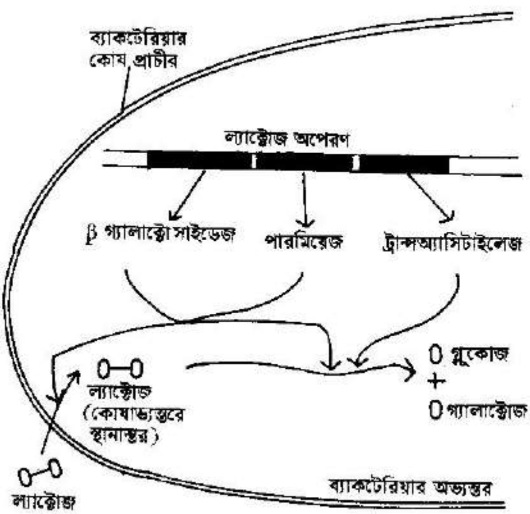
৩.৩ DNA অণুতে জিনের সংগঠন (Organization of genes in DNA molecule)

প্রত্যেক কোষে জিনোম হিসেবে DNA অণু রয়েছে (কোনো কোনো ভাইরাসে RNA)। ব্যাকটেরিয়া কোষে একটিমাত্র গোলাকার DNA অণুসূত্র রয়েছে। কিন্তু ইউক্যারিওটিক কোষে DNA অণুসূত্র নির্দিষ্ট সংখ্যক ক্রোমোজোম নামক বস্তুতে সংগঠিত। DNA অণু যেভাবেই সংগঠিত হোক না কেন তা বহু সংখ্যক জিনে বিভক্ত। DNA অণুর দৈর্ঘ্যের উপর নির্ভর করে জিনের সংখ্যা। সাধারণ নিয়মে যার যতো বেশি অণুদৈর্ঘ্য রয়েছে তার ততো বেশি সংখ্যায় জিন রয়েছে (সারণি ৩.১)।

সারণি ৩.১ : বিভিন্ন জিনোমে DNA অণুর সংখ্যা, ক্ষারক জোড় সংখ্যা ও তার জিন সংখ্যা

জীব	ক্রোমোজোম সংখ্যা	ক্ষারকজোড় সংখ্যা	জিন সংখ্যা
ভাইরয়েড (Viroid)			
PSTV RNA	১	৩৫৯	০
ssRNA ভাইরাস			
STNV	১	১,৩০০	১
ফাজ MS_2	১	৩,৫৬৯	৪
TMV	১	৬,৪০০	৪
Coronavirus	১	২০,০০০	৭
Influenza	১	১৩,৫০০	১২
dsDNA ভাইরাস			

জীব	ক্রোমোজোম সংখ্যা	ক্ষারক জোড় সংখ্যা	জিন সংখ্যা
Reovirus	১	২৩,০০০	২২
ssDNA ভাইরাস			
Parvovirus	১	৫,০০০	৫
Phage ∅ X 174	১	৫,৩৮৭	১১
ds DNA ভাইরাস			
Papova (SV40)	১	৫,২২৬	~৬
ফাজ T4	১	১,৬৫,০০০	~২০০
Vaccinia	১	১,৮৭,০০০	<৩০০
কোষীয় জীব			
মাইকোপ্লাজমা	১	–	~৭৫০
ব্যাকটেরিয়া (*E. coli*)	১	–	~১৮০০
ঈস্ট	১৭	–	~১০,০০০
মানুষ	২৩	~৩×১০⁹	~১,০০,০০০

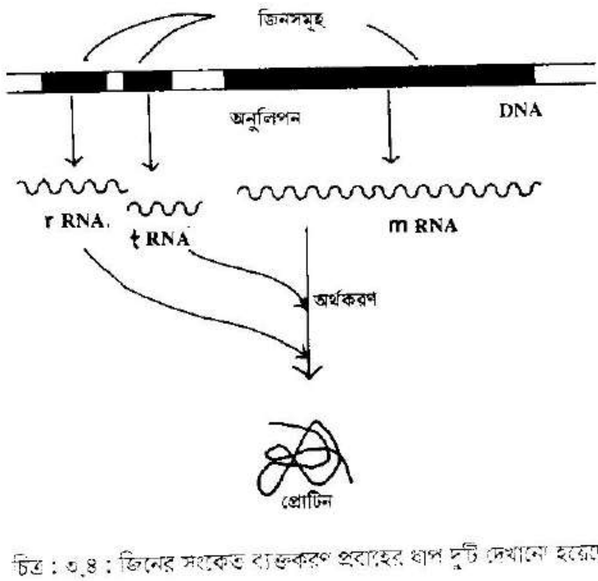


চিত্র ৩.৩ : *E. coli*–এর ল্যাক্টোজ অপেরন। ল্যাক্টোজকে ব্যবহার করার জন্য তিনটি ভিন্ন ভিন্ন জিন থেকে তিন প্রকার এনজাইম সৃষ্টি করে যা বিভিন্ন বিক্রিয়া ঘটার জন্য ব্যবহৃত হবার দৃশ্য।

সাধারণ উপায়ে জিনগুলো DNA অণুসূত্রের এক প্রান্ত থেকে অপর প্রান্ত জুড়ে সতন্ত্রভাবে পরপর সাজানো থাকে এবং সতন্ত্র উপায়ে তার সংকেত ব্যক্ত করে থাকে। কখনও কখনও কিছু জিন

গুচ্ছাকারে পাশাপাশি অবস্থান করে (operon, multigenic) এবং যৌথভাবে কাজ করে থাকে (চিত্র ৩.৩)। অধিকাংশ জিন DNA অণুর নির্দিষ্ট অংশে নিরবিচ্ছিন্ন (continuous) উপায়ে সংগঠিত। কিন্তু ১৯৭৭ সালে বেশ কিছু বিজ্ঞানী আবিষ্কার করেন যে অনেক জিন রয়েছে যেখানে নির্দিষ্ট জিনের DNA অংশ নিরবিচ্ছিন্ন নয়। জিনের অভ্যন্তরে কিছু সংকেতবিহীন অংশ (non coding) কোডিং বা সংকেতপূর্ণ (coding) অংশকে বিচ্ছিন্ন করে রাখে। এই জাতীয় জিনকে বিঘ্নিত (Discontinous, Split বা Mosaic) জিন বলে। বিঘ্নিত জিনের মাঝে যে সংকেতবিহীন অংশ রয়েছে তাকে ইনট্রন এবং কোডিং অংশকে এক্সন বলে। ইউক্যারিওট জীবের অধিকাংশ জিন বিঘ্নিত জাতীয়। কিছু কিছু ভাইরাসে এই প্রকৃতির জিন পাওয়া যায়। তবে ফাজ এবং ব্যাকটেরিয়াতে বিঘ্নিত জিন নেই বললেই চলে।

সেন্ট্রাল ডগমার গুরুত্বপূর্ণ বিষয় দুটির মধ্যে সমলিপনের মাধ্যমে চিরস্থায়ীকরণ পদ্ধতি সম্পর্কে দ্বিতীয় অনুচ্ছেদে আলোচিত হয়েছে। এই অনুচ্ছেদে সংকেত ব্যক্ত করার পদ্ধতি ও প্রক্রিয়ার বিষয়টি আলোচনা করা গেল। DNA (জিন) ব্যক্ত করার সময় যে দুটি অধ্যায় অবলম্বন করে তার প্রথমটিকে অনুলিপন এবং দ্বিতীয়টিকে অর্থকরণ বলা হয়। অনুলিপনের সময় একটি RNA অণু সৃষ্টি করে সংকেত প্রবাহের সৃষ্টি হয়। RNA-এর প্রকৃতি অনুযায়ী rRNA, tRNA এবং mRNA অণুতে বিভক্ত হয়। যখন tRNA এবং rRNA সৃষ্টি হয় তখন সেগুলো DNA সংকেত প্রকাশের প্রথম এবং একই সাথে "শেষ ধাপ" হিসেবে চিহ্নিত করা হয়। কিন্তু যখন mRNA অণু সৃষ্টি হয় তখন তা একটি মধ্যবর্তী ধাপ হিসেবে চিহ্নিত হয়। দ্বিতীয় ধাপে এই mRNA অণু tRNA এবং rRNA অণুর সহায়তায় অর্থকরণ করে থাকে। mRNA অণুর ক্ষারক অনুক্রম অনুযায়ী প্রতি ৩টি করে ক্ষারকের সমন্বয়ে একটি অর্থবোধক সংকেত (code) সৃষ্টি করে। কোডের ধারাবাহিক নিয়মানুযায়ী বিভিন্ন অ্যামিনো এসিড সজ্জিত হয়ে প্রোটিন সৃষ্টি হয় (চিত্র ৩.৪)। এক একটি জিন থেকে এক একটি এনজাইম বা প্রোটিন সৃষ্টির পর সেগুলো বিভিন্ন জৈবনিক ক্রিয়া-কর্ম নিয়ন্ত্রণ করে একটি জীব গঠন করে ও তার পরিচালনা করে।



চিত্র : ৩.৪ : জিনের সংকেত ব্যক্তকরণ প্রবাহের ধাপ দুটি দেখানো হয়েছে।

৩.৪ অনুলিপন (Transcription)

জিন যখন সংকেত ব্যক্ত করে তখন তার প্রথম ধাপে একটি RNA অনুলিপি তৈরি করে। জিনের অর্ন্তগত DNA দ্বিহেলিক্সের যে সূত্রটির উপর RNA অণু সৃষ্টি হবে তাকে টেমপ্লেট সূত্র (template strand) বলে। এর বিপরীতে যে সূত্রটি নিষ্ক্রিয় থাকে তাকে কোডিং সূত্র (coding strand) বলে। কিন্তু ১৯৯০ সালের পূর্বে এই বিষয়টি সম্পর্কে একটি ভিন্ন ধারণা প্রচলিত ছিলো। তখন টেমপ্লেট সূত্রকে কোডিং সূত্র এবং কোডিং সূত্রকে সংকেতবিহীন সূত্র বলে চিহ্নিত করা হতো। কিন্তু আণবিক জীববিজ্ঞানীগণ লক্ষ্য করলেন যে, RNA অণুটি সংশ্লেষণ হয় তার ক্ষারক অনুক্রম "সংকেতবিহীন" সূত্রের অনুরূপ। সৃষ্ট RNA অণুটি যখন অর্থকরণ করে বা কার্যকর হয় তখন সেটি মূলত "সংকেতবিহীন" সূত্রের যে, অনুক্রম রয়েছে তার প্রতিফলন মাত্র। সুতরাং পূর্বের "সংকেতবিহীন" সূত্রের ধারণা পরিবর্তন করে বর্তমানে তাকে কোডিং সূত্র এবং "কোডিং" সূত্রের ধারণাকে পরিবর্তন করে টেমপ্লেট সূত্রের ধারণাকে পরিবর্তন করে টেমপ্লেট সূত্র বা বলে চিহ্নিত করা হয়েছে। টেমপ্লেট সূত্রের উপর তার পরিপূরক ক্ষারক জোড় নিয়মে যে অণুসূত্রটি তৈরি হবে তাকে অনুলিপন পদ্ধতি বলে। সৃষ্ট RNA সূত্রকে অনুলিপি ((transcript) বলে। অনুলিপন পদ্ধতি এনজাইমঘটিত একটি জটিল জৈব রাসায়নিক প্রক্রিয়া। জিনের অন্তর্গত DNA অংশ যখন একটি RNA অনুলিপন করে তখন তাকে অনুলিপন একক বলে। সদ্য সংশ্লেষিত RNA অণুসূত্রকে প্রাথমিক অনুলিপি বলে। এই প্রাথমিক অনুলিপি প্রক্রিয়াজাত হয়ে একটি কার্যকর অণুতে পরিণত হয়।

৩.৪.১. RNA সংশ্লেষণ (RNA synthesis) : একটি RNA অণু সংশ্লেষণের জন্য টেমপ্লেট, কিছু এনজাইম এবং রাইবোনিউক্লিওটাইডসমূহের প্রয়োজন হয়। RNA সংশ্লেষণের সময় DNA টেমপ্লেটের উপর বিভিন্ন রাইবোনিউক্লিওটাইডগুলো পরিপূরক ক্ষারক নিয়মে পরপর সজ্জিত হয়ে একটি পূর্ণাঙ্গ অণুসূত্রের সৃষ্টি করে। DNA নির্ভর RNA পলিমারেজ বা সংক্ষেপে RNA pol এর সাহায্যে RNA সংশ্লেষণ কাজ সম্পন্ন হয়।

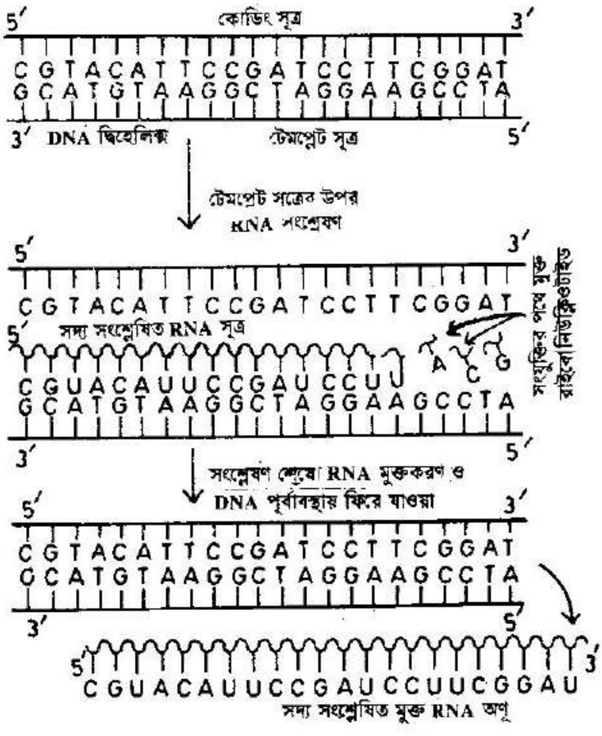
অনুলিপন প্রক্রিয়ার অধিকাংশ তথ্য *E. coli* ও ব্যাকটেরিওফাজের উপর গবেষণা করে জানা সম্ভব হয়েছে। সংশ্লিষ্ট প্রক্রিয়াটি একবার শুরু হলে তা নিরবিচ্ছিন্নভাবে চলতে থাকে এবং একসময় শেষ হয়ে যায়। RNA সংশ্লেষণের সময় যে রাসায়নিক প্রক্রিয়াসমূহ ঘটে তার প্রধান বৈশিষ্ট্যগুলো নিম্নরূপ :

১. RNA সংশ্লেষণের সময় প্রধানত চার প্রকার রাইবোনিউক্লিওটাইড ৫'–ফসফেট (ATP, GTP, CTP, ও UTP) এর প্রয়োজন হয়।

২. সংশ্লেষণ বিক্রিয়ার সময় রাইবোজের ৩'–OH গ্রুপের সাথে পরবর্তী রাইবোজের ৫'–ফসফেট থেকে পাইরোফসফেট (ppi) সরিয়ে ফসফোডাই–এস্টার বন্ধনের সৃষ্টি করে পরস্পর সংযুক্ত হয়।

৩. সংশ্লেষণের সময় কোন কোন নিউক্লিওটাইড কার পরে সারিবদ্ধ হবে তা টেমপ্লেটের ক্ষারক অনুক্রম অনুযায়ী নির্দিষ্ট হয়। টেমপ্লেটের ক্ষারক অনুক্রমে -C-T-G-A- থাকলে RNA অণুতে যথাক্রমে -G-A-C-U সজ্জিত হবে।

৪. DNA দ্বিহেলিক্সের একটিমাত্র সূত্র টেমপ্লেট হিসেবে কাজ করবে (চিত্র ৩.৫)।



চিত্র ৩.৫ : DNA টেমপ্লেটের উপর সংক্ষেপে RNA অনুলিপন পদ্ধতি।

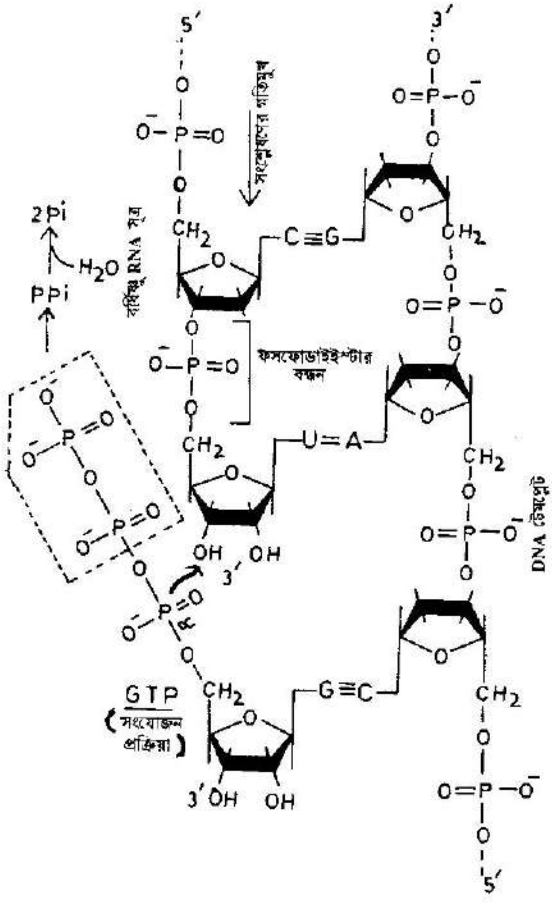
৫. কেবল ৩′ → ৫′ মুখী সূত্রটি টেমপ্লেট হিসেবে কাজ করে থাকে ; ফলে RNA সংশ্লেষণ শুধু ৫′ → ৩′ মুখী হয়ে সংশ্লেষণ হয়। প্রথম নিউক্লিওটাইডটি ট্রাইফসফেট হিসেবে যুক্ত হলেও পরবর্তী সব নিউক্লিওটাইড AMP হয়ে পূর্ববর্তী রাইবোজের ৩′→OH এর সাথে যুক্ত হয় বলে RNA সংশ্লেষণ কেবল ৫′ → ৩′ মুখী হয়।

৬. DNA সংশেষণের ন্যায় RNA সংশ্লেষণ সূচনালগ্নে কোনো প্রাইমারের প্রয়োজন হয় না। সংশ্লেষণের জন্য প্রধান এনজাইম হিসেবে RNA pol কাজ করে থাকে।

৭. পলিমারইজেশন বিক্রিয়ার জন্য Mg^{2+} এর প্রয়োজন হয়। সংক্ষিপ্ত আকারে পলিমারাইজেশন বিক্রিয়াটি নিম্নরূপ :

$$XTP + nNTP \xrightarrow[Mg^{2+}]{DNA\ .\ RNA\ pol} XTP\text{-}(NMP)_n + nppi$$

এখানে XTP কে RNA সংশ্লেষণের প্রথম নিউক্লিওটাইড হিসেবে চিহ্নিত করা হয়েছে (চিত্র ৩.৬)।



চিত্র ৩.৬ : DNA টেমপ্লেটের উপর অনুলিপন বা সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া।

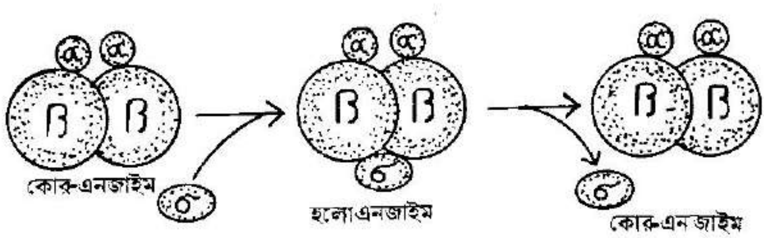
৩.৪.২ RNA পলিমারেজ : অনুলিপনের সময় RNA সংশ্লেষণের প্রয়োজনীয় যে প্রধান প্রোটিন অনুঘটক হিসেবে কাজ করে তাকে RNA পলিমারেজ এনজাইম বলে। এই এনজাইমটি ১৯৫৮ সালে আবিষ্কারের পর এ পর্যন্ত এর উপর গবেষণা করে বিজ্ঞানীরা তার বহুমুখী ক্রিয়া-কর্ম ও গঠনপ্রকৃতি সম্পর্কে জানতে পেরেছেন। সব প্রকৃতির RNA (rRNA, tRNA, mRNA) অণু RNA pol দ্বারা সংশ্লেষণ হয়। RNA pol-এর কয়েকটি প্রকরণ পাওয়া গেছে। প্রোক্যারিওট RNA pol এবং ইউক্যারিওট RNA pol সম্পর্কে ভিন্ন ভিন্নভাবে আলোচনা করা হলো।

***E. coli* এর RNA পলিমারেজ :** *E. coli* এর RNA pol অধিকাংশ প্রোক্যারিওটের RNA pol এর অনুরূপ। কিন্তু Cyanobacteria ও Archaebacteria এর এনজাইম কিছুটা ভিন্ন প্রকৃতির। মোট ৪ প্রকার প্রোটিনের ৫টি অণুর সমন্বয়ে RNA পলিমারেজ গঠিত। এর গঠন ও কার্যপ্রণালী দুটি স্তরে বিভক্ত। প্রাথমিক স্তরের গঠনপ্রকৃতিকে কোর (core) বা শাঁস এনজাইম

বলে। কোর এনজাইমে (MW ৩,৮৫,০০০) দুইটি ∝ (আলফা), একটি β (বিটা) এবং একটি β′ (বিটা প্রাইম) নামক প্রোটিন অণু রয়েছে। এই কোর-এনজাইমের সাথে যখন σ (সিগমা) নামক এক অণু প্রোটিন যুক্ত হয় তখন তাকে হলো-এনজাইম (MW ~৪৮০,০০০) বলে। এনজাইমের প্রত্যেকটি প্রোটিন প্রকরণ ভিন্ন ভিন্ন জিন থেকে সৃষ্টি হয়ে থাকে। এনজাইম গঠনের সময় প্রথমে ∝-অংশ দুটি একত্রিত হয় এবং তারপর β এবং β′ – যুক্ত হয়ে কোর এনজাইম সৃষ্টি করে (সারণি ৩.২)।

সারণি ৩.২ : *E. coli* -এর RNA পলিমারেজ এনজাইমের গঠন বৈশিষ্ট্য

প্রোটিন প্রকরণ	জিন	আণবিক ওজন (ড্যাল্টন)	অণু সংখ্যা	গঠনপ্রকৃতি		কার্যপ্রণালী
∝	*rpo* A	~৪০,০০০ (প্রতিটি)	২	কোর এনজাইম	হলো-এনজাইম	* কাঠামো সৃষ্টি করে।
β	*rpo* B	~১,৫৫,০০০	১			* সংশ্লেষণে সক্রিয়।
β′	*rpo* C	~১,৬০,০০০	১			* টেমপ্লেটের সাথে যুক্ত করে।
σ	*rpo* D	~৩২-৯২,০০০	১			* প্রবর্ধক চিহ্নিত করে তার সাথে যুক্ত করে।



চিত্র ৩.৭ : *E. coli*-এর RNA pol এনজাইমের হোলোএনজাইম ও শাঁস এনজাইমের সম্পর্ক।

বিভিন্ন প্রোক্যারিওট থেকে প্রাপ্ত RNA pol-এর কোর-এনজাইমের গঠন ও তার কার্যপ্রণালীর মধ্যে কোনো পার্থক্য পাওয়া যায়নি। তবে σ-ফ্যাক্টরের মধ্যে কিছু পার্থক্য লক্ষ্য করা গেছে। DNA অণুর প্রবর্ধক (promoter) অংশ (যেখান থেকে সংশ্লেষণ শুরু হয়) সনাক্তকরণের দায়িত্ব যেহেতু σ-ফ্যাক্টরের উপর সেহেতু এর গঠনপ্রকৃতিও বিভিন্ন রকম হয়ে থাকে। কারণ বিভিন্ন জিনের প্রবর্ধক অংশ বিভিন্ন রকম। কোর-এনজাইমের সাথে σ-ফ্যাক্টর যোগ হলেই কেবল RNA সংশ্লেষণের সূচনা হয়। RNA সংশ্লেষণ শুরু হলেই σ-ফ্যাক্টরটি মুক্ত হয়ে যায় এবং তখন শুধু কোর-এনজাইম RNA অনুলিপন বর্ধিত ও সম্পন্ন করে থাকে। RNA পলিমারেজ বলতে শুধু হলো-এনজাইমকেই বুঝিয়ে থাকে। আর যখন সংশ্লেষণ চলতে থাকে তখন RNA পলিমারেজ বলতে শুধু কোর-এনজাইমকে বুঝিয়ে থাকে (চিত্র ৩.৭)।

একটি *E. coli* তে প্রায় ৭,০০০টি RNA pol অণু রয়েছে। এর মধ্যে, কোষের কর্মকাণ্ডের উপর নির্ভর করে, প্রায় ২,০০০ থেকে ৫,০০০ টি অণু সক্রিয় অবস্থায় থাকে।

ইউক্যারিওটের RNA পলিমারেজ : ইউক্যারিওটের RNA পলিমারেজ প্রোক্যারিওটের তুলনায় কিছুটা জটিল প্রকৃতির। প্রোক্যারিওট জীবে সব প্রকার RNA অণু একই প্রকার RNA pol-এর সাহায্যে সৃষ্টি হয়ে থাকে। কিন্তু ইউক্যারিওটের তিন প্রকার RNA অণু সংশ্লেষণের জন্য তিন প্রকার RNA পলিমারেজ (pol.I. II. III) অংশগ্রহণ করে। RNA pol-I কেবল rRNA. pol-II mRNA এবং pol-III tRNA ও 5S rRNA সংশ্লেষণ করে থাকে। এই এনজাইমসমূহ নিউক্লিয়াসে পাওয়া যায়। প্রত্যেক pol এর ওজন ৫,০০,০০০ এর চেয়ে বেশি। এই এনজাইমগুলোতে দুটি বৃহৎ অণু ও আরও প্রায় ১০টি ক্ষুদ্র ক্ষুদ্র প্রোটিন অণু যুক্ত হয়ে হলো-এনজাইম সৃষ্টি করে। এসব প্রোটিন হাল্কাভাবে পরস্পর যুক্ত থাকার কারণে তাদের গঠনপ্রকৃতি বিশ্লেষণ করা সম্ভব হয়নি। RNA pol-এর সাহায্যে অনুলিপনের কাজ একই সাথে ঘটে থাকলেও প্রায় ৬০% কাজ pol-I এর দ্বারা, ৩০% কাজ pol-II এবং ১০% কাজ pol-III এর দ্বারা সম্পন্ন হয়ে থাকে (সারণি ৩.৩)।

সারণি ৩.৩ : ইউক্যারিওটের RNA পলিমারেজসমূহ

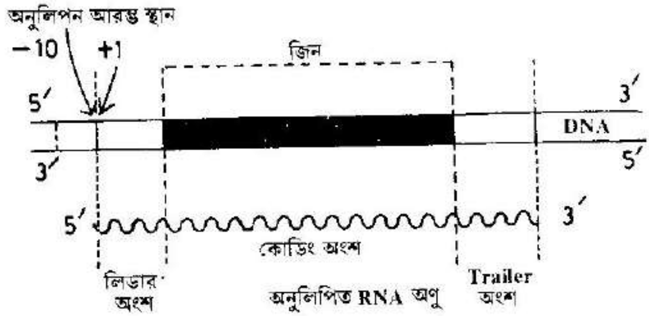
প্রকরণ	কাজ
RNA polymerase-I	rRNA সংশ্লেষণ করে।
RNA polymerase-II	mRNA সংশ্লেষণ করে।
RNA polymerase-III	tRNA, 5S rRNA ও ক্ষুদ্রাকৃতির snRNA, cRNA সংশ্লেষণ করে।

৩.৪.৩. অনুলিপন প্রক্রিয়া (Mechanism of transcription) : একটি জিন তার সংকেত ব্যক্ত করার জন্য যখন সক্রিয় হয় তখন তার অনুলিপন ঘটে। এটি অত্যন্ত জটিল এবং নিরবিচ্ছিন্ন প্রক্রিয়া। সম্পূর্ণ প্রক্রিয়াকে বোধগম্য করার জন্য বিষয়টিকে সাধারণভাবে ৪টি অধ্যায়ে বিভক্ত করা হয়।

১. টেমপ্লেট সনাক্তকরণ (Template recognition) :
২. সূচনাকরণ (Initiation) ;
৩. বর্ধিতকরণ (Elongation) এবং
৪. সমাপ্তকরণ (Termination)।

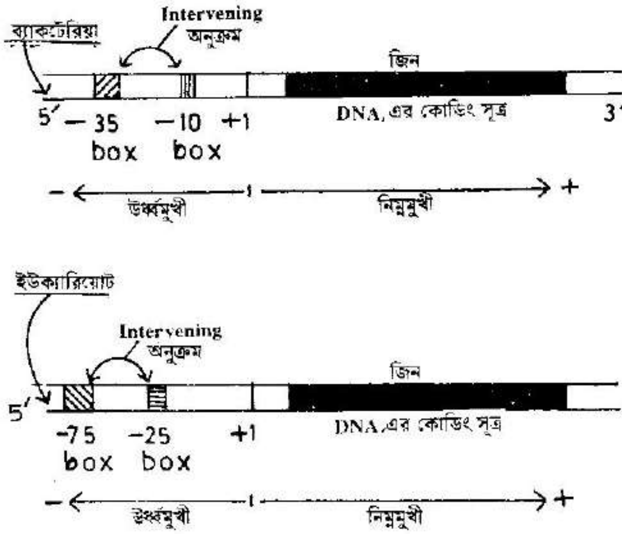
১। টেমপ্লেট সনাক্তকরণ : RNA অনুলিপনের প্রথম ধাপ হচ্ছে RNA pol একটি সক্রিয় জিনের টেমপ্লেট সূত্র সনাক্ত করে তার সাথে সংযুক্তি ঘটানো। এখন প্রথম প্রশ্ন হচ্ছে একটি DNA সূত্রে জিন কোনো বাহ্যিক গঠনাকৃতিতে বিভক্ত নয়। একটি জিন DNA সূত্রের কোথা থেকে শুরু হয়ে কোথায় শেষ হয়েছে তাও আকৃতিগতভাবে চিহ্নিত নয়। বিজ্ঞানীরা বিভিন্ন পরীক্ষা থেকে এখন জিনকে সনাক্ত করতে পেরেছেন। প্রত্যেকটি জিনের নির্দিষ্ট DNA অংশ রয়েছে। জিনের দুই ধারে বেশ কিছু বর্ধিত অংশ রয়েছে যা জিনের প্রধান অংশ না হলেও তার অত্যাবশ্যকীয় অংশ বলে চিহ্নিত। জিনের প্রারম্ভিক প্রান্তের উর্ধাংশে ২০ থেকে ৬০০টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট একটি সংকেতহীন স্মারক অনুক্রম রয়েছে যা অগ্রীয় অংশ (leader

segment) বলে পরিচিত। অনুরূপভাবে জিনের শেষাংশে যে সংকেতহীন অংশ রয়েছে তাকে টেইলর (tailor) অংশ বলে চিহ্নিত করা হয়েছে। অগ্রীয় অংশ থেকে RNA অনুলিপন শুরু করে। অগ্রীয় অংশ যে নিউক্লিওটাইড থেকে শুরু হয়েছে তাকে অনুলিপন প্রারম্ভ (Transcription start) বলে। অনুলিপন প্রারম্ভ যে ক্ষারক থেকে শুরু হয়েছে তাকে '+1' দিয়ে চিহ্নিত করা হয়। এই '+1' থেকে শুরু করে যে দিকে অগ্রসর হয়ে টেইলর অংশে গিয়ে শেষ হয়েছে তাকে নিম্নপ্রবাহ (Downstream) বলা হয়। নিম্নপ্রবাহ এ অবস্থিত সব ক্ষারক অনুক্রমের অবস্থান '+' সংখ্যা দিয়ে প্রকাশ করা হয়। অনুলিপন প্রারম্ভের বিপরীত উর্ধ্বমুখী অংশকে উর্ধ্বপ্রবাহ (upstream) বলা হয়। এই অংশকে ক্ষারক অনুক্রম '—' সংখ্যা দিয়ে বোঝানো হয়। জিনের উর্ধ্বপ্রবাহ অংশটুকু কখনও অনুলিপন করে না (চিত্র ৩.৮)।



চিত্র ৩.৮ : জিন ও তার প্রান্তদ্বয়ের প্রয়োজনীয় অংশ। DNA অনুলিপনের সময় জিনের সংকেত বহনকারী অংশ ছাড়াও অগ্রণী ও টেইলর অংশের অবস্থান।

RNA pol DNA অণুসূত্রের যে অংশকে প্রথমে সনাক্ত করে সংযোগ ঘটায় তাকে প্রবর্ধক অংশ বলে। প্রবর্ধক অংশ জিনের উর্ধ্বপ্রবাহে অবস্থিত। প্রায় প্রত্যেক জিনের একটি করে প্রবর্ধক অংশ রয়েছে। *E. coli* কোষে মাত্র একটি প্রকৃতির RNA pol এর সন্ধান পাওয়া গেছে। কিন্তু সেখানে প্রায় ১,০০০ টির অধিক জিনের একটি করে প্রবর্ধক অংশ রয়েছে। এ থেকে সহজে অনুমান করা যায় যে, বিভিন্ন জিনের প্রবর্ধক অংশের ক্ষারক অনুক্রম একই হবে। এই অনুমানের ভিত্তিতে বিজ্ঞানীগণ ইতোমধ্যে *E. coli* এর কয়েকশত জিনের প্রবর্ধক অংশের ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করেছেন। দেখা গেছে যে, প্রায় সব প্রবর্ধক এর দুটি হেক্সামার (hexamer) অংশ রয়েছে যা খুবই বৈশিষ্ট্যপূর্ণ। একটি অংশ −১০ অঞ্চলকে ঘিরে এবং আর একটি অংশ −৩৫ অঞ্চলকে ঘিরে অবস্থান করে। এই দুটি অঞ্চল প্রায় ±১৭টি ক্ষারক অনুক্রম দিয়ে বিচ্ছিন্ন থাকে যাকে ইন্টারভেনিং অনুক্রম (intervening sequence) বলে। −১০ অঞ্চলে অবস্থিত হেক্সামার কে '−১০ বাক্স' এবং − ৩৫ অঞ্চলে অবস্থিত হেক্সামার কে '−৩৫ বাক্স' বলা হয়। -১০ বাক্সকে যিনি প্রথম আবিষ্কার করেন তার নামানুসারে একে প্রাইবনাও বাক্স (Pribnow box) বলেও চিহ্নিত করা হয়। এই দুটি বাক্সের মধ্যেবর্তী ১৭টি ক্ষারক অনুক্রম সংখ্যা অত্যন্ত সংরক্ষণশীল। এই মধ্যবর্তী স্থানকেই ইন্টারভেনিং (intervening) অনুক্রম বলে (চিত্র ৩.৯)।



চিত্র ৩.৯ : সংক্ষেপে প্রোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটের কোডিং সূত্রের প্রবর্ধক অংশের সংরক্ষিত অনুক্রম অংশসমূহের অবস্থান। অনুলিপন যে স্থান থেকে শুরু হয়ে যেখানে শেষ হবে সেখানের অনুক্রম অবস্থানসমূহ '+' চিহ্ন দিয়ে চিহ্নিত করা হয় এবং এর উর্ধমুখী অনুক্রম '—' চিহ্ন সনাক্ত করা হয়।

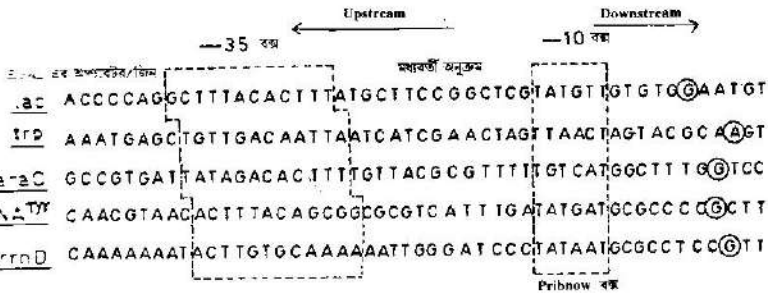
বিভিন্ন প্রবর্ধক অংশের −১০ বাক্স এবং- ৩৫ বাক্স দুটির অবস্থান হেক্সামারের অনুক্রমের মধ্যে অত্যন্ত সাদৃশ্য খুঁজে পাওয়া গেছে। মনে করা হয় যে বাক্স দুটির অনুক্রমে সামান্য তারতম্য থাকলেও RNA pol উক্ত স্থান দুটি সনাক্ত করে থাকে। বিভিন্ন পরীক্ষার মাধ্যমে প্রমাণিত হয়েছে যে, এই বাক্স দুটির কোনো একটিতে বিন্দু-পরিব্যক্তি ঘটলে সেখানে কোনো অনুলিপন হয় না। অপরদিকে বাক্স দুটির আশেপাশে মিউটেশন ঘটলেও অনুলিপনের কোনো ব্যাঘাত ঘটে না। এ থেকে নিশ্চিত হওয়া গেছে RNA পলিমারেজ প্রবর্ধকের দুটি স্থান সনাক্ত করে সেখানে তার সংযুক্তি ঘটায়। বিভিন্ন প্রবর্ধকের বাক্স দুটির অনুক্রমের একটি গড় বা ঐকমত্য অনুক্রম (consensus sequence) বের করা হয়েছে। বিভিন্ন প্রাইবনাও (pribenow) বাক্সের ক্ষারক অনুক্রমের সর্বোচ্চ পৌনঃপুনিক (frequency) হার নিম্নরূপ :

$T_{৮০}$ $A_{৯৫}$ $T_{৪৫}$ $A_{৬০}$ $A_{৫০}$ $T_{৯৬}$

অনুরূপভাবে−৩৫ box−এর ক্ষারক অনুক্রমের সর্বোচ্চ পৌনঃপুনিক হার নিম্নরূপ :

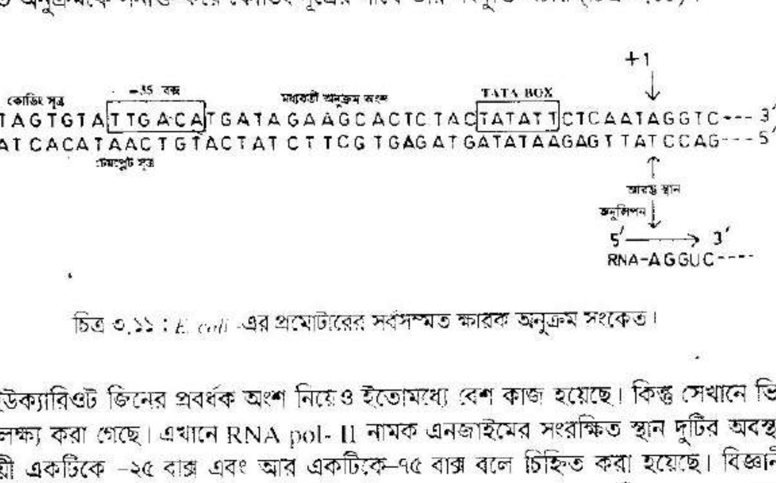
$T_{৮২}$ $A_{৯৫}$ $G_{৭৮}$ $A_{৯৫}$ $C_{৫৪}$ $A_{৪৫}$

এই অনুক্রম দুটির পৌনঃপুনিক হার সর্বোচ্চ হওয়ার ফলে প্রাইবনাও বাক্সের ঐকমত্য অনুক্রম হচ্ছে TATAAT। এই অনুক্রমকে অনেক সময় TATA বাক্সও বলে। −৩৫ বাক্সের ঐকমত্য অনুক্রম হচ্ছে TAGACA (Sichenlist *et al.*, ১৯৮০)। কোনো দুটি−১০ বা−৩৫ বাক্সের ঐকমত্য অনুক্রমের মধ্যে সাধারণত কোনো একটিমাত্র ক্ষারক এর বেশি পার্থক্য লক্ষ্য করা যায় না (চিত্র ৩.১০)।



চিত্র ৩.১০ : *E. coli*–এর বিভিন্ন প্রবর্ধক অংশের ক্ষারক অনুক্রমে, সম্বন্ধযুক্ত অংশে, -10 এবং – 35 box। অনুলিপন আরম্ভ স্থানটি, start + 1, গোলাকার চিহ্ন দিয়ে দেখানো হয়েছে (*lac* = lactose অপেরণ ; trp = tryptophan অপেরন ; ara C + arabinose অপেরন জিন এবং rrnD = ribosomal RNA অপেরণ জিন)।

DNA অণুতে ঐকমত অনুক্রম দুটি তার কোডিং সূত্রে অবস্থান করে। RNA pol এই ঐকমত অনুক্রমকে সনাক্ত করে কোডিং সূত্রের সাথে তার সংযুক্তি ঘটায় (চিত্র ৩.১১)।

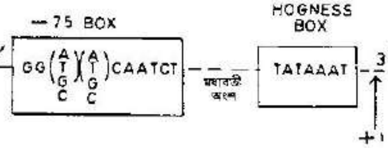


চিত্র ৩.১১ : *E. coli* -এর প্রমোটারের সর্বসম্মত ক্ষারক অনুক্রম সংকেত।

ইউক্যারিওট জিনের প্রবর্ধক অংশ নিয়েও ইতোমধ্যে বেশ কাজ হয়েছে। কিন্তু সেখানে ভিন্ন চরিত্র লক্ষ্য করা গেছে। এখানে RNA pol- II নামক এনজাইমের সংরক্ষিত স্থান দুটির অবস্থান অনুযায়ী একটিকে –২৫ বাক্স এবং আর একটিকে–৭৫ বাক্স বলে চিহ্নিত করা হয়েছে। বিজ্ঞানী Hogness- ২৫ বাক্স নামক একটি বাক্স আবিষ্কার করেন। তার নামানুসারে এটি Hogness বাক্সও বলা হয়। এটি প্রাইবনাও বাক্সের সাথে সাদৃশ্যপূর্ণ হলেও এই বাক্সটি হেক্সামারের পরিবর্তে হেপ্টামার হয়ে থাকে। এই বাক্সটিতে একটি অতিরিক্ত অ্যাডিনিন রয়েছে এবং এর ঐকমত অনুক্রম হচ্ছে TATAAAT। কিন্তু–৭৫ বাক্সটি–৩৫ বাক্সের তুলনায় অধিক বৈচিত্র্যপূর্ণ। এই বাক্সটির সংরক্ষিত ক্ষারক অনুক্রম সংখ্যা রয়েছে ১০টি এবং এর ঐকমত্য অনুক্রম হচ্ছে --

$GG\begin{pmatrix}A\\T\\G\\C\end{pmatrix}\begin{pmatrix}A\\T\\G\\C\end{pmatrix}CAATCT$-। এই অনুক্রমটিকে অনেক সময় সংক্ষেপে CAAT বাক্সও বলে (চিত্র

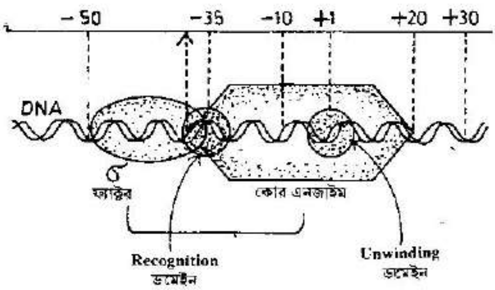
৩.১২)। ইউক্যারিওট ও প্রোক্যারিওট এর ঐকমত্য অনুক্রমের মধ্যে প্রাইবনাও এবং Hogness বাক্স দুটি যথাক্রমে –৩৫ ও–৭৫ বাক্সের তুলনায় অধিক সংরক্ষণশীল।



চিত্র ৩.১২ : ইউক্যারিওটের DNA–এর অধিকাংশ RNA-polymerase II এর প্রবর্ধক অংশের সংরক্ষিত ক্ষারক অনুক্রম।

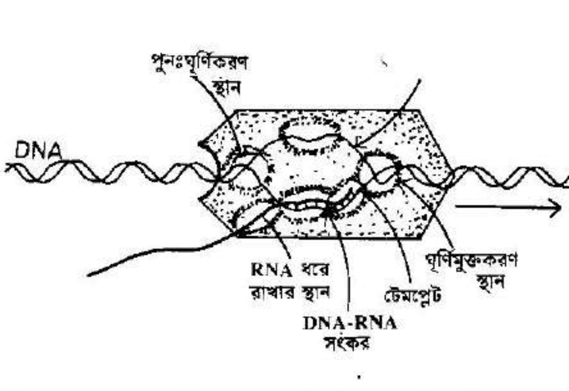
E. coli এর প্রবর্ধক অংশের বাক্স দুটিকে সনাক্ত করতে হলে RNA pol হলো–এনজাইমের প্রয়োজন হয়। অর্থাৎ কোর-এনজাইমের সাথে যখন σ- ফ্যাক্টর যুক্ত হয় তখনই কেবল তা প্রবর্ধক অংশকে সনাক্ত করে যুক্ত হয়। হলো–এনজাইম যখন DNA–এর সাথে যুক্ত হয় তখন তাকে বদ্ধ প্রবর্ধক কমপ্লেক্স (closed promoter complex) বলা হয়। বিভিন্ন গবেষণা থেকে দেখা গেছে, জিনের উর্ধ্বপ্রবাহের –৫৫ থেকে নিম্নপ্রবাহের +২০ পর্যন্ত, অর্থাৎ প্রায় ৭৫টি নিউক্লিওটাইড জুড়ে হলো–এনজাইম অবস্থান নেয় (Howby এবং McClure, ১৯৮৩)। এর মধ্যে σ–ফ্যাক্টর প্রোটিনটি –৫৫ থেকে –৩৫ অংশে অবস্থান করে। σ – ফ্যাক্টর কেবল কোর–এনজাইমকে বাক্স দুটি চিহ্নিত করেও তার সাথে সুদৃঢ়ভাবে আটকে রাখার বিষয়টি নিশ্চিত করে। DNA–এর প্রতি কোর–এনজাইমের আকর্ষণ σ - ফ্যাক্টরের চেয়ে বহুগুণ বেশি। σ – ফ্যাক্টর ছাড়া কোর–এনজাইম কোনো স্থানে সংযুক্ত হতে পারে, তবে সে ক্ষেত্রে সুদৃঢ় হয় না। এরূপ ঘটলে তাকে নমনীয় বন্ধন স্থান (loose binding site) বলে। σ–ফ্যাক্টর যখন কোর–এনজাইমের সাথে যুক্ত হয় তখন DNA–এর প্রতি কোর–এনজাইমের নমনীয় বন্ধন স্থানের আকর্ষণ সর্বনিম্ন পর্যায়ে নামিয়ে দেয়। তখন হলো–এনজাইমের পরিবর্তন ঘটে গিয়ে দৃঢ় বন্ধন স্থান (strong binding site) হিসেবে সক্রিয় হয়ে DNA–এর সাথে সুদৃঢ় বন্ধন ঘটায়। হিসেব করে দেখা গেছে, প্রবর্ধক অংশের বাইরে হলো–এনজাইম যুক্ত হওয়ার সম্ভাবনা যতোটুকু রয়েছে তার তুলনায় প্রবর্ধক অংশের প্রতি এর নির্দিষ্টতা (specificity) প্রায় ~ ১০$^{-৭}$। বিজ্ঞানীরা এখন নিশ্চিত হয়েছেন যে, ৩৫ বাক্সটি RNA pol-কে সে স্থানে সংযুক্ত হওয়ার সংকেত নির্দেশ করে। আর –১০ বাক্সটি DNA অণুকে বদ্ধ প্রবর্ধক কমপ্লেক্স থেকে মুক্ত প্রবর্ধক কমপ্লেক্সে উত্তরণে সাহায্য করে।

RNA pol যখন DNA থেকে RNA–তে অনুলিপন শুরু করে তখন DNA দ্বিহেলিক্সের ক্ষারক জোড় খুলে গিয়ে একসূত্রে পরিণত হয়। সংশ্লেষণের সূচনা ঘটাতে প্রথমে –১০ বাক্সের অংশের দ্বিহেলিক্স খুলে যায় এবং তখন একে মুক্ত প্রবর্ধক কমপ্লেক্স (open promoter complex) বলে। এই কারণে –৩৫ বাক্সের অনুক্রমকে সনাক্তকরণ ক্ষেত্র এবং –১০ বাক্সের অনুক্রমকে মুক্তকরণ ক্ষেত্র বলে সুতরাং *E. coli*- এর অনুলিপনের প্রয়োজনীয় তিনটি গুরুত্বপূর্ণ অনুক্রম সনাক্তকরণ ক্ষেত্র , মুক্তকরণ অঞ্চল এবং এর মধ্যবর্তী মধ্যবর্তন অঞ্চল সূচনালগ্নে বিশেষ ভূমিকা পালন করে থাকে (চিত্র ৩.১৩)।



চিত্র ৩.১৩ : RNA পলিমারেজ হলো–এনজাইম DNA এর সাথে সংযুক্ত হয়ে আবদ্ধ প্রবর্ধক যৌগ (closed promoter complex)এর সৃষ্টি।

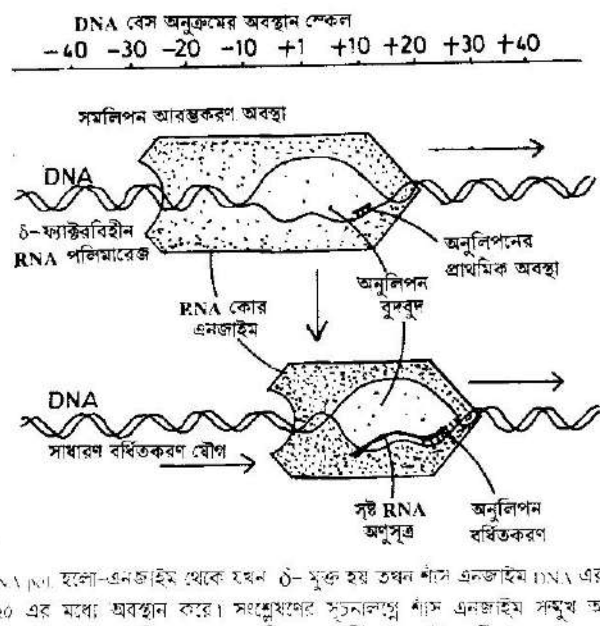
২। সূচনাকরণ : RNA pol হলো–এনজাইম যখন প্রবর্ধকের –৩৫ বাক্সকে নির্দিষ্ট করে সংযোগ ঘটায় তখন সে অংশে একটি দ্বিমুখী বদ্ধ প্রবর্ধক কমপ্লেক্সের সৃষ্টি হয়। হলো–এনজাইম শীঘ্রই মুক্তকরণ ক্ষেত্রের (–১০ বাক্স) ক্ষারক জোড় খুলে ঘূর্ণিযুক্ত করে দ্বিমুখী বদ্ধ প্রবর্ধক কমপ্লেক্সের সৃষ্টি করে। –১০ বাক্সের প্রায় সকল ক্ষারক জোড় A = T হওয়ায় কম শক্তি ব্যয় করে (G≡C তে তিনটি -H বন্ধনের কারণে অধিক শক্তি ব্যয় হতো) সহজেই ক্ষারক জোড় মুক্ত করে DNA-কে একসূত্রক করে নেয়। –১০ বাক্সটি সম্পূর্ণভাবে ক্ষারক জোড় মুক্ত হয়ে যাবার পর ক্রমে তা নিম্নপ্রবাহের দিকে গতি লাভ করে। এভাবে +৪ বা +৫ পর্যন্ত নিরবিচ্ছিন্নভাবে ক্ষারক জোড় খুলে গিয়ে একটি অনুলিপন বুদবুদ (transcription bubble)–এর সৃষ্টি করে। এ সময় RNA pol কোডিং সূত্রের সাথে দৃঢ়ভাবে যুক্ত থেকে টেমপ্লেট সূত্রকে সক্রিয় করে তোলে। (চিত্র ৩.১৪)।



চিত্র ৩.১৪ : অনুলিপনের সময় RNA পলিমারেজের কেন্দ্রীয় শাঁস এনজাইমের বিভিন্ন কর্ম প্রক্রিয়ার স্থানসমূহ।

টেমপ্লেট সূত্রের যে ক্ষারক থেকে সংশ্লেষণ শুরু হবে তাকে প্রারম্ভ বিন্দু (start point) (+I) বলে। প্রায় ৯০% ক্ষেত্রে এই প্রারম্ভ বিন্দুটিতে একটি পিউরিন ক্ষারক থাকে। তাছাড়া এই সূচনা বিন্দুটিতে CAT অনুক্রমের একটি বিশেষ ট্রিপলেট সংকেত থাকে। এই অনুক্রমটির মাঝখানের ক্ষারকটি সাধারণত প্রারম্ভ ক্ষারক হিসেবে সক্রিয় হয়। RNA pol-এর যে অংশে প্রথম নিউক্লিওটাইডটি এসে বসবে তাকে সূচনাকরণ স্থান বলে। প্রথম নিউক্লিওটাইডের ৩' – OH প্রান্তে পরবর্তী নিউক্লিওটাইড যখন বসবে তখন তা এনজাইমের অনুঘটকীয় স্থান (catalytic site) এসে বসলে একটি ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনের সৃষ্টি করে যুক্ত হয়। এই অধ্যায়কে অনুলিপনের বাইনিউক্লিওটাইড ধাপ বলে।

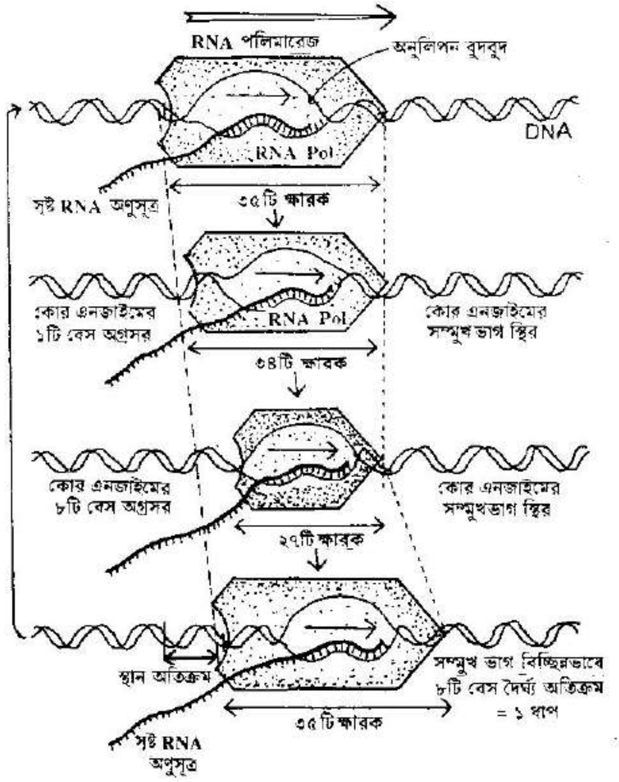
টেমপ্লেটের +১ এবং +২ ক্ষারক অনুক্রমে নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়ে যখনই বাইনিউক্লিওটাইড সৃষ্টি হয় তখন σ–ফ্যাক্টরটি কোর এনজাইম থেকে মুক্ত হয়ে যায়। RNA, DNA ও এনজাইম মিলে দ্বি-মুখী মুক্ত কমপ্লেক্স এখন ত্রি-মুখী মুক্ত কমপ্লেক্সে উপনীত হয়। কোর এনজাইমে এ সময়ে নিম্ন প্রবাহের দিকে অগ্রসর হবার পূর্বে আরও ৭ থেকে ৮টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট RNA সূত্র সৃষ্টি করে ফেলে। অধিকাংশ ক্ষেত্রে দেখা গেছে যে, এই ক্ষুদ্রাকৃতির RNA অণুসূত্রটি খুবই ক্ষণস্থায়ী হয় এবং সূত্রটি আরও বৃদ্ধির পূর্বেই ঝরে পড়ে। সূচনালগ্নে এই ক্ষণস্থায়ী RNA অণু সৃষ্টি করা ও তার ঝরে পড়াকে ব্যর্থ (abortive) সূচনাকরণ বলে। শীঘ্রই ব্যর্থ সূচনাকরণ (কয়েকবার ঘটে) অবস্থা থেকে উত্তরণ ঘটিয়ে সফলতা লাভ করে সার্থক সূচনাকরণ অবস্থায় উন্নতি হয়। সার্থক আরম্ভকরণ বা সূচনাকরণ সম্পন্ন হলে σ–ফ্যাক্টর মুক্ত হয়ে গিয়ে কোর এনজাইমটির গঠনাকৃতির পরিবর্তন ঘটে লম্বাটে হয়ে যায় (চিত্র ৩.১৫)।



চিত্র ৩.১৫ : RNA pol হলো-এনজাইম থেকে যখন δ– মুক্ত হয় তখন শাঁস এনজাইম DNA এর −− ৩০ থেকে +২০ এর মধ্যে অবস্থান করে। সংশ্লেষণের সূচনালগ্নে শাঁস এনজাইম সম্মুখ অংশকে স্থায়ী রেখে পিছনের অংশ সম্মুখ দিকে এসে সঙ্কুচিত হয়ে বর্ধিতকরণ যৌগ সৃষ্টি করে।

৩। **বর্ধিতকরণ :** RNA শৃঙ্খলটি যখন বাইনিউক্লিওটাইড থেকে ট্রাইনিউক্লিওটাইড স্তরে উত্তীর্ণ হয় তখন অনুলিপনের বর্ধিতকরণ অধ্যায় শুরু হয়। টেমপ্লেটের ক্ষারক জোড় নিয়মে

ক্রমশ রাইবোনিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়ে RNA শৃঙ্খলটি যখন বর্ধিত হতে থাকবে তখন পলিমারেজ তার অগ্রভাগটি DNA সূত্রের গায়ে স্থির অবস্থায় রেখে উর্ধ্বপ্রবাহ (upstream) সঙ্কোচন করতে থাকে। RNA শৃঙ্খলটিতে যখন ৭ থেকে ৮টি নিউক্লিওটাইড যুক্ত হবে তখন কোর এনজাইম ক্রমান্বয়ে সঙ্কোচিত হয়ে হঠাৎ সম্মুখদিকে প্রসারিত হয়। এইভাবে সঙ্কোচন ও প্রসারণের ফলে পলিমারেজ এক লাফে প্রায় ৭টি ক্ষারক দৈর্ঘ্যের সমান স্থান অতিক্রম করে অর্থাৎ প্রতি ধাপে ৭টি করে ক্ষারক দৈর্ঘ্যর RNA সংশ্লেষণ ঘটিয়ে তা বর্ধিত হতে থাকে। RNA সূত্র বর্ধিত হয়ে একটি নির্দিষ্ট ক্ষারক দৈর্ঘ্যে উপনীত হলে টেমপ্লেট থেকে মুক্ত হতে থাকে এবং সাথে সাথে DNA স্বাভাবিক দ্বিহেলিক্স অবস্থায় ফিরে যায়। এই সকল বহুবিধ কাজ থেকে দেখা যাচ্ছে যে RNA pol এই সাথে দ্বিহেলিক্সমুক্তকরণ, সংশ্লেষণ, সংশ্লেষিত RNA কে DNA থেকে মুক্তকরণ এবং মুক্ত DNA কে পুনরায় দ্বি-হেলিক্সে পরিণতকরণ কার্যসমূহ সম্পাদন করে থাকে। দেখা গেছে, RNA সংশ্লেষণের বর্ধিষ্ণু অঞ্চলে মাত্র ১৬টি RNA-DNA সংকর অবস্থায় থাকে। RNA pol অগ্রসর হবার সময় অনুলিপন বুদবুদ এবং সঙ্কর অংশ একই সাথে সমান্তরালে অগ্রসর হতে থাকে। বিভিন্ন ব্যাকটেরিয়ার RNA pol এর সংশ্লেষণ ক্ষমতা পরিমাপ করে দেখা গেছে যে প্রাকৃতিক অবস্থায় প্রতি সেকেন্ডে ১২ থেকে ১৯টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট RNA সংশ্লেষণ করতে পারে (Chamberlin *et al.*, ১৯৭৯) (চিত্র ৩.১৬)।

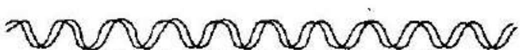


চিত্র ৩.১৬ : অনুলিপন বর্ধিতকরণ প্রক্রিয়ায় RNA pol এর শাঁস এনজাইম ধাপে ধাপে অগ্রসর হয়। প্রতি ধাপে ৮টি ক্ষারক অনুক্রম অতিক্রম করে। এখানে একটি ধাপ অতিক্রম প্রক্রিয়া দেখানো হয়েছে।

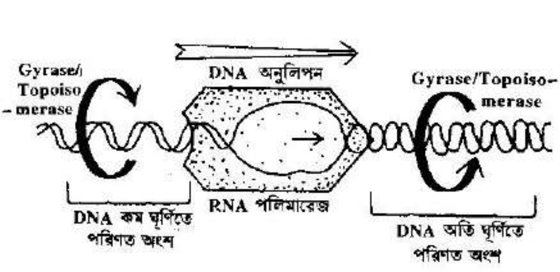
BANSDOC Library Dhaka

আণবিক জীববিজ্ঞানীদের নিকট যে বিষয়টি এখনও রহস্যজনক রয়ে গেছে সেটি হলো যে RNA সংশ্লেষণের হার প্রথম থেকে শেষ পর্যন্ত সমগতিতে না হয়ে মাঝে মাঝে খুব ধীরগতি সম্পন্ন হয়। প্রথম দিকে ধারণা করা হয়েছিলো যে DNA অণুতে যেখানে ডায়াড প্রতিসম রয়েছে সেখানে অনেক সময় চুলের কাঁটার ন্যায় আকৃতি গঠন করে। এনজাইম এই অংশটি পাড়ি দিতে সময় নেয়। কিন্তু বর্তমানে ধারণা করা হয় যে পলিমারেজ কখনও কখনও ত্রুটি সংশোধনের জন্য বিপরীতমুখী হয়। তখন তার কর্মপ্রকৃতি সংশ্লেষণের বিপরীত এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্রিয়া করে সেখানে সঠিক নিউক্লিওটাইড বসিয়ে পুনরায় স্বাভাবিক নিয়মে সম্মুখে অগ্রসর হতে থাকে। অবশ্য এই ধারণাটি নিশ্চিতভাবে প্রমাণিত হয়নি।

RNA অণুসূত্র যখন বর্ধিত হতে থাকে অনুলিপন বুদবুদ শুধু ক্ষারক জোড় নয় DNA হেলিক্স ঘূর্ণিও খুলে অগ্রসর হয়। এর ফলে সংশ্লেষণের সম্মুখভাগে দ্বিহেলিক্সের সাধারণ ঘূর্ণির উপর অতিরিক্ত চাপের ফলে ধনাত্মক supercoil বা '+ turn' এবং পশ্চাতে বিপরীতমুখী ঘূর্ণি বা ঋণাত্মক supercoil বা 'turn' এর সৃষ্টি হয়। এরূপ অবস্থায় সংশ্লেষণ কাজ সুষ্ঠভাবে সম্পন্ন করতে হলে সম্পূর্ণ অনুলিপন যৌগটি DNA দ্বি-হেলিক্সের ঘূর্ণি অনুযায়ী ঘুরে ঘুরে অগ্রসর হতে হবে অথবা নিজ অক্ষের উপর সম্পূর্ণ DNA হেলিক্সকে ঘুরে গিয়ে ঘূর্ণিমুক্ত করতে হবে। সুতরাং DNA অণুর গঠনাকৃতির কারণে সুষ্ঠভাবে অনুলিপন প্রক্রিয়া সম্পন্ন করার ব্যাপারে একটি সমস্যা রয়েছে। বর্তমানে ধারণা করা হয় DNA সমলিপনের ন্যায় টপো-আইসোমারেজ এখানেও প্রয়োজন হয় (চিত্র ৩.১৭)।



সাধারণ DNA দ্বিহেলিক্স (১০.৪টি বেস জোড়'/ঘূর্ণিতে)

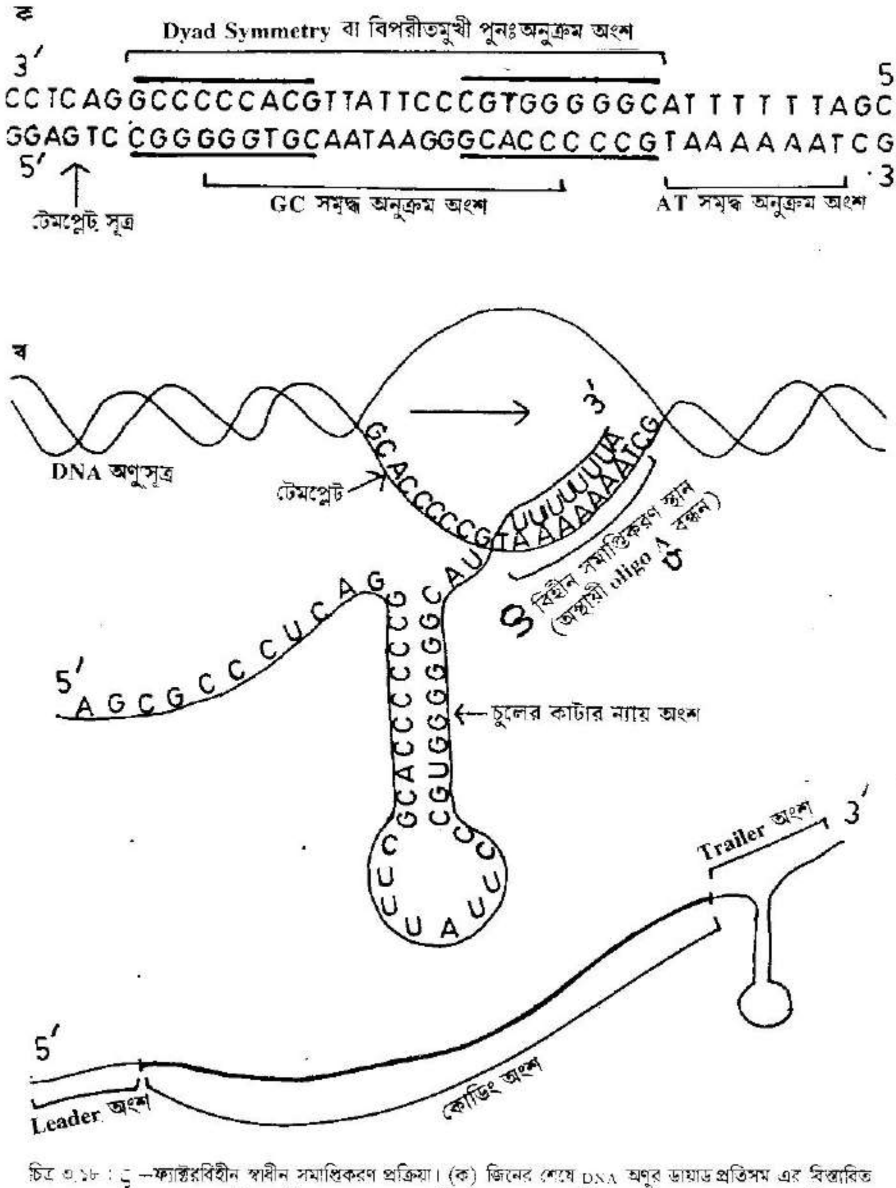


চিত্র ৩.১৭ : অনুলিপনের সময় DNA অণুর স্বাভাবিক ঘূর্ণি থেকে অতিঘূর্ণি বা কমঘূর্ণিতে (positively supercoiled বা negatively super coiled) পরিণত হতে পারে। পলিমারেজের অগ্রভাগ অতিঘূর্ণি এবং পশ্চাতে কমঘূর্ণি অবস্থার সৃষ্টি হয়ে থাকে।

৪। সমাপ্তিকরণ : DNA অনুলিপন প্রক্রিয়া যেভাবে একটি সুনির্দিষ্ট নিয়মের মাধ্যমে সূচনা হয় তেমনি জিনের অনুলিপন প্রক্রিয়ার সমাপ্তিকরণও একটি নির্দিষ্ট নিয়মে সমাপ্ত হয়। তবে সূচনালগ্নে প্রারম্ভিক সনাক্তকরণের জন্য যেমন প্রবর্ধক ও তার সুনির্দিষ্ট অনুক্রমসমূহ রয়েছে জিনের শেষাংশে অনুরূপ কোনো সুনির্দিষ্ট স্থান খুঁজে পাওয়া যায়নি। *E. coli* তে এ পর্যন্ত দুই প্রকার সমাপ্তিকরণ প্রক্রিয়া জানা সম্ভব হয়েছে।

১. ς- ফ্যাক্টর (Rho factor) বিহীন স্বাধীন সমাপ্তিকরণ ς – factor independent termination) ও
২. ς-ফ্যাক্টর (Rho factor) নির্ভর সমাপ্তিকরণ। ς- factor dependent termination)

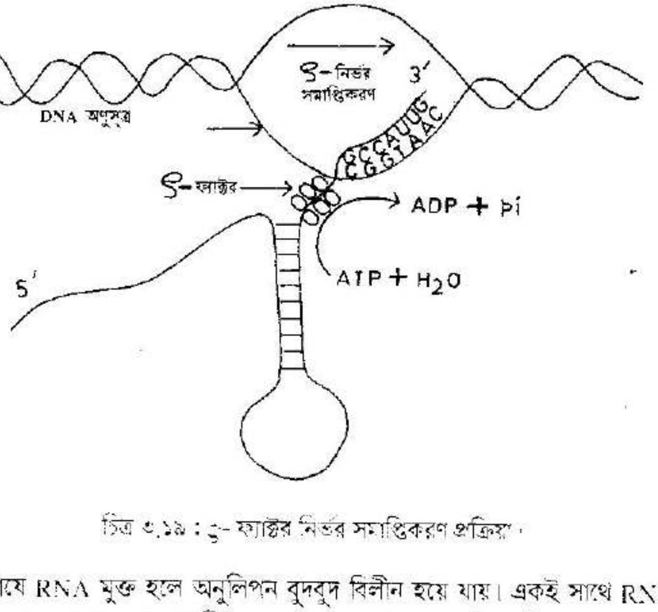
১। ρ-**ফ্যাক্টরবিহীন স্বাধীন সমাপ্তিকরণ :** RNA অণুসূত্র বর্ধিত হয়ে এক পর্যায়ে যখন জিনের শেষে) লেজ অংশের ডায়াড প্রতিসম– বিশিষ্ট অংশে পৌছে তখন সমলিপন সমাপ্ত হয়। প্রতিসম অংশে GC ক্ষারক অনুক্রমের প্রাধান্য রয়েছে। এই অংশের আরও একটি বিশেষ বৈশিষ্ট্য



চিত্র ৩.১৮ : ρ –ফ্যাক্টরবিহীন স্বাধীন সমাপ্তিকরণ প্রক্রিয়া। (ক) জিনের শেষে DNA অণুর ডায়াড প্রতিসম এর বিস্তারিত অনুক্রম ধারা ; (খ) অনুলিপন শেষে ডায়াড প্রতিসম অংশে চুলের কাঁটার ন্যায় রূপান্তর ও তার পরবর্তী অনুক্রম শেষে oligo A-U অংশের অবস্থান।

হচ্ছে ডায়াড প্রতিসম অংশের পরই টেমপ্লেট সূত্রে বেশ কিছু অ্যাডিনিনসমৃদ্ধ একটি অনুক্রম রয়েছে। ডায়াড প্রতিসম অংশের ক্ষারক অনুক্রম এমনভাবে থাকে যে তার দুই পাশের ক্ষারকগুলো একটি আর একটির পরিপূরক। এই অংশের সংশ্লেষণের পর RNA সূত্র একটি চুলের কাঁটার ন্যায় আকৃতি পায়। এই আকৃতি যখন সৃষ্টি হতে থাকে তখন oligo-'U' (৫ থেকে ১০ টি) অংশটি oligo 'A' অংশের সাথে যুক্ত থাকে। oligo U=A অংশটি অন্য যে কোনো অংশের তুলনায় দুর্বল বন্ধনযুক্ত হয়। এর ফলে চুলের কাঁটা আকৃতি সৃষ্টি হওয়ার সময় হঠাৎ যে গাঠনিক পরিবর্তন ঘটে তাতে RNA অণুসূত্রটি মুক্ত হয়ে অনুলিপন সমাপ্ত করে (চিত্র ৩.১৮)।

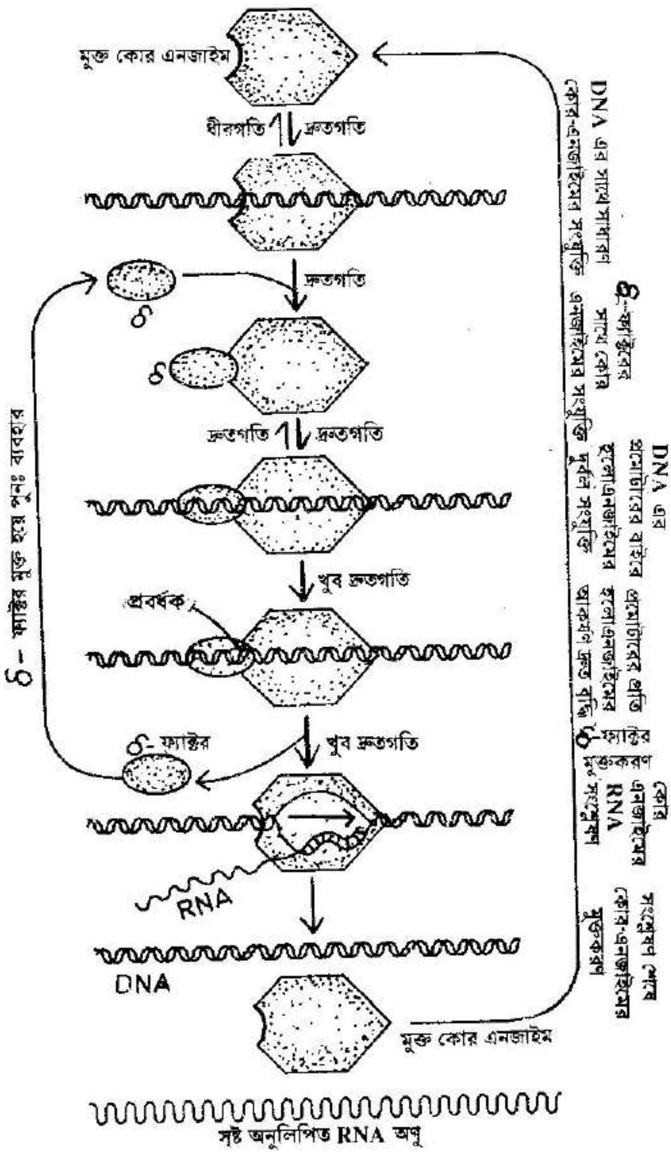
২। ρ-**ফ্যাক্টর নির্ভর সমাপ্তিকরণ :** অনুলিপন সমাপ্তকরণের দ্বিতীয় যে প্রক্রিয়া রয়েছে সেখানে ρ (rho) ফ্যাক্টর নামক অতিরিক্ত একটি প্রোটিনের প্রয়োজন হয়। এই প্রোটিনের আণবিক ওজন ৫৫,০০০ এবং এর ৬টি সমপ্রকৃতির (homomonomer) খণ্ডাংশ রয়েছে। RNA অণুর প্রতি এর প্রবল আকর্ষণ রয়েছে। এই প্রোটিনটি একটি ATP বিশ্লিষ্ট করে যে মুক্ত শক্তি পায় তার সাহায্যে সদ্যমুক্ত RNA সূত্র ধরে অনুলিপন বুদবুদের কাছাকাছি থেকে অগ্রসর হতে থাকে। অনুলিপন সম্পন্ন করার পর ρ - ফ্যাক্টরের সাহায্যে কি উপায়ে সংশ্লেষণ সমাপ্ত হয় সে বিষয়ে তেমন কিছু জানা সম্ভব হয়নি। তবে দেখা গেছে , ρ- ফ্যাক্টর নির্ভর সমাপ্তকরণ প্রক্রিয়ায় ডায়াড প্রতিসম অঞ্চল অংশগ্রহণ করে। প্রতিসম অংশের পর oligo-U অংশ এ ক্ষেত্রে অনুপস্থিত থাকে (চিত্র ৩.১৯)।



চিত্র ৩.১৯ : ρ- ফ্যাক্টর নির্ভর সমাপ্তিকরণ প্রক্রিয়া

অনুলিপন শেষে RNA মুক্ত হলে অনুলিপন বুদবুদ বিলীন হয়ে যায়। একই সাথে RNA কোর এনজাইম মুক্ত হয় এবং আর একটি ρ – ফ্যাক্টরের সাথে সংযুক্তি ঘটিয়ে হলো-এনজাইমে

যুক্ত হয়ে একই জিন বা আর একটি জিনের অনুলিপন শুরু করে (চিত্র ৩.২০)। সদ্যমুক্ত RNA অণু একটি জিনের শেষ অণু হিসেবে সৃষ্টি হতে পারে (tRNA, rRNA) বা অর্থকরণের



চিত্র ৩.২০ : σ- ফ্যাক্টর ও কোর এনজাইমের ক্রিয়াচক্র।

জন্য পরবর্তী আর এক ধাপের জন্য অগ্রসর হতে পারে (mRNA)। *E. coli.* এর প্রায় ৯০ ভাগ DNA বিভিন্ন ক্রিয়া-কর্মের জন্য RNA অনুলিপন করে। Rifamycin নামক বাঁধাদানকারী দ্রব্য প্রয়োগ করলে β– প্রোটিনের সাথে তা যুক্ত হয়ে অনুলিপনে বাধা দেয়। Streptohydigin একইভাবে অনুলিপনে বাধা দেয়।

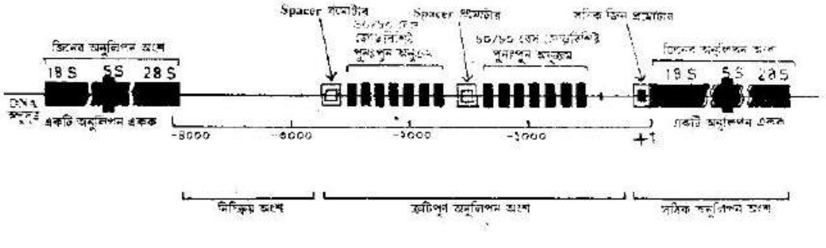
৩.৪.৪. ইউক্যারিওটে অনুলিপন (Transcription in eukaryote): ইউক্যারিওটজাতীয় জীবে অনুলিপন প্রক্রিয়া ও তার প্রয়োজনীয় উপাদান প্রোক্যারিওটের তুলনায় বেশ জটিল। কারণ এখানে DNA নিউক্লিওজোম তথা ক্রোমোজোমে গুচ্ছাকারে থাকে। ক্রোমাটিনের অধিকাংশ আঁটসাঁটো হয়ে গুচ্ছাকারে থাকা হেটারোক্রোমাটিন অংশে DNA অনেকটা স্থায়ীভাবে নিষ্ক্রিয় থাকে।

অন্যদিকে অপেক্ষাকৃত অগুচ্ছাকার ইউক্রোমাটিন অংশ অনেকটা সক্রিয়ভাবে অনুলিপন করে থাকে। ইউক্যারিওটে অনুলিপনের প্রধান এনজাইম RNA pol. (I, II, III) ছাড়াও অনেক প্রকার অনুলিপন ফ্যাক্টরের প্রয়োজন হয়। প্রোক্যারিওটের ন্যায় শুধু σ–ফ্যাক্টর বলে এখানে কিছু নেই। পলিমারেজ এনজাইমসমূহের আণবিক ওজন, অবস্থান, জিনভিত্তিক কার্যক্রম এবং তাদের খণ্ডাংশসমূহ বিভিন্ন প্রকৃতির হয়ে থাকে।

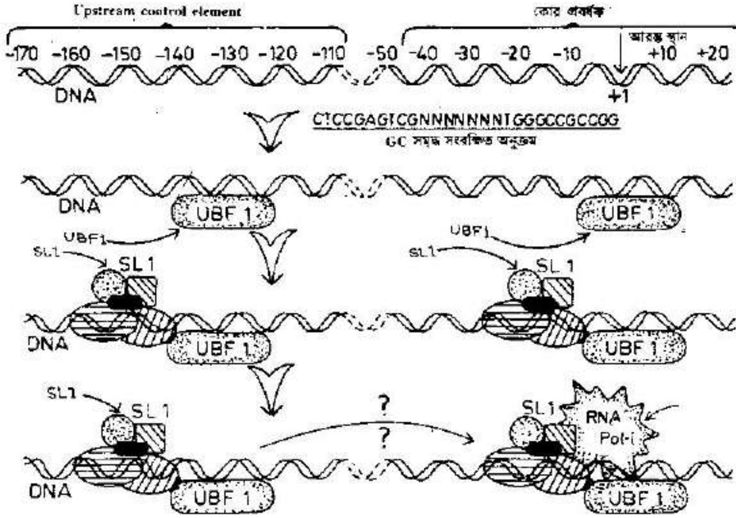
RNA **পলিমারেজ-১ এর সাহায্যে অনুলিপন :** নিউক্লিওজোমে অবস্থিত RNA পলিমারেজ-I (RNA pol - I) বৃহৎ rRNA (১৮S, ৫.৮S ও ২৮S) এর জিন অনুলিপন করে থাকে। বৃহৎ rRNA অণুসমূহ একটি মাত্র জিন থেকে অনুলিপিত RNA থেকে সৃষ্টি হয়ে পরে বিভিন্ন উপায়ে rRNA খণ্ডে বিভক্ত হয়। rRNA জিনসমূহ কোষের সক্রিয় জিনসমূহের অন্যতম। কারণ rRNA রাইবোজোমের প্রধান উপাদান। কোষে বিপুল পরিমাণে রাইবোজোম অর্থকরণে অংশ নেয়। ইলেক্ট্রোন অণুবীক্ষণ যন্ত্রে দেখা গেছে যে কম করে হলেও ১০০টি পলিমারেজ পরপর একই সময়ে একটি rRNA জিন অনুলিপন করছে (Sollnerwebb ও Mougey, ১৯৯১)।

RNA pol - I এর প্রবর্ধক অন্যান্য পলিমারেজের প্রবর্ধকের তুলনায় কম বৈচিত্র্যপূর্ণ। বিভিন্ন প্রজাতির rRNA পরীক্ষা করে দেখা গেছে যে তাদের ক্ষারক অনুক্রমের মধ্যে বেশ সাদৃশ্য রয়েছে। কিন্তু জিনের উর্ধ্বপ্রবাহের অনুক্রম প্রজাতিভিত্তিক বৈশিষ্ট্যপূর্ণ।

Xenopus laevis (এক প্রকার ব্যাঙ) এর rRNA জিন নিয়ে পরীক্ষা করে দেখা গেছে, এর প্রবর্ধক অংশ উর্ধ্বপ্রবাহের ১৫০টি ক্ষারক সংখ্যার মধ্যে সীমাবদ্ধ। পাশাপাশি দুটি জিনের মধ্যবর্তী স্থানকে পরিসর সৃষ্টিকারী (spacer) বলে। এই পরিসর সৃষ্টিকারী অংশে উপরোক্ত সঠিক প্রবর্ধকের ন্যায় –১,২০০ এবং ২,৩০০ বেশ দূরত্বে আরও দুটি ত্রুটিপূর্ণ পরিসর সৃষ্টিকারী প্রবর্ধক রয়েছে। এই প্রবর্ধকদ্বয়ের ৩́ প্রান্তের দিকে ৬০ ও ৮০টি ক্ষারকবিশিষ্ট পুনঃপুনঃ অনুক্রম অংশে সুনির্দিষ্ট উপায়ে সাজানো রয়েছে। এই অংশ জিনের বৃদ্ধিকারী (enhancer) হিসেবে কাজ করে। অর্থাৎ সঠিক জিন প্রবর্ধক কে পূর্ণ উদ্যমে কাজ করার জন্য এই বৃদ্ধিকারী অংশ সাহায্য করে থাকে। ত্রুটিপূর্ণ পরিসর সৃষ্টিকারী প্রবর্ধক তার নিজ নিজ পুনঃপুনঃ অনুক্রম অংশ অনুলিপন করে তবে তা সঠিক জিন প্রবর্ধকের নিকট পৌঁছার পূর্বে সমাপ্তি ঘটে যায়। বিভিন্ন *Xenopus*–এর rRNA–এর জিন প্রবর্ধক অংশের সংরক্ষিত অনুক্রমের একটি –৯ থেকে + ৪ এবং অন্যটি –৩৩ থেকে –২৪ এর মধ্যে অবস্থিত (চিত্র ৩.২১)।



চিত্র ৩.২১ : *Xenopus laevis*-এর RNA জিন ও spacer অংশ ; –১২০০ হতে – ২৩০০ ক্ষারক জোড় অংশে ত্রুটিপূর্ণ দুটি প্রবর্ধক যেটি –১৪২ থেকে +৬ এর মধ্যে অবস্থিত যা সঠিক জিনের প্রবর্ধকের অনুরূপ।



চিত্র ৩.২২ : RNA পলিমারেজ I এর শাঁস প্রবর্ধক অংশ। শাঁস প্রমোটারের উর্ধ্বমুখে –৭০টি ক্ষারক দূরত্বে উর্ধ্বপ্রবাহ নিয়ন্ত্রণ উপাদান (upstream control element) রয়েছে। এই দুই অংশের GC সমৃদ্ধ সংরক্ষিত অনুক্রমের সাথে প্রথমে UBF1-factor যুক্ত হয়। এরপর SL 1 বিভিন্ন প্রোটিন অণু পরপর যুক্ত হয়ে একটি যৌগ গঠন করে। RNA পলিমারেজ কেবল শাঁস প্রবর্ধক অংশে যুক্ত হয়ে অনুলিপন শুরু করে।

মানুষের কোষে rRNA-এর প্রবর্ধ্বক অংশের চরিত্র বিশ্লেষণ করে দেখা গেছে প্রারম্ভ বিন্দুর উর্ধ্বপ্রবাহে দুটি সংরক্ষিত অনুক্রম রয়েছে। প্রাথমিক প্রধান (core) প্রবর্ধক অংশ যা প্রারম্ভ বিন্দুকে ঘিরে –৪৫ থেকে +২০ পর্যন্ত বিস্তৃত। এই প্রধান প্রবর্ধকের দক্ষতাকে বহুগুণ বাড়িয়ে

দেওয়ার জন্য –১৮০ থেকে –১০৭ পর্যন্ত বিস্তৃত একটি অংশ রয়েছে যা উর্ধ্বপ্রবাহ নিয়ন্ত্রণ উপাদান (UCE) বলে পরিচিত। এই দুটি অংশ GC সমৃদ্ধ, এদের মধ্যে প্রায় – ৮৫% মিল রয়েছে। RNA pol -I সক্রিয় হওয়ার পূর্বে দুটি সহায়ক ফ্যাক্টর কাজ করে থাকে।

প্রথমে সংরক্ষিত অনুক্রম দুটিতে একক প্রোটিনবিশিষ্ট UBF1 ফ্যাক্টর এসে যুক্ত হয়। এরপর SL1 (বিভিন্ন ৪ প্রকৃতির প্রোটিন যৌগ) নামক দ্বিতীয় ফ্যাক্টর এসে UBF1 দ্বয়ের সাথে যুক্ত হয় SL1 ফ্যাক্টর কোনো সংরক্ষিত অণুক্রম চিহ্নিত না করে DNA অনুক্রমকে ঘিরে অবস্থান নেয়। SL1 চতুষ্টয়ের মধ্যে একটি ফ্যাক্টরের নাম TBP যা RNA pol - II এবং III এনজাইমের সহায়ক হিসেবে কাজ করে। SL1 এর আচরণ *E. coli* এর σ– ফ্যাক্টরের সাথে তুলনীয়। ফ্যাক্টরসমূহ নিয়মিত এবং সুসংহত উপায়ে সংরক্ষিত অঞ্চলে সংযুক্ত হলে RNA pol - I কেবল প্রধান প্রবর্ধক অংশে মিলিত হয় এবং প্রারম্ভ বিন্দু থেকে সংশ্লেষণ শুরু করে (চিত্র ৪.২২)।

সমলিপনের জন্য প্রধান প্রবর্ধক অংশে DNA-এর সাথে RNA pol - I সক্রিয় উপায়ে সমলিপন শুরু করে। কিন্তু UCE অংশের ফ্যাক্টরসমূহ কিভাবে প্রধান অংশকে সাহায্য করে সে সম্পর্কে এখনও বিশেষ কিছু জানা যায়নি।

RNA পলিমারেজ- II এর সাহায্যে সমলিপন : RNA পলিমারেজ - II (RNA pol - II) mRNA অণু সৃষ্টি করে। rRNA এর তুলনায় mRNA অধিক বৈচিত্র্যপূর্ণ। mRNA যেসব জিন থেকে সৃষ্টি হয় তাকে প্রোটিন কোডিং জিন বলে। এই প্রকৃতির জিনের প্রবর্ধক অংশে pol - II সনাক্তকরণের প্রয়োজনীয় দুটি সংরক্ষিত অনুক্রম রয়েছে। একটি হচ্ছে TATA (বা Hogness বাক্স) যা সাধারণত উর্ধ্বপ্রবাহ-এর –২৫ থেকে –৩০ এর মধ্যে অবস্থান করে (*E. coli* এর – 10 বাক্সের সাথে তুলনীয়)। TATA বাক্সের সর্বসম্মত অনুক্রম হচ্ছে ৫ – TATA $\binom{A}{T}$ A $\binom{A}{T}$ – ৩ যা সচরাচর পাওয়া গেলেও সর্বজনীন নয়।

অধিকাংশ TATA বাক্স এর ৫ – প্রান্তে ও ৩ – প্রান্তে GC ক্ষারকের আধিক্য রয়েছে যার সাহায্যে অনুলিপন আরম্ভ করার অংশ খুঁজে পেতে সাহায্য করে। দ্বিতীয় সংরক্ষিত অনুক্রম –৪০ থেকে – ১১০ মধ্যে অবস্থান করে। সর্বসম্মতভাবে এটি –৭৫ এ অবস্থান করে (*E. coli* এর –৩৫ বাক্সের সাথে তুলনীয়)। এই বাক্সটি সংক্ষেপে CAAT বাক্স বলেও পরিচিত যার সর্বসম্মত অনুক্রম হচ্ছে – ৫ GG $\binom{T}{C}$ CAAT - $\binom{T}{A}$ CT ৩ –। কখনও কখনও CAAT বাক্সে র উর্ধ্বপ্রবাহ এ GC সমৃদ্ধ কয়েকটি অনুক্রমও (GGGCGG বা CCGCCC) পাওয়া গেছে যা -100 উপাদান বলে পরিচিত। তবে TATA বাক্সের তুলনায় CAAT বাক্স এবং -10 উপাদান কম সংরক্ষণশীল।

কোডিং জিনের অনুলিপনের প্রোমোটারের ন্যায় প্রয়োজনীয় আরও এক প্রকার অনুক্রম রয়েছে যা এনহেন্সার নামে পরিচিত। এনহেন্সার এর সন্ধান প্রথমে SV40 নামক ভাইরাসে পাওয়া গেলেও (Benoist ও chanebon ১৯৮১) বর্তমানে অনেক ইউক্যারিওটে পাওয়া যাচ্ছে (Picard, ১৯৮৫)। এনহেন্সার অনেকটা সংরক্ষণশীল। এর ঐক্যমত অনুক্রম হচ্ছে—

$$\binom{T}{C} \text{GGT} \binom{A}{T} \text{CA} \binom{AA}{CT} \text{TGT} \binom{T}{G} \text{CT}$$

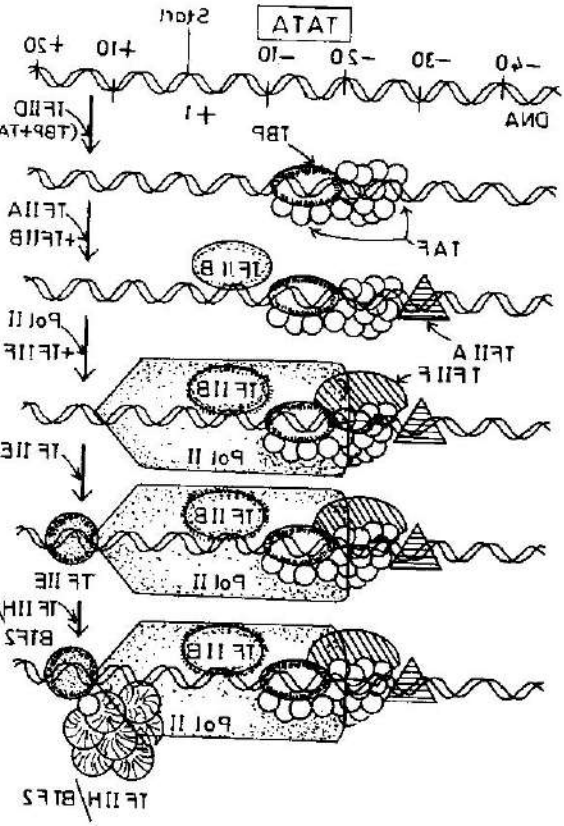
pol - II এর জন্য প্রবর্ধক অংশের দুটি নির্দিষ্ট সংরক্ষণ বাক্সের প্রয়োজন হলে সঠিক ও দ্রুত উপায়ে অনুলিপনের জন্য কয়েক শত বা কয়েক হাজার ক্ষারক জোড় দূরে অবস্থিত একটি বৃদ্ধিকারীর এর উপস্থিতির অত্যন্ত প্রয়োজন রয়েছে বলে প্রমাণিত হয়েছে।

RNA pol - II স্বাতন্ত্র উপায়ে অনুলিপন শুরু করতে পারে না। এর সক্রিয়তার জন্য কয়েকটি সহায্যকারী ফ্যাক্টর (basal) অনুলিপন ফ্যাক্টরের প্রয়োজন হয়। বিভিন্ন ফ্যাক্টরসমূহ সুনির্দিষ্ট উপায়ে পর পর এসে যুক্ত হয়। মৌলিক ফ্যাক্টরের মধ্যে প্রথমে TF II D নামক একটি প্রোটিন TATA বাক্সকে সনাক্ত করে DNA–এর সাথে যুক্ত হয়। প্রথমে TF II D কে একটি প্রোটিন হিসেবে মনে করা হতো। কিন্তু বর্তমানে এর মধ্যে দুই প্রকৃতিব প্রোটিন সনাক্ত করা হয়েছে এর মধ্যে যে প্রোটিনটি TATA বাক্সকে সরাসরি সনাক্ত করে তার সাথে যুক্ত হয় তাকে TATA বন্ধন প্রোটিন (TBP) বলা হয়। এটি এক প্রকার ক্ষুদ্রাকৃতির (–৩০,০০০) প্রোটিন। অন্য আর এক প্রকার প্রোটিন হচ্ছে এক প্রকার ক্ষুদ্র ক্ষুদ্র প্রোটিন গুচ্ছ যা একত্রে TAFs নামে পরিচিত। এই TAFs প্রোটিনসমূহ TBP কে সনাক্ত করে। DNA অণুসূত্রের সাথে সকল প্রকৃতির প্রোটিন তার মুখ্য ভাজের (mojor groove) সাথে যুক্ত হলেও TBP এসে DN- এর গৌণভাঁজের সাথে যুক্ত হয়। মনে করা হয় TBPকে একটি স্থায়ী রূপে দিতে TAF সমূহ তাকে সনাক্ত করে এবং DNA–এর গৌণ ভাঁজের সাথে সূদৃঢ়ভাবে সংযোগ ঘটায়। গবেষণার মাধ্যমে দেখা গেছে, TBP যখন DNA–এর সংরক্ষিত অনুক্রমে যুক্ত হয় তখন প্রায় একটি ঘূর্ণি পরিমাণ স্থান দখল করে নেয়। এই অংশটি সাধারণত –৩৭ থেকে –২৫ এর মধ্যে সীমাবদ্ধ থাকে। কিন্তু TBP - TAFs যৌগটি (TF II D) –৪৫ থেকে –১০ পর্যন্ত অনুক্রম জুড়ে অবস্থান নেয়।

উপরোক্ত মৌলিক (basal) ফ্যাক্টরের যৌগ গঠনের পর তার সাথে TF IIA এসে যুক্ত হয়। TF IIA ফ্যাক্টরটি TBF এর চেয়ে একটু বড় আকৃতির প্রোটিন এবং সেটি TBF এর সহ-সক্রিয়ক (co-activator) হিসেবে কাজ করে। TEIIA যখন যুক্ত হয় তখন TF IID এর কিছু অংশ রক্ষা করে উর্ধ্বপ্রবাহ এর দিকে অবস্থান নেয়। TF IIA প্রোটিনে কয়েকটি অণু অংশ রয়েছে (ইস্টের ২টি ; মানুষের ৩টি)। পরবর্তী ধাপে TF IIB এসে প্রারম্ভ বিন্দুর খুব নিকট থেকে মৌলিক ফ্যাক্টরের সাথে যুক্ত হয়। TF IIB. প্রোটিন –১০ থেকে +১০ এর মধ্যবর্তী স্থানে টেমপ্লেটের সাথে যুক্ত হয়ে সক্রিয় হয়।

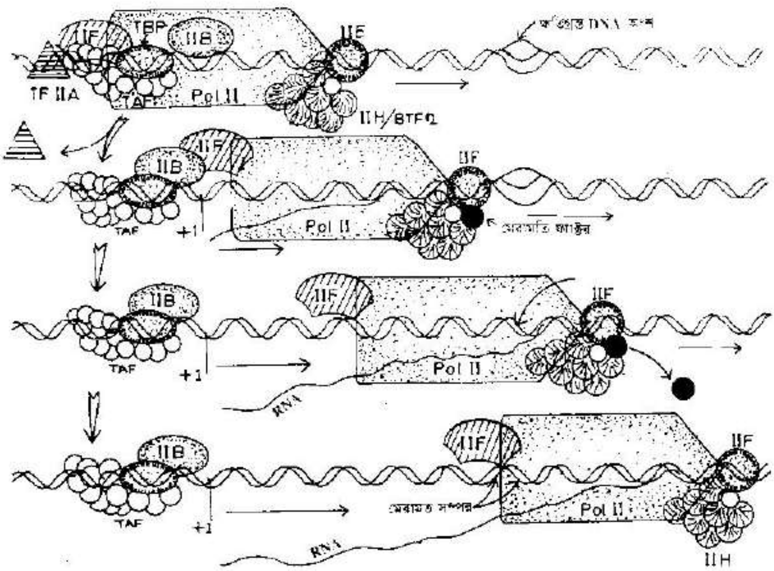
TF IIR নামক আর একটি ফ্যাক্টর রয়েছে যা দুটি প্রোটিন অণু নিয়ে গঠিত। বৃহৎ অণুটি RAP 74 নামে পরিচিত। এটি ATP নির্ভর হেলিকেজর ন্যায় চরিত্র বহন করে। DNA অণুর ক্ষারক জোড় খুলে একসূত্রে পরিণত করতে এই প্রোটিনটির প্রয়োজন হয়। ছোট অণুটির নাম RAP 30 যা প্রোক্যারিওটের σ–ফ্যাক্টরের সাথে তুলনা করা যায়। এই RAP 30 সরাসরি pol - II এর সাথে যুক্ত হয় (Chang *et. al.*, ১৯৯৩) । সুতরাং দেখা যাচ্ছে, TF IIF ফ্যাক্টর অনুলিপনের জন্য অতিব গুরুত্বপূর্ণ। এই ফ্যাক্টরটি pol - II এর সাথে যুক্ত হয়ে মৌলিক কমপ্লেক্সকে সনাক্ত করে সঠিক স্থানে প্রতিস্থাপন করতে বিশেষ ভূমিকা পালন করে থাকে (Parvin ও Sharp,১৯৯৩)। DNA এর সাথে DNA pol -II যখন যুক্ত হয় তখন তা টেমপ্লেটের +১৫ এবং কোডিং সূত্রের +২০ পর্যন্ত ঢেকে রাখে। TF IIE নামক আরও একটি ফ্যাক্টর pol -II এর অগ্রভাগে নিম্নপ্রবাহে এসে DNA-সূত্রের আরও কিছু অংশ রক্ষা করার জন্য আগলে থাকে। এর ফলে সম্পূর্ণ যৌগটি DNA–এর +৩০ পর্যন্ত পৌঁছে যায়। এরপর TF IIH নামক আরও একটি ফ্যাক্টর পলিমারেজের সাথে যুক্ত হয়। এই ফ্যাক্টরটি TF II এর মতো একটি জটিল অনুলিপন ফ্যাক্টর হিসেবে অংশগ্রহণ করে। TF IIH এ মোট ৫ থেকে ৮টি অণু অংশ রয়েছে। TF IIH ফ্যাক্টরটি Kinase এর ন্যায় ক্রিয়া করে বলে pol -II এর উর্ধ্বপ্রবাহ এর দিকে অবস্থিত বৃহৎ

খণ্ডাংশের কার্বক্সিল সমাপ্তি ডোমেইন (carboxyl terminal domain) (CTD) অংশে ফসফরাইলেশন ক্রিয়া ঘটায়। এর ফলে RNA pol - II তখন মৌলিক ডোমেইন (basal trancription) অংশ থেকে মুক্ত হয়ে অনুলিপন প্রক্রিয়া শুরু করে (চিত্র ৪.২৩)। এরপর RNA বর্ধিতকরণ ও সমাপ্তকরণ প্রক্রিয়া অনেকটা *E. coli*-এর মতো ঘটে থাকে।



চিত্র ৩.২৩ : RNA পলিমারেজ II এর প্রবর্ধক অংশে প্রারম্ভিক যৌগ সৃষ্টি প্রক্রিয়া। বিভিন্ন অনুলিপন ফ্যাক্টরগুলো যেভাবে পরপর সজ্জিত হয়ে যৌগের সৃষ্টি হয় তার একটি ধারাবাহিক অবস্থা দেখানো হয়েছে।

সংশ্লেষণের সময় প্রথমে IIA ফ্যাক্টর DNA থেকে মুক্ত হয় এবং II D ও II B স্থির থাকে। পলিমারেজ II এর সাথে II E, II F, II H ফ্যাক্টরসমূহ যুক্ত থেকে অনুলিপন প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে (Chalut *et. al.*, ১৯৯৪) (চিত্র ৪.২৪)।



চিত্র ৩.২৪ : RNA pol III এর অনুলিপন সূচনা ও বর্ধিতকরণ। অনুলিপন ও মেরামতের জন্য BTF2 / TF II H এর কর্মপদ্ধতির প্রস্তাবিত মডেল (Chalut *et al.*, ১৯৯৪)।

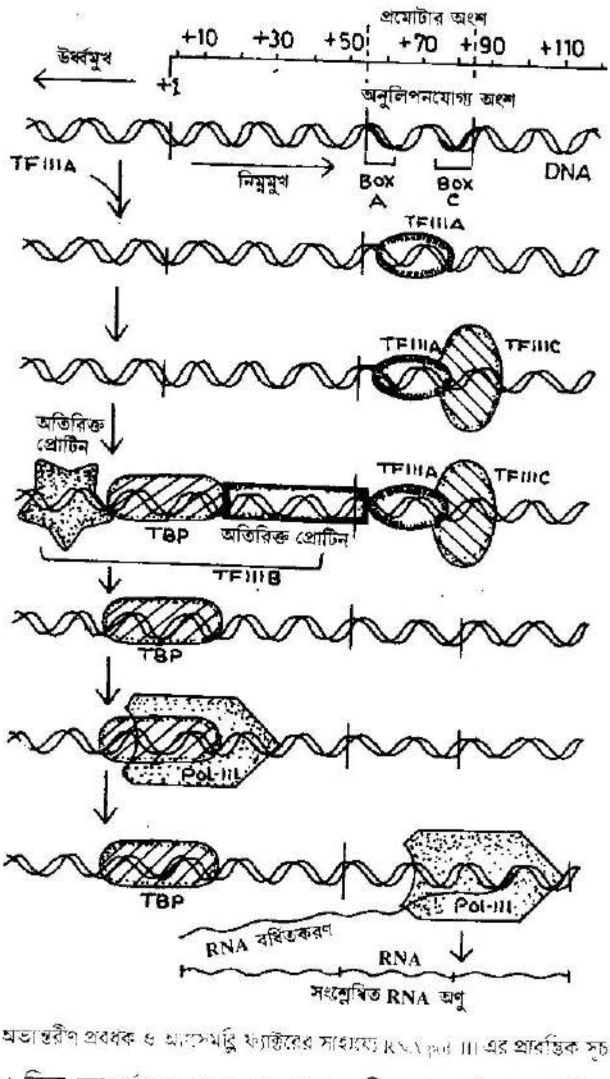
UV রশ্মির কারণে যদি DNA-এর কোথাও ক্ষতি হয় তবে DNA-এর অনুলিপন (সমলিপনও) বন্ধ হয়ে পরিব্যক্তি ঘটে যায় বা Oncogene কে সক্রিয় করে তোলে।

কখনও কখনও কোষ ক্ষতিগ্রস্ত হয়ে মরে যেতে পারে। তখন DNA এর ক্ষতিগ্রস্ত অংশকে পুনরায় সারিয়ে তোলার প্রয়োজন হয়। বর্তমানে বিভিন্ন পরীক্ষা থেকে প্রমাণ করা হয়েছে যে DNA অনুলিপন ও ক্ষতিগ্রস্ত স্থান পুনঃস্বাভাবিককরণের মধ্যে একটি সম্পর্ক রয়েছে।

মানুষের ক্ষেত্রে উপরোক্ত অবস্থায় অনুলিপনের সময় TF IIH (ঈস্টের ক্ষেত্রে BTF2) নামক একটি অতিরিক্ত ফ্যাক্টর সংযুক্ত হয় (Schaeffer *et. al.*, ১৯৯৩)। BTF2, এর মতো TF II H ও একই সাথে সমলিপন ও ক্ষতিগ্রস্ত অংশ সংস্কার করে থাকে। তবে সে ক্ষেত্রে মেরামত ফ্যাক্টর নামে অতিরিক্ত সাহায্যকারী একটি বা দুইটি প্রোটিনের প্রয়োজন হয় (Vuuren *et. al.*, ১৯৯৪) (চিত্র ৩.২২)। ∝ – amanitin (*Amanita phalloides* নামক ছত্রাক থেকে প্রাপ্ত) নামক দ্বি-চক্রীয় অক্টাপেপটাইড (bicyclic octapeptide) জাতীয় রোধকের প্রতি Pol - II অত্যন্ত সংবেদনশীল।

RNA পলিমারেজ III এর সাহায্যে অনুলিপন : RNA পলিমারেজ - III (RNA pol-III) 5S rRNA, tRNA, snRNA ও scRNA সমূহ অনুলিপন করে থাকে। অনেক tRNA জিনের ইনট্রন অংশ থাকলেও 5S RNA, এর কোনো ইনট্রন নেই। RNA pol - III যেসব

জিনের অনুলিপন করে থাকে তার মধ্যে *Xenopus laevis* এর ওসাইটের 5S rRNA জিনের উপর গবেষণা ফলাফল অনেকটা সুপ্রতিষ্ঠিত। সব জিনের অঞ্চল প্রবর্ধক জিনের উর্ধ্বপ্রবাহে



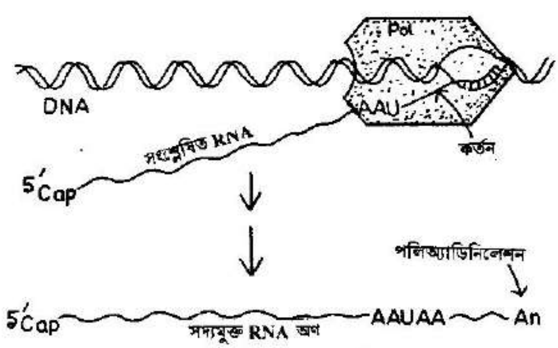
চিত্র ৩.২৫ : অভ্যন্তরীণ প্রবর্ধক ও অ্যাসেম্বলি ফ্যাক্টরের সাহায্যে RNA pol III এর প্রারম্ভিক সূচনা অধ্যায়।

অবস্থান করে। কিন্তু আশ্চর্যজনকভাবে 5S rRNA জিনের প্রবর্ধক অংশ জিনের অভ্যন্তরে পাওয়া গেছে (Brown, ১৯৯৫)। এই প্রবর্ধকটি জিনের +৫৫ থেকে +৮৪ পর্যন্ত বিস্তৃত যা অনুলিপনের মধ্যবর্তী অংশবিশেষ। জিনের অভ্যন্তরে অবস্থিত এই ধরনের প্রবর্ধক অংশ

অভ্যন্তরীণ নিয়ন্ত্রণ অঞ্চল (Internal control region) (ICR) নামে পরিচিত। 5S rRNA জিনের অনুলিপনের জন্য RNA pol - III এবং TF III A, III B, III C নামক তিনটি অনুলিপন ফ্যাক্টরের প্রয়োজন হয়। এর মধ্যে TF III B এবং TR III C ফ্যাক্টরদুটি tRNA জিন অনুলিপনের জন্য প্রয়োজন হয়। কিন্তু অতিরিক্ত TR III A শুধু 5S rRNA জিনের অনুলিপনের জন্য দরকার হয়।

RNA pol - III এনজাইম 5S rRNA জিন সনাক্ত করার পূর্বে প্রবর্ধক অংশ প্রথমে TF III A যুক্ত হয়। প্রবর্ধকের দুই প্রান্তে দুটি ফ্যাক্টর বন্ধন অঞ্চল (FBD) কে TF III A সনাক্ত করে থাকে। TF III A একটি মাঝারী আকৃতির প্রোটিন (৪০,০০০)। প্রবর্ধকের নিম্নপ্রবহে অবস্থিত FBD অংশে TF III A যুক্ত হবার পরও এর কিছু অংশ অনাবৃত থাকে। এই অনাবৃত অঞ্চল সনাক্ত করে TF III C (> ৫০০,০০০) নামক ফ্যাক্টর এসে যুক্ত হয়। TF III C ফ্যাক্টর যুক্ত হওয়ায় TF III B সক্রিয় হয়ে প্রারম্ভ বিন্দুকে ঘিরে থাকা সংরক্ষিত অনুক্রম সনাক্ত করে যুক্ত হয়। TF III B ফ্যাক্টর মোট তিনটি ভিন্ন ভিন্ন প্রোটিনের সমন্বয়ে গঠিত। এর মধ্যে একটি হচ্ছে অনুলিপন বন্ধন অঞ্চল (TBP)। TBP সংরক্ষিত অনুক্রম সনাক্ত করে থাকে এবং তা −৪০ থেকে +১১ ক্ষারক অনুক্রম অংশ জুড়ে অবস্থান নেয়। RNA pol -III উক্ত TF III B এর TBP সনাক্ত করে প্রারম্ভ বিন্দুর সাথে যুক্ত হয়ে প্রারম্ভিক সূচনা যৌগ তৈরি করে (চিত্র ৩.২৫)। সুতরাং দেখা যাচ্ছে যে, TF III B অনুলিপনের প্রধান ফ্যাক্টর হিসেবে কাজ করে থাকে। আর TF III A এবং TF III C অ্যাসেমব্লি (assembly) ফ্যাক্টর হিসেবে কাজ করে। এদের কাজ হচ্ছে TF III B কে সঠিক স্থানে বসতে সাহায্য করা। অনুলিপনের প্রারম্ভে RNA pol - III এসে DNA −এর সাথে যুক্ত হবার পূর্বে TBP ছাড়া সকলেই মুক্ত হয়ে যায়।

ইউক্যারিওটে অনুলিপন প্রক্রিয়ার সমাপ্তিকরণ : ইউক্যারিওটে অনুলিপন প্রক্রিয়া কিভাবে সমাপ্ত হয় তা এখনও পরিষ্কারভাবে জানা সম্ভব হয়নি। একটি সদ্য সংশ্লেষিত RNA অণু নিয়ে দেখা গেছে যে এর শেষ ৩′-প্রান্ত এবং টেমপ্লেট যেখানে অনুলিপন শেষ করেছে তার অনুক্রমের সাথে কোনো মিল নেই। RNA সংশ্লেষণ যেখানে শেষ হয় তার অনেক আগে ৫′ − প্রান্তের দিকে একটি স্থানে সূত্রটি কেটে মুক্ত হয়ে যায়। মুক্ত হয়ে যাবার পরপর RNA অণু প্রক্রিয়াজাত হয়। ফলে অনুলিপিত অণু এবং টেমপ্লেটের অনুক্রমের মধ্যে অনেক পার্থক্য লক্ষ্য করা গেছে (Salditt - Georgieff ও Dornell, ১৯৮৪)। অনুলিপন যেখানে সমাপ্ত করে সে অংশটি কিভাবে চিহ্নিত হয় সে বিষয়ে বিশেষ কিছু জানা সম্ভব হয়নি। তবে যেখানে RNA সূত্রটি কেটে যায় তার প্রায় ৩০টি ক্ষারক দূরে একটি বিশেষ অনুক্রমের বিষয়ে বিজ্ঞানীগণ মনোযোগী হয়েছেন। এই অনুক্রমটি হচ্ছে - AAUAAA-। এই অনুক্রমের আরও ৩০টি ক্ষারক দূরে (নিম্নপ্রবাহ) একটি সংরক্ষিত অনুক্রম, -YGTGTTYY-, রয়েছে। এই ধরনের অনুক্রম অনেক ভাইরাস এবং ম্যামালে পাওয়া গেছে। YGTGTTYY − অনুক্রমটি সমাপ্তকরণ না-কি সমাপ্তি সংকেত দিয়ে থাকে তা সঠিকভাবে জানা যায়নি (Mclaunchlan *et al.*, ১৯৮৫)। RNA pol - II এর অনুলিপনের ক্ষেত্রে জিনের শেষে কমপক্ষে চারটি -TTTT- এর অনুক্রম এবং এর দু'ধারে GC সমৃদ্ধ কিছু ক্ষারক অনুক্রম থাকে বলে মনে করা হয় (Bogenhagen ও Brown ১৯৮১; Bakken *et al.*, ১৯৮২)। mRNA অনুলিপন সম্পূর্ণ সমাপ্ত হলে তা মুক্ত হওয়ার সাথে সাথে RNA poly A পলিমারেজ নামক একটি এনজাইম সক্রিয় হয়ে অণুর শেষে একটি লম্বা -AAA ---- n- সমৃদ্ধ লেজ সৃষ্টি করে (চিত্র ৩.২৬)। এই প্রক্রিয়াকে পলি-অ্যাডেনাইলেশন (polyadenylation) বলে।



চিত্র ৩.২৬ : ইউক্যারিওটে RNA সংশ্লেষণ সমাপ্তকরণ ও তার ৩' – প্রান্তে পলি–অ্যাডিনিলেশন প্রক্রিয়া।

৩.৪.৫. মাইটোকন্ড্রিয়া এবং ক্লোরোপ্লাস্ট জিনের অনুলিপ : মাইটোকন্ড্রিয়া ও ক্লোরোপ্লাস্টের জিনোম DNA অণুতে যেসব জিন রয়েছে তার সংকেত ব্যক্ত করার পদ্ধতি ও প্রক্রিয়া অনেকটা প্রোক্যারিওটের মতো। এখানেও প্রবর্ধক অংশে –১০ বাক্স ও –35 বাক্স রয়েছে (Kung, ১৯৮৫)। তবে এর RNA পলিমারেজের বৈশিষ্ট্য কিছুটা ভিন্ন প্রকৃতির। ক্লোরোপ্লাস্টের RNA pol ইউক্যারিওটের RNA pol - II এর মতো বৈশিষ্ট্যপূর্ণ। কিন্তু এর অ্যামিনো এসিড অনুক্রমে কিছু পার্থক্য পাওয়া গেছে। ক্লোরোপ্লাস্টের RNA pol দুই শ্রেণীতে বিভক্ত। এক প্রকার পলিমারেজ rRNA জিন এবং অন্য প্রকার পলিমারেজ tRNA জিন অনুলিপন করে (Gruissem *et. al.*, ১৯৮৩)।

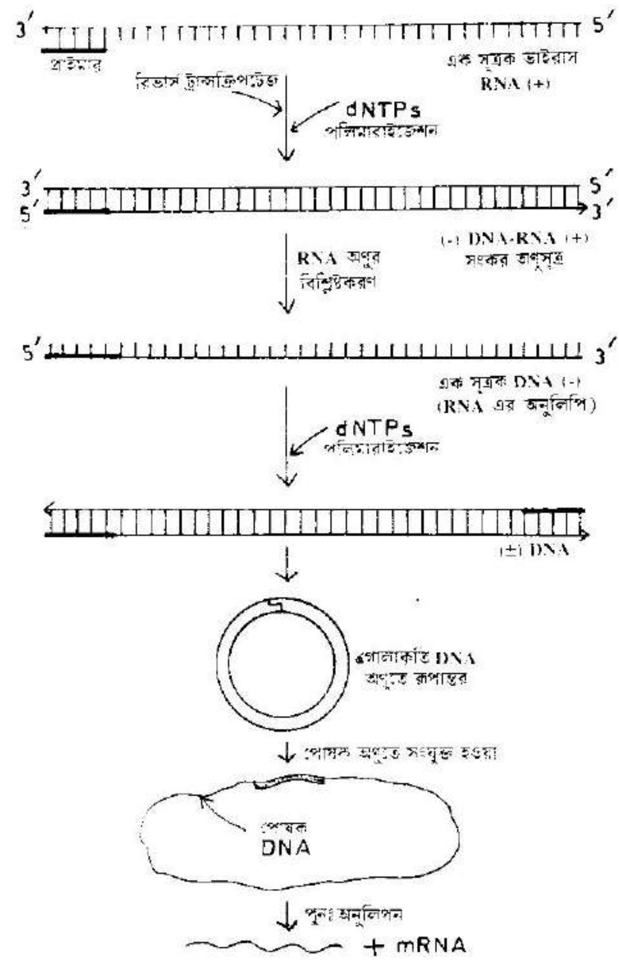
৩.৪.৬. বিপরীত অনুলিপন (Reverse transcription) : Central Dogma মতবাদের একমুখী জৈব সংকেত প্রবাহ পদ্ধতির শত:সিদ্ধ ধারণার পরিবর্তন ঘটিয়ে ১৯৭০ সনে Temin এবং Baltimore আলাদা আলাদা ঘোষণা দেন যে, কিছু Avian ও Retrovirus এর একসূত্রক RNA জিনোম বিপরীত অনুলিপন নামক এনজাইমের সাহায্যে দ্বিসূত্রক DNA অণু সৃষ্টি করে। সৃষ্ট এই DNA অণু সাধারণ সেন্ট্রাল ডগমার নিয়মানুযায়ী তার জৈব সংকেত প্রবাহ সৃষ্টি করে। এখানে RNA জিনোম টেমপ্লেট হিসেবে DNA সৃষ্টি করে। এরপর দেখা গেছে, Hepatitis B-virus, Califlewer virus -এর RNA অনুরূপভাবে অনুলিপি তৈরি করে। বর্তমানে আবিষ্কৃত AIDS রোগের জন্য দায়ী Human Immunodeficiency Virus (HIV) ও এক প্রকার Retrovirus.

বিপরীত ট্রান্সক্রিপ্টেজ (Reverse transcriptase) নিম্নোক্ত তিনটি উপায়ে বিক্রিয়া সম্পন্ন করে থাকে :

১. একটি RNA অণুসূত্রকে টেমপ্লেট হিসেবে চিহ্নিত করে নতুন একটি DNA অণুসূত্র সংশ্লেষণ করে RNA-DNA বিশিষ্ট একটি সংকর দ্বিসূত্রের সৃষ্টি করে। সংশ্লেষণের সময় একটি প্রাইমার ব্যবহার করে।

৪. সংশ্লেষিত প্রাইমার যুক্ত DNA কে টেমপ্লেট হিসেবে ব্যবহার করে DNA দ্বি-হেলিক্সের সৃষ্টি করে।

৫. DNA-RNA সঙ্কর দ্বিসূত্র থেকে RNase H হিসেবে ক্রিয়া করে RNA অণুকে ভেঙে মুক্ত করে।



চিত্র ৩.২৭ : বিপরীত ট্রান্সক্রিপ্টেজের সাহায্যে Retrovirus-এর অনুলিপন পদ্ধতির রৈখিক অধ্যায়সমূহ।

RNA পলিমারেজ যখন সংশ্লেষণ শুরু করে তখন কোনো প্রাইমারের প্রয়োজন হয় না। কিন্তু বিপরীত ট্রান্সক্রিপ্টেজের জন্য একটি প্রাইমারের প্রয়োজন হয়। পোষক কোষের একটি tRNA অণু ভাইরাস RNA-এর ৩′- প্রান্তে, ক্ষারক জোড় নিয়মে, সংযুক্ত হয়। প্রথমে RNA (+)

টেমপ্লেটের উপর যে DNA সংশ্লেষণ হয় তাকে -DNA 'DNA' বলে। RNA - DNA সঙ্কর দ্বিসূত্র থেকে বিপরীত ট্রান্সক্রিপ্টেজের RNase H ক্রিয়া করে RNA–কে বিশ্লিষ্ট করে দেয়। এর পলিমারেজ ক্রিয়ার মাধ্যমে –DNA এর উপর +DNA সংশ্লেষণ করে।

অবশ্য এবার দ্বিতীয় আর একটি প্রাইমার -DNA–এর ৩'– প্রান্তে প্রয়োজন হয়। এই DNA অণুর প্রান্ত দুটি সম্পূরক ক্ষারক সূত্রের নিয়মে সংযুক্ত হয়ে গোলাকার অণুতে পরিণত হয় (চিত্র ৩.২৭)। এরপর পোষক DNA-এর মধ্যে প্রবেশ ঘটায়। পরবর্তীকালে পোষক জিনের যেভাবে অনুলিপন ঘটে সে প্রক্রিয়ায় Viral DNA অংশ তার tRNA অণু সৃষ্টি করে (Moelling, ১৯৮৫)।

HIV এর বিপরীত ট্রান্সক্রিপ্টেজ দুটি সমপ্রকৃতির অণু দিয়ে সৃষ্টি। প্রতি অণুতে ৫৬০টি করে অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপ রয়েছে। RNase H অংশটি C- প্রান্তে অবস্থিত।

বর্তমানে বিপরীত ট্রান্সক্রিপ্টেজের মাধ্যমে বিপরীত অনুলিপন করিয়ে অনেক প্রযুক্তিগত দিক উন্মোচিত হয়েছে। RNA থেকে cDNA সংশ্লেষণের জন্য এই এনজাইম ব্যবহার করা হয়। এই cDNA জিন তথা DNA পুনঃসংযোজন প্রযুক্তিতে বহুল ব্যবহৃত হয়।

তথ্যপঞ্জি

Bakker, A., G. Margan, B. Sollner- Webb, J. Roam, S. Busby and R. H. Reeder. 1982. *Proc. Natl. Acad. Sci, USA., 79* : 56 - 62.

Benoist, C. and P. Chanebon 1981. *Nature (Land.), 290* : 305.

Bogenhagen, D.F. and D.D. Brown 1981. *Cell,* 24 : 261 - 271.

Brown, D.D. 1985 . *Cell, 37* : 359 - 365.

Chalut, C.V. Moncollin and J.M. Egly. 1994. *BioEssays, 16 (19)* : 651 - 655.

Chamberlin, M. J., W.C. Nierman, J.Wiggs and N. Neff. 1979. *J. Mol. Biol., 254*: 10061 - 10070.

Chang, C., C. F. Kosturb and Z. F. Burton. 1993. *J. Biol. Chem., 268* : 20482-20489.

Crick, F. 1957 . *Biochem. Soc. Symp., 14* : 25-27.

Gruissem, W., B. M. Greenbery, G. Zurawaski, D. *M.* Prescott and R. B. Ballick. 1983. *Cell, 35* : 815-820.

Howley, D. K. and W. R. Mcclure 1983. *Nucleic Acid Res., 11* : 2237-2245.

Kung, S.D. and C. M. Lin. 1985. *Nucleic Acid Res., 13* : 7543-7550.

McLauchlan, J. D. Gaffney, J. L. Wilton and J. B. Clements. 1985. *Nucleic Acid Res., 13* : 1347-1352.

Moelling, K. 1985 *Adv. Cancer. Res., 43* : 205 - 210.

Parvin, J.D. and P. A. Sharp. 1993. *Cell.,* 77 : 145 - 156.

Picard, D. 1985 *In* : Viral and Cellular Transcript Enhansers. Oxford Surveys on Eukaryotic Genes (eds. N. MacLean) Oxford Univ. Press. Oxford, Vol. 2.

Solditt-Georgieff, M. and J. E. Dornell. 1983. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA., 80* : 4694-4699.

Schaeffer, L. R. Roy, S. Humbert, V. Moncollin W. Vermeulon, J. H. J. Hocijmakers. P. Chambon and J. M. Egly. 1993. *Science, 260* : 58-63.

Siebenlist, U., R. B. Simpson and W. Gilbert. 1980. *Cell, 20* : 269-275.

Sollner - Webb, B. and E. B. Mougey. 1991. *Trends, Biochem. Sci., 16* : 58-62.

Temin, H. 1972. *Scientific American. 226 (1)* : 24-33.

Vuuren, A. J.V. W. Vermeulen, L. Ma, G. Weedr, E. Appeldorn, N. G. J. Jaspers, Eb A. J. Vander, J. M. Egly. 1994. *EMBO J., 13* : 1645 - 1653.

চতুর্থ অধ্যায়

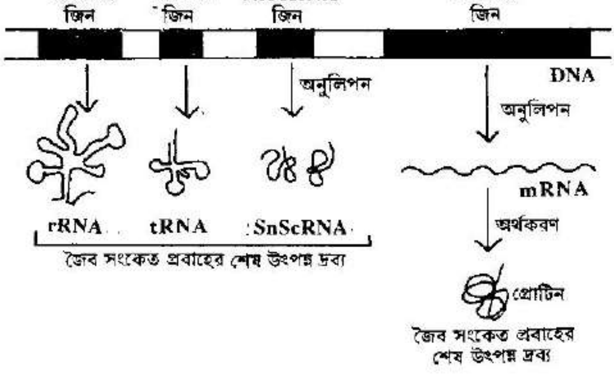
অনুলিপিত দ্রব্য

Transcriptional products

DNA অনুলিপনের ফলে যে RNA অণু সৃষ্টি হয় সেগুলো তার চরিত্রানুসারে বিভিন্ন রকম জৈব ক্রিয়া-কর্ম সম্পন্ন করে থাকে। কর্মপদ্ধতি অনুযায়ী RNA অণুসমষ্টিকে মুখ্য এবং গৌণ শ্রেণিতে বিভক্ত করা হয়েছে। মুখ্য RNA-কে তিনটি প্রজাতিতে এবং গৌণ RNA-কে দুটি প্রজাতিতে বিভক্ত করা হয়েছে (সারণি ৪.১)

সারণি ৪.১ : অনুলিপনের ফলে উৎপন্ন RNA সমূহ

শ্রেণি	প্রজাতি	সংক্ষিপ্তরূপ	কাজের প্রকৃতি
মুখ্য RNA (Major RNA)	১। রাইবোজোমাল RNA (Ribosomal RNA)	rRNA	কাঠামোগত।
	২। ট্রান্সফার RNA (Transfer RAN)	tRNA	কাঠামোগত এবং সংবাদ বহনকারী।
	৩। বার্তাবাহক RNA (Messenger RNA)	mRNA	বার্তাবহনকারী
গৌণ RNA (Minor RNA)	১। ক্ষুদ্র সাইটোপ্লাজমীয় RNA (Small cytoplasmic RNA)	scRNA	রাইবোজাইম ও আকৃতিগত।
	২। ক্ষুদ্র কেন্দ্রীয় RNA (Small nuclear RNA)	sn RNA	রাইবোজাইম ও আকৃতিগত।



চিত্র ৪.১ : জিনসমূহের অনুলিপন ও প্রক্রিয়াজাতকরণ পদ্ধতি। সব অনুলিপিত RNA অণু একটি ধাপে সমাপ্ত হলেও কেবল mRNA অণু দ্বিতীয় ধাপে প্রোটিনে অর্থকরণ করে সমাপ্ত হয়।

mRNA ছাড়া সব RNA জিনের সংবাদ প্রবাহের প্রথম ও শেষ অধ্যায়। একমাত্র mRNA অণুকে জৈব সংবাদ প্রবাহের আর এক ধাপ অতিক্রম করে প্রোটিন অণু সৃষ্টি করতে হয় (চিত্র ৪.১)। প্রোটিন সৃষ্টির সময় অবশ্য mRNA অণুকে অন্যান্য সব RNA অণু প্রত্যক্ষ বা পরোক্ষভাবে সহায়তা বা অংশগ্রহণ করে থাকে। কোষাভ্যন্তরে mRNA অণু ছাড়া অন্যান্য RNA অণু অনেকটা স্থায়ী। স্বল্পজীবী হওয়ার কারণে একই স্থান (জিন) থেকে mRNA সৃষ্টির হার তুলনামূলকভাবে অধিক হয়ে থাকে।

৪.১. রাইবোজোমাল RNA

রাইবোজোমাল RNA (rRNA) অণু rRNA জিন থেকে সৃষ্টি হয়ে থাকে। rRNA যখন নির্দিষ্ট প্রোটিনের সাথে যুক্ত হয় তখন রাইবোজোম নামক কোষাঙ্গাণু সৃষ্টি হয়। ব্যাকটেরিয়ার রাইবোজোমে মোট তিন প্রকার rRNA অণু রয়েছে। এই প্রকরণগুলোর S মান (S=Svedberg একক ; ১৯২০ যিনি প্রথম আল্ট্রা-সেন্ট্রিফিউজ যন্ত্র তৈরি ও এর সাহায্যে বিভিন্ন পদার্থের তলানি পড়ার মান নির্ণয় করেন) দিয়ে প্রকাশ করা হয়। rRNA প্রকরণগুলো হচ্ছে 16S, 23S এবং 5S মান সম্পন্ন। অপরদিকে ইউক্যারিওটের রাইবোজোমে 18S, 5.8S, 28S ও 5S মানবিশিষ্ট মোট চার প্রকার rRNA প্রকরণ রয়েছে।

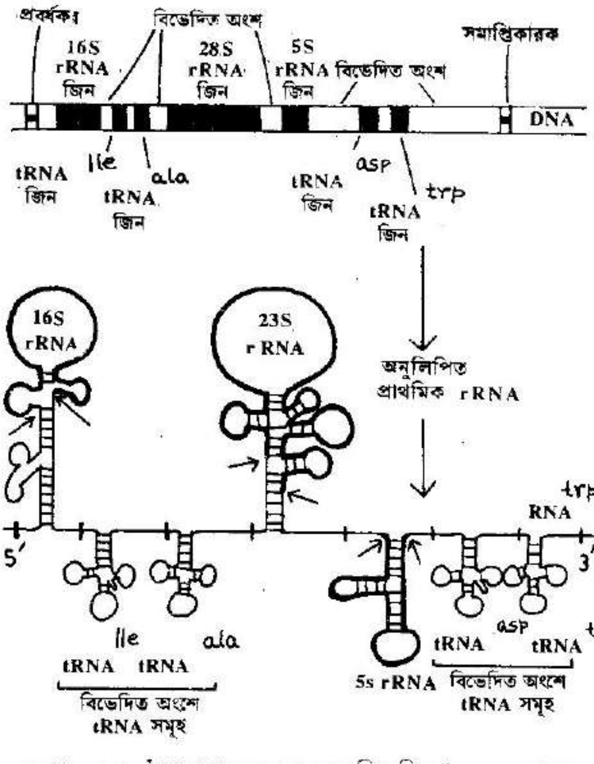
প্রোক্যারিওটের rRNA প্রকরণগুলো একই সাথে তিনটি জিন থেকে সৃষ্টি হয়। উক্ত জিনগুলো পরপর গুচ্ছাকারে সাজানো থাকে। মাত্র একটি প্রবর্ধক থেকে তিনটি জিন একই সাথে একটিমাত্র একক অণু সৃষ্টি করে। অপরদিকে ইউক্যারিওটে 18S, 5.8S এবং 28S rRNA সমূহ প্রোক্যারিওটের ন্যায় একটি একক এবং অন্য ক্রোমোজোমে অবস্থিত 5S rRNA জিন স্বাধীনভাবে ভিন্ন একটি একক হিসেবে অনুলিপিত হয়। *E.coli* জিনোমে এ ধরনের মোট ৭টি জিনগুচ্ছ থেকে ৭টি অনুলিপিত অণু সৃষ্টি হয়। প্রোক্যারিওটের তুলনায় ইউক্যারিওটে rRNA জিন সংখ্যা অনেক বেশি (সারণি ৪.২)।

সারণি ৪.২ : বিভিন্ন জীবে rRNA জিনের অনুলিপি

জীব	জিনের সংখ্যা	
	অনুলিপিত একক সংখ্যা	ইউক্যারিওটের 5S rRNA একক সংখ্যা
E. coli	৭	—
Saccharomyces cerevisiae *	১৪০	১৪০
Homo sapiens	২৮০	২,০০০
Xenopus laevis	৪৫০	২৪,০০০

* একমাত্র ইউক্যারিওট যার 5S rRNA জিন অন্যান্য rRNA জিনের পাশে অবস্থান করে এবং একই সাথে অনুলিপন করে থাকে।

৪.১.১. rRNA জিন ও অনুলিপিত rRNA প্রক্রিয়াজাতকরণ : প্রোক্যারিওটের 16S, 23S এবং 5S rRNA সমূহের জিন উক্ত অনুক্রমে পরপর কাছাকাছি অবস্থানে সজ্জিত থাকে। এই জিন তিনটি স্বতন্ত্রভাবে থাকলেও এদের একটিমাত্র প্রবর্ধক ও সমাপ্তিকারক অংশ রয়েছে। 16S ও 23S জিনের মাঝে একটি পরিসর সৃষ্টিকারী (spacer) অংশ রয়েছে। এই পরিসর সৃষ্টিকারী অংশে একটি বা কখনও কখনও দুটি tRNA জিন অবস্থান করে। অপরদিকে 23S এবং 5S জিনের মাঝখানে একটি সাধারণ পরিসর সৃষ্টিকারী রয়েছে। 5S জিনের পর সমাপ্তিকারক পূর্বে যে লেজ অংশ (tailor) রয়েছে সেখানেও এক বা দুটি tRNA জিন অবস্থান করে। এ পর্যন্ত জানা *E. coli*-এর যে ৭টি rRNA জিনের অবস্থান নির্ণয় করা হয়েছে তার প্রত্যেকটির পরিসর সৃষ্টিকারী অংশের মধ্যে অবস্থিত tRNA জিনের সংখ্যাও পরিসর সৃষ্টিকারীর মধ্যে তাদের rRNA জিনের দূরত্ব বিভিন্ন রকম দেখা গেছে। এই কারণে কোনো দুটি অনুলিপিত অণু এককের S মান এবং অনুক্রম সংখ্যা এক রকম নয়।



চিত্র ৪.২ : *E. coli*-এর mRNA সমূহের অবস্থান ও তার বিভেদিত (spacer) অংশে tRNA জিনসমূহের অবস্থান দেখানো হয়েছে। এই গুচ্ছাকারে সজ্জিত জিনগুলো একটিমাত্র অনুলিপিত একক হিসেবে pre RNA অণু সৃষ্টি করে। তীর চিহ্ন দ্বারা RNase III এনজাইমের ক্রিয়াস্থল দেখানো হয়েছে।

পরপর সজ্জিত rRNA জিনসমূহ, পারিসর অংশ ও tRNAএর জিনসমূহ একটিমাত্র অণু হিসেবে প্রথমে অনুলিপিত হয়। সদ্য সংশ্লেষিত প্রাথমিক অনুলিপিত অণুকে pre-rRNAবলে। অনুলিপনের পরই pre-rRNA অণুর বিভিন্ন অংশের পরিপূরক ক্ষারক কাছাকাছি এসে ক্ষারক জোড় সৃষ্টি করে। এর ফলে বিভিন্ন প্রকৃতির ভাঁজ সৃষ্টি করে। এসময়ে Pre-rRNAঅণু কয়েকটি ধাপে কেটে গিয়ে প্রক্রিয়াজাত হয়। প্রথম ধাপে RNase -III নামক একটি এনজাইম 16S, 23S এবং 5Sএর যেসব অংশ পরিপূরক ক্ষারক এর সাহায্যে কাণ্ডের ন্যায় সৃষ্টি করে সেসব অংশে ক্রিয়া করে pre-16S, 23S এবং 5Sসমূহকে মুক্ত করে। কর্তনের সময় ঠিক বিপরীত অংশ সমভাবে না কেটে একটি একসূত্রক বর্ধিত অংশের সৃষ্টি করে। এর ফলে ৫'-ফসফেট ও ৩'-OH প্রান্তের সৃষ্টি হয়। এরপর দুপ্রান্ত থেকে আরও কিছু নিউক্লিওটাইড কেটে ছেঁটে মুক্ত করে। এই অংশটি সম্পন্ন করতে আরও কয়েক প্রকার নিউক্লিয়েজ কাজ করে থাকে (King *et. al.,* ১৯৮৪)। প্রক্রিয়াটি সম্পন্ন হয়ে গেলে পরিপক্ব 16S, 23S ও 5S rRNAসমূহ সৃষ্টি হয় যা রাইবোজোম সৃষ্টির প্রয়োজনে অংশ গ্রহণ করে থাকে (চিত্র ৪.২)। পরিসর সৃষ্টিকারী ও লেজ অংশের tRNA তখন RNase-এর সাহায্যে প্রক্রিয়াজাত হয়ে পরিপক্ব tRNAঅণুতে পরিণত হয়।

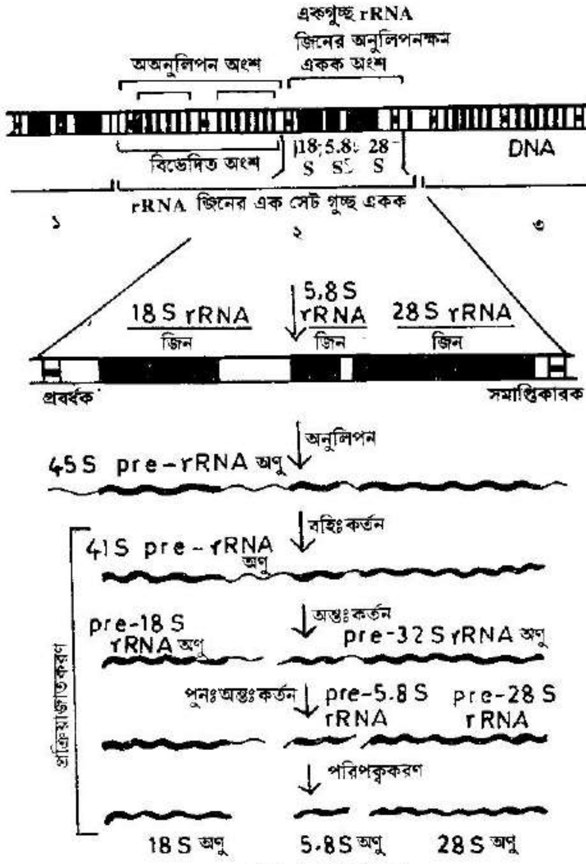
ইউক্যারিওটের rRNAজিন এবং তার অনুলিপিত rRNA-এর প্রক্রিয়াকরণ প্রোক্যারিওট থেকে কিছুটা ভিন্ন প্রকৃতির। ইউক্যারিওটে rRNA জিনের সংখ্যা রয়েছে চারটি। এসব rRNA-এর S-মান অনুসারে জিনসমূহ হচ্ছে 18S rRNA জিন, 5.8S rRNA জিন, 28S rRNAজিন ও 5S rRNA জিন। এর মধ্যে প্রথম তিনটি জিন প্রোক্যারিওটের মতো খুব কাছাকাছি থেকে পরপর সজ্জিত থাকে। এই জিনগুলোর একটিমাত্র প্রবর্ধক ও লেজ অংশ থাকার কারণে একটি অনুলিপিত অণু সৃষ্টি হয়। 5S স্বতন্ত্রভাবে, অন্য ক্রোমোজোমে অবস্থান করে, ভিন্ন একটি RNAঅনুলিপন করে। তুলনামূলকভাবে 5S rRNA জিনের সংখ্যা অন্য rRNA জিনের চেয়ে অনেক বেশি। rRNA-এর বৃহৎ জিনগুলোর অধিকাংশ গুচ্ছাকারে বহু এককে সজ্জিত থাকে। একগুচ্ছ জিন থেকে আর একগুচ্ছ জিন এক বৃহৎ পরিসর দিয়ে পৃথক পৃথক দূরত্বে অবস্থান করে। জিনগুচ্ছের ভিতর অবস্থিত পরিসর সৃষ্টিকারী অংশ অনুলিপন করলেও দুটি গুচ্ছ এককের মাঝের পরিসর সৃষ্টিকারী অংশ কখনও অনুলিপন করে না (চিত্র ৪.৩)।

সদ্য অনুলিপিত pre-rRNAঅণু বিভিন্ন অধ্যায়ে প্রক্রিয়াজাত হয়ে পরিপক্ব 18S, 5.8S ও 28S rRNAসৃষ্টি হয়। 5S rRNA বিশেষ কোনো প্রক্রিয়াজাত হয় না। Hela [Henrietta Lacks নামে একজন আমেরিকান ১৯৫২ সালে ক্যান্সার রোগে মারা যান। Hela সেই ক্যান্সার রোগী থেকে প্রাপ্ত বিশেষ কোষ-রেখা (cell line)। দেহ থেকে প্রাপ্ত ইপিথেলিয়াল টিউমার কোষগুলো কৃত্রিম আবাদ মাধ্যমে রেখে অনির্দিষ্টকালের জন্য চাষ করা হচ্ছে।] কোষে ^{3}H -uridine-এর সাহায্যে স্পন্দন চিহ্নিতকরণ (pulse labelled) পদ্ধতিতে পরীক্ষা করে ইউক্যারিওটের প্রক্রিয়াজাত করণের বিভিন্ন চরিত্র সম্পর্কে জানা সম্ভব হয়েছে (Denoya *et al.,* ১৯৮১)।

১। প্রথম যে pre-rRNA অণু সৃষ্টি হয় তা ১৪,০০০ নিউক্লিওটাইড দৈর্ঘ্যবিশিষ্ট একটি অণু। এই অণুর আয়ুষ্কাল হচ্ছে মাত্র ১৫ মিনিট।

২। নিউক্লিওলাসের ভিতরে গিয়ে pre-rRNA অণুতে খুব দ্রুত প্রায় ১১০টি নিউক্লিওটাইড স্থানে মিথাইলেশন ঘটে। মিথাইলেশন-এর কারণে 2-0 methylribose এ পরিণত হয়। এর মধ্যে 18S অংশে প্রায় ৪৬টি এবং 28S অংশেপ্রায় ৭১টিনিউক্লিওটাইডের মিথাইলেশন (methylation) ঘটে। অন্তঃপরিসর সৃষ্টিকারী অংশে এবং 5.8S অংশে কোনো মিথাইলেশন

ঘটে না। 5S-এর ক্ষেত্রে কিছু মিথাইলেশন ঘটতে দেখা যায়। বিজ্ঞানীগণ মনে করেন যে pre-rRNA অণু প্রক্রিয়াজাত হওয়ার সময় কোনো কোনো অংশগুলো পরিপক্ব হবে সে ব্যাপারে মিথাইলেশন প্রক্রিয়ার মাধ্যমে সংকেত দিয়ে থাকে।



চিত্র ৪.৩ : ইউক্যারিওটের rRNA জিনের সংগঠন। Hela কোষের rRNA অনুলিপন ও তার প্রক্রিয়াকরণ পদ্ধতি। প্রাথমিক 45S pre-RNA অণু থেকে পরিপক্ব 8S, 5.8S ও 28Sসমূহ সৃষ্টির পর্যায়ক্রমিক ধাপসমূহ।

৩। মিথাইলেশনের পর 45S অণুর 5′-প্রান্তের কিছু অংশ এন্ডোনিউক্লিয়েজের সাহায্যে বিশ্লিষ্ট হয়ে প্রথমে 41S এর একটি অণু সৃষ্টি হয়। এর অল্প পরে এন্ডোনিউক্লিয়েজের বিক্রিয়া ঘটে। এর ফলে উক্ত অণুটি একটি বৃহৎ 32S এবং একটি ক্ষুদ্র 20S অণুবিশিষ্ট মধ্যবর্তী পূর্ব-অস্তিত্ব (precursor)-এ পরিণত হয়। 20S rRNA পূর্ব-অস্তিত্ব অণুটি তখন দ্রুত

সাইটোপ্লাজমে চলে আসে এবং শীঘ্রই পারিসর সৃষ্টিকারী অংশ কেটে-ছেঁটে একটি পরিপক্ব 18S rRNA অণুতে পরিণত হয়। অপরদিকে 32S rRNA পূর্ব-অস্তিত্ব অণুটি নিউক্লিওলাসে আরও প্রায় ৪০মিঃ পর বিশ্লিষ্ট হয়ে 5.8S ও 28S rRNAঅণুতে পরিণত হয়। এরপর আরও প্রায় ৩০মিঃ নিউক্লিওলাসে থাকার পর সাইটোপ্লাজমে বের হয়ে আসে। অর্থাৎ পূর্ব-অস্তিত্ব অণু দুটি দুই স্থান থেকে প্রক্রিয়াজাত হয়।

45S pre-rRNA অণু যখন পরিপক্ব হয়ে rRNA অণুতে পরিণত হয় তখন তার প্রায় ২০% নিউক্লিওটাইড ছেঁটে বাদ দেয়া হয়। বিভিন্ন প্রজাতির pre-rRNA অণুর ক্ষারক সংখ্যা এবং 18S, 5.8S ও 28S-এর অবস্থান বিভিন্ন রকম হলেও পরিপক্ব হওয়ার পর তার আকার আকৃতি একই রকম হয়ে থাকে। এখানে উল্লেখ্য যে, বিভিন্ন এনজাইমের কর্তন উন্মুক্ত pre-rRNA অণুতে ঘটে না। pre-rRNA সৃষ্টির পরই সাইটোপ্লাজম থেকে আসা বিভিন্ন প্রকৃতির প্রোটিন অণু এসে ক্রমান্বয়ে, অত্যন্ত সুশৃঙ্খলভাবে, rRNA-এর নির্দিষ্ট স্থানগুলোতে যুক্ত হতে থাকে এবং সাথে সাথে rRNA পূর্ব-অস্তিত্ব প্রক্রিয়াজাত হতে থাকে। 5S rRNA অণু জিন থেকে সৃষ্টি হয়ে সরাসরি সাইটোপ্লাজমে চলে এসে বৃহৎ rRNA অণুর সাথে যুক্ত হয়।

বিভিন্ন rRNA প্রক্রিয়াজাত হয়ে যখন সাইটোপ্লাজমে চলে আসে তখন সেগুলো রাইবোজোম নামক কোষাঙ্গাণু সৃষ্টি করে। অনুকূল পরিবেশে একটি *E. coli* কোষে প্রায় ২০,০০০টি রাইবোজোম থাকে। প্রতি ২০ থেকে ৩০ মিনিট পর কোষ বিভাজনের পর অনুরূপ সংখ্যক রাইবোজোম সৃষ্টি হয়। এই বিপুল সংখ্যক রাইবোজোম সৃষ্টি করতে হলে ব্যাপকভাবে rRNA অনুলিপন করতে হবে। *E. coli*-তে মাত্র ৭ সেট জিন এত বিপুল সংখ্যক rRNA কিভাবে সৃষ্টি করে তা নিয়ে বিজ্ঞানীগণ বেশ কিছু গবেষণা করেন। দেখা গেছে যে, প্রতি সেট জিনের প্রবর্ধক থেকে সমাপ্তিকরণ পর্যন্ত প্রায় ১০০টি RNA pol সামান্য ব্যবধানে থেকে একই সময়ে পরপর অনুলিপন করতে থাকে। এসময়ে প্রথম থেকে শেষ পর্যন্ত বিভিন্ন দৈর্ঘ্যের অনুলিপিত অণুগুলো দেখতে অনেকটা খ্রিস্টীয় বৃক্ষ (Chrismas tree) আকৃতির মনে হবে। ইউক্যারিওটে অনেক সময় জিন বিবর্ধক (gene amplification) পদ্ধতিতে স্বল্প সময়ের মধ্যে বহু rRNA সৃষ্টি করে নেয়। একটি কোষে যতো সংখ্যক rRNA সৃষ্টি হয় তার মধ্যে গড়ে প্রায় ৮০% rRNA জাতীয়।

৪.১.২. রাইবোজোম (Ribosome) : রাইবোজোম এক প্রকার কোষঙ্গাণু। এটি সব প্রকার কোষের এক অতি প্রয়োজনীয় উপাদান হিসেবে চিহ্নিত । রাইবোজোমের রাসায়নিক উপাদান হচ্ছে rRNA ও প্রোটিন। ১৯৫৮ সালে Roberts প্রথমে রাইবোজোম শব্দ ব্যবহার করেন যা "Ribonucleoprotein particle of microsomes " থেকে চয়ন করা হয়েছে। রাইবোজোম দেখতে অনেকটা গোলাকার দানাদার বস্তুর ন্যায়। একটি *E.coli* কোষে প্রায় ২০,০০০টি রাইবোজোম থাকতে পারে যা কোষের শুষ্ক ওজনের প্রায় ২৫% (১৬% rRNA এবং ৯% প্রোটিন)। কোনো কোনো ইউক্যারিওটিক কোষে রাইবোজোমের সংখ্যা প্রায় এক কোটি পর্যন্ত হতে পারে। কোষে প্রোটিন উৎপাদনের যন্ত্র হিসেবে রাইবোজোমকে চিহ্নিত করা হয়। প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় রাইবোজোম বিভিন্ন mRNA-এর সাথে যুক্ত হয়। সংকেত প্রবাহের নিয়মে

mRNA যখন অর্থকরণ করে প্রোটিন তৈরি করে তখন রাইবোজোম বিশেষ ভূমিকা পালন করে থাকে। রাইবোজোম সাইটোপ্লাজমে মুক্তভাবে বিচরণ করে। একমাত্র প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় সুশৃঙ্খল উপায়ে সঙ্ঘবদ্ধ হয়ে পলিজোম সৃষ্টি করে থাকে। ইউক্যারিওটে সাইটোপ্লাজমে মুক্ত অবস্থা ছাড়াও এন্ডোপ্লাজমিক রেটিকুলামের গায়ে যুক্ত হয়ে অমসৃণ এন্ডোপ্লাজমিক রেটিকুলাম সৃষ্টি করে। মাইটোকন্ড্রিয়া ও ক্লোরোপ্লাস্টের অভ্যন্তরে প্রোটিন সংশ্লেষণের জন্য রাইবোজোম রয়েছে। কোষের রাইবোজোম সংখ্যা তার ক্রিয়া-কর্মের উপর নির্ভরশীল। অধিক সক্রিয় কোষে রাইবোজোমের সংখ্যা স্বাভাবিকের চেয়ে বেশি থাকে।

৪.১.২.১. রাইবোজোমের আকার আকৃতি ও উপাদান : কোষে সাধারণ প্রাপ্ত অণু বা যৌগ অণুর ন্যায় রাইবোজোমকেও বৃহৎ রাসায়নিক যৌগ অণু প্রকাশের রীতি অনুযায়ী আণবিক ওজনে প্রকাশ করা যায়। তবে সুবিধানুযায়ী রাইবোজোমকে তলানিপড়ন সহ-সহগ (sedimentation coefficient) মান S-মান দিয়ে তার ভর ও আকার-আয়তন বোঝানো হয়। জীবজগতের সব কোষে রাইবোজোমের প্রকৃতি ও কার্যপ্রণালী একই রকম হলেও তার ভৌত-রাসায়নিক উপাদানের মধ্যে কিছু পার্থক্য রয়েছে। প্রোক্যারিওট রাইবোজোম এবং ইউক্যারিওট রাইবোজোমের মধ্যে বিভিন্ন প্রকৃতির পার্থক্য লক্ষ্য করা গেছে। তাছাড়া মাইটোকন্ড্রিয়ার রাইবোজোম নিয়ে কাজ করতে গিয়ে বিজ্ঞানীগণ অনেক বৈচিত্র্যপূর্ণ তথ্য উদ্ঘাটন করতে পেরেছেন। ক্লোরোপ্লাস্টের রাইবোজোম অনেকটা প্রোক্যারিওটের মতো।

প্রোক্যারিওটের রাইবোজোম : প্রোক্যারিওটের রাইবোজোমের S মান ৭০। তাই এই প্রকৃতির রাইবোজোমকে 70S রাইবোজোম বলে। 70S রাইবোজোমের দুটি অসম অংশ রয়েছে। বৃহৎ অংশ 50S এবং ক্ষুদ্র অংশ 30S নামে পরিচিত। 70S রাইবোজোমকে যদি 0.0005M $MgCl_2$-এর দ্রবণে রাখা হয় তবে দেখা যাবে তার দুটি অংশ সম্পূর্ণ মুক্ত হয়েছে। কিন্তু 0.0005M ঘনত্বের $MgCl_2$ দ্রবণে (ব্যাকটেরিয়া কোষের স্বাভাবিক অবস্থা) অধিকাংশ রাইবোজোম যুক্ত অবস্থায় থাকে। এই বিক্রিয়ার গতি উভমুখী এবং নিম্নোক্ত সমীকরণের নিয়মানুযায়ী কোষ একটি সমতা রক্ষা করে চলে।

$$30S + 50S \underset{\text{নিম্ন}\,[Mg^{+2}]}{\overset{\text{উচ্চ}\,[Mg^{+2}]}{\rightleftharpoons}} 70S\ \text{রাইবোজোম}$$

রাইবোজোমের 30S এবং 50S অংশকে যদি বিয়োজন (dissociation) করা যায় তবে তার rRNA এবং r প্রোটিন অণুগুলো বিচ্ছিন্ন হয়ে পড়ে। প্রত্যেক অংশে নিম্নোক্ত উপাদান পাওয়া যাবে।

30S :একটি 16S rRNA অণু + ২১টি বিভিন্ন প্রোটিন অণু

50S : একটি 5S rRNA অণু + একটি 23S rRNA অণু + ৩১টি বিভিন্ন প্রোটিন অণু। 30S অংশের প্রোটিনগুলোকে S1,S2,S3,S4........ও S21 (S=Small) নামে চিহ্নিত করা হয়। রাইবোজোমের 30S অংশে প্রত্যেক প্রকার প্রোটিন অণু মাত্র এক প্রস্থ করে উপস্থিত থাকে। 50S অংশের প্রোটিনগুলোকে L1, L2, L3, L4 ....ও L31 (L = large) নামে

[illegible] করা হয়। L7 এবং L12নামক প্রোটিন অণু দুই প্রস্থ করে থাকে। এই দুটি প্রোটিন ছাড়া অন্য সব প্রোটিন অণু এক প্রস্থ করে উপস্থিত থাকে। সুতরাং একটি 70S রাইবোজোম বিয়োজন করলে মোট ৫৪ প্রকার প্রোটিন অণু { ২১+৩১+২ (L7=2: L12=2)} পাওয়া যায়। এই সব প্রোটিন ক্ষার। ৩৪% আরজিনিন ও লাইসিন) চরিত্রের কারণে rRNA সমূহের সাথে সহজেই রাসায়নিক যৌগ সৃষ্টি করে থাকে। 70S রাইবোজোমে যে rRNA ও প্রোটিন অণু রয়েছে তাদের, যথাক্রমে, নিউক্লিওটাইড অনুক্রম ও অ্যামিনো এসিড অনুক্রম নির্ণয় করা হয়েছে। (সারণি ৪.৩)। rRNA অণুসমষ্টির প্রায় ৭০% অন্তঃ দ্বিসূত্রক অবস্থায় থাকে এবং সে অনুযায়ী একটি সুনির্দিষ্ট জটিল গঠণাকৃতির সৃষ্টি করে।

ইউক্যারিওটের রাইবোজোম : প্রোক্যারিওটের তুলনায় ইউক্যারিওটের রাইবোজোম একটু বড়। এর গড় S মান প্রায় ৮০। তাই এই প্রকৃতির রাইবোজোমকে 80S রাইবোজোম বলে। এর মৌলিক উপাদান ও গঠনাকৃতি প্রোক্যারিওটের মতো হলেও বেশ কিছু পার্থক্য রয়েছে। 70S রাইবোজোমের ন্যায় 80S রাইবোজোমে একটি বৃহদাংশ ও একটি ক্ষুদ্রাংশ রয়েছে। এখানেও Mg^{+2} এর ঘনত্বের ঔপর ভিত্তি করে অংশ দুটি যুক্ত ও মুক্ত হতে পারে। বৃহৎ অংশটি 60S এবং ক্ষুদ্র অংশটি 40S বিশিষ্ট (সারণি ৪.৩)। এই অংশ দুটিকে বিয়োজন করলে তার উপাদানগুলো বিচ্ছিন্ন হয়ে পড়ে। প্রত্যেক অংশে নিম্নোক্ত উপাদানগুলো পাওয়া যাবে।

40S : একটি 18S rRNA অণু + ৩০টি বিভিন্ন প্রোটিন অণু;

60S : একটি 5S rRNA, একটি 5.8S rRNA এবং একটি
28S rRNA অণু + প্রায় ৫০টি বিভিন্ন প্রোটিন অণু।

এই প্রোটিনগুলোর কোনোটিই প্রোক্যারিওটের মতো নয়। এর চরিত্র ক্ষারকজাতীয় হলেও প্রত্যেকটি অ্যামিনো এসিড অনুক্রম ও তার সংখ্যা বিভিন্ন রকম। ইউক্যারিওটের 5.8S, 18S, 28S rRNA অণুর কার্যধারা যথাক্রমে প্রোক্যারিওটের 5S,16S ও 23S rRNA অণুর সাথে তুলনীয়।

ক্লোরোপ্লাস্টের রাইবোজোম : প্রায় সব উদ্ভিদের ক্লোরোপ্লাস্টে রাইবোজোম রয়েছে। ক্লোরোপ্লাস্টের রাইবোজোমের চরিত্র এবং রাসায়নিক উপাদান ও তার গঠন প্রকৃতি অনেকটা প্রোক্যারিওটের রাইবোজোমের মতো। এর S মান প্রায় 70S এর কাছাকাছি।

রাইবোজোমের বৃহদাংশের তুলনায় ক্ষুদ্রাংশ অনেকটা বৈচিত্র্যপূর্ণ। *Chlamydomonas*-এর ক্ষুদ্রাংশ 33S এবং বৃহদাংশ 50S প্রকৃতির। *Nicotiana* ও *Zea* এর ক্ষুদ্রাংশ 35S বৃহদশ 50S মানবিশিষ্ট।

রাইবোজোমের অংশগুলো বিয়োজন করলে 5S, 16S এবং 23S এর rRNA অণু সমষ্টি পাওয়া যাবে। কিন্তু এর প্রোটিনের সংখ্যা তার প্রকৃতি প্রোক্যারিওটের মতো নয়। পালং শাকের (spinch) ক্লোরোপ্লাস্ট রাইবোজোমে মোট ৪০ প্রকার এবং গমের ক্লোরোপ্লাস্ট রাইবোজোমে মোট ৭৫ প্রকার প্রোটিন অণু পাওয়া যায়। তবুও ক্লোরোপ্লাস্ট রাইবোজোমে প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া ও অন্যান্য চরিত্রের ক্ষেত্রে প্রোক্যারিওটের সাথে যথেষ্ট মিল রয়েছে।

সারণি ৪.৩ : প্রোক্যারিওটিক ও ইউক্যারিওটিক রাইবোজোমের বৈশিষ্ট্য

রাইবোজোম ও খণ্ডাংশের বৈশিষ্ট্য	প্রোক্যারিওট	ইউক্যারিওট
রাইবোজোম		
S মান	70S	80S
খণ্ডাংশ	50S + 30S	60S+40S
গঠনাকৃতি	$\left.\begin{matrix}50S\\30S\end{matrix}\right\}70S$	$\left.\begin{matrix}60S\\40S\end{matrix}\right\}80S$
	২টি (একটি বৃহৎ, একটি ক্ষুদ্র)	২টি (একটি বৃহৎ, একটি ক্ষুদ্র)
ক. বৃহৎ অংশ		
S মান	50S	60S
আণবিক ওজন (ড্যাল্টন)	১৫,৯০,০০০	২৮,২০,০০০
rRNA অণু সংখ্যা :	২টি (23S ও 5S)	৩টি (28S, 5.8S, 5S)
১। S–মান	23S	28S
নিউক্লিওটাইড সংখ্যা	২,৯০৪	৪৭১৮
২। S-মান	5S	5.8S
নিউক্লিওটাইড সংখ্যা	১২০	১৬০
৩। S- মান	—	5S
নিউক্লিওটাইড সংখ্যা	—	১২০
প্রোটিন অণু সংখ্যা :	৩১টি	৫০টি
গড় আণবিক ওজন	২১,০০০	২১,২০০
খ. ক্ষুদ্র অংশ		
S-মান	30S	40S
আণবিক ওজন	৯,৩০,০০০	১৪,০০,০০০
rRNA অণু সংখ্যা	১টি	১টি
S –মান	16S	18S
নিউক্লিওটাইড সংখ্যা	১,৫৪১	১,৮৭৪
প্রোটিন অণু সংখ্যা	২১	৩০

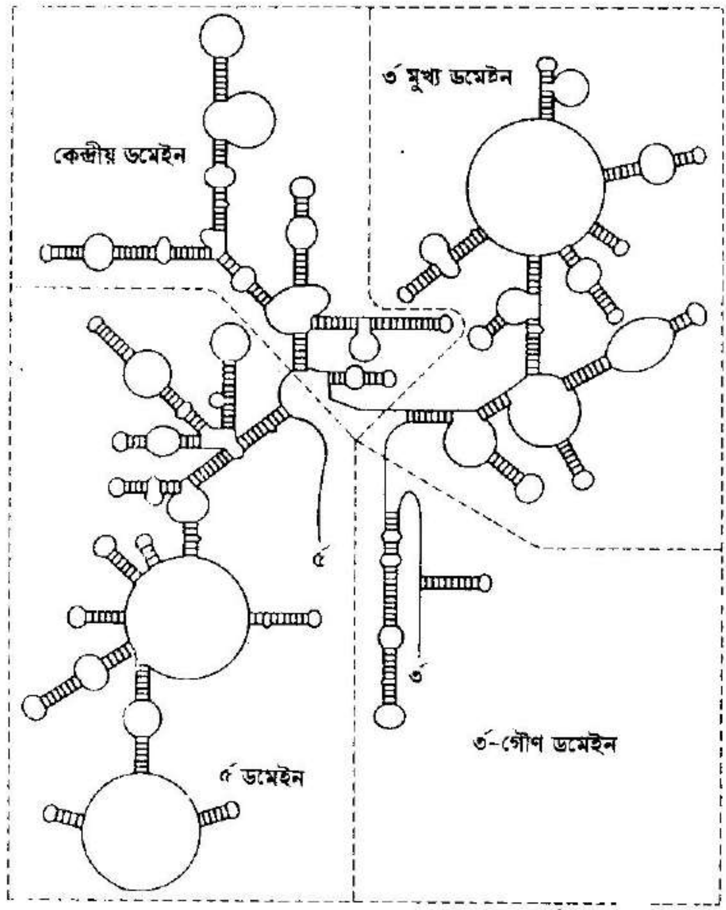
মাইটোকন্ড্রিয়ার রাইবোজোম : সব মাইটোকন্ড্রিয়ার ভিতর তার নিজস্ব রাইবোজোম রয়েছে অনেক সময় মাইটোকন্ড্রিয়ার রাইবোজোমকে মাইটোরাইবোজোম বলে। মাইটোরাইবোজোম সবচেয়ে বৈচিত্র্যপূর্ণ। মাইটোরাইবোজোম সাধারণত 55S মানের হয়ে থাকে কোনো কোনো জীবের মাইটোরাইবোজোম 55S থেকে 60S পর্যন্ত হয়ে থাকে (খরগোস, গরু, ইঁদুর)। বিভিন্ন মাইটোরাইবোজোমের মধ্যে বিভিন্ন প্রকার বৃহদাংশ এবং ক্ষুদ্রাংশ দেখা যায় (সারণি ৪.৪)–এর rRNA ও প্রোটিনের মধ্যে বিভিন্ন বৈশিষ্ট্য লক্ষ্য করা যায়। রাইবোজোমের ক্ষুদ্রাংশে রয়েছে 12S-13S এবং বৃহদাংশে রয়েছে 16S-17S-এর একটি করে হয়। তুলনামূলকভাবে মাইটোরাইবোজোমে প্রোটিনের সংখ্যা বেশি। *Xenopus* মধ্যে ৮৪ প্রকার এবং মানুষের মধ্যে প্রায় ৯০ প্রকার প্রোটিনের সন্ধান পাওয়া গেছে।

সারণি ৪.৪ : বিভিন্ন প্রকার মাইটোরইবোজোমের বৈশিষ্ট্য

জীব	S মান	বৃহদাংশ	ক্ষুদ্রাংশ
মেরুদণ্ডী প্রাণী ও কীটপতঙ্গ	55 থেকে 60S	40S	30S
Tetrahynema	80S	55S	35S
Euglena	71S	50S	32S
Saccharomyces	72 থেকে 80S	50S	38S
Candida	72S	50S	36S
Neurospora	73-80S	50S	38S
উচ্চতর উদ্ভিদ	78S	60S	40S

৪.১.২.২. রাইবোজোমের পর্যায়ক্রমিক গঠন : রাইবোজোমে rRNA রয়েছে মোট ৬৫ থেকে ৭০ ভাগ এবং বাকি ৩৫ থেকে ৩০ ভাগ অংশ r প্রোটিন। rRNA রাইবোজোমের প্রধান কাঠামো বা মেরুদণ্ড হিসেবে কাজ করে। এই rRNA-এর কাঠামো সৃষ্টি হলে বিভিন্ন r–প্রোটিনসমূহ পরপর সুশৃঙ্খল উপায়ে সজ্জিত হয়।

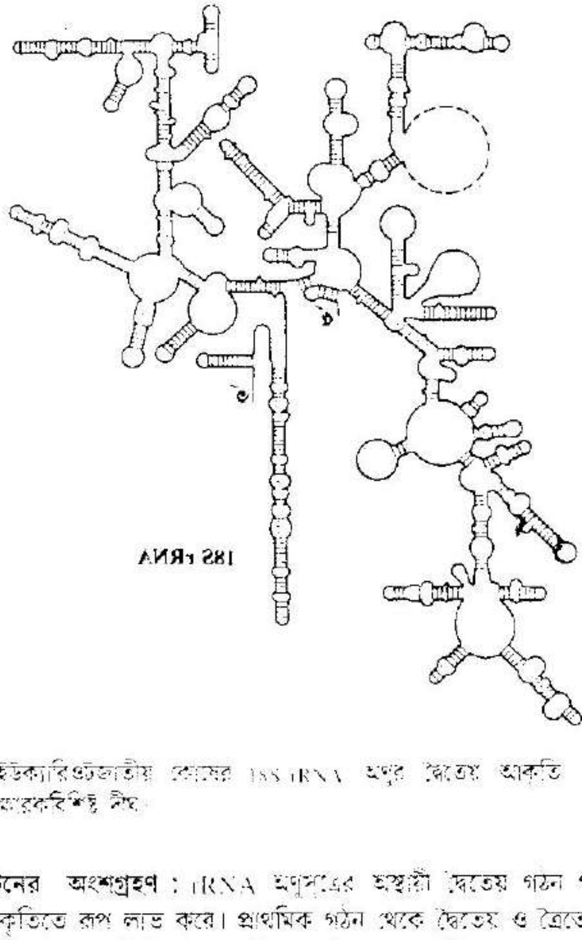
rRNA অণুর গঠনাকৃতি : rRNA অণুর বিভিন্ন ক্ষারক অনুক্রম এমনভাবে সজ্জিত থাকে যে প্রাথমিক অণু সহজেই অন্তঃ ক্ষারক জোড় সৃষ্টি করে দ্বৈতেয় গঠন প্রকৃতি লাভ করে। এসময়ে যেখানে যেখানে পরিপূরক ক্ষারক নেই সেখানে বিভিন্ন রকম ভাঁজ বা লুপের সৃষ্টি করে এক জটিল দ্বৈতেয় আকৃতি পেয়ে থাকে। বিভিন্ন rRNA অণুর ক্ষারক অনুক্রম বিভিন্ন রকম থাকার কারণে দ্বৈতেয় চরিত্র ও বিভিন্ন রকম হয়ে থাকে। প্রাকৃতিক অবস্থায় দ্বৈতেয় চরিত্র ও গঠন প্রাপ্তি কি উপায়ে হয় তা সঠিক বলা মুশকিল। বিজ্ঞানীগণ তাই বিভিন্ন rRNA অণুর বিভিন্নরকম মডেল দিয়েছেন। বিভিন্ন প্রজাতির rRNA অণুর ক্ষারক অনুক্রম থেকে বিভিন্ন প্রকৃতির সম্ভাব্য ভাঁজ বিশ্লেষণ করে দ্বৈতেয় মডেলের প্রস্তাব করেছেন (Noller ১৯৮৪; Guttel *et. al.*, ১৯৮৫)(চিত্র ৪ .৪)। এখানে বহুল আলোচিত ও বিশ্লেষিত *E. coli*-এর 16S rRNA এর একটি দ্বৈতেয় মডেলের সচিত্র বর্ণনা করা হলো (চিত্র ৫.৪)। 16S অণুসূত্রের অর্ধেকের বেশি অংশ ক্ষারক জোড় সৃষ্টি করে দ্বিসূত্রক অবস্থায় রূপান্তরিত হয়। তবে কোথাও এক সাথে পরপর ৮টির অধিক ক্ষারক জোড় দেখা যায় না। অন্যদিকে ১০টির অধিক ক্ষারক অনুক্রম একসূত্রক অবস্থায় সাধারণত দেখা যায় না। এর ফলে ভাঁজ বা লুপের গঠনাকৃতিও বিভিন্ন রকম হয়।



চিত্র ৪.৪ : *E. coli*-এর 16S rRNA অণুর দ্বৈতের আকৃতি। এর চারটি ডোমেইন বা কর্মক্ষেত্র রয়েছে। এই অণুটি ১৫৪১টি ক্ষারকবিশিষ্ট দীর্ঘ। Archaebacteria-এর 16S অণুও একই প্রকৃতির বলে মনে করা হয়।

16S অণুর দ্বৈতের গঠনপ্রকৃতি বিশ্লেষণ করে একে মোট ৪টি ডোমেইন (Domain)-এ বিভক্ত করা হয়েছে (23S বা 28S-এর ডোমেইন সংখ্যা আরও অধিক)। ৫́-প্রান্তে অবস্থিত অংশকে ৫́-ডোমেইন, ৩́-প্রান্তে অবস্থিত একটি ক্ষুদ্র অংশকে ৩́-ক্ষুদ্র ডোমেইন, ৩́-প্রান্তে অবস্থিত একটি বৃহৎ অংশকে ৩́-প্রধান ডোমেইন এবং অণুসূত্রের মাঝে অবস্থিত ডোমেইনকে

অঞ্চলকে সেন্ট্রাল ডোমেইন বলে। প্রত্যেকটি ডোমেইন অত্যন্ত বৈচিত্র্যপূর্ণ। 18S-এর দ্বৈতেয় আকৃতিও বেশ বৈচিত্র্যপূর্ণ (চিত্র ৪.৫)।

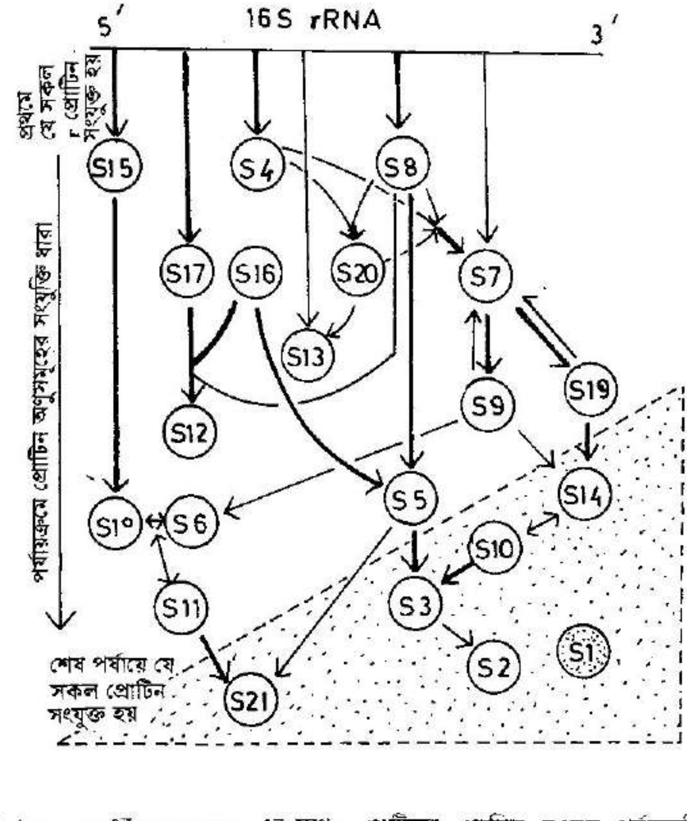


চিত্র ৪.৫ : ইউক্যারিওটজাতীয় কোষের 18S rRNA অণুর দ্বৈতেয় আকৃতি। অণুটি ১,৮৭৪টি ক্ষারকবিশিষ্ট নিয়।

r-প্রোটিনের অংশগ্রহণ : rRNA অণুসমূহের অস্থায়ী দ্বৈতেয় গঠন পরবর্তীতে স্থায়ী ত্রৈতেয় গঠনাকৃতিতে রূপ লাভ করে। প্রাথমিক গঠন থেকে দ্বৈতেয় ও ত্রৈতেয় গঠনাকৃতিতে রূপান্তরের বিভিন্ন সময়ে বিভিন্ন r প্রোটিন একটির পর একটি এসে rRNA অণুর সক্রিয় অংশগুলোতে যুক্ত হতে থাকে। rRNA অণুর দ্বৈতেয় আকৃতির যেসব স্থানে সম্পূরক ক্ষারকের অভাবে স্ফীত আকার ধারণ করে সেসব স্থানে প্রোটিনের সংযুক্তি ঘটতে থাকে।

প্রত্যেকটি r-প্রোটিন যুক্ত হওয়ার পর rRNA-এর গঠনপ্রকৃতিরও পরিবর্তন ঘটতে থাকে। একটি প্রোটিন অণু যুক্ত হওয়ার পর একটি পরিবর্তন ঘটে গেলে আর একটি প্রোটিন তখন যুক্ত হওয়ার সুযোগ পায়। নিউট্রন বিচ্ছুরণ কৌশল (Neutron scattering technique) এর মাধ্যমে বিজ্ঞানীগণ প্রমাণ করেছেন যে, রাইবোজোমকে বিয়োজন করে যদি আবার তাদের উপাদানকে একত্রে রেখে দেয়া যায় তবে তাদের পুনর্গঠন হয়। প্রতিবারেই নির্দিষ্ট প্রোটিন নির্দিষ্ট স্থানে পুনঃ সংযোজিত হয়। 16S rRNA অণুর সাথে প্রোটিনসমূহের অবস্থান ও তাদের পারস্পরিক

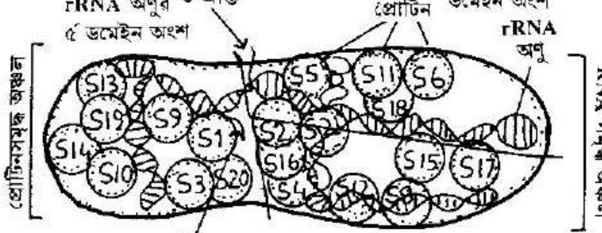
সম্পর্ক নির্ণয় করে একটি পর্যায়ক্রমিক গঠন চিত্র তুলে ধরা হয়েছে। প্রোটিনের সঠিক চিত্র ও গঠনাকৃতি জানা সম্ভব হয়নি বিধায় প্রোটিনগুলোকে গোলাকৃতি রেখে তাদের পারস্পরিক সম্পর্কও তুলে ধরা হয়েছে। rRNA-এর বিভিন্ন ডোমেইনে বিভিন্ন রকম প্রোটিনের সমাবেশ ঘটে। ৩′ –ডোমেইন ও সেন্ট্রাল ডোমেইন প্রান্তের চেয়ে ৫′ –ডোমেইন প্রান্তে অধিকাংশ প্রোটিনের সমাবেশ ঘটে (চিত্র ৪.৬)।



চিত্র ৪.৬ : *E. coli*–এর 16S rRNA এর সাথে r- প্রোটিনের একত্রিত হওয়ার পর্যায়ক্রমিক ধারা। গোলাকার চিত্রে প্রোটিনসমূহ সংখ্যা দ্বারা দেখানো হয়েছে। প্রোটিন-প্রোটিনের পারস্পরিক ক্রিয়া (পরপর যেভাবে সংযুক্তি ঘটবে) তীর চিহ্ন দিয়ে দেখানো হয়েছে। rRNA–এর সাথে যেসব প্রোটিন সুদৃঢ় বন্ধন সৃষ্টি করে তা অপেক্ষাকৃত মোটা লাইনে এবং যেসব প্রোটিন দুর্বল বন্ধন সৃষ্টি করে তারা হাল্কা লাইনে চিহ্নিত হয়েছে। Split প্রোটিনসমূহ লবণ দ্রবণে সহজে মুক্ত হয়ে যায়। সর্ব বায়ে তীর চিহ্ন দিয়ে rRNA প্রথম থেকে শেষ পর্যায়ক্রমিক ধাপ চিহ্নিত হয়েছে।

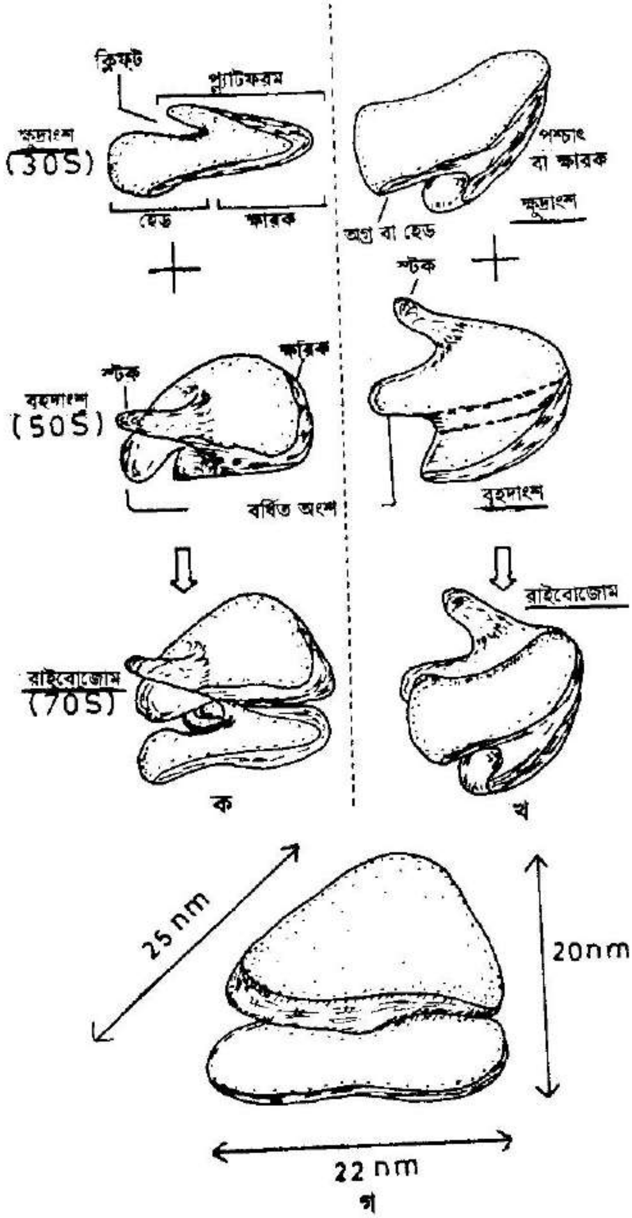
যখন rRNA অণুর অনুলিপন ঘটে তখনই 30S–এর গঠন প্রক্রিয়া শুরু হয়। প্রথম দিকে কয়েকটি প্রোটিন ৫′–ডোমেইন অংশে সুদৃঢ়ভাবে যুক্ত হয়। এরপর ক্রমানুয়ে প্রোটিনসমূহ এক

এক করে হাল্কাভাবে যুক্ত হয়ে 30S রাইবোজোমের গঠনাকৃতি পরিপূর্ণ করে (চিত্র ৪.৭)। সৃষ্ট 30S দেখতে অনেকটা লম্বাটে এবং অসামঞ্জস্য আকৃতি পেয়ে থাকে। 30S রাইবোজোম অংশকে অগ্র (head) ও ভিত্তি (base) এই দু'ভাগে বিভক্ত করা হয়েছে। এর একদিকে একটি ভাঁজ বা ক্লিফট (chift) ও একটি সমান্তরাল বা প্লাটফরম (platform) রয়েছে (চিত্র ৪.৭)।



চিত্র ৪.৭ : রাইবোজোমের 30S খণ্ডাংশের rRNA ও প্রোটিনের সাংগঠনিক বৈশিষ্ট্য চিহ্নিত হয়েছে। 16S rRNA অণুর প্রতি ডোমেইন ভিন্ন ভিন্ন দিকে অবস্থান ও তার সাথে সম্পৃক্ত বিভিন্ন প্রকৃতির প্রোটিনের সম্পৃক্ততা ও তাদের অবস্থান দেখানো হয়েছে। এইখানে দ্বি-মাত্রিক চিত্রের সাহায্যে ত্রি-মাত্রিক চিত্রের অবস্থাকে বোঝানোর চেষ্টা করা হয়েছে।

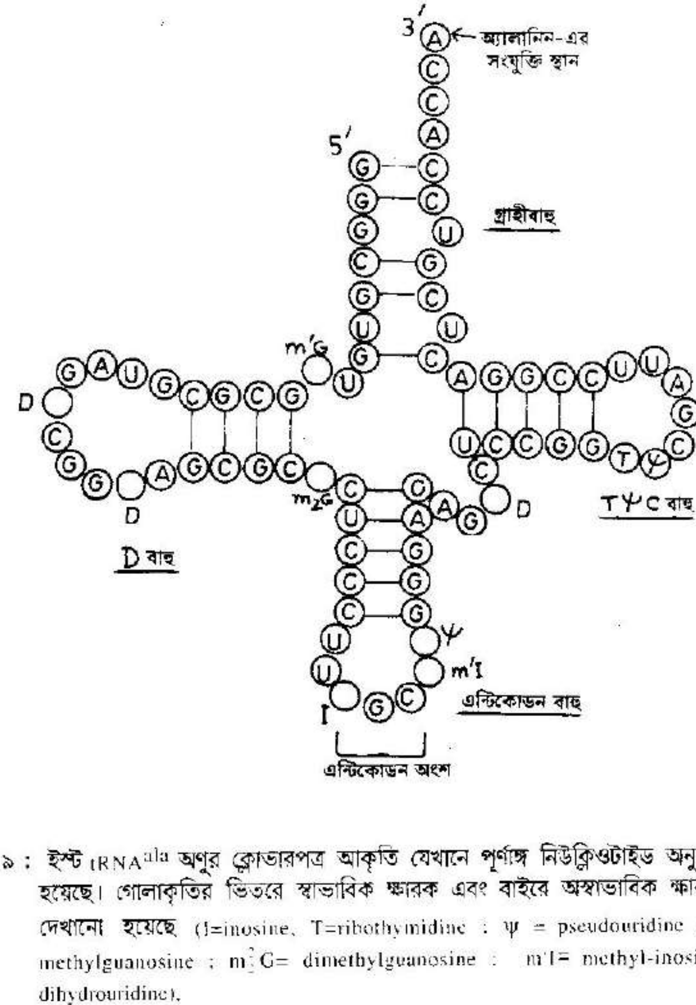
রাইবোজোমের 23S ও 5S নির্দিষ্ট প্রোটিনের সাথে যুক্ত হয়ে বৃহদাংশ সৃষ্টি করে। 23S rRNA-এর প্রাথমিক গঠন থেকে দ্বৈতেয় ও ত্রৈতেয় গঠনাকৃতির রূপান্তর ঘটে। এর বিভিন্ন প্রোটিন-সমূহ গঠন প্রকৃতিতে রূপান্তর ঘটার সময় তার সাথে সংযুক্ত হয়। এই রূপান্তরের কোনো এক সময় 5S অণু এসে 23S-এর সাথে যুক্ত হয়। rRNA অণু দুটি একত্রিত হবার পর 50S রাইবোজোম অংশে পরিণত হয়। রাইবোজোমের 50S অংশটি 30S-এর তুলনায় অনেকটা আঁটসাঁটো এবং অসামঞ্জস্যপূর্ণ। এর একদিকে অর্ধবৃত্তাকার ভিত্তি (base) এবং অপর দিকে আঙ্গুলের মতো দু'দিকে দুটি বোঁটা (stalk) এবং এর মাঝখানে উদ্ভূত অংশ বা প্রকন্দাণু (proturberence) রয়েছে। 30S-এর প্লাটফরম-এর সাথে 50S-এর অপেক্ষাকৃত সমান্তরাল অংশের কয়েকটি নির্দিষ্ট স্থানে যুক্ত হয়ে 70S রাইবোজোম সৃষ্টি করে। সংযুক্ত হওয়ার সময় 30S এর শীর্ষ প্রান্ত 50S-এর বোঁটার সাথে এমনভাবে অবস্থান নেয় যেন তা উদ্গত অংশের সমান্তরালে অবস্থান করে। X-ray নিউট্রন বিচ্ছুরণ কৌশল পদ্ধতিতে দেখা গেছে একটি 70S রাইবোজোমের আয়তন ২২০×২০০×২৫০ Å (Vasiliev ১৯৭১)। পরবর্তী সময়ে বিভিন্ন বিজ্ঞানী বিভিন্ন আকৃতির ত্রি-মাত্রিক মডেল দিয়েছেন। এর মধ্যে Lake (১৯৮৫) এর ত্রি-মাত্রিক মডেলটি সর্বজন গৃহীত। এখানে 70S রাইবোজোমের আয়তন ধরা হয়েছে ২২০ × ২০০ × ২৫০ Å (চিত্র ৪.৮)।



চিত্র ৪.৮ : E. coli-এর 70S রাইবোজোম এর ত্রি-মাত্রিক চিত্র। রাইবোজোমের বৃহদাংশ (50S) ও ক্ষুদ্রাংশ (30S) ত্রি মাত্রিক চিত্র বিভিন্ন কোনো থেকে দেখানো হয়েছে। (ক) স্বাভাবিক দৃশ্য (খ) স্বাভাবিক দৃশ্য থেকে ৯০° ঘুরিয়ে দেখানো হয়েছে ; (গ) একটি পূর্ণাঙ্গ রাইবোজোমের স্বীকৃত আকার-আকৃতি.

৪.২ ট্রান্সফার RNA (Transfer RNA)

ট্রান্সফার RNA (tRNA) এক প্রকার ক্ষুদ্রাকৃতির সাধারণ RNA যা সব কোষের এক অতি প্রয়োজনীয় অণু। DNA–এর সংকেত ব্যক্তকরণের ধারায় rRNA অণুর ন্যায় tRNA অণুও শেষ ফল হিসেবে চিহ্নিত। ১৯৫৮ সালে Crick তার কেন্দ্রীয় ডগমা প্রকাশ করেন। সেখানে তিনি একটি অভিযোজক অণু (adaptor molecule)–এর ধারণা দিয়েছিলেন। এই অভিযোজক অণু tRNA ছাড়া আর কিছু নয়। ১৯৫৯ সালে Robert Holley প্রথমে tRNA অণু সনাক্ত করেন। এর ছয় বছর পর Holley (১৯৬৫) একটি tRNA অণুর ক্ষারক অনুক্রম নির্ণয়



চিত্র ৪.৯ : ইস্ট tRNA^{ala} অণুর ক্লোভারপত্র আকৃতি যেখানে পূর্ণাঙ্গ নিউক্লিওটাইড অনুক্রম চিহ্নিত হয়েছে। গোলাকৃতির ভিতরে স্বাভাবিক ক্ষারক এবং বাইরে অস্বাভাবিক ক্ষারক অবস্থান দেখানো হয়েছে (I=inosine, T=ribothymidine ; ψ = pseudouridine ; m^{1}G=1-methylguanosine ; m$^2_2$G= dimethylguanosine ; m^{1}I= methyl-inosine ; D-dihydrouridine).

করতে সমর্থ হন। tRNA এর প্রাথমিক অণুসূত্র ভাঁজ হয়ে তার পরিপূরক ক্ষারক জোড়ের মাধ্যমে দ্বিসূত্রক দ্বৈতেয় RNA অণুতে রূপান্তরিত হয়। দ্বৈতেয় অণু দেখতে অনেকটা Clover leaf (এক প্রকার সিমজাতীয় গাছের পাতা) আকৃতি। বিভিন্ন ইউক্যারিওট ও প্রোক্যারিওট থেকে প্রাপ্ত কয়েকশত tRNA অণু পরীক্ষা করে দেখা গেছে সেখানে ৭৩ থেকে ৯৩টি নিউক্লিওটাইড রয়েছে। এ থেকে একটি "সর্বসম্মত অনুক্রম " বের করা হয়েছে যা ৭৬টি নিউক্লিওটাইড সমষ্টি। এর ৫′–প্রান্ত থেকে ১, ২, ৩, — ও ৭৬তম নিউক্লিওটাইড সংখ্যা বসিয়ে একটি আদর্শ tRNA অণুর দ্বৈতেয় গঠনপ্রকৃতি তুলে ধরা হয়েছে। কোনো tRNA অণুতে উক্ত ৭৬টি নিউক্লিওটাইড সংখ্যার কম বা অতিরিক্ত সংখ্যা থাকলে তাকে "আদর্শ সংখ্যার" কম বা অতিরিক্ত সংখ্যা হিসেবে ধরে নেয়া হয়। আদর্শ tRNA অণুতে অবস্থিত ১৭, ২০ ও ৪৭ তম ক্ষারককে "আদর্শ ক্ষারক" হিসেবে চিহ্নিত করা হয়েছে। কোনো tRNA অণুতে আদর্শ ক্ষারকসমূহের অতিরিক্ত থাকলে তাকে অতিরিক্ত নম্বর দিয়ে, ১৭ ঃ ১ ; ১৭ ঃ ২ ; ২০ ঃ ১, ২০ ঃ ২ বা ৪৭ ঃ ১, ৪৭ ঃ ২ ইত্যাদিতে প্রকাশ করা হয় (চিত্র ৪.৯)।

৪.২.১ tRNA অণুর প্রাথমিক ও দ্বৈতেয় গঠন : একটি আদর্শ tRNA অণুতে নিম্নোক্ত বৈশিষ্ট্য রয়েছে–

১। নিউক্লিওটাইড অনুক্রমের ৪, ১১, ১৫, ১৮, ১৯, ২১, ২৪, ৩২, ৩৩, ৩৭, ৪৮, ৫৩, ৫৪, ৫৫, ৫৭, ৬০, ৬১, ৭৪, ৭৫, ও ৭৬ নম্বরে অবস্থিত ক্ষারকগুলো এ পর্যন্ত জানা সব tRNA অণুতে পাওয়া গেছে। অর্থাৎ উক্ত নিউক্লিওটাইডের অবস্থান অনেকটা সংরক্ষিত।

২। ৫′-p প্রান্তটি সবসময় ক্ষারক জোড় সৃষ্টি করে দ্বৈতেয় গঠনাকৃতিকে সুদৃঢ় রাখে।

৩। tRNA অণুতে বেশ কিছু অনিয়মিত ক্ষারক রয়েছে। এর মধ্যে Dihydrouridine (DHU), ribosylthymine (rT), Pseudouridine (ψ) এবং Inosine (I) নামক নিউক্লিওটাইডগুলো কয়েকটি বিশেষ অঞ্চলে অবস্থান করে। আরও কয়েক প্রকার অনিয়মিত নিউক্লিওটাইড, 1-methylguanosine, (f)-4-thiouridine (S^4U) ও Queosine (Q) কয়েকটি অনির্ধারিত অবস্থানে পাওয়া যায়।

৪। ৩′-OH প্রান্তে সকল সময় কয়েকটি ক্ষারক অনুক্রমের মুক্ত অংশ থাকে। সুনির্দিষ্ট ক্ষারক অনুক্রমটি হচ্ছে –5′-XCCA-3′-OH । একমাত্র X স্থানে যে কোনো নিউক্লিওটাইড হতে পারে। এই প্রান্তকে-CCA প্রান্ত বা গ্রহণকারী প্রান্ত (Acceptor end) বলা হয়।

৫। tRNA-এর দ্বৈতেয় অণুসূত্রে তিনটি এন্টিকোডন একসূত্রক ভাঁজ বা লুপ রয়েছে গ্রহণকারী প্রান্তের বিপরীতে যে ভাঁজ রয়েছে তাকে এন্টিকোডন লুপ বলে। অনুক্রমের ৩২ থেকে ৩৮ নম্বর অনুক্রমে মোট ৭টি নিউক্লিওটাইড নিয়ে এই এন্টিকোডন লুপটি সৃষ্টি হয়ে থাকে। এই লুপটির প্রারম্ভে দুটি পিরিমিডিন (সাধারণত ৩৩ নম্বরটি uridine হয়ে থাকে) এবং পরবর্তী ৫টি নিউক্লিওটাইড নিয়মিত বা অনিয়মিত নিউক্লিওটাইডের সমন্বয়ে গঠিত। এন্টিকোডন লুপের সাধারণ অনুক্রমের ৩৪–৩৫–৩৬তম সংখ্যায় অবস্থিত ৩টি নিউক্লিওটাইড অনুক্রমকে এন্টিকোডন বলা হয়।

এন্টিকোডন লুপের ক্ষারক অণুক্রমের নিয়ম হচ্ছে—

৫′-py-U-X-Y-Z এন্টিকোডন PU(পরিবর্তিত) -৩′.. ।

এন্টিকোডন অংশের ক্ষারক অনুক্রম বিভিন্ন রকম হয়ে থাকে। এই এন্টিকোডন অনুক্রমটি অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ।

রবার্ট হলে

(Robert Holley)

জন্ম : ২৮–০১–১৯২২, আরবানা ইলিনয়েস, যুক্তরাষ্ট্র

রবার্ট হলে ইলিনয়েস এ প্রাথমিক লেখাপড়া শেষ করে ইলিনয়েস বিশ্ববিদ্যালয়ে ভর্তি হন। সেখান থেকে স্নাতক ডিগ্রি অর্জন করে ইথাকার কর্নেল বিশ্ববিদ্যালয়ে উচ্চতর শিক্ষার উদ্দেশ্যে গবেষণায় যোগ দেন। তিনি সেখানে পেনিসিলিন সংশ্লেষণের উপর গবেষণা করে ১৯৪৭ সালে পি–এইচ.ডি. ডিগ্রি অর্জন করেন।

ডিগ্রি প্রাপ্তির পর তিনি কয়েক বছর California Institute of Technology-তে এসে নিউক্লিক এসিড নিয়ে গবেষণা করেন। ১৯৫৫ সালে তিনি পুনরায় কর্নেল বিশ্ববিদ্যালয়ে ফিরে আসেন।

কর্নেল বিশ্ববিদ্যালয়ে এসে তিনি tRNA^{ala} অণু নিয়ে গবেষণা শুরু করেন। তিনি এক সময় সম্পূর্ণ এক নতুন পদ্ধতির সাহায্যে ঈস্ট থেকে প্রায় এক গ্রাম পরিমাণ বিশুদ্ধ tRNA^{ala} পৃথক করেন। তিনি অক্লান্ত পরিশ্রম করে উক্ত tRNA অণুর ক্ষারক অনুক্রম বের করতে সক্ষম হন।

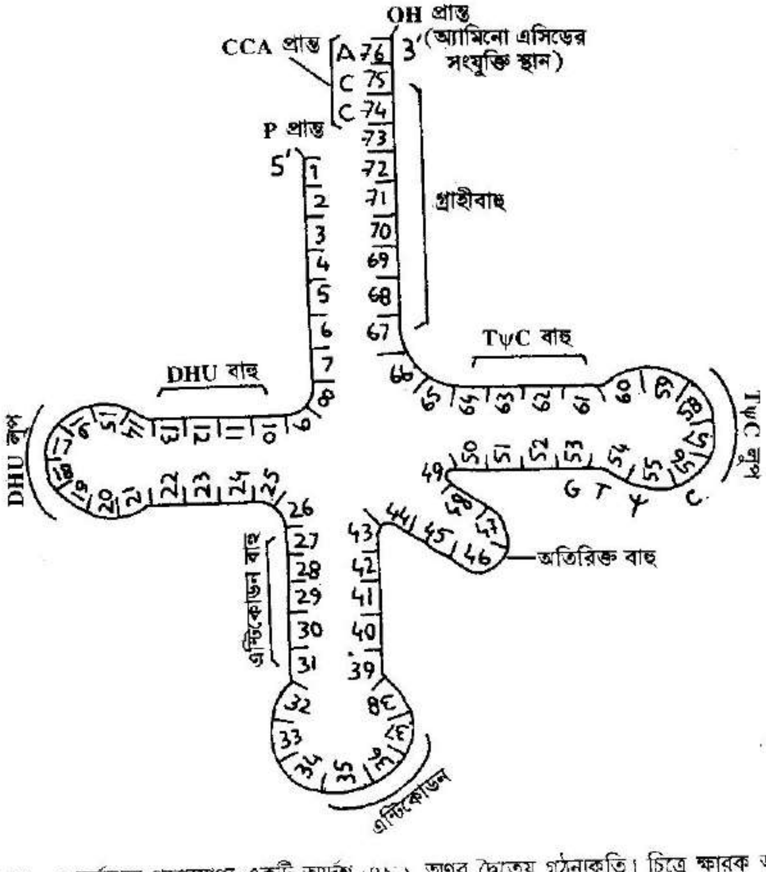
১৯৬৫ সালে তিনি তাঁর দুই সহযোগী গবেষকের সাথে tRNA^{ala} অণুর একটি দ্বৈতেয় আকৃতি, যা বিখ্যাত Clover leaf আকৃতি নামে পরিচিত, প্রকাশ করেন। পরে দেখা গেল তাদের আবিষ্কৃত দ্বৈতেয় tRNA^{ala} অণুর আকৃতি অন্যান্য সব tRNA অণুর ক্ষেত্রেও প্রযোজ্য। তার এই অণু আকৃতি প্রোটিন সংশ্লেষণের বিভিন্ন বিশ্লেষণ গবেষণায় প্রভূত সহায়তা করে।

১৯৬৫ সালের পর তিনি কর্নেল বিশ্ববিদ্যালয় থেকে Salk Institute. SanDiego. এর আণবিক জীববিজ্ঞানের অধ্যাপক হিসেবে যোগদান করেন। তিনি তার কাজের স্বীকৃতি স্বরূপ ১৯৬৮ সালে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন।

BANGLADESH Library Dhaka

৬। অনুক্রমের ১৪ থেকে ২১তম সংখ্যা পর্যন্ত অংশ একটি লুপ আকৃতি সৃষ্টি করে যাকে DHU লুপ বা সংক্ষেপে D লুপ বলে। D-লুপের ক্ষারক সংখ্যা বিভিন্ন tRNA অণুতে বিভিন্ন রকম হয়ে থাকে। তাছাড়া লুপের শেষ দিকে, প্রায় সব অণুতে, অনিয়মিত নিউক্লিওটাইড, পিরিমিডিন হাইড্রোইউরাসিল থাকে।

৭। অনুক্রমের ৫৪ থেকে ৬০তম সংখ্যা পর্যন্ত অংশ একটি লুপ সৃষ্টি করে থাকে যাকে TψC লুপ বলে। এই লুপটিতে অনিয়মিত সিউডোইউরিডিন (ψ) থাকে বলে এটিকে TψC নামকরণ করা হয়েছে।



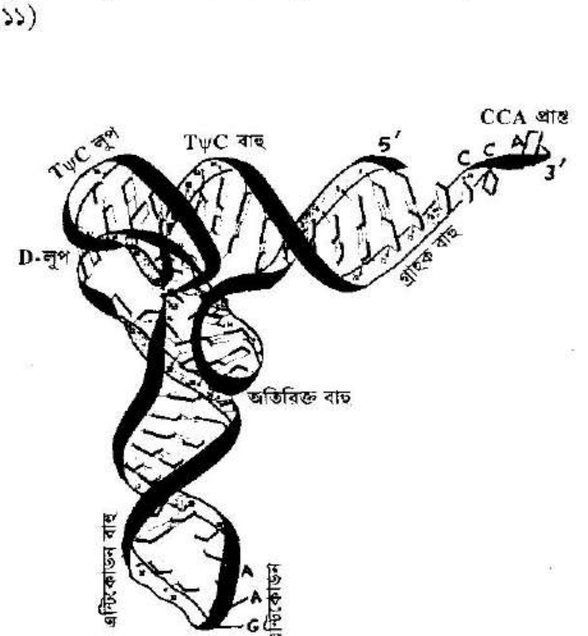
চিত্র ৪.১০ : বর্তমানে গ্রহণযোগ্য একটি আদর্শ tRNA অণুর দ্বৈতেয় গঠনাকৃতি। চিত্রে ক্ষারক অনুক্রম অবস্থান সংখ্যা দ্বারা বোঝানো হয়েছে।

৮। tRNA অণুর দ্বৈতেয় গঠনাকৃতিতে চারটি বাহু (arm) রয়েছে। এই ক্ষারক জোড় (A=T : G≡C) নিয়মিত নিউক্লিওটাইড দিয়ে সৃষ্টি হয়ে থাকে। এগুলোকে সংরক্ষিত অনুক্রম অঞ্চল বলা হয়। এই তিনটি বাহুর প্রান্তে তিনটি লুপ অবস্থিত। বাহুগুলো হচ্ছে যথাক্রমে DHU বাহু, এন্টিকোডন বাহু এবং TψC বাহু। 3'-OH প্রান্তে একটি বাহু রয়েছে যাকে গ্রাহী

(acceptor) বাহু বলে। এই বাহুর প্রান্তে গ্রাহী অংশ (acceptor site) অবস্থিত। এই গ্রাহী অংশটি অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ।

৯। ক্ষারক অনুক্রমের ৪৪ থেকে ৪৮ তম সংখ্যার মধ্যে একটি অতিরিক্ত বাহু রয়েছে। এই বাহুর ক্ষারক প্রকরণ ও তার সংখ্যা খুবই অনিয়মিত। সবচেয়ে ছোট tRNA অণুতে ৪টি এবং একটি বৃহৎ অণুতে ২১টি পর্যন্ত ক্ষারক এই অতিরিক্ত বাহুতে থাকতে পারে। এই অতিরিক্ত নিউক্লিওটাইডগুলো ৪৬ থেকে ৪৭ এর মাঝখানে অবস্থান নেয়। এর ফলে অতিরিক্ত বাহুর আকার আকৃতি বিভিন্ন রকম হয়ে থাকে (চিত্র ৪.১০)।

৪.২.২ tRNA অণুর ত্রৈতেয় গঠন : tRNA অণুসূত্রের দ্বৈতেয় গঠন ক্লভার গাছের পাতা আকৃতিতে সহজে অঙ্কন করে দেখানো গেলেও এর ত্রৈতেয় গঠন প্রকৃতি অত্যন্ত জটিল। কোষে tRNA অণুর ত্রৈতেয় গঠনাকৃতি কার্যকর অবস্থায় থাকে। বর্তমানে X-ray ক্রিস্টালোফটোগ্রাফিক বিশ্লেষণ করে tRNA অণুর ত্রৈতেয় গঠন প্রকৃতি প্রায় অঙ্কন করা সম্ভব হয়েছে (চিত্র ৪.১১)



চিত্র ৪.১১ : একটি আদর্শ tRNA অণুর ত্রৈতেয় গঠনাকৃতি।

দ্বৈতেয় আকৃতিতে যে সব ক্ষারক জোড় রয়েছে সেগুলোকে ঠিক রেখে ত্রৈতেয় আকৃতিতে অণুসূত্র একটি ভাঁজ সৃষ্টি করে। এসময় গ্রাহী বাহু এবং TψC বাহু একটি সমান্তরাল লাইনে এবং D-বাহু এবং এন্টিকোডন বাহু অন্য আর একটি সমান্তরাল লাইনে এমনভাবে অবস্থান নেয় যা দেখতে অনেকটা L-আকৃতির মতো দেখায়। এই L-আকৃতিতে গ্রাহী বাহুর CCA-৩′ প্রান্ত একদিকে এবং এন্টিকোডন বাহুর এন্টিকোডন অংশটি অন্যপ্রান্তে অবস্থান নেয়। প্রান্ত দুটি

তখন প্রায় ৮ nm দূরত্বে অবস্থান করে। TψC –লুপ ও D-লুপ তখন L-এর কোণে অবস্থান নেয়। ত্রৈতেয় আকৃতিতে ৯টি নতুন ক্ষারক জোড় সৃষ্টি করে যা দ্বৈতেয় গঠনাকৃতিতে দেখা যায় না। নতুন এই ক্ষারক জোড়কে ত্রৈতেয় ক্ষারক জোড় বলে। এইগুলো কেবল ত্রৈতেয় ভাঁজ পেতে সাহায্য করে।

৪.২.৩.tRNA জিন ও তার অনুলিপন : সকল প্রকৃতির tRNA অণু tRNA জিন থেকে সৃষ্টি হয়। বিভিন্ন কোষে বিভিন্ন সংখ্যক tRNA অণুর প্রকরণ রয়েছে। একটি কোষে সর্বনিম্ন ৩১ প্রকার এবং সর্বোচ্চ ৪২ প্রকার tRNA প্রকরণ থাকতে পারে। অপরদিকে এদের জিন একক অবস্থায় বা গুচ্ছাকারে থাকতে পারে। তাছাড়া বিভিন্ন জীব কোষে বিভিন্ন সংখ্যক tRNA জিন রয়েছে (সারণি ৪.৫)।

সারণি ৪.৫ : বিভিন্ন জীবকোষে / কোষঙ্গাণুতে tRNA জিনের সংখ্যা

জীবকোষ/ কোষঙ্গাণু	tRNA জিন সংখ্যা
মাইটোকন্ড্রিয়া	২২
E.coli	৬২
Saccharomyces cerevisae	৩০০
Neurospora crassa	২,৬৪০
Drosophilla melanogaster	৬০০
Homo sepiens	১,৩০০
Xenopus laevis	৮,০০০

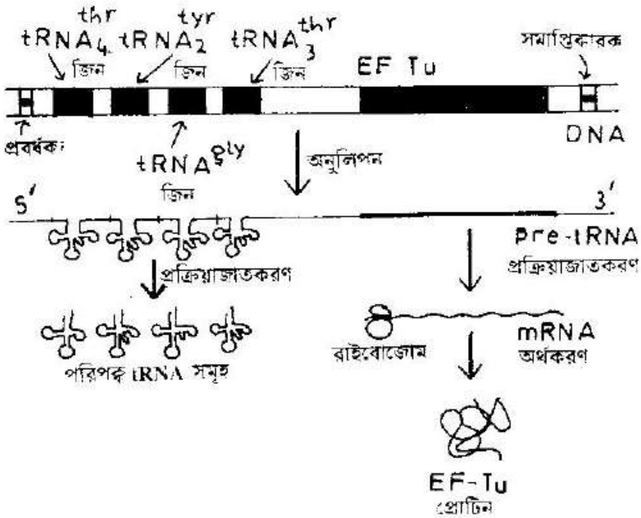
E.coli–তে tRNA জিন এককভাবে একটি বা গুচ্ছাকারে ৭টি পর্যন্ত বিভিন্ন প্রকরণের tRNA জিন পরস্পর অবস্থান নিয়ে একটি অনুলিপন একক হিসেবে tRNA অনুলিপিত হয়ে থাকে। জিনের একক বা গুচ্ছাকার অবস্থান কোনো দুটি প্রজাতিতে একই ভাবে সজ্জিত নয়।

তাছাড়া tRNA জিন কখনও কখনও মিশ্রিত অপেরন হিসেবেও থাকতে পারে। এক্ষেত্রে একই সাথে tRNA, mRNA ও rRNA একটিমাত্র অনুলিপনযোগ্য একক হিসেবে অনুলিপিত হতে পারে। যেমন– tyr U নামক অপেরনে চারটি tRNA ($tRNA_1^{tyr}$ $tRNA_2^{thr}$ $tRNA_2^{gly}$ ও $tRNA_3^{thr}$) এবং দীর্ঘকরণ ফ্যাক্টর (elongation factor) Tu নামক প্রোটিন সৃষ্টির জন্য একটি জিন রয়েছে। এই সবগুলো জিন একত্রে একটিমাত্র প্রাথমিক অনুলিপি সৃষ্টি করে তাকে প্রক্রিয়াজাত করা হয় (চিত্র ৪.১২)।

প্রোক্যারিওট জীবে কোনো একটি tRNA প্রকরণের একটি বা মাত্র কয়েকটি জিন থাকে। অপরদিকে ইউক্যারিওট জীবে একটি tRNA প্রকরণের অনেকগুলো জিন পরপর পুনঃপুনঃ একই স্থানে বা বিভিন্ন স্থানে ছড়িয়ে থাকতে পারে।

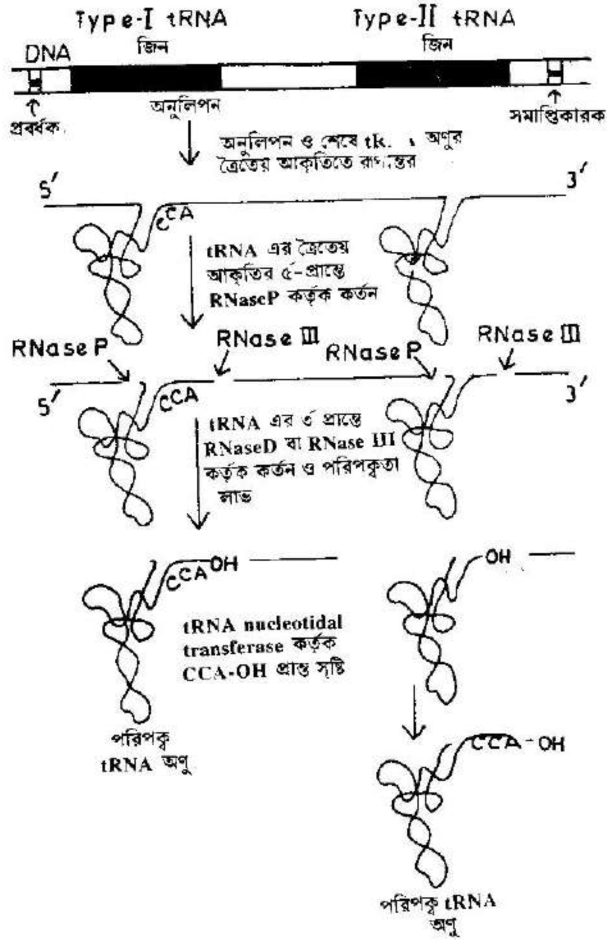
Drosophilla–এর জীনোমে বিভিন্ন প্রকরণের জিনসমূহ প্রায় ৬০টি জিনগুচ্ছে ছড়িয়ে থাকে। বিভিন্ন গুচ্ছ tRNA জিনের সংখ্যা, প্রকরণ ও তার অনুক্রম একই রকম নয়। তাদের টেমপ্লেট ও পরিসর সৃষ্টিকারীর চরিত্রও ভিন্ন হয়ে থাকে। *Drosophilla* জিনোমে একগুচ্ছ tRNA জিনের মধ্যে ৮টি $tRNA^{asn}$, ৪টি $tRNA^{arg}$, ৫টি $tRNA^{lys}$ ও ১টি $tRNA^{Ile}$ জিন

[illegible] Yen ও Davidson, ১৯৮৫)। প্রোক্যারিওটের tRNA জিন RNA পলিমারেজ দ্বারা এবং ইউক্যারিওটের tRNA জিন RNA পলিমারেজ III দ্বারা অনুলিপিত হয়।



চিত্র ৪.১২ : tyr U অপেরন থেকে চার প্রকৃতির tRNA এবং EF-Tu প্রোটিন সৃষ্টির জন্য একই সাথে tRNA ও mRNA অনুলিপিকরণ।

৪.২.৪ অনুলিপিত tRNA অণুর প্রক্রিয়াজাতকরণ : tRNA জিন প্রথমে অনুলিপন করে একটি Precursor tRNA অণুসূত্রের সৃষ্টি করে। এটি পরবর্তীতে প্রক্রিয়াজাত হয়ে পরিপক্ব tRNA অণুতে পরিণত হয়। একক tRNA জিন অথবা গুচ্ছাকারে সজ্জিত tRNA জিন অনুলিপনের পর দেখা গেছে প্রত্যেক ক্ষেত্রে জিনের অতিরিক্ত অগ্রণী ও লেজ অংশও অনুলিপন করে। তাছাড়া গুচ্ছাকারে থাকা জিনগুলোর মাঝখানের বিভেদ সৃষ্টিকারি অংশও ধারাবাহিকভাবে প্রাথমিক অনুলিপি হিসেবে ব্যক্ত করে থাকে। প্রক্রিয়াজাতের শুরুতে RNase-P নামক এন্ডোনিউক্লিয়েজ এনজাইম অগ্রণী বা ৫'- প্রান্তের দিকে কেটে দেয়। দ্বিতীয় ধাপে RNase -D অথবা RNase- III সক্রিয় হয়ে অণুসূত্রের ৩'-প্রান্তের দিকে কেটে দেয়। কর্তনের পূর্বে নির্দিষ্ট tRNA জিনের অনুলিপিত অংশটি ত্রৈতেয় গঠনাকৃতিতে রূপলাভ করে। এর ফলে কোনো RNase নির্দিষ্ট অংশ কেটে আর অগ্রসর হতে পারে না। প্রান্ত দুটি কেটে দেওয়ার পর তা শীঘ্রই পরিপক্ব tRNA অণুতে পরিণত হয়ে যায়। (চিত্র ৪.১৩)।



চিত্র ৪.১৩ : Type I ও Type II tRNA অণু সৃষ্টির পর্যায়ক্রমিক প্রক্রিয়াজাতকরণ অধ্যায়সমূহ।

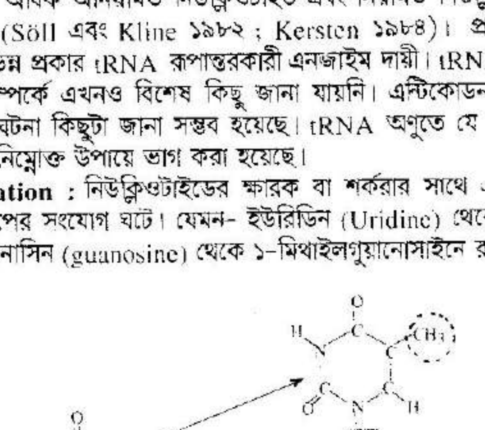
প্রত্যেকটি tRNA অণুর ৩′-প্রান্তে- CCA-৩′ বিশিষ্ট একটি সুনির্দিষ্ট অনুক্রম রয়েছে। *E. coli* -এর ক্ষেত্রে অধিকাংশ জিন -CCA কোড করে থাকে। কিছু কিছু ক্ষেত্রে CCA-বিশিষ্ট কোনো প্রান্ত থাকে না। ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে ৩′-প্রান্তে কখনও-CCA থাকে না। যে সকল tRNA অণুর ৩′-প্রান্তে- CCA অনুক্রম নেই সেসব ক্ষেত্রে প্রক্রিয়াজাতকরণের শেষ ধাপে tRNA নিউক্লিওটাইডাল ট্রান্সফারেজ (EC 2.7.7.25) নামক একটি এনজাইম উক্ত নিউক্লিওটাইডগুলো পরপর যুক্ত করে। এই বিক্রিয়ার সময় ATP ও CTP নিয়ে নিচের সমীকরণ অনুযায়ী বিক্রিয়া ঘটায় (Deutscher, ১৯৮২)।

$$tRNA + ATP + 2CTP \longrightarrow tRNA - CCA + 3\ ppi$$

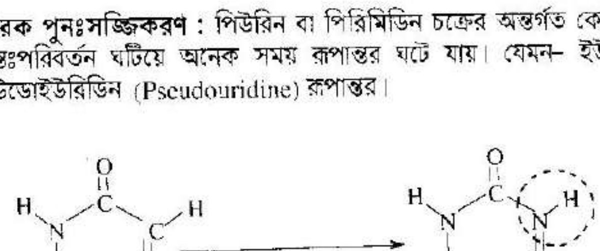
যদি কোনভাবে RNase - D কাজ করার সময় ৩ˊ – প্রান্তের – CCA কর্তিত হয়ে যায় তা হলেও সেখানে নিউক্লিওটাইডাল ট্রান্সফারেজ কাজ করে থাকে (চিত্র ৪.১৩)।

৪.২.৪.১. tRNA নিউক্লিওটাইডের রূপান্তর : tRNA অণুতে অনিয়মিত নিউক্লিওটাইডের সংখ্যা তুলনামূলকভাবে অন্য যেকোনো প্রকার নিউক্লিক এসিডের চেয়ে বেশি। এ পর্যন্ত tRNA অণুতে ৫০ প্রকারের অধিক অনিয়মিত নিউক্লিওটাইড এবং নিয়মিত নিউক্লিওটাইডের রূপান্তর জানা সম্ভব হয়েছে (Söll এবং Kline ১৯৮২ ; Kersten ১৯৮৪)। প্রত্যেক রাসায়নিক রূপান্তরের জন্য বিভিন্ন প্রকার tRNA রূপান্তরকারী এনজাইম দায়ী। tRNA অণুর রাসায়নিক রূপান্তরের কারণ সম্পর্কে এখনও বিশেষ কিছু জানা যায়নি। এন্টিকোডন অংশে প্রয়োজনীয় রাসায়নিক রূপান্তর ঘটনা কিছুটা জানা সম্ভব হয়েছে। tRNA অণুতে যে প্রকৃতির রাসায়নিক রূপান্তর ঘটে তাকে নিম্নোক্ত উপায়ে ভাগ করা হয়েছে।

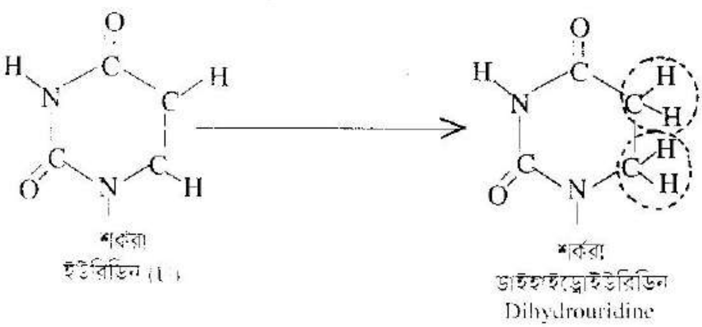
১। **Methylation :** নিউক্লিওটাইডের ক্ষারক বা শর্করার সাথে এক বা একাধিক – CH_3 গ্রুপের সংযোগ ঘটে। যেমন- ইউরিডিন (Uridine) থেকে রাইবোথাইমিডিন এবং গুয়ানোসিন (guanosine) থেকে ১-মিথাইলগুয়ানোসাইনে রূপান্তর হয়।



২। **ক্ষারক পুনঃসজ্জিকরণ :** পিউরিন বা পিরিমিডিন চক্রের অন্তর্গত কোনো পরমাণুর অন্তঃপরিবর্তন ঘটিয়ে অনেক সময় রূপান্তর ঘটে যায়। যেমন– ইউরিডিন থেকে সিউডোইউরিডিন (Pseudouridine) রূপান্তর।

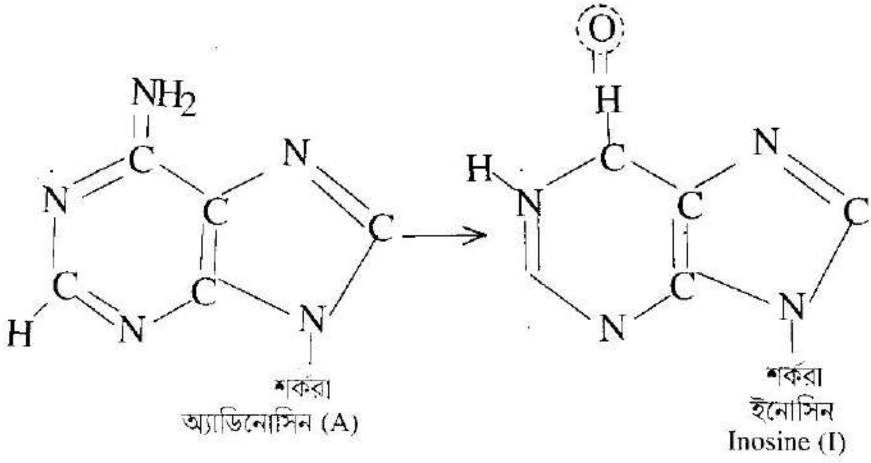


৩। **Double bond saturation :** ক্ষারকের দ্বিবন্ধন থেকে এক বন্ধনে রূপান্তরিত হয়ে ক্ষারকের রূপান্তর ঘটে।
যেমন– ইউরিডিন থেকে ডাইহাইড্রোইউরিডিন।

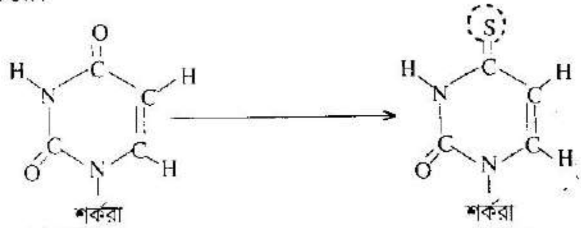


৪। **Deamination :** ক্ষারক থেকে $-NH_2$ গ্রুপ সরিয়ে নিউক্লিওটাইডের রূপান্তর ঘটে।

যেমন–গুয়ানোসিন থেকে ইনোসিন-এ রূপান্তর।



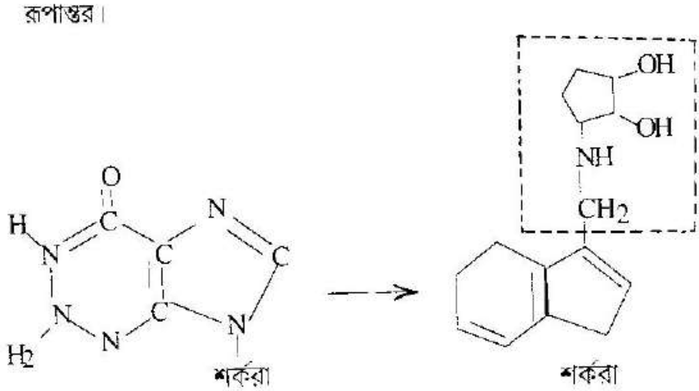
৫। **Sulphur substitution :** গুয়ানোসিন বা ইউরিডিনের একটি – O সরিয়ে সেখানে S- সংযোগ ঘটিয়ে রূপান্তর ঘটে। যেমন- ইউরিডিন থেকে থায়োইউরিডিন-এ রূপান্তর।



ইউরিডিন (U)

থায়োইউরিডিন
4-thiouridine (S^4 U)

৬। **More complex group :** ক্ষারকের সাথে অন্য কোনো জটিল গ্রুপের সংযোগ ঘটিয়ে রূপান্তর ঘটে। যেমন- গুয়ানোসিন থেকে কুইয়োসিন (Queosine)-এ রূপান্তর।



গুয়ানোসিন (G)

কুইনোসিন
Queosine (Q)

৪.২.৪.২. **tRNA অণুর সংযোগকরণ (splicing) পদ্ধতি :** ইউক্যারিওটে এবং আরকিব্যাকটেরিয়ার কোনো কোনো tRNA জিনের মধ্যে সংকেতবিহীন ইনট্রন অংশ রয়েছে। ঈস্টের জিনোমের প্রায় ১০% tRNA জিনের ইনট্রন রয়েছে (Kaine *et al.,* ১৯৮৩)। এই সকল ইনট্রন এর দৈর্ঘ্য ১৪ থেকে ৬০টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট হতে পারে। এ পর্যন্ত জানা সকল ইনট্রনের অবস্থান এন্টিকোডোন বাহুর ৩′ – প্রান্তে দেখা গেছে। মাঝখানের ইনট্রন অংশটি পাকিয়ে কর্তন ও সংযোগকরণ (splicing) পদ্ধতিতে যুক্ত হয়ে পরিপক্ব tRNA অণুতে পরিণত হয়। Melton *et al.,* (১৯৮০) ইস্টের $tRNA^{tyr}$ জিন নিয়ে কাজ করার সময় দেখেন যে, সেখানে প্রথমে একটি ১০৮টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট pre-tRNA অণু সৃষ্টি হয়। পর্যায়ক্রমে স্বীয় পাকিয়ে কর্তন ও সংযোগকরণ (self splicing) পদ্ধতিতে ২৪টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট একটি ইনট্রন অংশ মুক্ত করে ৯২টি নিউক্লিওটাইড বিশিষ্ট $tRNA^{tyr}$ অণু সৃষ্টি হয়। মাঝখানে

আর্থার করনবার্গ
(Arther Kornberg)
জন্ম : ০৩-০৩-১৯১৮
ব্রুকলিন ; যুক্তরাষ্ট্র।

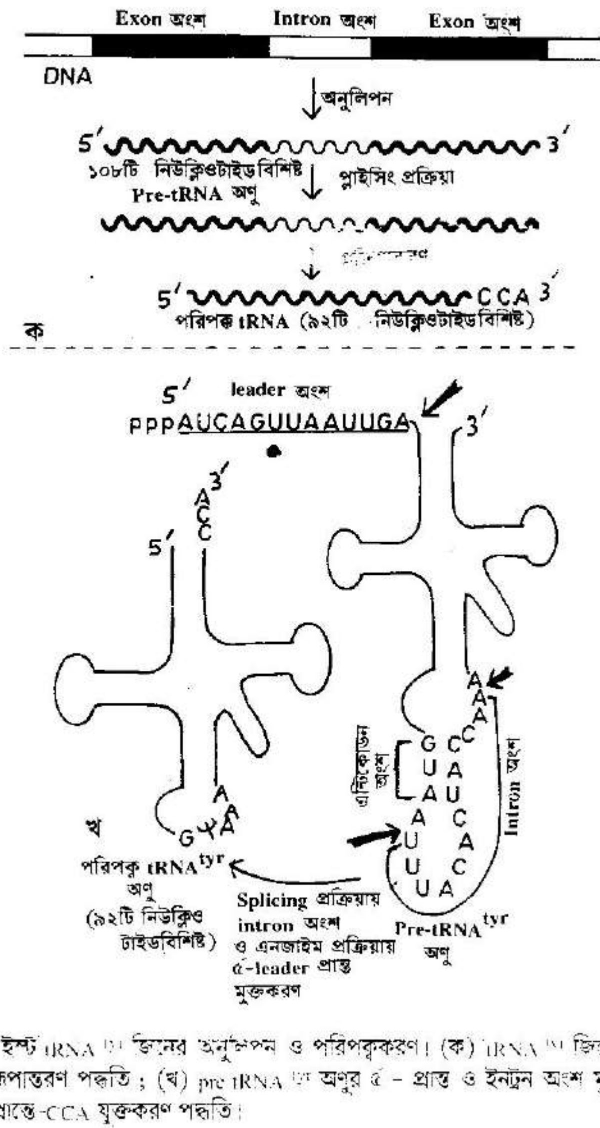
আর্থার করনবার্গ রচেস্টার বিশ্ববিদ্যালয় থেকে ১৯৪১ সালে প্রাণরসায়ন বিষয়ে এম.ডি. ডিগ্রি অর্জন করেন। সেখান থেকে তিনি মেরিল্যান্ডের বেথেসডায় অবস্থিত National Institute of Health ল্যাবরেটরিতে যোগদান করেন। সেখানে তিনি প্রধানত কো-এনজাইম এবং কোনো কোনো এনজাইমের সক্রিয়করণ প্রোটিন অণু নিয়ে গবেষণা করেন।

সেখানে তিনি প্রায় ১০ বছর অতিবাহিত করে ওয়াশিংটন বিশ্ববিদ্যালয়ে শিক্ষকতায় যোগদান করেন। ১৯৫৯ সালে তিনি ওয়াশিংটন বিশ্ববিদ্যালয় ছেড়ে স্টানফোর্ড বিশ্ববিদ্যালয়ে প্রাণরসায়নের প্রফেসর পদে যোগদান করেন।

করনবার্গ যখন NIH এ ছিলেন তখন তিনি DNA - polymerase I নামক একটি গুরুত্বপূর্ণ এনজাইম আবিষ্কার করেন। প্রথমদিকে এই এনজাইমটিকে করনবার্গ এনজাইম নামে চিহ্নিত করা হতো।

এই আবিষ্কারের কারণে তিনি ১৯৫৯ সালে S. Ochoa-এর সাথে যৌথভাবে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন। DNA - pol -I আবিষ্কারের ফলে জিনের ব্যক্তকরণ প্রদ্ধতি ও প্রক্রিয়া এবং DNA সমলিপনের প্রক্রিয়াসমূহ উদ্ঘাটনে বিশেষ সহায়ক হয়। তিনি এই দুটি বিষয়ে এতো বেশি গবেষণা সম্পন্ন করেছেন যে তাকে আণবিক জীববিজ্ঞানের একজন মহীরুহ (giant) হিসেবে বিবেচনা করা হয়।

বিভিন্ন অধ্যায়ে বেশ কিছু নিউক্লিওটাইডের রূপান্তর ঘটে একটি পরিপক্ব tRNA হিসেবে বের হয় (চিত্র ৪.১৪)।



চিত্র ৪.১৪ : ইস্ট tRNA ^{tyr} জিনের অনুলিপন ও পরিপক্বকরণ। (ক) tRNA ^{tyr} জিনের অনুলিপন ও রূপান্তরণ পদ্ধতি ; (খ) pre tRNA ^{tyr} অণুর 5′ – প্রান্ত ও ইনট্রন অংশ মুক্তকরণ এবং 3′– প্রান্তে -CCA যুক্তকরণ পদ্ধতি।

৪.৩. বার্তাবাহক RNA (mRNA)

বার্তাবাহক বা Messenger RNA (mRNA) জিন ব্যক্তকরণের একটি মধ্যবর্তী অধ্যায় হিসেবে চিহ্নিত। ১৯৫৮ সালে Crick তার Central Dogma–তে ধারণা দেন যে, জিন যখন তার সংকেত ব্যক্ত করে তখন mRNA অণু সৃষ্টি করে। সংকেত প্রবাহের পরবর্তী ধাপে mRNA অর্থকরণের মাধ্যমে পলিপেপটাইড সৃষ্টি করে। ইতোপূর্বে ১৯৫৬ সালে Ellit Volkin, Lagarus Astrachan ও Oak Ridge প্রথমে কোষে mRNA অণুর উপস্থিতি লক্ষ্য করেন। পরে ১৯৬১ সালে Sol Spiegelman এবং Benjamin Hall ফাজ জিন নিয়ে কাজ করার সময় লক্ষ্য করেন যে, ফাজ প্রোটিন সৃষ্টির সময় জিনগুলো RNA অণুতে অনুলিপিত হয়। এরপর Sydney Brenner, Fracis Jacob ও Mathew Meselson (১৯৬১) এবং James Watson ও তার সহযোগী বিজ্ঞানীগণ (১৯৬১) বিভিন্ন সময়ে *E. coli* থেকে mRNA অণু সনাক্ত ও বিশুদ্ধ করে ব্যাখ্যা করেন। এরপর থেকে mRNA অণু নিয়ে ব্যাপক গবেষণা শুরু হয়।

সর্বক্ষেত্রে mRNA অণু জৈব সংকেত নিয়মে অর্থকরণ করে প্রোটিন সংশ্লেষণে প্রধান ভূমিকা পালন করে থাকে। প্রোক্যারিওটজাতীয় কোষে mRNA অনুলিপন ও অর্থকরণ একই সময়ে সমান্তরাল উপায়ে ঘটে। তাছাড়া অধিকাংশ ক্ষেত্রে একটি mRNA অণু একাধিক প্রোটিন অণু সংশ্লেষণ করে থাকে। অপরদিকে ইউক্যারিওট কোষে নিউক্লিয়াস থাকায় সেখানে দ্বি–কক্ষের সৃষ্টি হয়। সেখানে mRNA অনুলিপনের পর প্রক্রিয়াজাত হয়ে নিউক্লিয়াস থেকে সাইটোপ্লাজমে এসে কার্যকর হয়। তাছাড়া ইউক্যারিওটে সাধারণত একটি mRNA একটিমাত্র প্রোটিন অণু সৃষ্টি করে। ইউক্যারিওটের mRNA প্রোক্যারিওটের mRNA–এর তুলনায় অনেক বেশি সময় ধরে স্থায়ী হয়।

৪.৩.১. mRNA অণুর গঠনপ্রকৃতি : প্রোক্যারিওটের mRNA খুবই ক্ষণস্থায়ী। এই কারণে এদেরকে সম্পূর্ণভাবে আহরণ করা সম্ভব হয় না। তাই mRNA অণুর গঠন ও কার্যপদ্ধতি সম্পর্কে জানতে হলে তেজস্ক্রিয় পদার্থ দিয়ে তাদেরকে চিহ্নিত করা হয়। এই পদ্ধতিতে mRNA সংশ্লেষণ করে DNA এর সাথে সঙ্করায়ন পদ্ধতিতে জিনকে সনাক্ত করা হয়। ব্যাকটেরিয়ার mRNA অনুলিপনের অধিকাংশ তথ্য কোষের বাইরে গবেষণার মাধ্যমে জানা সম্ভব হয়েছে। সঠিক টেমপ্লেট সরবরাহ করলে কোষের বাইরে mRNA সংশ্লেষণ করা সম্ভব। এই উপায়ে mRNA অণুর গঠনপ্রকৃতি ও কার্যপদ্ধতি জানা সম্ভব হয়েছে।

প্রোটিন সংশ্লেষণের প্রয়োজনে DNA অণুর যতোটুকু অংশ একটি প্রারম্ভ বিন্দু, একটি পলিপেপটাইডের প্রয়োজনীয় সংকেত ও একটি বিরতি সংকেত নিয়ে গঠিত তাকে Cistron বলে। প্রোটিন সংকেতের প্রকৃতি অনুসারে ব্যাকটেরিয়ার mRNA কে দু'ভাগে বিভক্ত করা হয়েছে। একটিমাত্র প্রোটিন সংকেত বহনকারী mRNA অণুকে মনোসিস্ট্রোনিক mRNA বলে। একাধিক প্রোটিন সংকেত বহনকারী mRNA অণুকে Polycistroric mRNA অণু বলে। ইউক্যারিওটে অধিকাংশ মনোসিস্ট্রোনিক এবং প্রোক্যারিওটে অধিকাংশ মনোসিস্ট্রোনিকজাতীয় mRNA পাওয়া যায়।

ব্যাকটেরিয়ার mRNA অণুতে দুই প্রকৃতাংশ রয়েছে। একটি অংশকে কোডিং অংশ বা কোডিং অঞ্চল (coding region) বলে অন্য অংশকে কোডবিহীন (noncoding) অঞ্চল বলে। এই কোডিং অংশটুকু পরবর্তীকালে কেবল প্রোটিনে অর্থকরণ করে। কোডিং অংশের ৫'–প্রান্ত সাধারণত AUG অনুক্রম দিয়ে প্রারম্ভ বিন্দু নির্দিষ্ট হয় এবং ৩'– প্রান্তে UAA, UGA ও UAG–এর যে কোনো একটি কোড দিয়ে শেষ বা সমাপ্তিকরণ বিন্দু নির্দেশ করে। প্রারম্ভ বিন্দু

সিডনী ব্রিনার
(Sydney Brenner)
জন্ম : ১৩-০১-১৯২৭
জার্মিস্টোন, দক্ষিণ আফ্রিকা

সিডনী ব্রিনার দক্ষিণ আফ্রিকায় পড়াশুনা শেষে উচ্চ শিক্ষার আশায় যুক্তরাজ্যে গমন করেন। তিনি ১৯৫৭ সালে অক্সফোর্ড বিশ্ববিদ্যালয় থেকে পি.এইচ.ডি ডিগ্রি অর্জন করেন।

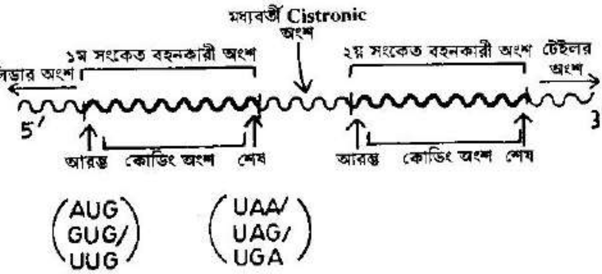
তিনি ছাত্র থাকা অবস্থায় এক সময় ১৯৫৩ সালের মে মাসে ক্যাম্ব্রিজে যান এবং ওয়াটসন ও ক্রিক এর সাথে সাক্ষাৎ করেন। সেখানে DNA দ্বি-হেলিক্স মডেল সম্পর্কে ভালোভাবে জ্ঞান অর্জন করেন। এই সাক্ষাতের ফলস্বরূপ তাদের মধ্যে এক সুদীর্ঘ বন্ধুত্ব গড়ে উঠে। তিনি তার পি.এইচ.ডি শেষে ১৯৫৭ সালে ক্যাম্ব্রিজের মেডিকেল রিসার্চ কাউন্সিলের ল্যাবরেটরিতে যোগদান করেন।

পরবর্তীকালে একই ল্যাবরেটরির পরিচালক হিসেবে তিনি ১৯৭৯ থেকে ১৯৮৬ সালে পর্যন্ত দায়িত্ব পালন করেন।

ব্রিনার প্রধাণত জিনের ব্যক্তকরণের বিষয় নিয়ে সুদীর্ঘ গবেষণা করেন। যে বিজ্ঞানীদল ১৯৬১ সালে mRNA অণু সনাক্ত করে কৃতিত্ব অর্জন করেন তিনি সেই দলের একজন গুরুত্বপূর্ণ বিজ্ঞানী হিসেবে কাজ করেছিলেন।

তাছাড়া কৌলিক কোড যে ত্রিপদী সে বিষয়েও তিনি অবদান রাখেন। তিনিই প্রথমে ত্রিপদী কোড শব্দের জন্য 'কোডন' উচ্চারণ করেন। নার্ভাস সিস্টেম কি উপায়ে কাজ করে থাকে সে বিষয়ে গবেষণার সাধারণ মডেল হিসেবে তিনিই প্রথম নিমাটোড প্রাণীকে বাছাই করতে সক্ষম হন।

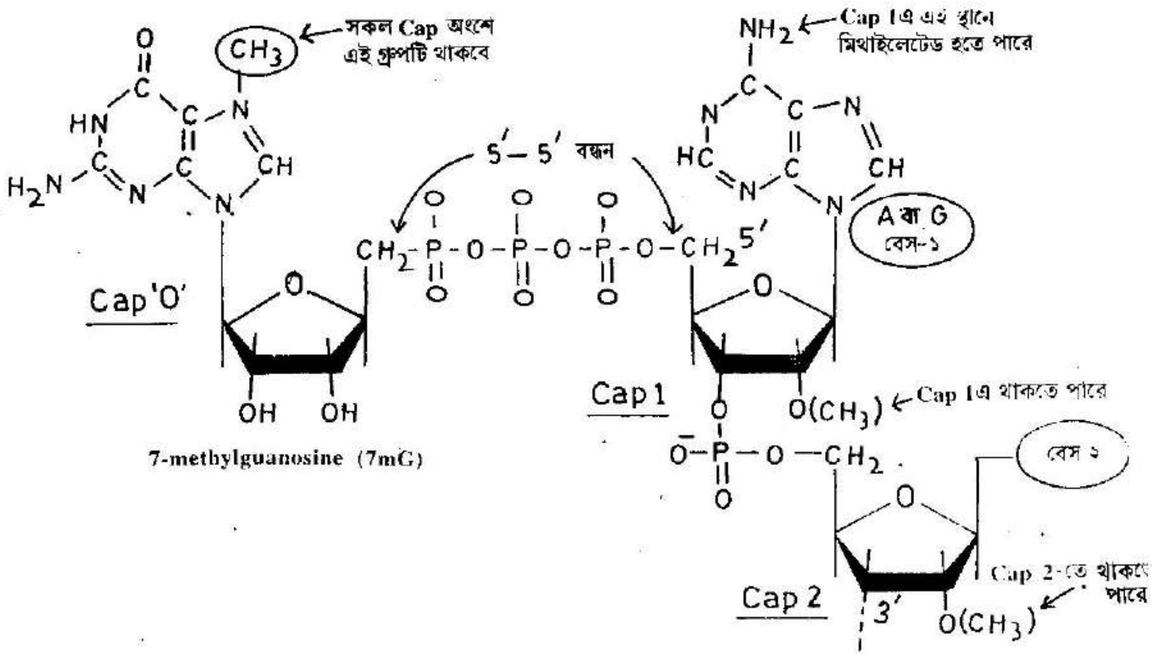
থেকে ৫′– প্রান্তের দিকে একটি অতিরিক্ত বর্ধিত অংশ থাকে যাকে অগ্রণী অনুক্রম এবং ৩′ – প্রান্তের সমাপ্তিকরণ বিন্দুর পরে একটি বর্ধিত অংশ থাকে যাকে বর্ধিত অনুক্রম অংশ বলে। বিভিন্ন mRNA অণুতে এই তিনটি অংশের দৈর্ঘ্য বিভিন্ন হয়ে থাকে। সবচেয়ে ক্ষুদ্রাকৃতির একটি mRNA অণুতে প্রায় ১৫০টি নিউক্লিওটাইড এবং একটি বৃহদাকৃতির অণুতে প্রায় ৮,০০০টি নিউক্লিওটাইড থাকতে পারে। তবে গড়ে একটি mRNA অণুতে প্রায় ১,০০০টি নিউক্লিওটাইড থাকে। পলিসিস্ট্রোনিকজাতীয় mRNA অণুতে অন্তঃসিস্ট্রোনিক অংশ নামক একটি সংকেতহীন অংশ সংকেত বহনকারী অংশের মাঝে অবস্থান করে। এই অন্তঃসিস্ট্রোনিক অংশের সংখ্যা নির্ভর করে সেখানে কতটি কোডিং অংশ রয়েছে। দুটি কোডিং অংশ থাকলে একটি, তিনটি কোডিং অংশ থাকলে দুটি আন্তঃসিস্ট্রোনিক অংশ থাকবে। বিভিন্ন mRNA অণুতে বিভিন্ন দৈর্ঘ্যের অন্তঃসিস্ট্রোনিক অংশ রয়েছে। সাধারণত একটি অন্তঃসিস্ট্রোনিক অংশ ১০ থেকে ২০টি নিউক্লিওটাইড নিয়ে গঠিত (চিত্র ৪.১৫)।



চিত্র ৪.১৫ : ব্যাকটেরিয়ার পলিসিসট্রোনিক mRNA। এখানে সংকেত বহনকারী ও সংকেতহীন অংশ রয়েছে। প্রত্যেক সংকেত বহনকারী অংশে নিজস্ব আরম্ভ ও শেষ সংকেত নির্দেশ করে।

mRNA জিন থেকে mRNA সৃষ্টি হয়। প্রোক্যারিওটে জিন থেকে RNA পলিমারেজের সাহায্যে mRNA অণু সংশ্লেষণ হয়। ইউক্যারিওটের জিন থেকে RNA পলিমারেজ - II নামক এনজাইম mRNA অণু সংশ্লেষণ করে। ব্যাকটেরিয়ার কোষের ৫০%-এর অধিক জিনোম mRNA অণুতে অনুলিপন করে। অপরদিকে ইউক্যারিওটে মাত্র ১০% বা তার চেয়েও কম পরিমাণ জিনোম থেকে mRNA অণুতে অনুলিপন হয়। tRNA বা rRNA এর তুলনায় mRNA ক্ষণস্থায়ী।

৪.৩.২. mRNA অণুর প্রক্রিয়াজাতকরণ : প্রোক্যারিওটে অনুলিপন চলতে থাকা অবস্থায় অর্থকরণ শুরু করে। এক সময় এই দুটি প্রক্রিয়া সমান্তরালে চলতে থাকে। এখানে mRNA অণুর প্রক্রিয়াজাতকরণে প্রয়োজন হয় না। কিন্তু ইউক্যারিওটের mRNA অর্থকরণের পূর্বে কিছু রূপান্তর ও প্রক্রিয়াজাত হয়। কারণ এখানে অনুলিপন ও অর্থকরণ একই সময়ে না ঘটে তা ভিন্ন সময়ে ঘটে। mRNA জিন থেকে প্রথমে যে অনুলিপি তৈরি হবে তাকে বর্তমানে pre-mRNA বলে চিহ্নিত করা হয় (পূর্বে একে হেটোরোজেনাস নিউক্লিয়ার RNA বা hn বলা হতো)। তেজস্ক্রিয় ^{3}H-uridine নিয়ে স্পন্দন চিহ্নিতকরণ (pulse labelled) পরীক্ষায় দেখা গেছে, প্রাথমিক অনুলিপির যে দৈর্ঘ্য হয় তা পরবর্তীকালে প্রক্রিয়াজাতকরণের মাধ্যমে ক্ষুদ্রাকৃতির একটি পরিপক্ব mRNA অণুতে পরিণত হয়। pre-mRNA অণু অনেকটা ক্ষণস্থায়ী এবং প্রায় ৩০ মিনিটের মধ্যে প্রক্রিয়াজাত ও রূপান্তর ঘটে গিয়ে সক্রিয় mRNA হিসেবে কার্যকর হয়। এই প্রক্রিয়াকরণ ও রূপান্তরকরণ ধাপ কেন্দ্রিকার অভ্যন্তরে ঘটে এবং সেটি সাইটোপ্লাজমে আসার পর অর্থকরণের জন্য কার্যকর হয়।



চিত্র ৪.১৬ : pre-mRNA অণুর ৫′ –প্রান্ত Cap-এর সাহায্যে আবদ্ধ করে রাখা প্রক্রিয়া (Cap' O') ছাড়া ক্ষারক– ১ ও ক্ষারক– ২ নিউক্লিওটাইড - ৩ মিথাইলেটেড হতে পারে।

BANSDOC Library
Accession No. 18078
BANSDOC Library Dhaka

৪.৩.২.১. ইউক্যারিওটে mRNA অণুর Capping প্রক্রিয়া : Pre-mRNA অনুলিপনের পর সেটি DNA থেকে সম্পূর্ণভাবে মুক্ত হয়ে প্রক্রিয়াজাত ও রূপান্তর হয়। প্রক্রিয়াজাতকরণের প্রথম ধাপে ৫′– প্রান্তে কিছু রাসায়নিক পরিবর্তন ঘটে। 7 - methyl- guanosine (7mG) নামক একটি রূপান্তরিত নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়ে ৫′ – প্রান্তকে আবদ্ধ করে রাখে। এখানে 7mGকে cap বলা হয় :

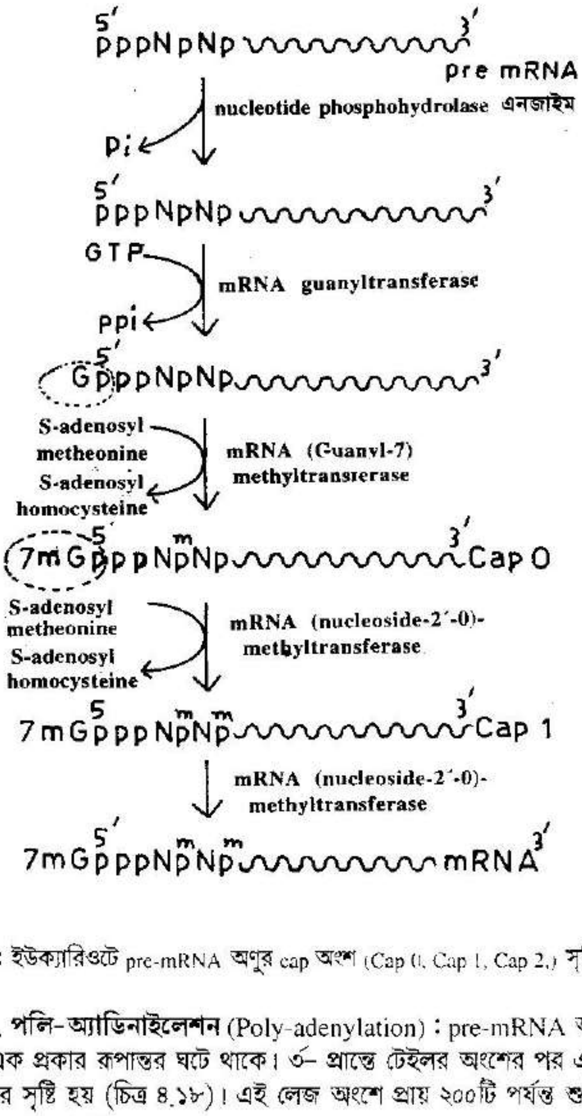
৫′ – 7mGppp PupN ---- ৩′

এখানে pu একটি পিউরিন ক্ষারক এবং N একটি নিউক্লিওটাইড। 7mG একটি অসাধারণ নিয়মে এসে সংযুক্ত হয়। কারণ সাধারণ নিয়মে নিউক্লিওটাইড কেবল ৫′–৩′ নিয়মে সাজানো থাকে। কিন্তু 7mG ৫′ – ৫′ নিয়মে বন্ধন ঘটায় (চিত্র ৪.১৭)। 7mG দ্বারা সৃষ্ট Cap কে Cap 0 (Cap-Zero) আকৃতি বলা হয়। কোনো কোনো mRNA-এর ৫′ –প্রান্তে Cap 0 ছাড়া আরও একটি বা দুটি নিউক্লিওটাইডের (+1. +2) মিথাইলেশনের মাধ্যমে রূপান্তর ঘটতে পারে (চিত্র ৪. ১৬) এদেরকে তখন Cap 1 বা Cap 2 নামে চিহ্নিত করা হয়।

বিভিন্ন জীবে বিভিন্ন রকম cap আকৃতি রয়েছে। বিবর্তন ধারার সাথে এর একটি সম্পর্ক খুঁজে পাওয়া যায়। সরল ও নিম্নশ্রেণির জীবে শুধু Cap 0 পাওয়া যায়। কিন্তু উন্নত ও আধুনিক জীবে অতিরিক্ত Cap 1 ও Cap 2 এর উপস্থিতি লক্ষ্য করা যায়। যেমন ইস্ট mRNA অণুর প্রায় ৮০% ক্ষেত্রে শুধু Cap 0 এবং ২০% ক্ষেত্রে Cap 0 এবং Cap 1 রয়েছে। চিংড়ি ও Sea urchin এর প্রায় সকল mRNA অণুতে Cap 0 এবং Cap 1 এবং ম্যামালের প্রায় সকল mRNA অণুতে Cap 0, Cap 1 ও Cap 2 পাওয়া গেছে (Baralle, ১৯৮৩)।

Cap আকৃতি গঠনের জন্য pre-mRNA–এর সাথে কয়েকটি এনজাইম বিক্রিয়া করে। প্রথম ধাপে ৫′–প্রান্তের তিনটি ফসফেট শৃঙ্খলের প্রান্তীয় γ–ফসফেট গ্রুপটি ফসফোহাইড্রোলেজের সাহায্যে মুক্ত হয়। এরপর mRNA guanyltransferase-এর সাহায্যে β– ফসফেটের সাথে গুয়ানোসিন মনোনিউক্লিওটাইড (GMP) এর শর্করার ৩′ – এর পরিবর্তে ৫′ – এর α–ফসফেটের সাথে বন্ধনের সৃষ্টি করে। একই সাথে mRNA সাহায্যে মিথাইল ট্রান্সফারেজের একটি -CH_3 গ্রুপ ক্ষারকের সাথে যুক্ত হয়ে 7-methylguanosine–এর রূপান্তর ঘটায়। এ সময় S-adenosyl-1-methionine একটি – CH_3 গ্রুপ দান করে। এই Cap 0-এর পরবর্তী নিউক্লিওটাইডের (Cap1, Cap 2) মিথাইলেশন প্রক্রিয়া কি উপায়ে ঘটে সে বিষয়ে সঠিক জানা না গেলেও দেখা গেছে mRNA মিথাইল ট্রান্সফারেজের সাহায্যে একটি মিথাইল গ্রুপ শর্করার ২′– অবস্থানে অক্সিজেনের সাথে যুক্ত হয় (চিত্র ৪.১৭)। pre-mRNA অণুসূত্রে ৫′– cap মিথাইলেশন অণুসূত্রের মাঝে কখনও কখনও মিথাইলেশন ঘটতে দেখা যায়। হিসাব করে দেখা গেছে গড়ে প্রায় প্রতি ১,০০০টি ক্ষারকের মধ্যে একটি করে মিথাইলেশন ঘটে থাকে।

Pre-mRNA অণুর Capping–এর গুরুত্ব ও কার্যপ্রণালী সম্পর্কে সঠিক কিছু জানা যায়নি। তবে mRNA–এর অর্থকরণের সময় cap-এর উপস্থিতি সবসময় লক্ষ্য করা গেছে। প্রোক্যারিওটে mRNA অণুর ৫′ –প্রান্তে Shine-Delgarno নামক একটি বিশেষ অনুক্রম রয়েছে যা চিহ্নিত করে রাইবোজোমের সংযুক্তি ঘটে। ইউক্যারিওটের mRNA অণুতে অনুরূপ কোনো বিশেষ অনুক্রম নেই। মনে করা হয় যে, Cap অংশটি অর্থকরণের সূত্রপাত ঘটাতে রাইবোজোমকে সনাক্তকরণের স্থান চিহ্নিত করতে সাহায্য করে।



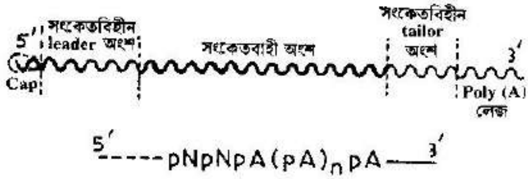
চিত্র ৪.১৭ : ইউক্যারিওটে pre-mRNA অণুর cap অংশ (Cap 0, Cap 1, Cap 2,) সৃষ্টির প্রক্রিয়া।

৪.৩.২.২. পলি–অ্যাডিনাইলেশন (Poly-adenylation) : pre-mRNA অনুলিপনের পর দ্বিতীয় আর এক প্রকার রূপান্তর ঘটে থাকে। ৩′– প্রান্তে টেইলর অংশের পর একটি poly(A) tail বা লেজের সৃষ্টি হয় (চিত্র ৪.১৮)। এই লেজ অংশে প্রায় ২০০টি পর্যন্ত শুধু অ্যাডিনোসিন (A) পরপর যুক্ত হতে পারে।

টেইলর (Tailer) অংশের শেষ প্রান্তে অ্যাডিনাইলেশন প্রক্রিয়া ঘটে না। ৩′–প্রান্তের শেষে অবস্থিত ১০ থেকে ৩০টি নিউক্লিওটাইড রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েজের সাহায্যে কর্তিত হয়। দেখা গেছে যে mRNA–এর ৩′– প্রান্তে একটি পলি–এডিনাইলেশন সংকেত রয়েছে যা প্রথমে কর্তিত হয় এবং অ্যাডিনাইলেশন প্রক্রিয়া শুরু করে। এই সংকেতটিতে একটি বিশেষ অনুক্রম

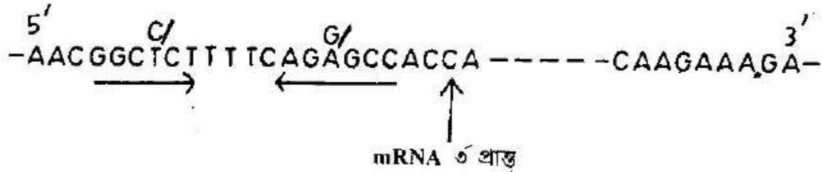
রয়েছে। Proudfoot (১৯৮২) বিভিন্ন পলি–অ্যাডিনাইলেশন সংকেত বিশ্লেষণ করে একটি সর্বসম্মত অনুক্রম দিতে সক্ষম হন। অনুক্রমটি নিম্নরূপ :

৫'— AAUAAA — ৩'।

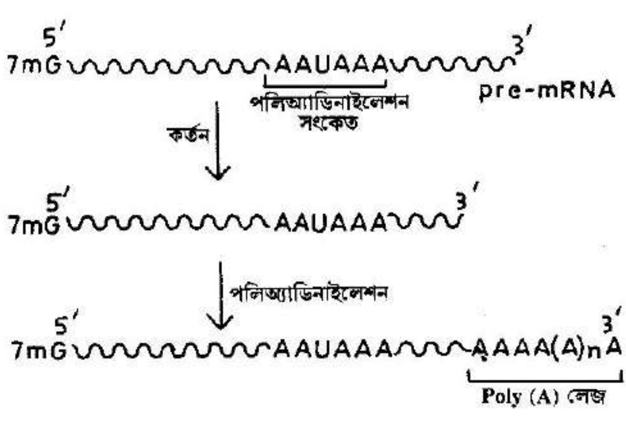


চিত্র ৪.১৮ : পলি–অ্যাডিনাইলেশনঘটিত mRNA অণুর সাধারণ চিত্র।

এনজাইম দ্বারা এই অনুক্রমটি কর্তিত হয়ে মধ্যবর্তী নতুন একটি ৩'-প্রান্তের সৃষ্টি হয়। এই অস্থায়ী ৩'-প্রান্ত থেকে poly (A) পলিমারেজের সাহায্যে একটি একটি করে অ্যাডিনোসিন এসে যুক্ত হয়ে poly (A) tail-এর সৃষ্টি করে। তবে দেখা গেছে যে প্রায় ৩০% pre-mRNA অণুর ৩'–প্রান্তে পলি–অ্যাডিনাইলেশন প্রক্রিয়া ঘটেনা (Katinakis *et al.*, ১৯৮০)। হিস্টোন mRNA অণুতে কোনো পলি–অ্যাডিনাইলেশন প্রক্রিয়া না ঘটলেও দেখা গেছে ৩'–প্রান্তের কিছু অংশ কেটে গিয়ে প্রক্রিয়াজাত হয় (Old ও Woodland, ১৯৮৪)। এক্ষেত্রে GC সমৃদ্ধ একটি ডায়াড প্রতিসাম্যবিশিষ্ট সর্বসম্মত অনুক্রম চিহ্নিত করা হয়েছে (চিত্র ৪.১৯)।



চিত্র ৪.১৯ : হিস্টোন জিনের ৩'- ঐকমত্য অনুক্রম।



চিত্র ৪.২০ : pre-mRNA অণুর অ্যাডিনাইলেশন পদ্ধতি।

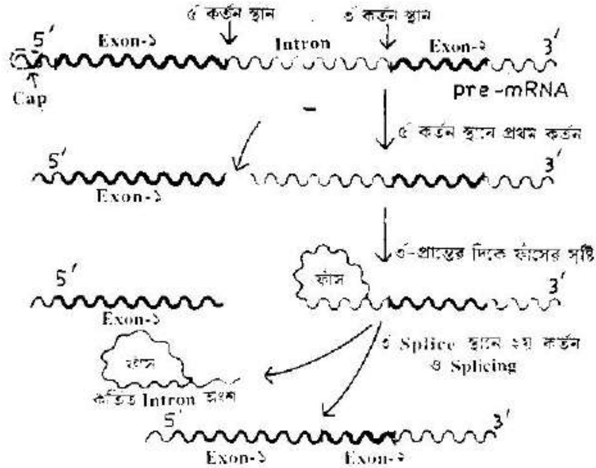
Pre-mRNA অণুর টেইলর অংশের (poly (A) অংশ বাদ দিয়ে) দৈর্ঘ্য বিভিন্ন রকম হয়ে থাকে সর্বনিম্ন ৩০ থেকে (∝– amylase) সর্বোচ্চ ৬৩৭টি (chicken albumin) নিউক্লিওটাইড নিয়ে টেইলর অংশ গঠিত (McReynold *et al.*, ১৯৭৮)। Tailer অংশের শেষে অবস্থিত পলি-অ্যাডিনাইলেশন সংকেত বহন করা ছাড়া আর বিশেষ কোনো ভূমিকা আছে বলে জানা সম্ভব হয়নি। বিজ্ঞানীরা মনে করেন যে mRNA প্রক্রিয়াজাত হওয়ার পরে যখন নিউক্লিয়াস থেকে সাইটোপ্লাজমে চলে আসে তখন ধ্বংসের হাত থেকে টিকে থাকতে poly (A) tail সাহায্য করে। দেখা গেছে poly (A) লেজের দৈর্ঘ্য তার স্থায়ীত্বের সময়কে অনেকটা নির্দেশ করে থাকে। দীর্ঘ লেজ দীর্ঘ সময় ধরে টিকে থাকার সংগ্রামকে নিশ্চিত করে। poly (A) লেজের সাথে বেশ কিছু প্রোটিন সংযুক্ত হতে দেখা গেছে। এই প্রোটিনসমূহ mRNA-কে রক্ষা করে থাকে (চিত্র ৪.২০)।

৪.৩.২.৩. ইন্ট্রোন এবং তার পাকিয়ে কর্তন ও সংযোগকরণ (Intron and its splicing) : Pre-mRNA ও পরিপক্ব mRNA অণু দৈর্ঘ্য পরিমাপ করে দেখা গেছে যে, capping এবং পলি-অ্যাডিনাইলেশনের পরও কোনো এক সময়ে pre-mRNA অণু আরও প্রক্রিয়াজাত হয়ে তার দৈর্ঘ্য কমে যায়। ১৯৭৭ সালে যখন এই তথ্যটি প্রমাণিত হয় যে অনুলিপিত pre-mRNA অণু এবং পরিপক্ব কার্যকর অণুর দৈর্ঘ্য এক নয় তখন জিনের গঠনপ্রকৃতি সম্পর্কে এবং জিনের ব্যক্তকরণের ধারণা সম্পর্কে এক আমূল পরিবর্তন ঘটে। কারণ প্রোক্যারিওট জাতীয় কোষে জিনের অন্তর্গত যতোটুকু DNA অণু দৈর্ঘ্য রয়েছে তার অনুলিপিত mRNA অণুও ততোসংখ্যক ক্ষারকবিশিষ্ট অণু দৈর্ঘ্যের সৃষ্টি হয়। অর্থাৎ mRNA অণু DNA অণুর একটি সঠিক প্রতিবিম্ব মাত্র। কিন্তু ইউকারিওটের জিন প্রোক্যারিওটের ন্যায় নিরবিচ্ছিন্ন না হয়ে বিচ্ছিন্ন (discontinuous) হয়ে থাকে। এই প্রকৃতির জিনের কিছু অংশ জীব সংকেত বহন করে যা এক্সোন বলে চিহ্নিত এবং কিছু অংশ রয়েছে সংকেতহীন যা ইনট্রন বলে চিহ্নিত করা হয়। এরূপ বৈশিষ্ট্যের জিন যখন ব্যক্ত করে তখন একই সাথে নিরবিচ্ছিন্ন উপায়ে (এক্সোন ও ইনট্রনসহ) অনুলিপন করে। পরবর্তীকালে ইনট্রন অংশ কর্তিত হয়ে বিভিন্ন এক্সোন অংশ মুক্ত হয়। নিজকে নিজের কর্তন ও সংযুক্তকরণকে splicing বলে। mRNA অণুর splicing বিক্রিয়া তিনটি ধাপে সম্পন্ন হয়।

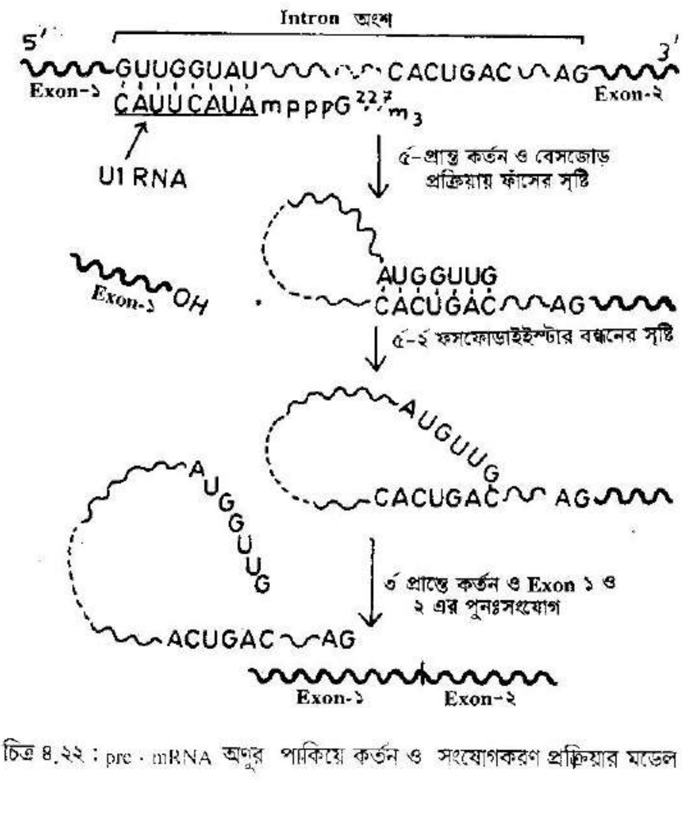
১। প্রথম ধাপে ৫′-অংশে কর্তিত হয়ে ইনট্রন অংশটি ঘুরে গিয়ে নিম্নপ্রবাহে অবস্থিত এক্সোন অংশের সাথে যুক্ত হয়।

২। সদ্যমুক্ত ইনট্রনের ৫′ – প্রান্ত ঘুরে এসে ইনট্রনের ৩′ – প্রান্তে কোনো একটি নিউক্লিওটাইডের সাথে সহযোজী বন্ধন সৃষ্টি করে একটি গোলাকৃতির ফাঁস (lariat) সৃষ্টি করে। এখানে ৫′–২′ এর মধ্যে একটি অনিয়মিত ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনের সৃষ্টি হয়। *Saccharomyces cerevisiae* নামক ইস্টে ইনট্রনের ৩′– প্রান্তে যেখানে একটি বিশেষ অনুক্রম, ৫′– UACUAAC- ৩′ রয়েছে সেখানে একটি ৫′ – ২′ বন্ধনীর সৃষ্টি হয়। কিন্তু অন্য কোনো জীবে এ ধরনের বিশেষ অনুক্রম পাওয়া যায়নি।

৩। শেষ ধাপে ইনট্রেনের ৩′-splice অংশে কর্তিত হয় এবং একই সাথে এক্সোন অংশ দুটির সংযুক্তি ঘটে, কর্তিত অংশ পরে বিশ্লিষ্ট হয় (চিত্র ৪.২১)।



চিত্র ৪.২১ : pre - mRNA অণুর পাকিয়ে কর্তন ও সংযোগকরণ পদ্ধতি।



চিত্র ৪.২২ : pre - mRNA অণুর পাকিয়ে কর্তন ও সংযোগকরণ প্রক্রিয়ার মডেল।

এখন প্রশ্ন হতে পারে ইন্ট্রন–এক্সোন সীমা বা প্রান্ত কিভাবে নির্ধারিত হয়ে পাকিয়ে কর্তন ও সংযোগকরণ প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে। বিজ্ঞানীগণ ইতোমধ্যে এ বিষয়টি সম্পর্কে নিশ্চিত হতে পেরেছেন যে, সুনির্দিষ্ট ক্ষারক অনুক্রমের সাহায্যে এই প্রান্তসমূহ নির্দিষ্ট হয়। Mount (১৯৮২) [illegible]টি এক্সন-ইনট্রন প্রান্ত (৫–splice অংশ) এবং ১৩০টি এক্সন-ইনট্রন প্রান্ত (৩– splice অংশ) সমূহের ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করে একটি "সর্বসম্মত অনুক্রম" বের করেছেন। এই অনুক্রমে দেখা গেছে যে ইনট্রন এবং ৫– প্রান্তে সব সময় GU এবং ৩– প্রান্তে AG সমৃদ্ধ অনুক্রম রয়েছে। এই অনুক্রমের উপর ভিত্তি করে Keller (১৯৮৪) এবং Konarska *et al.*, (১৯৮৫) pre-mRNA অণুর পাকিয়ে কর্তন ও সংযোগকরণ মডেল দিয়েছেন (চিত্র ৪.২২)। ইনট্রন-এর ৫– প্রান্তটি U, snRNP নামক একটি রাইবোজোইম কর্তন করে থাকে। কর্তনের সময় একটি mg^{2+} ও ATP এর প্রয়োজন হয়।

৪.৩.২.৪. প্রক্রিয়াকৃত mRNA অণুর সাইটোপ্লাজমে পরিবহণ : Pre-mRNA সৃষ্টির পর তার ক্যাপিং, পলি-এডেনাইলেশন এবং পাকিয়ে কর্তন সংযোগকরণ প্রক্রিয়াগুলো পরপর নিউক্লিয়াসে সম্পন্ন হয়। উক্ত পর্যায়ক্রমিক প্রক্রিয়াগুলো সম্পন্ন হতে প্রায় ৩০ মি. সময় অতিবাহিত হয়। প্রক্রিয়াকৃত mRNA তখন নিউক্লিয়াস থেকে সাইটোপ্লাজমে বাহিত হয়। কেন্দ্রিকার মেমব্রেন-ছিদ্র পথে তা বের হয়ে আসে। সাইটোপ্লাজমে প্রবেশের ১ থেকে ৫ মিনিটের মধ্যে mRNA অর্থকরণ শুরু করে।

নিউক্লিয়াস থেকে mRNA কিভাবে সাইটোপ্লাজমে পরিবাহিত হয় সে সম্পর্কে এখনও কোনো সিদ্ধান্তে পৌঁছানো সম্ভব হয়নি। বিজ্ঞানীগণ শীর্ষবরণ সংযোজন প্রোটিন (cap-binding protein) নামে একটি প্রোটিন সনাক্ত করতে পেরেছেন। উক্ত প্রোটিন সদ্য প্রক্রিয়াকৃত mRNAঅণুকে পরিবহণ করে বলে প্রাথমিক ধারণা দেয়া সম্ভব হয়েছে।

তথ্যপঞ্জি

Baralle, F.E. 1983 *Int. Rev. Cytol.*, *81* : 71-98.

Brenner, S., F. Jacob and M. Meselson. 1961. *Nature (Lond.) 190* : 576 - 581.

Denoya, C., P. Costa Giomi, E.A. Scodeller, C. Vesquez and J.L. Latorre. 1981. *European J. Biochem., 115* : 375 - 381.

Deutscher, M. P. 1982. *In :* The Enzymes (ed. P.D. Boyer) Acad. Press, New York, Vol. *15* ; P. 183 -219.

Guttel, R.R.B. Weiser, C.R. Woese and H. F. Noller 1985 . *Proc. Nucleic Acid. Res. Mol. Biol., 32* : 155-216.

Holley, R. 1965. *FEBS Lett., 96* : 16-27.

Holley, R. 1966. *Scientific Amer. 214* (2) : 30-39.

Kaine, B.K., R. Gupta and C.R. Woese. 1983. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA.*, 80 : 3309-3315.

Katinakis, P.K., A. Slater and R.H. Burton 1980. *FEBS Lett., 116* : 1-7.

Keller, W. 1984. *Cell, 39* : 423-430.

Kersten, H. 1984. *Prog. Nucleic Acids. Res. Mol. Biol., 31* : 59 - 63.

King, T.C., R. Sirdesmukh and S. Schlessinger. 1984 *Proc. Natl. Acad. Sci., USA., 81* : 185-191.

Konarska, M.M., P.J. Grabowski, A.R. Podgett and P.A. Scharp. 1984. *Nature (Lond.). 313* : 552-560.

Lake, J.A. 1985. *Ann. Rev. Biochem., 54* : 507-530.

McReynolds, L. B.W. O'Molley, D.A. Nisbet, E.J. Fothergill, D. Givol, S. Fields, M. Robertson and G. G. Brownlee. 1974. *Nature (Lond.) : 284* : 143-150.

Melton, D.A., E.M. De Roberts and R. Cortese. 1980. *Nature (Lond.) 284* : 143-150.

Mount, S.M. 1982. *Nucleic Acid Res., 10* : 459-465.

Noller, H.F. 1984. *Ann. Rev. Biochem., 53* :119-126.

Old, R.W. and H.R. Wood-land. 1984. *Cell, 38* :624-630.

Proudfoot, N. J. 1982. *Nature (Lond.) 298* : 516-523.

Roberts, R.B. 1954. *Proc. Natl. Acad. Sci, 40* : 1891-1895.

Söll, D. and L. K. Kline, 1982, *In* : The Enzymes (ed. P.D. Boyer), Acad press. New York, Vol. 15 ; P. 557- 583.

Spiegelman, S. and B. Hall. 1961. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA., 47* : 1135-1142.

Vasiliev, J. 1971. *J. Cell Biol. 50* : 774 -780.

Volkin, E., L. Astrachan, and O. Ridge, 1956 *Virology, 2* : 149 -156.

Watson, J., W. R. Hawby and T.P. Malan 1961. *Coltd. Spring Harbor Sym. Quant Biol., 25* : 191-196.

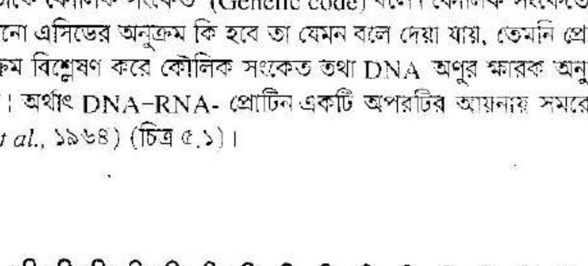
Yen, P.H. and N. Davidson. 1985. *Cell. 19* : 345-352.

পঞ্চম অধ্যায়

DNA অণুর অর্থকরণ

Translation of DNA molecule

সেন্ট্রাল ডগমার নিয়মানুসারে জৈব সংকেত প্রবাহের প্রথম ধাপে যে বিভিন্ন রকম RNA অনুলিপিত হয় তা পরবর্তীকালে অর্থকরণের মাধ্যমে প্রোটিন অণু সংশ্লেষণ করে থাকে। অর্থকরণের মূল উপাদান হিসেবে mRNA অণু কাজ করে থাকে। সংশ্লেষণের সময় বিভিন্ন রকম অ্যামিনো এসিড পরস্পর সজ্জিত হয়ে কার্যকর প্রোটিন অণুতে পরিণত হয়। একটি প্রোটিনের গুরুত্বপূর্ণ বৈশিষ্ট্য হচ্ছে শৃঙ্খলে অবস্থিত অ্যামিনো এসিডের প্রকৃতি, তাদের অনুক্রম ও সংখ্যা। এই বিষয়গুলো কৌলিক উপাদান DNA সরাসরি নিয়ন্ত্রণ করে। ১৯৬০-এর দশকের প্রারম্ভে জানা সম্ভব হয়েছে যে, mRNA অণুর ক্ষারক অনুক্রম অনুসারে অ্যামিনো এসিডের অনুক্রমও নির্ধারিত হয়। যে উপায়ে mRNA অণুর ক্ষারক অনুক্রম অ্যামিনো এসিডের অনুক্রম নিয়ন্ত্রণ করে প্রোটিন সংশ্লেষণ হয় তাকে কৌলিক সংকেত (Genetic code) বলে। কৌলিক সংকেতের বিশ্লেষণ করে প্রোটিনে অ্যামিনো এসিডের অনুক্রম কি হবে তা যেমন বলে দেয়া যায়, তেমনি প্রোটিনস্থ অ্যামিনো এসিডের অনুক্রম বিশ্লেষণ করে কৌলিক সংকেত তথা DNA অণুর ক্ষারক অনুক্রম সঠিকভাবে বলে দেয়া যায়। অর্থাৎ DNA-RNA- প্রোটিন একটি অপরটির আয়নায় সমরেখীয় চিত্র স্বরূপ (Yanofsky *et al.*, ১৯৬৪) (চিত্র ৫.১)।



চিত্র ৫.১ : অনুলিপন শেষে অর্থকরণের সময় mRNA অণুতে সজ্জিত নিউক্লিওটাইড অনুক্রম প্রোটিনস্থ অ্যামিনো এসিডের অনুক্রমকে সুনির্দিষ্ট করে।

৫.১. কৌলিক সংকেত (Genetic code)

কৌলিক সংকেতের মূল রহস্য হচ্ছে জিনের সাথে প্রোটিনের একটি সমান্তরাল ও সমরৈখিক সম্পর্ক। এখানে প্রশ্ন হচ্ছে এই সম্পর্কটি কি উপায়ে নিয়ন্ত্রিত হয় বা কৌলিক সংকেতের পরিমাপ কতটুকু? এ নিয়ে বিজ্ঞানীগণ প্রথমে একটি গাণিতিক হিসাব করেন। অবশ্য এই ধারণাটি প্রথমে

১৯৫০ সালে গণিতাবিদ Gamow খুবই বিচক্ষণতার সাথে উপস্থাপন করেছিলেন। তিনি উল্লেখ করেন যে, DNA অণুতে মাত্র চার প্রকার ক্ষারক রয়েছে (ATGC)। প্রতিটি ক্ষারককে সংকেত অক্ষর (code letter) বলে। যদি এক একটি অক্ষর নিয়ে এক একটি কৌলিক সংকেত শব্দ (genetic code word) বা কোডন (codon) গঠিত হয় তবে সেক্ষেত্রে মাত্র ৪টি ($৪^{১}$= ৪) শব্দ সংকেত তৈরি হবে। আর যদি দুটি সংকেত অক্ষর নিয়ে একটি শব্দ সংকেত সৃষ্টি করে তবে সেক্ষেত্রে ১৬টি ($৪^{২}$ = ১৬) শব্দ তৈরি হবে। অনুরূপ যে কোনো ৩টি সংকেত অক্ষর মিলে ৬৪টি ($৪^{৩}$= ৬৪) শব্দ তৈরি হবে। একই উপায়ে ৪টি অক্ষর মিলে ২৫৬টি ($৪^{৪}$ = ২৫৬) ; ৫টি অক্ষর মিলে ১,০২৪টি ($৪^{৫}$ = ১০২৪) শব্দ তৈরি হবে। অপরদিকে প্রোটিনে অ্যামিনো এসিডের প্রকরণ রয়েছে মাত্র ২০টি। এখন যুক্তি হলো এক অক্ষরবিশিষ্ট ৪টি শব্দ সংকেত ২০ প্রকার অ্যামিনো এসিডকে নির্দিষ্ট করতে মোটেও যথেষ্ট নয়। একইভাবে দুই অক্ষরবিশিষ্ট ১৬টি শব্দ সংকেতও যথেষ্ট নয়। যদি তিন অক্ষরবিশিষ্ট শব্দ হয় তবে যে ৬৪টি কোডন সৃষ্টি হবে এবং সেগুলো ২০ প্রকার অ্যামিনো এসিডের সংকেত নির্দেশ করার জন্য যথেষ্ট বলে বিবেচনা করা হয়। অপরদিকে চার অক্ষরবিশিষ্ট ২৫৬টি শব্দ বা ৫ অক্ষরবিশিষ্ট ১,০২৪টি শব্দ মাত্র ২০ প্রকার অ্যামিনো এসিডকে নির্দিষ্টকরণের ক্ষেত্রে অতিরিক্ত বলে বিবেচিত হয়। অতি সুশৃঙ্খল জীব প্রক্রিয়ায় মাত্রাতিরিক্ত শব্দ সংখ্যা অপচয় বলে মনে করা হয়। এভাবে গাণিতিক তত্ত্বের উপর ভিত্তি করে নির্দিষ্ট হয় যে, কৌলিক শব্দ তিন অক্ষরবিশিষ্ট। অর্থাৎ যে কোনো তিনটি ক্ষারকের সমন্বয়ে একটি কোড শব্দ সৃষ্টি হবে যা ট্রিপলেট কোডন (Triplet codon) বলে পরিচিত (সারণি ৫.১)।

সারণি ৫.১ : চার প্রকার ক্ষারককে সংকেত অক্ষর ধরা হলে তার শব্দ সংকেত সৃষ্টির সম্ভাব্য উপায়

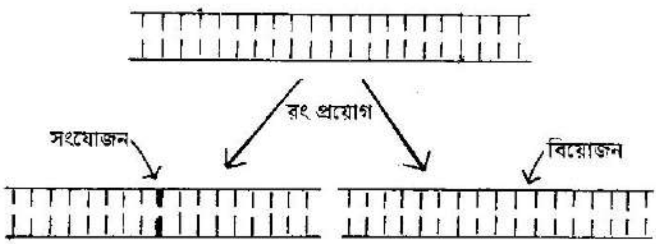
এককক্ষারক সংকেত–বিশিষ্ট শব্দ সংকেত	দ্বিক্ষারক সংকেতবিশিষ্ট শব্দ সংকেত				ত্রিক্ষারক সংকেতবিশিষ্ট শব্দ সংকেত			
A	AA	AG	AC	AU	AAA	AAG	AAC	AAU
U	GA	GG	GC	GU	AGA	AGG	AGC	AGU
G	CA	CG	CC	CU	ACA	ACG	ACC	ACU
C	UA	UG	UC	UU	AUA	AUG	AUC	AUU
সৃষ্ট ৪টি শব্দ		সৃষ্ট ১৬টিশব্দ			GAA	GAG	GAC	GAU
					GGA	GGG	GGC	GGU
					GCA	GCG	GCC	GCU
					GUA	GUG	GUC	GUU
					CAA	CAG	CAC	CAU
				সৃষ্ট ৬৪টি শব্দ	CGA	CGG	CGC	CGU
					CCA	CCG	CCC	CCU
					CUA	CUG	CUC	CUU
					UAA	UAG	UAC	UAU
					UGA	UGG	UGC	UGU
					UCA	UCG	UCC	UCU
					UUA	UUG	UUC	UUU

৫.১.১. ট্রিপলেট কোডের প্রমাণ (Prove of triplet code) : কৌলিক শব্দ সংকেতের পরিমাপ [illegible] বিশ্লেষণের পর বিভিন্ন রকম পরীক্ষা-নিরীক্ষা শুরু হয়। আর্কিডাইন রঙ [illegible] নামক এক শ্রেণির রাসায়নিক রঙ রয়েছে যা DNA অণুর পরিব্যক্তি ঘটাতে [illegible] এর মধ্যে প্রোফ্লাভিন (Proflavin) নামক একটি রঙ (dye) রয়েছে যা প্রয়োগ করলে DNA অনুসূত্রের বিভিন্ন স্থানে এক বা একাধিক ক্ষারকজোড় কমে (deletion) বা বেড়ে (addition) যেতে পারে। এখন এমন একটি জিন নেয়া হলো যার একটি সহনীয় বা গ্রহণীয় অংশ এবং অন্যটি অসহনীয় বা অগ্রহণীয় অংশ রয়েছে। এই জিন যখন প্রোটিন সংশ্লেষণ শুরু করে তখন সেখানেও সহনীয় এবং অসহনীয় অংশে বিভক্ত হয়ে যায়। উক্ত প্রোটিনের সহনীয় অংশে কোড পরিবর্তন ঘটলে প্রোটিনটি কার্যকর থাকবে। যদি অসহনীয় অংশে অ্যামিনো এসিডের কোড পরিবর্তন ঘটে তবে তা অকার্যকর হবে। এখন যদি প্রোফ্ল্যাভিন প্রয়োগের পর সহনীয় অংশের কোনো একটিমাত্র ক্ষারক জোড় সরে যায় বা যোগ হয় তবে অসহনীয় অংশের কোড অনুক্রমেও পরিবর্তন ঘটবে, ফলে সৃষ্ট প্রোটিনটি অকার্যকর হবে।

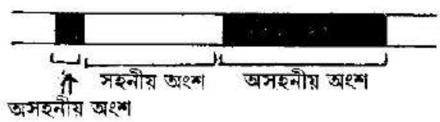
আর যদি পরপর দুটি ক্ষারক জোড়ের পরিবর্তন ঘটে যায় তবে সেক্ষেত্রেও সংশ্লেষিত প্রোটিনটি অকার্যকর হয়ে যাবে। কিন্তু সহনীয় অংশে যদি তিনটি ক্ষারকের সংযোজন বা বিয়োজন হয় তবে সহনীয় অংশের পাঠ কাঠামো সঠিক অবস্থায় পুনঃপ্রাপ্তি ঘটে যাবে। এবার অ্যামিনো এসিডের অনুক্রমও সাধারণ অবস্থায় ফিরে এসে অর্থপূর্ণ হবে এবং প্রোটিনটি তার কার্যকারিতা ফিরে পাবে (চিত্র ৫.২)। বিজ্ঞানী Crick, Brenner ও তার অন্যান্য সহযোগীগণ ১৯৬১ সালে T_4 ফাজের rIIb নামক জিন সম্বন্ধে এরূপ একটি পরীক্ষা সুচারুভাবে সম্পন্ন করেন। প্রোফ্ল্যাভিন রঙ প্রয়োগ করে উক্ত জিনর পরিবর্তন ঘটিয়ে কখন কখন ফাজ *E. coli* কে কার্যকরভাবে আক্রমণ করতে পারছে তার বিশ্লেষণ করেন। তাঁরা এই পরীক্ষার মাধ্যমে সর্বপ্রথম ট্রিপলেট কোডের প্রকৃতি প্রমাণ করেন। পরবর্তীকালে অন্যান্য বিজ্ঞানী বিভিন্ন পরীক্ষার মাধ্যমে ট্রিপলেট কোড বিষয়টি সরাসরি প্রমাণ করতে সক্ষম হন।

৫.১.২. কোডের অর্থোদ্ধার (Elucidation of code) : ট্রিপলেট কোড শব্দ সম্পর্কে প্রাথমিক ধারণা নিয়ে ১৯৬২ সালে আমেরিকার NIH–এর বিজ্ঞানী Marshall Nirenberg এবং তার সহযোগী Heinrich Mathaei কোষের বাইরে কোষীয় *E. coli* কোষ মুক্ত নির্যাস নিয়ে সেখানে কৃত্রিম mRNA–এর সাহায্যে প্রোটিন সংশ্লেষণ করতে সক্ষম হন। তারা প্রথমে শুধু ইউরিডিন নিউক্লিওটাইড (U) নিয়ে কৃত্রিম উপায়ে একটি হোমোপলিমার (homopolymer) বিশিষ্ট mRNA শৃঙ্খল সৃষ্টি করেন। প্রথমে উক্ত হোমোপলিমার নিয়ে পরীক্ষা করার কারণ হলো তুলনামূলকভাবে অনেকটা সহজে কৃত্রিম উপায়ে তাকে সংশ্লেষণ করা যায়। তাছাড়া ইউরিডিন (তেজস্ক্রিয়) DNA অণু সৃষ্টিতে ব্যবহৃত হবে না বিধায় তাকে সহজে সনাক্ত করা যায়। এই কাজটি সম্ভব হয়েছিলো ইতোপূর্বে Severo Ochoa (১৯৫৫) কর্তৃক পলিনিউক্লিওটাইড ফসফোরাইলেজ নামক একটি এনজাইম আবিষ্কারের ফলে। এই এনজাইমটি কোষভ্যন্তরে RNA বিশ্লিষ্ট করে কিন্তু কোষমুক্ত পরিবেশে বিপরীত ক্রিয়া করে RNA সংশ্লেষণ করে থাকে। কিন্তু সংশ্লেষণের সময় কোনোরূপ টেমপ্লেটের প্রয়োজন হয় না। কোষের নির্যাস নিয়ে কোষমুক্ত পরিবেশে সংশ্লেষিত mRNA ও অ্যামিনো এসিড যোগ করলে টেস্ট টিউবে প্রোটিন সংশ্লেষণ করানো যায়। কারণ কোষের নির্যাসে প্রোটিন সংশ্লেষণের অন্যান্য মুখ্য উপাদান (রাইবোজোম, tRNA, এনজাইমসমূহের) উপস্থিতি রয়েছে।

(ক) Acridine রং প্রয়োগের ফলাফল :



(খ) একটি জীনের সহনীয় ও অসহনীয় অংশ :



(অসহনীয় অংশে একটি মাত্র কোড সংকেত পরিবর্তনের ফলে জৈব সংকেত হারিয়ে ফেলে)

(গ) সংযোজন ও বিয়োজনের ফলাফল :

সংযোজনের ফলাফল :

		সহনীয় অংশ		অসহনীয় অংশ				
	CAN	YOU	SEE	THE	SKY	AND	SUN	
একটি সংযোজন	CAN	YOU	XSE	ETH	ESK	YAN	DSU	N
দুটি সংযোজন	CAN	YXO	UXS	EET	HES	KYA	NDS	UN
তিনটি সংযোজন	CAN	YXX	OUX	SEE	THE	SKY	AND	SUN

পুনরায় অর্থ ফিরে পাওয়া

বিয়োজনের ফলাফল :

		সহনীয় অংশ		অসহনীয় অংশ			
	CAN	YOU	SEE	THE	SKY	AND	SUN
একটি অক্ষর বিয়োজন	CAN	YOU	EET	HES	KYA	NDS	UN
দুটি অক্ষর বিয়োজন	CAN	YOE	ETH	ESK	YAN	DSU	N
তিনটি অক্ষর বিয়োজন	CAN	YEE	THE	SKY	AND	SUN	

পুনরায় অর্থ ফিরে পাওয়া

চিত্র ৫.১ : কৌলিক কোড বা শব্দ সংকেত যে ট্রিপলেট প্রকৃতির সে সম্পর্কে পরীক্ষার ভিত্তি ধারণা।

সেভারো ওকোয়া
Severo Ochoa
জন্ম : ২৪/০৯/১৯০৫ :
লুয়ার্ক শহর
স্পেন।

সেভারো ওকোয়া তার জন্মস্থান লায়ার্কাতে পড়াশুনা শেষে স্পেনের মালাগা বিশ্ববিদ্যালয়ে ভর্তি হন। সেখান থেকে স্নাতক ডিগ্রি অর্জন করে ১৯২১ সালে তিনি রাজধানী মাদ্রিদে গিয়ে মাদ্রিদ বিশ্ববিদ্যালয়ে ভর্তি হন। সেখানে তিনি পড়াশনা শেষে ১৯২৯ সালে এম. ডি. ডিগ্রি লাভ করেন।

এরপর তিনি জার্মানিতে গিয়ে অটো মেয়ারহফের তত্ত্বাবধানে মাংসপেশীর জৈব রাসায়নিক বিষয় নিয়ে গবেষণা করেন। গবেষণা শেষে তিনি স্বল্পকাল ইংল্যান্ডে কাটিয়ে ১৯৪২ সালে যুক্তরাষ্ট্রে পাড়ি জমান। সেখানে গিয়ে তিনি নিউইয়র্ক বিশ্ববিদ্যালয়ে যোগদান করেন।

ওকোয়া যুক্তরাষ্ট্রে গিয়ে প্রধানত এনজাইমের উপর গবেষণায় মনোনিবেশ করেন। তিনি ATP এর সাথে জৈব শক্তি উৎপাদন বিষয়ে বিভিন্ন প্রকার গবেষণা করে অনেক তথ্য উদঘাটন করেন। এই ধারার গবেষণা শেষে তিনি ১৯৫৫ সালে পলিনিউক্লিওটাইড ফসফরাইলেজ নামক একটি গুরুত্বপূর্ণ এনজাইম আবিষ্কার করেন। এই এনজাইমটিকে কাজে লাগিয়ে পলিনিউ নিউক্লিওটাইড সংশ্লেষণ করতে সক্ষম হন এবং এই পদ্ধতিকে তখন কাজে লাগিয়ে বিজ্ঞানীগণ, কৌলিক কোড শব্দসমূহ আবিষ্কার করতে সক্ষম হন।

তিনি তার কাজের স্বীকৃতিস্বরূপ ১৯৫৯ সালে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন। ১৯৮৫ সালে তিনি তার মাতৃভূমিতে ফিরে যান এবং মাদ্রিদ বিশ্ববিদ্যালয়ে অধ্যাপনায় যোগদান করেন।

মার্শাল নিরেনবার্গ
Marshall Nirenberg
জন্ম : ১০/০৪/১৯২৭ ;
নিউইয়র্ক শহর
যুক্তরাষ্ট্র।

মার্শাল নিরেনবার্গ নিউইয়র্কে প্রাথমিক শিক্ষা শেষে ফ্লোরিডা বিশ্ববিদ্যালয়ে ভর্তি হন। সেখান থেকে ১৯৪৮ সালে তিনি এম. এসসি. ডিগ্রি লাভ করেন।

তিনি সেখানে কিছু পতঙ্গের প্রতিবেশ ও শ্রেণিবিন্যাস বিষয়ে গবেষণা করেন। এরপর তিনি মিসিগান বিশ্ববিদ্যালয়ে উচ্চতর গবেষণা কাজে যোগদান করেন। টিউমার কোষে কি উপায়ে শর্করা পৌঁছে বা স্থানান্তর ঘটে তার উপর গবেষণা করে ১৯৫৭ সালে তিনি পি-এইচ.ডি. ডিগ্রি অর্জন করেন। এরপর তিনি ওয়াশিংটনস্থ National Institute of Health (NIH) ল্যাবরেটরিতে যোগদান করেন।

নিরেনবার্গ NIH-এ এসে বেশকিছু দুরূহ কাজে হাত দেন। কৃত্রিম পরিবেশে *E. coli* কোষ উপাদানে যখন mRNA অণু দেয়া হয় তখন তিনি পর্যবেক্ষণ করেন যে, সেখানে mRNA অণু প্রোটিন সংশ্লেষণ করতে পারে।

বিভিন্ন পরীক্ষা-নিরীক্ষা শেষে ১৯৬১ সালে তিনি প্রথম একটি কৌলিক কোডনের আবিষ্কার ঘোষণা করেন। এই আবিষ্কারের বিষয়টি জেনে ক্রিক ও তার সহযোগী বিজ্ঞানীগণ বেশ চমৎকৃত হন। কেননা এ সময়ে তারাও এরূপ একটি গবেষণা কাজের ফলাফল পেতে খুবই আশান্বিত ছিলেন।

এরপর আরও অনেক বিজ্ঞানী কৌলিক কোড উদ্ধারে মনোনিবেশ করলেও নিরেনবার্গ সকলের কেন্দ্রবিন্দু হিসেবে কাজ করেন এবং ১৯৬৬ সালে তা সম্পন্ন করতে সক্ষম হন। তিনি তার কাজের স্বীকৃতিস্বরূপ ১৯৬৮ সালে R. Holley এবং H.G. Khorana এর সাথে যৌথভাবে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন।

Nirenberg যখন কোষমুক্ত পরিবেশে poly (U) শৃঙ্খল নিয়ে তার সাথে প্রোটিন সংশ্লেষণের প্রয়োজনীয় সব প্রকরণের, সম পরিমাণ, অ্যামিনো এসিড দেন তখন একমাত্র ফিনাইল অ্যালানিন (Phe) নামক অ্যামিনো এসিডবিশিষ্ট প্রোটিনের সৃষ্টি হয়। এ থেকে হয় যে ৫'– UUUUUU - ৩' বিশিষ্ট mRNA অণুসূত্রের ট্রিপলেট কোড কেবল 'Phe' কে সনাক্ত করে। তখন UUU ট্রিপলেট কোডটি প্রথম আবিষ্কৃত কোড হিসেবে চিহ্নিত হয়। এরপর Nirenberg ও তার সহযোগীগণ poly (A), poly (C) বিশিষ্ট RNA সংশ্লেষণের পর অনুরূপ পরীক্ষা করে পর্যবেক্ষণ করলেন যে, A-বিশিষ্ট হোমোপলিমার কেবল লাইসিন এবং C-বিশিষ্ট হোমোপলিমার কেবল প্রোলিনবিশিষ্ট একদেশীয় প্রোটিন সংশ্লেষণ করতে পারে।

হোমোপলিমারবিশিষ্ট RNA অণুর কৌলিক সংকেত শব্দ রহস্য উদ্ঘাটনে প্রাথমিক সাফল্য এনে দেবার পর দৈবায়িত হেটারোপলিমারবিশিষ্ট RNA–এর সাহায্যে প্রোটিন সংশ্লেষণ শুরু করেন। কিন্তু হোমোপলিমারের ন্যায় হেটারোপলিমার শৃঙ্খলে ক্ষারক অনুক্রম সহজে জানার উপায় ছিলো না বলে বিজ্ঞানীরা এক্ষেত্রেও সংখ্যাতাত্ত্বিক বিশ্লেষণ করে তার ফলাফল নির্ণয় করেন। যেমন– কেবল AMP এবং CMP এর সমন্বয়ে যখন একটি হেটারোপলিমার সৃষ্টি হবে তখন সেখানে মোট ৮ প্রকার সাংকেতিক শব্দের সৃষ্টি হবে (AAA, AAC, ACA, CAA, ACC, CCA, CAC, CCC)। এরূপ একটি হেটারোপলিমারবিশিষ্ট RNA অণু যখন প্রোটিন সংশ্লেষণ করে তখন সেখানে কেবল Pro, His, Thr, Asp, Glu ও Lys নামক এই ছয় প্রকার অ্যামিনো এসিডের বিভিন্ন অনুপাতবিশিষ্ট পলিপেপটাইড পাওয়া যায়। এই পরীক্ষার মাধ্যমে ৬ প্রকার অ্যামিনো এসিডের জন্য মোট ৮ প্রকার কোডের সন্ধান পাওয়া সম্ভব হয়। কিন্তু উক্ত পরীক্ষার মধ্যে একটি সমস্যা দেখা দেয়। সেখানে কোন কোডটি কোন অ্যামিনো এসিডের জন্য ব্যবহৃত হয়েছে তা নির্দেশ করে না।

তখন এর সমাধান খুঁজতে গিয়ে একটি পরিসংখ্যানের সাহায্য নেয়া হয়। এই ক্ষেত্রে RNA সংশ্লেষণের সময় যদি (C) ও (A) এর অনুপাত ৫:১ হয় তবে CCC কোডের সম্ভাব্য অনুপাত AAA কোডের চেয়ে অধিক হবে। এই উপায়ে যদি ৮টি কোডনের পুনঃপৌনিক হার এবং পেপটাইডস্থ অ্যামিনো এসিড প্রকরণের সংখ্যা ও পরিমাণ নির্ণয় করা যায় তবে তার নির্দিষ্ট কোডসমূহ বের করা সম্ভব। এই সম্ভাব্য চিন্তা থেকে যে পরীক্ষাগুলো সম্পন্ন করা হয় তার ফলাফল একটি সারণিতে বিন্যাস করা হয় (সারণি ৫.২)। কিন্তু সুনির্দিষ্ট কোড নির্ণয়ে দৈবায়িত হেটারোপলিমার পদ্ধতি কিছুটা দ্বিধা–দ্বন্দের মধ্যে ফেলে রাখে। বিশেষ বিশেষ অবস্থায় একটির পরিবর্তে অন্য কোড হতে পারে এরূপ একটি দ্বন্দের মধ্যে থাকার কারণে বিজ্ঞানীগণ একটি নিশ্চিত পরীক্ষা পদ্ধতির সন্ধান করতে থাকেন। এ ব্যাপারে উইসকনসিন বিশ্ববিদ্যালয়ের বিজ্ঞানী Hara Gobind Khorana (১৯৬০–৬৪) পর্যায়ক্রমিক হেটারোপলিমার (ordered heteropolymer) পদ্ধতি নিয়ে পরীক্ষা করেন। তিনি মনোনিউক্লিওটাইডের পরিবর্তে দ্বিনিউক্লিওটাইড

AC (এভাবে $\underset{১}{\underline{ACA}}\ \underset{২}{\underline{CAC}}\ \underset{৩}{\underline{ACA}}$ ...ইত্যাদি) এবং পরে ত্রিনিউক্লিওটাইড UGU (এভাবে

$\underset{১}{\underline{UGU}}\ \underset{২}{\underline{UGU}}\ \underset{৩}{\underline{UGU}}\ \underset{৪}{\underline{UGU}}$ ... ইত্যাদি) নিয়ে পরীক্ষা শুরু করেন। এই পদ্ধতিতে যে সব কোডনের সৃষ্টি হবে তা অনেকটা সুনির্দিষ্ট উপায়ে সৃষ্টি হয় যা পূর্ব থেকে জানা থাকে (চিত্র ৫.৩)। এই উপায়ে সন্দেহাতীতভাবে অনেকগুলো জটিল কোড রহস্য খুব সহজেই জানা সম্ভব হয়েছে। উপরোক্ত বিভিন্ন উপায়ে পরীক্ষা করে, অক্লান্ত মেধা ও পরিশ্রমের মাধ্যমে

RAJDOC

সারণি ৫.২ : দৈব random হেটারোপলিমারের (C+A ; 5 :1) ব্যবহার ও প্রাপ্ত ফলাফল

ক. দৈব হেপারোপলিমারের মধ্যে রয়েছে ৫টি C এবং ১টি A :

একটি ট্রিপলেট কোডে C এর সম্ভাবনা হচ্ছে	$\frac{৫}{৬}$
একটি ট্রিপলেট কোডে A এর সম্ভাবনা হচ্ছে	$\frac{১}{৬}$
<u>সম্ভাব্য ট্রিপলেটসমূহ</u>	<u>সম্ভাবনা</u>
CCC	$(৫/৬)^৩$ = ৫৭.৯%
CCA, CAC, ACC	$(১/৬)(৫/৬)^৩$ = ১১.৬%
CAA, ACA, AAC	$(১/৬)^২(৫/৬)$ = ২.৩%
AAA	$(১/৬)^৩$ = ০.৪%

খ. কোষমুক্ত পরিবেশে প্রোটিন সংশ্লেষণের ফলাফল

অ্যামিনো এসিডসমূহ	পলিপেপটাইডে অনুপাত	ব্যাখ্যা
প্রোলিন	৬৯%	CCA+ অন্য যে কোনো একটি কোড– CCA, CAC, ACC
থ্রিওনাইন	১৪%	যে কোনো একটি কোড – CCA, CAC, ACC + যে কোনো একটি কোড CAA, ACA, AAC
হিস্টিডিন	১২%	যে কোনো একটি কোড – CCA, CAC, ACC
অ্যাসপেরাজিন	২%	যে কোনো একটি কোড CAA, ACA, AAC
গ্লুটামিন	২%	যে কোনো একটি কোড – CAA, ACA, AAC
লাইসিন	১%	কেবল ACA

(ক) Random Heteropolymer এর চরিত্র :

Poly (A) ও Poly (C) এর random heteropolymer.

এখানে triplet code সুনির্দিষ্ট নয় এবং মোট ৮ প্রকার code এর সৃষ্টি হবে)

ACC AAC CCA ACA CCA AAA CCC CAC ACC CCC

(খ) Ordered Heteropolymer এর চরিত্র:

Poly (AC) heteropolymer.

এখানে triplet code সুনির্দিষ্ট এবং মাত্র দুই প্রকার code এর সৃষ্টি হবে)

১ ২ ১ ২

ACA CAC ACA CAC ACA CAC ACA CAC ACA C AC

১ ২ ১ ২ ১ ২

চিত্র ৫.৩ : দৈব ও পর্যায়ক্রমিক হেটারোপলিমার অনিশ্চিত ও নিশ্চিত কোডসমূহ সৃষ্টির প্রকৃতি।

Nirenberg, Matheae, Ochoa, Khorana, Leder প্রমুখ বিজ্ঞানীগণ ১৯৬৬ সালের মধ্যে সব কৌলিক সংকেত শব্দ (৬৪টি) আবিষ্কার করে আণবিক জীববিজ্ঞান তথা জীবন রহস্য উন্মোচনে এক যুগান্তকারী অধ্যায়ের পরিসমাপ্তি ঘটিয়ে নব দিগন্তের সূচনা করেন।

হরগোবিন্দ খোরানা
Hara Gobind Khorana
জন্ম : ০৯/০১/১৯২২ ;
রাইপুর, পাঞ্জাব
পাকিস্তান

হরগোবিন্দ খোরানা তাঁর প্রথম জীবনের লেখাপড়া পাঞ্জাবে সম্পন্ন করেন। তিনি পাঞ্জাব বিশ্ববিদ্যালয় থেকে এম. এসসি. ডিগ্রি লাভ করে যুক্তরাজ্যের লিভারপুল বিশ্ববিদ্যালয়ে উচ্চতর গবেষণায় যোগদান করেন। সেখানে থেকে তিনি ১৯৪৯ সালে পি–এইচ. ডি. ডিগ্রি লাভ করেন। ইতোপূর্বে তিনি কখনও নিউক্লিক এসিড নিয়ে গবেষণা করেননি।

তিনি ১৯৫০ সালে যখন ক্যাম্ব্রিজে স্যার আলেকজান্ডার টুড–এর ল্যাবরেটরিতে যোগদান করেন তখনই কেবল নিউক্লিক এসিড নিয়ে গবেষণা শুরু করেন।

ক্যাম্ব্রিজে গবেষণা শেষে ১৯৬০ সনে খোরানা যুক্তরাষ্ট্রে পাড়ি জমান। সেখানে তিনি উইস্‌কনসিন বিশ্ববিদ্যালয়ে যোগদান করেন। উইস্‌কনসিন বিশ্ববিদ্যালয়ে গিয়ে তিনি পুনরায় নিউক্লিক এসিড নিয়ে গবেষণা শুরু করেন। সেখানে তিনি প্রথমে ত্রিপদী RNA অণু সৃষ্টির কৌশল আবিষ্কার করেন।

এর মাধ্যমে কৃত্রিম উপায়ে পূর্ব নির্ধারিত বা ইচ্ছানুযায়ী অনুক্রমবিশিষ্ট বৃহৎ RNA অণু সৃষ্টি করা সম্ভব হয়ে উঠে। এই কৃত্রিম অণু দিয়ে কৌলিক কোডের বেশকিছু অর্থ আবিষ্কার সম্ভব হয়েছে। এরপর তিনি হাত দেন বৃহৎ DNA অণু সৃষ্টি কৌশলে।

এই ধারায় তিনি কৃত্রিম জিন সংশ্লেষণ কৌশলও আবিষ্কার করেন। এরপর তিনি ১৯৭১ সালে উইস্‌কনসিন ছেড়ে Marsachusetts Institute of Techology তে যোগদান করেন। কৌলিক কোডসমূহ আবিষ্কারে তাঁর অবদানের জন্য ১৯৬৮ সালে M. Nirenberg ও R. Holley-এর সাথে বিজ্ঞানী হরখোবিন্দ খোরানা যৌথভাবে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

৫.১.৩. কৌলিক সংকেতের বৈশিষ্ট্য (Features of genetic code) : বিজ্ঞানী Crick ১৯৬৮ সালে সর্বমোট ৬৪টি ট্রিপলেট কোডের অর্থ (অ্যামিনো এসিডে) নিরূপণ করে একটি অভিধানিক সারণি তৈরি করেন (সারণি ৫.৩)। এটি Dictionary of Genetic Code বলে সুপরিচিত।

যদিও ১৯৬৬ সনের মধ্যে অধিকাংশ কাজ Nirenberg ও Khorana তাদের গবেষণাগারে সম্পন্ন করেন (যার জন্য R. Holley-এর সাথে যৌথভাবে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন) তবু উক্ত কাজ আরও অনেক সহযোগী বিজ্ঞানীদের পরিশ্রমের ফলে সম্ভব হয়েছে।

সারণি ৫.৩ : আদর্শ কৌলিক সংকেতের অভিধান (mRNA অণুতে)

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

৫′ .... অনুক্রম পাঠ .... ৩′

কোডসমূহের চারটি গুরুত্বপূর্ণ বৈশিষ্ট্য রয়েছে, যেমন—

১। সংকেত বা কোষগুলো সমার্থযুক্ত (The code is redundant or degenerate)

কৌলিক সংকেতের অভিধানিক সারণিটি বিশ্লেষণ করলে দেখা যাবে যে অ্যামিনো এসিডের প্রকরণ অনুযায়ী কোডকে মোট পাঁচটি শ্রেণিতে বিভক্ত করা যায় –

- মিথিওনাইন ও ট্রিপটোফান অ্যামিনো এসিডের জন্য মাত্র একটি করে কোড রয়েছে ;
- সিস্টিন, হিস্টিডিন, টাইরোসিন, ফিনাইলঅ্যালানিন, অ্যাসপ্যারাজিন, গ্লুটামিন, অ্যাসপারটিক এসিড, লাইসিন, গ্লুটামিক এসিড এই নয়টি অ্যামিনো অসিডের জন্য দুটি করে কোড রয়েছে ;
- আইসোলিউসিনের জন্য তিনটি কোড রয়েছে ;
- ভ্যালিন, প্রোলিন, থ্রিওনাইন, অ্যালানিন, গ্লাইসিন এই পাঁচটি অ্যামিনো এসিডের জন্য চারটি করে এবং
- আরজিনিন, সেরিন ও লিউসিন এই তিনটি অ্যামিনো এসিডের জন্য মোট ছয়টি করে কোড রয়েছে।

উপরোক্ত শ্রেণির কোডগুলোর সমষ্টি অর্থবোধক ৬১টি কোড মোট ২০টি অ্যামিনো এসিডকে অনুবাদকরণের মাধ্যমে প্রোটিনে রূপান্তর করে থাকে। এসব কোডগুলোকে অর্থপূর্ণ সংকেত (sense codon) বলে। একটু লক্ষ্য করলে দেখা যাবে যে, মিথিওনিন ও ট্রিপটোফ্যান ছাড়া সব অ্যামিনো এসিডের একাধিক কোড রয়েছে।

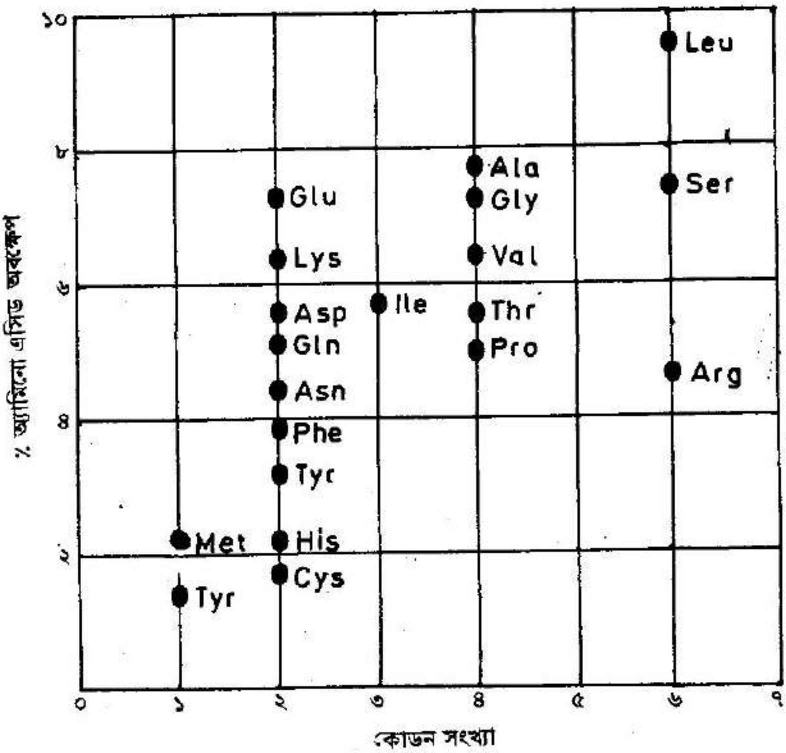
অর্থাৎ একটি আর একটির পরিবর্তে কোড হিসেবে ব্যবহৃত হয়। এই ধরনের এক বা একাধিক পরিবর্তিত কোড থাকার কারণে কোডকে অবক্ষয়তা (degeneracy) বলে। লক্ষ্য করলে দেখা যাবে, পরিবর্তিত কোডের তৃতীয় ক্ষারকটি অনেকটা মূল্যহীন। যেমন— ভ্যালিন এবং প্রোলিনের পরিবর্তিত কোড রয়েছে চারটি করে।

এদের প্রথম দুটি ক্ষারক একই প্রকৃতির। একমাত্র তৃতীয় স্থানে অবস্থিত ক্ষারকের কারণে পরিবর্তিত কোডের সৃষ্টি হয়েছে। কখনও কখনও কেবল তৃতীয় ক্ষারকের চরিত্রে পিউরিন বা পিরিমিডিন (Phe. Leu) বৈশিষ্ট্য ফুটে উঠে ।

সুতরাং দেখা যাচ্ছে অধিকাংশ ক্ষেত্রে তৃতীয় স্থানে অবস্থিত ক্ষারকের কারণে কোডসমূহ সমার্থযুক্ত চরিত্র দেখিয়ে থাকে। শুধু Phe ও Met এর কোডন দুটি অ–অবক্ষয় (non-degenration) কোড প্রকৃতির। কোষে পরিব্যক্তির প্রভাবের হাত থেকে রক্ষা করার জন্য অবক্ষয়িত কোডের বিশেষ ভূমিকা রয়েছে।

প্রথম দিকে ধারণা করা হয়েছিলো যে প্রোটিনের অন্তর্গত কোনো একটি অ্যামিনো এসিডের সংখ্যা তার কোড সংখ্যার সাথে সম্পর্কযুক্ত। অর্থাৎ যে অ্যামিনো এসিডের যতো সংখ্যা রয়েছে mRNA অণুতে তার কোড সংখ্যাও সমানুপাতিক হারে থাকে।

এর ফলে যে কোডের সংখ্যানুপাতে অ্যামিনো এসিডের সংখ্যাও একই হারে সজ্জিত হবে। কিন্তু এই ধারণাটি শীঘ্রই ভুল প্রমাণিত হয়। *E. coli* এর বিভিন্ন প্রোটিন বিশ্লেষণ করে দেখা গেছে, কোনো কোনো অ্যামিনো এসিডের কোডন সংখ্যা অধিক থাকলেও প্রোটিনের সে অনুপাতে কখনও পাওয়া যায়নি। কারণ DNA অণুতেও সেরূপ প্রতিফলিত হয় না (চিত্র ৫.৪)।



চিত্র ৫.৪ : কোডনের সংখ্যানুপাতে প্রোটিনে অ্যামিনো এসিডের সমানুপাত দেখা যায় না, যা ছকে নির্দেশ করে।

২। কোডে বিরাম চিহ্নবিশিষ্ট কোডন রয়েছে (The code contains punctuation codon)

অর্থবোধক (sense) কোডন ছাড়া আও এক প্রকার কোডন রয়েছে যেগুলো কোনো অ্যামিনো এসিডকে নির্দেশ করে না। Sydney Brenner ও তার সহকর্মীগণ ল্যাবরেটরির কৌতুক হিসেবে তিনটি কোডনকে চিহ্নিত করে নামকরণ করেছেন। তাঁরা UAG কে amber, UAA কে ochre এবং UGA কে opal নামে নামকরণ করেন। যেহেতু এই তিনটি কোড কোনো অ্যামিনো এসিডকে অর্থকরণ করে না সেহেতু এই কোডনগুলোকে অর্থহীন (non-sense) কোডনও বলা হয়। কিন্তু বিজ্ঞানীগণ বর্তমানে ধারণা দেন যে, এই কোডগুলো মোটেই অর্থহীন নয়। কারণ কোনো একটি প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় সেটি কোথায় শেষ হবে তা চিহ্নিতকরণের সময় UAA, UGA বা UAG কোডসমূহের যে, কোনো একটি বিরাম চিহ্ন হিসেবে কাজ করে থাকে। তাই এদেরকে বর্তমানে অর্থহীন কোডন না বলে বিরতি (stop) বা সমাপ্তিকরণ (termination) কোডন বলে অবিহিত করা হয়।

প্রোক্যারিওটে AUG কোডনটি প্রায় সব জিনের প্রারম্ভিক কোড হিসেবে চিহ্নিত করা হয়েছে। এই কোডনটির সাহায্যে প্রোটিন সংশ্লেষণের সূত্রপাত হয়। এই কারণে AUG কে সূচনাকরণ কোডন বলা হয়ে থাকে। তবে এ ক্ষেত্রে মেথিওনিনের পরিবর্তিত রূপ N-formyl methionine

ইনিসে ব্যবহৃত হয়। এখানে মনে রাখা দরকার যে, জিনের মাঝে কোথাও AUG থাকলে তখন তার তাকে সূচনাকরণ কোডন বলা যাবে না। সেক্ষেত্রে কোডন নিয়মানুসারে কেবল সাধারণ মিথিওনিনকে নির্দেশ করে। এখানে আরও উল্লেখ্য যে, কোনো একটি জিনের কৌলিক সংকেতে শুরু ও শেষ পর্যন্ত ট্রিপলেট কোডসমূহ কোনোরূপ বিরতি ছাড়া অনুক্রমগুলো সম্মুখে অগ্রসর হয়ে এক সময়ে শেষ হয়েছে। এর মাঝে কোথাও কোনো বিবেধ্য বা পরিসর সৃষ্টিকারী (sapcer) নেই। অর্থাৎ কোনোরূপ 'কমা' (,), 'কোলন' (:) বা 'ড্যাস' (—) ইত্যাদি বিরামচিহ্ন (punctuation) নেই। বিরামচিহ্ন বলতে এখানে শুধু বিরতি (stop) সংকেতকে বোঝানো হয়েছে।

• কোড সর্বজনীন (The code is universal)

যখন কৌলিক শব্দ সংকেতের আবিষ্কার সম্পন্ন হয় তখন মনে করা হয়েছিলো যে, ৬৪টি কোড, বৈশিষ্ট অভিধানটি জীবজগতের জন্য সর্বজনীনভাবে প্রযোজ্য। সব জীবে তার কৌলিক উপাদান যখন শব্দ সংকেতে ব্যক্ত করে তখন একই নিয়মে তার অর্থ বুঝিয়ে থাকে। পরোক্ষভাবে বিভিন্ন জীবের একই চরিত্রের প্রোটিন নিয়ে তার অ্যামিনো এসিড অনুক্রম পরীক্ষা করে দেখা গেছে যে, তা সবসময় প্রায় একই রকম দেখায়। যেমন– মটরশুঁটি ও মানুষের H_3 ও H_4 প্রোটিনের অনুক্রম বিশ্লেষণ করে দেখা গেছে, সেখানে যথাক্রমে মোট ১০২ ও ১০৮টি অ্যামিনো এসিড রয়েছে যার মধ্যে মাত্র ছয়টি অ্যামিনো এসিডের পার্থক্য রয়েছে। এ থেকে প্রমাণিত হয় যে সব জীবে একই প্রকার জিনের কোড একই উপায়ে প্রোটিনে অর্থকরণ করে থাকে। এইভাবে কোডের সর্বজনীন ও স্বতঃসিদ্ধ প্রকৃতি স্বীকৃত হয়।

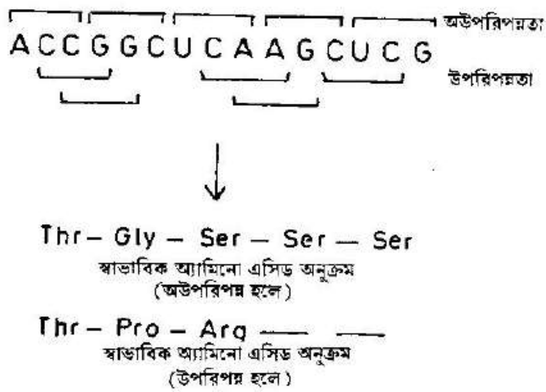
কিন্তু ১৯৭৯ সালে ক্যাম্ব্রিজ বিশ্ববিদ্যালয়ের বিজ্ঞানী F.Sanger ও তার সহকর্মীগণ মানুষের মাইটোকন্ড্রিয়ার কৌলিক শব্দ সংকেতের কিছু ভিন্ন চরিত্র আবিষ্কার করেন। অন্যান্য জীবের মাইটোকন্ড্রিয়ার জিনোমেও একইরকম বৈচিত্র্য চিহ্নিত করা হয়েছে। এরপর *Tetrahynema* ও *Paramacium* (Fox, ১৯৮৫) এর কেন্দ্রিকার জিনোমের কোডের মধ্যেও কিছু কিছু ব্যতিক্রম লক্ষ্য করা গেছে (সারণি ৫.৪)। এসব নব আবিষ্কারের মাধ্যমে যদিও কোডের সর্বজনীন বৈশিষ্ট্যের ব্যাঘাত ঘটেছে তবুও প্রচলিত অভিধানটি এখনও সুপ্রতিষ্ঠিত কৌলিক সংকেত হিসেবে স্বীকৃত।

সারণি ৫.৪ : এ পর্যন্ত প্রাপ্ত অনিয়মিত কোডন ও তার অর্থ

কোডন	অর্থ		কৌলিক পদ্ধতির উপস্থিতি
	প্রচলিত	অপ্রচলিত	
UGA	'stop'	Try	Mycoplasma ও mamalian মাইটোকন্ড্রিয়া।
UAA	'stop'	Gln	*Tetrahynema* ও *Paramacium*-এর কেন্দ্রিকার প্রধান জিনোম।
UAG	'stop'	Gln	*Paramacium*–এর কেন্দ্রিকা।
AGA	Arg	Ser	Fruit fly-এর মাইটোকন্ড্রিয়া।
AGA.AGG	Arg	'stop'	*Mamalian* মাইটোকন্ড্রিয়া।
AUU	Ile	Met	*Mamalion* মাইটোকন্ড্রিয়া।
CUN	Thr	Leu	ইস্টের মাইটোকন্ড্রিয়া।
CGG	Arg	Trp	ভুট্টার মাইটোকন্ড্রিয়া।

৪। কৌলিক সংকেত অ-উপরিপন্ন (The code is non-overlapping)

ট্রিপলেট কোড আবিষ্কারের পর ধারণা করা হয়েছিলো যে, যেহেতু কোডের মাঝে কোনো পরিসর সৃষ্টিকারী অংশ দিয়ে বিবেধ্য নেই সেহেতু কোডগুলো হয়তো উপরিপন্নভাবে থাকতে পারে। কিন্তু শীঘ্রই এই ধারণাটির পরিবর্তন ঘটে। কারণ উপরিপন্ন কোড থাকলে mRNA অণুসূত্রের ট্রিপলেটের সংখ্যানুপাতে হতো না। তাছাড়া উপরিপন্ন থাকলে কোনো একটি নিউক্লিওটাইডের পরিব্যক্তি ঘটলে তখন অ্যামিনো এসিডের অনুক্রমেও একাধিক পরিবর্তন সাধিত হতো। উপরিপন্ন কোড হলে একই পাঠ-কাঠামো থেকে কখনও একই রকম প্রোটিন সংশ্লেষণ হতো না। দেখা গেছে, একই কোডবিশিষ্ট mRNA সব সময় একই এমিনো এসিড অনুক্রমের প্রোটিন সৃষ্টি করে থাকে। তাই এখন নিশ্চিত যে, কৌলিক শব্দ সংকেতগুলোর অনুক্রম অ-উপরিপন্ন উপায়ে সজ্জিত (চিত্র ৫.৫)।



চিত্র ৫.৫ : কৌলিক সংকেত এর উপরিপন্নতা ও অ-উপরিপন্নতার নিয়ম।

৫.২. DNA অণুর অর্থকরণ প্রক্রিয়া (Mechanism of translation of DNA molecule)

জিন তথা DNA বাক্তকরণের দ্বিতীয় অধ্যায় mRNA অণু যখন প্রোটিন অণুতে অর্থকরণ করে তখন কৌলিক সংকেত ব্যবহার করে প্রোটিন সংশ্লেষণ করে। mRNA অণুর মাধ্যমে প্রোটিনে অর্থকরণ এক জটিল জৈব প্রক্রিয়ার মাধ্যমে সম্পন্ন হয়। প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় কোষের অনেক উপাদান একত্রিত হয়ে এক সমন্বিত মাধ্যমে অর্থকরণ সম্পন্ন করে। এই সময়ে tRNA, রাইবোজোম, mRNA, বিভিন্ন প্রকৃতির এনজাইম ও প্রোটিন ফ্যাক্টর প্রয়োজনীয় উপাদান হিসেবে ব্যবহৃত হয়। সামগ্রিকভাবে জিনের অর্থকরণ পদ্ধতি প্রায় সব জীবে একই উপায়ে সম্পন্ন হয়।

অর্থকরণের বিভিন্ন প্রক্রিয়ার অধিকাংশ *E. coli* কোষের উপর গবেষণা করে জানা সম্ভব হয়েছে। *E. coli*-এর অর্থকরণ প্রক্রিয়া সব প্রোক্যারিওটজাতীয় কোষের জন্য প্রযোজ্য। অন্যদিকে ইউক্যারিওটজাতীয় কোষের অর্থকরণ প্রক্রিয়ায় বেশকিছু ভিন্নতা পরিলক্ষিত হয়। তাছাড়া ইউক্যারিওটিক কোষের অভ্যন্তরে যে ক্লোরোপ্লাস্ট ও মাইটোকন্ড্রিয়া রয়েছে সেখানে তাদের নিজস্ব জিনোম রয়েছে যা স্বাধীন উপায়ে প্রোটিন সংশ্লেষণ করে থাকে। কিন্তু লক্ষণীয় যে, মাইটোকন্ড্রিয়া ও ক্লোরোপ্লাস্টের প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া অনেকটা প্রোক্যারিওটের মতো। এ

[illegible] অনুমান করা হয় যে, এই দুটি অঙ্গাণু আসলে এক প্রকার প্রোক্যারিওটজাতীয় জীবাণু যা [illegible] কোনো এক সময়ে ইউক্যারিওট জীবে প্রবেশ করে ও আন্তঃমিথোজীবী [illegible] নিয়মে এক সহ-অবস্থান সৃষ্টি করে নবজীবনের সূত্রপাত করে।

২.২.১. অর্থকরণে tRNA এর ভূমিকা (The role of tRNA in translation) : ট্রান্সফার RNA (tRNA) অর্থকরণের এক বিশেষ উপাদান হিসেবে চিহ্নিত। mRNA অণুতে সজ্জিত [illegible] সংকেত যখন প্রোটিনে অর্থকরণ করে তখন tRNA প্রতিযোজক (adaptor) অণু হিসেবে কাজ করে। একটি tRNA কেবল একটি অ্যামিনো এসিডকে নির্দিষ্ট করে অর্থকরণে বিশেষ ভূমিকা পালন করে থাকে। প্রত্যেকটি প্রোটিনের মধ্যে ২০ প্রকার অ্যামিনো এসিড রয়েছে। সুতরাং এটি সহজে ধরে নেয়া যায় যে, কোষে কমপক্ষে ২০ প্রকার tRNA রয়েছে (প্রকৃতপক্ষে ৩১ থেকে ৩২ প্রকরণ)। mRNA অণু যখন অর্থকরণ করে তখন তার কোডনের ক্ষারকগুলো tRNA অণুতে অবস্থিত এন্টিকোডনের ক্ষারকগুলোর মধ্যে জোড় বেঁধে নির্দিষ্ট tRNA-এর মাধ্যমে অ্যামিনো এসিডের প্রকরণকে সুনির্দিষ্ট করে।

২.২.২. tRNA অণুর অ্যামিনো অ্যাসিলেশন (Aminoacylation of tRNA) : নির্দিষ্ট tRNA'-কে একটি নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডের সাথে সংযুক্ত হওয়াকে অ্যামিনো অ্যাসিলেশন বা চার্জিং (charging) বলে। tRNA অণুর গ্রাহী বাহুর প্রান্তে সহযোজী অনুক্রম, – ৫' – CCA – ৩', এর সাথে একটি অ্যামিনো সহযোজনী (covalent) এসিড বন্ধনের সাহায্যে যুক্ত হয়। সব tRNA অণুর গ্রাহী অনুক্রম একই প্রকৃতি হয়ে থাকে।

tRNA-এর অ্যামিনো অ্যাসিলেশন প্রক্রিয়া অ্যামিনো অ্যামাইন-tRNA সিনথেটেজ নামক এনজাইমের সাহায্যে সংগঠিত হয়। প্রোটিনের ২০ প্রকার অ্যামিনো এসিডের জন্য কমপক্ষে ২০ প্রকার অ্যামিনোঅ্যাসাইল -tRNA সিনথেটেজ রয়েছে। অ্যামিনো এসিডের নামানুসারে সিনথেটেজের নামকরণ হয়। যেমন— অ্যালানিনের জন্য অ্যালানাইল - tRNA সিনথেটেজ ; আরজিনিনের জন্য আরজিনাইল-tRNA সিনথেটেজ এবং অ্যাসপেরাজিনের জন্য অ্যাসপারানাইল-tRNA সিনথেটেজ ইত্যাদি, অংশগ্রহণ করে থাকে। সুতরাং দেখা যাচ্ছে, প্রত্যেকটি অ্যামিনো-অ্যাসাইল-tRNA সিনথেটেজকে দুটি কাজ সম্পন্ন করতে হয়—

১. সঠিক tRNA এর জন্য সঠিক অ্যামিনো এসিডকে বাছাই করা এবং
২. নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডের জন্য সঠিক tRNA অণুকে সনাক্ত করা।

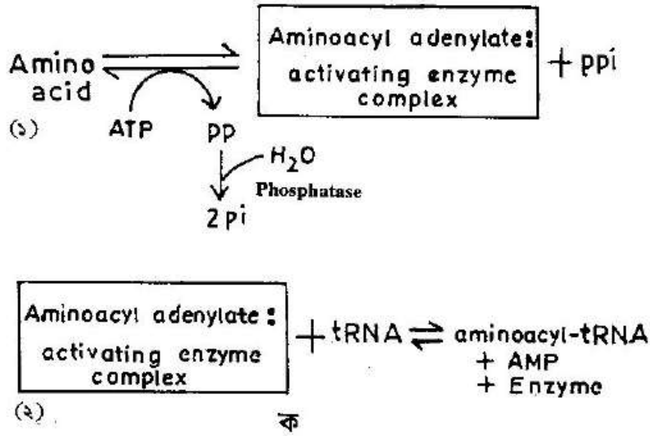
একটি সিনথেটেজের জন্য যে প্রজাতির tRNA প্রকরণসমূহ নির্দিষ্ট রয়েছে তাকে সমোদ্ভব (cognate) tRNA বলে এবং যে tRNA সমূহ একটি নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডের জন্য চিহ্নিত রয়েছে তাকে সমগ্রাহী (isoaccepting) tRNA বলা হয়।

যদিও বিভিন্ন প্রকার সিনথেটেজ বিভিন্ন প্রকার অ্যামিনো এসিডের সাথে বিক্রিয়া করে থাকে তবুও এর প্রভাবিত বিক্রিয়া একই উপায়ে ঘটে : tRNA'র সাথে অ্যামিনো এসিডের যুক্তকরণ দুটি ধাপে ঘটে থাকে :

১. সিনথেটেজ এর উপস্থিতিতে প্রথমে একটি অ্যামিনো এসিড একটি ATP-এর সাথে বিক্রিয়া ঘটায়। এর ফলে মধ্যবর্তী অ্যামিনো-অ্যাসাইল অ্যাডেনাইলেট (aminoacyl

adenylate) নামে একটি যৌগের সৃষ্টি হয়। অ্যামিনো এসিডের -COOH গ্রুপের সাথে ATP থেকে সৃষ্ট অ্যাডেনাইলিক এসিডের সাথে বন্ধন ঘটিয়ে এনজাইম অ্যামিনো-অ্যাসাইল -অ্যাডেনাইলেট যৌগের সৃষ্টি করে।

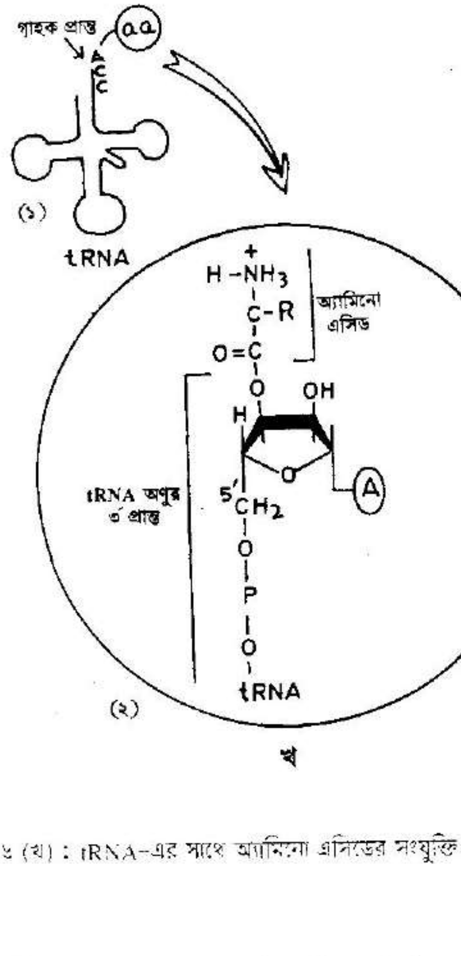
২. সৃষ্ট মধ্যবর্তী যৌগটি দ্বিতীয় ধাপে সুনির্দিষ্ট (code-anticodon) নিয়মানুসারে tRNA অণুর সাথে বিক্রিয়া ঘটিয়ে অ্যামিনো-অ্যাসাইল- tRNA উৎপন্ন হবার পর এনজাইম ও AMP মুক্ত হয়ে যায় (চিত্র ৫.৬)।



চিত্র ৫.৬ ক (১,২) : অ্যামিনো এসিডের সক্রিয়করণ-প্রক্রিয়াকরণ দুটি ধাপে সম্পন্ন হয়।

সিনথেটেজ এনজাইম যখন কোনো একটি অ্যামিনো এসিডকে সনাক্ত করে তখন তার বৈচিত্র্যপূর্ণ R-গ্রুপের উপর ভিত্তি করে তাকে নির্দিষ্ট করে। নির্দিষ্ট একটি অ্যামিনো এসিডের জন্য নির্দিষ্ট tRNA প্রকরণকে ঠিক কি উপায়ে চিহ্নিত করে তা এখনও পরিষ্কারভাবে জানা যায়নি। তবে মনে করা হয়, প্রকরণভিত্তিক tRNA অণুর ক্লোভার গাছের পাতার আকৃতির মধ্যে যেসব অপ্রচলিত নিউক্লিওটাইড রয়েছে তাকে সনাক্ত করে এনজাইম বিক্রিয়া ঘটায়।

বর্তমানে বিভিন্ন পরীক্ষা থেকে জানা গেছে যে tRNA-র অণু গঠনাকৃতি, বিশেষ করে বিভিন্ন প্রকৃতির লুপ ও তার ত্রৈতেয় গঠনাকৃতি বিশেষভাবে সাহায্য করে। DHU, গ্রাহী বাহু ও এন্টিকোডন লুপ এই তিনটি অংশ অ্যামিনো এসিডের ত্রৈতেয় আকৃতিতে একইদিকে মুখ করে থাকে যা এনজাইমের সাথে সংযুক্তি ঘটাতে অংশগ্রহণ করে থাকে। অ্যামিনো এসিড যখন tRNA অণুর ৩′ প্রান্তে অবস্থিত অ্যাডিনিন ক্ষারকের সাথে যুক্ত হয় তখন তার শর্করার ৩′-এর মুক্ত OH-এর সাথে -COOH গ্রুপের সাথে যুক্ত হয়।

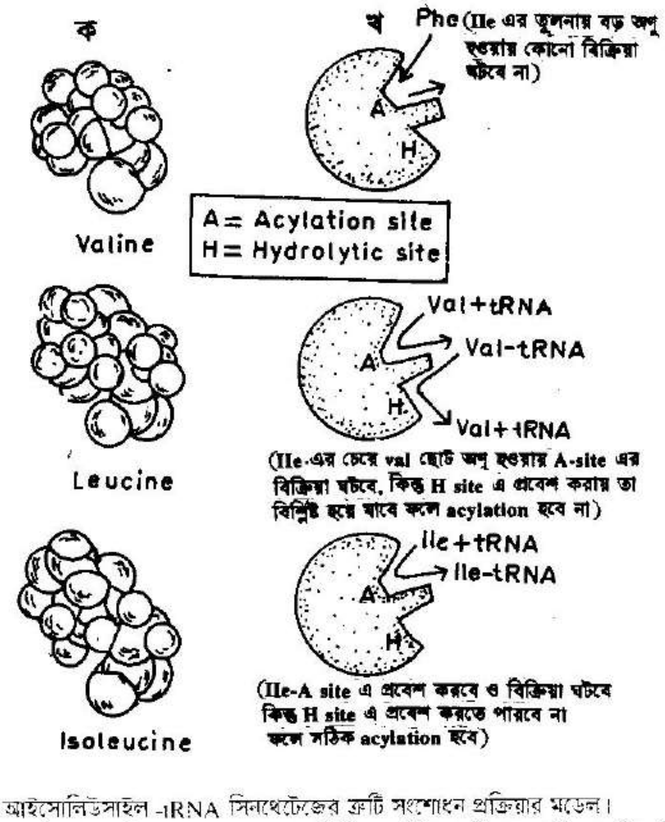


খ

চিত্র ৫.৬ (খ) : tRNA–এর সাথে অ্যামিনো এসিডের সংযুক্তি স্থানের রাসায়নিক চিত্র।

৫.২.৩. **অ্যামিনোঅ্যাসাইল-tRNA সিনথেটেজ কর্তৃক ত্রুটি সংশোধন :** অ্যামিনো-অ্যাসাইল-tRNA সিনথেটেজ তার নির্ধারিত বিক্রিয়া অ্যামিনো এসিডকে নির্বাচনের সময় ভুল করে বসলে ভুল সংশোধন করার ক্ষমতা প্রয়োগ করে। অনেক অ্যামিনো এসিড রয়েছে যাদের রাসায়নিক গঠন প্রকৃতি এক অপরের খুবই কাছাকাছি। সুতরাং সিনথেটেজ যখন কোনো অ্যামিনো এসিডকে বিক্রিয়ার জন্য বেছে নিচ্ছে তখন তা একবার পরখ করে নেয়। কারণ নির্বাচিত অ্যামিনো এসিডটিকে তার জন্য নির্দিষ্ট এন্টিকোডনবিশিষ্ট tRNA–এর সাথে যুক্ত করতে হবে। এখানে যে বিষয়টি অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ সেটি হলো নির্দিষ্ট tRNA অর্থকরণের বিষয়ের সাথে

বিশেষভাবে জড়িত। নির্দিষ্ট এন্টিকোডনবিশিষ্ট tRNA সঠিক উপায়ে নির্বাচিত করতে না পারলে ভুল অর্থকরণ হয়ে যেতে পারে। অতএব সিনথেটেজ সঠিক অ্যামিনো এসিড ও সঠিক tRNA একইসাথে শুধু বাছাই করে বিক্রিয়া সম্পন্ন করে তাই নয় ভুল হলে তাকে সংশোধন করার ক্ষমতাও রাখে। যেমন— আইসোলিউসাইল -tRNA সিনথেটেজ যখন– আইসোলিউসিনকে চিহ্নিত করবে তখন তাকে একই চরিত্রের অন্যান্য অ্যালিফ্যাটিক অ্যামিনো এসিড যেমন ভ্যালিনকে পার্থক্য করতে হবে। একই উপায়ে তাকে কাছাকাছি ওজনের বা আয়তনের আধানবিহীন (uncharged) পানিবিকর্ষী অ্যামিনো এসিডসমূহকে পার্থক্য করতে হবে। বিজ্ঞানীরা বলছেন যে, সিনথেটেজ এনজাইমের দুটি সক্রিয় অংশ রয়েছে যার মাধ্যমে দ্বৈত কাজ সম্পন্ন করে থাকে। উদাহরণ স্বরূপ এখানে—

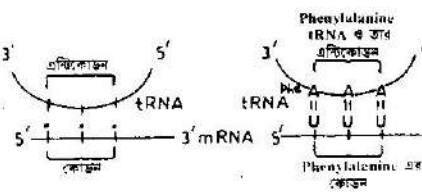


চিত্র ৫.৭ : আইসোলিউসাইল -tRNA সিনথেটেজের ত্রুটি সংশোধন প্রক্রিয়ার মডেল।
(ক) কিছু সমচরিত্র ও প্রায় সমআয়তনবিশিষ্ট অ্যামিনো এসিডের পরিসর সৃষ্টিকারী মডেল।
(খ) tRNA সিনথেটেজের স্থানসমূহ ও তার বিক্রিয়ার সংশোধন প্রক্রিয়া পদ্ধতির মডেল।

আইসোলিউসাইল -tRNA সিনথেটেজের ব্যাখ্যা করা হলো। এর দুটি সক্রিয়া অংশের মধ্যে একটি অ্যামিনো–অ্যাসাইল- tRNA সৃষ্টির জন্য বিক্রিয়া করে যা A (acylation)– অবস্থান বলে

এনজাইম এর কাছাকাছি অন্য অংশটি সৃষ্ট অ্যামিনো অ্যাসাইল-tRNAকে বিশ্লিষ্ট করে tRNA ও অ্যামিনো এসিডকে পরস্পর থেকে মুক্ত করে যা H (hydrolytic)-অবস্থান বলে পরিচিত। এনজাইমের A-অবস্থানে Ile–এর চেয়ে আকার আকৃতিতে বড় কোনো অ্যামিনো এসিড যুক্ত হতে পারবে না, ফলে কোনো বিক্রিয়াও ঘটবে না। কিন্তু Ile এর চেয়ে আকার আকৃতিতে ছোট Val ভুল করে প্রবেশ করে বিক্রিয়া ঘটে যেতে পারে। এই Valyle-tRNA সাথে সাথে তাকে H-অবস্থানে। H-অবস্থানে যদি Valকে প্রবেশ করাতে পারে তবে তা তৎক্ষণাৎ বিশ্লিষ্ট হয়ে যাবে। অপরদিকে এনজাইমের নির্দিষ্ট Ile যদি প্রবেশ করে তবে যে আইসোলিউসাইল -tRNA সৃষ্টি হবে তাকে H-অবস্থানে পাঠালে সক্রিয় অংশে প্রবেশ করতে পারবে না ফলে বিশ্লিষ্ট হবে না। এভাবে অ্যামিনো অ্যাসাইলেশনের কাজ নির্ভুলভাবে সম্পাদিত হয় (চিত্র ৫.৭)। হিসাব করে দেখা গেছে, যদি A-অবস্থানে ত্রুটির হার প্রতি ১০০টিতে একটি হয় তবে H-অবস্থানের সংশোধন প্রক্রিয়ার ফলে প্রতি ১০,০০০ টিতে মাত্র ১টি হবে।

৫.২.৪. **কোডন সনাক্তকরণ** (codon recognition) : একটি tRNA অণুর গ্রাহী অংশে যখন একটি অ্যামিনো এসিড যুক্ত হয় বা অ্যামিনো অ্যাসাইলেশন হয় তখন তা সক্রিয় বা ভারপ্রাপ্ত হয়। এই অ্যামিনো অ্যাসাইল tRNA তখন mRNA অণুর সঠিক কোডনকে সনাক্ত করে থাকে। tRNA অণুর এন্টিকোডন অংশে তিনটি ক্ষারক অনুক্রম রয়েছে। এই এন্টিকোডন অংশের কাজ হচ্ছে তার সঠিক কোডনাকে চিহ্নিত করে ক্ষারক জোড় বাঁধা। একটি কোডন একটি নির্দিষ্ট অ্যামিনো–অ্যাসাইল-tRNA–এর মাধ্যমে তার নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডে অর্থকরণ করে থাকে (চিত্র ৫.৮)।



চিত্র ৫.৮ : কোডন সনাক্তকরণ পদ্ধতি। (ক) কোডন ও এন্টিকোডনের মধ্যে ক্ষারক জোড় সৃষ্টি পদ্ধতি (খ) ফিনাইলঅ্যালানিনের কোডন ও তার নির্দিষ্ট এন্টিকোডনের সাহায্যে কেবল ডিকোড করার পদ্ধতি।

৫.২.৫. **কোডন ও এন্টিকোডন অস্থিতিয় হতে পারে** (Codon and anticodons can wobble): এটি স্বাভাবিকভাবে ধরে নেয়া হয় যে অর্থপূর্ণ কোডনের সংখ্যা যেহেতু ৬১টি তাই একে সনাক্ত করতে হলে ৬১ প্রকার এন্টিকোডন তথা ৬১ প্রকার tRNA–এর প্রয়োজন। অপরদিকে প্রোটিনে অ্যামিনো এসিড রয়েছে ২০ প্রকার। এটাও হতে পারে যে ২০ প্রকার অ্যামিনো এসিডের জন্য ২০ প্রকার tRNA রয়েছে।

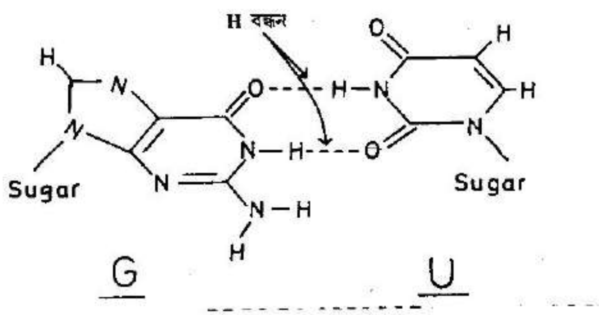
কিন্তু ১৯৬০–এর পর থেকে বিভিন্ন প্রজাতি নিয়ে গবেষণা করে বিজ্ঞানীরা দেখতে পান যে, কোষে মোট ৩১ থেকে ৪০ প্রকার tRNA পাওয়া যাচ্ছে। এথেকে দেখা যায় যে ২০ বা ৬১ এই দুটি সংখ্যার কোনটির সাথে tRNA প্রাপ্ত সংখ্যার সাথে কোনো সামঞ্জস্যতা নেই। ১৯৬৬ সালে Crick এই অসামঞ্জস্যপূর্ণ সংখ্যার বিষয়ে একটি ব্যাখ্যা দেন যা অস্থিতি অনুকল্প (wobble hypothesis) নামে সুবিখ্যাত।

Crick-এর অস্থিতি অনুমানের ভিত্তি হলো tRNA–এর এন্টিকোডন লুপের অংশবিশেষ যা মোটেই সমান্তরালভাবে অবস্থান করে না। এরূপ অবস্থায় কোডন ও এন্টিকোডনের ক্ষারকগুলো যে ক্ষারক জোড় বাঁধে তা স্বাভাবিক RNA দ্বিহেলিক্সের ন্যায় সঠিক আকৃতি লাভ করে না। এক্ষেত্রে সব স্থানের পরিধিও সমান হয় না।

এর ফলে কোডের তৃতীয় ক্ষারক এবং এন্টিকোডনের প্রথম ক্ষারকের স্থানে এক অস্থিতি অবস্থার সৃষ্টি করে। এরূপ অবস্থায় তখন অপ্রচলিত ক্ষারক জোড় সৃষ্টি হয়।

এই সুবিধার কারণে একটি এন্টিকোডন একাধিক কোডনের সাথে ক্ষারক জোড় বাঁধতে পারে। এজন্য একটি কোষে অর্থপূর্ণ কোড সংখ্যার তুলনায় অনেক সংখ্যক tRNA সবগুলো কোডকে ডিকোড (decode) করতে পারে।

তাই বলে কোডের অস্থিতি স্থানে ক্ষারক জোড় সৃষ্টির প্রয়োজন যে নেই এমন নয়। এস্থান প্রচলিত স্বাভাবিক ক্ষারক ও ক্ষারক জোড় ছাড়াও কিছু অপ্রচলিত ক্ষারক ও ক্ষারক জোড় প্রকৃতি লক্ষ্য করা যায় (চিত্র ৫.৯ ক)।

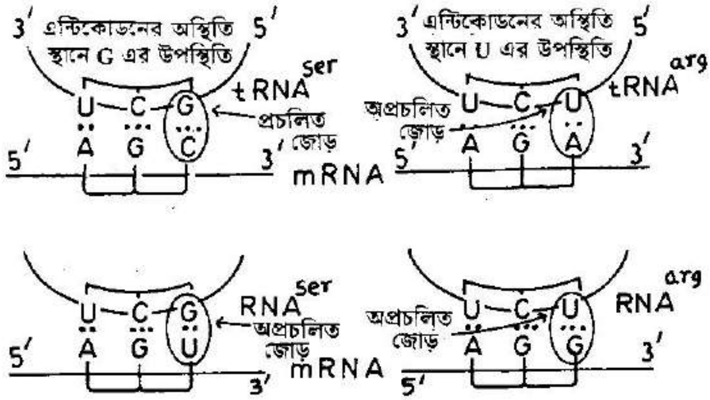


চিত্র ৫.৯ (ক) : G=U ক্ষারক জোড়ের মধ্যে অস্থিতি অবস্থার সৃষ্টি ; G=U এর মধ্যে ক্ষারক জোড় বাঁধার নিয়ম।

কোডন এন্টিকোডন অংশে যেসব অনিয়মিত ক্ষারক জোড় বাঁধে তা নিম্নরূপ :

১. G=U ক্ষারক জোড় : কোডের অস্থিতি অবস্থানে যদি C থাকে এবং এন্টিকোডনে G থাকে তবে সাধারণ নিয়মে C=G ক্ষারক জোড় বাঁধে।

যদি কোডে U থাকে এবং এন্টিকোডনে G থাকে তাহলে অপ্রচলিত নিয়মে দুটি -H বন্ধনের সাহায্যেও জোড় বাঁধে (G=U) (চিত্র ৫.৯খ)।



চিত্র ৫.৯ (খ) : দুটি উদাহরণের মাধ্যমে অস্থিতির ঘটনা দেখানো হয়েছে।

২. I (Inosine) - C, A বা U **ক্ষারক জোড় :** কোডের অস্থিতি অবস্থানে যদি C, A বা U থাকে এবং এন্টিকোডনে যথাক্রমে G, U বা A থাকে তবে স্বাভাবিক ক্ষারক জোড় বাঁধবে। কিন্তু এন্টিকোডন অবস্থানে যদি ইনোসিন থাকে তবে সেটি একাই C, A বা U এর যে কোনো একটির সাথে দুটি H- বন্ধনের সাহায্যে জোড় বাঁধতে পারে (চিত্র ৫.১০)।

Wobble নিয়মানুযায়ী হিসাব করে দেখা গেছে, ৬১টি কোডকে ডিকোড করতে হলে কম করে হলেও ৩১ প্রকার tRNA অণুর প্রয়োজন হয়। অস্থিতি অনুকল্পের মাধ্যমে কোডের অবক্ষয়তার (degeneracy of code) বিষয়ের পরীক্ষা ও তার প্রমাণ খুব সহজেই দেয়া সম্ভব হয়েছে।

৫.২.৬. **প্রোটিন সংশ্লেষণের কৌশল** (Mechanics of protein synthesis) : প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া জীব তথা জীবনের চরিত্র ব্যক্ত করার কৌশল। সৃষ্ট এক একটি প্রোটিন এক একটি জিনের প্রতিবিম্ব। একটিকে দেখে আর একটিকে অনুমান করা যায়। সে অর্থে প্রোটিন সংশ্লেষণ কৌশল জীবের অর্থকরণ সম্পর্কে জ্ঞান লাভের এক গুরুত্বপূর্ণ অধ্যায় হিসেবে চিহ্নিত।

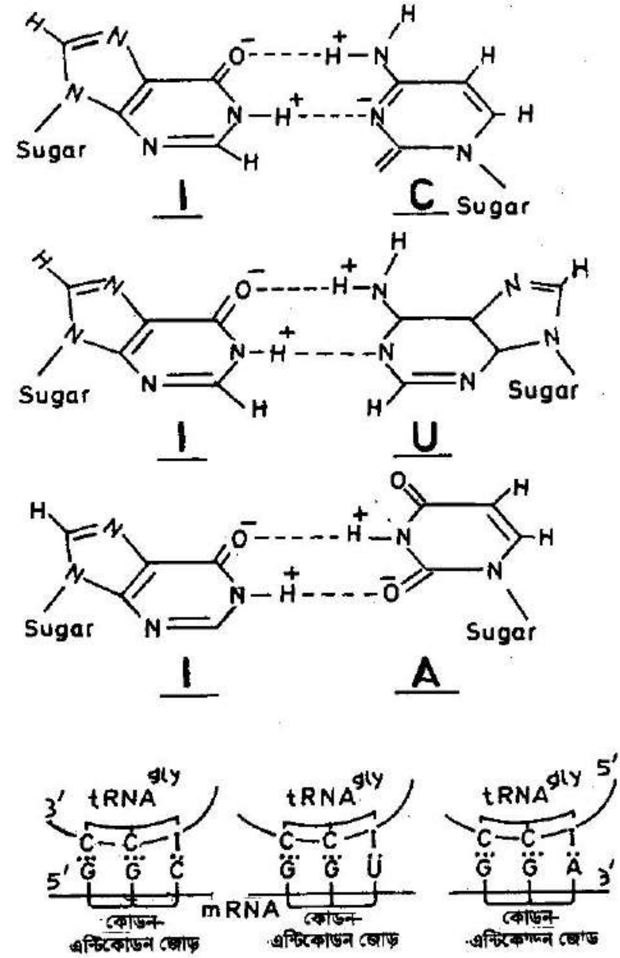
প্রোটিন সংশ্লেষণ কৌশলকে তিনটি অধ্যায়ে বিভক্ত করা হয়েছে —

ক। পেপটাইড শৃঙ্খলের সূচনাকরণ ;

খ। পেপটাইড শৃঙ্খল বর্ধিতকরণ এবং

গ। পেপটাইড শৃঙ্খল সমাপ্তিকরণ।

বোধগম্যতার জন্য সংশ্লেষণ কৌশল তিনটি অধ্যায়ে বিভক্ত করলেও প্রক্রিয়াটি নিরবিচ্ছিন্ন চলমান ধারায় শেষ হয়। কৌশল প্রক্রিয়ার অধিকাংশ তথ্য *E. coli* নিয়ে পরীক্ষা করে জানা সম্ভব হয়েছে। ইউক্যারিওটে প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া অনেকটা প্রোক্যারিওট বা *E. coli*-এর মতো হলেও কিছু কিছু পার্থক্য রয়েছে।



চিত্র ৫.১০ : ইনোসিন (I) ক্ষারকের সাথে অস্থিতি অবস্থার সৃষ্টি। (ক) ইনোসিনের সাথে সম্ভাব্য (C,U ও A) অন্যান্য ক্ষারকের সাথে ক্ষারক জোড় সৃষ্টি পদ্ধতি ; (খ) অস্থিতি অবস্থানে "I" -এর উপস্থিতিতে বিভিন্ন কোডের ডিকোড প্রক্রিয়া পদ্ধতি।

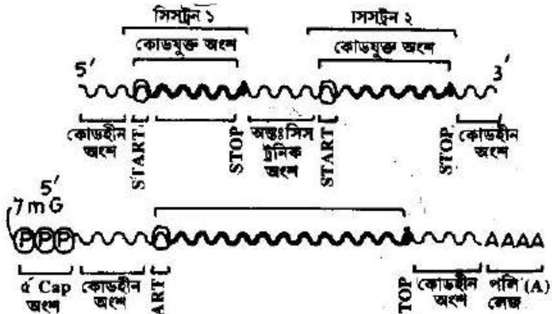
ক। পেপটাইড শৃঙ্খলের সূচনাকরণ (Peptide chain initiation)

অর্থকরণের সূচনালগ্নে একটি mRNA অণু ও রাইবোজোমের একটি ক্ষুদ্রাংশের (30S) প্রয়োজন হয়। রাইবোজোম যখন নিষ্ক্রিয় অবস্থায় থাকে তখন তার বৃহদাংশ (50S) ও ক্ষুদ্রাংশ (30S) বিচ্ছিন্ন অবস্থায় থাকে। সুতরাং কোষের রাইবোজোম "ভাণ্ডার" থেকে প্রচুর পরিমাণে ক্ষুদ্রাংশ ও

সহজেই তাৎক্ষণিক প্রয়োজনে পাওয়া যায়। *E. coli*–তে mRNA অনুলিপন হতে হতেই অর্থকরণ শুরু হয়ে যায়।

এখানে অনুলিপন ও অর্থকরণ খুব সামান্য ব্যবধানে একইসাথে চলতে থাকে। এখানে মনে রাখা দরকার একটি mRNA শুধু একটি DNA অংশের অনুলিপন নয়। mRNA জিনের বিভিন্ন অংশের প্রতিফলিত আকৃতি বিশেষ। একটি mRNA শৃঙ্খলের ৫´ – প্রান্ত থেকে যথাক্রমে রয়েছে একটি অগ্রণী অনুক্রম (leader sequence) একটি প্রারম্ভ বিন্দু (start point) একটি কোডপূর্ণ অংশ (যে অংশটুকু শুধু অর্থকরণ হবে), একটি সমাপ্ত বিন্দু (stop point) এবং সব শেষে ৩´ – প্রান্তে অবস্থিত বা পিছন অংশ (tailer)।

যদি mRNA শৃঙ্খলটি বহুসিস্ট্রোনবিশিষ্ট হয় তবে সেখানে একটি অতিরিক্ত অংশ হিসেবে দুটি সিস্ট্রোনের মধ্যবর্তী কোডবিহীন বিভেদিত অংশ, দ্বিতীয় সিস্ট্রোনের প্রারম্ভ বিন্দু কোডপূর্ণ অংশ এবং একটি সমাপ্ত বিন্দু থাকবে। mRNA অণুর কোডপূর্ণ অংশকে মুক্ত পাঠ কাঠামো (open reading frame) বলা হয় (চিত্র ৫.১১)।

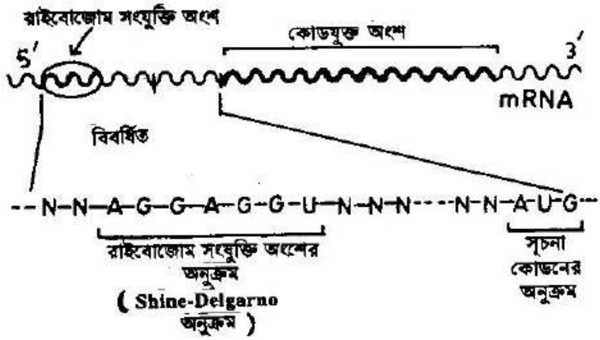


চিত্র ৫.১১ : প্রোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটজাতীয় mRNA অণুর গঠন।

E. coli-এর mRNA–এর বিভিন্ন বৈশিষ্ট্যের তুলনায় ইউক্যারিওটের mRNA অনেকটা বৈচিত্র্যপূর্ণ। এখানে ৫´ – প্রান্ত থেকে পরপর থাকছে ৫´– cap অংশ, কোডবিহীন অনুক্রম, প্রারম্ভ বিন্দু, কোডপূর্ণ অংশ, সমাপ্তি বিন্দু, ৩´– প্রান্তের কোডবিহীন অনুক্রম এবং একটি poly (A) লেজ। ইউক্যারিওটের mRNA এক সিস্ট্রোনবিশিষ্ট।

সংশ্লেষণের প্রারম্ভে mRNA অণু যখন 30S–এর সাথে যুক্ত হবে তখন অণুসূত্রের যেখানে সেখানে না হয়ে রাইবোজোম বন্ধনস্থান নামক একটি সুনির্দিষ্ট অংশের সাথে সংযুক্তি ঘটবে (Shine ও Dalgarno, ১৯৭৪)। এই অংশটি সমাপ্ত বিন্দু, অনতিদূরে (৩ থেকে ১০টি নিউক্লিওটাইড দূরে) অবস্থান করে।

E. coli-এর বিভিন্ন mRNA বিশ্লেষণ করে দেখা গেছে, এই অংশে পিউরিন ক্ষারকের প্রাধান্য রয়েছে (সারণি ৫.৫)। বিভিন্ন রাইবোজোম বন্ধন স্থানের অনুক্রম থেকে একটি ঐকমত্য বা সর্বসম্মত অনুক্রম বের করা হয়েছে। অনুক্রমটি, ৫´– AGGAGGU- ৩´, যা দু'জন বিজ্ঞানীর নামানুসারে Shine-Dalgarno অনুক্রম নামে পরিচিত (চিত্র ৫.১২)

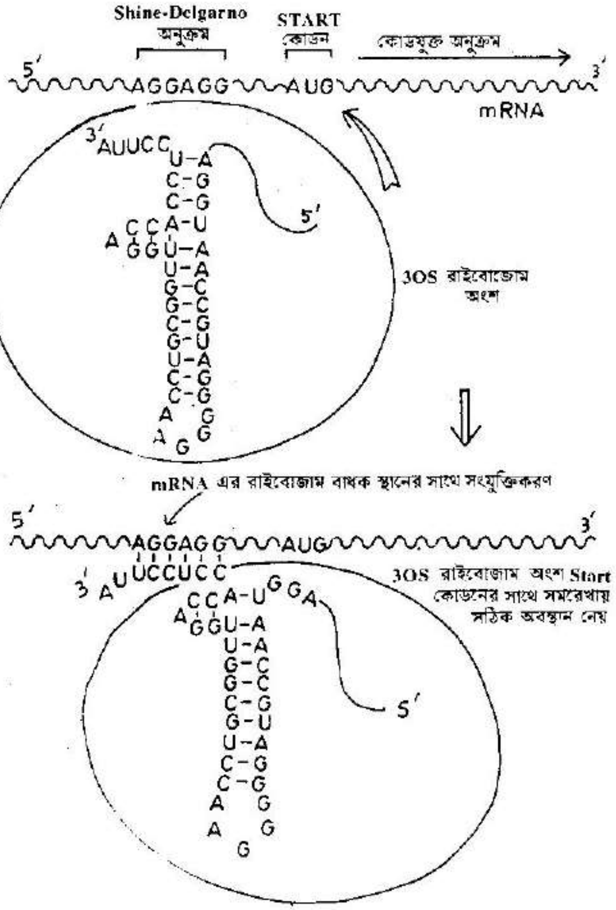


চিত্র ৫.১২ : *E. coli*–এর রাইবোজোম সংযুক্তি অংশের অবস্থান ও তার অনুক্রম mRNA সূত্রে দেখানো হয়েছে।

সারণি ৫.৫ : *E. coli* এর বিভিন্ন জিনের রাইবোজোম বন্ধন অবস্থান ও তার বৈশিষ্ট্য

জিন	সৃষ্ট উপাদান	ক্ষারক অনুক্রম	প্রারম্ভ বিন্দু থেকে ক্ষারক দুরত্ব
*lac*Z	β – galactosidase	AGGA	৭
gal E	Hexose-1-p-uridyl-transferase	GGAG	৬
gal T	Galactose-1-p-uridyl-transferase	AGGA	৬
rpl J	Ribosomal protein L10	AGGAG	৮
cro	Phage λ regulatory protein	AGGAGGU	৩
B	Phage ∅X 174 coat protein	AGGAGGU	৩
E. coli	Consensus sequence	AGGAGGU	১০

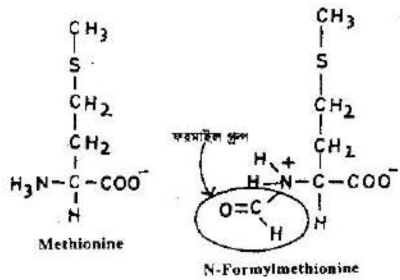
30S রাইবোজোম অংশে রয়েছে 16S rRNA । এই 16S rRNA অণুর 3' – domain এর 3' প্রান্তে রয়েছে পিরিমিডিন প্রাধান্য অংশ যা Shine-Dalgarno অনুক্রমের সম্পূরক। এর ফলে 30S রাইবোজোম অংশটি প্রথমে mRNA অণুর সাথে ক্ষারক জোড়ের মাধ্যমে সংযুক্ত হয় (চিত্র ৫.১৩)। এরপর 30S ক্রমান্বয়ে mRNA সূত্রের নিম্নপ্রবাহের (downstream) দিকে নিজ অক্ষের উপর ঘুরে ঘুরে অগ্রসর হতে থাকে। এ উপায়ে প্রারম্ভ বিন্দু বা সূচনাকারী কোডন, AUG, এর নিকট পৌছালে অর্থকরণ প্রক্রিয়া শুরু হয়।



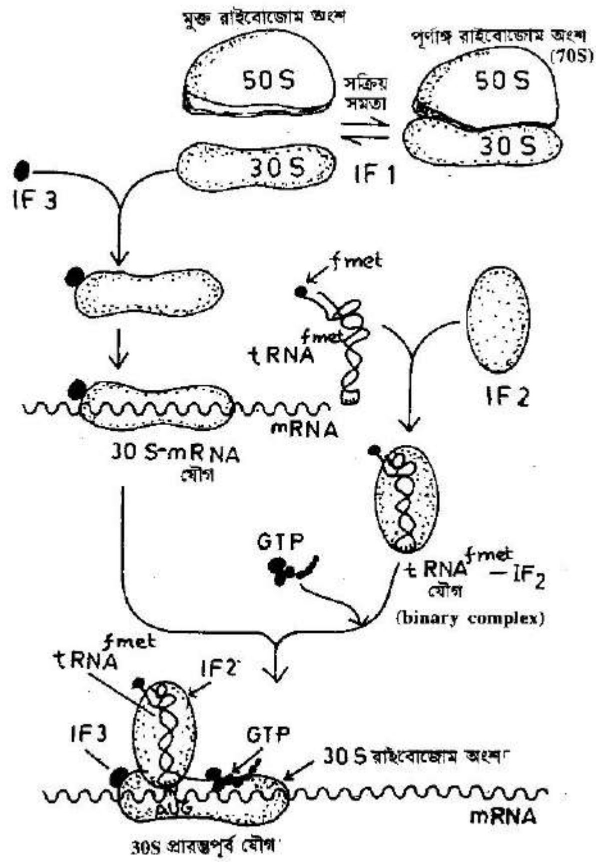
চিত্র ৫.১৩ : Shine-Delgarno অনুক্রমের ভূমিকা। mRNA অণু ও 30S রাইবোজোমের সংযুক্তি পদ্ধতির পর্যায়ক্রমিক অধ্যায়।

প্রারম্ভিক যৌগ সৃষ্টিকরণ (Formation of primary complex) : 30S রাইবোজোম যখন mRNA অণুসূত্র ধরে AUG কোডনের নিকট পৌঁছাবে তখন একটি methionyl tRNA এসে উক্ত কোডনের সাথে জোড় বাঁধে। প্রোক্যারিওটের মেথিওনিন যখন সক্রিয়তা লাভ করে তখন তার $-NH_2$ গ্রুপের একটি হাইড্রোজেনকে সরিয়ে formyl গ্রুপ (-COH) প্রতিস্থাপিত হয়ে N-ফরমাইল মেথিওনিন বা সংক্ষেপে f-met-এ রূপান্তর হয় (চিত্র ৫.১৪)। এই পরিবর্তন ঘটিয়ে বাম দিক থেকে অন্য আর কোনো অ্যামিনো এসিড সংযুক্ত না হওয়ার বিষয়টিকে নিশ্চিত করে। এবার f-met-এর ডান পাশে অবস্থিত -COOH প্রান্তের দিকে পরপর অ্যামিনো এসিডযুক্ত হয়ে পেপটাইড শৃঙ্খল তৈরি করতে পারবে। mRNA, 30S রাইবোজোম অংশ, tRNA f-met মিলে যে ট্রাইনারি (trinary) গঠনপ্রকৃতির সৃষ্টি হয় তাকে প্রাক-সূচনাকরণ যৌগ (preinitiation

complex) বলা হয় (Hunt, ১৯৮০)। যৌগটি সৃষ্টির মাধ্যমে অর্থকরণের প্রারম্ভিক প্রস্তুতি সম্পন্ন হলো (চিত্র ৫.১৫)।



চিত্র ৫.১৪ : মেথিওনিন ও ফরমাইল মেথিওনিনের (formylmethionine) রাসায়নিক গঠন।



চিত্র ৫.১৫ : *E. coli* এর 30S প্রারম্ভিক যৌগ সৃষ্টির পূর্বে সৃষ্ট বিভিন্ন পর্যায়ক্রমিক ধাপ।

প্রারম্ভিক ফ্যাক্টরসমূহ বা প্রাক-সূচনাকরণ ফ্যাক্টর (Initiation factor) : প্রাক-সূচনাকরণ [illegible] সৃষ্টির সময় কয়েকটি অতিরিক্ত প্রোটিনের সম্পৃক্ততা লক্ষ্য করা গেছে। এই প্রোটিনগুলোকে একত্রে সূচনাকরণ ফ্যাক্টর (IF) বলা হয়। *E. coli* তে IF1, IR2, এবং IF3 নামক তিনটি [illegible] প্রোটিন সনাক্ত করা হয়েছে। এর মধ্যে IF1 ও IF3 রাইবোজোম অংশ দুটিকে বিযুক্ত করে IF3–রাইবোজোমের 30S–এর সাথে যুক্ত থেকে Shine-Dalgarno অনুক্রমকে সনাক্ত করাতে সাহায্য করে। অপরদিকে, IF2ফ্যাক্টরটি tRNA f-me–কে চিহ্নিত করে তার সাথে যুক্ত হয়ে তাকে সূচনাকারী কোডনের নিকট পৌঁছাতে সাহায্য করে। এ ছাড়াও প্রারম্ভিক যৌগের সাথে এক অণু GTP প্রাথমিক বিক্রিয়া ঘটাতে মধ্যস্থতা করে (Maitra *et al.*, (১৯৮২) GTP ঘর্ষকরণের সময় পরবর্তী ধাপের প্রয়োজনীয় শক্তি সঞ্চার করে (চিত্র ৫.১৫)।

ইউক্যারিওটে কমপক্ষে ১০ প্রকার সূচনাকরণ ফ্যাক্টরের সন্ধান পাওয়া গেছে (সারণি ৫.৬)। এ থেকে সহজেই অনুমান করা যায়, 40S সূচনাকরণ কমপ্লেক্সের গঠনাকৃতি প্রোক্যারিওটের মতো নয়। তাছাড়া অগ্রণী অনুক্রমে কোথাও Shine-Dalgarno অনুক্রম বা এরূপ কোনো বিশেষ অনুক্রমের সন্ধানও পাওয়া যায়নি। 40S রাইবোজোম অংশের সাথে 5′- cap প্রান্ত বিভিন্ন eIF-4 (A-F) এর সাহায্যে যুক্ত হয়। এরপর mRNA সূত্র ধরে নিম্নপ্রবাহের দিকে অগ্রসর হতে থাকে যতোক্ষণ না সূচনাকারী কোডনের সন্ধান পায়। অধিকাংশ প্রারম্ভ কোডন বা সূচনাকারী কোডন হিসেবে AUG কে দেয়া যায়। রাইবোজোমের অগ্রসর হতে এখানে GTP এর পরিবর্তে ATP শক্তি সঞ্চারিত হয়। কিন্তু প্রোক্যারিওটের মতো ইউক্যারিওটে অ্যামিনো এসিডটি ফরমাইলেটেড (formylated) না হয়ে সাধারণ মেথিওনিন প্রারম্ভিক প্রথম অ্যামিনো এসিড হিসেবে অংশগ্রহণ করে।

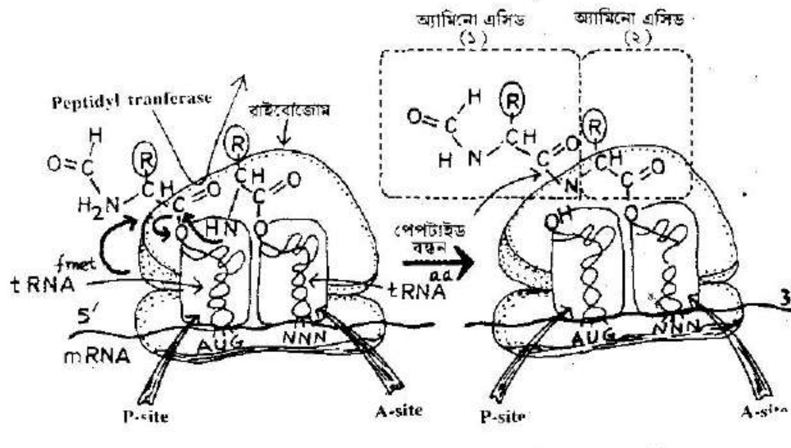
সারণি ৫.৬ : প্রোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটের সূচনাকরণ ফ্যাক্টরসমূহের বৈশিষ্ট্য

প্রোক্যারিওটের ফ্যাক্টর	ইউক্যারিওটের ফ্যাক্টর	কার্যপ্রণালী
IF-1 (৯,০০০)	eIF - 1	কার্যপ্রণালী জানা যায়নি।
IF-2 (১,২০,০০০)	eIF-2 F Met	রাইবোজোমের সাথে tRNA met (অথবা tRNA F-met) অণুর সংযুক্তি ঘটানোর জন্য যুক্ত হয় যার সাথে GTP যৌগ সৃষ্টি করে।
IF - 3 (২২,০০০)	eIF-3	রাইবোজোমের দুটি অংশ একত্রিত হতে বাধা দেয় ও বিচ্ছিন্ন হতে সাহায্য করে।
৫′– cap-এর সাথে সংযোগ ঘটায়	eIF - 4A eIF - 4B eIF - 4E eIF - 4F	প্রায় কাছাকাছি বৈশিষ্ট্যের একগুচ্ছ ফ্যাক্টর যা mRNA সূত্রের ৫′ – cap এর সাথে যুক্ত হয় এবং রাইবোজোমকে সূচনা কোডন চিহ্নিত করতে সাহায্য করে।
	eIF -5	eIF-2 এবং eIF-3 কে রাইবোজোমের 40S থেকে মুক্ত করে এবং 40S কে 60S এর সাথে যুক্ত হতে সাহায্য করে।
	eIF - 6	রাইবোজোমের অংশ দুটিকে বিচ্ছিন্ন করে।
	GEF	eIF-2কে চক্রাকারে কাজ করতে সাহায্য করে।

খ। পেপটাইড শৃঙ্খল বর্ধিতকরণ (E peptide chain)

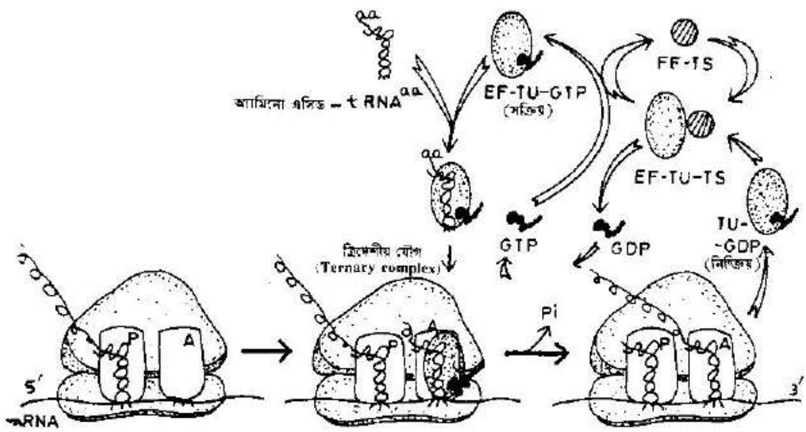
mRNA অণু ডিকোডের এর মাধ্যমে ৫´ →৩´ মুখী হয়ে অর্থকরণের মাধ্যমে পেপটাইড শৃঙ্খল সংশ্লেষণ শুরু করে অগ্রসর হওয়াকে বর্ধিতকরণ বলে। একবার প্রারম্ভিক যৌগ তৈরি হয়ে গেলে রাইবোজোমের 50S এবং 30S এর সাথে যুক্ত হয়ে পূর্ণাঙ্গ প্রারম্ভিক যৌগ সৃষ্টি করে। এ সময়ে যৌগের সাথে যুক্ত থাকা GTP বিশ্লিষ্ট হয় এবং একই সময়ে রাইবোজোমের দুটি সুনির্দিষ্ট অবস্থানের সৃষ্টি হয়। প্রথম অবস্থান কে peptidyl বা P-অবস্থান বলে এবং দ্বিতীয় অবস্থানকে aminoacyl বা A-অবস্থান বলে। প্রথম কোডটি রাইবোজোমের P-অবস্থানে এবং দ্বিতীয় কোডটি রাইবোজোমের A-অবস্থানে অবস্থান নেয়।

রাইবোজোমের P-অবস্থানে প্রথম tRNA fmet এসে প্রবেশ করবে। এর পরই উন্মুক্ত A-অবস্থানে অবস্থিত কোড নিয়মে তার সঠিক অ্যামিনো অ্যাসাইল -tRNA প্রবেশ করে। যখন ক্ষারক জোড় নিয়মে কোডন – এন্টিকোডন যুক্ত হবে তখন পেপটাইড বর্ধিতকরণের জন্য প্রস্তুতি নেয় (চিত্র ৫.১৬)। A-অবস্থানে একটি অ্যামিনো অ্যাসাইল tRNA-কে নিয়ে আসার জন্য একটি দীর্ঘকরণ ফ্যাক্টর-TU (EF-TU) সক্রিয়ভাবে সাহায্য করে থাকে। EF-Ts নামক আর একটি প্রোটিন মুক্ত হয়ে যাওয়া EF-TU–কে পুনঃসক্রিয় করতে সাহায্য করবে (চিত্র ৫.১৭)।



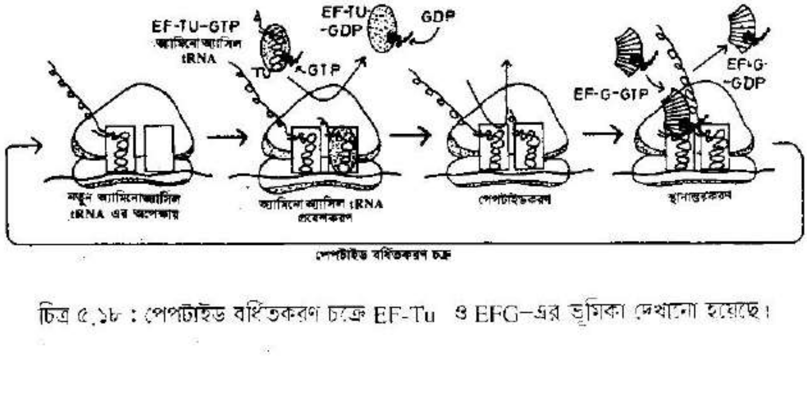
চিত্র ৫.১৬ : অর্থকরণের প্রারম্ভে রাইবোজোমের P-অবস্থানের অবস্থিত পেপটাইডিল tRNA–এর সাথে A-অবস্থানে অবস্থিত অ্যামিনো অ্যাসাইল -tRNA–এর সাথে পেপটাইড বন্ধন সৃষ্টির মাধ্যমে ডাইপেপটাইড গঠন প্রক্রিয়া।

রাইবোজোমের দুটি অবস্থান যখন অ্যামিনো অ্যাসাইল tRNA দ্বারা পূর্ণ হয়ে পাশাপাশি অবস্থান নেয় তখন tRNA-এর সাথে যুক্ত অ্যামিনো এসিড দুটি খুব কাছাকাছি অবস্থান নেয়। প্রথমে f-met-এর -COOH গ্রুপের সাথে দ্বিতীয় অবস্থানে অ্যামিনো এসিডের $-NH_2$ গ্রুপের মধ্যে পেপটাইড বন্ধনের সৃষ্টি হয়। এখানে বিক্রিয়া ঘটানোর জন্য পেপটাইডাল ট্রান্সফারেজ কাজ করে।



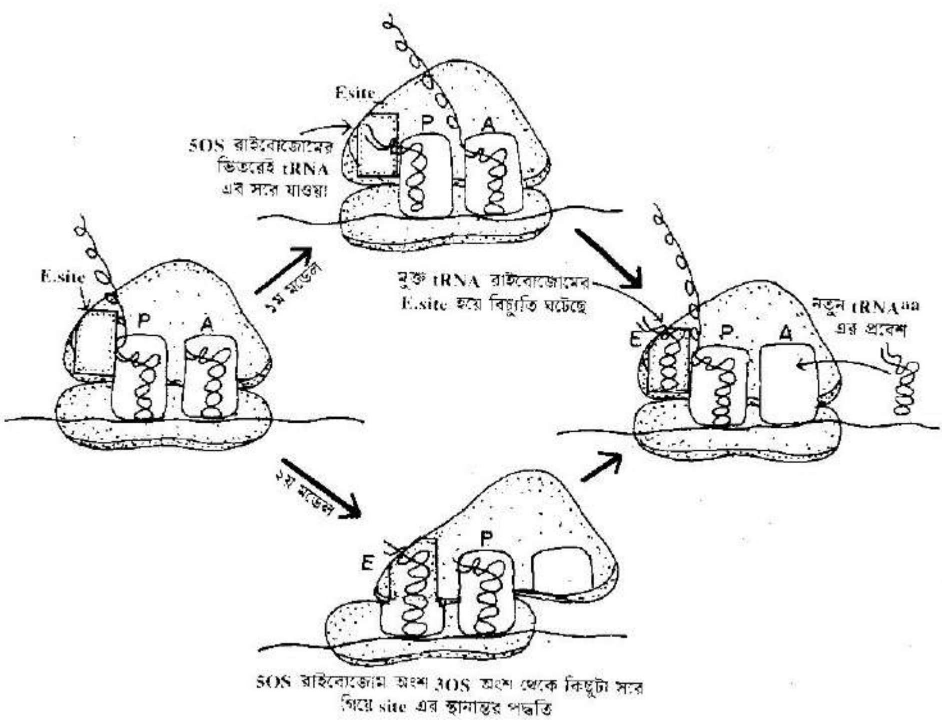
ত্রি ৫.১৭ : রাইবোজোমের সাহায্যে অর্থকরণের সময় পেপটাইড স্থানান্তরকরণ পদ্ধতির দুটি মডেল। দুটি মডেলেই স্থানান্তরকরণ পদ্ধতি দুটি ধাপে সম্পন্ন করে। প্রথম ধাপে পেপটাইড বন্ধনের সৃষ্টি হয়। এই ধাপটির শেষে A-অবস্থানে অবস্থিত অ্যামিনো অ্যাসাইল-tRNA এর শুধু অ্যামিনো অ্যাসাইল প্রান্তটি P-অবস্থানে একটু ঝুঁকে অবস্থান নেয়। এক্ষেত্রে হয় tRNA নিজেই ঝুঁকে পড়ে (প্রথম মডেল) অথবা 50S নিজেই 30S থেকে কিছুটা সরে অবস্থান নেয় (দ্বিতীয় মডেল)। দ্বিতীয় ধাপে tRNA–এর এন্টিকোডন প্রান্তটি P-অবস্থানে অবস্থান নেয়।

এই এনজাইমটি tRNA-ড্যাক্টাইলেজ নামক আর একটি এনজাইমের সহায়তায় কাজ করে। পেপটাইড বন্ধন সৃষ্টির সাথে সাথে ড্যাক্টাইলেজ এনজাইম f-met-tRNA যোগসূত্র বন্ধন মুক্ত করে tRNA মুক্ত করে দেয়।



চিত্র ৫.১৮ : পেপটাইড বর্ধিতকরণ চক্রে EF-Tu ও EFG–এর ভূমিকা দেখানো হয়েছে।

এর ফলে A-অবস্থানে অবস্থানকারী tRNA দুটি অ্যামিনো এসিডবিশিষ্ট ডাই-পেপটাইড বহন করে। উক্ত ডাই-পেপটাইড সৃষ্টির সাথে সাথে কৌলিক সংকেতের অর্থকরণ (translation) প্রক্রিয়া শুরু হয়। রাইবোজোম তখন mRNA সূত্র ধরে ৩'- প্রান্তের দিকে অগ্রসর হয়। অগ্রসর হতেই P-অবস্থানে অবস্থিত অ্যামিনো এসিড মুক্ত tRNA তখন mRNA অণুর কোড থেকে মুক্তি পেয়ে রাইবোজোম থেকে সরে যায়। এ সময় A-অবস্থানে অবস্থিত tRNA (ডাই-পেপটাইড যুক্ত) P-অবস্থানে প্রবেশ করে এবং একই সময়ে A-অবস্থান উন্মুক্ত হয়। এই সময়ে কোডন এন্টিকোডন নিয়মে তৃতীয় অ্যামিনো অ্যাসাইল-tRNA তখন রাইবোজোমের A-অবস্থানে প্রবেশ করে। P-অবস্থানে অবস্থিত ডাই-পেপটাইডের C-প্রান্তের -COOH গ্রুপ তৃতীয় স্থানে অবস্থিত অ্যামিনো এসিডের N- প্রান্তের $-NH_2$ এর সাথে পূর্বের ন্যায় পেপটাইড বন্ধনের মাধ্যমে ট্রাইপেপটাইড সৃষ্টি করে। রাইবোজোম পুনরায় আর এক ধাপ অগ্রসর হলে চক্রাকারে অর্থকরণ প্রক্রিয়াকে এগিয়ে নেয় (Clark, ১৯৮০)। প্রতি চক্রে একটি করে GTP বিশ্লিষ্ট হয়ে শক্তির যোগান দিয়ে থাকে যা তৃতীয় আর একটি EF-G নিয়ন্ত্রণ করে থাকে (চিত্র ৫.১৮)। EF-G স্থানান্তরকরণে প্রধান ভূমিকা পালন করে থাকে। মুক্ত tRNA যখন রাইবোজোম থেকে বিচ্যুতি ঘটে তখন তা E-অবস্থান নামক আর একটি অবস্থানের মাধ্যমে সম্পন্ন হয় বলে মনে করা হয় (ইউক্যারিওটে এ ধরনের কোনো E-অবস্থান না থাকায় সরাসরি তা cyosol-এ ছেড়ে দেয়) এ বিষয়টি দুটি মডেলের সাহায্যে ব্যাখ্যা করা হয়েছে (চিত্র ৫.১৯)।

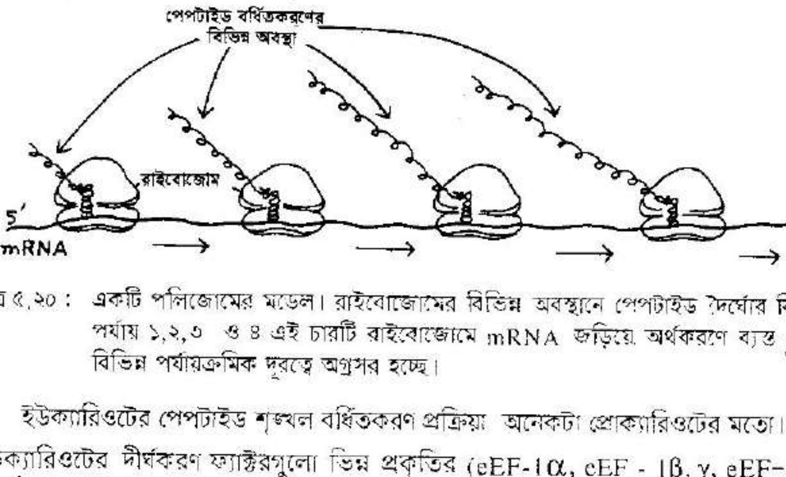


চিত্র ৫.১৯ : পেপটাইড বর্ধিতকরণ চক্রে EF-Tu ও EFG-এর ভূমিকা দেখানো হয়েছে।

পলিরাইবোজোম (Polyribosome)

mRNA যখন অর্থকরণ করতে থাকে তখন অংশগ্রহণকারী রাইবোজোম ৫′ – প্রান্ত থেকে ৩′ – প্রান্তের দিকে অগ্রসর হতে থাকে। এক একটি কোড অর্থকরণ করে রাইবোজোম যখন ৩′ প্রান্তের দিকে অগ্রসর হতে থাকে তখন একই সাথে রাইবোজোম থেকে ৫′–প্রান্তের দিকে এক এক করে পেপটাইড অংশ মুক্ত হতে থাকে। ৫′–প্রান্তের দৈর্ঘ্য ক্রমে বর্ধিত হতে হতে আর একটি নতুন রাইবোজোমের মাধ্যমে দ্বিতীয় চক্রের অর্থকরণ আরম্ভ করে।

একই নিয়মে দ্বিতীয় চক্র কিছুক্ষণ চলতে চলতে তৃতীয়, চতুর্থ এবং পরপর আরও কয়েকটি চক্র সমান্তরালভাবে সম্পন্ন হতে থাকে। এরূপ অবস্থায় একটি mRNA অণুর গায়ে সারিবদ্ধভাবে বেশ কয়েকটি রাইবোজোমকে পেপটাইড অর্থকরণের বিভিন্ন অধ্যায়ে দেখা যায়। একই mRNA অণুতে পরপর সজ্জিত রাইবোজোমের বিভিন্ন সক্রিয় অবস্থাকে পলিরাইবোজোম বা পলিজোম (polysome) বলে। ইলেক্ট্রন অণুবীক্ষণ যন্ত্রে বিভিন্ন পলিজোম সহজেই দৃশ্যমান হয় (চিত্র ৫.২০)। একটি রাইবোজোমের সাথে mRNA অণুসূত্রের প্রায় ৮০টি নিউক্লিওটাইড দৈর্ঘ্য সম্পৃক্ত থাকে।



চিত্র ৫.২০ : একটি পলিজোমের মডেল। রাইবোজোমের বিভিন্ন অবস্থানে পেপটাইড দৈর্ঘ্যের বিভিন্ন পর্যায় ১,২,৩ ও ৪ এই চারটি রাইবোজোমে mRNA জড়িয়ে অর্থকরণে ব্যস্ত থেকে বিভিন্ন পর্যায়ক্রমিক দূরত্বে অগ্রসর হচ্ছে।

ইউক্যারিওটের পেপটাইড শৃঙ্খল বর্ধিতকরণ প্রক্রিয়া অনেকটা প্রোক্যারিওটের মতো। তবে ইউক্যারিওটের দীর্ঘকরণ ফ্যাক্টরগুলো ভিন্ন প্রকৃতির (eEF-1α, eEF - 1β, γ, eEF– ২)। এগুলোর আণবিক ওজনের মধ্যে বেশ পার্থক্য থাকলেও এদের কার্যপ্রণালী প্রোক্যারিওটের সাথে তুলনীয় (সারণি ৫.৭)।

সারণি ৫.৭ : প্রোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটের বর্ধিতকরণ ফ্যাক্টরসমূহের বৈশিষ্ট্য

প্রোক্যারিওটের ফ্যাক্টর	আণবিক ওজন	ইউক্যারিওটের ফ্যাক্টর	আণবিক ওজন
EF - Tu	৪৫,০০০	eFF - 1α	৫৩,০০০
FE - Ts	৩০,০০০	eEF - 1β/γ	৫০,০০০/৩৮,০০০
EF - G	৭৭,০০০	eEF - 2	১,০০,০০০

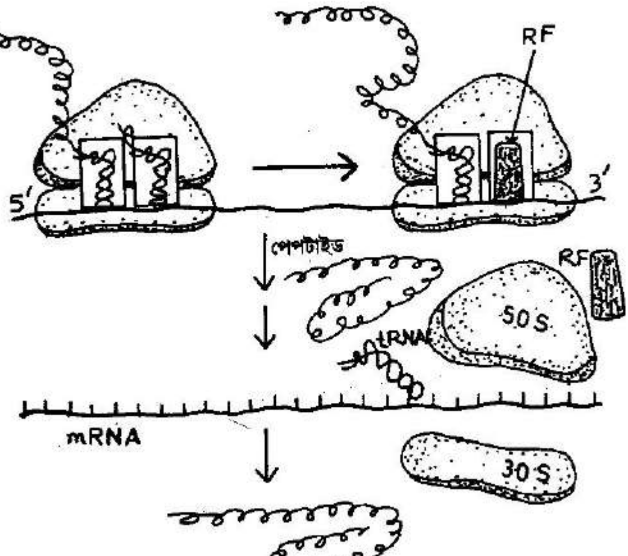
গ। পেপটাইড শৃঙ্খল সমাপ্তিকরণ (Termination of peptide chain)

অর্থকরণের শেষ অধ্যায়ে কয়েকটি বিশেষ কোডনের মাধ্যমে পেপটাইড শৃঙ্খলের সংশ্লেষণ পরিসমাপ্তি ঘটে। রাইবোজোম যখন mRNA অনুসূত্র ধরে ৩ - প্রান্তের দিকে অগ্রসর হতে থাকে তখন A-অবস্থানে যে কোনো একটি সমাপ্তিকরণ কোডন (UAA, UAG, UGA) প্রবেশ করলেই পেপটাইড শৃঙ্খলের সমাপ্তিকরণ ইঙ্গিত বা সংকেত নির্দেশ করে থাকে। এসব কোডনের কোনো এন্টিকোডনবিশিষ্ট tRNA না থাকায় এখানে কোনো অ্যাসাইলঘটিত tRNA-এর আগমন ঘটে না। পক্ষান্তরে, A-অবস্থানে একটি মুক্তকরণ ফ্যাক্টর (RF) প্রবেশ করে পেপটাইড সংশ্লেষণের পরিসমাপ্তি ঘটায়। *E. coli*-তে এরূপ তিনটি রিলিজ ফ্যাক্টরকে সনাক্ত করা হয়েছে। যখন সমাপ্তিকরণ কোডনের মধ্যে UAA ও UAG কোডনের যে কোনো একটি অবস্থান নেয় তখন RF1 নামক একটি ফ্যাক্টর প্রবেশ করে। যখন UAA বা UGA কোডনদ্বয়ের যে কোন একটি অবস্থান নেয় তখন RF- 2 নামক অন্য একটি ফ্যাক্টর অবস্থান নেয়। এ সময় RF-3 নামক তৃতীয় একটি ফ্যাক্টর RF-1 এবং RF-2-কে সক্রিয় করতে অংশগ্রহণ করে থাকে (সারণি ৫.৮)। *E. coli* কোষে শেষ সংকেত হিসেবে UAA সবচেয়ে বেশি সংখ্যায় ব্যবহৃত হয়। সংখ্যার দিক থেকে UGA এবং সবশেষে UAG ব্যবহৃত হয়। পরিমাপ করে দেখা গেছে, একটি কোষে সূচনাকরণ এবং দীর্ঘকরণ ফ্যাক্টরের তুলনায় রিলিজ (release) ফ্যাক্টর তুলনামূলকভাবে কম থাকে। *E. coli*-এর একটি কোষে যেখানে প্রায় ২০,০০০টি অণু IF এবং EF রয়েছে সেখানে RF-এর সংখ্যা ~৬০০টি পর্যন্ত হতে পারে। অর্থাৎ প্রতি ৫০টি রাইবোজোমের জন্য গড়ে প্রায় একটি করে RF রয়েছে।

সংশ্লেষণের শেষ tRNA থেকে পলিপেপটাইড শৃঙ্খল মুক্ত করার জন্য একটি পেপটাইডাল ট্রান্সফারেজের প্রয়োজন হয়। শেষ tRNA মুক্ত হলে রাইবোজোম একটি RF-এর সাহায্যে রাইবোজোমের খণ্ডাংশ (50S ও 30S) দুটি পরস্পর থেকে মুক্ত হয়ে "কোষ ভাণ্ডারে" চলে যায়। প্রয়োজনে চক্রাকারে পুনরায় ব্যবহৃত হতে পারে। রাইবোজোমের খণ্ডাংশ মুক্ত হতেই mRNA অণুসূত্রকেও মুক্ত করে। রাইবোজোম থেকে mRNA কি প্রক্রিয়ায় মুক্ত হয় সে সম্পর্কে এখনও সঠিকভাবে জানা সম্ভব হয়নি। রাইবোজোমের প্রতি চক্রে একটি করে পূর্ণাঙ্গ পলিপেপটাইডের সৃষ্টি হয় (চিত্র ৫.২১)।

সারণি ৫.৮ : প্রোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটের সমাপ্তিকরণ ফ্যাক্টরসমূহের বৈশিষ্ট্য

প্রোক্যারিওটের সমাপ্তিকরণ ফ্যাক্টরসমূহ	আণবিক ওজন	কার্যপ্রণালী	ইউক্যারিওটের সমাপ্তিকরণ ফ্যাক্টর	কার্যপ্রণালী
RF-1	৩৬,০০০	UAA বা UAG কোডনের প্রতি সক্রিয়।	eRF	প্রত্যেকটি বিরাম সংকেতের প্রতি সমভাবে সক্রিয়।
RF-2	৩৮,০০০	UAA বা UGA কোডনের প্রতি সক্রিয়		
RF-3	৪৬,০০০	RF-1 এবং RF- 2 কে সক্রিয় করে।		



চিত্র ৫.২১ : অর্থকরণ সমাপ্তিকরণের প্রক্রিয়া ও সৃষ্ট পলিপেপটাইড প্রক্রিয়াকরণের পর একটি কার্যকর প্রোটিনে পরিণত হওয়া।

একটি পলিজোমে যতোগুলো রাইবোজোম অংশগ্রহণ করে ততোগুলো একই বৈশিষ্ট্যের পলিপেপটাইড পরস্পর খুব অল্প সময়ের ব্যবধানে সৃষ্টি হয়। এই পদ্ধতিতে অতি অল্প সময়ের মধ্যে নির্দিষ্ট একটি mRNA থেকে অনেকগুলো পেপটাইড কপি সৃষ্টি করতে পারে।

সদ্য মুক্তিপ্রাপ্ত পেপটাইড বিভিন্ন উপায়ে প্রক্রিয়াজাত হয়ে একটি কার্যকর প্রোটিনে রূপান্তর ঘটে। নির্দিষ্ট পেপটাইড নির্দিষ্ট উপায়ে প্রক্রিয়াজাত হয়ে বিশেষ বিশেষ গঠনাকৃতি পায়।

কৌলিক বৈচিত্র্য ও রূপান্তর বৈচিত্র্য মিলে এক একটি পেপটাইড স্বতন্ত্রমণ্ডিত হয়ে উঠে জৈবিক ক্রিয়া–কর্ম সুনির্দিষ্ট উপায়ে সম্পন্ন করে জীবন প্রক্রিয়াকে সচল করে রাখে।

ইউক্যারিওটে কেবল একপ্রকার RF (eRF) সনাক্ত করা হয়েছে। eRF এককভাবে সব প্রকার বিরাম চিহ্ন সনাক্ত করে থাকে। eRF কাজ করার সময় একটি অতিরিক্ত GTP–এর প্রয়োজন হয় যা *E. coli* তে প্রয়োজন হয় না।

একটি আদর্শ প্রোটিনে ৩০০ থেকে ৫০০টি অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপ থাকে। উক্ত সংখ্যক অবক্ষেপবিশিষ্ট একটি প্রোটিন সৃষ্টি হতে প্রায় ১৫ থেকে ৩০ সেকেন্ড সময়ের প্রয়োজন হয়। এর প্রায় অর্ধেক সময় ব্যয় হয় সংশ্লেষণের প্রারম্ভিক সূচনা ঘটাতে। হিসাব করে দেখা গেছে, *E. coli*–

এর সুসময়ে প্রতি সেকেন্ডে প্রায় ২০টি করে অ্যামিনো এসিড বর্ধিতকরণের সময় ব্যবহৃত হয় ; অর্থাৎ mRNA তে অনুলিপনে বর্ধিতকরণের তুলনায় তিনগুণ দ্রুত প্রোটিন সংশ্লেষণ ঘটে।

৫.৩. অর্থকরণের যথার্থতা বা বিশ্বস্ততা (Fidelity of translation)

যখন একটি প্রোটিন সংশ্লেষণ হয় তখন তার অ্যামিনো এসিডগুলো নির্ভূলভাবে কোড অনুক্রম অনুযায়ী পরপর সজ্জিত হয়ে থাকে। এর সামান্যতম ব্যতিক্রম হলে সৃষ্ট প্রোটিনটি অকার্যকর বা নিষ্ক্রিয় হয়ে যেতে পারে। এর ফলে নির্দিষ্ট জৈবিক ক্রিয়া–কর্মের ব্যাঘাত ঘটতে পারে। অর্থকরণের সময় নিম্নলিখিত কারণে ভুল হতে পারে।

(ক) tRNA অণুর অ্যামিনোঅ্যাসিলেশ : যদি tRNA অ্যামিনোঅ্যাসিলেশনের সময় তার নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডের সাথে যুক্ত না হয়ে ভুলক্রমে অন্য অ্যামিনো এসিডের সাথে যুক্ত হয়, তবে অর্থকরণের সময় পেপটাইড শৃঙ্খলে তার প্রতিফলন ঘটে।

(খ) কোডন-এন্টিকোডনের পারস্পরিক ক্রিয়া : অনেক সময় অনিয়মিত–কোডন–এন্টিকোডন সম্পর্ক গড়ে উঠে। এর ফলে ভুল অর্থকরণ হয়ে পেপটাইডের নির্দিষ্ট স্থানে ভুল অ্যামিনো এসিড বসে পড়বে। ব্যাকটেরিয়ার অনেক পরিব্যক্তিক পরীক্ষা করে দেখা গেছে যে, অর্থকরণের সময় কৌলিক সংকেতের কোনো পরিবর্তন না ঘটে কোনো কোনো সময় ত্রুটিপূর্ণ tRNA এর কারণে পেপটাইডে ভুল অ্যামিনো এসিড যুক্ত হয়েছে।

(গ) অকাল সমাপ্তিকরণ বা শেষাংশের অতিক্রম (Premature termination বা termination readthrough) : পেপটাইড বর্ধিত হওয়ার সময় কখনও কখনও ভুল করে সমাপ্তিকরণ ক্রিয়া নির্দিষ্ট স্থানের পূর্বে সমাপ্তিকরণ কোডন ছাড়াই ঘটে যায়। আবার কখনও কখনও সমাপ্তিকরণ কোডন থাকা সত্ত্বেও সেখানে অ্যাসিলেটেড tRNA অর্থকরণ করে থাকে। এর ফলে রাইবোজোম ৩´ – প্রান্তে আরও অগ্রসর হয়ে অনির্দিষ্ট উপায়ে পেপটাইডের অতিরিক্ত বৃদ্ধি ঘটিয়ে থাকে।

উপরোক্ত বিভিন্ন প্রকৃতির ভুল অর্থকরণের সম্ভাব্য ঘটনাকে অনেকাংশে কমিয়ে আনার জন্য কোষ বিভিন্ন প্রক্রিয়া অবলম্বন করে থাকে। tRNA-সিনথেটেজের মাধ্যমে প্রথম স্তরের অধিকাংশ ভুল সংশোধন করে থাকে। এই প্রক্রিয়ায় প্রতি $১০^{৪}$ থেকে $১০^{৫}$ টি অ্যামিনো অ্যাসিলেশনে একটি মাত্র ভুল থাকতে পারে। তাছাড়া কোডন এন্টিকোডন প্রক্রিয়ায় তিনটি সঠিক ক্ষারকের পরিবর্তে মাত্র একটি সঠিক ক্ষারকের মাধ্যমে অ্যাসিলেটেড tRNA অর্থকরণ সম্পন্ন করতে পারে। এখানে সঠিক ট্রিপলেটের তুলনায় যথার্থতা $১০^{-১}$ থেকে $১০^{-২}$ গুণ কমিয়ে আনে। উক্ত হিসাবে দেখা যায় যে, সিনথেটেজের প্রক্রিয়া অত্যন্ত যথার্থ হলেও রাইবোজোমের ক্ষেত্রে ভুলের বিষয়টি অধিকাংশে দায়ী।

অর্থকরণের সময় রাইবোজোম যখন ৩´ – প্রান্তের দিকে অগ্রসর হতে থাকে তখন তার উন্মুক্ত A-অবস্থান অংশে যে tRNA প্রবেশ করে সেটি যদি সঠিক কোডন অনুযায়ী না হয় তবে তা তাৎক্ষণিক বিশ্লিষ্ট হয়ে যায়। এ থেকে ধারণা করা হয় যে, A-অবস্থানে যে অ্যাসিলেটেড tRNA প্রবেশ করে সেটি যদি ভুল tRNA হয় তাহলে ক্ষারক জোড় সৃষ্টি করতে পারে না এবং পেপটাইডাল ট্রান্সফারও হবে না। অর্থাৎ A-অবস্থান কোনো অসম্পূরক জোড়াবাঁধা হলে tRNA তখন অসম্পূরকতের তুলনায় অধিক সময় পর্যন্ত স্থায়ী হয়। হিসাব করে দেখা গেছে, যে গতিতে

এই বিশ্লিষ্টতা হয় তা সঠিক অ্যাসিলেটেড tRNA এর তুলনায় ~৫০০ × গুণ। A-অবস্থানে সঠিক অ্যাসিলেটেড tRNA প্রবেশের পর তা যত দ্রুত কোডন–এন্টিকোডন সম্পর্ক গড়ে তুলতে পারে ভুল অ্যাসিলেটেড tRNA ততো দ্রুত সম্পর্ক গড়ে তুলতে পারে না। এর ফলে যে tRNAটি তুলনামূলকভাবে অধিক সময় ধরে থাকে সেটি সঠিক বলে বিবেচিত হয় এবং ফলে পেপটাইডাল ট্রান্সফার হয়। তখন রাইবোজোম সম্মুখে একটি নির্দিষ্ট নিয়মে বা গতিতে চলতে থাকে এবং তখনই কেবল অর্থকরণ প্রক্রিয়াটি নির্ভুলভাবে সম্পন্ন হয়। রাইবোজোমের এই ত্রুটি সংশোধনকে গতিশীল ত্রুটি সংশোধন (kinetic proof reading) বলে। সিনথেটেজ ও রাইবোজোমের ত্রুটি সংশোধনের ফলে প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়ায় ভুলের হার কমে গিয়ে প্রতি কোডনে দাঁড়ায় মাত্র – ৫ $\times$ ১০$^{-৪}$ টি।

কোনো একটি পেপটাইডে ভুল অ্যামিনো এসিড সামগ্রিকভাবে সৃষ্ট প্রোটিনের উপর খুব কমই প্রভাব ফেলে থাকে। কারণ অধিকাংশ ক্ষেত্রে যে স্থানগুলোতে ত্রুটি হয়ে যায় সেসব স্থানে যে অ্যামিনো এসিড সংযোজন হয় তা সাধারণত একই চরিত্রের হয়ে থাকে। তাছাড়া সাধারণত যে স্থানটিতে পরিবর্তন ঘটে সে স্থানটি পরবর্তিতে প্রোটিনের কার্যকর গঠনাকৃতিতে কোনো প্রভাব ফেলে না। সুতরাং দেখা যায় প্রোটিন অর্থকরণ ও তার কার্যকর ক্ষমতা ১০০% সঠিক হয়ে থাকে।

৫.৪. অর্থকরণের বাধক (Inhibitor of translation)

এ পর্যন্ত বেশ কিছু রাসায়নিক পদার্থের সন্ধান পাওয়া গেছে যেগুলো প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়ার বিভিন্ন অধ্যায়ে বাঁধাদান করে থাকে (সারণি ৫.৯)। প্রোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটের মধ্যে অর্থকরণের বিভিন্ন প্রক্রিয়া একই উপায়ে সম্পন্ন হয় তবুও এর কিছু উপাদান ও কার্যপদ্ধতির মধ্যে বেশ কিছু পার্থক্য রয়েছে। প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় কোনো কোনো পদার্থ প্রোক্যারিওটে বাঁধাদান করলেও ইউক্যারিওটে তা বাঁধাদান করতে পারে না। আবার কোনো কোনো পদার্থের বিপরীত ঘটনাও ঘটিয়ে থাকে। এছাড়া এমন কিছু পদার্থ পাওয়া গেছে যা উভয় প্রকৃতির কোষে সমভাবে কার্যকর। এই সব সাদৃশ্য ও বৈসাদৃশ্য ক্রিয়া প্রকৃতি বিজ্ঞানীদেরকে বিশেষভাবে আকৃষ্ট করে।

প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়ায় বাঁধাদানের ভিন্ন ভিন্ন আচরণ প্রকৃতিকে কাজে লাগিয়ে চিকিৎসা বিজ্ঞানের প্রভূত উন্নতি সাধন করা হয়েছে। কোনো একটি ব্যাকটেরিয়া যখন পোষক কোষকে আক্রমণ করে তখন অর্থকরণ প্রক্রিয়া–বাধক সক্রিয় উপাদান প্রয়োগ করে তার জৈবনিক ক্রিয়া–কর্ম নিয়ন্ত্রণ করা যায়। একই সময়ে উক্ত প্রয়োগকৃত বাধক পোষক কোষের (ইউক্যারিওট) অর্থকরণ প্রক্রিয়াকে বাঁধাদান করে না বলে তার সাধারণ জৈবনিক ক্রিয়ার ব্যাঘাত ঘটে না। যেমন–ক্লোরামফেনিকল (Chloramphenicol) নামক এন্টিবায়োটিক প্রয়োগ করলে প্রোক্যারিওটে পেপটাইড বর্ধিতকরণ ও পেপটাইডাল ট্রান্সফারেজ প্রক্রিয়া বাধাগ্রস্থ হয় কিন্তু একই সময়ে ইউক্যারিওটে বা পোষক কোষের প্রক্রিয়ায় কোনোরূপ বাঁধাদান করতে পারে না। এই পদ্ধতিকে কাজে লাগিয়ে আক্রমণকারী ব্যাকটেরিয়ার বংশ বৃদ্ধি ও জৈবনিক ক্রিয়া–কর্ম নিয়ন্ত্রণ করে রোগব্যাধি সারিয়ে তোলা হয়। অবশ্য এন্টিবায়োটিকের মাত্রা অতিরিক্ত হলে তা পোষক কোষের ও ব্যাঘাত ঘটায়। এ অবস্থায় পোষক ও ব্যাকটেরিয়া একই সাথে ক্ষতিগ্রস্ত হয়। অপরদিকে ক্যানামাইসিন (kenamycin) ব্যবহার করলে প্রো–এবং ইউক্যারিওটে একই সময়ে পেপটাইড বর্ধিত হতে বাঁধাদান করে। এসব বাধক অনেকসময় কেবল সুনির্দিষ্ট জীবাণুর প্রতি সংবেদনশীল (সারণি ৫.১০)।

সারণি ৫.৯ : বিভিন্ন প্রকৃতির অর্থকরণ বাধক

বাধক পদার্থ	কোষ প্রকৃতি	কাজের প্রকৃতি
Chloramphenicol	প্রোক্যারিওট	পেপটাইড বর্ধিতকরণের সময় পেপটাইডাল ট্রান্সফারেজকে বাধা দেয়।
Cyclohexamide	ইউক্যারিওট	পেপটাইড বর্ধিতকরণে বাধা দেয়।
Erythromycin	প্রোক্যারিওট	পেপটাইড বর্ধিতকরণের সময় ট্রান্সপেপটাইডেশনে বাধা দেয়।
Fusidic acid	উভয়	পেপটাইড বর্ধিতকরণের সময় EF-G (বা eFF- 2)-কে এবং GDP-কে যৌগ মুক্ত হতে বাধা দেয়।
Kanamycin	উভয়	পেপটাইড বর্ধিতকরণে সময় ত্রুটিপূর্ণ পাঠের (misreading) বৃদ্ধি ঘটায়।
Neomycin	উভয়	পেপটাইডের সূচনাকরণে ও বর্ধিতকরণে বাধা দেয়।
Puromycin	উভয়	পেপটাইড বর্ধিতকরণের বাধা দেয় এবং অপরিপক্বভাবে সমাপ্তি ঘটায়।
Sparsomycin	উভয়	পেপটাইড বর্ধিতকরণের সময় পেপটাইডাল ট্রান্সফারেজকে বাধা দান করে।
Spectinomycin	প্রোক্যারিওট	পেপটাইড বর্ধিতকরণের সময় ট্রান্সপেপটাইডেশনে বাধা দেয়।
Streptomycin	প্রোক্যারিওট	30S-এর সাথে যুক্ত হয়ে ত্রুটিপূর্ণ পাঠ ঘটায় এবং পেপটাইড বর্ধিতকরণের বাধা দেয়।
Tetracyclines	প্রোক্যারিওট	পেপটাইড বর্ধিতকরণের সময় অ্যামিনো অ্যাসাইল tRNA-এর সাথে যুক্ত হয়ে রাইবোজোমের A-অবস্থানের মধ্যে প্রবেশে বাধা দেয়।

সারণি ৫.১০ : চিকিৎসা ক্ষেত্রে প্রোটিন সংশ্লেষণ বাধকের ব্যবহার

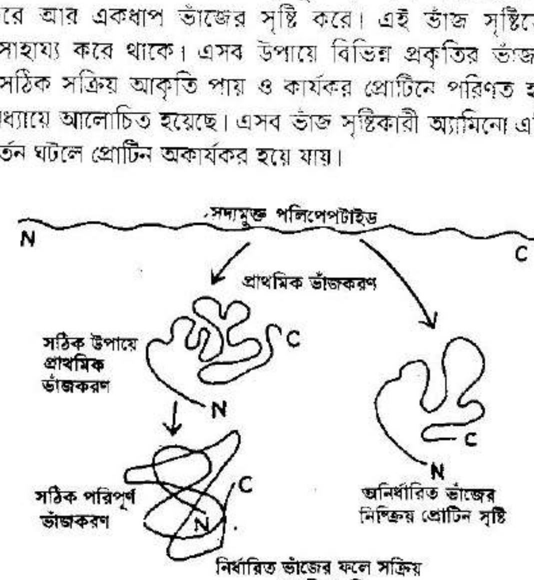
বাধক	ব্যবহার
Chloramphenicol	টাইফয়েড চিকিৎসার সময় বিস্তৃত বর্ণালির ব্যাকটেরিয়ানাশক হিসেবে ব্যবহার হয়।
Erythromycin	পেনিসিলিনের ন্যায় বিস্তৃত বর্ণালির ব্যাকটেরিয়ানাশক হিসেবে ব্যবহার হয়।
Fusidic acid	পেনিসিলিন প্রতিরোধী *Staphylococci* নাশক হিসেবে ব্যবহৃত হয়।
Kenamycin	গ্রাম নেগেটিভ ব্যাকটেরিয়ানাশক হিসেবে ব্যবহৃত হয়।
Spectinomycin	পেনিসিলিন প্রতিরোধী গনোরিয়ানাশক হিসেবে ব্যবহৃত হয়।
Streptomycin	যক্ষ্মা রোগে ব্যবহৃত হয়।
Tetramycin	বিস্তৃত বর্ণালির ব্যাকটেরিয়ানাশক।

৫.৫. অর্থকরণ-পরবর্তী রূপান্তর (Post-translational modification)

mRNA অণুর অর্থকরণ প্রক্রিয়া সমাপ্তির পর যে সদ্য পলিপেপটাইড অণুশৃঙ্খল সৃষ্টি হয় তাকে Nascent polypeptide বলে। এই পলিপেপটাইড বিভিন্ন উপায়ে প্রক্রিয়াজাত হয়ে কার্যকর প্রোটিনে পরিণত হয়। অর্থকরণ সমাপ্তির পর সদ্য মুক্তিপ্রাপ্ত পলিপেপটাইড নিম্নলিখিত উপায়ে প্রক্রিয়াজাত হয়।

১। **প্রোটিন ভাঁজকরণ** (Protein folding) : সৃষ্ট পলিপেপটাইড প্রথমে দ্বৈতেয় এবং পরে ত্রৈতেয় ভাঁজের মাধ্যমে একটি সুনির্দিষ্ট গঠনপ্রকৃতির সৃষ্টি হয়। এসব ভাঁজসমূহ কোথায় এবং কিভাবে হবে তা নির্ভর করে সেই পলিপেপটাইডে ভাঁজ সৃষ্টিকারী অ্যামিনো এসিডের অবস্থানের উপর। এটি সম্পূর্ণভাবে কৌলিক সংকেতের অনুক্রমের উপর নির্ভর করে। অর্থাৎ নির্দিষ্ট জিনের বিভিন্ন চরিত্রের উপর নির্ভর করে সৃষ্ট প্রোটিনটির আকার-আকৃতি কিরূপ হবে। এই গঠন প্রকৃতির উপর নির্ভর করে প্রোটিনটি কোনো কোনো বিপাকীয় ক্রিয়া-কর্মে অংশগ্রহণ করবে। পেপটাইডের সুনির্দিষ্ট কার্যকর ভাঁজ সৃষ্টি করতে হলে তাকে বিভিন্ন প্রকৃতির বন্ধনের উপর নির্ভর করতে হয়।

পেপটাইড শৃঙ্খলে -H বন্ধন সৃষ্টিকারী আমিনো এসিডগুলোর মধ্যে, তাদের অবস্থান অনুযায়ী, যে প্রাথমিক ভাঁজের সৃষ্টি হবে তাতে পানিবিকর্ষী পার্শ্ব-শৃঙ্খলবিশিষ্ট অ্যামিনো এসিডগুলো কাছাকাছি আসবে। পরবর্তীকালে –S যুক্ত অ্যামিনো এসিডগুলো কাছাকাছি এসে S-S বন্ধন সৃষ্টি করে আর একধাপ ভাঁজের সৃষ্টি করে। এই ভাঁজ সৃষ্টিতে ডাই-সালফাইড আইসোমারেজ সাহায্য করে থাকে। এসব উপায়ে বিভিন্ন প্রকৃতির ভাঁজ সৃষ্টি করে একটি পেপটাইড তার সঠিক সক্রিয় আকৃতি পায় ও কার্যকর প্রোটিনে পরিণত হয় (চিত্র ৫.২২)। এ বিষয়ে প্রোটিন অধ্যায়ে আলোচিত হয়েছে। এসব ভাঁজ সৃষ্টিকারী অ্যামিনো এসিডের স্থানচ্যুতি বা রাসায়নিক পরিবর্তন ঘটলে প্রোটিন অকার্যকর হয়ে যায়।



চিত্র ৫.২২ : পেপটাইড সৃষ্টির পর নির্ধারিত ভাঁজের প্রক্রিয়াকরণের পর কার্যকর প্রোটিনে পরিণত করার পদ্ধতি।

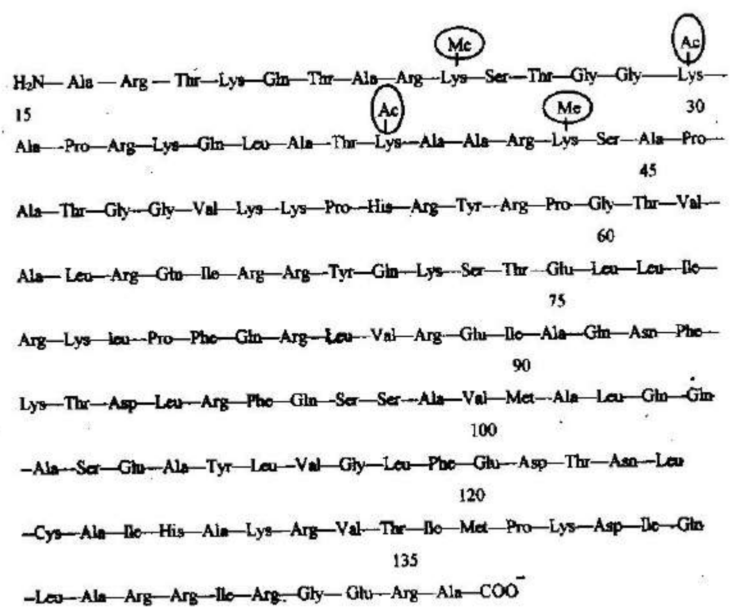
২। **অ্যামিনো এসিডের রাসায়নিক রূপান্তর** (Chemical modifications of amino acid)

সাধারণত অ্যামিনো এসিডের যেসব রাসায়নিক রূপান্তর ঘটে তার মধ্যে রয়েছে Acetyl, Methyl, Phosphate, Hydroxyl বা Carboxyl গ্রুপের সংযোজন (সারণি ৫.১১)। অ্যামিনো

এসিডের যেসব স্থানের পরিবর্তন ঘটে তার মধ্যে রয়েছে R-গ্রুপে অবস্থিত - NH_2 বা -COOH অথবা কোনো পার্শ্ব-শৃঙ্খল গ্রুপ। হিসাব করে দেখা গেছে, সব মিলিয়ে এরূপ ২০টি স্থান রয়েছে যেখানে রূপান্তর ঘটে। অধিকাংশ ক্ষেত্রে অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপের কোনো একটি স্থানে মাত্র একটি রূপান্তর ঘটে। আবার কখনও কখনও একটি অ্যামিনো এসিডে একাধিক উপায়ে রূপান্তর ঘটতে পারে। এ পর্যন্ত ১৪০টির অধিক রূপান্তরিত অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপ সনাক্ত করা সম্ভব হয়েছে।

সারণি ৫.১১ : প্রোটিনের সাধারণ কয়েক প্রকার রাসায়নিক রূপান্তর

রাসায়নিক রূপান্তর	সক্রিয় অ্যামিনো এসিড	প্রোটিন
Acetylation	লাইসিন	H_3 হিস্টোন
Methylation	লাইসিন	H_3 হিস্টোন
Hydroxylation	প্রোলিন ও লাইসিন	কোলাজেন
Phosphorylation	সিরিন	গ্লাইকোজেন ফসফরাইলেজ
Carboxylation	গ্লুটামেট	প্রোথ্রোমবিন
N-formylation	N- প্রান্তিক গ্লাইসিন	মেলিটিন



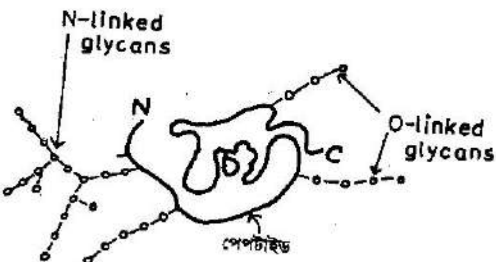
চিত্র ৫.২৩ : Calf thymus-এর H_3 প্রোটিনের অ্যামিনো এসিড অনুক্রম। এখানে ৯ নম্বর ও ২৭ নম্বর অবস্থানে লাইসিনের মিথাইলেশন এবং যথাক্রমে ১৪ নম্বর ও ২৩ নম্বর অবস্থানে লাইসিনের অ্যাসিটাইলেশন ঘটে।

অ্যামিনো এসিডে যেসব রাসায়নিক রূপান্তর ঘটে তা অনিয়মিত না হয়ে অত্যন্ত নিয়মিত উপায়ে সম্পন্ন হয়ে থাকে। যেমন– Calf thymus এর H3 হিস্টোন প্রোটিনে ১৩৫টি অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপ রয়েছে। এর অনুক্রমে মোট ১২টি লাইসিন অবক্ষেপ বিভিন্ন স্থানে অবস্থান করে। দেখা গেছে, এর মধ্যে মাত্র দুটি অবক্ষেপে মিথাইলেশন এবং দুটি অবক্ষেপে অ্যাসাইলেশন ঘটে (চিত্র ৫.২৩)। অনুক্রমের N-প্রান্ত থেকে ১৪ ও ২৭ নম্বরে অবস্থিত দুটি লাইসিনে মিথাইলেশন এবং ১৭ ও ২৫ নম্বরে অবস্থিত দুটি লাইসিনে অ্যাসাইলেশন ঘটে। বিভিন্ন প্রজাতি এবং একই প্রজাতির বিভিন্ন অংশের H_3 পরীক্ষা করে দেখা গেছে, উক্ত নির্দিষ্ট অনুক্রম নম্বরের পরিবর্তে অন্য কোনো নম্বরে অবস্থিত লাইসিনের পরিবর্তন কখনও দেখা যায়নি।

যেসব এনজাইমের সাহায্যে বিভিন্ন রকম রূপান্তর ঘটে সেই এনজাইমগুলো শুধু রূপান্তর ঘটায় না, একই সাথে অনুক্রমের নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডকেও সনাক্ত করে থাকে। অ্যামিনো এসিডের এসব রূপান্তর বিভিন্ন বিপাকীয় ক্রিয়ার পূর্বে প্রয়োজন হয়ে পড়ে।

৩। প্রোটিনের গ্লাইকোসাইলেশন (Glycosylation of protein)

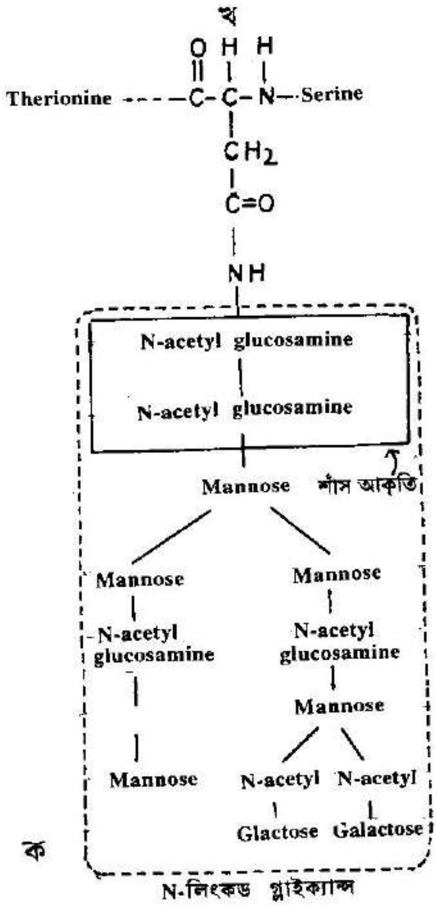
প্রোটিনের গ্লাইকোসাইলেশন এক বিশেষ প্রকৃতির রাসায়নিক রূপান্তর। যখন পলিপেপটাইডের সাথে শর্করা যুক্ত হয় তখন তাকে গ্লাইকোসাইলেশন বলে এবং সৃষ্ট প্রোটিনকে তখন গ্লাইকোপ্রোটিন বলে অভিহিত করা হয়।



চিত্র ৫.২৪ : একটি প্রোটিনের অক্সিজেন–সংযোজিত ও নাইট্রোজেন–সংযোজিত গ্লাইকেনের আকৃতি।

গ্লাইকোপ্রোটিনগুলোতে ২% থেকে ২০% পরিমাণে শর্করা থাকতে পারে। প্রায় সব ক্ষেত্রেই সংযুক্ত শর্করাগুলো ওলিগোস্যাকারাইড হিসেবে পাওয়া যায়। এক একটি ওলিগোস্যাকারাইড একককে গ্লাইকেন (glycans) নামে অভিহিত করা হয়। প্রত্যেক গ্লাইকেনে বিভিন্ন প্রকৃতির শর্করা থাকে। গ্লাইকোসাইলেশনের কারণে প্রোটিনের গঠন প্রকৃতির কিছুটা পরিবর্তন হয় (চিত্র ৫.২৪)। পেপটাইডের সাথে শর্করার যেসব রাসায়নিক বন্ধন ঘটে তার প্রকৃতি অনুযায়ী গ্লাইকোপ্রোটিনকে দু'ভাগে ভাগ করা হয়েছে।

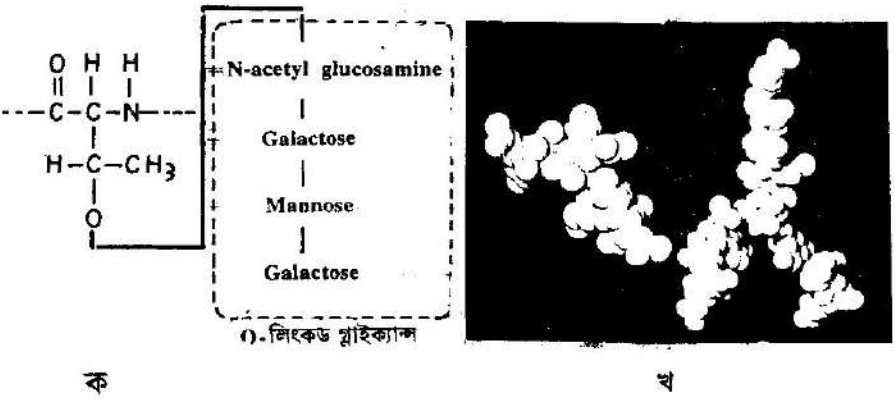
(ক) অক্সিজেন সংযোজিত ওলিগোস্যাকারাইড (O-linked oligosaccharide) : পেপটাইড অনুক্রমে অবস্থিত নির্দিষ্ট সেরিন ও থ্রিওনিনের অক্সিজেনের সাথে শর্করার বন্ধন ঘটে (Carraway ও Hall, ১৯৮৯)। অক্সিজেন–সংযোজিত শর্করাগুলো সাধারণত সরল প্রকৃতির হয়ে থাকে। এ জাতীয় শর্করার প্রকরণ সংখ্যা অনেক। অধিকাংশ অক্সিজেন–সংযোজিত গ্লাইকেনসমূহ বা N-acetyl glucosamine জাতীয় শর্করার সাহায্যে পেপটাইডের সাথে বন্ধন ঘটায় (চিত্র ৫.২৫ (১ ক,খ)।



চিত্র ৫.২৫ (১) : পেপটাইডে অক্সিজেন-সংযোজিত (ক) ও নাইট্রোজেন সংযোজিত গ্লাইকেনের (খ) রাসায়নিক গঠনাকৃতি।

(খ) নাইট্রোজেন সংযোজিত ওলিগোস্যাকারাইড : পেপটাইড অনুক্রমে অবস্থিত নির্দিষ্ট আরাজিনিন অবক্ষেপের অ্যামাইড নাইট্রোজেনের সাথে শর্করার বন্ধন ঘটে। নাইট্রোজেন সংযোজিত শর্করাগুলো O-linked-এর তুলনায় অনেকটা জটিল প্রকৃতির। সকল নাইট্রোজেন সংযোজিত গ্লাইকেনের একটি কোর বা কেন্দ্রীয় আকৃতি রয়েছে। প্রথমে একটি কেন্দ্রীয় আকৃতি গঠনের পর অন্যান্য শর্করাগুলো পরবর্তী কেন্দ্রীয় আকৃতিপ্রাপ্ত শর্করার সাথে সংযুক্ত হতে থাকে এবং শাখা-প্রশাখার সৃষ্টি করতে পারে (Kornfeld ও Kornfeld, ১৯৮৫) (চিত্র ৫.২৫ (২)।

পলিপেপটাইডের গ্লাইকোসাইলেশন প্রক্রিয়ার প্রয়োজনীয়তা সম্পর্কে এখনও বিশেষ কিছু জানা যায়নি। তবে দেখা গেছে, প্রোটিনের গঠনাকৃতির একটি স্থায়ী রূপদানে গ্লাইকোসাইলেশনের প্রয়োজনীয়তা রয়েছে (সারণি ৫.১২)। তাছাড়া বিভিন্ন প্রকৃতির পরিবেশগত পরিবর্তনে প্রোটিনকে কার্যকর রাখতে গ্লাইকোসাইলেশনের গুরুত্ব লক্ষ্য করা গেছে। ইউক্যারিওট ও ভাইরাসে সব প্রকৃতির প্রোটিনের গ্লাইকোসাইলেশন হলেও প্রোক্যারিওটের ক্ষেত্রে কোনো গ্লাইকোসাইলেশন প্রক্রিয়া ঘটে না।



চিত্র ৫.২৫ (২) : কম্পিউটার সৃষ্ট পরিসর পূর্ণকরণ মডেলে গ্লাইকেনের দৃশ্য (ক) O-linked (খ) N-linked glycans.

সারণি ৫.১২ : কয়েকটি গ্লাইকোপ্রোটিনের অলিগো-শর্করা অংশের কাজ

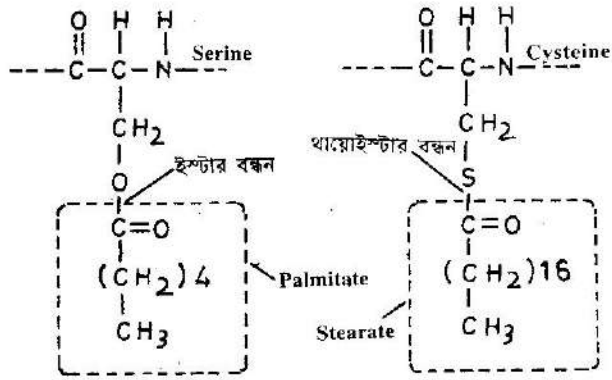
গ্লাইকোপ্রোটিন	ওলিগো-শর্করার কাজ
Immunoglobulin G	সক্রিয় করে।
Human chorionic gonadoprotein	CAMP সংশ্লেষণে সহায়তা করে।
Yeast invertase	কোষ থেকে প্রোটিন নিঃসরণে সাহায্য করে।
Yeast acid phosphatase	কোষ থেকে প্রোটিন নিঃসরণে সাহায্য করে।
Influenza haemaglutinin	প্রোপ্রোটিনের প্রোটিওলাইটিক প্রক্রিয়ায় সাহায্য করে।

৪। প্রোটিনের অ্যাসাইলেশন (Acylation of protein)

প্রোটিনে অ্যাসিলেশনও এক বিশেষ প্রকৃতির রাসায়নিক রূপান্তর। পলিপেপটাইডের সাথে যখন লম্বা শৃঙ্খলবিশিষ্ট ফ্যাটি এসিড সংযুক্ত হয় তখন তাকে অ্যাসিলেশন বলে। প্রোক্যারিওটে কোনো প্রকার অ্যাসিলেশন ঘটে না। ইতোমধ্যে বেশ কয়েক প্রকৃতির অ্যাসিলেশন প্রক্রিয়া জানা সম্ভব হয়েছে (Towler *et al.*, ১৯৮৮)। এর মধ্যে দুটি প্রক্রিয়া সচরাচর ঘটে থাকে।

(ক) এস্টার বা থায়ো-এস্টার বন্ধন (Ester or thioester bond)

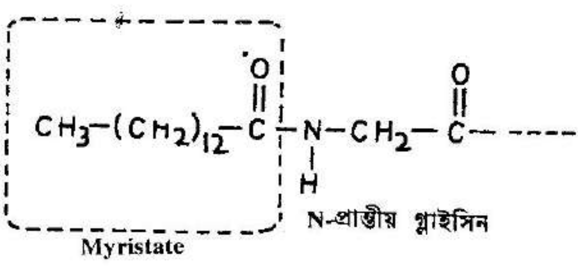
পেপটাইড অনুক্রমে নির্দিষ্ট সেরিন বা থ্রিওনিনের পার্শ্বশৃঙ্খল গ্রুপের সাথে ফ্যাটি অ্যাসাইল (fatty acyl) গ্রুপের এস্টার বন্ধন বা সিস্টিনের সাথে থায়ো-এস্টার বন্ধনের মাধ্যমে যুক্ত হয়। সাধারণত যেসব অ্যাসাইল গ্রুপ অ্যামিনো এসিডের সাথে যুক্ত হয় সেগুলো প্রধানত পালমেট স্টিয়ারেট, ওলিয়েটজাতীয় উপাদান হয়ে থাকে। এসব অ্যাসিল গ্রুপের সাহায্যে যে প্রোটিনগুলোর রূপান্তর ঘটে তাদেরকে প্রধানত মেমব্রেনের সাথে সম্পৃক্ত থাকতে দেখা যায়। এসব ফ্যাটি এসিডবিশিষ্ট পার্শ্ব-শৃঙ্খলগুলো দ্বি-মেমব্রেন স্তর তৈরিতে অংশগ্রহণ করে থাকে। তাছাড়া কিছু ভাইরাসের আবরণ-প্রোটিন সৃষ্টিতেও এই জাতীয় প্রোটিন অংশগ্রহণ করে থাকে (চিত্র ৫.২৬)।



চিত্র ৫.২৬ : দুটি অ্যামিনো এসিডের অ্যাসাইলেটেড গঠন প্রকৃতি।

(খ) নাইট্রোজেন প্রান্তীয় বন্ধন (N-terminal bond)

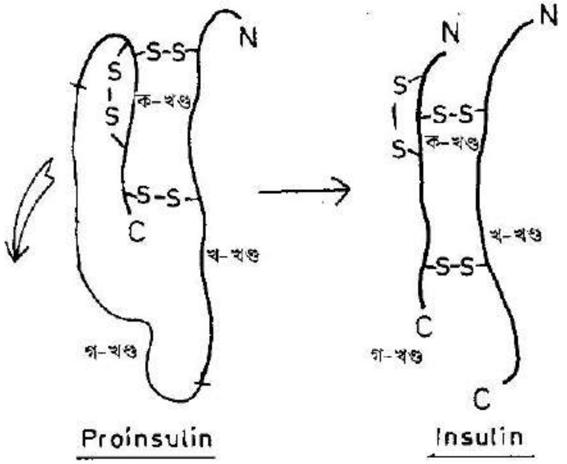
পেপটাইডের প্রান্তীয় গ্লাইসিনের প্রান্তীয় -NH_2 গ্রুপের সাথে Myristate নামক অ্যাসাইল গ্রুপ যুক্ত হয় (চিত্র ৫.২৭)। এই বিক্রিয়াটি অবশ্য পেপটাইড সংশ্লেষণের সময় ঘটে থাকে। CAMP-নির্ভর প্রোটিন কাইনেজ (dependent protein kinase) এই জাতীয় রূপান্তরিত প্রক্রিয়াজাত প্রোটিন।



চিত্র ৫.২৭ : প্রান্তীয় গ্লাইসিন অবক্ষেপের অ্যাসিটাইলেটেড অ্যামিনোর গঠনাকৃতি।

৫। প্রোটিওলাইটিক কর্তন (Proteolytic cleavage)

বেশ কিছু পেপটাইড রয়েছে যেগুলো সংশ্লেষণের পর কোনো কোনো অপ্রয়োজনীয় অংশ কেঁটে ছেঁটে ভিন্ন ভিন্ন কার্যকর প্রোটিন বা একটি কার্যকর প্রোটিনে পরিণত করে। যেমন– ইনসুলিন প্রোটিন প্রথমে যে প্রো–ইনসুলিন নামক পেপটাইড তৈরি করে তার একটি মধ্যবর্তী অপ্রয়োজনীয় অংশ এনজাইমের মাধ্যমে কেঁটে বাদ দিয়ে A এবং B নামক দুটি প্রান্তীয় খণ্ড তৈরি করে। এই প্রান্তীয় খণ্ড দুটি পূর্বেই S-S বন্ধনের সাহায্যে যুক্ত থাকে। মধ্যেবর্তী অংশ সরে গেলে পেপটাইড খণ্ড দুটি ইনসুলিন হিসেবে কার্যকর হয় (চিত্র ৫.২৮)।



চিত্র ৫.২৮ : প্রো-ইনসুলিনের প্রোটিওলাইটিক উপায়ে কর্তিত হবার পর কার্যকর ইনসুলিনে পরিণত।

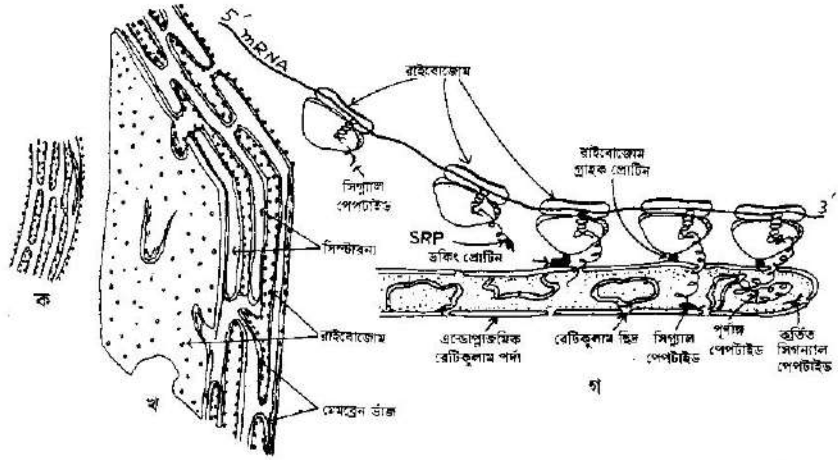
৫.৬. আবদ্ধ ইউক্যারিওটিক রাইবোজোম (Bound eukaryotic ribosome)

প্রোক্যারিওটে রাইবোজোম যখন অর্থকরণে অংশগ্রহণ করে থাকে তখন তা কোনো স্থানের সাথে আবদ্ধ থেকে অর্থকরণ করে না। কিন্তু ইউক্যারিওটে রাইবোজোম প্রধানত আবদ্ধ অবস্থায় প্রোটিন সংশ্লেষণ করে থাকে। অর্থকরণের প্রয়োজনে রাইবোজোম যখন যুক্ত হয় তখন তা মুক্ত অবস্থায় থাকে— এই অবস্থায় অর্থকরণের প্রারম্ভিক যৌগ সাইটোসলে (cytosol') ভাসমান অবস্থায় থাকে। কিন্তু বর্ধিতকরণের সূচনালগ্নে রাইবোজোম এসে এন্ডোপ্লাজমিক জালিকার সাথে আবদ্ধ হয়ে যায়। রাইবোজোমের এরূপ আবদ্ধ অবস্থাকে অমসৃণ এন্ডোপ্লাজমিক জালিকা বলে, আর আবদ্ধ না থাকলে তাকে মসৃণ এন্ডোপ্লাজমিক জালিকা বলে। এন্ডোপ্লাজমিক জালিকা এক প্রকার কুণ্ডলায়িত বা ভাঁজকৃত পর্দাবিশেষ। এই পর্দা লম্বালম্বি ভাঁজের ফলে একপ্রকার চ্যাপ্টা কোষ বা থলের ন্যায় দৃশ্যমান হয়। থলের ন্যায় ভিতরের অংশকে সিস্টারনা (cisterna) বলে। পর্দার মাঝে মাঝে যে ছিদ্রপথ রয়েছে তার মাধ্যমে সিস্টারনার সাথে সাইটোসল যোগাযোগ রক্ষা করে। পর্দার বহিঃ ও অন্তঃস্তর রয়েছে। রাইবোজোম কেবল বহিঃস্তরের সাথে আবদ্ধ হতে পারে।

প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় বর্ধিতকরণের প্রারম্ভিক অবস্থায় রাইবোজোম কোনোভাবে আবদ্ধ থাকে না। পেপটাইড বর্ধিতকরণের কোনো এক সময় যখন N-প্রান্তে কিছু পানিবিকর্ষী অ্যামিনো এসিড যুক্ত হয় তখন তা বিশেষভাবে সক্রিয় হয়ে ওঠে। এই বিশেষ প্রান্তকে তখন সংকেতদাতা অনুক্রম বলে। এই সংকেতদাতা অনুক্রমকে তখন রাইবোনিউক্লিওপ্রোটিন নামক সংকেতদাতা (recognition particle-SRP) সনাক্ত করে ও যুক্ত হয়ে যায়। SRP-সংকেতদাতা অনুক্রম যৌগ এ সময়ে এন্ডোপ্লাজমিক জালিকার (ER)-এর গায়ে অবস্থিত ডকিং প্রোটিনের (docking

protein) সাথে যোগসূত্র ঘটায় এবং ER-এর পৃষ্ঠদেশের কাছাকাছি নিয়ে আসে। শীঘ্রই SRP সংকেতদাতা অনুক্রম ও ডকিং প্রোটিন যৌগ থেকে মুক্ত হয়ে যায় যখন রাইবোজোমের গায়ে রাইবোজোম গ্রাহী প্রোটিন যোগ হয়। এই গ্রাহী প্রোটিনগুলো ER–এর পৃষ্ঠদেশে রাইবোজোমকে আবদ্ধ করে রাখে। রাইবোজোম গ্রাহী প্রোটিনগুলো ER–এর ছিদ্রের খুব কাছাকাছি থাকে বলে অনুমিত হয়।

পেপটাইডের সংকেতদাতা অনুক্রম যখন SRP–এর সাথে যুক্ত হয় তখন কিছুক্ষণের জন্য স্থানান্তর বন্ধ থাকে। রাইবোজোম ER-এর গায়ে রাইবোজোম গ্রাহীর সাথে যখন আবদ্ধ হয় তখন সাথে সাথে স্থানান্তর (translocation) পুনঃআরম্ভ হয়। এসময়ে পুনঃবর্ধিত পেপটাইড ER এর ছিদ্রের ভিতর দিয়ে সিসটারনাতে প্রবেশ করে (চিত্র ৫.২৯)। সিসটারনাতে প্রবেশকৃত N-প্রান্তের সিগ্নাল অনুক্রমটি সংকেতদাতা পেপটাইডেজের সাহায্যে কর্তিত হয়। এই অনুক্রমটিতে ২০টি অ্যামিনো এসিড থাকে (চিত্র ৫.৩০)। বর্ধিত পেপটাইড একসময় সংশ্লেষণ শেষে সিসটারনাতে প্রবেশ করে। বিভিন্ন অন্তঃকোষীয় অঙ্গাণু প্রোটিন বা মেমব্রেন প্রোটিনসমূহ এভাবে 'আবদ্ধ রাইবোজোমের' সাহায্যে সৃষ্টি হয়।



চিত্র ৫.২৯ : এন্ডোপ্লাজমিক পর্দার গায়ে আবদ্ধ রাইবোজোমের মাধ্যমে প্রোটিন সংশ্লেষণ পদ্ধতি ; (ক) এন্ডোপ্লাজমিক রেটিকুলামের একটি গাঠনিক অংশ ; (খ) ইলেক্ট্রোন অণুবীক্ষণ যন্ত্রে এন্ডোপ্লাজমিক রেটিকুলামের ভাঁজ ও তার গায়ে আবদ্ধ রাইবোজোম (অঙ্কিত) ; (গ) রেটিকুলামের একটি ভাঁজ ও তার গায়ে প্রোটিন এবং সংশ্লেষণরত পলিরাইবোজোমের বিভিন্ন অবস্থা।

NH_2 - Met - Arg - Ser - Leu - Leu - Ile - Leu - Val - Leu - Cys - Phe - Leu - Pro -

Leu - Ala - Ala - Lue- Gly - | Gly - Lys ---------

NH_2 - Met - Lys - Trp - Val - Thr - Phe - Leu - Leu - Leu -Leu - Phe - Ile - Ser-

Gly - Ser - Ala -Phe - Ser- | Arg ----------

চিত্র ৫.৩০ : একটি সিক্রেটরি প্রোটিনের সংকেত প্রদানকারী অনুক্রম। পানিবিকর্ষী অ্যামিনো এসিডগুলোর নিচে দাগ দেয়া হয়েছে। সংকেত প্রদানকারী পেপটাইডেজ যে অংশ কর্তন করে সে অংশটি লম্বা দাগ দিয়ে দেখানো হয়েছে।

৫.৭. mRNA অণুর আয়ুষ্কাল (Life-time of mRNA)

একটি mRNA অণুর আয়ুষ্কাল অর্ধায়ুতে (half-life) প্রকাশ করা হয়। অন্যান্য RNA অণুর তুলনায় (rRNA, tRNA) mRNA অণুর জীবনকাল অত্যন্ত কম। প্রোক্যারিওটে রাইবোজোমের উপর অর্থকরণ চলতে থাকা অবস্থায় mRNA অণুর ৫' প্রান্ত কর্তিত হতে থাকে। Shine-Dalgarno অনুক্রমটি যদি একবার কর্তিত হয়ে যায় তবে তার অর্থকরণ পুনরায় সম্ভব নয়। প্রোক্যারিওটের mRNA অণুসূত্রের গড় অর্ধায়ু প্রায় ১.৮ মিনিট। যেসব এনজাইম mRNA অণুর কর্তন করে তার মধ্যে রাইবোনিউক্লিয়েজ III (endo) এবং রাইবোনিউক্লিয়েজ R (exo) বিশেষভাবে সনাক্ত করা হয়েছে।

সময়ের দিক থেকে বিবেচনা করলে মনে হবে mRNA–এর সৃষ্টি ও কর্তন এটি অত্যন্ত ব্যয়বহুল ও অপচয় প্রক্রিয়া। কিন্তু কোষের কর্মনিয়ন্ত্রণ পদ্ধতিতে এই স্বল্পস্থায়ী mRNA অণুর বিশেষ গুরুত্ব রয়েছে। কোষে যখন কোনো বিশেষ প্রোটিনের প্রয়োজন হয় তখন সাথে সাথে প্রয়োজনীয় জিন বা জিনসমূহ সক্রিয় হয়ে উঠে কয়েক সেকেন্ডের মধ্যে mRNA অনুলিপন করে ফেলে। আবার যখন প্রয়োজন ফুরিয়ে যায় উচ্চ টার্ন–ওভার মাত্রার (Turn-over rate) কারণে তখন খুব অল্প সময়ের মধ্যে mRNA কর্তিত হয়ে বিলীন হয়ে যায়। সুতরাং আপাতত অপচয় মনে হলেও কোষের বিভিন্ন জৈব রাসায়নিক ক্রিয়া-কর্ম দ্রুত নিয়ন্ত্রণে উচ্চ টার্ন–ওভার মাত্রার অত্যন্ত প্রয়োজন। একটি mRNA অণুর স্থায়ী কালের মধ্যে ১৫ থেকে ২০টি রাইবোজোম চক্র সম্পন্ন করতে পারে।

ইউক্যারিওটের mRNA প্রোক্যারিওটের তুলনায় অধিক সময় পর্যন্ত স্থায়ী হয়। ম্যামালিয়ান কোষের অর্ধেক mRNA অণুর অর্ধায়ু প্রায় ৬ ঘন্টা এবং বাকি অর্ধেক mRNA অণুর অর্ধায়ু প্রায় ২৪ ঘন্টা। কোনো কোনো কোষের mRNA উক্ত সময়ের চেয়েও অধিক স্থায়ী হয়। একটি অণুর স্থায়ীকালের মধ্যে প্রায় ১৫,০০০টি প্রোটিন অণু সংশ্লেষণ করতে পারে। পরিবেশের প্রভাবে সক্রিয়তা কম-বেশি হতে পারে।

তথ্যপঞ্জি

Carraway, K.L. and S.R. Hall 1989. *BioEssays, 10* : 177-121.

Clark, B. 1980 *Trends Biochem. Sci., 5* : 207 - 210.

Crick, F.H.C. 1966. *J. Mol. Biol., 19* : 548-555.

Crick, F.H.C. 1968 *Sci. Amer., 215* (4) : 55-62.

Crick, F.H.C, F.R.S.L. Barrett, S. Brenner and R.J.Watts-Tobin. 1961. *Nature, 192*: 1227-1232.

Fox, T.D. 1985. *Nature (Lond.), 314* : 132-133.

Hunt, T. 1980. *Trends Biochem. Sci., 5* : 175-181.

Kornfeld, R. and S. Kornfeld. 1985. *Ann. Rev. Biochem., 45* : 631-664.

Mitra, V., H. Brenner and R.S. Binnett. 1982. *Ann. Rev. Biochem.* 51 : 869-900.

Nirenberg, M. W. and H. Mathaei, 1981. *Proc.Natl Acad. Sci., USA., 47* :1588-1602.

Nirenberg, M.W. and P. Leader, 1964. *Science, 145* : 1399-1407.

Ochoa, S. 1955. *Proc. Natl Acad. Sci. USA., 40* : 1401-1409.

Shine, J. and L. Delgarno. 1974. *Proc. Natl Acad. Sci.*, USA. *71* : 1342-1346.

Towler, D.A., P. Schmmet and S. Hans. 1988. *Ann. Rev. Biochem., 57*: 69-99.

Yanofsky, C., B.C. Carlton, J.R. Guest, D.R. Helsinki and U. Henning. 1964. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA 51* : 266-272.

ষষ্ঠ অধ্যায়

জিন নিয়ন্ত্রণ

Gene regulation

জিন ব্যক্তকরণের মাধ্যমে জীবের সকল বৈশিষ্ট্য নিয়ন্ত্রিত হয়। কোষের বিপাক, গঠন, বৃদ্ধি, প্রজনন ইত্যাদি সকল জৈব প্রক্রিয়াসমূহ জিন অনুলিপন ও অর্থকরণ তথা প্রোটিন সৃষ্টি করে তার মাধ্যমে নিয়ন্ত্রণ করে থাকে।

বিভিন্ন জৈব প্রক্রিয়া একই সময় না ঘটে তা সময়ানুযায়ী কার্যকর হয়। তাছাড়া বহুকোষীয় জীবের বিভিন্ন কলাতন্ত্রের বিভিন্ন প্রকৃতির জৈব প্রক্রিয়া এক জটিল সমন্বিত পদ্ধতিতে চালিত হয়। এর ফলে জীবনের বিভিন্ন সময়ে বিভিন্ন চরিত্র ফুটে ওঠে।

নানা ধরনের পরিবেশ ও পরিস্থিতির ফলে জৈব প্রক্রিয়ারও পরিবর্তন ঘটে। পরিবর্তিত পরিস্থিতির মোকাবেলা করতে বিভিন্ন জিনকে বিভিন্নভাবে সক্রিয় এবং নিষ্ক্রিয় থাকতে হয়।

ভিন্ন ভিন্ন পরিবেশে বিভিন্ন সময়ে তার জটিল জৈব প্রক্রিয়া একটি সুনিয়ন্ত্রিত উপায়ে না ঘটলে জীবন কার্যকর হতো না। তাই জিনগুলোকে একটি সুনিয়ন্ত্রিত উপায়ে কাজ পরিচালনা করতে হয়।

প্রয়োজনে একটি জিন যখন কার্যকর হয় (on) অন্য জিনটি তখন অপ্রয়োজনে নিষ্ক্রিয় হয় (off)। এভাবে জিনের কার্যকর ও নিষ্ক্রিয় প্রক্রিয়ায় জীবনের স্পন্দনকে স্বয়ংসম্পূর্ণ ও গতিশীল করে রাখছে।

কোষের কিছু কিছু জৈব প্রক্রিয়া রয়েছে যা সবসময়ে ঘটে থাকে। যেমন– রাইবোজোমের প্রয়োজনীয় উপাদানসমূহ, RNA পলিমারেজ, DNA পলিমারেজ, শ্বসনের প্রয়োজনীয় এনজাইমসমূহ সৃষ্টিকারী জিনগুলোকে সবসময়ে সক্রিয় থাকেত হয়। কারণ এসব মৌলিক প্রক্রিয়াগুলো বন্ধ রাখলে জীবন রক্ষা করা সম্ভব হবে না। এসব মৌলিক উপাদান ও প্রক্রিয়াগুলোকে প্রতি মূহুর্তের জন্য সচল রাখতে হয়। এসব প্রক্রিয়ার উপাদান সৃষ্টিকারী জিনসমূহকে জীবনের প্রথম থেকে শেষ পর্যন্ত সক্রিয় থাকতে হয়।

বিজ্ঞানীরা এই প্রকৃতির জিনগুলোকে "গৃহপরিচালিকা" (house keeping) জিন বলে অভিহিত করে থাকেন। তুলনামূলকভাবে কোষের স্বল্পসংখ্যক জিন এই গৃহপরিচালিকাজাতীয়। গৃহপরিচালিকা জিন ছাড়া আর যেসব জিন রয়েছে তা শুধু প্রয়োজনে ব্যক্ত করে থাকে। প্রয়োজন শেষ হলে তা ঘুমন্ত বা সুপ্ত অবস্থায় থাকে। এই জাতীয় জিনগুলো সুনিয়ন্ত্রিত উপায়ে আবার কার্যকর হয়। কারণ সকল জিনকে একই সাথে কার্যকর রাখতে হলে বিপুল শক্তির প্রয়োজন হয়।

তাছাড়া উৎপাদিত উপাদান সংরক্ষণ ও তাকে কার্যকর করে রাখতেও শক্তির প্রয়োজন হয়। কোষ নিষ্প্রয়োজনে শক্তির অপচয় থেকে রক্ষা পেতে জিন বা জিনসমূহকে কেবল প্রয়োজনে

সক্রিয় এবং অপ্রয়োজনে সুপ্ত রেখে এক সমন্বিত জিন নিয়ন্ত্রণের উদ্ভব ঘটিয়ে জীবন পরিচালনা করছে।

৬.১. জিনের কার্যনিয়ন্ত্রণ কৌশল

জিন কিভাবে তার কার্যনিয়ন্ত্রণ করে তা নিয়ে এই শতাব্দির প্রথম থেকে বিজ্ঞানীগণ ভারতে শুরু করেন। প্রথম দিকে কোষাভ্যন্তরে রাসায়নিক বিক্রিয়ার গতি-প্রকৃতি দেখে জিনের কার্যনিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি জানার চেষ্টা করা হয়। পরবর্তীকালে চরিত্রের বিকাশ সম্পর্কিত ফলাফল দেখে জিন নিয়ন্ত্রণ বিষয়ের জ্ঞান আহরণের চেষ্টা করা হয়।

বিংশ শতাব্দির প্রথমদিকে এ বিষয়ে Stearn, Morgan ও Müller নামক বিভিন্ন বিজ্ঞানীগণ *Drosophilla melanogaster*-এর উপর কাজ করে অনেক তথ্যবহুল গবেষণা প্রকাশ করেন।

এরপর Beadle ও Tatum (১৯৪৫) ও অন্যান্য অনেক বিজ্ঞানী *Neurospora crassa* নামক ছত্রাকের পুষ্টি বিষয়ক গবেষণার মাধ্যমে জিন নিয়ন্ত্রণ কৌশল নির্ণয় করার চেষ্টা করেন। কিন্তু তখন পর্যন্ত DNA অণুর গঠনাকৃতি ও আণবিক জীববিজ্ঞান বিষয়ক জ্ঞান সীমিত থাকার কারণে তেমন কোনো গুরুত্বপূর্ণ তথ্য দেয়া সম্ভব হয়ে উঠেনি।

১৯৬০ এর দশকের পূর্বে অধিকাংশ ব্যাখ্যা জৈব রাসায়নিক চরিত্রের বিশ্লেষণভিত্তিক ছিল। একটি কোষে কোনো একটি উপাদান কি পরিমাণে সৃষ্টি হলো তার উপর নির্ভর করে থাকে তার নিজের ও অন্য আর একটি জিনের ক্রিয়া-কর্ম।

একটি বিশেষ সময়ের মধ্যে কোনো একটি জিন কত অণু পদার্থ সৃষ্টি করলো এবং একটি সময়ের মধ্যে উৎপাদিত পদার্থ ভেঙে কত পরিমাণ উৎপাদকের সৃষ্টি হলো তার উপর নির্ভর করে জিনের কার্যধারা ও তার নিয়ন্ত্রণের ব্যাখ্যা দেয়া হয়।

কিন্তু জিনের কার্যনিয়ন্ত্রণ বিষয়ক জৈব-রাসায়নিক বিশ্লেষণের চেষ্টা বেশ সাধারণ এবং সরল প্রকৃতির বলে মনে হয়। কিন্তু আণবিক জীববিজ্ঞানীগণ এটি একটি জটিল প্রক্রিয়ারূপে বর্ণনা করেন। আণবিক জীব বিজ্ঞানীগণ উৎপাদন ও উৎপাদকের কার্যনিয়ন্ত্রণ পদ্ধতির বিষয়কে অনেকটা গৌণ বলে উল্লেখ করেন। জীনের নিয়ন্ত্রণ কৌশল প্রধানত অনুলিপন অধ্যায়ে ঘটে থাকে বলে বিজ্ঞানীরা চিহ্নিত করতে পেরেছেন।

৬.২. জিনের কার্যনিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া (Mechanism of gene regulation)

Francis Jacob ও Jacques Monod (১৯৬১) প্রথমে জিনের কার্যধারা ও তার নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতির সঠিক ব্যাখ্যা তুলে ধরতে সক্ষম হন। এঁই বিজ্ঞানীদ্বয় *E. coli*-এর ল্যাক (*lac*) জিন নিয়ে কাজ করেন।

ল্যাক্টোজজাতীয় শর্করার উপস্থিতিতে *lac* জিন কিভাবে কার্যকর ও নিয়ন্ত্রণ হয় তা এমন এক পরিচ্ছন্ন পরীক্ষার মাধ্যমে ব্যাখ্যা করেন যে, তা এখন শুধু ব্যাকটেরিয়ার জন্য প্রয়োজ্য না হয়ে সকল জীবজগতের জন্য এক আদর্শ উদাহরণ হিসেবে বিবেচিত হয়ে আসছে। তাদের এই কাজটি *lac* অপেরন (lac-operon) বলে সুপরিচিত।

ফ্রান্কিস জ্যাঁকব
(Francois Jacob)
জন্ম : ১৭-০৬-১৯২০,
ন্যান্সি, ফ্রান্স।

জাঁক মনো
(Jaques Monod)
জন্ম : ০৯-০২-১৯১০,
প্যারি, ফ্রান্স।
মৃত্যু : ৩১-০৫-১৯৭৬
প্যারি, ফ্রান্স।

জ্যাঁকব ও মনো এই দুই বিজ্ঞানী ফ্রান্সেই লেখাপড়া শেষ করেন। মনো যখন ১৯৪০ সালে প্যারি বিশ্ববিদ্যালয় থেকে পি-এইচ.ডি অর্জন করেন তখন জ্যাঁকব একই বিশ্ববিদ্যালয়ে চিকিৎসা বিজ্ঞানের ছাত্র।

কিন্তু তখন দ্বিতীয় বিশ্বযুদ্ধ শুরু হয়ে গেলে দু'জনই যুদ্ধে অংশগ্রহণ করেন। জ্যাঁকব ১৯৪৪ সালে নরমন্ডিতে যুদ্ধ করার সময় গুরুতর আহত হন।

যাহোক, যুদ্ধ শেষে সুস্থ্য হয়ে তিনি আবার লেখাপড়া শুরু করেন এবং একই বিশ্ববিদ্যালয় থেকে এম.ডি. ডিগ্রি লাভ করেন।

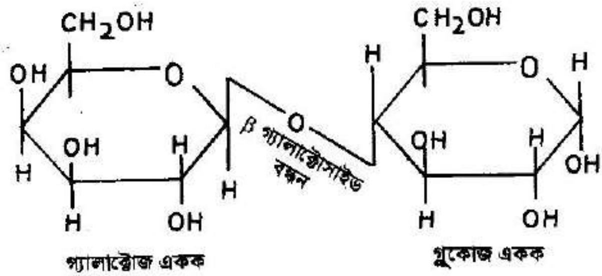
জ্যাঁকব এবং মনো তাদের গবেষণা কাজের জন্য বিখ্যাত লুঁই পাস্তুর ইন্‌স্টিটিউটে যোগদান করেন। জ্যাঁকব প্রথম দিকে André Lwoff এবং Elie Wollman-এর তত্ত্বাবধানে ব্যাকটেরিয়োফাজের উপর গবেষণা কাজ সম্পন্ন করেন।

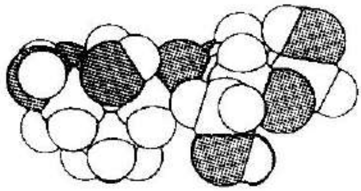
জ্যাঁকব এরপর মনোর সাথে সহযোগী গবেষক হিসেবে কাজ করতে শুরু করেন। এসময়ে তাঁরা mRNA অণু ও তার কার্যপ্রণালীর ধারণা দেন।

১৯৬১ সালে তাঁরা দুজনে অপেরন তত্ত্ব প্রকাশ করেন যা জিন ব্যক্তকরণের মডেল হিসেবে প্রতিষ্ঠা লাভ করে। এই আবিষ্কারটি আণবিক জীববিজ্ঞানের একটি গুরুত্বপূর্ণ মাইলফলক হিসেবে চিহ্নিত।

তাঁদের এই কাজের স্বীকৃতি স্বরূপ ১৯৬৫ সালে Lwoff-এর সাথে যৌথভাবে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

ল্যাকটোজ (lactose) এক প্রকার দ্বিশর্করাজাতীয় পদার্থ যা দুধের মধ্যে বিদ্যমান। এই শর্করাতে একটি গ্লুকোজ ও একটি গ্যালাকটোজ (galactose) একক রয়েছে যা β – গ্যালাকটোসাইডিক বন্ধন দ্বারা আবদ্ধ থাকে (চিত্র ৬.১)।





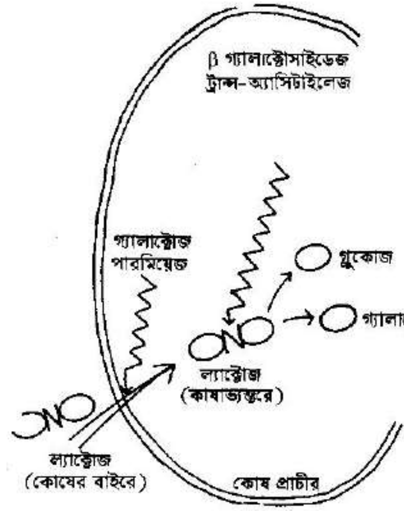
চিত্র ৬.১ : ল্যাক্টোজের গঠনাকৃতি।
(ক) রাসায়নিক গঠন ; (খ) কম্পিউটার সৃষ্ট পরিসর সৃষ্টিকারী (space filling) মডেল।

ল্যাকটোজ বিপাক ক্রিয়ার শক্তি ও বিভিন্ন জৈব পদার্থ সৃষ্টির জন্য কার্বনের উৎস হিসেবে ব্যবহৃত হয়। *E. coli* যখন ল্যাকটোজ ব্যবহার করবে তখন প্রথম ধাপে ল্যাকটোজ অণুকে কোষের বাইরে থেকে ভিতরে অনুপ্রবেশ করায় এবং দ্বিতীয় ধাপে তাকে বিশ্লিষ্ট করে β–গ্যালাক্টোসাইড বন্ধনমুক্ত করে গ্লুকোজ ও গ্যালাকটোজ অণুতে পরিণত করে। ভিতরে প্রবেশ করতে সাহায্য করা ও তাকে বিশ্লিষ্ট করতে দুটি এনজাইম কাজ করে থাকে। β–গ্যালকোসাইডেজ পারমিয়েজ নামক একটি এনজাইম (৩০,০০০ d.,একটি মনোমার) ল্যাকটোজ অণুকে বাইরে থেকে ভিতরে প্রবেশ করতে সাহায্য করে এবং β–গ্যালাক্টোসাইডেজ নামক আর একটি এনজাইম (৫,০০,০০০ d, একটি টেট্রামার) β – গ্যালাক্টোসাইড বন্ধন মুক্ত করে গ্লুকোজ ও গ্যালাকটোজে পরিণত করে।

গ্লুকোজ অণু সহজেই গ্লাইকোলাইটিক পথে (শ্বসন প্রক্রিয়া) প্রবেশ করে শক্তি উৎপন্ন করে। গ্যালাকটোজ পরবর্তীতে গ্লুকোজ রূপান্তরিত হয়ে একই উদ্দেশ্যে গ্লাইকোলাইটিক পথে প্রবেশ করে। তৃতীয় আর একটি এনজাইম, β–গ্যালাক্টোসাইড ট্রান্স–এসিটাইলেজ, এখানে অংশগ্রহণ করে। এই এনজাইমটি acetyl-CoA থেকে একটি acetyl-গ্রুপ β–গ্যালাক্টোসাইডের নিকট হস্তান্তর করে।

প্রকৃতিতে ল্যাকটোজ ছাড়া আরও অনেক গ্যালাক্টোসাইড রয়েছে যা পারমিয়েজ ও গ্যালাক্টোসাইডেজের সাবস্ট্রেট হিসেবে কাজ করে থাকে। কিন্তু এর অধিকাংশ বিপাকীয়

ক্রিয়ায় অংশগ্রহণ না করে কোষে জমতে থাকে। এর ফলে কোষে বিষক্রিয়া হতে পারে। এরূপ হলে ট্রান্স-এসিটাইলেজ এনজাইম এসিটাইলেশনের মাধ্যমে তাকে নির্বিষ করে দেয়। মনে রাখা দরকার যে, ট্রাইন্স-এসিটাইলে কখনও সাবস্ট্রেট হিসেবে ল্যাকটোজকে ব্যবহার করে না (চিত্র ৬.২)।



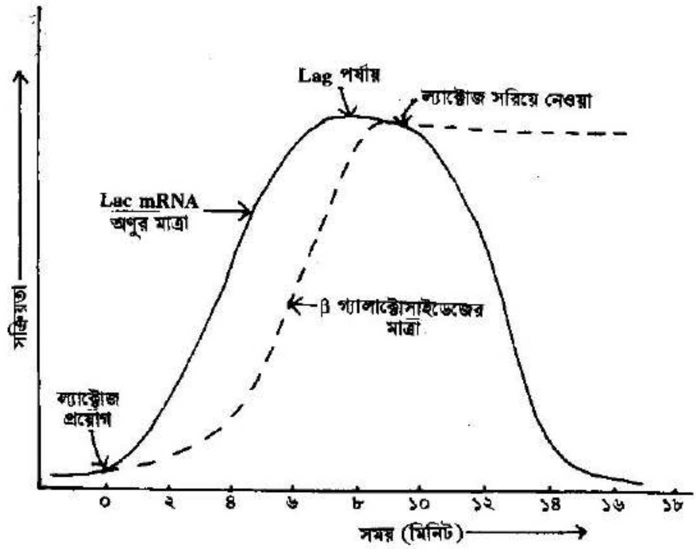
চিত্র ৬.২ : *E. coli* কোষে ল্যাক্টোজের ব্যবহার পদ্ধতি।

পুষ্টি দ্রবণে ল্যাকটোজের অনুপস্থিতে *E. coli* যখন চাষ করা হয় তখন গ্যালাক্টোসাইডেজ ও পারমিয়েজের তৎপরতা বিশেষ লক্ষ্য করা যায় না। কিন্তু পুষ্টি দ্রবণে যখন ল্যাকটোজ প্রয়োগ করা হয় তখন সাথে সাথে উক্ত এনজাইম দুটির তৎপরতা বহুগুণ বেড়ে যায়। কারণ উক্ত এনজাইমগুলো খুব দ্রুততার সাথে সেই সময় সংশ্লেষণ হয়। কোষাভ্যন্তরে কোনো প্রকার সংরক্ষিত বা সমতা অবস্থায় পতিত কোনো গ্যালাক্টোসাইডেজ বা পারমিয়েজের জন্য এরূপ ঘটে না।

তাছাড়া দেখা গেছে, একই সময়ে উক্ত এনজাইমসমূহের mRNA অণুসংখ্যাও দ্রুত বৃদ্ধি ঘটে। ল্যাকটোজবিহীন অবস্থায় কোষে উক্ত এনজাইমের মাত্র ৩ থেকে ৫টি অণু পাওয়া যায়; কিন্তু যখনই ল্যাকটোজ সরবরাহ করা হয় তখনই ১ থেকে ২০ মিনিটের ভেতর ৩,০০০ থেকে ১,০০,০০০টি অণুসংখ্যার সৃষ্টি হয়ে যায়।

অনুরূপভাবে যখনই ল্যাকটোজ সরিয়ে ফেলা হয় তখনই আবার দ্রুততার সাথে এনজাইমসমূহের সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যায় এবং তিন মিনিটের মধ্যে mRNA অণুসংখ্যা অর্ধেকে নেমে আসে। গ্যালাকটোজ ও পারমিয়েজ এনজাইম দুটি অনেকটা স্থায়ী এবং কয়েক প্রজন্ম পরেও কোষে তা সক্রিয় থাকে (চিত্র ৬.৩)।

ব্যাকটেরিয়ার দ্রুত বংশবৃদ্ধির ফলে উক্ত এনজাইমগুলোর সংখ্যা বিভাজন সংখ্যার সাথে সামঞ্জস্য রেখে কমে যেতে থাকে। কোনো জিনকে সক্রিয়ভাবে কার্যকর করার জন্য যেসব পদার্থ প্রভাবিত করে থাকে তাকে প্রবর্তনকারী (inducer) বলে। এখানে ল্যাকটোজ অণু *Lac* জিনের প্রবর্তনকারী হিসেবে কাজ করে। অনেক সময় প্রবর্তনকারী সাবস্ট্রেট হিসেবেও কাজ করে থাকে।

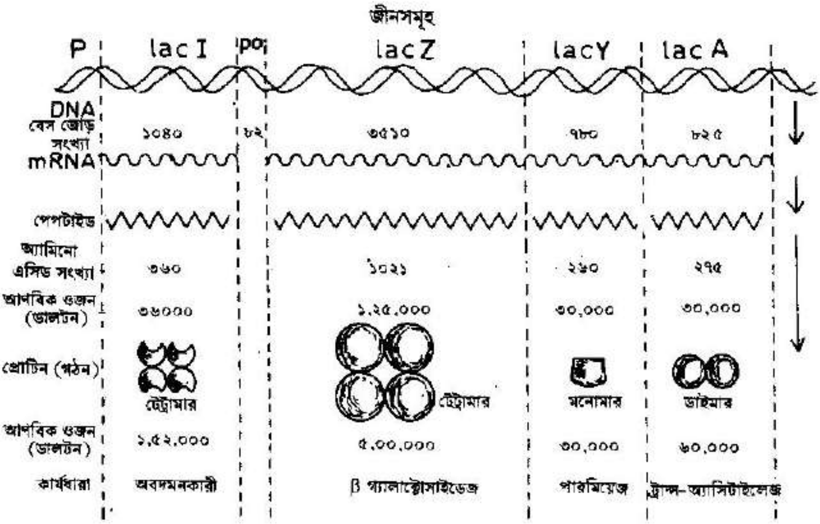


চিত্র ৬.৩ : *E. coli* এর আবাদ মাধ্যমে ল্যাক্টোজ প্রয়োগ করার পর lac mRNA সংশ্লেষণ শুরু হয় এবং তা কিছু সময় পর lag অধ্যায়ে প্রবেশ করে। ল্যাক্টোজ সরিয়ে নেওয়ার পর mRNA অণুর সংখ্যা দ্রুত হ্রাস পেতে থাকে। অপরদিকে lac mRNA থেকে β–গ্যালাকটোসাইডেজ সংশ্লেষণ শুরু হয়ে তা শীঘ্রই lag অধ্যায় প্রবেশ করে। ল্যাক্টোজ সরিয়ে নেওয়ার পর mRNA অণু সংখ্যা দ্রুত নেমে গেলেও স্থিতি অবস্থায় থাকে। এনজাইমের স্থায়িত্বের কারণে অণু সংখ্যাও অনেকটা স্থিতি অবস্থায় অবস্থান করে।

৬.৩. ল্যাকটোজ অপেরন (The Lactose operon বা ল্যাক operon)

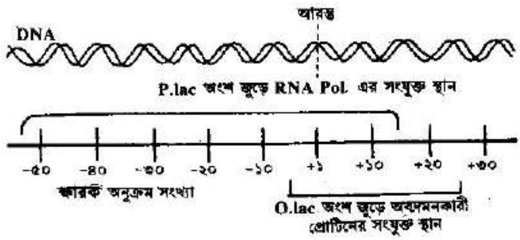
বিজ্ঞানী Jacob ও Monod বিভিন্ন উপায়ে কৌলিক বিশ্লেষণের মাধ্যমে প্রমাণ করেন যে, *E. coli* কোষে ল্যাকটোজ ব্যবহার করার জন্য তিনটি জিন থেকে এক সাথে তিন প্রকার এনজাইম সৃষ্টি করে কাজ সম্পন্ন করে। এর মধ্যে *lac*Z জিন থেকে β–গ্যালাক্টোসাইডেস; *lac*Y জিন থেকে পারমিয়েজ এবং *lac*A জিন থেকে ট্রান্স–এসিটাইলেজ নামক তিন প্রকার এনজাইম সংশ্লেষণ করে। জিনগুলো পাশাপাশি পরপর সজ্জিত থাকে। এই তিনটি জিনের কার্যকর জোটকে অপেরন (operon) বলে। *lac* জিনটি পলিসিস্ট্রোনিক চরিত্রের। এই তিনটি জিন একত্রে একটি mRNA অনুলিপন করে থাকে। জিনত্রয়ের উর্ধ্বপ্রবাহে একটি প্রবর্ধক (promoter) ও শেষে একটি সমাপ্তিকারী (terminator) রয়েছে। *Jacob* ও *Monod* এই অপেরনের উর্ধ্ব প্রবাহে *lac* I নামক আরও একটি জিন আবিষ্কার করেন। এটি একটি স্বতন্ত্র মনোসিসট্রোনিক জিন। কারণ এর নিজস্ব প্রবর্ধক ও সমাপ্তিকারী রয়েছে। এই জিনটি একটি সমটেট্রামার (মনোমার ৩৮,০০০ d) বিশিষ্ট প্রোটিন সংশ্লেষণ করে থাকে। সৃষ্ট এই প্রোটিনকে *lac*–দমনকারী বলে। কারণ এর কাজ হলো *lac* অপেরনের প্রারম্ভ অংশের সাথে যুক্ত হওয়া (চিত্র ৬.৪) এই অংশটির প্রতি দমনকারীর আসক্তি

রয়েছে। *lac*-অপরেনের যে অংশের সাথে দমনকারীটি যুক্ত হয় তাকে পরিচালনাকারীর বলে যা ^{o}lac বলে পূর্বে পরিচিত ছিল। এই পরিচালনাকারী অংশটি প্রবর্ধক ও *lac* জিনের মাঝে অবস্থান করে। দমনকারী প্রোটিনটি যখন পরিচালনাকারীর সাথে যুক্ত থাকে তখন RNA পলিমারেজ *lac*-ZYA জিনের প্রবর্ধক (P_{lac}) অংশের সাথে সংযুক্ত হতে পারে না। ফলে *lac* - জিনের অনুলিপন ঘটে না। ^{o}lac অংশটি *lac* জিনের উর্ধ্ব প্রবাহেরর ৫ থেকে প্রারম্ভ বিন্দুর ডানে + ২১ অনুক্রম পর্যন্ত বিস্তৃত। সুতরাং এটি প্রবর্ধক অংশের ডান পাশের কিছু অংশ জুড়ে রয়েছে। এর ফলে RNA pol. তার সঠিক স্থান নির্বাচন করতে পারে না বলে *lac* জিন সক্রিয় হয় না। সুতরাং দেখা যাচ্ছে *lac* I দমনকারীর মাধ্যমে অন্য জিনের ব্যক্তকরণকে নিয়ন্ত্রণ করছে (চিত্র ৬.৫)।

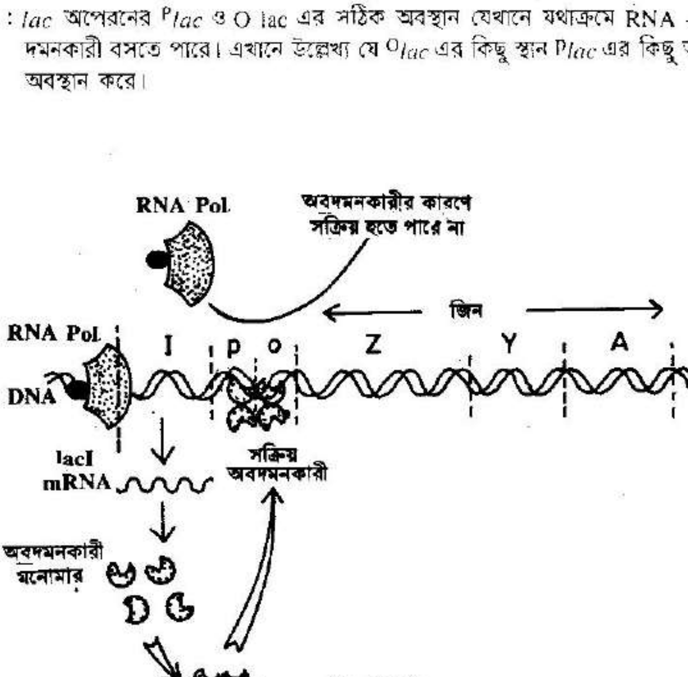


চিত্র ৬.৪ : *E. coli*–এর *lac* অপেরন। এই অপেরনটি DNA অণুর প্রায় ৫,৫০০টি ক্ষারক জোড় নিয়ে বিস্তৃত। এই *lac* জিনটি পলিসিস্ট্রোনিকবিশিষ্ট। এর প্রবর্ধক (P_{lac}) ও একটি সমাপ্তিকারী রয়েছে। অপেরনে তিনটি জিন Lac Z,Y ও A পরপর সজ্জিত। এর মধ্যে *lac* Z জিনটি সর্ববৃহৎ। এই অপেরন থেকে একটিমাত্র mRNA অণু সৃষ্টি হয় যেখান থেকে পরবর্তীকালে অর্থকরণ শেষে ভিন্ন ভিন্ন তিনটি প্রোটিন এনজাইম সৃষ্টি হয়। প্রবর্ধকের কিছু অংশ ও *lac* - Z এর কিছু অংশ নিয়ে O - *lac* বা পরিচালনাকারী সৃষ্টি হয়। *lac* জিনের উর্ধাংশে *lac* - I অবস্থিত যা একটি আলাদা মনোসিসট্রোনিক জিন ; যার নিজস্ব প্রবর্ধক ও সমাপ্তিকারী অংশ দেখানো হয়েছে।

এখানে দমনকারী প্রোটিনের দ্বিমুখী চরিত্র ফুটে উঠে। এটি একদিকে অপেরনের অনুলিপনকে বাধা দিচ্ছে অপর দিকে ক্ষুদ্রাকৃতির প্রবর্তনকারীও চিহ্নিত করতে পারছে। এ থেকে ধারণা করা হয় যে, এর দুটি সংযুক্তি অংশ (binding site) রয়েছে, একটি পরিচালনাকারীর জন্য এবং অন্যটি প্রবর্তনকারীরর জন্য (চিত্র ৬.৬)।



চিত্র ৬.৫ : *lac* অপেরনের P_{lac} ও O lac এর সঠিক অবস্থান যেখানে যথাক্রমে RNA - pol এর দমনকারী বসতে পারে। এখানে উল্লেখ্য যে O_{lac} এর কিছু স্থান P_{lac} এর কিছু অংশ জুড়ে অবস্থান করে।

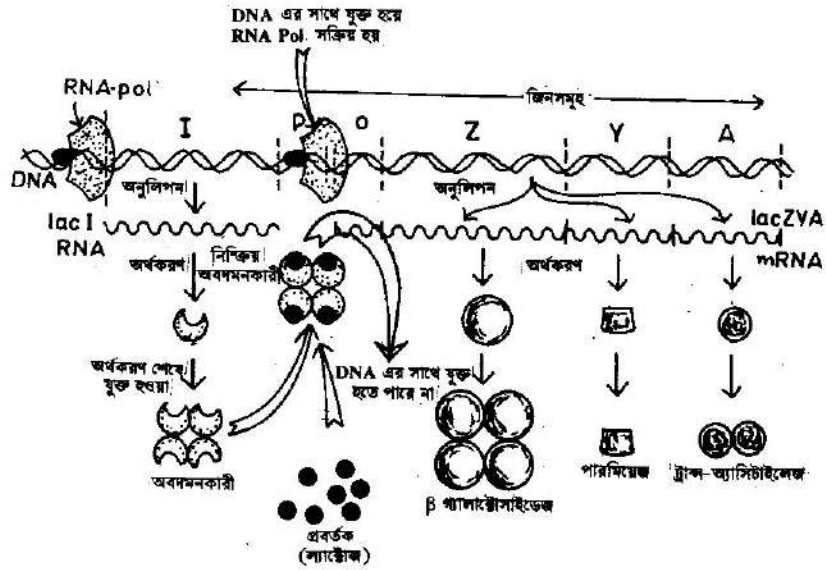


চিত্র ৬.৬ : দমনকারী *lac* অপেরনের পরিচালনাকারী সাথে যুক্ত হয়ে তাকে নিষ্ক্রিয় রাখে। RNA pol দমনকারী কারণে অনুলিপন করতে পারে না।

যখন প্রবর্তনকারী তার সংযুক্তি অংশে লেগে যায় তখন তার ত্রৈতেয় গঠনাকৃতির এমন পরিবর্তন ঘটে যায় যে, তখন পরিচালনকারীর সংযুক্তি অংশটির রূপান্তর ঘটে। ফলে দমনকারীটি আর পরিচালনকারীর সাথে যুক্ত হতে পারে না। এই প্রকৃতির সম্পর্ককে অ্যালোস্ট্যারিক (allosteric) নিয়ন্ত্রণ বলে।

যখন দমনকারীটি প্রবর্তনকারীর সাথে যৌগ সৃষ্টি করে তখন তাকে প্রবর্তনকারী দমনকারী যৌগ বলে। *lac* দমনকারীর পরিচালনাকারী সংযুক্তি অংশের পরিবর্তনের ফলে যখন পরিচালনাকারী সাথে যুক্ত হতে পারে না। RNA pol তখন অপেরনের প্রবর্ধক স্থানকে চিহ্নিত করতে পারে (চিত্র ৬.৭)।

এ সময়ে *lac* অপেরন অনুলিপন শুরু করতে পারে (Ptashne ও Gilbert, ১৯৭০)। দেখা গেছে, একটি *lac* দমনকারী পরিচালনাকারী সংযুক্তির প্রবণতা একটি *lac* দমনকারী -DNA সংযুক্তির চেয়ে ~১০^{৭} গুণ বেশি। দমনকারী–প্রবর্তনকারী যৌগ থেকে প্রবর্তনকারী সরিয়ে নিলে দমনকারীটি পূর্বের ন্যায় একই গতিতে সক্রিয় হয়ে উঠতে পারে।

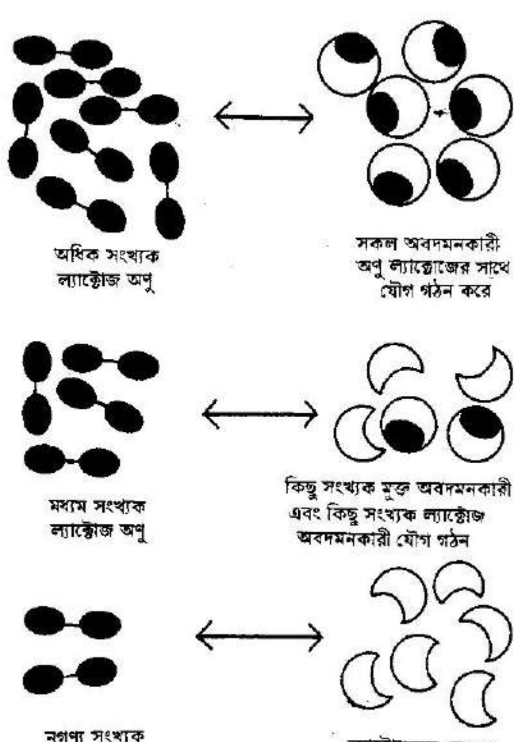


চিত্র ৬.৭ : প্রবর্তনকারীর উপস্থিতিতে দমনকারী অকার্যকর হয়ে যায় ফলে তা পরিচালন্যকারী অঞ্চলে যুক্ত হতে পারে না। *lac* অপরেন প্রবর্তনকারীর উপস্থিতিতে সক্রিয় হয়ে উঠে। অর্থাৎ প্রবর্তনকারী *lac* অপেরনের Switch 'on' করে।

বিজ্ঞানী Jacob ও Monod তাদের প্রকাশিত পত্রে জিনের কয়েকটি পরিভাষা ব্যবহার করেছেন যা এখনও প্রচলিত রয়েছে। *lac* অপেরন থেকে সৃষ্ট প্রোটিনসমূহ বিপাকীয় ক্রিয়া–কর্মে অংশগ্রহণ করে বলে *lac*-Z, Y ও A কে গঠনগত (structural) জিন বলে অভিহিত করেছেন। অপরদিকে *lac* I জিন থেকে সৃষ্ট প্রোটিন অন্য জিনের কার্যকরণকে বা ব্যক্তকরণকে নিয়ন্ত্রণ করে বলে একে নিয়ন্ত্রক (regulator) জিন বলে নামকরণ করেছেন। যখন *lac* I-কে পরিব্যক্তির মাধ্যমে

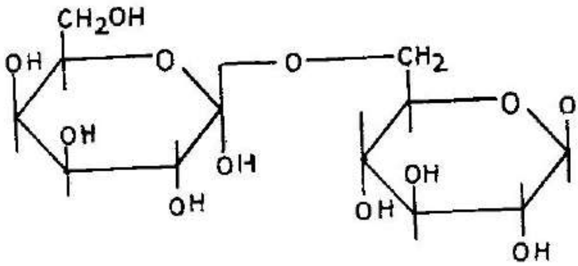
রূপান্তর ঘটানো হয় তখন দমনকারী কাজ করতে পারে না। এ অবস্থায় *lac* অপেরন অনিয়ন্ত্রিত হয়ে বিরামহীনভাবে প্রবর্তনকারী উপস্থিত থাক বা না থাক, অনুলিপন ও প্রোটিন সংশ্লেষণ করতে থাকবে। অপরেনের এরূপ নিয়মে ব্যক্তকরণকে গঠনমূলক ব্যক্তকরণ (Constitutive expression) নামে অভিহিত করেছেন। দমনকারীর মাধ্যমে *lac* জিনের এই নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতিকে ঋণাত্মক নিয়ন্ত্রণ বলা হয়।

ল্যাকটোজ ব্যবহারকারী এনজাইমসমূহ যখন সরবরাহকৃত ল্যাকটোজের রূপান্তর ঘটায় তখন দমনকারীর সাথে প্রবর্তনকারীর সংযুক্তিকরণের বিষয়টি একটি সমতা রক্ষা করে চলে (চিত্র ৬.৮)। যখন ল্যাকটোজের ঘনত্ব কমে যায় তখন দমনকারী প্রবর্তনকারী যৌগের ঘনত্বও কমে যায় এবং মুক্ত দমনকারীর ঘনত্ব বাড়তে থাকে। এই মুক্ত দমনকারী অণু DNA-এর পরিচালনাকারী অংশের সাথে পুনরায় সংযুক্ত হতে থাকে। যখন ল্যাকটোজ অণু নিঃশেষ হয়ে যায় তখন সক্রিয় দমনকারীর কারণে ল্যাক অপরেন সম্পূর্ণভাবে নিষ্ক্রিয় (switched off) হয়ে যায়।



চিত্র ৬.৮ : দমনকারী-প্রবর্তনকারীর বিভিন্ন প্রকার সমতাভিত্তিক সংযুক্ত পদ্ধতি।

অল্প কয়েক বছর পূর্ব পর্যন্ত জানা ছিলো যে, ল্যাকটোজ সরাসরি প্রবর্তনকারী হিসেবে কাজ করে। কিন্তু বর্তমানে জানা গেছে যে, ল্যাকটোজ সরাসরি দমনকারীর সাথে যুক্ত হতে পারে না। *lac* অপেরনের ক্ষেত্রে যে প্রবর্তনকারীটি কাজ করে তা অ্যালোল্যাক্টোজ নামক ল্যাকটোজের একটি আইসোমার হিসেবে চিহ্নিত করা হয়েছে (চিত্র ৬.৯)।



চিত্র ৬.৯ : অ্যালোল্যাক্টোজের রাসায়নিক গঠন।

অ্যালোল্যাক্টোজ অণু ল্যাকটোজ থেকে গ্লুকোজ ও গ্যালাকটোজে বিশ্লিষ্ট হওয়ার পূর্বে প্রাক রূপান্তর হয়। কোষাভ্যন্তরে ল্যাকটোজ অণু প্রবেশের পর প্রথমে কয়েকটি অ্যালোল্যাক্টোজে রূপান্তরের পর তা দমনকারীর সাথে সংযোগ ঘটায়। উক্ত উপায়ে প্রাথমিক সংযোগের ফলে গাঠনিক জিন তার অনুলিপন শুরু করার সুযোগ পায়। অ্যালোল্যাক্টোজের এই প্রাথমিক অধ্যায়টি শেষ করার পর *lac* অপেরনের অনুলিপন দ্রুতগতিসম্পন্ন হয় এবং তখন কোষে ল্যাকটোজের দ্রুত অনুপ্রবেশ ঘটে।

ল্যাকটোজ বা অ্যালোল্যাকটোজ ছাড়া কিছু কিছু সদৃশ্যপূর্ণ উপাদান অনেক সময় প্রবর্তনকারী হিসেবে কাজ করে থাকে। এর মধ্যে আইসোপ্রোপাইল-থায়োগ্যালাক্টোসাইড (IPTG) অন্যতম। IPTG প্রবর্তনকারী হিসেবে ভ লো কাজ করলেও β-গ্যালাকটোজের সাবস্ট্রেট নয়। যেসব পদার্থ প্রবর্তনকারী হিসেবে কার্যকর কিন্তু সাবস্ট্রেট হিসেবে ব্যবহৃত হয় না তাকে গ্র্যাচুইশিয়াস প্রবর্তনকারী (gratuitious inducer) বলে। এসব প্রবর্তনকারী বিভিন্ন প্রকার আণবিক জীববিজ্ঞান গবেষণার কাজে ব্যবহৃত হয়।

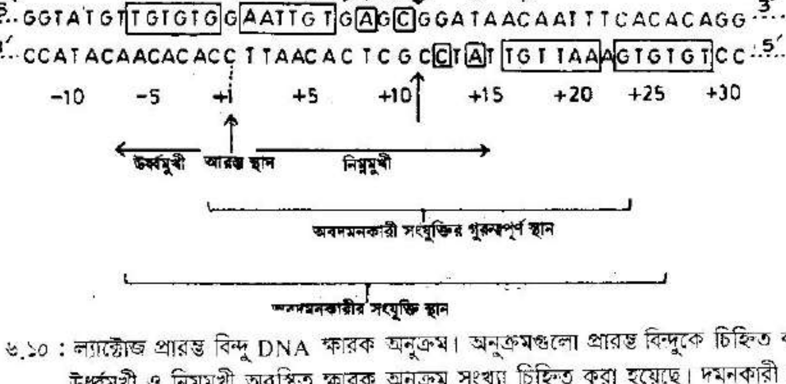
৬.৩.১ ল্যাক অপারেটরের অনুক্রম (Sequence of lac-operator)

DNA অণুর ল্যাকটোজ অপেরন অংশের সম্পূর্ণ ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করা হয়েছে। এর ফলে ল্যাকটোজ দমনকারী ঠিক কি প্রক্রিয়ায় কাজ করে তা জানা সম্ভব হয়েছে। প্রবর্তনকারীর অনুপস্থিতে দমনকারীকে O *lac* অংশের DNA অণুসূত্র চিহ্নিত করতে হলে তাকে DNA অণুর ক্ষারক অনুক্রমকে সনাক্ত করতে হবে। বিভিন্ন গবেষণা থেকে দেখা গেছে DNA অণুসূত্রের যে অংশে দমনকারী সংযুক্ত থাকে সে অংশটি নিউক্লিয়েজ প্রয়োগে বিগলিত হয় না। সেসব অনুক্রম বিশ্লেষণ করে দেখা গেছে, এই অংশটিতে -৫ থেকে +২১ পর্যন্ত মোট ২৬টি ক্ষারক জোড় রয়েছে। মিথাইলেশন পদ্ধতিতে পরীক্ষা থেকে দেখা গেছে +৩ থেকে +১৯ এর মধ্যে অধিকাংশ পিউরিনের (A,G) সাথে দমনকারীর বন্ধন অত্যন্ত সুদৃঢ় হয়। তাছাড়া আরও দেখা গেছে যে, +১ থেকে +৬ এর মাঝে এবং +১৬ থেকে +২১ এর মাঝের অনুক্রমের মধ্যে প্রতিসাম্য বৈশিষ্ট্য রয়েছে। দেখা

...ছে যে, দমনকারীটি DNA অণুর যে অংশে আবদ্ধ হয় সেখানে একটি ডায়াড প্রতিসাম্য রয়েছে। এটি একটি "বিপরীত ভাঁজ অনুক্রম" (inverted repeat)। উক্ত ডায়াড প্রতিসাম্যের কেন্দ্রীয় অনুক্রম +১১ অনুক্রম স্থানে অবস্থিত। এই কেন্দ্রীয় অক্ষটির ৫ – ৩ মুখী DNA–এর দুটি তন্তুসূত্র বিপরীত দিক থেকে পুনঃপৌনিকতায় সজ্জিত (চিত্র ৬.১০)। অন্যান্য যেসব প্রোটিন DNA অণুর সাথে যোগসূত্র ঘটায় তার সব ক্ষেত্রে এরূপ কোনো না কোনো প্রকার ডায়াড প্রতিসাম্য লক্ষ্য করা যায়, যার একটি থেকে আর একটি অনুক্রম ভিন্ন হয়ে থাকে।

ল্যাক পরিচালনাকারীর বিপরীত ভাঁজ অনুক্রম একই রকম নয়। এর মধ্যে তিনটি অনুক্রমকে (বন্ধনীর বাইরে) চিহ্নিত করা হয়েছে। এই পরিচালনাকারীর অংশের পরিব্যক্তি অংশ পরীক্ষা করে দেখা গেছে, পরিচালনাকারী অংশের বামদিক ডানদিকের তুলনায় ক্ষতিগ্রস্ত হওয়ার ব্যাপারে অতিমাত্রায় সংবেদনশীল। কারণ বামদিকে যেখানে মোট ৬টি অংশে পরিব্যক্তি ঘটে সেখানে ডানদিকে মাত্র একটি অংশে পরিব্যক্তি ঘটে থাকে। এই পরীক্ষা থেকে জানা যায় যে, DNA–এর প্রতি দমনকারীর ডান অংশের তুলনায় বাম অংশ বেশি আসক্তি প্রদর্শন করে থাকে।

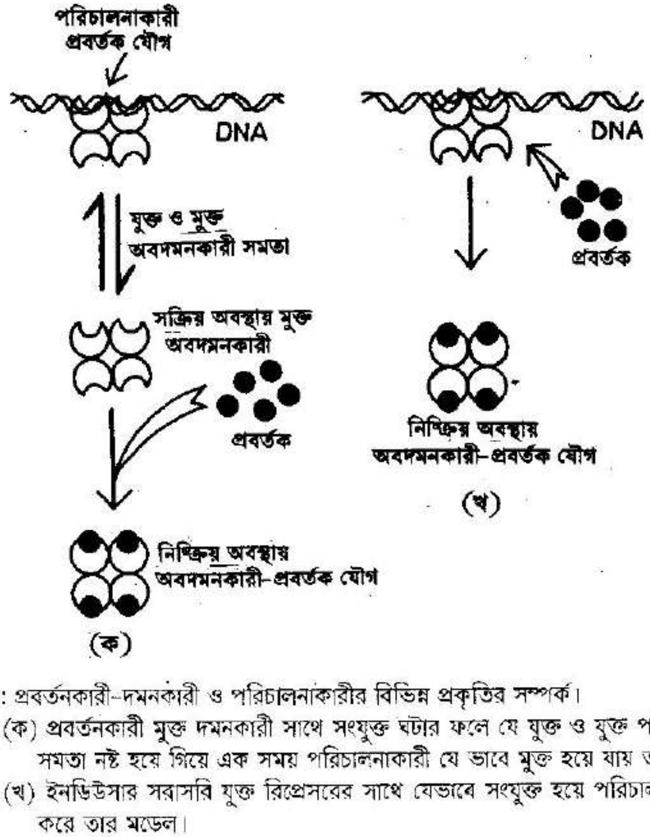
পরিচালনাকারীর অংশে DNA অণুর প্রতিসাম্যতা থেকে অনুমিত হয় যে, দমনকারী প্রোটিন অণুরও প্রতিসাম্যতা রয়েছে। কারণ দমনকারী প্রোটিনের অণু চতুষ্টয়ের প্রকৃতি একই রকম। সুতরাং DNA অণুর সাথে সম্পর্ককরণের জন্য প্রত্যেক অণুতে একই প্রকৃতির সংযুক্তি অংশ রয়েছে। কিন্তু অণু চতুষ্টয়ের মধ্যে দুটি অণু কেবল পরিচালনাকারী দুটি প্রতিসাম্য অংশের সাথে সম্পর্ক গড়ে তোলে। প্রত্যেকটি প্রোটিন অণুর α হেলিক্সের বিশেষ অ্যামিনো এসিড অনুক্রমে একটি সক্রিয় অনুক্রম অংশ সংযুক্তি ঘটার জন্য অংশ গ্রহণ করে।



চিত্র ৬.১০ : ল্যাক্টোজ প্রারম্ভ বিন্দু DNA ক্ষারক অনুক্রম। অনুক্রমগুলো প্রারম্ভ বিন্দুকে চিহ্নিত করে ঊর্ধ্বমুখী ও নিম্নমুখী অবস্থিত ক্ষারক অনুক্রম সংখ্যা চিহ্নিত করা হয়েছে। দমনকারী অণু DNA–এর যে অংশে ক্ষারক সেখানে একটি ডায়াড প্রতিসাম্য রয়েছে। কেন্দ্রীয় অক্ষের দুই দিকে যে অংশে প্রতিসাম্য রয়েছে সে অংশগুলো ঘর করে চিহ্নিত করা হয়েছে।

৬.৩.২. প্রবর্তনকারী-দমনকারী-পারচালনাকারার সম্পক

যখন কোনো দমনকারী তার পরিচালনাকারী অংশের সাথে সুদৃঢ়ভাবে আবদ্ধ থাকে তখন যদি তার প্রবর্তনকারী কোষাভ্যন্তরে প্রবেশ করে সেসময় পরিচালনাকারীর প্রতি দমনকারীর আসক্তি কমে যায়। শুধু তাই নয় প্রবর্তনকারী প্রবেশের পর DNA-এর সাথে সংযুক্ত দমনকারীও ক্রমান্বয়ে মুক্ত হয়ে পড়ে।



চিত্র ৬.১১ : প্রবর্তনকারী-দমনকারী ও পরিচালনাকারীর বিভিন্ন প্রকৃতির সম্পর্ক।
(ক) প্রবর্তনকারী মুক্ত দমনকারী সাথে সংযুক্ত ঘটার ফলে যে যুক্ত ও যুক্ত পরিচালনাকারী সমতা নষ্ট হয়ে গিয়ে এক সময় পরিচালনাকারী যে ভাবে মুক্ত হয়ে যায় তার মডেল ;
(খ) ইনডিউসার সরাসরি যুক্ত রিপ্রেসরের সাথে যেভাবে সংযুক্ত হয়ে পরিচালনাকারী মুক্ত করে তার মডেল।

কৃত্রিম উপায়ে পরীক্ষার মাধ্যমে দেখা গেছে পরিচালাকারীর অংশ থেকে দমনকারী মুক্ত হওয়ার ঘটনা খুবই ধীরগতিসম্পন্ন হয়ে থাকে। হিসাব করে দেখা গেছে, কৃত্রিম পরিবেশে পরিচালনাকারী মুক্তি হওয়ার অর্ধায়ু ১০ থেকে ২০ মিনিট। কিন্তু যখন IPTG (কৃত্রিম প্রবর্তন) ব্যবহার করা হয় তখন এই অর্ধায়ু খুব দ্রুত কমে যায়। এই পরীক্ষার ফলাফল থেকে দমনকারীর কার্যপদ্ধতির বিষয়কে দুটি ভিন্ন ভিন্ন মডেলে ব্যাখ্যা করা হয়েছে (চিত্র ৬.১১)।

একটি মডেলে উল্লেখ করা হয়েছে যে, দমনকারী যখন DNA-এর সাথে যুক্ত হয় তখন মুক্ত ও যুক্ত দমনকারীর মধ্যে একটি সমতার সৃষ্টি হয়। প্রবর্তনকারী যখন কোষে প্রবেশ করে তখন তা মুক্ত দমনকারীর সাথে যুক্ত হয়। এর ফলে মুক্ত ও যুক্ত দমনকারীর মধ্যে যে সমতা ইতোপূর্বে ছিল

ত নষ্ট হয়ে দমনকারীটি DNA থেকে মুক্ত হয়ে যায়। কিন্তু পরিচালনাকারী থেকে দমনকারীর বন্ধন মুক্ত হতে যে সময় নেয় তাতে এই মডেলটি কার্যকর নয় বলে অনেকে মত প্রকাশ করেন চিত্র ৬.১১ ক)। অন্য একটি মডেলে ব্যাখ্যা করা হয়েছে যে, প্রবর্তনকারী সরাসরি, DNA দমনকারী যৌগ অবস্থায়, দমনকারীর সাথে সংযুক্ত হতে পারে এবং খুব শীঘ্র পরিচালনাকারী থেকে দমনকারী মুক্ত করতে পারে। এই মডেলটি কার্যকর মডেল হিসেবে অনেক গবেষক মত প্রকাশ করেন (চিত্র ৬.১১ (খ)।

দেখা গেছে যে, প্রবর্তক এবং অবদমিত অবস্থায় *lac* জিন ব্যক্তকরণের পার্থক্য প্রায় $১০^৩$ গুণ। অর্থাৎ যখন প্রবর্তনকারী থাকে না তখন প্রবর্তনকারীর উপস্থিতিতে যে হারে *lac* অপেরন ব্যক্ত করে থাকে তার তুলনায় মাত্র ~০.১% হারে প্রবর্তনকারীর অনুপস্থিতেও ব্যক্ত করে থাকে। যদি দমনকারীর সংখ্যা বাড়ানো যায় তবে উক্ত ব্যক্তকরণের হার আরও কমে যাবে এবং যদি দমনকারী কমতে থাকে তবে ব্যক্তকরণের হার আরও বেড়ে যাবে। একটি কোষে দমনকারী অণুর সংখ্যা যদি ১০টি কম থাকে তবে অাপরনকে সম্পূর্ণভাবে তার কার্য থেকে নিবৃত রাখা যায় না। অপরদিকে দমনকারীর সংখ্যা যদি বৃদ্ধি করা হয় তবে অপরেনকে প্রবর্তন করা কঠিন হয়ে পড়ে।

যেসব জিন একটি দমনকারী প্রোটিন দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয় এবং দমনকারী প্রোটিনটির সংযোগের ফলে যখন জিন সুপ্ত হয়ে পড়ে তখন তাকে ঋণাত্মক নিয়ন্ত্রণ (negative control) বলে। কোনো একটি জিন যদি কোনোভাবে তার ব্যক্তকরণে ঋণাত্মক নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়ার বাধাপ্রাপ্ত হয় তাহলে সেটি সরাসরি DNA অণুসূত্রের সাথে যুক্ত হয়ে RNA পলিমারেজের কাজ বন্ধ রাখতে পারে অথবা অনুলিপিত mRNA-এর সাথে যুক্ত হয়ে তাকে রাইবোজোমের সাথে সংযুক্ত হতে বাধা দেয়, এর ফলে অর্থকরণ করতে পারে না।

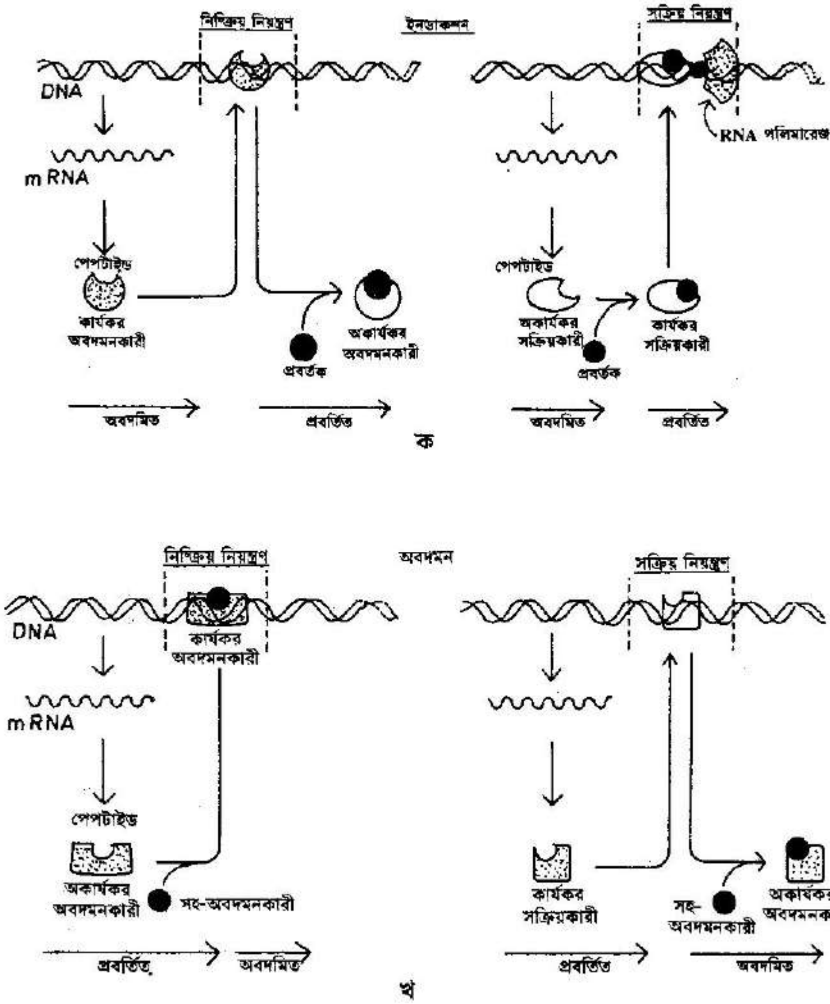
অপরদিকে যেসব জিন কেবল একটি নিয়ন্ত্রণ প্রোটিনের উপস্থিতিতে সক্রিয় হয় তখন তাকে ধনাত্মক নিয়ন্ত্রণ বলে। এই প্রক্রিয়াটি ঋণাত্মক নিয়ন্ত্রণ এর বিপরীত বা দর্পনে প্রতিবিম্বের ন্যায়। ঋণাত্মক নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়ায় একটি প্রোটিন অন্য জিনের ব্যাক্তকরণের বাধা দেয় এবং ধনাত্মক নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়ায় একটি প্রোটিনের উপস্থিতিতে কেবল কার্যকর হয়।

এখানে *lac* দমনকারীর কার্যাবলী এক প্রকার ঋণাত্মক নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি। যখন কোনো প্রবর্তনকারীর উপস্থিতিতে অপেরন কার্যকর হয় তখন তাকে ইনডিউসিবল অপেরন বলে। *lac* অপরেন এক প্রকার প্রবর্তনীয় অপেরন (induceable operon)।

অপরদিকে দমনীয় অপেরন (repressible operon) একটি সহ-দমনকারীর অনুপস্থিতে কার্যকর হয়। সহ-দমনকারী কেবল দমনকারী প্রোটিনের সাথে মিললে তখন অপরেনের কাজকে বাধা দিতে পারে (চিত্র ৬.১২)।

সহ-দমনকারী না থাকলে দমনকারী যোগ্য অপেরনের অনুলিপন হতে থাকে। tryptophan অপেরনের ক্ষেত্রে ট্রিপটোফেন সহ-দমনকারী হিসেবে কাজ করে। পরিচালনাকারী অংশে অথবা নিয়ন্ত্রণক জিনে কোনোরূপ পরিব্যক্তি ঘটলে দমনকারী অকার্যকর হয়। তখন অপেরন আর নিয়ন্ত্রিত হয় না এবং সবসময়ের জন্য কার্যকর থাকে। প্রবর্তনীয় এবং অবদমনীয় প্রক্রিয়ায় যখন জিন (অপেরন) কার্যকর থাকে তখন সেই অবস্থাকে পুনঃঅবদমিত (derepressed) বলে।

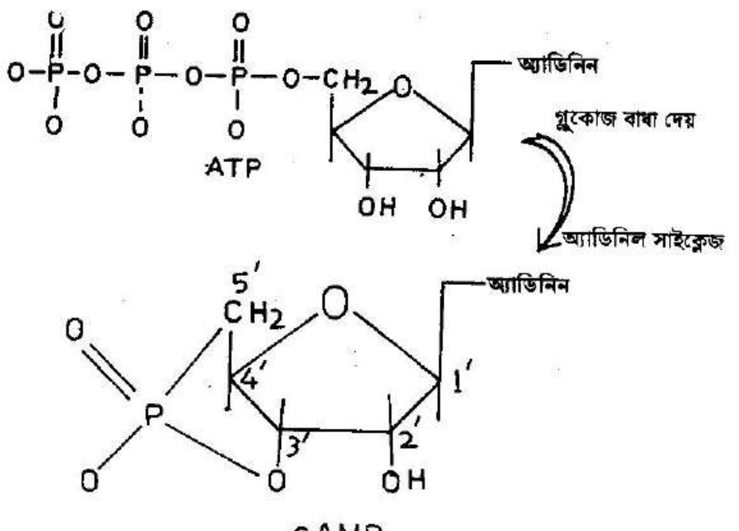
BABEDOC Library Dhaka



চিত্র ৬.১২ : জিন নিয়ন্ত্রণের বহুমুখীতা। ঋণাত্মক ও ধনাত্মক নিয়ন্ত্রণের আবেশ (induction) (ক) ও রিপ্রেশন ; (খ) প্রক্রিয়ার মডেল।

৬.৩.৩. অপরিচিতিমূলক অবদমন (Catabolite repression) : ইতোপূর্বে *lac* অপেরন সম্পর্কে যে নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া আলোচনা করা হলো তা এক সময় জটিল হয়ে দেখা দেয়। যখন জানা গেল যে, সেখানে দ্বিতীয় আর একটি স্বাধীন নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া কাজ করে থাকে। *lac* অপেরন

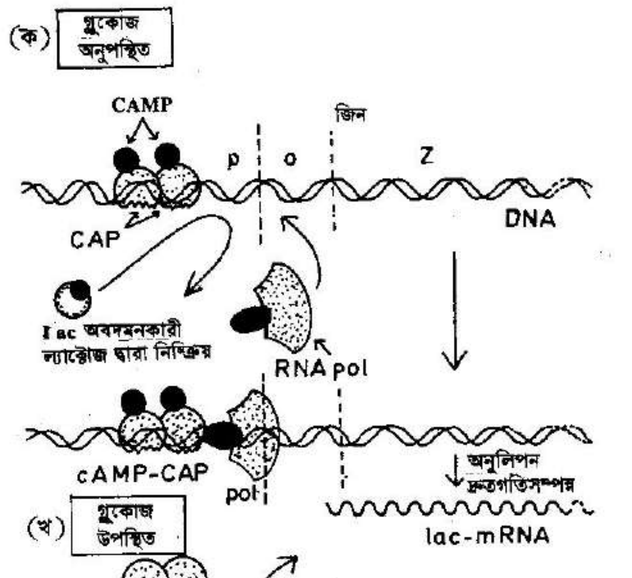
ব্যক্ত করতে শুধু ল্যাকটোজ সেখানে ফ্যাক্টর হিসেবে কাজ করে না। যখন *E. coli*-এর পরিবেশে ল্যাকটোজের সাথে গ্লুকোজও দেয়া হয় তখন দেখা গেছে সেখানে ল্যাকটোজের পরিবর্তে গ্লুকোজ প্রথমে ব্যবহৃত হচ্ছে। কিন্তু ল্যাকটোজের একটি উপাদান হচ্ছে গ্লুকোজ। ল্যাকটোজকে ব্যবহারের জন্য যেসব এনজাইমের দরকার হয় তা সংশ্লেষণের জন্য যে বিপুল শক্তির প্রয়োজন হয় তা এড়ানোর জন্য ল্যাকটোজের পরিবর্তে গ্লুকোজকে প্রাথমিকভাবে ব্যবহার করা হয়। গ্লুকোজ সম্পূর্ণভাবে ব্যবহৃত হয়ে গেলে তখন মাত্র ল্যাকটোজ ব্যবহার শুরু করে। অর্থাৎ তখন *lac* অপরেন কার্যকর হয়। সুতরাং দেখা যাচ্ছে বিভিন্ন প্রকার শর্করার সংমিশ্রণে ল্যাকটোজ থাকলেও *lac* অপরেন সক্রিয় হয় না। এই ক্রিয়াকে প্রথমে গ্লুকোজের প্রভাব বলে মনে করা হতো। গ্লুকোজ অনুবাধক পদার্থ হিসেবে সরাসরি কাজ করে না ; অন্য আর একটি প্রক্রিয়ায় *lac* অপেরন নিয়ন্ত্রিত হচ্ছে বলে বর্তমানে একে অপচিতিমূলক অবদমন (catabolite repression) বলে। ল্যাকটোজ অপেরন ছাড়াও গ্যালাকটোজ, ম্যাল্টোজ ও অ্যারাবিনোজ অপেরনেও অপচিতিমূলক অবদমন প্রক্রিয়া ঘটে থাকে।



চিত্র ৬.১৩ : ATP থেকে cAMP এর সংশ্লেষণ। শর্করার রিঙে একটি ফসফেট গ্রুপ ৩ ও ৫ – এ যুক্ত রয়েছে।

অপচিতিমূলক অবদমন প্রক্রিয়ায় দ্বিতীয় একটি নিয়ন্ত্রক প্রোটিনের প্রয়োজন হয় যাকে অপচিতিমূলক সক্রিয়ক প্রোটিন (catabolite activator protein -CAP) বলে। এই প্রোটিন অপচিতিমূলক নিয়ন্ত্রক (catabolite activator) জিন থেকে সৃষ্টি হয়। CAP এক প্রকার সম-ডাইমারবিশিষ্ট প্রোটিন। প্রত্যেক মনোমারের আণবিক ওজন ২২,৫০০ ড্যাল্টন। এর দুটি অংশ রয়েছে। একটি DNA সংযুক্তকরণ অংশ অন্যটি অনুলিপন সক্রিয়করণ অংশ (Zubay *et al.*, ১৯৭০)। এই CAP ফ্যাক্টর *lac* প্রবর্ধকের CAP অংশে, কেবল cAMP-এর উপস্থিতিতে, DNA অণুসূত্রের সাথে সংযুক্ত হতে পারে। cAMP এক প্রকার রূপান্তরিত নিউক্লিওটাইড বা

ATP থেকে সৃষ্ট অ্যাডেনাইল সাইক্লেজ (Adenyl cylase নামক একটি এনজাইমের সাহায্যে CAP একটি cAMP–এর সাথে যুক্ত হয়ে জটিল যৌগের সৃষ্টি করে। এই যৌগটি যখন DNA অণুর সাথে মিলে cAMP-CAP-DNA একটি অতিযৌগের সৃষ্টি করে RNA পলিমারেজ এসে তখন প্রবর্ধক অংশে যুক্ত হয়ে অনুলিপন শুরু করে। CAP–এর অভাবে RNA পলিমারেজ কাজ করলেও তা মোটেই গতিসম্পন্ন হয় না। CAP যখন *lac* প্রবর্ধক অঞ্চলে যুক্ত হয় তখন সেটি সক্রিয়ক (activator) হিসেবে কাজ করে থাকে এবং mRNA–এর অনুলিপনকে দ্রুত গতিসম্পন্ন করে (চিত্র ৬.১৪ ক,খ)।



চিত্র ৬.১৪ : *E. coki*–এর Catabolic রিপ্রেশন প্রক্রিয়া। ল্যাক্টোজের উপস্থিতিতে CAP–এর কার্যপ্রণালী। (ক) গ্লুকোজের অনুপস্থিতে *lac* অপেরন কার্যকর হয়ে উঠার দৃশ্য ; (খ) গ্লুকোজের উপস্থিতিতে CAP যেভাবে নিষ্ক্রীয় হয়ে থাকে।

যতোক্ষণ পর্যন্ত কোষে cAMP–এর পরিমাণ বেশি থাকে ততোক্ষণ পর্যন্ত *lac* অপরেন (অন্যান্য অপেরনের ক্ষেত্রেও) কার্যকর থাকে। গ্লুকোজ সরবরাহ করলে তা অ্যাডেনাইল

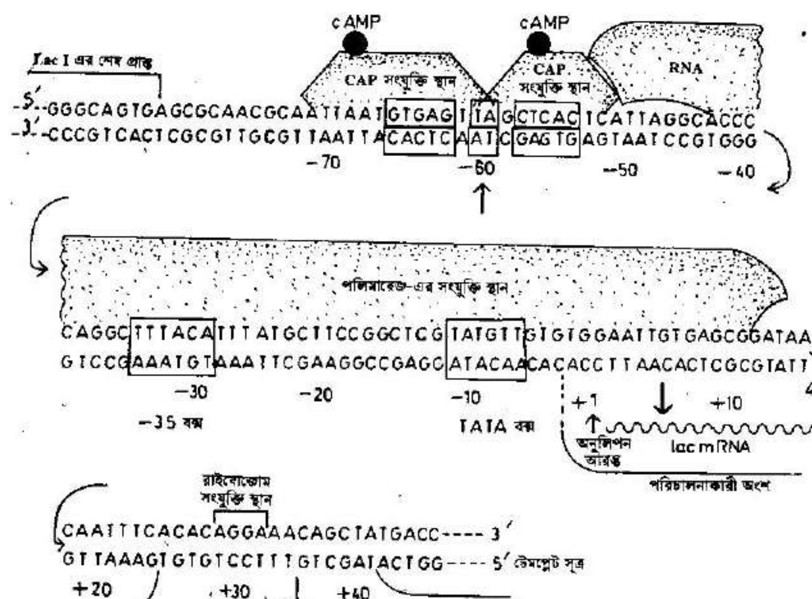
সাইক্লেজ–এর কার্যকারিতাকে বাধাগ্রস্ত করে। মনে রাখা দরকার যে, এটি এক প্রকার সরাসরি বাধক দ্রব্য। অনুলিপনের বাধক হিসেবে কাজ করে না। সংক্ষেপে CAP যে প্রক্রিয়ায় কাজ করে তা হলো :

(ক) গ্লুকোজ উপস্থিত ⟶ adenyl cyclase বাধক ⟶ cAMP এর মাত্রা নেমে যাওয়া → CAP– অংশ মুক্ত থাকা ⟶ lac অপরেন তখন খুব সল্পমাত্রায় অনুলিপন করে (চিত্র ৭.১৪ ক)।

(খ) গ্লুকোজ অনুপস্থিত ⟶ adenyl cyclase সক্রিয় ⟶ cAMP এর মাত্রা বৃদ্ধি পাওয়া → CAP– cAMP যৌগ তখন অপেরনের CAP-site-এ যুক্ত হওয়া ⟶ lac অপেরন তখন অধিকমাত্রায় অনুলিপন করে (চিত্র ৬.১৪ খ)।

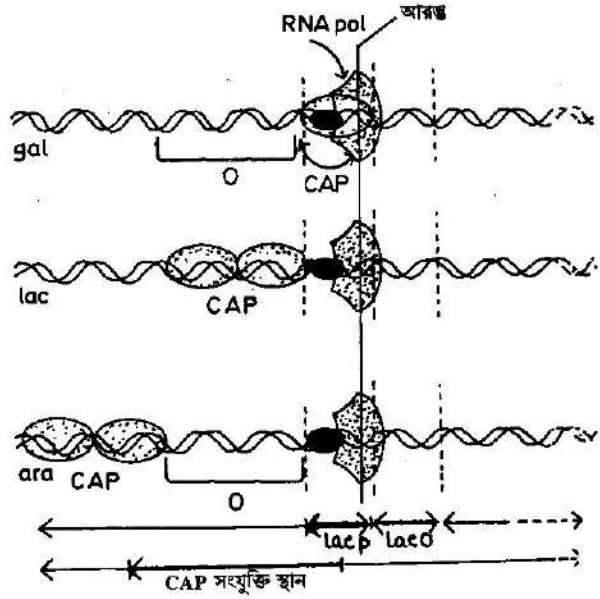
৬.৩.৪. অপচিতিমূলক সংবেদনশীল প্রবর্ধক (Catabolite sensitive promoter)

Lac প্রবর্ধক অংশের DNA ক্ষারক অনুক্রম অংশে যেখানে RNA পলিমারেজ যুক্ত হবে সেখানে, অন্যান্য জিনের ন্যায় দুটি সুনির্দিষ্ট অনুক্রম রয়েছে।



চিত্র ৬.১৫ : *lac* অপেরনের বিভিন্ন নিয়ন্ত্রণ অংশের ক্ষারক অনুক্রম। *lac* I এর পর *lac* প্রবর্ধক ও পরিচালনাকারী অনুক্রমে বিভিন্ন নিয়ন্ত্রক অংশের নিয়ামকগুলো দেখানো হয়েছে। CAP ও RNA পলিমারেজের সাথে তার সম্ভাব্য সম্পর্কও ফুটিয়ে তোলা হয়েছে।

এর একটি TATA বা Pribnow box (-10) আর একটি TTAGAC বা -35 box। এই দুটি box-কে চিহ্নিত করে RNA pol যুক্ত হবে। এখন প্রশ্ন হচ্ছে RNA পলিমারেজের সাথে box দুটির সংযুক্ত হওয়া বা দ্রুত কার্যকর করার জন্য cAMP-CAP কি উপায়ে কাজ করে থাকে। প্রবর্ধক অংশে RNA pol যে অনুক্রমের সাথে যুক্ত হয় সেই অনুক্রমের আরও উর্ধ্বপ্রবাহের একটি নির্দিষ্ট ডায়াড প্রতিসম সনাক্ত করা হয়েছে। বিভিন্ন পরীক্ষা থেকে দেখা গেছে এই প্রতিসম অংশটিতে CAP যুক্ত হয়। এখানে দুটি সংরক্ষিত পেন্টামার রয়েছে। এই পেন্টামারদ্বয়ের কেন্দ্রিয় অক্ষ –৬১ অংশে অবস্থিত। CAP যে অংশটির সাথে সংযুক্তি ঘটায় তা –৭২ থেকে –৫২ পর্যন্ত বিস্তৃত থাকে। –৬১ এর বামদিকে যে সংরক্ষিত পেন্টামার, —GTGAG, রয়েছে তার ডান দিকের পেন্টামারটি, —CTCAC—, তুলনামূলকভাবে কম সংরক্ষিত। এই —GTGAG– অঞ্চলটিকে Site-I এবং —CTCAC – অঞ্চলটিকে Site—II বলে। সক্রিয় CAP ডাইমারের প্রথমটি site—I এ অবস্থান নেবার পর দ্বিতীয়টি site—II তে অবস্থান নেয়। এদের অবস্থানের পর RNA pol সক্রিয়ভাবে —35 ও —10 box–এর সাথে যুক্ত হয়ে অনুলিপন শুরু করে। CAP কিভাবে RNA pol–এর সক্রিয়তাকে দ্রুত করে যে বিষয়টি এখনও জানা সম্ভব হয়নি। তাছাড়া অন্যান্য অপেরনের CAP-site একই অনুক্রমে পাওয়া যায়নি (চিত্র ৬.১৬)।



চিত্র ৬.১৬ : বিভিন্ন অপেরনে CAP সংযুক্তি স্থান যা বিভিন্ন স্থানে অবস্থিত। RNA pol–এর অবস্থান থেকে বিভিন্ন CAP-site–এর অবস্থান চিহ্নিত হয়েছে।

এর ফলে RNA pol–এর সক্রিয়তা কিভাবে CAP-এর সাথে সম্পর্কযুক্ত সে বিষয়টিকে আরও জটিল করে তুলেছে। কারণ ara অপেরনের CAP-siteটি –১০৭ থেকে –৭৮ এর মধ্যে অবস্থিত যা RNA pol-এর সংযুক্তি স্থান থেকে অনেক দূরে। অপরদিকে gal অপেরনের CAP

siteটি –৫০ থেকে –২৫ এর মধ্যে অবস্থান করে। কিন্তু এই স্থানটির একাংশ RNA pol–এর সংযুক্তি স্থান। সুতরাং অপচিতিমূলক সংবেদনশীল প্রবর্ধকের কার্যপ্রণালী এখনও রহস্যময় রয়ে গেছে।

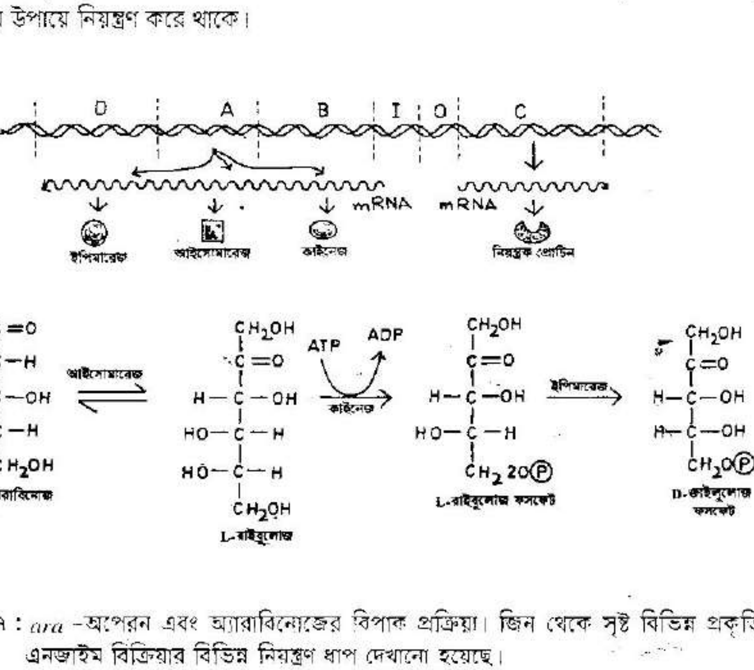
৬.৪. অ্যারাবিনোজ অপেরন (The arabinose operon বা *ara*-operon)

অ্যারাবিনোজজাতীয় শর্করা থেকে জাইলুলোজ –৫–ফসফেটে রূপান্তরের জন্য কয়েকটি এনজাইমের প্রয়োজন হয়।

এই এনজাইমগুলো অ্যারাবিনোজ (ara) অপেরন থেকে সৃষ্টি হয়। জাইলুলোজ –৫–ফসফেট পরবর্তীকালে পেন্টোজ ফসফেট পথে (PPP) বিপাকীয় কাজে অংশগ্রহণ করে। lac অপেরনের মতো ara অপেরনের তিনটি গঠনগত (structural) জিন রয়েছে। *ara*B, *ara*A ও *ara*D নামক তিনটি জিন যথাক্রমে Kinase, Isomerase ও Epimerase নামক তিনটি এনজাইম সৃষ্টি করে। এই এনজাইম তিনটি অ্যারাবিনোজ থেকে জাইলুলোজ ফসফেটে রূপান্তর ঘটাতে তিনটি ধাপে অংশগ্রহণ করে (চিত্র ৬.১৭)।

ব্যাকটেরিয়ার বৃদ্ধি দ্রবণে অ্যারাবিনোজ উপস্থিত থাকলে এনজাইমগুলো সৃষ্টি হতে থাকে। *ara*-অপেরন পলিসিসট্রোনিকজাতীয়। যখন ব্যক্ত করে তখন তিনটি জিন একই সাথে একটি mRNA অণু সৃষ্টি করে। *ara*–অপেরন অপচিতিমূলক অবদমন প্রকৃতির। ara-অপেরনেব পাশে রয়েছে *ara*I, *ara*O ও *ara*C নামক তিনটি জিন। *ara*C একটি মনোসিসট্রোনিক জিন।

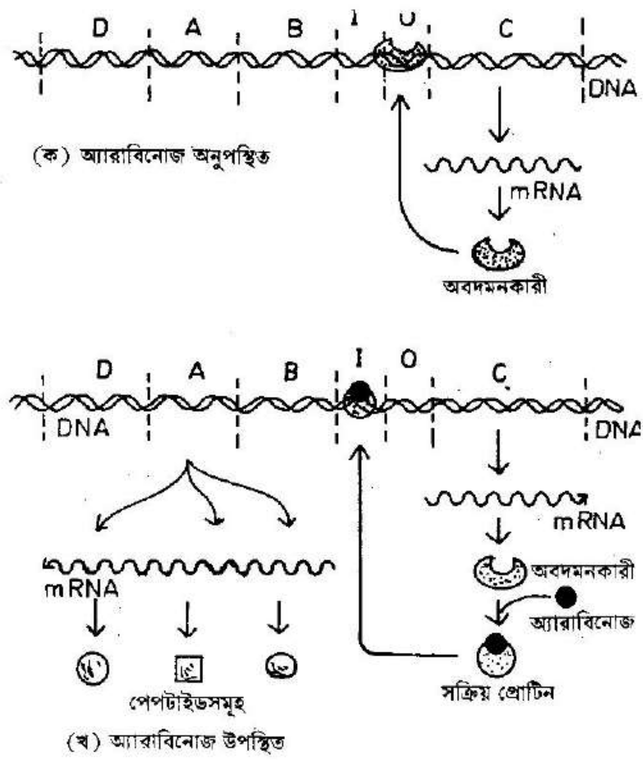
মজার বিষয় যে, এই জিনটি ara-অপেরনের বিপরীতমুখী হয়ে অনুলিপন করে। *ara*C থেকে যে প্রোটিনটি সৃষ্টি হয় তা এক প্রকার নিয়ন্ত্রক প্রোটিন যা ara-অপেরনকে ধনাত্মক এবং ঋণাত্মক এই উভয় উপায়ে নিয়ন্ত্রণ করে থাকে।



চিত্র ৬.১৭ : *ara* –অপেরন এবং অ্যারাবিনোজের বিপাক প্রক্রিয়া। জিন থেকে সৃষ্ট বিভিন্ন প্রকৃতির এনজাইম বিক্রিয়ার বিভিন্ন নিয়ন্ত্রণ ধাপ দেখানো হয়েছে।

৩০—

মডেল (Model) : *araC* থেকে যে নিয়ন্ত্রক প্রোটিনের সৃষ্টি হয় তার দুটি প্রকৃতি রয়েছে। ব্যাকটেরিয়ার বৃদ্ধি দ্রবণে যখন অ্যারাবিনোজ অনুপস্থিত থাকে তখন *araC* থেকে সৃষ্ট প্রোটিন দমনকারী হিসেবে কাজ করে। এই দমনকারীটি যখন *araO*–এর সাথে যুক্ত হয় তখন অপেরনের ব্যক্তকরণে বাঁধাদান করে (ঋণাত্মক নিয়ন্ত্রণ)। যখন বৃদ্ধি দ্রবণে অ্যারাবিনোজ সরবরাহ করা হয় তখন তা প্রোটিনের সাথে যুক্ত হলে দমনকারী চরিত্র পরবর্তিত হয়ে activator প্রোটিনে পরিণত হয়। এই রূপান্তরিত প্রোটিনটি এবারে *araO*-এর সাথে যুক্ত না হয়ে *araI*–এর সাথে যুক্ত হয় এবং তখন ara-অপেরন থেকে অনুলিপন শুরু হয় (ঋণাত্মক নিয়ন্ত্রণ) (চিত্র ৬.১৮)।



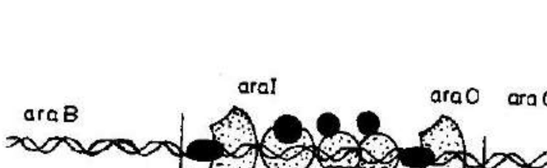
চিত্র ৬.১৮ : *ara*–অপেরনের নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়ার একটি সরল মডেল।
(ক) অ্যারাবিনোজের অনুপস্থিতে দমনকারী কার্যকর হয় ;
(খ) অ্যারাবিনোজের উপস্থিতিতে সক্রিয়ক (activator) প্রোটিনের রূপান্তর।

উপরোক্ত মডেলটির কয়েকটি দুর্বলতা রয়েছে। *araO*-এর অবস্থান *ara* BAD–এর অবস্থান থেকে এতদূরে যে দমনকারী প্রোটিনটি অপেরনের প্রবর্ধক অংশে বাধাদান করা সম্ভব নয়। দেখা গেছে *araO*-এর কিছু অংশ *araC*–এর কিছু প্রবর্ধক অংশ জুড়ে রয়েছে। ফলে গ্রাহী প্রোটিনটি তার

নিজের সংশ্লেষণকেই বাঁধা দেয়। এই প্রকার কার্যপ্রণালীকে অটোজেনাস নিয়ন্ত্রণ (autogenous control) বলে। *ara*I ও *ara*O–এর মধ্যবর্তী একটি অংশ রয়েছে যেখানে CAP এসে cAMP–এর উপস্থিতিতে যুক্ত হয়। সৃষ্ট cAMP-CAP যৌগ *ara*C ও *ara* BAD–এর প্রবর্ধকের অনুলিপনের জন্য অপরিহার্য। মনে করা হয় যে, গ্রাহী প্রোটিনটি *ara*O–এর সাথে যখন যুক্ত হয় তখন তা CAP–এর সংযুক্ত স্থানটুকু জুড়ে থাকে।

এই কারণে CAP তখন তার নির্বাচিত স্থানে বসতে বাধা পায়। কিন্তু যখন অ্যারাবিনোজ গ্রাহী প্রোটিনের সাথে যুক্ত হচ্ছে তখন সেটি সক্রিয়ক প্রোটিনে রূপান্তর ঘটছে। এই যৌগটি যখন *ara*O থেকে বিচ্যুত হয় তখন CAP তার সঠিক স্থানে বসতে পারে। lac অপেরনের ন্যায় CAP সরাসরি *ara* BAD–এর প্রবর্ধক অংশে অবস্থিত RNA pol এর সাথে যুক্ত হতে পারে না। কারণ CAP–এর সংযুক্তি স্থান একটু দূরে অবস্থিত। এটি অবশ্য *ara*C–এর RNA pol–এর সাথে সরাসরি যুক্ত হয়ে অনুলিপনের সাহায্য করে থাকে। CAP সংযুক্তি স্থান এবং *ara* BAD–এর প্রবর্ধকের মাঝখানে *ara*I অবস্থিত ; যেখানে রয়েছে অ্যাক্টিভেটর প্রোটিনের সংযুক্তি স্থান। মনে করা হয় যে, CAP–এর সংযুক্তি ঘটলে সেটি অ্যাক্টিভেটর প্রোটিনের সহায়তায় RNA pol–কে যুক্ত হওয়ার জন্য উৎসাহিত করে থাকে (Gancendo ও Mazon ১৯৮৫)।

অনেকে মনে করেন যে, সক্রিয়ক –CAP-দমনকারী এই তিনটি অণু মিলে এক জটিল যৌগের সৃষ্টি করে থাকে এবং তা কাজ করে থাকে (চিত্র ৬.১৯)।



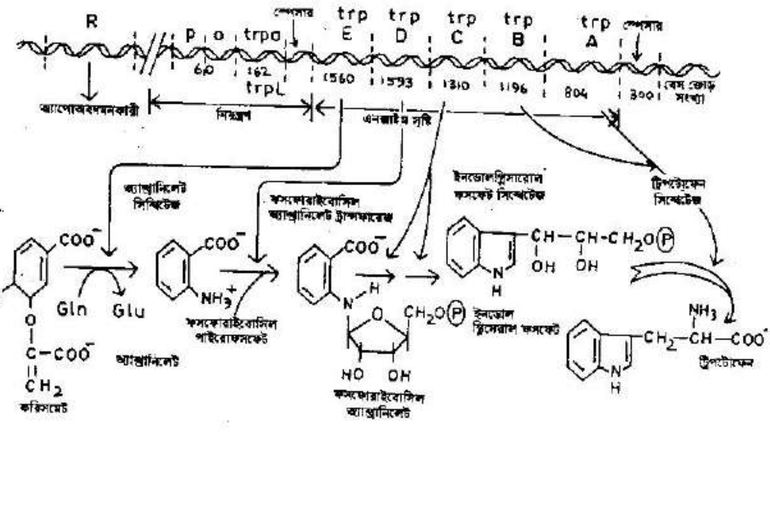
চিত্র ৬.১৯ : *ara C* ও *ara* অপেরনের প্রবর্ধক অঞ্চলে RNA pol–এর সংযুক্তি অবস্থান ও একই সাথে *araI* ও araO অঞ্চলে RNA pol–এর সংযুক্তি অস্থান ও একই সাথে asal o *ara*O অঞ্চলে CAP-cAMP যৌগ ও সক্রিয়কের সংযুক্তি।

৬.৫ ট্রিপটোফ্যান অপেরন (The tryptophan operon, trp-operon)

ট্রিপটোফ্যান অপেরন (*trp* operon) এক প্রকার রিপ্রেসেবল (repressable) অপেরন হিসেবে পরিচিত। ট্রিপটোফ্যান অ্যামিনো এসিড সৃষ্টির প্রয়োজনীয় এনজাইমসমূহ ট্রিপটোফ্যান অপেরন থেকে সৃষ্টি হয়।

E. coli-এর পুষ্টি উপাদানে যখন ট্রিপটোফ্যান সরবরাহ করা হয় তখন কোষাভ্যন্তরে ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণ হয় না। এখানে সরবারহকৃত ট্রিপটোফ্যান কোষের ভেতর প্রবেশ করে trp-অপেরনকে নিষ্ক্রিয় করে রাখে। অর্থাৎ ট্রিপটোফান তার নিজের সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া নিজেই বন্ধ করে রাখছে (অপর দিকে ল্যাক্টোজ প্রবেশ করে তার *lac* অপেরনকে সক্রিয় করছে)।

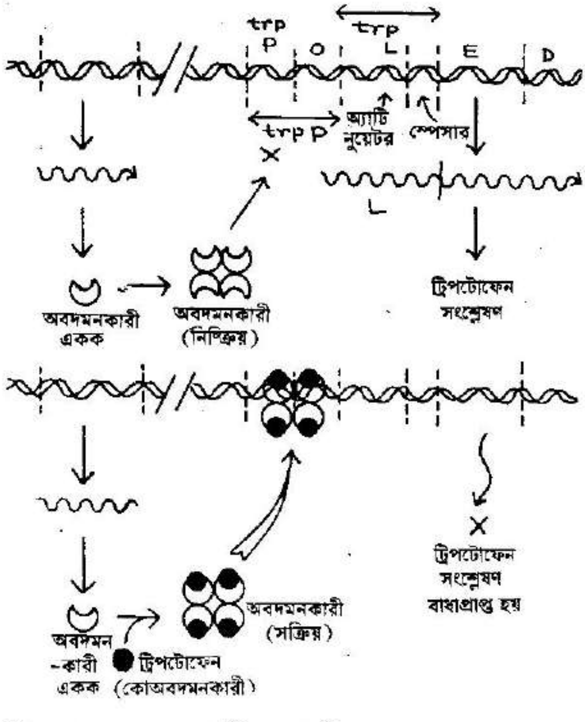
lac -অপেরনের তুলনায় trp-অপেরন বেশ জটিল প্রকৃতির। এখানে মোট পাঁচটি গঠনগত জিন রয়েছে। এগুলো হচ্ছে *trp*E, *trp*D, *trp*C, *trp*B ও *trp*A। উক্ত জিনগুলো যথাক্রমে Anthranilate synthetase, Phosphoribosyl anthranilate transferase, Indole glycerol phosphate synthetase, Tryptophan synthetase নামক এনজাইমসমূহ সৃষ্টি করে যা ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণের সময় পাঁচটি ভিন্ন ভিন্ন ধাপে অংশগ্রহণ করে থাকে (চিত্র ৬.২০)। এটি এক প্রকার পলিসিসট্রোনিকজাতীয় জিন, তাই *trp*E থেকে *trp*A পর্যন্ত একটি mRNA তৈরি করে।



চিত্র ৬.২০ : ট্রিপটোফ্যান অপরেন ও ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণ। এখানে নিয়ন্ত্রণী অংশকে বিবর্ধিত করে তার বিভিন্ন বিক্রিয়ার নিয়ন্ত্রণ ধাপগুলো দেখানো হয়েছে।

trp-অপেরন যেহেতু জৈব সংশ্লেষণের সাথে সম্পর্কযুক্ত সেহেতু *lac*-অপেরনের ন্যায় এখানে অপচিতিমূলক অবদমন প্রক্রিয়া ঘটে না। কোরিসমেট থেকে ট্রিপটোফ্যান পর্যন্ত ধাপগুলো একটি সম্মিলিত উপায়ে সম্পন্ন হয়। কোষে যখন যথেষ্ট পরিমাণে ট্রিপটোফ্যান তৈরি হয় তখন ফিরতি বিঘ্ন প্রক্রিয়া (feedback inhibition) ঘটে। অর্থাৎ ট্রিপটোফ্যান তখন প্রাথমিক ধাপের Anthranilate synthetase–এর কার্যপ্রক্রিয়ায় ব্যাঘাৎ ঘটায়। এখানে ল্যাকটোজ ও cAMP এর ন্যায় ট্রিপটোফ্যান সরাসরি DNA–এর সাথে ক্রিয়া করে না। তাছাড়া *trp*R নামক একটি জিন, অদূরে অবস্থিত অ্যাপোরিপ্রেসর (aporepressor) নামক এক প্রকার প্রোটিন সৃষ্টি করে। এই প্রোটিনটি ট্রিপটোফ্যানের সাথে যুক্ত হয়ে একটি যৌগের সৃষ্টি করে। ট্রিপটোফ্যান এখানে কো–রিপ্রেসর হিসেবে কাজ করে। অ্যাপোরিপ্রেসর এবং কো–রিপ্রেসর (ট্রিপটোফ্যান – প্রোটিন যৌগ) যৌগকে হলো–পরিপ্রেসর (Holorepressor) বলে। অ্যাপোরিপ্রেসর সৃষ্টিকারী জিন *trp*R, *lac*I জিনের ন্যায়, গঠনগত জিনের কাছাকাছি অবস্থান না করে বেশ দূরে অবস্থান করে। *trp*R জিন থেকে যে অ্যাপোরিপ্রেসর সৃষ্টি হয় তা ১২,০০০d–এর একটি সমট্রোমার বিশিষ্ট প্রোটিন। প্রত্যেক

মনোমার এককে একটি অংশ রয়েছে যেখানে একটি ট্রিপটোফ্যান যুক্ত হতে পারে। যখন ট্রিপটোফ্যান অ্যাপোরিপ্রেসরের সাথে যুক্ত হয় তখন সেটি সক্রিয় হলোরিপ্রেসর যৌগে পরিণত হয়। এই হলোরিপ্রেসরটি *trp*-অপেরনের অদূরে অবস্থিত *trp*O জিনের সাথে যুক্ত হয়ে অনুলিপনের বাধা দেয় (চিত্র ৬.২১)। অপরদিকে *lac*-অপেরনে ল্যাকটোজ দমনকারীকে নিষ্ক্রিয় করে।



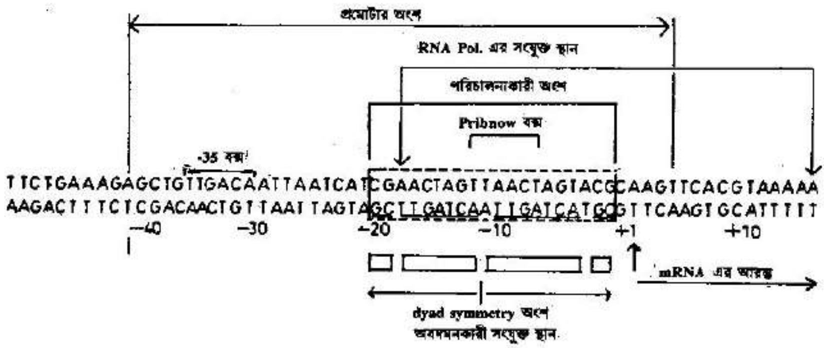
চিত্র ৬.২১ : ট্রিপটোফ্যান (*trp*) অপেরনের নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি।

(ক) নিষ্ক্রিয় দমনকারী ফলে ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণ শুরু করার পদ্ধতি ;
(খ) সক্রিয় দমনকারী ফলে ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণ বাধাগ্রস্ত হবার পদ্ধতি।

হলোরিপ্রেসর (Holorepressor) : হলোরিপ্রেসর বা সক্রিয় দমনকারী যখন *trp*O অঞ্চলে যুক্ত হয় তখন RNA pol তার নির্দিষ্ট প্রবর্ধক (*trp*P) অংশে বসতে পারে না বলে অনুলিপনও হয় না। তবে RNA pol প্রবর্ধক অংশে সক্রিয় থাকলে হলোরিপ্রেসর তখন অনুলিপন প্রক্রিয়াকে বাধাদান করতে পারে না।

আণবিক জীববিজ্ঞানীগণ ইতোমধ্যে *trp*O এবং *trp*P-এর DNA অংশ কিভাবে mRNA-অনুলিপন প্রক্রিয়া নিয়ন্ত্রণ করে তা উদ্‌ঘাটনের জন্য ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করেন। দেখা গেছে, হলোরিপ্রেসর DNA অনুক্রমের যে অংশে যুক্তি হয় সেখানে একটি ডায়াড প্রতিসম রয়েছে। এই প্রতিসম অংশটি প্রবর্ধক অঞ্চলে অবস্থিত যার ফলে RNA pol তার প্রবর্ধক অংশ সনাক্ত

করতে পারে না। (চিত্র ৬.২২)। এখানে সংক্ষেপে বলা যায় যে, *trp*-অপেরনের সক্রিয়তা এবং নিষ্ক্রিয়তা DNA–এর সাথে দমনকারকের সম্পর্কের উপর নির্ভর করে।



চিত্র ৬.২২ : *trp* অপেরনের প্রবর্ধক অংশ এবং পরিচালনাকারী অংশের ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করে তা বিভিন্ন নিয়ামকগুলো দেখানো হয়েছে।

৬.৬. অ্যাটিনুয়েশন (Attenuation)

প্রধানত দমনকারী–পরিচালনাকারী প্রক্রিয়ায় জিনের নিয়ন্ত্রণ সম্পন্ন হলেও আরও কিছু সূক্ষ্ম নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া রয়েছে। trp-অপেরনের ক্ষেত্রে দ্বিতীয় আর এক প্রকার নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি রয়েছে যা দমনকারী–পরিচালনাকারী প্রক্রিয়া থেকে স্বাতন্ত্র্য। এই দ্বিতীয় প্রক্রিয়াকে অ্যানুয়েশন (attenuation) বলে। ব্যাকটেরিয়ায় বিভিন্ন প্রকার অ্যামিনো এসিড সংশ্লেষণের অপেরনসমূহের সূক্ষ্ম নিয়ন্ত্রণ অ্যাটিনুয়েশন পদ্ধতিতে সম্পন্ন হয় (Yanofsky, ১৯৮১; Watson, ১৯৮১)।

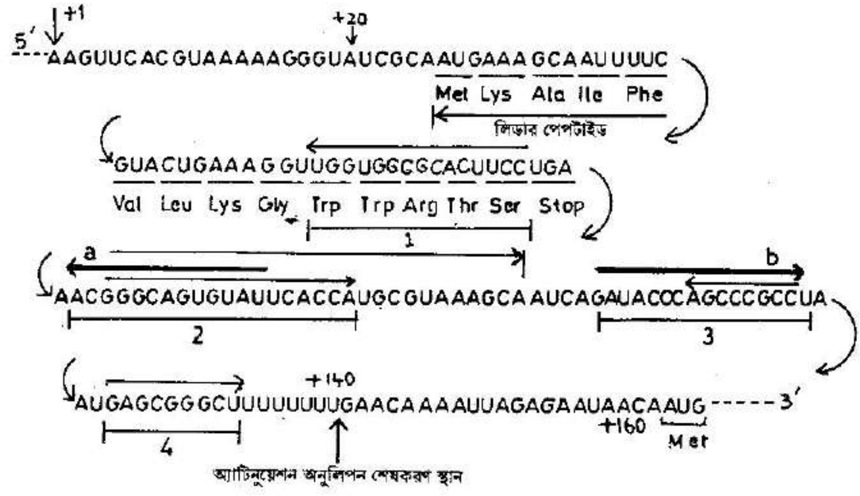
ট্রিপটোফ্যান অপেরনের ক্ষেত্রে যখন অনুলিপন হয় তখন গঠনগত জিনের *trp*E–এর প্রারম্ভিক কোডনের অগ্রভাগে ১৬১টি ক্ষারকের একটি অংশ রয়েছে যা প্রথমে সংশ্লেষণ হয়।

এই অংশটির ডিলেশন পরিব্যক্তি নিয়ে কাজ করে দেখা গেছে যে, অপেরেনের mRNA অনুলিপন ও অর্থকরণ প্রক্রিয়া প্রায় ১০ গুণ বৃদ্ধিপ্রাপ্ত হয়।

কৃত্রিম পরিবেশে দেখা গেছে, trp-অপেরনের অনুলিপন সূত্রটি –১৩০ ক্ষারক অবস্থানে পৌছালে অধিকাংশ mRNA অণুর সংশ্লেষণ শেষ হয়ে যায়। অর্থাৎ অধিকাংশ mRNA তার গঠনগত জিনের নিকট পৌছার পূর্বেই তার অনুলিপন শেষ করে mRNA মুক্ত করে দেয়। এ থেকে অনুমিত হয় যে, গঠনগত জিনের অগ্রভাগে অনুলিপন বাঁধকবিশিষ্ট একটি অংশ রয়েছে। trp–অপেরনের গঠনগত জিন অবস্থানের উর্ধ্বপ্রবাহ (upstream) যে অতিরিক্ত অংশ রয়েছে তাকে অগ্রণী (*trp*L) এবং অনুলিপন বাঁধক অংশকে অ্যাটিনুয়েশন (*trpa*, *trp*A নয়) বলে। কোষে ট্রিপটোফ্যানের পরিমাণের উপর নির্ভর করে অ্যাটিনুয়েশন সক্রিয় বা নিষ্ক্রিয় হয়। যখন ট্রিপটোফ্যান অণু সংখ্যা মাত্রাতিরিক্ত হয় তখন mRNA অনুলিপন অ্যাটিনুয়েশন অংশ পার হয়ে

অপেরনের -E (*trp*E) জিনের পূর্বে অনুলিপনসম্পন্ন করে ফেলে। অ্যাটিনুয়েশন অংশে এরূপ অসম্পূর্ণভাবে অনুলিপন সমাপ্তিকরণকে অ্যাটিনুয়েশন বলে।

trp L : ট্রিপটোফ্যান অপেরনের অগ্রণী অংশের (trp L) ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করে অ্যাটিনয়েশন সম্পর্কে অনেক সঠিক চিত্র উন্মোচিত হয়েছে। এই অনুক্রম অংশে মোট তিনটি ডায়াড প্রতিসমের উপস্থিতি লক্ষ্য করা গেছে (চিত্র ৬.২৩)।



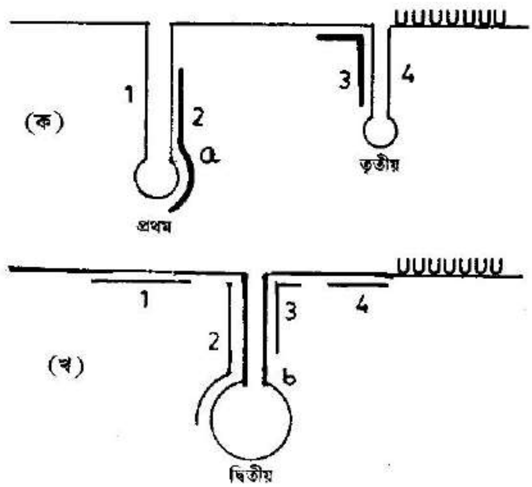
চিত্র ৬.২৩ : *trp* L অংশের ক্ষারক অনুক্রম। অনুক্রমে ডাইয়াড প্রতিসাম্য দেখানো হয়েছে (সংখ্যা ও মোটা দাগ দিয়ে) একই সাথে অ্যাটিনয়েশন ও লিডার পেপটাইডের অ্যামিনো এসিড অনুক্রম দেখানো হয়েছে।

*trp*L থেকে যে mRNA সৃষ্টি হয় সেখানে প্রতিসম থাকার কারণে নিম্নোক্ত তিনটি উপায়ে শাখা ও লুপ (stem-and-loop) আকৃতি গঠন করে সেগুলোকে ১,২,৩ ও ৪ ক্রমিক সংখ্যা দ্বারা প্রকাশ করা হয়েছে। ১ ও ২ নম্বর অংশের অনুক্রম জোড় প্রথম এবং ৩ ও ৪ নম্বর অংশের অনুক্রম জোড় তৃতীয় শাখা ও লুপ আকৃতি গঠন করে। ২ ও ৩ নম্বর অনুক্রম জোড় দ্বিতীয় প্রকৃতির শাখা ও লুপ আকৃতি গঠন করে। উপরোক্ত তিন প্রকৃতির লুপ একই সাথে গঠন করতে পারে না, কারণ ডায়াড প্রতিসম একটির উপর আর একটি অতিক্রম করেছে। তৃতীয় প্রকৃতির শাখা ও লুপ-এর পরই *trp*E জিন অবস্থিত (চিত্র ৬.২৩)।

উপরোক্ত তিন প্রকৃতির লুপের মধ্যে তৃতীয় লুপটি বেশ বৈচিত্র্যপূর্ণ। এই লুপটি GC ক্ষারক সমৃদ্ধ। G≡C ক্ষারক জোড় সৃষ্টির সময় এস্থানে তিনটি করে হাইড্রোজেন বন্ধনের সৃষ্টি করে বলে অন্য দুটি লুপের তুলনায় তৃতীয় লুপটি ক্ষারক সুদৃঢ় হয় এবং অনেকটা স্থায়ী। এই লুপগুলোর পর অনেকগুলো U–অনুক্রম রয়েছে। GC লুপের পর অনেকগুলো U–এর অবস্থান অনুলিপন

সমাপ্তিকরণ বা অ্যাটিনুয়েটর অংশ হিসেবে চিহ্নিত করা হয়েছে। এখানে তৃতীয় শাখা ও লুপ গঠনটিকে কার্যকর অ্যাটিনুয়েশন হিসেবে সনাক্ত করা হয়েছে।

অগ্রণী mRNA অণুর আর একটি বিশেষ বৈশিষ্ট্য হচ্ছে যে, এই অংশটি ১৪টি অ্যামিনো এসিডবিশিষ্ট একটি পেপটাইড সংকেত ব্যক্ত করে থাকে। এই পেপটাইডটির মধ্যে দুটি ট্রিপটোফ্যান সংকেত রয়েছে যা পরপর সজ্জিত। অ্যামিনো এসিডগুলোর মধ্যে ট্রিপটোফ্যান সবচেয়ে কম সংখ্যায় ব্যবহৃত হয়। এখানে মাত্র ১৪টি অ্যামিনো এসিডের মধ্যে পরপর দুটি ট্রিপটোফ্যানের উপস্থিতি বৈচিত্র্যপূর্ণ বলে চিহ্নিত করা হয়েছে।



চিত্র ৬.২৪ : *Attenuator* এর গঠনাকৃতি। *trp* L er mRNA অণুর শাখা ও লুপ আকৃতির প্রকারভেদ।

(ক) mRNA এর Dyad symmetry - ১ — ২ নম্বর অনুক্রম এবং ৩ ও ৪ নম্বর অনুক্রম এর সাহায্যে প্রথম ও তৃতীয় শাখা ও লুপ এর গঠনাকৃতি ;

(খ) দ্বিতীয় শাখা ও লুপ টি যথাক্রমে ২ ও ৩ নম্বর অনুক্রমের সাহায্যে সৃষ্টি হয়। প্রথম ও তৃতীয় লুপের মধ্যে দ্বিতীয় লুপের অনুক্রম নিহীত রয়েছে।

সমপ্রকৃতির বিভিন্ন অপেরনের অগ্রণী অংশের পেপটাইড কোড অনুক্রম বিশ্লেষণ করে তাদের তুলনামূলক চিত্র তুলে ধরা হয়েছে (চিত্র ৬.২৫)। টিপটোফ্যান অপেরনের তুলনায় অন্যান্য অ্যামিনো এসিড অপেরনের অগ্রণী অংশের অনুক্রমে সম্পর্কযুক্ত অ্যামিনো এসিডের পুনঃপুনঃ অনুক্রম অনেক বেশি সুনির্দিষ্ট ও প্রকট।

ফিনাইল অপেরনে (phe-operon) পুনঃপুনঃ সাতটি ফিনাইল অ্যালানিন কোড সংকেত, হিস্টিডিন অপেরনে (his-operon) পুনঃপুনঃ সাতটি হিস্টিডিন কোড সংকেত এবং লিউসিন অপেরনে (leu-operon) পুনঃপুনঃ চারটি লিউসিন কোড সংকেত স্মারকের উপস্থিতি অর্থবহ করে তুলেছে।

অপেরন	লিডার পেপটাইডে অ্যামিনো এসিডের অনুক্রম ও সংখ্যা
trp	Met-Lys-Ala-Ile-Phe-Val-Leu-Lys-Gly-[Trp-Trp]-Arg-Thr-Ser-STOP=14
his	Met-Thr-Arg-Val-Gln-Phe-Lys-[His-His-His-His-His-His-His]-Pro-Asp-STOP=16
phe	Met-Lys-His-Ile-Pro-[Phe-Phe-Phe]-Ala-[Phe-Phe-Phe]-Thr-Phe-Pro-STOP=15
leu	Met-Ser-His-Ile-Val-Arg-Phe-Thr-Gly-[Leu-Leu-Leu-Leu]-Asn-Ala-Phe-Ile-Val-Arg-Gly-Arg-Pro-Val-Gly-Gly-Ile-Gln-His-STOP=28

চিত্র ৬.২৫ : কয়েক প্রকার অ্যামিনো এসিডের সংশ্লেষণ সম্পর্কযুক্ত অপেরনের লিডার পেপটাইডের অ্যামিনো এসিড অনুক্রম।

অ্যাটিনুয়েটরের নিয়ন্ত্রণ (Regulation of attenuator)

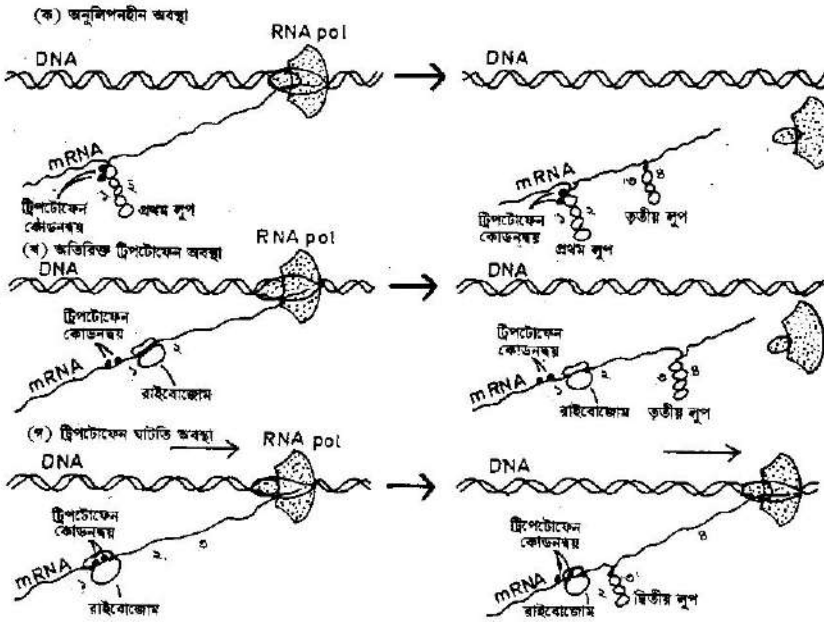
trp-অপেরনের অগ্রণী অংশে অবস্থিত অ্যাটিনুয়েটরের নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়ায় অ্যাটিনুয়েটর শাখা ও লুপ গঠনাকৃতি সৃষ্টি হওয়া না হওয়ার উপর নির্ভর করে। যদি কোনো উপায়ে দ্বিতীয় stem-and-loop গঠনাকৃতির সৃষ্টি হতে পারে তবে প্রথম এবং তৃতীয় অ্যাটিনুয়েশন শাখা ও লুপ গঠন করতে পারে না। কারণ ২য় ও ৩য় প্রতিসম অংশ দ্বিতীয় শাখা ও লুপ গঠন করতে পারে না। আমরা জানি যে, ব্যাকটেরিয়ার অনুলিপন এবং অর্থকরণ প্রায় একই সাথে ঘটে থাকে। এক্ষেত্রে যদি trp-অগ্রণী অংশে শুধু অনুলিপন ঘটে তবে সকল অ্যাটিনুয়েটর অংশে অনুলিপনের সমাপ্তি ঘটবে। mRNA সংশ্লেষণের সময় যখন প্রতিসম ১ম ও ২য় অংশের অনুলিপন ঘটে তখন খুব সহজে দ্বিতীয় শাখা ও লুপ–এর সাথে কোনো প্রতিযোগিতায় অবতীর্ণ হওয়ার পূর্বেই প্রথম শাখা ও লুপ–এর গঠন প্রকৃতি পেয়ে যায়। ইতোমধ্যে ৩য় এবং ৪র্থ নম্বর প্রতিসম অংশের অনুলিপন ঘটে গিয়ে তৃতীয় শাখা ও লুপ–এর গঠন প্রকৃতি পেয়ে যায়।

যেহেতু দ্বিতীয় লুপের অনুক্রম ২য় ও ৩য় নম্বর stem অনুক্রমের মধ্যে রয়েছে সেহেতু দ্বিতীয় লুপ গঠনের কোনো সম্ভাবনা থাকছে না। যখন তৃতীয় লুপের (অ্যাটিনুয়েটর) সৃষ্টি হয়ে যায় তখনই অনুলিপনের সমাপ্তি ঘটে যায় (চিত্র ৬.২৬ক)।

যখন একটি mRNA অণুর সংশ্লেষণ শুরু হয়ে অণুসূত্রটি একটি নির্দিষ্ট দৈর্ঘ্যপ্রাপ্ত হয় তখন রাইবোজোমের সংযুক্তি ঘটে ও অর্থকরণ আরম্ভ হয়। এ সময় অগ্রণী পেপটাইডের সংশ্লেষণ শুরু হলে তা দ্রুত '১' নম্বর প্রতিসম অনুক্রম অতিক্রম করে শেষ হয়ে যায়। সুতরাং কোষে যদি অতিরিক্ত ট্রিপটোফ্যান থাকে তবে অগ্রণী অংশের পেপটাইড সংশ্লেষণ সঠিকভাবে সম্পন্ন হবে, কারণ এখানে দুটি ট্রিপটোফ্যানের প্রয়োজন হয়। ইতোমধ্যে ৩ নম্বর ও ৪ নম্বর প্রতিসম–এর অনুক্রম সংশ্লেষণ হয়ে যাবার সাথে সাথে তৃতীয় শাখা ও লুপটির গঠনাকৃতি পেয়ে যায় এবং অনুলিপনের সমাপ্তি ঘটে (চিত্র ৬.২৬খ)।

কোষে যখন ট্রিপটোফ্যানের পরিমাণে ঘাটতি থাকে তখন Tryptophenyl-tRNA–এর পরিমাণেও ঘাটতি থাকে। এ অবস্থায় সংশ্লেষিত mRNA–এর সাথে যখন রাইবোজোমের সংযোগ হয়ে অর্থকরণ করতে থাকবে তখন ট্রিপটোফ্যান কোডনের নিকট এসে অর্থকরণে বাধাপ্রাপ্ত হবে বা ধীরগতিসম্পন্ন হবে। ট্রিপটোফ্যান কোডদ্বয় '১' নম্বর অনুক্রম অঞ্চলে রয়েছে বলে এটি প্রথম শাখা ও লুপ গঠনে বাধা দেয়। কিন্তু রাইবোজম যেহেতু ট্রিপটোফ্যানের ঘাটতির কারণে

ধারগাতসম্পন্ন হয়েছে, সেহেতু ইতোমধ্যে অগ্রসরমান অনুলিপনের ২য় ও ৩য় নম্বর অনুক্রমের সৃষ্টি হওয়ায়, দ্বিতীয় শাখা ও কাণ্ডের গঠন সম্পন্ন হয়ে যায়। যখন ৪ নম্বর অনুক্রমের সংশ্লেষণ শুরু হয় তখন তৃতীয় অ্যাটিনুয়েটর লুপ সৃষ্টি হতে পারে না। এর ফলে অনুলিপন সমাপ্তকরণ সংকেত সৃষ্টি হয় না। এ অবস্থায় RNA pol আরও অগ্রসর হয়ে গঠনগত জিন বা trp-অপেরনের অনুলিপন সম্পন্ন করে। সৃষ্ট এই mRNA তখন ট্রিপটোফ্যানের প্রয়োজনীয় এনজাইম সৃষ্টি করে ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণ শুরু করে (চিত্র ৬.২৬গ)। সুতরাং দেখা যাচ্ছে যে, ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণের জন্য অ্যাটিনুয়েশন প্রক্রিয়া একটি কার্যকর নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া। এই প্রক্রিয়ায় কোনো জিনকে একেবারে বন্ধ না করে ঠিক যে পরিমাণ ট্রিপনোফ্যান দরকার তার সঠিক অবস্থা নিরূপণ করে নিয়ে তার সংশ্লেষণ শুরু করে। বিভিন্ন অ্যামিনো এসিডে সংশ্লেষণের সাথে সম্পর্কিত অপেরনের (his, phe, leu, thr- অপেরন) অগ্রণী অংশের অ্যাটিনুয়েশন নিয়ে পরীক্ষা করে দেখা গেছে শুধু trp-অপেরন ছাড়াও অন্যান্য অপেরনে অ্যাটিনুয়েটর একটি কার্যকর নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া। কোনো কোনো অপরেনের ক্ষেত্রে (his, leu) অ্যাটিনুয়েটর একমাত্র নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া হিসেবে কাজ করে থাকে (Jensen *et al.*, ১৯৮৬ ; Platt, ১৯৮৬)। জিনের নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া শুধু অনুলিপন অধ্যায়ে সীমাবদ্ধ নয়। অনেক ক্ষেত্রে অর্থকরণ প্রক্রিয়ার বিভিন্ন ধাপেও জিনের কর্মকাণ্ড নিয়ন্ত্রিত হয়। অনেক জিনের সৃষ্ট উপাদান তার নিজের অর্থকরণে বাধাদান করে। অনেক সময় রাইবোজোম সংশ্লেষণ পর্যায়ে নিয়ন্ত্রণ করে জিনের কর্মকাণ্ডকে নিয়ন্ত্রণ করা হয়।



চিত্র ৬.২৬ : ব্যাকটেরিয়ার বিভিন্ন পুষ্টি উপাদানে ট্রিপটোফ্যানের পরিমাণ বিভিন্ন থাকলে শাখা ও কাণ্ডের বিভিন্ন প্রকার গঠনাকৃতির অবস্থা ও তার কার্যপ্রণালী।

কোষের বিভিন্ন প্রকৃতির জৈব রাসায়নিক সংশ্লেষণ আবার অন্য আর একটি সৃষ্ট উপাদানের উপর নির্ভর করে। যেমন— থ্রিওনিন, আইসোলিউসিন অ্যামিনো এসিডের উত্তরসুরি হিসেবে (precursor) অংশগ্রহণ করে। এই অ্যামিনো এসিড পরপর কয়েকটি সক্রিয় এনজাইমের মাধ্যমে সৃষ্টি হয়। এখান থেকে একটি ভিন্ন পথে ভ্যালিন সংশ্লেষণ হয়। এরূপ অবস্থায় যদি বাইরে থেকে ভ্যালিন সরবরাহ করা হয় তবে উক্ত সংশ্লেষণ পথের সকল প্রকার এনজাইমের সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যাবে। ফলে শীঘ্রই আইসোলিউসিন ও লিউসিন সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে তাদের অভাবে অনেক প্রোটিন সংশ্লেষণও একই সাথে বন্ধ হয়ে যাবে। এক্ষেত্রে শুধু একটি অ্যামিনো এসিডের নিয়ন্ত্রণ না করে অন্যান্য সব অ্যামিনো এসিডের পরিমাণ নিরূপিত হয়ে কেবল তখন ভ্যালিনের নিয়ন্ত্রণ কার্যকর হবে। এই জটিল কিন্তু ব্যাপক সুনিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়াকে বহুযোজী নিয়ন্ত্রণ বলে। কোষের প্রায় সকল জৈব রাসায়নিক ক্রিয়া–কর্ম ও তার সংশ্লেষণ উক্ত বহুযোজী নিয়ন্ত্রণের মাধ্যমে সম্পন্ন হয়ে জীবনকে সুনিয়ন্ত্রিত করা হয়।

৬.৭ ইউক্যারিওটে জিন নিয়ন্ত্রণ (Gene regulation in eukaryotes)

ইউক্যারিওটে জিন নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া প্রোক্যারিওটের জিন নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া থেকে সম্পূর্ণ ভিন্ন এবং জটিল। প্রোক্যারিওটজাতীয় জীব সাধারণত এককোষী এবং মুক্তভাবে জীবনযাপন করে। সব জীব পরিবেশের সামান্য পরিবর্তনের সাথে সাথে সাড়া দিতে পারে। কোষের প্রয়োজনীয় উপাদান তাৎক্ষণিকভাবে তৈরি বা বন্ধ রাখতে পারে। অধিকাংশ ক্ষেত্রে জিনের অনুলিপন পর্যায়ে নিয়ন্ত্রণের মাধ্যমে তার সকল কর্মকাণ্ড সম্পন্ন করে। অপরদিকে ইউক্যারিওটজাতীয় জীব এককোষী থেকে বহুকোষী হয়ে থাকে। বহুকোষী জীবের ক্ষেত্রে কোষগুলো বিভিন্ন কলাতন্ত্রে বিভক্ত। বিভিন্ন কলাতন্ত্রের কাজ ও তার নিয়ন্ত্রণ প্রণালী এক রকম নয়। এর ফলে বিভিন্ন কোষ এবং কলাতন্ত্রের জিনসমূহের কার্যপ্রণালী বিভিন্ন হয়ে থাকে। প্রোক্যারিওটের জিন নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া সম্পর্কে অনেক তথ্য উদঘাটন হলেও ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে তেমন কিছু জানা যায়নি। তবে এককোষী ইউক্যারিওটের জিন নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া সম্পর্কে কিছু কিছু জানা সম্ভব হয়েছে।

ইউক্যারিওটের জিন নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া অনুধাবনের জন্য নিচে কয়েকটি কৌলিক বৈচিত্র্য তুলে ধরা হলো :

১. ইউক্যারিওটের DNA প্রোক্যারিওটের ন্যায় স্বতন্ত্রভাবে অবস্থান করে না। ইউক্যারিওটের DNA হিস্টোন প্রোটিনের সাথে মিশে ক্রোমাটিন নামক বস্তুতে আবদ্ধ থাকে।
২. প্রোক্যারিওটের ন্যায় ইউক্যারিওটের DNA অণুর সকল অংশ অনুলিপন এবং অর্থকরণ করে না।
৩. ইউক্যারিওটের জিনে সাধারণত সংকেতবিহীন ইনট্রন অংশ থাকে।
৪. প্রোক্যারিওটের ন্যায় অনুলিপন ও অর্থকরণ সমান্তরালভাবে না ঘটে ইউক্যারিওটে, তা পর্যায়ক্রমিকভাবে ঘটে। অর্থাৎ অনুলিপন সম্পন্ন হলে অর্থকরণ শুরু হয়।
৫. প্রোক্যারিওটে অনুলিপনের নিয়ন্ত্রণকারী অংশ (regulatory site) বেশ ছোট এবং তা প্রবর্ধকের অনতিদূরে অবস্থান করে। নিয়ন্ত্রণকারী প্রোটিন সরাসরি DNA–এর সাথে যুক্ত হয়ে RNA পলিমারেজের সংযুক্তিকে সক্রিয় বা নিষ্ক্রিয় করে। অপরদিকে ইউক্যারিওটে জিনের নিয়ন্ত্রণকারী অংশ তুলনামূলকভাবে অনেকটা বড় এবং প্রবর্ধক অংশ থেকে কয়েকশত নিউক্লিওটাইড দূরে অবস্থান করে। এসব নিয়ন্ত্রণকারী অংশে নিয়ন্ত্রণকারী প্রোটিন সক্রিয় হলেও তা প্রবর্ধক অঞ্চলে সরাসরি কোনো প্রতিক্রিয়া করতে পারে না।

BANGDOC Library Dhaka

৭. ইউক্যারিওটের mRNA অনুলিপনের পর তা প্রক্রিয়াজাত হয়ে নিউক্লিয়াসের বাইরে সাইটোপ্লাজমে আসার পর অর্থকরণ করে। প্রোক্যারিওটে mRNA অণু প্রক্রিয়াজাত হয় না বা নিউক্লিও পর্দা দ্বারা বিভেদিত নয় বলে তাকে স্থানান্তরের প্রয়োজন হয় না।

৮. প্রোক্যারিওটে mRNA অণুর অর্ধায়ু খুবই কম (১.৮ মি.)। পরিবেশ পরিবর্তনে খুব দ্রুত সাড়া দিয়ে নিয়ন্ত্রণী জিন কাজ করতে পারে। এর ফলে mRNA খুব দ্রুত কাজ করতে এবং খুব দ্রুত বিশ্লিষ্ট হয়ে যেতে পারে। অপরদিকে ইউক্যারিওটের mRNA অণুর অর্ধায়ু অনেক দীর্ঘ। পরিবেশের প্রভাবে খুব সহজে জিন 'অন–অফ' প্রক্রিয়ায় নিয়ন্ত্রিত হয় না। সৃষ্ট mRNA তাই অপ্রয়োজনীয় প্রোটিন সৃষ্টি করে ফেলে।

৯. প্রোক্যারিওটে কাছাকাছি সম্পর্কযুক্ত জিনগুলো অনেক সময় অপেরন সৃষ্টি করে এবং একটি পলিসিস্ট্রোনিক mRNA অনুলিপন করে। অপেরনে অবস্থিত সব জিনকে একটি প্রবর্ধকের মাধ্যমে নিয়ন্ত্রিত হয়। এই প্রক্রিয়াটি ইউক্যারিওটে নেই বললেই চলে। ইউক্যারিওটের mRNA মনোসিস্ট্রোনিক। তবে অনেক সমপ্রকৃতির জিন গুচ্ছের অবস্থান লক্ষ্য করা যায়। এদেরকে জিন গোত্র (gene family) বলে। এ সকল জিনগুলো অধিকাংশ ক্ষেত্রে একটি সমন্বিত প্রক্রিয়ায় কিন্তু স্বাতন্ত্র্য বজায় রেখে কাজ করে থাকে।

উপরোক্ত বৈশিষ্টসমূহ থেকে এটি পরিষ্কার হয়ে উঠে যে, ইউকারিওটের জিনের গঠন, চরিত্র ও নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়ার বিষয়গুলো প্রোক্যারিওটের সাথে মিল নেই। ইউক্যারিওটে যেসব mRNA সংশ্লেষণ হয় তাকে তার অণু সংখ্যার উপর ভিত্তি করে নিম্ন–সংখ্যক অনুলিপি (low copy number) –১–কয়েকটি অণু), মধ্যম ব্যাপক (moderately prevalent -কয়েক শত অণু) এবং অধিক ব্যাপক (super prevalent -১^{৩}–১০^{৪}টি অণু) এই তিন ভাগে ভাগ করা হয়েছে। অধিক ব্যাপক জাতীয় mRNA সংশ্লেষণ ও তার নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কে যতটুকু জানা সম্ভব হয়েছে তার তুলনায় নিম্ন–সংখ্যক অনুলিপি ও মধ্যম ব্যাপক জাতীয় mRNA অণুর সংশ্লেষণ ও তার নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কে খুব কমই জানা সম্ভব হয়েছে।

৬.৭.১ ইউক্যারিওট জিন নিয়ন্ত্রণের বিভিন্ন অধ্যায় (Levels of control of gene expression in eukaryotes)

ইউক্যারিওটে জিনের নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়া বিভিন্ন অধ্যায়ে ঘটে থাকে। এর মধ্যে সবচেয়ে সাশ্রয়ী (economical) ব্যবস্থা হচ্ছে অনুলিপনের প্রারম্ভিক অধ্যায়ের নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা। তবে অধিকাংশ জীবের ক্ষেত্রে স্থানভেদে কোনো কোনো জিনের ব্যক্তকরণ কখনও হয় না। যেমন— যকৃতে যেসব জিন সিরাম অ্যালবুমিন তৈরি করে সেসব জিন বৃক্কে বা মস্তিষ্কে কখনও ব্যক্ত করে না।

DNA থেকে প্রোটিন সংশ্লেষণ পর্যন্ত বেশ কয়েকটি ধাপ রয়েছে (চিত্র ৬.২৭)। একটি কোষে যখন কোনো একটি প্রোটিন সংশ্লেষণ করবে তখন প্রধানত যেসব প্রক্রিয়ায় তা নিয়ন্ত্রিত হয় সেগুলো হচ্ছে :

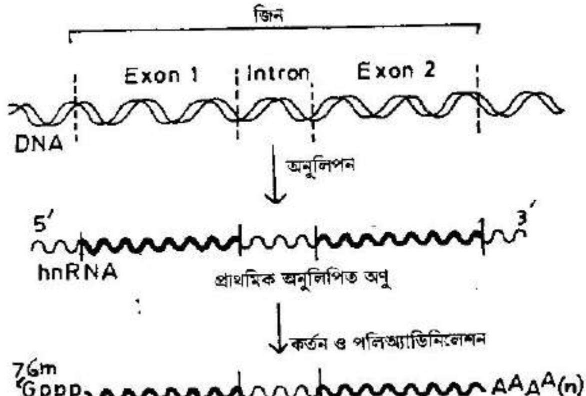
১. **অনুলিপন নিয়ন্ত্রণ :** জিনের প্রাথমিক নিয়ন্ত্রণ অনুলিপন স্তরে ঘটে থাকে। একটি জিন কখন এবং কত সময় পরপর অনুলিপন করবে তা অত্যন্ত সুচারুরূপে নিয়ন্ত্রিত হয়।

২. **RNA–এর প্রক্রিয়াকরণ নিয়ন্ত্রণ :** জিনের প্রাথমিক অনুলিপিত অণুকে hnRNA বলে। এই অণু বেশ কিছু ধাপে প্রক্রিয়াজাত হয়ে mRNA অণুতে পরিণত হয়। hnRNA থেকে পরিপক্ব mRNA অণুতে প্রক্রিয়াজাতের সময় নিয়ন্ত্রিত হয়।

৩. **RNA–এর পরিবহণ নিয়ন্ত্রণ :** ইউক্যারিওটে কোষের প্রোটোপ্লাজম নিউক্লিয়াসের পর্দা দ্বারা বিভেজিত। DNA নিউক্লিয়াসের মধ্যে অবস্থান করার কারণে অনুলিপন ও প্রক্রিয়াজাতকরণ

কেন্দ্রিকার ভেতরে ঘটে থাকে। প্রক্রিয়াজাতকৃত mRNA অর্থকরণের জন্য কেন্দ্রিকা থেকে সাইটোপ্লাজমে পরিবাহিত হয়। কোনো কোনো mRNA অণুকে কেন্দ্রিকার বাইরে পরিবহণ করে আনতে হবে তা বিভিন্ন উপায় নিয়ন্ত্রিত হয়।

৪. **অর্থকরণ নিয়ন্ত্রণ :** সকল পরিবাহিত mRNA অর্থকরণ করে না। যেসব mRNA অর্থকরণ করবে তাকে বাছাই করে রাইবোজোমের সাথে সংযুক্ত করতে হয়। এই প্রক্রিয়ার বিভিন্ন ধাপ নিয়ন্ত্রিত হয়ে প্রোটিন সংশ্লেষণ শুরু করে।



চিত্র ৬.২৭ : ইউক্যারিওট জিনের ব্যক্তকরণের সম্ভাব্য নিয়ন্ত্রণ পর্যায়সমূহ।

৫. **mRNA-এর বিশ্লিষ্টকরণ নিয়ন্ত্রণ :** সাইটোপ্লাজমে পরিবাহিত mRNA অণু বাছাইকরণের পর যেগুলো অর্থকরণে অংশগ্রণ করবেনা সেগুলো ক্ষণস্থায়ী হয় এবং খুব দ্রুত বিশ্লিষ্ট হয়। এই প্রক্রিয়ার বিভিন্ন ধাপ নিয়ন্ত্রিত হয়ে অণু বিশ্লিষ্ট হয়।

৬. **প্রোটিনের সক্রিয়তা নিয়ন্ত্রণ :** কোনো একটি প্রোটিন সৃষ্টির পর তার সক্রিয়করণ, নিষ্ক্রিয়করণ ও নির্দিষ্ট স্থানে গুদামজাতকরণের বিভিন্ন অধ্যায়সমূহ নিয়ন্ত্রিত হয়।

৬.৭.২ ইউক্যারিওটে জিন ব্যক্তকরণ অধ্যায়ে নিয়ন্ত্রণ (Control of gene expression in eukaryotes)

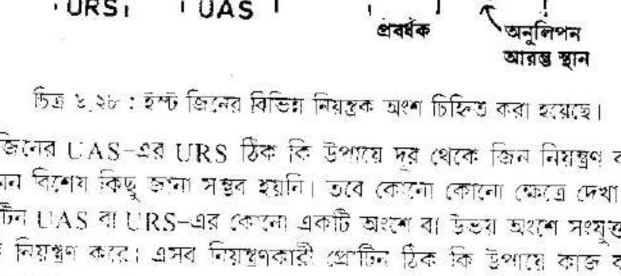
ইউক্যারিওট জীবের মধ্যে ইস্ট একটি সাধারণ এককোষী জীব। জিনের নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কিত বিভিন্ন গবেষণা ইস্টের উপর কাজ করে কিছু কিছু জানা সম্ভব হয়েছে। বহুকোষী জীবের জিন নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কিত বিশেষ কোনো তথ্য এখনও জানা যায়নি।

ইস্ট (*Saccharomyces cervisiae*) : ইস্টের জিন কখনও অপেরন হিসেবে থাকে না। যদি সমবৈশিষ্ট্য সম্পন্ন জিনগুলো পাশাপাশি গুচ্ছাকারে থাকে তবুও তারা কখনও একত্রে একটি অণুতে অনুলিপন করেনা। প্রত্যেকটি জিনের ভিন্ন ভিন্ন নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা রয়েছে (Struhl, ১৯৮৭)। প্রধানত যেসব নিয়ন্ত্রণ উপাদান রয়েছে সেগুলো নিম্নরূপ :

১. **প্রবর্ধক :** প্রবর্ধক অংশে RNA pol যোগ হয়। RNA pol সরাসরি যুক্ত হয়ে অনুলিপন করে।

২. **উর্ধ্বমুখে সক্রিয়ক অনুক্রম** (uptram activating sequences, UAS) : অনুলিপনের প্রয়োজনীয় সক্রিয় অংশ হিসেবে প্রবর্ধকের উর্ধ্বাংশে UAS অবস্থান করে। এই UAS একটি জিনকে 'সুইচ অন' করে থাকে।

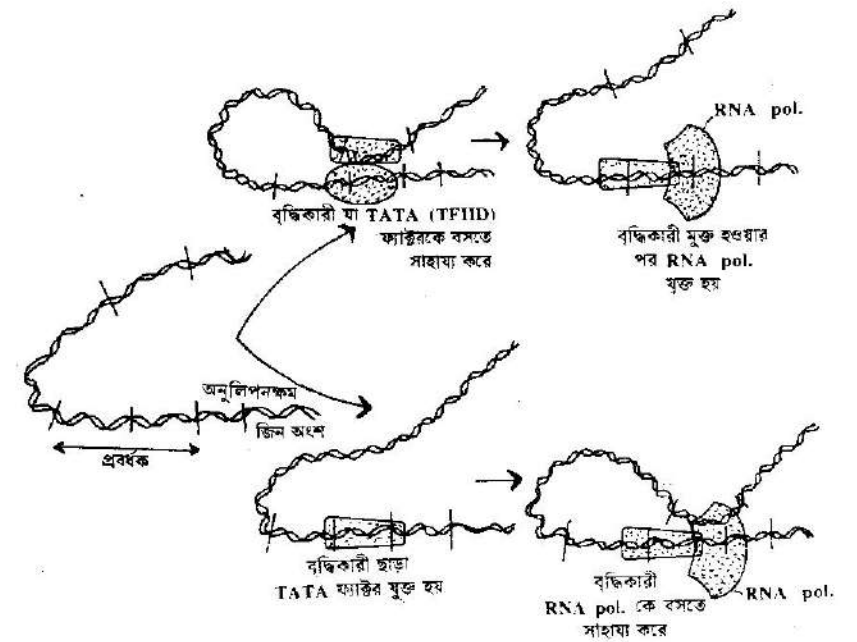
৩. **উর্ধ্বমুখে নিষ্ক্রিয়ক অনুক্রম** (Upstream repressing sequence URS) : UAS জিনের উর্ধ্বাংশে অবস্থান করে জিনের নিয়ন্ত্রণ সম্পন্ন করে। এই অংশটি জিনকে 'সুইচ অফ' করে রাখে (চিত্র ৬.২৮)। এখানে উল্লেখ যে, প্রোক্যারিওটের CAP site-এর ন্যায় UAS বা অপারেটরের URS site দুটি মোটেই তুলনীয় নয়। কারণ প্রোক্যারিওটের জিনের নিয়ন্ত্রকসমূহের অবস্থান যেখানে জিনের খুব কাছাকাছি থাকে সেখানে ইস্টের ক্ষেত্রে UAS ও UAR–এর অবস্থান তুলনামূলকভাবে এক বা কয়েক হাজার ক্ষারক অনুক্রম দূরে থাকে (চিত্র ৬.২৮)।



চিত্র ৬.২৮ : ইস্ট জিনের বিভিন্ন নিয়ন্ত্রক অংশ চিহ্নিত করা হয়েছে।

ইস্টে জিনের UAS–এর URS ঠিক কি উপায়ে দূর থেকে জিন নিয়ন্ত্রণ করে থাকে সে সম্পর্কে তেমন বিশেষ কিছু জানা সম্ভব হয়নি। তবে কোনো কোনো ক্ষেত্রে দেখা গেছে, একটি নিয়ন্ত্রণী প্রোটিন UAS বা URS–এর কোনো একটি অংশে বা উভয় অংশে সংযুক্ত হয়ে জিনের ব্যক্তকরণকে নিয়ন্ত্রণ করে। এসব নিয়ন্ত্রণকারী প্রোটিন ঠিক কি উপায়ে কাজ করে তা জানা যায়নি। তবে DNA bending নামক একটি মডেল এ বিষয়ের উপর প্রকাশ করা হয়েছে। এই মডেলটিতে দেখানো হয়, কি উপায়ে নিয়ন্ত্রণী প্রোটিন UAS/URS–এর সাথে যুক্ত হয়ে DNA সূত্রকে বাঁকিয়ে তাকে প্রবর্ধক–এর নিকট নিয়ে আসে। তাকে এভাবে বাঁকিয়ে আনার ফলে

প্রবর্ধক অংশকে সক্রিয় করার পর কেবল তখন RNA pol প্রবর্ধক অংশে সংযুক্ত হয় (চিত্র ৬.২৯)।



চিত্র ৬.২৯ : বৃদ্ধিকারক যেভাবে কাজ করে থাকে তার দুটি প্রস্তাবিত মডেল।

উচ্চতর ইউক্যারিওটে আরও একটি নিয়ন্ত্রক অংশের বর্ণনা করা হয়েছে। ইস্ট–এর UAS-এর মতো বৃদ্ধিকারক নামে একটি নিয়ন্ত্রক অনুক্রমের ধারণা দেয়া হয়েছে (Dynan ও Tjian ১৯৮২ ; Serfling *et al.*, ১৯৮৫)। UAS–এর মতো নির্দিষ্ট জিনের অবস্থান থেকে বেশ দূরে উর্ধ্বপ্রবাহে এ অবস্থান করে। Enhancer অংশটি বিশেষ নিয়ন্ত্রণকারী প্রোটিনের সাহায্যে তার নিম্নপ্রবাহ এ অবস্থিত target জিনকে নিয়ন্ত্রণ করে। নিয়ন্ত্রণী প্রোটিন বৃদ্ধিকারীর (enhancer) সাথে যুক্ত হয়ে DNA অণুসূত্রকে বাঁকিয়ে প্রবর্ধকের নিকট নিয়ে এসে তার target জিনকে আন্দলিত করে (চিত্র ৬.২৯)। UAS অনেকটা সুনির্দিষ্ট স্থান অবস্থান করলেও বৃদ্ধিকারীর অবস্থান অনেকটা অনির্দিষ্ট; এটি কয়েক হাজার ক্ষারক দূরত্বে অবস্থান করতে পারে। তাছাড়া বৃদ্ধিকারী সবসময় উর্ধ্বপ্রবাহে না থেকে নিম্নপ্রবাহেও অবস্থান করতে [illegible]।

ইতোমধ্যে বেশ কিছু স্তন্যপায়ী জিনের বৃদ্ধিকারী [illegible] নিয়ে কাজ করা হয়েছে। দেখা গেছে যে প্রত্যেকটি নিয়ন্ত্রক অংশে ৮ থেকে [illegible] নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট সুনির্দিষ্ট অনুক্রম রয়েছে যা নির্দিষ্ট জিনের নিয়ন্ত্রক প্রোটিন [illegible] যুক্ত হয়। এসব নিয়ন্ত্রণকারী প্রোটিন যখন সংযুক্ত হয় তখন নির্দিষ্ট [illegible] জিন সক্রিয় বা নিষ্ক্রিয় হয়।

তথ্যপঞ্জি

Dynan, W and R. Tjian. 1982. *Trends Biochem. Sci.*, 7 : 124-125.

Gancendo, J.M. and M.J. Mozon. 1985. *Trends Biochem. Sci.*, *10* : 210-212.

Jacob, F and J. Monod. 1961. *J. Mol. Biol.*, *3* : 318-356.

Jensen, K.F., F. Bonekamp and P. Paulsen. 1986. *Trends Biochem. Sci.*, *11* : 362-365.

Platt, T. 1986. *Ann. Rev. Biochem.*, *55* : 339-372.

Ptashne, M. and W. Gilbert. 1970. *Scientific Amer*, *222 (6)* : 36-44.

Serfling, E., M. Jasin and W. Schaffner. 1985. *Trend. Genet.*, 1 : 224-230.

Struhl, K. 1987. *Cell*, *49* : 295-297.

Watson, M.D. 1981. *Trends Biochem. Sci. 10* : 210-212.

Yanofsky, C. 1981. *Nature (Lond.)* : *289* : 751-758.

Zubay, G., D. Schwartz and J. Beck wiht 1970. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA.*, 66 : 104-110.

Gamow, G. 1954. *Nature (Lond).* 173 : 318.

সপ্তম অধ্যায়

কৌলিক উপাদানে পরিবর্তন

Alterations in the genetic materials

একটি জিনোম তার জিন রক্ষা, প্রকাশ ও পরবর্তী বংশধারায় প্রবাহিত করার সব কর্মকৌশল সুচারুরূপে সম্পন্ন করে। ফলে বংশ পরম্পরায় জীব তার নিজস্ব বৈশিষ্ট্য রক্ষা করে চলছে। কিন্তু এই গতিধারায় কখনও কখনও জীবের কৌলিক উপাদানের চরিত্র ও বৈশিষ্ট্যের পরিবর্তন ঘটে যায়। কৌলিক উপাদানের বৈশিষ্ট্য বিভিন্নভাবে ও বিভিন্নরূপে পরিবর্তন হতে পারে। এর মধ্যে পরিব্যক্তি ও রিকম্বিনেশন সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ বলে বিবেচনা করা হয়। এছাড়া আরও এক উপায়ে কৌলিক উপাদানের পরিবর্তন ঘটে, তাকে ট্রান্সপজিশন (Transposition) বলে। পরিব্যক্তি, রিকম্বিনেশন ও ট্রান্সপজিশনের বিষয়গুলো বেশ জটিল। এখানে কেবল কৌলিক বিষয় সম্পর্কে আলোচনা করা হলো।

৭.১. পরিব্যক্তি (Mutation)

আক্ষরিক অর্থে হঠাৎ কোনো কৌলিক পরিবর্তনকে পরিব্যক্তি (mutation) বলে। পরিব্যক্তির ফলে জীবে নতুন বৈশিষ্ট্যের উদ্ভব হতে পারে। সৃষ্ট নতুন চরিত্র উত্তরাধিকারসূত্রে বংশ পরম্পরায় সঞ্চারিত হয়। জীবের বৈশিষ্ট্যের স্বল্পপরিসর পরিবর্তনকে পরিব্যক্তি বলে সংজ্ঞায়িত করা হলেও প্রধানত DNA অণুর নিউক্লিওটাইডের চরিত্রে বা অনুক্রমে কোনো পরিবর্তন ঘটলে তাকে পরিব্যক্তি বলে। এই পরিবর্তন কোনো একটি বা একাধিক জিনের অভ্যন্তরে ঘটতে পারে অথবা দুটি জিনের মধ্যবর্তী স্থানেও ঘটতে পারে। যদি জিনের মধ্যবর্তী পরিসর সৃষ্টিকারী (spacer) বা ইনট্রন (intron) অংশে পরিবর্তন ঘটে তবে কোষ বা জীবের বৈশিষ্ট্যের তেমন কোনো পরিবর্তন ঘটে না বলে এটি এক প্রকার নিরব (silent) পরিব্যক্তি অবস্থায় থাকে। তবে পরিবর্তন যদি DNA অনুক্রমের কৌলিক সংকেতে ঘটে তবে সেক্ষেত্রে কোষ বা জীবের বাহ্যিক বৈশিষ্ট্যেরও (phenotypic) পরিবর্তন ঘটায়। কোনো একটি জীবে যেসব বৈশিষ্ট্য বা চরিত্রকে সাধারণভাবে পাওয়া যায় বা দেখা যায় তাকে বন্য চরিত্র (wild type) বলে। যদি পরিব্যক্তির কারণে উক্ত বন্য চরিত্রের কোনো পরিবর্তন ঘটে যায় তখন সেই জিন বা জীবকে পরিব্যক্তিক (mutant) বলে।

প্রকৃতিতে অনেক সময় পরিব্যক্তি স্বতঃস্ফূর্তভাবে ঘটে থাকে। এই সব পরিব্যক্তি বিবর্তনের উপাদান হিসেবে চিহ্নিত। প্রাকৃতিক উপায়ে যেসব পরিব্যক্তি ঘটে থাকে তাকে স্বতঃস্ফূর্ত (spontaneous) পরিব্যক্তি বলে। বর্তমানে কৃত্রিম উপায়ে পরিব্যক্তি ঘটানো সম্ভব। কৃত্রিম উপায় ঘটানো পরিব্যক্তিকে প্রবর্তিত (Induced) বা কৃত্রিম পরিব্যক্তি বলে। প্রাকৃতিক ও প্রবর্তিত পরিব্যক্তির মধ্যে কোনো পার্থক্য নেই। প্রত্যেক পরিব্যক্তি ঘটার জন্য কোনো একটি কারণ থাকে। যেসব জানা অজানা বিষয়গুলো বা প্রক্রিয়াগুলো পরিব্যক্তি ঘটার জন্য দায়ী তাদেরকে মিউটাজেনেসিস (mutagenesis) বলে। প্রাকৃতিক উপায়ে যেসব

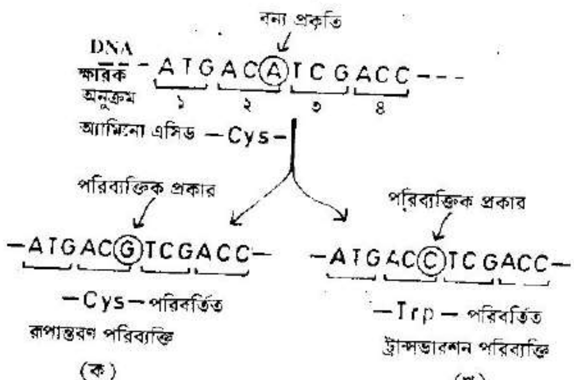
পরিব্যক্তি ঘটে তার কারণগুলো এখনও জানা সম্ভব হয়ে উঠেনি। প্রাকৃতিক কারণসমূহকে স্বতঃস্ফূর্ত মিউটাজেনেসিস (spontaneous mutagenesis) বলে। অপরদিকে কৃত্রিম উপায়ে যেসব পরিব্যক্তি ঘটে তার অধিকাংশ চিহ্নিত করা সম্ভব হয়েছে। এর মধ্যে কিছু রাসায়নিক এবং কিছু ভৌত পদার্থ রয়েছে। এই পদার্থগুলোকে অবদমনকৃত মিউটাজেনেসিস বলে। Drake *et al.,* (১৯৮৩) পরিব্যক্তির বিভিন্ন বিষয়গুলোকে খুব সহজভাবে বিশ্লেষণ করেছেন।

৭.১.১. পরিব্যক্তির প্রকারভেদ (Different types of mutation): জীবের পরিব্যক্তি বিভিন্ন স্তরে ঘটে থাকে। একে প্রধানত তিনটি স্তরের দৃষ্টিকোণ থেকে দেখা হয় :

১। প্রথমত, DNA অণুসূত্রের ক্ষারক পরিবর্তন বা ক্ষারক অনুক্রমের পরিবর্তন ;
২। দ্বিতীয়ত, জিনের পরিবর্তন এবং
৩। তৃতীয়ত, জীবের বাহ্যিক বৈশিষ্ট্যের পরিবর্তন।

১। DNA ক্ষারক স্তরের পরিবর্তন (Mutations at the level of DNA base)
প্রত্যেকটি জীবে DNA অণুসূত্রের ক্ষারক সুনির্দিষ্ট উপায়ে সজ্জিত থাকে। এর অনুক্রম এবং চরিত্রের বিভিন্ন রকম পরিবর্তন ঘটতে পারে। DNA-এর ক্ষারক অনুক্রমের পরিবর্তন ঘটলে যেসব পরিব্যক্তি ঘটতে পারে তা নিম্নরূপ :

ক. বিন্দু পরিব্যক্তি (Point Mutation) : যখন DNA অণুসূত্রের একটি নিউক্লিওটাইড ক্ষারকের পরিবর্তন ঘটে তখন তাকে বিন্দু পরিব্যক্তি বলে। দেখা গেছে, DNA অণুর ক্ষারক অনুক্রমে মোট চার প্রকার পরিবর্তন ঘটা সম্ভব।



চিত্র ৭.১ : বিন্দু পরিব্যক্তি ও তার প্রকারভেদ। (ক) ট্রানজিশন পরিব্যক্তি ও (খ) ট্রান্সভারশন পরিব্যক্তি।

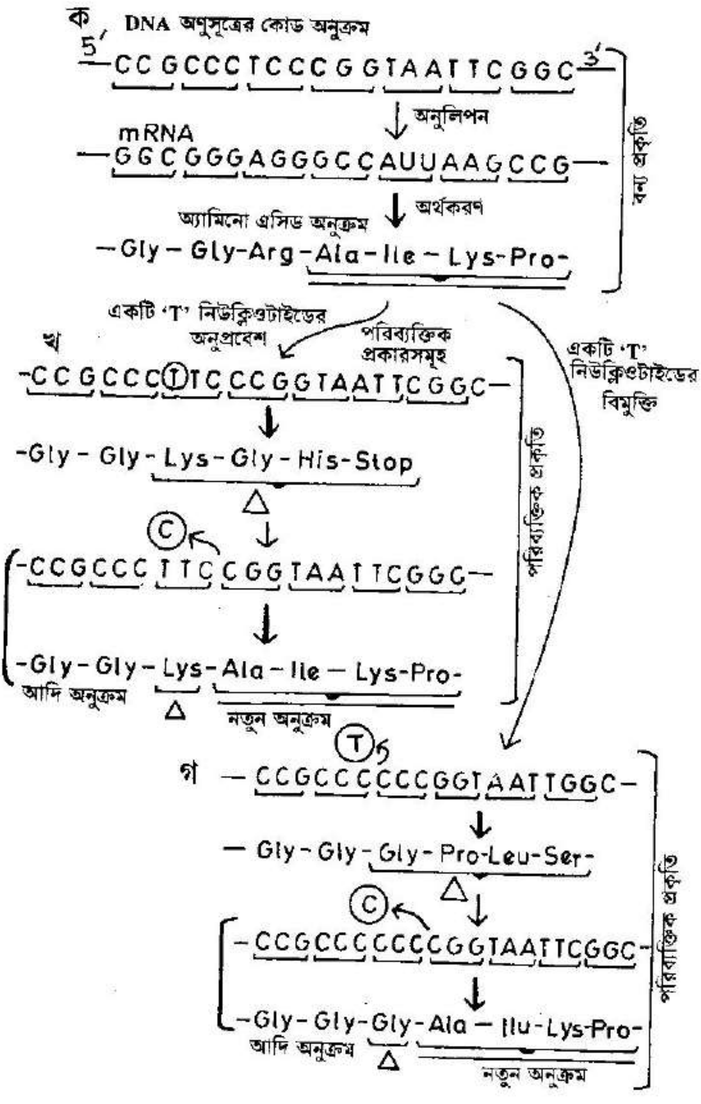
অবস্থান্তর (Transition) : যখন একটি পিরিমিডিন ক্ষারক পরিবর্তন হয়ে আর একটি পিরিমিডিন ($T \rightarrow C$ অথবা $C \rightarrow T$) বা একটি পিউরিনের পরিবর্তন হয়ে আর একটি পিউরিন ($A \rightarrow G$ অথবা $G \rightarrow A$) বসে তখন তাকে অবস্থান্তর পরিব্যক্তি বলে (চিত্র ৭.১ক)।

প্রচ্ছান্তর (Transversion) : যখন একটি পিরিমিডিন ক্ষারকের পরিবর্তন হয়ে একটি পিউরিন (T বা C→ A বা G) অথবা একটি পিউরিনের পরিবর্তন হয়ে একটি পিরিমিডিন ক্ষারক (A বা G → T বা C) বসবে তখন তাকে প্রচ্ছান্তর পরিব্যক্তি বলে (চিত্র ৭.১খ)।

অবস্থান্তর বা প্রচ্ছান্তরের ফলে একটি অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপের (residue) কোডন পরিবর্তন হয়ে একই অ্যামিনো এসিডের অন্য আর একটি কোডনের সৃষ্টি হতে পারে। এরূপ পরিবর্তনকে সমার্থক (same-sense) পরিব্যক্তি বলে। অনেক সময় একটি অ্যামিনা এসিড অবক্ষেপের কোডন পরিবর্তন হয়ে অন্য আর একটি অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপের কোডন সৃষ্টি হতে পারে। এরূপ কোনো পরিবর্তন ঘটলে তাকে ত্রুটিপূর্ণ অর্থবিশিষ্ট পরিব্যক্তি (Missense mutation) বলে। কখনও কখনও একটি ক্ষারক পরিবর্তনের ফলে ট্রান্সপোজিশন কোডনের সৃষ্টি হতে পারে। এরূপ পরিবর্তনকে অনেক সময় অর্থবিহীন পরিব্যক্তি (non-sense mutation) বলে।

যদি সমার্থক পরিব্যক্তি ঘটে তবে তা কোনোভাবে প্রকাশ হয় না। অসমার্থক পরিব্যক্তি ঘটলে তা প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় প্রকাশ করে। তবে যদি পরিবর্তিত অ্যামিনো এসিডটি একই ধর্মের হয় তবে সৃষ্ট প্রোটিনের উপর কোনো প্রভাব ফেলে না। কিন্তু পরিবর্তিত অ্যামিনো এসিডটি যদি প্রোটিনের সক্রিয় অংশে অথবা তার কোনো দ্বৈতেয় বা ত্রৈতেয় আকৃতি গঠনে অংশগ্রহণ করে তবে তার নির্দিষ্ট কার্য-প্রণালীতে ব্যাঘাত ঘটায়। এরূপ অবস্থায় সৃষ্ট প্রোটিনটি ভিন্ন প্রকৃতিতে সক্রিয় বা একেবারে নিষ্ক্রিয় হয়ে যায়। অর্থবিহীন পরিব্যক্তি ঘটলে সৃষ্ট প্রোটিনের উপর প্রকটভাবে তার প্রভাব ফেলে। অর্থবিহীন পরিব্যক্তির ফলে প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া কখনও সম্পন্ন করতে পারে না। অর্থাৎ অপরিপক্ব বা অসম্পূর্ণ প্রোটিন সৃষ্টি করে যার ফলে সৃষ্ট প্রোটিনটি কখনও কার্যকর হয় না।

খ. ইনসারশন এবং ডিলেশন পরিব্যক্তি : যখন কোনো DNA অনুক্রমে একটিমাত্র নিউক্লিওটাইডের অনুপ্রবেশ ঘটে তখন তাকে ইনসারশন (Insersion) পরিব্যক্তি বলে। অপরদিকে যখন এক বা একাধিক নিউক্লিওটাইডের বিমুক্তি ঘটে তখন তাকে ডিলেশন (Deletion) পরিব্যক্তি বলে। একটি ক্ষারকের অনুপ্রবেশ বা বিমুক্তি ঘটলে তাকে অনেক সময় বিন্দু পরিব্যক্তি বলে চিহ্নিত করলেও বর্তমানে কেবল ক্ষারকের পরিবর্তনকে বিন্দু পরিব্যক্তি বলে। ক্ষারকের প্রবেশ বা বিমুক্তিকে বর্তমানে বিন্দু পরিব্যক্তি বলে আখ্যায়িত করে না। কারণ ক্ষারকের ইনসারশন বা ডিলেশন ঘটলে কৌলিক সংকেতের অনুক্রমে পরিবর্তন ঘটে যা বিন্দু পরিব্যক্তির ক্ষেত্রে ঘটে না। কোড অনুক্রমের এই পরিবর্তনকে অনেক সময় পাঠ কাঠামোপরিবর্তন (Frame shift) পরিব্যক্তি বলে চিহ্নিত করা হয়। এরূপ ঘটলে যে স্থানে পরিব্যক্তি ঘটে তার পরবর্তী সমুদয় কোড অনুক্রমের এক সামগ্রিক পরিবর্তন ঘটে যায়। এর ফলে সৃষ্ট প্রোটিনের কিছু অংশ স্বাভাবিক কোড থেকে সংশ্লেষিত এবং কিছু অংশ পুনঃসজ্জিত কোড থেকে সংশ্লেষিত। পুনঃসজ্জিত কোড অংশের সব অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপ তখন নতুন অনুক্রমে সজ্জিত হয় (চিত্র ৭.২)।



চিত্র ৭.২ : কাঠামো পরিবর্তন পরিব্যক্তির ফলে সৃষ্ট প্রতিক্রিয়া। বন্য প্রকৃতির একটি DNA অনুক্রমে পরিব্যক্তির ফলে সৃষ্ট নতুন প্রকৃতির প্রোটিন। (ক) বন্য প্রকৃতির অনুক্রম ; (খ) ইনসারশন পরিব্যক্তি ও (গ) ডিলেশন পরিব্যক্তি।

অধিকাংশ বিন্দু ইনসারশন বা ডিলেশন পরিব্যক্তি অস্থায়ী হয় এবং ফিরতি (back) পরিব্যক্তির প্রতি ঝোঁক থাকে। এর ফলে আবার পূর্বাবস্থায়, বন্য চরিত্রে, ফিরে যেতে পারে। যখন কোনো বিন্দু পরিব্যক্তি বা ইনসারশন অথবা ডিলেশন পরিব্যক্তি অস্থায়ী হয়ে পূর্বাবস্থায় ফিরে যায় তখন তাকে ফিরতি পরিব্যক্তি বলে। বিন্দু পরিব্যক্তির ক্ষেত্রে ফিরতি পরিব্যক্তির

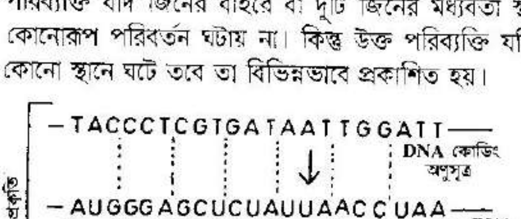
হার অগ্রগামী (Forward) পরিব্যক্তির চেয়ে বেশ কম হয়ে থাকে। কোনো চারটি ক্ষারকের মধ্যে তিনটি ক্ষারকের পরিবর্তন ঘটলে অগ্রগামী পরিব্যক্তি ঘটে। অপরদিকে চারটি ক্ষারকের মধ্যে একটিমাত্র ক্ষারকের মাধ্যমে ফিরতি পরিব্যক্তি ঘটে।

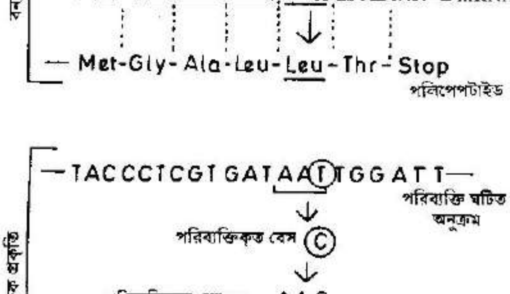
গ. মালটিসাইট পরিব্যক্তি (Multisite Mutation) : যদি একের অধিক ক্ষারক অনুক্রমের পরিবর্তন ঘটে তবে তাকে মালটিসাইট পরিব্যক্তি বলে। এরূপ পরিব্যক্তির ক্ষেত্রে দুই থেকে কয়েক শত বা কয়েক হাজার পর্যন্ত ক্ষারকের পরিবর্তন ঘটতে পারে। পরিবর্তনের অধিকাংশ সংযোজন না হয়ে ডিলেশন হয়ে থাকে। মালটিসাইট পরিব্যক্তি ঘটলে হারিয়ে যাওয়া কোনো কোডের পুনঃপ্রাপ্তি ঘটে না। ফলে মালটিসাইট পরিব্যক্তির কোনো ফিরতি (back) পরিব্যক্তি ঘটে না। অর্থাৎ এই জাতীয় পরিব্যক্তি স্থায়ীভাবে ঘটে থাকে। DNA এর মালটিসাইট পরিব্যক্তি ঘটলে জিন, তথা জীবের ব্যাপক পরিবর্তন ঘটতে পারে। কখনও কখনও এরূপ পরিবর্তিত বিশেষ অণুজীব প্রকরণ গুরুত্বপূর্ণ শিল্পজাত উপাদান হিসেবে ব্যবহৃত হয়।

বর্তমানে বিজ্ঞানীগণ মালটিসাইট ইনসারশনের বিষয় জানতে পেরেছেন। ট্রান্সপোজনের (transposon) (পরবর্তীকালে এই অনুচ্ছেদে আলোচনা করা হয়েছে) মাধ্যমে কখনও কখনও DNA অণুসূত্রের মধ্যে বড় আকারের DNA খণ্ড সংযুক্ত হয়ে সাধারণ DNA-এর ন্যায় কাজ করে নতুন চরিত্রের উদ্ভব ঘটিয়ে থাকে।

২। জিন স্তরের পরিব্যক্তি (Mutations at the level of gene)

বিন্দু, ইনসারশন, ডিলেশন বা মালটিসাইট পরিব্যক্তি DNA অণুসূত্রের যে কোনো স্থানে ঘটতে পারে। তবে উক্ত পরিব্যক্তি যদি জিনের বাইরে বা দুটি জিনের মধ্যবর্তী স্থানে ঘটে তবে তা জিনের বৈশিষ্ট্যের কোনোরূপ পরিবর্তন ঘটায় না। কিন্তু উক্ত পরিব্যক্তি যদি জিনের অন্তর্গত DNA অনুক্রমের কোনো স্থানে ঘটে তবে তা বিভিন্নভাবে প্রকাশিত হয়।

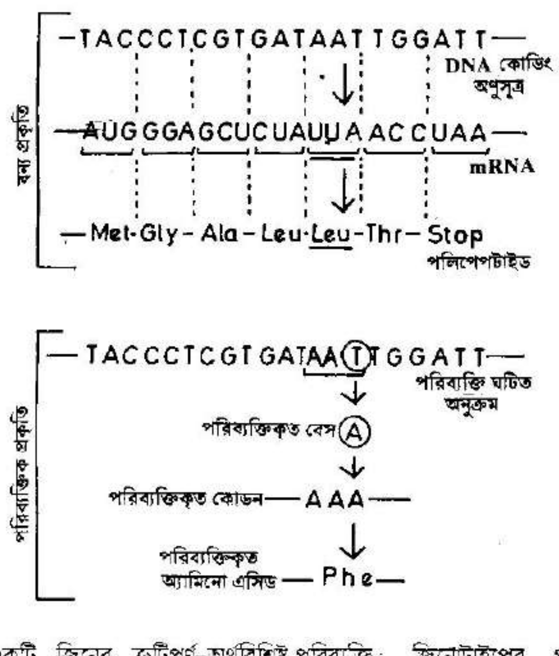




চিত্র ৭.৩ : একটি জিনের নিরব (Silent) পরিব্যক্তি। জিনোটাইপের (ক্ষারক অনুক্রম) পরিবর্তন ঘটলেও ফিনোটাইপের (অ্যামিনো এসিড অনুক্রম) কোনো পরিবর্তন ঘটেনি।

ক. নিরব পরিব্যক্তি (Silent Mutation) : জিনের অন্তর্গত কোনো একটি কোডনের তৃতীয় স্থানে অবস্থিত ক্ষারকের বিন্দু পরিব্যক্তি ঘটলে কোডনটির পরিবর্তন হয়। কিন্তু প্রায় প্রত্যেকটি কোডনের অবক্ষয়তার কারণে অ্যামিনো এসিডের কোনো পরিবর্তন ঘটে না। এর ফলে সৃষ্ট নিরব জিন পরিব্যক্তিতে সংশ্লেষিত প্রোটিন অনুক্রমে অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপের কোনো পরিবর্তন না হওয়ায় ফেনোটাইপে তার প্রকাশ ঘটে না (চিত্র ৭.৩)।

খ. ত্রুটিপূর্ণ অর্থবিশিষ্ট অ্যামিনো এসিড প্রতিস্থাপন পরিব্যক্তি : যদি কোনো কোডনের প্রথম ও দ্বিতীয় নিউক্লিওটাইডের পরিব্যক্তি ঘটে তবে তাকে ত্রুটিপূর্ণ অর্থবিশিষ্ট (missense) পরিব্যক্তি বলে। এই জাতীয় পরিব্যক্তির ক্ষেত্রে প্রোটিনে নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডের পরিবর্তন ঘটে যায়। পরিপক্ক প্রোটিনে অ্যামিনো এসিডটি যদি গুরুত্বপূর্ণ না হয় তবে তার কার্যধারায় কোনো পরিবর্তন ঘটে না। কিন্তু অ্যামিনো এসিডটি যদি প্রোটিনের সক্রিয় অংশে, যে স্থানটিতে তার দ্বৈতেয় বা ত্রৈতেয় ভাঁজ সৃষ্টি করে বা বিক্রিয়া ঘটাতে সাহায্য করে সেসব স্থানে ঘটলে কোষের ক্রিয়া-বিক্রিয়ায় প্রতিফলন ঘটায়। এর ফলস্বরূপ অনেক সময় তার বাহ্যিক বৈশিষ্ট্যেরও প্রকাশ ঘটায় (চিত্র ৭.৪)।

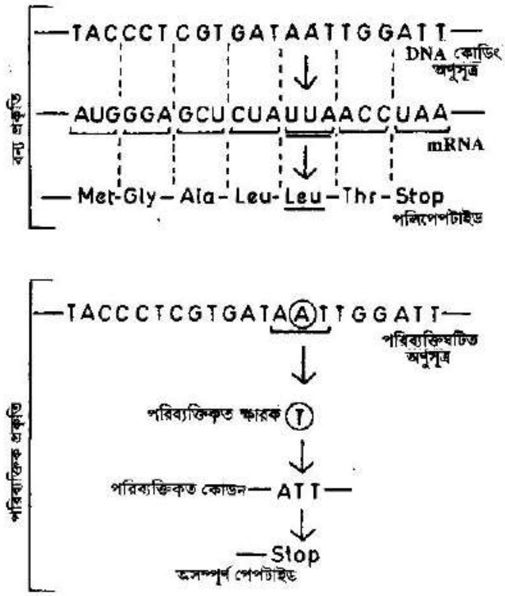


চিত্র ৭.৪ : একটি জিনের ত্রুটিপূর্ণ-অর্থবিশিষ্ট পরিব্যক্তি: জিনোটাইপের পরিবর্তনের ফলে ফিনোটাইপেরও পরিবর্তন ঘটে।

গ. অর্থবিহীন শৃঙ্খল সমাপ্তিকরণ পরিব্যক্তি

জিনস্থ DNA অনুক্রমের কোনো ক্ষারক পরিবর্তনের ফলে যদি তা অর্থপূর্ণ কোডন থেকে সমাপ্তি কোডনে রূপান্তর ঘটে তবে তাকে অর্থবিহীন (non-sense) পরিব্যক্তি বলে। এই

প্রকৃতির পরিব্যক্তির ফলে জিনটি বিভাজিত বা ছোট আকৃতির হয়ে পড়ে। কারণ সৃষ্ট প্রোটিনের C-সমাপ্তি অংশ থেকে বেশ কিছু অ্যামিনো এসিড বাদ পড়ে যায়। অনেক সময় বাদ পড়ে যাওয়া অংশটুকু গুরুত্বপূর্ণ হয়ে পড়ে। ফলে বাহ্যিক চরিত্রের মাঝে প্রতিফলিত হয় (চিত্র ৭.৫)।



চিত্র ৭.৫ : একটি জিনের অর্থবহীন পরিব্যক্তি। জিনোটাইপের (ক্ষারক অনুক্রম) পরিবর্তনের ফলে ফিনোটাইপেরও (অ্যামিনো এসিড অনুক্রম) পরিবর্তন ঘটে।

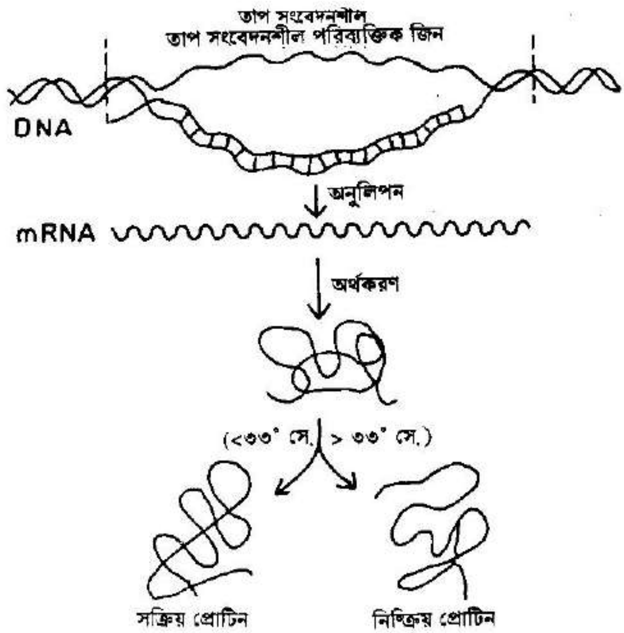
ঘ. কাঠামো পরিবর্তন পরিব্যক্তি : ইনসারশন বা ডিলেশনের ফলে DNA ক্ষারক অনুক্রমের পরিবর্তন ঘটে। এর ফলে ট্রিপল কোড অনুক্রম ধারারও পরিবর্তন ঘটে। এই পরিবর্তন যদি একটি বা দুটি নিউক্লিওটাইডের মধ্যে সীমাবদ্ধ থাকে তবে যে স্থানে পরিবর্তন ঘটেছে সেখান থেকে পরবর্তী সব কোডনের কাঠামো পরিবর্তন (frame shift) ঘটে যায়। প্রোটিনস্থ অ্যামিনো এসিডের অনুক্রমেও এর প্রতিফলন ঘটে। এ জাতীয় পরিব্যক্তি হলে তার বাহ্যিক চরিত্রে প্রতিফলন ঘটে। তবে কোথাও যদি একই সাথে পাশাপাশি অবস্থানের তিনটি ক্ষারকের একই সাথে পরিবর্তন ঘটে যায় তবে সে ক্ষেত্রে কেবল একটি কোডনের পরিবর্তন ঘটে। এর ফলে নতুন অ্যামিনো এসিড প্রোটিন অনুক্রমে প্রবেশের ফলে বা অনুপস্থিতির ফলে পরবর্তী সব অ্যামিনো এসিডের অবস্থান সরে যাবে যা অনেক সময় প্রোটিন ভাঁজে পরিবর্তন ঘটে গিয়ে পরিব্যক্তি হতে পারে (চিত্র ৭.২)।

৩। জীব স্তরের পরিব্যক্তি (Mutations at the level of organism)

জিনের অন্তর্গত DNA ক্ষারক অনুক্রমের বিভিন্ন রকম পরিবর্তন ঘটে গিয়ে যে জিনটির সৃষ্টি হলো তাকে পরিব্যক্তিকৃত (mutated) জিন বলে। এই পরিব্যক্তিকৃত জিন থেকে যে প্রোটিন বা এনজাইম সৃষ্টি হবে তা কোষের ক্রিয়াকর্মে সহায়ক হয়ে উঠে না। অনেক সময় তা কোষের

জন্য বিপদজনক হয়ে উঠে। যদি জিনটি কোষের জন্য বিপদজনক না হয়ে কেবল দুই একটি চরিত্রের পরিবর্তন ঘটিয়ে জীবকে সহনীয় করে রাখে তবে সে সব জীব নিয়ে নানারূপে পরীক্ষা-নিরীক্ষা করা যায়। জীবের নানা প্রকার চরিত্র বিশ্লেষণের জন্য বিজ্ঞানীদের নিকট পরিব্যক্তিকৃত জীব বর্তমানে অত্যন্ত মূল্যবান বস্তু হিসেবে বিবেচিত। জীব স্তরের পরিব্যক্তি নানা প্রকৃতির হয়ে থাকে।

ক. প্রাণঘাতী পরিব্যক্তি (Lethal mutation) : পরিব্যক্তির ফলে কোষের এমন কোনো জৈব রাসায়নিক-বিক্রিয়ার ব্যাঘাত বা পরিবর্তন ঘটে যা সেই কোষ বা জীবের বেঁচে থাকার বিষয়টি হুমকি হয়ে দাঁড়ায়। জৈব-রাসায়নিক ক্রিয়াকর্মের ফলে যে সকল পদার্থ সৃষ্টি হয় তার সকল গতিপথ এনজাইম দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। এই সকল গতিপথ নিয়ন্ত্রণকারী কোনো এনজাইম সৃষ্টিকারী জিনের পরিব্যক্তি ঘটলে তা জীবের বেঁচে থাকার জন্য তখন মারাত্মক অবস্থার সৃষ্টি করে জীবের মৃত্যু ঘটাতে পারে। উদাহরণস্বরূপ, DNA সংশ্লেষণ ও অনুলিপনের প্রয়োজনীয় এনজাইমের জিনে পরিব্যক্তি ঘটলে DNA সংশ্লেষণ ও প্রোটিন সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যায়। এরূপ ঘটলে সহজেই জীবের মৃত্যু ঘটে। জীবের মৃত্যু ঘটে বলে প্রাণঘাতী পরিব্যক্তি নিয়ে পরীক্ষা-নিরীক্ষা করা যায় না।

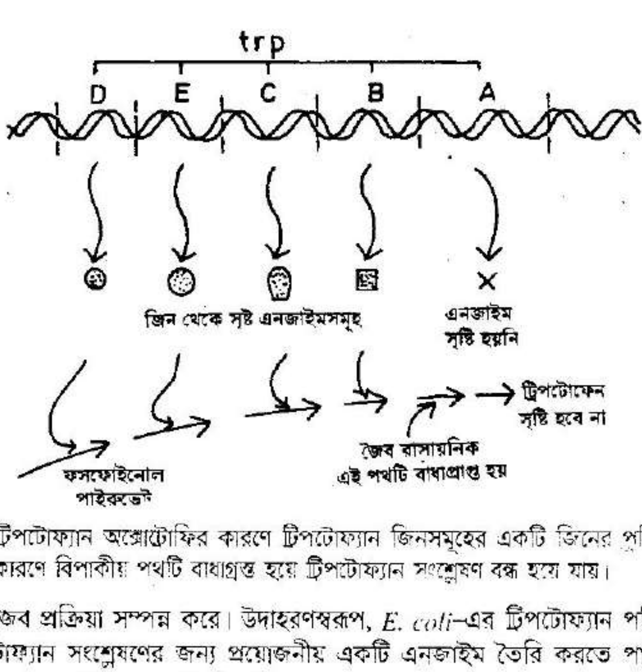


চিত্র ৭.৬ : Conditional - lethal পরিব্যক্তিতে তাপ সংবেদনশীল পরিব্যক্তির সম্ভাব্য প্রতিফলন।

খ. শর্তমূলক-প্রাণঘাতী পরিব্যক্তি : কিছু কিছু ক্ষেত্রে প্রাণঘাতী (conditional-lethal) পরিব্যক্তিক শর্তসাপেক্ষে বেঁচে থাকে। উদাহরণস্বরূপ, তাপজনিত সংবেদন (temperature-

sensitive) পরিব্যক্তি (t^S) এক প্রকার শর্তমূলক প্রাণঘাতী পরিব্যক্তি। এই প্রকৃতির পরিব্যক্তি সাধারণত অণুজীবে দেখা যায়। ব্যাকটেরিয়ায় t^S পরিব্যক্তি হলে তাকে যদি ৩০° সে. তাপমাত্রায় রাখা যায় তবে তা সাধারণ জীবের ন্যায় আচরণ করে। কিন্তু উক্ত নির্ধারিত তাপমাত্রার অতিরিক্ত কোনো আবাদ স্থলে রাখলে তা অস্বাভাবিক আচরণ করতে থাকে এবং এক সময় মরে যাবে। *Drosophilla*-এর ক্ষেত্রে এরূপ একটি পরিব্যক্তিক পাওয়া গেছে যা ২৯° সে. তাপমাত্রায় এবং আর একটি পরিব্যক্তিক ২৫° সে. তাপমাত্রায় মরে যায়। উক্ত মিউটান্টগুলো তার নির্দিষ্ট তাপমাত্রার নিচে রাখলে কেবল বেঁচে থাকতে পারে। পরিব্যক্তিকৃত প্রোটিন কেবল নিম্ন তাপমাত্রায় তার গঠন ঠিক রেখে কার্যকর হয়। নির্দিষ্ট তাপমাত্রার প্রতি পরিব্যক্তিকৃত প্রোটিনটি অত্যন্ত সংবেদনশীল থাকে বলে নির্দিষ্ট তাপমাত্রার উর্ধ্বে অস্বাভাবিক হয়ে অকার্যকর হয়ে পড়ে (চিত্র ৭.৬)।

গ. অক্সোট্রোফিক পরিব্যক্তি (Auxotrophic mutation) **:** অক্সোট্রোফিক পরিব্যক্তি এক প্রকার পুষ্টি পরিব্যক্তিক হিসেবে পরিচিত। এই প্রকার পরিব্যক্তিকে এমন একটি জিনের পরিবর্তন ঘটে যার সৃষ্ট এনজাইম অত্যাবশ্যকীয় বিপাকক্রিয়া পথে অংশগ্রহণ করে কোনো একটি বিপাকীয় বস্তুর সৃষ্টি করে। এই ধরনের পদার্থের মধ্যে রয়েছে বিভিন্ন প্রকার অ্যামিনো এসিড, ভিটামিন, নিউক্লিওটাইড ইত্যাদি। এর কোনো একটির অভাব হলে জীবটি বেঁচে থাকতে পারে না। এ অবস্থায় তার পুষ্টি উপাদানে যদি প্রয়োজনীয় উপাদানটি সরবরাহ করা হয় তবে তার



চিত্র ৭.৭ : ট্রিপটোফ্যান অক্সোট্রোফির কারণে ট্রিপটোফ্যান জিনসমূহের একটি জিনের পরিব্যক্তি ঘটার কারণে বিপাকীয় পথটি বাধাগ্রস্ত হয়ে ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যায়।

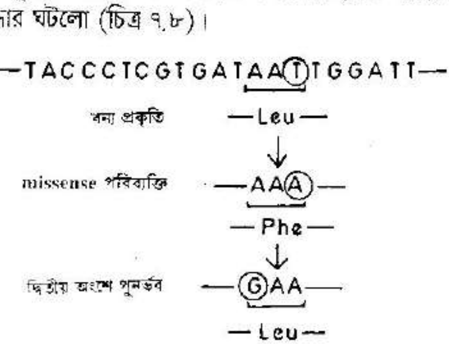
স্বাভাবিক জৈব প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে। উদাহরণস্বরূপ, *E. coli*–এর ট্রিপটোফ্যান পরিব্যক্তিকের জিন ট্রিপটোফ্যান সংশ্লেষণের জন্য প্রয়োজনীয় একটি এনজাইম তৈরি করতে পারে না (চিত্র ৭.৭)। এ অবস্থায় পুষ্টি দ্রবণে যদি ট্রিপটোফ্যান সরবরাহ করা হয় তবে *E. coli.* কোষ সাধারণ

বা স্বাভাবিকভাবে বেঁচে থাকতে পারে। কিন্তু ট্রিপটোফ্যানহীন সাধারণ আবাদ মাধ্যমে বেঁচে থাকতে পারে না। এ জাতীয় পরিব্যক্তিকে অক্সোট্রোফিক পরিব্যক্তিক বলে। অক্সোট্রোফিক পরিব্যক্তিকের বিপরীতে স্বাভাবিক আবাদ মাধ্যমে যারা বেঁচে থাকতে পারে তাদেরকে বন্যজাত (protoroph) বলে।

প্রাণঘাতী, শর্তমূলক-প্রাণঘাতী এবং অক্সোট্রোফিক পরিব্যক্তিগুলো কখনও কখনও 'leaky' থাকে অর্থাৎ পরিব্যক্তি জিন থেকে সৃষ্ট প্রোটিন-এনজাইম সম্পূর্ণভাবে অকেজো না হয়ে খুব কম মাত্রায় কার্যক্ষম হয়। সুতরাং দুর্বল (leaky) পরিব্যক্তিকগুলো স্বাভাবিকভাবে বেঁচে না থাকলেও খুব দুর্বলভাবে বেঁচে থেকে জীবন যাপন করে।

৭.১.২. পুনর্ভব বা রিভারশন (Reversion) **:** কখনও কখনও পরিব্যক্তিক জীব দ্বিতীয় পরিব্যক্তির কারণে পুনরায় তার বন্য স্বভাব (wild type) চরিত্র ফিরে পায়। এই প্রক্রিয়াকে ফিরতি পরিবক্তি (back mutation) বা বিপরীত পরিব্যক্তি (reverse mutation) বা সংক্ষেপে পুনর্ভব (Reversion) বলে। যে জীবে এই ধরনের বিপরীত পরিব্যক্তি ঘটে থাকে তাকে রিভারট্যান্ট (revertant) বলে। সাধারণত সতঃস্ফূর্ত মিউটাজেনেসিসের কারণে বিপরীত পরিব্যক্তি ঘটে। এটি এক প্রকার দৈবাৎ প্রক্রিয়া। তবে এই প্রক্রিয়াকে কৃত্রিম উপায়ে উৎসাহিত করা যায়। বিপরীত প্রক্রিয়ায় নির্দিষ্ট পরিব্যক্তিক জিনোটাইপ (DNA ক্ষারক) বন্যজাতে ফিরে আসার সাথে সাথে তার হারিয়ে যাওয়া ফেনোটাইপ চরিত্রটির পুনঃপ্রাপ্তি ঘটে। কিন্তু এটি সবসময় ঘটে না। দেখা গেছে পুনর্ভব বিভিন্ন উপায়ে ঘটে থাকে।

দ্বিতীয় স্থানিক পুনর্ভব (Second-site reversion) : অনেক বিন্দু পরিব্যক্তির ক্ষেত্রে দ্বিতীয় অংশে পুনর্ভব ঘটে। এক্ষেত্রে DNA অনুক্রমে পূর্বে সংগঠিত পরিব্যক্তি স্থানে সংশোধন না ঘটে অনুক্রমের অন্য একটি ক্ষারকের পরিব্যক্তি ঘটে। এর ফলে বন্য প্রকৃতির জেনোটাইপ ফিরে না পেলেও বন্য প্রকৃতির ফেনোটাইপ ফিরে পায়। এটি বোধগম্য করার জন্য ত্রুটিপূর্ণ অর্থবিশিষ্ট পরিব্যক্তির একটি উদাহরণ দিয়ে ব্যাখ্যা করা হলো। সেখানে উদাহরণ হিসেবে দেখানো হয়েছিলো একটি leu অ্যামিনো এসিডের কোডনের (AAT) তৃতীয় ক্ষারকের পরিব্যক্তির ফলে (AAA) phe অ্যামিনো এসিডে অর্থকরণ হয়েছে। এবারে দ্বিতীয় স্থানিক (second-site) পরিব্যক্তির কারণে যদি উক্ত কোডনের প্রথম ক্ষারকটির পরিবর্তন ঘটে তবে phe এর পরিবর্তে পুনরায় leu এ অর্থকরণ হবে। অর্থাৎ বন্যজাতে আবার ফিরে যাবে। এখানে জেনোটাইপের দু'বার পরিবর্তন ঘটলেও ফেনোটাইপের কোনো পরিবর্তন না ঘটে পূর্বের চরিত্রটির পুনরুদ্ধার ঘটলো (চিত্র ৭.৮)।

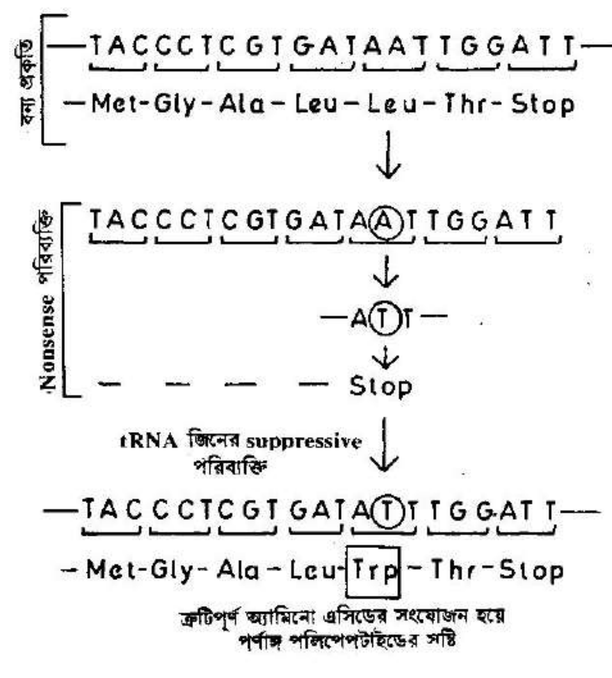


চিত্র ৭.৮ : ত্রুটিপূর্ণ-অর্থবিশিষ্ট পরিব্যক্তির পর একই কোডনে দ্বিতীয় আর একটি স্থানে পরিব্যক্তি ঘটার ফলে পুনর্ভব হয়ে জিনোটাইপের পরিবর্তন ঘটলেও ফোনোটাইপের পুনঃপ্রাপ্তি ঘটে।

পাঠ–কাঠামোগত পরিব্যক্তিকের ক্ষেত্রেও দ্বিতীয় স্থানিক পুনর্ভব (second-site reversion) হতে পারে। এরূপ অবস্থায় যে ক্ষারকটির সংযোজন বা বিমুক্ত হয়েছিলো তার যদি পুনঃক্ষয় বা পুনঃপ্রাপ্তি ঘটে তবে অনেক সময় তার স্বাভাবিক বন্য চরিত্রে ফিরে যেতে পারে।

পাঠ–কাঠামোগত পরিব্যক্তিকের দ্বিতীয় স্থানিক পুনর্ভব দু'ভাবে হতে পারে :

১. পূর্বে ঘটিত পরিব্যক্তি স্থানের খুব কাছাকাছি ক্ষারকের পুনর্ভব ঘটনাটি ঘটতে পারে ;
২. পেপটাইড শৃঙ্খলের যে অংশে পাঠ–কাঠামোগত পরিবর্তন এবং পুনর্ভবের ফলে যে পরিবর্তন ঘটবে তা তার ফেনোটাইপে ব্যাপক পরিবর্তন প্রতিরোধ করার ক্ষমতা থাকতে হবে।



চিত্র ৭.৯ : আন্তঃকৌলিক (Intergenic) পুনর্ভবের ফলে অর্থবিহীন পরিব্যক্তির স্থানটি অর্থপূর্ণ হয়ে পূর্ণাঙ্গ পলিপেপটাইডের সৃষ্টি হয়ে পূর্বাবস্থায় ফিরে যায়।

অনেক সময় নিরুদ্ধকরণের (suppression) মাধ্যমে পরিব্যক্তিককে ফিরিয়ে আনা যায়। এক্ষেত্রে দ্বিতীয় স্থানিক পুনর্ভব একই জিনে না ঘটে অন্য জিনে ঘটে। এই কারণে একে আন্তঃকৌলিক পুনর্ভবও বলে। নিরুদ্ধকরণ নানাভাবে ঘটে থাকে। এর মধ্যে ভুল-অর্থপূর্ণ পরিব্যক্তির পুনঃকার্যক্ষমের বিষয়টিকে উদাহরণ হিসেবে এখানে সহজভাবে ব্যাখ্যা করা যেতে পারে। ভুল-অর্থপূর্ণ পরিব্যক্তি যে পলিপেপটাইড সৃষ্টি হয় তা সাধারণত অসম্পূর্ণভাবে সৃষ্টি হয়। তখন সৃষ্ট পলিপেপটাইডটি মোটেই কার্যকর হয় না। নিরুদ্ধকরণ ঘটলে অর্থবিহীন

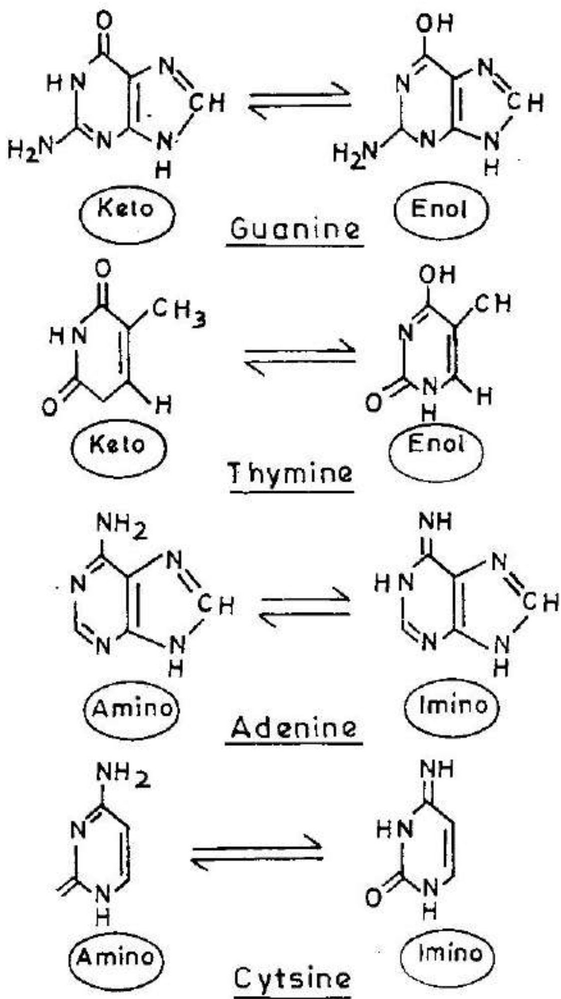
কোডনটি সক্রিয় হয়ে অর্থপূর্ণ পূর্ণাঙ্গ পলিপেপটাইড সৃষ্টি করতে পারে। কিন্তু যখন নিরুদ্ধকরণ হয় তখন অর্থবিহীন পরিব্যক্তি স্থানে কোনো পরিবর্তন ঘটে না। সেখানে একটি tRNA জিনের এন্টিকোডন অংশে দ্বিতীয় স্থানিক পুনর্ভব ঘটতে দেখা যায়। পরিব্যক্তিক tRNA তখন একটি অ্যামিনো এসিড নিয়ে সক্রিয় হয় যা অর্থবিহীন কোডনকে সনাক্ত করতে পারে। ফলে যখন অর্থকরণ ঘটে পরিব্যক্তিক tRNA অণুর কারণে অর্থবিহীন কোডনটি অর্থপূর্ণ হয়ে পূর্ণাঙ্গ পলিপেপটাইড সৃষ্টি করে। এখানে উল্লেখ্য যে, অর্থবিহীন পরিব্যক্তিক কোডনটিতে পূর্বের বন্য প্রকৃতির মতো একই অ্যামিনো এসিড না হয়ে ভিন্ন আর একটি অ্যামিনো এসিড কোড করে। এর ফলে অ্যামিনো এসিডের অনুক্রমটি অনেকটা ত্রুটিপূর্ণ মনে হবে (চিত্র ৭. ৯)। এই সামান্য পরিবর্তিত পেপটাইডটি অনেকটা সহনীয় হয়ে উঠে ও কার্যকর প্রোটিনে রূপ লাভ করে।

৭.১.৩. মিউটাজেন (Mutagen) : যেসব কারণে পরিব্যক্তি ঘটে তাকে মিউটাজেন বলে। বিভিন্ন প্রকার ভৌত-রাসায়নিক উপাদান রয়েছে যার প্রভাবে পরিব্যক্তি ঘটে থাকে। যে কোনো প্রকার পরিব্যক্তি ঘটাতে হলে DNA অণুর ক্ষারক অনুক্রমও তার চরিত্রের পরিবর্তন ঘটাতে হবে। এই পরিবর্তন স্বতঃস্ফূর্তভাবে এবং কৃত্রিম উপায়ে হতে পারে।

৭.১.৩.১ স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তি (Spontaneous mutation) : স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তি ধারণা DNA অনুলিপনের সময় ঘটে থাকে। এখানে বাইরের কোনো প্রভাবক কাজ করে না। DNA সমলিপনের সময় DNA পলিমারেজ যখন ৫ → ৩' অভিমুখে DNA সংশ্লেষণ করতে থাকে তখন ভুল করে ত্রুটিপূর্ণ সমন্বয়ে (mismatch) ক্ষারক জোড় ঘটে যায়। এরূপ ঘটলে DNA pol ৩' → ৫' অভিমুখে ফিরে যায় এবং ভুল সংশোধন করে আবার ৫' → ৩' মুখী হয়। এই প্রক্রিয়ায় যদিও অধিকাংশ ভুল সংশোধন করে তবুও কিছু কিছু ভুল থেকে যায়। স্বাভাবিক অবস্থায় ভুলের হার খুবই নিম্নমানের হলেও তা প্রায় প্রতি $১০^{১০}$টিতে একটি ঘটে।

অনুরূপভাবে DNA থেকে RNA অনুলিপনের সময় কিছু কিছু ভুলত্রুটি ঘটে থাকে। অর্থাৎ টেমপ্লেটের ক্ষারক অনুযায়ী RNA ক্ষারক অনুলিপনের সময় সঠিক ক্ষারকের পরিবর্তে ভুলবশত অন্য কোনো ক্ষারকের অনুপ্রবেশ ঘটে। অনুলিপিত অণু যখন অর্থকরণ করে তখন অ্যামিনো এসিডের অনুক্রমেও তার প্রতিফলন ঘটে। স্বাভাবিক অবস্থায় জিনের স্বতঃস্ফূর্ত বিন্দু পরিব্যক্তির হার প্রতি $১০^{৫}$টিতে একটি ঘটে থাকে।

স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তির কারণ (Causes of spontaneous mutation) : DNA বা RNA অণুতে যেসব ক্ষারক রয়েছে তার প্রত্যেকটির টটোমারিক (tautomeric) চরিত্র রয়েছে। ধারণা করা হয় যে, এই টটোমারিক প্রকৃতির কারণে DNA অণুর স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তি ঘটে। টটোমার এক প্রকার গঠনগত আইসোমার। এর অর্থ হচ্ছে একটি পদার্থের দুটি টটোমারের একই রাসায়নিক সংকেত কিন্তু তার আণবিক গঠনপ্রকৃতি ভিন্ন হয়ে থাকে। পিরিমিডিন ক্ষারকগুলো সাধারণ অবস্থায় "*Keto*" প্রকৃতিতে থাকে কিন্তু এদের টটোমার হচ্ছে "enol" প্রকৃতির। অনুরূপভাবে পিউরিন ক্ষারকগুলো সাধারণ অবস্থায় "*amino*" প্রকৃতির থাকে কিন্তু এদের টটোমার হচ্ছে "imino" প্রকৃতির (চিত্র ৭.১০)। প্রকৃতিতে প্রত্যেকটি ক্ষারকের টটোমার একটি স্থিতিসাম্য অবস্থায় থাকে। কিন্তু আশ্চার্যজনকভাবে লক্ষ্য করা গেছে যে DNA এবং RNA অণুতে যেসব ক্ষারকসমূহ রয়েছে তাদের প্রকৃতি কেবল keto ও amino প্রকৃতির।



চিত্র ৭.১০ : DNA অণুর স্বাভাবিক ক্ষারকের টটোমারিক ক্ষারক প্রকৃতিসমূহ।

DNA অণুসূত্রের ক্ষারকসমূহ সাধারণ keto ও amino প্রকৃতি থেকে যখন enol বা imino প্রকৃতিতে পরিবর্তন ঘটে তখনই পরিব্যক্তি ঘটে। এই পরিবর্তনের ফলে ক্ষারক অণুর যেসব অবস্থান থেকে পরস্পর হাইড্রোজেন বন্ধনের সৃষ্টি করতে পারে তার পরিবর্তন ঘটে যায়। যখন থাইমিনের (T) কিটো প্রকৃতি থেকে ইনোল প্রকৃতিতে রূপান্তর ঘটে তখন তার স্বাভাবিক পরিপূরক ক্ষারক হিসেবে অ্যাডিনিনের (A) সাথে জোড় না বেঁধে অস্বাভাবিক নিয়মে গুয়ানিনের (G) সাথে জোড় বাঁধে। অনুরূপভাবে A–এর স্বাভাবিক অ্যামিনো প্রকৃতি থেকে imino প্রকৃতিতে রূপান্তর ঘটলে স্বাভাবিক T এর পরিবর্তে সাইটোসিন (C) এর সাথে জোড়

বাধে। সুতরাং দেখা যাচ্ছে যে ক্ষারকের টটোমারিক রূপান্তরের কারণে স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তি ঘটে। DNA সমলিপনের সময়, টটোমারিকের কারণে, অনিয়মিত ক্ষারক জোড় বাঁধে। DNA পলিমারেজ DNA অণুর সমলিপনের সময় অনেকাংশে এসব টটোমারিক রূপান্তরিত ক্ষারক এবং তার অনিয়মিত ক্ষারক জোড় বাঁধার বিষয়টির ত্রুটি সংশোধন করতে পারে না বলে পরিব্যক্তি ঘটে যায়। এখানে উল্লেখ্য যে, টটোমারিক রূপান্তরের ফলে কেবল ট্রানজিশনের উৎপত্তি হবে ; কখনও ট্রান্সভারশন হবে না। কারণ ত্রুটিপূর্ণ জোড়াবাধা (mispairing) কখনও পিউরিন–পিউরিন এবং পিরিমিডিন–পিরিমিডিন জোড় সৃষ্টি করে না। টটোমারিক পরিবর্তন ছাড়াও বিভিন্ন পরিবেশগত কারণেও স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তি ঘটতে পারে।

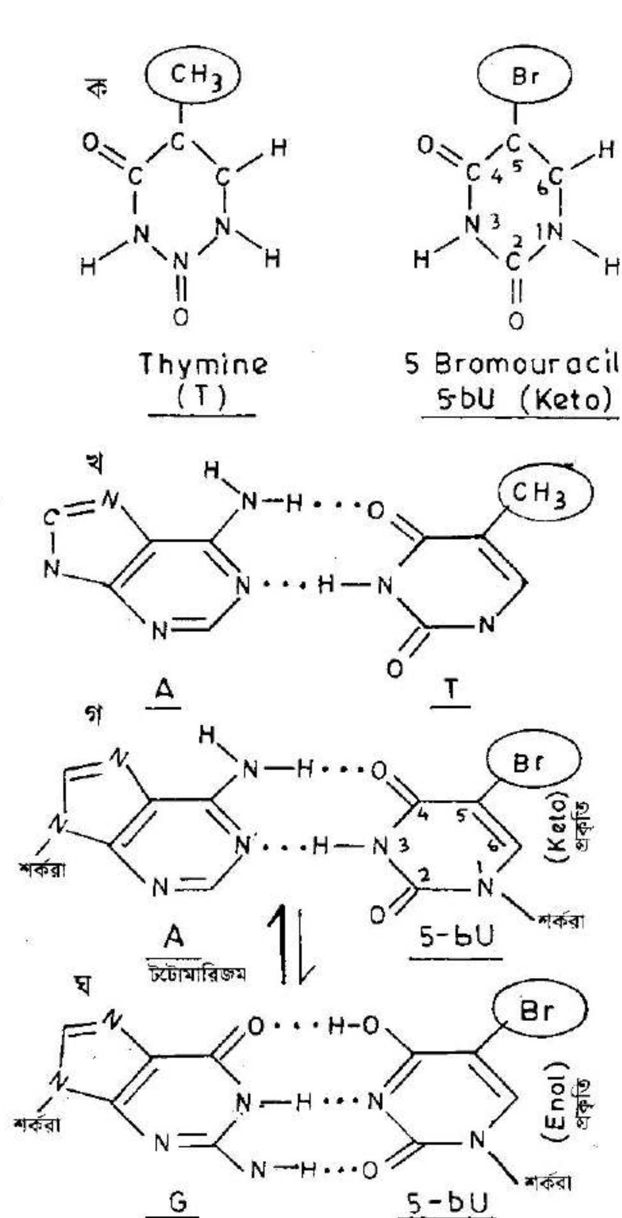
৭.১.৩.২ প্রবর্তিত পরিব্যক্তি (Induced mutation) : ল্যাবরেটরিতে অথবা পরিবেশ পরিবর্তন করে স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তির হারকে আরও বৃদ্ধি করা যায়। বিভিন্ন প্রকৃতির ভৌত–রাসায়নিক উপাদান রয়েছে যেগুলো প্রয়োগ করলে পরিব্যক্তি ঘটে। এইসব উপাদান প্রধাণত DNA সমলিপন বা সংশোধন স্তরে কাজ করে থাকে। বর্তমানে আণবিক জীববিজ্ঞান বিষয়ক গবেষণা ও অর্থনৈতিকভাবে লাভজনক উদ্দেশ্যে অধিকহারে পরিব্যক্তিকের প্রয়োজন হয়। যেসব পরিবেশগত কারণে পরিব্যক্তি ঘটে তাকে উদ্দেশ্যমূলক বা প্রবর্তিত পরিব্যক্তি বলে। প্রবর্তিত পরিব্যক্তি দুটি পরিবেশগত কারণে ঘটে থাকে।

১। রাসায়নিক পদার্থ (Chemical substances)ও
২। আয়নযুক্ত রশ্মি (Ionizing radiation)

১। রাসায়নিক মিউটাজেন (Chemical mutagens) : যেসব রাসায়নিক পদার্থের কারণে পরিব্যক্তি ঘটে তাকে রাসায়নিক মিউটাজেন (chemical mutagens)বলে। রাসায়নিক মিউটাজেনকে প্রধানত তিনটি দলে ভাগ করা হয়।

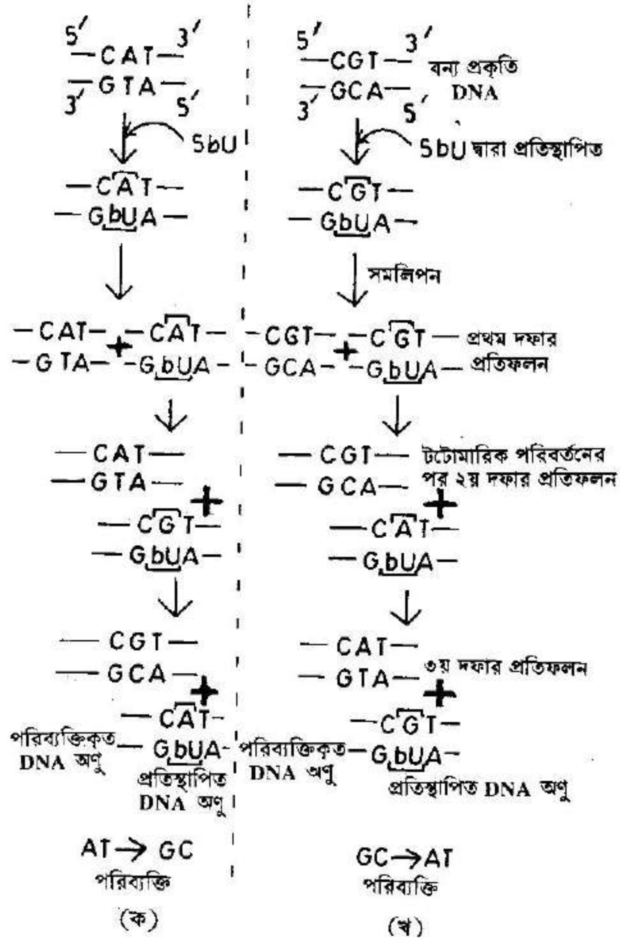
ক. ক্ষারক–সাদৃশ্য মিউটাজেন (Base-analogue mutagens) : যে সব রাসায়নিক উপাদান DNA অণুস্থ নিউক্লিওটাইডের অনুরূপ এবং DNA অণু গঠনে ব্যবহৃত হয়ে থাকে তাকে ক্ষারক সাদৃশ্য (base analoge) বলে। এই সব ক্ষারক–সাদৃশ্য উপাদান DNA সমলিপনের সময় ক্ষারক জোড় বাঁধে এবং DNA পলিমারেজের সংশোধনের সময় সম্পাদনার আওতাভুক্ত হয়। যদি সম্পাদনার পরও DNA অণুতে এই সব উপাদান থেকে যায় তবে তা মিউটাজেনিক হয়। বিভিন্ন প্রকৃতির ক্ষারক–সাদৃশ্য বিভিন্ন উপায়ে কাজ করে থাকে। (Walker *et al.*, ১৯৭৯)।

ক্ষারক থাইমিনের -CH_3 গ্রুপের পরিবর্তে সেখানে একটি -Br (ব্রোমিন) যুক্ত হলে তা 5-ব্রোমাইউরাসিল (bU) নামক একটি নিউক্লিওটাইডে রূপান্তর ঘটে। এই bU এক প্রকার রূপান্তরিত নিউক্লিওটাইড যা এক বিশেষ ক্ষারক–সাদৃশ্য মিউটাজেন হিসেবে পরিচিত। bU থাইমিনের ন্যায় গঠনপ্রকৃতির কারণে সেটি DNA সমলিপনের সময় সাধারণ নিউক্লিওটাইডের মতো পলিনিউক্লিওটাইড শৃঙ্খল গঠনে অংশগ্রহণ করে। থাইমিনের মতো আচরণ করে বলে bU অ্যাডিনিনের সাথে জোড় বাঁধে। সাধারণ অবস্থায় bU-এর গঠন "keto" প্রকৃতির। bU–এর টটোমারিক পরিবর্তনের কারণে keto থেকে enol প্রকৃতিতে রূপান্তর হতে পারে। এরূপ ঘটলে bU-এর সাধারণ ক্ষারক নিয়মের (bU=A) পরিবর্তে তখন G এর সাথে জোড় বাঁধে। সুতরাং টটোমারিক রূপান্তর পরবর্তী দফায় DNA অণুর সমলিপনে bU=G এর জোড় সৃষ্টির মাধ্যমে তার স্বাভাবিক A=T এর রূপান্তর ঘটে গিয়ে বিন্দু পরিব্যক্তির সৃষ্টি হয়। এখানে উল্লেখ্য যে,



চিত্র ৭.১১ : 5 - ব্রোমোইউরাসিলের রাসায়নিক গঠন এবং তার বিভিন্ন ক্ষারক জোড় প্রকৃতি ; (ক) থাইমিন ও ব্রোমোইউরাসিলের রাসায়নিক গঠন ; (খ) A= T-এর সাধারণ ক্ষারক জোড় (গ) A=5-bU জোড় ও (ঘ) G≡5-bU জোড় প্রকৃতি।

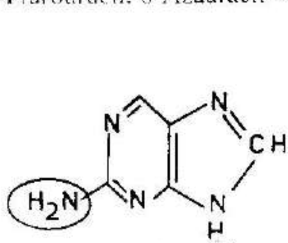
এর বিপরিতে অবস্থিত DNA অণুসূত্রটির কোনো পরিবর্তন না ঘটে তা স্বাভাবিক অবস্থায় থেকে যায়। DNA অণুর পরবর্তী দফার সমলিপনে bU-এর আর এক দফা টটোমারিক রূপান্তরের কারণে enol–এর keto প্রকৃতি বেশি দেখা যায়, আবার A=bU জোড় বাঁধে। কিন্তু বিপরীত শৃঙ্খলে পরিবর্তিত G এবার সাধারণ নিয়মে C- এর সাথে জোড় বাঁধবে। এর ফলে এই স্থানটিতে A=T থেকে G≡C তে পরিবর্তিত হয়ে একটি স্থায়ী বিন্দু পরিব্যক্তি ঘটবে। এখানে A=T জোড় থেকে G ≡ C জোড়ে পরিবর্তন হতে টেমপ্লেটকে দু'বার সমলিপন করতে হবে (চিত্র ৭.১১)।



চিত্র ৭.১২ : 5 - ব্রোমোইউরাসিল দ্বারা মিউটাজেনেসিস। এখানে সম্ভাব্য দুটি প্রক্রিয়া দেখানো হয়েছে। (ক) AT থেকে GC তে এবং (খ) GC থেকে AT ক্ষারক জোড়ে পরিবর্তন প্রক্রিয়া।

একইভাবে bU এর enol প্রকৃতি সাধারণ নিয়মে যদি G–এর সাথে জোড় বাঁধে এবং পরবর্তী সমলিপনে যদি keto প্রকৃতি ফিরে পায় তখন G-এর পরিবর্তে সে স্থানে A-এর জোড় বাঁধবে। A–বিশিষ্ট টেমপ্লেটটি পরবর্তী দফার সমলিপনে সাধারণ নিয়মে T–এর সাথে জোড় বেঁধে G≡C–এর স্থলে A=T তে পরিবর্তন ঘটবে। সুতরাং A=T থেকে G≡C এবং G≡C থেকে A=T তে পরিব্যক্তি ঘটার জন্য যথাক্রমে A=bU এবং G=bU মধ্যবর্তী পরিবর্তনসূচক উপাদান হিসেবে কাজ করে। এখানে bU যথাক্রমে T এবং C এর ক্ষারক–সাদৃশ্য (base analogue) হিসেবে কাজ করে থাকে বলে একে ক্ষারক–সাদৃশ্য পরিব্যক্তি বলে (চিত্র ৭.১২)।

২–অ্যামিনো পিউরিন (2AP) নামক এক প্রকার ক্ষারক–সাদৃশ্য অ্যাডিনিনের মতো কাজ করে (চিত্র ৭.১৩)। এর সাধারণ keto প্রকৃতি T –এর সাথে জোড় বাঁধে। টটোমারিক রূপান্তরের কারণে 2AP যখন enol প্রকৃতি প্রাপ্ত হয় তখন তা C– এর সাথে জোড় বাধে এবং 5 bU–এর ন্যায় ক্ষারক পরিবর্তনের মাধ্যমে পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে। অন্যান্য ক্ষারক–সাদৃশ্য উপাদানের মধ্যে 8-Azaguanine, 5-Flurourucil, 6-Azauracil একই উপায়ে মিউটাজেন হিসেবে কাজ করে থাকে।



চিত্র ৭.১৩ : অ্যাডিনিনি প্রকৃতির ২–অ্যামিনো পিউরিন নামক ক্ষারক–সাদৃশ্যের রাসায়নিক গঠন।

বর্তমানে বিজ্ঞানীরা 5bU ঘটিত অন্য একটি পরিব্যক্তি প্রক্রিয়া জানতে পেরেছেন। দেখা গেছে, কোষে বিভিন্ন প্রকার নিউক্লিওটাইড ট্রাইফসফেটের ঘনত্ব থাইমিন ট্রাইফসফেটের (TTP) ঘনত্ব দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। এই নিয়ন্ত্রণ প্রক্রিয়ায় DNA সংশ্লেষণের সময় তার প্রয়োজনীয় চার প্রকার ট্রাইফসফেটের পারস্পরিক পরিমাণ সঠিকভাবে বজায় রাখে। এই জটিল প্রক্রিয়ার একটি অধ্যায়ে যদি TTP–এর ঘনত্ব অতিরিক্ত হয় তবে dCTP–এর সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া বাধাপ্রাপ্ত হয়। যখন কোনো পুষ্টি মাধ্যমে 5bU সরবরাহ করা হয় তখন TTP–এর সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া স্বাভাবিক চলতে থাকলেও dCTP–এর সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া বাঁধাগ্রস্ত হয়। ফলে কোষাভ্যন্তরে dCTP–এর ঘনত্ব অস্বাভাবিকভাবে কমে যায়। TTP থেকে dCTP এর অনুপাত যখন অতিরিক্ত হয় তখন DNA সংশ্লেষণের সময় G–এর বিপরীতে অনিয়মিতভাবে T–এর প্রতিস্থাপন হার বৃদ্ধি পায়। DNA pol–এর অনিয়মিত সংশোধন প্রক্রিয়ায় T-কে সরিয়ে নিয়মিত C – বসালেও দেখা গেছে 5bU এর উপস্থিতিতে সংশোধনের অনুপাত কমে যায়। 5bU–এর উপস্থিতিতে যদি G–এর বিপরীতে T–এর অবস্থান স্থায়ী হয়, তবে DNA সমলিপনের পরবর্তী দফায় T–এর বিপরিত সাধারণ নিয়মে A–এর অবস্থান ঘটবে। এভাবে 5bU–এর পরোক্ষ প্রক্রিয়ায় GC → AT–তে পরিবর্তিত হয়ে পরিব্যক্তি ঘটে যায়।

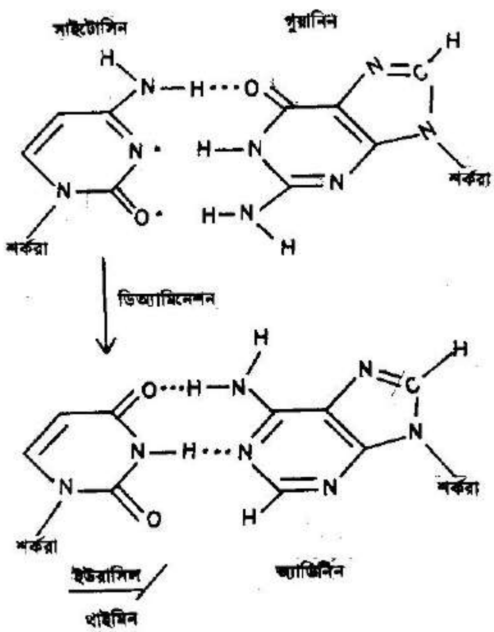
খ. ডি–অ্যামিনেটিং ও অ্যালকাইলেটিং বাহক (Deaminting and alkylation agents): কিছু কিছু রাসায়নিক পদার্থ রয়েছে যা DNA অণুতে অবস্থিত বিভিন্ন ক্ষারক এর পার্শ্ব গ্রুপ সরাসরি পরিবর্তন করতে পারে। এই পরিবর্তনের ফলে কোনো প্রত্যক্ষ–পরিব্যক্তি ঘটে না

তবে DNA সমলিপন ও মেরামতের সময় বিভিন্ন প্রকার ভুল করে থাকে। এর ফলে সঠিক ক্ষারকের পরিবর্তে ভিন্ন প্রকৃতির ক্ষারক অনুপ্রবেশের মাধমে পরিব্যক্তি ঘটে যায়। ক্ষারকের পার্শ্ব গ্রুপ প্রকৃতি অনুসারে ডি-অ্যামিনেশন ও অ্যালকাইলেশন প্রক্রিয়ায় ভাগ করা হয়েছে।

ডি-অ্যামিনেশন (Deamination) : নাইট্রাস এসিড (HNO_3) প্রয়োগের ফলে DNA অণুতে তিন প্রকার বেসে উপস্থিত অ্যামিনো গ্রুপকে সরিয়ে সেগুলো keto প্রকৃতিতে রূপান্তর হয়। অ্যামিনো গ্রুপকে সরিয়ে keto গ্রুপে রূপান্তরকে অক্সিডেটিভ ডি-অ্যামিনেশন (oxidative deamination) বলে। এর ফলে ক্ষারকগুলোর রাসায়নিক রূপান্তর ঘটে এবং সে কারণে তার বিপরিত ক্ষারক জোড় নিয়মের পরিবর্তন ঘটে যায়। বিক্রিয়ার বিক্রিয়ক, উৎপাদ ও তার জোড় বাঁধার চরিত্র নিচের সারণিতে দেয়া গেল :

ক্ষারক		উৎপাদ	উৎপাদের জোড় নিয়ম
অ্যাডিনিন (A)	→	হাইপোজ্যানথিন (H)	H : C
গুয়ানিন (G)	→	জ্যানথিন (X)	X : C (নিয়মিত)
সাইটোসিন (C)	→	ইউরাসিল (U)	U : A
৫– মিথাইল–সাইটোসিন (mC)	→	থাইমিন (T)	T : A

উপরোক্ত সারণিতে দেখা যাচ্ছে HNO_3 প্রয়োগের ফলে যে সব পরিবর্তন ঘটছে তা হলো G.C → A.T–তে এবং A.T → G.- তে রূপান্তরণ। কারণ যথাক্রমে C এবং A এর ডি-অ্যামিনেশনের কারণে এরূপ ঘটে থাকে। গুয়ানিনের পরিবর্তন ঘটলেও তা ক্ষারক জোড় নিয়মের পরিবর্তন করে না। (চিত্র ৭.১৪)।

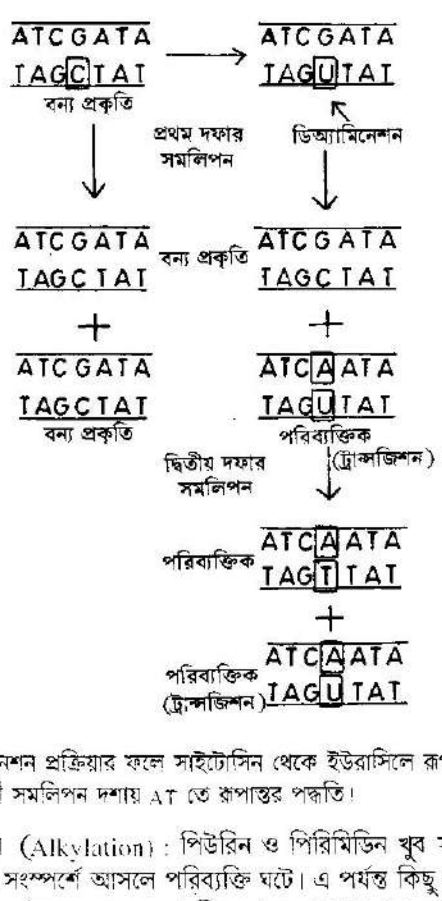


চিত্র ৭.১৪ : ডি-অ্যামিনেশন প্রক্রিয়ায় সাইটোসিন থেকে ইউরাসিলে রূপান্তর এবং GC এর স্থলে AT-এ পরিবর্তন।

সুতরাং ডি–অ্যামিনেশন প্রক্রিয়াটি ক্ষারক জোড় পরিবর্তনের একটি মধ্যবর্তী অবস্থা মাত্র। HNO_2 ছাড়া হাইড্রোক্সিল অ্যামিন (NH_2OH) ও পরিব্যক্তি ঘটাতে সাহায্য করে। তবে NH_2OH কেবল সাইটোসিনকে ডি–অ্যামিনেট (deaminate) করতে পারে।

সাইটোসিন $\xrightarrow{NH_2OH}$ 4-N-hydroxycytosine.

সৃষ্ট হাইড্রোক্সিসাইটোসিন অ্যাডিনিনের সাথে জোড় বেঁধে পরবর্তী দফার সমলিপনে GC থেকে AT তে পরিবর্তন ঘটায় (চিত্র ৭.১৫)। তুলনামূলকভাবে HNO_2 এবং NH_2OH ইউক্যারিওটের চেয়ে প্রোক্যারিওটে অনেক কার্যকর। কারণ বিক্রিয়া ঘটানোর জন্য কিছু সহায়ক উপাদানের প্রয়োজন হয় সেগুলো প্রোক্যারিওটে বিদ্যমান।



চিত্র ৭.১৫ : ডি–অ্যামিনেশন প্রক্রিয়ার ফলে সাইটোসিন থেকে ইউরাসিলে রূপান্তরণের কারণে GC এর স্থলে পরবর্তী সমলিপন দশায় AT তে রূপান্তর পদ্ধতি।

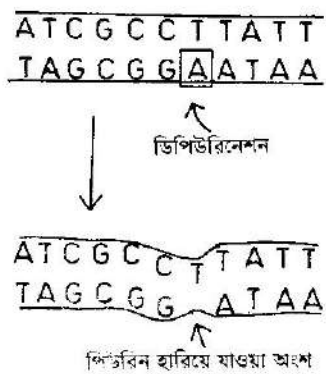
অ্যালকাইলেশন (Alkylation) : পিউরিন ও পিরিমিডিন খুব সহজে ক্ষারীয় বাহকের (alkylating agent) সংস্পর্শে আসলে পরিব্যক্তি ঘটে। এ পর্যন্ত কিছু ক্ষারীয় বাহকের চিহ্নিত করা হয়েছে (সারণি ৭.১)। এর মধ্যে বেশ কিছু বাহক আছে যার মধ্যে একটির পরিবর্তে দুটি বিক্রিয়ক গ্রুপ রয়েছে। অ্যালকাইলেশন প্রক্রিয়ায় ট্রানজিশন ও ট্রান্সভারশন এই উভয় প্রকৃতির পরিব্যক্তি ঘটে (Singer ও Kusmierek. ১৯৮২)।

ক্ষারকের যেসব স্থান সরাসরি জোড় বাঁধতে অংশগ্রহণ করে যেসব স্থানে alkyl গ্রুপের সংযুক্তির ফলে পরিব্যক্তি ঘটে। যেমন– গুয়ানিনের 6-keto অক্সিজেন এবং থাইমিনের 4-keto অক্সিজেন অংশে অ্যালকাইলেশনের ফলে সাধারণ নিয়মে উক্ত স্থানে হাইড্রোজেন বন্ধন ঘটে না।

সারণি ৭.১ : পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে এরূপ কয়েকটি অ্যালকালাইটিং বাহক

নাম	সংক্ষেপ	রাসায়নিক সংকেত
Ethyl methane sulphonate	EMS	$CH_3 - SO_2 - O - CH_2 - CH_3$
Methyl methane sulphonate	MMS	$CH_3 - SO_2 - O - CH_3$
Diethyl sulphate	DES	$CH_3\text{-}CH_2\text{-}O\text{-}SO_2\text{-}O\text{-}CH_2\text{-}CH_3$
Dimethyl sulphate	DMS	$CH_3 - O - SO_2\text{-}O\text{-}CH_3$
N-methyl-N′-nitro-N-nitrosoguanidine	MNNG	$CH_3\text{-}N\text{-}NO\text{-}C : NH\text{-}NH\text{-}NO_2$
Ethylene oxide		$O\text{-}(CH_2)2$
Nitrogen mustard		$CH_3\text{-}N\text{-}(CH_2\text{-}CH_2\text{-}Cl)_2$
Sulphur mustard		$S\text{-}(CH_2\text{-} CH_2\text{-}Cl)2$

এই কারণে G এর সাথে T এর অনিয়মিত ক্ষারক জোড় সৃষ্টি করে, যার ফলে AT → GC এবং GC → AT–এর ট্রানজিশন পরিব্যক্তি ঘটে। ইউক্যারিওটে পরিব্যক্তি ঘটাতে ক্ষারীয় বাহক অধিক হারে ব্যবহৃত হয়।

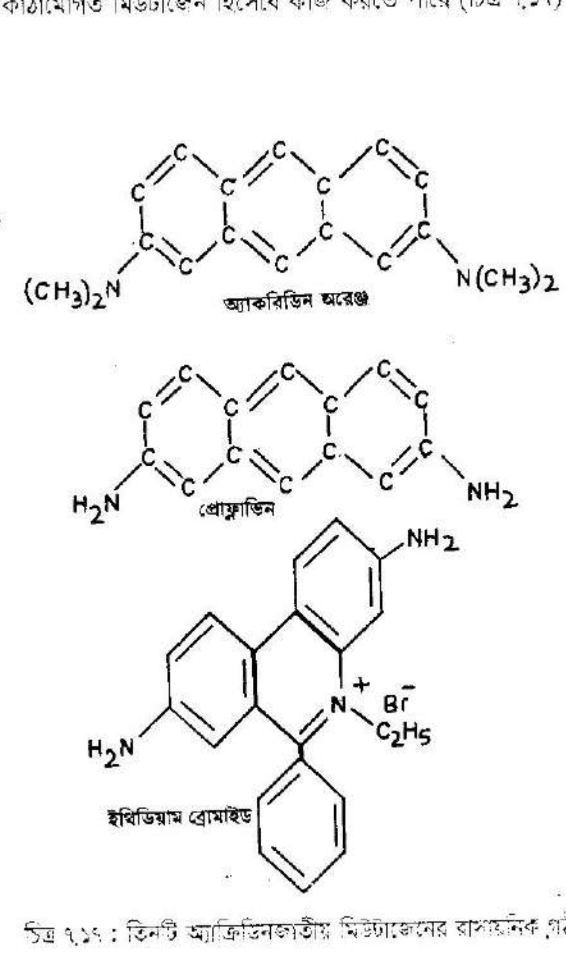


চিত্র ৭.১৬ : DNA অণুতে ডি-পিউরিনেশন প্রকৃতি।

অনেক সময় অ্যালকাইলেশনের কারণে N-গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী খুবই দুর্বল হয়ে পড়ে। ফলে পিউরিন মুক্ত হয়ে DNA অণুর ডি–পিউরিনেশন ঘটে। কখনও কখনও দেহের স্বাভাবিক তাপমাত্রায় স্বতঃস্ফূর্তভাবে পিউরিনের N-গ্লাইকোসাইডিক বন্ধন ভেঙে যেতে পারে এবং

ডি-পিউরিনেশন হতে পারে। দেখা গেছে, ৩৭°সে. তাপমাত্রায়, pH 7.0, প্রতি ২৪ ঘন্টায় প্রতি ৩০০টি পিউরিনের মধ্যে একটি পিউরিনের স্বতঃস্ফূর্ত ডি-পিউরিনেশন ঘটে যায়। এই হিসেবে একটি ম্যামালিয়ান কোষে প্রতি ২৪ ঘন্টায় ১০[৪]টি পিউরিনের ডি-পিউরিনেশন ঘটে। ডি-পিউরিনেশন এর কারণে DNA অণুর আকৃতিগত পরিবর্তন ঘটে যা সমলিপনের ব্যাঘাত ঘটায় এবং mRNA অনুলিপনের সময় পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে (চিত্র ৭.১৬)।

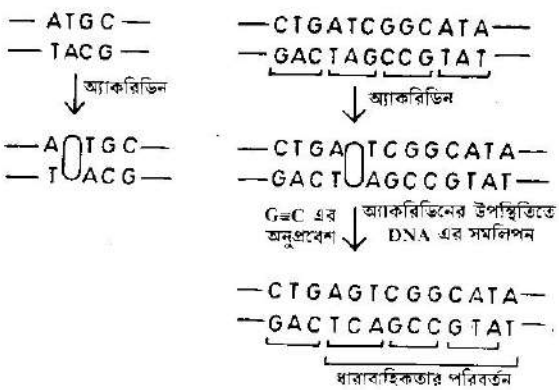
গ. পাঠ কাঠামোগত পরিবর্তন মিউটাজেন : Acridine উপাজাত নামক কিছু রাসায়নিক পদার্থ রয়েছে সেগুলো ক্ষারকের অবস্থান্তর বা প্রচ্ছান্তর পরিব্যক্তির পরিবর্তে ইনসারশন বা ডিলেশন পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে। অর্থাৎ অ্যাক্রিডিনজাতীয় পদার্থ ব্যবহার করলে পাঠ-কাঠামোগত পরিব্যক্তি ঘটে। অ্যাক্রিডিন উপজাতের মধ্যে Acridine orange, Proflavin ও acriflavine প্রধান। তাছাড়া সাধারণ Acridine dye. Ethidium bromide (etBr) নামক উপাদানও পাঠ কাঠামোগত মিউটাজেন হিসেবে কাজ করতে পারে (চিত্র ৭.১৭)।



চিত্র ৭.১৭ : তিনটি অ্যাক্রিডিনজাতীয় মিউটাজেনের রাসায়নিক গঠন।

এসব অ্যাক্রিডিনজাতীয় পদার্থের বিশেষ বৈশিষ্ট্য হচ্ছে যে, এদের গাঠনিক পরিধি পিউরিন পিরিমিডিন জোড়ের সমান। পানীয় পরিবেশে সকল মিউটাজেনগুলো একটির উপর আর একটি অণু পর পর সজ্জিত হতে পারে। এর DNA অণুর ক্ষারক জোড়ের মাঝে প্রবেশ করে পরস্পর ক্ষারক জোড়ের দূরত্বকে বাড়িয়ে দিতে পারে। এ অবস্থাকে ইন্টারক্যালেশন (intercalation) বলে। এ জাতীয় পদার্থকে তাই অনেক সময় ইন্টারক্যালেটিং বাহক (intercalating agent) হিসেবে নামকরণ করা হয়।

অ্যাক্রিডিনজাতীয় পদার্থের প্রস্থ সাধারণ ক্ষারক জোড়ের প্রস্থের তুলনায় সমান হওয়ায় তা যখন DNA অণুতে প্রবেশ করে তখন একটি ক্ষারক জোড় অবস্থান জুড়ে থাকে। এর ফলে পাশাপাশি অবস্থিত ক্ষারক জোড় এক প্রস্থ ক্ষারক জোড় দূরত্বে সরে যায়। এরূপ অবস্থায় DNA অণুর পরবর্তী দফার সমলিপনের সময় নতুন ক্ষারকের অনুপ্রবেশ ঘটে গিয়ে কাঠামোগত পরিবর্তন (addition) পরিব্যক্তি হয়ে যায় (চিত্র ৭.১৮)।



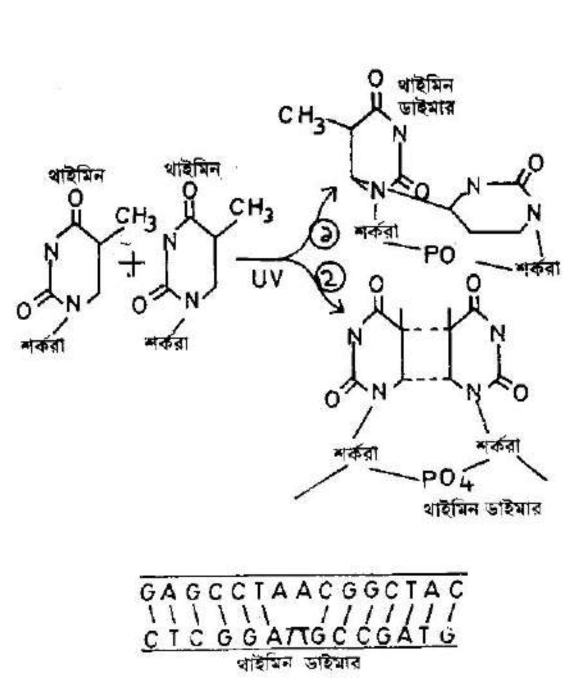
চিত্র ৭.১৮ : ইন্টারক্যালেটিং পদার্থের অনুপ্রবেশের ফলে পরস্পর অবস্থিত ক্ষারকের অবস্থান কিছুটা সরে যায়। এর ফলে পরবর্তী দফার সমলিপনে নতুন ক্ষারকের অনুপ্রবেশ ঘটে গিয়ে পরিব্যক্তি হয়। (ক) ইন্টারক্যালেশনের ফলে ক্ষারক জোড় অবস্থান কিছুটা সরে যাবার প্রকৃতি ; (খ) ইন্টারক্যালেশনের ফলাফল।

ইন্টারক্যালেশনের কারণে শুধু যে ক্ষারক জোড় পরস্পর থেকে দূরে সরে যায় তাই নয় এর কারণে দূরে সরে যাওয়া ক্ষারক জোড়ও অনেক সময় খুলে যায়। এ সময়ে DNA দ্বিসূত্রক অবস্থা থেকে ইন্টারক্যালেশন স্থানে একসূত্রক অবস্থায় পতিত হয়। তখন DNA অণুর মেরামতি প্রক্রিয়া শুরু হয় এবং একসূত্রক স্থানটিতে যে ক্ষারক রয়েছে সেটিকে কেটে সরিয়ে দেয়। এর ফলে অনেক সময় ডিলেশন পরিব্যক্তি হতে পারে।

ঘ. আয়নযুক্ত রশ্মি (Ionizing radiation) : অনেক প্রকার রশ্মি রয়েছে যা মিউটাজেনিক রশ্মি বলে চিহ্নিত করা হয়েছে। সূর্য রশ্মির মধ্যে রয়েছে অতিবেগুনি রশ্মি (UV), কস্মিক রশ্মি, তেজস্ক্রিয় পদার্থের মধ্যে রয়েছে গামা রশ্মি (γ), বিটা রশ্মি (β) ও আলফা রশ্মি (α), এবং বিদ্যুতের মধ্যে রয়েছে X– রশ্মি যা মিউটাজেনিক বলে প্রমাণিত হয়েছে। তাছাড়া বর্তমানে

বাড়িতে ব্যবহৃত অনেক প্রয়োজনীয় যন্ত্রপাতির মধ্যে র‍্যাডন (radon) গ্যাস রয়েছে। এই গ্যাস থেকে অনেক সময় α– কণা বের হয় যা পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে। মাইটোসিস প্রক্রিয়ার প্রারম্ভিক অবস্থায় আয়নযুক্ত রশ্মি যতটুকু কার্যকর অন্য কোনো অধ্যায়ে কার্যকর নয় বলে বিভিন্নভাবে প্রমাণিত হয়েছে (Lajtha, ১৯৬০)।

ল্যাবরেটরিতে পরিব্যক্তি ঘটানোর জন্য সাধারণত UV রশ্মি ব্যবহৃত হয়। DNA অণু ২৬০ nm আলোকতরঙ্গ দৈর্ঘ্যের UV রশ্মি সবচেয়ে বেশি শোষণ করে। পরিব্যক্তি ঘটাতে উক্ত আলোক তরঙ্গ দৈর্ঘ্যের UV রশ্মি সাধারণত কার্যকরভাবে ব্যবহৃত হয়। UV আলো প্রয়োগের ফলে DNA অণুতে অবস্থিত পাশাপাশি দুটি 'T' থাকলে তাদের A=T জোড় ভেঙে T=T ডাইমার সৃষ্টি করে (চিত্র ৭.২০)। ডাইমার প্রক্রিয়ার কারণে ক্ষারকদ্বয় এত কাছাকাছি অবস্থান নেয় যে, পরবর্তী দফার সমলিপনে ডাইমার দুটি বাদ পড়ে যেতে পারে। কারণ ডাইমার সৃষ্টি হলে DNA পলিমারেজ কাজ করতে পারে না বলে তা সমলিপনে বাঁধা দেয়।



চিত্র ৭.১৯ : UV রশ্মির কারণে থাইমিন ডাইমার সৃষ্টি প্রক্রিয়া।
(ক) রাসায়নিক প্রক্রিয়া (১) থাইমিন সাইক্লোবিউটেন (৫ : ৬ ও ৫ : ৬) ডাইমার (২) থাইমিন : থাইমিন (৬ : ৪) ফটোসৃষ্টি ডাইমার ; (খ) DNA সূত্রে ডাইমার সৃষ্টির কারণে DNA অণুর অস্বাভাবিক গঠন।

UV–এর কারণে যখন থাইমিন ডাইমার সৃষ্টি হয় তখন তা দুই প্রকৃতিতে সৃষ্টি হয়। সাধারণত যে ডাইমার সৃষ্টি হয় তাকে সাইক্লোবিউটেনঃথায়মিন ডাইমার বলে। এটি পাশাপাশি অবস্থিত

BANGDOG Library Dhaka

ডাইমারের ৬ – ৫ʹ : ৬ – ৫ʹ এর সাথে বন্ধনের সৃষ্টি করে। বর্তমানে আরও একপ্রকার ডাইমারের সন্ধান পাওয়া গেছে (Heseltine, ১৯৮৩)। এটি পাশাপাশি থাইমিনের ৬ ঃ ৪ এর সাথে বন্ধনের সৃষ্টি করে এক জটিল আকার ধারণ করে (চিত্র ৭.১৯)। DNA অণুর মেরামতি প্রক্রিয়ায় এই সব ত্রুটি সহজেই সরিয়ে তুলতে পারে। UV এর তুলনায় তেজস্ক্রিয় γ রশ্মি ও X-ray বহুগুণ বেশি পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে। এসব রশ্মি অবশ্য বিভিন্ন উপায়ে পরিব্যক্তি ঘটিয়ে থাকে।

৭.১.৪. পরিব্যক্তীয় তপ্ত দাগ (Mutational hot-spots) : যখন কোনো একটি জিনের পরিব্যক্তি ঘটে তখন অর্থকরণের সময় সেখানে কিছু কিছু অ্যামিনো এসিডের পরিবর্তন ঘটলেও ফেনোটাইপের কোনো পরিবর্তন ঘটে না। ইতোপূর্বে আলোচনায় জানা গেছে যে, সব প্রকৃতির ক্ষারকের পরিবর্তন অর্থকরণের সময় কোনো পরিবর্তন আনে না। সুতরাং এটি ধরে নেয়া যায় যে কোনো একটি জিনের অভ্যন্তরে যে কোনো একটি স্থানের ক্ষারক পরিবর্তন কার্যকরভাবে পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে না। কেবল বিশেষ স্থানের ক্ষারক পরিবর্তন ঘটলে কার্যকর পরিব্যক্তি ঘটতে পারে। হিসাব করে দেখা গেছে, গড়ে একটি জিনে ক্ষারক জোড় সংখ্যা রয়েছে ১,০০০ থেকে ২,০০০টি এর প্রায় অর্ধেক সংখ্যক স্থানের ক্ষারক পরিবর্তন ঘটলে অ্যামিনো এসিডের পরিবর্তন ঘটাতে পারে। অপরদিকে একটি প্রোটিনে যতোগুলো অ্যামিনো এসিড রয়েছে তার সব স্থানের পরিবর্তন ফেনোটাইপিক পরিবর্তন আনতে পারে না। জানা গেছে,গড়ে প্রায় অর্ধেক অংশের পরিবতন ফেনোটাইপিক পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে। এ থেকে সহজেই অনুমান করা যায় যে, একটি আদর্শ জিনের মধ্যে ২০০ থেকে ৫০০টি সুনির্দিষ্ট অবস্থান রয়েছে যেখানে ক্ষারক পরিবর্তন হলে ফেনোটাইপিক পরিব্যক্তি ঘটবে।

T_4 ভাইরাসের rII জিন ও *E. coli* এর *lac* Z এবং *trp* E জিনের পরিব্যক্তি বিস্তারণ নিয়ে অনেক কাজ করা হয়েছে। জানা গেছে, এ সব জিনের কোনো কোনো অংশে গড় পরিব্যক্তি ঘটার প্রবণতার চেয়ে ২০ থেকে ৫০০ গুণ অতিরিক্ত হারে সেখানে পরিব্যক্তি ঘটে। জিনের যেসব স্থানের পরিব্যক্তি ঘটার হার সাধারণ প্রবণতার চেয়ে যখন অধিক হারে ঘটে তখন তাকে পরিব্যক্তীয় তপ্ত দাগ বলে। এর কারণ হিসেবে বিজ্ঞানীগণ বিভিন্নভাবে ব্যাখ্যা করেছেন।

ব্যাকটেরিয়ার DNA অণুতে যতোভাগ সাইটোসিন রয়েছে তার প্রায় ১% মিথিলেটেড অর্থাৎ ৫ মিথাইল সাইটোসিন (mC) হিসেবে দেখা যায় (ইউক্যারিওটে প্রায় ৫%)। সাইটোসিনের মতো mC এর স্বতঃস্ফূর্ত ডি–অ্যামিনেশন হয়। সাইটোসিনের ডি–অ্যামিনেশন হলে ইউরাসিলে রূপ নেয়। ইউরাসিল N-glycosylase এনজাইম তখন দ্রুত উপায়ে উক্ত ইউরাসিলকে সরিয়ে ফেলে। অপরদিকে যখন mC এর ডি–অ্যামিনেশন ঘটে তখন তা থাইমিনে রূপান্তর হয়। এরূপ অবস্থায় G≡mC জোড় G=T জোড়ে পরিণত হয়। পরবর্তী দফায় DNA সমলিপনের সময় A=T জোড় সৃষ্টি হয়। অবশ্য ত্রুটিপূর্ণ মেরামত (mismatch repair) পদ্ধতিতে GT জোড় শীঘ্রই GC তে সংশোধন করে নেয়। কিন্তু যদি, স্থিতি কোষে, অসমলিপন অবস্থায় স্বতঃস্ফূর্ত ডি–অ্যামিনেশন প্রক্রিয়া ঘটে যায় তবে DNA অণুর দুটি সূত্রেই সমভাবে ডি–অ্যামিনেশন ঘটে। এরূপ অবস্থায় ত্রুটিপূর্ণ মেরামত পদ্ধতিতে এমন কোনো সংকেত গ্রহণ করতে পারে না যার মাধ্যমে DNA pol বুঝতে পারবে যে GC জোড়টিই সেখানের সঠিক ক্ষারক জোড়। ফলে GT জোড় সহজেই AT তে পরিবর্তন ঘটতে পারে। এভাবে mC অংশে পরিব্যক্তির হার অধিক হয়ে থাকে। বেশ কিছু জিনের DNA ক্ষারক অনুক্রম এবং তপ্ত দাগ পরিব্যক্তিকের অনুক্রম বিশ্লেষণ করে দেখা গেছে mC এর কারণে অধিকাংশ ক্ষেত্রে তপ্ত দাগ এর সৃষ্টি হয়।

৭.১.৫. পরিব্যক্তি ও মানুষের রোগব্যাধি : মানুষের অনেক রোগব্যাধির কারণ হিসেবে পরিব্যক্তিকে চিহ্নিত করা হয়েছে। আধুনিক জিন ক্লোনিং ও DNA অনুক্রম বিশ্লেষণের মাধ্যমে পরিব্যক্তির কারণ ও তার প্রকৃতি নির্ণয় করা সম্ভব হয়েছে। বেশ কিছু রোগ সৃষ্টির কারণ হচ্ছে জৈব সংশ্লেষণ ও বিপাক ক্রিয়াকর্মের সাথে সম্পর্কযুক্ত পরিব্যক্তিঘটিত নিষ্ক্রিয় এনজাইম। কিছু কিছু রোগের কারণ হিসেবে ত্রুটিপূর্ণ হিমোগ্লোবিন সৃষ্টি হওয়াকে চিহ্নিত করা হয়েছে। হিমোগ্লোবিন জিন ক্লোনিং-এর মাধ্যমে দেখা গেছে সেখানে বিভিন্ন প্রকৃতির পরিব্যক্তি ঘটে। অনেক সময় সেখানে বিন্দু ট্রান্সভারশন (point transversion) থেকে বৃহৎ আকারের ডিলেশন পরিব্যক্তি ঘটতে দেখা গেছে। বিন্দু ট্রান্সভারশন (GAG → GTG) এর কারণে sickle cell anaemia এবং বড় আকারের ডিলেশন পরিব্যক্তির কারণে থ্যালাসেমিয়া (thalassaemia) রোগের সৃষ্টি হয় বলে বিজ্ঞানীরা জানতে পেরেছেন।

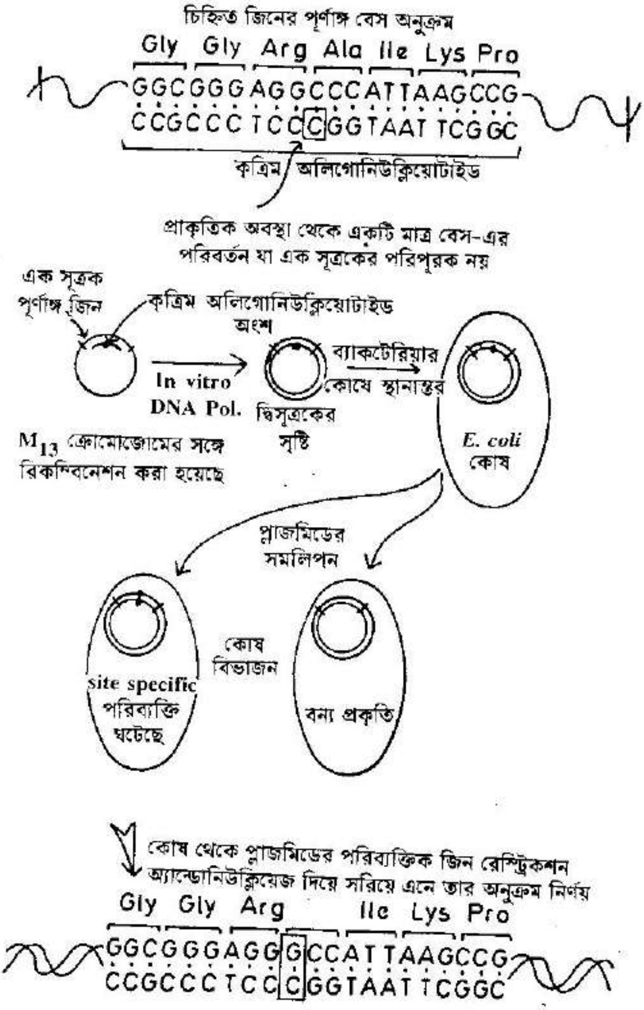
প্রায় সব মিউটাজেন ক্যান্সার রোগ সৃষ্টি করে বলে অনেকদিন থেকে ক্যান্সার রোগের সাথে পরিব্যক্তির একটি সম্পর্ক রয়েছে বলে ধারণা করা হতো। ১৯৭৮ সালে অনেকটা নিশ্চিত হয়ে বিজ্ঞানীরা জানতে পেরেছেন যে বিশেষ এক প্রকার জিনের পরিব্যক্তির কারণে ক্যান্সার রোগের সৃষ্টি হয়। এই সকল জিনগুলো ওনকোজিন (oncogene) বলে পরিচিত। *onco* শব্দটি গ্রিক ভাষা থেকে নেয়া হয়েছে যার অর্থ 'পিণ্ড' বা "বিক্ষিপ্তভাবে ছড়ানো স্তূপ"। বর্তমানে ক্যান্সার বিষয়ক শিক্ষা ওনকোলজি (oncology) নামক বিজ্ঞান শাখার অন্তর্ভুক্ত (Cooper. ১৯৯০)।

যে সব উপাদানের কারণে ক্যান্সার হয় তাকে কারসিনোজেনিক (carcinogenic) বলে। বর্তমানে শিল্প বিপ্লবের কারণে বিভিন্ন প্রকার রাসায়নিক দ্রব্যের ব্যবহার বহুলাংশে বেড়ে গেছে। এরমধ্যে দৈনন্দিন ব্যবহৃত অনেক রাসায়নিক দ্রব্যকে কারসিনোজেনিক বলে চিহ্নিত করা হয়েছে। হিসাব করে দেখা গেছে, বর্তমানে প্রায় ৯০% মানুষের দেহে ক্যান্সারের কারণে হচ্ছে বহুল ব্যবহৃত কিছু রাসায়নিক উপাদান। এর মধ্যে রয়েছে বিভিন্ন প্রকার শিল্পজাত রাসায়নিক দ্রব্য, খাদ্যদ্রব্য তৈরির জন্য বিভিন্ন প্রকৃতির সহায়ক দ্রব্য (additives), রঙ, সুগন্ধি, ওষুধ, প্রসাধনি, শিল্পের বর্জ্য দ্রব্য, পোকা ও রোগবালাই দমনকারী ওষুধ, গাড়ি ও শিল্পের নির্গত ধুয়ার কারণে ওনকোজিন সক্রিয় হয়ে ক্যান্সার সৃষ্টি করে।

আজকাল পৃথিবীতে এতো বেশি শিল্পজাত দ্রব্য ব্যবহৃত হচ্ছে যে, কোনটি কি ধরনের কারসিনোজেনিক তা বের করা অত্যন্ত কঠিন। অল্প কয়েক বছর পূর্বে ক্যালিফোরনিয়া বিশ্ববিদ্যালয়ের বিজ্ঞানী Bruce Ames (১৯৭৩, ১৯৭৯) এমন একটি সহজ পদ্ধতির উদ্ভাবন ঘটিয়েছেন যার মাধ্যেমে খুব দ্রুত কারসিনোজেনিক পদার্থকে চিহ্নিত করা যায়। এই পদ্ধতিটি Ames test বলে বেশ সুপরিচিত। ইতোমধ্যে বেশ কয়েক হাজার রাসায়নিক পদার্থ পরীক্ষা করে তাদের কারসিনোজেনিক বৈশিষ্ট্যকে চিহ্নিত করা হয়েছে। একমাত্র খাদ্যদ্রব্য ব্যবহৃত, খাদ্য সহায়ক দ্রব্য প্রায় ৪,০০০ প্রকার রাসায়নিক উপাদানের মধ্যে প্রায় ৩,০০০ প্রকার উপাদানকে কারসিনোজেনিক বলে চিহ্নিত করা হয়েছে। এভাবে আমরা প্রতিনিয়ত কারসিনোজেনিক পদার্থের সম্মুখিন হচ্ছি ও ক্যান্সার ছাড়া আরও অনেকে দূরারোগ্য ব্যধিতে আক্রান্ত হচ্ছে।

৭. ১.৬. সুনির্দিষ্ট অবস্থানে মিউটাজেনেসিস (Site-specific mutagenesis) : সব রাসায়নিক মিউটাজেন সমভাবে DNA অণুর সকল ক্ষারক অবস্থানে রূপান্তর ঘটাতে পারে। তপ্ত দাগ ছাড়া এর কোনো সুনির্দিষ্ট স্থান নেই যেখানে কেবল পরিব্যক্তি ঘটাবে। কোনো কারণে বা প্রয়োজনে

একটি নির্দিষ্ট পরিব্যক্তি পেতে হলে স্ক্যানিং বা বাছাইয়ের প্রয়োজন হয়। এই প্রচলিত পদ্ধতিতে কোনো একটি নির্দিষ্ট পরিব্যক্তিক পেতে হলে অধিকাংশ সময় এক অনিশ্চয়তার মধ্যে থাকতে হয়। কিন্তু বর্তমানে রিকম্বিন্যান্ট DNA প্রযুক্তির মাধ্যমে একটি পদ্ধতি বের করা হয়েছে। এই পদ্ধতিতে সুনির্দিষ্ট জিনের সুনির্দিষ্ট অংশে সুনির্দিষ্ট প্রকৃতির পরিব্যক্তি ঘটানো সম্ভব হয়ে উঠেছে (Smith, ১৯৮২) । এই পদ্ধতিতে যে জিনটির পরিব্যক্তি ঘটানো হবে তাকে চিহ্নিত ও আলাদা করে নিয়ে প্রথমে ক্লোন করা হয়। এরপর তার ক্ষারক অনুক্রম নির্ণয় করা হয়। ক্ষারক অনুক্রম থেকে তার কোডন নিয়মে অ্যামিনো এসিড অনুক্রম তথা প্রোটিনের নক্সা তৈরি করা হয়।এ থেকে প্রোটিনের সম্ভাব্য সক্রিয় অ্যামিনো এসিড এবং তার কাছাকাছি অ্যামিনো



চিত্র ৭.২০ : স্থান-নির্দিষ্ট মিউটাজেনেসিস ঘটার পদ্ধতি।

এসিডের কয়েকটি অনুক্রমকে চিহ্নিত করা হয়। তাছাড়া যেসব অ্যামিনো এসিড অবক্ষেপ প্রোটিনের সম্ভাব্য দ্বৈতেয় এবং ত্রৈতেয় আকৃতি গঠনের জন্য অংশগ্রহণ করে তার অ্যামিনো এসিড অনুক্রমও চিহ্নিত করা হয়। এসব চিহ্নিত অ্যামিনো এসিডের অনুক্রম থেকে পরবর্তীকালে পরিব্যক্তি ঘটানোর জন্য নির্দিষ্ট করা হয়। এবার যে নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডটির পরিবর্তন ঘটানো হবে সেটিসহ পার্শ্ববর্তী অল্প কয়েকটি অ্যামিনো এসিডের কোডন, যা জিনের অনুরূপ, সাজিয়ে নেয়া হয়। আজকাল DNA সংশ্লেষক নামক এক প্রকার যন্ত্র আবিষ্কার হয়েছে যার মাধ্যমে প্রয়োজনীয় সঠিক অনুক্রমের একটি ক্ষুদ্রাকৃতির DNA শৃঙ্খল কৃত্রিম উপায়ে সংশ্লেষণ করা যায়। যন্ত্রে ক্ষারক অনুক্রম প্রোগ্রাম করে দিলে সরবরাহকৃত নিউক্লিওটাইড দিয়ে প্রায় ২০০টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট একটি DNA অনুশৃঙ্খল নির্দিষ্ট অনুক্রমে সংশ্লেষণ করা হয়। এই অণুটি জিনস্থ DNA অনুশৃঙ্খলের একটি প্রতিকৃতি হিসেবে পাওয়া যাবে। এখানে পার্থক্য যে, শুধু যে অ্যামিনো এসিডটির পরিবর্তন ঘটানো হবে তার কোডনটি কেবল পরিব্যক্তিকৃত (mutated) হবে।

কৃত্রিম উপায়ে সংশ্লেষিত ক্ষুদ্র এই DNA অণুটি একসূত্রক। এটি পূর্ণাঙ্গ (original) জিনের DNA অণুসূত্রের একটি সূত্রের ক্ষুদ্র একটি অংশের পরিপূরক হওয়ায় সহজেই তার পরিপূরক অংশে যুক্ত হয়ে একটি সংকর DNA সৃষ্টি করে। এবার DNA pol-এর সাহায্যে কৃত্রিম অণুসূত্রটি বর্ধিতকরণের মাধ্যমে একটি পূর্ণাঙ্গ দ্বিহেলিক্সের সৃষ্টি করা হয়। উল্লেখ্য যে, কৃত্রিম অণুসূত্রটি পরিব্যক্তিকৃত ছিল। এই "সঙ্কর" জিনটিকে এবার একটি প্লাজমিডের সাথে দিয়ে একটি ব্যাকটেরিয়া কোষে প্রবেশ করানো হয়। DNA সমলিপন ও কোষ বিভাজনের পর দেখা যাবে কিছু কিছু কোষ "কৃত্রিম" জিনটি গ্রহণ করেছে এবং সেখান থেকে অর্থকরণের মাধ্যমে প্রার্থিত প্রোটিনের সৃষ্টি হচ্ছে (চিত্র ৭.২০)। সৃষ্ট প্রোটিনের সক্রিয়তা ও স্থায়ীত্বতা নিয়ে পরীক্ষা -নিরীক্ষা করা হয়। কোনো কোনো সময় দেখা যাবে পরিব্যক্তিক জিনটি পূর্বের তুলনায় বেশি সক্রিয় এবং বেশি স্থায়িত্বসম্পন্ন প্রোটিন বা এনজাইম সৃষ্টি করছে।

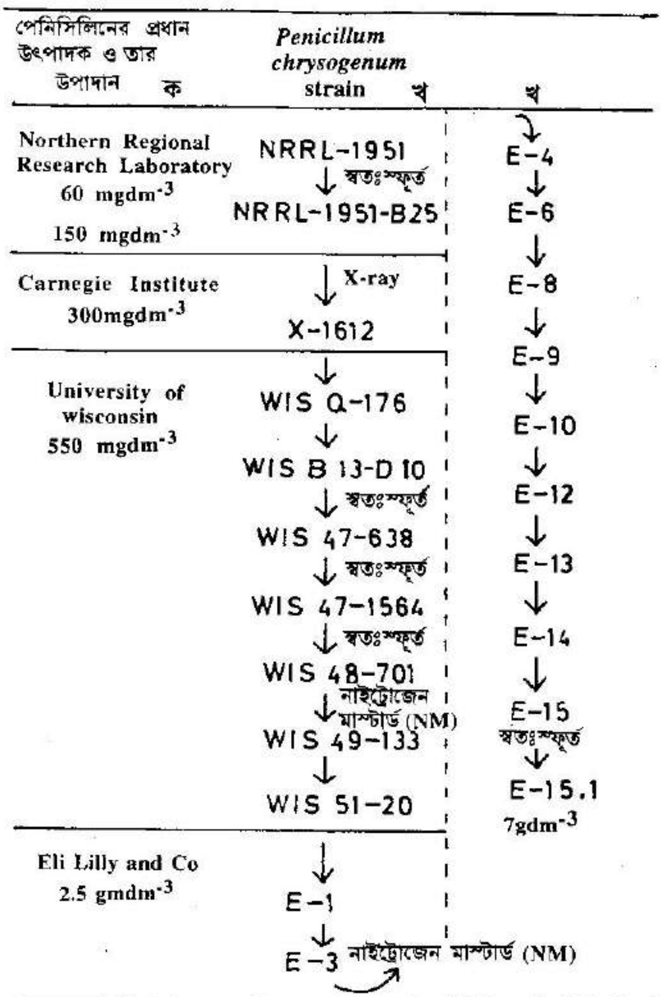
প্রথমদিকে এই ধরনের স্থান-নির্দিষ্ট পরিব্যক্তিক জিন শুধু অণুজীবের মধ্যে প্রবেশ ও প্রকাশ করার জন্য ব্যবহার করা হতো। কিন্তু বর্তমানে উচ্চতর প্রাণী ও উদ্ভিদের মধ্যেও তা ব্যবহার করার পদ্ধতি আবিষ্কার করা হয়েছে। এই পদ্ধতি ব্যবহারের মাধ্যমে উন্নত বৈশিষ্ট্যসম্পন্ন জীবের উদ্ভাবন করা সম্ভব হচ্ছে।

৭.১.৭. পরিব্যক্তির গুরুত্ব ও ব্যবহার : তাত্ত্বিক গবেষণা ও ব্যবহারিক বিজ্ঞানে পরিব্যক্তি এক গুরুত্বপূর্ণ স্থান দখল করে আছে। স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তির ব্যবহার প্রায় দুই শতাব্দি পূর্ব থেকে আরম্ভ হলেও এর বৈজ্ঞানিক গবেষণা মাত্র এই শতাব্দির প্রথম থেকে শুরু হয়। DNA অণুর গঠন আবিষ্কারের পূর্বে এই বিষয়ের গবেষণা অনেকটা ক্রোমোজোম স্তরে সীমাবদ্ধ ছিল। ১৯৬০-এর দশক থেকে DNA স্তরে পরিব্যক্তির ব্যাখ্যা শুরু হলে এর সঠিক কারণসমূহ উদ্ঘাটিত হতে শুরু করে। বর্তমানে উদ্দেশ্যমূলক মিউটাজেনের সাহায্যে পরিব্যক্তির হার অনেকগুণ বৃদ্ধি করা সম্ভব হয়েছে। এর ফলে জৈব চরিত্রের বিভিন্ন বৈচিত্র্য খুব সহজেই অর্জন করা সম্ভব হয়েছে। ১৯৮০-এর পূর্বে পরিব্যক্তি সম্পর্কিত অনেক তাত্ত্বিক গবেষণার উন্নতি সাধন হলেও এর বহুল প্রযুক্তিগত ব্যবহার ও তার সম্ভাবনাময় দিকগুলো বর্তমানে উন্মোচিত হচ্ছে। নিচে এর কয়েকটি প্রধান অধ্যায়ের আলোচনা করা হলো।

জৈব-রাসায়নিক পরীক্ষায় পরিব্যক্তি

কোষে বিভিন্ন প্রকার বিপাক ক্রিয়াকর্ম কি উপায়ে সম্পন্ন হয় তা জানার জন্য অধিকাংশ ক্ষেত্রে পরিব্যক্তিক জিন নিয়ে পরীক্ষা-নিরীক্ষা করা হয়। জীবের অনেক গুরুত্বপূর্ণ ও জটিল জৈব রাসায়নিক ক্রিয়াকর্ম পরিব্যক্তিকৃত জিনের সাহায্যে জানা সম্ভব হয়েছে। প্রবর্তনীয়-

অবদমনীয় পদ্ধতিতে কি উপায়ে জিন নিয়ন্ত্রিত হয় তার রহস্য উদ্ঘাটনে পরিব্যক্তিকৃত জিন প্রভূত সাহায্য করেছে। পরিব্যক্তিকৃত জিনের মাধ্যমে খুব সহজে বিশেষ জৈব বিক্রিয়া বিশেষ এনজাইম দ্বারা কিভাবে সম্পন্ন হয় তা জানা যায়। মেমব্রন ট্রান্সপোর্ট, কোষ বিভাজন ও কেমোট্যাক্সিসের বিভিন্ন অধ্যায়সমূহ জানতে পরিব্যক্তিকে বিভিন্নভাবে কাজে লাগানো হয়েছে। উন্নয়নশীল পরিব্যক্তির মাধ্যমে ভ্রূণ সম্পর্কিত বিকাশ এবং তার পরবর্তী বৃদ্ধি কিভাবে সমন্বয় সাধন করে তা বের করার প্রচেষ্টায় বিজ্ঞানীরা প্রতিনিয়ত কাজ করছেন।



চিত্র ৭.২১ : *Penicillum chrysogenum*-এর আধুনিক উচ্চ-উৎপাদনক্ষম স্ট্রেইনের উন্নয়নের জন্য স্বতঃস্ফূর্ত ও প্রবর্তনকৃত (induced) পরিব্যক্তিসমূহের উন্নত বাছাইকরণের পর্যায়ক্রমিক পদ্ধতি (Primerose, ১৯৮৭)।

উপজাত সৃষ্টিতে পরিব্যক্তি (Mutations in strain development) : প্রকৃতিতে স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তির কারণে বিভিন্ন বৈচিত্র্যপূর্ণ বৈশিষ্ট্যের উদ্ভব হয়। বিভিন্ন ফুলের বৈশিষ্ট্য, উচ্চ ফলনশীল ফসল, রোগ প্রতিরোধী প্রকরণ পেতে স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তিঘটিত উদ্ভিদ বাছাই করে সেগুলো পাওয়া সম্ভব হয়েছে।

Müller তার গবেষণায় *Drosophila*–এর উপর বিভিন্ন প্রকার মিউটাজেনের প্রতিক্রিয়ার বিষয়ে বিভিন্নভাবে অগ্রসর হওয়ার পর উদ্দেশ্যমূলক পরিব্যক্তির গবেষণার প্রভূত উন্নতি সাধিত হয়েছে। বর্তমানে কৃত্রিম উপায়ে অধিক হারে পরিব্যক্তি ঘটিয়ে বিভিন্ন প্রকার চরিত্র বাছাইয়ের ক্ষেত্রে আরও দ্রুততর হয়েছে। প্রাণীর তুলনায় উদ্ভিদের উদ্দেশ্যমূলক পরিব্যক্তিক সৃষ্টিতে অধিক সাফল্য ঘটেছে। বর্তমানে বিভিন্ন প্রকার অণুজীবের পরিব্যক্তি ঘটিয়ে অনেক বাছাইকৃত স্ট্রেইন (strain) থেকে মূল্যবান শিল্প দ্রব্য সহজে প্রস্তুত করা সম্ভব হচ্ছে।

প্রবর্তনীয়–অবদমনীয় (Inducible-repressible) পদ্ধতির অনেক নিয়ন্ত্রণকারী জিনের পরিব্যক্তি ঘটিয়ে কাঙ্ক্ষিত এনজাইম বা তার উৎপাদ সহজে পাওয়া সম্ভব হয়েছে। বিভিন্ন এন্টিবায়োটিক সৃষ্টিকারী অণুজীবের পরিব্যক্তি ঘটিয়ে উচ্চ উৎপাদনক্ষম স্ট্রেইন সৃষ্টির মাধ্যমে এখন অতিমাত্রায় এন্টিবায়োটিক উপাদান পাওয়া সম্ভব হয়েছে (চিত্র ৭.২১)। বর্তমানে স্থান–নির্দিষ্ট মিউটাজেনেসিস প্রক্রিয়ার মাধ্যমে ব্যবহারিক দিক নানাভাবে উন্মোচিত হচ্ছে। এই পদ্ধতিতে এখন অনেক নিশ্চিত পরিব্যক্তিক সৃষ্টির মাধ্যমে দ্রুত সাফল্য লাভ করা সম্ভব হবে বলে বিজ্ঞানীগণ খুবই আশাবাদী।

৭.২. DNA–এর স্থান বিনিময় (Transposition of DNA)

ক্রোমোজোম হচ্ছে চরিত্রের বাহক। জৈব চরিত্রের একক হিসেবে জিন ক্রোমোজোমে সুনির্দিষ্ট উপায়ে পরপর সাজানো থাকে। বিংশ শতাব্দীর প্রথম থেকে এই ধারণাটি জেনেটিক ম্যাপ, সঙ্করায়ন ইত্যাদি বিভিন্ন পরীক্ষার মাধ্যমে দৃঢ়ভাবে প্রতিষ্ঠিত হয়েছে যে, জিনগুলো ক্রোমোজোমে স্থায়ীভাবে কিন্তু সুনির্দিষ্ট অবস্থানে থেকে কাজ সম্পাদন করে। কিন্তু এই বদ্ধমূল ধারণাকে প্রথম নাড়া দেন Barbara McClintock। তিনি ১৯৪০ এর দশকে যখন ভুট্টার দানাসমূহের কৌলিক বিশ্লেষণ করছিলেন তখন লক্ষ্য করলেন যে, চরিত্র নিয়ন্ত্রণকারী উপাদানের স্থান বিনিময়ের কারণে ফেনোটাইপের পরিবর্তন ঘটছে। তার এই ধারণাটি তখন মোটেই গুরুত্ব পায়নি। অনেকটা তাচ্ছিল্যভাবে একে উড়িয়ে দেয়া হয়েছিল। কারণ কৌলিক উপাদানের স্থান বিনিময় হতে পারে না। এটি তখন একটি স্বতঃসিদ্ধ ধারণা হিসেবে বিজ্ঞানীদের মনে দৃঢ়ভাবে আস্থা গড়েছিল। তাছাড়া McClintock একজন মহিলা বিজ্ঞানী। তখন বিজ্ঞান জগতে মহিলাদের অবস্থান খুবই দুর্বল ছিল। সে কারণে একজন "সাধারণ মহিলা" বিজ্ঞানীর পক্ষে এরূপ এক "উদ্ভট তথ্য" প্রদান করা সম্ভব বলে অনেকে মন্তব্য করেছিলেন। কিন্তু এর পরও প্রায় ৩০ বছর ধরে তিনি তার ধারণাকে " I do not understand" এই কথাটিকে একাই প্রতিষ্ঠিত করার চেষ্টা করেন। McClintock এর ধারণা পরবর্তীকালে মেনে নেয়া হয় যখন কয়েকজন বিজ্ঞানী (Jordan *et al.*, ১৯৬৮ ; Shapipo, ১৯৬৯) ব্যাকটেরিয়ার জিনোমে অনুরূপ উপাদানের অস্তিত্ব আবিষ্কার করেন। এই সব স্থান বিনিময়যোগ্য DNA অণুকে প্রথম দিকে লম্ফমান জিন (Jumping gene) বলে ডাকা হতো। স্থান বিনিময়যোগ্য জিন উপাদানকে McClintock ভুট্টার নিয়ন্ত্রণ উপাদান নাম দিয়েছিলেন। কিন্তু বর্তমানে একে পরিবর্তনশীল উপাদান (transposons) নামে অভিহিত করা হয়।"

ট্রান্সপোজোনের অধিকাংশ তথ্য *E. coli* নিয়ে কাজ করে জানা সম্ভব হয়েছে। বর্তমানে *Drosophila* ও ছত্রাকের উপর কাজ করে ইউক্যারিওট জীবে পরিবর্তনশীল উপাদান সম্পর্কে বেশ কিছু ধারণা পাওয়া গেছে। যদিও প্র্যোক্যারিওট ও ইউক্যারিওটে স্থান বিনিময়যোগ্য উপাদানের কার্যধারা খুবই নগণ্য হারে ঘটে তবুও পূর্বের স্ট্যাটিক বা ধ্রুব জিনোম (constant genome) এর ধারণা থেকে বর্তমানে তরল জেনোমের (fluid genome) ধারণা ক্রমান্বয়ে আধুনিক বিজ্ঞানে গতি লাভ করেছে।

পরিবর্তনশীল উপাদান হচ্ছে এক বা একাধিক জিনবিশিষ্ট ক্ষুদ্রাকৃতির DNA অংশ যার দুই প্রান্তে একটি বিশেষ ক্ষারক অনুক্রম রয়েছে এবং DNA অণুর এক স্থান থেকে অন্যস্থানে চলাচল করে কিন্তু নতুন স্থানটির প্রতি কোনো আসক্তি বা সুনির্দিষ্ট উপায়ে পূর্ব নির্ধারণ করে না। এর মাধ্যমে নতুন স্থানের জিনের কার্যধারার পরিবর্তন বা বন্ধ রাখতে পারে। এটি এক প্রকার কৌলিক উপাদানের স্থান বিনিময় পদ্ধতি হলেও একে রিকম্বিনেশন বলা যায় না। কারণ রিকম্বিনেশন প্রক্রিয়া দুটি হোমোলোগাস DNA অনুক্রমের মধ্যে ঘটে। আবার একে স্থান-নির্দিষ্ট রিকম্বিনেশন প্রক্রিয়া থেকেও আলাদা করা হয়েছে। কারণ ট্রান্সপোজোনের ক্ষেত্রে সুনির্দিষ্ট স্থান নির্বাচন অত্যন্ত সীমিত উপায়ে ঘটে। তাছাড়া পরিবর্তনশীল উপাদানসমূহ DNA সমলিপনে অংশগ্রহণ করে। এই পদ্ধতিতে ট্রান্সপজিশন অংশটি নিজকে নিজে দ্বিপ্রস্থে সমলিপন করে এক প্রস্থ পূর্বস্থানে থেকে যায় এবং অন্য প্রস্থ পরবর্তী লক্ষ্য স্থানে স্থানান্তর হয়। ইউক্যারিওটে এবং প্রোকরিওটের পরিবর্তনশীল উপাদানের সমলিপন প্রক্রিয়া ভিন্ন হওয়ার কারণে এদেরকে যথাক্রমে পরিবর্তনশীল ইউক্যারিওটিক উপাদান (eukaryotic transposon) এবং পরিবর্তনশীল প্রোক্যারিওটিক উপাদান (prokaryotic transposon) হিসেবে নামকরণ করা হয়েছে। কৌলিক উপাদানের স্থান বিনিময় একই অথবা ভিন্ন ক্রোমোজোমে বা প্লাজমিডে বা ফাজ থেকে ব্যাকটেরিয়ার ক্রোমোজোমে অথবা প্লাজমিড থেকে ফাজের জিনোমে হতে পারে।

৭.২.১. ট্রান্সপজিশনের ধারণা : ট্রান্সপোজনের চলন বা স্থানান্তরকে ট্রান্সপোজিশন (Transposition) বলে। এখানে ট্রান্সপোজোনের ট্রান্সপজিশন প্রক্রিয়া, DNA অনুক্রম এবং ট্রান্সপজিশনের প্রতিক্রিয়া সম্পর্কে একটি সংক্ষিপ্ত ধারণা তুলে ধরা হলো।

১. ট্রান্সপজিশন প্রক্রিয়া : ট্রান্সপোজোনের স্থানান্তর প্রক্রিয়া বিভিন্ন উপায়ে ঘটে থাকে বলে নিশ্চিত হওয়া গেছে। তবে আণবিক পর্যায়ে এর ব্যাখ্যা এখনও দেয়া সম্ভব হয়নি। ইতোমধ্যে অনেক ট্রান্সপোজোনের ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করা হয়েছে এবং দেখা গেছে যে, এর প্রান্তসমূহে ট্রান্সপজিশনের জন্য কোনো হোমোলজির প্রয়োজন হয় না। DNA অণুর যে স্থানে ট্রান্সপোজোন প্রবেশ করবে সে স্থানের কাটা ও জোড়া লাগানোর প্রয়োজনীয় এনজাইম ট্রান্সপোজোন নিজেই তৈরি করে থাকে। কিন্তু ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে ট্রান্সপোজোন নিজকে নিজে কেটে নিয়ে সম্পূর্ণভাবে একস্থান থেকে অন্যস্থানে স্থানান্তরিত হয়। আর এক প্রকার ট্রান্সপোজোন রয়েছে যা ব্যাকটেরিয়ার মতো আচরণ করে দ্বিপ্রস্থ হয়ে এক প্রস্থ উৎপত্তি স্থানে থেকে যায় এবং অন্য প্রস্থ স্থানান্তর হয়। এক্ষেত্রে ট্রান্সপোজোন প্রথমে RNA অণুতে অনুলিপন হয়। বিপরীত অনুলিপির (reverse transcriptase) মাধ্যমে DNA সৃষ্টি করে এবং নতুন স্থানে সংযুক্ত হয়।

প্রোক্যারিওট এবং ইউক্যারিওটজাতীয় ট্রান্সপোজোনের উল্লেখযোগ্য বৈশিষ্ট্য হচ্ছে যে, এটি যখন DNA অণুতে প্রবেশ বা ইনসারশন হয় তখন এর দুই প্রান্ত একটি বিশেষ অনুক্রমের

সাহায্যে পৃথক হয়ে অবস্থান করে। এই প্রান্ত সাধারণত ১০টি ক্ষারক জোড়ের কম সংখ্যক অনুক্রম নিয়ে গঠিত। উক্ত বিশেষ অনুক্রমকে উদ্দিষ্ট অনুক্রম (Target sequence) বলে। প্রোক্যারিওটের কোষে ট্রান্সপজিশনের ঘটনা একটি নির্দিষ্ট সংখ্যার মধ্যে সীমাবদ্ধ থাকে। একটি *E. coli* কোষে ট্রান্সপোজোনের সংখ্যা ১০ থেকে ২০ এর মধ্যে সীমাবদ্ধ। নির্দিষ্ট সংখ্যা কি উপায়ে নিয়ন্ত্রিত হয় তা এখনও জানা যায়নি। অপরদিকে ইউক্যারিওটের কোষে ট্রান্সপজিশনের সংখ্যা তুলনামূলকভাবে অনিয়ন্ত্রিত। ফলে ট্রান্সপোজোনের সংখ্যা কয়েক হাজার পর্যন্ত হতে পারে। *Drosophila* বা এরূপ উচ্চতর ইউক্যারিওটে মধ্যম পুনরাবৃত্তিশীল (middle repetitive) DNA-এর অধিকাংশ পরিবর্তনশীল উপাদান হিসেবে কাজ করে যা জিনোমের প্রায় ৩ থেকে ৩০%।

২. ট্রান্সপোজোনের ক্ষারক অনুক্রম : পরিবর্তনশীল উপাদানের আকার-আকৃতি অত্যন্ত বৈচিত্র্যময়। এদের দৈর্ঘ্য কয়েকশ' থেকে কয়েক হাজার ক্ষারক জোড় পর্যন্ত হতে পারে। সরল স্বল্পদৈর্ঘ্যের ট্রান্সপোজোনে একটি প্রধান মধ্যবর্তী অংশ রয়েছে এবং এর দু'প্রান্ত একটি বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তি চরিত্রের ক্ষারক অনুক্রম দ্বারা আবৃত থাকে। জটিল ট্রান্সপোজোনের অনুদৈর্ঘ্য অনেকটা লম্বাকৃতির হয়ে থাকে এবং এর মাঝখানে এক বা একাধিক জিন থাকে। এ জাতীয় ট্রান্সপোজোনের দুই ধারে দুই গ্রন্থ সরাসরি পুনরাবৃত্তি (direct repeat) বা বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তি (inverted repeat) থাকে।

৩. ট্রান্সপোজিশনের ফলাফল : ট্রান্সপজিশনের ফলে বিভিন্ন প্রকৃতির কৌলিক চরিত্রের পরিবর্তন ঘটে। পরিবর্তনের ফলাফল বিশ্লেষণ করে পরিবর্তনশীল উপাদানের উপাদান সনাক্ত করা যায়।

ক. যখন পোষক DNA-এর কোনো জিনের মধ্যে ট্রান্সপোজোনের অনুপ্রবেশ ঘটে তখন তা অনেক সময় পরিব্যক্তি হিসেবে প্রকাশ পায়।

খ. ব্যাকটেরিয়ার সাধারণ ট্রান্সপোজোনের মধ্যে অনেক সময় বিরতি (stop) কোডন থাকে। প্রবর্ধক বা কোডন অনুক্রমের মাঝে বা কোনো অপেরনের মাঝে যদি ট্রান্সপোজোনের প্রবেশ ঘটে তবে তা অনুলিপনে বাধা দেয়।

গ. ট্রান্সপোজোনের কারণে ব্যাকটেরিয়ার জিনোমে কৌলিক ডিলেশন বা ইনভারশনের মতো ঘটনা ঘটতে পারে।

ঘ. ইউক্যারিওটে অনেক সময় ট্রান্সপজিশনের কারণে কোনো কোনো জিন অন ও অফ (on-and-off) পদ্ধতিতে নিয়ন্ত্রণ করে থাকে।

৭.২.২. ট্রান্সপোজোনের নামকরণ (Nomenclature of transposons) **:** প্রোক্যারিওটের পরিবর্তনশীল উপাদান (Transposable element : TE) কে transposons বলে এবং ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে ট্রান্সপোজোন না বলে পরিবর্তনশীল উপাদান (TE) বলে। ব্যাকটেরিয়ার কিছু কিছু ট্রান্সপোজোনে এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী জিন থাকার কারণে সহজেই তাকে সনাক্ত করা যায়। এই শ্রেণিভুক্ত ট্রান্সপোজোনকে সংক্ষেপে Tn বলে অভিহিত করা হয়। এই ট্রান্সপোজোনের জিনের অন্তর্ভুক্ত প্রজাতিসমূহ একটি সংখ্যা দ্বার প্রকাশ করা হয়, যেমন Tn5। প্রয়োজন হলে অনেক সময় ট্রান্সপোজোনে যে এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী জিন থাকে তাকে সংক্ষেপে বন্ধনীর মধ্যে প্রকাশ করা হয়, যেমন Tn1 (*amp-r*)। অর্থাৎ অ্যাম্পিসিলিন প্রতিরোধী একটি জিন Tn1 নামক ট্রান্সপোজোনে রয়েছে। ব্যাকটেরিয়ায় ট্রান্সপোজোন আবিষ্কারের

প্রথম দিকে বিজ্ঞানীরা এর ভিতর কোনো পোষক জিন খুঁজে পাননি। সে কারণে তখন এর নামকরণ করা হয়েছিলো ইনসারশন অনুক্রম বা সংক্ষেপে IS উপাদান বলে। এভাবে একে ক্রমানুসারে IS1, IS2, IS3 ইত্যাদি নামে নামকরণ করা হয়েছে। ব্যাকটেরিয়ার F-প্লাজমিডের একটি ট্রান্সপোজোনের নাম $\gamma\delta$।

ইউক্যারিওটের পরিবর্তনশীল উপাদানের কোনো সুনির্দিষ্ট নামকরণ পদ্ধতি নেই। যেমন *Drosophila*-এর তিনটি উপাদানকে *Copia*, 497 এবং ρ এই নামে অভিহিত করা হয়। ভুট্টার বহুল বিশ্লেষিত দুটি পরিবর্তনশীল উপাদানের নাম বিভক্তিকারক (Dissociator Ds) ও সক্রিয়ক (Activator Ac)।

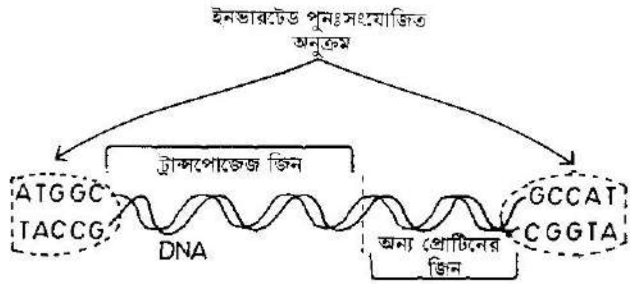
TE সাধারণত একটি জিনের মধ্যে প্রবেশ করে পরিব্যক্তি ঘটায় যা একটি সংখ্যা দ্বারা প্রকাশ করা হয়। *gal* T জিনের এরূপ একটি পরিব্যক্তির সংখ্যা ১৩৫ যা Tn4 ট্রান্সপোজোন দ্বারা ঘটে থাকে। এর নামকরণের সময় ট্রান্সপোজোনের নামের পূর্বে দু'বার কোলন ব্যবহার করা হয়, যেমন gal T135 : : Tn4।

৭.২.৩. প্রোক্যারিওটিক ট্রান্সপোজোনের প্রকারভেদ : গঠন ও কোডিং ক্ষমতার উপর ভিত্তি করে প্রোক্যারিওটের ট্রান্সপোজোনকে নিম্নলিখিত শ্রেণিতে বিভক্ত করা হয়েছে।

১। সরল ট্রান্সপোজোন (Simple transposon) ও

২। সংমিশ্রিত ট্রান্সপোজোন (Composite transposon)।

সরল ট্রান্সপোজোনকে Class-I নামে একটি শ্রেণি এবং সংমিশ্রিত ট্রান্সপোজোনকে Class II এবং III নামে দুটি শ্রেণিতে বিভক্ত করা হয়েছে।



চিত্র ৭.২২ : IS 3 ট্রান্সপোজোনের প্রান্তিয় বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তির একটি অংশ দেখানো হয়েছে।

১। সরল ট্রান্সপোজোন

(ক) Class -I : এই শ্রেণির ট্রান্সপোজোন প্রধাণত ট্রান্সপোজেস নামক এক প্রকার এনজাইম কোড করে থাকে। এরা অন্য কোনো জিন বহন করলেও Class-II এর মতো Resolvase এনজাইম সৃষ্টি করে না। Class - I ট্রান্সপোজোন অনেকটা সরল ও সাধারণ প্রকৃতির। ইনসারশন উপাদান (IS) জাতীয় ট্রান্সপোজোনগুলো এই শ্রেণিভুক্ত (Iida *et al.*, ১৯৮৩)। IS এর প্রান্তদ্বয় বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তি অনুক্রম দ্বারা আবৃত। অনুক্রমের দৈর্ঘ্য ও

প্রকৃতি IS-এর বিভিন্ন প্রকরণকে (IS1, IS2, IS3,.... ইত্যাদি) বৈচিত্র্যপূর্ণ করেছে। বিভিন্ন IS এর প্রান্তীয় বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তি বিভিন্ন রকম। এই অনুক্রম ১৬ থেকে ৪১টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট। যেমন IS5 এর বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তির মধ্যে ১৬টি নিউক্লিওটাইড রয়েছে (চিত্র ৭.২২)।

বিভিন্ন প্রকার IS এর ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করা হয়েছে (সারণি ৭.২)। এ থেকে দেখা যায় IS সমূহের ক্ষারক সংখ্যা ৭৬৮ থেকে ১,৪০০ পর্যন্ত বিস্তৃত। এদের বেশ কিছু বৈশিষ্ট্য রয়েছে।

১. IS1 ছাড়া আর সকলের মধ্যে Rho-নির্ভর অনুলিপন বিরতি সংকেত (Rho-dependent transcription stop signal) রয়েছে। এর ফলে পরিব্যক্তি ঘটে থাকে।

২. বিভিন্ন প্রকার IS এর একসূত্রক তেজস্ক্রিয় অণু তৈরি করে ব্যাকটেরিয়ার ক্রোমোজোমের DNA অণুসূত্রের সাথে এবং F-প্লাজমিডের সাথে DNA-DNA সঙ্করায়ন করে দেখা গেছে সেখানে বেশ কিছু IS কপি রয়েছে। ব্যাকটেরিয়ার ক্রোমোজোমে এই সংখ্যা ১ থেকে ৮ এবং প্লাজমিডে ১ থেকে ২ পর্যন্ত রয়েছে (সারণি ৭.২)।

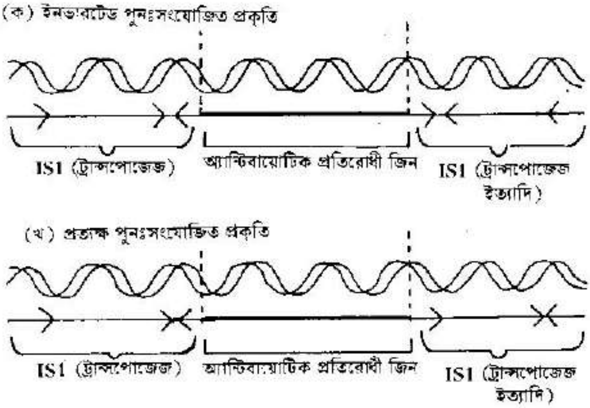
৪. IS এর মধ্যে কমপক্ষে ২টি অনুক্রম রয়েছে যার একটি ট্রান্সপোজেস এবং অন্যটি আর একটি প্রোটিন তৈরি করে। এরা *in vitro* অবস্থায়ও প্রোটিন তৈরি করতে পারে।

সারণি ৭.২ : *E.coli* এর IS ও তার বৈশিষ্ট্যসমূহ

নাম	কপি সংখ্যা ও তার অবস্থান (স্ট্রেইন অনুযায়ী সংখ্যা বিভিন্ন)		ক্ষারক জোড় সংখ্যা (মোট)	বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তিতে এ ক্ষারক জোড় সংখ্যা
	ক্রোমোজোমে	F-প্লাজমিডে		
IS1	৫ থেকে ৮	—	৭৬৮	২৩
IS2	৫	১	১,৩২৭	৪১
IS3	৫	২	১,৪০০	২০
IS4	১ থেকে ২	—	১,৪২৮	১৮
IS5	জানা যায়নি	—	১,১৯৫	১৬

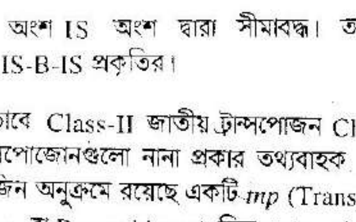
২। সংমিশ্রিত ট্রান্সপোজোন

বেশ কিছু ট্রান্সপোজোন রয়েছে যাদের মাঝখানে এন্টিবায়োটিক (যেমন– kenamycin, streptomycin ইত্যাদি) প্রতিরোধী একটি জিন এবং তার দুই প্রান্তে IS বা IS এর মতো দুটি অংশ রয়েছে। এখানে IS বা IS ন্যায় অংশের দু'ধারে সরাসরি পুনরাবৃত্তি বা বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তি রয়েছে। মাঝখানে আবস্থিত এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী জিনকে তথ্যবাহক DNA ('massanger' DNA) বলা হয়। কারণ দুই পাশে অবস্থিত IS অংশ কেবল স্থানান্তর কাজ সম্পন্ন করে। এই প্রকৃতির তিনটি প্রধান ট্রান্সপোজোম হচ্ছে Tn5, Tn9 এবং Tn10 (Kleckner, ১৯৮৩) (চিত্র ৭.২৩)।



চিত্র ৭.২৩ : দুটি সংমিশ্রিত ট্রান্সপোজোন। (ক) বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তির প্রকৃতি ও (খ) সরাসরি পুনরাবৃত্তির প্রকৃতি।

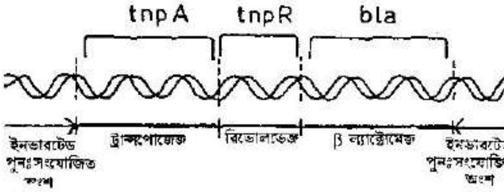
অনেক সংমিশ্রিত ট্রান্সপোজোন ছোট আকৃতির প্লাজমিডে থাকে। তখন মনে হবে যে সেখানে দুটি ট্রান্সপোজোন রয়েছে এবং সেভাবে আচরণও করে থাকে। কারণ একটি গোলাকৃতির প্লাজমিডে IS দুটি এমন অবস্থানে থাকে যেন দু'ধারে যে জিন রয়েছে সেগুলো যে কোনো মধ্যবর্তী স্থানকে নিয়ে ট্রান্সপোজোনের ন্যায় আচরণ করতে পারে। যেমন– একটি সংমিশ্রিত ট্রান্সপোজোনের গঠন IS-A-IS প্রকৃতির। এখানে A হচ্ছে মধ্যবর্তী জিন। এবার এই ট্রান্সপোজোনটি যদি একটি ছোট প্লাজমিডে অবস্থান নেয় যার অনুক্রম হচ্ছে, B তবে সৃষ্ট প্লাজমিডটির আকৃতি হবে নিম্নরূপ :



এরূপ আকৃতিতে A এবং B অংশ IS অংশ দ্বারা সীমাবদ্ধ। তখন ট্রান্সপোজোনটির ট্রান্সপোজিশন হবে IS-A-IS বা IS-B-IS প্রকৃতির।

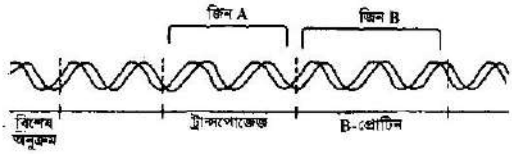
(খ) Class-II : তুলনামূলকভাবে Class-II জাতীয় ট্রান্সপোজন Class-I এর চেয়ে বড় (প্রায় ৫,০০০ ক্ষারক)। এই ট্রান্সপোজোনগুলো নানা প্রকার তথ্যবাহক (massanger) জিন বহন করে। সাধারণভাবে এদের জিন অনুক্রমে রয়েছে একটি *tnp* (Transposase) জিন, একটি *tnp*R (site-specific Resolvase বা Recombinase) জিন ও *bla* (β-lactamase) জিন। এই প্রকার ট্রান্সপোজোনের দু'প্রান্তে সঠিক IS নামক অংশ নেই। তবে এর দু'প্রান্তে প্রায়

৩৮টি ক্ষারক দৈর্ঘ্যের বিপরিত ভাঁজ অনুক্রম অংশ রয়েছে (চিত্র ৭.২৪)। এই জাতীয় ট্রান্সপোজোনের প্রধান উদাহরণ হচ্ছে Tn3 এবং $\gamma\delta$ নামক দুটি সাধারণ প্রাপ্ত ট্রান্সপোজোন (Heffron, ১৯৮৪ ; Grindley, ১৯৮৫)।



চিত্র ৭.২৪ : Tn^3 নামক ট্রান্সপোজোনের গঠনাকৃতি।

(গ) Class-III : ব্যাকটেরিওফাজ গ্রুপের ট্রান্সপোজোনকে Class - III তে অন্তর্ভুক্ত করা হয়েছে। যেমন– Mu নামক ট্রান্সপোজোনটি ট্রান্সপোজিশনাল প্রক্রিয়ার মাধ্যমে সমলিপন করে। Mu ট্রান্সপোজন A ও B নামক দুই প্রকৃতির জিন বহন করে যার সৃষ্ট উপাদান ট্রান্সপজিশনের জন্য ব্যবহৃত হয় (Toussaint ও Resivois, ১৯৮৩)। মনে করা হয় A জিনটি ট্রান্সপোজেস এবং B জিন সঠিকভাবে ট্রান্সপজিশনের কাজকে ত্বরান্বিত করার প্রোটিন সৃষ্টি করে। Mu প্রতি lytic আক্রমণে প্রায় ১০০টি ট্রান্সপজিশন করে। কিন্তু Class-I ও II–এর ক্ষেত্রে প্রতি জনুতে $১০^{-৭}$ থেকে $১০^{-৫}$টি ট্রান্সপজিশন হয়। Mu এর আর একটি বৈশিষ্ট্য হচ্ছে যে, অন্যান্য ট্রান্সপোজোনের মতো কোনো প্রান্তদেশে বিপরীতভাবে পুনরাবৃত্তি জাতীয় অনুক্রম নেই তবে এর বিশেষ আকৃতি বা অনুক্রম রয়েছে যা থেকে ট্রান্সপজিশনের স্থানটি সনাক্ত করা যায় (চিত্র ৭.২৫)।

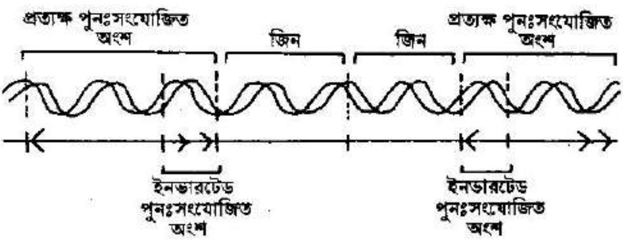


চিত্র ৭.২৫ : Mu নামক ট্রান্সপোজোনের গঠনাকৃতি।

৭.২.৪. ইউক্যারিওটিক ট্রান্সপোজন : বিভিন্ন প্রকার ইউক্যারিওটিক জীবের ট্রান্সপোজোন নিয়ে গবেষণা করা হয়েছে। বিভিন্ন জীবে বিভিন্ন রকম ট্রান্সপোজোন পাওয়া গেছে। এর মধ্যে *Drosophila* এর *Copia* উপাদান নামক পরিবর্তনশীল উপাদান নিয়ে সবচেয়ে বেশি কাজ হয়েছে। *Copia* অনুক্রম থেকে অধিক পরিমাণে (copious অর্থ প্রচুর ; *Copious* শব্দ থেকে *copia* হয়েছে) RNA অণু তৈরি হয় বলে একে *Copia* বলা হয় (Rubin ১৯৮৩)। *Copia*–তে প্রায় ৫০০০টি ক্ষারক জোড় রয়েছে। এর প্রান্তদেশে ২৬৭টি ক্ষারক জোড়ের একটি করে সরাসরি পুনরাবৃত্তি রয়েছে। এই প্রান্তীয় অনুক্রমদ্বয়ের প্রকৃতি প্রোক্যারিওটের IS–এর মতো যার প্রান্তে প্রায় ১৭টি ক্ষারক নিয়ে একটি বিপরিত ভাঁজ অনুক্রমের সৃষ্টি হয়।

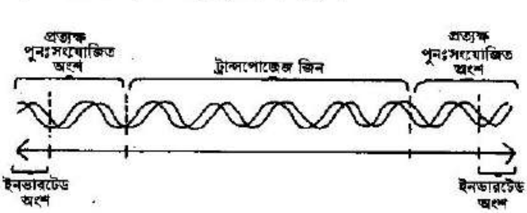
Drosophila-এর মধ্যে উক্ত *Copia* ছাড়া আরও প্রায় ৩০ রকমের Copia উপাদান রয়েছে। প্রতি জিনোমে এদের সংখ্যা ২১ থেকে ৬০টি পর্যন্ত হতে পারে যা সম্পূর্ণ জিনোমের প্রায় ৩%। Copia উপাদান এর মধ্যে দুই থেকে তিনটি জিন থাকে যার মধ্যে বিপরীত ট্রান্সক্রিপটেজ জিন রয়েছে বলে মনে করা হয় (চিত্র ৭.২৬)।

ইস্টের পরিবর্তনশীল উপাদান নিয়ে বেশ গবেষণা হয়েছে। খুব সাদৃশ্যপূর্ণ যে দুটি উপাদান নিয়ে কাজ হয়েছে তাদের নাম হচ্ছে Ty1 এবং Ty917। Ty1 উপাদান এর মধ্যে ৬,৩০০টি ক্ষারক জোড় রয়েছে এবং প্রতি জিনোমে এর ৩৫টি করে কপি রয়েছে। Ty917 উপাদানের মধ্যে ৫,৯০০টি ক্ষারক জোড় রয়েছে এবং প্রতি জিনোমে ৬টি করে কপি রয়েছে। প্রত্যেক Ty1 উপাদানের প্রান্তদ্বয়ে ৩৩৮টি ক্ষারক জোড় রয়েছে যাকে δ – অনুক্রম বলে। এই δ–অনুক্রমটি ৫টি ক্ষারক জোড়ের একটি সরাসরি পুনরাবৃত্তি দ্বারা আবৃত। Ty1 একটি মধ্যবর্তী RNA অনুলিপনের মাধ্যমে স্থানান্তর করে। এর মধ্যে একটি বিপরীত ট্রান্সক্রিপটেজ জিনের মাধ্যমে ট্রান্সপজিশন কাজ সম্পন্ন করে (Bocke *et al.*. ১৯৮৫)।



চিত্র ৭.২৬ : *Drosophila* এর *Copia* নামক ট্রান্সপোজেবল উপাদান।

ভুট্টার নিয়ন্ত্রণকারী উপাদান বা সক্রিয়ক (activator) উপাদান (AC) হচ্ছে প্রথম পরিবর্তনশীল উপাদান যা McClintock প্রথমে আবিষ্কার করেছিলেন। এর ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করে দেখা গেছে এখানে ৪,৬০০টি ক্ষারক জোড় রয়েছে। এর দুপ্রান্তে ৮টি ক্ষারকবিশিষ্ট বিপরিত ভাঁজ অনুক্রম রয়েছে। এর মাঝখানে ট্রান্সপোজেস কোড করার জিন রয়েছে (Döring *et al.*, ১৯৮৪ ; Pohlman, ১৯৮৪) (চিত্র ৭.২৭)।



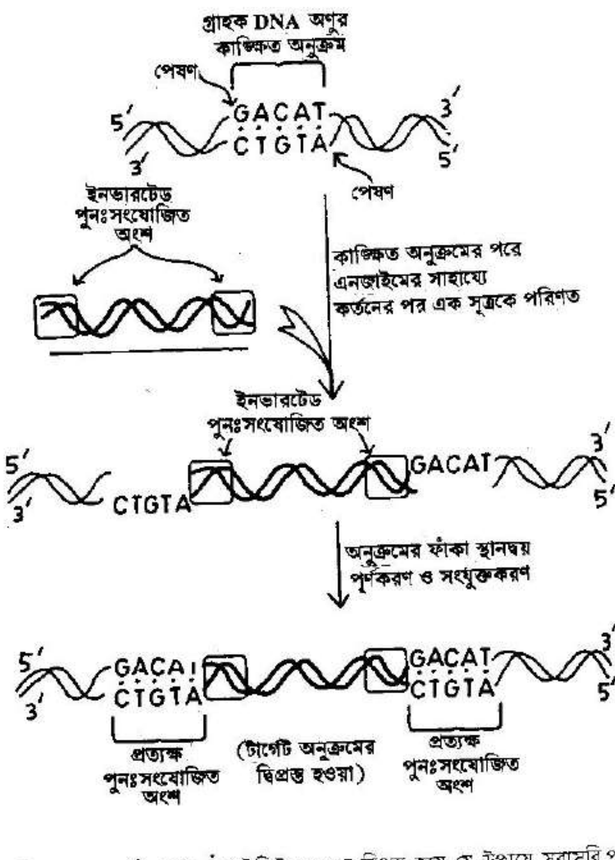
চিত্র ৭.২৭ : ভুট্টার অ্যাক্টিভেটর।

পরিবর্তনশীল উপাদানের কারণে অনেক জিনের চরিত্র পরিবর্তন হয়ে যায় যার ফলে বৈশিষ্ট্যেরও পরিবর্তন ঘটে। অনেক সময় জিন ব্যক্ত করতে না পেরে অকার্যকর হয়ে যায়। অবশ্য কখনও কখনও পরিবর্তনশীল উপাদানের আবশ্যকতাও রয়েছে।

৭.২.৫. রেট্রোসপোজোন (Retrosposons) : ইউক্যারিওটে যেসব পরিবর্তনশীল উপাদান রয়েছে তার বাইরে আরও কিছু সমপ্রকৃতির (endogenus retrovirus ছাড়া) DNA অণু মেরুদণ্ডী প্রাণিতে পাওয়া গেছে, যাকে আপাতত রিট্রোস্পোজোন নামে চিহ্নিত করা হয়েছে

(Wichman *et al.*, ১৯৮৫)। রিট্রোস্পোজোন এক প্রকার DNA অণু যার এক স্থান থেকে অন্যস্থানে চলাফেরা করতে পারে এবং ট্রান্সপোজিশন প্রক্রিয়ায় DNA অণুর (প্রধান অণু) নির্দিষ্ট স্থানে অনুপ্রবেশ করতে পারে। রিট্রোস্পোজোনের গঠনাকৃতি থেকে এটি পরিষ্কারভাবে অনুমিত হয় যে, RNA অণু থেকে বিপরীত ট্রান্সক্রিপটেজের মাধ্যমে তা সৃষ্টি হয়। ট্রান্সপোজোনের মতো এদের দুই প্রান্তে এর অনুক্রম রয়েছে। তবে রিট্রোস্পোজোনের মধ্যে এমন কোনো জিন থাকে না যার মাধ্যমে নিজকে নিজে প্রধান DNA অণুতে প্রবেশ ঘটাতে পারে বা নিজে নিজে স্থান বিনিময় করতে পারে। এই চরিত্র থেকে রিট্রোস্পোজোনকে ট্রান্সপোজোন বা পরিবর্তনশীল উপাদান থেকে আলাদা করা যায়।

৭.২.৬. ট্রান্সপোজোনের স্থান বিনিময় : স্থান বিনিময়ের শেষ ধাপ হচ্ছে গ্রাহক DNA অণুর কোনো ক্ষারক জোড়ের মাঝখানে ট্রান্সপোজোনকে সন্নিবেশিত করা। অধিকাংশ ট্রান্সপোজোন ও সন্নিবেশ অংশের ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করে তাদের মধ্যে কোনো মিল খুঁজে পাওয়া যায়নি। তবে ট্রান্সপোজোন যেখানে সন্নিবেশিত হয় সে অঞ্চলের ক্ষারক অনুক্রম বিশ্লেষণ করে বেশ কিছু তথ্য পাওয়া সম্ভব হয়েছে।



চিত্র ৭.২৮ : ট্রান্সপোজন সন্নিবেশের পর উদ্দিষ্ট অনুক্রম দ্বিপ্রস্থ হয়ে যে উপায়ে সরাসরি পুনরাবৃত্তিতে পরিণত হয় তার একটি মডেল।

সন্নিবেশ অংশের উদ্দিষ্ট অনুক্রম

ট্রান্সপোজোনের সন্নিবেশ পদ্ধতির সাধারণ প্রক্রিয়া হচ্ছে যে, গ্রাহক DNA অণুতে ৩ থেকে ১২টি ক্ষারক জোড়বিশিষ্ট একটি বিশেষ অনুক্রম রয়েছে যা অংশগ্রহণ করে এবং ট্রান্সপোজোন সন্নিবেশ হয়ে গেলে সেই অনুক্রমটি দ্বি-প্রস্থ হয়ে যায়। উক্ত বিশেষ বৈশিষ্ট্যপূর্ণ ক্ষারক জোড় অনুক্রমকে উদ্দিষ্ট অনুক্রম (Target sequence) বলে। উদ্দিষ্ট অনুক্রমের মাঝে ট্রান্সপোজোন সন্নিবেশিত হয়ে গেলে সেটি তখন দ্বি-প্রস্থ হলে পুনরাবৃত্তিকৃত (repeated) অনুক্রম হয়ে যায় (চিত্র ৭.২৮)।

কোনো দুটি কাঙ্ক্ষিত পর্যায়ক্রমের ক্ষারক অনুক্রম ও ক্ষারক সংখ্যা একই রকম নয়। এক প্রকার ট্রান্সপোজোনের কাঙ্ক্ষিত পর্যায়ক্রমের এক এক রকম কিন্তু সুনির্দিষ্ট। এখানে উল্লেখ্য যে প্রত্যেকটি ট্রান্সপোজোনের কাঙ্ক্ষিত-পর্যায়ক্রম বিভিন্ন হলেও তার দ্বি-প্রস্থ বা ডুপ্লিকেশনের-দৈর্ঘ্য ও অনুক্রম একই থাকে। কাঙ্ক্ষিত-পর্যায়ক্রমের ট্রান্সপোজোনের সন্নিবেশন প্রক্রিয়া বিস্তারিতভাবে এখনও জানা সম্ভব হয়নি। তবে প্রক্রিয়ার মৌলিক বিষয়টি জানা গেছে। এখানে মনে রাখা দরকার যে ট্রান্সপোজোনকে কখনও মুক্ত DNA খণ্ড হিসেবে পাওয়া যায় না যদিও তা DNA অণুর অন্য অংশ থেকে মুক্ত হয়ে আসে।

ধারণা করা হয় যে, ট্রান্সপোজোন থেকে এমন একটি এনজাইম সৃষ্টি হয় যা গ্রাহক DNA অণুর লক্ষ্য অনুক্রম সনাক্ত করে ক্রিয়া করে। এনজাইমটি উদ্দিষ্ট অনুক্রমের দুই ধারে কেবল এক সূত্রের উপর ক্রিয়া করে দুটি এক সূত্রক পেষণ বা কর্তনের সৃষ্টি করে। ট্রান্সপোজোন DNA অণুটি তখন মুক্ত গ্রাহক DNA অণুসূত্রের মাঝে ঢুকে পরে লক্ষ্য অনুক্রম এর মুক্ত প্রান্তদ্বয়ের সাথে সংযোগ ঘটায়। এর ফলে লক্ষ্য অনুক্রমের বিপরীত স্থান দুটি শূন্য হয়ে পড়ে। প্রত্যেক শূন্য স্থান এবার ক্ষারক জোড় নিয়মে সংশ্লেষণের মাধ্যমে নিউক্লিওটাইড পরপর সংযুক্ত হয়ে শেষে প্রান্ত দুটি লিগেজ এনজাইম দ্বারা যুক্ত হয়। এ উপায়ে লক্ষ্য অনুক্রমটিতে বিপরিত ভাঁজ অনুক্রম সৃষ্টি হয়ে দ্বি-প্রস্থ হয় এবং ট্রান্সপোজোনকে রক্ষা করে। এখানে পুনঃসম্মিলনের মতো কোনো DNA হোমোলজির প্রয়োজন হয় না। সম্মিলনকৃত DNA প্রযুক্তির সাহায্যে দাতা DNA অংশটিতে ট্রান্সপোজোনের দু'ধারে কোনোরূপ সরাসরি পুনরাবৃত্তি পর্যায়ক্রম নেই।

ইউক্যারিওটের ট্রান্সপোজোনের সন্নিবেশন প্রক্রিয়া সম্পর্কে এখনও বিশেষ কিছু জানা সম্ভব হয়নি। ইউক্যারিওটিক পরিবর্তনশীল উপাদানের সঠিক কোনো অর্থপূর্ণ জিনের অস্তিত্ব খুঁজে পাওয়া যায়নি। ধারণা করা হয় যে, সেখান থেকে ট্রান্সপোজেস নামক এনজাইম সৃষ্টি করে থাকে। বর্তমানে বিভিন্ন পরীক্ষা থেকে নিশ্চিত হওয়া গেছে যে, ইউক্যারিওট ও প্রোক্যারিওটের ট্রান্সপোজোনের মধ্যে বেশ পার্থক্য রয়েছে। ইউক্যারিওটের ট্রান্সপোজিশন প্রোক্যারিওটের মতো DNA সমলিপনের সময় ঘটে না। এর ফলে প্রোক্যারিওটে একটি ট্রান্সপোজোনের সংখ্যা অনির্ধারিতভাবে বাড়তে পারে। কিন্তু ইউক্যারিওটে সংখ্যা নির্দিষ্ট থাকে।

তথ্যপঞ্জি

Ames, B.N., 1979. *Science, 204* : 587-593.

Boeke, J.D., J.D. Garfinkel, C.A. Styles and G.R. Fink. 1985. *Cell*., 4 : 491- 499.

Bukhari, A. I. 1979. *Trends Biochem. Sci.*, 6 : 56-60.

Cooper, G.M. 1990. Oncogenes, Chapman and Hall Landon.

Doring, H. P., E. Tillman and P. Sterlinger. 1984. *Nature (Lond.)*, 307 : 127.

Drake, J. W., B.W. Glickman and L.S. Riley. 1983. *Amer. Scientist,* 71 (6) : 621-630.

Grindley, N.G.F. 1985. *Cell.* 32 : 3 - 6.

Haffron, F. 1983. *In* Mobile Genetic Elements (ed J.A. Shapiro) Acad. Press. New York. p. 143-153.

Haseltine, W.A. 1983. *Cell.* 33 : 13-19.

Iida, S., J. Meyer and W. Arber. 1983. *In* : Mobile Genetic Elements (ed. J.A Shapiro) Acad. Press, New York. p. 159-165.

Jordan, E., H. Saedler and P. Starlinger. 1968. *Mol. Gen. Genet., 102* : 353-360.

Kleckner, N. 1983. *In* : Mobile Genet Elements (ed. J. A. Shapiro) Acad. Press, New York. p. 223-229.

Lajtha, L. J. 1960. *In* : The Nucleic Acids (eds. E. Chargaff and J.N. Davidson) Acad. Press, New York. Vol. 3 P.527-538.

McClintock B. 1984. *Science* 226 : 792 - 812.

McClintock, B. 1987. The Discovery and Characterization of Transposable element the collected papers of Barlara McClintock. Garland. New York.

Pohlman. R.F., N.V. Fedoroff and J. Messing. 1984. *Cell.*. 37 : 635 - 640.

Robin, G. M. 1983. In Mobile Genetic Elements (ed. J. A. Shapiro) Acad. Press, New York. p. 329-348.

Shapiro, J.A. 1969. *J. Mol. Biol.*, 4o : 93 - 99.

Shapiro, J.A. 1983. Moile Genetic Elements, Acad. Press, New York.

Singer, B. and J.T. Kusmievek 1982. *Ann. Rev. Biochem.*, 51 : 655 - 661.

Smith, M. 1982. *Adv. Enzymol.*, 27 : 289 - 310.

Toussaint, A. and A. Resibois. 1983 *In* : Mobile Genetic Elements (Ed. J.A. Shapiro) Acad. Press, New York. p. 105 - 112.

Walker, R. T., E. Declereq and F. Eckstein. 1979. *Nucleoside Analogues*. Plennum Press, New York.

Wichman, H.A., S. S. Potter and D.S. Pine. 1985. *Nature (Lond.),* 317 : 77.

অষ্টম অধ্যায়

DNA অণুর রক্ষা ব্যবস্থা

Safeguard of DNA Molecule

DNA অণু যখন একটি জিনোম হিসেবে কার্যকর হয় তখন তাকে বংশগতির ধারক হিসেবে সঠিকভাবে সমলিপন ও অনুলিপন করতে হয়। এর সামান্যতম পরিবর্তন জীবের জন্য ক্ষতি বা ধ্বংস বয়ে আনতে পারে। DNA অণু প্রতিনিয়ত সমলিপন ও অনুলিপনের মাধ্যমে সব জৈবিক ক্রিয়া-কর্মকে সূচারুরূপে সম্পন্ন করে থাকে। উক্ত জটিল ক্রিয়া-কর্ম চালাতে গিয়ে অনেক সময় ছন্দপতন ঘটে। কারণ সকল জীবকে প্রতিনিয়ত বেঁচে থাকার জন্য তার পরিবেশের সাথে সংগ্রাম করতে হচ্ছে। বিভিন্ন সংগ্রামের সাথে পাল্লা দিতে গিয়ে বিভিন্নভাবে DNA অণুর বিপত্তি ঘটে থাকে। কখনও কখনও বহিঃশত্রুর আক্রমণে DNA কেটে যায়। আবার কখনও কখনও পরিব্যক্তির মতো বিপর্যয়ও ঘটে। তাছাড়া সমলিপন ও অনুলিপনের সময় নানা প্রকার ভুল-ভ্রান্তিতো রয়েছেই। এসব বিপত্তি থেকে নিজকে "বাঁচিয়ে" রেখে DNA অণু নিজকে শুধু সচল ও সক্রিয় করে রাখছে না তার সব প্রকৃতিকেও সঠিকভাবে বজায় রাখার বিভিন্ন কলা-কৌশলও "উদ্ভাবন" করেছে। যা যখন যেখানে যেরূপ প্রয়োজন তা কাজে লাগিয়ে DNA এক অনন্য জৈব অণু হিসেবে নিজকে সুপ্রতিষ্ঠিত করেছে।

যখন কোনো DNA অণু ক্ষতিগ্রস্ত হয় অথবা DNA সমলিপনের সময় ভুল-ভ্রান্তি ঘটে তখন তা সাথে সাথে সারিয়ে তোলা বা সংশোধন করার প্রয়োজন হয়ে পড়ে। ছোটখাটো ক্ষতি হলে তা খুব সহজে এবং দ্রুত সারিয়ে তোলা হয়। কিন্তু কিছু বড় আকারের ক্ষতি হলে সেক্ষেত্রে ক্ষতিগ্রস্ত অংশটুকু মেরামত করে (repair) পুনঃসচল করা হয়। এসব বিপর্যয়ের অধিকাংশ ঘটে যায় কোষ বিভাজনের সময় অথবা DNA সমলিপন ও অনুলিপনের সময়। তাছাড়া অনেক সময় বিভিন্নরকম জীবাণু, যেমন- ভাইরাস বা ব্যাকটেরিয়া আক্রমণ করে তখন সেসব জীবাণুর DNA-কে চিহ্নিত করার কৌশল হিসেবে পোষক জীব তার নিজের DNA-কে বিশেষ প্রক্রিয়ায় রক্ষা করে থাকে। তাছাড়া বিভিন্ন পরিবেশগত কারণেও DNA নানা প্রকৃতির ক্ষতির সম্মুখীন হয়। এর অধিকাংশ বিভিন্ন উপায়ে মেরামত প্রক্রিয়ায় সারানো হয়।

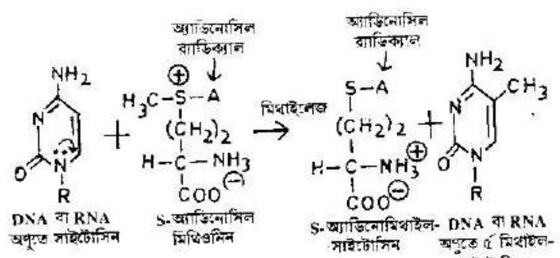
৮.১. নিজস্ব DNA রক্ষা পদ্ধতি (Safeguard of self DNA)

এই পদ্ধতিতে জীব তার নিজস্ব DNA অণুকে বাইরের (foreign) DNA অণুর আক্রমণ বা মিশ্রণ থেকে রক্ষা করে। DNA সমলিপনের সময় তার কিছু কিছু ক্ষারককে সংশ্লেষণের পরপরই রাসায়নিক পরিবর্তন করে ফেলে। এর মধ্যে মিথাইলেশন প্রক্রিয়া এক অতি সাধারণ পরিবর্তন প্রক্রিয়া। মিথাইলেশন প্রক্রিয়া DNA অণুর যে কোনো স্থানে না ঘটে কতকগুলো সুনির্দিষ্ট স্থানসমূহে ঘটে থাকে। প্রোক্যারিওটে এ ধরনের নির্বাচিত ক্ষারক রূপান্তর পদ্ধতি সচরাচর ঘটে থাকে। এই প্রকৃতির উদ্দেশ্যকে জেনোফোবিক (Xenophobic) বলা হয়। এখানে উল্লেখ্য যে, ব্যাকটেরিয়ার মিথাইলেশন প্রক্রিয়া সাধারণ হলেও অতি প্রয়োজনীয় প্রক্রিয়া নয়।

মিথাইলেশন প্রক্রিয়া ইউক্যারিওটেও ঘটে তবে তা একই উদ্দেশ্যে ব্যবহৃত হয় না। কোনো কোনো পতঙ্গ ও ঈস্ট DNA এবং cpDNA পরীক্ষা করে দেখা গেছে, সেখানে কখনও মিথাইলেশন প্রক্রিয়া ঘটে না।

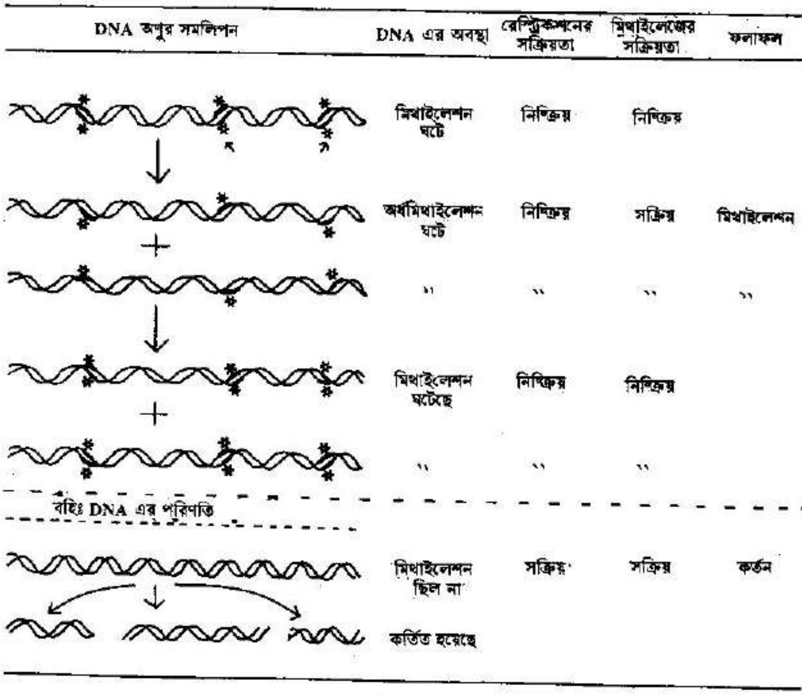
৮.১.১. সুনির্দিষ্টকরণ ও রূপান্তরকরণ প্রক্রিয়া ও ফলাফল (Mechanism and consequences of restriction and modification) : সুনির্দিষ্টকরণ ও রূপান্তরকরণ প্রক্রিয়া ব্যাকটেরিওফাজের আক্রমণ প্রক্রিয়া থেকে জানা সম্ভব হয়েছে। যখন কোনো একটি ফাজ একটি নির্দিষ্ট ব্যাকটেরিয়ার স্ট্রেইনকে আক্রমণ করে এবং তার বংশ বৃদ্ধি করে নতুন আর একটি ব্যাকটেরিয়াকে আক্রমণ করে তখন সৃষ্ট ফাজ কেবল একই প্রকৃতির ব্যাকটেরিয়ার স্ট্রেইনকে আক্রমণ করে থাকে। অন্য স্ট্রেইনকে আক্রমণ করতে পারে না। কারণ ফাজ DNA-এর মতো অন্য ব্যাকটেরিয়ার স্ট্রেইনের পোষক DNA অণুরও ক্ষারক রূপান্তরকরণ প্রক্রিয়া রয়েছে। এর ফলে সীমিতকরণ প্রক্রিয়া কার্যকর হয় না বলে আক্রমণ করতে পারে না। অর্থাৎ ফাজ কেবল "সুনির্দিষ্টকরণের" মাধ্যমে ব্যাকটেরিয়াকে আক্রমণ করতে পারে।

DNA অণুর পলিনিউক্লিওটাইড স্তরে যে মিথাইলেশন প্রক্রিয়া ঘটে তা DNA মিথাইলট্রান্সফারেজ (methyltransferase) এনজাইমসমূহ দ্বারা ঘটে থাকে। S-adenosyl-L-methionine থেকে মিথাইল গ্রুপ একটি সুনির্দিষ্ট সাইটোসিন ক্ষারকের সাথে যুক্ত করে ৫-মিথাইল সিসটিনে রূপান্তর করে (Adams ও Burdon, ১৯৮৫)। সাইটোসিনের মিথাইলেশন প্রক্রিয়া নিচের পদ্ধতি অনুযায়ী ঘটে থাকে (চিত্র ৮.১)।



চিত্র ৮.১ : নিউক্লিক এসিডের মিথাইলেজ বিক্রিয়া।

সুনির্দিষ্টকরণ ও রূপান্তরকরণ (methylation) প্রক্রিয়ায় সীমিতকরণ এন্ডোনিউক্লিয়েজ যেভাবে একটি নির্দিষ্ট অনুক্রমকে চিহ্নিত করে এখানেও সেভাবে চিহ্নিত করে কাজ সম্পন্ন করে। মিথাইলেজ একইভাবে সীমিতকরণ এনজাইম যে অংশের সাথে সংযুক্তি ঘটায় সেই লক্ষ্যে অনুক্রমের অ্যাডিনিন বা সাইটোসিনের সাথে মিথাইল গ্রুপকে প্রতিস্থাপন করে। মিথাইলেশনের ফলে সীমিতকরণ এন্ডোনিউক্লিয়েজ আর তার এন্ডোনিউক্লিয়েজ অংশকে চিহ্নিত করতে পারে না। এই পদ্ধতিতে ব্যাকটেরিয়া তার নিজস্ব DNA কে সীমিতকরণ এন্ডোনিউক্লিয়েজের "আক্রমণ" থেকে রক্ষা করে কিন্তু বহিঃ (foreign) DNA কে চিহ্নিত করে থাকে (চিত্র ৮.২)। সুতরাং সুনির্দিষ্টকরণ ও রূপান্তরকরণ পদ্ধতির সমন্বয়ে একটি কোষ তার নিজস্ব DNA আক্রমণকারী বহিঃ DNA থেকে নিজকে রক্ষা করে।



চিত্র ৮.২ : রেস্ট্রিকশন এনজাইমের হাত থেকে DNA কে রক্ষা করার জন্য মিথাইলেটেড অংশগুলো বংশপরম্পরায় বিস্মৃতর হাত থেকে রক্ষা করে ; কিন্তু অ-মিথাইলেটেড অংশ না থাকায় DNA কর্তিত হয়ে যায়।

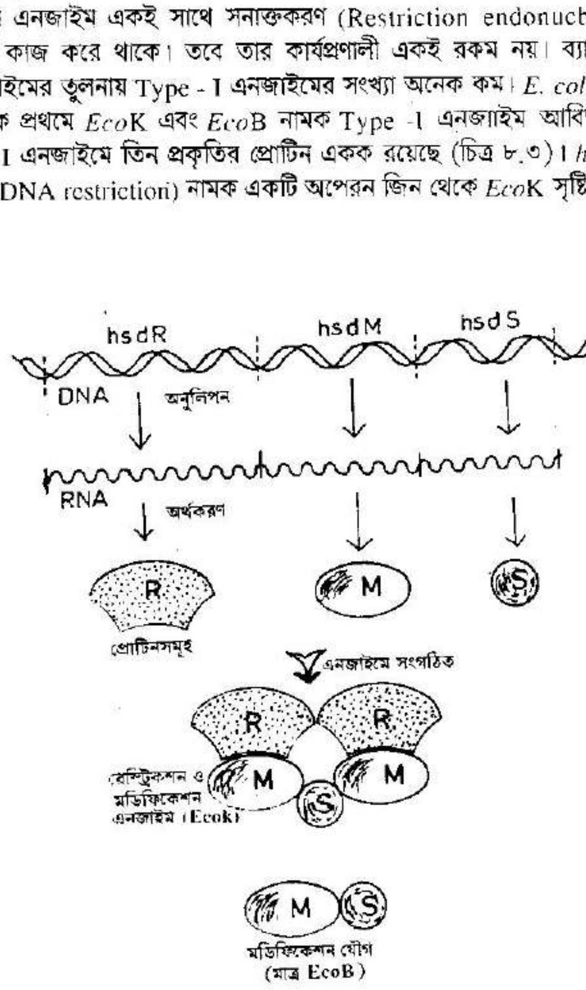
সারণি ৮.১ : সুনির্দিষ্টকরণ ও মিথাইলেশন এনজাইমসমূহের বৈশিষ্ট্য কখনও কখনও একই সময়ে সক্রিয় হয় এবং কখনও কখনও ভিন্নভাবে সক্রিয় হয়।

	বৈশিষ্ট্য	Type - I	Type - II	Type - III
১.	সুনির্দিষ্টকরণ ও মিথাইলেশন	সম্পূরক কিন্তু স্বতন্ত্র।	স্বতন্ত্র উপায়ে কাজ করে।	একই সাথে কাজ করে।
২.	প্রোটিনের গঠন	তিনটি ভিন্ন খণ্ডে র	২টি ভিন্ন খণ্ডে	২টি ভিন্ন খণ্ডে
৩.	বিক্রিয়ার জন্য ATP-এর প্রয়োজনীয়তা	আছে	নেই	আছে
৪.	সনাক্তকারী অংশ	দুটি সমান অংশে বিভক্ত এবং অপ্রতিসাম্য।	৪ থেকে ৬টি ক্ষারক জোড় অনুক্রম ও কখনও কখনও polindromic।	৫ থেকে ৭টি ক্ষারক জোড়ের একটি অপ্রতিসাম্য অনুক্রম।
৫.	কর্তন স্থান	অনির্দিষ্ট, সনাক্তকারী স্থান থেকে প্রায় ১,০০০টি ক্ষারক দূরে অবস্থিত।	সনাক্তকারী স্থান বা তার খুব নিকটে অবস্থিত।	সনাক্তকারী স্থান থেকে নিম্ন প্রবাহের +২৪ থেকে +২৬টি ক্ষারক অনুক্রম স্থানে অবস্থিত।

প্রোক্যারিওট থেকে এ পর্যন্ত বেশ কয়েক প্রকার DNA মিথাইলেজ বিশুদ্ধভাবে নিষ্কাশন করা হয়েছে। এগুলোকে type-I, type - II ও type - III রেস্ট্রিকশন এনজাইমের শ্রেণিভুক্ত করা হয়েছে। মিথাইলেজ এনজাইমসমূহের অধিকাংশ type-I এবং III–এর অংশবিশেষ বা type - II এনজাইমের পরিপূরক হিসেবে কাজ করে থাকে (সারণি ৮.১)।

Type - I এনজাইম

Type - I শ্রেণীর এনজাইম একই সাথে সনাক্তকরণ (Restriction endonucbase) এবং মিথাইলেশন এর কাজ করে থাকে। তবে তার কার্যপ্রণালী একই রকম নয়। ব্যাকটেরিয়াতে Type - II এনজাইমের তুলনায় Type - I এনজাইমের সংখ্যা অনেক কম। *E. coli*–এর K ও B উপজাত থেকে প্রথমে *Eco*K এবং *Eco*B নামক Type -I এনজাইম আবিষ্কার হয়। প্রত্যেক Type - I এনজাইমে তিন প্রকৃতির প্রোটিন একক রয়েছে (চিত্র ৮.৩)। *hsd*R (host specificity for DNA restriction) নামক একটি অপেরন জিন থেকে *Eco*K সৃষ্টি হয়। *hsd*



চিত্র ৮.৩ : Type- I এনজাইমের বিভিন্ন এককসমূহ যা রেস্ট্রিকশন মডিফিকেশন অংশও সনাক্ত করে থাকে।

R অপেরন থেকে একটি mRNA সৃষ্টির মাধ্যমে মোট তিন প্রকার প্রোটিন সৃষ্টি করে। এর মধ্যে সর্ববৃহৎ প্রোটিন R (১,৩৫,০০০ d) ; মাঝারি m (৬২,০০০ d) এবং ছোট প্রোটিনটি S(৫৫,০০০ d) নামে পরিচিত।

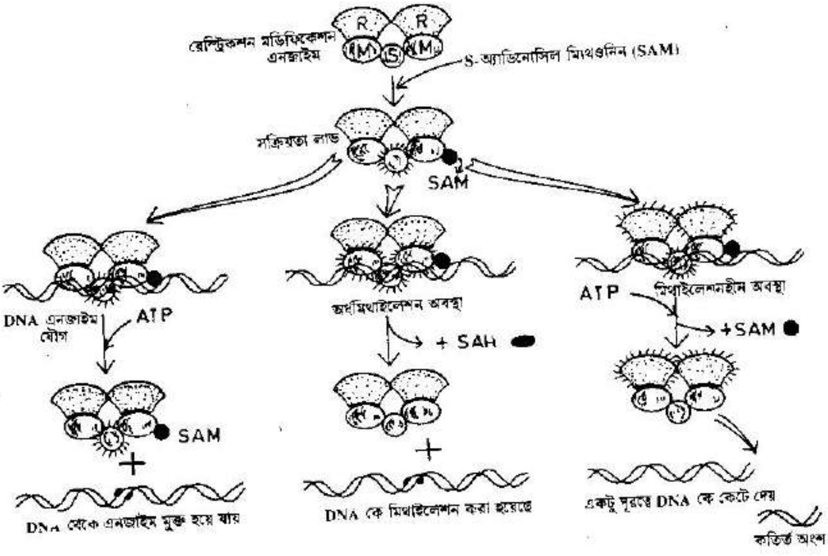
*Eco*K হলো-এনজাইমে পরিণত হতে দুই প্রস্থ R, দুই প্রস্থ m এবং ১ প্রস্থ S পেপটাইডের প্রয়োজন হয়। এর মধ্যে R অংশটি সুনির্দিষ্টিকরণ, m অংশটি মিথাইলেশন এবং S অংশটি DNA অণুর রেস্ট্রিকশন অংশকে সনাক্ত করে। যখন S অংশটির সাহায্যে লক্ষ্য স্থানটি চিহ্নিত হয়ে যায় তখন হলোএনজাইম DNA অণুর সাথে যুক্ত হয়। এরপর R বা m অংশটির সাহায্যে প্রয়োজনীয় সনাক্তকরণ বা রূপান্তরকরণ কাজ স্বতন্ত্র উপায়ে সম্পন্ন করে থাকে। *Eco*-B এনজাইম *Eco*-Kর মতো। তবে এদের মোলার হার এর মধ্যে কিছু পার্থক্য রয়েছে।

*Eco*K এবং *Eco*B এনজাইমদ্বয় DNA অনুক্রমের যে অংশকে সনাক্ত করে থাকে যে অংশটি একটি সমদ্বিখণ্ডিত (bipartite) অংশ। এর একদিকে তিনটি ক্ষারকবিশিষ্ট একটি বিশেষ অনুক্রম এবং অন্য পাশে ৪টি ক্ষারকবিশিষ্ট আর একটি বিশেষ অনুক্রম রয়েছে। এই দুটি নির্দিষ্ট অনুক্রমের মাঝখানে অল্প কয়েকটি অনির্দিষ্ট ক্ষারক অনুক্রম রয়েছে। এই অংশটুকু কোনোভাবেই বৈশিষ্ট্যপূর্ণ নয় (Kan *et al.*, ১৯৭৯)। নির্দিষ্টকরণ এনজাইম যে বিশেষ অনুক্রম প্রান্তদ্বয় সনাক্ত করে তা কেবল বিপরিত সূত্রদ্বয়ে অবস্থান করে (চিত্র ৮.৪)। অর্থাৎ সনাক্তকারী কোনো অংশই প্রতিসাম্য নয়। কিন্তু দুই প্রান্তের বিপরিত দিক থেকে যে দুটি অ্যাডিনিন রয়েছে কেবল সেই দুটি মিথাইলেটেড হয়ে যায়। *EcoK*–এর নির্দিষ্টকরণ অনুক্রমদ্বয় *Eco*B-এর অনুরূপ।

```
     *
5′—TGA NNNNNNNNNNNNNNNNN TGCT—3′
3′—ACT NNNNNNNNNNNNNNNNN ACGA—5′
                          *
```

চিত্র ৮.৪ : *Eco* B মিথাইলেজ এনজাইমের সনাক্তকারী অনুক্রম। যে অ্যাডিনিনটি মিথাইলেটেড হবে তা তারকা চিহ্নিত করা হয়েছে।

Type-I এনজাইম কোনো একটি DNA অণুসূত্রের লক্ষ্য অংশকে সনাক্ত করার পর তাকে কেটে দিবে না-কি রূপান্তর করবে সে বিষয়টি নির্ভর করে লক্ষ্য অংশটি কি অবস্থায় রয়েছে তার উপর। যদি লক্ষ্য অংশটি সম্পূর্ণভাবে মিথাইলেটেড অবস্থায় থাকে তবে সনাক্তকরণ ও রূপান্তরকরণ এনজাইম অংশ লক্ষ্য অংশকে সনাক্ত করলেও কোনো ক্রিয়া না করে DNA অণুসূত্র থেকে মুক্ত হয়ে যাবে। যদি লক্ষ্য অংশটি অর্ধ মিথাইলেটেড অবস্থায় থাকে তবে এনজাইমের মিথাইল সক্রিয়ক অংশটি মিথাইলেটেডহীন অণুসূত্রের ক্ষারককে মিথাইলেশন করে থাকে। আর যদি লক্ষ্য অংশটি সম্পূর্ণভাবে অমিলেটেড অবস্থায় থাকে তবে উক্ত এনজাইমের রূপান্তরকরণ অংশটি নিষ্ক্রিয় থাকে কিন্তু তখন নির্দিষ্টকরণ অংশটি সক্রিয় হয়ে উঠে এবং DNA অণুসূত্রের লক্ষ্য স্থানের অদূরে অগ্রসর হয়ে DNA অণুসূত্রকে কেটে দেয় (চিত্র ৮.৫)।



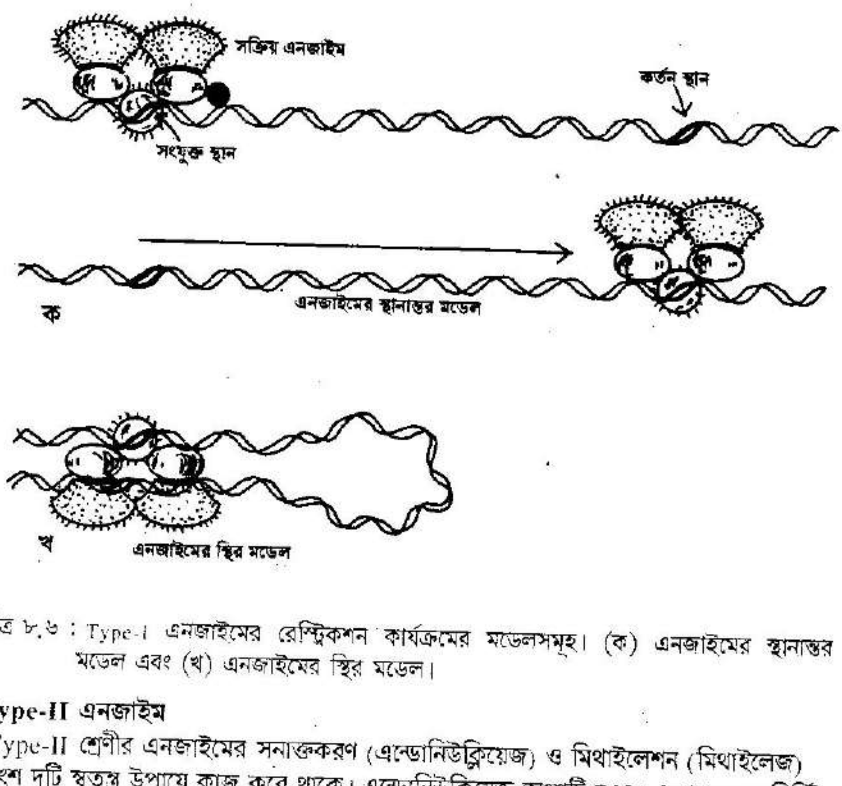
চিত্র ৮.৫ : Type - I এনজাইম SAM-এর সাথে যুক্ত হয়ে যখন সক্রিয় হয়ে উঠে তখন তার তিন প্রকৃতির কর্মপদ্ধতি দেখানো হয়েছে।

সনাক্তকরণ ও মিথাইলেশনের সক্রিয়তার জন্য S-adenosyl-methionine (SAM) নামক একটি সহসহগের (Cofactor) প্রয়োজন হয়। এনজাইমের সাথে সক্রিয়ভাবে কাজ সম্পন্ন করার পর SAM তখন S-adenosyl-homo-cysteine (SAH) এ পরিণত হয়। এখানে SAM কো-ফ্যাক্টরটি এনজাইমের m প্রোটিনের সাথে যুক্ত হয়। SAM-এর অ্যালোস্টোরিক (allosteric) বৈশিষ্ট্যের কারণে S-প্রোটিনের গঠনাকৃতির পরিবর্তন ঘটে এবং তখনই এনজাইমটি DNA অণুর নির্দিষ্ট স্থানে সংযুক্ত হয়। এ সময়ে এখানে একটি ATP সক্রিয় হয়ে উঠে। যদি এনজাইমের সংযোগস্থলে DNA পূর্ণ মিথাইলেটেড অবস্থায় থাকে তবে ATP যুক্ত হলেই এনজাইম মুক্ত হয়ে যায়।

যদি অর্ধ-মিথাইলেটেড অবস্থায় থাকে তবে 'm' সক্রিয় হয়ে মিথাইলেশন প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে। এখানে "SAM কো-ফ্যাক্টর" SAH হিসেবে এনজাইম থেকে মুক্ত হয়। যদি DNA তখন মিথাইলেটেড অবস্থায় না থাকে তবে R-সক্রিয় হয়ে ATP আর্দ্রবিশ্লিকরণের মাধ্যমে DNA কেটে দেয়। এ সময় কর্তনের পূর্বে SAM কে মুক্ত করে দেয়। এনজাইমটি তার সংযোগ স্থান থেকে অগ্রসর হয়ে প্রায় ১,০০০টি ক্ষারক জোড় অতিক্রম করে একটি অনির্দিষ্ট স্থানের DNA অণুসূত্রের দুই সূত্রকে একই সাথে কেটে দেয়।

অমিথাইলেটেড DNA অণুর এক স্থান এনজাইম যুক্ত হয়ে অনেক দূরের অংশ কিভাবে কর্তন করে যে বিষয়ে বিজ্ঞানীরা দুটি মডেল প্রকাশ করেছেন (চিত্র ৮.৬)। একটি মডেলে ব্যাখ্যা করতে গিয়ে বলেছেন যে, এনজাইমটি DNA সূত্র ধরে অগ্রসর হয়ে একটি স্থানে সক্রিয়

হয়ে উঠে এবং তখন সেখানে কেটে দেয়। তবে কর্তিত স্থানের কোনো বিশেষ অনুক্রম বিজ্ঞানীরা খুজে পাননি। অন্য আর একটি মডেলের ব্যাখ্যায় বলা হয়েছে যে, এনজাইমটি DNA অণুর সনাক্তকারী স্থানে অবস্থান নিয়ে তার নিম্নপ্রবাহের অণুসূত্রকে একটি লুপের (loop) ন্যায় বাঁকিয়ে টেনে নিয়ে আসে। এরপর একটি সনাক্তকারী অনুক্রমকে এনজাইমের সক্রিয় অংশের সাথে যুক্ত করে কর্তনক্রিয়া সম্পন্ন করে। দ্বিতীয় মডেলটিকে একটি অণুবীক্ষণিক চিত্র দ্বারা প্রমাণ করা হয়েছে (Yuam *et al.*, ১৯৮০)।



চিত্র ৮.৬ : Type-*I* এনজাইমের রেস্ট্রিকশন কার্যক্রমের মডেলসমূহ। (ক) এনজাইমের স্থানান্তর মডেল এবং (খ) এনজাইমের স্থির মডেল।

Type-II এনজাইম

Type-II শ্রেণীর এনজাইমের সনাক্তকরণ (এন্ডোনিউক্লিয়েজ) ও মিথাইলেশন (মিথাইলেজ) অংশ দুটি স্বতন্ত্র উপায়ে কাজ করে থাকে। এন্ডোনিউক্লিয়েজ অংশটি DNA অণুসূত্রের সুনির্দিষ্ট অনুক্রম অংশের উপর কাজ করে থাকে। এন্ডোনিউক্লিয়েজ এনজাইমের প্রকরণ সংখ্যা অনেক। একটি প্রকরণ কেবল DNA–এর একটি অনুক্রম প্রকৃতিকে সনাক্ত করতে পারে। DNA অণুতে এ পর্যন্ত প্রায় ৩০০টি অনুক্রম প্রকৃতি জানা সম্ভব হয়েছে' যেগুলো সীমিতকরণ এন্ডোনিউক্লিয়েজ সনাক্ত করতে পারে (Roberts, ১৯৮৪)। এন্ডোনিউক্লিয়েজের সাথে যুক্ত মিথাইলেজ ও একটি অনুক্রম প্রকৃতিকে সনাক্ত করতে পারে। অর্থাৎ কোনো একটি এন্ডোনিউক্লিয়েজ- মিথাইলেজ প্রকরণ কেবল একটি প্রকৃতির ক্ষারক অনুক্রম চিহ্নিত করে। Type-II এনজাইমের এন্ডোনিউক্লিয়েজ অংশে দুই সমপ্রকৃতির ডাইমার প্রোটিন রয়েছে এবং মিথাইলেজ অংশে একটি মনোমার প্রোটিন রয়েছে।

Type–II এনজাইমের লক্ষ্য অংশটি ৪ থেকে ৬টি ক্ষারক জোড়বিশিষ্ট একটি palindrom চরিত্রের হয়ে থাকে। এই অনুক্রমটির একটি প্রতিসাম্য বৈশিষ্ট্য থাকার কারণে একই সাথে দুটি সূত্রই কর্তিত হয় বা মিথাইলেট হয়। একটি লক্ষ্য অংশ সম্পূর্ণভাবে দুটি সূত্র বা একটিমাত্র মিথাইলেটেড অথবা দুটি সূত্র সম্পূর্ণভাবে অমিথাইলেটেড অবস্থায় থাকতে পারে। DNA সম্পূর্ণভাবে (লক্ষ্য অংশের দুটি সূত্র) মিথাইলেটেড অবস্থায় থাকলে সনাক্তকরণ বা রূপান্তরকরণ অংশ কোনোটিই কার্যকর হবে না। যদি অর্ধ–মিথাইলেটেড (লক্ষ্য অংশের একটি সূত্র) অবস্থায় থাকে তবে এন্ডোনিউক্লেয়েজ সনাক্ত করতে পারে না কিন্তু লক্ষ্য অংশের অমিথাইলেটেড সূত্রকে সনাক্ত করে মিথাইলেজ সক্রিয় হয়ে তাকে রূপান্তর করে ফেলে। অপরদিকে অমিথাইলেটেড DNA অণুর লক্ষ্য অংশকে এন্ডোনিউক্লেয়েজ সনাক্ত করে কেটে দিতে পারে। এ সময়ে মিথাইলেজ খুব কম ক্ষেত্রে সক্রিয় হতে পারে। মিথাইলেজ তখন লক্ষ্য অংশের একটিমাত্র ক্ষারককে রূপান্তর করতে পারে। সুতরাং Type - II এনজাইমের এন্ডোনিউক্লেয়েজ ও মিথাইলেজ তার লক্ষ্য অংশের উপর স্বতন্ত্র উপায়ে সনাক্তকরণ ও রূপান্তরকরণ বিক্রিয়া সম্পন্ন করে থাকে (সারণি ৮.১)।

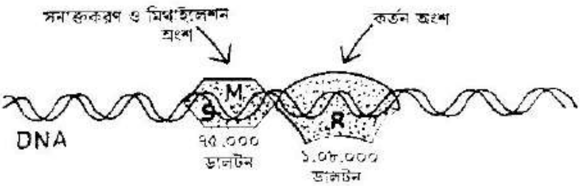
সারণি ৮.২ : Type - II এনজাইমের কয়েকটি লক্ষ্য স্থান। এখানে "↓" চিহ্ন দিয়ে এন্ডোনিউক্লিয়েজ–এর কর্তন অবস্থান এবং মিথাইলেজের রূপান্তর অবস্থান * চিহ্ন দিয়ে দেখানো হয়েছে।

Type - II এনজাইমের নাম	Type - II এর লক্ষ্য অংশ ও কাজ	যে ব্যাকটেরিয়া থেকে প্রাপ্ত Type- II এনজাইম
Eco RI	↓ * GAATTC CTTAAG * ↑	*E. coli.* RY 13
Bsu RI	↓* GGCC CCGG *↑	*Bacillus subtilis* R
Hha I	* ↓ GCGC CGCG ↑ *	*Haemophilus haemolyticus*
Hae III	↓* GGCC CCGG *↑	*Haemophilus aegypticus*
Hpa III	↓* CCGG GGCC *↑	*Haemophilus influenzae*
Dpu I	*↓ GATC CTAG ↑*	*Diplococcus pneumoniae*

Type-III এনজাইম

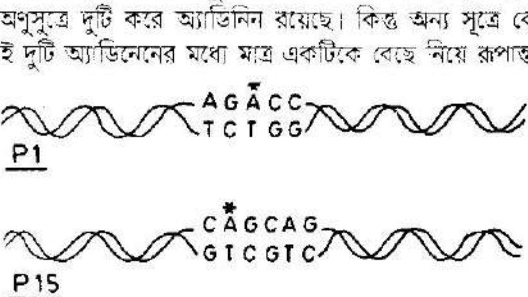
Type-III শ্রেণির এনজাইমের সনাক্তকরণ ও রূপান্তরকরণ অংশ একই সাথে কাজ করে থাকে। কোষে এই প্রকৃতির এনজাইম সংখ্যা খুবই কম। যেমন– *E. coli* তে *Eco*-P1 এবং *Eco* 15 নামক দুটি এনজাইম রয়েছে। এই এনজাইম দুটি যথাক্রমে P1 এবং P15 নামক দুই প্রকার প্লাজমিড থেকে সংশ্লেষিত হয়। প্রত্যেকটি এনজাইমের দুটি করে খণ্ডাংশ রয়েছে। এর একটি হচ্ছে R-উপ–একক যা রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েজ হিসেবে কাজ করে থাকে ; আর অন্যটি হচ্ছে MS–উপ–একক যা একই সাথে উদ্দিষ্ট অংশের সনাক্তকরণ ও রূপান্তরকরণ সম্পন্ন করে। Type-III এনজাইম লক্ষ্য অংশ সনাক্তকরণের পর রূপান্তরকরণের কাজ একই সাথে সম্পন্ন করে। অর্থাৎ এটি এক প্রকার হলো–এনজাইম প্রকৃতির।

এনজাইমের MS খণ্ডাংশের সাহায্যে প্রথমে DNA অণুর লক্ষ্য অংশে সংযুক্ত হয়ে মিথাইলেশন প্রক্রিয়া সেখানেই সম্পন্ন করে ফেলে। কিন্তু এন্ডোনিউক্লিয়েজ অংশটি সংযুক্তির স্থান থেকে ২৪ থেকে ২৬টি ক্ষারক জোড় দূরত্বে, অণুসূত্রের ৩'–প্রান্তের দিকে, একটি সূত্র কেটে দেয়। এর কারণ হিসেবে প্রোটিনের গঠনাকৃতিকে চিহ্নিত করা হয়েছে। এখানে MS–এর আণবিক ওজন হচ্ছে ৭৫,০০০d এবং R-অংশের ওজন হচ্ছে ১,০৮,০০০ d। এই দুটি এনজাইম পাশাপাশি অবস্থান নেয়ার ফলে R–অংশের সক্রিয় স্থানটি লক্ষ্য অংশ থেকে কিছুটা লম্বাটে হয়ে অবস্থান নেয় এবং তখন দূরবর্তী স্থানে কার্যকর হয় (চিত্র ৮.৭)।



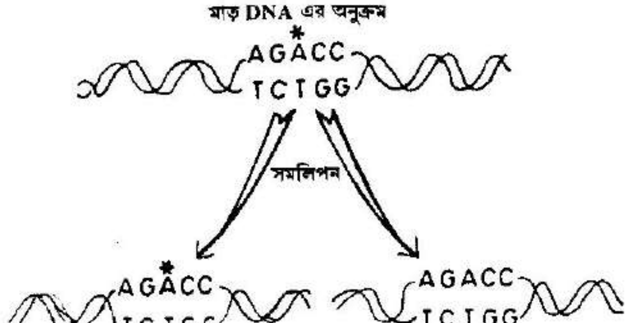
চিত্র ৮.৭ : Type - II এনজাইমের যে দুটি প্রোটিন অংশ রয়েছে তার মডেল। এর MS ও R অংশ পাশাপাশি অবস্থান নিয়ে কার্যকর হয়।

মিথাইলেজ এনজাইমের লক্ষ্য অংশের ক্ষারক অনুক্রম নির্ণয় করা হয়েছে (চিত্র ৮.৮)। P1 এবং P15 এনজাইমের সনাক্তকরণ অনুক্রমের ক্ষারক ভিন্ন ভিন্ন হয়ে থাকে, লক্ষ্যণীয় যে DNA–এর একটি অণুসূত্রে দুটি করে অ্যাডিনিন রয়েছে। কিন্তু অন্য সূত্রে কোনো অ্যাডিনিন নেই। মিথাইলেজ এই দুটি অ্যাডিনেনের মধ্যে মাত্র একটিকে বেছে নিয়ে রূপান্তর করে।



চিত্র ৮.৮ : *Eco* P1 ও *Eco* P15এর লক্ষ্য স্থানের ক্ষারক অনুক্রম। তারকা চিহ্নিত অবস্থানে অ্যাডিনিনের রূপান্তর ঘটে থাকে।

DNA–এর একটি সূত্র মিথাইলেশন ঘটার কারণে উদ্দিষ্ট অংশের মিথাইলেশন প্রক্রিয়াটি স্থায়ী থাকে না। কারণ DNA অনুলিপনের সময় একটি অণু মিথাইলেশনহীন হয়ে পড়ে (চিত্র ৮.৯)। ফলে এই অণুটি সনাক্তকরণ ও রূপান্তরকরণের জন্য নতুনভাবে উন্মুক্ত হয়।



চিত্র ৮.৯ : *Eco* P1–এর উদ্দিষ্ট স্থানটি সমলিপনের পর একটি মিথাইলেটেড অবস্থায় (১) এবং অন্যটি অমিথাইলেটেড (২) অবস্থায় পরিণত হয়।

৮.১.২. ইউক্যারিওটের মিথাইলেশন (Methylation of eukaryotes) : ইউক্যারিওটে মিথাইলেট্রান্সফারেজ নামক এনজাইমসমূহ DNA অণুর বিশেষ অনুক্রম সনাক্ত করে তার মিথাইলেশন ঘটিয়ে থাকে। এই এনজাইমসমূহ প্রাণিকোষের DNA অণুর যে অনুক্রম সনাক্ত করে তা হলো—

৫′ — CG -- ৩′
৩′ — GC -- ৫′ এবং

উদ্ভিদ কোষের সনাক্তকারী DNA অনুক্রম হচ্ছে—

৫′ — CNG -- ৩′
৩′ — GNC -- ৫′।

প্রোক্যারিওটের মতো এই বিশেষ অনুক্রমগুলোর প্রতিসাম্যতার কারণে DNA–এর দুটি সূত্রই একই সাথে মিথাইলেটেড হয়ে যায়। তবে এখানে পার্থক্য হচ্ছে ইউক্যারিওটের সকল সনাক্তকারী অনুক্রমগুলোতে মিথাইলেশন প্রক্রিয়া ঘটে না। তাছাড়া বিশেষ বিশেষ কোষে কেবল মিথাইলেশন ঘটতে দেখা যায়। জিনের বিভিন্ন প্রকৃতির ক্রিয়া–কর্মের সাথে এর সম্পর্ক রয়েছে। গ্যামেটোজেনেসিস এবং উচ্চতর প্রাণির ভ্রূণে মিথাইলেশন প্রক্রিয়া বেশি ঘটে (Razin *et al.*, ১৯৮৪)।

৮.২. DNA অণুর মেরামত

বিভিন্ন কারণে DNA অণু নানাভাবে ক্ষতিগ্রস্ত হতে পারে। ক্ষতিগ্রস্ত হলে DNA অণুতে বিভিন্ন রকম গঠনগত এবং আকৃতিগত বৈশিষ্ট্যের পরিবর্তন ঘটে। এছাড়া DNA–এর স্বাভাবিক

সমলিপন প্রক্রিয়া চলাকালান অনেক ভুলভ্রান্ত ঘটে যায়। ফলে DNA অণুর স্বাভাবিক ক্রিয়া–কর্মে ব্যাঘাত ঘটে কোষ বা জীবের বিপর্যয় হতে পারে। তখন হয় 'আত্মহত্যা বা বেঁচে থাকা' এর যে কোনো একটিকে বেছে নিতে হয়। DNA অণুর দ্বিহেলিক্স আকৃতির স্বাভাবিক অবস্থা থেকে কোনো প্রকার বিচ্যুতি বা পরিবর্তনকে DNA অণুর ক্ষতি (damage) বলা হয়। বিভিন্ন কারণে এবং বিভিন্ন উপায়ে DNA অণুর ক্ষতি হতে পারে (সারণি ৮.৩)। এসব ক্ষতি সারিয়ে তোলার জন্য DNA বিভিন্ন কলাকৌশল উদ্ভাবন করেছে। কোন স্থানে কি প্রকৃতির ক্ষতি হয়েছে DNA অণু তা নির্ণয় করে দ্রুত ব্যবস্থা নিয়ে সেসব ক্ষত বা ক্ষতি মেরামত করে নিজকে সবসময় সচল ও স্বাভাবিক অবস্থায় রেখে কোষকে সজীব ও সতেজ রাখে।

সারণি ৮.৩ : DNA অণুর বিভিন্ন প্রকৃতির ক্ষতি ও তার কারণ

ক্ষতি প্রকৃতি	কারণ
১. রূপান্তরিত ক্ষারক	আয়নাইজিং রশ্মি ও অ্যাকাইলেটিং উপাদান।
২. ক্ষারক হারানো	এসিড বা তাপের কারণে পিউরিন সরে যাওয়া।
৩. অনির্ধারিত ক্ষারক	স্বতঃস্ফূর্ত ডি-অ্যামিনেশন ; $C \rightarrow U$, $A \rightarrow$ hypoxanthine
৪. ডিলিশন বা ইনসারশন	অ্যাকরিডিন রঙ
৫. অণুসূত্র ভেঙে যাওয়া	রাসায়নিক উপাদান, আয়নাইজিং রশ্মি
৬. অণুসূত্রের Cross-linking	রাসায়নিক উপাদান, মুক্ত র‍্যাডিক্যাল
৭. T=T ডাইমার	UV-রশ্মি।

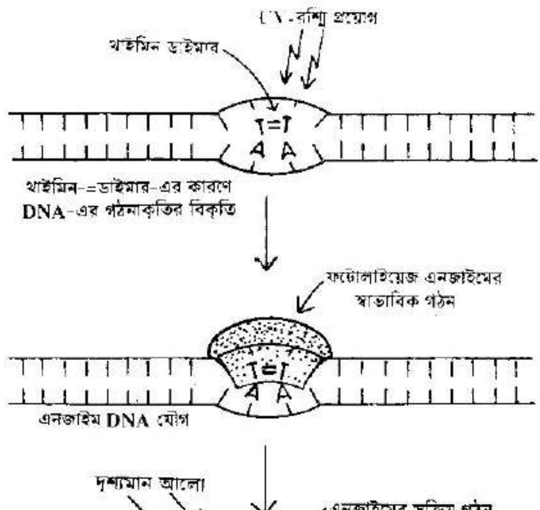
৮.২.১. ক্ষতির প্রকৃতি (Nature of damage) : DNA অণুর বিভিন্ন প্রকার ক্ষতি প্রকৃতিকে দুটি শ্রেণীতে বিভক্ত করা যায়—

ক. একক্ষারক ক্ষতি : DNA অণুর ক্ষারক অনুক্রমে একটি ক্ষারকের রূপান্তর বা পরিবর্তনের ফলে যে স্বাভাবিক অবস্থার বিচ্যুতি ঘটে তাকে একক্ষারক ক্ষতি বলে। এর ফলে DNA অণুর গঠনাকৃতির কোনোরূপ পরিবর্তন হয় না বা সমলিপন ও অনুলিপনের কোনোরূপ প্রভাব পড়ে না। তবে কোনো অনুক্রমে একক্ষারক ক্ষতি হলে অনেকসময় পরিব্যক্তি ঘটে যা পরবর্তী বংশধারা পরিবর্তন বা প্রতিফলন ঘটতে পারে। যেমন– সাইটোসিনের ডি–অ্যামিনেশন হলে $C \equiv G$–এর স্বাভাবিক জোড়ের পরিবর্তন ঘটে $U=G$–এর অনিয়মিত (mismatched) ক্ষারক জোড়ের সৃষ্টি করে। পরবর্তী বংশধারায় উক্ত স্থানে সমলিপনের সময় ভুল সংকেতের মাধ্যমে সেখানে C-এর পরিবর্তে অ্যাডিনিন (A) প্রবেশ করে $A=G$–এর নতুন জোড় সৃষ্টি করে। তাছাড়া অনুলিপনের সময় পরিবর্তিত বা ভুল ক্ষারকের অনুপ্রবেশ ঘটে যেতে পারে। এর ফলে ক্ষারক অনুক্রমের পরিবর্তন ঘটে গিয়ে অস্বাভাবিক অবস্থার সৃষ্টি করে।

খ. আকৃতিগত ক্ষতি বা বিকৃতি : DNA অণুতে বিভিন্ন প্রকার ক্ষতির কারণে তার গঠনাকৃতির উপর প্রভাব পড়ে। যেমন-কোনো কারণে অণুসূত্র সরাসরি ভেঙে গেল অথবা স্বাভাবিক ক্ষারক জোড় ভেঙে গিয়ে একই অণুসূত্রের পাশাপাশি ক্ষারক জোড় সৃষ্টি করে ডাইমার গঠন করলো। এরূপ হলে দ্বিহেলিক্সের স্বাভাবিক বিকৃতি ঘটে যায় অথবা অনেক সময় অণুসূত্রের ফসফেট–শর্করা বন্ধন ভেঙে যায়। কোনো কোনো সময় সম্পূরক ক্ষারক জোড় স্থানে অনিয়মিত ক্ষারকের

অবস্থানের ফলে অসম্পূরক চরিত্রের সৃষ্টি হয়ে দ্বিহেলিক্সের অস্বাভাবিক গঠন পায়। আবার কোনো কোনো সময় DNA সূত্রের কোনো এক স্থানে একটি ক্ষারকের অবস্থান ফাঁকা হয়ে যেতে পারে। DNA অণুর একক্ষারক ক্ষতির তুলনায় তার আকৃতিগত বিকৃতি অনেকটা স্থায়ী ও ব্যাপক হয়ে থাকে।

৮.২.২. মেরামত প্রক্রিয়া (Repair mechanism) : কোষে DNA অণু তার বিভিন্ন প্রকৃতির ক্ষতি নিরূপণ করে সাথে সাথে মেরামত কাজ সম্পন্ন করে নিজকে প্রতিনিয়ত সচল রাখে। ক্ষতিগ্রস্ত স্থানকে সচল ও মেরামত করার বিভিন্ন পদ্ধতি রয়েছে। প্রকৃতি অনুসারে এদেরকে কয়েকটি ভাগে ভাগ করা হয়েছে।



চিত্র ৮.১০ : আলোক-সক্রিয় (Photoreactivation) পদ্ধতিতে ফটোলাইয়েজের কার্যপ্রণালী ও মেরামতকরণ।

১। **সরাসরি মেরামত** (Direct repair) : DNA–এর কোনো সাধারণ ক্ষতি যখন প্রত্যক্ষ উপায়ে সারিয়ে তোলে তখন তাকে সরাসরি মেরামত বলে। DNA সরাসরি কয়েকটি উপায়ে মেরামত কাজ সম্পন্ন করে। এর মধ্যে আলোক-সক্রিয় প্রক্রিয়া নামক একটি প্রক্রিয়া সচরাচর ঘটে থাকে।

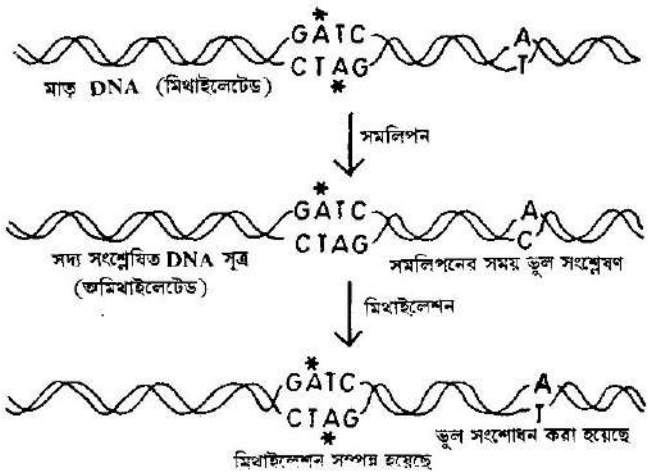
আলোক–সক্রিয় প্রক্রিয়া (Photoreactivation) : এই প্রক্রিয়ায় DNA সরাসরি তার কোনো কোনো প্রকার ক্ষতিকে সারিয়ে তুলতে পারে। যখন UV রশ্মি ব্যাকটেরিয়ার উপর প্রয়োগ করা হয় তখন তার DNA অণুস্থ সম্পূরক ক্ষারক জোড় মুক্ত হয়ে পাশাপাশি অবস্থিত দুটি পিরিমিডিন ক্ষারকের মধ্যে বন্ধন ঘটিয়ে ডাইমার সৃষ্টি করে। এরপর উক্ত DNA–কে যদি দৃশ্যমান আলোতে (৩২০ থেকে ৬৬০ nm) রাখা হয় তবে অধিকাংশ ক্ষতি সারিয়ে তুলতে পারে। দৃশ্যমান আলোর প্রতি এই নির্ভরশীলতাকে আলোক–সক্রিয় প্রক্রিয়া বলে।

ফটোরিএক্টিভেশন এক প্রকার এনজাইমঘটিত প্রক্রিয়া যা আলোর সাহায্যে সক্রিয় হয়ে উঠে। এই এনজাইমকে ফটোলাইয়েজ বা সংক্ষেপে PR এনজাইম বলে। ব্যাকটেরিয়া থেকে আরম্ভ করে উদ্ভিদ ও প্রাণিজাতীয় সকল প্রকার জীবকোষে ফটোলাইয়েজকে সনাক্ত করা হয়েছে (Sancar *et al.*, ১৯৮৪)। *E. coli*–এর *phr* নামক একটি জিন থেকে এই এনজাইমটি সৃষ্টি হয়। এনজাইম - DNA যৌগ ঠিক কিভাবে আলো শোষণ করে তার প্রক্রিয়া জানা সম্ভব হয়নি। আলোর উপস্থিতিতে ফটোলাইয়েজ যখন সক্রিয় হয় তখন পিরিমিডিন ডাইমারের (T=T এবং C=C) কেবল সাইক্লোবিউটেন বন্ধন মুক্ত করে DNA ক্ষারকের স্বাভাবিক ক্ষারক জোড় অবস্থা ফিরিয়ে আনে (চিত্র ৮.১০)।

২। **ত্রুটিপূর্ণ–সমন্বয় মেরামত** (Mismatch repair)

(ক) ত্রুটি সংশোধন : DNA সমলিপনের সময় যখন DNA পলিমারেজ টেমপ্লেটের উপর নতুন DNA অণুসূত্র সংশ্লেষণ করে তখন অনেক সময় ভুল করে সঠিক অবস্থানে সঠিক সম্পূরক বা পরিপূরক ক্ষারককে না বসিয়ে অপরিপূরক একটি ক্ষারক বসিয়ে ফেলে। কিন্তু DNA pol–এর ত্রুটি সংশোধন (proof reading) এবং সম্পাদনা (editing) করার ক্ষমতা থাকার ফলে ত্রুটি ক্ষারক অবস্থানকে চিহ্নিত করে তা সংশোধন করে থাকে। অনেক সময় উক্ত সংশোধন প্রক্রিয়া সম্পূর্ণভাবে করতে পারে না। এক্ষেত্রে অন্যান্য কিছু প্রক্রিয়া রয়েছে যার মাধ্যমে সৃষ্ট ত্রুটি–সমন্বিত ক্ষারকজনিত ত্রুটি সংশোধন করে থাকে। এই প্রক্রিয়ায় অপরিপূরক ক্ষারককে সনাক্ত করে কর্তন মেরামতের মাধ্যমে ভুল নিউক্লিওটাইডকে সরিয়ে সঠিক নিউক্লিওটাইড বসিয়ে সংশোধন করে।

ত্রুটি সংশোধন করতে গিয়ে আবার যেন ত্রুটি না হয়ে যায় তার পদ্ধতি ত্রুটি-সমন্বিত মেরামত প্রক্রিয়াতে রয়েছে। এই প্রক্রিয়ায় কন্যা ও মাতৃসূত্রকে সনাক্ত করা হয়। কারণ ত্রুটির ঘটনা কন্যা সূত্রে ঘটে থাকে। সুতরাং তখন মাতৃ সূত্রকে সনাক্ত করতে না পারলে হয়তো ত্রুটি করে মাতৃসূত্রের ক্ষারককে সরিয়ে সেখানে নতুনভাবে পরিব্যক্তি ঘটিয়ে ফেলতে পারে। এক্ষেত্রে মিথাইলেটেড DNA–কে মাতৃ DNA হিসেবে সনাক্ত করা হয়। কারণ কন্যা DNA সূত্র তখন মিথাইলেশনের অপেক্ষায় থাকে। DNA pol-I তখন DNA–এর মিথাইলেটেড সূত্র সনাক্তকরণ পদ্ধতি অবলম্বন করে সংশোধন ও মেরামত প্রক্রিয়া সঠিক উপায়ে সম্পন্ন করে (চিত্র ৮.১১)।

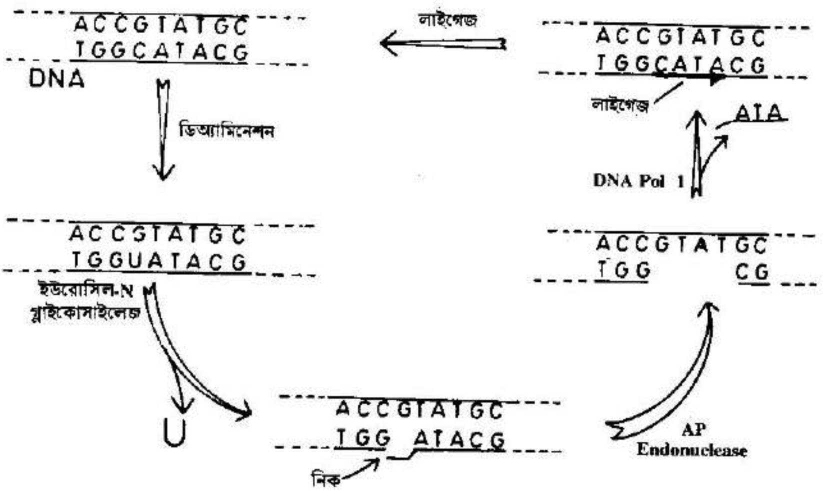


চিত্র ৮.১১ : সমলিপনের সময় ত্রুটিপূর্ণ সমন্বয়ে (mismatch) মেরামত পদ্ধতি।

(খ) ডি-অ্যামিনেশন ও ডি-পিউরিনেশন সংশোধন (Deamination and depurination correction) : DNA অণুতে স্বতঃস্ফূর্ত ডি-অ্যামিনেশনের ফলে সাইটোসিন (C) ইউরাসিলে (U) রূপান্তরিত হয়ে যায় যা পরবর্তী দফায় সমলিপনে একটি থাইমিন (T) এসে ইউরাসিলকে সরিয়ে প্রতিস্থাপিত হয়। কখনও কখনও অ্যাসিনিন (A)–এর ডি-অ্যামিনেশন হয়ে হাইপোজ্যানথিনে (hypoxanthine) রূপান্তর ঘটে যার ফলাফল হিসেবে থাইমিনের পরিবর্তে সাইটোসিনের সাথে অনিয়মিত জোড় বাঁধে। এই পরিবর্তনের কারণে যেহেতু পরিব্যক্তি ঘটে সে কারণে কোষ তখন উক্ত অবাঞ্ছিত পরিবর্তনকে দ্রুত একটি চক্রাকার বিক্রিয়ায় সংশোধন করে। সংশোধন চক্রের প্রথমে Uracil - N-গ্লাইকোসাইলেজ নামক একটি এনজাইম ইউরাসিলের N-glycosidic বন্ধন কেটে দিয়ে ইউরাসিলকে মুক্ত করে দেয়। এরপর AP (apurinic বা apyrimidinic) এন্ডোনিউক্লিয়েজ নামক এনজাইম উক্ত ক্ষারকমুক্ত অংশের ডি-অক্সিশর্করার একটি প্রান্ত এবং পার্শ্ববর্তী কয়েকটি নিউক্লিওটাইড অবক্ষেপ মুক্ত করে দেয়। এবার DNA pol-I এই অংশটির সঠিক স্থানে সঠিক নিউক্লিওটাইড বসিয়ে ক্ষতিগ্রস্ত অংশটি মেরামত করে থাকে। মেরামতের শেষে মুক্ত প্রান্তটি লিগেজের সাহায্যে জোড়া লেগে যায় (চিত্র ৮.১২)।

গ্লাইকোসাইলেজ জাতীয় এনজাইমসমূহ ক্ষুদ্রাকৃতির (৩০,০০০ d) প্রোটিন গোত্রভুক্ত। ক্ষতিগ্রস্ত বা পরিবর্তিত ক্ষারকের প্রকৃতি অনুযায়ী গ্লাইকোসাইলেজ প্রকরণসমূহ ভিন্ন ভিন্ন উপায়ে সনাক্ত করে থাকে। ইউরাসিল, হাইপোজ্যানথিন, ৩-মিথাইল অ্যাডিনিন, ৭-মিথাইলগুয়ানিন, ৩-মিথাইলগুয়ানিন, ৫ : ৬ হাইড্রেটেড থাইমিন ইত্যাদি পরিবর্তিত ক্ষারকের জন্য সুনির্দিষ্ট প্রকৃতির বিভিন্ন গ্লাইকোসাইলেজ প্রকরণসমূহ সনাক্ত করা হয়েছে। অনুরূপ AP এন্ডোনিউক্লিয়েজের দুটি প্রকরণ পাওয়া সম্ভব হয়েছে। একটি প্রকৃতি AP site–

এর ৩´– কেটে ৩´ → ৫´ মুখী এবং আর একটি প্রকৃতি ৫´-কেটে ৫´ → ৩´ মুখী হয়ে অগ্রসর হয়। AP নিউক্লিয়েজ যখন কার্যকর হয় তখন একই সাথে ২০ থেকে ৩০টি নিউক্লিওটাইডের একটি খণ্ড কেটে দেয় (Friedberg.১৯৮৫)। *E. coli*–এর অধিকাংশ AP-এন্ডোনিউক্লিয়েজসমূহ, *uvr* A. *uvr* B ও *uv* C জিনসমূহ থেকে সৃষ্টি হয়। এদের সৃষ্ট এনজাইমের আণবিক ওজন হচ্ছে যথাক্রমে ১,১৪,০০০ ; ৮৪,০০০ এবং ৭০,০০০ d।

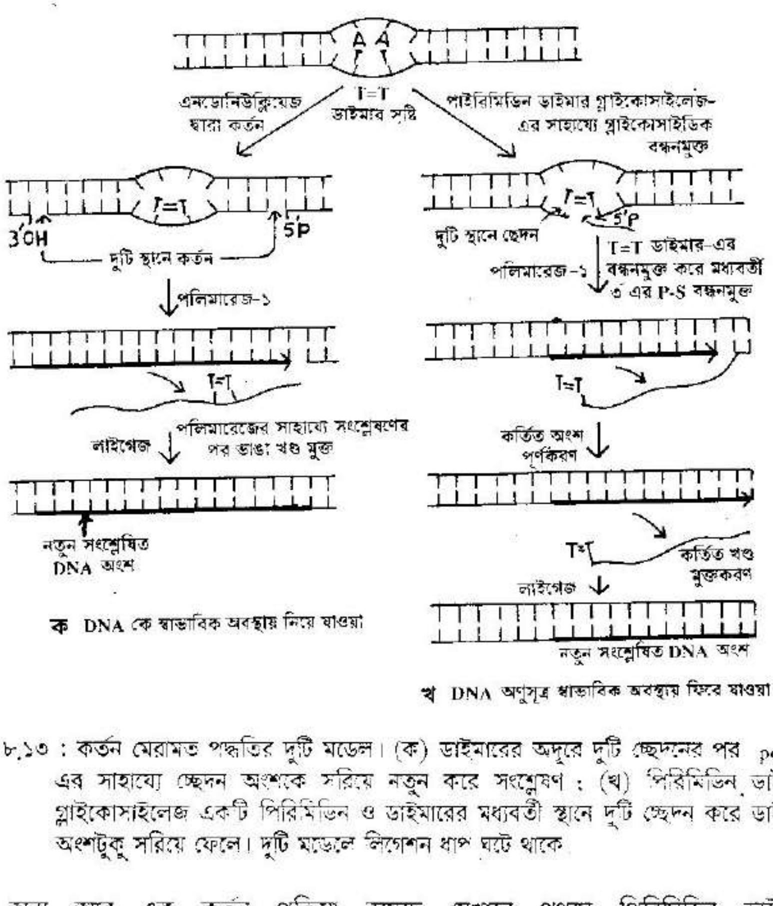


চিত্র ৮.১২ : সাইটোসিনের ডি–অ্যামিনেশন অথবা পিউরিনহীন অবস্থায় DNA ক্ষতিগ্রস্ত অংশে মেরামত প্রক্রিয়া

(গ) কর্তন মেরামত (Excision repair) : কর্তন মেরামত প্রক্রিয়া কিছু এনজাইমের সাহায্যে সম্পন্ন হয়। এই এনজাইমগুলো DNA অণুর ক্ষারক সংক্রান্ত ক্ষতিসমূহ এবং DNA অণু দ্বিহেলিক্স চরিত্রের বিচ্যুতিগুলো সনাক্ত করে ও তা মেরামত করে। এই মেরামত প্রক্রিয়ায় ক্ষতিগ্রস্ত ক্ষারককে সনাক্ত করার পর একই অণুসূত্রের আরও কিছু নিউক্লিওটাইড শৃঙ্খল কেটে বাদ দিয়ে সে অংশটুকু পুনঃসংশ্লেষণ করে জোড়া দেয়া হয়। কোষে এই প্রক্রিয়াটি সাধারণভাবে সচরাচর ঘটে থাকে। এই প্রক্রিয়ায় প্রায় সব প্রকার ক্ষতি মেরামত করা হয়।

কর্তন মেরামত প্রক্রিয়া বিশেষ কয়েকটি এনজাইমঘটিত প্রক্রিয়া যা কয়েকটি ধাপে সম্পন্ন হয়। প্রথম ধাপকে কর্তন (incision) ধাপ বলা হয়। T=T ডাইমারের কারণে যে অংশে ক্ষারক জোড় ছুটে গিয়ে দ্বিহেলিক্সের অস্বাভাবিক অবস্থার সৃষ্টি করে সে অংশকে সনাক্ত করে একটি এন্ডোনিউক্লিয়েজ কর্তন সম্পন্ন করে। একটি কর্তন ডাইমারের ৫´– প্রান্তের দিকে প্রায় ৮টি নিউক্লিওটাইড দূরত্বে শর্করা – ফসফেট বন্ধন মুক্ত করে এবং আর একটি কর্তন ৩´– প্রান্তের দিকে ৪ থেকে ৫টি নিউক্লিওটাইড দূরত্বে একই নিয়মে ঘটে থাকে। ৫´–প্রান্তের যে স্থানে কর্তন হয়েছে সেখানে ৩´– OH উন্মুক্ত হয়েছে যাকে প্রাইমার হিসেবে ব্যবহার করে DNA pol-I এই

কর্তিত অংশে এক একটি করে নিউক্লিওটাইড সরিয়ে নতুনভাবে সংশ্লেষণ করতে থাকে। ৫´ → ৩´ মুখী হয়ে অগ্রসর হতে গিয়ে T=T ডাইমার অংশকে সরিয়ে ফেলে কর্তিত সম্পূর্ণ অংশটুকু সংশ্লেষণ করে। শেষ ৩´ – প্রান্তের বন্ধন সম্পূর্ণ রেখে পলিমারেজ মুক্ত হয়ে যায়। শেষ ধাপে লিগেজ এনজাইম এই অংশের জোড়া দেয়া কাজটি সম্পন্ন করে (চিত্র ৮.১৩)।



চিত্র ৮.১৩ : কর্তন মেরামত পদ্ধতির দুটি মডেল। (ক) ডাইমারের অদূরে দুটি ছেদনের পর pol-I এর সাহায্যে ছেদন অংশকে সরিয়ে নতুন করে সংশ্লেষণ ; (খ) পিরিমিডিন ডাইমার গ্লাইকোসাইলেজ একটি পিরিমিডিন ও ডাইমারের মধ্যবর্তী স্থানে দুটি ছেদন করে ডাইমার অংশটুকু সরিয়ে ফেলে। দুটি মডেলে লিগেশন ধাপ ঘটে থাকে

অন্য আর এক কর্তন প্রক্রিয়া রয়েছে যেখানে প্রথমে পিরিমিডিন ডাইমার গ্লাইকোসাইলেজ নামক একটি এনজাইম থাইমিন ডাইমারের (T=T) একটি থাইমিনের ৫´– এর N-glycosidic বন্ধন মুক্ত করে দেয়। এই সময় আর একটি এন্ডোনিউক্লিয়েজ এসে ডাইমারের মাঝে ফসফেট – শর্করা বন্ধন মুক্ত করে। উক্ত কর্তনের ফলে ৩´–OH বিশিষ্ট উন্মুক্ত প্রান্তের সৃষ্টি হয়। কিন্তু এই প্রান্তটিতে কোনো ক্ষারকের উপস্থিতি না থাকাতে DNA pol প্রান্তটিকে প্রাইমার হিসেবে ব্যবহার করতে পারে না। কর্তন মেরামতি সম্পন্ন করতে একটি টেমপ্লেটের প্রয়োজন হয়। কিছুক্ষণের মধ্যে ক্ষারকহীন শর্করামুক্ত হয়ে যায়। এর ফলে নতুন আর একটি ৩´–OH উন্মুক্ত হয় সেখানে একটি ক্ষারক রয়েছে। এবার এই অংশটি প্রাইমার হিসেবে ব্যবহৃত হয়ে কর্তিত অংশসহ আরও বেশ কিছু নিউক্লিওটাইড পর্যন্ত মুক্ত করে একই সাথে সংশ্লেষণ

করে নিয়ে pol - I মুক্ত হয়। অপ্রয়োজনীয় সূত্রটি যখন শেষ সময়ে যুক্ত করবে তখন আর একটি কর্তনের প্রয়োজন হয়। এই সময়ে একটি এন্ডোনিউক্লিয়েজ এসে অপ্রয়োজনীয় অংশটুকু কেটে দেয়। শেষ ধাপে DNA ligase এসে ৫ -ও ৩- প্রান্ত দুটি জুড়ে দেয়। DNA অণুর কর্তনের জন্য এখানেও *Uvr*. A,B,C জিনসমূহ থেকে সৃষ্ট এনজাইমের প্রয়োজন হয়।

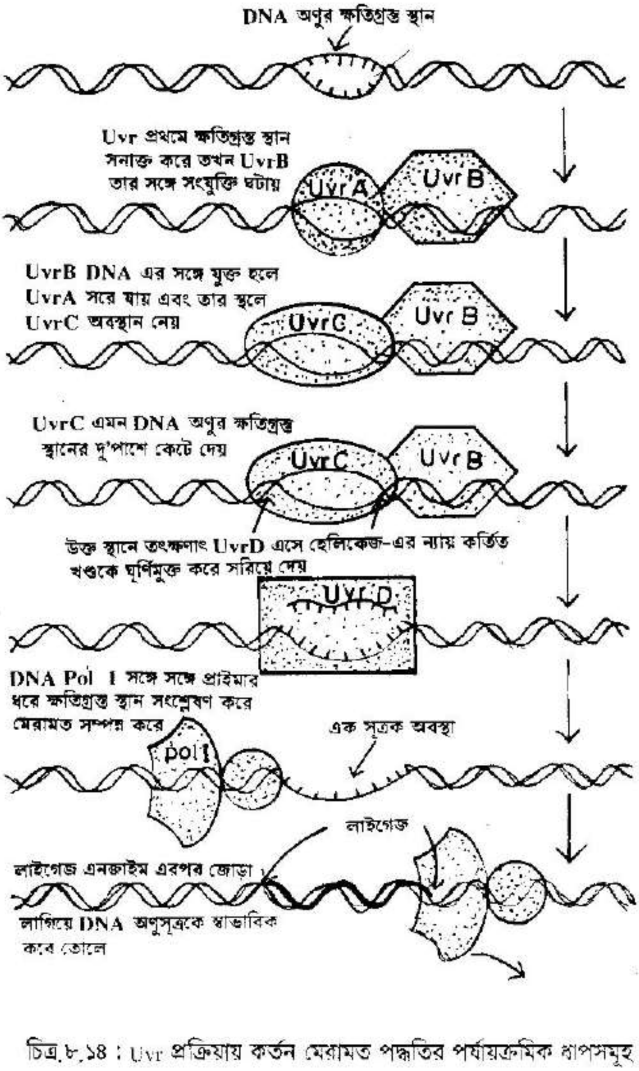
DNA অণুর যে অংশটুকু মেরামত করা হয় তার দৈর্ঘ্যের বৈচিত্র্য অনুযায়ী এ পর্যন্ত বেশ কয়েক প্রকৃতির কর্তন মেরামত (Excision repair) পদ্ধতি সনাক্ত করা হয়েছে :

১। খুব ছোট তালি মেরামত (Very short patch repair. VSP)

২। ছোট তালি মেরামত (Short patch repair, SP) এবং

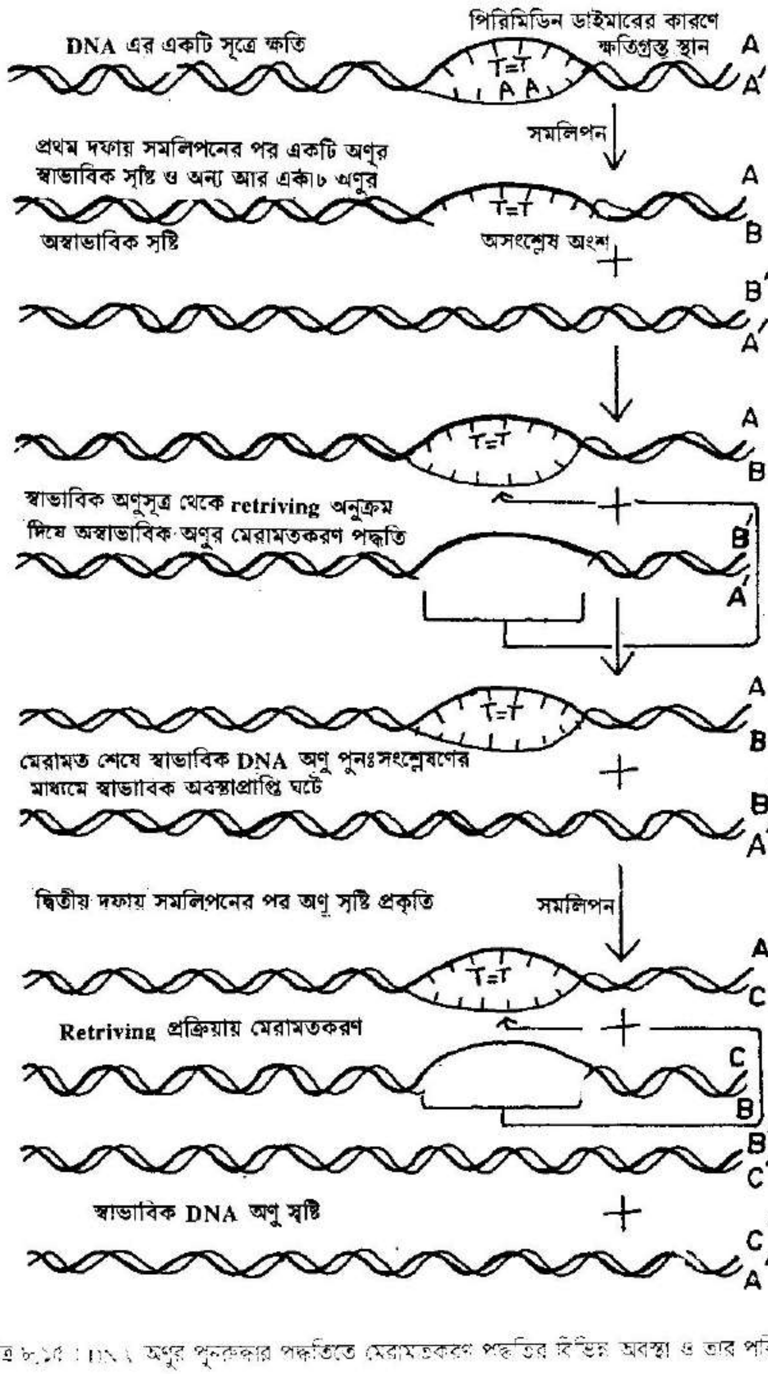
৩। লম্বা তালি মেরামত (Long patch repair, LP)।

খুব ছোট তালি মেরামত (VSP) প্রক্রিয়া অসম্পূরক মেরামত প্রক্রিয়ার সাথে সম্পর্কিত। কিন্তু SP এবং LP পদ্ধতি দুটির সাথে uvr, A, B ও C নামক তিনটি জিনের অংশগ্রহণের মাধ্যেমে সম্পন্ন হয়। এই জিনগুলো থেকে সৃষ্ট প্রোটিনসমূহ মেরামত কাজের সাথে সম্পর্কযুক্ত এন্ডোনিউক্লিয়েজের বিভিন্ন অংশ হিসেবে কাজ করে। প্রথমে Uvr A ও B থেকে সৃষ্ট এনজাইম, Uvr A ও Uvr B, একত্রিত হয়ে পিরিমিডিন ডাইমার এবং কোনো বড় আকারের ক্ষতি সনাক্ত করে। উক্ত অংশকে প্রথমে সনাক্ত ও পরে সেখানে সংযুক্ত হবার পর UvrA একটি ATP এর সহায়তায় সেখান থেকে মুক্ত হয়ে যায়। এরপর Uvr C জিন থেকে সৃষ্ট এনজাইম, Uvr C এসে Uvr B-এর সাথে যুক্ত হয়। এই যৌগ প্রোটিন তখন DNA অণুর যে স্থানে ক্ষতিগ্রস্ত হয়েছে তার ৫-প্রান্তের ৭টি নিউক্লিওটাইড দূরে এবং আর একটি ৩-প্রান্তের ৩ থেকে ৪টি নিউক্লিওটাইড দূরে DNA অণুর একটি সূত্রাংশ কেঁটে দেয়। প্রতি কর্তনে একটি করে ATP খরচ হয়। Uvr D নামক একটি জিন থেকে সৃষ্ট Uvr D নামক একটি এনজাইম সৃষ্টি করে যা DNA হেলিকেজ নামে পরিচিত। DNA অণুর উক্ত কর্তিত সূত্রাংশটিকে দ্বিহেলিক্সে পেঁচিয়ে থাকা অবস্থা থেকে হেলিকেজ মুক্ত করে DNA থেকে সরিয়ে দেয়। হিসেব করে দেখা গেছে যে, গড়ে প্রায় ১২টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট একটি একসূত্রক খণ্ড কেটে মুক্ত হয়। এইরূপ একটি ক্ষুদ্রাকৃতির একসূত্রক খণ্ড মুক্ত করার পদ্ধতিকে SP মেরামত প্রক্রিয়ার অন্তর্ভুক্ত করা হয়েছে। কর্তিত অংশটি এবার DNA-pol-I এর সাহায্যে সংশ্লেষিত হয় (চিত্র ৮.১৪) কর্তন মেরামত ঘটনার অধিকাংশ VSP বা SP প্রকৃতির। হিসেব করে দেখা গেছে *E. coli* কোষের প্রায় ৯৯ ভাগ মেরামত প্রক্রিয়া VSP বা SP প্রকৃতির হয়ে থাকে। প্রায় এক ভাগ অংশ মেরামতের প্রকৃতি LP জাতীয়। LP মেরামত প্রক্রিয়ায় যে DNA খণ্ডটি সরিয়ে মেরামত কাজ সম্পন্ন হয় তার দৈর্ঘ্য গড়ে প্রায় ১,৫০০টি নিউক্লিওটাইডবিশিষ্ট। এই দৈর্ঘ্য কখনও কখনও ৯,০০০টি নিউক্লিওটাইড দৈর্ঘ্যের চেয়েও অধিক হয়ে থাকে। LP মেরামত পদ্ধতিতে Uvr ও pol + লিগেজ জিনসমূহ SP মেরামত পদ্ধতির মতো কাজ করে। তবে LP মেরামত পদ্ধতি DNA সমলিপনের সময় যেসব ক্ষতি হয় তাকে সারিয়ে তুলতেও তখন কার্যকর হয়।



চিত্র.৮.১৪ : Uvr প্রক্রিয়ায় কর্তন মেরামত পদ্ধতির পর্যায়ক্রমিক ধাপসমূহ।

৮.২.৩ *E. coli* তে পুনরুদ্ধার পদ্ধতি (Retrieval systems in *E. coli*) : পুনরুদ্ধার পদ্ধতি বিভিন্ন নামে পরিচিত। এই পদ্ধতি সমলিপনের পর ঘটে বলে অনেক সময় একে সমলিপন পরবর্তী মেরামত (post replication repair) বলে। তা ছাড়া এই পদ্ধতিকৌলিক পুনঃসন্নিবেশন (Genetic recombination)-এর সময় ঘটে বলে একে পুনঃসন্নিবেশন মেরামতও (recombination repair) বলে। যখন ক্ষতিগ্রস্ত ক্ষারক নিয়ে DNA-এর সমলিপন ঘটে তখন পুনরুদ্ধার পদ্ধতি কার্যকর বলে দেখা যায়।



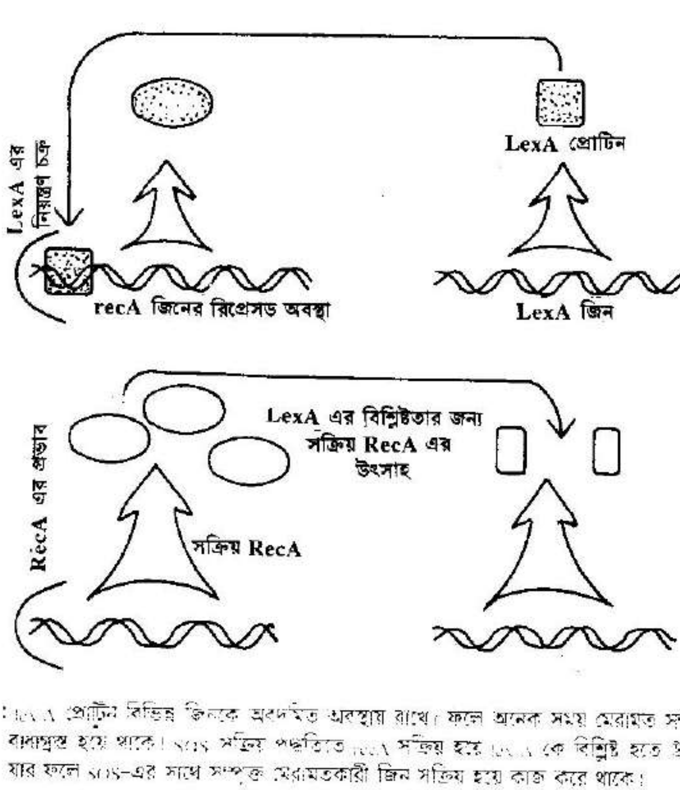
চিত্র ৮.১৫ : DNA অণুর পুনরুদ্ধার পদ্ধতিতে মেরামতকরণ পদ্ধতির বিভিন্ন অবস্থা ও তার পরিণতি

ধরা যাক DNA দ্বিহেলিক্সের একটি সূত্র ভুল ক্ষারকের কারণে মোচড়ানো বা বিকৃত হয়েছে। এরূপ অবস্থায় DNA অণু যখন অনুলিপন করে তখন উক্ত ক্ষতিগ্রস্ত অংশটি অস্বাভাবিক অবস্থার সৃষ্টি করে ও সমলিপনে বাধাগ্রস্ত করে। সমলিপনের সময় এই অংশটুকু বাদ দিয়ে বা এড়িয়ে তখন তা সম্পন্ন হয়। এর ফলে DNA অণুর ক্ষতিগ্রস্ত টেমপ্লেটের বেশ কিছু অংশের সংশ্লেষণ ঘটে না। তখন সৃষ্ট কন্যা DNA অণুর একটি স্বাভাবিক প্রকৃতির হয় এবং অন্যটি অস্বাভাবিক অবস্থার সৃষ্টি করে। এরূপ অবস্থায় অস্বাভাবিক DNA অণুকে মেরামত করা প্রয়োজন হয় যাকে DNA অণুর পুনরুদ্ধার পদ্ধতি বলে চিহ্নিত করা হয়েছে।

DNA অণুর পুনরুদ্ধার পদ্ধতিতে সৃষ্ট কন্যা DNA অণু যেটি স্বাভাবিক হয়েছে সেখান থেকে প্রয়োজনীয় সম্পূরক অংশ (homologous) কেটে নিয়ে অস্বাভাবিক কন্যা DNA-এর ক্ষতিগ্রস্ত অংশ জুড়ে দেয়া হয়। এখানে মাতৃ DNA অণুসূত্রের ক্ষতিগ্রস্ত অংশটি একইভাবে থেকে যায়। সৃষ্ট পরবর্তী কন্যা DNA অণু মাতৃ DNA-এর অনুরূপ অবস্থায় থেকে যায় বা পুনরুদ্ধার ঘটে। যতোক্ষণ পর্যন্ত ছেদন মেরামত পদ্ধতিতে এই অংশটুকু সরিয়ে তোলা না হয় ততোক্ষণ পর্যন্ত প্রতি দফার অনুলিপনের পর একই অবস্থার সৃষ্টি হয়ে থাকে (চিত্র ৮.১৫)।

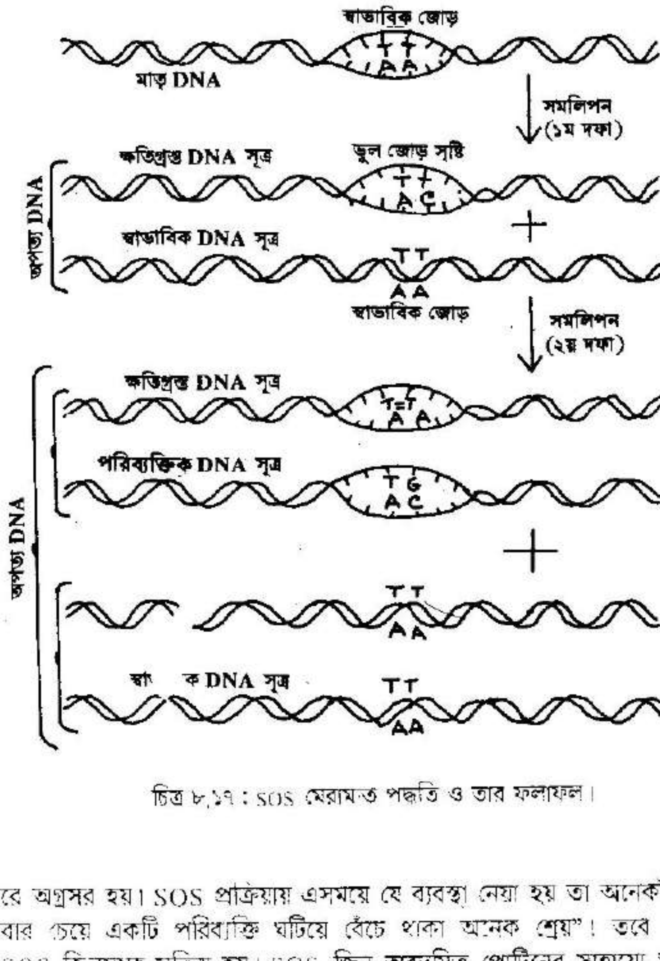
৮.২.৪ *E.coli* এর SOS পদ্ধতি

একটি DNA অণু যদি কোনো কারণে ক্ষতিগ্রস্ত হয় (AP বা T=T, অ্যালকাইলেশন ইত্যাদি) তখন সেই স্থান থেকে DNA-এর অনুলিপন বন্ধ হয়ে যায়। এরূপ অবস্থায় কোষ তখন



চিত্র ৮.১৬ : LexA প্রোটিন বিভিন্ন জিনকে অবদমিত অবস্থায় রাখে। ফলে অনেক সময় মেরামত সম্পৃক্ত জিন বাধাগ্রস্ত হয়ে থাকে। SOS সক্রিয় পদ্ধতিতে recA সক্রিয় হয়ে LexA কে বিশ্লিষ্ট হতে উৎসাহ দেয় যার ফলে SOS-এর সাথে সম্পৃক্ত মেরামতকারী জিন সক্রিয় হয়ে কাজ করে থাকে।

অবধারিত মৃত্যুর হাত থেকে বাঁচার জন্য SOS (save our soul) পদ্ধতিতে সাড়া দিয়ে থাকে। SOS পদ্ধতিতে কোষকে রক্ষা করার জন্য বেশ কিছু জিন তখন দ্রুত সাড়া দেয়। SOS মেরামত প্রক্রিয়া এক প্রকার By pass পদ্ধতি। কোষের SOS প্রক্রিয়া ঠিক কি উপায়ে সম্পন্ন হয় তা এখনও সম্পূর্ণভাবে জানা সম্ভব হয়নি । তবে জানা গেছে যে, উক্ত সময়ে DNA pol-এর ভুল সংশোধন প্রক্রিয়া বন্ধ থাকে। এরূপ অবস্থায় DNA pol সংশ্লেষণ প্রক্রিয়াকে কিছুক্ষণের জন্য থামিয়ে রেখে AP বা থাইমিন ডাইমারের বিপরীত একটি মিউটান্ট ক্ষারক



চিত্র ৮.১৭ : SOS মেরামত পদ্ধতি ও তার ফলাফল।

স্থাপন করে অগ্রসর হয়। SOS প্রক্রিয়ায় এসময়ে যে ব্যবস্থা নেয়া হয় তা অনেকটা এরূপ যে "মরে যাবার চেয়ে একটি পরিব্যক্তি ঘটিয়ে বেঁচে থাকা অনেক শ্রেয়"! তবে অস্বাভাবিক অবস্থায় SOS জিনসমূহ সক্রিয় হয়। SOS জিন অবদমিত প্রোটিনের সাহায্যে অবদমনকৃত অবস্থায় সুপ্ত অবস্থায় থাকে। DNA অণু কোনোভাবে ক্ষতিগ্রস্ত হলে SOS জিনসমূহ বা সক্রিয় হয়। দেখা গেছে, এরূপ অবস্থায় RecA নামক জিন তখন ডিরিপ্রেস্‌ড হয়ে প্রচুর পরিমাণে RecA প্রোটিন তৈরি করে। RecA প্রোটিন যখন সক্রিয় হয় তখন lexA নামক জিন থেকে সৃষ্ট

LaxA (SOS জিনসমূহের জন্য সাধারণ) নামক অবদমিত প্রোটিন বিশ্লিষ্ট হয়ে যায়। এখানে LaxA তার সংশ্লেষণ নিজেই নিজস্ব রিপ্রেসরের মাধ্যমে নিয়ন্ত্রণ করে। LaxA প্রোটিনের বিশ্লিষ্টকরণ প্রক্রিয়াটি বেশ অভিনব। Lax A অণুর নিজস্ব সুপ্ত প্রোটিয়েজ প্রকৃতি রয়েছে। RecA প্রোটিন যখন সক্রিয় হয় (অক্ষতিগ্রস্ত কোষে তার সক্রিয়তা প্রকাশ পায় না) তখন LaxA প্রোটিনের সুপ্ততা ভেঙে নিজস্ব প্রোটিয়েজ বিক্রিয়া কার্যকর করে নিজকে নিজে ধ্বংস করে দেয় (চিত্র ৮.১৬)। এ পর্যন্ত SOS সক্রিয় যেসব জিন সম্পর্কে জানা সম্ভব হয়েছে সেগুলো হচ্ছে recA, laxA, uvrA, uvrB, umeC এবং himA, laxA নিষ্ক্রিয় বা ধ্বংস হবার ফলে SOS সক্রিয়। অন্যান্য জিনসমূহ দ্রুত সক্রিয় ও কার্যকর হয়ে ছেদন মেরামত ও পুনসন্নিবেশ মেরামত পদ্ধতির বিভিন্ন এনজাইমসমূহের সংশ্লেষণকে বহুগুণ বৃদ্ধির মাধ্যমে বিভিন্ন প্রকৃতির ক্ষতি মেরামত করে কোষকে সচল এবং স্বাভাবিক অবস্থায় নিয়ে আসে (চিত্র ৮.১৭)।

৮.২.৫. ইউক্যারিওটিক DNA অণুর মেরামত (Eukaryotic DNA repair) : ইউক্যারিওটজাতীয় কোষের DNA ক্ষতিগ্রস্ত হলে তার মেরামত কাজ ঠিক কি উপায়ে সম্পন্ন হয় তা এখনও বিশেষভাবে জানা সম্ভব হয়নি। কোষমুক্ত অবস্থায় পরীক্ষা করে কিছু ছেদন মেরামত পদ্ধতি জানা সম্ভব হয়েছে।

মানুষের DNA মেরামত পদ্ধতির কিছু ত্রুটির কারণে কিছু কিছু বংশগত অসুস্থতা হয় বলে বর্তমানে সনাক্ত করা হয়েছে। এর মধ্যে *Xeroderma pigmentosum* (XP) নামক চামড়ার সাধারণ রোগ নিয়ে বেশ কিছু কাজ করা হয়েছে। এই প্রকৃতির রোগাগ্রস্ত চামড়া সূর্যালোকে অত্যন্ত সংবেদনশীল হওয়ার কারণে চামড়ার স্বাভাবিক রঙয়ের বিকৃতি ঘটিয়ে অনেকসময় চামড়ার ক্যান্সার রোগের সৃষ্টি করে। কোষমুক্ত অবস্থায় পরীক্ষা করে দেখা গেছে XP জাতীয় রোগ থাইমিন বা AP ডাইমারঘটিত অসুবিধাগুলো ছেদন মেরামত পদ্ধতিতে সারিয়ে তুলতে পারেনা, যা স্বাভাবিক চামড়ায় সম্পন্ন করতে পারে। XP রোগে ছেদন মেরামতের অক্ষমতার কারণ হিসেবে বিভিন্ন প্রকৃতির এন্ডোনিউক্লিয়েজের অভাবজনিত বিষয় বলে বিজ্ঞানীরা মত দেন (Tanaka *et al.*, ১৯৯০)।

কখনও কখনও পলিমারেজের অভাবজনিত কারণকেও XP–এর জন্য দায়ী বলে চিহ্নিত করা হয়। বর্তমানে চিকিৎসা বিজ্ঞানে বিভিন্ন ধরনের DNA মেরামত সম্পর্কিত রোগের গুরুত্ব দিন দিন বৃদ্ধি পাচ্ছে। কারণ বায়ুমণ্ডলের উর্ধ্বে ওজন স্তর পাতলা হয়ে যাওয়া বা মাঝে মাঝে শুন্য হয়ে যাবার কারণে পৃথিবীতে UV রশ্মি অতিমাত্রায় প্রবেশ করছে। এর ফলে আগামীতে DNA ঘটিত বিভিন্ন প্রকার রোগের প্রাদুর্ভাব ঘটতে পারে। উচ্চতর জীব, বিশেষ করে মানুষের DNA অণুর মেরামত প্রক্রিয়ায় গবেষণার প্রভূত উন্নতি সাধন করা দরকার। এছাড়া কোলন (colon) ক্যান্সার ও জরায়ুর ক্যান্সার অনেকাংশে ক্ষতিগ্রস্ত DNA মেরামত প্রক্রিয়ার ত্রুটির কারণে ঘটে থাকে। মেরামত সম্পর্কিত এনজাইম সৃষ্টিকারী জিনের মধ্যে পরিব্যক্তি ঘটলে এই প্রকৃতির ক্যান্সার হতে পারে। মানুষের কোষে বিজ্ঞানীরা এ পর্যন্ত প্রায় ২০টি মেরামতকারী জিনকে সনাক্ত করতে পেরেছেন। এর মধ্যে প্রায় অর্ধেক সংখ্যক জিনকে ক্লোন করে তার বিভিন্ন বৈশিষ্ট্যগুলো জানা সম্ভব হয়েছে। ফলে শীঘ্র এই জাতীয় রোগ নিরাময়ের চিকিৎসা করা সম্ভব হবে।

মেরামতকারী জিনের পরিব্যক্তি ঘটলে সেটি জীবের জন্য সবচেয়ে দুঃখজনক অবস্থার সৃষ্টি করে। এরূপ হলে তখন ট্রান্সক্রিপশন মেরামতের সংযোজন ফ্যাক্টরসমূহ কাজ করে থাকে।

তাছাড়া কর্তন নিউক্লিয়েজ যেমন-এক্সিনিউক্লিয়েজের (exinuclease) সাহায্যেও মেরামত কাজ সম্পন্ন করে। এক্সিনিউক্লিয়েজ (Exinuclease) কে ক্যান্সার প্রতিরোধী সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ এনজাইম হিসেবে চিহ্নিত করা হয়। মানুষের এক্সি নিউক্লিয়েজের মধ্যে কমপক্ষে ১৬টি প্রোটিন অংশ রয়েছে। এর যে, কোনো একটির পরিব্যক্তি ঘটলে ছেদন মেরামত কাজ বন্ধ হয়ে যায়। বিজ্ঞানীরা মনে করেন যে প্রতি ১০০ জনের মধ্যে একজন মানুষের এরূপ ত্রুটিপূর্ণ সামঞ্জস্য মেরামতের এনজাইম রয়েছে যার কারণে কোনো না কোনোভাবে ক্যান্সার প্রতিরোধক্ষমহীন অবস্থায় থাকছে।

বর্তমানে বিজ্ঞানীরা সতর্কতার সাথে লক্ষ্য করছেন যে, ক্যান্সারের সাথে শুধু DNA মেরামতকরণ নয় বয়সের সাথেও সম্পর্ক রয়েছে। কারণ অধিকাংশ ক্ষেত্রে ৫০ থেকে ৭০ বছর বয়সের লোকের মধ্যে ক্যান্সার রোগের প্রবণতা লক্ষ্য করা যায়। অর্থাৎ ক্যান্সার বয়ঃবৃদ্ধির একটি রোগ হিসেবে ধরা হচ্ছে। মানুষের জিনোম অনুক্রম সম্পন্ন করা গেলে এই বিষয়গুলো আরও পরিষ্কারভাবে জানা সম্ভব হয়ে উঠবে।

তথ্যপঞ্জি

Adams, R.L.P and R.H. Burton, 1985. *Molecular Biology of DNA Methylation*. Springer-Verlag, New York.

Friedberg, E.C. 1985. *DNA Repair* . W.H. Freeman and Comp. San Francisco.

Kan, N. C., J. A. Lautenger, M.H. Edgell and C.A. Hutchinson, 1979. *J. Mol. Biol.*, 130 : 191-197.

Razin, A., H. Cedar and A.D. Riggs, 1984. *DNA Methylation*. Springer - Verlag, New York.

Roberts, R.J. 1984. *Nucleic Acid Resear.* 12 (Suppl.) : 167.

Sancer, A., K. A. Franklin and G. B. Sancar. 1984. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA 81* : 7397-7403.

Tanaka, K.,N. Miura and I. Miyamoto. 1990. *Nature (Lond.), 348* : 73-76.

Yuan, R., D.L. Hamilton and J. Burckhardt. 1980. *Cell, 20* : 237-242.

(ক) আণবিক জীববিজ্ঞানে ব্যবহৃত শব্দ-সংক্ষেপ (Abbreviations used)

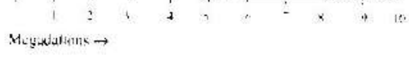
A_{260} : Absorbance at 260 nm
∝ : Alpha
A : Adenine or adenosine
ADP : Adenosine 5′ – diphosphate
AMP : Adenosine 5′ – monophosphate
ATP : Adenosine 5′ – triphosphate
β : Beta
bis : N, N′ – methylene bisacrylamide
bp : Base pair (kbp - Kilobase pair)
BSA : Bovine Serum Albumin
C : Cytosine, Cytidine
cAMP : Cyclic AMP (Adenosine 3′, 5′ – monophosphate)
cDNA : Complementary deoxyribonucleic acid
CTP : Cytidine 5′–triphosphate
d or D : Dalton ((weight) (kD- Kilodalton))
dATP : deoxyadenosine triphosphate
dCTP : deoxycytidine triphosphate
ddATP : dideoxyadenosine triphosphate
ddCTP : dideoxycytidine triphosphate
ddGTP : dideoxyguanosine triphosphate
ddNTP : dideoxynucleotide triphosphate
ddTTP : dideoxythimidine triphosphate
DEAM : Diethylaminomethyl
dGTP : deoxyguanosine triphosphate
DMSO : Dimethylsulphoxide
DNA : Deoxyribonucleic acid
DNase : Deoxyribonuclease
dNTP : Deoxyribonucleotide triphosphate
dT : Deoxythimidine
δ : Delta
ds or DS : Double stranded (DNA)
dTTP : Deoxythymidine triphosphate
dUTP : Deoxyuridine triphosphate
EDTA : Ethylenediamine tetraacetic acid
γ : Gamma
xg : Gravity (multiplied)
MW : Molecular weight
GTP : Guanosine 5′ – triphosphate
λ : Lamda
Mr : Relative molecular weight
μ : Mu or Micro
μm : Micro metre (10^{-6} metre)
μg : Micro gram (10^{-6} gram)
mRNA : Messenger RNA
NTP : Nucleotide triphosphate
nm : Nano metre (10^{-9} metre)
ng : Nano gram (10^{-9} gram)
Ori : Origin of trancription
ORF : Open reading frame
PAGE : Polyacrylamide gel electrophoresis
pI : Isoelectric point
pg : Pico gram (10^{-12} gram)
Poly (A) : Polyadenylic acid
Poly $(A)^{+}$: Polyadenylated mRNA
Poly $(A)^{-}$: Nonpolyadenylated mRNA
Poly (U) : Polyuridine
RE : Restriction endonuclease
3′–3′ : prime (terminus of DNA or RNA)
5′–5′ : prime (terminus of DNA or RNA)
RFLP : Restriction fragment-length polymorphisom
ψ : Psi
∅ : Phi
RNA : Ribonucleic acid
RNase : Ribonuclesae
rRNA : Ribosomal ribonucleic acid
ρ : Rho
σ : Sigma
S : Sedimentation coefficient
ss : Single strande (DNA)
SV40 : Simian virus - 40
SDS : Sodium dodecyl sulfate
Tm : Melting (midpoint) temperature
Thermal denaturation
tRNA : Transfer RNA
T : Thimine or Thymidine
TTP : Thymidine 5′– triphosphate
U : Uridine or Uracil
UTP : Uridine 5′- triphosphate
UV : Ultra violet light

(খ) আণবিক জীববিজ্ঞানে প্রয়োজনীয় পরিমাপ নির্ধারণ (Useful measurements in Molecular Biology)

Molecular weight (average) of DNA bp : 649D
Molecular weight (average) of amino acid : 110D

1 μg/ml DNA	:	3.08 μM phosphate
1 μmol/pBR322	:	4363 bp
1 μmol/pBR 322	:	2.83 g
1 A_{260} dsDNA	:	50 μg
1 A_{260} ss DNA	:	37 μg
A_{260}/A_{28}	:	1.8 - 2.00 purified DNA
1 kbp DNA	:	36,000 D
10kd protein	:	91 amino acids

Scale of conversion between Kilobase pairs or duplx DNA and MW :



পরিশিষ্ট–দুই

আণবিক জীববিজ্ঞান সংক্রান্ত কিছু শব্দের ব্যাখ্যা

Alpha (α) helix : প্রোটিনের বা পেপটাইড শৃঙ্খলের ভিতের আকৃতি পেতে সাধারণভাবে যেসব অংশ হেলে গিয়ে স্প্রিং আকৃতিপ্রাপ্ত হয় ; এটি পেপটাইডের সাধারণ আকৃতি বা স্বাভাবিক আকৃতি।

Alu family : প্রায় ৩০০টি ক্ষারক জোড়বিশিষ্ট লম্বা এক গুচ্ছ সম্পর্কযুক্ত পুনঃপুনঃ DNA অনুক্রম যা মানব বা অন্য জিনোমের বিভিন্ন স্থানে বিস্তৃত ; এই গোত্রের প্রত্যেক সদস্যকে *Alu* এনজাইমের একটি কর্তনযোগ্য অনুক্রম রয়েছে যা থেকে এর নামকরণ হয়েছে।

Amber codon : UAG বিশিষ্ট ট্রিপলেট বা ত্রিপদী কোড যা তিনটি বিরতি (stop) কোডনের একটি কোডন হিসেবে চিহ্নিত।

Antisence : DNA অণুসূত্রের যেখানে একটি mRNA অণুসূত্রের সম্পূরক অনুক্রম রয়েছে।

Attenuation : একটি প্রক্রিয়া যার মাধ্যমে trp. অপেরনে অ্যামিনো এসিড সংশ্লেষণ ও নিয়ন্ত্রণ ঘটে।

Autoradiography : এক প্রকার কৌশল যার মাধ্যমে তেজস্ক্রিয় চিহ্নিত বা সংযুক্ত পদার্থের উপস্থিতি বা প্রকৃতি নির্ণয় করা যায়। এই পদ্ধতিতে তেজস্ক্রিয় সংযুক্ত নমুনাকে X-ray ফটোপ্লেটের সাথে রেখে দিলে তেজস্ক্রিয় আলো বিচ্ছুরিত হয়ে প্লেটের গায়ে সাদা সাদা দাগ বা প্রতিচ্ছবির ছাপ পড়ে যা প্লেটটি উন্নয়ন করলে দৃশ্যমান হয়।

Auxotroph : এক প্রকার পরিব্যক্তিঘটিত অণুজীব যার বৃদ্ধির জন্য একটি বিশেষ পুষ্টি উপাদানের প্রয়োজন হয়।

B-form : DNA দ্বিহেলিক্সের স্বাভাবিক বহিঃআকৃতি যা কোষে প্রাকৃতিক অবস্থায় থাকে। Watson ও Crick যে মডেলটি আবিষ্কার করেন সেটি ছিল B-আকৃতির।

Back mutation : ইতোপূর্বে পরিব্যক্তিঘটিত জিন পুনঃপরিব্যক্তি ঘটে গিয়ে স্বাভাবিক বন্য অবস্থার পুনঃপ্রাপ্তি ঘটা।

β Sheet : প্রোটিন বা পলিপেপটাইডের ভিতের আকৃতি পেতে সাধারণ পেপটাইড শৃঙ্খলের যে অংশটুকু হাইড্রোজেন বন্ধনঘটিত এক ধরনের ফিতা আকৃতির ভাঁজ।

Base analogue : স্বাভাবিক নাইট্রোজেনঘটিত ক্ষারক আকৃতি থেকে ভিন্ন পিউরিন বা পিরিমিডিন; যেমন থাইমিনের ক্ষারক সাদৃশ্য হচ্ছে 5-bromo Uracil যেখানে 5-CH_3 অবস্থানে Br দিয়ে পরিবর্তিত।

Base pair (bp) : DNA দ্বিহেলিক্সের নিউক্লিওটাইড চতুষ্টয়ের মধ্যে A এর সাথে T (A=T) এবং C এর সাথে G (C≡G) এর মিলন বা জোড় যার সাহায্যে সংক্ষেপে DNA অনুক্রমের দৈর্ঘ্য, অবস্থান বা DNA সূত্রের দৈর্ঘ্য সুনির্দিষ্টভাবে নির্দেশ করে।

Bidirectional replication : DNA সমলিপনের সময় একই উৎপত্তিস্থল থেকে দ্বিমুখী গতিধারায় দুই সমসক্রিয় সমলিপন দ্বি-বিভাজি।

Biological information : জীবস্থ জিন যে জৈব সংকেত বা সংবাদ বহন বা সংরক্ষণ করে জীবের প্রয়োজনে যা ব্যক্ত বা প্রকাশ করে জীবকে সজীব রাখে।

^{14}C : তেজস্ক্রিয় কার্বন আইসোটোপ যা থেকে দুর্বল β কণা বা রশ্মি বিচ্ছুরিত হয়; এর অর্ধায়ু ৫,৬০০ বছর।

C-value : হ্যাপ্লয়েড জিনোমে অবস্থিত সম্পূর্ণ DNA এর পরিমাণ।

cDNA (complementary DNA) : একটি RNA অণুসূত্রের সম্পূরক একসূত্রক DNA অণু যা reverse transcriptase এনজাইমের সাহায্যে কৃত্রিম উপায়ে সংশ্লেষণ করা হয়।

Cap : অনেক ইউক্যারিওটিক mRNA অণুর 5' প্রান্তের গঠনাকৃতি যা 7' met. Guanosine - ppX দ্বারা গঠিত। এখানে X - হচ্ছে প্রথম নিউক্লিওটাইড যা DNA থেকে অনুলিপিত। অনুলিপন পরবর্তী সময়ে এই ঘটনাটি TATA (Hogness box) বক্সের কাছাকাছি ঘটে।

Cap-site : ব্যাকটেরিয়ার কিছু জিন বা উর্ধ্বাংশে অবস্থিত একটি বিশেষ নিউক্লিওটাইড অনুক্রম যেখানে catabolic activator protein (CAP) এর সংযোগ ঘটে।

Central Dogma : আণবিক জীববিজ্ঞান বিষয়ের একটি মৌলিক বা প্রধান অনুকল্প (hypothesis) যা Crick ১৯৫৮ সালে প্রবর্তন করেন। এখানে তিনি বলেছেন যে জৈব সংকেত প্রবাহের সময় DNA থেকে RNA এবং সেখান থেকে প্রোটিনে স্থানান্তরিত হয়। এই প্রবাহ কেবল একমুখী হয়ে ঘটবে। এই অনুকল্প এখন প্রমাণিত।

Chain termination : জিন বা mRNA অণুর শেষপ্রান্তে অবস্থিত একটি বিশেষ অনুক্রম স্থান যা RNA পলিমারেজকে অনুলিপন সম্পন্ন করতে সংকেত দেয়।

Cloning : কৌলিকভাবে একই বৈশিষ্ট্য বা চরিত্রের DNA খণ্ড, কোষ বা জীব সৃষ্টিকরণ।

Cloning vector : প্লাজমিড বা ফাজ যা একটি আগন্তুক DNA বহন করে (পুনঃ সংযোজনের মাধ্যমে)।

Closed reading frame : যে DNA অণুতে সমাপ্তিকরণ কোডন থাকার কারণে পূর্ণাঙ্গ প্রোটিন সংশ্লেষণে বাধা দেয়।

Codon : DNA ও RNA অণুসূত্রে সজ্জিত ত্রিপদ নিউক্লিওটাইড সমষ্টি যা অর্থকরণের সময় একটি অ্যামিনো এসিডে, অর্থকরণ, সূচনা ও সমাপ্তিকরণের সংকেত নির্দেশ করে।

Coding region : DNA অণুসূত্রের যে অংশ RNA অণুসূত্রে অনুলিপিত হয় বা mRNA অণুসূত্রের যে

অংশ পেপটাইড সৃষ্টি করে ; সৃষ্ট পেপটাইডের অ্যামিনো এসিড mRNA অণুসূত্রের ত্রিপদী অনুক্রম সংকেতের অনুরূপ।

Cohesive end : একটি খণ্ডিত DNA সূত্র প্রান্তের কয়েক মোলবিশিষ্ট এক সূত্রক বর্ধিত অংশ যার সম্পূরক অনুরূপ অংশ একই বা ভিন্ন DNA খণ্ডে রয়েছে।

Competent : সরবরাহকৃত বা পৃষ্ঠদেশে লেগে থাকা DNA গ্রহণ করার বিশেষ ক্ষমতাপ্রাপ্ত কোষ।

Consensus sequence : কোনো একটি বিশেষ ঐকমত্য ক্ষুদ্র দৈর্ঘ্য অনুক্রম যেখানে প্রত্যেকটি ক্ষারক এমনভাবে হিসাব করে সাজানো হয়েছে যার প্রত্যেকটি ক্ষারক অধিকহারে প্রাপ্ত অনেকগুলো বাস্তব অনুক্রমে ক্ষারক উপস্থিতির চিত্র তুলে ধরা হয়েছে।

Core DNA : ১৪৬টি ক্ষারক জোড়বিশিষ্ট DNA অংশ যা কেবল নিউক্লিওজোমের শাঁস অংশে অবস্থান করে।

Cosmid vector : এক প্রকার কৃত্রিম উপায়ে সৃষ্ট প্লাজমিড DNA অণু যেখানে ফাজ λ এর মাত্র cos অংশ সংযোজিত যা ফাজের মাথায় অবস্থান নিতে পারে।

Degeneracy of code : কৌলিক শব্দ সংকেতের ত্রিপদী নিউক্লিওটাইডের শেষ তৃতীয় নিউক্লিওটাইড অবস্থানে অধিকাংশ ক্ষেত্রে পরিবর্তন ঘটলেও তা নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিডে অর্থকরণে ব্যাঘাত ঘটায় না।

Denaturation : রাসায়নিক বা কোনো ভৌত উপায়ে নিউক্লিক এসিড বা প্রোটিনের স্থায়ী সক্রিয় আকৃতির পরিবর্তন ঘটে যখন নিষ্ক্রিয় ও অপ্রকৃতস্থ হয়।

Discontinuous replication : DNA সংশ্লেষণ বা সমলিপন চলাকালীন ছোট ছোট খণ্ডাকারে (Okazaki) যে ধারাবাহিকহীন সংশ্লেষণ ঘটে ও পরে লিগেজের সাহায্যে খণ্ডগুলো জোড়া লেগে একটি ধারাবাহিক সূত্রে পরিণত হয়।

DNA ligase : DNA দ্বিহেলিক্সের কোথাও একসূত্রক মুক্ত বা ভগ্ন অংশে একটি সহযোজী ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনের সৃষ্টি করে যে এনজাইম জোড়া লাগায়।

DNA polymase I : *E. coli* তে প্রাপ্ত এনজাইম যা DNA সমলিপনের সময় একটি সূত্রে ধারাবাহিকহীন ওকাজাকি খণ্ড সংশ্লেষণ করে।

DNA polymorphism : একটি নির্দিষ্ট ক্রোমোজোম লোকাসে এক বা একাধিক নিউক্লিওটাইডের পার্থক্যের কারণে যে দুই বা ততোধিক অ্যালিলের উপস্থিতি ঘটে।

DNA primer : স্বল্প সংখ্যক নিউক্লিওটাইড বিশিষ্ট একসূত্রক DNA অণু খণ্ড যা অনুক্রম অনুযায়ী একসূত্রক বৃহৎ অণুসূত্রের সম্পূরক অংশে সংযুক্ত ঘটে একটি মুক্ত ৩ – OH প্রান্তের সৃষ্টি করে।

DNase : এক প্রকার এনজাইম যা DNA অণুসূত্রের ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনী মুক্ত করে DNA খণ্ডে পরিণত করে।

dna : ব্যাকটেরিয়ার এক প্রকার পরিব্যক্তিক যা ৪২ সে: তাপমাত্রায় DNA সংশ্লেষণ করতে পারে কিন্তু ৩৭ সে. তা করতে পারে না।

Domain : DNA বা প্রোটিন অণুসূত্র বিশেষ বিশেষ ক্রিয়া সম্পাদনের নিমিত্তে সৃষ্ট বিশেষ বিশেষ অনুক্রমবিশিষ্ট ভাঁজ।

Down stream : DNA অণু বা জিনের যে অংশ ব্যক্ত করবে তার অনুক্রমের সূচনা থেকে যে দিকে ৩ – প্রান্ত রয়েছে।

Endonuclease : নিউক্লিক এসিড অণু শৃঙ্খলের মধ্যবর্তী বা অভ্যন্তরবর্তী কোনো স্থানের ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনীর মুক্ত করে অণু খণ্ডের সৃষ্টি করে এরূপ এনজাইম।

Episome : ব্যাকটেরিয়ার DNA অণুর সাথে একাত্ম হয়ে যেতে পারে এরূপ প্লাজমিড।

Excision repair : অসম্পূরক নিউক্লিওটাইডের অনুপ্রবেশের ফলে সৃষ্ট জটিলতা বা ক্ষতিগ্রস্ত একসূত্রক DNA অংশটুকু সরিয়ে সে স্থানটুকু সঠিকভাবে মেরামত করার প্রক্রিয়া বিশেষ।

Expression vector : কৃত্রিম উপায়ে ক্লোনিং ভেক্টরকে আকৃতি দেয়া হয় যেখানে কোডিং অনুক্রম এমন একটি বিশেষ অংশে প্রবর্ধকের কাছাকাছি অনুপ্রবেশ ঘটানো হয় যেখান থেকে অনুলিপন ও অর্থকরণ ঘটবে।

Finger print : প্রোটিন বা নিউক্লিক অ্যাসিড অণুসূত্রকে এনজাইমের সাহায্যে সুনির্দিষ্টভাবে কেটে নিয়ে ইলেক্ট্রোফোরেসিস পদ্ধতিতে খণ্ডগুলোকে পৃথক করার পর দৃশ্যমান চিত্র।

fMet (N-formylmethionine) : এক প্রকার রূপান্তরিত বিশেষ অ্যামিনো এসিড যাকে বিশেষ tRNA বহন করে ব্যাকটেরিয়ায় অর্থকরণ সূচনা করে।

Frameshift mutation : ডিলেশন বা ইনসারশনের মাধ্যমে স্বাভাবিক কোনো অনুক্রমের পরিবর্তন ঘটা কিন্তু তা তিন ক্ষারক জোড়ের গুণিতক নয়।

Gene : DNA অণুর অংশবিশেষ যা একটি পূর্ণাঙ্গ RNA বা প্রোটিন অণু সৃষ্টির উদ্দেশ্যে জৈব সংকেত প্রবাহের সৃষ্টি করতে পারে।

Genetic code : এক গুচ্ছ জৈব সংযোগ সাধনকারী, DNA তে সজ্জিত, ত্রিপদী নিউক্লিওটাইড অনুক্রম যা অ্যামিনো এসিডে অর্থকরণে সক্ষম।

Genetic engineering : কোনো দূর বা নিকট সম্পর্কিত জীবের মধ্যে কৃত্রিম প্রাণ রসায়নিক প্রক্রিয়ায় কৌলিক উপায়ে সার্থক স্থানান্তরণের মাধ্যমে নতুন চরিত্র প্রাপ্তি কৌশল।

Genome : কোষের সম্পূর্ণ কৌলিক উপাদান।

Heteroduplex : কোনো দুটি অপ্রকৃতস্থ DNA অণুদ্বয়ের সঙ্করজাত দ্বিসূত্রক অণু সৃষ্টি হলে সেখানে কিছু সম্পূরক স্বাভাবিক অংশ ও কিছু অসম্পূরক অস্বাভাবিক অংশের (Homoduplex) বিপরীত বিশিষ্ট যে আকৃতি পায়।

Heteropolymer : বিভিন্ন প্রকার নিউক্লিওটাইড নিয়ে গঠিত DNA বা RNA পলিমার (Homopolymer এর বিপরীত)।

hnRNA (heterogenons nuclear RNA) : নিউক্লিয়ার জিন হতে সংশ্লেষিত অনুলিপিত RNA যা স্বল্পস্থায়ী এবং ব্যাপক আকৃতিগত বৈচিত্র বিশিষ্ট।

Hot spot : DNA অণুসূত্রের যে অংশে পরিব্যক্তি ঘটার হার খুবই বেশি।

House keeping genes : যে সকল জিন থেকে সৃষ্ট প্রোটিন কোষের কর্মকাণ্ডে সবসময় প্রয়োজন হয়।

Hyperchromicity : DNA অণুর স্বাভাবিক দ্বিসূত্রক অবস্থা থেকে অপ্রকৃতস্থ এক সূত্রক অবস্থায় পতিত হওয়ার সময় পরিবর্তিত নিম্ন মাত্রার আলোকশোষণ (absorbancy)।

Inducer : পারিপার্শ্বিক সক্রিয় কারক বা উপাদান যা নিয়ন্ত্রক প্রোটিনকে নিষ্ক্রিয় করে কোনো জিনকে অনুলিপনের জন্য সক্রিয় করে তোলে।

Initiation codon : mRNA অণুতে AUG বা GUG অনুক্রমবিশিষ্ট ত্রিপদী নিউক্লিওটাইড যা প্রোটিন সংশ্লেষণের সূচনা ঘটাতে সংকেত প্রবাহের সৃষ্টি করে।

Intervening sequence : DNA অণুসূত্রের একটি অনুক্রম অংশ যার অনুলিপন ঘটে কিন্তু অর্থকরণের পূর্বে অনুলিপিত অণু থেকে যে অপ্রয়োজনীয় অংশের প্রান্ত দুটি কর্তিত হয়ে ঝড়ে যায়।

Intron : DNA অনুক্রমের মধ্যবর্তী কোনো অপ্রয়োজনীয় অংশ যা অনুলিপনের পর প্রাথমিক অণু থেকে কর্তিত হয়ে ঝড়ে পড়ে।

Inverted repeats : DNA তে একই অনুক্রমের দুটি সেট যা একই অবস্থানে বিপরিতমুখী দুটি অণুসূত্রে অবস্থান করে (Palindromic)।

in-vitro translation : কোষ বহির্ভূত অনুলিপন কৌশল যেখানে নির্দিষ্ট পেপটাইড সংশ্লেষণক্ষম mRNA সহ রাইবোজোম, অ্যামিনো এসিড, এনজাইম ও ক্ষারক এনজাইমসহ প্রয়োজনীয় উপকরণসহ মিশ্রিত দ্রবণ।

Isoacceptor : দুই বা ততোধিক tRNA অণু কিন্তু একই অ্যামিনো এসিডের প্রতি নির্দিষ্ট।

kbp (Kilobase pair) একটি অনুক্রমের এক হাজারটি নিউক্লিওটাইড সংখ্যা।

Klenow fragment : Polymerase I এনজাইমের বৃহৎ যৌগাংশ যার মধ্যে কার্যকর ৫ – ৩ exonuclease প্রোটিন অণু নেই।

Kinetic complexity : একটি DNA অণুর গঠন প্রকৃতিতে জটিলতা (অনুক্রমভেদে) যা DNA অণুর reassociation kinetics থেকে পরিমাপ করা যায়।

Jumping genes : স্থানান্তরণ উপাদানের (Transposons) সাথে সম্পৃক্ত জিনসমূহ।

Lagging strand : DNA অণুর সমলিপন চলাকালীন যে সূত্রটি ৫ – ৩ মুখী হয়ে খণ্ড খণ্ড (Okazaki) আকারে বিচ্ছিন্ন উপায়ে সংশ্লেষণ করে।

LaHela বা Hela cell : carcinoma (ক্যান্সার) রোগে আক্রান্ত হয়ে Helen Lane নামে এক মহিলা রুগী ১৯৫১ সালে মারা যায়। রুগীর সংগৃহীত কোষ গবেষণার জন্য ব্যাপকভাবে ব্যবহৃত এক প্রকার বিশেষ কোষ–কলা হিসেবে সংরক্ষিত।

Leader sequence : mRNA অণুর ৫ – প্রান্তের এক বিশেষ নিউক্লিওটাইড অনুক্রম যা অর্থকরণের সূচনা ঘটাতে বিশেষ উপায়ে নিয়ন্ত্রণ করে।

Leading strand : DNA অণুর সমলিপনের সময় যে সূত্রটি ৩ – ৫ মুখী স্বাভাবিক নিরবিচ্ছিন্ন গতিতে সংশ্লেষণ শেষ করে।

Linker DNA : নিউক্লিওজোমের কেন্দ্রীয় শাঁস অংশের ১৪৭ ক্ষারক জোড়ের অতিরিক্ত DNA অংশ যা পাশে অবস্থিত নিউক্লিওজোমের সাথে সংযোগ ঘটায়।

Long, period interspersion : জিনোমের এক প্রকার নমুনা প্রকৃতি যেখানে পর্যায়ক্রমিক পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম পর্যায়ক্রমে গুচ্ছকারে সজ্জিত থাকে।

M_{13} : এক সূত্রক DNA ভাইরাস। এর DNA Sanger এর পদ্ধতিতে DNA অনুক্রম নির্ণয় করতে ব্যবহার হয়।

Marker (DNA বা প্রোটিন) : অণু বা খণ্ড যার আণবিক ওজন বা ক্ষারক অনুক্রম সংখ্যা পূর্ব থেকে নির্ণয়কৃত যার সাহায্যে অনুরূপ অজানা অণু বা খণ্ডের তুলনা বা পরিমাপ করা যায়।

Maxam : Gilbert technique : DNA অনুক্রম নির্ণয় করতে যে রাসায়নিক পদ্ধতি অনুসরণ করা হয়; তার আবিষ্কারকদের নামানুসারে কৌশলটির নামকরণ হয়েছে।

Modifying enzyme : DNA অনুক্রমের যেখানে রেস্ট্রিকশন এনজাইম সক্রিয় এরূপ অবস্থানের অ্যাডিনিল ক্ষারককে রাসায়নিকভাবে রূপান্তর করতে পারে এরূপ এনজাইম। এই প্রক্রিয়ায় DNA সুরক্ষিত থাকে।

Micron (μ) : কোষ বা কোষাঙ্গানুর আকার বর্ণনা করতে সুবিধাজনক দৈর্ঘ্যর একক। এটি প্রকাশ করতে milimicron (mμ) ব্যবহার করা হয় যা $১০^{-৩}$ সে.মি. বা $১০^{২}$ Å এর সমান।

Multigene : প্রায় একই কাজ করে এরূপ সমগোত্রীয় একগুচ্ছ জিন।

Mutation : জিনোমিক DNA অণুর নিউক্লিওটাইড অনুক্রমের কোনো স্বাভাবিক পরিবর্তনকে বোঝায়।

Mutagen : ভৌত বা রাসায়নিক উপাদান যা DNA অণুর পরিব্যক্তি ঘটাতে পারে।

Nascent polypeptide : সদ্য সংশ্লেষিত অ্যামিনো এসিড যা তখনও রাইবোজোমের সাথে সংযুক্ত রয়েছে কিন্তু অর্থকরণ পরবর্তী রূপান্তরন প্রক্রিয়া শুরু হয়নি।

Nick : দ্বিসূত্রক DNA অণুর একটি সূত্রের কোনো দুটি নিউক্লিওটাইডের মধ্যবর্তী ফসফোডাই-এস্টার বন্ধনীর অনুপস্থিতির কারণে কাটা অংশ।

Nick translation : *E. coli* তে DNA অণুর কোনো কাটা একসূত্রক অংশ থেকে শুরু করে কিছু অনুক্রম অংশ সরিয়ে সে স্থানে DNA পরিমারেজ – । পুনঃসংশ্লেষণ শেষে কাটা অংশ পূর্ণ করে মেরামত কাজ সম্পন্ন করে।

Nitrocellulose filter : নাইট্রোসেলুলোজ দিয়ে সৃষ্ট এক প্রকার বিশেষ কাগজাকৃতি যার সাথে এক সূত্রক DNA সুদৃঢ়ভাবে লেগে থাকে ; Sauthern blotting কৌশল ও জিন লাইব্রেরি screening এর প্রয়োজনে এই কাগজ ব্যবহৃত হয়।

Northern blotting : এক প্রকার কৌশল যার সাহায্যে অ্যাগারোজ জেল থেকে RNA কে নাইট্রোসেলুলোজ ফিল্টারে স্থানান্তরের পর সম্পূরক একসূত্র DNA এর সাহায্যে সঙ্কর অণু সৃষ্টির মাধ্যমে জিনের অবস্থান চিহ্নিত করা হয়।

Nucleoside : DNA বা RNA নিউক্লিওটাইডের ফসফেট অংশটুকু ছাড়া শুধু পাঁচ কার্বনবিশিষ্ট শর্করা ও পিউরিন বা পিরিমিডিন ক্ষারক যুক্ত যৌগ।

Nucleosome : ক্রোমাটিন সূত্রের মৌলিক গাঠনিক একক যার মধ্যে প্রায় ২০০ ক্ষারক জোড়বিশিষ্ট DNA সূত্র এবং অক্টামার হিস্টোন প্রোটিন ও H1 রয়েছে।

Nucleotide : পিউরিন বা পিরিমিডিন ক্ষারক এবং সাথে পাঁচ কার্বনবিশিষ্ট রাইবোজ বা ডি–অক্সিরাইবোজ শর্করার সাথে ফসফেট গ্রুপের এক জটিল যৌগ।

Oligonucleotide : ২০টি নিউক্লিওটাইড পর্যন্ত সৃষ্ট DNA বা RNA অণুসূত্র।

Operator : DNA অণুর একটি অংশ যেখানে একটি দমনকারী প্রোটিন যুক্ত হয়ে কাছাকাছি অবস্থিত প্রবর্ধকের কাজকে বাধা দেয় যা একটি অপেরনের সাথে সম্পর্কযুক্ত।

Operon : দুই বা ততোধিক ধারাবাহিকভাবে সজ্জিত জিন যা একটি পরিচালনাকারী ও একটি দমনকারী এর সমন্বয় সাধন করে ও নিয়ন্ত্রিত হয়।

Ori (origin) DNA অণুসূত্রের একটি বিশেষ অনুক্রম যেখান থেকে সমলিপন প্রক্রিয়ার সূত্রপাত ঘটে।

32p : ফসফরাসের একটি তেজস্ক্রিয় আইসোটোপ যা থেকে শক্তিশালী β - কণার বিচ্ছুরণ ঘটে ; এর অর্ধায়ু মাত্র ১৪.৩ দিন ; নিউক্লিক এসিডে ফসফোডাই–এস্টার বন্ধনী সৃষ্টির সময় সহজে আত্মিকরণ হয় বলে DNA, RNA গবেষণায় বহুলভাবে ব্যবহৃত হয়।

Palindrome : DNA অণুসূত্রের একটি ক্ষুদ্রাংশ যার ক্ষারক অনুক্রম ধারা দুটি সূত্রে একই রকম কিন্তু একটি আর একটির সম্পূরক ও বিপরীত মুখী।

Papovavirus : এক শ্রেণির ক্ষুদ্র জিনোমবিশিষ্ট প্রাণী ভাইরাস (SV40, Polyoma)।

pBR322 : কৃত্রিম উপায়ে সৃষ্ট প্লাজমিড ক্লোনিং ভেক্টর।

Phage : ব্যাকটেরিয়া ভাইরাস যা ব্যাকটেরিওফাজের সংক্ষিপ্ত নাম।

Plasmid : ব্যাকটেরিয়ার ক্রোমোজোম বহির্ভূত ক্ষুদ্র ক্ষুদ্র গোলাকৃতির DNA অণুবিশেষ যা স্বাধীনভাবে সমলিপন করে ; অণুতে কয়েকটি জিন থাকে যার মধ্যে কয়েকটি এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী জিনও রয়েছে।

PolyA : ইউক্যারিওটিক mRNA অণু সৃষ্টি শেষে ৩' প্রান্তে শুধু অ্যাডিনিন পলিনিউক্লিওটাইডের একটি লেজ বিশেষ (A⁻ এর বিপরীত)।

Polyribosome (polysome) অর্থকরণের প্রয়োজনে mRNA অণুর সাথে যুক্ত কিছুদূর পর পর সাবিবদ্ধ কার্যকর রাইবোজোমের মালা বিশেষ।

Primary transcript : সদ্য সৃষ্ট অনুলিপিত একক যা তখনও কোনোরূপ প্রক্রিয়াজাত হয়নি।

Primer : স্বল্প সংখ্যক অনুক্রমবিশিষ্ট ক্ষুদ্র RNA যা একসূত্রক DNA–এর একাংশের সম্পূরক হয়ে জোড় বাধে ; এর এক প্রান্তে 3'- OH থাকায় DNA pol তখন DNA সংশ্লেষণের সূত্রপাত ঘটাতে পারে।

Primosome : বিশেষ প্রোটিন যৌগ যা প্রতিবার Okazaki খণ্ড সংশ্লেষণ শুরু করার জন্য প্রয়োজন হয়।

Proof reading : প্রোটিন বা নিউক্লিক এসিড সংশ্লেষণের সময় প্রতিটি নিউক্লিওটাইড একক নির্দিষ্ট শৃঙ্খলে যুক্ত হওয়ার পর কোনো ভুল এককের অনুপ্রবেশ চিহ্নিত ও সংশোধন প্রক্রিয়াকে বুঝিয়ে থাকে।

Polynucleotide kinase : একটি এনজাইম যা ATP থেকে একটি ফসফেট গ্রুপকে DNA বা RNA অণুর ৫' – প্রান্তে স্থানান্তর করতে পারে।

Post translational modification : সদ্য সংশ্লেষিত পলিপেপটাইড কার্যকর হওয়ার পূর্বে বিভিন্ন উপায়ে আকৃতগতভাবে রাসায়নিক পরিবর্তন।

3'–P terminus : DNA সূত্রের যে প্রান্তে শর্করার ৩ – প্রাইম সংখ্যা মুখ করে আছে।

5'- p terminus : DNA সূত্রের যে প্রান্তে শর্করার ৫ – প্রাইম সংখ্যা মুখ করে আছে।

Reading frame : DNA বা RNA অণুসূত্রের একটি নির্দিষ্ট প্রারম্ভ নিউক্লিওটাইড থেকে নিম্নাংশে ত্রিপদী কোডনের ধারাবাহিক অনুক্রম বিশেষ।

Recombinant DNA : বিভিন্ন জীব থেকে পুনঃসংযোজিত কৌলিক সংকেত সমৃদ্ধ একটি DNA অণু।

Regulatory gene : যে জিন থেকে একটি RNA বা প্রোটিন সংবাদ প্রবাহের মাধ্যমে আর একটি জিনের কার্যপ্রণালী নিয়ন্ত্রণ করে।

Renaturation of DNA : অপ্রকৃতস্থ সম্পূরক DNA সূত্রের পুনঃমিলন। অনেক সময় অপ্রকৃতস্থ প্রোটিনের পুনঃআকৃতি প্রাপ্তাকেও বুঝায়।

Repetitive DNA : জিনোমের বিভিন্ন স্থানে ছড়িয়ে থাকা বিশেষ বিশেষ DNA অনুক্রম যা পুনঃপুনঃ সজ্জিত থাকে।

Replication : এক প্রকার জটিল জৈব রাসায়নিক প্রক্রিয়া যেখানে DNA মাতৃ দ্বিসূত্রকে ছাঁচ হিসেবে কাজে লাগিয়ে অনুরূপ আর একটি সম্পূরক অণুসূত্র সৃষ্টি হয়ে দুটি DNA অণুসূত্র সংশ্লেষিত হয়ে দুটি DNA অণুসূত্রের সৃষ্টি করে।

Replication fork : মাতৃ DNA সমলিপনের সময় মাতৃ DNA দ্বিহেলিক্স যে স্থানে পরস্পর থেকে মুক্ত হয়ে দূরে অবস্থান করার ফলে যে Y আকৃতিপ্রাপ্ত হয়।

Replicon : একটি DNA অণুসূত্র যার ভিতরে সমলিপনক্ষম ওরি অংশ রয়েছে।

Replisome : ব্যাকটেরিয়ার DNA সমলিপনের সময় সমলিপন শুরু করতে Replicating fork এর গোড়ায় DNA পলিমারেজসহ বেশ কিছু প্রোটিনের সমন্বয়ে যে জটিল যৌগের সৃষ্টি করে।

Repression : যে উপায়ে DNA অণুসূত্রের বিশেষ অংশে দমনকারী প্রোটিনের সংযোগ ঘটে গিয়ে অনুলিপনের বাধক হয়ে দাঁড়ায়।

Repressor : এক প্রকার প্রোটিন যা পরিচালনাকারী অংশে সংযুক্ত হয়ে অনুলিপনের বাধক হয়ে দাঁড়ায়।

Reverse transcriptase : RNA নির্ভর DNA পলিমারেজ এনজাইম যার সাহায্যে RNA থেকে DNA সংশ্লেষণ ঘটে।

Rho (ρ) factor : *E. coli* তে RNA pol. এর অনুলিপন প্রক্রিয়া একটি নির্দিষ্ট স্থানে শেষ করতে rho factor নামে এক প্রকার প্রোটিন অংশ গ্রহণ করে।

Ribosome : rRNA ও প্রোটিনের সমন্বয়ে গঠিত বহুল প্রাপ্ত ক্ষুদ্রাকৃতির কোষাঙ্গাণু যেখানে প্রোটিন সংশ্লেষণ ঘটে। Ribozyme-catalytic activity রয়েছে এরূপ প্রকৃতির RNA অণু।

RNA splicing : RNA অণু থেকে intron অংশ কেটে ফেলে (বা splicing) exon অংশ পুনঃজোড়া লাগানো পদ্ধতি।

rRNA (Ribosomal RNA) এক প্রকার RNA প্রজাতি যা রাইবোজোম গঠনে প্রধান ভূমিকা রাখে।

^{35}S : সালফার তেজস্ক্রিয় আইসোটপ যেখান থেকে β রশ্মির বিচ্ছুরণ ঘটে ; এর অর্ধায়ু ৮৭ দিন। সালফার প্রয়োজন হয় এরূপ অ্যামিনো এসিডে প্রবেশ করে বিধায় প্রোটিন গবেষণায় বহুল ব্যবহৃত হয়।

SEM : Scanning Electron Microscope এর সংক্ষেপ রূপ। বিশেষ এক প্রকার অণুবীক্ষণ যন্ত্র যেখানে ইলেক্ট্রন ব্যবহার করে পদার্থের পৃষ্ঠদেশের ত্রিমাত্রীক চিত্রের বিভিন্ন বিবর্ধিত আকার দৃশ্যায়িত হয়।

Shine : Delgarno sequence (SD sequence) - mRNA অণুর প্রারম্ভিক অনুলিপন কোডের উর্ধাংশে অবস্থিত পিউরিন (AG) সমৃদ্ধ একটি ছোট অনুক্রম দৈর্ঘ্য যা রাইবোজোমের rRNA এর প্রান্তের সম্পূরক বিধায় সে স্থানে জোড় বাঁধে।

Short period interspession : জিনোমের এক প্রকার নমুনা প্রকৃতি যেখানে পরিমিত পুনঃ পুনঃ অনুক্রমসমূহ (~৩০০ ক্ষারক জোড়বিশিষ্ট) পর্যায়ক্রমে অনুপম DNA অনুক্রম (~১০০০ ক্ষারক জোড়বিশিষ্ট) দিয়ে সজ্জিত থাকে।

Sigma (σ) factor : ব্যাকটেরিয়ার RNA পলিমারেজের অনুলিপনের অতি প্রয়োজনীয় শাঁস প্রোটিনের অতিরিক্ত প্রোটিন অণু যা প্রবর্ধক অংশ খুঁজে নিয়ে সঠিক অনুক্রম অংশে সংযুক্ত হয়ে অনুলিপন শুরু করতে সাহায্য করে।

Split gene : জিনের যে অংশটুকু অর্থকরণ করবে সেটুকু যখন মধ্যবর্তী অর্থহীন অনুক্রম অংশদ্বারা বিচ্ছিন্ন থাকে।

snRNA (Small nuclear RNA) : কেন্দ্রিকাস্থ ক্ষুদ্রাকৃতির RNA অণু যার অনেকে splicing বা অন্যান্য RNA অনুলিপন প্রক্রিয়ায় অংশগ্রহণ করে।

Sticky end (cohesive end) : একটি খণ্ডিত DNA সূত্রের প্রান্তে কয়েক মোল বিশিষ্ট একসূত্রক বর্ধিত অংশ যার সম্পূরক অংশ একই বা ভিন্ন DNA খণ্ড রয়েছে।

Supercoil : বদ্ধ গোলাকৃতির দ্বিসূত্রক DNA থেকে সংযুক্ত প্রোটিন সরিয়ে নিলে যে অতি ঘূর্ণির সৃষ্টি হয়।

Tandem repeat : DNA সূত্রে একই অনুক্রমবিশিষ্ট বহু কপি পর পর ধারাবাহিকভাবে গুচ্ছাকারে সজ্জিত অংশ।

Template : আণবিক 'ছাঁচ' (mould) যা আর একটি অনুকৃতি বা প্রতিকৃতি এবং অনুক্রম সংশ্লেষণ করতে নির্দিষ্ট করে।

Transcription : DNA ছাঁচের উপর ভিত্তি করে একটি RNA অণু সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া।

Transfection : কোনো প্রতিযোগী ব্যাকটেরিয়ায় কোনো বহিঃ DNA অনুপ্রবেশকরণ।

Translation : mRNA ছাঁচের উপর কৌলিক সংকেত অনুযায়ী যে বিক্রিয়ায় বা প্রক্রিয়ায় অর্থকরণ শেষে প্রোটিন সংশ্লেষণ হয়।

Transposon : ক্ষুদ্রাকৃতির DNA অনুক্রম দৈর্ঘ্য যা নিজে নিজে সমলিপন করতে পারে ও তার কোনো কপি জিনোমের কোনো নতুন স্থানে অনুপ্রবেশ ঘটাতে পারে এবং এক স্থান থেকে অন্য স্থানে স্বাধীনভাবে চলাচলও করতে সক্ষম।

tRNA : (transfer RNA) এক প্রকার ক্ষুদ্রাকৃতির RNA প্রজাতি যা সুনির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিড বহন করে অর্থকরণের সময় রাইবোজোমের নিকট নিয়ে আসে।

Trailer : mRNA অণুর নিম্নাংশে ৩' - প্রান্তে যেখানে termination কোডন রয়েছে সে স্থানের পরে অবস্থিত অর্থহীন অনুক্রম অংশ।

Upstream : অনুলিপন একক এর বিপরীতমুখী ৫' - প্রান্তের দিকে অনুক্রম অংশ।

Western transfer: পলি-অ্যাকরিলামাইড জেলে পৃথককৃত প্রোটিন ব্যান্ডকে নাইট্রোসেলুলোজ মেমব্রেনে ইলেক্ট্রোফোরেটিক উপায়ে স্থানান্তরণ কৌশল।

Zero time reassociation : অপ্রকৃতস্থ DNA অণু যা সবচেয়ে দ্রুততম সময়ে দ্বিসূত্রকে পরিণত হয়। তবে এ ক্ষেত্রে একই সূত্রে অবস্থিত সম্পূরক অনুক্রমবিশিষ্ট প্রান্তদ্বয়ের মধ্যে যে পুনঃমিলন ঘটে।

নির্ঘন্ট

অক্সিডেটিভ ডি–অ্যামিনেশন ২৬৬
অগ্রণী সূত্রক ৬৪, ৭৫, ৭৬
অগ্রীয় অংশ ১০৮
অর্থকরণ প্রক্রিয়া ১৮২
অর্থকরণের বাধক ২০৩
অর্থপূর্ণ সংকেত ১৮০
অর্থবিহীন পরিব্যক্তি ২৫৪
অর্ধসংরক্ষণশীল সমলিপন ৫৩
অনুপম অনুক্রম ৪৩
অনুলিপন ১০২
অনুলিপনের দ্বি–নিউক্লিওটাইড ধাপ ১১২
অনুলিপন বুদবুদ ১১১
অপচিতিমূলক অবদমন ২২৮
অবস্থান্তর পরিব্যক্তি ২৫০
আর্থার করনবার্গ ১৫৬
অ্যাটিনুয়েশন ২৩৮
অ্যালকাইলেশন ২৬৭
অ্যারাবিনোজ অপেরন ২৩৩
অ্যালোস্টারিক নিয়ন্ত্রণ ২২১
ইউক্যারিওটের অনুলিপন ১১৮
এডউইন চারগ্যাফ ১৭
ইউক্যারিওটের জিন নিয়ন্ত্রণ ২৪৩
ইউক্যারিওটিক ট্রান্সপোজোন ২৮৩
ইউক্যারিওটের মিথাইলেশন ২৯৭
ইনসারশন পরিব্যক্তি ২৫০
উচ্চ পুনঃপুনঃ অনুক্রম ৪১
ঊর্ধ্বমুখে নিষ্ক্রিয়ক অনুক্রম ২৪৬
উর্ধ্বমুখে সক্রিয়ক অনুক্রম ২৪৬
ঐকমত্য অনুক্রম ৬৭, ১০৮, ১০৯, ১২০
ওকাজাকি খণ্ড ৭২
ওলিগোনিউক্লিওটাইড ২
কারসিনোজেনিক ২৭৩
কৌলিক সংকেতের অভিধান ১৭৮
ক্যারিওটাইপ ৯৩
ক্লোরোপ্লাস্ট DNA–এর সমলিপন ৮৬
গঠনগত জিন ২২২
গৌণ RNA ১৩০
গ্লাইকোপ্রোটিন ২০৭
জাঁক মনো ২১৬
জিন ৯৬
জিন স্তরের পরিব্যক্তি ২৫৩
জেমস ওয়াটসন ২৩
টোপোআইসোমারেজ ৮০
টেইলর অংশ ১০৭
টেমপ্লেট সনাক্তকরণ ১০৬
ট্রিপটোফ্যান অপেরন ২৩৫
ট্রিপলেট কোডন ১৭১
ডিঅক্সিরাইবোনিউক্লিক এসিড ১১
ডি–অ্যামিনেশন ২৬৬
তাপ সক্রিয় পরিব্যক্তি ২৫৭
দীর্ঘকরণ ফ্যাক্টর –Tu ১৯৬
দ্বিহেলিক্সের সমলিপন পদ্ধতি ৫৩
ধীর–গতীয় সূত্রক ৬৪, ৭৫, ৭৬
নিউক্লিওটাইড ১
নিউক্লিওসাইড ট্রান্সফারেজ ১৫২
নিউক্লিওসাইড ৬
নিউক্লিক এসিডের শ্রেণিবিন্যাস ১০
নিরব পরিব্যক্তি ২৫৪
পরিব্যক্তীয় তপ্ত দাগ ২৭২
পরিমিত পুনঃপুনঃ অনুক্রম ৪২
পরিবর্তনশীল উপাদান ২৭৮
পলিজোম ১৯৯
পিউরিন ২
পিরিমিডিন ২
প্রবর্তিত পরিব্যক্তি ২৬২
প্রাইমোজোম ৭৬
প্রাণঘাতী পরিব্যক্তি ২৫৬
প্রারম্ভিক প্রোটিন ৬৮
প্রোক্যারিওটিক ট্রান্সপোজোন ২৮০
প্রোটিওলাইটিক কর্তন ২১০
প্রোটিনের অ্যাসাইলেশন ২০৯
প্রোটিন ভাঁজকরণ ২০৫
প্রোটিন সংশ্লেষণ কৌশল ১৮৩
ফ্রান্সিস–ক্রিক ২৫
ফাজ DNA সমলিপন ৮৩
ফ্রাঙ্কিস জাকব ২১৬
বার্তাবাহক RNA–১৫৮
বিন্দু পরিব্যক্তি ২৫০
বিপরীত ভাজ অনুক্রম ৪০, ২২৫

বিশ্লিষ্ট সমলিপন ৫৫
মরিস উইলকিন্স ২১
ম্যাথিউ মেসেলসন ৫৪
মাইটোকন্ড্রিয়াল DNA-এর সমলিপন ৮৬
মাইটোরাইবোজোম ১৩৯
মার্শাল নিরেনবার্গ ১৭৪
রবার্ট হলে ১৪৭
রক্ষণশীল সমলিপন ৫৫
রাইবোজোমাল RNA ১৩১
রেট্রোস্পোজোন ২৮৪
রেপ্লিকেজ ৬৫
লাইগেজ ৭৬
ল্যাক্টোজ ২১৭
শর্করা ৪
সমলিপন একক ৮৯
সমলিপনের গতিবেগ ৮৩
সমলিপনের জৈব রাসায়নিক প্রক্রিয়া ৬৫
সমলিপনের ত্রুটি সংশোধন ৮২
সরল ট্রান্সপোজোন ২৮৪
সিডনী ব্রিনার ১৫৯
সেভারো ওকোয়া ১৭৩
সংকেত অক্ষর ১৭০
সংমিশ্রিত ট্রান্সপোজোন ২৮১
সিসটারনা ২১০
স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তি ২৪৯, ২৬০
হরগোবিন্দ খোরানা ১৭৭
হলোরিপ্রেসর ২৩৬, ২৩৭
হেলিকেজ ৬৯
ক্রোমোজোমের সমলিপন ৮৮
ত্রুটিসমন্বয় পরীক্ষা পাঠ ৮২

Acridine রঙ ২৬৯
Adenyl cyclase ২২৯
Ames test ২৭৩
Aminoacyl adenylate ১৮৩
2-aminopurine ২৬৫
Attenuator-এর নিয়ন্ত্রণ ২৪১
Autogenous নিয়ন্ত্রণ ২৩৫
Autonomously replicating sequence (ARS) ৬৮
Auxotrophic পরিব্যক্তি ২৫৭
∝-amanitin ১২৩
β-গ্যালাক্টোসাইডেজ ২১৭
—35 box ১০৭, ২৩২
—10 box ১০৭, ২৩২
—55 box ১১০
CAAT box ১১০, ১২০
Cap-binding প্রোটিন ১৬২
CAP-site ২২৯
Capping প্রক্রিয়া ১৬২
Catabolic activator ২২৯
Central Dogma ৯৭
Chargaff-এর সূত্র ১৬
Chloramphenicol বাধক ২০৩
Cistron ১৫৮
Class-I ট্রান্সপোজোন ২৮০
Closed promoter complex ১১০
Coding অঞ্চল ১৫৮
Codon সনাক্তকরণ ১৮৭
Cognate tRNA ১৮৩
Conservative সমলিপন ৫৫
Copia 497 ট্রান্সপোজোন ২৮৩
δ-অনুক্রম ২৮৪
Discontinuous জিন ১০১
Dispersive সমলিপন ৫৫
DNA অণুর অর্থকরণ ১৬৯

DNA ১১
—অনুক্রম ১৫
—ক্ষারক অনুপাত ১৬
—দ্বিহেলিক্সের গঠন ১৮
—RL মডেল ৩৪
—আর্দ্র বিশ্লিষ্টতা ৩৭
—অনুক্রম শ্রেণী ৩৯

DNA'র অসম্পূরকজনিত মেরামত ৩০০
—ডিঅক্সিঅ্যামিনেশন ও সংশোধন ৩০১
—রক্ষাপদ্ধতি ২৮৬
—SOS পদ্ধতি ৩০৭

DNA'র ত্রুটি সংশোধন ৮২
DNA-মিথাইলেট্রান্সফারেজ ২৮৯
DNA-পলিমারেজ ৫৯
Docking প্রোটিন ১২১
Downstream ১০৭
Drosophilla ধরণ ৪৪
eRF ফ্যাক্টর ২০১
Frameshift পরিব্যক্তি ২৫১

Frameshift মিউটাজেন ২৬৯
Hela কোষ ১৩৩
Helix destabilizing প্রোটিন ৬৯
HIV ১২৬
his অপেরন ২৪০
hnRNA ২৪৪
Hogness box ১০৯
House keeping জিন ২১৪
Hyperchromicity ৩৫
Induceable অপেরন ২২৭
Inducer ২১৮
Initiator প্রোটিন ৬৮
Inosine ১৮৯
Intercalating বাহক ২৭০
Intergenic পুনর্ভব ২৫৮
Interspersion pattern ৪৩
intervening অনুক্রম ১০৭
IPTG ২২৪
Isoaccepting tRNA ১৮৩
Kenamycin বাধক ২০৩
lac অপেরন ২১৯
lac রিপ্রেসর ২২০
long period interspersion ৪৪
leader seqment ১০৬
M_{13}, G_4 ও ØX174 এর
সমলিপন ৮৩, ৮৪, ৮৫
Methylation জাতকরণ ১৬০
mRNA ৫০, ১৫৮
mRNA অণুর আয়ুষ্কাল ২১৩
Multisite পরিব্যক্তি ২৫৩
Nascent polypeptide ২০৫
N-linked glycans ২০৮
N-linked oligosaccharide
O-*lac* জিন ২২৪
O-liked glycans ২০৭
Oncogen ২৭৩
Open promoter complex ১১০
Peptidyl অবস্থান ১৯৬
Phe অপেরন ২৪০
Poly-A পলিমারেজ ১৬৪
Poly-A tail ১৬৩
Polyadenylation প্রক্রিয়া ১২৫
Polycistronic mRNA অণু ১৫৮
Preinitiation যৌগ ১৯৩
Pre-rRNA ১৩৩
Pribnow box ১০৭, ১০৮
RF ৮৪
RCR পদ্ধতি ৮৬
RNA সংশ্লেষণ ১০২
RNA পলিমারেজ ১০৪, ১০৬, ১১৮
—প্রাইমেজ ৭১
Replication of DNA ৫২
Replication origin ৬৭
সমলিপন নেত্র ৬৭
সমলিপন ফর্ক ৫৩
Repressable অপেরন ২৩৫
rRNA জিন ১৩২
Retrovirus ১২৬
ς-ফ্যাক্টর ১১৪
7OS–রাইবোজোম ১৩৬
8OS–রাইবোজোম ১৩৭
S-adenosyl methionine ২৯৩
Second-site reversion ২৫৮
Shine-Dalgarno অনুক্রম ১৬২, ১৯১
σ-ফ্যাক্টর ১০৫, ১১০
Splicing ১৫৪, ১৬৫
Split জিন ১০১
SSB প্রোটিন ৬৯, ৮৪
Strong binding site ১১০
Start point ১১২
Target অনুক্রম ২৮৬
Site specific mutagenesis ২৭৩
TATA box ২৩২
Tn-ট্রান্সপোজোন ২৭৯
Transposition ২৭৭
trp অপেরন ২৩৫
Transcription start ১০৭
Transposable element ২৭৮
tRNA–৫০, ১৪৫, ১৮৩
—প্রক্রিয়াজাতকরণ ১৫১
নিউক্লিওটাইডের রূপান্তর ১৫৩
tRNA synthetase ১৮৩
Type-I এনজাইম ২৯১
Type-II এনজাইম ২৯৪
Type-III এনজাইম ২৯৬
Wobble hypothesis ১৮০
UAS ২৪৬
Upstream ১০৭
Xenopus ধরন ৪৩
Xenophobic ২৮৮
X-ray অপবর্তন বিশ্লেষণ ১৯

গ্রন্থে ব্যবহৃত প্রতিশব্দ

Activator=সক্রিয়ক
Adoptor =প্রতিযোজক
Base=ক্ষারক
Base analogue=ক্ষারক সাদৃশ্য
Back mutation = ফিরতি পরিব্যক্তি
Cap binding protein= শীর্ষবরণ সংযোগ প্রোটিন
Central Dogma=কেন্দ্রিয় নীতি
Closed promoter complex=বদ্ধ প্রবর্ধক যৌগ
Coding region=সংকেতপূর্ণ অঞ্চল
Coding strand=সংকেতপূর্ণ সূত্র
Conditional lethal=শর্তমূলক প্রাণঘাতী
Constitutive expression=গঠনমূলক ব্যক্তকরণ
Degeneracy=অবক্ষয়
Direct repeat=সরাসরি পুনরাবৃত্তি
Dispersive=বিশ্লিষ্ট
Downstream=নিম্নপ্রবাহ
Elongation factor=দীর্ঘকরণ ফ্যাক্টর
Endosymbiosis=আন্তঃমিথোজীবী
Excision repair=কর্তন মেরামত
Expression=বিকাশ বা প্রকাশ
Feedback inhibition=ফিরতি বিঘ্ন প্রক্রিয়া
Fidelity of translation=অর্থকরণের বিশ্বস্ততা
Frame shift=কাঠামো পরিবর্তন
Genetic code=কৌলিক সংকেত
Half-life=অর্ধায়ু
Helix=ঘূর্ণি
Highly repetitive=উচ্চ পুনঃপুনঃ
House keeping gene=গৃহপরিচালিকা জিন
Induced mutation=প্রবর্তিত পরিব্যক্তি
Inhibitor of translation=অর্থকরণের বাধক
Inverted repeat=বিপরীতমুখী পুনরাবৃত্তি বা বিপরীত ভাঁজ অনুক্রম
Ionizing radiation=আয়নযুক্ত রশ্মি
Kinetic proof reading=গতিশীল ত্রুটি সংশোধন
Lagging strand=ধীরগতীয় সূত্র
Leader seqment=অগ্রীয় অংশ
Leading strand=অগ্রণী সূত্রক
Loose binding site=নমনীয় বন্ধন স্থান
Mismatch proof reading=ত্রুটি সমন্বয় পরীক্ষা পাঠ
Missense mutation=ত্রুটিপূর্ণ অর্থবিশিষ্ট পরিব্যক্তি
Moderately repetitive=পরিমিত পুনঃপুনঃ
Mutation=পরিব্যক্তি
Non-overlapping=অ-উপরিপন্ন
Non-sense mutation=অর্থবিহীন পরিব্যক্তি
Open promoter complex=মুক্ত প্রবর্ধক যৌগ
Open reading frame=মুক্ত পাঠ কাঠামো
Perpetuation=চিরস্থায়ীকরণ
Photoreactivation=আলোকসক্রিয় প্রক্রিয়া
Point mutation=বিন্দু পরিব্যক্তি
Post-translational modification=অর্থকরণ পরবর্তী রূপান্তর
Preinitiation complex=প্রাক সূচনাকরণ যৌগ
Precursor=মধ্যবর্তী
Premature termination=আকাশ পরিসমাপ্তি
Promoter=প্রবর্ধক
Prototroph=বন্যজাত
Regulator gene=নিয়ন্ত্রক জিন
Release factor=মুক্তকরণ ফ্যাক্টর
Replication=সমলিপন
Repression=অবদমন
Reverse transcription=বিপরীত অনুলিপন
Second site reversion=দ্বিতীয় অংশে পুনর্ভব
Sedimentation coefficient=তলানিপড়নসহ সহগ
Semiconservative = অর্ধসংরক্ষনশীল
Sense codon=অর্থপূর্ণ সংকেত
Site-specific mutagenesis=সুনির্দিষ্ট মিউটাজেনেসিস
Spacer=পরিসর সৃষ্টিকারী অংশ
Splicing=স্বীয় কর্তন ও সংযোজন
Spontaneous mutation=স্বতঃস্ফূর্ত পরিব্যক্তি
Start point=প্রারম্ভ বিন্দু
Strain=উপজাত
Structural gene=গঠনগত জিন
Target sequence = উদ্দিষ্ট অনুক্রম
Termination codon=সমাপ্তিকরণ সংকেত
Termination of peptide=পেপটাইডের সমাপ্তিকরণ
Transcription=অনুলিপন
Transcription bubble=অনুলিপন বুদবুদ
Tranmient brackage = ক্ষণিক ভেঙে যাওয়া
Translation=অর্থকরণ
Transition mutation=অবস্থান্তর পরিব্যক্তি
Transversion mutation=প্রচ্ছান্তর পরিব্যক্তি
Upstream=উর্ধ্বপ্রবাহ
Upstream activating sequence=উর্ধ্বমুখে সক্রিয়ক অনুক্রম
Upstream repressing sequence=উর্ধ্বমুখে নিষ্ক্রিয়ক অনুক্রম
Unique sequence=অনুপম অনুক্রম
Wobble hypothesis=অস্থিতি অনুকল্প
X-ray diffraction analysis=এক্স-রে অপবর্তন বিশ্লেষণ

BANSDOC Library
Accession No. 18078
BANSDOC Library