



# আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান

## MOLECULAR GENETICS

প্রফেসর জিতেন্দ্র নাথ রায়



কবির পাবলিকেশন্স  
৩৮/৩ বাংলাবাজার, ঢাকা-১১০০

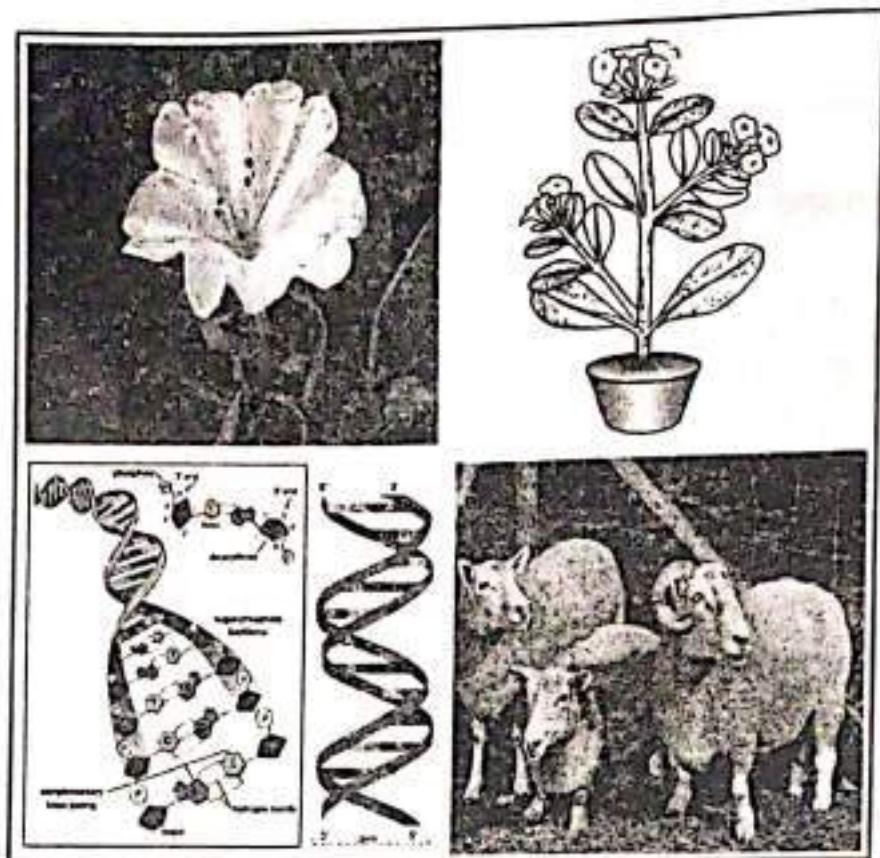
প্রফেসর জিতেন্দ্র নাথ রায়

MOLECULAR  
GENETICS



বিজ্ঞান বিষয়ক বই প্রকাশে একটি অনন্য প্রকাশনা প্রতিষ্ঠান—

KP সিরিজ । কবির পাবলিকেশন



## আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান



জাতীয় বিশ্ববিদ্যালয় ও ঢাবি অধিভুক্ত সাত (৭) কলেজের উদ্ভিদবিজ্ঞান মাস্টার্স শেষ বর্ষের বিষয় কোড : ৩১৩০০৭;  
অন্যান্য বিশ্ববিদ্যালয়ের মাস্টার্স শেষ বর্ষের উদ্ভিদবিজ্ঞান বিষয়ের ছাত্র-ছাত্রীদের জন্য নতুন সিলেবাস অনুযায়ী রচিত—

# আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান

## MOLECULAR GENETICS

### প্রফেসর জিতেন্দ্র নাথ রায়

প্রাঞ্জলি প্রফেসর ও বিভাগীয় প্রধান, আনন্দমোহন কলেজ, ময়মনসিংহ;  
অধ্যক্ষ, সরকারি সিটি কলেজ, যশোর; সহযোগী অধ্যাপক,  
আনন্দমোহন কলেজ, ময়মনসিংহ; সহকারি অধ্যাপক,  
শেরপুর সরকারি কলেজ, শেরপুর; প্রভাষক,  
আনন্দমোহন কলেজ, ময়মনসিংহ;  
প্রভাষক, শেখ লুৎফুর রহমান কলেজ,  
কোটালীপাড়া, গোপালগঞ্জ।  
প্রভাষক, শহীদ স্মৃতি কলেজ, মাদারীপুর।

[গ্রন্থকার : শৈবালবিজ্ঞান, ছাত্রাকবিজ্ঞান, আবৃতবীজী উদ্ভিদের শ্রেণিবিন্যাসতত্ত্ব, প্রান্তি প্যাথোলজি,  
প্রান্তি ফিজিওলজি, প্রান্তিবায়োকেমিস্ট্রি ও মেটাবোলিজম, জেনেটিক্স, বাস্তবিজ্ঞান ও পরিবেশ বিজ্ঞান,  
অ্যাডভাসড প্রান্তি ট্যাক্সোনমি, অ্যাডভাসড ইকোলজি এন্ড এনভায়রনমেন্ট,  
অ্যাডভাসড প্রান্তি ফিজিওলজি, আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান, অ্যাডভাসড প্রান্তি প্যাথোলজি,  
সাইটোলজি এন্ড সাইটোজেনেটিক্স, প্রান্তি ফিজিওলজি অ্যান্ড নিউট্রিশন,  
অ্যাপ্রোনমি অ্যান্ড হার্টকালচার এবং উচ্চ মাধ্যমিক জীববিজ্ঞান প্রথম পত্র]



### কবির পাবলিকেশন

৩৮/৩ বাংলাবাজার, ঢাকা-১১০০

প্রকাশক—

মোঃ মাহমুদ হাসান (বিপ্রব) বি.এস.এস  
কবির পাবলিকেশন, ৩৮/৩ বাংলাবাজার, ঢাকা।  
মোবাইল : ০১৯১১-৩১২১৩১  
kabirpublications01@gmail.com

বিক্রয়, বিপনন ও  
বিতরণ বিভাগ

০২-৫৭১৬৫২৬০ ফোন : ০১৭৭৭-৭৫ ৬৩ ৭৫ ফোন : ০১৮২৮ ৫৩৯ ৮৮৪  
(সকাল : ৯.০০ থেকে রাত : ৮.০০)

পরিচালক—

মোঃ রফিকুল হাসান (বাবু)  
বি. কম. (অনার্স), এম. কম (এ্যাকাউন্টিং)  
মোবাইল : ০১৫৫২-৩৪৬ ৮৭০  
classicpublications2011@gmail.com

পরিচালক ও উপদেষ্টা—

মোঃ নাজমুল হাসান (বারকু)  
বি.বি.এস (অনার্স) এম.বি.এস (এ্যাকাউন্টিং)  
মোবাইল : ০১৭১৬-৮৯৯৭৬২, ০১৭৪৯-২৪৯ ৯৯৬  
nazmulhasanbarlu@gmail.com

চতুর্থ প্রকাশ : ২০১৯ ইং

তৃতীয় প্রকাশ : ২০১৮ ইং

প্রথম প্রকাশ : ২০১৬ ইং

প্রচ্ছদ ও অঙ্গনৰণ—

মুহাম্মদ উজ্জুল হাসান  
কবির কম্পিউটার সিস্টেম

মুদ্রণ : মা আমেনা অফিসেট প্রেস, ঢাকা।



বাংলাদেশ পুস্তক প্রকাশক ও বিক্রেতা সমিতি কর্তৃক নির্ধারিত  
মূল্য [M.R.P.] ২১৫.০০ (দুইশ পনের) টাকা মাত্র।

I.S.B.N. : 984-70630-0069-3

প্রকাশকের লিখিত অনুমতি ছাড়া এই বইয়ের কোন অংশ বা পুরো বইটি ফটোকপি ছাপার, টাইপিংয়ের বা ইলেক্ট্রনিক মাধ্যমে ট্রান্সমিট করা যাবে না। কম্পিউটার বা অল্যাক্সিটে সংরক্ষিত করে রাখা যাবে না বিশ্বা ই-মেইল বা ফ্যাক্সের মাধ্যমে ট্রান্সমিট করা যাবে না।

Price : Tk. 215.00 Only.

উৎসর্গ

---

আমার মাতা-পিতা এবং  
বংশধরদের উদ্দেশ্যে—

## ভূমিকা

'বংশগতিবিজ্ঞান (Genetics)' নামে আমার লেখা একটি বই ২০১২ সালে প্রথম প্রকাশিত হয়। উক্ত বইটি জাতীয় বিশ্ববিদ্যালয়ের স্নাতক সম্মান, মাস্টার্স প্রথম পর্ব এবং মাস্টার্স শেষ পর্বের সিলেবাস অনুসারে রচিত হয়েছিল। কিন্তু জাতীয় বিশ্ববিদ্যালয়ের ২০১৩-২০১৪ শিক্ষাবর্ষ থেকে মাস্টার্স শেষবর্ষের সিলেবাসে অনেক পরিবর্তন এসেছে। বেশ কিছু সর্বাধুনিক বিষয় সিলেবাসে অন্তর্ভুক্ত হয়েছে। এমনকি, বিষয়টির নামও পরিবর্তন করে 'Molecular Genetics' দেওয়া হয়েছে। অনেক শিক্ষার্থী এবং নবীন শিক্ষকগণ এ বিষয়ের উপর একটি বই লেখার জন্য অনুরোধ করেছেন। এ কারণে নতুন সিলেবাস অনুসারে মাস্টার্স শেষ পর্বের শিক্ষার্থীদের জন্য আলাদাভাবে "আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান" ("Molecular Genetics") নামে এ বইটি লেখা হলো।

আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান আধুনিক বিশ্বে জীববিজ্ঞানের সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ এবং অগ্রসরমান শাখা। আধুনিক বংশগতিবিজ্ঞান থেকেই এর উৎপত্তি। আধুনিক বংশগতি বলতে এখন প্রধানত আণবিক বংশগতিকেই বুঝায়। সিলেবাসে হয়েছে যাতে শিক্ষার্থীরা সহজেই কৃত্যান্বয় করতে পারেন। আলোচ্য বিষয়গুলোতে প্রয়োজনীয় চিত্র, সারণি, উদাহরণ ইত্যাদি উপস্থাপন করে সহজ করার চেষ্টা করা হয়েছে। আশা করি বইটি শিক্ষার্থীদের জন্য সহায়ক হবে। বইটি জাতীয় শিক্ষার্থীদের সহায়ক হবে বলে আমার বিশ্বাস।

বইটি রচনা করতে গিয়ে অনেক প্রথ্যাত লেখকের বই, গবেষণাপত্র ইত্যাদির সহায়তা নেওয়া হয়েছে। তাদের প্রতি বিনীত কৃতজ্ঞতা প্রকাশ করছি। বইটি লেখার জন্য যারা অনুরোধ করেছেন তাদেরকেও ধন্যবাদ। বইটি যথাসময়ে প্রকাশ করার জন্য এবং যাবতীয় সহায়তার জন্য কবির পাবলিকেশনের কর্মকর্তা এবং কর্মজীবীদেরকে ধন্যবাদ। বইটি প্রথম প্রকাশ হলে তা লেখককে জানাতে। যে কোনো গঠন মূলক সমালোচনা সাদরে গৃহীত হবে।

ফেব্রুয়ারি, ২০১৬ ইং

ঘেফেসর জিতেন্দ্র নাথ রায়  
যোবাইল : ০১৯১১২৭৫৬৭৮

০১৭৯৫৭৩১০৩১

e-mail : jitendranathroy@yahoo.com

# National University

## Bachelor of Honours Courses

According to new curriculum (Grading & Credit System) (Questions will be set from recommended textbooks)  
Distribution of Marks in Question Paper

*Effective from : Session 2013-2013*

**For 1st, 2nd, 3rd & 4th Year Honours Course**

Time of Examination: 4 Hours

Full Marks: 100

Question Types		Details	
Part-A	Shortest Questions (such as definition/ Quizes) (Covering all the chapters of the syllabus.)	10 questions out of 12 1(a-1).	(1×10)=10
Part-B	Short Questions (such as Conceptual/ Numerical) (Covering all the chapters of the syllabus.)	5 Questions Out of 8 Question no. 2 -9.	(4×5)=20
Part-C	Broad Questions (such as Analytical/ Conceptual / Numerical)	5 Questions Out of 8 (Question may be divided into. (i),(ii),(iii) etc subsections.) Question no. 10 -17.	(10×5)=50
		Final Exam:	80
In course Test will be conducted by the course teacher as per the instruction of the ordinance.		20	
		Total	100

Distribution of Marks in Question Paper

*Effective from: Session 2012-2013*

**For 1st, 2nd, 3rd & 4th Year Honours Course**

Time of Examination: 2.5 Hours

Full Marks: 50

Question Types		Details	
Part-A	Shortest Questions (such as definition/ Quizes) (Covering all the chapters of the syllabus.)	8 questions out of 10, 1. (a) -(h).	(1×8)=8
Part-B	Short Questions (such as Conceptual/Numerical) (Covering all the chapters of the syllabus.)	3 Questions Out of 5 such as question number 2 - 6.	(4×3)=12
Part-C	Broad Questions (such as Analytical/ Conceptual / Numerical)	2 Questions Out of 4 (Question may be divided into (i),(ii),(iii) etc subsections) For mathematical/numerical questions this condition may be relaxed Questions no. 7 -10.	(10×2)=20
		Final Exam:	40
In course Test will be conducted by the course teacher as per the instruction of the ordinance.		10	
		Total	50

Distribution of Marks in Question Paper

*Effective from: Session 2013-2014*

**For 1st , 2nd , 3rd & 4th Year Honours Course**

Full Marks: 75

Question Types		Details	
Part-A	Brief Questions (such as definition/Quizes) (Covering all the chapters of the syllabus.)	10 questions out of 12 1(a-1).	(1×10)=10
Part-B	Short Questions (such as Conceptual/Numerical) (Covering all the chapters of the syllabus.)	5 Questions Out of 8 Question no. 2-9.	(3×5)=15
Part-C	Broad Questions (such as Analytical/Conceptual/Numerical)	5 Questions Out of 8 (Question may be divided into. (i),(ii),(iii) etc subsections.) Question no. 10-17.	(7×5)=35
		Final Exam:	60
In course Test will be conducted by the course teacher as per the instruction of the ordinance.		15	
		Total	75

# National University Syllabus

## Subject □ Botany

*Syllabus for One-Year M.Sc. (Final) Course*  
*Effective from the Session : 2013-2014*

Paper Code	313007	— — —	Credits: 4	Class Hours : 120 hrs.
Paper Title	<b>Molecular Genetics</b>			

1. Replication of circular DNA : (i) The Cairns structure, (ii) the replicating supercoil or butterfly replication, (iii) the circle with D-loops, (iv) the rolling circle or sigma model, (v) replication of single stranded DNA molecule.
2. Molecular mechanism of mutation and mutagenesis : (i) Different types of mutation, mutants and their isolation, (ii) molecular basis of mutation, (iii) mechanism of mutagenesis.
3. RNA processing and transport, molecular basis of post transcriptional modifications of mRNA, tRNA and rRNA
4. Regulation of eukaryotic gene expression : Hormonal control of gene expression, promoter, enhancer and silencer modulated gene expression.
5. Protein synthesis : Protein synthesis apparatus – structure of tRNA and ribosomes, transcription and translation.
6. Transposable genetic elements : Genetic instability and discovery of transposable elements, transposable elements in bacteria and eukaryotes, significance of transposable elements.
7. Molecular biology of plasmids : (i) General features, detection, isolation, purification and classification, (ii) mapping of plasmid genes.
8. Genomics and Proteomics : Genome sequencing, methods of genome sequencing, Protein isolation and separation of protein, protein – protein interaction using traditional and advanced methods, protein-DNA interaction.
9. Genetic engineering and Biotechnology : Recombinant DNA and gene cloning, genetic transformation and application of plant transformation for the improvement of crops.

### Books Recommended:

- ❖ আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান; প্রফেসর জিতেন্দ্র মাথ রায়, কবির পাবলিকেশন, ঢাকা।
- ❖ উচ্চতর মলিকুলার জেনেটিক্স; ইন্ডিস হাওলাসার, কবির পাবলিকেশন, ঢাকা।
- ❖ মডার্ন টেক্সট বুক অব বোটানি (মাস্টার্স); জীবন বৃক্ষ সাহা, কবির পাবলিকেশন, ঢাকা।
- ❖ KP সাইকাস পিরিজেন্স রেনেসাঁ মাস্টার্স শেষ বর্ষ উচ্চিদিবিজ্ঞান গাইড, কবির পাবলিকেশন, ঢাকা।

# সূচীপত্র

## অধ্যায় ▲ এক

১ ৩৫

সূচনা : বংশগতিবিজ্ঞান ও আণবিক বংশগতিবিজ্ঞানের উৎপত্তি ও বিকাশ

Introduction : Origin & Development of Genetics & Molecular Genetics

১.১	বংশগতিবিজ্ঞান	১
১.২	আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান	২
১.৩	আণবিক (মলিকিউলার) জেনেটিক্সের উৎপত্তি এবং বিকাশ	৩
১.৪	আণবিক বংশগতি বিজ্ঞানের ব্যবহার	১০
১.৫	গ্রেগর ইয়োহান মেডেল	১০
১.৫.১	মেডেলের গবেষণার ফলাফল পুনরায় আবিক্ষার ও স্থীরূপ লাভ	১১
১.৫.২	মেডেলের সাফল্যের কারণসমূহ/মেডেলের গবেষণার নীতিমালা	১১
১.৫.৩	মেডেলের সাত জোড়া বৈশিষ্ট্য	১২
১.৫.৪	মেডেলের পরীক্ষার ফলাফল	১৩
১.৫.৫	জেনেটিক্সে ব্যবহৃত কতগুলো প্রয়োজনীয় বিষয়ের সংজ্ঞা ও ব্যাখ্যা	১৪
১.৫.৬	মেডেলের প্রথম সূত্র বা পৃথকীকরণ সূত্র	১৫
১.৫.৭	মেডেলের দ্বিতীয় সূত্র : স্বাধীন বিন্যাস বা মুক্ত সঞ্চারণ	১৮
১.৫.৮	মেডেলের দ্বিতীয় সূত্র প্রথম সূত্র ছাড়া ব্যাখ্যা করা যায় না— ব্যাখ্যা/প্রমাণ	২০
১.৫.৯	মেডেলের সূত্র নির্ণয়ে বীজ গণিতীয় সূত্রের প্রয়োগ	২১
১.৫.১০	টেস্ট ক্রস	২১
১.৫.১১	যে যে ক্ষেত্রে মেডেলের সূত্র কার্যকর নয় বা প্রযোজ্য নয়	২২
১.৫.১২	যুগানন্তর বা লিংকেজ থাকলে কেন মেডেলের দ্বিতীয় সূত্র কার্যকর নয় তার ব্যাখ্যা	২৩
১.৬	বংশগতির রাসায়নিক ভিত্তি	২৩
১.৭	জৈব রাসায়নিক বংশগতি : জিন-এনজাইম সম্পর্ক	২৪
১.৭.১	জিন-এনজাইম সম্পর্ক/জিন-প্রোটিন সম্পর্ক	২৪
১.৬.২	এক জিন-এক এনজাইম প্রকল্প	২৪
১.৬.৩	একজিন-এক পলিপেটাইড অনুকল্প	২৫
১.৮	জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথকীকরণ	৩০
১০.৮	ব্যাটোরিয়ার জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথকীকরণ (অধ্যায় ৩ স্মৃষ্টব্যা)।	৩১
	অনুশীলনী	৩৩

অধ্যায় ▲ দুই

৩৬-৫৫

## DNA এবং DNA অনুলিপন

## DNA and DNA Replication

২.১	DNA অবিষ্কারের ইতিহাস	৩৬
২.২	DNA-এর অবস্থান	৩৮
২.৩	DNA-এর রাসায়নিক উপাদানসমূহ	৩৮
২.৪	DNA-এর ভৌত ও রাসায়নিক গঠন	৩৯
২.৪.১	ভৌত গঠন	৩৯
২.৪.২	রাসায়নিক গঠন	৪০
২.৫	DNA সংশ্লেষণ বা প্রতিলিপন	৪০
২.৫.১	DNA সংশ্লেষণের মতবাদসমূহ	৪২
২.৫.২	DNA সংশ্লেষণের (অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ার) ধাপসমূহ	৪২
২.৬	অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ায় DNA অনুলিপনের প্রয়োগ	৪৩
২.৭	DNA সংশ্লেষণে অংশগ্রহণকারী প্রধান এনজাইম ও প্রোটিনসমূহ	৪৪
২.৮	চক্রাকার DNA-এর অনুলিপন	৪৬
২.৮.১	দ্য কাইরলস গঠন বা 0 আকৃতির অনুলিপন	৪৭
২.৮.২	জেগিং সার্বেল প্রতিলিপন বা সিগমা (σ) গঠন	৪৮
২.৮.৩	D-লুপ্রস্তুত চক্র	৫০
২.৮.৪	রেপ্রিক্যাটিং সুপার কয়েল বা প্রজাপতি সদৃশ অনুলিপন	৫১
২.৮.৫	একসূত্রক �DNA অণুর অনুলিপন	৫২
	■ অনুশীলনী	৫৩
		৫৪

অধ্যায় ▲ তিনি

৫৬-৮৬

পরিব্যক্তি বা মিউটেশন : মিউটেশন এবং মিউটাজেনেসিস-এর আণবিক প্রক্রিয়া  
DNA এবং DNA অনুলিপন

## Mutatio : Molecular Mechanism of Mutation &amp; Mutagenesis

৩.১	ভূমিকা	৫৭
৩.২	মিউটেশনের আবিক্ষার	৫৮
৩.৩	মিউটেশনের কারণসমূহ	৫৮
৩.৪	মিউটেশন সংঘটক বা মিউটাজেন	৫৯

৩.৫	মিউটেশনের শ্রেণিবিন্যাস	৬১
৩.৭	অভিব্যক্তিতে মিউটেশনের ভূমিকা বা গুরুত্ব	৬২
৩.৮	ক্ষয়তে মিউটেশনের গুরুত্ব ও ব্যবহার	৬৩
৩.৯	মিউটেশন সনাত্তকরণ	৬৩
৩.৯.১	C/B পদ্ধতিতে সেক্স লিংক প্রচলন জিন সনাত্তকরণ	৬৩
৩.৯.২	অটোজমের মিউটেশন সনাত্তকরণ	৬৫
৩.৯.৩	সপুষ্পক উত্তিদের মিউটেশন সনাত্তকরণ	৬৭
৩.৯.৪	জৈবরাসায়নিক মিউট্যান্ট	৬৭
৩.৯.৫	প্রেটোট্রোফ	৬৭
৩.৯.৬	অঙ্গোট্রোফ	৬৮
৩.১০	মিউটেশনের আণবিক ভিত্তি	৬৮
৩.১১	মিউটেশনের প্রক্রিয়াসমূহ (বিস্তারিত)	৭১
৩.১২	Transition, Transversion এবং Frameshift Mutation এর মধ্যে পার্থক্য	৭৩
৩.১৩	মিউটাজেনের মাধ্যমে মিউট্যান্ট সংষ্টুপ প্রক্রিয়া	৭৪
৩.১৩.১	ভৌত মিউটাজেনসমূহ	৭৪
৩.১৩.২	রাসায়নিক মিউটাজেনস	৭৬
৩.১৪	অণুজীবের জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথক্করণ	৮০
৩.১৫	ছত্রাকের অজানা বায়োকেমিক্যাল মিউট্যান্ট সনাত্তকরণ, শ্রেণিকরণ ও ক্রিকোয়েল্পি নির্ণয়	৮২
৩.১৬	<i>Drosophila</i> -এর কয়েকটি মিউট্যান্ট	৮৪
	■ অনুশীলনী	৮৫

## অধ্যায় ▲ চার

## RNA এবং RNA-এর প্রোসেসিং

৮৭—১০০

**RNA and RNA Processing**

৪.১	RNA (রাইবোনিউক্লিক এসিড)	১
৪.১.১	অবস্থান	১
৪.১.২	RNA এর ভৌত ও রাসায়নিক গঠন	১
৪.২	DNA এবং RNA-এর পার্থক্য	১
৪.৩	RNA এর প্রকার	১
৪.৪	RNA সংশ্লেষণ/প্রতিক্রিপ্তি	১
৪.৫	RNA এর হানাত্তর	১
৪.৬	RNA-এর ট্রান্সক্রিপশন পরবর্তী রূপান্বয়ের বা প্রক্রিয়াজ্ঞানের আণবিক ভিত্তি	১
	■ অনুশীলনী	১০০

অধ্যায় ▲ পাঁচ ----- ১০১—১২০

## জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ

## Regulation of Gene Expression

৫.১	ভূমিকা-----	১০১
৫.২	জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের প্রয়োজনীয়তা -----	১০২
৫.৩	আদিকোষে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ -----	১০২
৫.৪	আদিকোষে জিন প্রকাশের ক্ষেত্রে অপেরন মতবাদ বা মডেল -----	১০৪
৫.৫	<i>E.Coli</i> -এর জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের ক্ষেত্রে ল্যাক অপেরন -----	১০৪
	অথবা, উদ্বীপক প্রণালীতে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ব্যাখ্যা -----	১০৪
৫.৬	রোধক প্রণালী -----	১০৬
৫.৬.১	ট্রিপ্টোফেন অপেরন-----	১০৭
৫.৬.২	হিস্টিডিন অপেরন-----	১০৮
৫.৭	প্রত্যাবর্ত দমন কার্য -----	১০৮
৫.৮	উদ্বীপনা বা উদ্বীপক পদ্ধতি এবং দমন বা রোধক পদ্ধতিতে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের পার্থক্য -----	১০৯
৫.৯	প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ -----	১০৯
৫.১০	Britten-Davidson Model Or, Gene Battery Model-----	১১৩
৫.১১	Promoter, Enhancer এবং Silencer নিয়ন্ত্রিত জিন প্রকাশ-----	১১৬
৫.১২	প্রকৃত কোষের এবং আদি কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের পার্থক্য -----	১১৮
	■ অনুশীলনী -----	১২০

অধ্যায় ▲ ছয় ----- ১২১—১৩৬

## জেনেটিক কোড এবং প্রোটিন সংশ্লেষণ

## Genetic Code and Protein Biosynthesis

৬.১	জেনেটিক কোড-----	১২২
৬.১.১	জেনেটিক কোডের বৈশিষ্ট্য -----	১২৩
৬.১.২	কোড অভিধান-----	১২৪
৬.১.৩	সুনির্দিষ্ট জেনেটিক কোড-----	১২৫
৬.১.৪	বিচৃতি বা অধোগামী কোড-----	১২৫
৬.১.৫	Wobble মতবাদ-----	১২৫
৬.১.৬	আমিষ বা প্রোটিন সংশ্লেষণে জেনেটিক কোডের ভূমিকা-----	১২৭
৬.১.৭	সুনির্দিষ্ট কোড (Specific code) এবং ডিজেনারেটিভ কোডের পার্থক্য -----	১২৭
৬.২	আমিষ বা প্রোটিন সংশ্লেষণ-----	১২৭

৬.২.১	ভূমিকা	১২৭
৬.২.২	রাইলোজোম : প্রোটিন সংশ্লেষণের যন্ত্র	১২৮
৬.২.৩	tRNA	১২৯
৬.২.৪	mRNA	১২৯
৬.২.৫	প্রতিক্রিয়া বা ট্রান্সক্রিপশন	১৩০
৬.২.৬	প্রোটিন সংশ্লেষণ বা ট্রান্সলেশনের প্রক্রিয়া	১৩০
৬.২.৭	জেনেটিক কোডের ভাষাভূত বা ট্রান্সলেশন (Translation) প্রোটিন সংশ্লেষণ	১৩২
৬.২.৮	আদিকোষের ও প্রকৃত কোষের প্রোটিন সংশ্লেষণের পার্থক্য	১৩২
	■ অনুশীলনী	১৩৬

অধ্যায় ▲ সাত

স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান (TE)

**Transposable Genetic Elements (TE)**

৭.১	ভূমিকা	১৩৭
৭.২	স্থানান্তরযোগ্য উপাদান (TE)-এর বৈশিষ্ট্য	১৩৭
৭.৩	TEs-এর প্রকার	১৩৭
৭.৪	জেনেটিক অস্থিতিশীলতা এবং এন্ড আবিষ্কার	১৩৮
৭.৫	স্থানান্তরযোগ্য উপাদান আবিষ্কার	১৩৯
৭.৬	ব্যাকটেরিয়ার স্থানান্তরযোগ্য উপাদান	১৩৯
৭.৭	প্রকৃতকোষী জীবে স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তু	১৪১
৭.৮	স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তুর তাঁৎপর্য/উন্নতি	১৪৪
৭.৯	স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান (TEs)-এর ব্যবহার	১৪৫
	■ অনুশীলনী	১৪৬

অধ্যায় ▲ আট

প্লাজমিডের আণবিক বায়োলজি

১৪৯—১৬০

**Molecular Biology of Plasmids**

৮.১	ভূমিকা	১৪৯
৮.২	প্লাজমিডের সাধারণ বৈশিষ্ট্য	১৪৯
৮.৩	প্লাজমিডের গাঠনিক বৈশিষ্ট্য	১৫১
৮.৪	প্লাজমিডের শ্রেণিবিন্যাস	১৫১
৮.৫	প্লাজমিড সনাক্তকরণ	১৫২

৮.৬	Plasmid পৃথক্করণ ও বিভক্তকরণ	১৫৩
৮.৬.১	প্লাজমিড পৃথক্করণ	১৫৩
৮.৬.২	বিভক্তকরণ	১৫৩
৮.৭	প্লাজমিড জিনের ম্যাপকরণ	১৫৪
৮.৮	প্লাজমিডের ব্যবহার/গুরুত্ব	১৫৪
৮.৯	প্লাজমিডের বংশবৃক্ষ বা সংখ্যাবৃক্ষ	১৫৯
৮.১০	প্লাজমিড ও এপিজোমের পার্থক্য	১৫৯
	■ অনুশীলনী	১৬০

অধ্যায় ▲ নয় 161—180

## জিনোমিক্স এবং প্রোটোমিক্স

### Genomics and Proteomics

৯.১	জিনোমিক্স	১৬২
৯.২	জিনোমের বেস অনুক্রম নির্ণয়	১৬৩
৯.৩	জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের পদ্ধতিসমূহ	১৬৪
৯.৩.১	পূর্ণ জিনোম শিটগান অনুক্রম নির্ণয় প্রক্রিয়া	১৬৪
৯.৩.২	হাইরাকিয়াল শিটগান সিকোয়েপ্সিং	১৬৬
৯.৩.৩	সম্পূর্ণ জিনোম শিটগান পদ্ধতি এবং হাইরাকিয়াল শিটগান পদ্ধতির পার্থক্য	১৬৭
৯.৪	শিটগান এবং প্রবর্তী প্রজন্মের সিকোয়েপ্সিং	১৬৭
৯.৫	প্রোটোমিক্স	১৬৮
৯.৫.১	প্রোটিন পৃথক্করণ	১৬৯
৯.৫.২	Gel ইলেক্ট্রোফোরেসিস	১৭০
৯.৫.৩	SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulphate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis)	১৭২
৯.৫.৪	ধ্বমাত্রিক জেল ইলেক্ট্রোফোরেসিস	১৭৪
৯.৫.৫	আয়ন এক্সচেণ্স ক্রেমাটোগ্রাফি প্রক্রিয়া প্রোটিন পৃথক্করণ	১৭৫
৯.৬	প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া	১৭৫
৯.৬.১	সিস্টের দ্বি-সংকর ফ্রিনিং পদ্ধতি	১৭৬
৯.৬.২	Co-immunoprecipitation (CoIP) পদ্ধতি	১৭৭
৯.৭	প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া	১৭৮
৯.৭.১	প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়	১৭৯
৯.৭.২	Chromatin immunoprecipitation (ChIP)	১৭৯
৯.৭.৩	DNA ইলেক্ট্রোফোরেটিক মোবিলিটি শিফট আশে (EMSA)	১৭৯
	■ অনুশীলনী	১৮০

অধ্যায় ▲ দশ

১৮১—১৯৪

## জিন প্রকৌশল এবং জৈবপ্রযুক্তি

## Genetic Engineering and Biotechnology

১০.১	ভূমিকা	১৮১
১০.২	রিকিউনেন্ট DNA	১৮০
১০.২.১	রিকিউনেন্ট DNA এর প্রয়োজনীয়তা বা গুরুত্ব	১৮০
১০.২.২	জিন প্রকৌশল বা rDNA প্রক্রিয়ের জন্য প্রয়োজনীয় উপকরণসমূহ	১৮৮
১০.২.৩	রিকিউনেন্ট DNA প্রক্রিয়ের ধাপসমূহ	১৮৫
১০.৩	জিন ক্লোনিং উক্তিদ উৎপাদন	১৮৭
১০.৪	জেনেটিক স্থানান্তর প্রক্রিয়া এবং এর মাধ্যমে উক্তিদের সৃষ্টি	১৮৯
১০.৫	শস্য উন্নয়নে জিন স্থানান্তরের ব্যবহার	১৯০
	অথবা, শস্য উন্নয়নে Transgenic উক্তিদ উন্নাবনের গুরুত্ব	১৯০
১০.৬	Restriction endonuclease বা Restriction enzyme (RE)	১৯২
	■ অনুশীলনী	১৯৫

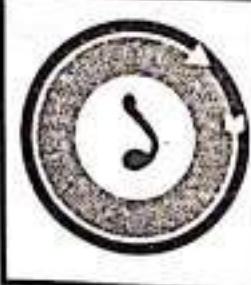
অধ্যায় ▲ এগারো

১৯৫—২০২

## আণবিক দৃষ্টিকোণ থেকে জিন বা DNA-এর মেরামত কৌশল

## Molecular Aspect of Genetic Repair Mechanism

১১.১	ভূমিকা	১৯৫
১১.২	DNA সূঁহের ক্ষত মেরামত	১৯৬
১১.৩	আলোকে সক্রিয়তা	১৯৬
১১.৪	অক্ষকারের সক্রিয়তা	১৯৮
১১.৫	বিনিয়য় মেরামত বা অনুলিপন পরবর্তী মেরামত	১৯৯
১১.৬	ভূল মেরামত বা SOS মেরামত	২০০
	■ অনুশীলনী	২০২
	সহায়ক গ্রন্থপঞ্জি	২০৩
	জাতীয় বিশ্ববিদ্যালয়ের বিগত সালের প্রশ্নাবলি	২০৪



# সূচনা : বংশগতিবিজ্ঞান ও আণবিক বংশগতিবিজ্ঞানের উৎপত্তি ও বিকাশ

## INTRODUCTION: ORIGIN & DEVELOPMENT OF GENETICS & MOLECULAR GENETICS

### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- 1.1 বংশগতিবিজ্ঞান
- 1.2 আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান
- 1.3 আণবিক (মলিকিউলার) জেনেটিক্সের উৎপত্তি এবং বিকাশ
- 1.4 আণবিক বংশগতি বিজ্ঞানের ব্যবহার
- 1.5 প্রেগ ইয়োহান মেডেল
- 1.5.1 মেডেলের গবেষণার ফলাফল পুনরায় আবিষ্কার ও স্বীকৃতি লাভ
- 1.5.2 মেডেলের সাফল্যের কারণসমূহ/মেডেলের গবেষণার নীতিমালা
- 1.5.3 মেডেলের সাত ছোঢ়া বৈশিষ্ট্য
- 1.5.4 মেডেলের পরীক্ষার ফলাফল
- 1.5.5 জেনেটিক্সে ব্যবহৃত কানুনো প্রয়োজনীয় বিষয়ের সংজ্ঞা ও ব্যাখ্যা
- 1.5.6 মেডেলের প্রথম সূত্র বা পৃথকীকৰণ সূত্র
- 1.5.7 মেডেলের ছিতীয় সূত্র : শার্ধীন বিন্যাস বা মুক্ত সঞ্চারণ
- 1.5.8 মেডেলের ছিতীয় সূত্র প্রথম সূত্র ছাড়া ব্যাখ্যা করা যায় না— ব্যাখ্যা/প্রমাণ
- 1.5.9 মেডেলের সূত্র নির্ণয়ে বীজ গণিতীয় সূত্রের প্রয়োগ
- 1.5.10 টেস্ট ক্রস
- 1.5.11 যে যে ক্ষেত্রে মেডেলের সূত্র কার্যকর নয় বা প্রযোজ্য নয়
- 1.5.12 যুথাবদ্ধতা বা লিংকেজ থাকলে কেন মেডেলের ছিতীয় সূত্র কার্যকর নয় তার ব্যাখ্যা
- 1.6 বংশগতির রাসায়নিক ভিত্তি
- 1.7 জৈব রাসায়নিক বংশগতি : জিন-এনজাইম সম্পর্ক
- 1.7.1 জিন-এনজাইম সম্পর্ক/জিন-প্রোটিন সম্পর্ক
- 1.6.2 এক জিন-এক এনজাইম প্রকল্প
- 1.6.3 একজিন-এক পলিপেটাইড অনুকল্প
- 1.8 জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথকীকৰণ
- 1.9 ব্যাটেরিয়ার জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথকীকৰণ (অধ্যায় 3 প্রটো)।
- অনুশীলনী

### ১.1 বংশগতিবিজ্ঞান (Genetics)

বংশপরম্পরা ক্রমে জীবের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যাদির পুনরাবৃত্তির প্রক্রিয়া পর্যালোচনাকে বংশগতি বিজ্ঞান (Genetics) বলে। 'The study of the mechanism of heredity by which traits or characteristics are passed from generation to generation is Genetics' –G.W. Burns, (1969)। পিতা-মাতার বৈশিষ্ট্য সুনির্দিষ্ট নিয়মে যৌন প্রজননের মাধ্যমে পরবর্তী বংশধরে স্থানান্তরিত ও প্রকাশিত হয়; একে বংশগতি (heredity) বলে। বংশগতির বিজ্ঞানসম্মত আলোচনা, অনুসন্ধান ও গবেষণাকে বংশগতিবিজ্ঞান বলা হয়। জীববিজ্ঞানের এ শাখায় জীবের বৈশিষ্ট্য, সাদৃশ্য, বৈসাদৃশ্য, প্রকরণ (Variation)

ইত্যাদির বংশগতভাবে স্থানান্তর, প্রকাশ ইত্যাদি পর্যালোচনা করা হয়। বংশগতি বিজ্ঞান জীববিজ্ঞানের সর্বাধিক আকর্ষণীয় ও চিন্তাকর্ত্তৃ (Exciting) বিষয়।

William Bateson ১৯০৯ খ্রিস্টাব্দে 'Genetics' পরিপন্থি প্রদান করেন। 'Genesis'-এর অর্থ হলো উত্তোলন (descent) এবং এর পেকেই তিনি 'Genetics' শব্দটি ব্যবহার করেন।

প্রাচীনকালেও মানুষের বংশগতি সম্বন্ধে কিছু তথ্য অস্পষ্টভাবে জানা ছিল। প্রায় ৬,০০০ বছর পূর্বে ব্যাবিলনের আলহিল্লাল শহরের কাছে শীলালিপিতে ঘেড়ার বংশগতিতে এদের মাথার আকৃতি ও কেশের বৈশিষ্ট্যের পরিবর্তন পর পর ৫ বংশধর পর্যন্ত উৎকীর্ণ রয়েছে।

## ১.২ আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান (Molecular Genetics)

আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান হচ্ছে জীববিজ্ঞান ও বংশগতিবিজ্ঞান (Genetics)-এর একটি ক্ষেত্রে বা বিশেষ বিষয় যেখানে আণবিক পর্যায়ে জিনের গঠন ও কার্য আলোচনা, পর্যালোচনা ও গবেষনা করা হয়। সহজভাবে "Study of the structure and function of genes at the molecular level is molecular genetics." আণবিক বংশগতি হচ্ছে বংশগতিবিজ্ঞানের আধুনিক শাখা। আধুনিক বংশগতির প্রধান আলোচন্য বিষয়ই হচ্ছে জিনের আণবিক লেভেলে বিভিন্ন রকম বিষয়। আণবিক পর্যায়ে জিনের গঠন ও কার্য নিয়ে আলোচনাই হচ্ছে আধুনিক জেনেটিক্স। সুতরাং জেনেটিক্সের সাথে মলেকুলার জেনেটিক্সের সম্পর্ক অত্যন্ত ব্যাপক। আণবিক জেনেটিক্সের মূলভিত্তি হচ্ছে জেনেটিক্স, আবার আণবিক জেনেটিক্স ছাড়া আধুনিক জেনেটিক্স অচল। আণবিক বংশগতিবিজ্ঞানের আলোচ্য বিষয়গুলো হচ্ছে—

- ১। নিউক্লিক এসিড (DNA এবং RNA) এর গঠন ও কাজ।
- ২। DNA অনুলিপন (Replication)
- ৩। RNA-এর গঠন ও রূপান্তর (Modification)
- ৪। Transcription (প্রতিক্রিয়া)
- ৫। Translation (প্রোটিন সংশ্লেষণ)
- ৬। আণবিক পর্যায়ে জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ।
- ৭। জিনের মিউটেশন।
- ৮। Transposable genetic elements (TE) or Jumping gene.
- ৯। DNA পৃথককরণ, বিভক্তকরণ এবং Cloning।
- ১০। প্রোটিন পৃথককরণ, বিভক্তকরণ, গঠন পর্যালোচনা ও কাজ।
- ১১। Genomics : Genome Sequencing, PCR, DNA amplification ইত্যাদি।
- ১২। Proteomics
- ১৩। Molecular biology of plasmids
- ১৪। Genetic Engineering
- ১৫। Biotechnology ইত্যাদি।

## ১.৩ আণবিক মলিকিউলার জেনেটিক্সের উৎপত্তি এবং বিকাশ

আণবিক পর্যায়ে জিনের গঠন, কার্যাবলি ইত্যাদি হচ্ছে মলিকিউলার জেনেটিক্সের মূল প্রতিপাদ্য বিষয়। এ জিনের বিষয়ে দীর্ঘ ইতিহাস রয়েছে।

১। **Gregor Johann Mendel (1822-1884)** : বংশগতির জনক G. J. Mendel ১৯৬৬ খ্রিস্টাব্দে প্রমাণ করেন যে বংশগতির নিয়ন্ত্রক হচ্ছে কিছু 'Elements' তিনি এ বিষয়ে দুটি সূত্র প্রদান করেন যা মেডেলবাদ (Mendelism) নামে পরিচিত।



*Gregor Johann Mendel (1822-1884)*

সূত্র দুটি (কিছু ব্যক্তিক্রম নামে) বর্তমানেও জীবের বংশগতির ক্ষেত্রে ন্যূনত্বে প্রযোজ্য। এ কারণে মেডেলকে বংশগতির জনক বলা হয়। তিনিই আধুনিক বংশগতি বিজ্ঞানের ডিপি গঠন করেন। তিনি বংশগতির বাহক এককের নাম দেন *element or causal factor*।

২। **Hugo M. de Vries, Carl Correns and Eric Von Tshermak (1900)** : মেডেলের সূত্র পুনরায় আবিষ্কার করেন। তাঁরা পরীক্ষার মাধ্যমে প্রমাণ করেন এবং শীকৃতি প্রদান করেন। পরবর্তীতে Hugo মেডেলের এলিমেন্টকে জিন (gene নামে অভিহিত করেন।

মেডেলের এলিমেন্ট (জিন) এর সংজ্ঞা, গঠন ও কাজ নিয়ে বহু গবেষণা হয়েছে। কিন্তু বষ্টিত্ব সঠিক আণবিক বা রাসায়নিক গঠন জানতে প্রায় একসময় অপেক্ষা করতে হয়েছে। আণবিক বংশগতির সূচনা শুধানত বিংশ শতাব্দির মাঝামাঝি থেকে হলেও এর এটি ধারাবাহিক পূর্ব ইতিহাস রয়েছে। ১৮৬৮ খ্রিস্টাব্দে সুইজারল্যান্ডের বিজ্ঞানী Friedrich Miescher মানুষের পুজ কোষের নিউক্লিয়াস থেকে এক ধরনের আঠালো সাদা বর্ণের বহু পৃথক করেন এবং এর নাম দেন *Nuclein* পরবর্তীতে তাঁর ছাত্র Altman এ অনুধামী বষ্টিত্ব নাম দেন নিউক্লিক এসিড।

৩। **Fulgen et, al. (1924)** : রক্তক গ্রহণের ভিত্তিতে এবং মুগাবের পার্থক্যের ভিত্তিতে নিউক্লিক এসিডকে দুটি ভাগে ভাগ করেন।

(ক) Deoxyribonucleic acid (DNA) এবং

(খ) Ribonucleic acid (RNA)

- ৪। Beadle এবং Tatum (1942) : তাঁরা 'এক জিন-এক এনজাইম' অনুকরণ প্রনয়ন করেন।
- ৫। Linus Pouling (1949) : প্রোটিনের গঠনে জেনেটিক নিয়ন্ত্রণ আবিষ্কার করেন।
- ৬। Erwin Chargaff (1950) : প্রমাণ করেন যে বিভিন্ন জীবের প্রতিটি DNA তে এডেনিন নিউক্লিওটাইড (A) এবং থাইমিন নিউক্লিওটাইড (T) এর সংখ্যা সমান ( $A = T$ ) তন্মধ্যে সাইটোসিন নিউক্লিওটাইড (C) এবং গ্যানিন নিউক্লিওটাইড G এর সংখ্যার সমান ( $C = G$ )। এতে প্রমাণিত হয় নিউক্লিওটাইড জোড়ায় জোড়ায় অবস্থান করে।
- ৭। Barbara McClintoc (1951) : মিসেস বারবারা ভূট্টাতে গবেষণা করে আবিষ্কার করেন যে জিনের অবস্থান বা ভৌত ভিত্তি ক্রোমোজমে (১৯২৯) এবং ১৯৪৮ সালে Jumping জিন আবিষ্কার করেন, যা ক্রোমোজমের একস্থান থেকে অন্য স্থানে চলাচল করে। তিনি ১৯২৯ এবং ১৯৮৩ সালে দুইবার নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।



Barbara McClintoc (1951)

- ৮। M. F. K. Wilkins (1952) : X-ray Diffraction প্রক্রিয়ায় DNA এর একটি সুন্দর ছবি তোলেন। কিন্তু তিনি মনে করতে ভুল করেন, তিনি DNA একস্তৰক বলে উল্লেখ করেছিলেন।
- ৯। A. D. Hershey এবং M. Chase (1952) : তাঁরা সম্দেহাত্তিতভাবে প্রমাণ করেন যে DNA-ই বংশগতির ধারক ও বাহক, অর্থাৎ জিন। এটি একটি অত্যন্ত পুরাতন আবিষ্কার। ১৯৬৯ সালে তাঁরা নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।
- ১০। Rosalind Franklin (1953) : Watson এবং Crick সুযোগ্য যাকবী মিসেস Rosalind মন্তব্য করেন যে DNA এর সুগার-ফসফেট ব্যাকবোন বাইরের দিকে থাকে, পূর্বে এর বিপরীত ধারণা ছিলো। [উপর্যুক্ত আবিষ্কারগুলো Watson এবং Crick কে DNA এর Double helix মডেল প্রদানে বিশেষ সহায়তা করেছিলো।]
- ১১। Francis H. C. Crick, James D. Watson and M. H. F. Wilkins (1953) : DNA অণুর গঠনের তিমাতিক মডেল প্রদান করেন। তাঁরা ১৯৬৯ সালে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন। এটি ছিলো এ্যাবৎ কালের সবচেয়ে বড় আবিষ্কার যা আণবিক বংশগতিতে বিরাট অবদান রেছে।



Francis H. C. Crick

James D. Watson,



M. H. F. Wilkins (1953)

- ১২। M. Meselson and S. W. Stahl (1958- ) : DNA এর অর্ধরক্ষণশীল পদ্ধতিতে রেপ্রিকেশন প্রমাণ করেন।
- ১৩। A. Kornburg and S. Ochoa (1958) : তাঁরা E. Coli-এর DNA-Polymerase এনজাইম পৃথক করেন এবং টেস্ট টিউবে কৃতিমভাবে DNA সংশ্লেষণ করেন।
- ১৪। F. Jacob and J. Monod (1961) : তাঁরা ব্যাক্টেরিয়ার জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ সংযোগে অপেরন মতবাদ প্রকাশ করেন।



A. Kornburg



F. Jacob

- ১৫। M. W. Nirenberg (1961) : জেনেটিক কোডের অর্থ উকার করেন। (১৯৬৮, নোবেল পুরস্কার)।
- ১৬। Hargobind Khorana (1966) : তিনি জেনেটিক কোড আবিষ্কারের সাথে যুক্ত ছিলেন এবং কার্যকর DNA সংশ্লেষণ করেন। তিনি ১৯৬৮ খ্রিস্টাব্দে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন। হরগোবিন্দ খোরানা (ও নিরেন বাণি) জেনেটিক কোডের অধিকাংশ অর্থ উকার করেন।



Hargobind Khorana (1966)

১৭। Paul Berg, Herb Boyer (1972) : তাঁরা Recombinant DNA প্রস্তুত করেন। এ সময় থেকেই জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর সূচনা ঘটে।



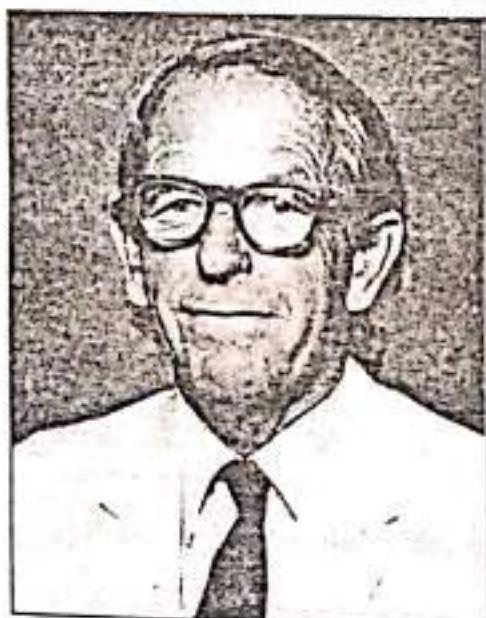
Paul Berg.



Herb Boyer (1972)

১৮। Frederic Sanger (1977) : তিনি DNA Sequence-এর কৌশল আবিষ্কার করেন। নোবেল পুরস্কার ১৯৫৯, ১৯৮৯।  
 Barbara McClintoc (1983) : মিসেস বারবারা ভূঁটায় Jumping gene বা Transposon আবিষ্কার করেন। এর আগে  
 তিনি ভূঁটাতে গবেষণা করে প্রমাণ করেন যে তেনমোজোমই জিতের ভৌতিকিতি। এ আবিষ্কারের জন্য তিনি ১৯২৯  
 সালেও নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

১৯। Alec Jeffreys (1984) : তিনি DNA Profiling or fingerprinting পদ্ধতি আবিষ্কার করেন।



Frederic Sanger (1977)



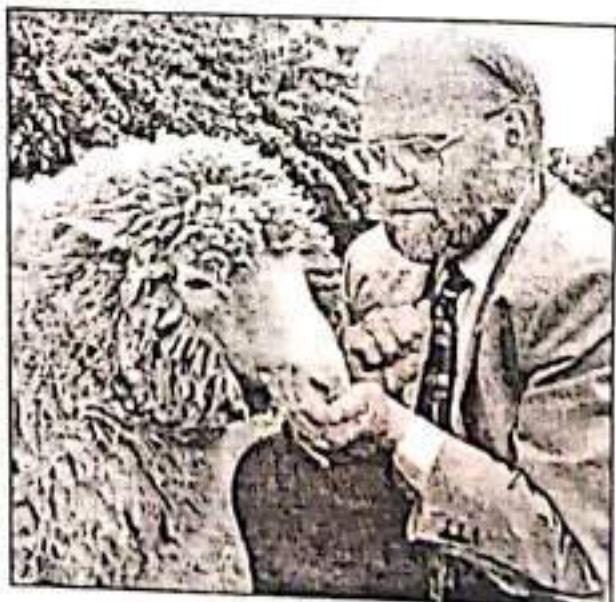
Alec Jeffreys (1984)

২০।

**Kary Mullis (1986) :** তিনি Polymerase Chain Reaction (PCR) এবং DNA amplify করণ পদ্ধতি উদ্ভাবন করেন।



Kary Mullis (1986)



Ian Wilmut

২১।

**W. French Anderson (1990) :** তিনি জিন ধ্বনাপি আবিষ্কার করেন। কোষের জিনের পরিবর্তন অথবা অন্য জীবের জিন প্রবিস্ট করনের মাধ্যমে রোগের চিকিৎসাকে জিনধ্বনাপি বলা হয়।

২২।

**Ian Wilmut and K.H.S Campbell (1997) :** সর্বপ্রথম গোম জননাপার্যী জীব (ডেডী জলী) সৃষ্টি করেন।



W. French Anderson (1990)



J. Craig Venter

- ২৩। Francis collins and J. Craig Venter (2000) : তাঁরা মানুষের সম্পূর্ণ জিনোমের বেস সিকোয়েস আবিষ্কার করেন।
- ২৪। J. Craig Venter (2001, 2003) : তিনি মানুষের জেনোমে জিনের সংখ্যা নির্ধারণ করেন। এ জিনের সংখ্যা  $30,000-80,000$ । “মানুষের একটি কোষে ৩-২ বিলিয়ন নিউক্লিওটাইড রয়েছে বলেও প্রকাশ করেন।
- ২৫। Andrew Z. Fire, Craig C. Mellow (2006) : RNA Interference এবং gene silencing আবিষ্কার করেন।
- ২৬। Mario Capecchi, Sir Martin Evans & Oliver Smiths (2007) : Embryonic stems cell এর মাধ্যমে ইদুরের জিনের পরিবর্তন (Modification) করেন।
- ২৭। Damian Dauling (2012) : *Drosophila*-এর পুরুষ মাছি অপেক্ষা স্ত্রী মাছির বেশি দিন বাঁচার কারণ হিসাবে মাইটোকল্ট্রিয়ার মাত্তাত্ত্বিক সাইটোপ্লাজমীয় বৈশিষ্ট্য বলে প্রমাণ করেন। মানুষও আরও কিছু প্রাণীর ক্ষেত্রের এক্সপ্রেস বংশগতি কাজ করে বলেও তিনি মনে করেন।

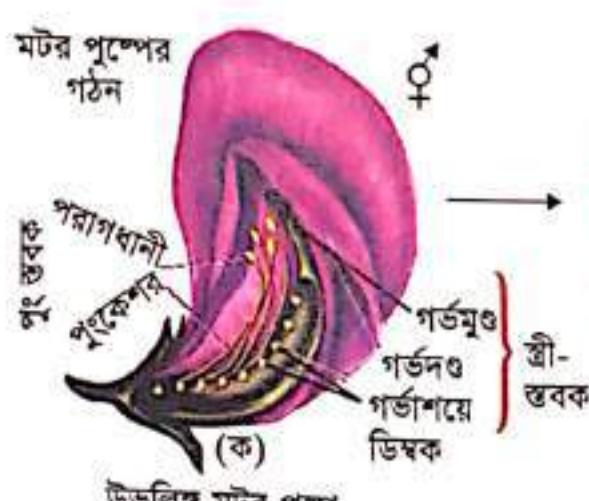


Andrew Z. Fire



Mario Capecchi

- ২৮। মাকসুদুল আলম (Maqsudul Alam) ২০১০ : যুক্তরাষ্ট্রের হাওয়াই ইউনিভার্সিটির প্রফেসর মাকসুদুল আলমের নেতৃত্বে একদল বাংলাদেশী বিজ্ঞানী তোমা পাটের জেনোমিক ফিকোয়েস আবিষ্কার করেন। জেনোমিক ফিকোয়েস আবিষ্কারে পাটের উপর মান উন্মানে নতুন দিগন্ত উন্মোচিত হয়েছে। ইতিপূর্বে তিনি মালয়েশিয়ার রাবার গাছের ও যুক্তরাষ্ট্রের পেপের জিনোম ফিকোয়েস আবিষ্কার করেন।

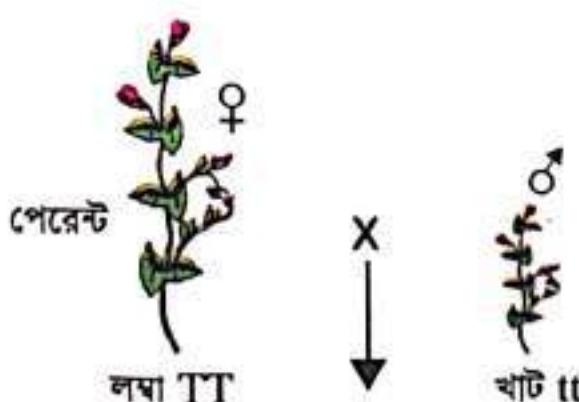


চিত্র : মটর উদ্ধিদের সংকরায়ন

## অন্য (খ)-উদ্বিদের পরাগরেণু ক-উদ্বিদের গর্ভমুণ্ডে স্থাপন (পরাগায়ন)

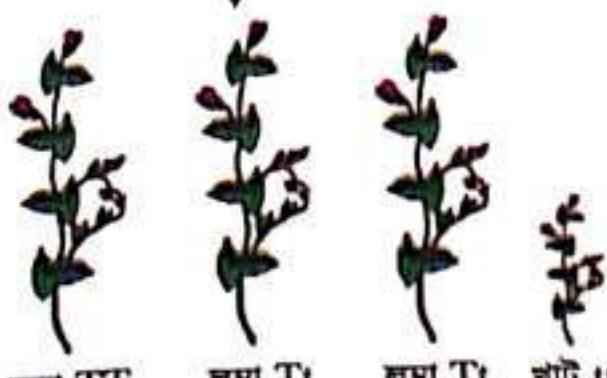


সংক্রান্ত (ক X খ) → বীজ/গাছ  
১ম বংশধর-F<sub>1</sub>



४४४ Tt

..... F, वंशधर



लघा : खाट  
५ : १

### ଚିତ୍ର : ମେଡିଲେର ପ୍ରଥମ ସୂଚ୍ରେବ ପରୀକ୍ଷା

২৯। সিগরিড হিউয়ার (Sigrid Heuer) ২০১২ : ফিলিপাইনের আন্তর্জাতিক ধান গবেষণা ইনসিটিউট (IRRI)-এর বিজ্ঞানী সিগরিড হিউয়ার এবং তাঁর সহকর্মীবৃন্দ ভারতে প্রাণ ফসফরাস ঘাটতি সহিযুক্ত 'কাসালাখ' নামের একটি বুনো ধানে ফসফরাস যুক্ত মাটি থেকেও মুক্ত ফসফরাস (ফসফেট) প্রাণে সঞ্চয় একটি জিন (PSTOL-1) আবিষ্কার করেন। তাঁরা লক্ষ্য করেন যে ফসফরাসের অভাব যুক্ত মাটিতেও ধানটি ভাল ফলন দেয়। তাঁদের মতে উচ্চ ফলনশীল ধানের জাতে ব্রিডিং প্রক্রিয়ায় (বা জিন প্রকৌশলের মাধ্যমে) এ জিনটি হ্রানাত্তর করে ২০% অধিক ফলন লাভ করার বিশেষ সম্ভাবনা রয়েছে। এটি নিঃসন্দেহে ধান উৎপাদনকারী এশীয়বাসীদের জন্য একটি সুবের ও আশার সংবাদ। হিউয়ার বলেছেন যে, এ জিনটি এখন অন্যসব আধুনিক জাতের মধ্যে চুকিয়ে দেওয়া হবে। গবেষণাটি বিজ্ঞান সাময়িকী 'The Nature' এ প্রকাশিত হয়েছে।



Maqsudul Alam



Dr. Sigrid Heuer

গত শতাব্দির নকাই এর দশকের শেষের দিকে 'কাসালাখ' নামের এ বনা ধানটি ভারতে আবিষ্কৃত হয়। এরপর দীর্ঘ দেড় দশকের গবেষণার ফলে ফসফরাস ঘাটতি সহিযুক্ত PSTOL-1 জিনটি মঠিকভাবে সন্তোষ করা সম্ভব হয়েছে। এটি আমাদের জান্য সম্ভাবনার নতুন নিগম্ভন উন্নোচিত করেছে। জানা গেছে যে এ ধানটি বাংলাদেশের কোন কোন অঞ্চলে বিশেষ করে সিলেট অঞ্চলেও বহু পূর্ব থেকে অবস্থান করছে।

৩০। IRRI-এর স্পাইক প্রকল্পের প্রধান সুতোয়ু ইশিমাক (২০১৩) ইতিকা ধানের স্পাইক জিন আবিষ্কার করেন। এ জিন সঞ্চারের মাধ্যমে ধানের ফসল ১৩-৩৬% বৃদ্ধি করা সম্ভব হয়েছে। এ অভাবনীয় আবিষ্কার খাদ্য নিরাপত্তা নিশ্চিত করবে বলে তিনি মনে করেন।

## ১.৪ আণবিক বংশগতি বিজ্ঞানের ব্যবহার

আণবিক বংশগতি বিজ্ঞান একটি মুক্ত অগ্রসরমান বিজ্ঞান বিধ্যা। গত শতাব্দি থেকে মানুষের কল্যাণে বিভিন্ন ক্ষেত্রে এর ব্যাপক ব্যবহার হচ্ছে।

১। ট্রাইজেনিক জীব সৃষ্টি : বায়োটেকনোলজি প্রক্রিয়ায় এক জীবের জিন অন্য জীবে হ্রানাত্তর করে উন্নত জাতের জীব সৃষ্টি করা হচ্ছে। এরপ জেনেটিক্যালি মডিফাইড (GM) শস্য ও প্রাণীকে মানুষের কল্যাণে ব্যবহার করা হচ্ছে। উদাহরণস্বরূপ— ডিটামিন A এবং লৌহ সম্মুখ 'গোড়েন রাইস', কম পচমশীল উন্নতজাতের টমেটো 'Flavr Savr', বীটপতঙ্গ প্রতিরোধী উচ্চ ফলনশীল ভূট্টা (bi.com) পতঙ্গ প্রতিরোধী গম, উন্নতজাতের তুলা, মরিচ, সমাবিন, কলা ইত্যাদি।

- ২। চিকিৎসা ক্ষেত্রে জেনেটিক্স : রোগ সনাতনকরণ ও রোগনিরাময়ের জন্য গুরুত্বপূর্ণ উষ্ণ ও রাসায়নিক দ্রব্যের উৎপাদনে বায়োটেকনোলজি, তথা জেনেটিক্সের জ্ঞান ব্যবহার করে আন্তর্যাম ফল পাওয়া গেছে। অধুনা জিনথিরাপি মানুষের চিকিৎসার ক্ষেত্রে নতুন যুগের সূচনা করেছে। এ প্রক্রিয়ায় ক্ষতিকর বা অকার্যকারী জিন প্রতিস্থাপিত করে রোগ নিরাময় করা সম্ভব হচ্ছে। বংশগত রোগও এ প্রক্রিয়ায় নিরাময় করা সম্ভব হচ্ছে।
- ৩। মানুষের পরিচয় নির্ণয়ে ব্যবহার : পিতৃত্ব ও মাতৃত্ব সনাতনকরণে, দুর্ঘটনায় মৃত্যুজির পরিচয় নির্ণয়ে DNA Finger print একটি গুরুত্বপূর্ণ ও শক্তিশালী প্রক্রিয়া। ১৯৯৬ সালে রাশিয়ার বিমান দুর্ঘটনায় নিহত ২৫৭ জন যাত্রীর মধ্যে ১৪১ জনকে এ প্রক্রিয়ায় সনাতন করা সম্ভব হয়েছে।
- ৪। অপরাধী নির্ণয়ে ও বিচার কাজে সহায়তায় ব্যবহার : অপরাধী সনাতনকরণে বর্তমান বিশ্বের সর্বত্র DNA Finger Print পদ্ধতি ব্যবহৃত হচ্ছে। অপরাধ সংঘটিত স্থান থেকে রক্ত, দীর্ঘ, ত্বক, অঙ্গ বা চুল সংগ্রহ করে DNA ক্রিকোয়েসি তুলনা করে মৃত্যুকে অধৰা অপরাধীকে সহজেই সনাতন করা যায়। আদালতে দোষী সাব্যস্ত করার ক্ষেত্রে আধুনিক DNA Finger Print বিশেষভাবে ব্যবহৃত হচ্ছে।
- ৫। জীবের শ্রেণিবিন্যাসকরণে ব্যবহার : অধুনা ডিপ্টিস ও প্রাণীর শ্রেণিবিন্যাসের কাজে DNA সিকোয়েসিং, DNA হাইব্রিডাইশন ইত্যাদি পদ্ধতি ব্যবহার করা হচ্ছে।

### ১.৫ গ্রেগর ইয়োহান মেডেল (Gregor Johann Mendel)

গ্রেগর ইয়োহান মেডেল ১৮২২ খ্রিস্টাব্দের ২২ জুনাই অস্ট্রোহাস্টেরিয়ান সান্ত্রাজোর (বর্তমান চেকোশ্লাভিয়ার) অস্তর্গত সাইলেসিয়া রাজ্যের হেইজেনডর্ফ গ্রামের এক কৃষক পরিবারে জন্ম প্রাপ্ত করেন। তাঁর বালা নাম ছিল ইয়োহান মেডেল। তাঁর পিতা ছিলেন পেশাদার গার্ডেনার। ছোটবেলায় তিনি তাঁর গার্ডেনার পিতার কাজে সহায়তা করতেন। তখন থেকেই তাঁর উত্তিস্থানে জ্ঞানের প্রতি আগ্রহ সৃষ্টি হয়। তাঁর গ্রামের বিদ্যালয় থেকে তিনি প্রাথমিক পাঠ সমাপ্ত করেন। তিনি ১৮৪০ খ্রিস্টাব্দে জিমনেসিয়াম (Gymnasium) থেকে স্নাতক ডিপ্লোমা লাভ করেন। ১৮৪৩ খ্রিস্টাব্দে তিনি ২১ বছর বয়সে ব্রুন (Brunn), বর্তমান Brno শহরের অগস্টানীয়ান ক্যাথলিক গীর্জায় শিক্ষানবীশ ধর্ম্যাজক হিসেবে যোগদান করেন। এর চার বছর পর ১৮৪৭ খ্রিস্টাব্দে তিনি গীর্জার ধর্ম্যাজক পদ লাভ করেন। প্রথম অনুযায়ী তাঁকে গ্রেগর নাম দেওয়া হয়। তখন থেকেই তিনি গ্রেগর ইয়োহান মেডেল বা গ্রেগর মেডেল নামে পরিচিত হন।

১৮৪৯ খ্রিস্টাব্দে তাঁকে এ গীর্জার একটি প্রাথমিক স্কুলে অস্থায়ী সহকারী শিক্ষক পদে নিয়োগ দেওয়া হয়। ১৮৫১ খ্রিস্টাব্দে তিনি প্রকৃতি বিজ্ঞান ও গণিত শাস্ত্র অধ্যনের জন্য ডিয়েনা বিশ্ববিদ্যালয়ে ভর্তি হয়ে ১৮৫৩ খ্রিস্টাব্দ পর্যন্ত পড়াশুনা করেন কিন্তু দারিদ্র্য ও অন্যান্য কারণে আশানুরূপ ফল লাভে ব্যর্থ হয়ে তিনি পুনরায় ১৮৫৪ খ্রিস্টাব্দে গীর্জায় ফিরে আসেন। সেখানে তিনি গীর্জার একটি স্কুলে সহকারী শিক্ষক নিযুক্ত হন এবং সুনামের সহিত শিক্ষকতা করতে থাকেন।

তিনি গীর্জার বাগানে মটর গাছ (*Pisum sativum*) এবং একপ আরও কিছু উত্তিস্থানের বংশগতি নিয়ে গবেষণা করতে থাকেন। এর মধ্যে মটর গাছকে তিনি গবেষণার উপযুক্ত গাছ হিসেবে বিবেচনা করে এ নিয়ে প্রায় ৮ বছর গবেষণা করেন। তিনি ১৮৬৫ সালে মটরের সংকরণ ও বংশগতির উপর একটি গবেষণা প্রবন্ধ রচনা করেন এবং *Natural History*



Gregor Johann Mendel

Society of Brunn-এর সভায় পাঠ করেন। তিনি ১৮৬৬ খ্রিস্টাব্দে জার্মান ভাষায় রচিত 'Experiment in plant hybridization' নামে প্রবন্ধটি Journal of Natural History Society of Brunn এ প্রকাশ করেন। এ প্রবন্ধের পৃষ্ঠার সংখ্যা ছিল ৪৬। প্রবন্ধটিকে তিনি চার্লস ডারউইন, কার্ল ফন নেগেলী প্রভৃতি খ্যাতনামা বিজ্ঞানীদের কাছে এবং বহু বিশ্ববিদ্যালয় ও গবেষণাগারে প্রেরণ করেন। কিন্তু দুর্ভাগ্যের বিষয় কেউই মেডেলের গবেষণার ফলাফলকে গুরুত্ব দেননি বা উপলক্ষ করতে পারেন নি। জানা যায়, ডারউইন প্রবন্ধটিকে পড়েও দেখেননি, পড়লে তাঁর নিজেরও উপকার হতো, তাঁর প্যানজোনেসিসের স্বাত্ত ধারণাটিও হয়ত কেটে যেত। নেগেলী এ গবেষণাকে বিশ্বাস না করে মেডেলকে পুনরায় পরীক্ষা করার নির্দেশ দেন। মেডেল এতে কিছুটা হতোক্ষয় ও নিরাপ হয়েও কিছু গবেষণা কাজ চালিয়ে যেতে থাকেন।

এ মহান বিজ্ঞানী মেডেল ১৮৮৪ সালের ৬ জানুয়ারি ইহলোক ত্যাগ করেন। তাঁর মৃত্যুর পর ১৯০০ খ্রিস্টাব্দে তিনজন বিখ্যাত বিজ্ঞানী স্বত্ত্বভাবে মেডেলের প্রদত্ত সূত্র আবিষ্কার করেন ও স্বীকৃতি প্রদান করেন। মেডেলের গবেষণার সূত্রসমূহ মেডেলবাদ (Mendelism) নামে গৃহীত হয়।

### ১.৫.১ মেডেলের গবেষণার ফলাফল পুনরায় আবিষ্কার ও স্বীকৃতি লাভ

অগ্র মেডেলের মৃত্যুর ১৬ বছর পর ১৯০০ খ্রিস্টাব্দে তাঁর মূল্যবান গবেষণার ফলাফল পুনরায় আবিষ্কৃত হয় এবং স্বীকৃতি লাভ করে। তিনজন বিখ্যাত বিজ্ঞানী Hugo de Vries (ভাচ), Karl Correns (জার্মান) এবং E.V. Tschermak (অস্ট্রিয়ান) প্রত্যেকে স্বাধীন ও স্বত্ত্বভাবে গবেষণা করতে গিয়ে মেডেলের গবেষণার যথার্থতা প্রমাণ করেন। তাঁরা অনুধাবন করেন যে ৩৭ বছর পূর্বেই মেডেল হ্রাস তাঁদের আবিষ্কারটি সুন্দরভাবে সম্পূর্ণ করে গেছেন। তাঁরা প্রত্যেকে মেডেলকে বংশ গতির মূল সূত্রের আবিষ্কারক হিসেবে স্বীকৃতি প্রদান করে নিজেরাও গৌরবান্বিত হন। এরপর সূত্র বংশগতি বিজ্ঞানের প্রসার ঘটতে থাকে। তাই ১৯০০ খ্রিস্টাব্দকে বংশগতিবিদ্যার দ্বিতীয় জন্ম খ্রিস্টাব্দ বলা হয়। মেডেলের সূত্র বা মেডেলিজম বংশ গতির আধুনিক ভিত্তি নাচনা করে দিয়ে গেছে।

### ১.৫.২ মেডেলের সাফল্যের কারণসমূহ/মেডেলের গবেষণার নীতিমালা

মেডেলের পূর্বে এবং ১৯০০ খ্রিস্টাব্দের পূর্ব পর্যন্ত নেগেলীসহ বেশ কয়েকজন বিজ্ঞানী বংশগতি এবং ত্রিভিং এর উপর গবেষণা করেও কোন উক্তপূর্ণ মৌলিক তত্ত্ব আবিষ্কার করতে সক্ষম হননি, এখন কি মেডেলের আবিষ্কারের তাত্পর্য অনুধাবন করতে পারেননি। তুলনামূলকভাবে কম শিক্ষিত মেডেলের যুগান্তকারী আবিষ্কারের পিছনে ছিল তাঁর প্রজ্ঞা, গভীর জ্ঞান এবং নিম্নলিখিত বিষয়গুলো—

১। গবেষণার কাজে মটর (Pisum sativum) গাছকে গবেষণার বিষয় হিসেবে নির্বাচন করা তাঁর সহজতার অন্যতম প্রধান কারণ। তিনি তাঁর গবেষণার কাজে প্রথম দিকে মটর ছাড়াও একল আরও কতগুলো গাছ নিয়ে গবেষণা করে করেন। কিন্তু তিনি বিভিন্ন নিক বিবেচনা করে মটর গাছকেই শেষ পর্যন্ত গবেষণার বিষয়ে অঙ্গৰ্জ করেন। এর পেছনের কারণগুলো হচ্ছে—

- (ক) মটরগাছ সাধারণভাবে ব্যপরাণী, কিন্তু পরপরাণীয়নেও উর্বর সংকর বংশধর সৃষ্টি করে। তুলের পাপড়িগুলোর অবস্থান পরপরাণীয়িতোৱাদী।
- (খ) মটর গাছের জীবন চক্র সংক্ষিপ্ত ও সারা বছরই চাষ করা যায়।
- (গ) এক বছরে ২/৩ বংশধর সৃষ্টি করা যায়।
- (ঘ) একটি গাছে অনেক বীজের সৃষ্টি হয়।
- (ঙ) সংকরাণন করা এ উক্তিদে অপেক্ষাকৃত সহজ।
- (ঁ) বৈশিষ্ট্যগুলো সুস্পষ্ট।

- ২। তিনি ইউরোপের বিভিন্ন স্থান থেকে ৩৭টি মটর প্রকরণ সংগ্রহ করেন। গীর্জার বাগানে এক বছর কাল এ সকল উদ্ভিদের মধ্যে স্বপ্নোগায়ন করে বিশিষ্টতা পরীক্ষা করেন। এন্দের মধ্যে থেকে ৭ জোড়া সুস্পষ্ট বিভিন্ন বৈশিষ্ট্যযুক্ত ১৪টি জাতের উদ্ভিদের বীজ তাঁর গবেষণার কাজে ব্যবহার করেন। এ বিভিন্ন উদ্ভিদগুলোই ছিল মেডেলের গবেষণার এবং সূত্রের মূল ভিত্তি বস্তু।
- ৩। সংকৰায়নের পূর্বে তিনি পরীক্ষাধীন বৈশিষ্ট্যের বিশিষ্টতা পরীক্ষা করে নিতেন।
- ৪। মটর গাছ উভলিঙ্গিক। তাই পরাগায়নের পূর্বেই কিছু গাছের অপরিপৰ্যন্ত পরাগাধানী কেটে ফেলে স্ত্রী পুল্ল, তথা স্ত্রী গাছে পরিণত করে নিতেন।
- ৫। সংকৰায়নের সময় যাতে অন্য উদ্ভিদ থেকে অবাধিত পরাগ এন্দে সংকৰায়নে বিয়ু না ঘটাতে পারে সে জন্ম প্রয়োজনীয় ব্যবস্থা (ব্যাগিং পদ্ধতি) গ্রহণ করতেন।
- ৬। তিনি সতর্কতার সাথে জন্মের বংশধরগুলোর ফেনোটাইপ এবং তাদের সংখ্যার হিসাব বা উপাত্ত সংকরণ করতেন।
- ৭। তিনি একাধিক জনু, এমনকি টেস্টক্রস জনুর অনুপাতও পর্যবেক্ষণ করতেন।
- ৮। তিনি এক সাথে অনেক বীজ উৎপাদন করতেন এবং তা থেকে বহু সংখ্যক পরবর্তী বংশধর সৃষ্টি করতেন। (সারণি-২.১)।
- ৯। তিনি এক সাথে মাত্র একটি চরিত্র (একজোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্য) নিয়ে কাজ করতেন। যেমন— মটর গাছের দৈর্ঘ্য চরিত্রের দুটি বিপরীত বৈশিষ্ট্য লব্ধ ও যথে বৈশিষ্ট্য নিয়ে পরীক্ষা করেন।
- ১০। প্রথম পর্যায়ে তিনি প্রতিবারেই মাত্র একজোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্য নিয়ে গবেষণা করে প্রথম সূত্রের ব্যাপারে নিশ্চিত হন। এরপর তিনি প্রতিবারে দু'জোড়া বৈশিষ্ট্য নিয়ে গবেষণা করে দ্বিতীয় সূত্র প্রদান করেন। তিনি সূত্র প্রদানের সময় বীজগাণিতিক সূত্রও অবলম্বন করতেন। মেডেলের পূর্বে বা তাঁর সময়কালে বিজ্ঞানীরা একসাথে অনেকগুলো চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য নিয়ে ট্রিভিং করতেন বলে বিয়োগী অনেক জটিল হয়ে যেত। তাই তাঁরা কোন সঠিক সিদ্ধান্তে আসতে পারতেন না।
- ১১। \*সৌভাগ্যময়ে মটরের এ সাতজোড়া বৈশিষ্ট্যের ক্ষেত্রে যুগ্মাবস্থা (Linkage) ছিলন। (লিংকেজ থাকলে সে ক্ষেত্রে মেডেলের প্রথম সূত্র কার্যকর হলেও বিভিন্নসূত্র কার্যকর হতো না।)
- ১২। তিনি বৃদ্ধিমত্তার সাথে বৈজ্ঞানিক দৃষ্টিভঙ্গ নিয়ে গবেষণা কার্য পরিচালনা করেন। তিনি সুষ্ঠুভাবে বৈজ্ঞানিক পদ্ধতিতে অবস্থান হন।
- ১৩। তিনি তাঁর পরীক্ষার ফলাফল গাণিতিকভাবে (Statistically) বিশ্লেষণ করে তা থেকে বৈজ্ঞানিকভাবে সিদ্ধান্ত গ্রহণ করতেন বলেই সঠিক সিদ্ধান্তে উপনীত হতে পেরেছিলেন। এটিই তাঁর সফলতার চারিকাঠি।

### ১.৫.৩ মেডেলের সাত জোড়া বৈশিষ্ট্য

মেডেলের সাতজোড়া বৈশিষ্ট্যই ছিল তাঁর গবেষণার মূল ভিত্তি। নিম্নে সাতজোড়া বৈশিষ্ট্যের উল্লেখ করা হলো—

বৈশিষ্ট্য (Character)	প্রকট বৈশিষ্ট্য (Dominant Trait)	প্রাচল্ল বৈশিষ্ট্য (Recessive Trait)
১. পুষ্পের বর্ণ (Flower color)	বাদামী/পিপল বর্ণ (Purple)	সাদা বর্ণ (White)
২. পুষ্পের অবস্থান (Flower Position)	কার্পিক (Axial)	প্রাঞ্জিয়া (Terminal)
৩. বীজের রং (Seed color)	হলুদ (Yellow)	সবুজ (Green)
৪. বীজের আকৃতি (Seed shape)	গোল (Round)	কুঁচিত (Wrinkled)
৫. ফল (Pod)-এর আকৃতি (Pod shape)	ফ্লোট (Inflated)	খাজনুক (Constricted)
৬. ফল (Pod)-এর রং (Pod color)	সবুজ (Green)	হলুদ (Yellow)
৭. কান্দের দৈর্ঘ্য (Stem length)	লব্ধ (Tall)	বর্ষ (Dwarf)

\* সারণি-২.১ মুছব্য

\* মেডেলের মোটবুক ও রাব কাগজপত্র পরীক্ষা করে দেখা গোছে সে তিনি কোন কোন পরীক্ষাট ব্যাসের ক্ষেত্রে বাতিত্তু দেখে ছিলেন এবং সেগুলো কোশলে একত্র গোছেন। সেক্ষেত্রে সত্ত্ববত লিঙ্গেট ছিল। সে যুল লিঙ্গেট দ্রুতের কথা জ্ঞানোজ্ঞ ও যায়াসিদ্ধ সহচেই কোম ধারণা ছিল না।

## ১.৫.৪ মেডেলের পরীক্ষার ফলাফল

মেডেলের ব্যবহৃত মটর-এর ৭ জোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্য—

বৈশিষ্ট্য (Character)	প্রকট বৈশিষ্ট্য (Dominant Trait)	প্রচল্ন বৈশিষ্ট্য (Recessive Trait)
পুষ্পের বর্ণ (Flower color)	বাদামী/পিপল বর্ণ (Purple) 	সাদা বর্ণ (White) 
পুষ্পের অবস্থান (Flower Position)	কার্কিক (Axial) 	প্রান্তীয় (Terminal) 
বীজের বর্ণ (Seed color)	হলুদ (Yellow) 	সবুজ (Green) 
বীজের আকৃতি (Seed shape)	গোল (Round) 	কুঁচিত (Wrinkled) 
ফল (Pod)-এর আকৃতি (Pod shape)	শ্বেত (Inflated) 	সংকুচিত (Constricted) 
ফল (Pod)-এর বর্ণ (Pod color)	সবুজ (Green) 	হলুদ (Yellow) 
কান্দের দৈর্ঘ্য (Stem length)	লম্বা (Tall) 	খর্ব (Dwarf) 

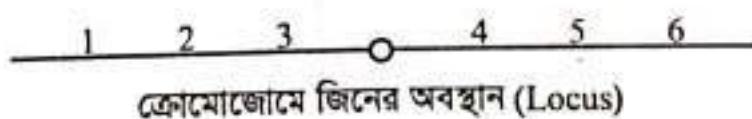
চিত্র-১.১ : মেডেলের ব্যবহৃত মটরের ৭ জোড়া বৈশিষ্ট্যের চিত্র।

### ১.৫.৫ জেনেটিক্সে ব্যবহৃত কৃতগুলো প্রয়োজনীয় বিষয়ের সংজ্ঞা ও ব্যাখ্যা

(ক) Element/Factor/gene : DNA বা DNA এর অংশবিশেষ যা জীবের বংশগতির বৈশিষ্ট্য বহন করে তাকে এলিমেন্ট/ফ্যাক্টর/জিন বলে। মেডেলের এলিমেন্ট বা ফ্যাক্টরকে জোহানসেন (১৯০৯) জিন নামে অভিহিত করেন।

(খ) জেনোটাইপ (Genotype) এবং ফেনোটাইপ (Phenotype) : কোন বৈশিষ্ট্যের নিয়ন্ত্রক জিনসমূহের গঠন কৃপকে জেনোটাইপ বলে। আর জীব দেহের দৃশ্যমান বৈশিষ্ট্যসমূহকে ফেনোটাইপ বলে। অর্থাৎ ফেনোটাইপ হচ্ছে জেনোটাইপের বাহ্যিক প্রকাশ। উদাহরণস্বরূপ— মটর গাছের লম্বা ও খাটো বৈশিষ্ট্যকে যথাক্রমে 'T' এবং 't' ধরা হলো। একেতে TT, Tt, tt হলো এ উদ্বিদের দৈর্ঘ্যের জেনোটাইপ এবং যথাক্রম লম্বা, সংকৰ লম্বা এবং খর্ব বৈশিষ্ট্য হলো ফেনোটাইপ। একেতে জেনোটাইপ তিনি প্রকার হলেও ফেনোটাইপ দুই প্রকার (লম্বা ও খর্ব)।

(গ) লোকাস (Locus) : ক্রোমোজোমে কোন জিন যে স্থানে অবস্থান করে তাকে এ জিনের লোকাস বলে।

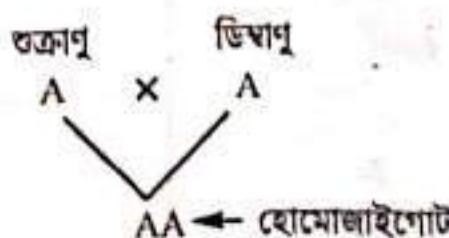


(ঘ) এলিলোমরফ বা এলিল (Allelomorph or Allel) : সাধারণত বিপরীত বৈশিষ্ট্যসম্পন্ন একজোড়া জিনের একটিকে অপরটির এলিলোমরফ বা এলিল বলে। হোমোজোগাস ক্রোমোজোমের একই লোকাসে অবস্থানকারী জিনসমূহকে এলিল বলা হয়। এরা একই বৈশিষ্ট্যকে নিয়ন্ত্রণ করে। যেমন—

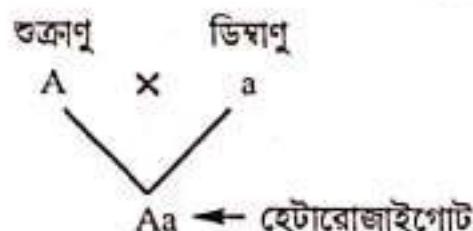
$$\frac{T}{t} \text{ একেতে } T \text{ এবং } t \text{ পরম্পর এলিল}$$

ডিপ্রয়েড জীবে সাধারণত একটি জিনের দুটি এলিল থাকে; অবশ্য এর ব্যাতিক্রমও দেখা যায়। Bateson (1902) Allele শব্দটি প্রথম ব্যবহার করেন। "One member of a pair or a series of genes that can occur at a particular locus on homologous chromosomes is an allele." G. W. Burns (1969)।

(ঙ) হোমোজাইগোট বা হোমোজাইগাস (Homozygote or Homozygous) : জীবের কোন বৈশিষ্ট্য নিয়ন্ত্রণকারী জিনসমূহ বা এলিলসমূহ একই রকম হলে তাকে হোমোজাইগোট বা হোমোজাইগাস জীব বলে। যেমন— TT, tt. "An individual whose chromosomes bear identical (একইরকম) genes of a given allelic pair or series is called homozygote."



(চ) হেটোরোজাইগোট বা হেটোরোজাইগাস : জীবের কোন বৈশিষ্ট্য নিয়ন্ত্রণকারী জিনসমূহ বা এলিলসমূহ ডিম্ব রকম হলে তাকে হেটোরোজাইগোট বা হেটোরোজাইগাস বলা হয়। যেমন— Tt।



(ଛ) ଜେନୋମ (Genome) : ଏକଟି ଜୀବର ସମ୍ପତ୍ତ ଜିନକେ ଏକତ୍ରେ ଏଇ ଜୀବର ଜେନୋମ ବଲେ । ଅର୍ଥାତ୍, ଏକଟି ଜୀବର ସମ୍ପତ୍ତ �DNA ପିକୋଯେପକେ ଜେନୋମ ବଲା ହୁଏ । ମାନବ ଜେନୋମେ ୩୦,୦୦୦୦–୮୦,୦୦୦ ଜିନ ଏବଂ ପ୍ରାୟ ୩.୨ ବିଲିଯନ ବେସ ଜୋଡ଼ ରହୁଥିଲା ।

(ঞ) মনোহাইব্রিড ক্রস (Monohybrid cross) : যখন কোন ক্রসে একজোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্য সম্পন্ন জিন থাকে তখন তাকে এক সংকর বা মনোহাইব্রিড ক্রস বলে। যেমন—

$$\overset{\circ}{\text{TT}} \times \overset{\circ}{\text{tt}}$$

লঘা মটৰ গাছ

খৰ্ব মটৰ গাছ

(৩) ডাইহাইব্রিড ক্রস (Dihybrid cross) : যখন কোন ক্রসে দুই জোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্য থাকে তখন তাকে ডাইহাইব্রিড ক্রস বলে। যেমন-

♂ RRYY  $\times$  ♀ rryy  
গোল-হলুন বীজ  $\times$  কুঁড়িত-সবুজ বীজ

(ঞ্চ) পলিহাইব্রিড ক্রস (Polyhybrid cross) : যখন কোন ক্রসে দু'এর অধিক জোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্য থাকে তখন তাকে পলিহাইব্রিড ক্রস বলে। যেমন—

♂ AABBCC    x    ♀ aabbcc

(ট) বিপরীত ক্রস (Reprocal cross) : একইরপ জেনোটাইপযুক্ত পেরেন্টের মধ্যে উল্টাভাবে সংকরায়নকে বিপরীত ক্রস (Receprococal) বলে। যেমন—  $AA (♀) \times aa (♂)$  এর বিপরীত ক্রস হচ্ছে—  $aa (♀) \times AA (♂)$

অথবা	TT♀ × tt ♂ এর বিপরীত হলে ॥ (♀) × TT (♂)
লদা খাটো	খাটো লদা

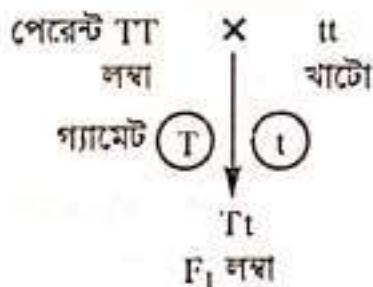
(ঁ) ব্যাকক্রস (Back Cross) :  $F_1$  বংশধরের সাথে যে কোন পেরেন্টের ক্রোসকে ব্যাক ক্রস বলে।

(ড) টেস্টক্রস (Test cross) : সাধারণত  $F_1$  বংশধরের সাথে প্রচন্ড পেরেন্টের ক্রসকে টেস্ট ক্রস (Test cross) বলে।

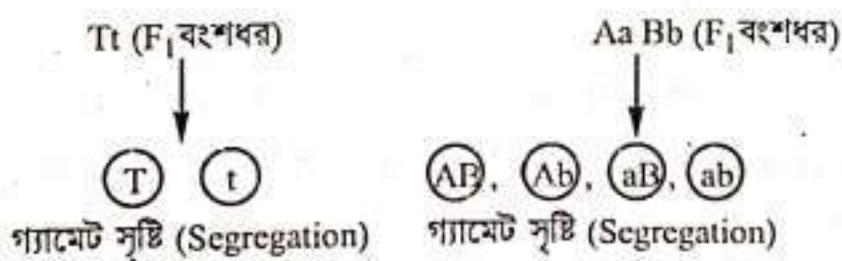
(ট) সেক্স ক্রোমোজোম (Sex chromosome) : যদি কোন ক্রোমোজোমে সেক্স নির্ধারণকারী জিন থাকে তবে তাকে সেক্স ক্রোমোজোম বলে। যেমন— পুরুষ মানুষের জন্য XY এবং স্ত্রী মানুষের জন্য XX ক্রোমোজোম।

(ন) অটোজোম (Autosome) : সেক্সক্রোমোজোম বাদে দেহের অন্যান্য ক্রোমোজোমকে অটোজোম বলে। যেমন- মানুষের ৪৬ টি ক্রোমোজোমের মধ্যে ৪৪টি অটোজোম এবং ২টি সেক্স ক্রোমোজোম থাকে।

(ত) প্রকট (Dominant) এবং প্রাচল্ল (Recessive) : হেটোরোজাইগাস অবস্থায় কোন একজোড়া এলিলের যেটির বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায় তাকে প্রকট (Dominant) জিন বলে। আর যেটির বৈশিষ্ট্য অপ্রকাশিত থাকে তাকে প্রাচল্ল জিন বলা হয়। আর যে ফেনোটাইপিক বৈশিষ্ট্য প্রকাশিত হয় তাকে প্রকট বৈশিষ্ট্য এবং যে বৈশিষ্ট্যটি অপ্রকাশিত থাকে তাকে প্রাচল্ল বৈশিষ্ট্য বলা হয়। যেমন— মুটের গাছের হেটোরোজাইগাস  $Tt$  এর ফ্রেঞ্চ লেদা (T) বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায় বলে এটি প্রকট এবং খাট (t) বৈশিষ্ট্য অপ্রকাশিত থাকে বলে এটি প্রাচল্ল। প্রকট জিনকে সাধারণত ক্যাপিটাল লেটার বা '+' চিহ্ন দ্বারা প্রকাশ করা হয়। যেমন—



(৬) জিনের পৃথকীকরণ (Segregation) : জনসের মাধ্যমে সৃষ্টি প্রথম বংশধরে (First Filial generation = F<sub>1</sub>) বা পরবর্তী বংশধরসমূহের গ্যামেট সৃষ্টির সময় জিনসমূহের স্থায়ীনভাবে পৃথক হয়ে গ্যামেটে গমনকে জিনের পৃথকীকরণ (Segregation) বলে।

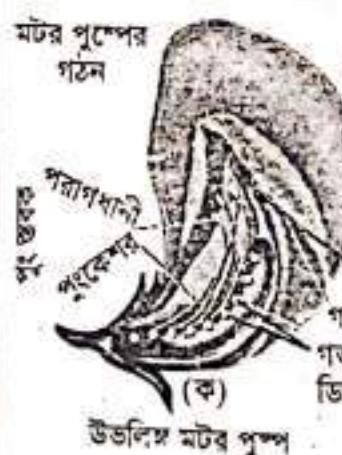


### ১.৫.৬ মেডেলের প্রথম সূত্র বা পৃথকীকরণ সূত্র (Law of Segregation)

সূত্র : মনোহাইভিড জনসে একজোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্যযুক্ত জীবের মধ্যে জনস করলে প্রথম বংশধরে (F<sub>1</sub>) একটি বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায় (প্রকট) এবং অন্যটি অপ্রকাশিত থাকে (প্রচলন); প্রথম বংশধরের বৈশিষ্ট্য নিয়ন্ত্রক এলিমেন্ট বা ফ্যাট্র দুটি মিশ্রিত না হয়ে আলাদাভাবে পাশাপাশি অবস্থান করে এবং গ্যামেট সৃষ্টির সময় পৃথক হয়ে (Segregation) ভিন্ন ভিন্ন গ্যামেটে গমন করে এবং পরবর্তী বংশধরে (F<sub>2</sub>) ৩ : ১ অনুপাতে প্রকট ও প্রচলন বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায়।

প্রথম সূত্রের ব্যাখ্যা : মেডেলের মতে, জীবের প্রতিটি বৈশিষ্ট্য নিয়ন্ত্রণের জন্য দুটি এলিমেন্ট বা ফ্যাট্র থাকে। প্রথম বংশধরে বা জনুতে এর যে কোন একটি বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায়। যেটি প্রকাশ পায় তাকে প্রকট (Dominant) এবং যেটি অপ্রকাশিত থাকে তাকে প্রচলন (Recessive) বলে। মেডেল প্রথমে মটর, গাছের ৭ জোড়া বৈশিষ্ট্যের প্রত্যেকটি আলাদাভাবে পরীক্ষা করে প্রথম সূত্রের পক্ষে প্রমাণ পান। উদাহরণস্বরূপ— মেডেল বিশুদ্ধ (হোমোজাইগাস) লম্বা (TT) আলাদাভাবে পরীক্ষা করে প্রথম সূত্রের পক্ষে প্রমাণ পান। উদাহরণস্বরূপ— মেডেল বিশুদ্ধ (হোমোজাইগাস) লম্বা (TT) মটর গাছের সাথে বিশুদ্ধ খর্ব (tt) মটর গাছের পরাগায়ন (জনস) করেন। এ জনসের ফলে সৃষ্টি বীজ থেকে যে গাছ উৎপন্ন হলো তাকে প্রথম বংশধর (First filial generation = F<sub>1</sub>) বলা হয়। এ হেটোজোজাইগাস F<sub>1</sub> বংশধরের লম্বা ফ্যাট্র 'T'-হলো তাকে প্রথম বংশধর (First filial generation = F<sub>1</sub>) বলা হয়। এ বীজ থেকে F<sub>2</sub> বংশধরে যে গাছ উৎপন্ন হলো এরপর এ F<sub>1</sub> উত্তিদের মধ্যে অপরাগায়ন করে F<sub>2</sub> বীজ সৃষ্টি করা হয়। এ বীজ থেকে F<sub>2</sub> বংশধরে যে গাছ উৎপন্ন হলো তার মধ্যে লম্বা ও খর্বিকার উত্তিদের অনুপাত ৩ : ১ হলো। এ থেকে প্রমাণিত হয় যে, F<sub>1</sub> বংশধরের মধ্যে 'T' এবং 't' মিলিত হয়ে যায়নি বা হারিয়ে যায় নি, পৃথকভাবে অবস্থান করছিল এবং F<sub>1</sub> উত্তিদের গ্যামেট সৃষ্টির সময় পৃথক হয়ে গ্যামেটে গমন করে ও F<sub>2</sub> বংশধরের উত্তিদের উভয় বৈশিষ্ট্যই পুনরায় ৩ : ১ অনুপাতে প্রকাশ পায়।

[মেডেল ১০৬৪ টি F<sub>2</sub> উত্তিদের মধ্যে ৭৮৭ টি লম্বা এবং ২৭৭ খর্ব উত্তিদ (১.৮৪ : ১) হিসেবে পেয়েছিলেন, যা ৩ : ১ এর কাছাকাছি।। তিনি আরও লক্ষ্য করেন যে, F<sub>2</sub> বংশধরের মধ্যে অপরাগায়ন ঘটালে F<sub>3</sub> বংশধরে খর্ব উত্তিদ থেকে ১০০% খর্ব উত্তিদ পাওয়া যায়। কিন্তু লম্বা উত্তিদত্ত্বের  $\frac{1}{4}$  অংশ থেকে বিশুদ্ধ লম্বা এবং  $\frac{1}{4}$  অংশ লম্বা উত্তিদ থেকে পুনরায় ৩ : ১ অনুপাতে লম্বা ও খর্ব উত্তিদ পাওয়া যায়। সম্পূর্ণ প্রক্রিয়াটি নিম্নলিখিতভাবে দেখান যায়।



চিত্র : মাটের উদ্ধিদোষ সংক্রান্ত

অন্য (খ)-উড়িদের পরাগরেণ  
ক-উড়িদের গর্ভমুণ্ডে ঢাপন (পরাগায়ন)



সংক্ষেপ (ক X খ) → বীজ/গাছ  
১ম বৎসর-F<sub>1</sub>



11



୪୩

. F. वृद्धिभव

۱۰۰

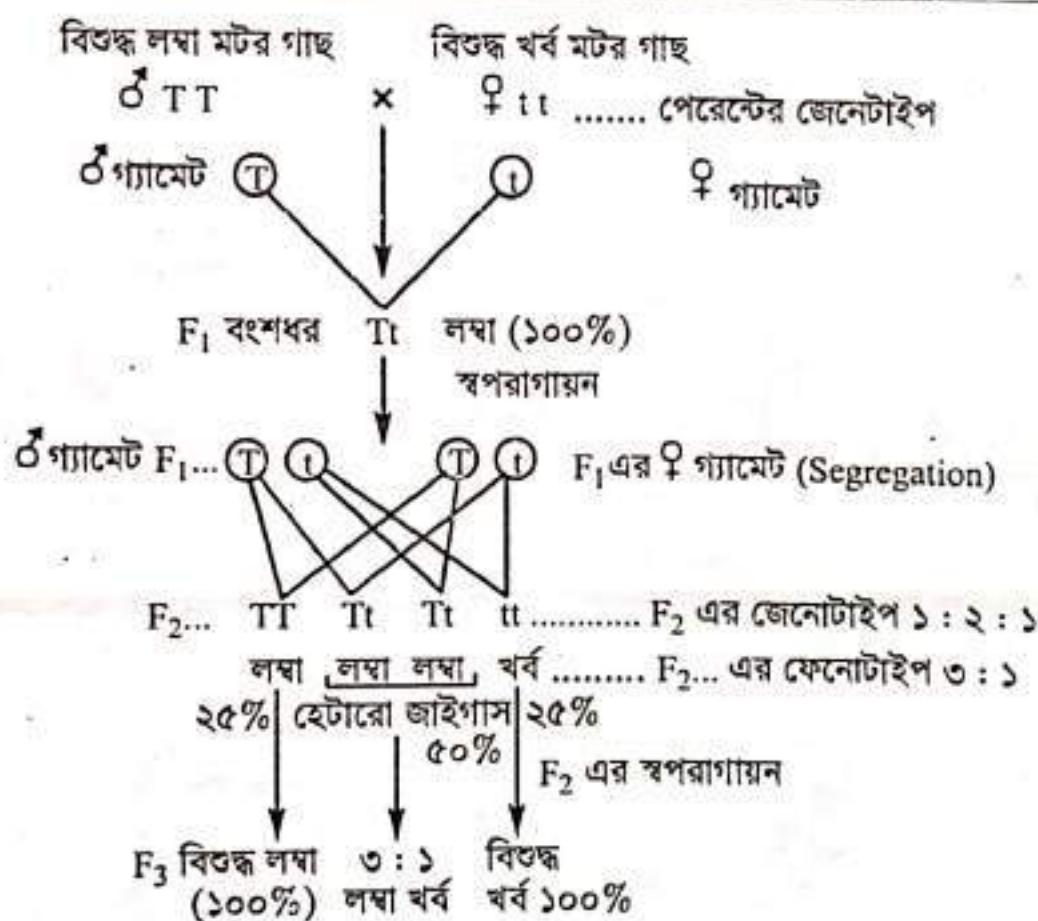
卷之三

卷之三

卷二

શાસ્ત્ર : શાસ્ત્ર

### ତିମ୍ବ : ମେଡିନେସ୍ ପ୍ରକରଣ ମୁଦ୍ରଣ ପରାମର୍ଶା



মেডেল এভাবে অন্যান্য ৬ জোড়া বৈশিষ্ট্যের মধ্যে তন্ম করে একই রকম ফলাফল বা অনুপাত পান এবং তা সূচাকারে প্রকাশ করেন।

१५७ अन्तर्लेन द्वितीय सूत्र : व्याधीन विनास वा भूक्त संरक्षण (Independent Assortment)

দুই বা ততোধিক জোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্যযুক্ত দুটি জীবের মধ্যে ক্রস করলে (ডাইহাইব্রিড বা পলিহাইব্রিড ক্রসে) প্রথম বংশ ধরে ( $F_1$ ) প্রকট বৈশিষ্ট্যগুলোই প্রকাশ পায়। কিন্তু এদের গ্যামেট সৃষ্টিকালে ফ্যাট্টেরগুলো শাধীনভাবে পৃথক পৃথক গ্যামেটে বিন্যস্ত হয়; কোন একটি ফ্যাট্টের জোড়ের সংযোগ অন্য ফ্যাট্টেরজোড়ের উপর নির্ভরশীল নয়। এ কারণে হিতীয় সত্ত্বকে শাধীন বিন্যাস বা মুক্ত সংযোগ সূত্র বলা হয়।

**ব্যাখ্যা :** গোলাকার-হলুদ বীজ সৃষ্টিকারী মটের গাছের সাথে কুঞ্চিত সবুজ বীজ সৃষ্টিকারী গাছের ডাইহাইব্রিড ক্রস এবং তার ফলাফলের মাধ্যমে বিতীয় সৃতি সুন্দরভাবে ব্যাখ্যা করা যায়।

মেডেলের মতে প্রতিটি বৈশিষ্ট্য বা চরিত্রের জন্য দু'টি ফ্যাট্টের থাকে। যেমন— মটর বীজের বিতক্ষ গোলাকার বীজের জন্য RR এবং বিতক্ষ হলুদ বর্ণের জন্য YY ফ্যাট্টের থাকে। অর্ধাং গোল-হলুদ বীজের জেনোটাইপ RRYY এবং কুঁড়িত সবুজ বীজের জেনোটাইপ yyyy।

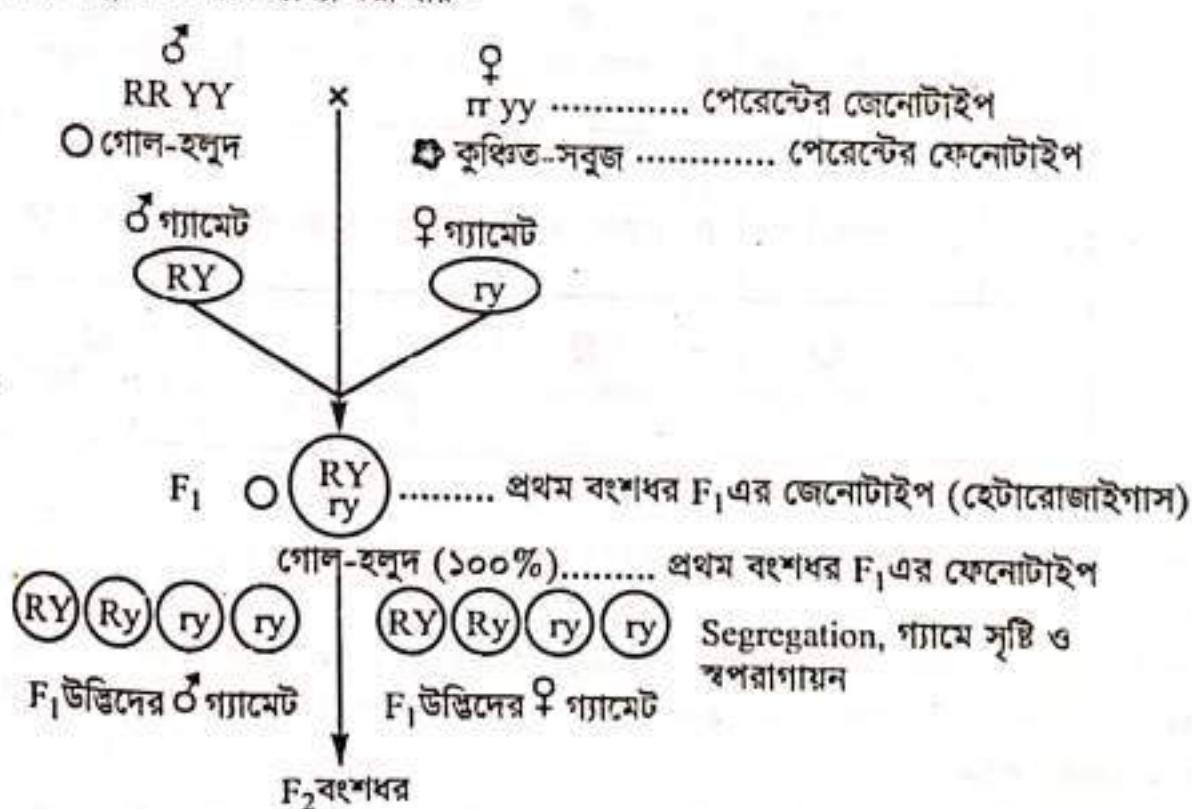
মেডেল বিটক গোল-হলুদ বীজ সৃষ্টিকারী উত্তিদের (RRYY) সাথে কুঁড়িতে-সবুজ বীজ সৃষ্টিকারী উত্তিদের (rryy) ক্রস করেন। প্রথম বংশ ধরের ( $F_1$ ) উত্তিদের সমস্ত বীজই গোল-হলুদ (RrYy) হলো। এতে বুঝা যায় যে, গোল (R) চরিত্রটি কুঁড়িতের (r) উপর প্রকট এবং হলুদ (Y) চরিত্রটি সবুজ (y) চরিত্রের উপর প্রকট।

এরপর তিনি  $F_1$  উদ্ভিদের (RyYy) অপরাগায়নের মাধ্যমে যে বীজ পেলেন তা থেকে দ্বিতীয় বংশধর ( $F_2$ ) উদ্ভিদ সৃষ্টি করেন। এ  $F_2$  উদ্ভিদের মধ্যে চার রকমের বীজসংক্রিয়া উদ্ভিদ পাওয়া গেল।

এ চার রকমের উদ্ভিদ ও তার অনুপাত নিয়ন্ত্রণ-

গোল-হলুদ : গোল-সবুজ : কাঞ্চিত-হলুদ : কাঞ্চিত সবুজ = ১ : ৩ : ৩ : ১

সম্পূর্ণ প্রক্রিয়াটি নিয়ন্ত্রিত করা হয়।



[ $F_2$  বংশধরের ফেনোটাইপ ও জেনোটাইপ নিম্নের চেকার বোর্ডে দেখান হলো।]

গ্যামেট	RY	Ry	rY	ry
RY	RY ○ RY গোল-হলুদ	RY ○ Ry গোল-হলুদ	RY ○ rY গোল-হলুদ	RY ○ ry গোল-হলুদ
Ry	Ry ○ RY গোল-হলুদ	Ry ● Ry গোল-সবুজ	Ry ○ rY গোল-হলুদ	Ry ● ry গোল-সবুজ
rY	rY ○ RY গোল-হলুদ	rY ○ Ry গোল-হলুদ	rY ○ rY কৃষিত-হলুদ	rY ○ ry কৃষিত-হলুদ
ry	ry ○ RY গোল-হলুদ	ry ● Ry গোল-সবুজ	ry ○ rY কৃষিত-হলুদ	ry ● ry কৃষিত-সবুজ

$F_2$  ফেনোটাইপ = গোল-হলুদ : গোল সবুজ : কৃষিত হলুদ : কৃষিত সবুজ = ৯ : ৩ : ৩ : ১

$F_2$  জেনোটাইপ = 1 RRYY : 2 RRYy : 2 Ry YY : 4 RrYy : 1 RRyy : 2 Rryy : 1 rrYY : 2 rrYy : 1 rryy

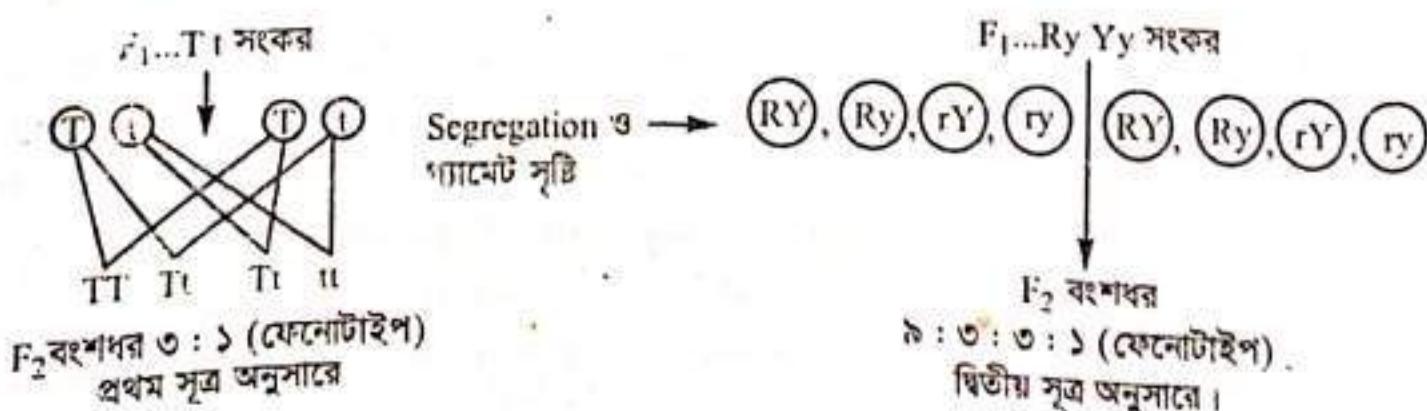
$F_2$  জেনোটাইপ অনুপাত = ১ : ২ : ২ : ৮ : ১ : ২ : ১ : ২ : ১

এ তেস্ত থেকে এটা প্রমাণিত হয় যে,  $F_1$  উত্তিদে গোল-হলুদ ফ্যাট্রি (RY) এবং কৃষিত-সবুজ ফ্যাট্রি (ry) একসাথে অবস্থান করলেও গ্যামেট সৃষ্টির সময় স্থাবিনভাবে পৃথক হয়ে যায় এবং একজোড়ার পৃথকীকরণ অন্ত জোড়ার পৃথকীকরণকে প্রভাবিত করেনা।

সূতরাং মেডেল সিদ্ধান্ত করলেন যে একাধিক জোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্য সম্পন্ন উত্তিদের মধ্যে জন্ম করলেও বৈশিষ্ট্য বা ফ্যাট্রির গুণে মিশ্রিত হয় না, আলাদা আলাদা থাকে এবং গ্যামেট সৃষ্টির সময় স্থাবিন ভাবে গ্যামেটে গঠন করে।

### ১.৫.৮ মেডেলের দ্বিতীয় সূত্র প্রথম সূত্র ছাড়া করা যায় না— ব্যাখ্যা/প্রমাণ

প্রথম সূত্রের মূল কথা হচ্ছে  $F_1$  সংকরের গ্যামেট সৃষ্টির সময় ফ্যাট্রির পৃথক হওয়া (Segregation) এবং স্থাবিন ভাবে গ্যামেটগুলো মিলিত হয়ে  $F_2$  বংশধর সৃষ্টি করা। এ দু'টি ঘটনা দ্বিতীয় সূত্রের সময়ও ঘটে।



বিভীষণ সূত্রের ক্ষেত্রেও একাধিক জোড়া বিপরীত বৈশিষ্ট্যযুক্ত উত্তিদের মধ্যে ক্রস করলে বৈশিষ্ট্য বা ফ্যাটেরগুলো মিশ্রিত হয় না, আলাদা আলাদা থাকে এবং গ্যামেট সৃষ্টির সময় পৃথক হয়ে স্বাধীন ভাবে গ্যামেটে গমন করে। সূতরাং দেখা যাচ্ছে, বিভীষণ সূত্র প্রথম সূত্র ছাড়া ব্যাখ্যা করা যায় না। Segregation ছাড়া বিভীষণ সূত্র কার্যকর হয় না। একারণেই লিংকেজের ক্ষেত্রে একই ক্রোমোজোমে দুটি বা ততোধিক জিন একসাথে যুক্ত থাকে বলে স্বাধীনভাবে Segregation হয় না। তাই বিভীষণ সূত্র ব্যাখ্যা করতে প্রথম সূত্রের প্রয়োজন হয়।

### ১.৫.৯ মেডেলের সূত্র নির্ণয়ে বীজ গণিতীয় সূত্রের প্রয়োগ

(ক) প্রথম সূত্র (মনোহাইব্রিড ক্রস) :

মনোহাইব্রিড ক্রসের  $F_2$  বংশধরের অনুপাত ৩ : ১

$$a + b = 3 : 1 \text{ (একেবোৰে } a = 3 \text{ এবং } b = 1)$$

(খ) বিভীষণ সূত্র (ভাইহাইব্রিড ক্রস) এর ক্ষেত্রে  $F_2$  অনুপাত :

$$\begin{aligned} (a + b)^2 &= a^2 + 2ab + b^2 = 3^2 + 2 \cdot 3 \cdot 1 + 1^2 & (a = 3, b = 1) \\ &= 9 + 3 \cdot 1 + 3 \cdot 1 + 1 \\ &= 9 + 3 + 3 + 1 \end{aligned}$$

অর্থাৎ, ৯ : ৩ : ৩ : ১ (ফেনোটাইপিক অনুপাত)

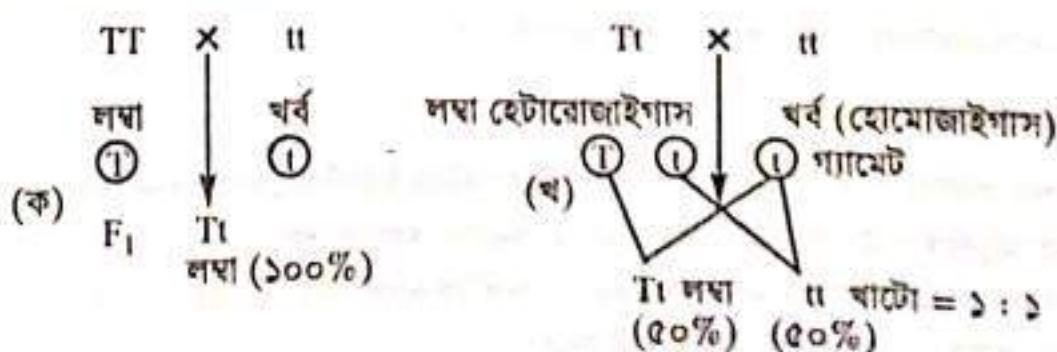
(গ) ট্রাইহাইব্রিড ক্রসের ক্ষেত্রে  $F_2$  অনুপাত

$$\begin{aligned} (a + b)^3 &= a^3 + 3a^2b + 3ab^2 + b^3 \\ &= 3^3 + 3 \cdot 3^2 \cdot 1 + 3 \cdot 3 \cdot 1^2 + 1^3 \\ &= 27 + 3^2 \cdot 1 + 3^2 \cdot 1 + 3^2 \cdot 1 + 3 \cdot 1 + 3 \cdot 1 + 3 \cdot 1 + 1 \\ &= 27 + 9 + 9 + 9 + 3 + 3 + 3 + 1 \end{aligned}$$

অর্থাৎ, ২৭ : ৯ : ৯ : ৩ : ৩ : ৩ : ১ (ফেনোটাইপিক অনুপাত)

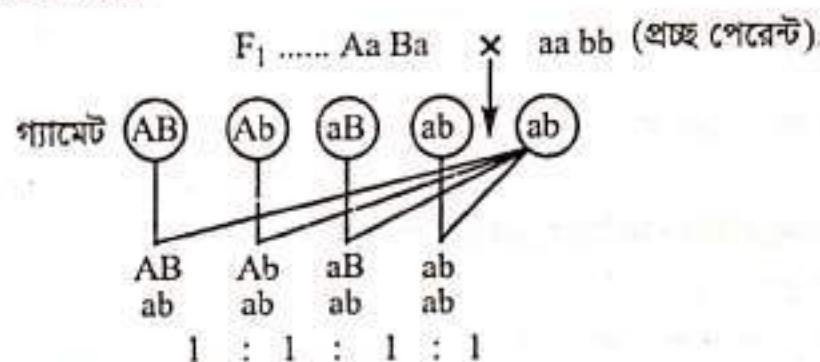
### ১.৫.১০ টেস্ট ক্রস

(ক) কোন প্রকৃত ফেনোটাইপিক বৈশিষ্ট্যযুক্ত উত্তি হোমোজাইগাস না হেটোরোজাইগাস প্রকৃত তা নির্ণয়ে টেস্ট ক্রস করা হয়। প্রকৃত পেরেন্ট হোমোজাইগাস প্রকৃত হলে এরসাথে প্রজন্ম পেরেন্টের ক্রস করলে প্রথম বংশধরের সবগুলো প্রকৃত ফেনোটাইপের হয়, আর হেটোরোজাইগা হলে প্রকৃত ও প্রজন্মের অনুপাত হয় ৩ : ১।



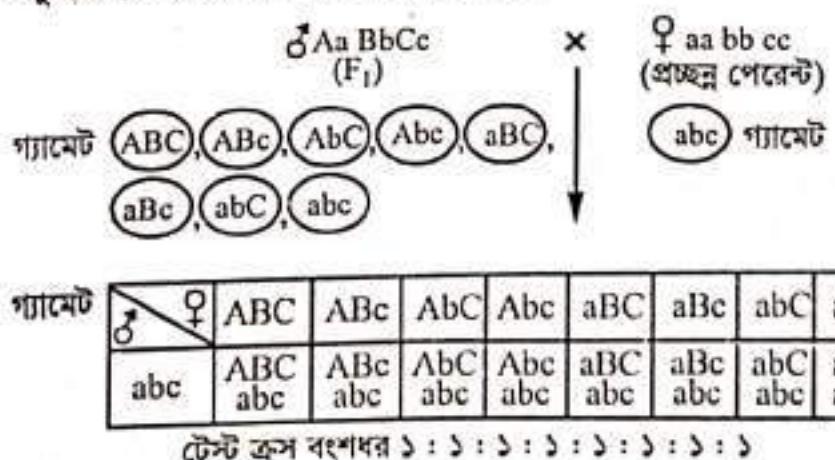
সাধারণত হেটোরোজাইগাস  $F_1$  উত্তিদের সাথে হোমোজাইগাস প্রজন্ম পেরেন্টের ক্রসকেই টেস্ট ক্রস বলা হয়। মনোহাইব্রিড ক্রসের টেস্ট ক্রস অনুপাত ১ : ১ (উপরের খ চিত্র)।

(৬) ডাইহাইব্রিড টেস্ট ক্রস : দুইজোড়া বৈশিষ্ট্যযুক্ত  $F_1$  সংকর পেরেন্টের সাথে দুইজোড়া প্রচন্দ বৈশিষ্ট্য যুক্ত পেরেন্টের ক্রসকে ডাইহাইব্রিড টেস্ট ক্রস বলে।



এক্ষেত্রে জেনোটাইপিক ও ফেনোটাইপিক উভয় অনুপাতই  $1 : 1 : 1 : 1$ ।

(৭) ট্রাইহাইব্রিড ক্রস : এক্ষেত্রে তিনজোড়া বৈশিষ্ট্যযুক্ত  $F_1$  পেরেন্টে সাথে তিন জোড়া প্রচন্দ বৈশিষ্ট্যযুক্ত পেরেন্টের ক্রস করা হয়। টেস্ট ক্রস অনুপাত হবে  $1 : 1 : 1 : 1 : 1 : 1 : 1 : 1$ ।



### ১.৫.১১ যে যে ক্ষেত্রে মেডেলের সূত্র কার্যকর নয় বা প্রযোজ্য নয়

মেডেলের সূত্র কার্যকর জনপ্রিয় হয়ে উঠার পর বিজ্ঞানীরা ঘটরের অন্যান্য বৈশিষ্ট্য এবং অন্যান্য উভিদের ক্ষেত্রে মেডেলের সূত্রের কার্যকারীতা বা প্রযোজ্যতা পরীক্ষা করতে শুরু করেন। দেখা গেল কোন কোন ক্ষেত্রে মেডেলের সূত্রের আলোকে বংশগত বৈশিষ্ট্য সঠিকভাবে ব্যাখ্যা করা গায় না। কয়েকটি বাতিক্রম ছাড়া মেডেলের প্রথম সূত্র সর্বক্ষেত্রে প্রযোজ্য। কিন্তু মেডেলের দ্বিতীয় সূত্র বেশ কিছু ক্ষেত্রে প্রযোজ্য নয়।

#### (ক) প্রথম সূত্রের ব্যতিক্রম :

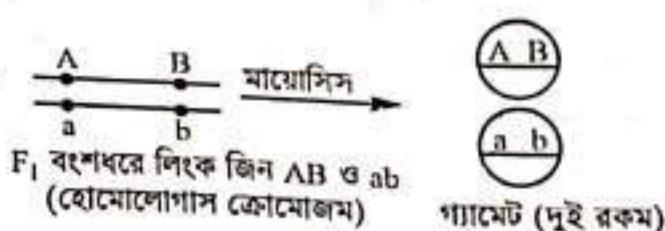
- ১। অসম্পূর্ণ প্রকটতা, ঘাতক জিন, সম প্রকটতা, অতিপ্রকটতা ইত্যাদির ক্ষেত্রে ফেনোটাইপিক অনুপাত মেডেলের সূত্রকে অনুসরণ করেন না। তবে জেনোটাইপিক অনুপাত অনুসরণ করে।
- ২। ক্লোমোজোমের অবিসংগ্রহ (Non-disjunction) বা সঠিক ভাবে পৃথক না হওয়া।
- ৩। ক্লোমোজোমের পঞ্চপাতমূলক বিসরণ ও নিয়েক।
- ৪। হাঁটাং মিউটেশন।
- ৫। সাইটোপ্লাজমিক বংশগতি (Cytoplasmic inheritance)।

## (৪) হিতীয় সূত্রের ব্যতিক্রম :

- জ্বেলোজোমের পক্ষপাত্রলক বিসরণ ও নিবেক থাকলে।
- জিন লিংকেজ এলপে অবস্থান করলে। অর্থাৎ একই জ্বেলোজোমে একাধিক জিন থাকলে।
- এপিস্ট্যাসিস, পরিপূরক জিন, দমনকারী জিন, ডুপ্লিকেট জিন ইত্যাদি জিনের আন্তরিক্ত্যা থাকলে ফেনোটাইপিক অনুপাত মেডেলের সূত্রকে অনুসরণ করেনা, কিন্তু জেনোটাইপিক অনুপাত মেডেলের সূত্রের আলোকে ব্যাখ্যা করা যায়।
- পলিজিন, জিনের বহুরপিতা (Pleiotropism), বহু এলিল (Multiple alleles) ইত্যাদি থাকলে।
- সম্প্রকটতা, অসম্পূর্ণ প্রকটতা থাকলে।
- হঠাতে মিউটেশন ঘটলে।
- মায়োসিসে গোলযোগ হলে।

## ১.৫.১২ যুথাবদ্ধতা বা লিংকেজ থাকলে কেন মেডেলের হিতীয় সূত্র কার্যকর নয় তার ব্যাখ্যা

কোন জ্বেলোজোমে একাধিক জিন অবস্থান করলে তাদেরকে লিংকড জিন বলে এবং জ্বেলোজোমে একসাথে জিনের একপ অবস্থানের প্রক্রিয়াকে যুথাবদ্ধতা বা Linkage বলে। কোন জ্বেলোজোমে একাধিক জিন থাকলে সেসমস্ত জিন সাধারণত মেডেলের হিতীয় সূত্র শাধীন বিন্যাস বা মুক্ত সংঘারণ মেনে চলতে পারে না। কারণ মায়োসিসের সময় একটি জ্বেলোজোমে যতগুলো জিন থাকে তারা সাধারণত জ্বেলোজোমের সাথে একই মেরুর দিকে অগ্রসর হয় এবং একই গ্যামেটে অন্তর্ভুক্ত হয়, Segregation এবং শাধীন বিন্যাস ঘটতে পারে না। একারণে লিংকেজের ফলে হিতীয় সূত্র কার্যকর নয় বা অযোজ্য নয়।



A ও B একই জ্বেলোজোমে যুথাবদ্ধ, তদুপ a ও b একই জ্বেলোজোমে যুথাবদ্ধ। তাই মুক্ত সংঘারণ ও শাধীন বিন্যাস সাধারণত ঘটেনা বলে  $(Ab)$ ,  $(aB)$  গ্যামেট সৃষ্টি হয় না।

ডাইহেইট্রিড জেনসে F<sub>1</sub> বংশধর থেকে চার রকমের গ্যামেট AB, Ab, aB এবং ab সৃষ্টি হওয়ার কথা। কিন্তু Segregation এবং শাধীন বিন্যাস ঘটেনা বলে কেবল দুই রকম গ্যামেট  $(AB)$  এবং  $(ab)$  পাওয়া যায়, যা হিতীয় সূত্রের প্রকৃত ব্যতিক্রম।

## ১.৬ বংশগতির রাসায়নিক ভিত্তি (Chemical Basis of Heredity)

জিন জ্বেলোজোমে অবস্থিত। আর জ্বেলোজোম ধর্মান্তর DNA এবং প্রোটিন থাকা তৈরি। এখন অশু হল এ DNA না প্রোটিন, না অন্য বস্তু এ জিন। বিভিন্ন পরীক্ষার থাকা অধুনা প্রমাণিত হয়েছে যে, এ DNA কোলিক বস্তু বা জিন। আর যে সমস্ত জীবে DNA এর পরিবর্তে RNA থাকে (RNA ভাইরাস) সে ফলে RNA জেনেটিক বস্তু বা জিন। কিন্তু এ তথাকলো আনতে বিজ্ঞানীদের অনেক পরীক্ষা-নিরীক্ষা ও গবেষণা করতে হয়েছে।

গ্রিফিথের রূপান্তর পরীক্ষা (Transformation Experiment) : ইংরেজ বিজ্ঞানী Frederick Griffith (1928) একটি আকর্ষণীয় পরীক্ষা করেন। তিনি ইন্দুরের নিউমোনিয়া রোগের ব্যাপারে দুই জাতের (Strain) *Diplococcus Pneumoniae* ব্যাটেরিয়া নিয়ে গবেষণা করেন।

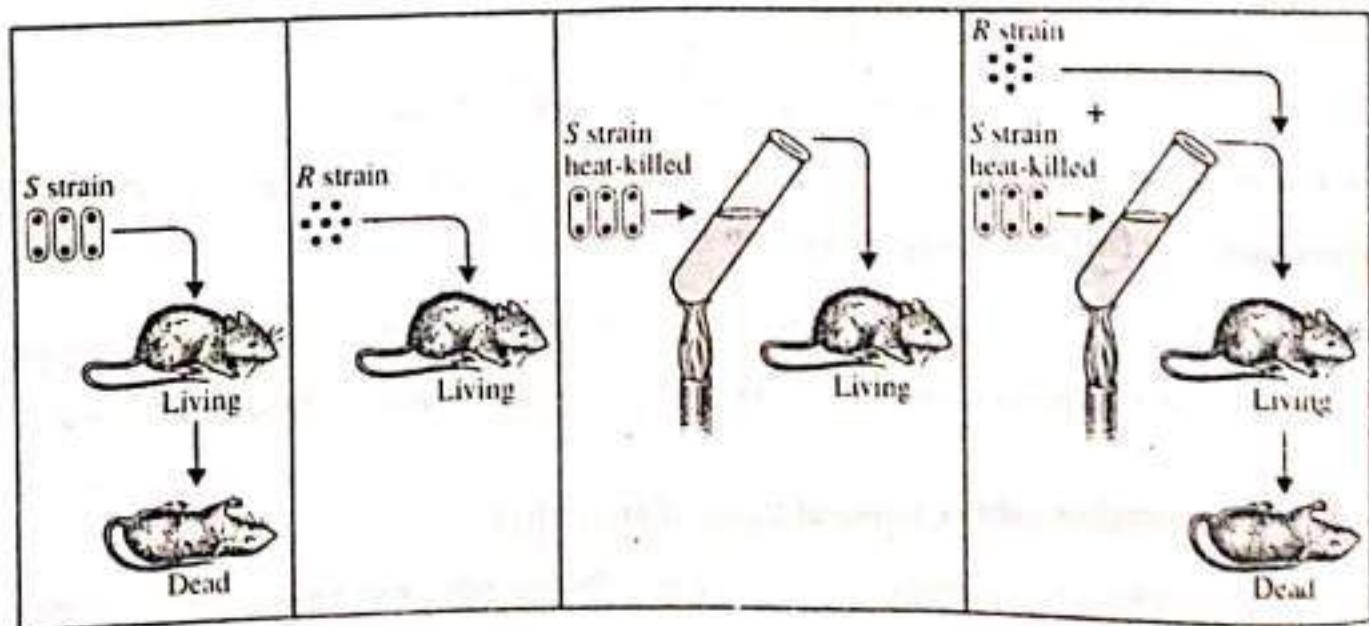
(ক) S-Strain বা S-type : এগুলো ক্যাপসুলযুক্ত এবং মসৃণ (Smooth) কলোনী সৃষ্টি করে। তাদেরকে জীবিত অবস্থায় ইন্দুরের দেহে প্রবেশ (inject) করলালে ইন্দুরের নিউমোনিয়া রোগ হয় এবং মারা যায়। অর্থাৎ এরা ভাইরালেন্ট।

(খ) R-strain বা R-type : এগুলো ক্যাপসুল বিহীন এবং অসমৃণ (Rough) কলোনী সৃষ্টি করে। জীবিত অবস্থায় এদেরকে ইন্দুরে প্রবেশ করালেও নিউমোনিয়া রোগ সৃষ্টি হয় না। অর্থাৎ এরা ভাইরালেন্ট নয়।

এতে মনে হয় S-স্ট্রেইন ব্যাটেরিয়ার ক্যাপসুল নিউমোনিয়া সৃষ্টিতে ভূমিকা রাখে। তিনি এ ব্যাটেরিয়ার S-স্ট্রেইনকে তাপ প্রয়োগে মেরে ইন্দুরের দেহে প্রবেশ করালেন। দেখা গেল এতে ইন্দুরের নিউমোনিয়া হয় না।

এরপর তিনি একুশ তাপঘারা মৃত S-স্ট্রেইনের সাথে জীবিত R-স্ট্রেইনের ব্যাটেরিয়া (যারা একাকী নিউমোনিয়া সৃষ্টি করতে পারেনা) ইন্দুরের দেহে প্রবেশ করালেন। ধীরে ধীরে ইন্দুরের নিউমোনিয়া রোগ সৃষ্টি হয়। আক্রম্যের ব্যাপার এ রোগাক্রান্ত ইন্দুরের রক্তে জীবিত, ক্যাপসুল যুক্ত S-স্ট্রেইন এবং ক্যাপসুলবিহীন R-স্ট্রেইনের ব্যাটেরিয়া পাওয়া গেল। তাহলে মৃত ক্যাপসুল যুক্ত S-স্ট্রেইনের ব্যাটেরিয়া কী জীবিত হয়ে গেল? বিজ্ঞান তা বলে না।

গ্রিফিত মন্তব্য করলেন যে, S-স্ট্রেইনের মৃত ক্যাপসুল যুক্ত ব্যাটেরিয়া ইন্দুরের দেহে এমন কোন বস্তু নির্মৃত করেছে যা নন-ক্যাপসুলেটেড R-স্ট্রেইনকে ক্যাপসুলেটেড S-স্ট্রেইনে রূপান্তর করেছে। এ প্রক্রিয়াকে তিনি 'transformation' নামে অভিহিত করেন। অবশ্য একুশ রূপান্তরের জন্য কোন বস্তু দায়ী তা তিনি বলতে সক্ষম হননি। পরবর্তীকালে বিজ্ঞানীদের পরীক্ষায় জানা গেছে যে বস্তুটি S-স্ট্রেইনের DNA।



চিত্র-১.২ : গ্রিফিথের রূপান্তরমেশন পরীক্ষা

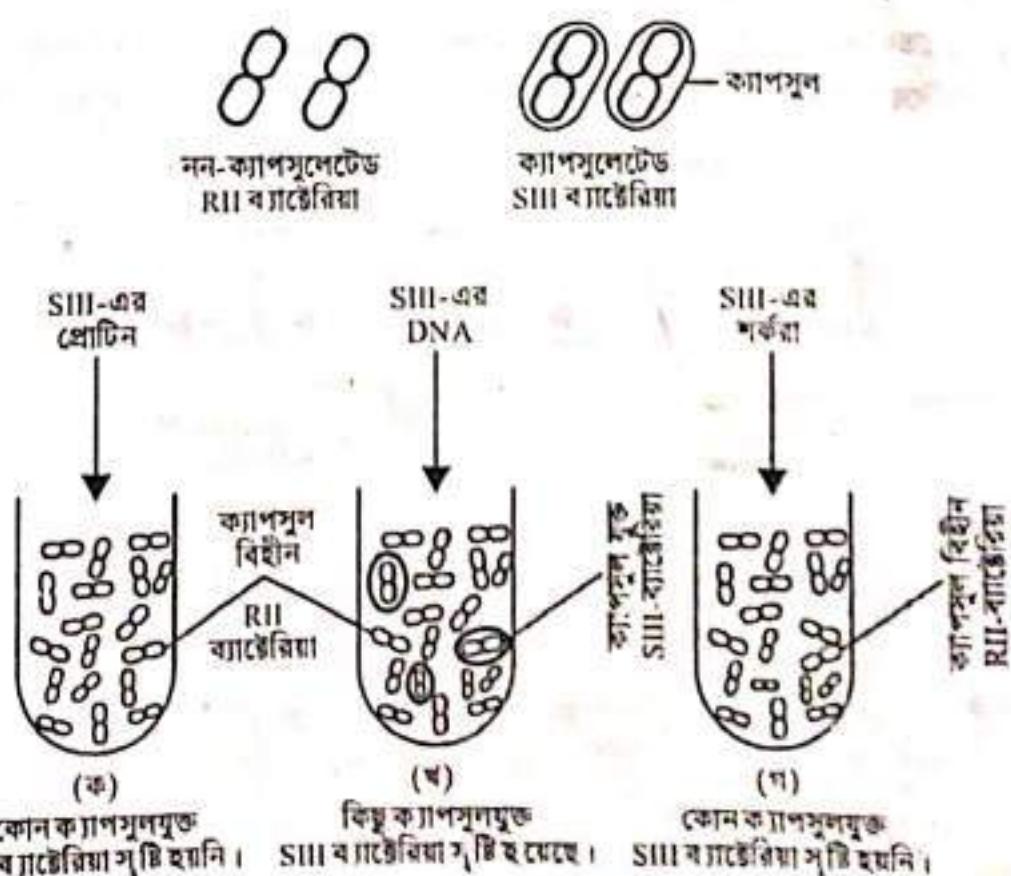
## (ক) DNA যে কৌলিক বস্তু বা জিন তার প্রমাণ :

১. Avery এবং তাঁর সঙ্গীদের ব্যাটেরিয়ার রূপান্তর (Transformation) পরীক্ষা : O. T. Avery, C.M Macleod এবং M. McCarthy (1944) ব্যাটেরিয়ার রূপান্তর পরীক্ষার মাধ্যমে প্রমাণ করেন যে, DNAই বংশগতির কৌলিক বস্তু বা জিন বা রাসায়নিক ভিত্তি।

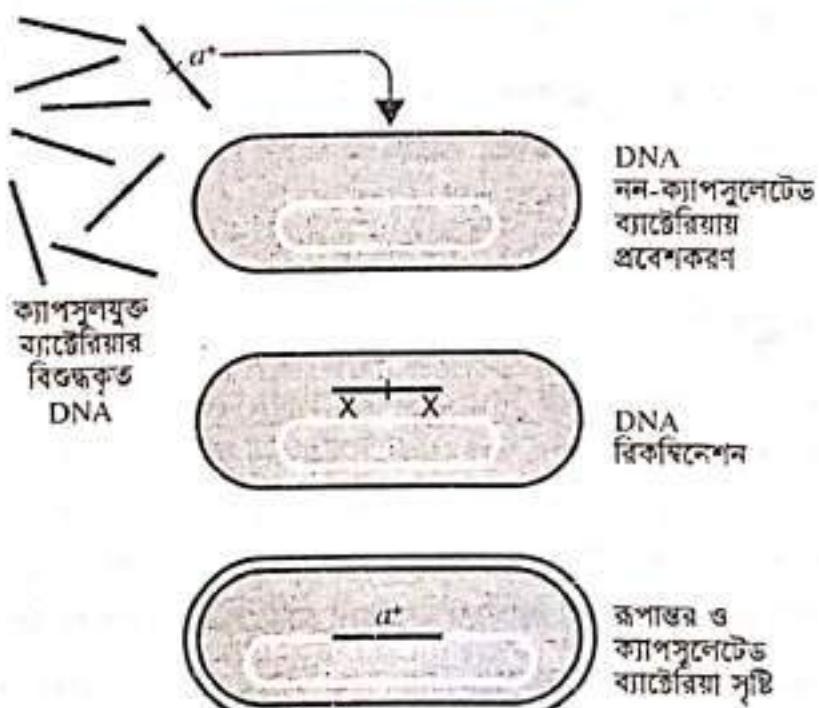
Pneumococcus ব্যাটেরিয়ার SIII স্ট্রেইনটি বংশগতভাবে ক্যাপসুল সৃষ্টি করে এবং এরা ইদুরের রোগ সৃষ্টি করে (virulent), কিন্তু এর RII স্ট্রেইনটি ক্যাপসুল সৃষ্টি করে না এবং ইদুরের রোগ সৃষ্টি করতে অক্ষম (Non-virulent)।

Avery এবং তাঁর সহকর্মীরা ক্যাপসুল সৃষ্টিকারী SIII স্ট্রেইনটির DNA, প্রোটিন এবং শর্করা অংশ পৃথক করেন। এই DNA এর সাথে প্রোটিয়াসেস এনজাইম যোগ করে প্রোটিন মুক্ত বিশেষ DNA তৈরি করেন। এর পর তাঁরা নন-ক্যাপসুলেটেড RII স্ট্রেইনের কালচারের একটিতে SIII ব্যাটেরিয়ার এই DNA, একটিতে প্রোটিন এবং অনটিতে শর্করা অংশ যোগ করেন। দেখা গেল, নন-ক্যাপসুলেটেড ব্যাটেরিয়ার যে কালচারে এই DNA যোগ করা হয়েছিল কেবল তাঁর কিছু সংখ্যক RII নন-ক্যাপসুলেটেড ব্যাটেরিয়া ক্যাপসুলেটেড SIII স্ট্রেইনে রূপান্তরিত হয়েছে।

এ পরীক্ষার দ্বারা প্রমাণিত হয় যে, ক্যাপসুলেটেড ব্যাটেরিয়ার DNA ক্যাপসুল সৃষ্টির জন্য দায়ী। এক্ষেত্রে নন-ক্যাপসুলেটেড RII স্ট্রেইন কালচার মাধ্যম থেকে ক্যাপসুলেটেড SIII স্ট্রেইনের DNA গ্রহণ করে ক্যাপসুলেটেড SIII স্ট্রেইনে পরিণত হয়েছে। পরিবেশ থেকে DNA গ্রহণ করে এক ব্যাটেরিয়ার অন্য ব্যাটেরিয়াতে পরিবর্তনের এ প্রক্রিয়াকে ব্যাটেরিয়ার রূপান্তর (bacterial transformation) বলে। এ রূপান্তর পরীক্ষা দ্বারা নিঃসন্দেহে প্রমাণিত হয় যে, DNA ই জিন বা কৌলিক বস্তু।

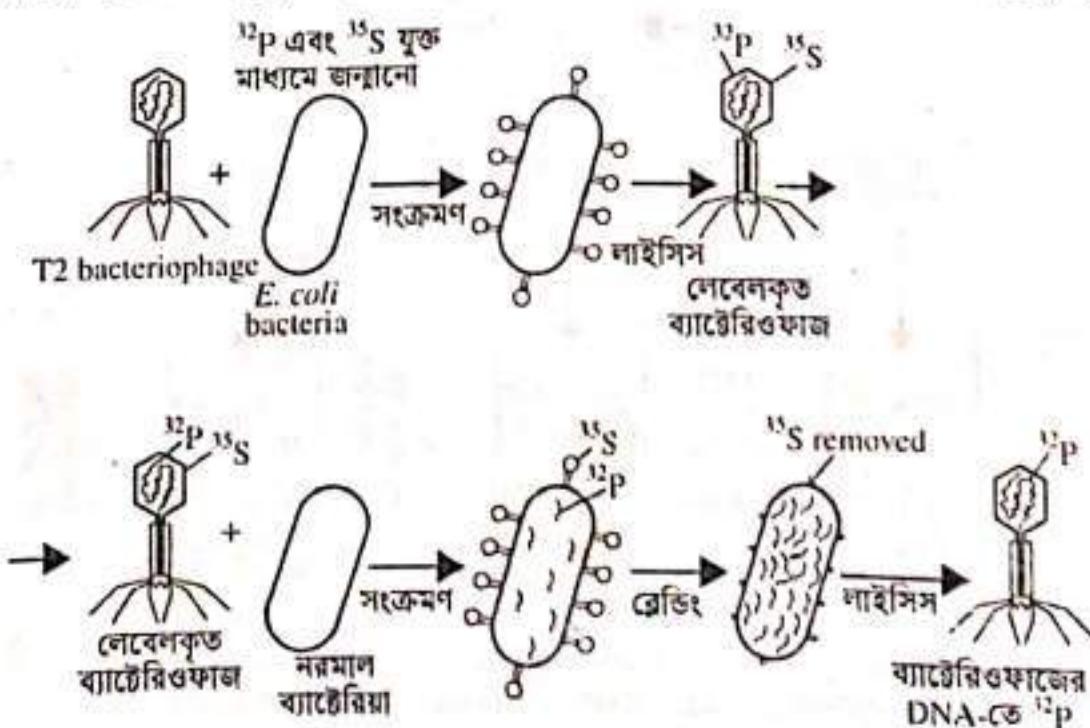


চিত্র-২.৩ : ব্যাটেরিয়া *Diplococcus Pneumoniae*-এর রূপান্তর (Transformation) পরীক্ষা



চিত্র-২.৪ : ব্যাটেরিয়ার ক্রপান্তরের সম্ভাব্য প্রক্রিয়া

২. Hershy and Chase এর পরীক্ষা :  $T_2$  ভাইরাসের বাইরের আবরণে (কোটি) কেবল প্রোটিন এবং অভ্যন্তরে কেবল DNA থাকে। তাহলে  $T_2$  ভাইরাসের হয় প্রোটিন, না হয় DNA বংশগতির রাসায়নিক ভিত্তি বা জিন। A. D. Hershy এবং M. Chase (1952) তেজস্তিয়  $^{35}S$  এবং  $^{32}P$  দ্বারা ভাইরাসের যথাক্রমে প্রোটিন ও DNA পেবেল করে প্রমাণ করেন যে DNA ই জিন। প্রোটিনে সালফার (S) থাকে, কিন্তু ফসফেট (P) থাকেনা, আর DNA-তে P থাকে কিন্তু S থাকে না।



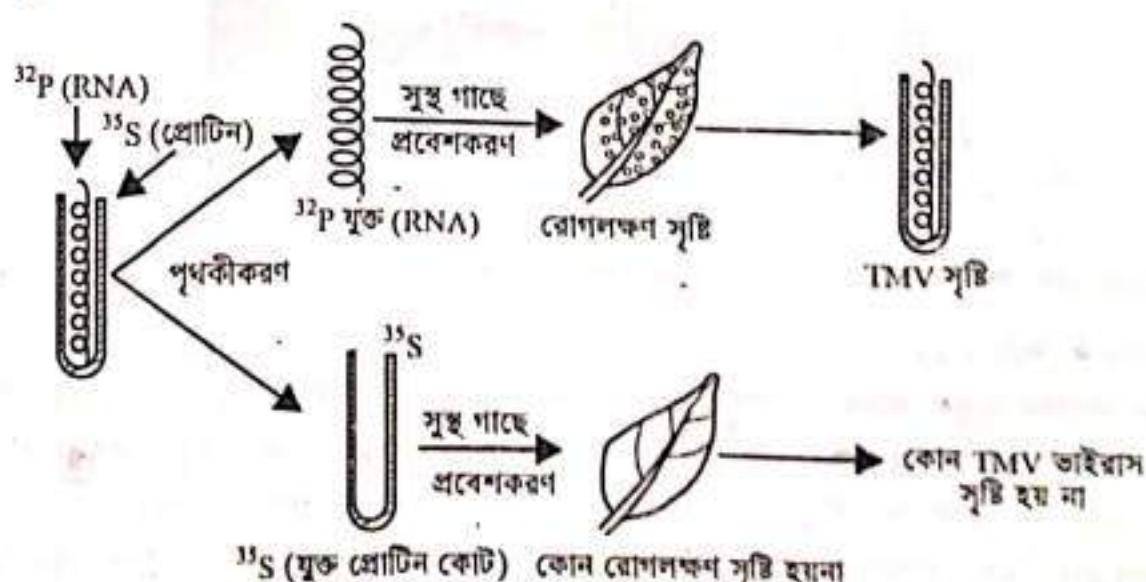
চিত্র-২.৫ : হাশি ও চেজ এর পরীক্ষা।

তাঁরা প্রথমে  $^{35}\text{S}$  এবং  $^{32}\text{P}$  যুক্ত মাধ্যমে *E. Coli* ব্যাকটেরিয়া জন্মান এবং সেখানে  $\text{T}_2$  ফায়কে বংশ বৃদ্ধি করতে দেন। এতে  $\text{T}_2$  এর প্রোটিন কোটে  $^{35}\text{S}$  এবং DNA-তে  $^{32}\text{P}$  যুক্ত হয়। এরপর এ চিহ্নিত  $\text{T}_2$  দ্বারা তাঁরা তেজস্ক্রিয়তাহীন *E. Coli* কে আক্রমণ করতে দেন এবং অপূর্বকণ পরে মৃদু রেডিং সেন্ট্রিফিউজেশন প্রক্রিয়ায় ব্যাকটেরিয়া ও ভাইরাসের কোটসমূহ পৃথক করেন। দেখা গেল যে,  $^{35}\text{S}$  ভাইরাসের কোটে এবং  $^{32}\text{P}$  *E. Coli* এর কোষে অবস্থিত। এতে প্রমাণিত হয় যে,  $\text{T}_2$  এর প্রোটিন কোট ব্যাকটেরিয়ার কোষে প্রবেশ করে না, কেবল DNA প্রবেশ করে নতুন ভাইরাস সৃষ্টি করে। নতুন বংশধরের  $\text{T}_2$ -কে পরীক্ষা করে দেখা গেল যে, এর প্রোটিন কোটে কোণ  $^{35}\text{S}$  নেই কিন্তু DNA তে  $^{32}\text{P}$  রয়েছে।

এর দ্বারা প্রমাণিত হয় যে, ভাইরাস থেকে ভাইরাস সৃষ্টির জন্য প্রয়োজনীয় জিন DNA তে থাকে, প্রোটিনে নয়। অর্থাৎ DNAই জিন বা বংশগতির রাসায়নিক ভিত্তি। পরবর্তীকালে ইলেক্ট্রন অণুবীক্ষণ যন্ত্রের সাহায্যে এর যথার্থতা প্রমাণিত হয়েছে। তাঁরা এ আবিষ্কারের জন্য ১৯৬৯ খ্রীস্টাব্দে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

#### (৪) RNA ভাইরাসের RNAই যে জেনেটিক বস্তু বা জিন তার পরীক্ষা :

(i) তামাকের মোসাইক ভাইরাস (TMV) কেবল প্রোটিন কোট এবং RNA দ্বারা গঠিত। A. Grier and G Schramm (1956) তামাকের মোসাইক ভাইরাস (TMV) এর RNA এবং প্রোটিন পৃথক করেন। এ বিভিন্ন RNA এবং প্রোটিন পৃথকভাবে আলাদা আলাদা সৃষ্টি তামাক গাছে প্রবেশ করান। দেখা গেল, যে গাছে RNA প্রবেশ করান হয়েছে কেবল সে গাছই আক্রান্ত হয়েছে এবং তার দেহে TMV পাওয়া গেল। কিন্তু যে গাছে প্রোটিন প্রবেশ করান হয়েছিল সে গাছ আক্রান্ত হয়নি এবং তার দেহে কোণ TMV পাওয়া গেল না। এ থেকে প্রমাণিত হয় যে, TMV এর জেনেটিক বস্তু বা জিন RNA প্রোটিন নয়। অর্থাৎ RNA ভাইরাসের ক্ষেত্রে RNAই জেনেটিক বস্তু।



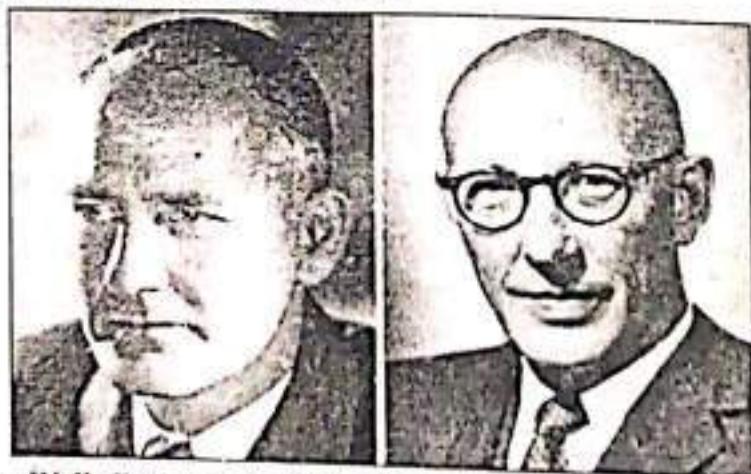
চিত্র-১.৬ : পৃথককৃত  $^{32}\text{P}$  যুক্ত RNA দ্বারা সৃষ্টি পোষক দেকে প্রবেশকরণ ও নতুন ভাইরাস সৃষ্টি; কিন্তু প্রোটিন কোট দ্বারা সৃষ্টি তামাক গাছে প্রবেশকরণ ও ভাইরাসের সৃষ্টি হয় না।

(ii) H. F. Conrat and B. Singer (1957) TMV এর প্রোটিন এবং RNA কে যথাক্রমে তেজস্ক্রিয়  $^{35}\text{S}$  এবং  $^{32}\text{P}$  দ্বারা চিহ্নিত করেন এবং সৃষ্টি তামাক গাছে পৃথক ভাবে প্রবেশ করান এবং দেখেন যে, একমাত্র RNAই তামাক গাছে মোসাইক রোগ সৃষ্টি এবং TMV-এর সংশ্লেষণ করতে পারে। এর দ্বারা প্রমাণিত হয় যে TMV-এর RNAই জিন। অর্থাৎ RNA ভাইরাসের ক্ষেত্রে RNAই জিন বা বংশ গতির রাসায়নিক ভিত্তি।

## ১.৭ জৈব রাসায়নিক বংশগতি : জিন-এনজাইম সম্পর্ক (Biochemical Genetics : Gene-Enzyme Relationship)

বংশগতির যে শাখায় জিনের কার্যপদ্ধতি সম্পর্কে জৈব রাসায়নিক আলোচনা, পর্যালোচনা ও গবেষণা করা হয় তাকে জৈব রাসায়নিক বংশগতি (Biochemical Genetics) বলে। প্রচলিত ধারণায় মেটেলোফ ফ্যাট্টের বা জিন হলো জীবের বংশগত বৈশিষ্ট্য ও কার্য নিয়ন্ত্রণের একক। কিন্তু জিন কী ভাবে কার্য নিয়ন্ত্রণ করে তা উন্নিবিংশ শতাব্দি পর্যন্ত পরিষ্কার ছিল না। বিংশ শতাব্দিতে এসে এ সমস্যে বিজ্ঞানীদের ধারণা সৃষ্টি হতে থাকে। ডা. গ্যারোড (১৯০২), বীডল এবং ট্যাটাম (১৯৪১) এবং আরও অনেক বিজ্ঞানীর গবেষণার মাধ্যমে জিনের কার্যপদ্ধতি সমস্যে জানা যায় এবং জৈব রাসায়নিক বংশগতি শাখার সৃষ্টি হয়।

জিনের কার্যপদ্ধতি বিভিন্ন রকম জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়া এবং তাদের গতিপথের মাধ্যমে সংঘটিত হয়। জিন এনজাইম বা প্রোটিন উৎপাদনের মাধ্যমে বিভিন্ন রকম জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়া নিয়ন্ত্রণ করে এবং জীবের বৈশিষ্ট্য সৃষ্টি করে। এসব বিষয়ের আলোচনাই জৈবরাসায়নিক বংশগতির আলোচ্য বিষয়।

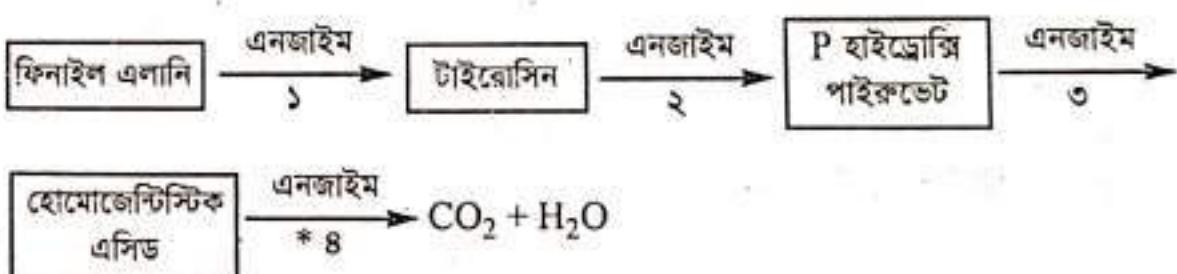


(George Wells Beadle-1903-1989 ; Edward Lawrie Tatum-1909-1975)

### ১.৭.১ জিন-এনজাইম সম্পর্ক (Gene-Enzyme Relationship) / জিন-প্রোটিন সম্পর্ক

ইংরেজ চিকিৎসক ও বিজ্ঞানী Sir Archibald Garrod এবং William Bateson (1902) মানুষের কতগুলি বংশগত রোগ পর্যবেক্ষণ করে সর্বপ্রথম উল্লেখ করেন যে জিনের সাথে এনজাইমের একটা সম্পর্ক রয়েছে। তারা মন্তব্য করেন যে, এ সমস্ত বংশগত রোগের ক্ষেত্রে পূর্বপুরুষ থেকে আগত মেটেলোফ প্রাচুর্য এলিম (জিন) দায়ী। তাদের মতে, এ সমস্ত বংশগত রোগ (disorders) হলো মেটেলোফ বৈশিষ্ট্য (traits), যা পরিবারের কোন পূর্বপুরুষের বংশগত তত্ত্বের পরিবর্তনের ফলে সৃষ্টি। তারা আরও মন্তব্য করেন যে, সমস্ত বংশগত রোগের ক্ষেত্রে মৌগীর দেহে কোন মা কোন সক্রিয় এনজাইমের বা প্রোটিনের ঘাটতি থাকে।

মানুষের অ্যালকেপ্টোনুরিয়া (Alkaptonuria) মৌগীর মূল্যে হোমোজেনিটিসিক এসিড বা অ্যালকেপ্টেন থাকে, যা মুক্ত বাতাসের সংস্পর্শে দ্রুত জারিত হয়ে শ্রদ্ধান্বিত কালৰ্বৰ্ণ ধারণ করে। গ্যারড এ রোগের উপর গবেষণা করে মন্তব্য করেন যে একটি হোমোজাইগাস প্রাচুর্য জিনের কারণে একটি সক্রিয় এনজাইম সৃষ্টি করতে পারে না বলে হোমোজেনিটিসিক এসিড জারিত হয়ে  $CO_2$  এবং  $H_2O$  উৎপন্ন হয় না। কিন্তু বাতাসিক মানুষের ক্ষেত্রে একটি সক্রিয় এনজাইম এ কাজটি করতে সহ্যযোগ করে। গ্যারড (১৯০৯) তাঁর 'Inborn Errors of Metabolism' পুস্তকে এ বিক্রিয়ার ধাপগুলি নিম্নলিখিত ভাবে দেখান—



\* অ্যালকেটেনুরিয়া রোগীর ক্ষেত্রে ৪ নং এনজাইমটি অনুপস্থিত। এ রোগীর ক্ষেত্রে ৪নং জিনটি প্রচলন হওয়ায় ৪ নং এনজাইম সৃষ্টি হয় না বলে হোমোজেনিটিসিক এসিড জারিত হয়ে  $\text{CO}_2$  ও পানি সৃষ্টি হয় না বলে গ্যারড উল্লেখ করেন। এ এনজাইমটি গ্যারেত তখন সন্মত করতে পারেননি। পরবর্তীকালে (Gross (1920)) প্রমাণ করেন যে অ্যালকেটেনুরিয়া রোগীরা হোমোজেনিটিসিক অক্সিডেজ (Homogenetic Oxidase) এনজাইম উৎপাদন করতে না পারায় এ রোগের সৃষ্টি হয়।

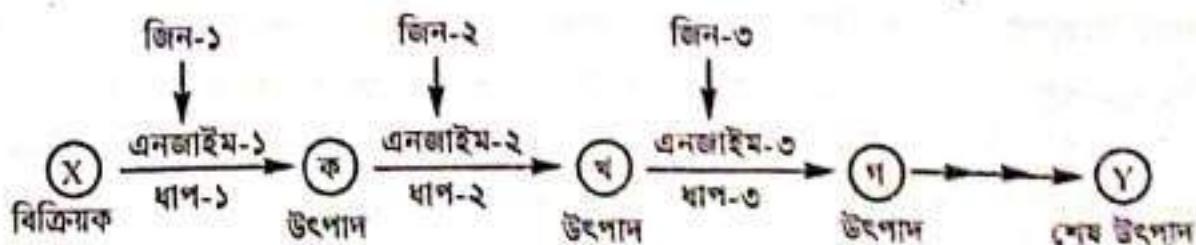
এ ছাড়াও গ্যারড অ্যালবিনিজম, ফিনাইল কিউটেনুরিয়া (PKU) ইত্যাদি আরও অনেক বংশগত রোগের ক্ষেত্রে একপ জিনগত ত্রুটি এবং সক্রিয় এনজাইমের অনুপস্থিতির কথা উল্লেখ করেন। এভাবে গ্যারড জিন ও এনজাইমের বা প্রোটিনের সম্পর্কের কথা ব্যক্ত করেন। এরপর G. W. Beadle এবং E. L. Tatum (1941) গবেষণার মাধ্যমে সিক্ষাত্ত্বে আসেন যে জিনের কার্যপদ্ধতি নিয়ন্ত্রিত হয় জৈব রাসায়নিক পর্যায়ে এনজাইমের সহায়তায় এবং জিনই এনজাইম বা প্রোটিন সংশ্লেষণ করে। জিন এভাবে এনজাইমের মাধ্যমে রাসায়নিক বিক্রিয়ায় সহায়তায় ফিনোটাইপ সৃষ্টি করে। তারা জিন ও এনজাইমের বা প্রোটিনের সম্পর্ক নির্ণিত করেন। আর এভাবেই জৈব রাসায়নিক বংশগতি নামে জীব বিজ্ঞানের একটি নতুন শাখার যাত্রা শুরু হয়।

### ১.৬.২ এক জিন-এক এনজাইম ধ্রুক্ষণ (One gene-One Enzyme Hypothesis)

একটি জিন একটি এনজাইম সৃষ্টির মাধ্যমে কোন জৈবরাসায়নিক বিক্রিয়া সম্পাদন করে, এ মতবাদকে 'এক জিন-এক এনজাইম' (One gene-one enzyme) মতবাদ বলে। অর্থাৎ জিন এনজাইম সৃষ্টির মাধ্যমে তাৰ কার্যসম্পাদন করে।

George Wells Beadle এবং Edward Lawrie Tatum (1941) এ মতবাদ প্রদান করেন। তারা ছত্রাক *Neurospora crassa*-এর বংশগতি ও জৈব রাসায়নিক ক্রিয়ার উপর গবেষণা করে প্রত্যোক্ত করেন যে কোন জৈব বিপাকীয় প্রক্রিয়ার প্রতিটি ধাপ এক একটি সুনির্দিষ্ট জিন দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয় এবং প্রতিটি জিন এক একটি এনজাইম সৃষ্টির মাধ্যমে বিক্রিয়া সম্পন্ন করে। এভাবেই তারা এক জিন-এক এনজাইম ধ্রুক্ষণটি প্রদান করেন। এ উকুলুকু আবিষ্কারের জন্য বীতল এবং ট্যাটোম ১৯৫৮ সালে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন। ট্যাটোম (১৯৫৯) এ মতবাদের চারটি ধারণা (tenets) প্রদান করেন—

- জীবের সমস্ত জৈব রাসায়নিক প্রক্রিয়া জিন দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়।
- প্রতিটি জীবের সমস্ত জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়াকে আলাদা আলাদাধারে পৃথক করা যায়।
- জৈব রাসায়নিক প্রক্রিয়া বা বিক্রিয়াসমূহের প্রতিটি ধাপ এক একটি এনজাইম দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়।
- কোন একটি জিনের মিউটেশন ঘটলে সুনির্দিষ্ট একটি এনজাইমের কার্যকারিতা লোপ পায়। (অর্থাৎ এই জিন দ্বারা নিয়ন্ত্রিত বিক্রিয়াটি ঘটে না। প্রক্রিয়াটিকে নিয়ন্ত্রিত ভাবে দেখান যায়—



কোন একটি জিনের মিউটেশনের কারণে বিক্রিয়া শূভ্রলের কোন একটি এনজাইম অনুপস্থিত বা নিক্রিয় হলে এই বিক্রিয়াটি এবং পরবর্তী বিক্রিয়াসমূহ সাধারণত সংঘটিত হয় না। ফলে জীবের কোন একটি বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায় না। এতে প্রমাণিত হয় যে, একটি জিন একটি এনজাইম সৃষ্টির মাধ্যমে জীবের রাসায়নিক বিক্রিয়া সম্পন্ন করে ও বৈশিষ্ট্যের প্রকাশ ঘটায়। এটিই এক জিন-এক এনজাইম মতবাদের মূল কথা।

**পরীক্ষা :** Surb and Hontowitz (1944) *N. Crassa* এর সাতটি আজিনিন মিউট্যান্ট পৃথক করেন। এগুলো একই ক্রোমোজমে অবস্থিত এবং আজিনিন যুক্ত সম্পূরক আবাদ মাধ্যমে জন্মাতে পারে। এদের তিনটিকে পরীক্ষা করে দেখা গেল যে—

১. প্রথমটি আজিনিন ছাড়াই অনিধিন ও সাইটুলিন যুক্ত খাদ্য মাধ্যমের যে কোন একটিতে জন্মাতে পারে।
২. দ্বিতীয়টি আজিনিন ছাড়া সাইটুলিনেও জন্মে।
৩. তৃতীয়টি কেবল মাত্র আজিনিন যুক্ত খাদ্য মাধ্যমে জন্মাতে পারে। (অনিধিন বা সাইটুলিনে জন্মাতে পারে না।)

এ সকল তথ্য থেকে তাঁরা উভ তিনটি এমাইনে এসিডের সংশ্লেষণ কিভাবে তিনটি জিন দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয় তা নির্ণয় করেন। তাঁরা দেখান যে, তিনটি ধাপে আজিনিনের জীব সংশ্লেষণ ঘটে এবং প্রতিটি ধাপ এক একটি জিন দ্বারা সৃষ্টি এনজাইম বর্তুক নিয়ন্ত্রিত হয়।



অনুকরণ্তি সঠিক বলে প্রমাণিত হয়, কারণ দেখা গেছে—

- ক) তিন ধাপের জিনের মিউটেশন হলে তন্ম এনজাইমের অভাবে আজিনিন সংশ্লিষ্ট হয় না; তাই সাইটুলিন সঞ্চিত হয়।
- খ) দুই ধাপের ২ন্দে জিনের মিউটেশন ঘটলে সাইটুলিন তথা আজিনিন সংশ্লিষ্ট হয় না; অনিধিন সঞ্চিত হয়।
- গ) দুটি ঘটনা পরীক্ষার মাধ্যমে প্রমাণিত হয়েছে।

বীডল ও ট্যাটাম (১৯৪৪) ট্রিপটোফেন জীব সংশ্লেষণের ক্ষেত্রেও অনুকূল ঘটনা লক্ষ্য করেন। তাঁরা নিশ্চিত হন যে জিন এনজাইমের মাধ্যমে কার্য সম্পাদন করে এবং একটি জিন— একটি এনজাইম সৃষ্টি করে। এভাবে তাঁরা তাঁদের প্রদত্ত অনুকরণ্তি প্রমাণও করেন।

### ১.৬.৩ একজিন-এক পলিপেটাইড অনুকরণ

কেম্ব্ৰিজ বিশ্ববিদ্যালয়ের অধ্যাপক Vernon M. Ingram (1962) 'একজিন-এক পলি পেপটাইড' ('One gene- One Polypeptide') অনুকরণটি প্রদান করেন। এটি 'এক জিন-এক জাইম' অনুকরণেই পরিমার্জিত ও পরিবৰ্তিত রূপ।

একটি শারীরিক হিমোগ্লোবিন অণুতে চারটি পৃথক পলিপেপটাইড চেইন বা প্রোটিন উপ-একক থাকে। এর দুটি একই রূপ  $\alpha$ -চেইন যুক্ত এবং অপর দুটি একই রূপ  $\beta$ -চেইন যুক্ত। ইলেক্ট্ৰোফোরেটিক বৈশিষ্ট্যের ভিত্তিতে চেইনগুলোকে সহজেই পৃথক কৰা যায়। শারীরিক মানুষের লোহিত কণিকার আকৃতি গোলাকার। কিন্তু সিকল সেল এনিমিয়া (Sickle cell anemia) এর রোগীর লোহিত কণিকা কাণ্ডের ন্যায় বাঁকা (Sickle -Shaped) হয়ে থাকে। Neel এবং Beet (1949)

উল্লেখ করেন যে সিকল সেল এনিমিয়া রোগ মিউটেশন যুক্ত হোমোজাইগাস জিন (h h) দ্বারা সংঘটিত হয়। আর হেটোরোজাইগাস অবস্থায় (H h) সিকল সেল বৈশিষ্ট্যের (Sickle cell trait) সৃষ্টি হয়।

Ingram স্বাভাবিক হিমোগ্লোবিন নিয়ে গবেষণা করে নিশ্চিত হন যে স্বাভাবিক হিমোগ্লোবিনের  $\beta$ -চেইনের একটি মাত্র স্থানে (চতুর্থ পেপ্টাইডে) গ্লুটামিক এসিডের পরিবর্তে ভ্যালিন হওয়ার কারণে— সিকল সেল এনিমিয়া দেখা দেয়। এটা ও দেখা গেল যে একটি চেইনের এমাইনো এসিডের পরিবর্তন অন্য চেইনকে প্রভাবিত করে না। এতে প্রমাণিত হয় যে,  $\alpha$ -চেইন এবং  $\beta$ -চেইন সৃষ্টিকারী জিন বা সিস্ট্রন দু'টি আলাদা আলাদা লোকাসে অবস্থান করে এবং এদের স্বাধীন বিন্যাস বা সংস্থারণ (Segregation) ঘটে। মিউটেশনের ফলে জিন, তথা প্রোটিনের পরিবর্তন হয়। আর এর ফলে এনজাইম বা প্রোটিনেরও পরিবর্তন ঘটে। Ingram এর গবেষণায় প্রমাণিত হয় যে, হিমোগ্লোবিন দু'টি ভিন্ন জিন দ্বারা নিয়ন্ত্রিত পলিপেপ্টাইড চেইন দ্বারা গঠিত। একটি জিন একটি বা একইরকম পলিপেপ্টাইড সংশ্লেষণ নিয়ন্ত্রণ করে। সুতরাং একটি জিনের মিউটেশনের ফলে হিমোগ্লোবিনে  $\alpha$  বা  $\beta$  যে কোন একটি চেইনে একটি পরিবর্তন সাধিত হয়, অর্থাৎ একটি জিন একটি পলিপেপ্টাইড চেইন সংশ্লেষণ নিয়ন্ত্রণ করে। একটি কার্যকর এনজাইম বা প্রোটিনের জন্য এক বা একাধিক পলিপেপ্টাইডের প্রয়োজন হয়। এ ভাবেই Ingram (1962) 'এক জিন-এক পলিপেপ্টাইড' অনুকরণ প্রদান করেন।

*E. coli* ব্যাক্টেরিয়ার ট্রিপ্টোফেন সংশ্লেষণে ট্রিপ্টোফেন সিনথিটেজ এনজাইমের প্রয়োজন হয়। *E. coli* এর দু'রকম মিউট্যান্ট পাওয়া যায়— A এবং B মিউট্যান্ট। এ দু'টি মিউট্যান্টের উপর গবেষণার মাধ্যমে প্রমাণিত হয় যে একটি জিন বা সিস্ট্রন একটি পলিপেপ্টাইড উপ-একক উৎপাদন করে। দু'টি জিন (A এবং B) দ্বারা সৃষ্টি দু'টি পলিপেপ্টাইড উপ-একক একত্রে সজড়া বা পূর্ণ এনজাইম ট্রিপ্টোফেন সিনথিটেজ গঠন করে। এক্ষেত্রেও এক জিন-এক পলিপেপ্টাইড অনুকরণ প্রমাণিত হয়। এভাবেই 'এক জিন-এক এনজাইম' অনুকরণ পরিবর্তিত হয়ে পরবর্তীতে 'এক জিন-এক পলিপেপ্টাইড' অনুকরণ পরিণত হয়েছে।

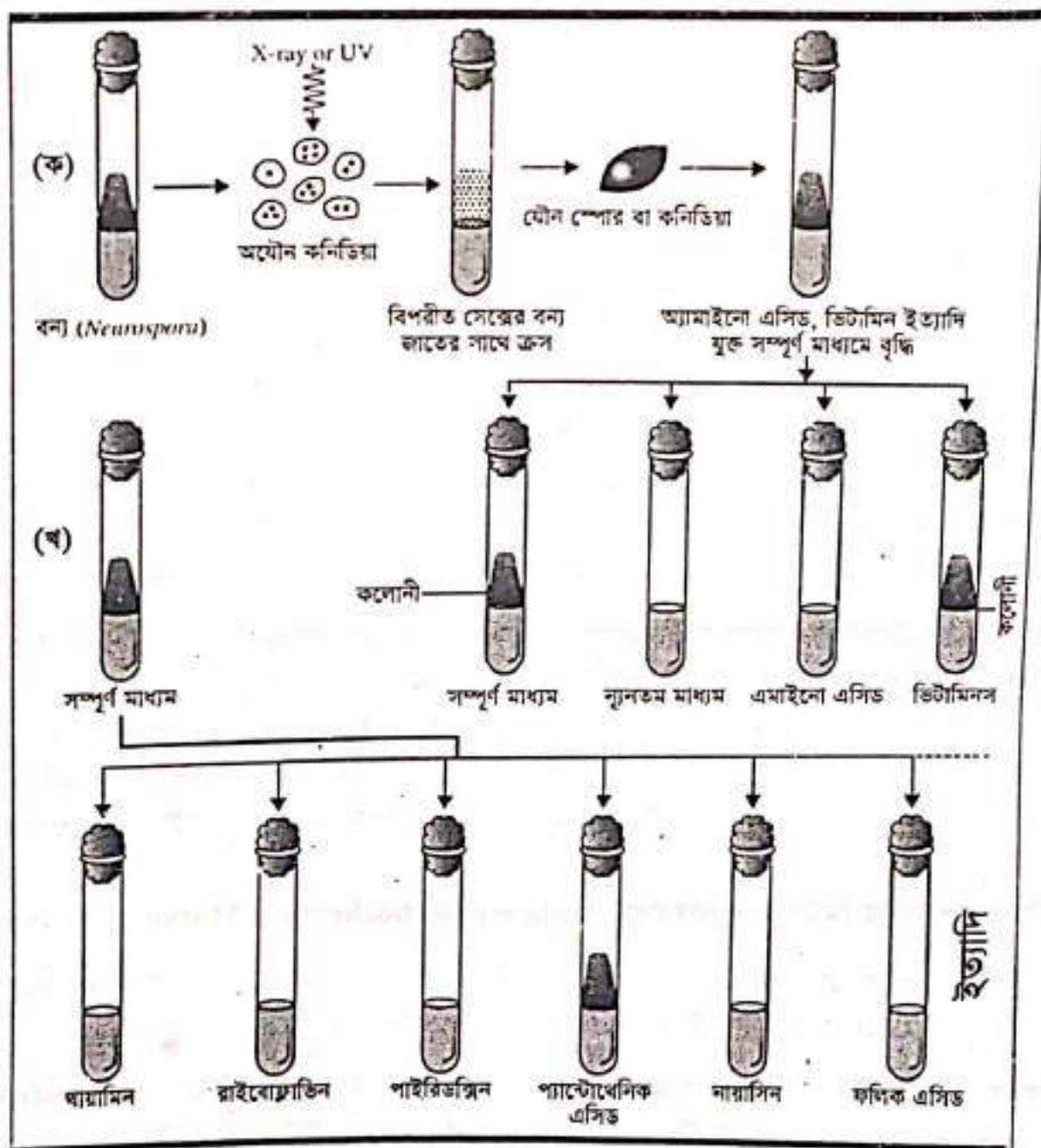
## ১.৮ জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথককরণ (Isolation of Biochemical Mutants)

জিনের মিউটেশনের কারণে কোন জীব যদি বৃক্ষির জন্য প্রয়োজনীয় কোন জৈব রাসায়নিক পদার্থ সংশ্লেষণে অক্ষম হয় তবে এই জীবকে জৈবরাসায়নিক মিউট্যান্ট (Biochemical mutant) বলে।

প্রয়োজনীয় কালচার মাধ্যমে চাখাবাদ করে এসব মিউট্যান্টকে সনাক্ত ও পৃথক করা যায়। বন্য (wild) বা স্বাভাবিক *Neurospora* ন্যূনতম (Minimal) আবাদ মাধ্যমে জন্মিতে পারে। ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে আগাম, সুক্রেজ, কিছু বনিজ লবণ, অ্যামোনিয়া থাকে। এরপ মাধ্যমে যদি কোন *Neurospora* জন্মিতে না পারে তাহলে বুঝতে হবে যে এটি পুঁটিগত মিউট্যান্ট। যে পুঁটি পদার্থের অভাবে মিউট্যান্টটি ন্যূনতম পুঁটি মাধ্যমে জন্মিতে পারে না তা এই মাধ্যমে যোগ করলে এটি জন্মিতে পারে। এরপ মাধ্যমকে সম্পূরক (supplimentary) মাধ্যম বলে। এরপ মিউট্যান্টকে জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট বা অঙ্গোট্রোফ (Auxotroph) বলে। আর এরপ ন্যূনতম মাধ্যমেও যারা জন্মিতে পারে তাদেরকে বন্য জাত বা প্রোটোট্রোফ (Prototroph) বলা হয়।

নিম্নলিখিত ভাবে *Neurospora* (এবং আরও বেশ কিছু জীব) এর মিউট্যান্ট সনাক্ত ও পৃথক করা যায়—

১. প্রথমে মিউট্যান্টের হার বৃক্ষির জন্য ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে জন্মান বন্য *Neurospora* এর কনিডিয়ার x-ray বা অতিবেগনি রশ্মি (Ultra violet ray) প্রযোগ করা হয়।
২. এরপ রশ্মি প্রযোগকৃত (treated) কনিডিয়াকে বিপরীত সেঁজের বন্য *Neurospora* এর সাথে ক্রস করা হয়।



চিত্র-১.৭ : *Neurospora crassa*-এর বায়োকেমিক্যাল মিউটেশন সনাক্তকরণ পদ্ধতি। উপরোক্ত চিত্রে নিউরোস্পোরা কনিডিয়াগুলোকে এক্স-রে বা আল্ট্রা ভায়োলেট রশ্মি প্রয়োগ করার পর ন্যূনতম আবাদ মাধ্যম অথবা সম্পূর্ক আবাদ মাধ্যমে জন্মানোর ক্ষমতা যাচাই এবং মাধ্যমে বুনো বা মিউটেট জাতগুলো ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে জন্মাতে পারে না, এলেরকে ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমের সাথে বিভিন্ন ভিটামিন, এমাইনো এসিড, সম্পূর্ক হিসাবে যোগ করে জন্মানো হয়। উপরের চিত্রে প্যান্টোথেনিক এমাইনো এসিড জাতীয় মিউটেট যাচাই বন্যা হয়েছে।

৩. এরপর সৃষ্টি কনিডিয়াম (sexual spore) ভিটামিনস, এমাইনো এসিডস ইত্যাদি মুক্ত সম্পূর্ণ মাধ্যমে (complete medium এ) জন্মানো হয়।

৪. কলোনী গঠিত হওয়ার পর ন্যূনতম মাধ্যমের সাথে বিভিন্ন রকম ভিটামিনস এবং এমাইনো এসিডস যোগ করে একুশ সম্পূর্ক মাধ্যমে এসকোম্পোর স্থাপন করা হয়।

ধরা যাক, সব রকম ভিটামিন যুক্ত সম্পূরক মাধ্যমে কলোনী সৃষ্টি হলো, কিন্তু ন্যূনতম মাধ্যমে সৃষ্টি হলো না। (চিত্র-১০.১)। এতে বুঝা যায় যে, মিউট্যান্ট কোন এক বা একাধিক প্রকার ভিটামিন সংশ্লেষণে অক্ষম।

৫. এরপর ন্যূনতম মাধ্যমে এক একটি ভিটামিন যুক্ত মাধ্যম তৈরি করে তাতে সম্পূরক মাধ্যম থেকে (বা সকল ভিটামিন যুক্ত মাধ্যমের কলোনী থেকে) এসকোসোর স্থাপন করা হয়।

দেখা গেলে যে, কেবল প্যাটোথেনিক এসিড (ভিটামিন B<sub>1</sub>) যুক্ত মাধ্যমে (টেস্টটিউবে) কলোনী সৃষ্টি হলো। এ থেকে প্রমাণিত হয় যে, এ টেস্টটিউবে প্যাটোথেনিক এসিড সংশ্লেষণে অক্ষম মিউট্যান্ট সৃষ্টি হয়েছে। এভাবে প্যাটোথেনিক এসিড মিউট্যান্ট সনাক্ত করা যায় এবং পৃথক করা যায়।

এক্সপ্রক্রিয়ার মাধ্যমে অন্যান্য ভিটামিন, এমাইনো এসিড বা অন্য কোন পুষ্টি পদার্থ সংশ্লেষণে অক্ষম মিউট্যান্টও সনাক্ত করা ও পৃথক করা সম্ভব।

## ১০.৮ ব্যাটেরিয়ার জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথককরণ (অধ্যায় ৩ মুষ্টব্য)।

### অনুশীলনী

#### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- ১। আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান কি ?
- ২। বংশগতির জনক কে ?
- ৩। মেডেল বংশগতির বাহকের নাম কী দিয়েছিলেন ?
- ৪। জিন (gene) নামটি কোন বিজ্ঞানী প্রথম প্রদান করেন ?
- ৫। DNA ই যে বংশগতির বাহক বা জিন তা কোন বিজ্ঞানীর আবিষ্কার করেন ?
- ৬। বিজ্ঞানী হরগোবিন্দ খোরানা কী আবিষ্কারের সাথে যুক্ত ছিলেন ?
- ৭। DNA Sequance এর কৌশল কে আবিষ্কার করেন ?
- ৮। জিন চিকিৎসা (Gen therapy) প্রথম কে আবিষ্কার করেন ?
- ৯। কোন বিজ্ঞানীর সর্বপ্রথম তন্ত্যাপায়ী ঝীবের ক্লোন সৃষ্টি করেন ? এর নাম কি ?
- ১০। কোন বিজ্ঞানীর মানুষের সম্পূর্ণ জেনমের বেস সিকোয়েপ আবিষ্কার করেন ?
- ১১। সিগরিড হিউয়ার কী আবিষ্কার করেন ?
- ১২। বাংলাদেশের কোন বিজ্ঞানীর নেতৃত্বে পাটের জেনেমিক সিকোয়েপ আবিষ্কৃত হয়েছে ?
- ১৩। প্রেগ্র ইয়োহান মেডেল কোথায় জন্মগ্রহণ করেন ?
- ১৪। মেডেল মটরগাছ নিয়ে কত বছর গবেষণা করেন ?
- ১৫। মেডেল তাঁর মতবাদ (বা সূত্র) কোন ত্রিস্টাম্বে, কোন জার্নালে এবং কী নামে প্রকাশ করেন ?
- ১৬। মেডেলের মতবাদ (বা সূত্র) কোন ত্রিস্টাম্বে স্বীকৃতি লাভ করে ?
- ১৭। বংশগতি বিদ্যার দ্বিতীয় জন্ম ত্রিস্টাম্ব কি ?
- ১৮। মেডেল মটর গাছের কয় জোড়া বৈশিষ্ট্য নিয়ে গবেষণা করেন ? তিনি কতটি জাতের মটরগাছ গবেষণার কাজে ব্যবহার করেন ?

- ১৯। মেডেলের এলিমেন্ট বা ফ্যাট্টের কি ?
- ২০। জেনোটাইপ ও ফেনোটাইপ বলতে কী বুঝ ?
- ২১। এলিলোমরফ / এলিল কি ?
- ২২। হোমোজাইগোট ও হেটারোজাইগোটের মধ্যে পার্থক্য কি ?
- ২৩। জেনোম কি ?
- ২৪। মনোহাইব্রিড ও ডাইহাইব্রিড ক্রোস কাকে বলে ?
- ২৫। ব্যাক্রেস ও টেস্টক্রেসের মধ্যে পার্থক্য কি ?
- ২৬। প্রকট ও প্রজন্তু বৈশিষ্ট্য বলতে কী বুঝ ?
- ২৭। মেডেলের প্রথম সূত্র লিখ।
- ২৮। মেডেলের দ্বিতীয় সূত্র লিখ। এ সূত্রকে স্বাধীন বিন্যাস বা মুক্ত সম্ভারন কেন বলা হয় ?
- ২৯। ফ্যাট্টের বা জিনের পৃথক্কীকরণ (Segregation বলতে কী বুঝ ?
- ৩০। মেডেলের ডাইহাইব্রিড ক্রসের  $F_1$  বংশধরের ফেনোটাইপিক এবং জেনোটাইপিক অনুপাত লিখ।
- ৩১। মেডেলের সূত্রের আপাত ও প্রকৃত ব্যতিক্রম বলতে কী বুঝ ?
- ৩২।  $F_2$  বংশধরের ফেনোটাইপিক ও জেনোটাইপিক উভয় অনুপাতই  $1 : 2 : 1$  কোন ক্ষেত্রে ঘটে? উদাহরণ দাও।
- ৩৩। বংশগতির রাসায়নিক ভিত্তি কি ?
- ৩৪। ব্যাকটেরিয়াল ট্রান্সফরমেশন (ক্লপাত্তর) কি ?
- ৩৫। ব্যাকটেরিয়ার ট্রান্সফরমেশন পরীক্ষিটিকে কে সর্বপ্রথম করেছিলেন ?
- ৩৬। ট্রান্সফরমেশন (বা ক্লপাত্তর) পরীক্ষার মাধ্যমে কোন বিজ্ঞানীরা সর্বপ্রথম সন্দেহাত্তিতভাবে প্রমাণ করেন যে যে ব্যাকটেরিয়ার DNA ই জিন।
- ৩৭। TMV-এর জেনেটিক বষ্টি কি ?
- ৩৮। DNA-কে কৌলিক বষ্টি বলা হয় কেন ?

### সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

- ১। (ক) বংশগতি বিদ্যা কি ?  
(খ) হরগোবিন্দ গোৱানা, মাকসুদুল আলম এবং সিগারিড হিউয়ারের স্বক্ষে আলোচনা কর।
- ২। আণবিক জেনেটিকের বিকাশ সম্পর্কে সংক্ষেপে আলোচনা কর।
- ৩। আণবিক জেনেটিকের ব্যবহার স্বক্ষে সংক্ষেপে আলোচনা কর।
- ৪। (ক) মেডেলিজম কি ? মেডেল কী উত্তিদ নিয়ে গবেষণা করেন ?  
(খ) মেডেল মটরের যে কয় ঝোড়া বৈশিষ্ট্যের উপর কাজ করে সূত্র প্রদান করেন সেগুলোর নাম লিখ।
- ৫। (ক) জেনোটাইপ ও ফেনোটাইপ বলতে কী বুঝ ?  
(খ) হোমোজাইগাস ও হেটারোজাইগাস বলতে কী বুঝ ?
- ৬। মেডেলের প্রথম সূত্র লিখ ও ব্যাখ্যা কর।
- ৭। মেডেলের দ্বিতীয় সূত্রকে স্বাধীন বিন্যাস বা মুক্ত সম্ভারণ (Independent assortment) বলা হয় কেন ?
- ৮। মেডেলের দ্বিতীয় সূত্র প্রথম সূত্র ছাড়া ব্যাখ্যা করা যায় না'— প্রমাণ কর। [জা. বি. সম্মান ২০০৭]

- ১০। কোন কোন ক্ষেত্রে মেডেলের সূত্র কার্যকর নয় ?
- ১১। মেডেলের বংশগতির সূত্র আবিকারের সাফল্যের পেছনের কারণসমূহ উল্লেখ কর। [জা. বি. সম্মান ২০০৫]
- ১২। বংশগতি বিষয়ে মেডেলের স্বাধীন বিন্যাস সূত্রটি সংজ্ঞা ও উদাহরণসহ ব্যাখ্যা কর। সংযুক্ত জিনের (লিঙ্গেজের) ক্ষেত্রে এ সূত্রটি প্রযোজ্য নয় কেন ? [জা.বি. স্নাতক সম্মান ২০০৬]
- ১৩। ট্রাপফরমেশন কি ? গ্রিফিথের ট্রাপফরমেশন (জ্ঞানপ্রাপ্তি) পরীক্ষাটি বর্ণনা কর।
- ১৪। TMV এর জেনেটিক বস্তু কি ? কিভাবে তা নির্ণয় করা যায় ?
- ১৫। Harshy and Chase এর পরীক্ষাটি বর্ণনা কর।
- ১৬। DNA-কে কৌলিক বস্তু বা জিন বলা হয় কেন ? [জা. বি. সম্মান ২০১০, ২০০৮, ২০০৭]
- ১৭। DNA কে কৌলিক বস্তু নলা হয় কেন ? প্রমাণ কর যে, DNA-ই ব্যাটেরিয়ার কৌলিক বস্তু (জিন)।
- ১৮। DNA-ই জিন-প্রমাণ কর।
- ১৯। Avery এবং তাঁর সহকর্মীদের ব্যাটেরিয়ার জ্ঞানপ্রাপ্তির পরীক্ষাটি বর্ণনা কর।
- ২০। Hershy এবং Chase কিভাবে প্রমাণ করেন যে  $T_2$  ভাইরাসের বংশগতির ধারক DNA ?
- ২১। টীকা লিখ :
- (ক) জ্ঞানপ্রাপ্তি/ট্রাপফরমেশন।
  - (খ) Harshy and chase এর পরীক্ষা।
  - (গ) একজিন-একএনজাইম অনুকরণ। [জাবি-২০০৮, ২০০৮]

## এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- ২.১ DNA আবিক্ষারের ইতিহাস
- ২.২ DNA-এর অবস্থান
- ২.৩ DNA-এর রাসায়নিক উপাদানসমূহ
- ২.৪ DNA-এর ভৌত ও রাসায়নিক গঠন
- ২.৪.১ ভৌত গঠন
- ২.৪.২ রাসায়নিক গঠন
- ২.৫ DNA সংশ্লেষণ বা প্রতিলিপন
- ২.৫.১ DNA সংশ্লেষণের মাত্রাদসমূহ
- ২.৫.২ DNA সংশ্লেষণের (অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ার) ধাপসমূহ
- ২.৬ অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ায় DNA অনুলিপনের প্রমাণ
- ২.৭ DNA সংশ্লেষণে অংশ্যাহণকারী প্রধান এনজাইম ও প্রোটিনসমূহ
- ২.৮ চক্রকার DNA-এর অনুলিপন
- ২.৮.১ দ্য কাইরনস গঠন বা O আকৃতির অনুলিপন
- ২.৮.২ রোপিং সার্কেল প্রতিলিপন বা সিগমা (σ) গঠন
- ২.৮.৩ D-লুপযুক্ত চক্র
- ২.৮.৪ রেপ্রিক্যাটিং সুপার কয়েল বা প্রজাপতি সদৃশ অনুলিপন
- ২.৮.৫ একসূত্রক DNA অণুর অনুলিপন
- অনুশীলনী

## ২.১ DNA আবিক্ষারের ইতিহাস

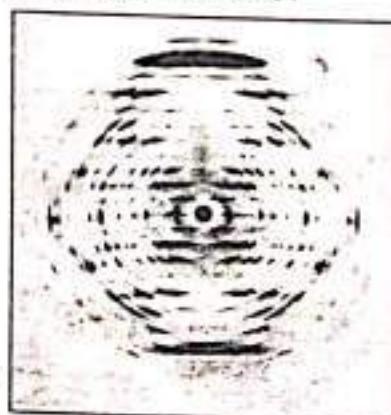
সুইজারল্যান্ডের বিজ্ঞানী Friedrich Meischer (1868) প্রথমে মানুষের পুজ কোষের (Puscell) নিউক্লিয়াস থেকে এক ধরনের রাসায়নিক পদার্থ নিষ্কাশিত করেন এবং এর নাম দিয়েছিলেন 'Nuclein' পরবর্তীতে তাঁর ছাত্র Altman এর নামে নিউক্লিক এসিড। এ সময় জানা যায় যে নিউক্লিক এসিডে প্রচুর ফসফরাস রয়েছে। বাশিয়ান বিজ্ঞানী P. Levene (1909) নিউক্লিক এসিডের মধ্যে রাইবোস এবং ডিঅ্যুরিবাইবোজ সুগার সনাত্ত করেন।

Fulgen *et al.* (1924) নিউক্লিক এসিড রঞ্জিতকরণ পদ্ধতি আবিক্ষার করেন। এতে দেখা গেল যে, একস্থানে নিউক্লিক এসিড উক্ত রঞ্জিত হয় (Fulgen positive); এতে ডিঅ্যুরিবাইবোস সুগার থাকে বলে এর নাম দেন DNA (Deoxyribo nucleic acid)। অন্য আর এক প্রকার নিউক্লিক এসিড রঞ্জিত হয় না (Fulgen negative); এতে রাইবোস সুগার থাকে বলে এর নাম দেওয়া হয় RNA (Ribonucleic acid)।

A. E. Merskey এবং H. Ris ১৯৪৯ খ্রিস্টাব্দে স্পেক্ট্রো-ফটোমেট্রিক প্রক্রিয়ায় প্রতিটি কোষের DNA এর পরিমাণ নির্ণয় করার পদ্ধতি আবিক্ষার করেন। এ সময় Avery *et al.* (1944), Hershey *et al.* (1952), Lederberg (1952) বিজ্ঞানীগণ

সন্দেহাতীতভাবে প্রমাণ করেন যে DNA ই বংশগতির বাহক বা জিন। তখন থেকেই DNA এর গঠন সমস্কে গবেষণা অত্যন্ত জোরদার হয়। এরপর DNAase এনজাইম দ্বারা DNA এর হাইড্রোলাইসিস এবং RNAase দ্বারা RNA হাইড্রোলাইসিস করার প্রক্রিয়া জানা গেল। এ প্রক্রিয়ায় বিচ্ছুরণ DNA এবং RNA পৃথক করা সম্ভব হল। এসময় Erwin Chargaff (1950) পরীক্ষার মাধ্যমে উল্টোর করেন যে, বিভিন্ন জীবের প্রতিটি DNA তে এজেনিন নিউক্লিওটাইড (A) এবং থাইমিন নিউক্লিওটাইড' (T) এর সংখ্যা সমান ( $A = T$ )। ত্বরিত সাইটোসিন নিউক্লিওটাইড (C) এবং গুয়ানিন নিউক্লিওটাইড (G) এর সংখ্যাও সমান ( $C = G$ )। এতে প্রমাণিত হয়, নিউক্লিওটাইড জোড়ায় জোড়ায় অবস্থান করে।

M.F.H. Wilkins (1952) X-ray Diffraction প্রক্রিয়ায় DNA এর একটি সূন্দর ছবি তোলেন। তিনি মন্তব্য করেন যে, DNA হলো ডিঅ্রিপ্রাইবেল সুগার, ফসফেറিক এসিড এবং নাইট্রোজেন বেস সমষ্টিয়ে গঠিত কিনুক্লিওটাইডের পলিমার দ্বারা গঠিত একটি একক সূত্র (Single helix)। কিন্তু তাঁর এ মন্তব্য সম্পূর্ণ সঠিক ছিল না। Pouling মন্তব্য করেন যে, DNA তিন সূত্রক, যা পরে তুল প্রমাণিত হয়েছে।

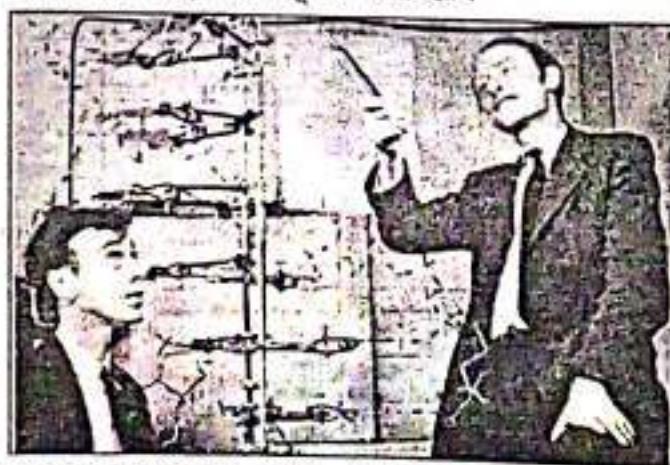


চিত্র-২.১ : M.F.H. Wilkins (1952) X-ray Diffraction প্রক্রিয়ায় DNA এর ছবি



M. H. F. Wilkins (1953)

চারগাফের তথ্য এবং উইলকিনস এর x-ray বিচ্ছুরণ ছবি পর্যালোচনা করে ক্যান্ডিজ বিশ্ববিদ্যালয়ের J.D. Watson এবং F.H. Crick ১৯৫৩ খ্রীস্টাব্দে DNA অণুর গঠন সমস্কে সঠিক তথ্য উপস্থাপন করেন। তাঁদের মতে, DNA দু'টি সূত্র দ্বারা গঠিত (Double helix) এবং সূত্র দু'টি এটি প্যারালেল অবস্থায় পাকানো থাকে। তাঁরা DNA এর একটি মডেল উপস্থাপন করেন। বিভিন্ন পরীক্ষায় এ তথ্য সঠিক বলে প্রমাণিত হয়েছে। এ যুগান্তকারী আবিকারের জন্য Watson, Crick এবং Wilkins কে ১৯৬২ সালে যৌথভাবে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত করা হয়।



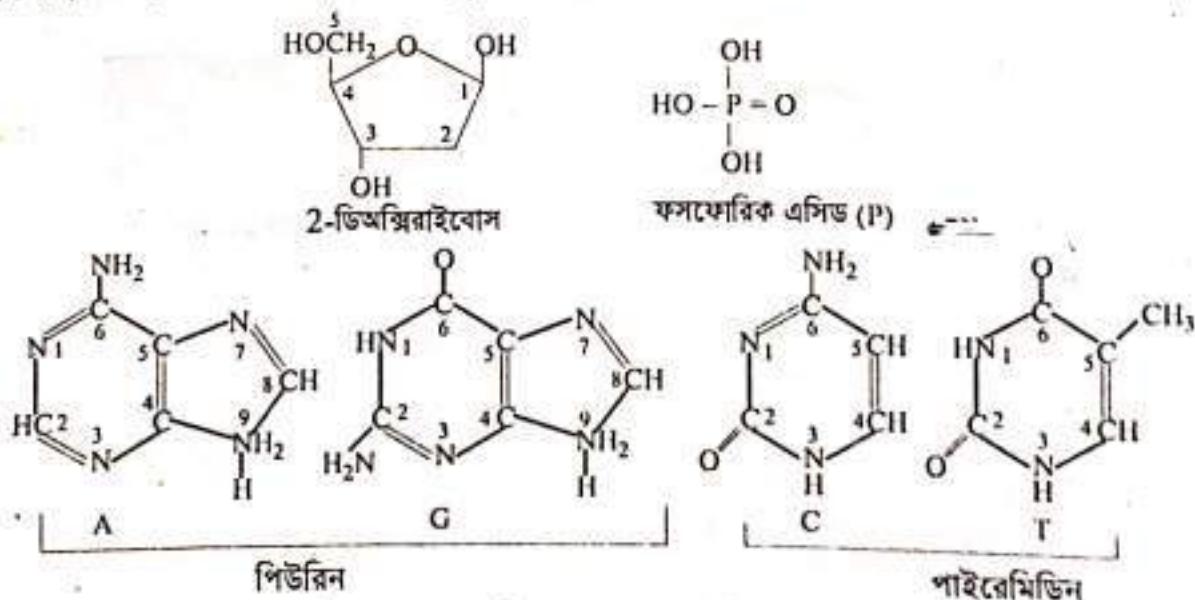
J.D. Watson এবং F.H. Crick এবং তাঁদের DNA-এর Replica

## ২.২ DNA এর অবস্থান (Location)

DNA বা RNA এর অংশ বিশেষই হল জিন যা জীবের জেনেটিক বস্তু। RNA ভাইরাস ছাড়া সমস্ত জীবের মধ্যেই DNA থাকে। কোষে DNA এর প্রায় ৮০% নিউক্লিয়াসে থাকে। এসকল DNA রেখাকার। আদিকোষের সাইটোপ্লাজমে DNA অবস্থান করে। প্লাস্টিড, মাইটোকণ্ড্রিয়া, সেন্টিল ইত্যাদির মধ্যেও অন্য DNA থাকে। এসকল DNA প্রধানত চক্রাকার।

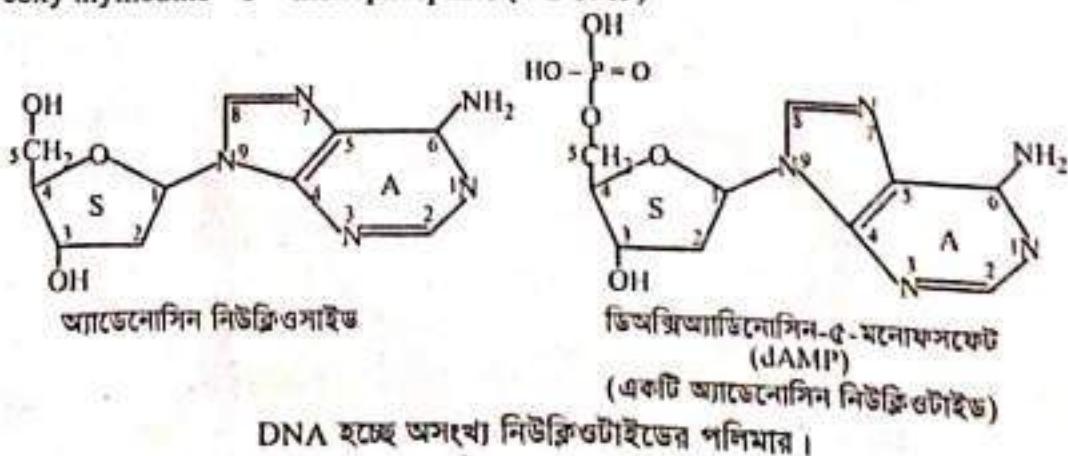
## ২.৩ DNA এর রাসায়নিক উপাদানসমূহ

DNA-এর মধ্যে ২-ডিঅ্যুরিবাইবোস সুগার (S), ফসফেরিক এসিড বা ফসফেট (P) এবং প্রধানত চাররকমের নাইট্রোজেন বেস থাকে। চার রকমের বেস হচ্ছে: অ্যাডেনিন (Adenine = A), গুয়ানিন (Guanine = G), সাইটোসিন (Cytosine = C) এবং থাইমিন (Thymine = T)। এদের মধ্যে A এবং G দুই রিং বিশিষ্ট, এদেরকে পিউরিন (Purine) বলে। আর C এবং T এক রিং বিশিষ্ট; এদেরকে পাইরিমিডিন (Pyrimidine) বলা হয়। এদের রাসায়নিক গঠন—



ডিঅ্যুরিবাইবোস সুগারের ১নং কার্বনের সাথে একটি বেস যুক্ত হলে নিউক্লিওসাইড সৃষ্টি হয়। যেমন— অ্যাডেনোসাইন নিউক্লিওসাইড। আর নিউক্লিওসাইডের সুগারের ৫নং কার্বনে একটি ফসফেট যুক্ত হলে সৃষ্টি হয় নিউক্লিওটাইড। চাররকমের বেসের জন্য চার রকমের মৌলিক নিউক্লিওটাইড সৃষ্টি হয়—

1. Deoxy adenosine – 5 – monophosphate (= dAMP),
2. Deoxy Guanosine – 5 – monophosphate (= dGMP),
3. Deoxy cytidine – 5 – monophosphate (= dCMP),
4. Deoxy thymidine – 5 – monophosphate (= dTMP)



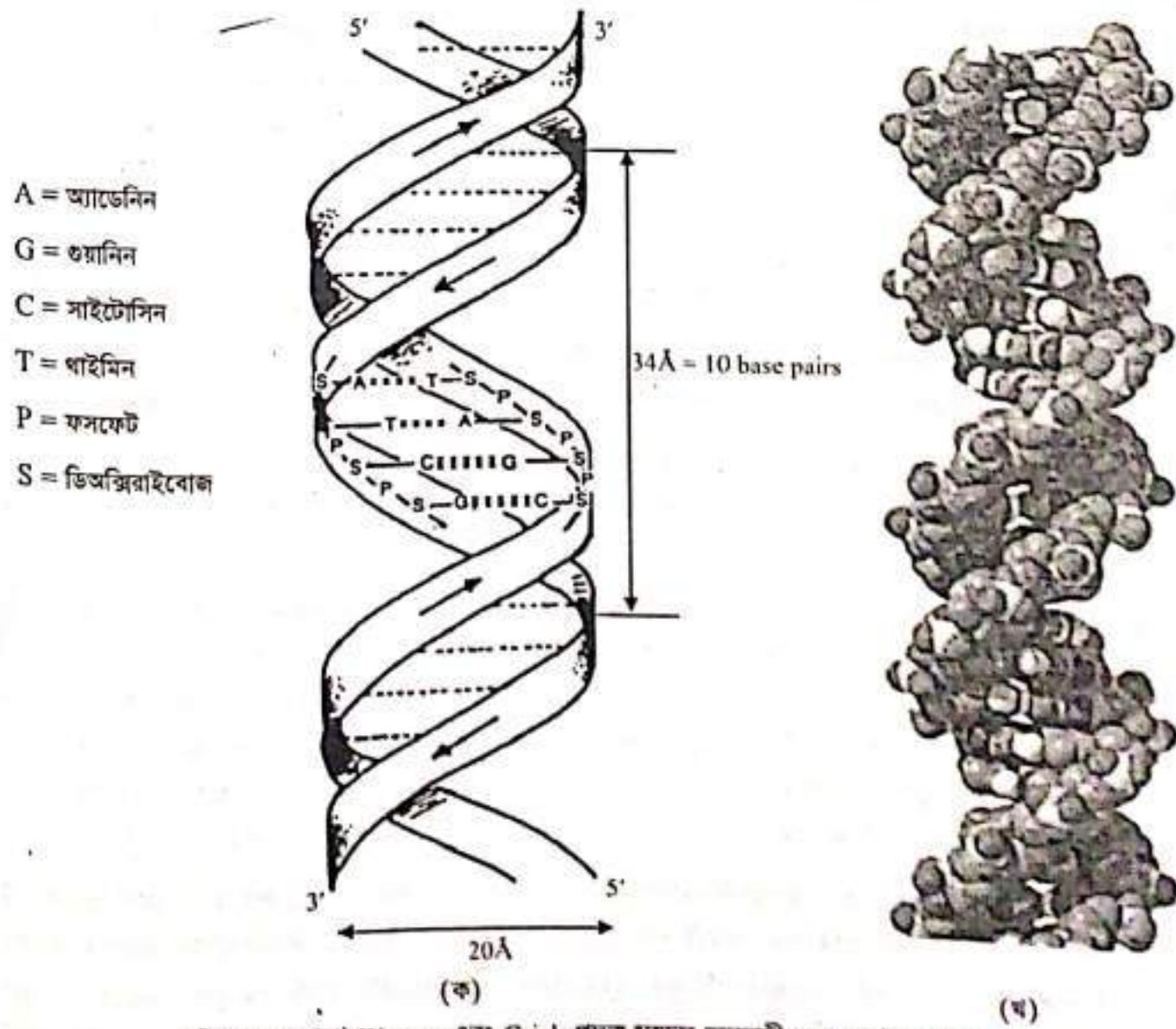
## ২.৮ DNA-এর ভৌত ও রাসায়নিক গঠন

## Physical and Chemical Structure of DNA

## ২.৮.১ ভৌত গঠন

ডিঅ্যুরিওইবোনিউক্লিক এসিড বা DNA হচ্ছে জীবের জেনেটিক বস্তু বা জিন। Watson and Crick (1953) সর্বপ্রথম DNA এর ভৌত ও রাসায়নিক মডেল প্রদান করেন।

প্রকৃত কোষের DNA সূক্ষ্ম সুতার ন্যায়, অশাখ কিন্তু আদিকোষের DNA সাধারণত চক্রাকার (circular)। প্রতিটি কোষেজমে একটি করে DNA থাকে। DNA এর দৈর্ঘ্য কয়েক মাইক্রোমিটার পর্যন্ত হতে পারে।



চিত্র-২.২ : (ক) Watson এবং Crick অনুরূপ মডেল অনুধাবী DNA ভৌত গঠন-এর পরিপূরক বিপরীতমুখী দুটি সূত্রক; (খ) DNA তে পরমাণুর বিম্বাস

DNA হল অসংখ্য নিউক্লিওটাইডের পলিমার, যা সাধারণত ডানদিকে পেচানো ডাবল হেলিক্স (ধি-সূত্র)। প্রায় ৩৪ $\text{\AA}$  প্রস্তর এক একটি প্র্যাচ থাকে। প্রতি প্র্যাচের মাঝখানে সাধারণত ১০টি নিউক্লিওটাইড থাকে। তাই একটি বেস জোড় থেকে অন্যটির দূরত্ব প্রায় ৩.৮ $\text{\AA}$ . DNA এর ব্যাস সাধারণত ২০ $\text{\AA}$ . DNA বৃহদানু (Macromolecule)। ৩১ সে. মি. DNA এর ওজন ১ পাইকো গ্রাম ( $10^{-12}$  গ্রাম)।  $T_2$  ফায়ের DNA এর আণবিক ওজন  $1.96 \times 10^9$ । (মানুষের একটি কোষের DNA এর ওজন ০.০২৪ গ্রাম এবং মোট দৈর্ঘ্য ২ মিটার। একজন পূর্ণ বয়স্ক মানুষের দেহের সকল কোষের DNA দৈর্ঘ্য যোগ করলে ৮০০০ বার চাঁদ পর্যন্ত যাওয়া-আসা করা যায়। একজন পূর্ণ বয়স্ক মানুষের প্রতি কোষে প্রায় ৩.২ বিলিয়ন নিউক্লিওটাইড রয়েছে। নিবিচিত্তভাবে একজন লোক প্রতি সেকেন্ডে একটি করে নিউক্লিওটাইড পাঠ করলে তাৰ ১০০ বৎসর লাগবে শেষ করতে— (Casey Rand, 2011)।

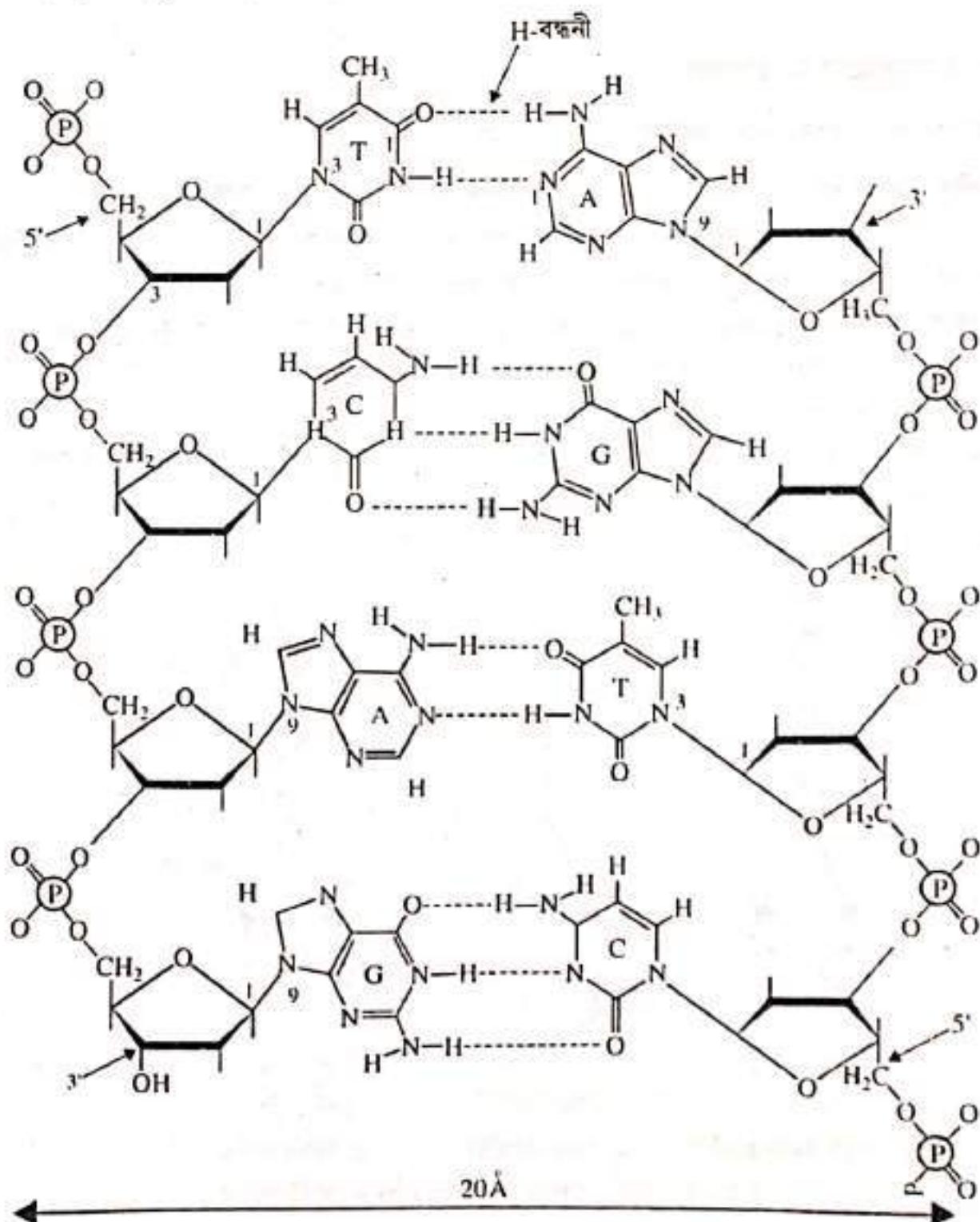
## ২.৪.২ রাসায়নিক গঠন

DNA হাজার হাজার নিউক্লিওটাইড উপএককের সমষ্টিয়ে গঠিত। প্রতিটি নিউক্লিওটাইড একটি ডিঅ্যুরিবাইবোস সুগার, একটি নাইট্রোজেন বেস এবং একটি ফসফেট নিয়ে গঠিত। ডিঅ্যুরিবাইবোস সুগার এবং ফসফেট সমষ্টি নিউক্লিওটাইডে একই রকম কিন্তু নাইট্রোজেন বেস চার রকমের— আডেনিন (A), গুয়ানিন (G), সাইটোসিন (C) এবং থাইমিন (T)। এদের মধ্যে A এবং G দুই রিংযুক্ত পিউরিন এবং C ও T একরিং যুক্ত পাইরিমিডিন।

DNA ডাবল হেলিক্সের সূত্র (Strand) দুটি এন্টিপ্যারালের ভাবে পাকানো থাকে।

- প্রতিটি স্ট্রান্ডের মেরুদণ্ডি (backbone) একান্তর ভাবে (alternately) ফসফেট ও ডিঅ্যুরিবাইবোস সুগার দ্বারা তৈরি। ডিঅ্যুরিবাইবোস সুগারের ৩' এবং ৫' নং কার্বনের সাথে ফসফেট ডাইএস্টার বন্ড দ্বারা যুক্ত থাকে।
- হেলিক্সের ভিতরের দিকের সুগারের ১নং কার্বনের সাথে পাইরিমিডিন (C, T)-এর ৩নং N-কর্নারের ( $1 \rightarrow 3$ ) সাথে এবং পিউরিন (A, G) এর ১৯নং N-কর্নারের ( $1 \rightarrow 9$ ) সাথে প্লাইকোসাইডিক বন্ধনী দ্বারা যুক্ত থাকে (B-Lewin, 2008)
- পাশাপাশি পরিপূরক নাইট্রোজেন বেসগুলো দুর্বল হাইড্রোজেন বন্ড দ্বারা যুক্ত থাকে। A এবং T এর মধ্যে দুটি ( $A = T$ ) এবং C ও G এর মধ্যে তিনি করে ( $C = G$ ) একপ হাইড্রোজেন বন্ড থাকে। পিউরিনস এবং পাইরিমিডিনস এর বন্ডের দূরত্ব প্রায়  $2.8 - 3.0\text{\AA}$ ; এ বন্ড সর্বদা একটি পিউরিন এবং একটি পাইরিমিডিনের সাথে হয়ে থাকে। অর্থাৎ একটি স্ট্রান্ডের A অন্য স্ট্রান্ডের T এর সাথে; সেৱলে C অন্য স্ট্রান্ডের G এর সাথে বন্ড সৃষ্টি করে। সুতরাং দুটি স্ট্রান্ডের প্রতিটি অন্যটির পরিপূরক, একই রকম নয়। আর এ কারণেই DNA ডাবল হেলিক্সের ব্যাস সর্বত্র প্রায়  $20\text{\AA}$ ।
- DNA এর প্র্যাচ সাধারণত ডানহাতি। এজন্য এ মডেলকে DNA এর B-form বলা হয়। হেলিক্সের প্রতিটি পূর্ণ ঘূর্ণন ৩৪ $\text{\AA}$  দৈর্ঘ্যবিশিষ্ট এবং একটি পূর্ণ ঘূর্ণনের মধ্যে সাধারণত ১০টি নিউক্লিওটাইড থাকে। (প্রতিটি বেসজোড় থেকে পরবর্তী বেসজোড় প্রায়  $36^\circ$  ঘূরে, ফলে ১০টি বেসজোড় একটি পূর্ণ ঘূর্ণনে প্রায়  $360^\circ$  ঘূরে আসে)। সুতরাং পার্শ্ববর্তী নিউক্লিওটাইডের দূরত্ব উপর থেকে নিচে প্রায়  $3.8\text{\AA}$ । একটি সুগারের ১নং কার্বন থেকে অন্য পরিপূরক স্ট্রান্ডের সুগারের দূরত্ব প্রায়  $10.8 - 11.1\text{\AA}$ । সুগার ও বেসের সংযোগকারী কোণ  $50 - 58^\circ$  হয়ে থাকে।

- (v) DNA এর দুটি পলিনিউক্লিওটাইড চেইন বিপরীতভাবে অবস্থান করে। অর্থাৎ একটি চেইন '5'  $\rightarrow$  3' মুখ্য এবং অন্যটি 3'  $\rightarrow$  5' মুখ্য। অনেকটা পেচালো সিভির ধাপের ন্যায় বেসগুলি শায়িত (flat) ভাবে প্রধান অক্ষের সাথে লম্বভাবে অবস্থান করে।



চিত্র-২.৩ : দ্বি-সূত্রক DNA অণুর রাসায়নিক গঠন।

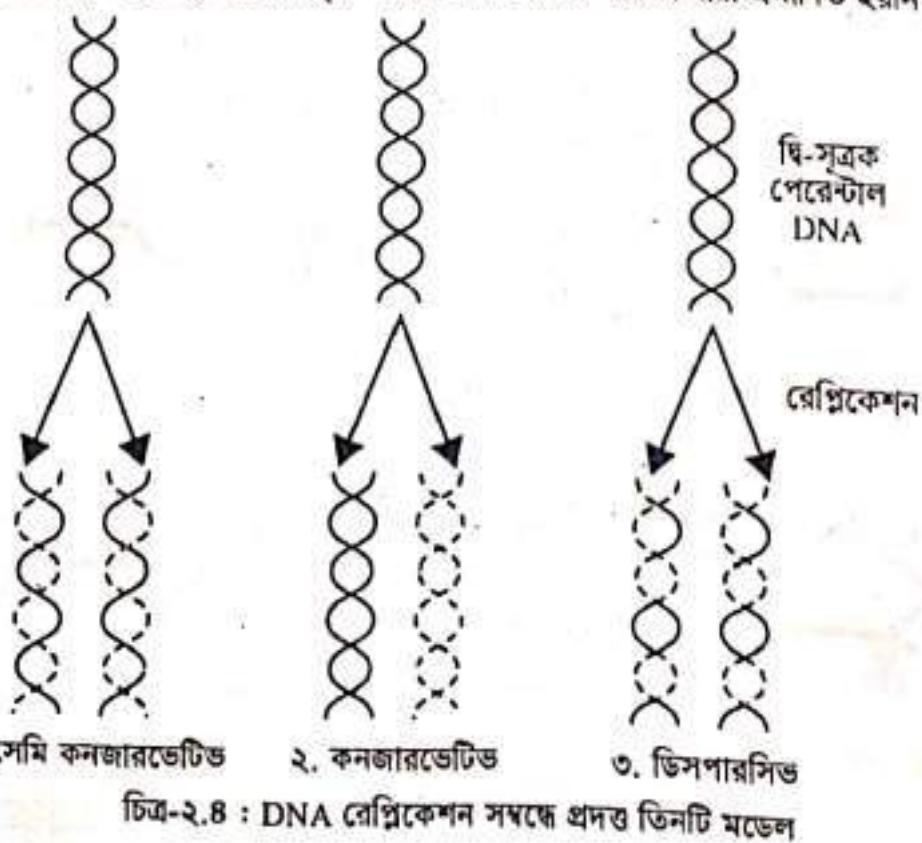
## ২.৫ DNA সংশ্লেষণ বা আণবিক প্রতিলিপন (DNA Replication)

যে প্রক্রিয়ায় একটি DNA থেকে হ্রাস একই রকম দু'টি DNA সৃষ্টি হয় তাকে DNA সংশ্লেষণ বা প্রতিলিপন (Replication) বলে।

### ২.৫.১ DNA সংশ্লেষণের মতবাদসমূহ

DNA প্রতিলিপন বা সংশ্লেষণ সম্বন্ধে তিনটি মতবাদ দেওয়া হয়।

১. **রক্ষণশীল মতবাদ (Conservative theory)** : এ মতবাদ অনুসারে DNA সূত্র দু'টি প্রথমে আলাদা হয়ে যায় এবং প্রতিটি পুরাতন সূত্র তার পরিপূরক সূত্র তৈরি করে। পরে পুরাতন সূত্রের সাথে পুরাতন সূত্র এবং নতুন সূত্রের সাথে নতুন সূত্র সংযুক্ত হয়ে দু'টি DNA এর সৃষ্টি হয়। এ মতবাদটি পরীক্ষা দ্বারা প্রমাণিত হয়ে থাকে।
২. **অর্ধ-রক্ষণশীল মতবাদ (Semiconservative theory)** : এ মতবাদ অনুসারে প্রথমে সূত্র দু'টি আলাদা হয়ে যায় এবং পরে একটি পুরাতন সূত্রের সাথে একটি নতুন সূত্র সংযুক্ত হয়ে দু'টি DNA অণুর সৃষ্টি করে। Watson এবং Crick এ মতবাদের প্রথম প্রবর্তী এবং পরীক্ষা দ্বারা এ মতবাদটি সমর্থিত ও গৃহীত হয়েছে।
৩. **বিচ্ছুরণ মতবাদ (Dispersive theory)** : এ মতবাদ অনুসারে DNA প্রথমে ভিন্ন ভিন্ন অংশে বিভক্ত হয় এবং বিচ্ছিন্ন অংশগুলি নতুন DNA সংশ্লেষণ করে। পরে মাতৃ DNA খণ্ড ও নতুন সংশ্লেষিত DNA খণ্ডগুলি এলোমেলোভাবে সংযুক্ত হয়ে দুটি DNA সৃষ্টি করে। এ মতবাদটি পরীক্ষা দ্বারা প্রমাণিত হয়ে থাকে।

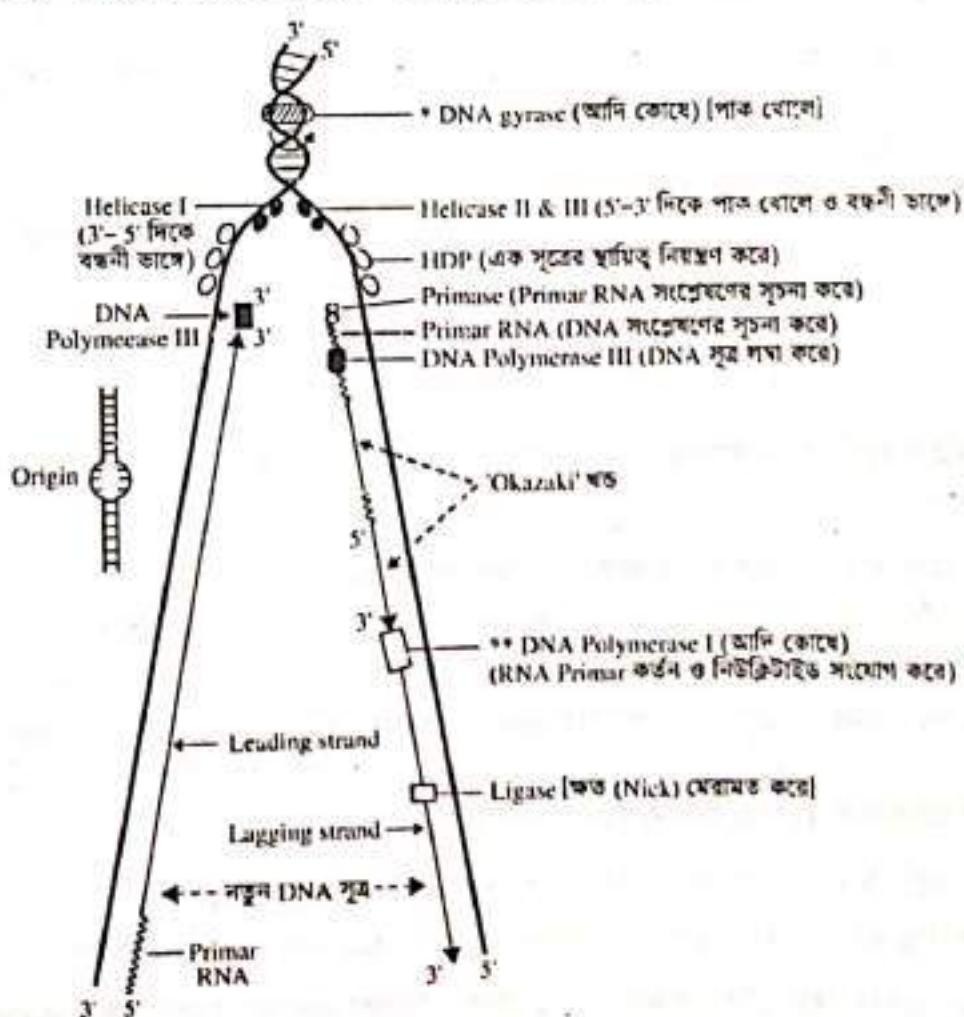


## ২.৫.২ DNA সংশ্লেষণের (অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ার) ধাপসমূহ

অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ায় নিম্নলিখিত ধাপসমূহের মাধ্যমে DNA এর সংশ্লেষণ বা প্রতিলিপন (Replication) ঘটে—

১. DNA সংশ্লেষণের সূচনা : সাধারণত DNA প্রতিলিপন এক বা একাধিক নির্দিষ্ট স্থান থেকে ঘটে হয়। একে প্রারম্ভিক বিন্দু বা সূচনা বিন্দু (Origin) বলে। (সাধারণত DNA এর যেখানে A এর T উচ্চ হারে থাকে সেখানেই প্রারম্ভিক বিন্দু অবস্থান করে। ইলেক্ট্রন মাইক্রোসকোপে এগুলিকে চোখ বা হেয়ার পিনের মত দেখায়।) এখানেই প্রথমে হিস্ত্রিক DNA এর H-বন্ড ভাঁতে শরু হয়।

২. দিস্ত্রের পাক খোলন (Unwinding) : পাক খোলনকারী এনজাইম দিস্ত্রিক DNA এর পাক খোলে এবং H-বন্ড ভেঙে দিয়ে একস্ত্রে পরিণত করে। এখানে 'Y' আকৃতির ফর্কের সৃষ্টি হয় এবং হেলিকেজ এনজাইম ফর্কের অভ্যাসে থাকে। বেশি পেঁচানো DNA-এর পাক খুলতে DNA গাইরেজ এনজাইমের প্রয়োজন হয়, বিশেষ করে অনিকোষের DNA-এর ক্ষেত্রে।



চিত্র-২.৫ : DNA অনুলিপন (Replication)

[\* DNA gyrase প্রকৃত কোথে অনুপস্থিত (Helicase এ কাজ করে); \*\* DNA Polymerase-I এবং পরিবর্তে প্রকৃত কোথে প্রধানত DNA Polymerase-II এর কর্তৃন ও প্রয়োজনীয় নিউক্লিওটাইড স্থাপন করে।

৩. একক স্ত্রের স্থায়িত্ব শাস্তি : H-বন্ড ভাঁতা একক সূত্র দুটি পুনরায় যাতে ধি-স্ত্রিক DNA তে পরিণত না হতে পারে সে জন্য H DP(Helix destabilizing Protein) বা SSBP = Single Strand binding Protein প্রতি স্ত্রে আবক্ষ হয়। ফলে একক স্ত্রের স্থায়িত্ব বৃদ্ধি পায়।

৪. সূচনা বিন্দুতে RNA-প্রাইমার এর সৃষ্টি : DNA সংশ্লেষণের ক্রমতে কয়েকটি নিউক্লিওটাইড যুক্ত (২-১০০টি) RNA-প্রাইমার সংশ্লেষিত হয় (O Kazaki, 1971, Kornberg, 1974)। কারণ DNA Polymerase- III-এর নির্ভুল কাজের জন্য একটি যুক্ত 3'OH প্রাপ্ত যুক্ত RNA (বা DNA) খণ্ডের প্রয়োজন হয়। আব্দি কোর্সে প্রাইমেজ এনজাইম DNA-এর একটি শুধু অংশকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে RNA-প্রাইমার সংশ্লেষণ করে। প্রকৃত কোর্সের ক্ষেত্রে প্রাইমারটি RNA-Polymerase-I দ্বারা সংশ্লেষিত হয় বলে মনে করা হয়।

৫. DNA শূরুল বর্ধন : ডিঅক্সিরাইবো নিউক্লিওটাইড RNA-প্রাইমারের 3' OH প্রাপ্তে ডাইএস্টার বন্ড দ্বারা যুক্ত হয়। এভাবে একটি পুরাতন সূত্রকে ছাঁচ (Template) হিসাবে ব্যবহার করে একটি একটি করে নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়ে DNA সূত্র অবিরত ভাবে 5'- 3' দিকে বৃক্ষি পেতে থাকে। এ সূত্রকে অগ্রগামী সূত্র (Leading strand) বলে।

DNA সংশ্লেষণের এ সময় পেছনে পড়ে থাকা সূত্রকে Lagging strand বলে। এ সূত্রের বিপরীত মেরুত্বের (3' - 5') কারণে বিপরীত বা উল্টাভাবে খণ্ডে খণ্ডে DNA সংশ্লেষিত হয়। কারণ উভয় সূত্রই কেবল (5'-3') দিকে বৃক্ষি পেতে পারে। Lagging strand এর প্রতিটি খণ্ডকে আবিষ্কারক জাপানি বিজ্ঞানী T. Okazaki এর নামানুসারে, 'Okazaki' বলা হয়। প্রতিটি খণ্ডে সাধারণত ৫০০-২০০০ নিউক্লিওটাইড থাকে। DNA-পলিমারেজ III একাজে সহায়তা করে। প্রতিটি Okazaki খণ্ডের সংশ্লেষণের ক্রমতেও RNA-প্রাইমার সৃষ্টির প্রয়োজন হয়।

৬. RNA-প্রাইমারের বিমোচন : যখন এ নতুন DNA চেইনের 3' OH প্রাপ্ত পরবর্তী চেইনের বা খণ্ডের RNA প্রাইমারের 5'P প্রাপ্তের নিকটবর্তীহয় তখন আসিকোর্সের DNA Polymerase-I প্রাইমারটিকে কেটে বের করে দেয় এবং শূন্য থানে পরিপূরক ডিঅক্সিরাইবো নিউক্লিওটাইড 5' - 3' দিকে যুক্ত করে। প্রকৃত কোর্সে RNase-II দ্বারা এ কর্তৃত কাজটি সমাধা হয় এবং DNA Polymerase II মেরামতের কাজ।

৭. DNA এর খণ্ডসমূহের মধ্যে জোড়া লাগান : DNA লাইগেজ পার্থিবর্তী খণ্ডযোব 3' এবং 5' প্রাপ্তে ফসফেট ডাইএস্টার বন্ধনীর মাধ্যমে সংযোগ সাধন করে।

ছিমুলী অনুলিপনের সময় প্রতিটি অনুলিপন এককের মধ্যস্থল থেকে অনুলিপন দুই দিকে চলতে থাকে এবং নিকটবর্তী অনুলিপন ফর্কের অনুলিপিত অংশের নিকট না আশা পর্যন্ত চলতে থাকে। শেষ পর্যায়ে অনুলিপিত খণ্ডগুলো DNA লাইগেজ দ্বারা যুক্ত হয়ে দু'টি অখণ্ড নতুন সূত্র উৎপন্ন হয়। এভাবে একটি পুরাতন DNA থেকে একটি নতুন ও একটি পুরাতন সূত্র যুক্ত দু'টি DNA সৃষ্টি হয়। একারণে একে অর্ধবক্ষণশীল প্রক্রিয়া বলা হয়। (চিত-৫.১১ (খ) রঙিন চিত্র দ্রষ্টব্য)।

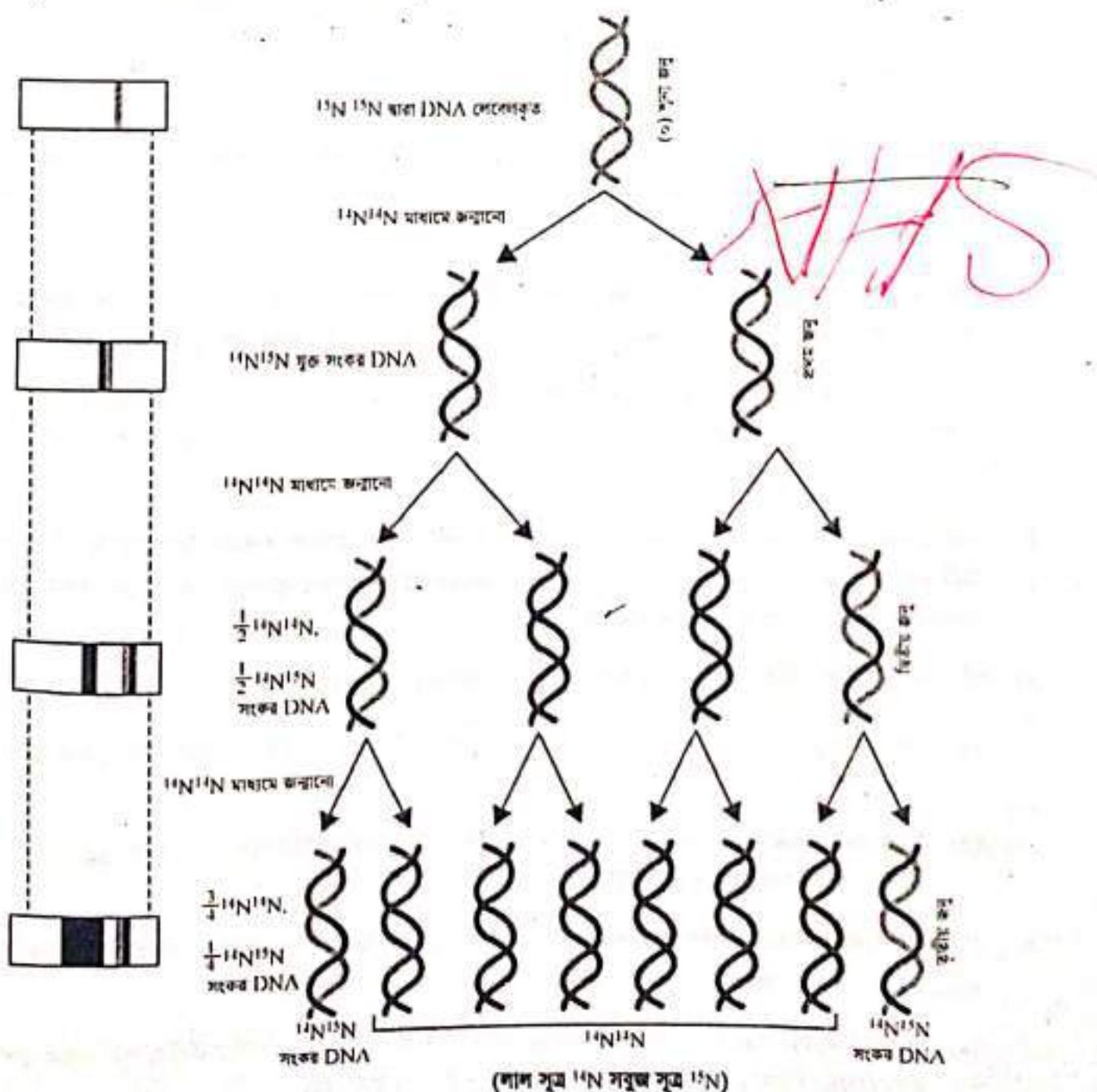
## ২.৬ অর্ধবক্ষণশীল প্রক্রিয়ায় DNA অনুলিপনের প্রমাণ

ওয়াটসন এবং ক্রিক সর্বপ্রথম প্রস্তাব করেন যে অর্ধবক্ষণশীল প্রক্রিয়ায় DNA-এর প্রতিলিপন বটে। পরবর্তীতে কয়েকটি পরীক্ষার দ্বারা এটা প্রমাণিত হয়। সবচেয়ে জনপ্রিয় ও গ্রহণযোগ্য 'Meselson এবং Stahl-এর পরীক্ষাটি' বর্ণনা করা হলো— Meselson এবং Stahl (1958) নামে দু'জন বিজ্ঞানী একটি মনোজ পরীক্ষা দ্বারা সঠিকভাবে প্রমাণ করেন যে, অর্ধবক্ষণশীল (Semiconservative) প্রক্রিয়ায় DNA সংশ্লেষিত হয়।

তাঁরা *E.Coli* ব্যাটেরিয়াকে 18 বৎসর পর্যন্ত তেজক্রিয়া নাইট্রোজেন বিশিষ্ট  $^{15}\text{NH}_4\text{Cl}$  মাধ্যমে জন্মান। ফলে *E. Coli* এর DNA অণুর নাইট্রোজেন ভারী নাইট্রোজেন ( $^{15}\text{N}$ ), বিশিষ্ট হয়। এরপর এ ভারী DNA ধারণকারী ব্যাটেরিয়াকে সাধারণ খালকা  $^{14}\text{NH}_4\text{Cl}$  মাধ্যমে জন্মানো হলো। নির্ধারিত সময় (প্রায় ৩০ মিনিট = one bacterial generation) অন্তর কিছু কিছু এই নিষ্কাশিত DNA-কে সিজিয়াম ক্লোরাইডে বেঁধে সেপ্ট্রিফিউজ করা হয়। টিউবে বিভিন্ন ঘনত্বের DNA দেখার জন্য

অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ায় DNA সংশ্লেষিত হলে প্রথম বংশধরে সংকর DNA এর ঘনত্ব  $^{15}\text{N}$  এবং  $^{15}\text{N}$  এর মাঝামাঝি হওয়ার কথা। কারণ এ প্রক্রিয়ায় DNA এর একটি সূত্র  $^{15}\text{N}$  এবং অন্যটি  $^{14}\text{N}$  হওয়া উচিত। টিউবে এটিই দেখা গেল। ২য় বংশধরের DNA টিউবে দুটি সমান প্রশংসনের স্তর পাওয়া গেল। কারণ সংকর ( $^{15}\text{N}^{14}\text{N}$ ) এবং সাধারণ হালকা ( $^{14}\text{N}^{14}\text{N}$ ) DNA এর অনুপাত ১ : ১, যা অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ায় DNA সংশ্লেষণের পক্ষে সমর্থন দেয়।

পরবর্তী বংশধরসমূহেও ২টি করে তুর সৃষ্টি হয়; কিন্তু ক্রমান্বয়ে নৎকর ( $^{15}\text{N}^{14}\text{N}$ ) DNA এর ঘনত্ব কমতে থাকে এবং স্বাভাবিক বা হালকা ( $^{14}\text{N} \cdot ^{14}\text{N}$ ) DNA এর ঘনত্ব বারতে থাকে। উদাহরণস্বরূপ তয় বংশধরে সৎকর ও হালকা DNA এর ঘনত্বের অনুপাত হয় ১ : ৩। এতেও প্রমাণিত হয় যে, DNA অর্ধরস্ফৃতশীল প্রক্রিয়ায় সংশ্লিষ্ট হয়।



চিত্র-২.৬ : অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়া DNA অনুলিপন (Meselson এবং Stahl (1958)।

## ২৭ DNA সংশ্লেষণে অংশগ্রহণকারী প্রধান এনজাইম ও প্রোটিনসমূহ

DNA সংশ্লেষণে বহু এনজাইম ও প্রোটিন সহায়তা করে। অবশ্য এসকল এনজাইম ও প্রোটিনের অনেকগুলোই এখন পর্যন্ত সঠিকভাবে সনাক্তকরা ও কাজ নির্ণয় করা সম্ভব হয়নি। DNA সংশ্লেষণের জন্য প্রয়োজনীয় প্রধান এনজাইম ও প্রোটিনগুলো হচ্ছে—

1. Helicases
  2. Topoisomerase/DNA gyrase.
  3. HDP (Helix destabilizing protein)
  4. RNA Primase
  5. DNA Polymerases
  6. Ligase
  7. Nuclease
১. **Helicases** : Helicases হলো পাকখোলনকারী এনজাইম। এরা সংশ্লেষণে অংশগ্রহণকারী DNA ধি-সূত্রের প্যাচ খুলে H-বন্ড ভেঙে দুটি একক সূত্রে পরিণত করে এবং DNA সংশ্লেষণের সূচনা করে। একাজে ATP এর প্রয়োজন হয়। (চিত্র ৫.১২ দ্রষ্টব্য)
২. **DNA Gyrase/Topoisomerase** : DNA এর জটিল প্যাচ খোলনে, বিশেষ করে আদিকোষের DNA এর প্যাচ খোলনে সহায়তা করে। এতে Helicase এনজাইমের H-বন্ড ভেঙে অঘসর হতে সুবিধা হয়।
৩. **HDP (Helix destabilizing protein)** : HDP এর ক্যাটালাইটিক ক্ষমতা না থাকলেও DNA সংশ্লেষণে এর বিশেষ ভূমিকা রয়েছে। সংশ্লেষণরত DNA একক সূত্রের সাথে HDP দৃঢ়ভাবে আবদ্ধ হয় বলে পৃথক হওয়া সূত্রের বেসজোড় গঠন করে পুনরায় ধি-সূত্রে পরিণত হতে পারে না।
৪. **RNA Primase** : এ এনজাইম DNA এ এর অংশবিশেষকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে DNA সংশ্লেষণের জন্য ছোট একব্যক্তি Primar RNA সৃষ্টি করে। DNA Polymerase III এর DNA সূত্র সৃষ্টি করতে হলে প্রথমে মুক্ত 3' OH প্রান্তযুক্ত একপ RNA Primer খণ্ডের প্রয়োজন হয়।
৫. **Nuclease** : পলিনিউক্লিওটাইড চেইন ভাসার জন্য এ এনজাইম ব্যবহৃত হয়। এরা আবার দু'ধরনের—
- (a) **Exonuclease** : এটি H-বন্ড অথবা একক পলিনিউক্লিওটাইড চেইনকে আক্রমণ করে। এরা মুক্তপ্রান্ত হতে 3'-5' অথবা 5'-3' দিকে কাজ করতে পারে।
  - (b) **Endonuclease** : এ এনজাইমের সহায়তার DNA সূত্র দুটির মধ্যবর্তী H-বন্ডসমূহ বিচ্ছিন্ন হয়ে যায়। ফলে বিচ্ছিন্ন অংশকে ফর্ক বা Y-এর মত দেখায়।
৬. **DNA Polymerases** : DNA Polymerase এনজাইম DNA সংশ্লেষণে কেন্দ্রীয় ভূমিকা পালন করে। DNA Polymerase তিনি প্রকার—
- (a) **DNA Polymerase I** : এরা RNA Primar এর কর্তৃত ও প্রয়োজনীয় নিউক্লিওটাইড শূন্য স্থানে স্থাপন করে। এরা DNA যেরামত ও সংশ্লেষণের আনুষঙ্গিক কাজেও সহায়তা করে।

- (b) **DNA Polymerase II** : এরা DNA মেরামতের কাজ করে। 3'-5' Exonuclease হিসাবে কাজ করে।
- (c) **DNA Polymerase III** : এরা প্রধানত DNA চেইন লম্বা করার কাজে বেশি ব্যবহৃত হয়। এরা যুব দ্রুত 5'-3' এর দিকে ফসফেট ডাইবস্টার বন্ধনী সৃষ্টি করতে পারে। তিনটি DNA Polymerase এর মধ্যে DNA Polymerase III সবচেয়ে বেশি কার্যকর।

তিনটি DNA Polymeraseই 3'-5' Exonuclease হিসাবে DNA সংশ্লেষণের সময় ভুল নিউক্লিওটাইড কেটে বের করে দিয়ে প্রয়োজনীয় নতুন নিউক্লিওটাইড সংযুক্ত করতে পারে এবং নিউক্লিওটাইডবিহীন অংশ মেরামত করতে পারে। এরা 5'-3'-এর দিকে নিউক্লিওটাইডের পলিমারাইজেশনও ঘটাতে পারে।

৭. **Ligase** : Ligase হলো একটি সংযোগকারী এনজাইম যা DNA-এর ক্ষত (Nick) মেরামত করে বা খণ্ড সমূহের জোড়া লাগায়। পাশাপাশি অবস্থিত DNA খণ্ডের একটির 3' OH এবং অপরটির 5'P প্রান্তের মধ্যে ফসফেট ডাইবস্টার বন্ধনী সৃষ্টির মাধ্যমে খণ্ডসমূহের মধ্যে জোড়া লাগানৈ (Sealing) এর প্রধান কাজ। Okazaki খণ্ডসমূহের মধ্যে জোড়ালাগানোর কাজও Ligase করে থাকে। DNA সূত্রের মধ্যে কোন কারণে ফসফেট বন্ধন ভেঙে গেলে Ligase মেরামত করে দেয়। এ ছাড়া DNA B Proteins, dna j, dnak, Replication factor ইত্যাদি রয়েছে।

## ২.৮ চক্রাকার DNA-এর অনুলিপন (Replication of Circular DNA)

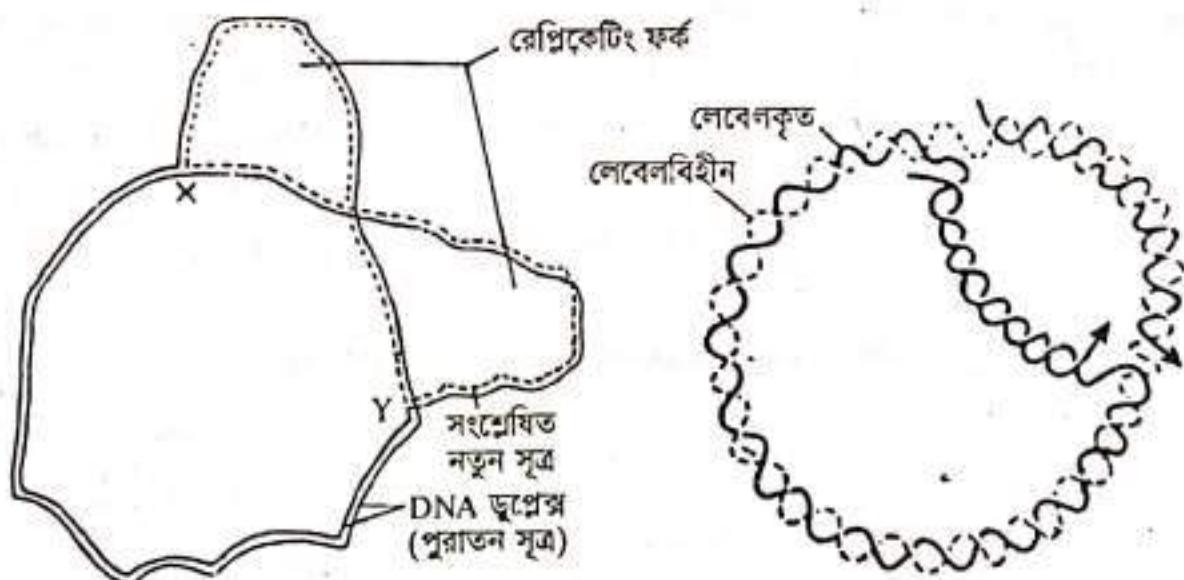
**ভূমিকা (Introduction)** : যে DNA-এর গঠন বৃত্তাকার বা চক্রাকার তাকে চক্রাকার বা বৃত্তাকার DNA বলে। প্রকৃত কোষের DNA রেখাকার (linear) এবং এদের দু'প্রান্ত খোলা বা মুক্ত থাকে। কিন্তু আদি কোষের, ডাইরাসের মাইটোকন্ড্রিয়ার এবং ক্লোরোপ্লাস্টের DNA বৃত্তাকার বা চক্রাকার (circular)। চক্রাকার DNA এর অনুলিপন পদ্ধতি বৈধিক DNA এর অনুলিপন পদ্ধতি থেকে কিছুটা ভিন্নতর। অধিকাংশ চক্রাকার DNAই বিস্তৃত; অর কয়েকটি ডাইরাসের (ব্যাটেরিওফাজের) DNA একসূত্র। বিস্তৃত চক্রাকার DNA-এর একটি প্রারম্ভিক বিন্দুতে (Origin = ori) প্রথমে এন্ডোক্লিয়েজ এনজাইম দ্বারা সাধারণত একটি সূজ কর্তৃত হয়। এবং এনজাইমের সহায়তায় শূন্যস্থানের পাক খোলে ও হাইড্রোজেন বন্ধনী বিস্তৃত হয়। এরপর পুরাতন সূত্র দু'টিকে সাঁচ (template) হিসাবে ব্যবহার করে DNA পলিমারেজ এনজাইমের সহায়তায় একমুখী বা দ্বিমুখী ভাবে 5' থেকে 3' প্রান্তের দিকে দুটি নতুন সূত্র সংশ্লেষিত হয়। বৈধিক DNA এর অনুকরণে অর্ধরক্ষণশীল প্রক্রিয়ায় (Semiconservative Process) একটি নতুন ও একটি পুরাতন সূত্র H-বন্ধনী দ্বারা মুক্ত হয়ে দু'টি চক্রাকার বিস্তৃত DNA সংশ্লেষিত হয়। প্রজাতিভেদে বা DNA ভেদে প্রতিলিপন পর্যায়ে কিছুটা পার্থক্য পরিলক্ষিত হয় এবং সে অন্যান্য চক্রাকার বিস্তৃত DNA সংশ্লেষণ প্রক্রিয়াকে নিম্নলিখিত কয়েকটি ধরন বা মডেল হিসাবে বর্ণনা করা হয়—

১. স্য কাইরনস গঠন বা O আকৃতি DNA অনুলিপন (The Cairns structure or O Shaped DNA Replication)
২. রোলিং সার্কেল মডেল বা সিগমা মডেল (Rolling cercle বা sigma model)
৩. D-লুপ সার্কেল মডেল (Cercle with D-loop)।
৪. রেপ্লিকেশন সুপার কয়েল বা প্রজাপতি সদৃশ অনুলিপন (Replication super coil or Butterfly Replication)।

### ২.৮.১ দ্য কাইরনস গঠন বা θ আকৃতির অনুলিপন (The Cairns structure or θ-Shaped Replication)

*E. Coli*, *Bacillus subtilis*, *T<sub>2</sub>*, *T<sub>4</sub>*,  $\lambda$  phase এবং আরও কিছু অণুজীবে এ প্রক্রিয়ায় DNA এর অনুলিপন ঘটে।

J. Cairns (1963) অটোরেডিও ফ্লাফি (Autoradiography) প্রক্রিয়ায় সর্বপ্রথম *E. Coli* ব্যাকটেরিয়ার চক্রাকার DNA এর অনুলিপন (Replication) পর্যবেক্ষণ করেন। তিনি রেডিওএক্টিভ ট্রাইটিয়াটেড (tritiated) থাইমিডিন ব্যবহার করেন যা কেবল DNA তে অন্তর্ভুক্ত হয়, RNA তে অন্তর্ভুক্ত হয় না। তিনি লক্ষ্য করেন যে অনুলিপনের মধ্যপর্যায়ে *E. Coli* এর চক্রাকার DNA θ আকৃতি ধারণ করে, এ কারণে এ প্রক্রিয়াকে θ-shaped Replication বলে। আবিষ্কারক কাইরনসের নাম অনুসারে একে Cairns structure ও বলা হয়।



চিত্র-২.৭ : *E. Coli* এর ব্যাকটেরিয়া রেপ্রিকেটিং ফর্ক সৃষ্টির মাধ্যমে θ আকৃতির DNA অনুলিপনের কৌশল।

তাঁর মতে চক্রাকার অবস্থায়ই *E. Coli* এর DNA-এর অনুলিপন ঘটে। তিনি বলেন যে একটি নির্দিষ্ট প্রারম্ভিক বিন্দু (Origin = Ori) থেকে একমুখী ভাবে (unidirectionally) অর্ধরক্ষণশীল (Semiconservative) প্রক্রিয়ায় DNA এর প্রতিলিপন ঘটে। অর্থাৎ একটি পৈত্রিক চক্রাকার দিস্ত্রিক DNA থেকে দুটি অপত্য চক্রাকার দিস্ত্রিক DNA সংশ্লেষিত হয় এবং প্রতিটি অপত্য চক্রে একটি পুরাতন (পৈত্রিক) সূত্র এবং একটি নতুন সূত্র থাকে। কারণ প্রথম অনুলিপনের পর তিনি প্রতিটি দিস্ত্রিক চক্রের একটি সূত্রে রেডিও একটিভ ট্রাইপ্লিয়েট থাইমিডিন পেয়েছিলেন।

অবশ্য অধুনা প্রমাণিত হয়েছে যে, অনুলিপন উৎপত্তি স্থল (Ori) থেকে উভয় দিকে চলতে থাকে (Bidirectional)। অর্থাৎ উৎপত্তি স্থল থেকে দুটি রেপ্রিকেশন ফর্ক দু'দিকে অগ্রসর হয় (M. Masters et al (1971) এবং R. Inman (1971))। DNA gyrase এনজাইম DNA এর পাক খোলন কাজে সহায়তা করে বলে অধুনা মনে করা হয়; কারণ এ এনজাইমটির কর্তন ও জোড়া লাগানোর সামর্থ্য আছে। এক্ষেপ্ত প্রতিলিপনের সময় Primase ও Primase RNA সৃষ্টির ঘটনা প্রমাণিত হয়েনি (Strickberger, 1984)। Okajaki (1971) এবং Levin (1974)-এর মতে, *E. Coli* এর প্রতিলিপন খণ্ডে খণ্ডে ঘটে (discontinuous)।



(ক) অনুলিপনশেষে দুটি অপত্তি DNA



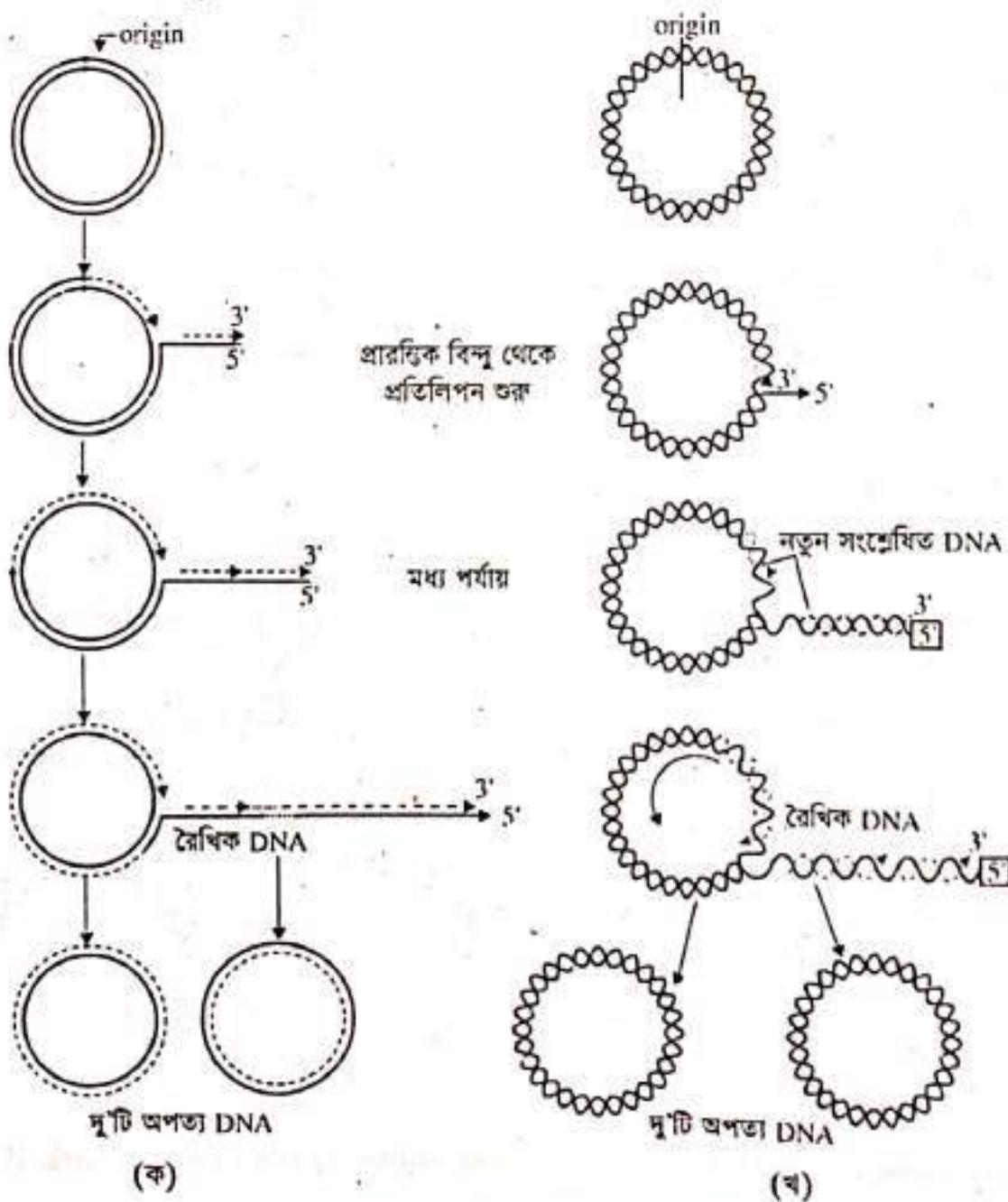
(খ) অনুলিপনের শেষ পর্যায়ে দুটি অপত্তি DNA

চিত্র-২.৮ : দ্য কাইবনস গঠন বা ০ আকৃতির DNA অনুলিপন

(ক) সহজভাবে দেখানো হয়েছে এবং (খ) পেচানো অবস্থায় দেখানো হয়েছে।

## ২.৮.২ রোলিং সার্কেল প্রতিলিপন বা সিগ্মা (σ) গঠন (Rolling circle Replication or sigma structure)

সাধারণত ব্যাটেরিওফাইজের বৃত্তাকার DNA-তে এবং *E.Coli* ব্যাটেরিয়ার কঙ্গুগেশনের সময় এ প্রক্রিয়ায় DNA এর অনুলিপন ঘটে। প্রথমে চক্রাকার DNA এর একটি সূত্রের নির্দিষ্ট প্রারম্ভিক স্থানে (Ori) এনজাইমের সহায়তায় একটি ক্ষত (Nick) সৃষ্টি হয়।



চিত্র-২.৯ : চক্রাকার DNA-এর রোলিং সার্কেল বা (ক) সিগ্মা গঠন অনুলপন

(ক) সহজভাবে দেখানো হয়েছে এবং (খ) পেচানো অবস্থায় দেখানো হয়েছে।

ফলে কর্তিত সূত্রটির একটি 3' OH এবং একটি 5'P প্রান্তের সৃষ্টি হয়। 5' প্রান্তটি পোষকের কিটীর সাথে আবক্ষ হয়। অপর সূত্রটি অক্ষত থাকে এবং রোল করে ক্রমান্বয়ে কিটীর থেকে দূরে সরে আসে। এ সময় 3' OH প্রান্ত থেকে 5'-3' দিকে পরিপূরক নতুন সূত্র সংশ্লেষিত হতে থাকে। আয় একই সময় কিটীর সাথে যুক্ত 5' প্রান্তের দিকে বাঁকে বাঁকে DNA সংশ্লেষিত হয়ে কর্তিত বাঁকের পরিপূরক সূত্র তৈরি হতে থাকে। যওগুলি লাইগেজ এনজাইম দ্বারা যুক্ত হয়। অক্ষত DNA

চক্রটির ঘূর্ণন সম্পূর্ণ শেষ হলে DNA সংশ্লেষণও শেষ হয় এবং Endonuclease লব্ধ রৈখিক হিস্ত্রিক চেইনটি কেটে মুক্ত করে দেয়। ফলে একটি চক্রকার ও একটি রেখাকার হিস্ত্রিক অপত্তি DNA এর সৃষ্টি হয়। রৈখিক সৃষ্টি লাইগেজ এনজাইমের সহায়তায় চক্রকার DNA-তে পরিণত হতে পারে। প্রতিটি অপত্তি হিস্ত্রিক DNA তে একটি পুরাতন ও একটি নতুন সৃতি থাকে। এ প্রক্রিয়ায় DNA সংশ্লেষণের মধ্য বা শেষ পর্যায়ে DNA কে অনেকটা সিগমা (σ)-এর ন্যায় দেখা যায় বলে একে সিগমা গঠন (Sigma structure) বলেও অভিহিত করা হয়।

### ২.৮.৩ D-শূণ্যসৃতি চক্র (Circle with D-loop)

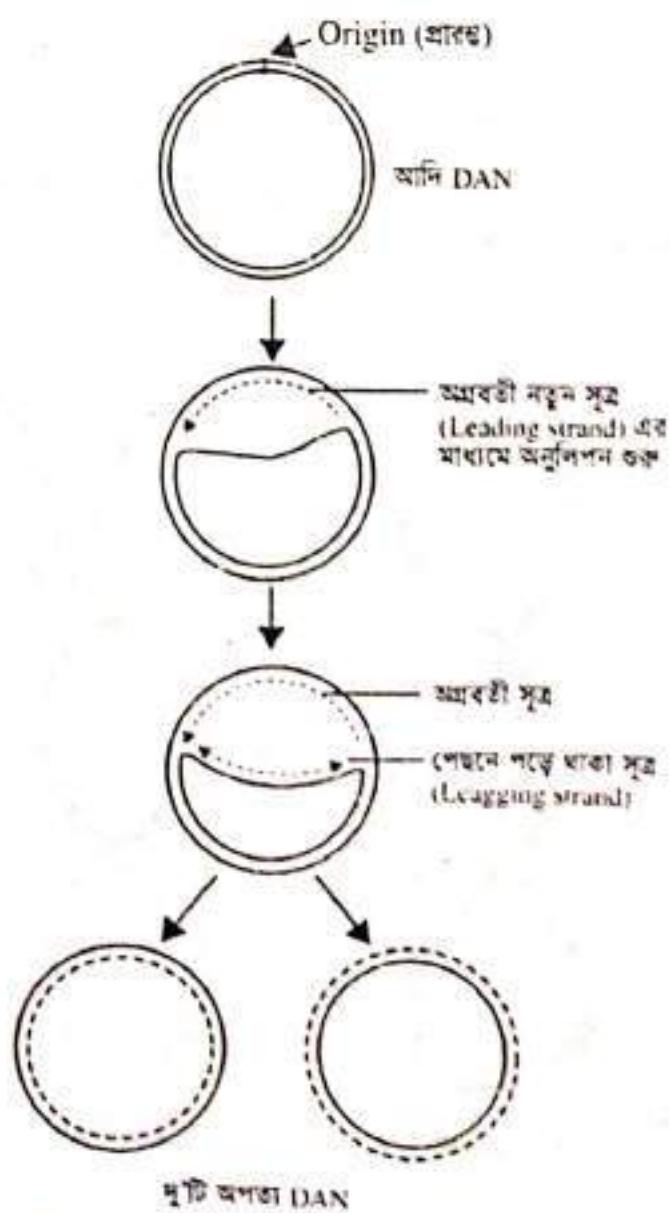
Nass *et al* (1963) মাইটোকন্ড্রিয়াতে এবং Ris *et al* (1962)

ক্লোরোপ্লাস্টে বৃত্তাকার হিস্ত্রিক DNA আবিষ্কার করেন।

Borst (1971) মাইটোকন্ড্রিয়ার DNA-তে D-loop প্রক্রিয়ায় অনুলিপন ঘটে বলে উল্লেখ করেন। পরবর্তীতে ক্লোরোপ্লাস্টেও এ প্রক্রিয়ায় DNA এর অনুলিপন ঘটে বলে জানা যায়।

এক্ষেত্রে প্রথমে চক্রকার DNA এর নির্দিষ্ট প্রারম্ভিক বিন্দুতে (Ori) একটি সৃতিকে সংচ হিসাবে ব্যবহার করে DNA-এর অনুলিপন শুরু হয়। শুরুতে অনুলিপন একমুখীভাবে ঘটে (Clayton, 1982)। এ সময় কেবল একটি সৃতির প্রতিলিপন ঘটে; একে অগ্রগামী সৃতি (Leading strand) বলে। অগ্রগামী সৃতি কিছুটা সংশ্লেষিত হওয়ার পর অন্যান্যপৈত্রিক সৃতিকে দূরে সরিয়ে দেয়। পাকখোলনকারী এনজাইম না থাকায় রেপ্রিকেশন ফর্ক সামনের দিকে অগ্রসর হওয়ার ফলে DNA-এর অ-অনুলিপন মুক্ত (unreplicated) অংশে বেশি পাক পড়তে থাকে। যতক্ষণ পর্যন্ত এক্সপ পাকান সম্ভব ততক্ষণ পর্যন্ত অনুলিপন চলতে থাকে। এর পর অগ্রগামী সৃতির অনুলিপন সাময়িকভাবে বন্ধ হয়ে যায় এবং একটি D-আকৃতির শূণ্যের সৃষ্টি হয়। এজন্য এ প্রক্রিয়াকে D-শূণ্যসৃতি চক্র (Circle with D-loop) বলা হয়। এ সময় সৃতি ৪০০-৫০০ নিউক্লিওটাইড মুক্ত হয়।

এক্সপ অতিরিক্ত পাকান অবস্থায় একটি সৃতি ভেঙে যায় এবং ঘূর্ণনের ফলে অতিরিক্ত প্যাচ ঝুলে যায় এবং কর্তৃত অংশে আবার জোড়া লাগে। লাইগেজ এনজাইম এ কাজে সহায়তা করে। ফলে অপত্তি অগ্রগামী সৃতি পুনরায় অনুলিপন শুরু করে। অগ্রগামী সৃতিটির প্রায় ৬৭% অনুলিপন হওয়ার পর পিছনে পড়ে থাকা সৃতি (Lagging strand) অনুলিপন শুরু করে। এ সৃতি কৃখনও কখনও নষ্ট হয়ে যায় এবং পরে আবার সংশ্লেষিত হয়। DNA polymerase-I এনজাইম প্রতিলিপনে সহায়তা করে।



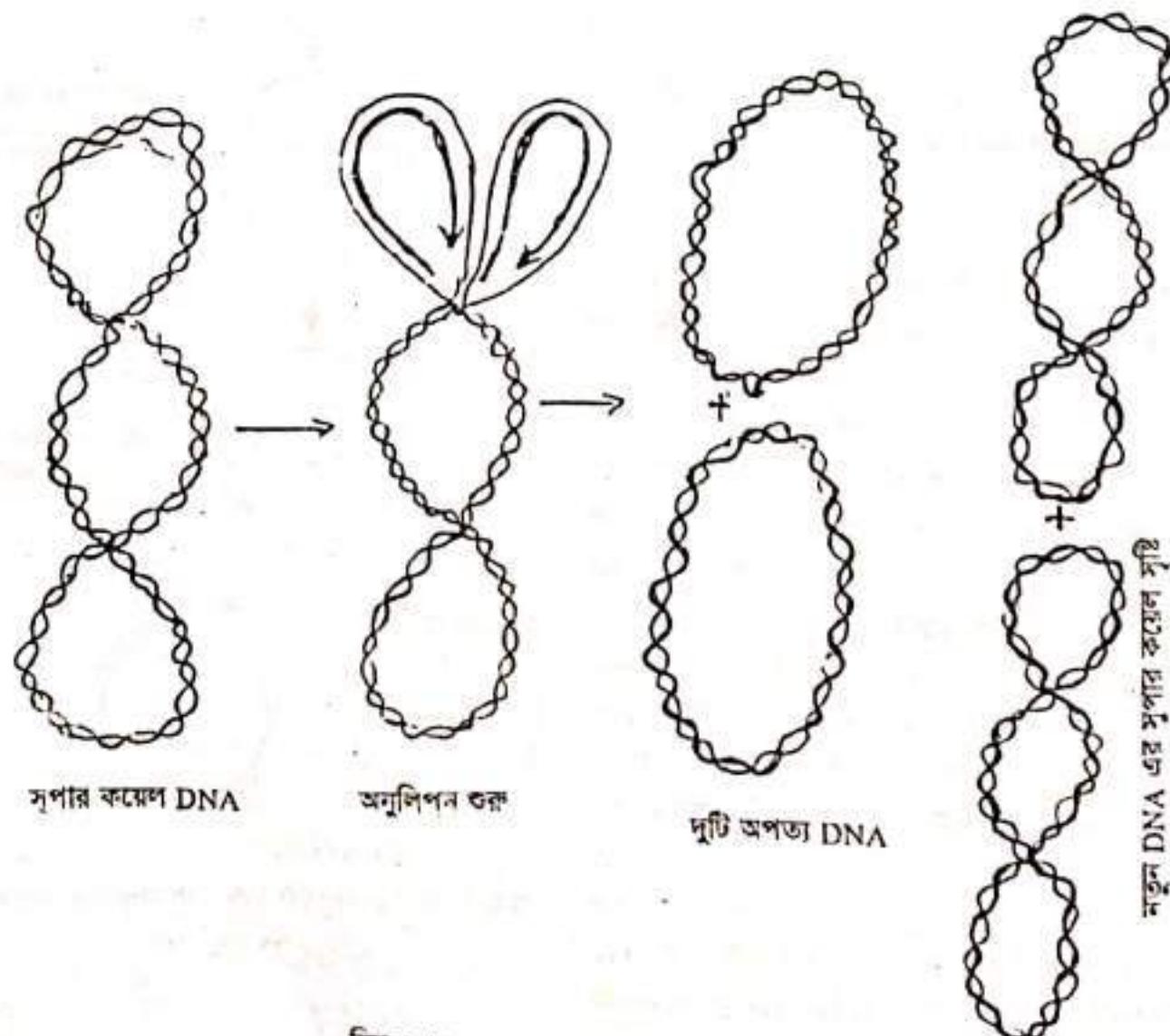
চিত-২.১০ : D-শূণ্যসৃতি চক্র গঠন অনুসারে চক্রকার DNA-এর অনুলিপন।

### ২.৮.৪ রেপ্লিক্যাটিং সুপার কয়েল বা প্রজাপতি সদৃশ অনুলিপন (Replicating Super Coli or Butterfly Replication)

Polyma, SV<sub>40</sub> ভাইরাস, *E. Coli* এর প্রাজামিড ইত্যাদির চক্রকার DNA এর অনুলিপন এ প্রক্রিয়ায় ঘটে। Vinograd *et al* (1965) সর্বপ্রথম টিউমার ভাইরাস Polyma এর অনুলিপনের সময় এধরনের প্রজাপতি সদৃশ গঠন পর্যবেক্ষণ করেন।

এদের DNA এর অতিবর্তনী (Super coil) অনুলিপনের সময় সম্পূর্ণ পাক খুলে চক্রে পরিণত হয় না। এক্ষেত্রে Relaxative protein এর সহায়তায় অতিবর্তনী কিছুটা শিথিল হয় এবং অনুলিপনের পুরুতে নির্দিষ্ট প্রারম্ভিক অবস্থানে (Ori) ক্ষত (Nick) সৃষ্টি হয়। Relaxative protein মুক্ত 5' প্রান্তের সাথে কোভালেন্ট বন্ড সৃষ্টি করে এবং DNA অনুলিপনে সহায়তা করে। উৎপত্তিস্থান থেকে দু'টি রেপ্লিকেশন ফর্ক দু'দিক অগ্রসর হতে থাকে। Polyma এবং SV<sub>40</sub> ভাইরাসের 'অ-অনুলিপনকারী' সূত্র (unreplicated strand) সুপার কয়েল অবস্থায় থাকে, কিন্তু অনুলিপনশীল সূত্র দু'টি খোলা লুপের আকারে বেড়িয়ে আসে। অনুলিপন শেষ হলে লুপ দু'টি আলাদা হয়ে দু'টি বলয়াকার দিস্ত্রিক DNA সৃষ্টি করে যাব একটি সূত্র পুরাতন ও একটি সূত্র নতুন। প্রতিটি বলয় পেটিয়ে সুপার কয়েল সৃষ্টি করে স্ফুরাকৃতি ধারণ করে।

অনুলিপনের মধ্যপর্যায়ে ইলেক্ট্রন মাইক্রোসকোপে পর্যবেক্ষণ করলে লুপ দু'টিসহ DNA কে অনেকটা প্রজাপতির নায় দেখায় বলে একে প্রজাপতি সদৃশ অনুলিপন (Butterfly Replication) বলেও অভিহিত করা হয়।

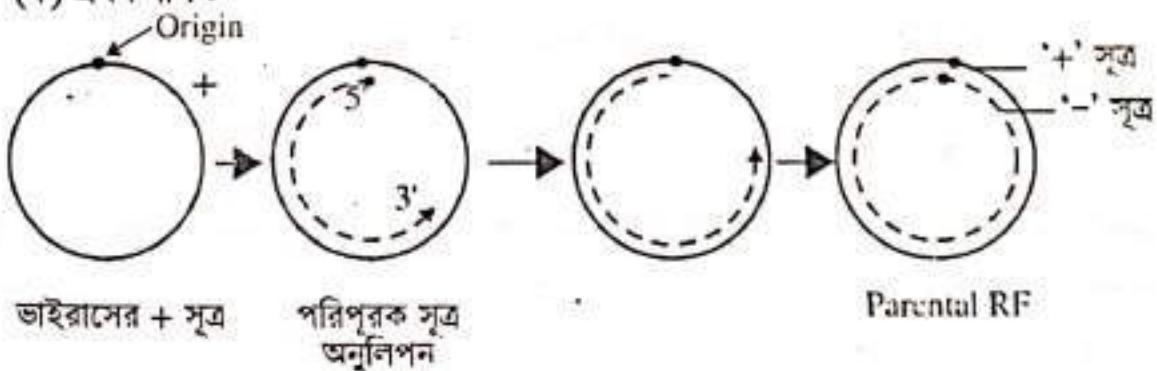


চিত্র-২.১১ : Butterfly replication-এর মডেল

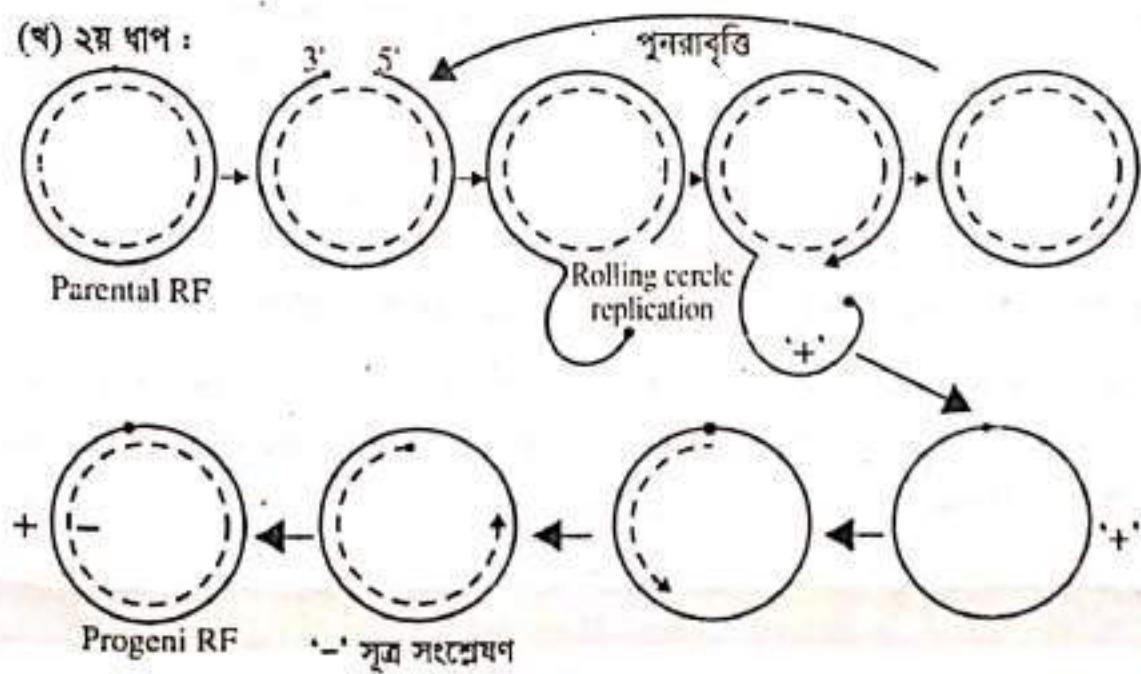
## ২.৮.৫ একসূত্রক DNA অণুর অনুলিপন (Replication of single strand DNA Molecule)

ফ X 174, M<sub>13</sub>, S<sub>13</sub>, F<sub>1</sub> প্রভৃতি কতগুলি দ্রুতাকার ব্যাটেরিওফাইজের মধ্যে স্বাভাবিক অবস্থায় চক্রকার একসূত্রক DNA পাওয়া যায়। এদের DNA এর মধ্যে  $A \neq T$  এবং  $C \neq G$ । এ সকল ভাইরাসের একসূত্রক DNA এর অনুলিপন দ্বিসূত্রক DNA এর অনুলিপন থেকে কিছুটা ভিন্নতর। প্রধানত তিনটি ধাপে এ অনুলিপন সম্পন্ন হয়—

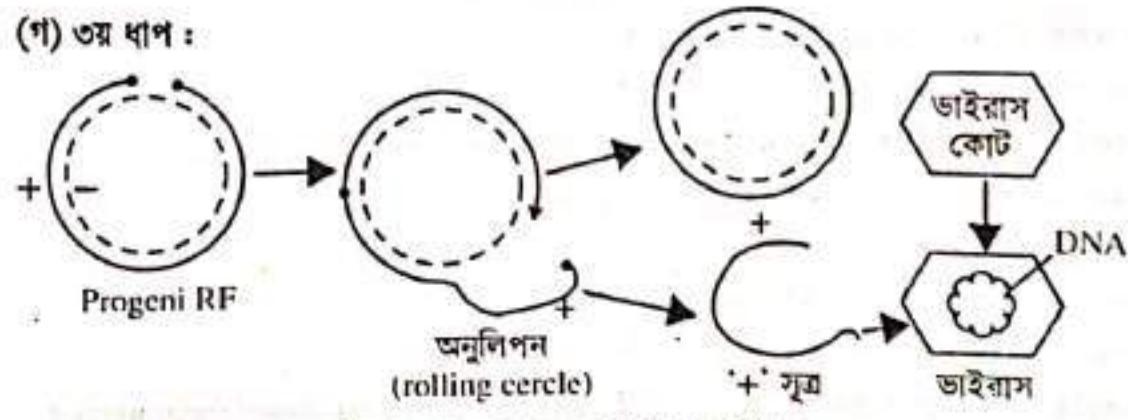
(ক) প্রথম ধাপ :



(খ) ২য় ধাপ :



(গ) ৩য় ধাপ :



চিত-২.১২ : একসূত্রক DNA অনুলিপন।

(ক) প্রথম ধাপ : এক সূত্রক DNA অণুর হিস্ত্রক Parental RF সংশ্লেষণ-এ ব্যাটেরিওফাজের এক সূত্রক DNA কে '+' সূত্র বলা হয়। এ + সূত্র পোষক কোষের প্রবেশের পর স্টেচ (template) এর ন্যায় কাঁজ করে এবং পরিপূরক '-' সূত্র তৈরি করে। + DNA এর সূত্রটির প্রারম্ভিক বিন্দু (Ori) অংশের কিছুটা বাদ দিয়ে SSBP (Single Strand Binding Protein) একটি আবরণ সৃষ্টি করে। পোষক কোষের RNA-primase এনজাইমের সহায়তায় প্রারম্ভিক স্টেচ সূত্রটি আবরণ সৃষ্টি করে। পোষক কোষের DNA polymerase III এর সহায়তায় 5'-3' দিকে একটি পরিপূরক '-' DNA সূত্রের অনুলিপন ঘটে। অনুলিপনের সময় SSBP ক্রমাব্যয়ে মুক্ত হয়। নতুন '-' সূত্রটির সংশ্লেষণ শেষ হলে primar মুক্ত হয় এবং লাইগেজের সহায়তায় প্রাপ্ত দৃষ্টি মুক্ত হয়ে বিস্ত্রক চক্রাকার পেরেন্টাল RF (Replicating Form) উৎপন্ন হয়। এতে একটি পুরাতন '+' সূত্র এবং একটি নতুন '-' সূত্র থাকে।

(খ) দ্বিতীয় ধাপ : প্যারেন্টাল RF থেকে প্রোজেনী RF এর সৃষ্টি- পেরেন্টাল RF এরপর অনেকটা Rolling circle প্রক্রিয়ায় প্রতিলিপন করে (koths, 1978)। পেরেন্টাল RF এর নির্দিষ্ট উৎপত্তি স্থানে endonuclease এনজাইম (λ-protein) দ্বারা কর্তৃত হয় এবং কর্তৃত + সূত্রের 5'P প্রাপ্ত প্র্যাচ খুলে দূরে সরে যায়। অক্ষত '-' সূত্র অক্ষের উপর ধূরতে থাকে (Rolling circle) এবং DNA Polymerase দ্বারা অনুপলিপন ঘটতে থাকে। শেষ পর্যায়ে একটি পেরেন্টাল RF এর একটি নতুন '+' DNA সূত্র উৎপন্ন হয়। বিচ্ছিন্ন + সূত্রটি প্রথম ধাপের অনুরূপ ভাবে প্রোজেনীয় RF সৃষ্টি করে। Parental RF থেকে এভাবে প্রায় ৬০টি প্রোজেনীয় RF উৎপন্ন হয়।

(গ) তৃতীয় ধাপ : প্রোজেনী RF থেকে '+' সূত্র ও ভাইরাস সৃষ্টি : প্রোজেনী RF থেকে পূর্বের ন্যায় Rolling circle প্রক্রিয়ায় প্রায় ৫০০ '+' DNA এর অনুলিপন ঘটে (Strickberger 1984)। এক একটি সূত্র প্রোটিন কোটের মধ্যে অন্তর্ভুক্ত হয়ে ভাইরাস উৎপন্ন হয়। প্রোটিন কোট পোষক কর্তৃক ভাইরাস DNA এর নির্দেশে সংশ্লেষিত হয়।

Kornberg *et al* কৃতিম উপায়ে  $\phi$  X 174 RF অণু সংশ্লেষণ করেন এবং '+' সূত্র পৃথক করেন। এ + সূত্র ধারা ব্যাটেরিয়াকে সংক্রমিত করে  $\phi$ X 174 ভাইরাস উৎপন্ন করতে সক্ষম হন। এটিই কৃতিম ভাবে সৃষ্টি প্রথম DNA যা জৈবিক ভাবে সক্রিয় ছিল (Strickberger, 1984)।

## অনুশীলনী

### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- কোলিক পদার্থ কী (What is genetic material) ?
- সেন্ট্রাল ডগমা কী ? (What is Central Dogma) ?
- অর্ধরক্ষণশীল অনুলিপন কী ? (What is semiconservative replication) ?
- O-আকৃতির অনুলিপন কী ? (What is O shaped replication) ?
- বাটারফ্লাই রেপ্রিকেশন বলতে কী বুঝ ?
- একসূত্রক DNA ধারণাকারী ২টি ভাইরাসের নাম লিখ।
- E.coli*-এর প্লাজমিডে কোনু ধরনের অনুলিপন ঘটে ?
- সিগমা আকৃতির অনুলিপন বলতে কী বুঝ (What do you mean by sigma shaped replication) ?
- পেরেন্টাল RF কী (What is Parental RF) ?

### সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

১. একটি দ্বিসূত্রিক চক্রাকার DNA এবং একটি একসূত্রিক চক্রাকার DNA-এর অনুলিপন প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।  
[Describe replication of a circular double strand & single strand DNA.]
২. (ক) বৃত্তাকার DNA অনুলিপন সম্পর্কিত রোলিং সার্কেল মডেল ব্যাখ্যা কর। [জা. বি. ২০০৪, ২০০৬] ১০  
[Describe rolling circle replication of circular DNA.]
- (খ) এক সূত্রিক DNA অণুর অনুলিপন পদ্ধতি বর্ণনা কর। [জা. বি. ২০০৫] ৬  
[Describe replication of single strand DNA.]
৩. (ক) কাইরনস গঠন বলতে কী বুঝ ? [জা. বি. ২০০৮] ৮  
[What is Cairns structure ?]
- (খ) D-লুপ বলয়াকার DNA অনুলিপন কৌশল চিত্রসহ বর্ণনা কর। [জা. বি. ২০০৮] ৮  
[Describe D-loop replication with figure.]
- (গ) অনুলিপন কালে একসূত্রিক DNA অণুর দ্বিসূত্রিক RF রূপান্তর প্রক্রিয়া বর্ণনা কর। [জা.বি. ২০০৮] ৮  
[Describe how single strand DNA becomes double stranded RF]
৪. টীকা লিখ—
- (ক) চক্রাকার DNA অনুলিপনে Cairns মডেল। [জা. বি. ২০০৩]
- (খ) বৃত্তাকার DNA অনুলিপন [জা. বি. ২০০৭]
- (গ) একসূত্রিক DNA অনুলিপন।
- (ঘ) রোলিং সার্কেল DNA অনুলিপন। [জা.বি-২০১১]
- (ঙ) θ-Shaped DNA অনুলিপন। [জা. বি. ২০০৯]
- (চ) সুপার কয়েল বা প্রজাপতি সদৃশ DNA অনুলিপন।



## পরিব্যক্তি বা মিউটেশন : মিউটেশন এবং মিউটাজেনেসিস-এর আণবিক প্রক্রিয়া

### MUTATION : MOLECULAR MECHANISMS OF MUTATION AND MUTAGENESIS

#### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- ৩.১ ভূমিকা
- ৩.২ মিউটেশনের আবিক্ষার
- ৩.৩ মিউটেশনের কারণসমূহ
- ৩.৪ মিউটেশন সংঘটক বা মিউটাজেন
- ৩.৫ মিউটেশনের শ্রেণিবিন্যাস
- ৩.৬ অভিব্যক্তিতে মিউটেশনের ভূমিকা বা গুরুত্ব
- ৩.৮ ক্ষয়িতে মিউটেশনের গুরুত্ব ও ব্যবহার
- ৩.৯ মিউটেশন সনাত্তকরণ
- ৩.৯.১ C/B পদ্ধতিতে সেক্স লিংক প্রজন্তু জিন সনাত্তকরণ
- ৩.৯.২ অটোজমের মিউটেশন সনাত্তকরণ
- ৩.৯.৩ সপুষ্পক উদ্ভিদের মিউটেশন সনাত্তকরণ
- ৩.৯.৪ জৈবরাসায়নিক মিউট্যান্ট
- ৩.৯.৫ প্রেটোট্রোফ
- ৩.৯.৬ অরোট্রোফ
- ৩.১০ মিউটেশনের আণবিক ভিত্তি
- ৩.১১ মিউটেশনের প্রক্রিয়াসমূহ (বিস্তারিত)
- ৩.১২ Transition, Transversion এবং Frameshift Mutation এর মধ্যে পার্থক্য
- ৩.১৩ মিউটাজেনের মাধ্যমে মিউট্যান্ট সংঘটন প্রক্রিয়া
- ৩.১৩.১ ভৌত মিউটাজেনসমূহ
- ৩.১৩.২ রাসায়নিক মিউটাজেনস
- ৩.১৪ অণুজীবের জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথক্করণ
- ৩.১৫ ছত্রাকের অজ্ঞানা বায়োকেমিক্যাল মিউট্যান্ট সনাত্তকরণ, শ্রেণিকরণ ও ফিলোয়েলি নির্ধয়
- ৩.১৬ *Drosophila*-এর কয়েকটি মিউট্যান্ট
- অনুশীলনী



H. T. Muller

### ৩.১ ভূমিকা (Introduction)

হল্যান্ডের বিজ্ঞানী Hugo Marie de Vries (1901) সর্বপ্রথম Mutation শব্দটি ব্যবহার করেন। (ল্যাটিন Mutare থেকে Mutation শব্দটি এসেছে। Mutare এর অর্থ পরিবর্তন)। জীবের কোন ফেনোটাইপিক বৈশিষ্ট্যের পরিবর্তন হলে তা হলি বংশানুকরণিকভাবে চলতে থাকে তাকে তিনি মিউটেশন নামে অভিহিত করেছেন।

আধুনিক ধারণায় জিনের বংশানুসরণ যোগ্য স্থায়ী পরিবর্তনকে পরিব্যক্তি (Mutation) বলে। একে বিন্দু মিউটেশন (Point mutation) ও বলা হয়। জিন হলো প্রধানত DNA এর অংশ বিশেষ। DNA-এর রাসায়নিক গঠনের কোনরূপ পরিবর্তনের জন্য জিনের পরিবর্তন সাধিত হয়, ফলে জীবের কোন বিশেষ বৈশিষ্ট্যের বা চরিত্রের পরিবর্তন ঘটে। এ পরিবর্তন বংশপ্রস্পরায় পিতা-মাতা হতে সন্তান-সন্ততিতে চলতে থাকে। সুতরাং জীবে মেডেলীয় বৈশিষ্ট্যের পুনর্বিন্যাস (Recombination) বহির্ভূত একুপ কোন স্থায়ী নতুন বৈশিষ্ট্যের আবির্ভাবের প্রক্রিয়াকে মিউটেশন বলা হয়। আর একুপ নতুন বৈশিষ্ট্যযুক্ত জীবকে মিউট্যান্ট (Mutant) বলে।

ক্রোমোজমের সংখ্যাগত ও গঠনগত পরিবর্তনের কারণে জীবের বৈশিষ্ট্যের পরিবর্তন ঘটতে পারে। একুপ পরিবর্তনকে Chromosomal mutation বা Chromosomal aberration বলা হয়। ক্রোমোজোমাল মিউটেশন ও পয়েন্ট মিউটেশন বা জিন মিউটেশনকে একত্র সার্বিক মিউটেশন (Gross mutation) বলে।

Chromosomal mutation বা Chromosomal aberration অধুনা Cytogenetics বিধয়ের অন্তর্ভুক্ত। আধুনিক কালে মিউটেশন বলতে প্রধানত জিন মিউটেশন বা পয়েন্ট মিউটেশনকেই বুঝায়। জিনের বাসায়নিক গঠনের পরিবর্তন হলে আর পূর্বের ন্যায় স্বাভাবিক বৈশিষ্ট্যে বা চরিত্রে প্রকাশ করতে পারে না। একুপ জিনকে মিউট্যান্ট জিন, আর যে জীবে ঘটে তাকে মিউট্যান্ট বলে। মিউট্যান্ট জিনগুলো সাধারণত প্রচলন বৈশিষ্ট্যের হয়ে থাকে। যেমন— *Drosophila*-এর সাদা চোখ, মানুষের হিমোফিলিয়া, মটরের বেটেতু (Dwarf) ইত্যাদি মিউটেশন জনিত প্রচলন জিনের কারণে ঘটে। যৌন প্রজনকারী কোন জীবের সাধারণত জনন কোষে মিউটেশন ঘটলে তা বংশ ক্রমানুসারে চলতে থাকে। কিন্তু অথবা উপায়ে বংশবৃক্ষিকারী জীবের ক্ষেত্রে দেহ কোষে মিউটেশন ঘটলেও তা বংশক্রমিক হতে পারে।



চিত্র-৩.১ : আটো পা যুক্ত ডেরার জাত (Ancon breed), মধ্যেরাটি।

### ৩.২ মিউটেশনের আবিষ্কার

বিভিন্ন প্রাণী ও উদ্ভিদে বংশগত পরিবর্তনের ঘটনা বহুকাল আগে থেকেই মানুষের দৃষ্টিগোচর হয়েছিল। ১৭৯১ সালে আমেরিকার খামার মালিক Seth Wright তাঁর ভেড়ার পালে অস্থাভাবিক খাট পা বিশিষ্ট একটি ভেড়া লক্ষ্য করেন। ভেড়াটি বেড়া ডিপ্সিয়ে পার্শ্ববর্তী মাট্টের ফসলের অক্ষতি করতে পারে না। তিনি এ খাট পা যুক্ত ভেড়ার সাথে অন্য ভেড়ার ক্রস করে ত্রিডিং প্রক্রিয়ায় খাট পা যুক্ত এনকল ত্রিড' ভেড়ার পাল সৃষ্টি করেন। পরে বুঝা গেল একপ খাট পা যুক্ত ভেড়া মিউটেশনের ফলে সৃষ্টি হয়েছিল। এ ধরনের ভেড়া হোমোজাইগাস প্রচলন জিন যুক্ত। Charles Darwin (1859) প্রাকৃতিক নির্বাচনের মাধ্যমে প্রকরণ (variation), তথা প্রজাতির উন্নয়নের কথা উল্লেখ করেন। উনবিংশ শতাব্দির শেষভাগে দক্ষিণ আমেরিকায় কমলাগাছের একটি শাখায় বীজহীন কমলা ফলতে দেখা যায় এবং অঙ্গ উপায়ে এই শাখা থেকে অনেক গাছ উৎপন্ন করা হয় যাতে বীজহীন কমলা ফলে। এটিও ছিল এক ধরনের মিউটেশন।

Hugo Marie de Vries (1901) মিউটেশন মতবাদ (Mutation concept) প্রদান করেন। জীবের কোন ফেনোটাইপিক বৈশিষ্ট্যের পরিবর্তন হলে তা যদি বংশানুজমিক হয় তবে তাকে তিনি মিউটেশন বলে অভিহিত করেন। এ উদ্ভিদ বিজ্ঞানী *Oenothera lamarckiana* এর বেশ কিছু অস্থাভাবিক মিউট্যান্ট সনাক্ত করেন। এর মধ্যে একটি 'gigas' ছিল বেশ বড় আকারের ফুল ও ফল বিশিষ্ট। অবশ্য পরবর্তীতে জানা গিয়েছিল যে এটি ছিল পলিপ্রয়োড উদ্ভিদ। বর্তমানে মিউটেশন বলতে যা বুঝায় de Vries এর বর্ণনাকৃত মিউটেশন সে রকম ছিল না।

T. H. Morgan (1910) সর্ব প্রথম বিজ্ঞানসম্মতভাবে গবেষণা করে আধুনিক আদর্শ মিউটেশন নির্ণয় করেন। তিনি লাল চোখ *Drosophila* পুরুষ মাছির দলের মধ্যে একটি সাদা চোখ পুরুষ মাছি পান। পরবর্তীতে মর্গান এবং আরও অনেক বিজ্ঞানীর গবেষণায় এ মাছির মধ্যে আরও প্রায় ৫০০ মিউট্যান্ট আবিশ্কৃত হয়। এগুলি ছিল আদর্শ জিন মিউটেশন।

বিজ্ঞানী H.J. Muller (1927) সর্বপ্রথম রশ্মি রশ্মি (x-ray) ব্যবহার করে কৃতিম উপায়ে ড্রসোফিলা এবং অন্যান্য কিছু প্রাণীতে মিউটেশন ঘটাতে সক্ষম হন। পরবর্তী কালে বহু অণুজীবে (যেমন— ব্যাটেরিওফাজ, *E. Coli*, *Neurospora* etc), উদ্ভিদ (যেমন— মটর, ডুটা, স্নাপজ্বাগন, গম, বার্লি ইত্যাদি) এবং অনেক প্রাণীতে (ইদুর, মোরগমুরগি, মানুষ ইত্যাদিতে) মিউটেশন সনাক্ত করা হয়েছে। কৃতিম মিউটেশন ঘটিয়ে ত্রিডিং প্রক্রিয়ার সহায়তায় অধুনা অনেক উন্নত জাতের ফসল ও প্রাণী সৃষ্টি করে কৃষিতে ব্যবহার করা হচ্ছে।

### ৩.৩ মিউটেশনের কারণসমূহ (Causes of Mutation)

জীবসৃষ্টির সময় থেকেই জীবজগতে মিউটেশনের ঘটনা ঘটে আসছে বলেই মনে করা হয়। প্রকৃতিতে অতঃসূর্ত ভাবে মিউটেশন ঘটার কারণ পূর্বে ততটা ভাল ভাবে জানা না গেলেও বর্তমানে বিজ্ঞানীরা এ সম্বন্ধে অনেক তথ্য লাভ করেছেন: সৌরবিকিরণ, তেজক্রিয় পদার্থের বিকিরণ এবং প্রকৃতির বিভিন্ন রাসায়নিক পদার্থের প্রভাবে যে মিউটেশন ঘটে তা এখন প্রমাণিত সত্য। এ সকল ভৌত ও রাসায়নিক উপাদান বা মিউটাজেন জিন (বা DNA) এর রাসায়নিক গঠনের পরিবর্তন সাধন করে, ফলস্বরূপ জীবের মিউটেশন ঘটে। সৌরবিকিরণের x-ray, γ-ray, α-ray, β-ray, Ultraviolet ray ইত্যাদি অণুজীবে, এমনকি উন্নত জীবেও মিউটেশন ঘটাতে পারে। তেজক্রিয়া পদার্থের বিকিরণও একইভাবে পরিবেশের জীবেও মিউটেশন ঘটায়। এ সকল রশ্মি জিন বা DNA এর বেসের বিচ্ছুরিতি (deletion), অতিরিক্ত বেসের সংযুক্তি (addition), টেটোমারাইজেশন (Tautomerisation), ট্রানজিশন (Transition), ট্রান্সভার্শন (Transversion), অ্যান্ডেশন, একইসম্মত বেসজোড়ের মধ্যে বন্ধনী সৃষ্টি বা ডাইমারাইজেশন (Dimerisation) ইত্যাদি প্রক্রিয়ার মাধ্যমে মিউটেশন ঘটাতে পারে। প্রাকৃতিক কিছু রাসায়নিক মিউটাজেন রয়েছে যার মাধ্যমেও জীবের মিউটেশন ঘটাতে পারে।

জিন বা DNA অণুর নিউক্লিওটাইডে বা নিউক্লিওটাইডের ক্রমে পরিবর্তনের জন্যই আণবিক পর্যায়ে মিউটেশন ঘটে। টটোমেরিজম প্রক্রিয়ায় T এবং G এর কিটো (c = 0) অবস্থা এনলে (OH) এবং C ও A এর এমাইনো (NH<sub>2</sub>) অবস্থা ইমিনো (NH) তে পরিণত হয়। DNA অনুলিপনের সময় একুপ টটোমেরিক পরিবর্তন (Shift) ঘটলে নিষিক বেসজোড় গঠিত হয়; অর্থাৎ A = T বেসজোড়ের স্থলে A = C অথবা T = G ইত্যাদি বেসজোড় সৃষ্টি হয়। পরবর্তী অনুলিপনের সময় এ DNA তে সম্পূর্ণ নতুন একজোড়া বেসজোড় সৃষ্টি হতে পারে। অর্থাৎ A = T এর স্থলে C = G অথবা C = G এর স্থলে A = T উৎপন্ন হয়। বেসজোড়ের একুপ প্রতিস্থাপনের কারণেই অধিকাংশ মিউটেশন ঘটে (বিত্তাবিত ১২.১০ প্রটো)। এ ছাড়া বেসের বিচ্যুতি বা অস্তর্ভুক্তির মাধ্যমেও ক্রমশিক্ষিত প্রক্রিয়ায় আণবিক পর্যায়ে জিনের মিউটেশন ঘটে।

প্রক্রিয়তে ব্যতীকৃত মিউটেশনের হার অভ্যন্তর কম; প্রতি মিলিয়নে একটি বা তার চেয়েও কম (আব্যাকজ্ঞামান)। যেমন—  
ভূট্টার  $Wx \rightarrow wx$  এবং  $Sh \rightarrow sh$  এর ক্ষেত্রে প্রতি মিলিয়নে একটি। কিন্তু কৃত্রিম ভাবে বিভিন্ন রকম মিউটাজেন দ্বারা অধিক হারে দ্রুত মিউটেশন ঘটানো যায়।

মিউটেশনের প্রভাব অল্প হলে তা সহজে ধরা পড়ে না। যেমন— *Drosophila* এর চোখের বর্ণ লাল থেকে হালকা লাল বর্ণ হওয়া। কিন্তু প্রভাব প্রকট বা বেশি হলে সহজেই চোখে পড়ে। যেমন— ভেড়ার বাট পা, ড্রসোফিলার ভানাহীনতা, লাল চোখ থেকে সাদা চোখ হওয়া ইত্যাদি।

### ৩.৪ মিউটেশন সংঘটক বা মিউটাজেন (Mutagenic Agents or Mutagens)

জীবের মিউটেশন ঘটাতে সক্ষম এজেন্টসমূহকে মিউটেশন সংঘটক বা Mutagenic agents বা Mutagens বলে। এ সকল মিউটাজেন দ্বারা কৃত্রিম উপায়ে জীবের মিউটেশন ঘটানো যায়। মিউটেশন ঘটানোর প্রক্রিয়াকে মিউটাজেনেসিস বলা হয়। মিউটাজেনসমূহকে প্রধান দুটি ভাগে ভাগ করা হয়—

১। ভৌত মিউটাজেন (Physical Mutagens) এবং

২। রাসায়নিক মিউটাজেন (Chemical mutagens)

ভৌত মিউটাজেন-এরা প্রধানত বিভিন্ন রকম বিকিরণ (radiation)। বিকিরণকে আবার দু'ভাগে ভাগ করা যায়—

(ক) আয়নিতকর বিকিরণ (Ionising radiation) : এ সকল বিকিরণ ক্ষয় তরঙ্গ দৈর্ঘ্যের এবং উচ্চ ক্ষমতা সম্পন্ন। এরা কোষাভ্যন্তরে প্রবেশ করলে কোষস্থ শ্বাসী অণু থেকে ইলেক্ট্রন নির্গত করে সক্রিয় করে আয়নে পরিণত করে এবং মিউটেশন ঘটায়। এগুলো হচ্ছে—

- i) X-ray (তরঙ্গ দৈর্ঘ্য  $10^{-7} - 10^{-8}$  cm)
- ii)  $\gamma$ -ray (তরঙ্গ দৈর্ঘ্য  $10^{-9} - 10^{-10}$  cm)
- iii) Cosmic ray (তরঙ্গ দৈর্ঘ্য  $10^{-11} - 10^{-14}$  cm)
- iv)  $\alpha$ -ray
- v)  $\beta$ -ray
- vi) দ্রুতগামী ইলেক্ট্রন, প্রোটন, নিউট্রন ইত্যাদি।

(খ) নন-আয়নিতকর বিকিরণ (Non-Ionising radiation) : এ ধরনের বিকিরণ আয়ন সৃষ্টি না করেই মিউটেশন ঘটাতে সক্ষম। অতিনেতৃত্বী রশ্মি বা Ultraviolet ray (UV) এ ধরনের বিকিরণ। UV এর তরঙ্গ দৈর্ঘ্য  $10^{-8} - 10^{-6}$  cm বা  $3000 \text{ \AA} - 4000 \text{ \AA}$ ; তবে মিউটেশনের জন্য সবচেয়ে কার্যকর তরঙ্গ দৈর্ঘ্য হচ্ছে  $2600 \text{ \AA}$ . সাধারণত UV ডাইমার সৃষ্টির মাধ্যমে মিউটেশন ঘটায়।

(গ) তাপমাত্রা (Temperature) : তাপমাত্রা বৃক্ষি করলে কোন কোন জীবের মিউটেশন ঘটে এবং হার বৃক্ষি পায়।

২। রাসায়নিক মিউটাজেন : রাসায়নিক মিউটাজেনস হচ্ছে মিউটেশন ঘটাতে সক্ষম বিভিন্ন রকম রাসায়নিক পদার্থ। প্রায় শতাধিক রাসায়নিক বস্তু মিউটেশন ঘটাতে পারে বলে জানা গেছে। এদের মধ্যে বিশেষ উল্লেখযোগ্য কতগুলি হলো—

(ক) ক্ষারকীয় দ্রব্য (Alkalyting agents) : এ সমস্ত ক্ষারকীয় দ্রব্য প্রধানত এলকিন এন্স (ইথাইল বা মিথাইল) কে বেসে প্রবিষ্ট করিয়ে ট্রানজিশন প্রক্রিয়াগত মিউটেশন ঘটায়। এগুলো হচ্ছে—

- i) নাইট্রোজেন মাস্টার্ড
- ii) সালফার মাস্টার্ড (মাস্টার্ডগ্যাস)
- iii) MMS (মিথাইল মিথেন সালফোনেট)
- iv) EMS (ইপাইল মিথেন সালফোনেট)
- v) EES (ইথাইল ইথেন সালফোনেট)
- vi) NTG (N-মিথাইল N-নাইট্রো-N-নাইট্রোসো গুয়ামিডিন)।

(খ) ক্ষারকসদৃশ বস্তু (Base analogue) : মিউটেশন ঘটাতে সক্ষম একুপ ক্ষারক সদৃশ কিছু বস্তু হচ্ছে—

- i) 5-BU (5-ব্রোমোইউরাসিল)
- ii) 5-FDU (5-ফ্লোরোডিঅস্ট্রি ইউরিডিন)
- iii) 2-AP (2-এমাইনো পিউরিন)
- iv) BUdR (ব্রোমোডিঅস্ট্রি ইউরিডিন)
- v) বেনজিন, ইত্যাদি।

(গ) এক্রিডিনস (Aceridines) : এ সকল রাসায়নিক বস্তু প্রধানত বেসসমূহের সংযুক্তি (addition) বা পিচ্ছাতি (delation) ঘটিয়ে ফ্রেমশিফট মিউটেশন ঘটায়। এগুলো হচ্ছে—

- i) প্রোজ্যুডিন বা 2, 8-ডিমিনেট্রোডিন
- ii) এক্রিডিন
- iii) ইথিডিয়াম ব্রোমাইড

(ঘ) ডিএমিনাইটিং এজেন্ট (Deaminiting agents) : যেমন— নাইট্রোস এশিড।

(ঙ) এন্টিবায়োটিকস (Antibiotics) : যেমন—

- i) মিটোমাইসিন-ডি
- ii) স্ট্রেপটোনাইট্রিন
- iii) ডাইনোমাইসিন
- iv) এঞ্টিনোমাইসিন-ডি

(চ) অন্যান্য রাসায়নিক পদার্থ : যেমন—

- i) হাইড্রোক্সিলএমাইন
- ii) সোডিয়াম এজাইড
- iii) ফরমালডিহাইড
- iv) ক্যাফিন
- v) থিওফাইলিন
- vi) হাইড্রাজিন ইত্যাদি।

উল্লেখিত রাসায়নিক বস্তুসমূহ ধারা কৃতিম উপায়ে জীবের মিউটেশন ঘটানো যায়।

### ৩.৫ মিউটেশনের শ্রেণিবিন্যাস (Classification of Mutation)

জিনের বংশানুসরণযোগ্য স্থায়ী পরিবর্তনকে পরিব্যক্তি বা মিউটেশন বলে। বিভিন্ন বিষয়ের উপর ভিত্তি করে মিউটেশনকে নিম্নলিখিত ভাবে ভাগ করা যায়।

#### (১) উৎপত্তির উপর ভিত্তি করে :

- (ক) স্বতঃস্ফূর্ত মিউটেশন (Spontaneous mutation) : প্রাকৃতিক উপায়ে স্বতঃস্ফূর্তভাবে একুপ মিউটেশন ঘটে।
- (খ) বৃক্ষিক বা আবেশিক মিউটেশন (Induced mutation) : বৃক্ষিক উপায়ে বিভিন্ন রকম মিউটাজেন দ্বারা সংঘটিত মিউটেশন।

#### (২) কোষতত্ত্বিক :

- (ক) দেহকোষীয় মিউটেশন (Somatic mutation) : দেহকোষে (Somatic cell এ) এ ধরনের মিউটেশন ঘটে।
- (খ) জনন কোষীয় মিউটেশন (Germinial mutation) : প্রজনন কোষে (Genninal cell এ) এ ধরনের মিউটেশন ঘটে।

#### (৩) ক্রোমোজম ভিত্তিক :

- (ক) Autosomal mutation : অটোজোমাল ক্রোমোজমে মিউটেশন ঘটে।
- (খ) Sex linked mutation : সেক্স ক্রোমোজোম এ ধরনের মিউটেশন ঘটে।

#### (৪) বৈশিষ্ট্য প্রকাশের উপর ভিত্তি করে :

- (ক) মর্ফোলজিক্যাল মিউটেশন : মিউটেশনের ফলে জীবের বাহ্যিক বা দৃশ্যগত (Visible) পরিবর্তন দেখা দেয়। একুপ মিউটেশনের ফলে কোন নতুন বৈশিষ্ট্যের প্রকাশ ঘটে অথবা কোন বৈশিষ্ট্য লুপ্ত হয়।
- (খ) জৈব রাসায়নিক (Biochemical) মিউটেশন : এ ক্ষেত্রে মিউটেশনের ফলে জীবের জৈবরাসায়নিক কার্যক্রমের পরিবর্তন ঘটে। এ ধরনের মিউটেশনের ফলে কোন বিপাকীয় পদার্থ (যেমন— এমাইনো এসিড, ভিটামিন ইত্যাদি) উৎপাদনের অন্য প্রয়োজনীয়া এনজাইমের সৃষ্টি হয় না। অপুজীবের এ ধরনের জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্টকে ন্যূনতম (minimal) আবাদ মাধ্যমে জন্মান যায় না, যে পদার্থ উৎপাদনে অক্ষম তা মাধ্যমে যোগ করে জন্মানো যায়। এ ধরনের মিউট্যান্টকে Auxotroph বলা হয়।

#### (৫) জীবততা (Survival)-এর উপর ভিত্তি করে :

- (ক) ঘাতক (Lethal) : একুপ মিউটেশনের ফলে মিউট্যান্ট জীবের ১০০% মারা যায়। Drosophila এবং C/B একুপ একটি ঘাতক মিউটেশনের উদাহরণ।
- (খ) অর্ধ-ঘাতক (Sub lethal) : এক্ষেত্রে মিউটেশনের ফলে ৫০% এর অধিক মিউট্যান্ট মারা যায়।
- (গ) অর্ধ-জীবত (Sub vital) : এক্ষেত্রে ৫০% এর কম মিউট্যান্ট মারা যায়।
- (ঘ) জীবত (Vital) : এ মিউটেশনে সাধারণত কোন মিউট্যান্টই মারা যায় না।

#### (৬) মিউটেশনের প্রভাবের ধরনের উপর ভিত্তি করে :

- (ক) বড় ধরনের মিউটেশন (Macro mutation) : মিউটেশনের ফলে কোন বাহ্যিক বৈশিষ্ট্য দৃশ্যমান বড় ধরনের পরিবর্তন ঘটে।
- (খ) সূক্ষ্ম মিউটেশন (Micromutation) : যখন মিউটেশনের ফলে বৈশিষ্ট্যের সূক্ষ্ম পরিবর্তন ঘটে।

#### (৭) ফেনোটাইপীয় প্রকাশ ভিত্তিক :

- (ক) ধৰ্কট মিউটেশন (Dominant mutation) : মিউট্যান্ট জিনের বৈশিষ্ট্য হেটারোজাইগাস অবস্থায় প্রকাশ পায়।
- (খ) অচৰ্ক মিউটেশন (Recessive mutation) : মিউট্যান্ট জিনের বৈশিষ্ট্য হেটারোজাইগাস অবস্থায় প্রকাশ পায় না। এ ধরনের মিউটেশনই অধিক।

## (৮) পরিবর্তনের দিক ভিত্তিক :

- (ক) অগ্রগামী (Forward) মিউটেশন বা ডাইরেক্ট মিউটেশন : এ ক্ষেত্রে প্রকট জিন মিউটেশনের মাধ্যমে এছেজ জিনে পরিণত হয়। যেমন : A → a
- (খ) পশ্চাদগামী (Backward বা Reverse) মিউটেশন : যখন প্রচলন জিন থেকে মিউটেশনের মাধ্যমে প্রকট জিন সৃষ্টি হয়। যেমন : a → A

## (৯) মিউটেশনের অবস্থান ভিত্তিক :

- (ক) ক্রোমোজোমগত (Chromosomal) মিউটেশন : এ ধরনের মিউটেশনের ফলে ক্রোমোজমের গঠনগত পরিবর্তন ঘটে।
- (খ) বিন্দু মিউটেশন (Point mutation) : এক্ষেত্রে মিউটেশনের ফলে জিন (বা DNA) এর এক বা একাধিক নিউক্লিওটাইডের পরিবর্তন ঘটে, কিন্তু ক্রোমোজম স্বাভাবিক থাকে। বর্তমানে এ ধরনের মিউটেশনকেই মূলত জিন মিউটেশন বা আদর্শ মিউটেশন বলা হয়।

## (১০) অন্যান্য প্রকার :

- (ক) অবস্থাগত (Conditional) মিউটেশন : এরপ মিউটেশনে পরিবেশ অনুসারে মিউট্যান্টের বাহ্যিক বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায়। *Drosophila* এর মিউট্যান্ট লার্ভা ২০° সে. তাপমাত্রায় বাঁচে, কিন্তু এর উপরের তাপমাত্রায় (৩০° সে.) মরে যায়।
- (খ) প্রতিরোধী (Resistant) মিউটেশন : এরপ মিউটেশনের ফলে মিউট্যান্ট রোগ প্রতিরোধী বা প্রতিকূলতা প্রতিরোধী হয়। অণুজীব এ ধরনের মিউটেশনের ফলে অনেক সময় এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী হতে পারে।

### ৩.৭ অভিব্যক্তিতে মিউটেশনের ভূমিকা বা গুরুত্ব (Role of Mutation in Evolution)

অভিব্যক্তি (Evolution) হচ্ছে জীবজগতের ধারাবাহিক ও সৃষ্টিজন পরিবর্তন যার মাধ্যমে জীবের নতুন প্রকরণ, উপপ্রজাতি তথা প্রজাতির উন্নয়ন ঘটে। প্রকরণ (Variation) অভিব্যক্তির অভ্যন্তর গুরুত্বপূর্ণ বিষয়। প্রকরণই অভিব্যক্তির কাঁচামাল। আর মিউটেশনের মাধ্যমেই প্রধানত বিভিন্ন প্রকরণের সৃষ্টি হয়। প্রাকৃতিক নির্বাচনের মাধ্যমে উপযুক্ত প্রকরণ নির্বাচিত হয় এবং অভিব্যক্তি ঘটে।

Stebbins অভিব্যক্তির জন্য ৫টি উপাদানের কথা বলেছেন, তার মধ্যে প্রধান উপাদানই হচ্ছে মিউটেশন। আধুনিক সমস্যার মতবাদেও অভিব্যক্তিতে মিউটেশনের বিশেষ গুরুত্বের কথা বলা হয়েছে।

অধিকাংশ মিউটেশনই জীবের জন্য ক্ষতিকর। এর ফলে মিউট্যান্ট জীব দুর্বল হয়ে প্রাকৃতিক নির্বাচনের মাধ্যমে বিলুপ্ত হয়ে যেতে পারে। তবে কোন কোন মিউটেশন উপকারীও হতে পারে। মিউটেশনের ফলে এমন বৈশিষ্ট্যও অর্জিত হতে পারে, যা ঐ মিউট্যান্টকে প্রাকৃতিক নির্বাচনে উপযুক্ত বলে প্রমাণ করতে পারে। যেমন— অনেক সময় মিউটেশনের ফলে রোগ প্রতিরোধ ক্ষমতার বৃদ্ধি অথবা প্রতিকূল পরিবেশে টিকে থাকার যোগ্যতা অর্জিত হয়। পরীক্ষার মাধ্যমে প্রমাণিত হয়েছে যে মিউটেশনের মাধ্যমে অনেক অণুজীব এন্টিবায়োটিকস প্রতিরোধী (resistant) বৈশিষ্ট্য সম্পন্ন হয় এবং প্রতিকূল পরিবেশে অধিকতর সাফল্যের সাথে বেঁচে থাকতে সক্ষম হয়। বৈচিত্র্যময় জীবজগতের সৃষ্টিতে প্রাকৃতিক বা স্বতঃস্ফূর্ত মিউটেশনের বিশেষ ভূমিকা রয়েছে। মিউটেশনের মাধ্যমে জীবের প্রকরণ বাড়তে থাকে। ফলে জীবের মধ্যে বৈচিত্র্য (Diversity) বৃদ্ধি পায়। প্রকরণ বৃদ্ধি পেলে জীব গোষ্ঠীর বা পপুলেশনের মধ্যে পার্থক্য যুক্ত প্রণপের সৃষ্টি হয়। রিক্বিনেশন, প্রাকৃতিক নির্বাচন, অন্তরণ ইত্যাদি এর উপর কাজ করতে থাকে এবং কালক্রমে রেস, ভ্যারাইটি, উপপ্রজাতি এবং সর্বশেষে প্রজাতির উন্নত ঘটে। সুতরাং ধীর গতিতে হলেও মিউটেশন অভিব্যক্তিতে বিশেষ তাৎপর্যপূর্ণ ভূমিকা পালন করে। অধুনা কৃতিগ্রন্থ উপায়ে মিউটেশন ঘটিয়ে নতুন নতুন ভ্যারাইটি সৃষ্টি করে কৃষিতে ব্যবহার করা হচ্ছে।

### ৩.৮ ক্ষিতে মিউটেশনের গুরুত্ব ও ব্যবহার

ক্ষিতে মিউটেশনের ভূমিকা বিশেষ উল্লেখযোগ্য। মিউটেশন এবং ব্রিডিং প্রক্রিয়ার সমন্বয় ঘটিয়ে আধুনিক ক্ষিতে অভ্যন্তরীয় সাধন্য লাভ করা সম্ভব হয়েছে। কোন কোন ক্ষেত্রে ম্যাজিকের ন্যায় ফল পাওয়া গেছে। এক কথায় মিউটেশন ব্রিডিং ক্ষিতে বিপ্লব এনেছে। প্রচলিত হাইব্রিডাইজেশন প্রক্রিয়ায় যখন কোন শস্যের আর উন্নতি করা সম্ভব নয়, সে ক্ষেত্রে মিউটেশন ব্রিডিং সুফল প্রদান করতে পারে। মিউটেশনের মাধ্যমে উন্নত জাতের ফসল, ফল, ফুল ও উদ্ভিদের সৃষ্টি করা সম্ভব হচ্ছে। এর অসংখ্য উদাহরণ রয়েছে। নিম্নে কয়েকটি উল্লেখ করা হলো—

- (১) ভারতীয় বিজ্ঞানী S. M. Swaminathan মিউটেশন পদ্ধতি ব্যবহার করে গমের বেশ কয়েকটি উন্নত জাত সৃষ্টি করেছেন। যেমন— Shorbati Sonora-64 (1976)। এটি উচ্চ ফলনশীল ও বোণ প্রতিবেদী।
- (২) শক্ত কাওয়াজুড় 'Erectoid' বার্গ (Gustafsson, 1929)।
- (৩) রোগ প্রতিরোধী উচ্চ ফলনশীল বাদাম Nc 4x (Gregory, 1956)
- (৪) অধিক তৈল উৎপাদনকারী সরিষা AMP (Anderson, 1954)
- (৫) উচ্চ ফলনশীল বর্ধাকৃতির ধান (Ranuah and Partha)
- (৬) উচ্চ ফলনশীল ইরাটিম-২৮ এবং ইরাটিম-৩৮ (ড. মতলুবুর বহমান ও সহকর্মীবৃন্দ, বাংলাদেশ)
- (৭) উচ্চফলনশীল ও বেশি প্রোটিন ধূত ধান Norin (S. Tanaka)
- (৮) কোপজাতীয় অধিক ফলনশীল দ্রুত ফলদানকারী শীম 'Sanilac (Down, 1956)। ইত্যাদি।

বিকিরণের সহায়তায় মিউটেশন ঘটিয়ে অধিক পরিমাণে পেনিসিলিন উৎপাদনকারী জাতের ফুটক *Penicillium crysogenum* সৃষ্টি করা হয়েছে। এক্ষণ আরও অনেক উদাহরণ রয়েছে। কিন্তু কিন্তু প্রাচীতেও অধুনা এ প্রক্রিয়া ব্যবহার করে সুফল পাওয়া গেছে, যেমন— *Salmonella* প্রতিরোধী ঘোণ-মুরগি।

এ সব দিক বিবেচনা করলে সহজেই দুর্বা ধান যে, মানা দিক দিয়ে মিউটেশনের গুরুত্ব অপরিসীম।

অবশ্য মিউটেশনের উপকারের চেয়ে জীবের জন্ম প্রতিরোধ অনেক বেশি। লিখাল মিউটেশন জীবের মৃত্যুর কারণ হয়ে দেখা দেয়। মিউটেশনের ফলে জীব দেহে রোগের সৃষ্টি হতে পারে।

### ৩.৯ মিউটেশন সনাক্তকরণ (Detection of Mutation)

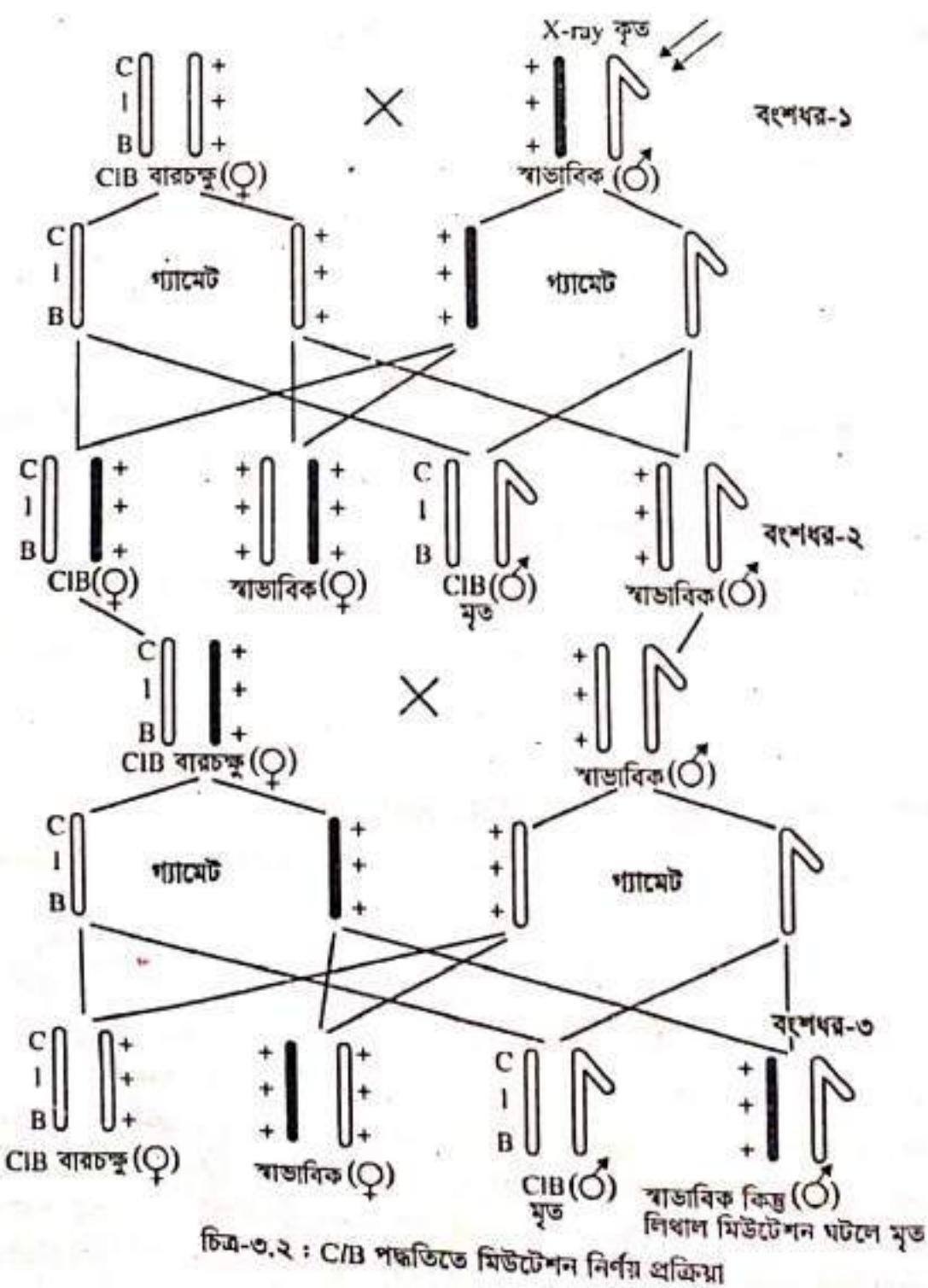
বিভিন্ন পদ্ধতির মাধ্যমে মিউটেশন সনাক্ত করা যায়। নিম্নে পর্যোগিকাল মিউটেশন সনাক্তকরণের কয়েকটি পদ্ধতি আলোচনা করা হলো—

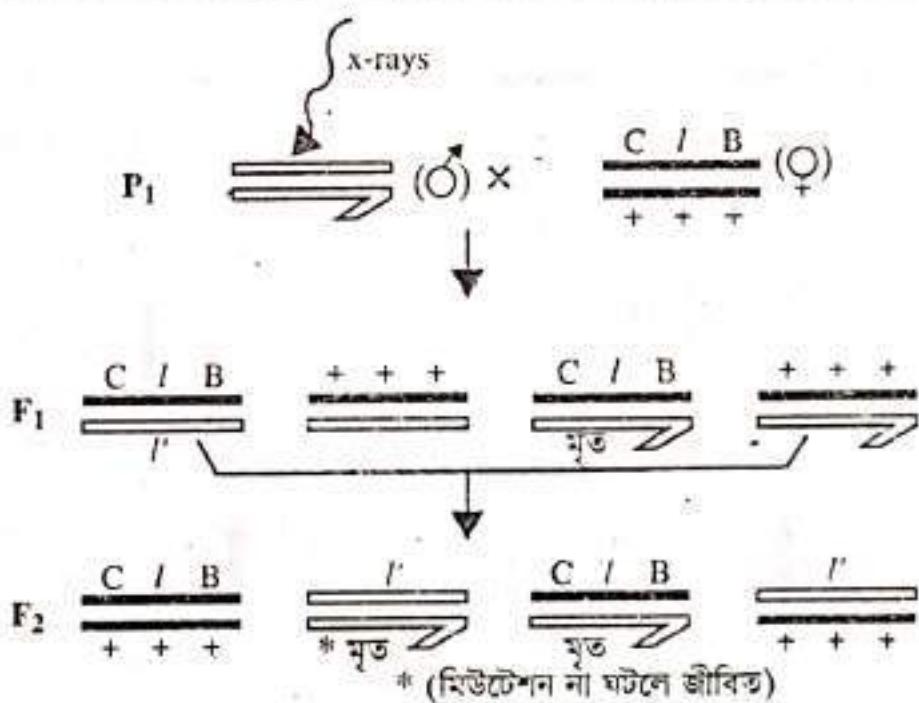
#### ৩.৯.১ C/B পদ্ধতিতে সেক্স গ্লিকে প্রযুক্তি জন সনাক্তকরণ

H. J. Muller (1927) সর্বপ্রথম প্রমাণ করেন যে কৃতিপ্রক্রিয়া উপরে, বিশেষ করে X-ray প্রযোগের মাধ্যমে জীবের মিউটেশন ঘটানো যায়। তিনি সক্ষম করেন যে এ প্রক্রিয়াটি *Drosophila*-এর যৌনতা সম্বৰ্ধ প্রয়োজন আরু খাতক মিউটেশন (Sex linked recessive lethal mutation) এর হার আরেক রূপ করা যায়। তার এ প্রক্রিয়াটি C/B পদ্ধতি নামে পরিচিত, এ প্রক্রিয়ার অন্য তিনি বিশেষ ধরনের কৃতি প্রযোগিতা পাই ব্যবহার করেন যার একটি X-ক্রোমোজেম প্রাক্তিক এবং অন্যটি অশান্তিক, অস্থান্তিক X-ক্রোমোজেমের একটি ইনজেক্শন অংশে জুস্টেজার মহনকারী প্রক্ট জিন C, একটি প্রকট

বারচক্র মার্কার জিন B এবং একটি মাতক (Lethal) প্রচন্দ জিন। ছিল। C জিনের প্রভাবে হোমোলোগাস X-ক্রোমোজমের সাথে ত্বনিংওভাব হয় না বলে। এবং B জিনঘয় সর্বদা একসংগে একই ক্রোমোজমে অবস্থান করে।

মূলার একপ C/B স্ত্রী মাছির সাথে X-ray কৃত বন্যা বা প্রকট মাছির ক্রস করেন। X-ray কৃত পুরুষ মাছির X ক্রোমোজমে যদি কোন নতুন লিথাল মিউটেশন ঘটে তাহলে তা কেবল F<sub>1</sub> বংশধরের সকল স্ত্রী মাছিতে অবস্থান করবে। (চিত্র ১২.২)। F<sub>1</sub> এর CIB ক্রোমোজম যুক্ত বারচক্র পুরুষ মাছি হেমিজাইগান হওয়ার কারণে মারা যাবে। কারণ y ক্রোমোজমে। জিনের বিপরীত কোন প্রকট জিন থাকে না। আভাবিক চক্রযুক্ত পুরুষ মাছি বেঁচে থাকবে। অর্থাৎ F<sub>1</sub> বংশধরে স্ত্রী ও পুরুষ মাছির অনুপাত হবে ২ : ১।





চিত্র-৩.৩ : C/B পদ্ধতিতে মিউটেশন নির্ণয় প্রক্রিয়া (সহজ করে দেখানো হলো)

এরপর বিকিরণ প্রাণ ক্রোমোজম যুক্ত  $F_1$  বারচক্স (C/B) স্তৰ মাহির সাথে  $F_1$  স্বাভাবিক পুরুষ মাহির ক্রস করা হল। দেখা গেল কোন কোন আবাদ মাধ্যমের সমস্ত  $F_2$  বংশধরই স্তৰ মাহি। এতে প্রমাণিত হয় যে, x-ray বিকিরণের ফলে ড্রসোফিলার x ক্রোমোজমে কোন প্রচল্ন লিথাল মিউটেশন সৃষ্টি হয়েছিল, যা  $F_1$  বারচক্স বংশধরের (C/B) স্তৰ মাহি হয়ে  $F_2$  বংশধরের পুরুষ মাহিতে গমন করে। ফলে  $F_2$  বার চক্স পুরুষ মাহি হেমিজাইগাস লিথাল (l) জিনের কারণে এবং স্বাভাবিক চক্সুর পুরুষ লিথাল মিউটেশনের কারণে মৃত্যু বরণ করে। একারণে এক্ষেত্রে এই  $F_2$  বংশধরে কোন পুরুষ মাহি পাওয়া যায় নি। যদি x-ray কৃত পুরুষ মাহিতে কোন লিথাল মিউটেশন না ঘটত তাহলে  $F_2$  বংশধরে স্বাভাবিক চক্সুর পুরুষ মাহিগুলি জীবিত থাকত। আর পুরুষ ও স্তৰ মাহির অনুপাত হত ২ : ১।

সুতরাং এ পরীক্ষার মাধ্যমে সুস্পষ্টভাবে প্রমাণিত হয় যে বিকিরণ (X-ray) প্রযোগের ফলে মিউটেশন ঘটতে পারে। মূলাবের এ C/B পদ্ধতি প্রয়োগ করে ড্রসোফিলার একপ সেক্স লিংকড প্রচল্ন মিউটেশনের উপস্থিতি নির্ণয় করা যায়।

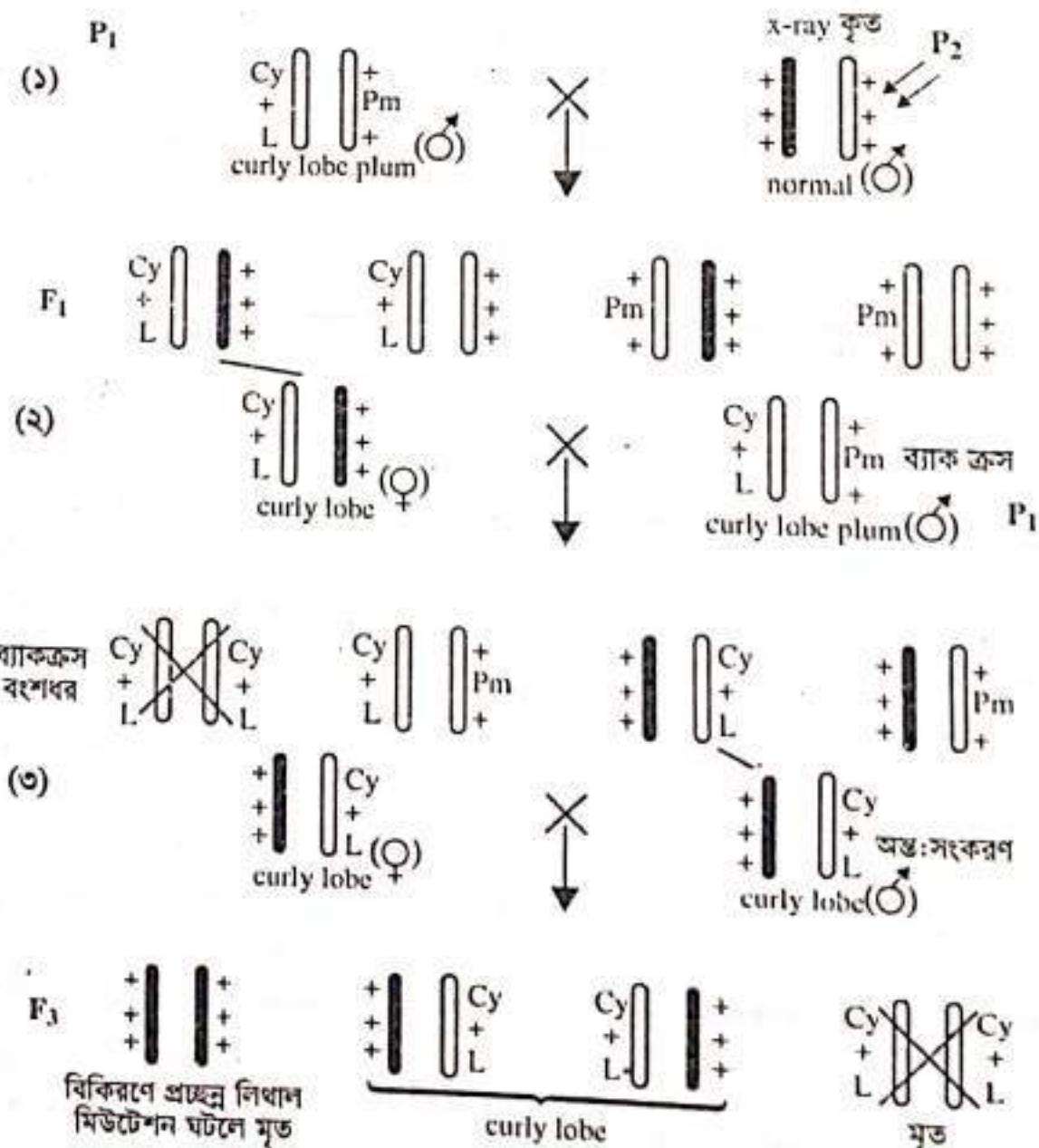
### ৩.৯.২ অটোজমের মিউটেশন সন্তোষকরণ [Detection of Autosomal Mutation (Balanced Lethal System)]

কোষের সেক্সক্রোমোজম বাদে অন্য ক্রোমোজম সমূহকে অটোজম (Autosomes) বলে। যেমন— Drosophila এর II, III এবং IV নং ক্রোমোজম হল অটোজম। অটোজমে কোন প্রচল্ন মিউটেশন ঘটলে তা হেটারোজাইগাস অবস্থায় থাকলে ফেনোটাইপে প্রকাশ পায় না। এ কারণে এ ধরনের মিউটেশন সন্তোষ করা কঢ়ুটা কঢ়কর।

ড্রসোফিলার ২য় ক্রোমোজমে উৎপন্ন মিউটেশন নির্ণয়ের জন্য তিনটি প্রচল্ন জিন Cy (curly wing বা বক্রপাখা), L (Lobed eye বা বিপ্রিত চোখ) এবং PM (plum eye বা বাদামি চোখ) হিঁর করা হয়। এর মধ্যে প্রথম দুটি একটি ক্রোমোজমে এবং শেষেরটি অন্য হোমোলগাস ক্রোমোজমে থাকে। হোমোজাইগাস অবস্থায় মাহির মৃত্যু ঘটে। এরা তাই ব্যালেন্স করে হেটারোজাইগাস (Cy L/Pm) অবস্থায় ক্রোমোজমে অবস্থান করে। এজন এ পদ্ধতিকে Balanced Lethal stock পদ্ধতি বলা হয়। উভয় ক্রোমোজমে ইনভার্সন থাকে বলে জনিংওভার হতে পারে না। এ কারণে Cy জিনটি Pm জিন বহনকারী ক্রোমোজমে যেতে পারে না বা এর উন্টাটিও ঘটতে পারে না।

পদ্ধতিটি নিম্নরূপ—

(১) প্রথমে বন্য বা গ্রান্ট বৈশিষ্ট্যের পুরুষ ছ্রোফিলার দেহে X-ray প্রয়োগ করে বিকিরণকৃত এ পুরুষ মাছির সাথে হেটোরোজাইগাস Cy L/Pm স্ত্রী মাছির ক্রস করা হয়।  $F_1$  বংশধরের প্রতিটি মাছির দেহে বিকিরণকৃত মাছির ২নং অটোজোম থাকে।



চিত্র-৩.৪ : *Drosophila*-এর অটোজোমাল মিউটেশন সনাক্তকরণ।

(২) এরপর  $F_1$  বংশধরের Cy L (বক্স পাখা, খতিত চোখ) মাছির সাথে Cy L/Pm (বক্স পাখা, খতিত চোখ, বাদামী চোখ) মাছির ব্যাকক্রস করা হয়। উদ্দেশ্য হলো বিকিরণকৃত একই অটোজোম (২নং ক্রোমোজোম) মুক্ত Cy L (বক্সজানা, খতিত চোখ) হেটোরোজাইগাস পুঁঁ ও স্ত্রী মাছি সৃষ্টি করা। ( $F_1$ -এর হোমোজাইগাস Cy L মাছি মাঝে যায়)।

(৩) সর্বশেষে এ  $F_2$  হেটোরোজাইগাস Cy L মাছির মধ্যে অন্তঃসংকরণ (Inbreeding) করা হয়। এর ফলে  $F_3$  তে তিনি

- (ক) এক চতুর্থাংশ  $F_1$  বংশধর হোমোজাইগাস (Cy L/Cy L) হওয়ার কারণে মারা যায়।
- (খ) অর্ধেক  $F_1$  বংশধরে Cy L ক্রোমোজম এবং বিকিরণকৃত ক্রোমোজম থাকে এবং এরা বেঁচে থাকে।
- (গ) এক চতুর্থাংশ বংশধরে বিকিরণ যুক্ত হোমোজাইগাস ক্রোমোজম (অটোজম) থাকে। বিকিরণের কারণে প্রচলন লিখাল মিউটেশন না ঘটলে স্বাভাবিক বৈশিষ্ট্য নিয়ে এ মাছিগুলোও বেঁচে থাকে। কিন্তু প্রচলন লিখাল মিউটেশন ঘটলে এরা মারা যায়। এরপ মিউটেশন ঘটলে এ ক্লসে  $F_1$  তে কেবল এক ধরনের Cy L (বক্রপাথা, খতিত চোখ) মাছি পাওয়া যাবে। এ ধরনের ঘটনা প্রত্যক্ষ করা গেছে। সুতরাং এ পরীক্ষা পদ্ধতির মাধ্যমে—অটোজোমাল ক্রোমোজমের মিউটেশন নির্ণয় করা যায়।

### ৩.৯.৩ সপুষ্পক উত্তিদের মিউটেশন সনাক্তকরণ

সপুষ্পক উত্তিদের কৃতিম মিউটেশন নিম্নলিখিতভাবে সনাক্ত করা যায়—

- (১) প্রথমে পরীক্ষণীয় উত্তিদের পরাগরেণু সুনির্দিষ্ট মাত্রায় বিকিরণ (X-ray, UV, গামারশি ইত্যাদি) প্রয়োগ করা হয়।
- (২) এরপর এ সকল বিকিরণ প্রাপ্ত পরাগরেণু ধারা স্বপরাগায়ন ঘটানো হয়।
- (৩) এরপর  $F_1$  উত্তিদের মধ্যে স্বপরাগায়নের মাধ্যমে  $F_2$  বংশধর সৃষ্টি করা হয়।

$F_2$  উত্তিদের কোন উত্তিদে পেরেন্ট উত্তিদের কোন বৈশিষ্ট্য অনুপস্থিত থাকলে বুঝা যায়, যে ঐ বৈশিষ্ট্য প্রকাশক জিনটির মিউটেশন ঘটেছে। বিকিরণের ফলে কোন জিনের মিউটেশনের ঘটলে তা  $F_2$  উত্তিদের মধ্যে হোমোজাইগাস প্রচলন অবস্থায় থাকে বলে পূর্বের অনুরূপ বৈশিষ্ট্য প্রকাশ করে না। এভাবে সপুষ্পক উত্তিদে কৃতিম ভাবে মিউটেশন ঘটান যায় এবং তা সনাক্ত করা যায়।

### ৩.৯.৪ জৈবরাসায়নিক মিউট্যান্ট (Biochemical Mutant)

জিনের মিউটেশনের কারণে কোন জীব যদি বৃক্ষির জন্য প্রযোজনীয় কোন জৈবরাসায়নিক পদার্থ সংশ্লেষণে অক্ষম হয় তা হলে ঐ জীবকে জৈবরাসায়নিক মিউট্যান্ট (Biochemical Mutant) বলে। এ ধরনের মিউটেশনের ফলে এক বা একাধিক বিপরীত্য পদার্থ যেমন— এমাইনো এসিড, ভিটামিন ইত্যাদি) উৎপাদনের জন্য প্রযোজনীয় এনজাইম সৃষ্টি হয় না। এরা ন্যূন্যতম (Minimal) আবাদ মাধ্যমে জন্মাতে পারে না। মিউটেশনের ফলে জীবটি যে রাসায়নিক বন্ধ সংশ্লেষণে অক্ষম তা ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে যোগ করলে জন্মাতে পারে। যেমন— ট্রিপটোফেন মিউট্যান্ট, বায়োটিন মিউট্যান্ট ইত্যাদি। এদেরকে অরোত্রোফ বলা হয়।

### ৩.৯.৫ প্রোটোট্রোফ (Prototroph)

যে সমস্ত অণুজীব ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে (আগার সুক্রোজ ও কিছু অনিজ শব্দ যুক্ত মাধ্যমে) স্বাভাবিকভাবে জন্মাতে ও বৃক্ষি লাভ করতে পারে তাদেরকে প্রোটোট্রোফ (Prototroph) বা বনা (wild) বলে। প্রোটোট্রোফের প্রযোজনীয় কার্যকর প্রক্রিয়া জিন থাকায় জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়া পথের প্রতিটি ধাপের জন্য প্রযোজনীয় এনজাইমসমূহ সংশ্লেষণের মাধ্যমে সফলভাবে নিক্রিয়াসমূহ সম্পন্ন করে শেষ উৎপাদ (Endproduct) সৃষ্টি করতে পারে। তাই এরা ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে বা অক্ষমতাতে জন্মাতে সক্ষম; যেমন— বনা *Neurospora* এবং বনা *Yeast*।

### ৩.৯.৬ অঙ্গোট্রোফ (Auxotroph)

যে অণুজীব স্বাভাবিক বৃদ্ধির জন্য প্রয়োজনীয় এক বা একাধিক জৈব রাসায়নিক পদার্থ সংশ্লেষণ করতে পারেনা বলে ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে জন্মাতে অক্ষম তাদেরকে অঙ্গোট্রোফ (Auxotroph) বা মিউট্যান্ট বলে। সাধারণত এক বা একাধিক জিনের মিউটেশনের কারণে বৃদ্ধির জন্য প্রয়োজনীয় এক বা একাধিক স্বাভাবিক এনজাইম, তথা জৈব রাসায়নিক বন্ধ সংশ্লেষণ করতে পারে না। তাই আবাদ মাধ্যমে বা পরিবেশে ঐ পদার্থ না থাকলে এরা জন্মাতে ও বৃদ্ধি লাভ করতে পারে না। এ কারণে এরূপ অঙ্গোট্রোফকে জন্মাতে হলে ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে ঐ প্রয়োজনীয় জৈবরাসায়নিক পদার্থ হোগ করতে হয়। এরূপ মাধ্যমকে সম্পূর্ণ মাধ্যম (Supplimentary medium) বলে। অঙ্গোট্রোফ কে বায়োকেমিক্যাল মিউট্যান্টও বলত হয়। যেমন— ব্যাক্টেরিয়ার আর্জিনিন অঙ্গোট্রোফ, *Neurospora* এর ধ্যামিন অঙ্গোট্রোফ ইত্যাদি। পিভার্স বা ব্যাক মিউটেশনের ফরে অনেক সময় অঙ্গোট্রোফ প্রোটোট্রোফে পরিণত হতে পারে।

**অঙ্গোট্রোফের শ্রেণিবিন্দু (Classification) :** সাধারণত অঙ্গোট্রোফ যে জৈবরাসায়নিক পদার্থ সংশ্লেষণে অক্ষম তার নাম অনুসারে এর নামকরণ করা হয়। যেমন— এলানিন অকোসাট্রোফ।

মিউট্যান্ট জিনের সংখ্যার উপর ভিত্তি করে অঙ্গোট্রোফকে Single mutant, double mutant, triple mutant ইত্যাদি শ্রেণিতে ভাগ করা হয়।

### ৩.১০ মিউটেশনের আণবিক ভিত্তি (Molecular Basis of Mutation)

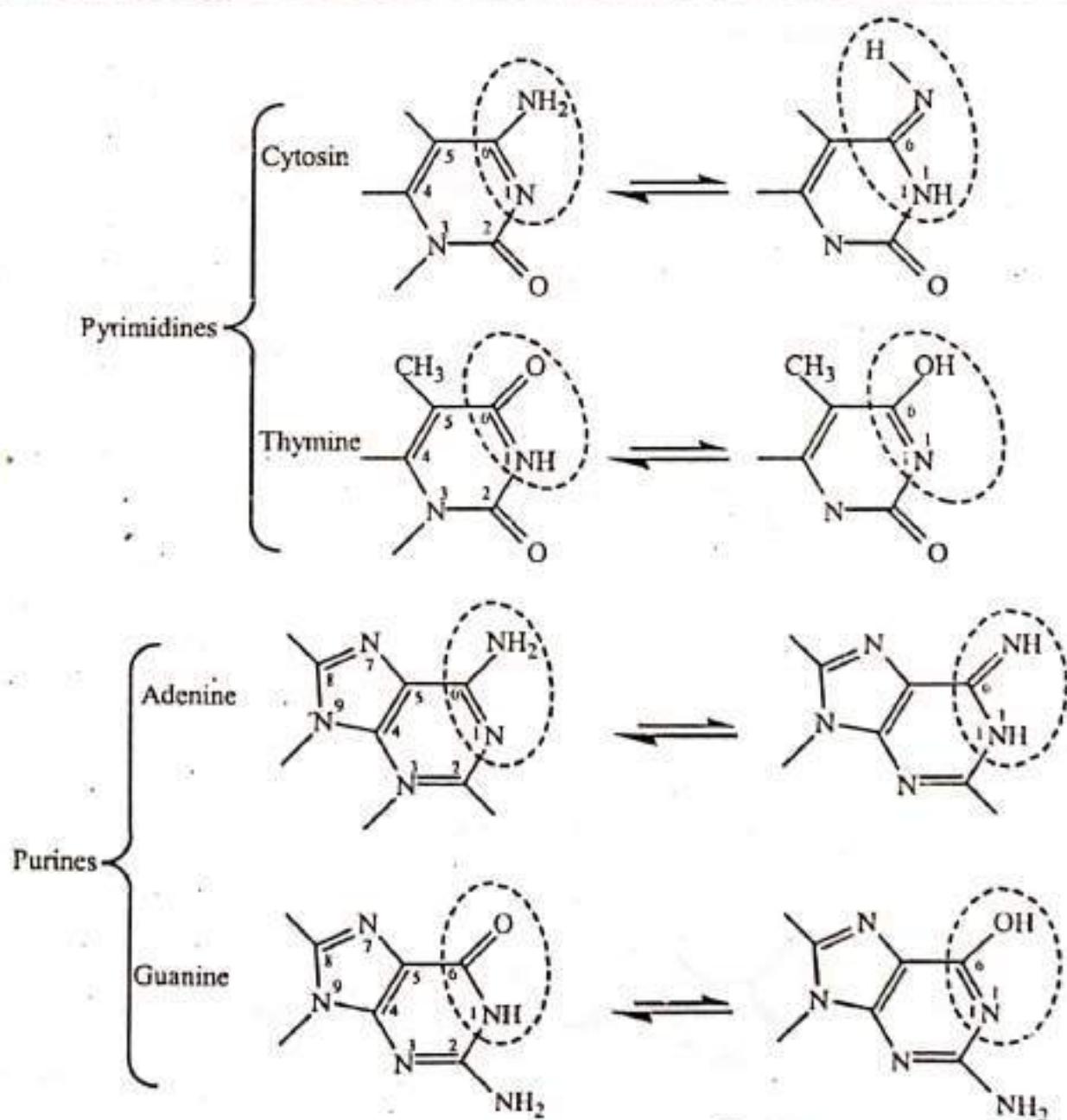
DNA এর অংশ বিশেষ বা কোডিং অংশই হল জিন। আর জিন বা DNA অণুর গঠনে বংশানুসরণযোগ্য স্থায়ী পরিবর্তনকেই মিউটেশন বলা হয়। জিন বা DNA অণুর এক বা একাধিক নিউক্লিওটাইডে বা নিউক্লিওটাইডের ক্রমে পরিবর্তনের জন্মাই আণবিক পর্যায়ে মিউটেশন ঘটে। যতৎক্ষুর্ত এবং ক্রিয় উভয় প্রকার মিউটেশনের মধ্যে আণবিক পর্যায়ে বা বাহ্যিক দিক থেকে বিশেষ পার্থক্য নেই (Avers, 1984)। আণবিক পর্যায়ে মিউটেশন প্রক্রিয়া হচ্ছে—

- (১) DNA অণুর বেসজোডের প্রতিস্থাপন (Substitution)
- (২) বেসের বিচ্ছিন্নতা (Deletion) এবং অতিবিক্ষণ বেসের অন্তর্ভুক্তি (Addition)

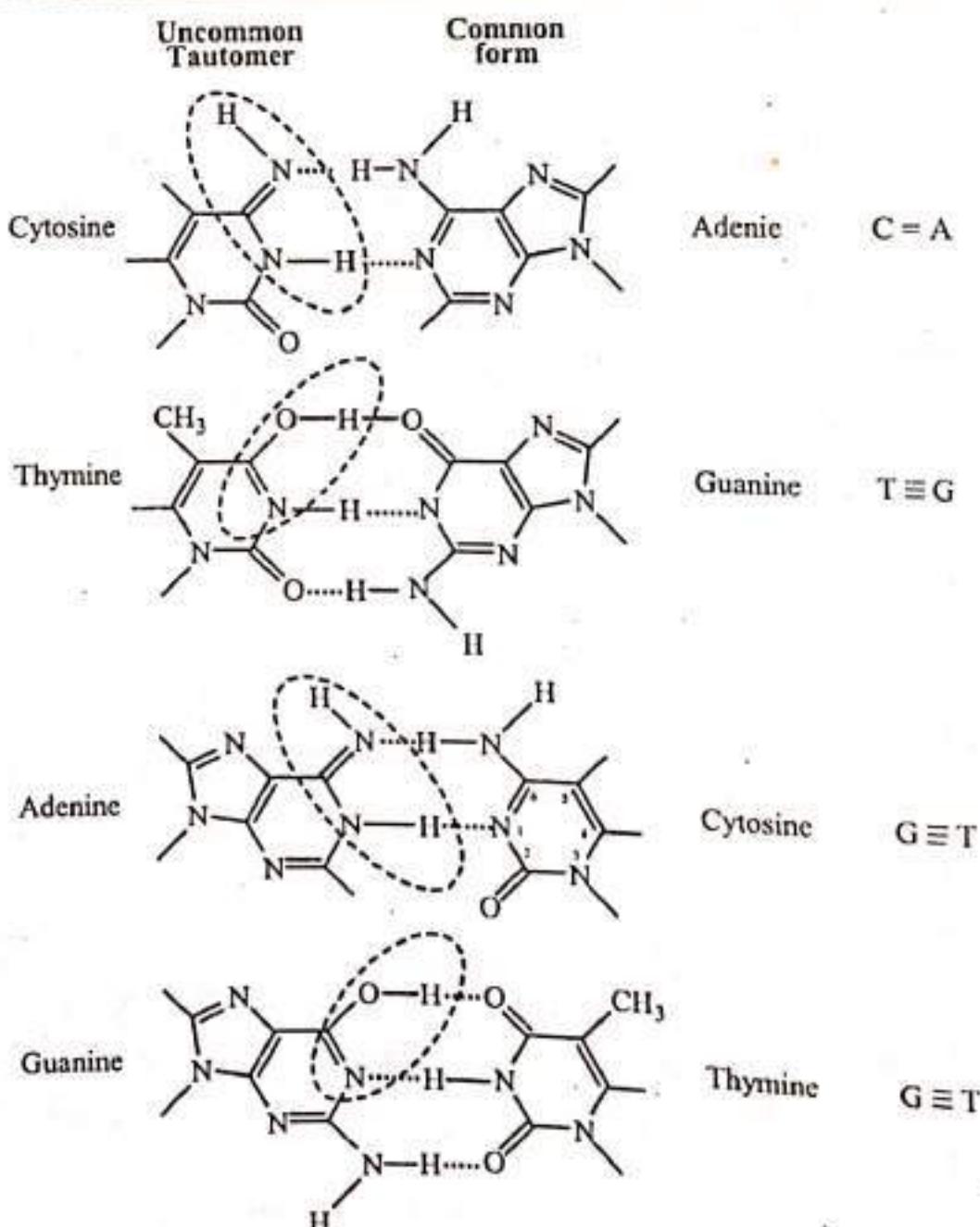
(১) প্রতিস্থাপন : DNA বা জিনের ট্রিপ্লেট কোডের একটি নিউক্লিওটাইডের বা বেসের পরিবর্তে অন্য নিউক্লিওটাইডের বা অন্য বেসের অন্তর্ভুক্তিকে প্রতিস্থাপনকে (Substitution) বলা হয়। একটি প্রতিস্থাপনের ফলে একটি কোডনের পরিবর্তন হয় বলে সংশ্লেষিত এনজাইম না প্রোটিনেও একটি পরিবর্তিত বা ভিন্ন রকম এমাইনো এসিড প্রতিস্থাপিত হয়। ফলে জীবের কৌশিক্যের পরিবর্তন সূচিত হয়।

প্রতিস্থাপনের আণবিক ভিত্তি হচ্ছে প্রধানত জিন বা DNA-এর অণুর টটোমেরিজম (Tautomerism)।

DNA অণুর পিউরিন ও পাইরিমিডিনের ১নং এবং ৬নং অবস্থানের II পরমাণুর স্থান পরিবর্তনকে টটোমারিজম বলে। টটোমারিজম ক্রিয়ায় সৃষ্টি নাইট্রোজেন বেসকে টটোমার বলা হয়। টটোমারিজমের ফলে T এবং G এর ক্ষেত্রে অবস্থা এনলে ( $C = O \rightarrow C - OH$ ) এবং C ও A এর এমাইনো অবস্থা ইমিনোতে ( $NH_2 \rightarrow NH$ ) পরিণত হয়। এছাড়া বেসের ১নং এবং ৬নং কার্বনের ডাবল বন্ধনী একক, বন্ধনীতে ও একক বন্ধনী ডাবল বন্ধনীতে পরিণত হয়।

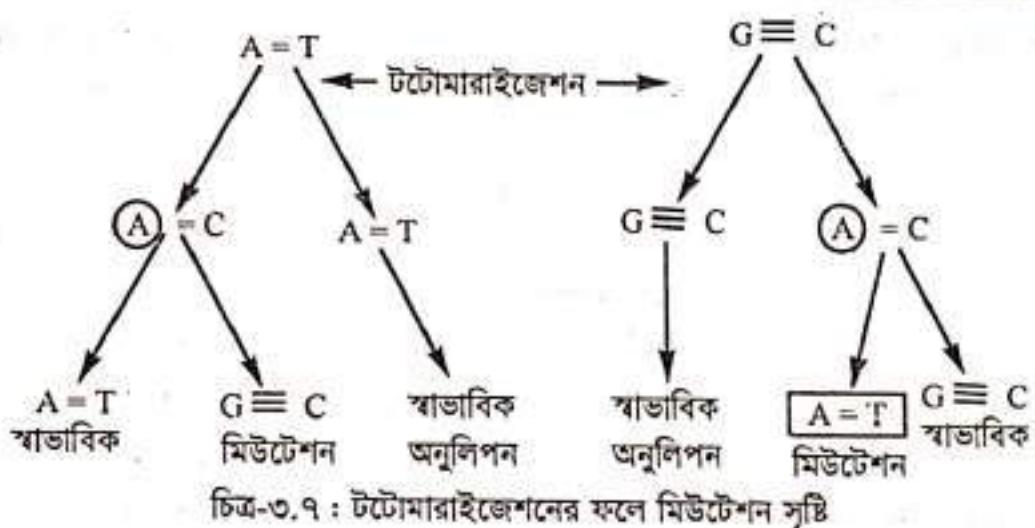


চিত্র-৩.৫ : DNA-এর সাধারণবেসসমূহ এবং এদের বিরল টটোমার।



চিত্র-৩.৬ : DNA-এর চার রকমের বেসের বিরল বেস জোড়

ট্রটোমারিজম অতঙ্কৃতভাবে ঘটতে পারে অথবা কৃতিম উপায়ে মিউটেজেন দ্বারা ঘটানো যায়। DNA অনুলিপনের সময় ট্রটোমারিক সিফট ঘটলে নিষিদ্ধ বেসজোড় (Forbidden base Pair) গঠিত হয়। অর্থাৎ DNA অণুর  $A = T$  বেসজোড়ের স্থলে  $A = C$ , অথবা  $G = C$  এর স্থলে  $G = T$ , অথবা  $C = G$  এর স্থলে  $C = A$  ইত্যাদি বেসজোড় গঠিত হয়। পরবর্তী অনুলিপন (Replication) এর সময় এ DNA তে সম্পূর্ণ নতুন একজোড়া বেস অঙ্গৃহীত হয়। অর্থাৎ  $A = T$  এর স্থলে  $G = C$ , অথবা  $G = C$  এর স্থলে  $A = T$  অঙ্গৃহীত হয়। এর ফলে মিউটেশন ঘটে (চিত্র ১২.৬ এবং ১২.৭)। একেই বেস জোড়ের প্রতিহাপন বলে।



নাইট্রাস এসিড এবং এক্সপ আরও কিছু রাসায়নিক মিউটাজেনের প্রভাবে ডিএমাইনেশন প্রক্রিয়ায় DNA অণুর বেসের NH<sub>2</sub> হল্পের হল্লে OH<sup>-</sup> যুক্ত হয় এবং পরবর্তীতে প্রতিস্থাপন ঘটে। UV-এর প্রভাবে ডাইমারাইজেশন প্রক্রিয়ায়ও প্রতিস্থাপন ঘটতে পারে (১২.১১ দ্রষ্টব্য)।

(২) বেসের বিচ্যুতি অথবা সংযোগ : ক্ষারকীয় পদার্থ (যেমন— এক্সিডিন) এবং আয়নিতকর মিউটাজেনের প্রভাবে DNA অণুর এক বা একাধিক বেসের বিচ্যুতি বা সংযোগ ঘটতে পারে। এক্সপ বিচ্যুতি বা সংযুক্তির স্থান থেকে অনেক সময় পরবর্তী সমস্ত ট্রিপ্লেট কোডের গঠন ও পঠন পাল্টে যায়। এর ফলে সংশ্লেষিত প্রোটিনের এমাইনো এসিডগুলোও পাল্টে যায়। একে Frame shift Mutation বলে। (১২.১১ দ্রষ্টব্য)।

এভাবে DNA তথা জিনের আণবিক পর্যায়ে পরিবর্তনের মাধ্যমে স্বতঃকৃত ও কৃত্রিম মিউটেশন সংঘটিত হয়।

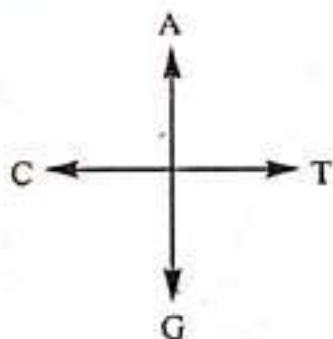
### ৩.১১ মিউটেশনের প্রক্রিয়াসমূহ (বিস্তারিত)

স্বতঃকৃত বা কৃত্রিম মিউটেশন সংঘটনের জন্য জিনের আণবিক পর্যায়ে নিম্নলিখিত প্রক্রিয়াগুলি সংঘটিত হয়।

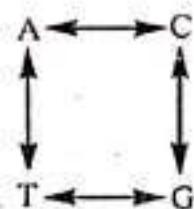
(১) প্রতিস্থাপন (Substitution) : জিন বা DNA অণুর ট্রিপ্লেট কোডের একটি বেসের পরিবর্তে অন্য বেসের অঙ্গভূক্তিকে প্রতিস্থাপন (Substitution) বলে। একটি প্রতিস্থাপনের ফলে একটি কোড, তথা কোডনের পরিবর্তন হয় বলে সংশ্লেষিত প্রোটিনেও একটি পরিবর্তিত বা ভিন্নরকম এমাইনো এসিড প্রতিস্থাপিত হয়। এক্সপ মিউটেশনের ফলে জীবের বৈশিষ্ট্যেরও পরিবর্তন সৃচিত হয়। প্রতিস্থাপনের আণবিক ডিপ্তি হচ্ছে জিন বা DNA অণুর টটোমারাইজেশন। এর ফলে DNA অণুর পিউরিন ও পাইরিমিডিনের ১নং এবং ৬নং অবস্থানের H পরমাণুর স্থান পরিবর্তনের ফলে অস্থায়ী টটোমার সৃষ্টি হয়। (বিস্তারিত ১২.১০)। এর ফলে T এবং G এর কিটো (= C = O) অবস্থা এ নলে (- C - OII) এবং C ও A এর এমাইনো (NH<sub>2</sub>) অবস্থা ইমিনো (NII) তে পরিবর্তিত হয়। এক্সপ টটোমারিক সিফট ঘটলে নিষিক বেসজোড় গঠিত হয়। অর্থাৎ DNA অণুর A = T হলে A = C অথবা G = C এর হলে G = T ইত্যাদি বেসজোড় গঠিত হয়। পরবর্তী অনুলিপনের সময় এ DNA তে সম্পূর্ণ নতুন একজোড়া বেস প্রতিস্থাপিত হয় যার ফলে মিউটেশন ঘটে। প্রতিস্থাপন আবার দুই রকমের—

(ক) ট্রানজিশন (Transition) : যখন একটি পিউরিন আর একটি পিউরিন বেস দ্বারা অথবা একটি পাইরিমিডিন আর একটি পাইরিমিডিন দ্বারা প্রতিস্থাপিত হয় তখন তাকে ট্রানজিশন (Transition) বলে। চার প্রকার Transition ঘটা সম্ভব।

Transition স্বতঃস্ফূর্তভাবে ঘটতে পারে অথবা আয়নিতকর রশ্মি (x-ray,  $\gamma$ -ray,  $\beta$ -ray), অতি বেগনি রশ্মি (uv), কারকীয় পদার্থ ইত্যাদির প্রভাবে ঘটতে পারে। প্রধানত Tautomerization প্রক্রিয়ার ফলে Transition ঘটে।



(৬) ট্রান্সভের্শন (Transversion) : কোন পিউরিনের পরিবর্তে কোন পাইরিমিডিন বা কোন পাইরিমিডিনের পরিবর্তে কোন পিউরিন প্রতিস্থাপিত হওয়ার প্রক্রিয়াকে Transversion বলে। ৮ প্রকার Transversion ঘটা সম্ভব। অতি বেগনি রশ্মি (UV), কারকীয় প্রব্য (যেমন EES, EMS ইত্যাদি), তাপ ইত্যাদির মাধ্যমে কৃত্রিম উপায়ে Transversion ঘটানো যায়। স্বতঃস্ফূর্তভাবেও Transversion ঘটে।



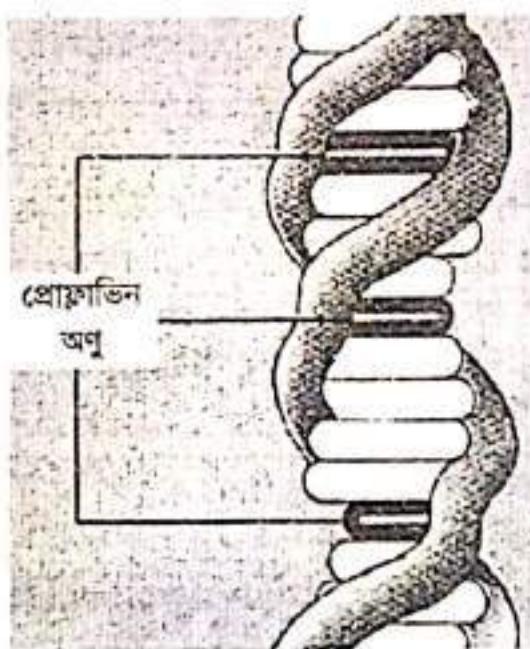
মানুষের সিকল সেল (scicle cell) এনিমিয়া Transversion এর কারণে ঘটে বলে মনে করা হয়।

EES বা EMS পিউরিন অথবা পাইরিমিডিন বেস অপসারিত করে এবং এই শূন্যস্থান পরবর্তী অনুলিপনের সময় পিউরিনের পরিবর্তে পাইরিমিডিন বেস প্রতিস্থাপিত হলে Transversion ঘটে।

(২) বেসের বিচ্ছিন্ন ও সংযুক্তির মাধ্যমে ফ্রেমশিফ্ট মিউটেশন : DNA অণুতে এক বা একাধিক বেসের সংযুক্তি (addition) বা বিচ্ছিন্ন (deletion) কে Frame shift mutation বলে। কারণ এ ধরনের মিউটেশনের ফলে সংযুক্ত বা বিচ্ছিন্ন স্থান থেকে পরবর্তী সমস্ত বা কতগুলো ট্রিপ্লেট কোডের পঠন (reading frame) পাস্টে যেতে পারে। ফলক্রিতে ট্রান্সলেশনের সময় নতুন পলিপেপ্টাইড চেইনে অনেকগুলো এমাইনো এসিড পরিবর্তিত হয়ে যায়। আর এর ফলে ক্রটিপ্রোটিনের সৃষ্টি হয় যা সঠিকভাবে কাজ করতে পারে না।

এক্রিডিন অরেঞ্জ, প্রোক্রান্ডিন, EES, নাইট্রোপ এসিড, আয়নিতকর রশ্মি ইত্যাদির প্রভাবে Frame shift mutation ঘটে। এক্রিডিন ডাই DNA অণুর সাথে সংযুক্ত হয় এবং সংযুক্তি বা বিচ্ছিন্ন ঘটায়। DNA অণুর দুটি পাশাপাশি বেসের প্রথম স্থানে এক্রিডিন ডাই প্রবিষ্ট হলে উক্ত স্থানে DNA এর দৈর্ঘ্য ৬-৮A বা পূর্বের দ্বিতীয় বৃক্ষি পায়। অনুলিপনের সময় এ স্থানের পরিপূরক সূত্রে নতুন বেস সংযুক্ত হয়। আর রশ্বকযুক্ত সূত্রে রশ্বকযুক্ত স্থানে একটি বেস বাদ পড়ে। ফলে Frame shift mutation ঘটে। এ প্রক্রিয়ায় সাধারণত DNA সূত্রের পাশাপাশি অবস্থিত দুটি বেসের (যেমন- CT) মাঝামাঝি একটি নতুন বেস (যেমন- CAT) সংযুক্ত হয় বা একটি বেস বিচ্ছিন্ন হয়। এক্ষেত্রে একটি বেসের পরিবর্তে অন্যান্যে প্রতিস্থাপিত হয় না। কোন DNA এর একটি মাত্র কোডনের বেস ছাপি বা সংযুক্তি ঘটলে ছাপি বা সংযুক্তির স্থান থেকে সমস্ত কোডনের গঠন পাস্টে যায়। কিন্তু দুটি কোডনের প্রথমটিতে বেস ছাপি হলে এবং দ্বিতীয়টিতে সংযুক্তি হলে প্রথমটির অবস্থান হতে কেবল ২য় টির অবস্থান পর্যন্ত গঠন পাস্টে যাবে, পরবর্তীগুলো ঠিক থাকবে। স্ট্রিংগলার ও তার সহকর্মীরা

(১৯৬৬) এটি  $T_4$  ফাঙে প্রথম প্রমাণ করেন। তিনটি বেস একসাথে ছাঁত হলে বা সংযুক্ত হলে একটি মাত্র কোডেন, তথা একটি এমাইনো এসিড মাত্র পরিবর্তিত হয়।

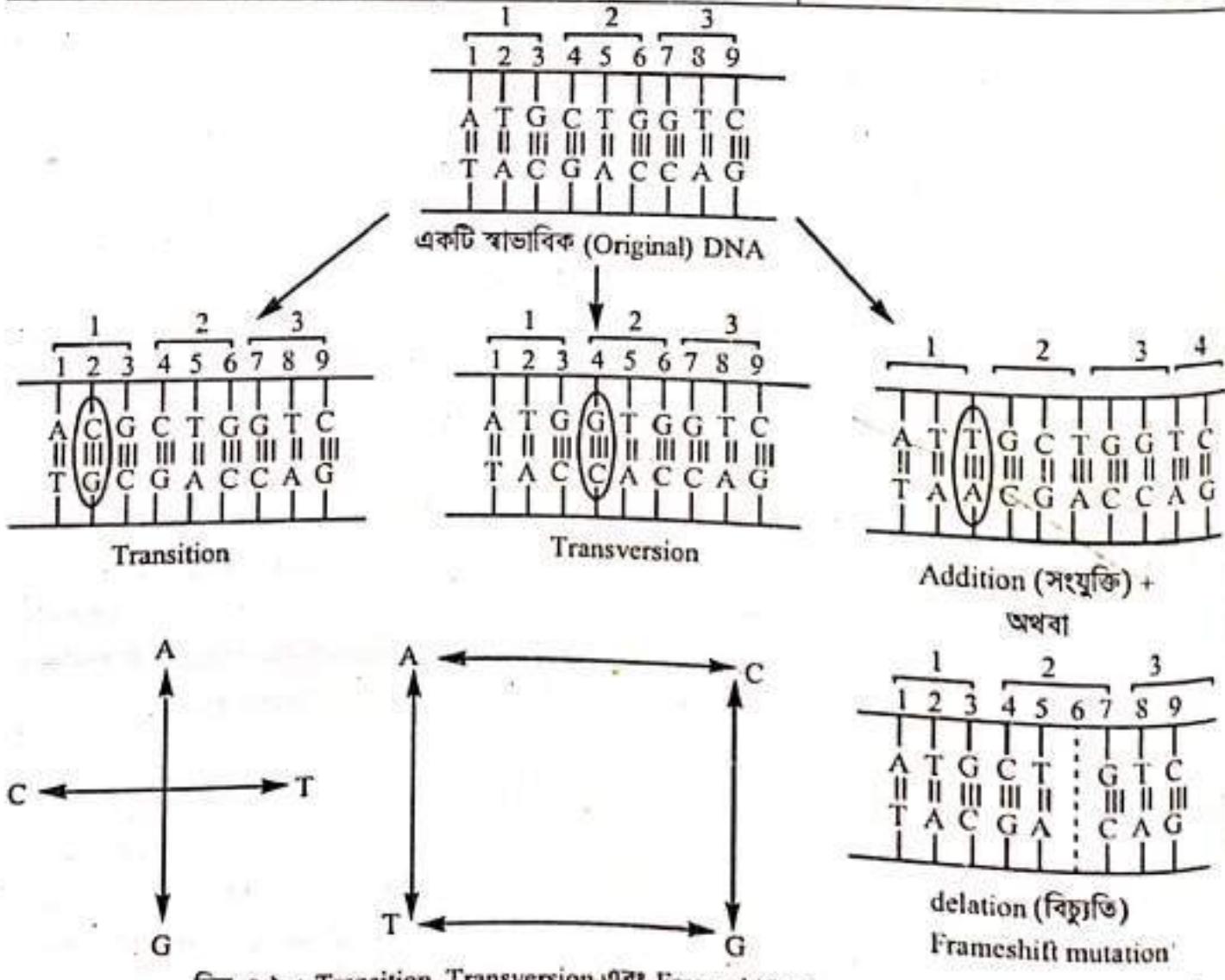


চিত্র-৩.৮ : DNA প্রতিলিপনে এক্রিডিন রঞ্জক (প্রোগ্রামিন) এর প্রভাব।

### ৩.১৫ Transition, Transversion এবং Frameshift Mutation এর মধ্যে পার্থক্য

Transition	Transversion	Frameshift mutation
১. একটি পিউরিনের পরিবর্তে অন্য আর একটি পিউরিন অথবা একটি পাইরিমিডেনের পরিবর্তে অন্য আর একটি পাইরিমিড প্রতিস্থাপিত হয়।	১. একটি পিউরিনের পরিবর্তে অন্য আর একটি পাইরিমিডিন বা একটি পাইরিমিডিনের পরিবর্তে অন্য একটি পিউরিন প্রতিস্থাপিত হয়।	১. একটি বা একাধিক নিউক্লিওটাইডের বিচ্ছান্ন বা সংযুক্তি ঘটে, প্রতিস্থাপন হয় না।
২. একটি ট্রানজিশন মিউটেশনের ফলে একটি কোডের পরিবর্তন হয়।	২. একটি ট্রাপ্যার্সনের ফলে একটি কোডের পরিবর্তন হয়।	২. একটি ফ্রেমশিফট মিউটেশনের ফলে মিউটেশনের স্থান থেকে পরবর্তী সমান্ত বা কয়েকটি কোড পরিবর্তিত হয়।
৩. একটি ট্রানজিশন মিউটেশনের ফলে পলিপেপ্টাইডের একটি মাত্র এমাইনো এসিড পরিবর্তিত হয়, অন্যগুলি অপরিবর্তিত থাকে।	৩. একটি ট্রাপ্যার্সনের ফলে একটি এমাইনো এসিডের পরিবর্তন ঘটে। অন্যগুলো অপরিবর্তিত থাকে।	৩. একটি ফ্রেমশিফট মিউটেশনের ফলে মিউটেশনের স্থান থেকে পরবর্তী সকল এমাইনো এসিড পরিবর্তিত হতে পারে।
৪. ইহা চার প্রকার।	৪. ইহা আট প্রকার।	৪. ইহা অনেক প্রকার।
৫. এক্ষেত্রে DNA তে লুপ সৃষ্টি হয় না।	৫. এক্ষেত্রে DNA তে লুপ সৃষ্টি হয় না।	৫. DNA তে লুপ সৃষ্টি হয়।

Transition	Transversion	Frameshift mutation
৬. নাইট্রাস এসিড, বেস এনালগ, হাইড্রোক্সিল এমাইন, ফারকৌয় দ্রব্য প্রধানত Transition ঘটায়।	৬. ক্ষারীয় দ্রব্য প্রধান রাসায়নিক বস্তু যা Transversion ঘটায়।	৬. Acridinedye প্রধান রাসায়নিক বস্তু যা Frame shift mutation ঘটায়।
৭. বেস এনালগ দ্বারা Reversible।	৭. বেস এনালগ দ্বারা সাধারণত Reversible নয়।	৭. বেস এনালগ দ্বারা Reversible নয়।



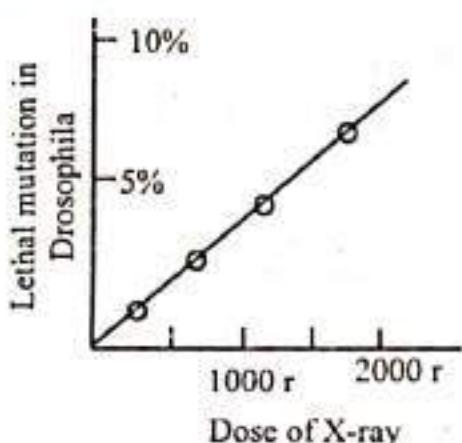
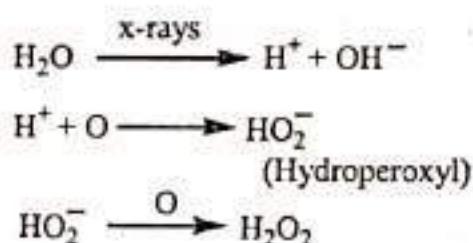
চিত্র-৩.৯ : Transition, Transversion এবং Frameshift Mutation এর উৎপত্তি।

### ৩.১৩ মিউটাজেনের মাধ্যমে মিউট্যান্ট সংঘটন প্রক্রিয়া (Mechanism of Mutagenesis) ভৌত ও রাসায়নিক মিউটাজেন নিম্নলিখিত ভাবে মিউটেশন ঘটায়—

#### ৩.১৩.১ ভৌত মিউটাজেনসমূহ (Physical Mutagens)

(ক) আয়নিতকর মিউটাজেন (Ionizing radiations) : H. J. Muller (1927) সর্বপ্রথম Ionizing radiation (x-ray)-এর সহায়তায় *Drosophila*-তে কৃতিম উপায়ে মিউটেশন ঘটাতে সক্ষম হন। Ionizing radiation (x-ray,  $\gamma$ -ray,  $\alpha$ -ray,  $\beta$ -ray)

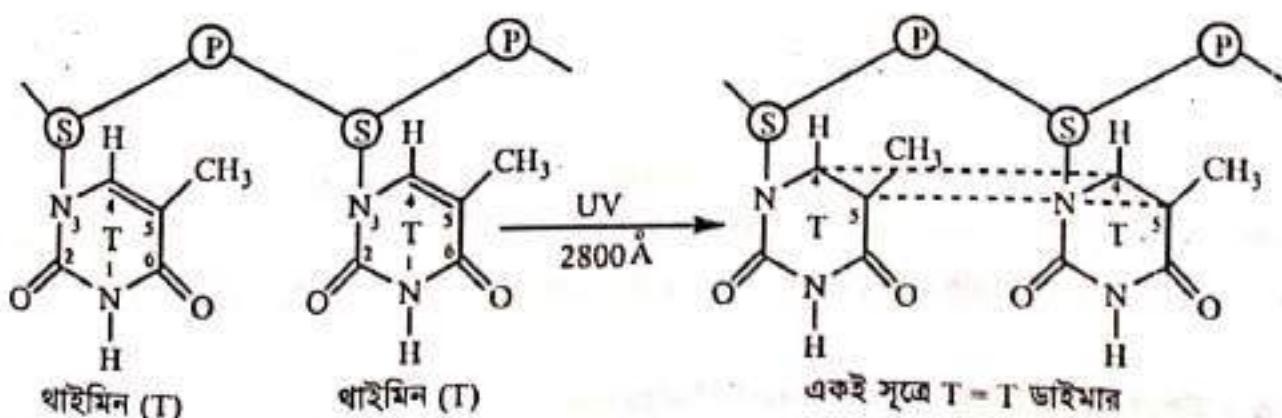
ray, Protons, neutrons, cosmic rays) কোষাভ্যন্তরে প্রবেশ করলে কোষস্থ অণুর সাথে সংঘর্ষের কারণে ইলেক্ট্রন নির্গত হয়। এই ইলেক্ট্রন আবার অন্য অণুর সাথে সংঘর্ষের মাধ্যমে ইলেক্ট্রন নির্গত করে। এর ফলে স্থায়ী (Stable) অণু সক্রিয় (reactivation) অবস্থা প্রাপ্ত হয় এবং মিউটেশন ঘটায়। এজন্য একে Ionizing radiation বলে। এই ইলেক্ট্রন কোষস্থ পানিকে শক্তিশালী জারণ ক্ষমতা সম্পন্ন Hydro peroxyl radical-এ পরিণত করে।



চি.৩.১০ : X-ray প্রয়োগে মিউটেশনের হার।

$H_2O^-$  এবং  $H_2O_2$  অত্যন্ত ক্রিয়াশীল বস্তু এবং DNA কে জারিত করে বেসের টটোমার সৃষ্টি করে এবং প্রতিষ্ঠাপন প্রক্রিয়ায় মিউটেশন ঘটায়। আয়নিত রশ্মি DNA সূরক্ষে ভেঙে ফেলতে সক্ষম। আয়নিত রশ্মির মাত্রা ও পরিমাণ বৃক্ষির সাথে সাথে মিউটেশনের হারও বৃক্ষি পায়। (চিত্র-১২.১০) উচ্চ শক্তির আয়নিত রশ্মি অল্প সময় প্রয়োগ করলে যে ফল হয়, নিম্ন শক্তির রশ্মি অনেক সময় ধরে প্রয়োগ করলে অনেক সময় একই ফল পাওয়া যায়। বারবার নিম্নশক্তি ব্যবহার করলেও একবার উচ্চ শক্তির রশ্মি ব্যবহার করার সমান ফল লাভ করা যায়।

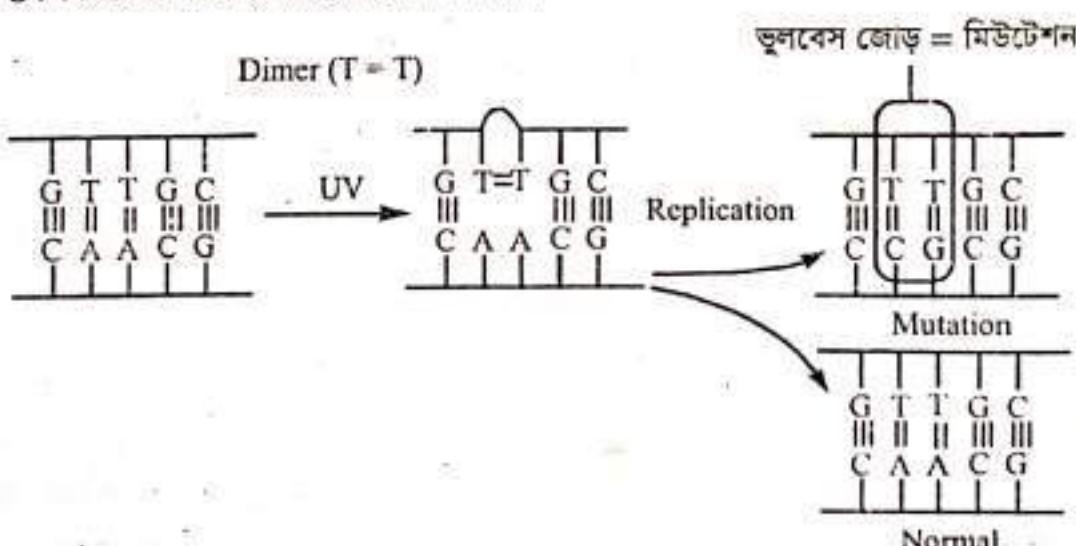
(খ) নন-আয়নিতকর বিকিরণ (UV) Non-ionizing radiation (UV) : Alterburg (1934) সর্বপ্রথম 2540Å তরঙ্গ দৈর্ঘ্যের অভিবেগনি রশ্মি (UV) প্রয়োগ করে *Drosophila*-এর পোলার ক্যাপ সেলের মিউটেশন ঘটান। অভিবেগনি রশ্মি আয়নিতকর নয় এবং x-ray এর চেয়ে মৃদু। ভূট্টার পরমাণুরেণুতে 2540Å UV স্বচেয়ে বেশি মিউটেশন ঘটায় (Strickburger, 1986)।



### DNA এর একটি সূচনার অংশ

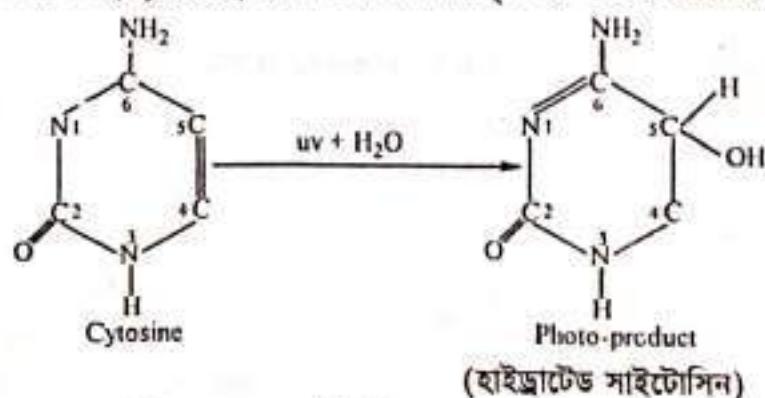
চিত্র-৩.১১ : UV-এর মাধ্যমে  $T = T'$  ডাইগ্রাম সৃষ্টি

DNA-এর পাইরিমিডিন (T ও C) বিশেষ ভাবে UV শোষণ করে। এই রশ্ব শোষণ করলে পাইরিমিডিনের 4 ও 5 নং কার্বনের মধ্যকার দ্বিক্ষন ভেঙে যায়। এর ফলে একই সূত্রের পাশাপাশি পাইরিমিডিনের মধ্যে ডাইমারের সৃষ্টি হয়। এ প্রক্রিয়াকে ডাইমারাইজেশন (Dimerisation) বলে। ডাইমার গঠনের ফলে ঐ স্থানে রেপ্লিকেশন বন্ধ থাকে এবং লিথালিটি দেখা দেয় অথবা রেপ্লিকেশনের সময় নতুন পরিপূরক সূত্রে ভুল বেস প্রতিস্থাপিত হয়। অর্থাৎ Transition এবং Transversion ঘটে। ধাইমিন থাইমিন ( $\text{TT}^{\wedge}$ ) ডাইমার  $\text{CC}^{\wedge}$  অথবা  $\text{GG}^{\wedge}$  ডাইমারের চেয়ে বেশি হারে ঘটে।  $2600-2700\text{\AA}$  তরঙ্গ দৈর্ঘ্যের UV মিউটেশনের জন্য সবচেয়ে বেশি কার্যকর।



চিত্র-৩.১২ : ডাইমারাইজেশন এবং মিউটেশনযুক্ত DNA সৃষ্টি

সাইটোসিন UV শোষণ করে জলাধিক (Hydrated) হয়। ফলে উত্তোমার সৃষ্টি হয় এবং Transition এবং Transversion ঘটে।



চিত্র-৩.১৩ : সাইটোসিনের আলোক উপজাত দ্রব্য

গ. তাপ (Temperature) : কোন কোন জীবে উচ্চতর তাপমাত্রা অযোগ্যের মাধ্যমে মিউটেশন ঘটানো যায়। Muller<sup>৪৪</sup> মতে, প্রতি  $10^{\circ}\text{C}$  তাপমাত্রা বৃদ্ধির জন্য *Drosophila* তে মিউটেশনের হার ৪-৫ গুণ বৃদ্ধি পায়।

### ৩.১৩.২ রাসায়নিক মিউটাজেনস (Chemical Mutagens)

যে সমস্ত রাসায়নিক বস্তু মিউটেশন ঘটাতে পারে, তাদেরকে রাসায়নিক মিউটাজেন বলে। এগুলো হচ্ছে—

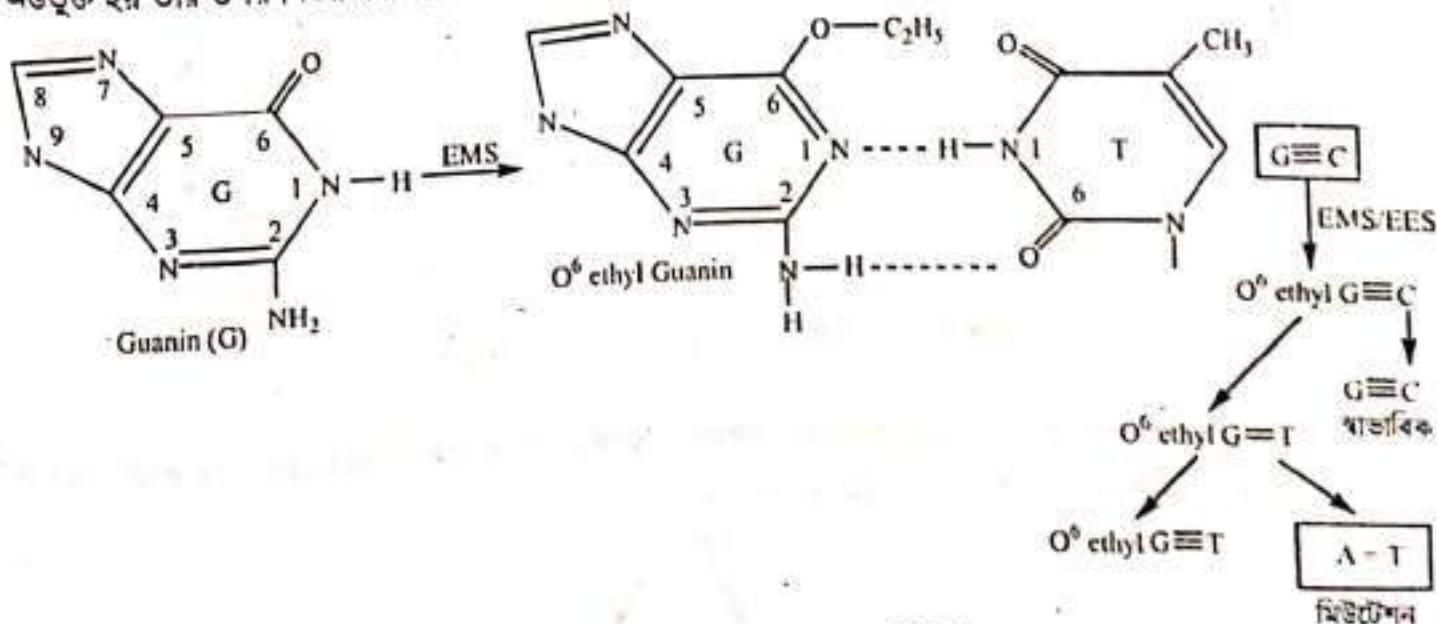
(ক) ক্ষারকীয় দ্রব্যাদি (Alkylating agents) : Alkylating agents এখন ক্ষারকীয় মিউটাজেনগুলো হচ্ছে—Mustard gas, Nitrogen mustard, EMS, EES, NTG ইত্যাদি। এ সমস্ত ক্ষারকীয় দ্রব্য প্রধানত Alkyl group (ইথাইল<sup>৪৫</sup>

মিথাইল) কে DNA তে প্রবিষ্ট করায় বলে এদেরকে Alkylating agents বলা হয়। ক্ষারকীয় দ্রব্য তিনভাবে মিউটেশন ঘটাতে পারে—

- ইথাইল বা মিথাইল গ্রুপ যুক্ত করে এবং একে বেস এনালগের ন্যায় আচরণ করায়, ফলে ভুল বেস জোড় গঠন করে।
- এরা ক্ষারকীয় গুয়ানিনের বিচ্যুতি ঘটাতে পারে এবং DNA অণুতে ফাঁক সৃষ্টি হয়। এই ফাঁকে ভুল বেস প্রতিস্থাপিত হয় অথবা অনুলিপনে অসুবিধা ঘটায়।
- একই বা ডিন্যু ডিন্যু মধ্যে Cross Linkage সৃষ্টি হতে পারে, ফলে নিউক্লিওটাইডের বিচ্যুতি ঘটাতে পারে।

ক্ষারকীয় দ্রব্য প্রধানত Transition এবং Transversion ঘটায়। Mustard gas এর মিউটাজেনিক ক্ষমতা হিতীয় বিশ্ববৃক্ষের সময় প্রমাণিত হয়। EMS, EES, MMS মাস্টার্ড গ্যাস অপেক্ষা কম উচ্চ। এদের দ্বারা Transition, Transversion, এমনকি কোন কোন ক্ষেত্রে Frameshift Mutation ও ঘটানো যায়। EES দ্বারা উৎপাদিত মিউটেশনের প্রায়  $\frac{2}{3}$  ভাগ

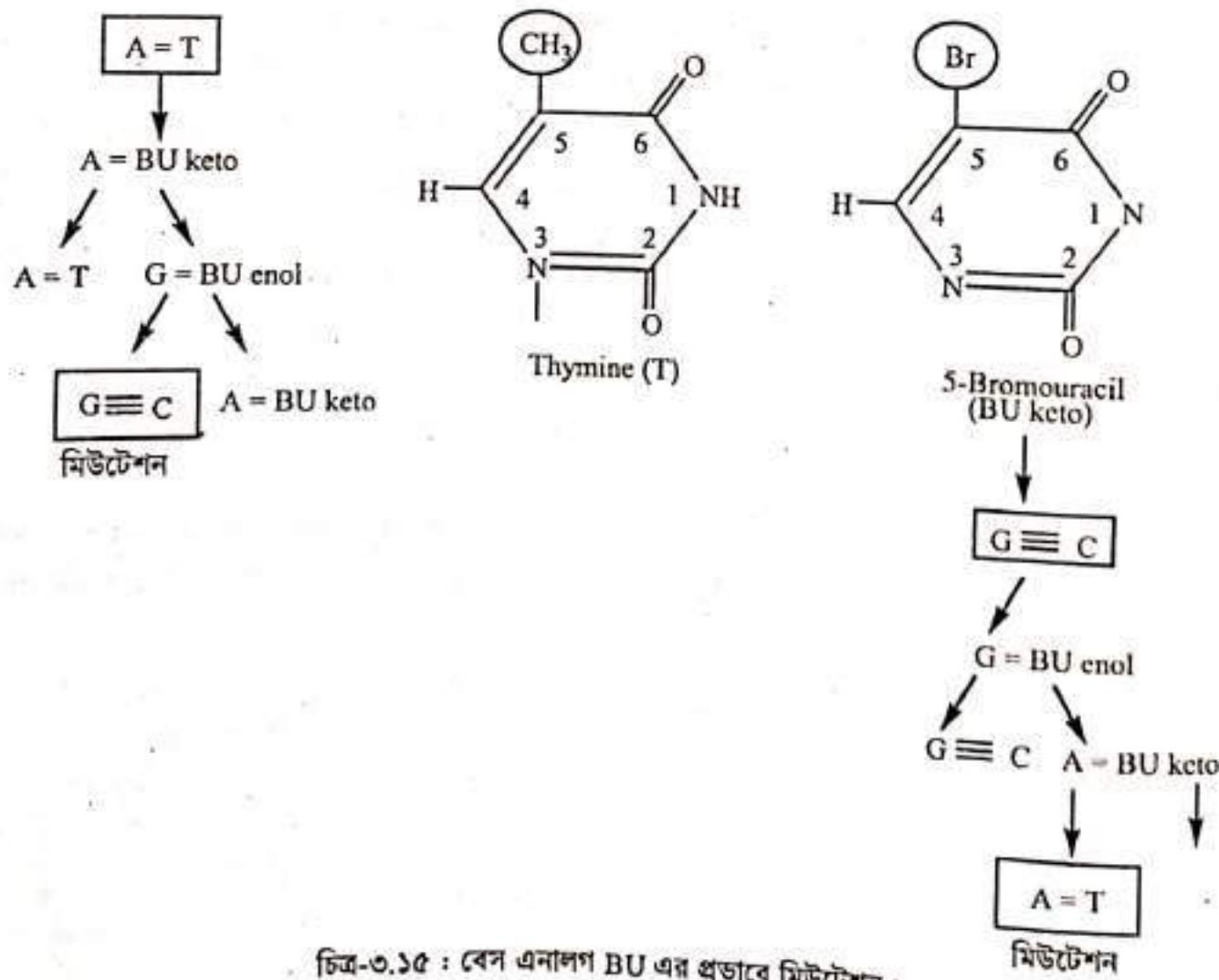
Transition এবং  $\frac{1}{3}$  ভাগ (প্রায়) transversion mutation. Ethyl-methane-Sulfonate (EMS) এবং Ethyl ethane-sulfonate (EES) দুটি বহুল প্রচলিত রাসায়নিক মিউটাজেন। এরা মাস্টার্ড গ্যাসের ন্যায় ততটা বিষাক্ত (toxic) নয়। এরা সরাসরি গুয়ানিনের উপর কাজ করে। গুয়ানিনের 7মৎ স্থানে ইথাইল বা মিথাইল গ্রুপ যোগ করে। এছাড়া গুয়ানিনের 6মৎ কার্বনের অক্সিজেনের সাথেও ইথাইল বা মিথাইল গ্রুপ এভাবে যুক্ত হতে পারে। এসব ক্ষারকীয় দ্রব্য গুয়ানিন বেস এনালগের ন্যায় আচরণ করে এবং ভুল বেস জোড় গঠন করে। এর ফলে GC  $\rightarrow$  AT প্রতিস্থাপন ঘটে। এছাড়া এসব ক্ষারকীয় গুয়ানিনের ইথাইল গ্রুপ গুয়ানিনের সাথে ডিঅ্যুরাইবোস সুগারের বক্সনীকে দুর্বল করে দেয়। এবং DNA সূত্র থেকে গুয়ানিন বিচ্যুত (loss) হয়ে পড়ে। ফলে DNA সূত্রে ফাঁক সৃষ্টি হয়। চারটি বেসের কোনটি এই ফাঁকে অন্তর্ভুক্ত হয় তার উপর নির্ভর করে Transition না Transversion হবে।



চিত্র-৩.১৪ : EMS/EES এর প্রভাবে মিউটেশন

প্রতিস্থাপনের মাধ্যমে এভাবে একটি জিনের মিউটেশন ঘটিয়ে পলিপেপটাইডে একটি নতুন এমাইনো এসিড প্রবেশ করানো যায়।

(৪) বেস সদৃশ বস্তুসমূহ (Base analogs) : কতগুলো রাসায়নিক পদার্থের আণবিক গঠন সাধারণত বেসের ন্যায় এবং DNA অনুলিপনের সময় এরা DNA অণুতে শাভাবিক বেসের পরিবর্তে অন্তর্ভুক্ত হয়ে যেতে পারে। ফলে পরবর্তী অনুলিপনের মাধ্যমে বেসের প্রতিস্থাপন ঘটে। উদাহরণস্বরূপ 5-bromouracil (BU) এর গঠন থাইমিনের ন্যায় এবং থাইমিনের পরিবর্তে এটি DNA অণুতে প্রতিস্থাপিত হতে পারে। BU সাধারণত keto অবস্থায় থাকে, কখনও এটি enol অবস্থায় Tautomer সৃষ্টি করতে পারে। keto অবস্থায় BU এজেনিনের সাথে বেস জোড় গঠন করে। ফলে  $A = T$  কে  $G = C$  অথবা  $G = C$  কে  $A = T$  -তে প্রতিস্থাপিত করে।



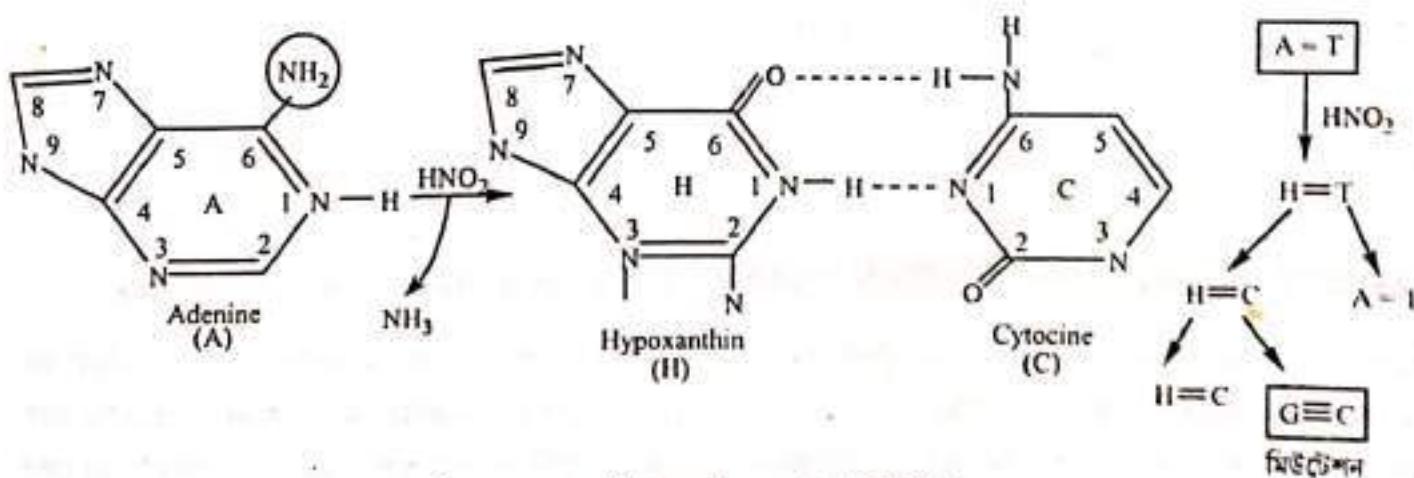
চিত্র-৩.১৫ : বেস এনালগ BU এর প্রভাবে মিউটেশন।

2-aminopurine (AP) বেস এনালগটি BU-এর ন্যায় মিউটেশন ঘটায়। এটি A এর পরিবর্তে DNA-তে প্রবেশ করে এবং  $A = T \rightarrow G = C$  অথবা  $G = C$  কে  $A = T$  -তে প্রতিস্থাপিত করে।



(গ) **Acridines** : প্রধান এক্রিডিন রঞ্জক হচ্ছে Proflavin, Acridine Orange, Acridine yellow, Eethidium bromide ইত্যাদি। Acridine dyes DNA এর একটি সূত্রের পাশাপাশি বেসের মাঝখানে অবস্থান নেয় এবং উক্তস্থানে DNA সূত্রের দৈর্ঘ্য পূর্বের হিঁতগ (৬-৮ Å) বৃদ্ধি পায়। ফলে অনুলিপনের সময় এই রঞ্জকযুক্ত স্থানের পরিপূরক সূত্রে নতুন বেস যুক্ত হয়। কিন্তু রঞ্জকযুক্ত সূত্রে রঞ্জক স্থানে একটি বেস বাদ পরে বা বিছুত হয় (চিত্র-১২.৮)। এক্ষেত্রে একটি বেসের পরিবর্তে অন্য বেস সাধারণত প্রতিস্থাপিত হয় না বলে Frame shift mutation ঘটে। Proflavin এবং ethidium bromide কখনও কখনও Frame shift mutation ঘটায় এবং DNA অনুলিপনে বাধার সৃষ্টি করে। [Phages এবং মাইটোক্রিয়ার DNA এর ক্ষেত্রে Acridines খুবই কার্যকর। তবে প্রকৃত কোষের ক্ষেত্রে এর ভূমিকা বিতর্কিত।]

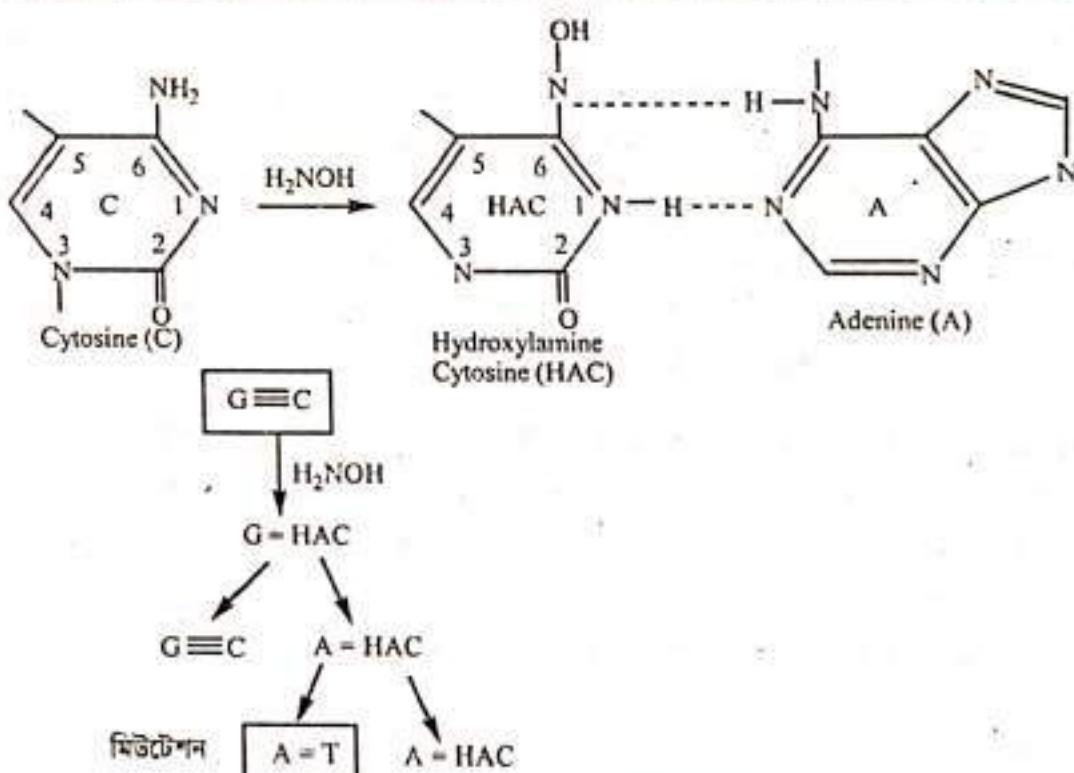
(ঘ) **Deaminating agent (Nitrous acid)** : নাইট্রাস এসিড সরাসরি এডেনিন এবং সাইটোসিনকে ডি-এমাইনেশন প্রক্রিয়ায় যথাক্রমে হাইপোজ্যান্থিন (H) এবং ইউরাসিলে (U) পরিণত করে। এরপর H = C এবং U = A বেস জোড় গঠিত হয়। পরবর্তী অনুলিপনের সময় A এর পরিবর্তে G এবং T এর পরিবর্তে C প্রতিস্থাপিত হয়। গুয়ানিন ডি-এমাইনেশন প্রক্রিয়ায় অস্থায়ী জেনথিন উৎপন্ন করে, যা C বা T এর সাথে বেস জোড় সৃষ্টি করতে পারে না এবং লিথাল অবস্থার সৃষ্টি হয়। T এবং U এর এমাইনো ফ্র্যাপ না থাকায় এ দুটি বেস HNO<sub>2</sub> দ্বারা আক্রান্ত হয় না।



চিত্র-৩.১৬ : নাইট্রাস এসিডের দ্বারা মিউটেশন।

(ঙ) **হাইড্রোক্সিল এমাইন ও অন্যান্য রাসায়নিক মিউটাজেন** : অন্যান্য রাসায়নিক মিউটাজেন হচ্ছে Hydroxylamine (HA), Formaldehyde, Methyl Chloride ইত্যাদি। এ সকল মিউটাজেন সরাসরি DNA এর বেসের সাথে বিক্রিয়া করে মিউটেশন ঘটায়।

হাইড্রোক্সিল এমাইন (NH<sub>2</sub>OH) বা HA একটি গুরুত্বপূর্ণ মিউটাজেন যা অল্লমাহার্যা ও সুলিমিটভাবে মিউটেশন ঘটায়। ইহা ডি-এমাইনেশন প্রক্রিয়ায় সাইটোসিনের এমাইনো ফ্র্যাপকে অপসারিত করে OH প্রতিস্থাপিত করে। এরপর উটোমারিক শিফট প্রক্রিয়ায় পরিবর্তিত হয়ে এডিনিনের সাথে বেস জোড় গঠন করতে পারে এবং Transition ঘটায়।



চিত্র-৩.১৭ : HA-এর মাধ্যমে মিউটেশন।

ফর্মালডিহাইড, মিথাইল ক্লোরাইড ইত্যাদি পদার্থে বেসের পরিবর্তন সাধন করে মিউটেশন ঘটাতে পারে।

### ৩.১৪ অণুজীবের জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথককরণ (Isolation of Biochemical Mutants)

জিনের মিউটেশনের কারণে কোন জীব যদি বৃক্ষির জন্য প্রয়োজনীয় কোন জৈব রাসায়নিক পদার্থ সংশ্লেষণে অক্ষম হয় তাহলে এই জীবকে জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট (Biochemical mutant) বলে। প্রয়োজনীয় আবাদ মাধ্যমে চাষাবাদ করে এসব মিউট্যান্টকে সনাক্ত ও পৃথক করা যায়। মিউটেশনের ফলে কোন অণুজীবের যদি বৃক্ষির জন্য প্রয়োজনীয় কোন জৈব রাসায়নিক পদার্থ সংশ্লেষণে অক্ষম হয় তবে ন্যূনতম আবাদ (Minimal culture) মাধ্যমে তা যোগ করে জন্মানো যায়। এ ধরনের মাধ্যমকে সম্পূর্ণরূপ আবাদ মাধ্যমে বলা হয়। আর এরপর মিউট্যান্টকে অর্জোটোফ (Auxotroph) বলে।

অণুজীবের (বিশেষ করে ব্যাটেরিয়ার) জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট নিম্নলিখিতভাবে সনাক্ত ও পৃথক করা যায়—

- ১) প্রথমে একটি টেস্টটিউবে অণুজীবের সাথে মিউটাজেন মিশ্রিত করে খাকাতে হয় অথবা সুবিধাজনক বিকিবণ প্রয়োগ করতে হয়।
- ২) এরপর কোন ধরনের মিউটেশন ঘটেছে তা পরীক্ষা করার জন্য এই পদার্থ ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে প্রয়োগ করতে হয়। ধরা যাক, কোন ধরনের এ মাইনো এসিডের মিউট্যান্ট তৈরি হয়েছে তা নির্বাচন বা সনাক্ত করতে হবে। এ ক্ষেত্রে ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমের সাথে ২০ রকমের এমাইনো এসিড যোগ করে সম্পূর্ণরূপ মাধ্যম তৈরি করে মিউটাজেন প্রয়োগকৃত অণুজীবকে কালচার করা হয়। এ প্রেটে বন্য ও মিউট্যান্ট সমন্ত অণুজীবই কলোনী সৃষ্টি করে। একে মাস্টার প্রেট (Master plate) বলে।
- ৩) এরপর প্রতি প্রেটিডিসের ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে একটি বাদে ১৯টি এমাইনো এসিড যোগ করে ২০টি রেপ্লিকা প্রেট তৈরি করা হয়। অর্ধাং প্রতিটি প্রেটিডিসে একটি বাদে অন্য সমন্ত এমাইনো এসিড থাকে। প্রতিটি প্রেটে কোন এমাইনো এসিড যোগ করা হয়নি তা লিখে রাখা হয়।

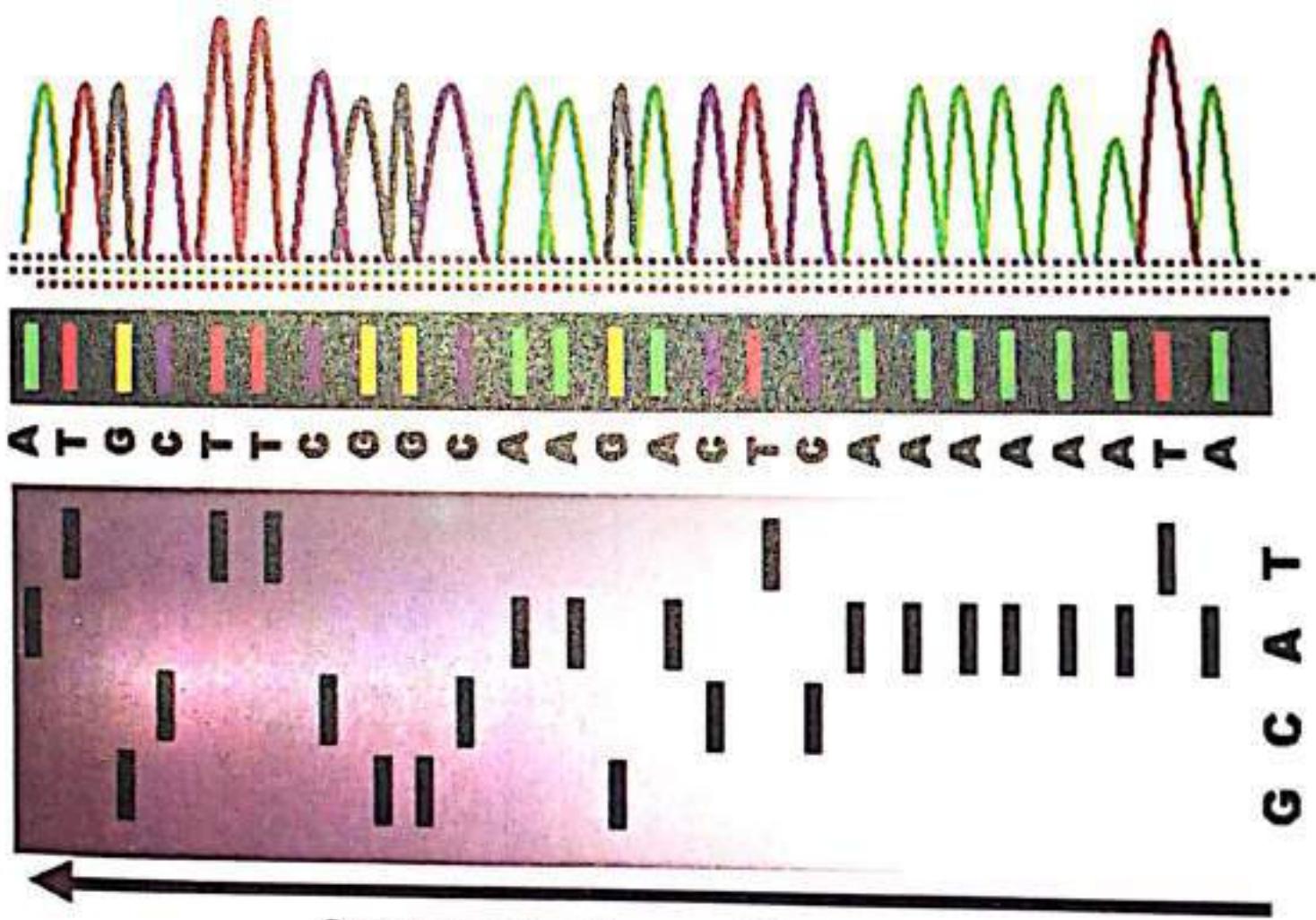
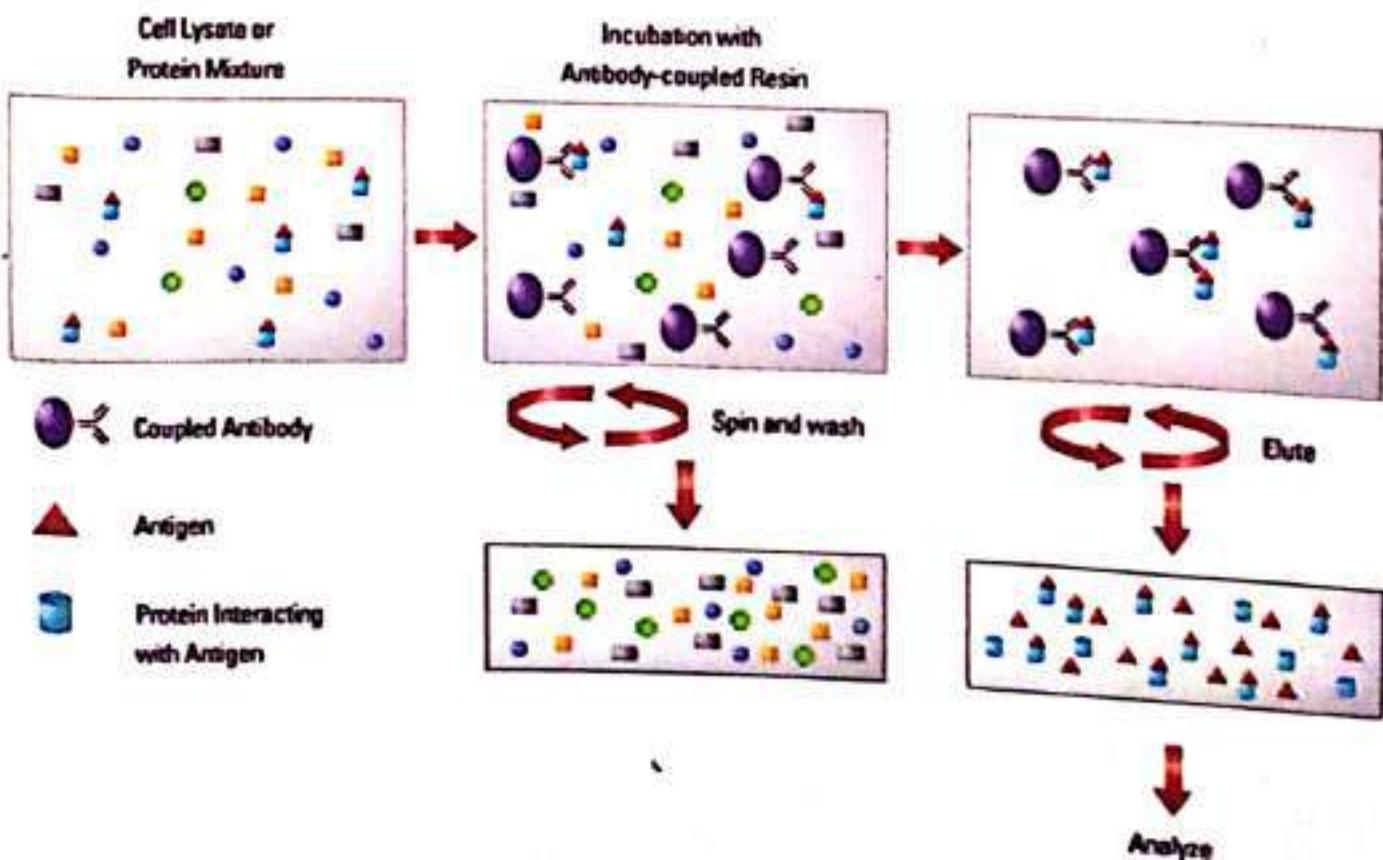
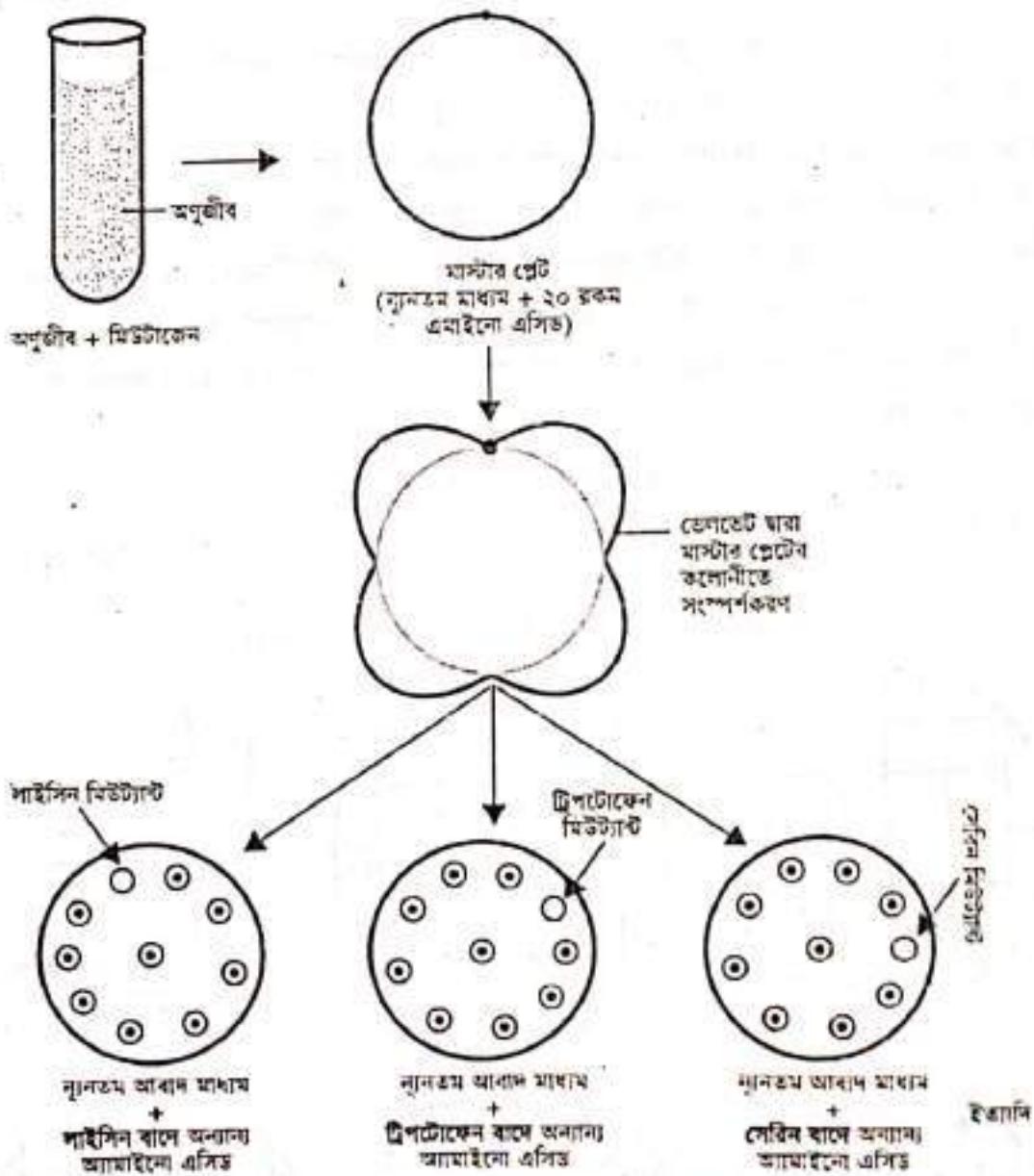


Fig : Radioactive Fluorescent Sequence of DNA



- ૪) એરપર વિશેષ કરે તૈરિ કરા ભેલભેટ કાપડ માસ્ટાર પ્રેટેર કલોનીની સંસ્પર્શે આના હય યાતે કલોનીની અણુજીવ ભેલભેટે નિર્દિષ્ટ સ્થાને લેગે યાયા। એરપર એ ભેલભેટ કાપડ દિયો રેપ્લિકા પ્રેટેર કાલ્ચાબ માધ્યમે સ્પર્શ કરાન હય। ૨૦ટિ પ્રેટે એકિભાવે સ્પર્શ કરા હય। એર ફલે રેપ્લિકા પ્રેટેર નિર્દિષ્ટ સ્થાને અણુજીવ સ્થાનાત્તરિત હય।



ચિત્ર-૩.૧૮ : Biochemical mutant પૃથ્વીક બારાર રેપ્લિકા પદ્ધતિ (Replica technique)

- ૫) એરપર ઉપયુક્ત તાપમાત્રાય પ્રેટોળિ રેખે દિયો નિર્દિષ્ટ સમય પર પરીક્ષા કરા હય।  
 ૬) નત્તુન રેપ્લિકા પ્રેટેર નિર્દિષ્ટ કોન અબસ્થાને અણુજીવેર કલોનીની અનુપસ્તિ દેખા ગેલે બુઝતે હવે યે, એ પ્રેટે યે એયાઇનો એસિડટિ યોગ કરા હયનિ, અણુજીવટિ તારઇ બાયોકેમિકાલ મિડટોટ।  
 ૭) ધરા યાક, એકટિ કલોની માસ્ટાર પ્રેટે છિલ, કિન્તુ લાઇસિન વિહીન રેપ્લિકા પ્રેટે એ કલોની સૃષ્ટિ હયનિ। એતે બુધા યાવે યે અણુજીવટિ લાઇસિન મિડટોટ (L<sup>-</sup>)।

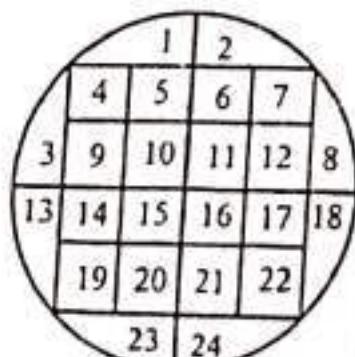
એતાબે અણુજીવેર વિશેષ કરે બ્યાટોરિયાની બાયોકેમિકાલ મિડટોટ સનાક્ત કરા યાય એવં પૃથ્વીક કરા યાય।

[જ્ઞાનક *Neurospora*-એ જૈવ રાસાયનિક મિડટોટની પૃથ્વીક કરારા પદ્ધતિ : અધ્યાય ૧૦.૫ દ્વારા।]

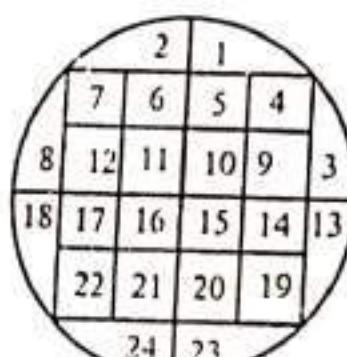
### ৩.১৫ ছাকের অজানা বায়োকেমিক্যাল মিউট্যান্ট সনাত্তকরণ, শ্রেণিকরণ ও ফিকোয়েলি নির্ণয়

ছাক *Neurospora crassa*-এর অজানা বায়োকেমিক্যাল মিউট্যান্ট সনাত্তকরণের জন্য Sm(Sorbose medium) নামক বিশেষ আবাদ মাধ্যমে চাষ করা হয় ; এ মাধ্যমে ছাকের সীমিত বৃক্ষি ঘটে এবং পাশা পাশি সৃষ্টি কলোনিওগুলো পরম্পর পৃথক থাকে । নিম্নলিখিতভাবে পরীক্ষাটি করা হয় ।

১. প্রথমে তিন প্রকার অ্যামাইনো এসিড নিয়ে প্রতি প্রেটে দুই প্রকার অ্যামাইনো এসিড সম্পূরক হিসেবে ব্যবহার করে মোট তিনটি কালচার প্রেট (L.M.N) তৈরি করা হয় ।
২. প্রতি জোড়া পেট্রিডিসের উপরের ঢাকনা অংশে সম্পূরক অ্যামাইনো এসিডের নাম লিখে রাখা হয় এবং প্রতিটি কালচার প্রেটের নিম্নপৃষ্ঠে গ্রাস মার্কার পেন দিয়ে রেখা টেনে মোট ২৪টি ঘর করা হয় (চিত্র-১২.১৯) ।
৩. তিনটি পেট্রিডিসের প্রতিটির একই নম্বরের ঘরে এভাবে প্রতিটি টিউবের মিউট্যান্ট ইনোকুলেট করা হয় । এভাবে প্রতিটি পেট্রিডিসের ২৪টি ঘরে ২৪ রকমের মিউট্যান্ট ইনোকুলেট করা হয় ।
৪. প্রতিটি কালচার টিউব থেকে ছাক ইনোকুলেট করার পূর্বে ইনোকুলেটিং নিডল শিখায় পুড়িয়ে নিজীব পানিতে ঠাভা করে নিতে হয় ।
৫. এরপর ৭-১০দিন ২৫° সে তাপমাত্রায় ইনকুবেট করা হয় ।
৬. তিনটি কালচার প্রেটের ছাকের বৃক্ষির ধরন বা প্রকৃতি থেকে এদেরকে নিম্নলিখিতভাবে ভাগ করা যায়—  
 i) Single Mutant. ii) Double Mutant. iii) Triple Mutant. iv) Prototroph or wild.
৭. একটি ছকে তিনটি কালচার প্রেটের পর্যবেক্ষণ লিখে তা বিশ্লেষণ করা হয় ।



পেট্রিডিস-এর উপরি দৃশ্য  
(Top view)



পেট্রিডিস-এর তলীয় দৃশ্য  
(Lower view)



*N. crassa* মিউট্যান্ট  
সহ একটি সম্পূরক  
কালচার টেস্টিটিউব

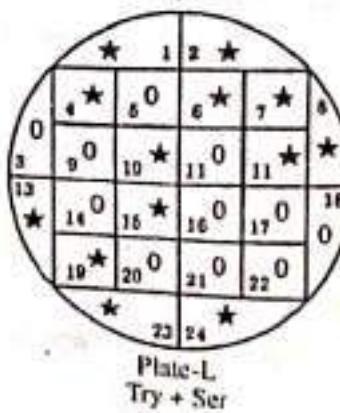


Plate-L  
Try + Ser

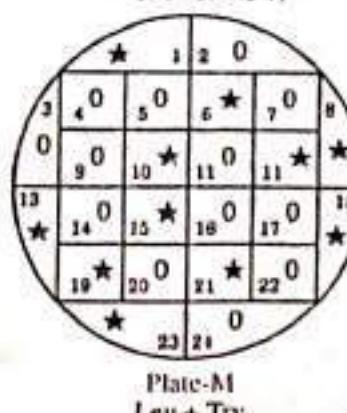


Plate-M  
Leu + Try

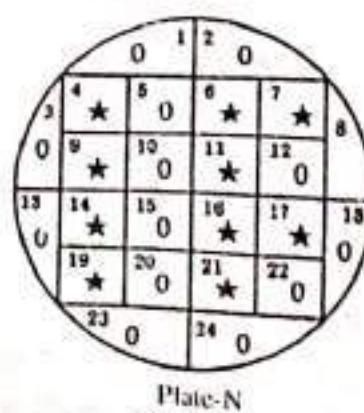


Plate-N  
Ser + Leu

চিত্র-৩.১৯ : সম্পূরক আবাদ মাধ্যমে *N. crassa*-র অজানা বায়োকেমিক্যাল মিউট্যান্ট সনাত্তকরণ  
 \* স্টার চিহ্নিত ঘরে ছাকের কলোনী সৃষ্টি হয়েছে ।

ছবি : তিনটি কালচার প্রেট (L.M.N) এর ছাঁকের বৃক্ষির ধরন পর্যবেক্ষণ ও সনাতকরণ :

ক্র. নং	প্রেট-L	প্রেট-M	প্রেট-N	সনাতকরণ		মন্তব্য
	Try + Ser	Try + Leu	Leu + Ser	মিউট্যান্টের নাম	মিউট্যান্টের ধৰ্ম	
1	+	+	-	Try	Single	Single mutant (Try)
2	+	-	-	Ser + Try	Double	Double mutant (Ser + Try)
3	-	-	-	Unknown	Triple	Triple mutant (Ser + Try + Leu)
4	+	-	+	Ser	Single	Single mutant (Ser)
5	-	-	-	Unknown	Triple	Triple mutant (Ser + Try + Leu)
6	+	+	+	Prototroph	Wild	Wild
7	+	-	+	Ser	Single	Single mutant (Ser)
8	+	+	-	Try	Single	Single mutant (Try)
9	-	-	+	Leu + Ser	Double	Double mutant (Leu + Ser)
10	+	+	-	Try	Single	Single mutant (Try)
11	-	-	+	Leu + Ser	Double	Double mutant (Leu + Ser)
12	+	+	-	Try	Single	Single mutant (Try)
13	+	+	-	Try	Single	Single mutant (Try)
14	-	-	+	Leu + Ser	Double	Double mutant (Leu + Ser)
15	+	+	-	Try	Single	Single mutant (Try)
16	-	-	+	Leu + Ser	Double	Double mutant (Leu + Ser)
17	-	-	+	Leu + Ser	Double	Double mutant (Leu + Ser)
18	-	+	-	Leu + Try	Double	Double mutant (Leu + Try)
19	+	+	+	Prototroph	Wild	Wild
20	-	-	-	Unknown	Triple	Triple mutant (Leu + Ser + Try)
21	-	+	+	Leu	Single	Single mutant (Leu)
22	-	-	-	Unknown	Triple	Triple mutant (Leu + Ser + Try)
23	+	+	-	Try	Single	Single mutant (Try)
24	+	-	-	Ser + Try	Double	Double mutant (Ser + Try)

সনাতকৃত মিউট্যান্টস-এর শ্রেণিবিন্যাসকরণ এবং ফিকোয়েশি নির্ণয় :

$$\text{ফিকোয়েশি } F = \frac{M}{T} \times 100 = (m \times 100)/24$$

এখানে  $F$  = ফিকোয়েশি

$M$  = নির্দিষ্ট শ্রেণির মিউট্যান্টের সংখ্যা

$T$  = মোট মিউট্যান্ট

সনাতকৃত মিউট্যান্টস-এর শ্রেণিবিন্যাস এবং ফিকোয়েশি নির্ণয়

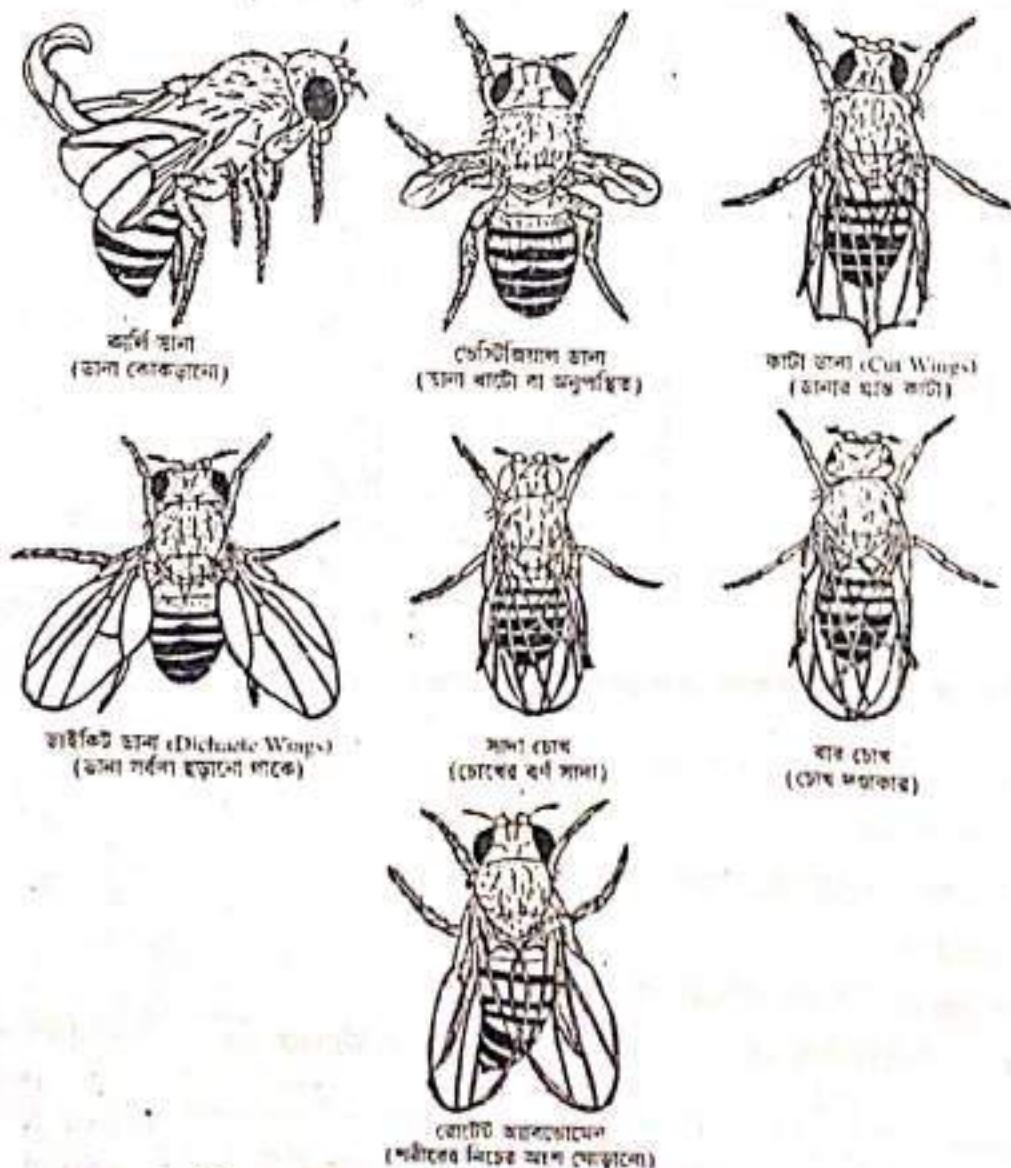
মিউট্যান্টস শ্রেণির ক্রমিক নং	মিউট্যান্টস এবং নাম	মিউট্যান্টস এবং ধৰ্ম	মিউট্যান্টস এবং সংখ্যা	মিউট্যান্টস এবং ফিকোয়েশি $F = (m \times 100)/24$
1	Leucine	Single M.	1	$(1 \times 100)/24 = 4.167\%$
2	Serine	Single M.	2	$(2 \times 100)/24 = 8.333\%$
3	Tryptophan	Single M.	7	$(7 \times 100)/24 = 29.167\%$

মিউট্যান্টস শ্রেণির ক্রমিক নং	মিউট্যান্টস এর নাম	মিউট্যান্টস এর প্রকৃতি	মিউট্যান্টস এর সংখ্যা	মিউট্যান্টস এর ফিকোয়েশি $F = (m \times 100)/24$
4	Try+Ser	Double M.	2	$(2 \times 100)/24 = 4.167\%$
5	Try+Ieu	Double M.	1	$(1 \times 100)/24 = 4.167\%$
6	Ser+Leu	Double M.	5	$(5 \times 100)/24 = 20.833\%$
7	Protoph	Wild	2	$(2 \times 100)/24 = 8.333\%$
8	Unknown	Triple M.	4	$(4 \times 100)/24 = 16.667\%$
মোট =			24	

পর্যবেক্ষণ ও শ্রেণিবিন্যাস থেকে দেখা যায় যে--

১. সর্বোচ্চ হারের মিউট্যান্ট Tryptophan mutant- (29.167%)
২. সর্বনিম্ন হারের মিউট্যান্ট Leucin mutant- (4.167%)
- এবং Double mutant (Try+Ieu)-(4.167%)।

### ৩.১৬ *Drosophila* এর কয়েকটি মিউট্যান্ট



চিত্র-৩.২০ : *Drosophila*-এর কয়েকটি মিউট্যান্ট

## অনুশীলনী

### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- মিউটেশন কী ? (What is mutation)
- মিউট্যান্ট কি ? (What is mutant)
- Tautomerism কী ?
- কোন বিজ্ঞানী সর্বপ্রথম কৃতিম উপায়ে X-ray প্রয়োগ করে Drosophila-তে মিউটেশন ঘটাতে সক্ষম হন ?
- আণবিক পর্যায়ে কিভাবে মিউটেশন ঘটে ?
- শতাংশুর্ত মিউটেশনের হার কেমন ?
- মিটাজেন কি ?
- অতিবেগনি রশ্মি কোন ধরনের মিউটাজেন ? এর সবচেয়ে কার্যকর তরঙ্গ দৈর্ঘ্য কত ?
- দুটি আরকীয় দ্রব্যের নাম লিখ যারা মিউটেশন ঘটায় ।
- X-ray এবং  $\alpha$ -ray কোন ধরনের মিউটাজেন ।
- Autosomal এবং Sexlinked মিউটেশন বলতে কী বুঝ ?
- জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট কি ?
- অগ্রামী ও পশ্চাদগামী মিউটেশন কি ?
- ধাতক (Lethal) জিন কি ? উদাহরণ দাও ।
- কৃতিম উপায়ে মিউটেশন ঘটিয়ে বাংলাদেশে যে সকল উন্নত ধানের জাত সৃষ্টি করা হয়েছে তার দুটির নাম লিখ ।

### সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

- (ক) মিউটেশন ও মিউটাজেন কি ? (What is mutation and mutagen?)  
(খ) টটোমার কি ? বেসের টটোমারিক আবর্তন (Shift) কিভাবে মিউটেশন ঘটায় ? চিক্সহ ব্যাখ্যা কর ।  $2+5=7$   
(গ) ফারকের (base) উপর (i) নাইট্রাস এসিড; (ii) 5-bromouracil এবং (iii) ইথাইল মিথেন সালফোনেট এর বিক্রিয়ায় কি ঘটে ?  
[জা. বি. ২০০৭, ২০০৯]
- (ক) জিন মিউটেশনের আণবিক ভিত্তি ব্যাখ্যা কর । (Describe molecular basis of mutation) ১০  
(খ) বিভিন্ন ধরনের মিউটাজেনের শ্রেণিবিন্যাস কর । (Classify mutagens) ১০  
[জা. বি. ২০০৬]
- (ক) বায়োকেমিক্যাল মিউট্যান্ট কিভাবে পৃথক করা যায় ? বর্ণনা কর । (How biochemical mutagen can be isolated? Describe) ৯  
[জা. বি. ২০০৩]
- (ক) জিন মিউটেশন পৃথক করার পদ্ধতি কৰ্ত্তা কর । (Describe the process of isolation of mutation) ১০ [জা.বি-০৬]  
(খ) ট্রানজিশন, ট্রান্সভার্সন ও ক্রেমশিফট মিউটেশনের পার্থক্য লিখ ।
- টীকা লিখ :  
(ক) মিউটাজেনস ।  
(খ) ক্রম শিফট মিউটেশন ।  
(গ) টটোমেরিজম ।  
(ঘ) রাসায়নিক মিউটাজেনস । (Chemical mutagens)

- (৬) মিউটেশনের ভৌত ভিত্তি ।  
 (৭) বায়োকেমিক্যাল মিউট্যান্ট পৃথককরণ । (Physical basis of mutation Isolation of Biochemical mutants)  
 (৮) EMS  
 (৯) মিউটাজেনেসিস । (Mutagenesis)  
 (১০) এক্রিডিন ডাই । (Acridine dyes)  
 (১১) বেস এনালগ । (Base analog)  
 (১২) Transition and transversion.  
 (১৩) মিউটেশনের গুরুত্ব । (Importance of mutation)  
 (১৪) ডাইমারাইজেশন । (Dimerisation)
- ৬। (ক) মিউটেশন বলতে কী বুঝ ? (What is mutation)  
 (খ) বিভিন্ন প্রকার মিউটেশনের শ্রেণিবিভাগ কর । (Classify different types of mutations)  
 (গ) নাইট্রোজেন বেসের উপর নাইট্রাস এসিড, ইথাইল মিথেন সালফোনেট এবং 5-ব্রোমোইরাসিল-এর বিক্রিয়ায় কি ঘটে ? [জাবি-২০০৯] (What happens when nitrous acid, Ethyl methane selphonate and 5-bromouracil are applied on nitrogen bases ?)

# 8

## RNA এবং RNA-এর প্রোসেসিং

### RNA AND RNA PROCESSING

#### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- 8.1 RNA (রাইবোনিউক্লিক এসিড)
- 8.1.1 অবস্থান
- 8.1.2 RNA এর ভৌত ও রাসায়নিক গঠন
- 8.2 DNA এবং RNA-এর পার্থক্য
- 8.3 RNA এর প্রকার
- 8.4 RNA সংশ্লেষণ/প্রতিরূপণ
- 8.5 RNA এর স্থানান্তর
- 8.6 RNA-এর ট্রান্সক্রিপশন পরবর্তী রূপান্তরের বা প্রক্রিয়াজ্ঞাতকরণের আণবিক ভিত্তি  
■ অনুশীলনী

#### 8.1 RNA (রাইবোনিউক্লিক এসিড)

রাইবোনিউক্লিওটাইডের পলিমারকে RNA (Ribonucleic acid) বলে। এরা এক সূত্রক।

##### 8.1.1 অবস্থান

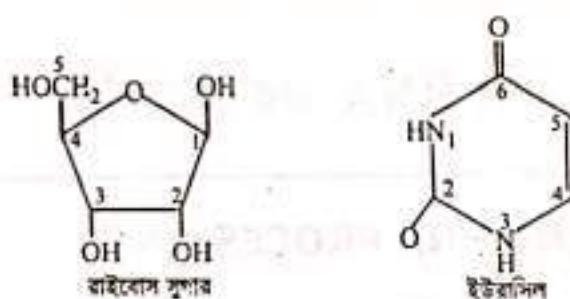
DNA-এর ন্যায় RNAও অদিকোষী ও প্রকৃতকোষী জীবের সমস্ত কোষে থাকে। এরা প্রধানত সাইটোপ্লাজমে থাকে। নিউক্লিয়াসের মধ্যেও কিছু RNA থাকে। RNA-ভাইরাসের মধ্যে জেনেটিক বস্তু হিসাবে RNA অবস্থান করে। অধিকাংশ উদ্ভিদ ভাইরাস এবং কিছু প্রাণী ভাইরাসে RNA থাকে। মাইটোকন্ড্রিয়া এবং ক্লোরোপ্লাস্টেও কিছু RNA থাকে।

##### 8.1.2 RNA-এর ভৌত ও রাসায়নিক গঠন

RNA হচ্ছে রাইবোনিউক্লিওটাইডের পলিমার। এরা একটি মাত্র সূত্র ধারণ করে। এতে প্রায় ৭৫-৩৫০০ টি রাইবোনিউক্লিওটাইড থাকে। mRNA একটি বৃহৎ রৈখিক অণু যার আণবিক ওজন প্রায়  $5 \times 10^4$  -  $5 \times 10^6$  dalton; rRNA এবং tRNA এর সূত্র কিছুটা পেচানো ও ভাজ যুক্ত।

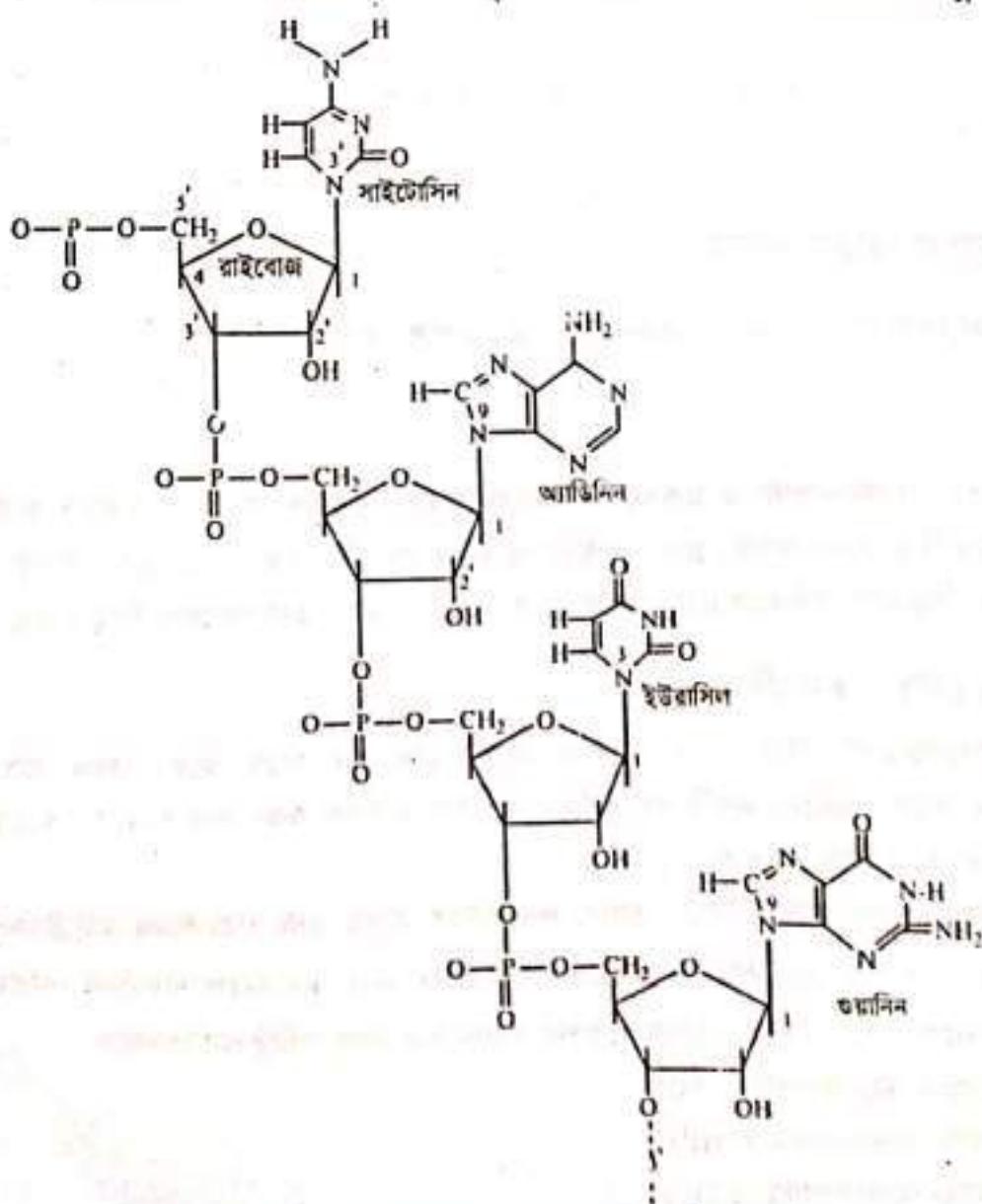
RNA এর রাসায়নিক উপাদান হচ্ছে রাইবোস সুগার, ফসফোরিক এসিড এবং চাররকমের নাইট্রোজেন বেস। বেসগুলি হচ্ছে— আডেনিন (A), গ্যানিন (G), সাইটোসিন (C) এবং ইউরাসিল (U)। RNA-তে সাধারণত থায়ামিন (T) থাকে না, পরিবর্তে ইউরাসিল থাকে। RNA-তে চার রকমের বেসের কারণে চার রকম নিউক্লিওটাইড থাকে—

- i) আডেনোসিন মনোফসফেট (AMP)
- ii) গ্যানিন মনোফসফেট (GMP)
- iii) সাইটোডিন মনোফসফেট (CMP)
- iv) ইউরিডিন মনোফসফেট (UMP)



DNA এর একটি সূত্রের অনুরূপভাবে RNA সূত্র গঠিত হয়; কেবল ডিঅ্যুরিইবোস সুগারের পরিবর্তে রাইবোস সুগার এবং থাইমিনের পরিবর্তে ইউরাসিল থাকে।

RNA সূত্রের মেরুদণ্ডটি একান্তরভাবে ফসফেট ও রাইবোসসুগার দ্বারা গঠিত। রাইবোস সুগারের 3' এবং 5' কার্বনের সাথে ফসফেট ডাইএস্টার বন্ড দ্বারা যুক্ত থাকে। সুগারের 1নং কার্বনের সাথে পাইরিডিন (C এবং U) এর 1নং N-কর্ণারের (1 → 1) সাথে; এবং পিউরিন (A এবং G) এর 9নং N-কর্ণারের (1-9) গ্লাইকোসাইডিক বন্ড দ্বারা সংযুক্ত থাকে। সম্পূর্ণ সূত্রটির একপ্রান্তে 5'P এবং অন্যপ্রান্তে 3'OH থাকে। RNA সূত্রের একটি অংশের রাসায়নিক গঠন নিম্নে দেখান হলো।



চিত্র-৪.১ : RNA এর রাসায়নিক গঠন।

RNA একক সূত্রটি রৈখিক (mRNA) বা ভার্জিন (tRNA) বা কিছুটা পেচানো লুপ শূল্ক (rRNA)। ভার্জিন বা পেচানো অংশের কোন কোন স্থানে পরিপূরক বেসের মধ্যে II-বন্ড সৃষ্টি হতে পারে। একে অপ্রকৃত বেস পোর্ট (False Pairing) বলে।

### ৪.২ DNA এবং RNA-এর পার্থক্য

পার্থক্য	
১. DNA প্রধানত দ্বিসূত্র (double helix)।	২. RNA প্রধানত এক সূত্র (Single helix)।
৩. এতে ডিঅ্যুরিকাইবেস সুগার থাকে।	৪. এতে রাইবোস সুগার থাকে।
৫. এতে A, G, C এবং T বেস থাকে, U থাকে না।	৬. এতে A, G, C এবং U বেস থাকে, T থাকে না।
৭. DNA এর সূত্রয়ে ডাবল হেলিক্স (কুকুল) সৃষ্টি করে।	৮. ডাবল হেলিক্স বা কুকুল সৃষ্টি করে না।
৯. এটি ফালগেন পজেটিভ।	১০. এটি ফালগেন নেগেটিভ।
১১. DNA-এর আণবিক ওজন অপেক্ষাকৃত বেশি।	১২. RNA এর আণবিক ওজন অপেক্ষাকৃত কম।
১৩. প্রকৃত কোষের DNA প্রধানত নিউক্লিয়াসে থাকে। আদিকোষের DNA সাইটোপ্লাজমে থাকে।	১৪. RNA প্রধানত সকল কোষের সাইটোপ্লাজমে থাকে।
১৫. DNA সংশ্লেষণের এনজাইম DNA Polymerase।	১৬. RNA সংশ্লেষণের এনজাইম RNA Polymerase।
১৭. DNA এর প্রতিটি সূত্র সাচ (Template) হিসাবে নতুন পরিপূরক সূত্র তৈরি করে DNA সংশ্লিষ্ট হয়।	১৮. জেনেটিক RNA থেকে জেনেটিক RNA সংশ্লিষ্ট হয়, কিন্তু নন-জেনেটিক RNA অবশাই DNA-এর অংশে থেকে সংশ্লিষ্ট হয়।
১৯. RNA-ভাইরাস ছাড়া সমস্ত জীবের DNA ই বংশগতির বাহক।	২০. কেবল RNA ভাইরাসের RNA বংশগতির বাহক, অন্যজীবের RNA বংশগতির বাহক নয়। এরা প্রোটিন সংশ্লেষনে সহায়তা করে।

### ৪.৩ RNA-এর প্রকার

সমস্ত RNA-কে দুটি প্রধান ভাগে ভাগ করা হয়—

(ক) Genetic RNA এবং

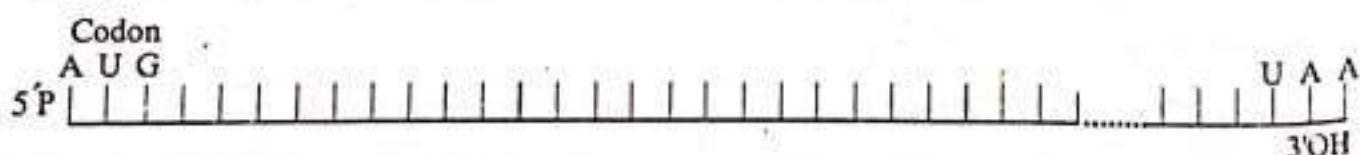
(খ) Non-Genetic RNA.

(ক) Genetic RNA : যে সমস্ত RNA বংশগত বৈশিষ্ট্য বহন করে এবং বংশগতির কাজে নিয়োজিত থাকে তাকে Genetic RNA বলে। অধিকাংশ উক্তিদ ভাইরাস এবং কিছু প্রাণী ভাইরাস (যেমন— ইনফুজোজা ভাইরাস, AID ভাইরাস, পলিও ভাইরাস, Reovirus ইত্যাদি) এবং কিছু ব্যাটোরিওফাইজ (যেমন MS<sub>2</sub>) Genetic RNA বহন করে। ভাইরাল RNA বা Genetic RNA প্রধানত রৈখিক। অটোক্যাটালাইসিস প্রক্রিয়ায় Genetic RNA থেকে Genetic RNA সংশ্লিষ্ট হয়। ভাইরাসের প্রোটিন কোটি সংশ্লেষণের জন্য Genetic RNA থেকে mRNA সৃষ্টি হয়, একে হেটারোক্যাটালাইসিস বলে।

(খ) Non-Genetic RNA : এ RNA বংশগত বৈশিষ্ট্য বহন করে না, কিন্তু জীবকোষে প্রোটিন সংশ্লেষণে বিশেষ ভূমিকা পালন করে। এগুলো DNA এর সূত্রকে সাচ হিসাবে ব্যবহার করে সংশ্লিষ্ট হয়। নন-জেনেটিক RNA প্রধানত তিনি প্রকার—

- (i) Messenger RNA (mRNA)
- (ii) Transfer RNA (tRNA)
- (iii) Ribosomal RNA (rRNA)

(i) **Messenger RNA (mRNA)** : mRNA হলো একটি এক্সক্রেক্ট রাইবোনিউক্লিওটাইডের পলিমার, যা প্রোটিন সংশ্লেষণের কোডন বহন করে। এটি রৈখিক এবং কোথাও ভাঁজ বা দ্বিক্ষণীযুক্ত নয়। এর আণবিক ওজন  $5 \times 10^4 - 5 \times 10^6$  dalton. এরা কোষের সম্পূর্ণ RNA এর 5%। এদের জীবন কাল কম, সাধারণত কয়েক মিনিট থেকে কয়েক ঘণ্টা। একটি প্রোটিন বা এনজাইম সংশ্লেষণের জন্য যতটি ট্রিপলেট জেনেটিক কোডন প্রয়োজন ততটি কোডনই এতে থাকে। প্রতিটি কোডন একটি অ্যামাইনো এসিড নির্দেশ করে। প্রারম্ভিক কোডনটি হচ্ছে AUG এবং সর্বশেষ কোডনটি হচ্ছে UAA, UAG অথবা UGA. DNA-এর একটি অংশ বা একটি জিনের একটি সূত্রকে সাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়ার এ বৃহৎ রৈখিক mRNA সংশ্লেষিত হয়। সংশ্লেষনের পর এ mRNA এর কিছুটা পরিবর্তন হয়। স্থায়িত্বের জন্য এর 5'OH প্রান্তে অনেকগুলো অ্যাডেনাইলিক এসিড (A) যুক্ত হয়। আর 5' প্রান্তে 7-মিথাইল গোনিন (m<sup>7</sup>G) যুক্ত হয়, একে capping বলে। অন্য এমআর্না থেকে কিছু অপ্রয়োজনীয় বেস এভোনিউক্লিয়েজ এনজাইমের সহায়তায় বাতিল হয়ে যায়।



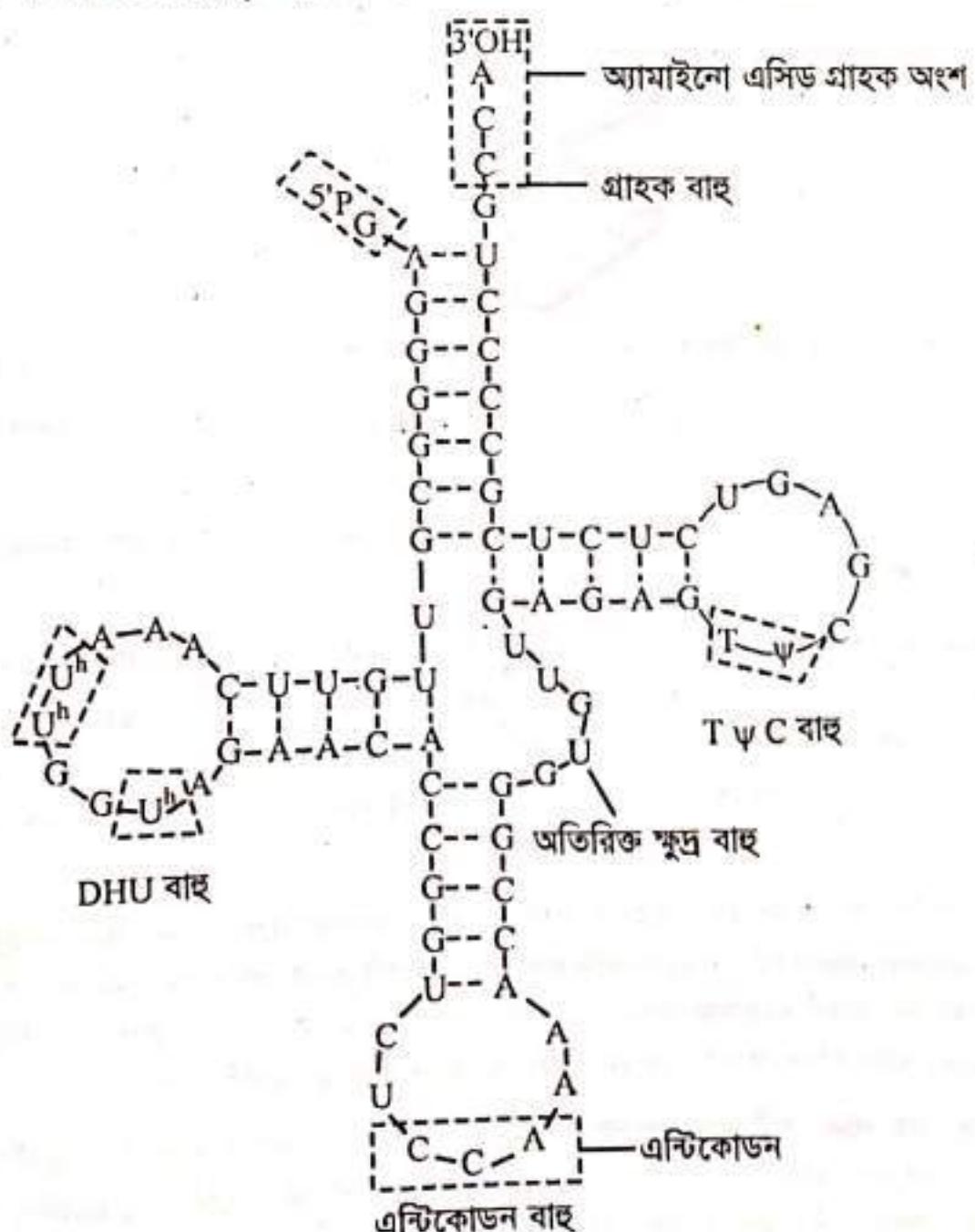
চিত্র-৪.২ : mRNA

Jacob and Monod (1960) messenger RNA নামটি যথার্থভাবেই প্রদান করেন; কারণ উপর্যুক্ত প্রোটিন সংশ্লেষণের মেসেজ DNA থেকে এ mRNA বহন করে সাইটোপ্লাজমে নিয়ে আসে। mRNA এর কাজ হলো এর কোডনের দ্রুত অনুসারে নির্দিষ্ট অ্যামাইনো এসিড যোগ করে সুনির্দিষ্ট পলিপেপ্টাইড চেইন, তথা প্রোটিন বা এনজাইম সংশ্লেষণে সহায়তা করা। একাজে mRNA রাইবোজম যন্ত্রকে ব্যবহার করে, আর সুনির্দিষ্ট অ্যামাইনো এসিড সহ tRNA-কে সুনির্দিষ্ট স্থানে বসিয়ে প্রোটিন সংশ্লেষণ করে। mRNA এর 5' নং প্রান্তের প্রথম বা প্রারম্ভিক কোডন AUG থেকে রাইবোজমের গায়ে প্রোটিন সংশ্লেষণ তরুণ হয় এবং 3' নং প্রান্তের ননসেসেপ্ট কোডন UAA বা UAG বা UGA-তে গিয়ে শেষ হয়। প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় mRNA রাইবোজমের সাথে যুক্ত হয়ে পলিরাইবোজম সৃষ্টি করে।

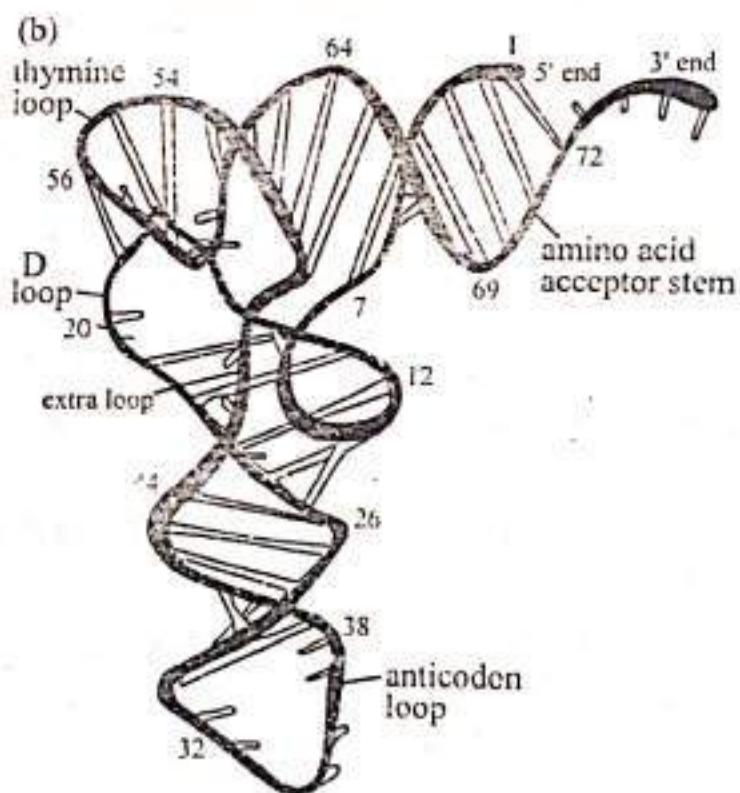
(ii) **tRNA (transfer RNA)** : যে সমস্ত RNA সুনির্দিষ্ট অ্যামাইনো এসিডকে বহন করে নিয়ে mRNA এর Codon অনুসারে সুনির্দিষ্ট অবস্থানে স্থানান্তর করে প্রোটিন সংশ্লেষণে সহায়তা করে তাকে tRNA (transfer RNA) বলে। tRNA কে স্ববৃণীয় RNA (Soluble RNA) বা গ্রাহক RNA (Acceptor RNA) ও বলা হয়। প্রায় 100 প্রকার tRNA রয়েছে (Strickberger, 1985)। এক একটি tRNA সাধারণত এক একটি অ্যামানো এসিডের জন্য সুনির্দিষ্ট। tRNA মোট কোষীয় RNA এর প্রায় 10-20%। এদের আণবিক ওজন 20,000-30,000 ডালটন।

tRNA একটি মাত্র পলিরাইবোনিউক্লিওটাইড সূত্র দ্বারা গঠিত। সূত্রটির দৈর্ঘ্য প্রায় 250Å এবং এতে প্রায় 75-90টি রাইবোনিউক্লিওটাইড থাকে। এর তলামীর হার (sedmentation coefficient) প্রায় 4s. R. W. Honnly (1968) tRNA এর গঠন স্বত্তে যে জনপ্রিয় মডেলটি প্রদান করেন তা দেখতে ক্রোভার উন্ডিসের পাতার ন্যায় বলে একে 'ক্রোভার লিপ' মডেল বলে। একসূত্র tRNA বিভিন্নভাবে ভাঁজ হয়ে এক্সপ্রেস আকৃতি ধারণ করে। এতে সাধারণত 8-৫টি বাহ এবং 3-৪টি অন্তর্বাহ থাকে। বাহগুলি হচ্ছে গ্রাহক বাহ, T<sub>Ψ</sub>C বাহ, এন্টিকোডন বাহ এবং অভিবিজ্ঞ বাহ। ভাঁজ হওয়া RNA সূত্রটি

দুইপ্রান্ত (3' OH এবং 5'P) গ্রাহক বাহ সৃষ্টি করে। সমত �tRNA এর গ্রাহক বাহের 3'OH পাস্তে তিনটি নিউক্লিওটাইড (C-C-A) বিজোর অবস্থায় বেরিয়ে থাকে এবং A এর সাথে সুনির্দিষ্ট অ্যামাইনো এসিড যুক্ত হয়। এ বাহতে কোন লুপ থাকে না। অন্য বাহগুলিতে একটি করে লুপ থাকে। লুপের মধ্যে H-বড় সৃষ্টি হয় না। এন্টিকোডন বাহের লুপে সুনির্দিষ্ট ট্রিপ্লেট এন্টিকোডন থাকে, যা mRNA এর নির্দিষ্ট কোডনের পরিপূরক। একোডনটি অ্যামাইনো এসিড যুক্ত tRNA কে mRNA এর নির্দিষ্ট স্থানে সংযুক্ত করণ নিয়ন্ত্রণ করে। অতিরিক্ত বাহটি অনেক tRNA তেই অনুপস্থিতি। বাহগুলোর সূত্রের পাশাপাশি পরিপূরক বেসের মধ্যে অপ্রকৃত H-বড় সৃষ্টি হয়। A, G, C, U ছাড়াও tRN এর মধ্যে বিরল বেস (Rare bases) থাকে, যেমন— সিডেইডুরিডিন (Ψ), আইনোসিন (I), GMe ইত্যাদি। এ কারণে tRNA ভাঁজ হলেও সর্বত্র বিবৃন্ত সৃষ্টি হয় না; মাঝে মাঝে লুপ সৃষ্টি হয়। ফিনাইল এলানিন tRNA এর ক্রোতার লিপ মডেলটি—



চিত্র-৪.৩ : (ক) tRNA-এর ক্রোতারলিপ মডেল



চিত্র-৪.৪ : (খ) ফিনাইলঅ্যালানিন tRNA-এর ক্ষেত্রালিপি মডেল (Strickberger, 1984)

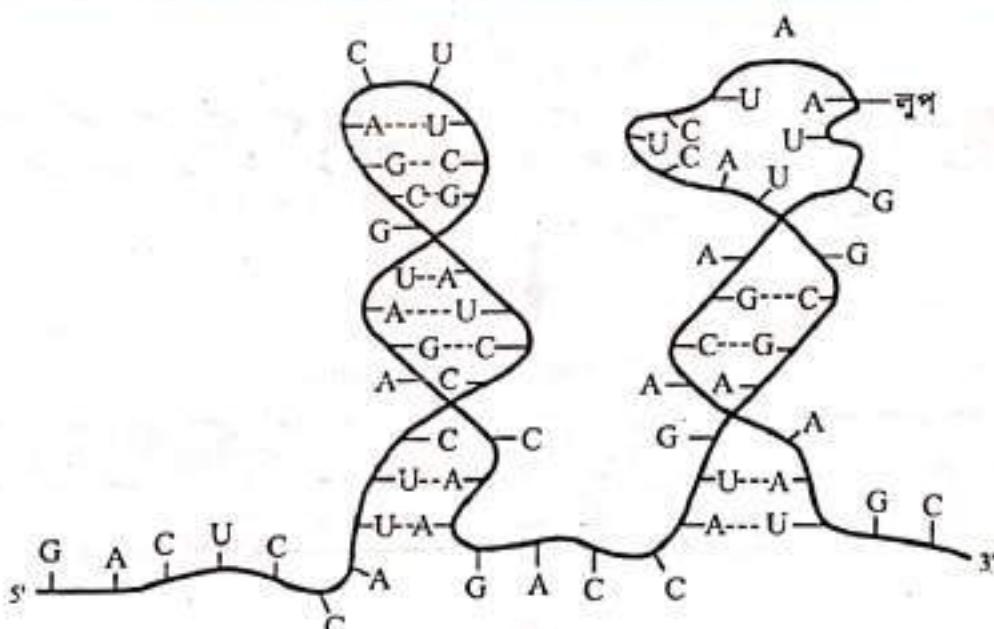
B. Lewins (2005) এর মতে, ফিনাইল এলানিন tRNA এর X-ray diffraction প্রতিক্রিয়ায় তোলা ছবিতে একে পেঁচালে টিউবের ন্যায় গঠন দৃঢ় মনে হয়।

tRNA এর কাজ হলো নিমিট অ্যামাইনো এসিডকে mRNA এর কোডন অনুসারে নিমিট স্থানে স্থানান্তর করে প্রোটিন সংশ্লেষণে সহায়তা করা।

**rRNA ( Ribosomal RNA ) :** রাইবোজমের হায়ী RNA কে rRNA (Ribosomal RNA) বলে। rRNA মোট কোষীয় RNA এর প্রায় ৭০-৮০%। রাইবোজমের মোট ওজনের প্রায় ৮০-৯০% rRNA। একটি rRNA সূত্রে ১০০-৩,০০০ রাইবোনিউক্লিওটাইড থাকে। অল্প আয়নিক অবস্থায় সূত্রের স্থানে স্থানে পাঁচ (Coil) দেখা যায় এবং বেশি আয়নিক অবস্থায় বড় ধরনের tRNA এর অনেক স্থানে পরিপূরক বেস জোড়ের মধ্যে H-নড সৃষ্টি হয় এবং স্থানে স্থানে লুপ সৃষ্টি করতে দেখা যায়।

প্রকৃত কোষী জীবের নিউক্লিয়াসে অবস্থিত নিউক্লিয়াস অর্গানাইজার ক্রোমোজমের rDNA অংশল থেকে বিভিন্ন রকম rRNA অনুর প্রতিক্রিয়া (transcription) ঘটে। rDNA থেকে প্রথমে দৃঢ় পূর্বসূরী 45 S rRNA সংশ্লেষিত হয়। এ 45 S rRNA এরপর নিউক্লিয়েজ এনজাইমের সহায়তায় বিভক্ত ও পরিবর্তিত হয়ে 28 S, 18' S, 5.8 S এবং 5 S rRNA সৃষ্টি হয়। আব্দি কোষের rRNA প্রধানত তিনরকমের-23S, 16S এবং 5S rRNA (Lewin 2005)।

rRNA এর প্রধান কাজ হচ্ছে প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় �mRNA এর 'site' হিসাবে কাজ করা। প্রমাণিত হয়েছে tRNA প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় mRNA এবং tRNA এর সাথে পারস্পরিক ত্রিয়া (interaction) করে। এরপ পারস্পরিক ত্রিয়ার সময় tRNA এর অনেক অংশ site হিসাবে কাজ করে (B. Lewins, 2005)। এছাড়া tRNA রাইবোজমের গাঠনিক উপাদান হিসাবে কাজ করে।



চিত্র-৪.৫ : r-RNA'র গঠন

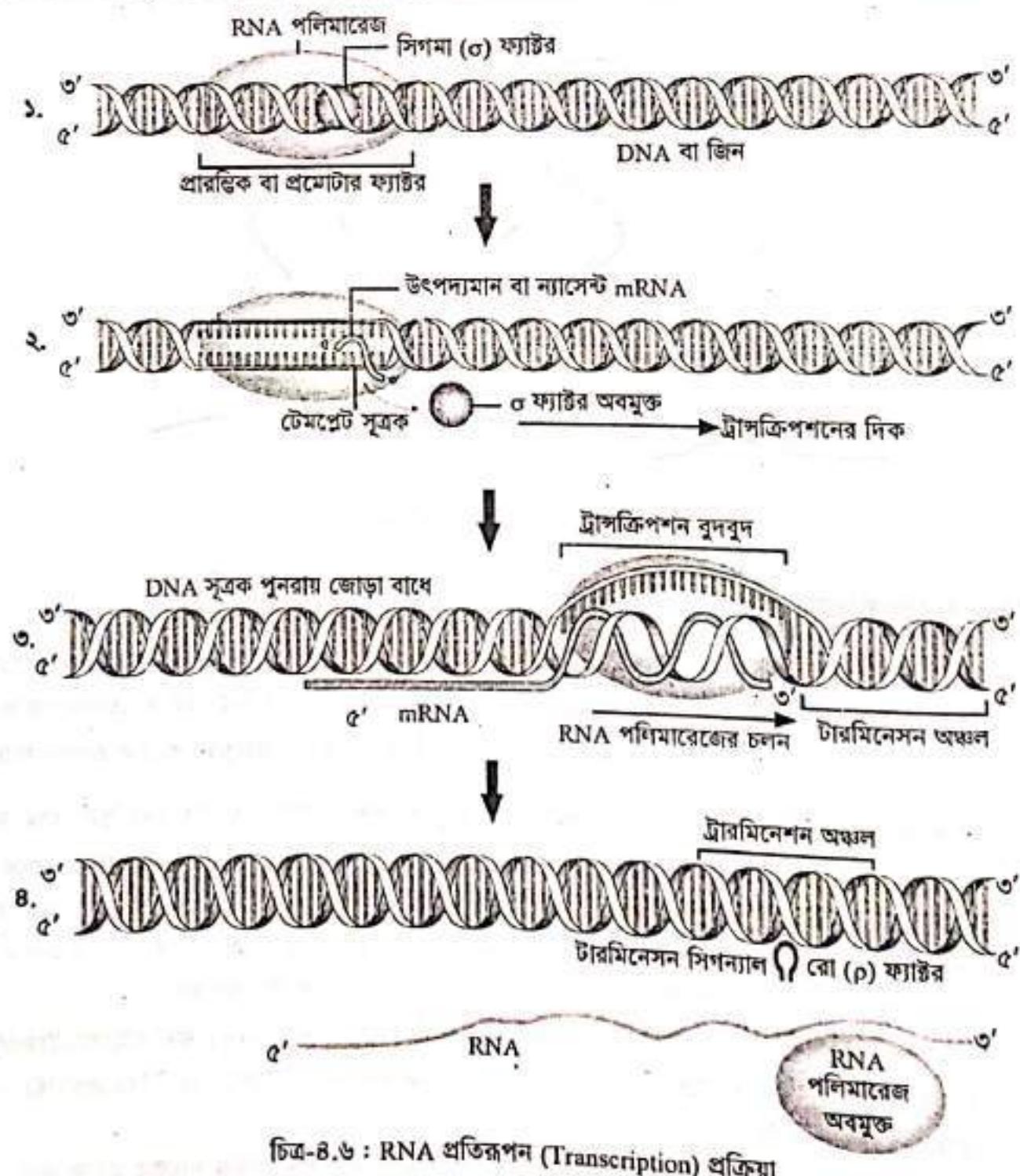
### ৪.৮ RNA সংশ্লেষণ/প্রতিক্রিয়া (Transcription)

DNA থেকে RNA সৃষ্টির প্রক্রিয়াকে প্রতিক্রিয়া (Transcription) বলে। এ প্রক্রিয়ায় DNA এর নিউক্লিওটাইড ক্রমে আবদ্ধ জিনের বার্তা RNA-এর পরিপূরক নিউক্লিওটাইড ক্রমে গমন করে। প্রোটিন বা এনজাইম সংশ্লেষণের জন্য তিনি ব্রকমের RNA এর প্রয়োজন হয়—mRNA, tRNA এবং rRNA। নিম্নলিখিতভাবে RNA সংশ্লেষণ বা ট্রান্সক্রিপশন ঘটে—

- প্রথমে কোর এনজাইম RNA-Polymerase এর সাথে প্রোমোটার সিগনা ফ্যাট্র (P) যুক্ত হয়ে RNA Polymerase Complex (RNAP) সৃষ্টি হয়। মনেকরা হয় RNAP ফ্যাট্রটি DNA এর প্রারম্ভিক বিন্দু নির্বাচন করে এবং DNA ডাবল হেলিস্ট্রের পাক খুলে RNA সংশ্লেষণ শুরু করার কাজে RNA Polymerase-কে সহায়তা করে।
- DNA (জিন) এর একটি সূত্রকে (3' – 5') সাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে RNA সংশ্লেষিত হয়। RNA এর 5' প্রান্ত থেকে 3' প্রান্তের দিকে ট্রান্সক্রিপশন শুরু হয়। একাজে ATP বা GTP এর প্রয়োজন হয়।
- ট্রান্সক্রিপশন শুরু হবার পর RNAP আলাদা হয়ে যায় এবং RNA Polymerase দ্বারা রাইবোনিউক্লিওটাইড যুক্ত হয় এবং চেইন বারতে থাকে। *E. coli* এর RNA Polymerase প্রতি সেকেকে ৪০টি নিউক্লিওটাইড RNA চেইনে যুক্ত করতে পারে।
- যে DNA খণ্ড (জিন) থেকে RNA ট্রান্সক্রিপশন হয় তার শেষের বেসক্রম সমাপ্তি সংকেত প্রদান করে। মনে করা হয়, rho factor (p) এসময় RNA Polymerase এর সাথে যুক্ত হয় এবং RNA কে যুক্ত করে।
- যুক্ত RNA Polymerase পুনরায় ট্রান্সক্রিপশনে সহায়তা করতে পারে।

আদিকোষে উল্লেখিত উপায়ে ট্রান্সক্রিপশন ঘটে। প্রকৃত কোষের ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়াও একই রকম। তবে এক্ষেত্রে তিনটি RNA Polymerase এনজাইমের প্রয়োজন হয়।

RNA Polymerase I এক্ষেত্রে rRNA সংশ্লেষণে, RNA Polymerase II mRNA সংশ্লেষণে এবং RNA Polymerase III tRNA সংশ্লেষণে সহায়তা করে।



চিত্র-৪.৬ : RNA প্রতিক্রিয়া (Transcription) প্রক্রিয়া

### ৪.৬ RNA-এর স্থানান্তর (Transports of RNA)

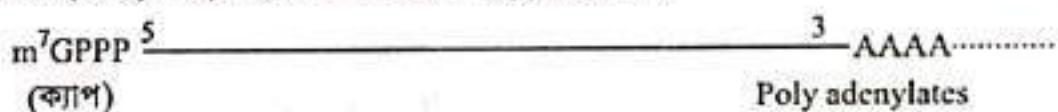
RNA সংশ্লেষণের পর RNA এর 3' OH পাস্টে পলিএডিনাইলিক এসিড (A) এবং 5'P পাস্টে 7-methyl guanine ( $m^7G$ ) সংযুক্ত হয়। প্রকৃত কোষী জীবের RNA নিউক্লিয়াসের মধ্যে সংশ্লেষিত হয় এবং নিউক্লিওপর্সার ছিদ্র দিয়ে সাইটোপ্লাজমে আগমন করে। সাইটোপ্লাজমে এর পলি এডিনাইলিক এসিড লেজটি খুলে পড়ে, কিন্তু  $m^7G$  ক্যাপ্টি থেকে যায় যা প্রোটিন সংশ্লেষণে সহায়তা করে বলে মনে করা হয়। আব্দি কোষী জীবের RNA সাইটোপ্লাজমেই সংশ্লেষিত হয়। RNA সংশ্লেষণের পর এর চেইনের অনেক রূপান্তর ঘটে।

## ৪.৬ RNA-এর ট্রান্সক্রিপশন পরবর্তী রূপান্তরের বা প্রক্রিয়াজ্ঞতকরণের আণবিক ভিত্তি (Molecular Basis of Post Transcriptional Modification or Processing of RNA)

RNA অণু প্রতিক্রিয়া (Transcription) এর পরে এর নিউক্লিওটাইড চেইনের কিছু পরিবর্তন ঘটে; এ পরিবর্তনকেই RNA অণুর প্রতিক্রিয়া পরিবর্তন (Post transcriptional modification বা Processing of RNA) বলা হয়। এ পরিবর্তনের ফলে RNA এর স্থায়িত্ব ও কার্যকারিতা বৃদ্ধি পায়।

(ক) mRNA-এর পরিবর্তন (Processing) : RNA Polymerase II দ্বারা mRNA প্রতিরূপণের সময় এবং পরে এর গঠনের নিম্নলিখিত পরিবর্তনসমূহ ঘটে—

(i) mRNA-এর 5' প্রান্তে ক্যাপিং (Capping 5' end) : mRNA সংশ্রেষণের পর এর 5'P প্রান্তে 7-methylguanine ( $m^7G$ ) সংযুক্ত হয়। এ প্রক্রিয়াকে capping বলে।



প্রকৃতকোষী জীবের পরিণত mRNA এর ৫' প্রান্তে একটি গুয়ানিন নিউক্লিওটাইড দেখা যায়। এ নিউক্লিওটাইডটি mRNA- এর অন্য অংশের সাথে 5'-5' লিংকেজের মাধ্যমে আবক্ষ থাকে এবং এর ৭ নং কার্বনে একটি মিথাইল গ্রুপ (-CH<sub>3</sub>) অবস্থান করে। এ গুয়ানিন নিউটাইড অংশটিকে সাধারণত mRNA-এর ক্যাপ বলা হয়।

ক্যাপিং পদ্ধতি বা প্রক্রিয়া (Capping method) : সাধারণত ২০-১০০ নিউক্লিওটাইড যুক্ত চেইন সৃষ্টি হলেই ক্যাপিং প্রক্রিয়া তরুণ হয়। নিম্নলিখিতভাবে এ প্রক্রিয়া সংঘটিত হয়।

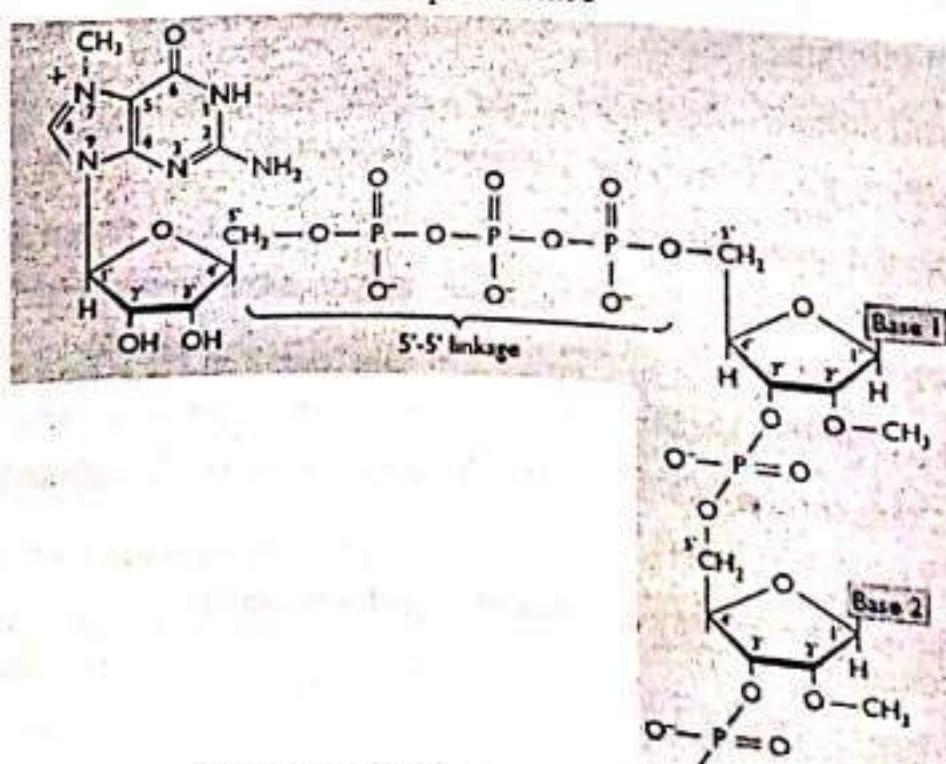
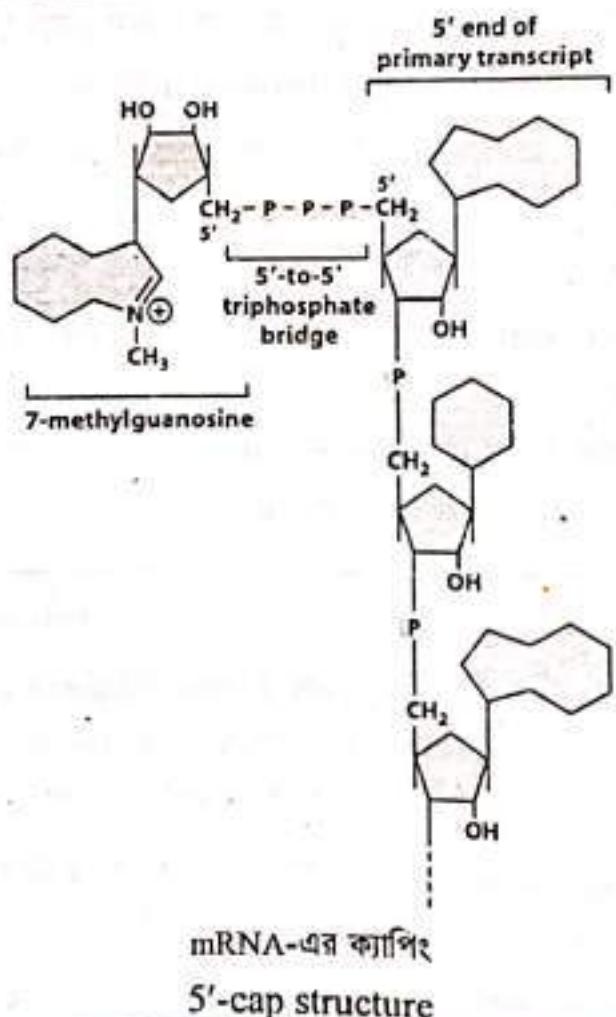
(ক) ত্যানিন ট্রাইফসফেটের সর্বশেষ ফসফেট গ্রাপ্টি RNA-ট্রাইফসফাটেজ এনজাইমের সহায়তায় মুক্ত হয় এবং বাইফসফেট গ্রাপ থেকে যায়।

(খ) mRNA জ্যানাইল্ট্রান্সফারেজ এনজাইমের সহায়তায় ত্যানিনের বাইফসফেটের সাথে GTP বিক্রিয়া করে এবং পাইরোফসফেট (P-P) মুক্ত হয়। ফলে 5'-5' ট্রাইফসফেট লিংকেজ গৃহি হয়।

(g) এরপর mRNA মিথাইল প্রাপ্তিকারণে এনজাইমের সহায়তায় ত্যানিনের ৭নং কার্বনে মিথাইল এফল (-CH<sub>3</sub>) যুক্ত হয়। এ প্রক্রিয়াকে মিথাইলেশন বলে (Sonenberg *et al.*, 1998)। এজপ ক্যাপকে রাসায়নিকভাবে ৭-মিথাইল-ত্যানাটিলেট ক্যাপ বা সংক্ষেপে M<sup>7</sup>G বলা হয়।

(୪) ବହିକୋଣୀ ପ୍ରକୃତ କୋଣୀୟ ଜୀବେ ଏବଂ କିଛୁ ଡାଇରୋସେ ଏରୁପ ମିଥାଇଲେଶନ ଛାଡାଓ କ୍ଯାପେ ଆରୋ କିଛୁ ପରିବର୍ତ୍ତନ ଘଟେ । କୋଣୋ କୋଣୋ କ୍ଷେତ୍ରେ mRNA- ଏର 5' ପ୍ରାନ୍ତେର M'G ନିଉକ୍ଲିଓଟାଇଡେର ପରେର ଦୁଟି ନିଉକ୍ଲିଓଟାଇଡେର ରାଇବୋସେର 2'- ହୁଟାଇଜ୍‌ବି ଶାଖଗୁଡ଼ିକ (2'OH) ମିଥାଇଲେଶନ ଘଟେ ।

[জর্মান ডিনটি কাপের সংটি হতে পারে।  $m^7G$  (Cap-O), Cap-1 এবং Cap-2]।



mRNA-এর ক্যাপিং (অনেক প্রকৃত কোধী আবের)

- (৬) কোনো কোনো সময় ৬ নং কার্বনেও মিথাইলেশন ঘটতে পারে।  
 (৭) প্রকৃত কোষের ক্যাপিং এনজাইম কমপ্লেক্স (CEC) mRNA সংশ্লেষণের পূর্বে RNA-পলিমারেজ-II এর সাথে যুক্তাবস্থায় থাকে। নতুন প্রাইমার mRNA-এর ৫'প্রাপ্ত সংশ্লেষণ হওয়ার প্রায় সাথে সাথে CEC ক্যাপিং প্রক্রিয়া শুরু করে (Fabrega *et al.*, 2003)।

- (ii) **পলিএডিনাইলেশন (Polyadenylation)** : mRNA প্রতিক্রিয়ার পর এর 3' OH প্রাপ্তের দিকে অনেক (২০০ পর্যন্ত) অ্যাডেনাইলিক এসিড যুক্ত হয়ে Poly A লেজ সৃষ্টি হয়। এ প্রক্রিয়াকে Polyadenylation বলে।  
 অধানত প্রকৃত কোষের mRNA-তে Polyadenylation এবং Capping বেশি দেখা যায় এবং এর দ্বারা mRNA কোষীয় নিউক্লিয়েজ এনজাইমের আক্রমণ থেকে রক্ষা পায়। capping প্রোটিন সংশ্লেষণে mRNA-কে সহায়তা করে, সাইটোপ্লাজমে স্থানান্তরেও সহায়তা করে এবং ইন্ট্রন কর্তৃনে সহায়তা করে।

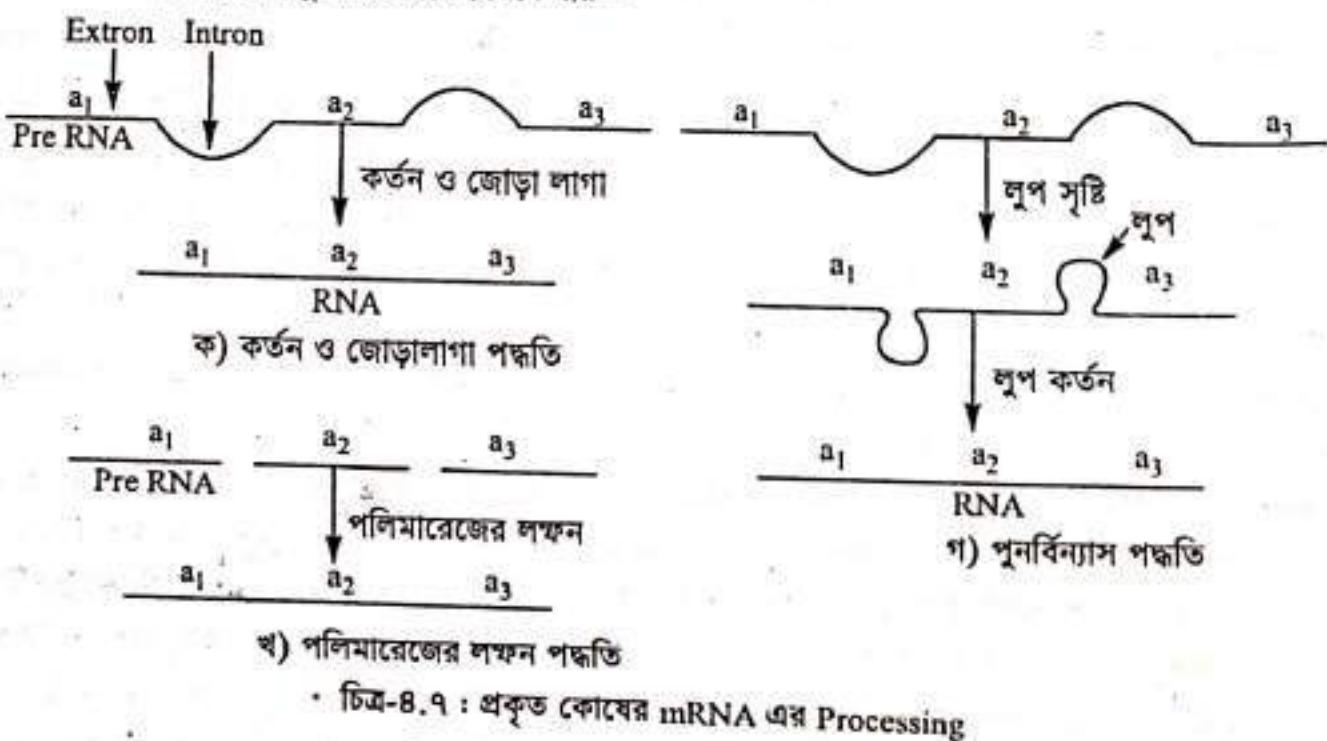
সদৃ সংশ্লেষিত প্রাথমিক mRNA এর 3'-প্রাপ্তের দিকে সাধারণত একটি AUUAAA সিগনাল সিকোয়েস থাকে। এ সিগনাল সিকোয়েসের কিছুটা পরে 3'-প্রাপ্তের কাছাকাছি GU সমূক্ত অপ্রয়োজনীয় (Untranslated) অঞ্চল (UTR) একটি এনজাইম কমপ্লেক্সের মাধ্যমে ক্লিভেজ প্রক্রিয়ায় কেটে বাতিল হয়ে যায়। এরপর আর একটি এনজাইম কমপ্লেক্স (পলি-A-পলিমারেজ)-এর সহায়তায় অনেকগুলো A যুক্ত হয়ে পলি A লেজ উৎপন্ন করে। AUUAAA সিকোয়েস পলিএডিনাইলেশনের সিগনাল প্রদান করে। চির হবে মানুষের অধিকাংশ পলিএডিনাইলেশ সিকোয়েস AUUAAA, কিন্তু উভিদ ও ছাইকের এক্সপ সিকোয়েস কম দেখা যায়।

পলি এডিনাইলেশনের মাধ্যমে সৃষ্টি লেজ mRNA-এর স্থায়িত্ব লাভে, সাইটোপ্লাজমে স্থানান্তরে এবং প্রেটিনসংশ্লেষণে (Translation) বিশেষ সহায়তা করে।

- (iii) **অপ্রয়োজনীয় বেসসমূহের অপসারণ ও প্রয়োজনীয় বেসসমূহের সংযোজন** : আদিকোষের mRNA -তে সাধারণত অপ্রয়োজনীয় ও অতিরিক্ত বেস থাকে না। দেখা গেছে যে, আদি কোষের DNA-RNA হাইব্রিডাইজেশন ঘটালে DNA এর কোন মুপ সৃষ্টি হয় না। কিন্তু প্রকৃত কোষের DNA-RNA হাইব্রিডাইজেশন ঘটালে DNA সৃষ্টি মুপ সৃষ্টি হয়। এতে প্রমাণিত হয় যে, প্রকৃত কোষে প্রযোজনের চেয়ে বেশী নিউক্লিওটাইড যুক্ত RNA সংশ্লেষিত হয় এবং পরে পরিবর্তিত হয়ে থাট হয়। নিম্নলিখিত ভাবে এক্সপ পরিবর্তন ঘটে—

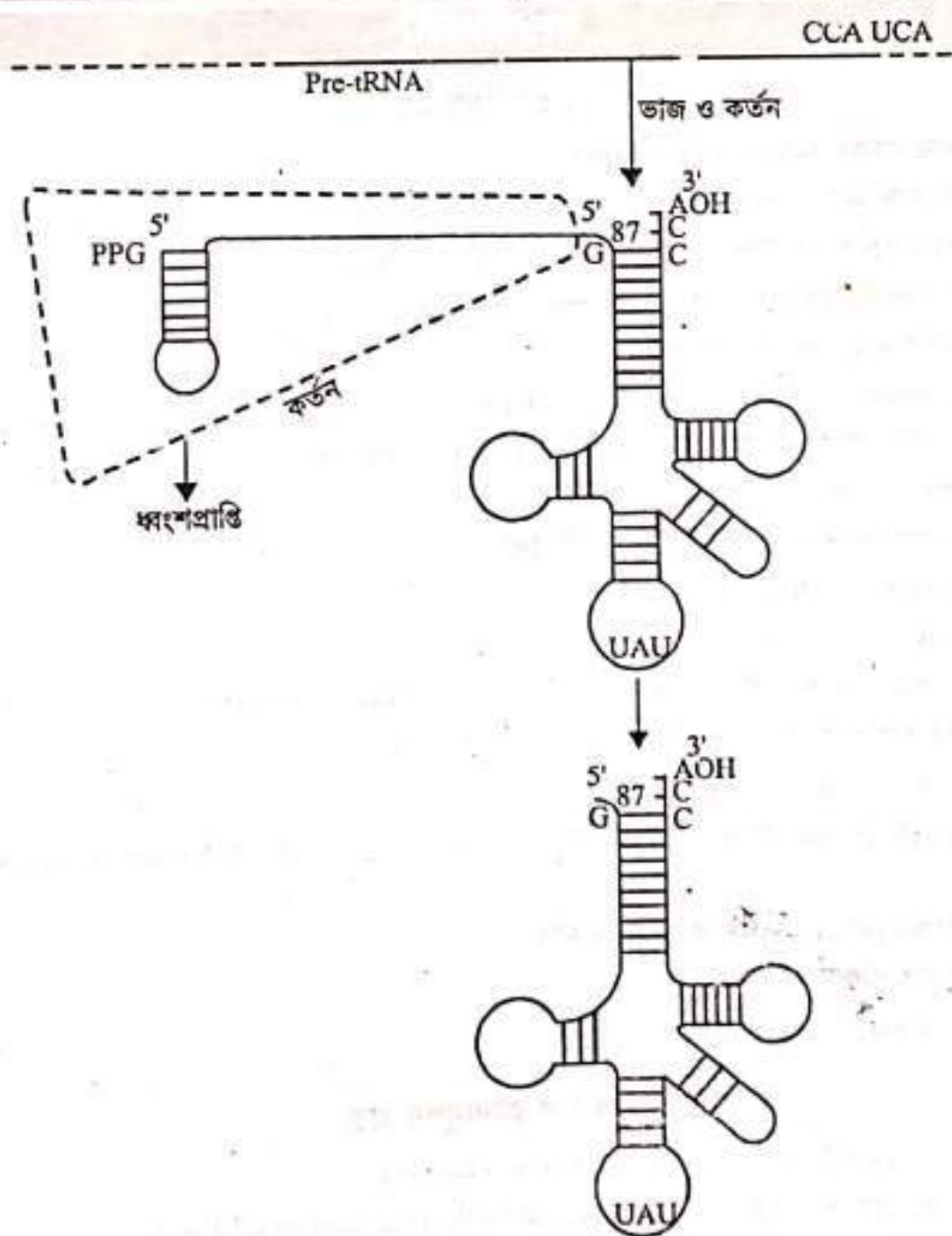
- a. **কর্তৃন ও জোড়া শাগা (Cut and Splicing) পদ্ধতি** : প্রযোজনের তুলনায় অনেক বেশি লম্বা Precursor বা প্রাথমিক mRNA থেকে অপ্রয়োজনীয় অংশ (intron) এভেক্টিভেসের সহায়তায় কেটে বাতিল হয়ে যায় এবং প্রয়োজনীয় অংশ (Extron) পুনঃসংযোজিত হয়। [Intron হচ্ছে জিনের অংশ যা সরাসরি প্রোটিন সংশ্লেষণ করেনা (Lodish *et. al.*, 2004)। এগুলোর আকার 10–1000 বেজজোড় (bp)। এগুলো সাধারণত বহুকোষী প্রকৃত কোষী জীবে বেশি দেখা যায়। যে জীবে ইন্টনের সংখ্যা যত বেশি হবে সে জীব তত জাটিল হবে। প্রাথমিক mRNA থেকে ইন্টন সম্পূর্ণ বিমুক্ত না হলে কার্যকর mRNA সৃষ্টি হয় না; ক্ষটিপূর্ণ mRNA উৎপন্ন হয় যার থেকে ক্ষটিপূর্ণ প্রোটিন বা এনজাইম সৃষ্টি হয়। Extron বা Exon হচ্ছে mRNA এর কার্যকর অংশ যা যুক্ত হয়ে কার্যকর mRNA উৎপন্ন হয়। প্রাথমিক mRNA থেকে ইন্টনগুলোকে সম্পূর্ণরূপে কেটে বাদ দিয়ে (Splicing) এক্সটনের সময়ে কার্যকর পরিণত mRNA উৎপন্ন হয়।

- b. পলিমারের সংক্ষিপ্ত প্রক্রিয়া (Jumping RNA-Polymerase System) : এ প্রক্রিয়ায় DNA সূত্রের অযোজনীয় অংশ থেকে mRNA সংশ্লেষণের পর RNA Polymerase লক্ষ দিয়ে দূরে সরে যায় এবং পুনরায় পরবর্তী অযোজনীয় অংশ থেকে RNA অংশ সংশ্লেষণ করে। এভাবে সংশ্লেষিত RNA খণ্ডগুলো পরে একত্রে সংযুক্ত হয়ে পূর্ণ RNA উৎপন্ন হয়।
- c. পুনর্বিন্যাস (Recombination) পদ্ধতি : এ প্রক্রিয়ায় Precursor RNA এর অপ্রযোজনীয় অংশ ভাঁজ হয়ে লুপ সৃষ্টি করে কেটে যায় এবং প্রযোজনীয় অংশগুলি সংযুক্ত হয়। লুপের কর্তন কাজে snurp নামক একটি বিশেষ ধরনের রাইবোনিউক্লিওপ্রোটিন (sn RNP) প্রযোজন হয়। এরা ইন্ট্রনের 5' এবং 3' উভয় প্রান্তে আবদ্ধ হয় এবং ইন্ট্রনকে লুপ সৃষ্টি করায়। এরপর ইন্ট্রনকে (লুপকে) কেটে মুক্ত করে এবং অবশিষ্ট এজ্যটেনগুলো পর্যায়ক্রমে মুক্ত হয়ে কার্যকর mRNA উৎপন্ন হয় (Gilbert, 2005)। প্রক্রিয়া তিনটিকে নিম্নলিখিতভাবে দেখান যায়—



#### চিত্র-৪.৭ : অকৃত কোষের mRNA এর Processing

(৪) tRNA-এর পরিবর্তন (Processing of tRNA) : প্রতিক্রিয়ায় প্রথমে যে tRNA সৃষ্টি হয় তা প্রকৃতপক্ষে Precursor tRNA। এ Precursor tRNA থেকেই পরবর্তী পর্যায়ে পরিবর্তনের মাধ্যমে কার্যকরী tRNA উৎপন্ন হয়। Precursor tRNA এর 5' প্রান্ত এডেনিউক্লিয়োজ দ্বারা এবং 3' প্রান্ত এক্সেনিউক্লিয়োজ দ্বারা কর্তিত হয়। এডেনিউক্লিয়োজ এবং এক্সেনিউক্লিয়োজ এনজাইম Precursor RNA চেইনকে ভাঁজ করে অপ্রযোজনীয় অংশ ছাটাই করে বের করে দেয় এবং কার্যকরী tRNA সৃষ্টি হয়। Yeast বা E. Coli এর টাইরোসিন Pre-tRNA এর 5' প্রান্ত থেকে ৩৯টি এবং 3' প্রান্ত থেকে ৩টি নিউক্লিওটাইড ছাটাই হয়ে কার্যকরী tRNA<sup>tyr</sup> সৃষ্টি হয়। হরগোবিন্দ খোরানা (১৯৭৯) yeast এর tRNA<sup>tyr</sup> এর জিন Pre-tRNA থেকে উৎপন্ন হয়। কোন কোন সময় tRNA এর সাথে নতুন বেস বা অন্য পদার্থ যোগ হতে পারে। Pre-tRNA<sup>tyr</sup> থেকে কার্যকর tRNA<sup>tyr</sup> এর সৃষ্টি প্রক্রিয়া নিম্নে দেখান হলো—



চিত্র-৮.৮ : Pre-tRNA<sup>11</sup> থেকে কার্যকর tRNA<sup>11</sup> এ পরিবর্তনের ধাপসমূহ (Comburg অনুসারে)।

(ii) rRNA এর পরিবর্তন (Processing of rRNA) : আদিকোষের rRNA প্রথমে একটি বৃহৎ Pre-RNA হিসাবে সংশ্লিষ্ট হয় এবং পরে এভোনিউক্লিয়েজ এবং এক্সোনিউক্লিয়েজ এনজাইমের মাধ্যমে কর্তৃত হয়ে কার্যকর 16S, 23S এবং 5S rRNA-কে পরিণত হয়। প্রকৃত কোয়ে RNA Polymerase-I দ্বারা নিউক্লিয়াসের মধ্যে Precursor 45S rRNA সংশ্লিষ্ট হয় এবং পরে তা বিশেষ এভানিউক্লিয়েজ দ্বারা কর্তৃত হয়ে 18S, 5.8S এবং 27S rRNA সৃষ্টি হয়।

## অনুশীলনী

### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- ১। RNA কোথায় থাকে? (Where is the location of RNA?)
- ২। mRNA এর কাজ কী? (What are the functions of mRNA)
- ৩। tRNA কোষীয় RNA এর শতকরা কত অংশ? (What are the % of tRNA of cellular.)
- ৪। rRNA এর কাজ কী? (What are the functions of rRNA?)
- ৫। rRNA কোষীয় RNA এর শতকরা কত অংশ?
- ৬। প্রতিরূপন (transcription) কী? (What is transcription?)
- ৭। RNA এর ক্যাপিং বলতে কী বুঝ? (What do you mean by RNA capping?)
- ৮। এডিনাইলেশন কী? (What is adinilation?)
- ৯। RNA প্রক্রিয়াজাতকরণ (Processing) বলতে কী বুঝ?
- ১০। প্লাইসিং কী? (What is plicing?)
- ১১। ইন্ট্রন কী? (What is intron?)
- ১২। এক্সট্রন বা এক্সন এর কাজ কী? (What are the function of extron or Exon?)
- ১৩। Sn RNP এর কাজ কী? (What are the function of Sn RNP?)
- ১৪। Precusor বা Pre-RNA কী? What is Pre RNA?
- ১৫। আদি কোষের rRNA এর রূপান্তর কিভাবে ঘটে? (How modification of rRNA takes place?) [জা.বি ২০০৬, ২০০৯]
- ১৬। অকৃত H কোষের rRNA এর রূপান্তর কিভাবে হয়?
- ১৭। tRNA এর ক্লোভারলিপ মডেল কী?
- ১৮। কোডন কী? (What is codon?)

### সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

- ১। ক্যাপিং কী? কিভাবে ঘটে? (What is Capping? How it happens?)
- ২। RNA এর এডিনাইলেশন প্রক্রিয়া বর্ণনা কর। (describe the process of adinilation?)
- ৩। rRNA এর রূপান্তর বর্ণনা কর। (Describe the processing of rRNA) [জা.বি. ২০০৬, ২০০৯]
- ৪। নিম্নে বর্ণিত RNA সমূহের ট্রান্সক্রিপশন পরবর্তী আনবিক রূপান্তর আলোচনা কর।  
(i) mRNA, (ii) tRNA, (iii) rRNA  
[Describe the post transcriptional modification of the following :  
(i) mRNA, (ii) tRNA, (iii) rRNA]
- ৫। ক্যাপিং প্রক্রিয়া কী? অকৃত কোষের mRNA অণুর ক্যাপিং প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।  
[What is capping? Describe the capping process in Eukaryotes] [জা.বি. ২০১০]
- ৬। টিকা লিখ : [Write short notes on] :  
(ক) RNA প্লাইসিং [RNA splicing] [জা.বি. ২০১০]  
(খ) RNA প্রক্রিয়াজাত করণ [RNA Processing] [জা.বি. ২০১১]



## জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ

### REGULATION OF GENE EXPRESSION

#### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- ১.১ ভূমিকা
- ১.২ জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের প্রয়োজনীয়তা
- ১.৩ আদিকোষে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ
- ১.৪ আদিকোষে জিন প্রকাশের ক্ষেত্রে অপ্রেন মতবাদ বা মডেল
- ১.৫ *E.Coli*-এর জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের ক্ষেত্রে ল্যাক অপ্রেন  
অথবা, উদ্বীপক প্রণালীতে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ব্যাখ্যা
- ১.৬ রোধক প্রণালী
- ১.৬.১ ট্রিপটোফেন অপ্রেন
- ১.৬.২ হিস্টিডিন অপ্রেন
- ১.৭ প্রত্যাবর্ত দ্বয়ন কার্য
- ১.৮ উদ্বীপনা বা উদ্বীপক পদ্ধতি এবং দ্বয়ন বা রোধক পদ্ধতিতে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের পার্থক্য
- ১.৯ প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ
- ১.১০ Britten-Davidson Model Or, Gene Battery Model
- ১.১১ Promoter, Enhancer এবং Silencer নিয়ন্ত্রিত জিন প্রকাশ
- ১.১২ প্রকৃত কোষের এবং আলি বোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের পার্থক্য
- অনুশীলনী

#### ১.১ ভূমিকা (Introduction)

জিন কোষের তথা জীবের বৈশিষ্ট্য এবং জীবদেহের বিভিন্ন পর্যায়ের কার্যাদি নিয়ন্ত্রণ করে। জীব দেহ পরিচালনার জন্য প্রয়োজনীয় সমস্ত সংবেদন (information) জীব কোষের জিনোমে অবস্থনে করে। আর একটি বহুকোষী জীবের প্রতিটি কোষে সম্পরিমাণ DNA এবং সমান সংখ্যক জিন থাকে। কিন্তু একটি জীবদেহের সমস্ত অঙ্গে একই রকম জিন থাকলেও সবগুলো একই সময় এবং একইভাবে কার্যকর হয় না। "Only 10 to 20% of the genes in a given cell are ever active, and many of these are active only at a certain stage in the life cycle." -Lisa Yount (1997)। ফলে অসভ্যে ও কোষভ্যে এদের প্রকাশ ও কার্যের পার্থক্য হয়। যেমন— হৃদযন্ত্রের কোষসমূহের ক্রিয়া মন্তিকের কোষসমূহের হৃদন্তায় ভিন্ন প্রকৃতি। উদ্ভিদের মূলের কোষগুলোর কাজ পাতার কোষগুলোর কাজের চেয়ে পার্থক্যযুক্ত। জিন এনজাইম সূচিয়ে মাধ্যমে ক্যুজ করে। কিন্তু পরীক্ষা করে দেখা গেছে যে, বিভিন্ন অঙ্গের এনজাইম ও প্রোটিনের প্রকার ও পরিমাণে পার্থক্য হয়। অর্থাৎ যে কোষে বা যে অঙ্গে যে রূপ এনজাইম যখন যে পরিমাণে সৃষ্টি হওয়া দরকার সেভাবেই জিনের নিয়ন্ত্রণে সংশ্লিষ্ট হয়। আবার এটাও প্রমাণিত হয়েছে যে, জিনের প্রকাশ বা কার্যকারিতা কতগুলো ফ্যাট্র, পদার্থ, পরিবেশ, হান, কাল ইত্যাদির উপর নির্ভরশীল। বিজ্ঞানীরা মনে করেন যে, সকল জিন দেহের সর্বজ্ঞ সবসময় কার্যকর থাকে না, কোন জিন কখন কার্যকর হবে তার জন্য সুনিয়ন্ত্রিত ব্যবস্থা রয়েছে। জিনের কার্যকারিতার এ নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থাকেই জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ (Regulation of Gene Expression) বলা হয়।

## ৫.২ জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের প্রয়োজনীয়তা

জিন জীবের জন্য থেকে মৃত্যু পর্যন্ত সমস্ত বৈশিষ্ট্য ও কার্যনিয়ন্ত্রণ করে। জীবের জীবন চক্রের বিভিন্ন পর্যায়ে বিভিন্ন রকম বৈশিষ্ট্য প্রকাশিত হয় এবং সে অনুরূপ কার্যাদি সাধিত হয়। একটি সম্পূর্ণ উদ্ভিদের জীবনচক্রের শুরুতে অঙ্কুরোদম, তারপর ক্রমান্বয়ে বৃক্ষ, পুষ্পায়ন, নিষেক, ফল ও বীজ সৃষ্টি, বার্ধক্য ইত্যাদি পর্যায় থাকে। অঙ্কুরোদগমের সময় অঙ্কুরোদগমে সাহায্যকারী জিনসমূহের কার্য প্রকাশ পায়, তখন পুষ্পায়নের জিনের কার্য বন্ধ থাকে। আবার বৃক্ষ ও পুষ্পায়নের সময় অঙ্কুরোদগমের জন্য প্রয়োজনীয় জিন নিষ্ক্রিয় থাকে। অনুরূপভাবে নিষেক, বীজ সৃষ্টি ইত্যাদি কার্য সাধনের জন্য পর্যায়ক্রমে প্রয়োজনীয় জিনের কাজের প্রকাশ ঘটে। জীবকোষে অবস্থিত সব জিনই একসাথে কার্যকর হলে জীবদেহের কাজের বিশৃঙ্খলা দেখা দিত। ফলে সেক্ষেত্রে প্রচুর শক্তি ব্যয় হত, জীবের জীবনচক্র স্বাভাবিক গতি হারিয়ে ফেলত। তাই জীবদেহের কার্য-নিয়ন্ত্রণের জন্য জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণ প্রয়োজন। কোষে বা দেহে কী পরিমাণ DNA অনুলিপন হবে, RNA এর ট্রান্সক্রিপশন হবে এবং প্রোটিন সংশ্লেষিত হবে তার জন্য নির্দিষ্ট নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা রয়েছে।

জীবদেহে কম্পিউটারের ন্যায় জিনোমের মধ্যে সংবেদন সেট করা থাকে। কম্পিউটারে কোন নির্দিষ্ট প্রোগ্রাম কার্যকর করতে হলে যেমন নির্দিষ্ট বোতাম সেট টিপতে হয় বা ক্লিক করতে হয়, সব বোতাম একসাথে টিপলে কোন প্রোগ্রামই কার্যকর হবে না। তেমনি জীবদেহের বিভিন্ন পর্যায়ে বিভিন্ন কাজের প্রকাশ ও নিয়ন্ত্রণের জন্য জিনের প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা থাকা একান্ত প্রয়োজন, না হলে দেহে বিশৃঙ্খলা ও বিপর্যয় দেখা দিবে। উদাহরণস্বরূপ শিশুকালে মানুষের বার্ধক্য ও চূল পাকার জিন কার্যকর হলে নিচয়ই বিশৃঙ্খলা সৃষ্টি হবে। সূতরাং এসকল জিনের প্রকাশ বার্ধক্য আসা পর্যন্ত নিয়ন্ত্রণে থাকা একান্ত প্রয়োজন। আবার কিছু কিছু জিনের প্রকাশ সারা জীবনই চলতে থাকে। যেমন— শসনের জন্য প্রয়োজনীয় জিনের প্রকাশ সারাজীবন ধরে সবসময় প্রয়োজন হয়। এক্ষেত্রে আরও কতগুলো জিন রয়েছে, যা সারাজীবন কার্যকর থাকে যেমন— হৃদযন্ত্র, ফুসফুস ইত্যাদি অঙ্গের কার্যকরী জিন।

জীবদেহে সমস্ত প্রাণরাসায়নিক বন্ধুর সংশ্লেষণ জিন কর্তৃক সংশ্লেষিত এনজাইম দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। কোন রকম প্রাণরাসায়নিক বন্ধু কখন কী পরিমাণ সৃষ্টি হবে তার জন্য সুনির্দিষ্ট নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা থাকা প্রয়োজন। প্রয়োজনের তুলনায় কম বা বেশি এক্ষেত্রে সৃষ্টি হলে তা দেহের জন্য শক্তিকর। উদাহরণস্বরূপ পাকস্থলীর পাচক রস প্রয়োজনের তুলনায় কম বা বেশি নিঃসরণ হলে তা দেহের জন্য শক্তিকর। দেহের প্রয়োজন ও পরিষ্কারণের জন্য অনেক জিনকে সুনির্দিষ্টভাবে সক্রিয় বা নিষ্ক্রিয় থাকতে হয়। প্রয়োজনে কোন জিন যখন কার্যকর হয় তখন অন্যজিন অপ্রয়োজনে নিষ্ক্রিয় থেকে দেহের স্বাভাবিক অবস্থা বজায় রাখে। কোন সুনির্দিষ্ট নিয়ন্ত্রণের মাধ্যমে জিনসমূহ প্রয়োজনে সক্রিয় ও অপ্রয়োজন নিষ্ক্রিয় থেকে জীবদেহ পরিচালিত করে। তাই জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ জীবের জীবনচক্র পরিচালনা, তথা অন্তিম টিকিয়ে রাখার জন্য একান্ত প্রয়োজন। বিজ্ঞানীরা এ ব্যাপারে অনেক প্রমাণও পেয়েছেন।

## ৫.৩ আদিকোষে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ (Control of Gene Expression in Prokaryots)

আদিকোষের ক্রোমাজন তথা DNA নগু, এর চতুর্দিকে কোন প্রোটিনের আবরণ নেই। তাই প্রকৃত কোষ অপেক্ষা আদিকোষের জিনের কার্য নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কে বেশ কিছু তথ্য জানা সম্ভব হয়েছে। আদি কোষেই সর্বপ্রথম জিনের কার্য নিয়ন্ত্রণের অনেক গুরুত্বপূর্ণ তথ্য উন্মাদিত হয়েছে। যাটের দশকে ফ্রান্সী বিজ্ঞানী Francois Jacob এবং Jacques Monod বিখ্যাত অপেরেন মতবাদ (Operon concept) প্রকাশ করেন যা পরবর্তীকালে সত্য বলে প্রমাণিত হয়েছে। এরপর Backwith (1967) Lac operon এর কার্য-স্বরূপে আরও সুস্পষ্টভাবে ব্যাখ্যা করেন। G.L. Sapiro *et al* (1969) সর্বপ্রথম Lac operon পৃথক করেন। এ অপেরেনের জেনেটিক ম্যাপও জানা গেছে।

গঠনগত (Structural) জিন, প্রোমোটর (Promoter) জিন, চালক (Operator) জিনকে একত্রে অপেরণ বলে। গঠনগত জিন প্রতিরূপন (transcription) প্রক্রিয়ায় সাধারণত অথবা mRNA সৃষ্টি করে। এ mRNA থেকে প্রয়োজনীয় এনজাইম বা প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। গঠনগত জিনের পাশে পরিচালক জিন এবং তারপরে প্রোমোটর জিন অবস্থান করে। প্রোমোটারের পাশে বা বেশ কিছুটা দূরে অপেরনকে নিয়ন্ত্রকারী (Regulator) জিন অবস্থান করে। এদের সমন্বিত কার্যের মাধ্যমে এনজাইম বা প্রোটিন সংশ্লেষণ নিয়ন্ত্রিত হয়। আদিকোষী জীবের এনজাইম বা প্রোটিন সংশ্লেষণ দুটি উপায়ে ঘটতে পারে—

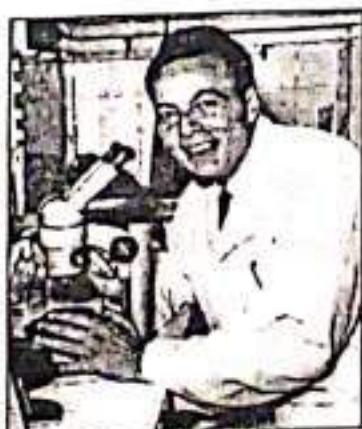
(ক) অনিয়ন্ত্রিত এনজাইম তত্ত্ব : যে সকল অপরিহার্য এনজাইম সর্বদা প্রয়োজন হয় তা অনিয়ন্ত্রিত উপায়ে সংশ্লেষিত হতে পারে। যেমন— গ্রাইকোলাইসিসের এনজাইম। আবার নিয়ন্ত্রক জিন বা কখনও কখনও প্রোমোটর বা অপারেটর জিনের মিউটেশন ঘটলেও অনিয়ন্ত্রিত উপায়ে সংশ্লিষ্ট এনজাইম অবিরতভাবে সংশ্লেষিত হতে পারে। এ ধরনের মিউট্যাটকে Constitutive mutant বা strain বলে, আর একুপ এনজাইমকে Constitutive enzyme বলা হয়।

(খ) নিয়ন্ত্রিত এনজাইম তত্ত্ব : কতগুলো এনজাইম সবসময় উৎপাদন হয় না, যখন প্রয়োজন কেবল তখনই নিয়ন্ত্রিত উপায়ে সংশ্লেষিত হয়। এ সকল ক্ষেত্রে জিনের প্রকাশে বিশেষ নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা রয়েছে। একুপ নিয়ন্ত্রিত (Regulated) এনজাইম তত্ত্বগুলো হচ্ছে—

(i) উদ্বীপক এনজাইম তত্ত্ব (Inducible Enzyme System) বা উদ্বীপক প্রণালী (Inductive System) : এক্ষেত্রে কোষীয় পরিবেশে উদ্বীপক (Inducer) এর উপস্থিতিতে জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণ, তথা এনজাইমের সংশ্লেষণ ঘটে। উদাহরণস্বরূপ *E. coli* এর Lac Operon-এর ক্ষেত্রে ল্যাক্টোজের উপস্থিতিতে ল্যাক্টোজ বিপাকের এনজাইমসমূহের সংশ্লেষণ ঘটে। (বিস্তারিত ১৭.৫.)। একুপ এনজাইমসমূহকে উদ্বীপক এনজাইম (Inducible Enzyme) বলে।

(ii) দমনযোগ্য এনজাইম তত্ত্ব বা রোধক প্রণালী (Repressible System) : এক্ষেত্রে বিক্রিয়ার শেষ উৎপাদের (End Product) পরিমাণ বা গাঢ়ত্ব বৃক্ষি পেলে বিক্রিয়ায় এনজাইম উৎপাদন বন্ধ হয়ে যায়। অর্ধাং বিক্রিয়ার শেষ উৎপাদ জিনের প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ঘটায়। যেমন— হিস্টিডিন, ট্রিপটোফেন ইত্যাদি আপেরন। শেষ উৎপাদকে সহরোধক (Co-repressor) বলা হয়। এ প্রক্রিয়ায় নিয়ন্ত্রিত উপায়ে প্রয়োজনীয় মাত্রায় এনজাইম সংশ্লেষিত হয়।

(iii) অভ্যাবর্ত প্রতিবন্ধ (Feed back inhibition) : এক্ষেত্রে বিক্রিয়ার শেষ উৎপাদ বিক্রিয়ায় এনজাইমের কার্যকারিতা বিনষ্ট করে বাধার সৃষ্টি করে এবং প্রয়োজনের অতিরিক্ত উৎপাদ সৃষ্টি হতে দেয় না।



Francois Jacob

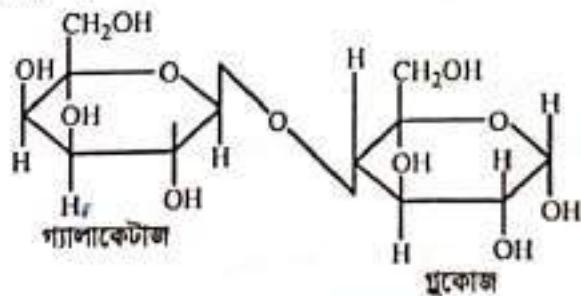


Jacques Monod

### ৫.৪ আদিকোষে জিন প্রকাশের ক্ষেত্রে অপেরন মতবাদ বা মডেল

ফরাসী বিজ্ঞানী Francois Jacob এবং Jaques Monod (1961) আদিকোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ সম্বন্ধে একটি অনুকূল (তত্ত্ব) প্রণয়ন করেন, যা বিখ্যাত অপেরন মতবাদ (Operon concept) বা মডেল নামে পরিচিত। *E. Coli* এর ল্যাট্টোজ বিপাক পর্যবেক্ষণ করতে গিয়ে তাঁরা এ অনুকূলটি প্রণয়ন করেন। এ প্রকল্প অনুসারে ট্রান্সক্রিপশন বা প্রতিরূপন পর্যায়ে জিনের কার্য নিয়ন্ত্রিত হয়। গঠনগত জিন (Structural gene = S), পরিচালক জিন (Operator gene = O) এবং সহায়ক জিন (Promoter gene = P) সমষ্টিগতভাবে এনজাইম বা প্রোটিন সংশ্লেষণের যে সমর্বিত তত্ত্ব সৃষ্টি করে তাকে তাঁরা জিন (Operon বলেন। গঠনগত জিন স্বাধীনভাবে এনজাইম সংশ্লেষণ করতে পারে না; অপারেটর ও প্রোমোটার জিনের সহায়তার প্রয়োজন হয়। সর্বোপরি অপেরনটির পাশে বা দূরে অবস্থানকারী নিয়ন্ত্রক জিন (Regulator gene = I বা R) অপেরনটির কার্য-নিয়ন্ত্রণ করে। গঠনগত জিন এক বা একাধিক হতে পারে। যেমন— ল্যাক অপেরনের ক্ষেত্রে তিনটি (Z, Y, a বা X), ট্রিপ্লটোফেনের অপেরনের ক্ষেত্রে ৫টি, হিস্টিডিন অপেরনের ক্ষেত্রে ১০টি ইত্যাদি। গঠনগত জিনগুলো অত্যন্ত ঘন সন্নিবিট থাকে (Polycistron) এবং সাধারণত অথবা mRNA সংশ্লেষণ করে। এ mRNA থেকে প্রয়োজনীয় এনজাইম সংশ্লেষিত হয়। জিনের প্রকাশের নিয়ন্ত্রণ, তথা অপেরনের প্রকাশ বা কার্য ধারা প্রজাতি বা স্ট্রেইন ভেদে এবং অপেরন ভেদে পার্থক্য হয়।

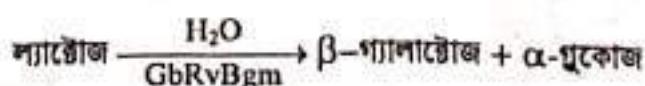
Jacob এবং Monod এর 'Operon' ধারণাটি পরবর্তীতে সত্য বলে প্রমাণিত হয়। Backwith (1967) অপেরন মতবাদের সুন্দর ব্যাখ্যা প্রদান করেন। Sapiro *et al* (1969) *E. Coli* এর ল্যাক অপেরনটি পৃথক করতে সক্ষম হন। Jacob, Monod এবং L. Woff ১৯৬৫ নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।



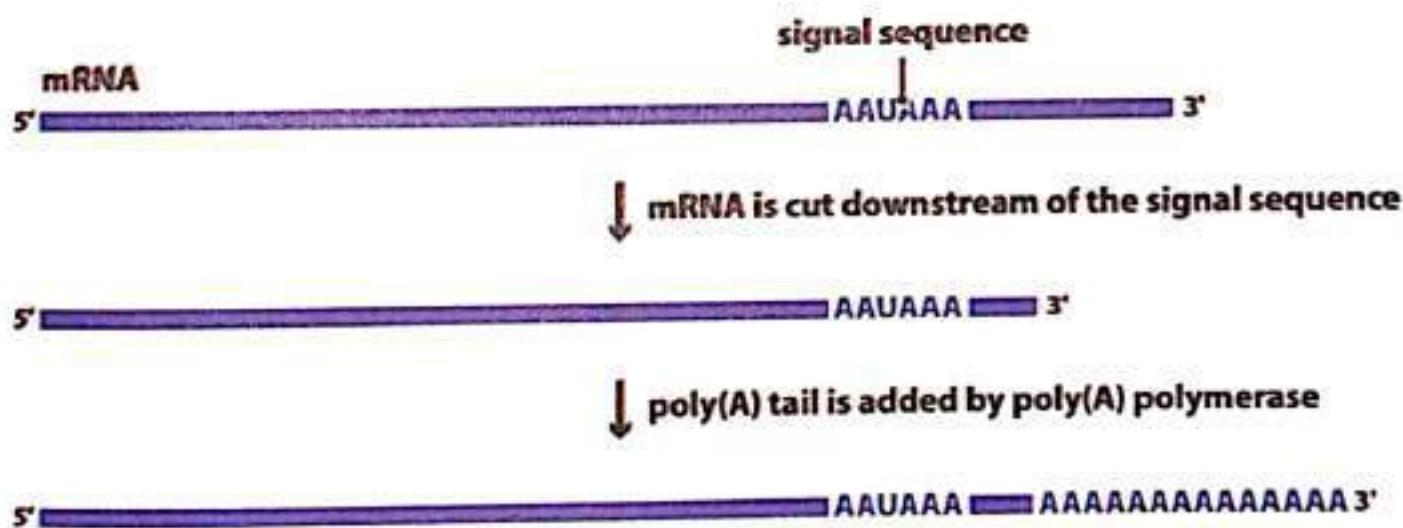
চিত্র-৫.১ : ল্যাট্টোজের গঠন

### ৫.৫ *E. Coli*-এর জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের ক্ষেত্রে ল্যাক অপেরন (Genetic Regulation in Lac Operon) অধ্বা, উদ্বীপক প্রণালীতে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ব্যাখ্যা

F. Francois Jacob এবং J. Monod (1961) সর্বপ্রথম ব্যাকটেরিয়া *E. Coli* এর 'Lac operon' ধারা জিনের কার্যপ্রকাশের নিয়ন্ত্রণ ব্যাখ্যা করেন। *E. Coli* এর ল্যাট্টোজ বিপাকের জন্য তিনটি এনজাইমের প্রয়োজন হয় ( $\beta$ -galactosidase,  $\beta$ -galactoside permease এবং transacetylase)। ল্যাট্টোজ এ বিক্রিয়ায়  $\beta$ -গ্যালাক্টোজ এবং  $\alpha$ -গ্লুকোজে পরিণত হয়।



এ এনজাইম তিনটি পাশাপাশি অবস্থিত ঘনসন্নিবিট তিনটি গাঠনিক জিন যথাক্রমে Z, Y, a (বা X) ধারা সংশ্লেষিত হয়। জিন তিনটি একটি অথবা mRNA ট্রান্সক্রিপশনের মাধ্যমে এনজাইম তিনটি সংশ্লেষণ করে। Z জিনের পাশে চালক জিন



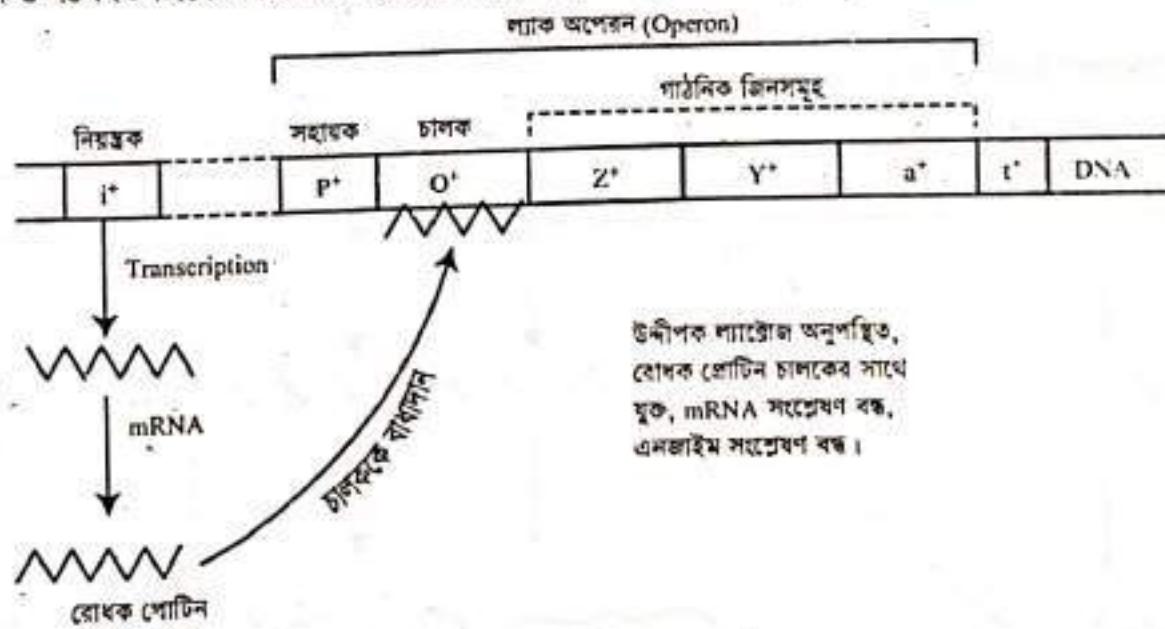
চিত্র : RNA এডিনাইলেশন প্রক্রিয়া

## Introns and Exons

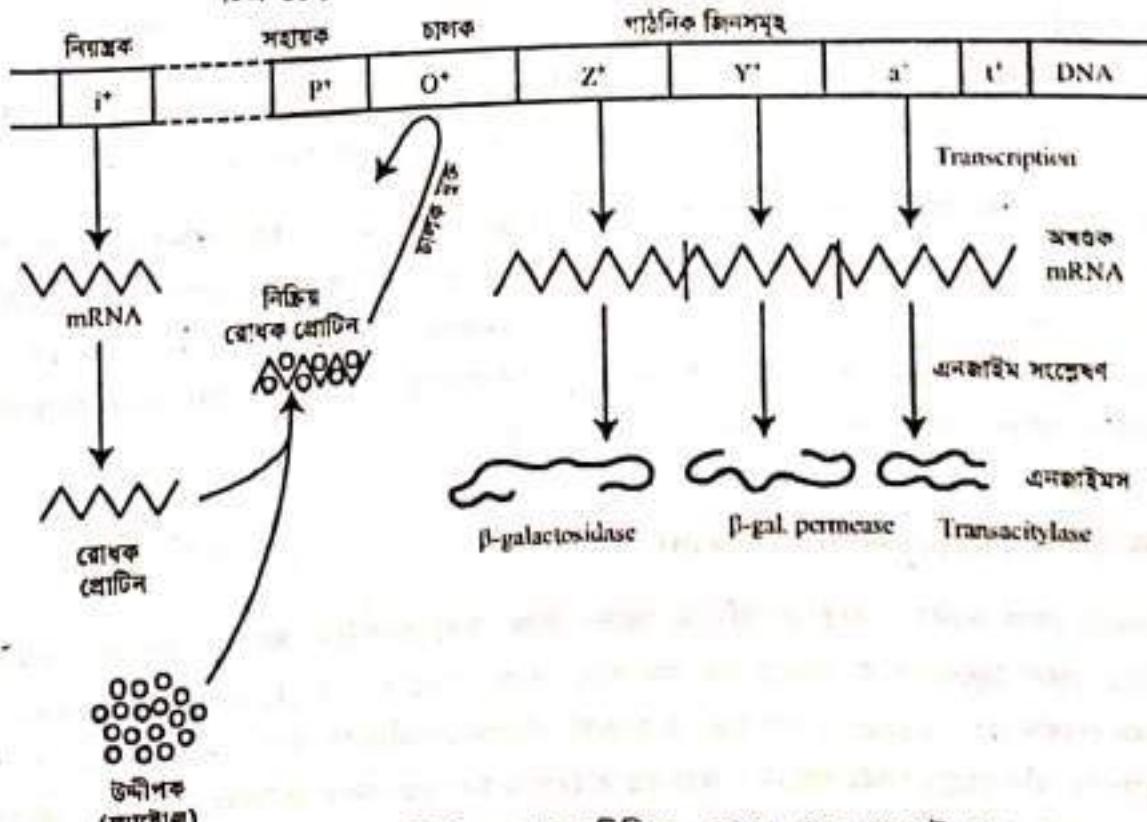


চিত্র : RNA প্রসেসিং

'O' এবং চালক জিনের পাশে প্রোমোটরজিন 'P' অবস্থান করে। তিনটি গাঠনিক জিন (Z, Y, a), চালক জিন O এবং প্রোমোটর জিন 'P' নিয়ে জ্যাক অপেরন গঠিত। একটি নিয়ন্ত্রক জিন (i') প্রোমোটর জিন পেকে কিছুটা দূরে অবস্থান করে এবং অপেরনের কার্য-নিয়ন্ত্রণ করে। স্বাভাবিক *E. Coli* স্ট্রোইনের এ জিন তত্ত্ব ল্যাক্টোজের অনুপস্থিতিতে এ এনজাইম তিনটি সংশ্লেষণ করতে পারে না। কারণ ল্যাক্টোজের অনুপস্থিতিতে নিয়ন্ত্রক জিন (i') একটি সক্রিয় রোধক প্রোটিন (repressor) সৃষ্টি করে, যা পরিচালক জিন 'O'-এর সাথে যুক্ত হয়। এর ফলে RNA polymerase এনজাইম প্রোমোটর সাইট P থেকে চালক জিন ও গঠনগত জিনের দিকে অগ্রসর হতে পারে না। ফলে ট্রান্সক্রিপশন, তথা এনজাইম সংশ্লেষণ বন্ধ থাকে।



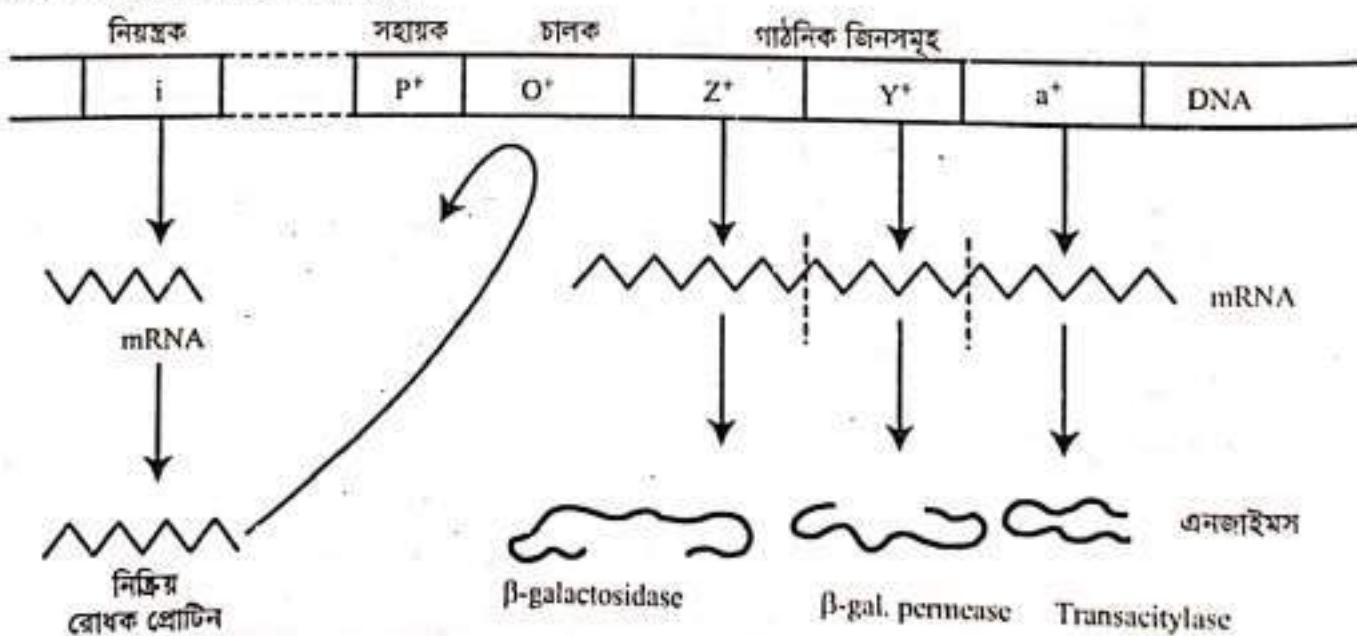
চিত্র-৫.২ : উদ্বিপক্ষের অনুপস্থিতিতে এনজাইম সংশ্লেষণ বন্ধ।



চিত্র-৫.৩ : উদ্বিপক্ষের উপস্থিতিতে রোধক নিয়ন্ত্রণ; mRNA এবং এনজাইম সংশ্লেষণ।

পুষ্টি মাধ্যমে ল্যাটোজ ধাকলে তা সক্রিয় রোধক প্রোটিনের সাথে যুক্ত হয়ে একে নিক্রিয় করে দেয়। ফলে প্রোমোটর ও পরিচালক জিন 'O' সূচনার সংকেত প্রদান করে এবং RNA Polymerase এনজাইমটি বাধামুক্ত হয়ে গাঠনিক জিন তিনটির দিকে অগ্রসর হয় এবং ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়ায় mRNA, তথা প্রোজেনীয় এনজাইম তিনটি সংশ্লেষিত হয়। পুষ্টি মাধ্যমে যতক্ষণ ল্যাটোজ থাকে ততক্ষণ এনজাইম তিনটি সংশ্লেষিত হতে থাকে এবং ল্যাটোজ ভেঙে গ্লুকোজ ও গ্যালক্টোজ সৃষ্টি হয়। ল্যাটোজ এনজাইম সংশ্লেষণকে উদ্বৃত্ত করে বলে একে উদ্বৃত্তক প্রণালী বলা হয় (চিত্র-১৭.৩)। ল্যাটোজ শেষ হওয়ার সাথে সাথে নিয়ন্ত্রক জিন সক্রিয় রোধ প্রোটিনের সহায়তায় এনজাইম সংশ্লেষণ বন্ধ করে দেয়।

প্রচন্দ বা মিউট্যান্ট নিয়ন্ত্রক জিন (i) :



চিত্র-৫.৪ : প্রচন্দ নিয়ন্ত্রক জিন (i) নিক্রিয় রোধক প্রোটিন সংশ্লেষণ করে যা পরিচালক জিনকে নিক্রিয় করতে পারে না; ফলে উদ্বৃত্তকের অনুপস্থিতিতেই অবিরত এনজাইম সংশ্লেষণ ঘটে।

যদি *E. Coli* এর নিয়ন্ত্রক জিন মিউটেশনের ফলে প্রচন্দ জিনে (i) পরিণত হয় তা হলে নিক্রিয় রোধকের সৃষ্টি হয় বলে পুষ্টি মাধ্যমে ল্যাটোজের অনুপস্থিতিতেও অবিরতভাবে এনজাইম সংশ্লেষণ ঘটবে। আর চালক জিনের মিউটেশন ঘটলে রোধক প্রোটিনের সাথে এর সংযোগ ঘটে না বলে এক্ষেত্রেও অবিরত প্রোটিন সংশ্লেষণ ঘটবে। এক্ষেত্রে *E. Coli* কে Constitutive mutant বা Strain বলা হয়। বেশি মাত্রায় অবিরতভাবে উৎসোচক ও অন্যান্য পদার্থ উৎপাদনের জন্য এ সমস্ত মিউট্যান্ট অণুজীবকে অধূনা শিল্প কারখানায় ব্যবহার করা হয়।

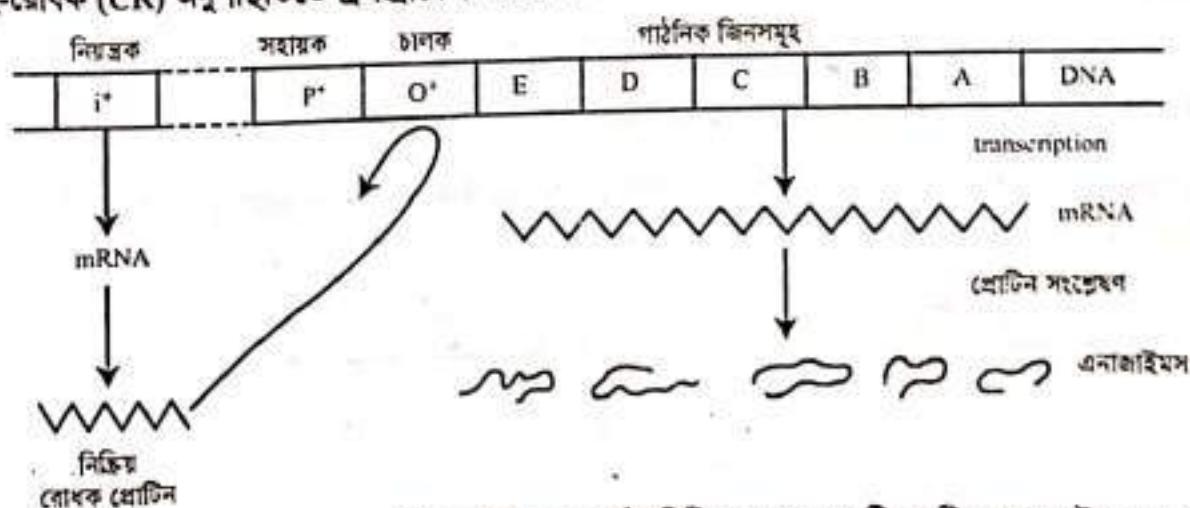
## ৫.৬ রোধক প্রণালী (Repressible System)

যদি পুষ্টি মাধ্যমে কোন নির্দিষ্ট প্রয়োজন উপস্থিতিতে জিনের কাজ, তথা এনজাইম সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে থায় এবং প্রবাতি নিঃশেষিত হয়ে গেলে জিনের কাজ পুনরায় তরব হয় তবে তাকে রোধক প্রণালী (Repressible system) বলে। আর পদার্থটিকে সহ-রোধক (Co-repressor) বলা হয়। এ প্রক্রিয়া উদ্বৃত্তক প্রণালীর বিপরীত। কোন বিক্রিয়ায় ফলে উৎপাদিত পদার্থ বা এনজাইম যদি কোথে যথেষ্ট পরিমাণে জমা হয় তাহলে এ জমাকৃত পদার্থ এ বিক্রিয়ায় জন্য এনজাইম উৎপাদনে বাধা দেয়। এখানে কয়েকটি রোধক প্রণালী দেয়া হলো—

### ৫.৬.১ ট্রিপটোফেন অপেরন (Tryptophan Operon)

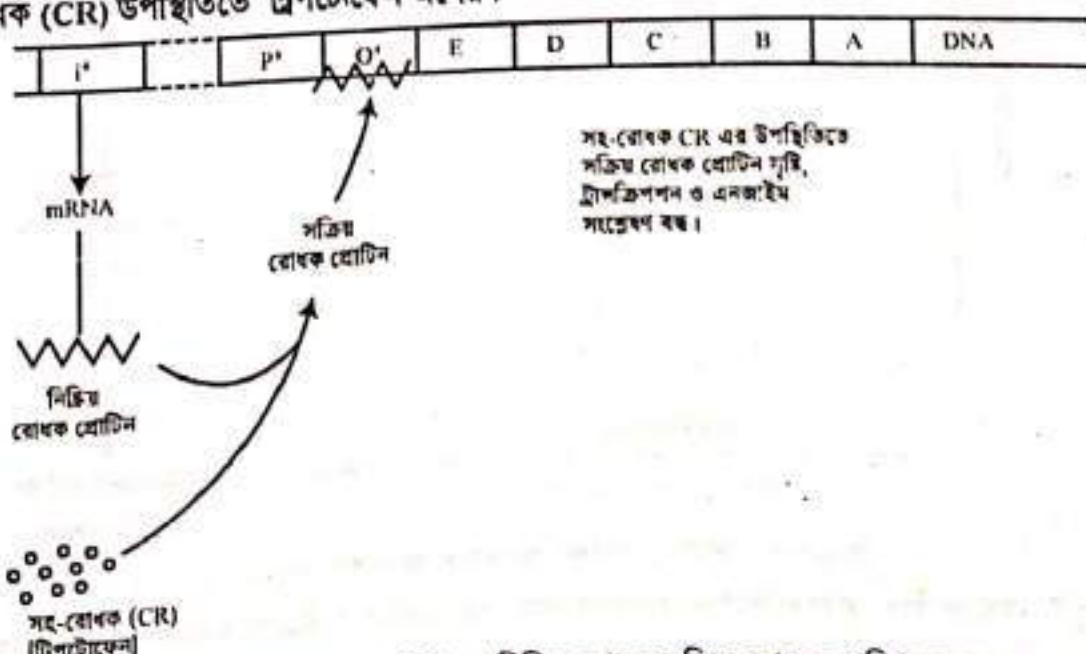
*E. coli*-এর ট্রিপটোফেন অপেরনে রোধক প্রণালীতে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ঘটে। এ অপেরনে প্রোমোটর 'P', অপারেটর 'O' এবং পাঁচটি গঠনগত জিন *trp A*, *trp B*, *trp C*, *trp D* এবং *trp E* রয়েছে। পাঁচটি গঠনগত জিন স্বাভাবিক অবস্থায় পাঁচটি এনজাইম সংশ্লেষণ করে এবং পাঁচটি ধারাবাহিক বিক্রিয়ার মাধ্যমে ট্রিপটোফেন সংশ্লেষণ হয়। *E. coli* এর পুটি মাধ্যমে ট্রিপটোফেন সরবরাহ করলে এ অপেরনের জিনের কাজ থেমে যায় এবং এনজাইম সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যায়। এক্ষেত্রে ট্রিপটোফেন সহ-রোধক (CR) হিসেবে কাজ করে। ট্রিপটোফেন একাকী গাঠনিক জিনের কাজ বন্ধ করতে পারে না। আর নিয়ন্ত্রক জিন কর্তৃক সৃষ্টি নিক্রিয় প্রোটিনও একাকী বাধার সৃষ্টি করতে পারে না। নিয়ন্ত্রক জিন কর্তৃক সৃষ্টি নিক্রিয় প্রোটিন সহ-রোধক ট্রিপটোফেনের সাথে যুক্ত হয়ে সক্রিয় হয়ে ওঠে এবং চালক জিন 'O' এর সাথে যুক্ত হয়। ফলে RNA Polymerase প্রোমোটর সাইট P-এর সাথে সংযোগ হ্রাপন করতে পারে না বলে ট্রিপটোফেন সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যায়।

#### (ক) সহ-রোধক (CR) অনুপস্থিতিতে ট্রিপটোফেন অপেরন :



চিত্র-৫.৫ : সহরোধকের (CR) অনুপস্থিতিতে নিয়ন্ত্রক কর্তৃক নিক্রিয় রোধক প্রোটিন সৃষ্টি ও এনজাইম সংশ্লেষণ।

#### (খ) সহ-রোধক (CR) উপস্থিতিতে ট্রিপটোফেন অপেরন :



চিত্র-৫.৬ : সহরোধকের উপস্থিতিতে নিক্রিয় রোধক সক্রিয় রোধকে পরিণত হয় এবং এনজাইম সংশ্লেষণ বন্ধ থাকে। (CR = ট্রিপটোফেন)।

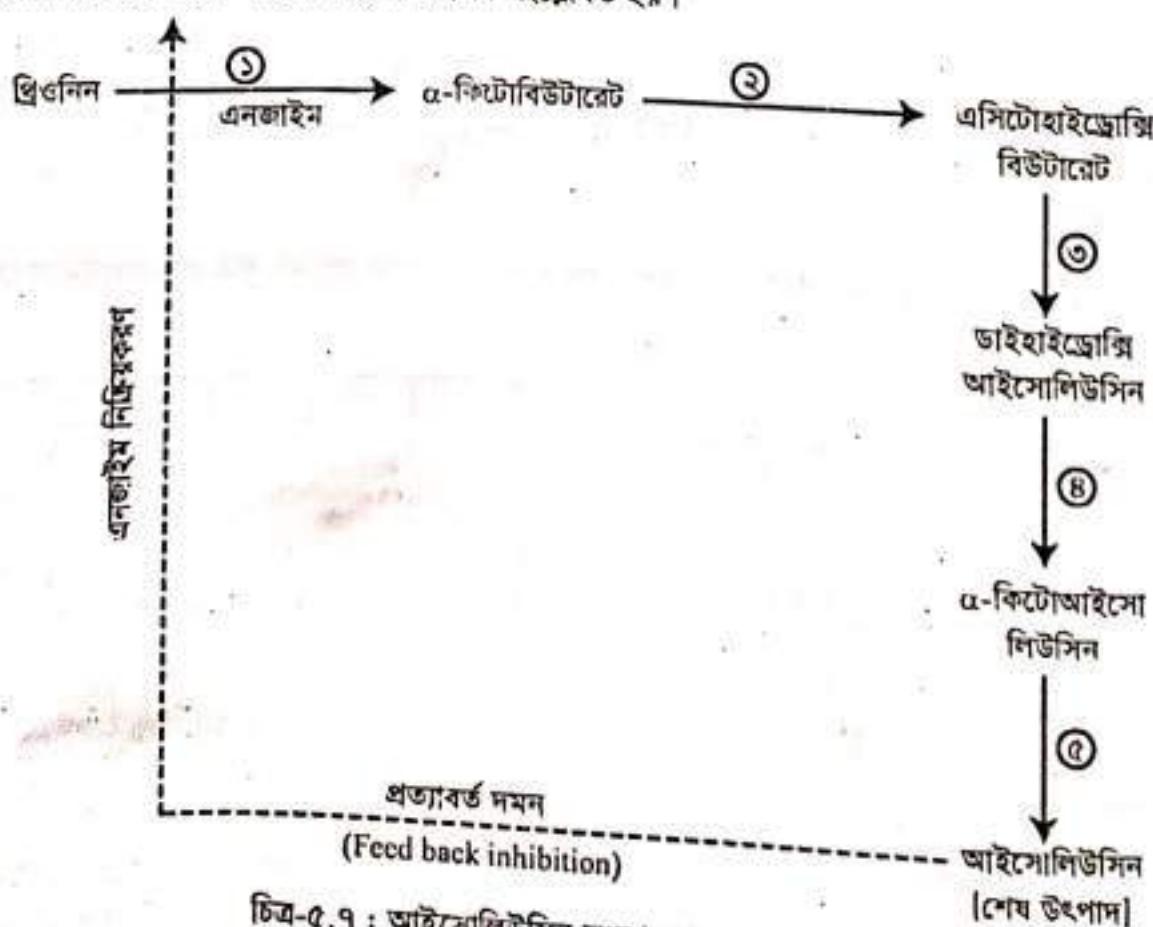
এ প্রক্রিয়ায় নিয়ন্ত্রিত উপায়ে প্রয়োজনীয় এনজাইম, তথা ট্রিপটোফেন সংশ্লেষিত হয়। ট্রিপটোফেন নিঃশেষ হয়ে গেলে পুনরায় সংশ্লেষণ হোল হয়। যখন কোথে যথেষ্ট পরিমাণে ট্রিপটোফেন উপস্থিত থাকে তখন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া বন্ধ থাকে।

### ৫.৬.২ হিস্টিডিন অপেৱন (Histidine Operon)

*E. Coli, Salmonella typhimurium* ইত্যাদি ব্যাক্টেরিয়াতে হিস্টিডিন সংশ্লেষণের সময় এ ধরনের জিন নিয়ন্ত্রণ দেখা যায়। এক্ষেত্রে ১০টি এনজাইম ১০টি ধারাবাহিক বিক্রিয়ার মাধ্যমে হিস্টিডিন সৃষ্টি করে। হিস্টিডিনের গাঢ়ত্ব অভ্যধিক হলে এটি সহ-রোধক হিসাবে প্রোটিনের সাথে যুক্ত হয়ে সম্পূর্ণ বিক্রিয়া বন্ধ করে দেয়; অর্থাৎ এনজাইম সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যায়। *E. Coli* ব্যাক্টেরিয়াতে J. Monod এ প্রক্রিয়াটি প্রথম লক্ষ্য করেন। একাপে কোন রাসায়নিক বিক্রিয়ায় অনেকগুলো ধাপ থাকলে এবং চূড়ান্ত ধাপে উৎপন্ন প্রোটো (end product) সমস্ত বিক্রিয়াকে নিঃক্রিয় করে দিতে সক্ষম হলে একাপে দমন কার্যকে সমন্বয়ী দমন (Co-ordinate repression) বলা হয়।

### ৫.৭ প্রত্যাবর্ত দমন কার্য (Feed Back Inhibition)

H. E. Umberger (1961) সর্বপ্রথম *E. Coli*-এর আইসোলিউসিন এমাইনো এসিড সংশ্লেষণের সময় এ প্রক্রিয়াটি লক্ষ্য করেন। ত্রিয়োনিন থেকে পাঁচটি ধাপে আইসোলিউসিন সংশ্লেষিত হয়।



চিত্র-৫.৭ : আইসোলিউসিন সংশ্লেষণে প্রত্যাবর্ত দমন।

*E. Coli*-এর পুষ্টি মাধ্যমে যদি আইসোলিউসিন সরবরাহ করা হয় তাহলে আইসোলিউসিন সংশ্লেষণের প্রথম ধাপের এনজাইমের কার্য বন্ধ হয়ে যায়। প্রথম ধাপের ত্রিয়োনিন ডিএমাইনেজ এনজাইমের সাথে আইসোলিউসিনের আবক্ষ হওয়ার কারণে এনজাইমটি নিঃক্রিয় হয়ে যায় বলে পরবর্তী বিক্রিয়াগুলোও আর ঘটে না। একেই এনজাইমের প্রত্যাবর্ত

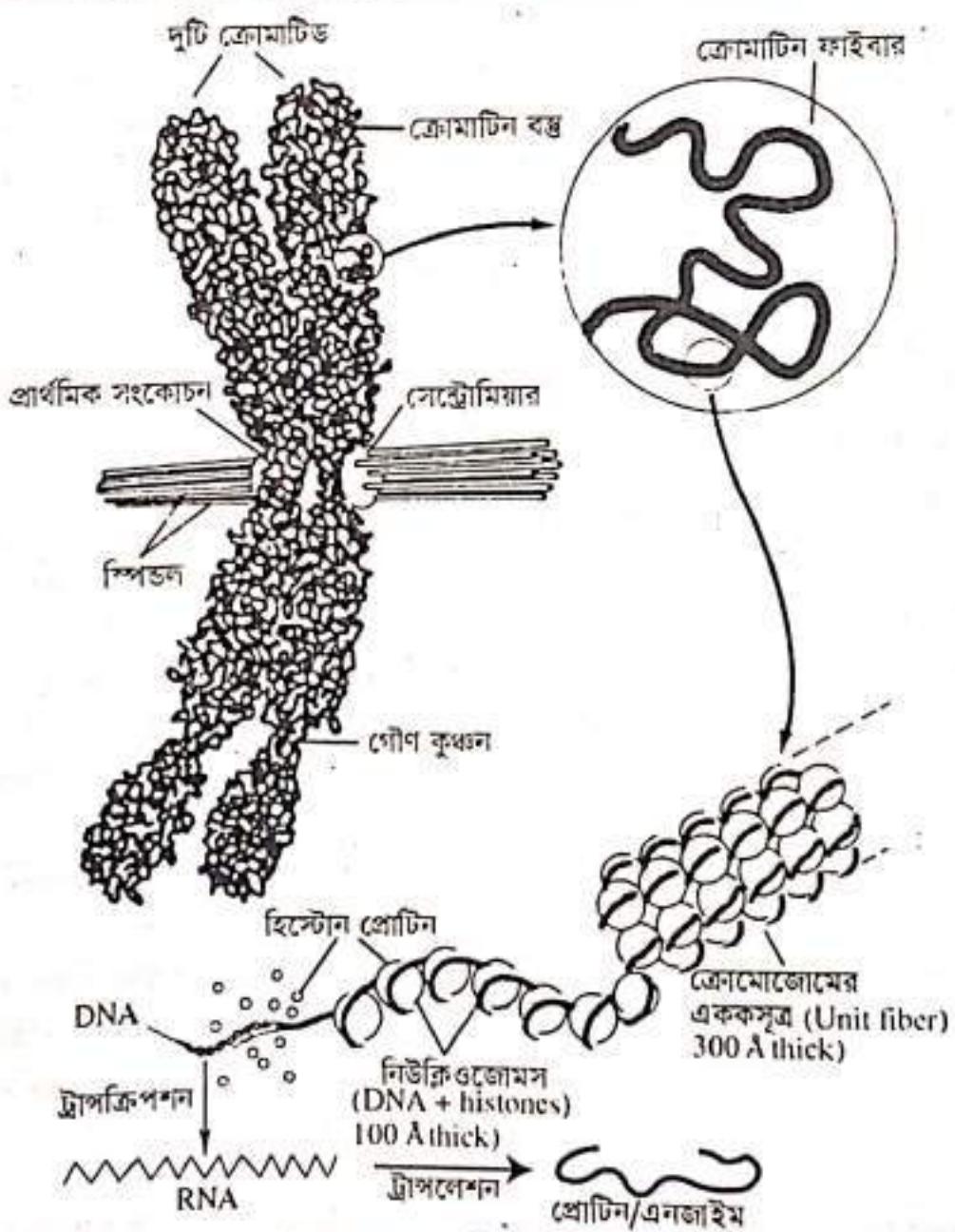
দমন কার্য (Feed back inhibition) বলে। এক্ষেত্রে প্রথম এনজাইম নিক্রিয় হয়ে গেলে মধ্যবর্তী যোগসমূহ (intermediate compounds) সৃষ্টি হয় না। ফলে মধ্যবর্তী এনজাইমগুলোও নিক্রিয় থাকে। এক্ষেত্রে শেষ উৎপাদ (End product) এনজাইমের গঠনের বিসদৃশ রূপান্তর (Allosteric transformation) ঘটায় বলে স্বাভাবিক ক্যাটালাইটিক কাজ করতে পারে না। উল্লেখ্য রোধক দমন কার্যে ট্রাঙ্কিপশনের মাধ্যমে mRNA, তথা এনজাইমের সংশ্লেষণ ঘটে না। কিন্তু প্রত্যাবর্ত দমন কাজের ক্ষেত্রে এনজাইম সংশ্লেষণ বক্ষ হয় না, এনজাইম নিক্রিয় হয়ে যায়। অবশ্য ফলাফল উভয় ক্ষেত্রে একই—শেষ উৎপাদ সৃষ্টি হয় না এবং শেষ উৎপাদ নিঃশেষ হলে আধাৰ সংশ্লেষণ কাজ তুর হয়।

### ৫.৮ উদ্বীপনা বা উদ্বীপক পদ্ধতি (Inducible System) এবং দমন বা রোধক পদ্ধতিতে (Repressive System) জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের পার্থক্য

উদ্বীপনা বা উদ্বীপক পদ্ধতি (Inducible system)	দমন বা রোধক পদ্ধতি (Repressive system)
১. এক্ষেত্রে উদ্বীপক (Inducer) এর উপস্থিতিতে ট্রাঙ্কিপশন, তথা প্রোটিন সংশ্লেষণ হয়।	১. এক্ষেত্রে সহ-রোধক বা (Co-repressor) এর অনুপস্থিতিতে ট্রাঙ্কিপশন ও প্রোটিন সংশ্লেষণ হয়।
২. নিয়ন্ত্রক (Regulator) জিন দ্বারা সক্রিয় প্রোটিন উৎপন্ন হয়।	২. নিয়ন্ত্রক জিন দ্বারা নিক্রিয় প্রোটিন সৃষ্টি হয় এবং তা সহ-রোধকের সহায়তায় সক্রিয় হয়।
৩. শেষ উৎপাদ (End product) এনজাইম সৃষ্টিতে বাধা দেয় না।	৩. শেষ উৎপাদ (End product) এনজাইম সংশ্লেষণে বাধা প্রদান করে।
৪. উদ্বীপক পদার্থ (Inducer) এনজাইমের সংশ্লেষণে সহায়তা করে।	৪. উদ্বীপক অনুপস্থিত। সহরোধকের অনুপস্থিতিতে এনজাইম সংশ্লেষণ ঘটে।
৫. এক্ষেত্রে উদ্বীপক পদ্ধতিতে কাজ চলে।	৫. এখানে সহ-রোধক পদ্ধতিতে কাজ চলে।
৬. সক্রিয় রোধক + উদ্বীপক = নিক্রিয় রোধক।	৬. নিক্রিয় রোধক + সহরোধক = সক্রিয় রোধক।
৭. উদাহরণ : <i>E. Coli</i> এর Lac operon.	৭. উদাহরণ : <i>E. Coli</i> এর Tryptophan operon, Histidine Operon.

### ৫.৯ প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ (Control of Gene Expression in Eukaryotes)

জিন কোষের, তথা জীবের বৈশিষ্ট্য এবং জীবনের বিভিন্ন পর্যায়ে বিভিন্ন কার্য-নিয়ন্ত্রণ করে। জিন এনজাইম সৃষ্টির মাধ্যমে এ কাজ করে থাকে। আদি কোষী জীব প্রধানত এককোষী এবং এদের ক্রোমোজম প্রোটিনের আবরণবিহীন, নয়। তাই এদের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ অনেক সহজ এবং বেশ কিছু তথ্য এ স্বক্ষেত্রে জানা সম্ভব হয়েছে। কিন্তু প্রকৃতকোষী কিছু জীব এককোষী হলেও অধিকাংশই বহুকোষী এবং এদের দেহ জটিল, বিভিন্ন অঙ্গ-প্রাতাসে বিভক্ত। এদের জীবনচক্রের বিভিন্ন পর্যায়ে বিভিন্ন রকম কাজের ও বৈশিষ্ট্যের প্রকাশ ঘটে। একটি জীবের প্রতিটি দেহ-কোষে সাধারণত একই সংখ্যক ক্রোমোজম, তথা একই পরিমাণ DNA এবং একই সংখ্যাক জিন বিদ্যমান। অথচ অঙ্গ ভেদে কোথাকে কাজের পার্থক্য দেখা যায়। এছাড়া জটিল বহুকোষী জীবের জীবনচক্রের বিভিন্ন পর্যায়ে কোষ ভেদে ও অঙ্গভেদে এক এক রকমের জিনের প্রকাশ ঘটে। একটি প্রকৃত কোষী জীবের একটি কোষে কোন নির্দিষ্ট সময়ে কেবল ১০-২০% জিন কার্যকর হয় এবং এদের অনেকগুলোই জীবনচক্রের নির্দিষ্ট পর্যায়ে কার্যকর হয়। Lisa Yount, 1997, বলেন প্রকৃতকোষী জীবের জিন প্রকাশে অবশ্যই একটি নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা থাকা একান্ত অযোজন। এবং একপ নিয়ন্ত্রণ রয়েছে বলেই বিজ্ঞানীরা মনে করেন।



চিত্ৰ-৫.৮ : ক্রোমোজোমে DNA ও প্রোটিনের অবস্থান ও জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণ

প্রকৃতকোষী জীবের ক্রোমোজমের সাথে হিস্টোন (histone) এবং নন-হিস্টোন প্রোটিনগুলি হয়ে জটিল ক্রোমোজম সৃষ্টি করে; জিন বা DNA এ প্রোটিনের আবরণ দ্বারা যেৱা থাকে। তাই আদিকোষী জীবের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ পর্যবেক্ষণ সহজ হলেও প্রকৃত কোষী জীবের ক্ষেত্ৰে তা পর্যবেক্ষণ কৰা ততটা সহজ নয়। তাই প্রকৃত কোষী জীবের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ বিজ্ঞানীদের কাছে এখনও ততটা পরিকার নয়। জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ প্রধানত প্রতিক্রিপ্ত (transcription) এবং এনজাইম বা প্রোটিন সংযোগণ (translation) এর মাধ্যমে ঘটলেও ক্রোমোজমাল প্রোটিন, হৰমোল, পরিবেশ, জীবের অঙ্গ, বয়স ইত্যাদি বেশ কিছু ফ্যাট্র কাৰ্যকৰ ভূমিকা পালন কৰে বলে জানা গৈছে।

১. ট্রান্সক্রিপশন পর্যায়ে ক্রোমোজমাল প্রোটিনের মাধ্যমে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ বা সূচনা পৰ্ব : কোন সুনির্দিষ্ট এনজাইম বা প্রোটিন সংযোগণের জন্য কোন বিশেষ জিনের প্রকাশ ঘটলে তা সঠিকভাৱে জানা না গৈলেও ট্রান্সক্রিপশন পর্যায়ে তুলুন জন্য প্রধানত ক্রোমোজমাল প্রোটিন বিশেষভাৱে সহায়তা কৰে। ক্রোমোজোমে প্রধানত: দু'ৱকম প্রোটিন থাকে— হিস্টোন এবং

নন-হিস্টোন প্রোটিন। Gilmour এবং Paul (1973), Malley *et al* (1977) এবং আরও অনেক বিজ্ঞানীর পরীক্ষায় প্রমাণিত হয়েছে যে, ট্রান্সক্রিপশন পর্যায়ে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণে হিস্টোন ও নন-হিস্টোন প্রোটিনের বিশেষ ভূমিকা রয়েছে।

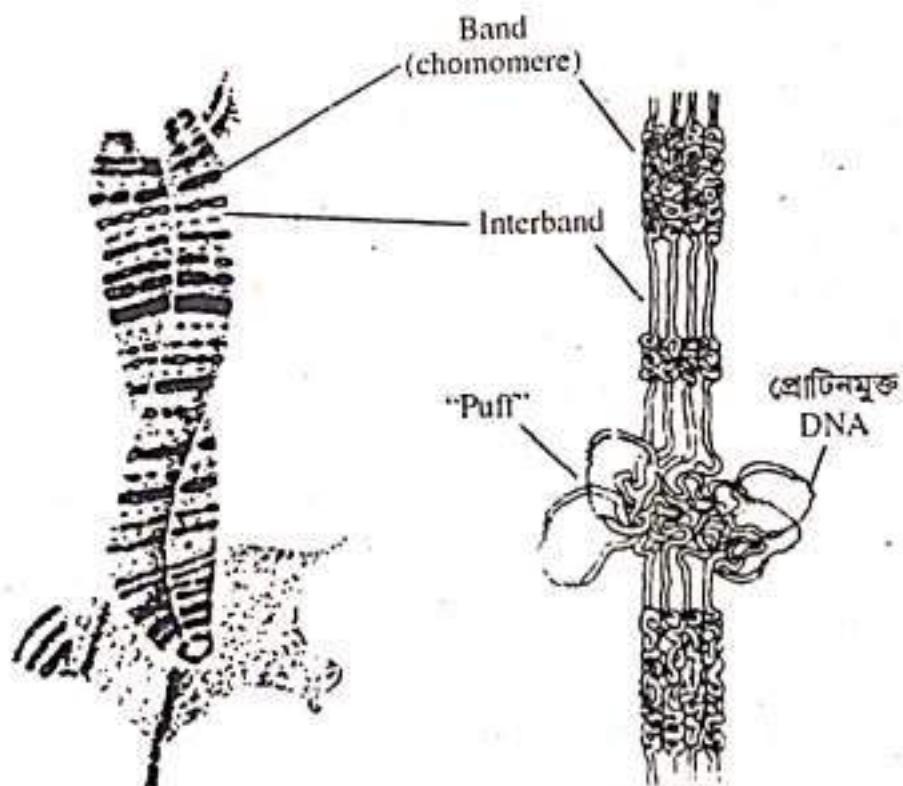
(ক) হিস্টোন (Histones) : হিস্টোন একটি ক্ষারীয় প্রোটিন এবং ক্রোমোজমে হিস্টোন এবং DNA প্রায় সমান অনুপাতে অবস্থান করে। বিভিন্ন তথ্য থেকে বুঝা যায় যে, DNA-এর সাথে হিস্টোনের সংবন্ধন ও প্রোটিন সংশ্লেষণের সম্পর্ক রয়েছে। DNA এর সাথে হিস্টোন মিলে ক্রোমোজমের কুণ্ডল সৃষ্টি হয় এবং DNA থেকে হিস্টোনের অপসারণের মাধ্যমে জিন সক্রিয় হয় (G.W. Flamm *et al*, 1964)। J. Boner (1963) প্রমাণ করেন যে মটর গাছের বীজপত্রের হিস্টোন প্রোটিনটি কৃতিম উপায়ে ক্রোমোজম থেকে অপসারণ করে ঘোরুলিন প্রোটিন সংশ্লেষণ করা সম্ভব। Nezgorova (1970) প্রমাণ করেন যে ভূট্টার জন্মের বৃদ্ধি ও বিকাশ লাভ একমাত্র তথ্যই সম্ভব হয় যখন DNA থেকে হিস্টোন অপসারিত হয়। এতে প্রমাণিত হয় যে, হিস্টোনের সংবন্ধন দ্বারা জিনের কার্য-নিয়ন্ত্রণ হয়। কিন্তু কিভাবে নিয়ন্ত্রণ পরিচালিত হয় তা ভালভাবে জানা যায়নি। মনে করা হয় যে, হিস্টোন প্রতিরূপন পর্যায়ে (Transcription Level এ) mRNA সংশ্লেষণ নিয়ন্ত্রণ করে। তার কিছু প্রমাণও রয়েছে।

(খ) নন-হিস্টোন (Non-Histones) : ক্রোমোজমের নন-হিস্টোন বা এসিড প্রোটিন অংশও জিন প্রকাশকে নিয়ন্ত্রণ করে বলে অধুনা জানা গেছে। Malley *et al* (1977) বিভিন্ন টিস্যুর ক্রোমাটিনের DNA, হিস্টোন এবং নন-হিস্টোন পৃথক করেন এবং পরে একটি টিস্যুর নন-হিস্টোনকে অন্য টিস্যুর DNA এবং হিস্টোনের সাথে যোগ করে নতুন ক্রোমাটিন তৈরি করেন। এ নতুন ক্রোমাটিন দ্বারা কৃতিম উপায়ে (in vitro) mRNA সংশ্লেষণ করে দেখতে পান যে, যে টিস্যুর নন-হিস্টোন ব্যবহার করা হয় সে টিস্যুতে সৃষ্টি mRNA এর অনুরূপ হয়। এ পরীক্ষা দ্বারা প্রমাণিত হয় যে নন-হিস্টোন প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশকে প্রভাবিত করে। নন-হিস্টোন যে জিন প্রকাশকে নিয়ন্ত্রণ করে তার পক্ষে একটি বিশেষ ধূস্তি হল, যে-সমস্ত কোষে বেশি RNA সংশোধিত হয় সে সমস্ত কোষে বেশি পরিমাণ নন-হিস্টোন থাকে, কিন্তু সমস্ত কোষের DNA তে হিস্টোনের পরিমাণ সমান।

আবার এটাও লক্ষ্য করা গেছে যে, হিস্টোনের অনুপস্থিতিতে নন-হিস্টোন RNA সংশ্লেষণকে প্রভাবিত করতে পারে না। এ থেকে মনে হয় জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রিত হয় হিস্টোন ও নন-হিস্টোন এর মৌখ বা পারস্পরিক সহযোগিতায় বা ক্রিয়ায়। একেকে হিস্টোন বিশেষত্বহীনভাবে প্রোটিন সংশ্লেষণে প্রয়োজনে বাধার সৃষ্টি করে, কিন্তু নন-হিস্টোন সুনির্দিষ্টভাবে (Specifically) প্রতিরূপন পর্যায়ে RNA সংশ্লেষণে প্রভাবিত করে (Klukas, 1976)।

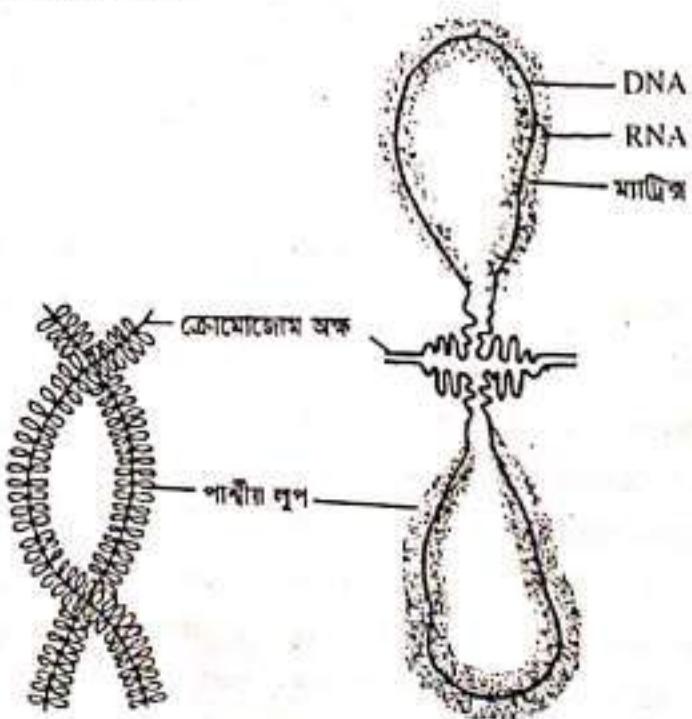
প্রকৃত কোষের নির্দিষ্ট জিনকে কার্যকর হতে হলে ঐ জিনের স্থানের প্রোটিন, বিশেষ করে হিস্টোন প্রোটিনের অপসারণের অধোজন হয়। এ ঘটনাটি গত শতাব্দির মাঝামাঝি পলিটিন ক্রোমোজম এবং ল্যাম্প ব্রাশ ক্রোমোজমে লক্ষ্য করা গেছে (W. Berman *et al* 1954; Amabis *et al*, 1970)।

(গ) পলিটিন ক্রোমোজম (Polytene Chromosome) : W. Beernan *et al* (1954) Diptera মাছির বৃহদাকার পলিটিন ক্রোমোজম পর্যবেক্ষণ করেন। এ ক্রোমোজমের স্থানে স্থানে পর্যায়ক্রমে স্ফীতি (puff) এবং স্ফীতিহীন অবস্থা দেখা যায়। এ স্ফীতি অঞ্চলে ক্রোমোজমের জিন সক্রিয় বলে মনে করা হয়। স্ফীতিহৃত স্থানে হিস্টোনের অপসারণের ফলে DNA অকুণ্ডিত (un-coiled) থাকে; কিন্তু স্ফীতিহীন অঞ্চলে দৃঢ়ভাবে কুণ্ডিত মনে হয়। অর্থাৎ অকুণ্ডল অঞ্চলে জিন সক্রিয় (Switch on) থাকে এবং কুণ্ডল অঞ্চলে জিনের ক্রিয়া বন্ধ (Switch off) থাকে। স্ফীতি অঞ্চলে, যে সক্রিয়ভাবে RNA সংশ্লেষণ হয় তা বিভিন্নভাবে পরীক্ষার মাধ্যমে সন্দেহাত্তীতভাবে প্রমাণিত হয়েছে। সুতরাং বলা চলে একেকে জিনের নিয়ন্ত্রণ প্রোটিনের মাধ্যমে প্রতিরূপন পর্যায়ে ঘটে। এসকল পরীক্ষা দ্বারা আরও প্রমাণিত হয় যে, বিভিন্ন স্ফীতিতে উৎপন্ন RNA বিভিন্ন প্রকৃতির।



চিত্র-৫.৯ : পলিটিন ক্রোমোজোমের জিন সক্রিয় স্ফীতি অঞ্চল (Puff)।

Beerman লক্ষ্য করেন যে, পতঙ্গের দেহে একডাইসল হরমোন ইনজেক্ট করলে ক্রোমোজোমের ব্যাড খুলে যায়, স্ফীতির সৃষ্টি হয় এবং RNA সংশ্লেষিত হয়। এক্সিলোমাইসিন-D লার্ভার দেহে ইনজেক্ট করলে ক্রোমোজোমের স্ফীতি সৃষ্টি বন্ধ হয় এবং RNA সংশ্লেষিত হয় না। এসকল পরীক্ষা থেকে প্রমাণিত হয় যে, পলিটিন ক্রোমোজোমের জিনের কার্য-স্ফীতি অঞ্চল রাসায়নিকভাবে প্রতিরূপন পর্যায়ে নিয়ন্ত্রিত হয়।



চিত্র-৫.১০ : ল্যাস্প ত্রাশ ক্রোমোজোমের পার্শ্বীয় লুপের মাধ্যমে RNA সংশ্লেষণ

(৪) ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজম (Lampbrush chromosome) : পলিটিন ক্রোমোজমের ন্যায় ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজমেও লুপ সৃষ্টির মাধ্যমে জিন সক্রিয় হয় এবং RNA সংশ্লেষিত হয়। অর্থাৎ প্রতিক্রিয়া পর্যায়ে ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজমেও জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ঘটে এবং রাসায়নিকভাবে এদের সক্রিয়তা বা নিক্রিয়তা নিয়ন্ত্রিত হয়।

আদিকোষী জীবে ট্রান্সক্রিপশন পর্যায়েই প্রধানত জিনে কার্য নিয়ন্ত্রিত হলেও প্রকৃতকোষী জীবের ক্ষেত্রে ট্রান্সক্রিপশনের পরেও প্রোটিন সংশ্লেষণ (translation) এবং তার পরবর্তীতেও নিয়ন্ত্রণ ঘটে।

২. প্রতিক্রিয়া পরবর্তী জিনের প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ (Post transcriptional regulation) বা Translation Level এ জিন নিয়ন্ত্রণ : নিউক্লিয়াসের মধ্যে তিনি রকমের RNA (mRNA, tRNA এবং rRNA) এর প্রতিক্রিয়া ঘটে এবং সেখান থেকে নিউক্লিয়াসের রক্ত দিয়ে সাইটোপ্লাজমে স্থানান্তরিত হয়। এ RNA প্রক্রিয়াজাত হয়ে কার্যকর RNA-তে পরিণত হয়। একেতেও কিছুটা নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা কার্যকর বলে মনে করা হয়। সাইটোপ্লাজমে কার্যকর mRNA রাইবোজমের সাথে যুক্ত হয়ে tRNA এবং rRNA এর সহায়তায় প্রোটিন সংশ্লেষণ করে। mRNA এর প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় বেশ কয়েকটি প্রোটিন ফ্যাট্টেরের প্রয়োজন হয়। mRNA এর কার্যকারিতা এবং আয়ুকাল  $Mg^{++}$  আয়নের ঘনত্বের উপর অনেকটা নির্ভরশীল। mRNA এর আয়ুকাল সাধারণত কয়েক দিন থেকে কয়েক ঘণ্টা মাত্র। পলিরাইবোজম কর্তৃক প্রোটিন সংশ্লেষণের হারও পরিবেশের উপর নির্ভরশীল। এক্ষেত্রে প্রতিক্রিয়া পরবর্তী জিনের প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ বা Translation level এ জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ বলা হয়।

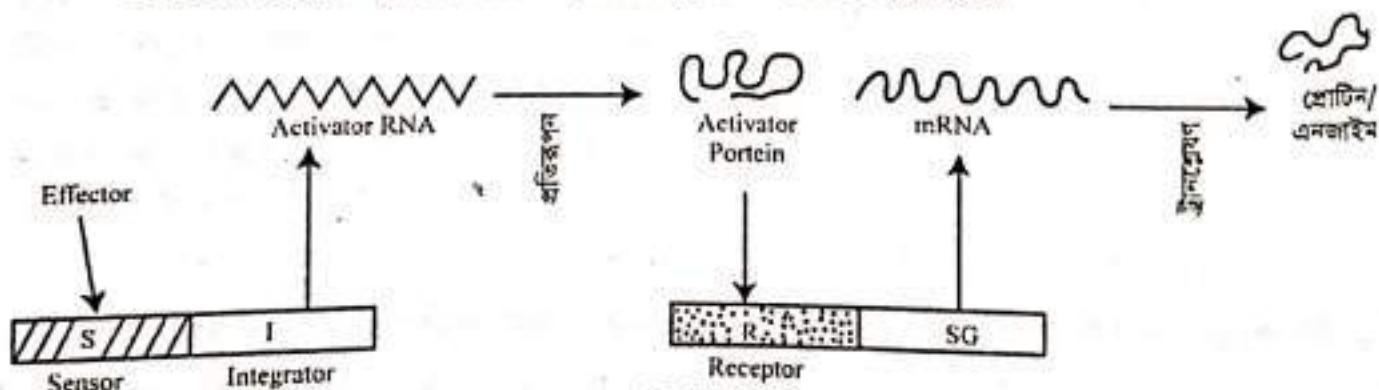
৩. প্রোটিন সংশ্লেষণ পরবর্তী নিয়ন্ত্রণ (Post translational control) : প্রোটিন সংশ্লেষিত হবার পর প্রোটিনের কার্যকরী হতে এর নানারূপ পরিবর্তন দরকার। পলিপেটাইডের বিভিন্ন রকম কার্যকর গঠন সমাপ্ত করতে হয়। যেমন— প্রো-ইনসুলিন পরিবর্তিত হয়ে কার্যকর ইনসুলিন সৃষ্টি করে। এনজাইমের হাফলাইপ ১দিন থেকে কয়েক দিন। সুতরাং প্রোটিনের প্রয়োজনীয় গঠন রূপ এবং আয়ুকালের উপর তার কার্যকারিতা নির্ভর করে। একেই প্রোটিন সংশ্লেষণ পরবর্তী কার্য নিয়ন্ত্রণ বলা হয়।

৪. জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণে হরমোনের ভূমিকা : জিনের কার্য-নিয়ন্ত্রণে হরমোনের ভূমিকা অধুনা জানা গেছে। বিশেষ করে থাপীর জিন নিয়ন্ত্রণে স্টিরয়োড হরমোন (যেমন— এস্ট্রোজেন এবং প্রোজেস্টেরন) হাস-মূরগির বাচ্চার ovalbumin সংশ্লেষণে সহায়তা করে বলে জানা গেছে। একডাইসন হরমোন ক্রোমোজমের হিস্টোন প্রোটিনের অপসারণে এবং প্রতিক্রিয়া সহায়তা করে। একডাইসন হরমোন পতঙ্গে ইনজেক্ট করলে পলিটিন ক্রোমোজমের ব্যান্ড খুলে ফীতির সৃষ্টি হয় এবং RNA সংশ্লেষিত হয় বলে Beerman উল্লেখ করেছেন। স্টিরয়োড হরমোন ট্রান্সক্রিপশন যত্নকে সচল করে RNA সংশ্লেষণে সহায়তা করে (Gupta, 1979)। Britten এবং Devidson (1969) তাদের প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণ মডেলে তরুতেই হরমোনের বা কোন প্রোনির effector এর প্রয়োজনীয়তার কথা উল্লেখ করেছেন এবং প্রতিক্রিয়া (transcription) পর্যায়ে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের কথা বলেছেন।

#### ৫.১০ Britten-Davidson Model Or, Gene Battery Model

১৯৬৯ সালে R. J. Britten এবং Davidson প্রকৃত কোষী জীবের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ স্থানে একটি উন্মুক্ত মডেল প্রদান করে এবং ১৯৭৩ সালে এ মডেলের কিছুটা পরিবর্তন করেন। মডেলটি তাদের নাম অনুসারে Britten Davidson Model বা Gene Battery Model নামে পরিচিত হয়। এটি একটি অভ্যন্তর জনপ্রিয় মডেল। এ মডেল অনুসারে প্রকৃতকোষী জীবে নির্দিষ্ট লাইনে চার শ্রেণীর জিনের পর্যায়ক্রমিক ক্রিয়ার ফলে প্রতিক্রিয়া পর্যায় (Transcriptional level এ) জিন প্রকাশের ধারা নিয়ন্ত্রিত হয়—

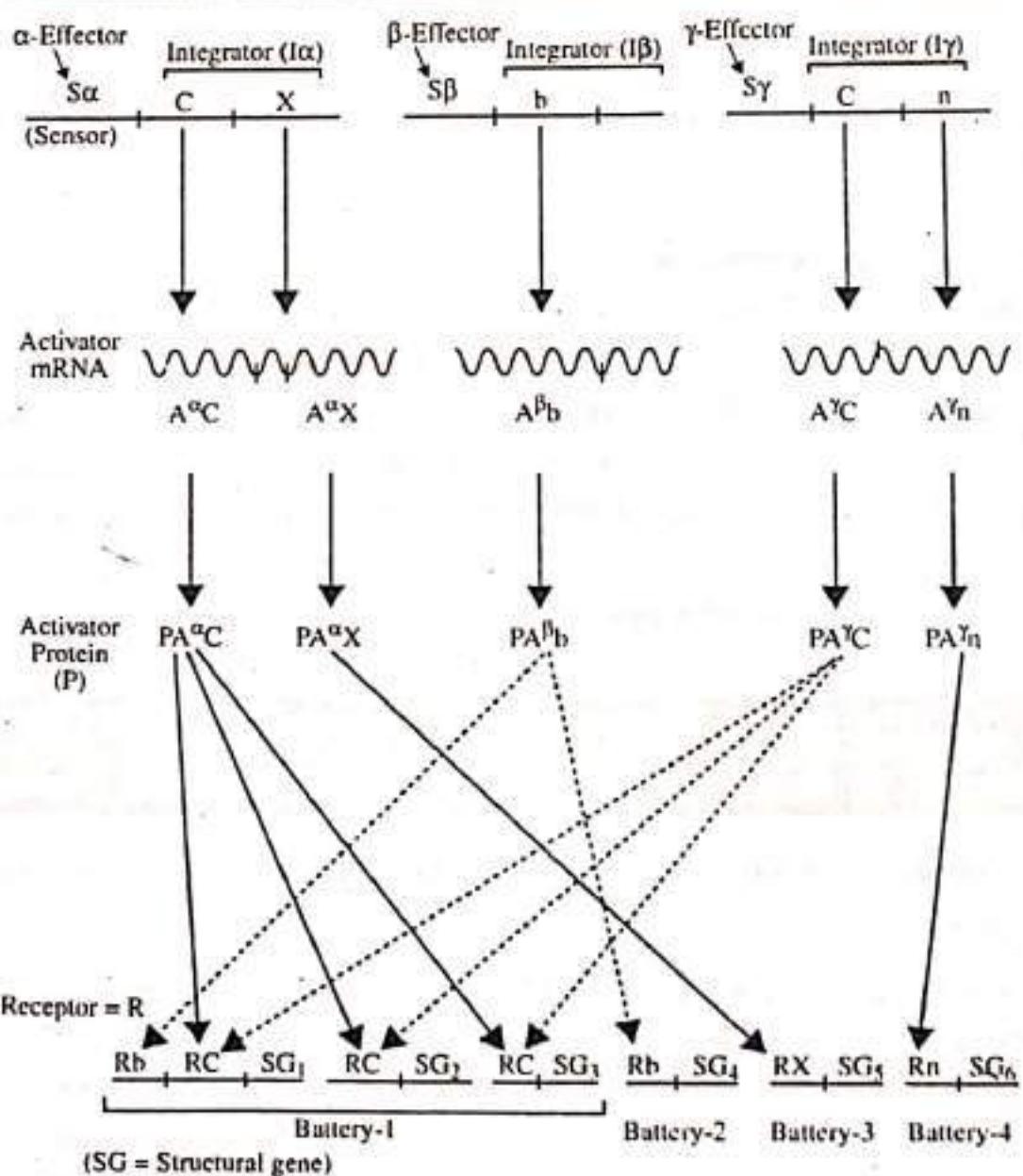
1. **Sensor site (S) বা Sensor gene** : এ জিনটি প্রথমে পরিবেশের প্রভাবকের (হরমোন, প্রোটিন ইত্যাদি) প্রভাবে কার্যকর (Switching) হয় এবং Integrator জিনকে প্রতিরূপনে সহায়তা করে।
2. **Integrator gene (I) or Regulator gene** : এটি আদি কোষের Regulator জিনের অনুরূপভাবে Activator RNA সংশ্লেষণ করে। Activator RNA থেকে Activator Protein (AP) সংশ্লেষিত হয়।
3. **Receptor site (R) or Operator gene** : এ জিন Activator Protein (AP) দ্বারা সক্রিয় হয় এবং সংশ্লিষ্ট গঠনগত (Structural) জিনকে সক্রিয় করে।
4. **Structural Gene (SG) Or Producer gene** : Receptor site বা Sequence দ্বারা প্রভাবিত structural gene প্রতিরূপন প্রক্রিয়ায় প্রথমে mRNA সংশ্লেষণ করে। এ mRNA থেকে বৈশিষ্ট্য প্রকাশক প্রোটিন বা এনজাইম সংশ্লেষিত হয়। প্রক্রিয়াটি সংক্ষেপে নিম্নলিখিতভাবে দেখানো হলো—



চিত্র-৫.১১ : অকৃত কোষী জীবে জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণ।

এ মডেল অনুসারে Integrator gene (I) এবং Structural Gene (SG) প্রতিরূপন প্রক্রিয়ায় mRNA সংশ্লেষণ করে; কিন্তু Sensor site (S) এবং Receptor site (R) mRNA সংশ্লেষণ করে না, প্রযোজনীয় জিনকে চিনিয়ে দিতে সহায়তা করে। এ মডেল অনুসারে DNA-তে Receptor site এবং Integrator genes এর প্রতিটির বহুবার পুনরাবৃত্তি ঘটে, যাতে একটি কোষের বহু জিন নিয়ন্ত্রিত হতে পারে। জিন বা DNA এর নিউক্লিওটাইড অন্মের একটি পুনরাবৃত্তিকে Redundancy বলে এবং এ DNA কে Repetative DNA বা Redundant DNA বলা হয়। Redundancy এ মডেলের একটি বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ দিক।

Receptor-এর পুনরাবৃত্তি নিশ্চিত করে যে একই Activator সকল Receptor site-কে চিনিয়ে দেয় এবং একটি সংশ্লেষণ পথের সম্মত এনজাইম একই সাথে সংশ্লেষিত হতে পারে। আবার বিভিন্ন Activator-ও একই জিনকে বিভিন্ন সময় সক্রিয় করতে পারে। সুতরাং একটি Structural gene এর একাধিক Receptor site (R) থাকতে পারে। নিম্নের চিত্রে Britten-Devidson এর অনুকরণের মডেলটি দেখানো হলো—



চিত্র-৫.১২ : অকৃত কোষের জিনপ্রকাশের নিয়ন্ত্রণ (Britten and Davidson, 1973)

এ মডেলে বাহ্যিক effector  $\alpha$ ,  $\beta$  এবং  $\gamma$  ছয়টি গঠনগত জিন (SG) যুক্ত চারটি জিন-ব্যাটারিকে নিয়ন্ত্রণ করে। সঠিক effector এর প্রভাবে Sensor protein ( $S^\alpha$ ,  $S^\beta$ ,  $S^\gamma$ ) Integrator gene সেটকে সক্রিয় করে তোলে এবং নির্দিষ্ট Activator প্রোটিন ( $PA^\alpha$ ,  $PA^\beta$ ,  $PA^\gamma$ ) সংশ্লিষ্ট হয়। এ প্রোটিন Receptor সিকোয়েল  $R_b$ ,  $R_c$ ,  $R_x$ ,  $R_n$  ইত্যাদির সাথে বিক্রিয়া করে নিকটস্থ গাঠনিক জিন  $SG_1$ ,  $SG_2$ ,  $SG_3$ ,  $SG_4$ ,  $SG_5$ ,  $SG_6$  ইত্যাদিকে সক্রিয় করে তোলে এবং প্রোটিন বা এনজাইম সংশ্লিষ্ট হয়।

গঠনগত জিনের একটি সেট যা একটি Sensor site, তথা Receptor site থারা নিয়ন্ত্রিত হয় তাকে একটি জিন ব্যাটারি (Gene Battery) বলে। চিত্রে (চিত্র ১৭.১২) গাঠনিক জিন  $SG_1$ ,  $SG_2$  এবং  $SG_3$  প্রত্যেকেই Receptor Sequence  $RC$  থারা নিয়ন্ত্রিত এবং এরা একটি জিন ব্যাটারির অঙ্গগত। কিন্তু এরা যথাক্রমে Sensor gene  $S^\alpha$  এবং  $S^\gamma$  উভয় থারা পরিচালিত হয়। অর্থাৎ এদের একটির মিউটেশন ঘটলেও অন্যটি থারা কার্য পরিচালিত হতে পারে।

একটি Sensor site যদি কয়েকটি Integrator এর সাথে যুক্ত হয় তখন এটি সবকটি Integrator কে একই সাথে প্রতিরূপনে প্রভাবিত করতে পারে। ফলে কয়েকটি গঠনগত জিন (SG) receptor site এর প্রভাবে একই সাথে প্রতিরূপন তথা ট্রান্স্লেয়শনের মাধ্যমে প্রোটিন বা এনজাইম সংশ্লেষণ করতে পারে। তাঁদের মতে এভাবে প্রকৃতকোমী জীবে জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণ ঘটে।

**Britten Devidson Model** এর পক্ষে প্রমাণ :

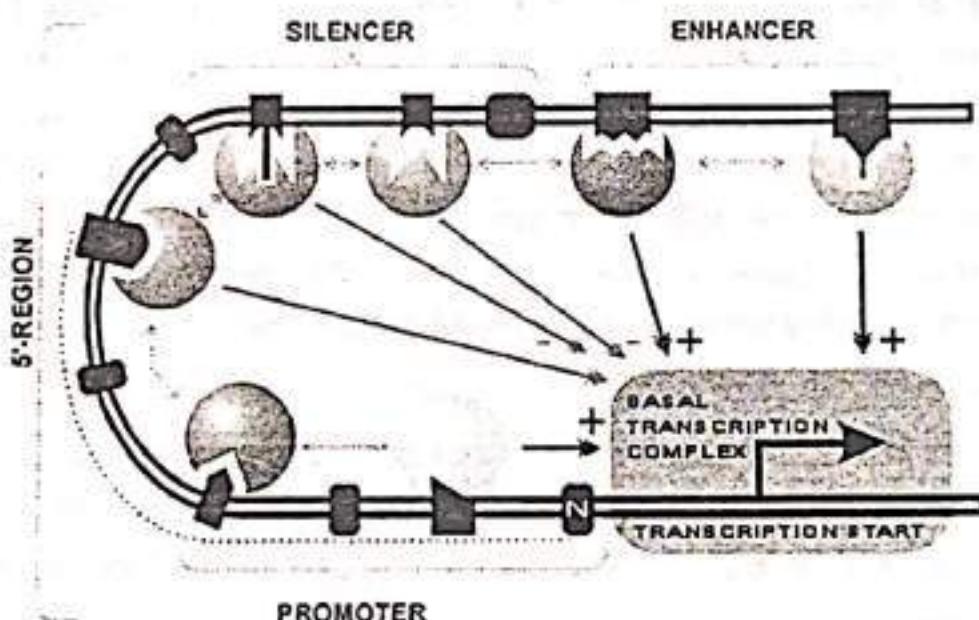
১. অধুনা জানা গেছে যে, একটি কোষে একটি নির্দেশ (Signal) যত সংখ্যাক জিন কাজ করে তা হরমোন receptor প্রোটিনের সংখ্যার চেয়ে অনেক বেশি। অর্থাৎ একটি হরমোন effector অনেকগুলো জিনের কার্য নিয়ন্ত্রণ করতে পারে। এতে প্রমাণিত হয় যে, জীবদেহের অল্প সংখ্যাক হরমোন ও প্রোটিন অসংখ্যা জিনের কাজ নিয়ন্ত্রণ করে।
২. Homocotic mutants এর উপাত্ত নির্দেশ করে যে একটির বৃক্ষির প্রোগ্রাম (Developmental Programme) অন্যটির Signal mutation দ্বারা পরিচালিত হতে পারে। এ ধরনের mutation দ্বারা পরিচালক পদার্থে (Switching elements) পরিবর্তন সাধিত হয়।
৩. DNA তে অনেক পুনরাবৃত্ত সিকেন্সেস দেখা যায়।

## ৫.১১ Promoter, Enhancer এবং Silencer নিয়ন্ত্রিত জিন প্রকাশ (Promoter, Enhancer and Silencer Modulated Gene Expression)

ট্রান্সক্রিপশন পর্যায়ে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের জন্য বেশ কিছু উপাদান রয়েছে। এগুলো আসলে DNA- এর বিশেষ অনুক্রম (Sequences) যেমন—

**Promoter (সহায়ক) :** প্রমোটার হচ্ছে DNA এর একটি অংশ যা একটি জিনের ট্রান্সক্রিপশন (প্রতিরূপন) শুরু করায়। প্রমোটার সাধারণত 100-1000 বেসজোড় (bp) যুক্ত একটি অংশ (Roded Sharan, 2007)। এটি DNA-এর কোনো জিনের ট্রান্সক্রিপশন প্রারম্ভিক সাইটের কাছে অবস্থান করে। অর্থাৎ DNA-এর যে জিনটি ট্রান্সক্রিপশন করে তার টেম্প্রেট সূত্রের পূর্বে অবস্থান করে এবং RNA Polymerase কে RNA সংশ্লেষণের সূচনা করতে প্রভাবিত করে। এ ভাবে প্রমোটার জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণে সহায়তা করে। প্রমোটার বিভিন্ন রকম হয়ে থাকে এবং এদেরকে ১০টি শ্রেণিতে ভাগ করা যায় (Gangnium *et al.*, 2012)।

আদি কোষ ব্যাকটেরিয়ার ক্ষেত্রে সিগ্মাফ্যাক্টর যুক্ত RNA-Polymerase এনজাইম প্রমোটার অংশটি শনাক্ত করে এবং ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়ায় RNA সংশ্লেষিত হয়। কিন্তু প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশের ক্ষেত্রে এ প্রমোটার অংশটি শনাক্ত করতে এবং RNA-Polymerase II কে আবক্ষ করতে কমপক্ষে ৭টি প্রোটিন ফ্যাট্রের প্রয়োজন হয়। এ ক্ষেত্রে প্রমোটার গুরুত্বপূর্ণ উপাদান হিসেবে এনহ্যাসার, সাইলেন্সার, ইনসুলেটর ইত্যাদির সাথে একযোগে ট্রান্সক্রিপশনের, তথা জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণে বিশেষ ভূমিকা পালন করে।



চিত্র-৫.১৩ : সিলিন্স অবস্থায় প্রোমোটার, সাইলেপ্সার, এনহ্যাপ্সার ও আনুসঙ্গিক উপাদানসমূহ

**Enhancer :** এনহ্যাপ্সার হচ্ছে DNA হেলিকের সাইট যা এন্টিভেট ধারা আবদ্ধ হয়ে DNA-এর লুপ সৃষ্টি করে, যার ফলে বিশেষ প্রমোটার প্রারম্ভিক ট্রান্সক্রিপশন কম্প্লেক্সের কাছে অবস্থান করতে পারে। আদিকোষের চেয়ে প্রকৃত কোষে অনেক বেশি এনহ্যাপ্সার থাকে (Austin et al, 1993)। এনহ্যাপ্সার হচ্ছে একটি স্থুত্র (500-1500 bp) DNA অঞ্চল যা প্রোটিন এন্টিভেটেরে (10) সাথে আবদ্ধ হয়ে জিনের ট্রান্সক্রিপশন ঘটায় (Blackwood, 1998), Pinnachio et al, 2003। এনহ্যাপ্সার ট্রান্সক্রিপশন জিন থেকে প্রায় 1 মিলিয়ন bp দূরে অবস্থান করে। মানুষের জেনোমে একল হজার এনহ্যাপ্সার জিন থাকতে পারে (Pinnachio et al, 2013)।

প্রকৃত কোষের DNA-এর ক্লেমাটিন কম্প্লেক্স ভাজ হয়ে সুপার কয়েল সৃষ্টি করে। ফলে এনহ্যাপ্সার, প্রমোটার ও সাইলেপ্সার জিনের কাছাকাছি অবস্থান করে এবং RNA-Polymerase পরম্পরাগত ক্রিয়া করতে সহায়তা করে। এভাবে এনহ্যাপ্সার জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণে সহায়তা করে। ইন্ট্রনের মধ্যেও এনহ্যাপ্সার থাকতে পারে। ক্রোমোজম থেকে এনহ্যাপ্সারকে কেটে বের করে নিয়ে আসা যায় এবং অন্য স্থানে সংযোগ করা যায়। এতে এর কার্যক্ষমতা নষ্ট হয় না। (এ কারণে intronic Polymorphism দেখা যায়)। জিনের exonic অঞ্চলেও এনহ্যাপ্সার দেখা যায় (Spilianakis et al (2005)।

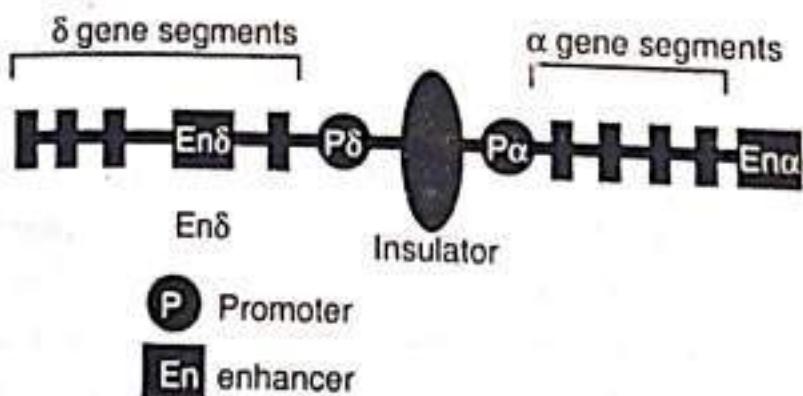
মানুষের HACNSI বা CENTG<sub>2</sub> একটি জিন এনহ্যাপ্সার যা মানুষকে দু'পায়ে হাটিতে সহায়তা করে মানুষের জেনোমে 110,000 জিন এনহ্যাপ্সার সিকোয়েল রয়েছে যার মধ্যে HACNSI একটি। মনে করা হয় সিম্পাঞ্জি থেকে মানুষের বিবর্তনে এ এনহ্যাপ্সারটির সবচেয়ে বেশি পরিবর্তন হয়েছে। এনহ্যাপ্সারে কয়েকটি প্রোটিন ফ্যাট্টের মিলে Enhanceosome নামে একটি কম্প্লেক্স সৃষ্টি করে যা জিন প্রকাশকে নিয়ন্ত্রণ করে (Merica M, Thanos, 2001)। এর প্রধান উদাহরণ হচ্ছে মানুষের ইন্টারফেরন- $\beta$  জিন, ভাইরাস ধারা আক্রান্ত কোষে এ জিনটি বেশি মাত্রায় প্রকাশিত হয় (Panne, D-2008)। আক্রান্ত কোষে এটি ট্রান্সক্রিপশন যন্ত্রের নিয়ন্ত্রণ গ্রহণ করে এবং জিন প্রকাশকে নিয়ন্ত্রণ করে।

**Silencer :** সাইলেপ্সার হচ্ছে DNA সিকোয়েলের একটি অংশ বা অঞ্চল যা বিশেষ ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাট্টের ধারা "আবদ্ধ হলে জিনের প্রকাশ (ট্রান্সক্রিপশন) বন্ধ করে দিতে পারে। এর ফলে নির্দিষ্ট প্রোটিন সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যায়। অর্থাৎ সাইলেপ্সার হলো এনহ্যাপ্সারের বিপরীত। (Silencers are antagonist of enhancers)। এটি যখন দমনকারী (repressor) ফ্যাট্টের

(tf)-এর সাথে যুক্ত হয় তখন জিনের ট্রান্সক্রিপশন হয় না। কারণ RNA-Polymerase এনজাইম DNA বা জিন থেকে RNA সংশ্লেষণ করতে পারেনা। একটি এনহ্যাপ্সর যে জিনকে পরিচালিত করে তার আগে বা পরে সাইলেন্সের অবস্থান করতে পারে। যখন DNA-এর সাইলেন্সের অঞ্চলে রিপ্রেসর (tf) আবক্ষ হয় তখন RNA-Polymerase প্রমোটার সাইটে আবক্ষ হতে পারেনা। এ কারণে DNA বা জিন থেকে RNA ট্রান্সক্রিপশন বন্ধ হয়ে যায় এবং প্রোটিন সংশ্লেষণও সম্ভব হয়না। এভাবে সাইলেন্সের জিন থেকে প্রোটিন বা এনজাইম সংশ্লেষণ বন্ধ করে জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ করে। “Silencers act as the turn off switch, enhancers act as the turn on switch.” উভয় রেগুলেটরের উপাদানসমূহ প্রমোটারের উপর প্রায় একই ভাবে কাজ করে, যদিও ফলাফল বিপরীত। এনহ্যাপ্সর প্রমোটার থেকে বহু kb দূরে অবস্থান করে।

**Insulator** : ইনসুলেটর হচ্ছে DNA-এর জেনেটিক বাউভারি যা এনহ্যাপ্সর এবং প্রমোটারের পারস্পরিক ত্রিয়া (interaction) প্রতিহত করে। এগুলো DNA-এর অংশ যা একটি জিন বা জিনগুচ্ছের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ করে। ইনসুলেটরের অবস্থান প্রমোটার এবং এনহ্যাপ্সরের মাঝখানে। এনহ্যাপ্সর এবং সাইলেন্সের মাঝখানেও এটি অবস্থান করতে পারে। ইনসুলেটর কোনো জিনের কাছাকাছি থেকে অনেকটা অন্তরকের ন্যায় জিনটিকে অন্য জিনের প্রভাব থেকে রক্ষা করে। এদের প্রধান কাজ হচ্ছে—

- (ক) প্রমোটরকে সক্রিয় হওয়া থেকে বিরত রাখা। অধিকাংশ এনহ্যাপ্সর কাছে অবস্থিত প্রমোটরকে প্রতারিত করে। ইনসুলেটর একপ এনহ্যাপ্সরের প্রভাবকে একটি নির্দিষ্ট সীমা অতিক্রম করতে বাধা দেয়।
- (খ) ইনসুলেটর হেটোরোক্রোমাটিনের প্রভাব থেকে নিকটবর্তী জিনকে রক্ষা করে। ইনসুলেটরের কাজ প্রাথমিক ভাবে DNA-এর 3D গঠনের মাধ্যমে সংঘটিত হয় এবং CTCF এতে সহায়তা করে (Phillips, J.E, 2009)।



চিত্র-৫.১৪ : প্রোমোটার এনহ্যাপ্সের এবং ইনসুলেটরের অবস্থান

## ৫.১২ প্রকৃত কোষের এবং আদি কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের পার্থক্য

প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ	আদি কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ
১. প্রকৃত কোষের DNA এবং প্রোটিন সমন্বিতভাবে আদর্শ ক্রোমোজম সৃষ্টি করে। প্রকৃত ক্রোমোজমে ক্রোমাটিন অত্যধিক জট পাকিয়ে অবস্থান করে বলে এর জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণও জটিল এবং তা বোঝাও অত্যন্ত কঠিকর।	১. আদি কোষের প্রোক্রোমোজম বা DNA তথা জিন নগ্ন থাকে, গাঠনিক প্রোটিন এতে নেই বললেই চলে। তাই আদি কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ বোঝা অপেক্ষাকৃত সহজ।

২. প্রকৃত কোষের ক্রোমোজমের হিস্টোন ও নন-হিস্টোন জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণে বিশেষ ভূমিকা পালন করে বলে প্রমাণ পাওয়া গেছে।	২. আদিকোষের প্রোক্রোমোজমে এক্সপ্রেসিন নেই বলে এক্সপ্রেসিন ও অনুপস্থিতি।
৩. অধিকাংশ প্রকৃত কোষী জীব বহুকোষী এবং উন্নত জীবগুলোর বিভিন্ন রকম অঙ্গ-প্রত্যঙ্গ থাকে এবং সেগুলোর কাজও বিভিন্ন রকম। তাই প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ও অত্যন্ত জটিল ও বহুমুর্দী।	৩. অধিকাংশ আদিকোষ জীব এককোষী, সরল বলে এদের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ কোষের মধ্যে সীমাবদ্ধ। তাই এদের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ও অপেক্ষাকৃত সরল প্রকৃতির।
৪. বহু প্রকৃতকোষী জীবের দীর্ঘ জীবনকাল ও দীর্ঘ জীবনচক্র থাকে এবং ক্রমবিকাশের মাধ্যমে বিভিন্ন অঙ্গ-প্রত্যঙ্গ সৃষ্টি হয় বলে জীবনচক্রের বিভিন্ন পর্যায়ে বিভিন্ন প্রয়োজনীয় জিনের প্রকাশ বিভিন্নভাবে নিয়ন্ত্রিত হয়।	৪. আদিকোষী জীবের যে কোন জিন প্রয়োজনে যে কোন সময়ই প্রকাশ পায়, এদের দেহের ক্রমবিকাশ সামান্য।
৫. প্রকৃত কোষের জিন নিয়ন্ত্রণ অনেক ক্ষেত্রে হরমোনের প্রভাব পরিলক্ষিত হয়।	৫. আদিকোষে এক্সপ্রেসিন নিয়ন্ত্রণ দেখা যায় না।
৬. প্রকৃতকোষী জীবে একটি নির্দিষ্ট কোষ লাইনে চার শ্রেণীর জিনের পর্যায়বর্মিক ক্রিয়ার ফলে Transcription পর্যায়ে জিন প্রকাশের ধারা নিয়ন্ত্রিত হয়— (i) Sensor gene (S), (ii) Integrator gene (I), (iii) Receptor gene (R) এবং (iv) Structural gene (S) (Davidson <i>et al.</i> , 1973).	৬. আদিকোষে Regulator gene (R), Promoter gene (P), Operator gene (O) এবং Structural gene (S) মিলে সম্পর্কিতভাবে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ করে Jacob <i>et al.</i> , 1961; Backwith 1967।
৭. প্রকৃতকোষে জিন প্রকাশের ক্ষেত্রে Regulator gene কর্তৃক একটি স্বাধীন প্রোটিন ফ্যাট্টের (HSTE) সংশ্লেষিত করে যা পরবর্তী প্রোটিন সংশ্লেষণ তথা জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণকে প্রভাবিত করে (Benjamin Lewin, 1997, 2010)	৭. আদি কোষে (ব্যাটেরিয়া) এক্সপ্রেসিন একটি সিগনা (σ) ফ্যাট্টের সংশ্লেষিত হয় যার ধারা Promoter প্রভাবিত হয়ে RNA Polymerase কে Transcription এ প্রভাবিত করে এবং জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ঘটে।

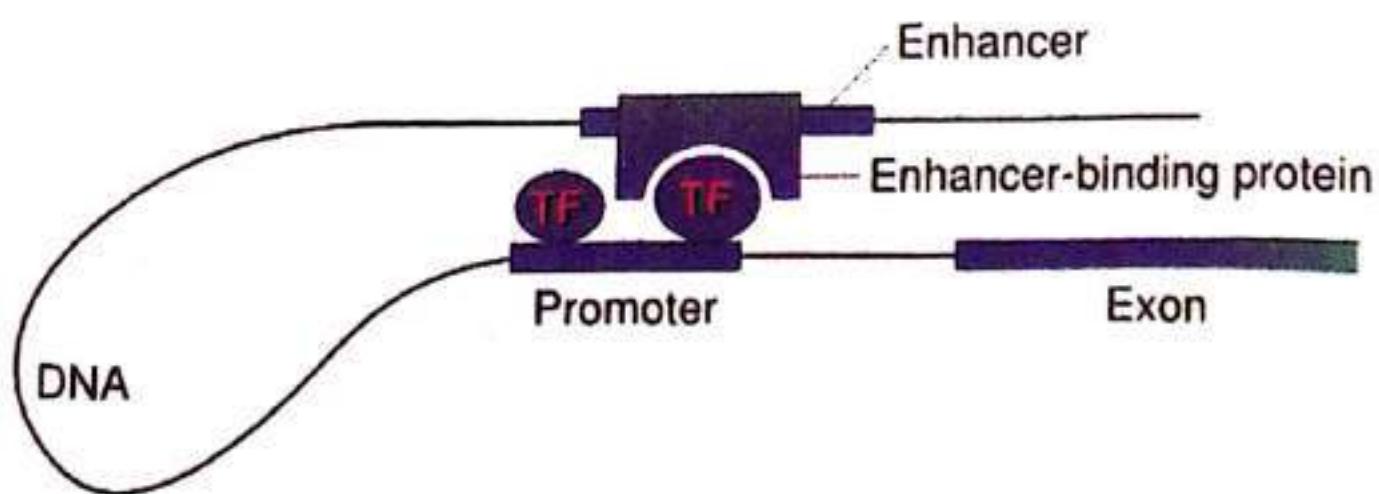
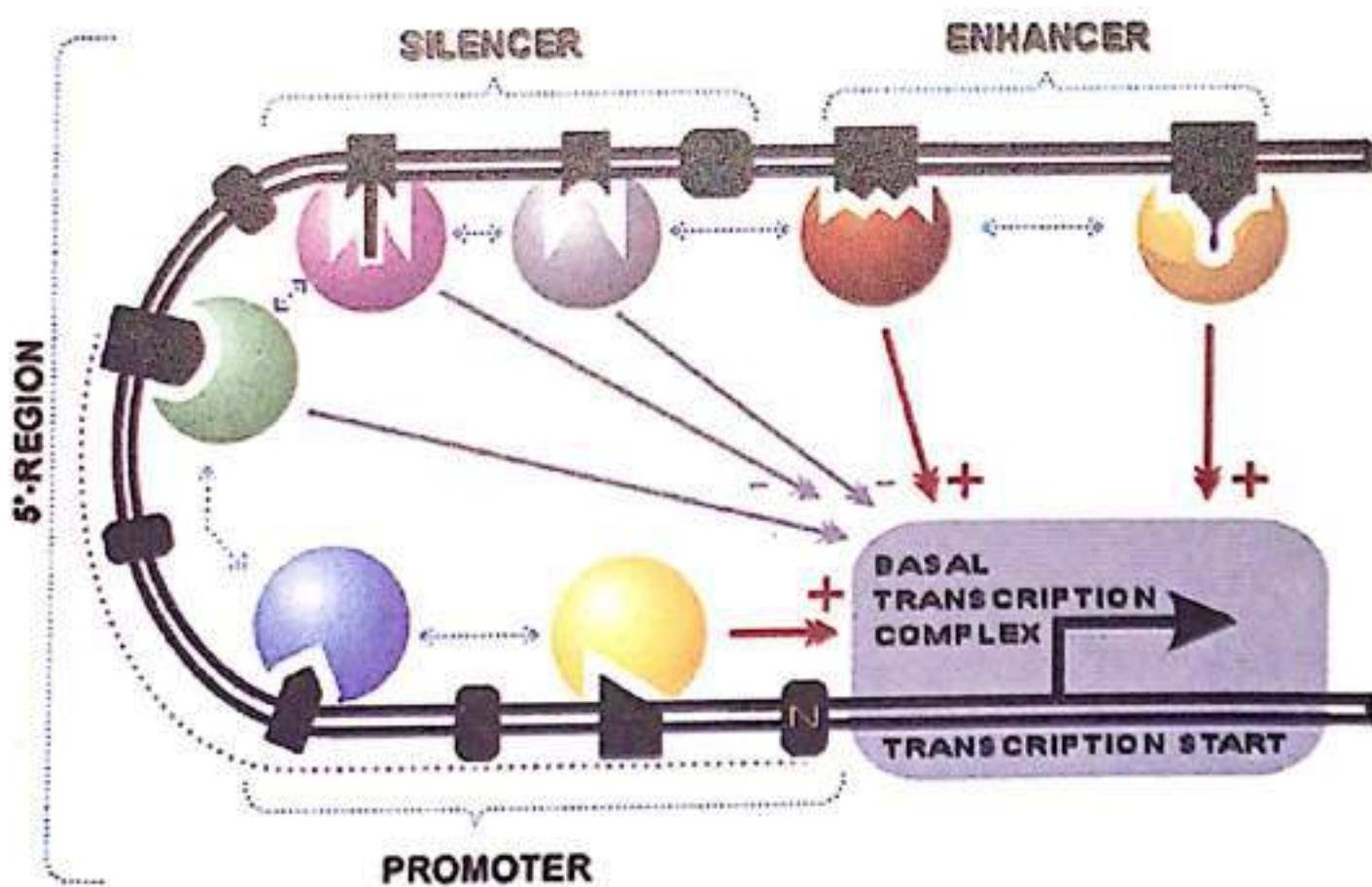
## অনুশীলনী

### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- ১। জিনের প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ বলতে কী বুঝ?
- ২। জিন ব্যাটারি কী?
- ৩। প্রকৃতকোষী জীবের জিনপ্রকাশ বুঝা কঠিন কেন?
- ৪। সেসর জিন কী?
- ৫। প্রোমোটর কী?
- ৬। Enhancer কাকে বলে?
- ৭। Silencer কী?

### সংক্ষিপ্ত এবং রচনামূলক প্রশ্ন

১. (ক) জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ বলতে কী বুঝ ?  
(খ) জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের প্রয়োজনীয়তা কি ?  
(গ) জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের ক্ষেত্রে অপেরেন মডেল বর্ণনা কর।  
(ঘ) প্রকৃতকোষের জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণের ধারণা ব্যাখ্যা কর।
২. জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণে উদ্বীপনা ও দম পদ্ধতির মধ্যে পার্থক্য কি ? আদি কোষে জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণে (Operon model) ব্যাখ্যা কর।
৩. প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণে ট্রিটেন ডেভিডসন মডেল আলোচনা কর।
৪. (ক) অপেরেন কি ?  
(খ) *E. Coli*-এর ল্যাক অপেরেনের মাধ্যমে জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ ব্যাখ্যা কর।  
(গ) আদিকোষী জীবের জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের সাথে প্রকৃত কোষী জীবের জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণের পার্থক্য বর্ণনা কর।
- ৫। Promoter, Enhancer এবং Silencer নিয়ন্ত্রিত জিন প্রকাশ বর্ণনা কর।
- ৬। আদিকোষ ও প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশের পার্থক্য লিখ। [জা.বি-২০১০]
- ৭। প্রকৃতকোষে জিন নিয়ন্ত্রণের ধারণা ব্যাখ্যা কর। [জা.বি-২০১১]
- ৮। টাকা লিখ :  
(ক) জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণ।  
(খ) ল্যাক অপেরেন। [জা.বি. ২০০৮]  
(গ) ট্রিটেন-ডেভিডসন মডেল।  
(ঘ) পুনরাবৃত্ত DNA এবং জিন ব্যাটারি।  
(ঙ) জিন প্রকাশে নিয়ন্ত্রণের প্রয়োজনীয়তা।  
(ট) Promoter  
(ছ) Enhancer  
(জ) Silencer



चित्र : Promoter, Silencer & Enhancer



## জেনেটিক কোড এবং প্রোটিন সংশ্লেষণ

### GENETIC CODE AND PROTEIN BIOSYNTHESIS

#### এ অধ্যাবের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- ৬.১ জেনেটিক কোড
- ৬.১.১ জেনেটিক কোডের বৈশিষ্ট্য
- ৬.১.২ কোড অভিধান
- ৬.১.৩ সুনির্দিষ্ট জেনেটিক কোড
- ৬.১.৪ বিচূতি বা অধোগামী কোড
- ৬.১.৫ Wobble মতবাদ
- ৬.১.৬ আমিয় বা প্রোটিন সংশ্লেষণে জেনেটিক কোডের ভূমিকা
- ৬.১.৭ সুনির্দিষ্ট কোড (Specific code) এবং ডিজেনেরেটিভ কোডের পার্থক্য
- ৬.২ আমিয় বা প্রোটিন সংশ্লেষণ
- ৬.২.১ ভূমিকা
- ৬.২.২ রাইবোজোম : প্রোটিন সংশ্লেষণের যন্ত্র
- ৬.২.৩ tRNA
- ৬.২.৪ mRNA
- ৬.২.৫ প্রতিরূপণ বা ট্রান্সক্রিপশন
- ৬.২.৬ প্রোটিন সংশ্লেষণ বা ট্রান্সলেশনের প্রক্রিয়া
- ৬.২.৭ জেনেটিক কোডের ভাষাভূত বা ট্রান্সলেশন (Translation) প্রোটিন সংশ্লেষণ
- ৬.২.৮ আদিকোষের ও প্রকৃত কোষের প্রোটিন সংশ্লেষণের পার্থক্য

■ অনুশীলনী



H.G. Khorana (1922-.....)

### ৬.১ জেনেটিক কোড (Genetic Code)

জিন এনজাইম সৃষ্টির মাধ্যমে জীবের বৈশিষ্ট্যের প্রকাশ ঘটায় এবং একটি জিন একটি এনজাইম বা পলিপেপ্টাইড সংশ্লেষণ-নিয়ন্ত্রণ করে (অধ্যায়-১০)। জিন (DNA-এর অংশ বিশেষ) হলো নির্দিষ্ট অনুক্রমে বিন্যস্ত নিউক্লিওটাইডের পলিমার। একইভাবে এনজাইম বা পলিপেপ্টাইডও নির্দিষ্ট অনুক্রমে বিন্যস্ত এমাইনো এসিডের পলিমার যা DNA-এর বার্তা (information), তথা mRNA-এর নিউক্লিওটাইডের ক্রম অনুসারে ঘটে। DNA থেকে প্রোটিন সংশ্লেষণের বার্তা প্রতিক্রিয়া (transcription) প্রক্রিয়ায় mRNA এর নিউক্লিওটাইড ক্রমে স্থানান্তরিত হয়। mRNA এর নির্দিষ্ট নিউক্লিওটাইড ক্রম অনুসারে সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসিডের সাথে এমাইনো এসিড পেপ্টাইড বদ্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়ে এনজাইম বা পলিপেপ্টাইড, তথা প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়।

যে সংকেত (Code) নিউক্লিক এসিডের ক্রমের সাথে এমাইনো এসিডের ক্রমের সম্পর্ক সৃষ্টি করে তাকে কোলিক সংকেত বা বংশগতির সংকেত (Genetic Code) বলে। (The code that relates nucleotide sequences in nucleic acids to amino acid sequences is called Genetic code; Strickberger, 1996)।

		বিটীয় অক্ষর (Second letter)					
		U	C	A	G		
ক্রম নং	U	UUU UUC UUA UUG }	phenylalanine (phe)	UCU UCC UCA UCG }	serine (ser)	UGU UGC UGA STOP } cysteine (cys)	U C A G
	C	CUU CUC CUA CUG }	leucine (leu)	CCU CCC CCA CCG }	proline (pro)	CAU CAC CAA CAG } histidine (his)	U C A G
	A	AUU AUC AUA AUG START }	isoleucine (ile)	ACU ACC ACA ACG }	threonine (thr)	CAA CAG } glutamine (gln)	U C A G
	G	GUU GUC GUA GUG }	valine (val)	GCU GCC GCA GCG }	alanine (ala)	AAU AAC AAA AAG } asparagine (asn)	U C A G
		বিটীয় অক্ষর (Third letter)					
		G A U C A G					
		G A U C A G					
		G A U C A G					

চিত্র-৬.১ : জেনেটিক কোড বা কোড ডিকশনারী।

DNA-এর বার্তাবাহী code mRNA এর Codon-এর পরিপূরক (Complementary)। এমাইনো এসিড বহনকারী tRNA এর anticodon আরার mRNA এর নির্দিষ্ট Codon এর পরিপূরক। যেমন— DNA এর কোড TAC = mRNA-এর AUG = tRNA-এর UAC. DNA-এর প্রতিটি Code, mRNA এর প্রতিটি codon এবং tRNA-এর প্রতিটি anticodon তিমটি করে নিউক্লিওটাইডের সমন্বয়ে গঠিত বলে প্রমাণিত হয়েছে। এসব নিউক্লিক এসিডে চার রকমের বেস থাকে, যা বিভিন্ন ভাবে সজ্জিত হয়ে  $4^3 = 64$  রকমের কোড বা কোডন সৃষ্টি করে। ৬৪টি কোডনের মধ্যে ৬১টি কোডন এমাইনো এসিড

কোড করে সুনির্দিষ্ট রূমে প্রোটিনে অন্তর্ভুক্ত করে। তিনটি কোডন (UAA, UAG এবং UGA) এমাইনো এসিড কোড করে না কিন্তু পলিপেপটাইড চেইন সংশ্লেষণের সমাপ্তি ঘোষণা করে। নিউক্লিক এসিডের প্রতিটি নিউক্লিওটাইডকে অক্ষর (alphabet) এবং প্রতিটি কোড বা কোডনকে শব্দ (Code word) বলা হয়। জেনেটিক কোড সর্বজনিন এবং সমস্ত জীবেই কোডের মাধ্যমে প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়।

ক্রিক (১৯৫৪) প্রথমে জেনেটিক কোডের কথা উল্লেখ করেন। এরপর গ্যামো, নিরোনবার্গ, বোরানা, হলি প্রমুখ বিজ্ঞানীদের গবেষণায় সম্পূর্ণ জেনেটিক কোড এবং এর কার্যপদ্ধতি সম্বন্ধে জানা সম্ভব হয়েছে।

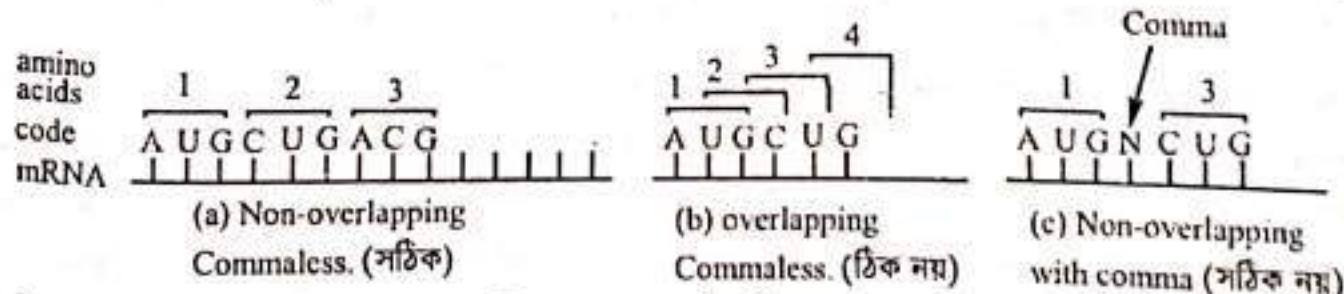
### ৬.১.১ জেনেটিক কোডের বৈশিষ্ট্য

(ক) কোডের শব্দ তিন অক্ষরযুক্ত (Triplet code word) : নিউক্লিক এসিডের প্রতিটি কোড বা কোডন তিনটি অক্ষর বা নিউক্লিওটাইড যুক্ত (Triplet)। যেমন— AAA, AUG, UUU, AUC ইত্যাদি।

(খ) বর্ধকহীনতা (Non-ambiguity) : সাধারণত একটি কোডন একটিরকম এমাইনো এসিড কোড করে, অর্থাৎ দ্বর্ধক নয় (non-ambiguous)। তবে বিশেষ পরিবেশে কখনও কখনও একটি কোডন একাধিক এমাইনো এসিড কোড করতে পারে, অর্থাৎ কোডন অনিশ্চিত (ambiguous) হতে পারে। যেমন— UUU সাধারণত ফিনাইল এলানিন কোড করে; কিন্তু স্ট্রেপটোমাইসিনের উপস্থিতিতে এটি লিউসিন, আইসোলিউসিন বা সেরিনকে কোড করতে পারে।

(গ) বিচ্ছিন্নতা বা অধোগামিতা (Degeneracy) : জেনেটিক কোডের ৬১টি কোডন ২০ রকমের এমাইনো এসিডকে কোড করে। তাই দেখা যায় একই রকম এমাইনো এসিডকে একাধিক রকমের কোডন কোড করতে পারে; যেমন— লিউসিনকে ৬টি কোডন (UUA, UUG, CUU, CUC, CUA এবং CUG) কোড করতে পারে। অর্থাৎ জেনেটিক কোড অধোগামী (Degenerate) হতে পারে।

(ঘ) অনধিক্রমিতা (Non-Overlapping) : একটি কোডনের কোন অক্ষর (নিউক্লিওটাইড) অন্য কোডনের অন্তর্ভুক্ত হয় না, অর্থাৎ overlap করে না।



চিত্র-৬.২ : জেনেটিক কোডের অনধিক্রমিতা (Non-Overlapping)

(ঙ) বিরামহীন বা কমাহীন (Commaless) : কোন দুটি নিউক্লিওটাইডের মধ্যবর্তী স্থানে কোন অতিরিক্ত নিউক্লিওটাইড (spacer) বা ননসেক্স কোডন থাকে না।

(চ) সূচনা কোডন (Starter or initiator) : নির্দিষ্ট প্রারম্ভিক কোডন থেকে প্রোটিন সংশ্লেষণ শুরু হয়। সূচনা কোডনটি হচ্ছে AUG যা মিথায়ানিনকে কোড করে। AUA অথবা GUG কোন কোন সময় সূচনা কোডন হিসাবে কাজ করে বলেও কোন কোন বিজ্ঞানী উল্লেখ করেছেন। সূচনা কোডন mRNA এর 5' প্রান্তে অবস্থান করে এবং মিথায়ানিন কোড করে।

(ছ) সমাপনী কোডন (Stop codon or terminator or non-Sense codon) : ৬৪ টি ট্রিপ্লেট কোডনের মধ্যে তিনটি কোডন কোন এমাইনো এসিড কোড করে না এবং এদের যে কোন একটি বা কখনও দু'টি mRNA এর শেষ প্রান্তে (৩ নং প্রান্তে) অবস্থান করে। এ কোডন তিনটি পলিপেপটাইড সংশ্লেষণের সমাপ্তি সংকেত প্রদান করে বলে এদেরকে সমাপনী কোডন (terminator or stop codon) বলা হয়। সমাপনী কোডন তিনটি হচ্ছে UAA, UAG এবং UGA। ক্রেমার এবং তাঁর সহকর্মীবৃন্দ কোডুক করে এদের নাম দিয়েছিলেন—

UAA-Ochre, UAG-Amber এবং UGA-Opal। এরা কোন এমাইনো এসিড কোড করে না বলে এদেরকে nonsense কোডনও বলা হয়।

(জ) মেরুত্ত (Polarity) : DNA এর কোডনসমূহ এবং mRNA এর কোডনসমূহ ৫ নং প্রান্ত থেকে ৩ নং প্রান্তের দিকে পর্যায়ক্রমে অবস্থান করে। mRNA এর ৫ নং প্রান্ত থেকে প্রোটিন সংশ্লেষণ শুরু হয় এবং ৩ নং প্রান্তের সমাপনী কোডনে গিয়ে শেষ হয়।

(ঘ) সর্বজনীন (Universality) : সাধারণত একই কোড সমস্ত জীবে একই রকম এমাইনো এসিড কোড করে। যেমন— দেখা গেছে যে, *E. coli*, *Chlamydomonas*, গম, ইনুরের ক্ষেত্রে UUU ফিনাইল এলানিন কোড করে। আবার GUU কোডন এ সমস্ত জীবে ভ্যালিন কোড করে। বিভিন্ন পরীক্ষা দ্বারা প্রমাণিত হয়েছে যে জেনেটিক কোড সাধারণত সর্বজনীন। কিন্তু কিছু ক্ষেত্রে সামান্য ব্যতিক্রম দেখা যায়।

## ৬.১.২ কোড অভিধান (Code Dictionary)

প্রতিটি কোডনের সুনির্দিষ্ট অর্থ (এমাইনো এসিড নির্দেশনা) যুক্ত সকল কোডনের ট্যাবলকে Code Dictionary বলে (Strickberger, 1996)। একে অনেক সময় জেনেটিক কোডও বলা হয়।

মার্শাল নির্বেনবার্গ এবং ইরপেরিন্দ ঘোরানা (1966) জেনেটিক কোডের অধিকাংশ অর্থ উক্তান করেন এবং এজন্য তাঁর নোবেল পুরস্কার লাভ করেন। ফ্রান্সিস ক্রিক (১৯৬৮) ৬৪টি ট্রিপ্লেট কোডনের অর্থ উক্তার করে একটি আভিধানিক সারণি তৈরি করেন, যা পরবর্তীকালে Dictionary of Genetic Code বা Code Dictionary নামে পরিচিতি লাভ করে।

অভিধান (Dictionary) থেকে কোন শব্দ, অক্ষর, চিহ্ন ইত্যাদির অর্থ এবং তার ব্যাখ্যা জানা যায়। জেনেটিক কোড ডিকশনারীর মাধ্যমে মূলত কোন কোডন কোন ধরনের এমাইনো এসিড নির্দেশ করে বা সংকেত প্রদান করে প্রোটিন সংশ্লেষণ সহায়তা করে তা জানা যায়। এছাড়া প্রোটিন সংশ্লেষণের সূচনা কোডন এবং সমাপ্তি কোডনসমূহ সমষ্টিতে ধারণ করা যায়। নিউক্লিক এসিডের চারক্রম নিউক্লিওটাইডই জেনেটিক কোডের অক্ষর (Alphabet)। এ চার রকম বেসই বিভিন্নভাবে সংজ্ঞিত হয়ে ৬৪ রকমের ট্রিপ্লেট কোডওয়ার্ড বা কোডন মৃষ্টি করে। mRNA-তে প্রয়োজনীয় কোডন উপসুনির্দিষ্ট জৰুর সংজ্ঞিত থাকে। ৬৪টি কোডনের দ্বারা ২০ প্রকারের এমাইনো এসিড নির্দেশিত হয়। এমাইনো এসিড হচ্ছে কোডনের ভাষা (Language)। mRNA এর প্রথম বা সূচনা কোডন হচ্ছে AUG যা মিথায়োনিন এমাইনো এসিড নির্দেশ করে এবং প্রোটিন সংশ্লেষণের সূচনা করে। UAA, UAG এবং UGA তিনটি কোডন লেন এমাইনো এসিড কোড করে না, বরং mRNA-এর শেষ প্রান্ত থেকে পলিপেপটাইড চেইন সংশ্লেষণের সমাপ্তি ঘোষণা করে। এজনা এদেরকে terminator, stop codon বা non-Sense codon বলা হয়।

### ৬.১.৩ সুনির্দিষ্ট জেনেটিক কোড (Specific Genetic Code or non-degenerate Genetic Code)

ক্রাপিস ক্রিক (১৯৫৪) প্রথম প্রস্তাব করেন যে DNA এর নিউক্লিওটাইডসমূহে অবস্থিত বার্তা (information) ধারা জেনেটিক কোড গঠিত। এ সময় বিজ্ঞানীদের ধারণা ছিল যে, একটি সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসিডকে প্রোটিনে অঙ্গুরুক্ত করার জন্য একটি সুনির্দিষ্ট (specific) কোড রয়েছে। অর্থাৎ প্রোটিনের জন্য প্রযোজনীয় ২০ রকমের এমাইনো এসিডকে কোড করার জন্য সুনির্দিষ্ট ২০ রকমের কোড রয়েছে। এরপ জেনেটিক কোডকেই সুনির্দিষ্ট কোড (Specific code or non-degenerate code) বলে। পরবর্তীকালে প্রমাণিত হয়েছে যে, জেনেটিক কোডের এরপ ধারণা সঠিক নয়। প্রমাণিত হয়েছে যে একটি এমাইনো এসিডকে কোড করার জন্য একাধিক রকমের কোডন থাকে।

### ৬.১.৪ বিচ্যুতি বা অধোগামী কোড (Degenerate Code)

যখন কোন নির্দিষ্ট এমাইনো এসিডকে কোড করার জন্য একাধিক কোড থাকে তখন এ ধরনের কোডকে অধোগামী কোড বা Degenerate code বলে। কোডের এ ধারণাটির গবেষণার মাধ্যমে সঠিক বলে প্রমাণিত হয়েছে। দেখা গেছে ২টি, ৩টি, ৪টি, এমনকি ৬টি কোডন একই এমাইনো এসিডকে কোড করতে পারে। উদাহরণস্বরূপ UUA, UUG, CUU, CUC, CUA এবং CUG এর প্রত্যেকটি কোডনই নিউক্লিওটাইড সংশ্লেষণের সমাপ্তি সংকেত প্রদান করে (Strickberger, 1996)।

কোড যদি Specific বা non-degenerate হতো তাহলে ২০টি এমাইনো এসিডের জন্য ২০টি কোডন ব্যবহারের পর আরও  $64 - 20 = 44$  কোডন অব্যবহৃত থাকতো অথবা non sense codon হিসাবে অবস্থান করত। কিন্তু আধুনিক ধারণায় non-sense codon হচ্ছে তিনটি (UGA, UAA এবং UAG) যা stop codon বা terminator হিসাবে পলিপেপ্টাইড সংশ্লেষণের সমাপ্তি সংকেত প্রদান করে (Strickberger, 1996)।

জেনেটিক কোডের বিচ্যুতি বা অবস্থানতাৰ (Degeneracy) প্রয়োজনও রয়েছে। একটি এমাইনো এসিড কোড করার জন্য একাধিক কোডন থাকায় যদি কোন কোড বা কোডনের মিউটেশন ঘটে বা ক্ষতিগ্রস্ত হয় তাহলে অন্য কোডন ধারা ঐ এমাইনো এসিড কোড করা সম্ভব। এটি একটি আত্মকাম্যমূলক ব্যবস্থা। ক্রিক (১৯৬৬) জেনেটিক কোডের ডিজেনেরেশিনকে 'wobble' মতবাদের মাধ্যমে ব্যাখ্যা করেন।

### ৬.১.৫ Wobble মতবাদ (Obble Hypothesis)

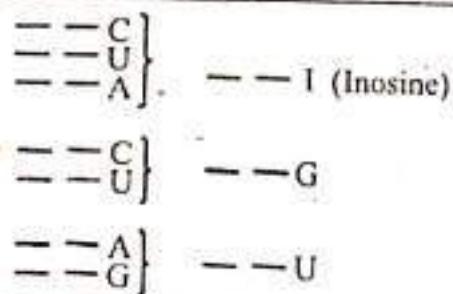
Obble এর অর্থ অস্থির বা অস্থিতি বা অটল না থাকা। Francis M. Crick (1966) একাধিক কোডন ধারা একই এমাইনো এসিড কোড করাকে (ডিজেনেরেশিনে) ব্যাখ্যা করার জন্য Obble মতবাদ প্রদান করেন। mRNA এর ৬১ রকম কোডন এমাইনো এসিডকে কোড করে। tRNA সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসিডকে নির্দিষ্ট কোডন ছানে স্থাপন করে। ২০ রকম এমাইনো এসিডকে বহন করার জন্য ২০ রকমের tRNA হলোই চলার কথা; কিন্তু গবেষণায় প্রকাশ যে ৩০-৪০ রকমের tRNA একাজে অংশগ্রহণ করে। সুতরাং কিছু tRNA এর এন্টিকোডন একাধিক কোডনের সাথে বেস-জোড় সৃষ্টি করে এ কাজে সহায়তা করে। ক্রিক এ ঘটনাকে ব্যাখ্যা করার জন্য obble মতবাদ প্রদান করেন।

এ মতবাদ অনুসারে mRNA এর প্রতিটি ট্রিপলেট কোডনের প্রথম দু'টি বেসের সাথে বেস-জোড় সৃষ্টি হয়; তৃতীয়া বেসের বেস-জোড় হ্রিয়ে নয় (obble)। অর্থাৎ কোডনের প্রথম দু'টি বেস অভ্যন্তর উন্নতপূর্ণ, তৃতীয়টি ততটা নয়। কোডনের তৃতীয়া বেসটি এন্টি কোডনের U, C, A বা কোন বিরল বেসের (যেমন- ৩, । ইত্যাদির) সাথে জোড় বন্ধ হতে পারে। এ কারণেই কখনও কখনও অস্বাভাবিক বেস জোড় গঠিত হয় (যেমন- G = U)। তিন রকমের অস্থির বেস জোড়ের কথা প্রস্তাব করা হয়েছে।

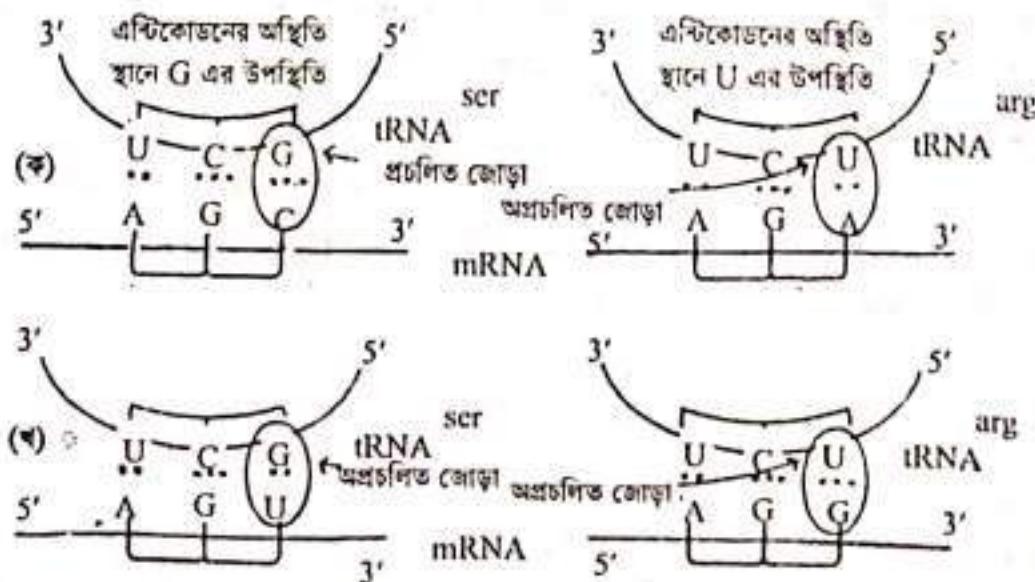
- (ক) tRNA এর এন্টি কোডনের তৃতীয় বেস U হলে, mRNA-এর A বা G এর সাথে জোড় বাধে  
 (খ) tRNA এর এন্টি কোডনের তৃতীয় বেস G হলে, mRNA-এর U বা C এর সাথে জোড় বাধে  
 (গ) tRNA এর এন্টি কোডনের তৃতীয় বেস \* I হলে, mRNA-এর U, C বা A এর সাথে জোড় বাধে  
 (\* I = Inosin)

সামগ্রণি : কোডনের তৃতীয় বেসের অবস্থানে wobble বেস-জোড় সম্পর্ক

mRNA এর কোডনের তৃতীয় বেস (3' প্রান্ত) tRNA এর এন্টিকোডনের পরিপূরক প্রথম বেস (5' প্রান্ত)



কিন্তের মতে কোডনের মেরুত্ত 5' – 3' কিন্তু এন্টিকোডনের মেরুত্ত 3' – 5'. tRNA এর এন্টিকোডনের লুপের অংশ বিশেষ সমান্তরাল থাকে না, ফলে কোডন ও এন্টিকোডনের বেস জোড় প্রাভাবিক হয় না। এর ফলে কোডনের তৃতীয় বেস এবং এন্টিকোডনের প্রথম বেসের স্থানে অস্থিতি (obble) সৃষ্টি হয়। এ কারণে অপ্রচলিত বা অস্থাভাবিক বেস জোড়ের সৃষ্টি হয়। আর একারণেই tRNA এর একটি এন্টিকোডন একাধিক কোডনের সাথে বেস জোড় সৃষ্টি করে এবং একই এমাইনে এসিড যোগ করে।



চিত্র-৬.৩ : দুটি উদাহরণের মাধ্যমে অস্থিতির ঘটনা দেখানো হল

উদাহরণস্বরূপ, tRNA *ala* এর এন্টিকোডন CGI, এবং এটি mRNA এর এলানিন কোডন GCU, GCC এবং GCA এর সাথে বেস জোড় গঠন করে এলানিন কোড করতে পারে। একই tRNA এর এক্সপ একাধিক সমার্থক (Synonymous) কোডনের সাথে বেস জোড় সৃষ্টির প্রক্রিয়া Obble মতবাদ দ্বারা ব্যাখ্যা করা হয়েছে।

Söll *et. al.*, (1967) এবং আরও অনেক বিজ্ঞানী কিন্তের এ Obble প্রকল্প প্রয়োগ করেন। Söll and Rajbhandery (1967) লক্ষ করেন যে yeast এর একই প্রকার tRNA<sup>Pro</sup> (যার এন্টিকোডন AAG) একইরকম দুটার সাথে mRNA এর UUU এবং UUC কোডনের সাথে জোড় বেঁধে ফিনাইল এলানিন কোড করে।

### ৬.১.৬ আমিয় বা প্রোটিন সংশ্লেষণে জেনেটিক কোডের ভূমিকা

আমিয় বা প্রোটিন সংশ্লেষণে জেনেটিক কোডের ভূমিকা অভ্যন্তর গুরুত্বপূর্ণ। প্রোটিন সংশ্লেষণের সূচনা, সুনির্দিষ্ট ক্রমানুসারে এমাইনো এসিড যুক্ত করে পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের বৃদ্ধি ও সমাপ্তির কাজ জেনেটিক কোড দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। নির্দিষ্ট প্রোটিনে নির্দিষ্ট সংখ্যক এমাইনো এসিড সুনির্দিষ্ট ক্রমে পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা আবদ্ধ থাকে। জিন (বা DNA) এর বেস অনুক্রম (base sequence) অনুসারে ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়ায় mRNA (এবং tRNA) সংশ্লেষিত হয়। আর mRNA এর কোডনের অনুসারেই নির্দিষ্ট এমাইনো এসিডের সাথে নির্দিষ্ট এমাইনো এসিড যুক্ত হয়ে কার্যকর প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। এ ভাবে জিন বা DNA এর প্রোটিন সংশ্লেষণ তথা জীবের বৈশিষ্ট্য নিয়ন্ত্রণের বার্তা (information) mRNA এর মাধ্যমে অনুলিপিত (translated) হয়ে প্রোটিনে বা এনজাইমে প্রেরিত হয়। সাধারণভাবে যে কোন এমাইনো এসিডের সাথে যে কোন এমাইনো এসিড যুক্ত হয়ে পেপটাইড সৃষ্টি হতে পারে। কিন্তু একপ পলিপেপটাইড জীবের কোন কাজে লাগে না। DNA এর কোড, তথা mRNA এর কোডনের ক্রম অনুসারে সুনির্দিষ্ট ক্রমে এমাইনো এসিড যুক্ত হয়েই কার্যকরী পলিপেপটাইড, তথা এনজাইম বা প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। সুতরাং প্রোটিন সংশ্লেষণে জেনেটিক কোডের ভূমিকা অপরিসীম।

### ৬.১.৭ সুনির্দিষ্ট কোড (Specific code) এবং ডিজেনারেটিভ কোডের পার্থক্য

সুনির্দিষ্ট (specific) কোড	ডিজেনারেটিভ কোড
১. একেক্ষে সুনির্দিষ্ট (specific) কোড অনুসারে একটি সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসিডকে প্রোটিনে অন্তর্ভুক্ত করার জন্য একটি সুনির্দিষ্ট কোড বা কোডন থাকার কথা বলা হয়েছে।	১. ডিজেনারেট কোডের ক্ষেত্রে একটি নির্দিষ্ট এমাইনো এসিড কোড করার জন্য একাধিক কোডন থাকতে পারে।
২. একেক্ষে ২০টি এমাইনো এসিড কোড করার জন্য ২০টি কোডনের প্রয়োজন বলে মনে করা হয়।	২. একেক্ষে ২০টি এমাইনো এসিডের কোড করার জন্য ৬১টি কোডনের কথা বলা হয়েছে।
৩. এটি জেনেটিক কোড সবক্ষে প্রাথমিক ধারণা যা বর্তমানে প্রহণযোগ্য নয়।	৩. এটি জেনেটিক কোডের আধুনিক ধারণা এবং সঠিক বলে প্রমাণিত।
৪. যেমন— লিউসিনের কোডন UUA	৪. যেমন— লিউসিনের কোডনসমূহ হচ্ছে UUA, UUG, CUU, CUC, CUA এবং CUG।

### ৬.২ আমিয় বা প্রোটিন সংশ্লেষণ

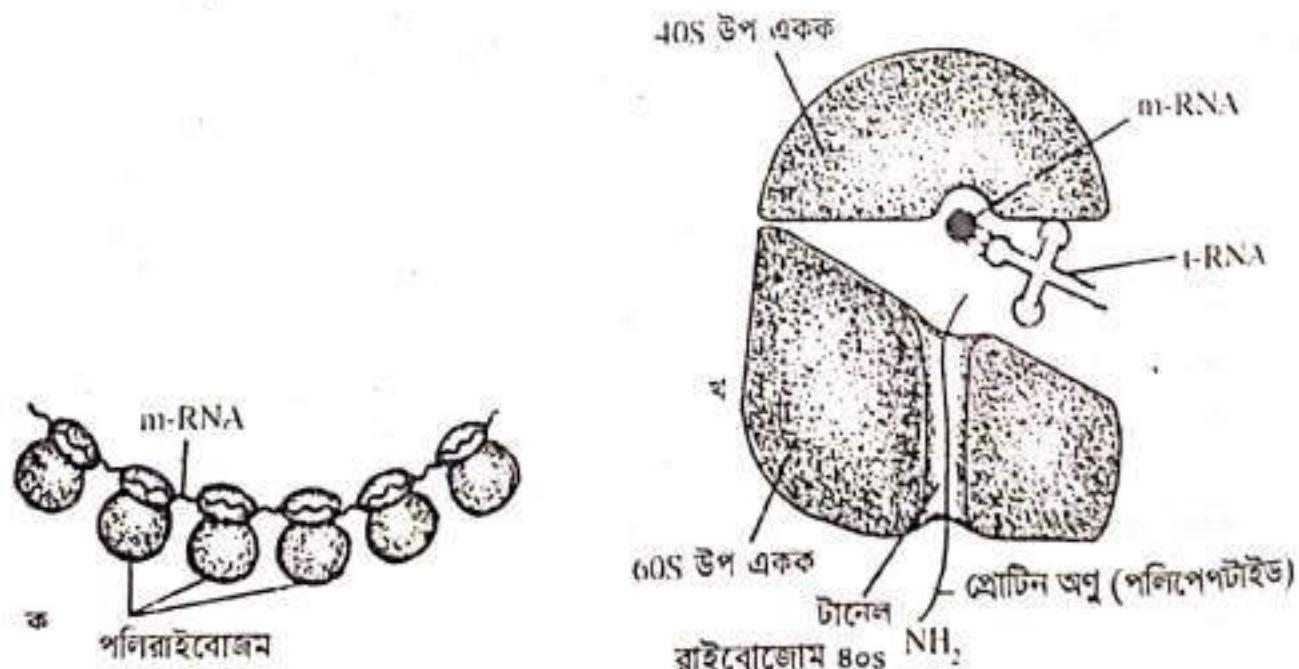
#### Protein Synthesis

##### ৬.২.১ ভূমিকা

জিন (বা DNA) এর কোডের নির্দেশ বা বার্তা (information) অনুসারে এমাইনো এসিডের সাথে এমাইনো এসিড পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়ে পলিপেপটাইড বা প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। DNA থেকে ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়ায় RNA সংশ্লেষিত mRNA এর কোডন অনুসারে পরিপূরক এসিকোডন যুক্ত tRNA সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসিড বহন করে আনে এবং রাইবোজোমের সংশ্লেষণে সহায়তায় প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। রাইবোজোম প্রোটিন সংশ্লেষণের যন্ত্র (apparatus) হিসেবে কাজ করে। আর প্রোটিন সংশ্লেষণের কাঁচা মাল হলো বিডিনু রকম এমাইনো এসিড। এভাবে DNA এর বার্তা অনুসারে এনজাইম বা প্রোটিন সংশ্লেষিত হয় এবং বংশগত বৈশিষ্ট্য নিয়ন্ত্রিত হয়।

### ৬.২.২ রাইবোজোম (Ribosome) : প্রোটিন সংশ্রেষণের যন্ত্র

রাইবোজোম হচ্ছে প্রোটিন সংশ্রেষণের কার্যকর স্থান (Active site)। রাইবোজোম অতিক্রম, প্রায় গোলাকার সাইটোপ্লাজমীয় ক্ষুদ্রাকার যা ইলেক্ট্রন অণুবীক্ষণ যত্র ছাড়া দেখা যায় না। সমস্ত জীবকোষেই রাইবোজোম রয়েছে। সাইটোপ্লাজমে মুক্তভাবে বা আন্তঃপ্লাজমীয় জালিকার গায়ে এরা আবস্থ থাকে। আদিকোষের কার্যকর রাইবোজোম অপেক্ষাকৃত ক্ষুদ্র (70 S)। প্রকৃত কোষের রাইবোজোম অপেক্ষাকৃত বড় (80 S)। এছাড়াও 50 S, 60 S, 77 S ইত্যাদি রাইবোজোম রয়েছে। কার্যকর রাইবোজোমের দুটি উপ-একক থাকে। কার্যকর 70 S রাইবোজোমের ব্যাস 150 Å এবং এর উপ-একক দুটি হচ্ছে 50 S এবং 30 S। আর 80 S রাইবোজোমের উপ-একক দুটি হলো 60 S এবং 40 S। রাইবোজোমের প্রায় 80–60% rRNA এবং বাকি অংশ প্রোটিন। এ ছাড়া কিছু ধাতব আয়ন রয়েছে। কয়েকটি রাইবোজোম mRNA দ্বারা যুক্ত হয়ে প্রোটিন সংশ্রেষণের সময় পলিরাইবোজোম সৃষ্টি করে। রাইবোজোম হচ্ছে কিন্তু বিহীন প্রোটিন ও RNA দ্বারা গঠিত অতি আণুবিজ্ঞনিক কণা যার প্রধান কাজ প্রোটিন সংশ্রেষণ (S. Mader, 2008)।



চিত্র-৬.৪ : রাইবোজোম এবং পলিরাইবোজোম

#### কাজ :

১. রাইবোজোমের প্রধান ও অত্যন্ত উল্লেখ্য কাজ হলো প্রোটিন সংশ্রেষণে সহায়তা করা।
২. প্রোটিন সংশ্রেষণের সূচনা, চেইন বৃক্ষিকরণ এবং সমাপ্তিকরণ রাইবোজোমেই ঘটে।
৩. প্রোটিন সংশ্রেষণের অধিকাংশ এনজাইম রাইবোজোম ধারণ করে।
৪. রাইবোজোম প্রোটিন সংশ্রেষণের কার্যকর স্থান (active site) হিসাবে বিশেষ উল্লেখ্য ভূমিকা পালন করে।
৫. রাইবোজোমের ক্ষুদ্র একক mRNA এর সাথে থার্থরিক ভাবে যুক্ত হয়। বৃহৎ উপ-এককটি পেপটিডাইল ট্রান্সফারেজ এনজাইম প্রদান করে বর্ধিষ্ঠ পলিপেপটাইড চেইনে এমাইনো এসিডের মধ্যে পেপটাইড বন্ধনী সৃষ্টিতে সহায়তা করে। দুটি উপ-একক একত্রে P সাইট (Peplidyl site) এবং A সাইট (aminoacyl site) দ্বারা tRNA বাইডিং সাইট

গঠন করে। রাইবোজোমেই এভাবে tRNA এবং mRNA-এর মধ্যে আন্তঃক্রিয়া সুস্থিত করে জেনেটিক কোডের যথার্থ অর্থ নিশ্চিত করে।

৬. রাইবোজোমের গায়ে mRNA অগুর 5' - 3' দিকে কোডন পঠিত হয় এবং এমাইনো এসিড নির্দিষ্ট ক্রমে যুক্ত হয়ে পলিপেপটাইড, তথা প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। এ কারণে রাইবোজোমকে প্রোটিন সংশ্লেষণের যন্ত্র বলা হয়।

### ৬.২.৩ tRNA (transfer RNA)

যে সমস্ত RNA সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসিডকে বহন করে নিয়ে mRNA এর কোডন অনুসারে সুনির্দিষ্ট অবস্থানে স্থানান্তর করে প্রোটিন সংশ্লেষণে সহায়তা করে তাকে t RNA (transfer RNA) বলে। প্রায় ১০০ প্রকার t RNA রয়েছে যার মধ্যে ৩০-৪০টি প্রোটিন সংশ্লেষণের কাজে সহায়তা করে (Strickberger, 1996)। একটি t RNA সূত্র প্রায় ২৫০ $\text{\AA}$  লম্বা এবং এতে প্রায় ৭৫-৯০টি রাইবোনিউক্লিওটাইড থাকে। সূত্রটি বিভিন্নভাবে ভাঁজ হয়ে অনেকটা ক্লোভার উদ্ভিদের পাতার আকৃতি ধারণ করে। এতে সাধারণত ৪-৫ বাহু এবং ৩-৪টি লুপ থাকে। বাহুগুলি হচ্ছে— গ্রাহক বাহু, TψC বাহু, এন্টিকোডন বাহু এবং অতিরিক্ত বাহু। R. W. Honnly (1968) t RNA-এর একটি Clover leaf মডেল প্রদান করেন। ভাঁজ হওয়া RNA সূত্রটির দুই প্রান্তে (3'OH এবং 5'P) গ্রাহক বাহু সৃষ্টি করে। সমস্ত tRNA-এর গ্রাহক বাহুর 3OH প্রান্তে তিনটি নিউক্লিওটাইড (-C - C - A) বিজোড় অবস্থায় বেড়িয়ে থাকে এবং A-এর সাথে সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসিড যুক্ত হয়। এ বাহুতে কোন লুপ থাকে না। অন্য বাহুগুলোতে একটি করে লুপ থাকে। লুপের মধ্যে H-বন্ড সৃষ্টি হয়ে না। এন্টিকোডন বাহুর লুপে সুনির্দিষ্ট ট্রিপ্রেট এন্টিকোডন থাকে, যা mRNA এর নির্দিষ্ট কোডনের পরিপূরক। A, G, C, U বেস ছাড়াও t RNA এর মধ্যে কিছু বিরল বেস (rare basis) থাকে, যেমন— সিডোইউরিডিন (Ψ), আইনোসিন (I), GMc ইত্যাদি।

প্রোটিন সংশ্লেষণে t RNA এর ভূমিকা : প্রোটিন সংশ্লেষণে t RNA এর বিশেষ ভূমিকা রয়েছে।

১. প্রথমে সাইটোপ্লাজমের মিশ্রণ থেকে সুনির্দিষ্ট সক্রিয় এমাইনো এসিড (বা এমাইনো এসাইল এডিনাইলেট এনজাইম কমপ্লেক্স) থেকে t RNA 3' নং প্রান্তে উক্ত এমাইনো এসিড প্রহরণ করে এবং এমাইনো এসাইল tRNA-তে পরিণত হয়।



এমাইনো এসাইল

tRNA

২. এ এমাইনো এসাইল t RNA এর পর mRNA এর সঠিক কোডনকে সনাক্ত করে এবং অস্থায়ী বেসজোড় গঠন করে।

৩. এরপর রাইবোজোমের P-সাইটের এমাইনো এসাইল t RNA এর এমাইনো এসিডের সাথে নবাগত A-সাইটের এমাইনো এসিড পেপটাইড বন্ধনী স্থান যুক্ত হয়।

৪. এভাবে mRNA এর পর্যায়ক্রমিক কোডনের পরিপূরক এন্টিকোডন যুক্ত এমাইনো এসাইল t RNA বৃক্ষিয়ান পলি পেপটাইডের সাথে এমাইনো এসিড যুক্ত করে প্রোটিন সংশ্লেষণ সমাপ্ত করে।

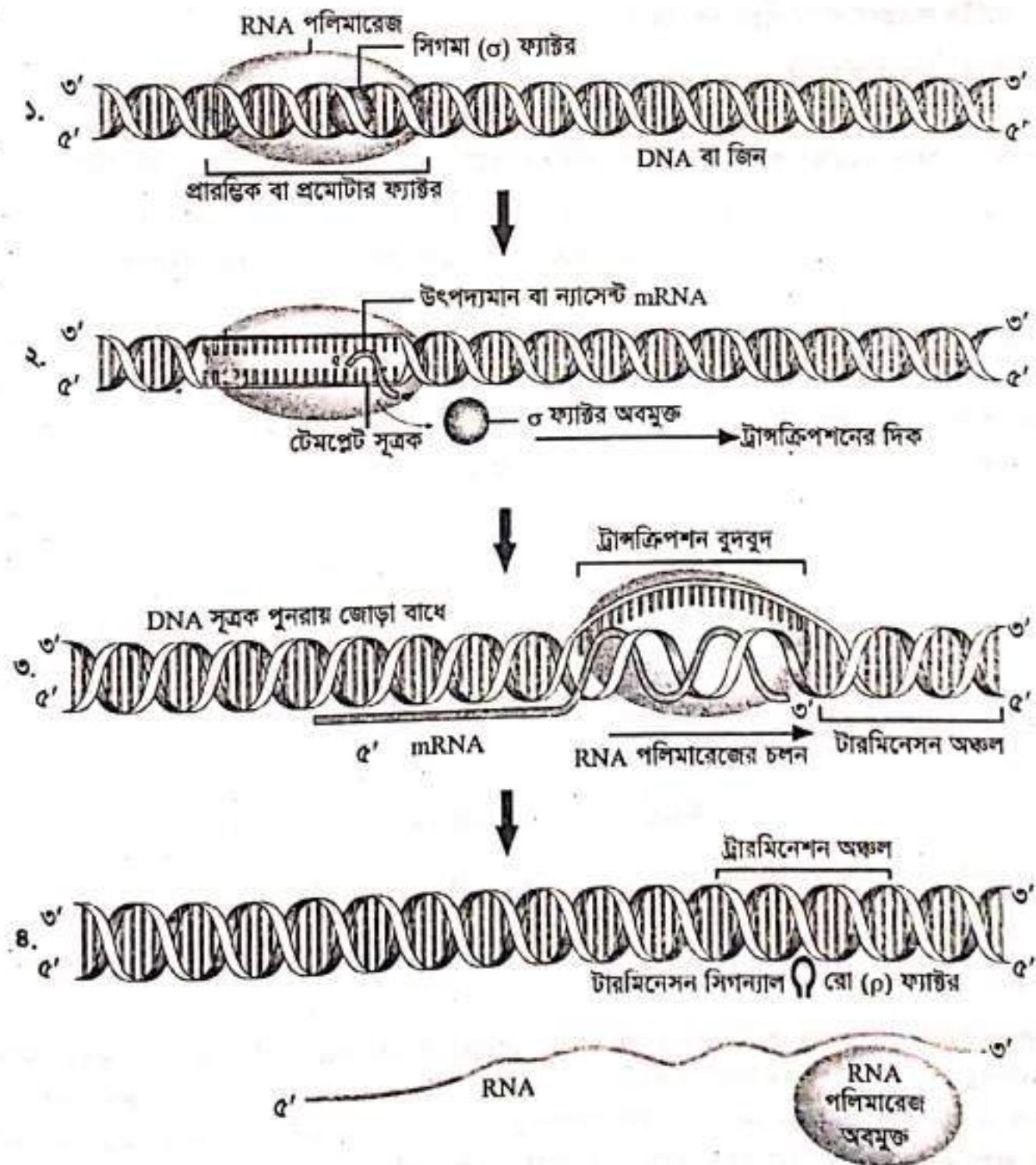
### ৬.২.৪ mRNA (messenger RNA) [অধ্যায়-৮.৪ দ্রষ্টব্য]

### ৬.২.৫ প্রতিক্রিয়া বা ট্রান্সক্রিপশন (Transcription)

জিন (DNA) থেকে RNA সৃষ্টির প্রক্রিয়াকে প্রতিক্রিয়া বা ট্রান্সক্রিপশন (Transcription) বলে। এ প্রক্রিয়ায় DNA এর নিউক্লিওটাইড তন্মে আবছ জিনের বার্তা RNA এর পরিপূরক নিউক্লিওটাইড তন্মে গমন করে। এনজাইম বা প্রোটিন সংশ্লেষণের জন্য তিনি রকমের RNA এর প্রয়োজন হয়— mRNA, tRNA এবং r RNA। নিম্নলিখিত প্রক্রিয়ায় RNA সংশ্লেষণ বা ট্রান্সক্রিপশন ঘটে—

১. প্রথমে কোর এনজাইম RNA-Polymerase এর সাথে প্রোমোটর সিগ্না ফ্যাট্টের (S') যুক্ত হয়ে RNA-Polymerase complex (E<sub>S'</sub>) সৃষ্টি হয়। মনে করা হয় S' ফ্যাট্টেরটি জিনের (DNA) এর RNA সংশ্লেষণকারী খন্দের প্রারম্ভিক বিন্দু নির্বাচন করে এবং DNA ডাবল হেলিকের পাক খুলে RNA সংশ্লেষণ শুরু করার কাজে RNA-Polymerase কে সহায়তা করে।
২. DNA (জিন) এর একটি সূত্রকে (3' - 5') সাঁচ (Template) হিসাবে ব্যবহার করে RNA সংশ্লেষিত হয়। RNA এর 5' প্রান্ত থেকে 3' প্রান্তের দিকে ট্রান্সক্রিপশন শুরু হয়। এ কাজে ATP এবং GTP এর প্রয়োজন হয়। ট্রান্সক্রিপশনরত অঞ্চলটিকে বুদবুদের ন্যায় মনে হয়।
৩. ট্রান্সক্রিপশন শুরু হওয়ার পর S' ফ্যাট্টেরটি আলাদা হয়ে যায় এবং RNA-Polymerase দ্বারা পর্যায়ক্রমে সাঁচের পরিপূরক রাইবোনিউক্লিওটাইড যুক্ত হয় এবং চেইনের বৃদ্ধি ঘটতে থাকে।
৪. যে DNA খণ্ড (জিন) থেকে RNA ট্রান্সক্রিপশন হয় তার শেষের বেসক্রম সমাপ্তি সংকেত প্রদান করে। মনে করা হয় rhofactor (ρ) এ সময় RNA-Polymerase এর সাথে যুক্ত হয় এবং RNA কে মুক্ত করে।
৫. মুক্ত RNA-Polymerase পুনরায় ট্রান্সক্রিপশনে সহায়তা করতে পারে।

আদিকোরে উল্লেখিত উপায়ে ট্রান্সক্রিপশন ঘটে। প্রকৃত কোরের ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়াও একই রকম। তবে এ ক্ষেত্রে তিনি Polymerase এনজাইমের প্রয়োজন হয়। RNA Polymerase I এক্ষেত্রে r RNA সংশ্লেষণে, RNA Polymerase-II mRNA সংশ্লেষণে এবং RNA Polymerase III tRNA সংশ্লেষণে সহায়তা করে।

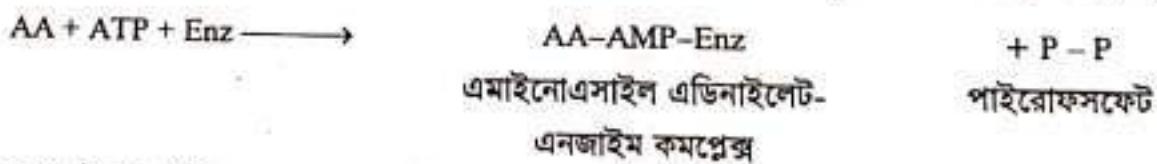


চিত্র-৬.৫ : RNA প্রতিক্রিয়া (Transcription) প্রক্রিয়া।

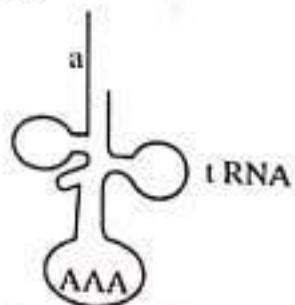
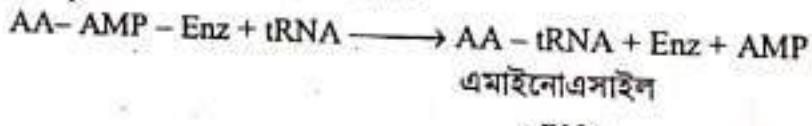
ট্রান্সক্রিপশনের কাজটি বেশ দ্রুত ঘটে। প্রতিমিনিটে প্রায় ৪০-৫০টি নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়। সৃষ্টি mRNA 5' প্রান্তে একটি আরাটিক কোডন (AUG) এবং 3' প্রান্তে সমাপ্তি কোডন (UAA বা UAG বা UGA) অবস্থান করে। অকৃত কোধের RNA নিউক্লিয়াসে সংশ্লেষণ হয় এবং সেখান থেকে সাইটোপ্লাজমে গমন করে প্রোটিন সংশ্লেষণে অংশগ্রহণ করে। এছাড়া অকৃত কোধের RNA সংশ্লেষণের এর পরে কিছুটা পরিবর্তন ঘটে।

### ৬.২.৬ প্রোটিন সংশ্লেষণ বা ট্রান্সলেশনের প্রক্রিয়া

(ক) এমাইনো এসিডের সক্রিয়করণ (Activation of Amino Acids) : পলিপেপটাইড বা প্রোটিন সংশ্লেষণের জন্য তিনি রকম RNA, রাইবোজোম, বিভিন্ন রকম প্রয়োজনীয় এমাইনো এসিড, বিভিন্ন রকম এনজাইম ও প্রোটিন ফ্যাট্রের প্রয়োজন হয়। পলি পেপটাইড চেইনে অঙ্গভুক্তির পূর্বে এমাইনো এসিড নির্দিষ্ট এমাইনো এসাইল সিনথেটেজ এনজাইমের দ্বারা সক্রিয় হয়।



(খ) সক্রিয় এমাইনো এসিডের t RNA-তে স্থানান্তর (Transfer of amino acid to tRNA) : সক্রিয় এমাইনো এসিড নির্দিষ্ট বাহক tRNA এর 3'OH প্রান্তে যুক্ত হয়, আর এনজাইম ও AMP মুক্ত হয়। এমাইনো এসিড যুক্ত t RNA কে এমাইনো এসাইল tRNA বলা হয়।



চিত্র-৬.৬ : এমাইনোএসাইল-t RNA

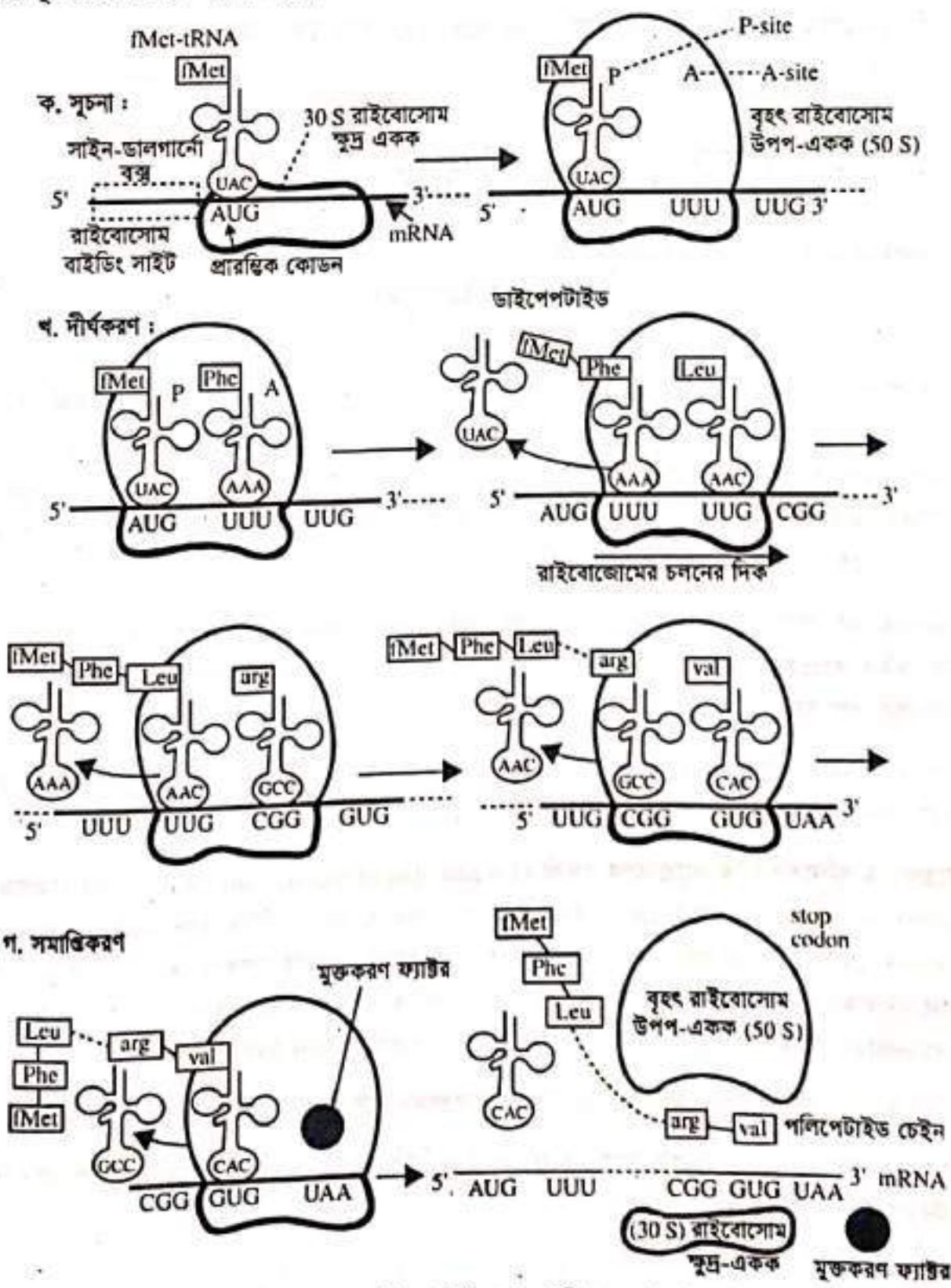
### ৬.২.৭ প্রোটিন সংশ্লেষণ/ট্রান্সলেশন (Protein Synthesis/Translation)

জিন (DNA) এর কোড, তথা mRNA এর কোডনের বার্তা নিম্নলিখিত ভাবে এমাইনো এসিডে ভাষান্তরিত (translated) হয়ে পলিপেপটাইড বা প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়।

(ক) পলিপেপটাইড সংশ্লেষণের সূচনা (Initiation of Polypeptide Synthesis) : আদি কোডের ও প্রকৃত কোডের পলিপেপটাইড সংশ্লেষণের সূচনাতে কিছুটা পার্থক্য পরিলক্ষিত হয়। উভয় ক্ষেত্রেই mRNA এর 5' নং প্রান্ত থেকে 3' নং প্রান্তের দিকে পলিপেপটাইডের সংশ্লেষণ ঘটে। আদি কোডের mRNA এর 5' প্রান্ত ছয়টি নিউক্লিওটাইড যুক্ত রাইবোজোম বাইভিং সাইট বা 'সাইন-ডালগার্নো বক্স' থাকে। এর পরেই রয়েছে সূচনা কোডন (AUG)। mRNA এর এই স্থানেই প্রথমে 70 S রাইবোজোমের 30 S উপ-একক সংযুক্ত হয়।

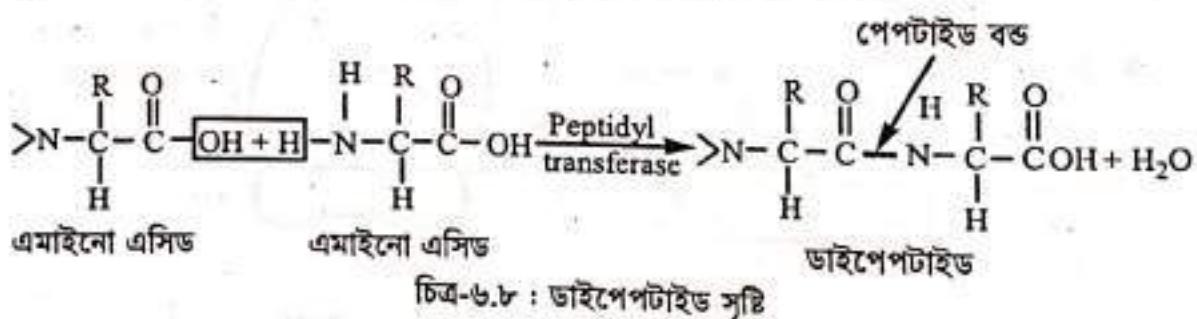
সূচনা কোডনটির পরিপূরক এন্টিকোডন (UAC) যুক্ত f Met tRNA Met সূচনা কোডনের সাথে অস্থায়ী বেসজোড় সৃষ্টি করে। এ tRNA টি কেবল পরিবর্তিত এমাইনো এসিড ফর্মাইল মিথায়নিন বহন করে। এরপর রাইবোজোমের 50 S উপ-এককটি 30 S উপ-এককের সাথে যুক্ত হয়ে আব্যাসোকার সক্রিয় 70 S রাইবোজোম সৃষ্টি করে। এ সময় f Met tRNA সূচনা কাজে সহায়তা করে। এ ফ্যাট্রের তিনটি হচ্ছে I F-1, I F-2 এবং IF-3. এছাড়া এ সময় শক্তির জন্য GTP প্রয়োজন হয় (Maitra, 1982).

প্রকৃত কোষের ক্ষেত্রে 40S রাইবোজোম উপ-একক mRNA এর 5' প্রান্তের মিথাইল ক্যাপযুক্ত অনুবাদহীন লিডার (Untranslated leader) অংশে সংযুক্ত হয় এবং ক্ষ্যানিং করে সূচনা কোডন AUG-তে চলে আসে। এরপর Met tRNA<sub>met</sub> সূচনা কোডনের সাথে অস্থায়ী বেসজোড় গঠন করে। এরপর 40 S উপ-একক এবং 60 S উপ-এককসময় মিলিত হয়ে কার্যকর 80S পূর্ণ রাইবোজোমে পরিণত হয়।



চিত্র-৬,৭ : আদিকোষের পলিপেপ্টাইড বা প্রোটিন সংশ্লেষণের ধাপসমূহ

(৪) পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের বর্ধন (Elongation of Polypeptide chain) : কার্যকর রাইবোজোমের P-সাইটে প্রারম্ভিক tRNA কমপ্লেক্স অবস্থান করে এবং পরবর্তী কোডনের পরিপূরক এন্টিকোডন যুক্ত সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসাইল tRNA রাইবোজোমের A-সাইটে অঙ্গীয় বেসজোড় সৃষ্টির মাধ্যমে যুক্ত হয়। দীর্ঘকরণ (Elongation) ফ্যাট্রির নামক প্রোটিন এ কাজে সহায়তা করে। পেপটিডাইল ট্রান্সফারেজ এনজাইমের সহায়তায় দুটি এমাইনো এসিড পেপটাইড বন্ডের মাধ্যমে যুক্ত হয়। সৃষ্টি ভাইপেপটাইডটিকে একই এনজাইম fMet tRNA met থেকে মুক্ত করে।



এরপর রাইবোজোম ধীরে ধীরে mRNA এর 5' থেকে 3' প্রান্তের দিকে অ্যাসের হতে থাকে এবং পরবর্তী ২নং এমাইনো এসাইল tRNA ভাইপেপটাইড সহ A-সাইট থেকে P-সাইটে চলে আসে। ফলে প্রারম্ভিক tRNA টি মুক্ত হয় এবং ৩' কোডনের পরিপূরক এমাইনো এসাইল tRNA টি A সাইটে অবস্থান নেয় ও দ্বিতীয় পেপটাইড বন্ডের সৃষ্টি হয়। সৃষ্টি হওয়া প্রোটিন কার্বক্সিল প্রান্তটি তৃতীয় tRNA-এর সাথে যুক্ত থাকে। এভাবে কোডন অনুসারে পর্যায়ক্রমে সুনির্দিষ্ট এমাইনো এসিড যুক্ত হতে থাকে।

একটি mRNA এর সাথে একের পর এক (৫-৫০টি) রাইবোজোম সংযুক্ত হয়ে যুগপৎ একই ধরনের অনেক পলি পেপটাইড চেইন সংশ্লেষণ করতে পারে। একই mRNA এর সাথে যুক্ত একুপ একাধিক রাইবোজোমের চেইনকে পলিরাইবোজোম বলা হয়।

পলি পেপটাইড চেইন বর্ধনের সময় প্রতি সেকেন্ড ২-১৫টি এমাইনো এসিড যুক্ত হয়। আদিকোষে এ গতি অধিক, প্রকৃতকোষে অপেক্ষাকৃত কম।

(৫) ট্রান্সলেশন বা পলিপেপটাইড সংশ্লেষণের সমাপ্তি (Termination of translation) : mRNA এর 3' প্রান্তের শেষ বা সমাপ্তি কোডন (UAA, UAG অথবা UGA) যখন রাইবোজোমের A-সাইটে পৌছে তখন রিলিজ ফ্যাট্রি (RF) নামক প্রোটিন সমাপ্তি কোডন সনাক্ত করে এবং পলিপেপটাইড সংশ্লেষণের সমাপ্তি ঘোষণা করে। এ সময় পেপটিডাইল ট্রান্সফারেজ এনজাইম tRNA থেকে সম্পূর্ণ পলি পেপটাইড চেইনকে মুক্ত করে দেয় এবং রাইবোজোমের উপ-এককসহ, tRNA এবং mRNA থেকে পৃথক হয়ে যায়। এ কাজের জন্য GTP এবং অন্যান্য প্রোটিন ফ্যাট্রিরের প্রয়োজন হয়।

এভাবে জিন (DNA) এর নির্দেশ বা বার্তা সাইটোপ্লাজমে ট্রান্সলেটেড হয়ে পলিপেপটাইড, তথা প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়।

সংশ্লেষিত পলিপেপটাইড চেইন এরপর সংবর্তিত (fold) হয়ে বিভিন্ন রকম বক্রনীর মাধ্যমে ত্রিমাত্রিক গঠন লাভ করে। এতে প্রোটিনের ছায়িত্ব লাভ হয়।

## ৬.২.৮ আদিকোষের ও প্রকৃত কোষের প্রোটিন সংশ্লেষণের পার্থক্য

আদিকোষের প্রোটিন সংশ্লেষণ	প্রকৃত কোষের প্রোটিন সংশ্লেষণ
১. ট্রাপ্সিসিপশন ও ট্রান্স্লেশন সাইটোপ্লাজমে ঘটে।	১. ট্রাপ্সিসিপশন নিউক্লিয়াসে ঘটে। তবে ট্রান্স্লেশন সাইটোপ্লাজমে সংঘটিত হয়।
২. 70 S রাইবোজোম যন্ত্র এ কাজে সহায়তা করে।	২. 80 S রাইবোজোম যন্ত্র এ কাজে সহায়তা করে।
৩. f Met tRNA met হল প্রারম্ভিক tRNA	৩. Met tRNA Met একেরে প্রারম্ভিক tRNA
৪. পলিপেপটাইড চেইনের প্রথমে ফরমাইল মিথায়ানিন থাকে। এটি পলিপেপটাইডের N-পাত্তে অন্য এমাইনো এসিড যুক্ত হতে দেয় না।	৪. একেরে পলিপেপটাইডের প্রথমে মিথায়ানিন থাকে।
৫. mRNA এর 5' পাত্তে রাইবোজোম বাইডিং সাইট বা 'সাইন-ডালগানো বক্স' থাকে যা রাইবোজোমের সুন্দর একককে প্রারম্ভিক কোডনের স্থানে সংযুক্ত হতে সহায়তা করে।	৫. mRNA এর 5' পাত্তে অনুবাদ অযোগ্য লিডার (untranslated leader) থাকে যা রাইবোজোমের সুন্দর একককে সংযুক্ত হতে সহায়তা করে।
৬. আদিকোষে পলিপেপটাইড সংশ্লেষণের গতি অপেক্ষাকৃত দ্রুত।	৬. প্রকৃতকোষে পলিপেপটাইড সংশ্লেষণের গতি অপেক্ষাকৃত কম।
$  \begin{array}{c}  \text{CH}_3 \\    \\  \text{S} \\    \\  \text{CH}_2 \\    \\  \text{CH}_2 \\    \\  \text{H} \quad \text{N} - \text{C} - \text{COOH} \\  \text{O} = \text{C} \quad   \\  \text{H} \quad \text{H} \\  \text{ফার্মিলগ্রুপ}  \end{array}  $ ফার্মিলমিথায়ানিন (পরিবর্তিত মিথায়ানিন)	$  \begin{array}{c}  \text{CH}_3 \\    \\  \text{S} \\    \\  \text{CH}_2 \\    \\  \text{CH}_2 \\    \\  \text{H}_2\text{N} - \text{C} - \text{COOH} \\    \\  \text{H}  \end{array}  $ মিথায়ানিন

## অনুশীলনী

### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- ১। জেনেটিক কোড কী ?
- ২। প্রোটিন সংশ্লেষণের সূচনা কোডন কী ?
- ৩। প্রোটিন সংশ্লেষণের সমাপ্তি কোডন কী ?
- ৪। সাইন-ডালগার্নো বক্স কী ?
- ৫। আদিকোষে প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় প্রথম কোন অ্যামাইনো এসিডটি কোড হয় ?
- ৬। mRNA রাইবোজমের কোন এককে সংযুক্ত হয় ?
- ৭। P (Peptidyle) সাইট কী ?
- ৮। Anticodon কী ?
- ৯। কোন এনজাইম প্রোটিন সংশ্লেষনের সমাপ্তি ঘটায় এবং পলিপেপটাইড মুক্ত করে ?
- ১০। প্রোটিন সংশ্লেষণের যন্ত্র কী ?

### সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

- ১। (ক) জেনেটিক কোডের সংজ্ঞা দাও। ২+৮  
(খ) tRNA এবং রাইবোজমের গঠন ব্যাখ্যা কর। ৫+৫
- ২। (ক) বংশগত সংকেত (জেনেটিক কোড) কি ? এর বৈশিষ্ট্য লিখ। [জা.বি.-২০১০] ২+৮  
(খ) আমিয় সংশ্লেষণে বংশগতি সংকেতের ভূমিকা উল্লেখ কর। ৫
- ৩। (ক) কিভাবে জিন বা DNA এর নির্দেশ (Information) ট্রান্স্লেটেড হয়ে পলিপেপটাইড বা প্রোটিন সংশ্লিষ্ট হয় তা বর্ণনা কর।
- ৪। প্রোটিন সংশ্লেষনে tRNA-এর ভূমিকা ব্যাখ্যা কর।
- ৫। কেবল চিত্রে আদিকোষের প্রোটিন সংশ্লেষণের ধাপগুলো দেখাও। আদিকোষের ও প্রকৃতকোষের প্রোটিন সংশ্লেষণের পার্থক্য দেখাও ?
- ৬। প্রোটিন সংশ্লেষণ প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।
- ৭। প্রোটিন সংশ্লেষণের সূচনা ও সমাপ্তি বর্ণনা কর।
- ৮। টীকা লিখ :  
(ক) জেনেটিক কোড;  
(খ) জেনেটিক কোডের বৈশিষ্ট্য;  
(গ) কোড ডিকশনারী;  
(ঘ) ডিজেনারেসি;  
(ঙ) Wobble মতবাদ [জা.বি. ২০০৮]  
(চ) প্রারম্ভিক ও সমাপ্তি কোডন;  
(ছ) tRNA [জা.বি. ২০০৭, ২০১০]  
(জ) রাইবোজম;  
(ঝ) ট্রান্সক্রিপশন;  
(ট) ট্রান্স্লেশন। [জা.বি. ২০০৮, ২০০৬]  
(ঠ) প্রোটিন সংশ্লেষণ যন্ত্র [জা.বি. ২০০২]  
  
[জা.বি. ২০০১]

## স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান (TE)

### TRANSPOSABLE GENETICELEMENTS (TE)

#### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- ৭.১ ভূমিকা
- ৭.২ স্থানান্তরযোগ্য উপাদান (TE)-এর বৈশিষ্ট্য
- ৭.৩ TEs-এর প্রকার
- ৭.৪ জেনেটিক অস্থিতিশীলতা এবং TE আবিষ্কার
- ৭.৫ স্থানান্তরযোগ্য উপাদান আবিষ্কার
- ৭.৬ ব্যাকটেরিয়ার স্থানান্তরযোগ্য উপাদান
- ৭.৭ প্রকৃতকোষী জীবে স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তু
- ৭.৮ স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তুর তাৎপর্য/গুরুত্ব
- ৭.৯ স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান (TEs) এর ব্যবহার  
জ্ঞান অনুশীলনী

#### ৭.১ ভূমিকা (Introduction)

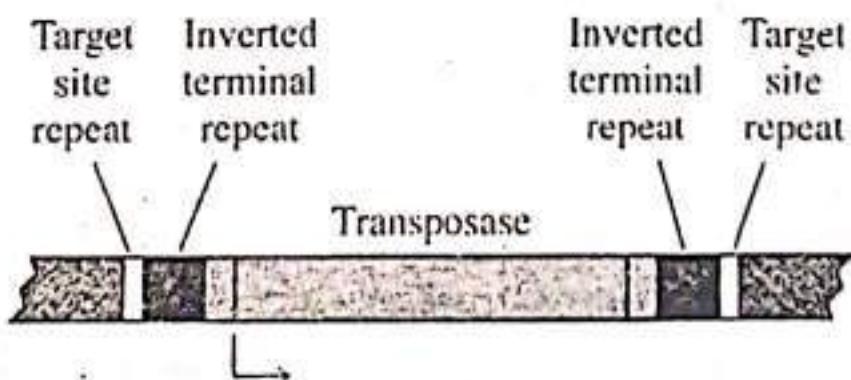
জীবের একটি জেনোমের DNA-এর অনুক্রম (Sequence) বা খণ্ডে অন্য স্থানে সংযুক্ত হলে একে স্থানান্তর (transposition) বলা হয় এবং একপ স্থানান্তরযোগ্য বা চলন ক্ষমতা যুক্ত DNA খণ্ডকে ট্রাপ্সপোজাবল বা স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান (Transposable genetic element) বা ট্রাপ্সপোজন (Transposon) বলে। Transposable genetic elements কে সংক্ষেপে TE বলা হয়। TE জেনোমের একস্থান থেকে অন্য স্থানে চলাচল করতে পারে বলে একে লক্ষণকারী জিনও (Jumping genes) বলা হয়। মিসেস Barbara McClintock (1948) এ লক্ষণকারী জিন আবিষ্কার করেন এবং এ গুরুত্বপূর্ণ আবিষ্কারের জন্য তিনি ১৯৮৩ সালে নোবেল পুরস্কারে ভূষিত হন।

অস্থিতিশীল TE প্রধানত ব্যাকটেরিয়াতে উপস্থিত বলে জানা গিয়েছিল। কিন্তু আধুনিক ধারাগাম জীবজগতের সমস্ত কিংবদন্তের প্রায় সমস্ত প্রজাতিতেই TE বিদ্যমান। মানুষের জেনোমে সক্রিয় বা নিক্রিয় TEs এর পরিমাণ জেনোমের প্রায় ৫০%। ম্যামেলিয়ান ক্লেমোজনে TEs-এর পরিমাণ ২৫–৪০%। অনেক উদ্ভিদের জেনোমে ৫০% এর বেশি TE অবস্থান করে। ভাইরাসেও একপ ট্রাপ্সপোজন ঘটে (যেমন— রিট্রোভাইরাস HIV)। TE জেনোমের পুনর্বিন্যাস ও অভিব্যক্তিতে বিশেষ ভূমিকা পালন করে।

#### ৭.২ স্থানান্তরযোগ্য উপাদান (TE)-এর বৈশিষ্ট্য

- ১। TEs চলন ক্ষমতাযুক্ত। এরা জেনোমের একস্থান থেকে অন্যস্থানে স্থানান্তরিত হতে পারে।
- ২। রাসায়নিক দিক থেকে এরা DNA অনুক্রম বা প্রক্রিয়া।

- ৩। এগলো কিছু DNA হিসেবে এবং কিছু RNA হিসেবে চলাচল করতে পারে।
- ৪। এরা যে কোনো টাণ্টি DNA-এর সাথে যুক্ত হতে পারে।  
অথবা, কিছু সুনির্দিষ্ট সিকোয়েল যুক্ত টাণ্টি DNA-এর সাথে যুক্ত হয়।
- ৫। এরা সাধারণত Transposonase এনজাইম দ্বারা কার্যকর হয়।
- ৬। TE জেনে এদের বৈশিষ্ট্যের অনেক বৈচিত্র্য রয়েছে। তা সত্ত্বেও সকল TE জেনোমের বৈশিষ্ট্যপূর্ণ স্টেগারকাট (Stagger cut) অঙ্গলে সংযুক্ত হয়। এ অঙ্গলে বিশেষ ধরনের বেসক্রম থাকে।
- ৭। কিছু TE রেপ্রিকেটিভ, এরা পুরাতন বপি ঠিক রেখে নতুন কপি সৃষ্টি করে চলাচল করে। আবার কিছু TE নন-রেপ্রিকেটিভ এরা নতুন কপি সৃষ্টি না করেই চলাচল করতে পারে।
- ৮। TEs জেনোমের কোনো কোনো জিনের মিউটেশন, রিভার্শন, ডিলেশন বা ডুপ্লিকেশন ঘটাতে পারে।
- ৯। TEs-এর স্থানান্তর ও অনুপ্রবেশের কারণে জেনোমের কোনো জিন অকেজে হয়ে যেতে পারে, ফলে জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণের ব্যাঘাত ঘটে।
- ১০। TE জেনোমের পুনর্বিন্যাস ও অভিব্যক্তিতে প্রধান শক্তি হিসেবে কাজ করে।



চিত্র-৭.১ : TE-এর বিভিন্ন অংশ

### ৭.৩ TEs-এর প্রকার

স্থানান্তরের উপর ভিত্তি করে স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক ব্যস্তসমূহ (TEs) কে দুটি শ্রেণিতে ভাগ করা হয়—

**শ্রেণি-১ (Retrotransposons) :** এ সকল TE প্রাপ্তিরিপশন প্রক্রিয়ায় প্রথমে RNA সৃষ্টি করে এবং এরপর reverse transcriptase (RT) এনজাইমের সহায়তায় পুনরায় DNA-তে পরিণত হয়। এক্ষণ কপি DNA জেনোমের নতুন অবস্থানে অঙ্গৰূপ হয় (Selvam, 2014)। অধিকাংশ প্রকৃতকোষী জীবে (Eukaryotes) এ প্রক্রিয়ায় TEs স্থানান্তরিত হয়। এগলো আবার তিনি রকমের—

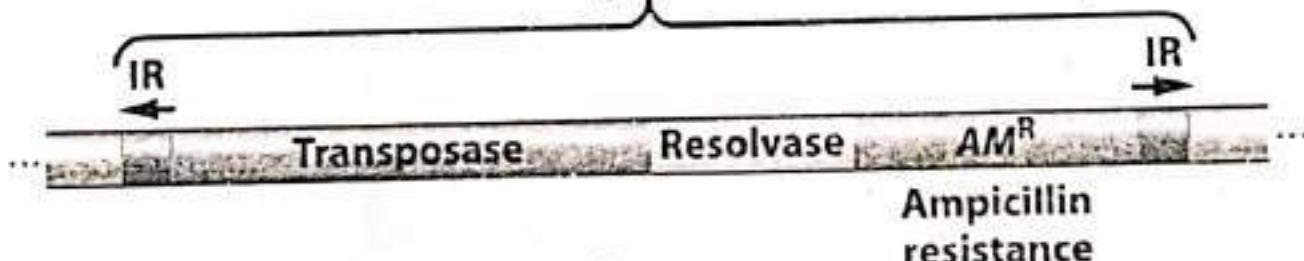
- i) LTRs : RT কোড করে (রিট্রোভাইরাসের অনুরূপ)। [LTR = Long Terminal Repeat]
  - ii) LINEs : RT কোড করে, LTRs অনুপস্থিত, RNA polymerase II দ্বারা কার্যকর হয়।
  - iii) SINES : RT কোড করেনা, RNA Polymerase III দ্বারা কার্যকর হয়।
- ৪) **শ্রেণি-২ (DNA-transposons) :** এ সকল DNA-trans-poisons বিভিন্ন রকম transposonase এনজাইম দ্বারা কার্যকর হয়ে সরাসরি স্থানান্তরিত হয় এবং জেনোমের নতুন সাইটে অনুপ্রবেশ (insertion) ঘটে। এক্ষেত্রে RNA

মাধ্যম সৃষ্টি হয়না। কিছু DNA-transposon বিশেষভাবে যে কোনো টার্গেট DNA (জেনোম)-এর সাথে যুক্ত হতে পারে; আবার কিছু নির্দিষ্ট সিকোয়েল যুক্ত টার্গেট DNA-এর সাথে যুক্ত হয়।

রেপ্রিকেশনের ভিত্তিতে TEs আবার দু'রকমের :

- ক) রেপ্রিকেটিভ TE : এগুলো পুরাতন কপি রেখে নতুন কপি সৃষ্টি করে এবং এ নতুন কপির হানান্তর ঘটে।  
 খ) নন-রেপ্রিকেটিভ TE : এরা কোনো নতুন কপি সৃষ্টি না করেই চসাচল করতে পারে।

### Transposon Tn3



চিত্র-৭.২ : ট্রাপ্সোজন Tn3 এর গঠন

### ৭.৪ জেনেটিক অস্থিতিশীলতা এবং TE আবিকার (Genetic Instability and Discovery of TEs)

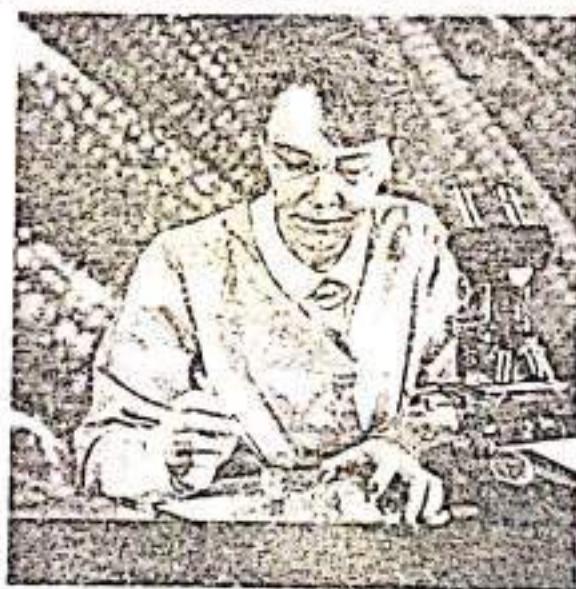
(ক) জেনেটিক অস্থিতিশীলতা : কোনো কারণে জিনের স্বাভাবিক কাজ ব্যাহত হলে, সঠিকভাবে জিনের প্রকাশ না ঘটলে এবং স্বাভাবিক ফেনোটাইপিক বৈশিষ্ট্য সৃষ্টিতে অক্ষম বা বিকৃতি দেখা দিলে তাকে জেনেটিক অস্থিতিশীলতা (genetic instability) বলে। বিভিন্ন কারণে জিনের এক্সপ্রেশন অস্থিতিশীলতা দেখা দিতে পারে। জিনের রাসায়নিক ও অবস্থান গত পরিবর্তন মিউটেশন, রিভার্স মিউটেশন, ডিলেশন, ডুপ্লিকেশন, ট্রাপ্সোজন, ট্রাপ্সলোকেশন, রিকডিনেশন ইত্যাদি কারণে জেনেটিক অস্থিতিশীলতার সৃষ্টি হয়।

আধুনিক ধারণায় জেনেটিক অস্থিতিশীলতার প্রধান কারণ হানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান বা Transposable genetic elements (TEs)। ETs জিনের মিউটেশন ঘটায়, যার ফলে জেনেটিক স্থিতিশীলা বিনষ্ট হয়। TEs জেনোমে জিনের অঙ্গ রূপে অথবা বহিকার (বিস্মৃতি) ঘটিয়ে অস্থিতিশীলতা সৃষ্টি করতে পারে। এর ফলে জেনোমের গঠনগত পরিবর্তন, ডিলেশন, ডুপ্লিকেশন, ইনভার্সন, ট্রাপ্সোজন ইত্যাদি ঘটতে পারে। এর ফলে জিন প্রকাশের সিকোয়েল ব্যাধাত ঘটে (Selvam, et al, 2014)।

জিনের 5' এবং 3' অংশে TE অঙ্গৰূপ হলে জিন প্রকাশ সঠিকভাবে হয়না। TE এর কারণে জিনে ইনভার্টেড রিপিট সৃষ্টি হতে পারে। জিনের এ সমস্ত পরিবর্তন জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ নেটওয়ার্কে সমতা নষ্ট করে এবং বিশৃঙ্খলা সৃষ্টির মাধ্যমে জেনেটিক অস্থিতিশীলতার সৃষ্টি হয়।

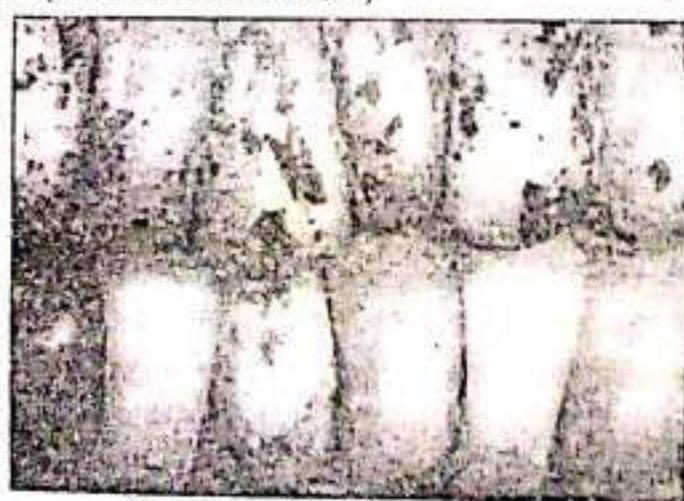
### ৭.৫ হানান্তরযোগ্য উপাদান আবিকার (Discovery of Transposable elements (TEs))

নিউইয়র্কের Cold spring Harbor Laboratory এর গবেষক মিসেস Barbara McClintoc (1948) সর্বপ্রথম ভূঝা গাছে হানান্তরযোগ্য উপাদান (TEs) আবিকার করেন।



Barbara McClintoc (1902-1992)

ভাস্ম (broken) প্রান্তবিশিষ্ট ক্রোমোজম যুক্ত স্পর্মাগী ভূট্টার জাতের উপর তিনি গবেষণা করেন। তিনি ১৯৪৫-১৯৪৬ সালে শীতকালে জন্মে একুশ স্পর্মাগী ভূট্টার চাষ করেন। এটি 'একটি দীর্ঘ লাইনের স্পর্মাগী ভূট্টার জাত যার নবম ক্রোমোজমের বাহর প্রান্ত ভাস্ম ছিল। ভূট্টা গাছ যখন দৃঢ়ি পাতিহল তখন তিনি লক্ষ্য করেন যে, পাতায় অস্থাভাবিক ধরনের বর্ণন সৃষ্টি হয়েছে। একটি গাছে প্রায় একই ধরনের তুটি সাদা (Albino) দাগ (Patches) সৃষ্টি হয়। তিনি একুশ ভূট্টা গাছের বীজেও একুশ বর্ণ বৈচিত্র্য লক্ষ্য করেন। তিনি মতব্য করেন, কোষ বিভাজনের সময় কিছু কোষ জেনেটিক বন্ধু হারিয়ে ফেলে বলে একুশ হয়েছে। তিনি বর্তমান এ লক্ষণের এবং এদের প্যারেন্টের ক্রোমোজম পর্যবেক্ষণ করেন এবং তুলনা করেন। তিনি দম্পত্তি করেন যে ক্রোমোজমের নির্দিষ্ট অংশ স্থান পরিবর্তন করেছে। এভাবে তিনি আবিক্ষার করলেন যে কিছু জিন স্থান পরিবর্তন করতে পারে। (এগুলোকেই TE বলা হয়।)



চিত্র-৭.৩ : ভূট্টার বীজের বর্ণ বৈচিত্র্য

এভাবে মিসেস McClintoc তখন প্রচলিত 'ক্রোমোজমে জিন সর্বদা নির্দিষ্ট স্থানে অবস্থান করে একুশ মতবাদকে মিথ্যা প্রমাণিত করেন। এরপর তিনি আবিক্ষার করলেন যে কোষের পরিবেশ গত অবস্থা এবং কোষের বিকাশের বিভিন্ন পর্যায়ে জিনের কাজ বন্ধ বা চালু থাকে। তিনি আরো দেখান যে জিন মিউটেশন উন্টাও হতে পারে (Reverse mutation).

McClintoc ভূট্টার দুটি চলমান উপাদান Activator Ac (autonomous) এবং Ds (non-autonomous) এর উপর গবেষণা করেন। তিনি লক্ষ্য করেন যে Ds কেবল Ac এর উপরিতে সচল হয়, কিন্তু Ac একাই চলাচল করতে পারে। এদের যে কোনোটি জেনোমের বিভিন্ন স্থানে স্থানান্তরিত এবং অনুরূপ হতে পারে এবং এর ফলে মিউটেশন ঘটে।

মিসেস McClintoc তাঁর জেনেটিক আবিকারের এ সকল রিপোর্ট ১৯৫১ সালে প্রকাশ করেন এবং ১৯৫৩ সালে "Introduction of instability at selected Loci in Maize" নামে একটি প্রবন্ধ (article) Genetics জার্নালে প্রকাশ করেন।

১৯৭০ দশক পর্যন্ত তাঁর এ অতিগুরুত্বপূর্ণ আবিকার উপেক্ষিত ছিল। কিন্তু ব্যাকটেরিয়াতে এরপ �TEs আবিকারের পর McClintoc-এর আবিকার পুনর্মূল্যায়িত হয় (প্রায় ৩০ বৎসর পর) তিনি ১৯৮৩ সালে ETs আবিকারের জন্য ইতীবরের নোবেল পুরস্কার লাভ করেন। এর পূর্বে তিনি ভূট্টার জিন নিয়ে গবেষণা করে প্রমাণ করেন যে, ক্রোমোজমই জিনের ভৌত অবস্থান। এ আবিকারের জন্য তিনি ১৯২৯ সালে প্রথম নোবেল পুরস্কার লাভ করেন।

বর্তমানে জানা গেছে যে, ভূট্টার জেনোমের প্রায় ৯০% TEs এবং মানুষের জেনোমের প্রায় ৫০% TEs ধারা গঠিত (Sanmiguel *et al.*, 1996)

## ৭.৬ ব্যাকটেরিয়ার স্থানান্তরযোগ্য উপাদান (TE) (Transposable elements in Bacteria)

১৯৬০-এর দশকের শেষের দিকে ব্যাকটেরিয়াতে স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তু (TE) আবিষ্ট হয়। আব ব্যাকটেরিয়ার ফেনোটাইপের মধ্যে যে বংশগত অন্তিশীলতা দেখা যায় তার কারণও যে TE তা এ সময় থেকে পরিষ্কার হতে থাকে। মিসেস Barbara McClintoc ১৯৫০-এর দশকে ভূট্টায় এরপ স্থানান্তরযোগ্য বস্তুর উপস্থিতির কথা প্রকাশ করে ছিলেন, কিন্তু TE-এর আননিক নিশ্চেষণ প্রথম ব্যাকটেরিয়াতে করা হয়। ব্যাকটেরিয়ার স্থানান্তরিত যোগ্য জেনেটিক বস্তু (TE) হচ্ছে DNA অনুক্রম যা জেনোমে নিজের অবস্থান থেকে এই জেনোমের অনাস্থানে অথবা অন্য জেনোমেও স্থানান্তরিত হতে পারে। বর্তমানে জানা গেছে ব্যাকটেরিয়ার বিভিন্ন রকম TE ব্যাপকভাবে ব্যাকটেরিয়ার জেনোমে অবস্থান করে। ব্যাকটেরিয়ার TE সমূহকে দুটি প্রধান ফলে ভাগ করা হয়-

ক) Insertion Sequence (IS)

খ) Composite Transposon (Tn)

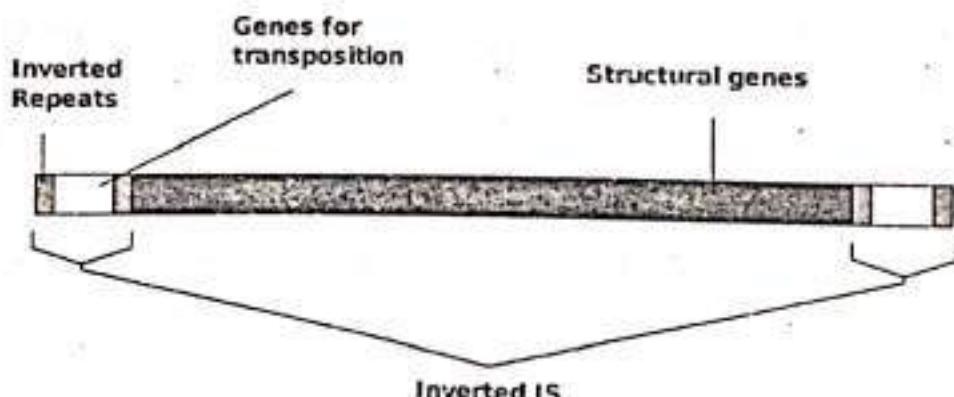
(ক) Insertion Sequence (IS) : IS উপাদানগুলো সরল প্রকৃতির, সাধারণত 700-2000 bp লম্বা এবং এদের প্রাপ্তে খাতি ইনভার্টেড রিপিট সিকোয়েল থাকে। এগুলো অনেক ব্যাকটেরিয়ার ক্রোমোজমের এবং প্রাণমিত্রের সাধারণ গাঠনিক উপাদান হিসেবে অবস্থান করে।

প্রাণমিত্রে 'F' ফ্যাক্টরসমূহেও এদেরকে পাওয়া যায়। *E.Coli* তে সাধারণত নিম্নলিখিত চার প্রকারের IS পাওয়া যায়-

IS উপাদান	<i>E.Coli</i> -এর ক্রোমোজমে কলির সংখ্যা	F-ফ্যাক্টরে কলির সংখ্যা
IS1	5-8	-
IS2	5	1
IS3	1-5	2
IS4	1-2	-

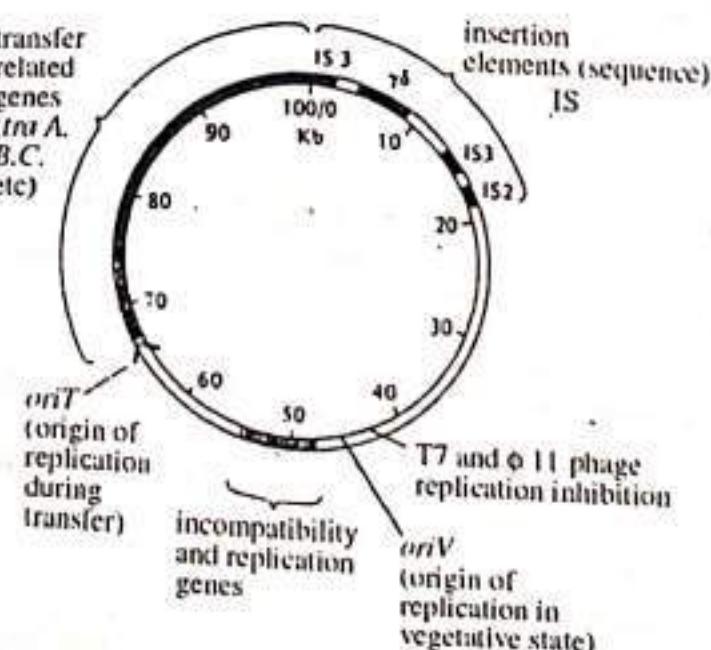
সাধারণত IS-এর উভয়প্রান্তে 9-50 bp লম্বা ইনভার্টেড রিপিট (IR) থাকে। অর্থাৎ সিকোয়েস উল্টাভাবে থাকে। কেন্দ্রীয় প্রোটিন কোডিং অঞ্চল ১-২টি স্থানান্তরে প্রযোজনীয় প্রোটিন বা এনজাইম কোড করে। কেন্দ্রীয় অঞ্চলটি দুই প্রান্তের IR দ্বারা সুরক্ষিত (Flanked) থাকে। TE-এর অন্তর্ভুক্তির সময় 5' এবং 3' প্রান্তের ক্ষুদ্র ডাইরেক্ট রিপিট target-site DNA থেকে উৎপন্ন হয়।

### Bacterial composite transposon



চিত্র-৭.৪ : ব্যাকটেরিয়ার কম্পোজিট ট্রান্সপোজন

টাগেট সাইটের এবং উপাদানের উভয় প্রান্তে ডুপ্লিকেশন ঘটে। IS কখনো কপি সৃষ্টি করে এবং তা চলাচল করতে পারে। TE ক্লোমোজমের DNA থেকে প্লাজমিড এবং প্লাজমিড থেকে ক্লোমোজমে স্থানান্তরিত হতে পারে। প্লাজমিড একাধিক IS উপাদান থাকে। যে স্থানে (site) F-ফ্যাট্টির এবং ব্যাকটেরিয়ার ক্লোমোজমের সংযোগ ঘটে, DNA-এর সে অংশ IS, *E. coli* ব্যাকটেরিয়ার ক্লোমোজমে ২০টির অধিক IS রয়েছে। IS যখন কোনো জিনের মাঝখালে প্রবেশ করে তখন তা জিনের কোডিং সিকোয়েসে বিচ্ছিন্ন বা বাধার সৃষ্টি হয় এবং জিনের প্রকাশে বিঘ্ন ঘটে। এর ফলে



চিত্র-৭.৫ : *Escherichia coli*-এর F-ফ্যাট্টি-এর জেনেটিক ম্যাপ

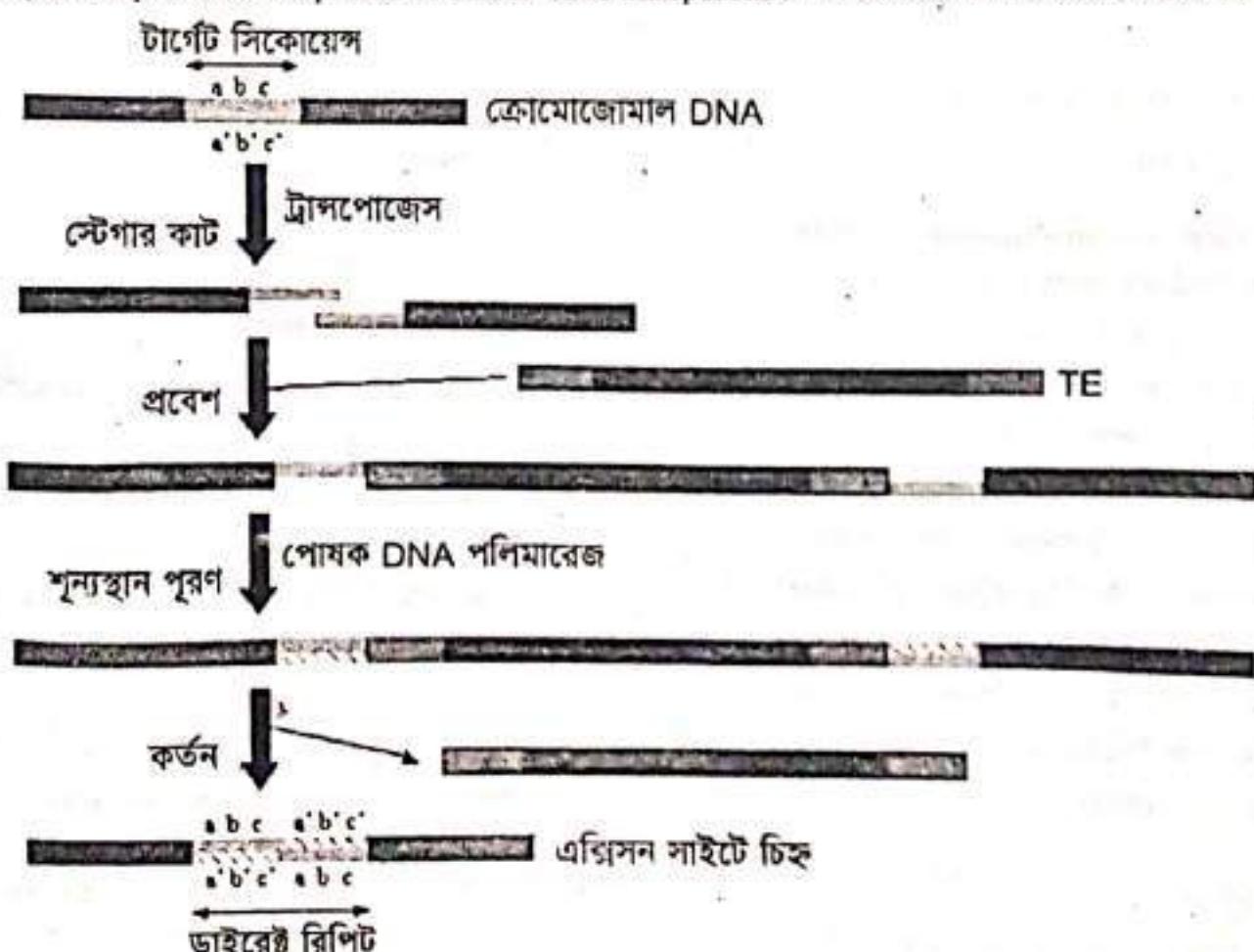
ট্রান্সক্রিপশন ও ট্রান্সলেয়েশনে বিশৃঙ্খলা ঘটে। IS এর পরে অবস্থানকারী অপরণের অন্যান্য জিনের কাজও বিন্দুত হয়।

*E.Coli*-এর গ্যালাকটোজ সংশ্লেষণকারী জিন gal operon-এ সর্বপ্রথম IS উপাদান দেখা যায়।

(৬) Composite transposing (Tn) : কম্পোজিট ট্রান্সপোজন বা ট্রান্সপোজন সাধারণত একই রকম দুই কপি IS ধারা গঠিত, যার অভ্যন্তর ভাগে এক বা একাধিক ভিন্ন প্রকৃতির জিন থাকে। এ সকল জিনের কাজ স্থানান্তর কাজ থেকে আলাদা প্রকৃতির। এটিবায়োটিক প্রতিরোধী প্রাজমিডের অংশ হিসেবেই প্রধানত ট্রান্সপোজনকে ভালভাবে জানা গেছে। অর্থাৎ Tns সাধারণত ড্রাগ প্রতিরোধী জিন ধারণ করে। যা IS-এ থাকে না। যেমন : Tn-5 ক্যানমাইসিন প্রতিরোধী, Tn-10 টেট্রাসাইক্লিন প্রতিরোধী জিন ধারণ করে। Tn-10 চলাচল করতে পারে, কিন্তু রেপ্লিকেশনের মাধ্যমে কপি সৃষ্টি করতে পারেনা, 'Cut-and-paste' প্রক্রিয়ায় স্থানান্তরিত হয়। এ প্রক্রিয়ার জন্য Transposase এনজাইম প্রয়োজন হয়। Tn-10 এর একজোড়া IS থাকে যা দুই প্রান্তে থেকে অভ্যন্তরে ৫টি জিনকে প্রতিরক্ষা করে (Flanked)। Tn-10 কে এক ক্রোমোজম থেকে জিন অন্য ক্রোমোজমে স্থানান্তরের কাজের ব্যবহার করা হয় (Bender J. Kleckner, 1992)। Tn-3 ট্রান্সপোজন 500bp লম্বা,  $\beta$ -lactamase resolvase এনজাইম কোড করে।

ট্রান্সপোজন রিকফিনেশনকে প্রভাবিত করে। প্রতিলিপনের দিক থেকে এরা দুই রকমের :

- 1) Replicative transposons : এরা নিজেদের কপি সৃষ্টি করতে পারে।
- 2) Non-replicative transposons or conservative transposons : এরা কপি প্রতিলিপন করতে পারে না।



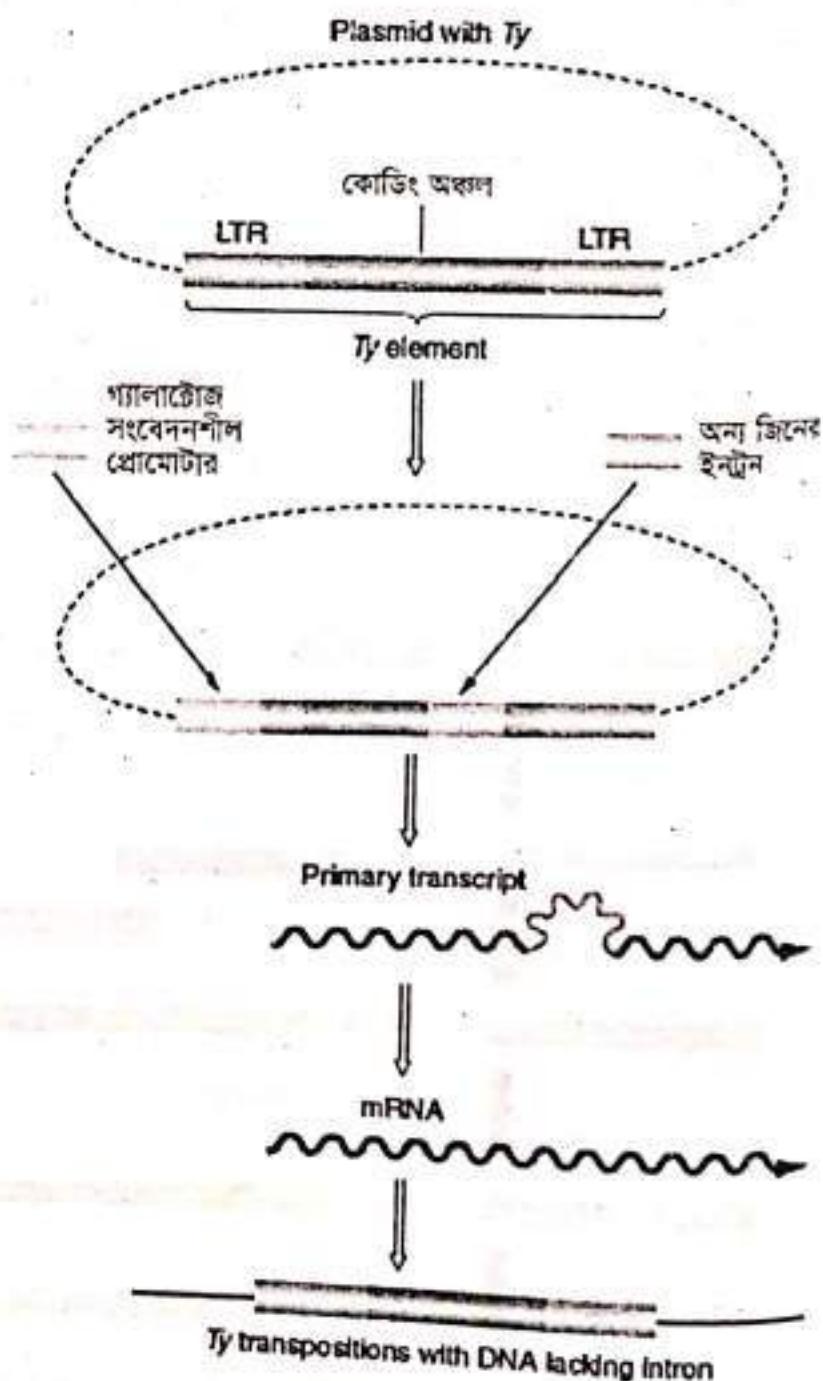
চিত্র-৭.৬ : স্থানান্তরযোগ্য ব্যতী (TE)-এর স্থানান্তর

### ৭.৭ প্রকৃতকোষী জীবে স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তু (TEs in Eukaryotes)

ব্যাকটেরিয়ার ক্রোমোজমের চেয়ে প্রকৃতকোষী জীবের ক্রোমোজমে TEs অনেক বেশি। বহু উদ্ভিদের জেনোমের ৫০% এর বেশি TE; কিছু উদ্ভিদের (যেমন—ভূট্টার) জেনোমের ৯০% পর্যন্ত TEs থাকে (San Meguc *et al.*, 1996)।

মানুষের জেনোমে সক্রিয় এবং নিষ্ক্রিয় TEs-এর পরিমাণ ২৫-৮০%। ভূট্টার Ac ও Ds উপাদান এবং *Drosophila*-এর P উপাদান প্রোক্যারিওটিক জীবের TE-এর ন্যায় DNA হিসেবে ট্রাপপোজ হয়। কিন্তু অধিকাংশ ইউক্যারিওটিক TE প্রাণী ভাইরাসের RNA-এর অনুকরণ বা সম্পর্ক যুক্ত; যেমন—রিট্রোভাইরাস। এ ধরনের TEs সাধারণত Reverse transcriptase (RT) এনজাইম ব্যবহার করে। এ জন্য এদেরকে Retrotransposons বলা হয়। Retrotransposons ব্যাপকভাবে প্রকৃতকোষী জীবের মধ্যে দেখা যায়। এরা আবার দূরকমের—

(ক) **Viral retrotransposons** : এদের গুণাত্মক রিট্রোভাইরাসের গুণাত্মকের অনুকরণ। যেমন : এরা প্রাণীয় লম্বা রিপিট (LTRs) ধারণ করে। সিস্টের ৫ রকমের Ty উপাদান রয়েছে। TyI উপাদানের প্রাপ্ত 30 bp লম্বা ৮-অনুক্রম যুক্ত এবং জোনোমে প্রাপ্ত ৩৫ কপি রয়েছে। Ty উপাদান প্রোক্যারিওটিক ট্রাপপোজনের ন্যায় 5 bp অনুক্রম যুক্ত একটি রিপিট টাগেটি DNA অংশ দ্বারা সৃষ্টি করে। সিস্টের জেনোমের বিভিন্ন জিনের মধ্যে এরা অন্তর্ভুক্ত হয়ে জিনের মিউটেশন ঘটায় (Jef Bocke *et al.*, 1985)



চিত্র-৭.৭ : mRNA-এর মাধ্যমে ট্রাপপোজন স্থানান্তর

*Drosophila*-এর 'Copia' উপাদান অনেকটা Ty-এর অনুকরণভাবে কাজ করে।

(ধ) **Non-viral retrotransposons** : নন-ভাইরাল রিট্রোট্রান্স পোজন ক্ষন্যপায়ীজীবে (Mamals-এ) প্রায়ই দেখা যায়। LINEs (long interspersed elements) এবং SINES (Short interspersed elements) প্রচুর পরিমাণে দেখা যায়। ম্যামালের জেনোমে এ সকল উপাদান বহুবার রিপিট হয়। মানুষের জেনোমে প্রায় 20,000–40,000 LINEs উপাদান এবং 1500,000 SINES উপাদান রয়েছে। LINEs -এর দৈর্ঘ্য 1–5 kb, জেনোমের প্রায় 21% এবং অটোনোমাস (নিজেরাই চলাচল করতে পারে)।

আর, SINES-এর দৈর্ঘ্য অপেক্ষাকৃত অনেক কম 100–300 bp, এরা জেনোমের প্রায় 1% এবং নন-অটোনোমাস। মানুষের ক্রোমোজমে প্রায় 300,000 DNA ট্রান্সপোজনও রয়েছে। এরা জেনোমের প্রায় 3% এবং অটোনোমাস বা নন-অটোনোমাস।

মানুষের LTR যুক্ত TE কে Human endogenous retrovirus (HERV) বলা হয়। এগুলো ২৫ মিলিয়ন বৎসর পূর্ব পর্যন্ত মানুষের জেনোমে সচল ছিল; বর্তমানে কেবল Non-LTR retrotransposons মানুষের জেনোমে কার্যকর।

### ৭.৮ স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বন্ধন তাৎপর্য/গুরুত্ব (Significans of transposable elements)

স্থানান্তর যোগ্য জেনেটিক বন্ধন (TEs) তাৎপর্য বা গুরুত্ব অপরিসীম। TEs-এর স্থানান্তরের ফলে জীবের জেনোটাইপিক, ফেনো টাইপিক, শারীরবৃত্তীয় ইত্যাদি নানা ধরনের পরিবর্তন সাধিত হয়। এর ফলে জেনেটিক অস্থিতিশীলতা, জীবের বিভিন্ন রকম পরিবর্তন তথা অভিব্যক্তি দেখা দেয়। TEs বিভিন্নভাবে জীবের জেনোমের পরিবর্তন ঘটায়। তাই ETs-এর তাৎপর্য বহুমুখী।

- ১। একটি TE বা ট্রান্সপোজন যদি কোনো কার্যকর জিনে প্রবেশ করে তাহলে সাধারণত জিনটি অকার্যকর হয়ে যায়। আবার কোনো জিন থেকে ট্রান্সপোজন বেরিয়ে গেলে সৃষ্টি শূন্যস্থানও সহজে সঠিকভাবে পূরণ হয়ন। ফলে জিন প্রকাশে নানা রকম বিশৃঙ্খলা দেখা দেয়।
- ২। TEs স্থানান্তরের ফলে একই অনুক্রম (Sequence) যুক্ত একাধিক কপি (যেমন— Alu অনুক্রম) জেনোমে অবস্থান করতে পারে, যা মাইটোসিস ও মায়োসিসে বাধার সৃষ্টি করে এবং অসম ক্রেসিংডার ঘটাতে পারে।
- ৩। ট্রান্সপোজনের কারণে জীবের নানারকম রোগ ও অস্থান্তিকতা দেখা দিতে পারে। যেমন : মানুষের হিমেফিলিয়া A এবং B ; এ রোগে মানান্তিকভাবে মানুষের রোগ প্রতিরোধ ক্ষমতা কমে যায় এবং কোনো কারণে রক্ত ফরণ কর হলে তা সহজে বক হয় না। এ ছাড়া ক্যাপোর, মাসকুলার ডিস্ট্রিপি, মানসিক রোগ ইত্যাদি নানা রোগ এ কারণে হতে পারে (Morgan K. H. H, 1998)। বহু জেনেটিক ডিসঅর্ডারের কারণ TEs.
- ৪। প্রায় সমস্ত কিংডমের জীবে ট্রান্সপোজন পাওয়া যায়। এটি কোনো কিংডমে সৃষ্টি হলে সমান্তরাল জিন স্থানান্তর প্রক্রিয়ায় অন্য কিংডমের জীবেও প্রবেশ করে বিশৃঙ্খলা ঘটাতে পারে।
- ৫। TEs-এর মুক্তি (exision) এবং অন্তর্ভুক্তি (insertion) জেনেটিক অস্থিতিশীলতা ঘটায়। TEs এর অন্তর্ভুক্তির ফলে জিনের মিউটেশন, রিক্পিনেশন, ডিলেশন, ডুপ্লিকেশন, ইনডার্শন, ট্রান্সলোকেশন ইত্যাদি সংঘটিত হয় এবং জিনের হিসেবে বিনষ্ট হয়।
- ৬। জীবের প্রায় 0.3% মিউটেশন ট্রান্সপোজন অন্তর্ভুক্তির কারণে ঘটে (Cordaux, R, 2009)। এর ফলে জিন প্রকাশের সিকোলে ব্যাঘাত ঘটে। যদি TE কোন Exon-এ অন্তর্ভুক্ত হয় তা হলে নিক্ষিয় পেপটাইড উৎপন্ন হয়। এর ফলে missense অথবা non-sense কোডন সৃষ্টি করে যা প্রোটিনে ভুল এমাইনো এসিড অন্তর্ভুক্ত করায় অথবা প্রোটিন সংশ্লেষণ বক করে দেয়। আর TEs ইন্ট্রনিক (intronic) অংশে অন্তর্ভুক্ত হলে ভুল প্রাইসিং ঘটতে পারে।

এবং mRNA অস্থিতিশীল হতে পারে। এর ফলে জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণে ব্যাধাত ঘটে। এ সকল পরিবর্তন সার্বিক জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ নেটওয়ার্কের সমতা (balance) নষ্ট করে এবং জেনেটিক বিশ্লেষণার সৃষ্টি হয় (Monkel, M. K. et. al, 2010)।

৭। **স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তু (TEs)** জীবের বিবর্তনেও বিশেষ ভূমিকা রাখে। অণুজীবের জেনেটিক অস্থিরতা সৃষ্টিতে ও বিবর্তনে TEs বিশেষ তাৎপর্যপূর্ণ। এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী অনুজীব সৃষ্টিতে TEs এর প্রভাব বিশেষভাবে উল্লেখযোগ্য। এ সকল এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী অণুজীবের জাত প্রকৃতিতে সুবিধাজনকভাবে টিকে থাকতে পারে। আবার TEs-এর ক্রিয়ায় মিউটেশন জনিত কারণে অনুজীব পরিবেশে বেঁচে থাকার বা টিকে থাকবার অনুযোগী হয়ে যেতে পারে। প্রাকৃতিক পরিবেশে জনো *E.coli*-এর একটি নির্দিষ্ট অংশের স্বতঃস্ফূর্ত মিউটেশন IS দ্বারা সংঘটিত হয়। *Drosophila*-এর মিউটেশনের ৮০% TEs দ্বারা সংঘটিত হয়। মানুষের জেনোমিক DNA-এর প্রায় ৩০-৪০% TEs উপাদান যা বিবর্তনিক ধারায় বহুযুগ ধরে সঞ্চিত হয়ে মানুষের বিবর্তনে ভূমিকা রেখেছে (Selvam et al, 2014)। মানুষের LTR যুক্ত TE- কে Human endogenous retrovirus (HERV) বলা হয়; এগুলো ২৫ মিলিয়ন বৎসর পূর্বে মানুষের জেনোমে চলাচল করত। কিন্তু বর্তমানে কেবল Non-LTR retrotransposon মানুষের জেনোমে কার্যকর। এ দীর্ঘ সময়ের বিবর্তনে এক্সপ ঘটেছে। উক্তিদের এবং ম্যামালের জেনোমে অবস্থিত অধিকাংশ TEsই retrotransposons। জেনোমের কাজ ও বিবর্তন পঠনে সচল TEs অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ (Kazazian et al, 2004)। বর্তমানকালের ম্যামালের ক্রোমোজমের ২৫-৪০% TEs দীর্ঘ বিবর্তনের মাধ্যমে সৃষ্টি হয়েছে বলে মনে করা হয়।

উপরের আলোচনা থেকে প্রতীয়মান যে, জীবের স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তু (TEs)-এর গুরুত্ব ও তাৎপর্য অপরিসীম।

### ৭.৯ স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান (TEs)-এর ব্যবহার

আনবিক জীববিজ্ঞানে ট্রাপপোজন গুরুত্বপূর্ণ ব্যবহারিক উপায় (tools)। গবেষকেরা মিউটেশন ঘটনার অন্য TEs- কে অনেক সময় মিউটাজেন হিসেবে ব্যবহার করেন। এছাড়া মিউট্যান্ট এলিল শনাক্তকরণে এবং রাসায়নিক মিউটাজেনেসিস গবেষণার কাজে ট্রাপপোজন নির্ণয় করা হয়। জেনেটিক ম্যাপ অঙ্কনের কাজে IS এবং ট্রাপপোজন ব্যবহার করা হয়, বিশেষ করে অনুজীব ও প্রাজমিডের জিন ম্যাপ অঙ্কনে এগুলো বেশি ব্যবহার করা হয়। প্রকৃতকোষী জীবেও TEs অবেশ করিয়ে মিউটেশন ঘটিয়ে জেনেটিক ম্যাপ অঙ্কন করা যায়। জিনের প্রকাশ নির্ণয়েও TEs-এর ব্যবহার রয়েছে। পরীক্ষাধীন জীবের মিউটাজেনেসিস পরীক্ষার কাজে ব্যাপকভাবে ট্রাপপোজনকে ব্যবহার করা হয়। অণুজীবের রোগ প্রতিরোধ ক্ষমা নির্ণয়ে এবং প্রতিযোধক উৎপাদনে TEs ব্যবহৃত হয়। অণুজীবের এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী marker খিড়ক রকম ট্রাপপোজন ধারা বাহিত হয়। এগুলো সনাক্ত করলে TEs ব্যবহৃত হয়। যেমন : Tn10 ব্যাকটেরিয়ার কোষে প্রবেশ করিয়ে ট্রোসাইক্লিন এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধিতা পর্যবেক্ষণ করা হয়। জিনকে এক ক্রোমোজম থেকে অন্য ক্রোমোজমে স্থানান্তরের কাজেও ট্রাপপোজন ব্যবহার করা হয়। যেমন— Tn-10 কে এ কাজে বিশেষভাবে ব্যবহার করা হয়ে থাকে।

## অনুশীলনী

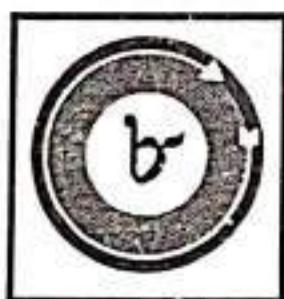
## অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- ১। হানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তু (TEs) কী?  
অথবা, ট্রান্সপোজন কী?
- ২। TE সর্বপ্রথম কে আবিকার করেন?
- ৩। ম্যামেলিয়ান ক্লোমোজনে TEs-এর পরিমাণ কীরূপ?
- ৪। ভূট্টার জেনোমে TEs-এর পরিমাণ কীরূপ?
- ৫। IS কী?
- ৬। Tn কী?
- ৭। TEs কোথা থেকে উৎপন্ন হয়?
- ৮। রেপ্রিকেটিভ এবং নন-রেপ্রিকেটিভ TE কী?
- ৯। জেনেটিক অস্থিতিশীলতা কী?
- ১০। TEs জিনের কী কী ধরনের পরিবর্তন ঘটায়?
- ১১। ভূট্টার Ac এবং Dc জিনের বৈশিষ্ট্য লিখ।
- ১২। বারবারা ম্যাক্সিম্পটক Jumping gene আবিকারের কত বৎসর পর নোবেল পুরস্কার পান? কোন সনে?
- ১৩। TE এর ইনভার্টেড রিপিট কী?
- ১৪। *E.coli* এর জেনোমে কতটি IS রয়েছে?
- ১৫। জেনোমের জিনে IS অন্তর্ভুক্ত হলে কী হয়?
- ১৬। প্রোক্যারিওটিক জীবের TEs সাধারণত কী হিসেবে ট্রান্সপোজ হয়?
- ১৭। উদ্ভিদের TEs সাধারণত কী হিসেবে হানান্তর ঘটে?
- ১৮। রিভার্স ট্রান্সক্রিপশন (RT) কী?
- ১৯। ভাইরাল ট্রান্সপোজন কাকে বলে?
- ২০। ভাইরাল ট্রান্সপোজন ও নন-ভাইরাল ট্রান্সপোজনের পার্থক্য কী?
- ২১। মানুষের জেনোমে LINEs এবং SINEs এর সংখ্যা কত?
- ২২। HERV কী?
- ২৩। TEs ইন্ট্রনে অন্তর্ভুক্ত হলে ফলাফল কী হয়?
- ২৪। একটি ক্লোমোজনের জিনকে অন্য ক্লোমোজনে হানান্তরের জন্য সাধারণত কোন ধরনের উপাদান ব্যবহার করা হয়?

## সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

- ১। ট্রান্সপোজাবল জেনেটিক বস্তু (TEs) বলতে কী বুঝ?
- ২। জেনেটিক অস্থিতিশীলতা ব্যাখ্যা কর।
- ৩। TE আবিকার সমক্ষে আলোচনা কর।
- ৪। ব্যাকেটেরিয়ার TEs সমক্ষে কী জান?
- ৫। অকৃতকোষী জীবের TEs সমক্ষে আলোচনা কর।

- ৬। TEs-এর তাৎপর্য (significance) আলোচনা কর।
- ৭। TEs-এর বৈশিষ্ট্য লিখ।
- ৮। TEs-এর ব্যবহার সম্বন্ধে আলোচনা কর।
- ৯। TEs প্রধানত কত রকমের? আলোচনা কর।
- ১০। জীবের বিবর্তনে TEs এর ভূমিকা আলোচনা কর।
- ১১। Retrotransposons কী? মানব দেহে এবং উদ্ভিদ দেহে এদের অবস্থান ও ভূমিকা আলোচনা কর।
- ১২। টিকা লিখ :
  - ক) TEs
  - খ) জেনেটিক অস্থিতিশীলতা এবং TEs
  - গ) প্রকৃতকোষী জীবের TEs
  - ঘ) TEs-এর তাৎপর্য
  - ঙ) TEs-এর ব্যবহার
  - চ) ব্যাকটেরিয়ার TEs.



## প্লাজমিডের আণবিক বায়োলজি

### MOLECULAR BIOLOGY OF PLASMIDS

#### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- ৮.১ জূমিকা
- ৮.২ প্লাজমিডের সাধারণ বৈশিষ্ট্য
- ৮.৩ প্লাজমিডের গাঠনিক বৈশিষ্ট্য
- ৮.৪ প্লাজমিডের শ্রেণিবিন্যাস
- ৮.৫ প্লাজমিড সনাক্তকরণ
- ৮.৬ Plasmid পৃথককরণ ও বিতরণ
- ৮.৬.১ প্লাজমিড পৃথককরণ
- ৮.৬.২ বিতরণ
- ৮.৭ প্লাজমিড জিনের ম্যাপকরণ
- ৮.৮ প্লাজমিডের ব্যবহার/গুরুত্ব
- ৮.৯ প্লাজমিডের বংশবৃক্ষ বা সংখ্যাবৃক্ষ
- ৮.১০ প্লাজমিড ও এপিজোমের পার্থক্য
- অনুশীলনী

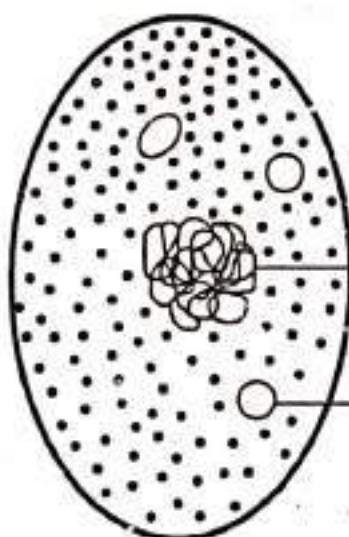
#### ৮.১ জূমিকা (Introduction)

সাধারণত ব্যাটেরিয়ার কোষে প্রধান প্রোক্রেজমাল DNA ছাড়াও শারীনভাবে অনুলিপনযোগ্য অংশ কয়েকটি জিন বহনকারী ক্ষুদ্র ও চতুর্স্কার এক বা একাধিক DNA থাকে, একে প্লাজমিড (Plasmid) বলে। অর্ধেৎ প্লাজমিড হচ্ছে ব্যাটেরিয়ার প্রোক্রেজমোজম বা জিনোম বহির্ভূত DNA, এরা পোষক কোষে এক বা একাধিক সনাক্তকারী বৈশিষ্ট্য বহন করে। Joshua Lederberg (1952) সর্বপ্রথম ব্যাটেরিয়ার কোষে প্লাজমিড আবিষ্কার করেন। অধুনা কিছু সংখ্যাক প্রকৃত ক্ষেত্রে প্লাজমিডের উপস্থিতি লক্ষ্য করা গেছে। যেমন— Yeast (*Saccharomyces*)। প্লাজমিড সাধারণত ব্যাটেরিয়ার জন্য উকুলপূর্ণ। এগুলোর সহায়তায় ব্যাটেরিয়া অনেক সময় প্রতিকূল অবস্থা থেকে নিজেকে রক্ষা করে। যেমন— এন্টিবায়োটিক রেজিস্ট্রেন্ট প্লাজমিড বা R Plasmid, Col Plasmid ইত্যাদি। প্লাজমিডের আকার-আকৃতি ও বৈশিষ্ট্য ব্যাটেরিয়ার স্ট্রেইন ভেদে ও পরিবেশ ভেদে পার্থক্য হয়। অধুনা জিন প্রকৌশলসহ বিভিন্ন কাজে প্লাজমিডকে ব্যবহার করা হয়।

#### ৮.২ প্লাজমিডের সাধারণ বৈশিষ্ট্য (General Features of Plasmid)

১. ব্যাটেরিয়ার কোষে সাধারণত এক বা একাধিক প্লাজমিড থাকে। একাধিক রকমের প্লাজমিড ও একটি ব্যাটেরিয়ার কোষে থাকতে পারে।

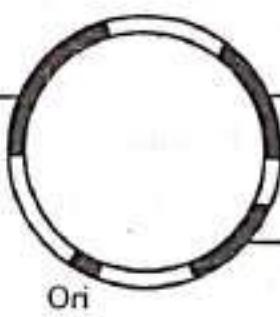
২. এরা উচ্চতর জীবকোষের B-Chromosome এর অনুরূপ, কারণ এদের অনুপস্থিতিতেও কোথ স্থাভাবিক কাজ পরিচালনা করতে পারে ।
৩. প্লাজমিড চক্রকার খিস্ত্রক DNA অণু বিশেষ ।
৪. এরা স্ফুরাকার, আণবিক ওজন প্রায়  $10^6$ – $200 \times 10^6$  dalton-স্টেইন ভেদে এদের বেস সংখ্যা ১ কিলোবেস (1Kb) থেকে ৪০০ কিলোবেস (400Kb) হতে পারে । যেমন— *E. Coli*-এর প্লাজমিড ২–৩Kb, টিস্টের প্লাজমিড ৬Kb, *RP4* প্লাজমিড ৫৪Kb, *Ti* প্লাজমিড ২০০Kb, *F'* প্লাজমিড ৪০০Kb বেস যুক্ত ।
৫. এতে প্রধানত কোষের সাইটোপ্লাজমে মুক্ত অবস্থায় থাকে । অবশ্য কখনও কখনও পোষক কোষের ক্রেমোজমের সাথে সংযুক্ত অবস্থায়ও থাকতে পারে । যেমন— *Hfr*. Episome ।
৬. এরা অল্পসংখ্যক বা কয়েকটি জিন ধারণ করে, যা ব্যাটেরিয়ার ক্রেমোজমে থাকে না ।
৭. পোষক কোষে প্লাজমিড সনাক্তকারী বৈশিষ্ট্য বহন করে । প্লাজমিডের এসব বৈশিষ্ট্যের জন্য ব্যাটেরিয়ার কোষেরও চারিপ্রিক বৈশিষ্ট্যের বিভিন্নতা প্রকাশ পায় ।
৮. প্লাজমিডের উণ্ডাণ এর অল্প সংখ্যক বেস যুক্ত এক খণ্ড DNA জন্মের উপর নির্ভর করে । একে IS (Insertion Sequence) বলে ।
৯. প্লাজমিডের এক বা একাধিক সীমিত স্থান (Restriction site) রয়েছে । RE (Restriction Endonuclease) দ্বারা আদর্শ প্লাজমিডের নির্দিষ্ট স্থান কেটে বৃত্তাকার প্লাজমিডকে রেখিক (Linear) DNA তে পরিণত করা যায়; আবার লাইগেজ (Ligase) এনজাইমের সহায়তায় কাটা স্থান জোড়া লাগান যায় ।
১০. *F* এবং *F'* প্লাজমিড যথাক্রমে ক্ষুণ্ণগেশন ও সেক্সুডাকশন (Sexduction) প্রক্রিয়ায় জেনেটিক রিক্ষিনেশন ঘটাতে পারে ।
১১. কিছু প্লাজমিড ক্ষুণ্ণগেশনে প্রভাবিত করে । এদেরকে ক্ষুণ্ণগেটিভ (Conjugative) প্লাজমিড বলা হয় । একুপ প্লাজমিড উচ্চ আণবিক ওজন যুক্ত এবং প্রতি কোষে এদের সংখ্যা অল্প থাকে । কিন্তু নন-ক্ষুণ্ণগেটিভ প্লাজমিড কম আণবিক ওজনযুক্ত এবং প্রতি কোষে বেশ কয়েক কপি অবস্থান করে ।
১২. একই রকম রেপ্লিকেশন যুক্ত একাধিক প্লাজমিড একই কোষে সহাবস্থান করতে পারে না (Non-Compatible) কিন্তু তিনি রকম রেপ্লিকেশন যুক্ত একাধিক প্লাজমিড একই কোষে অবস্থান করতে পারে (Compatible) ।
১৩. কোন কোন প্লাজমিড এন্টিবায়োটিক রেজিস্টান্ট জিম বহন করে (যেমন— *R*. Plasmid) বা অন্যরকম জৈবরাসায়নিক বস্তু সংশ্লেষণকারী জিন ধারণ করে (যেমন— *Col* plasmid) ।
১৪. কোন কোন প্লাজমিডের জিন বিশেষ ধরনের রাসায়নিক বস্তু সংশ্লেষণ করতে পারে । যেমন— *Colicin*, *Vibrio* ইত্যাদি । অবশ্য এসব পদাৰ্থ উৎপাদনের জন্য পোষক কোষের উপাদান ব্যবহৃত হয় ।
১৫. আদর্শ প্লাজমিড পোষক কোষের ক্রেমোজম বা DNA এর সাহায্য ছাড়াই-নিজেদের সংখ্যা বৃক্ষি করতে পারে । স্ফুর্ত প্লাজমিড অনুলিপনের জন্য প্রয়োজনীয় এনজাইম পোষক কোষ থেকে ব্যবহার করে ।



চিত্র-৮.১ : ব্যাক্টেরিয়ার কোষে প্লাজমিড

Kenamycin  
প্রতিরোধী জিন

প্লাজমিড

চিত্র-৮.২ : PR<sub>১</sub> প্লাজমিড

Ampicillin  
প্রতিরোধী জিন

Ori  
Tetracycline  
প্রতিরোধী জিন

### ৮.৩ প্লাজমিডের গাঠনিক বৈশিষ্ট্য : [৮.২ এর (১-১১) পর্যন্ত দ্রষ্টব্য]

#### ৮.৪ প্লাজমিডের শ্রেণিবিন্যাস (Classification)

প্লাজমিডকে এদের বৈশিষ্ট্যের উপর ভিত্তি করে নিম্নলিখিতভাবে শ্রেণিবিন্যাস করা যায়—

- (ক) বহনকারী জিনের উপর ভিত্তি করে প্লাজমিডকে কয়েকটি প্রধানভাগে ভাগ করা হয়—
  - (১) F এবং F' প্লাজমিড : এ সমস্ত প্লাজমিড (Fertility factor (F বা F')) ধারণ করে এবং ক্ষণেশনকে প্রভাবিত করে। যেমন— *E. Coli*-এর F Plasmid এবং F' Plasmid।
  - (২) R Plasmid বা RT Plasmid : এ সমস্ত প্লাজমিড এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধক বা ব্যাক্টেরিয়া ধ্বংসকারী পদার্থ প্রতিরোধ প্রতিরোধক জিন ধারণ করে। যেমন— R1, R6K, RP4, PBR322, RSF 1030 ইত্যাদি।
  - (৩) Col Plasmid : এসমস্ত প্লাজমিড Colicins (একধরনের ব্যাক্টেরিয়া বিধানসী প্রোটিন) উৎপাদনকারী জিন ধারণ করে।
  - (৪) ডিগ্রেডেটিভ (Degradative) প্লাজমিড : এ ধরনের প্লাজমিডের উপস্থিতিতে ব্যাক্টেরিয়া অতিকর দ্রব্যকে বিজ্ঞারিত করে ভেঙ্গে ফেলে। যেমন— Tol Plasmid টলুইনকে বিজ্ঞারিত করে কাজে লাগায়।
  - (৫) ভাইরুলেন্স (Virulence) প্লাজমিড : এ সকল প্লাজমিড ব্যাক্টেরিয়াকে অন্য জীবদেহ আক্রমণ করে রোগ সৃষ্টিতে সহায়তা করে। যেমন— Ti প্লাজমিড যুক্ত *Agrobacterium tumefaciens* ব্যাক্টেরিয়া উদ্ভিদে ক্রাউনগন রোগ সৃষ্টিতে সহায়তা করে।
  - (৬) Ent প্লাজমিড : এ প্লাজমিডে এন্টারোট্রিন জাতীয় বিষ উৎপাদনকারী জিন ধারণ করে এবং পরিবেশে ব্যাক্টেরিয়া এ বিষাক্ত পদার্থ মুক্ত করে।
  - (৭) Hly প্লাজমিড : এসকল প্লাজমিড হিমোলাইসিন নামক ট্রিন উৎপাদনকারী জিন বহন করে।

- (৮) **K-plasmid** : এ প্লাজমিড ব্যাটেরিয়ার দেহের চতুর্দিকে প্রতিরক্ষা আবরণ সৃষ্টিকারী জিন ধারণ করে।
- (৯) ব্যাটেরিয়াকে কন্জুগেশনে প্রভাবিত করা বা না করার উপর ভিত্তি করে প্লাজমিডকে দুই ভাগে ভাগ করা হয়—
- (১) **Conjugative plasmid** : এ সমস্ত প্লাজমিড Fertility factor (F বা F') ধারণ করে এবং কন্জুগেশনে প্রভাবিত করে। যেমন— *E. Coli* এর F-Plasmid, *Pseudo monas* এর RP Plasmid ইত্যাদি।
- (২) **Non-Conjugative Plasmid** : এ সমস্ত প্লাজমিড F বা F' ফ্যাক্টর ধারণ করে না এবং কন্জুগেশনকেও প্রভাবিত করে না। যেমন— *Tol* Plasmid, *Ent* plasmid, *Hly* Plasmid ইত্যাদি।
- (৩) **সহনশীলতা (Compatibility)** : এর উপর ভিত্তি করে প্লাজমিডকে দুইভাগে ভাগ করা হয়।
- (১) **সহনশীল (Compatible)** : ভিন্ন রকম রেপ্লিকেশন যুক্ত একাধিক প্লাজমিড একই কোষে সহাবস্থান করতে পারে বলে এদেরকে সহনশীল (Compatible) বলা হয়।
- (২) **অসহনশীল (Incompatible)** : একই রকম রেপ্লিকেশনযুক্ত একাধিক প্লাজমিড একই কোষে সহাবস্থান করতে পারে না। এদেরকে অসহনশীল (Incompatible) বলা হয়।

### ৮.৫ প্লাজমিড সনাক্তকরণ (Detection of Plasmid)

কতগুলো ফেনোটাইপিক বৈশিষ্ট্য দ্বারা প্লাজমিডের উপস্থিতি নির্ণয় করা যায়। যেমন— এন্টিবায়োটিক্স সহ্য করার ক্ষমতা, ধাতব আয়নত (যেমন— পারদ, আসেনিক ইত্যাদি)। সহ্য করার ক্ষমতা, ব্যাটেরিওসিন, এন্টারোট্রিন, K-surface এন্টিজেন (antigens) উৎপাদন ক্ষমতা, ক্যাফর, স্যালিসিলেট অথবা ট্রাইন ভার্ড (degradation) ক্ষমতা ইত্যাদি যে কোন একটি বা একাধিক চরিত্রের উপস্থিতির মাধ্যমে প্লাজমিডের উপস্থিতি নির্ণয় করা যায়। নিম্নলিখিত পরীক্ষা দ্বারা প্লাজমিডের উপস্থিতি সঠিকভাবে নির্ণয় করা যায়—

১. **Conjugation**-এর উপস্থিতি দ্বারা : Conjugation-এর উপস্থিতি প্রায়ই প্লাজমিডের উপস্থিতি প্রমাণ করে কারণ দেখা গেছে যে, প্লাজমিড কন্জুগেশন প্রভাবিত করে। কন্জুগেশনের মাধ্যমে যদি একটি ব্যাটেরিয়ার স্ট্রেন থেকে অন্য আর একটি স্ট্রেনে Putative Plasmid marker-এর স্থানান্তর হয় তাহলে বুঝা যাবে যে, মার্কারটি সৈহিকভাবে Chromosomal DNA থেকে আলাদা এবং এটি প্লাজমিড।
২. **Curing প্রক্রিয়া** : ব্যাটেরিয়াতে কতগুলো রাসায়নিক পদার্থ যেমন— acridine orange, ethidium bromide, mitomycin-C ইত্যাদি প্রয়োগ করে প্লাজমিডের উপস্থিতি নির্ণয় করা যায়। কারণ এগুলো প্লাজমিডের নিজস্ব বৈশিষ্ট্য বিনষ্ট করে দেয়। এ প্রক্রিয়াকে 'Curing' বলে।
৩. **Electrophoresis** : Agarose gel-এর সহায়তায় Electrophoresis প্রক্রিয়ায় প্লাজমিডের উপস্থিতি নির্ণয় করা যায়। এ প্রক্রিয়ায় প্লাজমিড উপস্থিতি থাকলে discrete plasmid DNA band সৃষ্টি করে।

[এ প্রক্রিয়ার জন্য প্লাজমিড থাকতে পারে একপ ব্যাটেরিয়ার কালচার নিয়ে তাকে nonionic detergent প্রয়োগ করে সেক্রিফিউজ প্রক্রিয়ায় কোষীয় আবর্জনা এবং ক্রোমোজোমীয় DNA পৃথক করা হয়। এরপর উপরের সুপারনাইট 'Lysate'-কে electrophoresis করলে Plasmid DNA band সৃষ্টি করে। Standard plasmid band এর সাথে তুলনা করে এ ব্যাস সনাক্ত করা যায়। Plasmid DNA-কে বিতুক করে transformation প্রক্রিয়ায় ব্যাটেরিয়ার মধ্যে প্রবেশ করাতে হয়। নির্দিষ্ট ফেনোটাইপিক বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পেলে প্লাজমিড স্বত্কে নিশ্চিত হওয়ায় যায়।]

## ৮.৬ Plasmid পৃথক্করণ ও বিতর্কণ (Isolation and Purification of Plasmid)

Radloff *et.al* (1967) প্লাজমিড পৃথক্করণ ও বিতর্কণ প্রক্রিয়াটি উদ্ভাবন করেন। অবশ্য বর্তমানে Birboim, Doly (1979) এর প্লাজমিড পৃথক্করণ ও বিতর্কণ প্রক্রিয়াটিই সর্বাধিক জনপ্রিয়তা লাভ করেছে। প্লাজমিডকে সাধারণত নিম্নলিখিতভাবে পৃথক করে বিতর্ক করা হয়।

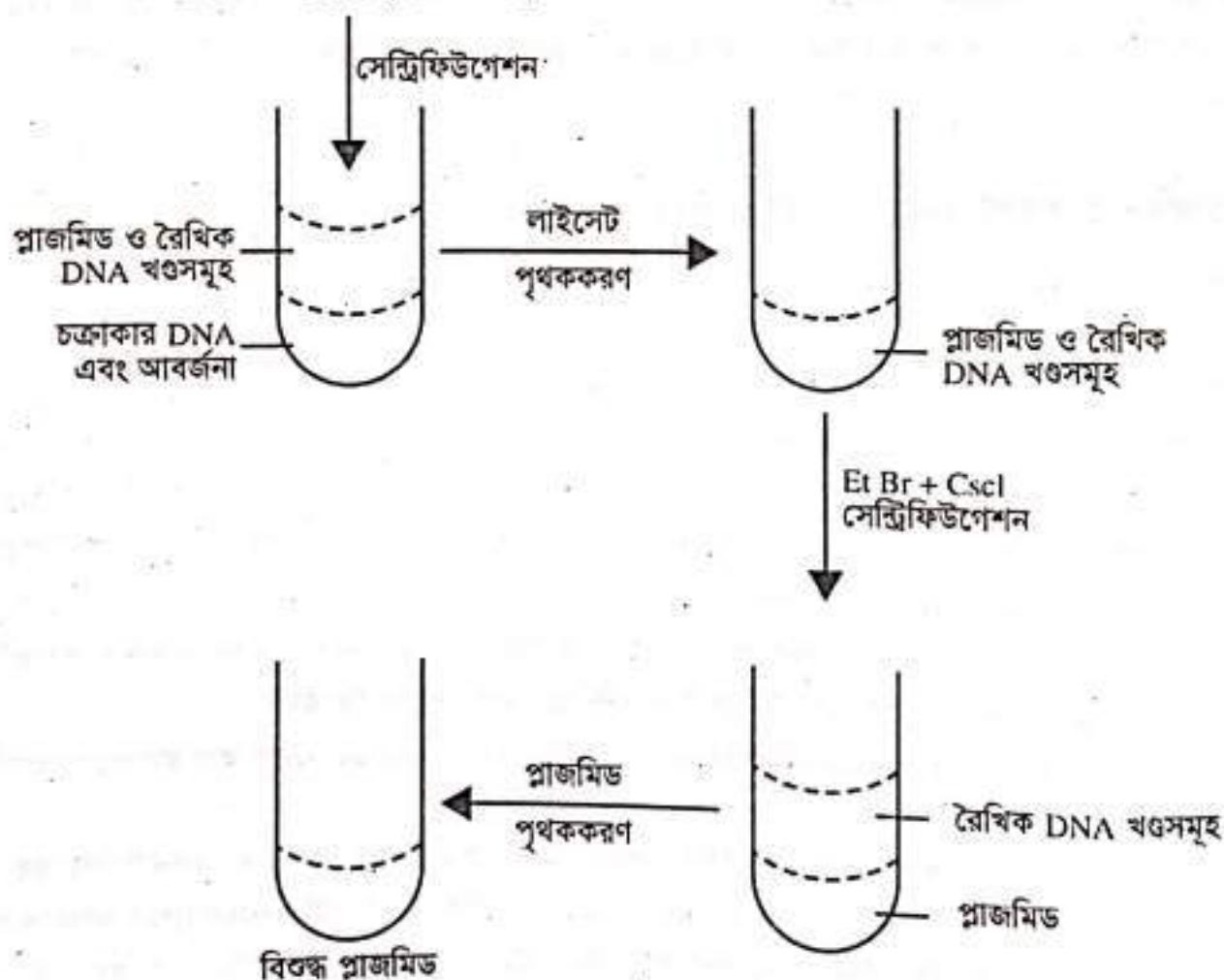
### ৮.৬.১ প্লাজমিড পৃথক্করণ (Isolation of Plasmid)

- (i) প্লাজমিড বহনকারী ব্যাটেরিয়াকে উপযুক্ত খাদ্য মাধ্যমে যেমন— Typicase soybroth অথবা *E.Coli* এর জন্য Casamino acid যুক্ত দ্রবণ দ্রবণে) জন্মানো হয়।
- (ii) প্লাজমিডের জন্য বিশেষ করে Col E<sub>1</sub>-এর জন্য Chloramphenical (প্রতি মিলি লিটারে 300 Mg) কালচার মাধ্যমে প্রয়োগ করতে হয়। (Chloramphenical-এর উপস্থিতিতে Chromosomal DNA-এর সংশ্লেষণ বন্ধ হয়ে যায় কিন্তু Plasmid DNA সংশ্লেষণ অব্যাহত থাকে; ফলে মোট কালচার DNA এর ৪৫%ই প্লাজমিডের DNA তে পরিণত হয়। এ প্রক্রিয়াকে Plasmid amplification বলে। এ প্রক্রিয়ায় *E.Coli* কোষে PBR322 প্লাজমিডের কপি সংখ্যা ১০০০-৩০০০ পর্যন্ত বৃদ্ধি করা যায়।
- (iii) ব্যাটেরিয়ার কোষগুলোকে সেন্ট্রিফিউজ করা হয় এবং ২৫% সুক্রোজ যুক্ত 50 ml tris buffer দ্রবণে মিশ্রিত করা হয়।
- (iv) EDTA এর উপস্থিতিতে লাইসোজাইম মিশ্রিত করে কোষ প্রাচীরকে নমনীয় করা হয়।
- (v) Sodium hydroxide এবং Sodium dodecyl sulphate detergent (non-ionic) যোগ করা হয় যাতে প্রোটোপ্লাস্ট লাইস (lyse) হয়।
- (vi) Chromosomal DNA এবং কোষ প্রাচীর জাতীয় আবর্জনা তলানি পড়ার জন্য 1 M NaCl দ্রবণ মিশ্রিত করা হয়।
- (vii) দ্রবণটিকে সেন্ট্রিফিউজ করা হয়। উপরের 'Cleared lysate' এর মধ্যে প্রধানত প্লাজমিডের DNA থাকে এবং নীচে Chromosomal DNA এবং অন্যান্য আবর্জনা জমা হয়। 'Cleared lysate' কে পৃথক করা হয়। এর মধ্যেই প্লাজমিড থাকে।

### ৮.৬.২ বিতর্ককরণ

- (viii) ফেনল অথবা প্রোনেজ এবং রাইবোনিউক্লিয়োজ যোগ করা হয় যাতে প্রোটিন এবং RNA মুক্ত হয়।
- (ix) ইথাইলিন গ্লাইকল অথবা ইথানল প্রয়োগ করে প্লাজমিড DNA-এর অধিকারণ (ppt) সৃষ্টি করা হয়। এরপর ইথিডিয়াম ক্রোমাইডের (Et Br) উপস্থিতিতে CsCl density gradient centrifugation প্রক্রিয়ায় প্লাজমিড DNA কে বিতর্ক করা হয়। এ ধরনের সেন্ট্রিফিউজেশন প্রক্রিয়ায় দু'ধরনের ব্যান্ড সৃষ্টি হয়। উপরের ব্যান্ডে লিনিয়ার ক্রোমোজম থক এবং নিচের ব্যান্ডে প্লাজমিড থাকে। প্লাজমিডের DNA বন্ধ চক্র (Covalently closed circle) হিসেবে অবস্থান করে বলে লিনিয়ার DNA অপেক্ষা কম Et Br ধারণ করে এবং অপেক্ষাকৃত ভারী হওয়ার কারণে নিচের ব্যান্ডে অবস্থান করে।

ব্যাটেরিয়া থেকে সংগৃহীত প্লাজমিড ও  
ক্রোমোজমাল DNA ইত্যাদির মিশ্রণ



চিত্র-৮.৩ : প্লাজমিড পৃথক্করণ ও বিতর্ককরণ।

প্লাজমিড ব্যান্ডিকে সিরিজের সহায়তায় পৃথক করা হয় এবং ডায়ালাইজ করে CsCl-কে মুক্ত করা হয়। Et Br থেকে প্লাজমিডকে মুক্ত করার জন্য জৈব স্নাবকে মিশ্রিত করা হয়। বিভিন্ন আকারের প্লাজমিডের সংমিশ্রণ থাকলে agarose gel মাধ্যমে electrophoresis প্রক্রিয়ায় অথবা Sucrose gradient centrifugation প্রক্রিয়ায় তা পৃথক করা হয়। এভাবে বিভিন্ন আকারের প্লাজমিডকে বিতর্ক করা হয়।

## ৮.৭ প্লাজমিড জিনের ম্যাপকরণ (Mapping of Plasmid Genes)

ব্যাটেরিয়ার ক্রোমোজোম ম্যাপিং থেকে প্লাজমিডের ম্যাপিং পদ্ধতি ডিনু প্রকৃতির। কারণ প্লাজমিডের DNA ক্রোমোজমাল DNA থেকে অনেক (প্রায় ৫০-১০০০ গণ) ক্ষুদ্র। বর্তমানে প্লাজমিডের ম্যাপিং এর জন্য তিনটি পদ্ধতি ব্যবহৃত হয়।

(১) ক্লোনিং এর মাধ্যমে ম্যাপ নির্ণয় (Mapping by Cloning) : মার্কার বা বিশেষ বৈশিষ্ট্যবহনকারী প্লাজমিড DNA খণ্ড বিভিন্ন ডেন্টেরে ক্লোন করা হয়। এই খণ্ডগুলোর আকার এবং বৈশিষ্ট্য (markers) নির্ণয় করা হয়। এরপর এদের বৈশিষ্ট্য বা কার্য (function) অনুসারে Plasmid restriction map এ অঙ্গৰূপ করা হয়।

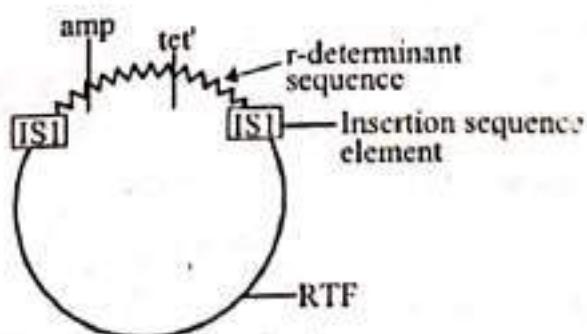
(২) চৃতির মাধ্যমে ম্যাপ নির্ণয় (Mapping by deletion) : প্লাজমিড DNA কে নির্দিষ্ট স্থানে কর্তৃন করে ডিলেশন যুক্ত প্লাজমিড উৎপন্ন করা হয়। এভাবে ডিলেশনের আকার ক্রমান্বয়ে বৃক্ষি করে এবং বিভিন্ন ডিলেশন বৈশিষ্ট্যের মার্কারের সহায়তায় ম্যাপ তৈরি করা হয়। নিম্নলিখিতভাবে এ কাজ সম্পন্ন করা যায়—

(ক) তাপ অনুভূতি প্রবণ প্রোকাজকে প্লাজমিডের নির্দিষ্ট অবস্থানে সংযুক্ত করতে হয়। পোষক ব্যাটেরিয়ানহ প্লাজমিডকে  $40^{\circ}\text{C}$  তাপমাত্রায় রাখা হয়। এরপর তাপমাত্রায় প্লাজমিডের কিছু DNA ফাজ DNA-সহ বিনষ্ট (lost) হবে। এরপর নির্ণয় করতে হবে কোন মার্কার অনুপস্থিত এবং কতটুকু অংশ ডিলেশন হয়েছে।

(খ) Transduction প্রক্রিয়ায়ও প্লাজমিডের ডিলেশন ঘটানো যায়। এক্ষেত্রে একটি প্রোকাজ প্লাজমিড DNA এর কোন একটি অংশ বহন করে নিয়ে যেতে পারে এবং তা সনাক্ত করে ম্যাপ অঙ্কন করা যায়।

(গ) BAL-31 (a double strand exonuclease) যোগ করে প্লাজমিডের লিনিয়ার DNA এর ডিলেশন ঘটানো যায়। BAL-31 প্রয়োগের সময় বৃক্ষি করে ক্রমান্বয়ে বেশি DNA অংশ ডিলেটেড করা যায়। এরপর T<sub>4</sub> Ligase যোগ করে Circular প্লাজমিডে পরিণত করে হারানো মার্কারের সনাক্তকরণ প্রক্রিয়ায় ম্যাপ তৈরি করা যায়।

(৩) ট্রান্সপোজন ব্যবহারের মাধ্যমে ম্যাপ নির্ণয় (Mapping by transposon insertion) : Transposon হলো বিশেষ ধরনের DNA যা প্লাজমিড DNA এর অনেক স্থানেই অঙ্গৰূপ করা যায়। যে স্থানে (Site) Transposon অঙ্গৰূপ করা হয় সেখানকার জিনটির কার্যক্ষমতা লোপ পায়। Transposon এর অবস্থান এবং এর দ্বারা নিয়ন্ত্রিত জিনকে সনাক্ত করে ম্যাপ তৈরি করা যায়। অবশ্য প্লাজমিডের কোন কোন জিন, যেমন— tetracycline resistant genes of RD<sub>1</sub> (transposable) নয়।



চিত্র-৮.৪ : Transposon insertion-এর মাধ্যমে Plasmid এর ম্যাপকরণ

নিম্নে কয়েকটি প্লাজমিডের জিনম্যাপ বর্ণনা করা হলো—

(ক) TI প্লাজমিড (Tumor inducing plasmid) : মাটিতে বসবাসকারী ব্যাটেরিয়া *Agrobacterium tumefaciens* এ TI প্লাজমিড পাওয়া যায়। এ প্লাজমিডের সহায়তায় এ ব্যাটেরিয়া প্রায় শতাধিক দ্বিবীজপত্রী উৎপন্ন প্রজাতির ক্রাউনগাল বা টিউমার রোগ সৃষ্টি করে (Agrios, 2004)।

TI প্লাজমিড বি-সূত্রক ও বলয়কারী। এতে প্রায় 180-250kb বেস জোড় এবং অনেকগুলো জিন রয়েছে। এ জিনগুলোকে চারটি প্রধান অঞ্চলে ভাগ করা যায়—

(১) প্রারম্ভিক অঞ্চল (Ori) : এ অঞ্চল থেকে এ প্লাজমিড DNA এর অনুলিপন শুরু হয়। এর ভাব পাশেই রয়েছে Incompatibility জিন।

- (২) **Virulence (Vir)** অঞ্চল : এ অঞ্চলে প্রায় 35kb বেসজোড় রয়েছে এবং অনেকগুলো ভাইরলেস জিন (A-G) অবস্থান করে। এ জিনগুলো কার্ডিফল উত্তিরের কোষকে সনাত্ত করে ব্যাটেরিয়াকে পোষক কোষের ক্ষতস্থানের সাথে সংযুক্ত করতে সহায়তা করে। Vir জিনগুলোর পাশেই কয়েকটি Oncogene(ongc) রয়েছে যারা টিউমারসৃষ্টিকে প্রভাবিত করে।
- (৩) **T-DNA অঞ্চল:** এ অঞ্চলটিই Ti প্লাজমিডের সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ অঞ্চল, যা 25kb বেস জোড় নিয়ে গঠিত। এখানে রয়েছে অক্সিন সংশ্লেষণকারী জিন, সাইটোকাইনিনসংশ্লেষণকারী জিন এবং ওপাইন (Opine) সংশ্লেষণকারী জিন (OS)। তিনটি জিনকে একত্রে T-DNA বলা হয়। এরাই প্রধানত উত্তিরে ক্রাউনগল সৃষ্টিকে প্রভাবিত করে। Ti প্লাজমিডের T-DNA অংশই পোষক কোষে স্থানান্তরিত হয়ে পোষক কোষের নিউক্লিয়ার DNA এর সাথে সংযুক্ত হয় এবং এসকল কোষ টিউমার কোষে (Tumor cells এ) পরিণত হয়। ব্যাটেরিয়ার উপস্থিতি বা সাহায্য ছাড়াই এ সকল টিউমার কোষ স্বনিয়ন্ত্রিতভাবে অবিরাম সংখ্যা বৃদ্ধি ঘটিয়ে ক্রাউনগল বা টিউমার সৃষ্টি করে।

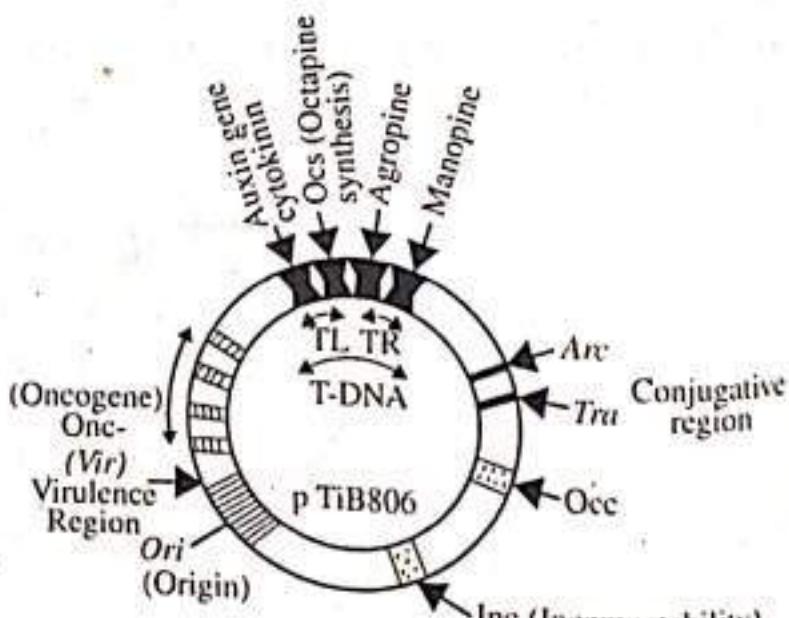
এন্টিবায়োটিক প্রয়োগ করে ব্যাটেরিয়াকে মেরে ফেললেও টিউমারের অনিয়ন্ত্রিত বৃদ্ধি থামেনা। একপ গলের একটি টুকরা সংবেদনশীল উত্তিরের ক্ষতস্থানে স্থাপন করলেও ঐ স্থানে গলের সৃষ্টি হয় (Agrios, 2004)। এসমস্ত কোষে সুস্থ কোষের চেয়ে বেশি অক্সিন (IAA) এবং সাইটোকাইনিন সংশ্লেষিত হয়। ওপাইন সংশ্লেষণকারী জিন (OS) ব্যাটেরিয়ার বৃদ্ধি ও টিউমার সৃষ্টিতে সহায়তা করে।

- (৪) কঙ্গুগেটিড ও স্থানান্তর অঞ্চল : এ অঞ্চলের কয়েকটি জিন কঙ্গুগেশনে সহায়তা করে। এদের পাশেই রয়েছে transfer gene (tra) যা T-DNA স্থানান্তরে সহায়তা করে। এ অঞ্চলে আজিনিন ক্যাটারেলিজম জিন (Arc) এবং ওপাইন ক্যাটারোসিজম জিন (OCC) অবস্থান করে। এ ছাড়া আরও কয়েকটি জিন এ প্লাজমিড বহন করে।

Ti প্লাজমিডের স্বনিয়ন্ত্রিত গল সৃষ্টিকে প্রাকৃতিক জিন প্রকৌশল (Natural Genetic Engineering) বলা হয়। Ti প্লাজমিড একটি বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ প্লাজমিড। একে জিন প্রকৌশলের কাজে বিশেষভাবে ব্যবহার করা হচ্ছে। এর সহায়তা অনেক Transgenic উত্তির সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে।

- (৫) RP4 প্লাজমিড এর জিন ম্যাপ : *E. Coli* ব্যাটেরিয়ার কোন কোন স্ট্রেইনে RP4 প্লাজমিড দেখা যায়। এটি চতুর্কার বি-সূত্রক DNA এবং এতে প্রায় 54kb বেস জোড় রয়েছে। এটি একটি রেজিস্ট্র্যাট প্লাজমিড (R Plasmid)। এ প্লাজমিডে তিনটি এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী জিন রয়েছে—

- কেনামাইসিস (Kenamycin) প্রতিরোধী জিন,
- এম্পিসিলিন (Ampicillin) প্রতিরোধী জিন এবং
- ট্রেট্রাসাইক্লিন (Tetracyclin) প্রতিরোধী জিন।

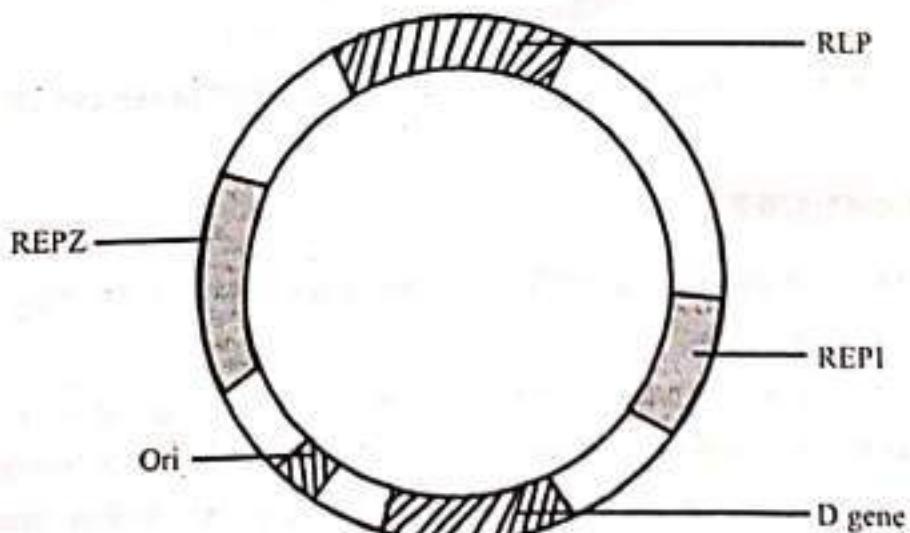


চিত্র-৮.৫ : Ti Plasmid

এ তিনটি এন্টিবায়োটিক্স'র যে কোন একটি বা দু'টি বা সবকটি কোন আবাদ মাধ্যমে যোগ করা হলেও এ RP4 প্লাজমিড যুক্ত ব্যাটেরিয়া বেঁচে থাকতে পারে এবং সংখ্যা বৃদ্ধি ঘটাতে পারে।

কিন্তু উক্তরূপ এন্টিবায়োটিক মিশ্রিত আবাদ মাধ্যমে RP4 প্লাজমিড বিহীন *E. Coli* বাচতে পারে না। (চিত্র-১৮.২)।

(গ) Yeast Plasmid-এর জিন ম্যাপ : সিস্টে (Saccharomyces Cerevisiae) এর বিভিন্ন স্ট্রেইনে চক্রাকার বি-সূত্রক প্লাজমিড পাওয়া যায়। এ প্লাজমিডের পরিধি  $2/\mu\text{m}$  এবং এটি প্রায় 6kb বেসজোড় বিশিষ্ট। এটি  $2\mu\text{m}$  Circle Plasmid নামেও পরিচিত। প্রতিটি সিস্টে কোষে একপ ৭০-২০০টি প্লাজমিড পাওয়া যায়। এ প্লাজমিডের অনুলিপনের প্রারম্ভিক বিন্দু 'Ori' (Origon) এর দু'পার্শে REP জিন রয়েছে (REP1 এবং REP2)। এ দু'টি জিন প্লাজমিডের অনুলিপনে (Replication এ) সহায়তা করে। 'Ori' জিনের বিপরীত দিকে RLP নামে একটি জিন রয়েছে। এ জিনটি একটি প্রোটিন সংশ্লেষণ করে, যা আণবিক পুনর্বিন্যাস (Intramolecular recombination) ঘটায়। এ প্লাজমিডে 'D' জিন নামে আরও একটি জিন রয়েছে যার কাজ এখনও সুস্পষ্ট নয়।



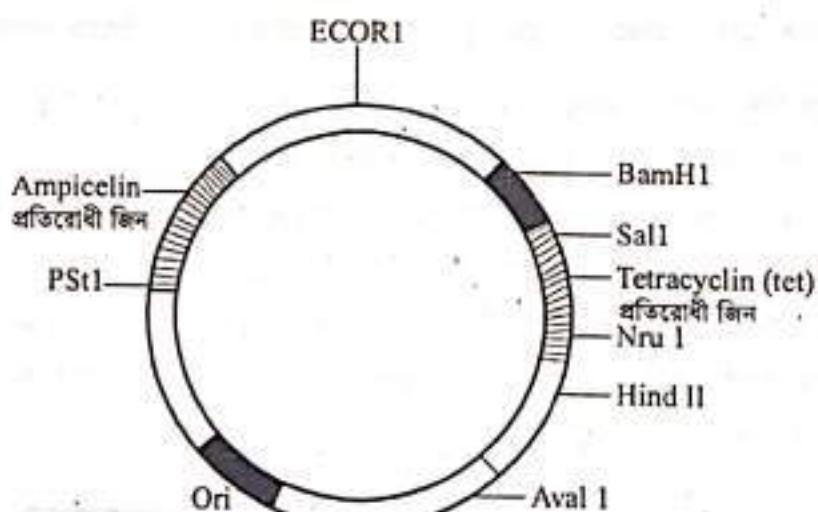
চিত্র-১৮.৬ : Yeast-এর  $2\mu\text{m}$  circle প্লাজমিডের জিন-ম্যাপ (A-প্রকৃতির)

(ঘ) PBR322 প্লাজমিড বা ভেট্র : এটি একটি কৃতিম উপায়ে তৈরি ভেট্র প্লাজমিড যা জিন প্রকৌশলে সবচেয়ে বেশি ব্যবহৃত হয়। এতে আদর্শ ভেট্রের যেসব গুণাবলি ধারা প্রযোজন তার প্রায় সবগুলোই রয়েছে।

এ ভেট্র প্লাজমিডে প্রায় 4.4 kb বেশ জোড় রয়েছে। এটি খুস্ত হওয়ায় বিতর্ক করণের সময় বা কাজে ব্যবহার করার সময় ভেতে যাওয়ার সম্ভাবনা অনেক কম। এটি দু'টি এন্টিবায়োটি প্রতিরোধী জিন ধারণ করে। জিন দু'টি হচ্ছে Ampicilin resistant জিন এবং Tetracyclin resistant জিন। এ জিন দু'টির যে কোন একটিকে ধার্কার হিসেবে ব্যবহার করা যায়। এসিপিসিলিন এবং ট্রেট্রাসাইক্লিন যুক্ত আবাদ মাধ্যমে PBR322 প্লাজমিড বাহি ব্যাটেরিয়া জনিয়ে পারে। এ প্লাজমিডের এসিপিসিলিন ও ট্রেট্রাসাইক্লিন জিনের সাইটগুলো জিন ক্রোনিং এর জন্য বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ।

এপ্লাজমিডের অনুলিপনে সহায়তাকারী প্রারম্ভিক জিন 'Ori' ব্যাটেরিয়ার ক্রোমোজম বা DNA ধারা নিয়ন্ত্রিত নয়। তাই ব্যাটেরিয়ার কোষে অনিয়ন্ত্রিতভাবে অনেক কপি সংশ্লেষিত হতে পারে। মাধ্যমে কোরাফেনিকাল প্রয়োগে ব্যাটেরিয়ার ক্রোমোজম বা DNA এর অনুলিপন বক হয়ে যাব কিন্তু প্লাজমিডের অনুলিপন আরও বৃদ্ধি পায়। এ প্রক্রিয়া ব্যবহার করে *E. Coli*-এর কোষে PBR322 প্লাজমিডের সংখ্যা ১০০০-৩০০০ পর্যন্ত বৃদ্ধি করা যায়। এ প্লাজমিডটির অনেকগুলো

restriction site রয়েছে যা নিম্নিষ্ঠ restriction enzyme (RE) দ্বারা কর্তৃ করা যায়; যেমন— EcoR<sub>1</sub>, BamH<sub>1</sub>, Sal<sub>1</sub>, Nru<sub>1</sub>, Aua<sub>1</sub>, Pst<sub>1</sub> ইত্যাদি।



চিত্র-৮.৭ : PBR322 প্লাজমিডের বা ভেট্রের জিন ম্যাপ (4.4kb বেস জোর)

### ৮.৮ প্লাজমিডের ব্যবহার/গুরুত্ব

আবিকারের পর থেকে গত কয়েকদশক ধরে প্লাজমিডের ব্যবহার ও গুরুত্ব ক্রমান্বয়ে বৃদ্ধি পাচ্ছে। অধুনা বিভিন্ন গুরুত্বপূর্ণ কাজে প্লাজমিডকে ব্যবহার করা হচ্ছে—

- (১) প্লাজমিডের মাধ্যমে জিনের সঠিক অবস্থান, সূক্ষ্ম গঠন, সম্পূরকত্ব (Complementation) ইত্যাদি নির্ণয় করা সম্ভব হচ্ছে।
- (২) প্লাজমিডের মাধ্যমে প্যাথোজেনিক ব্যাটেরিয়ার এন্টিবায়োটিক্স ও অন্যান্য পৃথকে প্রতিরোধ ক্ষমতা (resistance) সংকলনে জানা যায় এবং সে অনুসারে ব্যবস্থা গ্রহণ করা সম্ভব হচ্ছে। তাই চিকিৎসা বিজ্ঞানে প্লাজমিডের ব্যবহার বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ হয়ে উঠেছে।
- (৩) প্লাজমিড সংকীর্ণ জ্ঞানের মাধ্যমে শিল্পকারখানায় ব্যবস্থাত জীবাণুর অস্থিতিশীলতা (Instability) সংকলন ধারণা লাভ করা যাচ্ছে এবং তার প্রতিকারের ব্যবস্থা গ্রহণ করা সম্ভব হচ্ছে।
- (৪) জিন প্রকৌশলে প্লাজমিডের ভূমিকা অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ। Recombinant DNA তৈরিতে ব্যাপকভাবে প্লাজমিডকে ব্যবহার করা হচ্ছে। প্লাজমিডকে কোন গুরুত্বপূর্ণ জিনের বাহক (Vector) হিসেবে ব্যবহার করা হচ্ছে। এ Recombinant DNA-কে কোন সুবিধাজনক অণুজীবে প্রবেশ করিয়ে এর সংখ্যা বৃদ্ধির মাধ্যমে বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ পদার্থ উৎপাদন করা সম্ভব হচ্ছে। উদাহরণস্বরূপ— ইনসুলিন, ইন্টারফেরন, সোমাটোস্টেনিন ইত্যাদি। এছাড়া আধুনিক জিন ক্লোনিং প্রক্রিয়ার মাধ্যমে যে নতুন নতুন জাতের গুরুত্বপূর্ণ জীবের সৃষ্টি করা হচ্ছে।
- (৫) অধুনা জিন লাইব্রেরি সৃষ্টিতেও প্লাজমিডকে ব্যবহার করা হচ্ছে। যে সমস্ত জিন প্রকৃতিতে খুবই কম বা হারিয়ে যাবার সম্ভাবনা রয়েছে তাদেরকে প্লাজমিডে সংযুক্ত করে ব্যাটেরিয়ার মধ্যে ছানাঞ্চর করে ফিজিং প্রক্রিয়ার মাধ্যমে অনিদিষ্ট কালের জন্য সংরক্ষণ করে রাখা এবং প্রযোজন ব্যবহার করা সম্ভব হচ্ছে। এক্ষেপ্ত জিন সংরক্ষণাগারকে জিন লাইব্রেরি বলা হয়। বিলুপ্ত প্রায় কোন জীবের জিন যদি এ প্রক্রিয়ায় সংরক্ষণ করা যায় তবে জীবটি কোনদিন বিলুপ্ত হয়ে গেলেও তার জিন ব্যবহার করা সম্ভব হবে।

## ৮.৯ প্লাজমিডের বংশবৃক্ষ বা সংখ্যাবৃক্ষ (Multiplication)

প্রজনন ক্ষমতা (reproduction) বা সংখ্যাবৃক্ষ (Multiplication) প্লাজমিডের একটি গুরুত্বপূর্ণ বৈশিষ্ট্য। প্লাজমিড DNA এর একটি নির্দিষ্ট অনুক্রম (Sequence) বা ARS (Autonomously Replicating sequence) থাকে যেটি অনুলিপন (Replication) এর সময় প্রারম্ভ (Oregin = 'Ori') হিসেবে কাজ করে। এ 'Ori' এর উপরিত্বিত কারণে আদর্শ প্লাজমিড পোষক ব্যাক্টেরিয়ার ক্রোমোজম বা জিনোমের সাহায্য ছাড়াই নিজেদের বংশবৃক্ষ করতে পারে। অবশ্য কূদ্রাকার প্লাজমিড অনুলিপনের জন্য প্রয়োজনীয় এনজাইম পোষক কোষ থেকে ব্যবহার করে থাকে। যে সমস্ত প্লাজমিড নিজেদের অনুলিপনের জন্য নিজস্ব কোড ব্যবহার করে প্রয়োজনীয় এনজাইম সংশ্লেষণ করে এবং নিজেদের অনুলিপন সম্পন্ন করে তাদেরকে মুক্ত (Non-integrated) প্লাজমিড বলা হয়।



চিত্র-৮.৮ : ব্যাকটেরিয়ার বংশ বৃক্ষের সাথে প্লাজমিডের সংখ্যা বৃক্ষ।

কিছু কিছু প্লাজমিড রয়েছে যারা নিজেদের অনুলিপনের জন্য পোষক কোষের ক্রোমোজম বা DNA এর সাথে সংযুক্ত বা একাত্ম হতে হয়। এ অবস্থায় এ সকল প্লাজমিডকে এপিজোম (Episome) বলা হয়। এদের সাধারণত কোন ARS বা Ori থাকে না। এদের অনুলিপনের এনজাইম প্রস্তুতের জন্য নিজস্ব জেনেটিক কোড নেই। এক্ষেপ্ত এপিসোম পোষক ক্রোমোজম বা DNA এর সাথে অনেক দিন স্থায়ীভাবে অবস্থান করে এবং কয়েক জনু পর্যন্ত ব্যাক্টেরিয়ার DNA এর অনুলিপনের সাথে এদের DNA এরও অনুলিপন, তথা সংখ্যাবৃক্ষ ঘটে। আবার প্রয়োজনে পোষক DNA থেকে মুক্ত হয়ে স্বতন্ত্র প্লাজমিডে পরিণত হয়। এ সমস্ত প্লাজমিড মুক্ত হওয়ার সময় পোষক ব্যাক্টেরিয়ার ক্রোমোজোমের কোন কোন জিন বহন করে নিয়ে আসে এবং কল্পনেশনের মাধ্যমে অন্য ব্যাক্টেরিয়ার ক্রোমোজমে স্থানান্তর করে। একে সেক্সুডাক্সন (Sexduction) বলে। এভাবে প্লাজমিডের মাধ্যমে ব্যাক্টেরিয়ার মধ্যে জেনেটিক রিকমিনেশন ঘটতে পারে।

## ৮.১০ প্লাজমিড ও এপিজোমের পার্শ্বক্য

প্লাজমিড (Plasmid)	এপিজোম (Episome)
১. প্লাজমিড সাইটোপ্লাজমে মুক্তভাবে অবস্থান করে।	১. এপিসোম সাধারণত জেনোমিক DNA-এর সাথে যুক্ত অবস্থায় থাকে।
২. এতে একটি Ori (Origin) এবং অন্তর্ভুক্ত একটি ARS (Autonomously Replicating Sequence) থাকে।	২. সাধারণত Ori এবং ARS থাকে না।
৩. প্লাজমিডের অনুলিপন এনজাইম সংশ্লেষণের জন্য নিজস্ব জেনেটিক কোড রয়েছে, বিশেষ করে বড় ধরনের প্লাজমিডের।	৩. এপিসোমের অনুলিপনের এনজাইম সংশ্লেষণের জন্য নিজস্ব জেনেটিক কোড নেই।

## অনুশীলনী

### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- ১। প্লাজমিড কী (What is plasmid) ?
- ২। এমন একটি প্রকৃত কোষী জীবের নাম লিখ। যার কোষে প্লাজমিড থাকে। (Write name of an eukaryotic organism which bear plasmid) !
- ৩। Episome কী (What is episome) ?
- ৪। কে প্লাজমিড আবিষ্কার করেন (Who discover plasmid first) ?
- ৫। F এবং F' প্লাজমিড কী (What is F and F' Plasmid) ?
- ৬। দুটি R প্লাজমিডের নাম লিখ (Write name of two R plasmid) !
- ৭। একটি প্লাজমিডের জেনেটিক ম্যাপ আক (Draw genetic map of a R plasmid) !
- ৮। Curing কী (What is curing) ?
- ৯। Transposon কী (What is transposon) ?
- ১০। T-DNA অঞ্চল কী (What is T-DNA region) ?
- ১১। Ti প্লাজমিড কী (What is Ti Plasmid) ?

### সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

- ১। (ক) প্লাজমিড কি ? প্লাজমিডের বৈশিষ্ট্য লিখ।  
(খ) প্লাজমিডের শ্রেণিবিন্যাস কর।  $2+6+2=10$   
(গ) প্লাজমিড ও এপিসোমের পার্থক্য লিখ।  
(ঘ) প্লাজমিড সনাত্তকরণ, জিন ম্যাপিং এবং বিতন্তক করণ পদ্ধতি লিখ। ১০
- ২। প্লাজমিড জিন মানচিত্র তৈরিকরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর। ১০
- ৩। (ক) প্লাজমিড কি ? উদাহরণসহ প্লাজমিডের শ্রেণিবিন্যাস কর।  $2+5=7$   
(খ) প্লাজমিড সনাত্তকরণ ও বিতন্তকরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর। ৮ [জা.বি-২০১০, ২০১১]
- ৪। (ক) প্লাজমিডের বৈশিষ্ট্য লিখ।  
(খ) প্লাজমিড সনাত্ত কর ও পৃথককরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর।
- ৫। টীকা লিখ :  
(ক) Ti প্লাজমিডের জিনম্যাপ। [জা.বি-২০০৮, ২০১১]  
(খ) প্লাজমিড/প্লাজমিড ডেন্টের।  
(গ) প্লাজমিড পৃথককরণ ও বিতন্তকরণ।  
(ঘ) প্লাজমিড জিনের ম্যাপ তৈরিকরণ।  
(ঙ) প্লাজমিড সনাত্তকরণ।  
(চ) প্লাজমিড ও এপিজাম।

[জা.বি. ২০০৯, ২০০৭]  
[জা.বি. ২০০৯, ২০০৭]  
[জা.বি. ২০০৭]  
[জা.বি. ২০১০, ২০০৭]  
[জা.বি. ২০০৬]



## জিনোমিক্স এবং প্রোটোমিক্স

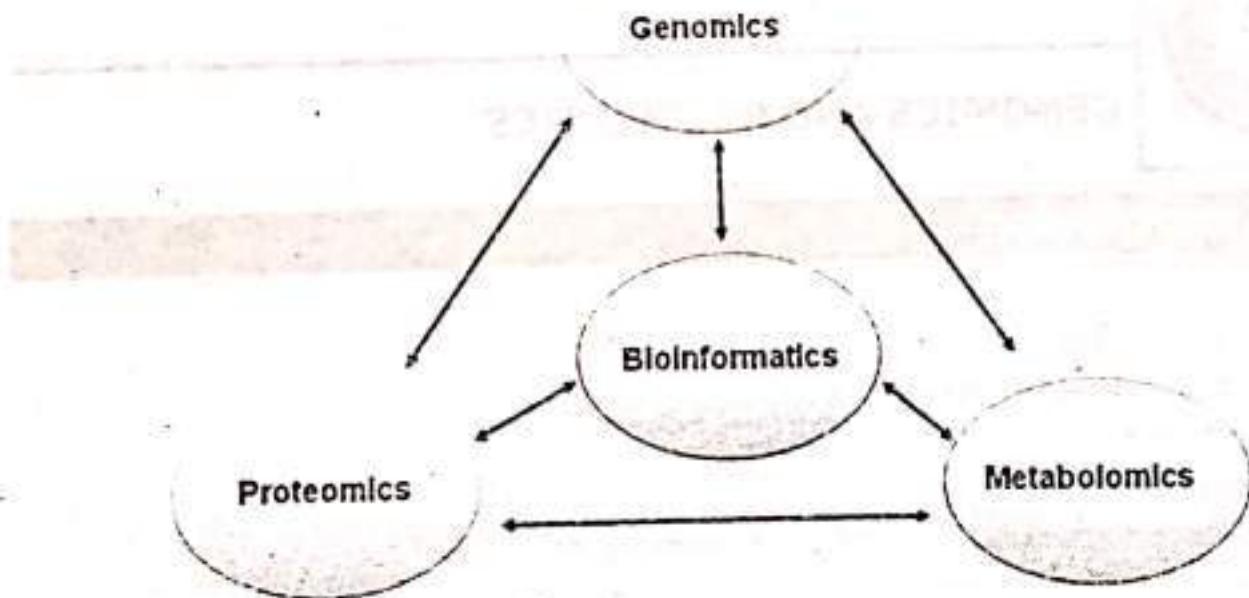
### GENOMICS AND PROTEOMICS

#### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- ১.১ জিনোমিক্স
- ১.২ জিনোমের বেস অনুক্রম নির্ণয়
- ১.৩ জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের পদ্ধতিসমূহ
  - ১.৩.১ পূর্ণ জিনোম শ্টগান অনুক্রম নির্ণয় প্রক্রিয়া
  - ১.৩.২ হাইরারকিয়াল শ্টগান সিকেন্সেসিং
  - ১.৩.৩ সম্পূর্ণ জিনোম শ্টগান পদ্ধতি এবং হাইরারকিয়াল শ্টগান পদ্ধতির পার্থক্য
  - ১.৪ শ্টগান এবং পরিবর্তী প্রজন্তের সিকেন্সেসিং
- ১.৫ প্রোটোমিক্স
- ১.৫.১ প্রোটিন পৃথককরণ
- ১.৫.২ Gel ইলেক্ট্রোফোরেসিস
- ১.৫.৩ SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulphate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis)
- ১.৫.৪ দিমাত্রিক জেল ইলেক্ট্রোফোরেসিস
- ১.৫.৫ আয়ন এক্সচেঞ্চ ক্রোমাটোগ্রাফি প্রক্রিয়ায় প্রোটিন পৃথককরণ
- ১.৬ প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া
- ১.৬.১ ইন্সের হি-সংকর স্ট্রিনিং পদ্ধতি
- ১.৬.২ Co-immunoprecipitation (CoIP) পদ্ধতি
- ১.৭ প্রোটিন DNA আন্তঃক্রিয়া
- ১.৭.১ প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়
- ১.৭.২ Chromatin immunoprecipitation (ChIP)
- ১.৭.৩ DNA ইলেক্ট্রোফোরেটিক মোবিলিটি শিফট আশে (EMSA)

#### ■ অনুশীলনী

জিনোমিক্স এবং প্রোটোমিক্স আধুনিক জেনেটিক্স বা আণবিক জেনেটিক্সের দুটি উকুলুপূর্ণ বিষয়। গতশতাব্দীর শেষের দিক থেকে বিষয় দুটির বিকাশ ঘটতে থাকে। বর্তমান ধারণায় একটি জিনের কাজ কেবল প্রোটিন সংশ্লেষণেই সীমাবদ্ধ নয়, বরং অন্যান্য জিনের সাথে সম্পর্ক সাধন করে জীবদেহের সম্পূর্ণ বিপাক প্রক্রিয়ায় ভূমিকা রাখতে ইয়। দেহের বা কোষের জীন সমূহ (বা জেনোম) সম্পূর্ণভাবে প্রয়োজনীয় প্রোটিন, এনজাইম এবং প্রোটিন ফ্যাক্টরসমূহ উৎপন্ন করে। এ সকল এনজাইম ও প্রোটিন ফ্যাক্টর ছাড়া আবার DNA বা জিন সংশ্লেষিত হতে পারেন। সুতরাং জীব কোষের জিনসমূহ (জেনোম) এবং প্রোটিনের সম্পুর্ণ ও সহযোগিতামূলক কার্যপ্রণালীর সামগ্রিক বিশ্লেষণের জন্য যথাক্রমে জিনোমিক্স এবং প্রোটোমিক্স বিষয় দুটির উভয় ও বিকাশ ঘটেছে। জিনোমিক্স, প্রোটোমিক্স, বায়োইনফরমেটিক্স এবং মেটাবোলোমিক্স প্রশংসন সম্পর্কযুক্ত।



চিত্র-৯.১ : জিনোমিক্স প্রোটোমিক্স, বায়োইনফরমেটিক্স এবং মেটাবোলোমিক্স-এর মধ্যে সম্পর্ক

## ৯.১ জিনোমিক্স (Genomics)

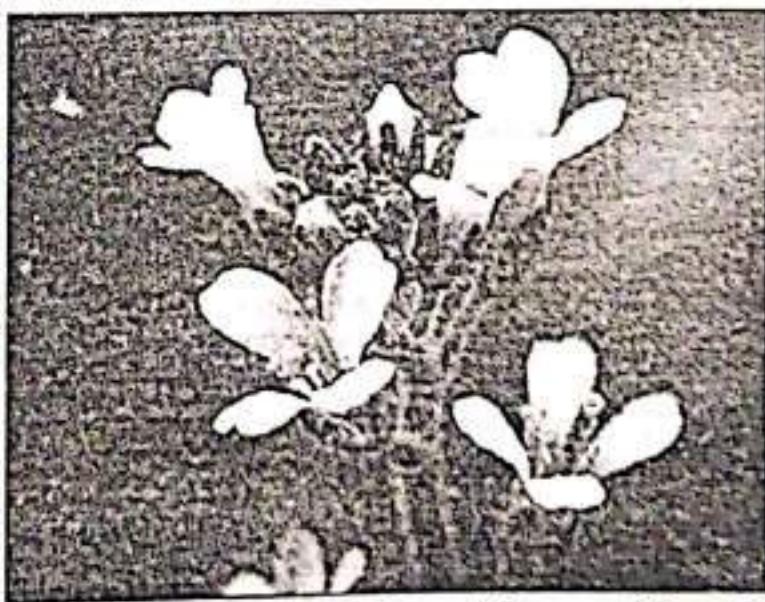
জিনোমিক্স (Genomics) হচ্ছে জেনেটিক্সের একটি আধুনিক বিষয় যেখানে জীবের বা জীবকোষের জিনোম (genome) সমস্তে আলোচনা, গবেষণা ও পর্যালোচনা করা হয়। সংকেপে জিনোম নিয়ে গবেষণা ও প্রযুক্তিকে জিনোমিক্স বলা হয়। কোনো জীবের বা জীব কোষের সমস্ত জিন কে একত্রে জিনোম বলা হয়। জার্মান বিজ্ঞানী Hans Winkler (1920) সর্বপ্রথম 'Genome' শব্দটি ব্যবহার করেন। জিনোম শব্দটি পুরাতন হলেও জিনোমিক্স শব্দটি অপেক্ষাকৃত আধুনিক জিনোমিক্সের ধারণাটি F. Sanger গত শতাব্দির সপ্তাহের দশকের শেষের দিকে প্রদান করেন এবং Tom Rodenik (1986) জিনোমিক্সের ধারণাটি দৃঢ়ভাবে প্রতিষ্ঠিত করেন। জিনোমিক্সের আলোচ্য বিষয় হচ্ছে :

- ক) জেনোমের বা DNA এর অনুক্রম বা সিকোয়েল নির্ণয় (Sequencing)
- খ) সূক্ষ্ম ক্ষেত্রে DNA ম্যাপিং
- গ) জোনোমের গঠন ও কাজ বিশ্লেষণ
- ঘ) ইন্টারজেনোমিক বিষয়সমূহ।

যেমন : এপিস্ট্যাসিস, প্রিণ্টফি বা বহুরূপতা এলিল ও লোকাসসমূহের অন্যান্য পারস্পরিক ক্রিয়া) সমস্তে ধারণা লাভ। একক জিনের উপর গবেষণা জিনোমিক্সের সংজ্ঞার মধ্যে পারে না, এটি আণবিক জেনেটিক্সের অন্তর্গত। জিনোমিক্সের জিনোমক্ষেত্রে টেকনোলজির বিকাশ নিয়ে আলোচনা হয় এবং জীববিজ্ঞান গবেষণার কাজে ব্যবহার করা হয়। অর্থাৎ জিনোম নিয়ে গবেষণা ও প্রযুক্তিকে জিনোমিক্স বলা হয়। কোনো জীবের কোষ বা টিস্যুতে কোনো নির্দিষ্ট অবস্থায় ও সময়ে জিনোমের জিনের প্রকাশ এবং তাদের অবস্থানের পূর্ণ চিত্র পাওয়া যায় জিনোমিক বিশ্লেষণের মাধ্যমে। ফলিত জীববিজ্ঞান, চিকিৎসা বিজ্ঞান, জৈবপ্রযুক্তি, ভাইরোলজি, ট্যাক্সেনামি ইত্যাদি বিষয়ের ক্ষেত্রে জিনোমিক্স বিশেষ অবদান রাখছে।

## ৯.২ জিনোমের বেস অনুক্রম নির্ণয় (Genome Sequencing)

একটি পূর্ণ জিনোমের নিউক্লিওটাইডের বা বেসমূহের ক্রম নির্ণয় করাকে জিনোমের অনুক্রম নির্ণয় (Gene Sequencing) বলে। একটি জিনোমে অনেক জিন এবং অসংখ্য নাইট্রোজেন বেসমূক নিউক্লিওটাইডস থাকে। মানুষের জিনোমে জিনের সংখ্যা ৩০,০০০-৮০,০০০ এবং এতে ৩.২ বিলিয়ন বেস রয়েছে (J. C. Venter, 2001)। (সর্ব প্রথম ১৯৭৭ সালে F. Sanger ব্যাটেরিওফাজ φX174-এর পূর্ণ জিনোমের DNA সিকোয়েল নির্ণয় করেন। *Arabidopsis thaliana* হচ্ছে প্রথম সপুষ্পক উদ্ভিদ যার জিনোমের বেস অনুক্রম নির্ণয় করা হয়েছে ২০০০ সালে। এ উদ্ভিদের জিনোমের 125 mega base এর 115.4 megabase সঠিকভাবে নির্ণয় করা হয়েছে। এ কাজে ৫০ জন বিজ্ঞানীর ১০ বৎসর সময় লেগেছে।



চিত্র-৯.২ : *Arabidopsis thaliana* ( উদ্ভিদের মধ্যে সর্বপ্রথম এ উদ্ভিদের সম্পূর্ণ জিনোম সিকোয়েল নির্ণয় করা হয় )

জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের জন্য জিনোমের DNA নমুনা সংগ্রহ করা হয় এবং এর নিউক্লিওটাইড সিকোয়েল নির্ণয় করা হয়। ১৯৯০-এর দশকে এ প্রক্রিয়া হিল অত্যন্ত ব্যাপক এবং অত্যন্ত সময় সাপেক্ষ। মানুষের জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের কাজ তরুণ হয় ১৯৯০ সালে এবং শেষ হয় ২০০৩ সালে এবং এতে প্রায় ২.৭ বিলিয়ন মার্কিন ডলার খরচ হয়। কিন্তু বর্তমানে জিনোম সিকোয়েলিং পদ্ধতির অনেক উন্নয়ন ঘটেছে। কালিফোর্নিয়ার Illumina কোম্পানি ২০১৪ সালে মানুষের জিনোমিক সিকোয়েল নির্ণয়ের মেসিন বাজারে ছেড়েছে যাতে মাত্র ১০০০ ডলারে একদিনের মধ্যেই মানুষের জিনোমের অনুক্রম নির্ণয় করা সম্ভব। এ মেসিনের নাম Hi Seq Ten.

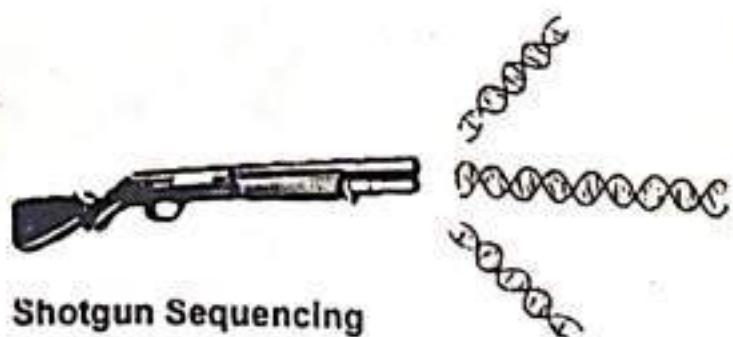
চিকিৎসাবিজ্ঞানে বিশেষ করে, বংশগত রোগ ও ক্যান্সার নির্ণয়ে ও চিকিৎসায় জিনোম সিকোয়েলিং এর বিশেষ গুরুত্ব রয়েছে। এ ছাড়া পূর্বে অজ্ঞান জিন নির্ণয়ে এবং জিনের কাজ নির্ণয়ে এ প্রক্রিয়া অবদান রাখছে। জীবনপদ্ধতি পর্যালোচনায়ও এ প্রক্রিয়া প্রয়োগ করা যায়। জীবের সম্পূর্ণ জিনোমের অনুক্রম (WGS) জানা থাকলে ঐ জীবের জন্য রোগ প্রতিযোগিক আবিষ্কার করা এবং প্রতিকূল পরিবেশে বেঁচে থাকার উপযোগী করে গড়ে তোলা যায়। মানুষের জিনোমের অনুক্রম আবিস্কৃত হওয়ায় এ জিনোম এখন মানব সম্প্রদায়ের চিকিৎসাসহ বহুমুখী ব্যবহারের পথ উন্মুক্ত হয়েছে। দ্রুত জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের আধুনিক পদ্ধতির উন্নাবন জীববিজ্ঞান এবং চিকিৎসাবিজ্ঞানের গবেষণা ও আবিষ্কারকে তরান্তিত করছে। এ প্রক্রিয়া এখন ফলিত জীববিজ্ঞানের অনেক শাখার (যেমন : রোগ নির্ণয়, জৈবপ্রযুক্তি, ফরেনসিক বায়োলজি, ডাইরোলজি, শ্রেণিবিন্যাসকরণ ইত্যাদির) জন্য অপরিহার্য হয়ে পড়েছে। অধুনা মানুষসহ বহুপ্রাণী ও উদ্ভিদের পূর্ণ জিনোমের অনুক্রম নির্ণয় করা সম্ভব হয়েছে যা জীবের অভিবাসিসহ নানা তথ্যের দাড় উন্মোচনে সহায়তা করবে।

### ৯.৩ জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের পদ্ধতিসমূহ (Methods of genome Sequencing)

জীবের একটি জিনোমে অসংখ্য নাইট্রোজেন বেস যুক্ত নিউক্লিওটাইড থাকে; যেমন : মানুষের জিনোমে প্রায় ৩.২ বিলিয়ন বেস রয়েছে। তাই জিনোমের DNA-কে অথবা রেখে এর বেস সিকোয়েল বা অনুক্রম নির্ণয় করা সম্ভব না। জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের জন্য প্রথমে কোষ থেকে সঠিক পদ্ধতিতে DNA পৃথক করা হয়। এরপর DNA কে সাধারণত রেস্ট্রিকশ এনজাইম দ্বারা অথবা যান্ত্রিক শক্তি প্রয়োগের মাধ্যমে কেটে বা ভেঙ্গে ফুস্তাকার খণ্ডে পরিষ্কার করা হয়। এরপর সাধারণত কোনো ব্যাটেরিয়ার (যেমন *E. coli*) কোষ মাধ্যমে সংখ্যা বৃদ্ধি করা হয় (amplification)। আলাদা আলাদা ব্যাটেরিয়াল কলোনি থেকে DNA কে বিচ্ছু করে অনুক্রম নির্ণয় করা হয়। সবশেষে খণ্ডগুলোর সংযোজন (assembling) ঘটিয়ে জিনোমের লম্বা অনুক্রম নির্ণয় করা হয়।

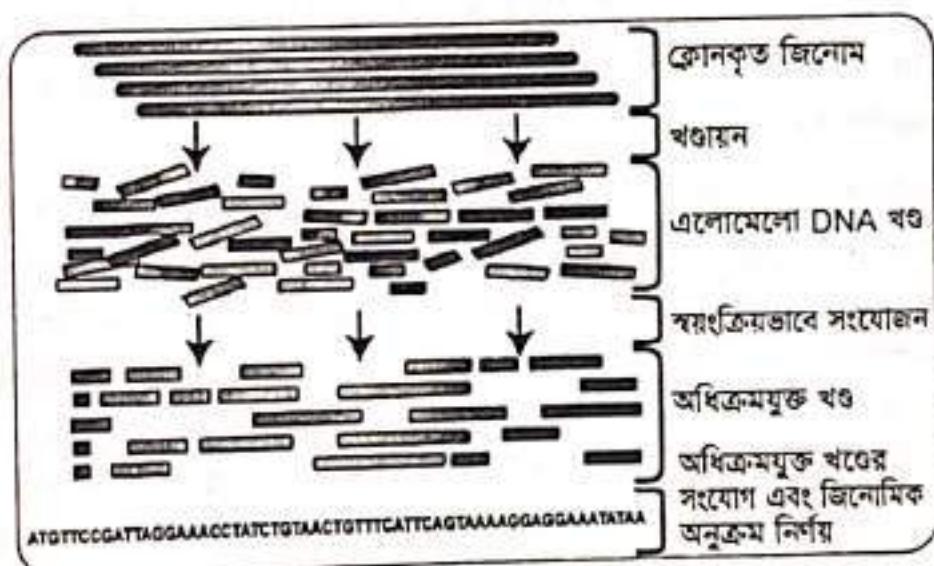
১৯৭৭ সালে F.Sanger সর্বপ্রথম φX 174 ব্যাটেরিওফাজের পূর্ণ জেনোমিক অনুক্রম নির্ণয় করেন। এরপর থেকে বর্তমান সময় পর্যন্ত বহু জীবের জিনোমের অনুক্রম নির্ণয় করা সম্ভব হয়েছে। এ সময়ের মধ্যে জিনোম অনুক্রম নির্ণয়ের পদ্ধতির অনেক পরিবর্তন, পরিমার্জন ও বিকাশ ঘটেছে, নিচে স্বয়েকটি বিশেষ পদ্ধতি সমক্ষে আলোচনা করা হলো :

#### ৯.৩.১ পূর্ণ জিনোম শটগান অনুক্রম নির্ণয় প্রক্রিয়া (Whole genome Shotgun Sequencing)



জিনোম বা লম্বা DNA -এর অনুক্রম নির্ণয়ের জন্য ১৯৮০ এর দশক থেকে শটগান পদ্ধতি প্রচলিত রয়েছে। শটগান থেকে অনেকটা এলোপাথাড়ি ভাবেও লিপি বের হয়ে দাঢ়ে পৌছে। শটগান অনুক্রম প্রক্রিয়ায় জিনোমকে বা লম্বা DNA-এর অনুক্রম বা সিকোয়েল কে প্রথমে এলোমেলোভাবে খণ্ডিত করা হয় বলে একুশ নামকরণ করা হয়েছে। রেস্ট্রিশন এভেনিউক্লিয়েজ এনজাইমের

সহায়তায় বা যান্ত্রিক শক্তি প্রয়োগের মাধ্যমে জিনোমকে একুশ সুবিধাজনক খুস্ত (প্রায় ২০০০ bp) খণ্ডে ভাগ করা হয়। খণ্ডগুলোর একই রূক্ষ অটোমেটেড সাইজ বেশি ভালো ফল দেয় (Peterson B. K, 2012)। খণ্ডগুলোর ক্রম বা পাঠ আলাদা ভাবে চেইনটারমিনেটের পদ্ধতিতে নির্ণয় করা হয়। জিনোম বা টাগেট DNA -এর একুশ খণ্ডায়নের ফলে এই অধিক্রমন (Overlapping) অংশগুল সৃষ্টি হয়। এ সকল খণ্ডের পুনঃসংযোগ (reassembling) এবং কল্পিউটার অ্যারগোরিদমের মাধ্যমে অধিক্রমণ অংশগুল সমূহের ও সম্পূর্ণ জিনোমের অবিরত সিকোয়েল নির্ণয় করা হয় (Staden, R. 1979)।



চিত্র-১৯.৩ : পূর্ণ জিনোম শটগান সিকোয়েন্সিং

এ প্রক্রিয়ায় *Haemophilus influenzae* ব্যাক্টেরিয়ার (Fleischmann *et al.*, 1995), *Drosophila melanogaster*, স্টেট (State) পদ্ধতিটি *H. influenzae* এবং মানুষের জিনোমের সম্পূর্ণ অনুক্রম নির্ণয় করা হয়। জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের এ *(Saccharomyces cerevisiae)* এবং মানুষের জিনোমের সম্পূর্ণ অনুক্রম নির্ণয় করা হয়। জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের এ পদ্ধতিটি F. Sanger এর DNA সিকোয়েন্সিং পদ্ধতির উপর ভিত্তি করে বিকশিত হয়েছে। এ প্রক্রিয়াটিকে সম্পূর্ণ জিনোম শটগান অনুক্রম নির্ণয় পদ্ধতি (Whole genome shotgun sequencing) বলা হয়। প্রক্রিয়াটি J. C. Craig এবং তার সহকর্মীদের নিরলস চেটোয় ১৯৯৬ সালে প্রতিষ্ঠিত হয়। এ প্রক্রিয়াটি অনেকটাই কুটিমূক্ত, নির্ভরযোগ্য এবং বিপুল পরিমাণ সহকর্মীদের নিরলস চেটোয় ১৯৯৬ সালে প্রতিষ্ঠিত হয়। এ প্রক্রিয়াটি অনেকটাই কুটিমূক্ত, নির্ভরযোগ্য এবং বিপুল পরিমাণ সহকর্মীদের নিরলস চেটোয় ১৯৯৬ সালে প্রতিষ্ঠিত হয়। এ প্রক্রিয়াটি অনেকটা জটিল এবং সময় সাপেক্ষ। জিনেমে অনেক পুণরাবৃত্তি (Repeat) থাকলে এ ডাটা সংগ্রহ করা যায়। তবে প্রক্রিয়াটি অনেকটা জটিল এবং সময় সাপেক্ষ। জিনেমে অনেক পুণরাবৃত্তি (Repeat) থাকলে এ প্রক্রিয়ায় জিনোমের সংযোগে গ্যাপ থেকে যেতে পারে। বর্তমানে এ প্রক্রিয়ার অনেক পরিবর্তন ও আধুনিকায়ন করা হয়েছে।

#### সম্পূর্ণ জিনোম শটগান পদ্ধতির সুবিধা :

- ১। এ পদ্ধতিটি অনেকটা কুটিমূক্ত ও নির্ভরযোগ্য, বেশি বিশ্লেষণযোগ্য।
- ২। এ প্রক্রিয়ায় বিপুল পরিমাণ ডাটা সংগ্রহ করা যায় যা জীববিজ্ঞানের বিভিন্ন শাখায় ব্যবহার করা যায়।
- ৩। প্রক্রিয়ার প্রথমে কোনো ভৌতিক্যাপ প্রযুক্তি করতে হয় না। BAC লাইব্রেরি এবং Tiling Path এর প্রয়োজন হয় না।
- ৪। এ প্রক্রিয়া অপেক্ষাকৃত কম ব্যয়বহুল।
- ৫। ছোট-বড় পার্থক্য ও পরিবর্তন (variation) বাদ পড়লেও তা ধরা পড়ে।

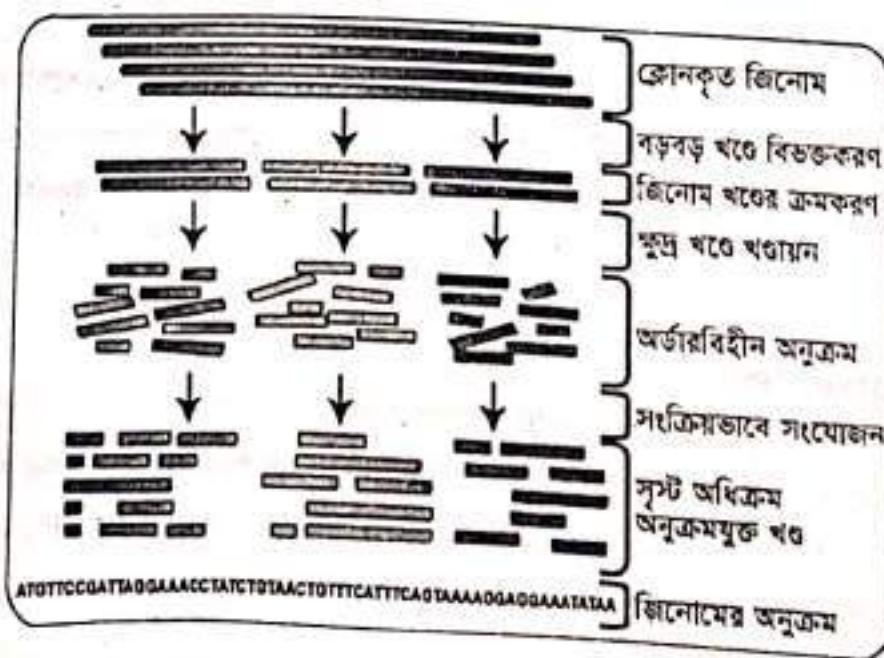
#### অসুবিধা :

- ১। প্রক্রিয়াটি অনেকটা জটিল
- ২। জিনোমে বেশি পুণরাবৃত্তি (Repeats) থাকলে জিনোমের সংযোগে গ্যাপ থেকে যেতে পারে।

### ৯.৩.২ হাইরারকিয়াল শটগান সিকোয়েন্সিং (Hierarchical Shotgun Sequencing)

হাইরারকিয়াল শটগান সিকোয়েন্সিংকে 'BAC- to BAC' Sequencing অথবা clone-to-clone Sequencing অথবা Map-based Sequencing বলা হয়।

এ প্রক্রিয়ার প্রথমে সম্পূর্ণ জিনোমের একটি সাধারণ ভৌত ম্যাপ প্রস্তুত করা হয়। এক্ষেত্রে সময় জিনোমিক DNA-কে কতগুলি বড় বড় (৫০,০০০–২,০০,০০০ bp) খণ্ডে বিভক্ত করে খণ্ডগুলোর পর্যায়ক্রমিক নথর নির্ধারণ করা হয়। খণ্ডগুলোকে কৃতিম বাহক BAC (Bacteriae artificial chromopome)-এ ক্লোন করা হয়। এরপর এ BAC ক্লোনগুলোকে *E.Coli* ব্যাটেরিয়ার কোষে প্রবেশ করানো হয়। এ সকল কৃতিম BAC ব্যাটেরিয়ার কোষের মধ্যে অনুলিপন প্রক্রিয়ায় সংখ্যা বৃক্ষ করে (amplification)। সম্প্রিলিতভাবে সম্পূর্ণ জিনোমধারী এ সকল BAC কে একত্রে BAC লাইট্রেরি বলা হয়। অধিক্রমকারী (overlapping) প্রান্তিযুক্ত খণ্ডগুলোকে পরপর সাজিয়ে জিনোমের পূর্ণকভাবে ম্যাপ করা হয়, একে Tiling Path বলে (Metzker, Michael L, 2010)। প্রতিটি BAC এর জিনোম খণ্ডকে একটি নির্দিষ্ট এনজাইম দ্বারা এলোমোলোভাবে কেটে অনেকগুলো 1500 bp খণ্ড তৈরি করা হয় এবং অন্য DNA-বাহকে (যেমন : M13) ক্লোন করা হয়। এরপর এ সকল ক্লোনের সিকোয়েন্স নির্ণয় করা হয়। কম্পিউটার PHRAP প্রোগ্রামের মাধ্যমে খণ্ডগুলোর প্রান্তের অধিক্রমযুক্ত বেসক্রম নির্ণয় করে খণ্ডগুলোর আনুক্রমিক সংযোজন ঘটানো যায়, এবং সম্পূর্ণ জিনোমের অনুক্রম নির্ণয় করা যায়। এভাবে কয়েকবার জিনোমের অনুক্রম নির্ণয় করে অনেকটা নির্ভুল অনুক্রম লাভ করা যায়। মানুষের জিনোমিক অনুক্রম নির্ণয়ে এ প্রক্রিয়াটি ব্যবহার করা হয়েছে।



চিত্র-৯.৪ : হাইরারকিয়াল শটগান সিকোয়েন্সিং

হাইরারকিয়াল শটগান সিকোয়েন্সিং প্রক্রিয়ার শুরুধারাগুলো হচ্ছে :

- ১। এ প্রক্রিয়ায় মাধ্যমে অনেকটা নির্ভুলভাবে জিনোমিক সিকোয়েন্স নির্ণয় করা যায়।
- ২। অধিক পুনরাবৃত্তিযুক্ত জিনোমেরও সিকোয়েন্স নির্ণয় করা যায়, যা সম্পূর্ণ জিনোম সিকোয়েন্সিং প্রক্রিয়ার ঘারা করা হলে সিকোয়েন্সে গ্যাপ থাকার সম্ভাবনা থাকে (Venter, J. C, 2006)।
- ৩। কম্পিউটার আঙ্গুলিদমের ব্যবহার অপেক্ষাকৃত কম।

এ প্রক্রিয়ার অসুবিধাগুলো হচ্ছে :

- ১। এ প্রক্রিয়াটি ব্যয়বহুল এবং বেশি সময় সাপেক্ষ।
- ২। প্রথমেই জিনোমের ভৌত ম্যাপিং এর প্রয়োজন হয়, যা সময় সাপেক্ষ।
- ৩। এ প্রক্রিয়ায় ব্যাপক BAC লাইব্রেরি সৃষ্টি করতে হয় এবং Tilling path নির্বাচন করতে হয় যা পরিশ্রম সাপেক্ষ এবং সময় সাপেক্ষ।

### ৯.৩.৩ সম্পূর্ণ জিনোম শটগান পদ্ধতি এবং হাইব্রিডকিয়াল শটগান পদ্ধতির পার্থক্য

সম্পূর্ণ জিনোম শটগান পদ্ধতি	হাইব্রিডকিয়াল শটগান পদ্ধতি
১। এক্ষেত্রে প্রথমেই জিনোমের ভৌত ম্যাপ প্রস্তুত করা প্রয়োজন হয় না।	১। এক্ষেত্রে প্রথমেই জিনোমের স্বল্প রেজিউলেশনের ভৌত ম্যাপ প্রস্তুত করতে হয়।
২। প্রথমে জিনোমিক DNA কে ক্ষুদ্র ক্ষুদ্র (2000 bp) খণ্ডে কাটা হয়।	২। প্রথমে বড় বড় (150,000 pb) খণ্ডে কাটা হয়। পরে ক্ষুদ্রতর খণ্ডে বিভক্ত করা হয়।
৩। BAC লাইব্রেরি এবং Teling Path এর প্রয়োজন হয় না।	৩। BAC লাইব্রেরি এবং Teling Path এর প্রয়োজন হয়।
৪। বেশি জটিল ও অত্যধিক পুনরাবৃত্তি (repeats) যুক্ত জিনোমের নির্ণিত সিকোয়েলের সংযোগে কিছুটা গ্যাপ থেকে যেতে পারে।	৪। সাধারণত একপ অসুবিধা কর হয়।
৫। এ প্রক্রিয়া অপেক্ষাকৃত কর ধীরণাত্তির এবং কর শ্রমের প্রয়োজন হয়।	৫। এ প্রক্রিয়া অপেক্ষাকৃত বেশি ধীরণাত্তির এবং বেশি শ্রমের প্রয়োজন হয়।
৬। এ প্রক্রিয়া অপেক্ষাকৃত কর ব্যয়বহুল।	৬। এ প্রক্রিয়া অপেক্ষাকৃত বেশি ব্যয়বহুল।
৭। এটি কম্পিউটার আলগোরিদমের উপর অপেক্ষাকৃত বেশি নির্ভরশীল।	৭। এ প্রক্রিয়া কম্পিউটার আলগোরিদমের উপর অপেক্ষাকৃত কর-নির্ভরশীল।

### ৯.৪ শটগান এবং প্রবর্তী প্রজন্মের সিকোয়েলিং (Shotgun and next Generation Sequencing)

প্রচলিত শটগান অনুক্রম প্রক্রিয়া F. Sanger-এর অনুক্রম পদ্ধতির উপর ভিত্তি করে প্রতিষ্ঠিত। ১৯৯৫-২০০৫ পর্যন্ত এ পদ্ধতিই বিশেষ উপযোগী ছিল। শটগান পদ্ধতিকে এখনও ব্যবহার হয়, কিন্তু অন্যরকম অনুক্রম টেকনোলজি ব্যবহার করা হয়। একে 'next generation technology' বলা হয়। এতে ক্ষুদ্রাকৃতির (25-500 bp) খণ্ড (reads) ব্যবহৃত হয়। কিন্তু হাজার হাজার, মিলিয়ন খণ্ডের পাঠোধার অন্তর্মানের মধ্যে (এমনকি ১ দিনের মধ্যে) কম্পিউটারের মাধ্যমে সম্পন্ন করা যায়। এ টেকনোলজি F. Sanger-এর সিকোয়েলিং টেকনোলজির চেয়ে বহুগুণ উন্নত।

#### ইলুমিনা (সোলেক্স) সিকোয়েলিং (Illumina (Solex) Sequencing)

ক্যাম্ব্রিজ বিশ্ব বিদ্যালয়ের Sankar Balasubramanian (1998, 2012) ইলুমিনা (সোলেক্স) সিকোয়েলিং পদ্ধতিটি আবিকার ও সংক্ষার করেন। এ পদ্ধতিটি DNA অনু এবং প্রাইমারসকে স্লাইডের উপর সংযুক্ত করা হয় এবং পলিমারেজ

ধারা অ্যাম্প্লিফাই করা হয় যাতে লোকাল ক্লোনাল DNA কলোনি বা 'DNA clusters' সৃষ্টি হতে পারে। অনুক্রম নির্ণয়ের জন্য চার রকমের রিভার্সিবল টারমিনেটর বেস (RT) যুক্ত করা হয় এবং অংশগ্রহণ না- করা বেসসমূহ ধূয়ে চলে যায়। বর্ণালিযুক্ত (fluorescently labeled) নিউক্লিওটাইড সমূহের ছবি একটি ক্যামেরা তুলে নেয়। এরপর DNA থেকে অন্যান্য প্রাচীয় ব্লকারসহ রঙের পদার্থ রাসায়নিকভাবে মুক্ত করা হয়। এর ফলে পরবর্তী চক্র তরুণ হয়। DNA চক্রে একটি একটি করে নিউক্লিওটাইড বৃক্ষি পেতে থাকে এবং নির্দিষ্ট বিরতিতে ছবি উঠতে থাকে। এভাবে একটি ক্যামেরার সহায়তায় DNA কলোনিসমূহের বেসগুলির রঙিন ছবি পর্যায়ক্রমে উঠতে থাকে।

এটি একটি অত্যাধুনিক পদ্ধতি। এ প্রক্রিয়ায় মানুষের জিনোমের সিকোয়েল পাঠোধার মাত্র একদিনেই সম্ভব (Sankar Balasubramonian, 2012)। Illumina কোম্পানি ২০১৪ সালে 'Hi Seq Ten' নামে মেসিন প্রস্তুত করেছে যা ১ দিনের মধ্যে মাত্র ১০০০ ডলারে মানুষের জিনোমিক সিকোয়েল নির্ণয় করতে পারে।

জিনোমের, তথা DNA-এর অনুক্রম নির্ণয় এখন একটি বাণিজ্যিক প্রযুক্তিতে পরিণত হয়েছে। বিভিন্ন কোম্পানি এ প্রযুক্তির পেছনে বহু বিজ্ঞানীকে নিয়োগ করেছে এবং প্রচুর অর্থ বিনিয়োগ করছে। ফলে অনেক নতুন নতুন প্রযুক্তি উদ্ভাবিত হচ্ছে। জিনোম বা DNA এর সিকোয়েল নির্ণয় ক্রমান্বয়ে সহজ হয়ে আসছে। পরবর্তী প্রজন্মের আরও কয়েকটি প্রযুক্তি এবং এর সাথে জড়িত কোম্পানি হচ্ছে—

1. Polong sequencing.
2. 454 Pyrosequencing.
3. SOLiD Sequencing.
4. DNA nanoball Sequencing.
5. SMRT (Single molecular real time Sequencing)
6. Nanopore DNA sequencing, ইত্যাদি।

## ৯.৫ প্রোটোমিক্স (Proteomics)

জিনোমিক্সের সাথে সম্পর্ক বা সামঞ্জস্য নির্ণয়ের জন্য ১৯৯৭ সালে 'Proteomics' শব্দটি প্রচলিত হয় (Blackstock W. P. 1999)। 'Proteome' থেকে প্রোটোমিক্সের উত্তর। একটি জীবকোষে একটি নির্দিষ্ট সময়ে, অবস্থানে যে সকল প্রটিন প্রকাশ পায় তাদেরকে প্রোটোম বলে। প্রোটোম এর সার্বিক পঠন (study)-কে প্রোটোমিক্স বলে। অর্ধাং প্রোটোম কেন্দ্রিক সকল আলোচনা, জ্ঞান, গবেষণা এবং প্রযুক্তিকে প্রোটোমিক্স বলা হয়। প্রোটোম হচ্ছে সম্পূর্ণ প্রোটিন সেট যা একটি জীব বা সিস্টেম উৎপন্ন করে এবং পরিবর্তন করে (Marc wilkins, 1996)। একটি কোষে বা জীবে সময়, প্রয়োজন এবং পীড়নের উপর উৎপাদন নির্ভর করে। Marc Wilkins মন্তব্য করেন  $\text{Proteome} = \text{Protein} + \text{genome}$ . প্রকৃতপক্ষে প্রোটিনের সাথে জিনোমের পারস্পরিক সম্পর্ক রয়েছে। আমাদের দেহে বয়স, সময় ও অবস্থানে প্রোটোমে প্রায় ২০ লক্ষ প্রোটিন থাকতে পারে, তবে সকল প্রোটিন যুগপৎ প্রেকাশিত বা কার্যকর হয় না। কখন কোন প্রাটিন কার্যকর হবে তা কোথ বা কলাতে এর অবস্থান, প্রযোজন, পরিবেশ ইত্যাদি ধারা প্রভাবিত হয়। ট্রান্স্লেশনের পরে প্রোটিনের গঠনগত নানা রূক্ষ পরিবর্তন হয় এবং কাজে বৈচিত্র্য ঘটে।

জিনোমিক্স থেকে প্রোটোমিক্সের পার্থক্য রয়েছে। প্রোটোমিক্স হচ্ছে ব্যাপক পরিসরে প্রোটিনের গঠন, প্রকৃতি, কাজ ইত্যাদির পঠন। প্রোটিন হচ্ছে জীবদেহের অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ শারীরবৃত্তীয় ও বিপাকীয় উপাদান। প্রোটোমিক্স একটি আন্তঃবিষয় (interdisciplinary domain) যার প্রধান ভিত্তি Human Genome Project এর গবেষণা ও উন্নয়নের উপর ভিত্তি

করে প্রতিষ্ঠিত। প্রোটিওমিক্স হচ্ছে কার্যকর জিনোমিক্সের একটি উপাদান। প্রোটিওমিক্স সাধারণভাবে প্রোটিনের পরীক্ষামূলক বিশ্লেষণ বুধালেও এতে প্রোটিনের বিতর্ককরণ, মাসস্পেক্ট্রোফটোমেট্রি ইত্যাদি নিয়েও আলোচনা করা হয়।

প্রোটিওমিক্স জীববিজ্ঞানের অপেক্ষাকৃত নতুন শাখা হলেও অতি দ্রুত এর বিকাশ ঘটেছে। প্রোটিনের ব্যাপক ডাটাসেট উৎপাদন, প্রোটিনের পারস্পরিক ক্রিয়া, (Protein interactions), কাজের ধরন, প্রোটিন প্রোফাইলিং ইত্যাদিতে অনেক অগ্রগতি হয়েছে (Nature, March, 2003)।

প্রোটিওমিক্সের তিনটি মূল ধারা রয়েছে :

- ১। গঠনগত প্রোটিওমিক্স : এ শাখায় প্রধানত প্রোটিনের বিভিন্ন রকম গঠন সম্পর্কে আলোচনা করা হয়।
- ২। প্রকাশগত প্রোটিওমিক্স : এ শাখায় মূলত প্রোটিনের প্রকাশ (expression) বা কাজ, সময় এবং অবস্থাভেদে পরিবর্তিত প্রকাশ ভঙ্গি নিয়ে আলোচনা করা হয়।
- ৩। আন্তঃক্রিয়া প্রোটিওমিক্স : এ শাখায় প্রোটিনের পারস্পরিক ক্রিয়া (interaction) এবং কার্যকারিতা নিয়ে আলোচনা করা হয়।

জিনোমের DNA থেকে RNA এবং এ RNA এর সহায়তায় প্রোটিন সংশ্লিষ্ট হয়। এ সকল প্রোটিন জীবদেহের প্রায় সমস্ত বিপাকীয় কাজে সহায়তা করে। এ সকল প্রোটিন কীভাবে জীবদেহে কার্য পরিচালনা করে তা জানা বিশেষ প্রয়োজন। প্রোটিনমূহ নিজেদের মধ্যেও ক্রিয়াশীল। জীবের বিভিন্ন রোগ দমন বা সৃষ্টিতেও এদের ভূমিকা রয়েছে। সুতরাং এ সকল বিষয়ে গভীর জ্ঞান রাখতে হলে প্রোটিওমিক্স সমস্কে বিশেষ ধারণা থাকা একান্ত প্রয়োজন। চিকিৎসাবিজ্ঞানে প্রোটিওমিক্সের জ্ঞান বিশেষভাবে প্রয়োজন হয়। এসকল ক্ষেত্রে প্রোটিনের শনাক্তকরণ, পৃথকীকরণ ইত্যাদি বিষয়ে বিশেষ জ্ঞান থাকা প্রয়োজন।

### ৯.৫.১ প্রোটিন পৃথককরণ (Isolation of Proteins)

জীবকোষ থেকে সংগৃহীত বিভিন্ন রকম প্রোটিনের মিশ্রণ থেকে প্রোটিনকে পৃথক করে শনাক্ত ও বিতর্ক করা যায়। কারণ প্রোটিন সমূহের ভৌত ও রাসায়নিক গঠনে একটি থেকে অন্যটি পার্থক্য মিলিত। প্রোটিনে আমাইলো এসিডের প্রকার ও ক্রম, উপ একক, সাইজ, আকার, নেট চার্জ, আইসোইলেট্রিক পয়েন্ট, দ্রাব্যতা, তাপ সহনশীলতা ইত্যাদি বৈশিষ্ট্যের পার্থক্য থাকে। এ সকল বৈশিষ্ট্যের জন্য প্রোটিনের মিশ্রণ থেকে প্রোটিন সমূহকে পৃথক করা যায়। প্রোটিনের মিশ্রণ থেকে প্রোটিনকে পৃথক করে বিতর্ক করার জন্য অনেক পদ্ধতি বা কৌশল রয়েছে। নিম্নে বিশেষ উপরিখ্যোগ্য কয়েকটি পদ্ধতির উল্লেখ করা হলো :

- ১। ইলেক্ট্রোফোরেসিস (Electrophoresis)
- ২। SDS – PAGE ইলেক্ট্রোফোরেসিস
- ৩। আয়ন একসচেজ ক্রোমাটোগ্রাফি
- ৪। লিকুইড ক্রোমাটোগ্রাফি
- ৫। মাস স্পেক্ট্রোমেট্রি (Mass spectrometry MS)
- ৬। Multiple Reaction Monitoring (MRM)
- ৭। High mass Resoulation.
- ৮। Computation simulation and Modeling.

### ৯.৫.২ Gel ইলেক্ট্রোফোরেসিস (Gel Electrophoresis)

নির্দিষ্ট pH মাত্রায় একটি তাত্ত্বিক ফিল্ড (electric field)-এর মধ্যে দিয়ে আয়ন বা চার্জযুক্ত অণুর হালনাগার প্রক্রিয়াকে ইলেক্ট্রোফোরেসিস বলে। A. W. K. Tiselius (1937) এ পদ্ধতিটি প্রথম আবিষ্কার করেন। তিনি এ আবিষ্কারের জন্য ১৯৪৮ খ্রিস্টাব্দে নোবেল পুরস্কার লাভ করেন। বায়োকেমিস্ট্রি এবং মলেকুলার বায়োলজিতে এ পদ্ধতিটি বিশেষভাবে ব্যবহৃত হয়।

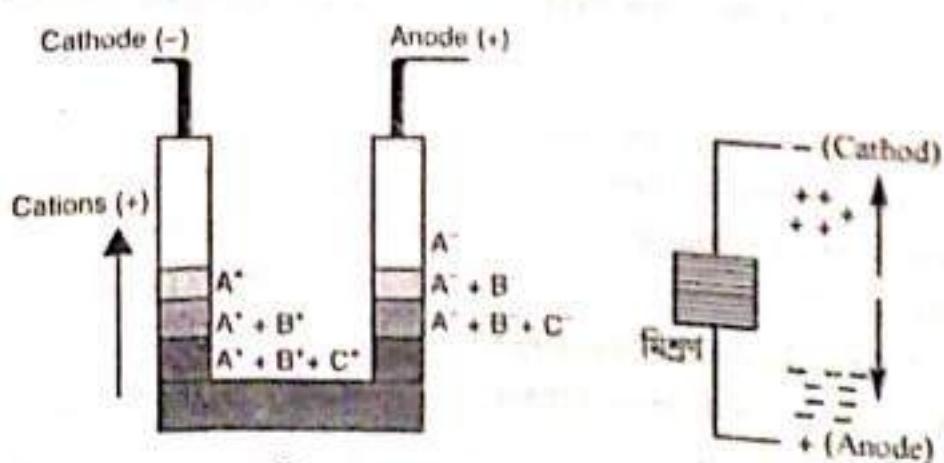
Gel electrophoresis হচ্ছে একটি পদ্ধতি যাতে Gel বা মাট্রিক্স এর মধ্যে তাত্ত্বিক ফিল্ড (electric field) সৃষ্টি করে ব্যবহৃত বিশেষ করে প্রোটিন ও নিউক্লিক এসিড পৃথক করা হয়।



A. W. K. Tiselius (1902–1948)

#### Gel ইলেক্ট্রোফোরেসিসের নীতিমালা :

- (১) এ প্রক্রিয়ায় বিভিন্ন আকার এবং চার্জযুক্ত বৃহদার্থ যেমন প্রোটিন, DNA Gel বা খাণ্ডিলের মধ্যে তাত্ত্বিকভাবে চালিয়ে ইলেক্ট্রিক ফিল্ড সৃষ্টির মাধ্যমে পৃথক করা হয়।
- (২) যখন চার্জযুক্ত অণু ইলেক্ট্রিক ফিল্ডে স্থাপন করা হয় তখন তাদের চার্জ অনুসারে ধনাত্মক মেড (Anode) অথবা ঋণাত্মক মেড (cathod) এর দিকে ধাবমান হয়।
- (৩) প্রোটিন উভধর্মী বলে নেট চার্টের বিপরীত দিকে গমন করে।

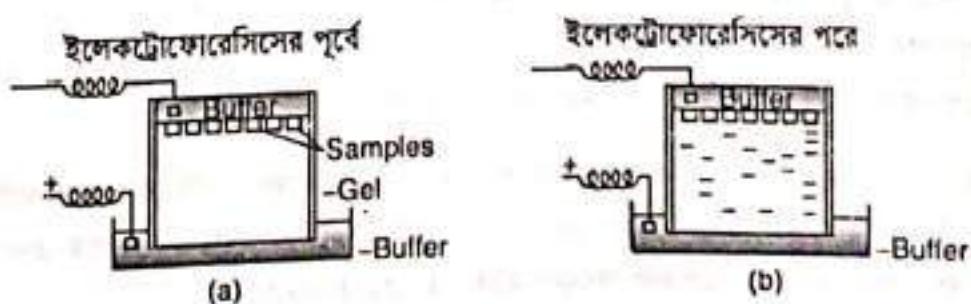


চিত্র-৯.৫ : জেল ইলেক্ট্রোফোরেসিস

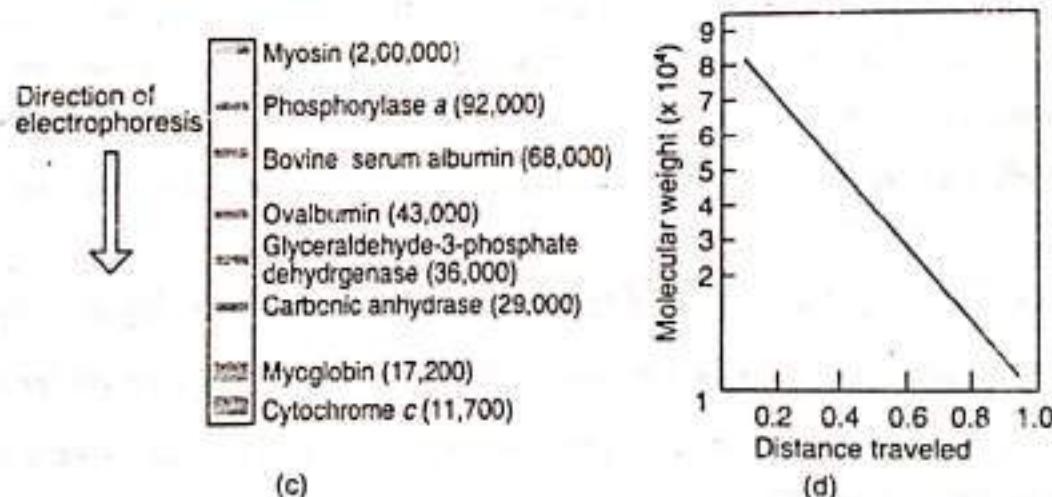
- (৪) Gel হচ্ছে সাঁচে ঢালা পাতলা স্নাবের ন্যায় বস্তু যার মধ্যে ছোট ছোট গর্ত বা কূপ (wells) থাকে। এ সকল কূপে টার্ণেট বস্তু (প্রোটিন) স্থাপন (load) করা হয়। Gel সাধারণত এগারোজ (agarose) অথবা পলিএক্রাইল্যামাইড (Polyacrylamide) দ্বারা প্রস্তুত করা হয়।
- (৫) ইলেক্ট্রোফোরেটিক স্থানান্তর (mobility) মাধ্যমের pH, ইলেক্ট্রিক ফিল্ডের শক্তি, অণুর উপর নেট চার্জের পরিমাণ এবং অণুর সাইজের উপর নির্ভরশীল।
- (৬) প্রোটিনের মিশ্রণে প্রতিটি প্রোটিনেরই বৈশিষ্ট্যপূর্ণ ইলেক্ট্রিক চার্জ থাকে এবং তত্ত্বিত বিভিন্ন ভাবে সাড়া দেয়।
- (৭) আয়ন সরবরাহের জন্য এতে বাফার ব্যবহার করা হয়। আয়ন বিদ্যুৎ বহন করে এবং pH এর মান ছির রাখে।
- (৮) প্রোটিন ও DNA পৃথক করার জন্য বাফারের সাথে SDS (Sodium Dodecyl Sulphate) ব্যবহার করা হয়। SDS আণবিক ওজন নির্ণয়ে সহায়তা করে।
- (৯) Gel স্নাবের কূপে নমুনা স্থাপনের পর বিদ্যুৎ প্রবাহ ঢালালে বৃহদান্তর সাইজ ও চলন ক্ষমতা অনুসারে ক্রমান্বয়ে পৃথক হয়ে ব্যান্ড সৃষ্টি করে। প্রয়োজনীয় রঞ্জক প্রয়োগের মাধ্যমে ব্যান্ডগুলো সুস্পষ্ট করা হয়।

### Gel electrophorosis এবং মাধ্যমে প্রোটিন পৃথককরণের পদ্ধতি :

- (১) Gel স্নাবের গর্তে বা কূপে পরিষ্কার সিরিঞ্জের সহায়তায় নমুনার ত্বর সৃষ্টি করা হয় এবং এর উপরে সাবধানে বাফার (pH 7.2) প্রয়োগ করা হয় এবং এর সাথে 0.2% SDS যোগ করা হয়।
- (২) এর পর ১-৪ ঘণ্টা পর্যন্ত সঠিকভাবে সুনির্দিষ্ট ভোল্টেজে বিদ্যুৎ চালানো হয়। এতে বিভিন্ন রকমের প্রোটিন Gel এর সূক্ষ্ম ছিদ্রের মধ্য দিয়ে তাদের প্রত্যেকের চলন ক্ষমতা অনুসারে পৃথক হয়ে যায় এবং ব্যান্ড সৃষ্টি করে।
- (৩) ইলেক্ট্রোফোরেসিস সম্পন্ন হলে জেল স্নাবটি যত্ন থেকে তুলে Coomassie blue রঞ্জক ধারা রঞ্জিত করা হয়। এতে পৃথক হওয়া প্রোটিন ব্যান্ডগুলো স্পষ্ট হয়ে ওঠে। সবচেয়ে কম আণবিক ওজন যুক্ত ছোট প্রোটিন সবচেয়ে দ্রুত স্থানান্তরিত হয় এবং সবচেয়ে নিচের ব্যান্ডে থাকে। এরপর বড় প্রোটিনগুলো ক্রমান্বয়ে উপরে ব্যান্ড সৃষ্টি করে এবং সবচেয়ে বেশি আণবিক ওজনযুক্ত প্রোটিন সবচেয়ে উপরে অবস্থান করে। স্থানান্তর (mobility) এর লগারিদম অনুসারে প্রোটিনগুলোর আণবিক ওজন নির্ণয় করা যায়।



চিত্র-৯.৬ : Gel ইলেক্ট্রোফোরেসিসের মাধ্যমে প্রোটিন পৃথকীকরণ



চিত্র-৯.৭ : জেল ইলেক্ট্রোফোরেসিস এর মাধ্যমে প্রোটিন বিশ্লেষণ নীতি (Data K. Weber and M. Osborn)

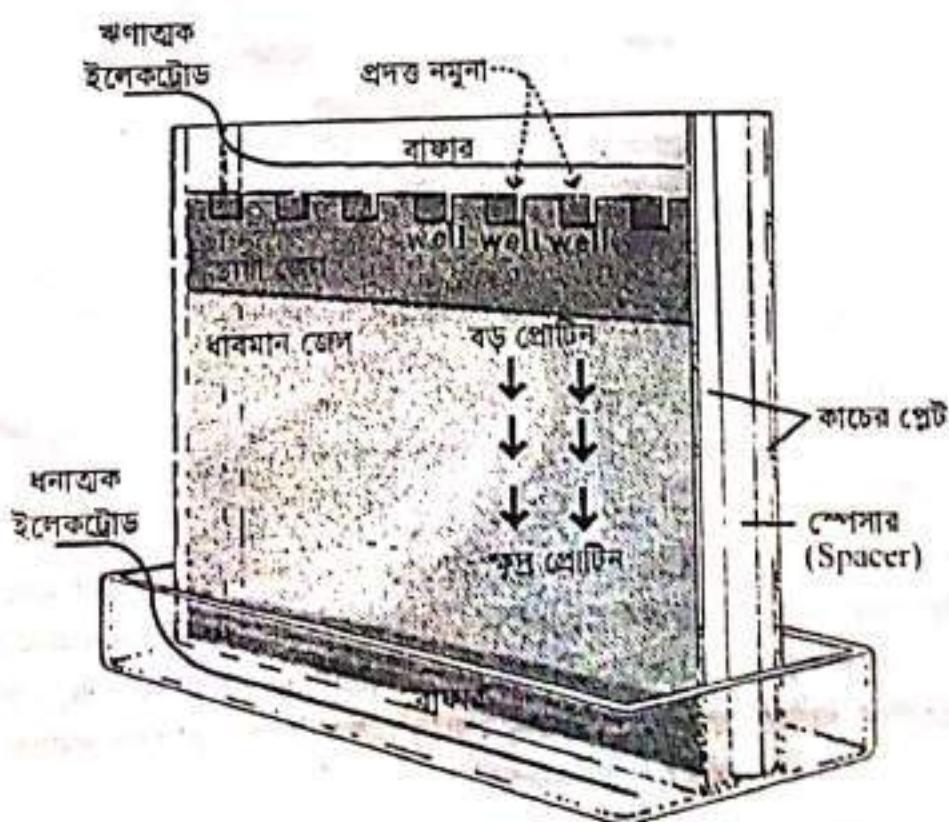
### ৯.৫.৩ SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulphate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis)

SDS (Sodium Dodecyl Sulphate) হলো একটি শক্তিশালী আয়নিক ডিটারজেন যা কৃগলিতে DNA এবং ভাঁজযুক্ত প্রোটিনকে বিকল (denatured) করে রৈখিক গঠনে পরিণত করে। PAGE (Polyacrylamide Gel Electrophoresis) হলো একটি কোশল যা জৈব অণুকে পৃথক করতে ব্যবহৃত হয়। যে প্রক্রিয়া SDS এর সহায়তায় PAGE প্রক্রিয়ার জটিল ভাঁজযুক্ত মূল (নেটিভ) প্রোটিন ও DNA কে বিকল করে রৈখিক অবস্থায় পরিণত করে পৃথক করা হয় এবং বিশ্লেষণ করা হয় তাকে SDS-PAGE বলে। প্রোটিন, নিউক্লিক এসিড ইত্যাদি জটিল বৃহদাগু পৃথক করার জন্য এটি একটি গুরুত্বপূর্ণ প্রক্রিয়া, যা বায়োকেমিস্ট্রি, মলিকিউলার বায়োলজি, জেনেটিক্স, বায়োটেকনোলজি, ফরেনসিক ইত্যাদি বিষয়ে ব্যবহার করা হয়।

#### SDS-PAGE এর নীতিমালা :

- (১) - এক্সাই বৃহদাগুর আদি (native) ও কার্যকর উচ্চক্রিক গঠন (High-order-structure) রক্তায় বেঁধে অথবা পরিবর্তন বা বিকলন (denature) সমিয়ে রৈখিক চেইনে এলে চলন (mobility) পরীক্ষা করা হয় এবং পৃথক করা হয়।
- (২) Gel এর মধ্যে দিয়ে তাত্ত্বিক প্রবাহ চালিয়ে ইলেক্ট্রিক ফিল্ড তৈরির মাধ্যমে বৃহদাগুর স্থায়লন (movement) ও ছানাস্তর ঘটানো হয়। বৃহদাগুর একপ স্থায়লন এর দৈর্ঘ্য, গঠন ও চার্জ অনুপাত (mass-to-charge ratio) এর উপর নির্ভরশীল। প্রোটিন, নিউক্লিক এসিড এবং একপ কিছু বৃহদাগুর ক্ষেত্রে এ প্রক্রিয়া ব্যবহার করা হয়।
- (৩) SDS (Sodium Dodecyl sulphate) নামক শক্তিশালী আয়নিক ডিটারজেন প্রোটিনের সেকেন্ডারি, টার্সিয়ারি এবং কোনাটার্নারি গঠন ও ভাঁজকে বিকলিত করে রৈখিক পলিপেটাইড গঠনে পরিবর্তন করতে এবং নেগেটিভ চার্জযুক্ত করতে ব্যবহৃত হয়। SDS এর এক্স্পারিকাল ফরমুলা হচ্ছে :  $C_{12}H_{25}NaO_4S$ ।
- (৪) ইলেক্ট্রোফোরেসিসের পূর্বে বা এই সময়ে SDS প্রয়োগ করা হয় যাতে প্রোটিন বিকলিত হয়ে একই রকম নেগেটিভ চার্জযুক্ত রৈখিক পলিপেটাইডে পরিণত হয়। পলিপেপটাইডের সাথে SDS যুক্ত হয়। 1.4 g SDS এক গ্রাম প্রোটিনের সাথে মূল্য হয়। যে সকল প্রোটিনের অধিক হাইড্রোফিলিক অংশ থাকে (যেমন মেম্ব্রেন প্রোটিন) তাদেরকে এ প্রক্রিয়ায় পৃথক করা নকলকর।

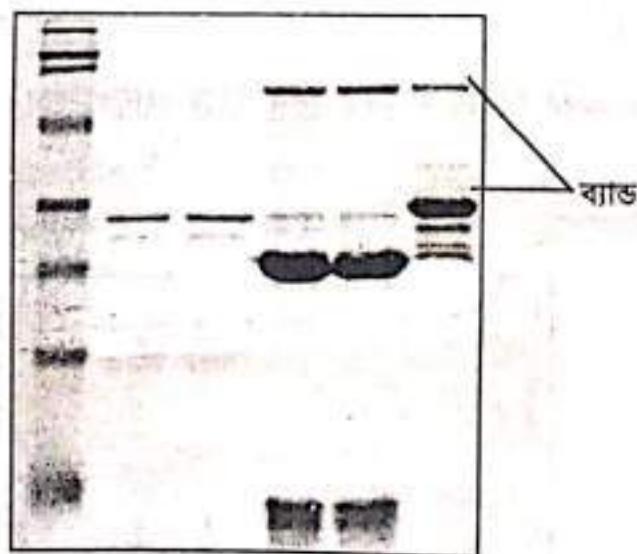
- (৫) Gel matrix এ ফেন্টে পলিএক্সাইল্যামাইড ধারা প্রস্তুত করা হয়। এটি একাইল্যামাইডের পলিমার। এটিকে ৩.৫-২০% ঘনত্বে ব্যবহার করা হয়। একাইল্যামাইড মনোমার দ্রবণকে দুটি কাচের শিটের (glass plate) মাঝখানে সাবধানে জেলে স্যার্কেলাইচের ন্যায় জেল মাট্রিক্স তৈরি করা হয়। এতে কোস-লিংকেড চেইনযুক্ত অর্ধতরল জেলের শুাব তৈরি হয়। পলিএক্সাইল্যামাইডের ঘনত্ব পরিবর্তন করে জেলের ছিদ্র বড় বা ছোট করা যায়। এ জেলের বিশ্লিষ্টকরণ ক্ষমতা উচ্চ; ক্ষুদ্র প্রোটিন ও পেপ্টাইডও এর মাধ্যমে পৃথক করা হয়। জেলের ছিদ্র এবং ইলেক্ট্রিক ফিল্ডের শক্তি পরিচলনকে প্রভাবিত করে।
- (৬) নমুনার প্রকৃতি এবং পরীক্ষার উদ্দেশ্যের উপর ভিত্তি করে বিভিন্ন রকম বাফার পদ্ধতি ব্যবহার করা হয়। আনোড এবং ক্যাথোডে একই রকম বা ভিন্ন রকম বাফার হতে পারে।
- (৭) পলিএক্সাইল্যামাইড জেলের ছিদ্রে দিয়ে প্রতিটি পলিপেপ্টাইড চেইন নেশেটিভ চার্জযুক্ত SDS-Protein Complex হিসাবে স্থানান্তরিত হয়। SDS-PAGE এ সমস্ত প্রোটিন আনোডের (+) দিকে গমন করে। SDS-প্রোটিনের একইরকম Charge-to-mass অনুপাত থাকে। (DNA খণ্ড আনোডের দিকে গমন করে)।
- (৮) PAGE এর সময় SDS-Protein এর স্থানান্তর হার এর আণবিক ওজনের ধারা কার্যকরভাবে নির্ণীত হয় (Hempelmann, 2004)।
- (৯) SDS এবং Marcaptoethanol ( $\beta$ ME) আণবিক ওজন নির্ণয়ে সহায়তা করে।



চিত্র-১৯.৮ : SDS-PAGE যন্ত্র এবং পদ্ধতি।

### SDS-PAGE পদ্ধতিতে প্রোটিন পৃথক্করণ :

- (১) প্রথমে পরিষ্কার সিরিজে প্রোটিনের টার্গেট নমুনা দ্রবণ জেলের কৃপে 1–2 mm পর্যন্ত পূর্ণ করতে হয়। এভাবে কয়েকটি কৃপে টার্গেট দ্রবণ রাখা হয়। এ প্রক্রিয়াকে Loading বলে।
- (২) বাফার প্রকোষ্ঠে প্রয়োজনীয় বাফার দ্রবণ রাখা হয়।
- (৩) এরপর সঠিকভাবে ইলেক্ট্রিক সংযোগ দিয়ে নির্দিষ্ট সময় পর্যন্ত নিরবচ্ছিন্নভাবে 30 mA প্রয়োগ করতে হবে।
- (৪) ট্রাকার রং 1 cm উপরে ধাকতে ইলেক্ট্রোফোরেসিস বন্ধ করতে হবে।
- (৫) বাফার প্রকোষ্ঠ থেকে জেলকে বের করে স্ক্রু এবং গ্লাশ প্লেট স্যান্ডউইচ সরিয়ে নিতে হবে।
- (৬) এরপর জেলকে Coomassie blue স্টেইনে নিমজ্জিত করে ১ ঘণ্টা অপেক্ষা করতে হবে।
- (৭) বিরঞ্জক (Destain) দ্রবণে কয়েক মিনিট ধোত করতে হবে যাতে অতিরিক্ত স্টেইন চলে যায় এবং ব্যান্ড স্পষ্ট হয়।
- (৮) এরপর আণবিক weight marker এর সাথে তুলনা করে প্রোটিনের আণবিক ওজন নির্ণয় করতে হয়।



চিত্র-৯.৯ : SDS PAGE (DNA)

**ব্যবহার :** SDS-PAGE এর অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ ব্যবহার রয়েছে। প্রোটিন পৃথক্করণ, বিতরককরণ এবং এর আণবিক ওজন নির্ণয় করতে এ প্রক্রিয়া ব্যবহৃত হয়। DNA ও RNA এর পৃথক্করণ ও আণবিক ওজন নির্ণয়েও এ প্রক্রিয়ার প্রয়োজন হয়। PCR, DNA-সিকেয়েল নির্ণয় ইত্যাদি কাজেও এ প্রক্রিয়ার সহায়তা নেওয়া হয়। বায়োকেমিস্ট্রি, মলেকুলার বায়োলজি, মাইক্রোবায়োলজি, জেনেটিক্স, বায়োটেকনোলজি, ফারেনসিক ইত্যাদি অনেক বিষয়ে এ প্রক্রিয়ার সহায়তা নেওয়া হয়।

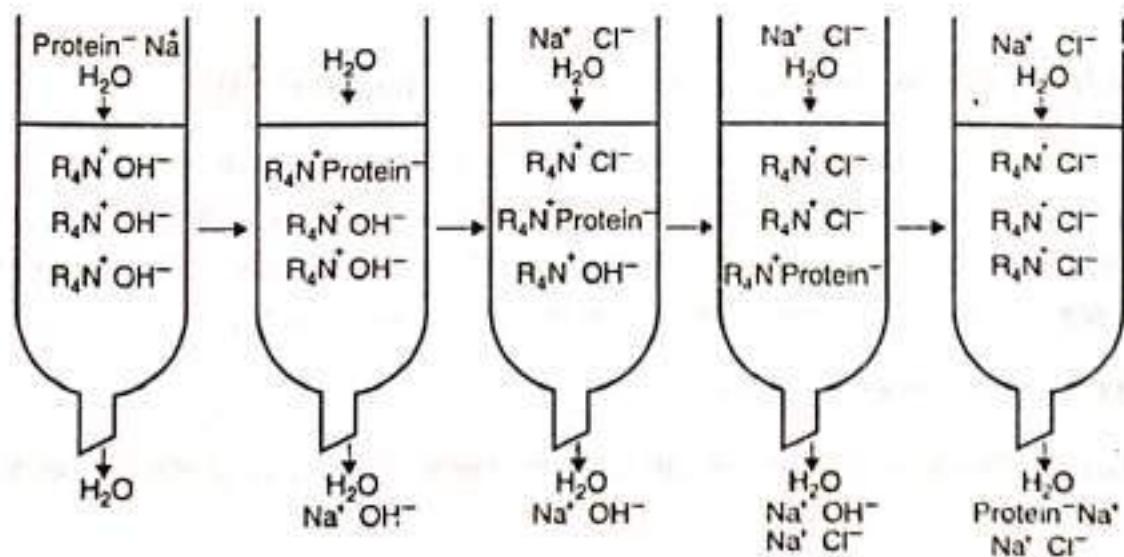
### ৯.৫.৪ দিমাত্রিক জেল ইলেক্ট্রোফোরেসিস

Gel ইলেক্ট্রোফোরেসিস এবং SDS-PAGE-এর সমষ্টয়ে দিমাত্রিক জেল ইলেক্ট্রোফোরেসিস প্রক্রিয়ায় আরো ভালোভাবে প্রোটিন পৃথক করা যায়। [৯.৫.১ এবং ৯.৫.২ দ্রষ্টব্য]।

### ৯.৫.৫ আয়ন এক্সচেঞ্চ ক্রোমাটোগ্রাফি প্রক্রিয়ায় প্রোটিন পৃথক্করণ

যে ক্রোমাটোগ্রাফি প্রক্রিয়ার মাধ্যমে আয়ন ও পোলার অণুসমূহ বা যৌগসমূহ পৃথক করা যায় তাকে আয়ন এক্সচেঞ্চ ক্রোমাটোগ্রাফি বলে। এটি একটি জনপ্রিয় পদ্ধতি। এর মাধ্যমে এমাইনো এসিডস, প্রোটিন, জৈব এসিড ইত্যাদি সঠিকভাবে পৃথক করা হয়। প্রোটিন পৃথক্করণ ও বিশুদ্ধকরণের জন্য রেজিন কলামের পরিবর্তে সেলুলোজ উপজাত কার্বনিমিথাইল সেলুলোজ (CMC) এবং ডাইমিথাইল অ্যামাইনোইথাইল সেলুলোজ (DEAE) ব্যবহার করা হয়; কারণ এর উচ্চ শোধন ক্ষমতা (adsorptive capacity) রয়েছে। বিভিন্ন প্রোটিনের মিশ্রণ কাচের বুরেটের ন্যায় টিউবের সেলুলোজ উপজাতের কলামের মধ্য দিয়ে চালনা করা হয়। এতে বিভিন্ন pH মাত্রায় ক্রমান্বয়ে লবণের ঘনত্ব এবং বাফার দ্রবণ প্রয়োগ করা হয়।

ফলে প্রোটিনসমূহ তাদের আণবিক গঠন, নেটচার্জ এবং পার্শ্ব প্রপের্প ইত্যাদি অনুসারে পৃথক পৃথক সময় অন্তর কলাম থেকে বের হয়ে আসে এবং সংগ্রহ করা হয়।



চিত্র-৯.১০ : আয়ন এক্সচেঞ্চ ক্রোমাটোগ্রাফি প্রক্রিয়ায় পদার্থের পৃথক্করণ

### ৯.৬- প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া (Protein-Protein Interaction)

প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া (Protein-Protein interaction) হচ্ছে দুই বা ততোধিক প্রোটিনের মধ্যে জৈব রাসায়নিক কারণে এবং অথবা ইলেক্ট্রোস্ট্যাটিক ফোর্সের মাধ্যমে সৃষ্টি হৃদী এবং সুনির্দিষ্ট সংস্পর্শ (Contact)। প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া বলতে সাধারণভাবে কোম বা জীবদেহে প্রোটিন সমূহের জৈব আণবিক সংস্পর্শ বুকায় (Rivas, D.L., 2010)। একটি কোমের মধ্যে জৈবআণবিক মেসিন দ্বারা বহুক্রমের জৈবপদ্ধতি (Biological Processes) ক্রিয়াশীল হয়। এ সকল মেসিন প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়ার মাধ্যমে সচল থাকে। এক্ষেপ্ত আন্তঃক্রিয়া জৈবিক পদ্ধতির জন্য প্রয়োজন ও উক্তপূর্ণ। আবার, ফার্মেসিকাল আন্তঃক্রিয়া জীবের রোগসৃষ্টির কারণও হতে পারে (যেমন- আলকেমিয়া, ক্যান্সার, Creutzfeld-Jacob ইত্যাদি)।

প্রোটিনের আন্তঃক্রিয়া স্থায়ী বা অস্থায়ী হতে পারে, এবং উভয়ই সবল বা দুর্বল হতে পারে। বহু এককযুক্ত প্রোটিনের আন্তঃক্রিয়া সাধারণত স্থায়ী (যেমন- হিমোগ্লোবিন, লিগহিমোগ্লোবিন ইত্যাদি)। প্রোটিনের পারম্পরিক ক্রিয়া জানতে হলে এসের এ সকল বিষয় বিশ্লেষণ করতে হয়। প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়ায়ের জন্য অনেক পদ্ধতি রয়েছে। এসের মধ্যে ক্ষেত্রপূর্ণ পদ্ধতিগুলো হচ্ছে—

1. Yeast two-hybrid screening method.
2. Co-immunoprecipitation (Co-IP)
3. Pulldown Assay
4. Crosslink Protein interaction analysis.
5. Label Transfer Protein Interaction analysis.
6. Far-western Blot analysis
7. Protein microarrays
8. Analytical Ultracentrifugation.
9. Multidimensional Protein identification technology (MUDPIT)
10. Computational simulation
11. Light scattering fluorescence spectroscopy
12. LUMIER, ইত্যাদি।

### ৯.৬.১ ইস্টের দ্বি-সংকর পদ্ধতি (Yeast two-hybrid screening method)

প্রচলিত এবং সর্বাধিকভাবে ব্যবহার পদ্ধতি হচ্ছে ইস্টের দ্বি-সংকর পদ্ধতি। Fields and song 1989 সালে টিস্ট (*Saccharomyces cerevisiae*)-কে জৈব মডেল হিসেবে ব্যবহার করে এ পদ্ধতিটি প্রতিষ্ঠিত করেন (Terenticve, A.A. 2009)। এ পদ্ধতিতে জীবমাধ্যমে (in vivo) জোড়ায় জোড়ায় (বাইনারি প্রজিয়া) প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া নির্ণয় করা হয়। এতে অনিদিশ্ব (non-Specific) আঠালো আন্তঃক্রিয়া প্রদর্শিত হয় (Brettner, 2012)।

ইস্টকোষে দূরকমের প্রাজমিক প্রবেশ করানো হয়।

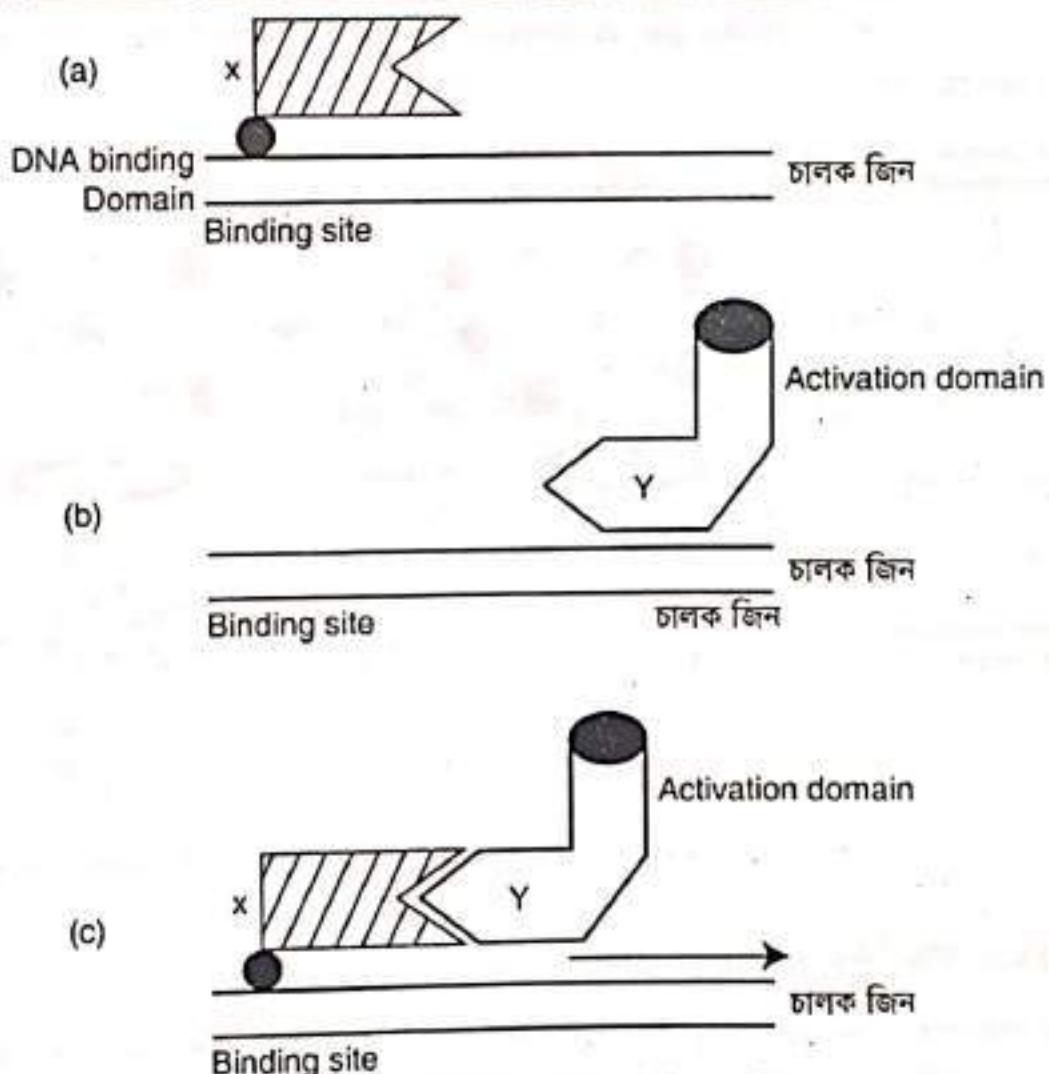
- (ক) **Bait** : পরীক্ষনীয় প্রোটিনকে ইস্টের DNA-বাইডিং অক্সিলে (Domain-E) ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর Gal4-এর কাছে আবদ্ধ করা হয় (চিত্র x)।
- (খ) **Prey** : DNA খন্ডের লাইব্রেরি যা ডোমেনের সাথে সংযুক্ত থাকে (চিত্র y)।

Bait এবং Prey প্রোটিন পরস্পর ক্রিয়া করে একটি কার্যকর ট্রান্সক্রিপ্ট ক্যার্টের সৃষ্টি না করা পর্যন্ত রিপোর্টার জিনের ট্রান্সক্রিপশন ঘটেনা এবং উৎপাদ (Product) সৃষ্টি হয় না।

সূতরাং রিপোর্টার জিনের প্রকাশের মাধ্যমে উৎপাদিত বস্তুর উপস্থিতির ধারা প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া বুঝা যায় (Wedk. S.J, 2013)।

এপদ্ধতির বহুল ব্যবহার ধাকলেও এর কিছু সীমাবদ্ধতা রয়েছে। যেমন : একেত্রে কেবল ইস্টকোষ ব্যবহৃত হয়। আন্তঃক্রিয়ার সংখ্যা সাধারণত কম।

বাইডিং সার্ট।



চিত্র-৯.১১ : ইস্টের দ্বি-সংকর ক্রিনিং পদ্ধতি

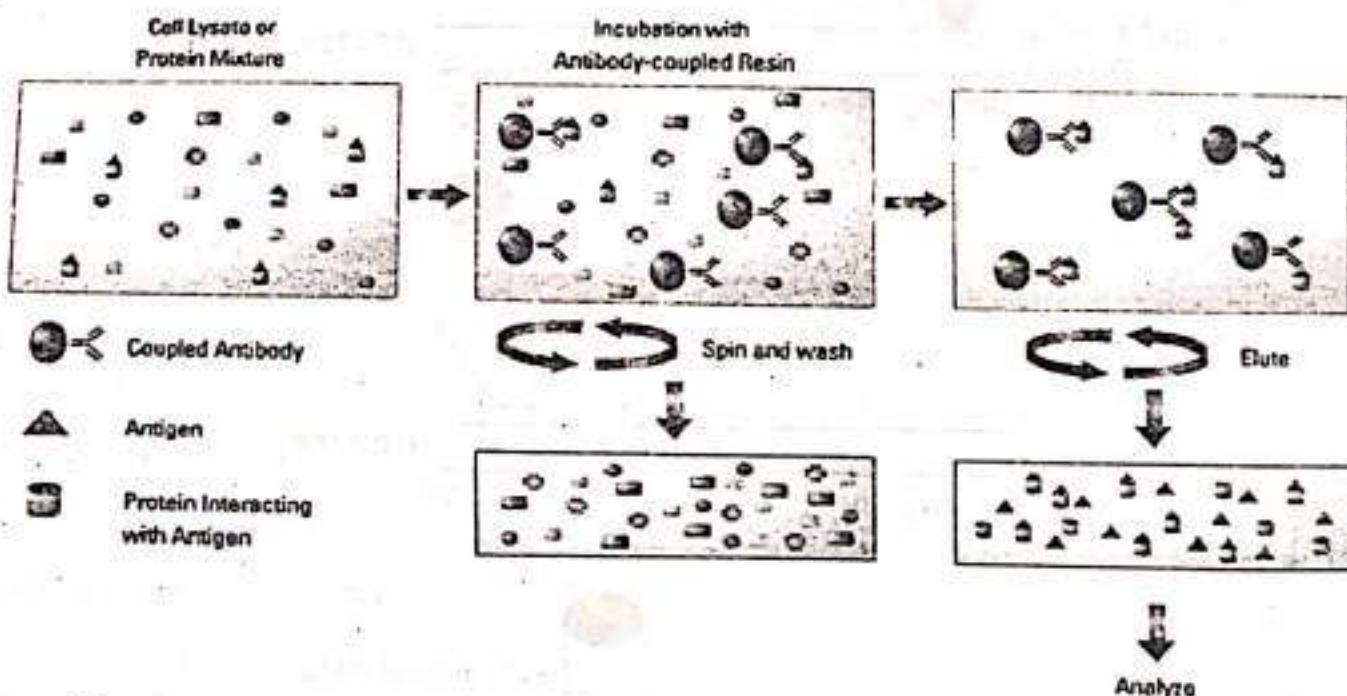
- (a) যদি DNA বাইডিং ডোমেইন X এক্টিভিশন ডোমেইন Y কে কাছে না পায় তাহলে ট্রাপ্সিলিপশন করতে পারে না।
- (b) এক্টিভিশন ডোমেইন Y যদি X কে কাছে না পায় তাহলেও প্রোটিন সংশ্লেষণ হয় না
- (c) DNA বাইডিং ডোমেইন X এর সংস্পর্শে এক্টিভিশন ডোমেইন Y এলে ট্রাপ্সিলিপশন ঘটে অর্থাৎ DNA-এর প্রকাশ ঘটে।

## ৯.৬.২ Co-immunoprecipitation (Co-IP) পদ্ধতি

প্রোটিন হলো জীব কোষের কাজের ঘোড়া (Workhorse)। এরা আলাদাভাবে বা আন্তঃক্রিয়ার মাধ্যমে অধিকাংশ জৈব প্রক্রিয়াকে সহায়তা করে। যেমন : জিনের প্রকাশ, কোষীয় বৃক্ষি, পুষ্টিশোষন, আন্তঃকোষীয় যোগাযোগ, সার্বিক বিপাকীয় কার্যাবলি ইত্যাদিতে সহায়তা করে।

জিনের আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়ে Co-immunoprecipitation (Co-IP) একটি জনপ্রিয় এবং বহুল ব্যবহৃত আধুনিক টেকনিক বা পদ্ধতি। এ প্রক্রিয়ায় শারীর বৃক্ষীয়ভাবে সম্পর্কীত প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া নির্ণয় করা যায়। জীবের কোষীয় লাইসেট (Lysate) বা এক্সপ্রেস সমূহাতে এন্টিবডি (মনোক্লোনাল বা পলিক্লোনাল) একটি সুনির্দিষ্ট টাণ্টে প্রোটিনের সাথে ইমিউনোকম্প্লেক্স সৃষ্টি করে। এই ইমিউনোকম্প্লেক্স এর পর একটি নিশ্চল এন্টিবডি বাইডিং প্রোটিন যুক্ত বিডেড সাপোর্ট (beaded support-এ) এটে যায় বা তলানী পড়ে (Precipitated)। বিডেড সাপোর্ট কোনো প্রোটিন তলানী হিসেবে জমা না

হলে তা ধূইয়ে চলে যায়। সবশেষে এন্টিজেন এবং অন্যান্যবৃহদানু (আন্তঃক্রিয়াকারী প্রোটিন) সাপোর্ট থেকে ধূইয়ে নিয়ে SDS-PAGE এর মাধ্যমে বিশ্লেষণ করা হয়।



চিত্র-৯.১২ : Co-immunoprecipitation (CoIP) পদ্ধতির মাধ্যমে প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়

### ৯.৭ প্রোটিন DNA আন্তঃক্রিয়া (Protein-DNA Interaction)

সাধারণত জিনের প্রকাশের (gene expression-এর) সময় DNA অনুর জৈবক্রিয়ার জন্য DNA-এর সাথে প্রোটিনের বন্ধনকে (bindin কে) প্রোটিন DNA আন্তঃক্রিয়া বলে। সহজভাবে প্রোটিনের সাথে DNA-এর সংযোগকে প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া বলা হয়।

সাধারণত ট্রাপক্রিপশন প্রোটিন ফ্যাট্টের DNA-এর সাথে আবক্ষ হয় এবং জিন প্রকাশকে প্রভাবিত করে অথবা বাধা দেয়। এ প্রোটিনটি DNA এবং হিস্টোন প্রোটিনের সাথে আবক্ষ হয়। হিস্টোন DNA-এর সাথে হালকাভাবে আবক্ষ হয়ে DNA গঠনে সহায়তা করে। ইউরাসিল DNA প্লাইকোসাইলেজ প্রোটিন (এনজাইম) DNA গঠনে সহায়তা করে এবং ঘনিষ্ঠভাবে আন্তঃক্রিয়া করে।

DNA-বাইভিং প্রোটিনের একটি সুনির্দিষ্ট DNA-বাইভিং সাইট রয়েছে যা বায়োটেকনোলজির জন্য বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ। জিঙ্কফিপ্সার প্রোটিনও একটি সুনির্দিষ্ট DNA অনুজ্ঞমের সাথে আবক্ষ হয় এবং এটি জিঙ্কফিপ্সার নিউক্লিয়াসের মূল ভিত্তি। অধুনা কৃত্রিমভাবে ট্রাপক্রিপশন এটিভেটরের নাম্য ইফেক্টরনিউক্লিয়োজ (TALENs) সৃষ্টি করা হয়েছে। *Xanthomonas* ব্যাক্টেরিয়া উদ্ভিদকে আক্রমণ করার সময় একপ ইফেক্টর প্রোটিন নিঃস্পৃত করে (Clerk, K.J. et al. 2012)। উপরোক্ত আলোচনা থেকে প্রতীয়মান জীবের বিভিন্নরকম জৈবিক ও বিপাক্তীয় কাজ পরিচালনার জন্য প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া একান্ত প্রয়োজন।

### ৯.৭.১ প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়

প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়ের জন্য অনেক in vitro এবং in vivo পদ্ধতি রয়েছে-

1. Chromatin immunoprecipitation (ChIP) : ট্রাপক্রিপশন ফ্যাট্টের আবছ হওয়া এবং DNA খন্ডের সিকোয়েস নির্ণয়ে এ পদ্ধতি ব্যবহৃত হয়।
2. Electrophoretic Mobility shift assay : এ পদ্ধতি সবচেয়ে বেশি প্রচলিত।
3. DNase footprinting assay : DNA-এর সাথে প্রোটিনের সুনির্দিষ্ট বাইডিং সাইট নির্ণয়ে ব্যবহৃত হয়।
4. Yeast one-hybrid system (Y1H) : এ প্রক্রিয়ায় DNA-এর নির্দিষ্ট খন্ডের সাথে কোন প্রোটিন যুক্ত হয় তা নির্ণয় করা হয়।
5. Bacteria One-hybrid system (B1H) : এ প্রক্রিয়ায় DNA-এর নির্দিষ্ট খন্ডের সাথে কোন প্রোটিন যুক্ত হয় তা নির্ণয় করা হয়।
6. Structure Determination using x-ray crystallography : এ পদ্ধতিতে কিভাবে প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া বিস্তারিতভাবে পারমাণবিক দৃশ্য (View) প্রদর্শন করে তা নির্ণয় করা হয়।

### ৯.৭.২ Chromatin immunoprecipitation (ChIP)

ক্রোমাটিন ইমিউনো প্রেসিপিটেশন (ChIP) পদ্ধতিটি একটি অত্যাধুনিক ও উন্নত পদ্ধতি। হিস্টোনের পরিবর্তন অথবা ট্রাপক্রিপশন ফ্যাট্টের DNA-বাইডিং আন্তঃক্রিয়ার মাধ্যমে এ পদ্ধতিতে ট্রাপক্রিপশনাল রেগোলেশন মনিটর করা হয়। এ প্রক্রিয়ার মাধ্যমে জীবিত কোষের প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া বিশ্লেষণ করা যায়। এজন্য জীবিত কোষে ফরমালডিহাইড অথবা অন্য কোনো ক্রোশলিংকিং রিয়াজেন্ট প্রয়োগ করা হয় যাতে ডাউনস্ট্রিম বিতর্ককরণ ও শনাক্তকরণের জন্য আন্তঃক্রিয়া স্থায়ী হয়। ChIP অ্যাশের জন্য টারগেট প্রোটিন এবং DNA সিকোয়েস সবক্ষে পর্বেকদের ধারণা ধাকার প্রয়োজন। টারগেট প্রোটিনের জন্য একটি এন্টিবডি এবং টারগেট DNA-এর সিকোয়েসের PCR প্রাইমার প্রয়োজন হয়।

অন্য জিনেমিক DNA খন্ড এবং প্রোটিন DNA কমপ্লেক্স থেকে প্রোটিন DNA কমপ্লেক্সকে তলানি পড়াতে এন্টিবডি ব্যবহার করা হয়।

PCR প্রাইমার টারগেট DNA-এর সুনির্দিষ্ট অ্যাম্প্লিফিকেশন এবং শনাক্তকরণ নিশ্চিত করে। পরিমানগত PCR (qPCR) টেকনোলজির মাধ্যমে টারগেট DNA-এর সিকোয়েস পরিমাণগতভাবে নির্ণয় করা যায়।

ChIP অ্যাশে বিন্যাসকৃত ফরমাট (ChIP ON ChIP) মেলে নেয় অথবা ইমিউনোপ্রেসিপিটেড প্রেটিন (ChIP-Seq) কর্তৃক দখলকৃত (Captured) DNA-এর সিকোয়েস নির্ণয়ের নির্দেশ প্রদান করে।

### ৯.৭.৩ DNA ইলেক্ট্রোফোরেটিক মোবিলিটি শিফ্ট আশে (EMSA) (DNA Electrophoretic Mobility Shift Assay (EMSA))

EMSA পদ্ধতির মাধ্যমে প্রোটিন এবং DNA অলিগোনিউক্লিওটাইড প্রোবের (Probes) আবদ্ধতা (binding) গঠনের জন্য ব্যবহার হয়। এর মাধ্যমে সম্পর্ক অথবা আন্তঃক্রিয়ার সুনির্দিষ্টতা (Specificity) পরিমাপ করা হয়। যখন খাভাবিক পলিআক্সিলামাইড বা আ্যাগারোজ জেলে ইলেক্ট্রোফোরেসিস করা হয় তখন প্রোটিন DNA কমপ্লেক্সগম্ভীর DNA এর চেয়ে ধীরে গতিতে চলে এ নীতির ভিত্তিতে পদ্ধতিটি প্রতিষ্ঠিত। প্রোটিনের সাথে DNA আবছ হলে গতির হার কমে যায় বা পরিবর্তিত হয় বলে এ পদ্ধতিকে জেলে শিফ্ট পরিমাপ বলা হয়। প্রোটিন সুনির্দিষ্ট এন্টিবডি প্রয়োগ করলে আরও বড় আকারে কমপ্লোক্স (Antibody Protein DNA) উৎপন্ন হয় এবং গতির হার আরও কমে যায়। একে সুপারফিসিয়াল শিফ্ট বলে। এ প্রক্রিয়ার মাধ্যমে প্রোটিন DNA আন্তঃক্রিয়া নিশ্চিত হওয়া যায়।

## অনুশীলনী

### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- ১। জিনোমিক্স বলতে কী বুঝা ? (What do you mean by genomics?)
- ২। প্রোটিওমিক্স কী ? (What is proteomics?)
- ৩। জিনোম কী ? (What is genome?)
- ৪। জিনোমের অনুক্রম নির্ণয় বলতে কী বুঝা ? (What do you mean by Genomic sequencing?)
- ৫। মানুষের জিনোমে জিন এবং বেসজোড়ের সংখ্যা কত ? (What is number of genes and base pairs in Human genome?)
- ৬। সর্বপ্রথম কোন সপুষ্পক উদ্ধিদের জিনের অনুক্রম নির্ণয় করা হয়েছে ?
- ৭। শটগান প্রক্রিয়া কী? (What is shotgun method?)
- ৮। সিকোয়েল এমপ্লিকেশন বলতে কী বুঝা ? (What do you mean by sequence amplification)
- ৯। BAC লাইব্রেরি কী?
- ১০। Hi Seq Ten কী?
- ১১। প্রোটিওম বলতে কী বুঝা ?
- ১২। SDS-PAGE কী?
- ১৩। প্রোটিওমিরের মূলধারাগুলোর নাম লিখ।
- ১৪। প্রোটিন প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া বলতে কী বুঝা ?
- ১৫। প্রোটিন প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়ের দুটি পদ্ধতির নাম লিখ।
- ১৬। Bait কী?
- ১৭। Prey কী?
- ১৮। প্রোটিন DNA আন্তঃক্রিয়া বলতে কী বুঝা ?
- ১৯। TALEN কী?
- ২০। প্রোটিন DNA আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়ের দুটি পদ্ধতির নাম লিখ।

### সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

- ১। জিনোমিক্স ও প্রোটিওমিক্স ব্যাখ্যা কর। (Explain genomics, and Proteomics)
- ২। জিনোমের বেসক্রম নির্ণয় সম্বন্ধে আলোচনা কর। (Describe about genome sequencing)
- ৩। পূর্ণজিনোম শটগান অনুক্রম প্রক্রিয়া বর্ণনা কর। (Describe whole genome shotgun sequencing)
- ৪। (ক) হাইরারিকিয়াল শটগান সিকোয়েলিং পদ্ধতি আলোচনা কর। (Describe hierachial shotgun sequencing)  
(খ) পূর্ণজিনোম শটগান সিকোয়েলিং পদ্ধতির সাথে এ প্রক্রিয়া তুলনা কর। (What are the differences between whole genome shotgun sequencing and this method)
- ৫। ইলুমিনা (সোলেক্স) সিকোয়েলিং সম্বন্ধে আলোচনা কর। (Describe Illumina (Solex) Sequencing)
- ৬। প্রোটিওমিক্স ব্যাখ্যা কর। (Explain Proteomics)
- ৭। প্রোটিন পৃথক করণের একটি প্রক্রিয়া আলোচনা কর। (Describe one method of Protein isolation)
- ৮। SDS-PAGE পদ্ধতিতে প্রোটিন পৃথক করণ কিভাবে করা হয়? (How Protein is isolated by SDS-PAGE Method?)
- ৯। প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া বলতে কী বুঝা ? এ আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়ের একটি পদ্ধতি আলোচনা কর। (What do you mean by Protein-DNA interaction? Describe a method of determining Protein-DNA interaction)
- ১০। টিকা লিখ—  
(ক) জিনোমিক্স;  
(গ) প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া  
(ঘ) প্রোটিওমিক্স  
(ঞ) Co-IP পদ্ধতি।  
(খ) প্রোটিন-DNA আন্তঃক্রিয়া

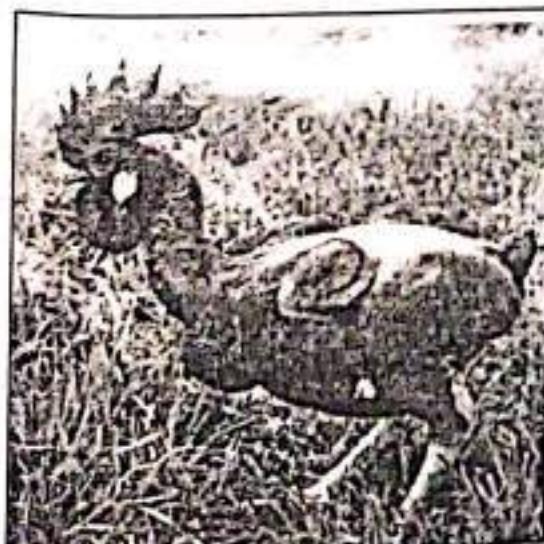


## জিন প্রকৌশল এবং জৈবপ্রযুক্তি

### GENETIC ENGINEERING AND BIOTECHNOLOGY

#### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

- ১০.১ ভূমিকা
- ১০.২ রিকমিনেট DNA
- ১০.২.১ রিকমিনেট DNA এর প্রয়োজনীয়তা বা গুরুত্ব
- ১০.২.২ জিন প্রকৌশল বা rDNA প্রক্রিয়াতের জন্য প্রয়োজনীয় উপকরণসমূহ
- ১০.২.৩ রিকমিনেট DNA প্রক্রিয়াতের ধাপসমূহ
- ১০.৩ জিন ক্লোনিং উদ্ভিদ উৎপাদন
- ১০.৪ জেনেটিক স্থানান্তর প্রক্রিয়া এবং এর মাধ্যমে উদ্ভিদের সৃষ্টি
- ১০.৫ শস্য উন্নয়নে জিন স্থানান্তরের ব্যবহার  
অথবা, শস্য উন্নয়নে Transgenic উদ্ভিদ উৎপাদনের গুরুত্ব
- ১০.৬ Restriction endonuclease বা Restriction enzyme (RE)
- অনুশীলনী



জিন প্রযুক্তির মাধ্যমে ইসরাইলের বিজ্ঞানীদের  
সৃষ্টি লোমহীন বিশ্যাকর ঘোরণ।



Ian Wilmut (1997)  
ভেড়ী (ডলি)-এর জিন ক্লোনিং করেন।

#### ১০.১ ভূমিকা (Introduction)

(ক) জিনপ্রকৌশল (Genetic Engineering) : কৃত্রিমভাবে নতুন জিন সংশ্লেষণ বা কোন ক্রয়োজাম থেকে কোন প্রয়োজনীয় জিন পৃথক করা এবং অন্য কোন জীবের জিনোমে স্থানান্তর করা, অথবা কোন অকেজো বা জটিপূর্ণ (defective) জিনকে আণবিক লেভেলে সংশোধন করার প্রক্রিয়াকে জিন প্রকৌশল (Genetic engineering) বলে।

সংক্ষেপে নতুন জিনের সময়ে রিকমিনেন্ট DNA (rDNA) তৈরি করা এবং তা অনুজীবে কার্যকর ভাবে স্থানান্তর করাকেও জিন প্রকৌশল বলা হয়। "Genetic engineering can be defined as the process whereby a foreign sequence of DNA is inserted into the genetic make up of a cell by *in vitro* techniques, and is subsequently expressed by that cell."<sup>১১</sup> – Lingle, 1982.....

কৃতিমভাবে জিনের সংশ্লেষণ, জিন বিতর্ককরণ, rDNA উৎপাদন, জীব দেহে স্থানান্তর, জিনোমে অন্তর্ভুক্তি এবং সর্বোপরি কৃতকার্যতার সাথে অন্তর্ভুক্ত জিনের অনুলিপন ইত্যাদি পর্যবেক্ষণ কাজ জিন প্রকৌশলের অন্তর্ভুক্ত- Lisa Yount, 1997.

জিন প্রকৌশলের মাধ্যমে জীবের জিনোমে নতুন জিন সংযোজিত হচ্ছে, বা কোন অপ্রয়োজনীয় জিনকে বাদ দেওয়া হচ্ছে বা পুনঃনির্মাণ (repair) করে অধিকতর উপযোগী বৈশিষ্ট্য যুক্ত জীব সৃষ্টি করা হচ্ছে। গত শতাব্দির সময়ের দশকে জিন প্রকৌশলের প্রয়োগ শুরু হয়েছে এবং মানুষের কাছে সম্ভাবনার নব-দিগন্ত উন্মোচিত হয়েছে। এ প্রক্রিয়ার মাধ্যমে নতুন নতুন বৈশিষ্ট্য সম্পন্ন শুরুত্বপূর্ণ জীব, বিশেষ করে অনুজীবের উভাবন সম্ভব হয়েছে, এমন কি কৃষি, চিকিৎসা ইত্যাদি জীব বিজ্ঞানের অনেক শাখায় এর চিন্তাকর্মক ব্যবহার মানুষকে আশাপূর্ণ করেছে।

(৪) জৈব প্রযুক্তি (Biotechnology) : Biotechnology শব্দটি প্রথম ব্যবহার করেন হাস্পেরিয়ান বিজ্ঞানী Karl Ereky (1919) | Solomon and Bery (1995) এর সংক্ষিপ্ত অর্থ সুন্দর সংজ্ঞাটি হচ্ছে—

"Using living organisms to produce Product that benefit humanity is known as Biotechnology," এখানে জীবিত জীব থেকে মানব কল্যাণের জন্য প্রয়োজনীয় বস্তু উৎপাদনের প্রক্রিয়াকে জৈব প্রযুক্তি বলা হয়েছে। American National Science foundation কর্তৃক অন্তর্বর্তু সংজ্ঞাটি হচ্ছে— কল্যাণের উদ্দেশ্যে জীব বা জৈব উপাদানের, যেমন— অনুজীব বা কোষীয় উপাদানের নিয়ন্ত্রিত ব্যবহারকে জৈব প্রযুক্তি বলে। সহজভাবে সংক্ষেপে বলা যেতে পারে— মানব কল্যাণে জীবের বা জৈব বস্তুর ব্যবহারের প্রযুক্তিই জৈব প্রযুক্তি।

Biotechnology শব্দটি কিছুটা পুরাতন হলেও এর প্রসার ঘটতে থাকে গত শতাব্দির সময়ের শেষার্ধ থেকে। বিধয়টি জিন প্রকৌশলের সময় থেকে প্রসার লাভ করতে থাকলেও ক্রমান্বয়ে এর জনপ্রিয়তা এত বৃক্ষি পায় যে তা ক্রমান্বয়ে জিনপ্রকৌশলকে পেছনে ফেলে দিচ্ছে (superceding)। অবশ্য জৈব প্রযুক্তি অনেকটাই জিন প্রকৌশলের উপর নির্ভর করে গড়ে উঠেছে। একারণেই অনেক সময় বলা হয়ে থাকে জৈব প্রযুক্তি জিন প্রকৌশলের ব্যবহারিক দিক বা প্রযুক্তি। টিসুকালচার, বায়োফার্টলাইজার তৈরি, বায়োগ্যাস উৎপাদন, GE সশ্য উৎপাদন, ঔষধ শিল্প, রসায়ন শিল্প, আণবিক জীব বিজ্ঞান, রোগত্ব, ক্লিনিং ইত্যাদি বহু শাখা জৈব প্রযুক্তির অন্তর্ভুক্ত। Biomedical engineering, chemical engineering এবং Genetic engineering এর সাথে জৈবপ্রযুক্তির বিশেষ সম্পর্ক রয়েছে। The Organisation for Economic Co-operation and Development (OECD), 1981 জৈব প্রযুক্তিকে বলেছেন, "The application of Scientific and engineering principles to the processing of materials by biological agents to provide goods" এখানে biological agents বলতে বিভিন্ন রকম জৈবিক পদার্থ, যেমন— এনজাইম, কোষ, এককোষীজীব বা বহুকোষী জীবকে বুঝানো হয়েছে। খাদ্য উৎপাদন (Food processing), কৃষি উন্নয়ন, ঔষধ উৎপাদন, দূষণ নিরোধ ইত্যাদি মানব কল্যাণকর প্রক্রিয়াও জৈব প্রযুক্তির অন্তর্গত। অনুজীবকে ব্যবহার করে খাদ্য ও ঔষধ প্রস্তুতি, ক্লিনিং বা জিন প্রকৌশলের মাধ্যমে উন্নতজাতের ফসল বা প্রাণী সৃষ্টি ইত্যাদি প্রক্রিয়াও জৈব প্রযুক্তি, যেমন— GE বা GM শস্য, Transgenic ভালজাতের খাদ্যশস্য ইত্যাদি উৎপাদন।

গুরুত্বপূর্ণ ক্ষেত্রে জৈবপদার্থ, যেমন- প্রোটিন, শর্করা, জৈব এসিড, জৈব দ্রাবক, বায়োডিটারজেন, হরমোন, এনজাইম, এন্টিবায়োটিক্স ইত্যাদি উৎপাদনের কোন এক পর্যায়ে জীবের প্রয়োজন হয় বলে এ সকল প্রক্রিয়াকেও জৈব প্রযুক্তি বলা হয়।

নতুন জিন সংশোধন বা কোন ক্ষেত্রে কোন কোন জিন পৃথক করে রিকমিনেন্ট DNA তৈরির প্রক্রিয়াকে জিন প্রকৌশল বলা হয়। আর এ রিকমিনেন্ট DNA কে কোন অণুজীবে বা ফসলী উদ্ভিদের জিনোমে অন্তর্ভুক্ত করে উন্নত জাতের অণুজীব বা শস্য উৎপাদন প্রক্রিয়াকে বলা হয় জৈব প্রযুক্তি।

## ১০.২ রিকমিনেন্ট DNA (Recombinant DNA = rDNA)

জিন বা DNA অণুর অংশ বিশেষকে অনুলিপনে সক্ষম অবস্থায় অন্য জীবের DNA এর সাথে, বিশেষ করে অণুজীবের প্রাজনিতের সাথে অথবা কাজ DNA এর সাথে সংযুক্ত করলে যে নতুন সংকর DNA উৎপন্ন হয় তাকে রিকমিনেন্ট DNA বা rDNA বলে। অর্থাৎ কোন বহিরাগত (Foreign DNA) এবং বাহক (Vector) DNA মিলে যে DNA উৎপন্ন হয় তাকেই rDNA বলা হয়। যেহেতু rDNA দুই বা ততোধিক ধরারের DNA ধারণ করে তাই একে সংকর (hybrid DNA) বা কাইমেরিক (Chimeric) DNAও বলা হয়। এ rDNA ই জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং বা জিন ক্লোনিং এর আসল বস্তু।

### ১০.২.১ রিকমিনেন্ট DNA এর প্রয়োজনীয়তা বা উন্নত

গত শতাব্দির সভ্যের দশকে rDNA তৈরি, তথা জিন প্রকৌশলের জয় যাত্রা শুরু হয়। এ সময়ের মধ্যে rDNA অত্যন্ত প্রয়োজনীয় এবং গুরুত্বপূর্ণ প্রকৌশল হিসাবে পরিগণিত হয়েছে—

১. জিন ক্লোনিং এর মূল বস্তু হচ্ছে rDNA।
  ২. জিন প্রকৌশল এবং জৈব প্রযুক্তিতে rDNA বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ ভূমিকা রাখছে। rDNA ছাড়া এ দুটি বিষয় কল্পনা ও করা যায় না।
  ৩. Transgenic জীব সৃষ্টিতে rDNA বিশেষ ভূমিকা পালন করে। জিন প্রকৌশলের মাধ্যমে যে কানিকল জিন কোন জীবের জিনোমে স্থানান্তরিত করতে হয় তা বহন করে নিয়ে যায় এ rDNA।
  ৪. rDNA এর সহায়তায় বহু গুরুত্বপূর্ণ জিন অণুজীবে এবং উচ্চতর জীবে স্থানান্তর করে বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ নতুন নতুন বৈশিষ্ট্যযুক্ত জীব সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে।
  ৫. rDNA এর সহায়তায় গত ৪০ বছরে মানুষ অনেক চিত্তাকর্ষক ও অকল্পনীয় আবিষ্কার ঘটিয়েছে— অসম্ভবকে সম্ভব করেছে। যেমন—
- (ক) মানুষের ইনসুলিন জিন rDNA এর সহায়তায় *E. Coli* এর DNA-তে সংযোজন করে এ ব্যাটেরিয়ার দ্বারা ল্যাবরেটরিতে মানুষের ইনসুলিন উৎপাদন করা হচ্ছে।
- (খ) একই ভাবে মানুষের বৃক্ষ হরমোন Somatostatin এখন *E. Coli* এর দ্বারা সংশোধন করা সম্ভব হচ্ছে। এ হরমোন দুরারোগ্য ক্যান্সার রোগের চিকিৎসায় ব্যবহার করা হয়।
- (গ) একই প্রক্রিয়ায় rDNA এর সহায়তায় জোনাকী পোকার আলো উৎপাদনকারী জিন তামাক গাছে স্থানান্তর করে গাতে আলো প্রদানকারী বাহারী তামাক গাছ সৃষ্টি করা হয়েছে।

- (ঘ) টমেটো, আলু, তুলা, পেপে, গাজর, ভূট্টা প্রভৃতি বহু উৎসিদ প্রজাতির উন্নত Transgenic জাত rDNA ব্যবহার করে সৃষ্টি করা হয়েছে। এগুলি বেশি ফলনশীল, প্রতিকূলতা প্রতিরোধী এবং কীটপতঙ্গ প্রতিরোধী।

rDNA ব্যবহারের একাধ অসংখ্য উদাহরণ রয়েছে। ভবিষ্যতেও এর ব্যবহার মানুষের জন্য আরও অনেক সুব্ধবর বয়ে আনবে, তা আশা করা যায়। তাই বলা যায়, যে rDNA এর প্রয়োজনীয়তা বা গুরুত্ব অপরিসীম। এ কারণে জীববিজ্ঞানের গবেষণায়, বিশেষ করে জিনকোষল ও জৈবপ্রযুক্তিতে এর ব্যবহার সুবিধাজনক।

### ১০.২.২ জিন প্রকৌশল বা rDNA প্রস্তরের জন্য প্রয়োজনীয় উপকরণসমূহ (Tools)

জিন প্রকৌশলে বা rDNA উৎপাদনে বিভিন্ন রকম উপাদানের প্রয়োজন হয়—

#### ১। প্রয়োজনীয় এনজাইমসমূহ :

- (ক) নিউক্লিক এসিড কর্তন বা হাইড্রোলাইসিসের জন্য :

*Endonucleases*—DNA এর প্রান্তবাদে অভ্যন্তরে যে কোন স্থানে কর্তন ও হাইড্রোলাইসিস ঘটায়।

*Exonucleases*—প্রধানত সূত্রের প্রান্তের 5'-3' দিকে বেস অপসারণ করে।

*Restriction endonucleases (RE)*—এগুলো অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ। এ শ্রেণীর এনজাইমসমূহ দ্বিতীয়ক �DNA এর সুনির্দিষ্ট ও প্রয়োজনীয় স্থান (specific target site) সনাক্ত করে এবং কর্তন করে। এদেরকে জৈব ছুড়িকা (Biological scissor) বলা হয়। এরা সাধারণত DNA এর উভয় সূত্রের একই রকম অথচ উন্টাক্রমে সজিল (Palindromic sequence) এর প্রতি সূত্রে 5'-3' দিকে ট্যাগার কাট প্রক্রিয়া কর্তন করে (চিত্র ১৯.৮)। এ পর্যন্ত প্রায় ২৫০ রকমের RE পৃথক করা হয়েছে।

- (খ) নিউক্লিক এসিড সংশ্লেষণের জন্য প্রয়োজনীয় এনজাইমসমূহ : *Reverse transcriptase*-এরা mRNA থেকে DNA সংশ্লেষণে সহায়তা করে। *Polymerases*- DNA সংশ্লেষণে সহায়তা করে।

*Terminal transferases*-এরা DNA-এর মুক্ত 3'OH প্রান্তে dTPS যোগ করে। (dTPS = deoxyribose triosphosphates)

- (গ) অন্যান্য এনজাইমসমূহ : Alkaline phosphatase, Methylase, kinase, Insertase ইত্যাদি।

২। Target gene : যে DNA বা জিনকে কোন জীবে rDNA এর মাধ্যমে স্থানান্তর করা হয়।

৩। টার্গেটজিনের পরিপূরক mRNA : Target জিন সঠিকভাবে পৃথক করা সম্ভব না হলে তা জিনের পরিপূরক mRNA এর সহায়তায় রিভার্স ট্রান্সক্রিপশনে এনজাইম ব্যবহার করে উক্ত টার্গেট জিন সংশ্লেষণ করে নেওয়া হয়।

৪। বাহক (Vectors) : টার্গেট জিনের বাহক হিসাবে সাধারণত বিভিন্ন রকম প্লাজমিড, (যেমন— Ti, R<sub>i</sub>, PBR<sub>12</sub>, ইত্যাদি প্লাজমিড) অথবা ফাইজ বা Plasmid (Plas এবং Plasmid এর সংমিশ্রণ) ব্যবহার করা হয়।

৫। মার্কারস (Markers) : এগুলো এক ধরনের DNA অনুক্রম (sequence) যা কোন বিশেষ এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী বা একাধ জিন হিসাবে কাজ করে।

৬। বিভিন্ন রকমের ডিঅ্যুরাইবো নিউক্লিওটাইডস (dTPS)।

৭। Linkers- এরা ক্ষুদ্র দ্বি-সূত্রক DNA যে যার সুনির্দিষ্ট site থাকে; যেমন E<sub>co</sub> R<sub>1</sub> linker, SAL linker ইত্যাদি।

৮। ATP, Alkali, কিছু প্রোটিন ফ্যাট্র ইত্যাদি।

৯। অণুজীব বা অন্য উদ্ভিদ বা প্রাণী, যাতে rDNA ক্লোন করা হয়।



Herb Boyer (1972)

প্রথম rDNA প্রকৌশল প্রবর্তন করেন

### ১০.২.৩ রিকমিনেট DNA প্রস্তুতের ধাপসমূহ (Different steps for Recombinant DNA technology)

Boyers and Cohen (1973) প্রথম রিকমিনেট DNA প্রকৌশল প্রবর্তন করেন। এরপর Recombinant DNA (rDNA) তৈরির অনেক কৌশল (Technology) উদ্ভাবিত হয়েছে। নিম্নে আধুনিক এবং সবচেয়ে সুবিধাজনক কৌশলটির ধাপসমূহ বর্ণনা করা হলো—

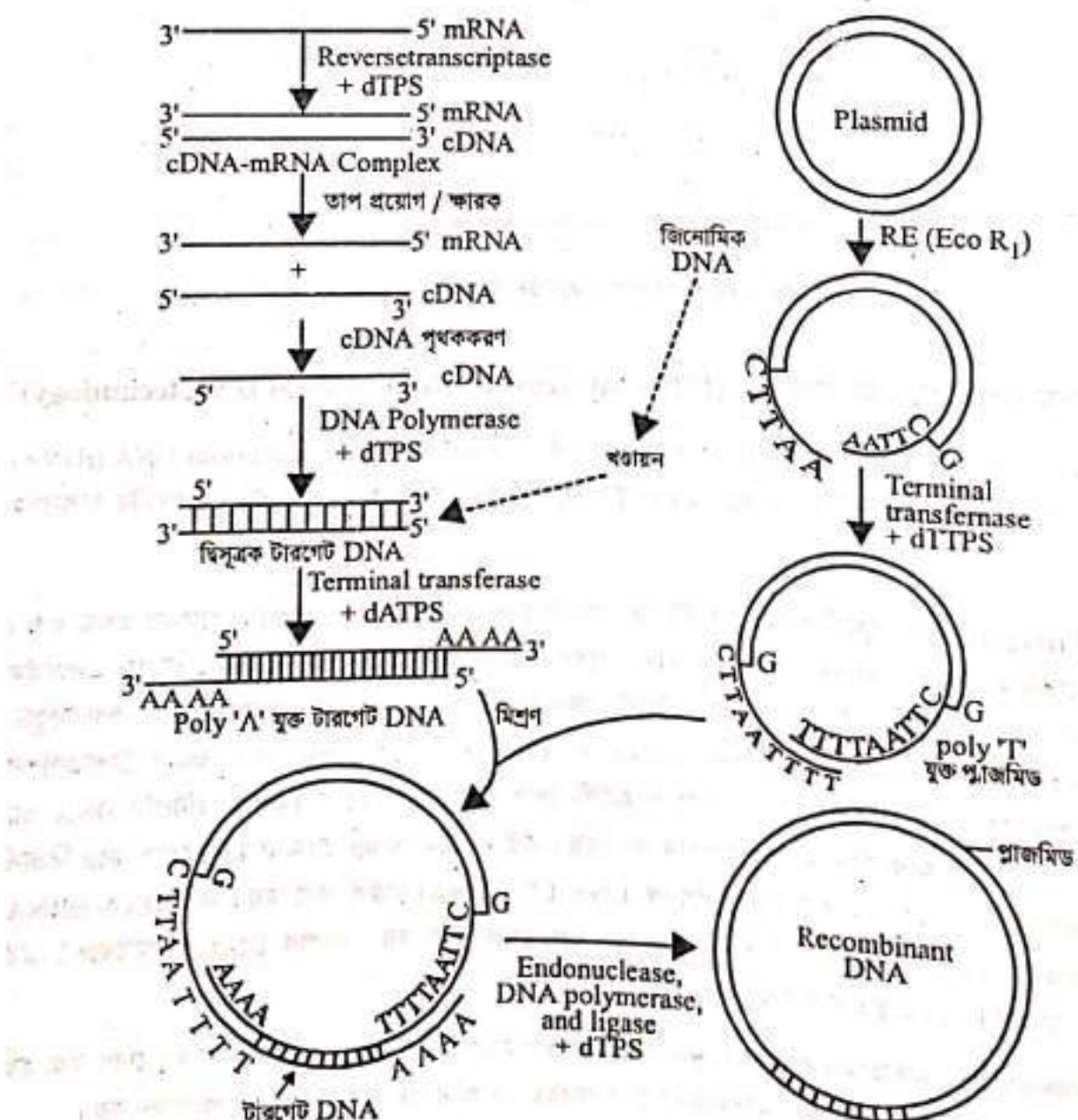
১। কার্ডিক জিন (target DNA) পৃথকীকরণ : টাগেট জিন সনাত্তকরণ ও পৃথকীকরণ— rDNA প্রস্তুতের প্রথম ধাপ। কোন জীবের ক্লোমোজে অবস্থিত কার্ডিক জিন যুক্ত DNA পৃথক করে নির্দিষ্ট রেস্ট্রিকশন এডেনিউক্লিয়েজ এনজাইম দ্বারা কর্তন করে টাগেট জিন পৃথক করা হয়। এভাবে টাগেট জিন সনাত্ত করা ও কার্ডকর অবস্থায় পৃথক করা কিছুটা কষ্টসাধ্য। তাই বর্তমানে টাগেট জিনের পরিপূরক mRNA বা Pre-mRNA কে পৃথক করে রিভার্স ট্রান্সক্রিপশন এনজাইমের সহায়তায় টাগেট জিন তৈরি করে নেওয়ার প্রক্রিয়াটি বেশি নিরাপদ ও বহুল প্রচলিত। (টাগেট DNA এর পরিপূরক mRNA পৃথক করে একে সাঁচ হিসাবে ব্যবহার করা হয়। এর মাধ্যমে বিভিন্ন রকম d TPS যোগ করে রিভার্স ট্রান্সক্রিপটেজ এনজাইমের সহায়তায় এক সূত্রক-পরিপূরক DNA (বা CDNA) প্রস্তুত করা হয়। এ CDNA-mRNA সংকর থেকে ক্ষারকের (Alkali) সহায়তায় একসূত্রক CDNA কে পৃথক করা হয়। এরপর DNA পলিমারেজ-১-এর সহায়তায় দ্বি-সূত্রক টাগেট DNA প্রস্তুত করা হয়।

এরপর টার্মিনাল ট্রান্সফারেজ এনজাইমের সহায়তায় মুক্ত 3'OH প্রান্তখনে নির্দিষ্ট সংখ্যক dA নিউক্লিওটাইড যোগ করা হয় (যাতে নিউক্লিয়েজ এনজাইম দ্বারা টাগেট জিন ক্ষতিগ্রস্ত না হতে পারে)। এ প্রক্রিয়ায় জন্য ATP এর প্রয়োজন হয়।

২। প্লাজমিড বাহক (Plasmid Vector) পৃথক করণ : সেন্টিফিউগেশন ও ইলেক্ট্রোফোরেসিস প্রক্রিয়ায় প্লাজমিডকে পৃথক করে বিতর্ক করা হয় (বিস্তারিত অধ্যায় ১৮)। নির্দিষ্ট কোন প্লাজমিডে মার্কার হিসাবে কোন এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী জিন স্থাপন করা হয়। সাধারণত Ti, Ri, PBR 322 ইত্যাদি প্লাজমিড rDNA প্রস্তুতে বেশি ব্যবহার করা হয়।

৩। প্লাজমিডকে RE দ্বারা কর্তন : রেস্টিকশন এডেনিউক্লিয়েজ (RE) দ্বারা প্লাজমিডের একটি সুনির্দিষ্ট স্থানে কর্তন করা হয়। এতে বৃত্তাকার প্লাজমিড DNA দুটি অসম আঠালো (Sticky) প্রান্ত যুক্ত বৈধিক DNA তে পরিণত হয়। এরপ

কর্তনকে 'Tagger cut' বলে। [যেমন, *Eco*-*R*-I প্লাজমিডের  $\frac{\text{CTTAA} \downarrow \text{G}}{\text{G} \uparrow \text{AATT}}$  এভাবে কর্তন করে।] প্লাজমিড DNA কর্তনের পর এর অসম প্রাপ্ত দুটিতেও নির্দিষ্ট সংখ্যক dT নিউক্লিওটাইড যোগ করা হয়। একেক্ষে টারমিনাল ট্রান্সফারেজ এনজাইম ও ATP এর প্রয়োজন হয়।



চিত্র-২০.১ : Recombinant DNA তৈরির ধাপসমূহ

৪। রিকমিনেট �DNA প্রস্তুতকরণ : উপরোক্ত টামেট �DNA এবং প্লাজমিড DNA কে এরপর একসাথে মিশ্রিত করলে Poly dA এর সাথে Poly dT সম্পূরকত্ব সৃষ্টি করে দুটি খণ্ড হয়ে একটি চক্রাকার হাইব্রিড rDNA তে পরিণত হয়। চক্রের সংযোগ স্থলের কাঁকা স্থান Exonuclease III, DNA polymerase I এবং Ligase এর মাধ্যমে d TPS দ্বারা পূর্ণ করা হয়। এভাবে রিকমিনেট �DNA প্রস্তুত করা হয়।

৫। rDNA কে পোষক কোষে স্থানান্তর ও কার্যকারিতা পরীক্ষা : rDNA কে এরপর  $\text{CaCl}_2$  দ্রবণে *E.Coli* বা অন্য কোন সুবিধাজনক পোষক কোষের সাথে মিশ্রিত করা হয়। প্রথমে ঠাণ্ডা এবং পরে হঠাতে তাপমাত্রা বাড়িয়ে দিলে স্থানান্তর (transformation) প্রক্রিয়ায় rDNA পোষক কোষে প্রবেশ করে। সংক্রান্ত rDNA বা কৃত্রিম প্লাজমিড কোন কোষে প্রবেশ করে তা পরীক্ষা করে নির্ণয় করা হয়। পোষক কোষে rDNA এর বৈশিষ্ট্য প্রকাশ, অনুলিপন ইত্যাদি ঠিকমত ঘটে কিনা তা ও পর্যবেক্ষণ করা হয়।

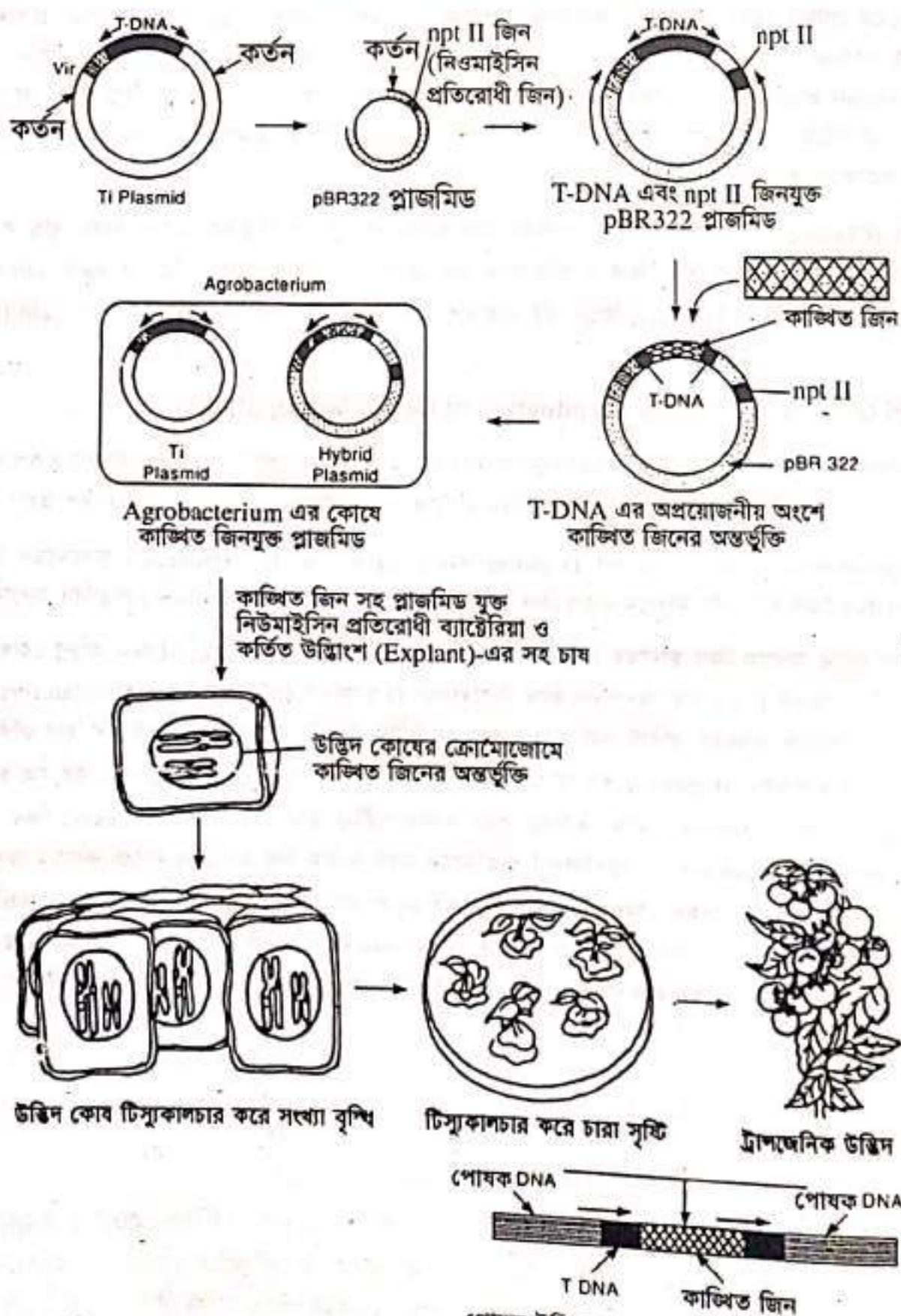
৬। ক্লোনিং (Cloning) : উৎপাদিত rDNA কার্যকর হলে ফিশন বা ক্লোনিং প্রক্রিয়ায় এদের সংখ্যা বৃদ্ধি করা হয়। উৎপাদিত অণুজীবকে ক্লোন বলা হয়। আর এ প্রক্রিয়াকে জিন ক্লোনিং বলা হয়। উচ্চতর উদ্ভিদেও একপ �rDNA প্রয়োগ করে gene cloning উদ্ভিদ বা Transgenic উদ্ভিদ সৃষ্টি করা যায়। ক্ষেত্রেও ক্লোনিং করা সম্ভব হচ্ছে, যেমন— ডলি (ডেডো)।

### ১০.৩ জিন ক্লোনিং উদ্ভিদ উৎপাদন (Production of Gene cloning plants)

একটি উদ্ভিদের জিন পৃথক করে অন্য উদ্ভিদের জিনোমে স্থানান্তর করাকে জিন ক্লোনিং বলে। যে উদ্ভিদে একপ বহিরাগত (Foreign) জিন স্থানান্তর করা হয় তাকে জিন ক্লোনিং উদ্ভিদ বা ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ (Transgenic plant) বলা হয়।

প্রধানত *Agrobacterium tumifaciens* এর Ti (tumor inducing) এবং Ri (root inducing) প্লাজমিডের সহায়তায় রিক্ষিনেট ডিএনএ তৈরি করে তার মাধ্যমে একপ জিন ক্লোনিং উদ্ভিদ সৃষ্টি করা হয়। (Ti plasmid বিস্তারিত অধ্যায় ১৮)।

(ক) Ti প্লাজমিডের মাধ্যমে জিন স্থানান্তর : Ti প্লাজমিডের Virulence (vir) অংশসহ T-DNA অক্ষুণ্ণ রেখে অবশিষ্ট অংশ টাগেট জিন বিশিষ্ট ডিএনএ ধারা অপসারণ করে রিক্ষিনেট Ti প্লাজমিড তৈরি করা হয়। *Agrobacterium*-এর কোষে কার্ডিফল্ট জিনযুক্ত প্লাজমিড প্রবিস্ট করা হয়। এরপর যে উদ্ভিদে জিনটি স্থানান্তরিত করতে হবে তার কর্তৃত অংশ, যেমন— পাতা, কাও ইত্যাদি (Explants) এর সাথে এ রিক্ষিনেট প্লাজমিড মুকুল *Agrobacterium* এর সহ চাষ (Co-cultivation) করা হয়। সাধারণত সনাত্ত করণের জন্য এন্টিবায়োটিক প্রতিরোধী মার্কার (Marker) জিন (যেমন— নিওমাইসিন ফসফেট্রান্সফারেজ n pt II) রিক্ষিনেট প্লাজমিডের সাথে সংযুক্ত করা হয় এবং সনাত্ত করণের জন্য আবাদ মাধ্যমে প্রয়োজনীয় সাবকন্ট্রুট (যেমন— নিওমাইসিন এন্টিবায়োটিক) ব্যবহার করতে হয়। ব্যাটেরিয়ার যে কোষগুলোতে এ রিক্ষিনেট প্লাজমিড থাকে তারা বেঁচে থাকে এবং ক্যালাস টিসু (Calus tissue) সৃষ্টি করে। মার্কারের সহায়তায় নির্বাচিত টিউমার বা ক্যালাস টিসু বেঁটে খও খও করে আবাদ মাধ্যমে চাষ করে জিন ক্লোনিং প্রাপ্ত বা ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ সৃষ্টি করা হয়।



টিআ-২০.২ : ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ সৃষ্টির ধাপসমূহ।

Abel *et al* (1986) Ti প্রাজমিডে TMV এর কোটপ্রোটিন জিন (cp) ক্লোন করে তা *Petunia* উদ্ভিদে স্থানান্তর করে তেন উদ্ভিদ বা ট্রানজেনিক উদ্ভিদ সৃষ্টি করেন। একই ভাবে  $T_2$ -cp জিন স্থানান্তর করে TMV প্রতিরোধী ট্রানজেনিক তামাক ও টমেটো উদ্ভিদ সৃষ্টি করা হয়েছে।

(৪) *Ri* প্রাজমিডের সহায়তায় জিন স্থানান্তর : *A. rhizogines*-এর *Ri* প্রাজমিডকেও একইভাবে ব্যবহার করা যায়। একেতে ক্যালাস টিসু সৃষ্টির পরিবর্তে উদ্ভিদের গোড়ায় এবং ক্ষতে চুলের ন্যায় অসংখ্য সূক্ষ্ম মূলের সৃষ্টি হয়। এগুলোকে আবাদ মাধ্যমে উপযুক্ত মার্কার সংযুক্ত রিকিউনেন্ট DNA যুক্ত ব্যাটেরিয়ার সাথে সহচর করে জিন ক্লোনিং উদ্ভিদ বা ট্রানজেনিক উদ্ভিদ সৃষ্টি করা যায়।

(৫) ভৌত উপায়ে সরাসরি জিন স্থানান্তর : rDNA প্রতিরোকে কতগুলি ভৌত প্রক্রিয়ার মাধ্যমেও উদ্ভিদে জিনের স্থানান্তর বা জিন ক্লোনিং করা যায়। যেমন— Polyethylene glycol (PEG), Electroporation, Microprojectile bombardment ইত্যাদি ভৌত প্রক্রিয়ার মাধ্যমেও সরাসরি উদ্ভিদে কান্তিকত (Target) জিন স্থানান্তর করে জিন ক্লোন উদ্ভিদ বা ট্রানজেনিক উদ্ভিদ সৃষ্টি করা যায় (বিস্তারিত অধ্যায়-১৯.৮)।

**১০.৪ জেনেটিক স্থানান্তর প্রক্রিয়া (Genetic transformation)** এবং এর মাধ্যমে *Trangenic* উদ্ভিদের সৃষ্টি কোন উদ্ভিদের জিনোমে বিভিন্ন উৎস থেকে প্রাপ্ত এক বা একাধিক কান্তিকত জিন কার্যকর ভাবে স্থানান্তরের ঘটনাকে জেনেটিক স্থানান্তর (Genetic transformation) বলে, আর যে উদ্ভিদে জিন ক্লোন করা হয় তাকে *Trangenic* উদ্ভিদ বলা হয়।

গত শতাব্দির আগির দশক থেকেই জেনেটিক ট্রান্সফরমেশন প্রক্রিয়ায় ট্রানজেনিক উদ্ভিদ সৃষ্টিতে সফলতা আসে। বর্তমানে রিকিউনেন্ট DNA এবং টিসু কালচার ছাড়াও গবেষণাগারে জিন স্থানান্তরের জন্য বিভিন্ন কৌশল প্রয়োগ করা হয়। নিম্নে জিন স্থানান্তরের মাধ্যমে *Trangenic* উদ্ভিদ সৃষ্টির কৌশলসমূহ বর্ণনা করা হলো—

(১) *Agrobacterium tumifaciens* এর Ti এবং *Ri* প্রাজমিডের মাধ্যমে (অধ্যায় ১১.৩ স্মরণ্য)।

(২) Leaf disc infection technique : পাতার পৃষ্ঠকে জীবাণুযুক্ত করে এর ছোট ছোট খণ্ড (Disc) কে নির্ধারিত প্রাজমিড সমূক *A. tumifaciens* দিয়ে আক্রমণ করা হয়। আক্রমণ পাতার খণ্ডসমূহ ক্যানিস্যোইসিন সংযোগিত নির্বাচিত পুষ্টি মাধ্যমে আবাদ করা হয়। *Petunia*, টমেটো, তামাক, প্রজ্ঞতি অনেক উদ্ভিদ এ প্রক্রিয়ায় জিন স্থানান্তর করা সম্ভব হয়েছে। Horsch *et al* (1985) প্রমাণ করেন যে এ প্রক্রিয়ায় ২-৪ সপ্তাহের মধ্যে *Trangenic* উদ্ভিদ সৃষ্টি করা যায়। Deak *et al* (1986) আলফা আলফা উদ্ভিদের কাও খতকে এ প্রক্রিয়ায় *Trangenic* উদ্ভিদ জন্মাত্ব করেন।

৩। সরাসরি জিন স্থানান্তর (Direct transformation of genes) : একবীজপত্রী উদ্ভিদে Ti বা *Ri* বা একাধিক প্রাজমিড দ্বারা সৃষ্টি rDNA এর সহায়তায় জিন স্থানান্তর সম্ভব হয়নি। কিন্তু ধান, গম, জুটা সহ বেশ কিছু একবীজপত্রী এবং বি-বীজপত্রী উদ্ভিদে নিম্নলিখিত ভাবে সরাসরি জিনের স্থানান্তর ঘটিয়ে *Trangenic* উদ্ভিদ সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে—

(ক) Electroporation : এ পদ্ধতিতে প্রোটোপ্লাস্ট এবং বিভিন্ন উৎস থেকে পৃষ্ঠকৃত DNA প্রিপ্রে স্বরূপে উচ্চ তেলেজের বৈদ্যুতিক pulse সংযোগিত করা হয়। এর ফলে প্রোটোপ্লাজমিক পর্যায় হিস্তের সৃষ্টি হয় এবং এর মধ্যাদিয়ে DNA অণুন প্রবেশ ঘটে। একেতে 250-350 volt/mili Sec. ব্যবহার করা হয়। Electroporation unit নির্মাণ-ব্যয় বেশ নয়। এ পদ্ধতিতে ধান, গম, জুটা, সরিষা ইত্যাদি *Trangenic* উদ্ভিদ সৃষ্টি করা হয়েছে।

(৬) Polyetheline Glycol (PEG) ভিত্তিক জিন স্থানান্তর : বিভিন্ন উভিদ ও প্রাণীতে সোমাটিক কোষ হাইব্রিডাইজেশনের জন্য PEG একটি প্রবল Fusion agent হিসাবে কাজ করে। এ PEG প্রোটোপ্লাস্টের DNA প্রহণ ক্ষমতা অনেকগুণ বৃদ্ধি করে এবং Transformation ঘটায়। PEG ব্যবহার করে সর্বপ্রথম তামাকের প্রোটোপ্লাস্টকে ভিন্ন উৎস থেকে প্রাণ জিন দ্বারা Transformation ঘটিয়ে Tissue culture পদ্ধতিতে পূর্ণাঙ্গ Transgenic উভিদ সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে। এ প্রক্রিয়া এখন অনেক উভিদে ব্যবহার করা হচ্ছে।

(৭) Microinjection : প্রথমে স্লাইডে এগারোজের মধ্যে মাইক্রোপিপেটের সহায়তায় প্রোটোপ্লাস্ট নিয়ে এর মধ্যে কার্ডিক জিনযুক্ত DNA মাইক্রোনিডল দ্বারা ইনজেক্ট করা হয়। ইনজেক্ট করা প্রোটোপ্লাস্ট থেকে টিসু কালচারের মাধ্যমে Transgenic উভিদ সৃষ্টি করা যায়। Crossway *et al* (1986) এ প্রক্রিয়ায় তামাক গাছের মেসোফিল কোষের প্রোটোপ্লাস্টে সরাসরি DNA ইনজেক্ট করে ১৪% বহিঃ DNA স্থানান্তর করেন। এছাড়া সরিষা, *Medicago* প্রভৃতি উভিদে এ প্রক্রিয়া Transgenic উভিদ সৃষ্টি করা হয়েছে।

(৮) Microprojectile bombardment : এ পদ্ধতিতে সূক্ষ্ম Microprojectile কে নির্ধারিত DNA দ্বারা আবর্তিত করে Particle gun এর সাহায্যে দ্রুত উচ্চগতিতে উভিদের কোষপ্রাচীর বা কোষ বিক্রী ভেদ করে সংঘার করা হয়। Klein *et al* (1987) এ পদ্ধতিতে পেয়াজের বহিঃজিন স্থানান্তর করতে সক্ষম হন। এ প্রক্রিয়া অবলম্বন করে Transgenic ভূঁটা এবং সয়াবিন উভাবন করা হয়েছে।

(৯) Laser micropuncture : অতি সম্প্রতি laser micropuncture পদ্ধতিতে প্রাণী ও উভিদের কোষে সরাসরি কার্ডিক জিনযুক্ত প্রাজমিড সংঘারণ করে Transgenic প্রাণী ও উভিদ সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে।

(ট) পরাগ রেণুতে জিনের স্থানান্তর করে এ পরাগ দ্বারা পরাগায়ন ঘটানোর মাধ্যমেও Transgenic উভিদ সৃষ্টি করাও সম্ভব হয়েছে।

## ১০.৫ .শস্য উন্নয়নে জিন স্থানান্তরের ব্যবহার (Application of gene Transformation for the Improvement of crops)

### অর্থাৎ, শস্য উন্নয়নে Transgenic উভাবনের গুরুত্ব (2008)

গত শতাব্দির আশির দশক থেকে Transgenic উভিদ উৎপাদনের কৌশল বিজ্ঞানীরা কৃষিতে ব্যবহার করে আসছেন এবং এর মধ্যে অনেক ক্ষেত্রে বিরাট সাফল্য অর্জিত হয়েছে। রোগবালাই ও কীটপতঙ্গ শস্যের প্রভৃতি ক্ষতি সাধন করে, ফলে কমিয়ে দেয়; এতেলোকে দমন করতে প্রচুর রাসায়নিক পদার্থও কৃষিক্ষেত্রে প্রয়োগ করতে হচ্ছে। এসব রাসায়নিক পদার্থের জন্য একদিকে ব্যয় হচ্ছে প্রচুর অর্থ, অন্যদিকে ঘটিছে পরিবেশ দূষণ। আধুনিক জিন স্থানান্তর প্রযুক্তির মাধ্যমে রোগ প্রতিরোধক্ষম, কীট-পতঙ্গ প্রতিরোধী, উচ্চ ফলনশীল উন্নত মানের Transgenic বা GM (genetically Modified) বাদ্য ও শস্যের জাত উৎপাদন সম্ভাবনার নব-দিগন্ত উন্মোচন করেছে। শস্য উন্নয়নে জিন স্থানান্তর প্রক্রিয়ার প্রয়োগ উদাহরণসহ নিম্নে আলোচনা করা হলো—

১। কীটপতঙ্গ প্রতিরোধী ফসলের উভাবন : জিন স্থানান্তর প্রযুক্তি ব্যবহার করে বেশ কিছু পতঙ্গ প্রতিরোধী ফসলের জাত উভাবন করা সম্ভব হয়েছে। *Bacillus thuringiensis* ব্যাটেরিয়া স্পোর সৃষ্টির সময় একধরনের প্রোটিন সৃষ্টি করে যা ৫০ টিরও বেশি লেপিডোপটেরান জাতীয় পতঙ্গের উপর প্রবল ভাবে বিষাক্ত, কিন্তু মেরুদণ্ডী প্রাণীর কাছে বিষাক্ত নয়। এই ব্যাটেরিয়ার টক্সিন সৃষ্টিকারী BT জিনটি *Agrobacterium* এর Ti প্রাজমিডে ক্লোন করে *Agrobacterium PG 2260* সৃষ্টি

করা হয় এবং এই ব্যাটেরিয়া দ্বারা সংক্রমণ ঘটিয়ে ফসলী উত্তিদে এই জিন স্থানান্তরিত করা হয়। এ প্রক্রিয়ায় টমেটো, গোলআলু, তামাক, তুলা প্রভৃতির পতঙ্গ-প্রতিরোধী জাত সৃষ্টি করা হয়েছে। এই একই প্রক্রিয়ায় রোগ প্রতিরোধকারী BT-11 জাতের ভূট্টা উৎপাদন করা সম্ভব হয়েছে। ১৯৯৪ সালে আমেরিকার Calgene নামক কোম্পানি সর্বপ্রথম "Flavr Savar" নামক Transgenic টমেটো বাজারজাত করে। এ জাতের টমেটো পতঙ্গ প্রতিরোধী, ভাইরাস প্রতিরোধী, পচনরোধী এবং বর্ণ ও আগে আকর্ষণীয়।

২। আগাছা বারক (Herbicide) সহনশীল উত্তিদ উৎপাদন : আগাছা ফসলী উত্তিদের বিশেষ ক্ষতি করে বিধায় নিডানী দিয়ে আগাছা তুলে ফেলা হয়। এ কাজে প্রচুর শ্রম ও অর্দের অপচয় হয়। এছাড়া আগাছা বারক (herbicide) প্রয়োগের মাধ্যমেও আগাছা ধ্বংস করা যায়। এতে খরচ অপেক্ষাকৃত কম হলেও অনেক ফসলী উত্তিদ হার্বিসাইড সহ্য করতে পারে না বা দুর্বল হয়ে যায়। অধুনা জিনপ্রযুক্তির সহায়তায় হার্বিসাইড সহনশীল Transgenic উত্তিদ সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে। Shah *et al* (1986) হার্বিসাইড সহনশীল *Petunia hybida* তে বহুল ব্যবহৃত হার্বিসাইড glycophosphate সহনশীল কোষ নির্বাচিত করেন। এই কোষ থেকে হার্বিসাইডসহনশীল জিন Epsp (Enol pyruvyl Sikment-3-phosphate) আলাদা করে Ca MV<sub>35</sub>, এ ক্লোন করে হার্বিসাইড সংবেদনশীল *Petunia* কে সংক্রমিত করেন। সংক্রমিত অংশের ক্যালাস থেকে এই হার্বিসাইড প্রতিরোধী Transgenic *Petunia* উৎপাদন করেন। এ পদ্ধতিতে অবলম্বন করে অনেক ফসলী উত্তিদে সালফেনিল ইউরিয়া, ইমিডাজোলিন, ব্রামোকিসলিন, ট্রায়াজিন ইত্যাদি হার্বিসাইড প্রতিরোধী জাত সৃষ্টি করা হয়েছে। *Streptomyces hygroscopicus* থেকে পৃথককৃত 'bar' জিন তামাক, আলু এবং টমেটোতে স্থানান্তরিত করে ফসফিনোট্রিসিম হার্বিসাইড সহনশীল জাত সৃষ্টি করা হয়েছে।



চিত্র-১০.৩ : GM টমেটো 'Flavr savar' সহ বিজ্ঞানী Athanasios

৩। ভাইরাস প্রতিরোধী শস্য উৎপাদন : জিন স্থানান্তর প্রযুক্তি ব্যবহার করে বেশ কিছু ভাইরাস প্রতিরোধী Transgenic শস্যের জাত উৎপাদন করা সম্ভব হয়েছে। Abel *et al* (1986) *A. tumefaciens* এর Ti প্রাজমিভে TMV এর Coat Protein জিন (CP) ক্লোন করে এই কাইমেরিক প্রাজমিভ *Petunia* এর কোষে স্থানান্তর করেন। এই কোষকে আবাদ করে Transgenic *Petunia* উত্তিদ পাওয়া যায়, যা TMV প্রতিরোধী। একইভাবে T<sub>2</sub>-CP জিন স্থানান্তর করে Transgenic তামাক ও টমেটো উৎপাদন করা হয়েছে, যা TMV প্রতিরোধী। একই প্রক্রিয়ায় CMV, PVX, ALMV (Alfa-alfa mosaic virus) প্রতিরোধী জাত সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে।

৪। **Antibiotics** প্রতিরোধী উত্তিদ সৃষ্টি : অধুনা ক্ষতিকর antibiotics প্রতিরোধী জিন স্থানান্তর করে antibiotics প্রতিরোধী বা সহনশীল Transgenic শস্য সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে। ধান, জুটা, তামাক, টমেটো ও সরিষাতে এ প্রক্রিয়া ব্যবহার করে ক্যানাইমাইসিন ও জেন্টামাইসিন প্রতিরোধী জাত উত্পাদন করা হয়েছে (klee et al 1989)।

৫। **বীজের সঞ্চিত প্রোটিন বৃক্ষি** : জিন স্থানান্তর প্রক্রিয়া ব্যবহার করে বীজের সঞ্চিত প্রোটিনের পরিমাণ বৃক্ষি করা সম্ভব হয়েছে। যেমন— বীজের সঞ্চিত প্রোটিন ফ্যাপিওলিন সংশ্লেষণকারী জিনকে সূর্যমুখী ও তামাক স্থানান্তর করা সম্ভব হয়েছে।

৬। **বাহারী উত্তিদ সৃষ্টি** : বিভিন্ন রকম জিনের স্থানান্তরের মাধ্যমে অধুনা নানা রকম সুন্দর্য চিন্তাকর্ষক বাহারী উত্তিদ সৃষ্টি করা সম্ভব হয়েছে। এমনকি প্রাণীর জিন উত্তিদে সংযোজন করে আশ্চর্যজনক উত্তিদ সৃষ্টি করা সম্ভব হচ্ছে। আলোক বিচ্ছুরণশীল Transgenic তামাকগাছ এর একটি বিশেষ উদাহরণ। জোনাকি পোকার আলোক বিচ্ছুরণকারী জিন তামাক গাছে স্থানান্তরের মাধ্যমে এই অত্যাচার্য নয়নাভিরাম আলোক বিচ্ছুরণশীল তামাক গাছ উত্পাদন করা হয়েছে, যা অক্ষকারে আলো ছড়ায়।

৭। **Super Rice** : সুইজেনের বিজ্ঞানী Potrycus এবং তাঁর সহকর্মীবৃন্দ *O. japonicus* জাতের ধানে *Daphodil*-এর বিটাক্যারোটিন (ভিটামিন A এর পূর্বসূরী) তৈরির চারটি জিন এবং অতিরিক্ত আয়রণ তৈরির তিনটি জিন অন্তর্ভুক্ত করে নতুন জাতের Super rice উত্পাদন করেন যা এশীয় বাসীদের জন্য অত্যন্ত সুখবর।

উপরোক্ত আলোচনা ও উদাহরণ থেকে স্পষ্ট প্রতীয়মান হয় যে genetic transformation প্রক্রিয়ায় সৃষ্টি ফসল ও অন্যান্য উত্তিদের গুরুত্ব অপরিসীম। ফসলের ফলনের বৃক্ষি, কীটপতঙ্গ প্রতিরোধী বৈশিষ্ট্যের অন্তর্ভুক্তি, শস্যদানার প্রোটিনের বৃক্ষি, হার্বিসাইড সহ্য করার ক্ষমতা যুক্ত Transgenic ফসলী উত্তিদের গুরুত্ব জমেই বৃক্ষি পাচ্ছে। এ প্রযুক্তি ভবিষ্যতে আরও উন্নতমানের ফসল লাভের সম্ভাবনার দ্বারা উন্মোচন করেছে। Transgenic উত্তিদের চাষ ১৯৯৯ সালে ছিল প্রায় ৪০ মিলিয়ন হেক্টের, ২০০৬ সালে তা বেড়ে দাঁড়িয়েছে প্রায় 102 মিলিয়ন হেক্টেরে (Clive James, 2006)। সুতরাং Transgenic ফসলী উত্তিদের উত্পাদনের গুরুত্ব যে অপরিসীম তা মানুষ অনুধাবন করছে।

## ১০.৬ Restriction endonuclease বা Restriction enzyme (RE)

যে সমস্ত এনজাইম DNA অণুর নির্দিষ্ট ক্রম পর্যায়িক বেস বিশিষ্ট স্থানগুলোকে বিভিন্ন করে তাদেরকে Restriction endonuclease বা Restriction enzyme (RE) বলে। এই RE-কে জিন প্রকৌশলের রাসায়নিক ছুড়িকা হিসাবে ব্যবহার করা হয়। বহু সংখ্যক (২৫০) RE সনাক্ত করা সম্ভব হয়েছে। এক একটি RE এক একটি সুনির্দিষ্ট পর্যায়ে বিন্যস্ত বেসসমূহকে আঘাত করে ও ভেঙে দেয়। এই স্থানকে Restriction site বলে। এই এনজাইম DNA অণুর Palindromic ক্রমকে ভেঙে দেয়। একটি বিন্দু থেকে উভয়দিকে বেস জোড়ের ক্রম একই হলে এই ক্রমকে Palindromes বলে। যেমন—

3 4 5 6 7 8 9  
—————  
9 8 7 6 5 4 3

AND                    MADAM                    DNA

RE-এর আর একটি বিশেষ বৈশিষ্ট্য হলো এরা DNA স্থানয়েকে এমনভাবে দু'টি পৃথক বিন্দুতে কাটে (Staggered cuts) যে পরিপূরক একস্তু আঠালো (Sticky) প্রান্তসূত্র DNA খণ্ড তৈরি করে। ফলে একটি RE (যেমন— E coRI) দ্বারা কাটা যে কোন জিন বা DNA খণ্ডকে এই একই RE দ্বারা কর্তৃত যে কোন প্রাজন্মিক বা ফেজের DNA এর সাথে সংযুক্ত করা যায়। *E. Coli*-এর রেস্ট্রিকশন এনজাইম (E coRI) দ্বারা DNA অণুর যে সকল স্থানে বেসের বিন্যাস 'GAATTC' কেবল

যে সকল স্থান ভেগে ফেলান যায়। এই এনজাইমটি আর কোন ভাবে সাজানো বেসসমূহকে কাটতে বা ভাঙতে পারে না। নিম্নে কয়েকটি RE-এর নাম, উৎস এবং যে বেসক্রমকে এরা ভাঙতে পারে তা উল্লেখ করা হলো—

RE-এর নাম	উৎস	লক্ষ্যস্থল (Restriction site)
EcoR I	<i>E. Coli</i> <i>Ry13</i>	$5' \xrightarrow{\downarrow} \begin{matrix} G & A & A & T & T & C \\ C & T & T & A & A & G \end{matrix} 3'$ $3' \xleftarrow{\uparrow} \begin{matrix} & & & & & \\ C & C & T & G & G \\ G & G & A & C & C \end{matrix} 5'$
Eco R II	<i>E. Coli</i> <i>R245</i>	$5' \xrightarrow{\downarrow} \begin{matrix} & & & & \\ C & C & T & G & G \\ G & G & A & C & C \end{matrix} 3'$ $3' \xleftarrow{\uparrow} \begin{matrix} & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{matrix} 5'$
BamH I	<i>Bacillus amoylolique faciens</i>	$5' \xrightarrow{\downarrow} \begin{matrix} & & & & \\ G & A & T & T & C \\ C & T & A & A & G \end{matrix} 3'$ $3' \xleftarrow{\uparrow} \begin{matrix} & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{matrix} 5'$
Bal II	<i>B. globiggi</i>	$5' \xrightarrow{\downarrow} \begin{matrix} & & & & \\ A & G & A & T & C & T \\ T & C & T & A & G & A \end{matrix} 3'$ $3' \xleftarrow{\uparrow} \begin{matrix} & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{matrix} 5'$
Hba I	<i>Haemophilus haemolyticus</i>	$5' \xrightarrow{\downarrow} \begin{matrix} & & & & \\ G & C & G & C \\ G & G & C & G \end{matrix} 3'$ $3' \xleftarrow{\uparrow} \begin{matrix} & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{matrix} 5'$
Sal I	<i>Streptomyces albus</i>	$5' \xrightarrow{\downarrow} \begin{matrix} & & & & \\ G & T & C & G & A & C \\ C & A & G & C & T & G \end{matrix} 3'$ $3' \xleftarrow{\uparrow} \begin{matrix} & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{matrix} 5'$

চিত্র-২০.৪ : কয়েকটি RE এবং রেস্ট্রিকশন সাইড

#### RE এর ব্যবহার :

- RE কে DNA কর্তনের সূক্ষ্ম ছুড়িকা হিসাবে ব্যবহার করা হয়।
- Recombinant DNA তৈরির কাজে RE বিশেষ প্রয়োজন হয়। Plasmid বা ফাজকে RE দ্বারা কেটে কোন জিনকে সংযুক্ত করে Recombinant DNA তৈরি করা হয়।
- DNA এর বেসের ক্রম নির্ণয়ের জন্য RE দ্বারা DNA কেটে ছোট ছোট খণ্ডে পরিণত করা হয় এবং বিশ্লেষণ করা হয়।
- এর সহায়তায় Restriction Map অঙ্কন করা যায়। এ প্রক্রিয়ায় প্রথমে SV40 ভাইরাসকে Hpa II দ্বারা ১১টি খণ্ডে ভাগ করে বিশ্লেষণ করে Restriction Map অঙ্কন করা হয়।
- RE সহায়তায় DNA খণ্ড করে একাধিক অংশ লাইগেজের সহায়তায় জোড়া শাগিয়ে কৃতিম জিন তৈরি করা যায়।

## অনুশীলনী

### অতিসংক্ষিপ্ত প্রশ্ন

- ১। রিকমিনেন্ট DNA কী (What is recombinant DNA) ?
- ২। জিন প্রকৌশল বলতে কী বুঝ (What do you mean by genetic engineering) ?
- ৩। বায়োটেকনোলজি কী (What is biotechnology) ?
- ৪। জিনক্লোনিং কী (What is gene cloning) ?
- ৫। Restriction endonuclease এর কাজ কী ?
- ৬। Reverse transcriptase কী ?
- ৭। Target gene কী ?
- ৮। বাহক (Vectors) বলতে কী বুঝ ?
- ৯। মার্কার (Markers) কী ?
- ১০। Tagger cut বলতে কী বুঝ ?
- ১১। Ti plasmid কী ?
- ১২। Trangenic উদ্ভিদ কী ?
- ১৩। Explants কী ?
- ১৪। Plaindromic sequence বলতে কী বুঝ ?
- ১৫। দুটি রেস্ট্রিকশন এনজাইমের নাম লিখ। [উত্সসহ]। (Writ down names of two restriction enzyme with sources) !

### সংক্ষিপ্ত ও রচনামূলক প্রশ্ন

১. (ক) জৈব প্রযুক্তি ও জিন প্রকৌশল বলতে কী বুঝ ? ৫  
(খ) দৃষ্টান্তসহ ট্রানজেনিক ফসলী উদ্ভিদ উদ্ভাবনের গুরুত্ব ব্যাখ্যা কর। ৫ [জা. বি. এম.এসসি শেষ পর্ব-২০০৮]
২. (ক) রিকমিনেন্ট DNA কৌশল বলতে কী বুঝ? জিনকৌশলে ব্যবহৃত উৎসেচকসমূহের নাম লিখ। ৩+২=৫  
(খ) রিকমিনেন্ট DNA প্রস্তুত করার জন্য প্রয়োজনীয় ধাপসমূহ বর্ণনা কর। জীববিজ্ঞানের গবেষণায় একটি রিকমিনেন্ট DNA অণুর সুবিধা কি ? [জা. বি.এম.এসসি শেষ পর্ব- ২০০৯, ২০০৭, ২০০৫]
৩. (ক) রিকমিনেন্ট DNA টেকনোলজি কি ? ৩  
(খ) কিভাবে রিকমিনেন্ট DNA প্রস্তুত করা হয়, উদাহরণসহ ব্যাখ্যা কর। ৩  
(গ) DNA টেকনোলজির প্রয়োজনীয়তা কি ? ৩ [জা.বি.এম.এসসি শেষ পর্ব-২০০৩]
৪. (ক) জিন ক্লোনিং উদ্ভিদ কি ?  
(খ) উদাহরণসহ জেনেটিক ট্রান্সফরমেশন প্রক্রিয়ার মাধ্যমে Trangenic উৎপাদনের কৌশল বর্ণনা কর।
৫. (ক) রিকমিনেন্ট DNA প্রস্তুতের জন্য প্রয়োজনীয় উপকরণসমূহের নাম লিখ।  
(খ) শস্য উন্নয়নে জিন স্থানান্তর (transformation) এর ব্যবহার ও গুরুত্ব উদাহরণসহ আলোচনা কর।
৬. (ক) ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ কী ? ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ তৈরির কলাকৌশল বর্ণনা কর। [জা.বি-২০১১]  
(খ) শস্য উন্নয়নে ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদের গুরুত্ব লিখ।
৭. টীকা লিখ—  
(ক) Biotechnology  
(খ) rDNA  
(গ) Trangenic plants  
(ঘ) একবীজপত্রী উদ্ভিদে জিন স্থানান্তর।  
(ঙ) ফসল উন্নয়নে জেনেটিক ট্রান্সফরমেশনের প্রক্রিয়ার ব্যবহার।  
(চ) রেস্ট্রিকশন এজেনিউক্সিয়েজ (RE)।  
(ছ) রিকমিনেন্ট DNA প্রযুক্তির গুরুত্ব। [জা.বি-২০০৬]  
(জ) প্রাজমিড ভেষ্টের। [জা.বি-২০০৬]

# আণবিক দৃষ্টিকোণ থেকে জিন বা DNA-এর মেরামত কৌশল

## MOLECULAR ASPECT OF GENETIC REPAIR MECHANISM

### এ অধ্যায়ের আলোচ্য বিষয়সমূহ—

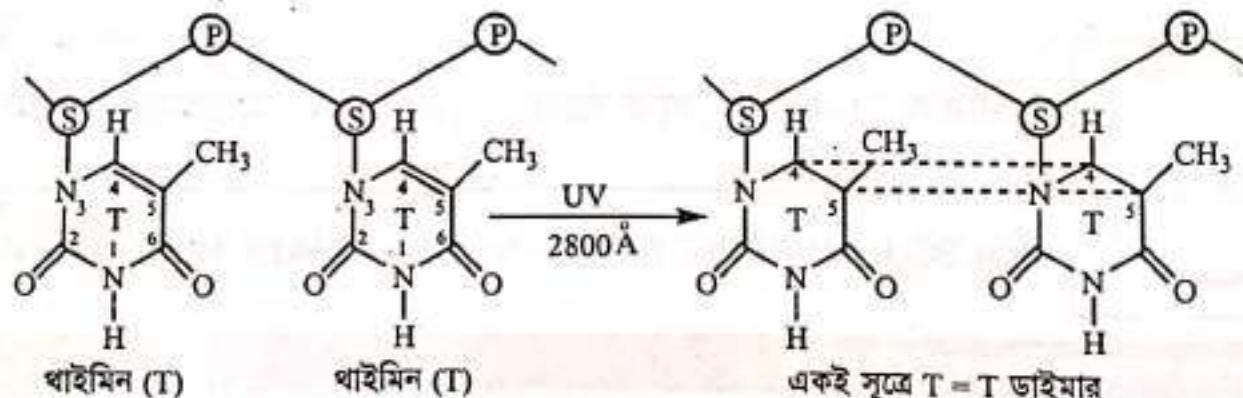
- ১১.১ ভূমিকা
- ১১.২ DNA সূত্রের ক্ষত মেরামত
- ১১.৩ আলোকে সক্রিয়তা
- ১১.৪ অক্ষকারের সক্রিয়তা
- ১১.৫ বিনিয়ন মেরামত বা অনুলিপন পরবর্তী মেরামত
- ১১.৬ ভুল মেরামত বা SOS মেরামত
- ১১.৭ অনুশীলনী

### ১১.১ ভূমিকা (Introduction)

জিন হলো প্রধানত DNA এর অংশ বিশেষ, যা বংশগতির ধারক ও বাহক, তথা জীবের বৈশিষ্ট্য ও কার্যকলাপ নিয়ন্ত্রণের মূল বস্তু। জিন বা DNA অণুর গঠনের পরিবর্তন ঘটলে জীবের বৈশিষ্ট্য, তথা কার্যকলাপেরও পরিবর্তন ঘটে, এমন কি এর ফলে মৃত্যু পর্যন্ত ঘটতে পারে। জিন বা DNA এর আণবিক গঠনে একটি বেসের পরিবর্তন বা মিউটেশনও অনেক সময় জীবের বিপর্যয় ঘটতে পারে। তাই জিন তথা DNA এর আণবিক গঠন ও অনুলিপন সঠিকভাবে হওয়া একান্ত প্রয়োজন। কিন্তু বিভিন্ন কারণে জিন বা DNA এর অণুতে ভুল বেস প্রতিস্থাপিত হতে পারে। নিউক্লিয়েজ এনজাইম, x-ray ইত্যাদি DNA সূত্রে ক্ষত সৃষ্টি করতে পারে। তবে DNA-এর আণবিক পর্যায়ে সবচেয়ে বেশি ক্ষতি হয় মিউটেশনের মাধ্যমে। পরিবেশের অনেক উপাদান, যেমন— X-ray, Y-ray, UV-ray ইত্যাদি রশ্মি এবং বিভিন্ন রকম রাসায়নিক মিউটাজেন DNA অণুর গঠনে পরিবর্তন, তথা মিউটেশন ঘটায়, যা বংশপরম্পরায় চলতে থাকে। DNA অণুর প্রধান ক্ষতিকর অবস্থাতে হচ্ছে—

- (ক) DNA অণুতে ক্ষত (Nick) সৃষ্টি;
- (খ) ডাইমার সৃষ্টি (Dimerisation) এ
- (গ) ভুল বা নিসিক বেসের প্রতিস্থাপন বা অনুপ্রবেশ ইত্যাদি।

x-ray DNA সূত্রের সুগার ফসফেট বক্সনী ভেজে দিয়ে ক্ষত সৃষ্টি করতে পারে। অতিবেগেনি রশ্মি (UV) হাইড্রোজেন বক্সনী ভেজে দিয়ে একই সূত্রের পাশাপাশি বেসের মধ্যে Co-valent bond সৃষ্টি করে ডাইমার উৎপন্ন করে। বাইমিন ডাইমার (T = T) সবচেয়ে বেশি উৎপন্ন হয়। এছাড়া C = C অথবা G = G ডাইমারও উৎপন্ন হতে পারে। DNA এর পাইরিমিডিন (T এবং C) বিশেষভাবে UV শোষণ করে। এ রশ্মি শোষণ করলে পাইরিমিডিনের 4 এবং 5 নং কার্বনের মধ্যকার দ্বি-বক্সন ভেঙ্গে যায়। এর ফলে একইসূত্রের পাশাপাশি পাইরিমিডিনের মধ্যে ডাইমার সৃষ্টি হয়। যেমন— T = T



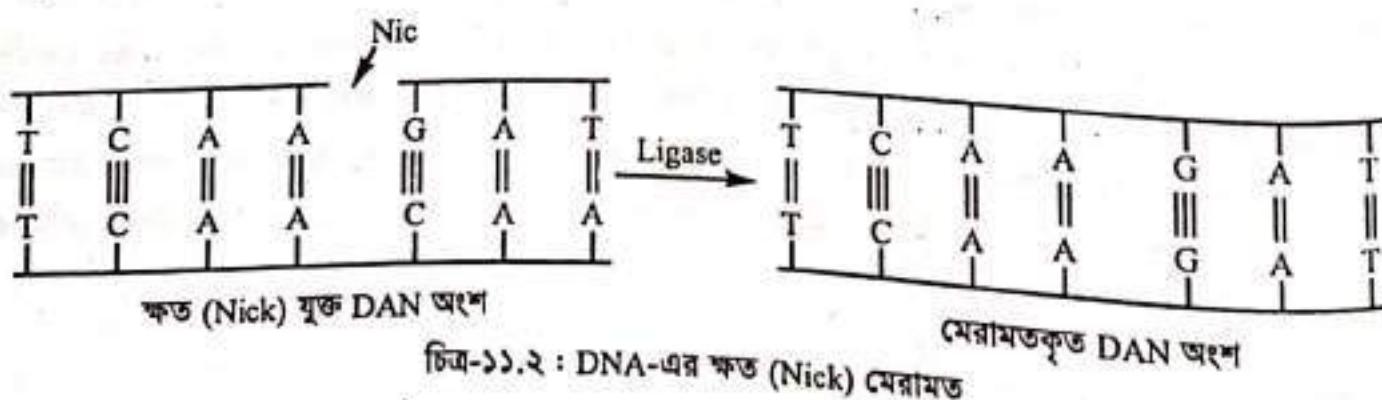
### DNA ଏବଂ ଏକଟି ସଂକ୍ଷିପ୍ତ ଅଳ୍ପ

চি-১১.১ : UV-এর মাধ্যমে  $T = T$  ডাইমার সৃষ্টি

এক্সপ্রেক্স কৃতি বা ডাইমার সৃষ্টি হলে DNA-এর স্বাভাবিক অনুলিপন ঘটেনা। সৌভাগ্যবস্তু কোথে এমন কিছু নিজস্ব ব্যবস্থা রয়েছে, যার মাধ্যমিক ক্ষতিগ্রস্ত DNA-এর মেরামত হয়ে স্বাভাবিক অবস্থা প্রাপ্ত হতে পারে। এ সংক্ষে অনেক প্রয়োগে পাওয়া গেছে। DNA মেরামত হওয়ার প্রক্রিয়াগুলো নিম্নরূপ—

## ੧੧.੨ DNA ਸੁਵਾਰ ਕੁਤ ਮੇਗਾਸਟ (Nick Repar) ਵਿਖੇ

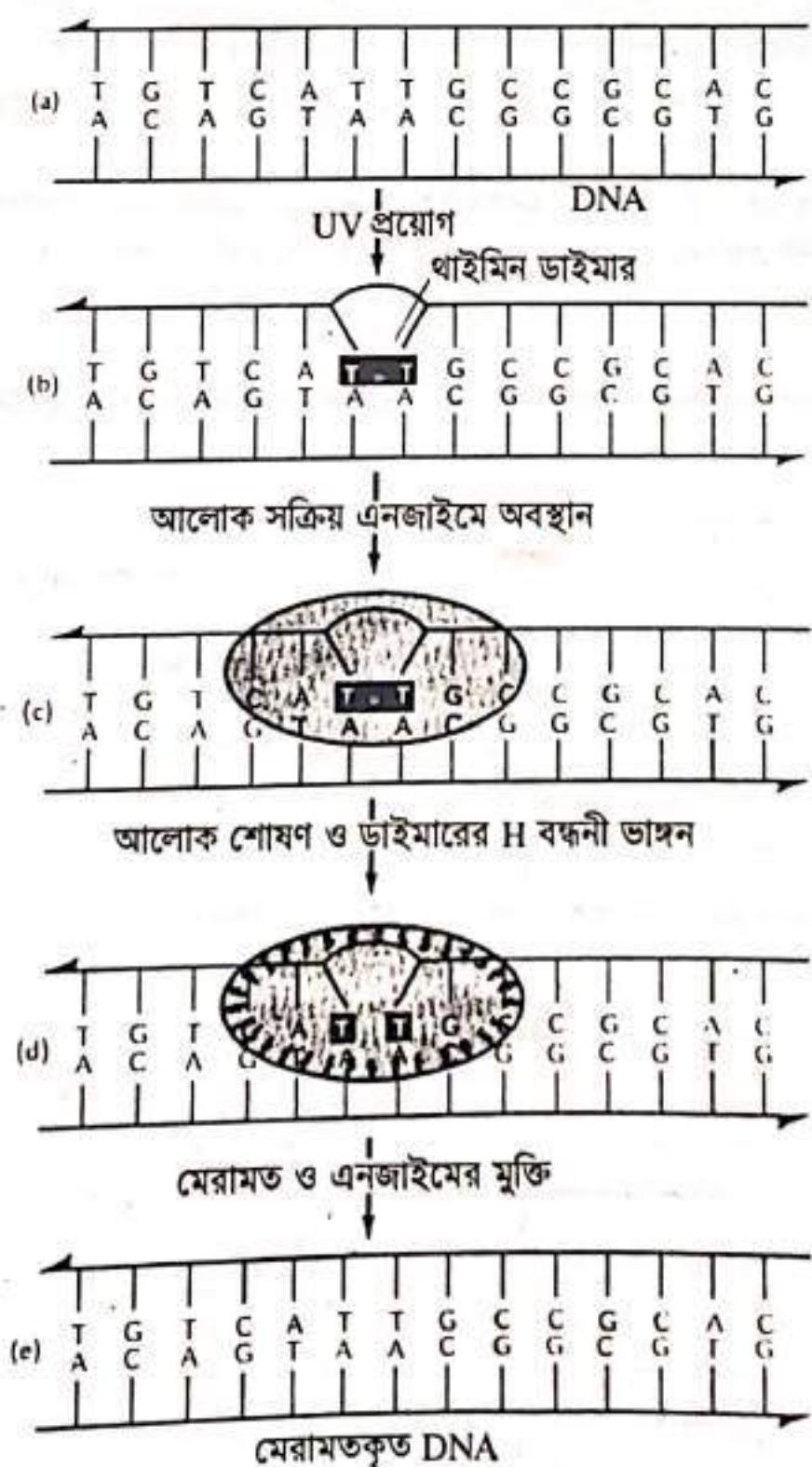
X-ray DNA সূত্রের সুগার-ফসফেট বন্ড ভেঙে ফের্ত (Nick) সৃষ্টি করতে পারে। যদি একুপ একই বন্ড ভেঙে যায় তবে DNA-ligase এনজাইম তা সহজেই মেরামত করে দিতে পারে। কিন্তু একুপ একাধিক বন্ধনী পরপর ভেঙে গেলে DNA-Polymerase এনজাইমের প্রয়োজন হয়।



### ১১.৩ আলোকে সক্রিয়তা (Photoreactivation)

বিজ্ঞানী A. Kelner (1959) লক্ষ্য করেন যে, অতিবেগনি রশ্মি (UV) প্রয়োগের পর জীবকে সাধারণ আলোতে রাখলে মিউটেশন মেরামত হয়ে যায়। অতিবেগনি রশ্মির প্রভাবে DNA এর একটি সূত্রের পাশাপাশি বেসের মধ্যে কো-ড্যালেন্ট বন্ধনী সৃষ্টি হয় এবং DNA এর স্বাভাবিক কাজ অনুদিপন ব্যাহত হয়। সাধারণত থাইমিন এর সাথে থাইমিন ( $T = T$ ) ডাইমার বেশি সৃষ্টি হয়। একপ ডাইমার যুক্ত DNA স্থায়ীভাবে ক্ষতিগ্রস্ত হওয়ার পূর্বে একটি বিশেষ Photoreactivating enzyme (PR) দ্বারা এটি মেরামত হয়ে যেতে পারে। এ এনজাইমটি দৃশ্যমান আলোর মাধ্যমে কার্যকর হয় এবং

ভাইমারের কো-ভ্যালেন্ট বক্ফনী ভেঙে দিয়ে পুনরায় H-বক্ফনী সৃষ্টি করে। এ এনজাইম নীল আলো শোষণ করে কার্যকর হয়। Setlow, (1963)।



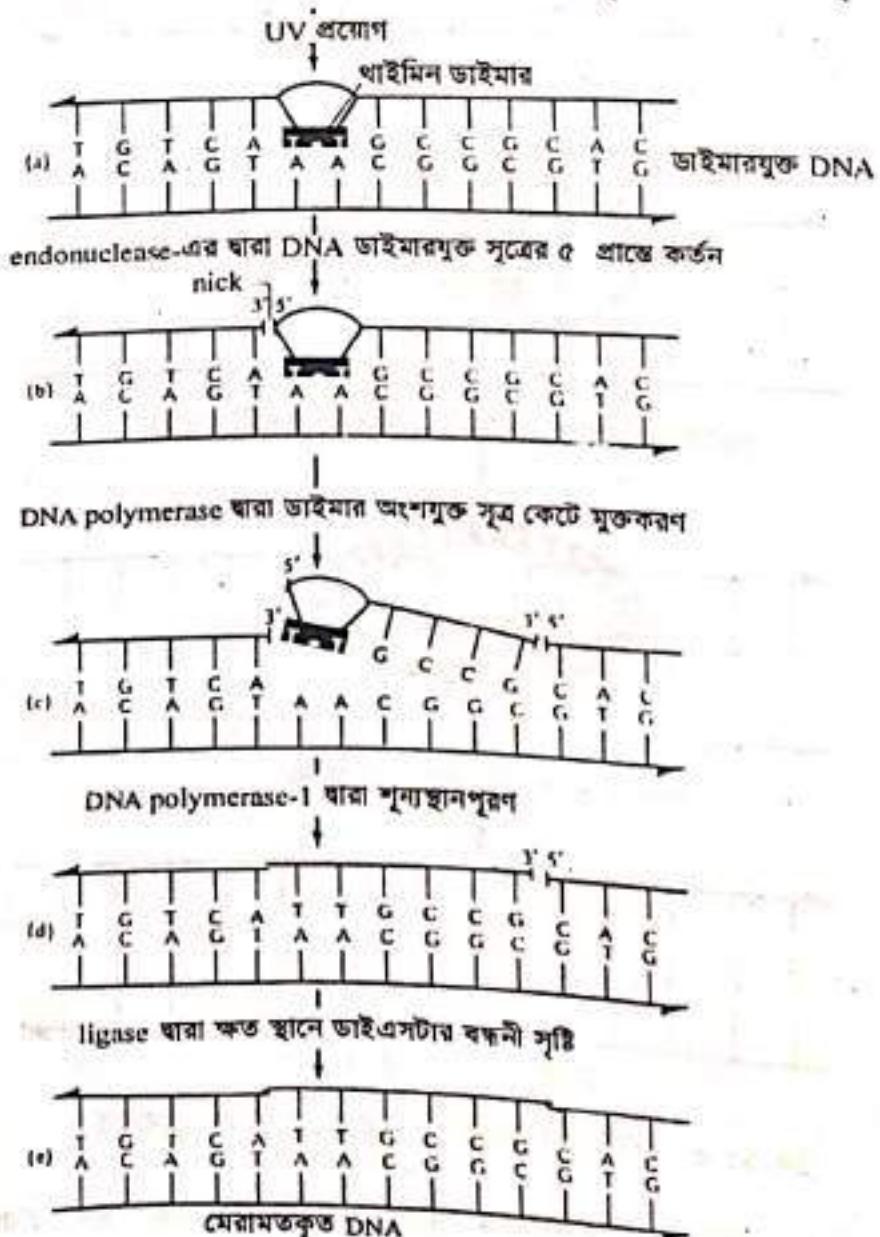
চিত্র-১১.৩ : আলোক সক্রিয়তার মাধ্যমে DNA-এর মেরামত।

ব্যাটেরিয়া, শৈবাল, ছত্রাক, ব্যাঙ, পাখি ইত্যাদির মধ্যে এ ধরনের মেরামত লক্ষ্য করা গেছে। ধারণা করা হয়, ব্যাটেরিয়া থেকে তরু করে সকল উচ্চশ্রেণীর জীবে এ এনজাইমটি রয়েছে।

### ১১.৮ অক্ষকারের সক্রিয়তা (Dark Reactivation) বা (Excision Repair)

বিজ্ঞানী Wilkins (1964) আলো ছাড়াই অক্ষকারে DNA এর ক্ষতি মেরামত প্রক্রিয়া আবিষ্কার করেন। কয়েকটি এনজাইমের সহায়তায় ধারাবাহিকভাবে প্রক্রিয়াটি পরিচালিত হয়। প্রক্রিয়াটি নিম্নলিখিত চারটি ধাপে সম্পন্ন হয়।

- কর্তন (Incision) :** প্রথমে DNA অণুর ডাইমারের বা ক্ষতিগ্রস্ত অংশের কাছাকাছি 5' পাস্টে এভেনিউক্লিয়েজের সহায়তা একটি ক্ষত (Nick) সৃষ্টি হয়।
- Excision :** এরপর DNA Polymerase এনজাইমের exonuclease ক্রিয়ার মাধ্যমে ডাইমার বা এরপ ক্ষতিপূর্ণ অংশসহ কয়েকটি নিউক্লিওটাইড যুক্ত অংশ কেটে বের হয়ে যায় এবং একটি গ্যাপের সৃষ্টি হয়।
- Repair-replication :** DNA Polymerase I পরিপূরক স্তোত্রিকে সাঁচ হিসেবে ব্যবহার করে অনুলিপন প্রক্রিয়া গ্যাপটি পূর্ণ করে।
- সর্বশেষে Ligase এনজাইমের সহায়তায় ক্ষত হানে ফসফেট ডাইএস্টার বন্ড সৃষ্টির মাধ্যমে DNA স্তোত্রির মেরামত শেষ হয়।**

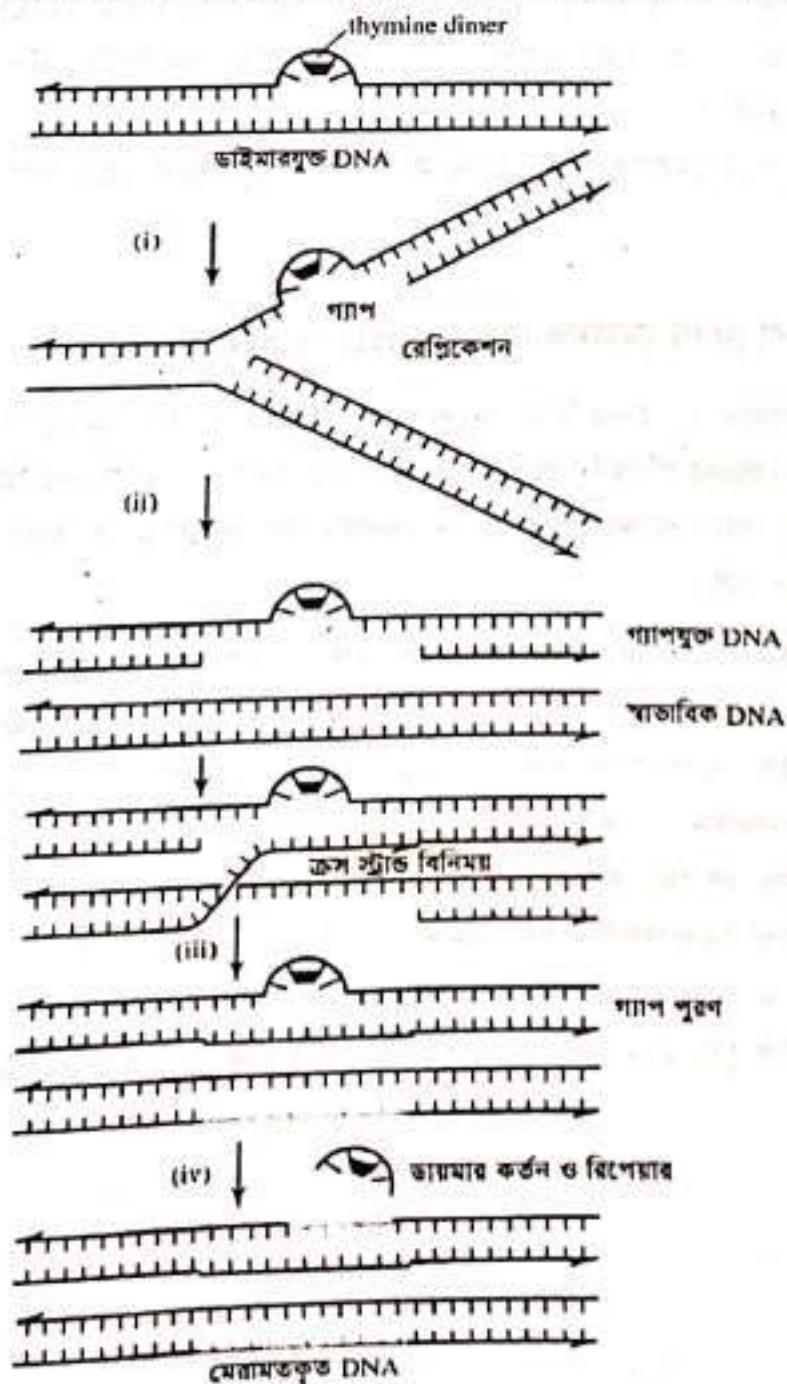


চিত্র-১১.৮ : অক্ষকারে সক্রিয়তা প্রক্রিয়া DNA মেরামত (Dark Reactivation বা Excision Repair)

কোন কোন বিজ্ঞানীর মতে, Endonuclease এনজাইমের মাধ্যমে ক্ষত সৃষ্টির পর জটিযুক্ত নিউক্লিওটাইড সহ কয়েকটি নিউক্লিওটাইড একটু দূরে সরে যায় এবং DNA-Polymerase-I দ্বারা সঠিক নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়। এরপর জটিযুক্ত নিউক্লিওটাইড সহ কয়েকটি নিউক্লিওটাইড Exonuclease দ্বারা কর্তৃত হয় এবং লাইগেজ দ্বারা সংযোগ সাধিত হয়। এ প্রক্রিয়ায়ই DNA এর অধিকাংশ জটি মেরামত হয়। ব্যাটেরিয়া, মানুষ এবং অন্যান্য কিছু জীবে এ ধরনের মেরামতের অমান পাওয়া গেছে। যেমন— মানুষের Xeroderma এবং Progeria রোগের ফলে (Epstein, 1971)।

### ১১.৫ বিনিয় মেরামত বা অনুলিপন পরবর্তী মেরামত (Recombination Repair or Post Replication Repair)

Howard-Flanders (1973) এ প্রক্রিয়ায় DNA মেরামতের বিশদ বিবরণ দেন। প্রক্রিয়াটি নিম্নরূপ—



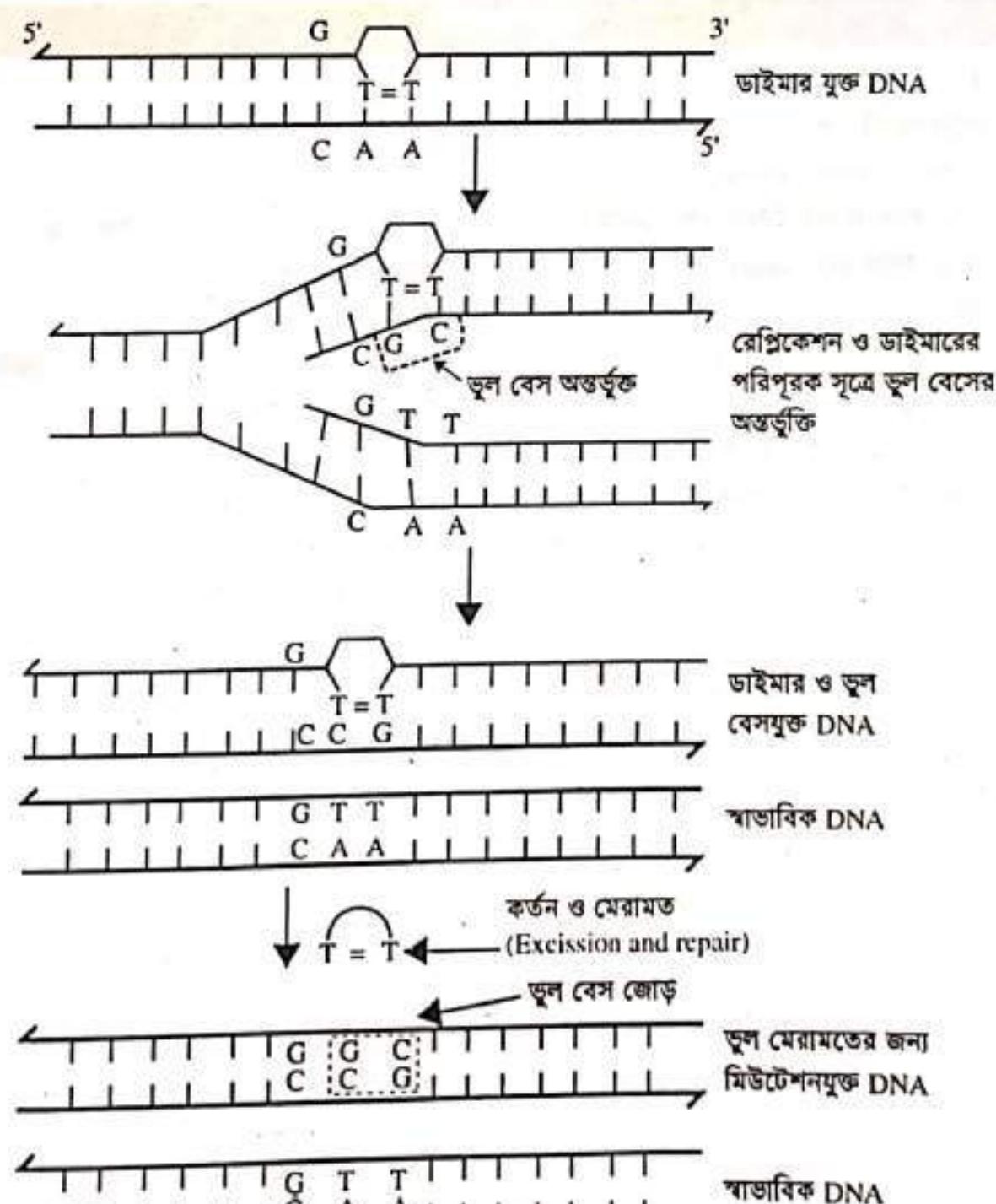
চিত্র-১১.৫ : DNA-এর Recombination Repair (Post Replication Repair)

- (i) ডাইমারযুক্ত DNA এর অনুলিপনের সময় DNA এর অক্ষত বা ক্রটিযুক্ত সূত্রটি সঠিকভাবে পরিপূরক সূত্র সংশ্লেষণ করে, কিন্তু ডাইমারযুক্ত সূত্রটি ডাইমারযুক্ত স্থানের বিপরীত দিকে একটি শূন্যস্থান (gap) রেখেই পরিপূরক সূত্র সংশ্লেষণ করে। কারণ ডাইমার অংশটি DNA Polymerase সাঁচ হিসেবে ব্যবহার করতে পারে না। এ সময় DNA টি Y আকৃতি ধারণ করে।
- (ii) এরপর এনজাইম গ্যাপযুক্ত নতুন DNA-এর অনুকূল অক্ষত ও ক্রটিযুক্ত পুরাতন বা পৈতৃক DNA সূত্রের এক স্থানে নিক সৃষ্টি করে এবং Rec প্রোটিন খণ্ডিত অংশের সাথে জোড়া লাগায়। এর ফলে কাটাপ্রাপ্ত এবং গ্যাপ যুক্ত হোমোলগাস DNA সূত্রের মুক্ত প্রাপ্তের সাথে একটি ক্রেস স্ট্রাক্ট বিনিয়ন (Recombination) এর ব্যবস্থা হয়।
- (iii) এভাবে T = T ডাইমারের বিপরীত পার্শ্বের নতুন সূত্রের শূন্যস্থান (gap) পূর্ণ হয়।
- (iv) এরপর ডাইমার অংশটি Excision repair প্রক্রিয়ায় মুক্ত হয়।  
সর্বশেষে বিনিয়ন সূত্রে নিক সৃষ্টি হয় এবং Ligase এর সহায়তায় মেরামতের মাধ্যমে Heteroduplex-এর সৃষ্টি হয়।  
ডাইমারটি কর্তৃত এবং অপসারিত না হলে পুনরায় এ ডাইমারসহ রেপ্লিকেশন চলতে থাকে এবং পূর্ণ স্বাভাবিক DNA এর পরিমাণ ক্রমাগতে বাঢ়তে থাকে।  
এক্ষেত্রে রেপ্লিকেশনের পরে মেরামত কার্য সম্পন্ন হয় বলে এ প্রক্রিয়াকে রেপ্লিকেশন পরবর্তী (Post replication) মেরামতও বলা হয়।

## ১১.৬ ভূল মেরামত বা SOS মেরামত (Mis-repair or SOS repair)

*E. Coli* ব্যাটেরিয়াতে অন্যথে এ ধরনের মিউটেশন শক্ত করা হয়। SOS হলো আন্তর্জাতিক বিপদ সংকেত। যখন বর্ধিত হারে DNA অনুর বেস জোরের পরিবর্তন ঘটে এবং ক্রেসলিংক দেখা দেয় তখন দ্রুত মেরামত অপরিহার্য হয়ে পড়ে। এ বিপদের সময় তত্ত্বাত্মক বিচার না করে দ্রুত DNA মেরামত চালিয়ে যেতে হয় যাতে অনুলিপন বন্ধ না হয়। এরপ মেরামতকে SOS repair বলে।

অন্যথে প্রক্রিয়াটি অনেকটা Post replication repair প্রক্রিয়ায় অনুরূপভাবে শুরু হয়। ক্রটি বিহীন সূত্রটি স্বাভাবিক ভাবে তার পরিপূরক সূত্র সংশ্লেষণ করে। কিন্তু ডাইমার বা ক্রটিযুক্ত সূত্রের ক্রটি অক্ষলে এলোমেলোভাবে যে কোন নিউক্লিওটাইড সংযুক্ত হয়। এক্ষেত্রে DNA Polymerase এনজাইম ধারা কর্তৃন ও মেরামতের মাধ্যমে শুরু করার অপেক্ষা না করে অন্য একটি এনজাইম ধারা দ্রুত ক্রটিযুক্ত DNA-এর মেরামত ও প্রতিলিপন করে Strickberger (1984)। এর ফলে DNA সূত্রে অনেক ভূল বেস অন্তর্ভুক্ত হয়। এ প্রতিলিপনের ফলে যে দুটি নতুন DNA উৎপন্ন হয় তার একটিতে স্বাভাবিক বেস ক্রম থাকে, কিন্তু অন্যটির ক্রটিস্থানের ভূল বেসে যুক্ত হয়। এরপর ডাইমার বা ক্রটিপূর্ণ অংশটির কর্তৃন ও মেরামত হয় (Excision repair)। এ সময় এ অংশেও ভূল বেস অন্তর্ভুক্ত হয়। সুতরাং মেরামতকৃত DNA-তে ভূল বেস অন্তর্ভুক্তির ফলে মিউটেশন যুক্ত হয়। একারণে এ ধরনের মেরামতকে ভূল মেরামত (Mis-repair) বা SOS repair বলা হয়।



চিত্র-১১.৬ : DNA-এর ডুল মেরামত বা SOS মেরামত

## অনুশীলনী

১। ক্ষতিগ্রস্ত DNA অণুর মেরামতের জন্য নিম্নের পদ্ধতিগুলো বর্ণনা কর।

- (ক) ফটোরিয়াটিভেশন;
- (খ) এক্সিশন মেরামত ৬+৬+৮
- (গ) রেপ্লিকেশন প্রবর্তী রিকভিনেশন মেরামত।

[জাবি-২০০৭, ২০০৯]

২। Mis-repair অথবা SOS repair পদ্ধতিতে DNA repair কলাকে শুল্ক বর্ণনা কর। ১০

৩। টীকা লিখ :

- (ক) রিকভিনেশন রিপেয়ার।
- (খ) SOS repair
- (গ) Dark repair of Excision repair
- (ঘ) Photoreactivation repair।

[জাবি-২০০৬]

## সহায়ক পুস্তক ও প্রকাশনা

1. Lewin- Gene (X Ed.), 2011 : Jones and Bartlett Publishers, London.
2. Richard Beauty, 2004 : Genetics : Hodder wayland, London.
3. Casey Rand, 2011 : DNA and Heridity : Capstone Global Library Limited, England.
4. Sue Hamilton, 2008 DNA Analysis and Follicles : ABDO Publishing Company, Mennesota, USA.
5. Lisa Yount (1997) : Milestone in Discovery and Invention Genetics and Genetic Engineering : Facts and File Incorporation, Pennplaza, New York.
6. M. W. Strickberger, 2006 : Genetics : Prentice & Hall of India Pv Ltd. New Delhi.
7. D.B Sing, 2009 : Genetics ; Kalyani Publishers, India.
8. Gardner *et al*, 2005 : Principles of Genetics : Willey Publishers, India.
9. A.G.A. Therly *et al*, 1999 : The Science of of Genetics : Saunders College Publeshing Company, New York.
10. J. D. Watson, 1968 : The Double Helix : Anthenium, New York.
11. J. D. Watson, 1975 : Molecular Biology of the Gene :W.A Benjamin, New York.
12. Benjamin Lewin, 2000 : Gene : Oxford University Press and Cell Press, London.
13. G. W. Burns, 1985 : The Science of Genetics. The Macmillan Company, New York.
14. Sinnott, E.W.L.C Dunn and Dobzianosky : Principles of Genetics : John Willey & Son, Incorporation.
15. P.K. Gupta, 1979 ; Cytology, Genetics and Evolution : Rostogic Publication, Merut, India.
16. S.K. Verma and Mohit Verma : A Text Book of Plant Physicology, Biochemistry and Biotechnology : S. Chand & Co. New Delhi.
17. P.S. Verma, V.K. Aggrawall, 2004 : Genetics : S. Chand & Co.
18. Hertwel, LH. *et al*, 2000 : Genetics : From Geneto Genome McGraw Hill Co. USA.
19. Avers ; 1984 : Genetics.
20. Selvan Anyanpodikannan *et. al.*, (2014) : Genomics.
21. McClintoc, Barbara (1950) 'The Origin and behaviour of mutable loci maize, Proc Nat Acad Sci USA 36(6) 344–355.
22. Venter J.C. *et. al.*, (2001) The Sequence of human Genom, Sceince, 291 : 1304–1351.
23. Lander E.S. *et. al.*, (2001), Initial Sequencing and Analysis of the Human genome. Nature, 409 (6822), 860–92.
24. Bentley D.R. Balasubramonian *et. al.*, (2008) Accurate whole Human genom sequencing using Reversible termenator chemistry. Nature 456 (7218) 56–59.
25. Venter J.C. (2006) 'Shotgunning the human genom. A Parsional view. Encyclopdea of life science.
26. Metzker, Michael (2010) Sequencing Technologies the next genaration. Nat Rev Genet 11(1) 31–46.
27. Dale J. W. *et. al.*, (2010) Molecular Gene of Bacteria 5th ed.

28. Phizicky, E. M. (1995), Protein-Protein interactions. Methods of identification and Analysis.
  29. Sigrid Heuer (1912) : PSTOL 1 Putative downstream gene co-localize with root and drought QTLS; Nature
  30. Watanebe, T (1971) Infection drug resistance in bacteria : curr. Topics in Microbiol and Immunol. 56, 43-98.
  31. ড. ম. আখতারুজ্জামান (১৯৮৩) : বংশগতি বিদ্যা
  32. ড. আ. শা. ইসলাম : (২০১১) বংশগতি বিদ্যার মূল কথা ও জিনপ্রকৌশল
  33. জীন, বংশধারা ও বিবর্তন : সুহিতা শুহ, পশ্চিম বঙ্গ রাজ্য পুস্তক পর্যবেক্ষণ কলকাতা।
  34. বাঁরী ও সঙ্গীরা : বায়োটেকনোলজি
  35. মোস্তফা কামাল পাশা : আগবিক জীববিজ্ঞান; বাংলা একাডেমী
  36. ড. ম. আখতারুজ্জামান : কোষবিদ্যা
  37. মো. সানাউল্লাহ : সাইটে লজি অ্যান্ড সাইটোজেনেটিক্স
  38. মো. নাজিম উদ্দিন, ২০০৮ : জেনেটিক্স : নিসর্গ প্রকাশনী, ঢাকা।
-

জাতীয় বিশ্ববিদ্যালয়ের এম.এস-সি শেষ বর্ষের প্রশ্নাবলি  
পরীক্ষা-২০০৪  
উত্তিদবিজ্ঞান  
তৃতীয় পত্র (আবশ্যিক)

বিষয় কোড : ৩০৫৩ ■ Genetics & Biostatistics

পূর্ণমান : ৭৫

সময় : ৪ ঘণ্টা

ক্রিট্য : তান পাশের সংখ্যা প্রশ্নের পূর্ণমান আপক। যে কোন পাঁচটি প্রশ্নের উত্তর দাও। একই প্রশ্নের বিভিন্ন অংশের উত্তর পাশাপাশি ধারাবাহিকভাবে সেখা বাহুনীয়। প্রয়োজনীয় হালে চিহ্নিত কর দাও।

- ১। (ক) DNA রেপ্লিকেশনে অংশগ্রহণকারী এনজাইমসমূহের নাম উল্লেখ করে। তাদের কাজের বিবরণ দাও। ৮  
 (খ) চক্রাকার DNA রেপ্লিকেশনে রোলিং সার্কেল মডেলের বর্ণনা দাও। ৮  
 [(a) Mention the name of the enzymes participating in DNA replication and describe their functions.  
 (b) Describe Rolling Circle Model of circular DNA replication.]  
 ২। (ক) লিংকেজ ও ক্রসিং ওভার বলতে কি বুঝ? ৩  
 (খ) Bridges এবং Olbryct তাদের পরীক্ষায়  $\frac{v\ ct\ g}{+++}$  প্রকৃতির  $F_1$  মাছির সাথে হোমোজাইগাস  $v\ ct\ g$  প্রকৃতির প্রজন্ম স্টকের টেস্ট ক্রসে নিচের ফলাফল দেখতে পান :

ফোনাটাইপ	সংখ্যা
( $v\ ct\ g$ )	১০০৫
( $+++$ )	১১৫০
( $+ ct +$ )	২৪০
( $v + g$ )	২৫০
( $+ + g$ )	১৮০
( $v\ ct +$ )	১৬০
( $+ ct g$ )	৭
( $v + +$ )	৮

উপরের উপাত্ত থেকে জিনত্রয়ের আপেক্ষিক অবস্থান ও দূরত্ব দেখিয়ে একটি ক্রোমোজোম ম্যাপ তৈরি কর এবং কোইনসিডেন্স ও ইন্টারফ্যারেন্স নির্ণয় কর।

- [(a) What do you mean by Linkage and crossing over?  
 (b) Bridges and Olbryct in their experiment test crossed homozygous  $v\ ct\ g$  recessive stock to  $\frac{v\ ct\ g}{+++}$  type of  $F_1$  flies and found the following results.

(Data given In Bengali Version)

From the above data prepare a chromosome map showing linear arrangement and distance between the three genes and calculate the coincidence and interference.]

- ৩। (ক) বংশগতি সংকেত কি? বংশগতি সংকেতের বৈশিষ্ট্যসমূহ আলোচনা কর। ২+৮=১০  
 (খ) আমিয় সংশ্লেষণে বংশগতি সংকেতের ভূমিকা উল্লেখ কর। ৮  
 [(a) What is genetic code? Discuss the characteristics of genetic code.  
 (b) Mention the role of genetic code on protein synthesis.]  
 ৪। (ক) 'এক জিন এক পলিপেপটাইড' মতবাদ ব্যাখ্যা কর। ৯  
 (খ) অকৃত কোষে জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ সংযোগে Britten-Devidson মডেল আলোচনা কর। ৮

- ৫। (a) Explain 'One gene-One polypeptide' hypothesis.  
 (b) Discuss Britten-Devidson Model in regulation of gene expression in Eukaryotic cells.]
- ৫। (ক) প্রতঃসূত্র ও কৃতিম মিউটেশন বলতে কি বুঝ? কৃতিম মিউটেশন সৃষ্টিতে ব্যবহৃত বিভিন্ন প্রকার ভৌত ও  
 রাসায়নিক মিউটাজেনের বর্ণনা দাও। ২+৮=১০
- (খ) 'ফ্রেম-শিফ্ট' মিউটেশন প্রক্রিয়া চিত্রসহ ব্যাখ্যা কর। ৫
- [(a) What do you mean by spontaneous and induced Mutation? Describe different types of physical and chemical Mutagens used to induce Mutation.  
 (b) Explain the phenomenon of "Frame shift Mutation."]
- ৬। নিচের জোড়গুলোর মধ্যে পার্থক্য নির্দেশ কর ৫×৩=১৫
- (ক) ইপিজোম ও প্লাজমিড;  
 (খ) ট্রাঞ্চিসন ও ট্রাপ্সিডার্সন;  
 (গ) মেডেলীয় অনুপাতের আপত্তি ও প্রকত ব্যতিক্রম।
- [Differentiate between the following pairs
- (a) Episome and plasmid;  
 (b) Transition and transversion;  
 (c) Apparent and Real exception of Mendelian Ratios.]
- ৭। (ক) নির্তৃত যথাযুক্ত লাভের জন্য পরীক্ষণ পরিকল্পনা কি কি বিষয়ে গুরুত্ব দেয়া প্রয়োজন, তাহা আলোচনা কর। ৬  
 (খ) Latin square ডিজাইন অবলম্বনে পরীক্ষায় প্রাপ্ত নিচের উপাত্ত বিশ্লেষণ কর। ও তোমার সিদ্ধান্ত দাও।  
 Latin square ডিজাইন কোন পরীক্ষা কাজে অধিক গুণ্যোগ্য?

(উপাত্ত ইংরেজি ভার্�্বনে দেয়া হয়েছে।)

- [(a) Discuss the factors on which trace should be given in designing an experiment to achieve accurate results.  
 (b) Give your comments by analysing the following data obtained from an experiment using latin square design.

A	D	C	E	B
9	21	19	16	13
B	A	E	D	C
15	8	17	20	17
E	C	A	B	D
18	16	10	15	23
C	B	D	A	E
18	12	23	8	17
D	E	B	C	A
22	15	13	18	10

- ৮। In what type of experiments latin square design is more acceptable?  
 টীকা লিখ (যে কোন তিনটি) [Write short notes (any three):

- (ক) রেস্ট্রিকশন এনজাইম (Restriction Enzyme);  
 (খ) প্লাজমিড ভেক্টর (Plasmid vector);  
 (গ) Wooble hypothesis (Wooble hypothesis);  
 (ঘ) টাটোমেরিজম (Tautomerism);  
 (ঙ) সহ-সম্বন্ধাংক (Correlation-coefficient.)। ৫×৩=১৫

পরীক্ষা-২০০৫

উদ্ভিদবিজ্ঞান

তৃতীয় পত্র (আবশ্যিক)

বিষয় কোড : ৩০৫৩ ■ Genetics & Biostatistics

সময় : ৪ ঘণ্টা

পূর্ণমান : ৭৫

ক্রিটিক্যারিয়া : ভান পাশের সংখ্যা প্রশ্নের পূর্ণমান জ্ঞাপক। যে কোন পাঁচটি প্রশ্নের উত্তর দাও। একই প্রশ্নের বিভিন্ন অংশের উত্তর পাশাপাশি লিখতে হবে। প্রয়োজনে চিহ্নিত চিত্র দাও।

- ১। (ক) মেডেলে সূত্রের আপাত ও প্রকৃত ব্যতিক্রমের সংজ্ঞা দাও। ৩  
 (খ) নিম্নলিখিত আপাত ব্যতিক্রম দুটি ব্যাখ্যা কর। ৬+৬=১২  
 [(a) Define apparent and real exceptions of Mendel's Law.  
 (b) Explain the following two apparent exceptions :  
 (i) ৯ : ৩ : ৩ : ১; (ii) ১২ : ৩ : ১]
- ২। (ক) মাল্টিপল অ্যালিল কি? মাল্টিপল অ্যালিলের বৈশিষ্ট্য লিখ। ২+৩=৫  
 (খ) পরিমাণবাচক বৈশিষ্ট্যের বংশানুসরণ উদাহরণসহ ব্যাখ্যা কর। ১০  
 [(a) What is multiple alleles? Write the characteristics of multiple alleles.  
 (b) Explain the inheritance of quantitative characters with example.]
- ৩। (ক) DNA অণুর ভৌত গঠন বর্ণনা কর। ৮  
 (খ) আদি কোষের জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কিত "ল্যাক-অপেরণ" মডেল আলোচনা কর। ৯  
 [(a) Describe the physical structure of DNA.  
 (b) Discuss "Lac-Operon" model in regulation of gene expression of Prokaryotic cells.]
- ৪। (ক) প্লাজমিড কি? উদাহরণসহ প্লাজমিডের শ্রেণীবিন্যাস কর। ২+৫=৭  
 (খ) প্লাজমিড সনাক্তকরণ ও বিপ্রকরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর। ৮  
 [(a) What is Plasmid? Classify plasmid with example.  
 (b) Describe the detection and purification process of plasmids.]
- ৫। (ক) রিকুনিনেট DNA প্রযুক্তির প্রধান ধাপসমূহ বর্ণনা কর। ৬  
 (খ) এক সূত্রক DNA অণুর অনুলিপন পদ্ধতি বর্ণনা কর। ৬  
 [(a) Describe the main steps of recombinant DNA technology.  
 (b) Describe the replication of single stranded DNA molecules.]
- ৬। (ক) উপাত্ত কৃপাঞ্চলের প্রযোজনীয়তা লিখ। ৫  
 (খ) বায়োমাসের পরিমাণের সাথে গাছের উচ্চতা (সেন্টিমিটার) বৃক্ষের কোন সম্পর্ক আছে কি না তা পরীক্ষা করে দেখাও এবং এর এ সম্পর্কে মান তাৎপর্যপূর্ণ কিনা নির্ণয় কর। (উপাত্ত ইংরেজি ভার্সনে দেয়া হয়েছে)।  
 [(a) Write down the importance of transformation of data.  
 (b) Show the association of quantity of biomass with plant height increase (cm) by proper experiment, determine the value of association either significant or not:]

Biomass (%) : X	Plant Height (cm) : Y
0.6	4.5
1.2	5.0
1.5	5.5
1.7	6.0
1.9	6.0
2.2	6.5
2.5	8.0

- ৭। (ক) ভেদাঙ্ক বিশ্লেষণ কি? ভেদাঙ্ক বিশ্লেষণের ব্যবহার লিখ। ২+৩=৫  
 (খ) RBD পদ্ধতি অবলম্বনে পরীক্ষায় প্রাণ নিচের উপাত্ত বিশ্লেষণ কর ও তোমার সিদ্ধান্ত দাও। (উপাত্ত ইংরেজি ভাসমন্দে দেয়া হয়েছে)। ১০  
 [(a) What is analysis of variance? Write the uses of analysis of variance.  
 (b) Give your comments by analysing the following data obtained from an experiment using Randomized Block Design:

B <sub>1</sub>	V <sub>3</sub> 10.0	V <sub>5</sub> 12.3	V <sub>1</sub> 10.2	V <sub>4</sub> 13.2	V <sub>2</sub> 10.1
B <sub>2</sub>	V <sub>1</sub> 9.9	V <sub>4</sub> 14.4	V <sub>2</sub> 10.2	V <sub>5</sub> 12.8	V <sub>3</sub> 10.2
B <sub>3</sub>	V <sub>5</sub> 13.1	V <sub>2</sub> 10.1	V <sub>4</sub> 13.6	V <sub>3</sub> 11.1	V <sub>1</sub> 10.3
B <sub>4</sub>	V <sub>2</sub> 9.9	V <sub>4</sub> 13.2	V <sub>1</sub> 8.6	V <sub>5</sub> 12.3	V <sub>3</sub> 9.9

- ৮। টীকা লিখ (যে কোন তিনটি) :

- (ক) মিউটেজেনস;  
 (খ) শৃঙ্খল সমাপনী কোড;  
 (গ) পলিজিনস;  
 (ঘ) সাইটোপ্লাজমীয় বংশাণুসরণ।

[Write notes (any three):

- (a) Mutagens;  
 (b) Chain terminating code;  
 (c) Polygenes;  
 (d) Cytoplasmic inheritance.]

৩x৩=১০

পরীক্ষা-২০০৬

উদ্ভিদবিজ্ঞান

[নতুন সিলবাস অনুযায়ী]

বিষয় কোড : ৩০৫৩ ■ Genetics & Biostatistics

সময় : ৪ ঘণ্টা

প্রটোক্লার্য : ডান পাশের সংখ্যা প্রশ্নের পূর্ণান্তর আপক। ক বিভাগ হতে চারটি এবং খ বিভাগ হতে একটি প্রশ্নের উত্তর দাও। একই প্রশ্নের বিভিন্ন অংশের উত্তর পাশাপাশি লিখতে হবে। প্রয়োজনে চিহ্নিত চিত্র দাও। একই

পূর্ণান্তর : ১০০

ক-বিভাগ : জেনেটিক্স

- ১। (ক) বৃত্তাকার DNA অনুলিপন সম্পর্কিত রোলিং সার্কেল মডেল ব্যাখ্যা কর। ১০  
 (খ) জীন মিউটেশনের আণবিক ভিত্তি ব্যাখ্যা কর। ১০  
 [(a) Explain Rolling circle DNA replication model regarding circular DNA.  
 (b) Explain the molecular basis of gene mutation.]
- ২। (ক) বিভিন্ন ধরনের মিউটেশনের প্রক্রিয়াসমূহ কর। ১০  
 (খ) Mis-repair অথবা Sos-repair পদ্ধতিতে DNA-repair ক্লাকোশল বর্ণনা কর। ১০  
 [(a) Classify different types of mutation.  
 (b) Describe Mis or Sos DNA repair mechanism.]

১০

১০

১০

৩।	(ক) জেনেটিক কোডের সংজ্ঞা দাও। কোড অভিধান ব্যাখ্যা কর।	২+৮=১০
	(খ) tRNA এবং রাইবোজোমের গঠন বর্ণনা কর।	৫+৫=১০
	[(a) Define genetic code. Explain code dictionary. (b) Explain the structure of tRNA and Ribosome.]	
৪।	(ক) প্রকৃত কোডের জীন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কিত ব্রিটেন-ডেভিডসন মডেল আলোচনা কর।	১০
	(খ) প্লাজমিড জিন মানচিত্র তৈরিকরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর।	১০
	[(a) Discuss "Britten-Davidson" model in regulation of gene expression of Eukarytic cells. (b) Describe the gene mapping process of plasmids.]	
৫।	(ক) প্রোটিনের জৈব সংশ্লেষণ পদ্ধতি বর্ণনা কর।	১০
	(খ) মিউটেন্টসমূহ পৃথকীকরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর।	১০
	[(a) Describe the biosynthesis process of protein. (b) Describe the isolation process of different types of mutants.]	
৬।	টাকা লিখ (যে কোন চারটি) :	৫×৪=২০
	(ক) RNA প্রক্রিয়াজাতকরণ;	
	(খ) রিকমিনেশন রিপেয়ার;	
	(গ) সুপারকয়েল রেপ্রিকেশন;	
	(ঘ) রিকমিনেন্ট DNA প্রযুক্তির গুরুত্ব;	
	(ঙ) mRNA.	
	[Write notes (any four) :	
	(a) RNA Processing;	
	(b) Recombination repair;	
	(c) Supercoil replication;	
	(d) Importance of recombinant DNA technology;	
	(e) mRNA.	

### পরীক্ষা-২০০৭

### উদ্দিদবিজ্ঞান

[নতুন সিলবাস অনুযায়ী]

### বিষয় কোড : ৩০৫৩ ■ Genetics & Biostatistics

সময় : ৪ ঘণ্টা

পূর্ণান্তর : ১০০  
প্রটোক্লিয়া : ডান পাশের সংখ্যা প্রশ্নের পূর্ণান্তর জ্ঞাপক। ক বিভাগ হতে চারটি এবং খ বিভাগ হতে একটি প্রশ্নের উত্তর দাও। একই প্রশ্নের বিভিন্ন অংশের উত্তর পর্যায়ক্রমে লেখা বাধ্যতামূলক।]

পূর্ণান্তর : ১০০

### ক-বিভাগ : জেনেটিক্স ■ মান-৬০

- ১। ফাংশনাল DNA অণু মেরামতের জন্য নিম্নের পদ্ধতিগুলো বর্ণনা কর।
- (ক) ফটোরিএক্যাকটিভেশন;  
(খ) এক্সিশন মেরামত;  
(গ) রেপ্রিকেশন-পরবর্তী রিকমিনেশন মেরামত।

৬

৬

৮

[Describe the following methods for the repair of damaged DNA molecules :

- (a) Photoreactivation;  
(b) Excision repair;  
(c) Post-replication recombination repair.]

২।	(ক) জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণের প্রয়োজনীয়তা কি?	৮
	(খ) জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণের ক্ষেত্রে অপেরন মডেলটি বর্ণনা কর।	১০
	(গ) প্রকৃত কোষে জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণের ধারণা ব্যাখ্যা কর।	৬
	[(a) What is the significance of regulation of gene expression? (b) Describe the operon model for the regulation of gene expression. (c) Describe the concept of regulation of gene expression in case of eukaryotic cells.]	
৩।	(ক) মিউটেশন ও মিউটাজেন কি?	৮
	(খ) টটোমা কি? বেসের টোচোমারিক আবর্তন কিভাবে মিউটেশন ঘটায় চিত্রসহ ব্যাখ্যা কর।	২+৫=৭
	(গ) ক্ষারকের উপর (i) নাইট্রাস এসিড; (ii) 5-bromo uracil; এবং (iii) ইথাইল মিথেন সালফোনেট (EMS) এর বিক্রিয়ায় কি ঘটে? [(a) What is mutation and mutagen? (b) What is tautomer? With diagrams explain how tautomeric shift of bases cause mutation. (c) What happens when (i) Nitrus acid; (ii) 5-bromo uracil and (iii) Ethyl methane sulphonate (EMS) react with base?]	
৪।	(ক) প্লাজমিড কি? প্লাজমিডের বৈশিষ্ট্যগুলো লিখ। উদাহরণসহ প্লাজমিডের শ্রেণীবিন্যাস কর। প্লাজমিড ও এপিজোমের মধ্যে পার্থক্যগুলো লিখ। [(a) প্লাজমিডের সমাত্তকরণ, জিন ম্যাপিং এবং বিশুল্ককরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর। [(a) What is Plasmid? Write the characteristics of Plasmids. Classify plasmid with example. Write the differences between plasmid and episomes. (b) Describe the detection, gene mapping and purification process of plasmids.]	২+৬+২+২=১০
৫।	(ক) রিকমিনেটে ডিএনএ কোশল বলতে কি বুঝা? জিন প্রকৌশলে ব্যবহৃত বিভিন্ন উৎসেচকের নাম লিখ। (খ) রিকমিনেট ডিএনএ প্রস্তুত করার জন্য প্রয়োজনীয় বিভিন্ন দাপসমূহ বর্ণনা কর। জীববিজ্ঞানের গবেষণার জন্য এইরূপ রিকমিনেট ডিএনএ অনুর সুবিধা কি? [(a) What do you understand by recombinant DNA technology? Mention the names of different enzymes used in genetic engineering. (b) Describe the various steps required for the preparation of recombinant DNA molecule. What are the advantages of such recombinant DNA molecule in biological research?]	১২+৩=১৫
৬।	চীকা লিখ (যে কোন চারটি) : (ক) বৃত্তাকার ডিএনএ অনুলিপন; (খ) জি.এম.বাদ্য; (গ) জেনেটিক কোডের বৈশিষ্ট্য; (ঘ) টি-রিঃএন্এ-এর গঠন; (ঙ) RNA স্প্লাইসিং।	৫×৪=২০
	[Write Short notes (any four) : (a) Replication of Circular DNA; (b) G.M.Food; (c) Characteristic code; (d) Structure of t-RNA; (e) RNA splicing.]	

**পরীক্ষা-২০০৮**  
**উদ্ভিদবিজ্ঞান (আবশ্যিক)**  
**তৃতীয় পত্র**

**বিষয় কোড : ৩০৫৩ ■ Genetics & Biostatistics**

সময় : ৪ ঘণ্টা

পূর্ণাল : ১০০

[নির্দেশ : ডান পাশে উদ্ধিত সংখ্যা প্রশ্নের পূর্ণালের জাপক। প্রয়োজনে চিহ্ন তিনি আৰু ক বিভাগ থেকে চারটি ও ব বিভাগ থেকে একটি প্রশ্নের উত্তর দাও। একই প্রশ্নের বিভিন্ন অংশের উত্তর পর্যায়ক্রমে লেখা বাহ্যিক।]

**ক বিভাগ : জেনেটিক্স**

১.	(ক) কার্নস-গঠন বলতে কি বুঝ?	৮
	(খ) ডি-লুপসহ বলঘাকার DNA অনুলিপন- কৌশল চিত্রসহ লেখ।	৮
	(গ) অনুলিপনকালে এক-সূত্রক DNA অপূর বিসৃতকে (RF) রূপান্তর প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।	৮
	[(a) What do you mean by Carn's structure? (b) Write about the replication mechanism of circular DNA with D-loop configuration. (c) Describe the transformation of single stranded DNA into double strand during replication.]	
২.	(ক) জেনেটিক কোড ও কোড ডিকশনারী বলতে কি বুঝ?	৮
	(খ) Wobble theory কি? জেনেটিক কোডের সমার্থতা বা অবস্থয়ত উপযুক্ত উদাহরণসহ ব্যাখ্যা কর।	১০
	(গ) আদি ও প্রকৃত কোষে সূচনাকরণ কোডন সম্পর্কে লেখ।	৬
	[(a) What do you mean by genetic code and code-dictionary? (b) What is Wobble theory? Explain the degeneracy of genetic code along with suitable examples. (c) Write about the initiation codon in protocell and eucell.]	
৩.	(ক) 70S-রাইবোজমের সূৰ্য গঠন-কাঠামো চিত্রসহ বর্ণনা কর।	৫
	(খ) 'সেন্টাল ডগমা' কি? আদি ও প্রকৃত কোষের ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়া তুলনা কর।	৯
	(গ) সংক্ষেপে জেনেটিক ট্রান্সলেশন প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।	৬
	[(a) Describe the fine-structure of 70S-ribosome with diagram. (b) What is 'Central dogma'? Compare the transcription process of protocell and eucell. (c) Briefly describe the genetic translation.]	
৪.	(ক) ক্যাপিং প্রক্রিয়া কি? প্রকৃত কোষের mRNA-অপূর ক্যাপিং প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।	১২
	(খ) প্রাণ-রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথকীকরণ কৌশল বর্ণনা কর।	৮
	[(a) What is capping method? Describe the capping method of mRNA in eukaryotes. (b) Describe the technique of isolation of Biochemical mutant.]	
৫.	(ক) জৈব-প্রযুক্তি ও জিন প্রকৌশল বলতে কি বুঝ?	৫
	(খ) দৃষ্টান্তসহ ট্রান্সজেনিক ফসল উদ্ভিদ উদ্ভাবনের গুরুত্ব ব্যাখ্যা কর।	৮
	(গ) মিউটেশনের প্রকারভেদ বর্ণনা কর।	১
	[(a) What do you mean by Biotechnology and Genetic engineering? (b) Explain the importance of transgenic crop-plant innovation along with examples. (c) Describe the different types of mutation.]	
৬.	টীকা লিখ (যে কোন চারটি)	$5 \times 8 = 20$
	(ক) N-ফারকের টটোমেরিক আবর্তন ;	
	(খ) ল্যাক-অপেরেন মডেল ;	
	(গ) Ti-প্রাঙ্গিমিডের জিন-ম্যাপ ;	
	(ঘ) ফ্রেম শিফ্ট মিউটেশন ;	
	(ঙ) জিন-ক্রেনিং-এ এপিজমের গুরুত্ব।	

পরীক্ষা-২০০৯

উদ্দিদবিজ্ঞান

বিষয় কোড : ৩০৫৩ ■ Genetics & Biostatistics

সময়- ৪ ঘণ্টা

পূর্ণমান- ১০০

[দ্রষ্টব্য : ডান পাশে উল্লিখিত সংখ্যা প্রশ্নের পূর্ণমান জ্ঞাপক। ক বিভাগ থেকে চারটি ও খ বিভাগ থেকে একটি প্রশ্নের উত্তর দাও। প্রয়োজনে চিহ্নিত চিত্র দাও। একই প্রশ্নের বিভিন্ন অংশের উত্তর পর্যায়বদ্ধভাবে লেখা বাস্তুনীয়।]

ক-বিভাগ : জেনেটিক্স- মান-৮০

১।	ক্রিয়াকলাপ DNA অণু মেরামতের জন্য নিম্নের পদ্ধতিগুলি বর্ণনা কর :	৮
	(ক) ফটোরিএক্টিভেশন রিপেয়ার;	৬
	(খ) এক্সিশন রিপেয়ার;	৬
	(গ) রেপ্লিকেশন পরবর্তী রিকুলিনেশন মেরামত।	৮
	[Describe the following methods for the repair of damaged DNA molecules :	
	(a) Photoreactivation repair;	
	(b) Excision repair;	
	(c) Post-replication recombination repair.]	
২।	(ক) জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণ বলতে কি বুঝ ?	৮
	(খ) জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণের ক্ষেত্রে অপেরন মডেলটি বর্ণনা কর।	১১
	(গ) প্রকৃত কোষে জিনের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণের ধারণ ব্যাখ্যা কর।	৫
	[(a) What do you mean by regulation of gene expression?	
	(b) Describe the operon model for the regulation of gene expression.	
	(c) Describe the concept of regulation of gene expression in case of eukaryotic cells.]	
৩।	(ক) মিউটেশন বলতে কি বুঝ ?	৩
	(খ) বিভিন্ন প্রকার মিউটেশনের প্রক্রীণবিভাগ কর।	৮
	(গ) নাইট্রোজেন বেসের উপর (i) নাইট্রাস এসিড, (ii) ইথাইল মিথেন সালফোনেট এবং (iii) 5-ব্রোমো ইউরাসিল-এর বিক্রিয়ায় কি ঘটে ?	৫
	[(a) What do you mean by mutation?	
	(b) Classify different types of mutation.	
	(c) What happens when (i) Nitrous acid, (ii) Ethyl methane sulphonate (EMS) and (iii) 5-bromo uracil react on Nitrogen base?]	
৪।	(ক) রিকুলিনেট DNA কৌশল বলতে কি বুঝ ? জিন প্রকৌশলে ব্যবহৃত বিভিন্ন উৎসেচকের নাম লিখ।	১২+৩=১৫
	(খ) রিকুলিনেট DNA প্রস্তুত করার জন্য প্রয়োজনীয় বিভিন্ন ধাপসমূহ বর্ণনা কর।	
	[(a) What do you understand by recombinant DNA technology? Mention the names of different enzymes used in genetic engineering.	
	(b) Describe the various steps required for the preparation of recombinant DNA molecule. What are the advantages of such recombinant DNA molecule in Biological research?]	
৫।	(ক) প্লাজমিড কি? প্লাজমিডের বৈশিষ্ট্যগুলি লিখ।	১+২=৩
	(খ) উদাহরণসহ প্লাজমিডের প্রক্রীণবিন্যাস কর। প্লাজমিড ও এপিজোয়েমের মধ্যে পার্থক্য লিখ।	৫+২=৭
	(গ) প্লাজমিডের সনাক্তকরণ, জিন ম্যাপিং এবং বিতর্ককরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর।	১০
	[(a) What is plasmid? Write the characteristics of a plasmid.	
	(b) Classify plasmid with example. Write the difference between plasmid and episome.	
	(c) Describe the detection, gene mapping and purification process of plasmids.]	

৬। টাকা লিখ (যে কোনো চারটি) :

৫×৪=২০

- (ক) RNA প্রক্রিয়াজাতকরণ;
- (খ) সুপার কয়েল রেপ্লিকেশন;
- (গ) জি এম খাদ্য;
- (ঘ) t-RNA-এর গঠন;
- (ঙ) মিউটাজেনস;
- (চ) পলিজিনস্।

[Write short notes (any four) :

- (a) RNA processing;
- (b) Super coil replication;
- (c) G. M. food;
- (d) Structure of-RNA;
- (e) Mutagens;
- (f) Polygenes.]

**পরীক্ষা-২০১০**  
**উদ্ভিদবিজ্ঞান**  
**বিষয় কোড : ৩০৫৩**  
**জেনেটিক্স ও বায়োস্ট্যাটিস্টিক্স**

সময়-৪ ঘণ্টা

পূর্ণমান-১০০

স্টেক্যু : জানপাশে উদ্ভিদিত সংখ্যা প্রশ্নের পূর্ণমান জ্ঞাপক। প্রতি বিভাগ থেকে চারটি ও খ বিভাগ থেকে একটি প্রশ্নের উত্তর দাও।  
 প্রয়োজনে চিহ্নিত চিত্র দাও। একই প্রশ্নের বিভিন্ন অংশের উত্তর পর্যায়জন্মে লেখা বাহুলীয়।]

ক-বিভাগ : জেনেটিক্স

মান-৮০

১।	(ক) কেয়ারসন্স-গঠন বলতে কী বুঝ?	৮
	(খ) E-coli-এর প্লাজমিড DNA অনুলিপন কৌশল চিত্রসহ বর্ণনা কর।	৮
	(গ) অনুলিপনকালে এক সূত্রক �DNA অনুর ধি-সূত্রকে রূপান্তর প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।	৮
	[(a) What do you mean by Caim's structure? (b) With illustration write about the replication mechanism of plasmid DNA of E. coli. (c) Describe the transformation of single stranded DNA into double strand during replication.]	
২।	(ক) নিম্নে বর্ণিত RNA সমূহের ট্রান্সক্রিপশন পরবর্তী আণবিক রূপান্তর আলোচনা কর। (i) m RNA; (ii) t RNA; (iii) r RNA. (খ) মিউটেশনের আণবিক ভিত্তি বর্ণনা কর।	৪×৩=১২
	[(a) Discuss the molecular basis of post-transcriptional modifications of RNAs given below : (i) m RNA; (ii) t RNA; (iii) r RNA. (b) Explain the molecular basis of mutation.]	৮
৩।	(ক) জেনেটিক কোড কী? কোড ডিকশনারী বর্ণনা কর। (খ) জেনেটিক কোড-এর বৈশিষ্ট্যসমূহ আলোচনা কর। (গ) একটি আদর্শ tRNA- এর গঠন বর্ণনা কর।	২+৮=১০
		৫
		৫

	[(a) What is Genetic code? Describe code Dictionary. (b) Discuss the characteristics of Genetic code. (c) Describe the structure of a typical tRNA.]	
৪।	(ক) 70S- রাইবোজোমের সূক্ষ্ম গঠন কাঠামো চিত্রসহ বর্ণনা কর। (খ) ক্যাপিং প্রক্রিয়া কী? প্রকৃত কোষের mRNA অনুর প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।	১২
	[(a) Describe the fine structure of 70S ribosome with digram. (b) What is Capping method? Describe the capping method of mRNA in Eukaryotic cell.]	
৫।	(ক) আদিকোষের ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়া বর্ণনা কর। (খ) আদিকোষ ও প্রকৃতকোষ এর জিন প্রকাশের নিয়ন্ত্রণের পার্থক্য লিখ। (গ) বিবর্তনে মিউটেশনের ভূমিকা আলোচনা কর।	১০
	[(a) Describe the transcription process of prokaryotic cell. (b) Write the differences between the control of gene expression in prokaryotes and eukaryotes. (c) Discuss the role of mutation in evolution.]	
৬।	টীকা লিখ (যে কোনো চারটি) : (i) প্লাজমিড বিভক্তকরণ পদ্ধতি; (ii) ডিএনএ-র এক্সিপিন রিপোয়ার; (iii) ফ্রেম-শিফট মিউটেশন; (iv) RNA স্প্লাইমিং; (v) N-ক্ষারকের টটোমারিক আবর্তন; (vi) রিকমিনেন্ট DNA অ্যুভির গুরুত্ব।	৫×৪=২০
	[Write short notes (any four) : (i) Purification process of plasmid; (ii) Excision repair of DNA; (iii) Frame-shift mutation; (iv) RNA splicing; (v) Tauomeric shift of N-bases; (vi) Importance of recombinant DNA technology.]	

**পরীক্ষা-২০১১**  
**উদ্ভিদবিজ্ঞান (তৃতীয় পত্র)**  
**[Genetics and Biostatistics]**  
**বিষয় কোড : 3053**

**ক-বিভাগ**

**(Genetics)**

১। (ক) টটোমার কী? টটোমারিজম প্রক্রিয়াটি ব্যাখ্যা কর। (খ) অণুজীবের উপর ইথাইল মিথেন সালফোনেট প্রয়োগ করলে DNA-তে কি ধ্বনের পরিবর্তন হবে-ব্যাখ্যা কর। (গ) প্রাণ-রাসায়নিক মিউটেন্ট পৃথকীকরণ কৌশল বর্ণনা কর।	৫
(a) What is tautomer? Explain the process of tautomerism. (b) Explain the changes in DNA when ethyl methane sulphonate is applied on microorganism. (c) Describe the technique of isolation of Bio-chemical mutant.]	৭

১। (ক) কী কী কারণে DNA ক্ষতিগ্রস্ত হয়?	৩
(খ) অনুলিপন পরবর্তী DNA মেরামত কৌশল এবং SOS পদ্ধতিতে DNA মেরামত কৌশল বর্ণনা কর।	১২
(গ) রেস্ট্রিকশন এনডোনিউক্লিয়েজ কী? উৎস ও ব্যবহারসহ চারটি রেস্ট্রিকশন এনজাইমের নাম লিখ।	৫
[a] What are the causes for damage of DNA? (b) Describe the repair mechanism of damage DNA by post replication repair and SOS repair method. (c) What is restriction endonuclease? Write down four restriction endonuclease enzyme with their source and uses.]	
২। (ক) ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ কী? ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ তৈরির কলাকৌশল বর্ণনা কর।	২+১০=১২
(খ) শস্য উন্নয়নে ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদের গুরুত্ব সম্পর্কে লিখ। [a] What is transgenic plant? Describe the technique for the development of transgenic plants. (b) Write down the application of transgenic plants for the improvement of crops.]	৮
৩। (ক) প্রকৃত কোষে জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণের ধারণা ব্যাখ্যা কর। (খ) জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কিত ব্রিটেন-ডেভিডসন মডেল আলোচনা কর। [a] Describe the concept of regulation of gene expression in eukaryotic cell. (b) Discuss the Britten-Davidson model in regulation of gene expression.]	৭
৪। (ক) প্লাজমিডের শনাক্তকরণ, জিন ম্যাপিং ও বিতরণ পদ্ধতি আলোচনা কর। (খ) বৃত্তাকার DNA অনুলিপন সম্পর্কিত রোলিং সার্কেল মডেল ব্যাখ্যা কর। [a] Describe the detection, gene mapping and purification process of plasmids. (b) Explain Rolling circle model for replication of circular DNA.]	৮
৫। টীকা লিখ (যেকোনো চারটি) :	৫×৪=২০
(ক) সেন্ট্রোল ডগমা; (খ) ওবল হাইপোথিসিস; (গ) RNA প্রক্রিয়াজাতকরণ; (ঘ) রিকথিসেন্ট �DNA প্রযুক্তির গুরুত্ব; (ঙ) কোড ডিকশনারী; (চ) t-RNA-L-এর গঠন।	

পরীক্ষা-২০১২

উদ্ভিদবিজ্ঞান

বিষয় কোড : ৩০৫৩

(Genetics and Biostatistics)

সময়—৪ ঘণ্টা

পূর্ণমান—১০০

ক্রাইক্য় :— জান পাশের সংখ্যা প্রশ্নের পূর্ণমান আপক। 'ক' বিভাগ থেকে চারটি এবং 'খ' বিভাগ থেকে একটি প্রশ্নের উত্তর দাও।  
প্রয়োজনে চিহ্নিত কর দাও।

ক—বিভাগ : জেনেটিক্স

মান—৮০

১। (ক) Cairn's-এর গঠন বলতে কি বুঝ?	৮
(খ) ডি-সুপসহ বলয়াকার DNA অনুলিপন কৌশল চিত্রসহ বর্ণনা কর।	৮
(গ) অনুলিপনকালে এক সূত্রক DNA অপুর ডি-সূত্রক কপানর প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।	৮
[a] What do you mean by Cairn's structure? (b) With illustration write about the replication mechanism of the circular DNA with D-loop configuration. (c) Describe the transformation of single stranded DNA into double strand during replication.]	

- ২। (ক) জেনেটিক কোডের সংজ্ঞা দাও। কোড অভিধান ব্যাখ্যা কর। ২ + ৮ = ১০  
 (খ) মিউটাজেন ও মিউটাজিন কি? কৃতিম মিউটেশন সৃষ্টির জন্য ব্যবহৃত বিভিন্ন প্রকার বিকিরণ ও রাসায়নিক মিউটাজেনের বর্ণনা দাও। ২ + ৮ = ১০
- (a) Define genetic code Explain code dictionary.  
 (b) What is mutagen and mutagene? Discuss different radiations and chemical mutagens utilized in induction of mutation.]
- ৩। (ক) ট্রান্সক্রিপশন ও ট্রান্সলেশন-এর সংজ্ঞা দাও। ৮  
 (খ) আদিকোষী জীবের রাইবোজোমের গঠন বর্ণনা কর। ৬  
 (গ) ক্যাপিং প্রক্রিয়া কি? প্রকৃত কোষের Pre-mRNA অণুর ক্যাপ অংশ সৃষ্টির প্রক্রিয়া বর্ণনা কর। ২ + ৮ = ১০
- (a) Define transcription and translation.  
 (b) Describe the structure of ribosome found in prokaryotic organisms.  
 (c) What is capping method? Describe the creating process of cap portion of Pre-mRNA molecule in eukaryotic cell.]
- ৪। (ক) একটি আদর্শ tRNA-এর গঠন বর্ণনা কর। ৮  
 (খ) প্রোটিন জৈব সংশ্লেষণের ট্রান্সক্রিপশন ধাপটি বর্ণনা কর। ৮  
 (গ) উদাহরণসহ প্লাজমিডের শ্রেণিবিন্যাস কর। ৬
- (a) Describe the structure of a typical tRNA.  
 (b) Describe the stage of transcription of protein biosynthesis.  
 (c) Classify plasmids with examples.]
- ৫। (ক) আদিকোষী জীবে জীন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণে "Lac operon concept" বিশদভাবে ব্যাখ্যা কর। ১০  
 (খ) রিকুরিনেন্ট DNA প্রস্তুত করার জন্য প্রয়োজনীয় ধাপসমূহ বর্ণনা কর। ১০
- (a) Explain in detail the "Lac operon concept" model of regulation of gene expression in Prokaryotes.  
 (b) Describe the various steps required for the preparation of recombinant DNA molecule.]
- ৬। টীকা লিখ (যে কোনো চারটি) :— ৫ × ৪ = ২০
- (ক) জি.এম থান্ড;  
 (খ) rRNA;  
 (গ) রেস্ট্রিকশন এনজাইম;  
 (ঘ) RNA স্প্লাইসিং;  
 (ঙ) সুপারকয়েল রেপ্লিকেশন;  
 (চ) ফ্রেম-শিফট মিউটেশন।
- [Write notes (any four) :—  
 (a) G.M. Food;  
 (b) rRNA;  
 (c) Restriction enzyme;  
 (d) RNA splicing;  
 (e) Supercoil replication;  
 (f) Frame-shift mutation.]

পরীক্ষা-২০১০

উচ্চবিজ্ঞান ■ বিষয় কোড : ৩০২০  
(জেনেটিক ও বায়োস্ট্রাটিস্টিক্স)

পুরুষ-১০০

সময়-৪ ঘণ্টা

প্রশ্ন ১— ডান পাশে উচ্চিত সংখ্যা অন্তরের পূর্ণাবস্থার জাপক : ক বিভাগ থেকে চারটি এবং ব বিভাগ থেকে একটি অন্তর উভয় নথি।  
প্রয়োজনে চিহ্নিত চিত্র দাও।

ক—বিভাগ : জেনেটিক

মান—৬০

১।	ক্ষতিগ্রস্ত DNA অণু মেরামতের জন্য নিম্নের পদ্ধতিগুলো বর্ণনা কর— [Describe the following methods for the repair of damaged DNA molecule]	৬
	(ক) ফটোরিএকটিভেশন (Photoreactivation);	২
	(খ) এক্সিশন মেরামত (Excision repair);	২
	(গ) পোস্টরিপ্লিকেশন পরবর্তী রিকমিনেশন মেরামত (Post-replication recombination repair of DNA);	২
২।	(ক) অনিকোয়াড়ী জীবের রাইবোজোমের গঠন বর্ণনা কর। (খ) জেনেটিক কোড ডিকশনারী বর্ণনা কর। (গ) জেনেটিক কোডের বৈশিষ্ট্যসমূহ আলোচনা কর।	৪
	[(a) Describe the ribosome structure of prokaryotic organisms. (b) Describe the Genetic code dictionary. (c) Discuss the characteristics of Genetic code.]	২
৩।	(ক) মিউটেশন বলতে কী বুঝি ? (খ) উচ্চায়ার কী ? ক্ষারকের ট্র্যামারিক আবর্তন কিভাবে মিউটেশন ঘটায় চিহ্ন দ্বারা কৈ ? (গ) নাইট্রোজেন ক্ষারকের উপর (i) নাইট্রাস এসিড, (ii) ৫-ব্রুমুকারাইড এবং (iii) ইথাইল মিথেন সলফাইড (EMS) এর বিক্রিয়া কী ঘটে ?	২ + ৩ = ৫
	[(a) What do you mean by mutation? (b) What is tautomer? Explain with diagrams how tautomeric shift of bases cause mutation. (c) What happens when (i) Nitric acid, (ii) 5-Bromouracil and (iii) Ethyl Methane Sulphate (EMS) react with bases?]	৩
৪।	(ক) প্লাজমিডের বৈশিষ্ট্যগুলি উল্লেখ কর। (খ) E-coli এর প্লাজমিড ডিএনএ এর অনুলিপন কৌশল বর্ণনা কর। (গ) প্লাজমিডের শনাক্তকরণ, প্রিন্টারিং এবং হিপ্পকোণ পদ্ধতি বর্ণনা কর।	৫
	[(a) Mention the characteristics of plasmid. (b) With illustration write about the replication mechanism of plasmid DNA of E. coli. (c) Describe identification, gene mapping and purification process of plasmids.]	৩
৫।	(ক) রিকমিনেশন ডিএনএ (কৌশল বলতে কী বুঝি ?) কিন পদ্ধতিতে বাস্তব রিকমিনেশনের পথ উক্ত কর। ২ + ২ = ৪ (খ) ডেনাকোলস প্রাপ্তজোনের ফসল উন্নয়নের কল্পনা দিন। (গ) শার্শসূচনিক মিউটেশনসমূহ পৃথকীকরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর।	৮
	[(a) Describe identification, gene mapping and purification process of plasmids.] (b) What do you mean by recombinant DNA technology? Write the names of different enzymes used in Genetic engineering. (c) Describe the technique of the isolation of transgenic plants with examples.	৪
৬।	টাইকা শিখ (যে কোনো চারটি) ।— (i) ৭০-S রাইবোসোম (ii) জিএম খাসী (iii) Wobble হাইপোথিসিস (iv) Cairns's structure (v) m-RNA. [Write short notes (any four) :— (i) ৭০-S Ribosome (ii) GM food. (iii) Wobble hypothesis. (iv) Cairns's structure (v) m-RNA.]	৪ x ১ = ৪

পরীক্ষা-২০১৪

উত্তিদবিজ্ঞান

[মুকুল সিলেবাস অনুযায়ী]

(Molecular Genetics)

বিষয় কোড : 313007

[প্রটো :—একই বিভাগের প্রশ্নের উত্তর ধারাবাহিকভাবে লিখতে হবে। প্রয়োজনে চিহ্নিত চিহ্ন ও উদাহরণ দাও।]

সময় : ৪ ঘণ্টা

পূর্ণমান-৮০

ক-বিভাগ

১×১০=১০

১। নিচের যে কোনো ১০টি প্রশ্নের উত্তর দাও—

(ক) আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান বলতে কী বুঝ?

[What do you mean by Molecular Genetics?]

উত্তর : আণবিক বংশগতিবিজ্ঞান হচ্ছে জীববিজ্ঞান ও বংশগতিবিজ্ঞান (Genetics)-এর একটি ক্ষেত্রে বা বিশেষ বিষয় যেখানে আণবিক পর্যায়ে জিনের গঠন ও কার্য আলোচনা, পর্যালোচনা ও গবেষনা করা হয়। সহজভাবে “Study of the structure and function of genes at the molecular level is molecular genetics.” আণবিক বংশগতি হচ্ছে বংশগতিবিজ্ঞানের আধুনিক শাখা।

(খ) Cairns's Structure বলতে কী বুঝ?

[What do you mean by Cairns's Structure?]

উত্তর : J. Cairns (1963) অটোরেডিও গ্রাফি (Autoradiography) প্রক্রিয়ায় সর্বপ্রথম *E. Coli* ব্যাকটেরিয়ার চক্রকার DNA এর অনুলিপন (Replication) পর্যবেক্ষণ করেন। তিনি রেডিওএক্টিভ ট্রাইট্রিয়াটেড (tritiated) ধাইমিডিন ব্যবহার করেন যা কেবল DNA তে অন্তর্ভুক্ত হয়, RNA তে অন্তর্ভুক্ত হয় না। তিনি লক্ষ্য করেন যে অনুলিপনের মধ্যপর্যায়ে *E. Coli* এর চক্রকার DNA O আকৃতি ধারণ করে, এ কারণে এ প্রক্রিয়াকে O-shaped Replication বলে। আবিষ্কারক কাইরনসের নাম অনুসারে একে Cairns structure ও বলা হয়।

(গ) অঙ্গোট্রোফ কী?

[What is Auxotroph?]

উত্তর : যে অণুজীব বা জীবিক বৃক্ষির জন্য প্রয়োজনীয় এক বা একাধিক জৈব রাসায়নিক পদার্থ সংশ্লেষণ করতে পারেনা বলে ন্যূনতম আবাদ মাধ্যমে অন্তিম তাদেরকে অঙ্গোট্রোফ (Auxotroph) বা মিউট্যাট বলে। অঙ্গোট্রোফ কে বায়োকেমিক্যাল মিউট্যাটও বলা হয়। যেমন— ব্যাকটেরিয়ার আজিনিন অঙ্গোট্রোফ, *Neurospora* এর ধায়ামিন অঙ্গোট্রোফ ইত্যাদি। রিভার্স বা ব্যাক মিউটেশনের ফরে অনেক সময় অঙ্গোট্রোফ প্রোটোট্রোফে পরিণত হতে পারে।

(ঘ) ট্রানজিশন মিউটেশন বলতে কী বুঝ?

[What do you mean by transition mutation?]

উত্তর : যখন একটি পিউরিন আৰ একটি পিউরিন বেস দ্বারা অথবা একটি পাইরিথিডিন দ্বারা প্রতিস্থাপিত হয় তখন তাকে ট্রানজিশন (Transition) বলে। এই ধরনের মিউটেশনকে ট্রানজিশন মিউটেশন বলে। চার প্রধান Transition ঘটা সম্ভব। Transition ব্যতৃকৃতভাবে ঘটতে পারে অথবা আয়নিতকর রশ্বি (x-ray, γ-ray, β-ray), অতি বেতনি রশ্বি (uv), ক্ষারকীয় পদার্থ ইত্যাদির প্রভাবে ঘটতে পারে। অধানত Tautomerization প্রক্রিয়ার ফলে Transition ঘটে।

(ঙ) ইন্ট্রোন কী?

[What is Intron?]

উত্তর : আদিকোষের mRNA -তে সাধারণত অপ্রয়োজনীয় ও অতিরিক্ত বেস দ্বাকে না। কিন্তু অকৃত কোষের DNA-RNA তে প্রয়োজনের তুলনায় অনেক বেশি সহা Precursor mRNA অতিরিক্ত ও অপ্রয়োজনীয় বেস জোড় দ্বাকে। এই অতিরিক্ত অপ্রয়োজনীয় বেস যুক্ত অংশকে ইন্ট্রোন (intron) বলা হয়। অর্থাৎ mRNA অপু DNA অগুর কিন্তু অংশ জীব সক্রিয় ধারণ করে না। জিনের সংকেতহীন অংশকে ইন্ট্রন (Intron) বলা হয়।

- (১) মার্কার জিন কী? [What is Marker gene?]  
 উত্তর : ক্রোমোজমের নির্দিষ্ট স্থানে (Locus)-এ অবস্থিত একটি জিন বা DNA সিকোয়েল যার দ্বারা কোনো জীব বা প্রজাতিকে শনাক্ত করা যায়, তাকে DNA মার্কার বা মার্কার জিন বলে।। সাধারণত মিউটেশনের বা অন্যকোনো কারণে একটি মার্কার জিন বা DNA উৎপন্ন লাভ করে।
- (২) ট্রান্সলেশন বলতে কী বুঝ? [What do you mean translation?]  
 উত্তর : mRNA অণু থেকে বার্তা মোতাবেক প্রোটিন সংশ্লেষণের পদ্ধতিকে বলা হয় Translation। এ প্রক্রিয়া DNA পরোক্ষভাবে অংশগ্রহণ করে। এক্ষেত্রে কোন ছাঁচ নেই তবে mRNA চেইন বার্তাবাহক হিসাবে কাজ করে। এ প্রক্রিয়ায় Amino acyl, t-RNA, synthetase, peptidyl, Transferay এনজাইম সহায়তা করে। এটি রাইবোজোমে সংঘটিত হয়।
- (৩) হানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান কে আবিষ্কার করেন? [Who has discovered the transposable genetic element?]  
 উত্তর : মিসেস Barbara McClintock (1948) হানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদান আবিষ্কার করেন।
- (৪) বিন্দু পরিব্যক্তি কী? [What is point mutation?]  
 উত্তর : যে মিউটেশনের ফলে জিন (বা DNA) এর এক বা একাধিক নিউক্লিওটাইডের পরিবর্তন ঘটে, কিন্তু ক্রোমোজম স্থানিক থাকে। বর্তমানে এ ধরনের মিউটেশনকেই মূলত জিন মিউটেশন বা আদর্শ মিউটেশন বলা হয়।
- (৫) ইপিজোম কী? [What is episome]  
 উত্তর : কিছু কিছু প্রাজমিড রয়েছে যারা নিজেদের অনুলিপনের জন্য পোষক কোষের ক্রোমোজম বা DNA এর সাথে সংযুক্ত বা একাত্ম হতে হয়। এ অবস্থায় এ সকল প্রাজমিডকে এপিজোম (Episome) বলা হয়।
- (৬) জিনোমিক্স বলতে কী বুঝ? [What do you mean by genomics?]  
 উত্তর : জিনোমিক্স (Genomics) হচ্ছে জেনেটিকের একটি আধুনিক বিদ্য যেখানে জীবের বা জীবকোষের জিনোম (genome) সবক্ষে আলোচনা, গবেষণা ও পর্যালোচনা করা হয়। সংক্ষেপে জিনোম নিয়ে গবেষণা ও প্রযুক্তিকে জিনোমিক্স বলা হয়।
- (৭) জিন প্রকৌশল বলতে কী বুঝ? [What do you mean by genetic engineering?]  
 উত্তর : ক্রিয়মভাবে নতুন জিন সংশ্লেষণ বা কোনো ক্রোমোজম থেকে কোনো প্রয়োজনীয় জিন পৃথক করা এবং অন্য কোনো জীবের জিনোমে স্থানান্তর করা, অথবা কোনো অকেজে বা ফাইটিপুর্ণ (defective) জিনকে আণবিক লেভেলে সংশোধন করার প্রক্রিয়াকে জিন প্রকৌশল (Genetic engineering) বলে।

৪-বিভাগ

কোনো পোচ্চি প্রশ্নের উত্তর দাও—

৪×৫=২০

- ১) ক্ষণাকার DNA এর বৈশিক DNA এর মধ্যে পার্থক্য লিখ। [Mention the differences between circular DNA and linear DNA.]
- ২) কৃষিতে মিউটেশনের গুরুত্ব লিখ। [Write down the importance's of mutation in agriculture.]
- ৩) জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণের প্রয়োজনীয়তা লিখ। [Write down the necessity of regulation of gene expression.]
- ৪) চিত্তসহ tRNA এর গঠন বর্ণনা কর। [With diagram describe the structure of tRNA.]
- ৫) অপরাধী সনাক্তকরণে ডিএনএ ফিংগারপ্রিন্ট-এর প্রয়োগ লিখ। [Write down the application DNA fingerprinting for criminal detection.]
- ৬) উদাহরণসহ প্রাজমিডের শ্রেণিবিন্যাস কর। [Classify Plasmids with examples.]
- ৭) প্রোটিন-ডিএনএ আন্তঃক্রিয়া বর্ণনা কর। [Describe the interaction of protein-DNA.]
- ৮) রেস্ট্রিকশন এনজাইমের ব্যবহার লিখ। [Write the uses of restriction enzyme.]

গ-বিভাগ

যে কোনো পাঁচটি প্রশ্নের উত্তর দাও—

১০×৫=৫০

- বৃত্তাকার DNA অনুলিপন সম্পর্কিত রোলিং সার্কেল মডেল ব্যাখ্যা কর।  
[Explain rolling circle DNA replication model regarding circular DNA.]
- জিন মিউটেশনের আণবিক ভিত্তি ব্যাখ্যা কর।  
[Explain the molecular basis of mutation.]
- ক্যাপিং প্রক্রিয়া কী? প্রকৃত কোষের Pre-mRNA অনুর ক্যাপ অংশ সৃষ্টির প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।  
[What is capping method? Describe the creating process of cap portion of Pre-mRNA molecule in eukaryotic cell.]
- প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ সম্পর্কিত ট্রান্সকোর্প মডেল আলোচনা কর।  
[Describe the stage of transcription of protein bio-synthesis.]
- প্রোটিন জৈব-সংশ্লেষণের ট্রান্সক্রিপশন ধাপটি বর্ণনা কর।  
[Describe the stage of transcription of protein bio-synthesis.]
- স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক উপাদানের বৈশিষ্ট্য এবং প্রকার সম্পর্কে লিখ।  
[Write about the characteristics and types of transposable genetic elements.]
- প্রাইমিডের সনাক্তকরণ, জিন ম্যাপিং এবং বিভক্তকরণ পদ্ধতি বর্ণনা কর।  
[Describe the detection, gene mapping and purification process of plasmids.]
- রিকম্বিনেন্ট DNA প্রস্তুত করার প্রয়োজনীয় ধাপসমূহ বর্ণনা কর।  
[Describe the necessary steps required for the preparation of recombinant DNA.]

পরীক্ষা-২০১৫

উদ্দিদবিজ্ঞান

[নতুন সিলেবাস অনুযায়ী]

(Molecular Genetics)

বিষয় কোড : ৩১৩০০৭

প্রক্টর্য :—একই বিভাগের প্রশ্নের উত্তর ধারাবাহিকভাবে সিখতে হবে। প্রয়োজনে চিহ্নিত চিহ্ন ও উদাহরণ দাও।।

সময় : ৪ ঘণ্টা

পূর্ণান্তর-৮০

ক-বিভাগ

১। নিচের যেকোনো ১০টি প্রশ্নের উত্তর দাও—

১×১০ = ১০

(ক) DNA'র রোলিং সার্কেল অনুলিপন বলতে কী বুঝ?

[What do you mean by rolling circle replication of DNA?]

উত্তর : সাধারণত ব্যাটেরিওবায়েজ বৃত্তাকার DNA-তে এবং *E.Coli* ব্যাটেরিয়ার ক্রসেশনের সময় যে প্রক্রিয়ায় DNA একই অনুলিপন ঘটে, তাকে রোলিং সার্কেল অনুলিপন বলে। এ প্রক্রিয়ায় DNA সংশ্লেষণের মধ্য বা শেষ পর্যায়ে DNA কে অনেকটা সিগ্মা (σ)-এর ন্যায় দেখা যায় বলে একে সিগ্মা গঠন (Sigma structure) বলেও অভিহিত করা হয়।

(খ) মিউট্যান্ট এবং মিউটন কী?

[What is mutan and muton?]

উত্তর : মিউটেশনের ফলে নতুন বৈশিষ্ট্যপূর্ণ জীবকে মিউট্যান্ট (Mutant) বলে। আর DNA এর কুস্তি অংশ যা মিউটেশনে অংশগ্রহণ করে তাকে Benzer (1962) মিউটন (Muton) নামে অভিহিত করেন। অর্থাৎ DNA বা সিম্ব্রনের কুস্তি অংশ মিউটেশনে অংশগ্রহণ করে তাকেই মিউটন বলা হয়।

(গ) বেস টটোমার বলতে কী বুঝ?

[What do you meant by base tautomar?]

উত্তর : DNA অনুর পিউরিন ও পাইরিমিডিনের ১নং এবং ৬নং অবস্থানের H পরামাণুর স্থান পরিবর্তনকে টটোমারিজম বলে। টটোমারিজম ক্রিয়ায় সৃষ্টি নাইট্রোজেন বেসকে বেস টটোমার বলা হয়। টটোমারিজমের ফলে T এবং G এর কিটো অংশে (C = O → C - OH) এবং C ও A এর এমাইলো অবস্থা ইমিনোঅ্যান্ড (NH<sub>2</sub> → NH) পরিণত হয়।

(৪) প্রোটোট্রোফ কী?

[What is prototroph?]

উত্তর : যে সমস্ত অণুজীব স্থূলতম আবাদ মাধ্যমে (আগার সুক্রোজ ও কিছু খনিজ লবণ যুক্ত মাধ্যমে) ব্যাক্তিগতভাবে জনিতে পুরুষ লাভ করতে পারে তাদেরকে প্রোটোট্রোফ (Prototroph) বা বন্য (wild) বলে। যেমন— বন্য *Neurospora* এবং বন্য ব্যাক্টেরিয়া।

(৫) এন্টি-কোডন লুপ কী?

[What is anti-codon loop?]

উত্তর : একটি tRNA সূত্রটি বিভিন্নভাবে ভাঁজ হয়ে অনেকটা ক্লোভার উদ্ভিদের পাতার আকৃতি ধারণ করে। এতে সাধারণত ৪-৫ বাহু এবং ৩-৪টি লুপ থাকে। বাহুগুলি হচ্ছে— গ্রাহক বাহু, TΨC বাহু, এন্টিকোডন বাহু এবং অতিরিক্ত বাহু। ভাঁজ হওয়া বাহু এবং ৩'-৪'টি লুপ থাকে। বাহুগুলি হচ্ছে— গ্রাহক বাহু, TΨC বাহু, এন্টিকোডন বাহু এবং অতিরিক্ত বাহু। এন্টিকোডন বাহুর লুপে সুনির্দিষ্ট ট্রিপ্লেট এন্টিকোডন থাকে, যা mRNA এর নির্দিষ্ট কোডনের পরিপূরক।

(৬) BAC লাইব্রেরি কী?

[What is BAC library?]

উত্তর : হাইরারকিয়াল শটগান সিকোয়েলিংকে 'BAC- to BAC' Sequencing অথবা clone-to-clone Sequencing অথবা Map-based Sequencing বলা হয়। এ প্রক্রিয়ার প্রথমে সম্পূর্ণ জিনোমের একটি সাধারণ ভৌত মাপ তৈরির সময় জিনোমিক DNA-কে কতগুলি বড় বড় (১০,০০০-২,০০,০০০ bp) খণ্ডে বিভক্ত করে খণ্ডগুলোর পর্যায়ক্রমিক নম্বর নির্ধারণ করা হয়। খণ্ডগুলোকে কৃতিম বাহুক BAC (Bacteriae artificial chromopome)-এ ক্লোন করা হয়। এরপর এ অনুলিপন প্রক্রিয়ায় সংখ্যা বৃদ্ধি করে (amplification)। সম্পূর্ণ জিনোমধারী এ সকল BAC কে একত্রে BAC লাইব্রেরি বলা হয়।

(৭) সাইলেন্সার বলতে কী বুঝা?

[What do you mean by silencer?]

উত্তর : সাইলেন্সার হচ্ছে DNA সিকোয়েলের একটি অংশ বা অঞ্চল যা বিশেষ ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর দ্বারা আবক্ষ হলে জিনের প্রকাশ (ট্রান্সক্রিপশন) বন্ধ করে দিতে পারে। এর ফলে নির্দিষ্ট প্রোটিন সংশ্রেষণ বন্ধ হয়ে যায়। অর্থাৎ সাইলেন্সার হলো এন্হাঙ্গারের বিপরীত।

(৮) টার্গেট জিন কী?

[What is target gene?]

উত্তর : পছন্দকৃত জীবের কোষ থেকে সম্মা DNA অংশ সংযোহ করে উক্ত DNA-কে সুনির্দিষ্ট রেফ্রিকশন এনজাইম দ্বারা নির্দিষ্ট পয়েন্টে কেটে Overlapping sticky end বিশিষ্ট সুস্থ সুস্থ খণ্ডে পরিণত করা হয়। এভাবে উৎপন্ন DNA খণ্ডই কাজিক্ত foreign DNA বা টার্গেট জিন (target gene) বলা হয়।

(৯) ট্রান্সপোজন কী?

[What is transposon?]

উত্তর : জীবের একটি জেনোমের DNA-এর অনুক্রম (Sequence) বা খণ্ডাংশ অন্য খানে সংযুক্ত হলে একে স্থানান্তর (transposition) বলা হয় এবং একে স্থানান্তরযোগ্য বা চলন ক্ষমতা যুক্ত DNA খণ্ডকে ট্রান্সপোজাবল বা স্থানান্তরযোগ্য (transposon) বলা হয়। একে ট্রান্সপোজন (Transposable genetic element) বা ট্রান্সপোজন (Transposon) বলে। Transposable genetic elements কে সংক্ষেপে TE বলা হয়।

(১০) প্রোটিওমিক্স কী?

[What is proteomics?]

উত্তর : একটি জীবকোষে একটি নির্দিষ্ট সময়ে, অবস্থাভেদে যে সকল প্রোটিন প্রকাশ পায় তাদেরকে প্রোটিওম বলে। প্রোটিওম এর সার্বিক পাঠন (study) কে কেন্দ্রিক সকল আলোচনা, জ্ঞান, গবেষণা এবং প্রযুক্তিকে প্রোটিওমিক্স বলা হয়।

(১১) কে সর্বপ্রথম প্রাজিডিম আবিষ্কার করেন?

[What is discovered plasmid first?]

উত্তর : Joshua Lederberg (1952) সর্বপ্রথম ব্যাক্টেরিয়ার কোষে প্রাজিডিম আবিষ্কার করেন।

(১) জিন ক্লোনিং কী?

[What is gene cloning?]

উত্তর : উৎপাদিত rDNA কার্যকর হলে ফিশন বা ক্লোনিং প্রক্রিয়া এন্দের সংখ্যা বৃদ্ধি করা হয়। উৎপাদিত অণুজীবকে ক্লোন বলা হয়। আর এ প্রক্রিয়াকে জিন ক্লোনিং বলা হয়। উচ্চতর উত্তিস্তে এক্সপ্রেস প্রয়োগ করে gene cloning উত্তিস্তে Trangenic উত্তিস্তে সৃষ্টি করা যায়। কেবলেও ক্লোনিং করা সহজ হচ্ছে, যেমন—ডলি (ভেড়া)।

### ৪-বিভাগ

যেকোনো পাঁচটি প্রশ্নের উত্তর দাও—

$8 \times 5 = 20$

২। কৃতিম মিউটেশন সৃষ্টির জন্য ব্যবহৃত বিভিন্ন প্রকার বিকিরণ ও রাসায়নিক মিউটাজেনের বর্ণনা দাও।  
[Discuss different radiation and chemical mutagens used in induction of mutation.]

৩। প্রোটিন জৈব সংশ্লেষণের ব্যবহৃত উপকরণসমূহের তালিকা দাও।  
[Give a list of components used in protein biosynthesis.]

৪। ট্রান্সক্রিপশন ও রেপ্লিকেশনের মধ্যে পার্থক্য উল্লেখ কর।  
[Mention the differences between transcription and replication.]

৫। জিন নিয়ন্ত্রণ কী? জিনের কার্যনিয়ন্ত্রণ কৌশল লেখ।  
[What is gene regulation? Write the strategy of gene regulation.]

৬। স্থানান্তরযোগ্য জেনেটিক বস্তুর তাৎপর্য লেখ।  
[Write the significance of transportable genetic elements.]

৭। SDS-PAGE পদ্ধতিতে প্রোটিন পৃথক্করণ কীভাবে করা হয়?  
[How protein can be isolated by SDS-PAGE method?]

৮। শস্য উন্নয়নে ট্রানজেনিক উত্তিস্তের গুরুত্ব লেখ।  
[Write the importance of transgenic plant for improvement of crop plant]

৯। প্রোটিন সংশ্লেষণে tRNA-এর ভূমিকা ব্যাখ্যা কর।  
[Explain the role of tRNA in protein synthesis.]

### ৫-বিভাগ

যেকোনো পাঁচটি প্রশ্নের উত্তর দাও—

$10 \times 5 = 50$

১০। DNA অণুর অর্ধ-সংরক্ষণশীল অনুলিপন বলতে কী বুঝ? এক সূত্রক �DNA অণুর অনুলিপন প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।  
[What do you mean by semi-conservative replication of DNA molecule? describe the replication of single strand DNA molecule.]

১১। অগ্রগামী ও পশ্চাগামী মিউটেশন কী? জৈব রাসায়নিক মিউট্যান্ট পৃথক্কীকরণ কৌশল বর্ণনা কর।  
[What is forward and backward mutation? Describe the technique of isolation of bio-chemical mutants.]

১২। ট্রান্সক্রিপশন পরবর্তী ক্রপান্তর বলতে কী বুঝ? mRNA এর ট্রান্সক্রিপশন পরবর্তী আণবিক ক্রপান্তর আলোচনা কর।  
[What do you mean by post transcriptional modification? Discuss the molecular basis of post transcriptional modification of in RNA.]

১৩। প্রোটিন জৈব-সংশ্লেষণের ট্রান্সলেশন ধাপটি সংক্ষেপে বর্ণনা কর।  
[Discuss briefly the stage translation in protein bio-synthesis.]

১৪। প্রোমোটর ও এনহ্যান্সার নিয়ন্ত্রিত জিন প্রকাশ সম্পর্কে আলোচনা কর।  
[Discuss the promoter and enhancer control of gene expression.]

১৫। (ক) প্লাজমিড কী? প্লাজমিডের সাধারণ বৈশিষ্ট্য লেখ।  
[What is plasmid? Write the general features of plasmid.]

(খ) প্লাজমিড কীভাবে পৃথক করা যায়?  
[How plasmid can be isolated?]

১৬। জিনোম কী? জিনোমের অনুক্রম নির্ণয়ের দুইটি পদ্ধতি বর্ণনা কর।  
[What is genome? Describe two methods of genome sequencing.]

১৭। ট্রানজেনিক উত্তিস্তে তৈরির কলাকৌশল বর্ণনা কর।  
[Describe the technique for the development of transgenic plants.]

ଆତୀଯ ବିଶ୍ୱବିଦ୍ୟାଳୟ ପରୀକ୍ଷା-୨୦୧୬

এমএসসি শেষ বর্ষ

## বিষয় : উদ্ধিদবিজ্ঞান (ভক্তীয়)

## কোর্স শিরোনাম : Molecular Genetics

কোর্স কোড : ৩১৩০০৭

समय : 8 घण्टे

পর্ণমাস : ৮০

**বিশেষ মুষ্টিব্য :** একই দিভাগের প্রশ্নের উক্তর ধারাবাহিকভাবে লিখতে হবে। প্রয়োজনে চিহ্নিত চিত্র ও উন্নয়ন দিক্ষুণ্ড করে।

कृ-विजय

## ୧। ଯେକୋଳେ ୧୦ଟି ଅଶ୍ରେଷ୍ଟ ଉତ୍ସବ ଦାଣ-

$$3 \times 30 = 30$$

(क) नन-आयनिंग रेडिएशन क्या है? [What do you mean by non-ionizing radiation?]

**উত্তর :** যে ধরনের বিকিরণ আয়ন সৃষ্টি না করেই মিউটেশন ঘটাতে সক্ষম, সেই বিকিরণকে নন-আয়নিংকর বিকিরণ (Non-Ionising radiation) বলে। অতিবেগুনী রশ্মি বা Ultraviolet ray (UV) এ ধরনের বিকিরণ। UV এর তরঙ্গ দৈর্ঘ্য  $10^{-5}$  -  $10^{-6}$  cm বা  $3000\text{ \AA}$  -  $4000\text{ \AA}$ ; তবে মিউটেশনের জন্য সবচেয়ে কার্যকর তরঙ্গ দৈর্ঘ্য হচ্ছে  $2600\text{ \AA}$ . সাধারণত UV ভাইমার সৃষ্টির মাধ্যমে মিউটেশন ঘটায়।

(x) जैव रासायनिक मिउटेशन बदलते की बोधाय? [What do you mean by biochemical mutation?]

উত্তর : জিনের মিউটেশনের কারণে কোনো জীব যদি বৃক্ষির জন্য প্রয়োজনীয় কোনো জৈবরাসায়নিক পদার্থ সংস্কারণে অক্ষম হয় তা হলে এই জীবকে জৈবরাসায়নিক মিউট্যান্ট (Biochemical Mutant) বলে। আর এই ধরনের মিউটেশনকে জৈব রাসায়নিক মিউটেশন বলে।

(ग) cDNA बलते की बोबा? [What do you mean by cDNA?]

**উত্তর :** কার্ডিক জিনের পরিউৎসুক mRNA থেকে ট্রান্সক্রিপশনের জন্য রিভার্স ট্রান্সক্রিপ্টেজ এনজাইম যোগ করা হয়। এই এনজাইমের ক্রিয়ায় একসূত্রী DNA উৎপন্ন হয়। এই একসূত্রী DNA, mRNA সূত্রের কমপ্লিমেন্টারি বলে। একে রিভার্স ট্রান্সক্রিপ্টেজ এনজাইমের ক্রিয়ায় উৎপন্ন একসূত্রী DNA (cDNA) নামে অভিহিত করা হয়।

(৪) পলিমারেজের শক্তি কৈমিয়া কী? [What is polymerase jumping system?]

**উত্তর :** যে প্রক্রিয়ায় DNA সূত্রের প্রয়োজনীয় অংশ থেকে mRNA সংশ্লেষণের পর RNA Polymerase শক্ত দিয়ে দূরে সরে যায় এবং পুনরায় পরবর্তী প্রয়োজনীয় অংশ থেকে RNA অংশ সংশ্লেষণ করে। এভাবে সংশ্লেষিত RNA খণ্ডগুলো পরে একত্রে সংযুক্ত হয়ে পূর্ণ RNA উৎপন্ন হয়। একেই প্রক্রিয়াকের লক্ষণ প্রক্রিয়া (Jumping RNA-Polymerase System) বলা হয়।

(५) इन्सुलेटर क्या? [What is Insulator?]

**জিন** : ইনসুলেটের হচ্ছে DNA-এর জেনেটিক বাউভারি যা এনহ্যাগার এবং প্রমোটারের পারস্পরিক ক্রিয়া (interaction) প্রতিহত করে। এতে DNA-এর অংশ যা একটি জিন বা জিনগুচ্ছের প্রকাশ নিয়ন্ত্রণ করে। ইনসুলেটের অবস্থান প্রমোটার এবং এনহ্যাগারের মাঝখানে।

୮) ପେଣ୍ଟାକ୍ରିଡ ବ୍ରାନ୍ କ୍ଲାବ୍ (What is pentax brand?)

**উত্তর :** এমাইনো এসিড যে বন্ধনীর দ্বারা পরম্পর যুক্ত হয় তাকে পেপ্টাইড বন্ধনী (Peptide bond) বলে। পাশাপাশি অবস্থিত দুটি এমাইনো এসিডের একটির কার্বক্যাল হ্যাপ্পেন (-COOH) এর সাথে অনাটির (পরবর্তীটির) C-কার্বনের সাথে যুক্ত এমাইনো হ্যাপ্পেন (-NH<sub>2</sub>) এর মধ্যে পেপ্টাইড বন্ধনী সৃষ্টি হয় এবং ডাইপেপ্টাইড উৎপন্ন হয়। এ সময় একটি অণু H<sub>2</sub>O মুক্ত হয়। হোটিন অণু সংক্রেতণের সময় DNA এর কোড বা mRNA এর কোডন অনুসারে সুনির্দিষ্ট অনুক্রমে এমাইনো এসিডের সাথে এমাইনো এসিড পেপ্টাইড বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়ে যে শর্করা সৃষ্টি হয় তাকে পেপ্টাইড চেইন বলা হয়।

୧) ରେଟ୍ରୋଟ୍ରାନ୍ସପୋଜନ କୀ? [What is retrotransposon?]

**উত্তর :** যে সকল TEs ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়ায় প্রথমে RNA সৃষ্টি করে এবং এরপর reverse transcriptase (RT) এনজাইমের সহায়তায় পুনরায় DNA-তে পরিণত হয়। তাকে রেট্রোট্রান্সপোজন (Retrotransposons) বলা হয়। এক্ষণ কলি DNA জেনোমের নতুন অবস্থানে অভর্তুক হয় (Selvam, 2014)। অধিকাংশ প্রকৃতকোষী জীবে (Eukaryotes) এ প্রক্রিয়ায় TEs ছানাত্ত্বরিত হয়।

1) এপিজোম কী? (What is eposome?)

**উত্তর :** কিন্তু কিন্তু প্রাজিয়িড বয়েছে যারা নিজেদের অনুলিপনের জন্য পোষক কোষের ক্লোমোজাম বা DNA এর সাথে সংযুক্ত বা একান্ত হতে হ্যাঁ। এ অবস্থায় এ সকল প্রাজিয়িডকে এপিজোম (Episome) বলা হ্যাঁ।

(ক) জিনোমিক্স বলতে কী বুঝ? [What do you mean by genomics?]

উত্তর : জিনোমিক্স (Genomics) হচ্ছে জেনেটিক্সের একটি আধুনিক বিষয় যেখানে জীবের বা জীবকোষের জিনোম (genome) সমষ্টি আলোচনা, গবেষণা ও পর্যামোচনা করা হয়। সংক্ষেপে জিনোম নিয়ে গবেষণা ও প্রযুক্তিকে জিনোমিক্স বলা হয়।

(খ) জিন একোশল বলতে কী বুঝ? [What do you mean by genetic engineering?]

উত্তর : কৃত্রিমভাবে নতুন জিন সংশ্লেষণ বা কোনো ক্রোমোজম থেকে কোনো প্রয়োজনীয় জিন পৃথক করা এবং অন্য কোনো জীবের জিনোমে স্থানান্তর করা, অথবা কোনো অকেজো বা জটিপূর্ণ (defective) জিনকে আণবিক লেভেলে সংশোধন করার প্রক্রিয়াকে জিন একোশল (Genetic engineering) বলে।

(গ) এক্সপ্লান্ট কী? [What is explant?]

উত্তর : টিসু কালচারের অন্য যে ভাজক টিসু নির্বাচন করা হয় তাকে Explant বলা হয়। যেমন- পাতা, কাও ইত্যাদি (Explants)।

(ঘ) SSBP-এর পূর্ণরূপ লেখ। [Write the elaboration of SSBP.]

উত্তর : SSBP-এর পূর্ণরূপ : Single-stranded binding proteins.

৪-বিভাগ

যেকোনো ৫টি প্রশ্নের উত্তর দাও-

৪ × ৫ = ২০

১। θ (থিটা) আকৃতির অনুলিপন সম্পর্কে লেখ।

[Write about θ (theta) shaped replication.]

২। ট্রানজিশন ও ট্রান্সভের্শন মিউটেশন ব্যাখ্যা কর।

[Explain transition and transversion mutation.]

৩। চিত্রসহ rRNA-র গঠন লেখ।

[Write with diagram the structure of rRNA.]

৪। ট্রান্সক্রিপশন পর্যায়ে জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণে হিস্টোন ও নন-হিস্টোন প্রোটিনের ক্রিয়া আলোচনা কর।

[Discuss the role of histones and non-histones protein during the regulation of gene expression at transcription level.]

৫। কৃষিতে মিউটেশনের উল্লেখ লেখ।

[Write down the importances of mutation in Agriculture.]

৬। প্লাজমিডের শ্রেণিবিন্যাস লেখ।

[Write down the classification of plasmid.]

৭। অপরাধী শনাক্তকরণে ডিএনএ ফিংগার প্রিন্ট-এর প্রয়োগ লেখ।

[Write down the application of DNA finger printing for criminal detection.]

৮। rDNA তৈরির অন্য প্রয়োজনীয় উপকরণসমূহের নাম লেখ।

[Write down the name of necessary tools for the preparation of rDNA.]

৫-বিভাগ

৫ × ৫ = ২৫

যেকোনো ৫টি প্রশ্নের উত্তর দাও-

১। অনুলিপন কী? বৃত্তাকার DNA-এর প্রজাপতি সাদৃশ্য অনুলিপন পদ্ধতি বিজ্ঞানিত বর্ণনা কর।

[What is replication? Describe in details the process of butterfly replication of circular DNA.]

২। রাসায়নিক মিউটাজেন দ্বারা মিউটেশন সংঘটন প্রক্রিয়া বর্ণনা কর।

[Describe the mechanism of mutagenesis by chemical mutagens.]

৩। RNA প্রতিক্রিয়ণ প্রক্রিয়া সচিত্র বর্ণনা কর।

[Describe RNA transcription process with diagram.]

৪। প্রকৃত কোষের জিন প্রকাশ নিয়ন্ত্রণে 'জিন ব্যাটারি মডেল' ব্যাখ্যা কর।

[Explain 'Gene Battery Model' in case of eukaryotic gene expression regulation.]

৫। ব্যাকটেরিয়ার স্থানান্তরণে জেনেটিক উপাদান সম্পর্কে আলোচনা কর।

[Discuss about transposable genetic elements found in bacteria.]

৬। প্লাজমিডের শনাক্তকরণ এবং জিন ম্যাপিং পদ্ধতি বর্ণনা কর।

[Describe the detection and gene mapping process of plasmids.]

৭। প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া কী? প্রোটিন-প্রোটিন আন্তঃক্রিয়া নির্ণয়ে ইস্টের হিস্কের ক্রিনিং পদ্ধতি ও Co-

immunoprecipitation (CoIP) পদ্ধতি বর্ণনা কর।

[What is protein-protein interaction? Describe the method of determining protein-protein interaction by Yeast two-hybrid screening method and co-immunoprecipitation (CoIP) method.]

৮। রিকমিলেট ডিএনএ তৈরির ধাপসমূহ বর্ণনা কর।

[Describe the steps required for the preparation of recombinant DNA.]

# আমাদের প্রকাশিত উন্নিদবিজ্ঞান এমএসসি শেষ বর্ষের বইসমূহ

- অ্যাডভালড প্লান্ট ট্যাঙ্গোনমি অব আজিওস্পার্ম
- অ্যাডভালড প্লান্ট ট্যাঙ্গোনমি অব আজিওস্পার্ম
- অ্যাডভালড প্লান্ট ফিজিওলজি
- প্লান্ট ফিজিওলজি
- অ্যাডভালড প্লান্ট ইকোলজি ও এনভায়রনমেন্ট
- অ্যাডভালড প্লান্ট ইকোলজি ও এনভায়রনমেন্ট
- আণবিক বংশগতি
- আণবিক বংশগতি
- অ্যাডভালড প্লান্ট প্যাথোলজি অ্যাভ ক্লেগ প্রোটেকশন
- প্লান্ট বারোটেকনোলজি
- মাইক্রোবারোলজি ও বাইক্রেবিয়াল বারোটেকনোলজি
- মডার্স টেক্সট বুক অব বোটানি (মাস্টার্স)
- অ্যাডভালড ফাইকোলজি
- মেডিসিনাল প্লান্ট ও হারবাল মেডিসিন
- মাস্টার্স শেষ বর্ষ ব্যবহারিক উন্নিদবিজ্ঞান
- KP সিরিজ রেনেসাঁ মাস্টার্স শেষ বর্ষ উন্নিদবিজ্ঞান ইঞ্জি বুক [প্রথম খন্ড]
- KP সিরিজ রেনেসাঁ মাস্টার্স শেষ বর্ষ উন্নিদবিজ্ঞান ইঞ্জি বুক [বিতীয় খন্ড]
- KP সিরিজ রেনেসাঁ মাস্টার্স শেষ বর্ষ ফাইকোলজি ইঞ্জি বুক
- KP সিরিজ রেনেসাঁ উন্নিদবিজ্ঞান সাজেশন ও বিগত সালের প্রশ্নব্যাংক

প্রফেসর জিতেন্দ্র নাথ রায়  
প্রফেসর জীবন কৃষ্ণ সাহা  
প্রফেসর জিতেন্দ্র নাথ রায়  
দেলোয়ার হোসেন  
দেলোয়ার ও সুকমল  
প্রফেসর জীবন কৃষ্ণ সাহা  
রেখা, শিউলী ও অন্যান্য  
প্রফেসর নিয়ামুল হক ও অন্যান্য  
প্রফেসর নিয়ামুল হক ও রাশেদ কারামী



Like us on  
Facebook [fb.me/kabirpublication](https://fb.me/kabirpublication)

প্রকাশনায় ♦ একমাত্র পরিবেশক  
কবির পাবলিকেশন্স ♦ কবির বুক কর্ণার  
৩৮/৩ বাংলাবাজার ♦ ১৬১-১৬২ বাকুশাহ মাকেত,  
(ওয় তলা) ঢাকা-১১০০ ♦ নীলক্ষেত্র, ঢাকা-১২০৫।  
মোবা : ০১৭৭৭-৭৫৬৩৭৫ ♦ মোবা : ০১৬৮৮-৩৭৬৫৫৭  
০১৮২৮-৫৩৯৪৮৮ ♦

1  
2  
3  
4  
5  
6  
7  
8  
9  
10  
11  
12  
13  
14  
15  
16  
17  
18  
19  
20  
21  
22  
23  
24  
25  
26  
27  
28  
29  
30  
31  
32  
33  
34  
35  
36  
37  
38  
39  
40  
41  
42  
43  
44  
45  
46  
47  
48  
49  
50  
51  
52  
53  
54  
55  
56  
57  
58  
59  
60  
61  
62  
63  
64  
65  
66  
67  
68  
69  
70  
71  
72  
73  
74  
75  
76  
77  
78  
79  
80  
81  
82  
83  
84  
85  
86  
87  
88  
89  
90  
91  
92  
93  
94  
95  
96  
97  
98  
99  
100  
101  
102  
103  
104  
105  
106  
107  
108  
109  
110  
111  
112  
113  
114  
115  
116  
117  
118  
119  
120  
121  
122  
123  
124  
125  
126  
127  
128  
129  
130  
131  
132  
133  
134  
135  
136  
137  
138  
139  
140  
141  
142  
143  
144  
145  
146  
147  
148  
149  
150  
151  
152  
153  
154  
155  
156  
157  
158  
159  
160  
161  
162  
163  
164  
165  
166  
167  
168  
169  
170  
171  
172  
173  
174  
175  
176  
177  
178  
179  
180  
181  
182  
183  
184  
185  
186  
187  
188  
189  
190  
191  
192  
193  
194  
195  
196  
197  
198  
199  
200  
201  
202  
203  
204  
205  
206  
207  
208  
209  
210  
211  
212  
213  
214  
215  
216  
217  
218  
219  
220  
221  
222  
223  
224  
225  
226  
227  
228  
229  
230  
231  
232  
233  
234  
235  
236  
237  
238  
239  
240  
241  
242  
243  
244  
245  
246  
247  
248  
249  
250  
251  
252  
253  
254  
255  
256  
257  
258  
259  
250  
251  
252  
253  
254  
255  
256  
257  
258  
259  
260  
261  
262  
263  
264  
265  
266  
267  
268  
269  
270  
271  
272  
273  
274  
275  
276  
277  
278  
279  
280  
281  
282  
283  
284  
285  
286  
287  
288  
289  
280  
281  
282  
283  
284  
285  
286  
287  
288  
289  
290  
291  
292  
293  
294  
295  
296  
297  
298  
299  
300  
301  
302  
303  
304  
305  
306  
307  
308  
309  
310  
311  
312  
313  
314  
315  
316  
317  
318  
319  
320  
321  
322  
323  
324  
325  
326  
327  
328  
329  
330  
331  
332  
333  
334  
335  
336  
337  
338  
339  
330  
331  
332  
333  
334  
335  
336  
337  
338  
339  
340  
341  
342  
343  
344  
345  
346  
347  
348  
349  
340  
341  
342  
343  
344  
345  
346  
347  
348  
349  
350  
351  
352  
353  
354  
355  
356  
357  
358  
359  
350  
351  
352  
353  
354  
355  
356  
357  
358  
359  
360  
361  
362  
363  
364  
365  
366  
367  
368  
369  
360  
361  
362  
363  
364  
365  
366  
367  
368  
369  
370  
371  
372  
373  
374  
375  
376  
377  
378  
379  
380  
381  
382  
383  
384  
385  
386  
387  
388  
389  
380  
381  
382  
383  
384  
385  
386  
387  
388  
389  
390  
391  
392  
393  
394  
395  
396  
397  
398  
399  
390  
391  
392  
393  
394  
395  
396  
397  
398  
399  
400  
401  
402  
403  
404  
405  
406  
407  
408  
409  
400  
401  
402  
403  
404  
405  
406  
407  
408  
409  
410  
411  
412  
413  
414  
415  
416  
417  
418  
419  
410  
411  
412  
413  
414  
415  
416  
417  
418  
419  
420  
421  
422  
423  
424  
425  
426  
427  
428  
429  
420  
421  
422  
423  
424  
425  
426  
427  
428  
429  
430  
431  
432  
433  
434  
435  
436  
437  
438  
439  
430  
431  
432  
433  
434  
435  
436  
437  
438  
439  
440  
441  
442  
443  
444  
445  
446  
447  
448  
449  
440  
441  
442  
443  
444  
445  
446  
447  
448  
449  
450  
451  
452  
453  
454  
455  
456  
457  
458  
459  
450  
451  
452  
453  
454  
455  
456  
457  
458  
459  
460  
461  
462  
463  
464  
465  
466  
467  
468  
469  
460  
461  
462  
463  
464  
465  
466  
467  
468  
469  
470  
471  
472  
473  
474  
475  
476  
477  
478  
479  
470  
471  
472  
473  
474  
475  
476  
477  
478  
479  
480  
481  
482  
483  
484  
485  
486  
487  
488  
489  
480  
481  
482  
483  
484  
485  
486  
487  
488  
489  
490  
491  
492  
493  
494  
495  
496  
497  
498  
499  
490  
491  
492  
493  
494  
495  
496  
497  
498  
499  
500  
501  
502  
503  
504  
505  
506  
507  
508  
509  
500  
501  
502  
503  
504  
505  
506  
507  
508  
509  
510  
511  
512  
513  
514  
515  
516  
517  
518  
519  
510  
511  
512  
513  
514  
515  
516  
517  
518  
519  
520  
521  
522  
523  
524  
525  
526  
527  
528  
529  
520  
521  
522  
523  
524  
525  
526  
527  
528  
529  
530  
531  
532  
533  
534  
535  
536  
537  
538  
539  
530  
531  
532  
533  
534  
535  
536  
537  
538  
539  
540  
541  
542  
543  
544  
545  
546  
547  
548  
549  
540  
541  
542  
543  
544  
545  
546  
547  
548  
549  
550  
551  
552  
553  
554  
555  
556  
557  
558  
559  
550  
551  
552  
553  
554  
555  
556  
557  
558  
559  
560  
561  
562  
563  
564  
565  
566  
567  
568  
569  
560  
561  
562  
563  
564  
565  
566  
567  
568  
569  
570  
571  
572  
573  
574  
575  
576  
577  
578  
579  
570  
571  
572  
573  
574  
575  
576  
577  
578  
579  
580  
581  
582  
583  
584  
585  
586  
587  
588  
589  
580  
581  
582  
583  
584  
585  
586  
587  
588  
589  
590  
591  
592  
593  
594  
595  
596  
597  
598  
599  
590  
591  
592  
593  
594  
595  
596  
597  
598  
599  
600  
601  
602  
603  
604  
605  
606  
607  
608  
609  
600  
601  
602  
603  
604  
605  
606  
607  
608  
609  
610  
611  
612  
613  
614  
615  
616  
617  
618  
619  
610  
611  
612  
613  
614  
615  
616  
617  
618  
619  
620  
621  
622  
623  
624  
625  
626  
627  
628  
629  
620  
621  
622  
623  
624  
625  
626  
627  
628  
629  
630  
631  
632  
633  
634  
635  
636  
637  
638  
639  
630  
631  
632  
633  
634  
635  
636  
637  
638  
639  
640  
641  
642  
643  
644  
645  
646  
647  
648  
649  
640  
641  
642  
643  
644  
645  
646  
647  
648  
649  
650  
651  
652  
653  
654  
655  
656  
657  
658  
659  
650  
651  
652  
653  
654  
655  
656  
657  
658  
659  
660  
661  
662  
663  
664  
665  
666  
667  
668  
669  
660  
661  
662  
663  
664  
665  
666  
667  
668  
669  
670  
671  
672  
673  
674  
675  
676  
677  
678  
679  
670  
671  
672  
673  
674  
675  
676  
677  
678  
679  
680  
681  
682  
683  
684  
685  
686  
687  
688  
689  
680  
681  
682  
683  
684  
685  
686  
687  
688  
689  
690  
691  
692  
693  
694  
695  
696  
697  
698  
699  
690  
691  
692  
693  
694  
695  
696  
697  
698  
699  
700  
701  
702  
703  
704  
705  
706  
707  
708  
709  
700  
701  
702  
703  
704  
705  
706  
707  
708  
709  
710  
711  
712  
713  
714  
715  
716  
717  
718  
719  
710  
711  
712  
713  
714  
715  
716  
717  
718  
719  
720  
721  
722  
723  
724  
725  
726  
727  
728  
729  
720  
721  
722  
723  
724  
725  
726  
727  
728  
729  
730  
731  
732  
733  
734  
735  
736  
737  
738  
739  
730  
731  
732  
733  
734  
735  
736  
737  
738  
739  
740  
741  
742  
743  
744  
745  
746  
747  
748  
749  
740  
741  
742  
743  
744  
745  
746  
747  
748  
749  
750  
751  
752  
753  
754  
755  
756  
757  
758  
759  
750  
751  
752  
753  
754  
755  
756  
757  
758  
759  
760  
761  
762  
763  
764  
765  
766  
767  
768  
769  
760  
761  
762  
763  
764  
765  
766  
767  
768  
769  
770  
771  
772  
773  
774  
775  
776  
777  
778  
779  
770  
771  
772  
773  
774  
775  
776  
777  
778  
779  
780  
781  
782  
783  
784  
785  
786  
787  
788  
789  
780  
781  
782  
783  
784  
785  
786  
787  
788  
789  
790  
791  
792  
793  
794  
795  
796  
797  
798  
799  
790  
791  
792  
793  
794  
795  
796  
797  
798  
799  
800  
801  
802  
803  
804  
805  
806  
807  
808  
809  
800  
801  
802  
803  
804  
805  
806  
807  
808  
809  
810  
811  
812  
813  
814  
815  
816  
817  
818  
819  
810  
811  
812  
813  
814  
815  
816  
817  
818  
819  
820  
821  
822  
823  
824  
825  
826  
827  
828  
829  
820  
821  
822  
823  
824  
825  
826  
827  
828  
829  
830  
831  
832  
833  
834  
835  
836  
837  
838  
839  
830  
831  
832  
833  
834  
835  
836  
837  
838  
839  
840  
841  
842  
843  
844  
845  
846  
847  
848  
849  
840  
841  
842  
843  
844  
845  
846  
847  
848  
849  
850  
851  
852  
853  
854  
855  
856  
857  
858  
859  
850  
851  
852  
853  
854  
855  
856  
857  
858  
859  
860  
861  
862  
863  
864  
865  
866  
867  
868  
869  
860  
861  
862  
863  
864  
865  
866  
867  
868  
869  
870  
871  
872  
873  
874  
875  
876  
877  
878  
879  
870  
871  
872  
873  
874  
875  
876  
877  
878  
879  
880  
881  
882  
883  
884  
885  
886  
887  
888  
889  
880  
881  
882  
883  
884  
885  
886  
887  
888  
889  
890  
891  
892  
893  
894  
895  
896  
897  
898  
899  
890  
891  
892  
893  
894  
895  
896  
897  
898  
899  
900  
901  
902  
903  
904  
905  
906  
907  
908  
909  
900  
901  
902  
903  
904  
905  
906  
907  
908  
909  
910  
911  
912  
913  
914  
915  
916  
917  
918  
919  
910  
911  
912  
913  
914  
915  
916  
917  
918  
919  
920  
921  
922  
923  
924  
925  
926  
927  
928  
929  
920  
921  
922  
923  
924  
925  
926  
927  
928  
929  
930  
931  
932  
933  
934  
935  
936  
937  
938  
939  
930  
931  
932  
933  
934  
935  
936  
937  
938  
939  
940  
941  
942  
943  
944  
945  
946  
947  
948  
949  
940  
941  
942  
943  
944  
945  
946  
947  
948  
949  
950  
951  
952  
953  
954  
955  
956  
957  
958  
959  
950  
951  
952  
953  
954  
955  
956  
957  
958  
959  
960  
961  
962  
963  
964  
965  
966  
967  
968  
969  
960  
961  
962  
963  
964  
965  
966  
967  
968  
969  
970  
971  
972  
973  
974  
975  
976  
977  
978  
979  
970  
971  
972  
973  
974  
975  
976  
977  
978  
979  
980  
981  
982  
983  
984  
985  
986  
987  
988  
989  
980  
981  
982  
983  
984  
985  
986  
987  
988  
989  
990  
991  
992  
993  
994  
995  
996  
997  
998  
999  
990  
991  
992  
993  
994  
995  
996  
997  
998  
999  
1000  
1001  
1002  
1003  
1004  
1005  
1006  
1007  
1008  
1009  
1000  
1001  
1002  
1003  
1004  
1005  
1006  
1007  
1008  
1009  
1010  
1011  
1012  
1013  
1014  
1015  
1016  
1017  
1018  
1019  
1010  
1011  
1012  
1013  
1014  
1015  
1016  
1017  
1018  
1019  
1020  
1021  
1022  
1023  
1024  
1025  
1026  
1027  
1028  
1029  
1020  
1021  
1022  
1023  
1024  
1025  
1026  
1027  
1028  
1029  
1030  
1031  
1032  
1033  
1034  
1035  
1036  
1037  
1038  
1039  
1030  
1031  
1032  
1033  
1034  
1035  
1036  
1037  
1038  
1039  
1040  
1041  
1042  
1043  
1044  
1045  
1046  
1047  
1048  
1049  
1040  
1041  
1042  
1043  
1044  
1045  
1046  
1047  
1048  
1049  
1050  
1051  
1052  
1053  
1054  
1055  
1056  
1057  
1058  
1059  
1050  
1051  
1052  
1053  
1054  
1055  
1056  
1057  
1058  
1059  
1060  
1061  
1062  
1063  
1064  
1065  
1066  
1067  
1068  
1069  
1060  
1061  
1062  
1063  
1064  
1065  
1066  
1067  
1068  
1069  
1070  
1071  
1072  
1073  
1074  
1075  
1076  
1077  
1078  
1079  
1070  
1071  
1072  
1073  
1074  
1075  
1076  
1077  
1078  
1079  
1080  
1081  
1082  
1083  
1084  
10