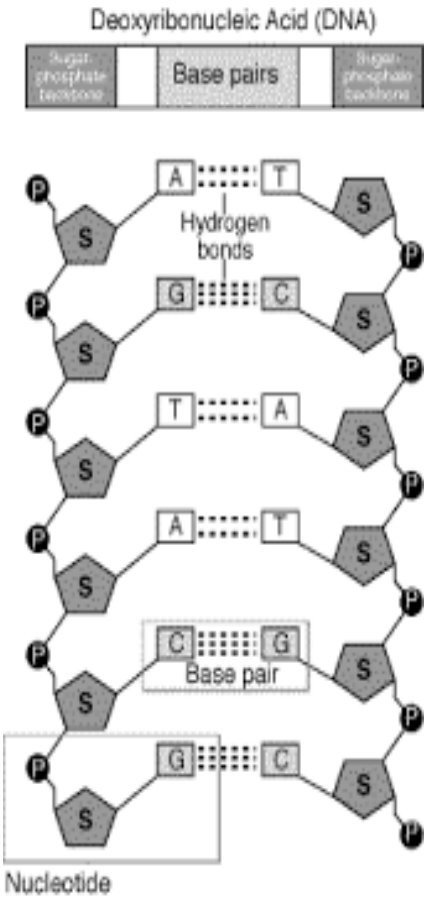
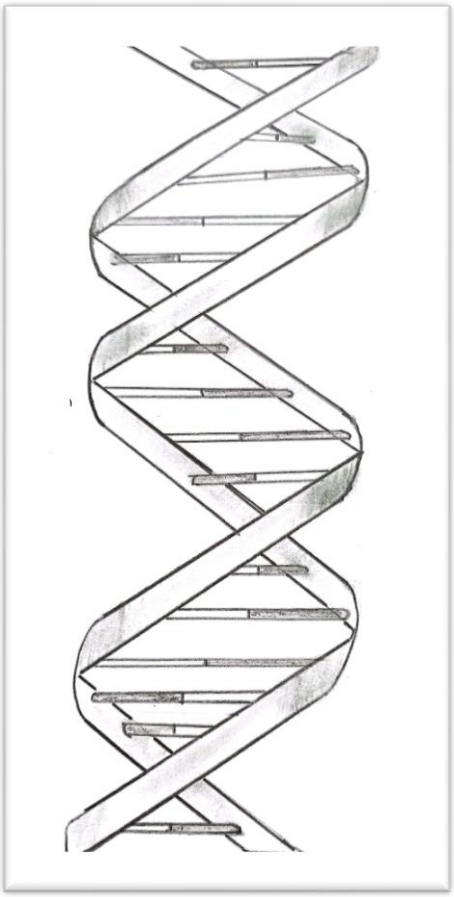
HSC BIOLOGY

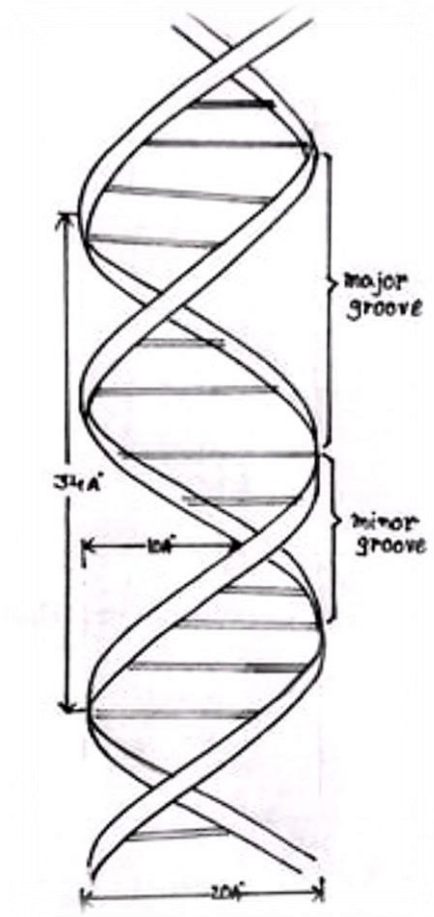
JAHID SIR- 01715952813

(Botany-Chapter 1)

Structure of DNA (DNA এর গঠন)







Deoxyribo Nucleic Acid এর সংক্ষিপ্তরূপ **DNA**. এটি ক্রোমোসোমের স্থায়ী এবং মৌলিক উপাদান । মার্কিন বিজ্ঞানী Watson এবং ইংরেজ বিজ্ঞানী Crick ১৯৫৩ সালে DNA এর গঠন সম্পর্কিত একটি ভৌত মডেল প্রণয়ন করেন। মডেলটির নাম ডাবল হেলিক্স মডেল। এজন্য তারা নোবেল পুরুষ্কার লাভ করেন।

Watson & Crick এর মডেল অনুযায়ী DNA এর ভৌত মডেল ব্যাখ্যা

১. DNA অনু প্যাঁচানো সিঁড়ির মত, যাকে বলা হয় ডাবল হেলিক্স(Double Helix)।

২. সিঁড়ির দুই পাশের রেলিং তৈরি হয় সুগার পাঁচ কার্বন বিশিষ্ট ডি অক্সি রাইবোজ সুগার এবং অজৈব ফসফেট এর পর্যায়ক্রমিক সংযুক্তি দ্বারা।

৩. সিঁড়ির দুই পাশের রেলিং এর মাঝখানের ধাপ তৈরি হয় একজোড়া নাইট্রোজিনাস ক্ষার(Base) দ্বারা।

৪. নাইট্রোজিনাস ক্ষার গুলোর সজ্জা A=T, G=C.

৫. এখানে এডিনিন এবং থায়ামিন এর মাঝে দুইটি এবং সাইটোসিন এবং গুয়ানিন এর মাঝে তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধন থাকে।

৬. ফসফেট যুক্ত থাকে ডি **Deoxyribose** সুগারের ৩য় ও ৫নং কার্বনের সাথে এবং ক্ষারকগুলো যুক্ত থাকে **Deoxyribose** সুগারের ১ নং কার্বনের সাথে।

৭. DNA অনুর সূত্রক দুইটি উল্টা সমান্তরাল (Antiparallel)। অর্থাৎ একটি অপরটির বিপরীতমুখী হয়ে অবস্থান করে।

৮. DNA এর প্রতি ঘূর্ণনে ১০ টি মনোনিউক্লিওটাইড থাকে। এবং প্রতি ঘুর্ণনের দূরত্ব ৩৪A° ।

৯. প্রতি জোড়া নিউক্লিওটাইডের দূরত্ব ৩.৪A° ।

১০. DNA অনুর ব্যাস সর্বদা ২০A° । তবে প্রজাতিভেদে এর দৈর্ঘ্য বিভিন্ন হতে পারে।

১১. হেলিক্স এর প্রতিটি সম্পূর্ন প্যাঁচ বা ঘূর্ণনের বাইরের দিকে একটি গভীর খাঁজ ও একটি অগভীর খাঁজের সৃষ্টি হয়।

১২. প্রতি ঘূর্ণনে হাইড্রোজেন বন্ড সংখ্যা ২৫ টি।

DNA-র রেপ্লিকেশন বা অনুলিপন

কোষ বিভাজন সার্বিকভাবে DNA অণুর সংখ্যা বৃদ্ধির উপর নির্ভরশীল। DNA নিজেই তার DNA সংশ্লেষ করে (অটোক্যাটালাইটিক ফাংশন)। সংখ্যাবৃদ্ধির সময় DNA বিশেষ কৌশল অবলম্বন করে মাতৃ DNA অণুর অনুরূপ নতুন দুটি DNA অণু সৃষ্টি করে যেটি অনুলিপন বা প্রতিলিপন বা রেপ্লিকেশন বা দ্বিতন বা প্রতিরূপ সৃষ্টি নামে পরিচিত।

সংজ্ঞা : যে প্রক্রিয়ায় একটি DNA ডাবল হেলিক্স থেকে একই রকম দুটি অণুর সৃষ্টি হয়, তাকে DNA-র রেপ্লিকেশন বা অনুলিপন বলে।

ইন্টারফেজের S পর্যায়ে DNA-র অনুলিপন ঘটে। আদিকোষে DNA ছোটো এদের ১টি স্থানে অনুলিপন শুরু হয় এবং দ্রুত শেষ হয়। প্রকৃতকোষে DNA দীর্ঘ এদের সূত্রের বিভিন্ন স্থানে একই সাথে অনুলিপন শুর হয় এবং অনুলিপনের গতিও কম।

Levinthal ও Crane (১৯৫৬) DNA অনুলিপনের তিনটি সম্ভাব্য ধরণা বা মডেল প্রস্তাব করেন।

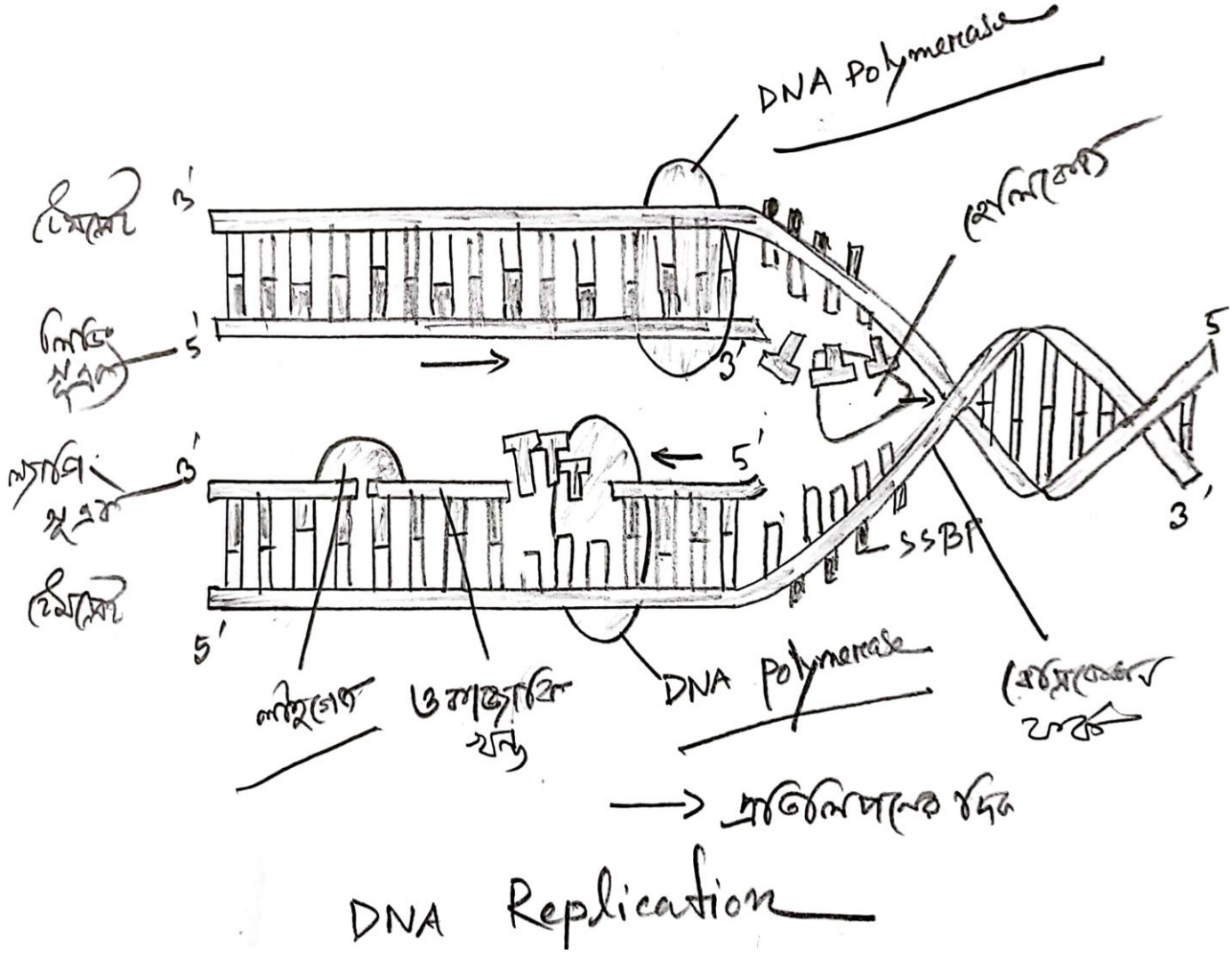
- 1. সংরক্ষণশীল অনুকল্প
- 2. অর্ধসংরক্ষণশীল অনুকল্প
- 3. বিচ্ছুরণশীল অনুকল্প

যে প্রক্রিয়ায় একটি DNA ডাবল হেলিক্স থেকে একই রকম দুটি অণুর সৃষ্টি হয়, তাকে DNA-র রেপ্লিকেশন বা অনুলিপন বলে।

মেসেলসন ও স্টাল (১৯৫৮), লেহম্যান ও অন্যান্য (১৯৫৮), সয়েওকা (১৯৬০), জোর্জোভিথ (১৯৬০), কর্নবাগ (১৯৬৭) প্রমুখের গবেষণায় অর্ধসংরক্ষণশীল অনুলিপনের প্রমাণ পাওয়া যায়।

DNA অনুলিপনের জন্য প্রয়োজনীয় উপকরণ ও এনজাইমসমূহ :

- একটি ছাঁচ (টেমপ্লেট)
- অসংখ্য নিউক্লিওটাইড ট্রাইফসফেট (dATP, dGTP, dTTP, dCTP)
- নিউক্লিওটাইডের মধ্যে বন্ধন সৃষ্টিতে ট্রাইফসফেটের শক্তি
- কিছু এনজাইম ও সহযোগী প্রোটিন (রেপলিকেশন কমপ্লেক্স)



REPLICATION COMPLEX

ক্রমিক	এনজাইম	কাজ
০১	**গাইরেজ(দু-প্রকার)**	অনুলিপনশীল DNA অণুর আতি পাক খুলে, আবার অনুলিপন শেষে অতি পাক তৈরি করে।
০২	**হেলিকেজ**	দুটি হেলিক্সের মধ্যে হাইড্রোজেন বন্ধনী ভেঙে দিয়ে সূত্র দুটি পৃথক করে।
০৩	**SSBP**	একক হেলিক্সের সাথে জড়িয়ে থেকে পিছন দিকে পুনঃপাক সৃষ্টি প্রতিহত করে।
০৪	**প্রাইমেজ**	RNA প্রাইমার যুক্ত করে।
০৫	**পলিমারেজ-III**	সম্পূরক DNA নিউক্লিওটাইড যুক্ত করে ও এটি সংশোধন করে।
০৬	**পলিমারেজ-I**	প্রাইমার RNA সরিয়ে নেয় এবং ফাঁকা স্থান পূরণ করে।
০৭	**লাইগেজ**	ছোটো ছোটো DNA খণ্ডের মধ্যে বন্ধনী সৃষ্টি ও মেরামত সাধন করে।

Replication এর ধাপসমূহ:

১. উৎপত্তি স্থান শনাক্তকরণ

অনুলিপন প্রক্রিয়া শুরুর জন্য DNA-র এক বা একাধিক স্থানে ক্ষারকজোড়া মুক্ত হয়ে বুদবুদের ন্যায় উৎপত্তিস্থল (Replication origin=ori) সৃষ্টি করে। বুদবুদের এক প্রান্তে বা উভয় প্রান্তে ক্ষারকজোড় মুক্ত হয়ে কিছুদূর অগ্রসর হলেই বিচ্ছিন্ন DNA সূত্রদ্বয়কে ছাঁচ হিসেবে ব্যবহার করে অনুলিপনের সূত্রপাত হয়।

২. মাতৃ অণুর পাক-খোলা ও ক্ষারক সংযোগ মুক্তকরণ

হেলিকেজ এনজাইমের প্রভাবে ori স্থানের পাক খুলতে থাকে এবং হাইড্রোজেন বন্ধনী বিলুপ্ত হয়ে ক্ষারক জোড় ভেঙে DNA হেলিক্স দুটি পৃথক হয়ে পড়ে। প্রতিটি হেলিক্স নতুন সম্পূরক হেলিক্স তৈরির ছাঁচ হিসেবে ব্যবহৃত হয়।

৩. এক সূত্রক DNA ধরে রাখা

মুক্ত হওয়া DNA সূত্র দুটি যাতে পুনরায় যুক্ত না হয় এজন্য SSBP (Single Strand Binding Protein) প্রতি সূত্রের সাথে যুক্ত হয়ে সূত্র দুটিকে পৃথক রাখে।

৪. অনুলিপন ফর্ক গঠন

Ori অঞ্চলের দুপাশে ক্ষারক জোড় খুলে অগ্রসর হওয়ায় সেখানে একটি Y-আকৃতির অনুলিপন ফর্ক তৈরি হয়। অনুলিপন একপ্রান্তে শুরু হলে ফর্ক একমুখী এবং মধ্যবর্তী অঞ্চলে শুরু হলে ফর্ক দ্বিমুখী হয়। দ্বিমুখী ফর্কযুক্ত স্থানকে অনুলিপন চোখ বলে।

৫. সূচনা বিন্দুতে RNA প্রাইমার যুক্তকরণ

সূচনা বিন্দুতে প্রাইমেজ এনজাইম একটি প্রাইমার RNA যুক্ত করে দেয়। DNA পলিমারেজ RNA প্রাইমারের মুক্ত 3'-OH অংশের সাথে একটি নিউক্লিওটাইড যুক্ত করে DNA সংশ্লেষণ শুরু হয়।

৬. অপত্য DNA চেইন প্রলম্বন

অপত্য হেলিক্সের বৃদ্ধি হয় সবসময় 5'—3' অভিমুখে। কিন্তু পুরাতন হেলিক্সের স্ট্র্যান্ড দুটি তো একটি 5'—3' অন্যটি 3'—5' । তাই এদের সম্পূরকেও হওয়ার কথা 3'—5' এবং 5'—3' । এ কারনে পলিমারেজ এনজাইম নতুন দুটি স্ট্র্যান্ডে বিপরীতমূখী নিউক্লিওটাইড যুক্ত করে। নতুন সূত্রক দুটির মধ্যে একটি নিরবিচ্ছিন্নভাবে বৃদ্ধি পায় যাকে বলা হয় লিডিং সূত্রক। আর একটি ধীরগতিতে বৃদ্ধি পায় যাকে বলা হয় ল্যাগিং সূত্রক। ল্যাগিং সূত্রকের অসম্পূর্ণ খন্ডগুলোকে ওকাজকি খন্ড বলে।

৭. ওকাজকি খন্ডের সংযোজন ও অনুলিপন সমাপ্তিকরণ

DNA পলিমারেজ-I এর সহায়তায় RNA প্রাইমারকে কেটে বাদ দেওয়া হয়। ওকাজাকি খণ্ডের মাঝে ফাঁকা স্থানগুলো লাইগেজ এনজাইমের প্রভাবে সম্পূরক নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়ে সম্পূর্ণ আপত্য DNA অণু উৎপন্ন হয়। আপত্য DNA অণু দুটি পৃথক হয়ে গাইরেজ এনজাইমের প্রভাবে পুনরায় কুণ্ডলিত হয় এবং অনুলিপন সমাপ্ত হয়। এর পর রেপ্লিকেশন কমপ্লেক্স বিচ্ছিন্ন হয়ে সরে যায়।

৮. DNA প্রুফ রিডিং ও মেরামত

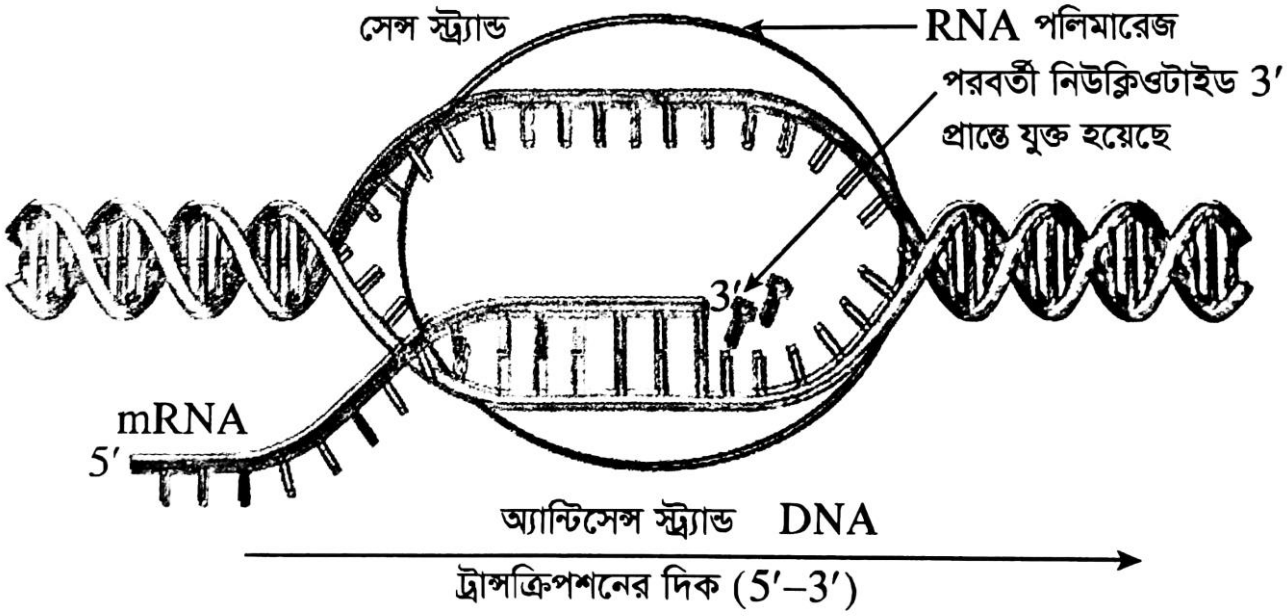
আপত্য হেলিক্সে ছাঁচের বিপরীতে পরিপূরক নিউক্লিওটাইড সঠিকভাবে সংযুক্ত না হয়ে ভিন্ন নিউক্লিওটাইড যুক্ত হতে পারে, রেপ্লিকেশন এর সময় প্রতি ১০০০ জিন এর মধ্যে ১ টি ভুল হতে পারে একে মিসম্যাচ বলে। অথবা পরিবেশীয় প্রভাবক (UV-ray) DNA-তে ক্ষত সৃষ্টি করে। এগুলো স্বয়ংক্রিয়ভাবে সংশোধনের ব্যবস্থাও আছে। DNA পলিমারেজ I এবং DNA পলিমারেজ I I এর কিছু প্রোটিন রিপেয়ার কমপ্লেক্স গঠন করে স্ট্র্যান্ড ধরে অগ্রসর হয় এবং কোন ভুল থাকলে সংসোধন করে দেয়।

ট্রান্সক্রিপশন

প্রোটিন সংশ্লেষনের আগে কোষের নিউক্লিয়াসের ভিতর DNA অনুর একটি সূত্রকে ছাঁচ হিসাবে কাজে লাগিয়ে যে প্রক্রিয়ায় mRNAসূত্রের প্রতিলিপন ঘটে তাকে ট্রান্সক্রিপশন বলে।

DNA অনুর যে সুনির্দিষ্ট অংশটি এনজাইম উৎপন্নের উদ্দেশ্যে mRNA সৃষ্টির ছাঁচ হিসাবে কাজ করে সে অংশের নাম জিন ।

প্রোটিন সংশ্লেষে সমগ্র ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়াকে নিচে বর্নিত ৩টি পর্বে ভাগ করে বর্ণনা করা হুয়ে থাকে;



1. সূচনাঃ প্রত্যেক জিনে দ্বিসূত্রক DNA র একটি সূত্র প্রতিলিপিত হয় যা টেমপ্লেট এবং অন্যটি কোডিং/নন টেমপ্লেট। নিউক্লিওটাইডের একটি স্টার্ট ও এন্ড পয়েন্ট থাকে (sequence)।RNAপলিমারেজ যেখানে যুক্ত হয় সেটি প্রোমোটার অঞ্চল। প্রোমোটারের সঙ্গে RNA পলিমারেজের বন্ধন হলো সূচনা পর্বের প্রথম ধাপ। ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর নামক প্রোটিন সমষ্টি RNA পলিমারেজের বন্ধন ও ট্রান্সক্রিপশন সূচনায় মধ্যস্থতা করে। প্রোমোটারের সঙ্গে সংযুক্ত হয়ে এর প্যাঁচ খুলে দিয়ে টেমপ্লেট সূত্রে ৩'-৫' প্রান্ত ধরে RNA সৃষ্টির সূচনা করে ।

2. প্রলম্বনঃ RNA পলিমারেজ DNA হেলিক্সের প্রায় ১০-১২ টি বেস জোড় খুলে দেয় এবং ৩'-৫' মূখী টেমপ্লেট সূত্রের পরিপুরক নতুন নতুন মুক্ত নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়ে একটি বর্ধনশীল সূত্রে যোগ হতে থাকে।যে বেসটি উৎপন্ন হয় সেটি ৫' মূখী প্রান্তের সৃষ্টি করে অন্যদিকে নির্ধারিত দৈর্ঘ্য পর্যন্ত ৩' প্রান্তে নতুন বেস যোগ হতে থাকে।এ সময় RNA পলিমারেজের প্রভাবে মুক্ত নিউক্লিওটাইড ভান্ডার থেকে mRNA-র সূত্রের জন্য অ্যাডেনিনের পরিপুরক হিসাবে ইউরাসিল বেসবাহী নিউক্লিওটাইড সংগৃহীত ও যুক্ত হয়।

3. সমাপনঃ DNA সূত্রে অবস্থিত বিশেষ বেজ অনুক্রমে গঠিত একটি সমাপন অঞ্চল থাকে । mRNA সূত্র সংশ্লেষিত ও লম্বা হলে এক পর্যায়ে সমাপন অঞ্চলে এসে পৌঁছায়।সমাপ্তি অনুক্রম RNA পলিমারেজ কে DNA এর প্রতিলিপন থেকে বিরত রাখে এবং RNA পলিমারেজ DNA সুত্র থেকে নিজেকে বিচ্ছিন্ন করে নিলে mRNA অনু মুক্ত হয়। এভাবে অল্প সময়ে হাজার হাজার mRNA অনু এবং একই প্রোটিনের অসংখ্যা কপির সৃষ্টি হয়।

ট্রান্সলেশন(Translation)

mRNA থেকে সংকেত অনুযায়ী অ্যামিনো অ্যাসিড পর্যাক্রমিকভাবে বিন্যাসের মাধ্যমে পলিপেপটাইড চেইন সংশ্লেষ প্রক্রিয়াকে ট্রান্সলেশন বলে।

ট্রান্সলেশন প্রক্রিয়ায় প্রয়োজনীয় উপাদান :

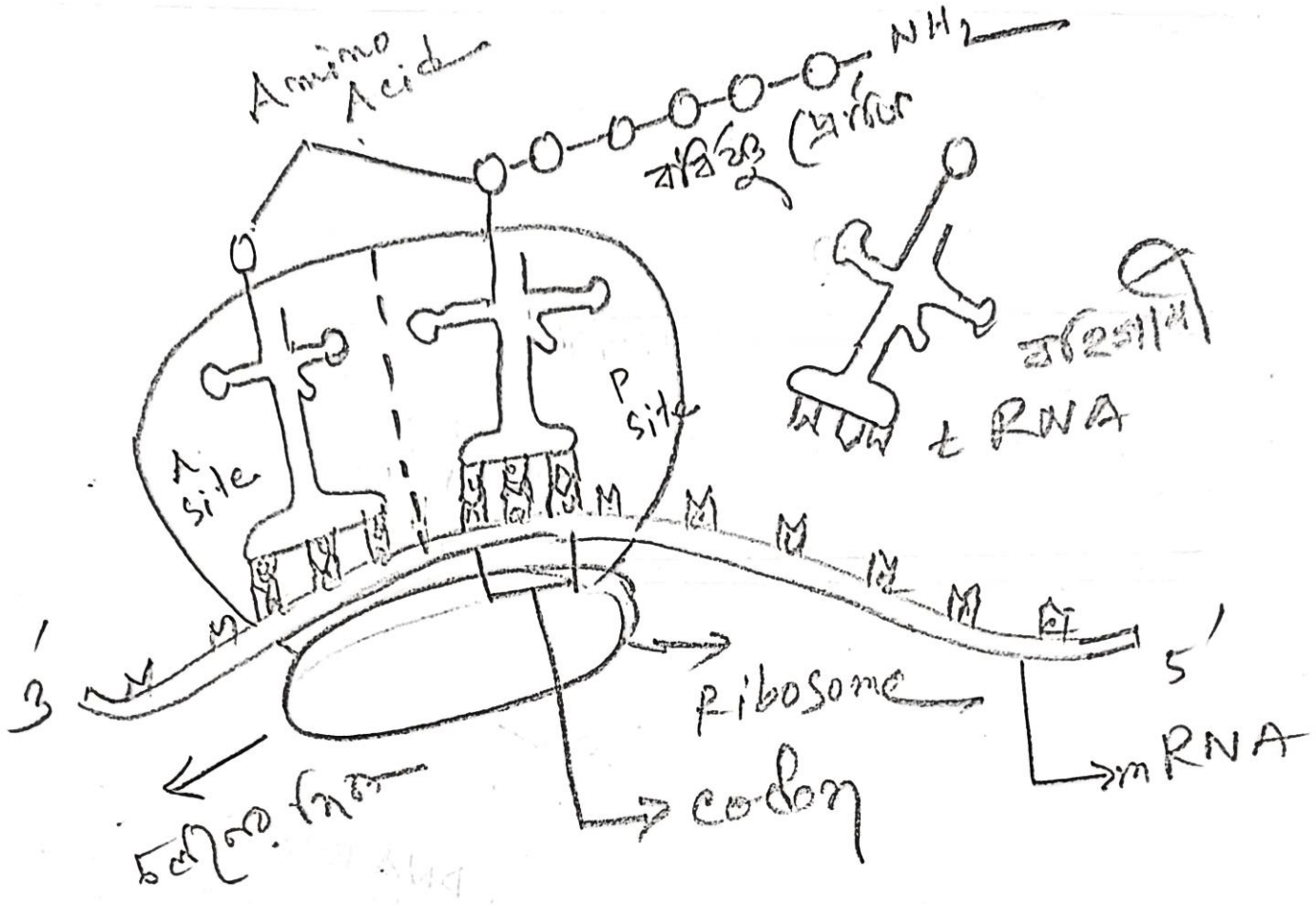
১. মুক্ত বা অঙ্গাণুর গায়ে আবদ্ধ রাইবোসোম। 70S বা 80S।

২. mRNA (প্রোটিন সংশ্লেষনের ছাঁচ)

৩. বিভিন্ন ধরনের অ্যামিনো অ্যাসিড

৪. tRNA (অ্যামিনো অ্যাসিড বহনকারী)

৫. অ্যামিনো অ্যাসাইল tRNA সিন্থেটেজ, বিভিন্ন এনজাইম, কো-এনজাইম এবং ATP।



চিত্রঃ ট্রান্সলেশন প্রক্রিয়া

ট্রান্সলেশন প্রক্রিয়ার প্রধান অঙ্গাণু রাইবোসোম। অনেক সময় একাধিক রাইবোসোম গুচ্ছবদ্ধভাবে একই mRNA দ্বারা ট্রান্সলেট করতে থাকে তখন পলিরাইবোসোম বলে। রাইবোসোমের কাজ হলো mRNA, t RNA ও সংশ্লিষ্ট এনজাইমগুলোকে পেপটাইড বন্ড সৃষ্টি না হওয়া পর্যন্ত সঠিক স্থানে ধরে রাখা।

ধাপ:

১. অ্যামিনো অ্যাসাইল সিন্থেটেজ-এর প্রভাবে সাইটোপ্লাজমে বিদ্যমান ভিন্ন ভিন্ন অ্যামিনো অ্যাসিড ATP-র সাথে যুক্ত হয়ে সক্রিয় হয় এবং সংশ্লিষ্ট tRNA-র 3' প্রান্তের সাথে সংযুক্ত হয়ে যৌগ গঠন করে।

২. রাইবোসোমের ছোটো উপ-এককের সাথে mRNA সর্বপ্রথম যুক্ত হয়। রাইবোসোমে tRNA-র জন্য ২টি স্থান থাকে। এদের যথাক্রমে A-সাইট এবং P-সাইট বলে। A-সাইটে প্রথম সূচনা কোডসহ mRNA এবং মেথিওনিনবাহী tRNA যুক্ত হয়। এরপর রাইবোসোমের বড়ো উপ-একক যুক্ত হয় এবং সূচনা যৌগ গঠন করে।

৩. রাইবোসোমের মধ্যে mRNA-র 5' প্রান্ত প্রথম অনুপ্রবেশ করে সেখানে প্রারম্ভিক কোডন (AUG) এর সাথে tRNA এর UAC অ্যান্টিকোডন-এর সংযুক্তি ঘটে।

৪. mRNA ক্রমান্বয়ে (5'→3') রাইবোসোমের A-সাইট হতে P-সাইটে অতিক্রম করতে থাকে। একই সাথে কোডনের সাথে মিল রেখে অ্যান্টিকোডনবাহী tRNA অ্যামিনো অ্যাসিড যৌগ এক এক করে রাইবোসোমের A-সাইটে আসতে থাকে।

৫. A-সাইট ও P-সাইটের পাশাপাশি দুটি অ্যামিনো অ্যাসিড পলিপেপটাইড বন্ধনী দিয়ে যুক্ত হয়। অ্যামিনো অ্যাসিডসহ t RNA A-সাইট হতে P-সাইটে গিয়ে বন্ধনী গঠন করে পুনরায় tRNA মুক্ত হয়।

৬. mRNA-র শেষে সমাপ্তি কোড (UAA, UAG, UGA) রাইবোসোমে A-সাইটে পৌঁছালে নতুন tRNA হাজির না হয়ে সমাপ্তিকরণ দ্রব্য (F_1) যুক্ত হয় এবং পলিপেপটাইড সংশ্লেষণ বন্ধ হয়।

৭. পলিপেপটাইড অণু ও mRNA রাইবোসোম ত্যাগ করে এবং রাইবোসোমের দুটি উপ-একক পৃথক হয়ে যায়।

DNA ও RNA এর মধ্যে পার্থক্য

বৈশিষ্ট্য	DNA	RNA
১। ভৌত গঠন	দ্বিসূত্রক, প্যাঁচানো বা ঘুরানো সিঁড়ির মতো।	একসূত্রক, শিকলের ন্যায়।
২। রাসায়নিক গঠন	(i) এতে থাকে ডিঅক্সিরাইবোজ শ্যুগার এবং (ii) DNA-এর পাইরিমিডিনে থাইমিন ও সাইটোসিন বেস থাকে।	(i) এতে থাকে রাইবোজ শ্যুগার এবং (ii) RNA-এর পাইরিমিডিনে ইউরাসিল ও সাইটোসিন বেস থাকে।
৩। প্রকার	DNA-অণুর কোনো প্রকারভেদ নেই। কার্যগত দিক হতে DNA-একই রকম হয়।	কার্যগত দিক হতে RNA পাঁচ প্রকার। যথা- tRNA, rRNA, mRNA, gRNA, মাইনর RNA।
৪। উৎপত্তি	প্রতিলিপনের মাধ্যমে নতুন DNA সৃষ্টি হয়।	নতুনভাবে RNA সৃষ্টি হয়। কোনো প্রতিলিপন হয় না।
৫। অবস্থান	প্রধানত ক্রোমোসোমে থাকে। সামান্য পরিমাণ মাইটোকন্ড্রিয়া এবং ক্লোরোপ্লাস্টেও থাকে।	ক্রোমোসোম, সাইটোপ্লাজম, রাইবোসোম ও নিউক্লিওলাসে থাকে।
৬। প্রধান কাজ	বংশগতির ধারক, বাহক ও নিয়ন্ত্রক হিসেবে কাজ করা।	প্রোটিন সংশ্লেষ করা।
৭। বংশগতি	DNA বংশগত চরিত্র বহন করে।	ভাইরাল RNA ছাড়া বংশগত চরিত্র বহন করে না।
৮। সংখ্যা	এতে নিউক্লিওটাইডের সংখ্যা অনেক বেশি।	এতে নিউক্লিওটাইডের সংখ্যা অনেক কম।
৯। অতিবেগুনি রশ্মি	অধিক পরিমাণে অতিবেগুনি রশ্মি শোষণ করে।	তুলনামূলকভাবে কম অতিবেগুনি রশ্মি শোষিত হয়।
১০। আণবিক ওজন	এদের আণবিক ওজন দশ লক্ষ হতে বহু কোটি ডাল্টন পর্যন্ত হয়।	এদের আণবিক ওজন কয়েক লক্ষের বেশি হয় না।