

## প্রাক্কথন

নেতাজি সুভাষ মুক্ত বিশ্ববিদ্যালয়ের স্নাতকশ্রেণির জন্য যে পাঠক্রম প্রবর্তিত হয়েছে, তার লক্ষণীয় বৈশিষ্ট্য হল প্রতিটি শিক্ষার্থীকে তাঁর পছন্দমতো কোনো বিষয়ে সাম্মানিক (honours) স্তরে শিক্ষাগ্রহণের সুযোগ করে দেওয়া। এক্ষেত্রে ব্যক্তিগতভাবে তাঁদের গ্রহণক্ষমতা আগে থেকেই অনুমান করে না নিয়ে নিয়ত মূল্যায়নের মধ্য দিয়ে সেটা স্থির করাই যুক্তিযুক্ত। সেই অনুযায়ী একাধিক বিষয়ে সাম্মানিক মানের পাঠ-উপকরণ রচিত হয়েছে ও হচ্ছে— যার মূল কাঠামো স্থিরীকৃত হয়েছে একটি সুচিন্তিত পাঠক্রমের ভিত্তিতে। কেন্দ্র ও রাজ্যের অগ্রগণ্য বিশ্ববিদ্যালয়সমূহের পাঠক্রম অনুসরণ করে তার আদর্শ উপকরণগুলির সমন্বয়ে রচিত হয়েছে এই পাঠক্রম। সেইসঙ্গে যুক্ত হয়েছে অধ্যৈতব্য বিষয়ে নতুন তথ্য, মনন ও বিশ্লেষণের সমাবেশ।

দূর-সঞ্চারী শিক্ষাদানের স্বীকৃত পদ্ধতি অনুসরণ করেই এইসব পাঠ-উপকরণ লেখার কাজ চলছে। বিভিন্ন বিষয়ের অভিজ্ঞ পণ্ডিতমণ্ডলীর সাহায্য এ কাজে অপরিহার্য এবং যাঁদের নিরলস পরিশ্রমে লেখা, সম্পাদনা তথা বিন্যাসকর্ম সুসম্পন্ন হচ্ছে তাঁরা সকলেই ধন্যবাদের পাত্র। আসলে, এঁরা সকলেই অলক্ষ্য থেকে দূর-সঞ্চারী শিক্ষাদানের কার্যক্রমে অংশ নিচ্ছেন; যখনই কোন শিক্ষার্থী এই পাঠ্যবস্তু নিচয়ের সাহায্য নেবেন, তখনই তিনি কার্যত একাধিক শিক্ষকমণ্ডলীর পরোক্ষ অধ্যাপনার তাবৎ সুবিধা পেয়ে যাচ্ছেন।

এইসব পাঠ-উপকরণের চর্চা ও অনুশীলনে যতটা মনোনিবেশ করবেন কোনও শিক্ষার্থী, বিষয়ের গভীরে যাওয়া তাঁর পক্ষে ততই সহজ হবে। বিষয়বস্তু যাতে নিজের চেষ্টায় অধিগত হয়, পাঠ-উপকরণের ভাষা ও উপস্থাপনা তার উপযোগী করার দিকে সর্বস্তরে নজর রাখা হয়েছে। এরপর যেখানে যতটুকু অস্পষ্টতা দেখা দেবে, বিশ্ববিদ্যালয়ের বিভিন্ন পাঠকেন্দ্রে নিযুক্ত শিক্ষা-সহায়কগণের পরামর্শে তার নিরসন অবশ্যই হতে পারবে। তার ওপর প্রতি পর্যায়ের শেষে প্রদত্ত অনুশীলনী ও অতিরিক্ত জ্ঞান অর্জনের জন্য গ্রন্থ-নির্দেশ শিক্ষার্থীর গ্রহণ ক্ষমতা ও চিন্তাশীলতা বৃদ্ধির সহায়ক হবে।

এই অভিনব আয়োজনের বেশ কিছু প্রয়াসই এখনও পরীক্ষামূলক—অনেক ক্ষেত্রে একেবারে প্রথম পদক্ষেপ। স্বভাবতই ত্রুটি-বিচ্যুতি কিছু কিছু থাকতে পারে, যা অবশ্যই সংশোধন ও পরিমার্জনার অপেক্ষা রাখে। সাধারণভাবে আশা করা যায়, ব্যাপকতর ব্যবহারের মধ্য দিয়ে পাঠ-উপকরণগুলি সর্বত্র সমাদৃত হবে।

অধ্যাপক (ড.) শুভ শঙ্কর সরকার

উপাচার্য

চতুর্থ পুনর্মুদ্রণ ঃ মার্চ, 2016

---

বিশ্ববিদ্যালয় মঞ্জুরি কমিশনের দূরশিক্ষা ব্যুরোর বিধি অনুযায়ী ও অর্থানুকূলে মুদ্রিত।  
Printed in accordance with the regulations and financial assistance of the  
Distance Education Bureau of the University Grants Commission.

## পরিচিতি

বিষয় : প্রাণীবিদ্যা

সাম্মানিক স্তর

পাঠক্রম : পর্যায় : EZO 02 : 1 & 2

পাঠক্রম : পর্যায় : EZO 02 : 01

	রচনা	সম্পাদনা
একক 1	ড. এনা রায় ব্যানার্জী	ড. বুদ্ধদেব মাহা
একক 2	ড. দীপক সোম	ঐ
একক 3	ড. সত্যেন্দ্রনাথ মৈত্র	ঐ
একক 4	ঐ	ঐ
একক 5	ঐ	ঐ
একক 6	ড. ত্রিলোচন মিদ্যা	ড. দীপক সোম
একক 7	ঐ	ঐ
একক 8	ঐ	ঐ

পাঠক্রম : পর্যায় : EZO 02 : 02

	রচনা	সম্পাদনা
একক 1	ড. এনা রায় ব্যানার্জী	ড. পীযুষ দাস

## প্রজ্ঞাপন

এই পাঠ-সংকলনের সমুদয় স্বত্ব নেতাজি সুভাষ মুক্ত বিশ্ববিদ্যালয়ের দ্বারা সংরক্ষিত। বিশ্ববিদ্যালয় কর্তৃপক্ষের লিখিত অনুমতি ছাড়া এর কোনও অংশের পুনর্মুদ্রণ বা কোনওভাবে উদ্ধৃতি সম্পূর্ণ নিষিদ্ধ।

ড. অসিত বরণ আইচ  
কার্যনির্বাহী নিবন্ধক



# নেতাজি সুভাষ মুক্ত বিশ্ববিদ্যালয়

## EZO 02

কৌশলীয় বংশগতিবিদ্যা

এবং

আণবিক জীববিদ্যা

পর্যায়

1

কৌশলীয় বংশগতিবিদ্যা

একক 1	□ মাইটোকন্ড্রিয়া, গল্গি বস্তু ও এন্ডোপ্লাসমীয় জালিকার সূক্ষ্ম গঠন	9–52
একক 2	□ ক্রোমোজোমের গঠন	53–72
একক 3	□ কোষচক্র	73–87
একক 4	□ DNA ও RNA-এর ধর্ম	88–106
একক 5	□ DNA, RNA-এর প্রোটিন সংশ্লেষ	107–164
একক 6	□ মানুষের অটোজোম ও যৌন ক্রোমোজোমস্থিত জিনের উত্তরাধিকার	165–189
একক 7	□ লিংকেজ ও পুনঃসংযোজন	190–222
একক 8	□ ড্রসোফিলার লিঙ্গনির্ধারণ	223–241

পর্যায়

2

আণবিক জীববিদ্যা

একক 9	□ জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং : মুখবন্ধ	244–267
একক 10	□ জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং-এ ব্যবহৃত উৎসেচক, বহিরাগত DNA, ক্লোন করার জন্য ভেক্টর বা বাহক, cDNA ক্লোন ব্যাঙ্ক	268–304
একক 11	□ PCR, RADP, RFLP-এর ভিত্তি সম্বন্ধীয় ধারণা	305–321
একক 12	□ মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি, জিনের মাধ্যমে টিকাকরণ	322–349
একক 13	□ আদালত সম্বন্ধীয় অপরাধতত্ত্বের তদন্তে DNA নির্মিত প্রোবের ব্যবহার ও ভূমিকা	350–372

**EZO 02**  
**Block 1**



---

## একক 1 □ মাইটোকন্ড্রিয়া, গল্গি বস্তু ও এন্ডোপ্লাসমীয় জালিকার সূক্ষ্ম গঠন

---

### গঠন

#### 1.1 প্রস্তাবনা

উদ্দেশ্য

#### 1.2 অঙ্গাণুর বিস্তৃত বিবরণ

##### 1.2.1 মাইটোকন্ড্রিয়া

1.2.1.1 আবিষ্কারের ইতিহাস

1.2.1.2 পুরনো নাম

1.2.1.3 বিস্তৃতি

1.2.1.4 অবস্থান

1.2.1.5 সংখ্যা

1.2.1.6 মাইটোকন্ড্রিয়ার চলন

1.2.1.7 মাইটোকন্ড্রিয়ার গঠন

1.2.1.7.1 দৈহিক গঠন

1.2.1.7.2 রাসায়নিক গঠন

1.2.1.8 মাইটোকন্ড্রিয়ার নিউক্লিক অ্যাসিড

1.2.1.9 মাইটোকন্ড্রিয়ার কাজ

1.2.1.10 অনুশীলনী—1

##### 1.2.2 গল্গি বস্তু

1.2.2.1 আবিষ্কারের ইতিহাস

1.2.2.2 পুরনো নাম

1.2.2.3 সংখ্যা

1.2.2.4 অবস্থান

1.2.2.5 আয়তন

1.2.2.6 সূক্ষ্ম অণুবীক্ষণীয় আকৃতি

1.2.2.7 রাসায়নিক গঠন

1.2.2.8 ক্রিয়া রাসায়নিক বিক্রিয়া



- 1.2.2.9 অনুশীলনী—2
- 1.2.3 এন্ডোপ্লাজম জালিকা
  - 1.2.3.1 আবিষ্কারের ইতিহাস
  - 1.2.3.2 অবস্থান ও পুরনো নাম
  - 1.2.3.3 আকৃতি
  - 1.2.3.4 সূক্ষ্মগঠন
  - 1.2.3.5 প্রকারভেদ
  - 1.2.3.6 রাসায়নিক গঠন
  - 1.2.3.7 এন্ডোপ্লাজম জালিকার কাজ
  - 1.2.3.8 অনুশীলনী—3
- 1.2.4 প্লাসমা মেমব্রেন বা কোষাবরণী
  - 1.2.4.1 আবিষ্কারের ইতিহাস ও বিভিন্ন মডেল
  - 1.2.4.2 আকৃতি
  - 1.2.4.3 রাসায়নিক গঠন
  - 1.2.4.4 কাজ
  - 1.2.4.5 অনুশীলনী—4
- 1.2.5 সারাংশ
- 1.2.6 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী
- 1.2.7 উত্তরমালা
  - 1.2.7.1 অনুশীলনীর উত্তর
  - 1.2.7.2 প্রশ্নাবলীর উত্তরসংকেত
- 1.2.8 চিত্রাবলী

---

## 1.1 প্রস্তাবনা

---

কোষের মধ্যেও আণুবীক্ষণিক যে সমস্ত অঙ্গাণু আছে তার সম্বন্ধে বৈজ্ঞানিক গবেষণা বিস্তারিতভাবে সম্ভব হয়েছে অণুবীক্ষণ যন্ত্রের উন্নতিসাধনের ও নতুন নতুন অণুবীক্ষণ যন্ত্রের আবিষ্কার হওয়ার সঙ্গে সঙ্গে। এর মধ্যে মাইটোকন্ড্রিয়া, গল্গি বস্তু ও এন্ডোপ্লাজম জালিকা সম্বন্ধে আমরা আলোচনা করব। কোষের শ্বসনে, ক্ষরণে ও প্রোটিন, স্নেহবস্তু ও শর্করা সংশ্লেষণে যথাক্রমে এই তিনটি অঙ্গাণুর অবদান সম্বন্ধে বিস্তৃত ও সচিত্র আলোচনা করা হয়েছে।

## উদ্দেশ্য

এই এককটি পাঠ করে আপনি জানতে পারবেন—

- কোষের কার্যকারিতায় মাইটোকন্ড্রিয়া, গল্গি বস্তু ও এন্ডোপ্লাজম জালিকার ভূমিকা কি।
- আণুবিক্ষণিক আকৃতিগতভাবে এই অঙ্গাণুগুলির সম্বন্ধে তথ্য।
- গঠনগত ও রাসায়নিক প্রকারভেদ।
- কোষবিদ্যা বা শাখার স্তম্বরূপ এই জ্ঞান আপনাকে কোষের কোষবংশানুক্রম (Cytogenetics) বুঝতে এবং অপরকে বোঝাতে সাহায্য করবে।

---

## 1.2 পাঠ্যবস্তু : অঙ্গাণু ৩ টির বিস্তৃত বিবরণ

---

### 1.2.1 মাইটোকন্ড্রিয়া এটি একটি দ্বিপর্দা পরিবৃত্ত কোষীয় শ্বসনে অংশগ্রহণকারী অঙ্গাণু

---

#### 1.2.1.1 আবিষ্কারের ইতিহাস

---

1850-বৈজ্ঞানিক কলিকার (Koliker) মাস্লে প্রথম মাইটোকন্ড্রিয়া দেখেন দানাদার বস্তু হিসেবে।

1882-ফ্লেমিং (Flemming) সুতোর মতো এই কোষস্থিত বস্তুটিকে ফিলা (filla) বলেন।

1898-বেন্ডা (Benda) ক্রিস্টাল ভায়োলেট দিয়ে এদের রঙ করেন ও নাম দেন মাইটোকন্ড্রিয়া (mitochondria)

1900-মাইকেলিস্ (Michalis) জেনাস গ্রীন (Janus Green B) রঙ ব্যবহার করে একে চিহ্নিত করেন।

1912-কিংসবেরি (Kingsbury) বলেন যে এটিই কোষের শ্বসনের স্থান।

1940-50-পালাডে (Palade) ও সিওস্ট্রেন্ড (Sjostrend) ইলেকট্রন মাইক্রোস্কোপে মাইটোকন্ড্রিয়ার অতিসূক্ষ্ম আকৃতি পরিদর্শন করেন।

1944-আলট্রা সেন্দ্রিফিউজ করে ক্লড্ (Claude) কোষের অন্যান্য অংশের থেকে মাইটোকন্ড্রিয়ার অংশটি আলাদা করেন।

1956-7-সেভ্রেমেন্ট্ (Chevremont) মাইটোকন্ড্রিয়ার D.N.A অণুর উপস্থিতি জানতে পারেন।

1963-ন্যাস (Nass) হাতে কলমে মাইটোকন্ড্রিয়ায় DNA-র উপস্থিতি প্রমাণ করেন।

---

#### 1.2.1.2 মাইটোকন্ড্রিয়ার পুরনো নামগুলি

---

ফুক্সিনোফিলিক দানা, (Fuchsinophilic granules), প্যারাবেসাল বডি, (Parabasal body), প্লাসমোসোম (Plasmosome), ফিলা (filla), ভার্মিকিউল (Vermicules), বায়োক্লাস্ট (Bioclast) এবং কন্ড্রিওসোম (Chondriosome)।

---

### 1.2.1.3 মাইটোকনড্রিয়ার বিস্তৃতি

---

আলাদাভাবে সাইটোপ্লাসমে মোটামুটি সর্বস্তরে। কোনো কোনো কোষে মাইটোকনড্রিয়ার উপস্থিতি শুধুমাত্র নির্দিষ্ট স্থানেই সীমিত। উদাহরণ রেটিনার রড ও কোন (rod and cone) কোষে মাইটোকনড্রিয়ার অভ্যন্তরীণ একস্থানে মধ্যচ্ছদার কিছু কিছু পেশির মায়োফাইব্রিলের (myofibril) আই-ব্যান্ড-এ গোলাকার রিং এর আকৃতিতে, হৃদপেশিতে, সরেখ পেশীতে ও গুত্রগুতে দীর্ঘ অক্ষের সমান্তরাল রেখায় বা শ্বেতকণিকায় অরীয়ভাবে বিস্তৃত থাকে।

মাইটোকনড্রিয়ার উপস্থিতি সেই কোষগুলিতে Transfer অধিক যেখানে ATA উৎপাদনের প্রয়োজন।

কোনো কোনো কোষে মাইটোকনড্রিয়াগুলি কোষ পর্দার ধারে ধারে অথবা বহিঃসাইটোপ্লাজমে অধিক সংখ্যায় থাকে। উদাহরণ, *Paramoecium*, পিন্ডকোষে, পোকাকার ম্যালপিজিয়ান টিউবিউলে (malpighian tubule), ইঁদুরের স্পার্মাটিডে (spermatid)।

কিছু কোষে মাইটোকনড্রিয়ার অবস্থান নিউক্লিয়াসের চতুর্স্পর্শে পরিলক্ষিত হয় কিন্তু কোষ বিভাজনের সময় এগুলি স্পিন্ডল (spindle)-এ গিয়ে জমা হয়।

---

### 1.2.1.4 অবস্থানের ধরন

---

মাইটোকনড্রিয়ার বিস্তৃতি ছাড়াও কিভাবে এটি কোষের মধ্যেও সাজানো আছে সে বিষয়েও জানা প্রয়োজন। বলা বাহুল্য, কোষের কাজ ও ধরন এই বিশেষ অবস্থানের প্রকার নির্ধারক।

- (i) স্তম্ভাকার কোষে অক্ষের সমান্তরাল রেখায় বর্তমান।
- (ii) শ্বেতকণিকায় কোষের সেন্ট্রিওলের (centriole) চারধারে অরীয়ভাবে (radially arranged) থাকে।
- (iii) prismatic কোষে মাইটোকনড্রিয়া আবার কোষের অক্ষের সাথে সমান্তরালে থাকে।
- (iv) মাইটোকনড্রিয়ার সাথে লিপিড অণুও যুক্ত থাকে।
- (v) মাইটোকনড্রিয়ার অবস্থানের ধরন কোষের সাইটোপ্লাজমিক ম্যাট্রিক্স, ভ্যাকুওলের প্রকৃতি ও কোষের (diffusion current) ডিফুশান স্রোতের ওপর নির্ভর করে। [চিত্র নং 1.1]

---

### 1.2.1.5 সংখ্যা

---

কোষের প্রকৃতি অনুযায়ী বিভিন্ন কোষে মাইটোকনড্রিয়ার সংখ্যার পরিবর্তন লক্ষ্য করা যায়। তবে এক ধরনের কোষে এই সংখ্যা ধ্রুবক (constant)।

- (i) যে সমস্ত কোষে সবাত শ্বসন দেখা যায় সেই সব কোষে মাইটোকনড্রিয়া পাওয়া যায়। ব্যাক্টেরিয়াতে শ্বসনের উৎসেচকগুলি কোষ পর্দায় থাকে তাই সাইটোপ্লাসমে মাইটোকনড্রিয়া অনুপস্থিত।
- (ii) কোষের মেটাবলিসম্ অনুযায়ী মাইটোকনড্রিয়ার সংখ্যার পরিবর্তন হয়। মেটাবলিক রেট (metabolic rate) অধিক থাকলে মাইটোকনড্রিয়া অধিক সংখ্যায় থাকে।
- (iii) একটি স্বাভাবিক যকৃতের কোষে 1000-1300টি মাইটোকনড্রিয়া থাকে।
- (iv) বৃহৎ সি আরচিন-এর ডিমে (sea urchin egg) 13,000-14,000 টি মাইটোকনড্রিয়া থাকে।

- (v) রেনাল টিবিউলের (renal tubule) কোষে 300-400 টি।
- (vi) শুক্রাণুতে 20-24 টি।
- (vii) কিছু প্রকার উসাইটে (Oocyte) প্রায় 3,00,000টি।
- (viii) Chaos chaos নামক এককোষী প্রোটোজোয়াতে প্রায় 5,00,000 টি মাইটোকনড্রিয়া থাকে।
- (ix) সবুজ উদ্ভিদ কোষে প্রাণীকোষের তুলনায় অল্প সংখ্যায় মাইটোকনড্রিয়া থাকে কারণ এখানে মাইটোকনড্রিয়ার কাজগুলি ক্লোরোপ্লাস্ট (chloroplast) অঙ্গাণুই সাধারণভাবে সম্পন্ন করে থাকে।
- (x) কিছু শৈবাল কোষে মাত্র একটি করে মাইটোকনড্রিয়া থাকে।

### 1.2.1.6 মাইটোকনড্রিয়ার চলন

- (i) কোষের মধ্যে মাইটোকনড্রিয়া স্বাধীনভাবে চলমান। অণুটিকে সঙ্গে নিয়ে এই অঙ্গাণু কোষের বিভিন্ন স্থানে সাইটোপ্লাসমের মধ্যে সঞ্চরণশীল থাকে।
- (ii) পেশীতে বা সরীসৃপের বিষথলিতে মাইটোকনড্রিয়ার আঞ্চলিক অবস্থান হলেও এর মধ্যেই এদের চলমান অবস্থা দেখা যায়।
- (iii) প্রাণীকোষে মাইটোকনড্রিয়ার চলন উদ্ভিদকোষ অপেক্ষা মৃদু।
- (iv) মাইটোকনড্রিয়া তার আকার ও মাপ বদলাতে পারে।
- (v) অধিকাংশ ক্ষেত্রেই দেখা যায় যে এই চলন বা গমনে একটি বিশেষ ছন্দ আছে।

### 1.2.1.7. মাইটোকনড্রিয়ার গঠন

#### 1.2.1.7.1 আকার

যদিও মাইটোকনড্রিয়ার আকার পরিবর্তনশীল, প্রধানত এরা দানাदार বা সূত্রাকার হয়। কোষের মেটাবলিক অবস্থা অনুযায়ী আকার গদার মতো, র্যাকেটের মতো, থলিকার মতো, গোলাকার বা রিং এর মতো হয়।

আকৃতি : কোষ থেকে কোষান্তরে মাইটোকনড্রিয়ার আকৃতি আলাদা। ব্যাস সাধারণত  $0.2\mu - 2\mu$  এবং দৈর্ঘ্য  $0.3\mu - 40\mu$  হয়। স্তন্যপায়ী প্রাণীর পিত্তকোষের মাইটোকনড্রিয়া  $10\mu$  লম্বা এবং *Rana pipiens* ব্যাঙের উসাইটের (oocyte) মাইটোকনড্রিয়া  $20 - 40\mu$  লম্বা হয়।

গঠন (চিত্র 1.2, 1.3)

- (i) মাইটোকনড্রিয়া দুটি পর্দা দ্বারা আবৃত। এর ফলে অঙ্গাণুটির টেনসাইল শক্তি (tensile strength) বৃদ্ধি পায়।
- (ii) বাইরের পর্দা বা বহিঃপর্দাটি এবং ভেতরের বা অন্তঃপর্দাটি 60-70 পুরু।
- (iii) দুইয়ের মধ্যবর্তী স্থানটির নাম বহিঃপ্রকোষ্ঠ বা Perimitochondrial space এটি জলীয় পদার্থে পূর্ণ 40-70A, প্রশস্ত।

- (iv) দুইটি পর্দা প্লাজমা পর্দার মতো তিনটি স্তরযুক্ত বা ট্রাইল্যামিনার (trilaminar) এবং প্রত্যেকটির বহিঃস্থানে ঘন প্রোটিন নির্মিত 20-25 Å অঞ্চল ও অন্তর্বর্তী দ্বিস্তরযুক্ত মেমব্রেনের অণু দ্বারা গঠিত মোটা অঞ্চল থাকে।
- (v) মাইটোকন্ড্রিয়ার বহিঃ পর্দাটি 2.5-30m  $\mu$  ব্যাসযুক্ত অসমান দূরত্বে অবস্থিত অনেক গর্ত বা পিটযুক্ত।
- (vi) অন্তঃপর্দা দ্বারা আবৃত অভ্যন্তরীণ স্থানকে ভিতরের পর্দাবৃত স্থান বা অন্তঃপ্রকোষ্ঠ বলে ও এটি একটি বা ধাত্র পদার্থ দ্বারা পরিপূর্ণ থাকে যার মধ্যে ঘনবস্তু (300-500 Å ব্যাসযুক্ত), রাইবোসোম ও মাইটোকন্ড্রিয়া থাকে। ধাতববস্তুগুলি  $Mg^{++}$  ও  $Ca^{++}$  আয়নের প্রযুক্তি স্থান। কিছু ক্ষেত্রে শর্করার পলিমারও এ স্থানে উপস্থিত।
- (vii) মেট্রিক্সের মুখোমুখি ভেতরের পর্দার দিকটিকে **m-side** যেদিকটি বাইরের চেম্বারের মুখোমুখি তাকে **c-side** বলে।
- (viii) মাইটোকন্ড্রিয়ার অভ্যন্তরে 2-6 টি গোলাকৃতি DNA অণু পাওয়া যায় যারা খোলাভাবে বা প্যাঁচানো আকৃতিতে থাকে। তারা স্বাধীনভাবে ধাত্রে অথবা পর্দার সাথে লেগে থাকে। Krebs চক্রের উৎসেচকগুলি এর সাথে লেগে থাকে।
- (ix) ভেতরের পর্দার অণুগুলি অনেকগুলি আঙুলের মতো সামনের দিকে প্রসারিত থাকে। এদের নাম ক্রিস্টি মাইটোকন্ড্রিয়ালিস (cristae mitochondriales)। ক্রিস্টির অন্তঃস্থানকে অন্তঃক্রিস্টা অবকাশ (intercristal space) বলে। এটি বাইরের প্রকোষ্ঠের সাথে যুক্ত। ক্রিস্টিগুলি আসলে মাইটোকন্ড্রিয়ার অন্তঃপর্দার ভাঁজ। এরা বিভিন্ন আকারের হয়। (চিত্র নং I-VIII কোষে এ কোষের কাজ অনুযায়ী মাইটোকন্ড্রিয়ার আকার ভেদ ঘটে। সাধারণত স্বল্প ক্রিয়াশীল কোষের মাইটোকন্ড্রিয়ার ক্রিস্টিগুলি সরল আকৃতির হয় এবং ক্রিস্টির সংখ্যাও হয় অল্প। ক্ষরণশীল কোষের ক্রিস্টিগুলি সাধারণত কোণাকৃতি হয় ও এদের সমদূরত্বে পাওয়া যায়।
- (x) ইলেকট্রন অণুবীক্ষণ যন্ত্রে এর ভেতরের পর্দার গায়ে টেনিস র্যাকেটের মতো দেখতে কিছু বস্তু দেখা যায় ব্যাস 70-100Å° ব্যাসযুক্ত একে অপরের থেকে 100 Å দূরত্বে ও ভেতরের পর্দার সঙ্গে একটি ছোট্ট 35-50 Å লম্বা বোঁটা দিয়ে যুক্ত থাকে। এই বস্তুগুলি  $10^4$ - $10^5$  সংখ্যায় হতে পারে এবং এদের এলিমেন্টারি পার্টিকল বা  $F_1$  পার্টিকল বলে।
- (xi) আগে ভাবা হত এই  $F_1$  বস্তুগুলির মধ্যেই বুঝি শ্বসনের ইলেকট্রন বহনকারী সিস্টেমের সমস্ত উৎসেচকই বর্তমান। তাই এদের ইলেকট্রন ট্রান্সপোর্ট পার্টিকল বলা হত। কিন্তু এখন দেখা গেছে যে এরা এক বিশেষ ধরনের ATP ase ATP synthetase বা উৎসেচক বহন করে এবং বিজারণ ও ফসফোরাইলেশন (oxidation ও phosphorylation) বিক্রিয়ায় অংশগ্রহণ করে। এদের subunit of Fernandez-Morgan ও বলা হয়ে থাকে।
- (xii) অতএব বাইরের পর্দার দানাগুলি বৃত্তহীন subunits of parson ও ভেতরের দানাগুলি বৃত্তক subunits of Fernandez Morgan। Fernandez Morgan দানার সারাংশ  $F_0$ - $F_1$  শ্বসন শৃঙ্খলের কমপ্লেক্স বা কমপ্লেক্সের সাথে যুক্ত। আগে ভাবা হত প্রত্যেক  $F_1$  দানার মধ্যে স্ববাত শ্বসনের সব উৎসেচক আছে। এখনকার মতে মস্তক খণ্ডে (headpiece)  $F_1$  এর মধ্যে ATP ase proper উৎসেচক আছে, বোঁটায়  $F_5$  বা অলিগোমাইসিন সেন্সিটিভ (oligomycin-sensitive) প্রোটিন (OSCP)  $F_6$  ও ( $C_2$ ), এবং বেসপিসে (basepiece)-এ  $F_6$  বা প্রোটিন চ্যানেল আছে। বাকি উৎসেচকগুলি অন্তঃপর্দাতেই আছে। (চিত্র নং 1.4, 1.5)

### 1.2.1.7.2 মাইটোকন্ড্রিয়ার রাসায়নিক গঠন

(I) আকৃতি প্রকৃতিগতভাবে মাইটোকন্ড্রিয়ার অন্তঃ ও বহিঃপর্দা দুটি সম্পূর্ণ আলাদা। স্থূলভাবে এদের 65-70% প্রোটিন, 25-30% লিপিড ও স্নেহজাতীয় পদার্থ, 0.5% RNA ও খুব অল্প পরিমাণ DNA দেখা যায়। লিপিডগুলির মধ্যে সাধারণত ফসফোলিপিড (phospholipid) 50% (অধিকমাত্রায় লেসিথিন ও সেফালিন, 5% কোলেস্টেরল ও 5% মুক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড এবং ট্রাইগ্লিসেরাইড (triglycerides) থাকে। বহিঃপর্দাটি বহুলাংশে ফসফোলিপিড এবং কার্ডিওলিপিড (ডাইফসফোগ্লিসেরল) প্রোটিন দ্বারা নির্মিত। (চিত্র নং 1.5)

(II) মাইটোকন্ড্রিয়ার বাইরের ও ভেতরের পর্দার আকৃতি ও প্রকৃতিগত পার্থক্য আছে।

(i) ক্রিস্টি - বহিঃপর্দায় সমান্তরাল কিন্তু অন্তঃপর্দা ভাঁজযুক্ত।

(ii) ইলেকট্রন পরিবহন ও ATP প্রস্তুতে শুধুমাত্র অন্তঃপর্দায় ইলেকট্রন পরিবহনের এবং ATP প্রস্তুতের উৎসেচকগুলি থাকে। ক্রেবস (Krebs) চক্রের উৎসেচকগুলি ধাত্রে থাকে তাই অন্তঃপর্দা ও ধাত্রই শ্বসনের কাজটি করে।

(iii) লিপিড - স্নেহজাতীয় পদার্থের রকম ও পরিমাণও দুইটি পর্দায় ভিন্ন।

সাধারণভাবে বহিঃ পর্দায় অধিক মাত্রায় ফস্ফোলিপিড (তিনগুণ) ও কোলেস্টেরল (ছয়গুণ) আছে। অপরপক্ষে অন্তঃপর্দায় অধিক মাত্রায় ডাইফসফোগ্লিসেরল (কার্ডিওলিপিড) আছে।

(iv) প্রোটিন-মাইটোকন্ড্রিয়ার মোট প্রোটিনের প্রায় 30% অন্তঃপর্দায় ও 10% এরও কম বহিঃপর্দায় থাকে। বহিঃপর্দায় প্রোটিনের ওজন 12-220 KDa এর মতো আর অন্তঃপর্দায় 10-90 KDa এর মতো। শেফোল্ড প্রোটিনগুলি  $Cu^{++}/Cu^{+++}$   $Fe^{++}/Fe^{+++}$  আয়নযুক্ত। বেশিরভাগ প্রোটিন I-IV কমপ্লেক্সযুক্ত (ইলেকট্রন পরিবহনের জন্য) বা V কমপ্লেক্সযুক্ত (ATP প্রস্তুতের জন্য)।

(v) উৎসেচক-বহিঃপর্দায় উপস্থিত উৎসেচকগুলি সাধারণত স্ববাতশ্বসনের ফস্ফোরাইলেশনে লাগে। অন্তঃপর্দার উৎসেচকগুলি ইলেকট্রন পরিবহন ও প্রস্তুতের কাজে লাগে।

(a) বহিঃপর্দার উৎসেচক সমূহ : মনোঅ্যামিন অক্সিডেজ (monoamine oxidase) NADH-সাইটোক্রোম রিডাকটেজ, গ্লিসেরোফস্ফেট অ্যাসাইল ট্রান্সফারেজ, হেক্সোকাইনেজ, কোলিনফস্ফো ট্রান্সফারেজ, অ্যাসাইল কো ট্রান্সফারেজ।

অন্তঃপর্দার উৎসেচক- ATP ase কার্নিটিন অ্যাসাইলট্রান্সফারেজ, স্টেরয়েড 11-B হাইড্রক্সিলেজ, সাক্সিনেট ডিহাইড্রোজিনেজ, কোলিন ডিহাইড্রোজেনেজ, সাইটোক্রোম অক্সিডেজ, ও-হাইড্রক্সিবিউটারেট ডিহাইড্রোজেনেজ।

(vi) সায়ালিক অ্যাসিড- বহিঃপর্দায় চার থেকে পাঁচগুণ বেশি সায়ালিক অ্যাসিড থাকে। এটি গ্লাইকোপ্রোটিন বা গ্লাইকোলিপিডের সাথে পাওয়া যায়।

(vii) ডিফুশান (diffusion) - passive diffusion-এর মাধ্যমে 10 KDa ওজনের অণু পর্যন্ত বহিঃপর্দা দিয়ে গলে যেতে পারে কিন্তু অন্তঃপর্দায় শুধুমাত্র 400 কিলো ডাল্টনের কম আণবিক ভরের অণু গলে যেতে পারে।

---

### 1.2.2.4 মাইটোকনড্রিয়ার নিউক্লিক অ্যাসিড

---

ন্যাস এবং অ্যাফজেলিয়াস (1965) বিভিন্ন কোষে মাইটোকনড্রিয়ার DNA (MDNA) এবং RNA (MRNA) দেখিয়েছেন।

A. MDNA- (i) সমস্ত কোষে পাওয়া যায়। উচ্চ পর্বের প্রাণীতে এটি গোলাকৃতি, তবে কিছু ক্ষেত্রে এবং ইউক্যারিওটিক উদ্ভিদ কোষে এরা রৈখিক সুতাকৃতি। বেশির ভাগ পরিধি  $6\mu m$  এটি মাইটোকনড্রিয়ার ধাত্রে পাওয়া যায়। অনেক ক্ষেত্রে এরা পর্দার সাথে লাগানো থাকে। MDNA যেখানে আছে তাকে নিউক্লিওয়েড (nucleoid) বলে। মাইটোকনড্রিয়ায় সাধারণত 2-3 বা 6টি পর্যন্ত নিউক্লিওয়েড থাকে। এদের মোনোমার এবং ডাইমার অবস্থায় পাওয়া গেছে। (চিত্র নং 1.6)

(ii) ভাসমান ঘনত্ব (bouyant density)-প্রাণীতে 1.700-1.704 কিন্তু উদ্ভিদে 1.706।

(iii) গলনের তাপমাত্রা ( $T_m$ )-নিউক্লিয়ার DNA-র চেয়ে আলাদা।

(iv) আণবিক ভর 9-11 মিলিয়ন। নিউক্লিয়ার DNA-র চেয়ে বেশি।

ক্রিয়া-জেনেটিক বার্তা যা DNA তে সংঘত থাকে, তা মাইটোকনড্রিয়ন তৈরির কাজে লাগে।

B. MRNA ও মাইটোকনড্রিয়াল রাইবোসোম রাইবোনিউক্লিয়াস এর কোনো ক্ষতি করে না। এরা ব্যাক্টেরিয়ার রাইবোসোমের চেয়েও ক্ষুদ্র। yeast মাইটোকনড্রিয়ার থেকে 3 প্রকার MRNA পাওয়া গেছে 23S, 16S এবং 4S কিছু MRNA নিউক্লিয়াসের DNA-র পরিপূরক।

---

### 1.2.1.9 মাইটোকনড্রিয়ার কাজ

---

(I) কোষের শ্বসন-মাইটোকনড্রিয়ায় সবাত শ্বসনের চারটি পর্ব, যথাক্রমে গ্লাইকোলিসিস, পাইরুভিক অ্যাসিডের অক্সিডেশন বা অক্সিডেটিভ ডিকার্বক্সিলেশন। ক্রেবস চক্র ও অক্সিডেটিভ ফস্ফোরাইলেশনের মধ্যে ক্রেবস চক্র থেকে শুরু করে শ্বসন শৃঙ্খলের মাধ্যমে ইলেকট্রন পরিবহন ও সংশ্লেষণ সম্পন্ন হয়।

(II) মাইটোকনড্রিয়ার ATP পরিবহন-ATP অণু গঠিত হয় ও পর্দার সঙ্কোচনের মাধ্যমে আভ্যন্তরীণ চাপ বৃদ্ধি হয় ও তার ফলে জলও বাইরে বেরিয়ে আসে। এতে মাইটোকনড্রিয়ার পর্দার সম্প্রসারণ ঘটে।

(III) লিপিড সংশ্লেষণ- ফ্যাটি অ্যাসিড, গ্লিসেরল ও নাইট্রোজেন বেস থেকে লেসিথিন ও ফসফাটিডাইল ইথানল অ্যামিন তৈরির উৎসেচকগুলি মাইটোকনড্রিয়ায় থাকে।

(IV) ফ্যাটি অ্যাসিড শৃঙ্খল বৃদ্ধিকরণ-স্তুপায়ী পশুর মাইটোকনড্রিয়ায় অনেকগুলি উৎসেচক আছে যারা অ্যাসিটাইল কোএনজাইম-ট্র-এর মাধ্যমে ফ্যাটি অ্যাসিডের শৃঙ্খল বাড়ায়। এর ফলে কিটো অ্যাসিড কমে যায়। এই পদ্ধতিতে মাইরিস্টেট পামিটেটে এবং পামিটেট স্টিয়ারেটে পরিবর্তিত হয়।

---

### 1.2.1.10 অনুশীলনী-1

---

1. ঠিক উত্তরটিতে (ö) চিহ্ন দিন :

(a) প্রথম 1898 সালে বেঙ্গা কোন রঞ্জকটি দিয়ে মাইটোকনড্রিয়া রঞ্জিত করেন?

(i) ইওসিন

- (ii) ক্রিস্টাল ভায়োলেট
  - (iii) হিমাটক্সিলিন
  - (iv) কোনটি নয়
- (b) মাইটোকন্ড্রিয়ার DNA নিউক্লিয়ার DNA-র তুলনায়
- (i) বড়
  - (ii) ছোট
  - (iii) সমান
  - (iv) কোনটি নয়।
- (c) পেশির মাইটোকন্ড্রিয়া
- (i) গোলাকার
  - (ii) সূত্রাকার
  - (iii) বক্ররেখায়
  - (iv) সবকয়টি অবস্থায় পাওয়া যায়
- (d) শ্বেতকণিকায় মাইটোকন্ড্রিয়ার অবস্থান
- (i) নিউক্লিয়াসের ধারে
  - (ii) কোষ পর্দার ধারে
  - (iii) সেন্ট্রিওলের চারধারে
  - (iv) কোনো নিয়ম না মেনে।

## 2. মেলান

Table A	Table B
1. অন্তঃপর্দা	1. ধাত্র
2. বহিঃপর্দা	2. সমান্তরাল
3. ভিতরের প্রকোষ্ঠ	3. ভাঁজযুক্ত
4. F <sub>1</sub> বস্তু	4. বৃত্তক
5. Parsons বস্তু	5. বৃত্তহীন

### 1.2.2 গল্গি বস্তু

কোষে নিউক্লিয়াসের কাছে অবস্থিত যে বিশেষ ধরনের গোলাকার বা সূত্রাকার একক পর্দায়ুক্ত অঙ্গাণু সমান্তরালভাবে সাজানো থাকে এবং কোষের ক্ষরণে অংশগ্রহণ করে তারাই গল্গি বস্তু বা body

#### 1.2.2.1 আবিষ্কারের ইতিহাস

1890-ক্যামিল্লো গল্গি (Camillo Golgi) পেঁচার নার্ডকোষে এটি দেখেন ও বর্ণনা দেন।

1900-হোমগ্রেন (Holmgren) এটিকে স্বচ্ছ খালের মতো বলে বর্ণনা দেন।



1910-পেরোনসিটো (Peroncito) গল্গি বস্তুর আভ্যন্তরীণ উপএককগুলিকে ডিক্টিওসোম (dictysome) বলে বর্ণনা করেন।

1914- কাজাল (Cajal) বিভিন্ন কোষে এটিকে নিয়ে গবেষণা করেন ও অঙ্গাণুটির ক্রিয়াকর্ম নিয়ে পরীক্ষা-নিরীক্ষা করেন।

1923- ন্যাসানভ (Nassanov) ও

1929- বোয়েন (Bowen) গল্গি বস্তুকে অবশেষে ক্ষরণের জন্য দায়ী করেন।

1950- বেকার (Baker) ইলেকট্রন অণুবীক্ষণ যন্ত্রে দেখে গল্গি বস্তুর সম্বন্ধে তথ্য দেন।

---

### 1.2.2.2 পুরনো নামগুলি

---

লাইপোকন্ড্রিয়া (lipochondria), ডিক্টিওসোম (dictysome), ডাল্টন কমপ্লেক্স (Dalton complex), সাইটোমেমব্রেন, পলিসোম (polysome)

---

### 1.2.2.3 সংখ্যা

---

সাধারণত গল্গি বস্তু একটি ও বড় আকারের হয়। *Paramoeba* তে দুইটি বড় গল্গি বস্তু আছে যাকে গল্গি কমপ্লেক্স বলা হয়। *Amoeba steromyxa*-তে অনেকগুলি গল্গি কমপ্লেক্স আছে। স্নায়ু কোষে, যকৃৎ কোষে এবং বেশিরভাগ উদ্ভিদকোষে প্রায় 50টি বা তারও অধিক সংখ্যক গল্গি কমপ্লেক্স পাওয়া যায়। অনেক ক্ষেত্রে শতাধিক গল্গি কমপ্লেক্স কোষের সাইটোপ্লাসমে ছড়ানো ছিটানো থাকতে পারে।

---

### 1.2.2.4 অবস্থান

---

কোষের মধ্যে এর অবস্থান ভিন্ন ভিন্ন হতে পারে। একটোডার্ম থেকে সৃষ্ট কোষে গল্গি কমপ্লেক্স সাধারণত কোষ পর্দা আর নিউক্লিয়াসের মধ্যবর্তী বা কোষের মেরু অঞ্চলে থাকে। ক্ষরণকার্যে ব্যাপৃত কোষে এদের অবস্থান নিউক্লিয়াস ও মধ্যবর্তী মেরুর মাঝামাঝি স্থানে। অস্তঃক্ষরা গ্রন্থিকোষে এদের অবস্থান পরিবর্তনশীল। ইঁদুরের গাংলিয়ন কোষে এদের অবস্থান নিউক্লিয়াসের পাশে।

---

### 1.2.2.5 আয়তন

---

নার্ভকোষে ও গ্রন্থিকোষে গল্গি কমপ্লেক্স সাধারণত আকার ও আয়তনে বেশ বড় হয়। পেশি কোষে এরা ছোট হয়। কোষের ক্রিয়ার ওপর এই অঙ্গাণুর আয়তন নির্ভর করে। কোষের অধিক কার্যকালে এর বৃদ্ধি ও কমকার্যকালে আকার হ্রাস পায়।

---

### 1.2.2.6 গল্গি বস্তুর সূক্ষ্ম অণুবীক্ষণীয় চিত্র

---

ডালটন ও ফেলিক্স (Dalton and Felix) 1954 সালে প্রথম ইলেকট্রন অণুবীক্ষণ যন্ত্রে গল্গি বস্তুর চেহারা দেখেন। ইঁদুরের এপিডিভাইমিসের কোষে গল্গি বস্তুর চেহারার তারা যে বর্ণনা দেন, আধুনিক ধারণাও অনুরূপ। গল্গির প্রস্থচ্ছেদে এই 4 প্রকারের অংশ দেখা যায়। চ্যাপ্টা থলির ন্যায় সিস্টারনি (cisternae), ছোট ছোট

টিবিউল ও ভ্যাকুওল (tubules and vacuoles) যাদের ক্ষুদ্র ল্যামেলি বলা হয়, ভেসিকল ও বৃহৎ ভ্যাকুওল (large vacuoles) (চিত্র 1.7)।

(i) **সিস্টারনি**—এটি একটি বা গহ্বর যার মধ্যে জলীয় পদার্থ ভরা থাকে। 4 – 7টি সিস্টারনি সাধারণত গল্গি বস্তুতে থাকে। 12টি পর্যন্ত এমন সিস্টারনি পাওয়া গেছে। এরা চ্যাপ্টা, টিউবের ন্যায় বা সুতার মতোও হয়। সমান্তরালে বিন্যস্ত হয়ে এরা গাদা তৈরি করে। নিম্নশ্রেণীর প্রাণীর কোষে গল্গি বস্তুর সংখ্যা কখনো কখনো 30 ছড়িয়ে যায়। সিস্টারনিগুলি অল্প বাঁকা থাকে যার ফলে গাদাটির একটি উত্তল ও অবতল পৃষ্ঠ তৈরি হয়। উত্তল পৃষ্ঠটি এন্ডোপ্লাজম জালিকার দিকে থাকে ও অন্যটি বিপরীত অভিমুখে থাকে যাতে এদেরকে যথাক্রমে F বা Formative face বা সৃষ্টি অঞ্চল ও M বা Maturation Face বা পরিণত অঞ্চল বলা হয়। M অঞ্চলে নতুন গল্গি বস্তু সৃষ্টি হয় ও F অঞ্চলে নির্দিষ্ট কার্যকারিতা নির্বাহের পর পরিণত গল্গি বস্তু ধ্বংসপ্রাপ্ত হয়। গাদার প্রত্যেকটি সিস্টারনি সাধারণ 6 m  $\mu$  ব্যাসযুক্ত ত্রিস্তরযুক্ত একটি একক পর্দা দিয়ে গঠিত। গাদার প্রত্যেকটি সিস্টারনি একে অপরের থেকে 100 – 150 A দূরত্বে থাকে যাকে বলে আন্তর সিস্টানা অবকল বা ইন্টারসিস্টারনাল স্পেস (intercisternal space)। কিছু কোষে ইন্টারসিস্টারনাল বস্তু (intercisternal element) নামক সমান্তরাল বস্তু এই সিস্টারনের মধ্যবর্তী অঞ্চলে থাকে যারা ল্যামেলিগুলির মধ্যকার দূরত্ব বজায় রাখে। প্রত্যেক সিস্টারনির একটি করে কেন্দ্রস্থিত প্লেটের ন্যায় অঞ্চল থাকে যার ব্যাস 0.5 – 1  $\mu$  m এবং একে স্যাকিউল (secule) বা থলিকা বলা হয়। এটি ফুটোযুক্ত বা জালিকাময় (porous or fenestrated) ফুটোগুলি সিস্টারনির ধারের দিকে থাকতে পারে অথবা সিস্টারনি অন্তর্বর্তী তিন চতুর্থাংশ জুড়ে থাকে। তাই অনেক ক্ষেত্রেই সিস্টারনিগুলি শুধুমাত্র চেপ্টা থলিই নয়, জালিকাময়ও বটে।

**ইন্টারসিস্টারনাল বস্তু (Intercisternal elements)** সাধারণত লম্বাকার, 60 – 80 A ব্যাসযুক্ত একই দিকে অবস্থিত এবং দূরবর্তী অঞ্চলে স্থিত এই বস্তুগুলির সঠিক ক্রিয়া অজানা থাকলেও মনে করা হয় এরা সিস্টারনিগুলিকে এক সঙ্গে ধরে রাখার কাজে ব্যবহৃত হয়।

(ii) **ক্ষুদ্র টিবিউল বা ল্যামেলি**—সাধারণত 400 – 800 A লম্বা ও 30 – 40 A ব্যাসযুক্ত। এই থলির আকারের বস্তুগুলি গল্গি সিস্টারনির দুই পাশে ও অবতল স্থানে এক রকম প্রায় লেগেই থাকে। সিস্টারনিগুলির থেকেই এই ছোট ভেসিকুলগুলি আলাদা হয়ে সৃষ্টি হয়।

(iii) **ভেসিকল**—এগুলি স্বচ্ছ আকারের ও গল্গি কমপ্লেক্সের কিনারায় থাকে। এগুলি পরিবর্তিত ও প্রলম্বিত সিস্টারনি বলে মনে করা হয়, যার ফলে সিস্টারনির দুইটি পর্দা দূরে সরে যায় এবং ভ্যাকুওলের গহ্বরটি বড় হয়ে যায়। এর মধ্যে স্বচ্ছ পদার্থ বর্তমান। এদের গড় ব্যাস 60 – 120 A। এরা চার রকমের।

(a) **মসৃণ বা সূক্ষ্ম ভেসিকল (Smooth vesicle)**—ব্যাস 20 – 80 m $\mu$ । এদের ক্ষরণশীল ভেসিকল (Secretory vesicle)—বলা হয়। কারণ এদের মধ্যে ক্ষরণীয় বস্তু থাকে যা কোষের থেকে নিঃসৃত হয়। সিস্টারনের টিবিউলের থেকে আলাদা হয়ে এদের সৃষ্টি। অনেক সময় একাধিক টিবিউল একসঙ্গে লেগে থেকে একটি ভেসিকল সৃষ্টি করে

(b) **কোটেড বা পর্দাবৃত্ত ভেসিকল (Coated vesicle)**— গোলাকার বস্তু, ব্যাসযুক্ত এবং এর উপরিভাগ অমসৃণ। অঙ্গাণুটির কিনারায় পাওয়া যায় সাধারণত একটি টিবিউলের শেষে। প্রথমোক্ত ভেসিকলের থেকে চেহারা আলাদা। ক্রিয়া অজানা।

(iv) বৃহৎ ভ্যাকুওল—এদের গলগিয়ান ভ্যাকুওলও বলা হয়। এগুলি বৃহৎ গোলাকার, খলির ন্যায় আকৃতি যা সিস্টারনির দূরবর্তী অঞ্চলে পাওয়া যায়। সিস্টারনির স্যাকুওলের স্থূলকায় হয়ে যাওয়ার থেকেই সম্ভবত এদের সৃষ্টি।

Zones of exclusion (এক্সক্লুশন বা অনুপস্থিতির অঞ্চল)—গল্গি বস্তু বা গল্গি কমপ্লেক্সের চারপাশের সাইটোপ্লাজমে রাইবোসোম, গ্লাইকোজেন বা মাইটোকন্ড্রিয়া, ক্লোরোপ্লাস্টের মতো অঙ্গাণুর অনুপস্থিতি লক্ষ্য করা যায়। এই স্থানটিকেই Zone of exclusion বলা হয়ে থাকে। একে গল্গি গ্রাউন্ড বস্তু (golgi ground substance) ও বলে। পর্দায়ুক্ত ভেসিকল মসৃণ এন্ডোপ্লাসমীয় জালিকা এই অঞ্চলে পাওয়া যায়।

---

### 1.2.2.7. রাসায়নিক গঠন

---

গল্গি বস্তুর রাসায়নিক গঠন এন্ডোপ্লাজম জালিকা ও কোষপর্দার মাঝামাঝি। গল্গি বস্তুর পর্দা ফসফোলিপিড বহুল (যেমন সেফালিন ও লেসিথিন) ও প্রোটিনযুক্ত। ADP ase, ATP ase, CTP ase, থায়ামিন পাইরোফসফেটেজ, NADH-সাইটোক্রোম, রিডাক্টেস, UDP-N-অ্যাসিটাইল গ্লুকোসামিন ট্রান্সফারেজ, গ্যালাকটোসিল ট্রান্সফারেজ এবং গ্লুকোজ-6-ফসফেটেজের মতো উৎসেচক এর মধ্যে বর্তমান। গল্গি কমপ্লেক্সে ক্যারোটিনয়েড, ফ্যাটি অ্যাসিড ও ভিটামিন C ও আছে।

---

### 1.2.2.8. কাজ

---

গল্গি বস্তু প্রধানত কোষের ক্ষরণের কাজে ব্যাপ্ত থাকে। কোষ থেকে নিঃসৃত হওয়ার বস্তু সৃষ্টি ও নিঃসরণের জন্য প্রস্তুতের কাজে গল্গি কমপ্লেক্স প্রধানতভাবে নিযুক্ত। উদ্ভিদকোষে কোষপ্রাচীর সৃষ্টি ও প্রাণীকোষে পরিপাকে ব্যবহৃত উৎসেচক ক্ষরণ ও সংযোজী কলার (connective tissue) ধাত্র (matrix) সৃষ্টি হয়। এইরূপে গল্গি বস্তুর প্রধান কাজগুলি হল—

(i) ক্ষরণের জন্য সিস্টারনিতে ক্ষরণ পদার্থ সংশ্লেষণ, টিবিউল ও ভেসিকলে ক্ষরণের জন্য সেই পদার্থকে প্রস্তুত করা ও ভ্যাকুওলের মাধ্যমে রিভার্স পিনোসাইটোসিসের (reverse pinocytosis) দ্বারা কোষের বাইরে ক্ষেপণ।

(ii) প্রোটিন সংশ্লেষণে ভূমিকা গল্গি সিস্টারনির অভ্যন্তরে প্রোটিনের জল অপসারণ করে জাইমোজেন দানায় পরিণত হয়।

(iii) পলিস্যাকারাইড সৃষ্টি ও ক্ষরণ শর্করাগুলি গল্গির মধ্যে প্রোটিনের সঙ্গে যুক্ত হয়।

(iv) সালফেট বিপাকে অংশগ্রহণ

(v) প্লাসমা পর্দার গঠন

(iv) লিপিড প্রস্তুত, অ্যাক্রোসোম গঠন

লাইসোসোম গঠন প্রভৃতি।

---

### 1.2.2.9. অনুশীলনী-2

---

1. শূন্যস্থান পূরণ করুন (ব্র্যাকেটে প্রদত্ত উত্তরগুলির মধ্যে একটিমাত্র সঠিক উত্তর দেওয়া আছে) :
- (a) 'লাইপোকনড্রিয়া' এই অঙ্গাণুটির একটি পুরনো নাম—
- মাইটোকনড্রিয়া
  - লাইসোসোম
  - গল্গি কমপ্লেক্স
  - রাইবোসোম
- (b) ইন্টারসিস্টারনাল বস্তু সংযোগ করে এই দুইটির মধ্যে—
- দুইটি সিস্টারনি
  - সিস্টারনি ও টিবিউল
  - দুইটি ল্যামেলী
  - টিবিউল ও ভেসিকল
- (c) ক্ষুদ্র টিবিউল বা ল্যামেলি সৃষ্টি হয়—
- ভেসিকলের থেকে
  - বৃহৎ টিবিউল থেকে
  - সিস্টারনি থেকে
  - ভ্যাকুওল থেকে পৃথকীকৃত হয়ে
- (d) জোন অব এক্সক্লুশানে থাকে—
- গল্গি বস্তু
  - রাইবোসোম
  - মাইটোকনড্রিয়া
  - কোনটি নয়
- (e) সিস্টারনিগুলি এইভাবে সাইটোপ্লাসমে সাজানো থাকে—
- গোলাকারভাবে
  - গাদা হয়ে
  - ছড়ানো-ছিটানোভাবে
  - কোন নির্দিষ্ট নিয়ম মেনে নয়
- (f) স্যাকুওল ও ফেনেস্টেশান কোন গল্গি বস্তুর অংশে পাওয়া যায়—
- সিস্টারনি
  - টিবিউল
  - ভেসিকল
  - ভ্যাকুওল

2. সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন (হ্যাঁ বা না)
  - (a) গল্গি বস্তু লাইসোসোম সৃষ্টির কাজে অংশগ্রহণ করে।
  - (b) টিবিউলগুলি আসলে সিস্টারনি থেকেই সৃষ্ট।
  - (c) গল্গি বস্তুতে ফসফোলিপিড পুরোপুরি অনুপস্থিত।
  - (d) F-অঞ্চলে পুরানো গল্গি বস্তু ধ্বংসপ্রাপ্ত হয়।
  - (e) গল্গি বস্তু উত্তল পৃষ্ঠটি কোষপর্দার দিকে থাকে।

### 1.2.3. এন্ডোপ্লাসম জালিকা

সমস্ত প্রাণী ও উদ্ভিদ (রক্তের R.B.C. ও প্রোক্যোরিওটিক কোষ ছাড়া) সাইটোপ্লাসমে জালিকার ন্যায় বিস্তৃত একক পর্দাযুক্ত অসম আকৃতির কোষীয় অঙ্গাণুকে এন্ডোপ্লাসমীয় জালিকা বলে।

#### 1.2.3.1. আবিষ্কারের ইতিহাস

- 1945 --- পোর্টার, ক্লড ও ফুলাম (Porter, Claude and Fullam) প্রথম ইলেকট্রন মাইক্রোস্কোপে দৃষ্ট এই অঙ্গাণুটির বর্ণনা দেন।
- 1952 --- পোর্টার ও কলম্যান (Porter and Kallman) এর নামকরণ করেন 'এন্ডোপ্লাসমিক রেটিকিউলাম' (Endoplasmic reticulum)।
- 1955 --- ওয়াটসন (Watson) এই অঙ্গাণুটির সঙ্গে নিউক্লিয়াসের বহিঃপর্দার সংযোগ দেখান।
- 1960 --- পোর্টার ও ম্যাকাডো (Porter and Machado) এন্ডোপ্লাজম জালিকাকে নিউক্লিও পর্দার প্রসারিত অংশ রূপে ব্যাখ্যা করেন।

#### 1.2.3.2. অবস্থান ও পুরনো নাম

কোষের ধরন অনুযায়ী এন্ডোপ্লাজম জালিকার অবস্থানের পরিবর্তন ঘটে থাকে। ডিম ও এম্ব্রিওনিক (embryonic) এন্ডোপ্লাজম জালিকা কোষে থাকে না। স্পার্মাটোসাইট (spermatocyte) বা শুক্রাণুর প্রাথমিক দশায় এটি খুব বর্ধিত রূপে পাওয়া যায় না। অ্যাডিপোজ তন্তু (adipose tissue) বাদামী ফ্যাট তন্তু (brown fat tissue) ও অপোসামের (Opossum) শুক্রাশয়ে, অ্যাড্রিনাল কর্টেক্সের কোষে শুধুমাত্র মসৃণ বা দানাহীন এন্ডোপ্লাজম জালিকা পাওয়া যায়। যে সমস্ত কোষে প্রোটিন সংশ্লেষণের হার খুব দ্রুত যেমন অগ্ন্যাশয় বা অন্তঃক্ষরা গ্রন্থির কোষগুলি, সেখানে এগুলি অধিক মাত্রায় থাকে ও দানাদার হয়। যকৃৎ কোষে দুই প্রকারের এন্ডোপ্লাজম জালিকাই পাওয়া যায়।

#### 1.2.3.3. পুরানো নাম—এর্গাস্টোপ্লাসম, ক্রোমো ফিলিক বস্তু, নিসল (Nissl) বডি

আকৃতি—এন্ডোপ্লাজম জালিকা তিন প্রকার বস্তু দিয়ে তৈরি, এগুলি যথাক্রমে—

- (i) সিস্টারনি
- (ii) ভেসিকল্
- (iii) টিবিউল

(i) **সিস্টারনি**—লম্বাকার, চ্যাপ্টা, থলির মতো শাখাবিহীন নালিকা যার ব্যাস 40 – 50 m  $\mu$ । এরা পরস্পরের সঙ্গে সমান্তরালভাবে গাদা (bundle বা stake) সৃষ্টি করে। সংশ্লেষণে ব্যাপ্ত কোষে ও অগ্ন্যাশয়, নোটোকর্ড ও ব্রেন কোষে থাকে।

(ii) **ভেসিকল**—ডিম্বাকৃতি পর্দাকৃত ভ্যাকুওলের ন্যায় গঠন বিশিষ্ট। এদের ব্যাস হয় 25 – 500 m  $\mu$ । সাইটোপ্লাজমে প্রায়ই এদের স্বাধীন বা মুক্তভাবে পাওয়া যায়। বেশিরভাগ কোষেই থাকে তবে অগ্ন্যাশয়ের কোষে অধিকমাত্রায় পাওয়া যায়।

(iii) **টিবিউল**—সাইটোপ্লাজমের মধ্যে শাখায়ুক্ত একটি জালিকাকারে বিস্তৃত হয়ে সিস্টারনি ও টিউবিউলের সঙ্গে একত্রিত থাকে। এদের ব্যাস 50 – 190 m  $\mu$  এবং বেশিরভাগ কোষেই পাওয়া যায়। [ চিত্র নং 1.8, 1.9, 1.10 ]

#### 1.2.3.4. সূক্ষ্ম গঠন

এন্ডোপ্লাজমিক জালিকার সিস্টারনি, ভেসিকল ও টিউবিউলগুলির গহ্বরের চারিপাশে সরু একক পর্দার দ্বারা আবৃত থাকে। পর্দাটির বাইরের ও ভেতরের পর্দার অংশগুলি ঘন ও প্রোটিন নির্মিত এবং ভেতরে থাকে একটি শুরু ফস্ফোলিপিডের স্তর। ক্ষরণের বস্তুগুলি এন্ডোপ্লাসম জালিকার নালিকারগুলির ভেতর দিয়ে নিগত হয়।

#### 1.2.3.5. প্রকারভেদ

দুই ধরনের এন্ডোপ্লাসম জালিকা পাওয়া যায়। যথা—

(a) **মসৃণ বা দানাহীন এন্ডোপ্লাসম জালিকা (Smooth Endoplasmic Reticulum বা SER)**—এদের গায়ে রাইবোসোম থাকে না বলে মসৃণ। প্রোটিন সংশ্লেষণে প্রত্যক্ষ কোনো অংশগ্রহণ করে না এমন কোষে যেমন অ্যাডিপোজ কোষ, ইন্টারস্টিশিয়াল কোষ, গ্লাইকোজেন সঞ্চয়ী যকৃৎ কোষ, শুক্রাণু ও শ্বেতকণিকায় এই SER পাওয়া যায়। পেশি কোষে SER-এর আধিক্য লক্ষ্য করা যায় এবং সেখানে এর নাম সার্কোপ্লাজম জালিকা (Sarcoplasmic reticulum)। ব্যাণ্ডের রঞ্জকযুক্ত রেটিনার কোষে এরা আঁটো ভেসিকল ও নালিকার মতো হয় বলে এদের বলা হয় মায়োলয়েড বডি (myeloid body)।

(b) **অমসৃণ বা দানাদার বা rough**—ER এদের গায়ে প্রচুর পরিমাণ রাইবোসোম আটকানো থাকে বলে এদের চেহারা অমসৃণ বা দানাদার। যে সমস্ত কোষে অধিকমাত্রায় প্রোটিন সংশ্লেষণ হয় সেখানে RER বহুল পরিমাণে পাওয়া যায়। কারণ ER-এর পর্দার সঙ্গে সংযুক্ত রাইবোসোমের কার্যকারিতা প্রোটিন সংশ্লেষণে অপরিহার্য। অগ্ন্যাশয়ে, প্লাসমা কোষে, গবলেট কোষে ও যকৃতে RER পাওয়া যায়। ক্ষারীয় রঞ্জক পদার্থে রঞ্জিত হয় এদের RNA-র উপাদানের জন্য। ধাত্র বস্তুর যে অংশে RER থাকে সেই অংশ ক্ষারীয় রঞ্জক পদার্থ নেয় বলে একে বেসোফিলিক বডিও বলে।

গোলাকার ল্যামেলী বা Annulate lamellae সাধারণত ER-এর ফুটো থাকে না। কিন্তু কিছু ক্ষেত্রে এর মধ্যে ফুটো বা চক্রাকার বস্তু দেখা যায়। উদাহরণ—অমেরুদণ্ডী প্রাণীর ER, মেরুদণ্ডী প্রাণীর ওভোসাইট (ovocyte) এবং স্পার্মাটোসাইট (Spermatocyte)। এই চক্রাকার বস্তুগুলিকে নিউক্লীয় পদার্থ অবস্থিত এরূপ বস্তুর মতো দেখতে। এদেরও নিউক্লীয় পর্দার ন্যায় একটি (diaphragm) মধ্যচ্ছদা আছে। এন্ডোপ্লাসম জালিকার ফুটোগুলো নিউক্লীয় পর্দা থেকে সৃষ্ট এবং রাইবোসোমের সঙ্গে সম্পর্কযুক্ত।

---

### 1.2.3.6. এন্ডোপ্লাসম জালিকার রাসায়নিক গঠন

---

নিম্নলিখিত উৎসেচকগুলি পাওয়া যায় ER-এ

- (a) গ্লিসারাইড সংশ্লেষণ—যেমন ট্রাই-গ্লিসারাইড, ফস্ফোলিপিড, গ্লাইকোলিপিড ও প্লাসমালোজেন।
- (b) প্লাসমালোজেন বিপাক।
- (c) ফ্যাটি অ্যাসিড সংশ্লেষণ ও সঞ্চয়।
- (d) স্টেরয়েড সংশ্লেষণ—যেমন কোলেস্টেরল স্টেরয়েডে হাইড্রোজেন সংযোজন বিক্রিয়া।
- (e)  $\text{NADPH}_2 + \text{O}_2$ —স্টেরয়েডের পরিবর্তনের জন্য দরকারি।
- (f) L-অ্যাসকরবিক অ্যাসিড সংশ্লেষণের জন্য।
- (g) UDP-glucose—ডিফস্ফোরাইলেশনের জন্য।
- (h) UDP-ইউরোনিক অ্যাসিড মেটাবলিসমের জন্য।
- (i) অ্যারাইল ও স্টেরাইল সালফাটেজ। প্লাবিউলার প্রোটিন-এ সম্পূর্ণ অনুপস্থিত। তাই এটি Symmetrical বা জ্যামিতিক সামঞ্জস্যপূর্ণ যা কোষ পর্দার থেকে আলাদা।

স্নেহজাতীয় পদার্থ মাইক্রোসোমে 30 – 50 শতকরা ভাগ যার শতকরা 70 ভাগই ফস্ফোলিপিড। এই ফস্ফোলিপিডের 50 – 90 শতাংশ লেসিথিন ও সেফালিন।

---

### 1.2.3.7. ER-এর কাজ

---

- (a) দানাদার ও দানাহীন দুই ধরনের ER-ই এই কাজগুলি করে—
  - (i) সূক্ষ্ম কঙ্কালের যান্ত্রিক সহায়তা জ্ঞাপন ও সাইটোপ্লাজমের কোলয়েডাল গঠনে সহযোগিতা করে।
  - (ii) অণুর আদান প্রদান অভিস্রবণ বা দ্রবণের দ্বারা।
  - (iii) উৎসেচকগুলির কার্যকারিতা।
  - (iv) পরিবহন মাধ্যম।
  - (v) কোষ থেকে কোষান্তরে সংবাদ আদান প্রদান।
  - (vi) বিযক্রিয়া বন্ধ করে কোষকে রক্ষা করা।
- (b) RER-এর কাজগুলি হল—এর পর্দার সঙ্গে সংযুক্ত রাইবোসোমগুলি প্রোটিন সংশ্লেষণ করে কোষের ভেতরের বা বাইরের সমৃদ্ধি ও কার্যকারিতা নির্বাহ করে। কিন্তু সাইটোপ্লাজম সংগৃহীত ফাইব্রাস (fibrous) প্রোটিন যা ক্ষরিত প্রোটিন, তার সাথে ER সম্পর্কহীন। ER এদের SER ও গলগি বস্তুর মধ্য দিয়ে পরিবহন করে মাত্র।
- (c) শুধুমাত্র দানাহীনের কাজ—
  - (i) লিপিড সংশ্লেষণ ও সঞ্চয়।
  - (ii) গ্লাইকোজেন সংশ্লেষণ ও সঞ্চয় (যকৃৎ কোষে)।
  - (iii) কোলেস্টেরল, গ্লিসেরাইড, হরমোন, টেস্টোস্টেরন, প্রোজেস্টেরন ইত্যাদি স্টেরয়েড সংশ্লেষণ করে। চক্ষুর রেটিনার কিছু রঞ্জকযুক্ত কোষ থেকে অন্যান্য পিগমেন্ট সংশ্লেষণ করে।

### 1.2.3.8. অনুশীলনী-3

#### 1. সঠিক উত্তরটিতে চিহ্ন দিন—

- (a) দানায়ুক্ত এন্ডোপ্লাসম জালিকায় রাইবোসোমগুলি কী অবস্থায় থাকে?
- মুক্ত অবস্থায়
  - পর্দার সঙ্গে সংযুক্ত হয়ে
  - মেট্রিক্স বা ধাত্র পদার্থের মধ্যে।
- (b) এন্ডোপ্লাসমীয় জালিকা কী প্রকার রঞ্জক পদার্থ (Stain) নিয়ে থাকে?
- ক্ষারীয় (basic)
  - অ্যাসিড (acidic)
  - নিউট্রাল (neutral)
- (c) এন্ডোপ্লাসম জালিকার সাথে কোন অঙ্গাণুটির পর্দার সরাসরি সংযোগ পাওয়া যায়?
- নিউক্লীয় পর্দা
  - কোষ পর্দা
  - মাইটোকন্ড্রিয়া
- (d) ER-এর মধ্যে কোন উপাদানটি গোলাকার বা ডিম্বাকার?
- টিউবিউল
  - সিস্টারনি
  - ভেসিকল

#### 2. টেবিল দুটি মেলান—

A	B
1. অ্যাডিপোজ কোষ	1. RER
2. ইন্টারসিটশিয়াল কোষ	2. SER
3. প্লাসমা কোষ	3. SER
4. গবলেট কোষ	4. SER

### 1.2.4. প্লাসমা মেমব্রেন বা কোষাবরণী

প্রত্যেক কোষের সাইটোপ্লাজমের বাইরে একটি ত্রিস্তরবিশিষ্ট স্থিতিস্থাপক পর্দা থাকে তাকে কোষাবরণী বা কোষপর্দা বা প্লাসমা মেমব্রেন (Plasma membrane) বলা হয়।

#### 1.2.4.1 আবিষ্কারের ইতিহাস ও সূক্ষ্মচিত্রের বিভিন্ন মডেল

1925-গর্টার ও গ্রেডেল (Gorter and Grendell) প্রথম কোষপর্দার একটি সম্ভাব্য দ্বিস্তরবিশিষ্ট আকৃতির কথা বলেন (চিত্র নং 1.11)।



1895-ওভার্টন প্রথম দেখেন যে স্নেহজাতীয় পদার্থে দ্রবণীয় বস্তু কোষপর্দার মধ্য দিয়ে সহজেই চলে যায়। তাই তিনি কোষপর্দায় লিপিড আছে অনুমান করেন।

1935-দানিয়েলি ও ড্যাভসন (Danielli and Davson) ত্রিস্তর-যুক্ত পর্দার প্রবর্তক। [ চিত্র নং 1.12 ]

1958-রবার্টসন (Robertson) একক পর্দার প্রবর্তক। (Unit membrane theory)। [ চিত্র নং 1.13 ]

1960-লেনার্ড ও সিঙ্গারের (Lenard and Singer) মডেলটি কোষপর্দার এক-চতুর্থাংশ হেলিক্যালভাবে এবং বাকি যত্রতত্র পাকিয়ে আছে দেখায়।

1972-সিঙ্গার ও নিকলসনের (Singer and Nicolson) ফ্লুয়িড মোসাইক মডেল (Fluid mosaic model) কোষ আবরণীতে লিপিড ও প্রোটিন ঠিক যেভাবে সাজানো আছে তা ফিসিওলজিক্যাল পরীক্ষা ও আণুবীক্ষণিক সূক্ষ্ম চিত্রের মাধ্যমে দেখান। [ চিত্র নং 1.14 ]

এই মতে কোষ আবরণী একটি দ্বিস্তর যুক্ত দ্বিমাত্রিক তরলায়িত লিপিড স্তর যেখানে প্রোটিন অণু সন্নিবেশিত বা গোঁজা থাকে। কোষপর্দার প্রোটিন অণুগুলিই সংবহন, এক কোষ থেকে অন্য কোষে (রাসায়নিক অণু) ও শক্তি সংযোগ ইত্যাদি কাজ করেও লিপিড কোষপর্দার যান্ত্রিক গঠনে সাহায্য করে।

#### 1.2.4.2 কোষপর্দার সূক্ষ্ম আকৃতি

I. কোষপর্দা এটি ত্রিস্তরযুক্ত লিপিড ও প্রোটিনসমৃদ্ধ পর্দা। অধিকাংশ কোষপর্দা 100 – 215 Å পুরু। পরিপাকতন্ত্রের এপিথিলিয়াম কলার কোষের কোষপর্দা 105 Å পুরু দেখা গেছে। এটি একটি 40 Å ঘন অন্তঃস্থিত স্তর, একটি 25 Å পুরু কম ঘন ভেতরকার স্তর দিয়ে গঠিত। লোহিতকণিকাদের সাইটোপ্লাসমবিহীন কোষপর্দার 215 Å পুরু। কোষপর্দায় অতি ক্ষুদ্র ছিদ্র আছে যা ব্যাসযুক্ত। কোষের বিপাকের ওপর এদের খোলা বা বন্ধ হওয়া নির্ভর করে।

কোষপর্দার দুইটি স্তর প্রোটিন ও দুইটি স্তর লিপিড অণু দ্বারা গঠিত। লিপিড অণুগুলি শৃঙ্খলাবদ্ধ থাকে। প্লাসমা পর্দার লিপিড অণুর দুইটি শৃঙ্খল পরস্পরের সঙ্গে সমান্তরাল থাকে যার ফলে একটি দ্বিস্তর গঠিত হয়। দুইটি লিপিড স্তরই পরস্পরের সঙ্গে সংযুক্ত থাকে। ভেতরকার অংশের দ্বারা যেগুলি নন পোলার ও হাইড্রোফোবিক (hydrophobic) লিপিডের দুইটি স্তর ভ্যান্ডারওয়ালের শক্তি (Vanderwaals force) দ্বারা এই নন পোলার গ্রুপগুলির সঙ্গে বাঁধা অবস্থায় থাকে।

লিপিড স্তর দুইটি বাইরে ও ভেতরে দুইটি প্রোটিন স্তরের দ্বারা আবৃত। প্রোটিন অণুর সাথে লিপিড অণু তাদের পোলার এবং হাইড্রোফিলিক গ্রুপগুলির দ্বারা সংযুক্ত। হাইড্রোজেন বন্ধনের অঞ্চলগুলিতে আয়নিক বা ইলেক্ট্রোস্ট্যাটিক শক্তির দ্বারা লিপিড প্রোটিন অণুগুলি বাঁধা থাকে। প্রোটিন অণুগুলি বহিঃস্থিত বা এক্সট্রিন্সিক (extrinsic), অন্তঃস্থিত বা ইন্ট্রিন্সিক (intrinsic) ও মেমব্রেন জুড়ে বা ট্রান্সমেমব্রেন (transmembrane) হতে পারে। এরা রিসেপ্টর বা গ্রাহকের কাজ করে অথবা কোনো অণুর প্রবেশ বা বাহিরের দ্বার হিসাবে কাজ করে।

শর্করা অণুগুলি প্রোটিন অণুর সঙ্গে থাকে এবং লাইপোপ্রোটিন কমপ্লেক্সকে যান্ত্রিক সহায়তা প্রদান করে। এদের গ্রাহকেরা স্বভাব ঠিক করার কাজেও ভূমিকা আছে। [ চিত্র নং 1.15 ]

II. আন্তঃকোষ বা ইন্টারসেলুলার স্পেস (intercellular space) বহুকোষী প্রাণীর দুইটি কোষের কোষাবরণীর মধ্যে একটি 10 – 150 Å চওড়া অন্তর্বর্তী স্থান আছে। এই আন্তঃকোষ অঞ্চলটিতে স্বল্প ইলেক্ট্রন ঘনত্বের একটি সিমেন্টের ন্যায় বস্তু থাকে। এর সঠিক রাসায়নিক গঠন অজানা। [ চিত্র নং 1.16 ]

ইন্টারসেলুলার স্পেস কোষের বিপাকীয় অবস্থা বা কার্য অনুসারে বিভিন্ন প্রকারের হয়। এগুলিকে কোষের সংযোগস্থল বলা যেতে পারে কারণ এই স্থানেই দুটি পাশাপাশি অবস্থিত কোষ পরস্পরের সঙ্গে সংযোগ স্থাপন করে। তাই এগুলির নাম সেল জংশন বা কোষের সংযোগস্থল। এই অঞ্চলগুলি দুইটি কোষের কোষপর্দার

- (a) পারস্পরিক সম্বন্ধ;
- (b) সংস্পর্শ এবং
- (c) পরিবর্তনের মধ্যে দিয়ে ঘটে থাকে।

এগুলি 4 প্রকারের হয়।

(i) টাইট জংশন বা জোনুলা অক্লুডেন্স (Tight junction বা Zonula occludens)। [ চিত্র নং 1.17 ]  
অবস্থান

- I. ইন্টেস্টিনাল মিউকোসার এবং কিডনীর নালিকাগুলির ব্রাশ বর্ডার সম্পন্ন কোষগুলির মধ্যে,
- II. রেনের এন্ডোথিলীয় কোষগুলির মধ্যে
- III. প্রি ও পোস্ট সাইন্যাপটিক পর্দার সংযোগস্থলে পাওয়া যায়।

গঠন : বেশ কয়েকটি সংযোগস্থল বা সিলিং স্ট্রান্ড (Sealing Strand) আছে দুইটি সন্নিবিষ্ট কোষের মধ্যে তাদের মুক্ত অঞ্চলের তলার দিকে। দুইটি কোষপর্দার লিপিড দ্বিস্তরগুলি পুরোটাই জোড়া থাকে।

কাজ : দুইটি কোষের কোষপর্দাকে শক্তভাবে অণু পরিবহন বন্ধ রাখার কাজে লাগে। তাই এই সংযোগস্থলটি সম্পূর্ণভাবে প্রোটিন, অন্যান্য অণু বা আয়তনের পথ বন্ধ রাখে।

(ii) বেল্ট ডেসমোসোম বা জোনুলা এ্যাডেয়ারেন্স (Belt desmosome or Zonula adherens)। [ চিত্র নং 1.17b ]

অবস্থান : পাশাপাশি অবস্থিত কোষপর্দার মধ্যে এবং তাদের মুক্ত অঞ্চলের সঙ্গে সমান্তরালভাবে পাওয়া যায়।

গঠন : দুইটি মাইক্রোফিলামেন্ট আছে কোষের সাইটোপ্লাসমীয় তলে যারা একটি সাইটোপ্লাসমীয় সংযোগ জালিকা (এ্যাডেয়ারেন্স জালিকা) দ্বারা সংযুক্ত।

কাজ : দুইটি কোষকে পরস্পরের সঙ্গে আটকে রাখা। কোনো কোষের সংযোগস্থান নষ্ট হয়ে গেলে নির্ভরশীল সংকোচনের মাধ্যমে সেই সংযোগের পুনঃস্থাপন করা।

(iii) স্পট ডেসমোসোম বা ম্যাকুলা এ্যাডেয়ারেন্স (spot desmosome or macula adherens)। [ চিত্র নং 1.17 ]

অবস্থান : যত্রতত্র ছড়ানো অবস্থায় পাওয়া যায় দুইটি কোষের কোষপর্দায়।

গঠন : প্রাক দুইটি কোষের কোষপর্দার সাইটোপ্লাসমীয় তলে অবস্থিত। দুইটি ডিম্বাকার বা গোলাকার প্রোটিন নির্মিত সাইটোপ্লাসমীয় এবং আন্তঃপর্দা সংযোগকারী দ্বারা (Truncmembranelinker) সংযুক্ত। এগুলি আন্তঃকোষীয় অঞ্চলে প্রাপ্ত মিউকোপ্রোটিন দ্বারা নির্মিত। কেন্দ্রীয় স্তরটি মধ্য অঞ্চলে অনুপস্থিত।

কাজ : (vngina) ভ্যাজাইনা ও ইউটেরাসের পেশির বিভিন্ন অঞ্চলে পাওয়া যায়। যান্ত্রিক স্ট্রেসে যেন এই অঙ্গগুলির স্থানান্তরীকরণ না ঘটে, তাদের যান্ত্রিক সহায়তা প্রদান এর কাজ।

(iv) গ্যাপ জাংশন বা নেক্সাস (gap junction বা nexus)—

অবস্থান : দুইটি পাশাপাশি কোষে যাদের মধ্যে আন্তঃকোষ দূরত্ব খুবই অল্প চওড়া।

গঠন : চাকতির মতো অঞ্চল যেখানে প্রত্যেক কোষপর্দায় বেশ কয়েকটি থামের মতো বস্তু আছে (যাদের নাম কনেক্সন (connexion)। এই কোষ দুটির বস্তুর আদান প্রদান হয়। একটি ডায়েলের আকারের অংশ একটি কেন্দ্রস্থিত নালিকার চারপাশে আছে। প্রত্যেকটি সংযোগের অংশ কোষপর্দার পুরো প্রস্থে ব্যাপ্ত থাকে। কেন্দ্রস্থিত অঞ্চলটি দুটি কোষের মধ্যে একটি সরাসরি সুড়ঙ্গ তৈরি করে।

কাজ : নালিকার মধ্য দিয়ে 1000 ডালটন পর্যন্ত আণবিক ভরযুক্ত অণু চলাচল করতে পারে কিন্তু অতি বৃহদাকার অণু চলাচল করতে পারে না।

II. ছোট অণুর আদান প্রদান দুটি কোষের সহযোগিতায় সাহায্য করে।

III. সংযোজক বস্তুর মধ্য দিয়ে সহজেই আয়তনগুলি চলাফেরা করতে পারে।

---

#### 1.2.4.3 কোষপর্দার রাসায়নিক গঠন

---

অধিকাংশ কোষের কোষপর্দা শর্করা লিপিড ও প্রোটিন দ্বারা নির্মিত।

শর্করা—বেল (Bell) 1962 সালে প্রথম দেখান যে কোষপর্দায় শর্করা আছে। লোহিতকণিকার এবং যকৃৎ কোষের কোষপর্দায় 5% শর্করা আছে। এগুলি শাখাযুক্ত বা শাখাবিহীন হয়। ইন্টেগ্রাল গ্লাইকোপ্রোটিনের এবং গ্লাইকোস্ফিংলিপিডের অংশরূপে এই শর্করাগুলির পার্শ্বশাখা (Side chain) গুলি বিস্তৃত হয়। হেটারোগ্লাইক্যানগুলি 6টি প্রধান শর্করার বিভিন্ন কনফিগারেশনে গঠিত হয়। যথা—D-গ্যালাক্টোজ, D-ম্যানোজ, L-ফুকোস, N-অ্যাসিটাইল, নিউরামিনিক অ্যাসিড, সায়ালিক অ্যাসিড, N-অ্যাসিটাইল গ্লুকোস্যামিন, N অ্যাসিটাইল-D-গ্যালাক্টোস্যামিন। তাদের নিউরামিনিক অ্যাসিডের গ্রুপটি কোষের নেগেটিভ চার্জ বাড়ায়। D-গ্লুকোজ ও D-গ্যালাক্টোজ ও সেরিব্রোসাইড (cerebroside) যুক্ত প্রোটিন অল্পমাত্রায় লক্ষ্য করা যায়।

(ii) লিপিড—কোষপর্দায় 20 – 40% লিপিড আছে। মায়োলিন স্তরে 50 শতাংশেরও অধিক লিপিড পাওয়া যায়। মাইটোকন্ড্রিয়ার অন্তর্গত পর্দায় 30 শতাংশেরও কম লিপিড পাওয়া যায়।

(A) প্রধানত মেমব্রেন লিপিডের 50 – 65% ফস্ফাটিডাইল, কোলিন, ফস্ফাটিডাইল ইথানল অ্যামিন, স্ফিংগোমায়োলিন ইত্যাদি ফস্ফোলিপিড থাকে। কোলেস্টেরল ও তার এস্টার পুরো লিপিডের 1/4 অংশ গঠন করে। বহিঃস্থলিপিড স্তরটি ফস্ফাটিডাইল কোলিন, স্ফিংগোমায়োলিন ও গ্লাইকোলিপিড দিয়ে গঠিত। অন্তঃস্থ লিপিড স্তরটি ফস্ফাটিডাইল ইথানল অ্যামিন, ফস্ফাটিডাইল সেরিন ও ফস্ফাটিডাইল আয়োনোসাইড ও ফস্ফাটিডাইল গ্লিসেরল দ্বারা গঠিত। কোষ অঙ্গণুর পর্দাগুলিতে স্বল্পমাত্রায় কোলেস্টেরল ও স্ফিংগোলিপিড পাওয়া যায়।

ফস্ফোগ্লিসেরাইডগুলি বেশির ভাগ ক্ষেত্রে স্যাচুরেটেড অ্যাসাইল গ্রুপ বহন করে। যেমন পলি এনোয়িক অ্যাসাইল গ্রুপ (সিস্ স্থানে)। এদের হাইড্রোকার্বন শৃঙ্খলগুলি বক্র অবস্থায় থাকে ও একে অপরের সঙ্গে হাইড্রোফোবিক বন্ধনে আবদ্ধ থাকে।

(B) এছাড়া গ্লাইকোলিপিড (যেমন স্ফিংগোসিন বা সেরামাইড থাকে যাদের সেরিব্রোসাইডও বলা হয়। সাল্ফাটাইড বা সেরিব্রোসাইডের সালফিউরিক অ্যাসিড এস্টার ও গ্যাংলিওসাইডও পাওয়া যায়।

(C) তৃতীয় যে ধরনের লিপিডটি কোষপর্দায় বর্তমান সেটি স্টেরল। এগুলি স্টেরয়েড অ্যালকোহল। কোলেস্টেরল, ফাইটোকোলেস্টেরল যেমন সিটোস্টেরল ও স্টিগ্‌মাস্টেরল এবং আর্গোস্টেরল পাওয়া যায়। [ চিত্র নং 1.18 (a) ও (b) ]

(iii) প্রোটিন—কোষপর্দায় প্রধান অংশটি প্রোটিন অণুগুলি দিয়ে গঠিত। লোহিতকণিকায় 60 – 80 শতাংশ প্রোটিন থাকে।

প্রোটিন তিন প্রকার—

A. আকৃতিগত প্রোটিন

B. উৎসেচক

C. পরিবহনকারী প্রোটিন

A. কোষের 'কঙ্কাল' গঠন করে, স্বল্পমাত্রায় উৎসেচকের কাজ করে এবং অধিকমাত্রায় লাইপোফিলিক (ম্নেহজাতীয় পদার্থের সঙ্গে সহজেই যুক্ত হতে পারে। এদের গড় আণবিক ভর 3 – 10<sup>4</sup> ডালটন।

B. প্রাথমিকভাবে এই জাতীয় প্রোটিন ক্যাটালিস্ট বা উৎসেচকের কাজ করে।

C. ঘনত্বের ঢাল অনুযায়ী এই প্রোটিনগুলি অন্য বস্তুকে বহন করে, কোষের এক অংশ থেকে অন্য অংশে নিয়ে যায়।

এছাড়া প্রোটিন দুরকমের হয়। যার উল্লেখ আগেই করা হয়েছে।

I. ইন্ডিন্সিক ও

II. এক্সট্রিন্সিক প্রোটিন।

প্রথমোক্ত পর্দার সাথে শক্তভাবে যুক্ত থাকে, কিন্তু দ্বিতীয়টির বন্ধন তত দৃঢ় নয়। [ চিত্র নং 1.19 ]

কোষপর্দায় প্রধানত গ্লাইকোপ্রোটিন জাতীয় পলিপেপটাইড থাকে। স্পেকট্রিন, অ্যাকটিন, মায়োসিন, অ্যাকটিনোমায়োসিন ছাড়া অ্যাসিটাইলকোলিন এস্টারেস্, গ্লিসেরালডিহাইড ও ফস্‌ফেট ডিহাইড্রোজিনেস প্রভৃতি বিশেষ উল্লেখযোগ্য।

---

#### 1.2.4.4 কোষপর্দার কাজ

---

সাধারণভাবে কোষপর্দা যে কাজগুলি করে সেগুলি হল—

**পরিবহন**—কোষের বিভিন্ন অংশে বা এক কোষে থেকে আর এক কোষে অণু বা আয়ন পরিবহন করে। অনেক সময় পাশাপাশি স্থিত কোষের মধ্যেও যোগসূত্র ছিন্ন করে যাতে আন্তঃকোষ সম্পর্ক সঠিক মাত্রায় থাকে। সরল ডিফুশান (diffusion) ও অভিস্রবণ (osmosis) এর মাধ্যমে এই পরিবহন ঘটে কোষপর্দার মধ্য দিয়ে। এছাড়া কোষপর্দার প্রোটিন গ্রাহকগুলি অণুগ্রহণ ও তার ক্যারিয়ার বা বাহকেরও কাজ করে থাকে।

কোষ পরিচিতি ও সংলগ্ন হওয়ার ধর্ম কোষপর্দার মাধ্যমে সংঘটিত হয়।

হরমোন গ্রাহক বা অন্যান্য অণুর যেন অ্যান্টিডোট গ্রাহক কোষপর্দায় বর্তমান।

(iv) ক্ষরণ-প্রোটিন, যা রাইবোসোমে গঠিত হয় বা অন্যান্য ক্ষরণীয় বস্তু যা গলগি কমপ্লেক্সে সংশ্লেষিত হয়, তা কোষপর্দার মাধ্যমেই বহিঃস্থ মিডিয়াম বা মাধ্যমে ক্ষরিত হয়।

- (v) এন্ডোসাইটোসিস পদ্ধতিতে কোষ খাদ্যগ্রহণ বা পরিপাকের পর বর্জ্য পদার্থ ত্যাগ করে।
- (vi) নার্ভ ইম্পালস (nerve impulse) বা অন্যান্য ধরনের বৈদ্যুতিক বা রাসায়নিক উত্তেজক কোষপর্দার মাধ্যমে কোষ থেকে কোষান্তরে বার্তা পৌঁছে দেয়।

1. সঠিক উত্তরে চিহ্ন দিন—অনুশীলনী - 4

- (a) ইন্টেগ্রাল প্রোটিনগুলি—
- (i) কোষের সঙ্গে দৃঢ়ভাবে যুক্ত
- (ii) „ „ শিথিলভাবে যুক্ত
- (iii) তেমন কোনো বাধ্যবাধকতা নেই।
- (b) কোষপর্দার লিপিড অংশে প্রধান উপাদান হল—
- (i) স্টেরল
- (ii) ফস্ফোলিপিড
- (iii) গ্লাইকোলিপিড
- (c) এই আন্তঃকোষ সংযোগস্থলটি অণু বা আয়নের যাতায়াতে বাধা দেয় না—
- (i) নেক্সাস
- (ii) জোনুলা অ্যাচেয়ারেস
- (iii) জোনুলা অক্লুডেন্স।
- (d) কনেক্সন বর্তমান—
- (i) স্পটডেসমোসোমে
- (ii) বেল্ট ডেসমোসোমে
- (iii) কোনোটিতে নয়
- (e) একক পর্দার প্রবর্তক—
- (i) দানিয়েলি
- (ii) রবার্টসন
- (iii) সিঙ্গার

2. টেবিল দুটিকে পরস্পরের সঙ্গে মেলান

Table A	Table B
1. বেল্ট ডেসমোসোম	1. হাইড্রোফোবিক
2. গ্যাপ জাংশন	2. নেক্সাস
3. টাইট জাংশন	3. জোনুলা অক্লুডেন্স
4. লিপিডের মস্তক	4. হাইড্রোফিলিক
5. লিপিডের পুচ্ছ	5. জোনুলা অ্যাচেয়ারেস

### 1.2.5. সারাংশ

1. (i) মাইটোকন্ড্রিয়ার দুটি পর্দা, ক্রিস্টি ও তার ওপর  $F_1$  বস্তুগুলির অবস্থান আকৃতিগতভাবে দেখে মাইটোকন্ড্রিয়ার উৎস নিম্নলিখিতভাবে হয়েছে বলে মনে হয়—

(ক) স্বয়ম্ভু বা নিজে থেকে তৈরি হয়েছে অ্যামাইনো অ্যাসিড ও লিপিড থেকে।

(খ) বা কোষপর্দা থেকে।

(গ) পূর্বস্থিত মাইটোকন্ড্রিয়ার থেকে কোষ বিভাজনের সময়ে নতুন মাইটোকন্ড্রিয়ার সৃষ্টি হয়।

(ঘ) প্রোক্যারিওটিক উৎস মাইটোকন্ড্রিয়া প্রোক্যারিওটিক এক রকম ব্যাক্টেরিয়ার কোষ ও ক্লোরোপ্লাস্ট নীল সবুজ এক রকম শৈবাল থেকে এসেছে যা প্রাচীনকালে ইউক্যারিওটিক কোষে পরজীবীর মতো প্রবেশ করে ও পরবর্তীকালে রয়ে যায় সিম্বায়োটিক সম্পর্ক রেখে। এই থিওরিটাই কার্যকরী।

(ii) মাইটোকন্ড্রিয়ার ক্রিস্টির ওপর অবস্থিত  $F_1$  বস্তু স্বসন শৃঙ্খল কমপ্লেক্সের ধারক এবং মাইটোকন্ড্রিয়ার অন্তঃপর্দায় ইলেক্ট্রন ট্রান্সফার ও ATP সংশ্লেষণের উৎসেচকগুলি থাকে। এর সাহায্যে Krebs cycle বা ফ্রেবস চক্র ও অক্সিডেটিভ ফস্ফোরাইলেশনের মাধ্যমে মাইটোকন্ড্রিয়া শক্তি উৎপাদন করে। তাই একে কোষের 'শক্তিঘর' বলা হয়।

2. (i) গলগি বস্তু নিউক্লিয়াস সন্নিহিত অঙ্গাণু যা সিস্টারনি, টিবিউল, ভেসিকল ও ভ্যাকুওল দ্বারা গঠিত। এরা সাইটোপ্লাসমে জালিকাকারে থাকে। কোষে গলগি বস্তু নিয়ত সৃষ্টি হয় (F-তলে) ও ধ্বংস হয় (M-তলে)।

(ii) গলগি বস্তু এন্ডোপ্লাসমীয় জালিকা থেকে সৃষ্টি বা কোষবিদ্যা ও জৈব রাসায়নিক পরীক্ষা নিরীক্ষার থেকে জানা গেছে। ফ্র্যাগমেন্টোপ্লাস্ট থেকে স্বয়ম্ভু এমন থিওরী এখন পরিত্যক্ত।

(iii) কোষীয় ক্ষরণকার্যেই মূলত এই অঙ্গাণুর ভূমিকা।

3. (i) এন্ডোপ্লাসমীয় জালিকার সাথে সাইটোপ্লাজমে সরাসরি নিউক্লীয় পর্দার যোগাযোগ দেখা যায়। তাই একে নিউক্লীয় পর্দা অথবা কোষপর্দার থেকে সৃষ্টি বলেই মনে হয়। দানাদার ER প্রথমে ও দানাহীন ER বিবর্তনের পথে পরে এসেছে এমন মনে করা হয়।

(ii) এরা সিস্টারনি, ক্ষুদ্র নালিকাকার ও ভেসিকল দ্বারা গঠিত।

(iii) কোষের ফ্লুইড তন্ত্রকে ছোট ছোট ভাগে বিভক্ত করে, প্রোটিন সংশ্লেষণ ও ক্ষরণ, গ্লাইকোজেন সংশ্লেষণ ও ক্ষরণ এবং লিপিড সংশ্লেষণ ও সঞ্চয়, জৈবরাসায়নিক ক্রিয়াসমূহ যা কোষীয় বিপাকে অপরিহার্য অন্যান্য অঙ্গাণু ও হরমোন, উৎসেচক ইত্যাদি অণু গঠনে এন্ডোপ্লাসম (RER এবং SER, জালিকার ভূমিকা আছে)।

4. (i) প্লাসমা পর্দা বা কোষপর্দা কোষের আবরণী 'একক' পর্দা। দুইটি প্রোটিন স্তরের মধ্যস্থিত তরল লিপিড স্তর দিয়ে তৈরি। গ্লাইকোপ্রোটিন অণুগুলি বহিঃস্থ (এক্সট্রাসিক) বা অন্তঃস্থ (ইন্ট্রাসিক) অবস্থায় লিপিড দ্বিস্তরের মধ্যে গোঁজা থাকে।

(ii) আন্তঃকোষ অঞ্চল বা intercellular space কোষ থেকে কোষান্তরে সম্পর্ক স্থাপনের কাজে লাগে ও কোষের কার্য অনুযায়ী 4 প্রকারের হয়।

(iii) কোষপর্দার কাজ প্রধানত পরিবহন, কোষান্তর সংযোগ রক্ষা, কোষ পরিচিতি ও গ্রাহকের কাজ।

(iv) কোষপর্দার উৎস মনে করা হয় স্বাধীনভাবে যা কোষের বৃদ্ধির সঙ্গে সঙ্গে তাল রেখে বাড়ে। বা স্বসাংশ্লেষণীকরণের মাধ্যমে গঠনের উপাদানগুলি জড়ো হয়ে কোষপর্দার উৎপত্তি, এমন মনে করা হয়।

---

### 1.2.6. সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

---

1. মাইটোকন্ড্রিয়া, গল্গি বস্তু, এন্ডোপ্লাসম জালিকা ও কোষপর্দার পারস্পরিক সম্পর্ক বুঝিয়ে একটি রেখাঙ্কিত চিত্র আঁকুন।
2. চারটি প্রদত্ত অঙ্গাণু সম্বন্ধীয় তথ্য থেকে এদের অঙ্গ সংস্থানিক উৎস সম্বন্ধে আলোচনা করুন।
3. কোষপর্দায় যে 'একক পর্দা'র কথা বলা হয়েছে এই একক পর্দা বাকি তিনটি (প্রদত্ত পাঠে বর্ণিত) অঙ্গাণুতে আছে কি? থাকলে কিভাবে আছে? না থাকলে এর ভিন্নতা ব্যক্ত করুন।
4. চারটি অঙ্গাণুর রাসায়নিক গঠনের তুলনামূলক আলোচনা করুন।

---

### 1.2.7. উত্তরমালা

---

#### 1.2.7. অনুশীলনী - 1

1. (a) (ii), (b) ii, (c) (iv), (d) (iii)

2. Table A	Table B
1-	1
2-	2
3-	3
4-	4
5-	5

#### অনুশীলনী - 2

1. (a) (iii), (b) (i), (c) (iii), (d) (iv), (e), (ii), (f) (i)
2. (a) হ্যাঁ (b) হ্যাঁ (c) না (d) না (e) না

#### অনুশীলনী - 3

1. (a) (ii), (b) (i), (c) (i), (d) (iii)
2. 

A	B
1-	2
2-	3
3-	1
4-	2

অনুশীলনী – 4

1. (a) (i), (b) (ii), (c) (i), (d) (iii), (e) (ii)

2. Table A	Table B
1–	5
2–	2
3–	3
4–	4
5–	5

---

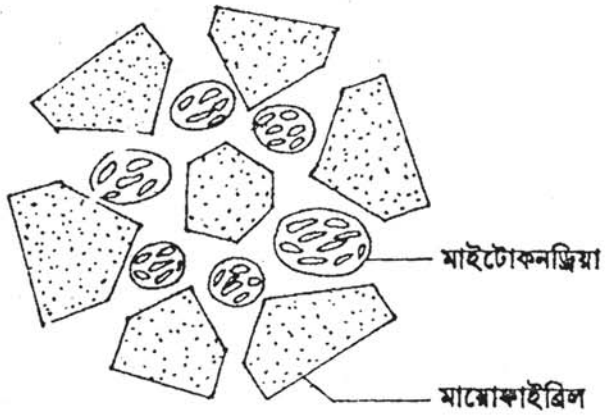
### 1.2.7.2 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

---

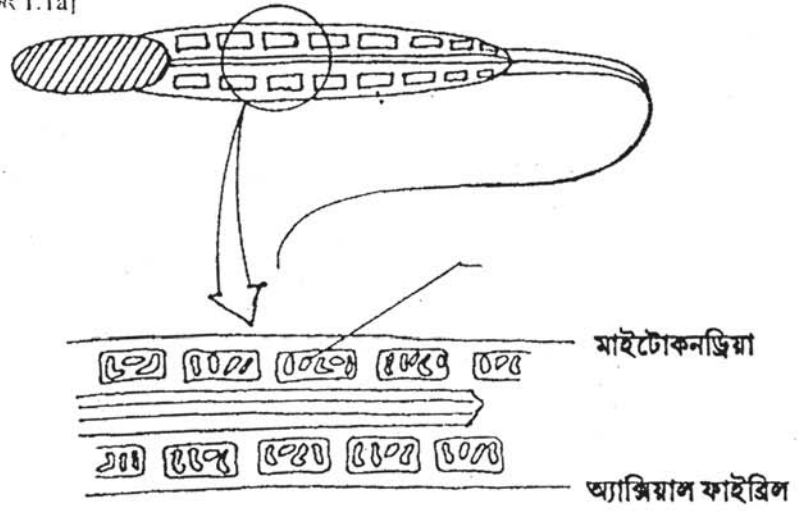
আরো বিস্তৃতভাবে এই আলোচনাকে সমৃদ্ধ করতে।

2. পাঠটিতে বর্ণিত আকৃতির গঠন, সূক্ষ্ম চিত্র ও সারাংশে দেখুন।
3. প্রদত্ত পাঠে বর্ণিত 'আকৃতি' ও 'গঠন' অংশ দেখে নিজে চেষ্টা করুন। অবশ্যই পারবেন।
4. পাঠে 'রাসায়নিক গঠন' আলাদাভাবে প্রত্যেকটি অঙ্গণুর আলোচনাতেই দেওয়া হয়েছে।

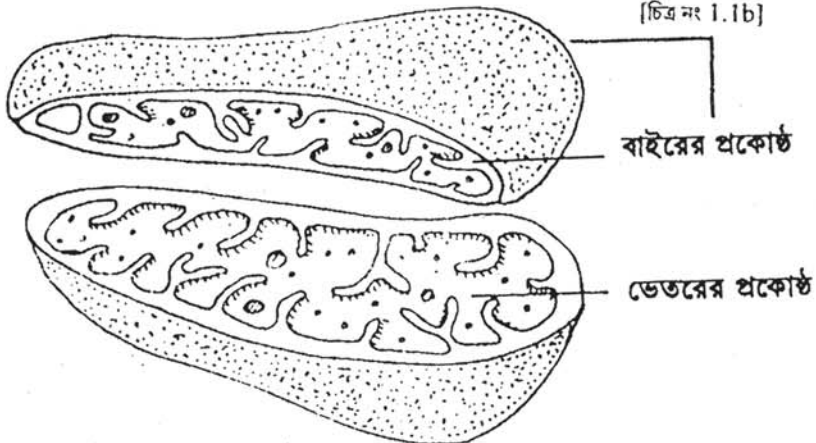




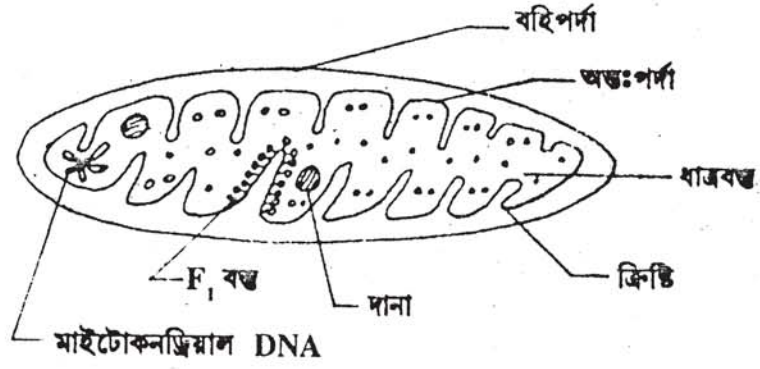
calliphora পোকাকার উড্ডয়ন পেশীতে প্রাপ্ত মাইটোকন্ড্রিয়া  
[চিত্র নং 1.1a]



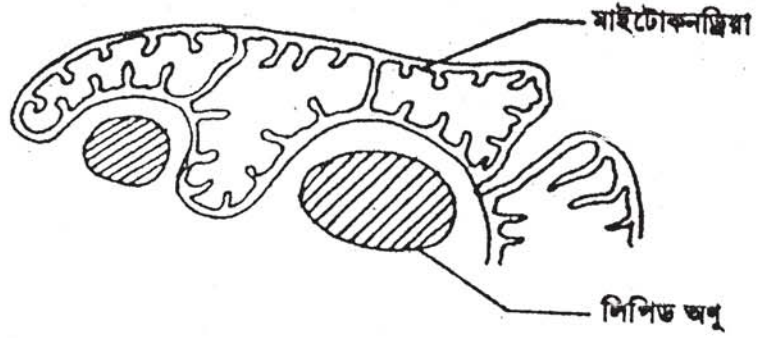
স্তন্যপায়ী প্রাণীর শুক্রাণুতে প্রাপ্ত মাইটোকন্ড্রিয়া  
[চিত্র নং 1.1b]



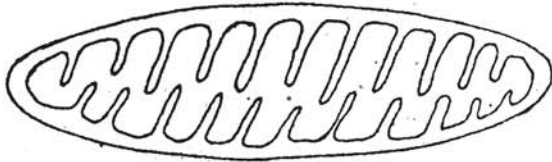
মাইটোকন্ড্রিয়ার আকৃতি ও গঠন  
[চিত্র নং 1.1c]



মাইটোকন্ড্রিয়ার আকৃতি ও গঠন  
[চিত্র নং 1.1c]



বেড়ালের হৃদযন্ত্রের প্যাপিলারি পেশীতে প্রাপ্ত মাইটোকন্ড্রিয়া  
[চিত্র নং 1.1d]

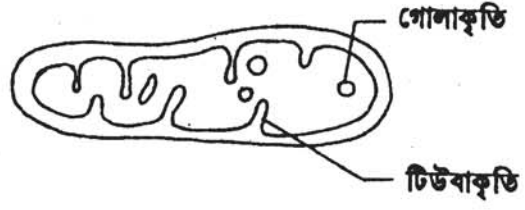


হ্যামস্টারের অ্যাড্রেনাল কটেজের মাইটোকন্ড্রিয়ায় টিউবের ন্যায় ক্রিস্টি  
[চিত্র নং 1.2a]



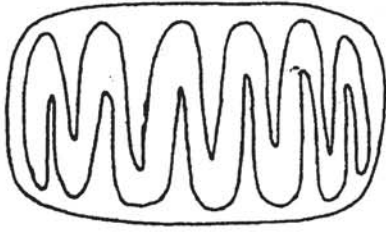
স্যালাম্যান্ডরের যকৃত কোষে মাইটোকন্ড্রিয়া

[চিত্র নং 1.2b]



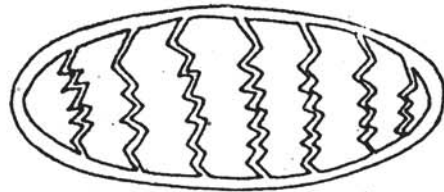
হ্যামস্টারের যকৃতের মিশ্র ধরণের ক্রিস্টি

[চিত্র নং 1.2c]



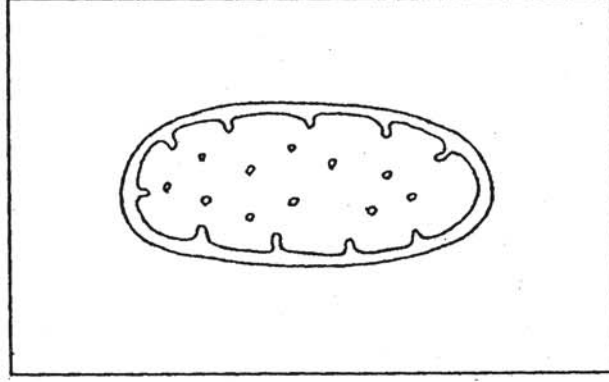
বাদুড়ের ক্রাইকোথাইরয়েড পেশীতে মাইটোকন্ড্রিয়ার ঘন  
ও সমান্তরাল ক্রিস্টি

[চিত্র নং 1.2d]



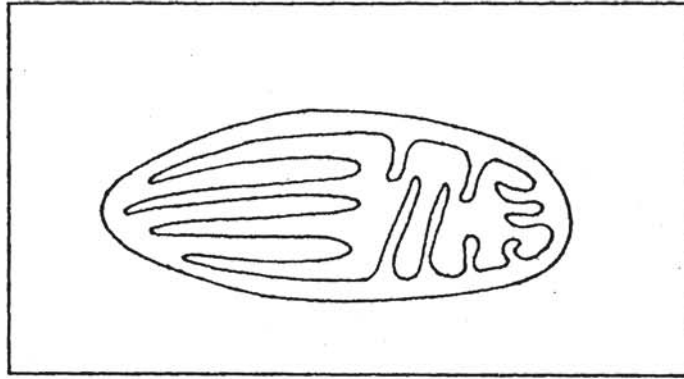
ব্যাঙের পাকস্থলীর মিউকোসায় মাইটোকন্ড্রিয়ার কোণাকৃতি ক্রিস্টি

[চিত্র নং 1.2e]



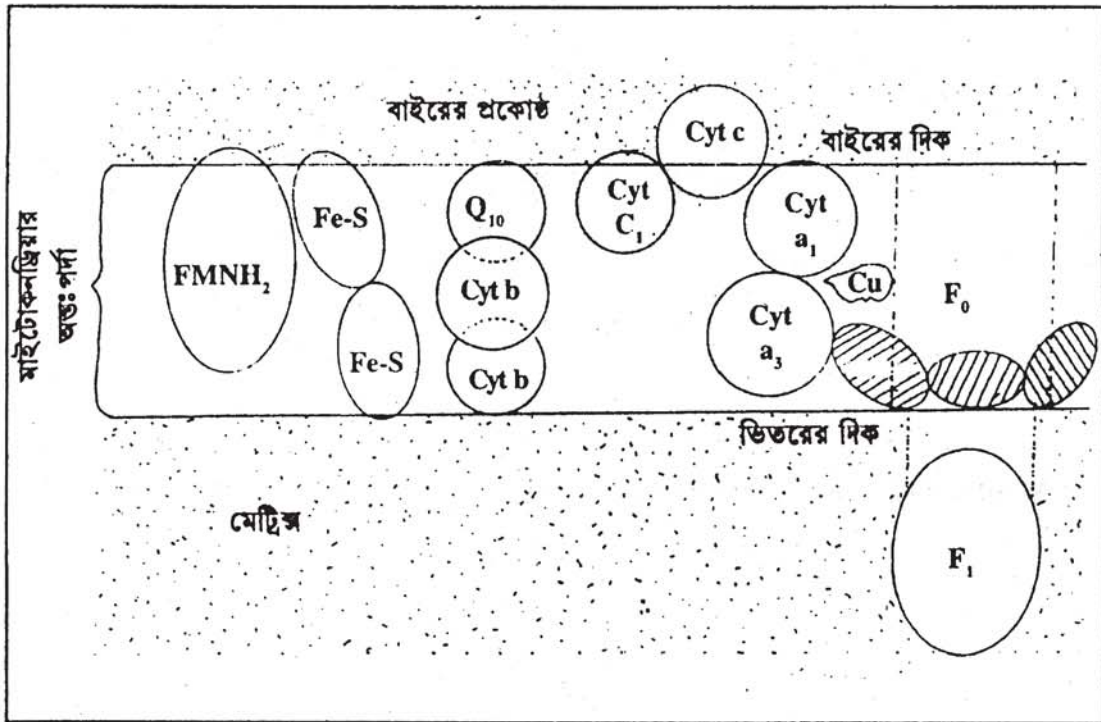
**Myotis** বাদুড়ের যকৃতের অপেক্ষাকৃত খর্বকায় প্লেটের আকারের মাইটোকন্ড্রিয়াল ক্রিস্টি

[চিত্র নং 1.2f]

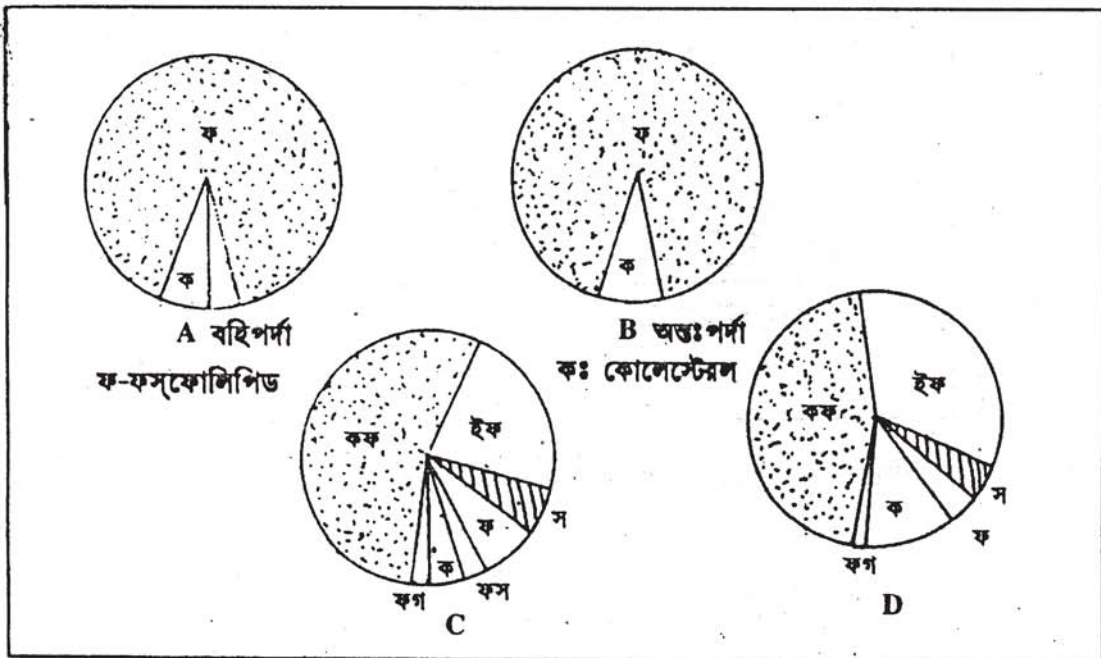


শীতকালীন ব্যাঙের কিডনীর মাইটোকন্ড্রিয়ার লম্বাকৃতি ক্রিস্টি

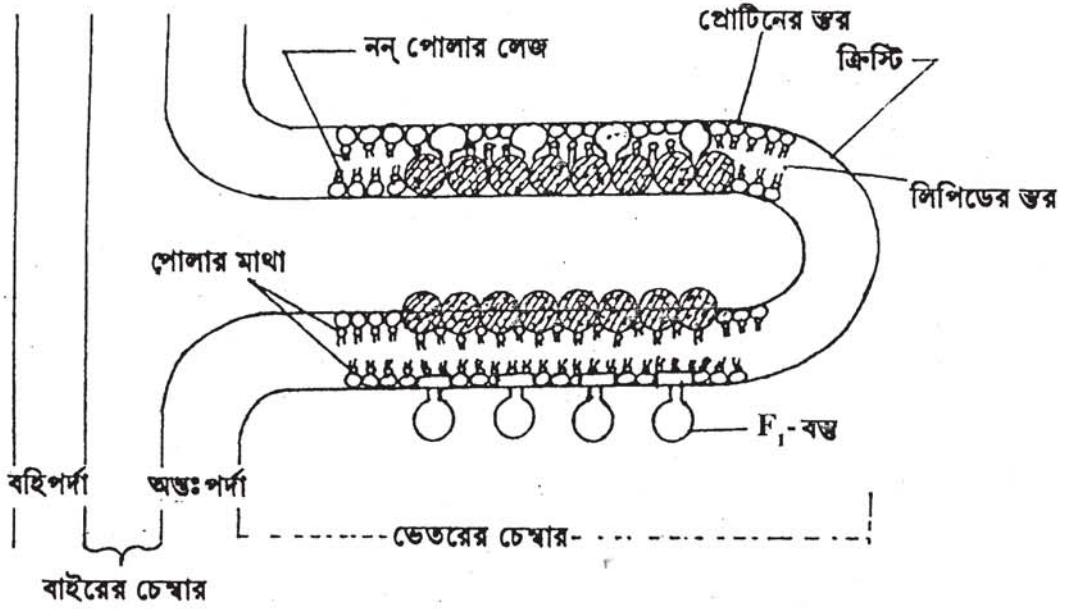
[চিত্র নং 1.2g]



মাইটোকন্ড্রিয়ার অন্তঃপর্দা ও F<sub>1</sub> দানার সম্পর্ক ও শ্বসনের উৎসেচকগুলির অবস্থিতি  
[চিত্র নং 1.3]

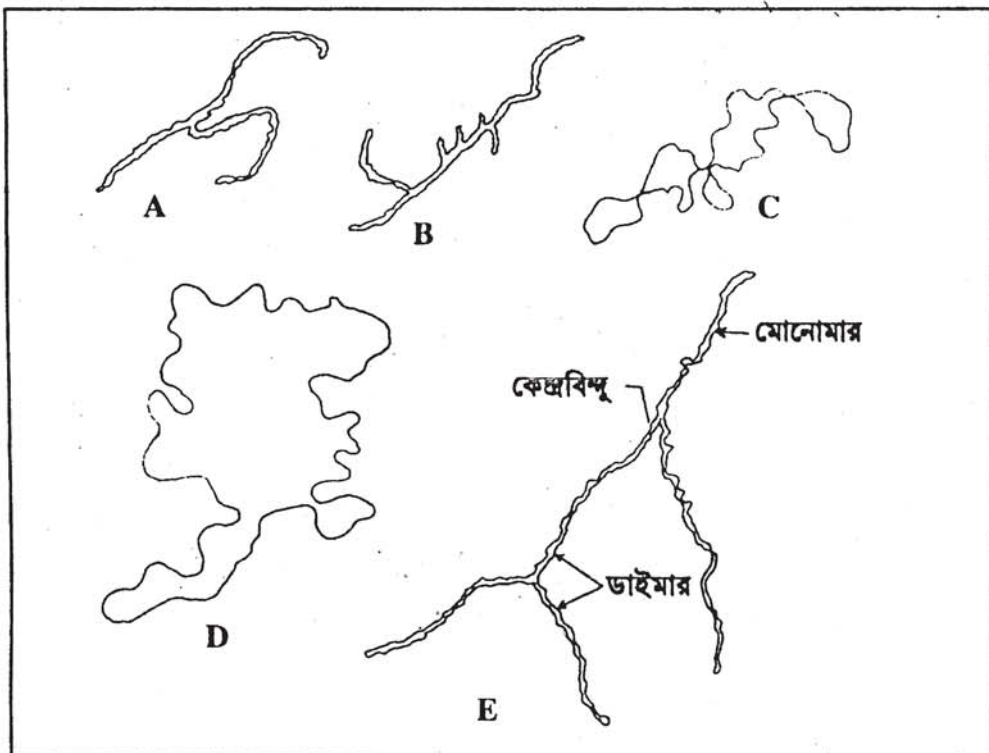


গিনিপিগের যকৃতের মাইটোকন্ড্রিয়ার রাসায়নিক বিশ্লেষণ (লিপিডের পরিমাণ)  
[চিত্র নং 1.4]



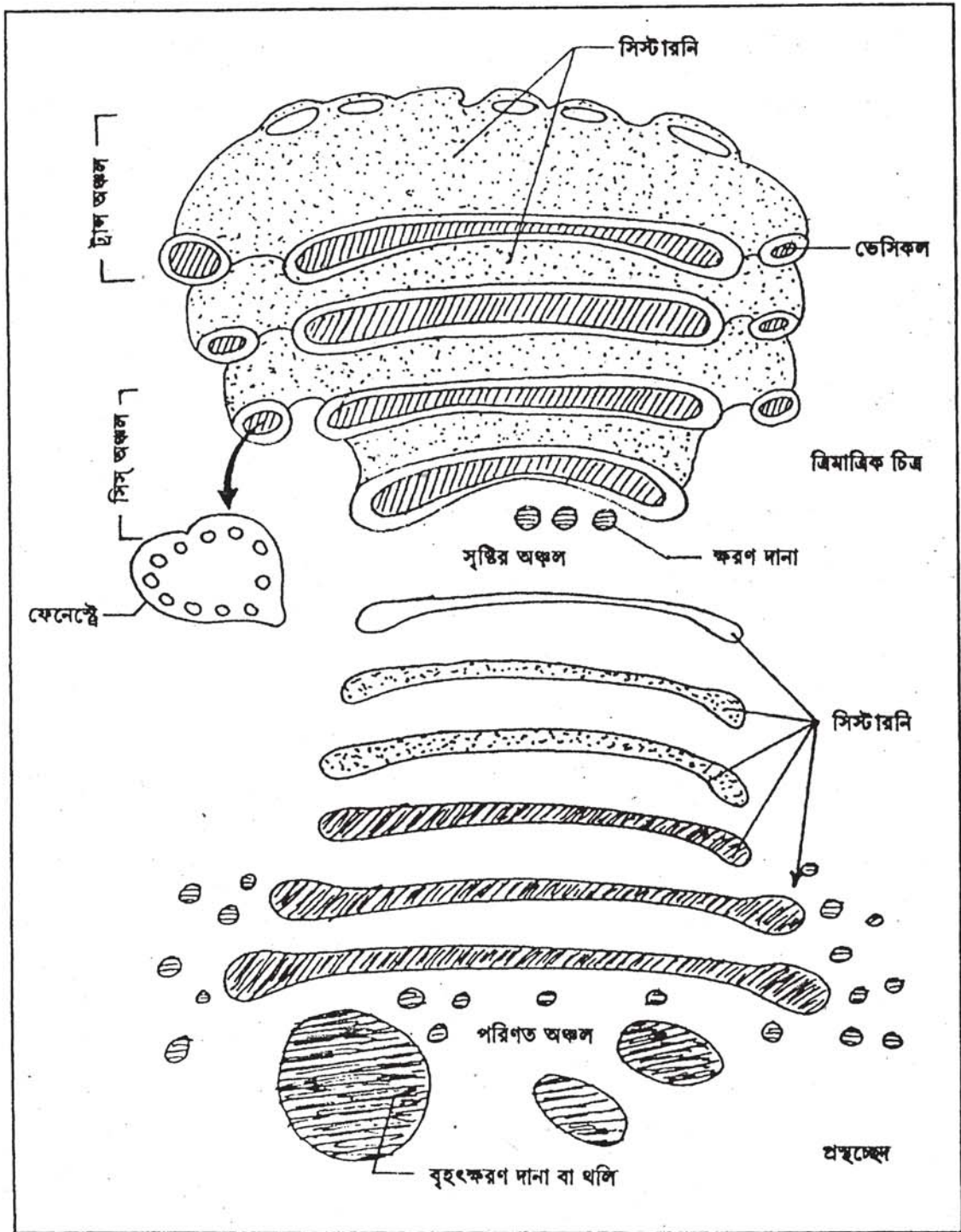
মাইটোকন্ড্রিয়ার ক্রিস্টির সূক্ষ্ম চিত্র

[চিত্র নং 1.5]



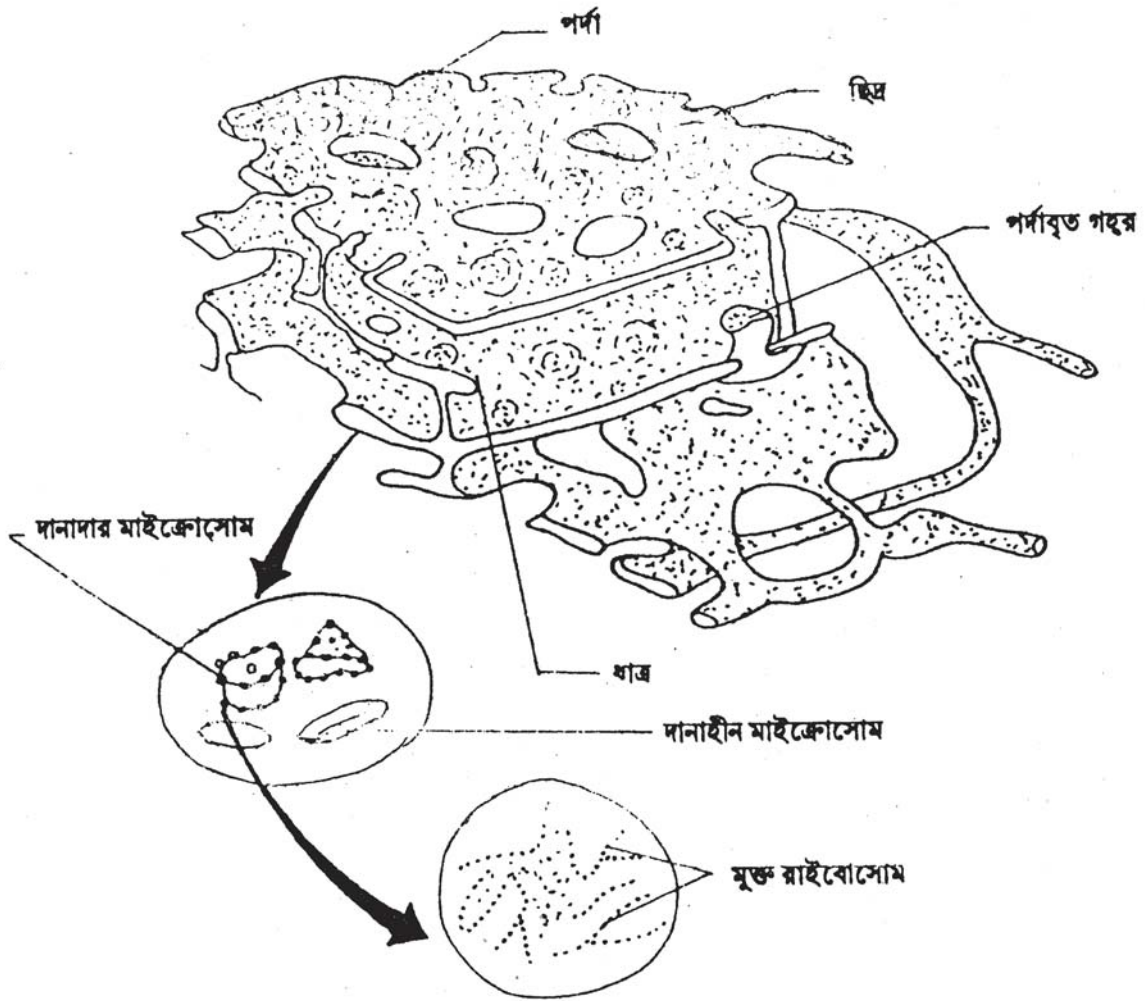
মনোমার ও ডাইমার কেন্দ্রবিন্দুগুলি একে অপরের সঙ্গে যুক্ত

[চিত্র নং 1.6]



গলগিবস্তুর সূক্ষ্ম গঠন

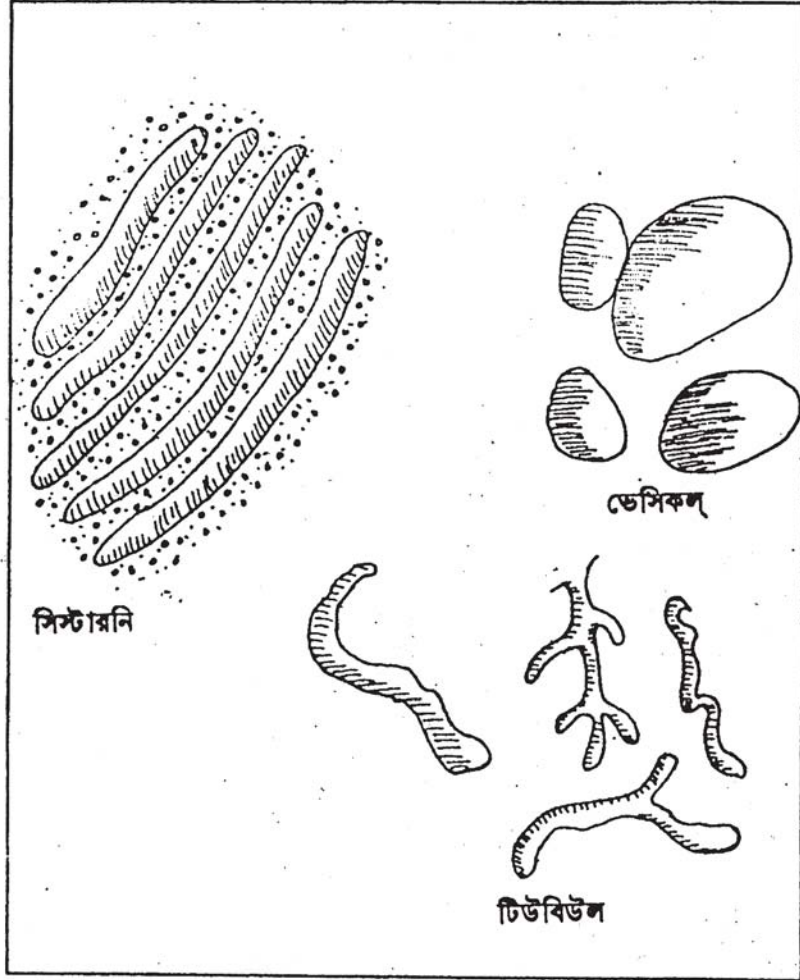
[চিত্র নং 1.7]



এন্ডোপ্লাসমী জালিকার ত্রিমাত্রিক গঠন

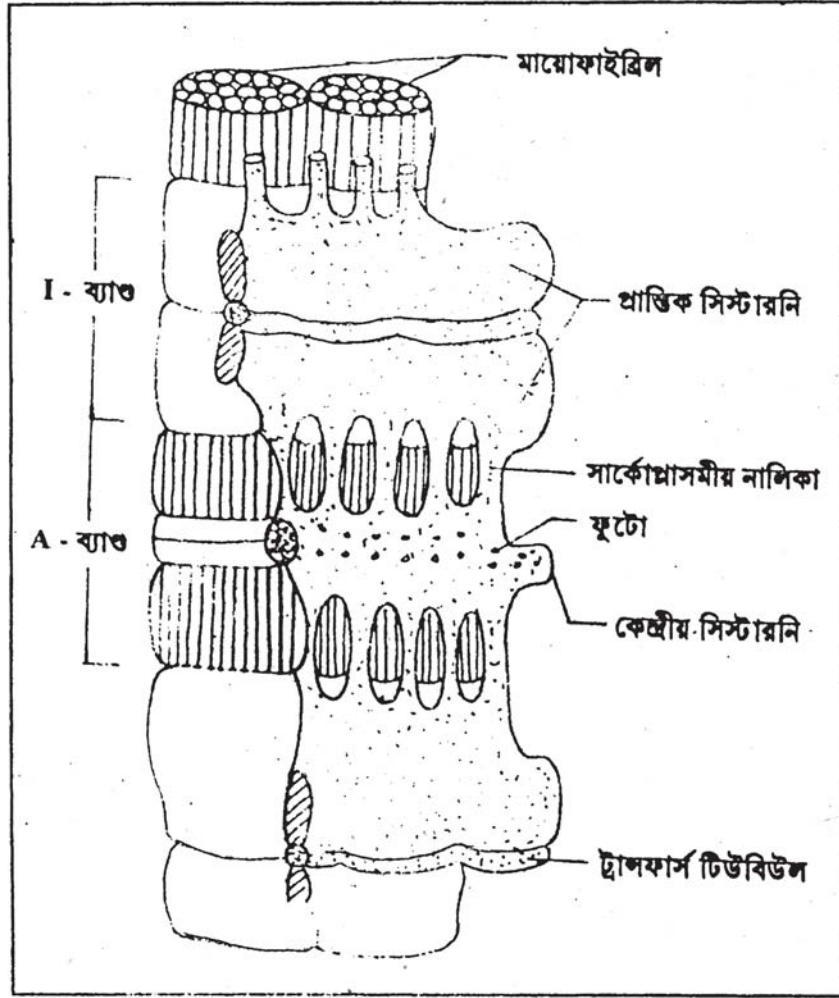
[চিত্র নং 1.8]



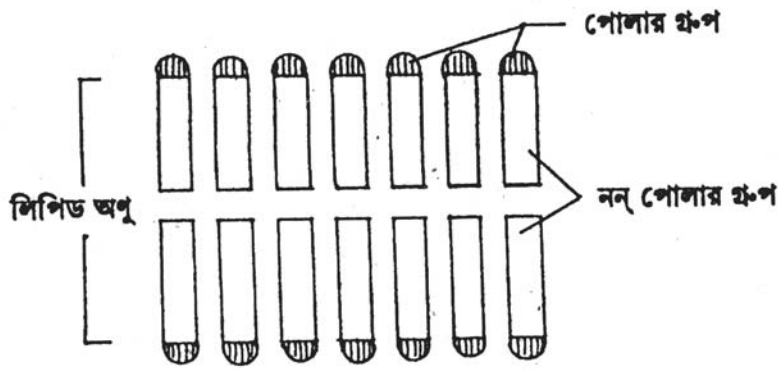


তিনপ্রকার এনডোপ্লাজমীয় জালিকা

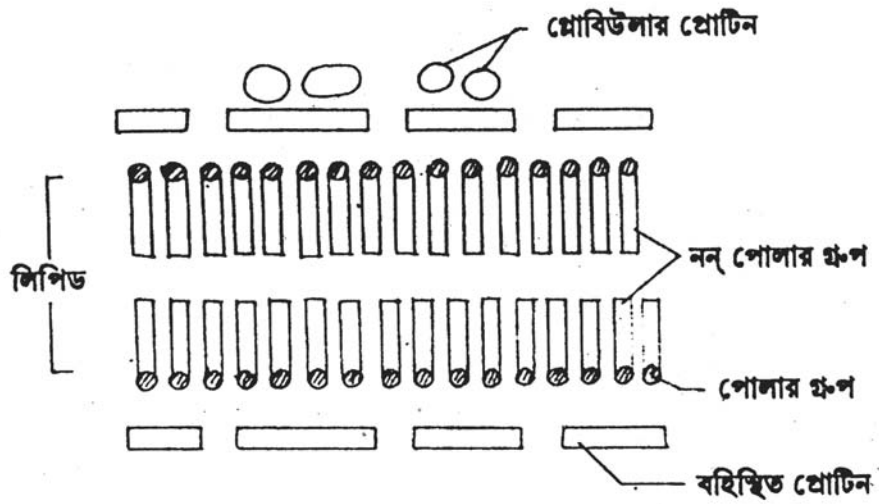
[চিত্র নং 1.9]



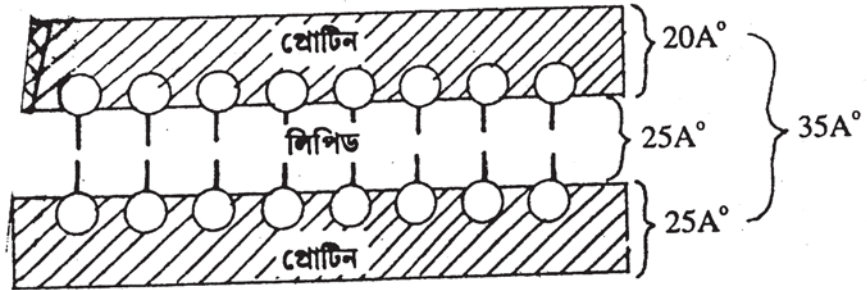
সারকোপ্লাজমিক রেটিকিউলামের গঠন  
[চিত্র নং 1.10]



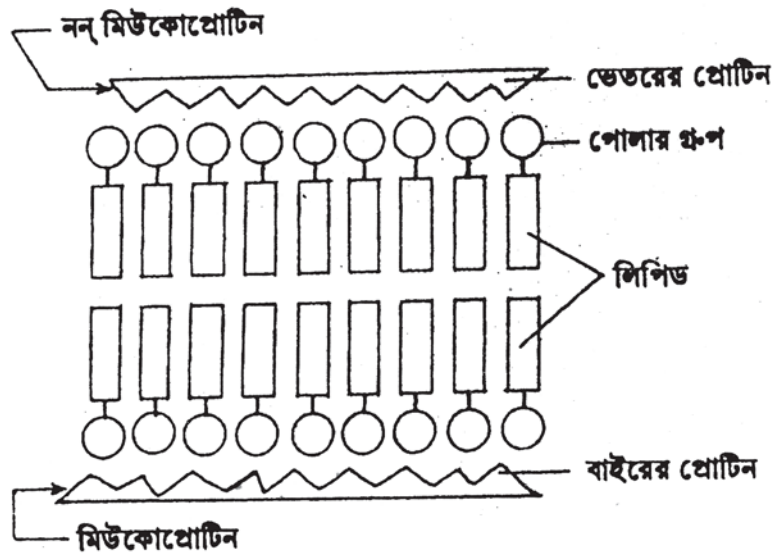
গর্টার গ্রেডেলের দ্বিস্তরযুক্ত কোষ পর্দার আকৃতি  
[চিত্র নং 1.11]



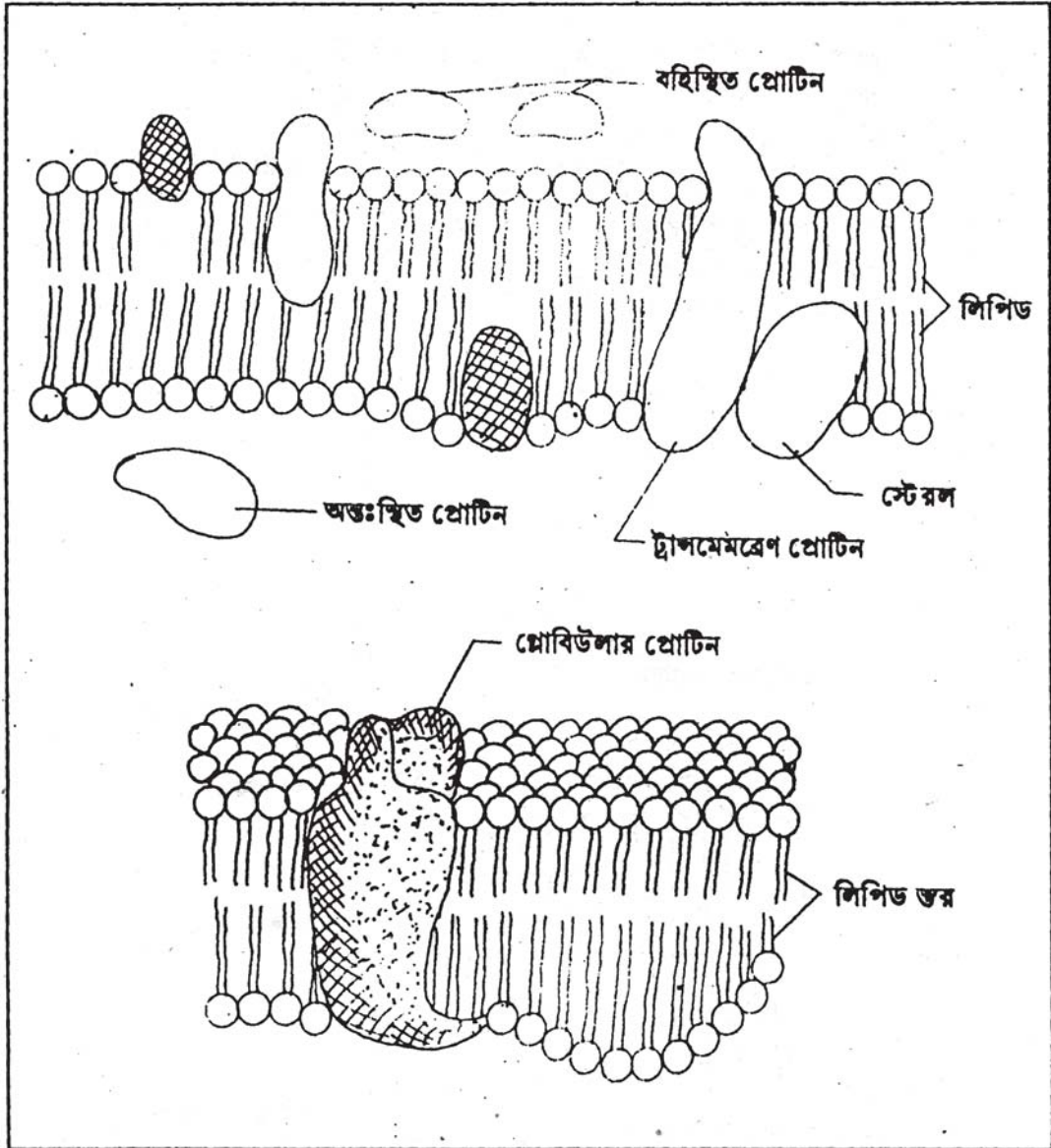
দানিয়েলি ও ডাবসনের কোষপর্দার মডেল  
[চিত্র নং 1.12]



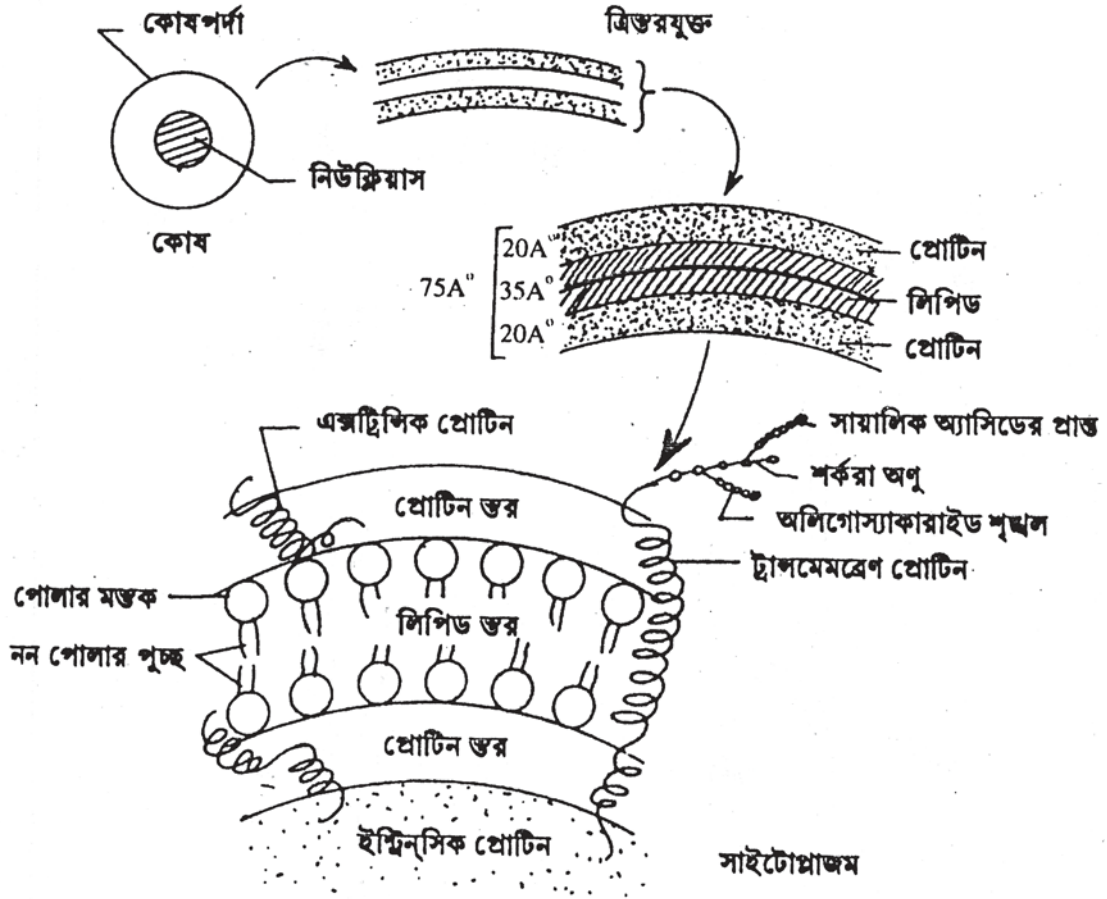
রবার্টসনের একক পর্দার মডেল  
[চিত্র নং 1.13a]



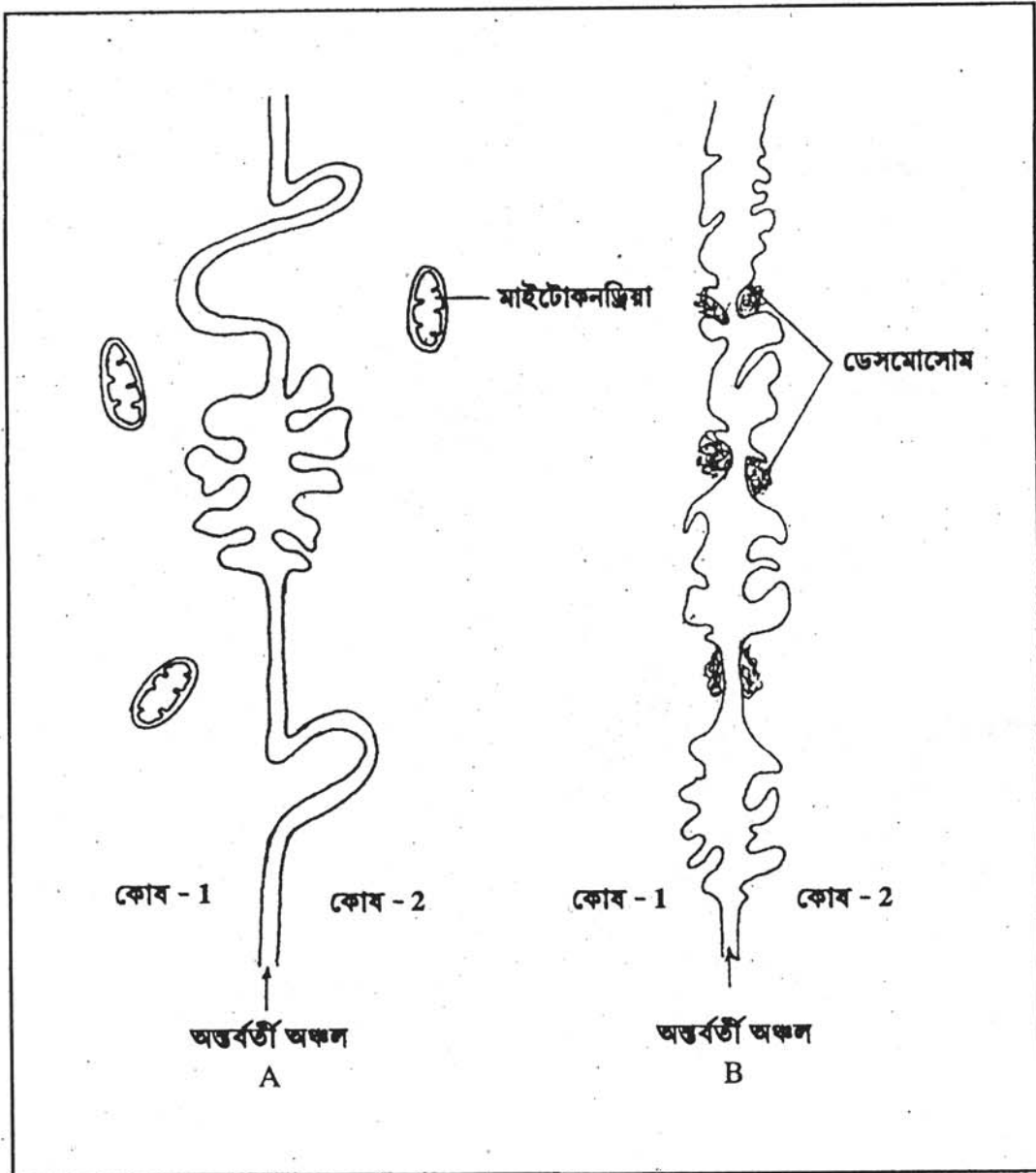
রবার্টসনের একক পর্দার মডেলের খানিকটা পরিবর্তিত রূপ  
[চিত্র নং 1.13b]



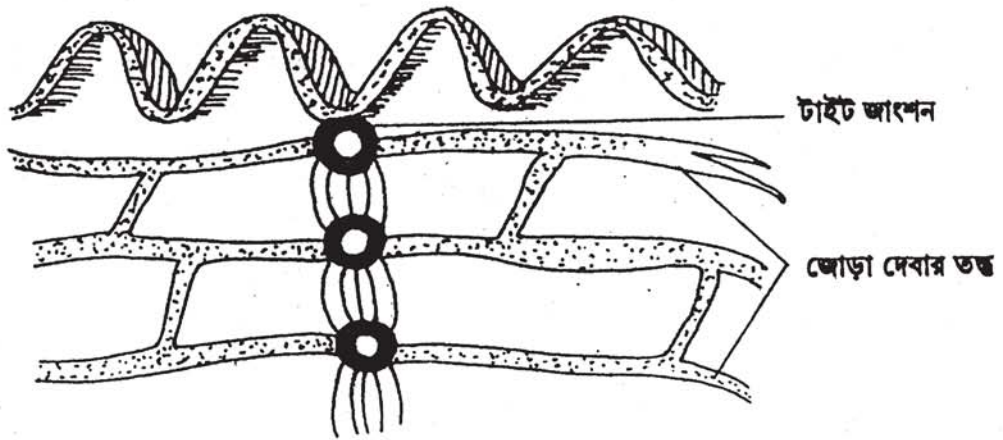
সঙ্গার ও নিকলসনের মডেলের চিত্ররূপ  
[চিত্র নং 1.14]



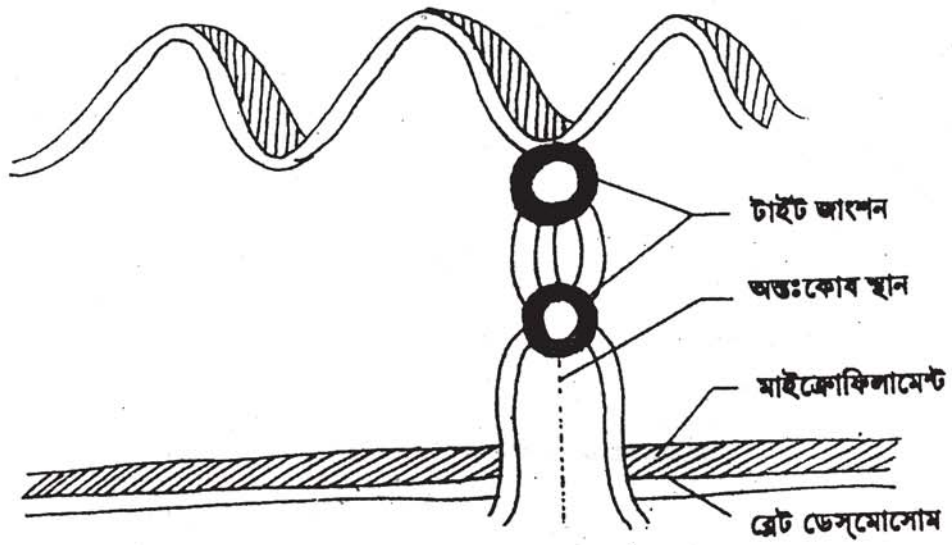
কোষপর্দার সূক্ষ্ণতিসূক্ষ্ম আকৃতি  
[চিত্র নং 1.15]



ইন্টারসেলুলার স্পেস  
[চিত্র নং 1.16]

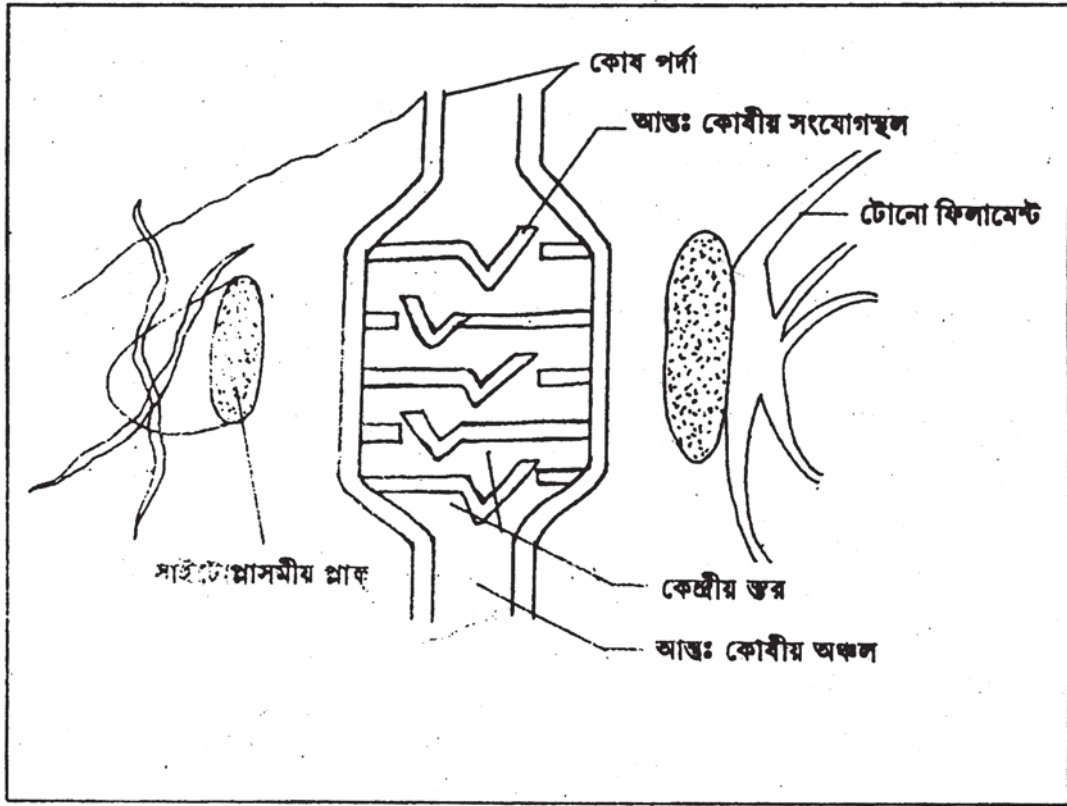


a - টাইট জাংশন  
[চিত্র নং 1.17]

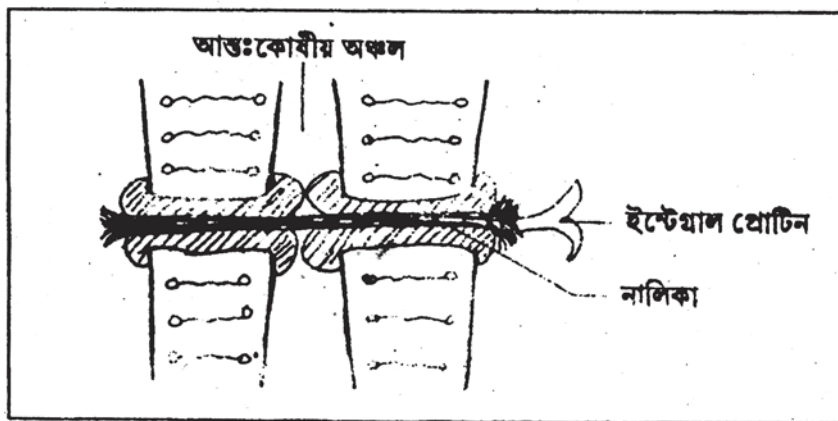


b - বেল্ট ডেসমোসোম  
[চিত্র নং 1.17]

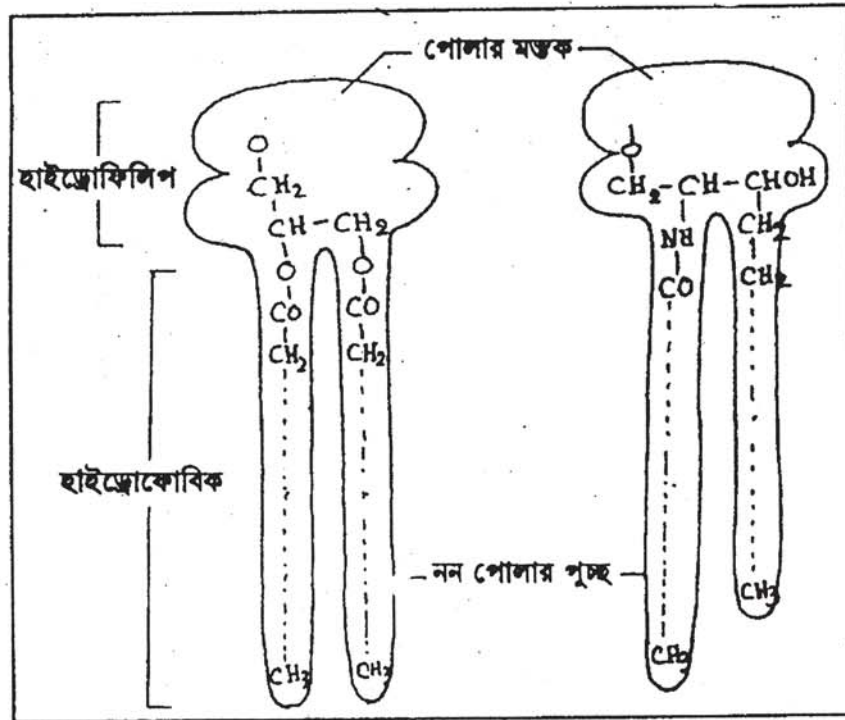




c - স্পট ডেস্‌মোসোম  
[চিত্র নং 1.17]

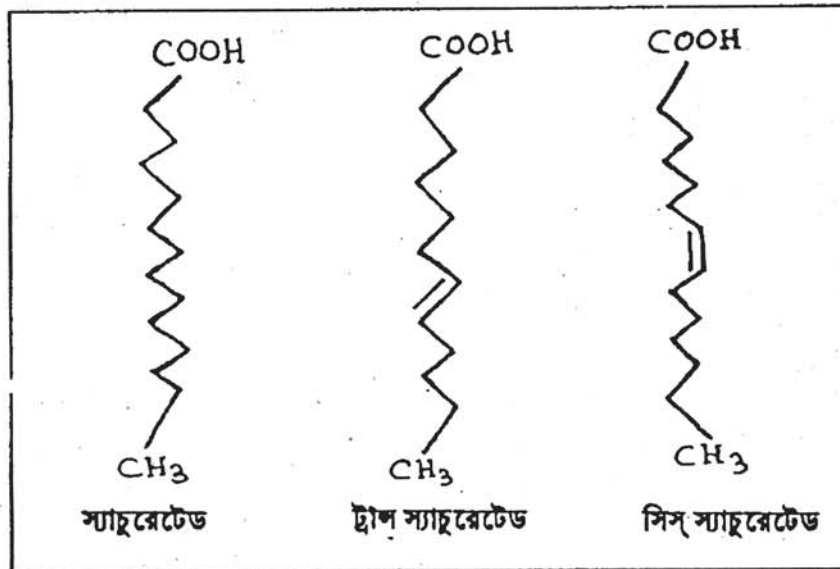


d - ম্যাপ জনশন  
[চিত্র নং 1.18]



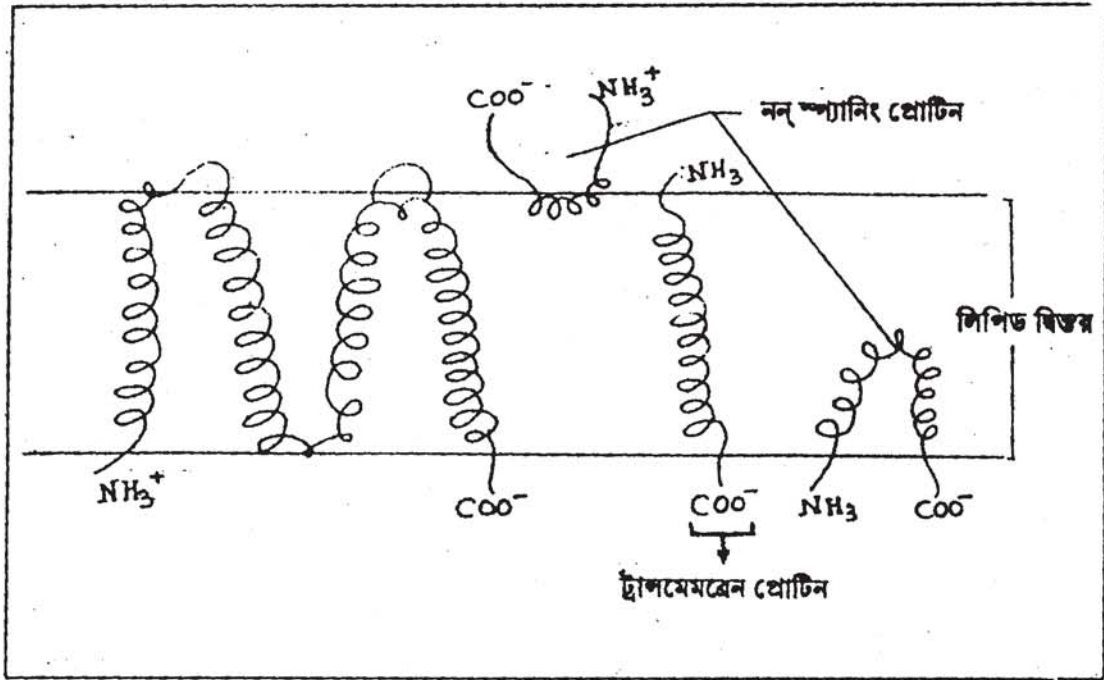
কোষ পর্দার লিপিড অণু সম ও অসম সংখ্যক সাইড শৃঙ্খল দুটি লিপিডের গঠনকে ভিন্ন করে দেয়।

[চিত্র নং 1.18-a]

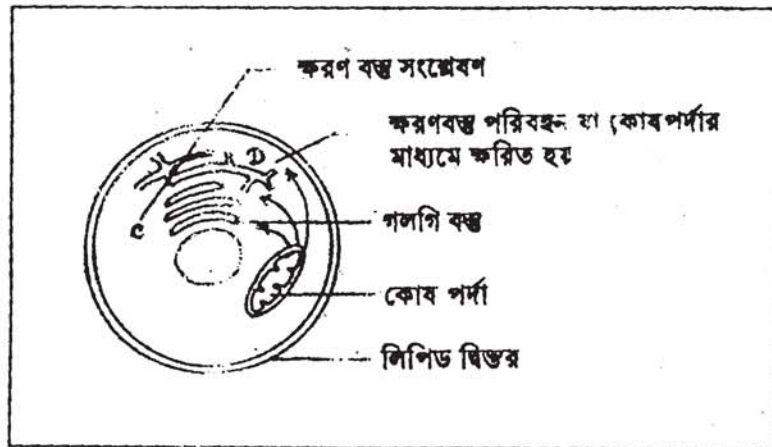


ফ্যাটি অ্যাসিডের হাইড্রোকার্বন শৃঙ্খলের গঠন

[চিত্র নং 1.18-b]



ইন্টেগ্রাল প্রোটিনের N-প্রান্ত ও C-প্রান্ত তথা অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খল কিভাবে কোষপর্দার দ্বিস্তরে সাজানো থাকে  
[চিত্র নং 1.19]



মাইটোকন্ড্রিয়ার দ্বারা উৎপন্ন শক্তি সমস্ত কটি অঙ্গাণুর সৃষ্টি ও কার্যকারিতার বহিঃস্রবণ প্রণালী  
[চিত্র নং 1.20] ধারণা কী?

---

## একক 2 □ ক্রোমোজোমের গঠন

---

- 2.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য
- 2.2 ক্রোমোজোম :কি?
  - 2.2.1 ক্রোমোজোমের আবিষ্কার
  - 2.2.2 কোষচক্রে ক্রোমোজোমের অবস্থান
  - 2.2.3 ক্রোমোজোমের প্রকারভেদ
  - 2.2.4 প্রজাতির ক্রোমোজমীয় ধ্রুবকতা
- 2.3 ক্রোমোজোমের সাধারণ গঠন (Ultrastructure of Chromosome)
- 2.4 ক্রোমোজোমের সূক্ষ্ম গঠন
  - 2.4.1 ক্রোমোজোমের রাসায়নিক প্রকৃতি
  - 2.4.2 ক্রোমোজোমের নিউক্লিওজোম সম্পর্কিত ধারণা
    - 2.4.2.1 নিউক্লিওজোম শৃঙ্খল গঠন (Beads on a string structure)
    - 2.4.2.2 সোলেনয়েড গঠন (Solenoid Structure)
    - 2.4.2.3 লুপ ডোমেন গঠন (Loop domain structure)
- 2.5 ক্রোমোজোম ব্যান্ডিং, ক্যারিওটাইপ ও ইডিওগ্রাম
- 2.6 স্বতন্ত্র বৈশিষ্ট্যযুক্ত পলিটিন ও ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম
- 2.7 সারাংশ
- 2.8 প্রশ্নাবলী ও উত্তরমালা

---

### 2.1 প্রস্তাবনা

---

প্রত্যেক জীবে এক বিশেষ বস্তু অবস্থান করে যাকে জিনবস্তু (genetic material) নামে অভিহিত করা হয়। কয়েক প্রকার ভাইরাস ব্যতিত সকল জীবে এই জিনবস্তু DNA নামক নিউক্লিক অ্যাসিড দ্বারা গঠিত। এইতেই বংশগতির একক জিনগুলি রৈখিকভাবে সজ্জিত থাকে। জিন সমন্বিত এই DNA ইউক্যারিওটিক ও প্রোক্যারিওটিক কোষে বিশেষভাবে সংগঠিত হয়ে এক বর্ণময় বস্তুর সৃষ্টি করে। একেই সাধারণত আমরা ক্রোমোজোম (Chromosome) বলে থাকি। এক জনু থেকে অণুর জন্মে জিনস্থিত বার্তাসমূহকে বহন করে এই ক্রোমোজোম। অর্থাৎ ক্রোমোজোমকে জিন বহনকারী যান (vehicle of genes) বলা যেতে পারে। জিনবস্তুর বহনে ক্রোমোজোম প্রত্যক্ষভাবে অংশগ্রহণ করায় ক্রোমোজোমের গঠন পর্যালোচনা একান্ত জরুরি। ক্রোমোজোমে জিনবস্তু কিভাবে অবস্থান করে এবং কোষচক্রে এর রূপবদল কীরূপে হয় তা জানা থাকলে জিন সম্পর্কিত অনেক অজানা তথ্য জানা সম্ভব হয়।

উদ্দেশ্য—এই এককটি পাঠ করে আপনি—

- ক্রোমোজোম কি সে সম্পর্কে জানতে পারবেন।
- ক্রোমোজোমের বহিঃগঠন সম্বন্ধে জানতে পারবেন।
- ক্রোমোজোমের প্রকারভেদ সম্পর্কে ওয়াকিবহাল হবেন।
- ক্রোমোজোমের রাসায়নিক প্রকৃতি বিষয়ে সম্যক জ্ঞানার্জন করতে পারবেন।
- ক্রোমোজোমের ইলেকট্রন আণুবীক্ষণিক গঠনের বিভিন্ন ধাপ সম্পর্কে তাৎপর্য বুঝিয়ে দিতে পারবেন।

## 2.2 ক্রোমোজোম কী?

জিনবস্তু বহনকারী ক্রোমোজোমের সার্বজনীন সংজ্ঞা নিরূপণ করা এখনও সম্ভবপর হয়নি। ভাইরাস বা ব্যাকটেরিয়া সহ অন্যান্য প্রোক্যারিওট কোষের জিনোম DNA বা RNA কেই সাধারণভাবে ক্রোমোজোম নামে অভিহিত করা হয়। এদের ক্রোমোজোমের গঠন অপেক্ষাকৃত কম জটিল এবং ক্রোমোজোমে প্রোটিনের উপস্থিতি সেরূপভাবে স্পষ্ট নয়। আদর্শ নিউক্লিয়াস যুক্ত ইউক্যারিওটিক জীবে কোষচক্রের ক্রোমোজোম হল নিউক্লিক অ্যাসিড (DNA ও RNA) ও প্রোটিন দ্বারা গঠিত বর্ণময় এক বিশেষ সূত্রবৎ গঠন যা বিভাজন দশায় (মাইটোসিস বা মিয়োসিস) দৃশ্যমান হয় এবং বংশগতির বার্তাবহ হিসেবে কাজ করে।

### 2.2.1 ক্রোমোজোমের আবিষ্কার

1879 খ্রিস্টাব্দে বিজ্ঞানী W. Flemming প্রথম নিউক্লিয়াসস্থিত রঞ্জিত সূত্রাকার বস্তুগুলিকে ক্রোমাটিন (chromatin - coloured thread) নামে অভিহিত করেন। তিনি এবং বিজ্ঞানী Boveri এই সময়েই এই বস্তুগুলির কোষবিভাজনকালে অনুষ্ঠিত বিভিন্ন পরিবর্তনসমূহ পর্যালোচনা করেন। 1887 খ্রিস্টাব্দে A. Weismann ধারণা করেন গ্যামেট উৎপাদনকালে কোষ মিয়োসিস প্রক্রিয়ায় বিভাজন হয় এবং গ্যামেটে ক্রোমাটিন বস্তুর মাতৃকোষের অর্ধেক পরিমাণে থাকে। 1888 খ্রিস্টাব্দে W. Waldeyer কোষ বিভাজনকালে নিউক্লিয়াসস্থিত দৃশ্যমান এই ক্রোমাটিন বস্তুর নামকরণ করেন ক্রোমোজোম যার আক্ষরিক অর্থ হল 'রঞ্জিত বস্তু' (chroma = coloured, some = body)। 1903 সালে বিজ্ঞানী W. Sutton প্রমাণ করেন ক্রোমোজোমই হল মেণ্ডেলীয় ফ্যাক্টরের বাহক। পরবর্তীকালে ক্রোমোজোম সংক্রান্ত বিভিন্ন গবেষণাপত্র প্রকাশিত হয় এবং 1952 সালে বিজ্ঞানীমহল একটি সাধারণ সিদ্ধান্তে উপনীত হন যে DNA অসংখ্য জিন সমন্বয়ে গঠিত এবং ক্রোমোজোম এই DNA-কে ধারণ করে।

### 2.2.2 কোষচক্র ক্রোমোজোমের অবস্থান

সময়ের নিরিখে জীবন একটি ধারাবাহিক প্রক্রিয়া। অনুরূপভাবে একটি সজীব কোষের জীবন ধারাবাহিক এক চক্রাকার প্রক্রিয়ায় এগিয়ে চলে। একে সাধারণভাবে কোষচক্র বা cell cycle বলে। একটি কোষচক্রের বিভিন্ন দশাগুলির পর্যায়ক্রমিক আবর্তন কোষচক্রকে সুনিশ্চিত করে। কোষের একটি বিভাজন সম্পূর্ণ হওয়ার পর পরবর্তী বিভাজন শুরুর মধ্যবর্তী কোষচক্রের ঘটনাবলীকে দুটি প্রধান দশায় ভাগ করা হয় (চিত্র 2.1)। যথা M দশা (মাইটোসিস ও মিয়োসিস দশা) ও I দশা (Interphase)। এই M দশার মেটাফেজ ও অ্যানাফেজ উপদশায় ক্রোমোজোমগুলি স্থূল ও সুস্পষ্ট হয় এবং ক্রোমোজোমের গঠন নিরীক্ষণের জন্য আদর্শ উপদশা হিসাবে বিবেচিত হয়। তবে এর

ব্যতিক্রম হিসাবে ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম ও পলিটিন ক্রোমোজোমের উল্লেখ করা যায়। উপরোক্ত ক্রোমোজোমদ্বয়ের প্রথমটি মিয়োসিস কোষবিভাজনের প্রথম প্রফেজের ডিপ্লোটিন উপদশায় এবং পরেরটি ইন্টারফেজ দশার ক্রোমোজোম।

### 2.2.3 ক্রোমোজোমের প্রকারভেদ

জীবের ক্রোমোজোমকে বিভিন্নভাবে ভাগ করা যায়। যৌন দ্বিরূপতা প্রদর্শনকারী জীবদেহে যে ক্রোমোজোমগুলি মূলত দৈহিক বৈশিষ্ট্য নির্ধারণকারী জিন বহন করে তাদের অটোজোম বলা হয় এবং যৌন বৈশিষ্ট্য বহনকারী জিন যে ক্রোমোজোমে থাকে তাদের যৌন ক্রোমোজোম (Sex chromosome) বা অ্যালোসোম (Allosome) বা হেটেরো ক্রোমোজোম বলে। যৌন ক্রোমোজোমের নামে আবার বিভিন্নতা লক্ষ্য করা যায়। যথা X,Y,Z ইত্যাদি। মানুষের যৌন ক্রোমোজোম দুই প্রকারের X ও Y।

ক্রোমোজোমের একটি বিশেষ অংশ সেন্ট্রোমিয়ারের অবস্থান অনুযায়ী, ক্রোমোজোম 4 প্রকারের হয়। মেটাসেন্ট্রিক ক্রোমোজোমে স্ট্রোমিয়ার মধ্যস্থানে অবস্থান করে। সাবমেটাসেন্ট্রিক ক্রোমোজোমে এর অবস্থান ঠিক মধ্যখানে না হয়ে একটু আশেপাশে হয়। অ্যাক্রোসেন্ট্রিক প্রকারের সেন্ট্রোমিয়ার ক্রোমোজোম প্রান্তের কাছাকাছি অবস্থান করে এবং টেলোসেন্ট্রিক ক্রোমোজোমে এটি একেবারে একপ্রান্তে অবস্থান করে (চিত্র 2.2)।

ক্রোমোজোমে একটি বা দুটি সেন্ট্রোমিয়ার থাকলে যথাক্রমে মোনোসেন্ট্রিক বা ডাইসেন্ট্রিক ক্রোমোজোম বলে। আবার সেন্ট্রোমিয়ার অনুপস্থিত এইরূপ ক্রোমোজোমকে আসেন্ট্রিক ক্রোমোজোম বলে। কোষ বিভাজনে ডাইসেন্ট্রিক ও আসেন্ট্রিক ক্রোমোজোমের চলনে অস্বাভাবিকতা থাকায় এরা কোনো কোষমেরুতেই ঠিকমতো, যেতে পারে না বলে ধ্বংসপ্রাপ্ত হয়।

ক্রোমোজোমের জেনেটিক বস্তু নিষ্ক্রিয় থাকলে এবং তা ঘনীভূত থাকায় গাঢ় রঙে রঞ্জিত হলে সেই ক্রোমোজোমকে হেটেরোক্রোমোজোম বলে। অপরদিকে ক্রোমোজোমের জেনেটিক বস্তু সক্রিয় থাকায় এবং কম ঘনীভূত থাকায় যে হালকা রঙে রঞ্জিত ক্রোমোজোম গঠিত হয় তাকে ইউক্রোমোজোম বলে। ক্রোমোজোমের বেশিরভাগ অংশটি ইউক্রোমাটিন দ্বারা গঠিত। কোষচক্রের ইন্টারফেজ দশায়, অকুণ্ডলীকৃত এই ইউক্রোমাটিনের সক্রিয় জিন কোষের বিপাক ক্রিয়া নিয়ন্ত্রণে সুনির্দিষ্ট ভূমিকা গ্রহণ করে। অপরদিকে বিভাজন দশায় ইউক্রোমাটিন অঞ্চল কুণ্ডলীকৃত হয়ে হেটারোক্রোমাটিন গঠন করে। একে ধনাত্মক হেটেরো পিকনোসিস বলে এবং এর বিপরীত প্রক্রিয়াকে ঋণাত্মক হেটেরো পিকনোসিস (negative heteropyknosis) বলে। এটি হল হেটেরোক্রোমাটিন থেকে ইউক্রোমাটিনে পরিবর্তন। যে হেটারোক্রোমাটিন এইরূপ পরিবর্তনের অংশ গ্রহণ করে তাদের অস্থায়ী হেটেরোক্রোমাটিন বা facultative heterochromatin বলে। যে হেটারোক্রোমাটিন সর্বদাই হেটারোক্রোমাটিন হিসাবে থাকে তা হল স্থায়ী হেটারোক্রোমাটিন। সেন্ট্রোমিয়ার ও টেলোমিয়ার হল স্থায়ী হেটারোক্রোমাটিন (Constitutive heterochromatin) এবং এরা জিনগতভাবে নিষ্ক্রিয়। মানুষের ক্ষেত্রে স্বাভাবিক মহিলাদের কোষে অবস্থিত হেটারোক্রোমাটিন ক্রোমোজোম বা বারবডি (Barr body) হল এক প্রকার অস্থায়ী হেটারোক্রোমাটিন।

### 2.2.4 প্রজাতির ক্রোমোজোমীয় প্রবকতা

সাধারণত একটি নির্দিষ্ট প্রজাতিতে ক্রোমোজোম সংখ্যাগত ও গঠনগতভাবে প্রবক থাকে। কোনো একটি কোষে প্রতিটি ক্রোমোজোম এক জোড়া হিসাবে উপস্থিত থাকে। এই ক্রোমোজোমদ্বয়ে জীনের সজ্জাক্রম,

সেন্ট্রোমিয়ারের অবস্থান ইত্যাদি একই রকম এবং এরা মিয়োসিস কোষবিভাজনকালে জোড়বদ্ধ বা সাইন্যাপ্‌স ঘটনা প্রদর্শন করে। এদের হোমোলগাস ক্রোমোজোম বলে। হোমোলগাস ক্রোমোজোম সমন্বিত কোষটিকে ডিপ্লয়েড কোষ বলে এবং জীবটি সেক্ষেত্রে ডিপ্লয়েড জীব হিসাবে পরিগণিত হয়। ডিপ্লয়েড জীব জননকালে মিয়োসিস প্রক্রিয়ায় অর্ধেক সংখ্যক ক্রোমোজোম বিশিষ্ট হ্যাপ্লয়েড গ্যামেট উৎপন্ন করে। পুং স্ত্রী হ্যাপ্লয়েড গ্যামেটের নিষেক প্রক্রিয়ায় মিলন ঘটে ও পুনরায় ডিপ্লয়েড ক্রোমোজোম বিশিষ্ট জাইগোট সৃষ্টি হয়। এই জাইগোট কোষের পরিস্ফুরণের মাধ্যমে পুনরায় ঐ প্রজাতির জীবের আত্মপ্রকাশ ঘটে। প্রাণীর শ্রেণীবিন্যাস পদ্ধতিতে (Systematics) ক্রোমোজোমীয় ধ্রুবকতা এক উল্লেখযোগ্য বিষয়। হ্যাপ্লয়েড ক্রোমোজোমস্থিত জিন সমষ্টিকেই এই জীবের জিনোম (Genome) বলা হয়। নিম্নের সারণিতে কয়েকটি জীবের সাধারণ নাম, বিজ্ঞানসম্মত নাম ও তাদের হ্যাপ্লয়েড ক্রোমোজোম সংখ্যা দেওয়া হল—

সাধারণ নাম	বিজ্ঞানসম্মত নাম	হ্যাপ্লয়েড ক্রোমোজোম সংখ্যা
বেড়াল (cat)	Felis domesticus	19
গরু (cattle)	Bos taurus	30
ভুট্টা (corn)	Zea mays	10
কুকুর (dog)	Canis familiaris	39
ফলমাছি (Fruit fly)	Drosophila melanogster	4
মাছি (House fly)	Musca domestica	6
মানুষ (Human)	Homo sapiens sapiens	23
ধান (Rice)	Oryza sativa	12
রেশম পোকা (Silkworm)	Bombyx mori	28

### 2.3 ক্রোমোজোমের সাধারণ গঠন

একটি প্রাণীকোষের মাইটোসিস কোষ বিভাজনের মেটাফেজ ও অ্যানাফেজ দশায় দৃশ্যমান ক্রোমোজোমের বিভিন্ন অংশগুলির গঠন বর্ণনা করা হল—

**ক্রোমাটিড (Chromatid) :** একটি মেটাফেজ ক্রোমোজোম দ্বারা গঠিত যার প্রতিটিকে ক্রোমাটিড বলে। এই ক্রোমাটিডদ্বয় অ্যানাফেজ দশায় পরস্পর বিচ্ছিন্ন হয়ে দুই কোষ মেরুর দিকে গমন করে। ফলে অ্যানাফেজ দশায় একটি ক্রোমোজোম একটি মাত্র ক্রোমাটিড দ্বারা গঠিত হয়। এই ক্রোমাটিডে তন্তুসম ক্রোমোনিমাটা থাকে। একেই বর্তমানে ক্রোমাটিন তন্তু বলা হয়।

ক্রোমোনিমাটার দৈর্ঘ্য বরাবর অসংখ্য ঘন দানাদার পুঞ্জীভূত বস্তু দেখা যায় যারা ক্রোমোমিয়ার (chromomere) নামে পরিচিত।

**সেন্ট্রোমিয়ার (Centromere) :** ক্রোমোজোমের যে বিশেষ অংশে বেমতন্তু যুক্ত হয় এবং সাধারণ অণুবীক্ষণযন্ত্রের একটি সংকুচিত স্থান হিসাবে দৃশ্যমান হয় তাকে সেন্ট্রোমিয়ার বলে। একে প্রাথমিক খাঁজও বলা হয়। এটির অবস্থান

একটি ক্রোমোজোমের জন্য নির্দিষ্ট। এটি হেটেরোক্রোমাটিন সমৃদ্ধ অঞ্চল এবং স্থায়ী প্রকৃতির (constitutive heterochromatin)।

**কাইনেটোকোর (Kinetochore) :** সেন্ট্রোমিয়ার অংশে লেগে থাকা  $0.20 - 0.25 \mu\text{m}$  ব্যাস বিশিষ্ট নিউক্লিও প্রোটিন দ্বারা গঠিত চাকতি সাদৃশ্য অংশটি হল কাইনেটোকোর। এই অঞ্চলেই কাইনেটোকো বেমতন্ত্র সেন্ট্রোমিয়ারের সঙ্গে আবদ্ধ হয়।

**টেলোমিয়ার (Telomere) :** এটি কোনো ক্রোমোজোমের একটি প্রান্তীয় গঠন। অনেকের মতে টেলোমিয়ারকে দুটি অংশে বিভক্ত করা যায় যার একটি হল প্রান্তীয় গাঢ়রঙে রঞ্জিত অংশ বা প্রোটেলোমিয়ার (Protelomere) এবং অপরটি হল এরই কাছে থাকা অল্প হালকাভাবে রঞ্জিত অংশ যাকে ইউটেলোমিয়ার (Eutelomere) বলে। টেলোমিয়ার অঞ্চলে ক্রোমোটিন সূত্র অবিন্যস্তভাবে কুণ্ডলীকৃত থাকে। টেলোমিয়ারের ক্রোমাটিন বস্তু বিশেষ স্থায়ী হেটেরোক্রোমাটিন প্রকৃতির। এই অংশে গুয়ানিন (G) ও সাইটোসিন (C) যুক্ত নিউক্লিওটাইড প্রচুর সংখ্যায় পাওয়া যায়। G - C র পুনরাবৃত্তির সংখ্যা প্রায় 1500 - 6000 নিউক্লিওটাইড। টেলোমিয়ার অংশ একটি ক্রোমোজোমকে অন্য ক্রোমোজোম থেকে পৃথক রাখতে সাধারণত সাহায্য করে।

**গৌণখাঁজ অঞ্চল (Secondary constitution region) :** ক্রোমোজোমে প্রাথমিক খাঁজ ছাড়াও অপর যে খাঁজ সমন্বিত অঞ্চল দেখা যায় তাকে গৌণ খাঁজ বলে। এই অংশে নিউক্লিওলাস অর্গানাইজিং অঞ্চল বা NOR (Nucleolar Organiser Region) বলে। সাধারণত একটি কোষের খুব কম সংখ্যক ক্রোমোজোমেই NOR থাকে। মানুষের ক্ষেত্রে 13,14,15,21 ও 22 নং ক্রোমোজোমে থাকে। এই গৌণ খাঁজ অঞ্চল থেকে অনেক ক্ষেত্রেই একটি সূত্রবৎ প্রবর্ধক দেখা যায় যাকে স্যাটেলাইট বলে এবং স্যাটেলাইটযুক্ত ক্রোমোজোমকে SAT ক্রোমোজোম বলা হয়।

**ক্যারিওটাইপ ও ইডিওগ্রাম (Karyotype and Idiogram) :** কোনো প্রজাতির একটি কোষের মেটাফেজ ক্রোমোজোমগুলিকে বৃহৎ আকার থেকে হ্রস্ব আকারের অনুক্রমে সজ্জিত করলে যে চিত্র পাওয়া যায় তাকে ক্যারিওটাইপ বলে। মানব সুপ্রজনন বিদ্যায় এর গুরুত্ব অপরিসীম। বিভিন্ন প্রজাতির ক্যারিওটাইপের তুলনামূলক চিত্রটি ইডিওগ্রাম নামে পরিচিত। এগুলির সঠিক পর্যবেক্ষণ কালে ক্রোমোজোমীয় ত্রুটি ধরা পড়তে পারে। মানুষের ক্রোমোজোমের ক্যারিওটাইপে 23 জোড়া ক্রোমোজোমকে A,B,C,D,E,F ও G এই সাতটি ভাগে ভাগ করা হয়েছে। প্রতিটি ক্রোমোজোমের বড় বাহুটিকে q এবং ছোট বাহুটিকে p দ্বারা সূচিত করা হয়।

---

## 2.4.1 ক্রোমোজোমের রাসায়নিক প্রকৃতি

---

একটি ক্রোমোজোম কি কি রাসায়নিক উপাদান দিয়ে তৈরি সে সম্বন্ধে বিজ্ঞানীদের অনুসন্ধিৎসা দীর্ঘদিনের। এ



ব্যাপারে প্রথম বিজ্ঞানসম্মত ধারণা দেন বিজ্ঞানী Miescher 1869 সালে। তিনি স্যামন মাছের স্পার্মের নিউক্লিয়াস থেকে 'nuclein' নামে একটি অ্যাসিড রাসায়নিক পদার্থ আবিষ্কার করেন। পরবর্তীকালে 1889 খ্রিস্টাব্দে Richard Altman নিউক্লিয়াস মধ্যস্থ প্রোটামিন নামের ক্ষারীয় প্রোটিন থেকে নিউক্লিনকে পৃথক করেন এবং নাম পরিবর্তন করে একে নিউক্লিক অ্যাসিড নামে অভিহিত করেন। নিউক্লিক অ্যাসিড ও প্রোটিন হল ক্রোমোজোমের মূল রাসায়নিক উপাদান। একে একত্রে নিউক্লিও প্রোটিন নামে অভিহিত করা যায়।

ক্রোমোজোমের রাসায়নিক বিশ্লেষণে প্রাপ্ত রাসায়নিক পদার্থগুলি হল ডি-অক্সিরাইবো নিউক্লিক অ্যাসিড, রাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড, হিস্টোন প্রোটিন ও অহিস্টোন ক্রোমোজোমীয় প্রোটিন (Nonhistone chromosomal protein) বা NHCP। এই উপাদানগুলি ক্রোমোজোমে পাওয়া গেলেও, চারটি উপাদানই ক্রোমোজোমের গঠনে মুখ্য ভূমিকা গ্রহণ করে না (চিত্র 2.3)। ক্রোমোজোমীয় গঠনে ডি.এন.এ ও হিস্টোন প্রোটিনের গুরুত্বই সর্বাধিক।

#### ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড বা ডি.এন.এ

ইউক্যারিওটিক ক্রোমোজোমের ডি.এন.এ রৈখিক দ্বিতন্ত্রী প্রকৃতির যা সাধারণত বিজ্ঞানী ওয়াটসন ও ক্রিক প্রদত্ত দক্ষিণাবর্ত ডি.এন.এ নক্সার অনুরূপ। এ সম্পর্কে আপনারা বিশদ জেনেছেন।

#### হিস্টোন প্রোটিন

হিস্টোন হল একগুচ্ছ ক্ষুদ্রাকৃতি ক্ষারীয় প্রোটিন। ক্রোমোজোম গঠনে এই প্রোটিনের গুরুত্ব সর্বাধিক। দুই প্রকার ক্ষারধর্মী অ্যামাইনো অ্যাসিড যথা লাইসিন (Lysine) ও আরজিনি (Arginine) এর উপস্থিতি হিস্টোন প্রোটিনকে ক্ষারীয় প্রোটিনে পরিণত করেছে। ক্রোমোজোমে সাধারণত পাঁচ প্রকারে হিস্টোন প্রোটিন পাওয়া যায়। এগুলি হল H1, H2a, H2b, H3 ও H4 তবে লাইসিন ও আরজিনিনের পরিমাণের তারতম্যে এই প্রোটিনগুলিকে তিনটি দলে ভাগ করা যায়। যথা :-

- I. আরজিনি সমৃদ্ধ হিস্টোন প্রোটিন (Arginine rich class) H3 ও H4 এই প্রকারের প্রোটিন।
- II. লাইসিন সমৃদ্ধ হিস্টোন প্রোটিন (Lysine rich class) H1 এই শ্রেণীর প্রোটিন।
- III. অল্প মাত্রায় লাইসিন সমৃদ্ধ হিস্টোন প্রোটিন (Slightly lysine rich class) H2a ও H2b এই ধরনের প্রোটিন।

H2a, H2b H3 ও H4 প্রোটিনগুলির আণবিক ওজন 10-20 kd (kd-কিলোডাল্টন) এই প্রোটিনগুলি একত্রে (Core histone) গঠন করে। core histone এই এর ধনাত্মক চার্জের ক্রোমোজোমের DNA-এর ঋণাত্মক চার্জ সম্পন্ন মূল কাঠামোর (back bone) এর সঙ্গে ক্ষারক বন্ধনী (salt bridge) দ্বারা যুক্ত হয়। DNA-এর

অনুপস্থিতিতেও এই চারটি প্রোটিন বিভিন্ন প্রকার জটিল গঠন প্রদর্শন করে। এদের মধ্যে উল্লেখযোগ্য হল  $(H3-H4)^2$ -tetramer এবং  $(H2a-H2b)$ -dimer এই প্রোটিনে প্রতিটিতে উপস্থিত তিনটি X-helix গঠন (configuration) হিস্টোন ভাঁজ (Histone fold) নামে পরিচিত, টেট্রামার ও ডাইমার গঠনকে প্রভাবিত করে। X-ray বিচ্ছুরণ বিশ্লেষণে জানা যায় কেন্দ্রীয়  $(H3-H4)^2$  টেট্রামারের উপরে ও নিচে একটি করে  $(H2a - H2b)$  ডাইমার অবস্থান করে এবং সকলে একত্রে বেলনাকার বস্তু গঠন করে। এই বেলনাকার বস্তুর বহিঃগায়ে সৃষ্ট অমসৃণ খাঁজযুক্ত পথে দ্বিতন্ত্রী DNAটি ঐ বস্তু জড়িয়ে থাকে। এই বেলনাকার বস্তুটিই হল হিস্টোন অষ্টক (histone octamer)। হিস্টোন অষ্টকের গায়ে এর প্রবেশ ও প্রস্থান জায়গা দুটি হিস্টোন অষ্টকের H3 প্রোটিনের প্রবর্তিত অংশ ধরে রাখে।

H1 প্রোটিনটি অন্যান্য হিস্টোন প্রোটিনের তুলনায় একটু বড়। এর আণবিক ওজন প্রায় 23kd.। এছাড়াও অন্যান্য অনেক ব্যাপারে H1 বাকি প্রোটিনগুলি থেকে অনেকটাই স্বতন্ত্র। এটি আকৃতিগতভাবে বিভিন্নতা প্রদর্শন করে। H1 একটি হেটেরোজেনাস প্রোটিন। একে অনেকগুলি উপশ্রেণীতে ভাগ করা যায় যথা H1, H5, H1° ইত্যাদি। কোনো একটি কলার বিভিন্ন ক্রোমোজোমে বিভিন্ন উপশ্রেণীর H1 প্রোটিন পাওয়া যায়। অন্যান্য হিস্টোন প্রোটিনগুলির প্রতিটির একাধিক উপবিভাগ থাকলেও H1 এর মতো বৈচিত্র্যময় নয়। কোটি কোটি বছর বিবর্তনের ইতিহাসে অন্যান্য প্রোটিনের গঠনের প্রভূত পরিবর্তন হলেও হিস্টোন প্রোটিনের গঠনে তুলনামূলকভাবে পরিবর্তন খুব কম ঘটেছে। সম্ভবত ক্রোমোজোমের গঠনে স্থিতিশীলতা রক্ষা করাই এর মূল উদ্দেশ্য।

## 2.4.2 নিউক্লিওজোম সম্পর্কিত ধারণা

মানুষের 46টি ক্রোমোজোমে থাকা ডি.এন.এ. অণুতে আনুমানিক 100 মিলিয়ন বেসযুগ্ম অবস্থান করে। মানবদেহের সবচেয়ে বড় ক্রোমোজোমের ডি.এন.এ টিকে সরলরেখা বরাবর প্রসারিত করলে এর দৈর্ঘ্য 85 mm এর মতো হয়। অথচ কোষের নিউক্লিয়াসস্থিত এই ক্রোমোজোমটির দৈর্ঘ্য মাত্র  $0.5 \mu m$ । বুঝতেই পারছেন ঐ বিশাল দৈর্ঘ্যের ডি.এন.এ অণুটিই বিশেষভাবে কুণ্ডলীকৃত হয়ে মাত্র  $0.5 \mu m$  দৈর্ঘ্যের ক্রোমোজোম গঠন করেছে। বিজ্ঞানীদের কাছে এটি একটি বিস্ময়। কিন্তু কিভাবে এটি সম্ভব? আসুন আমরা জানার চেষ্টা করি কিভাবে এটি সম্ভব হল।

### 2.4.2.1 নিউক্লিওজোম শৃঙ্খল গঠন (Beads on a string structure)

ইলেকট্রন অণুবীক্ষণ এবং এক্স-রে বিচ্ছুরণ বর্ণালীগত পর্যবেক্ষণে ক্রোমোজোমের গঠনগত বিষয়ে একাধিক তথ্য বিজ্ঞানীরা জানতে পেরেছেন। এ সম্বন্ধে প্রথম ধারণাটি আসে বিজ্ঞানী Kornberg (1974)-এর গবেষণা থেকে।

ক্রোমোজোমের গঠনের প্রথম পর্যায়ে অনেকগুলি পুঁতির মতো অংশ পরপর সজ্জিত হয়ে একটি পুঁতির মালার সদৃশ গঠন প্রদর্শন করে। একে ক্রোমোজোমের বিড্‌স অন এ স্ট্রিং (“Beads on a string” structure) গঠন বলা হয়। এই পুঁতিগুলিকে নিউক্লিওজোম বলা হয়। নিউক্লিওজোমই হল ক্রোমোজোমের গঠনগত একক।

এই নিউক্লিওজোম বটিকাগুলির আকার আয়তন ও গঠনপ্রণালী সমস্ত ইউক্যারিওটিক ক্রোমোজোমে একই রকম। এক একটি নিউক্লিওজোম 200 জোড়া নিউক্লিওটাইড দৈর্ঘ্য সম্পন্ন ডি.এন.এ অংশ, এক অণু H1 প্রোটিন ও সর্বমোট আটটি H2a, H2b, H3 ও H4 (প্রত্যেকের দুটি করে) প্রোটিন দ্বারা গঠিত (চিত্র 2.5)। দুটি করে H2a, H2b, H3 ও H4 পরস্পর যুক্ত হয়ে একটি হিস্টোন অষ্টক গঠন করে। হিস্টোন অষ্টককে পেঁচিয়ে  $(1\frac{3}{4}$  প্যাঁচ) ডি.এন.এ টি নির্গত হয় সেই স্থানে অবস্থান করে H1 প্রোটিন। একটি নিউক্লিওজোম তার পাশের নিউক্লিওজোমের সঙ্গে একটি ডি.এন.এ অংশ দ্বারা যুক্ত হয়। এই ডি.এন.এ ব্যাস linker DNA অংশটিকে বলে যোজক ডি.এন.এ ব্যাস। এটির দৈর্ঘ্য মোটামুটি 60 জোড়া নিউক্লিওটাইড এবং এর ব্যাস প্রায় 2nm। অপরদিকে নিউক্লিওজোমের ব্যাস। অন্যভাবে বলা যায় নিউক্লিওজোম শৃঙ্খলটির ব্যাস 10-11 nm।

একটি নিউক্লিওজোমকে পুনরায় নিউক্লিও উৎসেচক দ্বারা পাচিত করলে এই নিউক্লিওজোম থেকে 34টি ডি.এন.এ. বেসযুগ্ম হ্রাসপ্রাপ্ত হয় এবং 166 বেসযুগ্ম, হিস্টোন অষ্টক এবং H1 দ্বারা গঠিত অবশিষ্ট গঠনটিকে ক্রোমোটোজোম (chromosome) বলা হয় (চিত্র 2.4)। এই ক্রোমোটোজোমকে পুনরায় ঐ উৎসেচক দ্বারা পাচিত করলে আরও 20 বেসযুগ্ম নষ্ট হয় এবং সেই সঙ্গে H1 প্রোটিনটিও খসে পড়ে। এই 146 ডি.এন.এ বেসযুগ্ম সমেত হিস্টোন অষ্টকটিকে নিউক্লিওজোম কোর বস্তু (nucleosome core particle) বলে (চিত্র 2.4)। চিত্র নং 2.4 এটি 10-11 nm চওড়া যোজক ডি.এন.এর শৃঙ্খলে আবদ্ধ নিউক্লিওজোম সূত্রটি ক্রোমাটিন গঠনের প্রাথমিক ধাপ হিসাবে গণ্য হয়।

#### 2.4.2.2 ক্রোমাটিনের সোলেনয়েড গঠন(Solenoid Structure of Chromatin)

10-11 nm চওড়া এই সূত্র পরে কুণ্ডলীকৃত হয়ে চওড়া একটি অপেক্ষাকৃত মোটা সূত্র গঠন করে। একে সোলেনয়েড গঠন (Solenoid structure) বলে। এই প্রকার গঠনে H1 প্রোটিন উল্লেখযোগ্য ভূমিকা গ্রহণ করে। H1 প্রোটিনের আকর্ষণে পাশাপাশি থাকা নিউক্লিওজোমগুলি গায়ে গায়ে লেগে যায় এবং যোজক ডি.এন.এ. আর দৃশ্যমান হয় না। এরপর প্রতি 6টি নিউক্লিওজোম একটি করে প্যাঁচ সম্পন্ন করে ও 30 nm চওড়া সোলেনয়েড কুণ্ডলী

গঠন করে। অবশ্য সোলেনয়েড সূত্র ঠিক কিভাবে গঠিত হয় সে সম্পর্কে অনেক রকম মতবাদ প্রচলিত। তবে ইলেকট্রন অণুবীক্ষণযন্ত্রে সুস্পষ্টভাবে 30 nm ক্রোমাটিন সূত্রটি দেখা যায় (চিত্র নং 6)।

---

### 2.4.2.3 ক্রোমাটিনের লুপ ডোমেন গঠন (Loop domain structure of chromatin)

---

এই 30 nm সূত্রটি পুনরায় ঘনীভূত হয়ে বৃহৎ আকারের ফাঁস তৈরি করে। এই ফাঁসগুলি একটার পর একটা সজ্জিত হয় এবং ফাঁসের মুখটি একপ্রকার প্রোটিন উৎসেচক টোপো আইসোমারেজ টাইপ II দ্বারা আবদ্ধ থাকে। এই ফাঁস দ্বারা গঠিত ক্রোমাটিন সূত্র 300 nm ব্যাসবিশিষ্ট হয় এবং একে লুপ ডোমেন গঠন (loop domain structure) বলে। এবং এই নক্সাকে Folded fiber model নামে অভিহিত করা হয়। এই 300 nm ক্রোমাটিন সূত্র কুণ্ডলীকৃত হয়ে ক্রোমোজোমের ক্রোমাটিড গঠন করে যার ব্যাস প্রায় 700 nm (চিত্র নং 2.6)।

---

## 2.5 ক্রোমোজোম ব্যান্ডিং (Chromosome Banding)

---

1970 দশকে ক্রোমোজোমকে রঞ্জিত করার এক বিশেষ পদ্ধতি আবিষ্কৃত হয়। একে ক্রোমোজোম ব্যান্ডিং প্রযুক্তি বলে। এই পদ্ধতিতে ক্রোমোজোমকে ফ্লুরোক্রোম কুইনাক্রাইন (Fluorochrome quinacrine) রঞ্জক দ্বারা রঞ্জিত করে uv আলোয় পর্যবেক্ষণ করলে রঞ্জিত অংশগুলি যথাক্রমে হালকা ও গাঢ় রঙে ব্যান্ড বা পাত হিসাবে দৃশ্যমান হয়। এদের যথাক্রমে light band ও dark band বলে। এই ব্যান্ডের সংখ্যা, রঞ্জিত হওয়ার প্রবণতা ইত্যাদি এক একটি প্রজাতিতে একেক রকম এবং তা প্রজাতিতে সাধারণত ধ্রুবক। ক্রোমোজোম শনাক্তকরণে এই ব্যান্ডিং পদ্ধতিই অনুসৃত হয়ে আসছে। ক্রোমোজোমস্থিত জিনের স্থান পরিবর্তন বা অস্বাভাবিকতা এই ব্যান্ডিং পদ্ধতিতে ধরা পড়ে।

1971-এর প্যারিস সম্মেলনে স্বীকৃত বিভিন্ন ক্রোমোজোম ব্যান্ডগুলি হল—

Q ব্যান্ড (Q-band)—এখানে কুইনাক্রাইন রঞ্জক হিসাবে ব্যবহৃত হয়। এটি ক্রোমোজোমের নিউক্লিও প্রোটিনের সঙ্গে যুক্ত থাকে।

G ব্যান্ড (G-band)—এটি সর্বাধিক ব্যবহৃত হয়। Giemsa এখানে বর্ণিত রঞ্জক ব্যবহৃত হয়। এই প্রক্রিয়ায় হেটেরোক্রোমাটিন রঞ্জিত হয়।

R ব্যান্ড (R-band)—এটি রিভার্স জিমসা নামে পরিচিত। এতে টেলোমিয়ার অঞ্চলে বিশেষভাবে দেখা যায়।

C-ব্যান্ড (C-band)—এই প্রক্রিয়ার দ্বারা স্থায়ী হেটেরো ক্রোমাটিন অঞ্চল (constitutive heterochromatin) রঞ্জিত হয়।

## 2.6 স্বতন্ত্র বৈশিষ্ট্যযুক্ত পলিটিন ও ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম

প্রাণীদেহে কিছু কিছু ক্রোমোজোম পাওয়া যায় যেগুলি অন্যান্য ক্রোমোজোম থেকে গঠনগতভাবে একেবারেই আলাদা চিত্র 2.7। এই রকম দুটি ক্রোমোজোম হল পলিটিন ও ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম। আকারে বেশ বড় হওয়ায় এদের দৈত্যাকার ক্রোমোজোম বলে।

### পলিটিন ক্রোমোজোম (Polytene Chromosome)

পতঙ্গ শ্রেণীর ডিপটেরা বর্গভুক্ত প্রাণীদের নার্ভের লালাগ্রন্থি, পৌষ্টিকনালী, শ্বাসনালী, ফ্যাটবডি প্রভৃতির কোষের ইন্টারফেজ নিউক্লিয়াসে এই পলিটিন ক্রোমোজোম দেখা যায়। বিজ্ঞানী Balbiani 1881 সালে *Chironomus* নামক পতঙ্গ থেকে এই ক্রোমোজোম প্রথম আবিষ্কার করেন। এদের দৈর্ঘ্য 200  $\mu$ m-600  $\mu$ m। প্রধানত তিনটি পদ্ধতিতে এই দৈত্যাকার ক্রোমোজোম সৃষ্টি হয়। যথা আন্তঃপ্রতিলিপিকরণ (Endoreplication), দেহকোষীয় জোড়াবদ্ধতা (Somatic Synapsis) এবং আন্তঃমাইটোসিস (Endomitosis)। কোষের ক্রোমোজোমগুলি ইন্টারজোম দশায় পুনঃপুন আন্তঃপ্রতিলিপিকরণের মাধ্যমে অসংখ্য দ্বিতন্ত্রী ডি.এন.এ. সূত্র সৃষ্টি করে। পরে দুটি হোমোলগাস ক্রোমোজোম পাশাপাশি সোম্যাটিক সাইন্যাপসিস গঠন করে এবং স্থায়ী পলিটিন (Poly = many, tene = thread) ক্রোমোজোম গঠন করে। এই ক্রোমোজোমের দৈর্ঘ্য বরাবর গাঢ় রঙে রঞ্জিত ব্যান্ড (Band) বা পট্টি এবং তার পরেই হালকা রঙে রঞ্জিত ইন্টার ব্যান্ড (Interband) বা আন্তঃপট্টি দেখা যায় (চিত্র 2.8)। কিছু কিছু স্থানে ক্রোমোজোমীয় ডি.এন.এ. স্ফীত হয়ে প্যাফ (Puff) যা ফোলাস্থানে গঠন করে। এই স্থানটি জিনগতভাবে সক্রিয় এবং এখানে RNA সংশ্লেষ (RNA Puff) বা DNA সংশ্লেষ (DNA puff) ঘটে থাকে। বৃহদাকার প্যাফ কে Balbiani ring বলে।

### ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম (Lampbrush Chromosome)

এটি প্রাথমিক উসাইট কোষের মিয়োসিস বিভাজনের দীর্ঘায়িত ডিপ্লোটিন উপদশার ক্রোমোজোম। সাধারণত প্রায় সকল প্রকার মেরুদণ্ডী স্ত্রী প্রাণীর উসাইটে এই ক্রোমোজোম থাকে। 1892 সালে হাঙর ও স্যালাম্যান্ডার প্রাণীর ড্রসাইটে থেকে ল্যাম্পব্রাশের চিমনি পরিষ্কার করার জন্য ব্যবহৃত ব্রাশের মতো দেখতে এই ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম আবিষ্কার করেন। এই ক্রোমোজোমের একটি প্রধান অক্ষ থেকে-উভয় দিকে অসংখ্য পার্শ্বীয় ফাঁদ বা loop নির্গত হয়। প্রতিটি লুপ হল একটি সক্রিয় জিন। প্রধান অক্ষটি দুটি দ্বিতন্ত্রী ডি.এন.এ এবং ফাঁস এর অক্ষটি একটি দ্বিতন্ত্রী ডি.এন.এ দ্বারা

গঠিত। এই লুপগুলি প্রচুর পরিমাণে সংশ্লেষ করে যা উক্ত ডিম্বাণুর নিষেক পরবর্তী বিকাশের জন্য প্রয়োজনীয় প্রোটিন সংশ্লেষ করে। দুটি হোমোলোগাস ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম পরস্পর জোড়বদ্ধ থেকে বাইভ্যালেন্ট গঠন করে। (চিত্র নং 2.9)।

---

## 2.7 সারাংশ

---

নিউক্লিক অ্যাসিড ও প্রোটিন সমন্বয়ে গঠিত ক্রোমোজোম হল ইউক্যারিওটিক কোষের নিউক্লিয়াসের এক বিশেষ গঠন যা 'জিন বহনকারী যান' হিসাবে পরিগণিত। কোষচক্রের এক বিশেষ দশায় এটি দৃশ্যমান হয়। প্রতিটি প্রজাতিতে এর সংখ্যা নির্দিষ্ট। এই সংখ্যার পরিবর্তন জীবে প্রভূত অস্বাভাবিকতা সৃষ্টি করে। কোষবিভাজনের মেটাফেজ বা অ্যানাফেজ দশায় এর বিভিন্ন অংশ যথা ক্রোমাটিড, সেন্ট্রোমিয়ার, টেলোমিয়ার, গৌণ খাঁজ প্রভৃতি দৃশ্যমান হয়। DNA, RNA, হিস্টোন প্রোটিন ও অহিস্টোন প্রোটিন সমন্বয়ে ক্রোমোজোম গঠিত হলেও প্রধানত DNA ও হিস্টোন প্রোটিনই ক্রোমোজোম গঠনে উল্লেখযোগ্য ভূমিকা নেয়। ক্রোমোজোমের গঠনগত এককটি নিউক্লিওজোম নামে পরিচিত। 10 - 11  $\mu$  m ব্যাসবিশিষ্ট নিউক্লিওজোমগুলি কয়েকটি ধাপে ঘনীভবন প্রক্রিয়ায় মেটাফেজ ক্রোমোজোম গঠন করে। এই গঠন প্রক্রিয়া বেশ জটিল। আধুনিককালে বিভিন্ন পদ্ধতিতে ক্রোমোজোমকে রঞ্জিত করা হয় যা ক্রোমোজোম শনাক্তকরণে বিশেষ উপযোগী। কিছু কিছু প্রাণীতে বেশ বড় মাপের দৈত্যাকার ক্রোমোজোম পাওয়া যায় যথা পলিটিন ক্রোমোজোম ও ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম। এগুলি গঠনগতভাবে স্বতন্ত্র প্রকৃতির। এই ক্রোমোজোমগুলির গঠন থেকে অণুজীববিদ্যার অনেক তথ্য আহরণ করা সম্ভব হয়েছে।

---

## 2.8 প্রশ্নাবলী

---

1. সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন :
  - (a) ক্রোমোজোম কী?
  - (b) কে ক্রোমাটিন নামকরণটি করেন?
  - (c) ক্রোমোজোম নামকরণ কে করেন?
  - (d) ক্রোমোজোম কথার অর্থ কী?
  - (e) ধনাত্মক হেটেরোপিকনোসিস কী?

2. পার্থক্য নির্ণয় করুন—

- (a) অটোজোম ও অ্যালোজোম
- (b) হেটেরোজোমিটিভ ও ইউজোমিটিভ
- (c) ক্রোমোনিমাটা ও ক্রোমোমিয়ার
- (d) টেলোমিয়ার ও সেন্ট্রোমিয়ার

3. শূন্যস্থান পূরণ করুন—

- (a) ——— ও ——— হল আরজিনিন সমৃদ্ধ হিস্টোন প্রোটিন
- (b) ——— টি হিস্টোন প্রোটিন অণু একটি নিউক্লিওজোম গঠন করে।
- (c) সোলেনয়েড তন্তুর ব্যাস ———
- (d) নিউক্লিওজোম গঠনের ধারণা দেন বিজ্ঞানী ———
- (e) যোজক ডি.এন.এর দৈর্ঘ্য ——— বেসযুগ্ম।

4. সঠিক উত্তরে ✓ চিহ্ন ও ভুলটিতে × চিহ্ন দিন

- (a) একটি নিউক্লিওজোমের ব্যাস
- (b) অহিস্টোন মূলত আরজিনিন ও লাইসিন দ্বারা গঠিত
- (c) ড্রোসোফিলার ক্রোমোজোম সংখ্যা 8।
- (d) ল্যান্থ্রাশের একটি ফাঁস loop 1টি দ্বিতন্ত্রী ডি.এন.এ দ্বারা গঠিত।
- (e) ল্যান্থ্রাশ ক্রোমোজোম অ্যানাফেজ দশার ক্রোমোজোম

5. দীর্ঘ উত্তরভিত্তিক প্রশ্ন :

- (a) মেটাফেজ দশায় দৃশ্যমান একটি ক্রোমোজোমের বিভিন্ন অংশগুলির বর্ণনা করুন
- (b) ক্রোমাটিন কি? ক্রোমাটিন সম্পর্কে আপনার ধারণা লিপিবদ্ধ করুন।
- (c) ক্রোমোজোমের রাসায়নিক গঠন সম্পর্কে বিশদ আলোচনা করুন।
- (d) ক্রোমোজোমের গঠন সম্পর্কিত নিউক্লিওজোম ধারণাটি কী? ব্যাখ্যা করুন।
- (e) ক্রোমোজোম ব্যান্ডিং পদ্ধতি আলোচনা করুন। এর উপযোগিতা সম্পর্কে আপনার ধারণা কী?

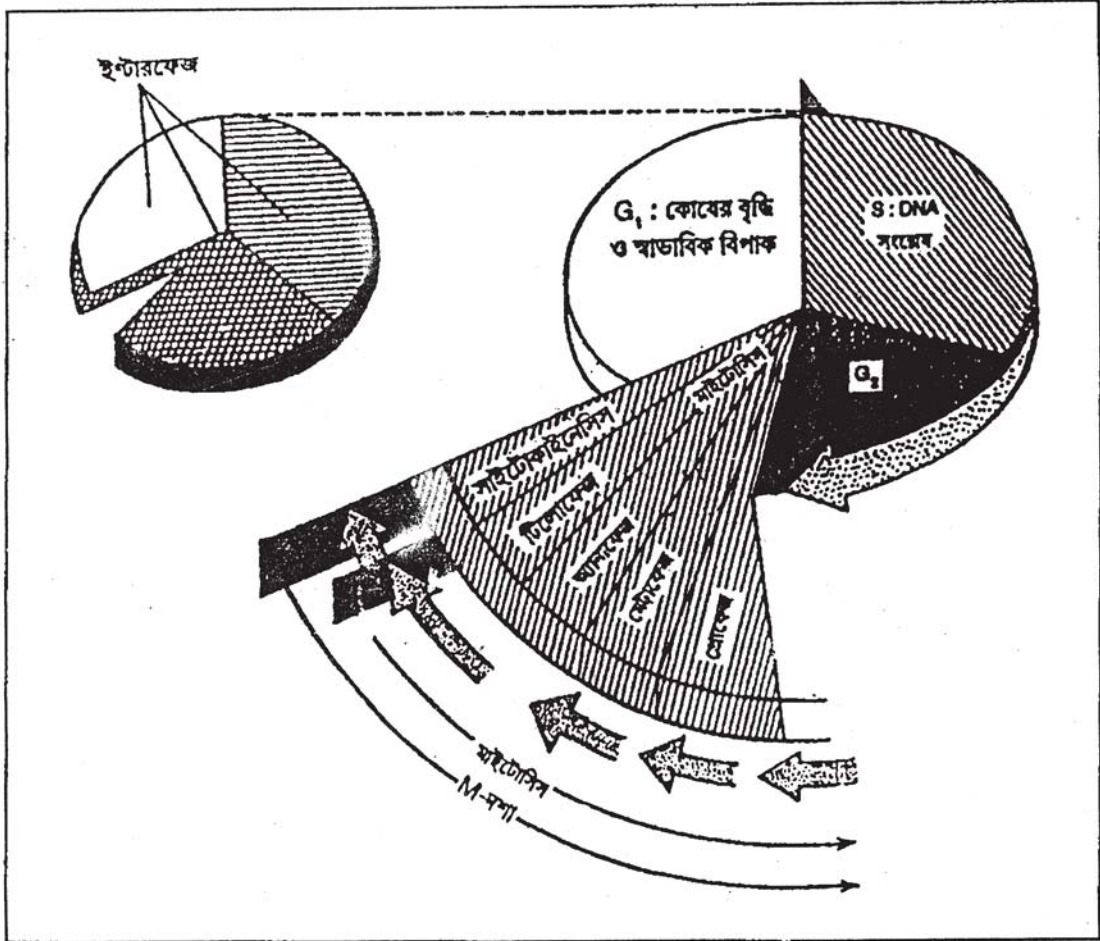
6. সংক্ষিপ্ত উত্তর লিখুন—

- পলিটিন ক্রোমোজোম কী? এটি কিভাবে গঠিত হয় লিখুন।
- ক্রোমোজোমের সোলেনয়েড গঠন কী?
- ক্যারিওটাইপ ও ইডিওগ্রাম বুঝিয়ে দিন।
- বিভিন্ন প্রকার হিস্টোন প্রোটিনের কাজ উল্লেখ করুন।









উত্তরমালা :—

- (1) a>2.2 b>2.2.1 c>2.2.1 d > 2.2.1 e>2.2.3
- (2) a> 2.2.3 b>2.2.3 c> 2.3 d> 2.3
- (3) a>H3 H4 b>9 c> 30nm d> Kornberg e>60
- (4) a> × b> × c> ✓d> ✓ e> ×
- (5) a>2.3 অংশ দেখুন b> 2.3 অংশ দেখুন c> 2.4.1 অংশ দেখুনd> 2.4.2 অংশ দেখুন e> 2.5 অংশ দেখুন
- (6) a> 2.6 দেখুন d>2.4.2.2 দেখুন c> 2.5 দেখুন d>2.4. 1 দেখুন

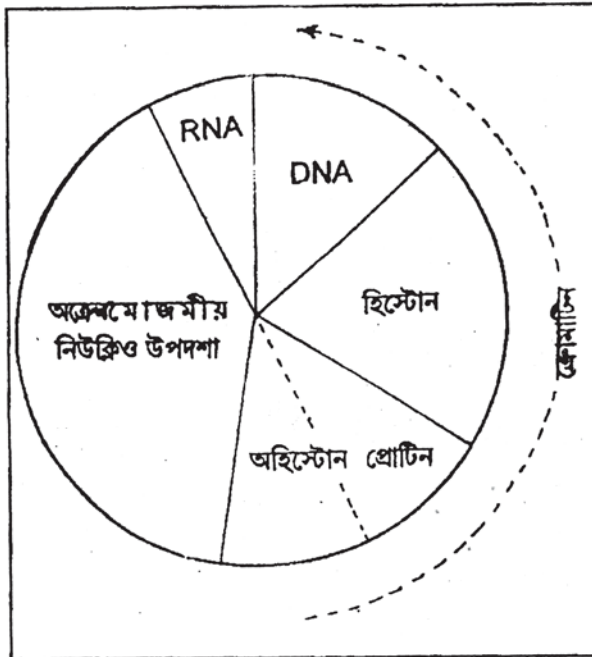




[চিত্র নং 2.1] ইউক্যারিওটিক কোষের কোষচক্র

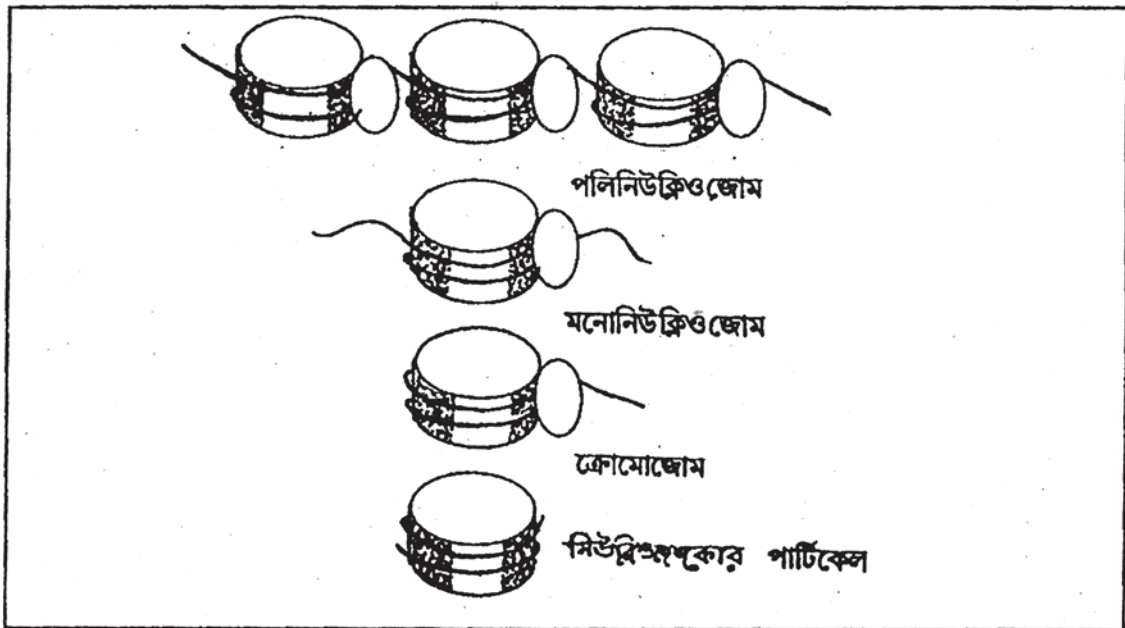
সেন্ট্রোমিয়ারের অবস্থান	ক্রোমোজোমের প্রকার	মেটাফেজ ক্রোমোজোম	অ্যানাফেজ ক্রোমোজোম
(মধ্যস্থানে)	মেটাসেন্ট্রিক		
মধ্যস্থান ও প্রান্তের মধ্যবর্তী অবস্থান	সাবমেটাসেন্ট্রিক		
(প্রান্তের নিকটে)	অ্যাক্রোসেন্ট্রিক		
(প্রান্তে)	টেলোসেন্ট্রিক		

[চিত্র নং 2.2] সেন্ট্রোমিয়ারের অবস্থান অনুযায়ী প্রকার এবং অ্যানাফেজ দশা

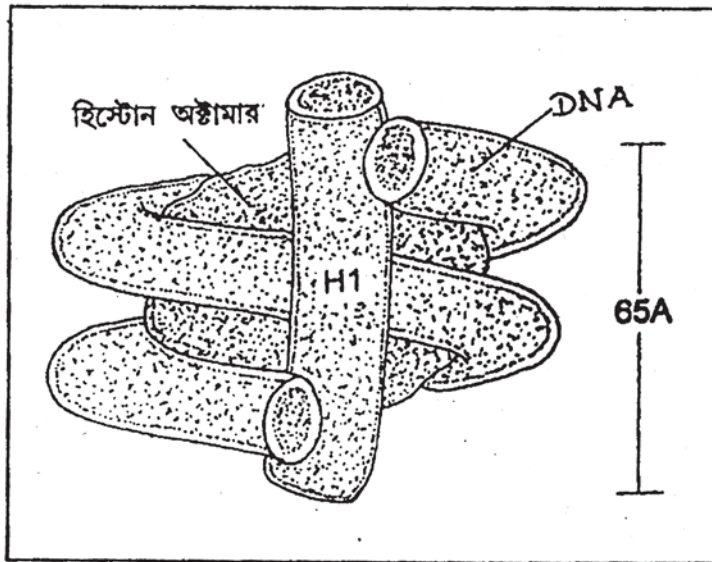


একটি ইউক্যারিওটিক কোষের নিউক্লিও প্লাজমের বিভিন্ন রাসায়নিক পদার্থের তুলনামূলক উপস্থিতি

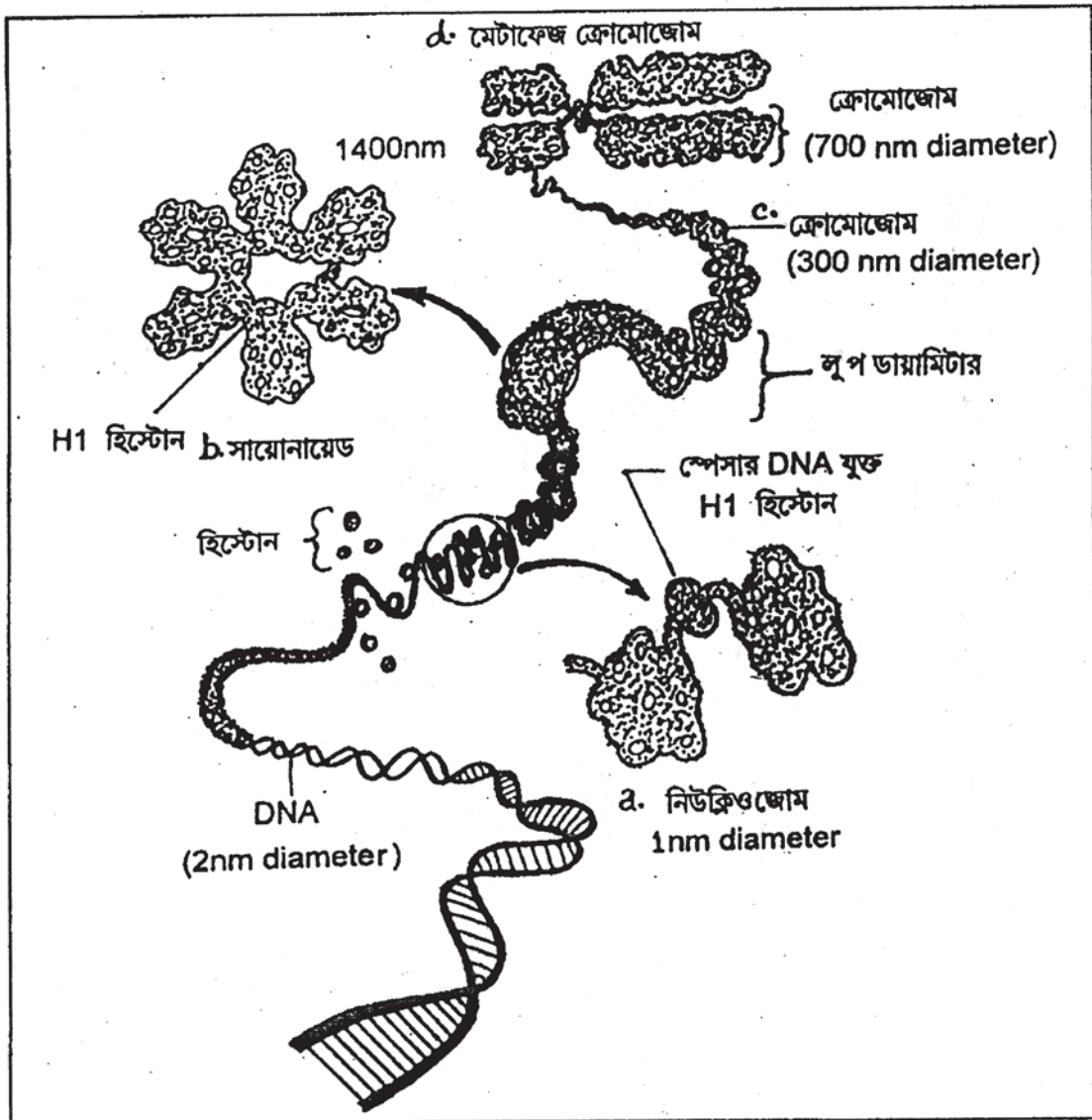
[চিত্র নং 2.3]



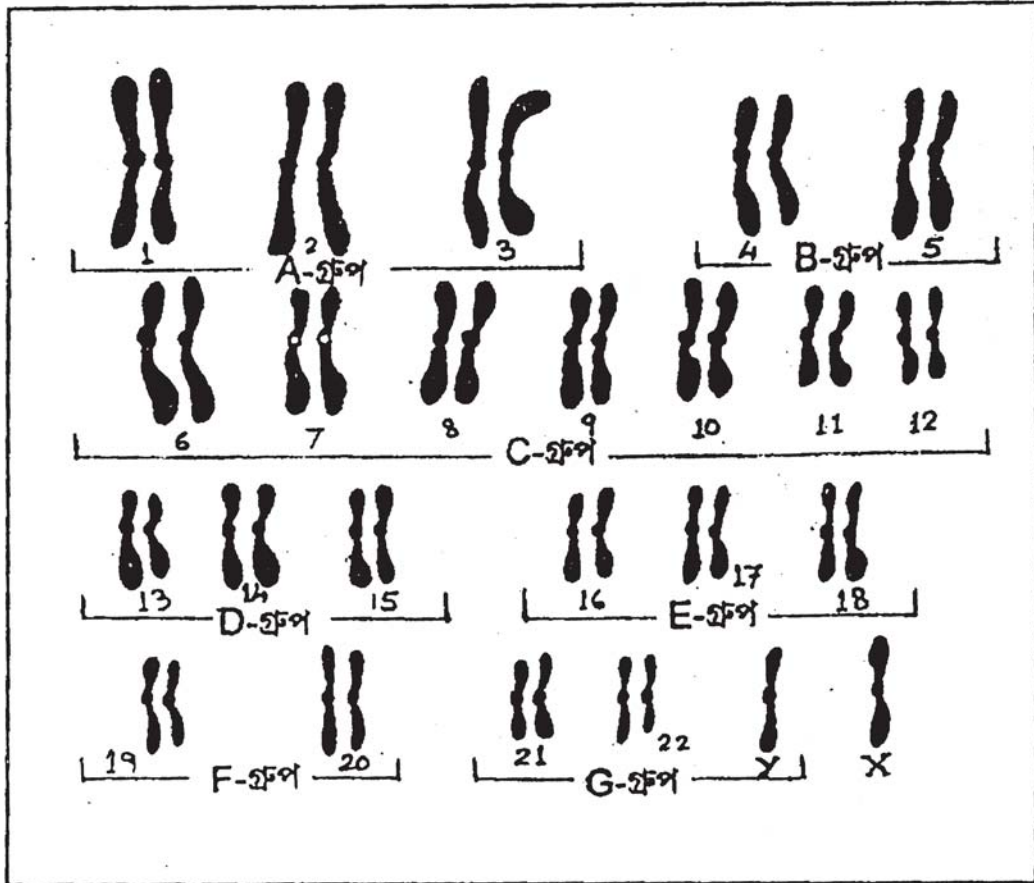
[চিত্র নং 2.4] ক্রোমাটিনে নিউক্লিও জোমের গঠন



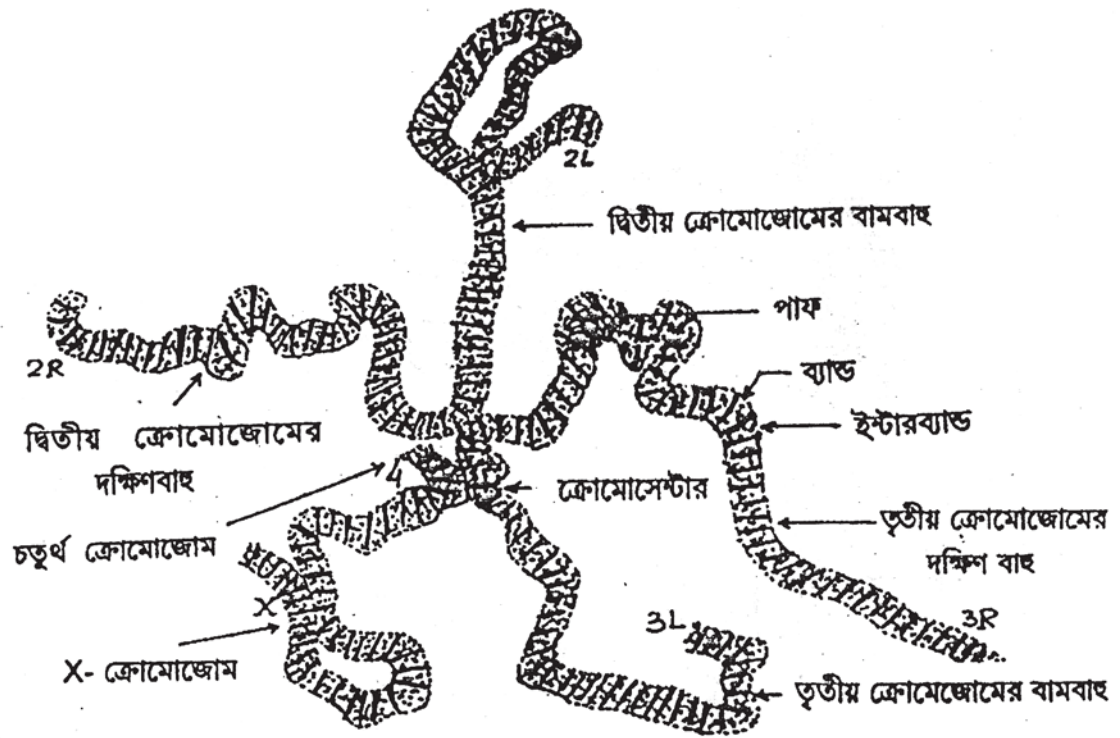
[চিত্র নং 2.5] একটি নিউক্লিওজোমের চিত্ররূপ



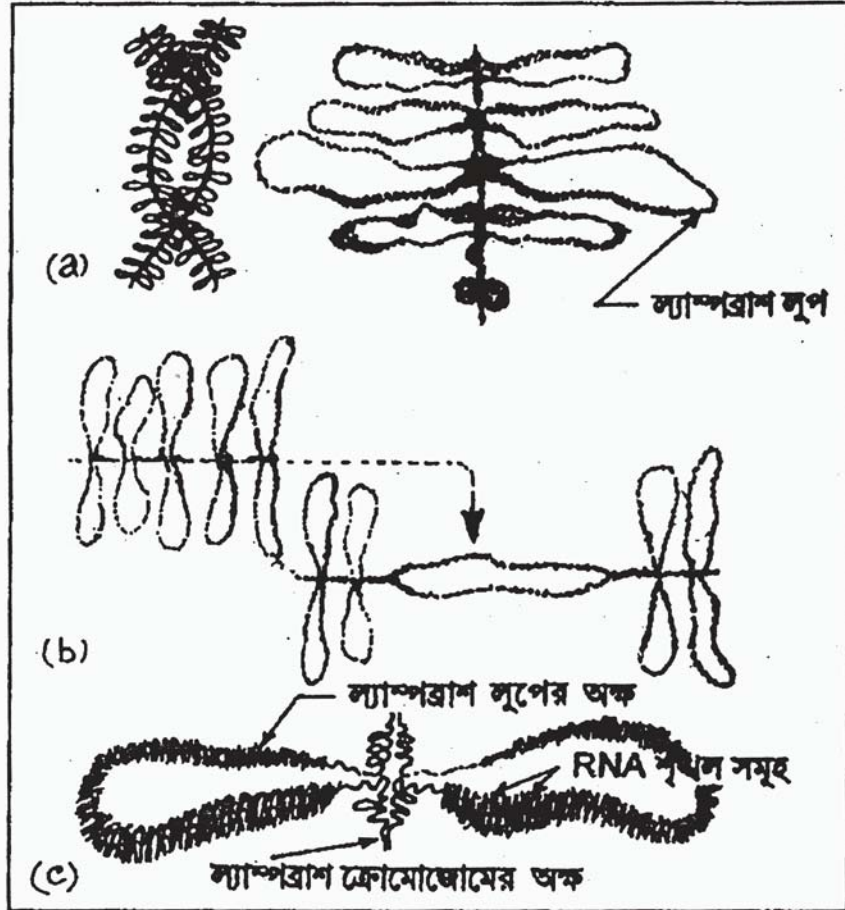
[চিত্র নং 2.6] বিভিন্ন পর্যায়ের মেটাফেজ ক্রোমোসোমের গঠন



[চিত্র নং 2.7] একটি স্বাভাবিক মানব শিশুর ক্যারিওটাইপ



[চিত্র নং 2.8] ড্রোসোফিল মাছির লার্ভার লালাগ্রন্থির পলিটিন ক্রোমোজোম



[চিত্র নং 2.9] উভচরের উসাইটের ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোম  
 a. ল্যাম্পব্রাশ বাইভ্যালেন্ট b. ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোমের একটি  
 বিবর্ধিত অংশ c. ল্যাম্পব্রাশ ক্রোমোজোমের একজোড়া লুপ

---

## একক 3 □ কোষচক্র

---

### 3.1 প্রস্তাবনা

### 3.2 উদ্দেশ্য

### 3.3 কোষচক্রের বিভিন্ন ঘটনাক্রম সম্পর্কে ধারণা

### 3.4 বিভাজন দশার ক্রমপর্যায়িক ঘটনাসমূহ

### 3.5 কোষচক্রের বিভিন্ন অন্তর্দর্শায় ঘটা রাসায়নিক কার্যসমূহ

### 3.6 কোষচক্রের বিভিন্ন নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা

---

## 3.1 প্রস্তাবনা

---

এককোষী বা বহুকোষী সমস্ত ইউক্যারিওটিক (নিউক্লিয়াস যুক্ত) জীবনের যেকোন কোষে নিম্নলিখিত বৈশিষ্ট্যগুলি থাকে।

(i) নিজস্ব কার্য সম্পাদনের জন্য প্রয়োজনীয় উৎসেচক সংশ্লেষ দ্বারা রাসায়নিক শক্তির (A.T.P) উৎপাদন করা এবং রক্ষণাবেক্ষণ জনিত এবং শারীরবৃত্তীয় কার্য সম্পাদন করা।

(ii) বহিঃ এবং অন্তঃকোষীয় পরিবেশ পরিবর্তনের পরিপ্রেক্ষিতে সাড়া দেওয়ার ক্ষমতা এবং তার জন্য কিছু নির্দিষ্ট সংশ্লেষনীয় কার্যসাধন বা নির্দিষ্ট কিছু জিনের কার্যকারিতার সাহায্যে উদ্ভূত পরিস্থিতির মোকাবিলা করা।

(iii) প্রয়োজন হলে, ক্ষয়ক্ষতি পূরণ অথবা বৃদ্ধির জন্য বিভাজন (মাইটোসিস) হয়ে দুটি সমধর্মী অপত্য কোষের সৃষ্টি করা।

(iv) কেবলমাত্র বহুকোষীয় জীবনের ক্ষেত্রেই কোন নির্দিষ্ট কলার কোষ সেই কলার প্রয়োজনীয় কিছু জিনকে বা জিনগোষ্ঠীকে কার্যকরী করে কলার কাজ সুসম্পন্ন করা।

প্রতিটি বহুকোষীয় জীবই একটিমাত্র কোষের দ্বারা জীবন শুরু করে এবং পরবর্তীকালে সেই জীবের প্রজাতি নির্ধারিত জিন প্রোগ্রামের সাহায্যে সমস্ত জৈবনিক কার্য সম্পাদন করে। এর ফলে বহুকোষীয় জীবের বিভিন্ন পর্যায় প্রজাতি নির্ধারিত জিনগুলির প্রকাশ ঘটে ও জীবের পূর্ণতা প্রাপ্তি হয়। অবশ্যই এই ক্রমপর্যায়িক জিনের প্রকাশ ঘটানোর অন্তঃ এবং বহিঃপরিবেশ বিশেষ ভূমিকা পালন করে। সুতরাং কোষীয় জীবনে বিভাজন ক্ষমতা একটি বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ ঘটনা। বহুকোষীয় জীবের ক্ষেত্রে বিভিন্ন কারণে বহুসংখ্যক কোষ প্রতিনিয়ত ধ্বংস হয় এবং সেই স্থান পূরণ করে বিভাজনে উৎপাদিত নতুন কোষ সমষ্টি। বহুকোষীয় জীবের (প্রধানত প্রাণীর ক্ষেত্রে) সব কোষ বিভাজিত হতে পারে না বিশেষ করে উচ্চশ্রেণীর প্রাণীর ক্ষেত্রে (মাছ ওতার উপরের গোষ্ঠী) মায়ুকোষ এবং চোখের লেসের কোষ কখনোই বিভাজিত হয় না। অর্থাৎ প্রাণীর বৃদ্ধির বিভিন্ন পর্যায়ে এই বিশেষ কলাগুলির পৃথকীকরণ হয় এবং আর কোন অবস্থাতেই বিভাজন দশায় ফিরে আসে না [irreversible differentiation] অপরপক্ষে, প্রাণীদের দেহে বাইরের বা ভিতরের আবরণী কলা এবং রক্তকলা কোষ একটি কোষ ও অস্থিমজ্জাকোষ বিভাজিত হয়ে এই সব স্থানে কোষসংখ্যার ক্ষমতা বজায় রাখে। এই ভাবেই দেহকোষের বিভাজন দ্বারা ক্ষয়পূরণ



ও দেহের বৃদ্ধি সাধন ঘটে। অপরের পক্ষে, পূর্ণবয়স্ক কোন প্রাণীর বিভিন্ন অঙ্গের বেশির ভাগ কোষ বিভাজিত হয় না। তবে বিশেষ, পরিস্থিতির পরিপ্রেক্ষিতে এই কোষগুলি বিভাজিত হওয়ার ক্ষমতা রাখে। যেমন-কোন অঙ্গে কেটে গেলে বা ক্ষতের সৃষ্টি হলে সেই স্থানের পার্শ্বীয় কোষ সমূহ বিভাজিত হয়ে ক্ষতস্থানের পূরণ ঘটায়। এই ধরনের কলা কোষের শারীরবৃত্তীয় অবস্থানকে  $G_0$  দশা [ $G_0P_0$ ] বলে। অর্থাৎ সাধারণভাবে এই কোষগুলি সম্পূর্ণভাবে কোষচক্রের বাইরে অবস্থান করে। বিভিন্ন বৈজ্ঞানিক পর্যবেক্ষণ দ্বারা এটা এখন প্রমাণিত হয়েছে যে, বহুকোষীয় কোন প্রাণীর কোন অঙ্গের কোষ বিভাজন যে কোষ দশায়  $G_0P_0$  আছে (হতে) গেলে বাইরের বা ভিতরের কোন উদ্ভেজকের সংস্পর্শে আসতে হবে। এবং সেই সঙ্গে কোষগুলির মধ্যে অন্তঃকোষী অবকাশ অবশ্যই থাকতে হবে। যেমন- কোথাও কেটে গেলে রক্ত থেকে উৎপন্ন এক ধরনের জটিল প্রোটিন যৌগ [P.D.G.F= Platelets Derived Growth Factor] কোষ বিভাজনের উদ্ভেজকের কাজ করে এবং কোষগুলির মধ্যে কিছু অন্তঃকোষীয় অবকাশ সৃষ্টি হওয়ায় ঐ স্থানের কোষগুলির বিভাজন শুরু হয়। অর্থাৎ দেখা যায় যে একটি কোষের জীবনে বিভাজন এবং আরেকটি বিভাজনের অন্তর্বর্তী দশা [Interphase] চক্রাকারে আবর্তিত হয়। আবার এই দুটি বিভাজন দশা ও তাদের অন্তর্দশা সম্পূর্ণ বাইরে অবস্থান করে দশা।

লিউইস [1947]-এর মতে কোন কোষের দুটি বিভাজন দশার মধ্যবর্তী দশাকে অন্তর্দশা বা Interphase বলে। প্রত্যেক প্রজাতির দেহ কোষের অন্তর্দশা ও বিভাজন দশার সময়কাল নির্দিষ্ট। তবে বিভাজন দশা সাধারণত 2 থেকে 3 ঘণ্টা স্থায়ী হয়। অপরপক্ষে অন্তর্দশা 12 থেকে 18 ঘণ্টা পর্যন্ত বিস্তৃতি হতে পারে। কোষচক্রের অন্তর্দশা অত্যন্ত ঘটনাবহুল সেই কারণেই অন্তর্দশাকে ঘটনার পর্যায়ক্রমে 3 ভাগে ভাগ করা হয়। যথা G-দশা Gap দশা, S-দশা বা সংশ্লেষ দশা [Synthetic phase] এবং  $G_2$  দশা [ $Gap_2$  phase]। এইভাবে এই দশাগুলি বিভাজন সক্ষম কোষগুলিতে নিয়ত চক্রাকারে আবর্তিত হয়। এইরূপে অনুষ্ঠিত কোষচক্রের বিভিন্ন ঘটনাবলী পর্যায়ক্রমে কিভাবে কোষীয় নিয়ন্ত্রণ দ্বারা, কোষের সুস্থ স্বাভাবিক অবস্থায়, নিয়ন্ত্রিত হয় তা বহুদিন মানুষের কাছে অজানা ছিল। কোষ বিভাজনের নিয়ন্ত্রণহীনতা ঘটলেই সেই স্থানে ক্যান্সারের আবির্ভাব ঘটে অর্থাৎ অনিয়ন্ত্রিত কোষ বিভাজনের ফলে ক্যান্সার হওয়া সম্ভাবনা বেশি। বর্তমানে বিভিন্ন বৈজ্ঞানিক গবেষণালব্ধ ঘটনা ক্রমের মাধ্যমে এটা জানা গেছে যে, যে কোন কোষ বিভাজনের নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থার কিছু সংখ্যক জিন দ্বারা সঠিকভাবে নিয়ন্ত্রিত হতে হবে।

## 3.2 উদ্দেশ্য

- এই একক পাঠ করলে আপনি যে বিষয়গুলি সম্পর্কে অবহিত হবেন সেগুলি হল—
- কোষচক্রের বিভিন্ন ঘটনাক্রম সম্পর্কে সঠিক ধারণা।
- বিভাজন দশার ক্রমপর্যায়িক ঘটনাসমূহ।
- অন্তর্দশার বিভিন্ন উপদশায় ঘটা রাসায়নিক কার্যসমূহ।
- কোষচক্রের বিভিন্ন নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা।

- কোষচক্রের সঙ্গে ক্যান্সারের সম্পর্ক।

### 3.3 কোষচক্রের বিভিন্ন ঘটনাক্রম সম্পর্কে ধারণা

প্রোক্যারিওটিক কোষ [Bacterial cell i.e. cell without nucleus] বা ইউক্যারিওটিক কোষ [All other plant and animal cells that is the cell with definite nucleus] উভয় ক্ষেত্রেই কোষচক্র আছে। তবে ব্যাকটেরিয়ার ক্ষেত্রে কোষচক্র সম্পূর্ণ আলাদা প্রকৃতির। এখানে কেবলমাত্র সংশ্লেষ এবং বৃদ্ধির মধ্যে একটি সুনির্দিষ্ট যোগসূত্র [Coordination] বর্তমান। এই ঘটনাকে Helmsletter-Cooper model or [I+C+D model] বলে। এর সাহায্যে ব্যাকটেরিয়ার ক্রোমোজোম বিভাজিত হয় তিনটি দশার মাধ্যমে। এই দশা হল অন্তর্দর্শা, (Interval Phrse), ক্রোমোজোম সংশ্লেষ [replication phrse] দশা এবং বিভাজন দশা বা I,C,D এই দশাগুলি পর্যায়ক্রমে ঘটে থাকে। DNA সংশ্লেষ C দশায় ঘটে এবং এর সময়কাল ব্যাকটেরিয়ার প্রজাতি ভেদে পরিবর্তিত হয়। যেমন E-coli কোষের সময়কাল 40 মিনিট। D দশা শুরু হয় ঠিক সংশ্লেষ দশা শেষ হবার সঙ্গে সঙ্গে এবং কোষ বিভাজিত হয়ে দুটি অপত্য ব্যাকটেরিয়ায় পরিণত হয়। এই D দশার সময়কাল ও বিভিন্ন প্রজাতির ক্ষেত্রে নির্দিষ্ট যেমন E-coli-এর ক্ষেত্রে 20 মিনিট। এই বিভাজনের সময়কালকে বিভাজনের জন্য প্রয়োজনীয় কোষীয় রাসায়নিক পদার্থের প্রস্তুতির সময়কাল বলে। E-coli এর ক্ষেত্রে ক্রোমোজোম-চক্রের ন্যূনতম সময় হল 1 ঘণ্টা যেহেতু C এবং D দশা নির্দিষ্ট সেই জন্য একটি মাতৃকোষ থেকে দুটি অপত্য কোষের উৎপত্তির সময়কাল নির্ভর করে I দশা বা দুবার DNA সংশ্লেষ দশার মধ্যবর্তী সময়কাল। E. Coli এর ক্ষেত্রে এই সময়কাল সর্বাধিক 3 ঘণ্টা ও সর্বনিম্ন 20 মিনিট হতে পারে। দেখা গেছে যদি I দশা, C ও D দশার মিলিত সময়কাল অপেক্ষা বেশি হয় তবে DNA সংশ্লেষ কোষ বিভাজনের পূর্বে শেষ হয় এবং বৃদ্ধির হার যথেষ্ট কম থাকে। অপর পক্ষে I দশা যদি C ও D দশার সম্মিলিত সময়কাল অপেক্ষা কম হয় হয় তবে সম্পূর্ণ পরিমাণ DNA সংশ্লেষ হবার পূর্বেই পুনরায় DNA সংশ্লেষ শুরু হয়। অর্থাৎ দ্রুত বৃদ্ধির দশায় অপত্য কোষগুলি যে ক্রোমোজোম বহন করে তার অনেকটাই পুনরায় সংশ্লেষিত হয় [multiforded chromosome] এর ফলে পরবর্তী বিভাজনের পূর্বেই সংশ্লেষ শেষ হয়।

ইউক্যারিওটিক কোষের ক্ষেত্রে কোষচক্রকে সামগ্রিকভাবে 2 টি ভাগে ভাগ করা যায়। যথা বিভাজন দশা [M, Phase M = Mitotic] এবং অন্তর্দর্শা আবার এই বিভাজন দশায় 2 টি উপদশা দেখা যায়। যার একটিতে S দশা থেকে প্রতিলিপি গঠনকারী ক্রোমোজোমদ্বয় পরস্পর হতে পৃথক হয় এবং অবশেষে সমগ্র নিউক্লিয়াস দু ভাগে ভাগ হয় যার প্রত্যেকটিতে সমপরিমাণ ও কার্যযুক্ত DNA সমসংখ্যক ক্রোমোজোম বর্তমান থাকে। এই পদ্ধতিকে বলা হয় ক্যারিওকাইনোসিস এবং অপর উপদশাটিতে সমগ্র কোষীয় সাইটোপ্লাজম দু ভাগে বিভক্ত হয়ে 2 টি নিউক্লিয়াসের চারিদিকে জমা হয় এবং দশান্তে দুটি অপত্য কোষের সৃষ্টি করে। এই পদ্ধতিকে বলা হয় সাইটোকাইনোসিস। যে কোন একটি কলা অথবা ল্যাবরেটরিতে টিসু কালচারের দিকে তাকালে দেখা যায় খুব কম সংখ্যক কোষই কোন একটি নির্দিষ্ট সময়ে বিভাজন দশায় থাকে। স্বাভাবিক কারণেই কোন বিভাজনক্ষম কলাতে ৫-৬ কোন একটি সময়ে বেশির ভাগ কোষই অন্তর্দর্শায় থাকে। ঘটনা হল বিভাজন দশাতে সময় লাগে, বিশেষ করে প্রাণীকোষের ক্ষেত্রে এর স্বাভাবিক শারীরবৃত্তীয় অবস্থায় 30 মিনিট থেকে 1 ঘণ্টা যেখানে অন্তর্দর্শা চলতে পারে কয়েক ঘণ্টা কয়েকদিন, কয়েক সপ্তাহ বা আরও বেশি। অন্তর্দর্শার এই বিভিন্ন সময়কাল নির্ভর করে সেই কলা কোষের বিভাজিত হবার প্রয়োজন ও ক্ষমতার উপর। কোষের বিভাজন দশা এমন একটি অবস্থা যে সময়ে কোন

জৈব বৃহৎ অণুর সংশ্লেষ ঘটে না, শুধু মাত্র বা ক্রোমোজোমের সঠিক এবং সুষ্ঠু বিভাজনের জন্যই এই সময়টুকু ব্যবহৃত হয়। অপরপক্ষে, অন্তর্দর্শা কালে কোষের সমস্ত জৈব অণুক সংশ্লেষ ঘটে এবং বিপাকক্রিয়া কোষের স্বাভাবিক প্রয়োজন অনুসারে চলতে থাকে। যথা, গ্লুকোজ জারণ, প্রোটিন সংশ্লেষ, RNA সংশ্লেষ এবং DNA সংশ্লেষ এবং সেই সময়ে প্রয়োজন অনুসারে কোষের আয়তন ও ওজন বৃদ্ধি পায়। বিভাজন দশায় একটি কোষ সমান ভাগে বিভক্ত হয়ে দুটি অপত্য কোষে পরিণত হয়। এই কার্য পরিচালনার জন্য কোষের অন্তর্দর্শায় সুনিয়ন্ত্রিত এবং সুনির্দিষ্ট কার্যাবলীর অবশ্য প্রয়োজন। কোন একটি কোষের অন্তর্দর্শা কয়েকটি ভাগে বিভক্ত হয়। এই ভাগগুলি হল  $G_1$ [ $Gap_1$ ] S বা সংশ্লেষদশা, [Synthetic phase],  $G_2$  বা  $Gap_2$  ইত্যাদি। উপদশাগুলির মধ্যে এ দশাই বড়। তেজস্ক্রিয় থাইমিডিন কলাকৃষ্টি বা কালচারে প্রয়োগ করে বিভিন্ন সময়ে বিজ্ঞানীগণ প্রমাণ করেছেন যে ইউক্যারিওটিক কোষের DNA সংশ্লেষ পদ্ধতি অন্তর্দর্শাকে কোন একটি সুনির্দিষ্ট অংশেই সম্পন্ন হয়। স্পেকট্রোফটোমিটারের সাহায্যে DNA-এর UV শোষণ ক্ষমতাকে কাজে লাগিয়ে জানা যায় যে বিভাজনে রত কোন কোষ অবশ্যই অন্তর্দর্শায় ঠিক দ্বিগুণ পরিমাণে DNA সংশ্লেষ করে নেয়। (চিত্র নং 3.3b) আবার বিভাজিত হলেই দুটি অপত্য কোষে সেই প্রজাতি নির্ধারিত DNA পরিমাণ গ্রহীত হয়। আবার বহুকোষী প্রাণীর ক্ষেত্রে বেশ কিছু কলা কোষ কোষচক্রের সম্পূর্ণ বাইরে অবস্থান করে। যেমন শুধু মাত্র গ্লুকোজ জারণ কার্য এবং সেই কলাকোষের নির্দিষ্ট কার্যধারা সুষ্ঠুভাবে সম্পাদন করে। এই দশাকে বলা হয়  $G_0$  দশা বা  $Gap_0$  দশা। মানব শরীরের বেশ কিছু কলা বৃদ্ধির এক সুনির্দিষ্ট অবস্থায়, সম্পূর্ণরূপে অপরিবর্তনীয় ভাবে পরিবর্তিত হয় [Irreversibly differentiated] এবং জীবৎ দশায় সেগুলি  $G_0$  দশাতেই অবস্থান করে। যেমন মায়ুকোষ চোখের লেন্সের কোষ ইত্যাদি। আবার কোন কোন কলা কোষের বিভাজন ক্ষমতা থাকে কিন্তু পারিপার্শ্বিক বিভাজনীয় উত্তেজনার প্রয়োজন হয় যেমন যকৃৎ কোষ, অরেখ পেশিকোষ ইত্যাদি। আবার কিছু কিছু কলা কোষ আছে যেগুলি প্রতিনিয়ত একটি সুনিয়ন্ত্রিত পদ্ধতিতে কোষচক্র সম্পন্ন করে। যথা রক্তকণিকা সৃষ্টিকারী অস্থিমজ্জার কলা কোষ এবং অন্তঃ ও বহিঃ আবরণী কলা। অপরপক্ষে, প্রাণীদের এবং মানুষের বৃদ্ধির সম্পূর্ণ প্রথম দশায় কোষ বিভাজন এতো দ্রুত সম্পন্ন হয় যে তখন বিভাজন দশা এবং অন্তর্দর্শার মধ্যে কোন উপদশা থাকে কিনা যথেষ্ট সন্দেহের অবকাশ আছে। যেমন বৈজ্ঞানিক গবেষণায় দেখা গেছে যে ড্রোসোফিলা মাছির ভূগুণ দশায় যে পরিমাণ DNA সংশ্লেষ হতে সময় লাগে 0.57 ঘণ্টা সেই একই পরিমাণ পূর্ণদশার কোষে সংশ্লেষিত হতে সময় নেয় 12 ঘণ্টা। আবার জনন কোষে স্পারমাটোগোনিয়াল বিভাজনে অন্তর্দর্শা সম্পূর্ণরূপে পরিবর্তিত হয় এবং অন্তর্দর্শার সময়কাল অত্যন্ত কমে যায় কিন্তু দশার সময়কাল বৃদ্ধি পায়। অর্থাৎ বিভিন্ন পর্যালোচনা থেকে দেখা যাচ্ছে যে বিভিন্ন ধরনের কলাকোষে স্থানীয় নির্দিষ্ট প্রয়োজনভিত্তিকভাবে কোষ বিভাজন নিয়ন্ত্রিত হয়।

### 3.4 বিভাজন দশার ক্রমপর্যায়িক ঘটনাসমূহ

এই দশার সময়কাল খুব বেশি না হলে ও ক্রোমোজোম ও নিউক্লিয়াসের দ্রুত পরিবর্তন ঘটে যার সাহায্যে একটি কোষ বিভাজিত হয়ে সম আকৃতির ও সমধর্মীয় দুটি অপত্য কোষের সৃষ্টি করে। বিভিন্ন পরিবর্তনক্রম অনুসারে এই দশাকে 5 টি উপদশায় ভাগ করা হয়।

যথা—

i) প্রোফেজ [Prophase]- $G_2$  দশার পরে একটি কোষ শারীরবৃত্তীয়ভাবে সব কিছু স্বাভাবিক হলে এই উপদশায় প্রবেশ করে এই উপদশায় প্রধান বৈশিষ্ট্যগুলি হল—

a) ক্রোমাটিন জালিকা ঘনীভূত হয়ে ক্রোমোজোমের আকার ধারণ করে এবং ক্রোমোজোম প্রায় গোনার পর্যায়ে

আসে।

b) যেহেতু S দশায় প্রতিটি ক্রোমোজোম তার অনুলিপি গঠন করে সেই কারণে প্রতিটি ক্রোমোজোমের দুটি করে ক্রোমাটিড সেন্ট্রোমেরে আবদ্ধ থাকা কিছুটা বোঝা যায় উচ্চ ক্ষমতা সম্পন্ন ফেজকন্ট্রাস্ট মাইক্রোস্কোপের সাহায্যে। এই দশার শেষে অ্যাকটিন-ও মায়োসিন যুক্ত প্রোটিন তন্তু মাইক্রোট্যুবিউল [Microtubule] সংশ্লেষিত হয় এবং মাইটোটিক অ্যাপারেটাস গঠনের সূত্রপাত ঘটে।

c) নিউক্লিয়াসের বাহিরে সেন্ট্রোজোম 2 ভাগে বিভক্ত হয় এবং পরস্পর থেকে দূরে চলন শুরু করে।

d) নিউক্লিওলাস বিলুপ্তির পথে অগ্রসর হয়।

**ii) প্রোমেটাফেজ [Prometaphase]** এই উপদশায় নিউক্লিয়াস পর্দা ছোট ছোট ভেসিকল-এ ভেঙে যায়। এবং এদের অনেকটা এন্ডোপ্লাজমিক রেটিকুলামের থলির মতো দেখায়।

a) মাইটোটিক অ্যাপারেটাস এর বেম তন্তুগুলি সংগঠিত হয়ে দুটি মেরু অঞ্চলের সৃষ্টি করে এবং সেন্ট্রোজোমের সঙ্গে যুক্ত হয়।

b) প্রতিটি ক্রোমোজোম আরও বেশি কুণ্ডলায়িত হয়ে আরো স্পষ্ট হয় এবং দুটি ক্রোমাটিড স্পষ্ট বোঝা যায়।

c) প্রতিটি ক্রোমোজোমের সেন্ট্রোমিয়ারের সঙ্গে যুক্ত হতে শুরু করে (চিত্র নং 3.4 b)

**iii) মেটাফেজ [Metaphase] -a** এই উপদশায় ক্রোমোজোমগুলি সম্পূর্ণ জল নিষ্কাশন করে আরো সহজে দৃশ্যমান হয়।

b) মাইটোটিক অ্যাপারেটাস তৈরি সম্পূর্ণ হয় যার দুই মেরুতে দুটি সেন্ট্রোজোম থেকে অ্যাস্ট্রাল রশ্মি দেখা যেতে থাকে। এই রশ্মিগুলিকে বেমতন্তু বলে।

c) ক্রোমোজোমগুলি বেম তন্তুর বিষুব রেখা অঞ্চলে সজ্জিত হয় এবং মাইক্রোট্যুবিউলগুলি সেন্ট্রোমিয়ারের সঙ্গে আবদ্ধ হয় (চিত্র নং 3.4 c)।

**iv) অ্যানাফেজ [Anaphase]**

a) এই উপদশায় সেন্ট্রোজোম এবং মাইক্রোট্যুবিউলের সংকোচনের দ্বারা যে বিপরীতমুখী টানের সৃষ্টি হয়, তার ফলে প্রতিটি সেন্ট্রোমিয়ার থেকে দুটি ক্রোমাটিড পৃথক হয় এবং বিপরীত দিকে যাত্রা শুরু করে।

b) নিউক্লিয়াস পর্দার ভেসিকলসগুলি পুনরায় একটি নিউক্লিয়াস পর্দা গঠনের সূত্রপাত করে (চিত্র নং 3.4.d)।

**v) টেলোফেজ [Telophase]**

a) এই উপদশা মাইক্রোট্যুবিউল গুলির ক্রমাঘয়ে সংকোচনের ফলে উভয় মেরুতে সমসংখ্যক ক্রোমোজোম জানা হয়।

b) ক্রোমোজোমগুলি ক্রমে জল শোষণ করে পুনরায় ক্রোমাটিন জালিকার আকার ধারণ করে। অথবা কুণ্ডলীকৃত অবস্থায় অবস্থান করে।

c) নিউক্লিয়াস পর্দা পুনরায় সংগঠিত হয় এবং দুই মেরুতে মধ্যবর্তী অঞ্চলে একটি বিভাজন পর্দার দ্বারা নিউক্লিয়াস দুটি পৃথক হওয়ার পর্যায়ে আসে।

d) বেম তন্তুগুলি ধীরে ধীরে সাইটোপ্লাজমে বিলুপ্ত হয় (চিত্র নং 3.4.e)

উপরিবর্ণিত বিভাজন দশার সমস্ত ঘটনাক্রম কেবলমাত্র উচ্চ ক্ষমতা সম্পন্ন ফেজ কন্ট্রাস্ট মাইক্রোস্কোপ দ্বারাই পর্যবেক্ষণ করা সম্ভব।

### 3.5 কোষচক্রের অন্তর্দর্শায় বিভিন্ন উপ দশায় ঘটা রাসায়নিক কার্য সমূহ

কোষচক্রের অন্তর্দর্শার বিভিন্ন রাসায়নিক ঘটনাক্রম অনুসারে 3 ভাগে বিভক্ত। যথা  $G_1$ , S, এবং  $G_2$ । কোষচক্রের অন্তর্দর্শায় এই উপদশাগুলির প্রত্যেকটি উপদশা শারীরবৃত্তীয় কারণে বিভিন্ন কলা কোষে বিভিন্ন সময়ে হয়ে থাকে। যেমন  $G_1$  বা gap<sub>1</sub> উপদশা মানুষের ক্ষেত্রে ভূণের কোষে প্রায় থাকে না বললেই চলে। আবার পূর্ণ বয়স্ক মানুষের কোষে এর সময়কাল 8-9 ঘণ্টা হতে পারে এবং কিছু কিছু ক্ষেত্রে কয়েকদিন বা কয়েক মাসও হতে পারে। প্রকৃতপক্ষে দশার শেষে কোন কোষ কোষচক্রে থাকবে না কোষচক্রের বাইরে যাবে [ $G_0$  দশা] তা নির্ভর করে ঐ কলা কোষের শারীরবৃত্তীয় অবস্থার এবং বিপাকক্রিয়ার নিয়ন্ত্রণের উপরে। যেমন অস্থিমজ্জার কোষ সর্বদাই কোষচক্রে থাকে আবার বিভিন্ন পেশিকোষ বিশেষত অরেক পেশিকোষ এবং চর্মস্থিত কিছু কোষ বিভাজন শেষে  $G_0$  দশায় চলে যায় এবং পরে এই কোষের বহিঃপর্দায় সঠিক সংবেদনের প্রভাবে এবং পরে এই কোষের মধ্যে একটি দূরত্ব সৃষ্টি হলে তবেই এরা দশার প্রবেশ করে।  $G_1$  দশায় প্রবেশ করলে সেই কোষ শারীরবৃত্তীয়ভাবে বিভাজনের জন্য প্রস্তুত হয়। এই উপদশা একবার শুরু হলে নির্দিষ্ট কিছু জিন m-RNA সংশ্লেষ দ্বারা কিছু বিশেষ ধরনের প্রোটিন তৈরি করে অর্থাৎ  $G_1$  উপদশার m-RNA এবং উৎসেচক প্রস্তুতকারী আন্সিকপ্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। এই উপদশাকে সংশ্লেষ উপদশার প্রস্তুতির সময় হিসাবে ধরা হয়। আগে মনে করা হতো, একটি কোষে বৃদ্ধি প্রাপ্তির ফলে নিউক্লিয়াস ও সাইটোপ্লাজমের অনুপাতের পরিবর্তন ঘটে ফলে কোষটি বিভাজনের জন্য  $G_1$  উপদশায় প্রবেশ করে। কিন্তু বর্তমানের অনেক তথ্য এই চিন্তা ভাবনার সত্যতা প্রমাণ করে না। ঐ কোষের পর্দায় উদ্ভূত রাসায়নিক পরিবর্তন বা যে কোন মাইটোজেন [যে পদার্থ কোন একটি কোষকে  $G_0$  দশা থেকে বিভাজন দশায় উপনীত করে] এবং পরস্পর কোষগুলির মধ্যে, বিশেষত ফাইব্রোব্লাস্ট ধরনের কোষগুলির মধ্যে, যথেষ্ট অন্তঃকোষীয় স্থান পাওয়া গেলে তবেই কোষ বিভাজনের জন্য  $G_1$  দশায় প্রবেশ করে। অথবা DNA-এর পরিবর্তন দ্বারা কোষ বিভাজনকে উদ্ভুদ্ধ করে, যেমন রেটিনোব্লাস্টোমেয়ারের ক্ষেত্রে ঘটে।

S উপদশায় ইউক্যারিওটিক কোষের S উপদশা প্রোক্যারিওটিক কোষের সংশ্লেষ দশা অপেক্ষা অনেক জটিল। ইউক্যারিওটিক কোষের প্রতিটি ক্রোমোজোম DNA এবং হিস্টোন প্রোটিন দ্বারা তৈরি। প্রতিটি ক্রোমোজোমে অবস্থিত অণু বহু রেপ্লিকন দ্বারা গঠিত। উদাহরণ স্বরূপ মানুষের কোষে যে পরিমাণ জিনোম বর্তমান [23 টি ক্রোমোজোমে অবস্থিত DNA-এর পরিমাণ] তাতে  $2.75 \times 10^9$  সংখ্যক বেস বা ক্ষারক জোড় সম্পন্ন DNA বর্তমান। অর্থাৎ গড়ে 23টি ক্রোমোজোমের প্রতিটি ক্রোমোজোম  $10^8$  নিউক্লিওটাইড জোড় সম্পন্ন DNA দ্বারা গঠিত। ইউক্যারিওটিক DNA-এর সংশ্লেষের গতি প্রতি মিনিট দু হাজার নিউক্লিওটাইডের মতো। অর্থাৎ একটি ক্রোমোজোমের সংশ্লেষ ঘটাতে 400 ঘণ্টার বেশি সময় প্রয়োজন। এই অবস্থা চললে একটি মানুষের ভূণের পূর্ণতা প্রাপ্তিতে সময় লাগবে 9 মাসের জায়গায় কয়েক বছর। প্রকৃতপক্ষে এই ঘটনা ঘটনা, আবার ড্রসোফিলা জিনোমের ভূণ অবস্থায় সংশ্লেষ দশা 3 মিনিট সম্পন্ন হয়। কিন্তু পূর্ণ অবস্থায় একটি জিনোম সংশ্লেষ সম্পূর্ণ সম্পন্ন করতে সময় লাগবে প্রায় 12 ঘণ্টা। দেখা যাচ্ছে যে একই প্রজাতির DNA সংশ্লেষের সময়কাল সর্বদা একই রকম থাকে না। নির্ভর করে

তার শারীরবৃত্তীয় বিপাক ক্রিয়ার উপরে। বিভিন্ন পরীক্ষার দ্বারা এটা প্রমাণ হয়েছে যে, বিভিন্ন শারীরবৃত্তীয় অবস্থায় ভিন্ন ভিন্ন রেপ্লিকন DNA সংশ্লেষ ঘটায়। একই জিনোম কম বা বেশি সময়ে সংশ্লেষ সম্পন্ন করার কারণ যথাক্রমে রেপ্লিকন সংখ্যা কমিয়ে বা বাড়িয়ে, বিজ্ঞানী ক্যালান 1971 সালে দেখিয়েছেন যে ট্রাইটুরাসের [একটি উভচর গোষ্ঠীর প্রাণী] ভূণ দশায় রেপ্লিকনের আকৃতি অতিক্ষুদ্র। আবার পরিণত দেহ কোষে রেপ্লিকন আকৃতি তার চাইতে অনেক বড় এবং মেয়টিক কোষে এই রেপ্লিকনের আকৃতি আরও অনেক বড়। তিনি বিভিন্ন আকৃতির রেপ্লিকনের সঙ্গে তুলনা করে দেখিয়েছেন DNA সংশ্লেষের সময় ও যথাক্রমে অতিকম, বেশি এবং অতি বেশি প্রয়োজন হয়। বিভিন্ন কোষ দশায় DNA সংশ্লেষের সময়ের এই ভিন্নতা নিউক্লিওটাইড সংযোজনের গতি প্রকৃতির উপর নির্ভর করে না, বরং সংশ্লেষকারী রেপ্লিকনের সংখ্যার উপর নির্ভর করে। সাধারণভাবে ইউক্যারিওটিক কোষে DNA সংশ্লেষের গতি একই থাকে। কোন কোষ একবার সংশ্লেষ দশায় প্রবেশ করলে সে বিভাজনের জন্য সম্পূর্ণরূপে প্রস্তুত হয়। সাধারণভাবে কলাকৃষ্টিতে [ল্যাবরেটরিতে নির্দিষ্ট মিডিয়ামে কোষ প্রতিপালন] মানুষের দেহকোষ 8 থেকে 10 ঘণ্টা সময়ে S দশা সম্পন্ন করে। এই উপদশায় কোষকে সব থেকে বেশি সংশ্লেষীয় ক্রিয়া কলাপ সম্পন্ন করতে হয়। যেমন সমস্ত DNA-র প্রতিলিপি সংশ্লেষিত হয়, সমস্ত হিস্টোন প্রোটিন জিনগুলি RNA সংশ্লেষের সাহায্যে সমস্ত হিস্টোন প্রোটিন সংশ্লেষে সাহায্য করে আবার প্রয়োজনীয় বিভিন্ন উৎসেচক ও অন্যান্য জৈব ক্রিয়াকলাপের জন্য প্রচুর জিন RNA সংশ্লেষের মাধ্যমে অ্যাসিড প্রোটিন উৎপাদনে সাহায্য করে।

(খ)  $G_2$  উপদশা কোষচক্রের অন্তর্দর্শার এই শেষ উপাদান খুব কম সময়ে স্থায়ী হয়। 1 থেকে  $2\frac{1}{2}$  ঘণ্টা পর্যন্ত এই উপদশা প্রকৃতপক্ষে 2টি কাজ সম্পন্ন করে। কিছুটা DNA সংশ্লেষ দশার সঠিকতা নিরূপণ করে এবং বিভাজন দশায় প্রয়োজনীয় কিছু উৎসেচকের জিন থেকে RNA তৈরির মাধ্যমে অল্প প্রোটিন সংশ্লেষ ঘটায়। এই উপদশাকে বিভাজন দশার প্রস্তুতির দশা হিসাবে মনে করা হয় (চিত্র নং 3.5a)।

### 3.6 কোষচক্রের বিভিন্ন নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থা

বৈজ্ঞানিক পরীক্ষা নিরীক্ষার দ্বারা বর্তমানে জানা গেছে যে অনেকগুলি জিন নানাভাবে ধাপে ধাপে এই কোষচক্রকে নিয়ন্ত্রণ করে। এই নিয়ন্ত্রণকারী জিনগুলি বিভিন্ন জৈব রাসায়নিক উদ্দীপনার দ্বারা কোষচক্র নিয়ন্ত্রক প্রোটিনগুলির সংশ্লেষ ঘটায়। যে মুহূর্তে একটি কোষ  $G_1$  উপদশায় প্রবেশ করে সে মুহূর্তেই কোষের বিপাকক্রিয়া জাত অবস্থা ভবিষ্যত DNA সংশ্লেষের প্রস্তুতির শুরু হয়। অর্থাৎ এই  $G_1$  উপদশায় একটি সুবৃহৎ কোষীয় বিপাকীয় চেতনার [major check point] উদ্বেক হয় যা তখনই নির্ধারণ করে ফেলে যে কোষটি দশার দিকে ধাবিত হবে না তা থেকে বিরত হবে। ইস্ট এর ক্ষেত্রে [*Saccharomyces cerevisiae*] এই অবস্থানকে প্রারম্ভিক অবস্থা বা START point বলে, এবং স্তন্যপায়ী প্রাণীর কোষে এই অবস্থানকে  $G_1$  চেক পয়েন্ট বলে [ $G_1$  check point] দেখা গেছে যে যদি কোষের উচ্চবিপাকের সাহায্যে সঠিক বৃদ্ধি এবং পারিপার্শ্বিক পরিবেশ ভিতরের এবং বাইরের সহায়ক না হয় তবে S দশার দিকে যাবার ব্যবস্থাপনা বন্ধ হয়ে যায়।

এর পরবর্তী আরেকটি বড় চেক পয়েন্ট থাকে যাকে বলা হয়  $G_2$  থেকে চেক পয়েন্ট [ $G_2$  check point] এবং এই চেক পয়েন্ট ইস্ট এবং স্তন্যপায়ী প্রাণীর কোষে একইভাবে কাজ করে।  $G_2/M$  উপদশায় S দশার সংশ্লেষের দ্বারা সমস্ত DNA সঠিকভাবে দ্বিগুণ হয়, একটি DNA নিউক্লিওটাইডও কম থাকা চলবে না। যদি কোন কারণে এই দশায় সঠিকভাবে দ্বিগুণ না হয় তাহলে কোন অবস্থাতেই কোষ বিভাজন দশায় প্রবেশ করে না।

তৃতীয় এবং শেষ চেক পয়েন্ট আবির্ভূত হয় M-উপদশায়, যে সময় সমস্ত ক্রোমোজোম বিভাজন দশায় বেম্ তন্তুর সঙ্গে সম্পূর্ণ রূপে এবং সঠিকভাবে সংযুক্ত হয়েছে কিনা তার উপরে নির্ভর করে উভয় মেরুর বেম্ তন্তুর সংকোচন শুরু হয় অর্থাৎ উভয় মেরুর ক্রোমোজোমের চলন শুরু হয়।

অন্তর্দর্শায় উপদশায় ইস্ট কোষের স্টার্ট START পয়েন্ট কার্যকরী হলে CDC 28, CDK [Cyclin dependent compound 28 এবং Cyclin dependent Kinase]  $G_1$  উপদশায় সংশ্লিষ্ট সাইক্রিনের সঙ্গে যুক্ত হয়। এবং S দশার ঠিক আগেই এই সংযুক্তির ফলে  $G_1$  উপদশা S দশায় যাওয়ার জন্য দায়বদ্ধ হয়ে পড়ে। এই  $G_1$  সাইক্রিন-1 সাইক্রিন-2 অথবা সাইক্রিন-3 এর যেকোনটি হতে পারে। পরীক্ষার দ্বারা দেখা গেছে যে এই সাইক্রিন উৎপাদনকারী তিনটি জিনেই পরিবর্তন বা মিউটেশন দ্বারা এগুলি অকার্যকরী হয়ে গেলে কোষ আর S দশায় যেতে পারে না।  $G_1$  উপদশা শুরু হবার পরে CDK 28 এবং সাইক্রিন $_1$  ও যৌগ ধীরে ধীরে বাড়তে থাকে। এই সময়ে দুটি RNA সংশ্লেষকারী ফ্যাক্টর SBE এবং NBF এরা দ্রুত  $G_1$  সাইক্রিন তৈরির RNA সংশ্লেষ করে এবং যার থেকে সাইক্রিন-1 এবং সাইক্রিন-2 উৎপন্ন হয়। এই সাইক্রিনগুলি তখন CDC28 এর সঙ্গে যুক্ত হয় এবং CDK উৎপন্ন করে। এই CDK সাইক্রিন বহু কাজের সঙ্গে যুক্ত থাকে এবং 6 রকম CLB সাইক্রিন তৈরি করে। কোষ বিভাজনের সাইক্রিন  $CLB_1, CLB_2, CLB_3, \& CLB_4$  এবং S দশার সাইক্রিন  $CLB_5$  এবং  $CLB_6$  এই সাইক্রিনগুলি একটি সাধারণ ধ্বংসকারী অঞ্চল বহন করে [share a conserved destruction box] প্রথমতঃ তারা CLB সাইক্রিনের ধ্বংসের হার কমিয়ে দেয় এবং দ্বিতীয়ত CDK-CLB সাইক্রিন উৎপাদনে বাধা দানকারী SICI ফ্যাক্টরের ধ্বংসের হার বাড়ায় এর পরবর্তী ধাপে দ্বিতীয় RNA সংশ্লেষ ফ্যাক্টর MBF সাইক্রিন  $B_5$  এবং সাইক্রিন  $B_6$  জিনের RNA সংশ্লেষ শুরু করে সামগ্রিকভাবে  $G_1$  এর S দশার দিকে যাবার প্রবণতা স্থায়ী করে  $G_1$  এ উৎপন্ন CDK-সাইক্রিন যৌগ S দশার সূত্রপাত ঘটায় যদি কোষের বৃদ্ধি অর্থাৎ বিপাকীয় বৃদ্ধির হার যথেষ্ট পরিমাণে থাকে। S দশার CDK-সাইক্রিন যৌগগুলি RNA সংশ্লেষ এবং DNA সংশ্লেষের সূত্রপাত ঘটায় সম্ভবত এই যৌগগুলি ইস্ট DNA এর রেপ্লিকনের ARS [Autonomic Replication Sequence] যুক্ত হয়। স্তন্যপায়ী প্রাণীর ক্ষেত্রে 4 রকম CDK যথা  $CDK_1, CDK_2, CDK_3, CDK_4$  এবং  $CDK_6$   $G_1$  CDK হিসাবে কাজ করে এই প্রত্যেকটি CDK-ই D সাইক্রিনের সঙ্গে যুক্ত হয় যা কিনা  $G_1$  উপদশার প্রারম্ভেই উৎপন্ন হয়। এই D সাইক্রিন উৎপাদনের সঙ্গে গ্রেফফ্যাক্টর উৎপাদনের একটি সম্পর্ক রয়েছে। এই দশায় CDK সাইক্রিন যৌগের সাহায্যে RB $_1$  (Retinoblastoma protein) প্রোটিন (যে কোষচক্র প্রধানতঃ সামনের দিকে এগোতে বাধা দেয়। যদি ফস্ফেটের সঙ্গে যুক্ত (ফস্ফোরিলেশান) না হয় তবে ট্রান্সক্রিপসনে ফ্যাক্টর E.2F এর সঙ্গে যুক্তও হয় এবং S দশায় যাবার জন্য প্রয়োজনীয় প্রোটিন উৎপাদনকারী জিনকে কার্যকরী হতে দেয় না অর্থাৎ RB $_1$  এই জিনগুলির কাজ 2 ভাবে বন্ধ করে। এক E2F কে নিয়ন্ত্রিত করে এবং S দশা পরিচালনকারী জিনকে পরিবর্তন করে কিন্তু যদি RB1 প্রোটিনের সঙ্গে ফস্ফেট জুড়ে অর্থাৎ প্রোটিনকে যৌগ ফস্ফোরাইলেটেড এবং তাকে নিয়ন্ত্রিত করে দেয়। তবে দশায় যাবার প্রয়োজনীয় প্রোটিন সংশ্লেষে আর বাধা থাকে না। দশার প্রারম্ভিক কালেই সাইক্রিন যৌগ এর সঙ্গে ফস্ফরাস যোগ করে তাকে নিয়ন্ত্রিত করে এবং কার্য সমাধা করে।

এই ঘটনাপ্রবাহগুলি সাধারণভাবে স্বাভাবিক শারীরবৃত্তীয় অবস্থায় কলা কোষে ঘটে বলে প্রয়োজনীয় কোষ কোষচক্র সঠিকভাবে পরিচালিত হয়, আবার দেখা যাচ্ছে যে  $G_1$  এর প্রাথমিক পর্বে CDK-D সাইক্রিন যৌগ কার্যকরী হলে E সাইক্রিন উৎপাদনকারী জিন m-RNA তৈরির দ্বারা E সাইক্রিন উৎপাদনকারী প্রোটিন সংশ্লেষ করে এবং এই E সাইক্রিন-ই  $G_1$ -S ট্রানজিসানের [ $G_1$  দশা থেকে S দশায় যাবার ক্ষণ নির্ণয়] প্রধান সহায়ক E সাইক্রিনের  $CDK_2$  সঙ্গে যুক্ত হয়ে যৌগ গঠন করে, যে যৌগটি CDC25A ফস্ফেটেজ, উসেচককে কার্যকরী করে এবং কার্যকরী উৎসেচকই S দশা পরিচালক যৌগ [ $CDK_2$ -A সাইক্রিন] কে সক্রিয় করে। এই যৌগটি DNA সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়া ঘটাতে প্রধান ভূমিকা গ্রহণ করে এবং এই যৌগটিকে সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়া যৌগের স্থানে পাওয়া যায়, যদিও DNA সংশ্লেষের প্রারম্ভিক যৌগ গঠন স্থানে সঠিক কার সঙ্গে যুক্ত হয় তা এখনো জানা নেই। কিন্তু সাইক্রিন A এবং সাইক্রিন E যৌগ বিভিন্ন ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর সমূহকে ফস্ফোরাইলেট করে যৌগের সঙ্গে ফস্ফরাস সংযুক্তিকরণ। এই ফ্যাক্টরগুলি হল E $_2$ F ফ্যামিলি বা গোষ্ঠী, P $^{53}$ , B-Myb এবং Id2 ফ্যাক্টর [এই

ফ্যাক্টর RNA হেলিক্সের লুপ বা ফাঁস হেলিক্সের গঠন বন্ধ করে] বিভিন্ন বৈজ্ঞানিক পদ্ধতিতে বিভিন্ন শারীরবৃত্তীয় [কোষ চক্রের নিরিখে] কোষগুলির মধ্যে ফিউশান ঘটিয়ে [দুটি কোষের শারীরবৃত্তীয় মিশ্রণ ঘটিয়ে] দেখা গেছে S দশায় অবস্থিত কোন নিউক্লিয়াস  $G_1$  দশার সঙ্গে মিলিত হলে  $G_1$  দশায় নিউক্লিয়াসের DNA কে DNA সংশ্লেষ শুরু করায়। কিন্তু S দশার কোষের সঙ্গে  $G_2$  বা M-দশার কোষের ফিউশান ঘটানো  $G_2$  বা M দশার DNA কে S দশায় আনতে পারে না। অর্থাৎ  $G_2$  বা M-দশার নিউক্লিয়াসকে আগে বিভাজন দশা সম্পূর্ণ করতে হবে তার পরেই কেবল নতুন সংশ্লেষ দশায় আসতে পারবে। একটি কোষ চক্রে একটি নিউক্লিয়াসে কেবল মাত্র একবারই এর DNA সংশ্লেষ হতে পারে। এই ব্যাপারে একটি মডেলের প্রস্তাবনা করা হয়েছে, এই মডেল অনুসারে সাইটোপ্লাজমের লাইসেন্সিং ফ্যাক্টর DNA-এর সঙ্গে বিক্রিয়া ঘটায়। এই ফ্যাক্টরটি তৈরি হয় কেবলমাত্র নিউক্লিয়াস পর্দার পুনর্গঠনের পরে, অর্থাৎ টিলোফেজ দশার শেষ দিকে। এর ফলে সাইক্রিন যৌগগুলি DNA সংশ্লেষের জন্য কার্যকরী হয় কিন্তু S দশার পরবর্তী অবস্থায় এই ফ্যাক্টরটি নিষ্ক্রিয় হয়। কোষচক্রের পরবর্তী দশাগুলিতে এই লাইসেন্সিং ফ্যাক্টর আর নিউক্লিয়াস থাকে না বলে নতুন DNA সংশ্লেষিত হবার সম্ভাবনাও আর থাকে না। এই লাইসেন্সিং ফ্যাক্টরের বিভিন্ন প্রোটিন জেনোপাস, স্তন্যপায়ী প্রাণী এবং ইস্টের কোষে চিহ্নিত করা গেছে। ইস্টের একটি প্রোটিন সংগ্রহ করা হয়েছে যেটি CDC 46 জিন কর্তৃক উৎপন্ন হয়। সেই প্রোটিন যৌগকেই এই লাইসেন্সিং ফ্যাক্টর হিসাবে চিহ্নিত করা হয়েছে। যদিও ইস্ট কোষে নিউক্লিয়াস পর্দা কোষ বিভাজনের সময় নষ্ট হয় না। লাইসেন্সিং ফ্যাক্টর সাইটোপ্লাজম থেকে ট্রান্সলোকেশান পদ্ধতিতে নিউক্লিয়াসে প্রবেশ করে বলে মনে হয়।

বিভাজন দশার নিয়ন্ত্রণ ইস্ট কোষের বিভাজন দশায় প্রবেশ নিয়ন্ত্রিত হয় একটি সাইক্রিন নির্ভর কাইনেজের সাহায্যে বা কে নিয়ন্ত্রণ করে [ $CDC_2$ ,  $CDC_{28}$ ] যদিও এই যৌগ দুটি ভিন্ন ধরনের কোষ নিউক্লিয়াস পর্দা কোষ বিভাজনের সময় নষ্ট হয় না। লাইসেন্সিং ফ্যাক্টর সাইটোপ্লাজম থেকে ট্রান্সলোকেশান পদ্ধতিতে নিউক্লিয়াসে প্রবেশ করে বলে মনে হয়।

বিভাজন দশার নিয়ন্ত্রণ ইস্ট কোষের বিভাজন দশায় প্রবেশ নিয়ন্ত্রিত হয় একই সাইক্রিন নির্ভর কাইনেজের সাহায্যে বা কে নিয়ন্ত্রণ করে [ $CDC_2$ ,  $CDC_{28}$ ] যদিও এই যৌগ দুটি ভিন্ন ধরনের কোষ বিভাজনকারী সাইক্রিনের সঙ্গে যুক্ত হয়। ইস্ট এই সাইক্রিনগুলি উৎপন্ন হয়  $CLB_1$ ,  $CLB_2$ ,  $CLB_3$  এবং  $CLB_4$  জিনগুলি থেকে। অপরপক্ষে *S. Pombe* ইস্টে উপন্ন হয়  $CDC_{13}$  জিন থেকে মেরুদণ্ড প্রাণীদের ক্ষেত্রে  $CDK_1$  [ $CDC_2$ ] কাইনেজ A এবং B টাইপ সাইক্রিনের সঙ্গে যুক্ত হয়ে যৌগ গঠন করে, সে যৌগের ইস্ট কোষের ন্যায় কোষ বিভাজন ধ্বংসকারী একই অংশ বর্তমান। *S. Pombe* ইস্টের ক্ষেত্রে  $G_2$ -M ট্রানজিসানের নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি বিস্তারিত ভাবে জানা গেছে এবং বিভিন্ন ইউক্যারিওটিক কোষেও এই ট্রানজিসানের নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি একই রকম বলে মনে করা হয়। অবশ্যস্বাভাবী ভাবেই  $CDC_2$  যৌগের কার্যকলাপ কোষ বিভাজনের সূত্রপাত ঘটায়। এই ঘটনাটি S দশায় *S. cerevisiae* ইস্টের প্রবেশের বিপরীত অবস্থা। এই গোটা ঘটনা প্রবাহ সমস্ত ইউক্যারিওটিক কোষের ক্ষেত্রে প্রায় একই প্রকারে নির্দিষ্ট কিন্তু কোষ বিভাজনের প্রবেশের নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতির একটু ভিন্নতা বর্তমান এবং তা নিম্নরূপ।

*S. Pombe* ইস্টে  $CDC_2$  সাইক্রিন নির্ভর কাইনেজ প্রধানত 15 নং টাইরোসিন অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে ফস্ফেট সংযুক্তি ঘটায় (চিত্র নং 3.6.a) এটা কার্যকরী হয়  $CDC_{25}$  এবং আরো একটি ফস্ফেটেজ উৎসেচক [যে উৎসেচক কোন যৌগ থেকে ফসফরাসকে বিমুক্ত করে]  $Pyp_3$  দ্বারা ফসফেট বিযুক্তিকরণের সাহায্যে। এছাড়া বিভিন্ন অতিরিক্ত কাইনেজ যৌগ যথা W, eel, Mik, প্রভৃতি এই যৌগকে নিষ্ক্রিয় করতে সাহায্য করে। অপরপক্ষে  $G_2$  থেকে M দশার ট্রানজিসান ঘটে  $CDC_2$  কাইনেজের কার্যকারিতার উপরে এবং এই কাইনেজ নিয়ন্ত্রিত হয়  $CDC_2/CDC_{13}$  কাইনেজের  $CDC_{25}$  যৌগকে কার্যকরী করা বিক্রিয়ার দ্বারা। এই বিক্রিয়াগুলি চলাকালীন  $CDC_2$  [ $CDC_2$ , Wee, কে নিষ্ক্রিয় করে ফসফেট বিমুক্তকরণ দ্বারা কার্যকরী হয়ে ওঠে। হঠাৎ এইভাবে কাইনেজ কার্যকলাপ বৃদ্ধি পাওয়ায় বহু টার্গেট প্রোটিনের ফসফো রিলেশন পদ্ধতির পরিবর্তন ঘটে। তারই ফলে স্বরূপ সমগ্র



কোষ বিভাজনের দিকে অগ্রসর হয়(চিত্র নং 3.6.b)। CDC<sub>25</sub> এই দুই যৌগ বহিঃপরিবেশের উদ্ভূত সিগন্যালকে সংগ্রহ করতে পারে বা সাড়া দিতে পারে এবং সম্ভবত কোষ বিভাজনের প্রধান চেক পয়েন্ট হিসাবে কাজ করে। Wee এই যৌগ কার্যকারিতা নির্ভর হয় NIML কাইনেজের দ্বারা এবং এই কাইনেজটি কোষের বিপাকক্রিয়ার সঙ্গে সম্পর্ক যুক্ত। DNA-এর সংশ্লেষ দশা সম্পন্ন হবার পর কোন DNA অণু ড্যামেজ অবস্থায় আছে কিনা তা চেক করার জন্য একগুচ্ছ জিনের কাজ চিহ্নিত হয়েছে। এগুলির মধ্যে CDC18, CD1-1 এবং CUC5 উল্লেখযোগ্য এবং এই জিনগুলি উৎপাদিত প্রোটিন এই সংশ্লেষের পরে DNA-র অবস্থা পর্যবেক্ষণ যৌগ গঠন করে। এই যৌগ নিয়ন্ত্রিত হয় Rad1, Rad3, Rad9, Rad17, Rad26 এবং Hus<sub>1</sub> ইত্যাদি জিনের কার্যকারিতার দ্বারা এই সিগন্যালগুলির কার্যকারিতার টারগেট সিগন্যাল সম্ভবত CDC25 অথবা Wee1 অথবা উভয়ই Rad3 সম্প্রতি এই জিনটিকে দেখানো হয়েছে। প্রোটিনকে ফসফেট সংযোজনকারী প্রোটিন হিসাবে এবং একই সঙ্গে কেও ফসফেট সংযোজন ঘটায়। এইভাবে একটি জটিল যৌগ প্রোটিন গঠন করে। প্রাণীকোষে সম্ভবত CDC2 কাইনেজ কার্যকারিতা স্বাধীনভাবে নিয়ন্ত্রিত হয় যার সঙ্গে Tyr15 অ্যামাইনো অ্যাসিডের ফসফেট সংযুক্তির কোন সম্পর্ক নেই। S.cerevisiae তে সঠিক G<sub>2</sub> দশা না থাকায় DNA সংশ্লেষের পর DNA ড্যামেজ অবস্থা দেখার ব্যবস্থাপনার কিছুটা পৃথক। এই ক্ষেত্রে যদি DNA ড্যামেজ DNA অবস্থায় থাকে তবে বেমতস্ত দশায় অর্থাৎ মেটাফেজ দশায় বিভাজন থেমে যায়। অ্যানাফেজ দশার চেক পয়েন্ট নিয়ন্ত্রণ কার্যকরী যৌগ APC=Anaphase Promoting Complex) মেটাফেজ থেকে অ্যানাফেজে পরিণত করার জন্য ইউবিকুইটিন নামক প্রোটিনকে মাইটোটিক সাইক্লিনে ধ্বংসকারী অংশের সঙ্গে যুক্ত করে। DNA ড্যামেজ চেক পয়েন্ট নির্ণয়ের জন্য আরেকটি প্রোটিন কাজ করে তাকে বলে PDI এবং একই সঙ্গে এই প্রোটিন সিস্টার ক্রোমাটিড পৃথক করে সম্ভবত APC প্রোটিনকে নিষ্ক্রিয় করে।

#### কোষচক্র থেকে কোষের নিষ্কৃতি (Exit from the cell cycle)

বিভিন্ন পরীক্ষায় দেখা গেছে যে প্রাণীকোষ থেকে যদি গ্রোথ ফ্যাক্টর বাদ দেওয়া হয় বিশেষ করে G<sub>1</sub>START point-এর আগে তাহলে কোষের বৃদ্ধি বন্ধ হয় এবং কোষ G<sub>0</sub> বা অবুদ্ধির দশায় প্রবেশ করে। সম্ভবত এটাই ট্রানজিট response যা গ্রোথ ফ্যাক্টরের অনুপস্থিতিতে কোষের স্থায়ী পরিবর্তন ঘটায় [eg স্নায়ুকোষ এবং পেশী কোষ]। অথবা বিভিন্ন বৃদ্ধির দশায় কোন প্রাণীর অঙ্গের সঠিক গঠন নিয়ন্ত্রণের জন্য এই ধরনের পরিবর্তন অবশ্য প্রয়োজনীয়। গ্রোথ ফ্যাক্টরের অভাবে একটি কোষ কোষচক্র থেকে বেরিয়ে যায় তার কারণ A D সাইক্লিন উৎপাদনের জন্য গ্রোথ ফ্যাক্টরগুলি অবশ্য প্রয়োজনীয়। সাইক্লিন প্রোটিনগুলি অত্যন্ত অস্থায়ী প্রোটিন এবং G<sub>1</sub> এর প্রারম্ভিক দশাতেই নির্দিষ্ট DNA ট্রান্সক্রিপশনের মাধ্যমেই এই প্রোটিন তৈরি হয়। এই ট্রান্সক্রিপশন কেবলমাত্র গ্রোথ ফ্যাক্টর দ্বারাই কার্যকরী হয়, অর্থাৎ গ্রোথ ফ্যাক্টরই কাইনেজের লাইগ্রান্ড হিসাবে কাজ করে।

G<sub>0</sub> কোষকে গ্রোথ ফ্যাক্টর দ্বারা উদ্দীপিত করলে পুনঃরায় কোষচক্রে প্রবেশ করে। যদিও স্নায়ুকোষ বা পেশীকোষের মতো স্থায়ীভাবে পরিবর্তিত হলে আর কখনোই কোষচক্রে আনা সম্ভব নয়। আবার কোষচক্র থেকে কোষ বেরিয়ে এলে TGF-B গ্রোথ ফ্যাক্টরের বাধাদানকারী প্রোটিন হিসাবে কাজ করে বা কোষ কন্ট্রোল ইনহিবিশন ঘটায়। বিভিন্ন ধরনের ছোট সাইক্লিন গোষ্ঠীর প্রোটিন নির্ভর কাইনেজ বাধা দানকারী যৌগ [CKIs] বিভিন্ন কোষচক্রের মেশিনারিকে টার্গেট হিসাবে ব্যবহৃত করে p16 ফ্যামিলির যৌগগুলি CDK-D সাইক্লিন যৌগকে নিষ্ক্রিয় করে। ফলে প্রোটিনের ফসফেট সংযুক্তি হতে পারে না। ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টরগুলিকে নিষ্ক্রিয় করে দেয়। অপরপক্ষে, P21 এবং গোষ্ঠীর যৌগগুলি CDK-সাইক্লিন কার্যকলাপকে সম্পূর্ণ বন্ধ করে এবং এই ভাবেই কোষ G<sub>0</sub>তে থেকে যায়।

#### অ্যাপপটোসিস কোষচক্রের বন্ধের বিপরীত ব্যবস্থা [Apoptosis on an alternative to cell cycles arrest]

অ্যাপপটোসিস কথার অর্থ কোষের নিজস্ব জিন প্রোগ্রামকে কার্যকরী করে নিজের মৃত্যু ঘটানো। এই জিন গোষ্ঠী কার্যকরী হয় যদি কোষীয় বিভিন্ন প্রকার ভিতরের ও বাইরের সিগন্যালগুলি নিজস্ব সঠিক কর্মধারায় বিপরীত

হয়। অর্থাৎ DNA মেরামত অনুপযোগী কোন পরিবর্তন ঘটে তবে এইভাবে ঐ বিশেষ জিনগুলি কার্যকরী করে নিজেই নিজেকে ধ্বংস করে। এই অ্যাপপটোসিস পদ্ধতি বৃদ্ধিতে এক বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ ভূমিকা পালন করে। রাসায়নিক বা জীবাণু আক্রমণ থেকে রক্ষা পাবার জন্য এই পদ্ধতি যথেষ্ট উল্লেখযোগ্য। অ্যাপপটোসিস বন্ধ হলে সেই কোষে ক্যান্সারের উৎপত্তি হতে পারে। কোষের মৃত্যু ঘটানোর জন্য BCL-2 ফ্যামিলির জিন নিয়ন্ত্রক হিসাবে কাজ করে, যদিও এই জিন ফ্যামিলি কোষের সারভাইভ্যালে (Survival factor) ফ্যাক্টর হিসাবে কাজ করে এবং *C-elegans* CED-4 প্রোটিনের সমন্বয় হিসাবে প্রতিটি কোষেই বৃদ্ধির দশায় কাজ করে। আর একটি ফ্যামিলির জিন যেমন BAX, BAD এবং D BAK এরাও অ্যাপপটোসিসের সূত্রপাত ঘটায় P53 ফ্যামিলির জিন অ্যাপপটোসিসের জন্য প্রধান ভূমিকা পালন করে বলে মনে করা হয়।

### 3.7 কোষচক্রের সঙ্গে ক্যান্সারের সম্পর্ক

একটি কোষচক্র দুটি অংশ দ্বারা গঠিত। একটি বৃদ্ধির দশা যে সময়ে কোষের সমস্ত DNA সংশ্লেষিত হয়ে দ্বিগুণ হয় এবং অপরটি বিভাজন দশা প্রতিটি কোষচক্রের সময়কাল এবং তার সমস্ত উপদশাগুলির সময়কাল ভিতরের এবং বাইরের রাসায়নিক সিগন্যাল দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। প্রতিটি উপদশা থেকে অন্য উপদশায় যাওয়া বা ট্রানজিশন যেমন  $G_1$  থেকে S উপদশায় অথবা  $G_2M$  উপদশায় সম্পূর্ণভাবে সুনির্দিষ্ট রাসায়নিক সিগন্যালের উপর নির্ভরশীল। যদি এই সিগন্যালগুলির কোনটি সঠিকভাবে কোষ দ্বারা গ্রাহ্য না হয় অথবা একটি নির্দিষ্ট সিগন্যাল অনুসারে কোষ সাড়া দিতে অক্ষম হয় তা হলেই ক্যান্সারের সূত্রপাত হয়। কোষচক্র সম্পূর্ণ বর্তমানে যে ধারণা তা হল বিভিন্ন অন্তর্দর্শায় ট্রানজিশন নিয়ন্ত্রিত হয় কতকগুলি কোষীয় 'চেক পয়েন্ট' [Cellular check point] দ্বারা। একটি চেক পয়েন্টের মানে হল একটা বিশেষ পদ্ধতি যার সাহায্যে এই উপদশা থেকে অন্য উপদশায় যাওয়ার জন্য সমস্ত ব্যবস্থাপনা ঠিকঠিক ভাবে সম্পাদিত হয়েছে কিনা তা অনুধাবন করার ক্ষমতা। যেমন  $G_2$  উপদশা থেকে বিভাজন উপদশায় ট্রানজিশনের যাবার জন্য কোষের প্রধান ব্যবস্থাপনা বলতে বোঝায় সমস্ত DNA সঠিকভাবে সংশ্লেষিত হয়ে ঠিক দ্বিগুণ পরিমাণ DNA কার্যগত এবং গঠনগত ভাবে ঠিক ঠিক তৈরি হয়েছে কিনা, DNA অণুগুলির কোথাও কোন ড্যামেজ ঘটেছে কিনা এবং তা ঘটে থাকলে তার সঠিকভাবে মেরামত হয়েছে কিনা। প্রতিটি চেক পয়েন্টের রাসায়নিক এবং আণবিক ব্যবস্থাপনা অত্যন্ত জটিল। দুই গোষ্ঠীর প্রোটিন অণু বিভিন্নভাবে মিলিত হয়ে প্রধানত এই চেক পয়েন্টগুলি নিয়ন্ত্রণ করে। এই প্রোটিনগুলি অন্যান্য জাতীয় প্রোটিনের কার্যধারা নিয়ন্ত্রণ করে। প্রধানত সেই প্রোটিনের সঙ্গে ফসফেট সংযুক্তির মাধ্যমে আবার অন্য প্রোটিনকে ফসফেট সংযুক্তির ক্ষমতা নির্ভর করে বিশেষ ধরনের সাইক্রিনের সংযুক্তীয় উপরে। অর্থাৎ কোন একটি CDK প্রোটিনের কার্যকারিতা [অন্য প্রোটিনে ফসফেট সংযোজন ক্ষমতা] নির্ভর করে বিশেষ ধরনের CDK -এর সঙ্গে বিশেষ ধরনের সাইক্রিনের যৌগ গঠনের উপরে। কাজেই সাইক্রিনের অনুপস্থিতিতে CDK প্রোটিনগুলি সম্পূর্ণ নিষ্ক্রিয়, অর্থাৎ প্রত্যেকটা উপদশা থেকে অন্য উপদশায় ট্রানজিশন নির্ভর করে প্রত্যেকটা চেক পয়েন্টের উপরে। এই চেক পয়েন্ট কার্যকরী হতে গেলে প্রতিটি উপদশায় উৎপন্ন বিশেষ সাইক্রিন ও সেই উপদশায় কার্যকরী CDK -এর সংযুক্তি এবং পরবর্তী উপদশায় পৌঁছানোর পর সেই সাইক্রিন CDK যৌগের ভেঙে নিষ্ক্রিয় হয়ে যাওয়া। কোষচক্রের প্রধান চেক পয়েন্ট হল স্টার্ট [START] চেক পয়েন্ট বা  $G_1$  উপদশার মাঝামাঝি কার্যকরী হয়। এই স্টার্ট চেক পয়েন্টের অর্থ হল কোষ সঠিকভাবে অনুভব করতে পারে তার ভিতরের এবং বাইরের সিগন্যালগুলি এবং বুঝতে পারে ঠিক কখন DNA সংশ্লেষের জন্য বিভিন্ন রাসায়নিক এবং আণবিক ক্রিয়াকলাপ শুরু করা যাবে। এই স্টার্ট চেক পয়েন্টের পয়েন্টের জন্য কাজ করে D শ্রেণীর সাইক্রিন এবং CDK4 প্রোটিনের যৌগ যদি একটি কোষের CDK-D সাইক্রিন যৌগ সঠিকভাবে স্টার্ট চেক পয়েন্ট পার করিয়ে দেয় এই কোষটি সম্পূর্ণভাবে DNA সংশ্লেষের জন্য দায়বদ্ধ হয়ে পড়ে। এর পরবর্তী পর্যায়ে যদি DNA সংশ্লেষ শুরুর ঠিক পূর্বেই অর্থাৎ  $G_1$  উপদশার শেষ লগ্নে কোন

কারণে কোষের নিউট্রিশ্যাপ [কোষ বৃদ্ধির জন্য প্রয়োজনীয় বিভিন্ন অণু যথা অ্যামাইনো অ্যাসিড, গ্লুকোজ, বিভিন্ন ভিটামিন ও অন্যান্য ফ্যাক্টর ইত্যাদি] বা যদি DNA-র কোথাও ড্যামেজ হয়ে থাকে সেই পরিস্থিতি সাইক্লিন CDK যৌগকে ভেঙে দেয় এবং সাইক্লিন দশায় প্রবেশ প্রতিহত হয় এই ধরনের কোন অঘটন না ঘটলে CDK<sub>4</sub>-D যৌগ সুষ্ঠুভাবে কোষের G<sub>1</sub> উপদশা পার করে DNA সংশ্লেষ শুরু করিয়ে দেয়। টিউমার কোষের কোষচক্রের চেক পয়েন্টগুলি প্রায় সময়ই অনিয়ন্ত্রিত হয়ে পড়ে এবং এই অনিয়ন্ত্রণ অবস্থা কার্যকরী হয় এই সংক্রান্ত জিনের কার্যকারিতার ক্রটি। এই জিনের ক্রটির দরুন প্রয়োজন মার্কিন CDK এবং সাইক্লিন সঠিকভাবে সব উপদশায় উৎপন্ন হয় না। কখনো বেশি হয় কখনো কম হয়। উদাহরণস্বরূপ CDK এবং সাইক্লিন মিউটেশন ঘটে অথবা যে জিনগুলি বিশেষ প্রোটিন উৎপন্ন করে এবং যে প্রোটিনগুলি CDK সাইক্লিন দ্বারা কার্যকরী হয় সেই প্রোটিন উৎপাদনকারী জিনের ক্ষারক পরিবর্তন বা মিউটেশন ঘটলে এই উপদশাগুলির অনিয়ন্ত্রণ স্বাভাবিক ভাবেই ঘটে। বহু রকমের জিনের অস্বাভাবিকতাই এই কোষচক্রকে অনিয়ন্ত্রিত করে দিতে পারে এবং এরই কারণ স্বরূপ কোষ অনিয়ন্ত্রিত ভাবে অপ্রয়োজনীয় বিভাজনের দ্বারা প্রথমে টিউমার ও পরে ক্যান্সার উৎপন্ন করে। যে স্টার্ট চেক পয়েন্ট S দশা প্রবেশ নিয়ন্ত্রণ করে এবং যদি কোষের DNA ড্যামেজ অবস্থায় থাকে তাহলে দশায় প্রবেশ বন্ধ হয় কেননা S দশায় প্রবেশের আগে ড্যামেজ DNA মেরামত করে নেওয়া বিশেষ প্রয়োজন। যদি ঠিক মতো মেরামত না হয় তাহলে এই ড্যামেজ DNA-ই সংশ্লেষিত হবে এবং বিভিন্ন অপত্য কোষে প্রবাহিত হবে। সাধারণ স্বাভাবিক কোষ এই স্টার্ট পয়েন্ট কিছুটা কোষীয় বিশ্রামের প্রোগ্রাম করে যায় সাহায্যে বিভিন্ন সংবেদনের মাধ্যমে দেখেনিতে পারে কোষের কোথাও ড্যামেজ আছে কিনা এবং সেই অনুসারে স্টার্ট চেক পয়েন্ট কার্যকরী করে। যে চেক পয়েন্টে স্টার্ট চেক পয়েন্ট সঠিকভাবে কার্যকরী হয়না সেই কোষের অনিয়ন্ত্রিত কোষ বিভাজন পরবর্তী অপত্য কোষ সমূহে অস্বাভাবিক DNA-র প্রাদুর্ভাব ঘটায়। এইভাবে একটি অপ্রয়োজনীয় কোষের ক্লোন বা ডেলা উৎপন্ন হয়। এই ধরনের কোষের ডেলায় স্টার্ট চেক পয়েন্ট কার্যকরী না হলেই কোষগুলি ক্যান্সারাস হয়ে যায়।

### 3.8 সারাংশ

এই একক পাঠের মাধ্যমে একটি বহুকোষীয় প্রাণীর কোষ বিভাজন পদ্ধতি সম্পর্কে আধুনিক ধারণা দেওয়ার চেষ্টা করা হয়েছে। বহুকোষীয় প্রাণীর কোষগুলি কি ভাবে ভেতরের এবং বাইরের শারীরবৃত্তীয় এবং পরিবেশের সিগনাল অনুসারে ভূগ দশা থেকে পরিপূর্ণ প্রাণীর রূপ প্রকাশ করে এবং কেনই বা কিছু কোষ সর্বদা বিভাজিত হয়। কেনই বা কোন কোষ কখনো বিভাজিত হয়না, এই সম্পর্কেও বিশদ আলোচনা করা হয়েছে। এছাড়া একটি কোষচক্র বলতে কি বোঝায় এবং কোষচক্রের দশা ও উপদশার আণবিক ও রাসায়নিক নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি যা বিভিন্ন জিন দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয় এবং প্রজাতিগত প্রোগ্রামিং অনুসারে সেই জীবের পূর্ণ প্রকাশ ঘটে। সর্বোপরি এই বিভিন্ন দশা উপদশার নিয়ন্ত্রণ শিথিলতা জিনের গঠনগত পরিবর্তন বা মিউটেশন দ্বারা সাধিত হয়। সর্বোপরি এই অনিয়ন্ত্রিত কোষ বিভাজনই ক্যান্সারের উৎপত্তি ঘটায়। অর্থাৎ ক্যান্সার হল একটি জিন ঘটিত রোগ এবং বংশগতির ধারায় প্রবাহযোগ্য অস্বাভাবিকতা।

### 3.9 অনুশীলনী -1

1. a. বহুকোষীয় প্রাণীর সব কোষেই সর্বদা কোষ চক্র বর্তমান— হ্যাঁ/না
- b. Go দশা কোষচক্রের অন্তর্বর্তীদশার একটি বিশেষ উপদশা— হ্যাঁ/না
- c. CDK-সাইক্লিন যৌগগুলি কোষচক্রের ট্রানজিশন নিয়ন্ত্রণ করে— হ্যাঁ/না

- (d) একই প্রকার সাইক্রিন কোষচক্রের সমস্ত উপদশাকে নিয়ন্ত্রণ করে হ্যাঁ/না  
 (e) START চেক পয়েন্ট  $G_1$  উপদশার শেষ প্রান্ত কার্যকরী হয়— হ্যাঁ/না  
 (f) কোষ বিভাজনের অন্তর্দর্শ্য কোষের কার্যকলাপের নিষ্ক্রিয় দশা— হ্যাঁ/না  
 (g) কোষচক্রের বিভাজন দশায় কোন জৈব অণু সংশ্লেষিত হয় না— হ্যাঁ/না  
 (h) অ্যাপপটোসিস হল DNA-এর একটি বিশেষ সংশ্লেষকারী ধর্ম— হ্যাঁ/না  
 (i) সমস্ত কোষচক্রেই অন্তর্দর্শ্য উপদশাগুলি একই সময়কালব্যাপী ঘটে—হ্যাঁ/না  
 (j) ক্যান্সার হল জিন ঘটিত রোগ— হ্যাঁ/না

### অনুশীলনী - 2

#### 1. টীকা লিখুন :-

- (a) CDK4 (b) সাইক্রিন (c) ফসফেট সংযোজন (d) প্রোফেজ (e) অ্যানাফেজ (f) ট্রানজিশন্  
 (g) সিগনালস (h)  $G_1$  (i) কোষচক্র (j) চেক পয়েন্ট

#### শেষ প্রশ্নাবলী :-

2. a. কোষচক্র বলতে কি বোঝায়? বিভাজন দশায় দেহ কোষের ক্ষেত্রে যে ঘটনাগুলি ঘটে তা ছবিসহ সংক্ষেপে আলোচনা করুন।  
 b. কোষচক্রের সঙ্গে ক্যান্সারের সম্পর্ক সংক্ষেপে আলোচনা করুন।  
 c. E. Coli কোষের কোষচক্র সম্পর্কে যা জানেন সংক্ষেপে লিখুন।  
 d. কোষচক্রের s দশা সম্পর্কে বিস্তারিত আলোচনা করুন।  
 e. কোষচক্র পরিচালনায় সাইক্রিন ও CDK প্রোটিনের ভূমিকা সংক্ষেপে আলোচনা করুন।

### 3.10 উত্তরমালা অনুশীলনী-1

1. a-না, b-না, c-হ্যাঁ, d-না, f-না, g-হ্যাঁ, h-না, i-না, j-হ্যাঁ

#### উত্তরমালা- অনুশীলনী-2

#### 1. টীকা

- |              |              |
|--------------|--------------|
| a. 3.6 দেখুন | b. 3.6 দেখুন |
| c. 3.6 দেখুন | d. 3.4 দেখুন |
| e. 3.4 দেখুন | f. 3.6 দেখুন |
| g. 3.6 দেখুন | h. 3.5 দেখুন |
| i. 3.1 দেখুন | j. 3.6 দেখুন |

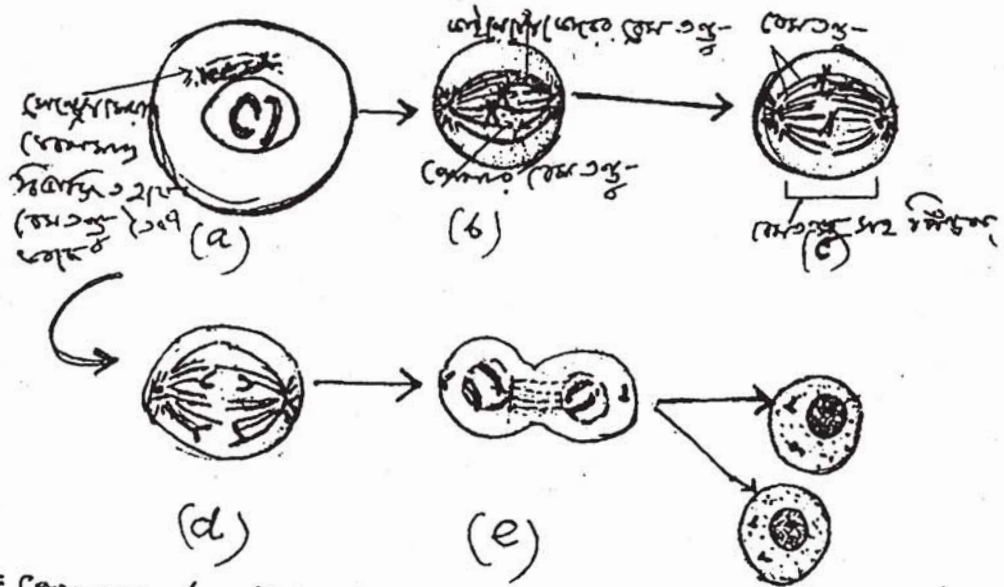
2. (a) 3.1 দেখুন এবং 3.4 দেখুন

2. (b) 3.7 দেখুন

- 3.3 দেখুন

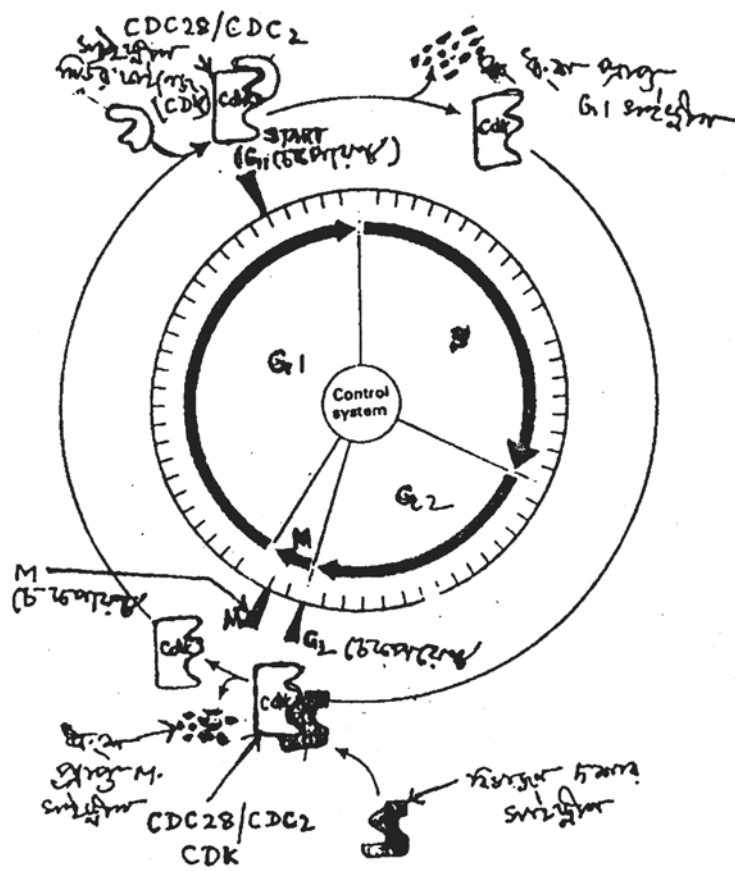
- 3.5 এবং 3.6 দেখুন

- 3.6 দেখুন



e = কোষের কেন্দ্রীয় অংশ, b = কোষের পর্দা, c = কোষের কেন্দ্রীয় অংশ (f) কোষের কেন্দ্রীয় অংশ  
d = কোষের কেন্দ্রীয় অংশ, e = কোষের কেন্দ্রীয় অংশ, f = কোষের কেন্দ্রীয় অংশ  
কোষের কেন্দ্রীয় অংশ এবং কোষের পর্দা

চিত্র নং : 3.4 একক III কোষচক্র



চক্রের - কোষ চক্রের সিস্টেম - অন্তর্গত নিয়ন্ত্রণ (check point)।  
 সিস্টেমের প্রধান অংশ - Cdk। Cdk = Cyclin dependent kinase.  
 এ সিস্টেমের প্রধান CDC - Cyclin dependent kinase complex।

চিত্র নং : 3.6a স্ট্রের কোষ চক্রের কিছু আনাবিক নিয়ন্ত্রণ দেখানো হল

---

## একক-4 □ DNA ও RNA-এর ধর্ম

---

- 4.1 প্রস্তাবনা
- 4.2 উদ্দেশ্য
- 4.3 DNA-এর গঠনশৈলী, ধর্ম ও প্রকারভেদ
- 4.4 RNA-এর গঠনশৈলী, ধর্ম ও প্রকারভেদ
- 4.5 কোষের কেন্দ্রীয় নীতি বা **Central dogma**
- 4.6 DNA যে জেনেটিক বস্তু তার প্রমাণ
- 4.7 RNA যে জেনেটিক বস্তু তার প্রমাণ
- 4.8 DNA এর বিশেষ ব্যবহার ও জিন প্রযুক্তি বিদ্যায় তার প্রয়োগ
- 4.9 সারাংশ
- 4.10 অনুশীলনী
- 4.11 উত্তরমালা

---

### 4.1 প্রস্তাবনা

---

অস্ট্রিয়ার ব্রুনেই শহরের একটি সাধারণ গীর্জার পাদ্রী মেন্ডেল (Gregor Johann Mendel) এর মনের প্রশ্নানুসারে তিনি তাঁর বাগানের মটর গাছের উপরে যে যুগান্তকারী পরীক্ষা নিরীক্ষা চালান এবং সেই পরীক্ষার পর্যবেক্ষণ থেকে (1865-66) একটি তথ্য এসেছিল, “যে কোন জীবের কোন একটি বৈশিষ্ট্য অস্তিতপক্ষে দুটি ফ্যাক্টর দ্বারা নিয়ন্ত্রিত। এই ফ্যাক্টর দুটি সমধর্মীয় হতে পারে আবার বিপরীত ধর্মীয়ও হতে পারে। বিপরীত ধর্মীয় হলে যে কোন একটি ফ্যাক্টর প্রকাশিত হয় এবং অপরটি আপাতত প্রচ্ছন্ন থাকে। যেটি প্রকাশ পায় তাকে বলে প্রকট ফ্যাক্টর বা ডোমিন্যান্ট বৈশিষ্ট্য এবং প্রচ্ছন্ন ফ্যাক্টরকে বলে প্রচ্ছন্ন বা রিসেসিভ ফ্যাক্টর। এই প্রচ্ছন্ন ফ্যাক্টরটি কখনই সেই বংশগতির ধারা থেকে হারিয়ে যায় না, সুযোগ পেলেই আবার প্রকাশিত হয়।” এই তথ্য আবিষ্কার একটি বিশেষ বিষয়ের সূত্রপাত ঘটায় যাকে বলা হ’ল বংশানুক্রম বিজ্ঞান। মেন্ডেল পরবর্তীকালে এই বংশগতি বিজ্ঞানী নিয়ে বহু বিজ্ঞান নানারকম গবেষণার মাধ্যমে আজ যে সিদ্ধান্তে উপনীত হয়েছেন তাতে এটা পরিষ্কার যে মেন্ডেল বর্ণিত ফ্যাক্টরই আজকের জিন (Gene)। জিন যে পদার্থ দ্বারা তৈরি হয় তা হল DNA বা ডি-অক্সিরাইবো নিউক্লিক অ্যাসিড (Deoxyribonucleic acid)। তবে মেন্ডেল বর্ণিত ফ্যাক্টর থেকে যাত্রা শুরু করে DNA পর্যন্ত পৌঁছাতে বিজ্ঞানীদের সময় লেগেছে প্রায় 75 বছর। এসব স্বনামধন্য বিজ্ঞানীদের মধ্যে অন্যতম হলেন de Vries, Correns এবং Von Tschermak যারা মেন্ডেলের কথার সত্যতা 1900 খৃষ্টাব্দে পুনঃপ্রতিষ্ঠিত করেন। Sutton এবং Boveri ও Morgan 1902 খৃষ্টাব্দে ড্রোসোফিলা মাছির উপর গবেষণা চালিয়ে বংশগতির ক্রোমোজোম মতবাদ (Chromosome Theory of Heredity) প্রতিষ্ঠিত করেন। সেই সঙ্গে মেন্ডেলের চিন্তাভাবনা আরো সুপ্রতিষ্ঠিত হয়। Griffith

(1928) খৃষ্টাব্দে দেখান, কোন একটি ব্যাকটেরিয়া প্রজাতির একটি বিশেষ বৈশিষ্ট্য সেই প্রজাতিরই অপর একটি ব্যাকটেরিয়া প্রভাবিত করানো সম্ভব। তাঁর মতে এই চরিত্র পরিবর্তনকারী ফ্যাক্টরটি অবশ্যই কোন একটি পদার্থ। তিনি তার নামকরণ করেন 'Transforming-Principle'। Meischner সর্বপ্রথম পূঁজ থেকে 'নিউক্লিন' নামক পদার্থ আবিষ্কার করেন 1871 সালে, যা পরবর্তীকালে নিউক্লিয় প্রোটিন যৌগ নামে পরিগণিত হয়। চারগাফ ও আরো অনেকে 1940 সালে প্রথম প্রাণীকোষ থেকে DNA ও RNA আবিষ্কার করেন এবং পরবর্তীকালে চারগাফ DNA-এর রাসায়নিক বিশ্লেষণ দ্বারা তাঁর সুবিখ্যাত ক্ষারক তত্ত্ব বা বেস থিওরি (Base Theory) i.e.  $\frac{A+G}{C+T}$  আবিষ্কার করেন। এর পরবর্তীকালে অর্থাৎ 1944 সালে অ্যাভারি, ম্যাকলিওড, এবং ম্যাককাটা প্রমাণ করেন এবং দেখান যে গ্রিফিথের 'Transforming Principle' আসলে আর কিছুই নয় DNA। এই সিদ্ধান্তের সপক্ষে আরো পরীক্ষা নিরীক্ষা চালিয়ে হার্সে ও চেইজ 1952 সালে মন্তব্য করেন যে DNA ই জেনেটিক বস্তু। এর পরবর্তীকালে এই বংশগতির বস্তুটির গঠনতন্ত্র আবিষ্কারের জন্য বহু বিজ্ঞানী নিরলস প্রচেষ্টা করে যান। এঁদের মধ্যে গুরুত্বপূর্ণ হলেন মরিস উইলকিন্স ও রোজ্যালিন ফ্রাঙ্কলিন, -এর উইন চারগাফ, লিনাস পলিং, ফ্রান্সিস ক্রিক এবং জেমস-ডি ওয়াটসন প্রভৃতি। অবশেষে 1953 সালে জেমস ডি-ওয়াটসন এবং ফ্রান্সিস ক্রিক সমকালীন অন্যান্য কাজের নিরিখে এবং নিজেদের X-ray crystallography ও চারগাফের ক্ষারক বিশ্লেষণ অনুপাতের ভিত্তিতে DNA-এর গঠন সম্বন্ধে এক যুগান্তকারী ও মানবসম্ভতার একটি বিশেষ দিক উন্মোচনকারী ধারণা প্রকাশ করেন। তাঁদের এই আবিষ্কার নোবেল প্রাইজ দ্বারা সম্মানিত হয়। পরবর্তীকালে আরো অনেক গবেষণায় পরিষ্কারভাবে বোঝা যায় যে DNA এমন একটি কোষীয় অণু যার কাজ সমস্ত জীব জগতের জৈব কাঙ্ক্ষ নির্ধারণ ও নিয়ন্ত্রিত করে। সেই কারণেই DNA তার দেহ থেকে RNA নামক আর একটি রাসায়নিক অণু সংশ্লেষণ দ্বারা প্রোটিন উৎপন্ন করে। আর এই কোষীয় পরিবেশে প্রোটিনই প্রায় সমস্ত জৈবিক ক্রিয়া বিক্রিয়া নিয়ন্ত্রণ করে। অর্থাৎ কোষীয় পরিবেশে বিভিন্ন জৈবিক ক্রিয়া দ্বারা নিয়ন্ত্রণের জন্য এই তিনটি বৃহৎ অণু পরস্পর পরস্পরের দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। এই নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতির একটি সুনির্দিষ্ট বিন্যাসকেই কোষের কেন্দ্রীয় নীতি বা Central Dogma বলে। পরবর্তীকালে আরো পরিষ্কারভাবে প্রমাণিত হয় যে বংশগতির ধারায় প্রবাহযোগ্য সমস্ত বৈশিষ্ট্য বাহিত হয় কেবলমাত্র DNA অণুর দ্বারাই, যদিও ব্যতিক্রম হিসাবে কিছু ভাইরাসের ক্ষেত্রে (Retrovirus এবং T.M.V. ইত্যাদি) RNA বংশগতির বৈশিষ্ট্যই বহনে প্রধান ভূমিকা পালন করে। DNA অণুর বিশেষ কিছু ধর্মই জেনেটিক বস্তু হওয়ার পক্ষে যথেষ্ট সহায়ক। এগুলির মধ্যে উল্লেখযোগ্য হল (i) নিজেই ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে স্বউৎপাদন (Replication), (2) নিজের দেহের একটি বিশেষ অংশ থেকে RNA গঠনের ক্ষমতা (Transcription), এবং (3) এই RNA কে ব্যবহার করে প্রোটিন সংশ্লেষণ ঘটানোর ক্ষমতা বা Translation (4) দৈর্ঘ্য বরাবর ক্ষতের সৃষ্টি হলে তা মেরামত করার ক্ষমতা, (5) শূন্য ডিগ্রি বা তার নিচের তাপমাত্রা থেকে 100°C তাপ মাত্রায় নিজের কার্যক্ষমতাকে সঠিক রাখার ক্ষমতা (6) গ্যামেটের শুক্রাণু বা ডিম্বাণু দ্বারা এক জনু থেকে অন্য জনুতে প্রবাহিত হওয়ার ক্ষমতা ডি নেচারেশন ও রি নেচারেশন হওয়ার ক্ষমতা বা অধিক তাপমাত্রায় জলীয় দ্রবণে গঠনগতভাবে পরিবর্তিত হলেও পুনরায় তাপমাত্রা কমালে সম্পূর্ণ কার্যকারিতা বজায় রাখার ক্ষমতা এবং বংশগতির ধারা প্রবাহযোগ্য স্থায়ী পরিবর্তনের ক্ষমতা (Mutability) ইত্যাদি। এই বৈশিষ্ট্যগুলির কোনটি অন্তত আজ পর্যন্ত আর কোন কোষীয় অণুর ক্ষেত্রে প্রযোজ্য নয়। যদিও এর কিছু বৈশিষ্ট্য RNA-এর ক্ষেত্রে বর্তমান।

উপরিউক্ত কারণগুলির দরুন ও এর বিভিন্ন ধর্ম ও গঠনগত বৈচিত্র্যে সমস্ত রহস্য উদঘাটন মানবজীবনে বহুমুখী উন্নতির জন্য অবশ্য প্রয়োজনীয়।



---

## 4.2 উদ্দেশ্য

---

এই একক পাঠ করলে আপনি যে বিষয়গুলি সম্বন্ধে অবহিত হবেন সেগুলি হল যথাক্রমে :-

- DNA এর গঠনশৈলী ও ধর্ম ও প্রভাবভেদ।
- RNA এর গঠনশৈলী ও ধর্ম এবং প্রকারভেদ।
- কোষের কেন্দ্রীয় নীতি বা Central Dogma
- DNA এই যে জেনেটিক বস্তু তার প্রমাণ।
- RNA জেনেটিক বস্তু হিসাবে প্রমাণ।
- DNA এর বিশেষ ধর্ম ও জিন প্রযুক্তিবিদ্যায় তার ব্যবহার।

---

## 4.3 DNA এর গঠন শৈলী ধর্ম ও প্রকারভেদ

---

ওয়াটসন ও ক্রিকের (1953) দেওয়া DNA-এর গঠন সম্পর্কে বিস্তৃত বিবরণ।

---

### 4.3.1 DNA এর ভৌত গঠন

---

ওয়াটসন ও ক্রিকের মতে DNA অণুর গঠন কতকগুলি একক সম্পন্ন দুটি তন্তুর মাধ্যমে ঘটে। এই তন্তু বা শৃঙ্খল দুটি একটি কাল্পনিক অক্ষের চারিদিকে দক্ষিণাবর্তভাবে প্যাঁচানো সিঁড়ির ন্যায় এবং এই তন্তু দুটির দৈর্ঘ্য বরাবর সর্বদাই  $20\text{\AA}$  ( $1\text{m.m.} = 1000\ \mu\text{m}$ ;  $1\ \mu\text{m} = 10,000\text{\AA}$ ) দূরত্ব বজায় থাকে। DNA এই গঠন ভাইরাস থেকে ব্যাকটেরিয়া হয়ে সুবৃহৎ উদ্ভিদ জগৎ একদিকে এবং এককোষী প্রাণী মানুষ পর্যন্ত—সর্বত্রই একই প্রকারের। ব্যতিক্রম কেবলমাত্র  $\phi\text{X}-174$  ভাইরাস এবং আর দু'একটি ভাইরাস যেখানে DNA অণু দ্বিতন্ত্রী গঠনের পরিবর্তে একতন্ত্রী। আবার রিট্রো ভাইরাস ও টোবাকো মোজাইক ভাইরাস (TMV) ইত্যাদি ক্ষেত্রে জেনেটিক বস্তু হিসাবে DNA-এর পরিবর্তে RNA বর্তমান। DNA অণুর ভৌত গঠন এমনই যে যদি এই অণুর তলা থেকে উপর দিকে তাকানো যায় তাহলে এই তন্তুদুটির দক্ষিণাবর্ত বিন্যাস অতি সহজেই বুঝতে পারা যায়। প্রত্যেকটা তন্তু পরস্পর ঘড়ির কাঁটার সপক্ষে প্যাঁচানো অবস্থায় থাকে এবং DNA অণুর প্রধান অক্ষ (backbone) হিসাবে কাজ করে। প্রতিটি তন্তু একক অংশকে নিউক্লিওটাইড বলে। অর্থাৎ এই অণুটি দেখতে অনেকটা প্যাঁচানো সিঁড়ির ন্যায়। প্রতিটি প্যাঁচ ১০টি করে বেস জোড় বহন করে। এই অণুর দৈর্ঘ্য নির্ভর করে প্রায় সবক্ষেত্রেই ক্রোমোজোমের দৈর্ঘ্যের উপরে অথবা ব্যাকটেরিয়ার ক্ষেত্রে তার প্রজাতি গত বৈশিষ্ট্যের উপরে। যদিও প্রস্থ সর্বদাই এবং সর্বত্রই একই থাকে যদি অণুটি দ্বিতন্ত্রী হয়। হাইড্রোজেন বন্ধনির দ্বারা দুইটি তন্তুর সর্বপর্যায়িক বেস জোড় পরস্পরের সঙ্গে আবদ্ধ থাকে। প্রত্যেকটি প্যাঁচের দৈর্ঘ্য এবং দুটি খাঁজ বহন করে যার একটিকে বলে প্রধান খাঁজ এবং একটি অপ্রধান খাঁজ। এইখানে বর্ণিত অণুটি চরিত্রগতভাবে ঠিক ওয়াটসন ক্রিক বর্ণিত অণু থাকে তাঁরা B-DNA রূপে আখ্যায়িত করেছেন।

---

### 4.3.2 রাসায়নিক গঠন

---

প্রতিটি তন্তুর একক বা নিউক্লিও টাইড গঠিত হয় একটি পাঁচ কার্বনযুক্ত ডি-অক্সি রাইবোজ শর্করা একটি ফসফেট জৈব এবং একটি নাইট্রোজেনযুক্ত বেনজিন রিং দিয়ে। এই রিং একটিও থাকতে পারে যদি পিরিমিডিন হয় আবার দুটি রিং যুক্ত বা ক্ষারক বা বেস হতে পারে। এই ক্ষারক দুই ধরনের যথা পিরিমিডিন এবং পিউরিন। আবার পিরিমিডিন এবং পিউরিন প্রত্যেকেই তাদের রাসায়নিক গুণের উপর নির্ভর করে দুই ভাগে বিভক্ত। পিরিমিডিন এর দুটো ভাগ হল থাইমিন (T) ও সাইটোসিন (C)। এইরূপভাবে পিউরিনের দুটো অংশ হ'ল অ্যাডেলিন (A) ও গুয়ানিন (G)। DNA অণুর প্রতিটি তন্তু পাঁচ কার্বনযুক্ত ডিঅক্সিরাইবোজ শর্করা ও ফসফেট যৌগ দ্বারা গঠিত। প্রতিটি শর্করার তিন স্থানের কার্বন এবং পঞ্চমস্থানের কার্বন পরস্পরের বিপরীত মেরুতে অবস্থান করে এবং সর্বদাই ফসফেট যৌগের সঙ্গে ফসফোডোয়েস্টার বন্ধনীর দ্বারা যুক্ত হয়। এইভাবে গঠিত শর্করা—ফসফেট তন্তুর প্রতিটি শর্করার এক নম্বর কার্বনস্থান সর্বদাই যুক্ত হয় ক্ষারকের এক নম্বর স্থানের হাইড্রোজেনের সঙ্গে (গোয়ানিন বা অ্যাডেনিনের ক্ষেত্রে)। এইভাবে গঠিত প্রতিটি তন্তুর ক্ষারক বা বেস সজ্জা অপর তন্তুর ক্ষারক বা বেস সজ্জার পরিপূরক (Complementary) হিসাবে, এবং শর্করায় তিন কার্বন ও পাঁচ কার্বনের ক্রম বা মেরুকরণ অনুসারে পরস্পর পরস্পরের বিপরীতমুখী (Antiparallel) ভঙ্গিতে অবস্থান করে। অর্থাৎ একটি DNA অণুর দুটি তন্তুর যে কোন স্থানের সমপর্যায়িক দুটি শর্করা পরস্পরের ক্ষারক দ্বয়ের মধ্যে হাইড্রোজেন বন্ধনীর দ্বারা যুক্ত থাকে। চারগফের বেস সূত্র অনুসারে অ্যাডেনিন সর্বদাই দুটি হাইড্রোজেন বন্ধনীর দ্বারা থাইমিনের সঙ্গে যুক্ত হতে পারে এবং গুয়ানিন ক্ষারক সর্বদাই তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধনীর দ্বারা সাইটোসিনের সঙ্গে যুক্ত হতে পারে (A = T এবং G = C)। এইভাবে ক্ষারকের সঙ্গে T ক্ষারকের এবং G ক্ষারকের সঙ্গে C ক্ষারকের হাইড্রোজেন বন্ধনীর দ্বারা আবদ্ধ হওয়াকেই প্রতিপূরক (Complementary) বলে। প্রতিপূরক বন্ধনীর অর্থ হল দ্বিতন্ত্রী DNA-এর একটি তন্তুর যে কোন একটি ক্ষারক বা বেস অপর তন্তুর সমপর্যায়িক ক্ষারকের বা বেসের সঙ্গে সংযুক্ত হওয়া বা মানানসই হওয়া (Matching)। তবে যে কোন DNA অণুর যে কোন তন্তু ক্ষারক সজ্জার কোন নির্দিষ্টতা নাই কিন্তু একটিতে যে কোন ক্ষারক সজ্জাই থাকুক না কেন অপর তন্তুতে পরিপূরক ক্ষারক সজ্জার সবসময়ই পাওয়া যায়। অস্বাভাবিক অবস্থায় পরিপূরক সজ্জায় কিছু পরিবর্তন হতে পারে কিন্তু তার প্রভাব বংশগতির ধারায় প্রতিফলিত হতে পারে। পরিপূরক বেস সজ্জাকে ওয়াটসন ক্রিক ক্ষারক যুগল বন্ধনী (Watson Crick Base Pairing) বলা হয়।

---

### 4.6 DNA যে জেনেটিক বস্তু তার প্রমাণ

---

DNA-এ অণুর বিভিন্ন ধর্মসমূহের মধ্যে গুরুত্বপূর্ণগুলি হল :

(i) DNA অণু নিজেকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে কোষীয় পরিবেশে বা ল্যাবরেটরির পরীক্ষা নালে বিভিন্ন ডিঅক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইড ট্রাই ফসফেটের সাহায্যে (dATP, GTP, dCTP এবং dTTP) বিভিন্ন উৎসেচক এবং অনুঘটকের উপস্থিতিতে নিজের প্রতিলিপি তৈরি করতে সক্ষম। এখন পর্যন্ত অন্য কোন অণুর ক্ষেত্রে এইরূপ স্বউৎপাদনের ধর্ম জানা নেই। এই ধর্মের জন্যই DNA কোন জীবের বৃদ্ধি ঘটতে বা মিওসিস কোষ বিভাজনের দ্বারা জনন একক তৈরির মাধ্যমে (Gamete উৎপাদন ব্যবস্থা) এক জনু থেকে আর এক জনুতে প্রবাহিত হওয়ার ক্ষমতা অর্জন করেছে।

(ii) DNA অণুর দৈর্ঘ্য বরাবর কোথাও কোন ক্ষতের সৃষ্টি হলে কোষায় পরিবেশ নিজস্ব বিপাক ক্রিয়ার সাহায্যে সেই স্থান মেরামতিতে সক্ষম। আর কোন জৈব অণুর পক্ষে এই প্রকার বৈশিষ্ট্য আছে কিনা এখনও তা জানা নেই।

(iii) বিভিন্ন পরীক্ষার মাধ্যমে বর্তমানে এটা প্রমাণিত যে এক বংশ থেকে অপর বংশে সমস্ত প্রজাতিগত বৈশিষ্ট্য কেবলমাত্র DNA-এর মাধ্যমেই বাহিত হয়। এই এককে 4.6 অংশে বিশেষভাবে বর্ণিত আছে দেখে নিন।

(iv) DNA বেস বা ক্ষারক সজ্জা যথেষ্ট স্থায়ী এবং বিশ্বাসযোগ্য তবুও বংশগতির ধারায় কখনও সাবলীল ও স্বতঃস্ফূর্তভাবে এই ক্ষারক সজ্জার পরিবর্তন ঘটে যা কিনা বংশগতির ধারায় প্রবাহযোগ্য। এই ধরনের ক্ষারক সজ্জার পরিবর্তনের ফলে ঐ DNA এর দ্বারা উৎপন্ন প্রোটিনে অ্যামাইনো অ্যাসিডে সজ্জার পরিবর্তন ঘটে। এই ধরনের পরিবর্তনকে পরিব্যক্তি বা মিউটেশন বলে। (এই বিষয়ে বিস্তারিতভাবে জানার জন্য মিউটেশন এককে দেখুন) বংশগতির ধারায় এই ধরনের মিউটেশনগুলি বহু বংশ ধরে একত্রিত হওয়ার ফলে নতুন প্রজাতির সৃষ্টি হতে পারে, যদি এই নতুন প্রজাতি তৎকালীন চলমান প্রাকৃতিক পরিবেশের নিরিখে কার্যকরী হয় তবে স্থায়ী প্রজাতি হিসাবে টিকে যায় আর তা না হলে কালের অতলে হারিয়ে যায়। এই ধরনের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য আর কোন পার্থিব জৈব অণুর ক্ষেত্রে এখনও জানা নেই।

(v) দ্বিতন্ত্রী DNA অণুর একটি তন্ত্র নিজেকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার কবে বিভিন্ন নিউক্লিওটাইড-এর সাহায্যে অনুঘটক ও উৎসেচকের উপস্থিতিতে নিজের দেহ থেকে RNA-এর সংশ্লেষে সক্ষম। এই RNA বিভিন্নভাবে প্রোটিন উৎপাদন দ্বারা কোষের সমস্ত জৈবনিক ক্রিয়াকলাপ নিয়ন্ত্রণ করে। এই বৈশিষ্ট্যগুলি কেবলমাত্র DNA এর ক্ষেত্রে বর্তমান আর কোন অণুই এই বৈশিষ্ট্যের বাহক নয়।

(vi) ডিনেচারেশন ও রিনেচারেশন এর ক্ষমতা

বেশিরভাগ DNA অণু যথেষ্ট লম্বা ও জটিল। এই ধরনের DNA অণুকে 0° ডিগ্রি তাপমাত্রা বা তার নিচের তাপমাত্রা থেকে 100°C তাপমাত্রা পর্যন্ত সহ্য করবার ক্ষমতা একমাত্র DNA অণুরই বর্তমান। 40°C থেকে উপরের দিকে তাপবৃদ্ধি ঘটালে ধীরে ধীরে হাইড্রোজেন বন্ধনীগুলি ভেঙে যায় এবং এইভাবে 80°, 90°, 100°C জলীয় দ্রবণে রাখলে DNA অণুগুলি সম্পূর্ণ একতন্ত্রী অণুতে রূপান্তরিত হয়। এছাড়া DNA এর আর কোন কার্যগত বা গঠনগত পরিবর্তন ঘটে না। এমন কি 65° থেকে 70°C তাপে পলিমারেজ নামক উৎসেচকের সাহায্যে রেন্নিকেশনও সম্ভব হয় (এই taq পলিমারেজ হল 75 থেকে 70°C তাপমাত্রায় বসবাসকারী *Thermophilus aquaticum* নামক ব্যাকটেরিয়া থেকে সংগ্রহ করা DNA সংশ্লেষকারী পলিমারেজ। এই একতন্ত্রী DNA কে পুনরায় শীতল করলে পুনরায় সম্পূর্ণভাবে গঠন ও বৈশিষ্ট্য দিক থেকে তাপ প্রয়োগের আগের অবস্থার ফিরে আসে। DNA এর এই চরিত্রকেই ডিনেচারেশন ও রিনেচারেশন বৈশিষ্ট্য বা চরিত্র পরিবর্তন ও পুনঃবৈশিষ্ট্যায়ন বলা হয়। DNA এর এই বৈশিষ্ট্যকে কাজে লাগিয়ে বহুবিধ প্রযুক্তির উদ্ভাবন ঘটেছে। যেমন বিভিন্ন এনডোনিউক্লিয়েড Bam 3 অথবা Eco RI-এর সাহায্যে কোন DNA-কে অপেক্ষাকৃত ছোট অংশে বিভক্ত করে নির্দিষ্ট বাফার দ্রবণে (যে দ্রবণের মধ্যে রাসায়নিক বিক্রিয়া অনেক পরিমাণে চলা সত্ত্বেও pH-এর কোন পরিবর্তন হয় না।) উত্যক্ত করলে ধীরে ধীরে হাইড্রোজেন বন্ধনীগুলি ভেঙে গিয়ে একতন্ত্রী DNA তে রূপান্তরিত হতে থাকে। বিশেষ করে যখন এই তাপমাত্রা 85° থেকে 100°C-এ আসে তার মধ্যে দ্রুত হাইড্রোজেন বন্ধনী ভেঙে গিয়ে DNA গুলি একতন্ত্রী হয়। পরীক্ষার দ্বারা প্রমাণ করা গেছে যে কোন প্রজাতির DNA-তে G = C ক্ষারক সজ্জার পরিমাণ যদি A = T ক্ষারক জোড় অপেক্ষা বেশি থাকে তবে এই ডিনেচারেশন বা সম্পূর্ণ সজ্জার একতন্ত্রী হতে সময় বেশি লাগে

এবং 100°C তাপমাত্রার প্রয়োজন হয়। অপরপক্ষে কোন প্রজাতির DNA তে যদি A = T ক্ষারক সজ্জার পরিমাণ G = C ক্ষারক সজ্জার পরিমাণ অপেক্ষা বেশি হয় তবে সেই প্রজাতির DNA একতন্ত্রীকরণে সময় কিছুটা কম লাগে এবং 90°, 95° তে সম্পূর্ণ হয়। যে তাপমাত্রায় কোন প্রজাতির DNA পরিমাণে অর্ধেক হাইড্রোজেন বন্ধনী ভাঙতে সক্ষম সেই তাপমাত্রাকে সেই প্রজাতির DNA-এর গলনের তাপমাত্রা বলে যা প্রকাশ করা হয় Tm দ্বারা। কোন প্রজাতির বন্ধ মাত্রা নির্ধারণ দ্বারা সেই প্রজাতির DNA তে উপস্থিত A = T ক্ষারক জোড় অথবা G = C ক্ষারক জোড়ের সংখ্যা অনুমান করা সম্ভব। যদি কোন প্রজাতির DNA এর গলন তাপমাত্রা 85° হয় তবে সেক্ষেত্রে সেই DNA তে G.....C ক্ষারক জোড়ের পরিমাণ A ..... T ক্ষারক জোড় অপেক্ষা বেশি। অপরপক্ষে, কোন প্রজাতির DNA Tm তাপমাত্রা 65°C হয় তবে সেই DNA তে A = T ক্ষারক জোড়ের পরিমাণ G = C অপেক্ষা বেশি। এছাড়া, DNA-এর এই বৈশিষ্ট্যকে কাজে লাগিয়ে কোন একটি প্রজাতির প্রাণী বা উদ্ভিদ অন্যকোন প্রজাতির প্রাণী বা উদ্ভিদ অপেক্ষা বিবর্তন কত কাছের বা দূরের তা নির্ণয় করা সম্ভব। এই প্রকার নির্ণয় পদ্ধতিকে বলা হয় সঙ্করায়ণ পদ্ধতি (hybridization) বলে। অর্থাৎ কোন দুটো প্রজাতির DNA পৃথকভাবে সংগ্রহ ও পরিশোধিত করে কোন নির্দিষ্ট DNA বীকারে উত্তপ্ত করে 100°C আনা হয় এবং তা ধীরে ধীরে ঠান্ডা করে 60°, 55° ও 50°C তাপমাত্রায় সাদা রঙে রূট পদ্ধতিতে দেখা হয় যে কত পরিমাণ DNA সঙ্করায়িত হয়েছে। যত বেশি পরিমাণ DNA সঙ্করায়িত হয়, প্রজাতি দুটির সম্পর্ক তত কাছাকাছি বলে মনে করা হয়। যেমন মানুষ ও সিম্পাঞ্জীর DNA এর সঙ্কারণ দ্বারা দেখা গেছে যে মানুষের কেবলমাত্র এক শতাংশ DNA সিম্পাঞ্জীর DNA-এর সঙ্গে সঙ্করায়িত হয় না, কিন্তু অন্য 99 শতাংশ DNA সিম্পাঞ্জীর DNA এর সঙ্গে সঙ্করায়িত হয়। এই ঘটনা প্রমাণ করে যে সিম্পাঞ্জী ও মানুষের পূর্বপুরুষের কোন একটি স্তরের প্রাণী, র্যামোপিথেকাস বা প্রোপ্লায়োপিথোকাস, গোষ্ঠীর প্রাণীরা, একটি সাধারণ পূর্বসূরী থেকে উৎপন্ন হয়েছে। আবার এই সঙ্করায়ণ পদ্ধতির দ্বারা কোন প্রাণীর কোষীয় স্বাভাবিক কার্যকরী দশায় সংগৃহীত কোন RNA (সাধারণত RNA বা অন্য যে কোন প্রকার RNA হতে পারে)। ঐ প্রাণী বা উদ্ভিদের DNA এর সঙ্গে একই পদ্ধতিতে সঙ্করায়ণ ঘটালে ঐ RNA উৎপাদনকারী DNA সম্পর্কে সঠিক তথ্য জানা যায়। সাধারণত দ্বিতন্ত্রী DNA একটি নির্দিষ্ট তরঙ্গ দৈর্ঘ্য যুক্ত আলোক তরঙ্গ শোষণ করতে সক্ষম। দেখা গেছে 260 nm তরঙ্গ দৈর্ঘ্য যুক্ত UV দ্বিতন্ত্রী DNA শোষণ করে, কিন্তু একতন্ত্রী DNA এই তরঙ্গদৈর্ঘ্যের UV শোষণ করার ক্ষমতা প্রায় 37 শতাংশ বৃদ্ধি পায়। স্পেকট্রোফটোমিটার নামক যন্ত্রের সাহায্যে কোন সঙ্করায়িত অবস্থার DNA UV শোষণের পরিমাপ দ্বারা অতি সহজেই নির্ণয় করা যায়, ঐ বিশেষ সময়ে কত শতাংশ DNA দ্বিতন্ত্রী ও কত শতাংশ DNA একতন্ত্রী অবস্থায় রয়েছে।

#### 4.3.4 DNA-এর প্রকারভেদ

ওয়াটসন ক্রিক বর্ণিত গঠনযুক্ত DNA কে B-DNA বলা হয়। জীবের প্রায় 80 থেকে 85 শতাংশ ক্ষেত্রে সাধারণত B-DNA দেখা যায়। কিন্তু বিভিন্ন পরিবর্তন কারণে কখনো কখনো কোষীয় পরিবেশে, বিশেষ করে তাপমাত্রা পরিবর্তনে অথবা অন্য কোন বিপাক জাতীয় কারণে, আরো দুই বা ততোধিক প্রকারের DNA অণু দেখা যায়। যেমন A-DNA, Z-DNA, C-DNA ইত্যাদি। A, B, ও Z DNA-এর গঠনগত বিভিন্নতা দেওয়া হল।

**B-DNA :** এই ক্ষেত্রে DNA অণুর প্যাঁচের প্রধান খাঁজটি চওড়া, গভীর এবং অপ্রধান খাঁজ বা Minor Groove সরু ও অগভীর। এছাড়া দ্বিতন্ত্রী অণুর স্থানান্তর ঘটে 0.6° প্রতিটি প্যাঁচ হয় 35° ও উত্থান ঘটে 3.4° এবং অক্ষ থেকে ক্ষারকের হেলান অবস্থা—2° B.DNA হয় এর প্রতিটি ঘূর্ণনে টি নিউক্লিওটাইড জোড় বর্তমান।

**A-DNA :** এই DNA অণুর প্রতিটি ঘূর্ণনে 11টি নিউক্লিওটাইড জোড় বর্তমান এবং B-DNA এর ন্যায় দক্ষিণাবর্তে ঘূর্ণন হয়। ফলে সাধারণত এর তুলনায় এই অণু সামান্য চওড়া হয়। এই কারণে এই DNA এর প্রধান খাঁজ গভীর ও সরু হয় এবং অপ্রধান খাঁজ অগভীর ও চওড়া হয়। দ্বিতন্ত্রী অণুর স্থানান্তর ঘটে প্যাঁচ হয় উত্থান ঘটে এবং কুণ্ডলী অক্ষ থেকে বেসের হেলান অবস্থা হয় 2°।

এই DNA এর প্রতিটি ঘূর্ণনে ১২টি নিউক্লিওটাইড থাকে এবং বাম আবর্তে কেন্দ্রীয় কাল্পনিক অক্ষের চারিদিকে অবস্থান করে। এই DNA অণুর প্রস্থ 1.8μ m হয়। তার ফলে প্রধান খাঁজ চ্যাপ্টা মত হয় ও অপ্রধান খাঁজ সরু ও অতি গভীর প্রকৃতির হয়। দ্বিতন্ত্রী অণুর স্থানান্তর ঘটে প্যাঁচ হয়—4.9/–10 অক্ষ থেকে উত্থান ঘটে 3.7 এবং অক্ষের সঙ্গে নিউক্লিওটাইডের হেলান হয়—7।

#### 4.4.1 RNA এর গঠন শৈলী

RNA ও DNA এর ন্যায় ডিঅক্সিরাইবোজ পাঁচ কার্বনযুক্ত শর্করা ফসফেট যৌগ এবং পিউরিন অথবা পিরিমিডিন যে কোন একটি ক্ষারক দ্বারা গঠিত। তবে RNA প্রধানত একতন্ত্রী। RNA এর ক্ষেত্রে পিউরিন ক্ষারকগুলি DNA এর মত হলেও পিরিমিডিন ক্ষারকে থাইমিন ক্ষারক তাকে না, তার পরিবর্তে ইউরাসিল (Uracil = U) ক্ষারক থাকে। এছাড়া সাইটোসিন ক্ষারক এখানে ও বর্তমান। অর্থাৎ RNA এর ক্ষেত্রে DNA এর ন্যায় শর্করা পাঁচ স্থানের কার্বন ও তিন স্থানের কার্বন ফসফেটের সঙ্গে ডায়োস্টার বন্ধনী দ্বারা যুক্ত থাকে এবং এইভাবে পরপর সারিবদ্ধ ভাবে শর্করা—ফসফেট—শর্করা সুবৃহৎ শৃঙ্খল উৎপন্ন করে। প্রত্যেকটির শর্করার এক নম্বর কার্বন স্থান ইউরোসিল অথবা সাইটোসিনের এক নম্বর নাইট্রোজেনের সঙ্গে যুক্ত থাকে (পিরিমিডিন ক্ষারক বলে) এবং গুয়ানিন ও অ্যাডোনিन এর ক্ষেত্রে নয় নম্বর স্থানের নাইট্রোজেনের সাথে যুক্ত থাকে একে (পিউরিক ক্ষারক বলে)। RNA যেহেতু একতন্ত্রী তাই চারগফের একতন্ত্রী এখানে কার্যকরী হয় না। অর্থাৎ  $\frac{A+G}{C+U}$  এই অনুপাত কখনও সম্ভব নয়। RNA এর ক্ষেত্রে শর্করা পাঁচ কার্বনযুক্ত রাইবোজ যুক্ত হয় অর্থাৎ শর্করার দুই প্রকার কার্বনস্থানে OH মূলক থাকে। কিন্তু DNA এর ক্ষেত্রে এই স্থানে শুধুমাত্র হাইড্রোজেন থাকে অক্সিজেন থাকে না। DNA অণুর RNA অণুর গঠনগত একককে নিউক্লিওটাইড বলে। অর্থাৎ একটি নিউক্লিওটাইডে একটি পাঁচ কার্বনযুক্ত রাইবোজ শর্করা, একটি ফসফেট যৌগ ও একটি নাইট্রোজেনযুক্ত ক্ষারক (পিউরিন বা পিরিমিডিনের যে কোন একটি থাকে)। এই নিউক্লিওটাইড থেকে ফসফেট যৌগ বাদ দিলে বাকী অংশকে নিউক্লিওসাইড বলে। RNA-এর ক্ষেত্রে চার রবাস নিউক্লিওসাইড বর্তমান যথা, অ্যাডেনোসাইন, গুয়ানোসাইন, সাইটোসিন ও ইউরিসিয়োসাইন যেখানে DNA এর ক্ষেত্রে ইউরিডাইন এর পরিবর্তে থাইমিডাইন বর্তমান। একইভাবে RNA এর চার প্রকার নিউক্লিওটাইড হল যথাক্রমে GMP, CMP, UMP এবং AMP। একইভাবে DNA এর নিউক্লিওটাইডগুলি হল dAMP, dGMP, dTMP এবং dCMP ইত্যাদি। DNA থেকে সংশ্লেষিত হওয়ার পর সব RNA একতন্ত্রী কার্যগত কারণে পিছু পিছু RNA ওয়াটসন ক্রিক নিয়মে পরিপূরক সজ্জার মধ্যে হাইড্রোজেন বন্ধনী সৃষ্টি হয়। এর ফলে কিছু কিছু স্থানে RNA ও দ্বিতন্ত্রী আকার ধারণ করে। যেমন RNA এবং রাইবোজাইম নামক উৎসেচক কার্য সম্পাদনকারী RNA (চিত্র নং 4.4.1a)

#### 4.4.2 RNA এর ধর্ম ও প্রকারভেদ

কোষীয় পরিবেশে (প্রোক্যারিওটিক এবং ইউক্যারিওটিক উভয় ক্ষেত্রে) DNA-এর পরিচালন ক্ষমতা প্রথম

কার্যনির্বাহী হিসাবে RNA একমাত্র জৈব অণু। কোষের প্রায় সমস্ত বিপাক ক্রিয়ায় প্রয়োজনীয় প্রোটিন যৌগে বিভিন্ন রকমের RNA এর ভূমিকা অপরিসীম এছাড়াও DNA কাজকে সরাসরি নিয়ন্ত্রণ করা, DNA থেকে DNA উৎপাদন করা, (Reverse transcription) এবং কোষের আরো অনেক কাজ RNA সম্পন্ন করে।

সামগ্রিকভাবে RNA দুই প্রকার যথা RNA জেনেটিক এবং নন জেনেটিক RNA। এই দুই প্রকার সম্বন্ধে বিস্তারিত অথচ সংক্ষিপ্ত তথ্য নিচে দেওয়া হল :-

---

#### 4.4.2a জেনেটিক RNA

---

প্রধানত রিট্রোভাইরাস গোষ্ঠীর জীবাণু এবং তামাক পাতায় উৎপন্ন TMV ভাইরাসে DNA এর পরিবর্তে বংশগতির বিভিন্ন বৈশিষ্ট্য পরিবাহিত হয় RNA এর মাধ্যমে। এই ভাইরাসগুলি নিজ নিজ পোষক কোষে যখন RNA প্রবেশ করায় তার সঙ্গে একটি উৎসেচকও থাকে তাকে বলে Reverse transcriptase। এই উৎসেচকের সাহায্যে এই RNA পোষক কোষে অন্তঃকোষীয় পরিকাঠামোকে কাজে লাগিয়ে RNA থেকে DNA সংশ্লেষ ঘটায়। এইভাবে উৎপন্ন RNA থেকে DNA উৎপন্ন বলে C-DNA বা কমপ্লিমেন্টারি DNA (Complementary) পরবর্তীকালে এই DNA বিভিন্ন প্রকার RNA তৈরির মাধ্যমে বিভিন্ন প্রয়োজনীয় প্রোটিন (Coot protein and Enzymes) ও উৎসেচক তৈরি করে। এইভাবে উৎপন্ন প্রোটিন ও RNA মিলিত হয়ে নতুন ভাইরাস উৎপন্ন এবং পোষক কোষ ফাটিয়ে বেরিয়ে আসে।

---

#### 4.4.2b নন জেনেটিক RNA

---

নন জেনেটিক RNA নানা প্রকারের হতে পারে এবং তাদের কার্যধারাও কোষীয় কার্যকলাপের অনেকটাই নিয়ন্ত্রণ করে। প্রধানত নন জেনেটিক RNA কে চার ভাগে ভাগ করা হয়। যথা r-RNA, t-RNA, m-RNA এবং hn-RNA, r-RNA, t-RNA এবং m-RNA সম্বন্ধে বিস্তারিত জানার জন্য পঞ্চম এককে দেখুন। এই সবগুলি RNA মিলিতভাবে কোষীয় পরিবেশে প্রোটিন সংশ্লেষ ঘটায়। hn-RNA অপরপক্ষে সেই কে বলা হয় যেগুলি ইউক্যারিওটিক কোষে সরাসরি DNA এর m-RNA উৎপাদনকারী অংশ থেকে সংশ্লেষিত হয় কিন্তু কার্যকারী RNA হওয়ার উপযোগী বিক্রিয়া ঘটে না। সম্ভবত যে কোন সময় তিন থেকে পাঁচ শতাংশ এই প্রকার কোষীয় RNA পাওয়া যায়।

এই সকল RNA ব্যতীত আরো অনেক অপ্রধান গোষ্ঠীর কোষীয় RNA পরিবেশে বর্তমান। এদের সংক্ষিপ্ত পরিচয় নিম্নরূপ।

---

##### 4.4.2b.1 1-RNA বা প্রারম্ভিক RNA (Initiator RNA) :

---

DNA সংশ্লেষের প্রারম্ভিক কালে এই প্রকার RNA সংশ্লেষিত হয়। প্রধানত DNA এর ল্যাগিং তন্ত্রে প্রাইমেজ উৎসেচকের সাহায্যে খুব ছোট 10 থেকে 15 নিউক্লিওটাইড দৈর্ঘ্য যুক্ত) তন্ত্র উৎপন্ন করে যার উপর এক হাজার থেকে দুই হাজার নিউক্লিওটাইড যুক্ত DNA সংশ্লেষিত হয়। এই RNA যুক্ত DNA তন্ত্রকে ওকাজাকি খণ্ড (Okazako Fragment) বলে।

---

#### 4.4.2b.2 Sn-RNA (Small Nuclear RNA) বা নিউক্লিয়াসের ক্ষুদ্র RNA

---

এই RNA গুলি ইউরিডাইলিক নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয় বলে এদেরকে U-RNA বলে। এই RNA-এর প্রধান কাজ ইউক্যারিওটিক কোষের কোন একটি RNA উৎপাদনকারী RNA তৈরি হওয়ার পর তা পরিবর্তিত হয়ে কার্যকারী m-RNA হতে যে বিশেষ পরিবর্তন (Splicing) প্রয়োজন তার জন্যই এই S-RNA কাজ করে এবং প্রয়োজনীয় ইনট্রনগুলি বের করে দেয়। এই ব্যাপারে বিস্তারিত জানার জন্য পাঁচের একক দেখুন। এই RNA কেবলমাত্র ইউক্যারিওট কোষে পাওয়া যায়।

---

#### 4.4.2b.3 Sn-RNA (Small Nuclear RNA) নিউক্লিওলাসস্থিত RNA

---

খুব কম আণবিক ওজন যুক্ত ছোট আকৃতির RNA নিউক্লিওলাসে পাওয়া যায়। সম্ভবত নিউক্লিওলাসের r-RNA উৎপাদনে বিশেষভাবে সাহায্য করে। কেবলমাত্র ইউক্যারিওটিক কোষেই পাওয়া যায়।

---

#### 4.4.2b.4. Sc-RNA (Small cytoplasmic RNA) বা সাইটোপ্লাজমে অবস্থিত ক্ষুদ্র আণবিক ওজন যুক্ত RNA :

---

কোষের সাইটোপ্লাজমে এই প্রকার RNA প্রায় কুড়িটি প্রোটিন ও m-RNA এর সঙ্গে যৌথভাবে অবস্থান করে। মনে করা হয় যে এই RNA জিনের কার্যধারা নিয়ন্ত্রণ বিশেষ ভূমিকা গ্রহণ করে। এই আকৃতিতে 7S আকৃতির হয়। এই RNA কে প্রোটিন বা m-RNA এর সঙ্গে যৌথভাবে ইনফর্মোজন ও বলে।

---

#### 4.4.2.b.5 Tlms-RNA (Telomerase RNA) বা টেলোমিয়ার উৎপাদনকারী RNA :

---

কোষ নিউক্লিয়াসে উপস্থিত একটি বিশেষ ধরনের RNA যা প্রতিটি ক্রোমোজোমে টেলোমিয়ার তৈরিতে হাঁচ হিসাবে কাজ করে এবং একই বিক্রিয়ায় টেলোমারেজ উৎসেচকের অংশ হিসাবে B কাজ করে।

---

#### 4.4.2.b.6. g-RNA (Guide RNA) :

---

প্রধানত ট্রাইপানোসোমা নামক এককোষী প্রাণীর নিউক্লিয়াসে এই প্রকার পাওয়া যায়। ট্রাইপানোসোমার কাইনেটোপ্লাট এই উৎপন্ন হয় এবং RNA এর এডিটিং-এ (m-RNA Editing) বিশেষ ভূমিকা পালন করে।

---

#### 4.4.2.b.7 mic-RNA (m-RNA inhibiting complementary RNA) বা m-RNA বাধাদানকারী m-RNA এর পরিপূরক RNA :

---

এই প্রকার RNA গুলির ক্ষারক বা বেস সজ্জা m-RNA কোন একটি অংশের পরিপূরক হওয়াতে, প্রোটিন সংশ্লেষের সময় m-RNA দ্বিতন্ত্রী RNA তৈরি করে, ফলে প্রোটিন সংশ্লেষ বন্ধ করে। প্রাকৃতিক অবস্থায় এই RNA অনেক স্থানেই বর্তমান তবে প্রধানত ব্যাকটেরিয়াতে পাওয়া যায়।

---

#### 4.4.2.b.8 রাইবোজোম RNA

---

এই শ্রেণীর RNA প্রধানত উৎসেচক হিসাবে কাজ করে বিভিন্ন রাসায়নিক বিক্রিয়া সম্পন্ন করতে সাহায্য করে। যথা আত্মপরিবর্তনকারী ইনট্রন উৎপাদন (Self Splicing Introne Producing System)

---

#### 4.4.2.b.9 রাইবোনিউক্লিয়েজ P (Ribonuclease-P)

---

এই শ্রেণীর RNA প্রধানত ইউক্যারিওটিক কোষের নিউক্লিয়াসে পাওয়া যায়। t-RNA-এর পরিবর্তনে এরা বিশেষ ভূমিকা পালন করে। এই কাজের জন্য এই RNA প্রকৃত উৎসেচক হিসাবে কাজ করে। আবার এক বিশেষ শ্রেণীর প্রোটিনের সঙ্গে যুক্ত হয়ে এনডোনিউক্লিয়েজ কার্যযুক্ত হয়। যথা—MRP-এনডোনিউক্লিয়েজ নামক উৎসেচক DNA সংশ্লেষের সময় বিশেষ ভূমিকা পালন করে।

---

#### 4.5. কোষের কেন্দ্রীয় নীতি বা Central Dogma

---

কোষীয় পরিবেশে বৃহৎ জৈব অণুগুলির মধ্যে পারস্পরিক কার্যকারিতা এবং উৎপাদন কৌশলের মধ্যে একটি বিশেষ সুনির্দিষ্ট নীতি প্রচলিত আছে। সামগ্রিকভাবে এই বিশেষ নীতিকে কোষে কেন্দ্রীয় নীতি বা Central Dogma বলে। এই নীতি অনুসারে DNA অণুই কেবলমাত্র নিজেকে ছাঁচ (Template) হিসাবে ব্যবহার করে নিজের প্রতিলিপি গঠনে সক্ষম। এই ক্ষেত্রে দ্বিতন্ত্রী DNA-এর দুটি তন্ত্রই একই সঙ্গে অনুলিপি গঠনে অংশ গ্রহণ করে এবং দুটি অপত্য DNA অণু উৎপন্ন করে। এই নিয়মের সামান্য ব্যতিক্রম হিসাবে রেট্রোভাইরাস গোষ্ঠী ভাইরাসে RNA-এর কথা উল্লেখযোগ্য। কেননা পোষক কোষে এই DNA RNA সংশ্লেষ ঘটায় কোষীয় বিভিন্ন পারিপার্শ্বিক কারণে তার বিশেষ স্থান থেকে প্রয়োজনমত সম্পূর্ণ নিজস্ব নিয়ন্ত্রণে দেহের দুটি তন্ত্রের একটিকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে সংশ্লেষ ঘটায়। পরবর্তী অধ্যায় দেখুন সমস্ত রকম RNA এই নিয়মের আওতায় পড়ে। আবার কোন বিশেষ কার্যকারিতার দরুন প্রয়োজনীয় প্রোটিন উৎপাদনের জন্য সেই প্রোটিনের অ্যামাইনো অ্যাসিডের বিন্যাস অনুসারে নির্দিষ্ট DNA-এর একটি তন্ত্র থেকে m-RNA সংশ্লেষিত হয়। এইভাবে উৎপন্ন m-RNA বিভিন্ন কোষীয় উৎসেচক এবং অন্যান্য RNA-এর সহায়তায় ইম্পিত প্রোটিন সংশ্লেষ করে। তাহলে দেখা যাচ্ছে যে কোষীয় পরিবেশে DNA এবং RNA সংশ্লেষে সামগ্রিকভাবে অংশ নেয় কিন্তু RNA কেবলমাত্র দু একটি ব্যতিক্রম ব্যতীত সংশ্লেষের কাজে অংশ নেয় না বা ছাঁচ হিসাবে নিজে ব্যবহার করে না। ব্যতিক্রম কেবলমাত্র কিছু ভাইরাসের ক্ষেত্রে, যেখানে RNA থেকে DNA তৈরি হয় কিন্তু কখনই RNA থেকে RNA তৈরি হয় না। অপরপক্ষে, রাইবোজোম, t-RNA এবং অন্যান্য উৎসেচক ও অন্যান্য ফ্যাক্টরের সহযোগিতায় একটি বিশেষ m-RNA-DNA থেকে পাওয়া একটি সাংকেতিক ক্ষারক বিন্যাস (Specific-base Sequence) অনুসারে অ্যামাইনো অ্যাসিড সাজিয়ে অভিস্ট প্রোটিন তৈরি করে। একে বলে ট্রান্সলেশন বা RNA দ্বারা প্রেরিত DNA ক্ষার সংকেতের অ্যামাইনো অ্যাসিড শব্দের দ্বারা প্রোটিন ভাষায় অনুবাদ। এই পদ্ধতির কোন ব্যতিক্রম দেখা যায় না।

---

#### 4.46.DNA যে জেনেটিক বস্তু তার প্রমাণ

---

1800 শতক থেকে বিভিন্ন জীব বিজ্ঞানীরা মনে নানান প্রশ্নের অবতারণা হতে থাকে এই ভেবে যে বংশগতির ধারায় জীবের গুণাবলী কিভাবে এক জনু থেকে অন্য জনুতে সঞ্চারিত হয়। প্রোটিন, লিপিড না অন্য কোন জৈব অণু এই কাজ সমাধা করে। বিজ্ঞানী সোয়ান বর্ণিত কোষতত্ত্ব আবিষ্কারের পর এই চিন্তা আরো ঘনীভূত হয়। 1888 সালে ওয়ালডেয়ার প্রমাণ করেন যে প্রতিটি ইউক্যারিওটিক নিউক্লিয়াসে কিছু বিশেষ ধরনের সূত্রকার পদার্থ আছে যা রঞ্জক দ্বারা রঞ্জিত হয়। এইগুলি বর্তমানের ক্রোমোজোম। তাঁর পরবর্তীকালে ও বিজ্ঞানীগণের কাছে এটা দুর্বোধ্য ছিল যে বংশগতির গুণাগুণ পরিবহন এক জনু থেকে আর এক জনুতে ঠিক কিভাবে ঘটে।



অর্থাৎ মানুষের সন্তান সমস্ত মানুষের গুণাবলী নিয়ে কিভাবে জন্মায় অথবা গরু বা কুকুরের সন্তান কিভাবে গরু বা কুকুরের মতোই হয়। 1928 সালে (তখনও কোষে DNA উপস্থিতির ধারণা পরিষ্কার নয়) কেবলমাত্র নিউক্লিন নামক একটি অম্লজাত পদার্থের কথা জানা যাচ্ছে। গ্রিফিথ তাঁর পরীক্ষাগারে ব্যাক্টেরিয়া নিয়ে গবেষণায় রত ছিলেন। তিনি প্রধানত ডিপ্লো কক্কাস ব্যাক্টেরিয়া নিয়ে গবেষণা করছিলেন। তিনি জানার চেষ্টা করছিলেন এই ব্যাক্টেরিয়ার রোগ উৎপাদনকারী ক্ষমতা এবং তা থেকে প্রতিরোধ ব্যবস্থা কিভাবে গ্রহণ করা যায়। তিনি এক সময় লক্ষ্য করলেন যে *Diplococcus Pneumoneae* নামক এক ধরনের ব্যাক্টেরিয়া স্বাভাবিক অবস্থায় মানুষের এবং অন্য স্তন্যপায়ী প্রাণীতে নিউমোনিয়াবিক অবস্থায় মানুষের এবং স্তন্যপায়ী প্রাণীতে নিউমোনিয়া ঘটায় প্রধানত এক ধরনের বিশেষ বিষ বা টকসিন উৎপন্ন করে। এই সময় তিনি হঠাৎই লক্ষ্য করেন যে এই ব্যাক্টেরিয়া কালচারে কোন একটিতে বিশেষ পরিবর্তনের দ্বারা আর এক রকম চরিত্রযুক্ত ব্যাক্টেরিয়া আবির্ভাব ঘটেছে। এই নতুন উৎপাদিত ব্যাক্টেরিয়ার বাইরের দেহ প্রাচীর থাকে না ফলে কেবলমাত্র কোষপর্দায় প্রোটোপ্লাজম দেহের অমসৃণ আকৃতির সৃষ্টি করে। তিনি এর নামকরণ করেন R বা Rough ব্যাক্টেরিয়া। তিনি এও লক্ষ্য করেন যে R জাতীয় ব্যাক্টেরিয়া নিউমোনিয়া উৎপাদনকারী বিষ বা টকসিন উৎপাদনে অক্ষম। ব্যাক্টেরিয়া যে গোষ্ঠী থেকে R ব্যাক্টেরিয়া উৎপন্ন হয়েছিল সেই ব্যাক্টেরিয়া কোষকে তিনি S বা Smooth নামে অভিহিত করেন। পরবর্তীকালে তিনি চিন্তা শুরু করেন যে এইসব পরিবর্তন কিভাবে সম্ভব। অবশেষে তিনি একটি সুচিন্তিত পরীক্ষার অবতারণা করেন। সেই পরীক্ষার জন্য তিনি এবং ব্যাক্টেরিয়া কিছু কালচার তৈরি করেন। S ব্যাক্টেরিয়ার তিন নম্বর স্ট্রেন এবং R ব্যাক্টেরিয়ার দুই নম্বর স্ট্রেন তিনি এই পরীক্ষায় ব্যবহার করেন। প্রথমে কিছু সুস্থাস্থ্য সম্পন্ন ইঁদুর সংগ্রহ করেন এবং একটি ইঁদুরের দেহে S ব্যাক্টেরিয়া প্রবেশ করান। দেখা গেল কয়েকদিনের মধ্যে নিউমোনিয়া হয়ে ইঁদুরটি মরে গেল। তারপর তিনি আর একটি ইঁদুর নিলেন এবং R ব্যাক্টেরিয়া তার দেহে প্রবেশ করানো এবং দেখা গেল ইঁদুরটি সুস্থ স্বাভাবিকই রয়েছে। এরপর তিনি কিছু S ব্যাক্টেরিয়াকে তাপ দিয়ে মেরে ফেললেন এবং আরো একটি ইঁদুরে এই তাপে মৃত S ব্যাক্টেরিয়া প্রবেশ করালেন। দেখা গেল এই ইঁদুরটি ও সুস্থ স্বাভাবিকই ছিল। সবশেষে তিনি জীবিত R ব্যাক্টেরিয়া এবং তাপে মৃত S ব্যাক্টেরিয়া মিশ্রণ করালেন এবং এই মিশ্রণে আরও একটি সুস্থ ইঁদুরের দেহে প্রবেশ করালেন। দেখা গেল এই ক্ষেত্রে কয়েকদিন পরে ইঁদুরটি মরে গেল। উপরিউক্ত পরীক্ষা থেকে গ্রিফিথ একটি সিদ্ধান্তে উপনীত হলেন, যেহেতু এককভাবে R অথবা তাপে মৃত S ব্যাক্টেরিয়া ইঁদুরের নিউমোনিয়া তৈরিতে ব্যর্থ হয়েছিল এবং এই দুটি মিশ্রণ নিউমোনিয়া উৎপাদনে সক্ষম হয় ও পরে মৃত ইঁদুরের দেহ থেকে জীবিত ব্যাক্টেরিয়া পাওয়া গেল, সেহেতু তাঁর মতে মৃত S ব্যাক্টেরিয়ার এমন কিছু পদার্থ ছিল যা জীবিত R ব্যাক্টেরিয়াকে জীবিত S ব্যাক্টেরিয়াতে রূপান্তরিত করতে সক্ষম। তিনি এই পদার্থটির নাম দিলেন 'Transforming Principle' বা পরিবর্তনকারী পদার্থ।

**4.6.b.** 1944 সালে তিনজন বিজ্ঞানী অ্যাভেরি, ম্যাকলিয়ড এবং ম্যাক্কার্টি গ্রিফিথের পরীক্ষার সুযোগ নিয়ে এবং সমকালীন প্রচলিত DNA ও নিউক্লিক অ্যাসিডের ধ্যান ধারণা নিয়ে একটি যুগান্তকারী অথচ খুব সাধারণ পরীক্ষার দ্বারা প্রমাণ করেছিলেন যে DNA জেনেটিক বস্তু। এই পরীক্ষার জন্য তারা গ্রিফিথ বর্ণিত SII এবং RII ব্যাক্টেরিয়ার ব্যবহার করেন এবং SII ব্যাক্টেরিয়াকে উচ্চতাপে মেরে তার থেকে DNA এবং RNA প্রোটিন ও লিপিড পৃথক করেন। তাঁদের সিদ্ধান্তমতো ল্যাবরেটরিতে কৃত্রিম পরিবেশে তাঁরা এই পরীক্ষা পরিচালনা করেন। তাঁদের এই পরীক্ষার পদ্ধতি নিম্নরূপ : —

(i) প্রথমেই তারা তাপে মৃত SII ব্যাকটেরিয়া থেকে DNA, RNA প্রোটিন এবং লিপিড পৃথকভাবে সংগ্রহ করেন।

(ii) বিভিন্ন আগার প্লেটযুক্ত কালচার পাত্রে R II ব্যাকটেরিয়া কালচার করেন। এই কালচারে RII ব্যাকটেরিয়া অ্যান্টি সিরাম প্রয়োগ করেন।

(iii) এইভাবে প্রতিটি R II কালচারে এক এক করে D Nase, R Nase, প্রোনেজ ও লাইপেজ এবং অ্যামাইলেজ প্রয়োগ করেন।

(iv) সর্বশেষে এই ধরনের কালচার প্লেটযুক্ত পাত্রে পাঁচটি সেট তৈরি করেন। প্রতি সেটের পাঁচটি করে কালচার প্লেট রাখেন এবং প্রতি পাঁচটা সেটেই পাঁচটি উৎসেচক পৃথকভাবে এক একটি সেটের পাঁচটি কালচারেই প্রয়োগ করেন। অবশেষে প্রতিটি সেটের তাপে মৃত S II ব্যাকটেরিয়া থেকে গৃহীত DNA, RNA, প্রোটিন লিপিড ও শর্করা পর্যায় ক্রমিকভাবে প্রয়োগ করেন। বিজ্ঞানীগণ লক্ষ্য করেন যে পাঁচটি সেটের ক্ষেত্রেই যে কালচারে D Nase ব্যবহার করা হয়েছে সেই কালচার ব্যতীত অন্য কালচারগুলিতে ব্যাকটেরিয়া আবির্ভাব ঘটেছে। এই পরীক্ষার দ্বারা তারা এই সিদ্ধান্তে উপনীত হন যে S II ব্যাকটেরিয়া DNA যা তাপে নিষ্ক্রিয় হয় না, R II ব্যাকটেরিয়াকে S II ব্যাকটেরিয়ায় পরিণত করেছে। অতএব তাঁদের মতে DNA জেনেটিক বস্তু হিসাবে পরিগণিত হল (চিত্র নং 4.6b)।

4.6.C এই সময়ের আরো পরে আলফ্রেড হার্সে এবং মার্শা চেজ তার একটি অনন্য পরীক্ষার দ্বারা দেখাতে সক্ষম হন যে DNA জেনেটিক বস্তু। এই পরীক্ষার জন্য *E-Coli* নামক মানুষের খাদ্য নালীর ব্যাকটেরিয়া ব্যবহার করেন এবং এই ব্যাকটেরিয়াকে পোষক হিসাবে ব্যবহারকারী ভাইরাসকে কাজে লাগান। বিভিন্ন পরীক্ষার দ্বারা এটা জানা ছিল যে পোষক ব্যাকটেরিয়ার বাইরের প্রাচীরে ফাজ ভাইরাস লেজের সাহায্যে বসে এবং দেহনলের সঙ্কোচন দ্বারা ফাজ ভাইরাসের জেনেটিক বস্তু ব্যাকটেরিয়ার কোষ প্রাচীর ভেদ করে সাইটোপ্লাজমে প্রবিষ্ট হয়। কিন্তু বাইরের প্রোটিন আবরণী কখনও ব্যাকটেরিয়ার সাইটোপ্লাজমে প্রবিষ্ট করে না। হার্সে ও চেজ দেখতে চাইলেন ঐ দেহ অভ্যন্তরস্থ পদার্থ সমূহের কোনটি পোষক ব্যাকটেরিয়ার সাইটোপ্লাজমে পুনঃ উৎপাদনে সাহায্য করে। এই পরীক্ষার প্রধান ভিত্তি হ'ল DNA তে ফসফরাস থাকে সালফার থাকে না এবং প্রোটিনে সালফার থাকে কিন্তু ফসফরাস থাকে না। এই ধরনের প্রথম কালচারে ব্যাকটেরিয়া প্রতিপালন করার সময়ে তেজস্ক্রিয় ফসফরাস ( $^{32}P$ ) স্বাভাবিক ফসফরাসের ( $^{31}P$ ) পরিবর্তে ব্যবহার করেন এবং এই ব্যাকটেরিয়ার কালচারে T2 ফাজের আক্রমণ ঘটান। ঠিক একইভাবে আর একটি কালচারে তেজস্ক্রিয় সালফার ( $^{35}S$ ) স্বাভাবিক সালফারের পরিবর্তে ( $^{32}S$ ) ব্যবহার করেন এবং তাতে T2 ফাজের আক্রমণ ঘটান। পরবর্তী ধাপে কালচার দুটি থেকে পৃথকভাবে উৎপন্ন ফাজগুলিকে সংগ্রহ করেন। এইভাবে সংগৃহীত ফাজগুলি দুটি পৃথক ব্যাকটেরিয়া কালচারে প্রয়োগ করেন। অর্থাৎ একটিতে তেজস্ক্রিয় সালফার ( $^{35}S$ ) ব্যবহৃত ব্যাকটেরিয়া কালচার থেকে সংগৃহীত T2 ফাজ আক্রমণ ঘটান এবং অপরটিতে তেজস্ক্রিয় ফসফরাস ( $^{32}P$ ) ব্যবহৃত ব্যাকটেরিয়া কালচার থেকে T2 দ্বারা আক্রমণ ঘটান। এরপর কিছু সময় বাদে প্রতিটি কালচারকে পৃথকভাবে ওয়ারিং ব্লেন্ডার নামক যন্ত্রের সাহায্যে কমগতিতে ঘূর্ণায়ন দ্বারা ব্যাকটেরিয়া ভাইরাসকে খোলক (Viral Ghost) পৃথক করা হয়। অতঃপর প্রতিটি দ্রবণকে পৃথকভাবে সেন্ট্রিফিউজ টিউবে প্রায় দুয়শো প্রতি মিনিট ঘূর্ণন বেগে কয়েক মিনিট ঘোরালে দুটি টিউবের প্রত্যেকটি একটি অধক্ষেপ ও উপরে পরিষ্কার দ্রবণ পাওয়া যায়। দ্বারা চিহ্নিত ফাজের ক্ষেত্রে অধক্ষেপে বা ব্যাকটেরিয়ার কোন তেজস্ক্রিয়তা পাওয়া যায়নি। কিন্তু তেজস্ক্রিয়তা পাওয়া গেছে ফাজ ভাইরাসের আবরণে। অপরপক্ষে  $^{32}P$  দ্বারা চিহ্নিত ফাজের ক্ষেত্রে দ্রবণের ফাজ ভাইরাসের আবরণীতে কোন তেজস্ক্রিয়তা পাওয়া যায়নি। কিন্তু ব্যাকটেরিয়ার অভ্যন্তরে এবং তার মধ্যে উৎপন্ন পরবর্তী প্রজন্মের তেজস্ক্রিয়তা পাওয়া যায়। এই পরীক্ষার ফল থেকে বিজ্ঞানীগণ এই সিদ্ধান্তে উপনীত

হয়েছিলেন যে যেহেতু  $^{32}\text{P}$  ব্যাক্টেরিয়ার দেহ অভ্যন্তরে এবং ঐ স্থানে উৎপন্ন পরবর্তী প্রজন্মে T2 ফাজে পাওয়া যায় এবং কেবলমাত্র একেই চিহ্নিত করে এবং T2 ফাজ ব্যাক্টেরিয়া কোষের অভ্যন্তরেই উৎপন্ন হয় তাই DNA জেনেটিক বস্তু।

উপরিউক্ত তিনটি পরীক্ষা ছাড়া পরবর্তী ক্ষেত্রে ব্যাক্টেরিয়াতে বিভিন্ন প্রকার দাতা ও গ্রহীতা দেখা যায় এবং কনজুগেশন, ট্রান্সফরমেশন, ট্রান্সডাকশন ও ট্রান্সফেকশন প্রভৃতি পদ্ধতির বিশ্লেষণ দ্বারা সন্দেহহীনভাবে প্রমাণ হয়েছে যে কেবলমাত্র DNA এক জনু থেকে অন্য জনুতে বংশগতি বৈশিষ্ট্য বহন করতে সক্ষম এবং DNA একটি জেনেটিক বস্তু।

#### 4.7 RNA যে জেনেটিক বস্তু তার প্রমাণ

কেবলমাত্র কিছু ভাইরাসে বিশেষত রিট্রোভাইরাসে গোষ্ঠী এবং তামাক পাতা আক্রমণকারী ভাইরাস বা TMV ভাইরাসের ক্ষেত্রে RNA জেনেটিক বস্তু হিসাবে বিভিন্ন বৈশিষ্ট্য বংশগতির ধারায় এক জনু থেকে আর এক জনুতে নিয়ে যায়। এই সত্যটি উদঘাটন করেন এইচ ফ্রাঙ্কেল কনরাট এবং সিঙ্গার। তারা তাদের পুনর্গঠন পরীক্ষায় দেখান যে RNA ভাইরাসের ক্ষেত্রে RNA বংশগতির ধারক ও বাহক। TMV একটি ক্ষুদ্র ভাইরাসের একমাত্র RNA অণুটি একটি প্রোটিনআবরণ দ্বারা আবৃত থাকে। বিজ্ঞানীগণ লক্ষ্য করেন যে উপযুক্ত রাসায়নিক বিক্রিয়ায় TMV প্রোটিন RNA থেকে আলাদা করা সম্ভব। উপরন্তু সঠিক অবস্থার বিক্রিয়ার মাধ্যমে প্রোটিন ও এর মিশ্রণের দ্বারা সম্পূর্ণ ভাইরাস সৃষ্টি করা সম্ভব। এই জ্ঞানের ভিত্তিতে তারা প্রথমে দুটি ভিন্ন স্ট্রেনের ভাইরাস গ্রহণ করেন এবং তাদের প্রোটিন গুলিও আলাদা করে ফেলেন। এইবার একটি স্ট্রেনের প্রোটিনের সঙ্গে দ্বিতীয় স্ট্রেনের অথবা দ্বিতীয় স্ট্রেনের প্রোটিনের এর সঙ্গে প্রথম স্ট্রেনের মিশ্র ভাইরাস পুনর্গঠিত করেন। এই মিশ্র ভাইরাস দুটি পৃথকভাবে দুটি তামাক গাছে সংক্রমণ ঘটানো হয় এবং পরে বিশ্লেষণ করে দেখা যায় যে উৎপন্ন অপত্য ভাইরাসগুলিতে যে স্ট্রেন থেকে সংগৃহীত হয়েছিল সেই স্ট্রেনের বহিঃআকৃতির প্রকাশ ঘটেছে। এর দ্বারা তাঁরা প্রমাণ করেন যে প্রোটিন নয়, জেনেটিক বস্তু।

#### 4.8. DNA এর বিশেষ ব্যবহার ও জিন প্রযুক্তি বিদ্যায় তার প্রয়োগ

উপরি বর্ণিত ধর্ম সকল ব্যতীত DNA এর আরো কিছু ধর্ম আছে যেগুলিকে কাজে লাগিয়ে বর্তমানে বিজ্ঞানীগণ মানুষের জীবনযাত্রার উন্নয়নে বিশেষভাবে এগিয়ে চলেছেন। এই ধর্মগুলির মধ্যে উল্লেখযোগ্য হল—

4.8 (i) চলমান জিন—1940 সালে বারবারা ম্যাকলিনটক ভুট্টার ক্রোমোজোম নিয়ে কাজ করার সময় প্রথম লক্ষ্য করেছিলেন যে ভুট্টার (জিনম অর্থ হল কোন একটি প্রজাতির গ্যামেটের দ্বারা বাহিত ক্রোমোজোম সংখ্যায় উপস্থিত সকল জিন সমূহের একত্রিত অবস্থা) অবশ্যই এমন কিছু DNA খণ্ড আছে যেগুলি এক স্থান থেকে অন্য স্থানে সংযোজিত হয়ে তার কাজ করতে পারে। কিন্তু সেই সময়ে তার এই কাজকে কেউ খুব একটা আমল দেননি। অবশেষে সাতের দশকের শেষের দিকে এই ধরনের চলমান জিনের কথা বিজ্ঞান জগতে পুনরায় সুপ্রতিষ্ঠিত হয়। আটের দশকের প্রথম দিকের এই কাজের জন্য বারবারা ম্যাকলিনটককে নোবেল পুরস্কার দেওয়া হয়। বর্তমানে এটা সুপ্রতিষ্ঠিত যে এই ধরনের চলমান খণ্ড প্রায় সমস্ত উদ্ভিদ ও প্রাণী প্রজাতিতে এমনকি মানুষের জিনমে-ও বর্তমান। এই ধরনের DNA খণ্ডকে বলা হয় ট্রান্সপোজেবল এলিমেন্ট (Transposable Elements)। জিনের এই ধর্ম জানার ফলে মানুষের অ্যান্টিবায়োটিক প্রতিরোধকারী ব্যাক্টেরিয়ার কার্যধারা সম্বন্ধে যথেষ্ট ধারণা জন্মেছে। এই ধারণাকে আরো সংহতিপূর্ণ করে আগামীদিনে মানুষ চিকিৎসা বিজ্ঞানে যথেষ্ট উন্নতি ঘটাতে সক্ষম হবে।

---

## 4.8.2 পলিমারেজ চেন রিঅ্যাক্সন (Polymerase Chain Reaction) Or PCR :

---

এই পদ্ধতিকে কাজে লাগিয়ে কোন খণ্ডকে ল্যাবরেটরি পরিবেশে প্রচুর পরিমাণে একই ক্ষারক সজ্জা বিশিষ্ট তৈরি করে নেওয়া যায়। এই কাজের জন্য অভিষ্ট DNA কে প্রথমে 90° অথবা তদোর্ধ তাপে একতন্ত্রী DNA তে পরিণত করা হয়। পরবর্তী ধাপে এর তাপমাত্রা কমিয়ে প্রায় 50° নামানো হয়। এই সময় এই দ্রবণে কিছু প্রাইমার DNA (যার ক্ষারক সজ্জা যে DNA কে পরিমাণ বড়াতে হবে তার কোন প্রান্তে ক্ষারক সজ্জার পরিপূরক হওয়া চাই) একতন্ত্রী অবস্থায় এবং প্রয়োজনীয় TPS এর Taq পরিমারেজ (এই DNA সংশ্লেষকারী উৎসেচক 70° সেন্টিগেড তাপমাত্রায় বসবাসকারী *Thermophilous aquaticum* নামক ব্যাক্টেরিয়া থেকে সংগৃহীত) ও প্রভৃতি দেওয়া হয়। এরপরে এর তাপমাত্রা পুনরায় বাড়ানো হয়। অতি অল্প সময়ের মধ্যেই এই ব্যবস্থা দ্বারা অভিষ্ট DNA প্রচুর পরিমাণে পাওয়া যায়। DNA এর এই ধর্মকে কাজে লাগিয়ে অপরাধী সনাক্তকরণ মাতৃত্ব ও পিতৃত্ব পরিচয় জানার কাজে এবং এই জাতীয় আরো বহু কাজ করা যায়।

---

## 4.8.3 জাক্স DNA (Junk DNA)

---

সমস্ত ইউকেরিওটিক প্রাণীতে এমনকি মানুষেও কেবলমাত্র সাড়ে চার থেকে পাঁচ শতাংশ জিন জীবনের কার্যকারিতা পরিচালনের জন্য প্রোটিন উৎপাদনকারী সংকেত বহন করে (Protein Synthesizing Codes) অর্থাৎ প্রায় 95 শতাংশ বা ততোধিক এই প্রোটিন উৎপাদনকারী কাজে অংশ নেয় না। এই DNA কেই জাক্স DNA বলে। এই জাক্স DNA এর গঠন বৈচিত্র্য প্রজাতি অনুসারে পরিবর্তিত হয়। মানুষের ক্ষেত্রে এই জাক্স DNA-এর গঠন বৈচিত্র্যকে কাজে লাগিয়ে DNA ফিঙ্গার প্রিন্টিং বা সঠিক DNA-এর আঙুল ছাপ তৈরি করা যায়। এর দ্বারা অপরাধী চিহ্নিতকরণ, পিতৃত্ব মাতৃত্বের সঠিক চিহ্নিতকরণ এবং বিবর্তনের ধারায় কোন একটি প্রজাতির অপর প্রজাতির সঙ্গে দূরত্ব নির্ণয় করা ইত্যাদি সম্ভব।

---

## 4.8.4 Genetic Engineering বা জিন প্রকৌশল বিদ্যা

---

ব্যাক্টেরিয়ার DNA ট্রান্সফরমেশন পদ্ধতিকে কাজে লাগিয়ে মানুষের অতি প্রয়োজনীয় জিনকেও ব্যাক্টেরিয়ার মধ্যে প্রবেশ করিয়ে তার কাজ করিয়ে নেওয়া যায়। DNA-এর এই ধর্মকে কাজে লাগিয়ে বিজ্ঞানীগণ বর্তমানে জিনের প্রকৌশল বিদ্যা আয়ত্ত্ব করেছেন। এই বিদ্যা প্রয়োগের ফলে আগামী দিনে চিকিৎসা শাস্ত্রে এবং নানাভাবে উন্নয়নে নতুন দিগন্ত আরো উজ্জ্বলতর হবে।

---

## 4.9. সারাংশ

---

এই এককে DNA ও RNA-এর ভৌত ও রাসায়নিক গঠন, এবং তদুৎপন্নিত পরীক্ষা নিরীক্ষা বিষয়ে আলোচিত হয়েছে। DNA ও RNA এর ধর্ম সমূহ বিশদভাবে ও বিস্তৃতভাবে আলোকিত হয়েছে এবং তাদের প্রকারভেদ সম্বন্ধে ও আধুনিক ধারণা আলোচনা করা হয়েছে। এছাড়া DNA যে বংশগতির ধারা প্রবাহিত করার যোগ্য পদার্থ তা তার বৈশিষ্ট্যবলি বিভিন্ন পরীক্ষার দ্বারা বিশ্লেষিত হয়েছে। DNA-এর কার্যধারা পরিচালনায় RNA-এর ভূমিকা স্ববিস্তারে আলোচিত হয়েছে। তদুপরি কোষ পরিবেশে DNA ও RNA প্রোটিনের মধ্যে পরস্পর সম্পর্কযুক্ত ধারাবাহিক যে নীতি বিভিন্ন জৈব ক্রিয়া বিক্রিয়াগুলিকে জীবনে প্রকাশ, পরিবর্তন ও বিবর্তন ঘটায় তাও আলোচিত হয়েছে।

---

## 4.10 অনুশীলনী-1

---

1. হ্যাঁ বা না তে টিক দিয়ে উত্তর করুন—

- (a) DNA-এর দৈর্ঘ্য নির্দিষ্ট কিন্তু প্রস্থ কখনও নির্দিষ্ট নয়—হ্যাঁ/না
- (b) DNA অণু সর্বদাই দ্বিতন্ত্রী—হ্যাঁ/না
- (c) RNA অণু সর্বদাই একতন্ত্রী—হ্যাঁ/না
- (d) DNA 270nm তরঙ্গ দৈর্ঘ্যের UV শোষণ করে—হ্যাঁ/না
- (e) প্রোটিনই কেবল উৎসেচক হিসাবে কাজ করে—হ্যাঁ/না

2. সংক্ষিপ্ত উত্তর করুন—

- (a) DNA ও RNA
- (b) নিউক্লিওটাইড ও নিউক্লিওসাইড
- (c) RNA কত প্রকার ও কি কি সংক্ষেপে লিখুন
- (d) DNA কত প্রকার ও কি কি সংক্ষেপে লিখুন

### অনুশীলনী-2

- 11 (a) কোষীয় জৈব বৃহৎ অণুগুলির মধ্যে কেন্দ্রীয় নীতি বলতে কি বোঝেন সংক্ষেপে লিখুন।
- (b) ট্রান্সফরমিং প্রিন্সিপল (Transforming Principle) বলতে কি বোঝেন সংক্ষেপে লিখুন।
- (c) RNA জেনেটিক বস্তু প্রমাণের সংক্ষিপ্ত বিবরণ দিন
- (d) DNA জেনেটিক বস্তু হওয়ার দরুন তার যে বিশেষ পাঁচটি বৈশিষ্ট্য বর্তমান সেগুলির নাম লিখুন।

2. টীকা লিখুন :

- (i) m-RNA, (ii) r-RNA (iii) t-RNA (iv) রাইবোজাইম (v) DNA-এর খাঁজ (vi) DNA-এর প্যাঁচ 3
- (i) NOR-এর বিস্তার ঘটান এবং NOR সম্বন্ধে যা জানেন সংক্ষেপে লিখুন।
- (ii) DNA কে অ্যাসিড বলা হয় কেন সংক্ষেপে বলুন।
- (iii) পিউরিন এবং পিরিমিডিন ক্ষারক বলতে কি বোঝেন?
- (iv) একতন্ত্রী DNA কোথায় পাওয়া যায়? যদি একতন্ত্রীই হয় তাহলে RNA না বলে DNA বলা হয় কেন?

4. II শেষ প্রশ্নাবলী

- (i) DNA-এর ভৌতগঠন ছবিসহ বর্ণনা করুন।
- (ii) DNA-এর রাসায়নিক গঠন সম্বন্ধে সংক্ষেপে আলোচনা করুন।
- (iii) অ্যাভেরি, ম্যাকলিয়ড ও ম্যাককার্টির পরীক্ষার দ্বারা প্রমাণ করুন যে DNA জেনেটিক বস্তু।
- (iv) চলমান DNA বলতে কী বোঝেন?
- (v) DNA  $T_m$ -এর মাত্রা কাকে বলে? কোন DNA-এর  $T_m$  মাত্রা 60 বলতে কি বোঝায় সংক্ষেপে লিখুন।
- (vi) t-RNA-এর একটি চিহ্নিত চিত্র অঙ্কিত করুন।

---

## 4.11 উত্তরমালা

---

- 1. (a) না (b) না (c) না (d) না (e) না
- 2. (a) উত্তরমালার শেষে দেখুন

(b) উত্তরমালার শেষে দেখুন।

(c) 4.4.2 এর a.b. দেখুন

(d) 4.3.4 দেখুন

উত্তরমালা

অনুশীলনী-2

1/a 4.5-এ দেখুন

b. 4 6a- তে দেখুন

c. 4.7 এ দেখুন

d. 4.3.3 এ দেখুন

2/ i. 4.4.2.b দেখুন

ii) 4.4.2.b দেখুন

iii) 4.4.2.b দেখুন

iv) পঞ্চম এককের 5.8.4.1 এবং 2 দেখুন

v) 4.3.1 দেখুন

vi) 4.3.1 দেখুন

3/ i উত্তরমালার শেষে দেখুন

ii) ,, ,, ,,

iii) 4.3.2 দেখুন

iv) উত্তরমালার শেষে

4/II i) 4.3.1 এ দেখুন

ii) 4.3.2 এ দেখুন

iii) 4.6.b দেখুন

iv) 4.8.i দেখুন

v) চিত্র 4.3.3. vi দেখুন

4.4.1 a

**2a. DNA ও RNA এর গঠনগত কার্যকারিতা পার্থক্য নিম্নরূপ :**

DNA গঠনগত :	RNA গঠনগত :
1. প্রধানত দ্বিতন্ত্রী ব্যতিক্রম কেবল বিভিন্ন QX174 ভাইরাস যেখানে DNA একতন্ত্রী।	RNA প্রধানত একতন্ত্রী কিন্তু বিভিন্ন কার্যকারিতার দরুন স্থানে দ্বিতন্ত্রী অবস্থায় তৈরি হয় যথা RNA ও রাইবোজাইম।
2. DNA অবস্থিত শর্করা ডি. অক্সিরাইবোজ ধর্মের	শুধু রাইবোজ ধর্মের
3. DNA-এর ক্ষারকগুলি হল A, T, G, C	RNA-এর ক্ষেত্রে থাইমিন এর পরিবর্তে ইউরাসিন বর্তমান।

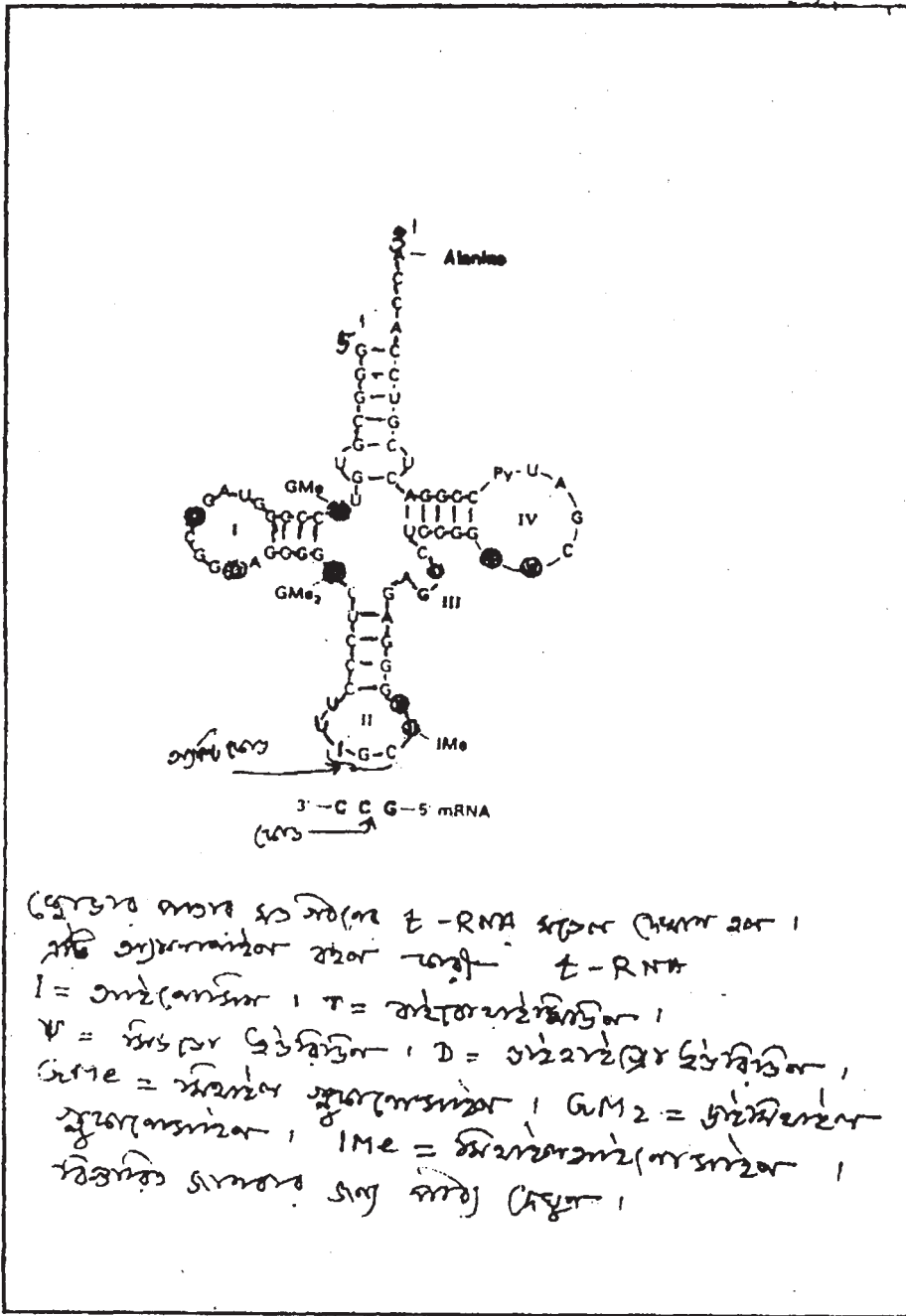
DNA গঠনগত :	RNA গঠনগত :
4. DNA-এর ক্ষেত্রে...	এই ধরনের কোন অনুপাত পাওয়া যায় না।
5. DNA সর্বদা DNA ও তৈরি করে এবং তৈরি RNA ও তৈরি করতে পারে ট্রান্সক্রিপশন	RNA একমাত্র রিট্রোভাইরাস গোষ্ঠীর ক্ষেত্রে RNA RNAও করতে পারে এই পদ্ধতিকে বলে রিভার্স কিঙ্ক RNA থেকে কখনোই তৈরি হয় না।
6. DNA-এর যে কোন পরিবর্তন বংশগতির ধারায় সর্বদা প্রভাব ফেলে [রিট্রোভাইরাস ব্যতিরেকে]	রিট্রোভাইরাস ব্যতীত RNA কোন বংশগতির ধারায় প্রভাব ফেলে না।
7. কৌশলীয় পরিবেশ প্রাইমার বা প্রাইমার প্রয়োজন সংশ্লিষ্ট হয় না।	নতুন RNA সংশ্লেষের জন্য এই রকম প্রাইমারের RNA, DNA ছাড়া কখনোই নতুন DNA হয় না
8. Feulgen পদ্ধতিতে DNA রঞ্জিত হয়	কিন্তু RNA রঞ্জিত হয় না।

2. b) DNA এর গঠনগত কার্যগত একককে বলা হয় নিউক্লিওটাইড যা কিনা 1 অণু ডি. অক্সিরাইবোজ, 5 কার্বন, শর্করা 1 অণু ফসফেট 1 অণু ক্ষারকের [পিউরিন বা পিরিমিডিনের যে কোন একটি] সহযোগে গঠিত। যদি নিউক্লিওটাইড থেকে ফসফেট বাদ দেওয়া হয় তবে যে যৌগটি অবশিষ্ট থাকে তাকে নিউক্লিওটাইড বলে।

3/ 1) NOR কথাটির বিস্তার ঘটালে যা দাঁড়ায় Nucleolus Organizing Region এই অঞ্চলের নিউক্লিওলাস ও রাইবোজোম গঠনকারী RNA তৈরিতে প্রধান ভূমিকা গ্রহণ করে। প্রত্যেক ইউক্যারিওটিক প্রজাতির ক্ষেত্রে নির্দিষ্ট সংখ্যক ক্রোমোজোম গৌণ খাঁজ হিসাবে NOR অঞ্চলে অবস্থান করে। যেমন *Drosophila melanogaster*-এর ক্ষেত্রে NOR কেবলমাত্র X ক্রোমোজোমে অবস্থিত আবার মানুষের ক্ষেত্রে 5 জোড়া অ্যাক্রোসেন্টিক ক্রোমোজোমে অবস্থিত। এই অঞ্চলের DNA কে r-DNA বলে। এই r-DNA দ্বারা রাইবোজোম উৎপাদন পদ্ধতি পঞ্চম এককের 8.4.3.1 এ দেখুন।

3/ ii) কোন পদার্থের ধর্ম আয়নিক না ক্ষারিক তা নির্ভর করে সেই পদার্থের জলীয় দ্রবণে প্রতিস্থাপনযোগ্য OH তথা H আয়নের উপরে DNA-এর জলীয় দ্রবণে প্রতিস্থাপনযোগ্য H আয়নে বর্তমান কেননা ফসফেট যৌগের ফসফোজয়েস্টার বন্ধনীর তৈরির পরেও মুক্ত O<sub>2</sub> জলীয় দ্রবণে প্রতিস্থাপনযোগ্য H আয়ন উৎপন্ন করে এই কারণেই DNA কে আসিড বলে।

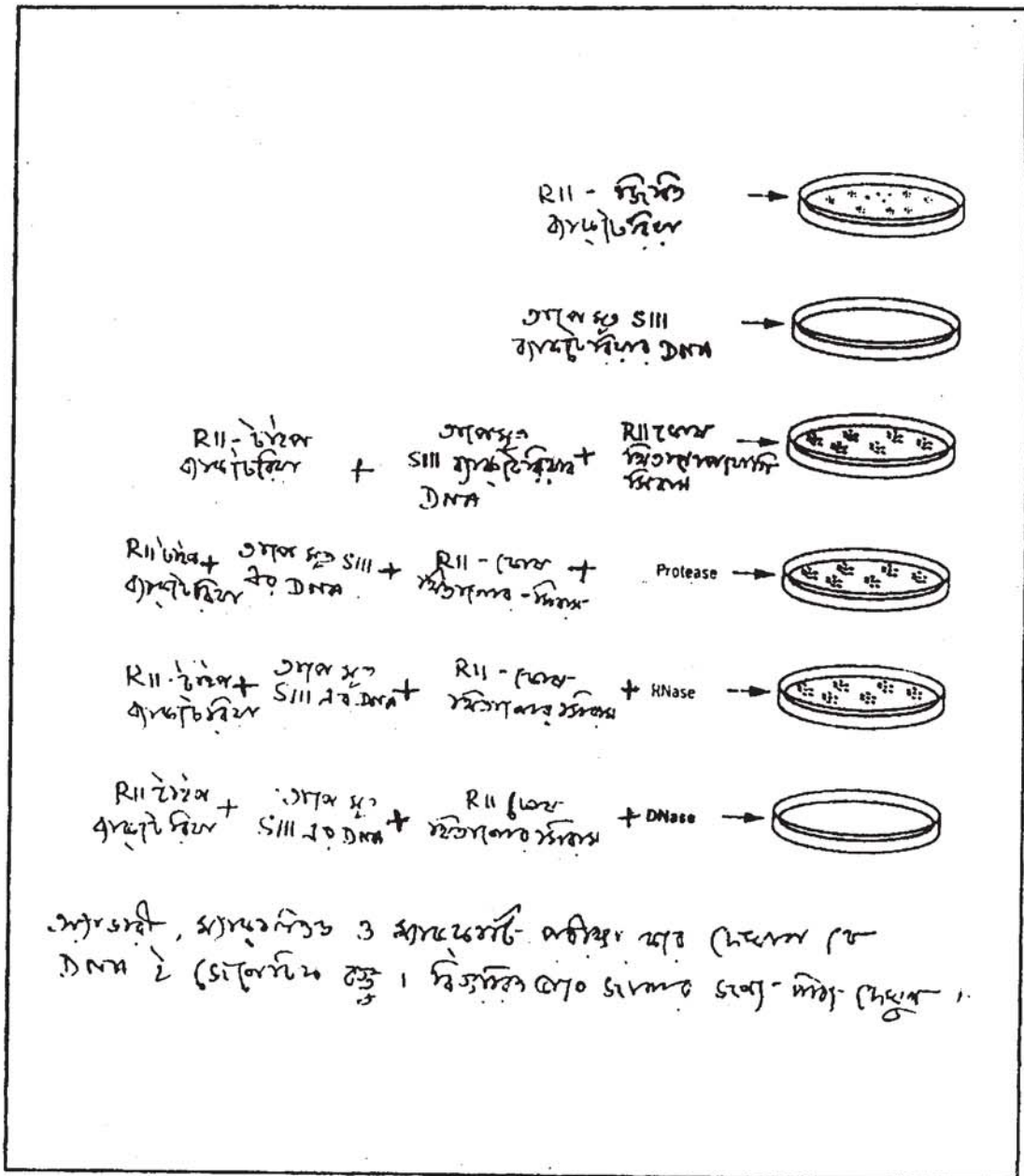
3/ iii) কেবলমাত্র একটি ভাইরাস যার নাম হল QX174 ভাইরাস। এটি ভাইরাসের DNA গঠনগতভাবে একতন্ত্রী। এই যৌগকে RNA বলা হয় না DNA বলা হয় কেননা এই যৌগের শর্করাটি ডি-অক্সিরাইবোজ ধরনের যা কেবল DNA-তে থাকে RNA-তে থাকে না। আবার ক্ষারকগুলির মধ্যে A, T, G, C প্রভৃতি বর্তমান RNA-এর ক্ষেত্রে থাইমিনের পরিবর্তে ইউরাসিন থাকে কিন্তু এখানে ইউরাসিনের পরিবর্তে থাইমিন বর্তমান সর্বোপরি এই যৌগটি ফিউয়েলজেন পদ্ধতিতে রঞ্জিত হয় কিন্তু RNA এই পদ্ধতিতে রঞ্জিত হয়না এই সকল কারণেই একতন্ত্রী হওয়া সত্ত্বেও এই যৌগটিকে DNA বলে RNA নয়।



ক্লোভার পাতের মত গঠনে t-RNA মডেল দেখান হল।  
 এটি অক্সিগেনের মত তিনটি t-RNA  
 I = অক্সিগেনের মত তিনটি t-RNA  
 II = অক্সিগেনের মত তিনটি t-RNA  
 III = অক্সিগেনের মত তিনটি t-RNA  
 IV = অক্সিগেনের মত তিনটি t-RNA  
 GMe = মডিফাইড গুয়ানোসিন। GMe<sub>2</sub> = মডিফাইড গুয়ানোসিন  
 মডিফাইড গুয়ানোসিন। IMe = মডিফাইড ইমিউনোসিন।  
 মডিফাইড ইমিউনোসিন।

চিত্র নং 4.4.1a ক্লোভার পাতের মত গঠন t-RNA মডেল দেখান হল।





ଫିଗର 4.6B

---

## একক 5 □ DNA, RNA-এর প্রোটিন সংশ্লেষ

---

- 5.1 প্রস্তাবনা
- 5.2 উদ্দেশ্য
- 5.3 ভূমিকা
- 5.4 DNA-র সংশ্লেষ পদ্ধতি
- 5.5 ব্যাকটেরিয়াতে DNA সংশ্লেষ ও মডেলসমূহ
- 5.6 ইউরিওটিক কোষে DNA সংশ্লেষ বিক্রিয়া
- 5.7 ব্যাকটেরিয়াতে RNA সংশ্লেষ বিক্রিয়া
- 5.8 ইউক্যারিওটিক কোষে সংশ্লেষ পদ্ধতি
- 5.9 প্রোটিন সংশ্লেষ পদ্ধতি
- 5.10 সারাংশ

---

### 5.1 প্রস্তাবনা

---

চার এর একক পাঠের মাধ্যমে আপনারা জেনেছেন যে প্রতিটি জীবকোষেই বৃহৎ জৈব অণুগুলির মধ্যে একটি সুনির্দিষ্ট কেন্দ্রীয় নীতি (Central Dogma) প্রচলিত আছে। এই নীতি অনুসারে সাধারণভাবে DNA থেকে DNA, RNA থেকে RNA এবং RNA থেকে প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। আর এই প্রোটিনই হল প্রধানত জীবের বৈশিষ্ট্য প্রকাশের প্রান্তীয় জৈব অণু। কোন জীবের শারীরবৃত্তীয় কার্যকলাপ এবং তার বংশগতি সম্বন্ধে সঠিক জ্ঞান লাভ করতে হলে এই তিন প্রধান জৈব অণুর উৎপাদন সম্বন্ধে এবং তাদের উৎপাদনের নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি অবশ্যই জানা প্রয়োজন। এই কারণেই ঠিক কোন পদ্ধতিতে এবং কিভাবে তার নিজের দেহকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে নতুন তৈরি করে এবং কি থেকে কিভাবে সংশ্লেষিত হয় ও সর্বশেষে সঠিক কি কি বিক্রিয়াগুলির মাধ্যমে এই থেকে সাংকেতিক শব্দকে কাজে লাগিয়ে অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খল ও প্রোটিন তৈরি হয় তা জানা একান্ত প্রয়োজন।

---

### 5.2 উদ্দেশ্য

---

এই একক পাঠ করলে আপনি যে বিষয়গুলি সম্বন্ধে অবহিত হবেন সেগুলি হল—

- সামগ্রিকভাবে DNA সংশ্লেষ ব্যবস্থার চিত্র
- DNA সংশ্লেষের পদ্ধতি কনজারভেটিভ বা রক্ষণশীল সেমি কনজারভেটিভ বা অর্ধ রক্ষণশীল অথবা ডিস্পারসিভ।
- ব্যাকটেরিয়াতে DNA সংশ্লেষ ও মডেল সমূহ।

- ইউক্যারিওটিক কোষে DNA সংশ্লেষ পদ্ধতি।
- ব্যাকটেরিয়াতে RNA সংশ্লেষ বিক্রিয়াসমূহ।
- ইউক্যারিওটিক কোষে RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি (সংক্ষিপ্ত আকারে)।
- ইউক্যারিওটিক কোষে RNA সংশ্লেষ (m, r এবং t RNA) পরিবর্তন বা splicing ও editing।
- ব্যাকটেরিয়া কোষে প্রোটিন সংশ্লেষ পদ্ধতি।
- ইউক্যারিওটিক কোষে প্রোটিন সংশ্লেষ পদ্ধতি।

### 5.3 ভূমিকা

1955 সালে আর্থার কর্নবার্গ এবং তাঁর সহযোগীগণ বেশ কয়েক বছরের গবেষণার দ্বারা জানতে পারেন *E-coli* কোষে কীভাবে DNA সংশ্লেষিত হয়। চার নম্বর একক থেকে আপনারা জানেন যে ওয়াটসন ক্রিকের মডেল অনুসারে একটি DNA অণু থেকে আর একটি নতুন DNA তৈরি খুব সরলভাবে এবং সোজাসুজি ভাবেই সম্ভব। কর্নবার্গ এবং তার সহকর্মীগণ ল্যাবরেটরির পরীক্ষা নলে DNA সংশ্লেষ করার উদ্যোগ নেন। এই সংশ্লেষ বিক্রিয়ায় তাঁরা ব্যবহার করেছিলেন চার রকমের ডি-অক্সিরাইবো নিউক্লিওসাইড 5 {dATP, dTTP, dCTP, dGTP একত্রে বলা হয় dNTP} তার সাথে *E-coli* কোষ থেকে সংগৃহীত অস্তুঃকোষীয় নির্যাস এবং একটি দ্বিতন্ত্রী DNA খণ্ড। এই পরীক্ষার বিক্রিয়ার শেষে তারা জানতে পারবেন যে DNA সংশ্লেষিত হওয়ার সব রকম ব্যবস্থা *E-coli* কোষে আছে। এরপর *E-coli* নির্যাস বিশ্লেষণ করে তিনি দেখলেন যে একটি বিশেষ ধরনের উৎসেচক DNA তৈরি করতে সাহায্য করে। ঐ উৎসেচকের নাম দেওয়া হল DNA পলিমারেজ I। পরবর্তীকালে কর্নবার্গের সম্মান অনুসারে এই উৎসেচককে কর্নবার্গ উৎসেচকও বলা হয়। আরো নানান পরীক্ষা নিরীক্ষা দ্বারা জানা যায় যে নতুন DNA সংশ্লেষ করতে গেলে নিম্নলিখিত চারটি উপাদান অবশ্যই প্রয়োজন। এদের যে কোন একটির অনুপস্থিতি ঘটলেই বিক্রিয়া বন্ধ হয়ে যাবে। এগুলি হল :—

(i) চার রকমের (dNTPs, dATP, dTTP, dGTP এবং dCTP) এই যৌগগুলি হল DNA তৈরির একক হিসাবে কাজ করে।

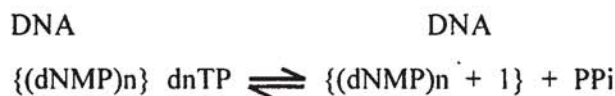
(ii) ম্যাগনেসিয়াম আয়ন ( $Mg^{++}$ )

(iii) একটি দ্বিতন্ত্রী DNA এর খণ্ড

(iv) পলিমারেজ I ←

এইভাবে বিক্রিয়া ঘটিয়ে প্রমাণ করা হল যে ল্যাবরেটরিতে যে DNA তৈরি হয় তা এই DNA দুটি খণ্ডের ক্ষারক পরিপূরক (Complementary base Sequence) দুটি অপত্য DNA অণু। DNA পলিমারেজ এর ভূমিকা এক্ষেত্রে হল নিউক্লিওটাইডগুলির মধ্যে সংযোগ ঘটান।

ম্যাগনেসিয়াম আয়নের উপস্থিতিতে বিক্রিয়ায় যে পরিবর্তন ঘটে তা হল—



এখানে DNA হল অনেকগুলি সংখ্যার (n) ডিঅক্সিরাইবো নিউক্লিওসাইড 5 ফসফেট (dNMP) এর একটি শৃঙ্খল। পরবর্তী নিউক্লিওটাইড হিসাবে যুক্ত হবে যেটি তা হল ডিঅক্সিনিউক্লিওসাইড 5 ট্রাইফসফেট। এক্ষেত্রে DNA পলিমারেজ নিউক্লিওটাইড বিযুক্তি ঘটায় এবং অজৈব ডাই ফসফেট উৎপন্ন হয়। এই ভাবেই একে একে নিউক্লিওটাইড জুড়তে থাকে যতক্ষণ না DNA শৃঙ্খলটি সম্পূর্ণ হয় (চিত্র 5.1)।

এই বিক্রিয়ার প্রধান ঘটনাগুলি হল—

(i) DNA-এর বর্ধনশীল প্রান্তে DNA পলিমারেজ ফসফো ডাইনস্টার বন্ধনী উৎপন্ন করে। এই বন্ধনী অবশ্য DNA-এর শেষ প্রান্তে শর্করার তিন কার্বন স্থানের সঙ্গে আগত নিউক্লিওটাইড ট্রাই ফসফেটের পাঁচ কার্বন স্থানের ফসফেট যৌগের সঙ্গে বিক্রিয়ার দ্বারা ঘটে। এইরূপে একটি ফসফো ডাইনস্টার বন্ধনী তৈরি হলে দুটি অজৈব ফসফেট অণু তৈরি হয়। এই বিক্রিয়ার বিশেষ উল্লেখযোগ্য ঘটনা হল নতুন যে নিউক্লিওটাইড যুক্ত হল সেটি পরে প্রাইমার হিসাবে কাজ করে (প্রাইমার হল DNA অণুর সেই নিউক্লিওটাইড যার সঙ্গে নতুন নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়)।

(ii) DNA এর সঙ্গে নতুন নিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি অনিয়ন্ত্রিতভাবে হয় না। বরং DNA পলিমারেজ একটি নির্দিষ্ট নিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি ঘটায়। ছাঁচ শৃঙ্খলের সাথে যুক্ত থাকে, তাই তার বিপরীতে নতুন নিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি ঘটে পলিমারেজ পলিমারেজ এর নির্দেশ মতোই। এই সংযুক্তিতে কিছু ভুলত্রাস্তি ঘটতে পারে। তবে তা খুবই কম।

(iii) নতুন DNA শৃঙ্খল সর্বদাই 5' – 3' দিকে হয় (5' = শর্করার DNA 5 কার্বন আর 3' = শর্করার 3 কার্বন স্থান) কেননা কোষ পরিবেশে এমন কোন DNA পলিমারেজ নেই যা এর বিপরীত দিকে নতুন নিউক্লিওটাইড সংযুক্ত করতে পারে। এখন পর্যন্ত জানা প্রোক্যারিওটিক ও ইউক্যারিওটিক যত রকমের DNA পলিমারেজ থাকুক না কেন নতুন নিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি একইভাবে এবং একইদিকে ঘটে। অবশ্য দ্বিতন্ত্রী DNA এর উপস্থিতি ছাড়া DNA পলিমারেজ ও অন্যান্য বিক্রিয়ার সামগ্রী একসঙ্গে যুক্ত করলে ও নতুন DNA তৈরি হয় না। কিন্তু এইরূপ বিক্রিয়া মিশ্রণের সঙ্গে দ্বিতন্ত্রী DNA সংযুক্ত করলে সর্বদাই DNA প্রতিলিপি তৈরি হয়। একইভাবে *E-coli* পলিমারেজ মানুষের DNA-এর অনুলিপি সুন্দরভাবে তৈরি করে আবার এর বিপরীতটিও ঘটে। পরবর্তীকালে পিটার ডিলুসিয়া বিভিন্ন মিউটেশন (বংশগতির ধারায় প্রবাহযোগ্য DNA-এর যে কোন পরিবর্তন) যুক্ত *E-coli*-এর উপর গবেষণা করে দেখান পলিমারেজ প্রধানত 5' → 3' দিকে এক্সো নিউক্লিয়েজ হিসাবে কাজ করে এবং প্রকৃতপক্ষে এই উৎসেচক DNA-এর ক্ষত মেরামতের জন্য প্রধানত ব্যবহার হয়। 1970 সালে মার্টিন গেউটার এবং আরো অনেকের গবেষণায় জানা যায় যে আরো একটি উৎসেচক *E-coli*-তে আছে যার নামকরণ করেন DNA পলিমারেজ II। টম কর্নবার্গ এবং গেফ্টার আবিষ্কার করেন DNA পলিমারেজ II এই DNA পলিমারেজ III প্রকৃতপক্ষে একটি দশ পলিপেপটাইড দ্বারা গঠিত হলোএনজাইম। নিচে DNA পলিমারেজগুলির নাম গঠন, কার্য এবং তাদের উৎপাদক জিনের নাম দেওয়া হল সাবণি (সারণি 5.1)

সারণি 5.1

DNA পলিমারেজ I, II এবং III-এর তুলনামূলক ধর্ম দেওয়া হল

DNA পলিমারেজ	নিউক্লিওটাইড সংযুক্তিকরণ	বহিঃনিউক্লিয়েজ 3 — 5	বহিঃনিউক্লিয়েজ 5 — 3	আণবিক ওজন	অণুর সংখ্যা	উৎপাদনকারী জীব
I	5 — 3 হ্যাঁ	হ্যাঁ	হ্যাঁ	10,3000	400	Pal A
II	হ্যাঁ	হ্যাঁ	না	9000	?	Pal B
III	হ্যাঁ	হ্যাঁ	না	কেন্দ্রীয় অংশ তিনটি খণ্ড দ্বারা গঠিত এগুলি হল 1,300 27500 এবং 1000 এবং আরো 7টি পলিপেপ- টাইডের একক দ্বারা গঠিত	10 — 20	dnaE dnaR, dnaX dnaN dnaD এবং hol A — D

#### 5.4 DNA-র সংশ্লেষ পদ্ধতি

আগের একক থেকে আপনারা ওয়াটসন ক্রিকের প্রস্তাবিত দ্বিতন্ত্রী DNA-এর মডেল জেনেছেন ওয়াটসন ও ক্রিক মন্তব্য করেছিলেন যে একটি নতুন DNA থেকে নতুন DNA অণু তৈরি খুব সরলভাবে এবং সোজাসুজি ভাবেই সম্ভব। তাঁদের মতে, একটি দ্বিতন্ত্রী DNA প্রথমে একপ্রান্ত থেকে খুলে গিয়ে একতন্ত্রীতে পরিণত হবে এবং প্রতিটি তন্তু নিজেকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে নিজের পরিপূরক স্কারক যুক্ত নিউক্লিওটাইড সাজিয়ে প্রতিলিপি গঠন করবে। এইভাবে একটি DNA অণু থেকে দুটি অপত্য DNA অণু তৈরি হবে যার প্রত্যেকটিকে একটি পুরানো ও একটি নতুন পরিপূরক স্কারক সজ্জাযুক্ত তন্তু থাকবে। DNA সংশ্লেষের এই পদ্ধতিকে সেমি কনজারভেটিভ বা অর্ধরক্ষণীয় নামে আখ্যা দেওয়া হয়। এই পদ্ধতি ছাড়া ও আরো দুটি সম্ভাব্য পদ্ধতিতে DNA সংশ্লেষের কথা বলা হয়েছিল যার একটিকে বলে কনজারভেটিভ বা রক্ষণশীল, আর একটিকে বলে ডিসপার্সিভ কনজারভেটিভ মতবাদ অনুসারে একটি দ্বিতন্ত্রী DNA অণু নিজেকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে দুটি নতুন অথচ সম্পূর্ণ নিজের স্কারক সজ্জা-পরিপূরক DNA তন্তুর সংশ্লেষ ঘটায়। এর ফলে যে দুটি DNA অণুর উৎপত্তি হয় তার একটির দুটি তন্তুই পুরানো এবং অপরটি সদ্য সংশ্লেষিত দুটি নতুন তন্তু দ্বারা গঠিত। ডিসপার্সিভ মডেল অনুসারে মাতৃ DNA অণু ছোট ছোট খণ্ডে বিভক্ত হয়ে (Small Dupler) এবং প্রত্যেকটি খণ্ড ছাঁচ হিসাবে কাজ করে। প্রত্যেকটি মিলিত হয়ে দুটি দ্বিতন্ত্রী অণু গঠন করে। ফলে উৎপন্ন হওয়া দুটি DNA অণুতে নতুন ও পুরানো উভয় খণ্ডই থাকে।

যখন DNA সংশ্লেষের পদ্ধতি নিয়ে এই ধরনের বিভিন্ন মতবাদ চালু ছিল তার প্রায় পাঁচ বছর পরে 1958 সালে ম্যাথিউ মেসেল্‌সন এবং ফ্রাঙ্ক স্টাল প্রমাণ করে দেখান যে ওয়াটসন ও ক্রিকের চিন্তাধারাই DNA সংশ্লেষ

সম্বন্ধে অনেকাংশেই সঠিক। এই পরীক্ষার জন্য *E-coli* ব্যাক্টেরিয়া ব্যবহার করেছিলেন। কেননা, অতি সহজে এবং খুব তাড়াতাড়ি মিনিমাল মিডিয়ামে এদের কালচার করা যায়। ওরা প্রথমে মিনিমাল মিডিয়ামে তেজস্ক্রিয়  $^{15}\text{NH}_4\text{Cl}$  (অ্যামোনিয়াম ক্লোরাইড) কে একমাত্র নাইট্রোজেন সূত্র হিসাবে ব্যবহার করেন। এই অবস্থায় কালচারটিকে বহু প্রজন্ম পর্যন্ত রাখা হয়। তারপরে ঐ ব্যাক্টেরিয়াগুলিকে যুক্ত কালচারে স্থানান্তরিত করা হয়। এবং কয়েক প্রজন্ম ওখানে বৃদ্ধির সুযোগ দেওয়া হয়।

এর ফলে ব্যাক্টেরিয়া কালচারে  $^{14}\text{N}$  যুক্ত DNA এবং  $^{15}\text{N}$  যুক্ত DNA-এর আবির্ভাব ঘটে বলে মনে করা হয়। এই দুটি পৃথক ঘনত্বযুক্ত DNA কে ঘনত্ব অনুসারে পৃথক করা সম্ভব। যদি একটি পরীক্ষানলে (Test tube CSCL)-এর দ্রবণ অতিমাত্রায় ঘূর্ণন যন্ত্রে আল্ট্রা সেন্ট্রিফিউজ-এ (Ultra Centrifuge Machine) দুই বা তিনদিন ধরে অতি উচ্চমাত্রার (প্রায় 100000g) ঘূর্ণন করা হয় তাহলে ঐ দ্রবণ স্তম্ভে উপর থেকে নিচের একটি ক্রমবর্ধক ঘনত্বযুক্ত অঞ্চলের সৃষ্টি হয়। এই দ্রবণে ভিন্ন ঘনত্বযুক্ত তেজস্ক্রিয় DNA দিলে নিজ নিজ ঘনত্ব অনুসারে বিশেষ স্থানে পট্টি ব্যান্ড তৈরি করে। এই পদ্ধতিকে কাজে লাগিয়ে প্রথমে অনেক প্রজন্ম তেজস্ক্রিয়  $^{15}\text{NH}_4\text{Cl}$  যুক্ত কালচারে রাখা ব্যাক্টেরিয়া থেকে DNA সংগৃহীত হয় এবং ঐ DNA কে CSCL দ্রবণে উপরিবর্ণিত পদ্ধতিতে সেন্ট্রিফিউজ করার ফলে পরীক্ষা নলের নিচের দিকে একটি ব্যাণ্ডের সৃষ্টি হয়। পরবর্তীকালে  $^{15}\text{N}$  যুক্ত ব্যাক্টেরিয়া  $^{14}\text{N}$ -এর বৃদ্ধির বিভিন্ন প্রজন্মে সংগ্রহ করে DNA নিষ্কাশন করার পর একইভাবে CSCL দ্রবণে সেন্ট্রিফিউজ করা হয় এর ফলে তথ্যগুলি জানা যায় তাহল—

(i) বহু প্রজন্ম  $^{15}\text{N}$  যুক্ত মিডিয়ামের ব্যাক্টেরিয়া DNA যে একটিমাত্র ভারি ব্যাণ্ড উৎপন্ন করে ঐ অবস্থায় কোন কিছু মন্তব্য করা যায় না, কেননা অনেক প্রজন্ম ধরে ভারী একটিমাত্র ব্যাণ্ড তৈরি হওয়াই স্বাভাবিক— যে পদ্ধতিতেই DNA সংশ্লেষিত হোক না কেন। কিন্তু পরে ভারী নাইট্রোজেন যুক্ত ব্যাক্টেরিয়াগুলিকে  $^{14}\text{N}$  যুক্ত মিনিমাল মিডিয়ামে কয়েক প্রজন্ম রাখা হয় এবং প্রথম দ্বিতীয় এবং তৃতীয় প্রজন্মের পরেই পর্যায়ক্রমে DNA সংগ্রহ করে CSCL দ্রবণে সেন্ট্রিফিউজ করা হল, তখন যা পাওয়া যায় তা হল ভারী নাইট্রোজেন যুক্ত ব্যাক্টেরিয়া  $^{14}\text{N}$  যুক্ত মিডিয়ামে এক প্রজন্ম অতিবাহিত করার পরে DNA যে পাওয়া গেল সেই CSCL দ্রবণে আগের

ব্যাণ্ড অপেক্ষা  $\frac{^{15}\text{N}}{^{14}\text{N}}$  DNA অপেক্ষা কিছুটা হালকা অঞ্চলে বা উপরের অঞ্চলে একটি মাত্র ব্যাণ্ড তৈরি করে। অপরপক্ষে, দ্বিতীয় প্রজন্ম অতিবাহিত হওয়ার পরে যে DNA সংগ্রহ করা হয় সেই DNA CSCL দ্রবণে দুটি ব্যাণ্ড তৈরি করে, যার একটি আগের প্রথম প্রজন্ম শেষ করা ব্যাক্টেরিয়া DNA এর স্থানে আর একটু উপরে অর্থাৎ আর একটু হালকা স্তরে। এইভাবে তৃতীয় প্রজন্মের পরে DNA সংগ্রহ করে দেখা গেছে সবথেকে হালকা স্তরে সবথেকে বেশি DNA জমা হয়। এর বিশ্লেষণে দেখা যায় যে প্রথম প্রজন্মের পরে সংগৃহীত DNA একটি মাত্র অপেক্ষাকৃত হালকা ব্যাণ্ড তৈরি করায়। বোঝা যায় যে এই DNA তে  $\frac{^{14}\text{N}}{^{15}\text{N}}$  অবস্থা বর্তমান যা কিনা

$\frac{^{15}\text{N}}{^{15}\text{N}}$  অপেক্ষা হালকা এবং স্বভাবতই  $\frac{^{14}\text{N}}{^{14}\text{N}}$  থেকে উপরে একটি মাত্র ব্যাণ্ড তৈরি করেছে। আবার দ্বিতীয় প্রজন্মের পরে স্বাভাবিক কারণেই  $\frac{^{15}\text{N}}{^{14}\text{N}}$  এবং  $\frac{^{14}\text{N}}{^{14}\text{N}}$  দুই ধরনের DNA পাওয়া যায়। যার একটি সম্পূর্ণ  $\frac{^{14}\text{N}}{^{14}\text{N}}$  যুক্ত হওয়ায় প্রথম প্রজন্ম অপেক্ষা এই DNA আরো হালকা বা পাতলা হয়। তার ফলে আরো উপরে একটি ব্যাণ্ডের সৃষ্টি করে। এখন যদি কনজারভেটিভ অবস্থায় রেপ্লিকেশন্ হতো তাহলে সব সময় একটি ব্যাণ্ড  $\frac{^{15}\text{N}}{^{15}\text{N}}$  এর স্থানে

এবং অপরটি এর স্থানে হত। অপরপক্ষে, যদি ডিসপারসিভ মডেল অনুসারে সংশ্লেষ ঘটত তবে  $\frac{^{14}\text{N}}{^{14}\text{N}}$  এই সংমিশ্রণযুক্ত ঘনত্বের আশেপাশেই প্রথম প্রজন্মের পর থেকেই এইরূপ ঘনত্বযুক্ত DNA পাওয়া যেত। অর্থাৎ এই পরীক্ষা দ্বারা সন্দেহাতীতভাবে প্রমাণ হয় যে DNA সেমিকনজারভেটিভ পদ্ধতিতেই সংশ্লেষিত হয় (চিত্র 5.2)।

## 5.5 ব্যাকটেরিয়াতে DNA সংশ্লেষ ও মডেলসমূহ

বিগত প্রায় ত্রিশ বছরের বৈজ্ঞানিক গবেষণার ফলে, ব্যাকটেরিয়া, ভাইরাস ও বিভিন্ন প্লাজমিড DNA সংশ্লেষ পদ্ধতি বর্তমানে পরিষ্কারভাবে জানা সম্ভব হয়েছে। ব্যাকটেরিয়াতে প্রাপ্ত ব্যাকটেরিয়ার নিজস্ব ক্রোমোজোম ছাড়াও একটি অতিরিক্ত DNA অণু যা নিজের সংশ্লেষ নিজেই নিয়ন্ত্রণ করে। অবশ্য সব ব্যাকটেরিয়াতেই থাকে না, যখন থাকে তখন সেই ব্যাকটেরিয়াতে F' অর্থাৎ ফার্টিলিটি ফ্যাক্টর বলে। DNA সংশ্লেষ পদ্ধতি বর্তমানে পরিষ্কারভাবে জানা সম্ভব হয়েছে। বহুসংখ্যক জিন তাদের সুনিয়ন্ত্রিত পারস্পরিক সমন্বয়ে এই DNA সংশ্লেষ পদ্ধতি নিয়ন্ত্রণ করে। বিস্তারিতভাবে বিভিন্ন জিনের DNA সংশ্লেষের কার্যধারা নিচের টেবিলে সারণি (5.2) তে দেওয়া হল।

সামগ্রিকভাবে প্রোক্যারিওটিক কোষীয় পরিবেশে সংশ্লেষ তিনটি ধাপে সম্পন্ন হয়। এগুলি হল যথাক্রমে—

- (i) প্রারম্ভিক সংশ্লেষ বিক্রিয়া (Initiation Reaction)
- (ii) শৃঙ্খলের বর্ধনের দশা (Elongation Phase)
- (iii) সংশ্লেষ বন্ধের বিক্রিয়া (Termination Reaction)

এই প্রতিটি দশার সংক্ষিপ্ত বিবরণ নিম্নরূপ :—

### 5.5. (i) প্রারম্ভিক সংশ্লেষ বিক্রিয়া

প্রোক্যারিওটিক কোষে এই দশার সূত্রপাত হতে গেলে প্রথমেই স্থানীয়ভাবে DNA অণুর সামান্য অংশে ভেঙে যায় এবং ঐ স্থানে একতন্ত্রী অবস্থা উৎপন্ন হয় বা সৃষ্টি হয়। এই সর্বপ্রথম প্রারম্ভিক বিক্রিয়ার স্থানটিকে সর্বদাই প্রজাতি নির্ভরভাবে বিশেষ ক্ষারক বিন্যাস যুক্ত হতে হয়। সমস্ত ব্যাকটেরিয়া ভাইরাসের ক্ষেত্রে একই প্রক্রিয়ায় DNA সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়া শুরু হয়। এইভাবে উৎপন্ন স্থানকে সংশ্লেষ ব্যাবুল (Replication Bubble) বলে। ঐ একতন্ত্রী স্থানগুলিকে ছাঁচ বাহু বলে (Template Strand)। E. Coli-এ চক্রাকার একটি মাত্র DNA অণুতে এই ধরনের একটি প্রারম্ভিক বিক্রিয়াকারী DNA অণুর খণ্ড বর্তমান। ঐ স্থানকে ওরিসি (OriC) বলে। E. Coli এর ক্ষেত্রে এই ওরিসি এর দৈর্ঘ্য ন্যূনতম 245 ক্ষারক জোড় (Base Pair) হয়। এখানে প্রদত্ত চিত্র অনুসারে DNA সংশ্লেষের বাবুল কিভাবে তৈরি হয় এবং কিভাবে তা কার্যকর হয় তা দেখানো হয়েছে। প্রথমেই ঐ একতন্ত্রী DNA অণু অঞ্চলে এক ধরনের উৎসেচক প্রোটিন টোপোআইসোমারেজ অনির্দিষ্ট স্থানে জমা হয়ে ক্ষারক জোড়গুলিকে চিনতে পারে এবং ঐখানে যুক্ত হয়। পরবর্তীকালে এই প্রোটিনের আকর্ষণেই প্রারম্ভিক বিক্রিয়া শুরু করার প্রোটিন (Initiator Protein) ঐ স্থানের একতন্ত্রী DNA-এর সঙ্গে যুক্ত হয়। এইভাবে দেখা যায় যে ওরিসি অঞ্চলের বেস বা ক্ষারক সজ্জায় টোপোআইসোমারেজ এবং প্রারম্ভিক প্রোটিনের সঙ্গে বিক্রিয়া ঘটাতে সক্ষম। ওরিসিতে যখন এই ধরনের যৌগ তৈরি হয় সেই সময়ে আরো একটি প্রোটিন, যার নাম হেলিকেজ (Helicase) ঐ স্থানে জমা হয় এবং প্রধানত DNA অণুর প্যাঁচ খুলতে সাহায্য করে। প্রথমেই হেলিকেজ প্রারম্ভিক প্রোটিনের সঙ্গে যৌগ গঠন করে এবং এই দুই প্রোটিন যৌগ ওরিসি অঞ্চলের বিস্তীর্ণ অংশকে ঘিরে ধরে এবং একটি বিশেষ অঞ্চল গঠন করে। DNA অণুর এই প্যাঁচ খোলার জন্য যে শক্তির প্রয়োজন হয় তা DNA ভেঙে সংগ্রহ করা হয়। এরই মধ্যে SSB (Single Strand Stabilizing Protein) প্রোটিন একতন্ত্রী DNA এর সঙ্গে আবদ্ধ হয়। এর পরেই যে উৎসেচকটি ঐ স্থানে প্রবেশ করে তা হল. প্রাইমেজ। প্রাইমেজ প্রথমে ঐ স্থানের হেলিকেজের সঙ্গে আবদ্ধ হয় এবং পরে একতন্ত্রী DNA-এর সঙ্গে যুক্ত হয়। DNA

সংশ্লেষের ক্ষেত্রে প্রাইমেজ বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ উৎসেচক। কেননা প্রোক্যারিওটিক বা ইউক্যারিওটিক কোনও কোষীয় পরিবেশেই এমন কোন DNA পলিমারেজ নেই যা কিনা DNA সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়ায় একতন্ত্রী ছাঁচ DNA-এর ক্ষারক সজ্জা অনুসারে পরিপূরক প্রথম নিউক্লিওটাইডটি স্থাপন করে DNA সংশ্লেষের সূত্রপাত ঘটাতে পারে। এই কাজটি কেবলমাত্র প্রাইমেজ উৎসেচক দ্বারাই সম্ভব। যে উৎসেচকের সাহায্যে প্রথম কয়েকটি রাইবো নিউক্লিওসাইড ট্রাইফসফেটকে ছাঁচ DNA-এর ক্ষারক সজ্জার পরিপূরক হিসাবে সাজাতে সক্ষম। এখন পর্যন্ত পাওয়া DNA পলিমারেজ কেবলমাত্র পাঁচ কার্বনযুক্ত ডি-অক্সিরাইবোজ শর্করার তিন কার্বনস্থানের যুক্ত OH মূলকের সঙ্গে নতুনভাবে আগত ডিঅক্সিরাইবো নিউক্লিওটাইড 5 ফসফেটের পাঁচ কার্বন স্থানের ফসফেটকে সংযুক্ত করতেই সক্ষম। এই সংযোজনের ফলেই দুটি নিউক্লিওটাইডের দিক নির্দেশে ফসফোডায়েস্টার বন্ধনীর সৃষ্টি হয়। কেবলমাত্র এই বিক্রিয়া দ্বারাই এবং একমুখীভাবে অর্থাৎ একদিকে ব্যতীত আর কোনভাবেই বৃদ্ধিপ্রাপ্ত DNA তে নিউক্লিওটাইড সংযোজনের পলিমারেজ নেই। প্রাইমেজ একতন্ত্রী DNA এর সঙ্গে যুক্ত হওয়ার পরেই হেলিকেজের সাহায্যে কার্যকরী হয় এবং ওরিসি অঞ্চলের উভয় একতন্ত্রী ছাঁচ DNA তে রাইবোনিউক্লিওটাইড ঐ স্থানের সমসংখ্যক ক্ষারকের পরিপূরক হিসাবে ক্ষারকযুক্ত RNA খণ্ড উৎপন্ন করে। এইভাবে প্রাইমেজ দ্বারা পরিপূরক ক্ষারকযুক্ত নিউক্লিওটাইড সংযোজনও কেবলমাত্র 5' – 3' দিকেই সম্ভব। যে কারণে ওরিং প্রথম প্রাইমেজ দ্বারা সংশ্লেষ উভয় বাহুতে বিপরীতমুখী হয় (চিত্র 5.3)। এইভাবে তৈরি RNA প্রাইমার সংশ্লেষ শুরু হয়। সর্বপ্রথমে দুটো পিউরিন নিউক্লিওটাইড সংযুক্তির মাধ্যমে বেশিরভাগ ক্ষেত্রেই যা কিনা প্রথমে A ও G এই দুটির সংযোজনী ঘটায়। DNA এর সঙ্গে প্রাইমেজ ও হেলিকেজের সংযুক্ত যৌগকে প্রাইমোজোম বলে। একবার প্রাইমার RNA সংশ্লেষ হওয়ার পরে DNA পলিমারেজ I এবং II ঐ স্থানে ছাঁচ DNA-এর বেসসজ্জার পরিপূরক বেস বা ক্ষারকযুক্ত নিউক্লিওটাইড সংযোজন শুরু করে, অবশ্যই কেবলমাত্র 5' – 3' দিকে (চিত্র 5.3)। এই প্রারম্ভিক বিক্রিয়ার সময় আরো একটি ঘটনা মনে রাখা প্রয়োজন তা হল ওরিসি অঞ্চলের যে স্থানে দুটি ছাঁচ DNA তন্তু উৎপন্ন হয় (দ্বিতন্ত্রী DNA অণুর হাইড্রোজেন বন্ধনীর ভাঙার ফলে উদ্ভূত অবস্থা) ঐ দুটি তন্তুতেই প্রাইমার RNA সংশ্লেষ ও কেবলমাত্র 5' – 3' দিকেই নতুন পরিপূরক ক্ষারকযুক্ত নিউক্লিওটাইড সংযোজন দ্বারাই সম্ভব হয়। এই কারণে প্রথম RNA প্রাইমার দুটি, ঐ দুটি ছাঁচ DNA তন্তু ভিন্নস্থান থেকে শুরু হয়। যে তন্তুতে দিকে শুরু থেকেই সংশ্লেষ ঘটানো সম্ভব সেই তন্তুতে একটাই প্রাইমার উৎপন্ন হয় এবং তার উপরে নিউক্লিওটাইড সংযোজন করতে থাকে যতক্ষণ না ঐ সংশ্লেষ এককের সংশ্লেষণ শেষ হয়। অপরপক্ষে, তার বিপরীত ছাঁচ বাহুর ক্ষেত্রে কিছুটা দূর থেকে প্রাইমার সংশ্লেষ শুরু হয়ে ওরিসি দিকেই ধাবিত হয় বা প্রলম্বিত হয়। এইভাবে দ্বিতন্ত্রী DNA যত প্যাঁচ খুলে সংশ্লেষ দৈর্ঘ্য বাড়তে থাকে ততই ঐ ছাঁচ বাহুর প্রাইমার উৎপত্তির সংখ্যা ও তার উপরে ডিঅক্সিরাইবো নিউক্লিওটাইডের সংযোজন এককগুলোর সংখ্যা বাড়তে থাকে। এই কারণে যে ছাঁচ তন্তু উৎপত্তির প্রথম স্থান থেকেই প্রাইমার তৈরি এবং তার উপরে ডিঅক্সিরাইবো নিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি শেষ না হওয়া অবধি থামে তাকে বলে লিডিং তন্তু এবং অন্য ছাঁচ বাহুটি যাতে প্যাঁচ খোলার সঙ্গে সঙ্গে নতুন প্রাইমার সংশ্লেষিত হয় এবং যার উপরে নতুন প্রলম্বিত হয় সেই তন্তুকে ল্যাগিং তন্তু বলে। এই ধরনের একটি কর্ক মডেলের চিহ্নিত চিত্র দেখুন (চিত্র 5.4)। এইভাবে সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়া সম্পন্ন হয়।

## (ii) DNA শৃঙ্খলের বর্ধনের দশা (Elongation Phase)

উপরিবর্ণিত বিক্রিয়াসম্পন্ন হওয়ার পর লিডিং তন্তু একইভাবে DNA পলিমারেজ III এবং I এর সাহায্যে দিকে ক্রমাগত পরিপূরক নিউক্লিওটাইড সংযুক্তির কাজ চলতে থাকে। কিন্তু ল্যাগিং তন্তুতে এই নিউক্লিওটাইড সংযুক্তি কিছুটা জটিলভাবে ঘটে। প্রথমে RNA প্রাইমারগুলির উপরে DNA পলিমারেজ III এবং I এর সাহায্যে



ডি-অক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি ঘটানোর পর পলিমারেজ এর এক্সো নিউক্লিয়েজ ক্ষমতার দ্বারা প্রাইমার RNA কে কেটে বাদ দেয় এবং ঐ স্থানে DNA পলিমারেজ I-এর সাহায্যে মেরামতি সংশ্লেষ ঘটে। পরিবেশে লাইপেজ নামক উৎসেচক এই দুটি পাশাপাশি অবস্থিত DNA খণ্ডের মধ্যে একটি ফসফো ডায়েস্টার বন্ধনীর উৎপাদন দ্বারা সংযোজন ঘটায়। এই ঘটনা সবিস্তারে-পরীক্ষা করে দেখিয়েছেন বিজ্ঞানী ওকাজাকি এবং তাঁর সহকর্মীবৃন্দ মিলিতভাবে। কোষীয় কালচারে DNA সংশ্লেষ শুরু হওয়ার সঙ্গে সঙ্গেই তারা তেজস্ক্রিয় থাইমিডিন (3HTdR) প্রয়োগ করেন। এরপর পাঁচ মিনিট, দশ মিনিট, পনেরো মিনিট ও কুড়ি মিনিট অন্তর অন্তর তারা কিছু কিছু কালচার থেকে DNA নিষ্কাশন করেন এবং তাদের তেজস্ক্রিয়তা পরীক্ষা করে দেখেন। প্রথমদিকে অর্থাৎ পাঁচ মিনিট, দশ মিনিট, পরের সংগ্রহ করা কালচার করা DNA-তে প্রথমে ছোট এবং পরে বড় RNA যুক্ত DNA খণ্ড পান। পরের দিকে সংগৃহীত DNA থেকে তাঁরা যে তেজস্ক্রিয় DNA খণ্ড পান সেগুলি এই ধরনের অনেকগুলি ছোট ছোট DNA খণ্ডের সংযুক্তির ফলে উৎপন্ন বলে মনে করেন। DNA সংশ্লেষ শুরু হওয়ার পরে প্রাপ্ত এই ধরনের খণ্ডগুলিকে বিজ্ঞানী ওকাজাকি সম্মার্শে ওকাজাকি ফ্ল্যাগমেন্ট বা ওকাজাকি খণ্ড বলে। ঐ সময়ই ওকাজাকি বিশ্লেষণ করে দেখান যে কেবলমাত্র ল্যাগিং তন্ত্রেই RNA প্রাইমার যুক্ত এক হাজার থেকে দুই হাজার নিউক্লিওটাইড সমন্বিত DNA খণ্ডই প্রাথমিক DNA সংশ্লেষের একক। এগুলি পরস্পর যুক্ত হয়ে ল্যাগিং তন্ত্রের পরিপূরক DNA তৈরি হয়। কোন DNA অণুর যতটা দৈর্ঘ্য পর্যন্ত একটি মাত্র ওরিসির সাহায্যেই সংশ্লেষ শেষ করে সেই দৈর্ঘ্যযুক্ত DNA অণুকেই রেপ্লিকন বলে। ব্যাকটেরিয়াতে এই ধরনের একটি মাত্র ওরিসি যুক্ত ক্রোমোজোমই বর্তমান (Kuempel 1971)। বিভিন্নভাবে বর্তমানে প্রমাণিত যে DNA পলিমারেজ I DNA সংশ্লেষের সময় প্রধানত DNA-এর মেরামতি সংশ্লেষ ঘটায় এবং এক্সো নিউক্লিয়েজ কার্যধারা দ্বারা DNA এর বর্ধনশীল তন্তুকে কোন ভুল সংযুক্তি ঘটালে তাকে কেটে বাদ দেয় অর্থাৎ প্রফরিডিং DNA এর কাজ করে। এইভাবেই সমস্ত রেপ্লিকন তার পরিপূরক DNA-এর সংশ্লেষ ঘটায়।

### (iii) DNA সংশ্লেষ বন্ধের বিক্রিয়া (Termination Reaction)

উপরিবর্ণিত একই পদ্ধতিতে দ্বিতন্ত্রী DNA-এর প্যাঁচ ধীরে ধীরে টপোআইসোমারেজ ও হেলিকেজ-এর সাহায্যে খুলে যায়। এই নতুনভাবে উৎপন্ন একতন্ত্রী ছাঁচ DNA এর প্রতিলিপি একইভাবে সংশ্লেষিত হতে থাকে। এর ফলে, DNA অণুর সংশ্লেষ স্থান থেকে পেছন দিকে একটি জটিল প্যাঁচের সৃষ্টি হয় এবং তারফলে উদ্ভূত পরিস্থিতিকে সামাল দিতে কাজ করে গাইরেজ। এই গাইরেজ প্রকৃতপক্ষে একপ্রকার এন্ডো নিউক্লিয়েজ যার দ্বিতন্ত্রী DNA অণুর একটি তন্তু ফসফো ডায়েস্টার বন্ধনীকে ভেঙে দেয়। ফলে DNA অণুর পরবর্তী সংশ্লেষ আর কোন অসুবিধে থাকে না। যেহেতু ব্যাকটেরিয়া ক্রোমোজোম একটি মাত্র ওরি C দ্বারা গঠিত সেই কারণে DNA সংশ্লেষ চলার পরে বন্ধ করার জন্য সুনির্দিষ্ট পদ্ধতি প্রয়োজন হয় না। তবে গোলাকৃতির অণু DNA সংশ্লেষ চলার জন্য একাধিক মডেল প্রস্তাবিত হয়েছে। যেমন থিটা মডেল এবং রোলিং সার্কেল মডেল। এই মডেল দুটি সংক্ষেপে নীচে দেওয়া হল।

#### 5.5.1 থিটা মডেল

একটি চক্রাকার দ্বিতন্ত্রী DNA-তে উপর বর্ণিত পদ্ধতিতে DNA সংশ্লেষের ওরিসি তে প্রারম্ভিক বিক্রিয়া শুরু হওয়ার পরে দ্বিতন্ত্রী অঞ্চলে ধীরে ধীরে উপপ্যাঁচ পজেটিভ সুপার কয়েল এর সৃষ্টি হয়। এটা বোঝা যাবে, যদি একটি পাকানো দড়ির দুই প্রান্ত বেঁধে দিয়ে তার কোন একটি স্থান থেকে দুহাতে টেনে প্যাঁচ দেওয়ার চেষ্টা করলে উভয় দিকেই আরো শক্ত উপপ্যাঁচের সৃষ্টি হয়। বিশেষত এইরূপ চক্রাকার দ্বিতন্ত্রী DNA-এর ক্ষেত্রে

কোন একটি স্থানে সংশ্লেষ ক্রিয়া শুরু হওয়ার পরে প্রবল গতিতে প্যাঁচ খুলতে শুরু করে। কেননা দেখা গেছে যে ব্যাক্টেরিয়া বা এই জাতীয় জীবের ক্ষেত্রে প্রতি সেকেন্ডে নতুন তন্তু তৈরির জন্য প্যাঁচশো নিউক্লিওটাইড সংযুক্ত হয়। উল্লেখযোগ্য দ্বিতন্ত্রী DNA-এর প্রতিটি প্যাঁচে দশ জোড়া ক্ষারক বর্তমান। অর্থাৎ প্রতি সেকেন্ডে পঞ্চাশটি করে পাক খুললেই কেবলমাত্র এইভাবে নতুন নিউক্লিওটাইড সংযোজন সম্ভব। এই প্যাঁচের সমস্যা সমাধানে টোপোআইসোমারেজ উৎসেচক বিশেষ ভূমিকা পালন করে। দ্বিতন্ত্রী চক্রাকার DNA-এর ওরিসি অঞ্চলে সংশ্লেষ শুরু হওয়ার পর উভয় দিকেই DNA অণুর কর্ক চলতে থাকে। ঐ কর্কের স্থানের উপরে বা সামনের দিকে টোপোআইসোমারেজ উল্টো প্যাঁচের সৃষ্টি করে এবং টোপোআইসোমারেজ II অথবা গাইরেজ একটি তন্তুর ফসফোডায়েস্টার বন্ধনী ভেঙে দেয়। এই স্থানে আবার প্যাঁচ কিছুটা খুলে যাবার পরেই DNA এর মেরামেরি ঘটে। এইভাবে ধীরে ধীরে উভয় দিকে কর্ক অগ্রসর হওয়ায় এবং উভয় দিকে বিপরীতমুখী DNA সংশ্লেষ ঘটায় ব্যাকটেরিয়া ক্রোমোজোমের খিটা আকৃতি হয় (চিত্র 5.5)। বিজ্ঞানী কেয়ার্ণ 1970 সালে ইলেকট্রন মাসক্রোস্কোপের সাহায্যে এই ধরনের সংশ্লেষ পদ্ধতি দেখান এবং একে খিটা মডেল নামে অভিহিত করেন।

### 5.5.2 রোলিং সার্কেল মডেল

এই পদ্ধতির DNA সংশ্লেষ দেখা যায় প্রধানত (ল্যামডা) ভাইরাসে এবং *E.coli*-র কনজুগেশন ঘটার সময় প্লাজমিড DNA সংশ্লেষের সময়। এই পদ্ধতির DNA সংশ্লেষ (চিত্র 5.6) তে দেখানো হল। প্রথমেই একটি নির্দিষ্ট এন্ডোনিউক্লিয়েজের মাধ্যমে দুটি তন্তুর একটিতে ওরিসি অঞ্চলে ফসফোডায়েস্টার বন্ধ ভেঙে যায়। এইভাবে একদিকে প্যাঁচ কার্বন ফসফেট এবং অপরদিকে হাইড্রোক্সিক প্রান্ত (OH) উৎপন্ন হয়। একটি DNA সংশ্লেষ কর্কের সৃষ্টি হয় এবং শর্করার প্যাঁচ কার্বন যুক্ত দিকের অংশ ঠিক একইভাবে টোপোআইসোমারেজ হেলিকোজ এবং SSB প্রোটিন দ্বারা একটি তন্ত্রে পরিণত হয় এবং ঐ স্থানে প্রাইমেরি DNA পলিমারেজ II এবং I এবং হেলিকোজ মিলিতভাবে ওকাজাকি খণ্ড এর সংশ্লেষ ঘটায়। এইভাবে ঐ তন্তুর ধীরে ধীরে প্যাঁচ খুলে যায় এবং পরিপূরক ক্ষারকযুক্ত নিউক্লিওটাইডের নতুন নতুন ওরাজাকি খণ্ড তৈরি হয়। অবশেষে একইভাবে DNA পলিমারেজ I এবং লাইগেজের সহযোগিতায় পরিপূর্ণ দ্বিতন্ত্রী DNA-তে রূপান্তরিত হয়। স্বাভাবিকভাবে এই তন্তুটি ল্যাগিং তন্তু রূপে পরিগণিত হয়। অপরপক্ষে এন্ডো নিউক্লিয়েজ ওরিসি তে ফসফো ডায়েস্টার বন্ধনী ভাঙার পরে আর একটি শর্করা তিন প্রান্তীয় হাইড্রোক্সিমূলক (OH) মুক্ত হয় এবং আর একটি তন্তু সম্পূর্ণ থাকে। এই তন্তুর ক্ষারকের পরিপূরক ক্ষারকযুক্ত নিউক্লিওটাইড একে একে ঐ মুক্ত তিন কার্বন স্থানের হাইড্রোক্সিক মূলকের সাথে যুক্ত হতে থাকে এবং সমগ্র DNA অণু এইভাবে দুটি দ্বিতন্ত্রী অপত্য অণুতে পরিণত হয়। একতন্ত্রী DNA সংশ্লেষ করে দুটি অণুতে রূপান্তরিত হওয়ার আগে তাকে দ্বিতন্ত্রী অণুতে রূপান্তরিত হতে হয় (সারণি 5.2 দেখুন)।

### 5.6 ইউরিওটিক কোষে DNA সংশ্লেষ পদ্ধতি

জৈব রাসায়নিক এবং আণবিক দিক থেকে ইউক্যারিওটিক কোষের DNA সংশ্লেষ ব্যবস্থা সামগ্রিকভাবে প্রোক্যারিওটিক কোষের DNA সংশ্লেষের মতোই। তবে কিছু অতিরিক্ত জটিলতার দরুন ইউক্যারিওটিক কোষের ক্ষেত্রে DNA সংশ্লেষ পৃথকভাবে জানা প্রয়োজন। যেমন ইউক্যারিওটিক কোষের DNA একটিমাত্র রেপ্লিকনে সীমাবদ্ধ থাকে না বরং এক এক প্রজাতির ক্ষেত্রে এক এক রকম ক্রোমোজোম বর্তমান এবং প্রত্যেকটি ক্রোমোজোম DNA অণু স্বাধীনভাবে DNA সংশ্লেষ ঘটায়। আবার এই ক্রোমোজোমগুলি প্রোক্যারিওটিক কোষের শুধুমাত্র কোষ পর্দা দ্বারা পরিবৃত থাকে না। কোষের মধ্যে আবার নিউক্লিয়াস পর্দা দ্বারা পৃথক থাকে। আবার প্রত্যেকটি

ক্রোমোজোমই DNA ও হিস্টোন প্রোটিনের জটিল যৌগ। অতএব প্রতিটি কোষ বিভাজনের সময় বিশ্বস্ততার সঙ্গে সংশ্লেষ সম্পন্ন করা একান্ত প্রয়োজনীয় তা না হলে একটি কোষ বিভাজিত হয়ে সবদিক থেকে দুটি সমমানের অপত্য কোষ উৎপন্ন হবে না। এর মানে হচ্ছে প্রতিটি ক্রোমোজোমের DNA এবং হিস্টোন প্রোটিনকে প্রকৃত অর্থেই প্রতিটি কোষ বিভাজনের পূর্বেই ঠিক দ্বিগুণ হতে হবে। প্রত্যেকটি পৃথক কোষ চক্রের উপদশাগুলিতে সময়ের ব্যবধান দেখা যায়। যেমন কোন ইউক্যারিওটিক কোষ প্রতি তিন ঘণ্টায় একবার বিভাজিত হয় আবার কোন বিশেষ কোষ তিনশো ঘণ্টায় একবার বিভাজিত হতে পারে। যেমন মানুষের দেহকোষ ল্যাবরেটরিতে কালচার করলে একবার বিভাজন হতে সময় নেয় চব্বিশ ঘণ্টা। ইউক্যারিওটিক প্রাণীর কোষচক্র সম্বন্ধে বিস্তারিতভাবে আলোচনা করা হয়েছে তিনের এককে। এখানে কেবলমাত্র DNA সংশ্লেষ পদ্ধতি এবং তার আণবিক নিয়ন্ত্রণ পদ্ধতি সম্বন্ধে কিছু আলোচনা করা হল। প্রকৃত অর্থেই প্রোক্যারিওটিক কোষের DNA সংশ্লেষ অপেক্ষা ইউক্যারিওটিক কোষের সংশ্লেষ পদ্ধতি যথেষ্ট কমই জানা গেছে। তবে দুটি পরীক্ষার দ্বারা এইটুকু দেখা গেছে যে প্রোক্যারিওটিক DNA এর ন্যায় ইউক্যারিওটিক DNA অর্ধরক্ষণশীল পদ্ধতিতে সংশ্লেষিত হয়। এই পরীক্ষা দুটি হল একটি থাইমিন স্কারকের প্রায় সমগঠন যুক্ত BUdR এবং তেজস্ক্রিয় থাইমিন স্কারক ব্যবহারের মাধ্যমে। প্রথম পরীক্ষায় চাইনিজ হ্যামস্টার প্রাণীর ডিম্বাশয়ের কলাকোষ কালচার করার সময় এই কালচারের মধ্যে BUdR দেওয়া হয় এবং একটি সংশ্লেষ দশা উত্তীর্ণ হওয়ার পর কালচার থেকে মেটাফেজ দশার ক্রোমোজোম স্লাইডে সংগৃহীত হলে সেই ক্রোমোজোমকে ফ্লুরোসেন্ট রঞ্জক এবং জিমসাস্টেন দ্বারা রঞ্জিত করার পর ফ্লুরোসেনস মাইক্রোস্কোপে দেখলেন প্রতিটি মেটাফেজ ক্রোমোজোমের একটি ক্রোমাটিড একটি গাঢ় রং নিয়েছে এবং অপরটি হালকা রং নিয়েছে (চিত্র 5.7)। এর কারণ হিসাবে মনে করা হয় DNA সংশ্লেষের সময় প্রতিটি ক্রোমোজোমই তার প্রতিলিপি গঠন করে এবং প্রাথমিকভাবে সেপ্টোমেয়ারে যুক্ত থাকে। এই ক্ষেত্রে নতুন DNA সংশ্লেষের সময় কালচার মিডিয়ামে ডিঅক্সিরাইবোজ থাইমিডিন ট্রাইফসফেট এর পরিবর্তে ব্রমোইউর্যাসিলিস ট্রাই ফসফেট দেওয়া হয়েছিল। এই কারণেই থাইমিন স্কারক যুক্ত নিউক্লিওটাইডের পরিবর্তে (ব্রামিনযুক্ত ইউর্যাসিল স্কারক) সংযুক্ত হয়েছে এবং নতুন তন্তুর হিস্টোলের সঙ্গে বিক্রিয়া পৃথকভাবে হওয়ার একই রঞ্জক রঞ্জিত করা সত্ত্বেও প্রত্যেকটি ক্রোমোজোমের একটি ক্রোমাটিড হালকা রং নিয়েছে। এই হালকা রং প্রতিটি ক্রোমাটিডের প্রায় অর্ধেক অংশে দেখা যায়। অর্থাৎ প্রতিটি দ্বিতন্ত্রী DNA-একটি নতুন ও একটি পুরাতন তন্ত্র দ্বারা গঠিত। আবার বিজ্ঞানী টেলার 1957 সালে ব্রডবিন *Vicia faba*.

উদ্ভিদের শিকড়ের কচি প্রান্ত (বর্ধনশীল) নিয়ে তেজস্ক্রিয় থাইমিন মিশ্রিত dNTP সহ কালচার মিডিয়ামে একবার করে সংশ্লেষ করানোর পর সেই ক্রোমোজোমকে ফটোগ্রাফির প্লেটের সাহায্যে দেখিয়েছিলেন যে তেজস্ক্রিয় আইসোটোপ কেবলমাত্র নতুন DNA তন্ত্রেই অবস্থিত।

### 5.6.1 ইউক্যারিওটিক কোষে DNA সংশ্লেষের কিছু নিয়মাবলী

(i) প্রতিটি ইউক্যারিওটিক ক্রোমোজোম একটি দ্বিতন্ত্রী অণুদ্বারা গঠিত এবং তারা নানা রকম হয়। কেননা ক্রোমোজোমের দৈর্ঘ্যের উপর DNA অণুর দৈর্ঘ্য নির্ভর করে।

(ii) প্রতিটি ক্রোমোজোম একটি করে রেপ্লিকন দ্বারা গঠিত হলে একটি সুবৃহৎ ক্রোমোজোম তার সংশ্লেষ শেষ করতে বহু ঘণ্টা সময় নেবে। উদাহরণস্বরূপ বলা যায়, মানুষের জেনমে (23টি ক্রোমোজোম এর জিন) নিউক্লিওটাইড জোড় সংখ্যার পরিমাণ  $2.75 \times 10^9$ -এর গড়ে প্রতিটি ক্রোমোজোমের  $10^8$  সংখ্যক নিউক্লিওটাইড জোড় বহন করে। নিয়ম অনুসারে গড়ে প্রতিটি ক্রোমোজোমের DNA সংশ্লেষ শেষ করতে সময় লাগার কথা 830 ঘণ্টা।

কেননা মানুষের ক্ষেত্রে প্রতি মিনিটে দুই হাজার নিউক্লিওটাইড নতুন DNA তে সংযুক্ত হতে পারে। প্রকৃতপক্ষে দেখা যায় এর চাইতে অনেক দ্রুততার সঙ্গে ইউক্যারিওটিক কোষে নতুন DNA সংশ্লেষ করে। না হলে মানুষের ভ্রূণ নয়মাসের পরিবর্তে বহুবছর মাতৃগর্ভে থাকত। প্রায় সমস্ত ইউক্যারিওটিক কোষে নতুন DNA সংশ্লেষের হার প্রায় একই রকম। পরীক্ষা দ্বারা দেখা গেছে যে ইউক্যারিওটিক কোষের DNA সংশ্লেষের হার প্রোক্যারিওটিক কোষের তুলনায় অনেক দ্রুত। ড্রোসোফিলার ভ্রূণ কোষে সমস্ত DNA সংশ্লেষিত হতে সময় লাগে মাত্র তিন মিনিট। এই সময়কাল একটি ইকোলাই কোষের DNA সংশ্লেষণের তুলনায় ছয় ভাগের এক ভাগ। যদিও ড্রোসোফিলা কোষের DNA-এর পরিমাণ ইকোলাই কোষ অপেক্ষা প্রায় একশো গুণ। বর্তমানে বিভিন্ন পরীক্ষা দ্বারা প্রমাণিত হয়েছে যে ইউক্যারিওটিক কোষের প্রতিটি ক্রোমোজোমে রেপ্লিকন সংখ্যা অনেক বেশি। প্রত্যেকটি রেপ্লিকনের ঠিক মধ্যবিন্দুতে সংশ্লেষ প্রারম্ভিক বেস সজ্জা বর্তমান। প্রায় প্রোক্যারিওটিকের মতোই প্রতিটি রেপ্লিকনের বেস সজ্জায় বা স্কারক সজ্জা প্রথমে দ্বিতন্ত্রী DNA হাইড্রোজেনে বন্ধনী ভেঙে একতন্ত্র DNA-তে পরিণত হয়। এই পরিবর্তন অবশ্যই টপোআইসোমারেজ জাতীয় উৎসেচক দ্বারাই সাধিত হয়। পরবর্তীক্ষেত্রে প্রতিটি রেপ্লিকনের কেন্দ্র থেকে দু দিকেই স্কারক যুগলগুলির হাইড্রোজেন বন্ধনী খুলে যায় এবং একতন্ত্রী ছাঁচ DNA-তে পরিণত হয় এবং ঐ কেন্দ্র থেকে উভয় দিকে প্রোক্যারিওটিক কোষের DNA সংশ্লেষের মতোই ল্যাগিং তন্ত্র এবং লিডিং তন্ত্র হিসাবে উভয় দিকেই এবং উভয় তন্ত্রে একই সঙ্গে নতুন তন্ত্র সংশ্লেষিত হয়। প্রতিটি রেপ্লিকনের দৈর্ঘ্য নিয়ন্ত্রিত হয় ঐ কোষের নির্দিষ্ট শারীরবৃত্তীয় অবস্থার উপরে। কেননা ড্রোসোফিলার ভ্রূণ দশায় যে পরিমাণ DNA তিন মিনিটে সংশ্লেষিত হয় সেই একই পরিমাণ DNA পূর্ণতা প্রাপ্ত কোষে সংশ্লেষ হতে সময় লাগে বারো ঘণ্টা। যদিও নতুন DNA সংশ্লেষণের গতি উভয় ক্ষেত্রেই প্রতি মিনিটে দুই হাজার নিউক্লিওটাইড হয় (চিত্র 5.8)। এই চিত্রের মাধ্যমে দেখানো হয়েছে কিভাবে একটি রেপ্লিকন শুরু করে শেষ পর্যন্ত সংশ্লেষ ঘটায়। পরীক্ষার দ্বারা দেখা গেছে যে প্রত্যেকটা রেপ্লিকন নিজস্ব সংশ্লেষ ব্যবস্থা নিজেই নিয়ন্ত্রণ করে। এই ধরনের রেপ্লিকনের শুরু প্রারম্ভিক নির্দিষ্ট স্কারক সজ্জা বর্তমান। একে বলা হয় ARSS। ইস্ট ক্রোমোজোমে ARSSs (Autonomously Replicating Sequences) দেখানো হয়েছে। প্রোক্যারিওটের মতোই প্রথমে সংশ্লেষ প্রারম্ভিক বেস সজ্জার সঙ্গে যুক্ত হওয়ার পরেই হেলিকেজ এবং অন্যান্য প্রোটিন ঐ রেপ্লিকনকে ডডতন্ত্র সংশ্লেষ করায় মানুষ, ইদুর এবং আরো কিছু প্রাণী হেলিকেজ SSB প্রোটিন প্রভৃতি সংগ্রহ করা হয়েছে। দেখা গেছে এরা গঠনগতভাবে একই তবে ইউক্যারিওটিক ক্ষেত্রে DNA পলিমারেজ পাঁচ প্রকারের পাওয়া গেছে। এগুলি হল আলফা, ( $\alpha$ ) বিটা, ( $\beta$ ) গামা ( $\lambda$ ) এবং এপসিলন ( $\epsilon$ ) এদের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য নিচের টেবিলে দেওয়া হল—

### সারণি 5.3

ইউক্যারিওটিক কোষের বিভিন্ন পলিমারেজ-এর বৈশিষ্ট্য সমূহ :					
কোষে অবস্থান	$\alpha$	$\beta$	$\delta$	$\gamma$	$\epsilon$
নিউক্লিয়াস সাইট্রোকিনেটিক্স	±	±	±	±	±
নিউক্লিওটাইড সংযোজনের ক্ষমতা	+	+	+	+	+
প্রাইমেজ উৎসেচকের সঙ্গে যুক্ত	+	-	-	-	-
এক্সোনিউক্লিয়েজ কার্য	-	-	+	+	+

সারণি 5.3 দেখা যাচ্ছে যে পলিমারেজ কেবলমাত্র প্রাইমার RNA তৈরি করার ক্ষমতা আছে। 3'-5' এক্সোনিউক্লিয়োজ কার্যকারিতা আছে  $\alpha, \delta$  পলিমারেজ কিন্তু 5'-3' এক্সোনিউক্লিয়োজ কার্যকারিতা আছে কিনা তা জানা নেই।  $\alpha, \delta$  এবং  $\epsilon$  DNA পলিমারেজ উৎসেচক ঈষ্ট কোষ থেকে সংগৃহীত হয়েছে। এই পলিমারেজগুলির উৎপাদন জিন হলো যথাক্রমে Pol-1, Pol-2, Pol-3 এই জিনগুলির মিউটেশন ঘটিয়ে দেখা গেছে যে এই তিনটির প্রত্যেকটি জিনই ইস্ট এর ক্রোমোজোম DNA সংশ্লেষে অবশ্য প্রয়োজন। ইউক্যারিওটিক ক্রোমোজোমের শেষ প্রান্তে DNA সংশ্লেষ যথেষ্ট উল্লেখযোগ্য ঘটনা। কেননা আমরা দেখলাম প্রত্যেকটা প্রাইমার RNA এর উপরেই কেবল DNA পলিমারেজ নতুন নিউক্লিওটাইড জুড়তে পারে। পরে ঐ প্রাইমার সরিয়ে দিয়ে ঐ স্থানে DNA সংশ্লেষিত হয় এবং তা লাইগেজ দ্বারা জুড়ে দেয়। কিন্তু প্রত্যেকটি ক্রোমোজোমের দিকে টেলোমেরার প্রান্ত শেষ প্রান্তের RNA প্রাইমার বাদ দিলেও ঐ স্থানে ফাঁকা স্থান থাকে। কেননা কোন DNA পলিমারেজই ঐ স্থানে DNA খণ্ড তৈরি করতে পারবে। এইভাবে উৎপন্ন ক্রোমোজোম দুটির দুই প্রান্তে অণু ঐ ভাবেই থাকে তবে প্রতি প্রজন্মেই কিছুটা ছোট হতে থাকবে। প্রকৃতপক্ষে একটি বিশেষ সংশ্লেষ ব্যবস্থা কোষীয় পরিবেশে দেখা যায় সেই ব্যবস্থাটি নিম্নরূপ—

এলিজাবেথ ব্ল্যাকবার্ণ এবং ক্যারল ডব্লিউ গ্রেইডার দেখেছেন যে টেলোমারেজ নামক একটি বিশেষ উৎসেচক ঐ প্রান্তীয় ফাঁকা স্থানে টেলোমিয়ারের রিপিট বেস বা স্কারক সজ্জা সাজিয়ে মেরামত (repair) করে দেয়। এককোষী প্রাণী টেট্রাহাইমিনার ক্ষেত্রে এই রিপিটে স্কারক সজ্জা হল 5' TTGGG-3' এই খণ্ডটিই রিপিট করে ঐ স্থান পূর্ণ করে। টেলোমারেজ উৎসেচক প্রোটিন ও এর সংমিশ্রণ। (চিত্র 5.9)-এ দেখানো হয়েছে যে কীভাবে একটি ইউক্যারিওটিক দ্বিতন্ত্রী অণু সংশ্লেষ সম্পন্ন করার পর অপত্য অণু দুটির নতুনভাবে তৈরি তন্তুর পাঁচ কার্বন প্রান্ত ফাঁকা থাকে এবং সেই ফাঁকা স্থান টেলোমারেজ পূরণ করে। এই পদ্ধতিকে টেলোমারেজ উৎসেচকের অংশ যে স্কারক সজ্জা বহন করে তা হল 3' AACCCC—5' অর্থাৎ টেলোমিয়ারের শেষ প্রান্তে একতন্ত্রী এর যে ছয়টি স্কারকের রিপিট বর্তমান তাদের পরিপূরক। প্রথমে টেলোমারেজ উৎসেচক এর তিনটি নিউক্লিওটাইড তার নিজস্ব RNA-তে সংশ্লেষ ঘটায়। এই নিউক্লিওটাইড তিনটি হল TTG স্কারক যুক্ত এর পরেই উৎসেচকটি ঐ টেলোমিয়ারের প্রান্তের দিকে অগ্রসর হয়। ফলে টেলোমিয়ারের যে ছয় স্কারক সজ্জার রিপিট আর তিন কার্বন অংশের AACCC-র বর্তমান পরিপূরক হিসাবে ব্যবহৃত হয়। পরবর্তী ধাপেই টেলোমারেজ উৎসেচক TTGGGG এই রিপিট সংশ্লেষ ঘটায়। এইভাবে অনেকগুলো রিপিট টেলোমিয়ারে যুক্ত করে এবং অবশেষে সাধারণ সংশ্লেষ পদ্ধতির নিয়মে অঞ্চলে সংশ্লেষিত হয়।

## 5.7 ব্যাক্টেরিয়াতে RNA সংশ্লেষ বিক্রিয়া

কোষীয় পরিবেশে বৃহৎ জৈব অণুর কেন্দ্রীয় নীতি অনুসারে, বিশেষ পদ্ধতিতে দ্বিতন্ত্রী DNA অণুর একটি তন্তুতে পরিপূরক স্কারক সজ্জা যুক্ত RNA সংশ্লেষিত হওয়ার পদ্ধতিকে বলা হয় RNA সংশ্লেষ। কোষীয় পরিবেশে প্রোটিন সংশ্লেষের জন্য প্রয়োজনীয় প্রধানত চার প্রকারের RNA সংশ্লেষ সম্পর্কে এই একরে আলোকপাত করা হয়েছে। এগুলি হল r-RNA, t-RNA m-RNA এবং ছোট নিউক্লিয়ারের RNA অর্থাৎ sn-RNA এই RNA গুলির মধ্যে প্রথমে তিনটি প্রোক্যারিওটিক ও ইউক্যারিওটিক উভয় কোষেই পাওয়া যায় কিন্তু sn-RNA কেবলমাত্র ইউক্যারিওটিক কোষেই বর্তমান। বিভিন্ন শ্রেণীর RNA এর স্থায়িত্ব (RNA গুলির ধ্বংস হওয়ার সময়কাল) বিভিন্ন। t-RNAs, r-RNAs, এবং m-RNAs স্থায়িত্ব অপেক্ষাকৃত বেশি। কিন্তু প্রোক্যারিওটিক কোষের এর স্থায়িত্ব খুব কম হতে পারে, মাঝামাঝিও হতে পারে, আবার অনেক বেশিও হতে পারে। সামগ্রিকভাবে প্রোক্যারিওটিক কোষে m-RNA ব্যতীত অন্যান্য RNA-গুলি নির্দিষ্ট জিন থেকে সংশ্লেষিত হওয়ার পর নানাভাবে পরিবর্তিত হয়ে কার্যকারী RNA-তে রূপান্তরিত হয়।

---

### 5.7.1 প্রোক্যারিওটিক কোষে সামগ্রিকভাবে RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি নিম্নরূপ :

---

প্রোক্যারিওটিক এবং ইউক্যারিওটিক কোষে RNA সংশ্লেষ সামগ্রিক পদ্ধতি একই রকমের, কিন্তু বিভিন্ন বিষয়ে বিস্তারিতভাবে কিছু তফাৎ অবশ্যই আছে। সমস্ত প্রোক্যারিওটিক কোষে একটিমাত্র উৎসেচকই সংশ্লেষ ঘটায়। এ উৎসেচককে বলে RNA পলিমারেজ E.coli কোষে এই RNA পলিমারেজ এর গঠন এবং কার্য বিস্তৃতভাবে জানা গেছে। যে কোন একটি E.coli সময়ে একটি কোষে প্রায় সাত হাজার কপি RNA পলিমারেজ উপস্থিত থাকে যার বেশির ভাগ কোন না কোন RNA সংশ্লেষে কাজ করে। অণুর যে অংশ সংশ্লেষ ঘটায় সেই অংশকে বলে ট্রান্সক্রিপশন ইউনিট বা RNA সংশ্লেষের একক। যে অংশকে একটি জিনও বলা যেতে পারে আবার অনেকগুলি জিনের শুচ্ছও হতে পারে। ব্যাক্টেরিয়ার ক্ষেত্রে একটি m-RNA সংশ্লেষিত হলে একাধিক প্রোটিন উৎপাদনকারী RNA অংশ থাকতে পারে। DNA থেকে RNA উৎপাদনে তিনটি ধাপ বর্তমান যেগুলি হল (i) RNA তৈরির প্রারম্ভিক বিক্রিয়া (ii) RNA শৃঙ্খলে বৃদ্ধি করণ এবং (iii) RNA সংশ্লেষ প্রান্তিকরণ। DNA থেকে RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি বর্ণনা করার সময়ে দুটি শব্দ প্রায় ব্যবহার করা হয়। শব্দ দুটি হল আপস্ট্রিম (Upstream) এবং ডাউন স্ট্রিম বা স্রোতের স্বপক্ষে (Down Stream)। আপস্ট্রিম বলতে বোঝায় RNA তৈরির স্থান DNA এর পাঁচ কার্বনের দিকে এবং ডাউন স্ট্রিম বলতে RNA তৈরির স্থান DNA এর তিন কার্বনের দিকে। সমস্ত ক্ষেত্রেই DNA সংশ্লেষের মতোই RNA সংশ্লেষ ও কেবলমাত্র থেকে এর দিকে সম্পন্ন হয়।

---

### 5.7.2 ব্যাকটেরিয়াতে RNA পলিমারেজ

---

এটি একটি অনেকগুলি পলিপেপটাইড (অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খল) সমন্বয়ে গঠিত জটিল প্রোটিন। সম্পূর্ণ কার্যরত অবস্থায় এই উৎসেচকের ওজন 4,80,000 এবং 5 টি পলিপেপটাইড দ্বারা গঠিত। এইগুলি হল দুটি  $\alpha$  এবং  $\beta$  ও  $\beta'$  আর পঞ্চ মটি হল  $\sigma$  (সিগমা) অর্থাৎ (আলফা,  $\alpha$  বিটা  $\beta$  এবং বিটা  $\beta$  প্রাইম)। এই পাঁচটি একক সম্পন্ন পলিমারেজ উৎসেচকটিকে একত্রে হলো এনজাইম বলে। এর থেকে সিগমা অংশকে বাদ দিলে যে চারটি প্রোটিনের গঠন থাকে তাকে বলে কোর এনজাইম। কাজ অনুসারে বিটা একক রাইবো নিউক্লিওটাইড ট্রাই ফসফেট সংযুক্তির কাজ করে। আর  $\beta$  প্রাইম অংশ এর সঙ্গে উৎসেচককে আবদ্ধ রাখে। সিগমা ফ্যাক্টর DNA এর যে কোন সুনির্দিষ্ট স্থানে RNA সংশ্লেষের সূত্রপাত ঘটায়। এই এককের কাজ হল DNA এর RNA সংশ্লেষকারী বাহুর একটি নির্দিষ্ট ক্ষারক সজ্জাকে চিনে সেই স্থানে যুক্ত হওয়া এবং তার ডাউন স্ট্রিম থেকে RNA সংশ্লেষের সূত্রপাত ঘটানো। DNA-এর যে স্থানে সিগমা ফ্যাক্টর প্রথম চিনতে পারে এবং যুক্ত হয় সেই স্থানকে প্রমোটর স্থান (Promoter site of DNA) বলে। এইভাবে একবার এই প্রমোটর সাইটের ডাউন স্ট্রিমে RNA সংশ্লেষ শুরু হলেই সিগমা ফ্যাক্টর DNA থেকে খুলে যায়। কিন্তু পরবর্তী RNA এর বৃদ্ধি করণ এবং সংশ্লেষ শেষ করা এই সবই RNA পলিমারেজ এর কোর অংশ দ্বারা সম্পন্ন হয়।

---

### 5.7.3 ব্যাকটেরিয়াতে RNA সংশ্লেষ :

---

যদিও সর্বকম RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি প্রায় একই রকমের এখানে সংশ্লেষ বা প্রোটিন উৎপাদনকারী RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি সম্বন্ধে আলোচনা করা হল।

জিনের যে অংশ প্রোটিন উৎপাদনকারী RNA বা m-RNA সংশ্লেষ ঘটায় তার ক্ষারকগুলিকে তিনভাগে বিভক্ত করা হয় (a) একটি বেস সজ্জা যে স্থানে প্রথম পলিমারেজ DNA সঙ্গে যুক্ত হয় এবং RNA তৈরির সূত্রপাত তার ডাউন স্ট্রিমে সেই স্থানকে প্রমোটর ক্ষারক সজ্জা বলে (Promoter Sequence)

(b) DNA-এর যে অংশ থেকে m-RNA তৈরি হয়, অর্থাৎ DNA ঠিক পরিপূরক স্কারকযুক্ত রাইবোনিউক্লিওটাইড সংযুক্তির মাধ্যমে RNA সংশ্লেষ ঘটায়, এই অংশকে বলে কোডিং স্কারক সজ্জা।

(c) এই কোডিং সজ্জার পরে আরো কিছু স্কারক সজ্জা RNA সংশ্লেষ সমাপ্তিতে সাহায্য করে এবং অবশ্যই কোডিং সজ্জার ডাউন স্ট্রিমে থাকে এই সজ্জাকে প্রান্তিকরণ বা সংক্ষেপে বলে।

### RNA সংশ্লেষ শুরু বিক্রিয়া (Transcription Initiation Reaction) :

বিভিন্ন পরীক্ষায় দেখা গেছে DNA এর কোডিং বেস সজ্জার আপস্ট্রিমে সাধারণত দুটি ছয় স্কারকযুক্ত DNA অংশ বর্তমান। এই অংশকে প্রমোটর অংশ বলে। RNA পলিমারেজ ঐ স্থানে সর্বপ্রথম DNA এর সঙ্গে যুক্ত হয়। এই অঞ্চলে দুটির একটি কোডিং সজ্জা শুরু থেকে দশটি নিউক্লিওটাইড আপস্ট্রিমে বা 5 কার্বন দিকে বর্তমান (10-13 base pair upstream) এর অপরটি 35 স্কারক জোড়া আপস্ট্রিমে বা 5 কার্বন স্থানের দিকে (-35 upstream Base pair) যেহেতু এই বিশেষ স্কারক সজ্জা দুটি প্রায় সমস্ত প্রোক্যারিওটিক কোষে পাওয়া যায়, তাই এদের সর্বজন সম্মত সজ্জা বা কনসেন্সাস সিকোয়েন্স (Consensus Sequence) বলে। অর্থাৎ এই নিউক্লিওটাইড কয়টি প্রায় একইভাবে সর্বত্র দেখা যায়। যে বিশেষ স্কারক সজ্জাটি 35 স্কারক সজ্জা আপস্ট্রিমে থাকে সেটি হল 5' TTGACA-3'। এবং যে স্কারক সজ্জাটি কোডিং সজ্জা থেকে দশ নিউক্লিওটাইড জোড়া আপস্ট্রিমে থাকে সেটি হল—5' TATAAT-3'। অর্থাৎ DNA এর একটি অণু থেকে RNA সংশ্লেষ করতে গেলে হলো এনজাইমকে অবশ্যই প্রথমে প্রমোটর অঞ্চলে DNA এর সঙ্গে যুক্ত হতে হবে। এই প্রমোটর কেবলমাত্র হলো এনজাইমের সিগমা ফ্যাক্টরই চিনতে পারে। যদি কোন সময় সিগমা ফ্যাক্টর না থাকে কোর এনজাইম RNA সংশ্লেষের প্রারম্ভিক স্থান চিনতে ব্যর্থ হয়। প্রথমে হলো এনজাইম DNA এর RNA তৈরির সজ্জা বা কোডিং সিকোয়েন্স থেকে 35 জোড়া স্কারক আপস্ট্রিমে কনসেন্সাস সিকোয়েন্স এর সঙ্গে যুক্ত হয়। এই যুক্ত হওয়ার সময়ও DNA দ্বিতন্ত্রী অবস্থায় থাকে। পরবর্তীধাপে RNA পলিমারেজ ঐ স্থানে DNA পলিমারেজকে আবদ্ধ করে। এর ফলে ঐ অঞ্চলের ঠিক ডাউনস্ট্রিমে প্রায় 17 জোড়া স্কারকের মধ্যকার হাইড্রোজেন বন্ধনী ভেঙে যায় এবং একতন্ত্রী DNA তে রূপান্তরিত হয় (চিত্র 5.10)। এই একতন্ত্রী অঞ্চলের মধ্যে কোডিং সিকোয়েন্সে এর 10 স্কারক জোড়া আপস্ট্রিমের কনসেন্স-এর স্কারক সজ্জা বর্তমান। এই স্কারক সজ্জাটিকে প্রিবনো বক্স (Pribnow Box) বলে। দুটি DNA এর প্যাঁচ এর ফলে খুলে যায়। এখানে উল্লেখযোগ্য এই প্রিবনো বক্সের পর থেকে RNA এর কোডিং সজ্জা পর্যন্ত সব স্কারক জোড়াই AT জোড়া। যে কারণে এই স্থানের হাইড্রোজেন বন্ধনী সহজে ভেঙে যায়। কেননা A এবং T এর মধ্যে দুটি হাইড্রোজেন বন্ধনী থাকে। কিন্তু G এবং C এর মধ্যে তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধনী থাকে। এই প্রমোটর অঞ্চলের স্কারক সজ্জা কিছু কিছু ক্ষেত্রে সামান্য পরিবর্তিত হয় যার উপরে RNA এর ঐ স্থানে আবদ্ধ হওয়ার ক্ষমতা কিছুটা নির্ভর করে। এই কারণেই বিভিন্ন জিনের ক্ষেত্রে RNA সংশ্লেষ শুরু হওয়ার তারতম্য ঘটে। অর্থাৎ যদি দৃঢ়ভাবে দ্রুত পলিমারেজ প্রমোটরে আবদ্ধ হতে পারে তাহলে দ্রুত RNA সংশ্লেষ শুরু হয়। আর যদি তা না হতে পারে তাহলে শুরু হতে দেরি হয়। যেমন প্রিবনোবক্সে যদি 5' GATACT-3' হয় তবে সেই স্থানে RNA সংশ্লেষ শুরু করতে সময় বেশি লাগবে। কিন্তু যদি ঐ সজ্জা 5' TATAAT-3' হয় তবে RNA পলিমারেজ দ্রুত এই অঞ্চল চিনতে পারে এবং RNA সংশ্লেষ দ্রুত শুরু করে। *E. coli* কোষে এবং বহু রকমের সিগমা ফ্যাক্টর বর্তমান। এই সিগমা ফ্যাক্টরগুলি জিনের প্রোটিন উৎপাদনকারী ক্রিয়াকলাপ বিশেষভাবে নিয়ন্ত্রণ করে। বিভিন্ন সিগমা ফ্যাক্টর কোর এনজাইমের সঙ্গে যুক্ত হয়ে বিভিন্ন প্রমোটরদের বেস সজ্জা চিনতে পারে এবং আবদ্ধ হয়। বেশিরভাগ প্রমোটরই প্রিবনোবক্সের স্কারক সজ্জা 5' TATAAT-

3' এই সজ্জা চেনে যে সিগমা ফ্যাক্টর তার আণবিক ওজন 70000 Da যাকে বলে  $\sigma^{70}$ । কোষের বিভিন্ন অস্বাভাবিক পরিস্থিতিতে আরো নানা রকম সিগমা ফ্যাক্টর দেখা যায়। যেমন যার আণবিক ওজন 32000 Da। এই সিগমা ফ্যাক্টরটি কোষকে ঐ পরিস্থিতির মোকাবিলা করার প্রোটিন উৎপাদনকারী জিনের প্রমোটারকে চিনতে পারে। এই ধরনের পরিস্থিতি অর্থাৎ বেশি তাপ বা অন্য কোন রাসায়নিক পার্থক্যের ফলে উৎপন্ন সিগমা ফ্যাক্টর যে ক্ষারক সজ্জাকে চিনতে পারে সেই ক্ষারক সজ্জা দুটির একটি কোডিং সজ্জা বা m-RNA তৈরি ক্ষারক সজ্জা 16 নিউক্লিওটাইড আপস্থিমে থাকে। সেটি হল 5' TATAAATA এবং অপরটি হল 39 নিউক্লিওটাইড জোড় আপস্থিমে 5'CCCC-3'। কোষে নাইট্রোজেনের অভাব ঘটলে যে সিগমা ফ্যাক্টর উৎপন্ন হয় তাকে বলে  $\sigma^{54}$  যার আণবিক ওজন 54000Da। এই সিগমা ফ্যাক্টর যে ক্ষারক সজ্জা দুটিকে চিনতে পারে সেগুলি m-RNA ক্ষারক সজ্জা থেকে 14 নিউক্লিওটাইড আপস্থিমে এবং 26 নিউক্লিওটাইড আপস্থিমে থাকে। ব্যাকটেরিয়াতে ফাজ আক্রমণ করলে যথাক্রমে 5'TTGCA-3' এবং 5' GTGGC এবং আরো একটি সিগমা ফ্যাক্টর, যার আণবিক ওজন 23000 Da পাওয়া যায়। এই সিগমা ফ্যাক্টরে কনসেন্সাস ক্ষারক সজ্জা 5 TATAATA এবং এটি m-RNA তৈরির 15 জোড়া নিউক্লিওটাইড আপস্থিমে অবস্থিত।

এইভাবে নির্দিষ্ট সিগমা ফ্যাক্টর এবং কোর এনজাইমের সহযোগে প্রমোটার অঞ্চলে যুক্ত হওয়ার পর দ্বিতন্ত্রী DNA হাইড্রোজেন বন্ড ভেঙে যায় এবং DNA এর যে তন্তু থেকে m-RNA সংশ্লেষিত হবে, অর্থাৎ কোডিং তন্তু, তাতে রাইবো নিউক্লিওটাইড ট্রাইফসফেট যুক্ত হয়। এইভাবে চার পাঁচটি নিউক্লিওটাইড যুক্ত হওয়ার পরে সিগমা ফ্যাক্টর হলো এনজাইম থেকে খুলে যায় এবং প্রারম্ভিক বিক্রিয়ার সমাপ্তি ঘটে।

### 5.7.2.2. RNA শৃঙ্খলের বৃদ্ধিকরণ (Chain Elongation) :

আগের বর্ণিত প্রারম্ভিক বিক্রিয়া শেষ হওয়ার পরে ক্রমশ রাইবো নিউক্লিওটাইড সংযুক্তির মাধ্যমে RNA শৃঙ্খলের বৃদ্ধি ঘটে। সিগমা ফ্যাক্টর হলো এনজাইম থেকে খুলে যাওয়ার পরে কোর এনজাইম DNA এর দৈর্ঘ্য বরাবর 5' কার্বনের দিকে থেকে 3' কার্বনের দিকে এগিয়ে চলে এবং নতুন নতুন হাইড্রোজেন বন্ধনীগুলি খুলে একে DNA একতন্ত্রী করে দেয়। এর ফলে DNA এর কোডিং তন্তু ক্ষারকগুলো যে সজ্জা অনুসারে বর্তমান সেই অনুসারে রাইবো নিউক্লিওটাইড 5' ফসফেটগুলি 3'-5' দিকে ফসকো ডায়েস্টার বন্ধনীর সাহায্যে যুক্ত হয়। এইভাবে ডাউন স্ট্রিমের দিকে এগুতে থাকলে যে অংশের DNA থেকে RNA সংশ্লেষ শেষ হয়ে গেছে যে অংশের DNA পুনরায় দ্বিতন্ত্রী অবস্থায় ফিরে আসে। তবে সর্বদাই প্রায় 17 জোড়া নিউক্লিওটাইড জোড় হাইড্রোজেন বন্ধনী খোলা অবস্থায় থাকে। এইভাবে উৎপন্ন কিছু RNA এর ক্ষারক DNA এর কোডিং তন্তুর ক্ষারকের সঙ্গে পরিপূরক বেস জোড় (Complementary Base Pair) তৈরি করে। কিন্তু যে সকল স্থানে DNA পুনরায় দ্বিতন্ত্রী অবস্থায় ফিরে আসে সেই স্থানে RNA এককতন্ত্র হিসাবে অবস্থান করে। স্বাভাবিক শারীরবৃত্তীয় অবস্থায় গড়ে 30টি থেকে 50টি নিউক্লিওটাইড DNA এর কোডিং তন্তুর বিপরীতে পর পর প্রতি সেকেন্ডে জোড়ে (চিত্র 5.10)।

### 5.7.2.3 শৃঙ্খল সংশ্লেষের সমাপ্তি (Chain Termination) :

প্রোক্যারিওটিক জিনে একটি বিশেষ প্রোটিন RNA সংশ্লেষের বিক্রিয়া ঘটাতে সাহায্য করে। *E.Coli* তে



এই প্রোটিনের নাম রো প্রোটিন। এই ধরনের জিনের RNA সংশ্লেষ বন্ধ হওয়াকে রো-নির্ভর RNA সংশ্লেষের প্রান্তিকরণ বা রো Dependent Terminator বলে। আবার টাইপ II Terminator বলে। কিছু কিছু ক্ষেত্রে কোর এনজাইম নিজেই নির্দিষ্ট ক্ষারক সজ্জায় পৌঁছলে RNA সংশ্লেষ শেষ করে। এই ধরনের শেষের বিক্রিয়া কে বলা হয় রো অনির্ভর প্রান্তিকরণ বিক্রিয়া। এই ধরনের RNA সংশ্লেষ শেষ করবার জন্যে 16টি থেকে 20টি নিউক্লিওটাইড বেশি RNA সংশ্লেষ করতে হয় (চিত্র 5.11)। এই 16টি থেকে 20টা নিউক্লিওটাইড এমনভাবে সজ্জা যুক্ত যে এই অংশে RNA কে ভাঁজ করলে প্রায় 7-8 জোড়া পরিপূরক ক্ষারক পরস্পর হাইড্রোজেন বন্ধনীর সঙ্গে নিজেদের যুক্ত করতে পারে। এইভাবে একটি চুলের কাঁটার ন্যায় RNA অনেকগুলো ইউরাসিল ক্ষারকযুক্ত RNA তে গিয়ে শেষ হয়। এই ধরনের অংশ DNA এর সঙ্গে শঙ্করায়ণ ঘটায় এবং DNA সংশ্লেষ বন্ধ হয়। অবশেষে কোর এনজাইম DNA থেকে মুক্ত হয় এবং এর মধ্যেই প্রোক্যারিওটিক ক্ষেত্রে RNA তার প্রোটিন সংশ্লেষ শেষ করে এবং DNA থেকে মুক্ত হয়।

### 5.8.1 ইউক্যারিওটিক কোষে RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি

সামগ্রিকভাবে RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি প্রোক্যারিওটিক কোষের মতোই। কিন্তু গভীরভাবে পর্যালোচনা করলে বিভিন্ন ব্যাপারে যথেষ্ট পার্থক্য লক্ষ্য করা যায় যেমন, ইউক্যারিওটিক কোষের RNA সংশ্লেষকারী উৎসেচকের সংখ্যাধিক্য অনেক বেশি। প্রধানত তিন রকমের RNA পলিমারেজ ইউক্যারিওটিক কোষ পাওয়া যায়। এরা হল RNA পলিমারেজ I, RNA পলিমারেজ II, এবং RNA পলিমারেজ III, RNA পলিমারেজ I, রাইবোজোমের জন্য প্রয়োজনীয় 18s, 28s এবং 5.85S RNA গুলি সংশ্লেষ ঘটায়। অ্যামানিটিং নামক পদার্থ (যা অ্যামানিটান ফ্যালয়ডেজ নামক ছত্রাক গোষ্ঠীর উদ্ভিদ থেকে উৎপন্ন হয়) RNA পলিমারেজ এর কাজকে কোনভাবে প্রভাবিত করে না। অপরপক্ষে RNA পলিমারেজ II সকল প্রকার প্রোটিন উৎপাদনকারী m-RNA সংশ্লেষ ঘটায়। অ্যামানিটিন নামক যৌগের খুব অল্প ঘনত্বের উপস্থিতিতে এর কার্যকারিতা নষ্ট হয়। RNA পলিমারেজ III সব রকমের t-RNA, RNA এবং অন্যান্য Sn-RNA এর সংশ্লেষ ঘটায়। এই উৎসেচকটি a অ্যামানিটিং এর বেশি ঘনত্বের উপস্থিতিতে কার্যকারিতা হারায়। এখানে প্রথমে প্রোটিন কোডিং RNA বা m-RNA সংশ্লেষ সম্বন্ধে আলোকপাত করা হল। ইউক্যারিওটিক কোষের m-RNA সংশ্লেষকারী DNA প্রোক্যারিওটিক কোষের RNA এর ন্যায় সংক্ষিপ্ত প্রমোটর অঞ্চল বহন করে না এমন কি যে m-RNA প্রথমে DNA থেকে সংশ্লিষ্ট হয় তা সুরাসরি পলিপেপটাইড শৃঙ্খল উৎপাদনে অংশ নেয় না। DNA থেকে RNA সংশ্লেষিত হওয়ার পর তার 3 ও 5 অঞ্চলে পরিবর্তন এবং দৈর্ঘ্য বরাবর বিভিন্ন স্থানের খণ্ডিকরণ ও পুনঃসংযোজনের মাধ্যমে পরিণত m-RNA উৎপন্ন হয়। m-RNA পরিবর্তনের ব্যাপারে পরে আলোচিত হবে। প্রত্যেকটি m-RNA উৎপাদনকারী DNA আপস্ট্রিম অঞ্চলে (5 স্থানের দিকে) প্রায় 120 জোড়া নিউক্লিওটাইড যুক্ত DNA একটি m-RNA সংশ্লেষের নিয়ন্ত্রক DNA হিসাবে কাজ করে। এই DNA খণ্ডটিকে এই কারণে নিয়ন্ত্রক DNA বা Regulatory Element বলে। আবার m-RNA উৎপাদনকারী জিনের ডাউন স্ট্রিমও এই ধরনের Regulatory Element বর্তমান। সে Regulatory DNA খণ্ড বা Element m-RNA উৎপাদনকারী DNA-এর সঙ্গে যুক্ত থাকে সেই খণ্ডটিকে প্রমোটর বলে। বিভিন্নভাবে বৈজ্ঞানিক পরীক্ষা নিরীক্ষার মাধ্যমে ইউক্যারিওটিক কোষের RNA সংশ্লেষকারী DNA প্রমোটর সম্বন্ধে যা জানা গেছে তা হল m-RNA উৎপাদনকারী DNA এর 30 জোড়া নিউক্লিওটাইড আপস্ট্রিমে একটি নির্দিষ্ট ক্ষারক সজ্জা বর্তমানে এটি হল 5' TATAAA-3' টাটা (TATA) বন্ধ বলে। আবার টাটা বন্ধ থেকে প্রায় 45 জোড়া নিউক্লিওটাইড আপস্ট্রিমে আর একটি কনসেন্সাস সময় পাওয়া যায় এই রকম ক্ষারক

বর্তমান একে বলে ক্যাট (CAT) বক্স। এর ক্ষারক সজ্জা হল 5' GGCCAATCT-3'। আবার এই ক্যাট বক্স থেকে প্রায় 15টি নিউক্লিওটাইড আপস্ট্রিমে একটি বিশেষ ক্ষারক সজ্জা প্রায় সব সময় পাওয়া যায়। একে বলে GC বক্স। এই ক্ষারক সজ্জা হল GGGCGG-3' (চিত্র 5.12)। এই GC বক্স থেকে আরো প্রায় 25 – 30 জোড় নিউক্লিওটাইড আপস্ট্রিমে আরো একটি GC বক্স থাকে। এই GC বক্সের DNA এর ক্ষারক সজ্জা 5'CCGCCC-3' এক্ষেত্রে প্রোমোটারের যে সকল বিশেষ ক্ষারক সজ্জার কথা বলা হল এগুলি সবই দ্বিতন্ত্রী এর যে DNA তন্তু থেকে m-RNA সংশ্লেষিত হয় তার বিপরীত বাহুতে অবস্থিত। এই প্রকার প্রোমোটার খণ্ড ব্যতীত আরো কিছু DNA খণ্ড ইউক্যারিওটিক কোষের প্রোমোটারের কাজকে সাহায্য করে। এই খণ্ডগুলিকে এনহ্যানসার বা প্রোমোটারের কাজের বর্ধক DNA বলে। এই খণ্ড কখন কখন DNA-এর প্রোমোটার অঞ্চল থেকে অনেকদূরে এমনকি 1000 নিউক্লিওটাইড জোড় দূরেও হতে পারে। এরা কখনও আপস্ট্রিম আবার কখনও ডাউন স্ট্রিমে থাকতে পারে। বেশিরভাগ ক্ষেত্রেই এই এনহ্যানসার DNA আপস্ট্রিম অঞ্চলেই থাকে। আবার m-RNA উৎপাদনকারী DNA ডাউনস্ট্রিমে ও এই ধরনের DNA খণ্ড বর্তমান যার প্রভাবে RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি ব্যাহত হয়। এই DNA খণ্ডটিকে সাইলেনসার DNA বা সংশ্লেষ বাধাদানকারী DNA বলে। তবে এনহ্যানসার ও সাইলেনসার DNA-তে কোন কনসেন্সাস ক্ষারক সজ্জা থাকে না। ইস্টের ক্ষেত্রে এই ধরনের প্রোমোটারের আপস্ট্রিমে অবস্থিত এনহ্যানসারের প্রমাণ পাওয়া গেছে যাকে বলা হয় (Upstream Activator Sequences (UAS) (আপস্ট্রিম কার্যকারিতার ক্ষারক সজ্জা। এই খণ্ডটি বিভিন্ন দূরত্বে অবস্থান করলেও কার্যকরী থাকে। তবে m-RNA তৈরিকারী DNA-এর ডাউন স্ট্রিমে এর উপস্থিতি ঘটানো এর কার্যকারিতা নষ্ট হয়।

### 5.8.2 m-RNA তৈরির ঘটনা

RNA পলিমারেজ II এককভাবে m-RNA-এর প্রোমোটার অঞ্চলের DNA এর সঙ্গে সংযুক্ত হতে পারে না। কতকগুলি বিশেষ ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর (TFS) RNA পলিমারেজ II-কে প্রোমোটার অঞ্চল চিনতে সাহায্য করে। এই ক্ষেত্রে ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর-II RNA পলিমারেজ-II-কে m-RNA-এর প্রোমোটার অঞ্চল চিনতে সাহায্য করে। একইভাবে ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর-I এবং ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর-III যথাক্রমে RNA পলিমারেজ I এবং III-কে প্রোমোটার DNA চেনাতে সাহায্য করে। প্রোটিন উৎপাদনকারী m-RNA ট্রান্সক্রিপশনের সময় ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর-II প্রথমে নির্দিষ্ট m-RNA উৎপাদনকারী DNA প্রোমোটার অঞ্চলে আবদ্ধ হয়। তারপর পরবর্তী ধাপে RNA পলিমারেজ-II এবং অন্যান্য ফ্যাক্টর ঐ স্থানে যুক্ত হয় (চিত্র 5.13)। এই চিত্রে দেখানো হয়েছে প্রথম ধাপে TFIID ফ্যাক্টর (= Tata Binding Protein অথবা TBP) টাটা বক্স অঞ্চলে প্রথমে সংযুক্ত হয় এবং প্রারম্ভিক যৌগ গঠন করে। এই প্রারম্ভিক যৌগ পরবর্তী ধাপে TF IIB ফ্যাক্টরকে আকৃষ্ট করে এবং এর সংযুক্তির সঙ্গে সঙ্গেই RNA পলিমারেজ-II এবং TF IIF ফ্যাক্টর ঐ স্থানে যুক্ত হয় এবং ন্যূনতম ট্রান্সক্রিপশনের প্রারম্ভিক যৌগ বা (Minimal Transcription Initiation Complex) গঠন করে। এরপরে TF IIF এবং TF IIIH এই স্থানে যুক্ত হয় এবং সম্পূর্ণ ট্রান্সক্রিপশনের প্রারম্ভিক যৌগ বা Complete Transcription Initiation Complex তৈরি করে। এক্ষণে প্রায় দুটি প্যাঁচ DNA দৈর্ঘ্য বা ততোধিক অঞ্চলে DNA হাইড্রোজেন বন্ধনী খুলে গিয়ে একতন্ত্রী DNA উৎপন্ন করে এবং 5' — 3' দিকে রাইবোনিউক্লিওটাইড জুড়ে RNA সংশ্লেষ শুরু করে। এই ভাবেই সমস্ত জিন ধীরে ধীরে একতন্ত্রী অবস্থায় আসে এবং m-RNA সংশ্লেষকারী DNA তন্ত্রের পরিপূরকক ক্ষারক যুক্ত নিউক্লিওটাইড সাজিয়ে m-RNA সংশ্লেষিত হয়।

ইউক্যারিওটিক m-RNA-এর সংশ্লেষ এর প্রান্তিকরণ বা টার্মিনেশন প্রোক্যারিওটিক অপেক্ষা কিছুটা ভিন্ন ধরনের। তবে এই ব্যাপারে এখনও পরিষ্কার কিছু জানা নেই।

---

### 5.8.3 ইউক্যারিওটিক m-RNA এর পরিণতি বা Maturation

---

প্রোক্যারিওটিক ক্ষেত্রে m-RNA DNA থেকে সংশ্লেষিত হওয়ার সময়ই রাইবোজোমের সঙ্গে যুক্ত হয়ে প্রোটিন সংশ্লেষ শুরু করে। ইউক্যারিওটিক RNA-এর ক্ষেত্রে এই ধরনের ঘটনা ঘটে না। ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে RNA সংশ্লেষের পরেই RNA 5' অঞ্চল এবং 3' অঞ্চলে বিভিন্ন বিশেষ উৎসেচকের দ্বারা পরিবর্তিত হয় এবং এর RNA দৈর্ঘ্য বরাবর কিছু কিছু জায়গায় খণ্ডিকরণ ঘটে ও কিছু খণ্ড বাদ দিয়ে এবং কিছু খণ্ড পুনরায় জুড়ে কার্যকরী বা পরিণত m-RNA তৈরি হয়। যে খণ্ডগুলোকে বাদ দেওয়া হয় তাদের বলে ইনট্রন এবং যে খণ্ডগুলিকে পুনরায় জুড়ে RNA তৈরি হয় তাদের বলে এক্সন। খণ্ডিকরণ ও পুনরায় জোড়ের পদ্ধতিকে একত্রে স্প্লাইসিং বা Splicing বলে। পরিপূর্ণ m-RNA তৈরি হবার জন্য যে পরিবর্তনগুলির প্রয়োজন হয় সেগুলি হল নিম্নরূপ।

---

#### 5.8.3.1 5' ক্যাপিং—

---

m-RNA সংশ্লেষ আরম্ভ হওয়ার পরেই 5' (পাঁচ প্রাইম কার্বনের দিকে) প্রান্তে একটি গুয়ালিন নিউক্লিওটাইড 5'-5' ভাবে যুক্ত হয়। m-RNA এর কোর্ডিং তন্তু থেকে সংশ্লেষিত হচ্ছে এবং 20 – 30 নিউক্লিওটাইড লম্বায়ুক্ত RNA হয়েছে তখন ঐ RNA 5' এর প্রান্তের কার্বনের সঙ্গে একটি গুয়ানিন নিউক্লিওটাইড 5'-5' ভাবে ক্যাপিং উৎসেচকের সাহায্যে যুক্ত হয়। এই গুয়ানিনের 7 কার্বন স্থানে একটি মিথাইল গ্রুপ যুক্ত (CH<sub>3</sub>) থাকে। এছাড়াও ঐ RNA তার পরের দুটি নিউক্লিওটাইডে ও মিথাইল গ্রুপ জুড়ে দেয় (চিত্র 5.14)।

---

#### 5.8.3.2 পলি (A) সংযুক্তিকরণ—

---

DNA থেকে RNA সংশ্লেষিত হবার পরেই প্রথমে প্রায় 50টি থেকে 250টি অ্যাডেনাইন নিউক্লিওটাইড যুক্ত একটি লেজ বা টেল সংযুক্ত হয়। এই পলি (A) DNA তৈরির জন্য কোন ছাঁচ বা Template DNA থাকে না। বেশিরভাগ m-RNA এতেই এই পলি (A) টেল যুক্ত হয়, যদিও সমস্ত m-RNAতে এই টেল যুক্ত হয়না। প্রোক্যারিওটের কোষ-এর ক্ষেত্রে যেমন বিশেষ ট্রান্সক্রিপশন টার্মিনেশন স্ক্রাক সজ্জা থাকে ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রে সেরকম কিছু পাওয়া না গেলেও m-RNA সংশ্লেষ হবার পরেও DNA-এর শতাধিক বা কখনও কয়েক হাজার নিউক্লিওটাইডের বেশি দূর পর্যন্ত RNA সংশ্লেষ ঘটে। এই বর্ধিত m-RNA এর অঞ্চলে একটি পলি (A) অঞ্চল থাকে। এই অঞ্চলেই ক্লীভেজ দ্বারা (যে পদ্ধতিতে দুটো নিউক্লিওটাইডের মধ্যবর্তী স্থানে ফসফোডায়েস্টার বন্ধনীর ভাঙন দ্বারা পৃথক হয়)-3' OH যুক্ত মুক্ত প্রান্ত উৎপন্ন হয়। এই প্রান্তকে বলে পলি (A) সাইট। এই মুক্ত 3' OH এর সঙ্গেই প্রায় 50 – 250 ডিঅক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইড 5 ফসফেট যুক্ত হয়। এই পলি সংযুক্তি সাধন ঘটে যে উৎসেচকের সাহায্যে তার নাম হল পলি (A) পলিমারেজ (PAP = Poly (A) Polymerase) RNA যে স্থানে ক্লীভেজ হয় সেই স্থানের 20 – 30 নিউক্লিওটাইড আপস্ট্রিম বা 5 দিকে একটি কনসেনসাস স্ক্রাক সজ্জা বর্তমান। সেটি হল 5' AAUAAA.3' স্তন্যপায়ী প্রাণীর ক্ষেত্রে এই ক্লীভেজ ঘটার পর অনেকগুলি প্রোটিনের (যাদের মধ্যে তিন চারটি CPSF (Cleavage and Polyadenylation Specificity Factors) প্রোটিন, তিনটি পলিপেপটাইড CSIF (Cleavage Stimulation Factors) কার্য এবং দুটি বাহু শৃঙ্খল যুক্ত ফ্যাক্টর [CF-ICF-II] সম্মিলিত কার্য দ্বারা সম্পন্ন হয় (চিত্র 5.15)।

### 5.8.3.3 RNA এডিটিং (Altering the Information of m-RNA)

সেন্টাল ডগমার নিয়ম অনুসারে DNA থেকে RNA এবং RNA থেকে প্রোটিন উৎপন্ন হয়। এই পদ্ধতিতে উৎপন্ন RNA তে কোন সংকেত চিহ্নের পরিবর্তন সাধারণ ঘটে না। কিন্তু পরবর্তীকালে RNA এডিটিং অবস্থা আবিষ্কৃত হওয়ার পর দেখা যাচ্ছে m-RNA এর কিছু সাংকেতিক চিহ্ন ইউক্যারিওটিক কোষের ক্ষেত্রে কিছু পরিবর্তন হতে পারে। এটা দুভাবে হতে পারে। যেকোন একটি ক্ষারকের গঠন পরিবর্তনের মধ্যে হতে পারে, অথবা RNA এর মধ্যে কোন স্থানে ইউরিভিং মনোফসফেট [UMP] যৌগ ক্ষারক সজ্জার মধ্যে প্রবেশ করিয়ে বা বিশেষ স্থান থেকে বাদ দিয়ে [UMP insertion or deletion] হতে পারে। অবশ্য প্রথম পরিবর্তন ব্যবস্থা প্রায় দেখা যায় না বললেই চলে। এই পরিবর্তন প্রথম লক্ষ্য করা যায় যখন অ্যাপোলাইপো প্রোটিন-B [apo-B] জিনের m-RNA নিয়ে কাজ করা হয়েছিল মানুষ এবং খরগোসের ক্ষেত্রে। এই প্রোটিনগুলি হল রক্তের প্রোটিন এবং কিছু রাসায়নিক যৌগ রক্তে বহন করে। এই প্রোটিনটি অ্যামাইনো অ্যাসিড যুক্ত সুদীর্ঘ অণু। ক্ষুদ্রান্তের কোষে এই apo-B m-RNA যে প্রোটিনটি তৈরি করে তাতে মাত্র 2153 অ্যামাইনো অ্যাসিড বর্তমান। এর কারণ অনুসন্ধান করতে গিয়ে দেখা গেল পরিণত m-RNA তৈরি হওয়ার আগে একটি সাইটোসিন ক্ষারক ইউরাসিল ক্ষারকে রূপান্তরিত হয়ে একটি কোড শব্দ তৈরি করে UAA, যে স্থানে স্বাভাবিকভাবে ছিল CAA (চিত্র 5.16)। UAA হল কোষ পরিবেশে অবস্থিত তিনটি অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খলকে বৃদ্ধিতে বাধা দেয়। এই কারণেই যে স্থানে পরিবর্তনটি ঘটেছে সেই স্থানেই অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খল তার বৃদ্ধি শেষ করেছে।

অপর ব্যবস্থাপনায় যে ইউরাসিল ক্ষারক যুক্ত নিউক্লিওটাইডের সংযুক্তি বা বিযুক্তি পদ্ধতি—তা অনেক জটিল ব্যবস্থা। এই পদ্ধতি এককোষী প্রাণী ট্রাইপ্যানোসোমা গোস্ট্রিতে দেখা গেছে [এরা এককোষী গোস্ট্রির প্রোটোজোয়া পর্বের প্রাণী এরা মানুষের এবং অন্যান্য প্রাণীতে স্লিপিং সিকনেস বা মরণ ঘুম রোগ ঘটায়] এই ক্ষেত্রে m-RNA পূর্ণতা প্রাপ্তির আগে UMP যৌগ m-RNA এর ক্ষারক সজ্জার মধ্যে গাইড RNA এর সাহায্যে প্রবেশ করিয়ে দেয়। এই ঘটনা মাইটোকন্ড্রিয়াতে পর্যবেক্ষণ করা হয়েছে। আবার কখনও কখনও UMP ক্ষারক সজ্জা থেকে একই পদ্ধতিতে বাদও যায় তার ফলে m-RNA এর ক্ষারক সজ্জার সংকেতবহনকারী অবস্থার কিছু পরিবর্তন ঘটে (চিত্র 5.17)। কোন কোন ক্ষেত্রে দুটো বা ততোধিক গাইড RNA এই একটি মাত্র নিউক্লিওটাইড পরিবর্তন ঘটানোর জন্য ব্যবহৃত হয়। এই গাইড RNA কেবলমাত্র অপূর্ণ m-RNA-এর টেমপ্লেট RNA বা ছাঁচ RNA হিসাবে কাজ করে না UMP নিউক্লিওটাইড নিজের দেহ থেকে ভবিষ্যতের m-RNA ক্ষারক সজ্জাতে ঢুকিয়ে ও দেয়। এই গাইড RNA তিন কার্বন প্রান্ত দিকে একটি পাঁচ থেকে চব্বিশ নিউক্লিওটাইড যুক্ত অলিগো ইউরেসিল যুক্ত ক্ষারক সজ্জা বর্তমান। এই অঞ্চল থেকেই ইউরাসিল ক্ষারক বহনকারী নিউক্লিওটাইড ভবিষ্যতের এর মধ্যে প্রবেশ ঘটায়।

### 5.8.3.4 RNA-এর খণ্ডিকরণ এবং পুনঃসংযোজন পদ্ধতি (Splicing Process)

টম ম্যানিয়েটিস, রিচার্ড ফ্যাভেল এবং আরো অনেকের পরীক্ষা নিরীক্ষা থেকে দেখা যায় যে মানুষের এবং ইঁদুরের গ্লোবিন প্রোটিন উৎপাদনকারী জিন প্রায় একই রকমের। একই রকমের ক্ষারক সজ্জা বিশিষ্ট। এই জিন যে m-RNA সংশ্লেষ করে সেই m-RNA চার স্থানে এনডো নিউক্লিয়েসের সাহায্যে ফস্ফো ডায়েস্টার বন্ধনী ভেঙে যায় এবং পাঁচটি খণ্ড উৎপন্ন করে। এই পাঁচটি খণ্ডের মধ্যে তিনটি খণ্ড পুনর্মিলিত হয়ে একটি নতুন কার্যকরী m-RNA উৎপন্ন করে যার থেকে বিটা গ্লোবিন তৈরি হয়। (চিত্র 5.18) তে বিস্তারিতভাবে এই ব্যবস্থা দেখানো হয়েছে। এই ক্ষেত্রে যে খণ্ডগুলি পুনরায় মিলিত হয়ে কার্যকরী m-RNA তৈরি করে সেই খণ্ডগুলিকে বলে এক্সন এবং যে খণ্ডগুলিকে m-RNA দেহ থেকে বাদ দেওয়া হয় সেগুলিকে বলা হয় ইনট্রন। ম্যালি এবং তাঁর সহকর্মীদের মুর্গীর ডিম্বাশয়ের

অ্যালবুমিন উৎপাদনকারী জিনের m-RNA এর নানা রকম পরীক্ষা নিরীক্ষা করে দেখান যে এই m-RNA এতে সাতটি ইনট্রন এবং আটটি এক্সন বর্তমান। এদের মধ্যে এই আটটি মিলিত হয়ে কার্যকরী m-RNA তৈরি করে। একইভাবে ইঁদুরের রক্তে অ্যালবুমিন উৎপাদনকারী জিনের m-RNA তেরোটি ইনট্রন বহন করে। জেনোপাসের ভিটালোজেনিন A<sub>2</sub> উৎপাদনকারী জিনের 33টি ইনট্রন বহন করে। আবার মুর্গীর এক আলফা দুই কোলাজেন উৎপাদনকারী জিনের m-RNA অন্ততপক্ষে টি ইনট্রন বহন করে। এই ক্ষেত্রে অবশ্য বেশিরভাগ ইনট্রনই 45 থেকে 54 টি নিউক্লিওটাইড দৈর্ঘ্যযুক্ত হয়। এই জিনের m-RNA তে 3700 হাজার নিউক্লিওটাইড থাকে যার পরিবর্তনের মাধ্যমে যে কার্যকরী RNA তৈরি হয় তাতে-মাত্র 4600 টি নিউক্লিওটাইড বেস সজ্জা থাকে। এখন অবধি জানা সব থেকে বেশি ইনট্রনের খোঁজ পাওয়া গেছে মানুষের DMD [Duchenne's Muscular Dystrophy] রোগ উৎপাদনকারী জিনের m-RNA এর ক্ষেত্রে। এই জিনের নিউক্লিওটাইড জোড়ের সংখ্যা 2.5 মিলিয়ন এবং তার থেকে উৎপন্ন প্রাথমিক m-RNA 78টি ইনট্রন বহন করে। উদ্ভিদ কোষেও এই Splicing ব্যবস্থা বর্তমান। এই m-RNA খণ্ডিকরণ পদ্ধতি বিভিন্ন উৎসেচকের মাধ্যমে সম্পন্ন হতে পারে অথবা নিজস্ব বিশেষ কার্যকারীতার দরুন ও হতে পারে। m-RNA এর ক্ষেত্রে অবশ্য নিজস্ব প্রয়োজন জনিত খণ্ডিকরণ ব্যবস্থায় দেখা যায় কিন্তু m-RNA এর ক্ষেত্রে এই ব্যবস্থা বিভিন্ন উৎসেচক বা ফ্যাক্টর এই কাজ সম্পন্ন করে। প্রকৃতপক্ষে RNA এই খণ্ডিকরণ বা পুনঃসংযোজন ব্যবস্থা শুধুমাত্র নিউক্লিয়েজ বা লাইগেজ উৎসেচক দ্বারা সম্পন্ন হয় না বরং বিভিন্ন RNA ও প্রোটিনের যৌথ ক্রিয়ায় সম্পন্ন হয়। এই RNA প্রোটিন যৌগকে স্প্লাইসোসোম (Spliceosome) বলে। যৌগের মধ্যে ছোট ছোট RNA খণ্ড বর্তমান যেগুলোকে Sn RNA (Small Nuclear RNA) বলে। অর্থাৎ বহুলাংশেই এই যৌগটি অনেকটা রাইবোজোমের মত। তবে ঐ যৌগের প্রোটিনগুলির গঠন এখনও জানা নেই। গোটা পদ্ধতির দুটি ধাপই কেবল এখন পর্যন্ত জানা গেছে। পঁচ রকমের Sn RNA আছে যাদের বলে U<sub>1</sub>, U<sub>2</sub>, U<sub>3</sub>, U<sub>4</sub>, U<sub>5</sub> এবং U<sub>6</sub> (চিত্র 5.18)। এই পঁচটি Sn RNA বিভিন্ন প্রোটিনের সঙ্গে মিলিত হয়ে স্প্লাইসোজোম উৎসেচকের যৌগ গঠন করে। এই Sn RNA সম্পর্কে জ্ঞান একটা বিশেষ মারণ রোগের কারণ আবিষ্কার করতে সাহায্য করেছে। এই রোগটির নাম হল Systemic Lupus Erythematosus। এটি একটি অটো ইমিউন ডিজিজ বা নিজের রোগ প্রতিরোধকারী প্রোটিন দ্বারা নিজস্ব অঙ্গকে আক্রমণকারী রোগ। দেখা গেছে নিজের দেহে উৎপাদিত অ্যান্টিবডি m-RNA এই এর অনেকগুলির সঙ্গেই বিক্রিয়া ঘটিয়ে তাকে নিষ্ক্রিয় করে দেয়। প্রতিটি m-RNA বিশেষত UI, II, V-এ পৃথকভাবে নির্দিষ্ট Sn-RNA যৌগ হিসাবে অবস্থান করে। অপরপক্ষে, Sn-RNA চার এবং ছয় একই সঙ্গে চতুর্থ Sn-RNA তৈরি করে। এই দুটি RNA এর মধ্যে সম্ভবত কিছু স্থানে ক্ষারক পরিপূরক অবস্থান বর্তমান। এই চার রকমের RNP যৌগের প্রত্যেকটি, তাদের RNP যৌগে সাত রকমের প্রোটিন বহন করে এবং প্রত্যেকটির ক্ষেত্রেই অন্তত একটি বা কখনও একাধিক প্রোটিন পরস্পর থেকে পৃথক। যে দুই ধাপ বিক্রিয়ার মাধ্যমে এই RNP যৌগগুলি MRN-এর খণ্ডিকরণ এবং পুনঃ সংযোজন ঘটায় তা চিত্রে দেখুন। U3 Sn-RNA খণ্ড নিউক্লিয়াসে r-RNA পরিবর্তনে সহায়তা করে।

## 5.8.4 প্রোক্যারিওটিক কোষে r-RNA ও t-RNA এর সংশ্লেষ ও পরিবর্তন

### 5.8.4.1 RNA সংশ্লেষ ও তাদের পরিবর্তন

r-RNA সংশ্লেষ, m-RNA এ সংশ্লেষের মতোই DNA-এর একটি নির্দিষ্ট অংশ বা জিন থেকে উৎপন্ন হয়। ব্যাকটেরিয়ার ক্ষেত্রে একটিই মাত্র সুবৃহৎ খণ্ড বা জিন থেকে রাইবোজোম তৈরির জন্য প্রয়োজনীয় তিন প্রকার r-RNA তৈরি করে। যেগুলি হল আগবিক ওজন অনুসারে 5S, 16S এবং 23S r-RNA। এই DNA খণ্ড বা জিনকে ব্যাকটেরিয়ার r-RNA জিন বলে। এইভাবে r-RNA উৎপাদনের সময়ই একই জিন থেকে এ ও t-RNA উৎপন্ন

হয়। আণবিক ওজন অনুসারে t-RNA সব চাইতে ছোট RNA 75 থেকে 80 টি নিউক্লিওটাইড দ্বারা গঠিত এবং 4S আকৃতির হয়।

---

#### 5.8.4.2 r-RNA এর সাহায্যে রাইবোজোমের গঠন

---

*E.coli* কোষে রাইবোজোমের গঠন প্রকৃতি পরিষ্কার ভাবে জানা গেছে। এই গঠন প্রকৃতি সমস্ত প্রোক্যারিওটিক কোষে রাইবোজোমের মডেল হিসাবে গণ্য করা হয়। এই ক্ষেত্রে রাইবোজোমটি দুটি এককের দ্বারা গঠিত এবং 70S আণবিক ওজন সম্পন্ন। দুটি এককের মধ্যে একটি বড় বা 50S আকৃতির এবং অপরটি 30S আকৃতির হয়। প্রতিটি রাইবোজোমে প্রায় দুই তৃতীয়াংশ r-RNA এবং এক তৃতীয়াংশ প্রোটিন দ্বারা গঠিত। বড় এককের রাইবোজোম 34 রকমের বিভিন্ন প্রোটিন ও 23S RNA (2904 নিউক্লিওটাইড যুক্ত) এবং 5Sr-RNA 1120 (নিউক্লিওটাইড যুক্ত) সমন্বয়ে গঠিত, অপরপক্ষে ছোট এককটি অর্থাৎ 30S একক গঠিত হয় 20টি বিভিন্ন রকমের প্রোটিন এবং 16S r-RNA (1.542 নিউক্লিওটাইড যুক্ত) এর সমন্বয়ে গঠিত (চিত্র 5.19)।

---

#### 5.8.4.3 ইউক্যারিওটিক কোষে সংশ্লেষ ও রাইবোজোম গঠন পদ্ধতি

---

---

##### 5.8.4.3.1 সংশ্লেষ পদ্ধতি

---

বেশিরভাগ ক্ষেত্রেই ইউক্যারিওটিক কোষে রাইবোজোম উৎপাদনকারী চার রকম r-RNA উৎপাদনকারী জিনই বহু কপিতে অবস্থান করে। ইউক্যারিওটিক কোষ চার রকম r-RNA হল 18S, 58S, 28S এবং 5S এগুলির মধ্যে প্রথম তিনটি r-RNA একই জিন থেকে পাশাপাশি অবস্থায় সংশ্লেষিত হয়, যথাক্রমে 5'-18S, 5'8S 28S—3' এই নিয়মের ভিত্তিতে। এই রকম তিনটি r-RNA উৎপাদনকারী জিন একই সঙ্গে বহু সংখ্যক পর পর রিপিট অবস্থায় থাকে। এই জিন গোষ্ঠীকে একত্রে এর r-DNA রিপিট একক বলে। এই ধরনের জিন থেকেই নিউক্লিওলাস উৎপন্ন হয় এবং নিউক্লিওলাসেই r-RNA তৈরির পর তাদের পরিবর্তন ঘটে এবং বিভিন্ন প্রোটিনের সঙ্গে যুক্ত হয়ে রাইবোজোম গঠন করে। পরে তা সাইটোপ্লাজমে প্রোটিন সংশ্লেষের জন্য গৃহীত হয়। প্রতিটি r-DNA জিন একক r-RNA পলিমারেজ-I এর সাহায্যে একটি সাধারণ বৃহৎ RNA সংশ্লেষ করে। মানুষের HeLa কোষের এই ধরনের আকৃতি 45S আণবিক ওজনযুক্ত। এই RNA এর সংশ্লেষ ইলেকট্রন মাইক্রোস্কোপের সাহায্যে পর্যবেক্ষণ করা সম্ভব হয়েছে। এই ক্ষেত্রেও RNA পলিমারেজ-I এই জিনের প্রোমোটার অংশে আবদ্ধ হয় না। পরিবর্তে বিভিন্ন ট্রান্সক্রিপশন ফ্যাক্টর প্রথমে প্রোমোটার অংশে যুক্ত হয় তার পরেই কেবল RNA পলিমারেজ-I এ স্থান চিনতে পারে এবং DNA-এর কোডিং বাহু থেকে RNA সংশ্লেষ ঘটায়। HeLa কোষে আপস্ট্রিম বাইন্ডিং ফ্যাক্টরই প্রোমোটার DNA-r-DNA-এর ক্ষেত্রে নির্দিষ্ট স্কারক সজ্জায় প্রথমে আবদ্ধ হয়। পরবর্তী ধাপে SN-I এই স্থানে মিলিত হলে তবেই কেবল RNA এর পলিমারেজ DNA এই বিশেষ স্থানটিকে চিহ্নিত করে এবং যুক্ত হয়। দেখা গেছে এই SLI যৌগ TBP (Tata Binding Protein) যা হল RNA পলিমারেজ-II এর ক্ষেত্রে TFIID এর মতো এবং TBP সংযুক্তির ফ্যাক্টর যা RNA পলিমারেজ-II এর কার্যকারিতা TFIID ফ্যাক্ট্র অপেক্ষা পৃথক। এইভাবেই r-DNA থেকে নিউক্লিওলাসে সংশ্লেষিত হয়, এ স্থানেই পরিবর্তিত হয়ে রাইবোজোম গঠন করে।

---

#### 5.8.4.3.2 নিউক্লিওলাসে RNA পরিবর্তন

---

নিউক্লিওলাসে উৎপন্ন 45S এর সাধারণ r-RNA বিশেষ ধরনের রাইবোনিউক্লিয়েজ এর সাহায্যে নিউক্লিওলাসেই পরিবর্তিত হয় এবং যথাক্রমে 18S, 5.8S এবং 28S r-RNA উৎপন্ন করে। (চিত্র 5.20) তে এই পরিবর্তনের অবস্থা দেখানো হয়েছে। এখানে প্রথমেই দেখা যায় যে, 5' অঞ্চলে ETS (External Transcribed Spacer বা বহিঃপ্রান্তীয় RNA সংশ্লেষের অতিরিক্ত স্থান) ক্ষারক সজ্জা কেটে বাদ দেয় এবং ঐ তিন প্রকার r-RNA বহনকারী সাধারণ r-RNA খণ্ড উৎপন্ন করে। দ্বিতীয়ধাপে 20S, 32S এবং 5.8S তিনটি খণ্ডের উৎপত্তি ঘটে প্রধানত আরো একটি জায়গায় খণ্ডিতকরণ [Cleavage] এবং পরবর্তী পরিবর্তনের মাধ্যমে। যেমন 20S RNA খণ্ড খণ্ডিত হয়ে 18S RNA উৎপন্ন করে এবং 32S RNA খণ্ড পুনরায় খণ্ডিত এবং পরিবর্তনের মাধ্যমে 20S r-RNA ও 5.8S r-RNA উৎপন্ন করে।

বেশিরভাগ ক্ষেত্রেই এই তিন প্রকার RNA ছাড়াও 5S r-RNA উৎপাদনকারী জিন এই r-DNA স্থান থেকে দূরে কোথাও অবস্থান করে। মানুষের ক্ষেত্রে (চিত্র 5.21) 5S r-RNA উৎপাদনকারী জিনের অনেকগুলি কপি একটি নির্দিষ্ট স্থানে বা ক্রোমোজোমে অবস্থান করে কিন্তু জেনোপাসের (উভচর গোষ্ঠীর প্রাণী) ক্ষেত্রে এই ধরনের জিনযুক্ত জিনের বিভিন্ন জায়গায় ছড়িয়ে থাকে। আবার *S. Cerevisiac* এর ক্ষেত্রে এবং স্লাইমমোল্ড এর ক্ষেত্রে 5S r-RNA জিনগুলি অন্যান্য r-RNA সঙ্গে একই গুচ্ছতে অবস্থান করে। r-RNA জিনের ক্ষেত্রেও কিছু প্রজাতির প্রাথমিক RNA তে প্রাথমিক m-RNA এর ন্যায় কিছু ইনট্রনস (যে খণ্ডগুলিকে প্রকৃত গঠন থেকে বাদ দেওয়া হয়। পাওয়া যায়। উদাহরণ ড্রোসোফিলা, টেট্রোহাইমিনা এবং ফাইসেরাম।

---

#### 5.8.4.4 রাইবোজোম গঠন

---

স্তন্যপায়ী প্রাণীর রাইবোজোমের গঠন দেওয়া হল এবং সমস্ত ইউক্যারিওটিক প্রাণীর কোষে এই গঠনকেই মডেল হিসাবে ব্যবহার করা হয়। এখানে রাইবোজোমটি ও দুটি একক দ্বারা গঠিত 80S আণবিক ওজন সম্পন্ন। এই দুটি বড় এককটি আণবিক ওজন 60S এবং ছোট এককটির আণবিক ওজন 40S প্রোটিন এবং RNA এর অনুপাত এই রাইবোজোম গঠনে সমান সমানই থাকে। 40S এককটি 18S r-RNA (1.9 কিলো বেস বা 1900 নিউক্লিওটাইড) এবং 35 প্রকারের প্রোটিন সম অনুপাতে গঠিত হয়। অপরপক্ষে, বড় একক বা 60S একক 28S r-RNA [4.7 কিলো বেস], 5.8S [156 নিউক্লিওটাইড] 5S r-RNA [120 নিউক্লিওটাইড] এবং প্রায় 54 রকমের প্রোটিন প্রায় সম অনুপাতে নিয়ে গঠিত।

---

#### 5.8.4.5 t-RNA এর সংশ্লেষ ও পরিবর্তন

---

*E.Coli* কোষে t-RNA উৎপাদনকারী জিন ঐ একই উৎসেচকের মাধ্যমে অর্থাৎ হলো এনজাইম এর মাধ্যমে সম্পন্ন হয়। *E.Coli* এর ক্ষেত্রে t-RNA উৎপাদনকারী জিন এক কপি করেই প্রতিটি t-RNA এর জন্যই বর্তমান। প্রায় কুড়িটি অ্যামাইনো অ্যাসিডকে পরিবহনের জন্য প্রায় 61 রকমের বিভিন্ন ধরনের অ্যান্টিকোড বহনকারী t-RNA বর্তমান। [কোড বা সংকেত m-RNA তে বর্তমান। খোরানার জেনেটিক কোড ডিস্কনারী অনুসারে যে কোন তিনটি ক্ষারক সজ্জা m-RNA তে অবস্থান করে। প্রোটিন সংশ্লেষের সময়ে সেই সজ্জার ঠিক পরিপূরক তিনটি ক্ষারক সজ্জা t-RNA তে থাকলে তাকে বলে অ্যান্টিকোড সংকেত সজ্জা বা বিপরীত সংকেত ক্ষার সজ্জা। যেমন যদি m-RNA এর কোন স্থানে UUU এই তিনটি ক্ষারক সজ্জা থাকে তবে এই স্থানের পরিপূরক ক্ষারক সজ্জা t-RNA তে থাকে

AAA হিসাবে এবং এই t-RNA ফেনিল্যালানিন অ্যামাইনো অ্যাসিড বহন করে। [এই ব্যাপারে বিস্তারিত প্রোটিন সংশ্লেষে দেখুন] E.Coli কোষে প্রত্যেকটি t-RNA উৎপাদনকারী একটি করে জিনই বর্তমান। কিন্তু অন্যান্য ক্ষেত্রে প্রত্যেকটি t-RNA জিন একাধিক কপি হিসাবে থাকে। ইউক্যারিওটিক কলা কোষে প্রতিটি t-RNA এর জিনের সংখ্যা প্রোক্যারিওটের অপেক্ষা অনেক বেশি। যেমন ইস্ট কোষে প্রায় 400 t-RNA জিন বর্তমান, কিন্তু জেনোপাস প্রাণীর ক্ষেত্রে প্রতিটি t-RNA এর জন্য প্রায় কপি বা আরো বেশি বর্তমান। [এই জিনের জিনোম অনুসারে দেওয়া হল] অর্থাৎ DNA এর মধ্যবর্তী রিপটি স্কারক সজ্জার t-RNA উৎপাদনকারী জিনের স্থান। কিছু ইউক্যারিওটিক t-RNA-এর জিনের প্রাথমিক RNA ইনট্রনস বহন করে। যেমন ইস্ট-এর ক্ষেত্রে 10% t-RNA জিন ইনট্রন বহন করে। অবশ্যই এই ক্ষেত্রে কোন ইনট্রনের দৈর্ঘ্য সাধারণত 14 থেকে 60 নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়। পরিবর্তনের পরে একটি t-RNA এর আকৃতি একটি ক্লাড পাতার মতো হয় (চিত্র 5.22)। প্রাক্ t-RNA থেকে পরিণত t-RNA হতে গেলে একটি 14 স্কারকযুক্ত অ্যান্টি কোডনের স্থান থেকে 3 প্রাইম দিকে কেটে ইনট্রন হিসাবে বাদ যায়। এই ইনট্রনটির উপস্থিতি t-RNA অ্যান্টিকোডন লুপ বা ফাঁস উৎপাদনে বিশেষ ভূমিকা পালন করে। এই পরিবর্তন (চিত্র 5.23)-এ দেওয়া হল। প্রোক্যারিওটিক ও ইউক্যারিওটিক উভয় ক্ষেত্রে প্রাক্ t-RNA জিন থেকে উৎপন্ন হওয়ার পরেই প্রায় একইভাবে পরিবর্তিত হয়। এই পরিবর্তন দুই ধরনের। এক হচ্ছে t-RNA এর 5'-3' CCA স্কারক সজ্জার সংযুক্তিকরণ এবং ঐ সম্ভাব্য t-RNA এর বহু স্থানে বিভিন্ন নিউক্লিওটাইডের রাসায়নিক পরিবর্তন সাধন। এই পরিবর্তনগুলির কোনটাই প্রাক্ m-RNA বা প্রাক্ r-RNA তে দেখা যায় না। এই পরিবর্তনগুলি প্রতিটি t-RNA এর ক্ষেত্রে পৃথক ধরনের। কিন্তু এই পরিবর্তনগুলির মধ্যে সাধারণ পরিবর্তন কিছু দেখা যায়। যেমন কিছু ইউরেসিল বাহিত নিউক্লিওটাইড কমিয়ে দেওয়া বা ডাইহাইড্রো ইউরিডিন তৈরি করা অথবা ইউরিডিন নিউক্লিওটাইডের পরিবর্তন ঘটিয়ে সিউডো ইউরিডিন তৈরি করা ইত্যাদি। এই পরিবর্তনগুলির জন্য বিশেষ বিশেষ উৎসেচক বর্তমান। এইভাবে পরিবর্তনের ফলেই কোন একটি t-RNA বিশেষ অ্যামাইনো অ্যাসিডের সাথে বিক্রিয়া ঘটিয়ে m-RNA-এর কাছে নিয়ে এসে তার কোড সজ্জা অনুসারে সাজিয়ে দিতে পারে। প্রাক্ m-RNA যেমন প্রকৃত m-RNA অপেক্ষা লম্বা হয় প্রাক্ t-RNA ও প্রকৃত t-RNA অপেক্ষা ও লম্বা হয় এবং 5 লিডার সজ্জা এবং 3 ট্রেলার সজ্জা বর্তমান। কিন্তু প্রাক্ t-RNA থেকে প্রকৃত t-RNA এর উৎপাদনের সময় এই দুই ধরনের অতিরিক্ত স্কারক সজ্জা বিশেষ উৎসেচকের দ্বারা কেটে বাদ যায়। ইউক্যারিওটিক কোষের ক্ষেত্রে এর পরিবর্তন ঘটে কেবলমাত্র নিউক্লিয়াসের ভেতরে। তাই কার্যকরী t-RNA সাইটোপ্লাজমে পাওয়া যায়।

## 5.9 প্রোটিন সংশ্লেষ পদ্ধতি

সামগ্রিকভাবে প্রোটিন সংশ্লেষ পদ্ধতি প্রোক্যারিওটিক ও ইউক্যারিওটিক কোষে প্রায় একই প্রকার। যদিও m-RNA এর সংশ্লেষ ব্যবস্থা এবং তদুপরবর্তী পরিবর্তন ইউক্যারিওটিকের ক্ষেত্রে অনেক জটিল। সামগ্রিকভাবে E.Coli কোষের প্রোটিন সংশ্লেষ ব্যবস্থাকে মডেল ধরে প্রোটিন সংশ্লেষের বর্ণনা সংক্ষেপে দেওয়া হল। ইউক্যারিওটিক কোষের প্রোটিন সংশ্লেষ ব্যবস্থার অতিরিক্ত দিনগুলি নিয়ে পরে আলোচনা করা হবে। প্রোটিন সম্পর্কে বর্ণনা দেওয়ার আগে জেনেটিক কোড ডিকশনারী সম্পর্কে কিছু ধারণা অবশ্যই প্রয়োজন।

### 5.9.1 জেনেটিক কোডের সংক্ষিপ্ত ধারণা :

খোরানা, নিরেনবার্গ এবং হোলী দ্বারা প্রেরিত m-RNA-এর সংকেত বার্তা সম্বন্ধে একটি সঠিক ও যুগান্তকারী ডিকশনারী আবিষ্কার করেছেন। এটি হল জেনেটিক কোড ডিকশনারী (চিত্র 5.24) দেখুন। সাধারণত কৌণিক পরিবেশে



যে কেন্দ্রীয় নীতি নির্ধারিত আছে সেই নীতি অনুসারে কোন একটি বিশেষ জিনের DNA প্রয়োজনীয় সঠিক সিগনালের পরিপ্রেক্ষিতে একটি m-RNA সংশ্লেষ করে। DNA এর একটি তন্তু থেকে m-RNA উৎপন্ন হয় সেই তন্তুকে কোডিং বা সংকেত তন্তু বলে। এই সংকেতগুলি বাহিত হয় 4টি মাত্র অক্ষর দ্বারা। এই অক্ষরগুলি আর কেউ নয় স্বয়ং 4 প্রকারের ক্ষারক যেগুলি হল A, T, G, C। এই DNA-এর কোডিং তন্তু তার পরিপূরক ক্ষারকযুক্ত নিউক্লিওটাইডের সাহায্যে RNA উৎপন্ন করে। কেবলমাত্র থাইমিন ক্ষারকের পরিবর্তে RNA তে ইউরাসিল ক্ষারক সংযোজিত হয়। এই চারটি অক্ষর AUGC বিভিন্নভাবে সাজিয়ে একটি বিশেষ RNA উৎপন্ন হয়। বিজ্ঞানীগণ দেখিয়েছেন এই 4টি অক্ষরের যেকোন 3টি একটি বিশেষ অ্যামাইনো অ্যাসিড সংযুক্তির সংকেত হিসাবে কাজ করে। এইভাবে এই 4 অক্ষরকে 3টি করে সাজালে  $[4^3 = 64]$  কোড শব্দ বা সংকেত শব্দ একটি সংকেত উৎপন্ন হয়। DNA থেকে পাওয়া এই ধরনের শব্দ সংকেতগুলি অনুসারে অ্যামাইনো অ্যাসিড সাজিয়ে DNA-এর নির্দেশ প্রোটিন শৃঙ্খল ভাষায় রূপান্তরিত হয়। প্রায় 20 রকম অ্যামাইনো অ্যাসিড কোষীয় জগতে বিভিন্ন প্রোটিন উৎপাদনে অংশ গ্রহণ করে। সমস্ত জীব জগৎ তার চরিত্রগত বৈশিষ্ট্য প্রকাশ ঘটায় কেবলমাত্র DNA নির্দেশিত RNA তৈরির করে প্রজাতি নির্ধারিত প্রোগ্রাম অনুসারে বিভিন্ন প্রোটিন সংশ্লেষের মাধ্যমে। ক্ষারকের সব AUG কোড শব্দই অ্যামাইনো অ্যাসিড বহন করে না কিছু কোড শব্দ প্রথম শৃঙ্খলের সূচনা ঘটায়। যেমন AUG কোড শব্দ। আবার 3টি কোড শব্দ আছে যারা প্রোটিন সংশ্লেষ কোষের নির্দেশ যোগায়। অনেক ক্ষেত্রে একটি অ্যামাইনো অ্যাসিড একাধিক কোড দ্বারা গৃহীত হতে পারে। আবার একাধিক কোড একটি অ্যামাইনো অ্যাসিডকে গ্রহণ করতে পারে। প্রত্যেকটা কোড শব্দের পরিপূরক 3টি অক্ষর RNA এর একটি বাহুতে অবস্থিত। এই কোড শব্দের পরিপূরক 3টি ক্ষারকযুক্ত বাহুকে t-RNA এর অ্যান্টি কোড বা সংকেত বিরোধী বাহু বলে। একটি t-RNA র 3টি বাহু বর্তমান এবং একদিকে RNA এর 3-5 প্রান্ত ভাঁজ হয়ে পাশাপাশি অবস্থান করে। বিভিন্ন RNA এর অ্যামাইনো অ্যাসিড চেনার এবং গ্রহণ করার ক্ষমতা বিভিন্ন, যদিও ভার মুক্ত প্রান্তের স্থানে সর্বদাই CCA ক্ষারক সজ্জা থাকে। এই স্থানেই অ্যাডোনি বহনকারী শেষ নিউক্লিওটাইডের মুক্ত হাইড্রোক্সিল মূলক অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে ত্রি-স্তরীয় বিক্রিয়ার মাধ্যমে অ্যামাইনো অ্যাসিড যুক্ত t-RNA তে রূপান্তরিত হয়। এই যৌগকে বলে অ্যামাইনো অ্যাসাইল t-RNA এই অ্যামাইনো অ্যাসাইল t-RNA তৈরির বিক্রিয়া পরিচালিত হয় সেই নির্দিষ্ট অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংযোগকারী উৎসেচক, যাকে বলে অ্যামাইনো অ্যাসাইলে t-RNA সিঙ্কেটেজ। প্রত্যেকটা ভিন্ন অ্যামাইনো অ্যাসিডের জন্য এই উৎসেচক ভিন্ন প্রকৃতির হয়। বিশেষ অ্যামাইনো অ্যাসিড t-RNA চিহ্নিত হয় তার অন্য টি বাহুর লুপের উপরে বা ফাঁসের উপরে এবং কিছু কেন্দ্রীয় অস্বাভাবিক লুপ ও বিভিন্ন ভাবে পরিবর্তিত হয়ে বিশেষ অ্যামাইনো অ্যাসিড গ্রাহক হিসাবে কাজ করে। অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে এর সংযুক্তির ত্রি-স্তরীয় বিক্রিয়া নিম্নরূপ (চিত্র 5.25)।

কোন বিশেষ জিনের রাইবোজোমের সঙ্গে যুক্ত হবার সঙ্গে সঙ্গে সেই m-RNA এর কোড শব্দ অনুসারে। t-RNA একের পর এক অ্যামাইনো অ্যাসিড বহন করে আনে এবং রাইবোজোমের উপরে অবস্থিত কোড শব্দের সঙ্গে সেই বিশেষ t-RNA এর পরিপূরক অ্যান্টিকোড শব্দের সংযুক্তি ঘটে। এই ভাবেই m-RNA 5 দিক থেকে 3 দিকে পরপর অ্যামাইনো অ্যাসিড সাজিয়ে প্রোটিন শৃঙ্খল তৈরি হয়। এই অ্যামাইনো অ্যাসাইল t-RNA উৎপাদনের জন্য প্রথমেই নির্দিষ্ট অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে সেই নির্দিষ্ট t-RNA-এর বিক্রিয়া ঘটে। এই বিক্রিয়া ঘটায় সেই বিশেষ অ্যামাইনো অ্যাসিডও এর জন্য নির্দিষ্ট উৎসেচক অ্যামাইনো অ্যাসাইল t-RNA সিঙ্কেটেজ এবং এই বিক্রিয়ার প্রয়োজনীয় শক্তি সংগৃহীত হয় ATP ভেঙে [এই বিক্রিয়াটি চিত্র থেকে দেখে নিন] অর্থাৎ কোন কোষে প্রায় রকম অ্যামাইনো অ্যাসিড থাকলে উৎসেচক ও রকম থাকবে।

### 5.9.2 প্রোটিন সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়া :

প্রোক্যারিওটিক ও ইউক্যারিওটিক উভয় কোষেই উৎপন্ন m-RNA র 5 অংশ রাইবোজোমের ছোট খণ্ডের সঙ্গে প্রথমে বিক্রিয়া ঘটায়। এই বিক্রিয়া ঘটান স্থানে সর্বদাই AUG কোড শব্দ অবশ্যই থাকে এবং এই কোড শব্দ আকৃষ্ট করে মিথিওনাইন অ্যামাইনো অ্যাসিড বহনকারী t-RNA। ব্যতিক্রম মাইটোকন্ড্রিয়া প্রভৃতি অঙ্গগুতে কেবলমাত্র এই প্রারম্ভিক কোড শব্দ হিসাবে GUG কোড শব্দ হয়। এই কারণেই যেকোন প্রোটিনের প্রথম অ্যামাইনো অ্যাসিডটি মিথিওনাইন অ্যামাইনো একটি ফরম্যালডিহাইড গ্রুপ যুক্ত থাকে এই কারণে একে ফরমিল মিথিওনাইন t-RNA ও বলে। কোন কোন ক্ষেত্রে আবার এই প্রথম অ্যামাইনো অ্যাসিডটি প্রোটিন থেকে বাদ যায়। এই ফরমিল মিথিওনাইন কে সংক্ষেপে f-Met বলে। প্রথম ধাপে t-RNA রাইবোজোমের ছোট অংশের সঙ্গে যুক্ত হয় এবং f-Met উৎপন্ন করে। এর অ্যান্টিকোডন যেটি স্টার্ট কোডনের সঙ্গে যুক্ত হয়। এই t-RNA টি বিশেষ ধরনের t-RNA। কারণ প্রারম্ভিক বিক্রিয়ায় এই t-RNA টিই কেবল কাজ করে। এই t-RNA – f-Met তৈরি হয় নিম্নলিখিত বিক্রিয়াগুলির দ্বারা। প্রথম বিক্রিয়ায় মিথিওনাইল t-RNA সিঙ্গেটেজ উৎসেচক মিথিওনাইন অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে অ্যান্টিকোড যুক্ত t-RNA এর বিক্রিয়া ঘটায়। এরপরে ট্রান্সফরমাইলেজ উৎসেচক অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে ফরমিন গ্রুপ জুড়ে দেয়। এরফলে যে অ্যামাইনো অ্যাসাইলেটেড t-RNA উৎপন্ন হয় তাকে বলে f-Met–t-RNA. f Met। প্রাথমিক AUG কোড ছাড়াও m-RNA অণুর মধ্যে AUG কোড শব্দ থাকলে সাধারণ মিথিওনাইন অ্যামাইনো অ্যাসিড সেই স্থানে সংযুক্ত হয়। এরজন্য অন্য আর একটি মিথিওনাইন সংগ্রাহক t-RNA নির্দিষ্ট ইউক্যারিওটের ক্ষেত্রেও প্রারম্ভিক কোড শব্দ এবং স্বাভাবিক কারণেই প্রোটিন সংশ্লেষের প্রথম অ্যামাইনো অ্যাসিডটি মিথিওনাইন অ্যামাইনো অ্যাসিড। কিন্তু এই ক্ষেত্রে মিথিওনাইনের সঙ্গে ফরমিন গ্রুপ যুক্ত হয় না, যদিও প্রারম্ভিক AUG কোড শব্দের t-RNA অন্য AUG কোড শব্দের t-RNA থেকে পৃথক। প্রারম্ভিক বিক্রিয়ার জন্য m-RNA-এর AUG এবং তার প্রান্তে আরো কিছু নির্দিষ্ট ক্ষারক সজ্জা রাইবোজোমের ছোট অংশকে চেনার জন্য বিশেষ প্রয়োজন। যে অংশ m-RNA এর AUG কোড শব্দ রাইবোজোমের সঙ্গে যুক্ত হয় সে অংশকে রাইবোজোম বাইন্ডিং সাইট বলে। বেশির ভাগ ক্ষেত্রেই AUG কোডনের প্রান্ত পিউরিন ক্ষারক যুক্ত হয়। প্রায় প্রয়োজন। যে অংশ 8 থেকে 12 নিউক্লিওটাইড AUG কোডনের এর দিকে বর্তমান। ডন সাইনে এবং নীল ডালগারনো দেখিয়েছেন যে এই অঞ্চলের 5টি নিউক্লিওটাইডের ক্ষারক 16S r-RNA এর 3 অঞ্চলের 5টি ক্ষারকের সঙ্গে পরিপূরক হিসাবে হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়। এই কারণেই m-RNA এর এই 5টি ক্ষারক সজ্জাকে [5'-GGAGG] সাইনোডালগারনো ক্ষারক সজ্জা বলে। যদি এই ক্ষারক সজ্জাতে কোন পরিবর্তন ঘটে তবে m-RNA এর সঙ্গে 16S r-RNA এর পরস্পর সংযুক্তি হবে না, ফলে প্রারম্ভিক বিক্রিয়াও বন্ধ হবে। এই পরিবর্তন অবশ্য m-RNA এর DNA অথবা 16S r-RNA এর DNA যেকোন স্থানের পরিবর্তনের ফলে একই ফল দেখা দেবে। এই সময়ে প্রোটিন সংশ্লেষের তিনটি প্রারম্ভিক ফ্যাক্টর IF1, IF2 এবং IF3 এরাও 30S রাইবোজোমের সঙ্গে যুক্ত হয় এবং এক অণু GTP এই স্থানে প্রয়োজন হয় এবং বিক্রিয়া শেষে m-RNA 30S-IF-GTP যৌগের সঙ্গে যুক্ত হয়। একেই 30S প্রারম্ভিক যৌগ বলে। এই সময়ে IF3 ও ফ্যাক্টর যুক্ত হয় (চিত্র 5.26) দেখুন এই 30S প্রারম্ভিক যৌগ 50S রাইবোজোমের সঙ্গে পরবর্তী ধাপে যুক্ত হয়। এই বিক্রিয়ার প্রয়োজনীয় শক্তির যোগান দেয় GTP। এইভাবে 50S রাইবোজোম যুক্ত হবার পরে IF1 এবং IF2 ফ্যাক্টর মুক্ত হয় এবং সামগ্রিক যৌগটিকে 70S প্রারম্ভিক যৌগ [70S initiation complex] বলে। সমস্ত IF ফ্যাক্টরগুলি এখান থেকে এইভাবে মুক্ত হয়ে পুনরায় আর একটি প্রারম্ভিক যৌগ গঠনে অংশগ্রহণ করে। 70S রাইবোজোমের 2টি স্থান বর্তমান। এই 2টি স্থানে 2টি t-RNA একসঙ্গে বসতে পারে অর্থাৎ m-RNA এর যে অংশ রাইবোজোমের উপর অবস্থিত সেই অংশে অন্ততঃ 3টি অক্ষরযুক্ত 2টি কোড শব্দ বর্তমান। এই টি কোড শব্দের মধ্যে যেটি 5 দিকে অবস্থিত তাকে বলে পেপটাইডিন t-RNA বা P সাইড এবং তার পরের কোড শব্দকে বলে অ্যামাইনো অ্যাসাইন t-RNA বা A

সাইড। f Met-t-RNA-f Met প্রথমে m-RNA এর P সাইডে AUG কোড শব্দে সংযুক্ত হয়। এইভাবে ব্যাকটেরিয়াতে প্রারম্ভিক বিক্রিয়া সম্পন্ন হয়। ইউক্যারিওটিক কোষের ক্ষেত্রে সাইনোডেলগারনো স্কারক সজ্জা m-RNA তে থাকে না। এর পরিবর্তে ইউক্যারিওটিক m-RNA কিছুটা অন্য উপায়ে রাইবোজোমের সঙ্গে যুক্ত হয়। এরজন্য প্রথমেই f-IF4A নামক বহু শৃঙ্খলযুক্ত প্রোটিনের যৌগ যার মধ্যে Cap বাইন্ডিং প্রোটিন [CBP] m-RNA-এর 5 দিকে অর্থাৎ গোয়ানিন ক্যাপ অঞ্চলে যুক্ত হয়। পরবর্তী ধাপে এই 40S যৌগ রাইবোজোম খণ্ডের সঙ্গে বিক্রিয়া ঘটায় এবং Met-t-RNA, Met এবং আরো অনেকগুলি eIF5 এবং GTP যুক্ত হয়। এই যৌগ m-RNA এর 3 দিকে ধীরে ধীরে অগ্রসর হয়। এই AUG কোড শব্দ এই যৌগের মধ্যে আসে। AUG কোড শব্দ একটি ছোট স্কারক সজ্জার মধ্যে যুক্ত থাকে বা লুকানো থাকে। এই স্কারক সজ্জাকে বলে কোজাক সজ্জা [Kozak Sequence]। এই স্কারক সজ্জাটি জানিয়ে দেয় যে AUG প্রারম্ভিক স্কারক সজ্জা। এই পদ্ধতিকে বলে Scanning model for initiation বা প্রারম্ভিক বিক্রিয়ার Scanning model। প্রায় বেশির ভাগ ইউক্যারিওটিক m-RNA এর প্রারম্ভিক কোডন AUG। এর পরবর্তী ধাপে 40S প্রারম্ভিক যৌগ 60S রাইবোজোমের সঙ্গে যুক্ত হয়। এর ফলে সমস্ত eIF5- যুক্ত হয় এবং 80S প্রারম্ভিক যৌগ উৎপন্ন করে। এর পরবর্তী ঘটনা প্রোক্যারিওটিক কোষের মতোই।

### 5.9.3 পলিপেপটাইট শৃঙ্খল বর্ধনের বিক্রিয়া [Peptide chain elongation reaction]

প্রারম্ভিক বিক্রিয়ার পরে শুরু হয় পলিপেপটাইডের বর্ধিত হওয়ার বিক্রিয়া। প্রধানত ইউক্যারিওট ও প্রোক্যারিওটের ক্ষেত্রে প্রায় একই প্রকার 3টি বিক্রিয়া ধাপের মাধ্যমে এই পদ্ধতি সম্পন্ন হয়। রাইবোজোমের উপরে m-RNA এর যে অংশ বর্তমান সেই অংশে m-RNA এর 5 দিক থেকে পরপর 3টি অঞ্চলে ভাগ করা হয়। যথা 5E সাইট, P সাইট, এবং 3A সাইট [A সাইটে অ্যামাইনো অ্যাসাইন t-RNA]। তার অ্যান্টিকোডন বাহুতে অবস্থিত টি স্কারক সজ্জা এর সাইটে অবস্থিত টি স্কারক সজ্জার কোড শব্দের সঙ্গে পরিপূরক অবস্থায় হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা আবদ্ধ হয়। সাইটে ঐ স্থানের ও স্কারক সজ্জা বিশিষ্ট আর পরিপূরক অ্যান্টিকোড স্কারক সজ্জা যুক্ত কে হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা আবদ্ধ রাখে। এই স্থানে কে পেপটাইডিড t-RNA বলে। এই স্থানের t-RNA সর্বদাই বর্ধনশীল পলিপেপটাইট শৃঙ্খল বহন করে। (E সাইট # RNA এর রাইবোজোম থেকে বেরিয়ে যাবার মুহূর্তে অবস্থানের অঞ্চল) যে 3টি বিক্রিয়ার দ্বারা পরপর অ্যামাইনো অ্যাসিড সংযুক্তির মাধ্যমে পলিপেপটাইট শৃঙ্খল সংশ্লেষ হয় তা এইরূপ—

(i) S সাইটের m-RNA র সংকেত চিহ্নিত [Code Word] স্কারক সজ্জার পরিপূরক স্কারক সজ্জার অ্যান্টিকোডনযুক্ত অ্যামাইনো অ্যাসাইল t-RNA A চিহ্নিত স্থানের m-RNA এর কোড সজ্জার সঙ্গে হাইড্রোজেন বন্ধনীর দ্বারা যুক্ত হয়।

(ii) পরবর্তী ধাপে P সাইটে অবস্থিত t-RNA এর 3 অঞ্চলে সংযুক্ত বর্ধনশীল পলিপেপটাইট এই t-RNA থেকে মুক্ত হয় এবং A সাইট t-RNA এর নবাগত অ্যামাইনো অ্যাসিডের t-RNA এর মুক্ত প্রান্তের সঙ্গে যুক্ত হয়। এই সংযুক্তীকরণ পেপটাইট বন্ধনী দ্বারা সম্পন্ন হয়।

(iii) শেষ ধাপে রাইবোজোম m-RNA এর 3 দিকে 3টি স্কারক সজ্জা দূরত্ব পর্যন্ত সরে যায় [Translocation]। এরফলে আগের A সাইটে অবস্থিত t-RNA P সাইটে সরে যায়। যার মাধ্যম বর্ধনশীল পলিপেপটাইট শৃঙ্খল বহন করে এবং নতুন ও স্কারক যুক্ত m-RNA কোড বা সংকেত রাইবোজোমের নতুন A সাইট তৈরি করে। অপরপক্ষে পুরানো P সাইট অঞ্চল E সাইট বা এগজিট সাইটে পরিণত হয়। এই 3টি বিক্রিয়ার ধাপ পুনঃপুনঃ ঘটতে থাকে যতক্ষণ পর্যন্ত না রাইবোজোম m-RNA এর সমস্ত কোড শব্দের মাধ্যমে m-RNA এর 3' প্রান্তে পৌঁছায়। (চিত্র নং 5.27 ও 5.28 দেখুন) এই ধরনের পলিপেপটাইট শৃঙ্খল সংশ্লেষের প্রয়োজনীয় উৎসেচকগুলি নিম্নরূপঃ প্রথ বিক্রিয়ায় রাইবোজোমের A সাইটে অবস্থিত m-RNA এর 3টি স্কারকযুক্ত কোড শব্দের পরিপূরক অ্যান্টিকোড শব্দের

ক্ষারক সজ্জা যুক্ত t-RNA A স্থানে এসে হাইড্রোজেন বন্ধনীর দ্বারা যুক্ত হয়। এই বিক্রিয়া পরিচালিত হয় ইলংগেশন ফ্যাক্টর Tu এবং GTP-র সাহায্যে [EF-Tu GTP]। পরবর্তী ধাপে A সাইটে অবস্থিত অ্যামাইনো অ্যাসাইল t-RNA এর অ্যামাইনো অ্যাসিডের অ্যামাইনো গ্রুপ P সাইটে অবস্থিত t-RNA এর বাহিত অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খলের কার্বকসিল গ্রুপের সঙ্গে বিক্রিয়া ঘটায় ঘটায়। ফলে একটি পলিপেপটাইড শৃঙ্খল তৈরি হয় এবং সম্পূর্ণ অ্যামাইনো অ্যাসিড t-RNA টি অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খল A সাইটের সঙ্গে যুক্ত হয়। এই পেপটাইড বন্ধনী উৎপন্ন হয় রাইবোজোমের 50S অংশ অবস্থিত 23S r-RNA-এর উৎসেচকের কাজের ফলে। এই উৎসেচককে বলে পেপটাইডিড ট্রান্সফারেজ [Peptidyl transferase]। এই সময়ে GTP-র আর্দ্র বিশ্লেষণ ঘটে এবং পেপটাইড বন্ধনী উৎপাদনে শক্তি যোগায়। এই আর্দ্র বিশ্লেষণের ফলে GTP GDP-তে রূপান্তরিত হয়। এর ফলে EF Tu GDP একটি নিষ্ক্রিয় যৌগ রূপে রাইবোজোম m-RNA স্থান থেকে সরে যায়। এই যৌগ ইলংগেশন ফ্যাক্টর TS [EF-TS] দ্বারা পুনরায় কার্যকরী EF-Tu GTP যৌগে রূপান্তরিত হয়। এবং পুনরায় আর একটি নতুন অ্যামাইনো অ্যাসাইল t-RNA A সাইটে সংযুক্তির জন্য কাজ করে। তৃতীয় ধাপে রাইবোজোম m-RNA এর 3 প্রান্তের দিকে ও নিউক্লিওটাইড দূরত্ব সরে যায় এর ফলে আগের A সাইট নতুন অবস্থায় P-সাইটে পরিণত হয় যেখানে t-RNA বর্ধনশীল অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খল বহন করে। আগের P সাইটে মুক্ত t-RNA [অ্যামাইনো অ্যাসিড বিহীন] E সাইটে সরে যায় এবং নতুন A সাইটের উৎপত্তি হয় যে স্থানে 3টি ক্ষারক যুক্ত নতুন কোড শব্দ আরেকটি অ্যামাইনো অ্যাসাইল t-RNA এর কাছে উন্মুক্ত হয়। রাইবোজোমের RNA এর দৈর্ঘ্য বরাবর নিউক্লিওটাইড দূরত্ব সরে যাওয়াকে ট্রান্সলোকেশন বলে। এই ট্রান্সলোকেশন পদ্ধতির জন্য যে শক্তির প্রয়োজন হয় তা GTP আর্দ্র বিশ্লেষণের দ্বারা যোগায়। একটি ইলংগেশন ফ্যাক্টর যৌগ G[EF-G] এই বিক্রিয়া নিয়ন্ত্রণ করে। ট্রান্সলোকেশন ঘটানোর সময় রাইবোজোমের আকৃতির অনেক পরিবর্তন ঘটে। রাইবোজোম m-RNA বরাবর m-RNA এর সঙ্গে যুক্ত অবস্থাতেই m-RNA এর 3' দিকে সক্রিয়ভাবে সরে যায়। অক্ষারমিলার এবং বারবারা হ্যামকারো ইলেকট্রন মাইক্রোস্কোপের সাহায্যে ইউক্যারিওটিক কোষের সিন্থ প্রোটিন ফ্রাইব্রিন পলিপেপটাইডবর্ধনের দৃশ্য পর্যবেক্ষণ করেন। পলিপেপটাইড শৃঙ্খল বৃদ্ধি E.Coli তে অতি দ্রুত ঘটে। পরপর ঘটা এই 3টি বিক্রিয়া সম্পন্ন করে একটি অ্যামাইনো অ্যাসিড এর পলিপেপটাইডশৃঙ্খলে যুক্ত হতে 0.05 সেকেন্ড সময় লাগে। 300 অ্যামাইনো অ্যাসিড যুক্ত একটি পলিপেপটাইড সংশ্লেষে সময় লাগে মাত্র 15 সেকেন্ড। এই বিক্রিয়ার জটিলতার পরিপ্রেক্ষিতে এইভাবে দ্রুত নির্ভুল অ্যামাইনো অ্যাসিড সংযোজন সত্যি বিস্ময়ের। এই একই ভাবে পরপর অ্যামাইনো অ্যাসিড সংযোজনের পর রাইবোজোম যখন m-RNA এর 3 প্রান্তে পৌঁছায় তখন একটি বিশেষ পদ্ধতির মাধ্যমে প্রোটিন শৃঙ্খল মুক্ত হয়।

#### 5.9.4 পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের রাইবোজোম থেকে মুক্তি [Termination of Polypeptide Chain]

এই প্রান্তীকরণ বিক্রিয়ার জন্য m-RNA তে 3টি কোড শব্দের যে কোন একটির সংস্পর্শে রাইবোজোম প্রবেশ করে। এগুলি হল U, A, G এবং UGA এই কোড শব্দের যে কোন একটি রাইবোজোমের A সাইটে যুক্ত হলে সেই A সাইটে সংযোজিত হবার কোন t-RNA এই কোষীয় পরিবেশে নেই। অপরপক্ষে এই কোড শব্দগুলি রিলিজ ফ্যাক্টর [EF<sub>3</sub>] দ্বারা আকৃষ্ট হয়। E.Coli এর ক্ষেত্রে এই রকম 2টি রিলিজ ফ্যাক্টর দ্বারা আকৃষ্ট হয়। এর ক্ষেত্রে এই রকমটি রিলিজ ফ্যাক্টর বর্তমান। একটি RF1 অপরটি RF2। RF1 UAA এবং UGA কোড শব্দের সঙ্গে বিক্রিয়া ঘটাতে পারে। অপরপক্ষে RF2 UAA এবং UGA-এর সঙ্গে বিক্রিয়া ঘটাতে পারে। ইউক্যারিওটিক কোষের ক্ষেত্রে একটি মাত্র রিলিজ ফ্যাক্টর [ERF] এই 3টি কোড শব্দ কে চিনতে পারে এবং বিক্রিয়া ঘটায়। t-RNA রাইবোজোম যৌগ থেকে পলিপেপটাইড শৃঙ্খল রিলিজ করার জন্য ঘটা বিক্রিয়াটি নিম্নরূপ রিলিজ ফ্যাক্টর প্রথমে নির্দিষ্ট কোড

অনুসারে A সাইটে যুক্ত হয় এবং পেপটাইডিল ট্রান্সফারের কার্যকে পরিচালিত করে। ফলে t-RNA এর সঙ্গে সংযুক্ত পলিপেপটাইডের কার্বক্সিল প্রান্তে এক অণু সংযোজিত হয়। যার t-RNA ফলে এর সঙ্গে পলিপেপটাইডের সঙ্গে কোভ্যালেন্ট বন্ধনীর আর্দ্র বিশ্লেষণ ঘটে। পলিপেপটাইড শৃঙ্খলটি থেকে মুক্ত হয়ে রাইবোজোমের E সাইটে সরে যায়। এরপরে রাইবোজোম m-RNA থেকে বেরিয়ে যায় ও দ্বিখণ্ডিত হয় যায়। চিত্র নং 5.29 দেখুন।

## 5.10 সারাংশ

এই এককের মাধ্যমে কোষীয় পরিবেশের কেন্দ্রীয় নীতি বিস্তৃত আলোচনা করা হয়েছে। এই আলোচনার মধ্যে রয়েছে DNA থেকে DNA উৎপাদন পদ্ধতির জৈব রাসায়নিক ও আণবিক বিক্রিয়া সমূহ। DNA ই যে জেনেটিক বস্তু তার সুনির্দিষ্ট প্রমাণ সমূহ। RNA-র কেন্দ্রীয় জৈব কার্যসমূহ ও প্রকারভেদ। RNA জেনেটিক বস্তু হিসাবে প্রমাণ। DNA থেকে RNA সংশ্লেষের পদ্ধতি সমূহ। RNA সংশ্লেষণের পরে কার্যকরী RNA হবার জন্য প্রয়োজনীয় পরিবর্তন সমূহ সবশেষে RNA থেকে প্রোটিন সংশ্লেষের প্রয়োজনীয় কোষীয় ব্যবস্থাপনা এবং তার জন্য উৎসেচকের কার্যধারা, রাইবোজোমের ভূমিকা ইত্যাদি আলোচিত হয়েছে।

## 5.11 অনুশীলনী- 1

### 1. টিকা লিখুন

(a) স্নাইসোজোম (b) সাইনেডালগারনো সজ্জা (c) প্রাইমোজোম (d) ওকাজাকি ফ্রাগমেন্ট (e) প্রাইমার (f) ল্যাগিং স্ট্যাণ্ড (g) হেলিকেজ (h) টেপো আইসোমারেজ (i) ট্রান্সলোকেশন (j) অ্যামাইনো অ্যাসাইন t-RNAs (k) পেপটাইডিন ট্রান্সফারেজ (l) প্রোমোটার রিজিয়ন (m) GC Box (n) প্রিবনো বক্স (o) টাটা বক্স (p) হলো এনজাইম (q) সিগমা ফ্যাক্টর (r) রিনিজ ফ্যাক্টর (s) পেপটাইডিল t-RNA (t) কোডওয়ার্ড।

### অনুশীলনী-2

1. (a) RNA থেকে RNA সংশ্লেষিত হয় হ্যাঁ/না
- (b) DNA এবং RNA সংশ্লেষ একই নির্দিষ্ট দিকে সম্পন্ন হয় হ্যাঁ/না
- (c) DNA সেমিকনজারভেটির পদ্ধতিতে সংশ্লেষিত হয় হ্যাঁ/না
- (d) RNA সর্বদাই দ্বিতন্ত্রী হ্যাঁ/না
- (e) DNA সর্বদাই দ্বিতন্ত্রী হ্যাঁ/না
- (f) কেবলমাত্র প্রোটিনই উৎসেচক হিসাবে কাজ করে হ্যাঁ/না
- (g) RNA কখনো কখনো উৎসেচক হিসাবে কাজ করে হ্যাঁ/না
- (h) প্রোক্যারিওটিক এবং ইউক্যারিওটিক প্রাক m-RNA এর কার্যকরী m-RNA-তে পরিবর্তিত হতে স্প্লাইসিং (Splicing) প্রয়োজন হ্যাঁ/না
- (i) E.Coli m-RNA-র এডিটিং প্রয়োজন হ্যাঁ/না
- (j) ইলংগেশন ফ্যাক্টর [Tu] একবার কাজ করেই নিষ্ক্রিয় হয়ে যায় হ্যাঁ/না

- (k) নতুন RNA সংশ্লেষে প্রাইমার RNA অবশ্যই প্রয়োজন হ্যাঁ/না
- (l) উৎপত্তি স্থান থেকে উভয় দিকে DNA সংশ্লেষিত হতে পারে হ্যাঁ/না
- (m) DNA পলিমারেজ-II কে কর্নবাগ এনজাইম বলে হ্যাঁ/না
- (n) DNA পলিমারেজ-I প্রাইমার RNA কে সরিয়ে দেয় হ্যাঁ/না
- (o) প্রাক্ m-RNA-এর ইনট্রনগুলি মিলিত হয়ে কার্যকরী m-RNA উৎপন্ন করে হ্যাঁ/না

**সর্বশেষ প্রশ্নাবলী**

1. DNA সংশ্লেষের কর্ক মডেলের চিহ্নিত চিত্রসহ সংক্ষিপ্ত বিবরণ দিন।
2. DNA সংশ্লেষে সেমিকনজারভেটির পদ্ধতিতে হয় তা প্রমাণ করুন।
3. হলো এনজাইমের সাহায্যে ব্যাকটেরিয়াতে DNA থেকে RNA সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়াটি সংক্ষেপে লিখুন।
4. He-a কোষ r-RNA সংশ্লেষ পদ্ধতি সংক্ষেপে আলোচনা করুন।
5. *E.coli* কোষের রাইবোজোমের গঠন শৈলীর ছবি সহ বর্ণনা দিন।
6. প্রোটিন সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়া ছবি সহ সংক্ষেপে আলোচনা করুন।
7. DNA সংশ্লেষের প্রয়োজনীয় উৎসেচক সমূহের নাম লিখুন। প্রাইমেজ এবং DNA পলিমারেজ-II সম্পর্কে যা জানা আছে লিখুন।
8. রেপ্লিজোম কি? রোলিং সারকেল মডেল অনুসারে DNA সংশ্লেষ পদ্ধতির সংক্ষিপ্ত বিবরণ দিন।
9. প্রোটিন সংশ্লেষের পলিপেপটাইট শৃঙ্খল বৃদ্ধি এবং সংশ্লেষ সম্পূর্ণ করণের বিক্রিয়া 2টি ছবি সহ সংক্ষেপে আলোচনা করুন।
10. ল্যাবোরেটরিতে DNA সংশ্লেষ করার বিক্রিয়াটি সংক্ষেপে লিখুন। DNA সংশ্লেষের মডেল সম্পর্কে যা জানেন লিখুন।

## 5.12 উত্তরমালা অনুশীলনী-1

### 1. টিকা

(a) 5.8.3.4-এ দেখুন (b) 5.9.2-এ দেখুন (c) 5.3.i-এ দেখুন (d) 5.5.i-এ দেখুন (e) 5.5.i-এ দেখুন (f) 5.5.i-এ দেখুন (g) 5.5.i-এ দেখুন (h) 5.5.i-এ দেখুন (i) 5.9.3.iii-এ দেখুন (j) 5.9.3-এ দেখুন (k) 5.9.3.-এ দেখুন (l) 5.8.1-এ দেখুন (m) 5.8.1-এ দেখুন (n) 5.7.2.i-এ দেখুন (o) 5.8.1-এ দেখুন (p) 5.7.2.1-এ দেখুন (q) 5.7.2.1-এ দেখুন (r) 5.9.4-এ দেখুন (s) 5.9.3-এ দেখুন (t) 5.9.1-এ দেখুন

## উত্তরমালা অনুশীলনী-2

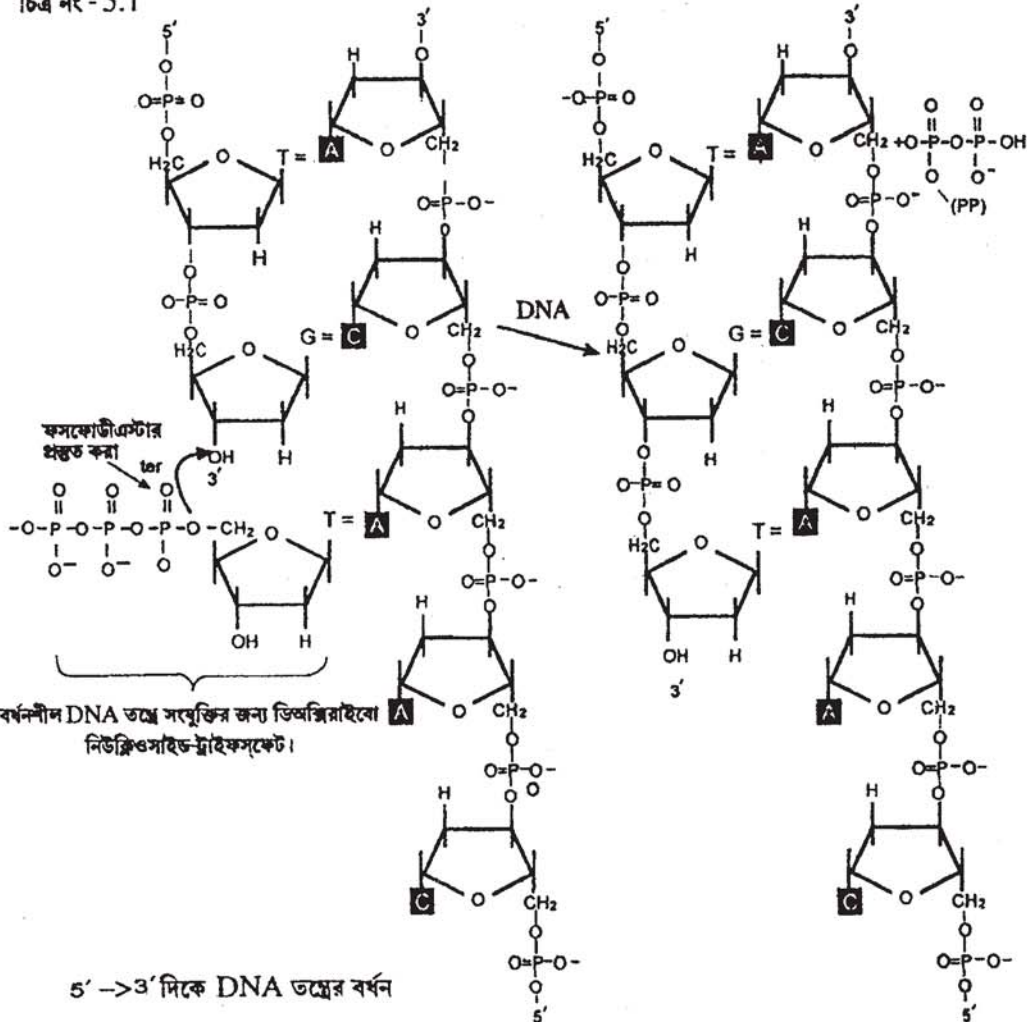
1. a না b. হ্যাঁ c. হ্যাঁ d. না e. না f. না g. হ্যাঁ h. না i. না j. না k. না l. m. না n. হ্যাঁ o. হ্যাঁ

### শেষ প্রশ্নাবলী

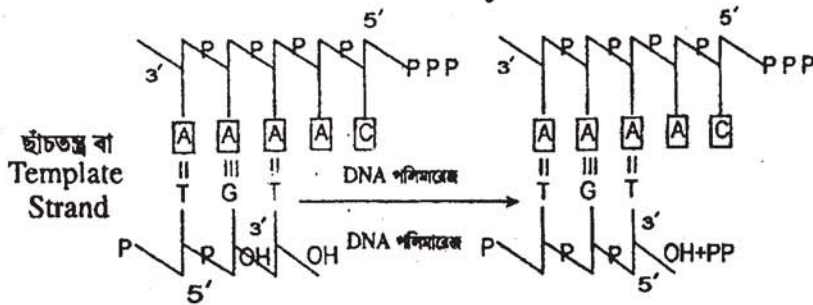
(1) 5.5.1 দেখুন (2) 5.4 দেখুন (c) 5.7.2.i দেখুন (4) 5.8.4.3.1 দেখুন (5) 5.8.4.1.2 দেখুন (6) 5.9.2 দেখুন (7) 5.5.1 দেখুন (8) 5.5.i দেখুন (9) 5.5.3 এবং 5.9.4 দেখুন (10) 5.3 এবং 5.6.a দেখুন

1. Principles of Genetics 2nd Edition	—Snnstad & Simmous Pbl- John Wiley & Sons, Inc.
2. Cell & Molecular Biology	—Gerald Karp Pbl- John Wiley & Sons, Inc
3. Molecular Cell Biology 4th Edition	—David Baltimore et.al Pbl- media Connected W.H. Freeman & Co.
4. Genetics 5th Editor Lonymen, Inc.	Peter. J. Rusell Pbl- An imprint of addison W. Wesley
5. Genetics 5th Editor	—Daniel. L. Hartel & Elizabeth. W. Jones Pbl- Jones & Bartteh pbl.

চিত্র নং - 5.1



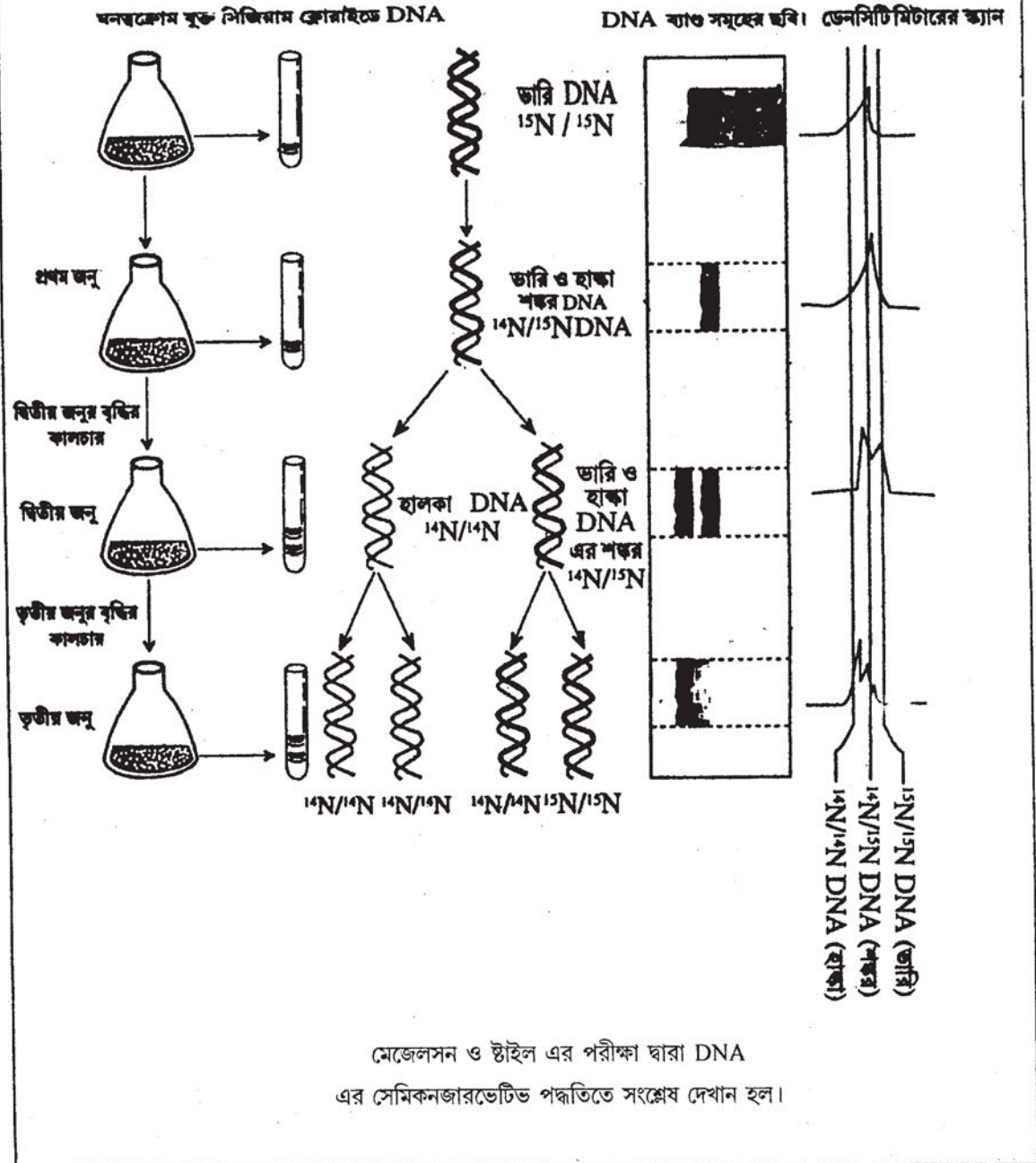
5' → 3' দিকে DNA তন্ত্রের বর্ধন



DNA সংশ্লেষের সময় নতুন নিউক্লিওসাইড ট্রাই ফসফেটের শর্করার 3' স্থানে সংযুক্তি দেখান হল।



চিত্র নং-5.2



চিত্র নং - 5.3

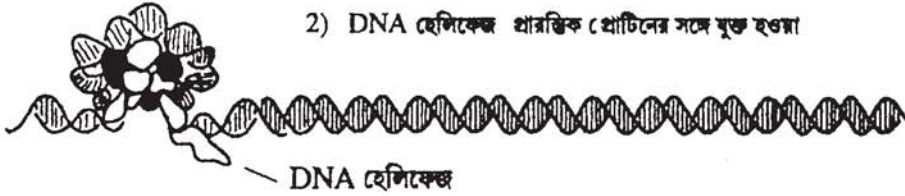
সংশ্লেষ গুরুত্ব কারক সংখ্যা



1) সংশ্লেষ - প্রারম্ভিক পোটিন সমূহ



2) DNA হেলিকেস প্রারম্ভিক প্রোটিনের সঙ্গে যুক্ত হওয়া



3) হেলিকেস DNA এর সঙ্গে যুক্ত হয় - 3H বন্ধনী খণ্ডন শুরু

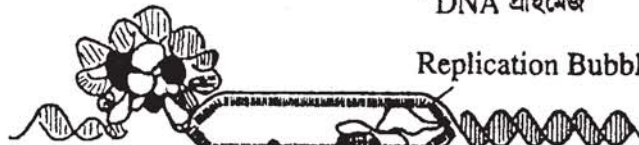


4) হেলিকেস DNA এর H- বন্ধনী ভাঙ্গার পর প্রাইমোজোম এই স্থানে যুক্ত হয়।



DNA প্রাইমোজ

Replication Bubble

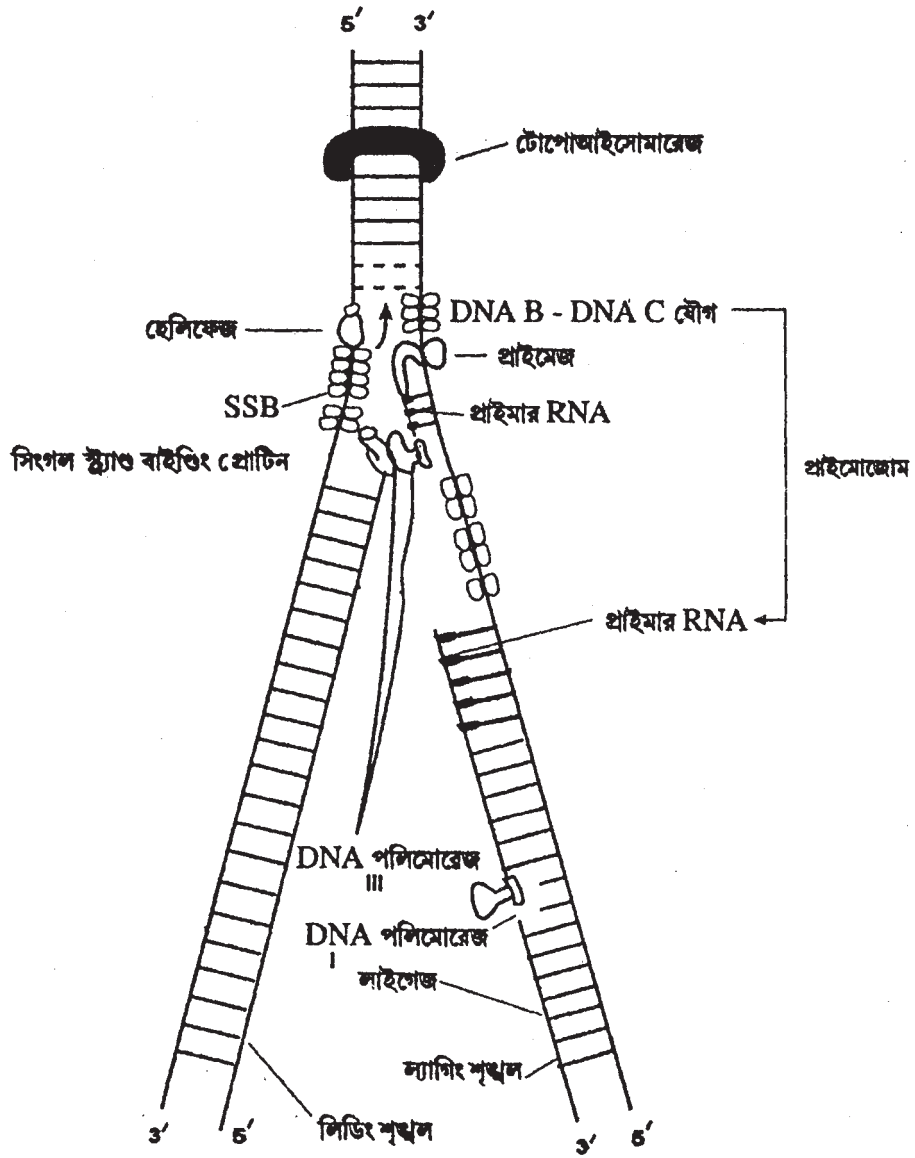


DNA পলিমারেজ

RNA প্রাইমার

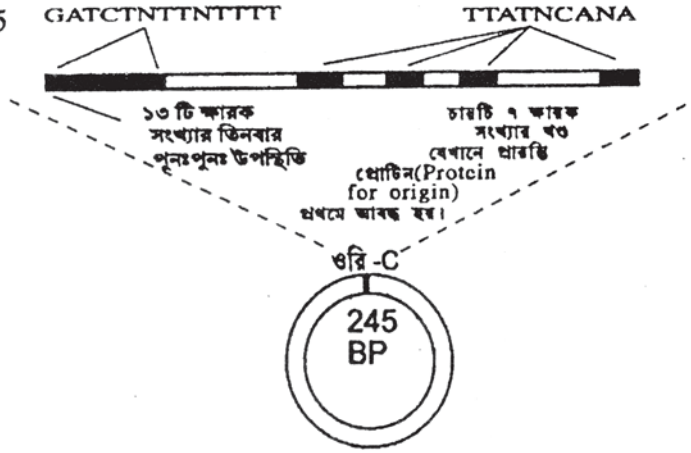
E.Coli এর ওরি-c অঞ্চলে DNA সংশ্লেষ আরম্ভের বিক্রিয়া দেখান হল।

চিত্র নং - 5.4



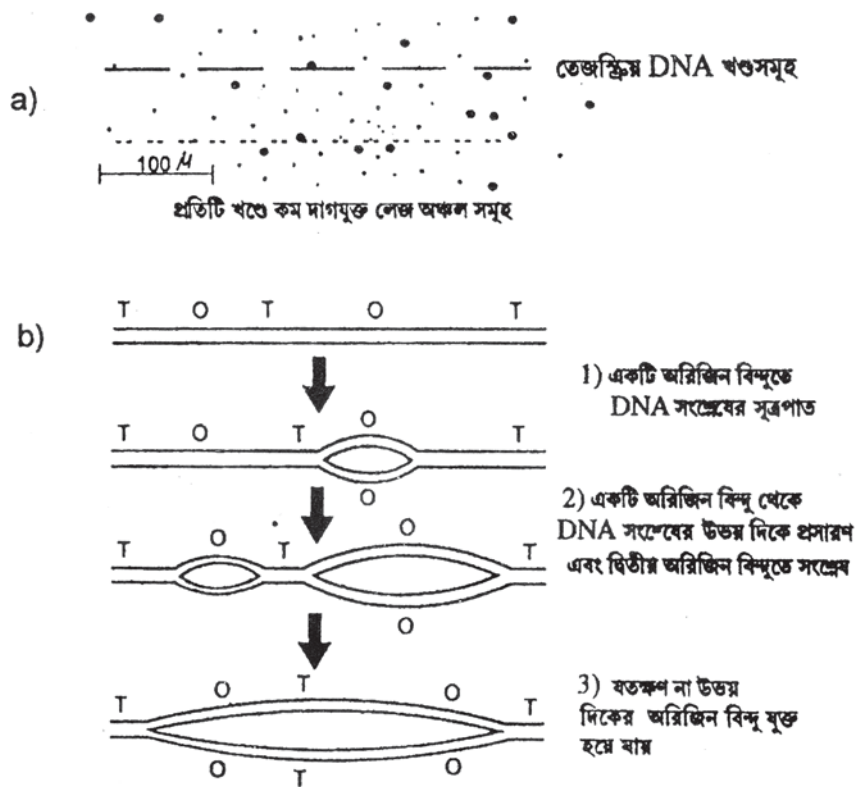
E.Coli DNA এ সংশ্লেষের ফর্ক মডেল দেখান হল।

চিত্র নং - 5.5



E. Coli ব্যাকটেরিয়ার ওরি C এর গঠন দেখান হল। E. Coli ক্রোমোজোম একটি রেপ্লিকন দ্বারা গঠিত।

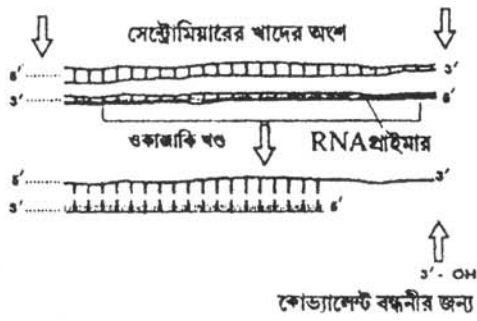
চিত্র নং - 5.6



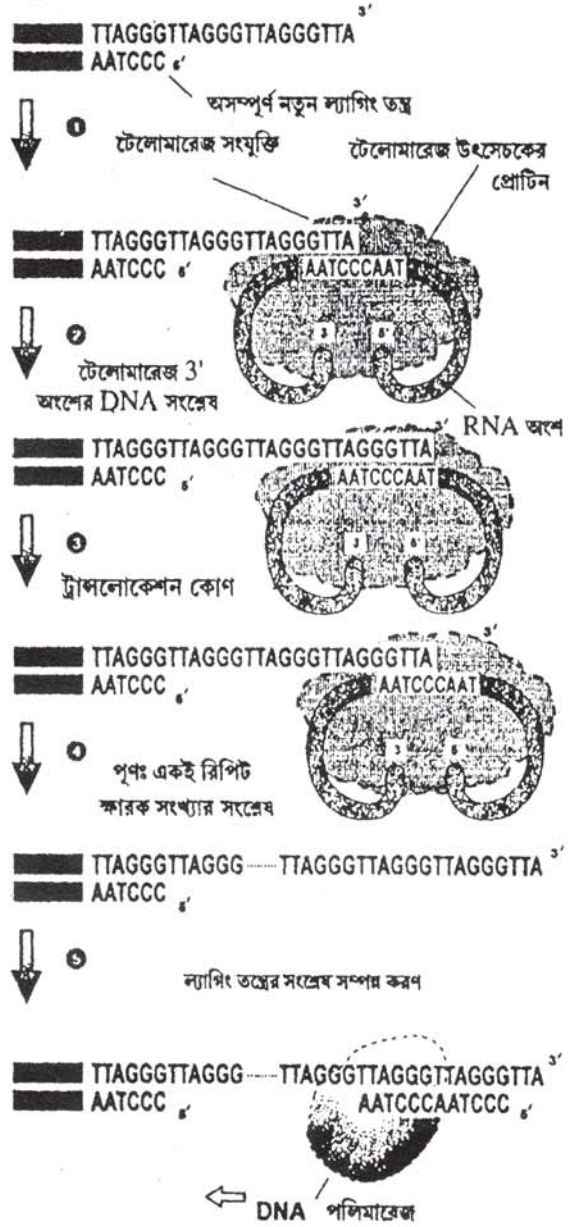
তেজস্ক্রিয় থাইসিডিন এর সাহায্যে মাইক্রোস্কোপে দৃশ্য উপরের DNA খণ্ডগুলির শুরু DNA সংশ্লেষে এর পর বৃদ্ধির ছবির সাহায্যে ব্যাখ্যা।

চিত্র নং - 5.6

6c

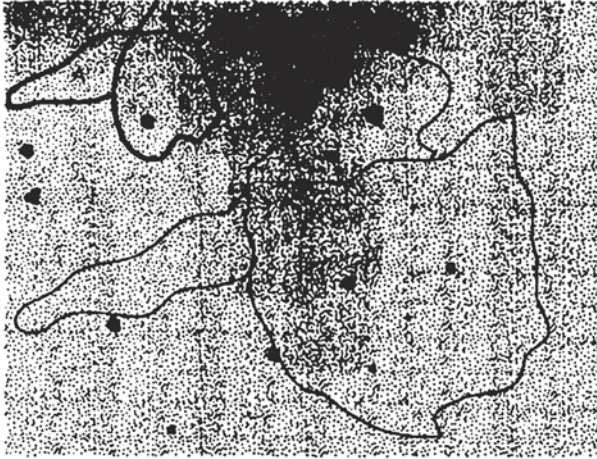


d



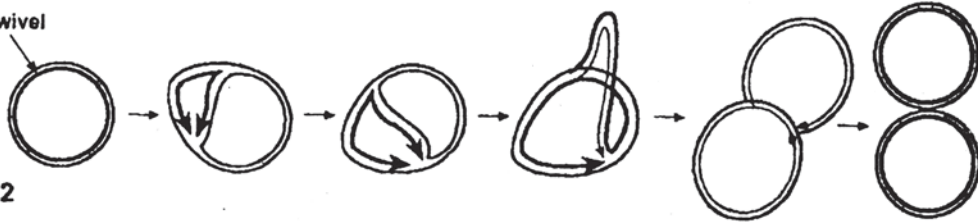
চিত্র নং - 5.7

a.1

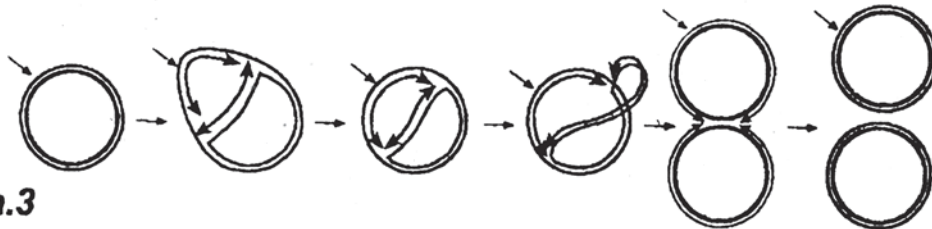


Swivel

a.2

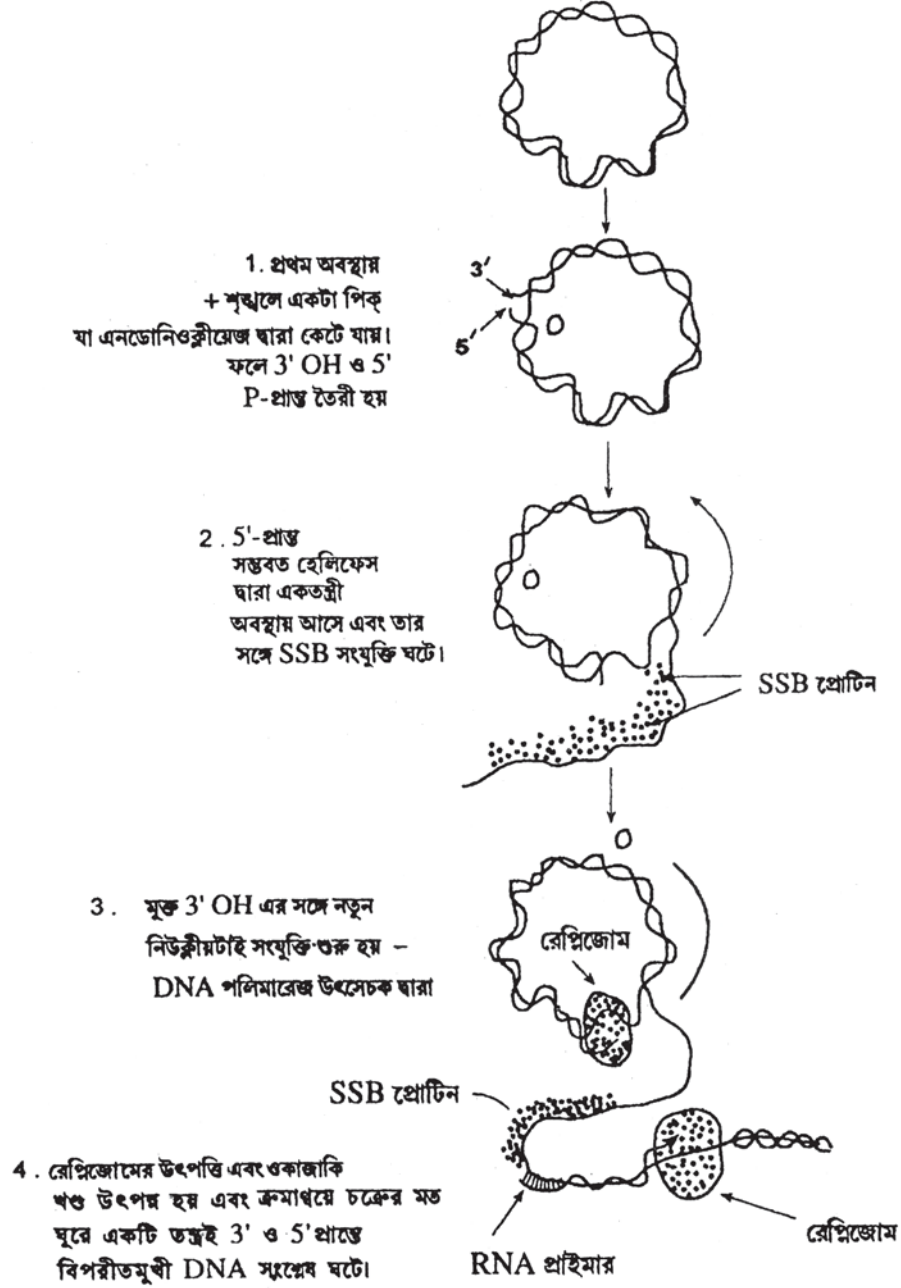


a.3

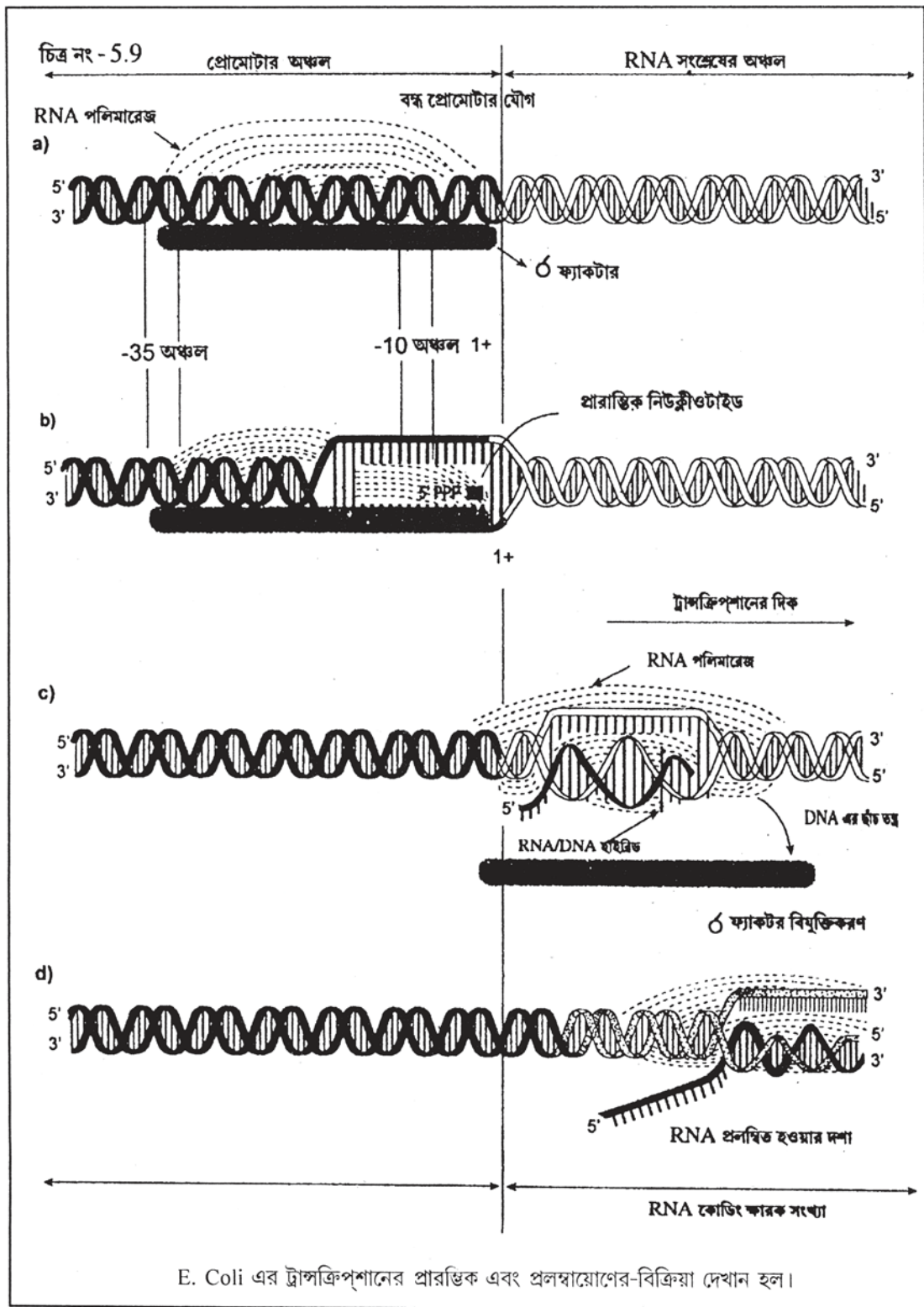


ব্যাকটেরিয়া E. Coli ক্রোমোজোমে DNA সংশ্লেষের মডেল দেখানো হল

চিত্র নং - 5.8



E. Coli কোষে কনজুগেশান পদ্ধতিতে DNA আদানপ্রদানের সময় Hfr-স্ট্রেন থেকে DNA-স্ট্রেনে যায় বোলিং সার্কেল মডেল অনুসারে DNA সংশ্লেষ দ্বারা



E. Coli এর ট্রান্সক্রিপশনের প্রারম্ভিক এবং প্রলম্বায়োনের-বিক্রিয়া দেখান হল।



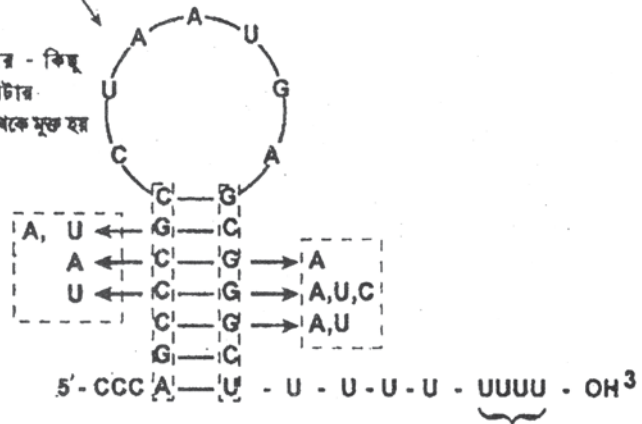
চিত্র নং - 5.10

5' - CCCAGCCCGCCCTAATGAGCGGGCTTTTTTTGAACAAAA - 3'  
 3' - GGGTCGGGCGGATTACTCGCCCGAAAAAACTTGTTTT - 5'  
 মাতৃ DNA

CCCAGCCCGCCUAAAUGAGCGGGCUUUUUUUUGAACAAAA

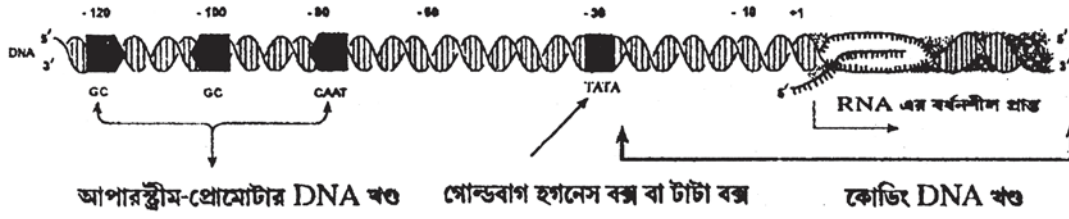
DNA থেকে সংশ্লেষিত RNA

বর্ধিত RNA শৃঙ্খলের প্রান্তিকরণ এবং শেষের - কিছু  
 ক্ষারক সংখ্যা - এইভাবে ভাঁজ হয়ে চুলের কাটার  
 আকৃতি ধারণ করে এবং RNA এই স্থানেই DNA থেকে মুক্ত হয়



রো ফ্যাক্টর (e) নির্ভরহীন ট্রান্সক্রিপশনের ক্ষেত্রে যে অতিরিক্ত RNA আরো ট্রান্সক্রিপশনে  
 করতে হয় ও তার চুলের কাটার আকৃতির প্রেক্ষাপটে RNA সংশ্লেষ বন্ধ হয়।

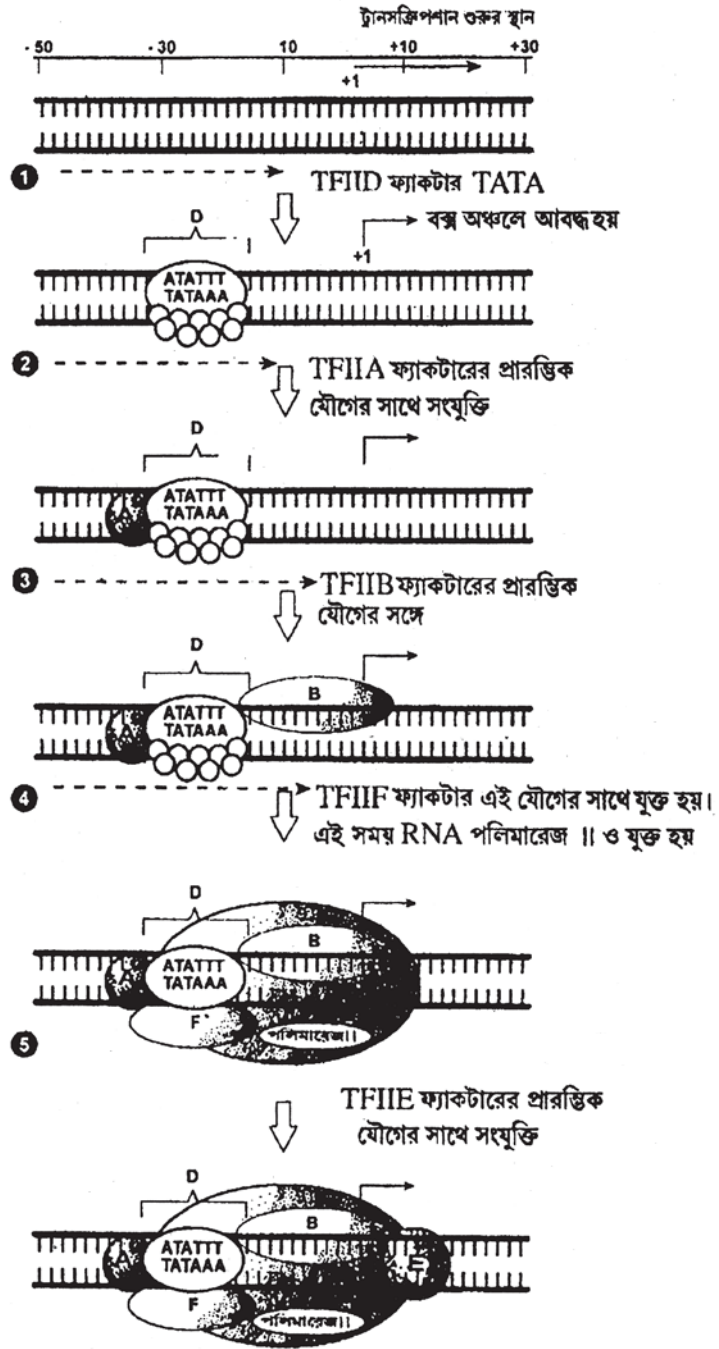
চিত্র নং - 5.11



ইউক্যারিওটিক কোষের m-RNA সংশ্লেষের মডেল দেওয়া হল।

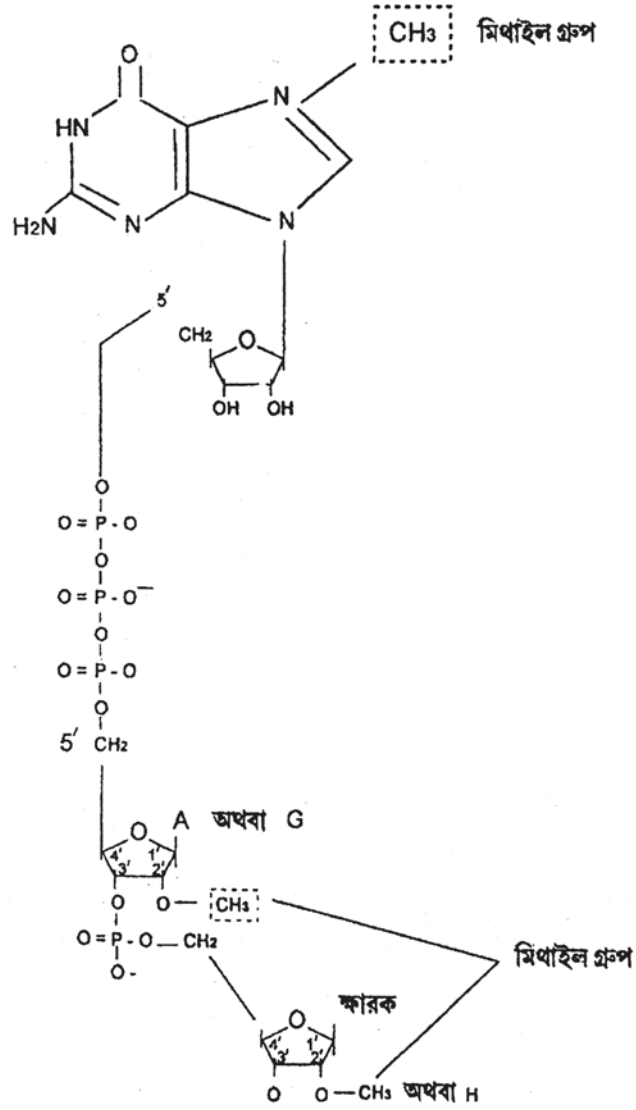
RNA পলিমারেজ II দ্বারা উৎপন্নকারী m-RNA এর প্রোমোটর অঞ্চলের বিভিন্ন কনসেনসাস ফ্যাকর সংখ্যার গঠন দেখান হল।

চিত্র নং - 5.12



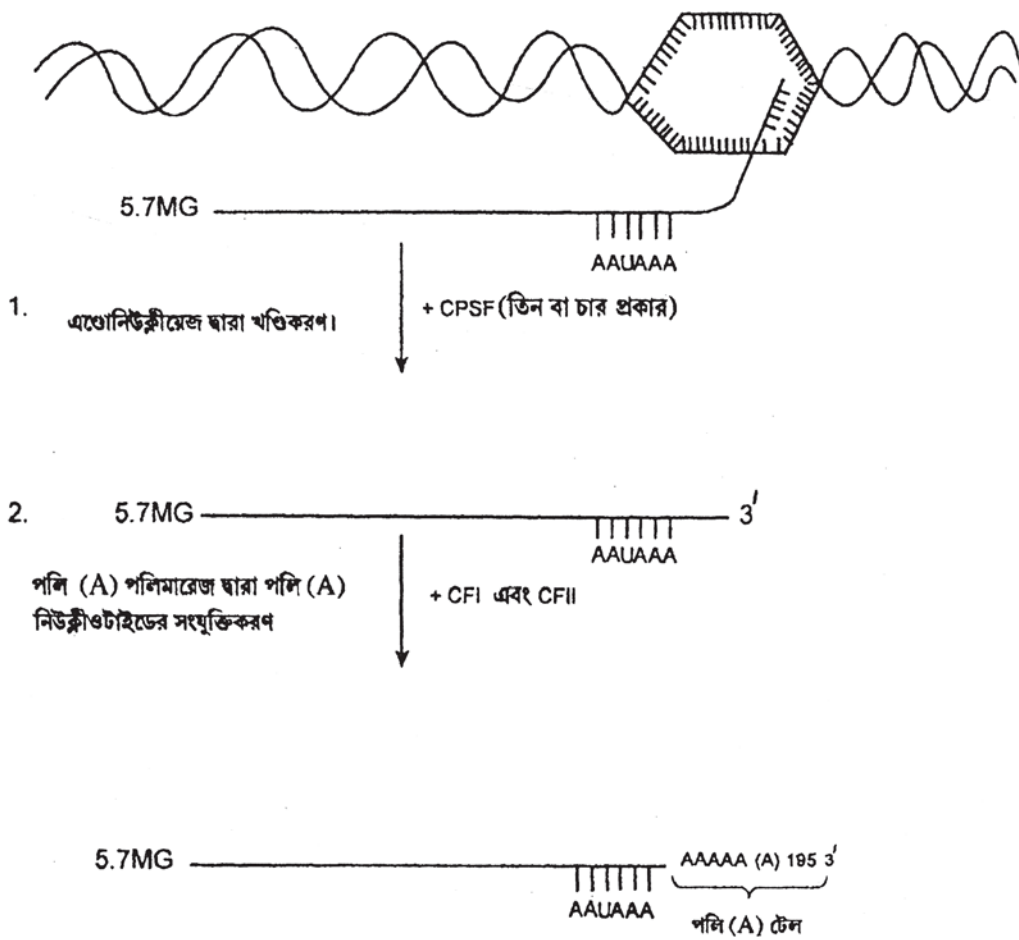
ইউক্যারিওটিক কোষের RNA বিশেষত : RNA পলিমারেজ II দ্বারা সংশ্লেষিত RNA উৎপাদনের প্রারম্ভিক বিক্রিয়া দেখান হল

চিত্র নং - 5.13



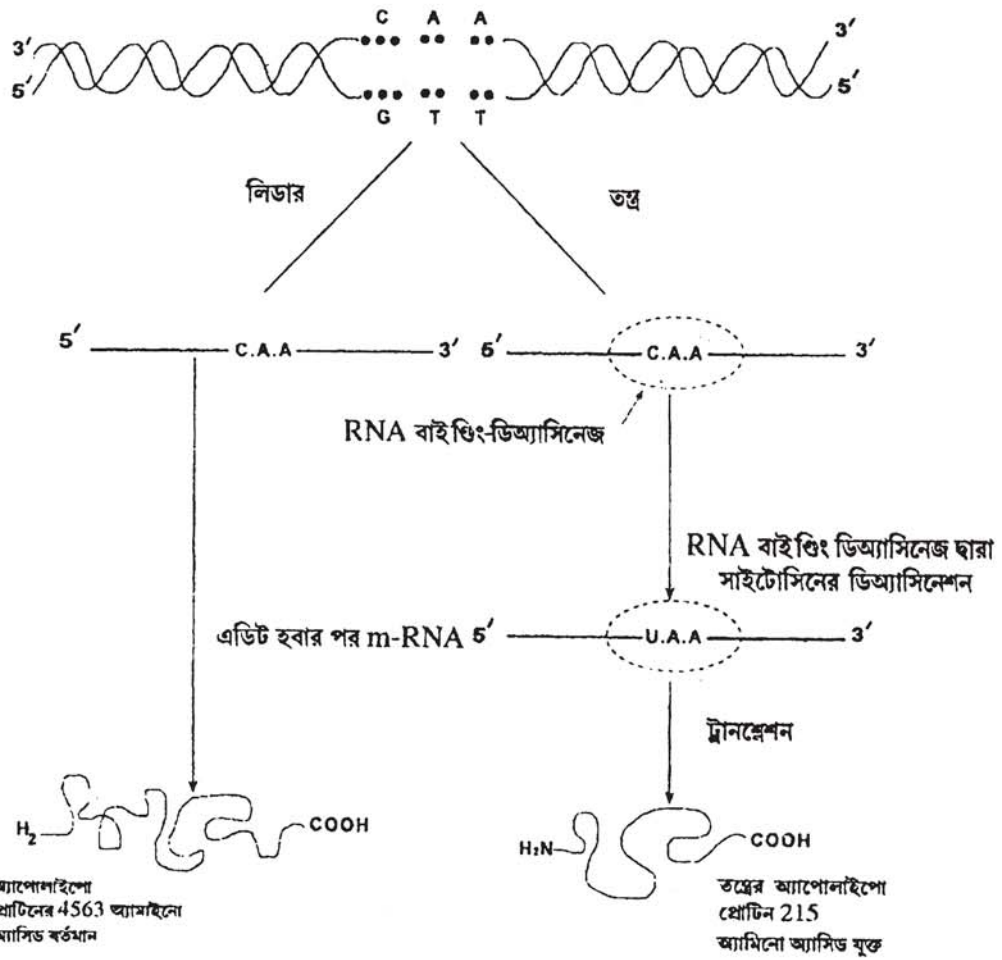
5'—5' গুয়ানিন ক্যাপিং এবং পরবর্তী দুটি স্থানে মিথাইল গ্রুপ সংযোজন দেখান হল  
ইউক্যারিওটিক m-RNA সংশ্লেষ চলাকালে এই বিক্রিয়া ঘটে।

চিত্র নং - 5.14



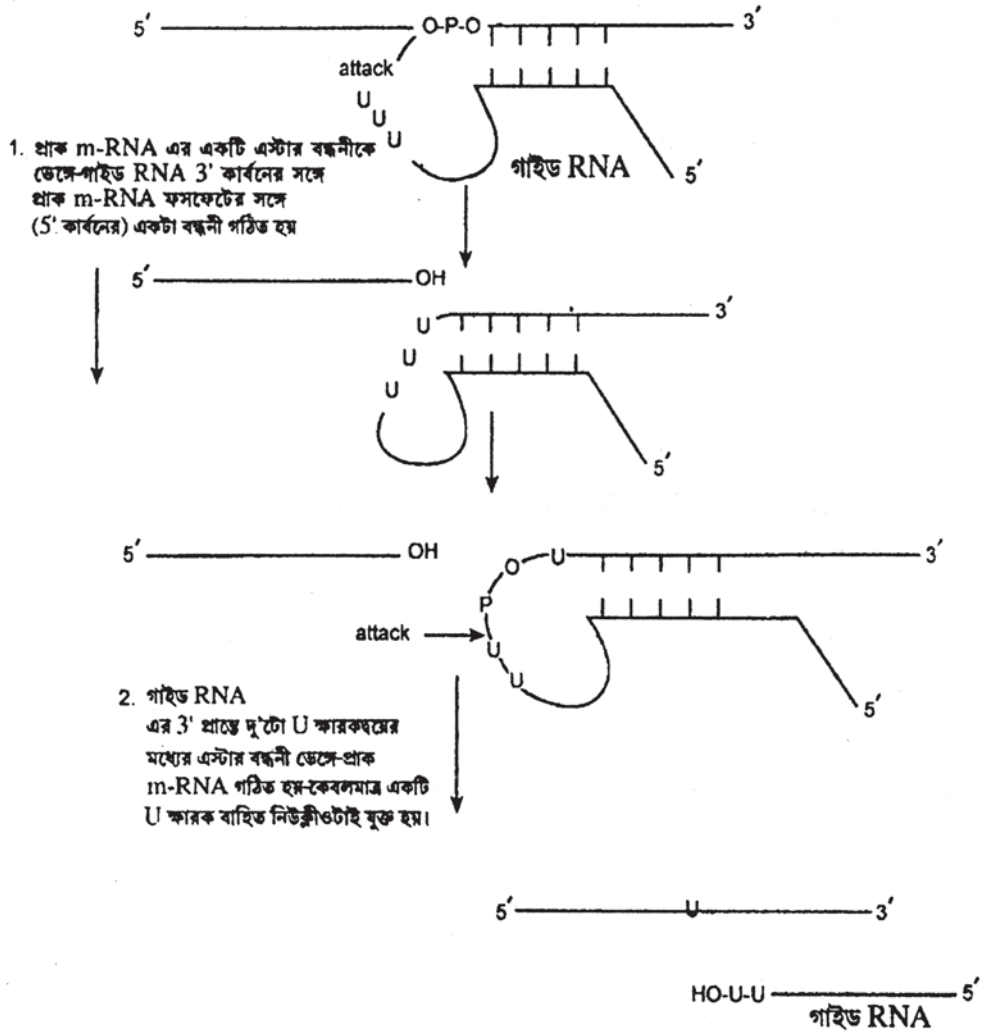
প্রাক m-RNA সংশ্লেষ শেষ হলেই পলি (A) টেল সংযুক্তি দেখান হল

চিত্র নং - 5.15



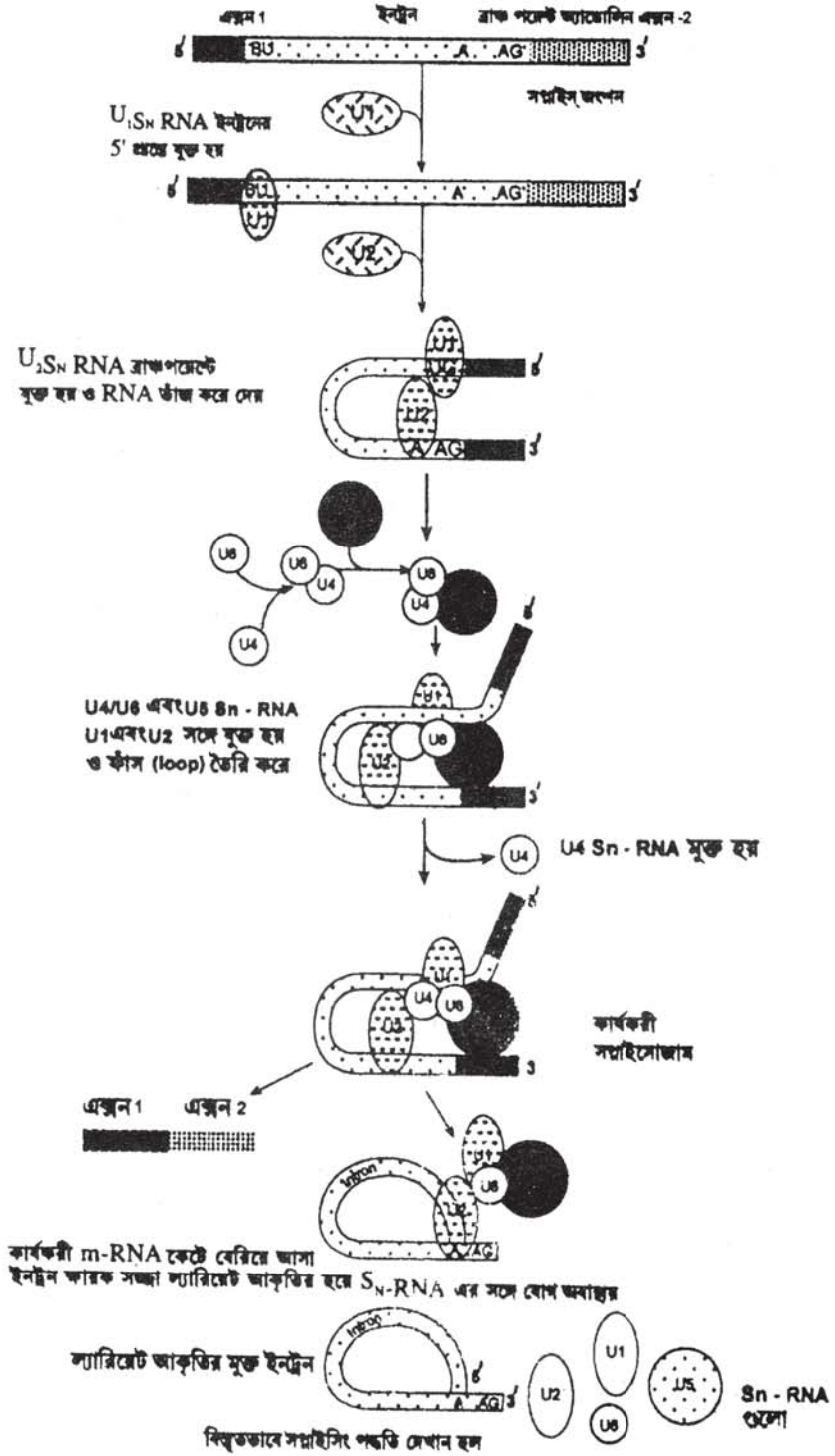
অ্যাপোলাইপো প্রোটিন B এর m-RNA তে যে সপ্লাইসিং হয় তা দেখান হল

চিত্র নং-5.16



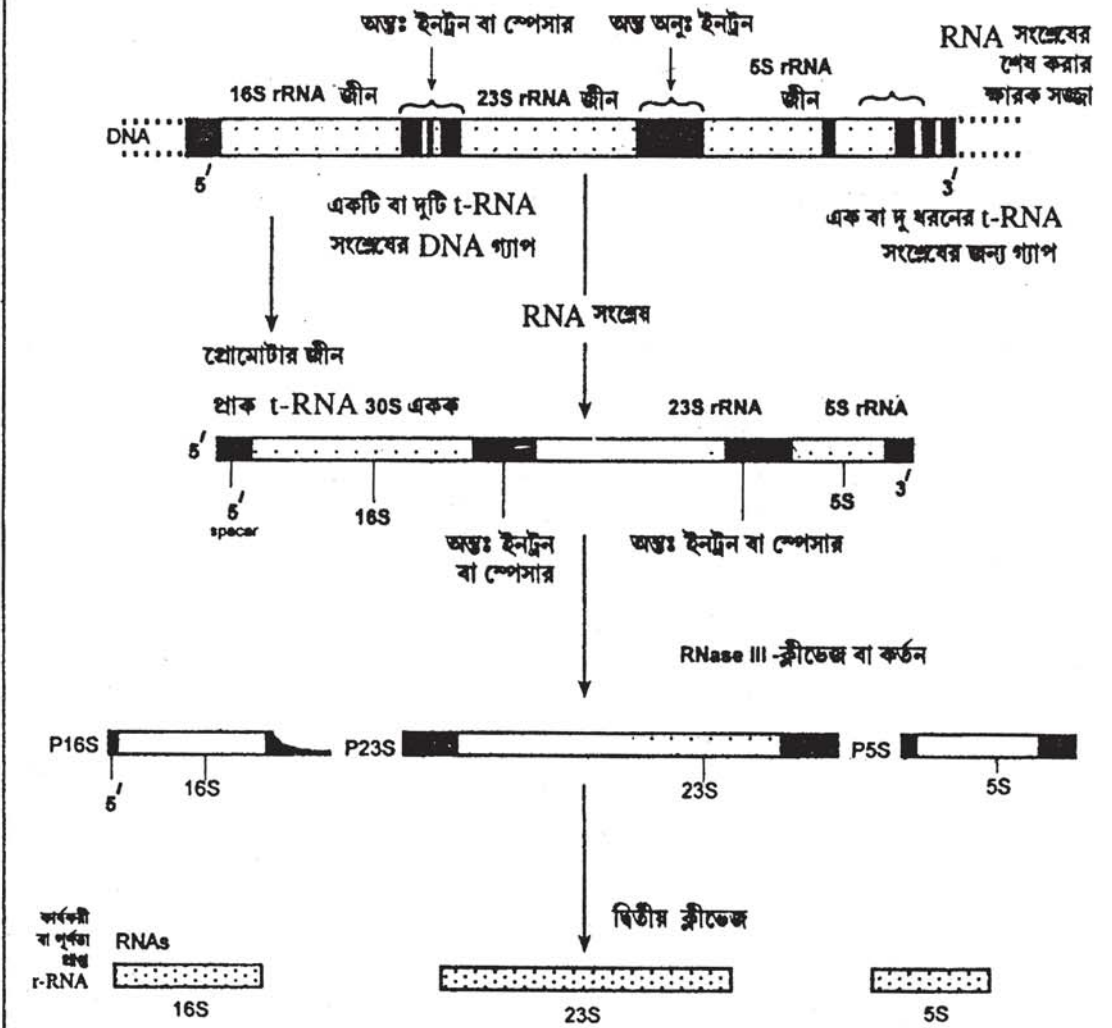
দু-ধাপ বিক্রিয়া দেখান হল যার সাহায্যে একটি U ক্ষারকযুক্ত মনোফসফেট-প্রাক m-RNA এর সঙ্গে যুক্ত হয়।

চিত্র নং - 5.17



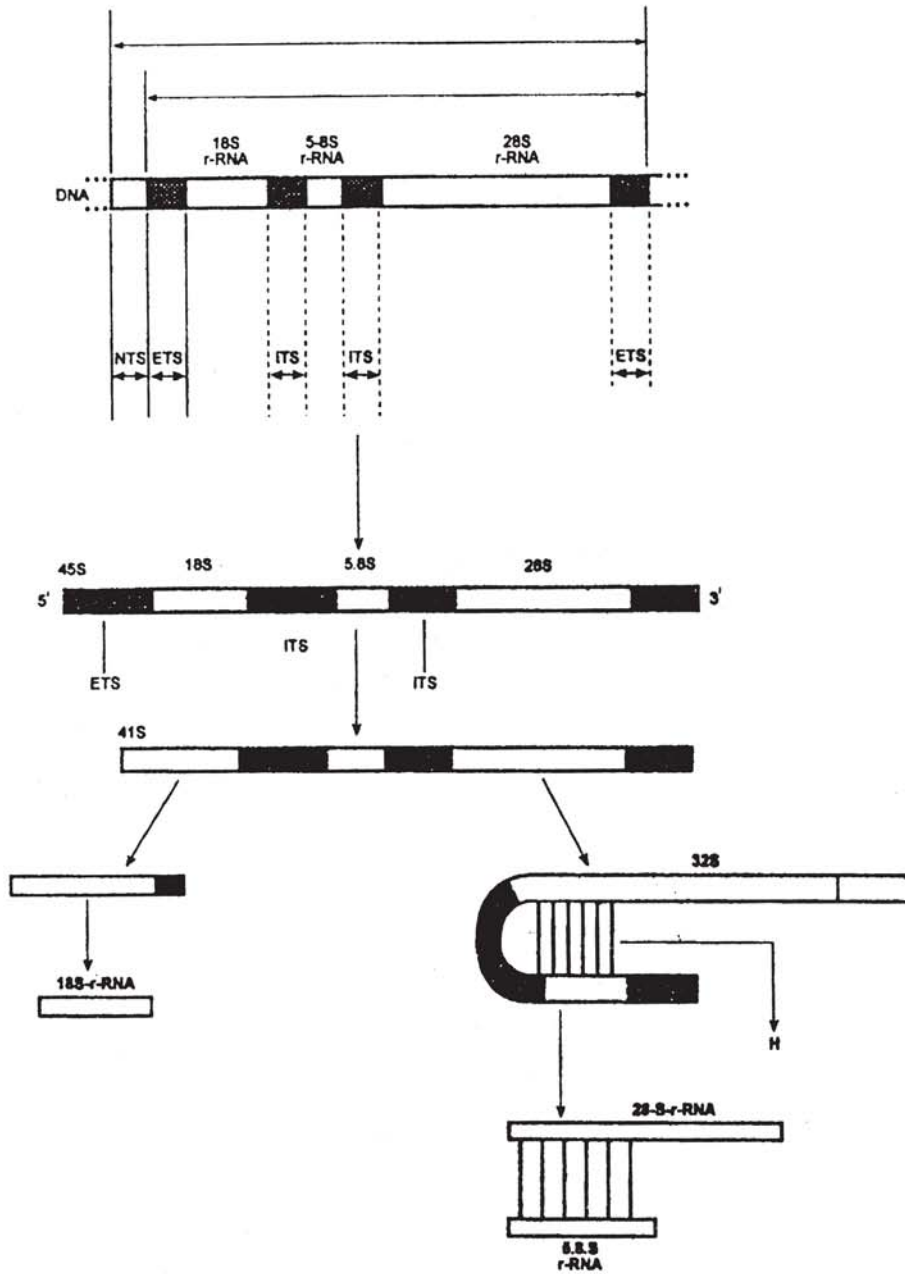


চিত্র নং - 5.19



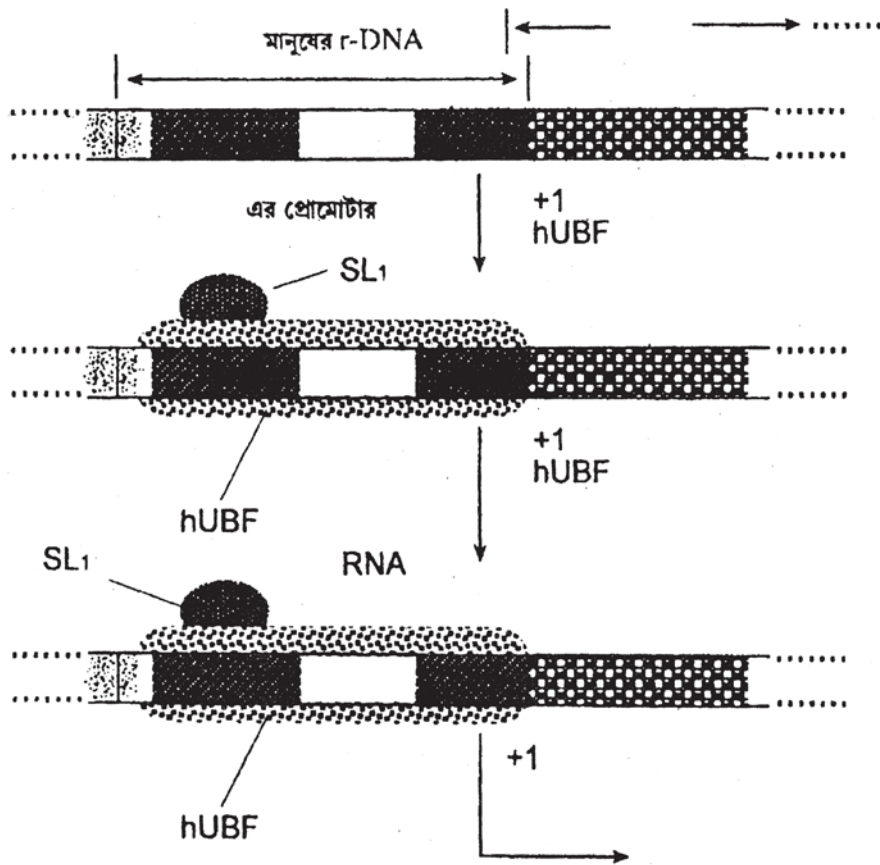
E-coli কোষে r-RNA সংশ্লেষ ও তার পূর্ণতাপ্রাপ্তির বিক্রিয়া দেখান হল

চিত্র নং - 5.21



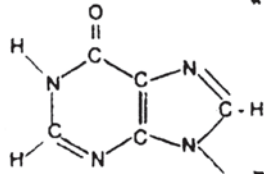
ইউক্যারিওটিক কোষে r-DNA থেকে r-RNA সংশ্লেষ ও তার সপ্লাইসিং পদ্ধতি দেখান হল

চিত্র নং - 5.22

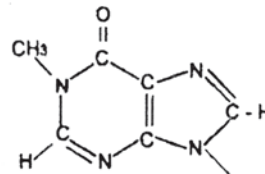


চিত্র নং - 5.23

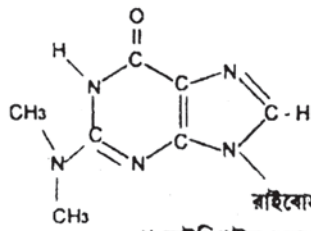
কিছু পরিবর্তিত কারক



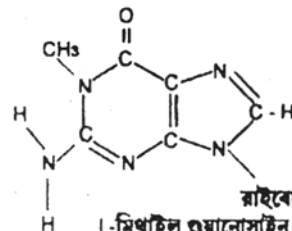
রাইবোজ  
আয়নসাইন (I)



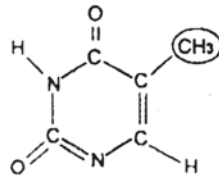
রাইবোজ  
1-মিথাইল আয়নসাইন (1Me)



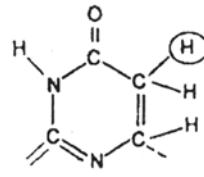
রাইবোজ  
N<sub>2</sub> ডাইমিথাইল গুয়ানোসাইন (GM02)



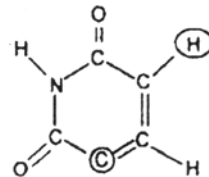
রাইবোজ  
1-মিথাইল গুয়ানোসাইন (OMe)



রাইবোজ  
রাইবোথাইমিডিন  
(T)

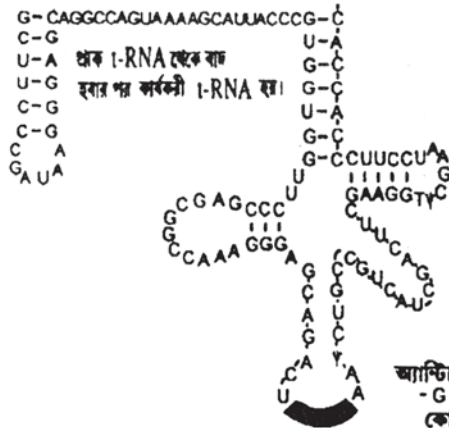


রাইবোজ  
ডাইহাইড্রো ইউরিডিন  
(D)



রাইবোজ  
সিউডো ইউরিডিন  
(Ψ)

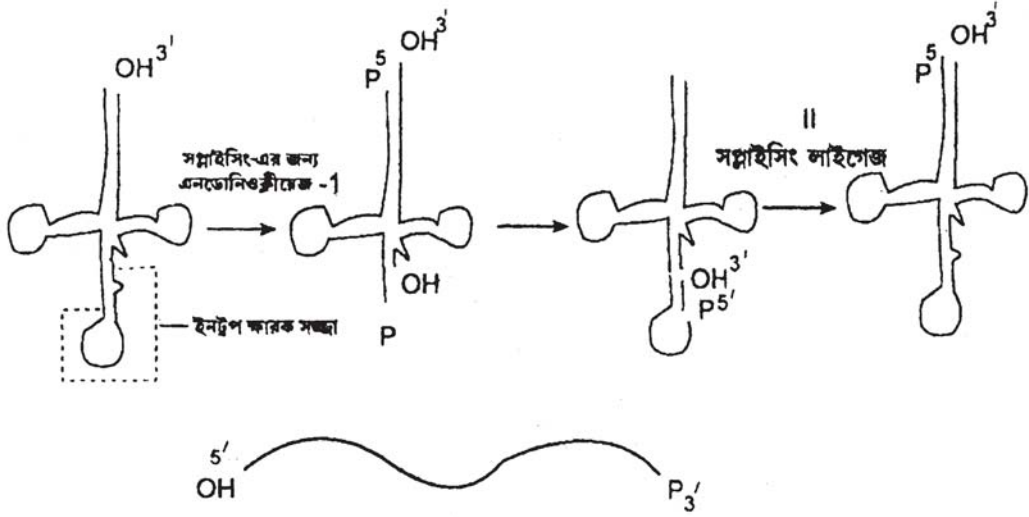
এই বন্ধন প্রাক t-RNA থেকে  
t-RNA হ্রাসের সময় বাদ যায়



অ্যান্টিকোডন শব্দ  
-G-A-T-  
কোড শব্দ

প্রাক t-RNA সংশ্লেষের পর একটি t-RNA তৈরীর জন্য বিক্রীয়াগুলির শেষে ক্লোভলিফ আকৃতির t-RNA দেখান হল

চিত্র নং - 5.24



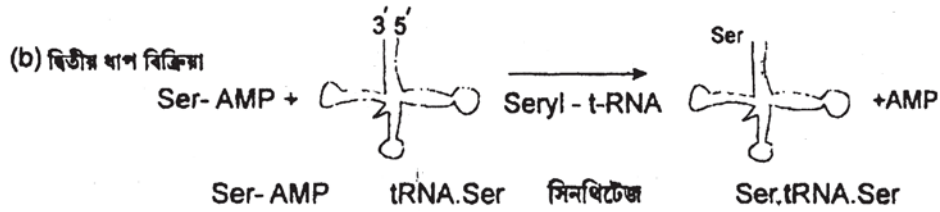
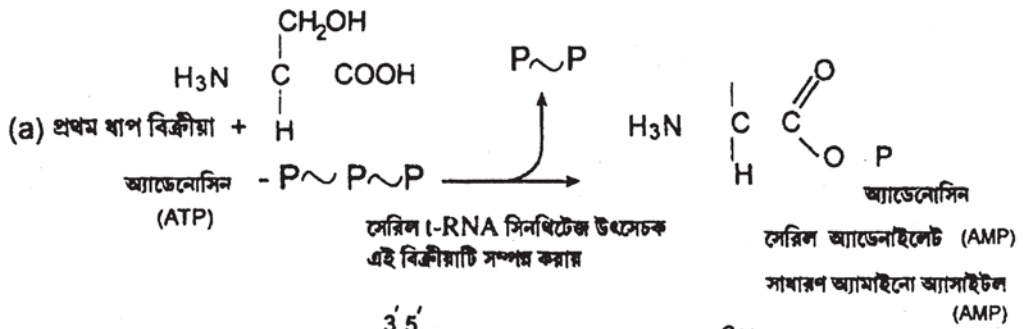
প্রাক t-RNA থেকে ইনট্রন বাদ দেওয়ার পদ্ধতি দেখান হল।

চিত্র নং - 5.26

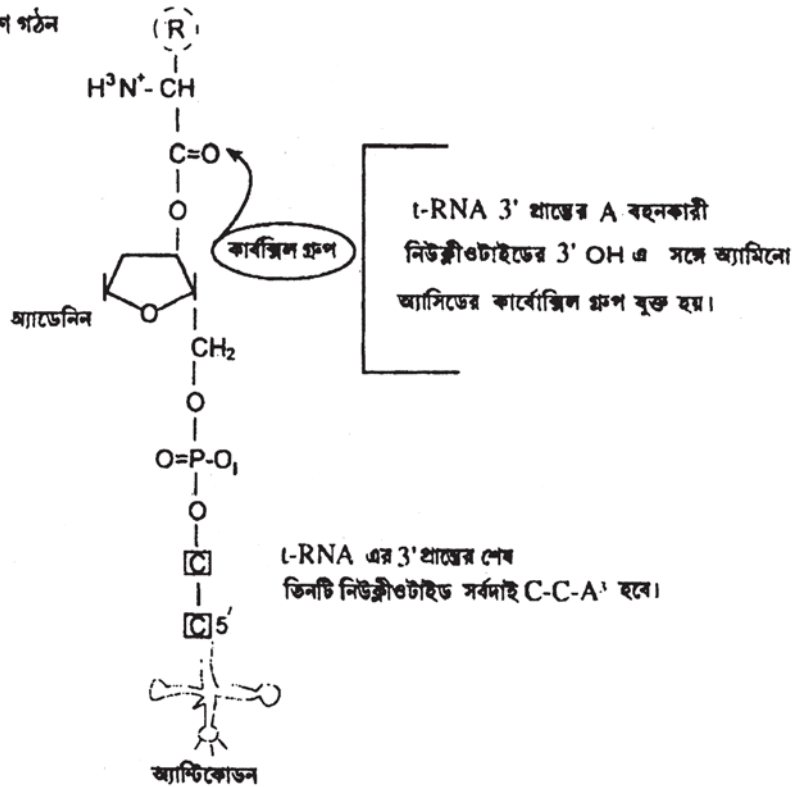
	U	C	A	G	
U	UUU Phe (F) UUC Leu (L) UUA UUG	UCU Ser (S) UCC UCA UCG	UAU Tyr (Y) UAC <b>UAA Stop</b> <b>UAG Stop</b>	UGU Cys (C) UGC <b>UGA Stop</b> UGG Trp (W)	U C A G
C	CUU Leu (L) CUC CUA CUG	CCU Pro (P) CCC CCA CCG	CAU His (H) CAC CAA Gln (Q) CAG	CGU Arg (R) CGC CGA CGG	U C A G
A	AUU Ile (I) AUC Mel (M) AUA AUG	ACU Thr (T) ACC ACA ACG	AAU Asn (N) AAC AAA Lys (K) AAG	AGU Ser (S) AGC AGA Arg (R) AGG	U C A G
G	GUU Val (V) GUC GUA GUG	GCU Ala (A) GCC GCA GCG	GAU Asp (A) GAC GAA Glu (E) GAG	GGU Gly (G) GGC GGA GGG	U C A G

জেনেটিক কোড ডিকশানরি দেওয়া হল

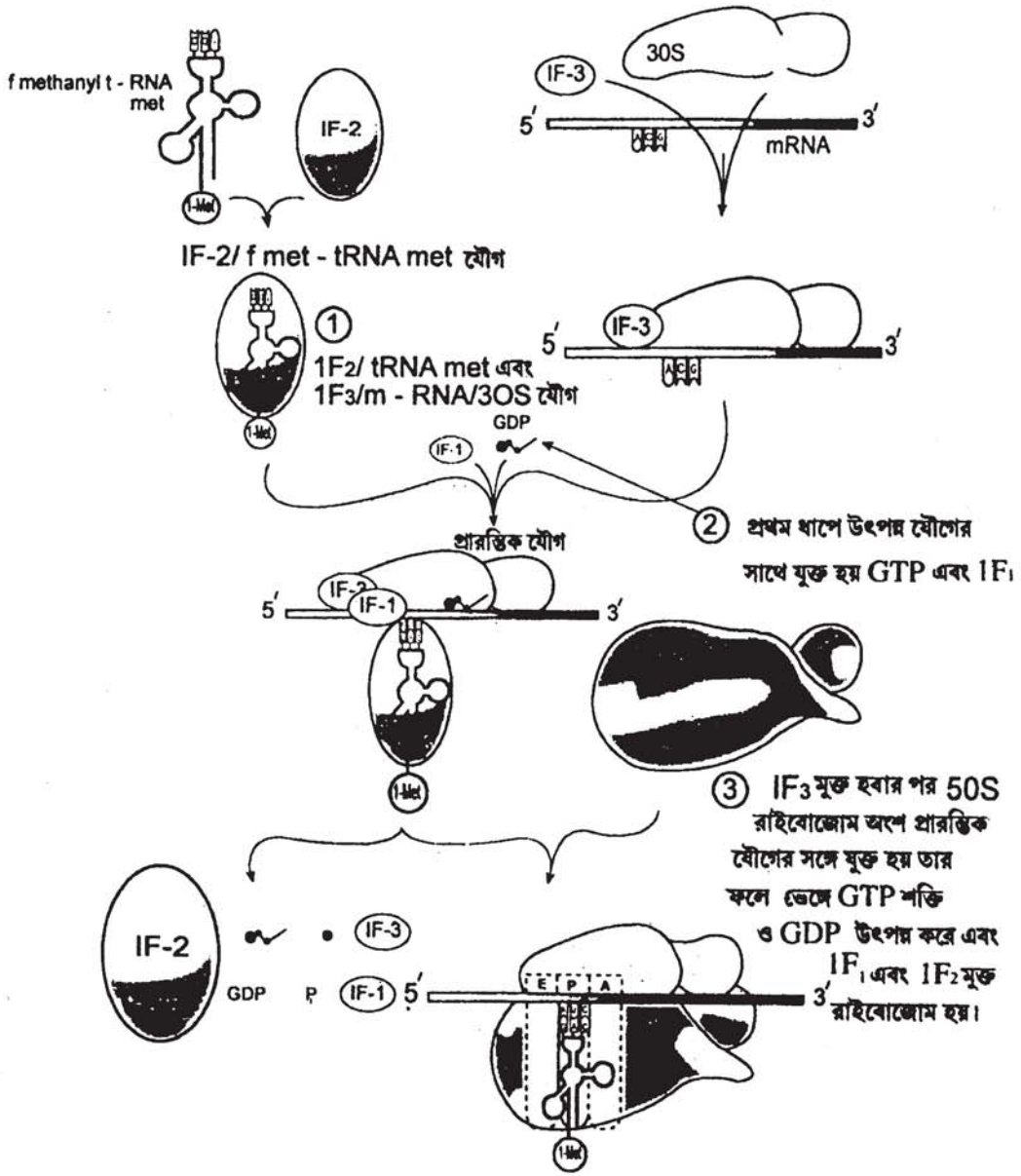
চিত্র নং - 5.27



(c) সাধারণ গঠন



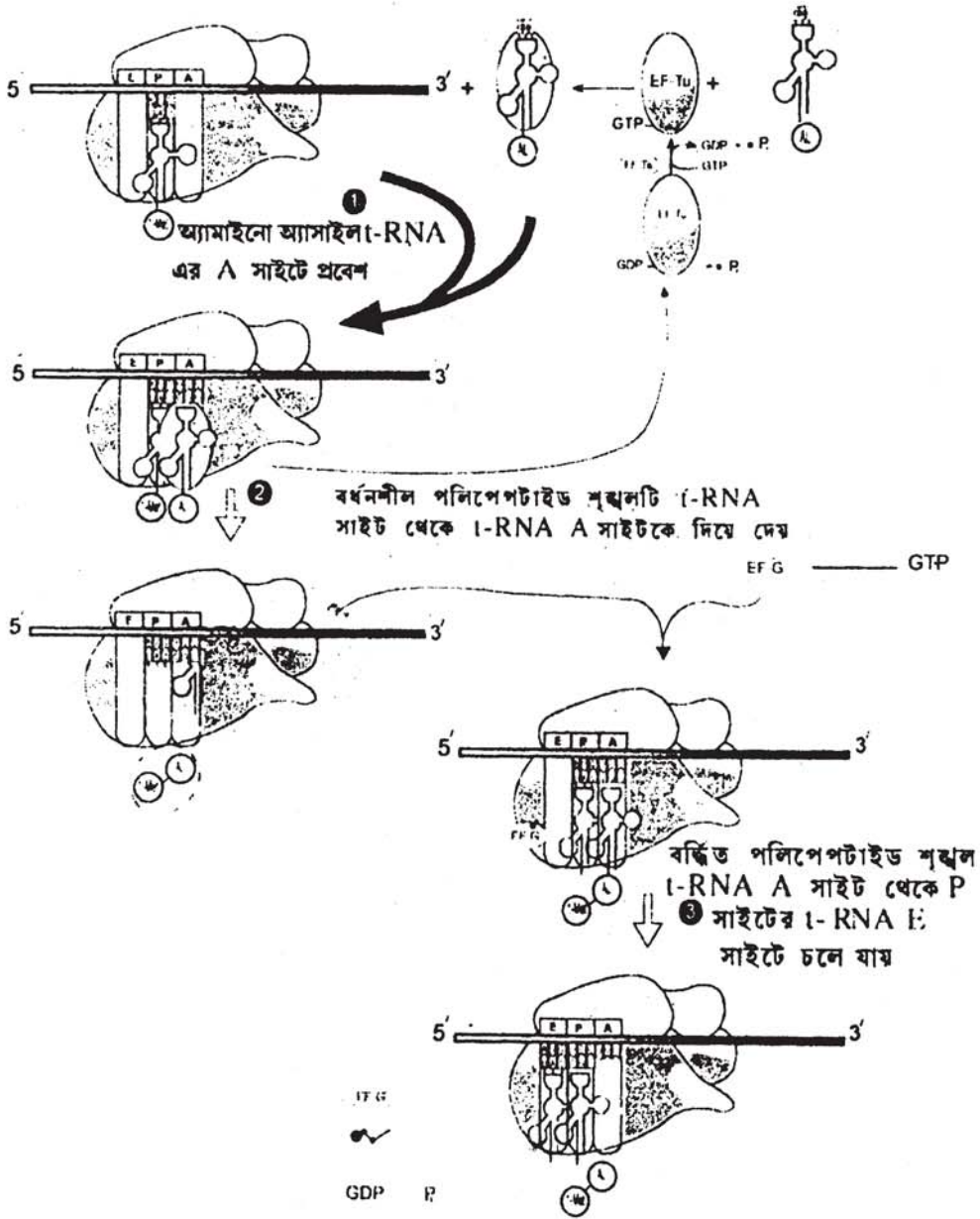
চিত্র নং - 5.28



E-coli কোষে প্রোটিন সংশ্লেষের প্রারম্ভিক বিক্রিয়া দেখান হল।

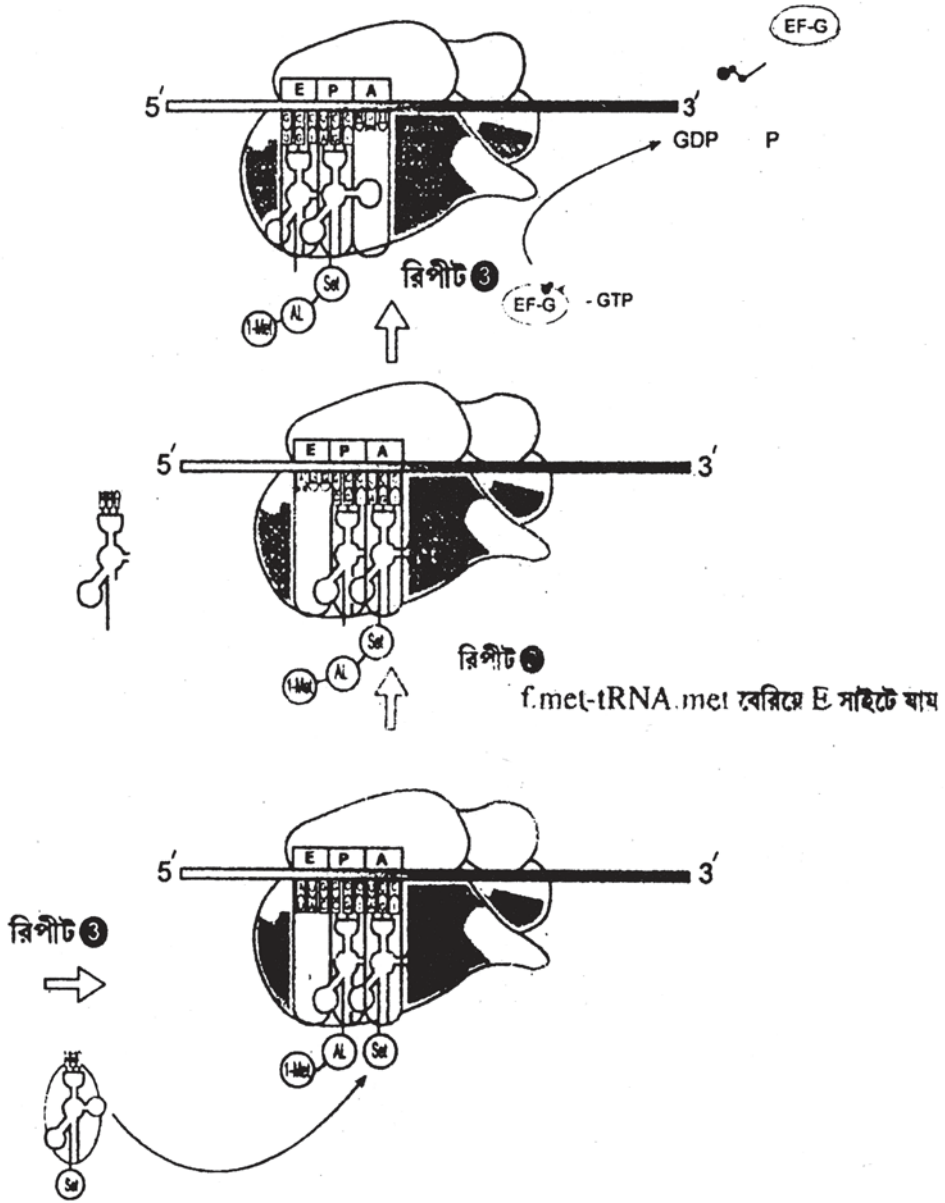


চিত্র নং - 5.29



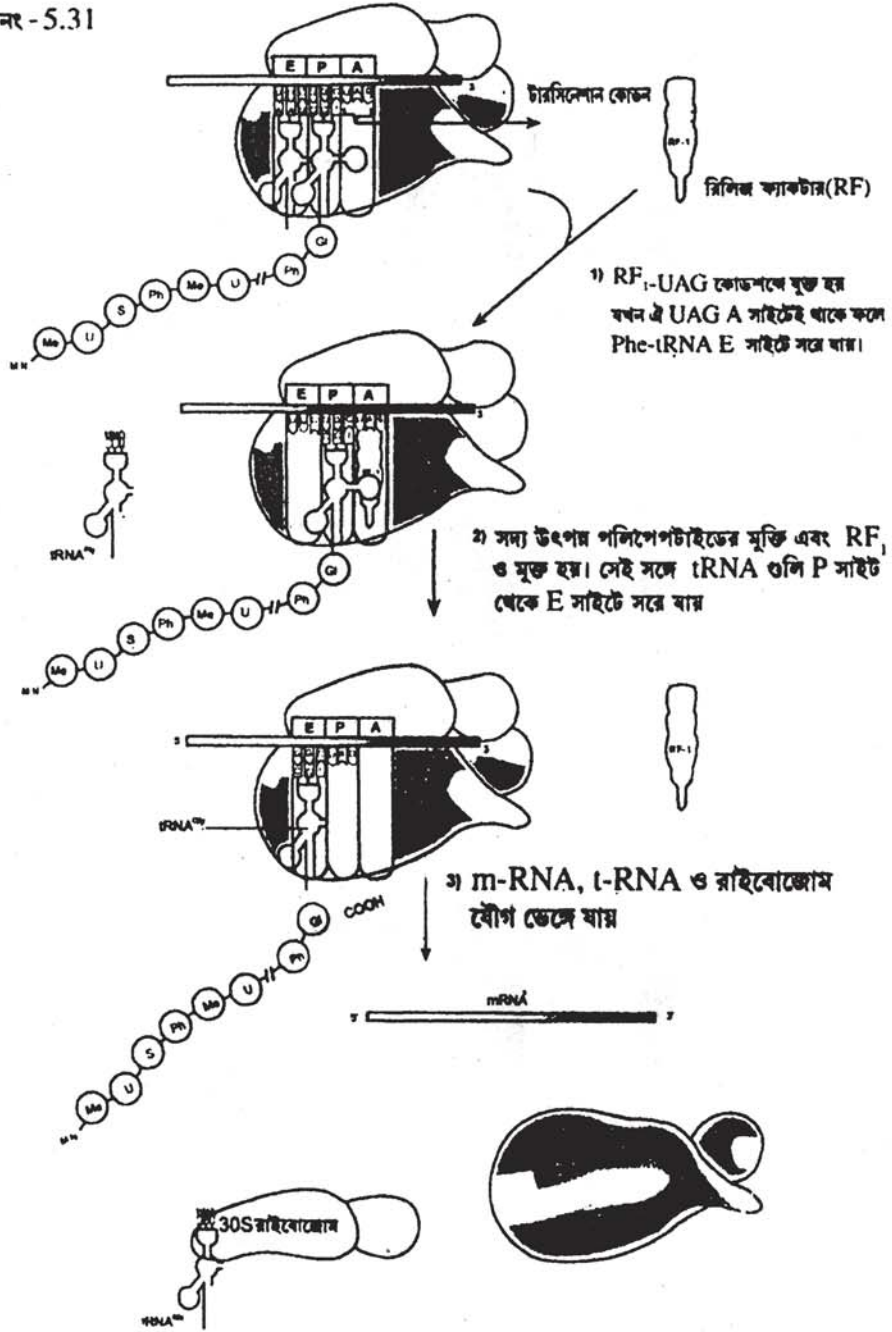
পলিপেপটাইডের শৃঙ্খল বৃদ্ধির দশা দেখান হল

চিত্র নং- 5.30



প্রোটিন সংশ্লেষের-পলিপেপটাইড শৃঙ্খল বর্ধনের বিক্রিয়া দেখান হল।

চিত্র নং - 5.31



E-Coli কোষে পলিপেপটাইড-রাইবোজোম থেকে মুক্ত হওয়ার বিক্রিয়া দেখান হল।

---

## একক 6 □ মানুষে অটোজোম ও যৌনক্রোমোজোমস্থিত জিনের উত্তরাধিকার

---

গঠন

- 6.1 প্রস্তাবনা  
উদ্দেশ্য
- 6.2 মানুষের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যের জিন ও তাদের প্রকাশভঙ্গী
- 6.3 মানুষের ক্রোমোজোম ও তার প্রকারভেদ
- 6.4 মানুষের জিনের উত্তরাধিকার বিশ্লেষণ পদ্ধতি
- 6.5 অটোজোমে অবস্থিত জিনের উত্তরলঙ্কী নীতি  
অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের উত্তরাধিকার  
অ্যালবিনিজম বা ধবল রোগ  
সিস্টিক ফাইব্রোসিস  
অটোজোমস্থিত প্রকটধর্মী জিনের উত্তরাধিকার  
অটোজোমস্থিত সহপ্রকটধর্মী জিনের উত্তরাধিকার  
MN রক্তশ্রেণী  
কাস্টে কোষ রক্তাঙ্গতা বা সিকল সেল অ্যানিমিয়া
- 6.6 X-ক্রোমোজোমে অবস্থিত জিনের উত্তরলঙ্কী নীতি  
X-ক্রোমোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের উত্তরাধিকার  
হিমোফিলিয়া  
X-ক্রোমোজোমস্থিত প্রকটধর্মী জিনের উত্তরাধিকার
- 6.7 Y-ক্রোমোজোমে অবস্থিত জিনের উত্তরলঙ্কী নীতি
- 6.8 লিঙ্গ নির্ভর চরিত্র  
লিঙ্গসীমাবদ্ধ চরিত্র  
লিঙ্গ দ্বারা প্রভাবিত চরিত্র
- 6.9 সারাংশ
- 6.10 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী
- 6.11 উত্তরমালা

---

## 6.1 প্রস্তাবনা

---

বংশানুক্রমে কেমনভাবে চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যের সঞ্চারণ ঘটে সে সম্পর্কে মানুষের আগ্রহ অনেক দিনের। বিদ্বান বা পণ্ডিত ব্যক্তির পুত্র বা কন্যা পণ্ডিত হবে এমনটি প্রায় সত্য বলে বিবেচিত হয়। কোন কারণে সেরকমটি না হলে তাকে ব্যতিক্রম বলে মনে করা হয়। অর্থাৎ আমরা যে যে চরিত্র, যেমন গুণ বা বদগুণ বহন করি সেগুলি উত্তরাধিকারের পরিণতি বলেই ধরা হয়। মেণ্ডেলের বংশগতিসূত্রগুলি প্রতিষ্ঠিত হওয়ার পরে পরে মানুষসহ বহু প্রাণীর ও উদ্ভিদের উপর সমীক্ষা চালিয়ে দেখা গেছে জীবদের বংশগত চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যগুলি নির্দিষ্ট নীতি মেনে চলে। মানুষের সকল চরিত্রকে মোটামুটি দুটি শ্রেণীভুক্ত করা যায় যেমন অটোজোম জনিত চরিত্র ও সেক্স ক্রোমোজোম জনিত চরিত্র। অটোজোমজনিত চরিত্র ও সেক্সক্রোমোজোমজনিত চরিত্রের উত্তরাধিকারে স্পষ্ট তফাৎ লক্ষ্য করা যায় বলে কোন বিশেষ চরিত্রের ক্রোমোজোমগত অবস্থান উপলব্ধি করতে অসুবিধা হয় না। কোন বিশেষ চরিত্রের বংশানুক্রমে প্রকাশভঙ্গী বিশ্লেষণ করলে চরিত্রটি কেমন ভাবে ও কেমন নীতি মেনে সঞ্চারিত হয় তা জানা যায়। বংশগতি বিজ্ঞানে বিশেষ বিশেষ চরিত্রের গতি প্রকৃতি, সঞ্চারণ নীতি ও প্রকাশভঙ্গী নিয়ে আলোচনা এক গুরুত্বপূর্ণ অধ্যায় হয়ে দাঁড়িয়েছে। বিভিন্ন অটোজোমস্থিত ও সেক্সক্রোমোস্থিত জিনগুলির উত্তরাধিকার বিশ্লেষণ করে জিন জনিত বিভিন্ন ত্রুটি বা রোগের প্রকাশভঙ্গী কেমন তা বিস্তারিতভাবে জানা সম্ভব। কোনো পরিবারের ভবিষ্যত প্রজন্মে এই ত্রুটিপূর্ণ জিনের প্রবাহের হার কিরূপ হতে পারে বা কিভাবে এর প্রভাব থেকে পরবর্তী জনকে মুক্ত করা যায় তা চিকিৎসাবিজ্ঞানে জিনগত পরামর্শদাতা (Genetic Counselling) নামে একটি অধ্যায়ের সূচনা করেছে।

### উদ্দেশ্য

এই অধ্যায়টি পড়লে আপনারা যে যে বিষয়ে ধারণা লাভ করবেন সেগুলি হল :—

- মানুষের কোন্ কোন্ বৈশিষ্ট্য অটোজোমস্থিত জিন দ্বারা নির্ধারিত।
- মানুষের কোন্ কোন্ বৈশিষ্ট্য সেক্সক্রোমোজোমস্থিত জিন দ্বারা নির্ধারিত।
- কোন চরিত্রের প্রকাশভঙ্গী কেমন।
- অটোজোম ও সেক্সক্রোমোজোমস্থিত জিনগুলি কেমন নীতি মেনে বংশ পরম্পরায় সঞ্চারিত হয়।
- বংশতালিকা কেমনভাবে বিশ্লেষণ করা হয়।
- কোন্ চরিত্র কেবল পুরুষেই সীমাবদ্ধ থাকে।
- কি কারণে কোন কোন চরিত্র কেবল পুরুষেই বেশী প্রকাশ পায়।

---

## 6.2 মানুষের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যের জিন ও তাদের প্রকাশভঙ্গী :

---

মানুষের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যের জন্য দায়ী জিনগুলি প্রকাশভঙ্গীর দিক দিয়ে পৃথক পৃথক হতে পারে। প্রকাশভঙ্গীর দিক দিয়ে মোটামুটি তিন ধরনের জিন দেখা যায়, যেমন প্রকটধর্মী জিন, প্রচ্ছন্নধর্মী জিন ও সহ প্রকটধর্মী জিন। প্রকটধর্মী জিনের ক্রিয়ায় যে চরিত্র প্রকাশ পায় তাকে বলা হয় প্রকট বৈশিষ্ট্য। একটি প্রকটধর্মী জিন সিউটেশন বা পরিব্যক্তির ফলে একটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিন কিংবা সহপ্রকটধর্মী জিনে রূপান্তরিত হতে পারে। একই জিনের এমন পরিবর্তিত রূপকে বলা হয় অ্যালীল। বিভিন্ন অ্যালীল বিশেষ কোন চরিত্রের বিপরীত বৈশিষ্ট্যগুলির প্রকাশ ঘটাতে সক্ষম। প্রকটধর্মী জিন উহার প্রচ্ছন্নধর্মী অ্যালীলের প্রকাশে বাধা দেয়। প্রচ্ছন্নধর্মী জিন যে বৈশিষ্ট্যের প্রকাশ ঘটায়

তাকে বলে প্রচ্ছন্ন বৈশিষ্ট্য। আবার যদি দুটি অ্যালীল সহপ্রকটধর্মী হয় তবে উভয় অ্যালীলের সমান প্রকাশ ক্ষমতা থাকে। এমন দুটি অ্যালীল একসাথে কোন প্রাণীতে থাকলে, উভয় জিনের প্রকাশ বা মিশ্রিত ফল দেখা যায়।

জিন তথা তার অ্যালীলগুলির প্রকাশভঙ্গী আবার তাদের বিশেষ সমন্বয়ের উপর নির্ভর করে। বেশীর ভাগ ক্ষেত্রে ডিপ্লয়েড প্রাণীতে যেমন মানুষের তিন প্রকার জিন বা অ্যালীল সমন্বয় দেখা যেতে পারে যেমন, হোমোজাইগাস, হেটেরোজাইগাস ও হেমিজাইগাস অবস্থা। মানুষের প্রতিটি দেহকোষে 23 জোড়া বা 46 টি ক্রোমোজোম থাকে এর মধ্যে 23 রকমের ক্রোমোজোম জোড়ায় জোড়ায় থাকে। মানুষের সকল রকম জিন এই 23 রকম ক্রোমোজোমের মধ্যে ছড়ানো থাকে। অর্থাৎ যে কোন জিন বা তার অ্যালীলের কথা ধরলে তারা প্রতিটি মানুষের বা তার দেহকোষে জোড়ায় জোড়ায় থাকে। ক্রোমোজোমের যে জায়গায় একটি জিন অবস্থান করে, তাকে বলা হয় লোকাস, আর কোনও জিনের লোকাস নির্দিষ্ট থাকে। একই ক্রোমোজোমের এক জোড়াকে বলা হয় হোমোলোগাস ক্রোমোজোম। কোন মানুষের কোনও হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের বিশেষ কোন লোকাসের জিন দুটি বা অ্যালিলদ্বয় একই হলে তাকে বলে হোমোজাইগাস অবস্থা। আবার হোমোলোগাস ক্রোমোজোমদুটিতে একই চরিত্রের ভিন্নধর্মী অ্যালিল বা জিন অবস্থান করলে তাকে বলে হেটেরোজাইগাস অবস্থা। কোনও অবস্থাতে যদি, কোন প্রাণীতে হোমোলোগাস ক্রোমোজোমদ্বয়ের একটি মাত্র উপস্থিত থাকে অর্থাৎ একটি মাত্র অ্যালিল থাকে তখন তাকে বলে হেমিজাইগাস অবস্থা। এই অবস্থায় কোনও লোকাসের জিন কোষে থাকে মাত্র একটি। কোনও জিন যদি প্রচ্ছন্নধর্মী হয় তবে তা কেবল হোমোজাইগাস কিংবা হেমিজাইগাস অবস্থাতে প্রকাশ পেতে পারে। অপর দিকে জিনটি প্রকটধর্মী হলে তা যে কোন অবস্থাতেই তার প্রকাশ ঘটতে পারে।

ধরা যাক কোন একটি বিশেষ ক্রোমোজোমের একটি জিন A 3 তার একটি অ্যালীল a 1। এক্ষেত্রে ধরা যাক A, a এর উপর প্রকটধর্মী। যদি A জিনের প্রকাশে 'X' চরিত্র প্রকাশ পায় ও a জিনের জন্য 'Y' চরিত্র প্রকাশ পায় তবে তিন অবস্থার ভিত্তিতে A ও a জিনের কেমন প্রকাশ ঘটতে পারে তা চিত্রের মাধ্যমে দেখানো যায় (চিত্র নং 6.1)

মানুষের দেহে কোন কোন চরিত্র একাধিক জিনদ্বারা নির্ধারিত হয়ে থাকে। এমন চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যকে পলিজেনিক বা বহুজিন ভিত্তিক চরিত্র বলে।

আমাদের দেহের উচ্চতা বা দেহের ওজন নির্ধারণকারী জিনগুলি এই প্রকারের। পলিজেনিক চরিত্র নির্ধারণকারী জিনগুলির প্রকাশভঙ্গীর রকমফের ঐ চরিত্রের প্রকাশে প্রভূত বৈচিত্র্য অলয়ন করে। এই জিনগুলির অনুধাবনকালে সংখ্যাগতাত্ত্বিক বিশ্লেষণ (Statistical analysis) জরুরী হয়ে পড়ে। কাজেই পলিজেনিক চরিত্রের উত্তরলক্ষি অনুধাবন করাও বেশ কষ্টকর।

জিন অবস্থান করলে তাকে বলে হেটেরোজাইগাস অবস্থা। কোনও অবস্থাতে যদি কোন প্রাণীতে হোমোলোগাস ক্রোমোজোমদ্বয়ের একটি মাত্র উপস্থিত থাকে অর্থাৎ একটি মাত্র অ্যালিল থাকে তখন তাকে বলে হেমিজাইগাস অবস্থা। এই অবস্থায় কোনও লোকাসের জিন কোষে থাকে মাত্র একটি কোনও জিন যদি প্রচ্ছন্নধর্মী হয় তবে তা কেবল হোমোজাইগাস কিংবা হেমিজাইগাস অবস্থাতে প্রকাশ পেতে পারে। অপর দিকে জিনটি প্রকটধর্মী হলে তা যে কোন অবস্থাতেই তার প্রকাশ ঘটতে পারে।

জীবদেহে প্রকাশিত বৈশিষ্ট্যকে আমরা বলি ফেনোটাইপ। যে জিনগত কারণে একটি ফেনোটাইপ দেখা দেয় সেই জিনগত বৈশিষ্ট্যকে বলে জেনোটাইপ। কখনও কখনও দুটি প্রাণীর ফেনোটাইপ এক হলেও তাদের জেনোটাইপ আলাদা হতে পারে। তবে দুটি জীবের জেনোটাইপ এক হলে তাদের ফেনোটাইপ পৃথক হওয়ার ঘটনা কম বললেই চলে।

জেনোটাইপ এক হওয়া সত্ত্বেও ফেনোটাইপ পৃথক হওয়ার ঘটনার পিছনে পরিবেশের প্রভাব আছে বলে মনে করা হয়। সুতরাং প্রাণীর জিনগত অবস্থা হল তার প্রকৃতি ও পরিবেশ হল তার প্রতিপালক। প্রতিপালকের প্রভাবে প্রকৃতির প্রকাশভঙ্গী পরিবর্তিত হতে পারে। কখনও কখনও কোনও প্রকট বৈশিষ্ট্যের জিন সন্তানের মধ্যে সঞ্চারিত হওয়া সত্ত্বেও বৈশিষ্ট্যটি প্রকাশ নাও পেতে পারে। অর্থাৎ প্রকটধর্মী জিন যে সবসময় প্রকাশ পাবে তেমন যথা ঠিক নয়। জিনের এমন ধর্মকে বলা হয় পেনিট্র্যান্স (Penetrance)। আবার কোন কোন ক্ষেত্রে একই জিনের একজন থেকে অন্য জনে অথবা একই মানুষের ভিন্ন অঙ্গের প্রকাশভঙ্গী আলাদা হতে পারে। জিনের প্রকাশভিত্তিক এমন ধর্মকে বলা হয় এক্সপ্রেসিভিটি (expressivity)। অর্থাৎ জিনের উত্তরলব্ধির একই নীতি যে সব জিনের ক্ষেত্রে প্রযোজ্য তাও ঠিক নয়। সুতরাং বিভিন্ন জিনের উত্তরলব্ধি অনুধাবন করতে গেলে তাদের প্রকাশভঙ্গীর বিশেষজ্ঞ সম্পর্কে ধারণা লাভ করাও বিশেষ জরুরী।

### অনুশীলনী-১

১ প্রকাশভঙ্গীর দিক দিয়ে মানুষে কত রকম জিন আছে ও তাদের নাম কি?

২ উপযুক্ত শব্দ যোগ করে শূন্যস্থান পূরণ করুন।

(ক) কোন জিনের দুই ভিন্নরূপকে বলে \_\_\_\_\_।

(খ) মানুষের বেশীর ভাগ চরিত্র প্রকাশের জন্য থাকে \_\_\_\_\_ জিন।

(গ) কেবল একটিমাত্র জিন থাকার দরুন যখন কোন বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায় তখন তাকে বলে \_\_\_\_\_ অবস্থা।

(ঘ) ক্রোমোজোমের যে জায়গায় একটি জিন থাকে তাকে বলে \_\_\_\_\_।

(ঙ) জীব দেহে প্রকাশিত বৈশিষ্ট্যকে বলে \_\_\_\_\_।

(চ) যে অন্তর্নিহিত গঠনের জন্য কোন বৈশিষ্ট্য প্রকাশিত হয় তাকে বলে \_\_\_\_\_।

(ছ) প্রচ্ছন্নধর্মী প্রকাশের জন্য সাধারণতঃ \_\_\_\_\_ অবস্থার প্রয়োজন হয়।

### 6.3 মানুষের ক্রোমোজোম ও তার প্রকারভেদ

মানুষের দেহকোষে যে 46 টি ক্রোমোজোম আছে তাদের দুটি শ্রেণীতে ভাগ করা যায়। যথা অটোজোম ও সেক্সক্রোমোজোম। 23 জোড়া বা 46 টি ক্রোমোজোমের 22 জোড়া অর্থাৎ 44 টি হল অটোজোম ও অবশিষ্ট 2টি হল সেক্সক্রোমোজোম। অটোজোমগুলি স্ত্রী ও পুরুষে সমানভাবে বিন্যস্ত থাকে কিন্তু সেক্স ক্রোমোজোমের সংখ্যা ও বিন্যাস রীতিতে স্ত্রী ও পুরুষ পার্থক্য দেখায়। মানুষের দুই রকমের সেক্স ক্রোমোজোম দেখা যায় যাদের বলা হয় x ও y ক্রোমোজোম। স্ত্রী দেহের প্রতি কোষে 22 টি x ক্রোমোজোম থাকে কিন্তু পুরুষের দেহকোষ একটি x ক্রোমোজোম ও সাথে একটি y ক্রোমোজোম বহন করে। অর্থাৎ ক্রোমোজোম ভিত্তিক স্ত্রী ও পুরুষে জিন সমন্বয়কে এমনভাবে দেখানো যেতে পারে : স্ত্রী - AAXX ও পুরুষ AAXY (এখানে A = 1 সেট অটোজোম, প্রতি সেটে থাকে 22 টি ক্রোমোজোম)। ক্রোমোজোম সংখ্যার বিচারে দেখা যায় স্ত্রী ও পুরুষে অটোজোমের জিনগুলি থাকে জোড়ায়

জোড়ায়; কিন্তু x ক্রোমোজোমের জিনগুলি স্ত্রী দেহে জোড়ায় জোড়ায় থাকলেও পুরুষের দেহকোষে এই জিনগুলি থাকে সংখ্যায় 1 টি করে। অপরদিকে y ক্রোমোজোমের জিন কেবলমাত্র পুরুষেই পাওয়া যায়, কারণ স্ত্রীদেহে কখনও y ক্রোমোজোম থাকে না।

উত্তরাধিকারের সময় সন্তানেরা ক্রোমোজোমের মাধ্যমে পিতা ও মাতার জিনগুলি পেয়ে থাকে। সুতরাং স্ত্রী ও পুরুষের ক্রোমোজোম সমন্বয় জিনের উত্তরাধিকারের নীতি নির্ধারণে বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ।

## 6.4 মানুষের জিনের উত্তরাধিকার বিশ্লেষণ পদ্ধতি :

আগেই আলোচিত হয়েছে জিনের প্রকাশভঙ্গীর একটি নির্দিষ্টরূপ আছে। আবার ক্রোমোজোমের মাধ্যমে তারা বংশপরম্পরা সঞ্চারিত হয় বলে তাদের বংশানুক্রমিক উদ্ভব ও বিশেষ নীতি মেনে চলে। কোন নীতি মেনে কোন জিন পুরুষানুক্রমে সঞ্চারিত হয় তা বুঝতে গেলে জিনটির প্রভাবে যে চরিত্র প্রকাশ পায় তা জানতে হবে। এরপর দেখা দরকার একটি পরিবারে কয়েকটি জনুতে ঐ জিনগত চরিত্রটি স্ত্রী-পুরুষভেদে কেমনভাবে আবির্ভূত হয়েছে। কোন জিনগত চরিত্রের বংশানুক্রমিক আবির্ভাবের প্রকৃতি জানা যায় বংশতালিকা বা পেডিগ্রি চার্ট (Pedigree chart) থেকে। সংকেতের মাধ্যমে কোন বিশেষ চরিত্রের পরিবার ভিত্তিক কয়েকজনুতে আবির্ভাবের বিবরণকেই বংশতালিকা বা পেডিগ্রি চার্ট বলে। বংশতালিকায় বিশেষ কোন চরিত্র কেমন ধারায় বংশানুক্রমে সঞ্চারিত হয় তা লক্ষ্য করলে জিন তথা জিনগত চরিত্রটির উত্তরাধিকার নীতি বোঝা যায়। সুতরাং বংশতালিকা বিশ্লেষণই উত্তরাধিকার নীতি নির্ধারণের উপায়।

বংশতালিকা বিশ্লেষণ করতে হলে বংশতালিকায় ব্যবহৃত সাংকেতিক চিহ্নগুলির অর্থ ও কেমনভাবে বংশতালিকা তৈরী হয় তা জানা দরকার। নিম্নে চিত্রের মাধ্যমে (চিত্র নং 6.2) বংশতালিকায় ব্যবহৃত সাংকেতিক চিহ্ন ও তাদের অর্থ উল্লেখ করা হল।

মানুষের স্বাভাবিক চরিত্রগুলি নিয়ে আমরা তেমন মাথা ঘামাইনা। যখন স্বাভাবিক চরিত্র সাপেক্ষে কোন ক্রটি ধরা পড়ে তখন তা আমাদের দৃষ্টি আকর্ষণ করে। এই ক্রটি যদি কোন রোগের লক্ষণ হয় তা বিশেষ চিন্তার কারণ হয়ে দাঁড়ায়। কেমনভাবে ক্রটির কারণ জিনটি পরিবারে প্রবেশ করল, তার প্রকাশভঙ্গী কিরূপ, আক্রান্ত পুরুষ বা স্ত্রী কেমন সম্ভাবনায় জিনটিকে সন্তান সন্ততিদের মধ্যে সঞ্চারিত করতে পারে তা খতিয়ে দেখতে পরিবারের যে কোন সদস্যের আগ্রহ জাগতে পারে। দেখতে পরিবারের ক্রটিকারক জিনটি প্রকট বা প্রচ্ছন্নধর্মী, অটোজোমে না সেক্স ক্রোমোজোমে অবস্থিত তা জানা গেলে পারিবারিক জীবনে তার ব্যাপকহারে বিস্তার রোধ করার ব্যবস্থা নেওয়া যায়।

কোনও পরিবারে যদি কোন চরিত্রগত ক্রটি বা রোগ একাধিক জনুতে এক বা একাধিক ব্যক্তির মধ্যে প্রকাশ পায় তখন ঐ চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যকে জিনগত ক্রটি বলে মনে করা যেতে পারে। আর তখনই বংশতালিকা প্রস্তুতি ও তার বিচার বিশ্লেষণ দরকার হয়ে পড়ে। পরিবারের যে ব্যক্তির মধ্যে প্রথম ক্রটিটি ধরা পড়ে তাকে বলা হয় প্রোব্যান্ড (proband)। স্ত্রী হলে প্রোব্যান্ডকে বলে প্রোপোজিটা (Proposita) ও পুরুষ হলে তাকে বলা হয় প্রোপোজিটাস (Propositus)। প্রোব্যান্ডের ক্রটির কথা মাথায় রেখে তার ভাই বোন কতজন ও তাদের কারুর মধ্যে ক্রটিটির প্রকাশ আছে কিনা দেখা হয়। এবার প্রোব্যান্ড যাদের সন্তান তাদের মধ্যে বা তাদের ভাই বোনদের মধ্যে ক্রটিটির প্রকাশ ছিল কিনা তার খোঁজ নেওয়া হয়। আবার প্রোব্যান্ডের পিতা ও মাতার ভাইবোনেরা যেমন পিতা-মাতার সন্তান তাদেরও ক্রটি বিষয়ক খোঁজখবর নেওয়া হয়। প্রোব্যান্ডের পূর্বপুরুষদের খোঁজ নেওয়া ছাড়াও তাদের পরবর্তী জনু থাকলে সেই



জনুরও পর্যবেক্ষণ করা হয়। সমস্ত জনুক্রমের খোঁজখবর জোগাড় করে, তথ্য ভিত্তিক পূর্ববর্ণিত সংকেতের ব্যবহার দ্বারা একটি বংশতালিকা তৈরী করা হয়। যেমন ভাবে একটি বংশতালিকা হতে পারে তার একটি কাল্পনিক চিত্র (চিত্র নং 6.3) তুলে ধরা হল। বংশ তালিকাটিতে দেখা যায় এতে তিনটি জনু আছে যাদের I, II ও III দ্বারা চিহ্নিত করা হয়েছে। প্রোব্যোগু স্ত্রী তৃতীয় জনুর তৃতীয় সন্তান (III<sub>3</sub>)। প্রোব্যোগুর দুই ভাই বোন যেমন III<sub>1</sub> স্ত্রী ও III<sub>2</sub> পুরুষ স্বাভাবিক চরিত্রযুক্ত। তবে এরা যে মাতা ও পিতার সন্তান তারা দ্বিতীয় জনুর চতুর্থ (II<sub>4</sub>) আন্তান্ত স্ত্রী ও ঐ জনুর পঞ্চম (II<sub>5</sub>) স্বাভাবিক পুরুষ। দ্বিতীয় জনুতে পাঁচজন সদস্য আছে তাদের মধ্যে প্রথম পুরুষ (II<sub>1</sub>), তৃতীয় ও চতুর্থ স্ত্রী (II<sub>3</sub> ও II<sub>4</sub>) ত্রুটিযুক্ত। এই জনুতে দ্বিতীয় স্ত্রী (II<sub>2</sub>) ও পঞ্চম পুরুষ (II<sub>5</sub>) স্বাভাবিক চরিত্রের। দ্বিতীয় জনুর প্রথম 4 জন সদস্য (II<sub>1</sub>, II<sub>2</sub>, II<sub>3</sub> ও II<sub>4</sub>) প্রথম জনুর ত্রুটিযুক্ত স্ত্রী ও পুরুষের সন্তান। এক্ষেত্রে বংশতালিকাটি প্রকট করে যে বিশেষ ত্রুটিটি বংশানুক্রমে ছেদহীন ভাবে সঞ্চারিত হয়েছে। এছাড়া আরও লক্ষণীয় বিষয় এই যে আক্রান্ত স্ত্রী ও পুরুষ, ত্রুটিযুক্ত ও স্বাভাবিক উভয় প্রকার সন্তানেরই জন্ম দেয়।

## অনুশীলনী-২

1. উপযুক্ত শব্দদ্বারা শূন্যস্থান পূরণ করুন :
  - (ক) মানুষের দুই প্রকার ক্রোমোজোম হল \_\_\_\_\_ ও \_\_\_\_\_।
  - (খ) মানুষে x ক্রোমোজোমের জিন স্ত্রী ও পুরুষ \_\_\_\_\_ মধ্যে থাকে কিন্তু y ক্রোমোজোমের জিন কেবল — \_\_\_\_\_ দেখা যায়।
  - (গ) পুরুষে x ক্রোমোজোমের জিন যখন \_\_\_\_\_ অবস্থান থাকে তখন ঐ জিন স্ত্রী দেহে \_\_\_\_\_ বা \_\_\_\_\_ অবস্থায় থাকতে পারে।
  - (ঘ) সাংকেতিক চিহ্নদ্বারা জিনগত ত্রুটি বংশানুক্রমিক উত্তরাধিকারের বর্ণনাকে বলে \_\_\_\_\_ ও \_\_\_\_\_ যায় মধ্যে প্রথম ত্রুটিটি ধরা পড়ে তাকে বলে \_\_\_\_\_।
  - (ঙ) \_\_\_\_\_ মাধ্যমে কোন জিন বংশপরম্পরা সঞ্চারিত হয় তবে জিনটির প্রতি জনুতে প্রকাশ পাওয়ার জন্য \_\_\_\_\_ হওয়া প্রয়োজন।
2. নিম্নলিখিতগুলির জন্য কী কী সাংকেতিক জিন আছে লিখুন : আক্রান্ত পুরুষ বা স্ত্রী, প্রোপোজিটা, এক জাইগোটীয় যমজ, যে সন্তানের সেক্স বা লিঙ্গ জানা নাই।

## 6.5 অটোজোমে অবস্থিত জিনের উত্তরলক্ষি নীতি :

আগেই উল্লেখ করা হয়েছে মানুষের স্ত্রী ও পুরুষে সমান সংখ্যায় অটোজোমগুলি বিন্যস্ত থাকে। অর্থাৎ অটোজোমগুলি বিন্যস্ত থাকে। অর্থাৎ অটোজোমস্থিত জিনগুলি সমানভাবে বংশানুক্রমে স্ত্রী ও পুরুষের মধ্যে উদ্ভবিত হয়। এর ভিত্তিতে বলা যায় যখন কোন জিনগত বৈশিষ্ট্য প্রায় জনুতে স্ত্রী ও পুরুষের মধ্যে সমান সংখ্যায় প্রকাশ পায় তখন চরিত্রটি অটোজোমস্থিত জিনদ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। তবে চরিত্রটি প্রকট বা প্রচ্ছন্নধর্মী হলে তার উপর ভিত্তি করে উত্তরাধিকারের প্রকৃতির কিছু পার্থক্য লক্ষ্য করা যায়।

### অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের উত্তরাধিকার :

অটোজোমস্থিত জিন প্রচ্ছন্নধর্মী হলে তার প্রকাশের জন্য সাধারণতঃ হোমোজাইগাস অবস্থার প্রয়োজন হয়। হেটেরোজাইগাস অবস্থায় এমন জিন প্রকাশ পায় না। এমন ধর্মের ভিত্তিতে অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের উত্তরলব্ধিতে কতগুলি সাধারণ নিয়ম অনুধাবন করা যায় :

- (ক) জিনটির কারণে প্রকাশিত বৈশিষ্ট্যটি একান্তরভাবে জনুক্রমে আবির্ভূত হয়।
- (খ) দুই-স্বাভাবিক পিতা ও মাতা সাধারণতঃ ক্রটিযুক্ত সন্তানের জন্ম দিতে পারে।
- (গ) উভয়ই ক্রটিযুক্ত স্বামী-স্ত্রী কখনও স্বাভাবিক সন্তানের জন্ম দেয় না।
- (ঘ) বংশতালিকায় স্ত্রী ও পুরুষ সমানভাবে জিনগত ক্রটি দ্বারা আক্রান্ত হয় অর্থাৎ জিনগত ক্রটি কোনোও বিশেষ লিঙ্গকে বেশী মাত্রায় প্রভাবিত করে না।

যখন কোন বংশ তালিকা বিশ্লেষণ করে কোন চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যের বংশানুক্রমিক উদ্ভবতনে উল্লেখিত বৈশিষ্ট্যগুলি দেখা যাবে, তখন সেটিকে অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী বৈশিষ্ট্য বলে চিহ্নিত করা যায়। আর তখন ঐ বৈশিষ্ট্যের কারণ জিনটিও হবে প্রচ্ছন্নধর্মী। অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের উত্তরাধিকার দেখায় এমন কতগুলি মানুষের জিনগত ক্রটি বিবরণ নিম্নে দেওয়া হল (টেবিল নং 6.1)।

টেবিল 6.1 মানুষের কতগুলি অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের কারণে বংশগত রোগ ও তাদের লক্ষণ

প্রচ্ছন্নধর্মী জিনগত ক্রটি বা রোগের নাম	রোগের বিশেষ লক্ষণ
অ্যালবিনিজম (Albinism) বা শ্বেতত্বক	ত্বক, চুল ও চোখের কণীনিকার কোন মেলানিক থাকে না।
ব্লুম সিনড্রোম (Bloom syndrome)	বামনত্ব, চর্মে চুলকানো ও ক্যান্সারের প্রবণতা
সিস্টিক ফাইব্রোসিস (Cystic fibrosis)	ফুসফুস ও অনেক গ্রন্থি লালাতে গ্লেভা জমে শ্বাস কাজে বাধা দান ও গ্রন্থিক্রিয়ায় ব্যাঘাত ঘটানো
ফ্যানকোনির রক্তহীনতা (Fanconi's anemia)	মস্তুর বৃদ্ধি, হৃদপিণ্ডের ক্রটি, লিউকেমিয়া হওয়ার সম্ভাবনা বৃদ্ধি
ফিনাইল কিটোনিউরিয়া (Phenyl Ketonuria বা PKU)	রক্তে ফিনাইল অ্যালানিনের মাত্রাধিক্য, জড়বুদ্ধি
জেরোডার্মা পিগমেন্টোসা (Xero derma pigmentosa)	DNA মেরামতি উৎসেচকের ঘাটতি, চামড়ার ক্যান্সারের প্রবণতা বৃদ্ধি।
গ্যালাক্টোসেমিয়া (Galactosemia)	যকৃতে গ্যালাক্টোজের সঞ্চয়, জড়বুদ্ধি।

(ক) অ্যালবিনিজম (Albinism) বা শ্বেতত্বক :

এই রোগের ত্বক, চুল ও চোখের কণীনিকায় কোন মেলানিক রঞ্জক উৎপন্ন হয় না বলে চর্মসহ ঐ অঙ্গগুলি শ্বেতবর্ণের হয়। রোগটিকে ওকুলার কিউটেনিয়াস অ্যালবিনিজম (ocular-cutaneous albinism) বা OCA3 বলা হয়ে থাকে। স্বাভাবিক মানুষের টাইরোসিন নামক অ্যামাইনো অ্যাসিডের বিপাকক্রিয়ার ফলে তার থেকে মেলানিন

উৎপন্ন হয়। কিন্তু অ্যালবিনিজমের বেলায় বিশেষ উৎসেচকের (টাইরোসিনেজ) অনুপস্থিতি হেতু টাইরোসিনের বিপাক বিঘ্নিত হয় ও মেলানিন তৈরী হতে পারে না। পৃথিবীর বিভিন্ন দেশে জিন ঘটিত এই রোগের প্রাদুর্ভাবের ভারতম্য লক্ষ্য করা যায়। যেমন আমেরিকার শ্বেতাঙ্গ পপুলেশনে প্রতি 37000 জনে 1 জন অ্যালবিনো (albinos) পাওয়া যায়। আবার আমেরিকা যুক্তরাষ্ট্রের কৃষ্ণকায়দের মধ্যে প্রতি 15,000 জনে ওজন অ্যালবিনো পাওয়া যায়। পানামার সান ব্লাস ইন্ডিয়ানদের মধ্যে এর পরিমাণ প্রায় ১/১৩২। আমাদের দেশেও এই রোগের সংখ্যানুপাতিক মান খুব কম নয়।

এই রোগে আক্রান্ত মানুষের গায়ে মেলানিন থাকে না বলে এরা অনেক অসুবিধার সম্মুখীন হয়। স্বাভাবিক লোকের মতো এরা প্রখর সূর্যালোকে বেরুতে পারে না। সূর্যের তাপে এদের ত্বক বিশেষ ক্ষতিগ্রস্ত হয়। এদের চামড়ার ক্যান্সার হওয়ার প্রবণতাও বেশী।

অ্যালবিনিজমের জন্য দায়ী জিনটি স্বাভাবিক জিনের একটি প্রচ্ছন্নধর্মী মিউটেশন ও জিনটি অটোজোমের উপর অবস্থিত। এই কারণে এই রোগের শিকার মানুষ (স্ত্রী বা পুরুষ) মিউটেশনটির জন্য হোমোজাইগাস হয়। যদি এই ক্রটির জিনটিকে a ধরা যায়, তবে তার স্বাভাবিক অ্যালীলকে A হিসাবে উল্লেখ করা যায়। তখন অ্যালবিনো মানুষের জেনোটাইপ হয় aa ও স্বাভাবিক মানুষের জেনোটাইপ হয় AA অথবা Aa। দুটিই স্বাভাবিক কিন্তু হেটেরোজাইগাস (Aa) স্বামী-স্ত্রীর এক চতুর্থাংশ সন্তান সম্ভবিত অ্যালবিনো হওয়ার সম্ভাবনা থাকে। অর্থাৎ দম্পতি 25 শতাংশ সন্তান শ্বেতত্বকের হতে পারে। আবার যদি দম্পতির দুজনেই অ্যালবিনো হয় তবে তাদের সকল সন্তানই রোগটিতে আক্রান্ত হয়। চিত্রে দুটি বংশতালিকায় হোমোজাইগাস অ্যালবিনো দম্পতি ও হেটেরোজাইগাস স্বাভাবিক দম্পতি কেমনভাবে ক্রটিযুক্ত সন্তানের জন্ম দেয় তা দেখানো হয়েছে (চিত্র নং 6.4 A ও B)

(খ) সিস্টিক ফাইব্রোসিস (cystic fibrosis) :

ইহা একপ্রকার মারাত্মক ধরনের জিন ঘটিত রোগ। শ্লেষ্মা ক্ষরণকারী বহিঃক্ষরা গ্রন্থিগুলি ও ঘর্মগ্রন্থি এই রোগে বিশেষভাবে প্রভাবিত হয়। ঘর্মগ্রন্থি থেকে বেশী পরিমাণে লবণ ক্ষরিত হয়। অনেক বহিঃক্ষরা গ্রন্থির নালীগুলি শ্লেষ্মা ক্ষরিত হয়ে বন্ধ হয়ে যায়। ফুসফুসের মধ্যে ক্রোমশাখা বা অ্যালভিওলাসের নালীতে শ্লেষ্মা জমে শ্বাসক্রিয়ার প্রচণ্ড ব্যাঘাত সৃষ্টি হয়। ফুসফুস ও অগ্ন্যাশয় এই রোগে সর্বাধিক ক্ষতিগ্রস্ত হয়। অগ্ন্যাশয়ের নালী বন্ধ হলে সেখানে সিস্ট তৈরী হয় ও গ্রন্থি ছিবড়ে আকার ধারণ করে। ভালোভাবে চিকিৎসা করলে 50% রোগগ্রস্থ শিশু যুবাবস্থা অবধি বাঁচতে পারে।

আমেরিকা যুক্তরাষ্ট্রে শ্বেতাঙ্গদের মধ্যে এই রোগ দেখা যায় প্রায় প্রতি ২০০০ জনে একজন। হেটেরোজাইগাস অবস্থায় এর কারণ জিনের বাহকের সংখ্যা প্রায় প্রতি 22 জনে 1 জন।

অটোজোমে অবস্থিত একটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের জন্য রোগটি দেখা দেয়। দেখা গেছে মানুষের 7 নং ক্রোমোজোমের q31 অঞ্চলে এই জিনটির অবস্থান। প্রচ্ছন্নধর্মী হওয়ায় জিনটির প্রকাশ কেবল হোমোজাইগাস অবস্থায় ঘটতে পারে। অ্যালবিনিজমের মতোই দুই হেটেরোজাইগাস দম্পতি সিস্টিক ফাইব্রোসিস রোগের শিশু জন্ম দিতে পারে।

অটোজোমস্থিত প্রকটধর্মী জিনের উত্তরাধিকার :

অটোজোমে অবস্থিত যে সকল জিন তার কোন অ্যালীলের উপর প্রকটধর্মী, স্বভাবতই তাদের প্রকাশক্ষমতা বেশী। প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের মতো এদের প্রকাশের জন্য হোমোজাইগাস অবস্থার দরকার হয় না। এমন জিন হোমোজাইগাস কিংবা হেটেরোজাইগাস দুই অবস্থাতেই প্রকাশ পেতে পারে। অটোজোমের প্রকটধর্মী জিন নিম্নলিখিত ধর্ম মেনে বংশানুক্রমে সঞ্চারিত হয়।

1. জিনের কারণে প্রকাশিত বৈশিষ্ট্য আক্রান্ত ব্যক্তি থেকে সরাসরি তার সন্তানের মধ্যে সঞ্চারিত হয়।
2. বংশতালিকার প্রতি জনুতেই বৈশিষ্ট্যটির প্রকাশ দেখা যায়।
3. ক্রটিযুক্ত মানুষের সন্তানের ক্রটিযুক্ত হওয়ার সম্ভাবনা প্রায় 50 শতাংশ।
4. ক্রটিযুক্ত স্ত্রী ও পুরুষের আক্রান্ত সন্তান ও থাকতে পারে (যদি ক্রটিযুক্ত দম্পতি হেটেরোজাইগাস হয়)।
5. বংশতালিকায় স্ত্রী ও পুরুষ সমানভাবে চরিত্রটির প্রকাশ ঘটায়।

আগের মতোই বলা যায় জনক্রমে যখন তোল চরিত্রিক বৈশিষ্ট্য উল্লেখিত নিয়ম অনুসারে সঞ্চারিত হয় তখন সেটি অটোজোম সংলগ্ন চরিত্র হিসাবে বিবেচিত হবে ও কারণ জিনটিও হবে প্রকট ধর্মী। বংশতালিকায় এমন প্রকটধর্মী বৈশিষ্ট্যের যেমন সঞ্চারিত প্রকৃতি দেখা যেতে পারে তা নিয়ে দেখানো হল। (চিত্র 6.5)।

পাঁচটি জনসমষ্টি (I, II, III, IV ও V) এই বংশতালিকায় দেখা যায় প্রতি জনুতেই বিশেষ বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পেয়েছে। তাছাড়া বংশতালিকায় স্ত্রী ও পুরুষ সমানভাবে চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যটি দ্বারা আক্রান্ত হয়েছে। উল্লেখিত উদ্ভবনীতি গুলি এই বংশতালিকাতে খুঁজে পাওয়া যায়।

মানুষের মধ্যে অনেক জিনের এমন মিউটেশন ঘটেছে যার কারণে প্রকটধর্মী কোন না কোন অস্বাভাবিক চরিত্র প্রকাশ পায়। এই মিউটেশনগুলির উত্তরলকি বিশ্লেষণ করলে দেখা যায়। সেগুলি অটোজোমস্থিত প্রকটধর্মী জিনের কারণেই ঘটে থাকে। নিম্নে মানুষের কয়েকটি অটোজোম সংলগ্ন প্রকটধর্মী বৈশিষ্ট্য ও তাদের প্রভাবজনিত ফেনোটাইপ উল্লেখ করা হল (টেবিল 6.2)।

টেবিল 6.2 অটোজোমস্থিত কতকগুলি প্রকটধর্মী বৈশিষ্ট্য ও তাদের প্রভাবে ফেনোটাইপ

ক্রমিক নং	জিনগত ক্রটি (রোগ)	ফেনোটাইপ (প্রকাশিত বৈশিষ্ট্য)
1	অ্যাকনড্রোপ্লাসিয়া (Achondroplasia)	বামনত্ব, দীর্ঘস্থির কম বৃদ্ধি
2	ব্যাকি ড্যাক্টাইলি (Brachydactyly)	হাতের ক্রটিযুক্ত বৃদ্ধি আঙ্গুলগুলির খর্বাকার
3	ক্যাম্পটোড্যাক্টাইলি (Camptodactyly)	দৃঢ় বাঁকানো আঙ্গুল
4	হান্টিংটন রোগ (Huntington disease)	স্নায়ুতন্ত্রে ক্রমবর্ধমান ক্ষয়, মস্তিষ্ক বিকৃতি ও অকাল ও অকাল মৃত্যু
5	নেল-প্যাটেল্লা সিণ্ড্রোম (Nail patella Syndrome)	নখ ও প্যাটেলার অনুপস্থিতি
6	পরফাইরিয়া (Porphyria)	পরফাইরিন বিপাকে বাধা, মস্তিষ্ক বিকৃতি
7	হাইপারক্যালসেমিয়া (Hypercalcemia)	রক্তে ক্যালসিয়ামের মাত্রাধিক্য
8	হাইপার কোলোস্টেরোলিমিয়া (Hypercholesterolemia)	কোলোস্টেরলের মাত্রাবৃদ্ধি, হৃদয়ের রোগ
9	পলিসিস্টিক কিডনি রোগ (Polycystic Kidney disease)	বৃক্ক সিস্ট গঠন উদ্বেগ, বৃক্কের কাজ বন্ধ হওয়া

### অটোজোমস্থিত সহপ্রকটধর্মী জিনের উত্তরাধিকার :

মানুষের কিছু জিনের অ্যালীল সহপ্রকটধর্মী, অথবা এই মিউটেশনগুলি উহার স্বাভাবিক অ্যালীলের মতোই সমান প্রকাশ ক্ষমতার অধিকারী। এমন জিনের উত্তরাধিকারের সময় কিছু স্বাতন্ত্র্যতা লক্ষ্য করা যায়। সম্পূর্ণভাবে প্রকট জিনের ক্ষেত্রে যেমন হেটোরোজাইগাস অবস্থায় কেবল প্রকটজিনটিই পায়, এ-ক্ষেত্রে হেটোরোজাইগাস অবস্থায় উভয় অ্যালীলেরই সমানভাবে প্রকাশ ঘটে। কখনও পৃথকভাবে দুই অ্যালীলের প্রকাশ বোঝা যায়, আবার কখনও দুই জিনের প্রকাশের ফলে একটি মিশ্রিত ফেনোটাইপ দেখা যায়। এমন দুটি জিন বহনকারী হেটোরো জাইগাস দম্পতি সাধারণতঃ তিনটি ফেনোটাইপের সন্তান 1:2:1 অনুপাতে জন্ম দিতে পারে। সকল অপত্যের 50 শতাংশ দুই অ্যালীল বহনকারী ও মিশ্র চরিত্রযুক্ত হয়। সুতরাং কোন জিনের দুটি অ্যালীল যদি সহ প্রকটধর্মী হয় তবে তাদের প্রভাবে তিন রকম ফেনোটাইপ দেখা দেয়। দুই অ্যালীলের পৃথক হোমোজাইগাস অবস্থার জন্য দুটি বিপরীত ধর্মী বৈশিষ্ট্য বা ফেনোটাইপ ও হেটোরোজাইগাস অবস্থায় আর এক ফেনোটাইপ যা দুটি অ্যালীলের মিশ্রিত ফল বা প্রকাশ। মানুষের বেশকিছু চরিত্র আছে যেগুলি সহপ্রকটধর্মী জিন দ্বারা নির্ধারিত। এদের মধ্যে উল্লেখযোগ্য হল MN রক্ত শ্রেণীর জিন।

### MN রক্তশ্রেণী :

MN রক্তশ্রেণী অনুযায়ী মানুষের তিন রকমের ফেনোটাইপ আছে যথা, M, N ও MN রক্তশ্রেণী M শ্রেণীর রক্তে লোহিত কণিকায় M অ্যান্টিজেন পাওয়া যায়, আবার N শ্রেণীর রক্তের লোহিত কণিকায় N অ্যান্টিজেন পাওয়া যায়। কিন্তু MN ফেনোটাইপের ক্ষেত্রে লোহিত কণিকায় M ও N দুই রকম অ্যান্টিজেন পাওয়া যায়। তিনটি ফেনোটাইপ সৃষ্টির পিছনে দায়ী দুটি সহপ্রকটধর্মী অ্যালীলকে M ও N দ্বারা চিহ্নিত করা হয়। M ফেনোটাইপ যুক্ত লোকের ও N ফেনোটাইপযুক্ত লোকের জেনোটাইপ যথাক্রমে MM ও NN অপরদিকে MN ফেনোটাইপযুক্ত লোকের জেনোটাইপ হয় MN নিয়ম অনুযায়ী M ও N ফেনোটাইপযুক্ত স্বামী-স্ত্রী কেবল MN ফেনোটাইপের সন্তান জন্ম দেয়। আবার দুই MN ফেনোটাইপের স্বামী-স্ত্রী, M, MN ও N তিন ফেনোটাইপের সন্তান 1:2:1 অনুপাতে জন্ম দিতে পারে।

### কাস্তে কোষ রক্তাঙ্গতা বা সিকলসেল অ্যানিমিয়া :

মানুষের ক্রোমোজোমস্থিত কিছু জিন সম্পূর্ণভাবে প্রকট, প্রচ্ছন্ন বা সহপ্রকট হওয়ার পরিবর্তে অসম্পূর্ণ প্রকটতা (Incomplete dominance) প্রদর্শন করে। এক্ষেত্রে হেটোরোজাইগাস অবস্থায় জীবটির ফেনোটাইপ ঐ চরিত্রের প্রতিটি অ্যালীলের হোমোজাইগাস দ্বারা প্রদর্শিত দুটি ফেনোটাইপের মধ্যবর্তী অবস্থায় থাকে। Sicklec cell anaemia বা কাস্তে কোষ রক্তাঙ্গতা হল মানুষের লোহিত কণিকার ক্রটিজনিত একটি মারাত্মক রোগ। এই রোগ সৃষ্টিকারী অ্যালীলদ্বয় হেটোরোজাইগাস অবস্থায় অসম্পূর্ণভাবে প্রকট হয়। প্রকৃতপক্ষে এই রোগে স্বাভাবিক হিমোগ্লোবিন, HbA এর পরিবর্তে ক্রটিযুক্ত হিমোগ্লোবিন HbS উৎপন্ন হয়। HbS যুক্ত লোহিত কণিকার অক্সিজেন বহন করার ক্ষমতা বেশ কমে যায়। ফলে যাদের এই রোগ হয় তারা পরিবেশে সামান্য অক্সিজেনের ঘাটতি হলেই শ্বাসকষ্টে ভোগে। এমন অবস্থায় লোহিত কণিকাগুলি ভাঁজ হয়ে কাস্তের অপর ধারণ করে। প্রায়ক্ষেত্রে রোগের প্রকোপে আক্রান্ত ব্যক্তি মারা যায়।

স্বাভাবিক HbA সৃষ্টিকারী জিনটি যদি HbA হয় তবে Hbs সৃষ্টিকারী তার অ্যালীলকে Hbs হিসাবে চিহ্নিত করা যায়। HbA ও Hbs অসম্পূর্ণ প্রকটধর্মী। সুতরাং Hba Hbs জেনোটাইপেরক্ষেত্রে একটি মিশ্রিত ফল পাওয়া যাবে। এই অবস্থায় যে ফেনোটাইপ পাওয়া যায় তাকে বলে সিকল সেল ট্রেট (Sickle cell trait)। সিকলসেল ট্রেটের ক্ষেত্রে

Hba ও Hbs প্রায় সমান সমান পরিমাণে উৎপন্ন হয়। ফলে হেটেরোজাইগাস (Hba/Hbs) মানুষ অক্সিজেনের অভাব জনিত কারণে তত মারাত্মকভাবে ভোগে না।

এরা সাধারণ অবস্থায় স্বাভাবিক অর্থাৎ খুব কম অক্সিজেন ঘনত্বের বায়ুর সম্মুখীন না হলে কোনো প্রকার রক্তাঙ্গতা রোগে ভোগে না। এই হেটেরোজাইগাস মানুষদের Sickle-cell trait নামে অভিহিত করা হয়। তবে Hba Hbs জেনোটাইপযুক্ত এই মানুষদের কম অক্সিজেন ঘনত্বের বাতাসের সংস্পর্শে আসলে এদের রক্তের লোহিত কণিকা কাস্টের আকার ধারণ করে এবং এরা রক্তাঙ্গতারোগগ্রস্ত হয়। কাজেই হেটেরোজাইগাস মানুষে Hba ও Hbs অ্যালিলদ্বয় পরস্পর অসম্পূর্ণভাবে প্রকট হয়।

### অনুশীলনী-3

- 1 কোন বিশেষ ধর্ম অটোজোমস্থিত বৈশিষ্ট্য নির্ধারণ করে?
- 2 কোন ধর্ম একটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিনকে সনাক্ত করতে পারে?
- 3 অটোজোমের একটি প্রচ্ছন্ন ধর্মী চরিত্রের নাম করুন।
- 4 ধবলরোগের প্রধান লক্ষণ কী?
- 5 কাস্টে কোষ রক্তাঙ্গতার কারণ জিনটি কী ধরনের?
- 6 একটি জিনের দুটি অ্যালীল A ও a ; জিন a জিনের উপর প্রকটধর্মী। এই দুটি জিনের জন্য কত রকমের ফেনোটাইপ হওয়া সম্ভব?
- 7 সিস্টিক ফাইব্রোসিস রোগের শিকার স্বামী-স্ত্রীর এই রোগের সন্তান জন্ম দেওয়ার সম্ভাবনা কত?
- 8 অটোজোমে অবস্থিত প্রকটধর্মী জিন চেনা যায় কীভাবে?
- 9 স্বামী ও স্ত্রী দুজনেই কোন জিন গত ক্রটিতে আক্রান্ত। তাদের একটি স্বাভাবিক সন্তান জন্মালো। স্বামী ও স্ত্রীর জেনোটাইপ কেমন হওয়া উচিত?
- 10 কোন রোগ Hba তৈরি না হয়ে Hbs তৈরি হয়।
- 11 যে অবস্থায় মানুষে HbA ও Hbs দুই প্রকার হিমোগ্লোবিন পাওয়া যায় তার নাম কী?
- 12 সহপ্রকটধর্মী জিনের জন্য হেটেরোজাইগাস দম্পতি কী জাতীয় সন্তান কেমন অনুপাতে জন্ম দেয়?

### 6.6 X ক্রোমোজোমস্থিত জিনের উত্তরলঙ্ঘি নীতি :

আগেই বলা হয়েছে মানুষের ক্ষেত্রে পুরুষের থাকে একটি x ক্রোমোজোম ও স্ত্রীদেহে থাকে দুটি x ক্রোমোজোম। আর এই x ক্রোমোজোমের উত্তরলঙ্ঘিতে একটি বিশেষ নিয়ম খুঁজে পাওয়া যায়। পুত্র সন্তানেরা x ক্রোমোজোমটি সব সময় মায়ের কাছ থেকে পায়, অপর দিকে কন্যা সন্তানেরা বাবা ও মা উভয়ের কাছ থেকে একটি করে x ক্রোমোজোম পেয়ে থাকে। এমন নিয়মের জন্য পুরুষ তার x ক্রোমোজোমের জিনগুলি তার কন্যাসন্তানকে দান করে। বাবার কাছ থেকে ছেলেরা x ক্রোমোজোম লাভ করে না, শুধু তার কাছ থেকে পায় y ক্রোমোজোমটি। পুরুষের x ক্রোমোজোমের জিন কেবল দ্বিতীয় অপত্য জনুর পুরুষে সঞ্চারিত হতে পারে তার কন্যাসন্তানের মধ্যদিয়ে। অপর দিকে কন্যা সন্তানেরা মা ও বাবা উভয়ের কাছ থেকে x ক্রোমোজোমের জিনগুলি সমানভাগে লাভ করে থাকে। বিশেষ এমন নিয়মে বংশানুক্রমে x ক্রোমোজোমের সঞ্চারণ ঘটে বলে x ক্রোমোজোমস্থিত জিন সনাক্ত করা অনেকটাই সহজ।

**x ক্রোমোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের উত্তরাধিকার :**

x ক্রোমোজোমের কোন জিন যদি প্রচ্ছন্নধর্মী হয় তবে স্ত্রী দেহে তার প্রকাশ ঘটান জন্য হোমোজাইগাস অবস্থার দরকার হয়, অপরদিকে পুরুষে ঐ জিনের প্রকাশ হেমিজাইগাস অবস্থায় খুব সহজেই ঘটেতে পারে। এমন জিনের কারণে পুরুষের প্রকাশিত কোন বৈশিষ্ট্য পরবর্তী জনুর পুত্র সন্তানে কখনও বর্তায় না। বরং জিনটি তার কন্যা সন্তানে সঞ্চারিত হয়। কন্যা সন্তান যদি জিনটির জন্য হেটেরোজাইগাস হয় তবে সেটি সুপ্ত অবস্থায় থাকে তবে ঐ কন্যাকে জিনটির বাহিকা বলা হবে। বাহিকা কন্যা পরবর্তী জনুতে তার 50 শতাংশ পুত্র সন্তানে প্রচ্ছন্নধর্মী চরিত্রটির প্রকাশ ঘটতে পারে। মাতামহ থেকে কন্যার মাধ্যমে দৌহিত্রের মধ্যে প্রচ্ছন্নধর্মী বৈশিষ্ট্যটির এমন সঞ্চারণকে বলে ক্রিস-ক্রস উত্তরাধিকার (Criss-cross inheritance) যে কয়েকটি সাধারণ নিয়ম মেনে x ক্রোমোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিন বংশ পরম্পরা সঞ্চারিত হয় সেগুলি হল :

1. x ক্রোমোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী বৈশিষ্ট্য কখনও পিতা থেকে পুত্রে সঞ্চারিত হয় না; তবে মাতামহ থেকে কন্যার মাধ্যমে দৌহিত্রে সঞ্চারিত হয়।
2. প্রচ্ছন্নধর্মী বৈশিষ্ট্যের কারণ জিন কোন পুরুষে থাকলে তা কেবল তার কন্যা সন্তানের মধ্যে সঞ্চারিত হয়। এমন স্বাভাবিক কন্যা জিনটির বাহিকা হয় ও সে তার 50 শতাংশ পুত্র সন্তানে জিনটিকে সঞ্চারিত করতে পারে।
3. এমন বৈশিষ্ট্য বংশানুক্রমে বেশীর ভাগ পুরুষের মধ্যেই প্রকাশ পায়।
4. যখন কোন কন্যা সন্তানে এমন বৈশিষ্ট্য প্রকাশ পায়, তখন তার পিতা অবশ্যই বৈশিষ্ট্যটির প্রকাশ দেখায়।

x ক্রোমোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিন কেমন ভাবে উল্লেখিত ধর্ম মেনে বংশানুক্রমে সঞ্চারিত হয় তা একটি বংশতালিকা উল্লেখ দেখানো যায় (চিত্র 6.6)। চারটি জনু সমন্বিত (I, II, III & IV) বংশতালিকায় দেখা যায় প্রথম জনুতে পুরুষটি বৈশিষ্ট্যটির প্রকাশ ঘটিয়েছে। দ্বিতীয় জনুতে এই পুরুষের কোন সন্তানের মধ্যে বৈশিষ্ট্যটি প্রকাশ পায় নি। তবে তৃতীয় জনুতে এই পুরুষের কন্যা সন্তান দু-জন (II2 ও II6) তাদের প্রায় 50 শতাংশ পুত্র সন্তানে বৈশিষ্ট্যটির প্রকাশ ঘটিয়েছে। চতুর্থ জনুতেও তৃতীয় জনুর এক বাহিকা কন্যা (IIIa) আক্রান্ত পুত্র সন্তানের (IVs) জন্ম দিয়েছে।

মানুষে x ক্রোমোজোমস্থিত জিনের অনেক প্রচ্ছন্নধর্মী মিউটেশন জিন ঘটিত ক্রটি সৃষ্টি করে। x ক্রোমোজোম সংলগ্ন কয়েকটি প্রচ্ছন্নধর্মী চারিত্রিক ক্রটি ও তাদের বহিঃপ্রকাশ উল্লেখ করা হল (টেবিল 6.3)

টেবিল 6.3 মানুষে x ক্রোমোজোমস্থিত কতগুলি প্রচ্ছন্নধর্মী জিনগত ক্রটি ও তাদের লক্ষণ

ক্রমিক নং	চারিত্রিকগত ক্রটি বা বৈশিষ্ট্য	ফেনোটাইপ
1	বর্ণান্ধতা (Colour blindness)	লাল ও সবুজ বর্ণ চিনতে না পারা
2	G-6 PD এর অভাব (Glucose 6 Phosphate dehydrogenase deficiency)	বিশেষ উৎসেচকটির অনুপস্থিতি। কিছু কিছু খাবার ও ওষুধের উপস্থিতিতে মারাত্মক রক্তাঙ্গতা সৃষ্টি হয়।

ক্রমিক নং	চারিত্রিকগত ক্রটি বা বৈশিষ্ট্য	ফেনোটাইপ
3	ইকথিওসিস্ ভালগারিস (Ichthyosis vulgaris)	ঘাড়ে, হাতে ও পায়ে চামড়ায় আঁশের মতো গঠন সৃষ্টি হওয়া
4	হিমোফিলিয়া (Hemophilia)	রক্ততঞ্চনকারী ফ্যাক্টর VII এর অভাব জনিত কারণে রক্ত জমাট বাঁধে না।
5	মাস্কুলার ভিসট্রোফি (Muscular dystrophy)	পেশীর ক্রমাগত ক্ষয়
6	লেস নিহান সিন্ড্রোম (Lesch Nyhan Syndrome)	উৎসেচক HGPRT এর অভাব জড়বুদ্ধি
7	ফ্যারি রোগ (Hypercalcemia)	হৃদপিণ্ড ও বৃক্কের কার্যক্ষমতা হ্রাস উৎসেচক আলকা গ্যালাক্টে সাইডেজ এর অভাব

### হিমোফিলিয়া (Hemophilia)

হিমোফিলিয়া মানুষের এক ধরনের রক্তক্ষরণ রোগ, এই রোগে রক্ততঞ্চন বাধা প্রাপ্ত হয়। হিমোফিলিয়া রোগীদের দেহে কোন গায় ফেটে গেলে সেই জায়গা দিয়ে রক্তক্ষরণ হতে থাকে ও রোগী মারা পড়ে। প্রধানতঃ দুই রকমের হিমোফিলিয়া দেখা যায় যথা হিমোফিলিয়া A ও হিমোফিলিয়া B। রক্ততঞ্চনের জন্য প্রয়োজনীয় অনেক রকম উপাদানের মধ্যে ফ্যাক্টর VII ও ফ্যাক্টর IX অন্যতম। হিমোফিলিয়া A এর ক্ষেত্রে ফ্যাক্টর VII ও হিমোফিলিয়া B এর ক্ষেত্রে IX এর অভাব দেখা যায়। হিমোফিলিয়া B কে স্ট্রীটমাস রোগও বলে।

রক্ততঞ্চনের জন্য প্রয়োজনীয় ফ্যাক্টর VII বা IX সৃষ্টিকারী জিন থেকে x ক্রোমোজোমের উপর যে কোন একটি ফ্যাক্টরের জন্য দায়ী জিনের মিউটেশন হলে সংশ্লিষ্ট প্রোটিন উপাদানটি তৈরি হয় না। ফলে রক্ততঞ্চন ও বাধাপ্রাপ্ত হয়। দুই রকম হিমোফিলিয়ার মধ্যে হিমোফিলিয়া A ই বেশী দেখা যায়। পপুলেশনে প্রায় 10,000 পুরুষের একজন ও 10 কোটি মহিলার মধ্যে একজন এমন হিমোফিলিয়ার শিকার হয়।

হিমোফিলিয়ার কারণ জিনটি প্রচ্ছন্নধর্মী ও সেটি x ক্রোমোজোমে অবস্থিত। সুতরাং x ক্রোমোজোমের হেমিজাইগাস অবস্থা হেতু জিনটি পুরুষদের মধ্যে অনেক বেশী প্রকাশ পায়। মহিলাদের ক্ষেত্রে যেহেতু হোমোজাইগাস অবস্থা ছাড়া জিনটি প্রকাশ পেতে পারে না, তাই মহিলারা এই রোগে বেশ কম ভোগে। হেটোরোজাইগাস অবস্থায় মহিলারা জিনটির প্রকাশ না দেখালেও বাহিকা হিসাবে তাদের 50 শতাংশ পুত্র সন্তানের মধ্যে চরিত্রটি সঞ্চারিত করে।

x ক্রোমোজোমস্থিত প্রকটধর্মী জিনের উত্তরাধিকার :

x ক্রোমোজোমস্থিত প্রকটধর্মী জিনগত ক্রটির সংখ্যা অনেক কম। তবে x ক্রোমোজোমস্থিত জিনের জন্য প্রকাশিত প্রকটধর্মী চরিত্রের বংশানুক্রমিক সঞ্চারণে যে সাধারণ নীতি দেখা যায় তা হল



1 ক্রটিযুক্ত বা আক্রান্ত পুরুষ কেবল তার কন্যাদের মধ্যে বৈশিষ্ট্যটি সঞ্চারিত করে কিন্তু কোন পুত্রসন্তান বৈশিষ্ট্যটি উত্তরাধিকার করে না।

2 হেটোরোজাইগাস আক্রান্ত স্ত্রী তার অর্ধেক সংখ্যক পুত্র ও কন্যা সন্তানে বৈশিষ্ট্যটি সঞ্চারিত করে।

3 বৈশিষ্ট্যটির জন্য কোন স্ত্রী হোমোজাইগাস হলে তার স্ত্রী ও পুরুষ নির্বিশেষে সকল সন্তানই আক্রান্ত হয়।

হাইপোফসফটেমিয়া (Hypophosphatemia) নামক রোগের কারণ জিনটি x ক্রোমোজোমস্থিত একটি প্রকটধর্মী সিউটেশন। এই রোগ হলে মানুষের পায়ের হাড় অনেকটা ধনুকের মতো বেঁকে যায়। রোগটির উত্তরাধিকারে উল্লেখিত নীতি লক্ষ্য করা যায়। x ক্রোমোজোমস্থিত একটি প্রকটধর্মী জিনের উত্তরাধিকার দেখানোর জন্য একটি বংশতালিকা দেওয়া হল (চিত্র 6.7) তিনটি জনু সমন্বিত বংশতালিকায় দেখা যায় প্রথম জনুর আক্রান্ত পুরুষ (II) কেবল কন্যা সন্তানে তার বৈশিষ্ট্যটি সঞ্চারিত করেছে। দ্বিতীয় জনুর কন্যাসন্তানেরা তার অর্ধসংখ্যক সন্তানে চরিত্রটি সঞ্চারিত করেছে।

#### অনুশীলন-4

1. (ক) পুত্র সন্তানেরা x ক্রোমোজোম কার কাছ থেকে পেয়ে থাকে?
  - (খ) পিতা তার x ক্রোমোজোমের চরিত্র পুত্রের মধ্যে সঞ্চারিত করে না কেন?
  - (গ) প্রচ্ছন্নধর্মী জিনগত ক্রটির বাহিকা কন্যা তার পুত্র সন্তানে কেমন সন্তানবনায় ক্রটিটি সঞ্চারিত করে?
  - (ঘ) হিমোফিলিয়া A কি কারণে হয়?
  - (ঙ) হাইপোফসফটেমিয়া কি ধরনের জিন দ্বারা নির্ধারিত।
2. (ক) ক্রিস-ক্রস উত্তরাধিকারের সংজ্ঞা দিন।
  - (খ) x ক্রোমোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী বৈশিষ্ট্য পুরুষে বেশী প্রকাশ পায় কেন?
  - (গ) মাসকুলার ডিসট্রফির প্রধান লক্ষণ কি?
  - (ঘ) কোন্ রোগে মানুষের পায়ের হাড় ধনুকের মতো বেঁকে যায়?
  - (ঙ) পপুলেবানে কোন ধরনের হিমোফিলিয়া বেশী দেখা যায়?

### 6.7 Y ক্রোমোজোমস্থিত উপর অবস্থিত জিনের উত্তরলব্ধি নীতি :

আগেই বলা হয়েছে মানুষে সাধারণতঃ y ক্রোমোজোম পুরুষে থাকে। পুরুষ তার y ক্রোমোজোমটি পরের জনুর পুত্র সন্তানেই সঞ্চারিত করে। অর্থাৎ পুত্র সন্তানের তাদের y ক্রোমোজোমটি বাবার কাছ থেকে ও x ক্রোমোজোমটি মায়ের কাছ থেকে পেয়ে থাকে। y এর উপর অবস্থিত জিন বংশে কেবল পুরুষ থেকে পুরুষে সঞ্চারিত হয়। অর্থাৎ পিতা কেবল পুত্র সন্তানের মধ্যে এমন জিন সঞ্চারিত করতে পারে। এই কারণে y ক্রোমোজোমের জিন কেবল পুরুষেই প্রকাশ পায় ও তাদের বলে হোলান্দ্রিক (holandric) জিন।

অনেক পুরুষ মানুষের কানের পাতায় চুল দেখা যায়। এই চরিত্রটিকে বলে হাইপারট্রাইকোসিস (hypertrichosis)। হাইপারট্রাইকোসিসের জিনটি থাকে  $y$  ক্রোমোজোমের উপর। বংশতালিকায় চরিত্রটিকে কেবল পুরুষের মধ্যেই দেখা যাবে। যদি কোন পুরুষে হাইপারট্রাইকোসিস দেখা যায় তবে তার পরবর্তী জনুর সব পুত্র সন্তানই এই বৈশিষ্ট্যে আক্রান্ত হবে এবং এমন আক্রান্ত পুত্রেরা সবাই তাদের পুত্র সন্তানে বৈশিষ্ট্যটি সঞ্চারিত করবে। চিত্রে (চিত্র 6.8) হাইপারট্রাইকোসিসের বংশানুক্রমিক উদ্ভবন দেখানো হয়েছে।

## 6.8 লিঙ্গ নির্ভর চরিত্র (Sex dependant character)

মানুষে এমন কতিপয় চরিত্র আছে যাদের লিঙ্গ ভিত্তিক প্রকাশ দেখা যায়। আপাতদৃষ্টিতে এমন চরিত্রকে যৌন ক্রোমোজোমস্থিত ( $x$  অথবা  $y$ ) জিনদ্বারা সঞ্চারিত হয় বলে মনে হলেও এগুলি আসলে অটোজোমস্থিত জিনের নিয়ন্ত্রণাধীন। বিভ্রান্তি সৃষ্টিকারী এমন চরিত্রগুলিকে দুটি শ্রেণীতে ভাগ করা যায় যেমন লিঙ্গে সীমাবদ্ধ চরিত্র (Sex limited character) লিঙ্গদ্বারা প্রভাবিত চরিত্র (Sex influenced character)।

### লিঙ্গে সীমাবদ্ধ চরিত্র (Sex limited character)

যে সকল চরিত্র কেবল একটিমাত্র লিঙ্গে প্রকাশিত হয় তাদের এই গোত্রভুক্ত করা হয়। এমন চরিত্রের কারণ জিন অটোজোমে অবস্থান করে। পুরুষে প্রকাশপ্রাপ্ত এমন বৈশিষ্ট্য পরবর্তী জনুর পুরুষে সঞ্চারিত হয় ও এতে মনে হয় চরিত্রটি হয়তো  $y$  ক্রোমোজোমে অবস্থিত। চরিত্রটির  $y$  ক্রোমোজোম সম্পর্ক নস্যাৎ হয় এই কারণে যে বৈশিষ্ট্যটি দ্বারা আক্রান্ত পুরুষের কন্যা সন্তান আক্রান্ত হওয়া সত্ত্বে চরিত্রটিকে তার পুত্র সন্তানে সঞ্চারিত করতে পারে। আবার চরিত্রটির  $x$  ক্রোমোজোম সম্পর্কও বাতিল হয়ে যায় এই কারণে যে স্ত্রীলোকেরা এমন চরিত্রে আক্রান্ত হয় না বললেই চলে।

মানুষের এমন একটি চারিত্রিক ক্রটি হল অকালে যৌবন প্রাপ্তি (precocious puberty) স্বাভাবিক জিনের একটি প্রকটধর্মী মিউটেশনের কারণে এমন চরিত্র কেবল পুরুষ প্রকাশ পায়। এমন জিনের বাহন বালক 4 বছর বা তারও কম বয়সে যৌবন পেয়ে যায়। হেটোরোজাইগাস অবস্থায় ছেলেরা এই বৈশিষ্ট্যের প্রকাশ ঘটাতে পারে, কিন্তু মেয়েরা এমন জিন বহন করেও চরিত্রটির প্রকাশ ঘটাতে পারে না। মেয়েদের স্তনবৃদ্ধি ও ছেলেদের গোঁফদাড়ি গজানোও লিঙ্গে সীমাবদ্ধ চরিত্র হিসাবে বিবেচিত হয়।

### (খ) লিঙ্গদ্বারা প্রভাবিত চরিত্র (Sex influenced character)

লিঙ্গদ্বারা প্রভাবিত চরিত্র দুটি লিঙ্গেই প্রকাশ পেতে পারে তবে দুই লিঙ্গে (পুরুষ ও স্ত্রী) তার প্রকাশ প্রাপ্তির পরিমাণকে মেণ্ডেলীয় অনুপাত দিয়ে বিচার করা যায় না। অটোজোমে অবস্থিত জিনদ্বারা বৈশিষ্ট্যটির প্রকাশ ঘটাতে স্ত্রী ও পুরুষে একই জিনের প্রকাশ পাওয়ার ক্ষমতায় পার্থক্য লক্ষ্য করা যায়।

মানুষের প্যাটার্ন বোল্ডনেস (pattern boldness) নামক চরিত্র, যাতে মাথায় বিশেষ ধরনের টাক দেখা দেয়, একটি অটোজোমস্থিত মিউটেশনের জন্য ঘটে থাকে। তবে এই জিনটির ধর্ম এমন যে পুরুষে জিনটি যখন প্রকটভাবে দেখায়, স্ত্রী দেহে তখন এটি প্রচ্ছন্নধর্মী হিসাবে ব্যবহার দেখায়। এই কারণে পপুলেশনে পুরুষেরা এই চরিত্রটি অনেক বেশী মাত্রায় প্রকাশ দেখিয়ে থাকে। স্ত্রীলোকেরা কেবল হোমোজাইগাস অবস্থায় চরিত্রটির প্রকাশ দেখিয়ে থাকে।

## অনুশীলনী-5

1 উপযুক্ত শব্দ দ্বারা শূন্যস্থান পূরণ করুন

- (ক)  $y$  ক্রোমোজোমস্থিত জিনের অপর নাম ———।  
(খ) পুত্ররা  $y$  ক্রোমোজোমটি পায় কেবল ——— কাছ থেকে।  
(গ) মানুষের একটি লিঙ্গের সীমাবদ্ধ চরিত্র হল ———।  
(ঘ) লিঙ্গে সীমাবদ্ধ চরিত্র কেবল ক্রটি ——— প্রকাশ পায়।  
(ঙ) প্যাটার্ন বন্ডনেস মানুষের একটি ——— ——— চরিত্র।

2 বন্ধনীর ভিতর সঠিক শব্দটির গায়ে টিক চিহ্ন দাও।

- (ক) অকালে যৌবন প্রাপ্তির জিন অবস্থান করে ( $x$  ক্রোমোজোমে/অটোজোমে/ $y$  ক্রোমোজোমে)  
(খ) কোন পুরুষের হাইপারট্রাইকোসিস থাকলে তার এই বৈশিষ্ট্যটি প্রকাশ পাবে (কেবল পুত্র সন্তানে/ স্ত্রী সন্তানে/উভয় সন্তানে)  
(গ) যে চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য কেবল পুরুষে প্রকাশ পায় তাকে বলা যায় ( $y$  লিংকত জিন/অটোজোমীয় জিন/ $x$  ও  $y$  লিংকত জিন)।  
(ঘ) লিঙ্গে সীমাবদ্ধ বৈশিষ্ট্যের উদাহরণ হল (হাইপারট্রাইকোসিস/অকাল যৌবন/পুরুষে অকাল যৌবন ও স্ত্রীলোকে স্তনবৃদ্ধি)  
(ঙ) স্ত্রী দেহে প্যাটার্নবন্ডনেসের জিন কাজ করে (প্রকট হিসাবে/প্রচ্ছন্নরূপে সহপ্রকট ভাবে)

---

## 6.9 সারাংশ

---

- মানুষের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য প্রকাশের জন্য দায়ী জিন প্রকট, প্রচ্ছন্ন, সহপ্রকটধর্মী বা অসম্পূর্ণ প্রকটধর্মী হতে পারে। জিনগুলি মানুষে হোমোজাইগাস, হেটোরোজাইগাস কিংবা হেমিজাইগাস অবস্থায় থাকে। প্রচ্ছন্নধর্মী জিন সাধারণতঃ হোমোজাইগাস বা হেটোরোজাইগাস অবস্থায় প্রকাশ পেতে পারে। প্রকাশিত বৈশিষ্ট্যকে বলে ফেনোটাইপ ও অন্তর্নিহিত জিনগত অবস্থাকে বলে জেনোটাইপ। দুই মানুষে জেনোটাইপগত অবস্থা একরকম হলেও ফেনোটাইপে প্রকাশ আলাদা হতে পারে। কারণ অনেক ক্ষেত্রে জিনের প্রকাশ পরিবেশদ্বারা প্রভাবিত হয়।
- মানুষের সকল চরিত্রের কারণ জিনগুলি থাকে 46টি ক্রোমোজোমের উপর এদের মধ্যে 22 জোড়া থাকে অটোজোম ও 1 জোড়া থাকে সেক্স বা যৌন ক্রোমোজোম। স্ত্রী ও পুরুষ শুধু যৌন ক্রোমোজোমের ভিত্তিতে আলাদা হয়।
- মানুষের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যগুলি ক্রোমোজোমের মধ্যদিয়ে সন্তান সন্ততিতে সঞ্চারিত হয়। অটোজোমস্থিত জিন ও যৌন ক্রোমোজোমস্থিত জিনের উত্তরাধিকার নীতি বোঝা যায়।

- অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী বৈশিষ্ট্য জনুক্রমে একান্তরভাবে স্ত্রী ও পুরুষ নির্বিশেষে সঞ্চারিত হয়, কিন্তু অটোজোমস্থিত প্রকটধর্মী চরিত্র বংশানুক্রমে প্রতিটি জনুতেই প্রকাশ পেয়ে থাকে সমানভাবে স্ত্রী ও পুরুষ সম্ভানে। সহপ্রকটধর্মী জিনের ক্ষেত্রে হেটেরোজাইগাস।
- ব্যক্তিউভয় অ্যালীলের প্রকাশ ঘটায় বলে একটি মিশ্র চরিত্র দেখা দেয়। x ক্রোমোজোমস্থিত জিনদ্বারা নির্ধারিত চরিত্রটি যখন প্রচ্ছন্নধর্মী তখন ঐ চরিত্র পুরুষ থেকে তার কন্যার মধ্যদিয়ে পরবর্তী জনুর পুত্র সম্ভানে সঞ্চারিত হয়, তাকে বলে ক্রিস-ক্রস উত্তরাধিকার। x ক্রোমোজোমস্থিত জিন প্রচ্ছন্ন প্রকটধর্মী কোন ক্ষেত্রে পিতা থেকে সরাসরি পুত্রে সঞ্চারিত হয় না। এমন প্রকটধর্মী জিনের ক্ষেত্রে পিতা বৈশিষ্ট্যটির প্রকাশ ঘটায় থাকলে পরবর্তী জনুতে তার সকল কন্যা বৈশিষ্ট্যটি উত্তরাধিকার করবে কিন্তু কোন পুত্র বৈশিষ্ট্যটির উত্তরাধিকার করে না।
- কোন চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য y ক্রোমোজোমের জিনদ্বারা নির্ধারিত হলে উহা সব সময় পুরুষ থেকে পুরুষে সঞ্চারিত হয়।
- মানুষে এমন কিছু কিছু চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য দেখা যায় যেগুলির উত্তরাধিকার সুস্পষ্ট ক্রোমোজোমীয় উত্তরাধিকার দ্বারা বোঝা যায় না। এসব সঞ্চারণের ক্ষেত্রে অটোজোমস্থিত জিনের লিঙ্গভিত্তিক প্রকাশভঙ্গী দেখা যায়। এদের মধ্যে কিছু বৈশিষ্ট্য আছে যাদের লিঙ্গে সীমাবদ্ধ তা দেখা যায়, আবার কিছু বৈশিষ্ট্য আছে যাদের প্রকাশে লিঙ্গের প্রভাব স্পষ্ট হয়।

## 6.10 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

- 1 নিম্নলিখিত জিনগত ক্রটিগুলি কেমন উত্তরাধিকার দেখায় লিখুন :  
(ক) পরফাইরিয়া অ্যানিমিয়া (খ) ধবল রোগ (গ) সিকল সেল (ঘ) বর্ণাঙ্কতা (ঙ) হাইপার ট্রাইকোসিস
- 2 A, B, C, D ও E এমন পাঁচটি চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য কেমনভাবে বংশানুক্রমিক সঞ্চারণ দেখায় তা উল্লেখ করা হল। বৈশিষ্ট্যগুলির কারক জিনের ক্রোমোজোমীয় অবস্থান নির্ধারণ করুন।  
(ক) A প্রথম জনুর পুরুষে আছে, কিন্তু দ্বিতীয় জনুর স্ত্রী ও পুরুষ কেউ বৈশিষ্ট্যটি দেখায় না। দ্বিতীয় জনুর কন্যাসম্ভানের কোন কোন পুত্র চরিত্রটির প্রকাশ ঘটায়।  
(খ) একটি বংশ তালিকায় চারটি জনুর প্রত্যেকটিতে B উপস্থিত। প্রতি জনুতে স্ত্রী ও পুরুষ সমানভাবে আক্রান্ত, যদিও জনুতে কোন কোন স্ত্রী বা পুরুষ অনাক্রান্ত।  
(গ) একটি বংশতালিকায় C বৈশিষ্ট্যটি স্ত্রীর মধ্যে প্রকাশিত ঐ স্ত্রীলোকের ২টি কন্যা ও ২টি পুত্রের একজন করে বৈশিষ্ট্যটির প্রকাশ দেখিয়েছে।  
(ঘ) বংশতালিকায় D বৈশিষ্ট্যটি কেবল পুরুষ থেকে পুরুষে সঞ্চারিত হতে দেখা যায়।

(ঙ)E বৈশিষ্ট্যটি প্রথম জনুর স্বামী ও স্ত্রী উভয়ের মধ্যে প্রকাশ পেয়েছে। কিন্তু দ্বিতীয় জনুর এক কন্যা ও এক পুত্র কেউই বৈশিষ্ট্যটির প্রকাশ ঘটায় নি।

3 নিম্নে পাশাপাশি দুই সারিতে কতগুলি শব্দের উল্লেখ আছে। প্রথম সারির শব্দগুলির সাথে দ্বিতীয় সারির শব্দকে মিলিয়ে ক, খ, গ, ঘ ও ঙ চিহ্নিত ফাঁকা জায়গায় লিখুন।

প্রথম সারি	দ্বিতীয় সারি
1 বর্ণাঙ্কতা	(i) y ক্রোমোজোম
2 হেটেরোজাইগোট	(ii) অ্যালীল জোড়া
3 হোলান্ড্রিক জিন	(iii) x - ক্রোমোজোম
4 PKU	(iv) অটোজোম
5 হাইপোপসপাটোমিয়া	(v) প্রকটজিন
(ক) _____ ও _____	
(খ) _____ ও _____	
(গ) _____ ও _____	
(ঘ) _____ ও _____	
(ঙ) _____ ও _____	

---

## 6.11 উত্তরমালা

---

### অনুশীলনী-১

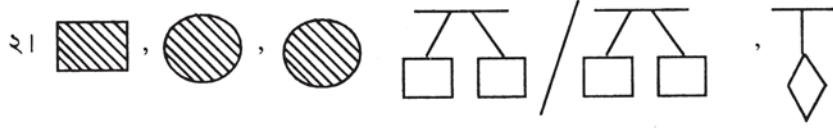
- ১। 4 রমক, প্রকটধর্মী জিন, প্রচ্ছন্নধর্মী জিন, সহ প্রকটধর্মী ও অসম্পূর্ণ প্রকটধর্মী
- ২। (ক) অ্যালীল (খ) একজোড়া (গ) হেমিজাইগাস (ঘ) লোকাস (ঙ) ফেনোটাইপ (চ) জেনোটাইপ (ছ) হোমোজাইগাস

### অনুশীলনী-২

- (ক) অটোজোম, সেক্সক্রোমোজোম
- (খ) উভয়ের, পুরুষের
- (গ) হেমিজাইগাস, হোমোজাইগাস, হেটেরোজাইগাস

(ঘ) বংশতালিকা, বংশতালিকা, প্রোব্যাণ্ড

(ঙ) ক্রোমোজোমের, প্রকটধর্মী



### অনুশীলনী-৩

- 1 স্ত্রী ও পুরুষে সমানভাবে বৈশিষ্ট্যের প্রকাশ
- 2 ক্রটিহীন বা স্বাভাবিক স্ত্রী ও পুরুষ থেকে ক্রটিযুক্ত বা অস্বাভাবিক সন্তান জন্মানো।
- 3 ধবলরোগ বা অ্যালবিনিজম
- 4 চামড়া মেলানিন তৈরী না হওয়া
- 5 সহপ্রকট ধর্মী
- 6 দুই রকমের
- 7 ১০০%
- 8 যখন প্রতি জনুতে চরিত্রটি আবির্ভূত হয়।
- 9 হেটেরোজাইগাস ও ক্রটি কারণ জিনটি
- 10 সিকল সেল ট্রেট
- 11 সিকল সেল ট্রেট
- 12 দুই প্রকার হোমোজাইগোট ও একপ্রকার হেটেরোজাইগোট সন্তান। প্রতি প্রকার হোমোজাইগোট 25% করেও হেটেরোজাইগোট 50% সংখ্যায়।

### অনুশীলনী-৪

- 1 (ক) মায়ের কাছ থেকে  
(খ) মানুষের পুরুষে একটি x ও একটি y ক্রোমোজোম থাকে। এর y ক্রোমোজোমটি পুরুষ বাবার কাছ থেকে পায়। স্বভাবতই পিতা তার x ক্রোমোজোমটি কন্যাকে দিয়ে থাকে। ফলে x ক্রোমোজোমের জিন সরাসরি পিতা থেকে পুত্রে যেতে পারে না।  
(গ) 50%  
(ঘ) রক্ততঞ্চন ফ্যাক্টর VII এর অভাব জনিত কারণে।  
(ঙ) x ক্রোমোজোমস্থিত প্রকটধর্মী জিন দ্বারা




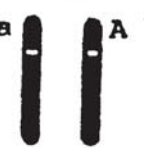


- 2 (ক) মাতামহ থেকে কোন চরিত্র তার কন্যার মধ্যদিয়ে দৌহিত্রের সঞ্চারিত হওয়াকে ক্রিসক্রশ উত্তরাধিকার বলে।
- (খ) পুরুষে জিনগুলি হেমিজাইগাস অবস্থা পায়।
- (গ) ক্রমাগত পেশী ক্ষয়।
- (ঘ) হাইপারফসফাটোমিয়া
- (ঙ) হিমোফিলিয়া A।

#### অনুশীলনী-৫

- 1 (ক) হোলান্ড্রিক জিন (খ) বাবার
- (গ) অকাল যৌবন (ঘ) লিঙ্গে
- (ঙ) লিঙ্গ প্রভাবিত।
- 2 (ক) অটোজোমে (খ) কেবল পুত্র সন্তানে
- (গ) y লিংকত জিন (ঘ) পুরুষে অকাল যৌবন ও স্ত্রীলোকে স্তনবৃদ্ধি
- (ঙ) প্রচ্ছন্নরূপে

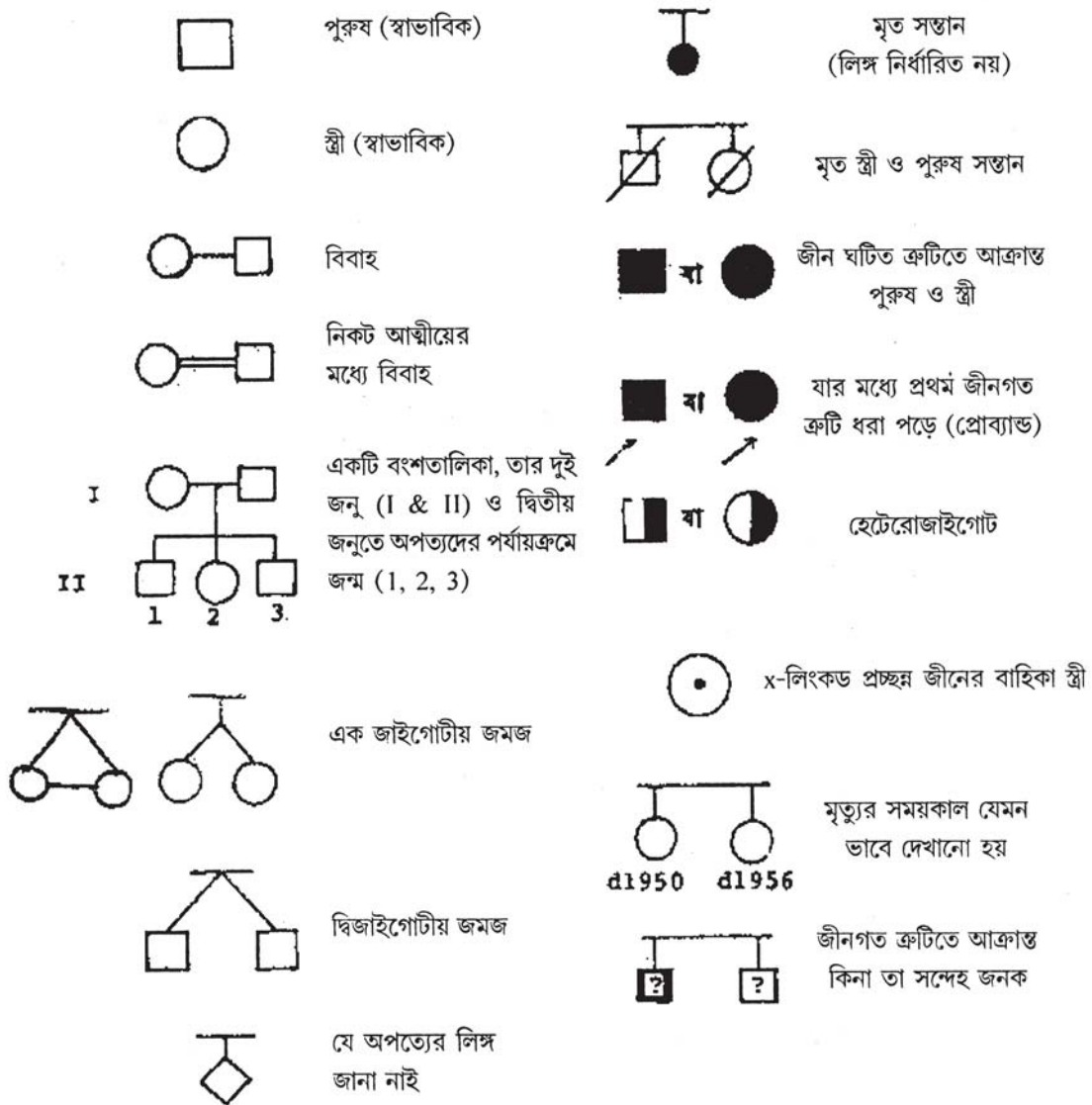
#### সর্বশেষ প্রশ্নমালা

- 1 (ক) অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিন
- (খ) অটোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিন
- (গ) অটোজোমস্থিত সহপ্রকটধর্মী জিন
- (ঘ) x ক্রোমোজোমস্থিত প্রচ্ছন্নধর্মী জিন
- (ঙ) y ক্রোমোজোমস্থিত জিন
- 2 (ক) x ক্রোমোজোম ও প্রচ্ছন্নধর্মী
- (খ) অটোজোম ও প্রকটধর্মী
- (গ) অটোজোম প্রকটধর্মী কিংবা x ক্রোমোজোম প্রকটধর্মী
- (ঘ) y ক্রোমোজোম
- (ঙ) অটোজোম ও প্রকটধর্মী
- 3 (ক) \_\_\_\_\_ ও \_\_\_\_\_
- (খ) \_\_\_\_\_ ও \_\_\_\_\_
- (গ) \_\_\_\_\_ ও \_\_\_\_\_
- (ঘ) \_\_\_\_\_ ও \_\_\_\_\_
- (ঙ) \_\_\_\_\_ ও \_\_\_\_\_

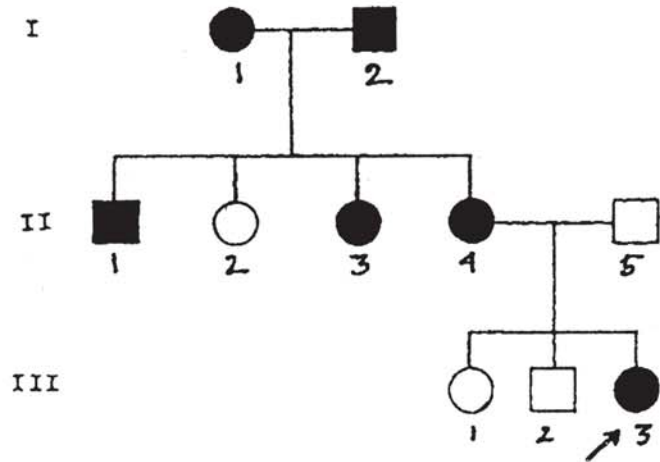
	A - অ্যালীল		a - অ্যালীল	
	জেনোটাইপ	ফিনোটাইপ	জেনোটাইপ	ফিনোটাইপ
হোমোজাইগাস		X		Y
হেটেরোজাইগাস		X		X
হেমিজাইগাস		X		Y

চিত্র 6.1 : জিনের হোমোজাইগাস, হেটেরোজাইগাস, হেমিজাইগাস অবস্থা ও তাদের সংশ্লিষ্ট ফেনোটাইপ।



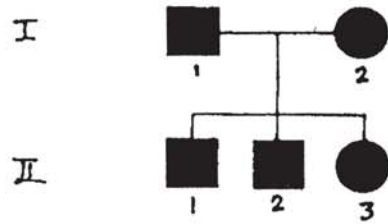


চিত্র 6.2 : বংশতালিকা বিশ্লেষণে ব্যবহৃত সংকেত ও তার অর্থ

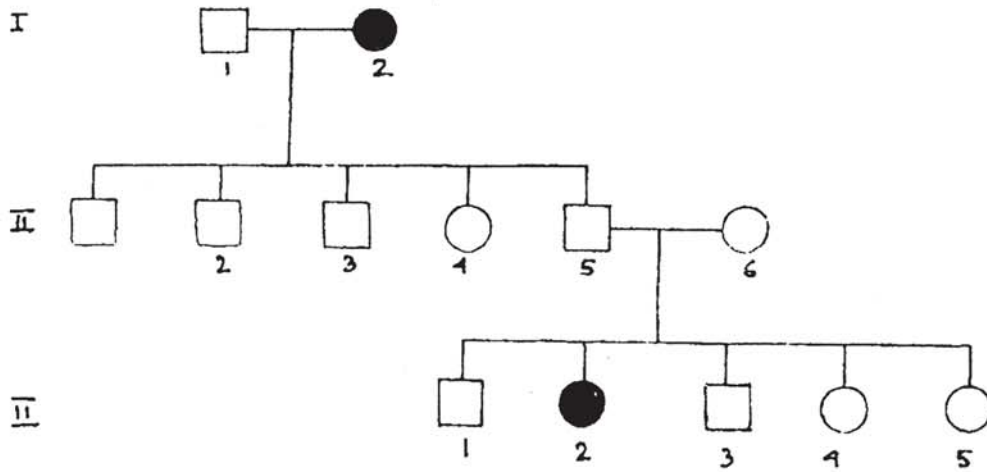


চিত্র 6.3 : জিনগত ক্রটির বংশানুক্রমিক উত্তরাধিকার নির্দেশক একটি বংশ তালিকা

A



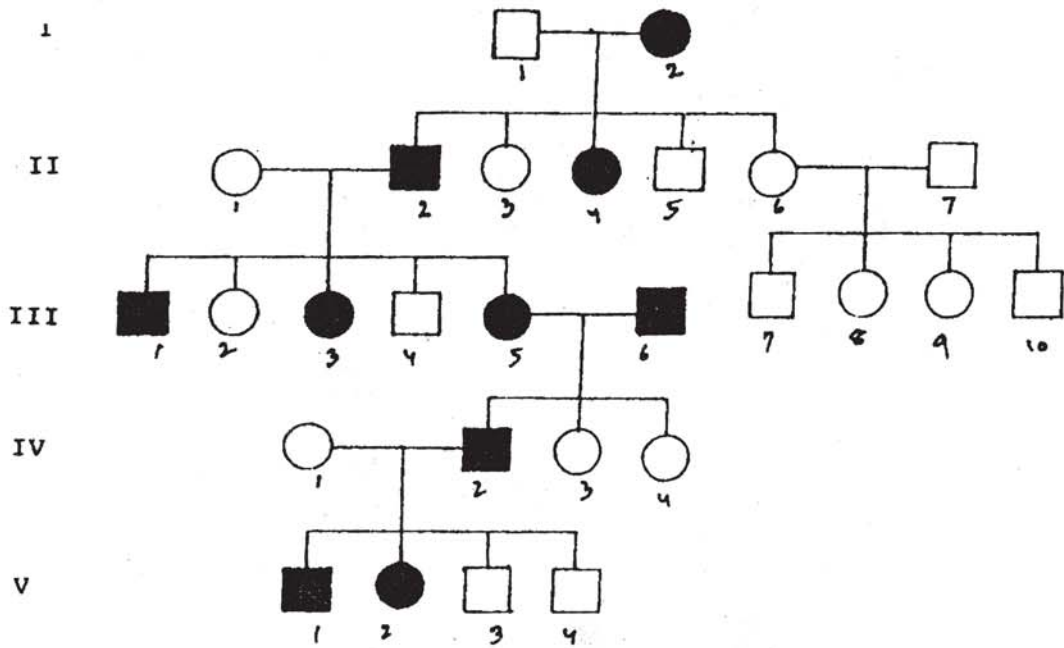
B



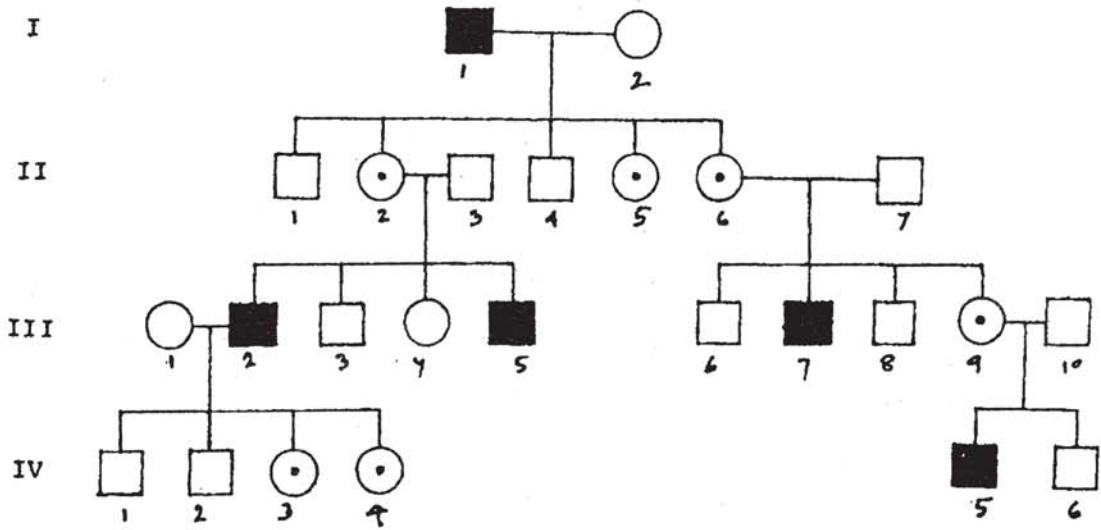
চিত্র 6.4 : অ্যালবিনিজমের বংশ তালিকা

A : যখন স্বামী-স্ত্রী দুজনেই অ্যালবিনিজমের শিকার

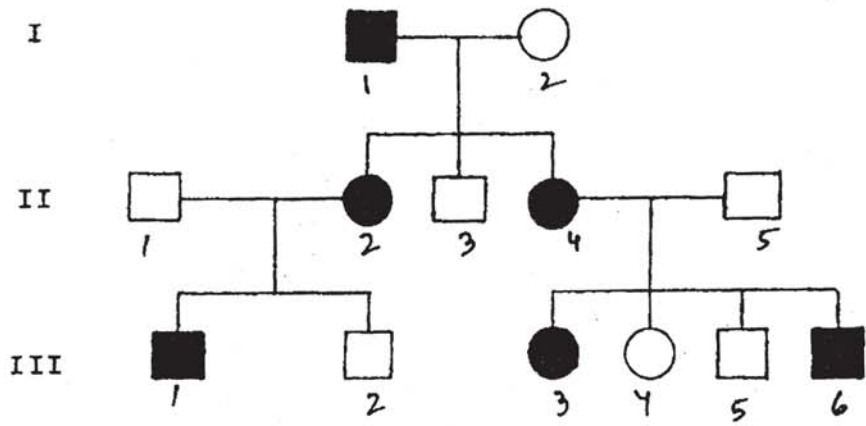
B : হেটেরোজাইগাস স্বামী-স্ত্রী যেমন ভাবে অ্যালবিনো সন্তানের জন্ম দেয়



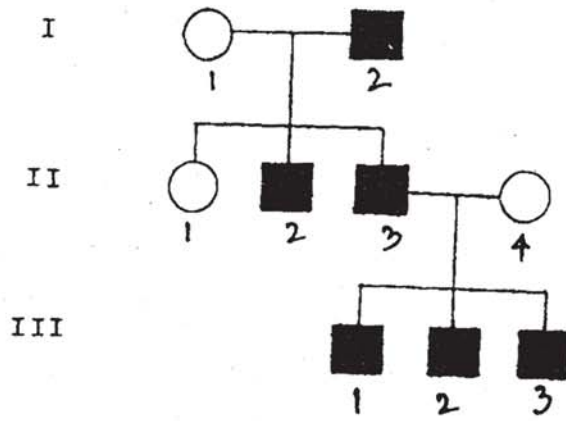
চিত্র 6.5 : অটোজোমস্থিত প্রকটধর্মী জিনের উত্তরাধিকার নির্দেশক অংশতালিকা



চিত্র 6.6 : X ক্রোমোজোমস্থিত একটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিনের অংশানুক্রমিক সঞ্চারণ



চিত্র 6.7 : X ক্রোমোজোমস্থিত একটি প্রকটধর্মী চরিত্রের উত্তরাধিকার



চিত্র 6.8 : একটি Y ক্রোমোজোমস্থিত জীনের উত্তরাধিকার

---

## একক 7 □ লিংকেজ ও পুনঃসংযোজন

---

পাঠ

7.1 প্রস্তাবনা

উদ্দেশ্য

7.2 লিংকেজের সংজ্ঞা

7.3 লিংকেজের আবিষ্কার

7.4 মর্গ্যানের ফলমাছির উপর সংকরায়ন পরীক্ষা

7.5 লিংকেজ মতবাদ

7.6 লিংকেজের প্রকার ভেদ

পূর্ণ লিংকেজ

অসম্পূর্ণ লিংকেজ

7.7 লিংকেজ গোষ্ঠী

7.8 লিংকেজ ও জিনের স্বাধীন বিন্যাস

7.9 পুনঃ সংযোজন

7.10 ক্রসিং ওভার

7.11 ক্রসিং ওভারের কোষগত বা সাইটোপ্লাজমীয় ভিত্তি

ক্রসিং ওভারে ক্রোমোজোমের অংশ বিনিময়ের প্রমাণ

ক্রসিং ওভার যে টেট্রাড অবস্থায় হয় তার প্রমাণ

7.12 ক্রসিং ওভার ও পুনঃসংযোজন পদ্ধতি

ভাঙন ও পুনঃর্যোজন মতবাদ

বেলিং-এর মতবাদ ও প্রতিলিপি মনোনয়ন।

### 7.13 পুনঃসংযোজনের আণবিক পদ্ধতি

একসূত্রী ভাঙন মডেল

দ্বিসূত্রী ভাঙন মডেল।

### 7.14 লিংকেজ, ক্রসিংওভার ও পুনঃসংযোজন : প্রয়োগভিত্তিক দিক

### 7.15 তিনটি জিন ভিত্তিক ক্রসিংওভার, পুনঃসংযোজন ও লিংকেজ ম্যাপ

### 7.16 দ্বৈত ক্রসিংওভার ও ইন্টারফারেন্স

### 7.17 সারাংশ

### 7.18 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

### 7.19 উত্তরমালা

---

## 7.1 প্রস্তাবনা

---

মেডেলের বংশগতি সংক্রান্ত সূত্রগুলি আবিষ্কারের পর লিংকেজে ও পুনঃসংযোজনের আবিষ্কার দুটি উল্লেখযোগ্য ঘটনা। জিনের স্বাধীন বিন্যাসের পরিপন্থী একাধিক জিনের সঙ্গে বন্ধ সঞ্চারণ জিনের উত্তরলব্ধি নীতির বিশেষ চরিত্র প্রকাশ করে অপর দিকে পুনঃসংযোজন জিনের সঙ্গে বন্ধ উত্তরণের বিরুদ্ধে কাজ করে প্রজাতির মধ্যে বৈচিত্র্য এনে দেয়। বংশগতি বিজ্ঞানে এই দুটি ঘটনা এই শাস্ত্র চর্চায় দুটি অধ্যায়ের সূচনা করেছে। লিংকেজের ঘটনা উদ্ঘাটিত হওয়ার আগেই বংশগতির ক্রোমোজোম তত্ত্ব উদ্ঘাটিত হয়েছিল। এই মতবাদে বলা হয়েছে ক্রোমোজোমের মাধ্যমেই জিনের উত্তরলব্ধি ঘটে। লিংকেজের মতবাদ অনুযায়ী এক একটি ক্রোমোজোম একসাথে অনেক জিন বহন করে। আর একই ক্রোমোজোমের জিন জোটবদ্ধ অবস্থায় একসাথে বংশ পরম্পরা সঞ্চালনের প্রবণতা দেখায়। এমন ঘটনাকেই লিংকেজ হিসাবে গণ্য করা হয়। প্রকৃতিতে লিংকেজে না থেকে যদি ক্রোমোজোমস্থিত জিনের মুক্ত সঞ্চারণ ঘটতো তাহলে প্রজাতির জীব সম্প্রদায়ে এমন অগণিত জিন সমন্বয় দেখা দিত যে প্রজাতির দুটি জীব তো দূরের কথা একই পরিবারভুক্ত দুই সন্তানের মধ্যেও মিল খুঁজে পাওয়া ভার হত। তাই প্রজাতির স্বতন্ত্রতা রক্ষায় লিংকেজের অবদান অনস্বীকার্য। প্রজাতিভুক্ত জীবেরা চেষ্টা করলেও প্রকৃতি বৈচিত্র্য সৃষ্টির নানা কলা কৌশল উদ্ভাবন করেছে। পুনঃসংযোজন এমন বৈচিত্র্য সৃষ্টির একটি কৌশল বলা যায়। ডিপ্লয়েড প্রাণী কিংবা উদ্ভিদে গ্যামেট সৃষ্টিকালে যখন দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোম জোড় বাঁধে তখন কখনও কখনও বিশেষ নিয়মনীতি মেনে দুই ক্রোমোজোমের মধ্যে অংশ বিনিময় ঘটে যায়। আর এর ফলে ক্রোমোজোমে জিনগত পুনঃসংযোজন এই কারণে জিনের উত্তরলব্ধিতে নতুন মাত্রা এনেছে বলা যায়।

## উদ্দেশ্য

আলোচ্য অধ্যায়টি পাঠ করে আপনারা যে যে বিষয়ে বিশেষ ধারণা লাভ করবেন তা হল—

- মানুষের তথা প্রাণী ও উদ্ভিদের অসংখ্য জিন কোষস্থ ক্রোমোজোমের উপর কেমন ভাবে সাজানো থাকে।
- কি কারণে একই ক্রোমোজোমের জিনগুলি একসাথে সঞ্চারিত হওয়ার প্রবণতা দেখায়।
- জিনের জোটবদ্ধ অবস্থানের কত প্রকার ভেদ আছে।
- কোন ধর্মের ভিত্তিতে জোটবদ্ধ জিন তথ্য চরিত্রগুলিকে সনাক্ত করা যায়।
- লিংকেজ থাকা সত্ত্বেও কখন বা কোন্ কোন্ ক্ষেত্রে জিনের মুক্ত সঞ্চারণ সম্ভব।
- কোন ক্ষেত্রে লিংকেজের অন্তর্ভুক্ত জিনগুলি পুনঃসংযোজন ঘটাতে পারে ও কেমনভাবে নতুন চারিত্রিক সমন্বয় সৃষ্টি করে।
- কেমনভাবে দুই হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের মধ্যে অংশ বিনিময় ঘটে।
- কেমন আণবিক পদ্ধতিতে জিনের নবসমন্বয় গড়ে ওঠে।
- লিংকেজ ও পুনঃসংযোজনের ধারণাকে কাজে লাগিয়ে কেমনভাবে ক্রোমোজোমের উপর জিনের অবস্থান নির্দেশক লিংকেজ ম্যাপ তৈরী করা যায়।
- কোন প্রাকৃতিক প্রভাব যথেষ্ট পুনঃসংযোজনের বাধা দান করে।
- জৈব অভিব্যক্তিতে পুনঃসংযোজনের গুরুত্ব কতখানি।
- পুনঃসংযোজন জীবকে কেমন সুবিধা দান করে।

---

## 7.2 লিংকেজের সংজ্ঞা

---

কোন জীবের এক একটি ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত জিনগুলি যেমন জোটবদ্ধ, সঞ্চারণ দেখায় তাকে বলে লিংকেজ।

যে জিনগুলি লিংকেজ দেখায় তাদের লিংকেজভুক্ত জিন বলে। মানুষের তথা অনেক প্রাণীর কোষে দু'রকমের ক্রোমোজোম দেখা যায় যথা অটোজোম (autosome) ও অ্যালোজোম (allosome)। অটোজোমস্থিত জিন সমূহ যেমন লিংকেজ দেখায় তাকে বলে অটোজোমীয় লিংকেজ ও অ্যালোজোমে জিনগুলি যেমন লিংকেজ দেখায় তাকে বলে সেক্স লিংকেজ। ক্রোমোজোমগত অবস্থান অনুযায়ী লিংকেজকে এমনভাবে নামাঙ্কিত করা হলেও পদ্ধতি হিসাবে লিংকেজ কিছু সাধারণ ধর্ম মেনে চলে। সাধারণ অর্থে লিংকেজ হল একই ক্রোমোজোমস্থিত জিন সমূহের জোটবদ্ধ বংশানুক্রমিক সঞ্চারণ। লিংকেজের পদ্ধতি ক্রোমোজোমস্থিত জিনগুলিকে পরস্পর থেকে পৃথক হতে বাধা দেয়।

### 7.3 লিংকেজের আবিষ্কার

লিংকেজের প্রকৃত আবিষ্কার্তা হলেন থমাস হান্ট মরগ্যান (Thomas Hunt Morgan)। 1910 খ্রীষ্টাব্দে। *Drosophila melanogaster* নামে ফল মাটির উপর পরীক্ষা চালিয়ে লিংকেজের উপস্থিতি ও প্রভাব উপলব্ধি করেন। তবে মরগ্যানের আগে বেটসন ও পানেট (Bateson and Punnett) *Lathyrus odoratus* বা মিষ্টি মটর গাছের উপর দ্বিসংকরায়ন পরীক্ষায় এমন ঘটনার উপস্থিতি উপলব্ধি করেন। কিন্তু তাঁরা একে লিংকেজ হিসাবে সনাক্তকরণের অক্ষম ছিলেন। বেটসন ও পানেট 1905 খ্রীষ্টাব্দে দুটি চরিত্র সাপেক্ষে (ফুলের রং ও পরাগ রেণুর আকার) মিষ্টি মটর গাছে দ্বিসংকর পরীক্ষা চালান। একটি খাঁটি পার্পল ফুল ও লম্বা রেণু উৎপাদক মিষ্টি মটরগাছ ও খাঁটি লাল ফুল ও গোল রেণু উৎপাদক মিষ্টি মটর গাছের ইতর পরাগ যোগ মাধ্যমে তাঁরা  $F_1$  জনুতে কেবল পার্পল-লম্বা, বৈশিষ্ট্যযুক্ত গাছ লাভ করেন।  $F_1$  জনুর উদ্ভিদ থেকে  $F_2$  জনু উৎপাদন করে দেখা গেল অপত্যবংশে পার্পল-লম্বা, পার্পল - গোল, লাল-লম্বা ও লাল-গোল বৈশিষ্ট্যের গাছ জন্মালেও গাছগুলির অনুপাত আদর্শ মেডেলীয় অনুপাত অর্থাৎ 9:3:3:1 থেকে সম্পূর্ণ আলাদা। তাঁদের পরীক্ষায় 284 টি পার্পল-লম্বা, 21 টি পার্পল-গোল, 21 টি লাল-লম্বা ও 55 টি লাল-গোল বৈশিষ্ট্যের গাছ জন্মেছিল। 9:3:3:1 অনুপাত অনুযায়ী এই সংখ্যা হওয়া উচিত ছিল 215:71:24।

যদি পার্পল বৈশিষ্ট্য নির্ধারক জিন P ও লাল বৈশিষ্ট্য নির্ধারক জিন p হয়; আর লম্বা বৈশিষ্ট্য নির্ধারক জিন L ও গোল বৈশিষ্ট্য নির্ধারক জিন l হয়, তবে পিতৃ জনু বা P জনুর পার্পল-লম্বা গাছের জেনোটাইপ হয় PPLL ও লাল-গোল গাছের জেনোটাইপ হয় ppll। কিন্তু  $F_1$  জনুর পার্পল-লম্বা গাছের জেনোটাইপ হয় PpLl, কারণ  $F_1$  অপত্যগুলি সংকর জাতীয়।  $F_1$  জনুর উদ্ভিদ চার রকম যথা PL, pL, Pl ও pl জাতীয় গ্যামেট সৃষ্টি করার জন্যই চাররকম অপত্য সৃষ্টি হয়। তবে তাঁদের মতে P জনুর দু'রকম উদ্ভিদ যথাক্রমে PL ও pl গ্যামেট দানে  $F_1$  জনুর উদ্ভিদ উৎপন্ন করেছিল ও এই দুই গ্যামেটীয় জিন সমন্বয় কাপলিং (coupling) অবস্থা নির্দেশ করে। তাঁরা মনে করেন যে দুটি প্রকট ধর্মী জিন বা দুটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিন একত্র থাকার অর্থ হল কাপলিং ও কাপলিং সমন্বয়যুক্ত গ্যামেট সব সময় বেশী সংখ্যায় উৎপন্ন হয়। আর এই কারণেই পৈত্রিক সমন্বয়যুক্ত চরিত্র অপত্যদের মধ্যে বেশী সংখ্যায় দেখা যায়। আবার একটি প্রকটধর্মী জিন ও একটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিন একত্রে অবস্থান করলে তাকে বলা হয় রিপালসিভ (repulsive) সমন্বয়। রিপালসিভ সমন্বয়ের গ্যামেট তুলনামূলকভাবে কম সংখ্যায় উৎপন্ন হয় বলে পুনঃসংযোজিত চরিত্রের উদ্ভিদ অনেক কম সংখ্যায় উৎপন্ন হয়েছিল। বেটসন ও পানেট কাপলিং ও রিপালসন দ্বারা তাঁদের পরীক্ষালব্ধ ব্যতিক্রমকে ব্যাখ্যা করলেও তাঁদের ধারণা ও অসত্য ছিল তা মরগ্যানের পরীক্ষায় ধরা পড়ে।

মরগ্যান ফলমাছির উপর এমন দ্বিসংকরায়নের ব্যবস্থা করেন যাতে একটি ক্ষেত্রে দুটি জিন কাপলিং সমন্বয়ে ছিল ও অপর ক্ষেত্রে দুটি জিন রিপালসিভ সমন্বয়ে ছিল (চিত্র নং—)। উভয় ক্ষেত্রেই তিনি লক্ষ্য করেন যে কাপলিং কিংবা রিপালসন উভয় প্রকার সমন্বয়ের ক্ষেত্রেই পিতৃ জনুর সমন্বয়যুক্ত চরিত্রই বেশী পরিমাণে জন্ম গ্রহণ করে। অর্থাৎ  $F_2$  ফেনোটাইপীয় অনুপাতের পার্থক্যের পিছনে কাপলিং বা রিপালসনকে দায়ী করা যায় না। জিনের স্বাধীন বিন্যাস প্রতিহতী কারণকে মরগ্যান লিংকেজ আখ্যা দেন। লিংকেজই পিতৃ জনুর জিন সমন্বয়কে একত্রে ধরে রাখার চেষ্টা করে ও এই কারণেই পিতৃ জনুতে যেমন চরিত্র সমন্বয় কিংবা জিন সমন্বয় আছে সেই অনুসারে বিভিন্ন রকম অপত্য সংখ্যার তারতম্য নির্ধারিত হয়। তিনি দেখান যে সব সময় পিতৃ জনুর চরিত্র সমন্বয়যুক্ত অপত্যই বেশী সংখ্যায় আবির্ভূত হয়।

এই প্রসঙ্গে মরগ্যানের পরীক্ষা দুটি উল্লেখ বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ।



## 7.4 মরগ্যানের ফলমাছির উপর সংকরায়ণ পরীক্ষা

1910 খ্রীষ্টাব্দে মরগ্যান চোখের ও ডানার দৈর্ঘ্য এই দুটি চরিত্র সাপেক্ষে বিপরীতধর্মী বৈশিষ্ট্যযুক্ত ফলমাছির সংকরায়ন ঘটান। এক পরীক্ষায় তিনি P জনুতে লাল চোখ ও লম্বা ডানা বিশিষ্ট স্ত্রী মাছির সাথে পার্পল চোখ ও খর্ব ডানা বিশিষ্ট পুরুষ মাছির সংকরায়ন সাধন করে দেখেন যে F<sub>1</sub> জনুতে মাছিগুলি সবাই লাল চোখ ও লম্বা ডানা বিশিষ্ট হয়। এরপর F<sub>1</sub> জনুর স্ত্রী মাছির সাথে পার্পল চোখ ও খর্ব ডানা পুরুষ মাছির মিলন ঘটালে (অর্থাৎ Test cross) দেখা যায় F<sub>1</sub> জনুতে চার প্রকার মাছি অর্থাৎ লাল-লম্বা, লাল-খর্ব, পার্পল-লম্বা ও পার্পল-খর্ব বৈশিষ্ট্যযুক্ত মাছি নিয়মমতো 1:1:1:1 অনুপাতের পরিবর্তে অস্বাভাবিকভাবে পৃথক অনুপাতে (টেবিল নং 7.1) জন্মায়।

টেবিল 7.1 ফলমাছির সংকরায়ন পরীক্ষা ও তার ফলাফল।

জনু	মাছির বৈশিষ্ট্য ও প্রকৃতি
সংকরায়ন	
P জনু	♀ লাল চোখ লম্বা ডানা × ♂ পার্পল চোখ খর্ব ডানা
F <sub>1</sub> জনু	লাল চোখ লম্বা ডানা (স্ত্রী ও পুরুষ)
সংকরায়ন	
F <sub>1</sub> জনু	♀ লাল চোখ লম্বা ডানা × ♂ পার্পল চোখ খর্ব ডানা
F <sub>2</sub> জনু	লাল-লম্বা    লাল-খর্ব    পার্পল লম্বা    পার্পল খর্ব
	1339        151        154        1195

যদি ধরা যায় পার্পল বৈশিষ্ট্যের জন্য দায়ী জিন Pr তবে তার স্বাভাবিক অ্যালীল pr<sup>+</sup> লাল বৈশিষ্ট্য সৃষ্টি করে। অপর দিকে খর্ব ডানা বৈশিষ্ট্যের জিনটিকে যদি vg দ্বারা চিহ্নিত করা হয় তবে তার স্বাভাবিক অ্যালীল vg<sup>+</sup> দ্বারা চিহ্নিত করা যায় যা লম্বা ডানা বৈশিষ্ট্য সৃষ্টি করে। জিনের সংকেত উল্লেখসহ পূর্বে বর্ণিত পরীক্ষাটিকে চিত্র 7.1 মাধ্যমে দেখানো যায়।

উল্লেখিত পরীক্ষায় pr<sup>+</sup> ও vgt<sup>+</sup> একত্রে অবস্থান করে কাপলিং সমন্বয় দেখায়। F<sub>1</sub> জনুর লাল চোখ ও লম্বা ডানা বিশিষ্ট মাছিতে pr<sup>+</sup> vg<sup>+</sup> ও vg pr দুটি P জনুর মাছি থাকে প্রদত্ত হয়ে কাপলিং সমন্বয়ে অবস্থান করছে। F<sub>1</sub> জনুর সংকর স্ত্রী মাছিতে গ্যামেট উৎপাদনের সময় কাপলিং সমন্বয় থেকে খুব কমই পৃথক হয় বলে নব সমন্বয়ের অপত্য (লাল-খর্ব ও পার্পল-লম্বা) অল্প সংখ্যায় আবির্ভূত হয়।

অপর এক পরীক্ষায় মরগ্যান পার্পল লম্বা ও লাল খর্ব বৈশিষ্ট্যযুক্ত মাছির মিলন ঘটান। পিতৃ জনুর (P জনু) এমন দু'রকম মাছি F<sub>1</sub> জনুতে স্ত্রী সংকর মাছির সাথে পার্পল চোখ ও খর্ব ডানা বিশিষ্ট পুরুষ মাছির মিলন ঘটিয়ে তিনি F<sub>2</sub> জনুতে আগের মতো চার প্রকার অপত্য মাছি পায়। সংকরায়ন পরীক্ষা ও অপত্য জনুতে যেমনভাবে মাছি জন্মেছিল তা

নিচের টেবিলে (টেবিল 7.2) দেখানো হল।

টেবিল 7.2 ফলমাছির সংকরায়ন পরীক্ষা ও তার ফলাফল

জনু	মাছির বৈশিষ্ট্য ও প্রকৃতি
P জনু	♀ পার্পল চোখ লম্বা ডানা × লাল চোখ খর্ব ডানা
F <sub>1</sub> জনু	লালচোখ ডানা (স্ত্রী ও পুরুষ)
সংকরায়ণ	♀ লাল চোখ লম্বা ডানা পার্পল চোখ খর্ব ডানা
F <sub>1</sub> জনু	
F <sub>2</sub> জনু	পার্পল লম্বা    লাল-লম্বা    পার্পল-খর্ব    লাল-খর্ব
	1067            157            146            965

আগের মতোই জিন সংকেত দেখিলে সংকরায়ন পরীক্ষাটিকে একটি চিত্র মাধ্যমে উল্লেখ করা যায় (চিত্র 7.2) এই পরীক্ষায়  $Pr^{+}vg^{+}$  ও  $Pr^{+}vg$  পৃথকভাবে দুটি P জনুর মাছির মধ্যে অবস্থান করায় জিন দুটি রিপালসিভ সম্বয় নির্দেশ করে। রিপালসিভ সম্বয়ের ক্ষেত্রেও পিতৃ জনুর চরিত্র সম্বয় অধিক সংখ্যায় আবির্ভূত হয়। অর্থাৎ কাপলিং বা রিপালসিভ সম্বয়ের উপর অপত্য প্রকৃতি কম বা বেশী আবির্ভূত হওয়া নির্ভর করে না, বরং একটি ক্রোমোজোমের উপর কেমন দুটি জিন অবস্থান করে, তার উপর। একই ক্রোমোজোমের উপর দুটি জিন কাপলিং বা রিপালসিভ যে কোন সম্বয়েই অবস্থান করুক না কেন তারা লিংকড বা জোটবদ্ধ হিসাবে পরিগণিত দেখায় বলে পিতৃ সম্বয়যুক্ত বৈশিষ্ট্যই বেশী সংখ্যায় আবির্ভূত হয়।

### অনুশীলনী—1

#### 1. শূন্যস্থান পূরণ করুন :

- জিনের সঙ্গবদ্ধ সঞ্চারণকে বলে\_\_\_\_\_।
- জিনের সঙ্গবদ্ধ সঞ্চারণের বিরুদ্ধে কাজ করে বৈচিত্র্য সৃষ্টিতে সাহায্য করে\_\_\_\_\_।
- লিংকেজ ও জিনের স্বাধীন বিন্যাস একে অপরের\_\_\_\_\_।
- মানুষের কোষে যে দু'রকম ক্রোমোজোম দেখা যায় তাদের নাম\_\_\_\_\_ও\_\_\_\_\_।

#### 2. এক কথায় উত্তর দিন :

- কত সালে লিংকেজ আবিষ্কৃত হয়?
- কোন বিজ্ঞানী লিংকেজ আবিষ্কার করেন?
- কোন প্রাণীর উপর পরীক্ষা চালিয়ে লিংকেজ আবিষ্কৃত হয়?
- কোন ক্ষেত্রে কয়েকটি জিন লিংকেজের অন্তর্ভুক্ত হয়?
- দু'টি প্রকটধর্মী জিন একত্রে ক্রোমোজোমে অবস্থান করলে তাকে কি বলা হয়?

#### 3. লিংকেজ আছে কিনা বুঝতে হলে কেমন পরীক্ষা ব্যবস্থার আয়োজন দরকার লিখুন।

---

## 7.5 লিংকেজ মতবাদ

---

1. জিনগুলি ক্রোমোজোমের উপর রৈখিক সজ্জায় অবস্থান করেও একই ক্রোমোজোমের জিনগুলি লিংকেজের অন্তর্ভুক্ত হয়।

2. লিংকেজের অন্তর্ভুক্ত জিনগুলি জোটবদ্ধ অবস্থায় সঞ্চারিত হওয়ার প্রবণতা দেখায়।

3. কাপলিং ও রিপালশন লিংকেজেরই দু'টি পৃথক অবস্থা।

4. ক্রোমোজোমের উপর কাছাকাছি অবস্থিত জিনগুলির মধ্যে লিংকেজ বল প্রবল হয়, আবার দূরবর্তী জিনেদের মধ্যে লিংকেজ বল কম হয়।

---

## 7.6 লিংকেজের প্রকারভেদ

---

পাশাপাশি দু'টি জিনের মধ্যে লিংকেজ বলের তারতম্য অনুযায়ী লিংকেজকে দু'টি ভাগে ভাগ করা যায়— যথা পূর্ণ লিংকেজ (Complete linkage) ও অসম্পূর্ণ লিংকেজ (incomplete linkage)।

**পূর্ণ লিংকেজ (complete linkage) :**

পাশাপাশি অবস্থিত দু'টি জিনের মধ্যে যখন লিংকেজ বল বেশী হয়, তখন তারা পরস্পর থেকে কোনওভাবে আলাদা হয় না, সব সময় তারা জোটবদ্ধ অবস্থায় সঞ্চারণ দেখায়। এমন লিংকেজকে পূর্ণ লিংকেজ বলে।

দু'টি জিনের মধ্যে পূর্ণ লিংকেজ থাকলে সব সময় চারিত্রিক দিক দিয়ে পিতৃসম্বয়যুক্ত বৈশিষ্ট্যের অপত্য জন্মায় ও কোন পুনঃসংযোজিত বৈশিষ্ট্যের সন্তান জন্মায় না। ফলমাছি ড্রোসোফিলার চতুর্থ ক্রোমোজোমস্থিত সকল জিনই পূর্ণ লিংকেজ দেখায়। এছাড়া পুরুষ ফলমাছিতে যে কোনও ক্রোমোজোমের জিনগুলি পূর্ণ লিংকেজ দেখায় ড্রোসোফিলার চতুর্থ ক্রোমোজোমে বক্রডানা সৃষ্টিকারী একটি প্রচ্ছন্নধর্মী মিউটেশন হল  $bt$ , আর শ্যাভেন (Shaven) রোঁয়া সৃষ্টিকারী অপর এক প্রচ্ছন্নধর্মী মিউটেশন  $svn$ । এদের স্বাভাবিক অ্যালীল দু'টি যথাক্রমে  $bt^+$ , ও  $svn^+$  লম্বা ডানা ও স্বাভাবিক রোঁয়া উৎপাদনে কাজ করে। খাঁটি লম্বা ডানা ও স্বাভাবিক রোঁয়াযুক্ত মাছির সাথে বক্র ডানা ও শ্যাভেন রোঁয়াযুক্ত মাছির মিলন ঘটালে পরবর্তী জনুর মাছিগুলি সংকর হলেও স্বাভাবিক বৈশিষ্ট্যযুক্ত হয়।  $F_1$  জনুর স্বাভাবিক স্ত্রী মাছির সাথে বক্রডানা ও শ্যাভেন রোঁয়াযুক্ত পুরুষ মাছির মিলন ঘটালে  $F_2$  জনুতে কেবল স্বাভাবিক ও বক্রডানা শ্যাভেন রোঁয়াযুক্ত অপত্য জন্মায় (চিত্র 7.3) পরীক্ষার ফলাফল থেকে বোঝা যায়  $bt$  ও  $svn$  জিন দুটি গ্যামেট উৎপাদনকালে আলাদা হতে পারে না বলে  $F_1$  জনুর সংকর স্ত্রী ( $bt^+svn^+$  ও  $bt^+svn$ ) কেবল দু'রকমের গ্যামেট উৎপাদন করে যেগুলি হল  $bt^+svn^+$  ও  $bt^+svn$ । আর এই কারণেই  $F_2$  জনুতে দু'রকমের অপত্য (চিত্র 7.3) সমান সমান সংখ্যায় পাওয়া যায়।

আবার ড্রোসোফিলা পুরুষে যে কোন ক্রোমোজোমের জিন পূর্ণ লিংকেজ দেখায়। ফলমাছির 2 নং ক্রোমোজোমের উপর দুটি মিউটেশন,  $b$  ও  $vg$  নিয়ে এদের পুরুষে পূর্ণ লিংকেজের উদাহরণ দেওয়া যায়। সম্পূর্ণ স্বাভাবিক ফলমাছির সাথে কালো দেহ ও খর্বডানা মাছির মিলন ঘটালে  $F_1$  জনুর মাছিগুলি স্বাভাবিক অর্থাৎ ধূসর দেহ ও লম্বাডানায়ুক্ত হয়।  $F_1$  জনুর সংকর পুরুষ মাছির ( $b^+vg^+$ ) সাথে কালো দেহ খর্বডানা স্ত্রী ( $bvg/bvg$ ) মাছির মিলন ঘটালে  $F_2$  জনুতে সম্পূর্ণ

স্বাভাবিক আর কালোদেহ খর্বডানাযুক্ত অপত্যই কেবল জন্মাতে পারে। এতে বোঝা যায় সংকর পুরুষ মাছি পূর্ণ লিংকেজের দরুন কেবল দু'রকম গ্যামেট উৎপন্ন করে (চিত্র 7.4)। আর এর ফল হল কেবল দু'রকম অপত্য সৃষ্টি।

### অসম্পূর্ণ লিংকেজ (Incomplete linkage) :

একই ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত জিনগুলি পৃথক হয়ে যখন নতুন সমন্বয় সৃষ্টি করতে পারে তখন যে লিংকেজ দেখা যায় তাকে বলে অসম্পূর্ণ লিংকেজ।

অসম্পূর্ণ লিংকেজের ক্ষেত্রে একত্র সংবদ্ধ জিনগুলিকে ক্রসিং-ওভার (crossing-over) পদ্ধতি পরস্পর থেকে আলাদা করে দিতে পারে। আর এর ফলে পুনঃসংযোজিত বা নবসমন্বয়যুক্ত অপত্য সৃষ্টি হয়। তবে স্মরণ রাখা প্রয়োজন পিতৃসমন্বয়যুক্ত বৈশিষ্ট্যের অপত্যই সর্বাধিক সংখ্যায় পাওয়া যায় ও পুনঃসংযোজিত বৈশিষ্ট্যের অপত্য সংখ্যা সর্বদা 50% এর কম হয়।

ফলমাছির চতুর্থ ক্রোমোজোম ছাড়া অপর তিন প্রকার ক্রোমোজোমের জিনগুলি কেবল স্ত্রী দেহে অসম্পূর্ণ লিংকেজ দেখায়। এ প্রসঙ্গে ২ নং ক্রোমোজোমের মিউটেশন  $b$  ও  $vg$  নিয়ে একটি পরীক্ষার কথা উল্লেখ করা যেতে পারে। সম্পূর্ণ স্বাভাবিক মাছির সাথে কালোদেহ খর্বডানা মাছির মিলনে  $F_1$  জন্মে সকল সংকর স্বাভাবিক স্ত্রী মাছির সাথে কালোদেহ খর্বডানা পুরুষ মাছির মিলন ঘটালে  $F_2$  জন্মে চার রকম অপত্য জন্মায় এগুলি হল (১) ধূসর দেহ লম্বাডানা (২) ধূসর দেহ খর্বডানা (৩) কালো দেহ লম্বাডানা ও (৪) কালো দেহ খর্ব ডানা (চিত্র 7.5)। উল্লেখিত চার রকমের অপত্য মোটামুটি যে অনুপাতে জন্মাতে দেখা যায় তা যথাক্রমে 41.5:8.5: 5:41.5। অর্থাৎ পিতৃসমন্বয়যুক্ত দু'প্রকার মাছি যথা ধূসর দেহ লম্বাডানা ও কালোদেহ লম্বাডানা মাছি, মোট 17% জন্মায়। অসম্পূর্ণ লিংকেজের দরুন বৈশিষ্ট্য জোড়া তথা দুটি জিন পরস্পর থেকে পৃথক হতে পারে।

## 7.7 লিংকেজ গোষ্ঠী (Linkage group) :

লিংকেজের তত্ত্ব অনুযায়ী একই ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত জিনগুলি সুসংবদ্ধ ও তারা পরস্পর থেকে আলাদা হতে চায় না। সুতরাং প্রতিটি ক্রোমোজোমে অবস্থিত জিনগুলিকে একটি গ্রুপ বা গোষ্ঠীভুক্ত করা যায়। *Drosophila melanogaster* এর চার রকম ক্রোমোজোম আছে। অতএব এদের চার রকম ক্রোমোজোম চারটি লিংকেজ গোষ্ঠী গঠন করে। যে কোন জীবের হ্যাপ্লয়েড ক্রোমোজোম সংখ্যা দ্বারাই তার লিংকেজ গোষ্ঠী সংখ্যা নির্ধারিত হয়। ভূট্টাগাছের হ্যাপ্লয়েড ক্রোমোজোম সংখ্যা 10। অর্থাৎ ভূট্টার লিংকেজ গোষ্ঠীর সংখ্যা 10।

## 7.8 লিংকেজ ও জিনের স্বাধীন বিন্যাস

মেন্ডেলের স্বাধীন বিন্যাস সূত্রে বলা হয় ডিপ্লয়েড জীবে একাধিক অ্যালীল জোড়া গ্যামেট তৈরীর সময় স্বাধীনভাবে পৃথকীকৃত হয় এবং এমন স্বাধীন সঞ্চারণের দরুন তারা সম্ভাব্য সকল সমন্বয়ে গ্যামেটে সজ্জিত হতে পারে। কিন্তু লিংকেজ হল এমন এক প্রভাব যাতে একাধিক জিন জোটবদ্ধ সমন্বয়ে বংশানুক্রমে সঞ্চারণিত হয়। একই ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত জিনসমূহ লিংকেজ দেখায় বলে এমন জিনগুলির মুক্ত সঞ্চারণ মোটেই সম্ভব হয় না। অপরদিকে যে সকল জিন ভিন্ন ভিন্ন ক্রোমোজোমে অবস্থান করে তারা আবার স্বাধীনভাবে সঞ্চারণ দেখায়। উদাহরণ সহকারে বল যায় ড্রোসোফিলার দ্বিতীয় ও তৃতীয় ক্রোমোজোমের জিন পরস্পর স্বাধীন ও দুই দুই ক্রোমোজোমের দুটি জিন স্বাধীন সঞ্চারণ দেখায়। কোন একটি জিন কোন লিংকেজ গোষ্ঠীর সাথে যুক্ত জানতে গেলে চিহ্নিত কোন জিন জানা থাকলে ভালো হয়। চিহ্নিত বলতে

বোঝায় কোন জিন কোন ক্রোমোজোমে অবস্থান করে তার পরিচয়, ও জিনটি প্রকটধর্মী না প্রচ্ছন্নধর্মী। X-ক্রোমোজোমস্থিত জিন ক্রিসক্রস উত্তরাধিকার দেখায় বলে ও মানুষসহ অনেক প্রাণীর পুরুষ একটি X-ক্রোমোজোম বহন করে বলে কোন জিনের X-ক্রোমোজোমের উপস্থিতি সহজেই বোঝা যায়। কিন্তু বিশেষ কোন অটোজোমের উপর কোন জিনের অবস্থান বুঝতে গেলে চিহ্নিত জিনের (Marking gene) দরকার আছে। ড্রসোফিলার 2 নং ও 3 নং ক্রোমোজোমের দুটি চিহ্নিত জিন হল যথাক্রমে, Cy (curly wing) ও Sb (Stubble bristles)। নতুন কোন মিউটেশনের ঐ বৈশিষ্ট্যগুলির সাথে আবির্ভাবের প্রকৃতিই বলে দিতে পারে মিউটেশনটি কোন লিংকেজ গোষ্ঠীর অন্তর্ভুক্ত। আবার কোন বিশেষ দুটি জিন লিংকেজের আওতায় পড়ে কিনা তা বোঝাও সহজ। বিচার্য জিন দুটি যে যে বৈশিষ্ট্য প্রকাশ করে তাদের বিবেচনা করে একটি দ্বিসংকরায়ন পরীক্ষা ও তৎসহ টেস্টক্রসের ব্যবস্থা করলে জিন দুটির মধ্যে লিংকেজের হাদিস পাওয়া যায়। মুক্ত সংগরণের নীতি মেনে F<sub>2</sub> জনুতে টেস্টক্রস অনুপাত যেমন হওয়া উচিত তার ব্যতিক্রম ঘটলে লিংকেজ থাকতে পারে এমন ভাবা যায়।

### 1. অনুশীলনী 3 :

- ক) ক্রোমোজোমের উপর জিন কেমন ভাবে অবস্থান করে।
- খ) একই ক্রোমোজোমের জিন কেন জোটবদ্ধ সংগরণ দেখায়?
- গ) কাপলিং কাকে বলে?
- ঘ) রিপালসন বলতে কি বোঝায়?
- ঙ) ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত জিনগুলির মধ্যে কখন লিংকেজ বল প্রবল হয়?

### 2. সংজ্ঞা দিন :

পূর্ণ লিংকেজ, অসম্পূর্ণ লিংকেজ, লিংকেজ গোষ্ঠী।

### 3. ক) পূর্ণ লিংকেজের ক্ষেত্রে কেমন ধরনের অপত্য জন্মায়?

- খ) অসম্পূর্ণ লিংকেজের ক্ষেত্রে কেমন সংখ্যায় পুনর্যোজিত বৈশিষ্ট্য আবির্ভূত হয়।
- গ) ড্রসোফিলায় কেমন ক্রোমোজোমের জিন পূর্ণ লিংকেজ দেখায়?
- ঘ) ফলমাছির পুরুষে পূর্ণলিংকেজ থাকার কারণ কি?
- ঙ) লিংকেজ গোষ্ঠী সংখ্যা কিসের উপর নির্ধারিত হয়?

### 7.5 পুনঃসংযোজন

জীবজগতে লিংকেজের ঘটনা যেমন একই ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত জিনগুলিকে ধরে রাখে, তেমনি প্রকৃতিতে এর এক বিপরীত ক্রিয়া জোটবদ্ধ জিনগুলিকে আলাদা করে দেয় ও পূর্ব জিন সমন্বয় ভেঙে নতুন জিন সমন্বয় সৃষ্টি করে। এই ঘটনাকে বলে পুনঃসংযোজন (recombination)। পুনঃসংযোজনের কারণে পুনর্যোজিত বৈশিষ্ট্যের অপত্য সৃষ্টি হতে পারে। যে সব ক্ষেত্রে অসম্পূর্ণ লিংকেজ থাকে সেখানে জিনের পুনঃসংযোজন দেখা যায়।

সকল রকম ক্ষেত্রে পুনঃসংযোজন একটি সাধারণ ঘটনা বলা যায়, তবে পুনঃসংযোজনের প্রাপ্তির পথ আলাদা হতে

পারে। ডিপ্লয়েড জীবের ক্ষেত্রে সাধারণতঃ ক্রসিং-ওভার (crossing-over) নামক ঘটনা জিনের পুনঃসংযোজন ঘটতে সাহায্য করে। প্রসঙ্গতঃ উল্লেখযোগ্য ক্রসিং-ওভার হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের মধ্যে অংশ বিনিময়ের ঘটনা মাত্র ও ইহা পুনঃসংযোজনের পথ সুগম করে মাত্র।

---

## 7.10 ক্রসিং ওভার (Crossing over)

---

1912 খ্রীষ্টাব্দে মরগ্যান ও ক্যাসল প্রথম ক্রসিং-ওভার কথাটির প্রচলন করেন। তাঁদের আগে 1909 খ্রীষ্টাব্দে জেনসেনস হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের অংশ বিনিময়ের বর্ণনা দিয়েছিলেন। মিয়োসিস কোষ বিভাজনের প্রোফেজ-1 দশায় দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোম জোড় বাঁধে ও তারপর এদের মধ্যে অংশ বিনিময় ঘটতে পারে। দুই হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের মধ্যে এই অংশ বিনিময়ের ঘটনাই হল ক্রসিং-ওভার। চরিত্র প্রকাশের ভিত্তিতে পুনঃসংযোজিত অপত্য সৃষ্টি ক্রসিং-ওভারের ফল তথা সাক্ষ্য বহন করে।

---

## 7.11 ক্রসিং ওভারের কোষগত বা সাইটোপ্লাজমীয় ভিত্তিঃ

---

ক্রসিং ওভারের সময় দুই হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের মধ্যে অংশ বিনিময় ঘটে বলে পুনর্যোজিত ক্রোমোজোম সৃষ্টি হয়। মিয়োসিস কোষ বিভাজনের প্রথম প্রোফেজ দশায় পাঁচটি উপদশা দেখা যায়; পর্যায়ক্রমে এদের বলা হয় লেপটোটিন, জাইগোটিন, প্যাকাইটিন, ডিপ্লোটিন ও ডাইঅ্যাকাইনেসিস। জাইগোটিন উপদশায় দুটি হোমোলোগাস বা সমসংস্থ ক্রোমোজোম জোড় বাঁধে। তখন জোড় বাঁধা ক্রোমোজোম দুটিকে একত্রে বলা হয় বাইভ্যালেন্ট বা ডায়াড (diad)। প্যাকাইটিন উপদশায় ডায়াডের প্রতিটি ক্রোমোজোমে দুটি ক্রোমাটিড থাকে, তবে দুটি ক্রোমাটিডই সেন্ট্রোমিয়ার অংশে অবিভক্ত হয়ে সংযুক্ত থাকে। এমন অবস্থায় ডায়াডে মোট চারটি ক্রোমাটিড থাকে, তবে দুটি ক্রোমাটিডই সেন্ট্রোমিয়ার অংশে অবিভক্ত হয়ে সংযুক্ত থাকে। এমন অবস্থায় ডায়াডে মোট চারটি ক্রোমাটিড থাকে বলে এক টেট্রাড বলে। এই টেট্রাড অবস্থায় দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের একটি করে ক্রোমাটিড ক্রসিং ওভারে অংশগ্রহণ করে। অর্থাৎ জোড় বাঁধা ক্রোমোজোমের ক্রোমাটিডের মধ্যে এক বা একাধিক স্থানে সংযোগ দেখা যায়। এই সংযোগস্থলকে বলা হয় কায়জমা (chiasma)। একাধিক কায়জমাকে বলা কায়জমাটা। কায়জমা বা কায়জমাটা সৃষ্টি ডিপ্লোটিন উপদশার ঘটনা (চিত্র - 7.6)। ডিপ্লোটিনের পর ভায়াকাইনেসিস উপদশায় ক্রোমাটিডগুলি ঘনীভরণ ও কায়জমাটার ক্রোমোজোমের প্রান্তদেশে গমনই একমাত্র লক্ষণীয় বিষয়। কায়জমার প্রান্তীয় দেশে গমনকে বলা হয় টার্মিনালাইজেশন (terminalization) ডাইঅ্যাকাইনেসিসে বাইভ্যালেন্টগুলিকে বেশ মোটা দেখায় ও কখনও বলায়াকার বা যুক্ত চিহ্নের মতো দেখায় (চিত্র 7.6)। ডাইঅ্যাকাইনেসিস পর মেটাফেজ - 1 এর মাধ্যমে কোষ যখন অ্যানাফেজ-1 এ পৌঁছায় তখন বাইভ্যালেন্ট দুটি পরস্পর থেকে আলাদা হয়ে দুই মেরুগামী হয়। এই অবস্থায় চেনে যাওয়া প্রতিটি ক্রোমোজোমে দুটি করে ক্রোমাটিড থাকে। পরে মিয়োসিসের দ্বিতীয় বিভাজনের সময় উহার অ্যানাফেজ -2 দশায় দুটি ক্রোমাটিড আবার আলাদা হয়ে যায়। কার্যতঃ বিভাজনের শেষে চারটি ক্রোমাটিড আলাদা হয়ে চারটি গ্যামেট কোষে যায় (চিত্র 7.6)। আলাদা হওয়া চারটি ক্রোমাটিডের দুটি থাকে জিনগত দিক দিয়ে পিতৃসম্বয়যুক্ত ও অপর দুটি সাধারণতঃ পুনঃসংযোজিত।

ক্রসিং ওভারে ক্রোমোজোমের অংশ বিনিময়ের প্রমাণ :

1931 খ্রীষ্টাব্দে কার্ট স্টার্ন (Curt Stern) *Drosophila melanogaster* এর উপর এক পরীক্ষার মাধ্যমে প্রমাণ করেন যে জিনের পুনঃসংযোজন ক্রোমোজোমের অংশ বিনিময়েরই ফল। তিনি তাঁর পরীক্ষায় বিশেষ ধরনের ফলমাছি (*Drosophila melanogaster*) ব্যবহার করেন যার দুটি x-ক্রোমোজোম চিহ্নিত ছিল। একটি x-ক্রোমোজোম ছিল আকারে ছোট ও তার উপর ছিল car ও B নামে দুটি জিন। অপর x ক্রোমোজোমটি ছিল প্রমাণ দৈর্ঘ্যবিশিষ্ট কিন্তু তার এক প্রান্তে যুক্ত ছিল y ক্রোমোজোমের একটি অংশ। আবার এই x ক্রোমোজোম car<sup>+</sup> ও B<sup>+</sup> বর্তমান ছিল। প্রসঙ্গতঃ উল্লেখযোগ্য car একটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিন ও উহা কারনেশন নামে ফেনোটাইপ সৃষ্টি করে ও B একটি প্রকট ধর্মী জিন যা বার বা দণ্ডাকৃতি চক্ষু বৈশিষ্ট্যের জন্য দায়ী। সুতরাং এই পরীক্ষায় ব্যবহৃত মাছি (স্ত্রী) ছিল হেটেরোজাইগাস ধরনের (car<sup>+</sup>B/carB) বৈশিষ্ট্যযুক্ত পুরুষ মাছির মিলন ঘটান ও পরবর্তী অপত্য বংশে লক্ষ্য করেন যে কারনেশন বার ও স্বাভাবিক মাছি ছাড়াও কেবল কারনেশন ও কেবল বার বৈশিষ্ট্যযুক্ত মাছিও জন্মেছে (চিত্র 7.7)। উৎপন্ন মাছিগুলির ক্রোমোজোম পরীক্ষা করে তিনি দেখেন যে কারনেশন পুরুষ অপত্য মাছিতে x ক্রোমোজোমটি স্বাভাবিক আকৃতির, আর কেবল বার বৈশিষ্ট্যের পুরুষ মাছির x ক্রোমোজোমটি শুধু আকারে ছোট নয় তার প্রান্তে y ক্রোমোজোমের অংশও যুক্ত রয়েছে (চিত্র 7.7)।

এই পরীক্ষা থেকে বোঝা যায় স্ত্রী গ্যামেট তৈরীর সময় দুটি B ক্রোমোজোমের মধ্যে ভাঙন ও পুনর্যোজন মাধ্যমে অংশ বিনিময় ঘটেছে আর তার ফলেই একত্র অবস্থিত B ও B জিন দুটি পৃথক হয়েছে যার কারণে কেবল কারনেশন ও কেবল বার জাতীয় অপত্য উৎপাদন সম্ভব হয়েছে।

ক্রসিং ওভার যে টেট্রাড অবস্থায় হয় তার প্রমাণ :

*Neurospora crassa* নামক ছত্রাকের উপর পরীক্ষা ও পর্যবেক্ষণ দ্বারা টেট্রাড দশায় ক্রসিং ওভার সংঘটন প্রমাণ করা গেছে। নিউরোস্পোরা এমন এক রকম হ্যাঞ্জয়েড ছত্রাক যা কখনও কখনও ডিপ্লয়েড জাইগোট সৃষ্টি করতে পারে। ডিপ্লয়েড (2n) জাইগোট মিওসিস পদ্ধতিতে বিভাজিত হয়ে হ্যাঞ্জয়েড স্পোর তৈরী করে। নিউরোস্পোরার এই বিভাজনের বিশেষ বৈশিষ্ট্য এই যে মিওসিসের দ্বিতীয় বিভাজন শেষ হওয়ার পর একবার মাইটোসিস বিভাজন ঘটে ফলে একটি জাইগোট থেকে আটটি স্পোর উৎপন্ন হয়। এই স্পোরগুলিকে বলে অ্যাস্কোসপোর ও এগুলি অ্যাসকাস থলির মধ্যে বিশেষ সজ্জায় সজ্জিত থাকে। বিভাজনের শুরু থেকে অ্যাসকাসের ভিতর উৎপন্ন কোষগুলি বিভাজন তল অনুযায়ী সজ্জিত হয়। এই কারণে স্পোরগুলি নিউক্লীয় বস্তুর বণ্টনও সূচিত করে। প্রসঙ্গতঃ উল্লেখযোগ্য দুই বিপরীত চরিত্রগত নিউরোস্পোরা পাশাপাশি এলে তাদের সূত্র কোষ মিলিত হয়ে ডিপ্লয়েড অবস্থার (2n) জাইগোট গঠন করে। এই জাইগোট পরে পরেই মিওসিস বিভাজন শুরু করে।

টেট্রাড অবস্থায় ক্রসিং ওভার দেখানোর জন্য দুটি ভিন্ন বৈশিষ্ট্যযুক্ত নিউরোস্পোরার মিলন ঘটানো আবশ্যিক। দুটি ভিন্নধর্মী ছত্রাক নির্বাচনে এমন দুটি মিউটেশন বিবেচনা করতে হবে যাদের জন্য দায়ী জিন দুটি একই ক্রোমোজোমে অবস্থান করে। নিউরোস্পোরায় মিথিওনিন ও হিস্টিডিন সংশ্লেষণে দায়ী জিন দুটি এমন একটি ক্রোমোজোমে অবস্থান করে।

মিথিওনিন ও হিস্টিডিন উৎপাদন সাপেক্ষে বিপরীত ধর্মী দুটি নিউরোস্পোরা নেওয়া হয়। এক প্রকার ছত্রাক মিথিওনিন উৎপাদনে অক্ষম ( $met^-$ ) ও অপর ছত্রাক হিস্টিডিন উৎপাদনে অক্ষম ( $his^-$ )। অতএব প্রথমটির জেনোটাইপ  $met^-his^+$  রূপে চিহ্নিত করা যায়। দুটি ভিন্নধর্মী নিউরোস্পোরা জন্মানোর জন্য প্রথমটির ক্ষেত্রে মিনিমাল মিডিয়ামে মিথিওনিন যোগ করার দরকার হয়। এমন দুটি ভিন্নধর্মী ছত্রাক পাশাপাশি রাখলে তারা ডিপ্লয়েড জাইগোট সৃষ্টি করে। এমন জাইগোটের জেনোটাইপ  $met^-his^+/met^+his^-$  রূপে চিহ্নিত করা যায়। ডিপ্লয়েড জাইগোট বিভাজন শেষে যে অ্যাসেকোস্পোর উৎপন্ন করে সেগুলি সমান সংখ্যায় মিথিওনিন যুক্ত মিনিমাল মিডিয়াম, মিথিওনিন ও হিস্টিডিনযুক্ত মিনিমাল মিডিয়ামে সংখ্যায় জন্মায়। এক্ষেত্রে অ্যাস্কাসের ভিতরের স্পোরগুলি একদিক থেকে 2 টি করে এক একটি স্পোর প্রকৃতি নির্দেশ করে। মিনিমাল মিডিয়ামে মিথিওনিন ও ঐ রকম মাধ্যমে হিস্টিডিন যোগ করার পর যে স্পোরগুলি তাতে জন্মায় তাদের জেনোটাইপ হয় যথাক্রমে  $met^-his^+$  ও  $met^+his^-$ । এই দুই জাতীয় স্পোরগুলি পিতৃজনুরই জিন সমন্বয় বহন করে। অপর দিকে যে দুটি স্পোর মিথিওনিন সমন্বয় বহন করে। অপর দিকে যে দুটি স্পোর মিথিওনিন ও হিস্টিডিন উভয় বস্তুযুক্ত মাধ্যমে জন্মায় বা যে দুটি স্পোর মিনিমাল মিডিয়ামে কোন অতিরিক্ত পুষ্টি পদার্থ যোগ ছাড়াই বাঁচে তারা পুনঃসংযোজিত এদের জেনোটাইপ হয়  $met^-his^-$  ও  $met^+his^+$ । পরীক্ষার এমন ফলাফল, চারটি সূত্রগঠিত হয়েছে এমন অবস্থাতে ক্রসিং ওভার ঘটে তার সপক্ষেই মত দেয় (চিত্র 7.8 খ)। দুটি সূত্র অবস্থায় বা বাইভ্যালেন্ট অবস্থায় ক্রসিং ওভার হলে অ্যাস্কাস্পোরগুলি মোট দুটি সমন্বয়ে অর্থাৎ  $met^-his^-$  ও  $met^+his^+$  অ্যাস্কাসের মধ্যে ৪টি ৪টি করে বিন্যস্ত থাকত (চিত্র 7.8 ক)।

এই ক্ষেত্রে দুটি সমন্বয়ই পুনঃসংযোজিত ও কোন পিতৃ সমন্বয় যুক্ত স্পোর জন্মানোর সুযোগ থাকে না।

অপর দিকে যদি ক্রসিং ওভার না হত তাতে ৪ টি স্পোর দুটি পিতৃ সমন্বয়ে অর্থাৎ  $met^-his^+$  ও  $met^+his^-$  হিসাবে একত্রে ৪ টি করে ৪ টি করে থাকত।

### অনুশীলনী 3 :

1. পুনঃসংযোজন কথটির অর্থ কী ?
2. ক্রসিং ওভারের সাথে পুনঃসংযোজনের সম্পর্ক কী রূপ ?
3. ক্রসিং ওভার কখন সংঘটিত হয় ?
4. কী কী সর্তের ভিত্তিতে ক্রসিং ওভার ঘটে থাকে ?
5. কায়জমা কি ও উহা কোন দশায় দেখা যায় ?
6. কোন সময় ক্রসিং ওভারের ফল বোঝা যায় ?
7. ক্রসিং ওভারের সাইটোপ্লাজমীয় ভিত্তি প্রমাণের জন্য স্টার্ন কি রকম মাছি ব্যবহার করেছিলেন।



8. ক্রসিং ওভার বোঝানোর জন্য নিউরোস্পোরা ব্যবহারের সুবিধা কী ?
9. মিউট্যান্ট পালনের জন্য কেমন পালন মাধ্যম দরকার হয় ?
10. met<sup>-</sup>his<sup>+</sup> ও met<sup>+</sup>his<sup>-</sup> কোন অবস্থায় নিউরোস্পোরতে ডিপ্লয়েড জাইগোট উপন্ন হয়।
11. নিউরোস্পোরার মিওসিস বিভাজনের বিশেষত্ব কী ?
12. met<sup>-</sup>his<sup>+</sup>/met<sup>+</sup>his<sup>-</sup> জাইগোটের মিওসিসের পর কী কী জাতীয় স্পোর তৈরী হতে পারে ?
13. ড্রসোফিলার পুরুষ মাছিতে ক্রসিং ওভার হয় না কেন ?

---

## 7.12 ক্রসিং ওভার ও পুনঃসংযোজন পদ্ধতি :

---

কিভাবে হোমোলোগাস বা সমসংস্থ ক্রোমোজোমের মধ্যে অংশ বিনিময় হয়ে পুনঃসংযোজন হয় যে সম্পর্কে কোন স্পষ্ট ধারণা এখন ও অবধি জন্ম নেয় নি। তবে অনেক বিজ্ঞানী ক্রসিং ওভার তথা পুনঃসংযোজন কেমন করে হয় তার ব্যাখ্যা দিতে গিয়ে নিজের নিজের মত দিয়েছেন। অধিকাংশ মতবাদই ভ্রান্ত বলে বিবেচিত হয়েছে। পুরাতন মতবাদগুলি মধ্যে ডারলিংটনের ভাঙন ও পুনর্যোজন মতবাদ এবং বেলিং এর প্রতিলিপি মনোনয়ন মতবাদ বিশেষ উল্লেখযোগ্য। যাটের দশকে কতগুলি মতবাদ পুনঃসংযোজনের আণবিক কৌশল সম্পর্কে কিছু মন্তব্য করেছে এদের মধ্যে একসূত্র মতবাদ ও দ্বিসূত্র ভাঙন মতবাদ উল্লেখযোগ্য।

(ক) ভাঙন ও পুনর্যোজন মতবাদ (Breakage and reunion theory) : ডারলিংটন (Darlington) 1935 খ্রীষ্টাব্দে এই তত্ত্বের প্রকাশ করেন। এই মত অনুসারে জোড় বাঁধার সময় হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের যে স্থানে অংশ বিনিময় হবে সে স্থানে উভয় ক্রোমোজোমে ভাঙন সৃষ্টি হয়। এরপর দুই ক্রোমোজোমের সমান সমান অংশ বিনিময় হয়ে জোড়া লাগে। কার্ট স্টার্নের পরীক্ষা এই মতবাদের পক্ষে একটি প্রমাণ বলে ধরা যায়।

(খ) বেলিং-এর মতবাদ ও প্রতিলিপি মনোনয়ন (Belling's theory and copy choice) : বেলিং (Belling 1931) বর্ণিত মতবাদ অনুযায়ী প্রতিটি ক্রোমোজোম সারিবদ্ধ জিন ও সংযোজক দ্বারা গঠিত। ক্রোমোটিড তৈরী হওয়ার সময় আগে প্রতিটি জিন তাদের প্রতিলিপি তৈরী করে ও তারপর সংযোজক সূত্র তৈরী হয়ে জিনগুলিকে একসূত্রে বাঁধে। এই সময় যদি পাশাপাশি অবস্থিত নতুন সৃষ্ট যোগসূত্র অপর ক্রোমোজোমের কিছু জিনের সাথে আবদ্ধ হয় তবে পুনঃসংযোজিত ক্রোমোটিড তৈরী হতে পারে।

লেডারবার্গ (Lederberg) 1935 খ্রীষ্টাব্দে জীবাণুদের পুনঃসংযোজন ব্যাখ্যা করতে গিয়ে বেলিং মতবাদের কিছু সংশোধন সাধন করেন। তাঁরা সংশোধিত বেলিং মতবাদই প্রতিলিপি মনোনয়ন নামে খ্যাত (copy choice theory)।

এই মতবাদ হল যে ডি এন এ রেপ্লিকেশনের সময় যদি একটি ক্রোমোজোমের কিছু অংশ ধরে সংশ্লেষণ হওয়ার পর বাকী অংশ সংশ্লেষণের জন্য অপর হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের অংশকে টেমপ্লেট বা ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে তবে পুনঃসংযোজিত ক্রোমাটিড তৈরী হওয়া সম্ভব (চিত্র 7.9)।

বেলিং এর মতবাদ বা প্রতিলিপি মনোনয়নবাদের সমর্থনে কোন জোরালো যুক্তি পাওয়া যায় না। বরং সম্ভব কারণে পুনঃসংযোজন সম্পর্কে এমন মতবাদ গ্রাহ্য হয় না। প্রতিলিপি মনোনয়নবাদ অনুযায়ী ক্রসিং ওভার হয় ডি এন.এ রেপ্লিকেশনের সময়। কিন্তু কার্যতঃ রেপ্লিকেশন হয় বিভাজনের অন্তর্বর্তী দশায় আর ক্রসিং ওভার হয় প্রোফেজ-1 এর প্যাকাইটিন উপদশায়। তবে জাইগোটিন ও প্যাকাইটিন উপদশায় প্রায় B ক্রসিং ওভার হয় বলে কেউ কেউ এখনও এই মতবাদের পক্ষে কথা বলেন।

### 7.13 পুনঃসংযোজনের আণবিক পদ্ধতিঃ

ক্রসিং ওভারে দুই ক্রোমোজোমের মধ্যে অংশ বিনিময়ের মাধ্যমে পুনঃসংযোজন সাধিত হলেও আসলে দুই ক্রোমোজোমের ডি.এন. এ সূত্র দুটি কোন অজ্ঞাত কৌশল নব সমন্বয় সৃষ্টি করে। এই কৌশল প্রোক্যারিওট জীবের উপর কিছু প্রকাশ রচনা করা হয়েছে। কেমন করে দুটি দ্বিতন্ত্রী ডি.এন.এ অংশ বিনিময়ের মাধ্যমে পুনঃসংযোজিত হয়, এই মতবাদগুলি তাই বর্ণনা করে। উল্লেখিত কতিপয় নক্সা বা মডেলের মধ্যে এক সূত্র ভাঙন মডেল ও দ্বিসূত্রী ভাঙন মডেল সর্বাধিক সমাদৃত।

(ক) একসূত্রী ভাঙন মডেল (single strand break mode) : এই প্রকল্পটি হলিডে বর্ণিত মডেল (R Holiday) অনুসারে রচিত। এতে বলা হয়েছে পাশাপাশি অবস্থিত দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের একটি করে সূত্রে প্রথমে এন্ডো নিউক্লিয়েজ দ্বারা ভাঙন সৃষ্টি হয়। তারপর ভাঙা ডি.এন. এ সূত্রটি পরিপূরক ডি.এন.এ সূত্র থেকে ডি.এন.এ বন্ধনী প্রোটিন বা ডি.এন.এ আনওয়াইন্ডিং প্রোটিনের প্রভাবে কিছুটা আলাদা হতে বিপরীত দিকে হোমোলোগাস ডি.এন.এ এর দিকে যাত্রা করে (চিত্র 7. 10 c)। *E. coli* এর ক্ষেত্রে এই কাজে rec A নামক প্রোটিন সাহায্য করে। এই প্রোটিনটির সহায়তায় ছেড়ে যাওয়া ডি.এন.এ সূত্রের উপর তার পরিপূরক অঞ্চল খুঁজে নেয়। এমন ঘটনাকে বলে ইনভেসন (invasion) কিছু মেরুমতি সংশ্লেষের পর কাটা ডি.এন.এ সূত্রটি লাইগেজ দ্বারা জোড়া লাগে। এমন অবস্থায় দুটি ডি.এন.এ একত্রে x এর মতো আকার ধারণ করে। x এর মতো গঠনটিতে 180° ঘূর্ণন হলে চিত্রের মতো (7.10g) একটি হলিডে ইনটারমিডিয়েট তৈরী হয়। এর উপর এন্ডোনিউক্লিয়েজের প্রভাবে ভাঙন সৃষ্টি ও পরে লাইগেজ দ্বারা সংযোজন দুটি পুনর্যোজিত ও পুনঃসংযোজিত ক্রোমোজোম উৎপন্ন করে (7.10j)।

দ্বিতন্ত্রী ভাঙন মডেল (Double strand break model)

জোস্ট্যাক ও আরও কয়েকজন (Szostake et.al) 1983 খ্রীষ্টাব্দে এই মডেল রচনা করেন (চিত্র 7.11)। এই

মডেলে বলা হয় পুনঃ সংযোজনের আগে এন্ডোনিউক্লিয়েজের ক্রিয়ায় একটি ডি.এন. এর দুই তন্তুতে ভাঙন ধরে। এরপর ভাঙা ডি.এন. র দুই দিক থেকে একটি তন্তু অপর তন্তু থেকে ছেড়ে পাশের হোমোলোগাস ডি.এন.এর দুই তন্তুর মাঝে ঢুকে পড়ে (চিত্র 7.11d)। এর ফলে অক্ষত ডি.এন.এর একটি তন্তু অপর তন্তু থেকে D এর মতো লুপ বা ফাঁদোল তৈরী করে। এই কাজে recA হেলিকেজ প্রভৃতি উসকে (Ecoli কোষে) সাহায্য করে। এর পর মেরামতি সংশ্লেষণ দ্বারা ভাঙা ডি.এন. এর ফাঁকা জায়গা ভরে ওঠে। তারপর লাইগেজ দিয়ে ডি.এন.এর ফাঁকা অংশ জোড়া লাগে ও তখন দুটি ডি.এন. এ একটি করে তন্তুর সাহায্যে দুজায়গায় x-এর মতো গঠন সৃষ্টি করে (চিত্র 7.11e) জোড়া থাকে। আবার এন্ডোনিউক্লিয়েজের ক্রিয়ায় দুটি ডি.এন. এর জোড়া জায়গায় ভাঙন সৃষ্টি হয়। পরে লাইগেজ দিয়ে জোড়া লেগে দুটি পুনঃসংযোজিত ডি.এন. এ উৎপন্ন হয় (চিত্র 7.11f)।

#### অনুশীলনী 4

1. ক্রসিং ওভার ও পুনঃসংযোজনের মধ্যে সম্পর্ক কীরূপ ?
2. ডারলিংটন পুনঃসংযোজনকে কেমনভাবে ব্যাখ্যা করেছেন ?
3. বিভাজন অন্তর্বর্তী দশা ছাড়া আর কখন ডি.এন. এ সংশ্লেষণ হয় ?
4. বেলিং এর মতবাদ বা প্রতিলিপি মনোনয়ন মানা যায় না কেন ?
5. হলিডে ইনটারমেডিয়েট কী ?
6. rec A প্রোটিনের কাজ কী ?
7. একসূত্রী ভাঙন মতবাদের পার্থক্য কী ?
8. দ্বিসূত্রী ভাঙন মতবাদের প্রবক্তা কে ?
9. ইনভেসন বলতে কি বোঝায় ?
10. পুনঃসংযোজন ক্রিয়ায় কোন্ কোন্ উপাদান কাজ করে ?

---

### 7.14 লিংকেজ, ক্রসিংওভার ও পুনঃসংযোজন : প্রয়োগভিত্তিক দিকঃ

---

একই ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত জিনগুলি লিংকেজের আওতায় পড়ে। লিংকেজের দরুন যখন জিনগুলি জোটবদ্ধ সংগঠন দেখায় তখন পিতা বা মাতার চরিত্র সমন্বয়ই সন্তানদের মধ্যে আবির্ভূত হওয়াই স্বাভাবিক। প্রকৃতিপক্ষে যখন

লিংকেজ সম্পূর্ণভাবে কার্যকরী হয় তখন কোন রিকম্বিন্যান্ট (recombinant) বা পুনঃসংযোজিত সন্তান জন্মায় না। তবে অসম্পূর্ণ লিংকেজের বেলায় যখন ক্রসিং ওভার সংঘটিত হয় তখন পিতৃসময়ের সন্তান জন্মালেও তার সাথে কিছু পুনঃসংযোজিত অপত্যও জন্মায়। অসম্পূর্ণ লিংকেজের বেলায় কখনও পুনঃসংযোজিত অপত্যের সংখ্যা কম আবার কখনও এদের সংখ্যা বেশী হয়ে থাকে। তবে মনে রাখা প্রয়োজন কখনও পুনঃসংযোজিত অপত্যের সংখ্যা পিতৃসময়যুক্ত অপত্যের সংখ্যার চেয়ে বেশী হয় না, এমন কি তার সমানও হয় না। বিভিন্ন ক্ষেত্রে বিভিন্ন সংখ্যায় অপত্য জন্মানোর কারণ ব্যাখ্যা করতে গিয়ে বিজ্ঞানীরা বলেন যখন দুটি জিনের মধ্যে লিংকেজবল কম হয় তখনই পুনঃসংযোজিত অপত্য সংখ্যা বেশী হয়। জিনতত্ত্ববিদ স্টার্টভ্যান্ট (Sturtevant) পুনঃসংযোজিত অপত্য সংখ্যার ভিত্তিতে ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত দুটি জিনের মধ্যে দূরত্ব পরিমাপের একটি পদ্ধতি প্রবর্তন করেন। তিনি মনে করেন দুটি জিনের মধ্যে তুলনামূলকভাবে লিংকেজ বল কম হলে যেহেতু পুনঃসংযোজিত অপত্য সংখ্যা বেশী হয়, সেহেতু লিংকেজ বল কম হওয়ার ক্ষেত্রে দুটি জিনের অপেক্ষাকৃতভাবে দূরে থাকাই স্বাভাবিক। এই নীতির উপর ভিত্তি করে স্টার্টভ্যান্ট এমন প্রস্তাব করেন যে দুটি জিনের মধ্যে ক্রসিংওভারের ফলে শতকরা যত পুনঃসংযোজিত অপত্য জন্মায়, ঐ দুই জিনের মধ্যে দূরত্ব হয় তত সেন্টিমরগ্যান ( $c^M$ ) বা ম্যাপ ইউনিট ( $\mu$ ) সেন্টিমরগ্যান একককে শুধু আপেক্ষিক দূরত্ব হিসাবে গণ্য করা হয়। যদি মনে করা যায় a ও b দুটি জিন বিশেষ কেল ক্রোমোজোমে অবস্থিত ও তাদের মধ্যে ক্রসিংওভারের কল পুনঃসংযোজনের সংখ্যা 10% এর অর্থ হল ক্রোমোজোমের উপর a ও b জিন  $10c^M$  দূরত্বে আছে। দুই জিনের মধ্যে লিংকেজ সম্পর্ক ও ক্রসিংওভার সংঘটনের ভিত্তিতে ক্রোমোজোমের উপর অবস্থান নির্দেশক মানচিত্রকে বলে লিংকেজ ম্যাপ (linkage map)। সুতরাং ক্রসিংওভার ও পুনঃসংযোজনের ভিত্তিতে দুটি জিনের মধ্যে যেমন লিংকেজ সম্পর্ক নিরূপণ করা যায়, তেমনি ক্রোমোজোমের উপর জিনদুটির আপেক্ষিক দূরত্ব কেমন তাও অনুমান করা যায়।

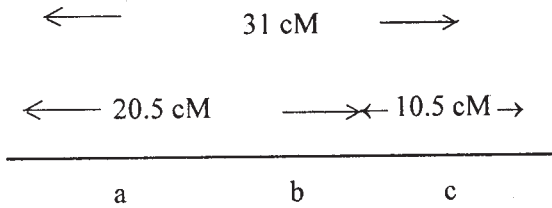
## 7.15 তিনটি জিন ভিত্তিক ক্রসিংওভার, পুনঃসংযোজন ও লিংকেজ ম্যাপ

একটি ক্রোমোজোমের উপর তিনটি জিনের সাপেক্ষ ক্রসিংওভার সংঘটিত হলে তিন রকমের পুনঃসংযোজিত গ্যামেট পাওয়া যায়। তিনটি জিনের ভিতর পরস্পর কাছাকাছি দুটি করে জিনের মধ্যে আলাদাভাবে দুবার ও উভয় স্থানে ক্রসিংওভারকে দুই ধরনের একক ক্রসিংওভার সংঘটনকে বল হয় দ্বৈত ক্রসিংওভার (double crossing over)। অর্থাৎ তিনটি জিনভিত্তিক ক্রসিংওভার কম্পন করলে তিন ধরনের পুনঃসংযোজিত অপত্য পাওয়া যেতে পারে।

ধরা যাক তিনটি জিন A, B ও C একই ক্রোমোজোমে অবস্থান করে। ABC/abc হেটোরোজাইগোটের সাথে abc/abc হোমোজাইগোটের মিলনে যেমন অপত্য সৃষ্টি হতে পারে তা নিয়ে চিত্র মাধ্যমে দেখানো হল (চিত্র 7.12)।

যদি মনে করা যায় তিন ধরনের পুনঃসংযোজিত অপত্য সংখ্যা হয়  $Abc+aBC=20\%$ ,  $ABC+abc=10\%$  ও

$Abc+aBC=0.5\%$ , তাহলে প্রকৃতপক্ষে a ও b এর মধ্যে ক্রসিংওভারের ফল পুনঃসংযোজিত অপত্য সংখ্যা  $(20+0.5\%)$  বা  $20.5\%$ , আবার b ও c এর মধ্যে ক্রসিংওভারের ফল প্রকৃত পক্ষে  $(10+0.5\%)$  বা  $10.5\%$ । উভয় ক্ষেত্রে প্রতিটি একক ক্রসিংওভারের ফলের সাথে দ্বৈত ক্রসিংওভারের ফল যোগ করা হয়েছে। এর কারণ হল প্রতিটি দ্বৈত ক্রসিংওভার দুটি একক ক্রসিংওভারের একসাথে সংঘটন। সুতরাং a ও b এর মধ্যে দূরত্ব দাঁড়ায়  $20.5cM$  ও b-c এর মধ্যে দূরত্ব হয়  $10.5cM$  অর্থাৎ a-c দূরত্ব দাঁড়ায়  $20.5 + 10.5=31cM$  প্রাপ্ত এমন ম্যাপ দূরত্বের ভিত্তিতে তিনটি জিনের লিংকেজ ম্যাপ নিম্নরূপে দেখানো যায়।



## 7.16 দ্বৈত ক্রসিংওভারে ও ইন্টারফারেন্স

একটি ক্রোমোজোমের উপর পাশাপাশি দুটি জায়গায় একসাথে ক্রসিংওভার সংঘটিত হলে তাকে বলে দ্বৈত ক্রসিংওভার। তবে একটি স্থানের ক্রসিংওভার পার্শ্ববর্তী কোন স্থানে ক্রসিংওভার হতে সাধারণতঃ বাধা দান করে। একে বলা হয় ইন্টারফারেন্স মাত্র সর্বাধিক হতে পারে  $100\%$  (যার মান হল 1) এক অর্থ হল পাশাপাশি তিনটি জিনের মধ্যে কখনও দ্বৈত ক্রসিংওভার হতে পারে না, আবার ইন্টারফারেন্স শূন্য ( $0\%$ ) হলে দ্বৈত ক্রসিংওভার আশানুরূপ হতে পারে। যদি পাশাপাশি অবস্থিত তিনটি জিনের মধ্যে দুটি পৃথক একক ক্রসিংওভারের মান জানা থাকে তবে তাদের মধ্যে দ্বৈত ক্রসিংওভার জনিত ফল কত হতে পারে তা নির্ণয় করা যায়।

আশানুরূপ দ্বৈত ক্রসিংওভার = প্রথম একক ক্রসিংওভার X দ্বিতীয় একক ক্রসিংওভার মান।

প্রকৃতপক্ষে দ্বৈত ক্রসিংওভারের মান কখনও আশানুরূপ মানের সমান হয় না, বরং বেশীর ভাগ ক্ষেত্রে ইহা অনেক কমই হয়ে থাকে। ইন্টারফারেন্সের কারণেই এমন ফল দেখা যায়। তিনটি জিনের মধ্যে কেমন ইন্টারফারেন্সের কারণেই এমন ফল দেখা যায়। তিনটি জিনের মধ্যে কেমন ইন্টারফারেন্সে কাজ করে তা জানতে হলে সমকালীনতা গুণাঙ্ক (co-efficient of co-incidence) মান জানা দরকার। সমকালীনতা গুণাঙ্ক নির্ণায়ক সূত্র হল—

$$\text{সমকালীনতা গুণাঙ্ক} = \frac{\text{প্রাপ্ত দ্বৈতক্রসিংওভার মান}}{\text{আশানুরূপ দ্বৈত ক্রসিংওভার মান}}$$

এর ভিত্তিতে, ইন্টারফারেন্স =  $1 - \text{সমকালীনতা গুণাঙ্ক}$

ইন্টারফারেন্স শূন্য ও একের মধ্যে হল তাকে বলে ধনাত্মক ইন্টারফারেন্স, কিন্তু এর মান 0 থেকেও কম হলে তাকে বলে ঋণাত্মক ইন্টারফারেন্স। ঋণাত্মক ইন্টারফারেন্সের ক্ষেত্রে প্রাপ্ত দ্বৈত ক্রসিংওভারের মান আশানুরূপের চেয়েও বেশী হয়ে থাকে। প্রসঙ্গতঃ উল্লেখযোগ্য ইউক্যারিওটদের ক্ষেত্রে ইন্টারফারেন্স সাধারণতঃ ধনাত্মক হয়ে থাকে।

উদাহরণ : ড্রসোফিলার তিনটি প্রচ্ছন্নধর্মী মিউটেশন হল a,b ও c। তিনটি জিনের জন্য হেটেরোজাইগাস স্ত্রী মাছির সাথে হোমোজাইগাস পুরুষ মাছির (abc/abc) মিলন নিম্ন অনুসারে অপত্য জন্মায়—

ফেনোটাইপ	সংখ্যা
+++	70
++c	348
+bc	96
a++	110
ab+	306
abc	60
+b+	6
a+c	4

জিন তিনটির উপযুক্ত সজ্জা সহ একটি লিংকেজ ম্যাপ কেমন হবে? এক্ষেত্রে কি পরিমাণ ইন্টারফারেন্স কাজ করে?

সমাধান :

নিয়ম অনুসারে সর্বাধিক সংখ্যায় যে প্রকার অপত্য জন্মায় তারা পিতৃসম্বয়েরই পরিচায়ক ও যে প্রকার অপত্য সবচেয়ে কম পরিমাণে দেখা যায় তারা দ্বৈত ক্রসিংওভারের ফল।

অতএব, এই ক্ষেত্রে

+++ : 348  
ab+ : 306

পিতৃ সম্বয়যুক্ত মাছি।

আবার,

+b+ : 6  
a+c : 84

দ্বৈত ক্রসিংওভারের ফল।

এর থেকে বোঝা যায় যে স্ত্রী মাছি ক্রমে ব্যবহৃত হয়েছিল তার জেনোটাইপ ছিল :  $\frac{++c}{ab}$  ও এই স্ত্রী মাছি পাশাপাশি দুটি জায়গায় ক্রসিং ওভার করে +b+ ও a+c গ্যামেট উপন্ন করার দরুন প্রদত্ত ক্রসিং ওভার জনিত অপত্য সৃষ্টি করে।

প্রসঙ্গতঃ উল্লেখযোগ্য যে দ্বৈত ক্রসিংওভারে কেবল মাঝের জিনই স্থান পরিবর্তন করে ও প্রান্তীয় জিন দুটি স্বস্থানে অবস্থান করে। সুতরাং হেটেরোজাইগাস স্ত্রীর জেনোটাইপের পরিপ্রেক্ষিতে দুরকম দ্বৈত ক্রসিংওভার গ্যামেট বিচার করলে দেখা যায় তিনটি জিনের সজ্জারীতি ছিল -b-a-c। এমন সজ্জারীতি অনুযায়ী জেনোটাইপটিকে উল্লেখ করে যেমন দ্বৈত ক্রসিংওভার ফল দেখা যায় তা হল।

$$\frac{++c}{ba} \longrightarrow \begin{matrix} (1) b++ \\ (2) +ac \end{matrix}$$

যথাযথ সজ্জা অনুযায়ী জিন তিনটিকে রেখে প্রদত্ত ক্রসের ফলাফলকে নিম্নরূপ পর্যালোচনা করা যায়। আগের হিসাব থেকে বলা যায়,

ক্রমিক সংখ্যা	$\frac{++c}{ba+} \times \frac{bac}{bac}$				
	অপত্য ফেনোটাইপ	সংখ্যা	শ্রেণী	শতকরা মান	আনুপাতিক মান
1.	++c	348	পিতৃসম্বয়	65.4%	0.654
2.	ba +	306			
3.	+a+	110	একক		
			ক্রসিং ওভার- 1	20.6%	0.206
4.	b + c	96	(b ও a-এর মধ্যে)		
5.	+++	70	একক ক্রসিং	13%	0.130
			ওভার - 2		
6.	b a c	60	(a ও c-এর মধ্যে)		
7.	+ a c	6	দ্বৈত ক্রসিং ওভার	1%	0.01
8.	b + +	4	(a.....b.....c)		

প্রকৃত একক ক্রসিংওভার -1-এর শতকরা মান =  $20.6+1 = 21.67$  ও প্রকৃত একক ক্রসিংওভার -2 এর শতকরা মান  $13 + 1 = 14\%$  অতএব, জিন b ও a-এর মধ্যে দূরত্ব =  $21.6c^M$  ও জিন a ও c-এর মধ্যে দূরত্ব =  $14c^M$ । তিনটি জিনের অবস্থান সহ লিংকেজ ম্যাপ নিম্নরূপে দেখানো যায়—

$$\frac{b \leftarrow 21.c^M \rightarrow a \leftarrow 14c^M \rightarrow e}{\leftarrow 3.5.6c^M \rightarrow}$$

$$\text{আশানুরূপ দ্বৈত ক্রসিংওভারের মান} = 0.216 \times 0.14 = 0.03024$$

$$\text{প্রদত্ত ক্ষেত্রে সমকালীনতা গুণাঙ্ক হয় : } \frac{0.01}{0.03024} = 0.33 \text{ (প্রায়)}$$

$$\text{অতএব, ইন্টারফারেন্স} = 1 - 0.33 = 0.67$$

## 7.17 সারাংশ

একই ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত জিনগুলি লিংকেজ আবদ্ধ থাকে। লিংকেজের অন্তর্ভুক্ত জিনগুলি জোটবদ্ধভাবে বংশানুক্রমে সঞ্চারিত হয়। মরগ্যান 1910 সালে *Drosophila melangaster* ফলমাছির উপর পরীক্ষা চালিয়ে জিনের জোটবদ্ধ সঞ্চারণ দেখে লিংকেজ থিওরী বা মতবাদ প্রবর্তন করেন। লিংকেজ থিওরীতে বলা হয় যে একই ক্রোমোজোমের জিন কাপলিং বা রিপালশন যে কোন অবস্থাতেই থাকুক না কেন সাধারণত তাদের মুক্ত সঞ্চারণের ক্ষমতা থাকে না, বরং তারা বংশানুক্রমে জোটবদ্ধ সঞ্চারণ দেখায়।

ক্রোমোজোমের উপর কাছাকাছি অবস্থানকারী জিনদের মধ্যে লিংকেজ বল বেশী হয় আর দূরবর্তী জিনদের মধ্যে এই বল অপেক্ষাকৃত কম। এই ধর্মের ভিত্তিতে লিংকেজকে দুটি শ্রেণীতে ভাগ করা যায় যথা পূর্ণ লিংকেজ ও অসম্পূর্ণ লিংকেজ। পূর্ণ লিংকেজের বেলায় কোনও মতে জিনগুলি আলাদা হতে পারে না ফলে সব সময় পিতা-মাতার অনুরূপ অপত্য সৃষ্টি হয়। অপরদিকে জিনের মধ্যে ক্রসিংওভার সংঘটিত হয়ে পিতৃসম্বয়ের অপত্য জন্মানোর সাথে পুনঃসংযোজিত চরিত্রের অপত্যও জন্মায়।

কোনও জীবে যত ধরনের বা হ্যাপ্লয়েড ক্রোমোজোম জোটে যতগুলি ক্রোমোজোম থাক তা ঐ জীবের লিংকেজ গ্রুপ সংখ্যা নির্ধারণ করে। এর কারণ হল প্রতি ক্রোমোজোমের সবগুলি জিন মিলে একটি গোষ্ঠী তৈরী করে।

ক্রসিংওভার লিংকেজের অন্তর্ভুক্ত জিনগুলিকে আলাদা করে দিতে পারে। মিওসিস কোষ বিভাজনের সময় দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের মধ্যে ভাঙন ও পুনর্যোজনের মাধ্যমে অংশ বিনিময় দ্বারা ক্রসিংওভার সাধিত হয়। ফলে জোটবদ্ধ জিনগুলি যেমন আলাদা হয়ে পড়ে, তেমনি জিনের নবসম্বয় গড়ে ওঠে ও পুনঃসংযোজিত ক্রোমোজোম সৃষ্টি হয়। পুনঃসংযোজিত ক্রোমোজোম থেকেই পুনঃসংযোজিত চরিত্রের অপত্য জন্মায়। মিওসিসের প্রোফেজ-I দশায় যখন জোড়বাঁধা দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোম টেট্রাড অবস্থায় আসে তখন তাদের দুটি অভগিনী ক্রোমোটিডিই ক্রসিংওভার দেখায়।

পুনঃসংযোজনের সময় আপাতদৃষ্টিতে দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের মধ্যে ভাঙন ও পুনর্যোজন দেখা গেলেও আণবিক দৃষ্টিভঙ্গিতে দুটি ক্রোমোজোমের দুই হোমোলোগাস ডি.এন.এ. অণুর সক্রিয় অংশ গ্রহণের ফলে ক্রসিংওভার তথা পুনঃসংযোজন হয়ে থাকে। বর্তমানে পুনঃসংযোজনের ফলে ক্রসিংওভার তথা পুনঃসংযোজন হয়ে থাকে। বর্তমানে পুনঃসংযোজনের কৌশল একসূত্রী ভাঙন মডেল বা দ্বিসূত্রী ভাঙন মডেল দ্বারা ব্যাখ্যা করা হয়।

লিংকেজ যেমন বলে দেয় একটি ক্রোমোজোমের উপর কোন কোন জিন অবস্থিত, তেমনি ক্রসিংওভারও তার ফল পুনঃসংযোজনের হৃদিস দিতে পারে একটি ক্রোমোজোমের উপর দুটি জিন কত দূরত্বে অবস্থান করে। ক্রসিংওভারের উপর ভিত্তি করে ক্রোমোজোমের উপর জিনের অবস্থান নির্দেশক লিংকেজ ম্যাপ গঠন করা যায় এই দুই জিনের মধ্যে ক্রসিংওভারের শতকরা মানই হয় জিনের মধ্যে আপেক্ষিক দূরত্ব। এই মানকে সেন্টিমরগ্যান (cM) হিসাবে গণ্য করা হয়।

তিনটি জিনের ভিত্তিতে কোন ক্রোমোজোমে ক্রসিংওভার কম্পন। করলে, তিন রকমের ক্রসিংওভার পাওয়া যেতে পারে। এগুলি হল দূরকমের একক ক্রসিংওভার ও দ্বৈতক্রসিংওভার। দ্বৈতক্রসিংওভার সংঘটনের ক্ষেত্রে সচরাচর



আশানুরূপ ফলাফলের চেয়ে অনেক অনেক কম অপত্য জন্মাতে দেখা যায়। এর কারণ হল ইন্টারফারেন্স।  
ক্রোমোজোমের উপর এক জায়গায় ক্রসিংওভার হতে বাধা দান করে তখন তাকে ইন্টারফারেন্স বলে।

## 7.18 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

### 1. শূন্যস্থান পূরণ করো :

(ক) একটি ক্রোমোজোমের উপর দুটি জিন  $a$  ও  $b$  এর মধ্যে  $m$  10% পুনঃসংযোজন ঘটে। অতএব  $a$  ও  $b$  এর মধ্যে দূরত্ব —————  $mc^M$ ।

(খ) ড্রোসোফিলার 2 নং 3 নং ক্রোমোজোমের জিন ————— দেখায়।

(গ) ক্রিস-ক্রস উত্তরকি ————— জিনের একটি ধর্ম।

(ঘ) ভুট্টা গাছের  $2n$  সংখ্যা 20। সুতরাং ভুট্টা গাছের লিংকেজ গোষ্ঠী সংখ্যা —————।

(ঙ) পুনঃসংযোজন ————— ফল।

### 2. সঠিক শব্দটি বেছে তার গায়ে টিক (✓) চিহ্ন দিন।

(ক) দুটি প্রকটধর্মী জিনের একই ক্রোমোজোমের উপর অবস্থানকে বলে কাপলিং / রিপালশন/ লিংকেজ/ইনভেশন।

(খ) ডি.এন.এ. তে বিশেষ জায়গায় ছেদ সৃষ্টি করতে সাহায্য করে এক্সোনিউক্লিয়েজ /লাইগেজ/  
এন্ডোনিউক্লিয়েজ/পলিমারেজ।

(গ) জোড়বাঁধা ক্রোমোজোমে ক্রসিংওভার হয় বাইভ্যালেন্ট/ট্রেটাড/মাল্টিভ্যালেন্ট/বাইভ্যালেন্ট ও টেট্রাড  
অবস্থায়।

(ঘ) দুটি জিনের মধ্যে ক্রসিংওভার না হওয়ার অর্থ হল জিন দুটি খুব কাছাকাছি অবস্থিত/লিংকেজের  
অন্তর্গত/পূর্ণ লিংকেজের অন্তর্গত/ভিন্ন ক্রোমোজোমে অবস্থিত।

(ঙ) যেহেতু জোড়বাঁধা হোমোলোগাস কেবল দুটি অভগিনী ক্রোমাটিড ক্রসিংওভার দেখায়, সেহেতু পুনঃসংযোজনের  
শতকরা মান 50/50-এর কম/50 এর বেশী/0।

3. চিহ্নিত জিন বলতে কী বোঝায়?

4. ক্রসিংওভারের মাধ্যমে পুনঃসংযোজন হওয়ার সময় কেমন ডি.এন.এ. অংশ গ্রহণ করে?

5. সাইন্যাপ্টোনেমাল কমপ্লেক্সের কাজ কী?

6. ক্রসিংওভার আমাদের কী ধারণা দেয়?

7. নিম্নলিখিত চরিত্রের জিনগুলি *Drosophila melanogaster*-এর কোন্ কোন্ ক্রোমোজোমে অবস্থান  
করে?

8.  $a$  ও  $b$  দুটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিন। তাদের স্বাভাবিক অ্যালীল  $a^+$  ও  $b^+$ ।  $a^+b^+/ab/ab$  ফলমাছির মিলনে  $a^+b^+ / ab$ ,  
 $a^+b/ab$  ও  $ab/ab$  মাছি সমান সংখ্যায় জন্মালো এর থেকে  $a$  ও  $b$  জিনের কেমন সম্পর্কের সন্ধান পাওয়া যায়।

9. কালো দেহ ও খর্বডানা ড্রোসোফিলার দুটি প্রচ্ছন্নধর্মী চরিত্র ও বৈশিষ্ট্য দুটি  $b$  ও  $vg$  জিন দ্বারা নির্ধারিত হয়। এই দুটি জিনের স্বাভাবিক অ্যালীল  $b^+$  ও  $vg^+$  ও তারা যথাক্রমে ধূসর দেহ ও লম্বা ডানা সৃষ্টি করে। একটি স্ত্রী মাছির (যার জেনোটাইপ  $b\ vg/bvg$  মিলনে 1000 অপত্য মাছি জন্মালো। অপত্য মাছিগুলি জেনোটাইপের ভিত্তিতে কত রকম হতে পারে ও তাদের সংখ্যা কত?

10. একটি দ্বিসংকরায়ন পরীক্ষায় অপত্য বংশে মোট 5450টি সন্তান জন্মালো। তাদের মধ্যে পিতৃসময়য়ের অপত্য 4310টি। তাহলে পুনঃসংযোজিত অপত্যের শতকরা সংখ্যা কত?

11.  $AB/ab$  থেকে দুপ্রকার পুনঃসংযোজিত গ্যামেট  $ab$  ও  $b$  প্রতিটি 7% করে দেখা যায়।  $a$  ও  $b$ -এর মধ্যে দূরত্ব কত?

12. ধরা যাক ড্রোসোফিলার তিনটি প্রচ্ছন্নধর্মী মিউটেশন  $x, y$  ও  $z$  ক্রোমোজোমে অবস্থিত। একটি হেটেরোজাইগাস স্ত্রী ( $+++/xyz$ ) মাছির সাথে তিনটি জিনের জন্য স্বাভাবিক বৈশিষ্ট্যের পুরুষ মিলন ঘটানোর ফলে নিচের মতো অপত্য জন্মালো—

$+++$	45
$+z$	430
$+yz$	32
$z++$	32
$xyz+$	34
$xy+$	442

এই ফলাফলের ভিত্তিতে একটি লিংকেজ ম্যাপ তৈরী করুন। সমকালীনতা গুণাক্ষের পরিমাণ কত?

13.  $a$  ও  $b$  জিনের মধ্যে দূরত্ব  $20c^M$  ও  $b$  এবং  $c$  জিনের মধ্যে দূরত্ব  $10c^M$ ,  $a + c/+b+x\ abc/abc$  ক্রস থেকে 2000 মাছি জন্মালো। যদি সমকালীনতা গুণাক্ষ 0.5 হয় তবে কতগুলি মাছি  $abc$  প্রকৃতির হবে?

## 7.19 উত্তরমালা :

### অনুশীলনী-1

1. (ক) লিংকেজ (খ) পুনঃসংযোজন (গ) বিপরীত (ঘ) অটোজোম, অ্যালোজোম।

(ক) 1910 (খ) মরগ্যান (গ) ফলমাছি, *Drosophila melanogaster* (ঘ) এক ক্রোমোজোমে অবস্থানকালে (ঙ) কাপলিং

3. ডিপ্লয়েড প্রাণী বা উদ্ভিদে দুটি চরিত্র লিংকেজের অন্তর্ভুক্ত কিনা বুঝতে হলে একটি দ্বিসংকরায়নের ব্যবস্থা করতে হয়।  $F_2$  জন্ম অবধি অপত্য সৃষ্টি করে দেখতে হয় বৈশিষ্ট্যগুলির স্বাধীন বিন্যাস হয় কিনা। যদি বৈশিষ্ট্যগুলি স্বাধীন বিন্যাসের নীতি মেনে সঞ্চরিত না হয় তবে লিংকেজ আছে বলে মনে করা যেতে পারে।

### অনুশীলনী-2

1. (ক) রৈখিক সজ্জায়, (খ) লিংকেজের দরুন (গ) দুটি প্রকটধর্মী জিন বা দুটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিন যখন একই ক্রোমোজোমের উপর অবস্থান করে। (ঘ) দুটি প্রকটধর্মী জিন যখন দুটি ভিন্ন হোমোলোগাস ক্রোমোজোমে অবস্থান করে।

2. অনুচ্ছেদ 7.6 পৃঃ 11, 14 এবং অনুচ্ছেদ 7,7 -পৃঃ 15 দেখুন।

3. (ক) পিতৃসম্বয়ের অপত্য (খ) 50 শতাংশের কম সংখ্যায় ও জিনের মধ্যে লিংকেজ বলের মাত্রা অনুযায়ী।

(গ) চতুর্থ ক্রোমোজোমের সকল জিন। (খ) পুরুষ ফলমাছিতে ক্রসিংওভার হয় না বলে।

(ঙ) হ্যাপ্লয়েড ক্রোমোজোমের সংখ্যা দ্বারা।

### অনুশীলনী-3

- ক্রোমোজোমের উপর জিনগত নব সংযুক্তি।
- ক্রসিংওভার পুনঃসংযোজনের পথ তৈরী করে।
- মিওসিস কোষ বিভাজনের প্রোফেজ-1 দশার প্যাকাইটিন উপদশায়।
- (ক) দুই হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের জোড়বন্ধন।  
(খ) সাইন্যাপটোনেমাল কমপ্লেক্স সৃষ্টি।  
(গ) বাইভ্যালেন্টের মধ্যে কমপ্লেক্স সৃষ্টি।
- জোড়বাঁধা ক্রোমোজোম পরস্পর থেকে দূরে সরার সময় যে যে জায়গায় তাদের সংযুক্তি দেখায় তাকে কায়জমা বলে। ইহা ডিপ্লোটিন উপদশায় দেখা যায়,
- মিওসিস কোষ বিভাজনের শেষে।
- বিশেষ স্ত্রী ফলমাছি যার একটি x-ক্রোমোজোম ছিল আকারে ছোট ও car আর B জিন যুক্ত এবং অপর x-টি ছিল স্বাভাবিক কিন্তু প্রাতে y ক্রোমোজোমের অংশযুক্ত।
- নিউরোস্পোরা হ্যাপ্লয়েড হওয়া সত্ত্বেও ডিপ্লয়েড অবস্থা সৃষ্টি করে। ডিপ্লয়েড জাইগোট মিওসিসের মাধ্যমে হ্যাপ্লয়েড স্পোর তৈরী করে। এদের সহজে পালন মাধ্যমে জন্মানো যায়।
- যে পালন মাধ্যমে স্বাভাবিক নিউরোস্পোরা জন্মাতে পারে ও যাতে শুধু ভিটামিন বায়োটিন, কার্বন উৎস গ্লুকোজ, নাইট্রোজেন উৎস অ্যামোনিয়াম লবণ ও কয়েকটি খনিজ লবণ দ্রবণ হিসাবে থাকে।
- মিথিওনি ও হিস্টিডিনযুক্ত মিনিমাল মিডিয়াম।
- দুটি মিউট্যান্ট ও বিপরীত চরিত্রের নিউরোস্পোরা একত্রে থাকলে তাদের অণুসূত্র মিলে জাইগোট তৈরী হয়।

12. মিওসিসের প্রতিটি বিভাজনের সময় বিভাজন তল অনুযায়ী উপজাত নিউক্লিয়াসগুলি সজ্জিত হয়। তাছাড়া মিওসিসের শেষে অতিরিক্ত একবার মাইটোসিস বিভাজন দেখা যায়।

13. ক্রসিংওভার না হলে দুরকম (অনুচ্ছেদ দেখুন)

14. হোমোলোগাস ক্রোমোজোম জোড়বাঁধার সময় সাইন্যাপটোনেমাল কমপ্লেক্স তৈরী হয় না বলে।

### অনুশীলনী 4

- ক্রসিংওভার কারণ হলে পুনঃসংযোজন তার ফল। ক্রসিংওভার পুনঃসংযোজনের পথ তৈরী করে।
- ডারলিংটন বলেন দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের মধ্যে বিশেষ স্থানে ভাঙন ও পুনর্বোজনের মাধ্যমে

পুনঃসংযোজন ঘটে।

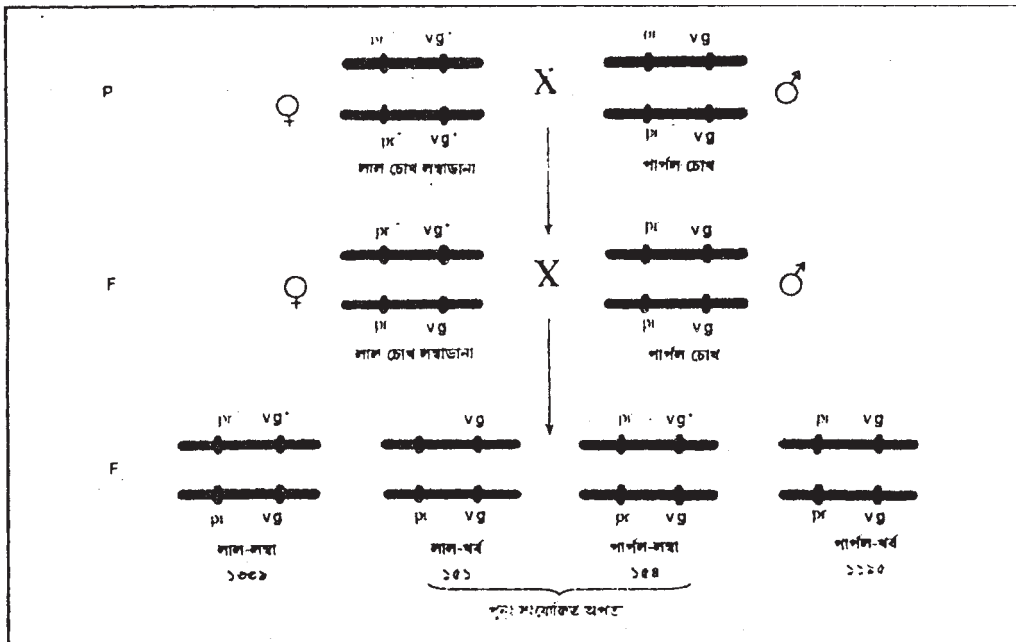
3. জাইগোটিন ও প্যাকাইটিন উপদশায় প্রায় 0.03% ডি. এন. এ সংশ্লেষণ হয়।
4. অনুচ্ছেদ 7.12 (ক) দেখুন।
5. একতন্ত্রী ভাঙন মডেলঃ অনুচ্ছেদ 7.13 (ক) দেখুন।
6. পুনঃসংযোজনে সহায়তা করা।
7. দুই হোমোলোগাস ডি.এন. এর একটি সূত্রে ভাঙন এলে তাকে বলে একসূত্রী ভাঙন। দ্বিসূত্রী ভাঙন মডেলে দুটি ডি.এন.এর একটির দুই তন্তুতে ভাঙন সৃষ্টির কথা বলা হয়।
8. জোস্ট্যাল ও তাঁর সহযোগীগণ (1983)
9. একটি ডি.এন.এর ভাঙা একটি তন্তু যখন অপর ডি.এন.এতে ঢুকে তাদের পরিপূরক অংশ খুঁজে জোড় বাঁধে।
10. হেলিকেজ, ডি. এন এ আনওয়াইণ্ডিং প্রোটিন এডোনিউক্লিয়েজ এক্সোনিউক্লিয়েজ, ডি.এন.এ পলিমারেজ, লাইগেজ।

---

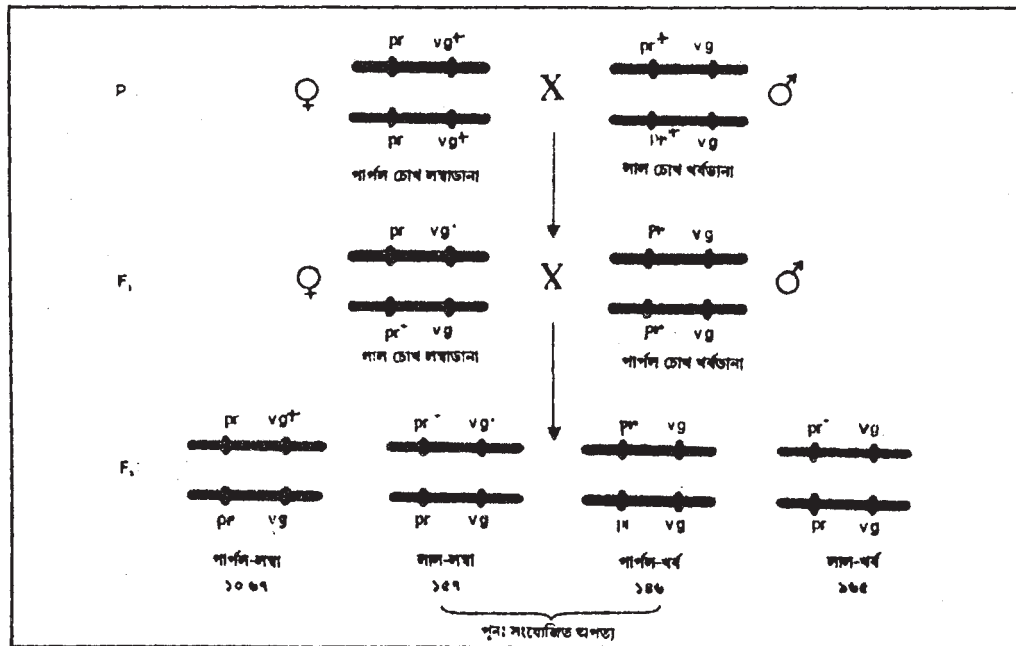
### সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

---

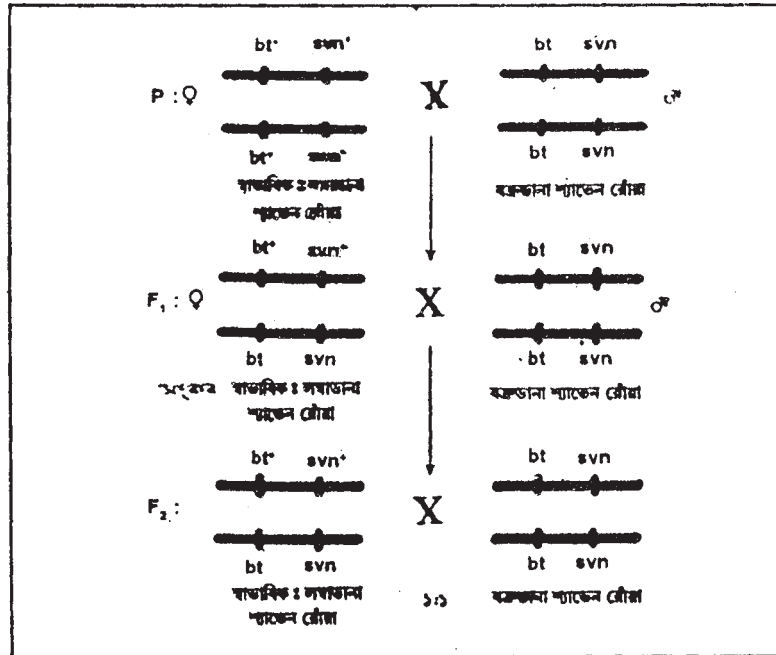
1. (ক) 10 (খ) মুক্ত সঞ্চারণ (গ) x-লিংকড (ঘ) 10 (ঙ) ক্রসিংওভারের
2. (ক) কাপলিং (খ) এডোনিউক্লিয়েজ (গ) ট্রেটাড (ঘ) পূর্ণ লিংকেজের অন্তর্গত (ঙ) 0 এক কম।
3. যে জিনের অবস্থান ও প্রকাশ ক্ষমতা জানা আছে।
4. দুটি হোমোলোগাস ডি.এন.এ।
5. জোড়া বাঁধায় ও ক্রসিংওভার।
6. দুটি জিনের মধ্যে কেমন লিংকেজ আছে ও তারা কেমন দূরত্বে অবস্থান করে।
7. (ক) 2 (খ) 2 (গ) 4 (ঘ) 3 (ঙ) 4
8. a ও b জিন ভিন্ন ক্রোমোজোমে অবস্থান করে বা তারা লিংকেজ বহির্ভূত।
9. দু'রকমের :  $b + vg/bvg (500)$  ও  $bvg^+/bvg (500)$
10. 20.9%
11.  $14c^M$
12. তিনটি জিনের সজ্জারীতি y-x-z  
$$\frac{\leftarrow 3 \cdot 9 \rightarrow \leftarrow 3 \cdot 2 \rightarrow}{\begin{matrix} y & x & z \end{matrix}}$$
 (এক্ষেত্রে কোন দ্বৈতওভার নাই)  
অতএব, সমকালীনতা গুণাঙ্ক = 0.



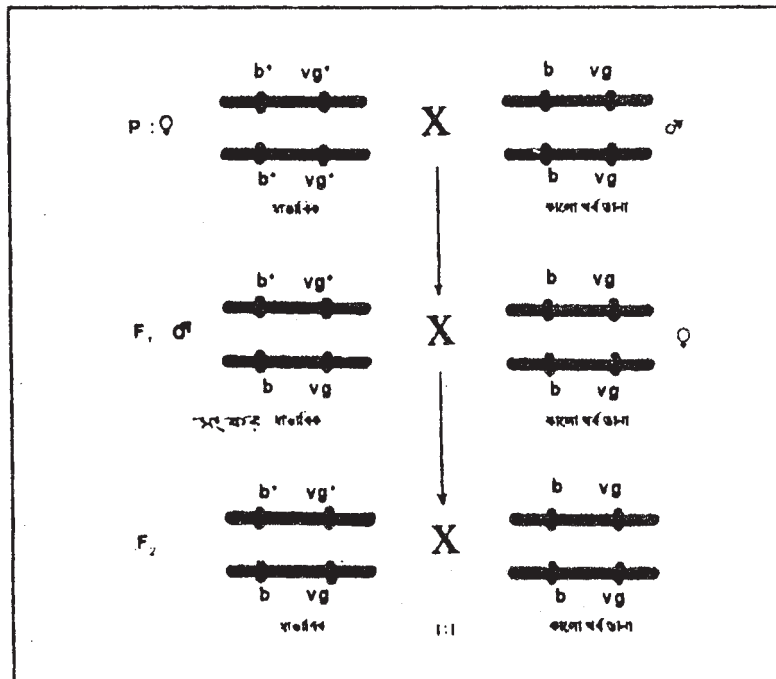
চিত্র 7.1 : ফলমাছির উপর দ্বি-সংকরায়ন পরীক্ষা। P জনুতে লাল চোখ লম্বাডানার মাছিতে দুইটি বৈশিষ্ট্যের দায়ী জিন  $Pr^+$  ও  $Vg^+$  একই ক্রোমোজোমে অবস্থান করে ও কাপলিং অবস্থা দেখায়।



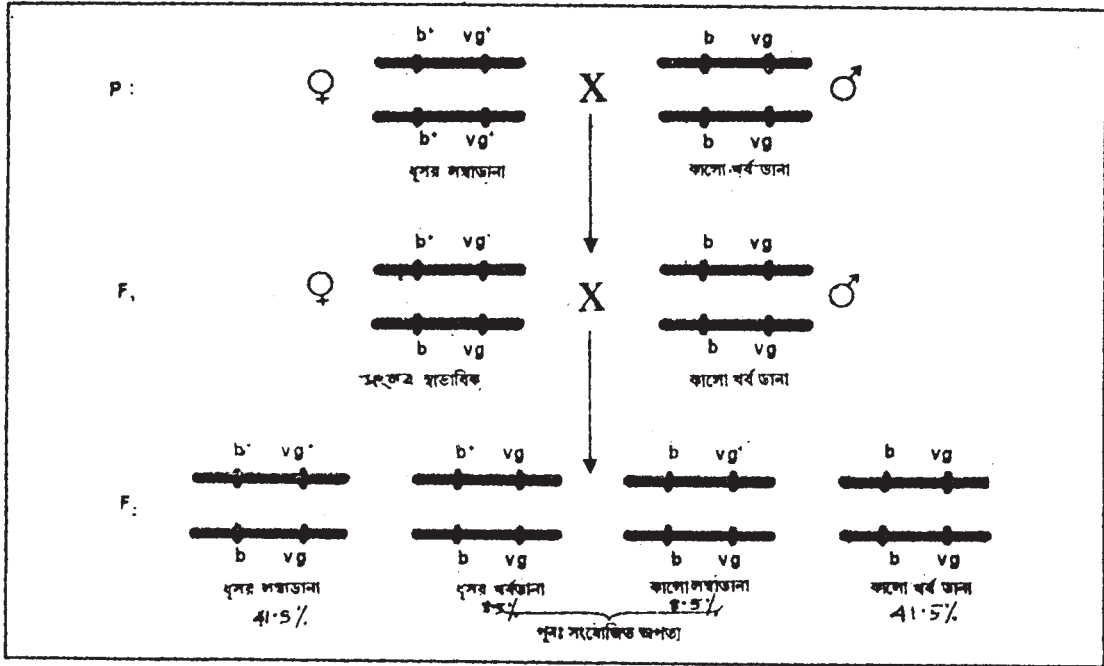
চিত্র 7.2 : ফলমাছির উপর দ্বি-সংকরায়ন পরীক্ষা। P জনুতে পার্পল চোখ লম্বাডানার মাছিতে একই ক্রোমোজোমে  $Pr^+$  ও  $Vg^+$  ও লাল চোখ খর্বডানার মাছিতে  $Pr^+$  ও  $Vg$  একত্রে অবস্থান করে। ইহা দুই জিনের রিপালসিড সমন্বয়।



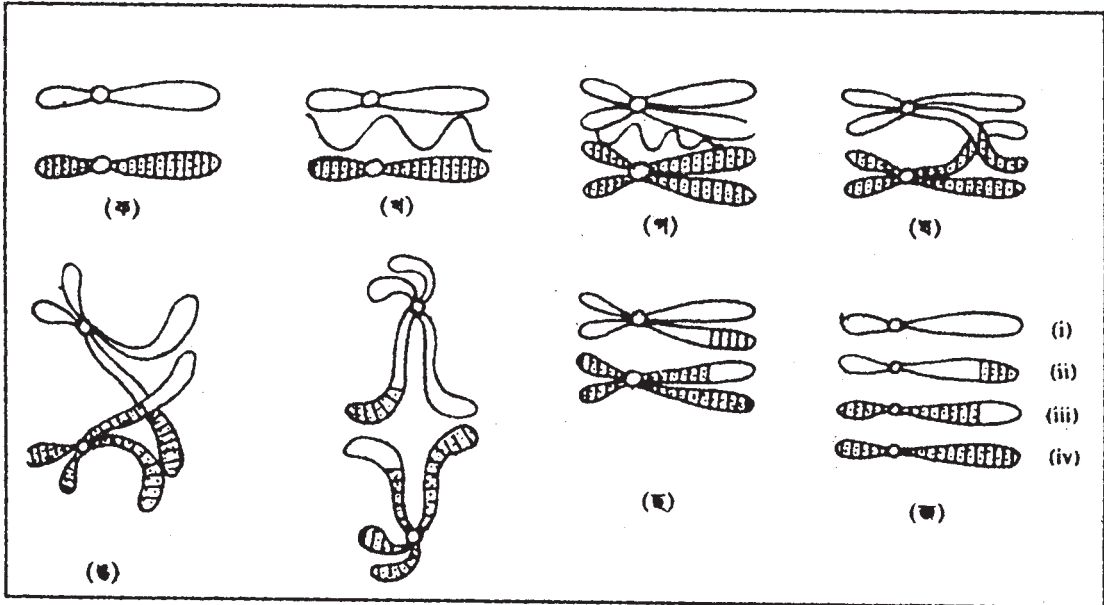
চিত্র 7.3 : *bt* ও *Svn* জিন দুটি ড্রোসোফিলাতে IV ক্রোমোজোমে অবস্থিত। উহারপূর্ণ লিংকেজ দেখায় বলে কখনও আলাদা হয় না। এই কারণে দ্বি-সংকরায়নে কেবলমাত্র পিতৃ সমন্বয় যুক্ত অপত্য উৎপন্ন হয়।



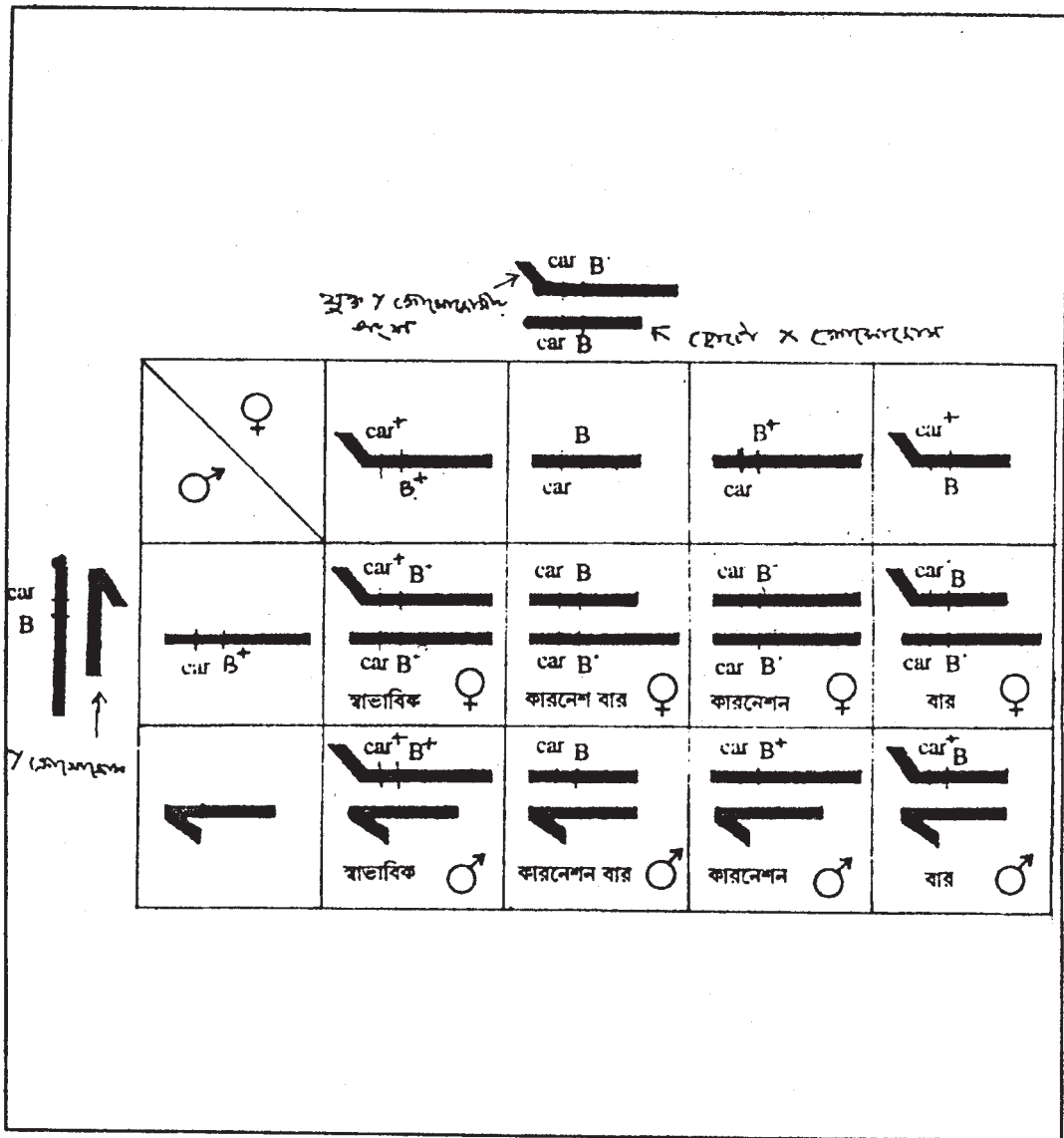
চিত্র 7.4 : ড্রোসোফিলাতে কালো গায়ের রঙের জন্য জিন *Vg* II এবং খর্বডানার জন্য জিন *n* ক্রোমোজোমে দুইটি প্রচ্ছন্নধর্মী জিন। পুরুষ মাছিতে জিন দুইটির মধ্যে পূর্ণ লিংকেজ স্পষ্ট হয়। পূর্ণ লিংকেজ থাকার দরুন পুরুষ হেটারোজাইগাস ( $b + vg / b vg$ ) কেবল দুই প্রকার গ্যামেট সৃষ্টি করে  $b + Vg +$  ও  $b Vg$ । ফলে টেস্ট ক্রসে কেবল পিতৃ সমন্বয় যুক্ত অপত্য সৃষ্টি করে।



চিত্র 7.5 : লিংকজের ক্ষেত্রে  $b^+$  ও  $vg^+$  এর অসম্পূর্ণ লিংকজ পুনঃসংযোজিত অপত্য সৃষ্টি।

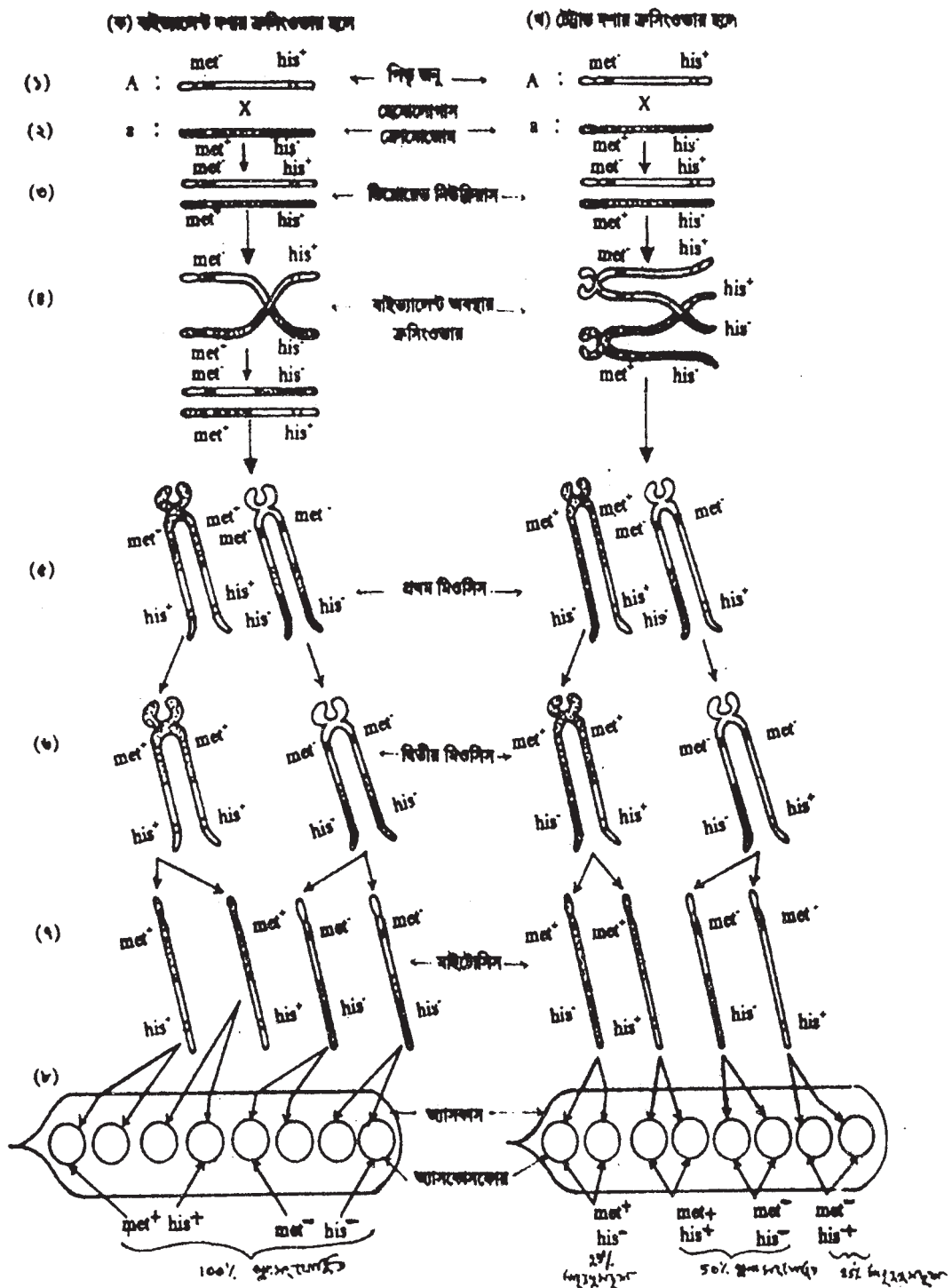


চিত্র 7.6 : হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের মধ্যে অংশ বিনিময় ও পুনঃসংযোজিত গ্যামেট সৃষ্টি। (ক) দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোম, (খ) জাইগোটিন উপদশায় দুটি হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের জেটবন্ধন, (গ) প্যাকাইটিন উপদশায় টেট্রাড সৃষ্টি, (ঘ) প্যাকাইটিন উপদশায় টেট্রাডে অংশ বিনিময়, (ঙ) ডিপ্লোটিন উপদশায় কায়জমাটা ও হোমোলোগাস ক্রোমোজোমের পৃথগভবন, (চ) ডাইঅ্যাকাইনেসিস উপদশায় টারমিনালাইজেশন, (ছ) অ্যানাফেজ-১ এ দুই হোমোলোগের পৃথগভবন ও (জ) মিয়োসিস শেষে ক্রোমোটিডের পৃথগভবন দ্বারা চার প্রকার (i, ii, iii, iv) গ্যামেট সৃষ্টি। ii ও iii গ্যামেট পুনঃসংযোজিত ক্রোমোটিড দ্বারা গঠিত।

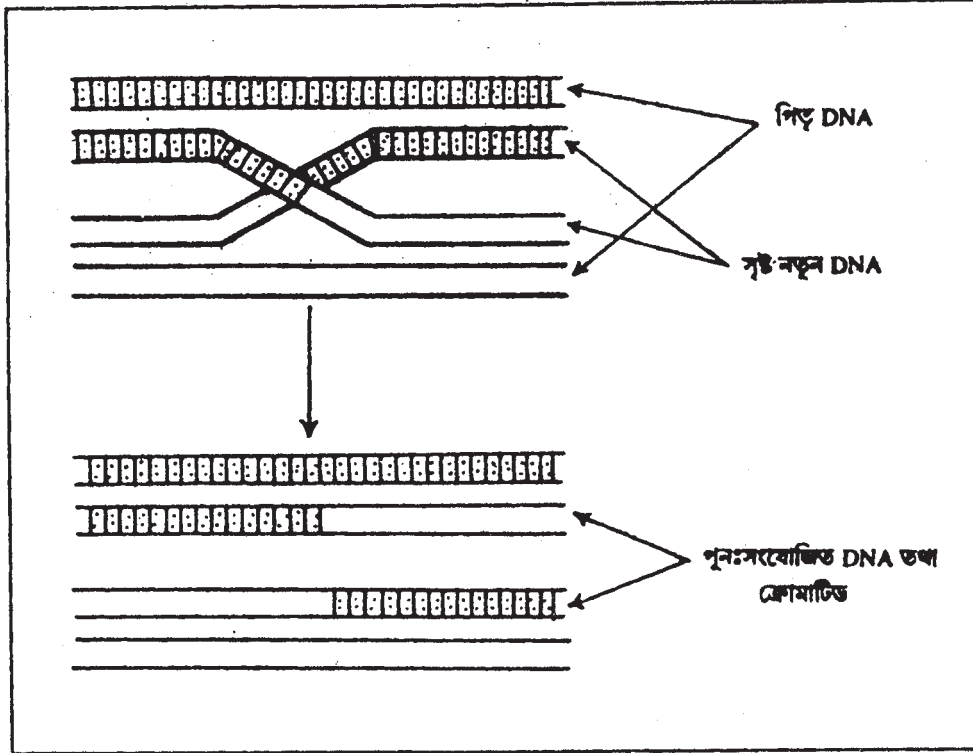


চিত্র 7.7 : স্টার্নের ফলমাছির উপর পরীক্ষা যাতে দেখানো হয়েছে, ভাজন ও পুনঃযোজনের মাধ্যমে ক্রসিংওভার হয়।



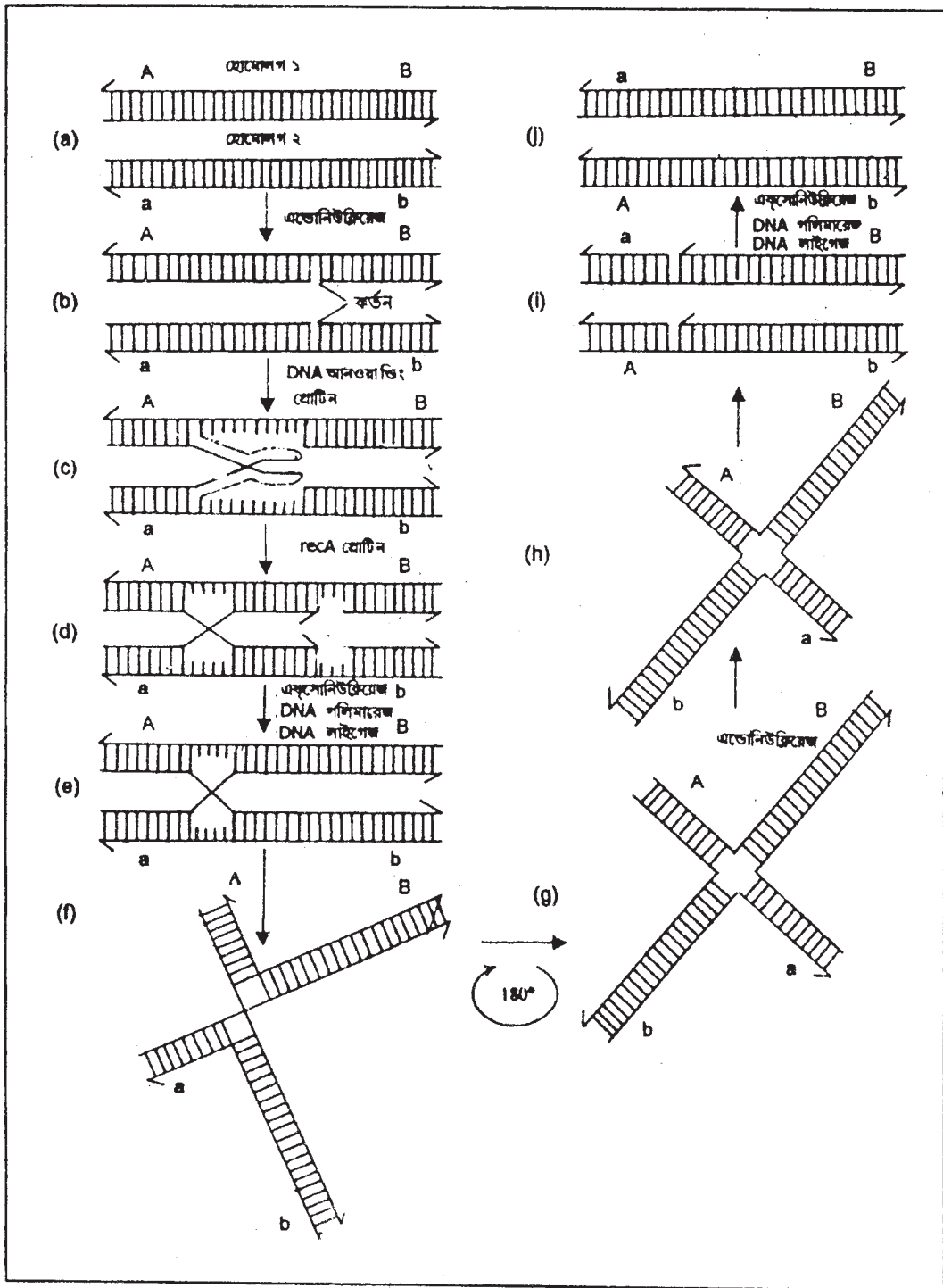


চিত্র 7.8 : Neurospora crassa তে met ও his দুই মিউটেশনের সাপেক্ষে বাইভ্যালেন্ট (ক) ও ট্রেট্রাড (খ) অবস্থায় ক্রসিংওভারের ফল দেখানো হয়েছে। অ্যাসকোসপোরের বিন্যাস থেকে ট্রেট্রাড দশায় ক্রসিংওভারের প্রমাণ পাওয়া যায়।

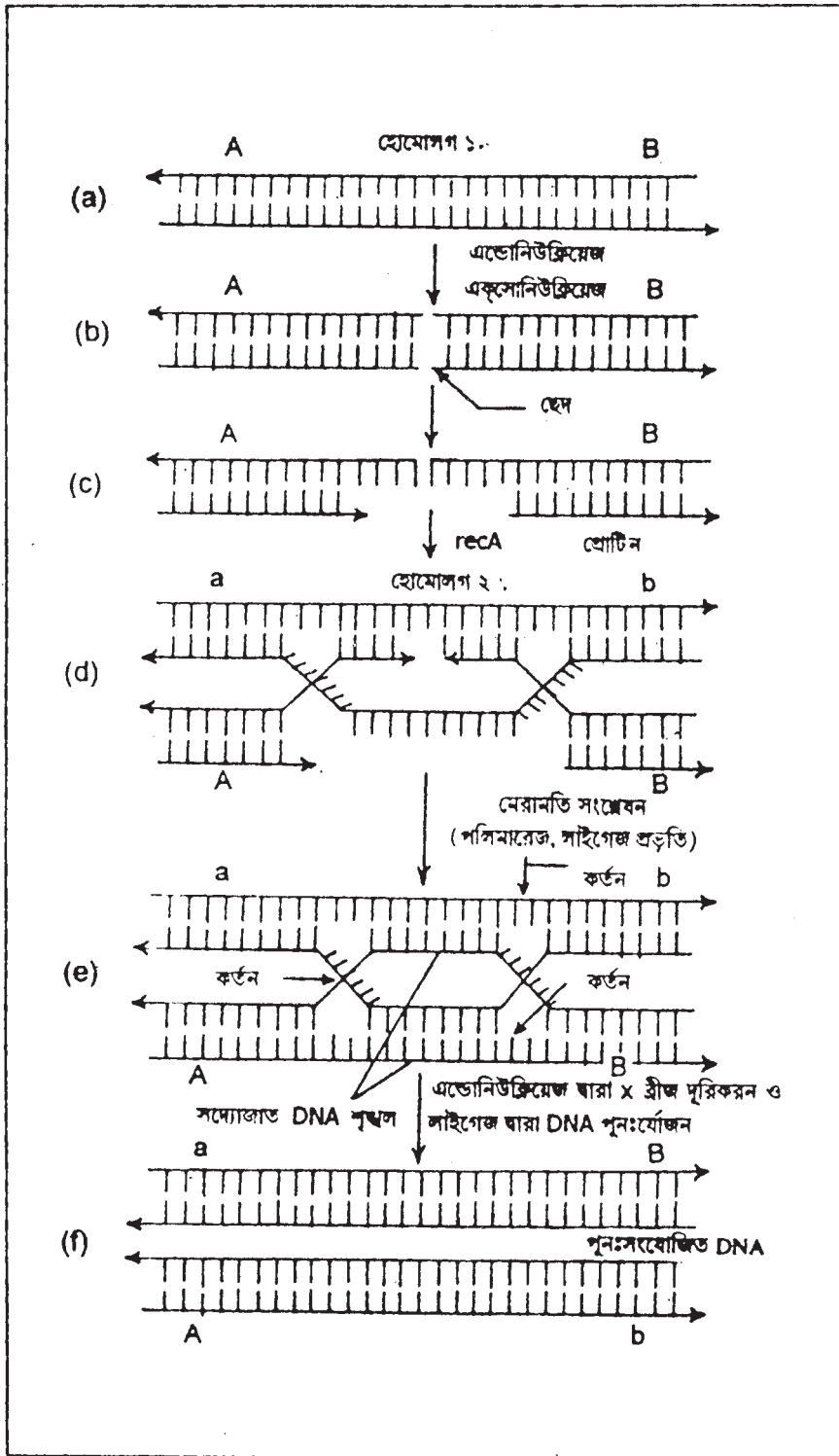


চিত্র 7.9 : প্রতিলিপি মনোনয়ন অনুযায়ী পুনঃসংযোজন পদ্ধতি।

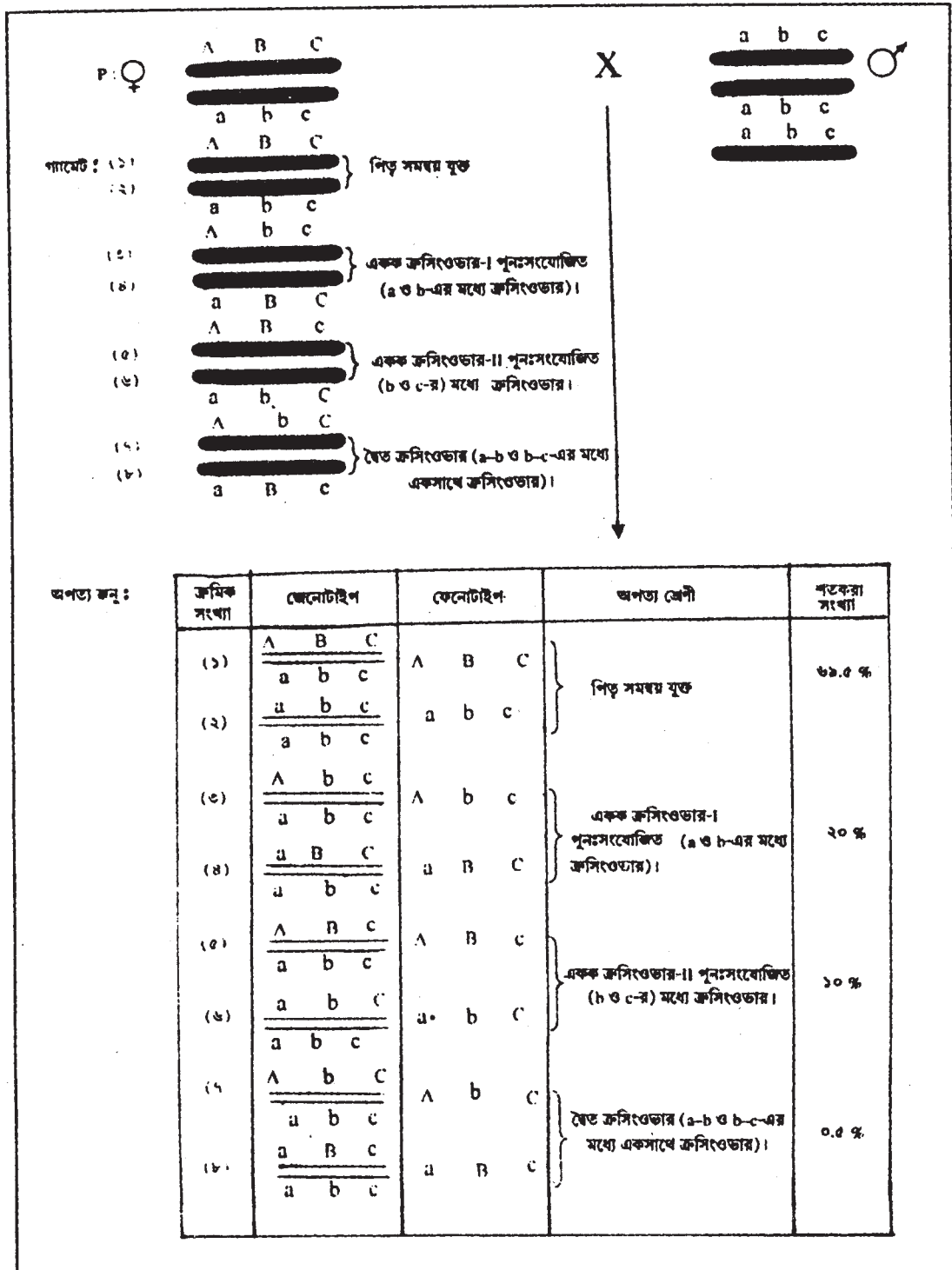
চিত্র 7.9 : প্রতিলিপি মনোনয়ন অনুযায়ী পুনঃসংযোজন পদ্ধতি।



চিত্র 7.10 : একসূত্রী ডাবল মডেল অনুযায়ী পুনঃসংযোজন পদ্ধতি।



চিত্র 7.11 : পুনঃসংযোজনের দ্বি-তন্তু ভাঙ্গন মডেল।



চিত্র 7.12 : তিনটি জিনের সাপেক্ষে ক্রসিংওভার হলে যেমন পুনঃসংযোজন হতে পারে তার একটি দৃষ্টান্ত।

---

## একক ৪ □ ড্রসোফিলার লিঙ্গ নির্ধারণ

---

### গঠন

#### 8.1 প্রস্তাবনা

##### উদ্দেশ্য

#### 8.2 ড্রসোফিলার যৌন দ্বিরূপতা

#### 8.3 ফলমাছির লিঙ্গ নির্ধারণ সম্পর্কিত কিছু প্রাথমিক আবিষ্কার

#### 8.4 যৌনদ্বিরূপতার আধুনিক ব্যাখ্যা

#### 8.5 ড্রসোফিলার লিঙ্গ নির্ধারণ জিন সমূহ ও লিঙ্গ নির্ধারণে তাদের ভূমিকা

#### 8.6 লিঙ্গ নির্ধারক জিনগুলির সম্পর্ক ও কর্মপদ্ধতি

#### 8.7 লিঙ্গ নির্ধারক ব্যবস্থায় প্রাথমিক সংকেত বা নিয়ন্ত্রক সুইচ যেমনভাবে কাজ করে

#### 8.8 লিঙ্গ নির্ধারণ ও ডোসেজ কমপেনশেশন

#### 8.9 গ্যাইন্যাড্রোমর্ফ

#### 8.10 সারাংশ

#### 8.11 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

#### 8.12 উত্তরমালা

---

### 8.1 প্রস্তাবনা

যৌন জননকারী প্রাণীদের মধ্যে স্ত্রী ও পুরুষ যৌন বিভেদ জীব বৈচিত্র্যকে নতুন রূপদান করেছে। প্রায়ক্ষেত্রে যৌন দ্বিরূপতা বহিরাকৃতিতে স্পষ্ট হয়ে উঠলেও অনেকক্ষেত্রে বাইরে কোন প্রজাতির স্ত্রী ও পুরুষ চেনা শক্ত হয়ে দাঁড়ায়। এমন সব উভলিঙ্গ (bisexual) প্রাণীদেরক্ষেত্রে যৌনদ্বিরূপতা শুধুমাত্র গোনাড ও গ্যামেট সৃষ্টিতেই সীমাবদ্ধ থাকে। অপরদিকে একলিঙ্গ প্রাণীদের (unisexual) যৌনদ্বিরূপতার দুটি ধাপ স্পষ্টরূপে প্রতীয়মান হয়। স্ত্রী ও পুরুষের গোনাড বিভেদন হল একটি ধাপ যাকে প্রাথমিক যৌন বিভেদন (primary sexual differentiation) বলে। পরবর্তী ধাপটি হল তাদের সামগ্রিক আকারগত পার্থক্য যা গৌণ যৌন বিভেদন (secondary sexual differentiation) নামে পরিচিত। ড্রসোফিলা বা ফলমাছি হল এরূপ একটি একলিঙ্গ পতঙ্গ শ্রেণীর প্রাণী।

কেমনভাবে জীবজগতে লিঙ্গ নির্ধারিত হয় তা মানুষ দীর্ঘদিন ধরেই জানার চেষ্টা করে আসছে। তবে এর বিজ্ঞান ভিত্তিক ব্যাখ্যা পাওয়া যায় বিংশ শতাব্দীর শুরু থেকে এই ব্যাখ্যাকে আধুনিক কালের গবেষণার অন্তর্ভুক্ত করা যায়। বিংশ শতাব্দীর গোড়ার দিকে যৌন বা সেক্স ক্রোমোজোম আবিষ্কারের পর বিজ্ঞানীরা সিদ্ধান্তে আসেন যে সেক্স ক্রোমোজোমের সংখ্যা ভিত্তিক পার্থক্যই স্ত্রী ও পুরুষের যৌন চরিত্র বিভেদ দৃষ্টি করে। তবে পরে পরে নানা গবেষণা

প্রমাণ করে যে যৌন ক্রোমোজোমগত পার্থক্য ক্রিয়দংশে যৌন দ্বিরূপতার কারণ হলেও প্রকৃতপক্ষে বিশেষ ধরনের মৌলিক জিন লিঙ্গ নির্ধারণ করে ও যৌনদ্বিরূপতা আনে। এমন অনেক প্রাণী আছে যাদের যৌন বিভেদক হিসাবে বিশেষ কোন ক্রোমোজোমকে চিহ্নিত করা যায় না, আবার মানুষের মধ্যেও কোন কোন ক্ষেত্রে যৌনতা বিকাশের সাথে সেক্স ক্রোমোজোমের সম্পর্ক বিশেষ স্পষ্ট নয়। ফলমাছি ড্রোসোফিলার ক্ষেত্রে স্ত্রী ও পুরুষে যৌন ক্রোমোজোম বিভেদ পাওয়া গেলেও অটোজোমগুলি প্রভাবও যৌনদ্বিরূপতা সৃষ্টিতে বিশেষ কার্যকরী। আবার কোন কোন প্রাণী আছে (যেমন, কুমীর, কচ্ছপ, বোনোলিয়া প্রভৃতি) যেখানে পরিবেশগত কোন অবস্থা যৌনতা বিভেদে বিশেষ প্রভাবশালী।

আধুনিক কালের গবেষণালব্ধ ফল থেকে বিজ্ঞানীরা অনুধাবন করেছেন যে যৌনদ্বিরূপতা মূলতঃ দুটি ঘটনার মাধ্যমে সাধিত হয়ে থাকে। এদের একটি হল লিঙ্গ নির্ধারণ ও অপরটি হল যৌন বিভেদন। স্ত্রী ও পুরুষ গ্যামেটের মিলনে জাইগোট সৃষ্টি হওয়ার পর তার লিঙ্গ নির্ধারণ হয়, আর তার পরই নির্ধারিত লিঙ্গ সাপেক্ষে যৌন বিভেদন সম্পন্ন হয়। যৌন বিভেদন হল পরিকল্পনা মাফিক পরিস্ফূরণ। সুতরাং লিঙ্গ নির্ধারণ হল জাইগোটের বিশেষ দিকে বিকাশের প্রতিশ্রুতি (Commitment) আর যৌন বিভেদন (Sex differentiation) হল প্রতিশ্রুতি অনুযায়ী তার অগ্রগতি। *Drosophila melanogaster* নামে ফলমাছিতে কেমনভাবে লিঙ্গ নির্ধারণ হয় সে সম্পর্কে অনেক সত্য উদঘাটিত হয়েছে। ফলমাছির উপর লব্ধ জ্ঞান থেকে লিঙ্গ-নির্ধারণ তথা যৌনতা বিভেদন সম্পর্কে আমরা এক নতুন ধারণা লাভ করেছি।

#### উদ্দেশ্য :

এই অধ্যায়টি পাঠ করলে আপনারা যে যে বিষয় অবগত হবেন সেগুলি হল :

- লিঙ্গ নির্ধারণ বলতে কি বোঝায়?
- যৌন বিভেদনের সাথে লিঙ্গ নির্ধারণের সম্পর্ক।
- ড্রোসোফিলার যৌন দ্বিরূপতার বিকাশ কিরূপ।
- যৌনদ্বিরূপতা সৃষ্টির আধুনিক ব্যাখ্যা কি
- *Drosophila melanogaster*-এর যৌনদ্বিরূপতা সৃষ্টির বিভিন্ন দিকগুলি লিঙ্গ নির্ধারণে প্রাথমিক সংকেত ও তার ভূমিকা লিঙ্গ নির্ধারণে জিনসমূহ ও তাদের সম্পর্কভিত্তিক ক্রিয়াপদ্ধতি। যৌন বিভেদন ও ডোসেজ কমপেনসেশন (Dosage Compensation)
- ড্রোসোফিলায় গাইন্যান্ড্রোমরফের সৃষ্টি।

## 8.2 ড্রোসোফিলার যৌনদ্বিরূপতা :

ফলমাছি, *Drosophila melanogaster*-এর যৌনদ্বিরূপতা বহিরাগত বৈশিষ্ট্যের মধ্য দিয়ে বিশেষ ভাবে স্পষ্ট হয় (চিত্র 8.1)। স্ত্রী ফলমাছি পুরুষমাছির চেয়ে সাধারণতঃ আকারে বড়। স্ত্রী মাছির উদরে পশ্চাদভাগ ক্রমশ সরু হয়েছে ও উদার খণ্ডগুলি পৃথক ভাবে আড়াআড়িভাবে ন্যস্ত সরু ও কালো রেখা দ্বারা বিভেদিত কিন্তু পুরুষ মাছির উদরে পশ্চাদভাগ গোলাকার ও উদরে পশ্চাদ অংশের কয়েকটি খণ্ড জোড়া লাগায় পশ্চাদ অংশে বেশ চওড়া কালো পটি সৃষ্টি হয়। এছাড়া পুরুষ সামনের পায়ের মেটাটারস?? কালো রঙের সেক্সকম্ব (Sex comb) থাকে। স্ত্রী মাছির পায়ে এমন গঠন দেখা যায় না। স্ত্রী ও পুরুষমাছির পশ্চাদ অংশে জেনিটালিয়াও অ্যানালপ্লেট পৃথক আকৃতির হয়।

বহিরাবৃত্তিতে যেমন স্ত্রী ও পুরুষমাছি পৃথক হয়, তেমনি অন্তর্নিহিত ক্রোমোজোমগত দিক দিয়েও তারা আলাদা হয়।

*Drosophila melanogaster*-এর ক্রোমোজোম সংখ্যা ৪টি অর্থাৎ ?? ক্রোমোজোম সংখ্যা ৪ চাররকম

ক্রোমোজোম জোড়ায় জোড়ায় থেকে  $2n$  অবস্থায় ৪টি ক্রোমোজোমের সমন্বয় সৃষ্টি করে। চার রকম ক্রোমোজোমের প্রথমটিকে বলে সেক্স ক্রোমোজোম ও ইহা দুধরনের হতে পারে যথা  $x$  ক্রোমোজোম ও  $y$  ক্রোমোজোম  $x$  ক্রোমোজোমটি আকারে  $y$ -এর চেয়ে অনেক বড় ও এটি অ্যাক্রোসেন্ট্রিক ধরনের। বাকী তিনরকম ক্রোমোজোমকে সাধারণতঃ দ্বিতীয়, তৃতীয় ও চতুর্থ ক্রোমোজোম হিসাবে চিহ্নিত করা হয়। দ্বিতীয় ও তৃতীয় ক্রোমোজোমটি বিন্দু আকৃতির। তিনরকম ক্রোমোজোমই অটোজোম নামে পরিচিত। ফলমাছির স্ত্রী ও পুরুষে সংখ্যাক ক্রোমোজোম থাকলেও স্ত্রী মাছিতে যখন তিন জোড়া অটোজোমের সাথে ২টি  $x$  ক্রোমোজোম থাকে। তখন পুরুষ মাছিতে তিন-জোড়া অটোজোমের সাথে ১টি  $x$  ও ৩টি  $y$  ক্রোমোজোম থাকে। স্ত্রী ও পুরুষ মাছির ক্রোমোজোম সমন্বয়কে নিম্নরূপে দেখানো যায়।

### অনুশীলনী :

#### ১। শূন্যস্থান পূরণ করুন :

- (ক) স্ত্রী ও পুরুষ প্রাণী তার যৌন ———।
- (খ) ড্রোসোফিলার পায়ের বিভেদের পরিচায়ক একটি চরিত্র হল ———।
- (গ) ড্রোসোফিলার স্ত্রী ও পুরুষের মধ্যে আকারে বড় হল ———।
- (ঘ) লিঙ্গ নির্ধারণ হল যেন যৌন বিকাশের ———।
- (ঙ) ড্রোসোফিলা ——— শ্রেণীর প্রাণী।

#### ২। যৌন বিভেদন ও লিঙ্গ নির্ধারণের মধ্যে পার্থক্য কী?

#### ৩। ড্রোসোফিলার স্ত্রী ও পুরুষের ক্রোমোজোমীয় বিভেদ উল্লেখ করুন।

#### ৪। ড্রোসোফিলার দেহ কোষে কতগুলি ক্রোমোজোম থাকে? ঐ ক্রোমোজোমগুলির প্রকৃতি কীরূপ?

#### ৫। ফলমাছিতে কতগুলি অটোজোম থাকে?

#### ৬। মেটাসেন্ট্রিক ও অ্যাক্রোসেন্ট্রিক ক্রোমোজোম বলতে কী বোঝায়?

### 8.3 ফলমাছির লিঙ্গ নির্ধারণ সম্পর্কিত কিছু প্রাথমিক আবিষ্কার :

বিংশ শতাব্দীর গোড়ার দিকে *Drosophila melanogaster*-এর ক্রোমোজোম সংখ্যা আবিষ্কার হয়। এই আবিষ্কার থেকে জানা যায় স্ত্রী ও পুরুষ উভয় প্রকার মাছিতে ৪৪টি করে ক্রোমোজোম থাকলে ও দুই প্রকার মাছির সেক্স ক্রোমোজোম সমন্বয় আলাদা। স্ত্রী মাছিতে কোষে থাকে ২টি  $x$  ক্রোমোজোম কিন্তু পুরুষ মাছিতে থাকে ১টি  $x$  ও ১টি  $y$  ক্রোমোজোম। এমন ক্রোমোজোম ভিত্তিক বিভেদ দেখে তখন মনে করা হত যে ফলমাছির যৌন বিরূপতার কারণ হয় এদের যৌন ক্রোমোজোমগত পার্থক্য।



1916 খ্রীস্টাব্দে সি.বি.ব্রিজেস (C.B. Bridges) বিশেষ পরীক্ষার মাধ্যমে আবিষ্কার করেন যে ফলমাছিতে x ক্রোমোজোম ও অটোজোমের যৌথ প্রভাবে লিঙ্গ নির্ধারিত হয়। তিনি দেখান যে একটি জাইগোটের কেমন যৌন বিকাশ ঘটবে তা নির্ভর করে তার কতকগুলি x ক্রোমোজোম আছে ও কতগুলি অটোজোম আছে তার উপর। পুরুষ মাছিতে y ক্রোমোজোমের উপস্থিতি তার লিঙ্গ নির্ধারণে কোন প্রভাব ফেলে না উহার লিঙ্গ নির্ধারণে কোন ভূমিকা নাই। ব্রিজেস মনে করেন যে x ক্রোমোজোম ও অটোজোম সেই সংখ্যার অনুপাতই লিঙ্গ নির্ধারণের কারণ হয়। এই মত অনুযায়ী ফলমাছির x ক্রোমোজোম স্ত্রী চরিত্র নির্ধারক ক্ষমতা বহন করে ও অটোজোম পুরুষ লিঙ্গ নির্ধারক ক্ষমতার অধিকারী। দুই প্রকার ক্রোমোজোমের পারস্পরিক ক্রিয়ায় ফলমাছির জাইগোটে যৌনতা নির্ধারিত হয়। ড্রোসোফিলার লিঙ্গ নির্ধারণের এই পদ্ধতিকে তিনি জিনগত ভারসাম্য বা জেনিক ব্যালেন্স (Genic balance) নামে অভিহিত করেন। ব্রিজেসের লিঙ্গ নির্ধারণ সম্পর্কিত এই মতকে জেনিক ব্যালেন্স থিওরী (Genic balance theory) বলা হয়। প্রসঙ্গতঃ উল্লেখযোগ্য y ক্রোমোজোমের লিঙ্গ নির্ধারণের কোন ভূমিকা না থাকলেও ইহার উপস্থিতিতে পুরুষ জনন ক্ষমতা বজায় রাখতে পারে।

তিনটি ক্রোমোজোম সেটযুক্ত একটি স্ত্রী মাছির সাথে স্বাভাবিক পুরুষ মাছির মিলন থেকে তিনি বিভিন্ন যৌন চরিত্রের অপত্য পাপ। যে যে রকম অপত্য তিনি পেয়েছিলেন সেগুলি হল : স্বাভাবিক স্ত্রী ও পুরুষ, মেটা ফিমেল, মেটামেল ও ইনটারসেক্স। বিভিন্ন প্রকার অপত্য মাছির ক্রোমোজোম বিশ্লেষণ করে ব্রিজেস x ক্রোমোজোম ও অটোজোমের যৌনতা নির্ধারণে একটি সম্পর্ক খুঁজে পান। ব্রিজেসের ফলমাছির উপর পরীক্ষা, তার ফলাফল তথা ক্রোমোজোম ভিত্তিক অপত্য শ্রেণীর যৌনতার সম্পর্ক নিম্নরূপে দেখানো যায়।

P জনু : $3 \times 3A \ O$ + ট্রিপ্লয়েড স্ত্রী ড্রোসোফিলা	×	XY2A $\sigma^{\uparrow}$ ডিপ্লয়েড পুরুষ ড্রোসোফিলা
গ্যামেট সমূহ : $2 \ X \ 2A, \ XA,$ $2XA, \ X2A$		XA, YA
অপত্য জনু :		

OXY2A

$O +$ $3 \times 3A$ ♂	$O +$ ♂	XA	YA
	2×2A	3×3A ট্রিপ্লয়েড স্ত্রী	2×Y3A ইনটার সেক্স
	XA	2 × 2A স্বাভাবিক স্ত্রী	XY2A স্বাভাবিক পুরুষ
	2 × A	3 × 2A মেটা ফিমেল	2XY2A স্বাভাবিক স্ত্রী
	X2A	2 × 3A ইনটার সেক্স	XY3A মেটা মেল

অপত্য শ্রেণীর ক্রোমোজোম বিশ্লেষণ :

ফেনোটাইপ	ক্রোমোজোম সমন্বয়	অনুপাত X : A
স্ত্রী	(1) 3 × 3A	1 : 0
	(2) 2 × 2 A	1 : 0
	(3) 2 × Y2A	1 : 0
মেটাফিমেল	3 × 2A	1 : 5
পুরুষ	XY2A	0 : 5
মেটা মেল	XY3A	0 : 33
ইনটার সেক্স	(1) 2XY3A	0 : 66
	(2) 2X3A	0 : 66

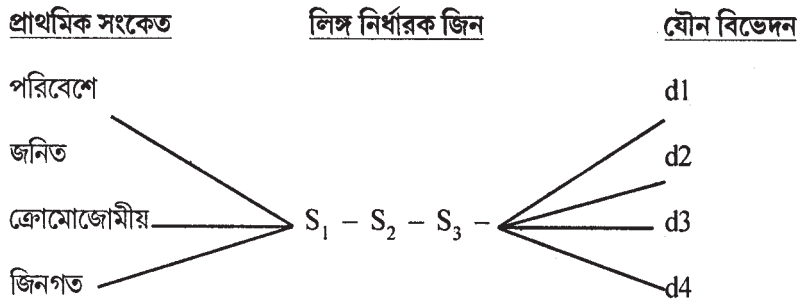
অপত্য শ্রেণীর ক্রোমোজোম বিশ্লেষণ থেকে বোঝা যায়, যে সবক্ষেত্রে x ক্রোমোজোম সংখ্যা 2 টি ও অটোজোম সেট সংখ্যা 3 ও দুই, সে সবক্ষেত্রে X : A অনুপাত দাঁড়ায় 1 : 0 এবং এমন অবস্থা কেবল স্ত্রী মাছিরক্ষেত্রে দেখা যায়। যে ক্ষেত্রে x ক্রোমোজোম সংখ্যা তিন ও অটোজোম সেট সংখ্যাও তিন, সেক্ষেত্রেও অপত্যের স্ত্রী যৌনরূপ দেখা যায়। এমনক্ষেত্রেও X : A অনুপাতও 1 : 0 অপরদিকে যেখানে x- ক্রোমোজোমের সংখ্যা 1 আর অটোজোম সেট সংখ্যা

দুই, সে ক্ষেত্রে X : A অনুপাত হয় 0.5 এমন অবস্থায় অপত্য হয় পুরুষ। স্বাভাবিক স্ত্রী ও পুরুষের ক্ষেত্রে যেমন X : A অনুপাত যথাক্রমে 1.0 ও 0.5 হয়ে থাকে, তেমন দুই ক্রোমোজোমের সংখ্যার ভিত্তিতে এই অনুপাতের তারতম্য ঘটলে অস্বাভাবিক যৌন চরিত্র নিয়ে অপত্য জন্মায়। এই কারণে সেটা ফিমেলের ক্ষেত্রে এই আনুপাতিক মান 1 : 5 যাদের মধ্যে থাকে তিনটি x ক্রোমোজোম ও 2 টি অটোজোম সেট। প্রসঙ্গতঃ বেশী সংখ্যায় x ক্রোমোজোম আকার অর্থ হল স্ত্রী চরিত্র নির্ধারক প্রভাবের মাত্রা বেড়ে যাওয়া। অপরদিকে মেটামেলের ক্ষেত্রে x ক্রোমোজোম থাকে একটি কিন্তু অটোজোম সেট বেড়ে গিয়ে দাঁড়ায় দুই এর বেশী যথা তিনে এর অর্থ হল পুরুষ যৌন চরিত্র নির্ধারক প্রভাবের অত্যাধিক বৃদ্ধি। ইন্টার সেক্সের ক্ষেত্রে স্ত্রী ও পুরুষ প্রভাবের এমন পরিবর্তন ঘটে যে X : A অনুপাত হয় 1.0 ও 0.5 এর মাঝামাঝি, আর তখনই অপত্যে স্ত্রী ও নয় পুরুষ নয় এমনভাবে ফুটে ওঠে।

ব্রিজেসের জেনিক ব্যালেন্স থিওরী আবিষ্কৃত হওয়ার পর এমন এমন অবস্থায় সন্ধান মেলে যে x ক্রোমোজোম সংখ্যা ও অটোজোম সেট সংখ্যার সাথে অপত্যের যৌন বিকাশের স্থাপন করা শক্ত হয়ে দাঁড়ায়। যেমন অটোজোমে অবস্থিত tra নামে এমন এক প্রচ্ছন্নধর্মী মিউটেশনের সন্ধান পাওয়া গেছে যে, tra-এর জন্য হোমোজাইগাস কিন্তু দুটি x ক্রোমোজোম ও দুই সেট অটোজোম যুক্ত মাছি স্ত্রী হওয়ার পরিবর্তে পুরুষ হিসাবে প্রতীয়মান হয়েছে। এমনভাবে আপাতদৃষ্টিতে স্বাভাবিক স্ত্রী ও পুরুষের মিলনে কেবল স্ত্রী অপত্য কিংবা পুরুষ অপত্য জন্মানো ও ফলমাছির লিঙ্গ নির্ধারণে ক্রোমোজোম ভিত্তিক লিঙ্গ নির্ধারণ মতবাদের পরিপন্থী হয়ে দাঁড়ায়। পরে পরে অটোজোম ও x ক্রোমোজোমে অবস্থিত কতিপয় মিউটেশনের সন্ধান মেলে যেগুলি নানাভাবে লিঙ্গ নির্ধারণে দায়ী। শুধু তাই নয় বিভিন্ন প্রাণীর উপর পরীক্ষা ও পর্যবেক্ষণ থেকে বিজ্ঞানীরা বুঝতে পেরেছেন, লিঙ্গ নির্ধারণে প্রায়ক্ষেত্রে ক্রোমোজোমের ভূমিকা সামান্য। প্রকৃতপক্ষে লিঙ্গ নির্ধারিত হয় বিশেষ কিছু কিছু জিনের ভূমিকায়। ড্রোসোফিলারক্ষেত্রে ক্রোমোজোম গত অবস্থা লিঙ্গ নির্ধারণে শুধু প্রাথমিক সংকেত হিসাবে কাজ করে।

## 8.4 লিঙ্গ নির্ধারণের আধুনিক ব্যাখ্যা

1988 খ্রীষ্টাব্দে লিঙ্গ নির্ধারণের ব্যাখ্যা দিতে গিয়ে ম্যাকলারেন (Mc Laren) সর্বক্ষেত্রে প্রযোজ্য একটি সাধারণ মডেল রচনা করেন। যৌন বিভেদ নির্দেশক এই সাধারণ মডেলটিকে নিম্নরূপে দেখানো যায়।



পূর্ববর্ণিত মডেল এমন কথা বলে যে প্রতিটি প্রাণীতে লিঙ্গ নির্ধারণ একাধিক লিঙ্গ নির্ধারক জিনের প্রভাবে ঘটে তবে এই সকল জিনেরক্রিয়া আবার কোনো প্রাথমিক সংকেতের প্রভাবে সম্ভব হয়। একাধিক লিঙ্গ নির্ধারক জিনকে উল্লেখিত মডেলে S1, S2, S3 হিসাবে চিহ্নিত করা হয়েছে। কার্যকরী লিঙ্গনির্ধারক জিনের প্রভাবে একাধিক পরিস্ফূরক জিনের সক্রিয়তা আসে। আর তার ফলেই গৌণ যৌন চরিত্রগুলি প্রকাশ পায়। পরিস্ফূরক জিনগুলিকে এক্ষেত্রে d1, d2, d3 ও d4 হিসাবে চিহ্নিত করা হয়েছে।

#### অনুশীলনী-2

1. ড্রসোফিলার লিঙ্গ নির্ধারণে X ও Y ক্রোমোজোমের ভূমিকা কীরূপ?
2. ফলমাছিতে অটোজোমগুলি লিঙ্গ নির্ধারণে কী কাজ করে?
3. জেনিক ব্যালেন্স থিওরী কে আবিষ্কার করেন? মতবাদটি ব্যাখ্যা করুন।
4. ফলমাছির স্বাভাবিক পুরুষ ও স্ত্রী নির্ধারক ক্রোমোজোমীয় সূচক কী কী?
5. কোনক্ষেত্রে  $2 \times 2A$  অবস্থা স্ত্রী মাছি উৎপাদনের পরিবর্তে পুরুষ উৎপাদন করে?
6. ড্রসোফিলার লিঙ্গ নির্ধারণে ক্রোমোজোমের ভূমিকা সামান্য—এটা কেমনভাবে বোঝা যায়?
7. লিঙ্গ বিকাশের সাধারণ মডেলটি উল্লেখ করুন।

### 8.5 ড্রসোফিলার লিঙ্গ নির্ধারক জিনসমূহ ও লিঙ্গ নির্ধারণে তাদের ভূমিকা :

ফলমাছির লিঙ্গ নির্ধারণে দায়ী কতিপয় জিনের সম্বন্ধ পাওয়া গেছে। জিনগুলি হল  $sx1$ ,  $tra$ ,  $tra2$ ,  $dsx$  ও  $ix1$ ।

1  $Sx1$  : জিনটি সেক্স লিথার নামে পরিচিত। ইহা 1 নং ক্রোমোজোম অর্থাৎ x ক্রোমোজোমের উপর অবস্থিত ও অবস্থান লোকাস 19.2 এই জিনের প্রচ্ছন্নধর্মী মিউটেশন  $sx1$  (loss of function nutatia) স্ত্রী দেহে মারাত্মক। স্বাভাবিক জিনটি স্ত্রী দেহে কার্যকরী হলে ও পুরুষে ক্রটি ক্রিয়াহীন থাকে। এই জিন থেকে যে প্রোটিন তৈরী হয় সেটি  $tra$  জিনকে প্রভাবিত করে।

2  $tra$  : ইহাকে ট্রান্সফরমার জিন বলে। ২নং ক্রোমোজোম লোকাস 45 এ এর অবস্থান। স্ত্রী লিঙ্গ নির্ধারণে জিনটির গুরুত্বপূর্ণ ভূমিকা আছে।  $sx1$  জিনের প্রভাবে  $tra$  জিনের স্প্লাইসিং হলে পর তা থেকে TRA প্রোটিন তৈরী হয়। এই প্রোটিন স্ত্রী লিঙ্গ নির্ধারণে বিশেষ কার্যকরী  $XX 2A$  জাইগোটে  $tra/tra$  হোমোজাইগাস অবস্থা থাকলে, জাইগোট থেকে ক্লীব পুরুষ সৃষ্টি হয়। অপরদিকে  $tra/tra$  পুরুষ স্বাভাবিক।

3  $tra 2$  : দ্বিতীয় এই  $tra$  মিউটেশনটি ২নং ক্রোমোজোমের লোকাস 70 অবস্থান করে। স্বাভাবিক অবস্থায় এই জিনটি থেকে TRA 2 প্রোটিন তৈরী হয়। এই প্রোটিন TRA প্রোটিনের সাথে একত্রে  $dsx$  জিনকে প্রভাবিত করে।

4  $dsx$  : জিনটির অবস্থান 3 নং ক্রোমোজোমের 48.1 লোকাসে। জিনটি ডবল সেক্স নামে পরিচিত। এই জিনের স্বাভাবিক অ্যালীল স্ত্রী ও পুরুষ উভয়ক্ষেত্রেই কার্যকরী, তবে কাজের ধরন আলাদা। স্ত্রী দেহে এই জিনটি TRA ও TRA 2 প্রোটিনের প্রভাবে DSX প্রোটিন উৎপন্ন করে যা স্ত্রী অবয়ব গঠনে সাহায্য করে। পুরুষের ক্ষেত্রে এই জিনের বিপরীত স্প্লাইসিং ঘটে ও পুরুষ অবয়ব গঠন নিয়ন্ত্রণ করে।

5 ix : জিনটিকে ইন্টারসেক্স ও বলে। ২নং ক্রোমোজোম 60.5 লোকাসে জিনটি অবস্থান করে ix মিউটেশন হোমোজাইগাস অবস্থায় xx মাছিকে ইন্টারসেক্সে রূপান্তরিত করে। কিন্তু XY মাছিতে ix হোমোজাইগাস অবস্থায় স্বাভাবিক পুরুষ মাছি সৃষ্টি করে। অর্থাৎ স্বাভাবিক ix অ্যালীল স্বাভাবিক স্ত্রী মাছি উৎপাদনে dsx জিনকে সাহায্য করে।

## 8.6 লিঙ্গ নির্ধারক জিনগুলির সম্পর্ক ও কর্মপদ্ধতি :

আগে যে পাঁচ প্রকার লিঙ্গ নির্ধারক উল্লেখ করা হয়েছে তাদের মধ্যে sxl জিনটিই প্রধান। জাইগোটে যখন ২টি x ক্রোমোজোম ও দুই সেট অটোজোম থাকে তখন ক্রোমোজোমীয় প্রাথমিক সংকেতের প্রভাবে sxl জিনটি সক্রিয় হয় ও তা থেকে sxl প্রোটিন উৎপন্ন হয়। sxl প্রোটিনের প্রভাবে tra জিনের স্বাভাবিক সপ্লাইসিং ঘটে ও তখন Tra প্রোটিন তৈরী হয়। tra 2 নামে জিনটি থেকে TRA 2 নামে অপর একটি প্রোটিন উৎপন্ন হয়। TRA ও TRA2 দুই প্রোটিন যৌথভাবে dsx জিনকে প্রভাবিত করে। তখন এই জিন সৃষ্ট বা RNA এর এমন সপ্লাইসিং ঘটে তা থেকে স্ত্রী নির্দেশক DSX প্রোটিন সম্ভবত ix জিনসৃষ্টি প্রোটিনের সহযোগিতায় জাইগোটের স্ত্রী লিঙ্গ মুখী পরিস্ফূরন ঘটায় ও স্ত্রী ফলমাছি উৎপন্ন হয়।

অপরদিকে জাইগোটে যখন x ক্রোমোজোম থাকে একটি ও অটোজোম থাকে দুই সেট তখন প্রাথমিক সংকেতের প্রভাব হয় ভিন্নমুখী। এমন অবস্থায় জাইগোট থেকে জন্ম নেয় পুরুষ মাছি IX : 2A প্রাথমিক সংকেতের প্রভাবে snl জিনটি সক্রিয় হতে পারে না। অর্থাৎ কোন কার্যকরী sxl প্রোটিন তৈরী হয় না। এর ফলে tra জিনের স্বাভাবিক সপ্লাইসিং হয় নাও কোন কার্যকরী TRA প্রোটিন উৎপন্ন হতে পারে না। এক্ষেত্রে tra 2 জিনটি কর্মক্ষম থাকলেও তা একা dsx জিনকে আর প্রভাবিত করতে পার না। তখন dsx ট্রানস্ক্রিপ্টের ভিন্ন ভাবে সপ্লাইসিং ঘটে ও জিনটি থেকে পুরুষ লিঙ্গ নির্ধারক প্রোটিন উৎপন্ন হয়। এই অবস্থায় dsx প্রোটিনের প্রভাবে জাইগোট থেকে পুরুষ তৈরী হতে পারে।

স্ত্রী ও পুরুষে লিঙ্গ নির্ধারক জিন গুলির মধ্যে প্রাথমিক সংকেত অনুযায়ী কেমন সম্পর্কের ব্যতিক্রম ঘটে তা একটি চিত্র মাধ্যমে তুলে ধরা যায় (চিত্র 8.3)। আর জিনগুলি স্ত্রী ও পুরুষের ক্ষেত্রে কেমন বিপরীত কর্মক্ষমতা দেখায় তাও চিত্রিত করা যায় (চিত্র 8.4)। প্রসঙ্গতঃ উল্লেখিত জিনগুলি ফলমাছির দেহগত লিঙ্গ বিভেদ সৃষ্টিতে কার্যকরী। কেবল sxl জিনটি এ ছাড়াও ডোসেজ কমপেনসেশন (Dosage compensation) সংঘটনে কাজ করে থাকে। দুই প্রোটিন যৌথভাবে dsx জিনকে প্রভাবিত করে। তখন এই জিন থেকে সৃষ্টি mRNA এর এমন সপ্লাইসিং ঘটে যে তা থেকে স্ত্রী নির্দেশক Dsx প্রোটিন উপন্ন হয়। DSX প্রোটিন সম্ভবত ix জিনসৃষ্টি প্রোটিনের সহযোগিতায় জাইগোটের স্ত্রীলিঙ্গ মুখী পরিস্ফূরন ঘটায় ও স্ত্রী ফলমাছি উৎপন্ন হয়।

অপরদিকে জাইগোটে যখন x-ক্রোমোজোম থাকে একটি ও অটোজোম থাকে দুই সেট তখন প্রাথমিক সংকেতের প্রভাব হয় ভিন্নমুখী। এমন অবস্থায় জাইগোট থেকে জন্ম নেয় পুরুষ মাছি IX : 2A প্রাথমিক সংকেতের প্রভাবে Sxl জিনটি সক্রিয় হতে পারে না, অর্থাৎ কোন কার্যকরী sxl প্রোটিন তৈরী হয় না। এর ফলে tra জিনের স্বাভাবিক সপ্লাইসিং হয় না ও কোন কার্যকরী Tra প্রোটিন উৎপন্ন হতে পারে না। এক্ষেত্রে tra 2 জিনটি কর্মক্ষম থাকলেও তা একা dsx জিনকে আর প্রভাবিত করতে পারে না। তখন dsx ট্রানস্ক্রিপ্টের ভিন্নভাবে সপ্লাইসিং ঘটে ও জিনটি থেকে পুরুষ লিঙ্গ নির্ধারক প্রোটিন উৎপন্ন হয়। এই অবস্থায় dsx প্রোটিনের প্রভাবে জাইগোট থেকে পুরুষ মাছিই তৈরী হতে পারে।

স্ত্রী ও পুরুষে লিঙ্গ নির্ধারক জিনগুলির মধ্যে প্রাথমিক সংকেত অনুযায়ী কেমন সম্পর্কের ব্যতিক্রম ঘটে তা একটি চিত্র মাধ্যমে তুলে ধরা যায় (চিত্র 8.3) আর জিনগুলি স্ত্রী ও পুরুষের ক্ষেত্রে কেমন বিপরীত কর্মক্ষমতা দেখায় তাও চিত্রিত করা যায় (চিত্র 8.4)। প্রসঙ্গতঃ উল্লেখিত জিনগুলি ফলমাছির দেহগত লিঙ্গ বিভেদ সৃষ্টিতে কার্যকরী। কেবল sxl জিনটি এ ছাড়াও ডোসেজ কমপেনশন (Dosage compensation) সংঘটনে কাজ করে থাকে।

### অনুশীলনী 3

1. ড্রসোফিলার লিঙ্গ নির্ধারক জিন কয়টি, তাদের নাম লিখুন।
2. কোন কোন ক্রোমোজোমে ফলমাছির লিঙ্গ নির্ধারক জিনগুলি অবস্থিত?
3. Sxl জিন স্ত্রী ও পুরুষে কেমন ভিন্ন ক্রিয়া দেখায়?
4. লিঙ্গ নির্ধারণে Sxl জিনের গুরুত্ব কতখানি?
5. tra জিনের উপর Sxl জিনের প্রভাব কীরূপ?
6. লিঙ্গ নির্ধারক জিনের মধ্যে কোনটি স্ত্রী ও পুরুষ উভয়ক্ষেত্রেই কাজ করে।
7. Sxl জিনের মিউটেশনের ফলে কী হয়?
8. XX2A জাইগোটে tra/tra অবস্থান ফল কী দাঁড়ায়।
9. Sxl জিনকে কার্যকরী হতে গেলে কেমন প্রভাবের প্রয়োজন হয়?

## 8.7 লিঙ্গ নির্ধারণ ব্যবস্থায় প্রাথমিক সংকেত বা নিয়ন্ত্রক সুইচ যেমনভাবে কাজ করেঃ

আগেই উল্লেখ করা হয়েছে X:A প্রাথমিক সংকেতের প্রভাবে Sxl জিন সক্রিয় হতে পারে অথবা নিষ্ক্রিয় থাকে। যখন X:A এর মান 1:A এর মান 1:0 হয়, তখনই Sxl সক্রিয় হয় ও তা থেকে sxl প্রোটিন উৎপন্ন হয়। এই sxl প্রোটিনই কার্যতঃ জাইগোটের স্ত্রী লিঙ্গমুখী বিকাশ চালু করে। অপরদিকে X:A এর মান যখন 0.5 তখন জিনটি নিষ্ক্রিয় থাকে যার ফলে Sxl প্রোটিন তৈরী হতে পারে না। এমন অবস্থায় জাইগোটের পুংলিঙ্গ মুখী বিকাশ চলে।

কেমনভাবে প্রাথমিক সংকেত বা নিয়ন্ত্রক সুইচ চালু হয় বা বন্ধ থাকে সে বিষয়ে বিজ্ঞানীরা কিছু সূত্র খুঁজে পেয়েছেন। x ক্রোমোজোমস্থিত কতিপয় জিন (যেমন *sisA*, *sisB* প্রভৃতি) ও অটোজোমস্থিত কিছু জিন (যেমন *dpp*) প্রাথমিক এই নিয়ন্ত্রণ ব্যবস্থায় কাজ করে। প্রাথমিক নিয়ন্ত্রণ ব্যবহৃত এই জিনগুলিকে বলে নিউমারেটর (numerator) ও অটোজোমের এমন জিনকে বলে ডিনোমিনেটর। নিউমারেটর জিন থেকে যে প্রোটিন তৈরী হয় তাদের সাধারণভাবে বলা হয় Num আর ডিনোমিনেটর থেকে যে প্রোটিন উৎপন্ন হয় তাকে বলে DEM. NUM এর ধরনের ট্রানস্ক্রিপসন ফ্যাক্টর (transcription factor) যার দুটি অণু অর্থাৎ ডাইমার হিসাবে একত্রে sxl জিনের ট্রানস্ক্রিপসন চালু করতে পারে। প্রসঙ্গতঃ উল্লেখযোগ্য নিউমারেটর ও ডিনোমিনেটর উভয় প্রকার জিন থেকে জাইগোটে Num ও Dem উৎপন্ন হয়। Dem এর Num এর সাথে আবদ্ধ হওয়ার ক্ষমতা আছে। Num, Dem এর সাথে যুক্ত হলে তা নিষ্ক্রিয় হয়ে পড়ে, জাইগোটে যখন

দুটি x ক্রোমোজোম থাকে তখন Num প্রোটিনের পরিমাণ বেশী হয়। অপর দিকে জাইগোট একটি x ক্রোমোজোম থাকলে তাতে Num এর পরিমাণ তুলনামূলকভাবে কম হয়। কিন্তু জাইগোটের XX কি X যে কোন অবস্থায় অটোজোমের সংখ্যা একই (2A) থাকে বলে DEM এর পরিমাণে দুই জাইগোটে কোন পার্থক্য থাকে না। এই কারণে X2A জাইগোটে প্রায় সব Num, Dem এর সাথে আবদ্ধ হয়ে নিষ্ক্রিয় হয়ে পড়ে ও Sxl জিনের সক্রিয়তা আনার জন্য কার্যতঃ কোন ট্রানসক্রিপশন ফ্যাক্টর পাওয়া যায় না। কিন্তু জাইগোটের XX2A অবস্থায় Num প্রোটিনের পরিমাণ বেশী থাকে। তাদের মধ্যে কিছু Dem এর সাথে যুক্ত হয়ে Num -Dem নিষ্ক্রিয় জোট তৈরী হলেও কিছু Num Num সক্রিয় ট্রানসক্রিপশন ফ্যাক্টরও উৎপন্ন হয় (Griffith et al, 1999)। এই Num Num জোট Sxl জিনের এনহ্যান্সার নামে নিয়ন্ত্রক স্থানে যুক্ত হয়ে তাকে সক্রিয় করে। এর ফলে Sxl থেকে Sxl প্রোটিন উৎপন্ন হতে পারে। খুব সহজভাবে কোন স্তরে নিউমারেটর ও ডিনোমিনেটর জিন কাজ করে অফ-অন (Off-On) ক্রিয়া আনে তা একটি চিত্রের মাধ্যমে তুলে ধরা যায় (চিত্র 8.5)

## 8.7 লিঙ্গ নির্ধারণ ব্যবস্থায় প্রাথমিক সংকেত বা নিয়ন্ত্রক সুইচ যেমনভাবে কাজ করে:

ড্রোসোফিলা স্ত্রী ও পুরুষ মাছিতে X ক্রোমোজোমের সংখ্যা আলাদা হলেও x ক্রোমোজোমস্থিত জিনের প্রকাশ স্ত্রী ও পুরুষ উভয় মাছিতে একই রকম হয়ে থাকে। যে পদ্ধতির মাধ্যমে জিনের এমন সমান সমান প্রকাশ সম্ভব হয় তাকে বলে ডোসেজ কমপেনশেশন (dosage compensation)।

স্ত্রী ফলমাছিতে দুটি x ক্রোমোজোমের প্রতিটি কার্যকর অবস্থায় থাকে। স্বভাবতই x ক্রোমোজোমস্থিত জিনগুলির এক্ষেত্রে দ্বিগুণ মাত্রায় প্রকাশ দেখা যায়। অপরদিকে পুরুষ মাছিতে একটি মাত্র x ক্রোমোজোম থাকে। স্বভাবতই তার x ক্রোমোজোমস্থিত যে কোন জিন একটি করে থাকে। এতদসত্ত্বেও পুরুষ মাছি x ক্রোমোজোমের অতিরিক্ত সক্রিয়তা সৃষ্টি করে স্ত্রী মাছির সমতুল জিনগত প্রকাশভঙ্গী দেখায়।

পুরুষমাছিতে কতিপয় জিনের সক্রিয়তার জন্য এমন ডোসেজ কমপেনশেশন সম্ভব হয়। এই জিনগুলি হল mle, msl, ms12 ও ms13 ডোসেজ কমপেনশেশন পদ্ধতি ব্যাখ্যা করতে গিয়ে বৈজ্ঞানিকরা বলেন স্ত্রী দেহে sxl জিনের সক্রিয়তা উহার x ক্রোমোজোমকে অধিক ক্রিয়াশীল হতে বাধা দেয়। আর পুরুষে যেহেতু Sxl জিনটি নিষ্ক্রিয় থাকে তাই তার x ক্রোমোজোমটি অধিক কর্মক্ষম হয়। পুরুষে sxl জিনের নিষ্ক্রিয়তায় স্বাভাবিক mle ও msl জিনগুলি সক্রিয় হয়। এই জিনগুলি থেকে উৎপাদিত প্রোটিন x ক্রোমোজোমের সাথে আবদ্ধ হয়ে তার সক্রিয়তা বাড়িয়ে দেয়। দেখা গেছে এই জিনগুলির মিউটেশন ঘটলে XZA জাইগোটের আর পরিস্ফূরণ সম্ভব হয় না, অপরদিকে স্ত্রী দেহে mle ও msl। মিউটেশনের কোন ক্ষতিকারক প্রভাব দেখা যায় না।

## 8.9 গাইন্যান্ড্রোমর্ফ (Gynandromorph)

অনেক সময় একই ফলমাছির দেহে স্ত্রী ও পুরুষ বৈশিষ্ট্য জেগে উঠে। এমন ক্ষেত্রে দেখা যায় ফলমাছিটির দেহের অর্ধেক অংশ পুরুষ ও বাকী অর্ধেক অংশ স্ত্রী বৈশিষ্ট্য সম্পন্ন। অর্থাৎ এক দেহে স্ত্রী ও পুরুষ বৈশিষ্ট্যের সমন্বয় ঘটে। এমন অবস্থায় অস্বাভাবিক প্রাণীটিকে গাইন্যান্ড্রোমর্ফ বলা হয়।

কেমন ভাবে গাইন্যান্ড্রোমর্ফ সৃষ্টি হয় সে সম্পর্কে একটি ব্যাখ্যা দেওয়া যেতে পারে। 2X 2A জাইগোট প্রথম বিভাজনের সময় যদি অ্যানাফেজ ল্যাগের (Anaphase lag) সম্মুখীন হয় তবে দুটি ব্লাস্টোমিয়ারে x ক্রোমোজোমের অসম বণ্টন হতে পারে। সেক্ষেত্রে একটি ব্লাস্টোমিয়ারে 2 টি x ক্রোমোজোম ও 2 টি সেট অটোজোম থাকে এবং অপর

ব্লাস্টোমিয়ারে 1টি x ক্রোমোজোম ও 2 টি সেট অটোজোম আসে। এমন অবস্থায় 2 টি x ক্রোমোজোম ও 2 টি সেট অটোজোম আসে। এমন অবস্থায় 2 টি x ক্রোমোজোম সমন্বিত ব্লাস্টোমিয়ার স্ত্রী দেহ বৈশিষ্ট্য ফুটিয়ে তোলে, কিন্তু অপর ব্লাস্টোমিয়ার, যাতে একটি x ক্রোমোজোম থাকে। পুরুষ দেহ বৈশিষ্ট্য ফুটিয়ে তোলে। অর্থাৎ দেহের অর্ধভাগে স্ত্রী দেহ বৈশিষ্ট্য সম্পন্ন হয় ও বাকী অর্ধভাগ পুরুষ বৈশিষ্ট্য সম্পন্ন হয় (চিত্র 8.6)

#### অনুশীলনী 4

1. SxI জিন থেকে যে প্রোটিন উৎপন্ন হয় তার নাম কী? উহার কাজ কী?
2. প্রাথমিক সংকেত কেমনভাবে SxI জিনকে সক্রিয় করে?
3. নিউমারেটর ও ডিনোমিনেটর জিনগুলির অবস্থান কোথায়?
4. Num ও Dem কি? উহাদের ক্রিয়াপদ্ধতি কীরূপ?
5. ডোসেজ কমপেনশেশন বলতে কী বোঝায়?
6. ফলমাছির ডোসেজ কমপেনশেশনের প্রকৃতি কী রূপ?
7. ফলমাছিতে কোন কোন জিন ডোসেজ কমপেনশেশনের সাথে জড়িত?
8. স্ত্রী ও পুরুষ জাইগোটে mle মিউটেশনের ক্রিয়া উল্লেখ করুন।
9. গ্যাইন্যাভোমরফ কী?
10. ফলমাছিতে গ্যাইন্যাভোমরফ কেমনভাবে সৃষ্টি হয়?

### 8.10 সারাংশঃ

ফলমাছি *Drosophila melanogaster* এর যৌন দ্বিরূপতা বিশেষভাবে স্পষ্ট। স্ত্রী ও পুরুষ উভয়ের কোষে 4টি করে ক্রোমোজোম থাকলেও পুরুষের কোষে যখন একটি x ও একটি y ক্রোমোজোম থাকে, তখন স্ত্রী দেহ কোষে দুটি x ক্রোমোজোম থাকে। অপর দিকে স্ত্রী ও পুরুষ উভয়ের কোষে সমান সংখ্যায় দুই সেট অটোজোম থাকে। স্ত্রী ও পুরুষের যৌন ক্রোমোজোম সমন্বয়ের ভিত্তিতে প্রথম দিকে ফলমাছিতে যৌন ক্রোমোজোমকে লিঙ্গ নির্ধারণে দায়ী করা হলেও 1916 খ্রীঃ ব্রিজেস এদের লিঙ্গ নির্ধারণে x ক্রোমোজোম ও অটোজোম উভয়ের গুরুত্ব উপলব্ধি করেন। তিনি ফলমাছির লিঙ্গ নির্ধারণ পদ্ধতির ব্যাখ্যা দিতে গিয়ে জেনিক ব্যালেন্স থিওরীর কথা উল্লেখ করেন। এই মতবাদে বলা হয় x ক্রোমোজোম ও অটোজোম যৌথভাবে ফলমাছিতে লিঙ্গ নির্ধারণ অংশগ্রহণ করে যাতে x ক্রোমোজোম স্ত্রীলিঙ্গ নির্ধারণক ক্ষমতা বহন করেও অটোজোম পুংলিঙ্গ নির্ধারণক ক্ষমতা বহন করে এবং একটি জাইগোট কেমন লিঙ্গের পরিস্ফুরণ ঘটাবে তা x ক্রোমোজোম সংখ্যা ও অটোজোম সেট সংখ্যার অনুপাতের ভিত্তিতে বোঝা যেতে পারে। X:A এর মান 1 হলে জাইগোট থেকে স্ত্রী মাছি জন্মায়, আর X:A এর মান 0.5 হলে জাইগোট পুরুষ মাছির জন্ম দেয়। এমন অনুপাতের ব্যতিক্রম ঘটলে অস্বাভাবিক মাছি জন্মে, তবে তার লিঙ্গ চরিত্র নির্ভর করে x ক্রোমোজোমের সংখ্যা বেশী না অটোজোম সেট সংখ্যা বেশী তার উপর x ক্রোমোজোম সংখ্যা বেশী হলে স্ত্রীমুখী বিকাশ, আর অটোজোম সেট সংখ্যা বেশী হলে পুরুষমুখী বিকাশ ঘটে।



পরবর্তীকালে ফলমাছিতে এমন কিছু কিছু মিউটেশনের সন্ধান পাওয়া যায় যাতে জেনিক ব্যালেন্স ব জিনের ভারসাম্য মতবাদ প্রায় বাতিল হয়ে যায়। বর্তমান পরিস্থিতিতে মনে করা হয় X:A অনুপাত ফলমাছির লিঙ্গ নির্ধারণে প্রাথমিক সংকেত হিসাবে কাজ করে মাত্র। প্রকৃত লিঙ্গ নির্ধারণ ঘটে  $sxl$ ,  $txa$ ,  $tra2$ ,  $dsx$  ও  $ix$  নামে কতিপয় জিনের যৌথ কার্যকারিতার মধ্যদিয়ে। এদের মধ্যে  $sxl$  জিনটিই প্রধান। X:A অনুপাত 1 হলে  $sxl$  জিন সক্রিয় হয় ও তা  $tra$  জিনকে স্বাভাবিকভাবে কাজ করতে উদ্বুদ্ধ করে। অপরদিকে X:A অনুপাত 0.5 হলে  $sxl$  জিন নিষ্ক্রিয় হয়ে যায়, তখন  $tra$  জিনও ঠিকমতো কাজ করতে পারে না।  $tra$  জিনের স্বাভাবিক উৎপাদন  $tra2$  জিনের উৎপাদনের সাথে একত্রে  $dsx$  কে এমন কর্মক্ষম করে যে জিনটি জাইগোটে স্ত্রী লিঙ্গ নির্ধারণ করে। এই কাজে  $dsx$  সম্ভবতঃ  $ix$  জিনেরও সাহায্য নিয়ে থাকে।  $sxl$  জিন নিষ্ক্রিয় হলে ও  $tra$  জিন স্বাভাবিকভাবে কাজ না করলে,  $dsx$  জিনটি কার্যকর থাকতে পারে। তবে সেক্ষেত্রে  $dsx$  জিনের উৎপাদিত প্রোটিন জাইগোটের পুংলিঙ্গমুখী বিকাশ ঘটায় সুতরাং ফলমাছির স্ত্রী কিংবা পুরুষ লিঙ্গ নির্ধারণ  $sxl$  জিনের সক্রিয়তা কিংবা নিষ্ক্রিয়তার উপরই প্রথমতঃ নির্ভর করে।

আপাতদৃষ্টিতে ফলমাছির প্রাথমিক সংকেত বা লিঙ্গ নিয়ন্ত্রক সুইচ X:A অনুপাত দ্বারা ঠিক হয় মনে হলেও  $x$  ক্রোমোজোমস্থিত কতিপয় নিউমারেটর জিন ও অটোজোমস্থিত ডিনোমিনেটার জিন দ্বারা নির্ধারিত হয়। নিউমারেটার জিন প্রদত্ত Num প্রোটিন ট্রান্সক্রিপসন ফ্যাক্টর হিসাবে  $sxl$  জিনকে প্রভাবিত করে তাকে সক্রিয় করে। তবে ডিনোমিনেটার জিন প্রদত্ত DEM প্রোটিন Num প্রোটিনকে নিষ্ক্রিয় করতে পারে। যখন জাইগোটে একটি  $x$  ক্রোমোজোম থাকে 32 সেট অটোজোম থাকে তখন Num এর পরিমাণ কম হয়। এমন অবস্থায় Dem প্রায় সকল Num নিষ্ক্রিয় করে ফেলে। অপরদিকে কোষে 2 টি  $x$  ক্রোমোজোম থাকলে Num এর উৎপাদন বেশি হয়, তখন 2 সেট অটোজোম থেকে যে পরিমাণ Dem তৈরী হয় তা সম্পূর্ণ Num কে নিষ্ক্রিয় করতে পারে না। এই কারণে XX2A জাইগোটে  $sxl$  জিন সক্রিয় থাকতে পারে ও সেটি স্ত্রীমাছিরূপে পরিস্ফুরিত হয়।

লিঙ্গ নির্ধারণ ও লিঙ্গ বিকাশের সাথে ডোসেজ কমপেনশেশন একটি বিশেষ কোষীয় বিকাশ। এমন ক্ষেত্রে পুরুষ মাছির একটি  $x$ -ক্রোমোজোম অতিরিক্ত সক্রিয়তা দেখায়। এর ফলে পুরুষ ও স্ত্রী মাছির  $x$  ক্রোমোজোমস্থিত জিনের সমান প্রকাশভঙ্গী দেখায়। পুরুষ মাছিতে ডোসেজ কমপেনশেশন রূপায়ণের  $sxl$  সহ  $mle$ ,  $msl$ ,  $msl2$  ও  $mxl3$  বিশেষভাবে সহায়তা করে।

অনেক সময় অস্বাভাবিকতা হেতু ফলমাছির এক করে দুটি লিঙ্গ বৈশিষ্ট্যের প্রকাশ দেখা যায়। এমন অস্বাভাবিক মাছিকে গাইন্যাড্রোমরফ বলে। গাইন্যাড্রোমরফ মাছির দেহের মধ্যরেখা বরাবর একদিকে পুরুষ বৈশিষ্ট্য ও অপরদিকে স্ত্রী বৈশিষ্ট্য দেখা দেয়। জাইগোটের বিভাজনের সময় ব্লাস্টোমিয়ারে  $x$  ক্রোমোজোমের অসম বিন্যাসই এই অস্বাভাবিক যৌন মৌজাইক সৃষ্টির জন্য দায়ী।

## 8.11 সারাংশ :

1. শূন্যস্থান পূরণ করুন :

ক) যে ফলমাছি তার দেহে স্ত্রী ও পুরুষ উভয় বৈশিষ্ট্য বহন করে তাকে বলা হয়\_\_\_\_\_।

খ) \_\_\_\_\_জিন সমন্বয়ে XX2A মাছি পুরুষ হিসাবে আবির্ভূত হয়।

গ) X:A=0.66 হলে মাছিটি হয়\_\_\_\_\_।

ঘ) ফলমাছির  $x$  ক্রোমোজোমটি \_\_\_\_\_জাতীয়।

ঙ) XO2A মাছি হল\_\_\_\_\_।

2. নিচের দুটি স্তম্ভের একটিতে যৌন চরিত্র ও অপরটিতে ক্রোমোজোম সমন্বয় দেখানো হল (ফলমাছির ক্ষেত্রে)।  
বিস্তৃপ্তভাবে সাজানো দুই স্তম্ভের বিষয়গুলিকে সম্পর্কযুক্ত করুন।

যৌন বিকাশ	ক্রোমোজোম সমন্বয়
1. মেটাফিমেল	a) XX3A
2. ইনটারসেক্স	b) XO2A
3. গ্যাইন্যাড্রোমরফ	c) XXX2A
4. মেটামেল	d) XY3A
5. ক্লীব পুরুষ	e) XXY2A
6. স্ত্রী স্বাভাবিক	f) XO/XX 2A/2A

- একটি XXY2A স্ত্রী মাছির সাথে XY2A, মাছির মিলনে কেমন অপত্য জন্মায় ?
- অ্যানাফেজ ল্যাগ বলতে কী বোঝায় ? ননডিস্‌জাংশন ও অ্যানাফেজ ল্যাগের মধ্যে তফাৎ কী ?
- ix মিউটেশনের প্রভাবে মাছির কেমন পরিবর্তন হয়ে থাকে ?
- জাইগোটে কোন সময় লিঙ্গ নির্ধারণ হয়ে থাকে ?
- লিঙ্গ নির্ধারণের সাথে জড়িত কোন কোন জিন পুরুষে কর্মক্ষম থাকে না ?

## 8.11 উত্তরমালা :

### অনুশীলনী ১

- ক) দ্বিরূপতা খ) সেক্সকম গ) স্ত্রী ঘ) প্রতিশ্রুতি ঙ) পতঙ্গ
- লিঙ্গ নির্ধারণঃ যৌন বিকাশের এক প্রতিশ্রুতি  
লিঙ্গ বিকাশঃ প্রতিশ্রুতি অনুযায়ী অগ্রসরন
- স্ত্রীঃ 2A+XX  
পুংঃ 2A + XY
- ৪ টি। ১ জোড়া অ্যাক্রোসেন্ট্রিক, ২ জোড়া মেটাসেন্ট্রিক ও ২ টি বিন্দুবৎ
- ৬টি
- মেটাসেন্ট্রিক ক্রোমোজোম—যখন ক্রোমোজোমের দুটি বাহু সমান থাকেও সেন্ট্রোমিয়ার ক্রোমোজোমের মধ্যাংশে অবস্থান করে।

অ্যাক্রোসেন্ট্রিক ক্রোমোজোম—যখন ক্রোমোজোমের প্রায় প্রান্তীয় প্রদেশে সেন্ট্রোমিয়ার থাকে।

#### অনুশীলনী -২

1. X ক্রোমোজোম স্ত্রী লিঙ্গ নির্ধারক প্রভাব বহন করে। Y ক্রোমোজোম লিঙ্গ নির্ধারণের কাজে আসে না।
2. ক্রোমোজোম থেকে লিঙ্গ নির্ধারণের প্রাথমিক সংকেত আসে না লিঙ্গ নির্ধারক জিনকে সক্রিয় করে।
3. পরিচ্ছেদ 8.3 দেখুন।
4. পুরুষ X:A=0.5; স্ত্রী X:A=1.0
5. tra মিউটেশনের জন্য যদি হোমোজাইগাস হয়।
6. পরিচ্ছেদ 8.4 দেখুন।

#### অনুশীলনী - ৩

1. পাঁচটি। Sxl, tra, tra2, dsx ও ix ।
2. Sxl -x ক্রোমোজোম  
tra-2 নং ক্রোমোজোম  
tra-2 নং ক্রোমোজোম  
dsx -3 নং ক্রোমোজোম  
ix-2 নং ক্রোমোজোম
3. Sxl : স্ত্রী দেহে সক্রিয়  
পুং দেহে নিষ্ক্রিয়
4. লিঙ্গ নির্ধারণে sxl জিনই প্রধান এর সক্রিয়তার উপর স্ত্রীলিঙ্গ নির্ধারণ নির্ভর করে। এর নিষ্ক্রিয়তাই পুংলিঙ্গ নির্ধারণের কারণ।
5. tra জিনের থেকে যে RNA তৈরি হয় তা sxl জিনের প্রভাবে খণ্ডিত হলে TRA প্রোটিন উৎপন্ন হয় যা স্ত্রী লিঙ্গ নির্ধারণে সহায়ক।
6. dsx
7. স্ত্রীদেহে মারাত্মক প্রভাব ফেলে, কিন্তু পুরুষ দেহে এর কোন প্রভাব থাকে না।
8. পুরুষে পরিণত হয়।
9. X:A=1.0 হওয়া দরকার।

#### অনুশীলনী -4

1. SXL, tra জিন থেকে উৎপাদিত mRNA এর সপ্লাইসিং ঘটায়।
2. প্রাথমিক সংকেত NUM নামে ট্রান্সক্রিপশন প্ররোচক প্রোটিন সৃষ্টি করে sxl জিনকে ট্রান্সক্রিপশনে উদ্বুদ্ধ করে। X:A=1.0 হলেই NUM নিউমারেটর জিন সৃষ্ট প্রোটিন) Sxl কে সক্রিয় করতে পারে।

3. নিউমারেটর জিন — X ক্রোমোজোম

ডিনোমিনেটর জিন—অটোজোম

4. Num নিউমারেটর জিন সৃষ্ট প্রোটিন।

Dem নিউমারেটর জিন সৃষ্টি প্রোটিন।

5. স্ত্রী ও পুরুষ দেহে x ক্রোমোজোম সংখ্যার পার্থক্য সত্ত্বেও X লিংকড জিনের উভয় লিঙ্গে সমান প্রকাশভঙ্গীর কৌশলকে ডোসেজ কমপেনশেশন বলে।

6. পুরুষের x ক্রোমোজোম অতিমাত্রিক ক্রিয়াশীলতার মাধ্যমে ডোসেজ কমপেনশেশন দেখায়।

7. স্ত্রী জাইগোটে mle ক্রিয়াহীন। পুং জাইগোটে mle মারাত্মক। পুং জাইগোট মারা যায়।

8. একই দেহে যখন স্ত্রী ও পুরুষ বৈশিষ্ট্যগুলি সমন্বিত হয়।

9. XX2A জাইগোটে প্রথম বিভাজনের সময় অ্যানাফেজ ল্যাগ ঘটলে।

সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

1. ক) গাইন্যাডোমরফ খ) tra/tra গ) ইন্টারসেক্স ঘ) অ্যাক্রোসেন্ট্রিক ঙ) পুরুষ

2. 1 c

2. a

3. f

4. d

5. b

6. e

3. স্বাভাবিক স্ত্রী 3/7

স্বাভাবিক পুং 3/7

সুপারফিমেল 1/7

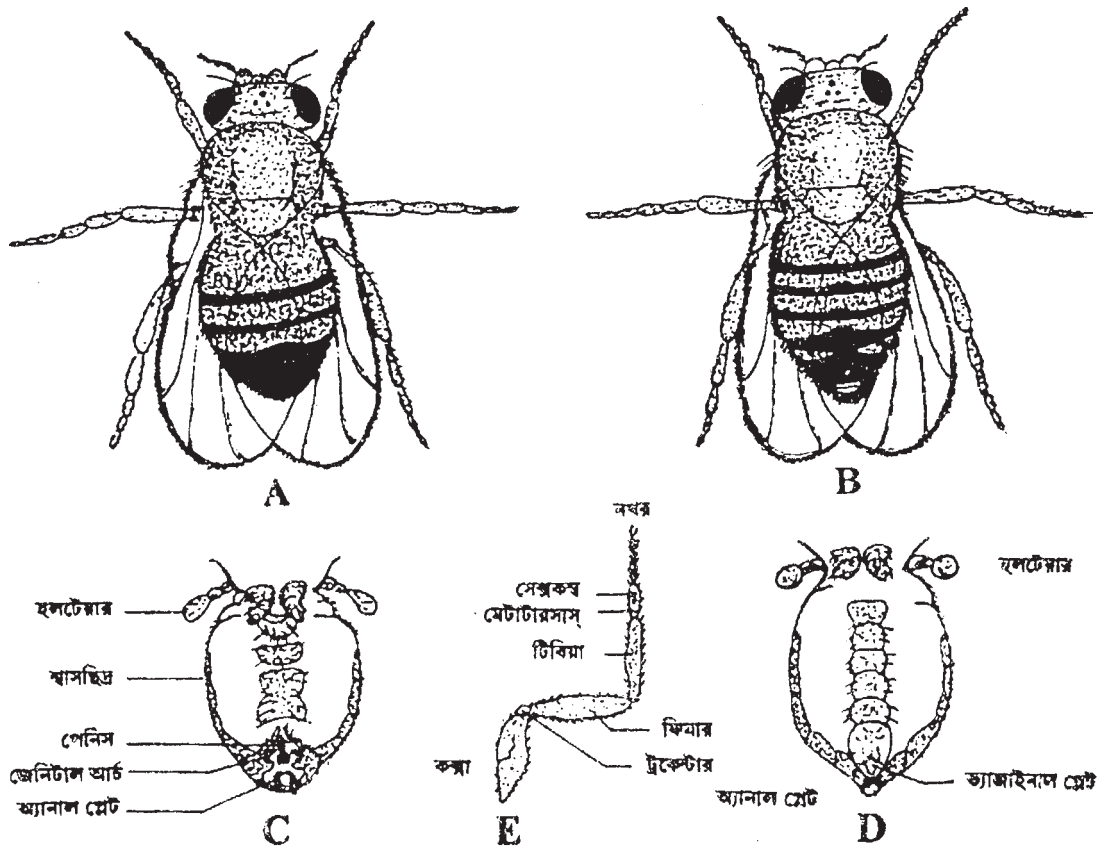
4. অ্যানাফেজের সময় কেবল ক্রোমোজোম সমান তালে মেরুদিকে যেতে না পারলে সেটি অপত্য নিউক্লিয়াসের অন্তর্ভুক্ত নাও হতে পারে। এমন পরিস্থিতি যে ক্রটি দেখা যায় তাকে অ্যানাফেজ ল্যাগ বলে।

অ্যানাফেজের সময় দুই হোমোলোগাস ক্রোমোজোম পৃথক না হয়ে যদি একই মেরুতে যায়, তখন তাকে নন ডিসজাংশন বলে।

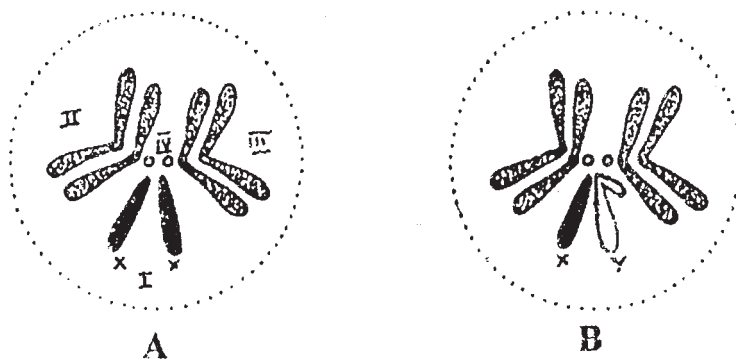
5. ix মিউটেশনের প্রভাব মাছি ইন্টারসেক্সে পরিণত হয়।

6. ব্লাস্টুলা অবস্থায়

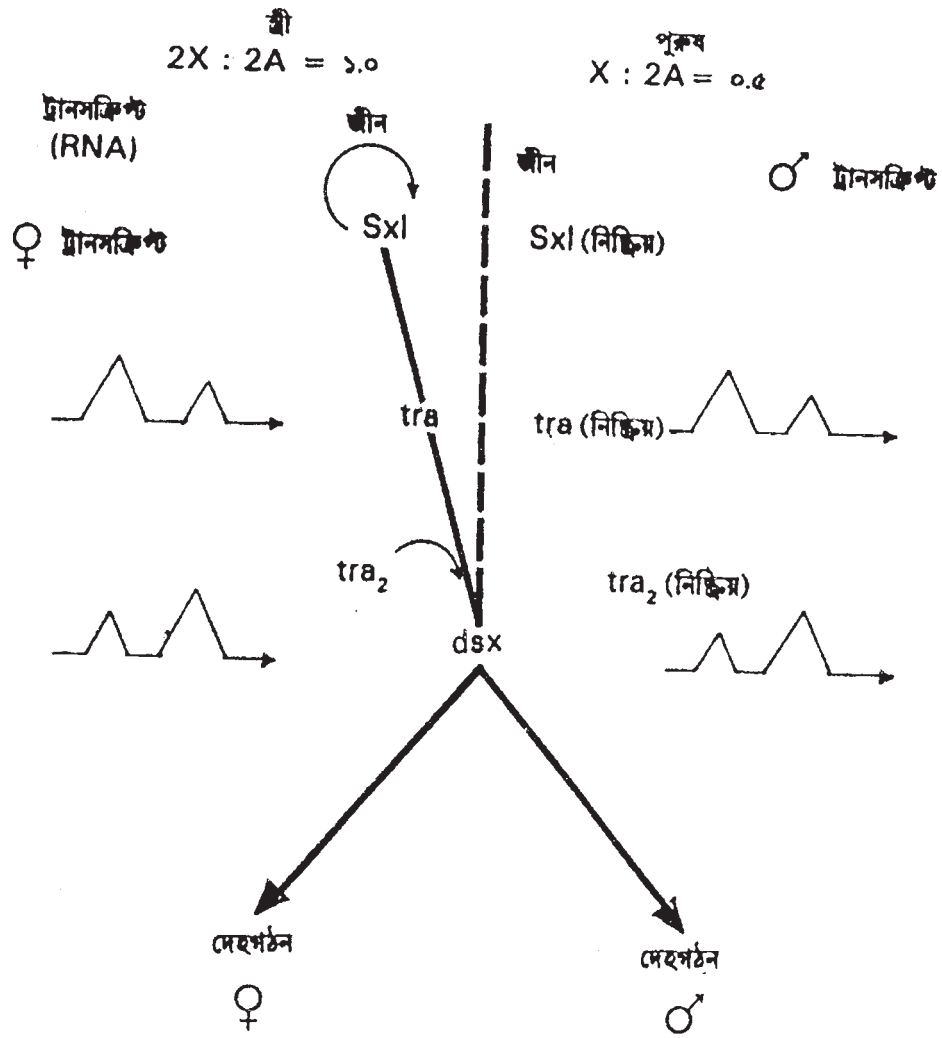
7. sxl ও tra।



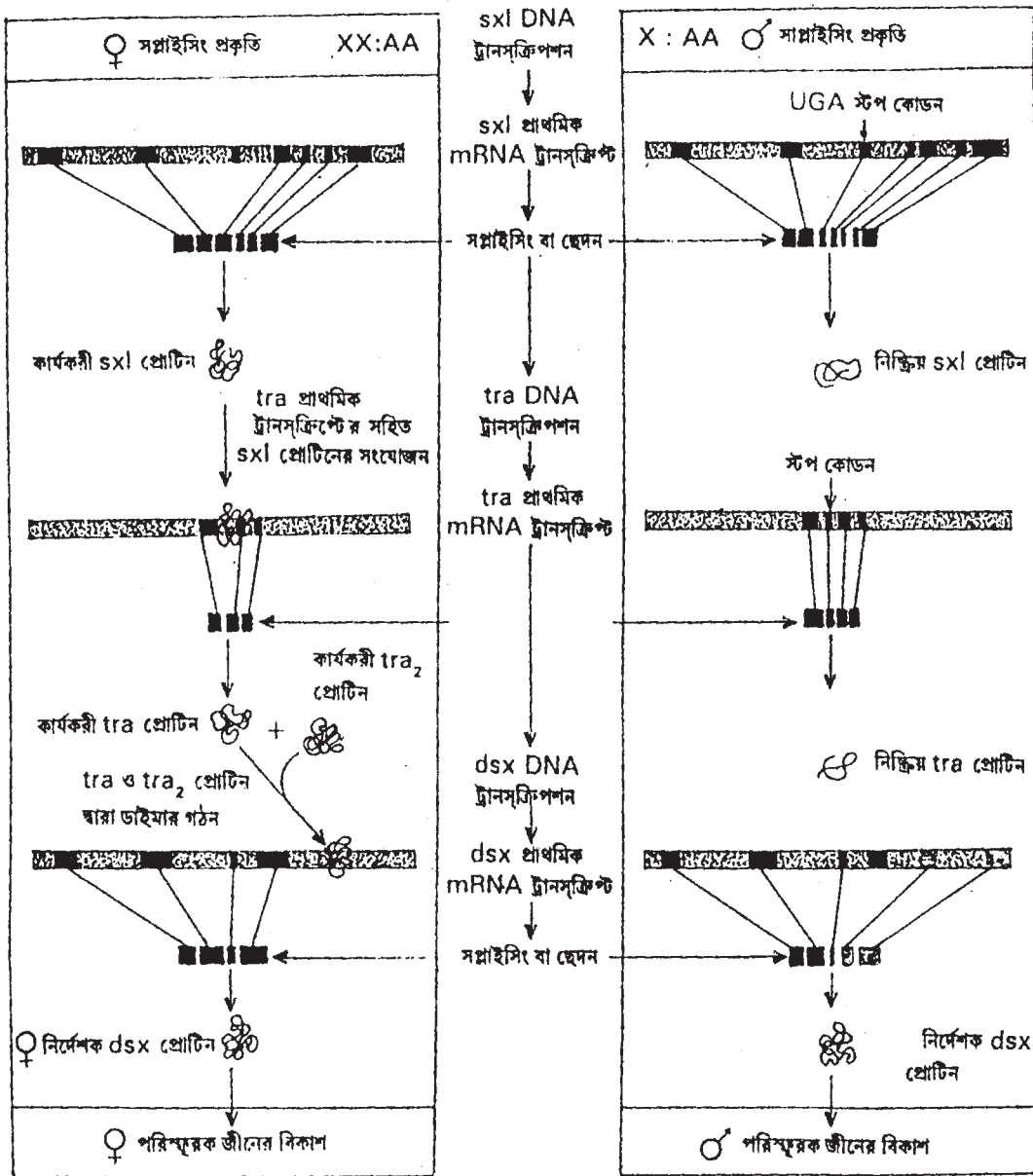
চিত্র 8.1 : ড্রসোফিলার পুরুষ ও স্ত্রীর অবয়বগত পার্থক্য  
 A - পুরুষ, B - স্ত্রী, C - পুরুষ মাছির উদর অংশ, D - স্ত্রী মাছির উদর অংশ, E - সেক্সকম্বযুক্ত পুরুষের সামনের পা



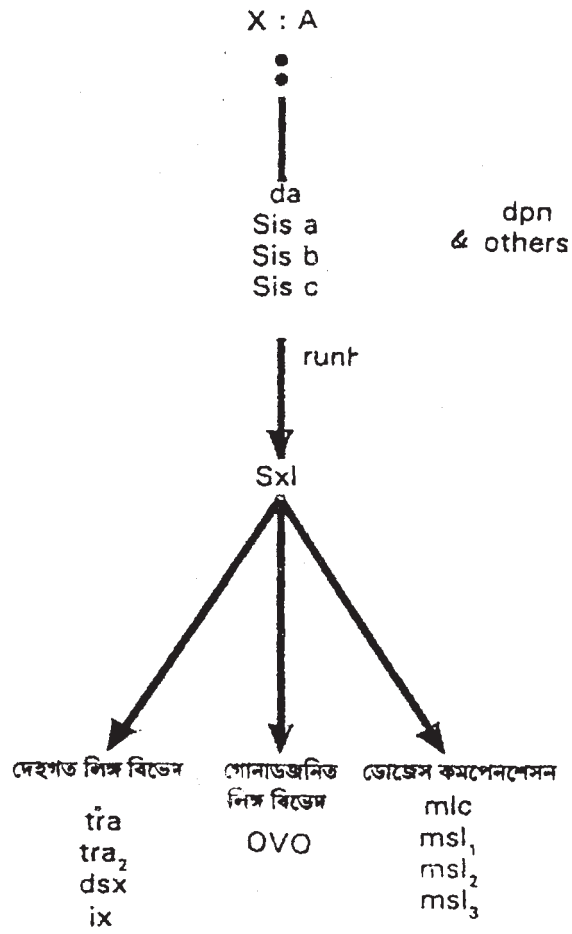
চিত্র 8.2 : ড্রসোফিলার ক্রোমোসোম সমষ্টি। A - স্ত্রী B - পুরুষ



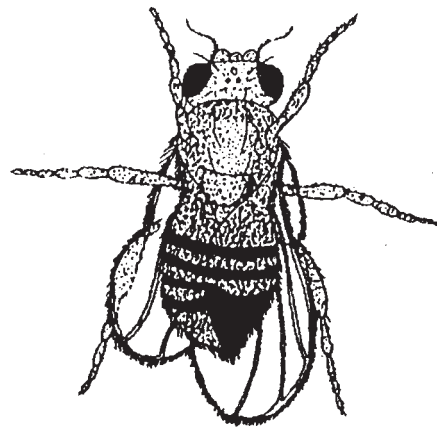
চিত্র ৪.৩ : স্ত্রী ও পুরুষের লিঙ্গ নির্ধারণ জিনগুলির সম্পর্ক



চিত্র ৪.৪ : লিঙ্গ নির্ধারণ জিনগুলি যেমনভাবে লিঙ্গ নির্ধারণ করে।



চিত্র 8.5 : ড্রোসোফিলার লিঙ্গ নির্ধারণের প্রাথমিক সংকেত যেমনভাবে কাজ করে।



চিত্র 8.6 : গাইন্যাড্রোমর্ফ





**EZO 02**  
**Block 2**

---

## একক 9 □ জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর সঙ্গে পরিচয়

---

### গঠন

#### 9.1 প্রস্তাবনা

##### উদ্দেশ্য

#### 9.2 জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং-ব্যাক্তিরিয়ার ক্ষেত্রে

##### 9.2.1 প্রাথমিক মুখবন্ধ

9.2.2 কী কী কৌশল মূলত এই কাজে ব্যবহার করা হয়—কিছু দরকারি তথ্য।

9.2.3 ব্যাক্তিরিয়াতে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং কীভাবে করা হয়।

9.2.4 জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর সামাজিক উপকারিতা/অর্থনৈতিক প্রতিফলন ব্যাক্তিরিয়ার অন্যান্য কোষে এর ব্যবহার।

##### 9.2.4.1 চিকিৎসাবিদ্যায়

##### 9.2.4.2 শিল্পে

9.2.5 ইউকারিওটিক কোষে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর দৃষ্টান্ত

##### 9.2.5.1 ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ

9.2.5.1.1 উদ্ভিদের মধ্যে নতুন জীনের প্রবেশীকরণ

9.2.5.1.2 ক্ষতিকারক পোকামাকড় প্রতিরোধক কীটনাশকের ভূমিকা

##### 9.2.5.2 ট্রান্সজেনিক জীব

9.2.5.2.1 জীবে নতুন জীন প্রবেশীকরণ

9.2.5.2.2 ভেষজ প্রোটিন প্রস্তুত

9.2.5.2.3 বৃদ্ধিকারী হরমোন

9.2.6 জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর উপকারিতা ও অপকারিতা-এর নীতিগত ও সামাজিক প্রভাব

9.2.7 মানুষের নিরাপত্তা

9.2.8 পেটেন্ট

9.2.9 ক্লোনিং

9.2.10 সারাংশ

9.2.11 অনুশীলনী

9.2.12 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

9.2.13 উত্তরমালা

---

## 9.1 প্রস্তাবনা

---

বিংশ শতাব্দীর শেষের দিকে জীব বিজ্ঞান প্রবেশ করে ‘স্বর্ণ অধ্যায়ে’। 1953 তে DNA র আকৃতি আবিষ্কারের সঙ্গে সঙ্গে অপেক্ষাকৃত নতুন বিষয় molecular biology বা আণবিক জীববিদ্যা এবং genetics বা জীনতত্ত্ব এই দুই শাখার সমন্বয়ে শুরু হয় biotechnology (বায়োটেকনলজি) বা জীব প্রযুক্তিবিদ্যা চর্চা।

আক্ষরিক অর্থে বলা যায় biotechnology জীববিদ্যা ও প্রযুক্তিবিদ্যার সমন্বয় সাধন করেছে। এই বিদ্যা আমাদেরকে অকল্পনীয় ক্ষমতার অধিকারী করেছে যার সাহায্যে যে-কোনো প্রাণীর এমনকি আমাদের নিজেদেরও জীনপ্রদত্ত পরিবর্তন করে মানুষের কল্যাণে কাজে লাগানো হচ্ছে। কিছু কিছু দুরারোগ্য ব্যাধির চিরস্থায়ী উপশম সম্ভব হয়েছে। জীন থেরাপীর মাধ্যমে।

**উদ্দেশ্য :** এই এককটি পাঠ করে আপনি জানতে পারবেন :

- জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং প্রযুক্তি বিদ্যার কী সম্পর্ক ও কীভাবে এর বিভিন্ন কৌশল সাধিত হয়।
- অন্যান্য জীব (উদ্ভিদ ও প্রাণী) জীবাণুর জিন ভাণ্ডারকে কীভাবে আমরা কৌশলে পরিবর্তন করে নিজেদের কাজে লাগাতে পারি।
- এই জ্ঞান আপনি অন্যকে বোঝাবার কাজে ব্যবহার করতে পারেন, কোনো সমস্যা মেটাতে ব্যবহার করতে পারবেন, এমনকি এই তথ্যের ভিত্তিতে পরবর্তীকালে হাতে কলমে শিক্ষাগত উচ্চতর যোগ্যতা অর্জন করে বাস্তবিক কার্যে রূপান্তরিত করতে পারেন।

---

## 9.2 জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং ব্যাক্টেরিয়ার ক্ষেত্রে

---

### 9.2.1 প্রাথমিক মুখবন্ধ

ওই কারিগরি বিদ্যায় জীবাণুর জীন কাঠামো বা গঠনের কৃত্রিম মনুষ্যকৃত পরিবর্তন করানো হয়। উত্তরলব্ধ জীনসমূহের মধ্যে কোনো কোনোটিকে নতুনভাবে সংশ্লেষণ করে সেই জীবাণুর ক্রোমোসোমে অনুপ্রবেশ করানো, কোনো নির্দিষ্ট জিনকে জৈব প্রযুক্তিবিদ্যার সাহায্যে সরিয়ে ফেলা এবং সে জায়গায় অন্য পছন্দমতো জিনের (হয়তো অন্য জীবের) অনুপ্রবেশ ঘটানো এবং তা থেকে মানুষের প্রয়োজনীয় কোনো প্রোটিন বা অন্য জৈব অণু সংশ্লেষণ এই ব্যাকটেরিয়ার জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর প্রধান উদ্দেশ্য ও কার্যকারিতা।

### 9.2.2 কী কী কৌশল মূলত এই কাজে ব্যবহার করা হয়

- (i) জৈব প্রযুক্তিবিদ্যার সাহায্যে গবেষণাগারে একটি জিনের নকল বা copy (অনুকৃতি) পাওয়া সম্ভব। কোনো কোনো ক্ষেত্রে শুধুমাত্র একটিই আসল বা original জিনের অণু দরকার। একটি অনুলিপির অনেকগুলি প্রতিলিপি তৈরি করাকে বলা হয় ক্লোনিং (cloning) প্রথাগতভাবে এতে ব্যাক্টেরিওফাজ (bacteriophage) বা ব্যাক্টেরিয়া নিধনকারী ভাইরাস এবং প্লাসমিড (plasmid) এর সাহায্য নেওয়া হয়।
- (ii) প্লাসমিড-এর ক্ষুদ্র ক্ষুদ্র চক্রাকার DNA টুকরো যা কিছু কিছু ব্যাক্টেরিয়ার মূল ক্রোমোসোমের বাইরে অবস্থিত। এরা ক্রোমোসোমের DNA-এর থেকে আলাদা এবং স্বতন্ত্রভাবে রেপ্লিকেশন করে নিজেদের সংখ্যা বৃদ্ধি করতে পারে।
- (iii) “ব্যাক্টেরিওফাজ বা ফাজ”-এরা এক ধরনের ভাইরাস যা ব্যাক্টেরিয়ার মধ্যে নিজেদের DNA ঢুকিয়ে দেয় বিশেষ পদ্ধতির সাহায্যে এবং প্রয়োজনে তার সাহায্যে ব্যাক্টেরিয়ার সমস্ত জৈব কার্যাবলী নিজেদের নিয়ন্ত্রণে রাখে।
- (iv) রিকম্বিনেন্ট (recombinant DNA) হল সেই পরিবর্তিত “ফাজ” বা প্লাসমিড DNA যার মধ্যে ক্লোন করা হবে জিনটি, সেটিকে ঢোকানো হবে। বিভিন্ন জীবের DNA র টুকরো একত্রিত করে রিকম্বিনেন্ট DNA বানিয়ে তা একটি ব্যাক্টেরিয়ার ক্রোমোসোমে ঢুকিয়ে দিলে, ব্যাক্টেরিয়াটি রেপ্লিকেট করবেও তার সঙ্গে সঙ্গে রিকম্বিনেন্ট DNA টিও রেপ্লিকেট করবে। ক্লোন করা DNA টিকে আবার প্লাসমিড বা ফাজ থেকে আলাদাও করে নেওয়া যায়। এর ফলে টেরি নিউক্লিওটাইডগুলি কীভাবে সাজানো আছে তা জানা যায় এবং ব্যাক্টেরিয়াটির মধ্যে নতুন জিনটিকে “এক্সপ্রেস” বা প্রকাশ করে কোন প্রয়োজনীয় প্রোটিন (যেমন—মানুষের ইন্সুলিন হরমোন যা ডায়াবেটিক রুগীদের নিত্য প্রয়োজন) সংশ্লেষণ করা যায় এবং ব্যাপক হারে উৎপাদন করা যায়।
- (v) ভেক্টর (vector) এই ফাজ বা প্লাসমিডটিকে ক্লোনিং ভেক্টর বা ক্লোন করার বাহক হিসেবে ব্যবহার করা হয় কারণ এটি, যে জিনটিকে ক্লোন করা হয় তার DNA বা বাহক হিসেবে কাজ করে।
- (vi) ট্রান্সজেনিক জীব-নতুন ধরনের জীবন উদ্ভিদ বা প্রাণীর ভূগের মধ্যে অন্তঃ প্রবিষ্ট করে যে নতুন বৈশিষ্ট্য সম্পন্ন জীবের সৃষ্টি করা হয় তাকে ট্রান্সজেনিক জীব (transgenic organism) বলা হয়। এই জীব তার পরবর্তী প্রজন্মে এই জিনটিকে প্রবাহিত করতে পারে।

### 9.2.3 ব্যাক্তিরিয়াতে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং কীভাবে করা হয়

1. প্রথম দশা-দাতা জীবের দেহ থেকে জিনোম (genome) নিষ্কাশন করা হয়। এবার জিনোম এক অন্যান্য জিনের মধ্যে থেকে দরকারি জিনটির একটি কপি পৃথক করা হয়। ৩টি পদ্ধতির সাহায্যে এই কাজটি সম্পন্ন হয়।

(i) **MRNA** থেকে সেই জিনটির প্রতিকৃতি বা কপি করা হয় **reverse transcriptase** উৎসেচকের সাহায্যে। প্রথমে কোন জিনটি প্রয়োজন এবং সেটি কোন কোষে সক্রিয়তা জেনে সেই জিনটির cDNA অর্থাৎ বা কমপ্লিমেন্টারী (complementary) বা প্রতিপূরক RNA কপি তৈরি করতে হবে।

Reverse উৎসেচকটি এই কপিটি বানাতে পারে স্বাভাবিক ট্রান্সক্রিপশনের বিপরীত প্রক্রিয়ায় MRNA থেকে cDNA বা কমপ্লিমেন্টারি DNA তৈরি করে [চিত্র নং (1)]

(ii) কৃত্রিম উপায়ে একটি জিনকে সংশ্লেষণ করা। একটি নির্দিষ্ট প্রোটিনের অ্যামাইনো অ্যাসিডের বিন্যাসক্রম (sequence) থেকে জেনেটিক কোডের (genetic code) নিয়ম অনুসারে DNA গঠনকারী নিউক্লিওটাইডগুলির বিন্যাসক্রম জানা যায়। এবার নিউক্লিওটাইডগুলি সঠিকভাবে বিন্যাস করলেই আমাদের আকাঙ্ক্ষিত জিনটি কৃত্রিম উপায়ে তৈরি হয়ে গেল। ছোটো ছোটো জিন এভাবে তৈরি করা যায়। (উদাহরণ—প্রাইন্সুলিন ও সোম্যাটোস্ট্যাটিন জিন এইভাবে তৈরি হয়েছে।)

(iii) রেস্ট্রিকশন উৎসেচক (**Restriction Enzyme**) ব্যবহার করে শটগান (**Shotgun**) পদ্ধতিতে জিণ পৃথকীকরণ। রেস্ট্রিকশন উৎসেচকগুলি ব্যাক্তিরিয়া সংশ্লেষিত কিছু উৎসেচক যা DNA কে ছিন্ন করতে ব্যবহৃত হয়। এভাবে ব্যাক্তিরিয়াগুলি আক্রমণকারী ভাইরাসের DNA কে কেটে ফেলে এবং ভাইরাসকে সীমাবদ্ধ বা restrict করে ফেলে।

**Restriction endonuclease** গুলি হল সেই ধরনের উৎসেচক যা নিউক্লিক অ্যাসিডকে নির্দিষ্ট কিছু জায়গায় কেটে ফেলে। এই উৎসেচক বা enzyme গুলির বিশেষ ক্ষমতা আছে অভ্যন্তর থেকে নিউক্লিওটাইড অণুর মধ্যে রাসায়নিক বিক্রিয়া শুরু করার। বিভিন্ন ধরনের Restriction Enzyme বিভিন্ন অথচ নির্দিষ্ট নিউক্লিওটাইড বিন্যাস বা sequence কে আক্রমণ করে। প্রায় 2000টি এরকম সেচক আবিষ্কৃত হয়েছে এবং গবেষণাগারে পূর্ণমাত্রায় ব্যবহৃত হচ্ছে।

ব্যাক্তিরিয়া তার নিজের DNA কে একটি মিথাইল ( $\text{CH}_3$ ) গ্রুপের সাহায্যে রক্ষা করে। কিছু Restriction endonuclease (যেমন EcoRI) Staggered cut করে অর্থাৎ একটি তন্তু বিশিষ্ট DNA একপ্রান্তে সৃষ্টি করে। এদের “আঠালো প্রান্ত” বলে যা আবার জোড়া লেগে দ্বিতন্তু বিশিষ্ট DNA প্রস্তুত করতে পারে। হাইড্রোজেন বন্ধন দ্বারা যুক্ত হয়ে কমপ্লিমেন্টারী DNA অণুগুলি জোড়া লাগে। (যেমন EcoRI-TTAA “আঠালো প্রান্ত” প্রস্তুত করে।)

“ভোঁতা প্রান্ত” প্রস্তুত করে আর একধরনের Restriction Enzyme যার নাম Hind III। এইভাবে যে কোনো জীবের DNA কেই আবার জোড়া লাগানো যায়।

- II. দ্বিতীয় দশা-জিনটিকে একটি ভেক্টরের মধ্যে প্রবেশ করানো। চক্রাকার প্লাসমিডের DNA অণুগুলি প্রধান ব্যাক্টেরিয়ার ক্রোমোসোমের DNA অপেক্ষা ক্ষুদ্রতর এবং আয়তন অনুযায়ী এদের আলাদাও করা যায় সহজেই। ব্যাক্টেরিয়ার কোষগুলি ফাটিয়ে বা বিদারণ করে সেন্দ্রিফিউজ করে হালকা প্লাসমিড DNA গুলি টিউবের উপরিভাগে পাওয়া যায়। অপয়োজনীয় অংশগুলি এই পৃথকীকৃত প্লাসমিডের থেকে বাদ দেওয়া হয় রেপ্লিকেশন উৎসেচক ব্যবহার করে। প্লাসমিড DNA এর সাথে দাতা জিনের DNA এর মেলবন্ধন করার জন্য দাতা জিনের DNA কেও একই restriction endonuclease ব্যবহার করে “আঠালো প্রান্ত” (stick end) এর সৃষ্টি করা হয়। জোড়া তখনই লাগবে যখন দাতা ও গ্রহীতা DNA এর মধ্যে পরিপূরক প্রান্তের সৃষ্টি হবে। যেমন AATT প্রান্তটি শুধুমাত্র TTAA পরিপূরক তন্তুর সঙ্গেই জোড়া লাগবে। জোড়া লাগানোর কাজটি করে DNA ligase উৎসেচকটি।

ফাজ ভেক্টরগুলি প্লাসমিড ভেক্টরের তুলনায় অপেক্ষাকৃত বড়ো আকৃতির DNA ধারণ করার কাজে অধিক পারদর্শী। উদাহরণ  $\lambda$  phage (ল্যামডা ফাজ)। ফাজের DNA র কিয়দংশ ক্লোন করার জিনটি দিয়ে পরিবর্তিত করা হয়। যে অংশটি সরিয়ে ফেলা হয়। সেটি কোনো মতেই যেন ফাজের রেপ্লিকেশনে প্রয়োজনীয় না হয়। [চিত্র নং (2)]।

- III. তৃতীয় দশা-ভেক্টর বা বাহক DNA কে “হোস্ট” বা পোষক কোষে প্রবেশীকরণ। প্লাসমিড বা ফাজ বাহক যার মধ্যে ক্লোন করবার জিনটি আছে, সেটি সাধারণত *E. coli* ব্যাক্টেরিয়ার কোষে প্রবেশ করানো হয়। *E. coli* আধঘণ্টায় জীবনচক্র সম্পূর্ণ করে। *E. coli* কোষে  $\text{Ca}^{++}$  এবং তাপস্পর্শ জনিত উত্তেজনা (heat shock) সৃষ্টি করে কোষটিকে প্রবেশ্য বা ভেদ্য করে ফাজ বা প্লাসমিড ভেক্টরটিকে প্রবেশ করানো হয় এই প্রক্রিয়াকে বলা হয় ট্রান্সফর্মেশন (transformation)।

IV. চতুর্থ দশা-DNA টিকে ক্লোন করা। [চিত্র নং (3)] একটিমাত্র ফাজ যাতে একটিমাত্র রিকম্বিনেন্ট DNA অণু আছে, তা  $10^{12}$ -টি অভিন্ন অনুলিপি গঠনে সমর্থ মাত্র 1 দিনেরও কম সময়ে। প্লাসমিড ধারণকারী E. coli কোষগুলি অ্যাগার (agar) পুষ্টি মাধ্যমে রাখা হয়। প্রত্যেক  $\frac{1}{2}$  ঘণ্টায় এরা বৃদ্ধি ও বিভাজন করে অর্থাৎ একটি কোষ দুইটি কোষ হয় এবং চাক্ষুষ এদের কলোনির সংখ্যা ও আয়তন বৃদ্ধি হতে দেখা যায়। যতবার ব্যাক্টেরিয়া বিভাজিত হবে ততবার তার কোষে যতগুলি প্লাসমিড আছে, বিভাজিত হবে। তাই কোটি কোটি ক্লোন খুব কম সময়েই তৈরি হয়। পরবর্তী পদক্ষেপে ক্লোনিং করতে অবশ্য ব্যাক্টেরিয়াগুলির মধ্যে বাছাই করতে হয়।

# 1. ট্রান্সফর্মেশন (প্লাসমিড DNA টি ঢুকেছে এমন ব্যাক্টেরিয়া কোষ বাছতে হবে এই প্রক্রিয়ায়)

(a) বহিরাগত নতুন DNA টি প্লাসমিডে প্রবেশ করছে কিনা দেখতে চিত্র নং 3 নং তে প্রদত্ত  $\beta$  গ্যালাক্টোসাইডেস্ উৎসেচক নির্মাণকারী, জিনটি প্লাসমিডে ঢোকানো আছে। এটি সাধারণতঃ ল্যাক্টোস্কে গ্যালাক্টোস্ ও গ্লুকোসে পরিণত করে এবং X-গ্যাল নামক একটি বর্ণহীন পদার্থকে একটি নীল রঙের যৌগকে পরিণত করে। যদি বহিরাগত জিনটি প্লাসমিডে অন্তর্ভুক্ত হয়ে তাকে তবে  $\beta$ -গালাকটোসাইডেস্ উৎসেচক নির্মাণকারী জিনটি অকেজো হয়ে পড়বে। সুতরাং ‘ট্রান্সফর্মড’ (Transformed) কোষ (ব্যাক্টেরিয়ার) তারাই যারা নীল বর্ণের কলোনি দেয় না। এদেরই গ্রাহ্য করা হবে।

(b) প্লাসমিডটি আদৌ ব্যাক্টেরিয়ার কোষে প্রবেশ করতে পেরেছে কিনা জানতে চিত্র নং 3 তে প্রদত্ত অ্যান্টিবায়োটিক প্রতিরোধ ক্ষমতা সম্পন্ন জিনটির সাহায্যে নেওয়া হয়। যে মাধ্যমে কোষগুলি বৃদ্ধি পাবে যাতে সেই নির্দিষ্ট অ্যান্টিবায়োটিক থাকা সত্ত্বেও যে কোষগুলি বাঁচবে তার মানে তারাই প্লাসমিডসহ রূপান্তরিত কোষ।

# 2. যদি একটিমাত্র জিন ক্লোন হয়ে থাকে তবে একটি অমিশ্রিত অবস্থায় আছে ও নির্দিষ্ট mRNA টি সহজেই পাওয়া যাবে। কিন্তু তা না হলে যদি ‘শট্‌গান্’ প্রক্রিয়ায় ছোটো ছোটো অনেকগুলি রেস্ট্রিকশন টুকরো দিয়ে জিনটি তৈরি হয় তাকে লাইব্রেরী বা ক্লোন ব্যাঙ্কে রাখা হয়।

সেইখান থেকে যে জিনটি চাওয়া হচ্ছে তাকে cDNA বা পরিপূরক DNA probe বা ‘তদন্তকারী DNA’ এর দ্বারা খুঁজে বের করা হয়। উদাহরণ : AGTCA তদন্তকারী ‘প্রোব’টি শুধুমাত্র TCAGT এর সঙ্গে হাইড্রোজেন বন্ধন করবে।



## 9.2.4 জেনেটিক্যাল ইঞ্জিনিয়ারিং এর সামাজিক উপকারিতা/অর্থনৈতিক প্রতিফলন

টেবিল নং 1

ব্যাক্টিরিয়াসহ অন্যান্য কোষ এর ব্যবহার

### 9.2.4.1 চিকিৎসাবিদ্যায় প্রতিফলন

ব্যাক্টিরিয়া তথা ইউক্যারিওটিক কোষে জিন ক্লোনিং পদ্ধতির মাধ্যমে মানুষের দৈনন্দিন অত্যন্ত প্রয়োজনীয় কিছু পেপটাইডের সহজলব্ধতা বৃদ্ধি হয়েছে। সাধারণভাবে টেবিল নং (1) A তে প্রদত্ত প্রাকৃতিক পেপটাইডগুলি গরু বা শস্যের থেকে পৃথকীকৃত পেপটাইডগুলির সঙ্গে সাদৃশ্য থাকায় মানুষের কাজে ব্যবহার হত। কিন্তু এতে বেশি প্রোটিন বা পেপটাইড পাওয়া যায় না কারণ এত বড়ো গৃহপালিত জানোয়ার ব্যাপকভাবে নিধন সম্ভবও নয়, উচিতও নয়।

জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর ফলে টেবিল নং (1) B তে প্রদত্ত ব্যাক্টিরিয়া ও ইউক্যারিওটিক অমরত্ব প্রাপ্ত কিছু কোষসারিতে (Immortal cell line) ফাজ বা প্লাসমিডের ভেক্টরের মধ্যে সেই পেপটাইড বা প্রোটিনের জিনটি যথাক্রমে ঢুকিয়ে ও “express” (প্রকাশ) করিয়ে সহজে কম খরচে খুব কম সময়ে পেপটাইডটি অনেক পরিমাণে পাওয়া সম্ভব (কারণ এই ট্রান্সফর্মেশনে ব্যবহৃত কোষগুলির বিভাজন সময় অত্যন্ত কম (কয়েক ঘণ্টা বা কয়েকদিন)।

[চিত্র নং (4)]

### 9.2.4.2 শিল্পে

খনিজ নিষ্কাশনে ও বর্জ্যপদার্থ পরিষ্করণে বায়োটেনোলজি জ্ঞান প্রয়োগ করে খনিজ সম্পদ থেকে ধাতু নিষ্কাশনে (biological mining), জৈব বর্জ্য পদার্থ থেকে শর্করা, অ্যালকোহল এবং মিথেন জাতীয় প্রয়োজনীয় পদার্থের উৎপাদন-এ সবই জেনেটিক্যালী ইঞ্জিনিয়ার করা জীবগুর দ্বারা সম্ভব।

লীক হয়ে বেরোনো তেল পরিষ্কার করা যায় **Pseudomonas** নামক জেনেটিক্যালী ইঞ্জিনিয়ার করা এক ব্যাক্টিরিয়ার সাহায্যে।

## 9.2.5 ইউক্যারিওটিক কোষে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর দৃষ্টান্ত

ব্যাক্টিরিয়ার মতো ইউক্যারিওটিক কোষেও জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং সম্ভব তবে বলা বাহুল্য সেক্ষেত্রে পদ্ধতিটি অনেক জটিল।

এই উপায়ে তৈরি ভিন্ন জেনেটিক উপাদানযুক্ত জীবকে ট্রান্সজেনিক জীব (transgenic) বলা হয়।

কৃষিবিদ্যায়, পশুপালন বিদ্যায় এর ব্যবহার উল্লেখযোগ্য। চিকিৎসাবিদ্যাতেও এর অবদান অনস্বীকার্য। কৃষিবিদ্যায় ও পশুবিদ্যায় এই পদ্ধতি প্রয়োগের প্রধান উদ্দেশ্যগুলি নিম্নলিখিত :

- (i) উৎপাদন বৃদ্ধি।
- (ii) স্বাস্থ্য, হজম ক্ষমতাবর্ধন।
- (iii) ক্ষতিকারক পোকা, বা পরজীবী এবং রোগের প্রতিরোধ ক্ষমতাবর্ধন।
- (iv) পারিপার্শ্বিক চাপের মুখে (যেমন ক্ষরা, অত্যন্ত শৈত্য, গরম বা ভিড় করে আকার জায়গায় প্রাণীদের ক্ষেত্রে এবং হাওয়ার গতি, অ্যাসিড ও নোনা জলে বা জল জমে উদ্ভিদের ক্ষেত্রে) অধিক মোকাবিলার ক্ষমতা।
- (v) বৃদ্ধির হার বৃদ্ধি।
- (vi) কীটনাশকের ক্ষতির প্রভাব থেকে বাঁচার ক্ষমতা (উদ্ভিদের ক্ষেত্রে)।

### 9.2.5.1 ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ

#### 9.2.5.1.1 উদ্ভিদের মধ্যে নতুন জীবনের প্রবেশীকরণ :

##### I. অ্যাগ্রাব্যাক্টেরিয়াম ব্যবহার করে :

সবচেয়ে কার্যকরী প্রক্রিয়া। মাটিতে বিদ্যমান *Agrobacterium tumefaciens* কে বাহক বা “ভেক্টর হিসেবে ব্যবহার করে দ্বিবীজ উদ্ভিদে নির্দিষ্ট জিনকে প্রবেশ করানো হয়। ব্যাক্টেরিয়ার প্লাসমিডে চোকানো জিনটি সঠিকভাবে উদ্ভিদ কোষকে “ট্রান্সফর্ম” (রূপান্তর) করলে “ক্রাউন গল” রোগ হয়।

এই গল বা অবৃদ্ধগুলি প্রকৃতপক্ষে টিউমার। ব্যাক্টেরিয়ার প্লাসমিড, (T<sub>1</sub> প্লাসমিড) এই টিউমার বানায় T-DNA নামক জিনের সাহায্যে।

একবীজ উদ্ভিদ যেমন ধান, গম, ভুট্টার ন্যায় খাদ্যশস্য এমনকি টমেটো, আলুর মতো সবজিতেও এই ব্যাক্টেরিয়ার প্লাসমিডের দ্বারা নতুন জিন তথা নতুন গুণাবলীর সঞ্চার করা হয়ে থাকে।

##### II. ভাইরাস ব্যবহার করে : ব্যাক্টেরিয়াকে আক্রমণ করে এমন ফাজকে ব্যবহার করা যায়। এই পদ্ধতি বর্তমানে গবেষণাগারে সীমাবদ্ধ।

##### III. বন্দুকের মাধ্যমে : বিশেষভাবে বানানো বন্দুকের নলে রাখা প্লাস্টিকের গুলির ডগায় Inm সোনা বা টাংস্টেন নির্মিত পুঁতির মধ্যে নতুন DNA টি রেখে মাইক্রো সাইডের গর্তের মধ্যে

বন্দুকটি চালিয়ে নির্দিষ্ট কোষে সেই DNA পুরে দেওয়া সম্ভব। ভ্যাকুয়ামে এই প্রক্রিয়াটি করা হয় যাতে গতিবেগ ব্যাহত না হয়।

#### 9.2.5.2.2 ক্ষতিকারক পোকামাকড় প্রতিরোধ ক্ষমতা কীটনাশকের ভূমিকা :

- (i) বায়োলজিক্যাল কন্ট্রলের (biological control) মাধ্যমে কীটনাশকের কাজ করা যেতে পারে ও এই কাজে ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ সহায়তা করে। DDT ধরনের কীটনাশকের ক্ষতিকারক প্রভাবে প্রকৃতির দীর্ঘস্থায়ী ক্ষতি হওয়ার দরুন রাসায়নিক কীটনাশকের ব্যবহার ক্রমশ পৃথিবী ব্যাপী অনেক কমিয়ে দেওয়া হচ্ছে।

মাটিতে থাকে এমন একটি ব্যাক্টেরিয়া *Bacillus thuringiensis* ( $B_t$ ) একটি শক্তিশালী বিষাক্ত প্রোটিন বানায় যা বেছে বেছে কিছু প্রকারের প্রজাপতি এবং পতঙ্গের শূককীটকে ধ্বংস করে। এই প্রোটিন সংশ্লেষণকারী জিনটিকে যদি উদ্ভিদে প্রবেশ করানো যায় তাহলে স্থায়ী প্রতিরোধ ক্ষমতা দেওয়া যেতে পারে।

উদাহরণ—ভুটাকে আক্রমণ করে European corn borer নামক একটি পোকাকার শূককীট। উপরোক্ত উপায়ে এই কীটের দমন সম্ভব হয়েছে।

চাল, আলু, তুলা, টমেটো এবং কড়াইশুটি জাতের গাছে এই উপায়ে প্রতিরোধ ক্ষমতা অর্জন করা গেছে। ছত্রাক, ব্যাক্টেরিয়া ও ভাইরাসের বিরুদ্ধে একই উপায়ে প্রতিরোধ ক্ষমতা জ্ঞাপন করা হয়।

- (ii) *Agrobacterium* এর মাধ্যমে Tobacco mosaic virus এর একটি জিন তামাক গাছে প্রবেশ করিয়ে ওই ভাইরাসের আক্রমণ ক্ষমতা বহু মাত্রায় কম করা গেছে।
- (iii) কিছু কিছু জিনের প্রবেশীকরণ উদ্ভিদকে কোনো কোনো herbicide এর বিরুদ্ধেও প্রতিরোধক ক্ষমতা দেয় শস্যে সেই আগাছামারক রাসায়নিক উগ্র দ্রব্য দেওয়া সত্ত্বেও দেখা যায় উদ্ভিদে কোনো ক্ষতি হয় না, শুধুমাত্র আগাছাই মরে। এইভাবে সেই রসায়নে ক্ষতি হয় না এমন জিনের প্রভাবে রাস্তা নামক herbicide এ ব্রমরেপ, ম্লিগা জাতের আগাছা মরে কিন্তু গাছের কোনো ক্ষতি হয় না।

- (iv) কৃষিসারের প্রয়োগ করতে হয় না যদি জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর মাধ্যমে নাইট্রোজেন আবদ্ধ করা যায়। সেই কাজের জন্যে দরকারি জিনটি উদ্ভিদে প্রবেশ করিয়ে উদ্দেশ্য সাধিত করা হয়।
- (v) সংযতভাবে টমেটো, কলা ও লাল লঙ্কাকে পাকানো যেতে পারে গাছে থেকে কাঁচা তুলে নেবার পরও। এই পদ্ধতিতে ফলের স্বাদও বাড়ানো যেতে পারে।
- (vi) ফুলের রঙ, নকশা ও আকার উদ্যানপালনবিদ্যায় পরীক্ষানিরীক্ষার মাধ্যমে পাল্টানো যেতে পারে।  
উদাহরণ—নীল গোলাপ।
- (vii) শস্যের মাধ্যমে চিকিৎসার ঔষধ প্রস্তুত করা যেতে পারে। স্তন্যপায়ীর কোষের মাধ্যমে এই কাজ করার চেয়ে উপরোক্ত পদ্ধতি অনেক সস্তা।
- (viii) উদ্ভিদে ইঁদুরের মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি সংশ্লেষণ।
- (ix) গমের রুটি বানানোর গুণাবলী বর্ধন অর্থাৎ ময়দার গুণবর্ধন।
- (x) উদ্ভিদ্ধ খাদ্যের পুষ্টিগত মান বর্ধন যেমন : ব্রাজিল বাদামের একটি জিন কড়াইশুটি জাতীয় উদ্ভিদে ঢুকিয়ে প্রয়োজনীয় অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষণ।

### 9.2.5.2 ট্রান্সজেনিক জীব

#### 9.2.5.2.1 জীবে নতুন জিন প্রবেশীকরণ

বৃদ্ধি কারক হরমোনের একটি জিন ইঁদুরে প্রবেশ করানো জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর প্রথম সাফল্যের একটি। জিনটির সঙ্গে একটি শক্তিশালী প্রোমোটার পাঠানো হয় এবং তৎসাহ ভারী ধাতুর খাদ্য এর ফলে ইঁদুরটির বৃদ্ধি 2-3 গুণ হয় এবং হয় অনেক দ্রুত।

ট্রান্সজেনিক জীব বানানোর 5টি মূল ধাপ আছে :

- I. প্রাণীর ডিমে মাইক্রোইঞ্জেকশন নিষেকের পর জাইগোটের মধ্যে সরু পীপেটের মতো সূঁচ ব্যবহার করে প্রোনিউক্লিয়াসের ক্রোমোসোমে নতুন জিনটি ঢোকালে পরে সেই জিনের অনেকগুলি কপি সংশ্লেষিত হতে পারে। সেই নতুন জিনটিপ্রাপ্ত প্রোনিউক্লিয়াস এবার মিলনের পর ট্রান্সজেনিক জীবাটি সৃষ্টি করবে। প্রতি 20টি ডিম থেকে একটি ভেড়া প্রতি 100টির থেকে একটি ট্রান্সজেনিক গরু সৃষ্টি হয়।

II. স্টেম কোষের ব্যবহার—অল্প বয়স্ক ভ্রূণের কয়েকটি কোষকে (স্টেম কোষ) ক্লোন করা হয় এবং সেই ট্রান্সফর্মেশন হওয়া স্টেম কোষের মধ্যে বাঞ্ছনীয় কোষটিকেই শুধুমাত্র ট্রান্সজেনিক জীবে পরিণত হতে দেওয়া হয়। ক্রোমোসোমের বিশেষ অঞ্চলে জিনটিকে প্রবেশ করানো সম্ভব।

সফল ট্রান্সফর্মড কোষগুলিকে ভ্রূণের মধ্যে ফের ঢুকিয়ে তাকে স্বাভাবিক ভাবে বাড়তে দেওয়া হয়। প্রাপ্ত জীবটি হয় দুইটি ভিন্ন জেনেটিক প্রকৃতির কোষের মিশ্রণ। এ হেন জীবকে বলে 'কাইমেরা' (Chimera)। এর ফলে পরবর্তী প্রত্যেকটি প্রজন্মেই ট্রান্সজেনিক জীব পাওয়া যাবে।

III. ভাইরাস ভেক্টর-এর জাতীয় ভেক্টর জিন থেরাপীর ক্ষেত্রে ব্যবহার হয়। জীব কোষে প্লাসমিড থাকে না বলে প্লাসমিড ভেক্টর ব্যবহার করা যায় না।

IV. DNA র প্রত্যক্ষ প্রবেশীকরণ। জিন থেরাপীতে যেখানে দেহের শুধুমাত্র কিছু কোষে ট্রান্সফর্মেশন করা হবে সেখানে ক্যালসিয়াম ফস্ফেটের উপস্থিতিতে ফ্যাগোসাইটোসিসের মাধ্যমে DNA র টুকরো প্রবেশ করানো যায়। ইলেক্ট্রোপোরেশন পদ্ধতিতেই এই কার্যসাধন সম্ভব।

V. লাইপোসোমের মাধ্যমে

লাইপোসোমকে ফস্ফোলিপিডের দ্বিস্তরবিশিষ্ট কৃত্রিমভাবে নির্মিত sac বা থলি বলা যেতে পারে এর অভ্যন্তরে দরকারি DNA টিকে প্রবেশ করানো যেতে পারে। তারপর লাইপোসোমের DNA কে নির্দিষ্ট কোষে প্রবেশ করানো হয়। লাইপোসোম ও কোষপর্দার একত্রকরণ (fusion) এর মাধ্যমে এই প্রবেশ ঘটানো সম্ভব।

#### 9.2.5.2.2 ভেষজ প্রোটিন প্রস্তুত

ব্যাক্টরিয়া কোষ অনেক সময় খুব জটিল প্রোটিন সঠিক আকৃতিতে তৈরি করতে পারে না। এক্ষেত্রে উচ্চশ্রেণির স্তন্যপায়ী প্রাণীর ব্যবহারই শ্রেয়।

উদাহরণ : AAT বা  $\alpha$ -1 অ্যান্টিট্রিপসিন উৎসেচকটি এমফাইসিমা (emphysema) রোগ নিবারণ করতে সাহায্য করে। ইলাসটেস (elastase) উৎসেচকটি অধিকমাত্রায় কার্যশীল হলে পরে ফুসফুসের উপরিভাগের অ্যালভিওলীর দেওয়ার দুর্বল হয়ে পড়ে ও নিঃশ্বাসের কষ্ট দেখা দেয়। প্রথমোক্ত উৎসেচকটির জিনটিকে ভেড়ার

স্তনের দুগ্ধ উৎপাদনকারী জিনের প্রোমোটোরটির সঙ্গে ক্লোন করে ভেড়ার দুগ্ধের সঙ্গেই এই ঔষধরূপী প্রোটিনটি লাভ করা যায়।

#### 9.2.5.2.3 বৃদ্ধিকারী হরমোন বা growth hormone :

[A] BST বা বোভাইন সোমোটোট্রোপিন ব্যাক্টিরিয়াতে ক্লোন করে গরুর দৈহিক বৃদ্ধি, অধিক দুগ্ধ সংশ্লেষণ সম্ভব হয়েছে।

[B] ট্রান্সজেনিক ভেড়াতে অধিক বৃদ্ধি হার দেখা যায় কম সময়ে এবং সাধারণ ভেড়ার সমপরিমাণ খাদ্য খেয়ে। তবে এদের রোগ প্রতিরোধ ক্ষমতা কম ও বন্ধ্যাত্ব বেশি।

[C] ট্রান্সজেনিক শুয়োরের অধিক বৃদ্ধির সঙ্গে সঙ্গে বাত, গ্যাসট্রিক, আলসার, হৃদ, কিডনী জনিত রোগের প্রকোপও বৃদ্ধি পায়।

[D] কানাডার বৈজ্ঞানিকরা অন্য একটি সামুদ্রিক ট্রাউটের গ্রোথ হরমোন জিন স্যালমন মাছে ক্লোন করে মৎস্যচাষে বিপ্লব এনেছেন।

#### 9.2.6 জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং-এর উপকারিতা ও অপকারিতা-নীতিগত ও সামাজিক প্রভাব :

1971 এ এই পদ্ধতিবিদ্যার চর্চার সঙ্গে সঙ্গে বৈজ্ঞানিকরা এর নীতিগত এবং সামাজিক প্রভাব সম্পর্কে সচেতন হন।

এটি যেমন একাধারে অভাবনীয় উপকার করতে পারে যেমন দুর্ঘটনাবশতঃ কোনো ক্ষতিকারক জিনের গবেষণাগার থেকে বহির্জগতের প্রবেশ জীব জগতে দুঃখজনক বিপর্যয় আনতে পারে। যেমন E. Coli তে ক্লোন করা ক্যানসার সৃষ্টিকারী অঙ্কোজীন (oncogene) বহির্জগতে ভয়ঙ্কর দুর্যোগ ঘটাতে পারে যদি মানুষ বা গৃহপালিত পশুর জিনোমে এর প্রবেশ ঘটে।

এর ফলে 1975 এ এক সমাবেশে এই প্রযুক্তিবিদ্যা প্রয়োগে কিছু বিধিনিষেধ রাখা হয়। মার্কিন যুক্তরাষ্ট্রে (USA) ও সংযুক্তরাষ্ট্রে (UN) এবং ইউরোপে কিছু বিশেষ কমিটি এর রক্ষণাবেক্ষণের কাজ করেন।

1980 থেকে বায়োটেকনোলজিকে ব্যবসার কাজে লাগিয়ে multinational company গুলো কোটি কোটি টাকার ব্যবসা করছে যা কৃষিতে, চিকিৎসায়, শ্রমশিল্পে ও আবর্জনা দূরীকরণে কাজে লাগে।

### 9.2.7 মানুষের নিরাপত্তা

অ্যান্টিবায়োটিক রেসিস্টেন্স (Antibiotic resistance) সৃষ্টিকারী জিন (যেমন টমেটোয় ক্যানামাইসিন রেসিস্টেন্ট ও ভুট্টায় অ্যামপিসিলিন রেসিস্টেন্ট জিন) যা নতুন জিনের সঙ্গে খাদ্য শস্যে প্রবেশ করানো হয়, মানুষের পৌষ্টিক তন্ত্রের E. coli তথা মলের সঙ্গে বহির্জগতের অন্যান্য ব্যাক্টিরিয়ায় প্রবেশ করলে অ্যান্টিবায়োটিক কাজ করবে না এবং মহামারি প্রতিরোধ করা যাবে না এমন আশঙ্কা থেকে যায় যদিও তার Chance খুবই কম।

MNC-গুলি তাদের গবেষণায় Precaution বা সাবধানতা অবলম্বন করলেও সাধারণ মানুষ ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ বা জীব সৃষ্টি সম্বন্ধে কিছুটা চিন্তিত তো বটেই।

উত্তর আমেরিকা ও ইউরোপ জেনেটিক্যালি ইঞ্জিনিয়ারড অর্গ্যানিস্ম বা GEO দের পরিবেশে ছাড়া সম্পর্কে কিছু সাবধানতা অবলম্বন করে থাকে। কৃষি, মৎস্যচাষ ও খাদ্য বিভাগ তা পরিচালনা করে।

মনুষ্য কেন্দ্রিক জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং অর্থাৎ মানুষের উপকারে লাগে এমন তথ্যপ্রযুক্তিগত বিদ্যাই ব্যবহার করা হয়ে থাকে তবে এতে উদ্ভিদ বা জীবজগতে ক্ষতিকারক প্রভাব যাতে না পড়ে সেদিকেও লক্ষ্য রাখা দরকার।

### 9.2.8 পেটেন্ট

1991 এ USA র National Institution of Health মানুষের জিনোমে পেটেন্ট করতে চেয়েছিল। সে চেষ্টা বিফল হয়েছে।

মানুষের ব্রেস্ট ক্যানসার জিন 1 পেটেন্ট করা হয়েছে এর DNA সিকোয়েন্স নির্ধারণের পর। ট্রান্সজেনিক শস্য বা জীবন পেটেন্ট করা যাবে কিনা তা নিয়ে বিতর্ক চলছে।

### 9.2.9 ক্লোনিং

1997 সালে Dolly ও পরবর্তীকালে Polly ভেড়ার ক্লোন সফল হওয়ার পর 2001 সালে মানুষের ক্লোনিং করা হচ্ছে (অবশ্যই অতিরিক্ত গোপনীয়তার মধ্যে কারণ বিশ্বের অধিকাংশ দেশই এটি সমর্থন করেনি।)

### 9.2.10 সারাংশ

এই এককটিতে আপনি জানলেন :

- # জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং কী ও কেন।
- # কী কী পদ্ধতি কাজে লাগানো হয়।
- # কোন কোন কোষে করা যেতে পারে।
- # ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ ও জীব সৃষ্টির কৌশল ও ব্যবহার।
- # পরিশেষে এই প্রযুক্তি ব্যবহারের কী কী সতর্কতা অবলম্বন করা হয়।
- # ক্লোনিং এর পেটেন্টিং এই বিতর্কে আপনিও একজন সক্রিয় অংশগ্রহণকারী হতে পারেন।

### 9.2.11 অনুশীলনী

1. সঠিক উত্তরে ✓ চিহ্ন দিন :

A. জিন এক জীবন থেকে জীবান্তরে প্রবেশীকরণ সম্ভব—এর মাধ্যমে

- (i) প্লাসমিড
- (ii) ভেক্টর
- (iii) ফাজ
- (iv) যে কোন

B. ক্রোমোসোমের বাইরে বর্তমান ছোট ছোট গোলাকৃতি DNA-এর টুকরোর নাম—

- (i) ফাজ
- (ii) cDNA
- (iii) প্লাসমিড
- (iv) অলিগোনিউক্লিওটাইড

C. রিকম্বিনেন্ট DNA =

- (i) ফাজ + নতুন DNA



(ii) প্লাসমিড + নতুন DNA

(iii) যে কোনো একটি

(iv) কোনোটি নয়।

D. ট্রান্সজেনিক জীবন হল সেই যা—

(i) একটি জীবের থেকে ক্লোন করা

(ii) একাধিক জীবনের জিনের সমৃদ্ধ গঠিত

(iii) কোনোটি নয়।

E. রেসট্রিকশন উৎসেচক কাটে—

(i) একটি নির্দিষ্ট বেসের থেকে

(ii) যে কোনো জায়গায়

(iii) প্রোটিনকে ছিন্ন করে

(iv) অ্যামাইনো অ্যাসিডকে।

F. ATGCCAT

CGGTAT—একটি

(i) “আঠালো প্রান্ত” বিশিষ্ট DNA

(ii) “ভেঁতা প্রান্ত” বিশিষ্ট RNA

(iii) “ভেঁতা প্রান্ত” বিশিষ্ট DNA

(iv) কোনোটি নয়।

2. জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর 4টি দশা যথাক্রমে :

(সঠিকভাবে পরম্পার্য সাজান)

- (a) জিনের কপি তৈরি
- (b) ভেক্টরের হোস্ট কোষে প্রবেশ
- (c) জিনটিতে ভেক্টরের প্রবেশ
- (d) হোস্ট কোষের ট্রান্সফর্মেশন

### 3. উদাহরণ দিন :

- (i) চিকিৎসাবিদ্যায় G. E. (genetic engineering) এর ব্যবহার
- (ii) শিল্পে
- (iii) ট্রান্সজেনিক উদ্ভিদ
- (iv) ট্রান্সজেনিক জীব

### 9.2.12 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

1. জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং কী? আণবিক জীববিদ্যা ও বায়ো প্রযুক্তির সঙ্গে এর কী সম্বন্ধ?
2. অল্প কথায় বা ছবির মাধ্যমে বোঝান কীভাবে 'x' কে আপনি একটি ভেক্টরের সাহায্যে E. coli কোষে ক্লোন করবেন।
3. ট্রান্সফর্মেশন কী? একটি কোষ ট্রান্সফর্মড হল কিনা কী করে বুঝবেন?
4. প্রোব কী? cDNA কেমন করে বানানো যায়? প্রোব হিসাবে এটি ব্যবহার করা যায় কী?
5. ট্রান্সজেনিক জীব কীভাবে সৃষ্টি করা হয়ে থাকে?
7. সামাজিক নিরাপত্তা, ক্লোনিং পেটেন্টিং বিষয়ে একটি নিবন্ধ লিখুন।

### 9.2.13 উত্তরমালা

#### I. অনুশীলনীর উত্তর

1. A(iv), B(i), C(iii), D(ii), E(i), F(i)
2. (a) (c) (b) (d) পর পর হবে।

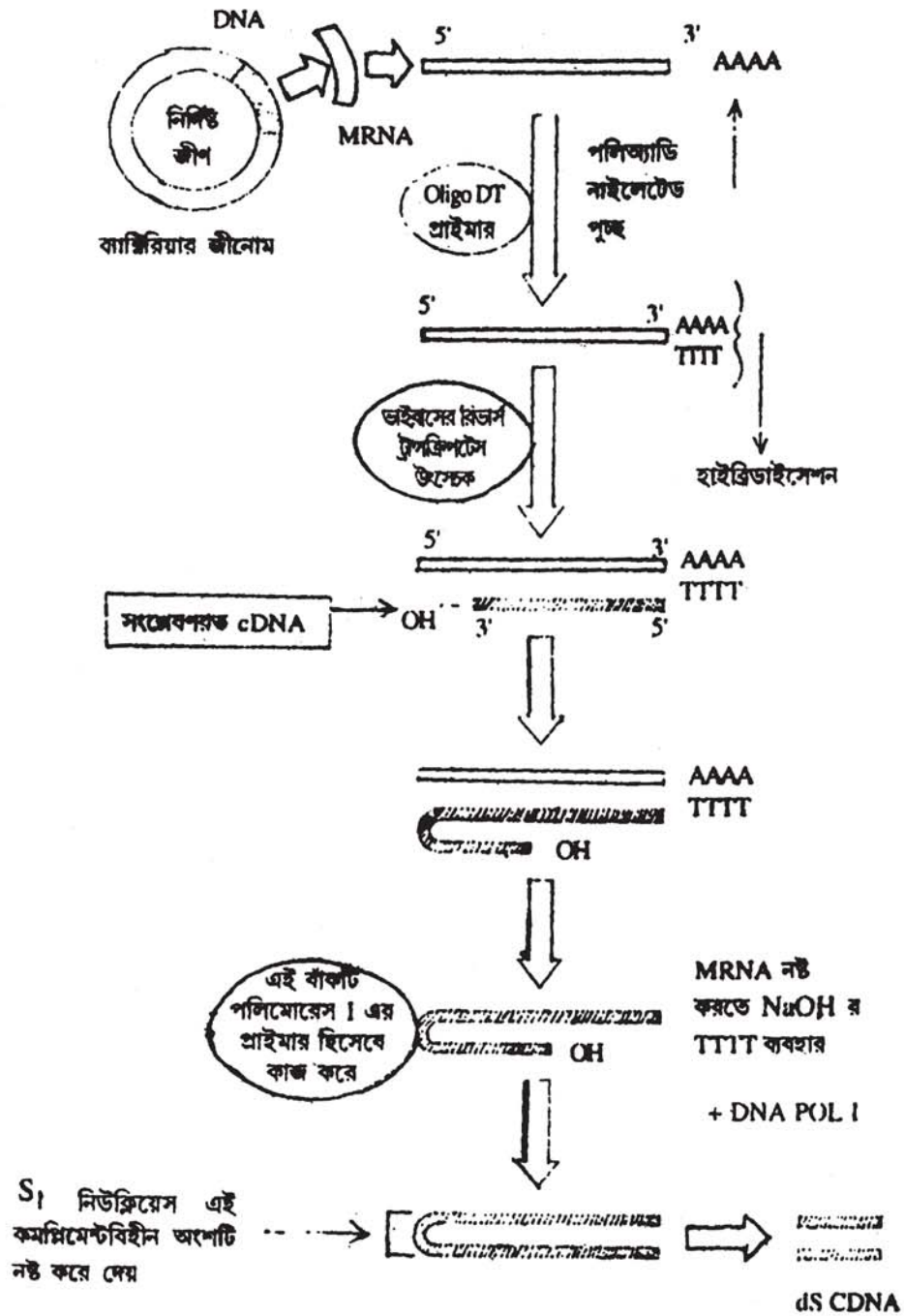
3. (i) ইন্সুলিন সৃষ্টি
- (ii) তেল পরিষ্কার Pseudomonas এর সাহায্যে
- (iii) টমেটো
- (iv) ভেড়া

**II. সর্বশেষ প্রশ্নাবলীর, উত্তর সংকেত :**

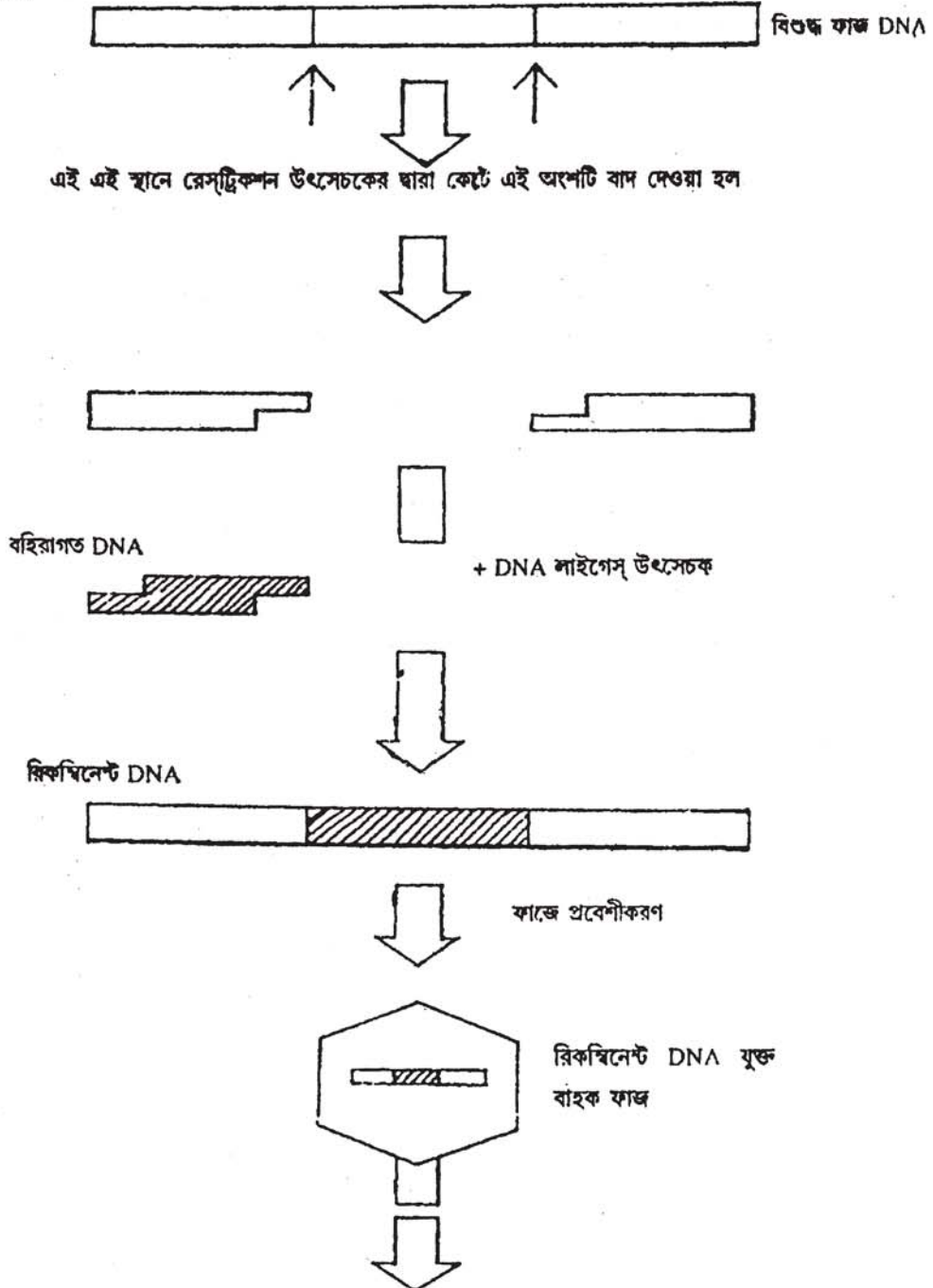
1. 9.1 অংশে দেখুন ও বাকি আপনি পুরো এককটি পাঠ করে যা বুঝেছেন তা থেকে বলুন।
2. 9.2.3. পাঠ করে আপনি নিজের মতো করে বলুন।
3. 9.2.3 এর (iv) অংশের # 1. (b) অংশটিকে দেওয়া আছে।
4. 9.2.3 এর (iv) অংশের # 2 অংশে দেখুন। চিত্র নং [1] এরও সাহায্যে নিন।
5. 9.2.5.1 অংশে দেখুন।
6. 9.2.5.2 অংশে দেখুন।
7. 9.2.6, 9.2.7, 9.2.8 ও 9.2.9 অংশে দেখুন। পড়ে আপনার নিজস্ব মতামত দেবেন।

চিত্র নং 1

জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর মাধ্যমে একটি cDNA প্রস্তুত করা যায়।



চিত্র নং 2

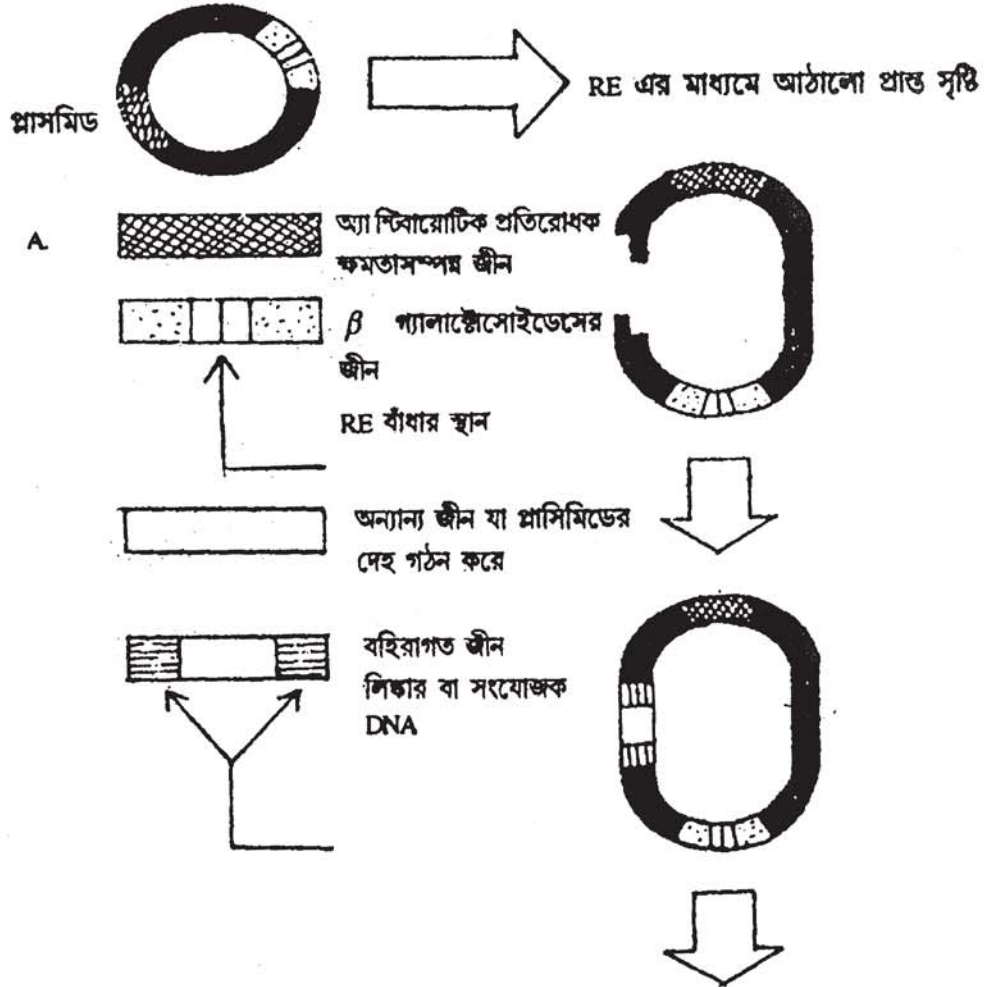


E. Coli তে ফাজের সংক্রমণও বৃদ্ধি। ফলে রিফাইনেট DNA এর বহুগুণীকরণ।

চিত্র পরিচিতি—ফাজ ভেক্টরের রিফাইনেট DNA প্রবেশের প্রক্রিয়া

চিত্র নং 3

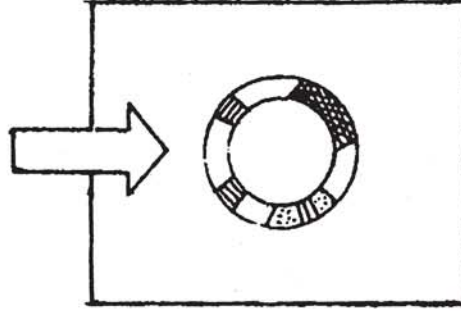
চিত্র পরিচিতি-জীন ক্লোনিং এর জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং পদ্ধতি।



চিত্র পরিচিতি — RE এর মাধ্যমে রিকম্বিনেন্ট DNA প্রাসিমিডে প্রবেশ এবং তাকে ভেক্টর পরিবর্তন।

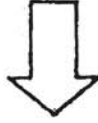
রিকম্বিনেন্ট DNA টি এবার ট্রান্সফর্মেশন করা হবে ব্যাক্টেরিয়ার কোষে

B চিত্র পরিচিতি-ট্রান্সফর্মেশন

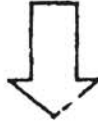


*E. Coli* কোষে অনুপ্রবেশ

ভেক্টর প্লাসমিড যা বহন করছে ক্লোন করবার জীনটিকে



প্লাসমিডটি ব্যাক্টিরিয়ার মধ্যে স্বতন্ত্রভাবে রেপ্লিকেট করবে এবং তার নিজের এবং সেই সঙ্গে নতুন জিনটির অনেকগুলি অভিন্ন অনুলিপি গঠন করবে



ব্যাক্টিরিয়াটি সেই জিন থেকে প্রোটিন বানাতে যা সঙ্গে সঙ্গে আমরা পাব গুণীতক মাত্রায়।

জিন ক্লোনিং এইভাবে হয়

চিত্র পরিচিতি—জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং করে মানুষের ইনসুলিন সংশ্লেষণ ও ব্যবহার।

জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং

রেসট্রিকশন উৎসেচক দিয়ে প্লাসমিড DNA কেটে প্রোইনসুলিনে জীন ঢোকানো হল *E. Coli*-তে এবং সেটির ট্রান্সফর্মেশন



ফার্মেন্টেশন

সঠিক মাত্রায় *E. Coli* ফার্মেন্টারে তৈরি হয় যার প্রত্যেকটির মধ্যে প্রোইনসুলিন আছে



কোষগুলি ফাটানো হল



ব্যবহার

প্রোটিনেস দ্বারা

ইন্সুলিনে পরিবর্তন



ইনসুলিনকে বিশুদ্ধরূপে পৃথিবীকরণ



নিয়মিতভাবে ডায়বেটিক রুগীরা ইন্সুলিন ইঞ্জেকশন নিতে পারেন



টেবিল নং 1

A. সামাজিক স্বাস্থ্যের জন্যে অত্যন্ত প্রয়োজনীয় কিছু প্রাকৃতিক পেপ্টাইড

পেপ্টাইড	ব্যবহার
(i) ইন্সুলিন	ডায়াবেটিস দমন
(ii) গ্রোথ হরমোন	বৃদ্ধির অস্বাভাবিকতা হ্রাস
(iii) গ্লাইকোপ্রোটিন হরমোনগুলি (LH, FSH, CG)	সন্তান উৎপাদন ক্ষমতার পরিচালনায় উপযোগী
(iv) ক্যালসিটোনিন	অস্টিওপোরোসিস রোগের চিকিৎসায়
(v) এরিথ্রোপয়টিন	অ্যানিমিয়া দমনে
(vi) এপিজারমাল গ্রোথ ফ্যাক্টর	ঘা বা ক্ষত সারাতে

টেবিল নং 1

B. কীভাবে কিছু প্রয়োজনীয় প্রাকৃতি পেপটাইড জিন ক্লোনিং এর মাধ্যমে ব্যাক্তিটিরিয়া তথা ইউক্যারিওটিক কোষে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং পদ্ধতিতে সম্ভবপর হয়েছে।

পেপটাইড	হোস্ট কোষ যা ট্রান্সফর্মড হয়	ভেক্টর
(i) মানুষের গ্রোথ হরমোন	ইঁদুরের ফাইব্রোস্ট কোষ সারি	BPV (ফাজ)
(ii) মানুষের ইন্সুলিন	ইঁদুরের পিটুইটারী কোষ সারি	সরল প্লাসমিড
(iii) এনকেফালিন	ইঁদুরের পিটুইটারী কোষ সারি	ভ্যাক্সিনিয়া ভাইরাস (ফাজ)
(iv) মানুষের প্যারা থাইরয়েড হরমোন	ইঁদুরের পিটুইটারী কোষ সারি	রেট্রোভাইরাস

---

## একক-10 □ জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এ ব্যবহৃত উৎসেচক বহিরাগত DNA, ক্লোন করার জন্য ভেক্টর বা বাহক, cDNA ক্লোন ব্যাঙ্ক

---

### 10.1 প্রস্তাবনা

#### উদ্দেশ্য

10.2 যে উৎসেচকগুলি সাধারণত ইরকমিনেন্ট DNA টেকনোলোজির কাজে ব্যবহৃত হয়

10.3 আণবিক ক্লোন করার পদ্ধতিসমূহ

10.3.1 উৎসেচকের ভূমিকা

10.3.2 বহিরাগত DNA সম্বন্ধীয়

10.3.2.1 উৎস

10.3.2.2 DNA ছেদনের প্রক্রিয়া

10.3.2.3 প্রাস্তপরিবর্তনের উপায়

10.3.2.4 DNA জোড়ার উপায়

10.4 ক্লোন করার জন্যে ভেক্টর বা বাহক

10.4.1 সাধারণ কাজের জন্য

10.4.2 বিশেষ কাজের জন্য (উন্নত ক্ষমতা সম্পন্ন)

10.5 জিন বিচ্ছিন্নকরণের প্রক্রিয়া

10.5.1 বিভিন্ন উৎস থেকে DNA-র উদ্ধার

10.5.2 জিনোমিক ও cDNA লাইব্রেরী বা ব্যাঙ্ক

10.6 সারাংশ

10.7 অনুশীলনী

10.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

10.9 উত্তরমালা

10.9.1 অনুশীলনীর উত্তর

10.9.2 সর্বশেষ প্রশ্নাবলীর

উত্তর সংক্ষেপ

---

## 10.1 প্রস্তাবনা

---

পূর্ববর্তী এককের সূত্র ধরে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর ব্যবহারগুলি হল—

- (i) ক্লোনিং প্রযুক্তির মাধ্যমে জিনের regulatory বা নিয়ন্ত্রণকারী সিকোয়েন্স নির্ধারণ,
- (ii) শিল্পে ব্যবহৃত ব্যাক্টেরিয়ার জেনেটিক নির্মাণ,
- (iii) কৃষিবিদ্যায় উন্নত উদ্ভিদ সৃষ্টি,
- (iv) ঔষধ প্রস্তুতি,
- (v) কৃত্রিম টিকা সংশ্লেষণ,
- (vi) জিন-থেরাপী।

জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর প্রধান দশাগুলি ব্যাক্টেরিয়ায় ও পরবর্তীকালে ইউক্যারিওট উদ্ভিদ ও জীবে কীভাবে করা হয় তাও পূর্ববর্তী 9 নম্বর এককে বলা হয়েছে।

এই এককে আপনি জানবেন এই পদ্ধতিগুলোর আরো বিস্তৃত বিবরণ, করা হবে সূক্ষ্ম বিষয়ে আলোকপাত, ব্যবহৃত উৎসেচক, DNA ভেক্টর, ক্লোনড জিনের পরিচালনা ও জিন ব্যাক্টের কার্যকারীতার practical tid bits এই তথ্যপ্রযুক্তির কার্যকারী নাম হল recombinant DNA technology (রিকম্বিনেন্ট DNA টেকনোলজি) অর্থাৎ মিশ্র বা রিকম্বিনেন্ট DNA তৈরি ও তা ব্যবহার করার প্রযুক্তি।

### উদ্দেশ্য

এই এককটি পাঠ করে আপনি হাতে কলমে জানতে পারবেন ও ব্যবহার করতে পারবেন জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং-এর কাজ :

- রেসট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েস, লাইগেস, পলিমােরেস প্রভৃতি উৎসেচক যা দিয়ে DNA-কে ভেঙেচুরে মনের মতো গড়া যায়।
- নতুন জিনটিকে ভেক্টরে প্রবেশ করানোর ব্যবস্থা ও সেই জিনটি সম্পর্কে তথ্য।
- ভেক্টর যার সাহায্যে ক্লোন করা হয়।
- cDNA লাইব্রেরীর গঠন ও ব্যবহার
- এই জ্ঞান আপনাকে ভবিষ্যতে গবেষণাগারে উচ্চশিক্ষায় সাহায্য করবে।
- নিজে বুঝে অন্যকে বোঝানো এবং সামাজিক সচেতনতার কাজ আপনি সহজেই করতে পারবেন।

## 10.2 যে উৎসেচকগুলি সাধারণত রিকম্বিনেন্ট DNA টেকনোলজির কাজে ব্যবহৃত হয়

টেবিল নং [1]-এ দেখে বুঝবেন যে :

(i) এন্ডোনিউক্লিয়েস জাতীয় উৎসেচক DNA টুকরোর অভ্যন্তরের নিউক্লিওটাজি সিকোয়েন্স ছিন্ন করে অর্থাৎ DNA-এর ভেতর দিক থেকে কাটে।

Restriction endonuclease জাতীয় উৎসেচকগুলি মিথাইলেশন করে (অর্থাৎ মিথাইল গ্রুপ জোড়ে) ও restriction অর্থাৎ DNA-এর দৈর্ঘ্য সীমাবদ্ধ রাখতে ব্যবহৃত হয়। এরা 3 প্রকারের (টেবিল নং [2])

কিছু সাধারণভাবে ব্যবহৃত রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েসের উদাহরণ (টেবিল [3] ও দেখুন) দেওয়া হল। এরা, লক্ষ্য করে দেখবেন, কিছু নির্দিষ্ট স্থানেই কাটে তাই যদি নির্দিষ্ট একটি জিন বা DNA। এর টুকরো কাটতে হয় তাহলে সেইমতে RE নির্দিষ্ট ঘনত্বে optimum concentration-এ ব্যবহার করলেই হবে। তবে লক্ষ রাখতে হবে সেই উৎসেচক দ্রবণটি যেন pure বা uncontaminated হয়।

(ii) DNA লাইগেস (ligase) জাতীয় উৎসেচকগুলি ব্যবহার হয় (i) অর্থাৎ RE দিয়ে কাটা DNA-এর অংশ জোড়া লাগাতে। জোড়া লাগে চিত্র নং [1]-এ দেখানো প্রক্রিয়ায়।

এই দুইয়ের সমন্বয়ে DNA ক্লোন করা সম্ভব। একক 9 এর 9.2.2 ও 9.2.3 অংশে এবং চিত্র নং [1], [2] এবং [3]-তে জিন ক্লোনিং পদ্ধতি আপনারা বুঝেছেন। এবার নির্দিষ্ট ও বিশেষ উপরোক্ত উৎসেচকগুলি এই কাজে কীভাবে ব্যবহার হয় তা এই এককের চিত্র নং [2]-তে দেখানো হল।

(iii) DNA পরিমারেস জাতীয় উৎসেচক বিভিন্ন ধরনের কাজ করলেও প্রধানত তাদের কাজ—

(a) DNA সংশ্লেষণ,

(b) DNA-কে বাইরে থেকে কাটা বা econuclease-এর কাজ,

(c) DNA ছাঁটার কাজ,

(d) নিক্ বা nick জোড়ার কাজ করে থাকে। টেবিল নং [4]-এ এদের প্রকারভেদ সম্বন্ধে তথ্য পাবেন।

(iv) অন্যান্য উৎসেচক—বিভিন্ন উদ্ভিদ প্রাণী বা প্রোক্যারিওটিক কোষ থেকে উৎপন্ন ভিন্ন ভিন্ন প্রকারের উৎসেচকগুলি ভিন্ন ভিন্ন কাজে ব্যবহার হয় যেমন—

- (a)  $PO_4^{3-}$  র্যাডিক্যালাট যুক্ত বা বিযুক্ত করতে,  
 (b) ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়া শুরু করতে প্রভৃতি। (টেবিল নং [5])  
 (v) নিউক্লিয়েস (nuclease) এই জাতীয় উৎসেচক SS (একটি তন্তু বিশিষ্ট বা single stranded RNA ও DNA কে বিভাজিত করতে, 'ভোতা প্রান্ত' বানাতে ও ডিলিশান (deletion) বা বিয়োজন শ্রেণির মিউটেশান (mutation) সৃষ্টি করতে কাজে লাগে। (টেবিল নং [8])।

### 10.3 আণবিক ক্লোন (Molecular cloning) করার পদ্ধতিসমূহ

আণবিক ক্লোন করার প্রক্রিয়া হল এমন এক *in vivo* (অর্থাৎ যা প্রাণীদেহের অভ্যন্তরে ঘটছে) পদ্ধতি যা একটি নির্দিষ্ট DNA-র টুকরো বৃহৎ পরিমাণে তৈরি করতে পারে। 4টি পদক্ষেপে এটি করা হয় :

(i) রিকম্বিনেন্ট ভেক্টর বানানো (*in vitro*) অর্থাৎ প্রাণীদেহের বাইরে ল্যাবরেটরী পেট্রিডিশিশে বা টেস্ট টিউবে করা হয়। একটি DNA-কে :

- |                   |   |                        |
|-------------------|---|------------------------|
| (a) কেটে          | } | দাতা বা বহিরাগত DNA    |
| (b) বদলে          |   | এবং ভেক্টর বা বাহক DNA |
| (c) জোড়া লাগিয়ে |   |                        |

(ii) হোস্ট কোষে রিকম্বিনেন্ট বাহকের প্রবেশীকরণ,

(iii) ভেক্টর আছে এমন কোষের selective propagation বা বাছাই করে বৃদ্ধিকরণ ও

(iv) ক্লোন করা হয়েছে যে বহিরাগত DNA-কে তাকে নিষ্কাশন ও বিশুদ্ধকরণ। (এটি বিস্তৃতভাবে একক 9-এর 9.2 অংশে আপনারা জেনেছেন)।

#### 10.3.1 উৎসেচকের ভূমিকা

**DNA-কে কাটার উপায় :**

(a) **Random cleavage** বা যত্রতত্র কাটে এমন পদ্ধতি যা যান্ত্রিক হতে পারে যেমন উচ্চতরঙ্গের শব্দের মাধ্যমে (sonication) জোরে ঘুরিয়ে (vortexing) বা রাসায়নিক হতে পারে যেমন : অম্ল বা ক্ষারের মাধ্যমে হাইড্রোলিসিস করে বা non specific এন্ডোনিউক্লিয়েসেব মাধ্যমে যা অনির্দিষ্টভাবে যে কোনো জায়গায় DNA-কে কাটতে পারে।

(b) নির্দিষ্ট স্থানে কেটে—RE দিয়ে

## II. প্রাপ্ত পরিবর্তন পদ্ধতিসমূহ :

(i) প্রাপ্ত পূরক এবং ছাঁটা যায়  $T_4$  DNA পরিমারেসের মাধ্যমে → ভেঁতা প্রাপ্ত তৈরি হয়।

(ii) আংশিক প্রাপ্তপূরক (Klenow) (ক্লেনো) DNA পরিমারেস দিয়ে → অন্য ধরনের আঠালো প্রাপ্ত তৈরি।

(iii) লিঙ্কার সংযোগ এবং রেস্ট্রিকশন উৎসেচক দ্বারা ছাঁটা → আঠালো প্রাপ্ত। (লিঙ্কার → চিত্র নং [3])

## III. DNA জোড়ার পদ্ধতি :

(i) আঠালো প্রাপ্ত জোড়া

(ii) ভেঁতা প্রাপ্ত জোড়া

(iii) হোমোপলিমার প্রাপ্ত যোগ করে জোড়া (চিত্র নং [1] দেখুন)

### 10.3.2 বহিরাগত DNA সম্বন্ধীয়

প্রয়োজনীয় যে DNA-র টুকরোটির ক্লোন করতে হবে সেটিকেই foreign বা বহিরাগত DNA বলা হয়।

### 10.3.2 উৎস

I. জিনোমিক DNA অর্থাৎ একটি প্রাণীর জিনোম বা সম্পূর্ণ জিন ভাণ্ডারের একটি অংশ বা একাধিক অংশ বা পুরোটাই ক্লোন করা হয়।

II. cDNA (complimentry)—এই DNA প্রস্তুত করা হয় mRNA template থেকে, reverse transcriptase নামক enzyme বা উৎসেচক দিয়ে।

ক্লোন করা হয়েছে সেটি

III. যার ক্লোন করা হয়েছে বা আগে ক্লোন করে নিষ্কাশিত DNA-র টুকরোটি

IV. PCR বা পরিমারেস চেন রিঅ্যাকশন এর উৎপন্ন DNA (PCR ও একটি DNA যার পরিমাণ অনেকগুণ বাড়ানো যায়। [PCR] সম্বন্ধে একক 11-এ জানবেন।

V. রাসায়নিক প্রক্রিয়ায় সংশ্লেষিত অলিগোনিউক্লিওটাইড বা অল্প সংখ্যক নিউক্লিওটাইড বেস্ বিশিষ্ট DNA র টুকরো।

#### 10.3.2.2.2 DNA ছেদনের প্রক্রিয়া—

10-এ 1 এর 1(a) এবং 1(b) অংশে দেখুন তৎসহ চিত্র নং [1]-এ দেখুন।

এছাড়া চিত্র নং [4] দেখুন।

#### 10.3.2.3 প্রাপ্তপরিবর্তনের উপায়—

চিত্র নং [4] এবং [5] দেখুন।

#### 10.3.2.4 DNA জোড়ার উপায়—

চিত্র নং [4]-এ দেখুন।

---

## 10.4 ক্লোন করার জন্য ভেক্টর বা বাহক

---

আণবিক ক্লোনিং এ দরকার হয় বহিরাগত DNA-কে রেপ্লিকেশন প্রক্রিয়ার মাধ্যমে হোস্ট কোষের অভ্যন্তরে বহুগুণ করার পদ্ধতি। কিন্তু যেহেতু বহিরাগত বা donor বা foreign donor-র origin of replication বা রেপ্লিকেশনের উৎসটি থাকে না, (Block I একক 5-এ আপনি রেপ্লিকেশন বিষয়ে জেনেছেন) সেহেতু একটি বাহকে সেটিকে জুড়তে হবে যা তার সেই অভাবপূরণ করবে। সেই বাহকটিতে ক্লোনিং ভেক্টর (cloning vector) বলা হয়। এটি প্লাসমিড, ফাজ বা ক্রোমোসোমের থেকে প্রাপ্ত হতে পারে। (একক 9-এই বিষয়ে আপনি কিছুটা জেনেছেন)।

এদের এই চারিত্রিক গুণাবলীগুলি প্রয়োজন—

(i) তারা এপিসোমাল (episomal) অর্থাৎ হোস্ট জিনোমে তারা মিশে যায় না। প্রয়োজনে তাদের আলাদা করে বের করে নেওয়া যায়,

(ii) স্বয়ং তারা রেপ্লিকেশন করতে পারে কারোর সাহায্য ছাড়াই;

(iii) Copy number বা অনুলিপির সংখ্যা অধিক হওয়ার জন্য foreign বা বহিরাগত DNA-টির বহুগুণীকরণ সহজেই সম্ভব;

(iv) তারা ভেক্টরযুক্ত কোষগুলিকে ভেক্টরবিহীন কোষের থেকে স্বতন্ত্রীকরণে সাহায্য করে;

(v) তারা রিকম্বিনেন্ট ভেক্টরযুক্ত কোষগুলিকে আলাদাভাবে চিনতে ও আলাদা করে নিতে সাহায্য করে;



(vi) বহুগুণবিশিষ্ট—

- (a) দরকার মতো ক্লোনিং অঞ্চল আছে, অর্থাৎ ভিন্ন ভিন্ন রকমের DNA অন্তর্ভুক্ত করার অঞ্চল আছে।
- (b) অ্যান্টিবায়োটিক প্রতিরোধ জিন আছে ও
- (c) অন্যান্য নিজেদের উদ্দেশ্যের উপযোগী কারিগরি দক্ষতাসম্পন্ন।

প্রাকৃতিক প্লাসমিড এবং ব্যাক্টেরিওফাজ উন্নত ভেক্টরের কাজ করতে পারে না কারণ তাদের একের বেশি ক্লোনিং অঞ্চল না থাকার দরুন versatility বা বহুমুখী পারদর্শীতা থাকে না। তাই কৃত্রিমভাবে insertional বা replacement ভেক্টর গঠন করা হয়। (চিত্র নং [6])।

#### 10.4.1 সাধারণ বা যে কোনো ধরনের কাজের জন্য

##### A. প্লাসমিড ভেক্টর (plasmid vector)

1. প্রাকৃতিকভাবে পাওয়া যায়।

অনেকগুলি কপি পাওয়া যায় (টেবিল নং [7])।

2. হোস্টে প্রবেশ করে নগ্ন প্লাসমিড DNA-এর ট্রান্সফর্মেশনের দ্বারা। অনেক সময় কৃত্রিমভাবে রাসায়নিক বা বৈদ্যুতিক শক্তির সাহায্যেও প্রবেশীকরণ হয়।

3. ভেক্টর চেনার উপযোগী অ্যান্টিবায়োটিক প্রভৃতি প্রতিরোধকারী মার্কার জিন থাকে।

4. দাতা DNA-এর আয়তন সাধারণত  $\rightarrow$  0-20kbp হয়। তবে 5-10 kbp-এর অধিক আয়তনের insertional vector-গুলি স্থিতিশীল হয় না।

5. সাবক্লোন করতে, প্রোমোটারের পর থেকে নিজস্ব দরকার অনুযায়ী উপযোগী করে নেওয়া যায়, cDNA ক্লোন করতে ব্যবহার হয়, ট্রান্সক্রিপশন ভেক্টর জিনে প্রকাশে সাহায্য করে।

##### B. ফাজমিড (Phagemid vector) ভেক্টর—

1. প্লাসমিড রেপ্লিকন + অতিরিক্ত বা বাড়তি ব্যাক্টেরিওফাজ  $M_{13}$  বা সমতুল্য ফাজের রেপ্লিকেশনের উৎস (Origin of replication) বিশিষ্ট

2. প্লাসমিডের মতোই ভেক্টর বাছাই।

3. রিকম্বিনেন্ট বাছাইও প্লাসমিডের মতো।

4. Foreign DNA-এর আয়তনও অনুরূপ।

5. একতন্ত্র বিশিষ্ট DNA বানানোই প্রধান কাজ।

### C. ব্যাক্তিরিওফাজ ল্যামডা ভেক্টর (Bacteriophage Lambda $\lambda$ vector)

1. ব্যাক্তিরিওফাজ ল্যামডা ( $\lambda$ ) থেকে সৃষ্টি হয়েছে।

2. হোস্ট কোষে প্রবেশ :

(a) নগ্ন DNA-কে ট্রান্সফেক্ট করে,

(b) রিকম্বিনেন্ট ফাজকে *in vitro*  $\lambda$  ক্যাপসিডের মধ্যে প্রবেশ ও প্রাকৃতিক ইনফেকশন পথে বহিরাগত DNA-এর ট্রান্সডাকশন।

3. Lytic phase অর্থাৎ যে ফাজ বা ভাইরাসগুলি ব্যাক্তিরিয়ার কোষকে ফাটতে পারে, তারা ব্যাক্তিরিয়ার বসতির পরে প্লাক্ (plaque) তৈরি করে।

4. বাছাই করণ :

(a) স্বচ্ছ বনাম অস্বচ্ছ প্লাক সৃষ্টি,

(b) নীল বনাম সাদা প্লাক সৃষ্টি,

(c) *Spi*-বাছাইকরণ।

(d) হল এমন কৃত্রিম প্লাসমিড যার মধ্যে lac Z জিন যা  $\beta$  গ্যালাক্টোসাইডের অংশ বানায় ( $\lambda$  পেপ্টাইড)। পুরো উৎসেচকটি তৈরি হলেই মাত্র সে একটি বর্ণ দেয় অর্থাৎ substrate X-gal এক একটি নীল রঙের পদার্থে রূপান্তরিত করে। এটি সম্ভব শুধু মাত্র  $\alpha$  কমপ্লিমেন্টেশন হয়ে জিনটি সম্পূর্ণ হলে পারেই। রিকম্বিনেন্ট ভেক্টরে লিঙ্কার জিনগুলি বহিরাগত DNA এর নিষ্ক্রিয়করণ করলে পরে সাদা রিকম্বিনেন্ট নয় এমন কোষগুলি নীল কলোনী বানায়। (a) এবং (c) এমনি কিছু জিনের সক্রিয়করণ বা নিষ্ক্রিয়করণের ফলেই রিকম্বিনেন্ট ভেক্টরের থেকে নন-রিকম্বিনেন্ট ভেক্টরকে বাছাই করতে হয়।

5. Donor DNA-এর আয়তন  $\rightarrow$  0-10 kbp (insertion vector এ) এবং 9-23 kbp (replacement vector এ)।

6. cDNA ক্লোন করতে, ব্যাক্স বা লাইব্রেরী গঠনে, ফাজের চেহারা দেখে বাছাইয়ের কাজে লাগে insertion vector-গুলি ও। জিনোমিক লাইব্রেরী বানাতে কাজে লাগে replacement vector গুলি।

### D. কস্মিড ভেক্টর (Cosmid vector)

1. ব্যাক্তিরিওফাজ  $\lambda$  এর cos অঞ্চলটি আছে এমন প্লাসমিড।

2. *in vitro* রিকম্বিনেন্ট কস্মিডকে  $\lambda$  ক্যাপসিডে (ভাইরাসের ছয় কোণবিশিষ্ট প্রোটিন নির্মিত মাথা) প্রবেশ করানো হয় ও তারপর স্বাভাবিক প্রাকৃতিক পথে ইনফেক্ট করা হয়।

3. প্লাসমিডের মতোই ভেক্টর বাছাই প্রক্রিয়া।

4. চোখে দেখা যায় এমন মার্কার বা চিহ্ন দেখে ন্যূনতম ভেক্টর আয়তন বাছাই করা যায়।
5. Donor DNA-র আয়তন 30-45 kbp 75-100% স্বাভাবিক (wild type)  $\lambda$  জিনোমের আয়তনের ওপর নির্ভর করে প্লাক তৈরি হয় ও সেই অনুযায়ী insertional vector বাছাই করা হয়।
6. জিনোমিক লাইব্রেরী গঠনই প্রধান কাজ।

#### 10.4.2 বিশেষ কাজের জন্য ব্যবহৃত উন্নত ক্ষমতা সম্পন্ন ক্লোনিং ভেক্টর

##### A. BAC বা (Bacterial Artificial Chromosomes) ব্যাক্টেরিয়ার কৃত্রিম ক্রোমোজোম—

1. *E. Coli*-এর F প্লাসমিড থেকে সৃষ্টি।
2. বৈদ্যুতিক উপায়ে কোষের পর্দায় প্রবেশদ্বার সৃষ্টি করে ভেক্টরকে কোষে প্রবেশ করানো হয়।
3. প্রধান বা প্রবল গুণ বিশিষ্ট (dominant) জিনের প্রকাশ নিরূপণ করে বাছাই করা হয়। যেমন : অ্যান্টিবায়োটিক প্রতিরোধকারী জিন যদি রিকম্বিনেন্ট ভেক্টরে থাকে তাহলে তা প্রবল ও তাই, শুধুমাত্র সেই সব কোষই অ্যান্টিবায়োটিক মাধ্যমে থাকলেও বেঁচে থাকে যাদের মধ্যে ভেক্টর ঢুকেছে।
4. Donor DNA আয়তন 300 kbp-এর বেশি।
5. বৃহৎ জীনোম এর analysis করতে ব্যবহার হয়।
6. বহিরাগত DNA-র উৎপাদন খুব বেশী নয় কারণ ভেক্টরটির 1 বা 2 টি কপি প্রত্যেক কোষে বর্তমান।

##### B. PAC বা (P1 vectors and P1 artificial chromosomes) P1 কৃত্রিম ক্রোমোসোম—

1. ব্যাক্টেরিওফাজ P1 থেকে গঠিত।
2. *in vitro* পুরে দিয়ে ট্রান্সডাকশন করা হয়।
3. Dominant selectable marker বা প্রবল গুণ বিশিষ্ট মার্কার জিনের উপস্থিতির দ্বারা ভেক্টর বাছাই করা হয়।
4. রিকম্বিনেন্ট ভেক্টর বাছাই করা হয় lethal বা মারক কোনো জিনের উপস্থিতি পরিলক্ষিত করে।
5. Donor DNA-র আয়তন প্রায় 100 kbp বা তার ধারে কাছে।
6. বৃহৎ জীনোমের সম্বন্ধে জ্ঞান অর্জনের জন্যই প্রধানত ব্যবহার হয়।
7. অল্প সংখ্যক কপি থাকে তবে P1 ফাজের লাইটিক (lytic) চক্রে অধিকগুণ বর্ধন সম্ভব।

### C. YAC বা (Yeast artificial Chromosome) ইস্টনামক ছত্রাকের

ক্রোমোজোম থেকে সৃষ্ট—

1. *Sachcharomyces cerevisiae* (এক জাতীয় ছত্রাক) এর সেন্ট্রোমেরার এবং টেলিমেয়ারও স্বয়ং রেপ্লিকেশন করে এমন সিকোয়েন্সের সমন্বয়ে গঠিত।
2. হোস্ট কোষে প্রবেশ করানো হয় ইস্ট ছত্রাকের স্ফারোপ্লাস্ট (spheroplast)-এর মাধ্যমে।
3. ন্যূনতম আহার দেয় এমন মাধ্যমে বাঁচে কলোনী সেখানে বাছাই করার গুণাবলীর দ্বারা বাছাই করা হয়। যেমন—অ্যান্টিবায়োটিক প্রতিরোধক্ষমতা, মাধ্যমের অক্সোট্রফি (auxotrophy) প্রভৃতি।
4. Donor DNA-এর আয়তন 2000 kbp থেকে বেশি হয়।
5. বৃহৎ জিনোমের সমীক্ষা ও YAC ট্রান্সজেনিক ইঁদুর সৃষ্টি করতে ব্যবহৃত হয়।
6. এদের সবচেয়ে বেশি ক্ষমতা সম্পন্ন ভেক্টর মানা হলেও স্বয়ং বা স্বতঃস্ফূর্তভাবে বিয়োজন ঘটে থাকে। অল্পসংখ্যক কপি থাকে।

---

## 10.5 জিন বিচ্ছিন্নকরণের প্রক্রিয়া

---

সফলভাবে ভেক্টর প্রস্তুত, কোষে প্রবেশ, ক্লোন গঠন হবার পর জিনটিকে সেই হোস্ট কোষ থেকে নিষ্কাশণ ও বিশুদ্ধীকরণ জরুরী।

### 10.5.1 বিভিন্ন উৎস থেকে DNA-র টুকরো উদ্ধার

সঠিক জিনটি ভেক্টরে প্রবেশ করেছে কিনা এবং সেই রিকম্বিনেন্ট ভেক্টরটি কোষে প্রবেশ করেছে কিনা জানতে প্রধানত যে বাছাইকরণ প্রক্রিয়া ব্যবহার করা হয় তা চিত্র নং [7] এ দেখুন।

বহিরাগত DNA টি বাছাই করার জন্য নির্দিষ্ট target sequence ঠিক করা হয়। এবার probe বা অনুসন্ধানকারী cDNA (complementary DNA) যা DNA যেমন ATGCCA এর জন্য TACGGT এবং mRNA যেমন ATGUUA র জন্য TACGGT হতে পারে যা তেজস্ক্রিয় আইসোটোপ যেমন <sup>32</sup>P দ্বারা চিহ্নিত করে ব্যবহার করা হয় আমাদের দরকারি জিনটিকে যাকে ক্লোন করা হল তাকে খুঁজে বের করতে।

### 10.5.2 জিনোমিক লাইব্রেরী ও cDNA লাইব্রেরী—

**A. জিনোমিক লাইব্রেরী—**হল এমন একটি DNA-এর সংগ্রহশালা যার মধ্যে একটি জিনোমের সমস্ত প্রতিনিধি DNA র টুকরো (একটি নির্দিষ্ট ক্লোনের উৎস থেকে) আছে এবং স্বভাবতই এই DNA-গুলি ভেক্টরের মাধ্যমে ক্লোন করা হয়েছে। এই জাতীয় DNA ব্যাঙ্কে সমস্ত জিনোমের (বিশেষ একটি প্রাণীর) DNA থাকে। একটি জিনোমের

আয়তন এবং একটি নির্দিষ্ট অঞ্চলে দরকারি জিনটি থাকার সম্ভাবনা লাইব্রেরীর আয়তন নির্ধারণ করে থাকে। যেমন, যদি একটি জিনের ক্রোমোসোম লোকাস জানা থাকে তবে তার ক্রোমোসোম নির্দিষ্ট জিনোমিক লাইব্রেরী গঠন করা সম্ভব।

### B. cDNA লাইব্রেরী বা ব্যাঙ্ক—

cDNA গঠন কীভাবে হয় তা আপনারা দেখেছেন একক 9-এর চিত্র নং 9। এবার সেই cDNA-গুলি দিয়ে লাইব্রেরী গঠনের গুণাবলী হল :

(i) cDNA ব্যাঙ্কে mRNA র একটি উৎস এমনভাবে থাকে যাতে কিছু সিকোয়েন্স প্রচুর পরিমাণে ও কিছু খুব অল্পমাত্রায় পাওয়া যায়। তাই শুধু সেই সমস্ত দ্বিতন্ত্র বিশিষ্ট DNA ক্লোন থাকে (অবশ্যই mRNA র complementary) যার কিছু সিকোয়েন্স অতিমাত্রায় থাকে ও কিছু আদৌ থাকে না। বিভিন্ন কোষ থেকে গঠিত (বিভিন্ন বৃদ্ধির পর্যায়ে বা বিভিন্ন পরিবেশ লালিত কোষ) হয় cDNA লাইব্রেরী যাতে কিছু সাধারণ ও কিছু দুর্লভ বা অদ্বিতীয় সিকোয়েন্স থাকে। বিভিন্নভাবে এক্সপ্রেস করা হয়েছে এমন জিন নিষ্কাশনে উপযোগী হয়।

(ii) শুধুমাত্র প্রকাশিত DNA, থাকে cDNA ব্যাঙ্কে। তাতে তাই ইন্ট্রন (intron) থাকে না বা নিয়ন্ত্রণকারী সিকোয়েন্স বা আন্তঃ জিন (DNA) থাকে না। জিনের আকৃতি ও প্রকৃতি বিশ্লেষণে তাই cDNA ব্যাঙ্ক খুব একটা কার্যকরী নয়। জীনোমিক ক্লোনের তুলনায় এর ক্লোনগুলি আয়তনেও ছোট। তাই আলাদা কিন্তু ঘাড়ে ঘাড়ে (overlapping) এমন cDNA ক্লোনই প্রধানত পাওয়া যায়।

(iii) হাইব্রিডাইসেশন পদ্ধতিতে বাছাই করা যায়।

(a) ক্রিয়াগত বাছাই যা একটি জিনের কাজ থেকে নির্ধারিত।

(b) আকৃতি বা স্থানগত বাছাই বা জিনটি ক্রোমোসোমের কোন অঞ্চলে আছে তা থেকে নির্ধারিত।

(iv) cDNA ব্যাঙ্ক গঠন—একক 9 চিত্র নং [1] এ বিস্তৃতভাবে বর্ণিত। এখানে চিত্র নং [4] এ দেখানো হল।

---

## 10.6 সারাংশ

---

এই এককে আপনি জানলেন

● রিকম্বিনেন্ট DNA টেকনোলজি যার আপনি এর আগের এককে পরিচয় পেয়েছেন, তার বিস্তৃত কার্যপদ্ধতি, কারিগরি কলাকৌশল।

● উৎসেচক যা r DNA টেকনোলজির কাজে হাতে কলমে ব্যবহার হয় তাদের প্রকৃতি, কোথায় কেন ও কীভাবে তারা ব্যবহৃত হয় ও তাদের প্রয়োগ কৌশল।

- বহিরাগত বা donor DNA কী, কত রকমের উৎস থেকে পাওয়া যায় ও কী কাজে লাগে।
- ডেস্ট্রের তার প্রবেশ পদ্ধতির বিস্তৃত বিবরণ ও বিক্রিয়া।
- ডেস্ট্রের সম্পর্কিত তথ্য, শ্রেণি বিভাগ ও ক্রিয়াদক্ষতা।
- জিন ব্যাঙ্ক কী এবং তন্মধ্যে CDNA লাইব্রেরীর গঠন প্রক্রিয়া ও তার কার্যকারিতা।

---

## 10.7 অনুশীলনী

---

### 1. শূন্যস্থান পূর্ণ করুন—

(a) রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েস Type II টির নিম্নলিখিত গুণাবলী বর্তমান :

- (i) অনির্দিষ্ট কাটার জায়গা
- (ii) 5–7 p অসমান সিকোয়েন্সযুক্ত
- (iii) 4-6 bp অনেকাংশে প্যালিনড্রোম
- (iv) নির্দিষ্ট কাটার জায়গা চেনা অঞ্চল থেকে দূরে।

(b) SI নিউক্লিয়েস—

- (i) এক তন্তু বিশিষ্ট DNA কাটে
- (ii) cDNA তৈরিতে প্রয়োজনীয়
- (iii) উপরোক্ত দুটিই
- (iv) কোনোটিই নয়।

(c) DNA লাইগেস

- (i) DNA জোড়া লাগায়
- (ii) ফসফোডাইএসটার বন্ধন ভাঙে
- (iii) নিউক্লিওটাইড বেস সরায়
- (iv) নিউক্লিওটাইড বেস আনে

(d) রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েসের উদাহরণ

- (i) Pst I
- (ii) Eco RI
- (iii) Bam H I
- (iv) সবকটিই

2. (✓) বা (x) চিহ্ন দিয়ে মতামত নির্দেশ করুন :

- (a) সাবক্লোনিং পদ্ধতিটি ব্যবহার হয় ব্যাক্টেরিয়া ও ইউক্যারিওটে নিয়ন্ত্রণকারী সিকোয়েন্সগুলি নির্ধারণ করতে।
- (b) *Pseudomonas fluorescense* কৃষিশিল্পে অভূতপূর্ব সাহায্য করে।
- (c) Ti প্রাসমিড প্রাণীতে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর কাজে লাগে।
- (d) অ্যান্টিবায়োটিক রেসিস্টেন্স মার্কারটি ডমিনেন্ট বা প্রবল সিলেক্টিভ মার্কার।
- (e) E. coli বা ইস্ট ভেক্টরের কাজ করে।
- (f) রেট্রোভাইরাস ও অ্যাডিনোভাইরাস জিন থেরাপীতে ব্যবহৃত দুটি ভেক্টর।

3. এককথায় উত্তর দিন :

- (a) জিনোমিক ও cDNA লাইব্রেরী প্রধান তফাত হল .....।
- (b) EcoRI কাটে .....।
- (c) Klenow পলিমারেস হল .....।
- (d) T<sub>4</sub> ও T<sub>7</sub> পলিমারেসের উৎস গুলি .....।
- (e) CIP এর পুরো নাম .....।
- (f) PBR 322 একটি .....।

4. টেবিল দুটি পরস্পরের সঙ্গে মেলান :

**Table A**

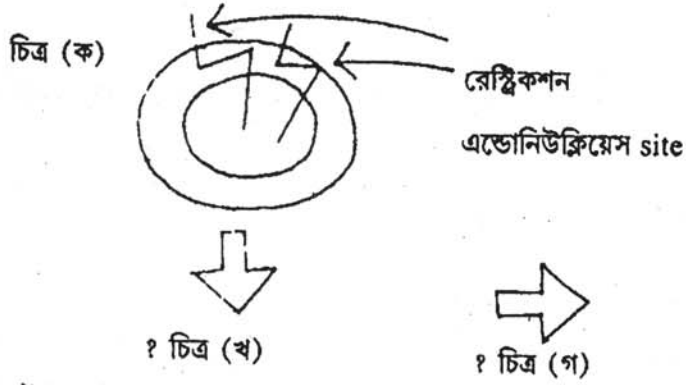
- 1. R প্রাসমিড
- 2. Ti প্রাসমিড
- 3. ক্রীপটিক প্রাসমিড
- 4. ব্যাক্টেরিওসাইনোজেনিক প্রাসমিড
- 5. F প্রাসমিড

**Table B**

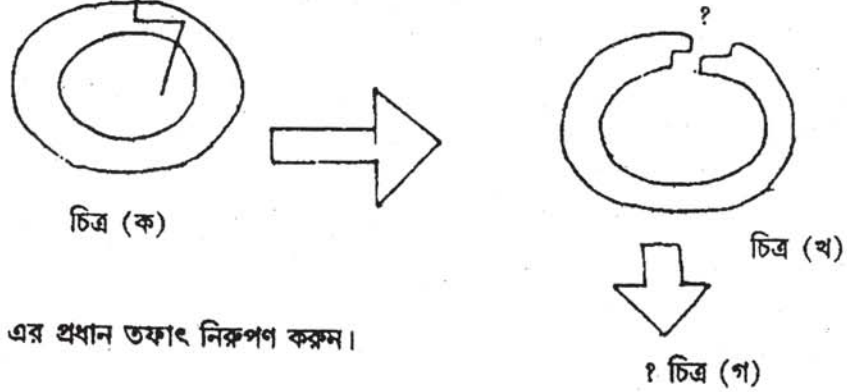
- 1. *Agrobacterium tumefaciens*
- 2. টক্সিন উৎপন্ন করে
- 3. জনন ক্ষমতা সম্পন্ন
- 4. মরিসভীল
- 5. রোগপ্রতিরোধ ক্ষমতাসম্পন্ন

5. চিত্রটি সম্পূর্ণ করুন :

(A) রিপ্লেসমেন্ট ভেক্টর

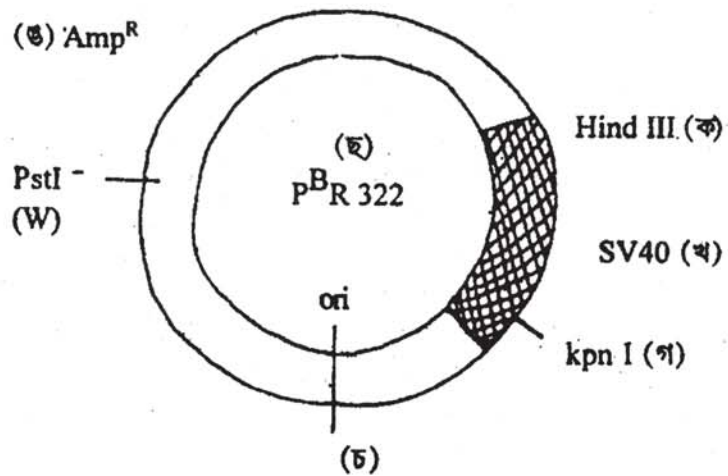


(B) ইন্টারশন ভেক্টর RE স্থান



[C] A ও B এর প্রধান তফাৎ নিরূপণ করুন।

6. চিত্রটির বিভিন্ন চিহ্নিত অংশ কি কি বলুন।





---

## 10.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

---

1. সাধারণভাবে ব্যবহৃত রিকম্বিনেন্ট DNA টেকনোলজির উৎসেচকগুলি কী কী? উৎস ও ক্রিয়ার ভিত্তিতে টেবিল আকারে লিখুন।
2. তিনধরনের রোস্ট্রিকশন এন্ডো নিউক্লিয়েসের কয়েকটি তফাত নিরূপণ করুন। এদের মধ্যে কোনটি আপনার মতে সবচেয়ে সুবিধাজনক?
3. ক্লোনিং পদ্ধতিটি বিস্তৃতভাবে ছবির মাধ্যমে বর্ণনা করুন।
4. ক্লোন বাছাইয়ের প্রক্রিয়াগুলি কী কী?
5. ক্লোনিং ভেক্টর কী? তাদের দরকারি গুণাবলী কী কী? তা কেন এই পদ্ধতির সাফল্যের জন্য প্রয়োজন বলে আপনি মনে করেন?
6. DNA ছেদন, প্রাপ্ত পরিবর্তন ও জোড়া লাগানো উপায়গুলি কি? ব্যবহৃত উৎসেচকের উল্লেখ করে প্রক্রিয়াগুলি বিস্তৃত বিবরণ দিন।
7. বহিরাগত DNA টি কোন্ কোন্ উৎস থেকে প্রাপ্ত হতে পারে?
8. এমন একটি অবস্থার অবতারণা করুন ও তাতে কোন কোন পদ্ধতির আপনি সাহায্য নেবেন সাফল্য প্রাপ্তির জন্য এবং কেন তা উল্লেখ করুন—
  - a. এমন একটি 5-10 bp বিশিষ্ট জিন সংগ্রহ করুন যা ছোট একটি পেপটাইড সংশ্লেষণ করে। কেমন করে করবেন?
  - b. এই জিনটিকে আপনি একটি কোষে এক্সপ্রেস করবেন যা সরল প্রোটিন সংশ্লেষণে পারদর্শী। কোন কোষ?
  - c. ক্লোনটিকে কোন্ ভেক্টর দ্বারা উপরোক্ত কোষে প্রেরণ করবেন?
  - d. ট্রান্সফর্মেশন হয়েছে কিনা বুঝবেন কি করে?
  - e. ক্লোনটি বাছাই করে আলাদা করে পরবর্তীকালে এক্সপ্রেস করবেন কী করে?
9. cDNA ব্যাঙ্ক সম্পর্কে যাবতীয় তথ্য দিন।
10. কৃত্রিমভাবে অলিগোনিউক্লিওটাইড নির্মাণের উপায় কী?

---

## 10.9 উত্তরমালা

---

### 10.9.1 অনুশীলনীর উত্তর

1. (a) (iii), (b) (iii), (c) (i), (d) (iv)

2. A ✓ (b) ✓ (c) × উদ্ভিদে।

(d) ✓ (3) × এরা হোস্ট কোষ যার ট্রান্সফর্মেশন হয়।

(f) ✓

3. (a) প্রথমটিতে পুরো জিনোম ও দ্বিতীয়টিতে ছোটো ছোটো cDNA সিকোয়েন্স থাকে।

(b) G ও A এর মধ্যে।

(c) *E. coli* এর DNA পলিমারেস থাকে প্রোটিনেস দিয়ে দ্বিখণ্ডিত করা হয়েছে ও যাতে 5' এক্সোনিউক্লিয়োসক্রিয়াটি অনুপস্থিত।

(d) T<sub>3</sub> এবং T<sub>4</sub> ফাজ যথাক্রমে

(e) কাফ ইন্টেস্টিনাল ফস্ফাটেস্।

(f) PBR 322 একটি রিকম্বিনেন্ট প্লাসমিড।

4. **Table A**

1.

2.

3.

4.

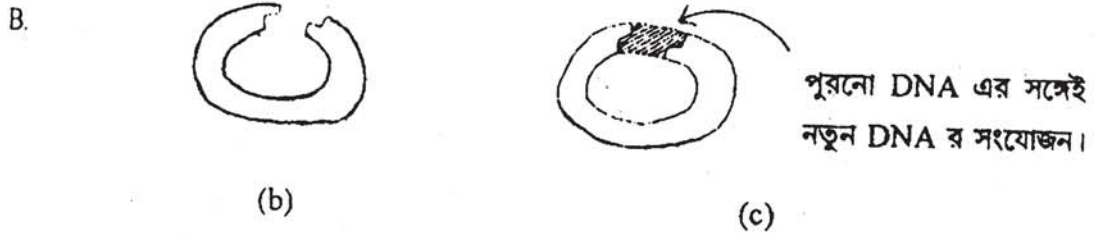
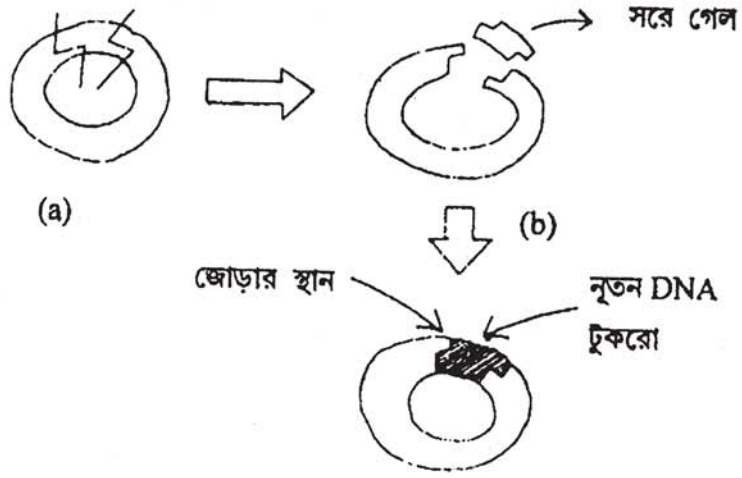
**Table B**

5.

1.

4.

2.



C.A. তে পরিবর্তন }  
B তে সংযোজন } নতুন DNAs র

6. (a) Hind III উৎসেচকের কাটার স্থান

(b) kpn I " " "

(d) Pst I " " "

উপরোক্ত সব কটি রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েস।

(b) SV40 সিমিয়ান ভাইরাসের জিনোমের অংশ

(g) PRB 322 একটি রিকম্বিনেন্ট প্লাসমিড যার সঙ্গে (খ) অংশ জোড়া হয়েছে।

(f) রিপ্লিকেশনের উৎসস্থল।

## 10.9.2 সর্বশেষ প্রশ্নাবলীর উত্তরসঙ্কেত

1. 10.2 অংশ ও সেই অংশের টেবিল নং [1] দেখুন।

2. টেবিল নং [2] দেখুন। এবার এতক্ষণ যা পড়লেন ও বুঝলেন তা থেকে আপনিই নিজে বিচার করুন কোনটি অধিক সুবিধাজনক। অবশ্যই উত্তরটি পারস্পরিক সম্বন্ধযুক্ত ও আপনি যে ধরনের কাজে একে ব্যবহার করতে চান তার প্রয়োজনের ওপর নির্ভরশীল।

3. একক 9 এর কিছু অংশ বিশেষ করে চিত্র নং [1] ও [2] এই এককের চিত্র নং [2] তারপরের চিত্র নং [7] থেকে প্রয়োজনীয় অংশ তুলে আপনি নিজে রচনা করতে পারবেন। যতটা detail তথ্য দেবার প্রয়োজন আপনি মনে করেন ততটিই দেবেন।

4. চিত্র নং [7] B ও C এবং 10.4.1 ও 10.4.1 অংশে ভেক্টরের বর্ণনায় পাবেন।

5. 10.4 অংশে দেখুন। প্রশ্নের কোষ অংশটি কিন্তু আপনি নিজে বিবেচনা করে লিখবেন প্রাপ্ত তথ্যের সাহায্য মাত্র নিয়ে।

6. 10.3.2.2, 3 ও 4 অংশে দেখুন।

7. 10.3.2.1 অংশে দেখুন।

8. (ক) আপনি cDNA বা রাসায়নিক পদ্ধতিতে অলিগোনিউক্লিওটাইড সংশ্লেষণ করতে পারেন, সাবক্লোন করতে পারেন।

(খ) সাধারণত ছোটো পিপটাইড সংশ্লেষণ করতে *E. Coli* নেওয়া হয়।

(গ) প্রাকৃতিক প্লাসমিড ভেক্টর বা রিকম্বিনেন্ট প্লাসমিড হতে পারে। 10.4.1 অংশে প্রদত্ত Donor DNA র আয়তন দেখে ঠিক করুন।

(ঘ) মার্কার পাঠান ভেক্টরের সঙ্গে। Dominant selection marker যার সম্বন্ধে তথ্য আপনি পাবেন 10.4 ও 10.5 অংশে ব্যবহার করুন যেটি আপনি সুবিধাজনক মনে করেন।

(ঙ) 10.5 অংশে দেখুন। কোনো শক্তিশালী প্রোমোটারের সাহায্যে (যা আপনি ভেক্টরে প্রেরণ করেছিলেন) এক্সপ্রেস করতে পারেন।

9. 10.5.1. এর B অংশে দেখুন।

10. চিত্র নং [5] F দেখুন।

টেবিলমালা

টেবিল নং [1]

রিকম্বিনেন্ট DNA টেকনোলজিতে ব্যবহৃত উৎসেচকগুলি :

উৎসেচক	উৎস/ক্রিয়া
I. রেস্ট্রিকশান এন্ডোনিউক্লিয়েস (Restriction endonuclease)	ব্যাঙ্কিরিয়া, ছত্রাক। নির্দিষ্ট স্থানে DNA কে কাটতে ব্যবহার হয়। DNA ও cDNA ক্লোন করতে। এরা মিথাইলেশনও করে থাকে।
II. DNA লাইগেস (DNA ligase)	জিনকে ক্লোন করে ব্যাঙ্কিরিয়া কোষে ট্রান্সফর্ম করতে। 5'P ও 3'OH প্রান্তের মধ্যে। 1টি ফসফোডাইএসটির বন্ধ সংস্থাপন catalyse করে। DNA বস্তুতঃ জোড়া লাগায়।
III. DNA পলিমারেস (DNA polymerase)	টেবিল নং [4] এ বিস্তৃত বিবরণ
IV. অন্যান্য উৎসেচক (টেবিল নং [5] এ)	যেমন CIP, T <sub>4</sub> পলিনিউক্লিওটাইড কাইনেস প্রভৃতি পলিনিউক্লিওটাইড
V. নিউক্লিয়েস (টেবিল নং [6] এ)	

টেবিল নং [2]

রেস্ট্রিকশন উৎসেচকের প্রকারভেদ

(রেস্ট্রিকশন ও মিথাইলেশন ক্রিয়া একত্রে অথবা আলাদা হতে পারে)।

	Type I	Type II	Type III
প্রোটিন আকৃতি	3 ক্ষুদ্রতর	আলাদা	২ ক্ষুদ্রতর
unit বিশিষ্ট	এন্ডোনিউ		unit বিশিষ্ট
দিক্রিয়া	দিক্রিয়া	ক্রিয়েস্	দিক্রিয়া
যুক্ত।	যুক্ত।	ও মিথাইলেস্	যুক্ত।
চেনার	দুই সমান	4-6 বেস	5-7 bp
অঞ্চল	অংশে	পেয়ার	অসমান

	Type I	Type II	Type III
(recognition site)	বিভক্ত	সিকোয়েন্স, অনেকাংশে প্যালিভেমিক।	সিকোয়েন্স
কাটার	অনির্দিষ্ট	চেনার অঞ্চলে	24-26 bp down
জায়গা	> 1000 bp	বা তার কাছে	stream চেনার
(cleavage site)	চেনার অঞ্চল থেকে দূরে।		অঞ্চল থেকে
রেস্ট্রিকশন ও মিথাইলেশন	পরস্পর সম্বন্ধহীন	আলাদা বিক্রিয়া	একসঙ্গে।
রেস্ট্রিকশন ক্রিয়ায় ATP লাগে?	হ্যাঁ	না	হ্যাঁ

টেবিল নং [2] B

রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েসের নামকরণ :

1. ব্যাক্টেরিয়া (উৎস)

*Escherichia Coli*

2. Strain (জাত)

RY 13

3. পারস্পর্য

III (অর্থাৎ 2টি উৎসেচক এর আগে এর থেকে সৃষ্টি হয়েছে)

∴ [EcOR III] নামকরণ।

টেবিল নং [2] C.

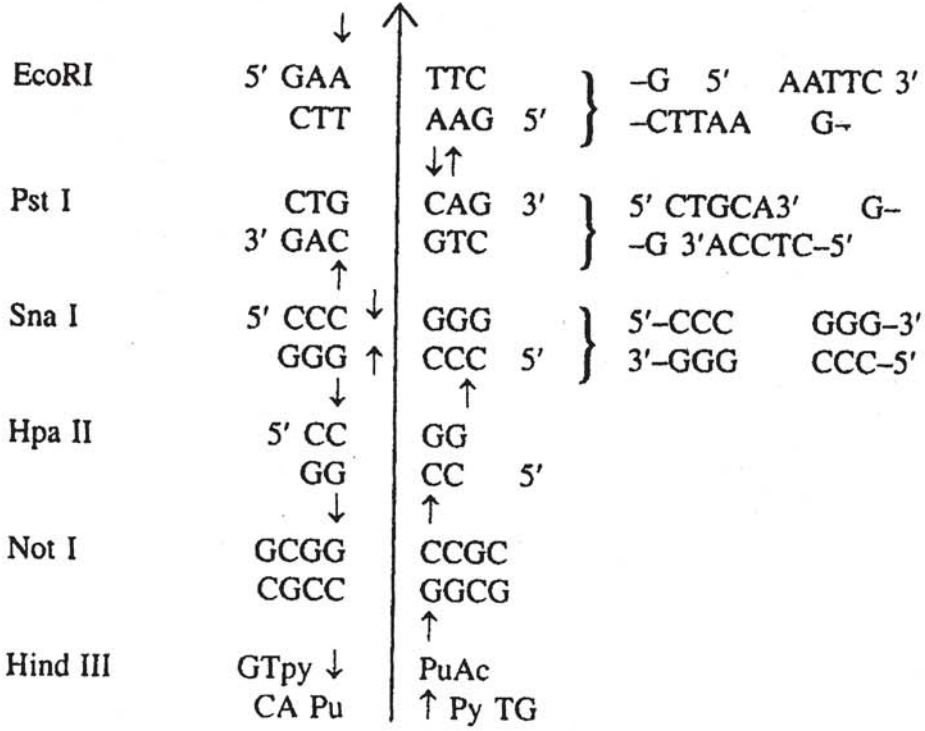
RE আবিষ্কারকের ইতিহাস :

1960 তে ওয়ার্নার আর্বার সহকর্মীরা দেখলেন কিছু ব্যাক্টেরিয়ার উৎসেচক তার ওপর ফাজের আক্রমণ হতে দেয় না কারণ তারা ভাইরাসের DNA কে কেটে উৎসেচকগুলি এবং তারা কিছু নির্দিষ্ট বেস সিকোয়েন্সেই কাটে। এরাই রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েস দেয়।

টেবিল নং [3]

কিছু বহুলব্যবহৃত রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েসের চেনার ও কাটার অঞ্চলগুলি :

RE (উৎসেচক) (recognition site) (চেনার ও কাটার স্থান)



Pu → পিউরিন জাতীয় বেস

Py → পাইরিমিডিন জাতীয় বেস সমান্তরাল মেরুরেখা

টেবিল নং [4]

DNA পলিমারেস বিভিন্ন প্রকারের, তাদের ক্রিয়া ও ভিন্ন :

উৎসেচক

উৎস/ক্রিয়া

1. Pol I বা E. Coli DNA

পলিমারেস

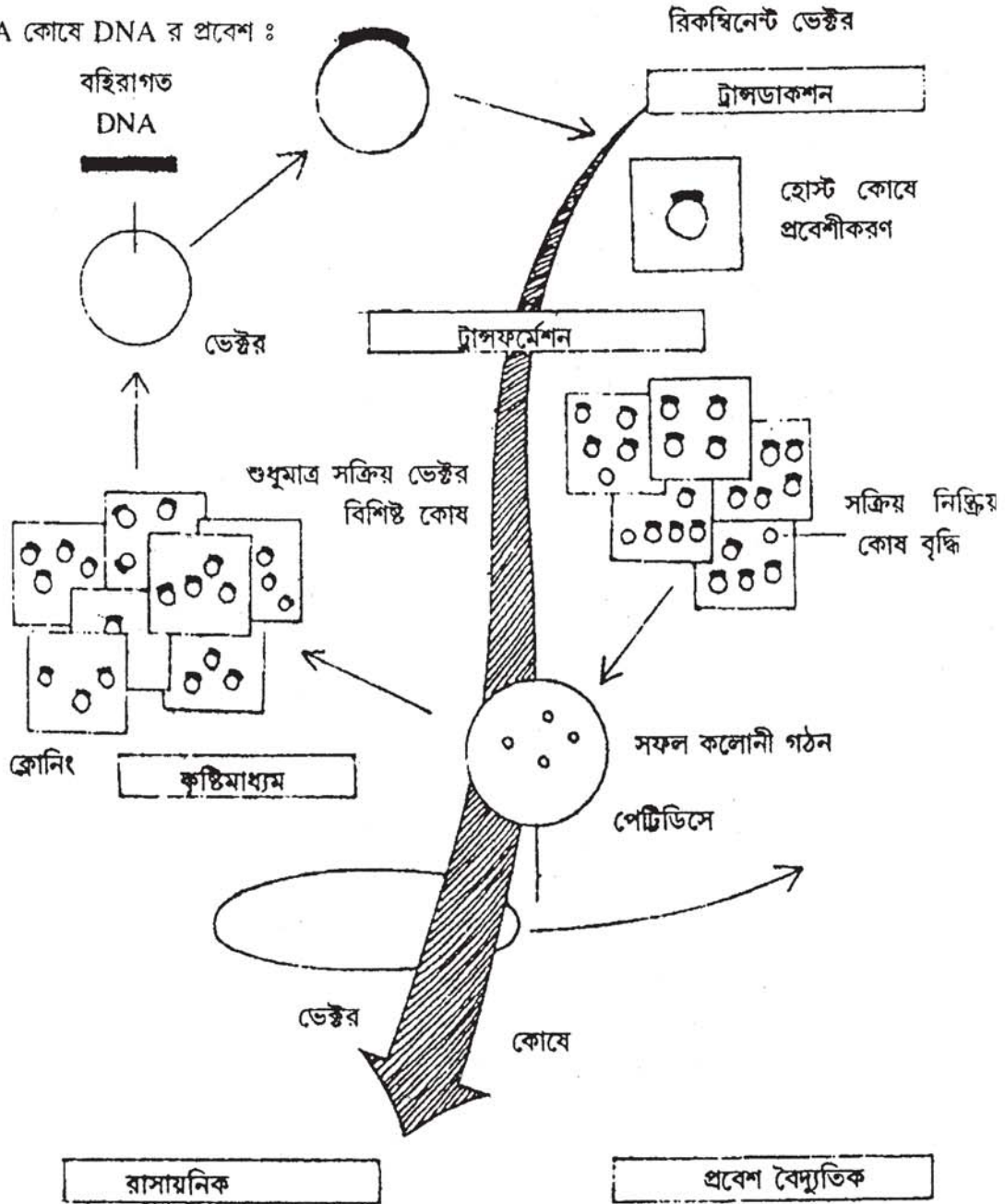
a) 5'-3' পলিমারেস (অর্থাৎ 5' ফস্ফেটপ্রান্ত থেকে 3' হাইড্রক্সিল প্রান্তর দিকে DNA সংশ্লেষণ)

b) 5'-3' এন্ডোনিউক্লিয়েস (অর্থাৎ 5' Po<sub>4</sub> প্রান্ত থেকে 3' OH প্রান্তর দিকে DNA কাটতে কাটতে খাওয়া)

চিত্র নং [7]

চিত্র পরিচিতি

A কোষে DNA র প্রবেশ :



দ্বিভ্যালেন্সী বিশিষ্ট cation  
যুক্ত মাধ্যমে কোষকে incubate

(High nottage) ইলেক্ট্রোপোলেশন করে  
কোষপর্দায় করা কৃত্রিমভাবে প্রবেশদ্বার খোলা



## 6. রিভার্স ট্রান্সক্রিপটেস

MMTV ও AMV ভাইরাসের জীর্ণ *E. Coli* তে ক্লোন করে প্রকাশ করে। 5'→3' ও K পলিমারেস এর কাজ করে, DNA বা RNA কে টেমপ্লেট হিসেবে ব্যবহার করে রিপ্রিকেট করতে পারে। mRNA থেকে cDNA প্রস্তুত করতে ব্যবহার করে।

### টেবিল নং [5]

#### অন্যান্য উৎসেচক

উৎসেচক	উৎস/ক্রিয়া
1. CIP (কাফ ইন্টেস্টিনাল) অ্যালকালাইন ফসফাটেস) calf intestinal alkaline phosphatase	বাছুরের পরিপাক তন্ত্র থেকে। DNA র 5' প্রান্ত থেকে PO <sub>4</sub> সরায়, ভেক্টর প্রস্তুত করতে 5' স্বয়ম্ভু ফসফেট গ্রুপ যুক্ত করে।
2. T <sub>4</sub> পলিনিউক্লিওটাইড কাইনেস (T4 polynucleotide kinase)	<i>E. Coli</i> থেকে ATP র $\gamma$ PO <sub>4</sub> টি অলিগোর 5' প্রান্তে প্রেরণ ও RNA র ও 5' প্রান্তে ফস্ফোরাইলেশন।
3. SP6 RNA পলিমারেস	<i>Salmonella typhinurim</i> কে SP6 ফাজের দ্বারা infect করে। Sp6 প্রোমোটার ফাজে RNA ট্রান্সক্রিপশন শুরু করে।
4. TT RNA পলিমারেস	TT ফাজের DNA <i>E. Coli</i> তে ক্লোন করে। TT প্রোমোটার থেকে ট্রান্সক্রিপশন শুরু করে। <i>in vitro</i> mRNA সংশ্লেষণ সাহায্য করে।

### টেবিল নং [6]

#### নিউক্লিয়েস

উৎসেচক	উৎস/ক্রিয়া
1. মুং বীন নিউক্লিয়েস (mung beannuclease)	মুং বীনের অঙ্কুর থেকে একটি তন্ত্র বিশিষ্ট DNA ও RNA তে বিভাজিত করতে, ভোঁতা প্রান্ত বানাতে বুলন্ত বিষম তন্ত্রটিকে ছাঁটতে সাহায্য করে।

2. Bal 31

*Atteromonas espejiana* Bal 31 এর কৃষ্টি মাধ্যম থেকে পরিশোধিত। DNA এর 3' এবং 5' প্রান্ত ছাঁটে DNA-এর রেপ্লিকশান টুকরোগুলি পরপর ছাঁটে দুই প্রান্ত থেকেই।

3. এক্সোনিউক্লিয়েস III  
(exonuclease III)

*E. Coli* তে DNA কে ক্লোন করে প্রকাশ। দ্বিতন্ত্রবিশিষ্ট DNA 3'OH প্রান্ত থেকে পরপর 5' মোনোনিউক্লিওটাইডকে মুক্ত করা ডিলিশান, মিউটেশান ঘটানো প্রভৃতি।

টেবিল নং [7]

প্লাসমিডের প্রকারভেদ প্রকার বা শ্রেণি	আকৃতি	উদাহরণ
1. ব্যাক্টেরিয়া থেকে জাত (ব্যাক্টেরিওসাইনোজেনিক) প্লাসমিড	ব্যাক্টেরিয়ার বৃদ্ধিনিবারণ বা ব্যাক্টেরিয়া নিধনকারী প্রোটিন বানায় এমন জিন আছে।	Agk84 col E1 k30
2. লুক্কায়িত বা cryptic প্লাসমিড	কোন বিশেষ আকৃতি বিশিষ্ট হয়	2 $\mu$ মরিস ভীল
3. ক্ষয়শীল বা degenerative	catabolic	Lac, TOL, cit
4. F প্লাসমিড	জনন ক্ষমতা সম্পন্ন (দাম্পত্যপদ্ধতিতে জিন বস্তু স্থানান্তরীকরণ)	F-plasmid
5. R প্লাসমিড	প্রতিরোধ ক্ষমতা সম্পন্ন (যেমন অ্যান্টিবায়োটিক) প্রতিরোধ বা ভারী ধাতু প্রতিরোধী)	R1, R46, RK6

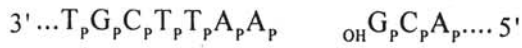
6. রিকম্বিনেন্ট প্লাসমিড	<i>in vitro</i>	PBR 322,
	বিভিন্ন প্লাসমিডের অংশ	
	দিয়ে গঠিত।	PML31
7. তীর বা উগ্র প্লাসমিড (virulence)	হোস্ট কোষে	Ti, Ri
	রোগ সৃষ্টি করে	
	(যেমন টক্সিন বা টিউমার বানায়)	

### চিত্রাবলী

#### চিত্র নং (1)

DNA অণুকে জোড়া লাগানোর প্রক্রিয়া  $T_4$  DNA লাইগেসের সাহায্যে

#### I. প্রথম উপায়



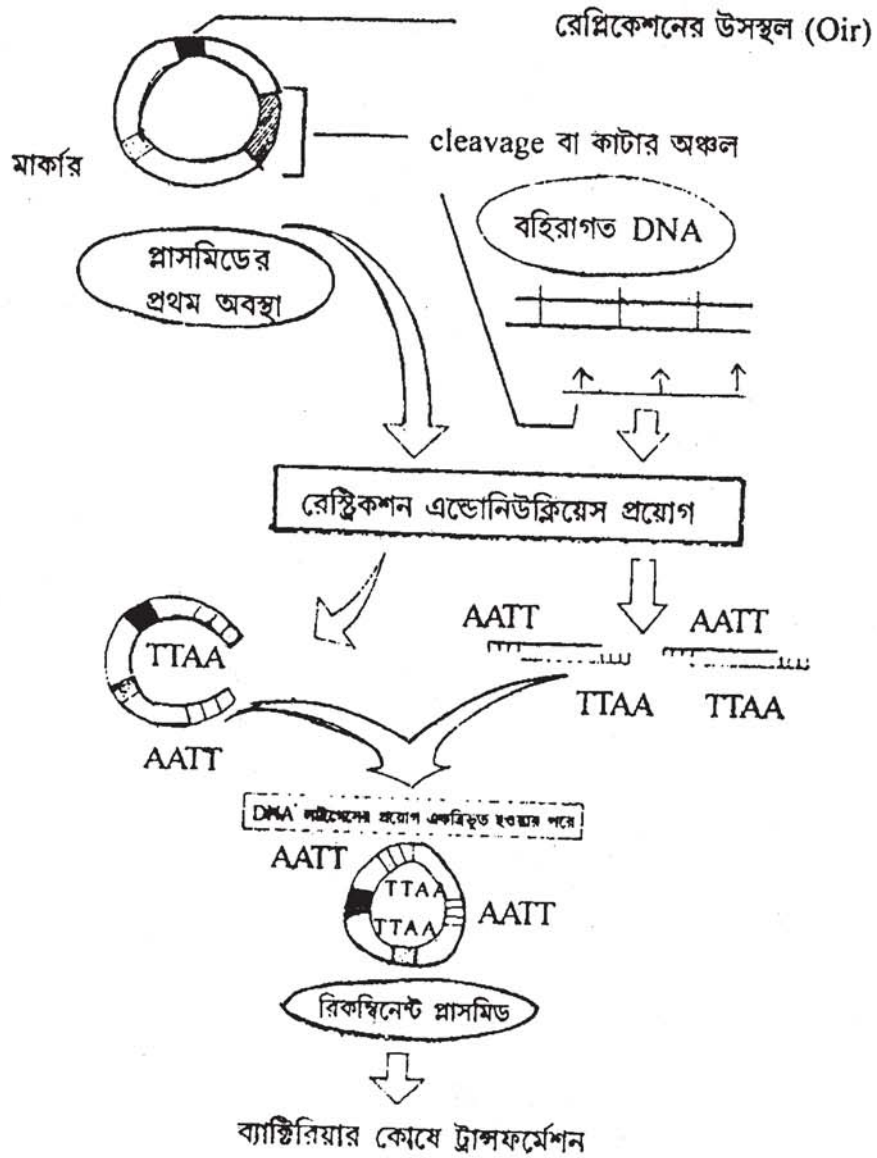
#### II. দ্বিতীয় উপায় :



চিত্র পরিচিতি T<sup>4</sup> DNA লাইগেস পাওয়া যায় T<sub>4</sub> ফাজ থেকে।

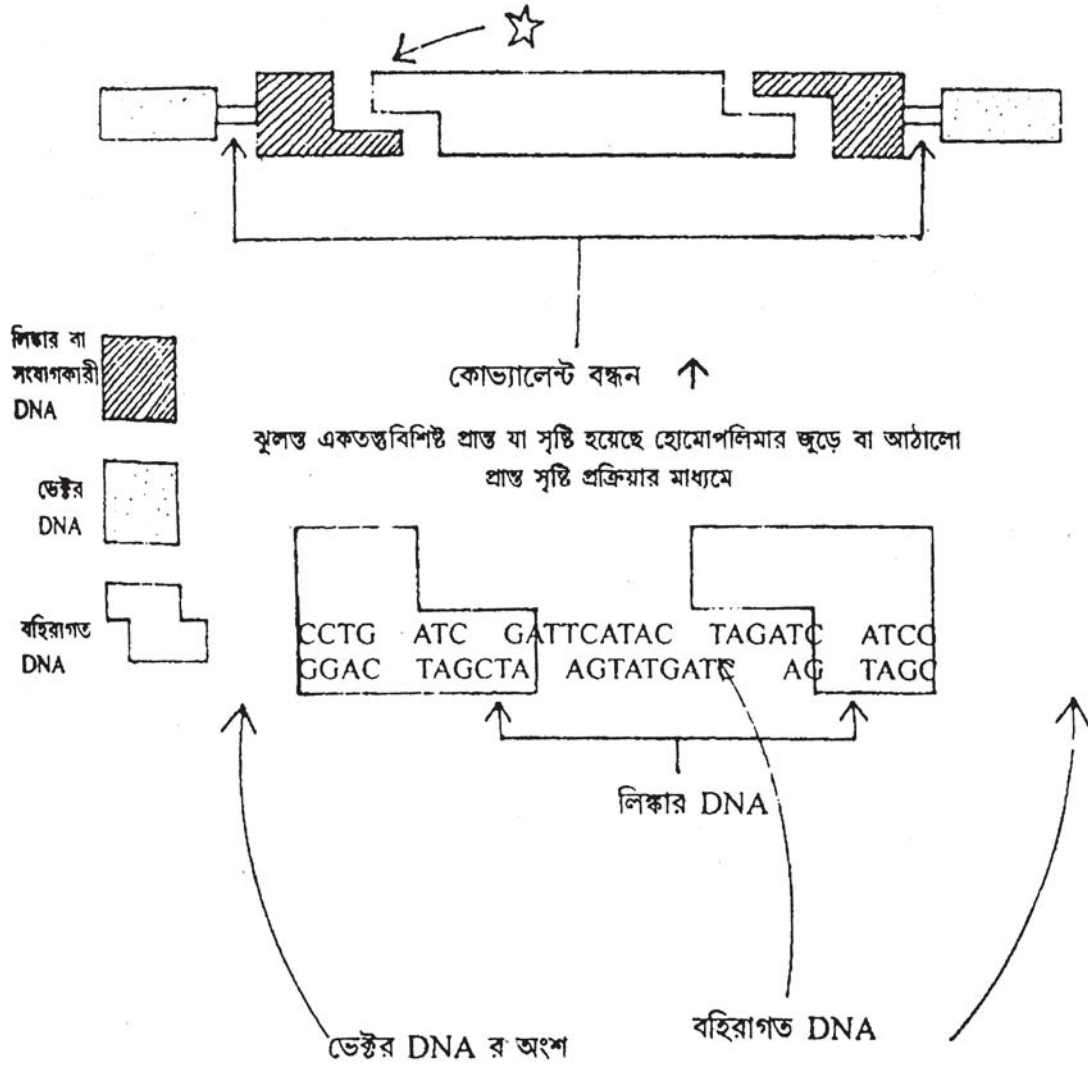
P → ফসফেট গ্রুপ OH → হাইড্রোক্সিল গ্রুপ A, T, G, C—নিউক্লিওটাইড বেস

চিত্র নং [2] ক্লোনিং



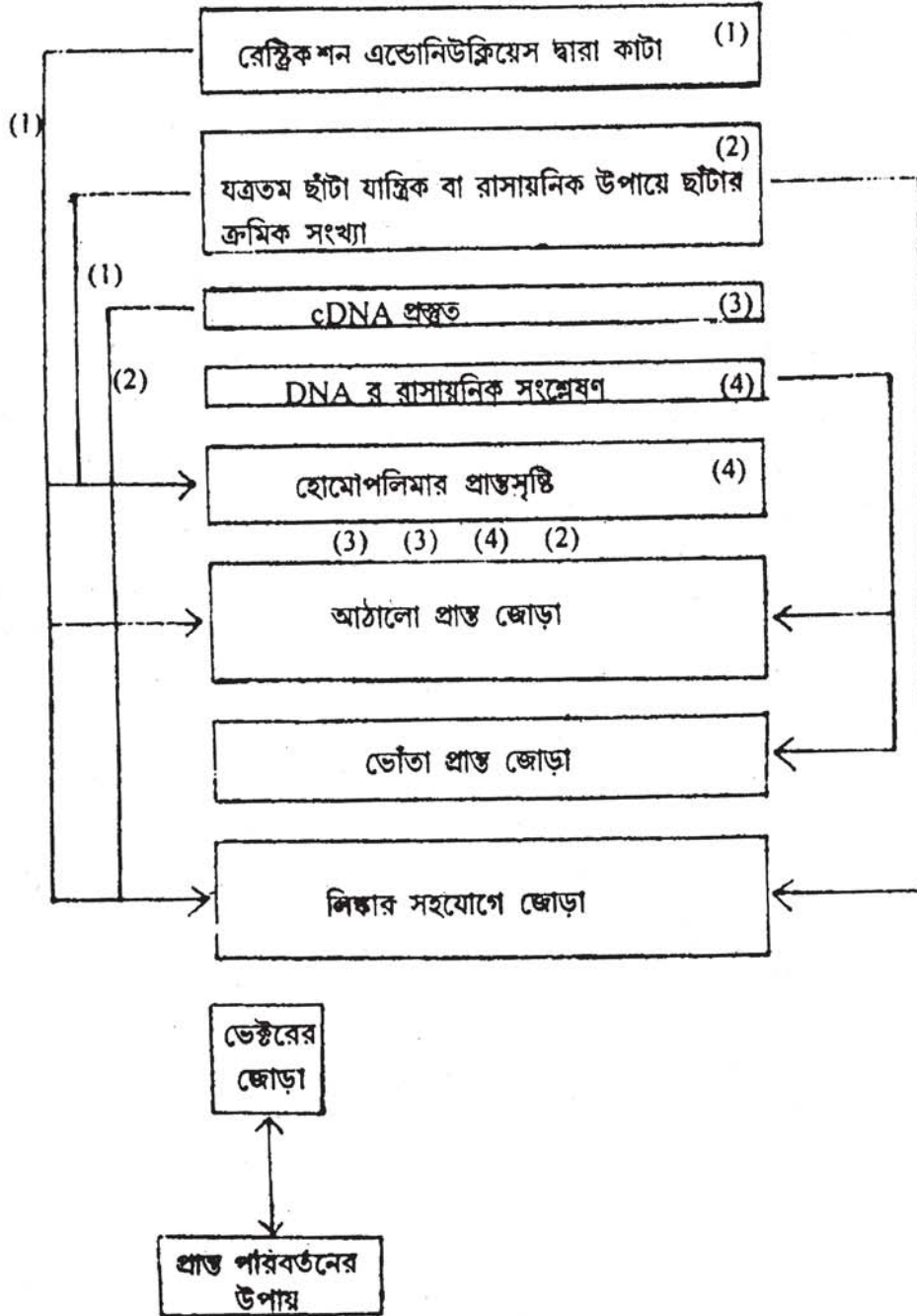
চিত্র নং [3]

লিঙ্কার DNA



চিত্র নং [4]

DNA র টুকরো

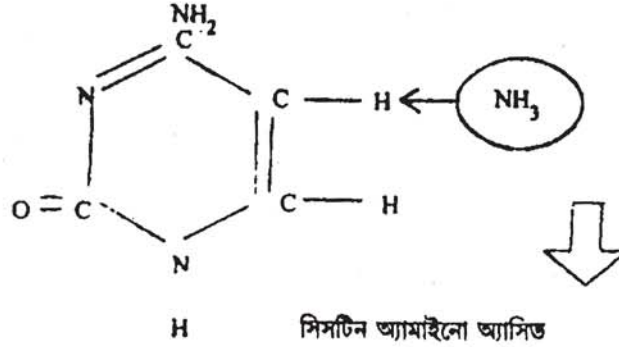


DNA ছেদদের প্রক্রিয়া প্রাপ্তপরিবর্তনের উপায় ও DNA-র উপায়সমূহ

চিত্র নং [5]

প্রাপ্তপরিবর্তনের উপায় :

A. মিথাইলেশন করে নির্দিষ্ট বেসকে RE-র প্রকোপ থেকে বাঁচানো :



B. সমতা

ডোঁতা প্রান্ত

5' GAGCTG 3'  
3' CTCGAC 5'

↑

Pvu II (*Protens vulgaris*)

ব্যাঙ্করিয়াম থেকে

আঠালো প্রান্ত

3' GAATTC 5'  
5' CTTAAG 3'

↑

RE

(ECORI)

C. আঠালো প্রান্ত সৃষ্টি উৎপন্ন

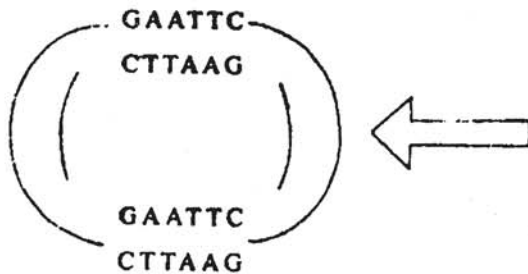
GAATTC →  
CTTAAG

G ——— AATTC

AATTC ——— G

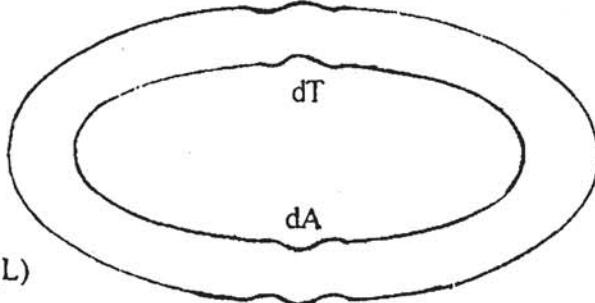
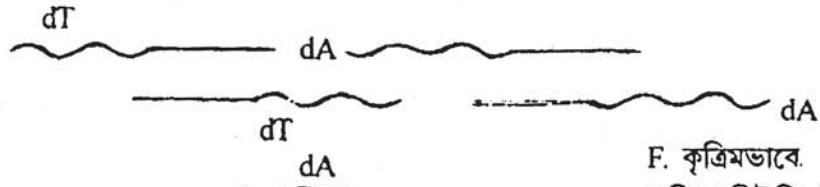
AATTC ——— G

G ——— CTTAAA



**D. পুচ্ছদান বা tailing**

টার্মিনাল ট্রান্সফারেস (carf thymus থেকে প্রাপ্ত) আঠালো প্রান্ত সৃষ্টি করে।



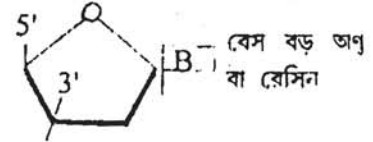
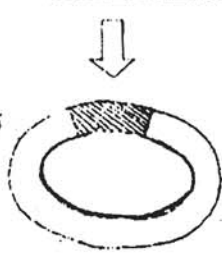
F. কৃত্রিমভাবে অলিগোনিউক্লিওটাইড নির্মাণ

(1) প্রথম নিউক্লিওটাইডটিকে কোনো বড় অণু বা রেসিনে প্রতিষ্ঠা

E. লিঙ্কার (L)



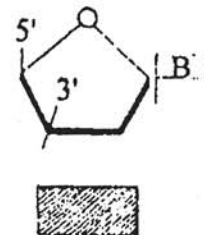
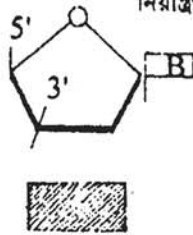
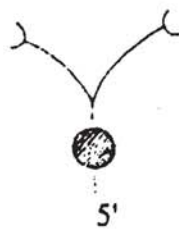
প্রাসমিড



3' প্রতিষ্ঠিত নিউক্লিওটাইডটির 5' প্রান্তে নতুনটির 3' এর সংযোগ

(2) একটি করে বেস যুক্ত হচ্ছে তাদের 5' প্রান্তটি বন্ধ করা হয়েছে

ক্রমশ শৃঙ্খলটি বৃদ্ধি নিয়ন্ত্রিতভাবে



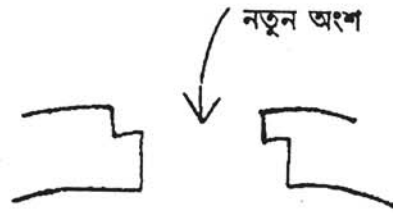
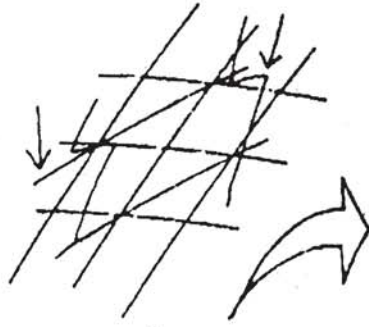
অতিরিক্ত নিউক্লিওটাইডের দূরীকরণ ও নতুন নতুন আরো সংযোগ



চিত্র নং [6]

চিত্র পরিচিতি ভেক্টরের আকৃতিবাত প্রকারভেদ

1. Insertional ভেক্টর

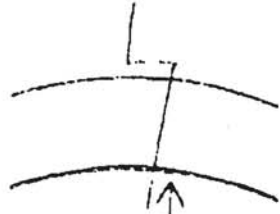


(2) সংযোজন স্থল



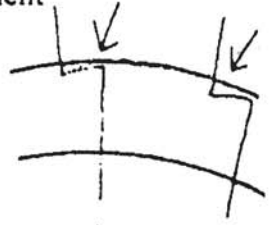
নতুন কৃত্রিম ভেক্টর (3)

(1)

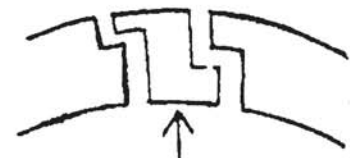


কাটা হল

II. Replacement ভেক্টর :



কাটা হল



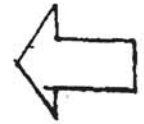
এই অংশের বদলে



এই নতুন অংশ সংযোজিত হল



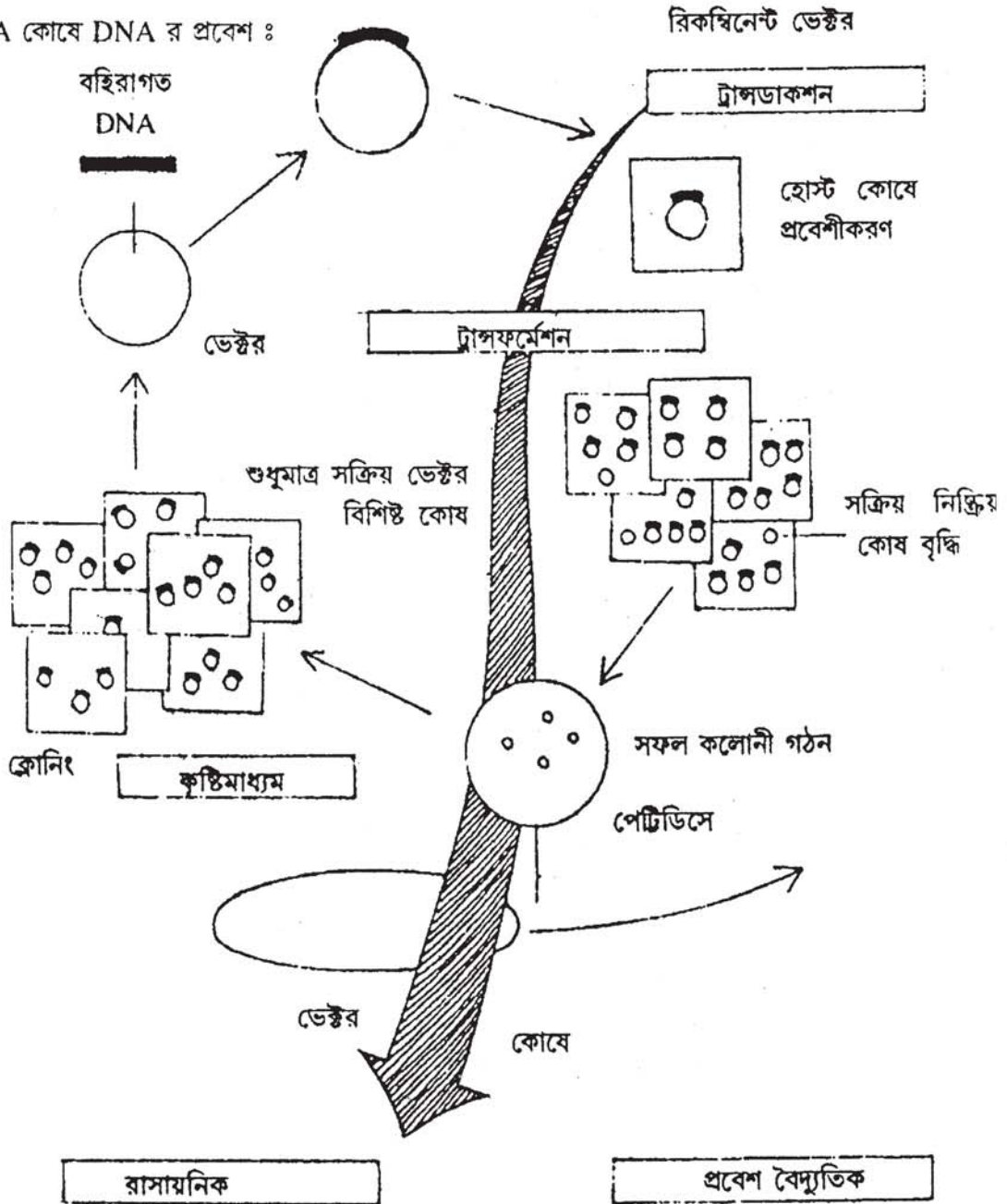
নতুন কৃত্রিম ভেক্টর



চিত্র নং [7]

চিত্র পরিচিতি

A কোষে DNA র প্রবেশ :

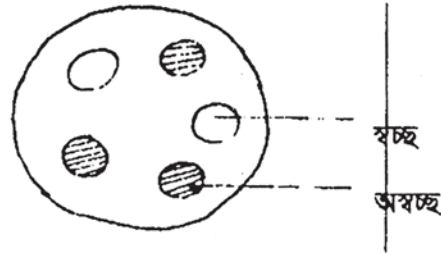


দ্বিভ্যালেন্ট বিশিষ্ট cation  
যুক্ত মাধ্যমে কোষকে incubate

(High voltage) ইলেক্ট্রোপোলেশন করে  
কোষপর্দায় করা কৃত্রিমভাবে প্রবেশদ্বার খোলা

চিত্র নং [7]

B. বাছাইকরণ প্রক্রিয়া—সঠিক DNA ট্রান্সফর্মড কোষ থেকে বহুগুণ ক্লোন হয়েছে এবার বসটি বাছাই হয় (a) জেনেটিক মার্কার



ব্যাক্টরিয়া কলোনি

I

(blue white বাছাইয়ের মত)



জীবিত কলোনি

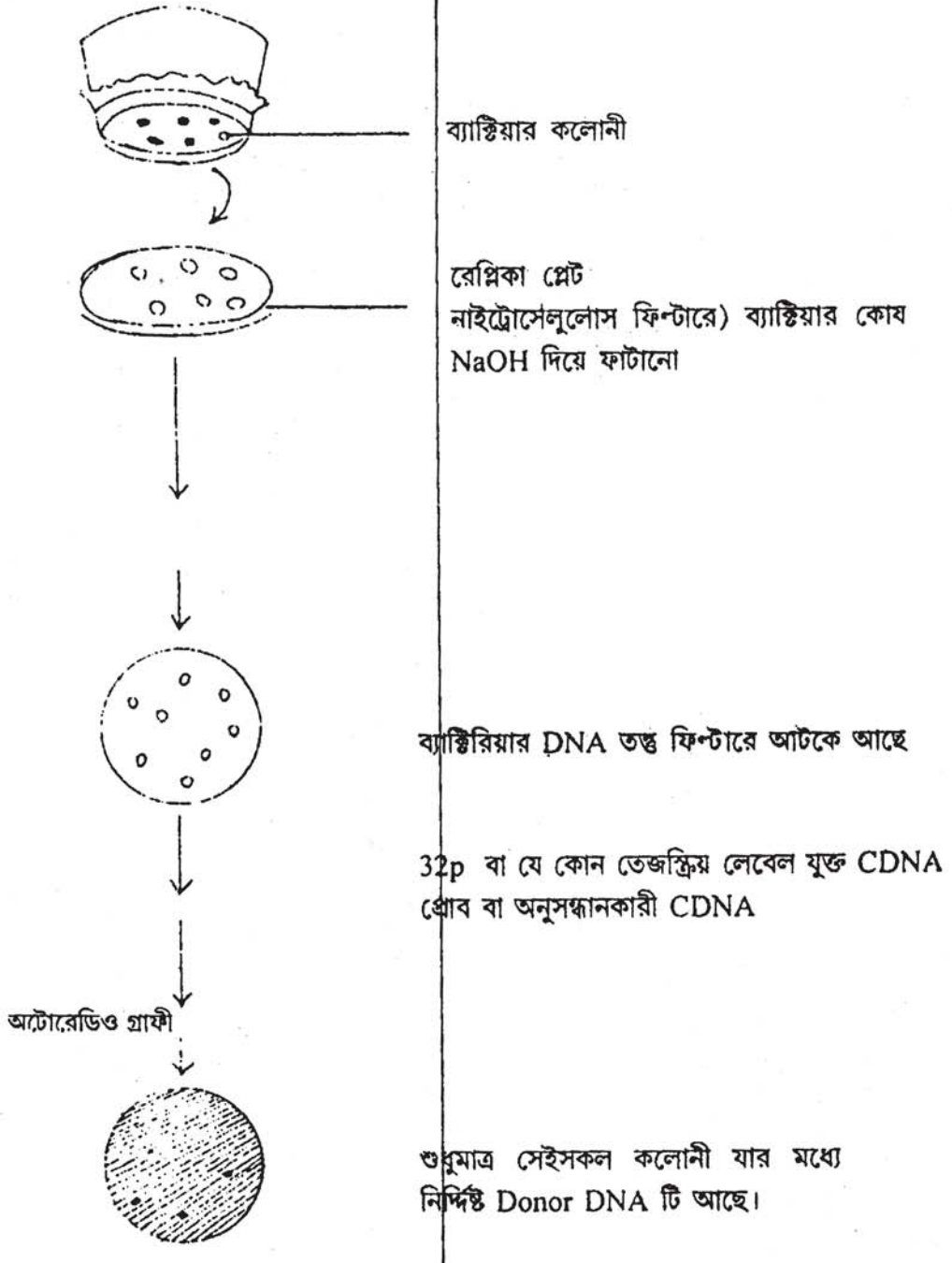
II

(অ্যান্টিবায়োটিক দিতে Ab-R জীণ যুক্ত রিকম্বিনেন্টরাই বাঁচে বাকি মরে যায়।)

(b) ইম্যুনো রাসায়নিক উপরোক্ত চিত্রের ন্যায় শুধুমাত্র নির্দিষ্ট অ্যান্টিজেনে অ্যানিবিডি বিক্রিয়াই কলোনি বাছাইয়ের কাজে লাগে।

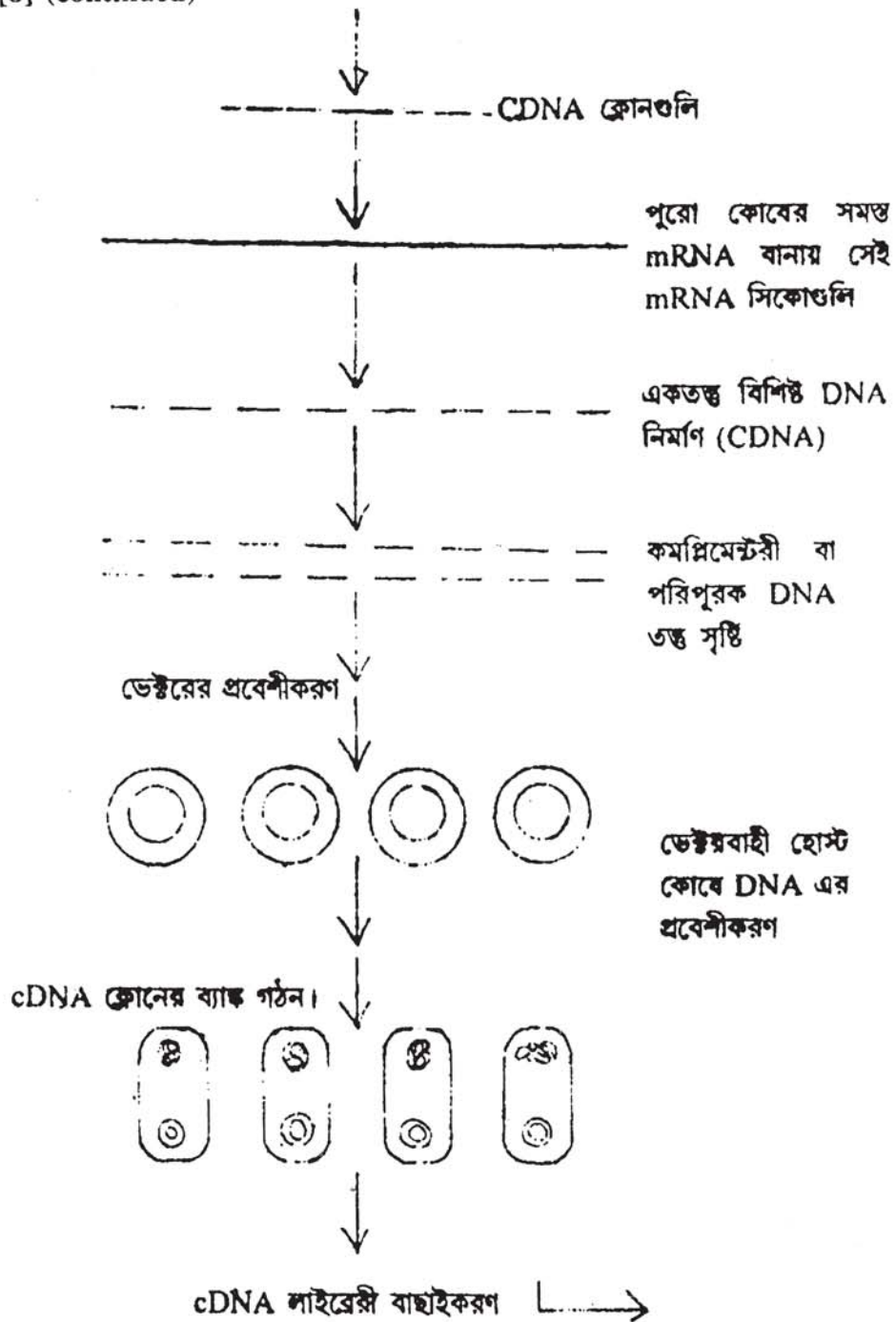
চিত্র নং [7]

(c) নিউক্লিক অ্যাসিড হাইব্রিডাইসেশনের মাধ্যমে



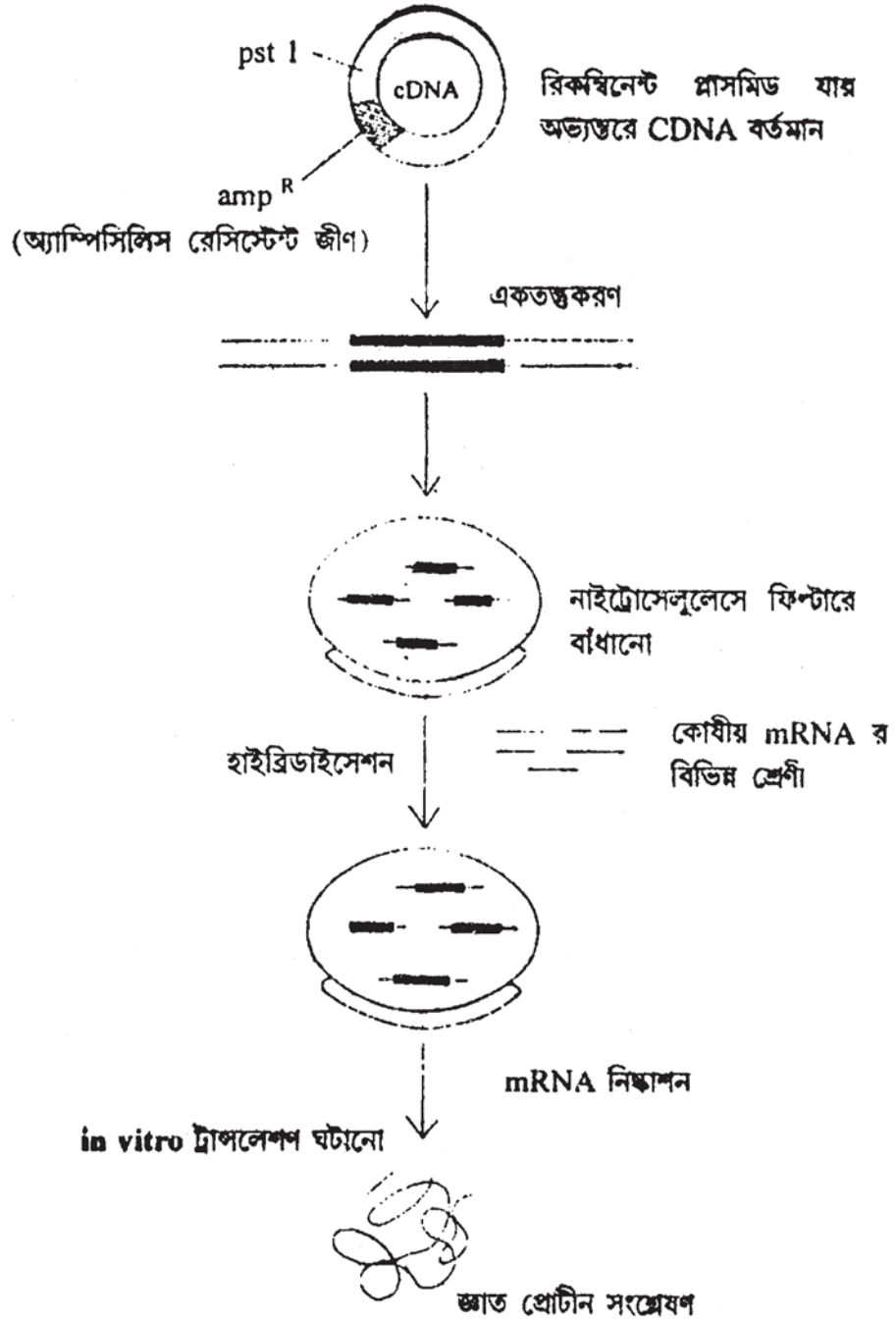


চিত্র নং [8] (continued)



চিত্র নং [8] (continued)

(রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েস কাটার স্থান)



---

## একক 11 □ PCR, RADP, RELP -এর ভিত্তি সম্বন্ধীয় ধারণা

---

গঠন

### 11.1 প্রস্তাবনা

উদ্দেশ্য

### 11.2 PCR কাকে বলে?

11.2.1 PCR -এর রাসায়নিক বিক্রিয়া

11.2.2 PCR -এর প্রয়োগ পদ্ধতির প্রকারভেদ

11.2.3 PCR ও জিন ক্লোনিং-এর পার্থক্য

11.3 RAPD কী ও ব্যবহার

11.4 RFLP কী ও ব্যবহার

11.5 DNA সিকোয়েন্স পদ্ধতি

11.6 সারাংশ

11.7 অনুশীলনী

11.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

11.9 উত্তরমালা

---

### 11.1 প্রস্তাবনা

---

এই একককে আপনারা এর আগে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং সম্বন্ধে ধারণা পেয়েছেন ও সেই কারিগরি কৌশলে ব্যবহৃত রিকম্বিনেন্ট DNA টেকনোলজির অন্তর্গত উৎসেচক, বহিরাগত DNA, কোলনিং ভেক্টর, সিঙ্গেটিক অলিগোনিউক্লিওটাইড প্রস্তুতি, cDNA প্রস্তুত ইত্যাদি কেমনভাবে হয় ও তাদের ব্যবহার জেনেছেন। সেই জ্ঞানের ওপর ভিত্তি করে এবার আলোচনা করব সেই বিশেষ পদ্ধতি কৌশলগুলির সম্পর্ক যা প্রথাগত জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এ বিপ্লব এনেছে।

উদ্দেশ্য—

এই ধারণা থেকে আপনারা পরবর্তী এককগুলিতে বর্ণিত concept-গুলির মর্ম অনুধাবন করবেন ও হাতে নাতে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং করার কারিগরি দক্ষতা অর্জন করতে পারবেন, অন্যকে বোঝাতে পারবেন ও সমাজে বিজ্ঞানের সরাসরি প্রয়োগ করতে পারবেন।



---

## 11.2 PCR কাকে বলে?

---

পলিমারেস চেন রিঅ্যাকশন (Polymerase chain reaction) সেই কারিগরি পদ্ধতির নাম যার দ্বারা ছোটো ছোটো DNA টুকরোর নকল বা copy বানানো যায়। DNA দ্বিতন্তকে পৃথকীকরণ করা হয় যাতে প্রত্যেকটি একটি নতুন তন্তুর প্রস্তুতের 'template' বা ভিত্তি হিসাবে ব্যবহার হতে পারে। এবার পরম্পার্য রেখে এই পদ্ধতিটিকে বারবার পুনরাবৃত্তি করে DNA -এর সংখ্যাকে বহু গুণ করা হয়। ফলে প্রত্যেক পদক্ষেপ DNA-এর দ্বিগুণীকরণ ঘটে।

1986 সালে ক্যারী মুলিস (Karry Mullis) PCR-এর আবিষ্কার।

### 11.2.1 PCR-এর রাসায়নিক বিক্রিয়া

1. PCR -এর কারিগরি কৌশল যেমন সহজ তেমনি শক্তিশালী। অনেকগুলি পদক্ষেপ এতে সংযুক্ত ও পারস্পরিক রূপে জড়িত। প্রত্যেকটি পদক্ষেপ করতে লাগে কয়েক মিনিট ও সেগুলিই ক্রমাগত পুনঃ পুনঃ করা হয় তাই PCR-টি সহজেই স্বয়ংক্রীয় (automated) হতে পারে।

2. এতে যে তথ্যটি ব্যবহার করা হয়েছে তা হল DNA দ্বিতন্ত গরম করলে আলাদা হয়। একটি ছোট নিউক্লিওটাইড সিকোয়েন্স (18-24 বেস দিয়ে তৈরি) T<sub>1</sub>-প্রাইমার কে প্রত্যেক আলাদা হয়ে আসা তন্তুর 3' প্রান্তের সঙ্গে জোড়া হয়। কেন না এটি 3' প্রান্তের পরিপূরক বা complementary। এটি করা হয় সেই DNA তন্তুর সেই অঞ্চলে যাকে আমরা গুণীকরণ বা আয়তন বৃদ্ধির জন্যে বেছেছি। এরপরে বিক্রিয়া মাধ্যমে যোগ করা হয় একটি করে নিউক্লিওটাইড ও Taq পলিমারেস।

3. এটি একটি পলিমারেস উৎসেচক যা পাওয়া যায় *Thermophilous aquaticus* নামক উষ্ণ প্রস্রবণে প্রাপ্ত একরকমের ব্যাক্টেরিয়ায়। এটি উচ্চ তাপমাত্রায় Stable থাকে ও ফলে রাসায়নিক বিক্রিয়া আরো উচ্চ তাপমাত্রায় দ্রুত ঘটানো সম্ভব হয়। এটি 72°C সর্বাপেক্ষা কার্যকরী। 90°C তাপমাত্রাতেও এর DNA denaturation বা একতন্তুকরণ নষ্ট হয়ে যায় না। দুইটি প্রকার পাওয়া যায়—

(i) ব্যাক্টেরিয়া থেকে প্রাপ্ত ও

(ii) E. coli কে জেনেটিকক্যালি ইঞ্জিনিয়ার করে সৃষ্ট। দুটিই 5' → 3' পলিমারাইজেশন করে এন্জোনিউক্লিয়েস কার্যের সঙ্গে সঙ্গে। কিন্তু 3' → 5' এন্জোনিউক্লিয়েস ক্রিয়া এতে অনুপস্থিত। এটি এত sensitive যে অধিক মাত্রায় করলে অবাঞ্ছিত সিকোয়েন্সও বর্ধিত হয়ে যায়।

4. পূর্বে PCR এ ব্যবহৃত হত ক্লোনো পলিমারেস। এর পরিবর্তনের কারণ এর তাপমাত্রা অসহিষ্ণুতা।

5. উৎসেচক প্রয়োগের ফলে প্রাইমেসগুলির প্রলম্বীকরণ ঘটে কারণ বেসগুলিকে পরপর লাগানো হয় প্রথম তন্তুটিকে টেমপ্লেট (template) ধরে।

6. শেষ হলে 2 টি করে দ্বিতন্তু বিশিষ্ট DNA পাওয়া গেল।

7. আরো বেস দিয়ে পরপর DNA টিকে আরো বাড়ানো যায় একই পদ্ধতিতে।

8. প্রত্যেক চক্র টুকরোগুলি দ্বিগুণ হয়। অতএব  $2^{10}$  চক্র পরে 1000 গুণ বৃদ্ধি ও 20 টি চক্র পরে  $2^{20}$  গুণ বৃদ্ধি হওয়া সম্ভব। [চিত্র নং (11.1)]

### 11.2.2 P.C.R-এর প্রয়োগপদ্ধতির প্রকারভেদ

1. সাধারণ PCR-এর দুইরকম রূপান্তর ঘটানো যায় প্রয়োজন অনুযায়ী।

(a) Inverse বা উল্টো PCR -দুই বিপরীত প্রান্তের প্রলম্বীকরণ ঘটানো যায় নির্দিষ্ট অঞ্চলের দুইদিকে প্রাইমার জুড়ে। [ চিত্র নং (2) (a) ]

(b) নোঙর করা বা anchored PCR একটিমাত্র নির্দিষ্ট প্রাইমার ব্যবহার করে একটি সিকোয়েন্সের প্রলম্বীকরণ। [চিত্র নং (2) (b)]

## II. PCR -এর ব্যবহার

1. অবলুপ্ত হয়ে যাওয়া জন্তুর DNA এর ভগ্নাবশেষ থেকেই জন্তুটির বংশ ও পূর্বপুরুষ নির্ণয় সম্ভব। যেমন— লোমশ ম্যামথ যে আধুনিক যুগের হাতির পূর্বপুরুষ তা PCR প্রয়োগ করে নির্ণয় করা গেছে।

2. নর্মান আর্নহাইম (Norman Arnheim) 1989 সালে মেডেলের Independent assortment সূত্র প্রমাণ করেন একই ব্যক্তির 41 টি শুক্রাণুর DNA গুণীকরণ করে যাতে দেখা যায় ঠিক 50 শতাংশ এক অ্যালীল ও বাকি 50 শতাংশ তার হোমোলোগাস অ্যালীলের ধারক।

3. জন্মের পূর্বে জেনেটিক রোগের নির্ণয় সম্ভব। যেমন PKU (ফিনাইল কিটোনিউরিয়া), সিসটিক ফাইব্রোসিস, হিমোফিলিয়া। যে জিনে খুঁত বা বিকৃতি আছে সেই জিনের DNA এর পরিমাণ বৃদ্ধি করে তা নির্ণয় সঠিকভাবে সম্ভব।

4. অপরাধতত্ত্বে crime scene এ প্রাপ্ত একটি চুল, একটুকরো টিসু বা একটি মাত্র শুক্রাণু থেকে অপরাধীর জেনেটিক আকৃতি নির্ধারণ সম্ভব।

5. অ্যান্টিবডি প্রস্তুতকারক জিনটিকে PCR পদ্ধতিতে হত বাড়িয়ে ব্যাক্টিরিয়ায় ক্লোন করে ব্যাক্টিরিয়াকে অ্যান্টিবডি

প্রস্তুতকারক কোষে রূপান্তরিত করা যায়।

6. জেনেটিক বা শারিরিক রোগ নির্ণয় করার assay পদ্ধতির জন্য প্রোব প্রস্তুত করতে PCR ব্যবহৃত হয়।

### 11.2.3 PCR জিন ক্লোনিং-এর পার্থক্য

	মাপকাঠি	PCR	জিন ক্লোনিং
# 1	চূড়ান্ত সিদ্ধান্ত	নির্দিষ্ট সিকোয়েন্স বাড়ানো	একই
# 2	কার্যকারীতা	<i>in vitro</i>	<i>in vivo</i>
# 3	জটিল DNA থেকে নির্দিষ্ট সিকোয়েন্স বাছা	প্রথম পদক্ষেপ	শেষ পদক্ষেপ
# 4	শুরুর নিউক্লিও বস্তুর প্রগাঢ়করণ	ng	$\mu$ g
# 5	বায়োলজিক সামগ্রীর প্রয়োজন	Taq পলিমারেস	রেস্ট্রিকশন উৎসেচক, লাইগেস ভেক্টর ব্যাঙ্কিরিয়া কোষ
# 6	স্বয়ংক্রীয়তা	হ্যাঁ	না (প্রতিটি পদক্ষেপ হাতে ধরে করতে হয়)
# 7	কারিগরি কুশলতা	দক্ষতা লাগে না কারণ যন্ত্রই সব করে	লাগে (শুধুমাত্র শিক্ষাপ্রাপ্ত কারিগরই একা করতে পারে।)
# 8	ভুল হবার সুযোগ	অনেক কম	বেশি
# 9	প্রয়োগ	প্রচুর	অল্প বা সীমিত
# 10	দাম	কম	বেশি
# 11	সময়	4 ঘণ্টা	2-4 দিন

## 11.3 RAPD কী ও ব্যবহার

RAPD হল Randomly Amplified polymorphic DNA বা যত্রতত্র প্রলম্বিত বহুরূপী DNA। যে DNA র টুকরোগুলি যে কোনো অনির্দিষ্ট প্রাইমার দ্বারা প্রলম্বিত বা বর্ধিত হয় তারাই RAPD। এরা প্রচুর পরিমাণে থাকে কিন্তু সর্বদা হোমোজাইগোট ও হেটারোজাইগোটের মধ্যে ফারাক ধরা সম্ভব হয় না। তাই একই ফলাফল সব সময় পাওয়া যায় না। সাধারণত এরা ব্যবহৃত হয় গাছের জীনোম ম্যাপিং এর কাজে।

**1. জেনেটিক Analysis এ RAPD র ব্যবহার :** একটি PCR প্রাইমার যেমন তেমনভাবে যাকে বানানো হয়েছে (অর্থাৎ প্রাইমারটির সিকোয়েন্স অনির্দিষ্ট) অনেক সময়ে জীনোমের বিভিন্ন অঞ্চলকে Amplify বা গুণীকরণ করে ফেলে। ওই একটিমাত্র সিকোয়েন্স এবার সেই DNA কে খুঁজে বের করে যা দুইধারে প্রাইমারে দুইটি উল্টোকপি দিয়ে ঘেরা। ফলে পাওয়া যায় ভিন্ন মাপের বর্ধিত DNA-এর ব্যান্ড সমূহ [চিত্র নং (3)]

একটি cross -এ কিছু কিছু ব্যান্ড একজন পিতা বা মাতার ক্ষেত্রে স্বতন্ত্র (unique) হতে পারে। সেক্ষেত্রে তাদের heterozygous ( $\pm$ ) হিসাবে ভাবা যেতে পারে। এবার তাদের genetic analysis করার জন্যে আণবিক চিহ্ন বা molecular marker হিসাবে ব্যবহার করা যায়।

লক্ষ্য করুন যে যে বর্ধিত DNA টুকরোটিকে RAPD বলা হচ্ছে সেটি বস্তুত আরেক ধরনের DNA ফিঙ্গার প্রিন্ট যার সাহায্যে একজন ব্যক্তিকে চিহ্নিত করা সম্ভব।

Population studies এর সাধারণ জেনেটিক পরীক্ষানিরীক্ষায় এই ধরনের চেনার চিহ্ন বা identity tags ব্যবহার করা যেতে পারে।

### II. PCR বিক্রিয়ায় RAPD এর ব্যবহার :

- (i) Unique সিকোয়েন্স বর্ধন
- (ii) Related সিকোয়েন্স বর্ধন
- (iii) Unrelated সিকোয়েন্স বর্ধন
- (iv) Arbitrary সিকোয়েন্স বর্ধন

এই (iv) ক্ষেত্রে RAPD র ব্যবহার করা হয়। এই ধরনের PCR -এর লক্ষ্য হল কোনো specific (নির্দিষ্ট), related (সম্পর্কযুক্ত) বা unrelated (সম্পর্কহীন) ফলাফল উৎপন্ন না করে শুধুমাত্র যেমন ইচ্ছা তেমন (arbitrary) বা কোনো নিয়মের বাঁধনে বাঁধা নয় এমন সিকোয়েন্স তৈরি করা। এই শেষোক্ত সিকোয়েন্সগুলি পরবর্তী Analysis এর কাজে ব্যবহার হয়। দুইটি প্রধান ব্যবহার হল :

(a) cDNA ক্লোন করা (পূর্ববর্তী এককে)

(b) জিন ম্যাপ করা (এর আগের -I অংশে)

এই ধরনের PCR বর্ধনে arbitrary primer ব্যবহার করা যায় যেমন ছোটো ছোটো 9-15 নিউক্লিউটাইড বিশিষ্ট প্রাইমার বা বহু অঞ্চলে (site) জোড়া লাগে ও সম্পর্কহীন অনেক product এর সমষ্টিকে যেমন তেমন ভাবে (randomly) বর্ধিত (amplify) করে থাকে। এইভাবে cDNA বর্ধনের ফলে আংশিক cDNA টুকরোর লাইব্রেরী তৈরি হয় যা জিনোম ম্যাপিং করতে ব্যবহার হয়। এতে বাড়তি সুবিধা হল যে এতে নির্দিষ্ট জিনকে একেবারে চিনে ফেলা যায়। এগুলিকে বলে EST (আংশিক cDNA টুকরোর লাইব্রেরী) যা বিভিন্নভাবে প্রকাশিত জিনের প্রকৃতিগত বাছাইয়ে সাহায্য করে।

(c) জিনোমের মানচিত্র আঁকতে (বিশেষত উদ্ভিদ জিনোম) RAPDর ভূমিকা অনস্বীকার্য।

ইলেক্টোফোরেসিসের মাধ্যমে পৃথকীকৃত (iv) নং PCR ফলগুলির পরিবর্তনশীল ব্যান্ডগুলিকে সহজেই চেনা যায়। একই সঙ্গে আলাদা হয় (co-segregation) এমন চরিত্রগত গুণগুলি linkage এর পরিচায়ক যায় একটি নির্দিষ্ট Polymorphic marker থাকে এবং এর উৎপন্ন ফলের চরিত্রায়ন করে আরো নির্দিষ্ট প্রাইমার বানিয়ে RAPD গুলিকে সিকোয়েন্সযুক্ত অঞ্চলে পরিণত করে মানচিত্র নির্মাণে ব্যবহার করা হয়।

---

## 11.4 RELP কী ও ব্যবহার

---

Restriction Fragment Length Polymorphism বা RELP হল সেই সমস্ত DNA টুকরো যেগুলি DNA সিকোয়েন্সের বিভিন্নতার কারণে ভিন্ন ভিন্ন রেস্ট্রিকশন অঞ্চল সৃষ্টি করে বা পূর্ববর্তী রেস্ট্রিকশন অঞ্চলের অবস্থান পরিবর্তন করে। এগুলি co-dominant (বা জেনেটিক প্রকাশে সমক্ষমতা সম্পন্ন) এবং প্রচুর পাওয়া যায়। তবে এরা দ্বিআকৃতিযুক্ত বা dimorphic যার ফলে মিওসিস বিভাজনে বা cross অনেক সময়েই অজ্ঞাত থেকে যায়। এদের বিভিন্নতা বা variation রেস্ট্রিকশন অঞ্চলের বাইরে থাকে বলে সিকোয়েন্সের বহুরূপীতা বা Polymorphism চেনা অসম্ভব।

Neutral allele গুলি selection নির্বাচন এর বশবর্তী না হওয়ার জন্যে এর অনেকগুলি সাম্যাবস্থায় একই population এ থাকে বেশ ঘন ঘন। চেহরায় আলাদা neutral allele দের চেনা যায় তবে Isoallele গুলিকে আণবিক স্তরে চিনতে হয়।

প্রোটিনের alloform হওয়ার দরুন ইলেক্টোফোরেসিস মাধ্যমে প্রোটিন পলিমরফিসম্ চেনা যায়। DNA র সিকোয়েন্সের পলিমরফিসম্ বা বহুরূপীতা চেনা যায় তার রেস্ট্রিকশন টুকরোর বিভিন্ন দৈর্ঘ্য বা তার PCR ফলের মাধ্যমে। হয় একটি

রেস্ট্রিকশন অঞ্চল এখানে তৈরি হয়েছে বা নষ্ট হয়েছে (RELP) অথবা ট্যান্ডিম রিপিট (tandem repeat) এর দৈর্ঘ্য বৃদ্ধি বা সঙ্কোচন ঘটেছে একটি “উপগ্রহ” DNA মধ্যে (simple sequence length polymorphism)।

---

## 11.5 সিকোয়েন্স পদ্ধতি

---

1977 এরপর দুটি প্রধান সহজ উপায়ে DNA সিকোয়েন্স নির্ধারণ পদ্ধতি আবিষ্কার হয়।

Maxam ও Gilbert এর পদ্ধতিতে, (একটি রেস্ট্রিকশন টুকরোর) জানা নিউক্লিওটাইডের রাসায়নিক পরিবর্তন ঘটিয়ে, একটি অজানা DNA র টুকরোর নিউক্লিওটাইডের পরস্পার্য নির্ধারণ করা যায়। [চিত্র নং (4)]

Sanger এর পদ্ধতিতে DNA তৈরি হয় যেখানে প্রত্যেক পদক্ষেপ চারটির একটি (অল্প মাত্রায়) 2',3' ddNTP (dideoxy nucleotide triphosphate) ব্যবহার হয়। এরা telogen অর্থাৎ সেই নিউক্লিওটাইড যা নাকি শৃঙ্খল গঠন সীমায়িত করে, ফলে 3' OH গ্রুপ দৈর্ঘ্য বৃদ্ধিতে বাধা আনে। [চিত্র নং (5)]।

---

## 11.6 সারাংশ

---

এই এককে আপনারা জানলেন—

- PCR কী।
- PCR বিক্রিয়া কীভাবে ঘটানো হয়।
- এর উৎপন্ন দ্রব্যের ব্যবহার কী।
- PCR এ বা জিনোম ম্যাপিং-এ RAPD ও
- অ্যালীল নির্ধারণে RELP র ব্যবহার ও তাদের স্বরূপ কী।
- PCR এর মাধ্যমে বর্ধিত DNA-র ম্যাক্সাম গিলবার্ট ও স্যান্ডারের পদ্ধতিতে DNA সিকোয়েন্স নির্ধারণ কীভাবে করা হয়।

---

## 11:7 অনুশীলনী

---

### 1. শূন্যস্থান পূর্ণ করুন।

- (a) PCR -এর পুরো কথা \_\_\_\_\_।
- (b) Taq পলিমারেস পাওয়া যায় \_\_\_\_\_ এ।
- (c) RAPD -এর পুরো নাম \_\_\_\_\_।
- (d) RFLP পুরো নাম \_\_\_\_\_।
- (e) ddnTP র পুরো কথা \_\_\_\_\_।
- (f) DMS এর পুরো কথা \_\_\_\_\_।

### 2. সঠিক না ভুল ?

- (i) Taq পলিমারেস অধিক তাপমাত্রা সহ্য করতে পারে না বলেই একে PCR এ ব্যবহার করা হয়।
- (ii) তাপমাত্রা বর্ধন PCR-এ তন্তু পৃথকীকরণে সহায়তা করে।
- (iii) নোঙর করা PCR -এ 2 টি প্রাইমার যোগ করতে হয়।
- (iv) জিন ক্লোনিং PCR এর চেয়ে দ্রুত পদ্ধতি।
- (v) PCR অপরাধতত্ত্বে ব্যবহৃত হয়।
- (vi) RFLP নিউট্রাল অ্যালীলের স্বরূপ।

### 3. মেলান—

**A**

**B**

- |                               |                      |
|-------------------------------|----------------------|
| (a) ম্যাঙ্কাম-গিলবার্ট পদ্ধতি | (a) A ও G কে হজম করে |
| (b) স্যাঙ্গার পদ্ধতি          | (b) DNA ক্ষয়        |
| (c) Taq পলিমারেস              | (c) DNA প্রস্তুত     |
| (d) প্রাইমার                  | (d) PCR              |
| (e) DMS                       | (e) PCR              |
| (f) পাইপেরিজিন ও হাইড্রাজিন   | (f) G কে হজম করে     |

## 11.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

1. PCR কী?
2. PCR এর রাসায়নিক বিক্রিয়ার স্বরূপ কী?
3. PCR এ Taq পলিমারেস ব্যবহার করা হল কেন?
4. আগে PCR এ কোন শ্রেণির পলিমারেস ব্যবহার হত?
5. PCR এর প্রকারভেদ বলুন ও বোঝায়?
6. PCR কোথায় কোথায় ব্যবহার হয়?
7. RAPD জিন ম্যাপিং এ কিভাবে ব্যবহার হয়?
8. PCR এ RAPD র ব্যবহার কী?
9. RFLP তৈরি হয় কীভাবে?
10. PCR ও RFLP র দরকার কী?
11. সান্ডার ও ম্যান্ডাম-গিলবার্টের DNA সিকোয়েন্স নির্ধারণ পদ্ধতির তফাত কোথায়?

1	2	3	4
<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	_____		
_____	_____	_____	_____

i } 4 টি row  
ii } এর DNA  
iii } সিকোয়েন্স  
iv } নির্ধারণ করুন

13. PCR ও জিন ক্লোনিং কোনটি সঠিক কার্যকরী? তুলনা করুন।



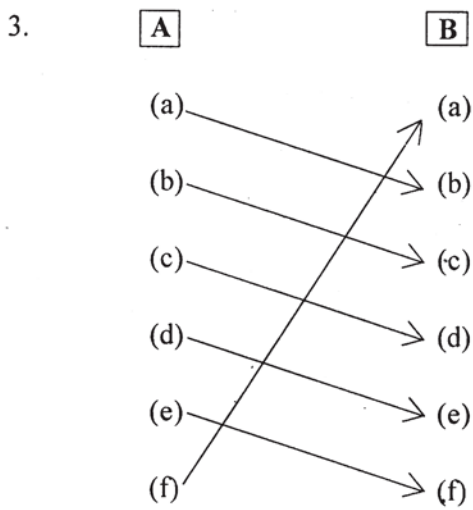
---

## 11.9 উত্তরমালা

---

### A. অনুশীলনীর উত্তর—

1. (a) পলিমারেস চেন রিঅ্যাকশন।  
(b) *Thermophilus aquatica*  
(c) Randomly amplified polymorphic DNA  
(d) Restriction fragment length polymorphin  
(e) dideoxy nucleotide triphosphate  
(f) Dimathy sulfate
2. (i) ভুল  
(ii) সঠিক  
(iii) সঠিক  
(iv) ভুল  
(v) সঠিক  
(vi) সঠিক



B. সর্বশেষ প্রশ্নাবলীর উত্তর সঙ্কেত

1 }  
2 }  
3 } 11.2 অংশে দেখুন।  
4 }  
5 }  
6 }

7 }  
8 } 11.3 অংশে দেখুন।

9 }  
10 } 11.4 অংশে দেখুন।

11 11.5 অংশে দেখুন।

12

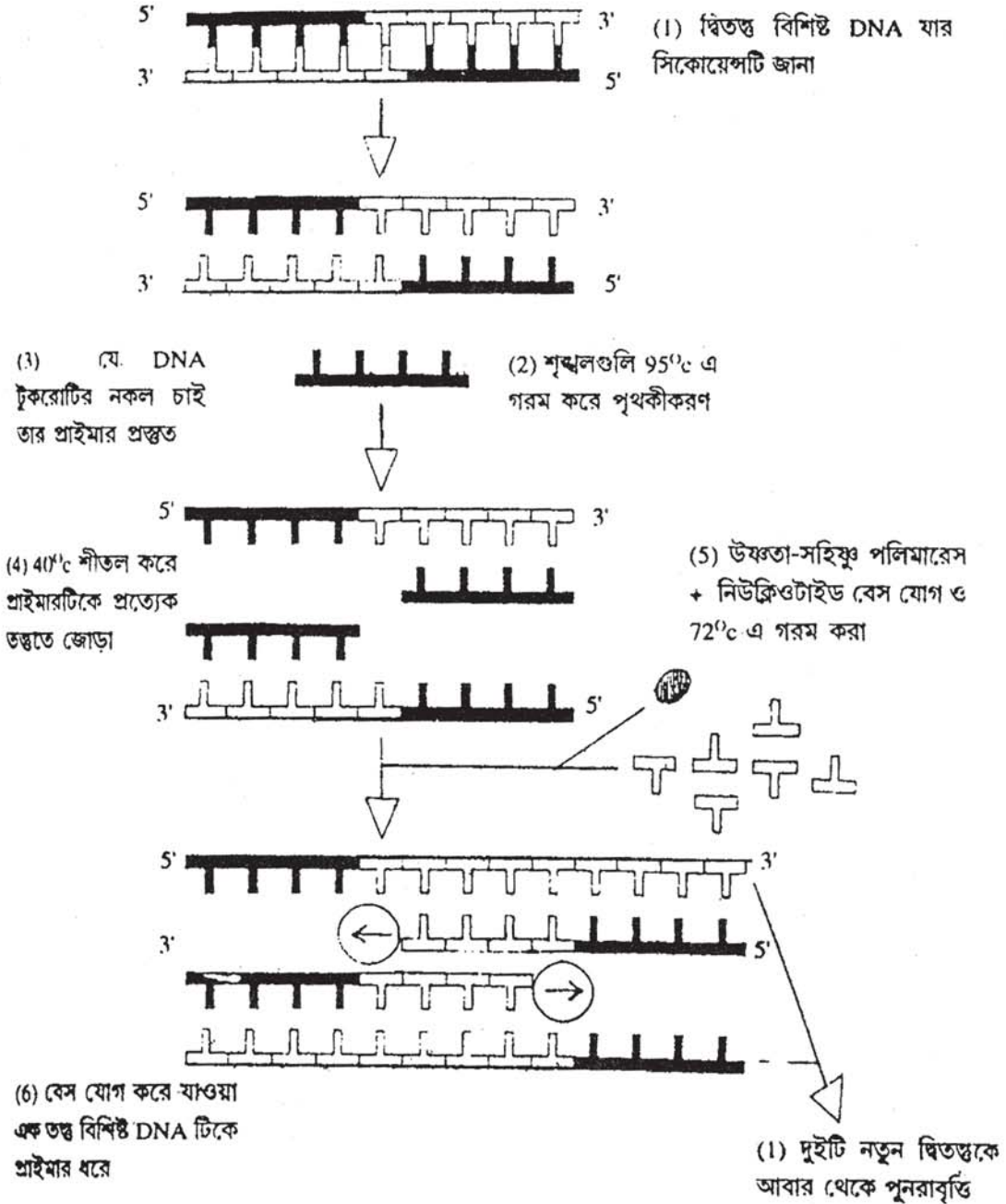
A	T	G	C
T	A	C	G

DNA সিকোয়েন্স

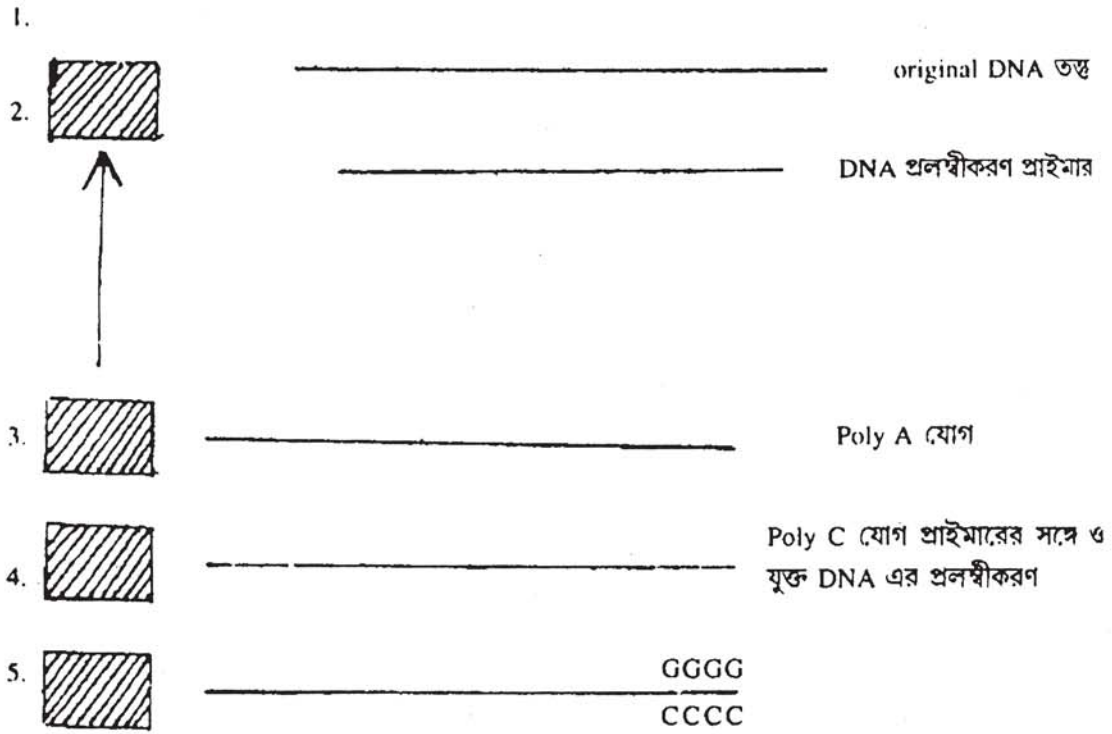
13. 11.2.3 অংশে দেখুন।

চিত্র নং 1

পলিমারেস চেন রিঅ্যাকশন PCR

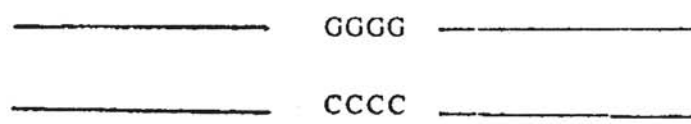


চিত্র নং (2) (a) উল্টো PCR



চিত্র নং (2) (b) নোঙর করা PCR

(শুধুমাত্র যে প্রাইমার DNA এর একটি প্রান্তের পরিপূরক তাকে ব্যবহার করা হয়)



↓

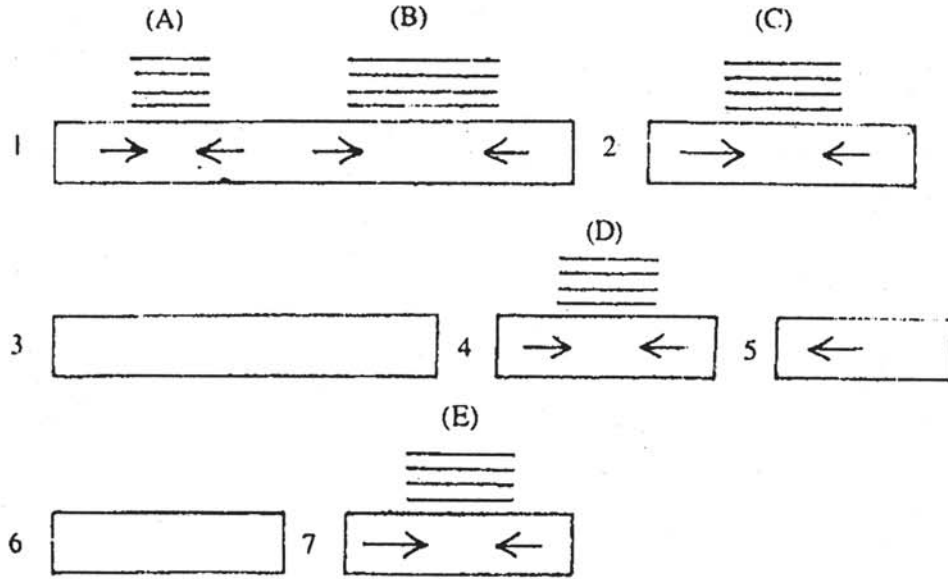
2টি প্রাইমার যোগ

↓

PCR চক্রের পুনরাবৃত্তি

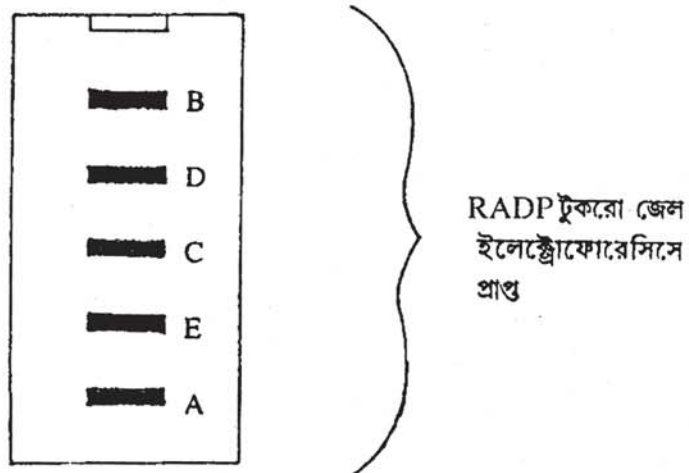
চিত্র নং (3)

চিত্র পরিচিতি-RADP analysis ক্রোসোসোম মার্কারের কাজ করে। অন্য strain টিতে একটি ব্যান্ড ও কম থাকলে সেটিকে heterozygous marker locus হিসাবে ব্যবহার করা যায় ও জেনেটিক মানচিত্র আকার কাজে লাগে।



→ PCR প্রাইমার সিকোয়েন্স তার স্থান ও কোন দিক থেকে কোনদিকে অবস্থিত।

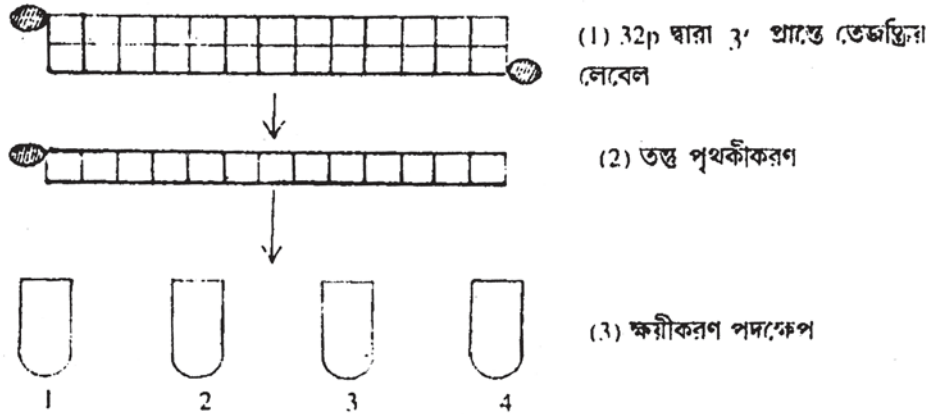
≡≡≡ বর্ধিত PCR এর ফলাফল 1-7 ক্রোসোসোমগুলি



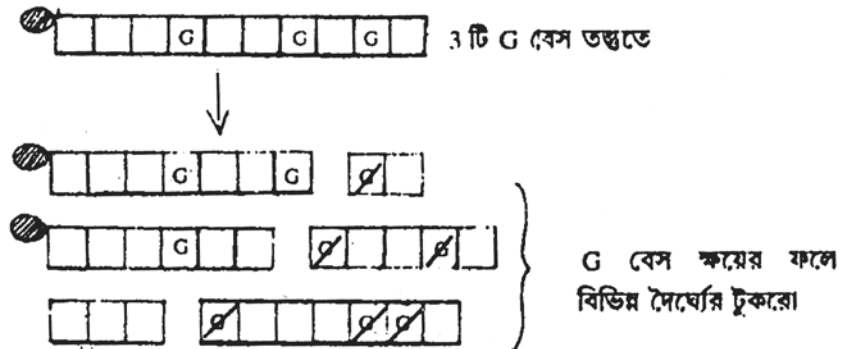
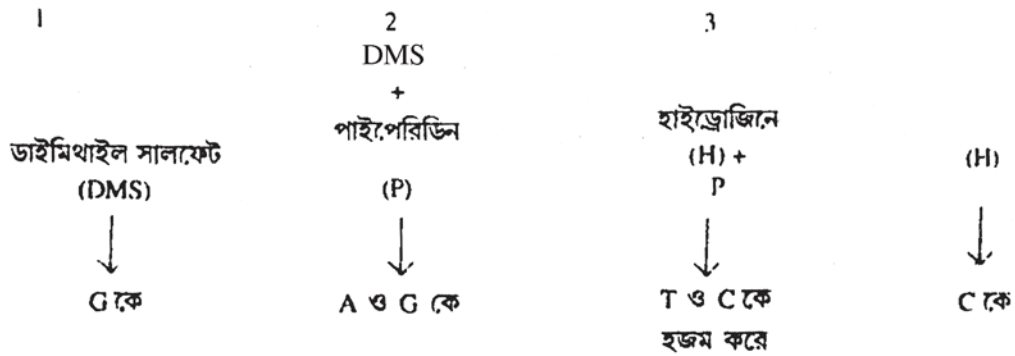
RADP টুকরো জেল ইলেক্ট্রোফোরেসিসে প্রাপ্ত

চিত্র নং 4

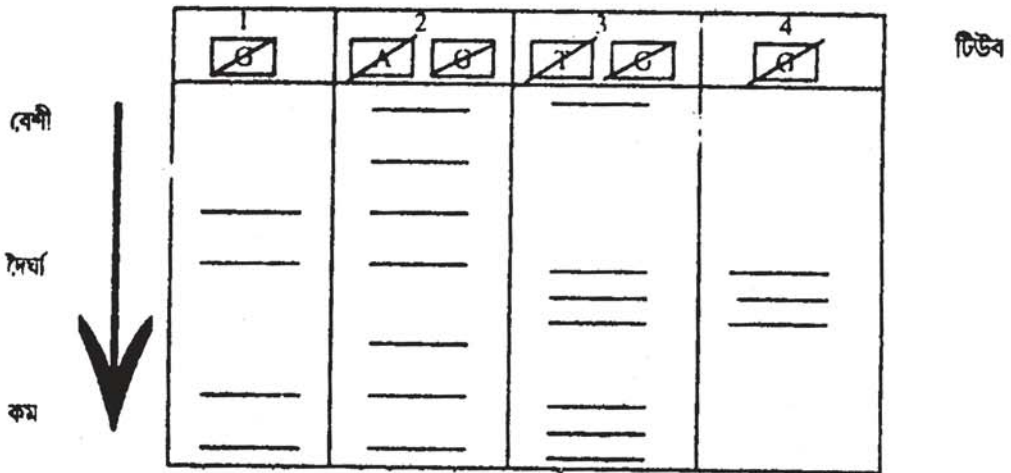
Maxam ও Gilbert-এর DNA সিকোয়েন্স নির্ধারণ পদ্ধতি



টেস্টটিউবে বিভিন্ন রাসায়নিক দ্রবণ যারা বিভিন্ন নিউক্লিওটাইড "হজম" করে।



↓  
 ডেল ইলেক্ট্রোফোরেসিস  
 ↓  
 অটোরডিগ্রাফ  
 ↓



4 বকম বিভিন্নতার তুলনামূলক চিত্র

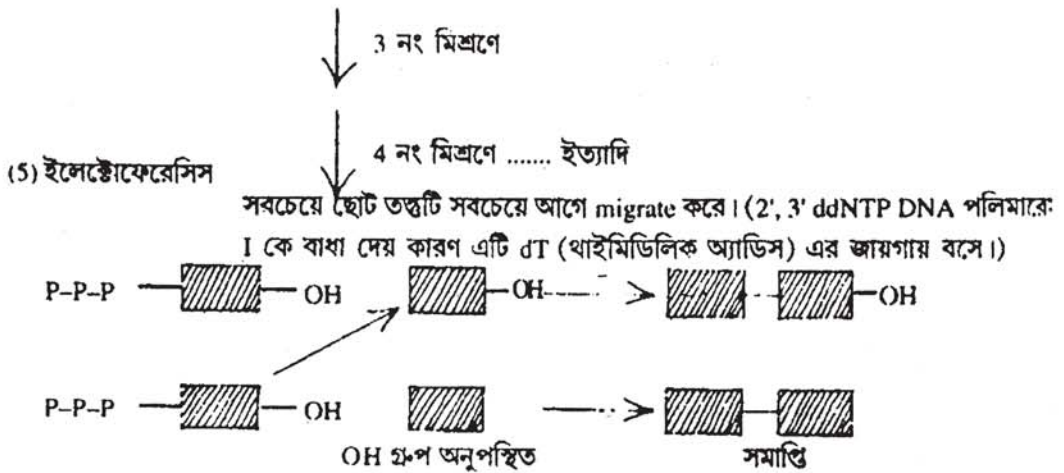
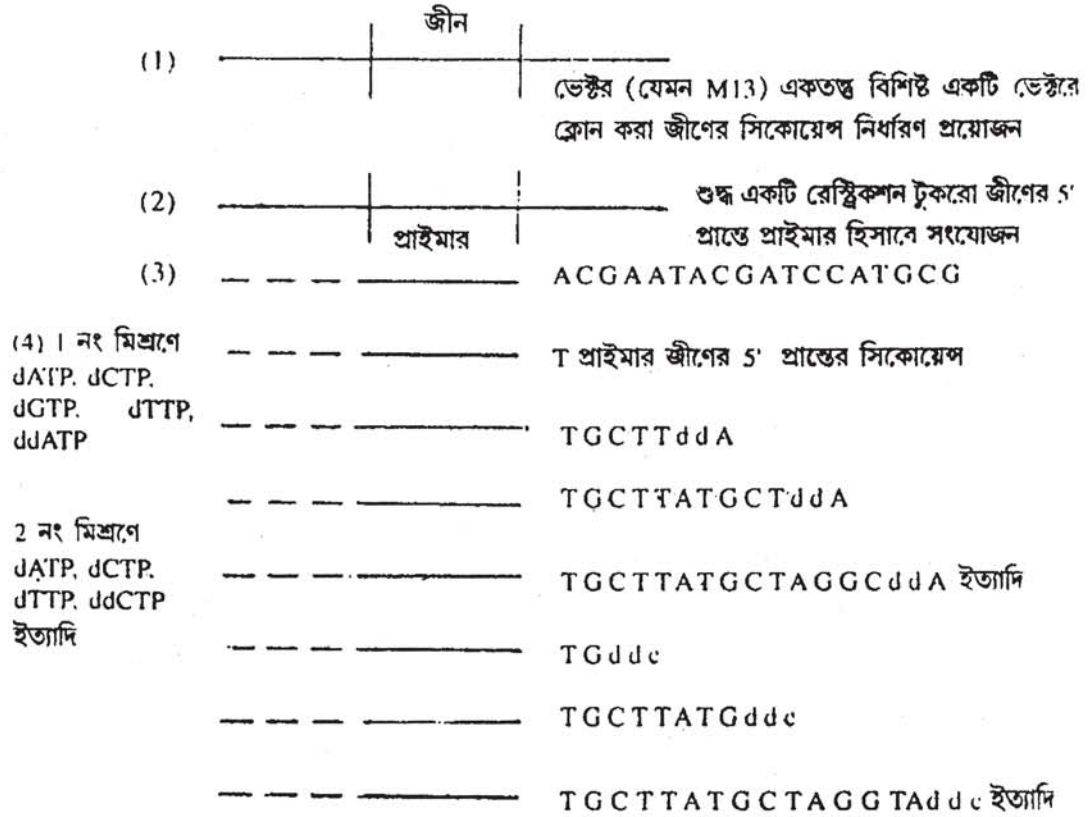
5' প্রান্তে পড়তে পড়তে

সিকোয়েন্স :

T	A	A	G	G	C	C	C	A	A	T	T	T
A	T	T	C	C	G	G	G	T	T	A	A	A

চিত্র নং 5 (a)

Sanger-এর DNA সিকোয়েন্স নির্ধারণ পদ্ধতি



বিক্রিয়ার স্বরূপ

চিত্র নং (b)



## একক 12 □ মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি, জিনের মাধ্যমে টিকাকরণ

গঠন

### 12.1 প্রস্তাবনা

উদ্দেশ্য

### 12.2 মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি

12.2.1 ইম্যুনিটিতে অ্যান্টিবডির ভূমিকা

12.2.2 সাধারণভাবে শরীরে যে কটি ধরনের অ্যান্টিবডি বা ইম্যুনোগ্লোবিউলিন তৈরি হয়

12.2.3 মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি সংশ্লেষণ পটভূমিকা

12.2.4 উদ্দেশ্য

12.2.5 মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি সংশ্লেষণ পদ্ধতি

12.2.6 মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি সংশ্লেষণের ব্যাখ্যা

12.2.7 মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডির চরিত্র ও বিশেষত্ব বিশ্লেষণ

12.2.8 ব্যবহার

12.2.8.1 ট্যাক্সোনেমিতে

12.2.8.2 ইম্যুনোপ্যারাসাইটোলীজিতে

12.2.9 সারাংশ

12.2.10 অনুশীলনী

### 12.3 ভ্যাক্সিন বা টিকা প্রস্তুতিকরণে জিন

12.3.1 WHO এর EPI প্রোগ্রাম

12.3.2 নিউক্লিক অ্যাসিড নির্মিত ভ্যাক্সিন কী ?

12.3.3 ভ্যাক্সিন হিসেবে জিন কোন্ কোন্ রোগের ক্ষেত্রে সফল বা সাফল্যের কাছাকাছি

12.3.3.1 ব্যাক্তিরিয়া ঘটিত কলেরা

12.3.3.2 পরজীবী ঘটিত ম্যালেরিয়া

12.3.3.3 ভাইরাস ঘটিত ম্যালেরিয়া

12.3.3.4 আন্ড্রিক জীবাণুর বিরুদ্ধে ভ্যাক্সিন

12.3.3.5 ছোঁয়াচে নয় এমন রোগ প্রতিরোধকারী ভ্যাক্সিন

### 12.3.4 সারাংশ

### 12.3.5 অনুশীলনী

### 12.4 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

### 12.5 উত্তরমালা

---

## 12.1 প্রস্তাবনা

---

অর্জিত অণুক্রমক্ষমতা বা acquired immunity-র গোড়ার কথা হল শরীরের মধ্যে একটি অ্যান্টিজেনের উপস্থিতি (যা দেহের প্রতিরোধক্ষমতার প্রথম দ্বাররক্ষক ম্যাক্রোফাজের সহায়তায় দেহের সেনাবাহিনী অর্থাৎ T ও B কোষকে প্রতিরক্ষায় সচেতন করে) যা শেষ অবধি B কোষ দ্বারা সৃষ্ট অ্যান্টিবডি অণুর দ্বারা ক্ষতিকারক জীবাণু (pathogen) এর ধ্বংসের কারণ হয়। এই বিষয়ে EZO 11 এর unit 9-এ বিস্তৃতভাবে আলোচনা করা হয়েছে।

মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি এমনই একটি অ্যান্টিবডি তবে এর বিশেষত্ব এই যে এটি অনেক অধিক মাত্রায় specific অর্থাৎ কোন অ্যান্টিবডিকে neutralise করতে হবে এই ক্ষমতাটি পুরোপুরিভাবেই এর মধ্যে পূর্বপরিকল্পিত। তাই টিকা হিসাবে এটি sure shot বা অব্যর্থ লক্ষ্য। এই সম্বন্ধেই এই পাঠে জানা যাবে।

এছাড়া টিকাকরণ বিষয়েও পূর্ব উল্লিখিত EZO 11 এর unit 9 এ আলোচনা করা হয়েছে। এখানে জিনকে কীভাবে মলিকিউলার বায়োলজির সাহায্যে টিকাকরণ পদ্ধতির হাতিয়ার হিসেবে ব্যবহার করা যায় সেই সম্বন্ধে ধারণা পাবেন। অর্থাৎ অ্যান্টিজেন প্রস্তুতকারক জিনটিকেই যদি প্রত্যক্ষভাবে শরীরে অনুপ্রবেশ করানো যায় তবে অ্যান্টিবডি সংশ্লেষণও অনেক বেশি দ্রুত ও কার্যকরী হতে পারে।

### উদ্দেশ্য :

এই এককটি পাঠ করে আপনি জানতে পারবেন—

- নোবেলজয়ী বৈজ্ঞানিকদ্বয়ের একটি অমর কাজের ফল-মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি প্রস্তুতের ইতিকথা।
- এই mAb (মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি) কী কী কাজে লাগে সে কথা জানতে পারবেন, অন্যকে বোঝাতে পারবেন, আপনার নিজের কোনো idea কেও হয়তো বাস্তবায়িত করতে পারবেন এবং ফার্মাসিউটিক্যাল ইন্ডাস্ট্রিতে (হাতে নাতে এই কাজের training নিয়ে) ব্যবহারও করতে পারবেন।

জিনকে জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর মাধ্যমে কতভাবে নিজেদের কাজে তথা জনসাধারণের স্বাস্থ্যের উন্নতিসাধনে ব্যবহার করা যায় তা জেনেছেন unit 9, 10 এবং 11 এর মাধ্যমে। এবার সরাসরি টিকা প্রস্তুতের কাজে একে কীভাবে লাগানো যায়, তা দেখবেন, অন্যকে বোঝাতে পারবেন এবং কাজেও লাগাতে পারবেন।

---

## 12.2 মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি

---

### 12.2.1 ইমিউনিটিতে অ্যান্টিবডির ভূমিকা

হিউমোরাল ইমিউনিটি হল অ্যান্টিবডির মাধ্যমে যে প্রতিরোধক ক্ষমতা জন্মায়। তাই। [চিত্র নিং 1 এ বিস্তৃতভাবে দেখানো হল এই অ্যান্টিবডি কীভাবে এই অনাক্রমক্ষমতা শরীরকে প্রদান করে।

### 12.2.2 সাধারণভাবে শরীরে কয়েকটি অ্যান্টিবডি বা ইমিউনোগ্লোবিউলি তৈরি হয়।

—এই বিষয়ে EZO 11 এককের 9 নম্বর এককে বিস্তৃতভাবে বলা হয়েছে। সংক্ষেপে 5 রকম I<sub>g</sub> বা ইমিউনোগ্লোবিউলিন তৈরি হয় I<sub>g</sub> জিন থেকে [ চিত্র নং (2)]

### 12.2.3 মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডির সংশ্লেষণের পটভূমিকা

সাধারণভাবে শরীরে কোনো অ্যান্টিজেন প্রবেশ করলে যে অ্যান্টিবডি তৈরি হয় তাদের specificity বা কোনো অ্যান্টিজেনকে বিশেষ ভাবে চিহ্নিত করার ক্ষমতা বহু প্রকারের হয় অর্থাৎ অ্যান্টিজেনের একাধিক অঞ্চলকে সে চিহ্নিত করতে পারে। এই চিহ্নিত করার ক্ষমতাসম্পন্ন অ্যান্টিবডির তাই অ্যান্টিজেনে অণুর বহুল “ডিটারমিন্যান্ট” (determinant) এর প্রতিপক্ষপাত লক্ষ্য করা যায়।

অ্যান্টিবডি (Ab) প্রোটিন যা অ্যান্টিজেনে (Ag)-এর সঙ্গে বন্ধনে আবৃত হয় ইমিউন বিক্রিয়ার (immune response) সময়ে। বন্ধন একাধিক স্থানে হতে পারে না। অ্যান্টিজেনের অনেকগুলি এপিটোপ (epitope) বা ‘চিহ্নিত অঞ্চল’ থাকতে পারে একইভাবে অ্যান্টিবডিরও একাধিক প্যারাটোপ (paratope) বা ‘চিহ্নিত অঞ্চল’ বা binding site (যে অঞ্চলের দ্বারা বন্ধন সেতু নির্মিত হয়) থাকে। এই ঘটনাটি একাধিক প্রাণীর মডেলে তাই একইরকমভাবে নাও ঘটতে পারে। তাই হোমোজিনিয়াস (homogeneous) বা সমপ্রকৃতির (heterogeneous) সবসময় তৈরি যায় না। স্তন্যপায়ী প্রাণীর ক্ষেত্রে তাই (Ab) হেটেরোজিনিয়াস (heterogeneous) বা বহুপ্রকারের ও প্রত্যেক ক্ষেত্রে ভিন্নরকম।

এই সমস্যাটি দূর করতে কোহলার, মিলস্টান ও টার্ন-(Kohler, Milstein and Terne) একটি পরীক্ষার মাধ্যমে একট অমর কোষ সারিতে (immortal cell line) একইরকম Ab তৈরি করেন গবেষণাগারে।



(iv) সাধারণ B কোষ মাধ্যমে অনন্তকাল ধরে বাঁচতে অক্ষম। তার আয়ু শেষ হয়ে গেলে পুনর্বীর সেই B কোষের ক্লোন সৃষ্টি করতে হবে। যা ক্রমাগত করা ব্যবয়সাপেক্ষ ও নিয়ত পরিবর্তনশীল।

(v) স্বাভাবিক B কোষকে ক্যানসারধর্মী শ্বেতকণিকার সঙ্গে মিলিত করে (fusion) এই সমস্যার সমাধান করা যেতে পারে। মায়োলোমা (myeloma) কোষ সারি অমর।

(vi) এদের মধ্যে থেকে মিউট্যান্ট কোষগুলিকে শনাক্তকরণ করা হল এইভাবে। মিউট্যান্ট কোষগুলি স্যালভেজ পথে (Salvage pathway) সংশ্লেষণের ক্ষমতা বিনষ্ট হয়ে যায়।

(vii) HAT মাধ্যমে নির্ধারিত কোষের শনাক্তকরণ : এই মাধ্যমে হাইপোস্যানথিন, অ্যামিনোপ্টেরিন ও থাইমিডিন থাকে। মিউট্যান্ট কোষগুলিতে HGPRT উৎসেচক থাকে না। (চিত্র নং 4-এ নতুনভাবে de-novo) স্যালভেজ সংশ্লেষণের মাধ্যমে নিউক্লিক অ্যাসিড তৈরির ছকটিকে দেখানো হয়েছে কীভাবে de-novo সংশ্লেষণ বন্ধ হলে স্বাভাবিক কোষে স্যালভেজ পথে DNA সংশ্লেষণ সাধিত হয় HGPRT শ্রেণির উৎসেচক দ্বারা।)



Hypoxanthine Guanosine Phosphoribosyl transferase

(হাইপোস্যানথিন গুয়ানোসিন ফসফোরাইবোসিল ট্রান্সফারেস)

HAT মাধ্যমে মিউট্যান্ট কোষগুলি HGPRT না থাকায় DNA সংশ্লেষণ করতে পারে না। অ্যামিনোপ্টেরিন এক্ষেত্রে DNA সংশ্লেষণ de-novo পথে ঘটতে দেয় না ও HGPRT র অনুপস্থিতিতে স্যালভেজ পথটিও কার্যকর থাকে না। তাই শুধুমাত্র স্বাভাবিক কোষই HAT মাধ্যমে বাঁচতে পারে।

(viii) মিশ্র অর্থাৎ যে স্বাভাবিক কোষগুলি মায়োলোমা কোষের সঙ্গে ফিউসান (fusion) বা মিলিত হয়েছে অথচ মিউট্যান্ট আকার ধারণ করেনি, সে কোষগুলির শুধুমাত্র HAT মাধ্যমে বাঁচে ও এদের পরবর্তী কালচারের মধ্যে বাড়তে দেওয়া হয়। (আকারে ও সংখ্যায়) এদেরই বলে হাইব্রিডোমা কোষসমূহ।

(ix) বর্ধনশীল হাইব্রিডগুলির মধ্যে থেকে সঠিক ক্লোনগুলি নির্বাচন করা হয় RIA বা রেডিওইম্যুনো অ্যাসে (radioimmuno assay) অথবা ELISA (enzyme linked immuno sorbent assay) পদ্ধতিতে। এতে ক্লোনগুলির ইম্যুনোলজিক্যাল চরিত্রগুলির স্বরূপ নির্ধারণ করা সম্ভব।

(x) কালচারগুলির পারস্পরিক ঘনত্ব হ্রাস করে (serial dilution) একটিমাত্র কোষের বিরুদ্ধে একশ্রেণির ক্লোনকে কালচার করা হয়।

(xi) অন্তর্বর্তী পদক্ষেপগুলির কোষগুলিকে তরল নাইট্রোজেনের মধ্যে সংরক্ষিত করা হয় ভবিষ্যতে ব্যবহারের জন্যে।

(xii) নির্বাচিত ক্লোনগুলি একটিমাত্র বিশেষ অ্যান্টিবডি স্ক্রিনিং করে। এরা একটিমাত্র হাইব্রিড কোষের ক্লোন থেকে সৃষ্ট তাই এদের মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি বলা হয়।

### 12.2.7 মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডির চরিত্র ও বিশেষত্ব বিশ্লেষণ

(i) মায়োলোমা হাইব্রিড দ্বারা স্ক্রিনিং অ্যান্টিবডিগুলিতে হালকা (L) ও ভারী (H) শৃঙ্খল থাকতে পারে যেগুলি অ্যান্টিবডি সংশ্লেষকারী B কোষ এবং মায়োলোমা কোষ দুই থেকেই গ্রহিত। এগুলি যে কোনো রকমভাবেই মিলিত হয়ে সৃষ্ট হতে পারে। তাই এগুলির সঠিক ব্যবহারের মাধ্যমে 100% বিশুদ্ধ monoclonal antibody সৃষ্টি করা সম্ভব।

(ii) L ও H শৃঙ্খলগুলির প্রবল ও পরিবর্তনশীল অঞ্চলগুলির মিশ্রণ হাইব্রিডোমা কোষে পুরোপুরি অনুপস্থিত। তাই দ্বিচারিত্রিক ক্রিয়া যথা—(a) অ্যান্টিজেন বাঁধার বিশেষত্ব (b) কমপ্লিমেন্ট বাঁধার বিশেষত্ব একটিমাত্র পলিপেপটাইড শৃঙ্খলই সীমিত। এটি একটিমাত্র স্বাধীনভাবে ক্রিয়াশীল জেনেটিক লোকাসের দ্বারা পরিচালিত হয় বা স্পলীন বা প্লিহার কোষ থেকে আসে।

(iii) তাই (donor) প্রাণীর লিম্ফোসাইটই সবচেয়ে প্রয়োজনীয় মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডির চরিত্র নির্ধারণে।

(iv) এটি একটি unique প্রোটিন। এর বিশেষ isoelectric p<sup>H</sup> হয় ও এটি বিশেষ biochemical শ্রেণিভুক্ত।

(v) এটির stability (স্থায়িত্ব) বা fragility (ভঙ্গুরত্ব) চরিত্রও ভিন্ন শ্রেণিতে ভিন্ন।

### 12.2.8 ব্যবহার

**12.2.8.1 ট্যাক্সোনমিতে-** বিভিন্ন শ্রেণিভুক্ত প্রাণী যারা বংশগতভাবে (genetically) পরস্পরের অত্যন্ত সন্নিকটস্থ আর তাই অন্যান্য পদ্ধতিতে সহজে এদের শনাক্তকরণ সম্ভব হয়, তাদের মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি দ্বারা সঠিকভাবে শনাক্ত বা পার্থক্য করা সম্ভব। *Leishmamoiosis braziliensis* কার্টিলেজ বা তরুণাঙ্কিকে আক্রমণ করে mucocutaneous leishmaniosis ঘটায় ও *L. mexicana* ত্বকে subcutaneous leishmaniasis ঘটায়। এদের সহজে শনাক্ত করার কোনো পদ্ধতিই স্বয়ংসম্পূর্ণ নয়।

একমাত্র monoclonal antibody ব্যবহার সোরোলজিক্যাল পরীক্ষার মাধ্যমে এদের দ্রুত শনাক্ত করা যায় ও এপিডিমিওলজিক্যাল পরীক্ষায় ব্যবহার করা হয়। এতে cross reactivity (যেমন Trypanosome cruzi-র সঙ্গে) হলেও শনাক্তকরণের পরীক্ষায় কোনো হেরফের হয় না। New world leishmaniasis এর শনাক্তকরণে মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি'র ভূমিকা অনবদ্য।

### 12.2.8.2 ইম্যুনোপ্যারাসাইটোলজিতে

(i) মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি (mAb) ব্যবহার হয় পরজীবীর অ্যান্টিজেন শনাক্তকরণে, isolation বা পৃথকীকরণে ও characterisation বা চরিত্রায়ণ বা বিশেষত্ব নির্ধারণে।

(ii) mAb পরজীবীর আক্রমণের পথ অচলায়ন ও ক্রিয়াশীল পরজীবী নিধনকারী অ্যান্টিবডি'র স্বরূপ। 4টি বিশেষ ক্ষেত্রে এটির ব্যবহার হয়ে থাকে—

#### I. পরজীবীরোধকারী আক্রমণক্ষমতার ক্রিয়াশীল অণু হিসেবে :

পরজীবী অচল করতে, অপসারণ করে ফেলতে বা ধ্বংস করতে পোষক জীবের শরীরে বা in vitro টেস্টটিউবে বা গবেষণাগারে এদের ব্যবহার অনস্বীকার্য। পোষক জীবকে প্রতিরোধ ক্ষমতা দিতে পারে এমন Ag হিসেবেও এরা সফল।

উদাহরণ : (a) *Plasmodium berghei* এর বিরুদ্ধে ইঁদুরের প্রতিরোধক ক্ষমতা অর্জন।

(b) মশা দ্বারা, *P. gallinaceum* এর বহন এর (অ্যান্টিগ্যামেট অ্যান্টিবডি ব্যবহার করে) ক্ষমতা নষ্ট করে।

(c) বাঁদরের লোহিতকণিকায় *P. knowlesi* র মেরোজয়েট দ্বারা আক্রমণ রোধ করে।

#### II. অ্যান্টিজেনের শনাক্তকরণকারী প্রোব (probe) হিসেবে :

(a) ক্লোন করা পরজীবী DNA শনাক্তকরণ ও recombinant DNA technology দ্বারা প্রোটিন অ্যান্টিজেন প্রস্তুত।

(b) ইম্যুনোডায়াগনস্টিক পরীক্ষায় অ্যান্টিজেন অণুর শনাক্তকরণ।

(c) পরজীবী Population এ heterogeneity বা বি-সম জেনেটিক গঠন আছে কিনা দেখতে mAb ব্যবহার হয়।

(d) পরজীবী অ্যান্টিজেনে এপিটোপ বিশ্লেষণ।

### III. পরজীবী অ্যান্টিজেনের পৃথকীকরণ Purification (বিশুদ্ধতর) করতে—

ঘন phase এ স্থিত ইম্যুনোঅ্যাবসরবেন্ট হিসেবে mAb ব্যবহার হয়। মিশ্রণ তাকে অ্যান্টিজেনে দ্রুত আলাদা করতে এটি ব্যবহার হয়।

### IV. ইম্যুনাশনাক্তকরণ পরীক্ষামাধ্যম বা immuno diagnostic kit প্রস্তুতি।

প্রতিযোগিতামূলক RIA তে তেজস্ক্রিয় isotope দ্বারা চিহ্নিত mAb রোগগ্রস্ত host বা পোষক জীবের এর serum থেকে crude প্রকৃত পরজীবীর অ্যান্টিজেনকে বন্দি করে ও পরজীবীকে নিষ্ক্রিয় করে দেয়। সুতরাং শক্তিশালী immuno diagnostic পরীক্ষার একটি শক্তিশালী অস্ত্র হিসেবে হিসাব মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি'র ভূমিকা তাই অনস্বীকার্য।

## 12.2.9 সারাংশ

এই এককে আপনি জানলেন—

- মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি কী।

● কেন মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি'র প্রয়োজন হল কারণ সাধারণত যে ভিন্ন ভিন্ন প্রকার ইম্যুনোগ্লোবিউলিন অণু শরীরে সংশ্লেষিত হয় সেগুলি নির্দিষ্ট প্রকৃতির অ্যান্টিজেনের জন্য নয়। প্রকৃতির বৃহত্তর অ্যান্টিজেন শনাক্তকরণের প্রয়াসে যে বিরাট সংখ্যক ab তৈরির কর্মকাণ্ডের আয়োজন করেছে তাতে পরজীবীর পক্ষে অনেক সময় Ag প্রস্তুত ও অনাক্রম্যমতাকেই কাজে লাগিয়ে তা ধ্বংস করার কাজে ব্যবহার করতে দেখা যায়। মানুষের দ্বারা প্রস্তুত mAb সেই পথে যথেষ্ট বাধাপ্রদান দানে সক্ষম হয়েছে তা জানলেন।

- কীভাবে প্রথম mAb টি প্রস্তুত হল ও নোবেলজয়ী বৈজ্ঞানিক-ত্রয়ের মিলিত প্রয়াসের বিস্তৃত বিবরণ জানলেন।
- mAb র ব্যবহার কী কী ও তা কীভাবে উৎপাদন করা হয় তার বিস্তৃত বিবরণ জানলেন।

## 12.2.10 অনুশীলনী

1. নিম্নলিখিত শূন্যস্থানগুলি পূর্ণ করুন সঠিক উত্তরটির দ্বারা

(a) *de novo* DNA সংশ্লেষণ বাধা পড়লে কোষটি

(i) স্যালভেজ পথে DNA সংশ্লেষণ করে

(ii) DNA সংশ্লেষণ সম্পূর্ণ বন্ধ হয়।

(iii) কোনো পরিবর্তনই হয় না।



(b) কোষটি স্যালভেজ পথ তখনি অবলম্বন করতে পারে যখন

(i) কোষটিতে HGPRT আছে

(ii) কোষটিতে HGPRT নেই

(iii) কোনোটিই নয়।

(c) কোষটি HAT মাধ্যমে তখনি বৃদ্ধি পেতে পারে যখন—

(i) এটি স্বাভাবিক কোষ

(ii) এটি মিউট্যান্ট কোষ

(iii) কোনোটিই নয়।

(d) হাইইব্রডোমা কী

(i) এক ধরনের অ্যান্টিবডি

(ii) এক ধরনের অ্যান্টিজেন

(iii) এক ধরনের কোষ

(e) মনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি সৃষ্টি হয়—

(i) একটি ক্লোন থেকে—

(ii) একাধিক ক্লোন থেকে

(iii) অন্যভাবে

2. টেবিল দুটিকে পরস্পরের সাথে মেলান

A	B
(a) HGPRT	(a) HAT মাধ্যম
(b) অ্যামিনোপ্টেরিন	(b) ইম্যুনোগ্লোবিউলিন অণু
(c) L শৃঙ্খল	(c) ইম্যুনোডায়গনস্টিক কিট
(d) পরজীবী অ্যান্টিজেন	(d) বৈজ্ঞানিক
(e) মনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি	(e) অ্যান্টিপরজীবী অ্যান্টিবডি
(f) মিল্‌স্টাইন	(f) হাইপোসানওয়ানিন ফসফোরাইবোসিল ট্রান্সফারেস

---

## 12.3 ভ্যাক্সিন বা টিকা প্রস্তুতিকরণে জিন

---

Passive immunisation এবং acquired immunity এই দুই ক্ষেত্রে অনাক্রমক্ষমতা বৃদ্ধির উপায়—

(i) জীবকে কে রোগ সৃষ্টিকারী জীবাণুর কাছাকাছি রাখা হয় অল্প সময়ের জন্য (যেমন নার্সরা বা রোগীকে যারা সেবা করেন) যাতে অল্প মাত্রায় শরীরে জীবাণু প্রবেশের ফলে দেহের B কোষগুলি সেই জীবাণুর অ্যান্টিজেনের বিরুদ্ধে অ্যান্টিবডি সৃষ্টি করতে পারে যা তাকে virulent বা অতি তীব্র মাত্রায় রোগগ্রস্থ হওয়া থেকে পরবর্তীকালে রক্ষা করতে পারে।

(ii) জীবের দেহে সেই রোগসৃষ্টিকারী জীবাণুর antigen অংশটি সরাসরি inoculate করে তার শরীরে সেই অ্যান্টিজেন ধ্বংসকারী অ্যান্টিবডি সৃষ্টি করা। এই দ্বিতীয় প্রক্রিয়াটিকে টিকাকরণ বা vaccination বলে।

যখন মুক্ত বা নগ্ন DNA কে সরাসরি 'হোস্ট' (host) কোষে প্রবেশ করিয়ে তা দ্বারা বিশেষ ধরনের অ্যান্টিজেনে সৃষ্টি করা হয় যা অল্প মাত্রায় ক্ষরিত হয়ে B কোষকে অ্যান্টিবডি তৈরি করতে উৎপাদনে বাধা করে, তা থেকে প্রতিরক্ষামূলক অনাক্রমক্ষমতা বা protective immuno response পাওয়া যায়। এই হল জিন ভ্যাক্সিন হিসাবে ব্যবহারের ইতিকথা।

### 12.3.1 WHO এর EPI প্রোগ্রাম

EPI বা Expanded Programme on immunisation যে কটি টিকা বিশ্বজুড়ে সফলভাবে দেওয়া হচ্ছে তা প্রদর্শিত হল Table নং 1 এ। এছাড়া শিশুদের জন্য নিয়মিত যে টিকাকরণের ব্যবস্থা আছে EPI প্রোগ্রামের বাইরে সেগুলি Table নং 2 এ দেওয়া হল।

### 12.3.2 নিউক্লিক অ্যাসিড নির্মিত ভ্যাক্সিন কী?

ভাইরাস বা ব্যাক্টেরিয়ার জিন যা সেই ভাইরাস বা ব্যাক্টেরিয়াকে শনাক্তকরণ করতে সাহায্য করে এমন অ্যান্টিজেন সৃষ্টি করে, তা যখন একটি প্লাসমিড ভেক্টরের মধ্যে একটি শক্তিশালী প্রোমোটারের সঙ্গে অনুপ্রবেশ করান হয়। (যেমন সাইটোমেগালো ভাইরাসের প্রোমোটার) সেই জিনটিকে কোন কোন স্তন্যপায়ী প্রাণীর কোষে নির্মাণ করা যায়। Striated muscle (পেশীকলা এবং ত্বকের উপরীভাগের কোষগুলি নিউক্লিক অ্যাসিড টিকার সুবেদী গ্রাহক। জিনটির থেকে তৈরি হয়ে সেই ভাইরাস বা ব্যাক্টেরিয়ার অ্যান্টিজেন প্রোটিন ধীরে ধীরে সেই কোষগুলি থেকে (লীক) ক্ষরিত হয়ে নিঃসারিত হতে থাকে। এই দীর্ঘকালীন অ্যান্টিজেন ক্ষরণ এর 'লীক' ক্রিয়া হওয়া B এবং T কোষকে উত্তেজিত করে এবং অ্যান্টিবডি ও সাইটোটক্সিক T কোষ যথাক্রমে প্রতিরক্ষামূলক protective অনাক্রমক্ষমতা জ্ঞাপন করে। কতটা বা অনুসারে এই অনাক্রমক্ষমতা অর্জিত হবে তা সবসময় সঠিকভাবে বলা যায় না। সেই বিশেষ জিনের গঠন এবং সেই বিশেষ "হোস্ট" (পোষক) কোষ কিভাবে জিনটিকে প্রকাশ express করছে এবং প্রত্যেকটি অ্যান্টিজেন ও অ্যান্টিজেনের সমবায় (কম্বিনেশন) এর পরিণতি ধার্য বা নির্ধারণ করে।

ভ্যাক্সিনরূপী জিনের Phase I ক্লিনিক্যাল ট্রায়াল শারীরবৃত্তীয় পরীক্ষানিরীক্ষা চলছে ও এর ফলাফল জানার জন্য গবেষকরা উৎকর্ষার সঙ্গে অপেক্ষা করছেন (চিত্র নং 5)

### 12.3.3 ভ্যাক্সিন হিসেবে জিন কোন্ কোন্ রোগের ক্ষেত্রে পরীক্ষিত ও সফল অথবা সাফল্যের কাছাকাছি

(২০০০ সাল পর্যন্ত তথ্য information) এই আলোচ্য অংশটিতে আপনার বিস্তৃতভাবে জানবেন কিছু বিশেষ রোগের ক্ষেত্রে (traditional) সনাতন ভ্যাক্সিন তেমন কার্যকরী না হওয়া কীভাবে জিনকে ভ্যাক্সিন হিসাবে ব্যবহার করার কথা ভাবা হয়, বাস্তবায়িত করা হয় ও সময়ের সঙ্গে জীবাণুর (evolution) বিবর্তনে (evolution) র এর সঙ্গে সঙ্গে কীভাবে বিজ্ঞানীরা ভ্যাক্সিনটির গঠন পরিবর্তন করে চলেছেন।

#### 12.3.3.1 ব্যাক্টেরিয়া গঠিত-কলেরা

*Vibrio cholerae* র বহু মহামারী সৃষ্টিকারী (strain) শাখাগুলির মধ্যে থেকে বেছে নিয়ে সেই জীবাণুর ক্রোমোসোম থেকে প্রধানত 2টি gene subunit পাওয়া গেছে ctx A (যা কলেরা টক্সিনের 27.2 কিলোডাল্টন আণবিক ভরযুক্ত subunit A উপএকক প্রোটিন অংশটি তৈরি করে ও ct × B (যা 11.6 KDa ভরযুক্ত k-টি subunit তৈরি করে)। এই B subunit টি থেকেই কলেরা টক্সিন বিনষ্টকারী অ্যান্টিবডি তৈরি হয়। এর virulence cassette (সংক্রামক কার্যক্ষেত্রটি) (জিনের যে অংশ টক্সিন তৈরির জন্যই প্রধানত দায়ী) strain-টির ক্রোমোসোম থেকে বাদ দেওয়া হয়েছে ও ct × B অংশটিকে এই প্লাসমিডের সাংগঠনিক কাঠামোয় (কনস্ট্রাক্টে) যোগ করা হয়েছে।

এরাই এবার জীবন্ত ওরাল ভ্যাক্সিন (live oral vaccine) হিসেবে কাজ করবে। আগে সমগ্র জীবাণুর কোষটিকেই inoculate (অনুপ্রবেশ ঘটিয়ে) করে ব্যবহার করা হত। এতে immunity (অনাক্রমক্ষমতা) থাকত মাত্র মাস তিনেকের জন্য। বর্তমান পরিবর্তিত জিন ভ্যাক্সিন (recombinant gene vaccine) টি সারাজীবন ব্যাপী রোগ প্রতিরোধক্ষমতা দিতে সক্ষম তা আশা করা হচ্ছে। [চিত্র নং (6)] এটি একটি attenuated vaccine এবং একবার প্রদানেই (একটিমাত্র dose) ই effective বা কার্যকরী।

#### 12.3.3.2 পরজীবী ঘটিত-ম্যালেরিয়া

ম্যালেরিয়া পরজীবীগুলির জীবন চক্র অত্যন্ত জটিল। তাই টিকা প্রস্তুতে 3টি প্রধান জীবন চক্র অবস্থার পর target সুনিশ্চিত লক্ষ্যভেদ করা হয় :

(i) লোহিত রক্ত কণিকায় অনুপ্রবেশের পূর্ববর্তী দশা যেখানে (sporozoite) স্পোরোজয়েটগুলিকে যকৃৎ কোষে অনুপ্রবেশে নিবারণ করা যায়।

(ii) রক্ত কণিকায় বর্ধমান পরজীবীগুলিকেই ধ্বংস করা যায়।

(iii) পরজীবীর যৌন দশাগুলিকে ধ্বংস করা যায় যার ফলে রোগের সংক্রমণ বন্ধ করা যেতে পারে।

Attenuated বা মৃত পরজীবীকে সাধারণত টিকারূপে ব্যবহার করা হত। তবে ম্যালেরিয়ার ক্ষেত্রে পরজীবীকে শনাক্ত করার অ্যান্টিজেনগুলিকে এপিটোপ এমন গুণ্ড অবস্থায় তাকে যে অ্যান্টিজেন অণুগুলি অধিকাংশ ক্ষেত্রে এখনো সঠিকভাবে পাওয়া সম্ভব হয়নি।

Recombinant DNA technology দ্বারা ম্যালেরিয়া পরজীবীর উপরোক্ত 3টি দশার অ্যান্টিজেন পেপটাইড সৃষ্টি করা হয় synthetic ভাবে জিন ক্লোনিং এর মাধ্যমে। একটি peptide antigen কে শনাক্ত করে তার কেনো ইম্যুন রেসপন্স হচ্ছে কিনা অর্থাৎ Ab তৈরি হচ্ছে কিনা (Elisa পদ্ধতির মাধ্যমে) পর্যবেক্ষণ করে তার অ্যামাইনো অ্যাসিড সিকোয়েন্স বা বিন্যাস থেকে নিউক্লিওটাইড ওজন জানা হয়। এবার সেই জিনটিকে পরজীবীটির ক্রোমোজোম থেকে আলাদা করা হয়। (জিন নকআউট পরীক্ষার মাধ্যমে) অথবা একটি synthetic gene সৃষ্টি করা হয়। এটিকে একটি ভাইরাল ভেক্টরের মাধ্যমে Vaccinia বা Salmonella ভাইরাসকে ব্যবহার করা হয়) জিনটিকে ক্লোন করে, হোস্ট কোষে express বা প্রকাশ করা হয়। টেবিল 3 এমন ধরনের অ্যান্টিজেনিক সিঙ্গেটিক পেপটাইডের কথা বলা হল।

এগুলি পরীক্ষামূলক অবস্থাতেই আছে। বলা বাহুল্য, এখনো সফল ম্যালেরিয়ার টিকা প্রস্তুত সম্ভব হয়নি কারণ পরজীবীটি কী কী ভাবে হোস্টের বা পোষক কোষের অনাক্রমক্ষমতাকে এড়িয়ে যায় তা এখনো সম্পূর্ণভাবে জানা যায়নি।

### 12.3.3.3 ভাইরাস ঘটিত-হেপাটাইটিস E এবং A

(A) হেপাটাইটিস E গর্ভবতী মহিলাদের মধ্যে মৃত্যুর একটা প্রধান কারণ। এছাড়া আন্তর্জাতিক ভ্রমণকারীদের এই রোগ আক্রমণ করে।

এই ভাইরাসের জিনে গঠন এবং ORF 3টিই যে প্রধানত রোগের জন্য দায়ী তা জানা গেছে (চিত্র নং 7) এবং এইটির থেকে সৃষ্ট প্রোটিন pORF 3 অ্যান্টিজেনরূপে কাজ করে অ্যান্টিবডি সংশ্লেষণে সাহায্য করে।

বর্তমানে হেপাটাইটিস E এর কোনো টিকা নেই। তবে শীঘ্রই এটি সাফল্যের পথে উপনীত হবে কারণ পৃথিবীর বিভিন্ন strain এর HEV তে মোটামুটিভাবে একই ধরনের সেরোটাইপ পাওয়া গেছে। pORF 2 এবং 3 কে রিকম্বিনেন্ট অবস্থায় (অর্থাৎ এই ORF জিন সিকোয়েন্সগুলি ক্লোন করে এক্সপ্রেস করে তা থেকে প্রাপ্ত পেপটাইড

বা প্রোটিন Ag এর কাজ করে প্রোটেক্টিভ বা প্রতিরক্ষামূলক অনাক্রম ক্ষমতার সঞ্চার করবে) ব্যবহার করে সাফল্য পাওয়া গেছে প্রধানত রেসাস প্রজাতির বাদরে যেখানে E. Coli কে এক্সপ্ৰেশানের জন্যে ব্যবহার করা হয়েছে।

(B) হেপাটাইটিস C মানুষের যকৃতে হেপাটাইটিস বা জন্ডিস, যকৃতের সিরসিস্ এবং সম্ভবত কার্সিনোমা ঘটানোর জন্য দায়ী।

যদিও এটির জিন ও রোগসৃষ্টিকারী অংশ (যে জিনগুলি প্রধানত প্রোটিনে সংশ্লেষণ করে হোস্ট বা পোষক কোষে অনুপ্রবেশ সাহায্য করে) সেই সম্বন্ধে জানা গেছে [চিত্র নং (8)]।

হেপাটাইটিস C এর ভ্যাক্সিন প্রস্তুতে দুর্বল বা এটেনুয়েটেড (attenuated) ভাইরাস (জেনেটিক্যালী ইঞ্জিনিয়ার করা ভাইরাস জিন যা থেকে রোগসৃষ্টিকারী অংশগুলি অর্থাৎ সিকোয়েন্সগুলি পৃথক করে দেওয়া হয়েছে কিন্তু অ্যান্টিজেনে সৃষ্টির অংশ সিকোয়েন্সগুলিকে ক্লোন করে প্রকাশ (এক্সপ্ৰেস) করা সম্ভব অ্যান্টিবডি উৎপাদনের উদ্দেশ্যে) ব্যবহার করা যেতে পারে। তবে বর্তমানে তা এখানে গবেষণাগারে সীমাবদ্ধ। প্রোটিনে ইনহিবিটর (Protease inhibitor) ব্যবহার করে ভাইরাসের অনুপ্রবেশ বন্ধ করেও এই রোগের প্রতিরোধ করা যেতে পারে। তবে বর্তমানে তা এখানে গবেষণাগারে সীমাবদ্ধ। প্রোটিনে ইনহিবিটর (Protease inhibitor) ব্যবহার করে ভাইরাসের অনুপ্রবেশ বন্ধ করেও এই রোগের প্রতিরোধ করা যেতে পারে।

বেশি দিন আগের কথা নয় কিছু অ্যান্টিসেন্স অলিগোডিঅক্সি নিউক্লিওটাইড (antisense oligodeoxy nucleotide) তৈরি করে ভাইরাল এবং কোষীয় জিন এক্সপ্ৰেশন বা প্রকাশের প্রতিরোধ করা সম্ভব হয়েছে।

#### 12.3.3.4 আন্ত্রিক জীবাণুর বিরুদ্ধে ভ্যাক্সিন

আফ্রিকা, এশিয়া ও লাতিন আমেরিকায় 5 বছরের কম বয়স্ক বাচ্চাদের এই রোগগুলি হয়। এপিডেমিক (epidemic) বা মহামারী রূপেও এই রোগগুলির প্রকাশ হয়ে থাকে। আন্ত্রিক রোগকে বলে ডায়েরিয়া (diarrhoea) যা প্রধানত ব্যাক্টেরিয়া ঘটিত—*E. coli*, *V. Cholera*, *Campylobacter*, *Shigella* এবং *Salmonella* ব্যাক্টেরিয়ার টক্সিন ও নন টক্সিক যে প্রোটিনের সাহায্যে এরা হোস্ট বা পোষক কোষ নিজেদের স্থাপন করে ও অনুপ্রবেশ করে—সেই বিশেষ অণুগুলিকেই টিকা প্রস্তুতের কাজ লাগানো হয়। রিকম্বিনেন্ট অবস্থায় সেই সকল প্রোটিন প্রস্তুতকারী জিন পৃথক করে তা ক্লোন করে তা থেকে সফল টিকা প্রস্তুত করা সম্ভব হয়েছে। [টেবিল নং (8)]

Rotavirus যা সদ্যোজাত শিশুদের মৃত্যুর কারণ হয়, এর বিরুদ্ধে জীবন্ত (attenuated) (দুর্বলীকৃত) টিকা প্রস্তুত করা হয়েছে। নগ্ন বা মুক্ত DNA থেকে পোকাকার কোষ Rota virus র অংশ তৈরি করা সম্ভব হয়েছে যা baculovirus vector অনুপ্রবেশ করিয়ে ক্লোন করা হয়েছে। এগুলি ইঞ্জেকশনের মাধ্যমে ইঁদুরের শরীরে প্রবেশ করিয়ে কার্যকরী ইম্যুনোজেন প্রস্তুত করা সম্ভব হয়েছে।

### 12.3.3.5 সংক্রামক নয় এমন রোগ প্রতিরোধকারী ভ্যাক্সিন

#### (i) ক্যান্সার

টিউমার প্রতিরোধ করে এমন অ্যান্টিজেনের রাসায়নিক বিশ্লেষণ ও তা থেকে কার্যকরী anti-টিউমার সাইটোটক্সিক T কোষের উজ্জীবন এই প্রক্রিয়াতেই প্রধানত ক্যান্সারের টিকা প্রস্তুত করা সম্ভব। CTL শ্রেণির কেস সারি ও তার ক্লোনকে একটি কস্মিড (cosmid) লাইব্রেরীর জিনোমিক DNA র সঙ্গে ক্লোন করা হয়। এর থেকে জানা যায় টিউমার তৈরি করতে সেই CTL কোষ সারির কোন জোনটি অবলুপ্ত হয়েছে। সেই জিনটিকে এবার (প্রধানত অঙ্কো-ফিটাল-Onco-fetal অ্যান্টিজেন প্রস্তুতকারী জিন হয়) ক্লোন করে এক্সপ্রেস করে যা প্রকাশ ঘটিয়ে তার অ্যান্টিবডি কে টিউমার সৃষ্টিতে বৃদ্ধির কাজে প্রতিবন্ধকরূপে ব্যবহার করা হয়।

উদাহরণ : (1) **MAGE** (মেলানোমায় প্রাপ্ত Ag) এর একটি পেপটাইড শনাক্ত করা গেছে যা HLA-A1-এই কেবলমাত্র পাওয়া যায়। ফুসফুসের ক্যান্সারে ও স্তন ক্যান্সারেও এই অ্যান্টিজেন পাওয়া গেছে। এদের বলা হয় টিউমার বিজেক্সন অ্যান্টিজেন।

(2) MUC-1 (epithelial cell mucm-1) যা সাধারণত স্বাভাবিক এপিথিলীয় কোষে থাকলেও অ্যাডিনোকোর্সিনোমায় খুব বেশি সৃষ্টি হয়। এই অ্যান্টিজেন সৃষ্টিকারী জিনটির সংজ্ঞাবিন্যাস সিকোয়েন্স ও পৃথকভাবে প্রকাশ করে ইম্যুনোথেরাপী সম্ভব।

### 12.3.4 সারাংশ—এই এককটি পাঠ করে আপনি জানলেন—

● ভ্যাক্সিন বা টিকাকরণ পদ্ধতিতে কীভাবে দেহের স্মৃতি কোষগুলি জীবাণুর অ্যান্টিজেনের সংস্পর্শে এসে বর্ধিত পরিমাণে অ্যান্টিবডি তৈরি করে ভবিষ্যতে রোগের প্রকোপ থেকে শরীরের সংরক্ষণ করে।

● জিনকে টিকা হিসেবে কাজে লাগানো যেতে পারে জীবাণুর ক্রোমোসোমের রোগসৃষ্টিকারী প্রোটিনের টক্সিন প্রস্তুতকারী জিনের অংশকে পৃথক করে দিয়ে অবশিষ্ট অংশটিকে অ্যান্টিজেন এপিটোপ রূপে ব্যবহার করে ক্লোনিং এর মাধ্যমে শরীরে অ্যান্টিবডির মাত্রা বর্ধিত করা। একে “অ্যাটেনুয়েসন” বলে।

● রোগ	জিন টিকার প্রকার
# স্মল পক্স	জীবন্ত attenuated ভাইরাস
# মাম্পস্	”
# হাম	”
# রুবেলা	”
# পোলিও	”
# yellow fever	”
# হেপাইটাটিস B	জেনেটিক্যালী ইঞ্জিনিয়ার করা

---

### 12.3.5 অনুশীলনী B

---

1. শূন্যস্থান পূর্ণ করুন : (ব্র্যাকেট প্রদত্ত যে-কোনো একটি)
  - (a) জিনকে ভ্যাক্সিন হিসেবে ব্যবহার করে সফলতা পাওয়া গেছে ————— তৈরির ক্ষেত্রে।
    - (i) কলেরার টিকা
    - (ii) হেপাইটাটিস B র টিকা
    - (iii) ম্যালেরিয়ার টিকা
  - (b) কলেরার ভ্যাক্সিন রূপে বর্তমানে পরীক্ষিত হচ্ছে —————।
    - (i) জীবন্ত attenuated ভাইরাস
    - (ii) মৃত জীবাণুর সমস্ত অংশ
    - (iii) কোনোটিই নয়।
  - (c) ————— এর জিনটি ক্লোন করা হয় ————— তৈরির উদ্দেশ্যে।
    - (i) অ্যান্টিজেন, অ্যান্টিবডি
    - (ii) অ্যান্টিবডি অ্যান্টিজেন
    - (iii) প্লাসমিড, কসমিড

(d) ম্যালেরিয়ার ভ্যাক্সিন তৈরি করতে যে অ্যান্টিজেন প্রয়োজন তা আসে পরজীবীর জীবনচক্রের ———— দশা থেকে।

(i) স্পোরোজয়েট

(ii) মেরোজয়েট

(iii) দুটিই।

(e) Hepatitis E এবং C-এর টিকা প্রস্তুতকরণে প্রধান তফাত হল ————।

(i) Core protein যা কেন্দ্রীয় প্রোটিনে

(ii) Envelope protein বা চারিপার্শ্বের প্রোটিনে

(iii) প্রোটিনেস সংশ্লেষণে।

2. সঠিক কিনা ✓ এর মাধ্যমে নির্দেশ করুন :

(i) টিউমার বৃদ্ধিতে সাহায্য করে এমন Ab এরা Ab ক্যান্সারের ট্যাক্সিন রূপে কাজ করবে।

(ii) কলেরার A submit টি ct × A জিন যেটি তৈরি করে কলেরা ভ্যাক্সিন তৈরিতে অপরিহার্য।

(iii) Rotavirus-এর জিন ক্লোন করা হয় baculovirus vector-এর মাধ্যমে।

(iv) জীবন্ত attenuated বা দুর্বল ভাইরাস সম্পূর্ণ মৃত জীবাণুর থেকে অধিক ক্ষমতাসালী ভ্যাক্সিন।

(v) জিনকে ভ্যাক্সিন হিসেবে ব্যবহারের প্রধান সুবিধা হল এর নিরক্ষুশ সাফল্য তবে জীবাণুর বিবর্তন যতক্ষণ স্থগিত থাকে ততক্ষণ অবধিই হয় কার্যকারিতা।

---

## 12.4 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

---

1. মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডিকে ভ্যাক্সিন হিসেবে ব্যবহার করার সার্থকতা কোথায় সে সম্পর্কে বিস্তৃত আলোচনা করুন।

2. মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডিকে কী কী কাজে লাগানো হয়? আপনার যদি মনে হয় এছাড়াও অন্যভাবে এর ব্যবহার হতে পারে তাও আলোচনা করুন।

3. মোনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি সংশ্লেষণ করতে HAT মাধ্যম প্রয়োজন হল কেন? কোষটিকে অমরত্ব প্রদানেরই বা কী দরকার ছিল?

4. mAb তৈরি মিউট্যান্ট কোষের সাধ্যাতিরিক্ত বা ক্ষমতার বহির্ভূত কেন?

5. mAb এবং জিন, উভয়কেই টিকা প্রস্তুতে ব্যবহার করা যেতে পারে। তবে পার্থক্যটি কোথায়?





### III. সর্বশেষ প্রশ্নাবলীর উত্তর সংক্ষেপ

1. 12.2.5 12.2.6 মনোক্লোনাল অ্যান্টিবডি কেন এবং কীভাবে তৈরি হল সেই আলোচনার সঙ্গে সঙ্গে 12.2.8.2 অংশে দেখুন কীভাবে তা পরজীবীর অ্যান্টিজেন এপিটোপকে শনাক্ত করছে ও ধ্বংস করছে। এবার অর্জিত তথ্যগুলিকে আপনি নিজের মতো করে বিশ্লেষণের চেষ্টা করুন। ঠিক পারবেন।

2. 12.2.8 এ দেখুন।

3. 12.2.6 এ দেখুন।

4. 12.2.6 এ দেখুন। সংক্ষেপ : সালভেজ পথের বিশ্লেষণ।

5. 12.2.6, 12.5.3 অংশে সম্বন্ধে বিস্তৃত আলোচনা আছে। সংক্ষেপ : mAb নিজেই ভ্যাক্সিন এবং জিনটির থেকে Ag ও তার থেকে Abই ভ্যাক্সিন।

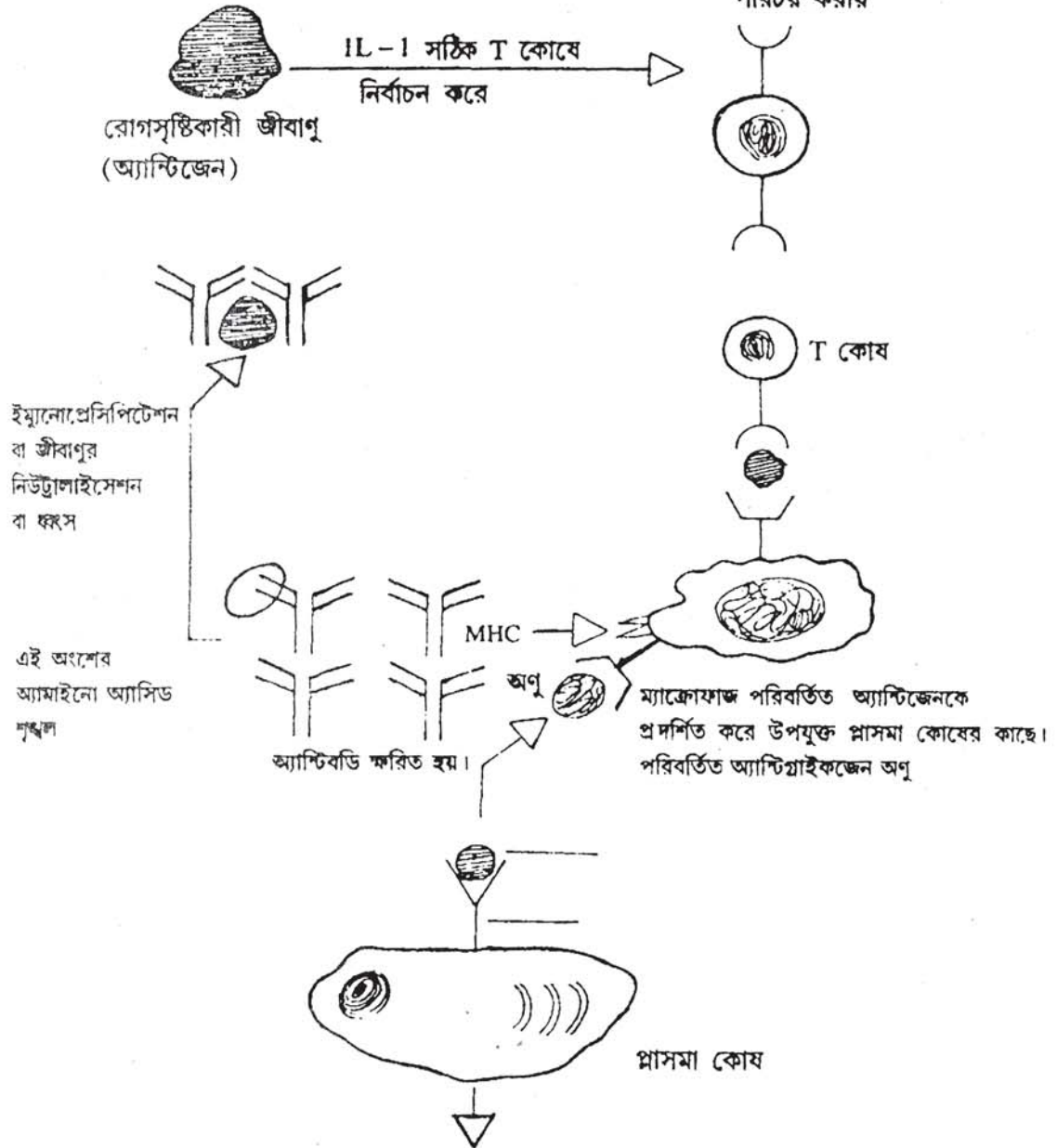
6. 12.3.3 অংশে দেখুন।

7. 12.3.2 অংশে দেখুন। নিজে খানিকটা যুক্তিসঙ্গত উত্তর তৈরি করার চেষ্টা করুন।

8. 12.3.1 অংশে দেখুন।

চিত্র নং 1

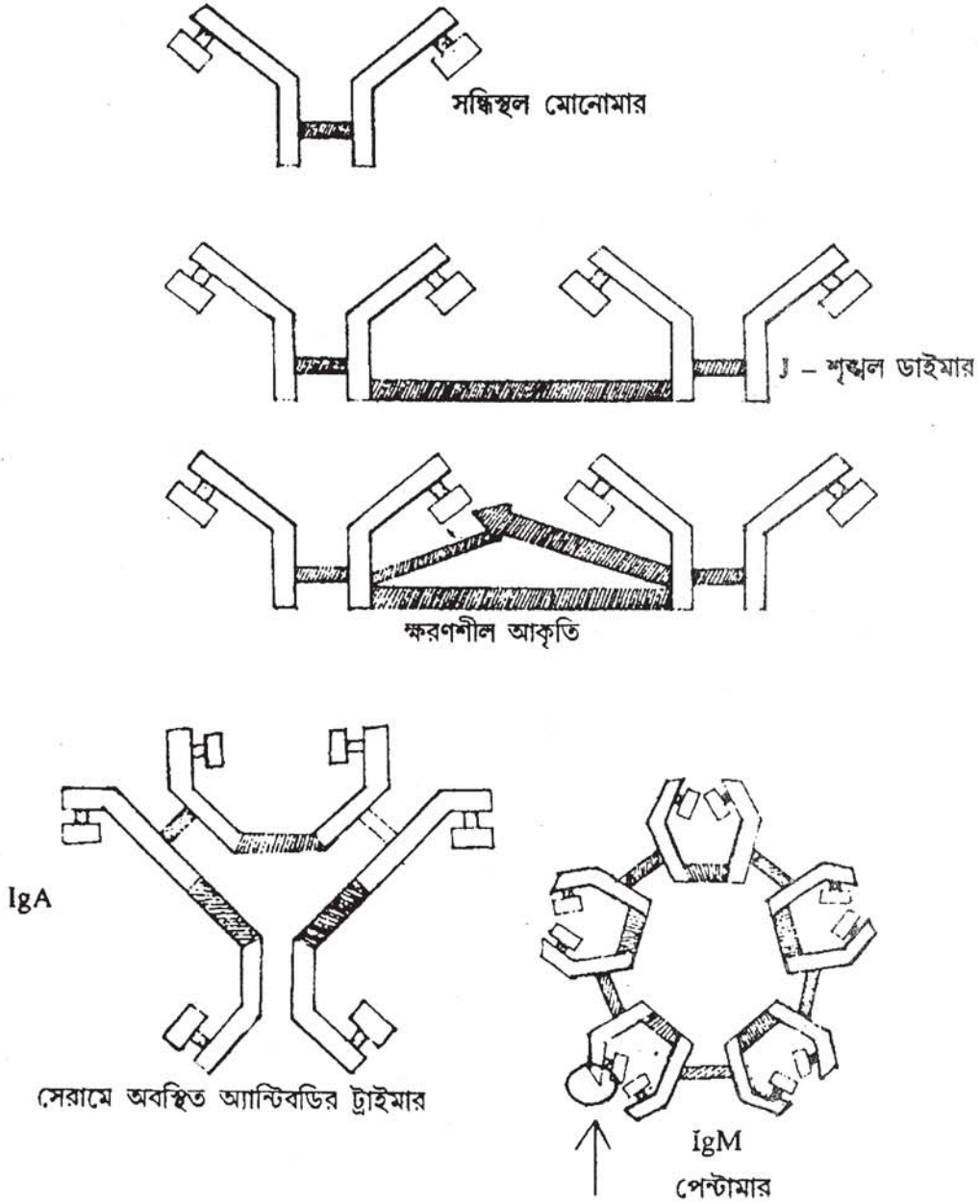
চিত্র পরিচিতি : অ্যান্টিবডিৰ ভূমিকাটি ঠিক কী?



শরীরে অনুপ্রবেশকারী অ্যান্টিবডিগুলির বিশেষ কিছু অংশকে চেনে ও তাহাই জীবাণুকে চিহ্নিত করে অ্যান্টিবডি দ্বারা আক্রমণের জন্যে।

চিত্র নং ২

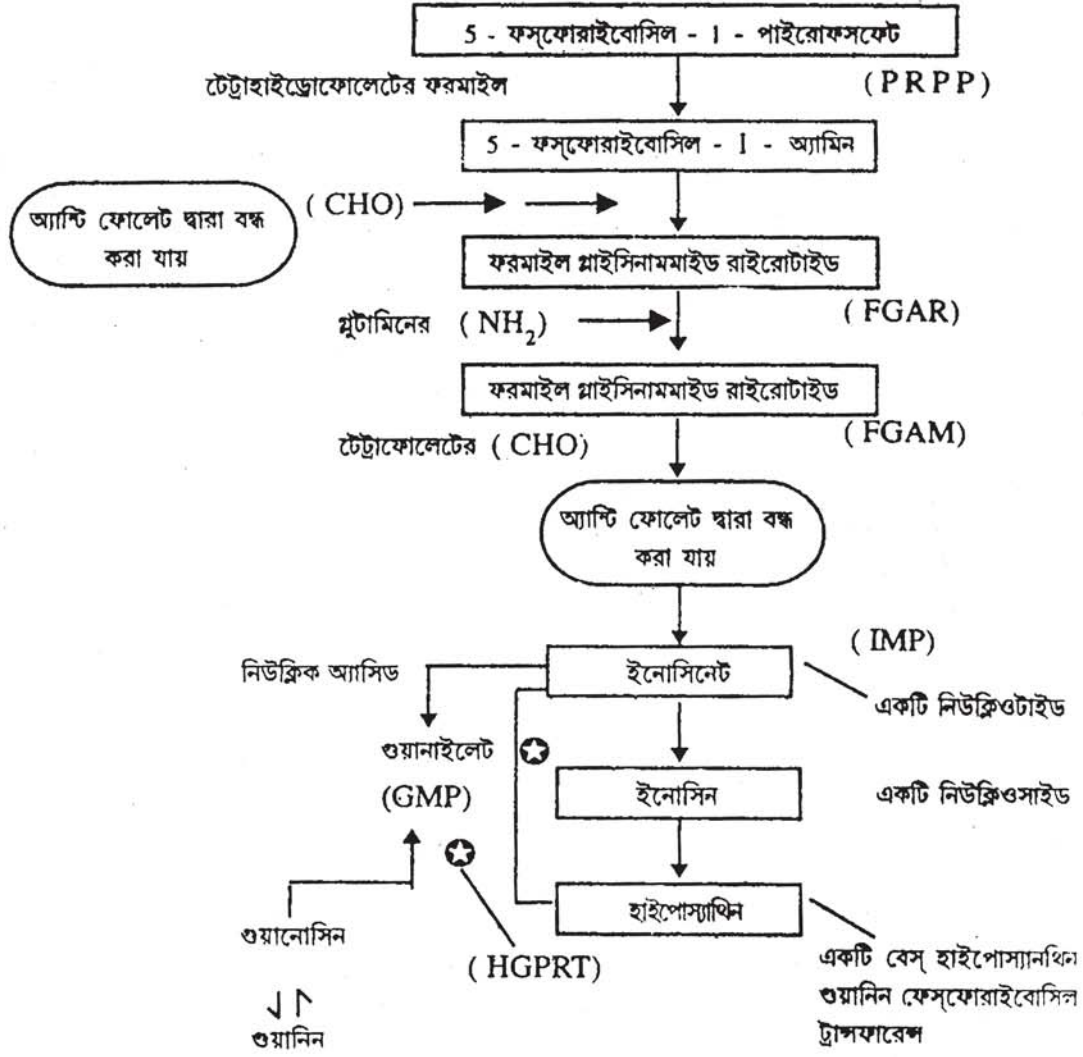
চিত্র পরিচিতি-শরীরে তৈরি হয় সবকটি ইম্যুনোগ্লোবিউলিন বা অ্যান্টিবডি'র শ্রেণি।



প্রত্যেকটি অ্যান্টিবডি শ্রেণির এইরকম 'y' আকারের হয়।  $I_gG$ ,  $I_gE$  এবং  $I_gD$  মনোমার ও  $I_gA$  ট্রাইমার হয়।  $I_gM$  পেন্টামারে। এদের এই অংশের অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খল পরিবর্তনশীল। বাকি অংশে ধ্রুবক অঞ্চল। এই পরিবর্তনশীল অঞ্চলই অ্যান্টিবডি'র বিশিষ্টতা বা ডিটারমিন্যান্ট অর্থাৎ সে কোন অ্যান্টিজেনকে চিহ্নিত করবে তার পরিচায়ক।

চিত্র নং 4

পিউরিন নিউক্লিকও টাইড এর de novo নতুনভাবে সংশ্লেষণ :

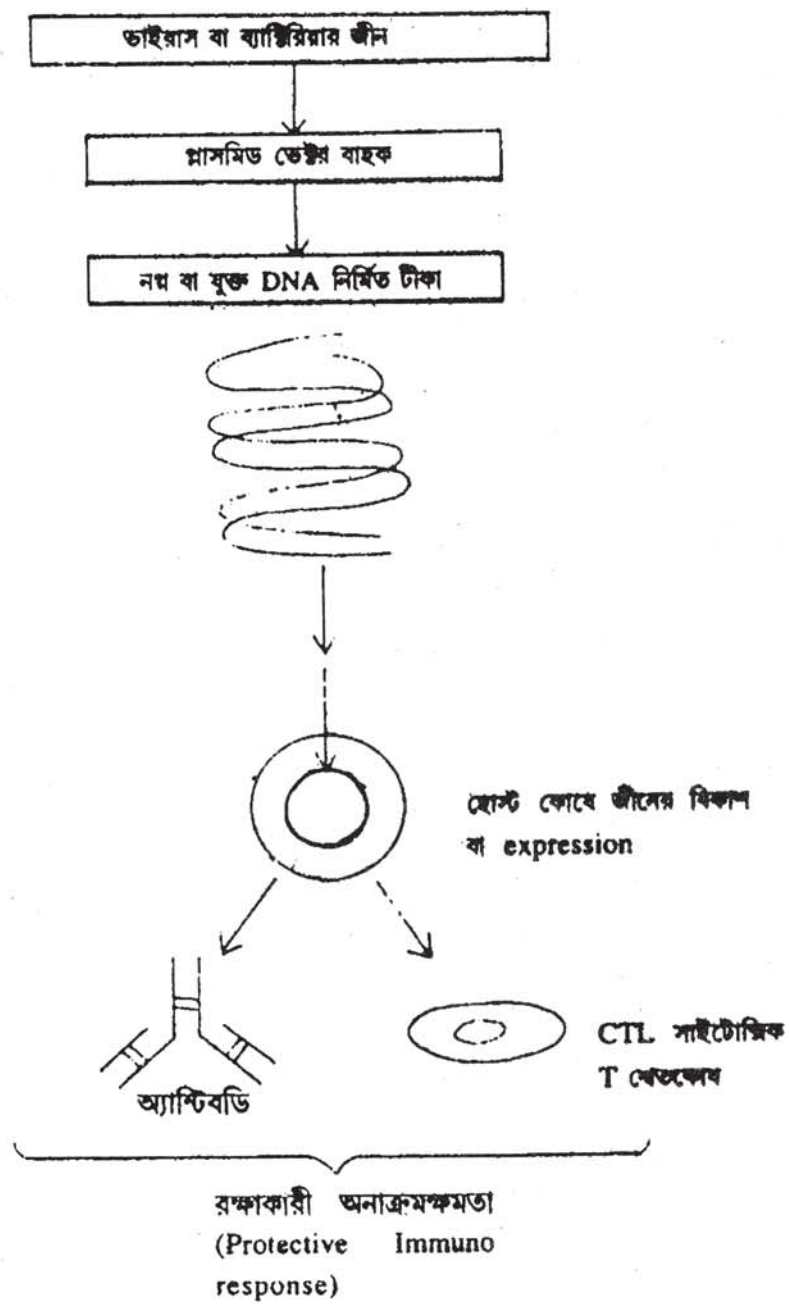


চিত্র পরিচিতি :

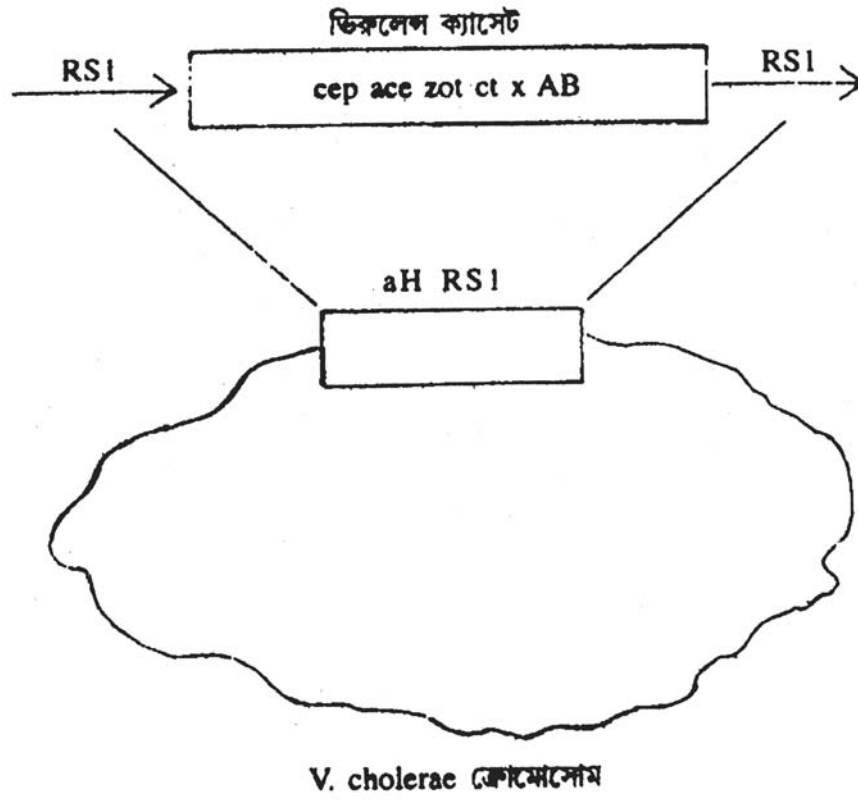
- ⊙ স্যালভেজ পথের উৎসেচক
- de novo সংশ্লেষণ
- স্যালভেজ পথে সংশ্লেষণ

চিত্র নং 5

চিত্র পরিচিত - নিউক্লিক অ্যাসিড টিকা কীভাবে কাজ করে



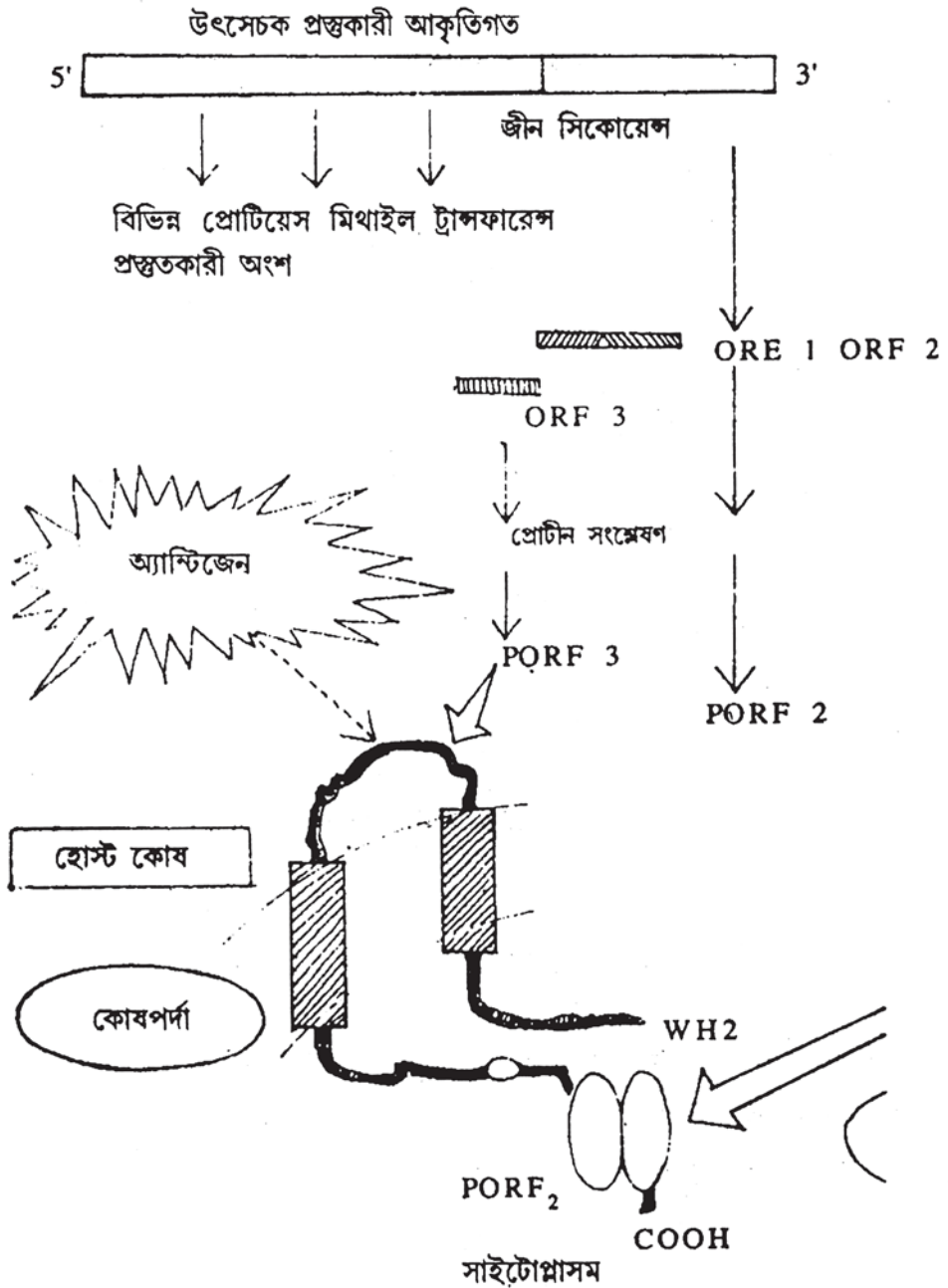
চিত্র নং 6



চিত্র পরিচিতি

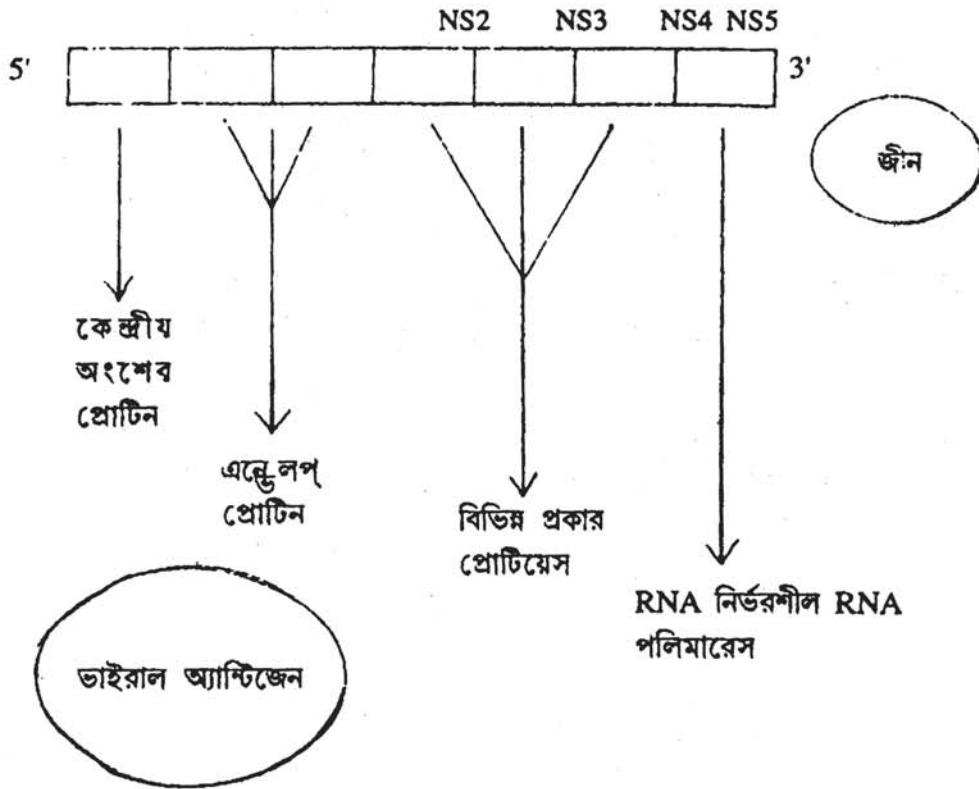
**V. cholerae** র CTX জেনেটিক অংশ এবং তার ইন্টিগ্রেশনের অন্তর্ভুক্তিকরণ অঞ্চল। শুধুমাত্র যে যে জীবনের ক্রিয়া জানা আছে সেগুলিই দেখানো হল cassette - এ। অঞ্চল বিশেষে integration হতে পারে att RS। সিকোয়েন্স দ্বয়ের অন্তর্বর্তী স্থানে যা RSI -এ অথবা 'হোস্ট' ক্রোমোসোম হতে পারে।

চিত্র নং ৭





চিত্র নং ৪



চিত্র পরিচিতি -HCV জিনোম এখানে দেখানো হয়েছে কোন কোন জিন থেকে, কী ধরনের প্রোটিন সংশ্লেষণ হয় ও তাদের অ্যান্টিবডি হিসেবে ব্যবহার করে অ্যান্টিবডি উৎপাদনে বৃদ্ধি আনা যায় তবে এগুলি তেমন কার্যকরী নয়।

টেবিল নং 1

Diphtheria (ডিপথেরিয়া)

Pertussis (পোর্টুসিস)

Tetanus (টিটেনাস)

Polimyelitis (পোলিও)

Measles (হাম)

BCG (যক্ষ্মার জন্য)

Hepatitis B ( হেপাটাইটিস B)

Yellow Fever (হলুদ জ্বর)

(শেষোক্তটি শুধুমাত্র কিছু আফ্রিকার ও দক্ষিণ আমেরিকার দেশের জন্য)

পরিচিতি - WHO পরিচালিত EPI প্রোগ্রামের অন্তর্গত EPIটি টিকা যা শিশু গর্ভবতী স্ত্রীলোক ও প্রাপ্তবয়স্কদের কোন কোন ক্ষেত্রে দেওয়া হয়।

টেবিল নং 2

I ভাইরাস ঘটিত রোগ

- হেপাটাইটিস A ও B
- ভ্যারিসেলা
- রোটাইরাস
- শ্বাসে বাহিত সিনসিটিয়াল ভাইরাস
- এপস্টিন বার (Epstein Barr) ভাইরাস
- হার্পিস সিম্পলেস II ভাইরাস
- মানুষের প্যাপিলোমা ভাইরাস
- ডেঙ্গু
- HIV/AIDS

II. ব্যাক্টেরিয়া ঘটিত রোগ

- অকোষী পোর্টুসিস
- মেনিনজাইটিস

- টাইফয়েড
- শিগেলা
- E. Coli
- যক্ষ্মা
- k পরজীবী ঘটিত রোগ
- ম্যালেরিয়া

### টেবিল নং 3

অযৌন দশাব টিকারূপী অ্যান্টিজেন যা প্রকৃতপক্ষে ছোটো ছোটো পেপটাইড বা প্রোটিন অণু যা k বানানো হয়েছে বা কৃত্রিমভাবে বা রসায়নাগারে সংশ্লেষণ করা হয়েছে।

অ্যান্টিজেন

আণবিক গড়

প্রাপ্ত অঞ্চল

#### I. যকৃতে প্রাপ্ত স্পোরোজয়েট দশা :

##### (a) সারকাম স্পোরোজয়েট

সারফেস প্রোটিন (CSP)

6' KDa

স্পোরোজয়েটের ওপরিভাগে

##### (b) লিভার স্টেজ অ্যান্টিজেন

(LSA-1)

200 KDa

প্যারাসাইটোফোরাস ভ্যাকুওলে

#### II. রক্তকণিকায় অবস্থিত দশা :

##### (a) মেরোজয়েট সারফেস প্রোটিন

MSA - 1

195 KDa

মেরোজয়েটের ওপরিভাগে

##### (b) Pf এরিথ্রোসাইট মেমব্রেন প্রোটিন

Pf EMP-1

250 -400 KDa

পরজীবী দ্বারা আক্রান্ত লোহিত  
কণিকার ওপরিভাগে

#### টেবিল নং 4

কিছু ব্যাক্টেরিয়া অ্যান্টিজেন যা আন্ত্রিক রোগের জিন টিকা হিসেবে কাজ করে :

#### I. নতুন AG

- A. একটি গ্যালাক্টোস বন্ধনকারী ফিমব্রিয়াল অ্যাডহেসিন জিন আন্ত্রিক আমাশয় সৃষ্টিকারী E. Coli থেকে।
- B. V Cholera এর টক্টিনের জিন
- C. HSP বা heat shock protein এর জিন V. Cholera থেকে।

#### II. প্রতিরোধকারী সফল টিকা *Salmonella* থেকে

- A. Vi পলিস্যাকারাইড এবং পোরিন প্রোটিনের জিন।
- B. অ্যাডহেসিন প্রোটিনের জিন।

[ এই জিনগুলিকে ক্রমাগত বিশ্লেষণ ও নতুন রিকম্বিনেন্ট অবস্থায় তারা অধিকমাত্রায় কার্যকরী কিনা এই পরীক্ষা চালিয়ে যেতে হবে এই জীবাণুগুলির বিবর্তনের পরিপ্রেক্ষিতে। এই পরীক্ষা ক্রমাগত করে যেতে হবে। ]

---

## একক 13 □ আদালত সম্বন্ধীয় অপরাধতত্ত্বের তদন্তে DNA নির্মিত প্রোবের ব্যবহার ও ভূমিকা

---

### 13 .1 প্রস্তাবনা

#### উদ্দেশ্য

### 13.2 DNA প্রোব কি ?

#### 13.2.1 DNA প্রোব তৈরির পদ্ধতি

#### 13.2.2 DNA প্রোব লেবেল করার প্রক্রিয়া

#### 13.2.3 DNA প্রোবের ব্যবহার

##### 13.2.3.1 DNA পৃথকীকরণ

##### 13.2.3.2 DNA ফিঙ্গারপ্রিন্টিং

##### 13.2.3.3 DNA ফুটপ্রিন্টিং

##### 13.2 3.4 DNA সাদার্ন ব্লটিং

### 13.3 অপরাধতত্ত্বে উপরোক্তর প্রয়োগ কৌশলের ব্যবহার

### 13.4 সারাংশ

### 13.5 অনুশীলনী

### 13.6 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

### 13.7 উত্তরমালা

---

## 13.1 প্রস্তাবনা

---

এই ব্লকের পূর্ববর্তী একক 9. 10. 11 তে আপনারা জেনেছেন জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর পদ্ধতি ও কৌশল, ক্লোনিং প্রক্রিয়া, cDNA ও তদোৎপন্ন ব্যাঙ্ক বা লাইব্রেরীর ব্যবহার, PCR, RAPD ও RFLP সম্পর্কে তথ্য। সুতরাং DNA কে ভেঙেচুরে তার সিকোয়েন্স (শ্রেণিবিন্যাস) নির্ধারণ করে বা প্রাপ্ত DNA পদ্ধতিতে প্রয়োজনে অনুযায়ী বৃদ্ধি করে তথ্য ও প্রযুক্তির সম্মেলনে মনুষ্যসমাজের হিতকল্পে কী কী ভাবে ব্যবহার করা যায়, এই সম্পর্কিত জৈব রাসায়নিক ও খা আণবিক জীববিদ্যায় ব্যবহৃত কলাকৌশল সম্পর্কে আপনারা বেশ ওয়াকিবহাল। এই জ্ঞানের প্রেক্ষাপটে এবার আপনারা সঙ্গত সঙ্গ আলোচনা করা হবে এর এমন একটি প্রয়োগ সম্পর্কে যা আমাদের সকলের সামাজিক রাজনৈতিক অর্থনৈতিক

জীবনকে প্রভাবিত করে—অপরাধতত্ত্বের প্রয়োগ অপরাধ শনাক্তকরণ ও ন্যায় সম্বলিত শাস্তিবিধান।

উদ্দেশ্য—এই এককটি পাঠ করে আপনি

- প্রোব সম্পর্কে জানবেন।
- এর ব্যবহার ও তার দ্বারা সম্যক এক ব্যক্তি বা যে কোনো প্রাণী বা উদ্ভিদের অপরাধের স্থলে উপস্থিতির (বা অনুপস্থিতির) প্রমাণ।
- বিভিন্ন আণবিক জীববিদ্যার প্রযুক্তিগত কৌশল যা এতে প্রয়োগ করা হয়।
- আপনি এই তথ্যের তথ্য জ্ঞানের দ্বারা পরবর্তীকালে হাতে কলমে এই বিদ্যা রপ্ত করতে পারেন।
- তার প্রত্যক্ষ কার্যপ্রয়োগ ব তথ্য সঞ্চারণ করে আপনার সামাজিক জীবনে পরিবর্তন পর্যন্ত ঘটাতে পারেন।

---

## 13.2 প্রোব কী

---

একক 9 ও 10য় আপনারা দেখেছেন cDNA কি বা আলিগো নিউক্লিওটাইড (20 টি পর্যন্ত নিউক্লিওটাইডবেস দিয়ে তৈরি DNA-র অংশ) কী ও কেমনভাবে তা তৈরি করা হয়। একক 10 -এ cDNA বা কমপ্লিমেন্টারী DNA -র লাইব্রেরী তৈরী সম্পর্কেও জেনেছেন।

এগুলি একতন্ত্র বিশিষ্ট DNA অণু যা তার পরিপূরক (complementary) তন্ত্রকে (অবশ্যই একতন্ত্র বিশিষ্ট) খুঁজে বের করে বন্ধন স্থাপন করে। এইভাবে প্রয়োজনীয় DNA র অংশটিকে চোখে দেখে চেনা এমনভাবে, খুঁজে বের করা সম্ভব।

### 13.2.1 DNA প্রোব তৈরির পদ্ধতি

**IDNA খোঁজার প্রোব** (a) mRNA বা cDNA যা পরিপূরক DNA কে ধরতে পারে তা তৈরি করা যায় এইভাবে—যেহেতু একটি জিনের mRNA বহুল পরিমাণে কোষে তাকে সেই কলা (tissue) থেকে cDNA সংশ্লেষণ করে সেটিকে ভেক্টরে অনুপ্রবেশ করিয়ে ক্লোন করা সেই cDNA টি আশানুরূপ জিনটিকে খুঁজে পেতে পারে। (cDNA এখানে বহুপরিমাণে তৈরি হয়েছে।)

যেমন : স্তন্যপায়ী রেটিকুলোসাইটে 90% mRNA  $\beta$  গ্লোবিন জিন থেকে সংশ্লেষণ করা হয়ে থাকে। তাই এর থেকে যথেষ্ট পরিমাণে তার mRNA পাওয়া যাবে cDNA তৈরি করতে। এবার পরীক্ষা করা হচ্ছে এমন নমুনায় সেই জিনটি খুঁজছে এটি প্রোব হিসেবে ব্যবহার করা যেতে পারে। এক্ষেত্রে জিনোমিক লাইব্রেরী (একক 10 দেখুন) কার্যকরী। অবশ্যই জিন সম্পর্কে কোন তথ্যটি জ্ঞাতব্য তার ওপর কার্যক্রম অনেকটাই নির্ভর করবে। (b) DNA প্রোবের আরেকটি উৎস হতে পারে সদৃশ বা সম্বন্ধ-বিশিষ্ট অন্য জীবের জিন।

যেমন, যদি একটি বিশেষ জিনকে *Neurospora* ছত্রাকটিতে ক্লোন করা হয়ে থাকে তবে তাকে আরেকটি ছত্রাক *podospora*-র সমসংস্থ জিনটি খুঁজতে প্রোব হিসাবে ব্যবহার করা যেতে পারে। বিবর্তনের পথে DNA সিকোয়েন্সের সংরক্ষণের ফলে এটি সম্ভব।

(c) প্রোব DNA কে কৃত্রিমভাবে রাসায়নিক উপায়ে সংশ্লেষণও সম্ভব যদি প্রোটিনটির সৃষ্টিকারী জিনটি জানা থাকে। একক 10-এ অলিগোনিউক্লিওটাইড তৈরির উপায়টি বর্ণিত। এই অলিগোনিউক্লিওটাইডিই প্রোবের কাজ করে সংশ্লিষ্ট সেই জিনটি খুঁজে বের করতে।

(d) মুক্ত RNA কেও তেজস্ক্রিয় আইসোটোপ দ্বারা লেবেল করা যেতে পারে কোষ থেকে নিষ্কাশিত করার পর। বিশুদ্ধ মাত্রায়  $\gamma$  RNA বা tRNA কে এখানে প্রোব বানানো হয়।

II. প্রোটিন খোঁজার প্রোব যদি জিনের উৎপন্ন প্রোটিনটি জানা থাকে ও বিশুদ্ধ অবস্থায় পাওয়া যায় তবে তা থেকে জ্ঞাত cDNA টি কোনো লাইব্রেরী থেকে বেছে নেওয়া যাবে (চিত্র নং [1])।

### 13.2.2 DNA প্রোব লেবেল করার প্রক্রিয়া

I. তেজস্ক্রিয় লেবেল (Radioactive labelling) এই যে একতন্ত্র বিশিষ্ট cDNA বা mRNA কে প্রোব বা নির্দিষ্ট একটি DNA র টুকরো/জিন খোঁজার জন্য ব্যবহার হবে, তাকে শনাক্ত করবেন কী করে?

(a) হয় প্রোবে কোনো প্রতিপ্রভা বা Fluorescence দেখা যাবে অথবা

(b) কোনো তেজস্ক্রিয় আইসোটোপ দ্বারা প্রোবকে চিহ্নিত করে অটোরিজিওগ্রাফী প্রক্রিয়ায় তা ফোটোগ্রাফিক ফিল্মে ধরা যাবে।

এগুলি করা যায় এই ভাবে—

**A. নিক্ ট্রান্সলেশন (nick translation) :** একটি দ্বিতন্ত্র বিশিষ্ট DNA কে একই সঙ্গে দুইটি উৎসেচকের সঙ্গে বিক্রিয়া করানো হয়। অগ্ন্যাশয় থেকে-প্রাপ্ত DNAase I এবং *E. coli* পলিমারেজ বেস I. DNA ase I দ্বিতন্ত্র বিশিষ্ট DNA তে ছোটো ছোটো nick বা 'ক্ষতস্থান' তৈরি করে যা  $5'PO_4^{3-}$  ও  $3'OH$ - মুক্ত গ্রুপের সৃষ্টি করে। এবার DNA pol I 'ক্ষতস্থানে' তার  $5' \rightarrow 3'$  এক্সোনিউক্লিয়েস দ্বারা DNA থেকে নিউক্লিওটাইড সরিয়ে নেয় এবং একই সাথে  $5' \rightarrow 3'$  পলিমারেস ক্রিয়া করে চলে। শেষোক্ত কাজটিতে পরস্পর নিউক্লিওটাইড সংযোজন করে। সুতরাং প্রথমদিকে যে 'নিক্টি' সৃষ্টি হয়েছিল সেটির ট্রান্সলেশন হল  $5' \rightarrow 3'$  অভিমুখে এবং তার সাথে সাথে  $3H/35S/32p$  তেজস্ক্রিয় লেবেল দিয়ে চিহ্নিত করা ডিঅক্সিনিউক্লিওটাইড প্রাথমিকটির অবস্থান ঢোকান হল। এটিই প্রোব (চিত্র নিং [2])

**B যত্রতত্র প্রাইম করার মাধ্যমে (Random priming) :** নিক্ ট্রান্সলেশনটিই যখন DNA দ্বিতন্ত্র পুরো আকার জুড়েই যে কোনো অবস্থানে ইচ্ছামত করা যায় সেটিই random priming (চিত্র নং [3])

**C. RNA প্রোব প্রস্তুত :** RNA প্রোব প্রস্তুতের জন্য

(i) (a) কোষের সমস্ত mRNA নিষ্কাশন করা হয়,

(b) Reverse ট্রান্সক্রিপটেস (যে উৎসেচক RNA থেকে DNA প্রস্তুত করে অর্থাৎ বিপরীতে পথে বিক্রিয়া ঘটায়) দিয়ে mRNA কে রাখা হয়। সঙ্গে থাকে অ্যাডেনিন, গুয়ানিন, থাইমিন, সাইটোসিন নিউক্লিওটাইড বেসের উৎস হিসেবে।

(c) উৎসেচকটি cDNA বানায়,

(d) cDNA অলিগো প্রোব দ্বারা নির্দিষ্ট cDNA পৃথকীকরণ করা হয়। (একক নং 10 এ অলিগো প্রোব প্রস্তুত পদ্ধতি ও ব্যবহার দেখানো হয়েছে।)

(ii) এরপর  $T_3$  ও  $T_7$  ফাজের DNA পলিমারেস দ্বারা RNA এর sense ও antisense RNA তন্তুগুলিকে তেজস্ক্রিয় dNTP এর দ্বারা লেবেল করে প্রোব প্রস্তুত করা যেতে পারে।

**D. প্রাপ্ত লেবেল করা :** (End labelling) 5' বা 3' জুড়িদার বিহীন দ্বিতন্তুবিশিষ্ট DNA-এর বাড়তি ঝুলন্ত অংশগুলিকে লেবেল করা হয়  $T_4$  পলিনিউক্লিওটাইড কাইনেসের মাধ্যমে। (চিত্র নং [5])

**II. তেজস্ক্রিয় নয় এমন লেবেল (Non-radioactive labelling) :** অ্যাভিডিন ও বায়োটিন কমপ্লেক্স অ্যালকালাইন, ফসফাটেস উৎসেচক সমভিব্যবহারে প্রোব লেবেলের জন্য ব্যবহার হয়। এতে substrate অর্থাৎ ফসফেট আছে এমন অণুর সান্নিধ্যে উৎসেচকের সঙ্গে রাসায়নিক বিক্রিয়ার ফলে O.D. পরিবর্তনের দ্বারা নির্দিষ্ট DNA বা RNA টিকে শনাক্তকরণ সম্ভব। (চিত্র নং [8])

### 13.2.3 DNA প্রোবের ব্যবহার

এই যে তেজস্ক্রিয় বা অতেজস্ক্রিয় লেবেলের দ্বারা DNA বা RNA-এর প্রোব প্রস্তুত হল তার মধ্যে অপরাধতত্ত্বে প্রধানত DNA প্রোবই ব্যবহৃত হয়।

(i) সাদার্ন ব্লট (Southern blot) করে DNA-এর profile অর্থাৎ প্রাপ্ত DNA-এর গুণগত ও পরিমাণগত বিচার; (পরে বলা হয়েছে)

(ii) ডট ব্লট (Dot blot) বা উপরোক্ত বিশ্লেষণ করে, তবে শুধুমাত্র পরিমাণগত বিচারে;

(iii) SI নিউক্লিয়েস মানচিত্র প্রস্তুতি যা দিয়ে প্রকৃতপক্ষে যে স্থানে ট্রান্সক্রিপশন শুরু হয়েছে তা নির্ণয় করা যায় (চিত্র নং [7])



(iv) **in situ hybridisation** (সমস্থানে DNA-RNA অথবা DNA ও cDNA রে মিলনীকরণ) (চিত্র নং [8])

এই প্রক্রিয়ায় একটি নিউক্লিক অ্যাসিড প্রোবকে একটি বিক্ষিপ্ত ক্রোমোসোমের সঙ্গে হাইব্রিডাইজ করানো যায় যাতে ক্রোমোসোমের নির্দিষ্ট অঞ্চলটি নির্ধারণ করা সম্ভব।

- (a) তেজস্ক্রিয় প্রোব দিয়ে অটোরডিওগ্রাফী করে,
- (b) ফ্লুরোসেন্স প্রোব দিয়ে আলট্রা ভায়োলেট আলোতে দর্শিয়ে,
- (c) অতেজস্ক্রিয় অ্যাভিডিন-বায়োটিন উৎসেচক কমপ্লেক্স এর O.D স্পেকট্রোফোটোমিটারে নির্ণয় করে।

হাইব্রিডাইজেশন অর্থাৎ DNA কে এককতন্তুকরণ করে তার কাছাকাছি কমপ্লিমেন্টারী DNA অণু (A:T/G:C) আনলে তারা automatically দ্বিতন্তুতে (duplex) পরিণত হয়। এটি—

(a) **দ্রবণে হাইব্রিডাইজেশন**—এর ফলে সিকোয়েন্সের জটিলতা জিনোম সংগঠন এবং জিনের আকৃতি নির্ধারণ ও বিশ্লেষণ করা সম্ভব।

(b) **সরল ফিল্টারে হাইব্রিডাইজেশন**—এটি একটি দ্রুত নির্ণয়মূলক (diagnostic) পদ্ধতি যাতে একটি নির্দিষ্ট DNA সিকোয়েন্স আছে কি নেই তা পরিমাণগতভাবে বিশ্লেষণ করা যায়। (চিত্র নং [8])

### 13.2.3.1 DNA পৃথকীকরণ

অপরাধতত্ত্বে বা অন্য পরীক্ষামূলক কাজে DNA কে প্রোবে পরিণত করা বা DNA কে সিকোয়েন্স করা, যে কাজই হোক না কেন, প্রথম দরকার সংশ্লিষ্ট সমস্ত DNA কে আলাদা করে অবিভক্ত মুক্ত DNA কে কোষের RNA ও প্রোটিন থেকে পাওয়া। ইউক্যারিওটের জীনোম অধিক জটিল, তাই প্লাসমিড বা ফাজ DNA র থেকে এই বৃহদাকার DNA পৃথকীকরণ কঠিন কাজ। (চিত্র নং [9])

অপটিক্যাল ডেন্সিটি (আলোক ঘনত্ব, 0.0 মেপে কতটা DNA পাওয়া গেছে, তা মাপা যায় অতিবেগুনী রশ্মি স্পেকট্রোফোটোমিটার যন্ত্রে 260 nm (OD 280) আলোক তরঙ্গ দৈর্ঘ্যে। অ্যাবসরবেন্স (absorbance) দ্রবণে 50 µg এর অর্থ DNA আছে। 130, 260 ও 280 nm তরঙ্গ দৈর্ঘ্যে এনে একই DNA নমুনা মেপে যদি 0.5 : 1:0 : 0.7 অনুপাত পাওয়া যায় তবে বুঝতে হবে যে DNA ঠিক আছে, এর চেয়ে কম হলে বুঝতে হবে যে সেই DNA নমুনায় বেশ কিছু অবাঞ্ছিত প্রোটিন মিশ্রিত আছে।

### 13.2.3.2 DNA ফিঙ্গারপ্রিন্টিং :

1984 সালে জেনেটিক ফিঙ্গার প্রিন্টিং এর পদ্ধতি বানানো হয়। অ্যালেক জোফ্রেস (Alec Jeffreys) ও তাঁর সহকর্মীরা লিসেস্টার মহাবিদ্যালয়ে এই প্রয়োগকারিগরির নির্মাণকর্তা। এরপরে এর অল্প পরিবর্তিত ও আরো

সূক্ষ্মঅনুভূতি সম্পন্ন পদ্ধতির উন্নয়ন সম্ভব যাকে DNA প্রোফাইলিং বলা হয়। 1995 মার্কিনযুক্তরাষ্ট্রে সরকার তারকা O. J. Simpson এর বিচারে এই প্রযুক্তিবিদ্যার অদ্ভুত প্রয়োগ একে জনসমক্ষে আনে। (চিত্র নং [10])

DNA ফিঙ্গারপ্রিন্টিং পদ্ধতি নির্মাণের পেছনে যে বোধ কাজ করে তা হল :

একটি জনগোষ্ঠীতে যে DNA সিকোয়েন্সগুলি জিন কোড করে তারা মোটামুটিভাবে একইরকম (যাকে বলে অধিকমাত্রায় সংরক্ষিত বা highly conserved)। তবে লম্বা লম্বা সংকেত চিহ্নজ্ঞাপক DNA সিকোয়েন্স আছে যা কিনা তাদের অভ্যন্তরে ছোটো ছোটো (157 নিউক্লিওটাইড বিশিষ্ট repeat টুকরো non coding জিন রাখে। জীনোমের প্রায় 100000 জিনের প্রায় 95% জিন কোড করে না (non coding) এবং তার 30-40% এর মধ্যে ছোট ছোট টুকরো বহুবার (repeated) থাকে। এরা সাধারণত বিক্ষিপ্তভাবে থাকে কিন্তু কোনো কোনোটা থাকে কুণ্ডলী পাকিয়ে গুচ্ছের মধ্যে (cluster) এই 'tandem' বা একটির পশ্চাতে আরেকটি সজ্জিত এমন পুনরাবৃত্তি অংশগুলিকে (repeat) গুলিকে 'satellite DNA' বা উপগ্রহ DNA বলা হয়। প্রত্যেকটি গুচ্ছেকে বলা হয় এক একটি 'উপগ্রহ'। কতবার পরপর ঘটছে সেই সংখ্যা এই সিকোয়েন্সগুলিতে অত্যন্ত পরিবর্তনশীল এবং দেখা গেছে এক ব্যক্তির এই সংখ্যা বা ছোট ছোট সিকোয়েন্সগুলির পরিবর্তনশীলতা অধিক বা hypervariable। উপগ্রহগুলির আবার কিছু ছোট ছোট ক্ষুদ্র উপগ্রহ বা 'minisatellite' থাকে। এগুলিও সাধারণত বিভিন্ন ভিন্ন ব্যক্তির ক্ষেত্রে আলাদা। তাই এগুলির পরিবর্তনশীলতার কথা মাথায় রেখে এগুলিকে VNTR বা variable number tandem repeats ও বলা হয়। প্রত্যেক ব্যক্তির একটি করে নির্দিষ্ট লোকাসে 2টি করে অ্যালীল 'ক্ষুদ্র উপগ্রহ' থাকে। তার একটি আর্দ্র মায়ের থেকে ও একটি বাবার থেকে। জেনেটিক ফিঙ্গারপ্রিন্টিং পদ্ধতিটি হল সেই মিনিস্যাটেলাইটেরই সর্বাস্থ পরিদর্শনের কারিগরি কৌশল।

পদ্ধতি : কোষ থেকে DNA পৃথক করে তাকে রেপ্লিকেশন উৎসেচক দিয়ে কেটে (মিনিস্যাটেলাইটের যে কোনো প্রান্ত কাটা হয় যাতে তাদের দৈর্ঘ্যের পরিবর্তনশীলতা অক্ষত থাকে) অ্যাগারোস জেল ইলেক্ট্রোফোরোসিসের দ্বারা টুকরোগুলি আণবিক ভর অনুযায়ী আলাদা করা হয়। (এ বিষয় থেকে একক 9, 10 ও 11 তে বিস্তৃত আলোচনা হয়েছে।) সাদার্ন ব্লটিং এর মাধ্যমে তেজস্ক্রিয় প্রোবের দ্বারা মিনিস্যাটেলাইটের ক্রমাগত পাওয়া যায় এমন repeat সিকোয়েন্সগুলি খুঁজে বার করা হয়।

বিভিন্ন ব্যক্তির এই ছবি আলাদা তাই একজন নির্দিষ্ট মানুষের আঙুলের ছাপের মতোই তার জেনেটিক এই ফিঙ্গারপ্রিন্টও তাকে খুঁজে বের করতে সাহায্য করে।

### 13.2.3.3 DNA ফুটপ্রিন্টিং :

RNA Polymerase এর দ্বারা DNA চেনার পদ্ধতিকে বলে ফুটপ্রিন্টিং (foot printing)। (চিত্র নং [11]) এই পদ্ধতিতে প্রোমোটার স্থানগুলি চিহ্নিত করা যায়। এই পদ্ধতিতে কোষে নিহিত প্রোমোটার ও এনহ্যান্সার (promoter ও enhancer) সিকোয়েন্সগুলি নির্দিষ্ট জিনে খুঁজে বের করা যায়  $S_p1$  এবং HSTF (heat shock

transcription factor) এ পদ্ধতিতে খুঁজে বের করা হয়েছে।

সামাজিক অপরাধতত্ত্বে এর প্রত্যক্ষ কোনো ব্যবহার না থাকলেও প্রকৃতি বিজ্ঞানে কোনো মনুষ্য ঘটিত 'অপরাধ' খুঁজে বের করতে এর অবদান বা সুযোগ অপারিসীম।

#### 13.2.3.4 সাদার্ন ব্লটিং :

Edward southern নামক বৈজ্ঞানিক এই পদ্ধতির প্রবক্তা। ক্যালরি ট্রান্সফারের মাধ্যমে খণ্ডিত DNA কে জেল (gel)-এ পৃথক করাকে বলে সাদার্ন ব্লটিং। (চিত্র নং [12])

### 13.3 অপরাধতত্ত্বে উপরোক্ত প্রয়োগ কৌশলের ব্যবহার

পূর্বোক্ত অংশে আপনারা জেনেছেন যে বিভিন্ন ব্যক্তির DNA তে বর্তমান মিনিস্যাটেলাইটগুলি আলাদা রকমের। প্রোবটি তাই ভিন্ন ভিন্ন অংশে বা ফিন্টারে আবদ্ধ হয়েছে এমন band এর minisatellite গুলির আলাদা আলাদা অংশে বন্ধন করে যা প্রত্যেক ব্যক্তির ক্ষেত্রে স্বতন্ত্র। এর সহজ ব্যাখ্যাটি হল মিনিস্যাটেলাইটগুলির দৈর্ঘ্যের তারতম্য। একজন মানুষের ফিন্সারপ্রিন্ট তাই unique। প্রোবটি যদি অনেক ধরনের 'ক্ষুদ্র উপগ্রহে' বাঁধে তবে সেটি multicis probe। যত বেশি band অটোরেডিওগ্রাফে পাওয়া যায় তত unique হয় DNA ফিন্সারপ্রিন্টটি।

2 জন মানুষের 4টি ব্যান্ড match করার chance তাই 250 তে 1 এবং 20টি band মেলার chance এক অযুতে 1 এরও কম। অর্থাৎ প্রক্রিয়াটি স্বয়ংসম্পূর্ণ ও নির্দিষ্ট।

অখণ্ডিত DNA তে multi-locus প্রোব আরো ভালো ফলাফল দেয়।

তবে forensic scientist বা অপরাধতত্ত্ববিদরা খুব কম সময়েই তাজা টিস্যু বা সজীব কলা পান। অধিকাংশ ক্ষেত্রে শুকিয়ে যাওয়া বা কলুষিত (contaminated) বস্তু sample হিসেবে পাওয়া যায় যা আবার মাটি ও ব্যাক্টেরিয়ার সাথে মিশ্রিত থাকে। এ ক্ষেত্রে single locus probe ব্যবহার করা হয়। এগুলি ছোট ছোট DNA খণ্ডে এবং স্বল্প DNA তে ব্যবহার করা যায়। এরা একটিমাত্র ছোট বা খর্ব repeating sequence কে শনাক্ত করে যেটি একটি মাত্র 'ক্ষুদ্র উপগ্রহেই' বর্তমান এবং একটি মাত্র জোড়া homologous chromosome এ পাওয়া যায়।

রেস্ট্রিকশন উৎসেচকগুলি তাই দুইটি মাত্র বৈশিষ্ট্যমূলক খণ্ড তৈরি করে একজন মানুষের ক্ষেত্রে এবং অটোরেডিওগ্রাফে 2টি মাত্র band পাওয়া যায় (মায়ের থেকে 1টি আবার বাবার থেকে 2টি।) যদি 2টি single locus probe ব্যবহার করা হয় তাহলে 4টি, 3টি হলে 6টি band পাওয়া যায়।

এই পদ্ধতিকে **DNA profiling** ও বলা হয় এবং অপরাধতত্ত্বেও বহুব্যবহৃত।

প্রাপ্ত DNA-র পরিমাণ PCR প্রক্রিয়ার দ্বারা (একক 11 দেখুন)। বৃদ্ধি করা যেতে পারে যাতে DNA ফিন্সারপ্রিন্টিং, সাদার্ন ব্লটিং কারিগরিবিদ্যায় আরো ফলপ্রদ।

**প্রয়োগ :** অপরাধের জায়গায় প্রাপ্ত রক্ত, চুল বা থুথু থেকে DNA বের করে উপরোক্ত পদ্ধতিতে অপরাধী চেনার কাজে ব্যবহৃত হয়।

### অপরাধতত্ত্বে এই পদ্ধতি ব্যবহারের ইতিহাস

I. 1968 সালে U.K. তে এই পদ্ধতির প্রয়োগ দ্বারা অপরাধী শনাক্ত করা হয়েছিল। 1983 সালে একটি স্কুলের ছাত্রীকে ধর্ষিত অবস্থায় হত্যা করা হয়েছিল। 1986 সালে দ্বিতীয় একটি মেয়েকেও লিসেস্টারের কাছের এক গ্রামে ঐ অবস্থায় পাওয়া যায় একজন লোক দ্বিতীয় অপরাধটির স্বীকাররোক্তি করে। সে প্রথম অপরাধটির জন্যেও দায়ী কিনা জানতে লিসেস্টার বিশ্ব বিদ্যালয়ের Jeffreys নামক বৈজ্ঞানিককে দুইটি অপরাধস্থলে প্রাপ্ত শুক্রের DNA করতে অনুরোধ করা হয়। দেখা যায় সেই লোকটি দুইটির একটি অপরাধও করেনি। আঞ্চলিক প্রায় 1500 পুরুষের সমীক্ষা করেও কোনো ফল পাওয়া যায়নি। একটি Pub এ হঠাৎ কোনো একটি কথোপকথনে অপরাধীর শনাক্তকরণ ও DNA এর মাধ্যমে সুনিশ্চিত হওয়া সম্ভব হয়েছিল।

II. কোনো কোনো ক্ষেত্রে পিতৃত্ব সম্বন্ধীয় রহস্য উদঘাটনও এই DNA profiling এর মাধ্যমে সম্ভব হয়েছে।

### বিশ্বাসযোগ্যতা ও ন্যায্যতা :

বিভিন্ন গবেষণাগারে এই পরীক্ষা ও ফলাফলের একটা নির্ভরযোগ্যতা ও বৈধতা আনবার জন্য কারিগরি কৌশলকে একীকরণ ও দক্ষতাবর্ধনের মধ্যে দিয়ে নিয়ে যাওয়া হচ্ছে। যেমন ইউরোপের সবকটি দেশে একধরনের প্রয়োগ পদ্ধতি চালু হলে আন্তর্জাতিক অপরাধের বেলায় কার্যকারীতা অনেকগুণ বৃদ্ধি পাবে।

এর নির্ভরযোগ্যতার একটা মাপ কাঠি জেফ্রেস্ এইভাবে গণনা করেছিলেন 4 এর মধ্যে 1টি ক্ষেত্রে 2 জন ব্যক্তির একইরকম একটি ব্যান্ড (DNA-র) আসতে পারে যদি multi locus probe ব্যবহার করা হয়। সুতরাং যদি ব্যান্ডের সংখ্যা হয় n তবে এইরকম ভুলের chance  $4^{1-n}$  আর দুজনের 4টি ব্যান্ড একইরকম থাকার chance তাই  $156 \times 1$  দাঁড়ায়। যেহেতু অপরাধতত্ত্বে অনুসন্ধান বৈজ্ঞানিকদের খুব অল্প পরিমাণ নিম্নমানের sample নিয়ে কাজ করতে হয় তাতে মাত্র কয়েকটি band আসে। তার ফলে definite উত্তর দেওয়া যায় না বা জটিলতার সৃষ্টি হয়। আত্মীয়স্বজনদের মধ্যেও সামঞ্জস্য থাকে বলে অনেক সময় চূড়ান্ত সিদ্ধান্তে উপনীত হওয়া যায় না। single locus probe এর ক্ষেত্রে এই অঙ্ক আরো জটিল হয়ে দাঁড়ায় কারণ প্রত্যেকটি band একটি জন গোষ্ঠীতে পাওয়ার পৌনঃপুন্য (frequency) ভিন্ন। PCR করে তাই sample এর পরিমাণ বাড়িয়ে তার DNA profiling করলেই সঠিক তথ্য পাওয়া যাবে।

### III. অপরাধতত্ত্বে এই পদ্ধতির অন্যান্য প্রয়োগসমূহ :

(i) পিতৃত্বের রহস্যোদঘাটন—মানুষ বা পালিত জন্তুর (বিশেষতঃ কুকুরে-র) বংশ পরিচয় বা কুলজী বিচারে ব্যবহার হয়।

(ii) কার সন্তান—এমন প্রশ্ন উঠলে এই পদ্ধতির প্রয়োগ করা হয়। 1993 সাউ ড্যামপ্টনের এক হাসপাতালে দুইটি সদ্যোজাত শিশুকে পাল্টানো হয়েছে এমন সন্দেহের অবসান ঘটে এই কারিগরি কৌশলের প্রয়োগে।

(iii) বিপন্ন জন্তু রাখার অপরাধে অপরাধীকে নিশ্চিতভাবে শাস্তিপ্রদান করা সম্ভব হয়েছে।

(iv) যে চিড়িয়াখানার সংখ্যালঘু জানোয়ারের জন্ম দেওয়া হয় সেখানে genetic diversity, maintain (বংশগত বৈষম্য সংরক্ষণ) করা হয়।

(v) পরিবারের মধ্যে অজাচার বা নিকট সম্পর্কীয় স্ত্রী পুরুষের অবৈধ সম্বন্ধ সম্বন্ধে তথ্য সংগ্রহ করা যেতে পারে।

(vi) সামাজিক ব্যবহার নির্ধারণের ক্ষেত্রে ব্যবহার হতে পারে। যেমন আফ্রিকার সিংহদের মধ্যে দেখা যায় কিছু পুরুষ বিশেষ করে স্ত্রী সিংহীর সঙ্গে মিলন করে না। দেখা গেছে যার করে না, তাদের জিন যারা করে তাদের জিনসদৃশ, তাই তাদের জিন পরবর্তী প্রজন্মে যাওয়ার পথে কোনো বাধা আসে না।

(vii) যারা এক দেশ থেকে অন্য দেশে এসেছেন তাদের মধ্যে পারিবারিক সম্পর্ক স্থাপনের কাজেও ব্যবহার হতে পারে।

(viii) অসাধারণ উল্লেখযোগ্য কোনো কোনো ক্ষেত্রে দেখা গেছে যে কোনো মৃতদেহ যে স্থানে পাওয়া গিয়েছিল, কোনো ট্রাকের চাকায় সেই স্থানের গাছের কোনো ফলের বীচি থেকে সেই অঞ্চলটিকেই বিশেষভাবে চিহ্নিত করা যায় কারণ পশুর মতো বৃক্ষের DNA এরও ফিঙ্গারপ্রিন্ট বা ফুটপ্রিন্ট পাওয়া যায়।

## 13.4 সারাংশ

অপরাধতত্ত্বে DNA প্রোব নির্মাণই সর্বাপেক্ষা প্রয়োজনীয় অস্ত্র। (টেবিল নং [1])

প্রোব	সংশ্লিষ্ট	
লেবেল	প্রোবের	প্রয়োজনীয় তথ্যাদি
করার	প্রকার	
পদ্ধতি		
# 1 5' প্রান্ত	অলিগো/DNA গ্রুপ	5' ফসফেট গ্রুপকে লেবেল করা $\gamma - PO_4^-$ দিয়ে বদল। এর উৎসেচক $T_4$ পলিনিউক্লিওটাইড কাইনেস।
# 2 3' প্রান্ত লেবেল	অলিগো/DNA	টার্মিনাল ট্রান্সফারেস দ্বারা পুচ্ছে লেবেল করা নিউক্লিওটাইড স্থাপন।

# 3	নিক্ ট্রান্সলেশন	DNA	DNA ase দ্বারা ds DNA তে 'নিক' করে 3' মুক্ত প্রান্তকে DNA পলিমারেস দ্বারা লেবেল করা নিউক্লিওটাইড স্থাপন।
# 4	যত্রতত্র প্রাইম করা	DNA	যত্রতত্র ছোট ছোট প্রাইমার লাগিয়ে SSDNA র প্রলম্বীকরণ করা DNA পলিমারেস দ্বারা লেবেল করা নিউক্লিওটাইড স্থাপন করে।
# 5	প্রাইমার প্রলম্বীকরণ	DNA	নির্দিষ্ট প্রাইমার ব্যবহার করে।
# 6	একতন্ত্র বিশিষ্ট DNA তৈরি	DNA	M13 ফাজমিড ভেক্টর দ্বারা ss DNA সৃষ্টি। তন্ত্র বিশিষ্ট।
# 7	in vitro টেস্ট টিউব RNA ট্রান্সক্রিপশন	RNA	লেবেল করা নিউক্লিওটাইড দ্বারা ssRNA প্রস্তুত। তন্ত্র বিশিষ্ট।

---

## 13.5 অনুশীলনী

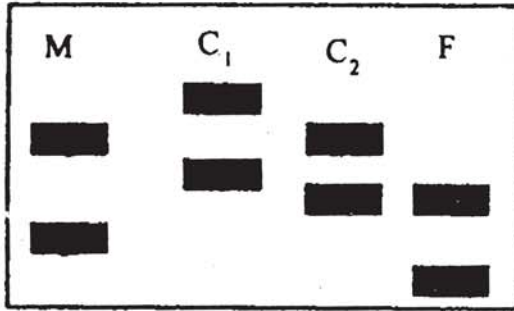
---

শূন্যস্থান পূর্ণ করুন—

- 5' প্রান্ত লেবেল করে DNA প্রোব প্রস্তুত করতে \_\_\_\_\_ উৎসেচকটি লাগে।
- in vitro ট্রান্সক্রিপশন পদ্ধতিতে শুধুমাত্র \_\_\_\_\_ প্রোব প্রস্তুত করা যায়।
- \_\_\_\_\_ পদ্ধতিতে RNA পলিমারেস সংযুক্ত হওয়ার স্থানটি পরিলক্ষিত হয়।
- \_\_\_\_\_ প্রোবের ব্যবহার অপরাধতত্ত্বে প্রচুর।
- DNA এর \_\_\_\_\_ অঞ্চলগুলিকে 'ক্ষুদ্র উপগ্রহ' নামাঙ্কিত করা হয়।
- সাদার্ন ব্লটিং পদ্ধতি \_\_\_\_\_ ফন্টারে DNA ট্রান্সফার ও \_\_\_\_\_ করে লেবেল করা প্রোব লাগাই প্রয়োগ কৌশলের সততা প্রমাণ করে।

2. টেবিলের দুটি মেলান—

টেবিল A



টেবিল B

F → C<sub>1</sub> এর পিতা  
 F → C<sub>2</sub> এর পিতা  
 M → C<sub>1</sub> এর মাতা  
 M → C<sub>2</sub> এর মাতা

M → মা F → বাবা C<sub>1</sub>, C<sub>2</sub> →

প্রথম ও দ্বিতীয় সম্ভাব্য সন্তান

টেবিল A

II. আক্রান্ত

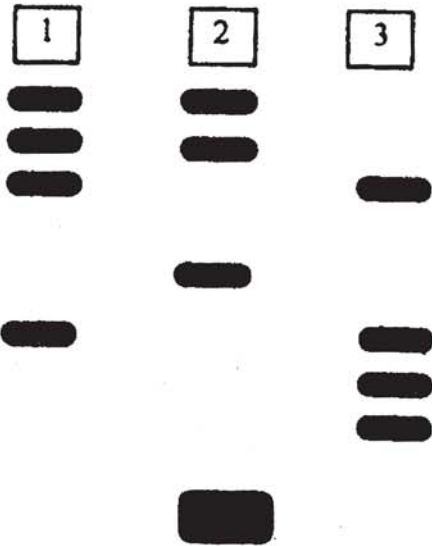


অপরাধ স্থলে  
প্রাপ্ত specimen



টেবিল B

সম্ভাব্য আততায়ী



---

## 13.6 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

---

1. DNA প্রোব কী প্রোব প্রস্তুতির পদ্ধতিসমূহ বিশদভাবে বর্ণনা করুন।
2. DNA পৃথকীকরণ করা হয় কীভাবে? কোন্ কোন্ পদক্ষেপে বিশেষ সাবধানতা অবলম্বনের দরকার বলে আপনি মনে করেন?
3. DNA ফিঙ্গারপ্রিন্টিং ও ফুটপ্রিন্টিং-এর মধ্যে তফাত কী? এই দুটির কোন্ স্থলে সাদার্ন ব্লটিং-এর প্রয়োগ করা হয়?
4. অপরাধতত্ত্বে DNA প্রোবের ব্যবহার কী কী ভাবে হতে পারে?
5. পরিবারের মধ্যে অজাচার বা পিতৃত্ব নির্ধারণ পদ্ধতি কীভাবে DNA প্রোবের মাধ্যমে সম্ভব?

---

## 13.7 উত্তরমালা

---

### A. অনুশীলনীর উত্তর :

1. a) T<sub>4</sub> পলিনিউক্লিওটাইড কাইনেকস  
b) ss RNA  
c) DNA ফুটপ্রিন্টিং  
d) Single locus/multi locus  
e) non-coding  
f) নাইট্রোসেলুলোজ ফিল্টার in vitro হাইব্রিডাইসেশন।
2. I. M ও F যথাক্রমে C<sub>1</sub> এর মাতাপিতা C<sub>2</sub> সন্তানটি M বা F কারোরই নয়।  
II. টেবিল A এর specimen এর সবকটি DNA ব্যান্ড মেলে একমাত্র 2 নং সম্ভাব্য আততায়ীর সঙ্গে। তাই সেই অপরাধী।

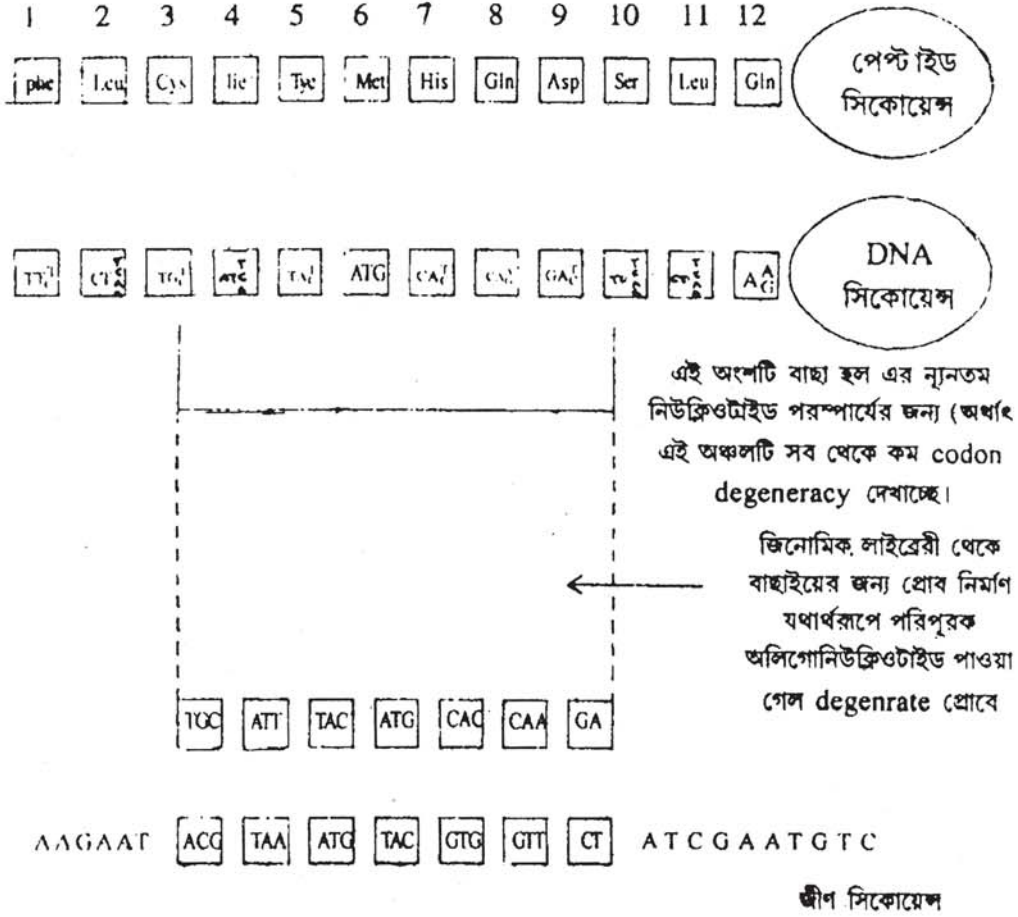
### B. প্রশ্নাবলীর উত্তরসঙ্কেত :

1. 13.2 অংশে দেখুন।
2. 13.2.3.1 অংশে দেখুন ও বাকি নিজের বিচারবুদ্ধির প্রয়োগ করুন।
3. 13.2.3 অংশে দেখুন।
4. 13.3 অংশে দেখুন।
5. 13.3 অংশে দেখুন।

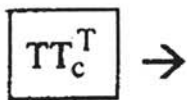


চিত্র নং [1]

প্রোটিন খোঁজার প্রোব বানানোর পদ্ধতি :



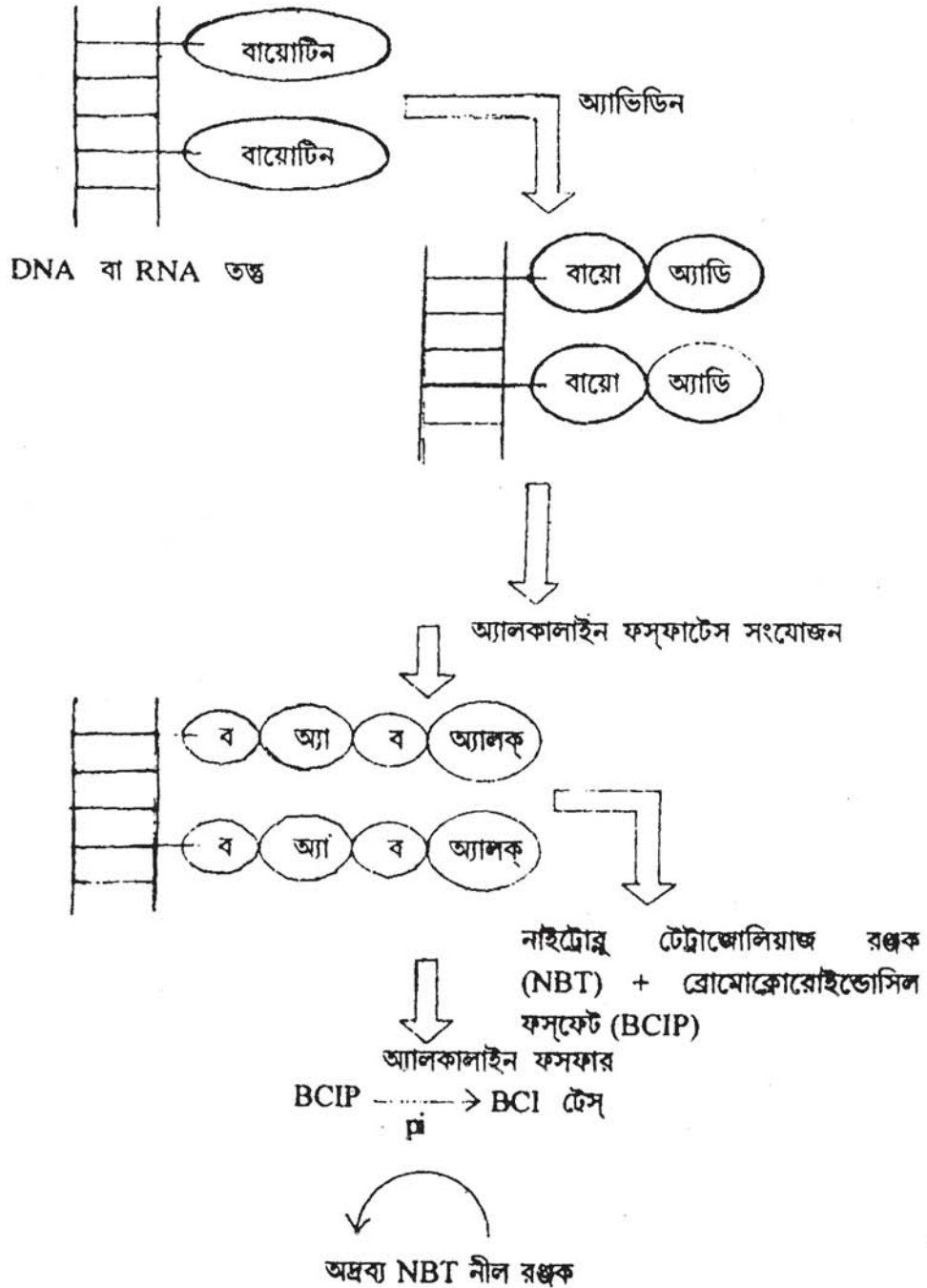
চিত্র পরিচিতি — phe → ফিনাইলঅ্যালানিন  
 Leu → লিউসিন শ্রুতি অ্যামাইনো অ্যাসিড



অর্থাৎ আসলে যে কোডন অ্যামাইনো অ্যাসিডটিকে কোড করছে তার সম্ভাব্য রূপ।  
 $T_c \rightarrow T$  অথবা C (wobble hypothesis অনুযায়ী)

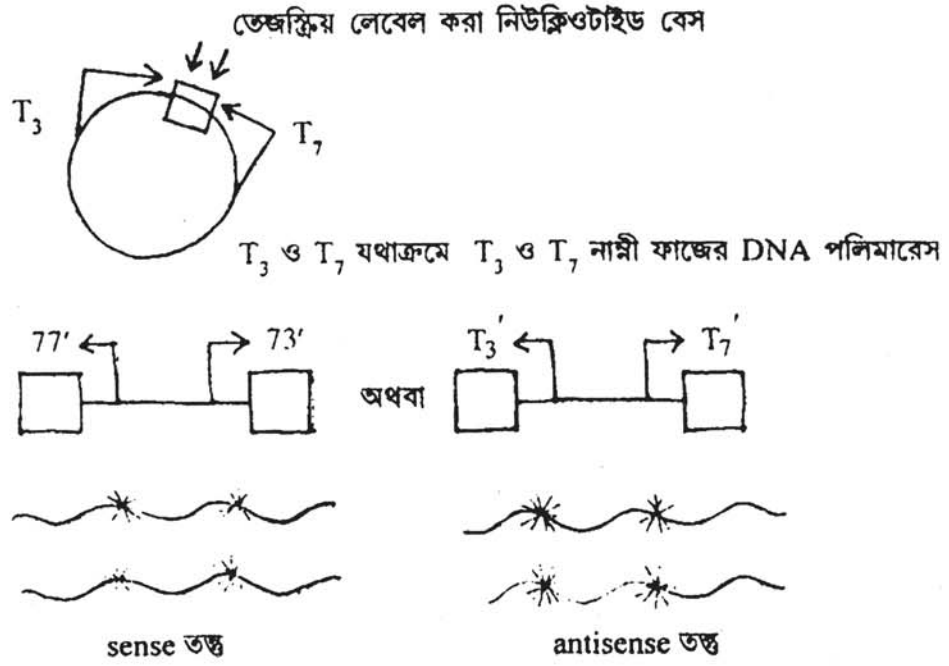
চিত্র নং [6]

আতেজস্কিয় লেবেল :



চিত্র নং [4]

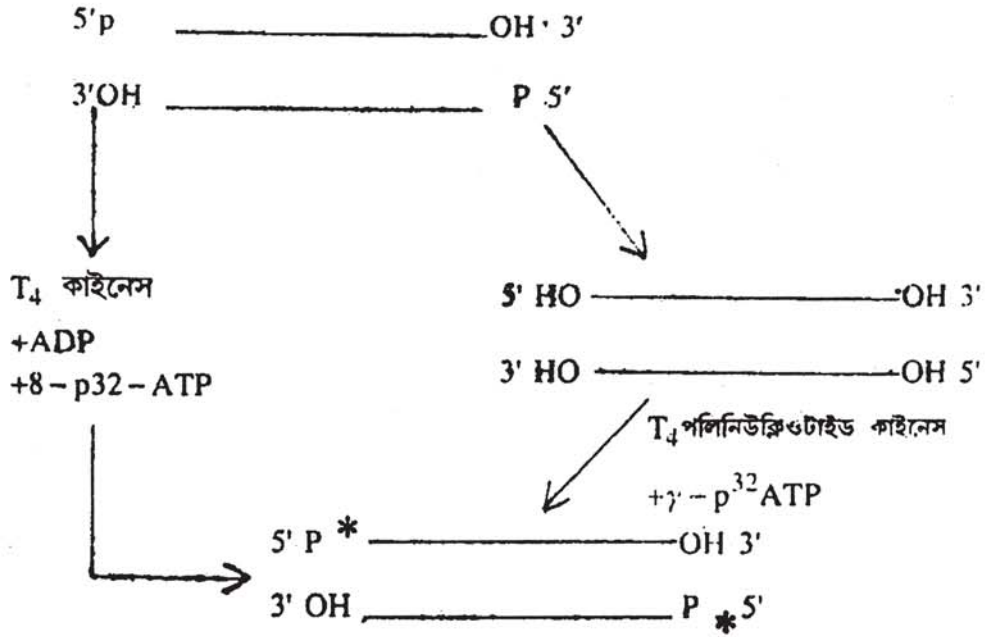
RNA প্রোব :



T<sub>7</sub> ও T<sub>3</sub> যথাক্রমে T<sub>7</sub> ও T<sub>3</sub> নাম্নী ফাজের পলিনিউক্লিওটাইড কাইনেস যা 5' প্রান্তে লেবেল করে 5' প্রান্তে PO<sub>4</sub><sup>-</sup> গ্রুপ যোগ করে।

চিত্র নং [5]

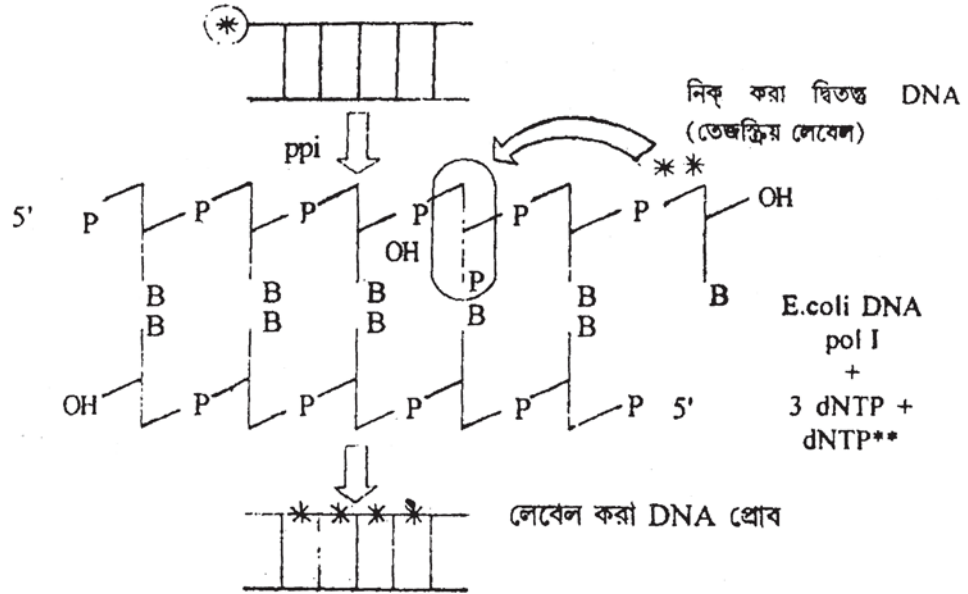
প্রাপ্ত লেবেল প্রক্রিয়া :



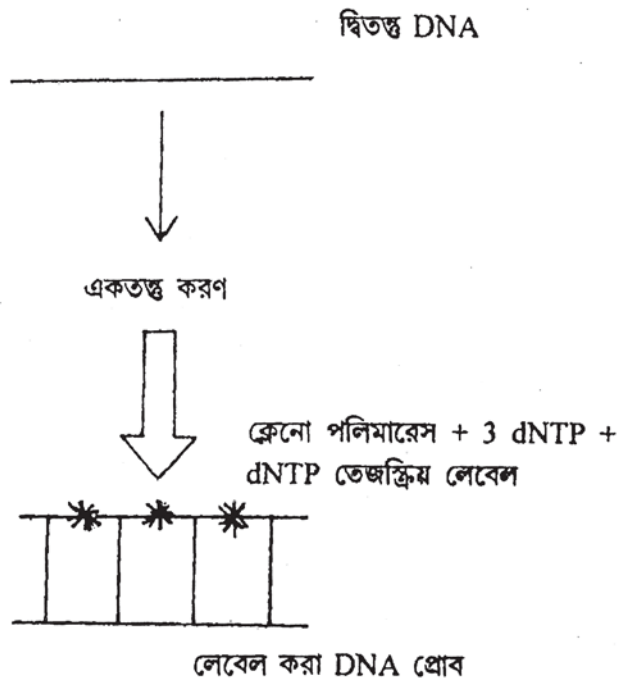
(ATP অণুর  $\gamma$  স্থানের P টি যখন  $P^{32}$  দ্বারা চিহ্নিত।)

চিত্র নং [2]

নির্ক ট্রান্সলেশন পদ্ধতিতে প্রোব প্রস্তুত

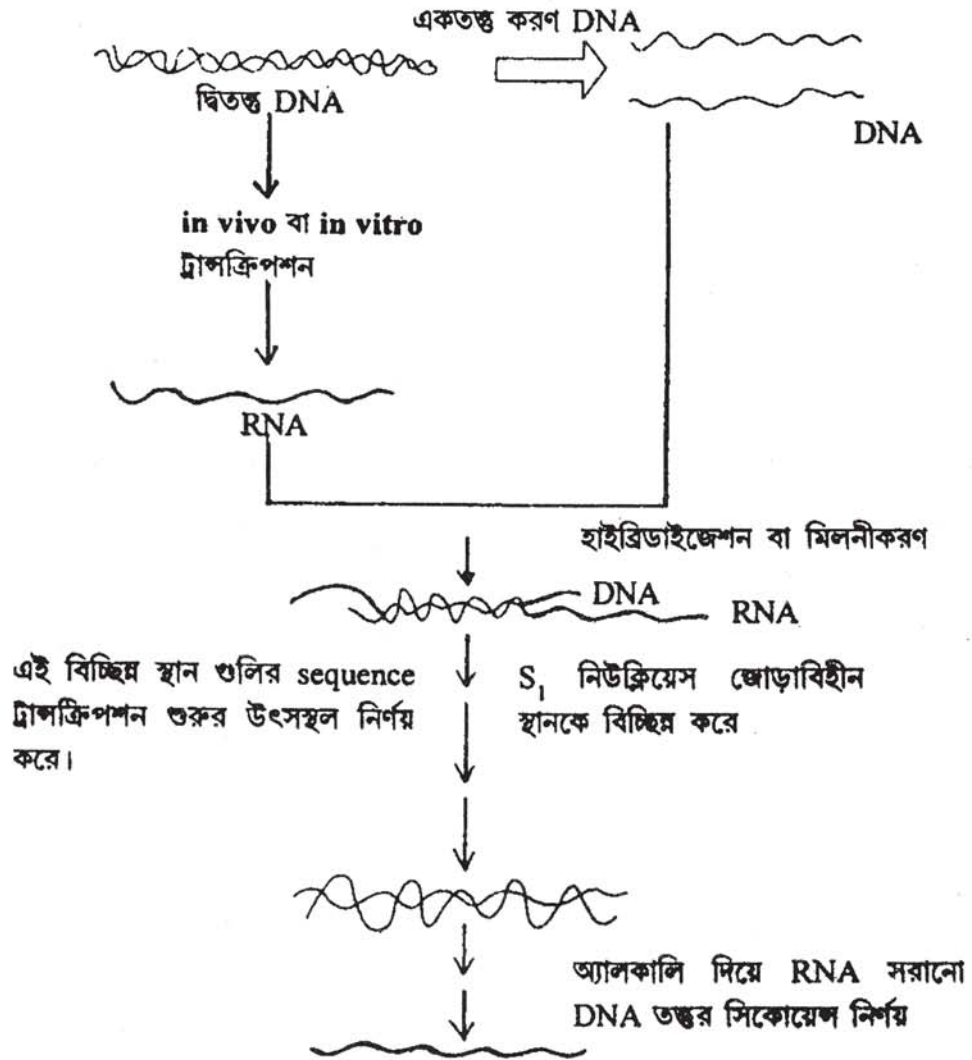


চিত্র নং [3]



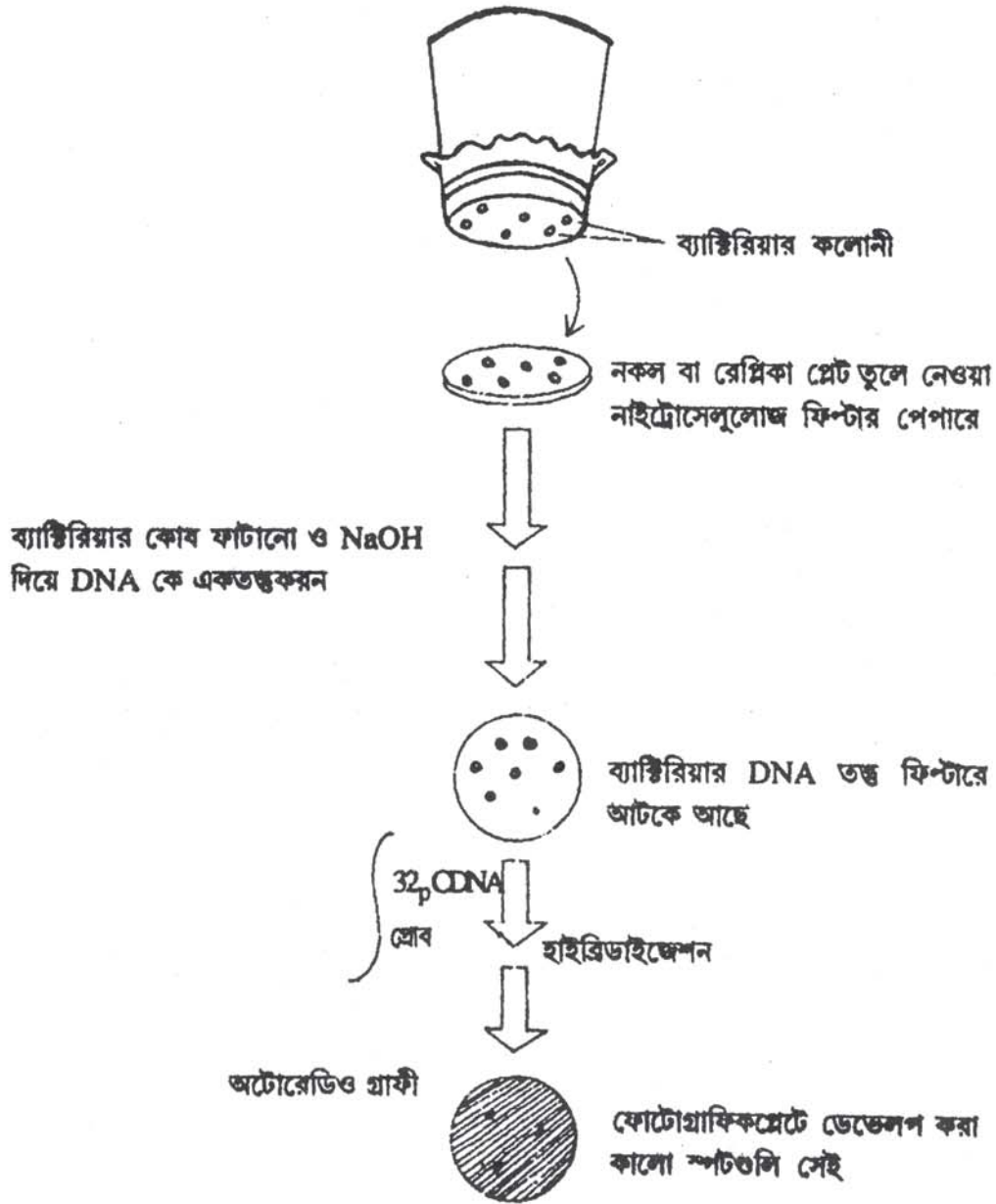
চিত্র নং [7]

S<sub>1</sub> নিউক্লিয়েস মানচিত্র প্রস্তুতীকরণ



চিত্র নং [8]

in situ hybridisation

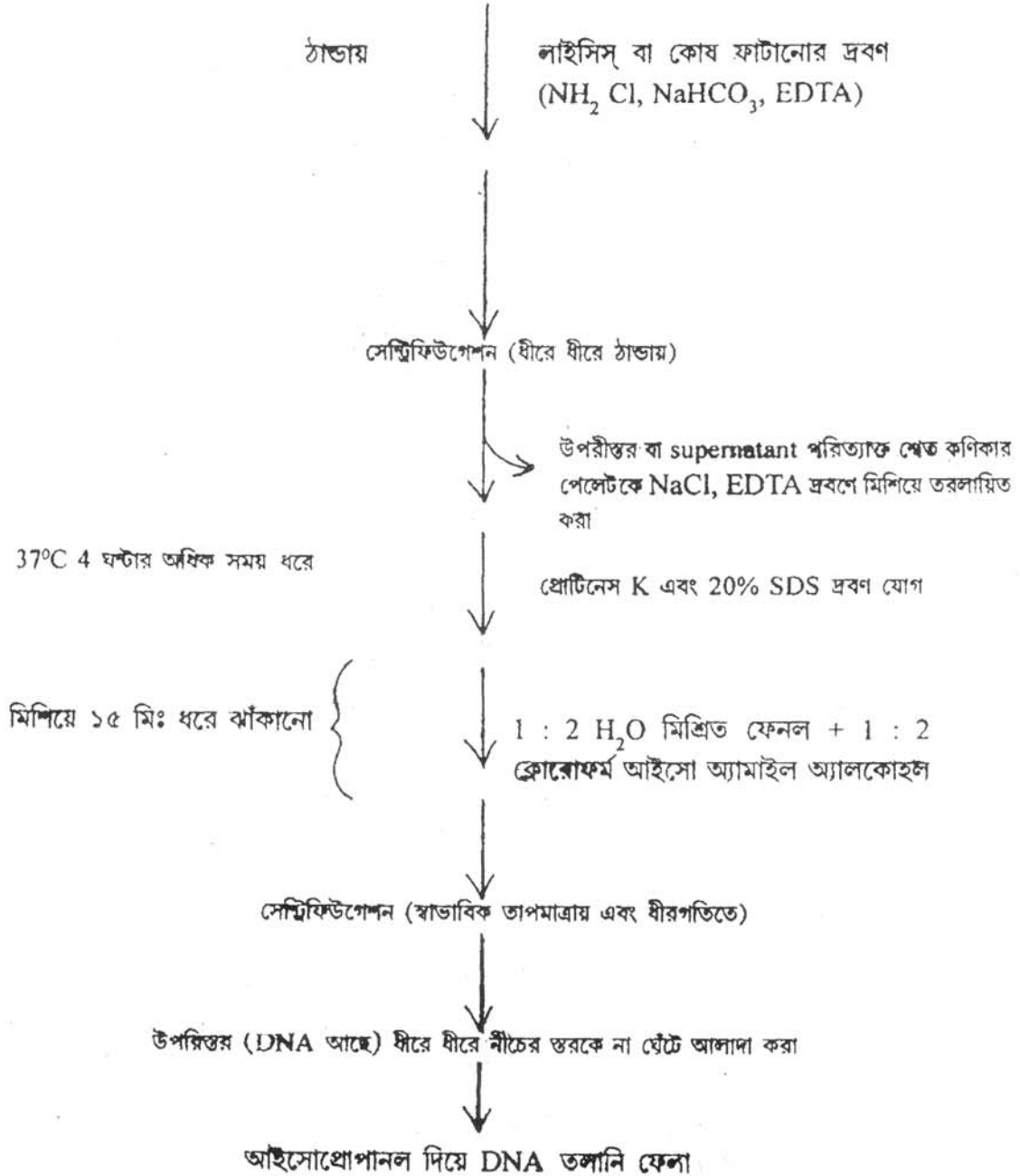


DNA সিকোয়েন্সের যা 32p cDNA প্রোবের সঙ্গে কমপ্লিমেন্টরী

চিত্র নং [9]

DNA পৃথকীকরণ পদ্ধতি :

যে কোন টিস্যুকে হোমোজিনাইসড অবস্থায় নিতে হবে যার DNA প্রয়োজন (যেমন রক্ত)





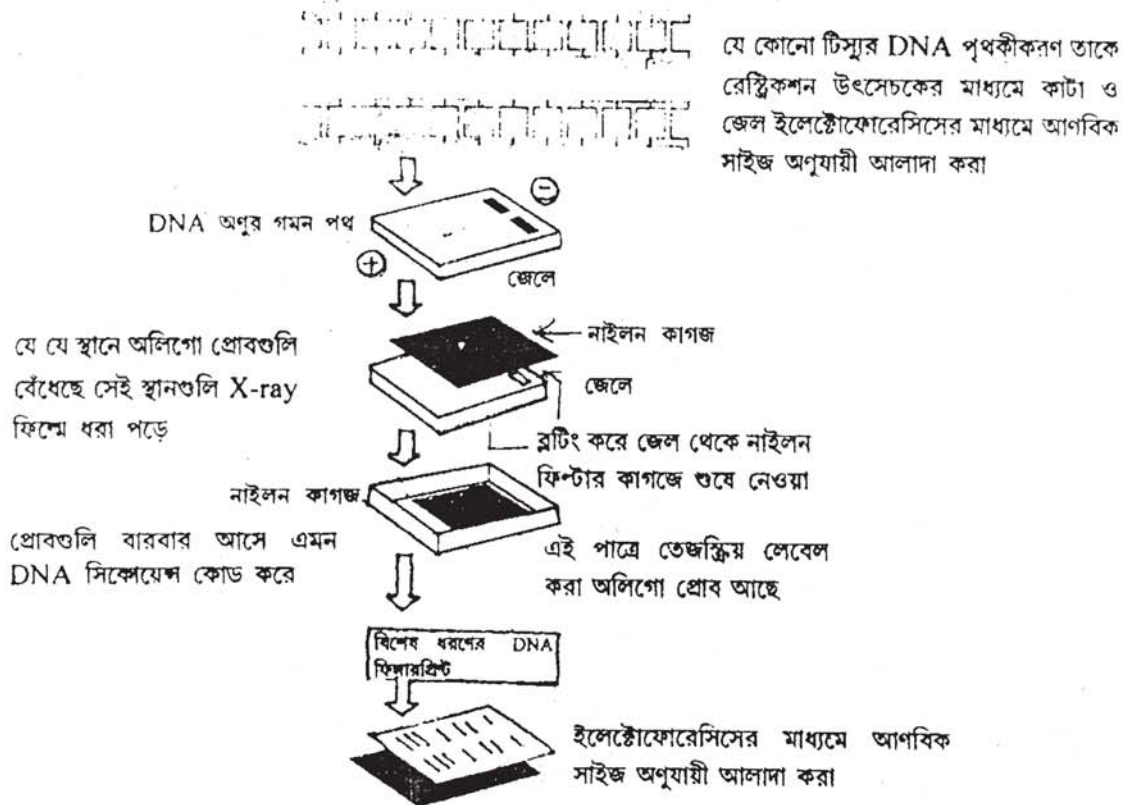
চিত্র নং 9 এর চিত্র পরিচিতি—

যে যে রাসায়নিক দ্রব্য DNA পৃথকীকরণ ব্যবহার হয়েছে তার ভূমিকা

- EDTA** : চিলেট করে বা ক্যাটায়ন (cation ধরে এবং DNA ase কে DNA ভাঙায় প্রতিহত করে।
- SDS** : কোষ ফাটায়, নিউক্লিয়াসের আবরণ ফাটায় ও কিছু প্রোটিন কে নিরস্ত করে।
- ক্লোরোফর্ম** : কোষের যাবতীয় প্রোটিনের বিকৃতিকরণ ও ফেনা হওয়া কমায়ে।
- ফেনল** : প্রোটিন ও RNA সরায়।
- আইসোপ্রোপানল** : DNA বেছে তার পৃথকীকরণ যাতে তলানি বা precipitate এ DNA ও উপরীস্তরে দ্রবীভূত অবস্থায় RNA ও পলিস্যাকারাইড থাকে।

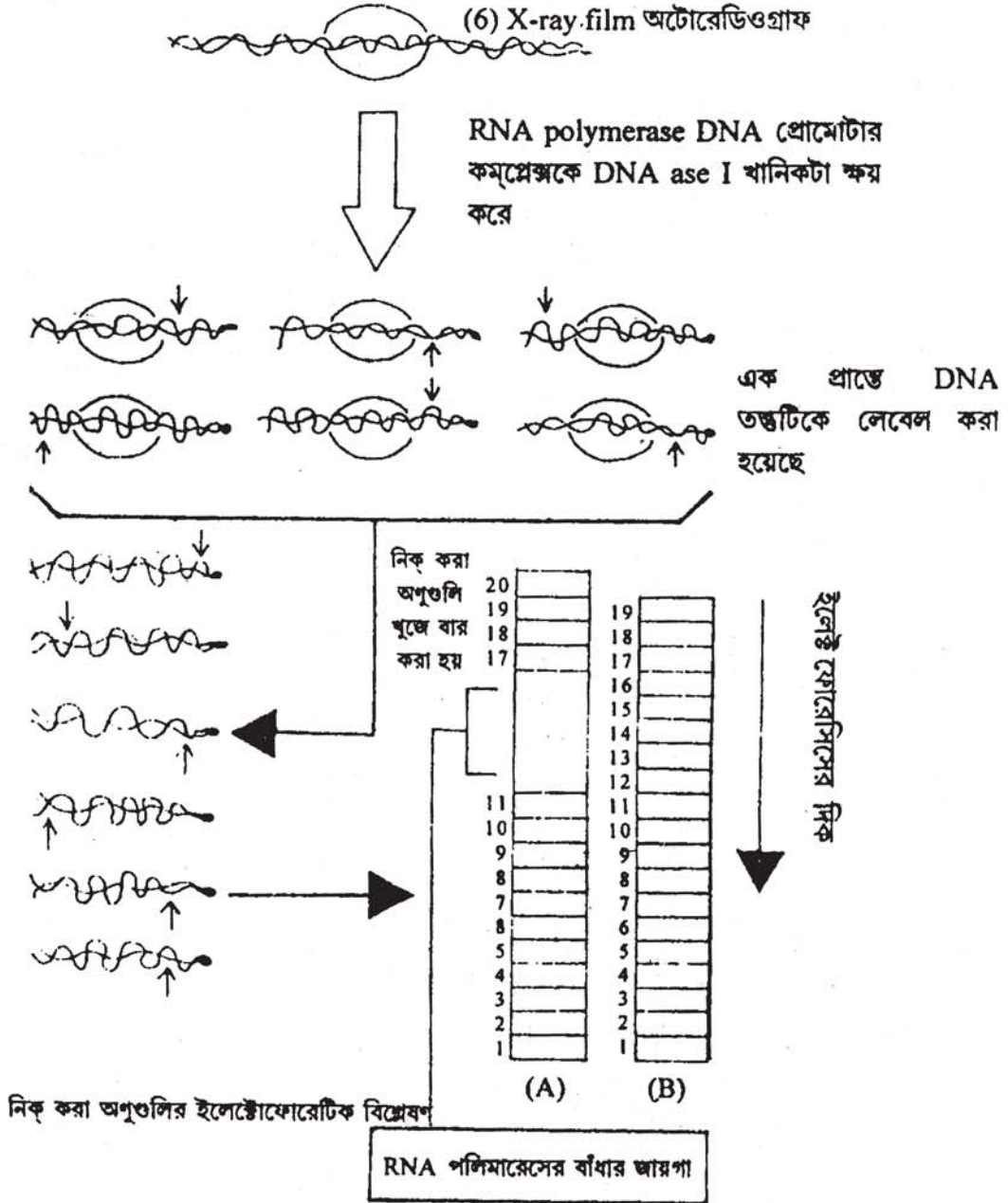
চিত্র নং [10]

DNA ফিঙ্গার প্রিন্টিং এর কারিগরি কৌশল



চিত্র নং [11]

DNA ফুটপ্রিন্টিং



চিত্র পরিচিতি—(A) RNA পলিমারেস যে স্থানে বেঁধেছে সে স্থানে 'নিকিং' হয়নি। (B) কন্ট্রোল—যেখানে যেখানে 'নিক' হয়েছে যে সব স্থানেই DNA ব্যান্ড পাওয়া যাবে।

চিত্র নং [12]

সাদার্ন ব্রটিং পদ্ধতি :

