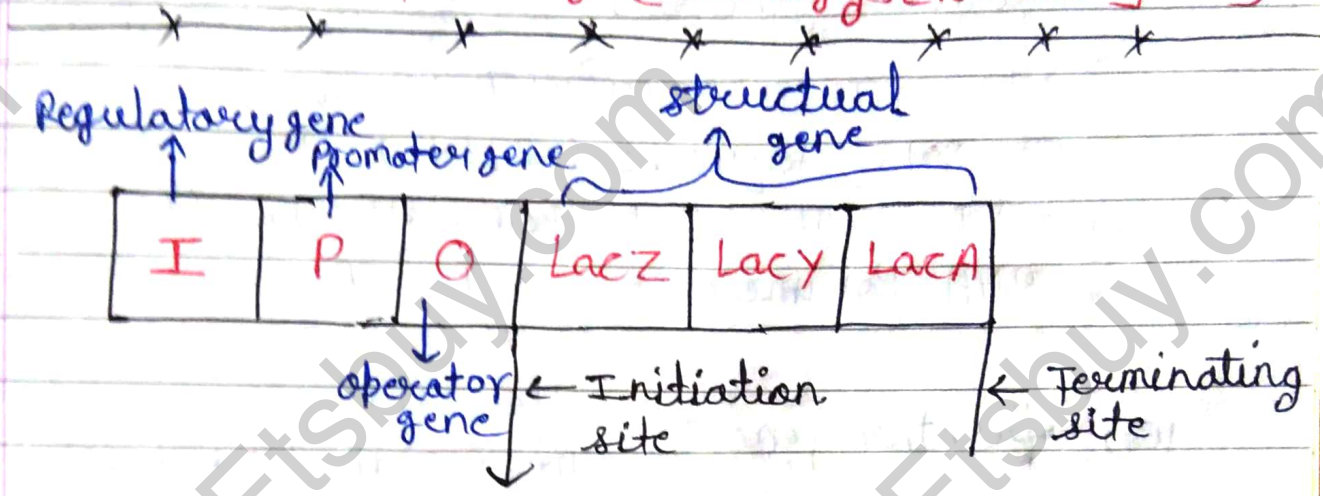
UNIT-I

Genetic Code, वाटसन-क्रिक द्विकुण्डली model, Structure of chromatin, Replication, Type of RNA, DNA संश्लेषण व repairing (Zoology)[B.Sc Ist year]

up stream ← | → down stream



Controlling gene area → Expressing gene area

→ लैक ऑपेरॉन के मुख्य दो भाग होते हैं —

(i) up stream
(ii) down stream

(i) **up stream** :— ऑपेरॉन का यह ऐसा भाग होता है, जिसमें Controlling Gene / नियंत्रण करने वाले जीन पाये जाते हैं। अतः इस भाग को नियमनकारी (Regulatory) भाग कहा जाता है। इसमें लैक ऑपेरॉन के लिए निम्न जीन उपस्थित होते हैं —

(a) Regulatory gene (I) :— यह lac operon में पाया जाने वाला ऐसा जीन होता है। जिसमें चार पॉलीपेप्टाइड श्रृंखलाएँ मौजूद होती है। ऐसा दमनकारी प्रोटीन बनाता है, यह दमनकारी Protein operator gene से जुड़ता है।

Etsbuy.com

जिससे operon चालू या बंद हो सकता है। lac operon बंद हो जाता है।

(b) Promotor gene (P) :— यह Regulatory जीन के आगे स्थित होता है। एवं इस पर अभिज्ञान (Recognition site) अनुक्रम व बंधक sequence (अनुक्रम) से m-RNA प्रारंभन स्थत होता है। Promotor gene पर हमेशा RNA Polymerase जुड़ता है।

(c) operator gene :— यह जीन promoter के बाद उपस्थित होता है। एवं इस पर Regulatory gene के द्वारा बनाया गया Protein बंधन बनाती है।

(2) Down stream :— लैक ऑपेरॉन में down stream में मुख्यत: तीन जीन पाये जाते हैं। ये तीनों जीन m-RNA बनाते हुए प्रोटीन बनाते हैं। एवं कोशिका के उपापचय को नियंत्रित करते हैं।

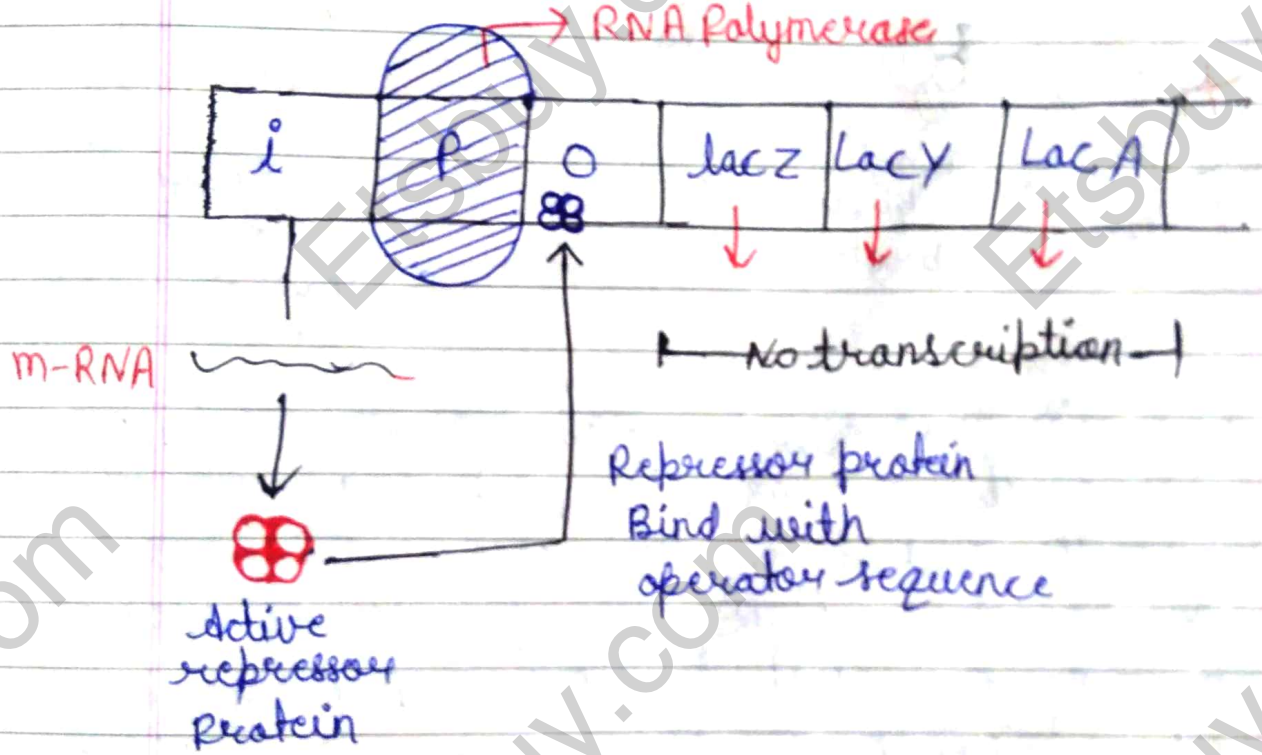
(a) Lac z gene :— यह जीन ऐसा m-RNA बनाता है। जिससे बाद में β-Glucocydase Enzyme बनता है। जो lactose को Glucose व Galactose में तोड़ता है।

(b) Lac Y gene :— यह एक ऐसा m-RNA बनाता है, जो बाद में परमिएज नामक एंजाइम बनाता है जिसका कार्य कोशिका झिल्ली की lactose के लिए पारगम्यता बढ़ाना है।

(c) Lac A gene:— यह जीन ऐसा m-RNA बनाता है जो भविष्य में transacetylase नामक Enzme बनाता है।
यह Enzme β-Glucosydase एवं परमिएज enzme की lactose उपापचय में मदद करता है।

Regulation of operon:—

(i) जब कोशिका में Glucose उपस्थित हो:-



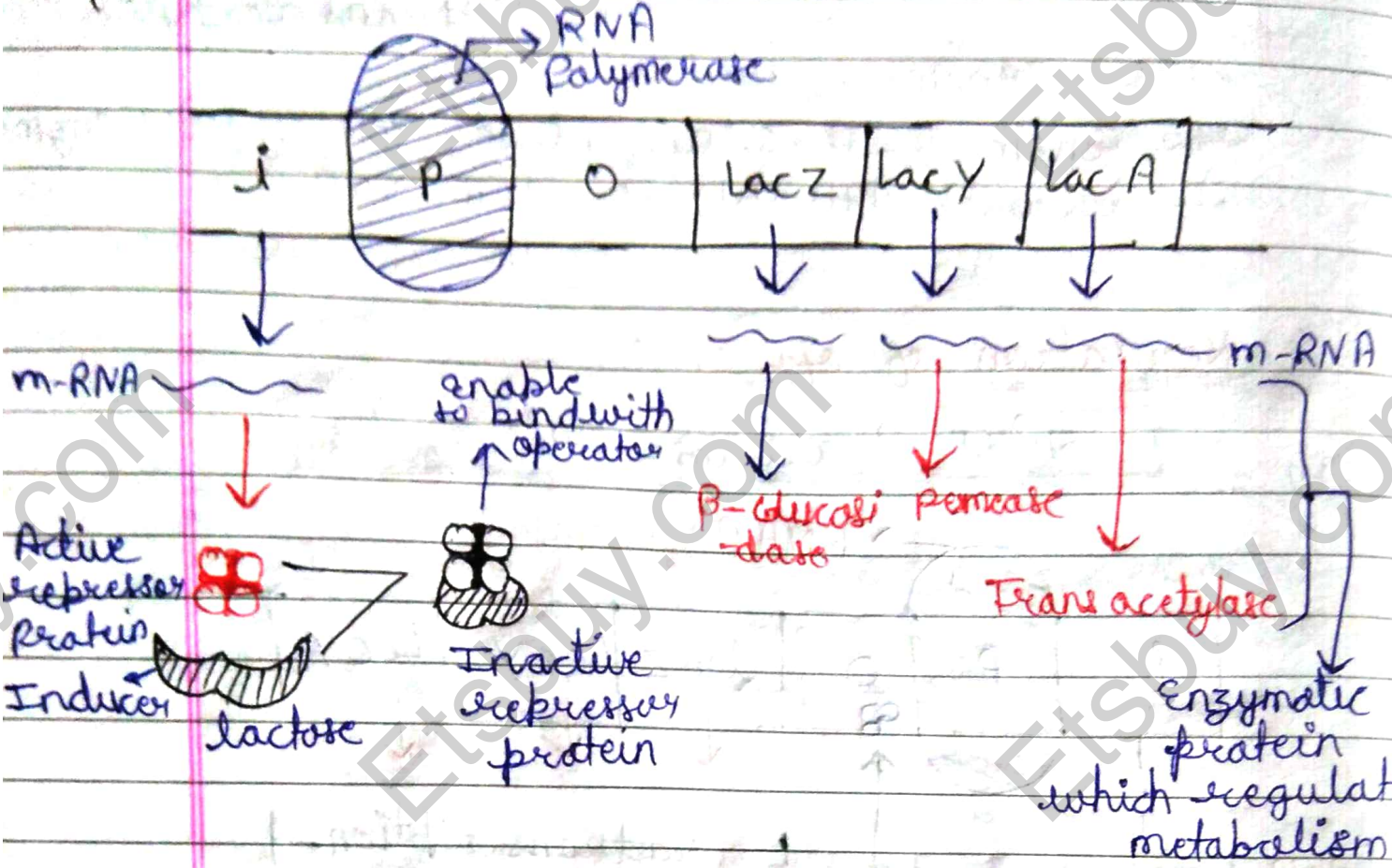
→ जब कोशिका में Glucose उपस्थित होता है एवं कोशिका को lactose तोड़ने की आवश्यकता नहीं होती है उस दशा में Regulatory gene के द्वारा बनने वाला सक्रिय दमनकारी Protein operator के साथ जुड़ जाता है। एवं Transcription को रोक देता है।

"जब किसी operon में बना हुआ दमनकारी protein उसी operon के Transcription को रोक देता है तो इस प्रकार का Regulation Negative regulation कहलाता है।"

Etsbuy.com

Page :

(ii) जब कोशिका में ग्लूकोज अनुपस्थित होता है।



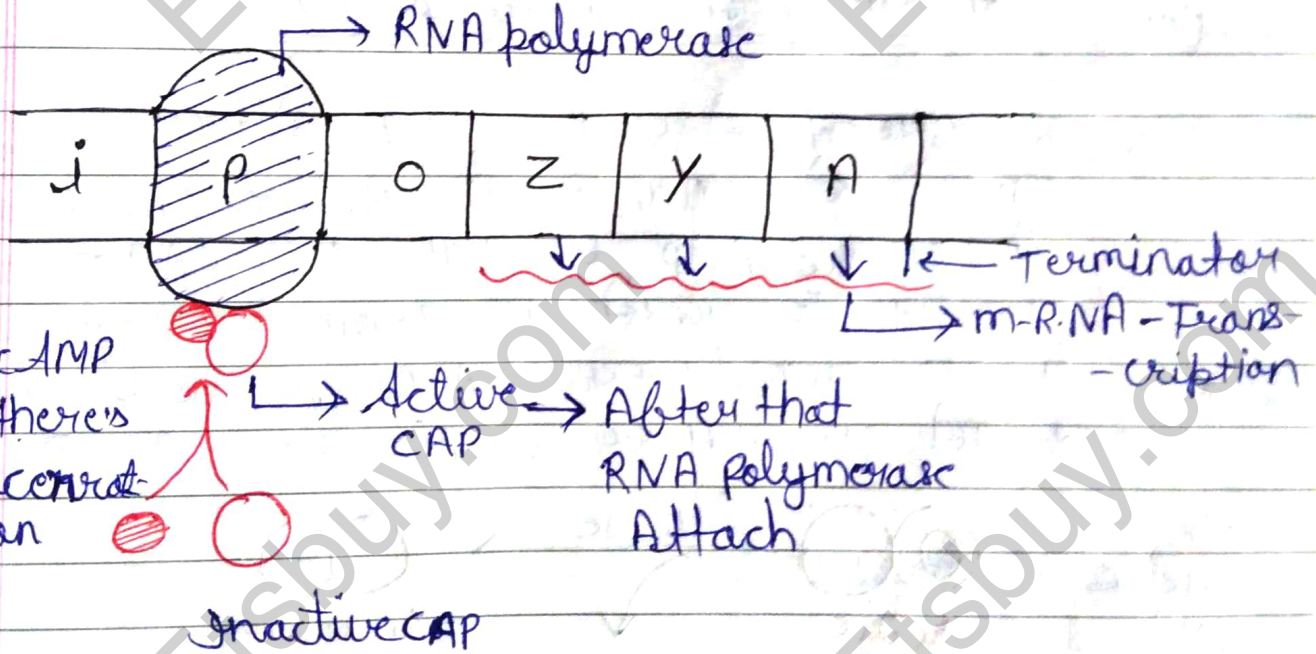
→ जब कोशिका में Glucose नहीं होता एवं लैक्टोज उप. होता है तो उस दशा में Lactose का अणु सक्रिय दमनकारी Protein के साथ जुड़कर उसे निष्क्रिय कर देता है। जिससे वह operator से जुड़ने में असमर्थ हो जाती है। एवं RNA Polymerase Polymerisation के द्वारा Transcription करता है एवं m-RNA का निर्माण होता है। यह m-RNA संबंधित Enzyme बनाता है। जो कोशिका में उपापचय का कार्य करते हैं।

(२) ऑपेरॉन का धनात्मक नियमन :— लैक ऑपेरॉन में उपापचयों से संबंधित ऑपेरॉन विभिन्न उपापचय जैसे — Galactose, Arabinose आदि के विघटन के लिए Enzme बनाते हैं। ये Enzme संबंधित उपापचयज

को तोड़ देते है) एवं उसे Glucose में बदल देते है। अर्थात् ये ऑपेरॉन उन ऊर्जा स्त्रोतो के उपयोग से संबंधित एंजाइम बनाता है। जिनका उपयोग तभी होता है, जब जीवाणु कोशिका में Glucose खत्म हो जाए। ये सभी operon Cyclic AMP के माध्यम से प्रभावित होते है। Cyclic AMP CAP (Catabolic Activator Protein) के माध्यम से कार्य करता है। उपापचयी संवेदी ऑपेरॉनो में अनुलेखन तभी होता है जब CAP प्रोमोटर के एक क्षेत्र से जुड़ता है।

Note:- Promoter पर CAP Binding Site पायी जाती है।

(ii) जब कोशिका में Glucose उपलब्ध नही होता :-



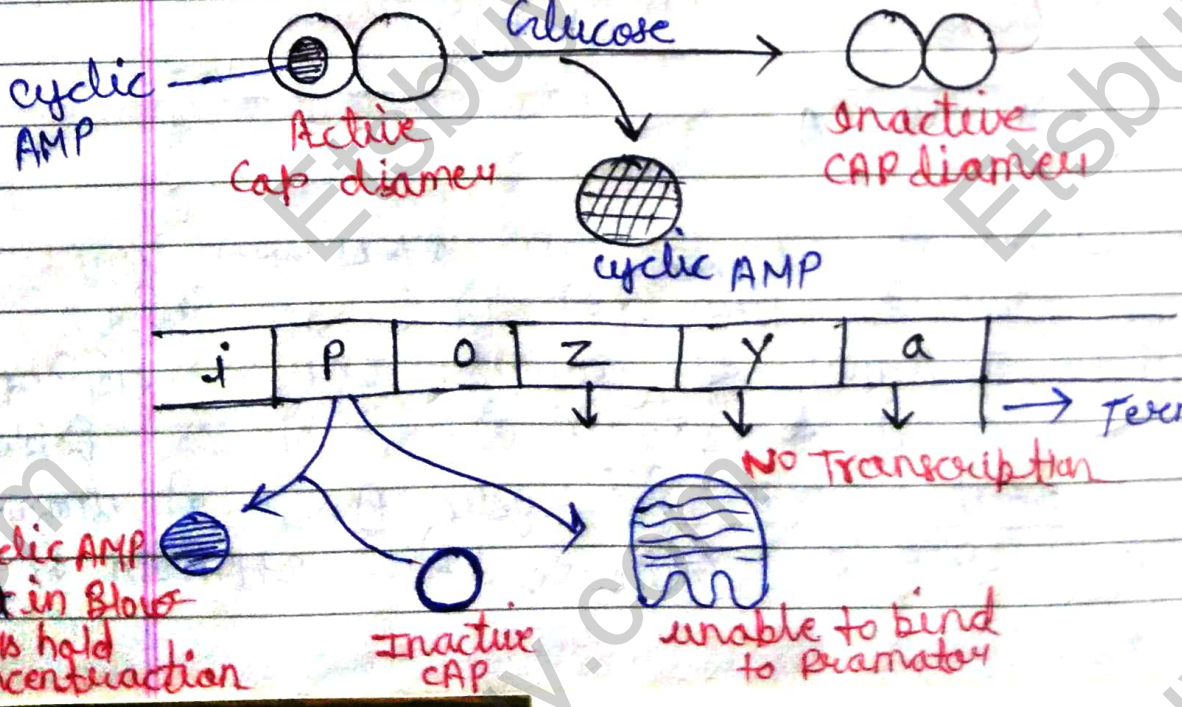
→ जब कोशिका में Glucose तथा अन्य सरल अणु ऊर्जा देने के लिए नही होते है तब कोशिका जटिल उपापचयनो को अपघटित करने से संबंधित Enzyme बनाती है। जिसमें कोशिका में एक निश्चित देहली सांद्रता में Cyclic AMP की आवश्यकता होती है। यह AMP Glucose की अनुपस्थिति में

CAP dimer के साथ जुड़कर उसे Activate कर देता है। यह Active CAP Promoter पर जुड़ जाता है। जिससे Promoter पर RNA Polymerase के जुड़ने के लिए अनुकूलन उत्पन्न होते है। अतः RNA Polymerase Promoter पर जुड़ जाता है। एवं संरचनात्मक जीनो से m-RNA बनने लगता है।

Note:- यहाँ operon में बना हुआ CAP protein operon में जुड़कर Transcription को चालू कर देता है। अतः यह operon को धनात्मक नियमन कहलाता है।

(iv) जब कोशिका में Glucose उपलब्ध हो:-

जब उपापचयों का अपघटन हो जाता है। एवं कोशिका में Glucose उपलब्ध हो जाता है, तो Active CAP Dimer से cyclic AMP हट जाता है एवं CAP Inactive हो जाता है। जिससे यह Promoter sequence से हट जाता है। एवं RNA Polymerase promoter से नही जुड़ पाता एवं Transcription बंद हो जाता है।



◉ **Attenuation (क्षीणीकरण) :-**

अनुलेखन क्रियायों में क्षीणीकरण पाया जाता है। यह एक अनुक्रम होता है जो अनुलेखन ईकाई के शुरु में स्थित समापन अनुक्रम होता है जो RNA Polymerase को आगे बढ़ने से रोकता है। समापन स्थलों पर Hair Pin loop का निर्माण होता है। जो क्षीणीकरण अनुक्रम का लाक्षणिक गुण होता है। क्षीणीकरण की प्रक्रिया Hair Pin loops के बनने को नियंत्रण करती है। किसी भी Hair Pin loop का बनना विशेष अमीनो अम्ल की उपस्थिति या अनुपस्थिति पर निर्भर करता है। यदि संबंधित अमीनो अम्ल कोशिका में पर्याप्त मात्रा में उपस्थित नहीं होता तो RNA अनुलेखन के क्षीणीकरण sequence में केश पिन loop नहीं बनता। फलतः एंव RNA Polymerase अनुलेखन करता हुआ समापन स्थल से आगे चला जाता है।

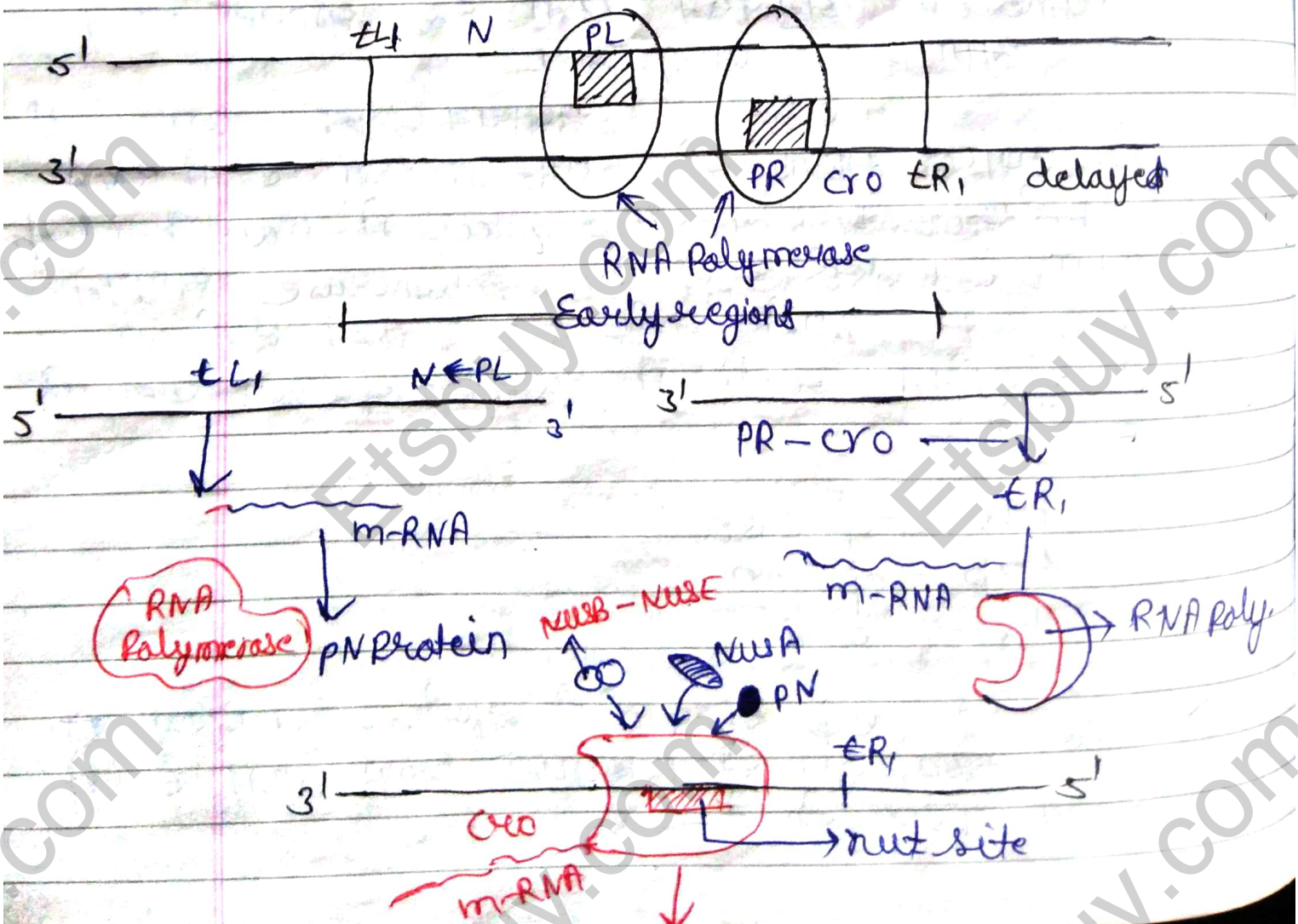
लेकिन यदि संबंधित अमीनो अम्ल cell में पर्याप्त सांद्रता में उपस्थित रहता है तो RNA अनुलेखन के क्षीणीकरण sequece में hair pin loop बनता है। इसके कारण RNA Polymerase समापन स्थल से आगे नहीं बढ़ पाता। क्षीणीकरण से संबंधित e-coli में अनेक operon पाए जाते है जैसे —

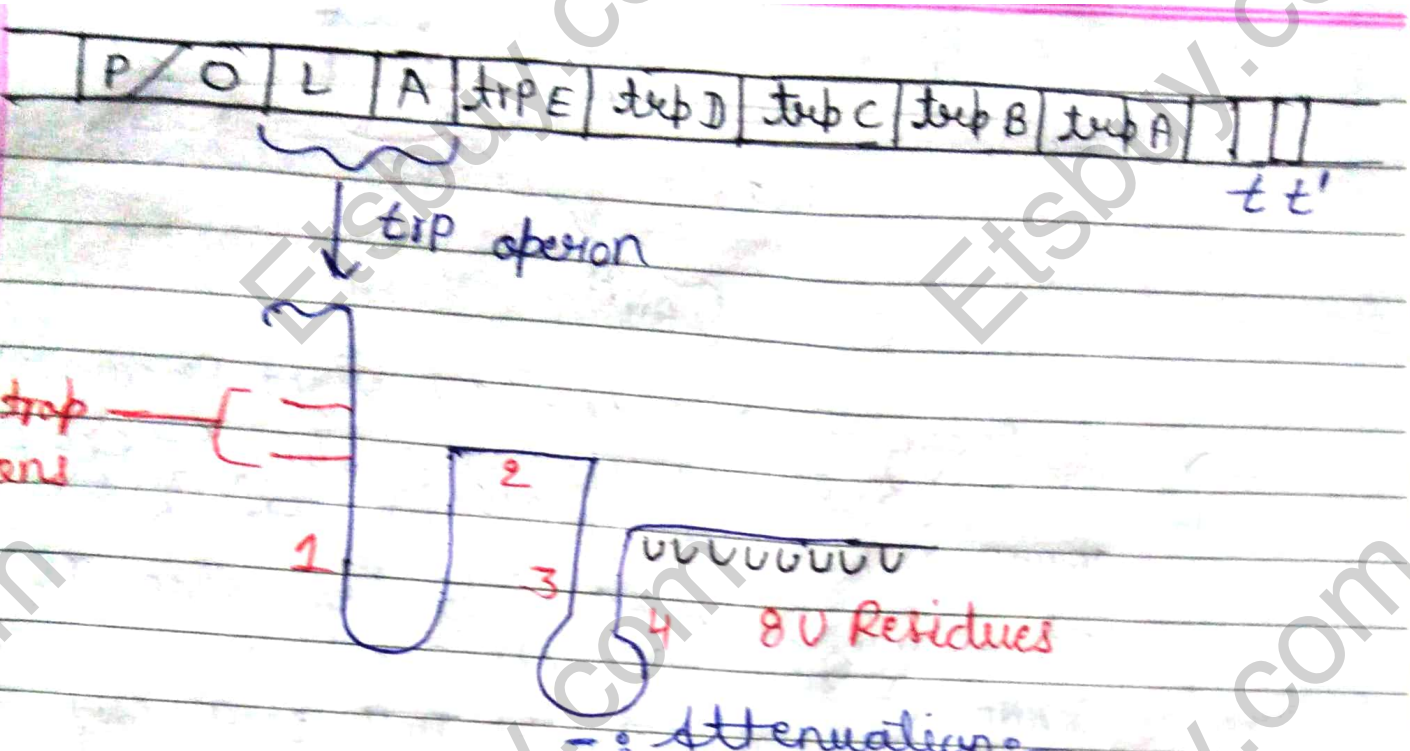
his — operon
trp — operon
thr — operon

→ e-coli के trp-operon में क्षीणीकरण अनुक्रम को मुख्य रुप से अध्ययन किया गया है जो निम्न प्रकार से है—

प्रति समापन प्रक्रिया में RNA Polymerase का इस प्रकार से रूपांतरण होता है जिससे यह समापन अनुक्रमों को पहचान नहीं पाता एवं समापन क्रम से आगे भी अनुलेखन चालू रखता है। RNA Polymerase में यह परिवर्तन उससे विशेष प्रोटीनों को "Anti termination factor" कहते हैं।

जब λ- बैक्टीरियोफेज E-coli को संक्रमित करता है तो उसके early gene सबसे पहले अभिव्यक्त होते हैं तथा उसके बाद विलंबित (delayed) जीन अभिव्यक्त होते हैं। तथा सबसे बाद में Late जीन अभिव्यक्त होते हैं तथा सबसे बाद में Late जीन अभिव्यक्त होते हैं। जिन्हें निम्न प्रकार से समझा जा सकता है —

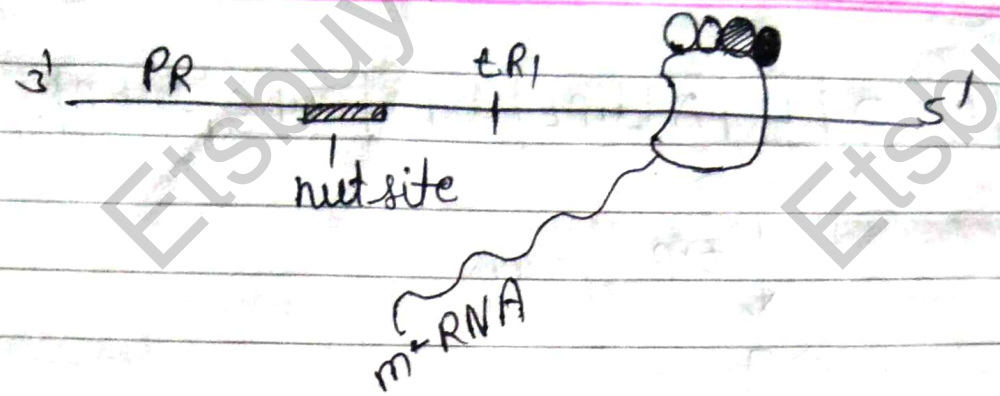




Attenuation :

→ E-coli Bacteria में ट्रिप्टोफैन ऑपेरॉन में leader (L) अनुक्रम के ठीक आगे क्षीणीकरण अनुक्रम पाया जाता है। L व A के द्वारा बने हुए RNA में चार क्षेत्र पाए जाते है। जिन्हे क्रमशः 1, 2, 3 व 4 से चिन्हित किया गया है। सामान्यतः ऐसा देखा गया है 1, 2 क्षेत्र अपना युग्मन करता है। जबकि क्षेत्र 3 व 4 के बीच युग्मन होने से हेयर पिन loop का निर्माण होता है जिसके तुरन्त बाद 8 यूरेसिल क्षारक उपस्थित होते है। यह संरचना क्षीणीकरण क्षेत्र बनाती है। क्षेत्र 1 के शुरु में ट्रिप्टोफेन को कोड करने वाले दो कोडोन स्थित होते है, यहां से अनुवादन तब तक आगे बढ़ता जायेगा जब तक क्षेत्र 2 के शुरु में स्थित समापन codon पर नही पहुंच पाता। लेकिन क्षेत्र 3 व 4 में हेयर पिन loop बनने के कारण ट्रिप्टोफेन ऑपेरॉन का अनुलेखन यहीं रुक जाता है।

Anti termination (प्रति समापन) :—



→ λ-Phage का DNA Left एवं Right Promoter के द्वारा क्रमशः pN Protein एवं cro Protein बनाता है। इन दोनों प्रोटीनों को बनने के लिए क्रमशः Left termination 1 एवं Right termination तक बना m-RNA चाहिए। लेकिन किसी भी termination के आगे पाये जाने वाला DNA अनुक्रम Delayed या late gene के लिए RNA बनाने का कार्य करता है। एवं उसके लिए प्रतिसमापन कारक की आवश्यकता होती है।

left promoter के द्वारा बनाया गया pN Protein Right Promoter पर DNA अनुक्रम में स्थित nut site की पहचान रखता है एवं यह अस्थायी रूप से nut site से बंधित हो जाता है।

जब Right Promoter cro protein के लिए m-RNA बना रहा होता है उस दौरान जब RNA Polymerase Nut site पर पहुँचता है तब NusA, NusB, NusE संलग्न कारकों (Attachment factors) की उपस्थिति में pN Protein RNA Polymerase पर जुड़ जाता है जिससे RNA Polymerase रूपांतरित होकर tR1 को नहीं पहचान पाता है। एवं m-RNA का संश्लेषण करते हुए आगे निकल जाता है एवं इसे ही Anti termination कहते हैं।

Etsbuy.com

Date :
Page :

Reverse transcriptase and its applilication :-

Reverse transcriptase ऐसे विषाणुओ मे पाया जाता है। जिनका genetic material RNA होता है। ये विषाणु Reverse transcriptase enzyme की मदद से RNA से वापस DNA बनाते है। इसी कारण इन विषाणुओ को पश्च वायरस (Retro virus) कहा जाता है। ex- HIV virus

Note => कुछ दूसरे विषाणु ऐसे होते हैं जिनमे genetic material RNA नही होता है। उन्हे Retro virus नहि कहते है। जैसे - हिपेटाइटिस B का विषाणु।

Reverse transcriptase की खोज :-

1970 मे Mr. Howard tamin ने RSV (Respiratory Sinsytial virus) मे Reverse Transcriptase को खोजा।

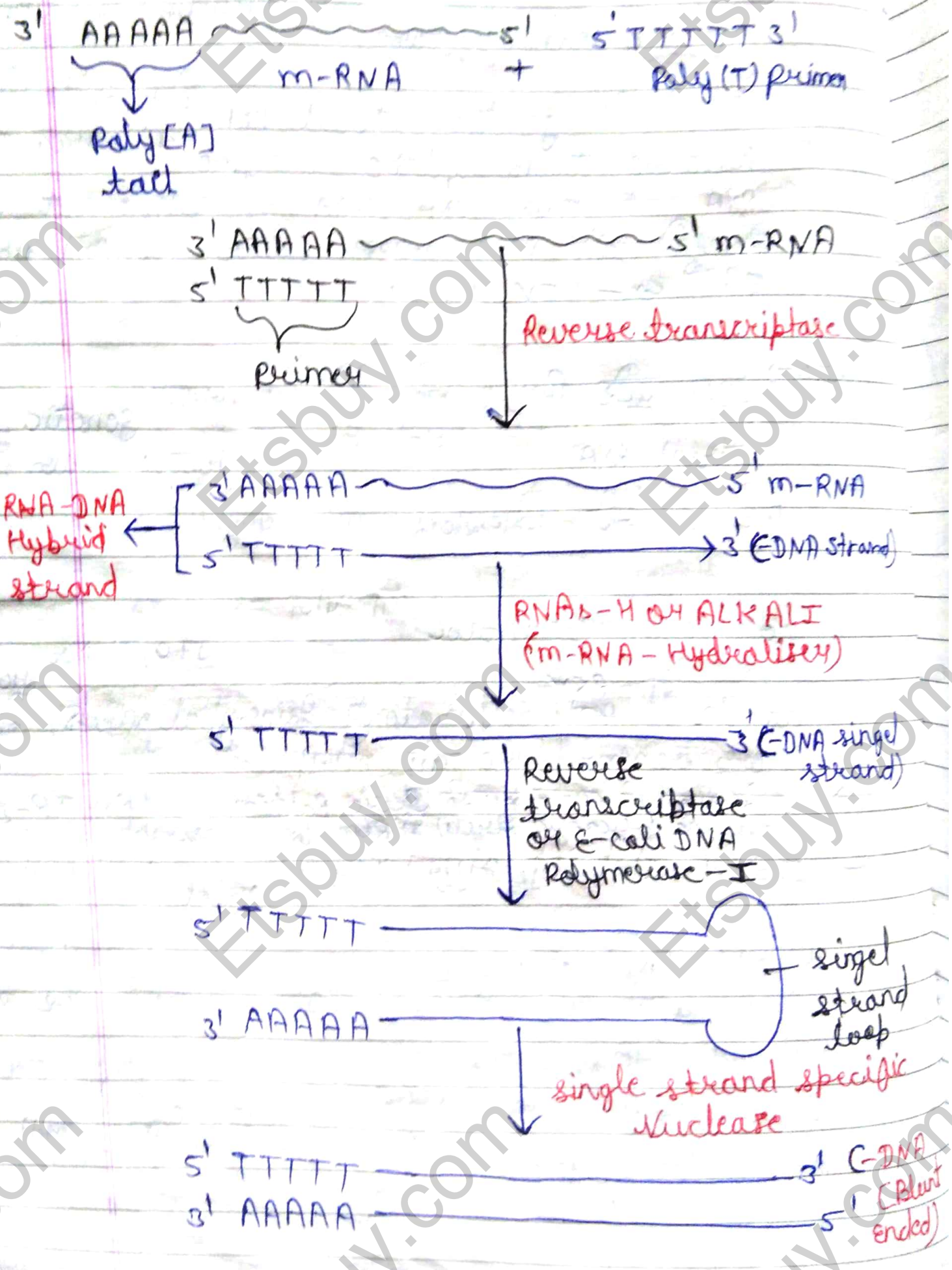
→ उसके साथ ही स्वतंत्र रूप से David Baltimore ने RSV व R-MLV (murine leucomia virus) मे Reverse Transcriptase की खोज।

→ 1975 मे दोनो को संयुक्त रूप से Nobel दिया गया।

सामान्यत: इससे पहले central Dogma की मान्यता थी। लेकिन बाद मे यह स्वीकार कर लिया गया कि यह enzyme कोडित होते है। तथा transcription के दौरान ये reverse काम मे आते है। यह enzyme RNA मे वापस DNA बना लेता है।

Etsbuy.com

Process of Reverse Transcription:-



ऐसा वायरस जिसका जीनोम RNA से बना होता है वह किसी कोशिका में प्रवेश के बाद अपने आप को प्रतिकृतित करने के लिए अपने RNA से DNA का निर्माण करता है। जिसे Reverse Transcription (प्रतिलोमित प्रतिकृतिकरण) कहते है। जिसके निम्न चरण है —

→ सर्वप्रथम यह एक RNA से एक DNA खण्ड बनाता है। जिसके लिए यूकैरियोट एवं प्रोकैरियोट कोशिकाओं में कुछ भिन्नताएँ पायी जाती है। यदि RNA से DNA यूकैरियोट cell में बन रहा होता है तो RNA के strand पर पहले से Poly A tail पाया जाता है। और ऐसा यदि प्रोकैरियोट कोशिका में होता है तो RNA में पहले से Poly A tail नही पाया जाता एवं एक अन्य enzyme क्रिया के द्वारा RNA में Poly A tail जोड़ा जाता है।

→ Poly-A Tail युक्त RNA के 5' end सिरे पर RNA Polymerase की उपस्थिति में Poly T Primer 5' end सिरे पर जुड़कर DNA का संश्लेषण करता है।

→ जब DNA का संश्लेषण RNA के 3' तक हो जाता है तो DNA एवं RNA संकरित अणु का निर्माण होता है। जिस पर RNAse H की क्रिया होती है जिससे RNA नष्ट हो जाता है। एवं केवल एक DNA strand शेष बचता है।

→ इसके 3' सिरे पर हाइड्रॉक्सिल सिरा पाए जाने के कारण RNA Primer की आवश्यकता नही होती है। स्वयं Reverse Trancriptase enzyme ही RNA Primer के समान कार्य करता है।

Date :
Page :

एवं loop बनाते हुए 3' सिरे पर नए न्यूक्लि-
-ओटाइडों को जोड़ता हुआ DNA के खण्ड का
पूरक की तरह उपयोग कर DNA संश्लेषण
करता है। इस प्रकार से स्वयं पर लिपटा
हुआ एकल strand वाला DNA बन जाता
है।

→ इसके बाद singel strand specific Nuclease
enzyme loop को काटकर अलग कर देता है,
एवं Double stranded DNA का निर्माण हो
जाता है।

इस प्रकार से बना हुआ DNA Complimentory/
C-DNA / पूरक DNA कहलाता है। जिसमें निम्न गुण
होते है —

(i) इस DNA में Intron नहीं पाये जाते।
(ii) यह DNA कम अणुभार वाला होता है।
(iii) इसे vector के साथ आसानी से जोड़ा जा सकता है।

Application of Reverse transcriptase :—

जैव प्रौद्योगिकी में Reverse transcriptase enzyme
की खोज के बाद आण्विक क्षेत्र में विकास
अपनी चरम सीमा पर पहुँच गया। एवं
Reverse Transcriptase के निम्न अनुप्रयोग सामने
आए —

(1) RNA से DNA बनाया जा सकता है अत: central
dogma का सिद्धान्त गलत साबित हो गया।

(Reverse transcriptase) (2) R.T. के द्वारा बना DNA सामान्य DNA से छोटा
होता है। अत: पादप में आसानी से
स्थानान्तरित किया जा सकता है।

Trans + Location → विस्थत विशेष स्थान

3. इस संगम से बने हुए DNA मे सूचनाएँ सतत होती है अर्थात केवल Exon पाए जाते है।

4. C-DNA Library बनायी जा सकती है।

5. विभिन्न आनुवांशिक रोगो का अध्ययन कर उन्हे रोका जा सकता है।

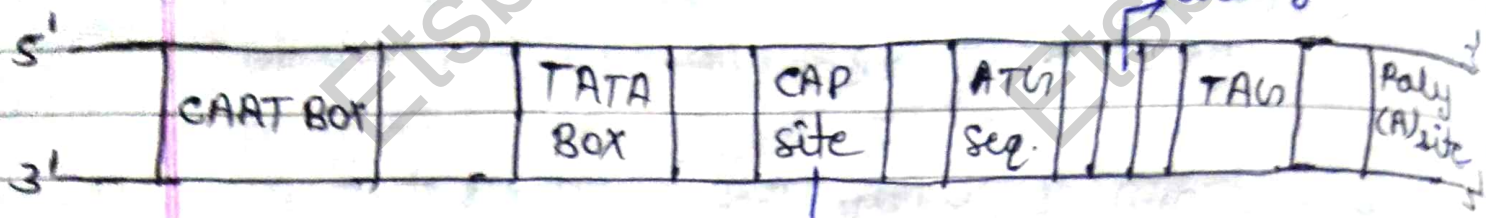
6. जीन अभिव्यक्ति का गहनता के साथ अध्ययन किया जा सकता है।

Gene Expression in Eukariyotic cells :—

यूकैरियोटिक Cell मे केन्द्रक संगठित पाया जाता है। अत: जीवद्रव्य विभेदित होता है। इस कारण से Gene Expression की प्रक्रिया Prokaryotic cells से जटिल होती है। क्योंकि DNA से RNA का संश्लेषण Nucleus / केन्द्रक में होता है जब RNA का निर्माण हो जाता है। इसके बाद इसे संबंधित Protein संश्लेषण के लिए कोशिकाद्रव्य में भेजा जाता है जिसे translocation कहते है। trans-location के बाद जीन की अभिव्यक्ति सामने आती है।

Note:- प्रोकैरियोट कोशिकाओ में RNA Synthesis समाप्त भी नही होता है उससे पहले ही Protein संश्लेषण चालू हो जाता है। इसलिए यूकैरियोट cells की अभिव्यक्ति Prokaryotic cells से धीमी होती है।

Structure of Eukariyotic Gene :—



APCO
Date :
Page :

< up stream   Down stream >

→ Regulatory sequence ←   → Expressive seq. →

Transcription starting site

- Promoter seq.
- Enhancer seq.
- Silencer seq

(1) प्रोमोटर अनुक्रम :– इस पर RNA Polymerase binding site होती है। अतः इस पर RNA Polymerase जुड़ता है जिसके कारण Transcription शुरू होता है।

Note:– RNA Polymerase-II के लिए काम आने वाले Promoter में CAAT Box एवं TATA Box अनिवार्य रूप से पाए जाते हैं। ये RNA Polymerase के अभिज्ञान स्थल का कार्य करते हैं।

(2) Enhancer Sequence:– ये अनुक्रम जीन की अभिव्यक्ति को, ऊतक विशिष्ट, परिवर्धन विशिष्ट, उद्दीपन विशिष्ट बनाने का कार्य करते हैं। एवं जीन Expression (अभिव्यक्ति) को तेज कर देते हैं।

Etsbuy.com

(3) Silencer Sequence :– ये अनुक्रम enhancer sequence के पूरक होते है। एंव Enhancer Sequence के प्रभाव को silent/कम कर देते है।

(4) CAP site :– यह अनुक्रम Transcription की starting site को बताता है।

(5) Leader Sequence :– यह ऐसे अनुक्रम होते है जो अभिव्यक्त होने वाले जीनो के शुरु मे या अन्त मे पाए जा सकते है। इनका Transcription तो होता है लेकिन Translation नही होता है अतः ये केवल प्रोटीन संश्लेषण के लिए मार्गदर्शक का कार्य करते है।

(6) ATG Codon :– यह RNA मे AUG codon बनाता है। जो Translation को शुरु करने का कार्य होता है।

(7) Coding sequence :– जो जीन अभिव्यक्त होते है। उनमें एकान्तर क्रम में Expressive व unexpressive DNA अनुक्रम पाए जाते है। जो m-RNA बनाने के दौरान क्रमशः Exon व Intron बनाते है। इनमें से exon लक्षणो को निर्धारित करने वाले खण्ड होते है।

(8) TAG, TAA, TGA codon :– ये ऐसे अनुक्रम होते है जो m-RNA में stop कोडोन मे बदल जाते है। प्रत्येक gene में एक कोडोन से संबंधित अनुक्रम पाया जाता है।

Etsbuy.com

(7) Poly A site :- इस अनुक्रम में बहुत सारे एडिनीन आरक एक अनुक्रम बनाते है। यह अनुक्रम Transcription Termination का Singel देता है।

<u>यूकैरियोटिक जीन की अभिव्यक्ति में जटिलता के कारण :-</u>

(1) यूकैरियोटिक जीन की कोशिका में केन्द्रक पाया जाता है। एंव m-RNA का निर्माण केन्द्रक में होता है। अतः m-RNA का Translocation cytoplasm में होने के बाद ही Translation शुरु हो पाता है।

(2) m-RNA Pree m-RNA के रूप में बनता है।

(3) m-RNA में Intron व Exon पाए जाते है। अतः RNA splicing की आवश्यकता होती है।

(4) Gene मोनोसिस्ट्रॉनिक होती है। अतः केवल एक Protein बनाते है।

उपरोक्त सभी कारणो से अभिव्यक्ति के लिए विभिन्न प्रकार के Regulatory अनुक्रमो की जरूरत होती है।

<u>Transcription in Eukaryat Cells :-</u> यूकैरियोट कोशिका में DNA से RNA का निर्माण केन्द्रकद्रव्य में सम्पन्न होता है। एंव बनने वाले समस्त RNA केन्द्रक में ही बनते है। लेकिन इनका निर्माण अलग-2 DNA Dependent RNA Polymerase एन्जाइमो के द्वारा नियंत्रित होता है।

TBP – Termination Binding protein

APCO Date: Page:

Note :- सामान्यत: यूकैरियोट कोशिका में तीन प्रकार के DNA Dependent RNA Polymerase Enzyme पाये जाते है।
जो निम्न अनुसार अलग – २ RNA बनाते है —

RNA Polymerase – I   r-RNA

२8s, 18s व 5.8s r-RNA

RNA Polymerase – II   m-RNA

pre-m-RNA

RNA Polymerase – III   t-RNA [5s r-RNA]

Sn-RNA [Sn – Small Nuclear RNA]

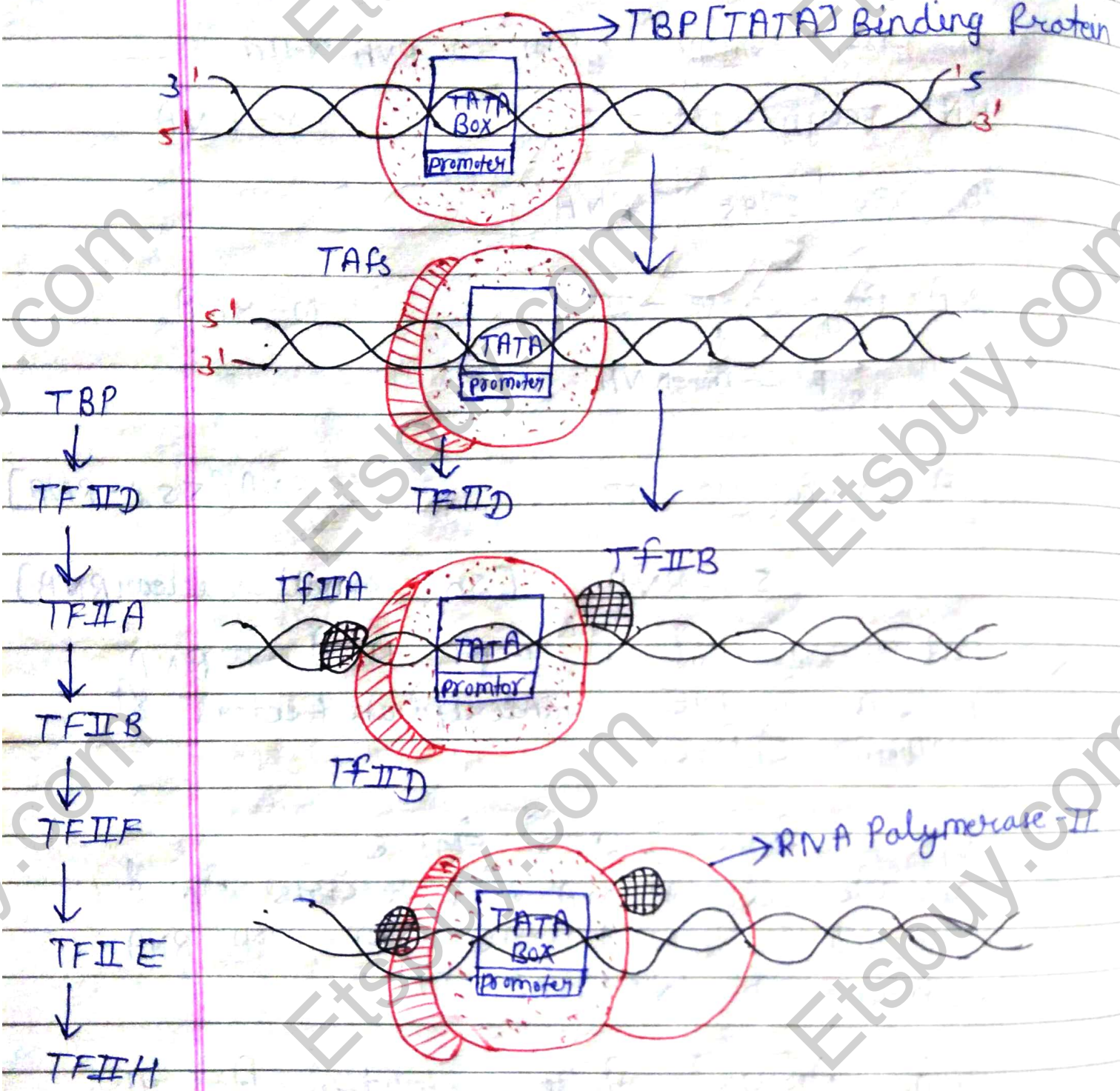
→ यूकैरियोट कोशिकाओं में निम्न कारणों से RNA synthesis के लिए transcription Factors की आवश्यकता होती है।

(a) RNA का निर्माण केन्द्रक में होता है।
(b) यूकैरियोट cells में DNA मोनो सिस्ट्रॉनिक होता है।
(c) अलग – अलग RNA के लिए अलग – अलग RNA-Polymerase की आवश्यकता होती है।

यूकैरियोट कोशिकाओं में Transcription निम्न चार चरणों में होता है —

(i) Formation of Pre Initiation Complex
(ii) Initiation of Transcription
(iii) Elongation of Transcription
(iv) Termination of Transcription

(ii) Formation of Pre Initiation Complex:-



→ यूकैरियोट कोशिकाओं में RNA Transcription Promoter sequence पर विभिन्न प्रकार के Transcription factor के जुड़ने से शुरू होता है ये सभी अनुलेखन कारक मिलकर Pre Initiation complex बनाते हैं जिनका क्रम निम्न अनुसार है —

(i) सबसे पहले TATA Box को पहचानने वाली प्रोटीन TBP [TATA Binding Protein] TATA Box से जुड़ती है जिस पर TFIID के लिए पहचान स्थल होते हैं।

(ii) इसके बाद TFIID Promoter sequence पर up stream में जुड़ता है।

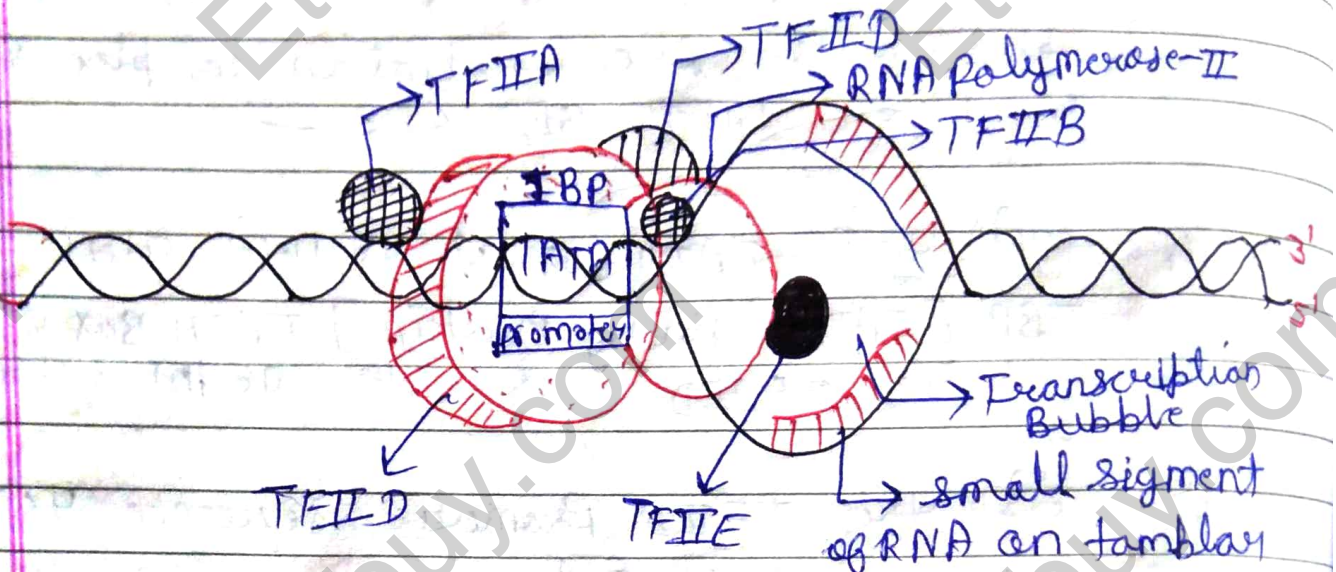
(iii) इसके बाद क्रमशः TFIIA, TFIIB, TFIIF, TFIIE एवं सबसे अन्त में TFIIH जुड़ता है।

(iv) जैसी ही TFIID पर TFIIA व B जुड़ जाते हैं तो इसके बाद RNA Polymerase II Promoter sequence पर जुड़ता है।

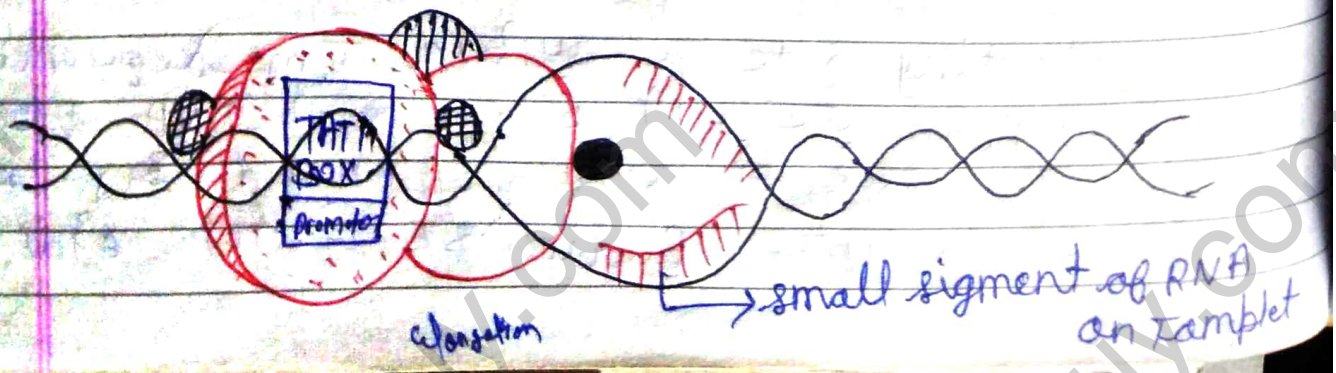
(v) TFIIF Promoter पर इस प्रकार जुड़ता है कि यह RNA Polymerase-II व Promoter के मध्य सेतु बनाने का कार्य करता है।

इस प्रकार से Pre Initiation closed complex का निर्माण होता है। इसके बाद Transcription factor-IIH के द्वारा हेलीकेज activity की जाती है जिससे starting site पर उपस्थित Tnr sequence में H_2 Bond टूट जाते हैं एवं दोनों DNA शृंखलाएं एक-दूसरे से अलग-2 हो जाती हैं, एवं Transcription Bubble का निर्माण होता है।

एवं Pre Initiation closed complex / Pre Initiation open Complex में बदल जाता है।



(iii) Initiation of RNA Transcription :— जैसे ही Pre Initiation open complex बनता है तो टेम्पलेट strand पर Ribose Nucleotide की श्रृंखलाएँ आकर जुड़ने लगती है एवं जब 15-20 Nucleotide जुड़ जाते है तब इसे RNA Transcription की शुरुआत माना जा पाता है। ~~जैसे~~ जैसे ही RNA का एक छोटा टुकड़ा बन जाता है। तो इसके बाद RNA-Polymerase II promotor sequence से आगे खिसक जाता है। TF-II F के अलावा सभी Transcription factor promotor sequence पर ही रह जाते है। TFIIF RNA polymerase के साथ आगे बढ़ता हुआ elongation (दीर्घीकरण) का करता है।



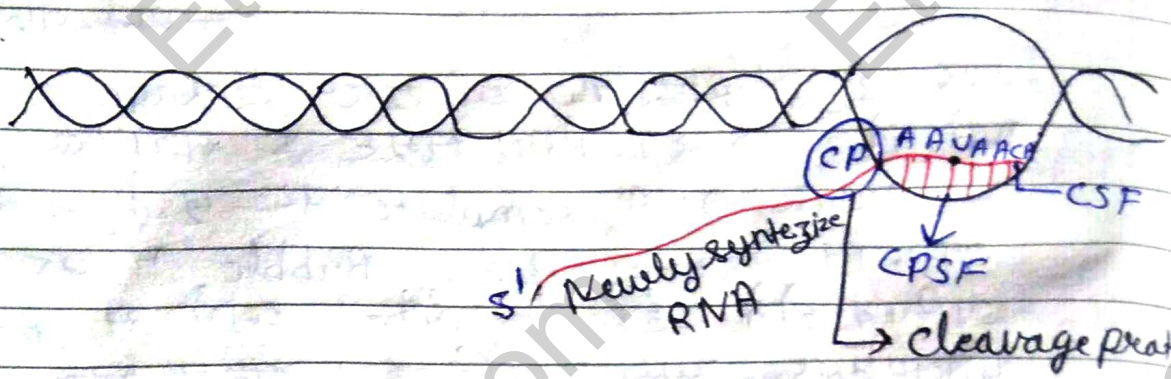
(iii) Elongation of Transcription :- आने वाले न्यूक्लियो-टाइड 3'-5' Phospho di ester linkage enzyme की उपस्थिति में हाइड्रॉक्सिल समूह के साथ बंधन बनाते हुए लगातार DNA Template पर जुड़ते जाते है।
सामान्यतः Transcription Bubble में 25 न्यूक्लियोटाइड्स उपस्थित होते है। लेकिन इनमें से 8-10 न्यूक्लियोटाइड्स ~~उपस्थित होते है। लेकिन इनमें~~ ही DNA Template पर जुड़े होते है। RNA Polymerase enzyme DNA strand पर आगे बढ़ता है। जिससे लगातार विकुण्डलन होने से Transcription Bubble आगे बढ़ता रहता है। एवं पीछे से DNA पुनः अपनी पूर्व स्थिति में कुंडलित होता जाता है।

Note:- एक बार राइबोज न्यूक्लियोटाइड जुड़ने के बाद RNA Polymerase II के द्वारा Proove reading की जाती है। अर्थात इस बात की पहचान की जाती है कि राइबोज न्यूक्लियोटाइड DNA क्षारक का पूरक अनुक्रम है। यदि कोई गलत न्यूक्लियोटाइड जुड़ता है तो इसे इसी समय ठीक कर दिया जाता है।

→ इस प्रकार से elongation की प्रक्रिया आगे बढ़ते हुए Terminator sequence पर पहुँच जाती है।

(iv) Termination of Transcription :- जैसे ही RNA Synthesis या RNA संश्लेषण Terminating point पर पहुँचता है। तो उस locus (बिन्दु) पर दो Terminating sequence पाए जाते है।

CPSF [Cleavage polyadinylation specific Factor]
CSF [Cleavage stimulating sequence]



(i) AAUAA
(ii) GA - Rich region

AAUAA CPSF को तथा GA-Rich region CSA को Termination sequence पर जोड़ता है जिससे एक cleavage factor सक्रिय हो जाता है जो Endo Ribo Nuclease enzyme को सक्रिय कर देता है) यह Endo Ribo Nuclease RNA को काट देता है एवं RNA विमुक्त हो जाता है)

Note:- बनने वाला m-RNA Pre-m-RNA होता है जिसमें Intron व Exon पाए जाते हैं जो RNA Processing के द्वारा व्यवस्थित करके Pre m-RNA से m-RNA बनने के दौरान Intron को निकालता है)

Pre m-RNA Processing :— यूकैरियोट कोशिका में जब Transcription सम्पन्न हो जाता है तो प्रथम बना हुआ RNA hn RNA (hetro Nuclear RNA) या Pre m-RNA कहलाता है)

चूंकि Transcription में RNA Polymerase-II का उपयोग हुआ है अतः बना हुआ RNA Pre m-RNA कहलाता है)

APCO
Date :
Page

यह m-RNA सीधे ही प्रोटीन संश्लेषण में भाग नहीं लेता उससे पहले इससे (Pre m-RNA) में कुछ बदलाव किए जाते हैं। जिससे यह m-RNA परिपक्व m-RNA में बदल जाते हैं जो protein synthesis में भाग लेने योग्य होता है। " इस प्रकार Pre m-RNA से mature mRNA बनने की प्रक्रिया RNA Processing कहलाती है " जिसके मुख्य तीन भाग होते हैं।

(1) Capping (2) Polyadinylation (3) Splicing

(1) Capping :— Eukaryotic cell में यह process m-RNA के 5' सिरे पर सम्पन्न होती है। जिसमें 7- मिथाईल गुवानोसीन ट्राई फोस्फेट m-RNA 5' सिरे पर ट्राई फास्फेट ब्रीज (Bridge) बनाता है, जिसे capping कहा जाता है।

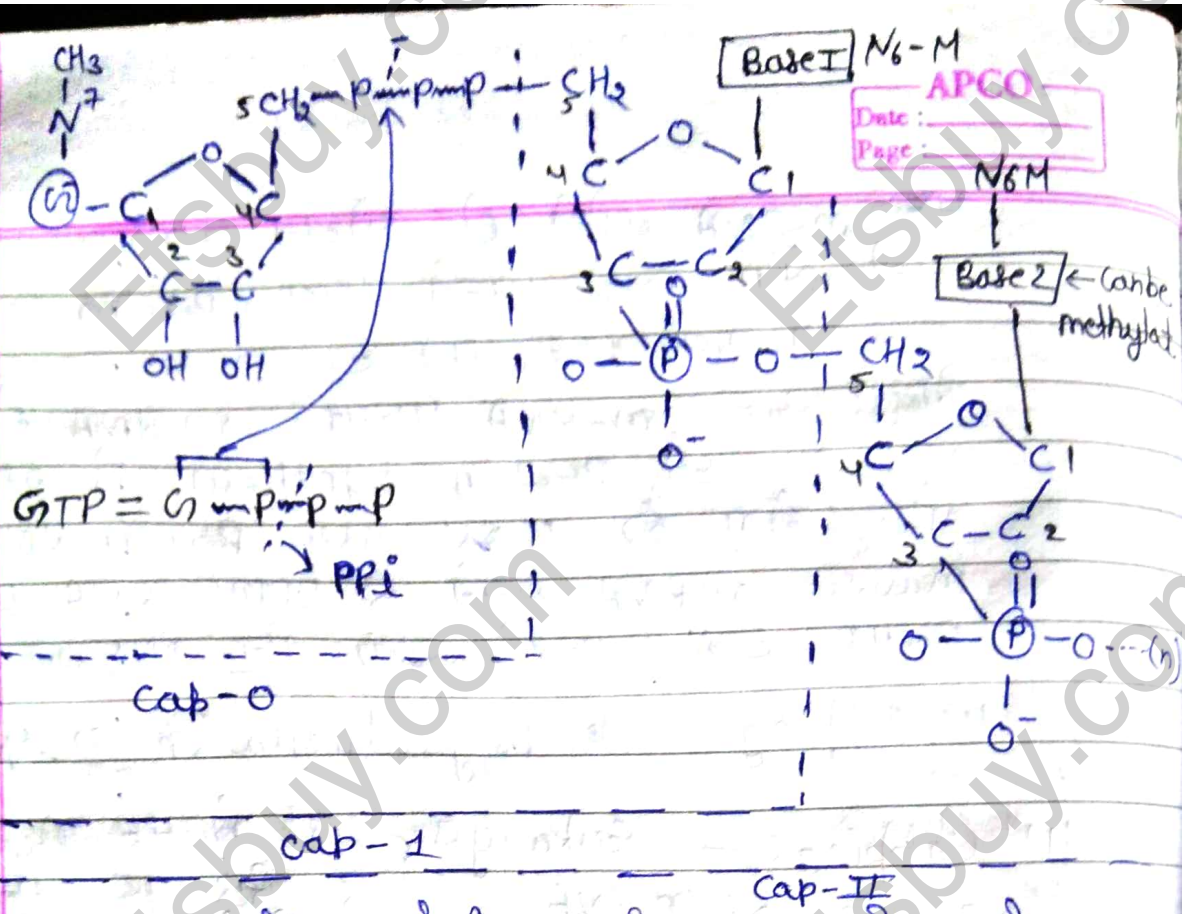
→ Capping Transcription के शुरू होने के कुछ समय बाद ही ओरिजा के केन्द्रक में नये बने RNA के 5' सिरे पर सम्पन्न होती है इसके निम्न फायदे है—

(a) कोई भी Nuclease enzyme m-RNA के 5' सिरे से अपघटन नहीं कर पाता है।

(b) capping, RNA को Nucleoplasm से cytoplasm में जाने का Singal देती है।

(c) capping के बाद Transcription तेजी से होता है।

जब hn-RNA 20-30 Nucleotide वाला बन जाता है तो सामान्यतः 5' सिरे पर 3 Nucleotide तक capping की प्रक्रिया सम्पन्न होती है जिसकी व्यवस्था निम्न प्रकार से है—



- Capping में गुवानोसीन द्वारा -P, RNA के पहले Nucleotide के 5' सिरे, एवं के 5' सिरे के द्वारा जुड जाता है।
इसके बाद पहले Nucleotide के N-Base का मिथाईलेशन हो जाता है एवं इस प्रकार से आगे मिथाईलेशन हो सकता है।

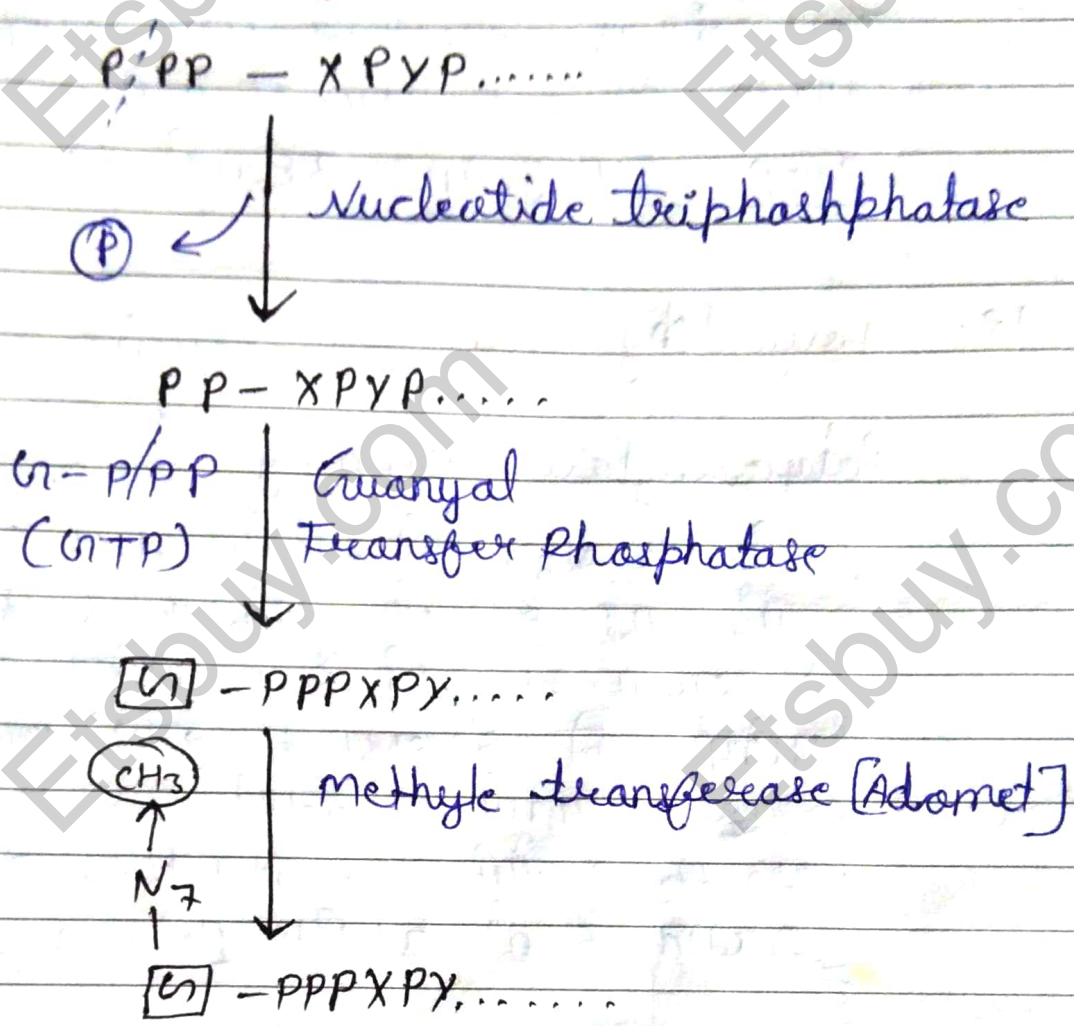
Note:- 7-methyle GTP जब पहले Nucleotide से जुडता है तो इसे Cap-0 कहा जाता है। एवं जब पहले N_2-Base का Methaylatian हो जाता है। तो cap-0 व N-Base methylation सम्मिलित रूप से Cab-I कहलाता है। इसी प्रकार से आगे Base-2 का methylatian होता है तो cap-I + methylatian सम्मिलित रूप से cap-2 कहलाता है।

7 Meg GTP + Ist Nucleotide = Cap-0

Cap-0 + 1st Base methylatian = Cap-1

Cap-I + IInd Base methylatian = cap-2

Process of Capping :-



→ यह प्रक्रिया निम्न तीन चरणों में सम्पन्न होती है, सबसे पहले Nucleotide triphosphatase enzyme की उपस्थिति में नए बने RNA के 5' सिरे से एक Phosphate समूह हट जाता है।

इसके बाद Guanyal Transfer Phosphatase की उप० से GTP दो फॉस्फेट समूह स्वतंत्र करता है, तथा ग्वानोसीन मोनो फास्फेट के रूप में स्वयं के 5' सिरे से RNA के 5' सिरे पर बंधन बनाता है इस प्रकार से नए बने RNA के 5' सिरे पर GTP की CAP बनती है।

- इस चरण में methyle transferase enzyme की उपस्थिति में Guanosin पर उपस्थित 7 नंबर के नाइट्रोजन पर मैथिल समूह जुड़ जाता है। इस प्रकार से बनी हुई cap 7 methyle GTP कैप [CAP] कहलाती है।

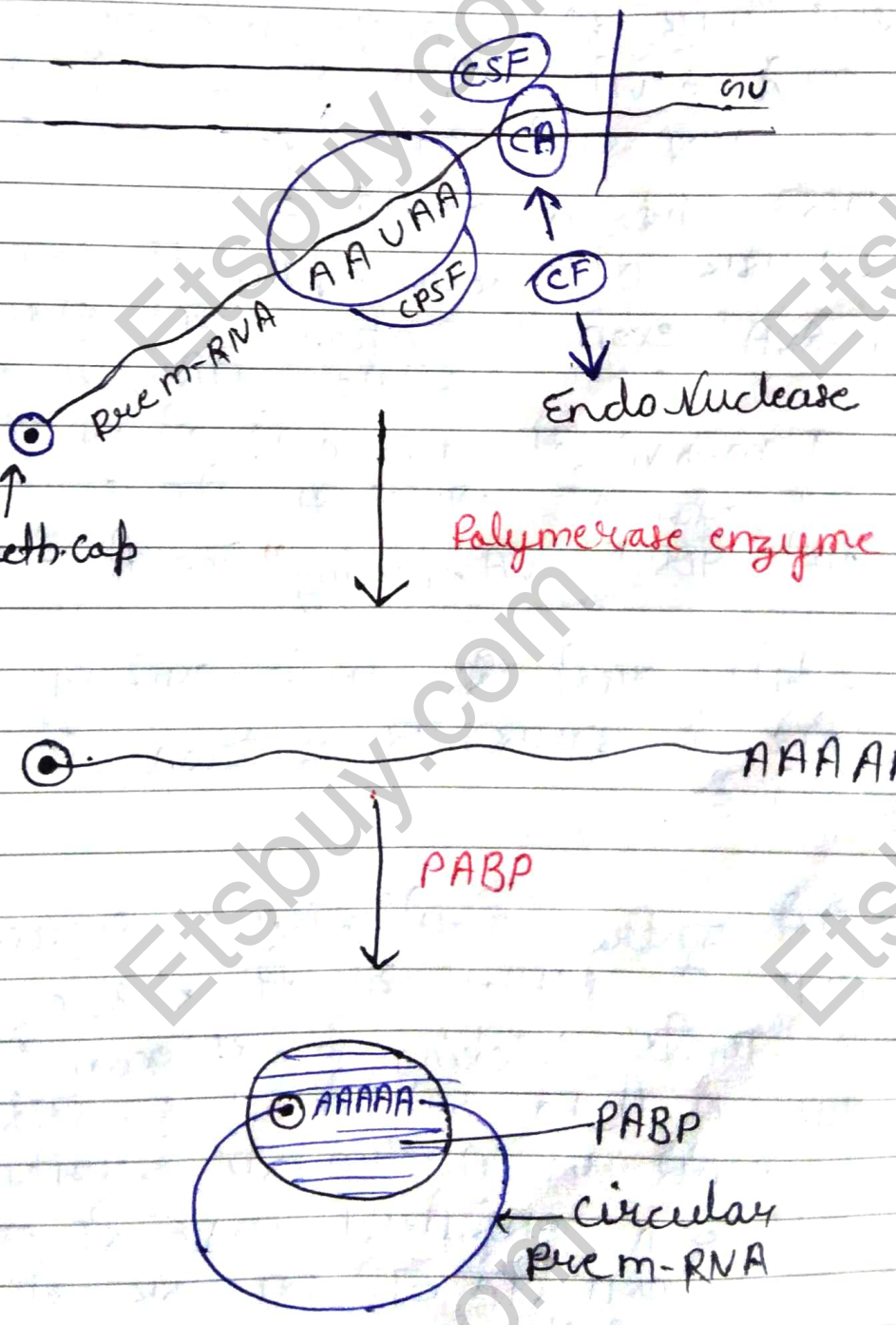
12) Polyadenylation:- यूकैरियोट कोशिकाओं में Polyadenylation capping के बाद होने वाली प्रक्रिया है। जिसमें RNA के 3' सिरे पर बहुत सारे एडिनीन क्षारक वाले न्यूक्लियोटाइड जोड़े जाते हैं। ये न्यूक्लियोटाइड सामान्यतः 100-200 की संख्या में होते हैं। लेकिन अलग-अलग जातियों की कोशिका में इनमें भिन्नता पाई जाती है कुछ जातियों में इनकी संख्या 700 तक होती है। जब ये एडिनोसिन न्यूक्लियोटाइड 3' सिरे पर जुड़ जाते हैं तो 3' सिरा Poly-A-tail कहलाता है।

यूकैरियोट कोशिकाओं की यह विशेषता होती है। जैसे ही m-RNA का अनुलेखन होता है वैसे ही Poly-A-tail बन जाती है।

पॉलीएडिनाइलेशन की प्रक्रिया :- जैसे ही m-RNA को Transcription terminal point पर पहुँचता है, तो cleavage factor के द्वारा CA अनुक्रम के ठीक आगे से RNA खण्ड को काट दिया जाता है। एंव पॉलीमरेज एंजाइम के द्वारा एडिनोसीन ट्राई फास्फेट को तोड़कर AMP के रूप में बार-बार 3' सिरे पर जोड़ा जाता है। इस प्रकार से 3' सिरे पर Poly A Tail बन जाती है।

Date :
Page :

- exo Nuclease enzyme बार-बार Triming (किनारों पर से काटना) करता है, तो एडिनीन ही कटता है। मुख्य RNA अनुक्रम सुरक्षित रहता है। इसके अलावा जब Poly-A-tail बन जाती है। तो PABP (Polyadynylation Binding Protein) RNA के 3' व 5' सिरे को जोड़कर RNA को circular बना देती है। जिससे exo Nuclease क्रिया नही कर पाता।



13, RNA splicing :- यूकैरियोट कोशिकाओं में DNA पर सूचनाएँ expressive व unexpressive tag के रूप में पायी जाती है। अर्थात सूचनाएँ असतत होती है, जब Transcription होता है, तो expressive tag ऐसा RNA खण्ड बनाते है जो भविष्य में Protein कोड करने का कार्य करता है। यह खण्ड Exon कहलाता है।
इसी प्रकार से unexpressive tag ऐसे RNA खण्ड बनाते है जो भविष्य में Protein को कोड करने का कार्य नही करते है इस प्रकार के RNA खण्ड खण्ड Intron कहलाते है।
इस प्रकार से Transcription में बना हुआ Pre-m-RNA exon व Intron युक्त होता है।
यूकैरियोट कोशिकाओं के केन्द्रक में इस m-RNA से Intron को निकाल दिया जाता है। एव exon को आपस में जोड दिया जाता है। यही प्रक्रिया "RNA splicing" कहलाती है।

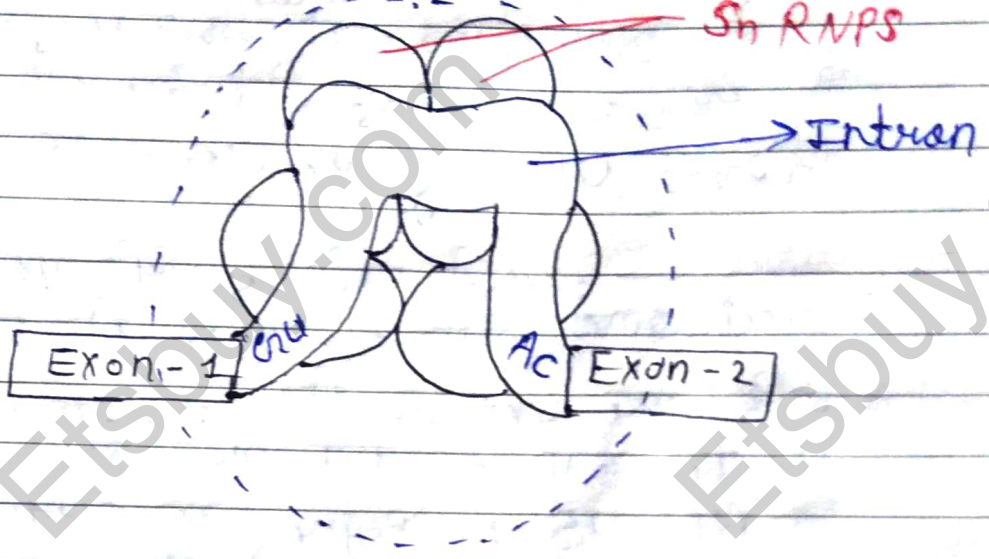
एडिनिन क्षारको के क्रम के उपस्थित होने या नही होने के आधार पर Intron दो प्रकार के होते है —

[A] ऐसे Intron जिनमें एडिनीन sequence नही पाया जाता वे सामान्य रूप से 5' site में GU region के नजदीक Nicking के द्वारा exon के हाइड्रॉक्सिल समूह को विमुक्त कर देते है। एव इसके बाद Intron के 3' सिरे पर AG अनुक्रम के समीप कट जाते है। तथा exon हाइड्रॉक्सिल समूह से वापस di aster बंधन बना लेते है। इस प्रकार से सभी Intron निकल जाते है।

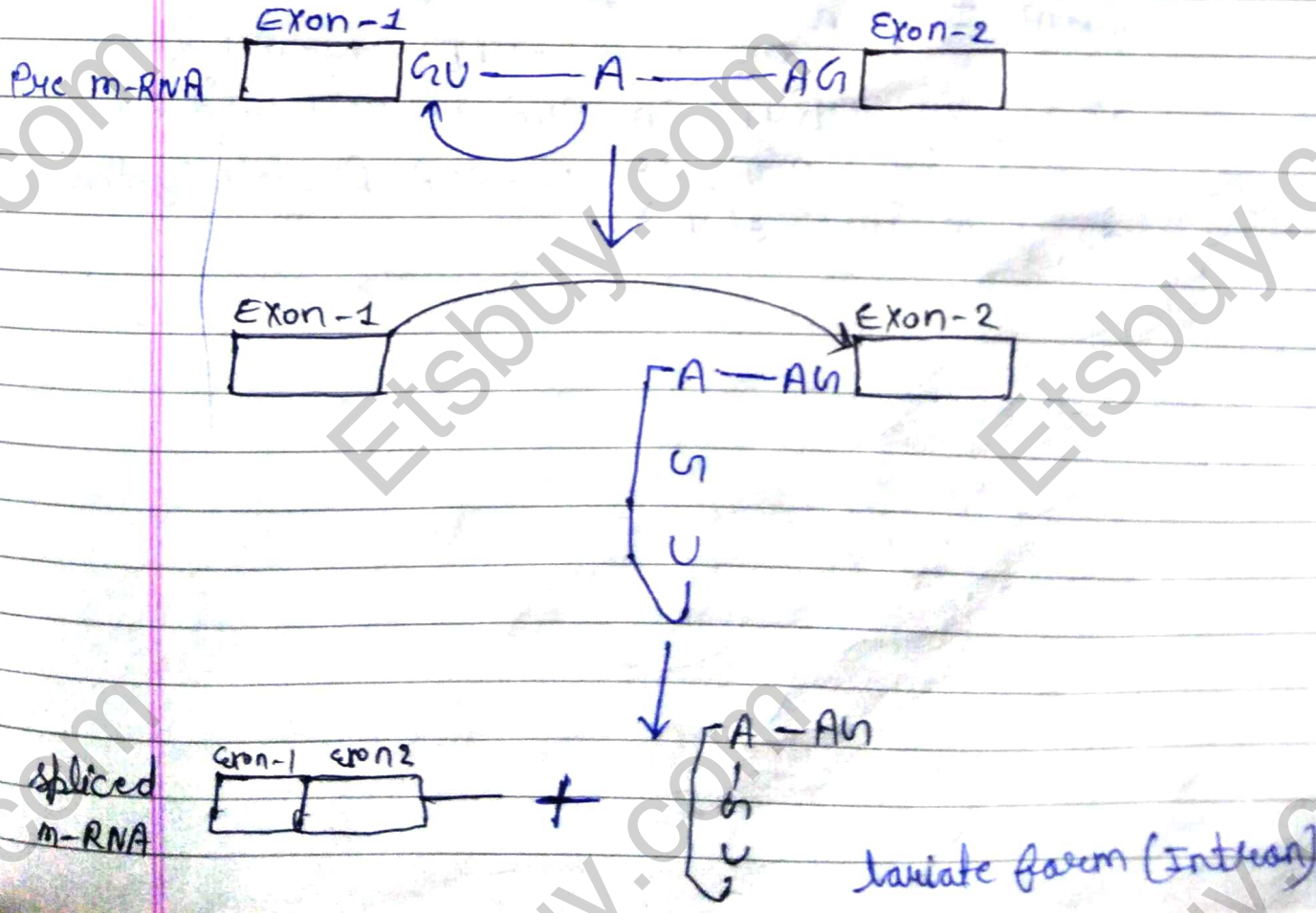
APCO
Date :
Page :

(B) जब Intron में एडिनीन sequence पाया जाता है। तो इस प्रकार के Intron में Spliciosome नामक यूनिट का निर्माण होता है। जो Intron को Lariate Note बनाते हुए निकालती है। जिसकी प्रक्रिया निम्न प्रकार से है—

Spliceosome



Etsbuy.com



Pre m-RNA मे पाये जाने वाले सभी Intron GU sequence से शुरु होते है। एंव AG पर समाप्त होते है। एडीनीन sequence की उपस्थिति के कारण spliceosome को बनाने वाले सभी कारक Intron पर जुड जाते है। जिसमें लगभग 150 की संख्या मे Protein होते है एंव 5 Sn-RNPs होते है। जो क्रमश: Sn RNPs U1, U2 & U4, U Five एंव U6 होते है।

सबसे पहले 5' सिरे पर पाए जाने वाले GU Region को काटता है। Spleciosome इसके बाद Intron को Lariante Note के रूप मे बदल देता है। तथा अन्त मे Intron के 3' सिरे पर AG Region पर काटता है। तथा exon-1 को exon-2 से जोडने का कार्य करता है। 3' सिरे पर कट लगने के बाद Lariante Form Intron केन्द्रक में नष्ट हो जाता है। एंव exon सतत अनुक्रम के रूप में जुडकर परिपक्व m-RNA में बदल जाते है। अब यह m-RNA Protein Synthesis के लिए तैयार होता है।

Aman singh

Etsbuy.com