

Class 12 Jeev Vigyan Important Questions Hindi Medium

Chapter 6 वंशागति के आणविक आधार

अतिलघु उत्तरीय प्रश्न

प्रश्न 1.

डी.एन.ए. पैकेजिंग में हिस्टोन्स का क्या कार्य है?

उत्तर:

हिस्टोन क्षारीय प्रोटीन है जो अम्लीय डी.एन.ए. को लिपटने के लिए कोर प्रदान कर न्यूक्लियोसोम नामक रचना बनाते हैं और संघनित होकर सोलीनॉइड व फिर क्रोमेटिन के पतले तन्तु बनाती है, जिससे अत्यधिक लम्बे डी.एन.ए. की पैकेजिंग आसान हो जाती है, यह अनुलेखन हेतु डी.एन.ए. तक पहुंच को सुलभ भी बनाती है।

प्रश्न 2.

केन्द्रक में राइबोन्यूक्लियोटाइड ट्राइफास्फेट की संख्या ही ऑक्सीराइबोस ट्राई न्यूक्लियोटाइड की संख्या से 10 गुना ज्यादा होती है लेकिन डी एन प्रतिकृतिकरण में डीऑक्सीराइबो न्यूक्लियोटाइड ही क्यों जुड़ते हैं?

उत्तर:

डी.एन.ए. निर्भर डी.एन.ए. पॉलीमरेज, विशिष्टता के कारण केवल डी ऑक्सी राइबोन्यूक्लियोटाइड को पहचानता है अतः केवल डी.एन.ए. इकाइयाँ ही जुड़ती हैं।

प्रश्न 3.

ऐसे तीन विषाणुओं के नाम लिखिए जिनमें आर.एन.ए. आनुवंशिक पदार्थ होता है?

उत्तर:

टोबेको मोजेक वाइरस (TMV), एड्स विषाणु (HIV) तथा QB जीवाणुभोजी।

प्रश्न 4.

डी.एन.ए. प्रतिकृतिकरण में भाग लेने वाले डी.एन.ए. पॉलीमरेज व डी.एन.ए. लाइगेज के अतिरिक्त एक और एंजाइम का नाम लिखिए। इसका क्या कार्य होता है।

उत्तर:

हेलीकेज, डी.एन.ए. का अंकुडलन (unwinding)।

लघु उत्तरीय प्रश्न

प्रश्न 1.

मानव जीनोम की कोई 6 विशेषताएँ बताइये।

उत्तर:

मानव जीनोम परियोजना या ह्यूमन जीनोम प्रोजेक्ट (Human Genome Project)

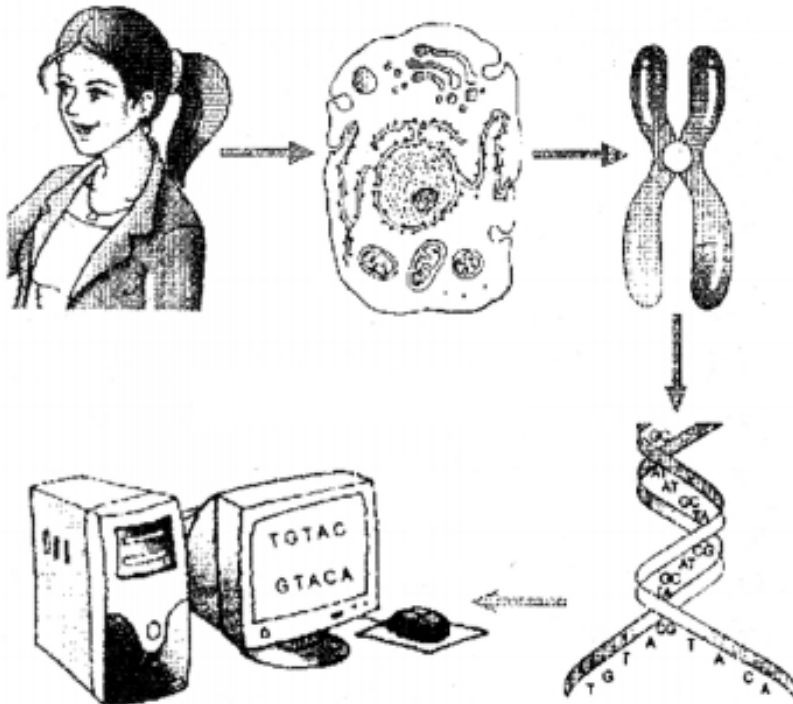
पिछली शताब्दी में वैज्ञानिकों ने आनुवंशिक पदार्थ की संरचना की खोज की, डी.एन.ए. के अर्धसंरक्षी प्रतिकृतिकरण, अनुलेखन, जेनेटिक कोड व अनुवाद जैसी महत्वपूर्ण खोजें भी उसी शताब्दी में हुईं, लेकिन आनुवंशिकी के क्षेत्र में खोजों का यह सिलसिला 21 वीं शताब्दी में भी जारी रहा। 21 वीं शताब्दी में खोजें जीनोमिक्स के अध्ययन से सम्बन्धित रही हैं। किसी भी जीवधारी का आनुवंशिक ढांचा उसके डी.एन.ए. में क्षारकों के अनुक्रम के रूप में निहित रहता है। अगर दो जीव भिन्नता प्रदर्शित करते हैं तब उनके डी.एन.ए. अनुक्रम भी, कम से कम कुछ स्थानों पर भिन्न-भिन्न होने चाहिए। इसी जिज्ञासा ने मानव जीनोम के पूरे के पूरे डी.एन.ए. अनुक्रम की पहचान का मार्ग प्रशस्त किया। मनुष्य के पूरे जीनोम की खोज एक बहुत बड़ी परियोजना थी जिस पर निम्न कारणों से कार्य करना सम्भव हो सका-

आनुवंशिक अभियंत्रिकी (Genetic Engineering) की तकनीके, जिनके द्वारा डी.एन.ए. के किसी भी खण्ड का पृथक्करण व क्लोनिंग सम्भव हो सकी।

डी.एन.ए. क्षारक अनुक्रम निर्धारण की सरल व शीघ्रता से सम्पन्न हो जाने वाली तकनीकों की उपलब्धता।

जैव सूचना विज्ञान (Bioinformatics) के क्षेत्र में हुई उल्लेखनीय प्रगति।

आइये कुछ महत्वपूर्ण शब्दों के अर्थ जानें-



मानव जीनोम परियोजना का निरूपण आरेख

- जीनोम (Genome) किसी जीव की कोशिका में उपस्थित जीनों का सम्पूर्ण समुच्चय (complete set of genes) ही जीनोम कहलाता है। अर्थात् अगुणित क्रोमोसोम की सभी जीन जीनोम बनाती हैं।
- जीनोमिक्स (Genomics) विज्ञान की वह शाखा है जिसमें जीवधारियों की जीनों (genes) का अध्ययन किया जाता है। इसमें जीव के जीनोम के सम्पूर्ण डी.एन.ए. के अनुक्रमों का अध्ययन भी शामिल है।
- जैव सूचना विज्ञान या बायोइन्फोमेटिक्स (Bioinformatics) जीनोम के अध्ययन में कम्प्यूटर प्रौद्योगिकी का प्रयोग बायोइन्फोमेटिक्स कहलाता है। जीनोमिक्स व प्रोटियोमिक्स में असंशोधित या कच्चे आँकड़े उत्पन्न होते हैं। कम्प्यूटर प्रौद्योगिकी की मदद से किये गये इन असंशोधित या कच्चे आँकड़ों (data) के विश्लेषण से इस डेटा के महत्वपूर्ण रुझान प्राप्त होते हैं।
- प्रोटियोमिक्स (Proteomics) कोशिकीय प्रोटीनों की संरचना, कार्य व पारस्परिक क्रियाओं का अध्ययन प्रोटियोमिक्स कहलाता है।
- प्रोटिओम (Proteome) किसी कोशिका की जैविक रूप से सक्रिय प्रोटीनों का पूर्ण समुच्चय (set)।

मानव जीनोम परियोजना के उद्देश्य (Aims of Human Genome Project)

मानव जीनोम परियोजना एक महायोजना (Mega project) थी। इसके निम्नलिखित उद्देश्यों से इसकी विशालता व महती आवश्यकताओं का पता लगता है-

- यह अनुमान लगाया गया था कि मानव जीनोम में लगभग 3×10^9 क्षारक युग्म हैं। इस परियोजना के प्रारम्भ में प्रति क्षारक युग्म की जानकारी का अनुमानित खर्च 3 अमेरिकी डालर लगाया गया था, जिससे इसका पूरा अनुमानित खर्च लगभग 9 बिलियन अमेरिकी डॉलर (9 billion Us dollars) आँका गया था।
- अगर इस परियोजना से प्राप्त डी.एन.ए. अनुक्रमों को मुद्रित पुस्तकों के रूप में रखा जाय तथा पुस्तक के 1000 पृष्ठों में से प्रत्येक पृष्ठ में 1000 अक्षर हो तब मनुष्य की एक कोशिका से प्राप्त डा.एन.ए. अनुक्रमा की जानकारी के संग्रह में ऐसी 3300 पुस्तकों की आवश्यकता होगी।
- इससे उत्पादित अत्यधिक विशाल आँकड़ों के संग्रह (storage), पुनः प्राप्ति (retrieval) व विश्लेषण (analysis) के लिए उच्च गति संगणन युक्तियों (high speed computational devices) की आवश्यकता का अनुभव किया गया। ह्यूमन जीनोम परियोजना से ही जीवविज्ञान की नई शाखा जैव सूचना विज्ञान (Bioinformatics) के क्षेत्र में उल्लेखनीय प्रगति हुई।
- दीर्घावधि (1990 - 2003) की इस अन्तर्राष्ट्रीय स्तर की परियोजना में यू एस डिपार्टमेण्ट ऑफ एनर्जी व नेशनल इंस्टीट्यूट ऑफ हैल्थ के अतिरिक्त इंग्लैण्ड, फ्रांस, जर्मनी, चीन व अन्य देशों के निजी (private) व सार्वजनिक उपक्रमों (Public sector) के अनेक वैज्ञानिकों ने कार्य किया।

मानव जीनोम परियोजना (HGP) के लक्ष्य
एच जी पी के कुछ महत्वपूर्ण लक्ष्य निम्न थे-

1. मनुष्य के डी.एन.ए. में मिलने वाली सभी लगभग 20000 - 25000 जीनों की पहचान करना। (तब तक माना जाता था कि मनुष्य में 50,000 से 1,00,000 जीन होते हैं)
2. मानव डी.एन.ए. का निर्माण करने वाले 3 बिलियन रासायनिक क्षारक युग्मों (base pairs) का निर्धारण करना।
3. इस सारी जानकारी को आँकड़ों के रूप में संग्रहित करना।
4. आँकड़ों के विश्लेषण हेतु उपलब्ध तकनीकों में सुधार व नई तकनीकों का विकास।
5. सम्बद्ध प्रौद्योगिकियों को अन्य उपक्रमों जैसे उद्योगों को स्थानान्तरित करना।

6. इस परियोजना से जुड़े नैतिक (Ethical), कानूनी (Legal) व सामाजिक (Social) मुद्दों (ई.एल.एस.आई ELSI) को सुलझाना।

ई एल एस आई (ELSI)

समाज का एक वर्ग मानव जीनोम परियोजना के सरोकारों, मानवीय जीनों में उलटफेर, जैसे क्रियाकलापों के विरुद्ध है। इस वर्ग का मानना है कि मनुष्य को ईश्वर के कार्य में दखलंदाजी नहीं करनी चाहिए। मनुष्य को एक प्रयोगशालायी जीव बनाकर किये प्रायोगिक अनुसंधान नैतिकता के खिलाफ हैं। इसी प्रकार के नैतिक मुद्दे (ethical issues) मानव जीनोम परियोजना से जड़े हैं। इन्हीं के उल्लंघन से सामाजिक (Social) व वैधानिक (legal) मुद्दे उपजते हैं। जैसे

- एक जनकीय (reproductive) मुद्दा है बच्चों के बारे में निर्णय लेने के लिए आनुवंशिक सूचना का उपयोग कर पसंद के (वांछित गुणों के) 'डिजाइनर बेबी' तैयार करना, जो नैतिकता के खिलाफ हैं।
- निजता के अधिकार का एक मुद्दा है आपकी आनुवंशिक सूचना किस - किस की पहुंच में हो? जीनोम बनाते समय जिन दाताओं से आनुवंशिक पदार्थ प्राप्त किया, उसकी जानकारी गुप्त रखी गई थी।
- एक मुद्दा गुणवत्ता नियंत्रण का भी है।

मानव जीनोम परियोजना से जुड़े महत्वपूर्ण तथ्य

- मानव जीनोम परियोजना सन् 1990 में प्रारम्भ तथा 2003 में पूरी हुई। (1900 - 2003) अर्थात इसकी कुल अवधि 13 वर्ष रही।
- इस परियोजना का संयोजन व समन्वयन यू.एस. डिपार्टमेंट ऑफ एनर्जी व नेशनल इंस्टीट्यूट ऑफ हैल्थ (US Department of Energy and National Institute of Health) ने किया।
- इंग्लैंड (UK) का वेलकम ट्रस्ट (Wellcome Trust) इस परियोजना के प्रारम्भ में इसका प्रमुख साझेदार रहा। बाद में अन्य देशों जैसे जापान, फ्रांस, जर्मनी, चीन व अन्य का योगदान प्राप्त हुआ।

मानव जीनोम परियोजना (एच जी पी) का महत्व

मानव जीनोम परियोजना विश्व के अनेक देशों के वैज्ञानिकों के सहयोग से सम्पन्न एक विशाल परियोजना थी, जिसने आण्विक आनुवंशिकी (Molecular Genetics) की हमारी समझ को मजबूत किया है। इसी के कारण जैव सूचना विज्ञान (Bioinformatics) जैसी जीव विज्ञान की शाखा में उल्लेखनीय प्रगति हुई। इस परियोजना की उपलब्धियों को निम्न बिन्दुओं द्वारा समझा जा सकता है-

1. विभिन्न व्यक्तियों में मिलने वाली डी.एन.ए. विभिन्नता की जानकारी से मानव की हजारों बीमारियों की जाँच, उपचार व रोकथाम में मदद मिलती है व भविष्य में और अधिक मिलने की संभावना है।
2. मानव जीव विज्ञान की समझ मजबूत हुई है।
3. अन्य जीवों के डी.एन.ए. अनुक्रमों की जानकारी से उनकी प्राकृतिक क्षमताओं को समझने का अवसर मिला है। इस ज्ञान का प्रयोग चिकित्सा, कृषि, ऊर्जा उत्पादन, पर्यावरणीय सुधार आदि क्षेत्रों की चुनौतियों से निबटने में किया जा सकता है।
4. अनेक जीवों जैसे जीवाणु ई. कोलाई, यीस्ट, एक मुक्तजीवी गोलमि सौनोरेब्डाइटिस एलीगेंस, जो रोगकारी नहीं होता, ड्रोसोफिला, घान व एरेबिडोप्सिस (Arabidopsis) जैसे पौधे के डी.एन.ए. अनुक्रमों की जानकारी प्राप्त हो चुकी है। इनकी मानव जीनोम से तुलना, जीव विज्ञान सम्बंधी हमारा ज्ञान समृद्ध करती है।
5. मानव के इतिहास, प्रवासन (Migration), विविधता के कारण, विकास आदि की समझ मजबूत हुई है।

प्रयुक्त विधियाँ-

मानव जीनोम परियोजना को पूरा करने के लिए दो प्रमुख तरीकों का प्रयोग किया गया-

(a) अभिव्यक्त अनुक्रम टैग्स (Expressed Sequence Tags): चूंकि जीन पहले आर.एन.ए. के रूप में अभिव्यक्त होती हैं, अतः कोशिका में इस आर.एन.ए. का अध्ययन कर इनसे जीन के बारे में जानकारी प्राप्त की जा सकती है। पहली विधि इसी सिद्धान्त पर आधारित थी जिसमें आर.एन.ए. के रूप में अभिव्यक्त, सभी जीनों की पहचान की गई। इसे अभिव्यक्त अनुक्रम टैग्स एक्सप्रेसड सीक्वेंस टैग्स (Expressed Sequence Tags ESTS) नाम दिया गया।

(b) अनुक्रम टिप्पण या सीक्वेंस एनोटेशन (Sequence Annotation): इस विधि में पूरे के पूरे जीनोम के कोडिंग व गैर कोडिंग (coding or non coding) सभी भागों का अनुक्रम ज्ञात किया जाता है। बाद में इस अनुक्रम के विभिन्न क्षेत्रों को उनके काम से जोड़ा जाता है। अनुक्रम ज्ञात करने के लिए एक कोशिका से पूरे के पूरे डी.एन.ए. को पृथक कर अपेक्षाकृत छोटे - छोटे यादृच्छिक टुकड़ों (random fragments) में बदल दिया जाता है। डी.एन.ए. को छोटे - छोटे टुकड़ों में विभक्त करना इसलिए आवश्यक है क्योंकि डी.एन.ए. एक बहुत बड़ा अणु है तथा इसके बड़े टुकड़ों का अनुक्रम ज्ञात करना तकनीकी सीमाओं के कारण सम्भव नहीं होता। डी.एन.ए. के छोटे - छोटे टुकड़ों को वाहक (vector) की मदद से पोषक कोशिका (host cell) में क्लोन कर लिया जाता है। क्लोनिंग से डी.एन.ए. के प्रत्येक खण्ड का पर्याप्त आवर्धन (amplification) हो जाता है। पर्याप्त मात्रा में प्राप्त हो जाने से इनका अनुक्रम सहजता से ज्ञात किया जा सकता है। पोषक के रूप में सामान्यतः यीस्ट व जीवाणुओं का जबकि वाहक के रूप में बी ए सी (BAC) अर्थात बैक्टीरियल आर्टीफीशियल क्रोमोसोम व वाई ए सी (YAC) यीस्ट आर्टीफीशियल क्रोमोसोम का प्रयोग किया गया।

डी.एन.ए. खण्डों के अनुक्रम ज्ञात करने के लिए स्वचालित डी.एन.ए. अनुक्रमक (Automated DNA Sequence) का प्रयोग हुआ। जैसा कि नाम से स्पष्ट है यह वह मशीन है जो डी.एन.ए. अणु में क्षारकों का अनुक्रम ज्ञात करने के लिए प्रयोग की जाती है। यह स्वचालित अनुक्रमक महान वैज्ञानिक फ्रेडेरिक सांगेर (Frederick Sanger) द्वारा विकसित सिद्धान्त पर कार्य करता है। यह वैज्ञानिक, प्रोटीनों में अमीनो अम्लों के क्रम के निर्धारण हेतु विकसित विधि के लिए भी जाने जाते हैं। प्राप्त अनुक्रमों को फिर सही क्रम में व्यवस्थित किया गया। इस हेतु इनमें उपस्थित अतिव्यापी क्षेत्रों (overlapping regions) को आधार बनाया गया। अनुक्रमण हेतु अतिव्यापी (अंशछादन) खंडों (over lapping) का उत्पादन भी किया गया। इन अनुक्रमों (sequences) को सही क्रम में व्यवस्थित करना बिना मशीनी मदद के सम्भव नहीं था। अतः विशिष्ट कम्प्यूटर आधारित कार्यक्रम विकसित किए गये। इन अनुक्रमों को बाद में इनके कार्यों से जोड़ा गया जिसे टिप्पण (Annotation) कहते हैं। क्रोमोसोम संख्या 1 के अनुक्रमों का निर्धारण मई 2006 में ही सम्पन्न हो पाया। मनुष्य के कुल 24 क्रोमोसोम 22 आटोसोम तथा x व Y क्रोमोसोमों के अनुक्रमों का निर्धारण किया गया जिनमें क्रोमोसोम 1 आखिरी था। अगला चुनौती भरा काम जीनोम के भौतिक व आनुवंशिक नक्शे तैयार करना था। रेस्ट्रिक्शन एन्डोन्यूक्लिज एंजाइम द्वारा पहचाने जाने वाले स्थलों की बहुरूपिता (Polymorphism of restriction endonuclease recognition sites) तथा माइक्रोसैटेलाइट (Microsatellite) नामक पुनरावृत्त डी.एन.ए. अनुक्रमों (Repetitive DNA Sequences) की जानकारी के आधार पर यह चुनौती भरा कार्य भी सम्पन्न हो सका।

मानव जीनोम की प्रमुख विशेषताएँ (Salient Features of Human Genome)

मानव जीनोम परियोजना से प्राप्त प्रमुख प्रेक्षण निम्नलिखित है

1. मानव जीनोम में 3164.7 मिलियन क्षारक है।
2. एक औसत जीन 3000 क्षारकों की बनी होती है लेकिन इनके आकार में अत्यधिक विविधता पाई जाती है। मनुष्य में सबसे बड़ी ज्ञात जीन डिस्ट्रोफिन (Dystrophin) है जिसमें 2.4 मिलियन आरक मिलते हैं।

3. जीनों की कुल संख्या अनुमानतः 30000 है जो पहले लगाये गये अनुमानों 80,000 से 1,40,000 जीनों से बहुत कम है।
4. सभी व्यक्तियों में लगभग सभी 99.9 प्रतिशत, क्षारक समान होते हैं, अर्थात् क्षारकों में मात्र 0.01 प्रतिशत अन्तर मनुष्यों में पाई जाने वाली विभिन्नताओं के लिए उत्तरदायी है।
5. खोजी गई 50 प्रतिशत से अधिक जीनों का कार्य ज्ञात नहीं है।
6. पूरे जीनोम का 2 प्रतिशत से भी कम भाग प्रोटीन का कूटलेखन करता है।
7. मानव जीनोम के बहुत बड़े भाग का निर्माण पुनरावृत्त अनुक्रमों (repetitive sequence) द्वारा होता है।
8. पुनरावृत्त अनुक्रम, डी.एन.ए. अनुक्रमों (sequences) के ऐसे खण्ड हैं जिनकी पुनरावृत्ति अनेक बार होती है। सरल शब्दों में यह डी.एन.ए. में बार - बार दोहराए जाने वाले खण्ड हैं। अनेक बार इनकी पुनरावृत्ति सैकड़ों से लेकर हजार बार तक होती है। ऐसा माना जाता है कूटलेखन (coding) इनका प्रत्यक्ष कार्य नहीं है, लेकिन यह क्रोमोसोम की संरचना, गतिकी (dynamics) व विकास पर प्रकाश डालते हैं।
9. सबसे अधिक जीन (2968) क्रोमोसोम संख्या 1 पर सबसे कम जीन 231 Y क्रोमोसोम पर मिलती हैं।
10. वैज्ञानिकों ने मानव जीनोम में 1.4 मिलियन ऐसे स्थानों की पहचान की है जो केवल एक क्षारक में भिन्न होते हैं। सिर्फ एक स्थान में भिन्नता प्रदर्शन करने वाले इस गुण को एकल न्यूक्लियोटाइड बहुरूपता - सिंगल न्यूक्लियोटाइड पॉलीमॉर्फिज्म (Single Nucleotide Polymorphism; SNPS) कहते हैं। इन्हें स्निप्स 'Snips' नाम से पुकारा जाता है। यह जानकारौ रोगों/विकारों से जुड़े अनुक्रमों की क्रोमोसोम पर स्थिति की खोज को सहज बना सकती है, साथ ही मानव इतिहास के रहस्यों को सुलझाने की प्रक्रिया में क्रांति की आशा बंधाती है।

अनुप्रयोग व भविष्य की चुनौतियों (Applications and Future Challenges)

मानव जीनोम परियोजना के कारण आज वैज्ञानिकों के समक्ष सूचनाओं (information) का अंबार लगा है। एक - एक हजार पृष्ठों वाली 3300 विकायो में भारको के आँकड़े उपलब्ध हैं। लेकिन आने वाले दशकों में शोध की दिशा व दश इन डी.एन.ए. अनुक्रमों के आँकड़ों से, सार्थक जानकारी व ज्ञान के मस पर निर्भर करेगी। इसी ज्ञान से जैविक तंत्र सम्बंधी हमारी समझ मजबूत इस वृहद कार्य को करने के लिए दुनिया के सभी देशों के प्राइवेट व सार्वजनिक उपक्रमों के विभिन्न विषयों के हजारों - हजार वैज्ञानिकों की प्रतिभा, कौशल. रचनात्मकता व अनुभव की आवश्यकता होगी। मानव जीनोम परियोजना के प्रेक्षणों ने जीवविज्ञान के क्षेत्र में हो रहे शोधों को नये आयाम और गति प्रदान की है। पहले शोधकर्ता एक समय में एक या कुछ जीनों के अध्ययन तक सीमित रहते थे। आज, पूरे जीनोम अनुक्रमों की उपलब्धता व नई तकनीकों के बल पर हम इस सन्दर्भ में उठने वाले प्रश्नों के अधिक व्यवस्थित उत्तर व्यापक स्तर पर दे सकते हैं। इसी कारण जीनोम की सभी जीनों का अध्ययन सम्भव उदाहरण के लिए आज किसी ऊतक, अंग या अर्बुद (tumor) में मिलने वाले सभी अनुलेखों (transcript) का अध्ययन किया जा सकता है। साथ ही यह जाना जा सकता है कि कैसे हजारों जीन व प्रोटीन आपसी तालमेल से जीवन के रसायन को व्यवस्थित बनाये रखते हैं।

मानव जीनोम परियोजना का महत्व

- जीवन के रसायन (Chemistry of life) की बेहतर समझ विकसित होगी।
- इसके आधार पर सूक्ष्मजीवों के जीनोम अध्ययन का पर्यावरण प्रदूषण की रोकथाम, ईंधन तकनीकों में उपयोग किया जा सकेगा।
- रोगों की बेहतर समझ से उनकी रोकथाम व बेहतर उपचार संभव होगा।
- यह मानव इतिहास, विकास व प्रवासन (migration) के अनसुलझे रहस्यों का सुलझाने का कार्य करेगा।
- फोरेन्सिक साइंस से जुड़ी तकनीकों में और सुधार होगा।
- पौधों के जीनोम अध्ययन से बेहतर रोग नियंत्रण व बेहतर उपज।
- वायोइन्फोमेटिक्स के प्रयोग से रोगों की पहचान, रोकथाम की जीन आधारित तकनीक का विकास।

विचारणीय बिन्दु: मानव जीनोम से यह स्पष्ट हो गया कि मनुष्य में कुल जीनों की संख्या पहले अनुमान की गई संख्या 1,00,000 से बहुत ही कम है। पृथ्वी का सबसे बुद्धिमान प्राणी मनुष्य कैसे इतनी कम जीनों से काम चला लेता है? ऐसा भी हो सकता है कि मनुष्य में जिस DNA को 'जंक DNA (Junk DNA) माना जाता था वह अत्यधिक काम का हो। यह संभव है कि इंट्रान की उपस्थिति एक्जानों को विभिन्न अनुक्रमों में व्यवस्थित हो सकने में सक्षम बनाती हो जिससे एक जीन से अनेक mRNA प्रोटीन बन सकते हैं। यह भी संभव है कि इंट्रान जोन अभिव्यक्ति के नियमन में मदद करते हो तथा यह निर्धारित करने में फीडबैक उपलब्ध कराते हों कि कौन-सी कोडिंग जीन की अभिव्यक्ति की आवश्यकता है तथा उसे कैसे प्रसंस्करित किया जाय। जीनोम की एक ऐसी नई भूमिका उभर रही है जो सेण्ट्रल डोग्मा का सिद्धान्त देने वाले वैज्ञानिकों के विचार से एकदम अलग है। आर.एन.ए. की एक नियामक अणु के रूप में कार्य करने क्षमता की खोज से इस प्रश्न का उत्तर दिया जा सकता है कि क्यों जीवों की संरचनात्मक व विकासीय जटिलता के साथ-साथ प्रोटीन को कोड करने वाली जीनों की संख्या में बढ़ोत्तरी आवश्यक नहीं। संभावनाएँ अनन्त हैं।

प्रश्न 2.

किसी जीन में केवल एक क्षारक का उत्परिवर्तन हमेशा किसी कार्य की उपस्थिति/अनुपस्थिति के रूप में परिलक्षित नहीं हो सकता। अपने उत्तर के पक्ष में तर्क दीजिए।

उत्तर:

अगर किसी जीन में उत्परिवर्तन कोडोन के तीसरे क्षारक के स्तर पर हुआ हो तो इसके कार्य पर हमेशा असर नहीं होता। किसी कोडोन के प्रथम दो अक्षर महत्वपूर्ण होते हैं। तृतीय के बदलने से उस पर कभी - कभी कोई असर नहीं पड़ता। यही वोबेल परिकल्पना (wobble hypothesis) है। उदाहरण के लिए CCU, CCC, CCA व CCG चारों ही अमीनो अम्ल प्रोलीन को कोड करते हैं। अगर इनमें से पहला CCU बदल कर CCA हो जाये तो भी इससे बनने वाली प्रोटीन पर कोई असर नहीं होगा।

प्रश्न 3.

m RNA में कैपिंग व टैलिंग का क्या लाभ है?

उत्तर:

कैप, जो कि मिथाइलेटेड ग्वानोसीन की बनी होती है m RNA को a हाइड्रोफिलिक एंजाइमों से बचाती है। यह राइबोसोम की छोटी उपइकाई को m RNA के जुड़ने के स्थान का संकेत भी देती है। पुच्छ (Tail) जो पॉली A की बनी होती है m RNA का अपघटन रोकती है। यह m RNA को केन्द्रक से बाहर निकलने में भी मदद करती है।