5. वंशागति का आणविक आधार

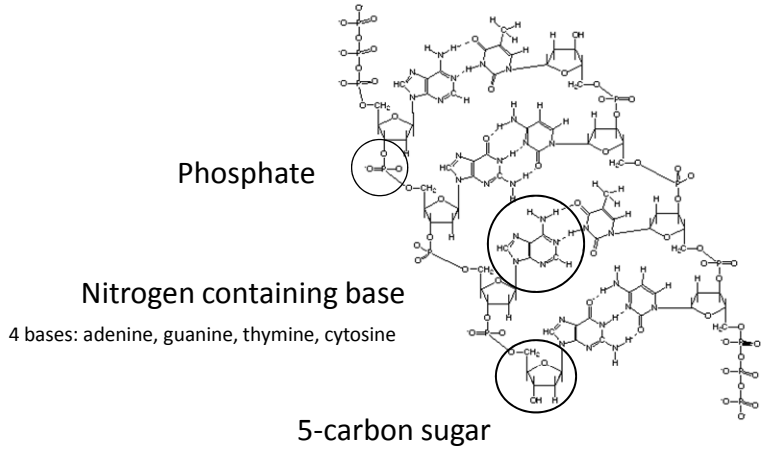
सजीवों में दो प्रकार के न्यूक्लिक अम्ल मिलते हैं डीआरक्सीराइबो–न्यूक्लिक अम्ल (डीएनए) व राइबोन्यूक्लिक अम्ल (आरएनए) अधिकतर जीवों में आनुवंशिक पदार्थ डीएनए होता हैं। इस अध्याय में डीएनए की संरचना, इसकी प्रतिकृति, डीएनए से आरएनए के निर्माण की विधि (अनुलेखन), आनुवंशिक कूट (कोट) जो प्रोटीन्स में अमीनों अम्लों के क्रम को निर्धारित करते है प्रोटीन संश्लेषण (स्थानांतरण) प्रक्रिया व इनके नियंत्रण के प्रारंभिक आधार के बार में पढ़ेगे।

डीएनए – डीआक्सीराइबोन्यूक्लिओटाइड्स का एक लंबा बहुलक है– डीएनए की लंबाई सामान्यतया इसमें मिलने वाले न्यूक्लियोटाइड्स (न्यूक्लियोटाइड्स युग्म का संबध क्षार युग्म से है) यह किसी भी जीव की विशेषता है। उदाहणार्थ– एम जीवाणुभोजी जिसे x 174 कहते है इसमें 5386 न्यूक्लिओटाइडस मिले हैं, जीवाणुभोजी लैंब्डा में 48502 क्षार युग्म, इस्चेरिचिया कोलाई में 4.6 10^6 क्षार युग्म व मनुष्य के अगुणित डीएनए 3.3 x 10^9 क्षार युग्म हैं।

पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखला (डीएनए या आरएनए) की रासायनिक संरचना संक्षेप में निम्न है। न्यूक्लियोटाइड के तीन घटक होते हैं – नाइट्रोजनी क्षार, पेंटोस शर्करा (आरएनए के मामले में रिबोस तथा डीएनए में डीऑक्सीरिबोज) और एक फॉक्फेट ग्रुप। नाइट्रोजनी क्षार दो प्रकार के होते हैं–प्यूरीन्स (एडेनीन व ग्वानीन) व पायरिमिडीन (साइटोसीन, यूरेसिल व थाइमीन)। नाइट्रोजनी क्षार नाइट्रोजन ग्लाइकोसिडिक कंध द्वानातप पेंटोस शर्करा से जुड़कर न्यूक्लियोसाइड बनाता है जैस–एडनोसीन या डीऑक्सी एडीनोसीन, ग्वानोसीन या डीऑक्सी ग्वानोलीन, साइटीडीन या डीऑक्सीसाइटीडीन व यूरीडीन या डीऑक्सी थाइमीडीन। जब फॉस्फेट समूह फॉस्फोएस्टर बंध द्वानातप न्यूक्लीयोसाइड के 5′ हाइड्रोक्सील समूह से जुड़ जाता है तब संबंधित न्यूक्लियोटाइड्स (डीऑक्सी न्यूक्लियोटाइड्स उपस्थित शर्करा के प्रकार पर निर्भर है) का निर्माण होता है। दो– न्यूक्लियोटाइड्स 3′ 5′ फॉस्फोडाइस्टर बंध द्वानातप जुड़कर डाईन्यूक्लियोटाइड का निर्माण करता है। इस तरह से कई न्यूक्लियोटाइड्स जुड़कर पॉलीन्यूक्लियोटाइड्स श्रृंखला का निर्माण करते हैं। इस तरह से निर्मित बहुलक के राइबोज शर्करा के 5′ किनारा कहते हैं। ठीक इसी तरह से बहुलक के दूसरे किनारे पर राइबोज मुक्त 3′–हाइड्रॉक्सील समूह से जुड़ा होता है। पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखला का 3′ किनारा कहते हैं।

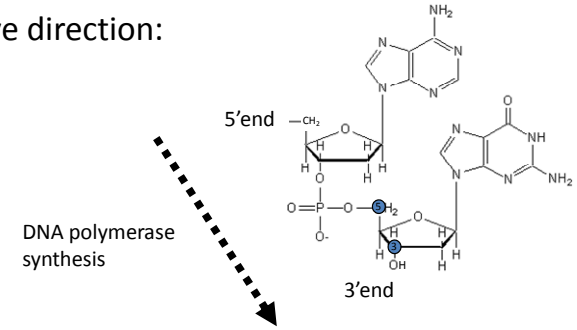
MOLECULAR BIOLOGY – DNA structure, genetic code

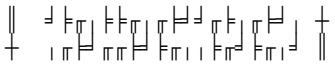
DEOXYRIBONUCLEIC ACID - DNA



DNA strands have direction:

This figure is purely diagrammatic. The two ribbons symbolize the two phosphate—sugar chains, and the horizontal rods the pairs of bases holding the chains together. The vertical line marks the fibre axis





आरएनए में प्रत्येक न्यूक्लियोटाइड अवशेष के राइबोज की 2′ जगह पर एक अतिरिक्त हाइड्रॉक्सील समूह स्थित होता हैं। आरएनए में थाइमीन (5′ मथिल यूरेसील थाइमीन का दूसरा रासायनिक नाम है) की जगह पर यूरेसील मिलता है।

फ्रडरीच मेस्चर ने 1869 में केंद्रक मे मिलने वाले अम्लीय पदार्थ डीएनए की खोज की थी उसने नाम 'न्यूक्लिन' दिया। मौरिस विल्किन्स व रोजलिंड फ्रैंकलिन द्वारा दिए गए एक्स–रे निवर्तन आंकड़े के आधार पर 1953 में जेम्स वाट्सन व फ्रॉन्सिस क्रीक ने डीएनए की संरचना का द्विकुंडली नमूना प्रस्तुत किया। उनके प्रस्तावों में पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखलाओं के दो लड़ियो के बीच क्षार युग्मन की उपस्थिति एक बहुत प्रमाणित श्रृंखला (चेन) थी। उपरोक्त प्रस्ताव द्विकुंडली डीएनए के इर्विन चारगाफ के परीक्षण के आधार पर भी था जिसमें इसने बताया कि एडनिन व थाइमिन तथा ग्वानिन व साइटोसीन के बीच अनुपात स्थित व एक दूसरे के बराबर रहता है।

द्विकुंडली डीएनए की संरचना की खास विशेषताएँ निम्न हैं।

(क) यह दो पॉलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखलाओं का बना होता है जिसका आधार शर्करा–फॉस्फेट का बना होता है व क्षार भीतर की ओर प्रक्षेपी होता है।

(ख) दोनों श्रृंखलाओं प्रति समानांतर ध्रुवणता रखती है। इसका मतलब एक श्रृंखला को ध्रुवणता 5′ से 3′ की ओर हो तो दूसरे की ध्रुवणता 3′ से 5′ की तरह होगी।

(ग) दोनां रज्जुको के क्षार आपस में हाइड्रोजन बंध द्वारा युग्मित होकर क्षार युग्मक बनाते है। एडेनिन व थाइमिन जो विपरीत रज्जुकों में होते हैं। आपस में दो हाइड्रोजन बंध बनाते हैं। ठीक इसी तरह से ग्वानीन सइटोसलीन से तीन–हाइड्रोजन बंध द्वारा बँधा रहता है जिसके फलस्वरुप सदैव यूरीन के विपरीत दिशा में पीरीमिडन होता है।

(घ) दोनों श्रृंखलाएँ दक्षिणवर्ती कुंडलित होती है। कुंडली का पिच 3.4 नैनोमीटर (एक नैनोमीटर एक मीटर का 10 करोड़वाँ भाग होता है वह 109 मीटर के बराबर है) व प्रत्येक घुमाव में लगभग 10 क्षार युग्मक मिलते हैं। परिणामस्वरुप एक कुंडली में एक क्षार युग्मक के बीच बराबर 0.34 नैनोमीटर की दूरी होती है।

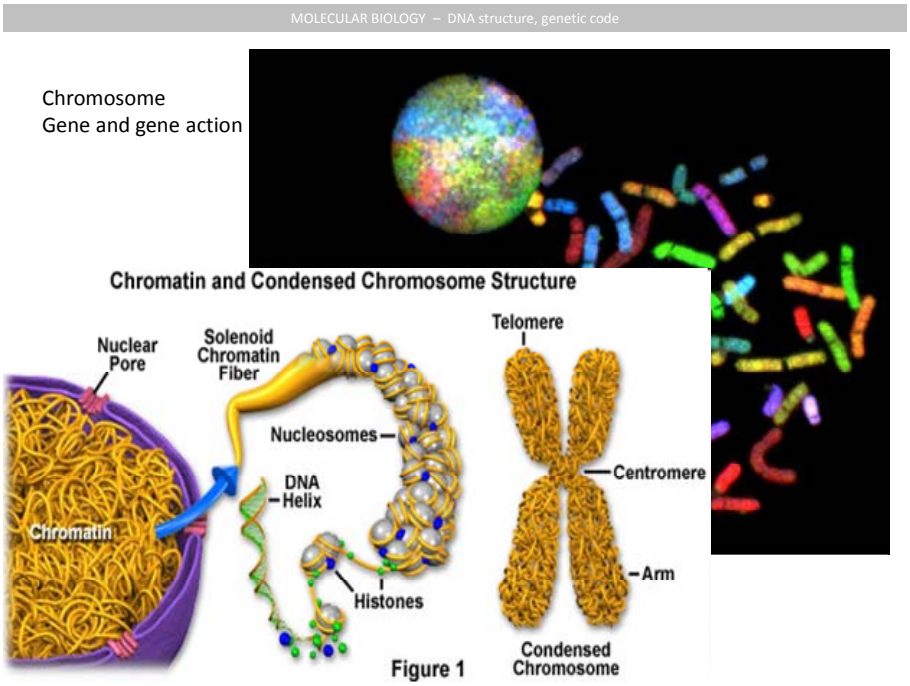
(ड.) द्विकुंडली में एक क्षार युग्म की सतह के ऊपर दूसरे स्थित होते हैं। इसके अतिरिक्त हाइड्रोजन बंध कुंडलिनी संरचना को स्थायित्व प्रदान करते हैं।

आणविक जीव विज्ञान में फ्रांसिस क्रिक ने मूल सिद्धान्त (सेंट्रल डोग्मा) का विचार प्रस्तुत किया जिससे स्पष्ट है कि

डीएनए कुंडली का पैकेजिंग

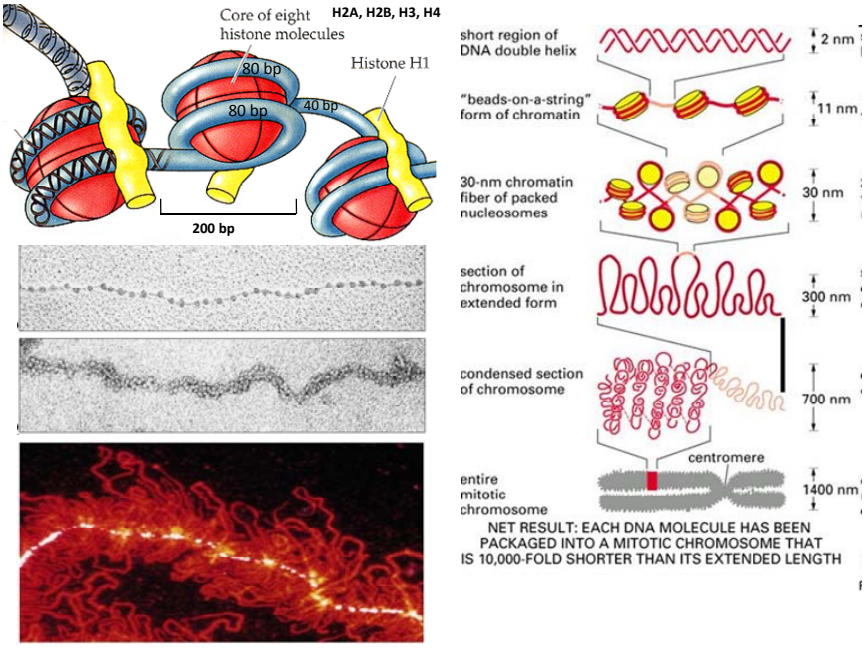
लगातार दो क्षार युग्मों के बीच की दूरी 0.34 नैनोमीटर (0.34 x 10-9 मीटर) मान ली जाए और यदि एक प्रारुपी स्तनधारी कोशिका में डीएनए द्विकुंडली की लंबाई की गणना (साधारणतया सभी क्षार युग्म की संख्या को लगातार दो क्षार युग्म के बीच की दूरी से गुणा करने पर दूरी की गणना कर सकत हैं , वह है (6.6 x 10^{-9} क्षार युग्म x (0.34 x 10^{-9} मीटर प्रति क्षार युग्म की जाए तो यह लगभग 2.2 मीटर के बराबर होगी।

यदि ई. कोलाई डीएनए की लंबाई 1.36 मिलीमीटर है तो क्या आप ई.कोलाई में क्षार युग्मों की संख्या की गणना कर सकते हैं?



असीमकेंद्रकी जैसी ई.कोलाई जिसमें स्पष्ट केंद्रक नहीं मिलता है जिसके बावजूद भी डीएनए पूरी कोशिका में नहीं फैला होता है। डीएनए (ऋणात्मक आवेशित) कुछ प्रोटीन्स (धनात्मक आवेशित) से बँधकर एक जगह पर स्थित होते हैं जिसे केंद्रकाभ (न्यूक्लिआएड) कहते हैं।

ससीमकेंद्रकी/सुकेंद्रकी में यह संरचना और काफी जटिल होती है। धनात्मक आवेशित क्षारीय प्रोटीन का समूह होता है जिसे हिस्टोन्स कहते हैं। हिस्टोनस में क्षारीय एमीनों अम्लीय लाइसीन व आरजीनीन अधिक मात्रा में मिलते हैं। दोनों एमीनों अम्ल की पार्श्व श्रृंखलाओं पर धनात्मक आवेश होता है। हिस्टोन व्यवस्थित होकर आठ हिस्टोन अणुओं की एक ईकाई बनाता है जिसे हिस्टोन अष्टक कहते है। धनात्मक आवेशित हिस्टोन अष्टक चारों तरह से ऋणात्मक आवेशित डीएनए से सटा होता है जिसे न्यूक्लियोसोम कहते है। (चित्र 6.4 अ) एक प्रारुप न्यूक्लियोसोम 200 क्षार युग्म की डीएनए कुंडली होती हैं। न्यूक्लियोसोम्स एक के बाद एक मिलते हैं उसे क्रोमेटीन कहते है।



डोरी पर बीड्स सदृश संरचना क्रोमेटीन मे कोष्ठित होकर क्रोमेटीन धागों (सूत्रों) का निर्माण करती है जो आगे कुंडलित व संघनित होकर कोशिका विभाजन की मध्यावस्था में गुणसूत्र का निर्माण करते है। उच्च स्तर पर क्रोमेटीन के पेकेजिंग हेतु अतिरिक्त प्रोटीन की आवश्कता होती है। जिसे सामूहिक रुप से गैर–हिस्टोन गुणसूत्रीय प्रोटीन (नान–हिस्टोन क्रोमोसोमल प्रोटीन, एन एस सी) कहते हैं। एक प्रारुपी केंद्रक में कुछ जगहों पर क्रोमेटीन ढीले–ढाले (हल्के अभिरंजित) होते है जिसे 'यूक्रोमेटीन' कहते हैं। क्रोमेटीन जो काफी अच्छे ढग के दिखायी पड़ते है उसे 'हेटोरोक्रोमेटीन' कहते हैं।

आनुवंशिक पदार्थ की खोज

ग्रगर मेंडल, वाल्टर सटन, थामस हंट मार्गन व अन्य दूसरे वैज्ञानिकों की पूर्व खोजों कें आधार पर स्पष्ट हो गया कि गुणसूत्र अधिकतम कोशिकाओं के केंद्रक से मिलता है। लेकिन इस प्रशन का उत्तर नहीं मिल सका कि कौन सा अणु वास्तव में आनुवंशिक पदार्थ है।

रुपांतरीय सिद्धांत – वर्ष 1928 में फ्रेडेरिक ग्रिफीथ ने स्ट्रेप्टोकोकस नीमोनी (जीवाणु जो निमोनिया के लिए जिम्मेदार है) के साथ प्रयोगों से रुपांतरण की अच्छे ढंग से व्याख्या थी। उनके प्रयोगों के दौरान एक सजीव जीव (जीवाणु) के प्राकृतिक रुप में परिवर्तन हो गया।

Discovery of a "Transforming Principle"

Frederick Griffith, in 1928

- Pneumonia (*Diplococcus pneumoniae*) infects mice.
- Mice develop pneumonia and die.

Two types of bacteria:

- S bacteria smooth coat – pneumonia
- R bacteria rough coat - no pneumonia

Coat type is associated with virulence.

1881 - 1941

English army medical officer

जब स्ट्रेप्टोकोकस नीमोनी (न्यूमोकोकस) जीवाणु की संवर्धन प्लेट पर वृद्धि करता है तब इसकी कुछ चिकनी चमकीली कालोनी (एस) दूसरी सक्ष कालोनी (आर) का निर्माण होता है । यह एक प्रभेद के जीवाणु में श्लेष्मा (बहुशर्कराइड) युक्त आवरण होता है जबकि आर प्रभेद (उग्र) से सवंमित होते हैं वे नीमोनिया संक्रमण से मर जाते हैं। जबकि आर प्रभेद द्वारा नीमोनिया नहीं होता है।

एस प्रभेद ⟶ चूहे में प्रवेश कराया गया ⟶ चूहा मर जाता है

आर प्रभेद ⟶ चूहे में प्रवेश कराया गया ⟶ चूहा जीवित जाता है

ग्रीफिथ ने जीवाणु को गर्म करने पर उन्हें मृत पाया। उसने पाया कि गर्म करने पर मृत एस प्रभेद जीवाणु को चूहे में प्रवेश कराने से उनकी मृत्यु नहीं हो पायी। लेकिन जब उसमें गर्म करने से मृत एस व सजीव आर जीवाणु के मिश्रण को चूहे में प्रवेश कराया तब चूहे की मृत्यु हो गयी। इस मृत चूहे से उसने सजीव एस जीवाणु को विलगित किया।

एस प्रभेद ⟶ चूहे में प्रवेश कराया गया ⟶ चूहा जीवित जाता है
(ताप से मृत)

एस प्रभेद ⟶ चूहे में प्रवेश कराया गया ⟶ चूहा मर जाता है
(ताप से मृत)
+
आर प्रभेद
(सजीव)

ग्रीफिथ ने बताया कि आर–प्रभेद जीवाणु ताप मृत–प्रभेद जीवाणु द्वानातप रुपांतरित किए गए। यह रुपांतरित कारक ताप मृत एस–प्रभेद में स्थानांतरित होने से इसमें चिकनी बहुशर्कराइड आवरण का निर्माण होता है जिससे यह उग्र रुप में परिवर्तन हो जाता है।

रुपांतरित सिद्धांत के जीव रासायनिक लक्षण – ओसवाल्ड, कोलीन मैकलिओड व मैक्लीन मैककार्टी (1933–44) के कार्य के पहले ऐसा समझा जाता था कि आनुवंशिक पदार्थ प्रोटीन हैं।

उन्होंने इस बात का पता लगाया कि एस जीवाणु का केवल डीएनए ही आर जीवाणु को रुपांतरिक कर सकता हैं।

आनुवंशिक पदार्थ डीएनए है :–

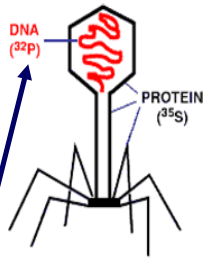
डीएनए आनुवंशिक पदार्थ है इसके बारे में सुस्पष्ट प्रमाण अल्फ्रेड हर्षे व मार्था चेस (1952) के प्रयोगों से प्राप्त हुआ। इन्होंने उन विषाणुओं पर कार्य किया जो जीवाणु को सवंमित करते है जिसे जीवाणुभोजी कहते है।

उन्होंने कुछ विषाणुओं को ऐसे माध्यम पर पैदा किया जिसमें एक को विकिरण सक्रिय फॉस्फोरस व दूसरे विषाणुओं को विकिरण सक्रिय सल्फर पर वृद्धि किया था।

विकिरण सक्रिय जीवाणु भोजी ई.कोलाई जीवाणु से चिपक जाते है। जैसे संक्रमण आगे बढ़ता है जीवाणु को संमिश्रक में हिलाने से विषाणु आवरण अलग हो जाता है। जीवाणुओं को अपकेंद्रणयंत्र में प्रचक्रण कराने से विषाणु कण जीवाणुओं से अलग से जाते हैं।

History of DNA

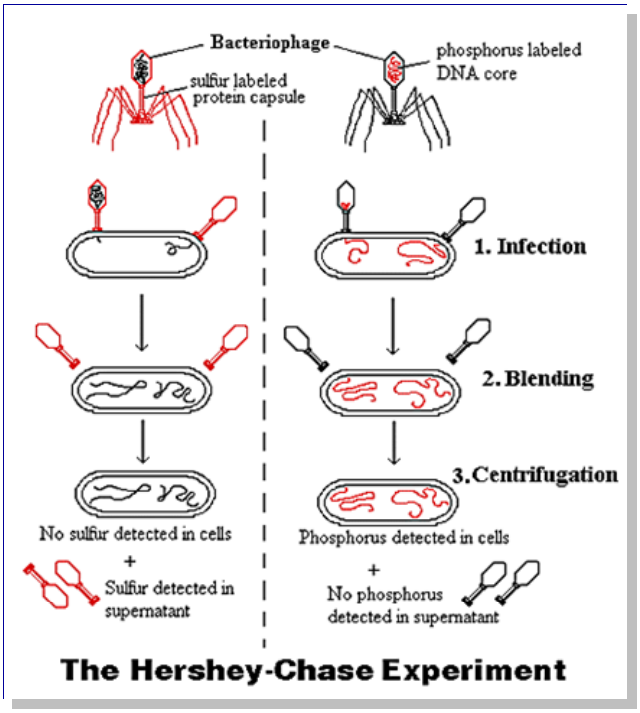
- **Chromosomes** are made of both DNA and protein
- Experiments on **bacteriophage** viruses by **Hershey & Chase** proved that DNA was the cell's genetic material



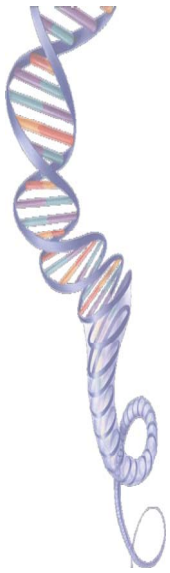
Radioactive ^{32}P was injected into bacteria!

copyright cmassengale

DNA discovery Hershey-Chase 1952

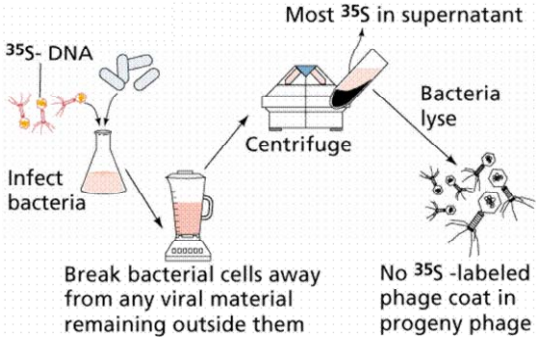


जो जीवाणु विकिरण सक्रिय डीएनए रखने वाले विषाणु से सवंमित हुए थे, वे विकिरण सक्रिय रहे। इससे स्पष्ट है कि जो पदार्थ विषाणु से जीवाणु में प्रवेश करता है, वह डीएनए है जो जीवाणु उन विषाणुओं से सवंमित थे जिनमें विकिरण सक्रिय प्रोटीन था, वे विकिरण सक्रिय नहीं हुए। इससे संकेत मिलता है कि प्रोटीन विषाणु से जीवाणु में प्रवेश नहीं करता है इस कारण से आनुवंशिक पदार्थ डीएनए ही है जो विषाणु से जीवाणु में जाता है



History

Search for genetic material:
1952 - Hershey-Chase Experiment



आनुवंशिक पदार्थ के गुण (डीएनए बनाम आरएनए)

पिछली चर्चाओं से यह स्पष्ट है कि प्रोटीन डीएनए के बीच जो विवाद आनुवंशिक पदार्थ को लेकर था वह अब स्पष्ट रुप से हर्षे व चेस के प्रयोग से सुलझ चुका है। अब यह सर्वमान्य हो चुका है कि डीएनए आनुवंशिक पदार्थ के रुप में कार्य करता है। फिर भी यह स्पष्ट हो गया कि कुछ विषाणुओं में आरएनए (उदाहरण– टोबैको मोज़ेक वाइरस, क्यूबीटा बैक्टिरीयोफेज आदि) आनुवंशिक पदार्थ हैं।

एक अणु जो आनुवंशिक पदार्थ के रुप में कार्य करता है वह निम्न मानदंडों को अवश्य पूर्ण करता है –

(क) यह अपना प्रतिकृति बनाने में सक्षम है (प्रतिकृति)

(ख) इसे रचना व रासायनिक संगठन के आधार पर स्थिर होना चाहिए।

(ग) इनमें धीमें परिवर्तनों (उत्परिवर्तन) की संभावना होती है जो विकास के लिए आवश्यक है।

(घ) इसे स्वंय ' मेडल के लक्षण' के अनुरुप अभिव्यक्त होना चाहिए।

आरएनए संसार

आरएनए पहला आनुवंशिक पदार्थ था। अब बहुत पर्याप्त प्रमाण है कि जीवन के आवश्यक प्रक्रमों (जैस–उपापचयी, स्थानांतरण, संबंधन आदि) का विकास आरएनए से हुआ। आरएनए आनुवंशिक पदार्थ के साथ एक उत्प्रेरक (जैविक तंत्र के कुछ ऐसी महत्वपूर्ण जैव रासायनिक अभिक्रियाएँ है जो आरएनए उत्प्रेरक द्वारा उत्प्रेरित उत्प्रेरित की जाती है प्रोटीन एंजाइम का इसमें कोई योगदान नही है।) आरएनए उत्प्रेरक के रुप में क्रियाशील लेकिन अस्थायी है। इस कारण से आरएनए के रासायनिक रुपांतरण से डीएनए का विकास हुआ, जिससे यह अधिक स्थायी है। डीएनए के द्विरज्जुकों व पूरक रज्जुकों के कारण तथा इनमें मरम्मत प्रक्रियाओं के विकास से अपने में होने वाले परिवर्तनों के प्रति प्रतिरोधी है ।

प्रतिकृति

"विशिष्ट युग्मन की जानकारी के बाद आनुवंशिक पदार्थ के नए रुप के निर्माण की प्रक्रियाओं के बार में तत्काल प्रतिपादन करने से बचा नहीं जा सकता था" (वाटसन व क्रिक, 1953)

प्रायोगिक प्रमाण

1. मैथ्यूमेसेल्सन व फ्रैकलिन स्टाल ने 1958 में निम्न प्रयोग किया –

(क) इन्होंने ई.कोलाई को ऐसे संवर्धन में विकसित किया जिसे $^{15}NH4CI$ (15 N नाइट्रोजन का भारी समस्थानिक है) 15 नाइट्रोजन एक विकिरण सक्रिय समस्थानिक नहीं है और यह 14 नाइट्रोजन 14N से घनत्व के आधार पर अलग किया जा सकता है)।

(ख) इसके बाद कोशिकाओं को ऐसे संवर्धन में स्थानांतरित किया जिसमें साधारण $^{14}NH4CI$ था व निश्चित समयांतराल पर गुणित कोशिकाओं के नमूनों को लेने पर व इससे डीएनए निष्कर्षण करने पर पाया कि यह हमेशा द्विरज्जुक कुंडलियों के रुप में मिलता है। डीएनए के घनत्वों के बार में जानकारी प्राप्त करने हेतु विभिन्न नमूनों को स्वतंत्र रुप से सीजिएम CSCI ग्रेडिऐंट की प्रवणता पर अलग किया गया।

ठीक इसी तहर का प्रयोग टेलट व उनके सहयोगियों ने 1958 में विसिया फाबा (फाबा सेम) पर नवनिर्मित डीएनए का गुणसूत्र में वितरण का पता लगाने के लिए विकिरण थाइमीडिन का प्रयोग किया। इस प्रयोग से यह सिद्ध हो गया कि गुणसूत्र में डीएनए अर्ध संरक्षकीय तरह से प्रतिकृति करता है।

.2 कार्यप्रणाली व एंजाइम

सजीव कोशिकाओं जैस ई.कोलाई में प्रतिकृति हेतु उत्प्रेरकों (एंजाइम) के समूहों की आवश्कता होती है। मुख्य एंजाइम जो डीएनए पर निर्भर है, वह डीएनए पॉलीमरेज है यह डीएनए टेम्प्लेट का उपयोग डीऑक्सीन्यूक्लियोराइड के बहुलकन को उत्प्रेरित करता है। यह एंजाइम काफी प्रभावी है, क्योंकि बहुत ही कम समय में अधिक संख्या में न्युक्लियाटाइडस के बहुलकन को उत्प्रेरित करता है।

ई.कोलाई में 6.4 x 10-6 मीटर क्षारयुग्मक मिलते हैं (इसकी तुलना मानव के द्विगुणित संख्या 6.6 x 10-9 क्षारयुग्मक से करो) जिनमें प्रतिकृति प्रक्रिया के पूर्ण होन में 38 मिनट लगते हैं।

प्रतिकृति हेतु डीएनए कुंडलिनी छोटे–मोटे भाग में खुलते है जिसे प्रतिकृति द्विशाख कहते हैं। डीएनए पर निर्भर डीएनए पॉलीमरेज बहुलकन केवल एक दिशा 5′ से 3 ′ (5 ⟶ 3′ की ओर उत्प्रेरित करता है। यह प्रतिकृति द्विशाख पर कुछ जटिलता पैदा करती है फलस्वरुप, (3′⟶ 5′ ध्रुवता वाली टेम्प्लेट) की लड़ी पर प्रतिकृत सतत् होता रहता है जबकि दूसरी लड़ी (3′⟶ 5′ ध्रुवता वाली टेम्प्लेट) पर यह असतत् होता है। तत्पश्चात् यह असतत् रुप से संश्लेषित खंड एंजाइम डीएनए लाइगेज द्वारा आपस में जुड़ जाते हैं

डीएनए पॉजीमरेज स्वंय प्रतिकृति प्रक्रम की शुरुआत नही कर सकते हैं। प्रतिकृति डीएनए के किसी भी जगह पर प्रतिकृति क्रमहीन प्रारंभ नही होती है। ई.कोलाई के डीएनए में कुछ निश्चित स्थान होते हैं। जहाँ से प्रतिकृति की शुरुआत होती है। इन जगहों को प्रतिकृति का स्थल नामकरण दिया गया है।

अनुलेखन (ट्रांसक्रिप्शन)

डीएनए की एक रज्जुक से आनुवंशिक सूचनाओं का आरएनए में प्रतिलिपीकरण करने की प्रक्रिया को अनुलेखन कहते हैं। यहाँ भी पूरकता का सिद्धान्त अनुलेखन प्रक्रम को नियंत्रित करता है जिसमें एडिनोसिन थाइमिन की जगह पर यूरेसिल के साथ क्षारयुग्म बनाता है।

अनुलेखन ईकाई

डीएनए में अनुलेखन ईकाई के मुख्यतया तीन भाग होते हैं –

(क) उन्नायक (प्रमोटर)

(ख) संरचनात्मक जीन (स्ट्रक्चरल जीन)

(ग) समापक (टर्मीनेटर)

अनुलेखन ईकाई के सरंचनात्मक जीन डीएनए के द्विरज्जुक का ही भाग है। चूँकि रज्जुक विपरीत ध्रुवत्व की ओर होते हैं। इसलिए डीएनए– निर्भर आरएनए पॉलीमरेज बहुलकरन केलव एकदिशा 5′ से 3′ (5′⟶ 3′) की ओर उत्प्रेरित होते है। रज्जुक जिसमें ध्रुवत्व 3′ से 5′ (3′⟶ 5′) की ओर है। वह टेम्पलेट के रुप में कार्य करते हैं इसलिए यह टेम्पलेट रज्जुक कहलाता है। दूसरी लड़ी जिसमें ध्रुवत्व (5′⟶ 3′) व अनुक्रम आरएनए जैसा होता है (थाइमीन के अलावा अस जगह पर यूरेसिल होता है)। अनुलेखन के दौरान स्थानांतरित हो जाता है।

3′–ए टी जी सी ए टी जी सी ए टी जी सी ए अी जी सी ए टी जी सी ए टी जी सी ए टी जी सी–5′ टेम्प्लेट रज्जुक

5′–टी ए सी जी टी ए सी जी टी ए सी जी टी ए सी जी टी ए सी जी टी ए जी–3′ कूटलेखन रज्जुक

उपरोक्त डीएनए से अनुलेखित आरएनए के अनुक्रमों क्या आप लिख सकते हो ?

उन्नयायक व समापक तथा किनारें पर स्थित संरचनात्मक जीन अनुलेखन ईकाई बनाते हैं। सरंचनात्मक जीनक ` 5′–किनारे पर (इसका सदंर्भ कूटलेखन रज्जुक के ध्रुवत्व के संबंध में है) उन्नायक स्थित होता है।

यह डीएनए अनुक्रम है जिससे आरएनए पॉलीमरेज जुड़ता है और अनुलेखन ईकाई में सिथत उन्नायक टेम्प्लेट व कूटलेखन रज्जुक का निर्धारण करता है। समापक कूटलेखन रज्जुक के 3′ किनारे (अनुप्रवाह) पर स्थित होता है और इससे अनुलेखन प्रक्रम की समाप्ति का निर्धारण होता हैं।

अनुलेखन ईकाई व जीन

जीन वंशागति की क्रियात्मक ईकाई है। 1 इसमें कोई सन्देह नहीं है कि जीन डीएनए पर स्थित होते हैं। जीन को डीएनए अनुक्रम के शब्दों में साहित्यिक रुप से परिभाषित करना कठिन है। जीन परिभाषित होता है। परिभाषा के अनुसार समपार (सीस्ट्रान) डीएनए का वह खंड है जो पॉलीपेप्टाइड का कूटलेखन करता है, अनुलेखन ईकाई में संरचनात्मक जीन मोनोसीस्ट्रानीक (अधिकतर सुकेंद्री में) या पॉलीसीस्ट्रानिक (अधिकतर जीवाणु में या असमीमकेंद्री में) हो सकता हैं। सुंकेद्रकी में मोनोस्सिट्रोनिक संरचनात्मक जीन मिलती है जिसमें अंतरापित कूटलेखन अनुक्रम पाए जाते है–सुकेद्री में जीन विखंडित होते हैं) कूटलेखन अनुक्रम या अभिव्यक्त अनुक्रमों को व्यक्तेक (एक्जान) कहते हैं। व्यक्ते कवे अनुक्रम है जो परिपक्व या संसाधित आरएनए में मिलते हैं। व्यक्तेक, अव्यक्तेक (इंट्रोन) द्वारा अंतरापित होते हैं। अव्ययक्तेक या मध्यवर्ती अनुक्रम परिपक्व या संसाधित आरएनए में नही मिलते हैं। डीएनए खंड के अर्थ में अंतराापित जीन व्यवस्था जीन की परिभाषा को जटिल बना देती हैं।

आरएनए के प्रकार व अनुलेखन का प्रक्रम

जीवाणु में मुख्तया तीन प्रकार के आरएनए होते है–दूत आरएनए (आरआरएनए; मेसेंजर आरएन) अंतरण आरएनए(टीआरएनए; ट्रांसफर आरएनए), व राइबोसोमल आरएनए (आरआरएनए) ए सभी तीन आरएनए कोशिका में प्रोटीन संश्लेषण के लिए आवश्कय हैं। एमआरएनए टेम्प्लेट प्रदान करता है, टी आरएनए एमीनों अम्लों के लाने व आनुवंशिक कूट को पढ़ने का काम व आरआरएनए स्थानांतरण के दौरान संरचनात्मक व उत्प्रेरक की भूमिका निभाता है। सुकेंद्रकी में दो अतिरिक्त जटितलाएँ है –

(क) केंद्रक (अंगकों में मिलने वाले पॉजीमरेज के अतिरिक्त) में कम–से–कम तीन प्रकार के आरएनए पॉजीमरेज मिलते हैं। इनमें कार्यों का स्पष्ट विभाजन है। आरएनए पॉलीमरेज I राबोसोमल आर आरएनए (rRNA) (

28s, 18s, व 5.8s) को अनुलेखित करता है, जबकि आरएनए पॉलीमरेज III अंतरण आरएनए (rRNA), 5 एस आर आरएनए (5srRNA) व एस एन आरएन (snRNAs) (छोटे केंद्रकी आरएनए) के अनुलेखन के लिए जिम्मेदार है। आरएनए पॉलीमरेज II दूत आरएनए (mRNA) के पूर्ववर्ती रुप विषमांगी केंद्रकीय आरएनए (hnRNA) का अनुलेखन करते है।

(ख) दूसरी जटिलता यह ळे कि प्रारंभिक अनुलेखन में व्यक्तेक व अव्यक्तेक दोनों मिलते है और वह असक्रिय होते हैं। चूँकि यह एक प्रक्रम एक प्रक्रम अलग हो जाता है व व्यक्तेक एक निश्चित क्रम में आपस में जुड़ जाते है। hn आरएनए दो अतिरिक्त प्रक्रियाओं आच्छागन व पुच्छन से होकर गुजरता है। आच्छागन में एक असाधारण न्यूक्लियोराइड (मेथिल ग्वानोसीन ट्राइफास्फेट) एचएनआरएनए के 5′ किनारे पर जुड़ता है।

आनुवंशिक कूट

प्रतिकृति व अनुलेखन के दौरान न्यूक्लिक अम्ल से दूसरे न्यूक्लिक अम्ल का प्रतिलिपिकरण होता है। यदि क्षार केवल चार हैं तो इन बीस अमीलों अम्ल का कूटलेखन किस रुप से होता है अतः कूट के निर्माण में क्षारों का समूह बनता है। इनका विचार था कि सभी बीस अमीलों अम्लों के कूट हेतु, कोड तीन न्यूक्लियोराइडों के बने होते हैं यह एक बहुत ठोस विचार था, जिसमें 43 (4X4X4) के प्रति उत्परिवर्तन समुच्चय से 64 करोड़ का निर्माण हुआ इनसे बनने वाले कोड आवश्यकता से अधिक थे।

आनुवंशिक कूट की प्रमुख विशेषताएँ निम्न है –

(क) प्रकूट त्रिक होता है। 61 प्रकूट अमीनों अम्ल का कूट लेखन करते हैं व तीन प्रकूट का कूट लेखन नहीं करते है इस कारण से यह रोध प्रकूट के रुप में कार्य करता है।

(ख) एक प्रकूट केवल एक अमीनों अम्ल का कूट लेखन करता है इस कारण से यह असंदिग्ध व विशिष्ट होता है।

(ग) कुछ अमीन अम्ल का कूट लेखन एक से अधिक प्रकूटों द्वारा होता है, इस कारण से इन्हें अपह्रासित कूट कहते हैं।

(घ) प्रकूट दूत आरएनए में लगातार पढ़े जाते हैं। ये बीच में रुकें हुए नहीं होते हैं।

(ड.) कूट लगभग सार्वभौमिक होते है, उदारणार्थ–जीवाणु से मनुष्य मे यू यू यू फेनिलएलेनील (पीएचइ) का कूटलेखन करता है। इस नियम के कुछ आदि जंतुओं (प्रोटोजोआ) में मिलता है।

(च) AUG दोहरा कार्य करते हैं। यह मीथियोनीन का कूट लेखन करता है। यह एक प्रारंभक प्रकूट के रुप में कार्य करता हैं।

यदि एक दू आरएनए में निम्न न्यूक्यिोटाइड अनुक्रम है तो इनके द्वानातप कूटलेखित अमीनों अम्ल के अनुक्रमों की कल्पना करो (चेकरबोर्ड की सहायता लीजिए)

AUG UUU UUC UUC UUU UUU UUC-

एक या दो क्षारों के निवेशन या विलोपन से निवेशन या विलोपन बिदु के पढ़ने के प्राधार (रीडिंग फ्रेम) में परिवर्तित होता है। तीन या इसके गुणित क्षारों के निवेक्षन या विलोपन से एक या गुणित प्रकूट के निवेश या विलोप के परिणाम स्वरुप एक या गुणित अमीलों अम्ल का निवेश या विलोपन होता है जबकि इस बिंदु के आगे की ओर वाचन प्राधार में कोई परिवर्तन नहीं होता है, ऐसे उत्परिवर्तनों को वाचन प्राधार निवेशन (फ्रेम शिफ्ट इनसर्सन) या विलोपन कहते हैं। इस आनुवंशिक आधार के प्रमाण पर प्रकूट एक त्रिक होता है। जिसे संसक्त रुप में पढ़ते हैं।

अंतरण आरएनए, अनुकूलक अणु

कूट परिकल्पना के बहुत समय पहले से फ्रेनसिस क्रिक के अनुसार कूट के पढ़ने व इसे अमीनों अम्ल से संबंध रखने वाली एव क्रियाविधि है, क्योंकि अमीलों अम्ल में कोई संरचनात्मक विशिष्टता नहीं होती जिससे कि यह कूट को विशेष ढ़ग से पढ़ सके।

अंतरण आरएनए में एक प्रति प्रकूट (एंटीकोडान) फंदा होता है जिसमें कूट के पूरक क्षार मिलते है व इसमें एक अमीनों अम्ल स्वीकार्य छोर होता है। प्रत्येक अमीनों अम्ल के लिए विशिष्ट अंतरण आरएनए (tRNA) होते है।

1950s

1929-1992

- Erwin Chargaff – Austrian American biochemist
  - (1950) Discovered the base-pairing regularities or "complementarity relationships" of nucleic acids that provided one of the key steps in developing a structural model for DNA.

स्थानांतरण (रुपांतरण)

स्थानांतरण या रुपांतरण वह प्रक्रिया है जिसमें अमीनों अम्लों के बहुलकरन से पॉलीपेप्टाइड का निर्माण होता है। इस कारण से प्रथम प्रावस्था में अमीनों अम्ल स्वंय एटीपी के उपस्थिति में सक्रिय हो जाते है व सजातीय अंतरण आरएनए एमीनोएसिलेखन कहते है।

बड़े उपएकक में दो स्थल होते है। जिससे बाद में अमीनों अम्ल जुड़कर एक दूसरे के काफी पास में आ जाते है जिससे पॉली पेप्टाइड बंध बन जाता है। राइबोसोम पेप्टाइड बंध के निर्माण में उत्प्रेरक (23 राइबोसोमल आरएनए जीवाणु में एजाइम –राइबोजाइम) का काम करता है।

दूत आरएनए में स्थानांतरण इकाई आरएन का अनुक्रम है जिसके किनारों पर प्रारंभक प्रकूट (AUG स्टार्ट कोडान) व रोध प्रकूट (स्टाप कोडान) मिलते है जो पॉलीपेप्राइड का कूटलेखनर करते हैं। दूत आर एन में कूछ अतिरिक्त अनुक्रम होते हैं जो स्थानांतरित नहीं होते है उन्हें अस्थानांतरित स्थल (अनट्रांसलेटेड रीजन्स, यूटीआर) कहते है। यूटी आर दोनों 5′ – किनारा (प्रारंभक प्रकूट के पहले) व 3′–किनारा (रोध प्रकूट के बाद) पर स्थित होता है। ये प्रभावी स्थानांतरण प्रक्रिया के लिए आवश्यक है।

जीन अभिव्यक्ति का नियमन

जीन अभिव्यक्ति के नियमन का बहुत व्यापक अर्थ है जो विभिन्न स्तरों पर होती है जीन अभिव्यक्ति के परिणामस्वरुप पॉलीपेप्टाइड का निर्माण होता है जिसे कई स्तरों पर नियमित कर सकते है। सुकेंद्रकी में नियमन कई स्तर पर हो सकता है –

(क) अनुलेखन स्तर (प्रारंभिक अनुलेख का निर्माण) (ख) संसाधन स्तर (सबंधन का नियमन) (ग) दूत आरएनए का क्रेद्रक से कोशिकाप्रवण में अभिगमन (घ) स्थानांतरीय स्तर।

असीमकेद्रकी डीएनए में उन्नायक स्थल की उपलब्धता प्रोटीन की विशेष अनुक्रमों जिसे प्रचालक (आपरेटर) कहते है से अन्योय क्रिया द्वानातप नियमित होती रहती है। अधिकतर प्रचालेक (औपरॉन) में प्रचालक स्थल, उन्नायक

भाग के पास में ही स्थित होता है। और अधिकतर स्थित में प्रचालक के अनुक्रम दमनकारी प्रोटीन से बँध जाते हैं। प्रत्येक औपरॉन का अपना विशिष्ट प्रचालेक व दमनकारी (रिप्रेशर) होता है। उदाहरण –लैक प्रचालेक केवल लैक–प्रचालेक (एलएसी–आपरेटर) में मिलता है यह विशेषरुप से लैक–दमनकारी (एलएसी–रिप्रेसर) से आपसी क्रिया करता है।

लैक प्रचालेक (लैक–ओपेरान)

लैक ओपेरान के बारे स्पष्ट जानकारी आनुवंशिकीविज्ञ फ्रेंक्वास जैकब व जैव रासायनविज्ञ जैक्वे मोनाड के आपसी प्रयास से हो पायी है। उन्होंने पहली बार अनुलेखनीय नियमित तंत्र के बार में बताया। लैक–प्रचालेक (यहां लैक का मतलब लैक्टोज है) में पॉलीसीसट्रानिक संरचनात्मक जीन का नियमन एक सामान्य उन्नायक व नियामक जीन द्वारा होता है। इस तरह की व्यवस्था जीवाणु में बहुत सामान्य है इसे प्रचालेक (आपेरान) कहते है। ऐसे कुछ उदाहरण है– लैक प्रचालेक (एलएसी आपेटान), ट्रिप प्रचालेक (ट्रीआरपी–ओपेरान), एटा–प्रचालेक (एआरए–ओपेरान), हिस प्रचालेक (एचआईएस–ओपेरान), व वैल–प्रचालेक (बीएएल–ओपेरान) आदि।

लैक प्रचालेक एक नियामक जीन (आई (i) जीन – यहाँ आई का मतलब प्रेरक (इनडयूसर), नहीं, बल्कि शब्द मंदक (इनहिबीटर) से किया गया है और तीन संरचनात्मक जीन (जेड, वाई व ए) से मिलकर बना होता है। आई (i) जीन लैक प्रचालेक के दमनकारी का कूटलेखन करता है। जेड जीन बीटा–गैलेक्टोसाइडेज (बीटा–गाल ; B-gal का कूट लेखन करता है। जो डाइसैकेटाइड लैक्टोज के विघटन से एकलक ईकाई गैलेक्टोज व ग्लूकोज का निर्माण करता है। वाई (y) जीन परमीएज का कूटलेखन करता है जो कोशिका के लिए बीटा–गैलेक्टोसाइडेज की पारगम्यता को बढ़ता है। जीन ए (a) द्वानातप ट्रांसएसिटीलेज का कूटलेखन होता है। इस तरह से लैक–प्रचालेक के सभी तीनों जीन के उत्पाद लैक्टोज उपापचय के लिए आवश्यक है। दूसरे अन्य प्रचालेकों के प्रचालेक में उपस्थित जीन समसन संबंधित उपापचयी पथ में एक साथ कार्य करते हैं।

लैक्टोज एंजाइम बीटा–गैलेक्टोसाइडेज के लिए क्रियाधार का काम करता है जो प्रचालेक की सक्रियता के आरंभ (आन) या निष्क्रियता समाप्ति (आफ) को नियमित करता है। इसे प्रेरक कहते हैं। सबसे उपर्युक्त कार्बन स्त्रोत–ग्लूकोज की अनुपस्थिति में यदि जीवाणु के संवर्धन माध्यम में लैक्टोज डाल दिया जाता है तक परमिएड की क्रिया द्वारा लैक्टोज कोशिका के अंदर अभिगमन करता है। (याद करो कोशिका में लैक–प्रचालेक की अभिव्यक्ति निम्न स्तर पर हमेशा बनी रहती है अन्यथा लैक्टोज कोशिकाओं के भीतर प्रवेश नहीं कर सकता है)। इसके बाद लैक्टोज प्रचालेक को निम्न ढ़ग से प्रेरित करता है।

मानव जीनोम परियोजन (ह्यूमन जीनोम प्रोजेक्ट)

डीएनए में मिलने वाले क्षारों का अनुक्रम किसी भी जीव का आनुवंशिक सूचना का निर्धारण करता है।

मानव जीनोम मे लगभग 3x109 क्षार युग्म मिलते है ; यदि अनुक्रम जानने के लिए प्रति क्षार तीन अमेरिकन डॉलर (US$ 3) खर्च होता है तो पूरी योजना पर खर्च होने वाली लागत लगभग 9 बिलियन अमेरिकी डॉलर होगा। एचजीपी के बार में जानकारी जीव विज्ञान के इस नए क्षेत्र का तेजी से विस्तार से संभव हो पाया जिसे जैव सूचना विज्ञान (बायोइनफार्मेटिक्स) कहते है।

(क) मानव डीएनए मे मिलने वाले एचडीपी के कुछ महत्वपूर्ण लक्ष्य निम्नलिखित हैं लगभग – 20,000–25,000 सभी जीनों के बारे में पता लगाना,

(ख) मानव डीएनए को बनाने वाले 3 बिलियन रासायनिक क्षार युग्मों के अनुक्रमों को निर्धारित करना,

(ग) उपरोक्त जानकारी को आँकड़ों के रुप में संग्रहित करना,

(घ) आँकड़ो के विश्लेषण हेतु नवी तकनीक का सुधार करना,

(ड.) योजना द्वारा उठने वाले नैतिक, कानूनी व सामाजिक मुद्दो (इ एल एम आई) के बारे में विचार करना।

कार्य प्रणालियाँ – इन विधियों में दो महत्त्वपूर्ण तरीकों का उपयोग किया गया है। पहले प्रयास में उन सभी जीन जो आरएनए के रुप मे व्यक्त होते हैं। उनके बारे में ध्यान देना इसे व्यक्त अनुक्रम घुंडी (इक्सेप्रेस्ड सीक्वेंश टैग्स, ESTs) । दूसरा प्रयास यह है कि जीन में मिलने वाले सभी जीनोम के व्यक्तेक व अव्यक्तेक अनुक्रमों की जानकारी प्राप्त कर उनके कार्यो को निर्धारित करना (इसे अनुक्रम टिप्पण या सिक्वेंस एनोटेसन कहते हैं)। कोशिका के पूण्र डीएनए में स्थित अनुक्रमों की जानकारी के लिए पहले इसे विलगित कर छोटे–छोटे यादृच्छिक खंड (याद करो डीएनए एक बहुत लंबा बहुलक है इस कारण से डीएनए के लंबे टुकड़ो के अनुक्रमण में परेशानी होती है) बना कर संवाहकों का उपयोग उचित आतिथेय में भेज देते हैं। क्लोनिंग प्रत्येक डीएनए के प्रवर्धन में सहायता करता है जिससे इन अनुक्रमों के बारे में जानकारी मिलना आसान हो जाता है सामान्यतया उपयोगी आतिथेय जीवाणें व यीस्ट है और संवाहकों को बी ए सी (जीवाणु कृत्रिम गुणसूत्रः बैक्टिरियल आर्टिफशियल क्रोमोसोम) व वाइ व सी (यीस्ट कृत्रिम गुणसूत्रः यीस्ट आर्टिफिशियल क्रोमोसोम) कहते हैं।

मानव जीनोम की मुख्य विशेषताएँ

मानव जीनोम परियोजना से प्राप्त विशेष परिक्षण निम्नवत है –

(क) मानव जीनोम 3164.7 करोड़ क्षार मिलते हैं।

(ख) औसतन प्रत्येक जीन में 3000 क्षार स्थित हैं जिनके आकार में अधिक विभिन्ताएँ हैं। मनुष्य को ज्ञारत सबसे बड़ी डिसट्रॉफिन (Dystrophin) में 2.4 करोड़ क्षार मिलते हैं।

(ग) जीन की संख्या 30,000 है जो पहले की अनुमानित संख्या 80,000 से 1,40,000 से काफी कम है। लगभग सभी (99.9 प्रतिशत) लोगों में मिलते न्यूक्लियों टाइड्स क्षार एक समान हैं।

(घ) खोजी गई 50 प्रतिशत से अधिक जीन के कार्य के बारे में जानकारी प्राप्त हैं।

(ड.) दो प्रतिशत से कम जीनोम प्रोटीन का कूटलेखन करते हैं।

(च) मानव जीनोम के बहुत बड़े भाग का निर्माण पुनरावृत्ति अनुक्रम द्वारा होता है। हजार बार पुनरावृत्ति होती हैं। जिनके बारे में यह विचार है कि इनका सीधा कूटलेखन में कोई कार्य नहीं है लेकिन इनसे गुणसूत्र की संरचना, गतिकीय व विकास के बारे में जानकारी प्राप्त होती हैं।

(ज) गुणसूत्र 1 में सर्वाधिक जीन (2968) व Y गुणसूत्र में सबसे कम जीन (231) मिलते हैं।

(झ) वैज्ञानिको ने मानव में लगभग 1.4 करोड़ जगहों पर अलग इकहरा क्षार (SNPs–एकल न्यूक्लियोटाइड बहुरुपता; सिंगल न्यूक्लियोटाइड पॉलीमारफीज्म ; जिसे 'स्निप्स' कहा जाता है) का पता लगाया। उपरोक्त जानकारी में गुणसूत्रों में उन जगहों जो रोग आधारित अनुक्रम इतिहास का पता लगाने में सहायक है के बारे में जानकारी एकत्र करने में काफी सहयोग प्रदान किया।

डीएनए अंगुलिछापी (डीएनए फिंगर प्रिटिंग)

पिछले खंड में बताया गया है कि मनुष्यों में मिलने वाले क्षार अनुक्रम लगभग 99.9 प्रतिशत समान होते है। यह मानते हुए कि मानव जीनोम में 3X109 क्षार युग्म है तो कितने क्षार अनुक्रमों में अंतर है?

डीएनए अंगुलिछापी में डीएनए अनुक्रम में स्थित कुछ विशिष्ट जगहों के बीच, विभिन्नता का पता लगाते हैं इसको पुनरावृत्ति डीएनए (रीपोटेटिव डीएनए) कहते है; अनुक्रमों में डीएनए का छोटा भाग कई बार पुरावृत होता है। इस पुनरावृत्ति होता है। इस पुनरावृत्ति डीएनए को जीनोमिक डीएनए के ढेर से अलग करने के लिए जो विभिन्न शिखर

बनाते है घनत्व प्रवणता अपकेंद्रीकरण द्वारा अलग करते हैं। डीनएनए ढेर एक बहुत बड़ा शिखर बनाता है जबकि साथ में अन्य छोटे शिखर बनते है जिसे अनुषंगी डीएनए (सेटेलाइट डीएनए) कहते हैं।

एक वंशागत उत्परिवर्तन जनसंख्या में उच्च आवृत्ति से मिलता है तो इसे डीएनए बहुरुपता कहते है। उपरोक्त विभिन्नता की संभावना अव्यक्तेक डीएनए अनुक्रम में ज्यादा होती हैं।

डीएनए अगुंलिछापी तकनीक का प्रारंभिक विकास एलेक जेफरीज द्वारा किया गया। इन्होंने अनुषंगी डीएनए को प्रोब के रुप में उपयोग किया जिसमें काफी बहुरुपता मिलती है। इसे अनुबद्ध पुनरार्तक की विभिन्न संख्या (वैरिएबल नंबर आफ टेंडेम रिपीट, वी ए टी आर) के रुप में जानते हैं। तकनीक जैसा पहले उपयोग किया जा सकता है, वह सदर्न ब्लाट हाअब्रिडाइजेसन है जिसमें विकिरण चिह्नित वीएनटी आर एक प्रोब के रुप में प्रयोग किया जाता है इसमें शामिल है – (क) डीएनए का विलगन (ख) प्रतिबंधन एंडान्यूक्लिएज द्वानातप डीएनए का पाचन (ग) इलेक्ट्रोफोरेसिस द्वानातप डीएनए खंडों का पृथक्करण (घ) पृथक्कृत डीएनए खंड़ों का संशलेषित झिल्ली जैस–नाईट्रोसेलुलोज या नाइलान पर स्थानांतरण (ब्लाटिंग) (ड.) चिह्नित वी एन टी आ प्रोब का उपयोग करतें हुए संकरण व (च) स्वविकिरणी चित्रण द्वारा संकरित डीएनए खंड़ों का पता लगाना। डीएनए अंगुलिछापी चित्रीय प्रदर्शन दिखाया गया हैं।

वीएनटीआर अनुषंगी डीएनए की श्रेणी सें संबंधित है इसलिए इसे लघुअनुषंगी कहते है। इसमें एक छोटा डीएनए अनुक्रम बहुरुपीय संख्या में अनुबद्धीय व्यवस्थित होता है। किसी व्यक्ति के एक गुणसूत्र से दूसरे गुणसूत्र की रुपीय संख्या में विभिन्नता मिलती है। पुनरावृतों की संख्या में बहुत उच्च श्रेणी की बहुरुपता मिलती है। जिसके फलस्वरुप वीएनटीआर के आकार परिवर्तित होते रहते है। इसके आकर 0.1 से 20 किलोबेस के होते हैं। वीएनटीआर प्रोब से संकरण के फलस्वरुप प्राप्त स्वविकिरण चित्र में विभिन्न आकार की पट्टियाँ दिखायी पड़ती है। ये पट्टियाँ किसी व्यक्ति के डीएनए की विशिष्ट प्रारुप को व्यक्ति करती है। ये पट्टियाँ एकयुग्मज (समरुपी) जुड़वाँ को छोड़कर किसी भी जनसंख्या के एक व्यक्ति से दूसरे व्यक्ति में भिन्न–भिन्न होती है। पॉलीमरेज श्रृखंला अभिक्रिया का उपयोग कर तकनीक की संवेदनशीलता को बढ़ा सकते हैं। इसके फलस्वरुप किसी भी एक कोशिका से प्राप्त डीएनए से पर्याप्त डीएनए अंगुलिछापी विश्लेषण किया जा सकता है। न्यायालयीन विज्ञान में उपयोग के अतिरिक्त इसका बहुत अधिक उपयोग है जैसे–जनसंख्या व आनुवंशिक विभिन्नता के निर्धारण में। वर्तमान समय में कई प्रकार के संपरीक्षक का उपयोग डीएनए अंगुलिछाप बनाने में किया जा सकता है।