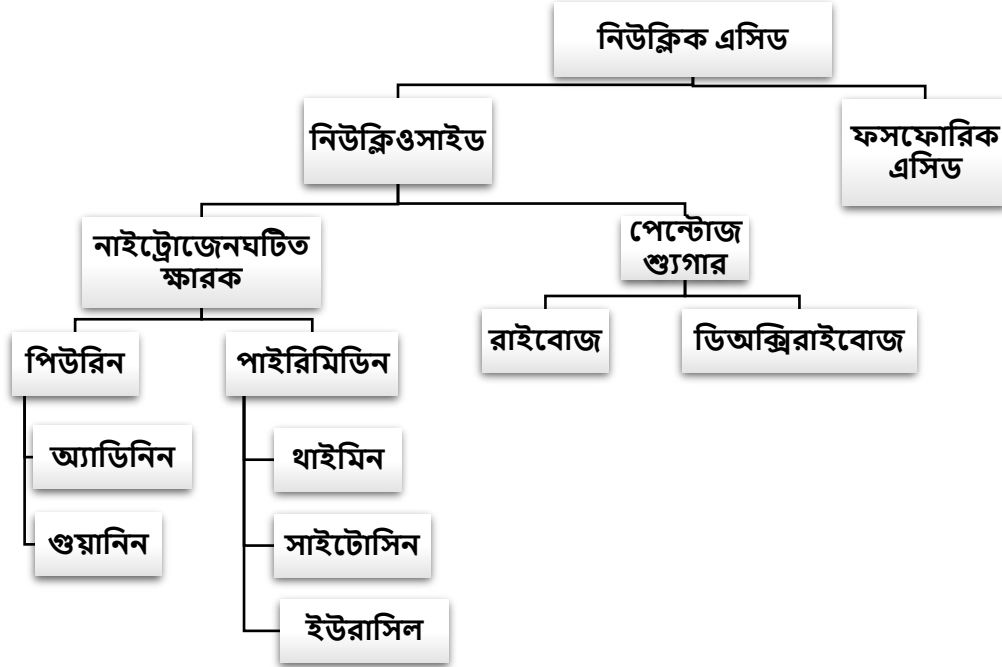


বংশগতীয় বস্তু

✚ বংশগতীয় বস্তুর প্রধান উপাদান	→ ক্রোমোসোম
✚ বংশগতির মূল একক	→ জিন
✚ বংশগতির রাসায়নিক ভিত্তি	→ DNA
✚ বংশগতির ধারক ও বাহক	→ ক্রোমোসোম/ DNA
✚ জীবের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্যের ধারক	→ জিন
✚ জীবনের আণবিক ভিত্তি	→ DNA
✚ জীবনের ব্লু প্রিন্ট	→ জীন
✚ মাস্টার মলিকিউল	→ DNA
✚ জেনেটিক ইনফরমেশনের মূল একক	→ ড্রিপলেট
✚ জীবকোষের সকল রাসায়নিক বিক্রিয়ার নিয়ন্ত্রক	→ DNA

নিউক্লিক এসিড



পেন্টোজ শ্যুগার

- কার্বন সংখ্যা → ৫
- স্ট্রাকচার → β-D রিং স্ট্রাকচার
- কার কার সাথে যুক্ত হয়?
 - ফসফেটের সাথে → ১টি বেস ও ২টি ফসফেটের সাথে
 - N₂ বেসের সাথে → ৩ ও ৫ নং কার্বন দ্বারা
- RNA তে থাকে → ১ নং কার্বন দ্বারা
- DNA তে থাকে → রাইবোজ শ্যুগার
- রাইবোজ ও ডি অক্সিরাইবোজের পার্থক্য কী? → ডিঅক্সিরাইবোজ শ্যুগার
- ডিঅক্সিরাইবোজের ২ নং কার্বনে অক্সিজেন অনুপস্থিত

নাইট্রোজেনঘটিত ক্ষারক

২ ধরনের- পিউরিন ও পাইরিমিডিন

বৈশিষ্ট্য	পিউরিন	পাইরিমিডিন
বলয় সংখ্যা	২	১
সাধারণ সংকেত	C ₅ H ₅ N ₄	C ₄ H ₄ N ₂
অন্তর্ভুক্ত ক্ষারক	গুয়ানিন (G)	সাইটোসিন (C)
	অ্যাডিনিন (A)	DNA তে → থাইমিন (T) RNA তে → ইউরাসিল (U)

ফসফোরিক এসিড

- ❖ আণবিক সংকেত → H₃PO₄

নিউক্লিওসাইড

- ❖ গঠন → পেন্টোজ শ্যুগার + নাইট্রোজেনঘটিত ক্ষারক
- ❖ কোন ধরনের যৌগ? → গ্লাইকোসাইড যৌগ
- ❖ কোন কোন পরমাণু যুক্ত হয়?
 - শ্যুগারের ক্ষেত্রে → ১ নং কার্বন
 - ক্ষারকের ক্ষেত্রে
 - পিউরিন → ৯ নং নাইট্রোজেন
 - পাইরিমিডিন → ১ নং নাইট্রোজেন

বিভিন্ন প্রকার নিউক্লিওসাইড

- রাইবোজ + অ্যাডিনিন → অ্যাডিনোসিন
- রাইবোজ + গুয়ানিন → গুয়ানোসিন
- রাইবোজ + ইউরাসিল → ইউরিডিন
- রাইবোজ + সাইটোসিন → সাইটিডিন
- ডি-অক্সিরাইবোজ + অ্যাডিনিন → ডি-অক্সি অ্যাডিনোসিন
- ডি-অক্সিরাইবোজ + গুয়ানিন → ডি-অক্সি গুয়ানোসিন
- ডি-অক্সিরাইবোজ + থাইমিন → ডি-অক্সি থাইমিডিন
- ডি-অক্সিরাইবোজ + সাইটোসিন → ডি-অক্সি সাইটিডিন

[সম্ভব নয় → {রাইবোজ+থাইমিন=থাইমিডিন} কারণ রাইবোজ সর্বদা RNAতে থাকে, এবং RNAতে কখনো থাইমিন থাকে না। একইভাবে {ডি-অক্সিরাইবোজ+ইউরাসিল=ডি-অক্সি ইউরিডিন}ও সম্ভব নয়]

নিউক্লিওটাইড

- ❖ গঠন → নিউক্লিওসাইড(পেন্টোজ শ্যুগার+N₂ বেস)+ফসফেট
- ❖ কোন ধরনের যৌগ? → নিউক্লিওসাইডের ফসফেট এস্টার
- ❖ কোন পরমাণুতে ফসফেট যুক্ত হয়? → শ্যুগারের ৩ বা ৫ নং কার্বনে

{খেয়াল করি, নিউক্লিওটাইডে নাইট্রোজেন বেস এবং ফসফেট উভয়েই যুক্ত হয় শ্যুগারের সাথে। নাইট্রোজেন বেস যুক্ত হয় শ্যুগারের ১নং কার্বনে, ফসফেট যুক্ত হয় শ্যুগারের ৩নং ও ৫নং কার্বনে।}

নিউক্লিক এসিডের গাঠনিক একক হচ্ছে নিউক্লিওটাইড

বিভিন্ন প্রকার নিউক্লিওটাইড

- অ্যাডিনোসিন + ফসফেট → অ্যাডিনোসিন মনোফসফেট (AMP)
- গুয়ানোসিন + ফসফেট → গুয়ানোসিন মনোফসফেট (GMP)
- সাইটিডিন + ফসফেট → সাইটিডিন মনোফসফেট (CMP)
- ইউরিডিন + ফসফেট → ইউরিডিন মনোফসফেট (UMP)
- ডি-অক্সি অ্যাডিনোসিন + ফসফেট → ডি-অক্সি অ্যাডিনোসিন মনোফসফেট (dAMP)
- ডি-অক্সি গুয়ানোসিন + ফসফেট → ডি-অক্সি গুয়ানোসিন মনোফসফেট (dGMP)
- ডি-অক্সি সাইটিডিন + ফসফেট → ডি-অক্সি সাইটিডিন মনোফসফেট (dCMP)
- ডি-অক্সি থাইমিডিন + ফসফেট → ডি-অক্সি থাইমিডিন মনোফসফেট (dTMP)

[সম্ভব নয় TMP, dUMP কারণ থাইমিডিন ও রাইবোজ শ্যুগার কখনো একসাথে থাকে না, ইউরিডিন ও ডি-অক্সিরাইবোজ শ্যুগার কখনো একসাথে থাকে না]

উপরোক্ত উদাহরণগুলো মনোফসফেট নিউক্লিওটাইড। এদের সাথে আরও ফসফেট যুক্ত হয়ে ডাইফসফেট বা ট্রাইফসফেট নিউক্লিওটাইড গঠিত হতে পারে। যেমন-

- AMP + P = ADP; ADP + P = ATP
- GMP + P = GDP; GDP + P = GTP
- CMP + P = CDP; CDP + P = CTP
- UMP + P = UDP; UDP + P = UTP

বিভিন্ন ফসফেটের কাজ

- মধ্যবর্তী বিপাকে → NAD⁺, NADP⁺
- প্রোটিন সংশ্লেষণে → GTP
- শ্বসনে → ATP [শ্বসনে শক্তি উৎপাদিত হয়]
- ফসফোলিপিড সংশ্লেষণে → CTP

ডাইনিউক্লিওটাইড

- ❖ গঠন → নিউক্লিওটাইড + নিউক্লিওটাইড
- ❖ বন্ধন → ফসফো ডাই-এস্টার বন্ধন [১ম নিউক্লিওটাইডের শ্যুগারের ৫নং কার্বন + ফসফেট + ২য় নিউক্লিওটাইডের শ্যুগারের ৩নং কার্বন]

পলিনিউক্লিওটাইড

- ❖ গঠন → নিউক্লিওটাইড + নিউক্লিওটাইড + _____ + নিউক্লিওটাইড
- ❖ বন্ধন → ফসফো ডাই-এস্টার বন্ধন (৫' → ৩' দিকে)

দুটি পলিনিউক্লিওটাইড চেইন পরস্পর যুক্ত হয়ে তৈরি করে ডিএনএ

DNA

পরিচিতি

- পূর্ণ নাম → Deoxyribo Neucleic Acid
- গঠন → পলিনিউক্লিওটাইড--- (হাইড্রোজেন বন্ধন) --- পলিনিউক্লিওটাইড
- কার্যকর বন্ধন → হাইড্রোজেন বন্ধন
- একক → নিউক্লিওটাইড

পরিমাণ

- কোষে DNAএর পরিমাণ প্রকাশের একক → পিকোগ্রাম (১ পিকোগ্রাম=১০^{-১২} গ্রাম)
- মানব ডিম্বাণু কোষে DNAএর পরিমাণ → ৫-৬ পিকোগ্রাম
- প্রাপ্তবয়স্ক মানবদেহে মোট DNAএর পরিমাণ → ১০০ গ্রাম

ভৌত গঠন

- সমানসংখ্যক A ও T এবং সমানসংখ্যক G ও C এর নীতিকে বলে → Chargaff's rule
- এর প্রকৃতি গঠন সম্পর্কিত মডেল → Watson & Crick model

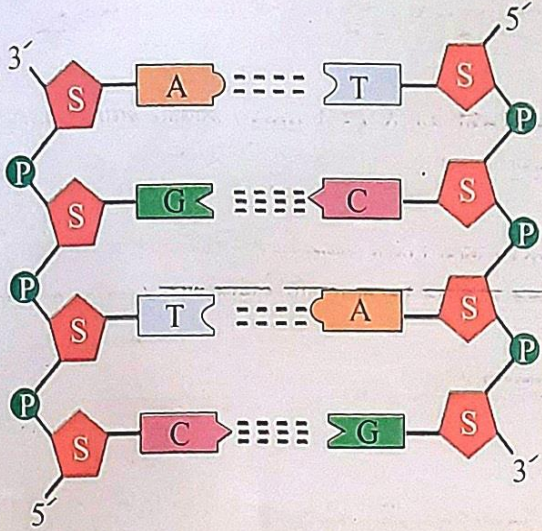
ওয়াল্টসন ও ক্রীক এর মডেল অনুযায়ী ভৌত গঠন

- আকৃতি → প্যাঁচানো সিঁড়ির মতো, ডাবল হেলিক্স
- সূত্রদ্বয়ের ডিরেকশন → পরস্পর বিপরীতমুখী (একটি ৫'→৩', অপরটি ৩'→৫')
- প্রতিটি সূত্র তৈরি হয় → শ্যুগার ও ফসফেটের পর্যায়ক্রমিক সংযুক্তির দ্বারা
- সূত্রদ্বয়ের মাঝের প্রতিটি ধাপ তৈরি হয় → একজোড়া নাইট্রোজেন বেস দ্বারা
- ফসফেট কোথায় যুক্ত থাকে? → শ্যুগারের ৩ ও ৫ নং কার্বনে
- ক্ষারক কোথায় যুক্ত থাকে? → শ্যুগারের ১ নং কার্বনে
- কী কী ক্ষারক থাকে? → A, G, C, T
- কোন ক্ষারক কার সাথে যুক্ত হয়? → A ও T; ২টি হাইড্রোজেন বন্ধন দ্বারা
→ G ও C; ৩টি হাইড্রোজেন বন্ধন দ্বারা
- সূত্রের প্রতি প্যাঁচের দৈর্ঘ্য → 34 Å (3.4 nm)
- প্রতি প্যাঁচে ধাপসংখ্যা → 10 টি
- এক ধাপ থেকে অপর ধাপের দৈর্ঘ্য → 3.4 Å (0.34 nm)
- প্রতি প্যাঁচে হেলিক্সদ্বয়ের ব্যাস → 20 Å (2.0 nm)

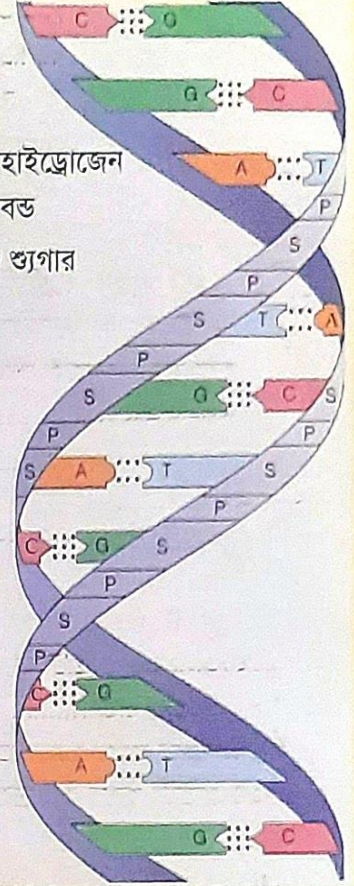
- প্রতি প্যাঁচে হেলিক্সের বাইরে সৃষ্ট খাঁজ → একটি গভীর খাঁজ, একটি অগভীর খাঁজ
- প্রতি প্যাঁচে মনোনিউক্লিওটাইডের সংখ্যা → 10 জোড়া
- প্রতি প্যাঁচে হাইড্রোজেন বন্ড সংখ্যা → 25 টি

G = গুয়ানিন
C = সাইটোসিন
A = অ্যাডিনিন
T = থাইমিন

S — হাইড্রোজেন বন্ড
S - ডিঅক্সিরাইবোজ শর্করা
P - ফসফেট গ্রুপ



চিত্র : DNA অণুর বেসজোড়গুলোর সজ্জাক্রম



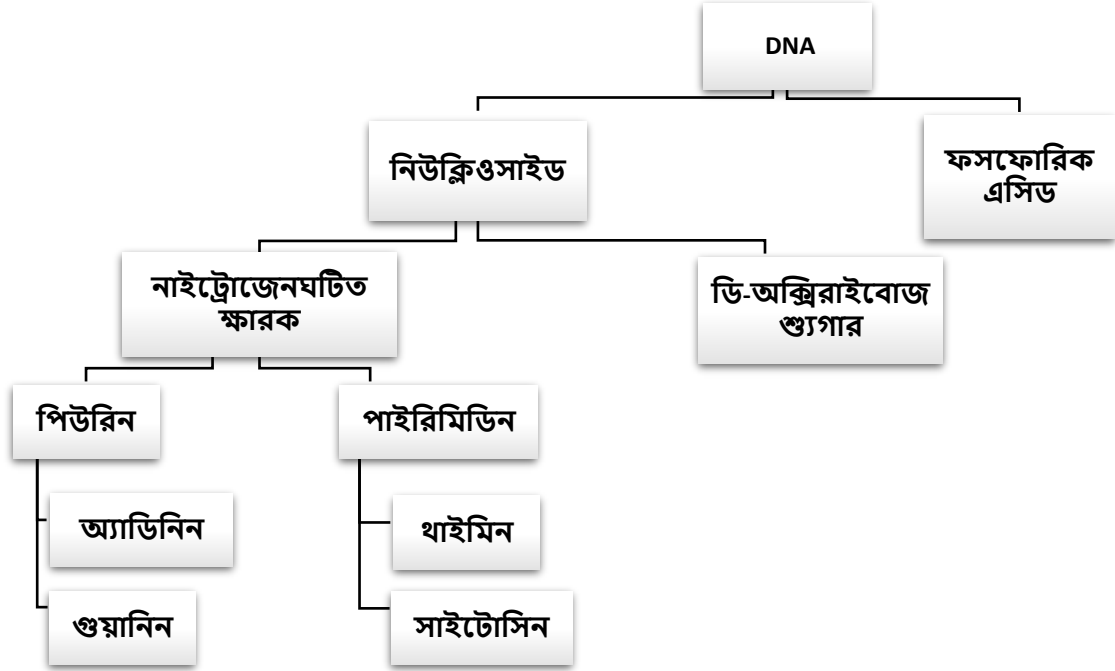
চিত্র : DNA অণুর ডবল হেলিক্স

চিত্র : DNA অণুর বেসজোড়গুলোর সজ্জাক্রম

চিত্র : DNA অণুর ডবল হেলিক্স



রাসায়নিক গঠন



DNA কীভাবে কাজ করে? → রেপ্লিকেশন, ট্রান্সক্রিপশন ও ট্রান্সলেশনের মাধ্যমে

[সৃজনশীল গ ও ঘ এর জন্য “DNAএর কাজ” ও “DNAএর জৈবিক তাৎপর্য/DNAকে কেন মাস্টার মলিকিউল বলা হয়” বই থেকে পড়তে হবে]

RNA

পরিচিতি

- পূর্ণ নাম → Ribo Nucleic Acid
- অবস্থান → সকল জীবকোষ (৯০% সাইটোপ্লাজমে, ১০% নিউক্লিয়াসে)

ভৌত গঠন

- আকৃতি → একসূত্রক চেইন এর মতো
- ডিরেকশন → (৩' → ৫')

রাসায়নিক গঠন



শ্রেণিবিভাগ

❖ ট্রান্সফার RNA (tRNA)

- কোষে কতো ধরনের tRNA থাকে? → ৩১-৪২ ধরনের
- tRNA এর আণবিক ওজন → ২৫০০০ ডাল্টন
- tRNA কোথায় সৃষ্টি হয়? → নিউক্লিয়াসের ভেতর
- প্রতিটি tRNAতে কয়টি নিউক্লিওটাইড থাকে? → ৭৫-৯০টি
- tRNA-র গঠনের জন্য প্রণীত মডেলের নাম → ক্লোভার লীফ মডেল

ক্লোভার লীফ মডেল

- tRNAতে বাহুর সংখ্যা → ৫টি (অ্যামিনো এসিড বাহু, T বাহু, D বাহু, অ্যান্টিকোডন বাহু, অতিরিক্ত বাহু)
- tRNAতে ফাঁসের সংখ্যা → ৪টি
- tRNAএর সবচাইতে গুরুত্বপূর্ণ ফাঁস → অ্যান্টিকোডন ফাঁস
- tRNAএর কোন প্রান্তে অ্যামিনো এসিড সাইট থাকে? → ৩' প্রান্তে

❖ বার্তাবহ RNA (mRNA)

- কীভাবে সৃষ্টি হয়? → ট্রান্সক্রিপশনের মাধ্যমে
- ৫' প্রান্ত → কোডনবিহীন (৫'-লিডার)
- ৩' প্রান্ত → কোডনবিহীন (৩' ট্রেইলার)
- মাঝের অংশ → কোডিং অংশ

❖ রাইবোজোমাল RNA (rRNA)

- রাইবোজোমের প্রধান গাঠনিক উপাদান → rRNA
- প্রোটিনের সাথে যুক্ত হয়ে তৈরি করে → রাইবোনিউক্লিওপ্রোটিন

❖ বংশগতীয় RNA (gRNA)

- কাদের থাকে? → যেসব ভাইরাসে DNA অনুপস্থিত (যেমন TMV)

❖ মাইনর RNA (miRNA)

- অপর নাম → নিউক্লীয় RNA/ গাইড RNA/ রাইবোজাইম

📊 কোষে tRNAর শতকরা পরিমাণ	→ ১৫%
📊 কোষে mRNAর শতকরা পরিমাণ	→ ৫-১০%
📊 কোষে rRNAর শতকরা পরিমাণ	→ ৮০%
📊 ক্ষুদ্রতম RNA	→ tRNA
📊 সবচাইতে স্থায়ী ও অদ্রবণীয় RNA	→ rRNA [অঙ্গাণু তৈরি করে, স্থায়ী হতেই হবে]

কাজ

- ❖ প্রোটিন সংশ্লেষণের সময় অ্যামিনো এসিডকে স্থানান্তর
 - ❖ বংশগতীয় বস্তু হিসেবে কাজ করে
 - ❖ নিউক্লিয়াস থেকে সাইটোপ্লাজমে প্রোটিন সংশ্লেষণের বার্তা বহন করে
 - ❖ এনজাইমের কাঠামো দান করে ও এনজাইম হিসেবে কাজ করে
 - ❖ রাইবোজোম ও রাইবোনিউক্লিওপ্রোটিন গঠন করে
 - ❖ অ্যামিনো এসিড অনুক্রমের শৃঙ্খল তৈরি করে
- tRNA [স্থানান্তর]
 - gRNA
 - mRNA [বার্তা]
 - miRNA
 - rRNA
 - mRNA

বংশগতীয় RNA-র প্রধান কাজ প্রোটিন তৈরি

[DNA ও RNA এর পার্থক্য বই থেকে পড়তে হবে, সৃজনশীল ঘ এর জন্য]

DNA রেপ্লিকেশন (প্রতিলিখন)

DNA প্রতিলিখন অনুকল্পসমূহ

- ❖ সংরক্ষণশীল অনুকল্প → নতুন সৃষ্ট DNA দুটির একটিতে উভয় সূত্রই নতুন, অন্যটিতে উভয় সূত্রই মাতৃসূত্র
- ❖ অর্ধ-সংরক্ষণশীল অনুকল্প → নতুন সৃষ্ট DNA দুটির প্রতিটিতে একটি মাতৃসূত্র এবং অপরটি নতুন সূত্র
- ❖ বিচ্ছুরণশীল অনুকল্প → নতুন সৃষ্ট DNA দুটির প্রতিটি সূত্র নতুন খণ্ডক ও মাতৃসূত্রের খণ্ডকের সংমিশ্রণ

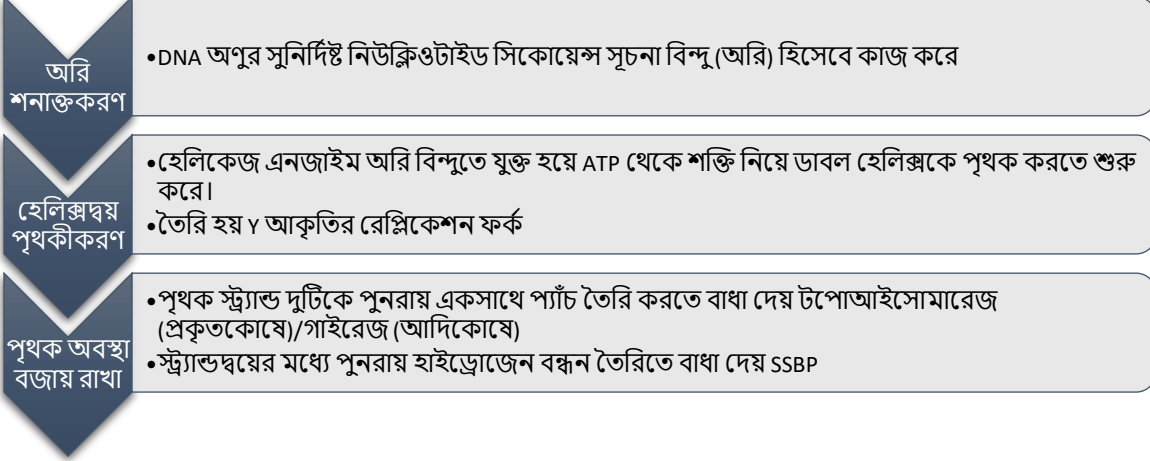
[প্রকৃতপক্ষে DNA প্রতিলিখিত হয় অর্ধ-সংরক্ষণশীল পদ্ধতিতে। অন্যান্য অনুকল্প সঠিক নয়]

রেপ্লিকেশনের জন্য প্রয়োজনীয় উপকরণ

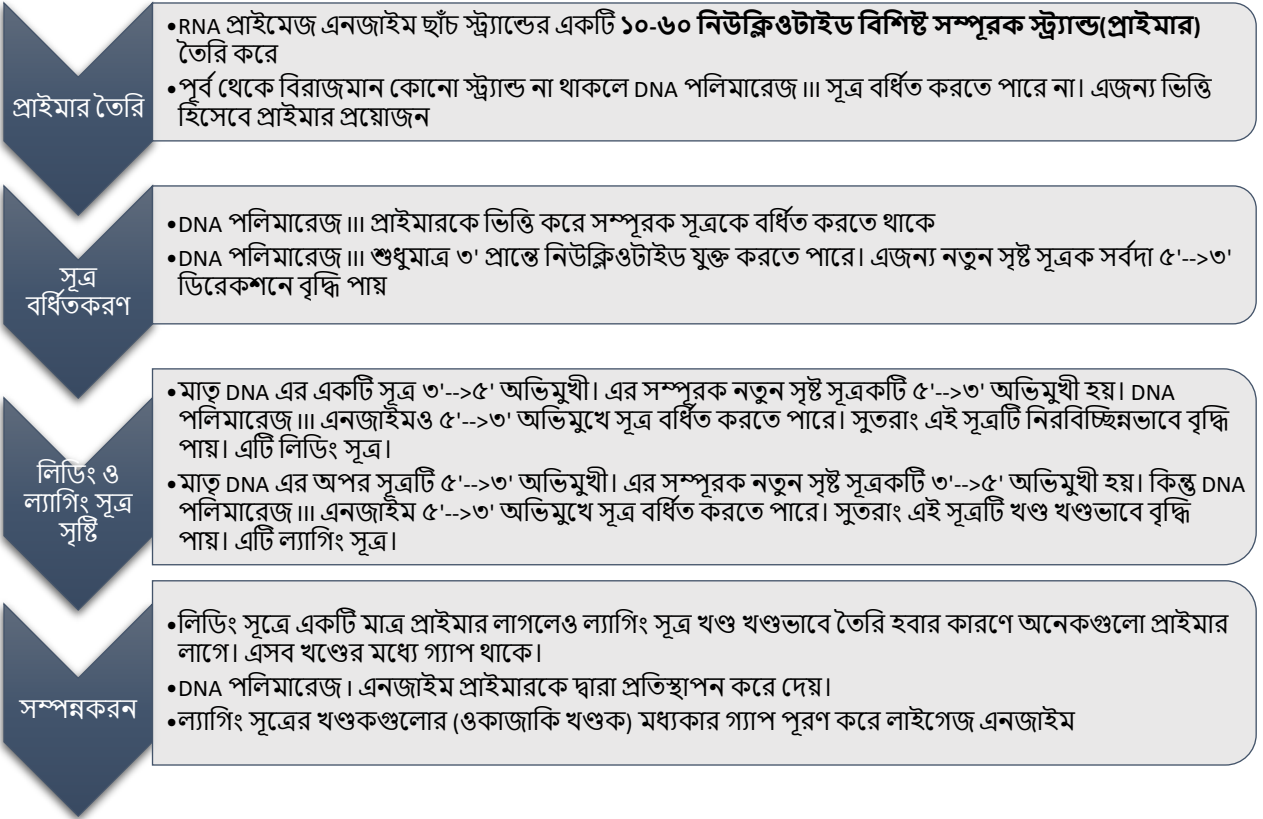
- ❖ নতুন সূত্রের ফ্রেমওয়ার্ক হিসেবে → ছাঁচ
- ❖ নতুন সূত্র তৈরির উপকরণ হিসেবে → নিউক্লিওটাইড ট্রাইফসফেট
- ❖ নিউক্লিওটাইডের মধ্যে বন্ড সৃষ্টির জন্য → প্রচুর শক্তি
- ❖ পুরো প্রক্রিয়াটির প্রভাবক হিসেবে → রেপ্লিকেশন কমপ্লেক্স/রেপ্লিসোম

রোল্লিকেশন প্রক্রিয়া

❖ ধাপ ১--ডাবল হেলিক্সের দুটি সূত্রকে পৃথকীকরণ



❖ ধাপ ২--প্রতিটি সূত্রের সম্পূরক সূত্র তৈরি



❖ ধাপ ৩--DNA প্রুফ রিডিং ও মেরামত

• প্রুফ রিডিং

নতুন স্ট্র্যান্ড তৈরির সময় ভুল নিউক্লিওটাইড সংযুক্ত হতে পারে (যেমন A=T এর জায়গায় ভুলে A=C)। এ ধরনের ভুলগুলোকে বলে মিসম্যাচ। মিসম্যাচ সংশোধনের জন্য রয়েছে প্রুফ রিডিং ব্যবস্থা।

- একটি **রিপেয়ার কমপ্লেক্স** প্রুফ রিডিং করে।
- রিপেয়ার কমপ্লেক্স গঠিত হয় **DNA পলিমারেজ I, DNA পলিমারেজ II এবং কিছু প্রোটিন** দ্বারা
- মিসম্যাচ এর কারণে যেসব রোগ হয়-
 - কোলন ক্যান্সার
 - Xeroderma Pigmentosum

• অন্যান্য মেরামত

পরিবেশীয় কারণে (অতিবেগুনি রশ্মি, বিষাক্ত মৌল, কারসিনোজেনিক পদার্থ) DNA এর ক্ষত হতে পারে।

- অতিবেগুনি রশ্মির কারণে DNA এর যে ক্ষত হয় তা মেরামত না করা হলে যে রোগের ঝুঁকি থাকে-
 - স্কিন ক্যান্সার

রেপ্লিসোমের বিভিন্ন এনজাইমের কাজ

✚ DNAকে অতি প্যাঁচানো অবস্থা থেকে মুক্ত করে	→ টপোআইসোমারেজ
✚ DNA ডাবল হেলিক্সের প্যাঁচ খুলে দেয়	→ হেলিকেজ
✚ পরিপূরক স্ট্র্যান্ড তৈরি করে	→ DNA পলিমারেজ III
✚ DNA কে দ্বিতন্ত্রী অবস্থায় ফিরে আসতে বাধা দেয়	→ SSBP
✚ ওকাজাকি খণ্ডককে পরিপূরক স্ট্র্যান্ডে যুক্ত করে	→ লাইগেজ
✚ স্ট্র্যান্ডে প্রাইমার যুক্ত করে	→ প্রাইমেজ
✚ প্রাইমারকে DNA দ্বারা প্রতিস্থাপন করে	→ DNA পলিমারেজ I
✚ প্রুফ রিডিং করে	→ DNA পলিমারেজ III

ট্রান্সক্রিপশন

পরিচিতি

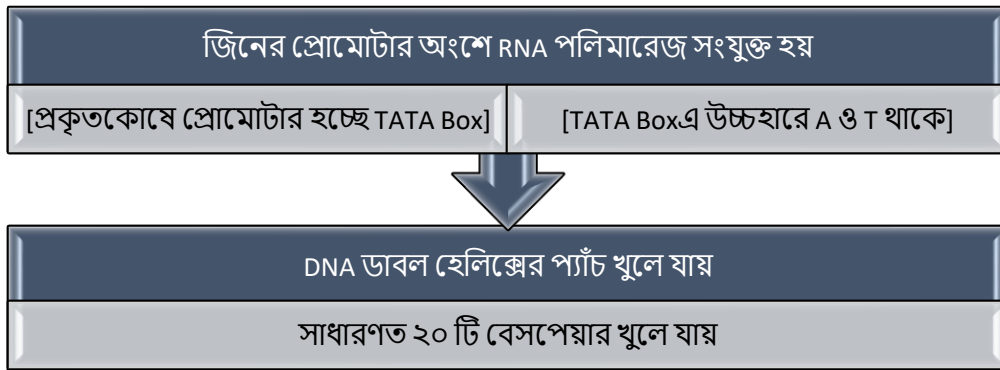
- ❖ সংজ্ঞা → DNA এর নির্দেশিত পথে RNA সংশ্লেষণ
- ❖ কোথায় হয়? → নিউক্লিয়াসে
- ❖ DNA এর যে সূত্রকে ছাঁচ হিসেবে ব্যবহার করে ট্রান্সক্রাইব করা হবে তাকে বলে → Template strand/Antisense strand/ Non-coding strand
- ❖ যে সূত্র থেকে ট্রান্সক্রাইব করা হবে না সেটি → Complementary strand/Sense strand/ Coding strand
- ❖ ট্রান্সক্রিপশনের মাধ্যমে জিনের যতোটুকু অংশ থেকে mRNA তৈরি হবে তাকে বলে → Transcription unit

প্রয়োজনীয় উপকরণ

- ❖ **টেম্পলেট হিসেবে** → ছাঁচ DNA
- ❖ **RNA চেইন তৈরির জন্য** → রাইবোনিউক্লিওটাইড ট্রাইফসফেট (ATP,CTP,GTP,UTP)
- ❖ **রাসায়নিক বন্ধন তৈরির জন্য** → রাসায়নিক শক্তি
- ❖ **সম্পূর্ণ প্রক্রিয়ার প্রভাবক হিসেবে** → RNA পলিমারেজ (৩ প্রকারের)

ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়া

❖ ধাপ ১---সূচনা



❖ ধাপ ২---mRNA স্ট্র্যান্ড বর্ধিতকরণ

RNA পলিমারেজ একটির পর একটি নিউক্লিওটাইড যুক্ত করে mRNA সূত্রটি বৃদ্ধি করতে থাকে।

- ছাঁচ DNA সূত্রটির অভিমুখ → (৩'→৫')
- তৈরি হওয়া mRNA সূত্রটির অভিমুখ → (৫'→৩')

❖ ধাপ ৩---সমাপ্তিকরণ

RNA পলিমারেজ এনজাইম DNA স্ট্র্যান্ড ধরে অগ্রসর হতে হতে DNA স্ট্র্যান্ডের টার্মিনেশন সিকুয়েন্সে পৌঁছায়।

- প্রকৃত কোষে টার্মিনেশন সিকুয়েন্স হচ্ছে → একসারি অ্যাডিনিন
- টার্মিনেশন সিকুয়েন্স mRNA তে ট্রান্সক্রাইব করে → একসারি ইউরাসিল

mRNA প্রসেসিং

ট্রান্সক্রিপশনের মাধ্যমে যে mRNA তৈরি হয় তা নিউক্লিয়াসের বাইরের এনজাইম দ্বারা ক্ষতিগ্রস্ত হতে পারে। এজন্য একে বলা হয় প্রি mRNA। চূড়ান্ত mRNA তৈরি করতে হলে আরও কিছু পরিমার্জন করতে হয়। এগুলোকে বলে mRNA প্রসেসিং

প্রসেসিং-এর নাম	ব্যাখ্যা
টেইলিং	৩' প্রান্তে ৫০-১৫০টি অ্যাডিনিন নিউক্লিওটাইডের একটি চেইন (Poly-A tail) সংযুক্তকরণ
ক্যাপিং	৫' প্রান্তে ৭টি গুয়ানোসিন নিউক্লিওটাইড (৫' ক্যাপ) যুক্তকরণ
স্প্লাইসিং	mRNA এর নন-কোডিং অংশগুলো(ইনট্রন) কেটে বাদ দেয়া এবং কোডিং অংশগুলো(এক্সন) একসাথে জোড়া লাগানো

- ✚ স্প্লাইসিং কী দিয়ে করা হয়? → স্প্লাইসোসোম
- ✚ স্প্লাইসোসোম তৈরি করে → প্রি mRNA এবং কিছু ক্ষুদ্র রাইবোনিউক্লিওপ্রোটিন

অল্টারনেটিভ স্প্লাইসিং

স্প্লাইসিং-এ বাদ পড়া এক্সনগুলো বিভিন্ন কন্ডিশনে পরস্পর যুক্ত হয়ে আরও mRNA তৈরি করতে পারে। একে বলে অল্টারনেটিভ স্প্লাইসিং।

এর ফলে একই জিন থেকে বিভিন্ন রকম mRNA তৈরি হতে পারে।

রিভার্স ট্রান্সক্রিপশন

RNAকে ছাঁচ হিসেবে ব্যবহার করে DNA তৈরি করার ঘটনাকে রিভার্স ট্রান্সক্রিপশন বলে।

ব্যবহৃত এনজাইম → রিভার্স ট্রান্সক্রিপ্টেজ

যে ভাইরাসে রিভার্স ট্রান্সক্রিপশন হয় তাকে বলে → রেট্রোভাইরাস

উদাহরণ → HIV

ট্রান্সলেশন

- ❖ সংজ্ঞা → নিউক্লিক এসিডের কোড অনুযায়ী প্রোটিন তৈরি
- ❖ কোথায় হয়? → সাইটোপ্লাজমে/রাইবোজোমে

প্রয়োজনীয় উপাদান

- ❖ প্রোটিন সংশ্লেষণের ছাঁচরূপে → mRNA
- ❖ প্রোটিন তৈরির কাঁচামাল → অ্যামিনো এসিড
- ❖ প্রোটিন তৈরির কারখানা → রাইবোজোম
- ❖ প্রোটিন সংশ্লেষণ শুরুর নির্দেশক রূপে → সূচনা কোডন (AUG)
- ❖ সুনির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিড রাইবোজোমে আনতে → tRNA
- ❖ অ্যাক্টিভেটিং এনজাইম → অ্যামিনো-অ্যাসিল tRNA সিন্থেটেজ

-
- ✚ DNA থেকে জেনেটিক কোড কপি করে আনে → mRNA
 - ✚ AUG কোডের জন্য অ্যামিনো এসিড → মিথিওনিন
 - ✚ সকল পলিপেপটাইড সংশ্লেষণে প্রথমে বসে → মিথিওনিন
 - ✚ যে tRNA মিথিওনিন নিয়ে রাইবোজোমে আসে → ইনিশিয়েটর tRNA
 - ✚ রাইবোজোমে tRNA বসার স্থান কয়টি? → ৩টি
-

রাইবোজোমে tRNA বসার স্থান-

1. A (Attachment/Arrival) সাইট → অ্যামিনোঅ্যাসাইল tRNA আসে
2. P (Peptidyl) সাইট → পলিপেপটাইড তৈরি হয়
3. E (Exit) সাইট → বের হয়ে যায়

ট্রান্সলেশন প্রক্রিয়া

সূচনা পর্ব

মিথিওনিন সহ ইনিশিয়েটর tRNA + রাইবোজোমের ছোট খণ্ড
= ইনিশিয়েশন কমপ্লেক্স

ইনিশিয়েশন কমপ্লেক্সটি mRNAকে ৫' থেকে ৩' বরাবর স্ক্যান
করতে থাকে যতক্ষণ না AUG কোডনটি খুঁজে পায়।

AUG কোডনটি খুঁজে পেলে ইনিশিয়েটর tRNA টি UAC
অ্যান্টিকোডন দিয়ে AUG-এর সাথে যুক্ত হয়।

এরপর রাইবোজোমের বড় খণ্ডটি ছোট খণ্ডের সাথে যুক্ত হয়

বড় খণ্ডের P সাইটে মিথিওনিন যুক্ত হয়।

বৃদ্ধিকরণ পর্ব

রাইবোজোম mRNA এর ৩' প্রান্তের
দিকে অগ্রসর হয়ে পরবর্তী কোডনে
পৌঁছায়

খালি tRNA টি E সাইট দিয়ে
রাইবোজোম থেকে সাইটোপ্লাজমে
চলে যায়

উক্ত কোডনের জন্য সঠিক tRNA টি
তার নির্দিষ্ট অ্যামিনো এসিড নিয়ে A
সাইটে আসে।

A সাইটে tRNA-এর সাথে থাকা
অ্যামিনো এসিডটি tRNA থেকে পৃথক
হয়ে P সাইটে থাকা পূর্ববর্তী অ্যামিনো
এসিডের সাথে পেপটাইড বন্ড তৈরি
করে

সমাপ্তিকরণ পর্ব

রাইবোজোমে স্টপ কোডন (UAA,UAG বা UGA) সংযুক্তি

A সাইটে আমিন-অ্যাসাইল tRNA এর পরিবর্তে প্রোটিন রিলিজিং ফ্যাক্টর যুক্ত হয়

প্রোটিন রিলিজিং ফ্যাক্টর P সাইট থেকে পলিপেপটাইড চেইনকে মুক্ত করে দেয়

প্রোটিন(পলিপেপটাইড) রাইবোজোম থেকে আলাদা হয়ে যায়

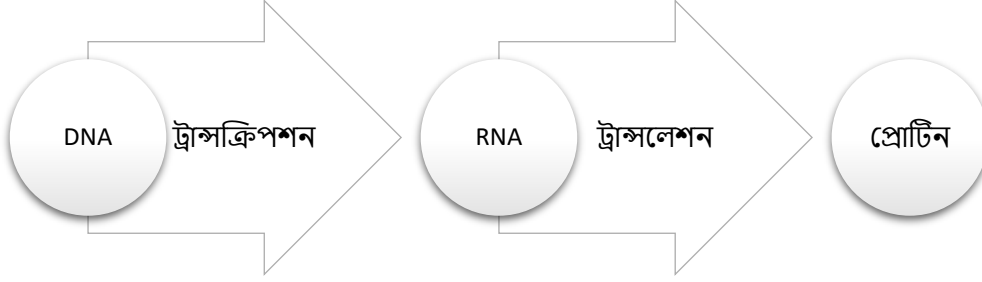
বিভিন্ন ব্যাকটেরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষণের বিভিন্ন পর্যায়ে বিভিন্ন অ্যান্টিবায়োটিক বাধা দেয়। যেমন-

- | | | |
|---|------------------|------------------------|
| 🚫 ট্রান্সলেশনের সূচনালগ্নে | → স্ট্রপটোমাইসিন | [S] |
| 🚫 রাইবোজোমে tRNA-এর সংযুক্তির সময় | → টেট্রাসাইক্লিন | [T] |
| 🚫 mRNA ও tRNA এর মধ্যে অন্তঃবিক্রিয়াকালে | → নিওমাইসিন | [M ও T এর মধ্যবর্তী N] |
| 🚫 পেপটাইড বন্ধনী সৃষ্টির সময় | → ক্লোরোমাইসিন | |
| 🚫 রাইবোজোমে mRNA এর চলনে | → ইরিথ্রোমাইসিন | |

Central Dogma/কেন্দ্রীয় প্রত্যয়

- ❖ DNA থেকে সৃষ্টি হয় → RNA
- ❖ RNA থেকে সৃষ্টি হয় → প্রোটিন
- ❖ সর্ববৃহৎ কর্মী অণু → প্রোটিন
- ❖ কোষের সবকিছু নিয়ন্ত্রণ ও প্রকাশ করে → প্রোটিন
- ❖ প্রোটিনকে বলা হয় → জীবনের ভাষা
- ❖ আণবিক বংশগতিবিদ্যার মৌলিক নীতি → কেন্দ্রীয় প্রত্যয়
- ❖ সেন্ট্রাল ডগমা প্রস্তাব করেন → ফ্রান্সিস ক্রিক
- ❖ কেন্দ্রীয় প্রত্যয়ের ব্যতিক্রম দেখা যায় → রেট্রোভাইরাসে

কেন্দ্রীয় প্রত্যয়



জিন

ধারণা

- ❖ বংশগতির মূল একক জিন
- ❖ জীবের চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য নিয়ন্ত্রণকারী ক্ষুদ্রতম একক জিন
- ❖ DNA এর যতোটুকু অংশ নির্দিষ্ট চারিত্রিক বৈশিষ্ট্য প্রকাশ করে তাকে বলে জিন
- ❖ অর্থাৎ জিন হচ্ছে DNA এর অংশ

একক

জিনকে বিভিন্ন একক রূপে প্রকাশ করা হয়। যেমন-

- ❖ রিকম্বিনেশনের একক → রেকন
- ❖ মিউটেশনের একক → মিউটন
- ❖ রেপ্লিকেশনের একক → রেপ্লিকন
- ❖ জিন কার্যের একক → সিসট্রন

[জিন ও সিসট্রন সমতুল্য অর্থ বহন করে। তাই DNAএর কার্যকরী একককে বলা হয় সিসট্রন]

জিনের বৈশিষ্ট্য

- জিন কী দিয়ে গঠিত? → নিউক্লিক এসিড
- জিন কোথায় অবস্থান করে? → আদিকোষে- নিউক্লীয় বস্তু বা প্লাজমিডে
প্রকৃতকোষে- ক্রোমোজোমের লোকাসে
- জিন কীসে মুখ্য ভূমিকা রাখে? → পরিব্যক্তি ও প্রকরণ
- বংশানুক্রমিকভাবে কী বহন করে? → জীবের বিশেষ বৈশিষ্ট্য
- একটি বৈশিষ্ট্যের জন্য কয়টি জিন দায়ী? → এক বা একাধিক
- একটি ক্রোমোজোমে কয়টি জিন থাকে? → অসংখ্য

বিভিন্ন ধরনের জিন

- যে জিনের বহিঃপ্রকাশের জন্য জীবের মৃত্যু হয় → লিথাল জিন
- যে জিনের কারণে ক্যান্সার সৃষ্টি হয় → অফ্লোজিন
- সেক্স ক্রোমোজোমে বিদ্যমান জিন → সেক্স ক্রোমোজোমাল জিন
- একটি জীবদেহ থেকে অন্য জীবদেহে প্রতিস্থাপিত জিন → ট্রান্স জিন
- ইনট্রন ও এক্সন সহযোগে গঠিত জিন → খণ্ডিত জিন
- জিনের যে অংশ থেকে পলিপেপটাইড সংশ্লেষণ হয় না → সিউডো জিন
- অটোজোমে বিদ্যমান জিন → অটোজোমাল জিন
- Y ক্রোমোজোমে বিদ্যমান জিন → হোলান্দ্রিক জিন
- যখন দুটি জিন ক্রোমোজোমে একই সঙ্গে অবস্থান করে → লিঙ্কড জিন
কিন্তু স্বাধীনভাবে সঞ্চারিত হয় না

উদাহরণ-

- সেক্স ক্রোমোজোমাল জিন → বর্ণান্ধতা, হিমোফিলিয়া
- হোলান্দ্রিক জিন → মানুষের কানের লোম
- অটোজোমাল জিন → মাথার টাক(বল্ডনেস), অ্যালবিনিজম

কোনো প্রজাতির এক সেট ক্রোমোজোমে বিদ্যমান সকল জিনের সমষ্টিকে বলে জিনোম

✚ বিশ্বে ভিন্ন ভিন্ন বৈশিষ্ট্যের মানুষে জিনের গঠনে ভিন্নতা	→ ০১ ভাগ
✚ মানব জিনোমের কয় ভাগ জিন বিভিন্ন বৈশিষ্ট্য প্রকাশ করে?	→ ২ ভাগ
✚ মানব জিনোমের কয় ভাগ জিন নিষ্ক্রিয়?	→ ৯৮ ভাগ
✚ মানব জিনোমের সাথে শিম্পাঞ্জির জিনোমের মিল	→ ৯৮%
✚ মানব জিনোমের সাথে গরিলার জিনোমের মিল	→ ৯৭%
✚ প্রকৃতকোষী জীবের জিনের কোডিং অংশ	→ এক্সন
✚ প্রকৃতকোষী জীবের জিনের নন-কোডিং অংশ	→ ইনট্রন
✚ ক্ষুদ্রতম জিনে নিউক্লিওটাইড সংখ্যা	→ ৭৫
✚ বৃহত্তম জিনে নিউক্লিওটাইড সংখ্যা	→ ৪০০০০

জিনের প্রকাশ

আদিকোষে

আদিকোষে জিন প্রকাশের একককে বলা হয় অপেরন। অপেরনের চারটি অংশ

- গাঠনিক জিন **[বাচ্চা]** → এনজাইম সংশ্লেষ করে
- প্রোমোটার/উদ্দীপক জিন **[কান্না]** → এখানে RNA পলিমারেজ এনজাইম যুক্ত হয়
- অপারেটর/চালক জিন **[মা]** → গাঠনিক জিনের প্রোটিন সংশ্লেষণ নিয়ন্ত্রণ করে
- রেগুলেটর/নিয়ন্ত্রক জিন **[বাবা]** → চালক জিনকে নিয়ন্ত্রণ করে

[বাচ্চা দুধ খাবে(প্রোটিন সংশ্লেষণ করবে)। বাচ্চা কান্না করলে মা দুধ খাওয়াতে আসবে(প্রোটিন সংশ্লেষণের জন্য RNA পলিমারেজ এনজাইম যুক্ত হবে)। মায়ের সামর্থ্য নির্ভর করবে বাবার আর্থিক অবস্থার উপর(রেগুলেটর দ্বারা অপারেটর জিনকে নিয়ন্ত্রণ)]

প্রকৃতকোষে



[কেন্দ্রীয় প্রত্যয়]

জেনেটিক কোড

- ❖ জেনেটিক কোড → ৩ নিউক্লিওটাইড বা বেস বিশিষ্ট কোড যা ডিএনএ অনুতে পরপর একত্রে বিন্যস্ত থাকে
- ❖ কোডন → mRNA অণুর ধারাবাহিক অনুক্রমের ৩টি বেসকে একত্রে বলে কোডন
- ❖ অ্যান্টিকোডন → tRNA অণুর তিনটি বেস যা mRNA এর একটি কোডনের সাথে যুক্ত হতে সক্ষম

জেনেটিক কোড, কোডন এবং অ্যান্টিকোডন—সবই ট্রিপলেট। পরপর তিনটি বেসকে একত্রে বলে ট্রিপলেট।

অবস্থান

- জেনেটিক কোড → DNA
- কোডন → mRNA
- অ্যান্টিকোডন → tRNA

জেনেটিক কোডের বৈশিষ্ট্য

- জেনেটিক কোড কয়টি? → ৬৪ টি
- কয়টি কোডন অ্যামিনো এসিড কোড করে? → ৬১ টি (বাকি ৩ টি সমাপ্তি)
- একাধিক কোডন দিয়ে একটি অ্যামিনো এসিড নির্দেশিত হয়? → হতে পারে (লিউসিন)
- একটি কোডন দিয়ে একাধিক অ্যামিনো এসিড নির্দেশিত হয়? → না
- **নন-ওভারল্যাপিং**
- **সার্বজনীন**
- কয় অক্ষর বিশিষ্ট? → ৩
- কোন কোডন দিয়ে পলিপেপটাইড সংশ্লেষণ শুরু হয়? → AUG
- কোন কোডন দিয়ে পলিপেপটাইড সংশ্লেষণ সমাপ্তি হয়? → UAA, UAG, UGA

[ব্যতিক্রম- কিছু প্রোটিস্টা জীবে UAA, UAG গ্লুটামিন কোড করে]

