NETAJI SUBHAS OPEN UNIVERSITY

STUDY MATERIAL

ELECTIVE BOTANY HONOURS

EBT 11

Plant Biochemistry and Plant Molecular Biology

- Plant Biochemistry — Blocks 1- 2

প্রাক্‌কথন

নেতাজি সুভাষ মুক্ত বিশ্ববিদ্যালয়ের স্নাতক শ্রেণির জন্য যে পাঠক্রম প্রবর্তিত হয়েছে, তার লক্ষণীয় বৈশিষ্ট্য হ'ল প্রতিটি শিক্ষার্থীকে তাঁর পছন্দমতো কোন বিষয়ে সাম্মানিক (honours) স্তরে সুযোগ করে দেওয়া। এক্ষেত্রে ব্যক্তিগতভাবে তাঁদের গ্রহণক্ষমতা আগে থেকেই অনুমান করে না নিয়ে নিয়ত মূল্যায়নের মধ্য দিয়ে সেটা স্থির করাই যুক্তিযুক্ত। সেই অনুযায়ী একাধিক বিষয়ে সাম্মানিক মানের পাঠউপকরণ রচিত হয়েছে ও হচ্ছে—যার মূল কাঠামো স্থিরীকৃত হয়েছে একটি সুচিন্তিত পাঠক্রমের ভিত্তিতে। কেন্দ্র ও রাজ্যের অগ্রগণ্য বিশ্ববিদ্যালয় সমূহের পাঠক্রম অনুসরণ করে তার আদর্শ উপকরণগুলির সমন্বয়ে রচিত হয়েছে এই পাঠক্রম। সেইসঙ্গে যুক্ত হয়েছে অধ্যেতব্য বিষয়ে নতুন তথ্য, মনন ও বিশ্লেষণের সমাবেশ।

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

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

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

অধ্যাপক (ড.) শুভ শঙ্কর সরকার
উপাচার্য

তৃতীয় পুনর্মুদ্রণ : ফেব্রুয়ারি, 2020

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

পরিচিতি

বিষয় ঃ উদ্ভিদবিদ্যা

সাম্মানিক স্তর

পাঠক্রম ঃ পর্যায়

EBT 11 : 01

	রচনা	সম্পাদনা
একক 1	☐ ড. কুণাল সেন	ড. রিতা কুণ্ডু
একক 2	☐ ড. কুণাল সেন	ড. রিতা কুণ্ডু
একক 3	☐ ড. শান্তনু চক্রবর্তী	ড. অনাদি কুমার কুণ্ডু
একক 4	☐ ড. স্বপন ভট্টাচার্য	ড. অনাদি কুমার কুণ্ডু
একক 5	☐ ড. শান্তনু চক্রবর্তী	ড. অনাদি কুমার কুণ্ডু
একক 6	☐ ড. স্বপন ভট্টাচার্য	ড. অনাদি কুমার কুণ্ডু
একক 7	☐ ড. কুণাল সেন	ড. রিতা কুণ্ডু
একক 8	☐ ড. মৌসুমী পোদ্দার সরকার	ড. কুণাল সেন

পাঠক্রম ঃ পর্যায়

EBT 11 : 02

	রচনা	সম্পাদনা
একক 9	☐ ড. মৌসুমী পোদ্দার সরকার	ড. অনাদি কুমার কুণ্ডু
একক 10	☐ সৌরভ চক্রবর্তী	ড. রিতা কুণ্ডু
একক 11	☐ তুলিকা লাহিড়ি	ড. রিতা কুণ্ডু
একক 12	☐ ড. মৌসুমী পোদ্দার সরকার	ড. অনাদি কুমার কুণ্ডু
একক 13	☐ তুলিকা লাহিড়ি	ড. রিতা কুণ্ডু
একক 14	☐ ড. স্বপন কুমার ভট্টাচার্য	ড. অনাদি কুমার কুণ্ডু
একক 15	☐ সৌরভ চক্রবর্তী	ড. রিতা কুণ্ডু

প্রজ্ঞাপন

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

মোহন কুমার চট্টোপাধ্যায়
নিবন্ধক

নেতাজি সুভাষ মুক্ত বিশ্ববিদ্যালয়

EBT 11

উদ্ভিদ জৈব রসায়নবিদ্যা ও আণবিক জীববিদ্যা
(স্নাতক পাঠক্রম)

পর্যায়
1

জৈব রসায়নবিদ্যা

একক 1	❑ জাব রসায়নের ভূমিকা	7 – 16
একক 2	❑ জল, pH, বাফার ও অ্যামাইনো অম্ল	17 – 26
একক 3	❑ অ্যামাইনো অ্যাসিড ও প্রোটিনের প্রাথমিক গঠন	27 – 38
একক 4	❑ প্রোটিনের গঠন	39 – 51
একক 5	❑ উৎসেচক	52 – 75
একক 6	❑ অ্যামাইনো অ্যাসিডের বিপাক	76 – 85
একক 7	❑ কার্বোহাইড্রেট	86 – 95
একক 8	❑ ফ্যাট বা লিপিড	96 – 112

পর্যায়
2

আণবিক জীববিদ্যা

একক 9	❑ DNA অণুর গঠন ও বৈচিত্র্য	113 — 128
একক 10	❑ DNA রেপ্লিকেশন	129 — 150
একক 11	❑ DNA সংশোধনী	151 — 161
একক 12	❑ RNA-এর গঠন ও বৈচিত্র্য	162 — 176
একক 13	❑ অনুলেখন এবং RNA প্রক্রিয়াকরণ	177 — 191
একক 14	❑ অনুবাদন	192 — 202
একক 15	❑ প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় অ্যান্টিবায়োটিকের প্রভাব	203 — 219

একক 1 ❑ জীবরসায়নের ভূমিকা

গঠন

1.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য
1.2 জীবরসায়নবিদ্যা কি?
1.3 জীবরসায়ন — পরমাণু থেকে বৃহদাণু
1.4 জীবনের উৎস সন্ধানে জীবরসায়ন
1.5 জীবরসায়নের দৃষ্টিভঙ্গীতে কোষপর্দা
1.6 প্রাথমিক ও গৌণ বিপাকজাত পদার্থ
1.7 উৎসেচকবিদ্যা
1.8 জীবশক্তিবিদ্যা
1.9 আণবিক জীববিদ্যা
1.10 হর্মোন ও এলিসিটার
1.11 সারাংশ
1.12 প্রশ্নাবলী
1.13 উত্তরমালা

1.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা ঃ

জীবনের রসায়নই জীবরসায়ন। জীবন আসলে অসংখ্য জৈবরাসায়নিক ক্রিয়ার বহিঃপ্রকাশ মাত্র। প্রতিনিয়তই জীবদেহে নানাবিধ রাসায়নিক বিক্রিয়া হয়ে চলেছে— তারই ফলস্বরূপ জীবকোষে শ্বসন সম্পন্ন হয়, ক্লোরোফিলের মাধ্যমে সবুজ উদ্ভিদ সালোকসংশ্লেষ ঘটায়, ATP নামক উচ্চশক্তিধর জৈব অণুর বিশ্লেষণ ঘটিয়ে যে শক্তি নির্গত হয় তা চলন গমন, প্রজনন বা জোনাকি আলোক নিঃসরণের মতো জৈবনিক কাজে ব্যবহৃত হয়। জীবনের জন্মলগ্ন থেকে শুরু করে আজও এই জৈবনিক ক্রিয়াগুলি অব্যাহত — তবে বিবর্তনের সাথে সাথে তা সরল থেকে জটিল রূপ ধারণ করেছে।

জীবরসায়নের (Biochemistry) প্রাথমিক পাঠে আমরা জীবকোষে প্রাপ্ত বিভিন্ন যোগগুলি সম্পর্কে ধারণা লাভ করি। এরপর এই যোগগুলি কিভাবে সংশ্লিষ্ট বা বিশ্লিষ্ট হয় এবং উৎপাদিত যোগগুলি কি কি শারীরবৃত্তীয় ক্রিয়ায় ব্যবহৃত হয় সেই বিষয়ে শিক্ষালাভ করি। উৎসেচকের কার্যকারিতা, DNA অণুর মাধ্যমে ট্র্যান্সক্রিপশন ও ট্র্যান্সলেশন পদ্ধতিতে যথাক্রমে RNA ও প্রোটিনের সংশ্লেষ, হর্মোনের ক্রিয়াপদ্ধতি এ সবই জীবরসায়ন পাঠক্রমের অন্তর্ভুক্ত।

উদ্দেশ্য :

জীবরসায়নের এই প্রারম্ভিক অধ্যায়টি পাঠ করে আপনি :

- বিভিন্ন জীবঅণুগুলির (Biomolecules) গঠন কিভাবে নির্ণয় করা হয় সে বিষয়ে প্রাথমিক ধারণা লাভ করতে পারবেন।
- জৈবরাসায়নিক ক্রিয়ার মাধ্যমে কিভাবে বৃহদাণুগুলি (Macromolecules) সৃষ্টি হয়েছিল ও তাদের সাহায্যে প্রাণের সৃষ্টি হয়েছিল তা ব্যাখ্যা করতে পারবেন।
- কোষপর্দার জীবরসায়নিক ক্রিয়াপদ্ধতি বোঝাতে পারবেন।
- উদ্ভিদকোষের প্রাথমিক ও গৌণবিপাকজাত পদার্থগুলি সম্পর্কে পরিচিত হবেন।
- উৎসেচকবিদ্যা (Enzymology) ও তাপশক্তিবিদ্যার (Bioenergetics) গুরুত্ব উপলব্ধি করতে পারবেন।
- আণবিক জীববিদ্যায় (Molecular Biology) ও হর্মোনের ক্রিয়াপদ্ধতিতে জীবরসায়নের ভূমিকা সম্পর্কে জানতে পারবেন।

1.2 জীবরসায়নবিদ্যা কি?

আধুনিক বিজ্ঞানের একটি অন্যতম শাখা হল জীবরসায়ন (Biochemistry)। বিজ্ঞানের এই শাখাটি পদার্থবিজ্ঞান, রসায়ন ও জীববিজ্ঞানের সংমিশ্রণে সৃষ্ট যার প্রধান উদ্দেশ্য হল জীবদেহের বিভিন্ন রাসায়নিক ক্রিয়াপ্রক্রিয়া সম্পর্কে আলোচনা করা। একজন জীবরসায়নবিদ কোষ বা জীবদেহের রাসায়নিক প্রকৃতি সম্বন্ধেই শুধু আলোচনা করেন না, জীবনের উৎস সন্ধান করা থেকে উদ্ভিদ বা প্রাণীগোষ্ঠীর পারস্পরিক সম্পর্ক নির্ণয় ও জৈব অভিব্যক্তির বিভিন্ন ধারাগুলিও তার বৈজ্ঞানিক পর্যালোচনার অন্তর্ভুক্ত। জৈবরসায়ন থেকে উদ্ভূত এই আধুনিক বিজ্ঞানের উদ্দেশ্য হল আণবিক স্তরে কোষের কার্যকারিতা পর্যালোচনা করা।

জীবন সম্পর্কে জীববিজ্ঞানীদের থেকে জীবরসায়নবিদের দৃষ্টিভঙ্গী কিছুটা পৃথক। জীববিজ্ঞানীরা প্রধানত জীবের গঠনবৈচিত্র, শারীরবৃত্তীয় ক্রিয়া ও পারস্পরিক সম্পর্ক সম্বন্ধে আলোচনা করেন কিন্তু জীবরসায়নবিদেরা জীবঅণুগুলি (Biomolecules) কিভাবে কোষীয় স্তরে কার্যকরী হয় সে বিষয়ে আলোচনা করেন। পরমাণু থেকে শুরু করে বৃহৎ অণুগুলির প্রকৃতি ও জৈবনিক স্তরে তাদের কার্যকারিতা আলোচনা করাই জীবরসায়নবিদের মুখ্য উদ্দেশ্য।

1.3 জীবরসায়ন — পরমাণু থেকে বৃহদাণু

একজন জীবরসায়নবিদের প্রাথমিক পাঠ হল পরমাণু থেকে শুরু করে বিভিন্ন জীবঅণুগুলি সম্পর্কে ধারণা লাভ করা। প্রোটোপ্লাজমের মুখ্য উপাদানগুলি হল কার্বন, হাইড্রোজেন, অক্সিজেন, নাইট্রোজেন, সালফার ও ফসফরাস। এই পরমাণুগুলির গঠনপ্রকৃতি বিশেষতঃ ইলেকট্রনের বিন্যাস না জানা থাকলে রাসায়নিক বিক্রিয়ায় তারা কিভাবে অংশগ্রহণ করবে সে বিষয়ে ধারণা করা সম্ভব নয়। এছাড়া তেজস্ক্রিয় মৌলগুলিকে ব্যবহার করে কোষে বিভিন্ন মৌলগুলি কিভাবে বিভিন্ন যোগে রূপান্তরিত হয় তা ট্রেসার পদ্ধতিতে (Tracer technique) আমরা জানতে পারি। বিজ্ঞানী রবিন হিল (Robin Hill) O^{18} আইসোটোপ ব্যবহার করে প্রমাণ করেছিলেন যে সালোকসংশ্লেষের ফলে উদ্ভূত অক্সিজেন, জল অণু থেকে সৃষ্টি হয় অথবা হারসে ও দেজ P^{32} আইসোটোপ ব্যবহার করে প্রমাণ করেছিলেন যে DNA অণুই কোষের জিনগত পদার্থ। হিমোলাইটিক প্রক্রিয়ায় উৎপন্ন নিঃসঙ্গ ইলেকট্রনযুক্ত মুক্ত মূলকগুলি (Free radicals) কিভাবে কোষপর্দা ও নিউক্লিক অম্লের ক্ষতিসাধন করে জীবরসায়নবিদেরা সে বিষয়ে আমাদের অবহিত করেছেন।

জীবরসায়নবিজ্ঞানে বিভিন্ন অণুগুলির গঠনপ্রকৃতি ও আণবিক বিন্যাস সম্পর্কেও আলোচনা করা হয়। জলের অণু কিভাবে ল্যাটিস গঠন করে, দ্বিতন্ত্রী DNA অণুর স্পাইরাল প্রকৃতি, প্রোটিনের প্রাথমিক, গৌণ ও প্রগৌণ গঠন সম্পর্কে বিজ্ঞানের এই শাখার মাধ্যমেই আমরা জ্ঞান লাভ করতে পারি। প্রতিটি জীব অণুর একটি ত্রিমাত্রিক আকৃতি থাকে যাকে স্টিরিওকেমিকাল গঠন বলা হয়। জীবরসায়নবিদেরা X-রশ্মি ক্রিস্টালোগ্রাফি (X-ray crystallography) ও নিউক্লিয়ার চুম্বকীয় অণুরনন (Nuclear magnetic resonance) পদ্ধতিতে বিভিন্ন জটিল অণুর পারমাণবিক বিন্যাস, বন্ধন কোণ্ ও বন্ধন দৈর্ঘ্য (Bond angle and bond length) নির্ণয় করে জটিল জীবঅণুগুলির গঠন বিন্যাস নির্ধারণ করেন। ত্রিমাত্রিক গঠনের মাধ্যমেই আমরা জানতে পারি একটি সাবস্ট্রেট কিভাবে উৎসেচকের সক্রিয় স্থানে আবদ্ধ হয়, অ্যান্টিবডি কিভাবে অ্যান্টিজেনের সাথে যুক্ত হয়ে অনাক্রম্যতার সৃষ্টি করে, বিভিন্ন প্রজাতির tRNA (Species of tRNA) কিভাবে সুনির্দিষ্ট অ্যামাইনো অম্লকে বহন করে নিয়ে প্রোটিন সংশ্লেষ করে। জীবরসায়নবিদেরাই হিমোগ্লোবিন ও মায়োগ্লোবিনের ত্রিমাত্রিক গঠন বা ইনসুলিন নামক পলিপেপটাইড হর্মোনটির আণবিক গঠন আবিষ্কার করেছেন। পরবর্তীকালে এই তথ্যগুলিই জিনগত গবেষণায় এক নতুন দিগন্ত উন্মোচন করেছিল।

1.4 জীবনের উৎস সন্ধানে জীবরসায়ন

বিজ্ঞানী লুই পাস্তুর পরীক্ষা-নিরীক্ষার মাধ্যমে স্বতঃস্ফূর্ত জীব সৃষ্টির মতবাদকে নস্যাৎ করেন। তিনি প্রমাণ করেন যে পূববর্তী জীবের উৎস ছাড়া নতুন জীবের সৃষ্টি সম্ভব নয় কিন্তু পৃথিবীতে প্রথম জীবনের উৎপত্তি কিভাবে হয়েছিল সে বিষয়ে তিনি কোন ধারণা দিতে পারেন নি। বিজ্ঞানী আলেকজান্ডার ওপারিন (1920) বলেন যে পৃথিবীর শৈশব অবস্থায় পরিবেশে নাইট্রোজেন, কার্বন ডাই-অক্সাইড ও জলীয় বাষ্প ছাড়াও হাইড্রোজেন সালফাইড, অ্যামোনিয়া ও মিথেন জাতীয় বিজারণধর্মী গ্যাস ছিল। সৌরবিকিরন, আকাশে তড়িৎমোক্ষণের ফলে সৃষ্ট উচ্চ তাপ ও চাপ এবং অতিবেগুনী ও মহাজাগতিক রশ্মির প্রভাবে ধীরে ধীরে জৈব অণুগুলির সৃষ্টি হয়েছিল। ক্ষুদ্র জৈব অণুগুলির পারস্পরিক বিক্রিয়া ও সংযুক্তির মাধ্যমে প্রোটিন ও নিউক্লিক অম্লের সৃষ্টি হয়। এই সামগ্রিক প্রক্রিয়াকে রাসায়নিক বিবর্তন নামে অভিহিত করা হয়।

বিজ্ঞানী স্ট্যানলি মিলার ও হ্যারল্ড উরে (Stanley Miller and Harold Urey, 1953) একটি আবদ্ধ পাত্রে জলীয় বাষ্পের সাথে মিথেন, অ্যামোনিয়া ও হাইড্রোজেন 2 : 2 : 1 অনুপাতে রেখে তাতে তড়িৎস্ফুলিঙ্গ সৃষ্টি করে দেখেন যে ল্যাকটিক অম্ল, গ্লাইসিন ও অ্যালানিন জাতীয় অ্যামাইনো অম্ল, ইউরিয়া ও (ক্রেবস চক্রের বিভিন্ন অম্লগুলির (সাকসিনিক, অ্যাসপারটিক, গ্লুটামিক অম্ল) সৃষ্টি হয়েছে। পরবর্তী সময়ে জুয়ান ওরো (Juan Oro) হাইড্রোজেন সায়ানাইড ও অ্যামোনিয়া মিশিয়ে একই পদ্ধতিতে অ্যামাইনো অম্ল ও অ্যাডেনিন উৎপন্ন করতে সক্ষম হন। জীবরসায়নবিদেরা এইভাবে আদিম পৃথিবীর পরিবেশকে অনুকরণ করে (Simulating the primitive earth condition) কৃত্রিম প্রক্রিয়ায় প্রাণ সৃষ্টির বিভিন্ন যোগগুলি সৃষ্টি করতে সক্ষম হন। (চিত্র 1)

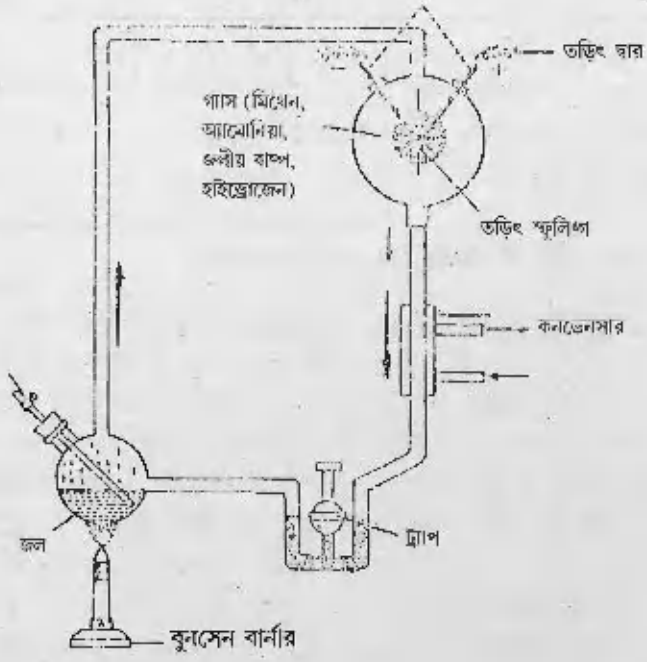
বিজ্ঞানী ওপারিন মনে করেন যে জীব সৃষ্টির ইতিহাসে কোঅ্যাসারভেট ছিল প্রথম কোষীয় জীব। নিউক্লিক অম্লবিহীন এই অণুজীবটি লিপিড, প্রোটিন ও কার্বোহাইড্রেট দিয়ে গঠিত যা কোষপর্দার ন্যায় দ্বিস্তরীয় আবরণ দ্বারা আবৃত। পরবর্তীকালে বিজ্ঞানী এস. ডব্লু. ফক্স (S. W. Fox) আদিম অণুজীবের মাইক্রোস্ফিয়ার মডেলটির প্রবর্তন করেন।

জীবরসায়নবিদের মতে প্রাণের তথা জীবের উৎপত্তি পাঁচটি পর্যায়ে সম্পন্ন হয়েছিল— 1. জৈব রাসায়নিক

সংশ্লেষ, 2. প্রোটিন ও নিউক্লিক অ্যাসিডের সংশ্লেষ, 3. কোষ পর্দার উদ্ভব, 4. নিউক্লিওপ্রোটিনের কোষপর্দার ভিতরে প্রবেশ, 5. প্রাথমিক কোষীয় জীবের আবির্ভাব।

1.5 জীবরসায়নের দৃষ্টিভঙ্গীতে কোষপর্দা

80 A° পুরুত্বযুক্ত লিপোপ্রোটিন নির্মিত দ্বিএকক কোষপর্দা বিগত তিন দশক ধরে জীবরসায়নবিদদের গবেষণার বস্তুরূপে আকৃষ্ট করেছে। কোষপর্দার তরল মোজাকি মডেল আবিষ্কার করেন সিঙ্গার ও নিকলস



চিত্র 1 : মিলার-উরের পরীক্ষা ব্যবস্থা।

(Singer and Nicolson, 1972)। এই আবিষ্কারের সময় থেকেই কোষপর্দার ভৌত ও রাসায়নিক ধর্মগুলি যথার্থভাবে প্রকাশ পেতে শুরু করেছে। বর্তমানে কোষের যাবতীয় দ্বি-একক পর্দাকে জীবজ পর্দা (Biological membrane) বলে নামাঙ্কিত করা হয় কারণ এই পর্দা শুধু প্রোটোপ্লাজমকেই আবদ্ধ রাখে না, রাইবোজোম ছাড়া অধিকাংশ কোষীয় অঙ্গাণুকে বেষ্টিত করে রাখা এবং এন্ডোপ্লাজমীয় জালিকারূপে কোষের আভ্যন্তরীন কাঠামো (Cytoskeleton) গঠন করে।

জীবরসায়নের দৃষ্টিভঙ্গীতে কোষপর্দার কয়েকটি বিষয় এখানে উল্লেখ করা যেতে পারে ঃ

1. পর্দার জৈবরাসায়নিক উপাদান — কোষপর্দার মুখ্য উপাদান প্রোটিন ও ফসফোলিপিড। এছাড়া গ্যালাক্টোলিপিড, কোলেস্টেরল ও মনোস্যাকারাইডের ক্ষুদ্র পলিমারও পর্দায় লক্ষ্য করা যায়। প্রকৃতি অনুসারে প্রোটিন তিন ধরণের— গঠনগত প্রোটিন, বাহক প্রোটিন ও উৎসেচক।

2. পরিবহণ প্রক্রিয়া — কোষপর্দার মাধ্যমেই পরিবেশ ও কোষের মধ্যে অণুর গমনাগমন সম্ভব হয়। কোষপর্দায় উপস্থিত লেসিথিন নামক ফসফোলিপিড এবং ট্রান্সলোকেস উৎসেচক পরিবহণে অংশ গ্রহণ করে। কোষপর্দাস্থিত Na^+K^+ATPase উৎসেচকটি সক্রিয় পরিবহণে সহায়তা করে। সাম্প্রতিককালে ইলেকট্রোকেমিকাল পদ্ধতিতে আয়ন পরিবহণের কয়েকটি চ্যানেল আবিষ্কৃত হয়েছে যাদের মধ্যে K^+ চ্যানেল, Ca^{2+} ভেদ্য চ্যানেল বিশেষ উল্লেখযোগ্য। এছাড়া অ্যাকোয়াপোরিন নামে বিশেষ চ্যানেলের মাধ্যমে কোষপর্দার মধ্য দিয়ে জল পরিবাহিত হতে দেখা যায়।

3. সিগন্যাল ট্রান্সডাকশন — পরিবেশ থেকে আগত বিভিন্ন ভৌত (আলো, তাপ প্রভৃতি) ও রাসায়নিক (ধাতব লবণ, হর্মোন, বিষাক্ত পদার্থ ইত্যাদি) উদ্দীপনাকে সিগন্যাল বলা হয়। যে পদ্ধতিতে এই সিগন্যালগুলি বিবর্ধিত ও পরিবাহিত করে কোষের অভ্যন্তরে নিয়ে যাওয়া হয় তাকে সিগন্যাল ট্রান্সডাকশন (Signal transduction) বলে। কোষপর্দায় উপস্থিত Ca^{2+} আয়ন, কোষপর্দার তড়িৎবিভব, G-প্রোটিন প্রভৃতি এই প্রক্রিয়াকে নিয়ন্ত্রণ করে।

4. ATP উৎপাদন — মাইটোকনড্রিয়ার অন্তঃপর্দায় ও ক্লোরোপ্লাস্টের থাইলাকয়েডে উপস্থিত $F_0 - F_1$ নামক জটিল প্রোটিন অণুর মাধ্যমে ATP সিন্থেজ (ATP synthase) উৎসেচকের প্রভাবে প্রোটনচালক বলের সহায়তায় (Proton motive force) উচ্চ শক্তিধর যৌগ ATP উৎপন্ন হয়।

1.6 প্রাথমিক ও গৌণ বিপাকজাত পদার্থ

সালোকসংশ্লেষ, শ্বসন, লিপিড, প্রোটিন ও নাইট্রোজেনের বিপাককে প্রাথমিক বিপাক (Primary metabolism) বলে। সালোকসংশ্লেষ প্রোটিন বা লিপিড সংশ্লেষ প্রভৃতি উপচিতিমূলক ক্রিয়া এবং শ্বসন বা ফ্যাটি অ্যাসিডের β-জারণ অপচিতি মূলক ক্রিয়ার উদাহরণ। সালোকসংশ্লেষের ফলে প্রধানত ফসফোগ্লিসারালডিহাইড, এরিথোজ, পেন্টোজ শর্করা রাইবোজ ও রাইবুলোজ এবং হেক্সোজ শর্করা গ্লুকোজ উৎপন্ন হয়। গ্লুকোজ অণু শ্বসনের মুখ্য উপাদান হিসাবে ব্যবহৃত হয় অথবা গ্লুকোজের পলিমার সেলুলোজ কোষপ্রাচীর গঠনে এবং স্টার্চ সঞ্চিত খাদ্যরূপে ব্যবহৃত হয়। কেলভিন চক্রে উৎপন্ন জাইলুলোজ ও কোষপ্রাচীরে সঞ্চিত হয় এবং রাইবোজ নিউক্লিক অম্ল গঠনের কাজে লাগে। শ্বসনের ফলে উৎপন্ন টারটারিক, সাইট্রিক প্রভৃতি অম্ল টকজাতীয় ফলের মুখ্য উপাদান। মোমজাতীয় লিপিড বহিঃস্তরের কিউটিকিলে (Cuticle) পাওয়া যায় এবং বাদাম, নারকেল প্রভৃতি ফলে বিভিন্ন ধরণের ফ্যাটি অ্যাসিড পাওয়া যায়।

প্রাথমিক বিপাক ছাড়া জীবরসায়নিক প্রক্রিয়ায় উদ্ভিদে যে যৌগগুলি উৎপন্ন হয় তাদের গৌণবিপাকজাত পদার্থ বলে। এরা উদ্ভিদের পুষ্প ও ফলে বর্ণ প্রদান করে, পুষ্প ও অন্যান্য অঙ্গে সুগন্ধ সৃষ্টি করে এবং উদ্ভিদের রোগ প্রতিরোধে সহায়তা করে। এই পদার্থগুলিকে অনেক সময় প্রাকৃতিক উপাদান (Natural product) বলা হয়। বর্তমানে উদ্ভিদদেহ থেকে প্রায় 25,000টি গৌণ বিপাকজাত পদার্থ পাওয়া গেছে যার মধ্যে 12,000টি উপক্ষার ও 8000টি ফেনলিক যৌগ।

কয়েকটি গুরুত্বপূর্ণ গৌণ বিপাকজাত পদার্থ হল —

1. গ্লাইকোসাইড — ডিজিটালিস জাতীয় গ্লাইকোসাইড হৃৎপিণ্ডের ক্রিয়া নিয়ন্ত্রণ করে। এছাড়া অ্যান্থোসায়ানিন নামক পুষ্পের বর্ণসত্তার সৃষ্টি করে।

2. উপক্ষার — নাইট্রোজেনযুক্ত এই যৌগগুলি ওষধি হিসাবে ব্যবহৃত হয়। যেমন, সর্পগন্ধার রেসারপিন রক্ত চাপ নিয়ন্ত্রণে, আফিং গাছের মরফিন বেদনাশক রূপে ব্যবহৃত হয়।

3. ট্যানিন — চা, হরিতকি প্রভৃতি গাছে ট্যানিন থাকে।

4. টারপিনয়েড — ইউক্যালিপটাস তেল, পাইন তেল, তারপিন তেল প্রভৃতি টারপিনয়েড যোগ।

5. ফ্ল্যাভোনয়েড — এই যোগগুলি বর্ণযুক্ত ও গাছের বল্কলে সর্বাধিক পরিমাণে পাওয়া যায়। ফুলের পাপড়িতেও লিউকোপেলারোগনিডিন জাতীয় ফ্ল্যাভোনয়েড লক্ষ্য করা যায়। যার থেকে অ্যান্থোসায়ানিন উৎপন্ন হয়।

ফেনলিকস — হাইড্রক্সিবেনজিনধর্মী বিভিন্ন ফেনলিকস নানা ধরনের গন্ধের সৃষ্টি করে যেমন ক্যাপসাইসিন লঙ্কার ঝাঁঝালো গন্ধ, ভ্যানিলিন ভ্যানিলার গন্ধ উৎপন্ন করে।

বিভিন্ন গৌণ বিপাকজাত পদার্থগুলি উদ্ভিদের শ্রেণিবিন্যাসের মূল্যবান উপকরণ। রাসায়নিক পদার্থের উপর ভিত্তি করে উদ্ভিদের শ্রেণিবিন্যাসকে কেমোট্যাক্সোনমি (Chemotaxonomy) বলা হয়। উদাহরণস্বরূপ বলা যায় যে কিউপ্রেসাসী ও পাইনেসী — এই দুটি ব্যক্তবীজী উদ্ভিদ গোত্রে ফেনলিক যোগগুলি পৃথক প্রকৃতির হয়, সিউডোসুগার (Pseudotsuga) বিভিন্ন প্রজাতিগুলিতে পৃথক পৃথক অলিওরেজিন থাকে, লরেসী, নিম্ফিয়েসী ও মনিমিয়েসী গোত্রগুলিতে বেনজাইল আইসোকুইনোলিন জাতীয় উপক্ষার থাকে। (সারণী - I)

1.7 উৎসেচকবিদ্যা

জীবরসায়নের যে বিশেষ শাখায় উৎসেচকের গঠন, শ্রেণিবিন্যাস ক্রিয়াপদ্ধতি ও বিশুদ্ধীকরণ সম্পর্কে আলোচনা করা হয় তাকে উৎসেচকবিদ্যা বলা হয়। সজীব কোষ থেকে নিঃসৃত প্রোটিনধর্মী যে জৈব অনুঘটক কোন রাসায়নিক বিক্রিয়ার হারকে প্রভাবিত করে কিন্তু বিক্রিয়ার শেষে নিজে অপরিবর্তিত থাকে তাকে উৎসেচক বলে।

জীবদেহে প্রায় সমস্ত জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়াই উৎসেচকের উপর নির্ভরশীল।

উৎসেচকগুলিকে বিক্রিয়াপদ্ধতির উপর ভিত্তি করে 6 টি শ্রেণিতে (অক্সিডোরিডাকটেজ, ট্রান্সফারেস, হাইড্রোলেজ, লায়াসেস, আইসোমারেস ও লাইগেজ) ভাগ করা হয়। প্রতিটি উৎসেচক আবার সাবস্ট্রেটের কোন অংশের সাথে ক্রিয়া করে এবং সহউৎসেচকের উপস্থিতির উপর ভিত্তি করে উপশ্রেণি উপ-উপশ্রেণিতে (sub class and sub class) বিভক্ত করা হয়।

জীবরসায়নবিজ্ঞানে উৎসেচকবিদ্যা অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ স্থান অধিকার করে আছে কারণ —

1. কোষের যাবতীয় বিপাকপদ্ধতি উৎসেচক দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়।

2. রিকম্বিনেন্ট DNA টেকনোলজিতে (Recombinant DNA technology) DNA-এর নির্দিষ্ট অংশকে রেস্ট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েজ উৎসেচকের মাধ্যমে কর্তিত করা হয়।

3. পেপসিন, ডায়াসটেজ প্রভৃতি উৎসেচকগুলি পরিপাককারী ওষুধরূপে ব্যবহার করা হয়।

4. চিকিৎসাবিজ্ঞানে উৎসেচককে রোগনির্ণয়ের জন্য ব্যবহার করা হয়। যেমন, অগ্ন্যাশয়জনিত রোগ নির্ণয়ের জন্য অ্যামাইলেজ, যকৃতের অবস্থা নির্ণয়ের জন্য γ গ্লুটামাইল ট্রান্সপেপটাইডেজ, ভাইরাল হেপাটাইটিস নির্ণয়ের জন্য অ্যালানিন অ্যামাইনো ট্রান্সফারেজ উৎসেচকের ক্রিয়ার হার পরিমাপ করা হয়।

5. যখন একটি উৎসেচকগোষ্ঠীর ক্রিয়াপদ্ধতি একই রকম হয় কিন্তু আণবিক ওজন পৃথক পৃথক হয় তখন তাদের আইসোজাইম বলে। মানবদেহে ল্যাকটেট ডিহাইড্রোজেনেসের পাঁচটি আইসোজাইম পাওয়া গেছে। ইলেকট্রোফোরেসিস পদ্ধতিতে আইসোজাইমগুলি পৃথক করে তাদের সংখ্যা ও আণবিক ওজন নির্ণয় করা হয়। জিনের প্রকৃতি অনুসারে আইসোজাইমগুলি পরিবর্তিত হয়। আইসোজাইমের সংখ্যা ও প্রকৃতি নির্ণয় করে

উদ্ভিদ প্রজাতিগুলির পারস্পরিক সম্পর্ক নির্ণয় করা যায়। জিনগত গবেষণাতেও আইসোজাইমের প্রকৃতি নির্ধারণ করা হয়।

1.8 জীবশক্তিবিদ্যা

জীবশক্তিবিদ্যা (Bioenergetics) প্রধানত তাপগতিবিদ্যার (Thexmodynamics) সূত্র মেনে চলে। নির্দিষ্ট তাপ ও চাপে কার্যক্ষম শক্তির পরিমাণকে গিবসের মুক্ত শক্তি (Gibb's free energy বা G) বলা হয়। শক্তি নির্গমনকারী বিক্রিয়ার (Exergonic) ফলে সিস্টেমে মুক্ত শক্তির পরিমাণ কমতে থাকে বলে মুক্ত শক্তির পরিবর্তনকে (AG) ঋণাত্মক ধরা হয় এবং শক্তিগ্রহণকারী (Endergonic) বিক্রিয়ায় সিস্টেমে মুক্ত শক্তির পরিমাণ বৃদ্ধি পাওয়াতে ΔG কে ধনাত্মক ধরা হয়। কোন রাসায়নিক বিক্রিয়ায় উৎপাদিত যৌগগুলির মুক্ত শক্তি এবং বিক্রিয়ার পূর্বে বিকারকগুলির মুক্ত শক্তির বিয়োগফলকে $\Delta G^{0'}$ রূপে চিহ্নিত করা হয় এবং এর মান সচরাচর KJ/moleএ প্রকাশ করা হয়। কোন বিক্রিয়ায় যত তাপশক্তি নির্গত হয় $\Delta G^{0'}$ এর মান তত ঋণাত্মক হয়। উদাহরণস্বরূপ বলা যায় যে গ্লুকোজ অণুর জারণের ফলে $\Delta G^{0'}$ এর মান –2840 KJ/mole হয় কিন্তু পামিটিক অম্ল অনেক বেশী তাপশক্তি নির্গত করে বলে এই মান –9770 KJ/mole হয়। জীবশক্তিবিদ্যার মাধ্যমে কোন রাসায়নিক বিক্রিয়া কি পরিমাণ শক্তি বা তাপ গ্রহণ বা বর্জন করে তা নির্ণয় করা যায়। ইলেকট্রন পরিবহনতন্ত্রের মাধ্যমে নির্গত মুক্ত শক্তি কিভাবে উচ্চশক্তি সম্পন্ন ATP অণু উৎপাদনে ব্যবহৃত হয় জীব-শক্তিবিদ্যার সাহায্যে আমরা তা গাণিতিকভাবে নির্ণয় করতে পারি।

1.9 আণবিক জীববিদ্যা

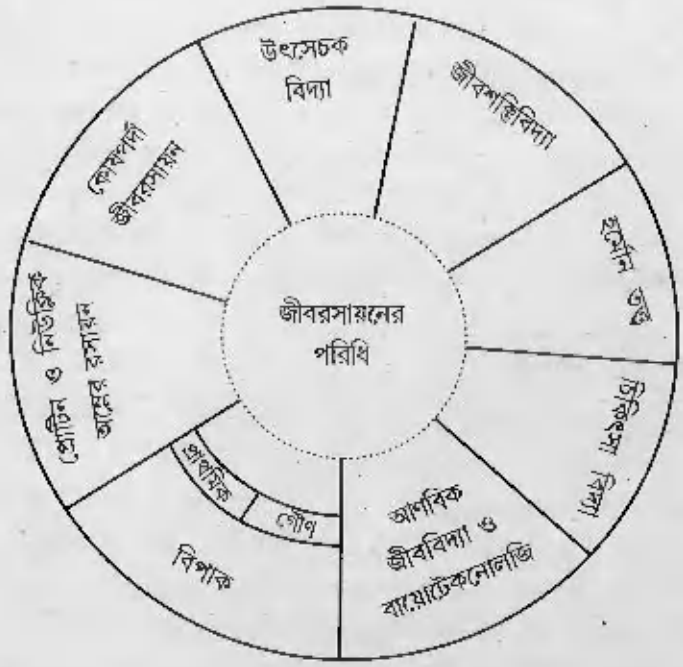
কোষের জৈবনিক ক্রিয়াগুলিকে আণবিক স্তরে আলোচনা করাই আণবিক জীববিদ্যার মুখ্য উদ্দেশ্য। প্রকৃতপক্ষে, আণবিক জীববিদ্যার প্রধান আলোচ্য বিষয় হল জিন ও তার কার্যকারিতা।

এই পদ্ধতির প্রাথমিক পর্যায়ে জিনকে সনাক্ত করার জন্য জীবরসায়নবিদের সহায়তা আবশ্যক। উদাহরণস্বরূপ বলা যায় যে ইনসুলিন নামক পলিপেপটাইড হর্মোনটির অ্যামাইনো অম্ল ক্রমান্বয় (Amino acid sequence) জীবরসায়নবিদেরা নির্ণয় করেন। এরপর জেনেটিক কোডের অভিধান (Dictionary of genetic code) ব্যবহার করে এই পলিপেপটাইড সংশ্লেষের জন্য নির্দিষ্ট নিউক্লিওটাইডগুলির সজ্জারীতি নির্ধারণ করা হয়। এরপর কোন্ ক্রোমোজোমের DNA অণুতে ঐ সজ্জারীতি আছে তা দেখে ইনসুলিনের জিনটিকে সনাক্ত করা হয়। এর পরে রেসট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েস উৎসেচকের মাধ্যমে জিনটিকে DNA থেকে কর্তিত করা যায় এবং PCR (Polymerase Chain Reaction) বা বিভিন্ন ভেক্টর বা বাহক ব্যাকটেরিয়ায় প্রবেশ করিয়ে ঐ জিনের অনেকগুলি প্রতিলিপি গঠন করা সম্ভব হয়। বিজ্ঞানী ডিকসন ও পোস্টগেট (Dixon and Postgate) প্রায় অনুরূপ পদ্ধতিতে নাইট্রোজেনেস উৎসেচক উৎপাদনকারী nif জিনকে **রাইজোবিয়াম** থেকে পৃথক করে **E. coli** নামক ব্যাকটেরিয়ায় প্রবেশ করিয়ে নাইট্রোজেন সংবন্ধনকারী **E. Coli** তৈরী করতে সক্ষম হন। অ্যান্থোসায়ানিন রঞ্জকটি অনেক ফুলের বর্ণবৈচিত্রের জন্য দায়। জীবরাসায়নিক গবেষণায় প্রমাণিত হয়েছে যে চ্যালকোন সিন্থেটেজ (Chalcone synthetase) উৎসেচকটি অ্যান্থোসায়ানিনের সংশ্লেষ ঘটায়। এই তথ্যের উপর ভিত্তি করেই আণবিক জীববিদেরা এই উৎসেচক সৃষ্টিকারী জিনটিকে সনাক্ত ও পৃথক করে পিটুনিয়া (Petunia) উদ্ভিদে প্রবেশ করিয়ে রংবেরংএর ফুল ফুটিয়েছেন।

1.10 হর্মোন ও এলিসিটর

প্রাণীবিদ্যা ও চিকিৎসাবিদ্যায় এন্ডোক্রিনোলজি (Endocrinology) নামক বিশেষ শাখায় হর্মোন সংক্রান্ত বিষয়ে আলোচনা করা হয়। উদ্ভিদবিজ্ঞানে এরূপ সুনির্দিষ্ট কোন শাখা না থাকলেও জীবরসায়নবিদেরা উদ্ভিদ হর্মোন নিয়েও প্রচুর গবেষণা করে চলেছেন।

রাসায়নিকভাবে হর্মোনকে দু'টি শ্রেণিতে ভাগ করা হয়। নাইট্রোজেনযুক্ত হর্মোন যার মধ্যে অক্সিন ও সাইটোকাইনিন অন্তর্ভুক্ত এবং নাইট্রোজেনবিহীন হর্মোন, যেমন জিব্বারেলিন, অ্যাবসিসিক অম্ল ও ইথিলিন। এছাড়া ফ্লোরিজেন পুষ্প প্রস্ফুটনে সহায়তা করলেও এদের রাসায়নিক ধর্ম এখন অজ্ঞাত— তাই একে প্রকল্পিত



চিত্র 2 : জীবরসায়নের বিভিন্ন শাখা

হর্মোন (Hypothetical hormone) বলে।

জীবরসায়নিক গবেষণায় বিভিন্ন হর্মোনগুলির সংশ্লেষ পদ্ধতি আবিষ্কৃত হয়েছে। ট্রিপ্টোফ্যান ও মিথিওনিন নামক অ্যামাইনো অম্ল থেকে যথাক্রমে অক্সিন ও ইথিলিনের সংশ্লেষ ঘটে। টারপিনজাতীয় যোগ মেভালনিক অম্ল পথে (Mevalonic acid pathway) জিব্বারেলিন ও অ্যাবসিসিক অম্লের সৃষ্টি করে। অপরদিকে, অ্যাডিনোসিন S' মনোফসফেট (S'AMP) থেকে সাইটোকাইনিন হর্মোনগোষ্ঠীর সংশ্লেষ ঘটে।

জীবরসায়নবিদ্যার সাহায্যে এই হর্মোনগুলি কিভাবে উদ্ভিদের বৃদ্ধি ও বিপাকক্রিয়া নিয়ন্ত্রণ করে সে বিষয়ে আমরা ধারণা লাভ করি। জীবরসায়ন পাঠ করে আমরা জানতে পারি যে অক্সিন কিভাবে β-1, 3 গ্লুকানেজের

সংশ্লেষ ঘটিয়ে কোষপ্রাচীরকে শিথিল করে এবং অভিস্রবণ চাপ বৃদ্ধি করে কোষের আয়তন বাড়িয়ে দেয় এবং GA দানাশস্যের অ্যালুউরোন স্তরে α-অ্যামাইলেজের সংশ্লেষ ঘটিয়ে স্টার্চকে গ্লুকোজে রূপান্তরিত করে প্রয়োজনীয় পুষ্টি প্রদান করে।

জীবরসায়নবিদেরা উদ্ভিদে এমন কয়েকটি যোগ আবিষ্কার করেছেন যেগুলি কয়েকটি নির্দিষ্ট শারীরবৃত্তীয় ও বিপাকপদ্ধতিকে নিয়ন্ত্রণ করে। সমস্ত উদ্ভিদে এদের উপস্থিতি লক্ষ্য করা যায় না। এই ধরণের বিশেষ যোগদের এলিসিটার (Elicitor) বলে। উদাহরণস্বরূপ বলা যায় যে সরষে গোত্রীয় উদ্ভিদের ব্রাসিনোস্টেরয়েড আলোক প্রভাবিত রূপান্তর (Photomorphogenesis), জ্যাসমোনিক অম্ল রোগ প্রতিরোধে, স্যালিসাইলিক অম্ল পুষ্প প্রস্ফুটনে সহায়তা করে। (চিত্র 2)

1.11 সারাংশ

জীবরসায়ন বিদ্যা জীবনবিজ্ঞানের একটি আধুনিক শাখা। এই বিজ্ঞানচর্চার মাধ্যমে আমরা কোষের রাসায়নিক ক্রিয়াপ্রতিক্রিয়াগুলি সম্পর্কে ধারণা লাভ করি। 300 মিলিয়ন বছর আগে যখন পৃথিবীতে প্রাণের স্পন্দন শুরু হয়েছিল তখন থেকে শুরু করে জীবরসায়নিক ক্রিয়ার মাধ্যমেই কোষের বিভিন্ন জৈবনিক ক্রিয়াগুলি সম্পন্ন হয়। Na^+ K^+ ATPase উৎসেচকের মাধ্যমে কোষপর্দার মধ্য দিয়ে সক্রিয় পরিবহণ সম্পন্ন হয় এবং G প্রোটিন নামক অলিগোমারিক বা বহুপলিপেপটাইডযুক্ত প্রোটিন কোষের সিগ্‌ন্যাল ট্রান্সডাকশন নিয়ন্ত্রণ করে। উৎসেচক কোষের বিভিন্ন রাসায়নিক বিক্রিয়ার হার নিয়ন্ত্রণ করে। সামগ্রিক বিপাক পদ্ধতি গঠনাত্মক উপচিতি ও ধ্বংসাত্মক অপচিতিমূলক ক্রিয়ায় বিভক্ত। সালোকসংশ্লেষ, শ্বসন, লিপিড ও প্রোটিন বিপাকের ফলে উৎপন্ন পদার্থগুলিকে প্রাথমিক বিপাকজাত পদার্থ বলে। এছাড়াও কোষে উপক্ষার, রেসিন, টারপিনয়েড প্রভৃতি গৌণ বিপাকজাত পদার্থ সৃষ্টি হয় যাদের নানাবিধ অর্থনৈতিক গুরুত্ব আছে। জীবরসায়নবিদেরাই নিউক্লিক অম্লের গঠন, প্রোটিন সংশ্লেষ পদ্ধতি ও জিনের ক্রিয়াপদ্ধতি সম্বন্ধে নানাবিধ ধারণা দেন এবং এই তথ্যগুলির উপর ভিত্তি করেই আণবিক জীববিদ্যা, বায়োটেকনলজি প্রভৃতি আধুনিক বিজ্ঞানের সৃষ্টি হয়েছে।

1.12 প্রশ্নাবলী

1. সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন ঃ

(a) প্রাকৃতিক পরিবেশকে অনুসরণ করে জীবরসায়নবিদেরা কিভাবে প্রাণের সন্ধান পেয়েছিলেন?

(b) কোষ পর্দার দু'টি কাজ উল্লেখ করুন যা রাসায়নিক প্রক্রিয়ার মাধ্যমে নিয়ন্ত্রিত হয়।

(c) উদ্ভিদের কয়েকটি গৌণ বিপাকজাত পদার্থের নাম ও কাজ উল্লেখ করুন।

(d) কেমোট্যাক্সোনমি কি? জৈব যোগগুলি কিভাবে বিজ্ঞানের এই শাখাকে সহায়তা করে?

(e) উৎসেচকের প্রধান গুরুত্বগুলি উল্লেখ করুন।

(f) ট্রেসার পদ্ধতি কি?

2. শূণ্যস্থান পূরণ করুন ঃ

(a) অনাক্রম্যতার সৃষ্টি হয় —— ও —— এর বিক্রিয়ার মাধ্যমে।

(b) নিঃসঙ্গ ইলেকট্রনযুক্ত মূলকগুলিকে —— বলে।

(c) সর্পগন্ধার —— একটি উপক্ষারের উদাহরণ।

(d) অ্যান্থোসায়ানিন সংশ্লেষের মুখ্য উৎসেচকটি হল ——

(e) যে উৎসেচক DNA অণুকে নির্দিষ্ট অঞ্চলে কর্তিত করে তার নাম —— ——।

(f) —— অণুজীবের মাইক্রোস্ফিয়ার মডেলটির প্রবর্তন করেন।

(g) শক্তি নির্গমনকারী বিক্রিয়ায় AG এর মান —— হয়।

3. এক কথায় উত্তর দিন ঃ

(a) আণবিক গঠন নির্ণয়ের জন্য দুটি বৈজ্ঞানিক পদ্ধতির নাম করুন।

(b) G প্রোটিনের কাজ কি?

(c) উৎসেচকের ছয়টি শ্রেণির নাম লিখুন।

(d) এলিসিটর কি?

(e) জ্যাসমোনিক অম্ল কি কাজ করে?

(f) কোন্ বিপাকীয় পথে জিব্বারেলিন ও অ্যাবসিসিক অম্লের সৃষ্টি হয়?

1.13 উত্তরমালা

1. (a) 11.1.4 অনুচ্ছেদ দেখুন।
   (b) সক্রিয় পরিবহণ ও সিগন্যাল ট্রান্সডাকশন।
   (c) 11.1.6 দ্রষ্টব্য
   (d) 11.1.6 অনুচ্ছেদ দেখুন
   (e) 11.1.7 দ্রষ্টব্য
   (f) তেজস্ক্রিয় মৌলগুলিকে ব্যবহার করে কোষে বিভিন্ন যোগের উপস্থিতি ও বিপাকপ্রক্রিয়ার বিভিন্ন পর্যায়কে সন্ধান করার পদ্ধতিকে ট্রেসার পদ্ধতি বলে।

2. (a) অ্যান্টিজেন ও অ্যান্টিবডি
   (b) মুক্ত মূলক।
   (c) রেসারপিন।
   (d) চ্যালকোন সিন্থেটেজ
   (e) রেসট্রিকশন এন্ডোনিউক্লিয়েজ
   (f) ফকস।
   (g) ঋণাত্মক

3. (a) X-রশ্মি ক্রিস্টালোগ্রাফি ও নিউক্লিয়ার ম্যাগনেটিক রেসোনেন্স (NMR) পদ্ধতি।
   (b) সিগন্যাল ট্রান্সডাকশন।
   (c) 11.1.7 দেখুন।
   (d) 11.1.10 দ্রষ্টব্য।
   (e) উদ্ভিদের রোগ প্রতিরোধে সহায়তা করে।
   (f) মেভালনিক অম্লপথ।

একক 2 ☐ জল, pH, বাফার ও অ্যামাইনো অম্ল

গঠন

2.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

2.2 জলের ভৌত ও রাসায়নিক ধর্ম

2.3 উদ্ভিদজীবনে জলের গুরুত্ব

2.4 pH কী?

2.5 pH এর গাণিতিক নির্ণয়

2.6 pH এর গুরুত্ব

2.7 বাফার

2.8 অ্যামাইনো অম্লের গঠন

2.9 অ্যামাইনো অম্লের গুরুত্ব

2.10 সারাংশ

2.11 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

2.12 উত্তরমালা

2.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

জল কোষের সবচেয়ে প্রয়োজনীয় উপাদান। অন্যান্য দ্রাবকের তুলনায় জলের তাপগ্রাহীতা, বাষ্পীভবনের লীন তাপ, দ্রবণীয়তা বেশী হওয়ায় কোষীয় পরিবেশে এই দ্রাবকটিই সবচেয়ে বেশী গ্রহণযোগ্য হয়েছে। কোষে 70-80 শতাংশই জল এবং প্রোটোপ্লাজমের সক্রিয়তা জলের অনুপস্থিতিতে বিনষ্ট হয়। জলীয় মাধ্যমেই উদ্ভিদ খনিজ লবণ ও খাদ্যের পরিবহণ করে, হর্মোন ও বিপাকীয় ক্রিয়ার ফলে উদ্ভূত বর্জ্যপদার্থগুলি উৎপত্তিস্থান থেকে স্থানান্তরিত করে। হাইড্রোলেজ শ্রেণির উৎসেচক জলের উপস্থিতিতে কার্যকরী হয়। দেহের অতিরিক্ত জল উদ্ভিদ বাষ্পমোচনের মাধ্যমে নির্গত করে এবং এই প্রক্রিয়ার সময় পাতা বাষ্পীভবনের লীনতাপ ত্যাগ করে শীতল হয়।

উদ্ভিদকোষে বিপাকীয় কার্যগুলি অম্লত্ব ও ক্ষারত্বের উপর নির্ভরশীল। অম্ল বা ক্ষারের তীব্রতাকে pH স্কেলের মাধ্যমে নির্ধারণ করা হয়। pH হল H^+ আয়ন ঘনত্বের ঋণাত্মক লগারিদম। pH স্কেলটির মান 0 থেকে 14 পর্যন্ত বিস্তৃত হয়। প্রশম মাধ্যমের pH 7 হয় এবং অম্লের তীব্রতা বৃদ্ধির সাথে সাথে pH এর মান কমতে থাকে ও ক্ষারের তীব্রতা যত বৃদ্ধি পায় pH এর মান তত বাড়তে থাকে। বাফার হল একটি দ্রবণ বা মাধ্যম যাতে অম্ল বা ক্ষার বাইরে থেকে প্রয়োগ করলে pH-এর বিশেষ পরিবর্তন হয় না।

প্রোটিনের গঠনগত একককে অ্যামাইনো অম্ল বলা হয়। প্রতিটি অ্যামাইনো অম্লে একটি অ্যামাইনো বর্গ (– NH_2) ও একটি কার্বক্সিল (– COOH) বর্গ থাকে। গ্লাইসিন, সেরিন প্রভৃতি 20টি অ্যামাইনো অম্লের বিবিধ সমন্বয়ে নানাপ্রকারে প্রোটিন অণুর সৃষ্টি হয়।

এই এককটি পাঠ করে আপনি

- জলের আণবিক গঠন ও উদ্ভিদজীবনে জলের প্রয়োজনীয়তা সম্বন্ধে ধারণা লাভ করবেন।
- pH-এর মান কিভাবে গাণিতিকভাবে নির্ণয় করা হয় তা শিখতে পারবেন ও বাফারের কার্যকারিতা জানতে পারবেন।
- অ্যামাইনো অম্লের প্রকারভেদ ও গুরুত্ব বোঝাতে পারবেন।

জল ঃ

প্রতিটি কোষের অত্যাবশ্যক উপাদান হল জল। জলের কয়েকটি ভৌত ও রাসায়নিক ধর্মের জন্য জীবদেহ জলকে প্রয়োজনীয় উপাদান হিসাবে গ্রহণ করেছে। সৌরমণ্ডলে পৃথিবীতেই জলের উপস্থিতি লক্ষ্য করা গেছে যা জীবের উৎপত্তির ক্ষেত্রে সহায়ক উপাদান হিসাবে কার্যকরী হয়েছিল।

জলের ভৌত ও রাসায়নিক ধর্ম ঃ

1. জল একটি অত্যন্ত সরল যৌগ যেখানে একটি অক্সিজেন পরমাণু দুটি হাইড্রোজেন পরমাণুর সাথে যুক্ত থাকে।

2. জলের আণবিক ওজন 18, বাষ্পীয় ঘনত্ব 9, আপেক্ষিক গুরুত্ব 1।

3. স্পেক্ট্রোস্কোপি ও X-রশ্মি প্রয়োগের মাধ্যমে দেখা গেছে যে O – H এর বন্ধনী দূরত্ব (Bond distance) 0.958 Å এবং H – O – H এর বন্ধনী কোণের (Bond angle) মান 104.5°।

4. জলের অক্সিজেন পরমাণু তড়িৎ ঋণাত্মক হওয়ায় পার্শ্ববর্তী দুটি হাইড্রোজেন পরমাণু থেকে আংশিকভাবে একটি করে ইলেকট্রন গ্রহণ করে আংশিক ঋণাত্মক অবস্থায় থাকে ($2\delta^-$) এবং একই কারণে হাইড্রোজেন পরমাণু দু'টি (δ^+) রূপে অবস্থান করে।

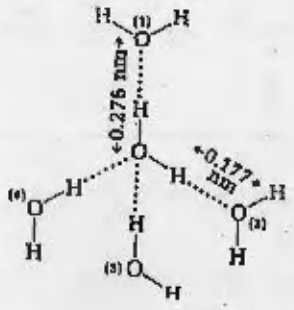
5. জলের অণুতে H বন্ধনীর শক্তি সহযোজী বন্ধনীর (Covalent bond) তুলনায় অনেক কম। হাইড্রোজেন বন্ধনীর শক্তি ~ 20 KJ/ মোল যেখানে সহযোজী বন্ধনীর শক্তি 460 KJ/মোল।

6. জলের অণু ভ্যান ডার ওয়াল (van dar waals) আবরণী দ্বারা আবৃত থাকে (1) অক্সিজেন পরমাণুর ভ্যান ডার ওয়াল ব্যাসার্ধ হল 1.4 A° এবং হাইড্রোজেন পরমাণুর ভ্যান ডার ওয়াল ব্যাসার্ধ হল 1.2A°। (চিত্র 1.2A)

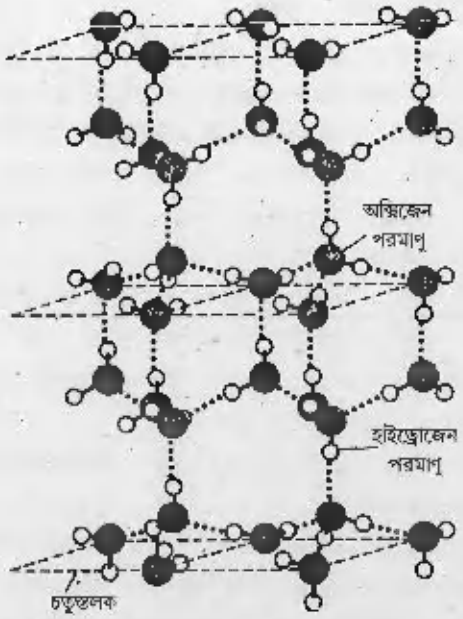
7. জলের ঘনত্ব 0° C তাপমাত্রায় 1 গ্রাম / মিলি, কিন্তু জল বরফে পরিণত হলে চতুস্তলক নকশা (Tetrahedral lattice) গঠন করে ও এর ফলে বরফের ঘনত্ব কমে 0.92 গ্রাম/মিলি হয়। জল ঘনীভূত হওয়ায় বরফে পরিণত হলে ঘনত্ব কমে যাওয়ার অস্বাভাবিক ঘটনাকে ব্যতিক্রান্ত প্রসারণ বলে।

8. জলের তাপগ্রাহীতা অন্যান্য দ্রাবকের তুলনায় অনেক বেশী। 1 গ্রাম জলের 1° C তাপমাত্রা বৃদ্ধি করতে 1 Cal তাপ লাগে যেখানে অধিকাংশ জৈব দ্রাবকের ক্ষেত্রে আপেক্ষিক তাপ 0.5 Cal এর বেশী হয় না।

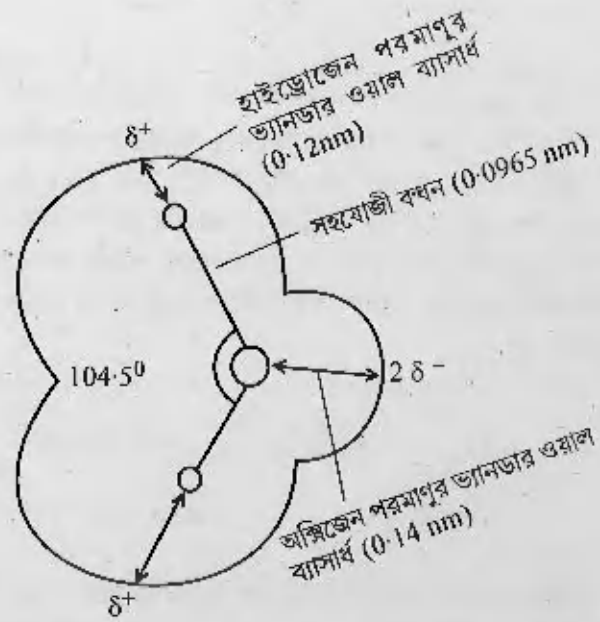
9. জলের বাষ্পীভবনের লীন তাপ 540 Cal / গ্রাম কিন্তু অন্য জৈব দ্রাবকের বাষ্পীভবনের লীন তাপ 100 Cal / গ্রামের বেশী হয় না।



চিত্র 1 : জল অণুর পারমাণবিক বিন্যাস



চিত্র 2 : বরফে জল অণুর চতুস্তলক নক্সা



চিত্র 1.2.A : 3 জলের অণুতে H ও O পরমাণুর ভ্যান ডার ওয়াল ব্যাসার্ধ

উদ্ভিদজীবনে জলের গুরুত্ব :

উদ্ভিদদেহে জলের প্রয়োজনীয় ভূমিকাগুলি হল

1. অভিব্যক্তিবিদেরা প্রমাণ করেছেন যে সমুদ্রের অন্তত 10 মিটার গভীরে প্রথম প্রাণের সৃষ্টি হয়েছিল কারণ জলের ঐ গভীরতায় DNA বিনাশকারী অতিবেগুণী রশ্মি প্রবেশ করতে পারে না। নীলাভ সবুজ শৈবাল ও অন্যান্য শৈবালেরও জন্মস্থান ছিল জল — কাজেই জলকে উদ্ভিদের উৎপত্তিস্থান বলা হয়।

2. সজীব কোষের প্রোটোপ্লাজমে 70 – 80% জল থাকে যা প্রোটোপ্লাজমকে সিক্ত ও সজীব রাখে এবং বিপাকীয় ক্রিয়া নিয়ন্ত্রণ করে।

3. জলীয় মাধ্যমে কোষান্তর ব্যাপন ও অভিস্রবণ ক্রিয়া নিয়ন্ত্রিত হয়।

4. জলীয় দ্রবণের সাহায্যে মৃত্তিকাস্থিত খনিজ লবণ উদ্ভিদ দেহে পরিবাহিত হয়।

5. উদ্ভিদ বাষ্পমোচন প্রক্রিয়ায় অতিরিক্ত জল নির্গত করে এবং এর ফলে পত্রতল থেকে যে লীনতাপ গৃহীত হয় তা উদ্ভিদকে শীতল রাখতে সাহায্য করে।

6. বিভিন্ন হাইড্রোলেজ উৎসেচকগুলি জলের উপস্থিতিতেই জটিল খাদ্যবস্তুগুলি বিশ্লিষ্ট করে সরল ও গ্রহণযোগ্য উপাদানে পরিণত করে।

7. উদ্ভিদদেহে তাপ শোষণ, তাপ পরিবহণ প্রভৃতি ভৌতক্রিয়াগুলি মূলত জলের দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়।

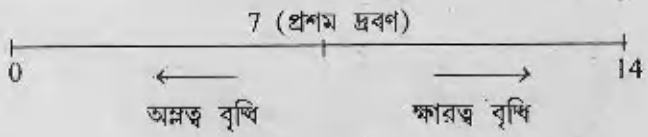
8. বীজের অঙ্কুরোদগমের জন্য জল একটি অত্যাবশ্যক উপাদান।

9. সালোকসংশ্লেষের ফলে উৎপন্ন খাদ্যবস্তু জলীয় মাধ্যমে ফ্লোয়েমের সীভনলের মধ্য দিয়ে পরিবাহিত হয়।

10. হর্মোন, বিপাকজাত বর্জ্য পদার্থ জলীয় মাধ্যমে স্থানান্তরে পরিবাহিত হয়।

2.4 pH কি?

জৈব রাসায়নিক পরীক্ষায় প্রায়ই এমন সব দ্রবণ ব্যবহার করতে হয় যাদের সঠিক অম্লত্ব বা ক্ষারত্ব জানা বিশেষ প্রয়োজন। সেই কারণে দ্রবণের অম্লত্ব ও ক্ষারত্বকে সঠিক স্কেল বা এককে প্রকাশ করা প্রয়োজন। সাধারণভাবে যে স্কেলের সাহায্যে অম্লত্ব বা ক্ষারত্বের তীব্রতা নির্ণয় করা হয় তাকে pH স্কেল বলে। pH কে বলা হয় হাইড্রোজেন আয়নের ঘনত্বের ঋণাত্মক লগারিদম। pH-এর স্কেলের মান 0 থেকে 14 পর্যন্ত বিস্তৃত থাকে। জল বা প্রশম দ্রবণের pH = 7 এবং pH যত কমতে থাকে দ্রবণের অম্লত্ব তত বৃদ্ধি পায়। পক্ষান্তরে pH এর মান 7 এর বেশী হলে দ্রবণটির ক্ষারীয় ধর্মের নির্দেশ করে এবং pH এর মান 7 এর থেকে যত বেশী হয় দ্রবণটি তত ক্ষারীয় হয়।



pH স্কেল যার সাহায্যে দ্রবণের অম্লত্ব বা ক্ষারত্ব নির্ণয় করা যায়।

2.5 pH-এর গাণিতিক নির্ণয়

আপনারা ইতিমধ্যেই জেনেছেন যে pH হল H^+ আয়নের ঘনত্বে ঋণাত্মক লগারিদম $\left[-10g_{10}(H^+)\right]$। এই পর্যায়ে আমরা আলোচনা করব যে গাণিতিক ভাবে pH এর এই সংজ্ঞা কিভাবে নিরূপণ করা হয়।

বিশুদ্ধ জল তড়িৎ-এর কুপরিবাহী হলে এই জলও সামান্য পরিমাণে আয়নিত অবস্থায় থাকে।

$H_2O \quad H^+ + OH^-$

ভরক্রিয়া সূত্রের পরিপ্রেক্ষিতে এই বিক্রিয়ার সাম্য ধ্রুবক বা

$$K = \frac{[H^+][OH^-]}{[H_2O]}$$

যেখানে $[H^+]$, $[OH^-]$ এবং H_2O যথাক্রমে H^+ আয়ন, OH^- আয়ন ও অবিয়োজিত জলের আণবিক ঘনত্ব।

বিশুদ্ধ জলে H^+ ও OH^- এর ঘনত্ব নগণ্য। এক্ষেত্রে

$K[H_2O] = [H^+][OH^-] = Kw$ (ধ্রুবক)

25^0C তাপমাত্রায়, $Kw = [H^+] \times [OH^-] = 1 \times 10^{-14}$

বিশুদ্ধ জলে $[H^+] = [OH^-]$

$\therefore Kw = [H^+].[OH^-] = 10^{-14}$

অথবা $[H^+].[H^+] = 10^{-14}$ ($\because H^+ = OH^-$)

$\therefore [H^+]^2 = 10^{-14}$

অর্থাৎ $H^+ = \sqrt{10^{-14}} = 10^{-7}$

এই কারণে বিশুদ্ধ জলে $H^+ = OH^- = 10^{-7}$ গ্রাম-আয়ন/লিটার ঋণাত্মক লগারিদিমে এই মানকে প্রকাশ করলে pH = 7 হয়।

যে কোন অম্লিক দ্রবণে $[H^+] > 10^{-7}$ গ্রাম আয়ন/লিটার, অর্থাৎ pH এর মান 7 এর থেকে কম হবে আবার ক্ষারীয় দ্রবণে $[H^+] < 10^{-7}$ অর্থাৎ pH এর মান 7 এর থেকে বেশী হবে।

মোলার বা তুল্যাঙ্ক এককেও pH এর মান প্রকাশ করা যায় যেমন $\frac{M}{10}$HCl এর pH 1 হবে এবং মোলারটি 10 ভাগ কমে গেলে অর্থাৎ $\frac{M}{100}$HCl এর pH এর মান 2 হবে।

2.6 pH এর গুরুত্ব

1. pH-এর সাহায্যে কোন দ্রবণের সঠিক অম্লত্ব বা ক্ষারত্ব নির্ণয় করা যায়।
2. মৃত্তিকার উর্বরতা নির্ণয় করার জন্য pH এর মান লক্ষ্য করা একান্ত আবশ্যক।
3. প্রতিটি উৎসেচকই একটি নির্দিষ্ট pH এ সর্বাধিক কার্যকরী হয়, যেমন পেপসিন pH 2 এবং ট্রিপসিন

pH 8 এ সবচেয়ে বেশী ক্রিয়াশীল হয়।

4. অধিকাংশ বিপাকীয় কার্যই প্রোটোপ্লাজমের pH এর উপর নির্ভরশীল।

অনুশীলনী – 1

প্রশ্নাবলী ঃ

1. (a) জলে অণুর গঠনপ্রকৃতি সংক্ষেপে আলোচনা করুন।
   (b) উদ্ভিদজীবনে জলের গুরুত্বগুলি উল্লেখ করুন।
   (c) গাণিতিক পদ্ধতিতে প্রমাণ করুন যে প্রশম দ্রবণ বা জলে pH = 7 হয়।
   (d) pH পাঠের গুরুত্বগুলি উল্লেখ করুন।

2. **সংক্ষিপ্ত উত্তর লিখুন ঃ**
   (a) জলের তাপগ্রাহীতা কাকে বলে?
   (b) বাষ্পমোচনের দুটি গুরুত্ব উল্লেখ করুন।
   (c) দুটি আদর্শ বাফারের নাম লিখুন।
   (d) ক্ষারের তীব্রতার সাথে সাথে pH-এর মান বাড়ে কেন?

3. **শূন্যস্থান পূরণ করুন ঃ**
   (a) হাইড্রোজেনের বন্ধনীর শক্তি হল —— /মোল।
   (b) জল অণুতে O ও H পরমাণুর বন্ধনী দূরত্ব হল —— Å।
   (c) $\frac{M}{100}$ HCl এর pH হবে ——।
   (d) জলের আণবিক ওজন —— ও আপেক্ষিক গুরুত্ব ——।
   (e) বিশুদ্ধ জলে H^+ আয়নের পরিমাণ —— গ্রাম-আয়ণ/লিটার।।

2.7 বাফার

যে বিশেষ মিশ্রণ, দ্রবণে প্রয়োগ করলে বাইরে থেকে সামান্য অম্ল বা ক্ষার মেশালেও দ্রবণের pH অপরিবর্তিত থাকে তাকে বাফার (Buffer) বলে।

সাধারণভাবে দেখা যায় যে কোন দ্রবণে সামান্য অম্ল বা ক্ষার প্রয়োগ করলেই pH দ্রুত পরিবর্তিত হয়। pH-কে অপরিবর্তিত রাখার জন্য মৃদু অম্ল ও তার কোন লবণ অথবা মৃদু ক্ষার ও তার কোন লবণ একত্রে মিশিয়ে দিলে দ্রবণের pH সহজে পরিবর্তিত হয় না। মৃদু অম্ল বা ক্ষার ও তার লবণের মিশ্রণকেই বাফার বলা হয়। অ্যাসিটিক অ্যাসিড ও সোডিয়াম অ্যাসিটেট মিশ্রণ এইরূপ একটি আদর্শ বাফার যাকে অ্যাসিটেট বাফার বলা হয়। জৈব রাসায়নিক ক্রিয়াগুলি যেন মিশ্রণের অম্লত্ব বা ক্ষারত্বের জন্য পরিবর্তিত না হয় তার জন্য অ্যাসিটেট বাফার ছাড়াও সাইট্রেট বাফার, ফসফেট বাফার ($Na_2H\ PO_4$ ও $NaH_2\ PO_4$ এর মিশ্রণ) ট্রিস বাফার (ট্রিস নামক জৈব যৌগ ও মৃদু HCl এর মিশ্রণ) ব্যবহার করা হয়।

একটি নির্দিষ্ট উদাহরণের সাহায্যে (যেমন অ্যাসিটিক অম্ল ও সোডিয়াম অ্যাসিটেটের মিশ্রণের ফলে সৃষ্ট

বাফার) বাফার দ্রবণের ক্রিয়া কৌশল ব্যাখ্যা করা যায়।

CH_3COOH মৃদু অম্ল হওয়ায় এটি দ্রবণে অল্প পরিমাণে বিয়োজিত হয় কিন্তু এর লবণ সোডিয়াম অ্যাসিটেট (CH_3COONa) সম্পূর্ণভাবে বিয়োজিত হবে।

$$CH_3COOH \rightleftharpoons H^+ + CH_3COO^-$$ (স্বল্প বিয়োজন)

$$CH_3COONa \rightleftharpoons Na^+ + CH_3COO^-$$ (সম্পূর্ণ বিয়োজন)

অ্যাসিটেট বাফার দ্রবণে H^+ বা OH^- প্রয়োগ করলে (অম্ল বা ক্ষার হিসাবে) নিম্নলিখিত উপায়ে H^+ ও OH^- এর প্রভাব প্রতিহত হয়।

$CH_3COO^- + H^+ \rightarrow CH_3COOH$ (অবিয়োজিত অ্যাসিটিক অ্যাসিড)

$CH_3COOH + OH^- \rightarrow CH_3COO^- + H_2O$

উভয় ক্ষেত্রেই মাধ্যমে pH এর কোন পরিবর্তন হবে না।

বাফারের উপযোগিতা ঃ

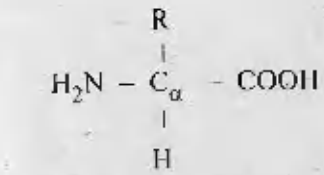
1. উৎসেচক ও অন্যান্য জৈব রাসায়নিক পদার্থের ক্রিয়া নির্ণয়ের জন্য বাফার ব্যবহার করা হয় যাতে মাধ্যমে pH এর কোন পরিবর্তন হবে না।

2. কৃষিজাত ফল ও ফলজাত দ্রব্য সংরক্ষণের জন্য বাফার ব্যবহার করা হয়।

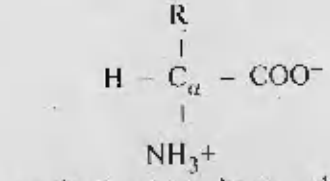
2.8 অ্যামাইনো অম্লের গঠন

প্রোটিনের গঠনগত একককে অ্যামাইনো অম্ল বলে। প্রতিটি আমাইনো অম্লের মধ্যে একটি অ্যামাইনো বর্গ ($-NH_2$) ও একটি কার্বক্সিল বর্গ ($-COOH$) থাকে। বিজ্ঞানী ব্রাকোনট (Braconnot, 1820) সর্বপ্রথম জিলেটিন থেকে গ্লাইসিন অ্যামাইনো অম্লটি আবিষ্কার করেন। প্রোটিনের মধ্যে 20টি অ্যামাইনো অম্ল থাকে। প্রোটিনের উৎস ছাড়াও আরও কতগুলি অ্যামাইনো অম্ল পাওয়া যায় যাদের অপ্রোটিন অ্যামাইনো অম্ল বলা হয়। প্রকৃতিতে এরূপ প্রায় 150টি অ্যামাইনো অম্ল পাওয়া যায় যেমন β – অ্যালানিন, হোমোসিস্টিন প্রভৃতি। উদ্ভিদ দেহে ক্যানাভেনিন, β সায়ানোঅ্যালানিন প্রভৃতি অপ্রোটিন অ্যামাইনো অম্ল পাওয়া যায় তবে এদের সুনির্দিষ্ট কাজ এখনও জানা যায় নি।

অ্যামাইনো অম্লের রাসায়নিক গঠনকে নিম্নলিখিতভাবে প্রকাশ করা যায়।



অ্যামাইনো অম্লের প্রশম গঠন



অ্যামাইনো অম্লের ডাইপোল গঠন

লক্ষ্য করা গেছে যে সমস্ত অ্যামাইনো অম্লই কেলাসিত অবস্থায় বা প্রশম দ্রবণে আয়নিত অবস্থায় থাকে যাকে জুইটারায়ন বলা হয়। এইক্ষেত্রে অ্যামাইনো অম্লতে NH_3^+ ও COO^- আয়নরূপে থাকে অর্থাৎ অ্যামাইনো

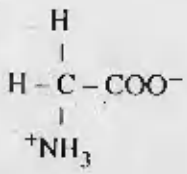
অম্ল ডাইপোল গঠন করে। যে অ্যামাইনো অম্লতে একটি NH_3^+ ও একটি COO^- থাকে সেই অ্যামাইনো অম্লকে প্রশম অ্যামাইনো অম্ল বলে। যেমন গ্লাইসিন, সেরিন প্রভৃতি। অপরদিকে যে অ্যামাইনো অম্লগুলিতে একটি COO^- কিন্তু একাধিক NH_3^+ বা NH_3^+ ও NH_2^+ থাকে তাদের ক্ষারীয় অ্যামাইনো অম্ল বলে।

যেমন— আরজিনিন, লাইসিন প্রভৃতি। অন্যদিকে অ্যাসপারটিক অম্ল ও গ্লুটামিক অম্লে একটি NH_3^+ থাকে কিন্তু দুটি COO^- থাকায় এদের আম্লিক অ্যামাইনো অম্ল বলে।

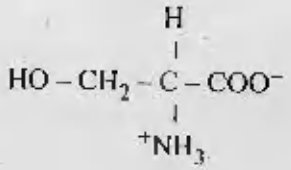
অধিকাংশ অ্যামাইনো অম্ল অ্যালিফেটিক যৌগ হলেও টাইরোসিন, হিস্টিডিন অ্যামাইনো অম্লের মধ্যে যথাক্রমে বেনজিন এবং ইমিডাজোল বলয় থাকায় এদের অ্যারোমেটিক অ্যামাইনো অম্ল বলা হয়। প্রোটিনে প্রাপ্ত অ্যামাইনো অম্লের মধ্যে গ্লাইসিন ক্ষুদ্রতম অ্যামাইনো অম্ল (আণবিক ওজন 75) এবং ট্রিপ্টোফ্যান বৃহত্তম (আণবিক ওজন 204) অ্যামাইনো অম্ল। সিস্টিন ও মিথিওনিন সালফারযুক্ত অ্যামাইনো অম্ল।

কয়েকটি অ্যামাইনো অম্লের রাসায়নিক গঠন

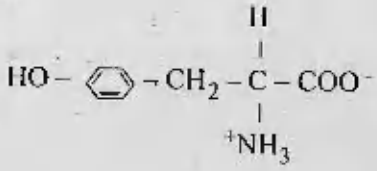
গ্লাইসিন (ক্ষুদ্রতম অ্যালিফেটিক অ্যামাইনো অম্ল)



সেরিন (হাইড্রক্সি অ্যামাইনো অম্ল)

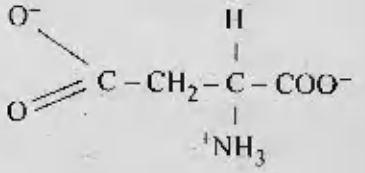


টাইরোসিন (অ্যারোমেটিক অ্যামাইনো অম্ল)



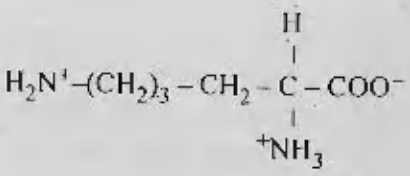
প্রশম অ্যামাইনো অম্ল

অ্যাসপারটিক অম্ল (ডাইকার্বক্সিলিক অ্যামাইনো অম্ল)



আম্লিক অ্যামাইনো অম্ল

লাইসিন



ক্ষারীয় অ্যামাইনো অম্ল

2.9 অ্যামাইনো অম্লের গুরুত্ব

1. সমস্ত প্রোটিনের গঠনগত একক হল অ্যামাইনো অম্ল। অ্যামাইনো অম্ল পরস্পর পেপটাইড বন্ধনীর সাহায্যে যুক্ত হয়ে (CO – NH) প্রোটিন গঠন করে।

2. আরজিনিন ও লাইসিন ক্ষারীয় অ্যামাইনো অম্ল দু'টি হিস্টোন নামক প্রোটিনের মুখ্য উপাদান। হিস্টোন প্রোটিন, DNA অণুর সাথে যুক্ত হয়ে নিউক্লিওজোম গঠন করে যা ক্রোমোজোমের কাঠামো গঠন করে।

3. সাইটোপ্লাজমের অ্যামাইনো অম্লের ভাণ্ডার থেকে অ্যামাইনো অম্লগুলি tRNA এর সাহায্যে পরিবাহিত হয়ে রাইবোজোমে প্রোটিন গঠন করে।

4. উদ্ভিদের সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ হর্মোন — অক্সিন ট্রিপ্টোফ্যান নামক অ্যামাইনো অম্ল থেকে সংশ্লিষ্ট হয়।

5. মিথিওনিন থেকে ক্রেবস চক্রের গুরুত্বপূর্ণ যৌগ সাকসিনাইল CoA গঠিত হতে পারে।

6. আরজিনিন নামক অ্যামাইনো অম্ল থেকে পিউট্রাসিন, স্পার্মিডিন প্রভৃতি পলিঅ্যামাইন উৎপন্ন হয়।

7. অ্যামাইনো অম্ল মিথিওনিন থেকে গ্যাসীয় হর্মোন ইথিলিন উৎপন্ন হয় যা ফল পাকাতে সাহায্য করে।

2.10 সারাংশ

সজীব কোষের মুখ্য উপাদান হল জল। একটি অক্সিজেন পরমাণুর সাথে দু'টি হাইড্রোজেন পরমাণু যুক্ত হয়ে এই যৌগ গঠিত হয়। অন্যান্য যৌগের তুলনায় জলের অণুর H বন্ধনীর শক্তি অনেক কম হওয়ায় জল সহজেই রাসায়নিক বিক্রিয়ায় অংশ গ্রহণ করে। এছাড়া জলের তাপগ্রাহিতা ও বাষ্পীভবনের লীন তাপ অন্যান্য জৈব দ্রাবকের চেয়ে অনেক বেশী। জল সালোকসংশ্লেষ, খাদ্য ও খনিজ লবণ পরিবহণ ও বীজের অঙ্কুরোদগমে সক্রিয় ভূমিকা গ্রহণ করে। pH স্কেলের মাধ্যমে আমরা অম্লত্ব বা ক্ষারত্বের মাত্রা নির্ধারণ করি। প্রশম মাধ্যমের pH হল 7 এবং দ্রবণের অম্লত্বের মাত্রা যত বাড়ে pH-এর মান তত কমে যায় এবং ক্ষারত্বের তীব্রতা বাড়ার সাথে সাথে pH এর মান বেড়ে যায়। মাটিতে কোন গোষ্ঠীর উদ্ভিদ জন্মাবে তা মৃত্তিকার pH এর উপর নির্ভরশীল এবং বিপাকক্রিয়া নিয়ন্ত্রণকারী উৎসেচকগুলি pH সুবেদী হয়। মৃদু অম্ল বা ক্ষার ও তার লবণের মিশ্রণকে বাফার বলা হয়। বিভিন্ন জৈব রাসায়নিক গবেষণায় বাফার ব্যবহার করা হয় কারণ বাফার ব্যবহার করলে মাধ্যমের আকাঙ্খিত pH অপরিবর্তিত থাকে। অ্যামাইনো ($-NH_2$) ও কার্বক্সিল (– COOH) বর্গের সমন্বয়ে অ্যামাইনো অম্ল গঠিত হয়। অ্যামাইনো অম্লগুলি পেপটাইড বন্ধনীর মাধ্যমে প্রোটিন গঠন করে।

2.11 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

1. (a) বাফার দ্রবণ ব্যবহারের গুরুত্ব কি?
   (b) আম্লিক ও ক্ষারীয় অ্যামাইনো অম্ল বলতে কি বোঝেন?
   (c) অ্যামাইনো অম্লের রাসায়নিক প্রকারভেদ সম্পর্কে আলোচনা করুন।
   (d) অ্যামাইনো অম্ল বিপাকক্রিয়াতে কি কি ভূমিকা পালন করে?

2. A ও B স্তম্ভের মধ্যে বাক্যগুলির যথার্থ মিল স্থাপন করুন।

A - স্তম্ভ	B - স্তম্ভ
(i) একটি সালফার যুক্ত অ্যামাইনো অম্ল হল	(i) ইথিলিন সংশ্লেষ করে
(ii) মিথিওনিন অ্যামাইনো অম্ল	(ii) সিস্টিন
(iii) পেপসিন সর্বাধিক কার্যকরী হয়	(iii) ট্রিপ্টোফ্যান
(iv) বৃহত্তম অ্যামাইনো অম্ল হল	(iv) পেপটাইড বন্ধনী
(v) P^H এ H^+ আয়নের ঘনত্ব প্রকাশ করা হয়।	(v) P^H 2 তে
(vi) CO – NH-কে বলা হয়	(vi) ঋণাত্মক লগারিদিমে।

3. শূন্যস্থান পূরণ করুন ঃ

(a) ক্ষুদ্রতম অ্যামাইনো অম্লটি হল ——।

(b) হিস্টোনে আরজিনিন ছাড়া যে ক্ষারীয় অম্লটি পাওয়া যায় তার নাম ——।

(c) জলের বাষ্পীভবনের লীন তাপ ——।

(d) হাইড্রোজেন পরমাণুর ভ্যান ডার ওয়াল ব্যাসার্ধ হল ——।

2.12 উত্তরমালা

অনুশীলনী – 1

1. (a) 11.2.2 দেখুন, (b) 11.2.3. দ্রষ্টব্য (c) 11.2.5 এ পাবেন, (d) 11.2.6 দেখুন।
2. (a) 1 gm জলকে 1^0C তাপমাত্রা বৃদ্ধি করতে যে পরিমাণ তাপ লাগে তাকে জলের তাপগ্রাহিতা বলে।
   (b) অতিরিক্ত জলকে দেহের বাইরে নির্গত করে ও খনিজ লবণ পরিবহণে সহায়তা করে।
   (c) সাইট্রেট ও ফসফেট বাফার।
   (d) H^+ আয়নের পরিমাণ কমে যায় বলে।
3. (a) n 20 KJ (b) 0.958 Å (c) 2 (d) 18 ও 1 (e) 10^{-7}

সর্বশেষ প্রশ্নাবলী ঃ

1. (a) 11.2.7 দেখুন, (b) 11.2.8 দ্রষ্টব্য, (c) 11.2.8-এ পাবেন, (d) 11.2.9 দ্রষ্টব্য।
2. (i) – (ii), (ii) – (i), (iii) – (iv), (iv) – (iii), (v) – (vi), (vi) – (v)
3. (a) গ্লাইসিন (b) লাইসিন (c) 540 ক্যালোরি/গ্রাম (d) 1.2 Å।

একক 3 ❑ অ্যামাইনো অ্যাসিড ও প্রোটিনের প্রাথমিক গঠন

গঠন

3.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

3.2 আমাইনো অ্যাসিড

3.3 পরিবর্তিত অ্যামাইনো অ্যাসিড

3.4 ননপ্রোটিন অ্যামাইনো অ্যাসিড

3.5 প্রয়োজনীয় অ্যামাইনো অ্যাসিড

3.6 পেপটাইড বন্ধনী ও পেপটাইড

3.7 পলিপেপটাইড

3.8 প্রোটিন গঠনে অন্যান্য বন্ধনীর ভূমিকা

3.9 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

3.10 উত্তর সংকেত

3.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা :

গি. জে. মুল্ডার এবং জে. জে. বার্জেলিয়াস 1838 সালে প্রথম প্রোটিন শব্দটির উল্লেখ করেন। গ্রীক ভাষায় প্রোটিওস (Proteios) শব্দটির অর্থ প্রাথমিক। 1964 সালে হোয়াইট, হ্যান্ডলার এবং স্মিথ নামক তিন বিজ্ঞানী প্রোটিনকে বর্ণনা করেন এইভাবে— "জীবের গঠন ও কার্যে কেন্দ্রীয় উপস্থিতি প্রোটিনের। তারা কোষের সমস্ত জৈবনিক ক্রিয়াকর্ম অর্থাৎ ভৌত ও রাসায়নিক কার্যে অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ দায়িত্ব পালন করে।"

প্রোটিনের কাজের যে বিশাল বিভিন্নতা, তার মধ্যে রয়েছে একদিকে কোষ ও কলার গঠনগত পরিকাঠামো নির্ধারন, অন্যদিকে অসংখ্য ছোট বড় গুরুত্বপূর্ণ দায়িত্ব। যেমন, কোষীয় সঞ্চয়, পরিবহন, ক্ষরণ, পেশির সংকোচন, প্রসারণ; রক্ত তঞ্চন; অনাক্রম্যতা; অন্তঃ ও আন্তঃ কোষীয় সমন্বয় স্থাপন (হরমোন); পরিপাক ও বিপাক (উৎসেচক) ইত্যাদি। সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ বিষয় হল জিনের মধ্যে নিহিত থাকা বংশগতির তথ্য প্রোটিনের মাধ্যমেই কোষ ও কলায় প্রকাশিত হয়।

প্রোটিনের কার্যের এই বহুমুখী বিভিন্নতার জন্যই বোধহয় তাকে অত্যন্ত জটিল গঠনবিন্যাসে সংগঠিত হতে হয়েছে। প্রত্যেকটি প্রোটিনের তার নিজস্ব কার্যের সাথে সাযজ্য রেখে নির্দিষ্ট গঠনশৈলী রয়েছে। আপাতদৃষ্টিতে দেখলে এই জটিল গঠনশৈলী আমাদের বিস্মিত করলেও, কার্যকারণ বিবেচনা করলে বা সেই

গঠনশৈলীর মূলনীতিকে পর্যালোচনা করলে আমরা দেখব, যে সেই জটিলতা অত্যন্ত বাস্তবধর্মী ও নীতিনিষ্ঠ।

আমরা এই এককে প্রথমে আলোচনা করব প্রোটিনের গঠনশৈলীর রাসায়নিক একক অ্যামাইনো অ্যাসিড (Amino Acid) সম্বন্ধে।

উদ্দেশ্য :

এই এককটি অধ্যয় করলে আপনি

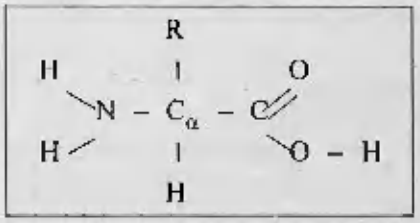
(1) প্রোটিনের গঠনগত একক অ্যামাইনো অ্যাসিড সম্বন্ধে জানতে পারবেন।

(2) অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির রাসায়নিক গঠন ও ধর্মাবলী সম্বন্ধে অবহিত হবেন।

(3) অ্যামাইনো অ্যাসিড এককগুলি কিভাবে প্রোটিন গঠন করে সেই সম্বন্ধে জানতে পারবেন।।

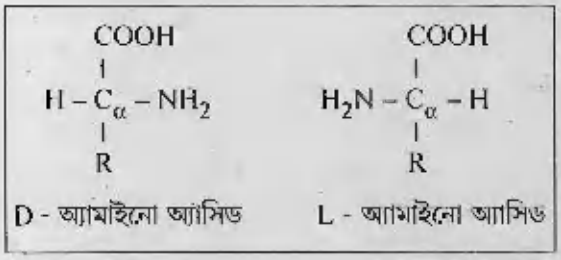
3.2 অ্যামাইনো অ্যাসিড

প্রত্যেকটি প্রোটিনই পলিমার (Polymers), অর্থাৎ একটি শৃঙ্খল (Chain) ধর্মী অণু যার মধ্যে অনেকগুলি মনোমার (Monomers) একক, অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি যৌগিক বন্ধনে সংযক্ত থাকে। অ্যামাইনো অ্যাসিড একটি জৈব অম্ল যার মধ্যে একটি অ্যামাইনো গ্রুপ ($-NH_2$) ও একটি কার্বক্সিল ($-COOH$) গ্রুপ থাকে। অ্যামাইনো অ্যাসিডের সাধারণ গঠন নিম্নরূপ :



ইহার প্রথম কার্বনটি কার্বক্সিল গ্রুপের অংশবিশেষ।

অ্যামাইনো গ্রুপটি যে কার্বনের সঙ্গে যক্ত থাকে তাকে α-কার্বন বলে। তাই প্রতিটি অ্যামাইনো অ্যাসিডকেই α-অ্যামাইনো অ্যাসিড নামেও অবহিত করা হয়। এই α-কার্বনটি কোভ্যালেন্ট (Covalent) বন্ধনী দ্বারা 4টি বিভিন্ন গ্রুপের সঙ্গে যক্ত থাকে। যাদের মধ্যে একটি হল হাইড্রোজেন পরমাণু ও অন্যটিকে বলে পার্শ্ব শৃঙ্খল (Side cbain) বা R গ্রুপ। এই R গ্রুপটি প্রতিটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে বিভিন্নরূপে থাকে। যেমন এটি একটি হাইড্রোজেন পরমাণুও হতে পারে আবার মিথাইল ($-CH_3$) গ্রুপ বা আরো জটিল কোন যৌগ হতে পারে।



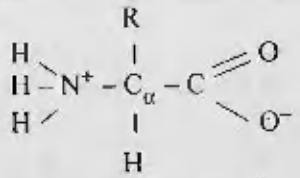
এই কারণে এই α-কার্বনটি সকল অ্যামাইনো অ্যাসিডেই অনিয়মিত বা Assymetric। এই কারণে এরা আলোক ঘূর্ণনে (Optical Rotation) সক্ষম এবং সেই বিচারে এরা দুইভাবেই প্রকৃতিতে বিদ্যমান।

অ্যামাইনো গ্রুপটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের ডানদিকে অবস্থান করলে আলোক ঘূর্ণনের নীতি অনুযায়ী তাদের D-অ্যামাইনো অ্যাসিড এবং বামদিকে অবস্থান করলে তাকে L-অ্যামাইনো অ্যাসিড বলে। এই ভাবে এই অনিয়মিত কার্বন পরমাণুটিকে কাইরাল (Chiral) কার্বন বলে।

> **প্রতিলিপি ঃ** যে অণুর মধ্যে অনিয়মিত বা Assymetric পরমাণু (যেমন α কার্বন) থাকে, তাদের 2টি **স্টিরিও আইসোমার** (Stereoisomer) গঠন পাওয়া যায়। যেহেতু এই দু'টি গঠন অপ্রতিস্থাপনীয় প্রতিচ্ছবি (nonsuper imposable mirror images) গঠন করে, তাই এদের **এনানসিওমার** -ও (Enantiomer) বলে। আলোক ঘূর্ণনের নীতি অনুযায়ী অবশ্য এদের **অপটিক্যাল আইসোমার** (Optical Isomer) -ও বলা চলে।

1956 সালে রবার্ট কহেন, ক্রিস্টোফার ইনগোল্ড ও ভ্লাদিমির জিলোগ RS নোটেশন চালু করেন। সে পদ্ধতি অনুযায়ী বর্তমান জীবরসায়নে D-কে 'R' (ল্যাটিন rectus অর্থ দক্ষিণ) এবং L-কে 'S' (ল্যাটিন sirister অর্থ বাম) বলে অভিহিত করা হয়।

অ্যামাইনো অ্যাসিডে একটি আম্লিক (– COOH) ও একটি ক্ষারীয় (– NH_2) গ্রুপ থাকায় শারীরবৃত্তীয় p^H (অম্লত্ব ও ক্ষারত্বের মাত্রা)-এ, যা প্রায়শঃ প্রশম (Neutral) মাত্রায় (6.5 – 8.0) থাকে, সেখানে কার্বক্সিল গ্রুপটি একটি প্রোটন (হাইড্রোজেন পরমাণু) ত্যাগ করে এবং অ্যামাইনো গ্রুপটিতে একটি প্রোটন যুক্ত হয়। এইভাবে কার্বক্সিলেট (COO^-) এবং অ্যামোনিয়াম (NH_3^+) আয়ণ তৈরী হয়। অ্যামাইনো অ্যাসিডের এই দুই মেরুধর্ম (dipolar nature) অর্থাৎ একই অণুতে ধনাত্মক ও ঋণাত্মক আধান অবস্থান করার জন্য তাকে **জুইটারআয়ন** (Zwitterion) বলে। যেহেতু শারীরবৃত্তীয় ক্রিয়ায় অ্যামাইনো অ্যাসিড এইরূপেই অংশগ্রহণ করে তাই অ্যামাইনো অ্যাসিডকে প্রথাগত ভাবে নিম্নরূপেই বর্ণনা করা হয়।



প্রশম p^H-এ অ্যামাইনো অ্যাসিডের জুইটারআয়ণের গঠন সংকেত

যে কোন অ্যাসিডের তীব্রতা (Strength) কে তার p^{Ka} (বিয়োজন ধ্রুবক, dissociation constant) দ্বারা নিরূপন করা হয়। এটি প্রতিটি অ্যাসিডের ক্ষেত্রে নির্দিষ্ট। এই p^{ka}-এর মান যত কমবে অ্যাসিডের তীব্রতা তত বাড়বে। আবার p^{Ka}-এর মান বাড়লে আসিডের তীব্রতা কমে। এইভাবে অ্যামাইনো অ্যাসিডের কার্বক্সিল ও অ্যামাইনো অ্যাসিডের p^{Ka} মান যথাক্রমে 2 এবং 10। অ্যামাইনো অ্যাসিডে বিয়োজনধর্মী – COOH এবং – NH_3^+ গ্রুপ ছাড়াও পার্শ্বশৃঙ্খলের অর্থাৎ R গ্রুপের জন্যও একটি অতিরিক্ত p^{Ka} মান থাকতে পারে।

জীবজগতের সকল প্রাণীর ও উদ্ভিদের মধ্যে সাধারণভাবে 20 প্রকার অ্যামাইনো অ্যাসিড পাওয়া যায়। এদের গঠনগুলির সংকেত এবং বিশেষ বৈশিষ্ট্যগুলি সারণি 3A তে দেওয়া হল।

সারণি 3A : অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির বৈশিষ্ট্য, সংকেত ও ভর

নাম	সংক্ষিপ্ত নাম	রাসায়নিক গঠন ও আণবিক ভর(Mr)	pK_1 (COOH)	pK_2 (NH_2)	pK R Group	প্রোটিনে উপস্থিতি (%)
অ্যালিফাটিক (Aliphatic) অ্যামাইনো অ্যাসিড এই সকল অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলিতে অ্যালিফ্যাটিক বা অ্যালকেন (Alkane) পার্শ্বশৃঙ্খল থাকে। এরা জল বিকর্ষী (Hydrophobic)						
গ্লাইসিন Glycine	Gly – G	$H-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 75D*	2.4	9.8		7.5%
অ্যালানিন Alanine	Ala – A	$CH_3-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 89 D	2.4	9.9		9%
ভ্যালিন Valine	Val – V	$(H_3C)_2CH-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 117D	2.2	9.7		6.9%
লিউসিন Leucine	Leu – L	$(H_3C)_2CH-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 131 D	2.3	9.7		7.5%
আইসো লিউসিন Isoleucine	Ile – I	$H_3C-CH_2-CH(H_3C)-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 131D	2.3	9.8		4.6%
হাইড্রক্সি (Hydroxy) অ্যামাইনো অ্যাসিড এই সকল অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলিতে পার্শ্বশৃঙ্খলে হাইড্রক্সিল গ্রুপ থাকে। জল - আকর্ষী (Hydrophilic)						
সেরিন Serine	Ser - S	$HO-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 105 D	2.2	9.2	~ 13	7.1%
থ্রিওনিন Threonine	Thr - T	$(H_3C)(HO)CH-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 119 D	2.1	9.1	~ 13	6.0%

* Mr – এর একক হল ডালটন (Dalton)

সালফার যুক্ত অ্যামাইনো অ্যাসিড ঃ এদের পার্শ্বশৃঙ্খলে সালফার থাকে। এদের মধ্যে সিস্টিন জল আকর্ষী (Hydrrophilic) কিন্তু মিথিওনিন জল বিকর্ষী (Hydrophobic)

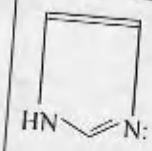
সিস্টিন Cysteine	Cys - C	$HS-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 121 D	1.9	10.8	8.3	2.8%
মিথিওনিন Methionine	Met- M	$H_3C-S-(CH_2)_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 149 D	2.1	9.3		1.7%

অ্যাসিডিক অ্যামাইনো অ্যাসিড ও তাদের অ্যামাইড (Amides) ঃ পার্শ্বশৃঙ্খলেও COOH গ্রুপ থাকায় অ্যাসপারটিক ও গ্লুটামিক অ্যাসিড শারীরবৃত্তীয় pH-এও অম্লধর্মী। অ্যাসপারাজিন ও গ্লুটামিন হল এদের অ্যামাইড যাদের পার্শ্বশৃঙ্খল আধানহীন (Uncharged)। এরা সবাই জল-আকর্ষী।

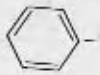
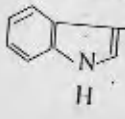
অ্যাসপারটিক অ্যাসিড Aspartic Acid	Asp - D	$HOOC-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 133 D	2.0	9.9	3.9	5.5%
অ্যাসপারাজিন Asparagine	Asn - N	$H_2N-C(=O)-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 132 D	2.1	8.8		4.4%
গ্লুটামিক অ্যাসিড Glutamic Acid	Glu - E	$HOOC-CH_2-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 147 D	2.1	9.5	4.1	6.2%
গ্লুটামিন Glutamine	Gln - Q	$H_2N-C(=O)-CH_2-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 146 D	2.2	9.1		3.9%

সিক (ক্ষারধর্মী) অ্যামাইনো অ্যাসিড ঃ এদের পার্শ্বশৃঙ্খলে বেসিক গ্রুপ থাকে। এরা জল-আকর্ষী। এদের মধ্যে হিস্টিডিন সর্বাপেক্ষা কম ক্ষারধর্মী।

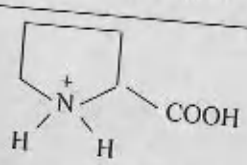
আর্জিনিন Arginine	Arg - R	$HN(C(=NH)NH_2)-CH_2-CH_2-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 174 D	1.8	9.0	12.5	4.7%
াইসিন ysine	Lys - K	$H_2N-(CH_2)_4-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 146 D	2.2	9.2	10.8	7.0%

হিষ্টিডিন Histidine	His - H	 $CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 154 D	1.8	9.2	6.0	2.1%

অ্যারোমেটিক (Aromatic) অ্যামাইনো অ্যাসিড ঃ এদের পার্শ্বশৃঙ্খলে বেঞ্জিন রিং থাকে। এরা আলোকের অতিবেগুণী (UV) রশ্মিকে শোষন করতে পারে। মূলত জল-বিকর্ষী।

ফিনাইল অ্যালানিন Phenylalanine	Phe - F	 $-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 165 D	2.2	9.2		3.5%
টাইরোসিন Tyrosine	Tyr - Y	$-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 181 D	2.2	9.1	10.1	3.5%
ট্রিপ্টোফ্যান Tryptophan	Trp - W	 $-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 204 D	2.4	9.4		1.1%

সাইক্লিক অ্যামাইনো অ্যাসিড ঃ পার্শ্বশৃঙ্খলে এই সাইক্লিক রিং থাকে। তবে এর অনেক বৈশিষ্ট্য অ্যালিফ্যাটিক অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে মেলে। এই রিং যদিও খুবই দৃঢ় প্রকৃতির তাই প্রোলিন প্রোটিনের folding-এ বাধা প্রদান করে।

প্রোলীন Proline	Pro - P	 Mr = 115 D	2.0	10.6		4.6%

3.3 পরিবর্তিত (Modified) অ্যামাইনো আসিড

আমরা যে 20 টি অ্যামাইনো অ্যাসিডের গঠন ও ধর্ম আলোচনা করলাম সেগুলি জিন অর্থাৎ DNA দ্বারা নির্ধারিত (coded) হয় এবং সরাসরি প্রোটিনে সংযুক্ত হয়।

কিছু অ্যামাইনো অ্যাসিড আবার রাসায়নিক পরিবর্তনের পরও প্রোটিনে যুক্ত হয়। নীচের সারণিতে এদের একটি তালিকা দেওয়া হল।

সালফার যুক্ত অ্যামাইনো অ্যাসিড ঃ এদের পার্শ্বশৃঙ্খলে সালফার থাকে। এদের মধ্যে সিস্টিন জল আকর্ষী (Hydrrophilic) কিন্তু মিথিওনিন জল বিকর্ষী (Hydrophobic)

সিস্টিন Cysteine	Cys - C	$HS-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 121 D	1.9	10.8	8.3	2.8%
মিথিওনিন Methionine	Met- M	$H_3C-S-(CH_2)_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 149 D	2.1	9.3		1.7%

অ্যাসিডিক অ্যামাইনো অ্যাসিড ও তাদের অ্যামাইড (Amides) ঃ পার্শ্বশৃঙ্খলেও COOH গ্রুপ থাকায় অ্যাসপারটিক ও গ্লুটামিক অ্যাসিড শারীরবৃত্তীয় pH-এও অম্লধর্মী। অ্যাসপারাজিন ও গ্লুটামিন হল এদের অ্যামাইড যাদের পার্শ্বশৃঙ্খল আধানহীন (Uncharged)। এরা সবাই জল-আকর্ষী।

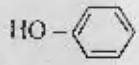
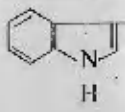
অ্যাসপারটিক অ্যাসিড Aspartic Acid	Asp - D	$HOOC-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 133 D	2.0	9.9	3.9	5.5%
অ্যাসপারাজিন Asparagine	Asn - N	$H_2N-C(=O)-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 132 D	2.1	8.8		4.4%
গ্লুটামিক অ্যাসিড Glutamic Acid	Glu - E	$HOOC-CH_2-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 147 D	2.1	9.5	4.1	6.2%
গ্লুটামিন Glutamine	Gln - Q	$H_2N-C(=O)-CH_2-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 146 D	2.2	9.1		3.9%

বেসিক (ক্ষারধর্মী) অ্যামাইনো অ্যাসিড ঃ এদের পার্শ্বশৃঙ্খলে বেসিক গ্রুপ থাকে। এরা জল-আকর্ষী। এদের মধ্যে হিস্টিডিন হল সর্বাপেক্ষা কম ক্ষারধর্মী।

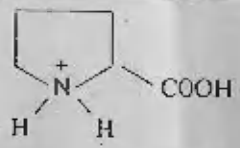
আর্জিনিন Arginine	Arg - R	$HN-CH_2-CH_2-CH_2-CH(NH_2)-COOH$ $C(=NH)-NH_2$ Mr = 174 D	1.8	9.0	12.5	4.7%
লাইসিন Lysine	Lys - K	$H_2N-(CH_2)_4-CH(NH_2)-COOH$ Mr = 146 D	2.2	9.2	10.8	7.0%

হিস্টিডিন Histidine	His - H	$CH_2 - CH - COOH$ (NH$_2$) Mr = 154 D	1.8	9.2	6.0	2.1%

অ্যারোমেটিক (Aromatic) অ্যামাইনো অ্যাসিড ঃ এদের পার্শ্বশৃঙ্খলে বেঞ্জিন রিং থাকে। এরা আলোকের অতিবেগুনী (UV) রশ্মিকে শোষন করতে পারে। মূলত জল-বিকর্ষী।

ফিনাইল অ্যালানিন Phenylalanine	Phe - F	$CH_2 - CH - COOH$ (NH$_2$) Mr = 165 D	2.2	9.2		3.5%
টাইরোসিন Tyrosine	Tyr - Y	 $CH_2 - CH - COOH$ (NH$_2$) Mr = 181 D	2.2	9.1	10.1	3.5%
ট্রিপ্টোফ্যান Tryptophan	Trp - W	 $CH_2 - CH - COOH$ (NH$_2$) Mr = 204 D	2.4	9.4		1.1%

সাইক্লিক অ্যামাইনো অ্যাসিড ঃ পার্শ্বশৃঙ্খলে এই সাইক্লিক রিং থাকে। তবে এর অনেক বৈশিষ্ট্য অ্যালিফ্যাটিক অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে মেলে। এই রিং যদিও খুবই দৃঢ় প্রকৃতির তাই প্রোলিন প্রোটিনের folding এ বাধা প্রদান করে।

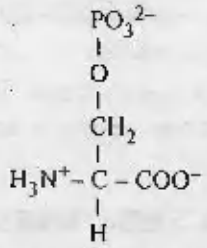
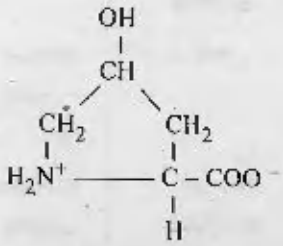
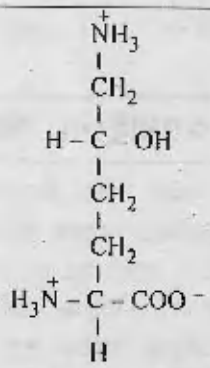
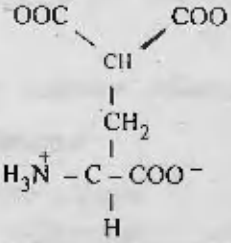
প্রোলীন Proline	Pro - P	 Mr = 115 D	2.0	10.6		4.6%

3.3 পরিবর্তিত (Modified) অ্যামাইনো আসিড

আমরা যে 20 টি অ্যামাইনো অ্যাসিডের গঠন ও ধর্ম আলোচনা করলাম সেগুলি জিন অর্থাৎ DNA দ্বারা নির্ধারিত (coded) হয় এবং সরাসরি প্রোটিনে সংযুক্ত হয়।

কিছু অ্যামাইনো অ্যাসিড আবার রাসায়নিক পরিবর্তনের পরও প্রোটিনে যুক্ত হয়। নীচের সারণিতে এদের একটি তালিকা দেওয়া হল।

সারণি 3 B ঃ পরিবর্তিত অ্যামাইনো অ্যাসিড

নাম	আনবিক সংকেত	উপস্থিতি
ফসফোসেরিন (Phosphoserine)		উদ্ভিদ প্রোটিনে গ্লাইসিন থেকে সেরিন উৎপন্ন হওয়ার সময় ফসফোসেরিন একটি মধ্যবর্তী অবস্থা।
4 - হাইড্রক্সিপ্রোলীন (4 - Hydroxyproline)		কোলাজেন (collagen) নামক অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ প্রাণী প্রোটিনের 12% উপাদান।
δ - হাইড্রক্সিলাইসিন (δ - Hydroxylysine)		কোলাজেন প্রোটিনের 1% উপাদান
γ - কার্বক্সিগ্লুটামিক অ্যাসিড (γ - Carboxyglutamic acid)		প্রোথ্রম্বিন (Prothrombin) নামক রক্ততঞ্চনকারী প্রোটিন

3.4 নন প্রোটিন (Non-protein) অ্যামাইনো অ্যাসিড

বহু সংখ্যক অ্যামাইনো অ্যাসিড আবার কোনও প্রোটিনে সংযুক্ত হয় না কিন্তু নানাবিধ কার্য সম্পন্ন করে এদের মধ্যে β - অ্যালানিন, D - অ্যালানিন, γ - অ্যামিনোবিউটাইরিক অ্যাসিড (γ - Aminobutyric acid), D - গ্লুটামিক অ্যাসিড, L - হোমোসেরিন, L - অর্নিথিন (L - Ornithine), সারকোসিন (Sarcosine), L - থাইরক্সিন (L - Thyroxine), ক্রিয়েটিন (Creatin) ইত্যাদি উল্লেখযোগ্য।

উচ্চশ্রেণীর উদ্ভিদে এইরকম ননপ্রোটিন অ্যামাইনো অ্যাসিডের আধিক্য দেখা যায়। নীচের সারণিতে এদের কয়েকটি উদাহরণ দেওয়া হল।

সারণি 3C ঃ নন প্রোটিন আমাইনো অ্যাসিড

নাম	উৎপত্তি	উপস্থিতি
L - অ্যাজেটিডিন - 2 কার্বক্সিলিক অ্যাসিড (L - Azetidine - 2 Carboxylic acid	প্রোলীন	সলোমন সীল উদ্ভিদ (Polygonatum multiflorum)-এর রাইজোম (Rhizome) -এর 50% উপাদান
অরসিল L-অ্যালানিন (Orcyl - L - alanine)	ফিনাইল অ্যালানিন	কর্নককল (Corncockle) উদ্ভিদ (Agrostemma gitnago) -এর বীজ
অ্যালো-থ্রিওনিন (Allo-threonine)	থ্রিওনিন	Amanita Phalloides-এর টক্সিন (toxin)

3.5 প্রয়োজনীয় (Essential) অ্যামাইনো অ্যাসিড

জীবজগতে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষ করার ক্ষমতা সকল জীবের সমান নয়। অনেক ব্যাকটেরিয়া এবং প্রায় সকল উদ্ভিদ 20 টি অ্যামাইনো অ্যাসিড-ই নিজদেহে সংশ্লেষ করতে পারে। কিন্তু স্তন্যপায়ী প্রাণীরা মাত্র অর্ধেক সংখ্যক অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষিত করতে পারে। সুতরাং বাকী আমাইনো অ্যাসিডগুলির প্রয়োজন মেটাতে তাদের খাদ্য থেকে ঐগুলি সংগ্রহ করতে হয়। উদ্ভিজ্জ প্রোটিন থেকে মানুষ তার ঐ প্রয়োজনীয় অ্যামাইনো আসিডগুলির অধিকাংশই পেয়ে যায়। উদ্ভিজ্জ প্রোটিনে শুধু লাইসিন, মিথিওনিন ও ট্রিপটোফ্যানের উপস্থিতি কম থাকে। নীচের সারণিতে মানুষের প্রয়োজনীয় এবং অপ্রয়োজনীয় (অর্থাৎ মানুষ এইগুলির সংশ্লেষ সক্ষম) অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির তালিকা দেওয়া হল।

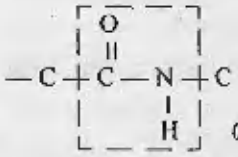
সারণি 3D ঃ প্রয়োজনীয় অ্যামাইনো অ্যাসিড

প্রায়োজনীয়	অপ্রয়োজনীয়
আর্জিনিন, হিষ্টিডিন, আইসোলিউসিন, লিউসিন, লাইসিন, মিথিওনিন, ফিনাইল-অ্যালানিন, থ্রিওনিন, ট্রিপটোফ্যান ও ভ্যালিন	অ্যালানিন, অ্যাসপারাজিন, অ্যাসপ্যারটিক অ্যাসিড, সিষ্টিন, গ্লুটামিক অ্যাসিড, গ্লাইসিন, প্রোলীন, সেরিন, টাইরোসিন

3.6 পেপটাইড বন্ধনী ও পেপটাইড

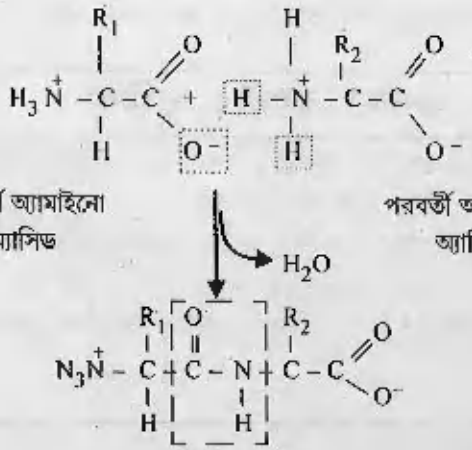
প্রোটিনের প্রাথমিক স্তরের গঠন বা Primary Structure, যাকে জীবরসায়নবিদ্‌রা I^0 গঠন বলেন, সম্পন্ন হয় অ্যামাইনো অ্যাসিড এককগুলির পরপর সংযুক্তির মাধ্যমে পলিমার গঠনে।

একটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের α - অ্যামাইনো গ্রুপ পূর্ববর্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডটির কার্বক্সিল গ্রুপের সহিত একটি বিশেষ ধরনের অ্যামাইড (Amide) বন্ধনী (Bond) দ্বারা যুক্ত হয়, যাকে পেপটাইড বন্ধনী বলে। ইহা একটি কোভ্যালেন্ট বন্ধনী।



পেপটাইড বন্ধনী

এই পেপটাইড বন্ধনী সৃষ্টি হওয়ার সময় এক অণু H_2O বেরিয়ে যায় নিম্নরূপে ঃ



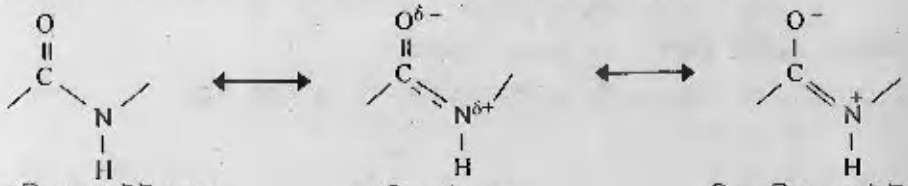
পূর্ববর্তী অ্যামাইনো অ্যাসিড

পরবর্তী অ্যামাইনো অ্যাসিড

পেপটাইড বন্ধনী

পর পর এইভাবে অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি সংযুক্ত হয় বলে প্রোটিনের I^0 গঠন সৃষ্টিকে অনেকে পর্যায়ক্রমে জল বিয়োজন বিক্রিয়া (Serial dehydration reaction) বলে।

এই পেপটাইড বন্ধনীর C = O গ্রুপের মধ্যে আবার ইলেকট্রন (electron) স্থানান্তরিত (delocalization) হয়। ফলে মধ্যবর্তী আংশিক ডাইপোল (Partial Dipol) গঠিত হয়। ফলে রেসোনেন্স (Resonance) সৃষ্টি হয় এবং পেপটাইড বন্ধনীটি দ্বি-বন্ধন (Double bond) যুক্ত হয়ে যায়। এইভাবে পেপটাইড বন্ধনীর এক বন্ধনী থেকে দ্বি-বন্ধনী হয়ে যাওয়াকে আংশিক দ্বিবন্ধনী (avasi double bond) বৈশিষ্ট্য বলে।



একক বন্ধনী যুক্ত পেপটাইড বন্ড

আংশিক ডাইপোল

দ্বি-বন্ধনী যুক্ত পেপটাইড বন্ড

3.7 পলিপেপটাইড

প্রোটিনের 1^0 গঠনে 2টি, 3টি, 3 থেকে 10 টি বা 10 টির অধিক অ্যামাইনো অ্যাসিড সংযুক্ত হয়ে পলিমার গঠন করলে তাদের যথাক্রমে ডাইপেপটাইড (Dipeptide), ট্রাইপেপটাইড (Tripeptide), অলিগোপেপটাইড (Oligopeptide) এবং পলিপেপটাইড (Polypeptide) বলে।

পলিপেপটাইডগুলি সাধারণতঃ 40 থেকে 4000 অ্যামাইনো অ্যাসিড একক সংযক্তির ফলে তৈরী হয় এবং জীবদেহে প্রোটিনের প্রাথমিক গঠনে মূলতঃ পলিপেপটাইডই থাকে। আরও সঠিকভাবে বলতে গেলে একটি বিশিষ্ট (Typical) প্রোটিনে কমপক্ষে 100 টি অ্যামাইনো অ্যাসিড থাকে। আবার আমরা আগেই জেনেছি যে বেশীর ভাগ প্রোটিন 20 ধরনের অ্যামাইনো অ্যাসিড দ্বারা তৈরী। সুতরাং অঙ্কের হিসাবে নূনতমপক্ষে 20^{100} অর্থাৎ $1{\cdot}27 \times 10^{130}$ টি সম্ভাব্য পলিপেপটাইড শৃঙ্খল এইভাবে সৃষ্টি হতে পারে। এক্ষেত্রে আলোচনার সাপেক্ষে তুলনা করা যেতে পারে যে এই ব্রহ্মাণ্ডে মোট অণুর সংখ্যা 9×10^{78}-এর চেয়ে প্রোটিনের সম্ভাব্য সংখ্যা অনেক অনেক গুণ বেশী। আবার অধিকাংশ প্রোটিনে অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংখ্যা 100-র চেয়ে অনেক বেশী থাকে। এর থেকে প্রোটিনের গঠনগত ও কার্যগত বৈশিষ্ট্যের বিভিন্নতার ধারনা করা যেতে পারে।

3.8 প্রোটিন গঠনে অন্যান্য বন্ধনীর ভূমিকা

যে কোন পেপটাইডের প্রাথমিক বন্ধনীটি পেপটাইড বন্ধনী হলেও আরও কিছু বন্ধনী প্রোটিনের প্রাথমিক (1^0) ও দ্বিমাত্রিক (2^0) বা তদূর্ধ্ব গঠনে অংশ গ্রহন করে।

যেমন পলিপেপটাইড শৃঙ্খলে পরস্পরের মধ্যে কিছু দূরত্বে থাকলেও সিস্টিন (Cystine) অ্যামাইনো অ্যাসিড এককগুলি নিজেদের মধ্যে ডাইসালফাইড (Disulfide) নামক বন্ধনী সৃষ্টি করে। যাকে – S – S – বন্ধনী বলে। এছাড়াও পরবর্তী পর্যায়ের প্রোটিন গঠনে হাইড্রোজেন বন্ধনী, হাইড্রোফোবিক বন্ধনী, আয়নিক বন্ধনী ইত্যাদি নন-কোভ্যালেন্ট বন্ধনী সৃষ্টি হয়।

3.9 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

A. শূন্যস্থান পূরণ করুণ ঃ

1. —— প্রথম প্রোটিন শব্দটির উল্লেখ করেন।
2. প্রোটিনের রাসায়নিক একক হল ——।
3. α-কার্বনটি সকল অ্যামাইনো অ্যাসিডেই ——।
4. 2টি অণুর আণবিক গঠন অপ্রতিস্থাপনীয় প্রতিচ্ছবি গঠন করলে তাদের —— বলে।
5. একই অণুতে ধনাত্মক ও ঋণাত্মক আধান অবস্থান করলে তাকে —— বলে।
6. —— হল একটি সাইক্লিক অ্যামাইনো অ্যাসিড।
7. পেপটাইড বন্ধনীটি একটি —— দ্বিবন্ধনী যন্তবন্ধনী।
8. যে পেপটাইডে 3 থেকে 10 টি অ্যামাইনো অ্যাসিড সংযক্ত থাকে, তাকে —— বলে।

B. ডান ও বামদিকের সমন্বয় সাধন করুন ঃ

বাম দিক	ডান দিক
1. স্টিরিও আইসোমার	1. ডাইসালফাইড বন্ধনী
2. লিউসিন	2. কোলাজেন
3. থ্রিওনিন	3. অ্যামাইড
4. সিস্টিন	4. ক্ষারধর্মী অ্যামাইনো অ্যাসিড
5. গ্লুটামিন	5. অ্যারোমেটিক অ্যামাইনো অ্যাসিড
6. আর্জিনিন	6. আলোক ঘূর্ণন
7. টাইরোসিন	7. হাইড্রক্সি অ্যামাইনো অ্যাসিড
8. হাইড্রক্সিপ্রোলীন	8. অ্যালিফ্যাটিক পার্শ্ব শৃঙ্খল

C. সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন ঃ

1. অ্যামাইনো অ্যাসিডের রাসায়নিক গঠন বর্ণনা করুন।
2. প্রোলীনের গঠন বর্ণনা করুন।
3. জল-বিকর্ষী (Hydrophobic) অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির নাম উল্লেখ করুন।
4. 2 টি ননপ্রোটিন অ্যামাইনো অ্যাসিডের নাম করুন যাদের উদ্ভিদে পাওয়া যায়।
5. প্রয়োজনীয় অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির নাম লিখুন।
6. পেপটাইড বন্ধনী গঠনের বর্ণনা দিন।

3.10 উত্তর সংকেত ঃ

A. 1. মুল্ডার ও বার্জেলিয়াস
2. অ্যামাইনো অ্যাসিড
3. অনিয়মিত
4. এনানসিওমার
5. জুইটারআয়ণ
6. প্রোলীন
7. আংশিক
8. অলিগোপেপটাইড।

B.

বাম দিক	ডান দিক
(1)	(6)
(2)	(8)
(3)	(7)
(4)	(1)

বাম দিক	ডান দিক
(5)	(3)
(6)	(4)
(7)	(5)
(8)	(2)

C. 1. 3·2 দ্রষ্টব্য

2. সারণি 3 A দ্রষ্টব্য

3. সারণি 3 A দ্রষ্টব্য

4. 3·4 দ্রষ্টব্য

5. সারণি 3D দ্রষ্টব্য

6. 3.6 দ্রষ্টব্য

একক 4 ❑ প্রোটিনের গঠন (Structure of Protein)

গঠন

4.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

4.2 প্রোটিনের গঠনগত ধর্ম

4.3 প্রোটিনের গঠনগত একক

4.3.1 পেপটাইড বন্ধনী

4.3.2 পলিপেপটাইড

4.3.3 আনুসঙ্গিক উপাদান

4.3.4 বিভিন্ন ধরণের অ্যামাইনো অ্যাসিড

4.4 প্রোটিনের গঠন

4.4.1 প্রাথমিক গঠন

4.4.2 গৌণ গঠন

4.4.3 প্রগৌণ গঠন

4.4.4 উপ-প্রগৌণ গঠন

4.5 সারাংশ

4.6 অন্তিম প্রশ্নাবলী

4.7 উত্তরমালা

4.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা ঃ

জীবজগতের সবচাইতে বহুমুখী উপযোগিতা সম্পন্ন বৃহদাণু (macromolecule) হল প্রোটিন। জীবের জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়াসমূহে তারা যেমন অনুঘটকরূপে কাজ করে তেমনই কোষীয় পরিবহনে তারা সাহায্য করে। প্রোটিন যেমন অক্সিজেন সংবন্ধনের জন্য দায়ী তেমনই দেহকে প্রতিরক্ষা প্রদানের জন্য দায়ী। প্রোটিন অণুগুলির মাধ্যমেই সংবেদন কোষ থেকে কোষান্তরে যায়; প্রোটিনই নিয়ন্ত্রন করে বৃদ্ধির ও বিকাশের বিভিন্ন পর্যায়। পাঠক্রমের এই পর্যায়ে আমরা প্রোটিন অণুর গঠন সম্পর্কে আলোচনা করব। এই পর্যায়টি অধ্যয়নের পর আপনি জানতে পারবেন ঃ

- প্রোটিনের বহুমুখী ভূমিকাসাধক ধর্মগুলি কি কি?
- প্রোটিন গঠনকারী একক উপাদান কি?

- প্রোটিনের প্রাথমিক, গৌণ ও প্রগৌণ গঠন বলতে কি বোঝায়?
- প্রোটিনের ত্রি-মাত্রিক গঠন বলতে কি বোঝায়?

4.2 প্রোটিনের গঠনগত ধর্ম

নিম্নলিখিত ধর্মগুলি প্রোটিন অণুকে বহু ভূমিকাসাধক গঠনগত বৈশিষ্ট্য প্রদান করে ঃ

- প্রোটিন হল রেখাকৃতি (linear) বৃহদাণু যা **অ্যামাইনো অ্যাসিড** নামক বহুসংখ্যক একক অণু দ্বারা গঠিত। প্রোটিনের কাজের সঙ্গে অ্যামাইনো অ্যাসিডের রৈখিক বিন্যাস ঠিক কতটা সম্পর্কিত? মনে রাখতে হবে প্রোটিনের কাজের বিশিষ্টতা নির্ভর করে সেটির ত্রিমাত্রিক (3D) গঠনের উপর। প্রোটিন অণু রেখাকৃতি হলেও তা নিজে থেকেই 3D গঠন গড়ে নিতে সক্ষম। এই 3D গঠনের বিশিষ্টতা নির্ভর করে অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির বিন্যাসের উপর।

- **প্রোটিন অণুতে বহু রকমের কার্যকরী মূলক থাকে।** এই মূলকগুলি অ্যালকোহল, ইথার, কার্বক্সিল ইত্যাদি নানারকম হতে পারে। কার্যকরী মূলকের বিভিন্নতা প্রোটিনকে বিবিধ রাসায়নিক বিক্রিয়ার অংশ নিতে সাহায্য করেছে।

- **প্রোটিন অণুগুলি পরস্পরের সঙ্গে এবং অন্য জৈব অণুর সঙ্গে জটিল সম্পর্ক স্থাপনে সক্ষম।** এর সুন্দর উদাহরণ হল ক্রোমোজোমের গঠন (নিউক্লিওজোম) বা তার প্রতিলিপিকরণ (রেপ্লিজোম, ট্রাসক্রিপটোজোম) ইত্যাদি।

- **প্রোটিন যেমন দৃঢ় তেমনই নমনীয়।** দৃঢ় গঠন বিশিষ্ট প্রোটিনগুলি সাইটোস্কেলিটন (Cytoskeleton) বা কোষকাঠামো গঠন করে। আবার প্রোটিন অণুর মধ্যে উপস্থিত কব্জার মত অংশ। লিভারের (lever) মত অংশ তাকে নমনীয়তা প্রদান করে।

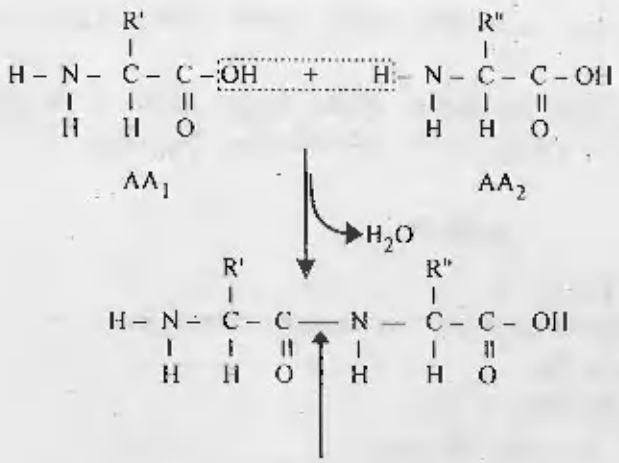
4.3 প্রোটিন গঠনের একক উপাদান হল 20টি অ্যামাইনো অ্যাসিড

প্রোটিন গঠনের একক উপাদান হল অ্যামাইনো অ্যাসিড। অ্যামাইনো অ্যাসিডের গঠন সম্পর্কে পূর্ববর্ত্তী অধ্যায় থেকে আপনাদের সবিশেষ ধারণা জন্মেছে আশা করা যায়। মনে রাখতে হবে এই যে ঃ

- কেবলমাত্র L - অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি প্রোটিন গঠনে অংশগ্রহণ করে।
- প্রোটিন সংশ্লেষের সময় প্রতিটি অ্যামাইনো অ্যাসিড তার সংলগ্ন দুটি অপর অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে যুক্ত হয়ে দীর্ঘ, অবিচ্ছিন্ন এবং অশাখা (unbranched) বৃহদাণু গঠন করে। দুটি পরস্পরের সমীপবর্ত্তী অ্যামাইনো অ্যাসিড **পেপটাইড বন্ধনী** দ্বারা সংযুক্ত হয়।

4.3.1 পেপটাইড বন্ধনী বলতে কি বোঝায়?

একটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের কার্বক্সিল মূলক যখন পার্শ্ববর্ত্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডটির অ্যামাইনো মূলকের সঙ্গে একটি জলের অণু অপসারণের মাধ্যমে যুক্ত হয় তখনই গঠিত হয় পেপটাইড বন্ধনী। নীচে প্রদত্ত বিক্রিয়াটি লক্ষ্য করুন ঃ



পেপটাইড বন্ধনী

এখানে AA_1 ও AA_2 হল দুটি ভিন্ন ভিন্ন অ্যামাইনো অ্যাসিড যারা কনডেনসেশন বিক্রিয়ার মাধ্যমে পরস্পরের সঙ্গে যুক্ত হবার দরুন একটি জলের অণু অপসারিত হয়। বিনিময়ে একটি পেপটাইড বন্ধনী গঠিত হয়। এক্ষেত্রে AA_1 এর কার্বক্সিলমূলক এবং AA_2 এর অ্যামাইনোমূলকদ্বয় এই বিক্রিয়ায় অংশ গ্রহণ করেছে।

4.3.2 পলিপেপটাইড

গড়ে 450 টি এভাবে পরস্পরসংযুক্ত অ্যামাইনো অ্যাসিড দ্বারা এক একটি প্রোটিন অণু গঠিত। তাই প্রোটিনকে অন্যভাবে **পলিপেপটাইড** বলা হয়ে থাকে। পেশির প্রোটিন **টাইটিন** (titin) হল এরকম সবচাইতে বড় পলিপেপটাইড যা 30,000 অ্যামাইনো অ্যাসিড নিয়ে গঠিত। এভাবে গঠিত একটি পলিপেপটাইডের তাহলে দুটি প্রান্তীয় অ্যামাইনো অ্যাসিড দু-ধরণের মুক্ত মূলক ধারণ করে। যে প্রান্তের অ্যামাইনো অ্যাসিডটির মুক্ত মূলকটি হল অ্যামাইনো মূলক তাকে বলে পলিপেপটাইডের N – প্রান্ত। অপরপক্ষে যে প্রান্তের অ্যামাইনো অ্যাসিডটি মুক্ত কার্বক্সিল মূলক ধারণ করে তাকে বলে পলিপেপটাইডের C – প্রান্ত।

4.3.3 আনুসঙ্গিক উপাদান

অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি ছাড়াও অনেক প্রোটিনে ভিন্নতর উপাদান দেখা যায়। যেমন **গ্লাইকো প্রোটিন** কার্বহাইড্রেট অণুর সঙ্গে যুক্ত অথবা **মেটালোপ্রোটিন** ধাতব মূলকের সঙ্গে যুক্ত, ইত্যাদি।

4.3.4 বিভিন্ন ধরণের অ্যামাইনো অ্যাসিড

যে কুড়িটি অ্যামাইনো অ্যাসিড দ্বারা প্রোটিন মুখ্যত গঠিত তাদের চারটি দলে ভাগ করা যায়— পার্শ্বীয় শৃঙ্খলের (Side chain) বিভিন্ন ধর্মের উপর ভিত্তি করে এই চারটি দল হল ঃ

(a) **মেরুবর্ত্তী এবং আধানযুক্ত** যেমন, অ্যাসপারটিক অ্যাসিড, গ্লুটামিক অ্যাসিড, লাইসিন আরজিনিন ও হিসটিডিন।

(b) **মেরুবর্ত্তী ও আধানবিহীন** যেমন, অ্যাসপারজিন, গ্লুটামিন, থ্রিওনিন, সেরিন ও টাইরোসিন।

(c) **অ-মেরুবর্ত্তী** যেমন, অ্যালানিন, ভ্যালিন, লিউসিন, আইসোলিউসিন, ট্রিপটোফ্যান।

অনুশীলনী – 1

1. নীচের প্রশ্নগুলির সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন ঃ

(a) প্রোটিন অণুতে উপস্থিত কার্যকরী মূলকগুলির মধ্যে কয়েকটির উদাহরণ দিন।

(b) প্রোটিন গঠনের একক উপাদান কি?

(c) পেপটাইড বন্ধনী গঠনের প্রক্রিয়াটিকে কি বলে?

(d) পলিপেপটাইডের N ও C প্রান্ত বলতে কি বোঝায়?

(e) একটি আধানযুক্ত এবং একটি আধানবিহীন অ্যামাইনো অ্যাসিডের উদাহরণ দিন।

(f) একটি মেরুবর্ত্তী এবং একটি অ-মেরুবর্ত্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডের উদাহরণ দিন।

(g) প্রোটিন গঠনে অংশগ্রহণকারী অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির সাধারণ ধর্ম কি?।

(ঘ) **বিশেষ ধর্মবিশিষ্ট পার্শ্বীয় শৃঙ্খল** যুক্ত অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংখ্যা তিনটি, যথাক্রমে গ্লাইসিন, প্রোলিন এবং সিসটিইন।

এই চারটি দলের ধর্মের বিভিন্নতা সম্পর্কে আপনারা ইতিপূর্বেই জেনেছেন। স্মরণে রাখা দরকার এই যে আধানধর্মীতা অথবা আধানবিহীনতা প্রোটিন গঠনের একটি বড় বৈশিষ্টের জন্য দায়। আধানবিহীন অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি একটি প্রোটিনের অর্ন্তভাগে পারস্পরিক জলনিরোধী বল দ্বারা (hydropholic interactions) যুক্ত থাকে। এর ফলে প্রতিটি প্রোটিন অণুর অর্ন্তগঠনে একটি ত্রিমাত্রিক বিশেষত্ব থাকে। এই ত্রি-মাত্রিকতা প্রোটিনের একটি গঠনগত উল্লেখযোগ্য বৈশিষ্ট্য। একই ভাবে দ্রাব্য প্রোটিন অণুর যে অংশগুলি সরাসরি জলের সংস্পর্শে আসে অর্থাৎ পরিধিস্থ অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি হল আধানযুক্ত। অর্থাৎ দেখা যাচ্ছে অ্যামাইনো অ্যাসিডের আধানের বিভিন্নতা তথা মেরুবর্ত্তীতা প্রোটিনের গঠন বৈশিষ্টের জন্য প্রত্যক্ষভাবে দায়ী।

4.4 প্রোটিনের গঠন (Structure of Protein)

প্রোটিনের গঠনকে চারটি ভিন্ন ভিন্ন স্তরের সংগঠন বা organisation দ্বারা ব্যাখ্যা করা যায়। প্রতিটি স্তরের অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির মধ্যে পারস্পরিক বিক্রিয়ার ধরণ ভিন্ন ভিন্ন। এই চারটি সাংগঠনিক স্তরকে যথাক্রমে প্রাথমিক (Primary) গৌণ (Secondary), প্রগৌণ (tertiary) এবং উপ-প্রগৌণ (Quaternary) রূপে ভাগ করা যায়।

4.4.1 প্রাথমিক গঠন (Primary Structure)

প্রোটিনের প্রাথমিক গঠন বলতে বোঝায় অ্যামাইনো অ্যাসিডের যতিবিহীন, অবিচ্ছিন্ন, রৈখিক সজ্জা বিন্যাসকে যা একটি পলিপেপটাইড শৃঙ্খল গঠন করে। 20 টি বিভিন্ন অ্যামাইনো অ্যাসিডের সমন্বয়ে গঠিত

এইরকম শৃঙ্খলের ধরণ কত হতে পারে? এটা নির্ভর করবে শৃঙ্খল প্রতি অ্যামাইনো অ্যাসিড সংখ্যার উপর। অর্থাৎ একক পলিপেপটাইডে অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংখ্যা হল 20^n (যেখানে n = অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংখ্যা)। যেহেতু n সংখ্যা অনির্দিষ্ট অতএব কার্যতঃ পলিপেপটাইডের বৈচিত্র কার্যতঃ অসীম। অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির সজ্জাক্রম জীবের জীবনে কোডগুলির সজ্জাক্রমের উপর নির্ভরশীল।

প্রোটিনের প্রাথমিক গঠনের বৈশিষ্ট্যগুলি নিম্নরূপ ঃ

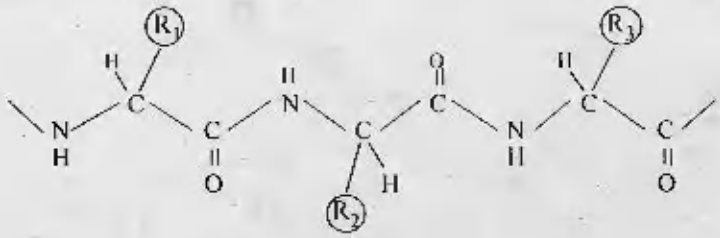
(a) প্রোটিনের প্রাথমিক গঠনটি হল n সংখ্যক (n-এর মান অনির্দিষ্ট) অ্যামাইনো অ্যাসিড দ্বারা গঠিত একটি রৈখিক (linear) শৃঙ্খল।

(b) শৃঙ্খলটি গঠিত হল দুটি পারস্পরসংলগ্ন অ্যামাইনো অ্যাসিডদ্বয়ের মধ্যে একটির α - কার্বক্সিল মূলক অপরটি α - অ্যামাইনো মূলকের সঙ্গে পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হবার ফলে।

(c) এই পেপটাইড বন্ধনী-টি তাপ-গতিবিদ্যার পরিপ্রেক্ষিতে অত্যন্ত স্থায়ী। একটি পলিপেপটাইডে পেপটাইড বন্ধনীর সংখ্যা স্বাভাবিকভাবেই অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংখ্যার উপর নির্ভরশীল। যেহেতু পেপটাইড বন্ধনী সৃষ্টি হওয়া একটি জল অপসারী বিক্রিয়া সেহেতু এটি একটি শক্তিগ্রাহী প্রক্রিয়া অর্থাৎ এতে কোষীয় শক্তি ব্যয় হয়।

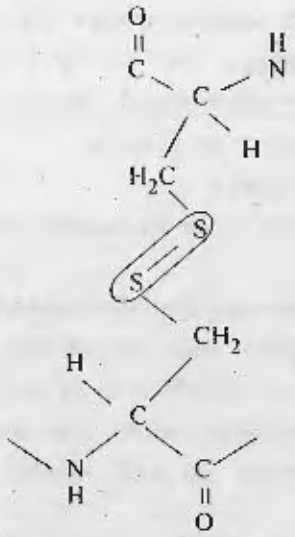
(d) একটি পলিপেপটাইড শৃঙ্খল হল সুনির্দিষ্ট মেরুবর্ত্তী অণু। এর একপ্রান্তে মুক্ত α - অ্যামাইনো মূলক থাকে (N প্রান্ত) ও অপর প্রান্তে α কার্বক্সিল (C - প্রান্ত) থাকে।

(e) একটি পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের দুটি অংশ। একটি অংশ, যাকে বলে কাঠামো বা backbone, তা বৈচিত্রহীন ও পৌনপুনিক। অপর অংশ, যা অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির R-মূলক বা পার্শ্বীয় শৃঙ্খল দ্বারা গঠিত তা হল বৈচিত্রময়।



উপরের চিত্রটি লক্ষ্য করুন। এখানে তিনটি অ্যামাইনো অ্যাসিড যে ক্ষুদ্র শৃঙ্খলটি তৈরী করেছে তার বৈচিত্রময় অংশ কেবল বৃত্ত দ্বারা চিহ্নিত R-মূলক গুলি। বাকী অংশ পর্যায়ক্রমিক অ্যামাইনো (– NH) ও কার্বনিল (– CO) মূলক দ্বারা গঠিত।

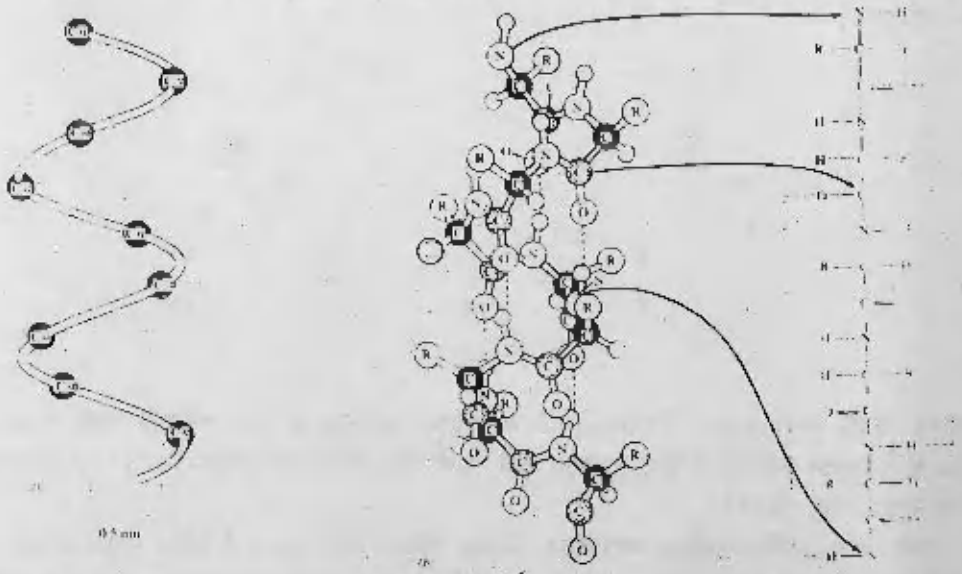
(f) কোন কোন প্রোটিনে রৈখিক অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খলগুলির মধ্যে পেপটাইড বন্ধনী ছাড়াও দ্বিতীয় অপর এক প্রকার বন্ধনী দেখা যায়। একে বলে ক্রস লিঙ্ক (Cross link)। দুটি পরস্পর সংলগ্ন সিসটিন দ্বারা গঠিত একটি শৃঙ্খলে জারন প্রক্রিয়ার ফলে ডাইসালফাইড বন্ধনী গঠিত হয়। ফলে দুটি পরস্পর সংযুক্ত বা ক্রসলিংকড সিসটিন দ্বারা গঠিত ডাইপেপটাইডকে বলে সিসটাইন (cystine)।



ডাইসালফাইড বন্ধনী

4.4.2 গৌণ গঠন (Secondary structure)

প্রোটিন অণু মাত্রই বহু সংখ্যক অণুর মধ্যে গড়ে ওঠা বহু সংখ্যক বন্ধনীর সমন্বয়। স্বাভাবিকভাবেই এর গঠন অত্যন্ত জটিল। যেহেতু বস্তু মাত্রেরই একটি ত্রিমাত্রিক বহিঃপ্রকাশ আছে সেহেতু প্রোটিনেরও একটি



Ca = α - কার্বন সম্পূর্ণ α - গড়ন H - বন্ধনীর ধরণ

চিত্র 4.1 : α - গড়ন (a) এক একটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের α - কার্বন অণুকে বৃত্তের আকারে দেখানো হয়েছে।
(b) একটি সম্পূর্ণ α - শৃঙ্খল
(c) H - bond-এর ধরণ। একটি α - কার্বন তার চার একক পরে স্থিত α - কার্বনের সঙ্গে H - Bond দ্বারা যুক্ত।

ত্রিমাত্রিক বহিঃরূপ আছে বলে ধরে নেওয়া যায়। একে আমরা **গড়ণ** বা conformation বলতে পারি। প্রোটিনের গৌণ গঠন বলতে এই **গড়ণ**-কে বোঝায়। 1951 খৃষ্টাব্দে লিনাম পাউলিং (Linus Pauling) এবং রবার্ট কোরে (Robert corey) দুটি গড়ণ প্রস্তাবিত করেন— যথাক্রমে α - গড়ণ (α - helix) ও β - গড়ণ (β - helix)। গড়ণগুলি প্যাঁচ সৃদশ, তাই helix নামে পরিচিত।

(a) α - গড়ন (α - helix) ঃ এটি হল একটি দণ্ডাকার গড়ণ। দণ্ডাকৃতি এই গঠনের অর্ন্তদেশ অত্যন্ত দৃঢ়ভাবে প্যাঁচানো কাঠামো বা backbone অংশ দ্বারা গঠিত। পরিধি অংশে বর্হিমুখীভাবে বিন্যস্ত আছে বৈচিত্রময় R - শৃঙ্খলগুলি।

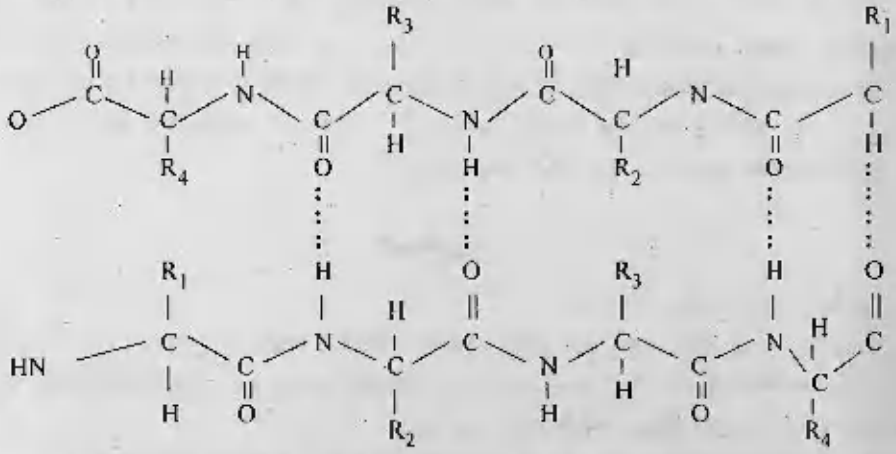
সুতরাং α - গড়নকে স্থায়ীত্ব দান করে অর্ন্তদেশের NH ও CO মূলকের মধ্যে গড়ে ওঠা হাইড্রোজেন বন্ধনী। লক্ষ্যণীয় এই যে একটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের কার্বক্সিল (CO) মূলক তার থেকে চারটি একক পূর্ববর্ত্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডটির অ্যামাইনো (NH) মূলকের সাথে হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা যুক্ত। সুতরাং কেবলমাত্র প্রান্তীয় অ্যামাইনো অ্যাসিডটি ছাড়া আর সমস্ত অ্যামাইনো অ্যাসিডই α - গড়ণে পরস্পরের সঙ্গে H - বন্ধনী দ্বারা যুক্ত। একটি একক পার্শ্ববর্ত্তী এককের তুলনায় 1.5^0 উত্থিত অবস্থায় থাকে। তাদের মধ্যে কৌণিক দূরত্ব 100^0। অর্থাৎ একটি সম্পূর্ণ প্যাঁচে (360^0) মোট অ্যামাইনো অ্যাসিড সংখ্যা হল 3.6 টি। প্রকৃতিতে এক α - গড়ণের দৈর্ঘ্য 45 Å এর মত। তবে দুই বা ততোধিক α - শৃঙ্খল পরস্পর সংযুক্ত হয়ে 1000Å বা তার থেকেও দীর্ঘ পলিপেপটাইড তৈরী করতে পারে। এর উদাহরণ হল পেশির প্রোটিন মায়োসিন, ট্রোপোমায়োসিন ইত্যাদি।

(b) **β - গড়ণ** (β - helix) ঃ β - গড়ণ বা β - Sheet ও α - গড়ণের মধ্যে পার্থক্যগুলি হল ঃ

(i) α - গড়ণ যেখানে অত্যন্ত ঘনসংবদ্ধ প্যাঁচ, β - গড়ণ সেখানে যতদূর সম্ভব ছড়ানো।

(ii) α - গড়ণ বিশিষ্ট প্রোটিনের দুটি সমীপবর্ত্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে দূরত্ব হল 1.5 Å। সেখানে β - গড়ণে এই দূরত্ব 3.5 Å

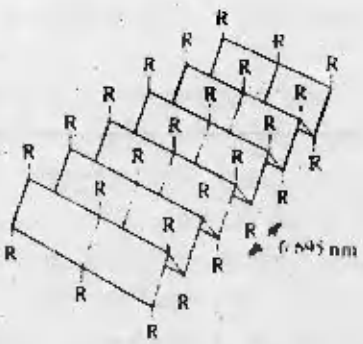
(iii) β - গড়ণ সম্পন্ন প্রোটিনে NH ও CO মূলকের মধ্যে হাইড্রোজেন বন্ধনী স্থাপিত হয় ঠিকই কিন্তু α - গড়ণের মতো একই শৃঙ্খলের অন্তর্গত দুটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে কখনই নয়। এক্ষেত্রে একটি শৃঙ্খলের মুক্ত CO-মূলক অপর একটি শৃঙ্খলের NH-মূলকের সঙ্গে যুক্ত হয়। (চিত্র 4.2 দেখুন)।



চিত্র 4.2 : β - গড়ণ দুটি প্রতি সমান্তরাল β - শৃঙ্খল প্রদর্শিত হয়েছে। ⇌ COO^- থেকে NH মুক্ত প্রান্তের অভিমুখ .... H - বন্ধনী।

প্রকৃতিতে দু'ধরণের β - গড়ণ দেখতে পাওয়া যায় ঃ

(i) সমান্তরাল β - গড়ণ (Parallel β - Sheet) ঃ একটি প্রোটিনের অন্তর্গত সব কয়টি পলিপেপটাইড শৃঙ্খল যদি এমনভাবে সজ্জিত হয় যে প্রতিটি শৃঙ্খলের N - প্রান্ত একই দিকে এবং প্রতিটিরই C - প্রান্ত ঠিক তার বিপরীত দিকে অবস্থান করে তখন সেই β - গড়ণকে বলা হয় সমান্তরাল বা Parallel গড়ণ। (চিত্র 4.3)



চিত্র 4.3 : সমান্তরাল β - শৃঙ্খল। এই ধরণের গড়ণকে β - পাত (β - sheet) বলে থাকে।

(ii) প্রতি-সমান্তরাল (antiparallel) গড়ণ ঃ এক্ষেত্রে একটি পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের N এবং C প্রান্ত পরবর্তী শৃঙ্খলের N ও C প্রান্তের তুলনায় বিপরীত মুখে অবস্থান করে। অর্থাৎ একটি β - প্রোটিন যদি 6 টি পরস্পর বিন্যস্ত পলিপেপটাইড শৃঙ্খল দ্বারা গঠিত হয় তবে প্রথম, তৃতীয় ও পঞ্চম শৃঙ্খলের N ও C প্রান্ত সমান্তরাল। অপরপক্ষে দ্বিতীয় চতুর্থ এবং ষষ্ঠ শৃঙ্খলের N ও C প্রান্ত এদের তুলনায় বিপরীতমুখী এবং পরস্পরের সঙ্গে সমান্তরাল। (চিত্র 4.2 দেখুন)

β - গড়ণসম্পন্ন গৌণ গঠন দেখতে পাওয়া যায় বিভিন্ন গঠনগত প্রোটিনে (যেমন, রেশমের ফাইব্রোনিন) অথবা গ্লোবিউলার প্রোটিন (যেমন, লাইসোজাইম বা কার্বক্সিপেপটাইডেজ ইত্যাদি)। (চিত্র 4.2 & 4.3)

α এবং β - গড়ণ ছাড়াও আরও কয়েকরকম গৌণ গড়ণ দেখতে পাওয়া যায়। এদের মধ্যে উল্লেখযোগ্য হল **র‍্যানডম কয়েল** (Random coil) এবং γ - গড়ণ। যখন কোন পলিপেপটাইড শৃঙ্খল পরস্পর সংলগ্ন আধানযুক্ত অ্যামাইনো অ্যাসিডের (যেমন গ্লুটামিক বা অ্যাসপারটিক অ্যাসিড) বিকর্ষণের ফলে এলোমেলো শৃঙ্খলাহীন গঠন ধারণ করে তখন তাকে বলে র‍্যানডম কয়েল। γ - গড়ণ হল অপেক্ষাকৃত অস্থায়ী গৌণ গড়ণ যাতে α বা β গড়ণ অপেক্ষা অধিকতর H বন্ধনী দেখা যায়।

অনুশীলনী – 2

1. সঠিক উত্তরটি বেছে নিন ঃ

(a) প্রোটিনের প্রাথমিক গঠন হল একটি রৈখিক / বৃত্তাকার শৃঙ্খল

(b) দুটি পরস্পর সংলগ্ন অ্যামাইনো অ্যাসিডের কার্বক্সিল মূলক দ্বয় / অ্যামাইনো মূলক দ্বয় / কার্বক্সিল ও অ্যামাইনো মূলক দ্বয় পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়।

(c) পেপটাইড বন্ধনী গঠন হল একটি তাপগ্রাহী / জলগ্রাহী / শক্তিগ্রাহী প্রক্রিয়া।

(d) একটি পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের বৈচিত্রময় অংশ হল তার কার্বন কাঠামো / পার্শ্বীয় শৃঙ্খল।

(e) দুটি সিসটিন অণু পরস্পরের সঙ্গে যে বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয় তাকে বলে পেপটাইড / ক্রসলিঙ্ক জাতীয় বন্ধনী।

2. সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন ঃ

(a) প্রোটিনের গৌণ গড়ণ আছে এটি প্রকল্পিত করেন কে বা কারা?

(b) α - গড়ণের অন্তর্গত অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি পরস্পরের সঙ্গে কি নিয়মে যুক্ত?

(c) α - গড়ণের একটি সম্পূর্ণ প্যাঁচে মোট এককের সংখ্যা কয়টি?

(d) β - গড়ণের পরসপরসংলগ্ন দুটি এককের মধ্যে দূরত্ব কত?

(e) β গড়ণের অন্তর্গত অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি কি নিয়মে পরস্পরের সঙ্গে যুক্ত?

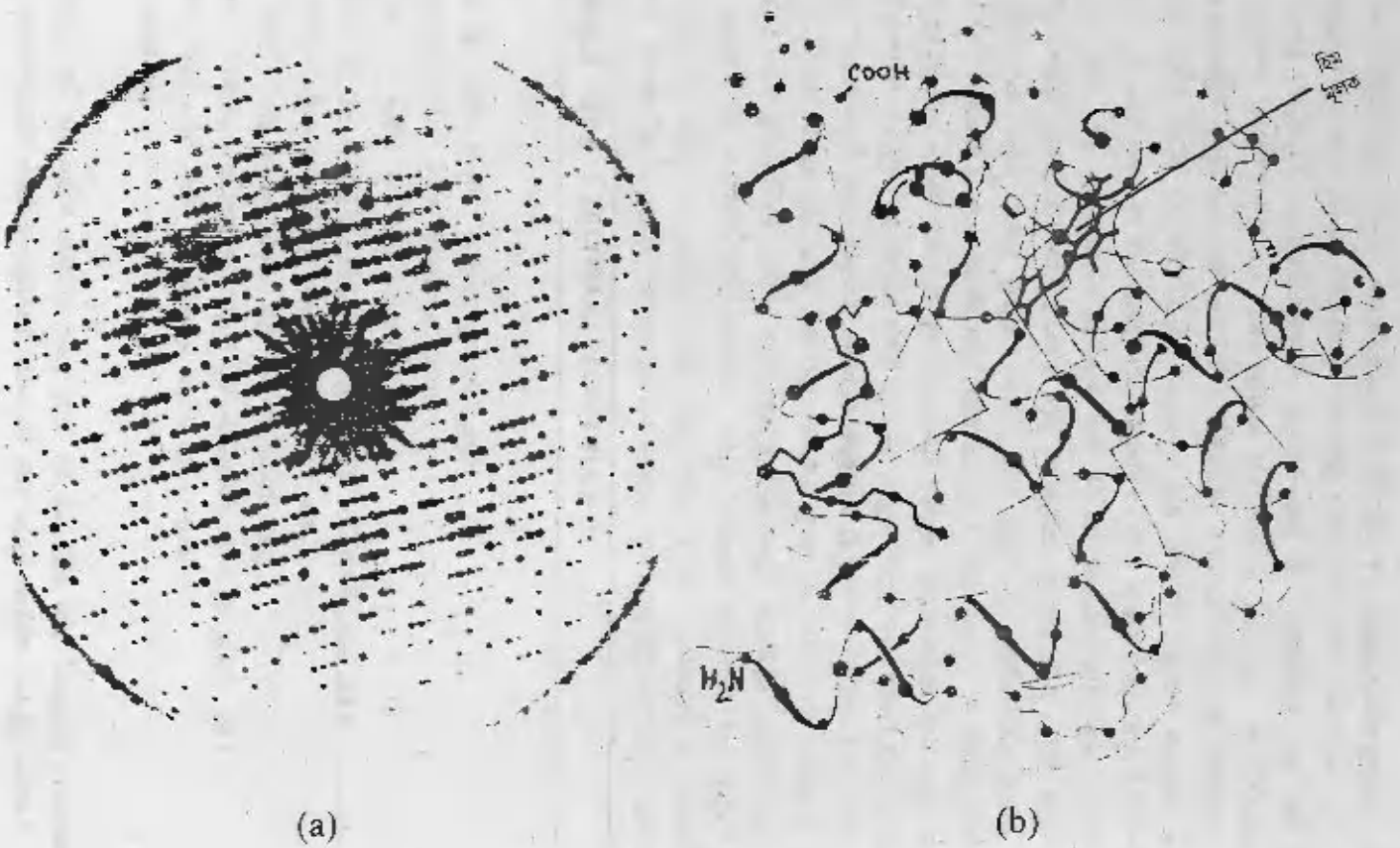
(f) সমান্তরাল β - শৃঙ্খল বলতে কি বোঝায়?

(g) প্রতি সমান্তরাল β - শৃঙ্খল বলতে কি বোঝায়?

(h) α - ও β - গড়ণ সম্পন্ন প্রোটিনের উদাহরণ দিন!!

4.4.3 প্রগৌণ গঠন (Tertiary structure)

গৌণ গঠনের পরবর্ত্তী স্তরের সাংগঠনিক বিন্যাস হল প্রগৌণ গঠন। এই দুটি সাংগঠনিক সতরের মধ্যে পার্থক্য নির্ধারণ সম্ভব হয় কেবল মাত্র সুনির্দিষ্ট পরীক্ষা পধতি দ্বারা। X-ray কেলাসচিত্র (Crystallography) এরকম একটি পধতি। এই পধতিতে কোন প্রোটিনের একটি কেলাসকে X - রশ্মি দ্বারা বিকিরিত করলে প্রোটিনের অণুগুলি থেকে ইলেকট্রনের বিচ্ছুরণ ঘটে। এই বিচ্ছুরণ একটি ফটোগ্রাফি ফিল্মের উপর আঘাত করলে অণুগুলির বিন্যাস একটি স্থিরচিত্রের মত সেই ফিলমের উপর ধরা পড়ে। এই পধতিতে প্রোটিনের দুটি প্রগৌণ গঠন চিনতে পারা যায়। যথাক্রমে দণ্ডাকৃতি **ফাইব্রাস** (Fibrous) প্রোটিন এবং প্রায় গোলাকৃতি **গ্লোবিউলার** (globular) প্রোটিন। কোষবহিস্থ সমস্ত গঠনগত প্রোটিন (যেমন কোলাজেন) হল ফাইব্রাস প্রোটিন আর কোষ অভ্যন্তরের প্রায় সমসত প্রোটিনই হল গ্লোবিউলার প্রোটিন। মায়োগ্লোবিন হল প্রথম প্রোটিন যার প্রগৌণ গঠন X-ray কেলাসচিত্র থেকে স্থাপন করা সম্ভব হয়েছিল। দেখা গেল যে মায়োগ্লোবিন হল 153 টি অ্যামাইনো অ্যাসিড দ্বারা গঠিত একটি প্রোটিন। এদের মধ্যে 75% α - শৃঙ্খল রূপে বিন্যস্ত। এক্ষেত্রে কোন β - শৃঙ্খল দেখতে পাওয়া যায় না। 7 থেকে 24টি অ্যামাইনো অ্যাসিড দ্বারা গঠিত 8টি α - শৃঙ্খল মায়োগ্লোবিন গঠন করে। এই পর্যন্ত বললে যা বোঝা যায় তা হল মায়োগ্লোবিনের গৌণ গঠন। X - ray চিত্র থেকে এরপর যা জানা গেল তা হল প্রতিটি মায়োগ্লোবিনের কেন্দ্রে একটি জলবিরোধী (hydrophobic) R - মূলক দ্বারা আবৃত কেন্দ্রে এই মায়োগ্লোবিন প্রোটিনের **হিম** (heme) মূলকের অবস্থান। শৃঙ্খলগুলির মধ্যে কোন ডাইসালফাইড বন্ধনী দেখা যায় না। সুতরাং শৃঙ্খলগুলি পরস্পরের সঙ্গে নন-কোভ্যালেন্ট সংযোগী বল (non co-valent interaction) দ্বারা যুক্ত। কেন্দ্রস্থ হিম মূলকের চারপাশের R - মূলকগুলি যেমন আধানবিহীন তেমনই প্রোটিনটির পরিধিস্থ অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির R - মূলকগুলির মধ্যে কিছু আধানযুক্ত ও কিছু আধানবিহীন। এই সমস্ত বৈশিষ্ট্য মায়োগ্লোবিনকে একটি কুণ্ডলীকৃত আকার প্রদান করে যা প্রোটিনটির প্রগৌণ গঠন রূপে পরিচিত। চিত্র 4.4-তে মায়োগ্লোবিনের X-ray চিত্র এবং সেখান থেকে নির্ধারিত প্রোটিনটির প্রগৌণ গঠন দেখান হল।



চিত্র 4.4 : প্রগৌণ গঠন (a) মায়োগ্লোবিনের X-ray বিচ্ছুরণ কেলাসচিত্র।
(b) তা থেকে নির্ণীত মায়োগ্লোবিনের 3D গঠন।

4.4.4 উপ প্রগৌণ গঠন (Quaternary structure)

যে সমস্ত প্রোটিনের গঠনে একাধিক পলিপেপটাইড শৃঙ্খল দেখতে পাওয়া যায় তাদের ক্ষেত্রে একটি পলিপেপটাইড অপর একটি পলিপেপটাইডের সঙ্গে একাধিক সমন্বায়ক বল দ্বারা যুক্ত। দুটি শৃঙ্খলের মধ্যে এই বল তেমন একটি সাদামাটা হাইড্রোজেন বা ডাইসালফাইড বন্ধনী হতে পারে, তেমনই অত্যন্ত জটিল জলনিরোধী বল (hydrophobic interaction) বা আয়নিক বন্ধনী (ionic bond) হতে পারে। উপ প্রগৌণ গঠন বলতে বস্তুতপক্ষে একটি প্রোটিনের অন্তর্গত সবকয়টি পলিপেপটাইডের মধ্যেকার পারস্পরিক আন্তঃক্রিয়াকে বোঝায়।

উপ-প্রগৌণ গঠন স্বাভাবিকভাবেই নির্ভর করে পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের সংখ্যার উপর। এক একটি পলিপেপটাইড শৃঙ্খলকে উপ-এককও বলা হয়ে থাকে। সরলতম উপ-প্রগৌণ গঠন হল দুটি উপ এককবিশিষ্ট ডাইমার (dimer)। λ ফাজের cro প্রোটিন হল এই ধরণের ডাইমারের উদাহরণ। তেমনই চারটি উপ-একক বা পলিপেপটাইড শৃঙ্খল দ্বারা গঠিত প্রোটিনের উপ-প্রগৌণ গঠনকে বলা হল টেট্রামার (tetramer)। হিমোগ্লোবিন হল একটি টেট্রামার যার দুটি উপএককে বলা হয় α এবং অপর দুটি উপ-এককে বলা হয় β। তাই হিমোগ্লোবিনকে উপ-প্রগৌণ গঠন অনুযায়ী বলা হয় একটি $\alpha_2\ \beta_2$ প্রোটিন।

চিত্র 4.5 : উপপ্রগৌণ গড়ণ। এখানে দুটি α - শৃঙ্খল ও দুটি β - শৃঙ্খল দ্বারা গঠিত হিমোগ্লোবিনের গড়ণ দেখানো হয়েছে।

পরিশেষে উপসংহাররূপে বলা যায় যে প্রোটিনের গঠনে চারটি স্তরের বিন্যাসক্রম দেখতে পাওয়া যায়।

প্রাথমিক গঠন বলতে বোঝায় মুখ্যত প্রোটিন গঠনকারী অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির সজ্জাক্রম।

গৌণ গঠন বলতে বোঝায় নিকটবর্ত্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির মধ্যেকার পারস্পরিক সংযোগসাধনকারী অবস্থানগত বৈশিষ্ট্যকে।

প্রগৌণ গঠন বলতে বোঝায় দূরবর্ত্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির মধ্যেকার সংযোগসাধনকারী বৈশিষ্ট্যকে।

উপ-প্রগৌণ গঠন বলতে বোঝায় একাধিক পলিপেপটাইড শৃঙ্খল দ্বারা গঠিত প্রোটিনের উপ এককগুলির মধ্যে সংযোগকারী বৈশিষ্ট্যকে।

4.5 সারাংশ (Summary)

প্রোটিন মাত্রেই 20টি অ্যামাইনো অ্যাসিডের ভাণ্ডার থেকে আহরিত এককগুলি দ্বারা গঠিত শৃঙ্খল।

অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি পরস্পরের সঙ্গে পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়ে গঠন করে প্রোটিনের প্রাথমিক গঠন। শৃঙ্খলাবদ্ধ পলিপেপটাইড শৃঙ্খল α অথবা β গড়ণরূপে গড়ে তোলে প্রোটিনের গৌণ গঠন। জলে দ্রাব্য প্রোটিনের গঠনের বৈশিষ্ট্য হল এই যে এর কেন্দ্রটি গড়ে ওঠে অমেরুবর্ত্তী বা আধানবিহীন একটি কোর (core) দ্বারা, এভাবে গড়ে ওঠে প্রোটিনের প্রগৌণ গঠন। একাধিক পলিপেপটাইড শৃঙ্খল দ্বারা গড়ে ওঠা প্রোটিনের গঠনকে বলা হয় তার উপ-প্রগৌণ গঠন। সব মিলিয়ে এটা বলা যায় যে প্রোটিনের ত্রিমাত্রিক গঠনটি তার বিভিন্ন স্তরের সাংগঠনিক স্তরবিন্যাসের ফলশ্রুতি।

4.6 অন্তিম প্রশ্নাবলী (Terminal Questions)

1. প্রোটিনের প্রাথমিক গঠনের বৈশিষ্ট্যগুলি সম্পর্কে যা জানেন লিখুন। উপযুক্ত বিক্রিয়াসহ পেপটাইড বন্ধনী গঠনের প্রক্রিয়াটি দেখান।

2. প্রোটিনের গৌণ গঠন বলতে কি বোঝায়? α - গড়ণ ও β - গড়ণের মধ্যে পার্থক্য নিরূপণ করুন। সমান্তরাল ও প্রতি-সমান্তরাল β - গড়ণ বলতে কি বোঝায়?

3. প্রোটিনের প্রগৌণ ও উপ-প্রগৌণ গঠন বলতে কি বোঝায়? মায়োগ্লোবিন অণুর পরিপ্রেক্ষিতে প্রোটিনের প্রগৌণ গঠনটি আলোচনা করুন। একটি ডাইমার ও একটি টেট্রামার উপ-প্রগৌণ গঠন বিশিষ্ট প্রোটিনের নাম লিখুন।

4.7 উত্তরমালা (Answer)

অনুশীলনী – 1

(a) অ্যালকোহল, ইথার, কার্বক্সিল মূলক ইত্যাদি।

(b) অ্যামাইনো অ্যাসিড।

(c) কনডেনশেসন।

(d) প্রোটিনের যে প্রান্তে মুক্ত অ্যামাইনো মূলক থাকে তাকে বলে N - প্রান্ত এবং যে প্রান্তে মুক্ত কার্বক্সিল মূলক থাকে তাকে বলে C - প্রান্ত।

(e) যথাক্রমে গ্লুটামিক অ্যাসিড ও গ্লুটামিন।

(f) যথাক্রমে গ্লুটামিক অ্যাসিড ও অ্যালানিন।

(g) এগুলি সবই L - ধর্মী।

অনুশীলনী – 2

1. (a) রৈখিক।

(b) কার্বক্সিল ও অ্যামাইনো মূলকদ্বয়।

(c) শক্তিবাহী।

(d) পার্শ্বীয় শৃঙ্খল।

(e) ক্রসলিঙ্ক।

2. (a) লিনাস পাউলিং এবং রবার্ট কোরে (1951)
   (b) একটির CO মূলক তার থেকে চার একক পূর্ববর্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডের – NH মূলকের সঙ্গে যুক্ত।
   (c) 3.6 টি।
   (d) 3.5 Å
   (e) একটি শৃঙ্খলের CO মূলক অপর শৃঙ্খলের – NH মূলকের সঙ্গে যুক্ত।
   (f) যদি সবকয়টি শৃঙ্খলের N ও C প্রান্ত পরস্পরের সমান্তরাল থাকে তাহলে তাকে বলে α - শৃঙ্খল।
   (g) যদি সব কয়টি শৃঙ্খলের N ও C প্রান্ত এমনভাবে সজ্জিত থাকে যাতে একটির N ও C প্রান্ত পার্শ্ববর্তী শৃঙ্খলটির তুলনায় বিপরীতভাবে বিন্যস্ত তখন তাকে বলে β - শৃঙ্খল।
   (h) α - শৃঙ্খল — মায়োসিন, ট্রোপোমায়োসিন
   β - শৃঙ্খল — লাইসোজাইম, কার্বক্সিপেপটাইডেজ।

অন্তিম প্রশ্নাবলী

1. 4.4.1 অংশাঙ্কিত বিষয়টি পড়ে উত্তর দিন।
2. গৌণ গঠন বলতে প্রোটিনের ত্রিমাত্রিক (3D) রূপ তথা Conformation কে বোঝায়? 4.4.2 অংশাঙ্কিত বিষয় পড়ে উত্তর দিন।
3. 4.4.3 এবং 4.4.4 অংশে প্রগৌণ এবং উপ-প্রগৌণ গঠন সম্পর্কে আলোচনা করা হয়েছে। ডাইমার হল λ ফাজের cro প্রোটিন, টেট্রামার হল হিমোগ্লোবিন। $\alpha_2 \beta_2$ কেন বলা হয় তা লিখুন।

একক 5 ❑ উৎসেচক

গঠন

5.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

5.2.1 উৎসেচক কি?

5.2.2 উৎসেচক বিজ্ঞান

5.2.3 উৎসেচকের নামকরণ

5.2.4 উৎসেচকের শ্রেণিবিন্যাস

5.2.5 উৎসেচকের প্রকার

5.2.6 উৎসেচকের ধর্ম

5.2.7 উৎসেচকে সাবস্ট্রেটের কার্যকারিতার মডেল

5.2.8 স্টিরিও স্পেসিফিসিটি

5.2.9 জিওমেট্রিক স্পেসিফিসিটি

5.2.10 উৎসেচকের সক্রিয়তা শক্তি ও ট্রানসিশন স্টেট

5.3.1 উৎসেচক গতিবিদ্যা

5.3.2 মাইকেলিস মেন্টেন সমীকরণ

5.4 উৎসেচকের কার্যকারিতার নিয়ন্ত্রকসমূহ

5.5 সহউৎসেচক বা কোএনজাইম

5.6 অ্যালোস্টেরিক উৎসেচক

5.6.1 কার্যকারিতা

5.6.2 উদাহরণ

5.7 উৎসেচক অনুঘটিত বিক্রিয়ায় বাধাদানকারী বস্তুসমূহ

5.7.1 অপরিবর্তনীয়

5.7.2 পরিবর্তনীয়

5.8 সারাংশ

5.9 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

5.10 উত্তর সংকেত

5.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা ঃ

যে কোন রাসায়নিক বিক্রিয়ায় অনুঘটকের উপস্থিতি বিক্রিয়ার গতিকে ত্বরান্বিত করে, এ কথা আমাদের জানা। যে কোন জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়ায় তেমনই অনুঘটকের প্রয়োজনীয়তা রয়েছে। শারীরবৃত্তীয় অবস্থায়

ঐ বিক্রিয়াগুলিকে তরান্বিত করাই হল উৎসেচক (Enzyme)-এর কাজ। অনুঘটকের অনুপস্থিতিতে যে জৈব রাসায়নিক ক্রিয়া বহু সময়সাপেক্ষ, 20 মিনিটের মধ্যে দ্বিতীয় প্রজন্মসৃষ্টিকারী জীবাণু ব্যাকটেরিয়ার সেই সময় কোথায়? কিংবা মানুষের স্নায়ুকোষ, যাকে তৎক্ষণাৎ রাসায়নিক বিক্রিয়ার মাধ্যমে উদ্দীপনায় সাড়া দিতে হয়?

কোষের জটিল পরিমণ্ডল যাবতীয় ক্রিয়াকর্ম উৎসেচকের দ্বারা অনুঘটিত হয় বলেই জীব সুযোগ পায় সময়ের সাথে তাল রেখে চলতে। তাই জৈব রসায়নে উৎসেচকের গুরুত্ব অপরিসীম। আরো একটি উদাহরণ দিয়ে বোঝানো যাক। এক বোতল হাইড্রোজেন পারঅক্সাইড (H_2O_2) দিনের পর দিন ফেলে রেখে দিলেও তার বিয়োজনে অনেক সময় লেগে যায়। কিন্তু কেটে যাওয়া ক্ষতে H_2O_2 দেওয়া মাত্র O_2-এর বুদবুদ উঠতে থাকে। বিয়োজিত হয় H_2O_2 জৈবনিক মাধ্যমে। এই বিয়োজনের গতিকে আরো হাজারোগুণ তরান্বিত করতে পারে একটি উৎসেচক, ক্যাটালেজ (Catalase)।

উদ্দেশ্য ঃ

এই এককটি অধ্যয়ন করলে আপনি

- উৎসেচক বিজ্ঞান সম্বন্ধে অবহিত হবেন।
- উৎসেচকের ধর্ম, নামকরণ ও শ্রেণিবিন্যাস ব্যাখ্যা করতে পারবেন।
- উৎসেচক সাবস্ট্রেট আন্তসম্পর্ক নিরূপণ করতে সক্ষম হবেন।
- উৎসেচকের গতিবিদ্যা সম্বন্ধে ধারণা করতে পারবেন।
- উৎসেচকের কার্যকারিতায় নিয়ন্ত্রকদের ভূমিকা আলোচনা করতে পারবেন।
- সহউৎসেচক ও অ্যালোস্টেরিক উৎসেচকের কাজ ব্যাখ্যা করতে সক্ষম হবেন।
- উৎসেচকের কাযে বাধাদানকারী বস্তুসমূহ সম্বন্ধে অবহিত হবেন।

5.2.1 উৎসেচক কি?

- উৎসেচক হল একটি জৈব অনুঘটক যা জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়ার গতিকে তরান্বিত করে কিন্তু বিক্রিয়ার শেষে নিজে অবিকৃত থাকে।
- উৎসচেক সাধারণতঃ অপেক্ষাকৃত মৃদু বাতাবরনে কাজ করে যেমন 100^0C-এর নীচে তাপমাত্রায়, বায়মণ্ডলীয় চাপে ও প্রশন দ্রবণে (Neutral P^H)
- উৎসেচক যে বিক্রিয়কের উপর কাজ করে তাকে সাবস্ট্রেট (Substrate) বলে। প্রতিটি উৎসেচক নির্দিষ্ট সাবস্ট্রেটের উপরই কাজ করে।
- উৎসেচকগুলি মূলতঃ প্রোটিন ধর্মী (ব্যতিক্রম ঃ কয়েকটি রাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড বা RNA, যাদের অনুঘটকের কার্যকারিতা আছে)
- উৎসেচকের কার্যকারিতাকে সাবস্ট্রেটের ঘনত্বের তারতম্য ঘটিয়ে বা অন্যান্য উপায়ে নিয়ন্ত্রন করা যায়।

5.2.2 ঃ উৎসেচক বিজ্ঞান (Enzymology)

জীববিজ্ঞানের যে শাখায় উৎসেচকদের সম্বন্ধে আলোচনা করা হয় তাকে এনজাইমোলজি (Enzymology) বলে। উনবিংশ শতাব্দীতে কোহল সন্ধান ও পরিপাক সংক্রান্ত গবেষণার ফলস্বরূপ এই বিজ্ঞানের জন্ম। তার

পরবর্তী কয়েকটি বিশেষ উল্লেখযোগ্য গবেষণা নীচের সারণিতে উল্লেখ করা হল।

সারণি 5A ঃ এনজাইমোলজি

সাল	বিজ্ঞানী	গবেষণালব্ধ ফল
1810	জোসেফ গে-ল্যুসাক	ঈষ্ট (Yeast) নামক ছত্রাক শর্করা থেকে ইথাইল অ্যালকোহল ও কার্বন ডাই-অক্সাইড তৈরী করে।
1853	জ্যাকব বার্জেলিয়াস	যবের নির্যাস (Malt extract) শ্বেতসার (Starch) কে সালফিউরিক অ্যাসিডের থেকেও দ্রুত বিয়োজিত করে। তিনি ঐ নির্যাসে ডায়াস্টেস (Diastase) নামক অনুঘটক আছে, বলেন।
1878	ফ্রেডরিক্ উইলহেম কুন্	'এনজাইম' (Enzyme) শব্দটির প্রবর্তন করেন। [গ্রীক ভাষায় 'en' শব্দটির অর্থ in বা মধ্যে এবং 'zyme'-এর অর্থ yeast বা ঈষ্ট]
1897	এডুয়ার্ড বাক্নার	কোষবিহীন ঈষ্টের নির্যাস (Cell free extract) দ্বারা গ্লুকোজ থেকে ইথাইল অ্যালকোহল সৃষ্টি।
1894	এমিল ফিশার	উৎসেচক ও সাবস্ট্রেটের কার্যকারিতার তালাচাবি (Lock & Key) মডেলের প্রস্তাব
1926	জেমস সাম্নার	প্রথম উৎসেচক কেলাসন (Crystallization)-সেই উৎসেচকটি ছিল ইউরিয়েজ (Urease)। এই কেলাসন প্রমাণ করে যে উৎসেচক প্রোটিন ধর্মী
1930-এর মধ্যভাগ	নরগ্রবা এবং কুনিজ্	উৎসেচকের প্রোটিন ধর্ম নিশ্চিত
1963	উৎসেচক নিয়ে গবেষণারত অনেক বৈজ্ঞানিক	উৎসেচকের প্রথম অ্যামাইনো অ্যাসিড সমন্বিত প্রাথমিক গঠন আবিষ্কার (উৎসেচক ঃ RNase A)
1965	উৎসেচক নিয়ে গবেষণারত অনেক বৈজ্ঞানিক	প্রথম উৎসেচকের X রশ্মি দ্বারা গঠন আবিষ্কার (উৎসেচক — লাইসোজাইম)

এর পর থেকে আজ পর্যন্ত প্রায় 2000-এর বেশী উৎসেচক পরিশোধন এবং তাদের ধর্মাবলী আবিষ্কার করা হয়েছে এবং এই গবেষণা আজও চলেছে।

5.2.3 উৎসেচকের নামকরণ

উৎসেচকদের নামকরণ করার পদ্ধতি হল তারা যে সাবস্ট্রেটকে বিয়োজিত করে তার নামের শেষে এই এজ (– ase) শব্দটি যোগ করা। যেমন,

ইউরিয়েজ (Urease) – যা ইউরিয়া (Urea)-র বিয়োজনে অনুঘটকের কাজ করে।

আবার অনেক সময়, উৎসেচকের কাজের ভিত্তিতে সেই বিশেষ কাজটির নাম উল্লেখ করে, শেষে – ase যোগ করা হয়।

যেমন, ট্রান্সফারেজ (Transferase) যা কোন বিক্রিয়ায় সাবস্ট্রেটের কোন কার্যকর গ্রুপ (functional group)-কে স্থানান্তরিত করে।

আন্তর্জাতিক জৈব রসায়ন সঙ্ঘ (International Union of Biochemistry, IUB) এইভাবে উৎসেচকের নিয়মনিষ্ঠ কার্যকারী শ্রেণিবিন্যাস ও নামকরণ করেছেন।

উৎসেচকগুলিকে অবশ্য আন্তর্জাতিক নিয়ম অনুযায়ী, এনজাইম কমিশন (Engyme Comission) সংখ্যা দ্বারাও চিহ্নিত করা হয়। যেমন, ট্রিপসিনের EC সংখ্যা হল 3.4.21.4 যেখানে, '3' দ্বারা বোঝানো হয় যে এটি একটি আর্দ্রবিশ্লেষক (Hydrolase); '4' দ্বারা বোঝানো হয় যে এটি একটি প্রোটিন বিয়োজক (Protease); '21' দ্বারা বোঝান হয় যে এটি প্রোটিনের সেরিন (Serine) নামক অ্যামাইনো অ্যাসিডের উপর ক্রিয়াশীল এবং শেষের '4' সংখ্যাটি দ্বারা বলা হয় যে এই ধরণের অন্যান্য উৎসেচকগুলির তালিকায় এর স্থান 4 নম্বরে।

5.2.4 উৎসেচকের শ্রেণিবিন্যাস

আন্তর্জাতিক নিয়মানুসারে উৎসেচকগুলিকে তাদের বহুমুখী কাজের ভিত্তিতে আপাতভাবে মোট 6 টি শ্রেণিতে বিভক্ত করা হয়েছে। যে কোন উৎসেচক বৃহদর্থে ঐ 6 টি শ্রেণির অন্তর্গত হবেই। নীচের সারণিতে এই শ্রেণিবিন্যাস দেখানো হল।

সারণি 5B : উৎসেচকের শ্রেণিবিন্যাস

শ্রেণী	নাম	অনুঘটিত বিক্রিয়ার ধরণ	উদাহরণ
1.	অক্সিডোরিডাক্টেজ (Oxydoreductaz)	সাবস্ট্রেটের জারন - বিজারন (ইলেকট্রন স্থানান্তর)	ডিহাইড্রোজিনেজ ও অক্সিজেন
2.	ট্রান্সফারেজ (Transferase)	সাবস্ট্রেট থেকে কার্যকর গ্রুপের স্থানান্তর	হেক্সোকাইনেজ, মিথাইল ট্রান্সফারেজ ইত্যাদি।
3.	হাইড্রোলেজ (Hydrolase)	সাবস্ট্রেটের আর্দ্রবিশ্লেষণ (Hydrohysis)	ট্রিপাসিন, কসকাটেজ ইত্যাদি
4.	লায়েজ (Lyase)	যৌগিক বন্ধনী ছিন্ন করে আর্দ্রবিশ্লেষণ ছাড়াই বিতাড়ণ (Elimination) বিক্রিয়ার সাহায্যে এবং দ্বিবন্ধনী (Double bond) বা রিং গঠন করে।	ডিকার্বক্সিলেজ, অ্যালডো-লেজ ইত্যাদি
5.	আইসোমারেজ (Isomerase)	সাবস্ট্রেটের মধ্যে গ্রুপ স্থানান্তর করে সাবস্ট্রেটের গঠন পরিবর্তন করলেও আণবিক গঠন অপরিবর্তিত রাখে অর্থাৎ আইসোমার গঠন করে।	সিস-ট্রানস (Cis-tram) আইসোমারেজ মিউটেজ ইত্যাদি
6.	লাইগেজ (Ligase)	অ্যাডিনোসিন ট্রাইফসফেট (ATP)-এর আর্দ্রবিশ্লেষণের মাধ্যমে দুইটি অণুকে যুক্ত করে।	RNA লাইগেজ, সিন্থেটেজ ইত্যাদি

চিত্র : 5a

চিত্র সংক্ষেপে উৎসেচকের কার্যকারিতা :

- অক্সিডোরিডাক্টেজ AH_2 (বিজারিত) + B (জারিত) $\xrightarrow{\text{উৎসেচক}}$ A (জারিত) + BH_2 (বিজারিত)
- ট্রান্সফারেজ $\underset{\uparrow}{AB}$ + C $\xrightarrow{\text{উৎসেচক}}$ A + $\underset{\uparrow}{B}C$
- হাইড্রোলেজ A – B + HOH (জল) $\xrightarrow{\text{উৎসেচক}}$ AH + B(OH)
- লায়েজ $R^1 - \overset{A}{\overset{|}{C}} - \overset{B}{\overset{|}{C}} - R^2 \xrightarrow{\text{উৎসেচক}} R^1 - C = C - R^2 + AB$
- আইসোমারেজ সাবস্ট্রেট $\xrightarrow{\text{উৎসেচক}}$ আইসোমার
- লাইগেজ Q + R + A T P $\xrightarrow{\text{উৎসেচক}}$ Q – R + ADP + Pi

5.2.5 উৎসেচকের প্রকার (Types of Enzymes)

উৎসেচক প্রোটিনগুলি মূলতঃ তিনটি ধরণের।

(1) **মনোমেরিক (Monomeric)** : এই উৎসেচকগুলির মাত্র একটি পেপটাইড শৃঙ্খল থাকে। এদের সাধারণভাবে অপেক্ষাকৃত কম বিশ্লেষণ শক্তি থাকে। এরা মূলতঃ পরিপাকে অংশগ্রহণ করে। এদের আণবিক ওজন 13000 থেকে 35000 ডালটনের মধ্যে হয়। মনোমেরিক উৎসেচকগুলি সাধারণতঃ প্রাথমিক অকার্যকর জাইমোজেন (Zymogen) দানা হিসাবে কোষে সংশ্লেষিত হয়। কোন একটি বা একাধিক সক্রিয়কের (Activators) সাহায্যে জাইমোজেনগুলি কার্যকরী উৎসেচকে পরিণত হয়। যেমন—

পেপসিনোজেন (অকার্যকর) $\xrightarrow{HCl}$ পেপসিন (কার্যকরী) + মূল প্রোটিনের অংশবিশেষ

(2) **অলিগোমেরিক (Oligomeric)** : এই উৎসেচকগুলির দুই বা ততোধিক মনোমেরিক একক থাকে। এইসব বিপাকীয় উৎসেচকগুলি কোষের অভ্যন্তরে থাকে। উদাহরণ - হেক্সোকাইনেজ, ফসফোফ্রুক্টোকাইনেজ, অ্যালডোলেজ ইত্যাদি।

(3) **মাল্টিমেরিক (Multimeric)** : এদের মাল্টিএনজাইম কমপ্লেক্স (Multienzyme complex) নামেও অবিহিত করা হয়। এদের আবার নিম্নলিখিত রূপে পাওয়া যায়।

(a) সরল মাল্টিএনজাইম : এই ধরণের উৎসেচক তন্ত্রের প্রতিটি উৎসেচক সাইটোপ্লাজমে আলাদাভাবে দ্রবীভূত থাকে। কিন্তু তারা ক্রমান্বয়ে একই বিপাকীয় পথে কার্যকর হয়।

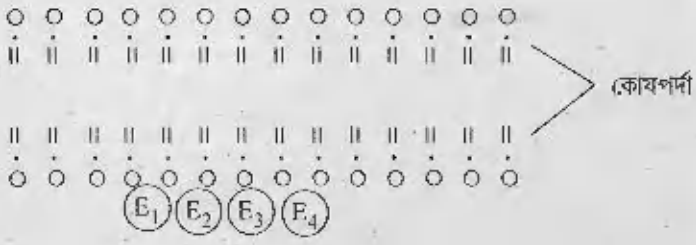
$$A \xrightarrow{E_1} B \xrightarrow{E_2} C \xrightarrow{E_3} \text{Product}$$

এরা সাধারণতঃ অ্যালোস্টেরিক (Allosteric) ধর্মীয় হয়। প্রোক্যারিওটদের ক্ষেত্রে এরা জীনের এক বিশেষ গঠন ওপেরন (Operon) দ্বারাও সংশ্লেষিত হয়। যেমন, গ্যালাক্টোজ, অ্যারাবিনোজ ইত্যাদির বিপাকে এই ধরণের অনেকগুলি উৎসেচক পরপর ব্যবহৃত হয়।

(b) সরল যৌগিক মাল্টিএনজাইম ঃ এই সকল উৎসেচকগুলি অনেক বেশী সংগঠিত। এরা ভৌত অবস্থায় ও কার্যকরী অবস্থায়ও সবকটি একক একত্রিত থাকে।

উদাহরণ ঃ ফ্যাটি অ্যাসিড সিন্থেটেস গোত্রীয় উৎসেচকগুলি ইষ্ট বা স্তন্যপায়ী প্রাণীর ক্ষেত্রে উপরের ছবির মত 7 টি বিভিন্ন অণুর দৃঢ়ভাবে সংযক্ত যৌগিক অণুরূপে থাকে।

(c) সংযক্ত যৌগিক মাল্টিএনজাইম ঃ এই যৌগিক মাল্টিএনজাইম কমপ্লেক্স কোষের কোন বৃহৎ আণবিক গঠন যেমন কোষপর্দা বা রাইবোজোমের সাথে দৃঢ়ভাবে সংযক্ত থাকে। এই জন্য এদের অনেক সময় কোষপর্দা সংযক্ত উৎসেচক তন্ত্র (Membrane bound enzyme system)-ও বলে।



উদাহরণ ঃ শ্বসন শৃঙ্খল বা Respiratory Chain-এর উৎসেচকগুলি যারা ইলেকট্রন পরিবহনে অংশগ্রহণ করে, তারা এইভাবে কোষপর্দায় সংযক্ত থাকে।

5.2.6 উৎসেচকের ধর্ম

(1) **কোলয়েড-ধর্মী (Colloidal Nature) ঃ** উৎসেচকগুলি কোলয়েড ধর্মী হওয়ায় বৃহৎ তল আয়তন বা Surface Area পায়, যা তার কার্যকারিতায় অতিরিক্ত সুবিধা প্রদান করে। একই কারণে উৎসেচকগুলি জলাকর্ষী হয় এবং মুক্ত অবস্থায় হাইড্রোসল (Hydrosol) গঠন করে। এই কারণে উৎসেচকের অনুঘটক হিসাবে কাজ করতে সুবিধা হয়।

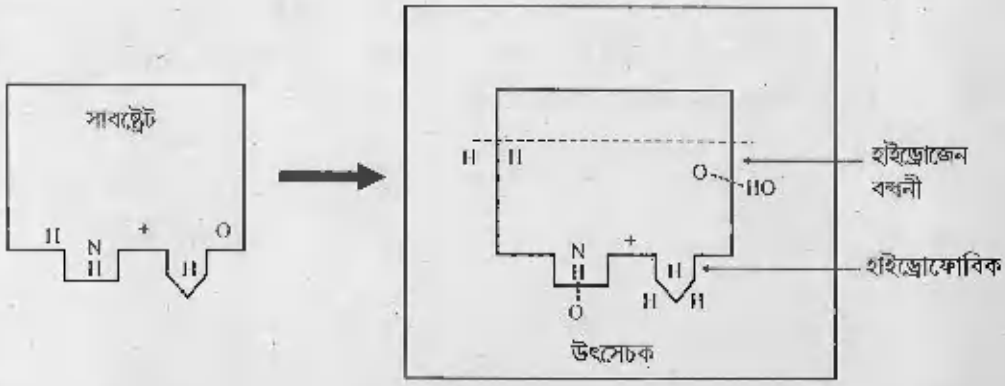
(2) **তাপ-গলন ধর্ম (Thermolabile) ঃ** বেশীরভাগ উৎসেচক তাপ সংবেদনশীল (heat-sensitive)। ফলে উৎসেচকগুলি জলের স্ফুটনাঙ্কের অনেক নীচের তাপমাত্রায়ই কার্যকর। সাধারণভাবে বেশীরভাগ

উৎসেচকই 37^0C-এ সবচেয়ে বেশী কার্যকর হয়। কিছু বিশেষ ধরণের উৎসেচক অনেক বেশী তাপমাত্রায় কার্যকর থাকে। যেমন উষ্ণপ্রস্রবনের ব্যাকটেরিয়া Thermus aqualicus-এর DNA পলিমারেজ 100^0C-এও কাজ করে।

(3) **P^H সংবেদনশীল ধর্মী ঃ** যেহেতু উৎসেচকগুলি প্রোটিন, তাই প্রোটিনের ধর্মের মতই এরাও P^H-এর ওঠানামার দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। মানুষের পাকস্থলীর P^H আম্লিক হওয়ায় পেপসিন নামক উৎসেচক সেখানেই কার্যকর কিন্তু অন্ত্রের P^H ক্ষারীয়, তাই অন্ত্রে পেপসিন কাজ করতে পারে না।

(4) **সাবস্ট্রেট নির্দিষ্টতা ঃ** যে সকল নন-কোভ্যালেন্ট বল দ্বারা উৎসেচক সাবস্ট্রেটের সঙ্গে যুক্ত হয়, তারা ধর্মের দিক দিয়ে প্রোটিনের গঠন সৃষ্টিকারী বন্ধনীগুলির সঙ্গে তুলনীয়। হাইড্রোজেন বন্ধনী, হাইড্রোফোবিক ইন্টারেকশন্, ইলেক্ট্রোস্ট্যাটিক বল, ভ্যান ডার ওয়ালের বল ইত্যাদি।

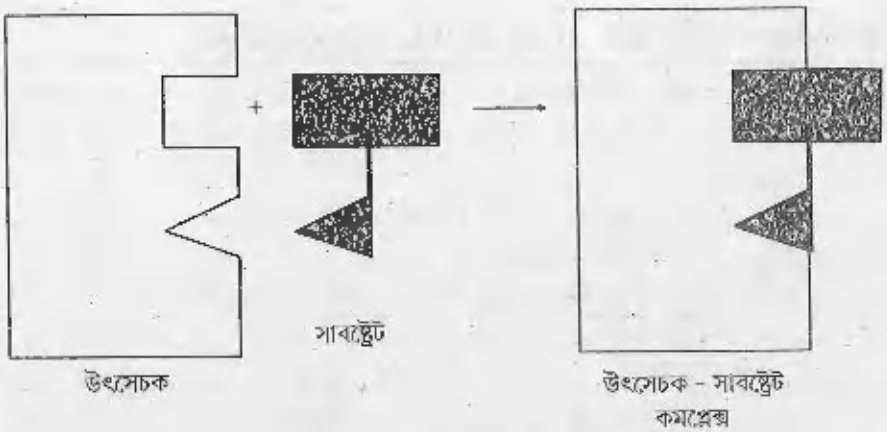
সাধারণতঃ, উৎসেচকের বহিঃতলে একটি রন্ধ্র (Cleft) বা ভাঁজ থাকে যার জ্যামিতিক গঠন সাবস্ট্রেটের গঠনের অনুপূরক (Complementary)। উৎসেচকের এই অংশটিকে সক্রিয় অংশ বা Active Site বলে। এই সক্রিয় অংশের অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি এমনভাবে সাজানো থাকে যে তারা অত্যন্ত আকর্ষনীয়ভাবে সাবস্ট্রেটের উৎসেচক বন্ধনের নির্দিষ্ট স্থানের অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির সাথে মিথস্ক্রিয়া (Interaction) করতে পারে।



চিত্র 5b : উৎসেচক - সাবস্ট্রেট কমপ্লেক্সের জ্যামিতিক (Geometrical) ও ভৌত (Physical) অনুপূরকতা (Complementarity)

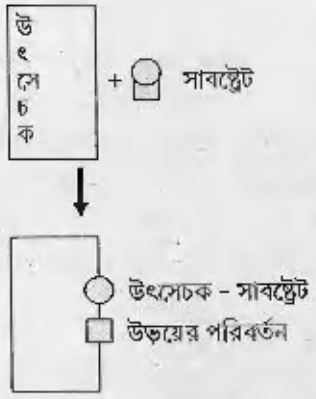
5.2.7 সাবস্ট্রেটের কার্যকারিতার মডেল

গ্লাইকোলিসিস পদ্ধতির উৎসেচকগুলি শর্করার স্টিরিওআইসোমার (Stereoisomer) গুলিকে নির্দিষ্ট করে চিনতে পারে, এটা অনুভব করে 1894 সালে এমিল ফিশার উৎসেচক সাবস্ট্রেটের নির্দিষ্টতার এই ধর্মকে তালা (Lock) এবং চাবি (key)-র সাথে তুলনা করেন। উৎসেচককের সক্রিয় অংশের এবং সাবস্ট্রেটের উৎসেচকের সাথে মিথস্ক্রিয়ার স্থানকে স্থির, দৃঢ় এবং একে অন্যের সম্পূর্ণ অনুপূরক (Perfectly Complementary) বলে এ মডেলে ধারণা করা হয়েছে।



চিত্র 5C : 'লক' এবং 'কি' মডেল

1958 সালে ড্যানিয়েল কোশল্যান্ড (জুনিয়ার) যে মডেলের প্রস্তাব দেন সেই মডেল অনুসারে সাবস্ট্রেট বন্ধনের সময় উৎসেচকের সক্রিয় অংশের মধ্যে একটি গঠনগত পরিবর্তন (Conformational Change) হয়। অথবা, উৎসেচকের প্রভাবে সাবস্ট্রেটের মধ্যেও পরিবর্তন ঘটতে পারে। সেই পরিবর্তনও নির্দিষ্ট এবং উৎসেচক সাবস্ট্রেট কমপ্লেক্স গঠনের সহযোগী হবে। এই মডেলকে ইনডিউস্‌ড ফিট (Induced Fit) মডেল বলে।



চিত্র 5d : ইনডিউস্‌কড ফিট মডেল

5.2.8 স্টিরিওস্পেসিফিসিটি (Stereospecificity)

কাইরাল (Chiral) সাবস্ট্রেট বন্ধনে এবং বিশ্লেষণে উৎসেচকগুলি অসম্ভব নির্দিষ্টতা (Specificity) দেখায়। এর কারণ, উৎসেচকের নিজস্ব কাইরাল ধর্ম। উৎসেচকের সকল প্রোটিনই L-অ্যামাইনো অ্যাসিড ধর্মী। সেই কারণে এদের সক্রিয় অংশটি অনিয়মিত (Asymmetric)। ফ্র্যাঙ্ক ওয়েষ্টহেইমার ও ব্রিজিৎ ভেনেসল্যান্ড ইষ্ট অ্যালকোহল ডিহাইড্রোজিনেজ (YADH) উৎসেচকের এইরূপ স্টিরিও স্পেসিফিক ধর্ম উপস্থাপন করেন।

$$\underset{\text{ইথানল}}{CH_3CH_3OH} + NAD^+ \underset{}{\overset{YADH}{\rightleftharpoons}} \underset{\text{অ্যাসিট্যালডিহাইড}}{CH_3\overset{O}{\overset{||}{C}}H} + NADH + H^+$$

শুধুমাত্র YADH-ই (–) নয় প্রায় সকল উৎসেচকই, যারা কাইরাল বিক্রিয়ায় অংশগ্রহণ করে, স্টিরিওস্পেসিফিক।

5.2.9 জ্যামিতিক নির্দিষ্টতা (Geometric Specificity)

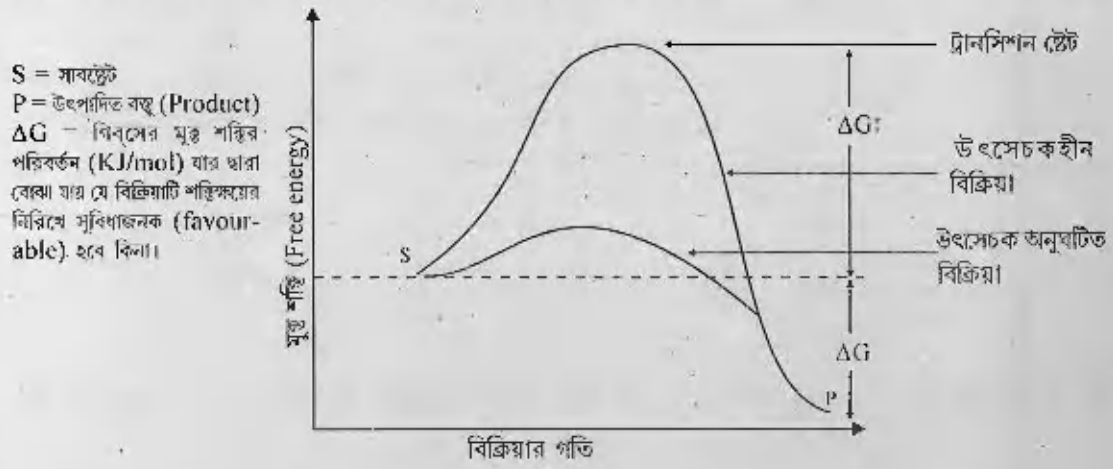
উৎসেচকের এই স্টিরিও নির্দিষ্টতা ব্যাখ্যা করতে গিয়ে ডোনাল্ড ভয়েট ও জুডিথ ভয়েট বলেছেন, কাইরাল গঠনের গণ্ডগোল থাকলে কোনও সাবস্ট্রেট উৎসেচকের সক্রিয় অংশের সাথে যুক্ত হতে পারবে না। যেমন ডান হাতের দস্তানা বাম হাতে পড়া যায় না।

বেশীরভাগ উৎসেচক আবার সাবস্ট্রেটের রাসায়নিক গ্রুপগুলির বিশেষত্বের উপর নির্ভরশীল। এই জ্যামিতি নির্দিষ্টতা স্টিরিও নির্দিষ্টতার চেয়েও বেশী গুরুত্বপূর্ণ।

উৎসেচকের এই ধর্মটি অবশ্য খুবই পরিবর্তনীয়। কারো ক্ষেত্রে এই নির্দিষ্টতা একেবারে একটি নির্দিষ্ট যোগের জন্য সীমাবদ্ধ। যেমন YADH ইথানলের পরিবর্তে মিথানল বা আইসোপ্রপানলকে অনেক ধীর গতিতে জারিত করে। শুধুমাত্র একটি CH_2 গ্রুপের বাদ যাওয়া বা অন্তর্ভুক্তির জন্যই এই পরিবর্তন। আবার কাইমোট্রিপসিন এই ব্যাপারে মোটেই নির্দিষ্টতা দেখায় না। এই উৎসেচক যেমন পেপটাইডকে বিশ্লেষণ করে তেমন এষ্টার (Ester) কেও আর্দ্রবিশ্লেষণ করতে পারে।

5.2.10 উৎসেচকের সক্রিয়তা শক্তি (Activation Energy) ও মধ্যবর্তী অবস্থা (Transition State)

প্রত্যেকটি রাসায়নিক বিক্রিয়ায় বিক্রিয়কগুলিকে একটি শক্তির বাধা বা Energy Barrier অতিক্রম করতে হয়। এই পথেই থাকে বিক্রিয়ার একটি মধ্যবর্তী অবস্থা বা Transition state। এই অবস্থায় প্রতিটি বিক্রিয়কের মধ্যে সর্বোচ্চ মুক্ত শক্তি (Highest free energy) থাকে। সাবস্ট্রেট ও ট্রানসিশন ষ্টেটের মধ্যে মুক্ত শক্তির পার্থক্যকে গিব্‌সের সক্রিয়তার মুক্ত শক্তি বা Gibbs free energy of activation বলে। একে $\Delta G^{\ddagger}$ দ্বারা চিহ্নিত করা হয়। উৎসেচকের কাজ হল এই মধ্যবর্তী অবস্থাকে স্থিতিশীল করা এবং এই $\Delta G^{\ddagger}$ কে হ্রাস করা। এইভাবেই উৎসেচক রাসায়নিক বিক্রিয়ার গতিকে বৃদ্ধি করে। নীচের চিত্রে একটি উৎসেচক-অনুঘটিত এবং একটি উৎসেচকহীন বিক্রিয়ার মুক্ত শক্তি পরিবর্তনের তুলনা দেওয়া হল।



চিত্র 5e : উৎসেচক দ্বারা গিব্‌সের মুক্ত শক্তি পরিবর্তনের হার হ্রাস।

5.3 উৎসেচকের গতিবিদ্যা (Kineties)

যে কোন রাসায়নিক বিক্রিয়ার হারকে গতিবিদ্যার দ্বারা নির্ধারণ করা যায়। উৎসেচক অনুঘটিত বিক্রিয়ায় বিক্রিয়কগুলির ঘনত্বের উপর বিক্রিয়ার গতি নির্ভরশীল। এই নির্ভরতাকে গতিবিদ্যার সমীকরণ দ্বারা নিম্নরূপে বর্ণনা করা যায়—

বিক্রিয়ার হার (Rate) = $K\ [A]^a\ [B]^b$ ..... $[Z]^z$

যেখানে K হল একটি ধ্রুবক। বিক্রিয়ার ক্রম (Order)-কে নির্দেশিত করা হয় (a + b + ...z) অর্থাৎ সূচকগুলি যোগফল দ্বারা।

প্রথম ক্রম বিক্রিয়ার (First Order Reaction) ক্ষেত্রে ঃ

$A \rightarrow B$ সাবস্ট্রেটের উৎপাদিত বস্তুতে একমুখী পরিবর্তন

এই বিক্রিয়ার গতি (V)-কে নিম্নরূপে চিহ্নিত করা যায়

$V = \frac{d[B]}{dt}$ অর্থাৎ উৎপাদিত বস্তুর মোলার ঘনত্বের সময়ের সঙ্গে বৃদ্ধি

বা

$V = -\frac{d[A]}{dt}$ অর্থাৎ সাবস্ট্রেটের সময়ের সাথে সাথে হ্রাস পাওয়া

এইভাবে $V = \frac{d[B]}{dt} = -\frac{d[A]}{dt} = K_1$ (একটি ধ্রুবক)

এই K_1 ধ্রুবককে গতি ধ্রুবক বা Rate Constant বলে।

উভমুখী বিক্রিয়া অর্থাৎ A B-এর ক্ষেত্রে এইভাবে

$[A] \underset{K_{-1}}{\overset{K_1}{\rightleftharpoons}} [B]$ এবং এর থেকে Rate সমীকরণটি হবে $-V = \frac{d[A]}{dt} = -K_1[A] + K_{-1}[B]$

এখন যদি এই উভমুখী বিক্রিয়াটি সাম্যাবস্থায় (Equilibrium) পৌঁছায়, তাহলে V = 0 হয়।

অর্থাৎ $0 = -K_1[A]_{eq} + K_{-1}[B]_{eq}$

বা $\frac{[B]_{eq}}{[A]_{eq}} = \frac{K_1}{K_{-1}} = K$ (একটি ধ্রুবক)

এই K কে সাম্যাবস্থার ধ্রুবক বা Equilibrium Constant বলে।

দ্বিতীয় ক্রমের বিক্রিয়া (Second Order Reaction)

প্রথম ক্রমের বিক্রিয়ায় একটি সাবস্ট্রেটের পরিবর্তনের গতি নির্ধারিত হল। কিন্তু জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়ায় একাধিক অণু অংশগ্রহণ করে এবং পরস্পর সংঘাতে (Encounter) লিপ্ত হয়।

এক্ষেত্রে $2A \rightarrow P \quad V = \frac{-d[A]}{dt} = K_2[A]^2$

বা

$$A + B \rightarrow P \quad V = \frac{-d[A]}{dt} = \frac{-d[B]}{dt} = K[A][B]$$

5.3.2 মাইকেলিস মেন্টেন সমীকরণ (Michaelis - Menten Equation)

অ্যাড্রিয়ান ব্রাউন (1902) ইস্টের ইনর্ভাটেজ (invertase) নামক উৎসেচকের সুক্রোজের আর্দ্রবিশ্লেষণ বিক্রিয়ার ক্ষেত্রে দেখেন যে, যখন সাবস্ট্রেটের ঘনত্ব উৎসেচকের থেকে অনেকগুণ বেশী হয় তখন সাবস্ট্রেটের ঘনত্বের উপর এই বিক্রিয়া নির্ভরশীল হয় না। একে O ক্রম (Zeroth order) বিক্রিয়া বলে। তিনি বলেন এক্ষেত্রে [S]-এর চেয়ে [ES] কমপ্লেক্সের ঘনত্বই বিক্রিয়ার গতির নিয়ন্ত্রক বা Rate limiting factor

$$E + S \underset{K_{-1}}{\overset{K_1}{\rightleftharpoons}} ES \xrightarrow{K_2} P + E$$

এই বিক্রিয়ার গতিবিদ্যার রূপ

$$\frac{d[ES]}{dt} = K_1[E][S] - K_{-1}[ES] - K_2[ES]$$

1913 সালে লিওনর মাইকেলিস ও ম্যান্ডে মেন্টেন মনে করেন $K_{-1} >> K_2$ এবং বিক্রিয়ার প্রথম ধাপ তাই সাম্যাবস্থায় আছে।

একে সাম্যাবস্থার অনুমান বা Assumption of Equillibrium বলে। তারা আরো একটি ধ্রুবক আনেন।

$$Ks = \frac{K_{-1}}{K_2} = \frac{[E][S]}{[ES]}$$

K_s কে বিক্রিয়াটির প্রথম ধাপের বিশ্লেষণ ধ্রুবক বা Dissociation Constant বলে।

এরপর ব্রিগস এবং হ্যালডেন 1925 সালে আরো একটি স্থিতাবস্থার অনুমান বা Steady State Assumption নিয়ে আসেন $\left(\frac{d[ES]}{dt} = O\right)$।

এইভাবে বিভিন্ন সমীকরণ ও অনুমানের উপর নির্ভর করে মাইকেলিস ধ্রুবক K_M -এ উপনীত হওয়া যায়,

যেখানে— $K_M = \frac{K_{-1} + K_2}{K_1}$

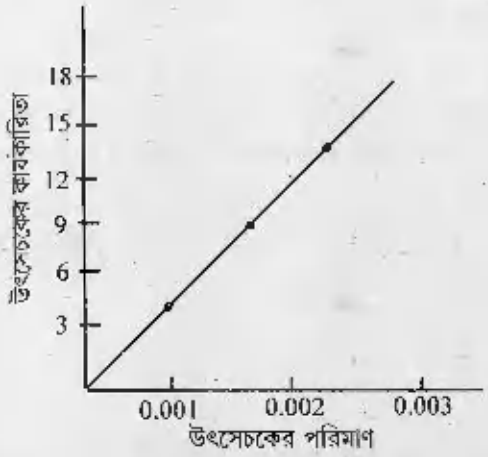
আবার উৎসেচক অনুঘটিত কোনও বিক্রিয়ার সর্বোচ্চ গতি বা Vmax ও নিরূপন করা যায়। অতিরিক্ত সাবেস্ট্রেট ঘনত্বে যেখানে উৎসেচক সম্পূর্ণভাবে সাবস্ট্রেট দ্বারা সম্পৃক্ত (Saturated) থাকে তখন নিম্নলিখিত সমীকরণটি পাওয়া যায়।

$$\boxed{Vo = \frac{V\max[S]}{K_M + [S]}}$$ (Vo = প্রাথমিক গতি যখন প্রায় 10% সাবস্ট্রেট বিক্রিয়ায় অংশগ্রহণ করেছে)

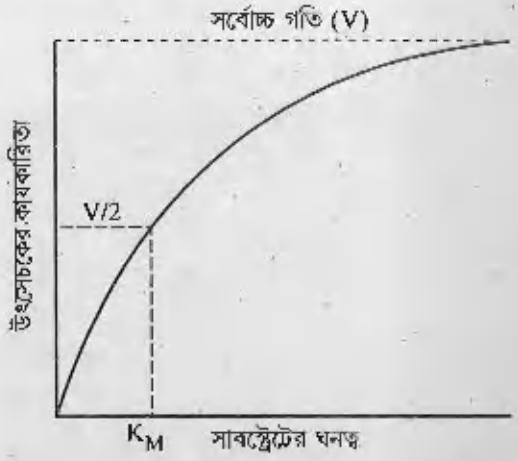
এই সমীকরণটিকে মাইকেলিস মেন্টেন সমীকরণ বলে, যা উৎসেচক গতিবিদ্যার একটি প্রাথমিক সাধারণ সমীকরণ। এই সমীকরণ থেকে সহজেই অনুমেয় যে যখন সাবস্ট্রেট ঘনত্ব $[S] = K_M$, তখন $Vo = \frac{V\,max}{2}$। অর্থাৎ K_M হল সেই সাবস্ট্রেট ঘনত্ব যখন উৎসেচক অনুঘটিত বিক্রিয়াটির গতি হল সর্বোচ্চ গতির অর্ধেক। মাইকেলিস-মেন্টেন সমীকরণের সাহায্যে উৎসেচক গতিবিদ্যা প্রকাশ করার সুবিধা হল এর মাধ্যমে বিক্রিয়াটি পরীক্ষাগারে পরিমাপযোগ্য।

5.4 উৎসেচকের কার্যকারিতার নিয়ন্ত্রকসমূহ (Factors influencing enzyme activity)

(1) **উৎসেচকের ঘনত্ব ঃ** উৎসেচক অনুঘটিত বিক্রিয়ার গতি সম্পূর্ণভাবে উৎসেচকের ঘনত্বের উপর নির্ভরশীল। যত উৎসেচক বাড়বে, বিক্রিয়ার গতিও ততই বৃদ্ধি পাবে।



(a) উৎসেচকের কার্যকারিতায় উৎসেচকের পরিমাণের প্রভাব



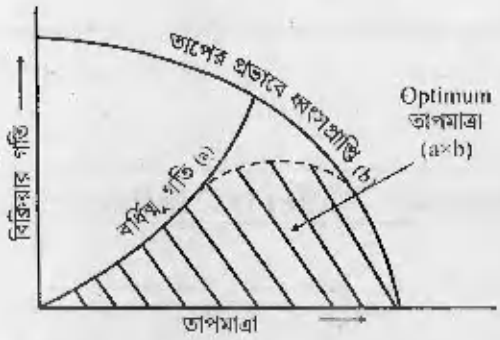
(a) উৎসেচকের কার্যকারিতায় সাবস্ট্রেটের ঘনত্বের প্রভাব

চিত্র 5f : উৎসেচকের কার্যকারিতার নিয়ন্ত্রনের রেখচিত্র

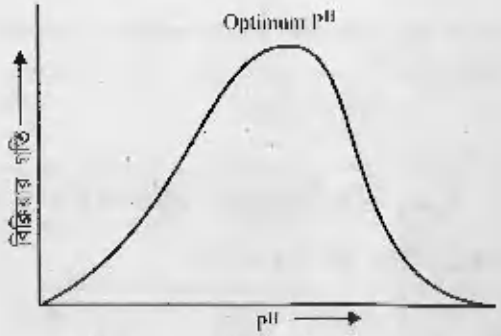
(2) **সাবস্ট্রেটের ঘনত্ব ঃ** সাবস্ট্রেটের ঘনত্ব বাড়ার সাথে সাথে উৎসেচক নিয়ন্ত্রিত বিক্রিয়ার গতি বৃদ্ধি পায়। তবে এই বৃদ্ধি একটি বিশেষ মাত্রা পর্যন্ত, তারপরে এই গতিবৃদ্ধিতে একটি উপত্যকার (Plateau) ন্যায় স্থিতাবস্থা আসে (চিত্র b), যখন উৎসেচক সাবস্ট্রেট দ্বারা সম্পূর্ণভাবে সম্পৃক্ত (Saturated) হয়ে যায়। আগেই বলা হয়েছে যে সাবস্ট্রেটের যে ঘনত্বে উৎসেচকের দ্বারা অনুঘটিত বিক্রিয়ার গতি সর্বোচ্চ গতির অর্ধেক হয় তাকে K_M বলে।

(3) **তাপমাত্রার গুরুত্ব ঃ** উৎসেচক বিক্রিয়ার গতি প্রায় দ্বিগুণ বৃদ্ধি পায় প্রতি 10^0C তাপমাত্রা বৃদ্ধির সাথে সাথে যতক্ষণ না পর্যাপ্ত তাপমাত্রা বা Optimum Temperature-এ পৌঁছানো যাচ্ছে। Optimum তাপমাত্রায় উৎসেচক সর্বাধিক কার্যকারিতা দেখায়। প্রাণীদের ক্ষেত্রে এই তাপমাত্রা $37 - 50^0C$ হলেও উদ্ভিদের ক্ষেত্রে তা প্রায়শঃই $50 - 60^0C$। এই তাপমাত্রার উপরে অবশ্য উৎসেচকের কার্যকারিতা হ্রাস পায় কারণ,

এইভাবে তাপমাত্রা বাড়তে থাকলেই উৎসেচকের প্রোটিন গঠন ধ্বংস হয়ে যায়। রেখাচিত্রে এই প্রভাব একটি ঘন্টা (Bell) আকৃতির চিত্র গঠন করে।



(a) উৎসেচকের কার্যকারিতায় তাপমাত্রার প্রভাব



(b) উৎসেচকের কার্যকারিতায় p^H-এর প্রভাব

চিত্র 5g : উৎসেচকের কার্যকারিতা নিয়ন্ত্রনের রেখাচিত্র।

(4) **pH-এর গুরুত্ব :** উৎসেচক বিক্রিয়াকে তাপমাত্রার মতই pH-এর পরিবর্তন দ্বারা অর্থাৎ হাইড্রোজেন আয়নের ঘনত্বের তারতম্য ঘটিয়ে নিয়ন্ত্রন করা যায়। এক্ষেত্রেও একটি **Optimum pH** আছে, যার নীচে বা উপরে বিক্রিয়ার গতির রেখাচিত্রও ঘন্টা আকৃতির চিত্র গঠন করে। এক্ষেত্রে কয়েকটি উৎসেচকের Optimum pH হল নিম্নরূপ :

	pH
পেপসিন	2.0
মল্টেজ	7.0
পারঅক্সিডেজ	5.0
অ্যামাইলেজ	7.0

এই তালিকা থেকে সহজেই অনুমেয় যে, Optimum P^H বিভিন্ন উৎসেচকের ক্ষেত্রে আলাদা। প্রত্যেকটি উৎসেচকের এই P^H নির্দিষ্টতার পিছনে তাদের কোলয়েড ধর্ম, সক্রিয়কের ভূমিকা, কোষের বয়স এবং উৎসেচক সাবস্ট্রেট অনুপাতের প্রভাব থাকে।

(5) **ধাতব পদার্থের প্রভাব :** কোলয়েড ধর্মী হওয়ায় উৎসেচক অনেক অজৈব আয়ন, মূলতঃ ধাতুর সাথে যুক্ত হয়, যারা উৎসেচকের কার্যকারিতার হারকে বৃদ্ধি করে। যেমন, Mg, CO, Mn, Ni ইত্যাদি। যে উৎসেচকগুলির ধাতব সক্রিয়ক (Activator) থাকে তাদের মেটালোএনজাইম (Metalloenzyme) বলে। যেমন— হেক্সোকাইনেজ।

অন্যদিকে কিছু ভারী ধাতু যেমন Pb, Cu, Pt ইত্যাদি উৎসেচকের কার্যকারিতার হার হ্রাস করে।

(6) **জলের ভূমিকা :** প্রায় সকল উৎসেচকের কাজে জলের উপস্থিতি প্রয়োজন। জল উৎসেচকের কার্য হারকে বৃদ্ধি করে।

(7) **উৎপাদিত বস্তুর ভূমিকা :** উৎসেচক ঘটিত বিক্রিয়ার ফলে উদ্ভূত বস্তু বা Product যত বাড়তে থাকে বিক্রিয়ার গতি তত হ্রাস পায়।

(8) **জৈব পদার্থের ভূমিকা :** বেশ কিছু হরমোন ও ভিটামিন উৎসেচকের কার্যকে নিয়ন্ত্রিত করে। এই ব্যাপারে প্রাণীদের ক্ষেত্রে লাইবোজ ও উদ্ভিদের জিব্বারেলিন হরমোনের উল্লেখ করা যায়।

(9) **দূষণের ভূমিকা :** জৈব অনুঘটক উৎসেচকের কার্যকারিতার উপর পরিবেশ দূষণের নেতিবাচক ভূমিকা অনস্বীকার্য। কিছু বিষাক্ত দূষণকারক যেমন, সায়ানাইড, ফ্লুওরাইড ইত্যাদি যে কোন প্রোটিনের মত উৎসেচকের পক্ষেও বিষ বা Poison-এর কাজ করে। ফলে উৎসেচকের স্বাভাবিক কার্যকারিতা হ্রাস পায়। আবার উচ্চ শক্তিসম্পন্ন বিকীরণ যেমন UV, γ রশ্মি ইত্যাদি উৎসেচকের মধ্যস্থ বন্ধনীগুলির বিনাশ করে উৎসেচকের কার্যকারিতা ধ্বংস করে।

5.5 সহউৎসেচক বা কোএনজাইম (Coenzyme)

এতক্ষণ আমরা দেখলাম যে উৎসেচক বিভিন্ন প্রকার কার্যকারিতায় সক্ষম। তারা অম্ল-ক্ষার বিক্রিয়ায় অংশগ্রহণ করে, কোভ্যালেন্ট বন্ধনী সৃষ্টি করে, আধান-আধান আন্তক্রিয়ার অংশ নেয়— কিন্তু, সাধারণ জারণ বিজারণ (Oxidation-Reduction) বিক্রিয়ায় এবং বেশ কয়েকটি গ্রুপ স্থানান্তর বিক্রিয়ায় তেমনভাবে সক্ষম নয়। এই কাজগুলি সম্পন্ন করতে তাদের কিছু সহযোগী বস্তু বা Cofactor-এর সহায়তা লাগে। নীচে এই কো-ফ্যাক্টরগুলির শ্রেণিবিন্যাস করা হল :

কোফ্যাক্টর

- **ধাতব আয়ন** (উদাঃ Zn^{++} কার্বক্সিপেপটাইডেজ A-এর কার্যকারিতার সহযোগী)
- **কোএনজাইম** (উদা : NAD^+ ডিহাইড্রোজিনেজ উৎসেচকের সহযোগী)
- **প্রস্থেটিক গ্রুপ** (Prosthetic Group) (উদা : হিমোগ্লোবিন বা সাইটোক্রোম প্রোটিনের হিম)

এই কো-ফ্যাক্টরগুলির সাথে উৎসেচক যুক্ত হলে তাকে হোলোএনজাইম (Holoenzyme) বলে।

অ্যাপোএনজাইম (নিষ্ক্রিয়) + কোফ্যাক্টর ⇌ হোলোএনজাইম (সক্রিয়)

নীচের সারণিতে কয়েকটি কো-এনজাইম ও তাদের বিক্রিয়ার নাম উল্লেখ করা হল।

সারণি 5C : কোএনজাইম

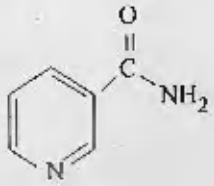
কোএনজাইম	প্রভাবিত বিক্রিয়া
বায়োটিন	কার্বক্সিলেশন
কোএনজাইম A	অ্যাসিল গ্রুপ স্থানান্তর
ফ্ল্যাভিন	জারণ-বিজারণ
নিকোটিনামাইড	জারণ-বিজারণ
পাইরিডক্সাল ফসফেট	অ্যামাইনো গ্রুপ স্থানান্তর
টেট্রাহাইড্রোফোলেট	কার্বন গ্রুপ স্থানান্তর
থায়ামিন পাইরোফসফেট	অ্যালডিহাইড স্থানান্তর

অনেক জীবই এইসকল কোফ্যাক্টরগুলি সংশ্লেষ করতে সক্ষম নয়। কাজেই খাদ্যের মাধ্যমে এইসব প্রয়োজনীয় বস্তুগুলি তাদের সংগ্রহ করতে হয়। এই কারণেই তাদের ভিটামিন (Vitamine) বা প্রয়োজনীয় বস্তু বলে। কোফ্যাক্টরগুলির বেশীর ভাগই ভিটামিন থেকে তৈরী হয়। দুই ধরণের ভিটামিনগুলির মধ্যে যারা জলে দ্রবীভূত হয় সেই শ্রেণির ভিটামিনগুলি হল কোএনজাইম সৃষ্টিকারী। নীচের সারণিতে কোন কোন ভিটামিন থেকে কোন কোন কোএনজাইম সংশ্লেষিত হয় তা দেওয়া হল।

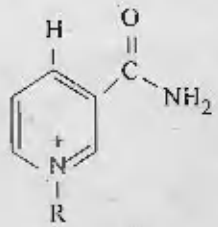
সারণি 5D : ভিটামিন ও কোএনজাইম

ভিটামিন	কোএনজাইম
বায়োটিন	বায়োসাইটিন
কোবালামিন (B_{12})	কোবামাইড
ফোলিক অ্যাসিড	টেট্রাহাইড্রোফোলেট
নিকোটিনামাইড	নিকোটিনামাইড
প্যান্টোথেনেট	কোএনজাইম A
পাইরিডক্সিন (B_6)	পাইরিডক্সাল ফসফেট
রাইবোফ্লাভিন (B_2)	ফ্ল্যাভিন
থিয়ামিন (B_1)	থিয়ামিন পাইরোফসফেট

এদের মধ্যে বিশেষ উল্লেখযোগ্য নিকোটিনামাইড যার থেকে NAD^+ সংশ্লেষিত হয় যা বহু উৎসেচক অনুঘটিত বিক্রিয়ায় কোএনজাইমের কাজ করে। কর্নের (Corn) মধ্যে প্রচুর পরিমাণে নিকোটিনমাইড থাকে। নিকোটিনামাইড ও NAD^+-এর রাসায়নিক গঠন দেখে নিলে এদের সম্পর্ক আমরা বুঝতে পারব।



নিকোটিনামাইড
(ভিটামিন)



NAD +
(কো-এনজাইম)

5.6 অ্যালোস্টেরিক (Allosteric) উৎসেচক

নোবেল জয়ী বিজ্ঞানীদ্বয় জ্যাকব এবং মোনোড উৎসেচকের সক্রিয় অংশ (Active Site) ব্যতীত অন্য যে অংশে সাবস্ট্রেট ব্যতীত অন্য অণু সংযোজিত হয়ে উৎসেচকের কার্যকারিতাকে নিয়ন্ত্রন করে তাদের অ্যালোস্টেরিক (গ্রীক ভাষায় **allos** অর্থ অন্য; **stereos** অর্থ স্থান) স্থান বলে অবিহিত করেন। যে বস্তুগুলি ঐসব স্থানে সংযোজিত হয় তাদের মড্যুলেটর (Modulator) বলে। যে সকল রেগুলেটারী (Regulatory) উৎসেচকের এইরূপ অ্যালোস্টেরিক মড্যুলেটার থাকে, তাদের অ্যালোস্টেরিক উৎসেচক বলে।

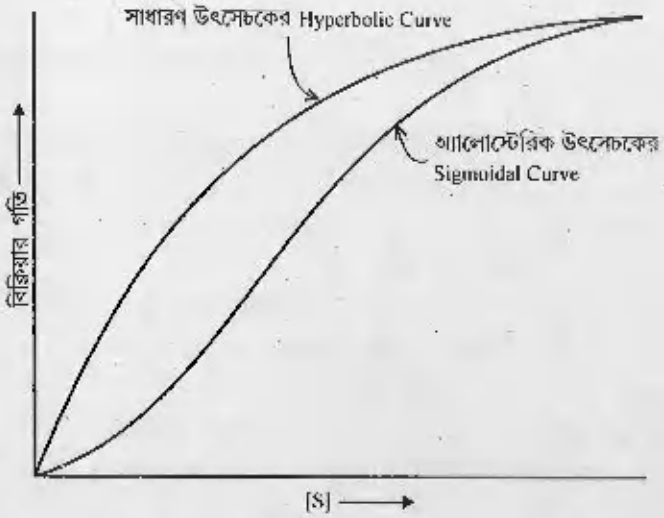
যখন Modulator এবং সাবস্ট্রেটের গঠন একইরকম হয় তখন সেইসব উৎসেচককে হোমোট্রপিক (Homotropic) এবং যখন তারা ভিন্ন গঠনবিশিষ্ট হয় তখন তাকে হেটেরোট্রাপিক (Heterotropic) বলে।

এই মডুলেশন এফেক্ট (Modulation Effect) ধনাত্মক (Positive) বা ঋণাত্মক (Negative) উভয়ই হতে পারে এবং তাদের দ্বারা উৎসেচকের কার্যকারিতা যথাক্রমে বৃদ্ধি ও হ্রাস পেতে পারে।

5.6.1 কার্যকারিতা

অ্যালোস্টেরিক উৎসেচকরা গঠনগতভাবে সাধারণ নন-রেগুলেটারী উৎসেচক থেকে আলাদা হয়। এই উৎসেচকগুলিতে সক্রিয় অংশ বা Active Site ছাড়া এক বা একাধিক অ্যালোস্টেরিক স্থান থাকে। যেমন সক্রিয় অংশটি সাবেস্ট্রেটের জন্য নির্দিষ্ট, তেমনই অ্যালোস্টেরিক স্থানটি মড্যুলেটারের জন্য নির্দিষ্ট।

এদের কার্যকারিতার গতিবিদ্যাও (Kineties) সাধারণ উৎসেচকগুলির থেকে আলাদা। বিক্রিয়ার গতির সাথে সাবস্ট্রেটের ঘনত্বের সম্পর্কজনিত রেখাচিত্রে (b) আমরা হাইপ্যারাবোলার (Hyperbolic) মত চিত্র পেয়েছিলাম, অ্যালোস্টেরিক উৎসেচকদের ক্ষেত্রে সেটি বদলে গিয়ে হবে S-আকৃতির বা সিগময়ডাল (Sigmoidal)।



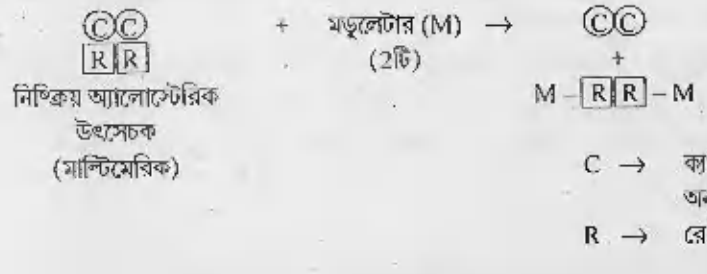
চিত্র 5b : সাধারণ উৎসেচক ও অ্যালোস্টেরিক উৎসেচকের কার্যকারিতার তুলনার রেখাচিত্র

ধরা যাক কোন অ্যালোস্টেরিক উৎসেচকের 4টি লাইগ্যান্ড (Ligand) বন্ধনের স্থান আছে, সেক্ষেত্রে বিক্রিয়ার ক্রম এবং গতিবিদ্যার ধ্রুবকগুলি হবে

$$E + S \rightleftharpoons ES \qquad K_1 = 4K_1$$
$$ES + S \rightleftharpoons ES_2 \qquad K_2 = {}^3/_2\, K_1$$
$$ES_2 + S \rightleftharpoons ES_3 \qquad K_3 = {}^2/_3\, K_3$$
$$ES_3 + S \rightleftharpoons ES_4 \qquad K_4 = {}^1/_4\, K_4$$

হিমোগ্লোবিনের O_2 সংযক্তির ক্ষেত্রে অ্যালোস্টেরিক মড্যুলেশন আছে বলে গিলবার্ট অ্যাডেয়ার 1924 সালে এই ধরণের উৎসেচকদের গতিবিদ্যার সমীকরণ, অ্যাডেয়ার সমীকরণ প্রকাশ করেন।

সাধারণত এই ধরণের উৎসেচকগুলি মাল্টিমেরিক বা একাধিক অণুবিশিষ্ট হয়। যাদের সাথে Ligand সংযক্ত হলে সমবায় ভিত্তিতে (Cooperative) বিক্রিয়ার গতি বেড়ে চলে। অর্থাৎ একটি সক্রিয় অংশে মড্যুলেটর যক্ত হলে অন্য সক্রিয় অংশে যক্ত হওয়ার সম্ভাবনা বেড়ে যায়। বিজ্ঞানীরা এই অণু সংযক্তির বিভিন্ন মডেল যেমন পর্যায়ক্রমিক (Sequential), একত্রিত (concerted) নিয়মিত (Symmetry) মডেল বর্ণনা করেছেন। নীচে একটি অ্যালোস্টেরিক উৎসেচক একটি মড্যুলেটর দ্বারা কিভাবে সক্রিয় হয় তা দেখানো হল।



5.6.2 উদাহরণ

(1) অ্যালোস্টেরিক উৎসেচকের একটি প্রকৃষ্ট উদাহরণ হল অ্যাসপারটেট কার্বামইলোট্রান্সফারেজ (Aspartate Carba moyltransferase) বা AT Case যা পাইরিমিডিন নিউক্লিওটাইড জৈব সংশ্লেষে কার্যকর। এই উৎসেচকটি ও বহু অণুবিশিষ্ট— তার মধ্যে 6টি অনুঘটকীয় অংশ 6টি রেগুলেটারী অংশ থাকে। ATP এদের ক্ষেত্রে মড্যুলেটারের কাজ করে এবং CTP এদের কার্যকারিতায় বাধা দেয়।

(2) প্রোটিন কাইনেজ ধর্মী উৎসেচকগুলি যেগুলি কোষ থেকে কোষান্তরে পরিবেশের পরিবর্তনে বার্তা বয়ে নিয়ে যায় অর্থাৎ Signal transduction করে তারা সকলেই অ্যালোস্টেরিক ধর্মী। কোষাস্থিত দ্বিতীয় বার্তাবহ বা Second messenger তন্ত্র এদের উদ্দীপ্ত করে।

(3) হিমোগ্লোবিনের এই অ্যালোস্টেরিক ধর্ম থাকার জন্য সমবায় পদ্ধতিতে O_2 বন্ধন করতে হিমোগ্লোবিনের সুবিধা হয়। এইজন্য অনেকে হিমোগ্লোবিনকে উৎসেচকের মর্যাদা দিয়েছেন।

5.7 উৎসেচক অনুঘটিত বিক্রিয়ায় বাধাদানকারী বস্তুসমূহ (Inhibitors)

অ্যালোস্টেরিক মড্যুলেটারগুলি যেমন কিছু উৎসেচকের কার্যকারিতাকে ত্বরান্বিত করতে প্রভাবিত করে, তেমনই অনেক যৌগ উৎসেচকের কার্যকারিতাকে সম্পূর্ণরূপে বন্ধ করে দেয়। এদেরকে ইনহিবিটার (Inhibitor) বলে। এদের কার্যকারিতা নানারকমের। কখনও কখনও এরা উৎসেচকের কার্যকারিতাকে অপরিবর্তনীয়ভাবে বন্ধ করে দেয়, কখনও কখনও অবশ্য এদের কার্যকারিতা পূর্বানুবৃত্তীয় বা Reversible। এই সব Inhibitor-দের উদাহরণ হল কিছু ঔষধি (drug), অ্যান্টিবায়োটিক (Antibiotics), বিষ (Poison), অ্যানিউমেটাবোলাইট (autimetabolite) ইত্যাদি।

Inhibitor-দের একটি শ্রেণিবিন্যাস নীচে দেওয়া হল ঃ

ইনহিবিটার (Inhibitor)

- অপরিবর্তনীয় (Irreversible)
- পরিবর্তনীয় (Reversible)
  - প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক (Competitive)
  - অ-প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক (Non-competitive)
  - নি-প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক (Uncompetitive)

5.7.1 অপরিবর্তনীয় (Irreversible)

এরা উৎসেচকের অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির সাথে কোভ্যালেন্ট নামক দৃঢ় বন্ধনীদ্বারা যুক্ত হয়। এইভাবে তারা সক্রিয় অংশের সহিত সাবস্ট্রেট বন্ধনে যান্ত্রিক বাধার সৃষ্টি করে।

$$E + S \rightleftharpoons ES \rightleftharpoons E + P$$

$$+$$

$$I \text{ (inhibitor)}$$

$$\downarrow$$

$$EI$$

প্রায় প্রতিটি Irreversible Inhibitor বিষাক্ত (Toxic)। তারা প্রাকৃতিক বা সিন্থেটিক (Synthetic)। এদের কোনভাবেই লঘুকরণ (Dilution) প্রক্রিয়ায় বা অভিস্রবন প্রক্রিয়ায় ডায়ালিসিস (Dialysis)-এর মাধ্যমে উৎসেচক থেকে সরানো যায় না।

সারণি 5E ঃ কয়েকটি অপরিবর্তনীয় Inhibitor

নাম	উৎস	কার্যকারিতা
সায়ানাইড	অ্যালমন্ড, দূষণ	উৎসেচকের কোফ্যাক্টর ধাতব আয়ন যেমন Fe, Zn, Cu-এর সাথে বিক্রিয়া করে। মূলতঃ শ্বসনশৃঙ্খল (Respiratory Chain) উৎসেচকগুলিকে নিষ্ক্রিয় করে
ডাইআইসোপ্রোপাইল ফ্লুওরোফসফেট (DFP)	সিন্থেটিক	যে সমস্ত উৎসেচকের সক্রিয় অংশে সেরিন (Serine) নামক অ্যামাইনো অ্যাসিড আছে, যেমন অ্যাসিটাইল কোলিন এস্টারেজ তাদের নিষ্ক্রিয় করে।
সারিন	সিন্থেটিক নার্ভ গ্যাস	,,
ফাইসোস্টিগমিন	কালাবার বীন (Bean)	,,

নাম	উৎস	কার্যকারিতা
প্যারাথিওন	সিন্থেটিক পতঙ্গনাশক (Insecticide)	DFP-র মত, মূলতঃ পতঙ্গের Ach-এষ্টারেজকে নিষ্ক্রিয় করে।
পেনিসিলিন	পেনিসিলিয়াম নামক ছত্রাক থেকে	ব্যাকটেরিয়ার কোষপ্রাচীর সৃষ্টিকারী উৎসেচকগুলির কার্যকারিতাকে বন্ধ করে।

5.7.2 পরিবর্তনীয় (Reversible)

এক্ষেত্রে Inhibitor টি ননকোভ্যালেন্ট নামক মৃদু বন্ধনী সৃষ্টি করে এবং এদের সরিয়ে দিতে পারলেই উৎসেচকের নিষ্ক্রিয়তাকে সক্রিয়তায় পরিবর্তিত করা যায়। তবে এই পরিবর্তন অনেকক্ষেত্রেই শুধু কাগজে কলমে। ননকোভ্যালেন্ট বন্ধনীও অনেক সময় অপরিবর্তনীয় হয়ে উঠতে পারে।

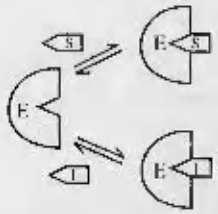
(i) **প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক (Competitive)**

Inhibitor-টি এক্ষেত্রে উৎসেচকের সাথে সংযুক্ত হয় কারণ সেটি গঠনগতভাবে সাবস্ট্রেটের সাথে সাযুজ্য-যুক্ত। এই সাযুজ্যের জন্যই সাবস্ট্রেট এবং ইনহিবিটার নিজেদের মধ্যে প্রতিদ্বন্দ্বীতা করে উৎসেচকের সক্রিয় অংশে যুক্ত হবার জন্য।

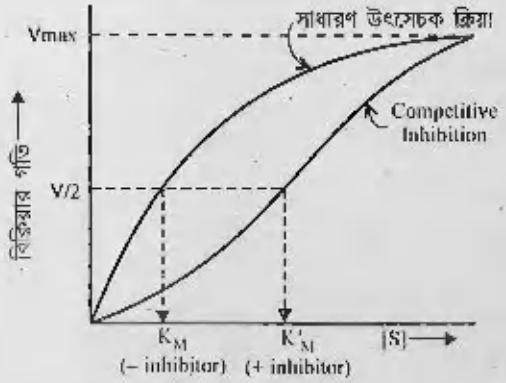
$$[E] + [S] \underset{}{\overset{K_M}{\rightleftharpoons}} [ES] \qquad [E] + [P]$$

$$+$$

$$[I] \quad \| \; Ki \quad [EI]$$



$Ki = \frac{[E][I]}{[EI]}$ যেখানে [I] – মুক্ত ইনহিবিটারের ঘনত্ব কমপিটিটিভ ইনহিবিটারদের ক্ষেত্রে K_M-এর মান বেড়ে যায় কিন্তু উৎসেচক বিক্রিয়ার Vmax একই থাকে। নীচের রেখাচিত্রে এটি দেখানো হল।

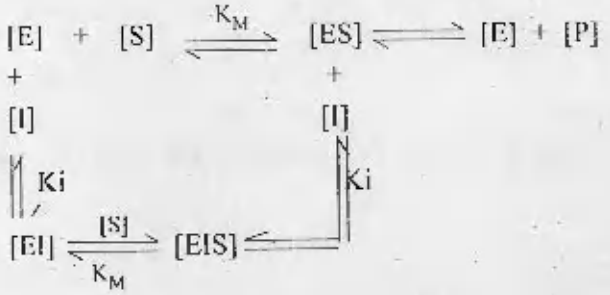


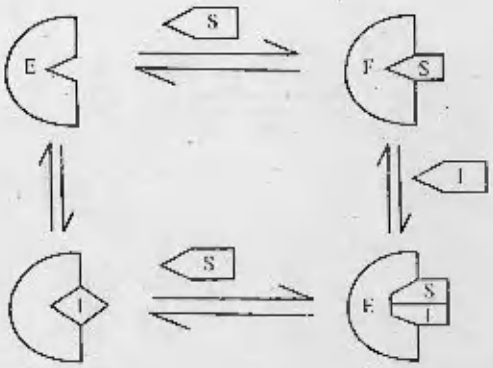
চিত্র 5i : প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক ইনহিবিটার দ্বারা K_M বৃদ্ধি

সারণি 5F : **Competitive Inhibitor** দের উদাহরণ

উৎসেচক	সাবস্ট্রেট	প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক ইনহিবিটার
সাকসিনেট ডিহাইড্রোজিনেজ	সাকসিনেট	ম্যালোনেট
অ্যাকোনাইটেজ	সিস-অ্যাকোনাইটেট	ট্রান্স অ্যাকোনাইটেট
ল্যাকটেট ডিহাইড্রোজিনেজ	ল্যাকটেট	অক্সামেট

(ii) অপ্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক (Non Competitive) : এই যৌগগুলি পরিবর্তনীয়ভাবে হয় উৎসেচকের সাথে অথবা উৎসেচক সাবস্ট্রেট কমপ্লেক্সের সাথে যুক্ত হয়। এই ধরণের বাধা অবশ্য সাবস্ট্রেটের ঘনত্ব বৃদ্ধি করে সম্পূর্ণভাবে পরিবর্তন করানো যায় না।



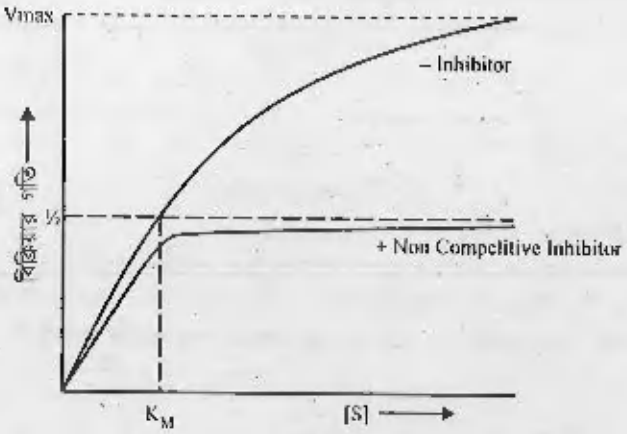


এই ধরণের Inhibitor দের ক্ষেত্রে উৎসেচক বিক্রিয়ার K_M অপরিবর্তিত থাকলেও Vmax কমে যায়। নীচে রেখচিত্রের (5j) মাধ্যমে এটা দেখানো হল।

উদাহরণ :

(1) অ্যালকোহল ডিহাইড্রোজিনেজ — ইষ্টের এই উৎসেচকটি ইথানলের উপর ক্রিয়াশীল। CH_3CHO এর অপ্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক ইনহিবিটার।

(2) সাকসিনিল কো A সিন্থেটেজ — যা সাকসিনেটের উপর কাজ করে। সাকসিনিল কো-A-এর ইনহিবিটার।



চিত্র 5j : অপ্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক ইনাহিবিটারদের ক্ষেত্রে Vmax হ্রাস পায়

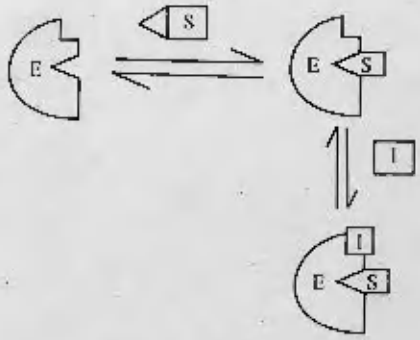
(iii) নি-প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক (Uncompetitive)

এই যৌগগুলি কখনও মুক্ত উৎসেচকের সাথে সংযুক্ত হয় না। সর্বদা ES কমপ্লেক্সের সাথেই যুক্ত হয়। এদেরকেও বেশী সাবস্ট্রেট ঘনত্ব দ্বারা বিমুক্ত করা যায় না।

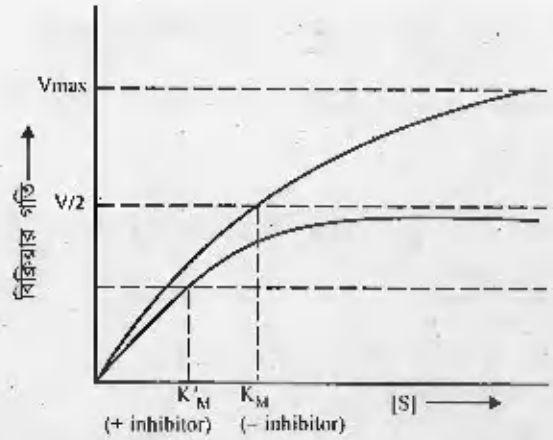
$$[E] + [S] \overset{K_M}{\rightleftharpoons} [ES] \rightleftharpoons [E] + [P]$$

$$+$$

$$[I] \overset{Ki}{\rightleftharpoons} [EIS]$$



গতিবিদ্যার নিরিখে দেখতে গেলে এদের ক্ষেত্রে Vmax, K_M দুই-ই কমে যায়।



চিত্র 5k : নি-প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক ইনহিবিটারের ক্ষেত্রে K_M এবং Vmax দুই-ই হ্রাস পায়

উদাহরণ : কোএনজাইম A-র উপর ক্রিয়াশীল সাকসিনিল কোএনজাইম A-কে অজৈব ফসফেট নি-প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলকভাবে বাধাদান করে।

5.8 সারাংশ

উৎসেচক একপ্রকার জৈব অনুঘটক যা নিজে অবিকৃত থেকে যে কোন জৈব রাসায়নিক বিক্রিয়ার গতিকে তরান্বিত করে। উৎসেচক যে বিক্রিয়কের উপর কার্যকর তাকে সাবস্ট্রেট বলে। উৎসেচক সংক্রান্ত বিজ্ঞান এনজাইমোলজি নামে পরিচিত। প্রতিটি উৎসেচক যে সাবস্ট্রেটকে বিয়োজিত করে বা যে ধরণের কাজ করে তাদের নামের শেষে 'এজ' (–ase) শব্দটি যোগ করে উৎসেচকের নামকরণ করা হয়। কার্য অনুসারে উৎসেচক 6 প্রকারের। প্রোটিন গঠন অনুযায়ী উৎসেচককে তার মধ্যস্থ পলিপেপটাইড সংখ্যা দ্বারাও প্রকারভেদ করা যায়। উৎসেচকগুলি কোলয়েড ধর্মী, তাপ ও pH সংবেদনশীল। এদের সাবস্ট্রেট নির্দিষ্টতা উল্লেখযোগ্য। এই বিষয়ে উৎসেচক সাবস্ট্রেট সংযক্তির দুটি মডেল লক অ্যান্ড কি এবং ইনডিউস্‌ড ফিট মডেল। উৎসেচকের সাবস্ট্রেট সংযক্তির স্টিরিও স্পেসিফিসিটি ও জিওমেট্রিক স্পেসিফিসিটি আছে। প্রত্যেকটি রাসায়নিক বিক্রিয়ার যে শক্তির বাধা থাকে, উৎসেচক অনুঘটিত বিক্রিয়ায় তা অনেকটাই কমে যায়। উৎসেচকের কার্যকারিতার গতিবিদ্যা নির্ধারন করেন মাইকেলিস এবং মেন্টেন। তাদের সমীকরণ থেকে Vmax এবং K_M–এর ধারণা পাওয়া যায়। উৎসেচকের কার্যকারিতার উপর উৎসেচকের ঘনত্ব, সাবস্ট্রেটের ঘনত্ব, তাপমাত্রা, pH ও অন্যান্য নিয়ন্ত্রকের ভূমিকা অপরিসীম। কিছু উৎসেচকের কার্যে সহায়তাকারী কোফ্যাক্টর প্রয়োজন। এই ক্ষেত্রে ভিটামিনের গুরুত্ব উল্লেখযোগ্য। কিছু মাল্টিমেরিক উৎসেচক রেগুলেটারী উৎসেচক হিসাবে কাজ করে — যাদের অ্যালোস্টেরিক এনজাইম বলে। উৎসেচকের কার্যে বাধাদানকারী হিসাবে কিছু পদার্থ থাকে যারা পরিবর্তনীয় ও অপরিবর্তনীয়ভাবে উৎসেচকের কার্যকারিতাকে বাধা দেয়। এদের ইনহিবিটার বলে।

5.9 প্রশ্নাবলী

(A) শূন্যস্থান পূরণ করুন :

(1) যে কোন রাসায়নিক বিক্রিয়ায় —— উপস্থিতি বিক্রিয়ার গতিকে তরান্বিত করে।

(2) H_2O_2 কে জৈবনিক মাধ্যমে বিয়োজিত করে —— নামক উৎসেচক।

(3) উৎসেচকগুলি মূলতঃ —— ধর্মী।

(4) 'এনজাইম' শব্দটির প্রবর্তক ——।

(5) সাবস্ট্রেটের আর্দ্রবিশ্লেষণ করে ——।

(6) প্রাথমিক অকার্যকর কোষ সংশ্লেষিত উৎসেচককে —— বলে।

(7) উষ্ণপ্রস্রবনের ব্যাকটেরিয়া —— এবং DNA পলিমারেজ 100^0C এও কার্যকর।

(8) লক্ অ্যান্ড কি মডেলের প্রবক্তা ——।

(9) ইনডিউস্‌ড ফিট মডেলের প্রবক্তা ——।

(10) YADH একটি —— উৎসেচক।

(11) সাবস্ট্রেট ও ট্রানসিশন স্টেটের মধ্যে মুক্ত শক্তির পার্থক্যকে ——।

(12) —— হল সেই সাবস্ট্রেট ঘনত্ব যখন উৎসেচক বিক্রিয়ার গতি সর্বোচ্চ গতির অর্ধেক।

(13) উদ্ভিদ উৎসেচকের কার্যকারিতার অপটিমাম তাপমাত্রা সাধারণতঃ —— ^0C।

(14) হেক্সোকাইনেজ একটি —— ।

(15) —— হল একটি কো-এনজাইম।

(16) AT Case একটি —— উৎসেচক।।

(17) অপ্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক ইনহিবিটারদের ক্ষেত্রে —— অপরিবর্তিত থাকলেও Vmax কমে যায়।

(B) সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন ঃ

(1) উৎসেচক কি?

(2) 'এনজাইম' শব্দটির উৎস সন্ধান করুন।

(3) এনজাইম কমিশনের নিয়ম অনুযায়ী যে কোনও একটি উৎসেচকের EC সংখ্যা কিভাবে নির্ধারিত হয়?

(4) উৎসেচকের কার্যভিত্তিক শ্রেণিবিন্যাস করুন।

(5) উৎসেচকের সক্রিয় অংশ বলতে কি বোঝেন?

(6) উৎসেচকের কার্যকারিতায় মডেলগুলি সম্বন্ধে সংক্ষেপে আলোচনা করুন।

(7) উৎসেচকের স্টিরিও স্পেসিফিসিটি কি?

(8) উৎসেচকের জিওমেট্রিক স্পেসিফিসিটি বলতে কি বোঝেন?

(9) মাইকেলিস মেন্টেনের সমীকরণটি লিখে প্রতিটি উপাদানের ব্যাখ্যা দিন।

(10) উৎসেচকের কার্যকারিতায় তাপমাত্রার গুরুত্ব আলোচনা করুন।

(11) কোফ্যাক্টর কাকে বলে? উহাদের উদাহরণসহ শ্রেণিবিন্যাস করুন।

(12) কয়েকটি ভিটামিন ও তাদের থেকে সৃষ্ট কোএনজাইমের নাম উল্লেখ করুন।

(13) সাধারণ উৎসেচক ও অ্যালোস্টেরিক উৎসেচকের কার্যকারিতা লেখচিত্রের মাধ্যমে তুলনা করুন।

(14) অ্যালোস্টেরিক উৎসেচকের উদাহরণ দিন।

(15) উৎসেচকের কার্যে বাধাদানকারী ইনহিবিটারগুলির শ্রেণিবিন্যাস করুন।

(16) প্রতিদ্বন্দ্বীতামূলক ইনহিবিটারের গতিবিদ্যার লেখচিত্র অঙ্কন করুন।

5.10 উত্তর সংকেত

(A) (1) অনুঘটকের
(2) ক্যাটালেজ
(3) প্রোটিন
(4) ফ্রেডরিক্ উইলহেম ক্যুন
(5) হাইড্রোলেজ
(6) জাইমোজেন
(7) Thermus aquaticus
(8) এমিল ফিশার
(9) ড্যানিয়েল কোশল্যান্ড, জুনিয়ার
(10) স্টিরিওস্পেসিফিক
(11) গিব্সের সক্রিয়তার মুক্ত শক্তি
(12) K_M
(13) 50 – 60
(14) মেটালোএনজাইম
(15) NAD^+
(16) অ্যালোস্টেরিক
(17) K_M

(B) (1) 5.2.1. দ্রষ্টব্য
(2) সারণি 5A দেখুন
(3) 5.2.3 দেখুন
(4) সারণি 5B দ্রষ্টব্য
(5) 5.2.6 -এর সাবস্ট্রেট নির্দিষ্টতা অংশটি পড়ুন।
(6) 5.2.7 দ্রষ্টব্য
(7) 5.2.8 দেখুন
(8) 5.2.9 দেখুন
(9) 5.3.2 -এর বক্স দ্বারা নির্দেশিত সমীকরণটি।
(10) 5.4.-এর (3) -এর অংশ দেখুন।
(11) 5.5 দ্রষ্টব্য
(12) সারণি 5D দেখুন।
(13) চিত্র 5h-এর সাহায্যে লিখুন।
(14) 5.6.2 দেখুন
(15) 5.7 দেখুন
(16) চিত্র 5i-এর সাহায্যে লিখুন

একক 6 ❑ অ্যামাইনো অ্যাসিডের বিপাক

গঠন

6.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

6.2 উদ্ভিদদেহে নাইট্রেট শোষণ

6.3 উদ্ভিদদেহে অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংশ্লেষ

6.3.1 অ্যামোনিয়াম আয়নের রূপান্তর

6.3.2 ট্রান্সঅ্যামিনেশন

6.3.3 ট্রান্সএ্যামিডেশন

6.4 অ্যামাইনো অ্যাসিডের অপচিতি বিপাক

6.4.1 অক্সিডেটিভ ডিঅ্যামিনেশন

6.4.2 ট্রান্সঅ্যামিনেশন

6.4.3 কার্বন কাঠামোর রূপান্তর

6.5 সারাংশ

6.6 অন্তিম প্রশ্নাবলী

6.7 উত্তরমালা

6.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা :

আমরা ইতিপূর্বেই জেনেছি যে প্রোটিন অণু গঠনের একক হল অ্যামাইনো অ্যাসিড। উদ্ভিদদেহে শোষিত নাইট্রোজেনঘটিত মুখ্য যোগ হল নাইট্রেট। এই নাইট্রেট উদ্ভিদদেহে বিজারিত হয়ে প্রথমে নাইট্রাইট এবং তারপরে অ্যামোনিয়াম আয়নে পরিণত হয়। উদ্ভিদ এই অ্যামোনিয়াম আয়নকে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের কাজে ব্যবহার করতে পারে। এই অধ্যায়ে সুনির্দিষ্ট উৎসেচকের সহায়তায় শোষিত নাইট্রেট থেকে প্রাপ্ত অ্যামোনিয়াম আয়নের অ্যামাইনো অ্যাসিডে রূপান্তরনের পদ্ধতিগুলি আলোচনা করা হয়েছে। এছাড়া অ্যামাইড সমূহের নাইট্রোজেন ও কার্বন বিপাকে সমন্বয়াক ভূমিকা সম্পর্কেও এই অধ্যায়ে আলোচনা করা হয়েছে। এতো গেল সংশ্লেষ বা উপচিতি জাতীয় বিপাক। অ্যামাইনো অ্যাসিডের অপচিতি বিপাক ঘটে দুটি ধাপে। প্রথমতঃ ডিঅ্যামিনেশন পদ্ধতিতে অ্যামাইনো মূলকটি অপসারিত হয় এবং অবশিষ্ট কার্বন কাঠামোটি রূপান্তরিত হয় পাইরুভেট, অভাসিটাইল Co A ইত্যাদি পদার্থে। এর ফলে মোট TCA চক্রের মাধ্যমে বিপাচিত হতে পারে। এই অধ্যায় আলোচনাক্রমে আমরা জানতে পারব :

উদ্দেশ্য :

- উদ্ভিদ কিভাবে শোষিত নাইট্রেটকে অ্যামোনিয়াম আয়নে পরিণত করে এবং সেটিকে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের কাজে লাগায়।

- ডিঅ্যামিনেশন পদ্ধতিতে কিভাবে একটি উভমুখী বিক্রিয়ার মাধ্যমে গ্লুটামিক অ্যাসিড সংশ্লেচিত হয়।
- কিভাবে গ্লুটামিক অ্যাসিড (এবং গ্লুটামিন) অন্যান্য অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি সংশ্লেষের উৎসরূপে কাজ করে।
- অ্যাপরাজিন এবং গ্লুটামিন কিভাবে নাইট্রোজেন ও কার্বন বিপাকের মধ্যে সংযোগ সাধন করে।

6.2 উদ্ভিদদেহে নাইট্রেট শোষণ (Nitrate Assimilation in Plants)

উদ্ভিদদেহে নাইট্রেট শোষিত হয় মূল দ্বারা। এই অজৈব নাইট্রেটের পরিণতি হয় জৈব নাইট্রোজেন ঘটিত অণু অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের মাধ্যমে। কিন্তু এই ঘটনাটি একাধিক ক্রমানুসারী বিক্রিয়ার মাধ্যমে ঘটে থাকে। এর প্রথমটি হল সাইটোপ্লাজমে **নাইট্রেট রিডাকটেজ** নামক উৎসেচক দ্বারা নাইট্রেটের নাইট্রাইট (NO_2^-) আয়নে রূপান্তর ঃ

$NO_3^- + NADH + H^+ + 2e^-$ নাইট্রেট রিডাকটেজ $NO_2^- + NAD^+ + H_2O$ .....(6.1)

6.1 বিক্রিয়ায় প্রাপ্ত নাইট্রাইট হল প্রচণ্ড ক্ষতিকারক এবং সক্রিয় বিকারক। উদ্ভিদকোষ উৎপাদনের অব্যবহিত পরেই নাইট্রাইট আয়নকে সাইটোপ্লাজম থেকে মূলের প্লাস্টিডে এবং পাতার ক্লোরোপ্লাস্টে চালান করে দেয়। এই সমস্ত অংশে নাইট্রাইট রিডাকটেজ (NO^{-2} – Reductase) নামক উৎসেচকের উপস্থিতিতে নাইট্রাইট আয়ন অ্যামোনিয়াম আয়নে রূপান্তরিত হয়।

$$NO_2^- + 6Fd(red) + 8H^+ + 6e \xrightarrow{\text{নাইট্রাইট রিডাকটেজ}} NH_4^+ + 6Fd_{(Ox)} + 2H_2O \quad .....(6.2)$$

$Fd_{(red)}$ = বিজারিত ফেরেডক্সিন

$Fd_{(ox)}$ = জারিত ফেরেডক্সিন।

এইভাবে সংখ্যাগরিষ্ঠ উদ্ভিদেহে নাইট্রেট বিপাকের ফলে অ্যামোনিয়াম সৃষ্ট হয়। এই অ্যামোনিয়াম আয়নই অ্যামাইনো অ্যাসিড সৃষ্টির প্রাথমিক উপাদান।

এছাড়া উদ্ভিদজগতে আর দুটি উপায়ে অ্যামোনিয়াম আয়ন সৃষ্ট হতে পারে। শিশুজাতীয় উদ্ভিদের মূলে বসবাসকারী মিথোজিবী ব্যাকটেরিয়া N_2^- সংবন্ধনের মাধ্যমে আণবিক নাইট্রোজেনকে অ্যামোনিয়ায় (NH_3) রূপান্তরিত করে।

$$N_2 + 8H^+ + 8e^- + 16 - 24\ ADP \longrightarrow 2NH_3 + H_2 + 16 - 24\ ADP + 16 - 24iP \quad ..... (6.3)$$

এই অ্যামোনিয়া উদ্ভিদের সাইটোপ্লাজমে বিজারিত হয়ে অ্যামোনিয়াম আয়ন গঠন করে।

এছাড়া C_2 উদ্ভিদসমূহে ফটোরেসপিরেশন পদ্ধতিতে অ্যামোনিয়াম আয়ন সৃষ্ট হয়।

গ্লাইকোলেট + গ্লুটামিক অ্যাসিড + O_2 ⟶

গ্লিসারিক অ্যাসিড + α কিটোগ্লুটারিক অ্যাসিড + NH_4^+ + CO_2 + H_2O ..... (6.4)

এই 6.1 থেকে 6.4 পর্যন্ত বিক্রিয়াগুলিই হল NH_4^+ আয়ন সৃষ্টির প্রধান পথ। উৎপন্ন NH_4^+ আয়ন অবশ্য উদ্ভিদকোষের পক্ষে প্রচণ্ড বিষাক্ত। অ্যামাইনো অ্যাসিড উৎপাদন করে উদ্ভিদ যে কেবল একটি জরুরী গঠনগত উপাদান সংশ্লেষিত করে তাই নয়। এর মাধ্যমে অ্যামোনিয়াম আয়নের ক্ষতিকারক প্রভাব থেকে উদ্ভিদ নিজের কোষকেও রক্ষা করে।

6.3 উদ্ভিদদেহে অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংশ্লেষ (Biosynthesis of Amino Acids in Plants)

উদ্ভিদদেহে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের প্রাথমিক বিক্রিয়াটি সাধিত হয় অ্যামোনিয়াম আয়নের রূপান্তরের মাধ্যমে। অ্যামোনিয়াম আয়নের অ্যামাইনো অ্যাসিড রূপান্তরনের দুটি পথ আছে। যার প্রতিটি একটি করে স্বতন্ত্র উৎসেচক দ্বারা অনুঘটিত।

6.3.1 অ্যামোনিয়াম আয়নের রূপান্তর (Conversion of Ammonium Ion)

অ্যামোনিয়াম আয়নের রূপান্তরের প্রথম পথটি হল গ্লুটামিন সংশ্লেষের পথ। এই বিক্রিয়ায় কোষস্থ গ্লুটামিক অ্যাসিড **গ্লুটামিন সিনথেটেজ** (GS) নামক উৎসেচক দ্বারা NH_4^+ আয়নের সঙ্গে যুক্ত হয়ে গ্লুটামিন সংশ্লেষিত করে।

$$\text{গ্লুটামেট} + NH_4^+ + ATP \xrightarrow{\text{গ্লুটামিন সিনথেটেজ}} \text{গ্লুটামিন} + ADP + iP \quad \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots (6.5)$$

এই বিক্রিয়া মূলের লিউকোপ্লাস্টিড এবং পাতার ক্লোরোপ্লাস্ট উভয় স্থানেই সম্পন্ন হয়। তবে, এই দুটি স্থানভিত্তিক GSদ্বয় ভিন্ন ভিন্ন।

গ্লুটামিনের এই উচ্চতর সংশ্লেষ হার কোষকে গ্লুটামিক অ্যাসিড সংশ্লেষে প্ররোচিত করে। এই কাজে সহায়তাকারী উৎসেচকটি হল **গ্লুটামেট সিনথেটেজ** বা গ্লুটামিন : 2 – Oxoglutarate aminotransferase (GOGAT)। এই উৎসেচক গ্লুটামিনের অ্যামাইড মূলককে (NH_2) 2 অক্সোগ্লুটারিক অ্যাসিডে (= α কিটোগ্লুটারিক অ্যাসিড) স্থানান্তরিত করে। ফলে সৃষ্ট হয় গ্লুটামিক অ্যাসিড।

$$\text{গ্লুটামিন} + \alpha\text{-কিটো গ্লুটারিক অ্যাসিড} + NAD\,PH^+ + H^+ \xrightarrow{GOGAT} 2\ \text{গ্লুটামিক অ্যাসিড} + NAD^+ \quad \ldots\ldots\ldots(6.5)$$

উদ্ভিদকোষে দুই রকমের GOGAT উৎসেচক পাওয়া যায়। মূল ইত্যাদির সঞ্চয়কারী প্লাসটিডে পাওয়া যায় NADH নির্ভর GOGAT এবং সালোকসংশ্লেষকারী ক্লোরোপ্লাসটিডে পাওয়া যায় ফেরেডক্সিন নির্ভর Fd – GOGAT.

অ্যামোনিয়াম আয়ন থেকে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের আর একটি বিকল্প পথ আছে। এই পথে **গ্লুটামেট ডিহাইড্রোজিনেজ** (GDH) নামক উৎসেচকের উপস্থিতিতে α-কিটোগ্লুটারিক অ্যাসিড NH_4^+ আয়নের সাথে সংযুক্ত হয়ে গ্লুটামিক অ্যাসিড গঠন করে ঃ

$$\alpha\text{-কিটোগ্লুটারিক অ্যাসিড} + NH_4^+ + NADPH \xleftrightarrow{GDH} \text{গ্লুটামিক অ্যাসিড} + H_2O + NADP \quad \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots (6.6)$$

এই বিক্রিয়া মাইটোকনড্রিয়া এবং ক্লোরোপ্লাস্টে ঘটে থাকে। লক্ষ্য করার বিষয় এই যে, বিক্রিয়াটি উভমুখী। অর্থাৎ এই একই বিক্রিয়ার মাধ্যমে গ্লুটামিক অ্যাসিড ডিঅ্যামিনেশন পদ্ধতিতে পাঠিত হয়।

6.3.2 ট্রান্সঅ্যামিনেশন (Transamination)

একবার নাইট্রোজেন ঘটিত অজৈব যোগ থেকে গ্লুটামিন ও গ্লুটামিক অ্যাসিড সংশ্লেষিত হবার পর ট্রান্সঅ্যামিনেশন পদ্ধতিতে অপরাপর অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি সংশ্লেষিত হতে পারে। এই পদ্ধতিতে একটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের অ্যামাইনো মূলক $(-NH_2)$ একটি কিটো অ্যাসিডের কিটো $(C = 0)$ মূলককে স্থানান্তরিত

করে। এই স্থানান্তরনের ফলে দ্বিতীয় একটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের সৃষ্টি হতে পারে। এ কাজে সাহায্যকারী উৎসেচকটি হল অ্যামাইনোট্রান্সফারেজ (Aminotransferase) এবং এর জন্য **পাইরিডক্সাল ফসফেট** (Pyridoxal phosphate) নামক একটি সহ-উৎসেচক দরকার হয়। বিক্রিয়ার সাধারণ রূপটি এই রকম ঃ

বহুসংখ্যক অ্যামাইনো অ্যাসিড এই বিক্রিয়ার মাধ্যমে সংশ্লেষিত হতে পারে। তাদের মধ্যে নিচের তিনটি বিক্রিয়া সর্বাধিক পরিচিত।

(i) **অ্যাসপারটিক অ্যাসিডের সংশ্লেষ ঃ গ্লুটামিক অ্যাসিড থেকে অ্যাসপারটেট অ্যামাইনো ট্রান্সফারেজ** নামক উৎসেচক অ্যামাইনো মূলককে **অক্সালোঅ্যাসিটিক অ্যাসিডে** স্থানান্তরিত করে। ফলে **α-কিটোগ্লুটারিক অ্যাসিড** এবং **অ্যাসপারটিক অ্যাসিড** গঠিত হয়।

$$\text{গ্লুটামিক অ্যাসিড} + \text{অক্সালোঅ্যাসিটিক অ্যাসিড} \xrightleftharpoons{\text{অ্যাসপারটেট অ্যামাইনোট্রান্সফারেজ}} \alpha\text{-কিটোগ্লুটারিক অ্যাসিড} + \text{অ্যাসপারটিক অ্যাসিড} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots (6.7)$$

(ii) **অ্যালানিন সংশ্লেষ ঃ গ্লুটামিক অ্যাসিড** থেকে যখন অ্যামাইনো মূলকটি **পাইরুভিক অ্যাসিড** স্থানান্তরিত হয় তখন সৃষ্ট হয় **অ্যালানিন** নামক অ্যামাইনো অ্যাসিড।

$$\text{গ্লুটামিক অ্যাসিড} + \text{পাইরুভিক অ্যাসিড} \xrightleftharpoons{\text{অ্যালানিন অ্যামাইনোট্রান্সফারেজ}} \alpha\text{-কিটোগ্লুটারিক অ্যাসিড} + \text{অ্যালানিন} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots (6.8)$$

(iii) আবার অ্যাসপারটিক অ্যাসিড থেকে যখন অ্যামাইনো মূলকটি ঐ পাইরুভিক অ্যাসিড দ্বারা গৃহীত হয় তখনও অ্যালানিন সংশ্লেষিত হতে পারে।

$$\text{অ্যাসপারটিক অ্যাসিড} + \text{পাইরুভিক অ্যাসিড} \xrightleftharpoons{\text{অ্যামাইনোট্রান্সফারেজ}} \text{অক্সালোঅ্যাসিটিক অ্যাসিড} + \text{অ্যালানিন} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots (6.9)$$

6.3.3 ট্রান্সঅ্যামিডেশন (Transamidation)

উদ্ভিদদেহে অ্যাসপারাজিন সংশ্লেষের পথ হল ট্রান্সঅ্যামাইডেশন। এক্ষেত্রে **গ্লুটামিন** থেকে অ্যামাইড মূলকটি

অ্যাসপারটিক অ্যাসিডে স্থানান্তরিত হয় এবং গ্লুটামিন **অ্যাসপারাজিনে** ও অ্যাসপারটিক অ্যাসিড **গ্লুটামিক অ্যাসিডে** রূপান্তরিত হয়। **অ্যাসপারাজিন সিনথেটেজ** (AS) নামক উৎসেচকের সহায়তায় বিক্রিয়াটি সম্পন্ন হয়।

গ্লুটামিন + অ্যাসপারটিক অ্যাসিড + ATP $\xrightarrow{AS}$

অ্যাসপারাজিন + গ্লুটামিক অ্যাসিড + AMP + PPi ..... (6.10)

যেসব কোষে অ্যামোনিয়াম আয়নের ঘনত্ব বেশি সেই সব কোষে (যেমন, ভুট্টার মূলে) অ্যামোনিয়াম আয়ন (NH_4^+) অ্যামাইড মূলকের উৎসরূপে কাজ করে গ্লুটামিন নয়।

উদ্ভিদের নাইট্রোজেন ঘটিত যোগের মূল উৎস যদিও নাইট্রেট কিন্তু সংবহন কলাগুলিতে বিশেষতঃ ফ্লোয়েমে নাইট্রোজেনঘটিত যোগগুলির দুইটি রূপ সর্বাপেক্ষা ব্যাপকভাবে পাওয়া যায়। এগুলি হল গ্লুটামিক অ্যাসিড ও অ্যাসপারটিক অ্যাসিড এবং তাদের অ্যামাইডদ্বয়, যথাক্রমে গ্লুটামিন ও অ্যাসপারাজিন। সুতরাং কেবলমাত্র প্রোটিন সংশ্লেষের উপাদানরূপে নয়, ফ্লোয়েম লোডিং এবং সংবাহিত নাইট্রোজেন রূপে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষ উদ্ভিদের ক্ষেত্রে বিশেষ গুরুত্বপূর্ণ প্রক্রিয়া।

অনুশীলনী — 1

নিচের প্রশ্নগুলির সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন :

(a) উদ্ভিদদেহে নাইট্রোজেনের মুখ্য উৎস কী?

(b) নাইট্রেটকে নাইট্রাইট আয়নে রূপান্তরে সাহায্যকারী উৎসেচকটির নাম কী?

(c) উদ্ভিদদেহে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের প্রাথমিক অজৈব উপাদান কী?

(d) উদ্ভিদদেহে অ্যামোনিয়াম আয়ন সৃষ্টির উপায়গুলি কি কি সংক্ষেপে বলুন।

(e) অ্যামোনিয়াম আয়ন থেকে গ্লুটামিন উৎপাদনের অনুঘটক উৎসেচকটি কী?

(f) GOGAT কী?

(g) GDH কী?

(h) ট্রানস্অ্যামিনেশন প্রক্রিয়ায় সহায়তাকারী সহ-উৎসেচকটি কী?

(i) গ্লুটামিক অ্যাসিড কোন কিটো অ্যাসিডের সঙ্গে বিক্রিয়ায় অ্যাসপারটিক অ্যাসিড গঠন করে?

(j) অ্যাসপারটিক অ্যাসিড থেকে অ্যালানিন সৃষ্টির বিক্রিয়াটি দেখান।

(k) ট্রান্সঅ্যামিনেশন পদ্ধতিতে সহায়তাকারী উৎসেচকের নাম কী?

(l) অ্যাসপারটিক অ্যাসিডের অ্যামাইডটির নাম কী?

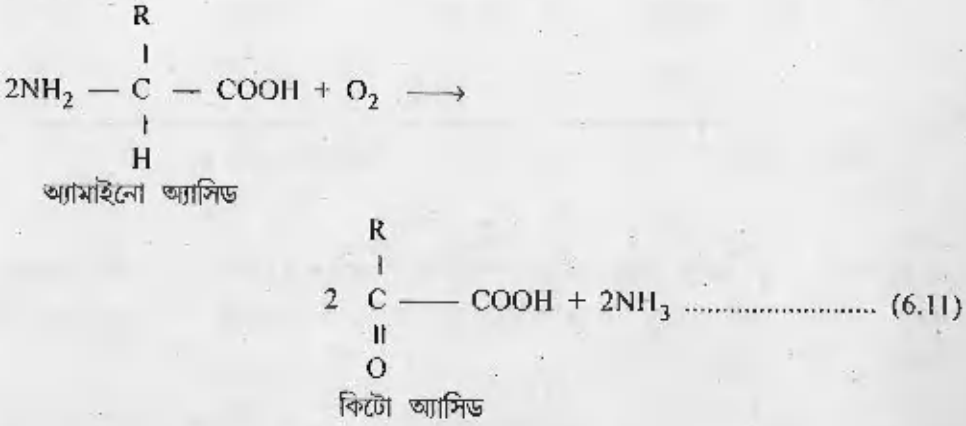
(m) AS উৎসেচকটির পূর্ণ নাম কী এবং এটি কি কাজ করে?

6.4 অ্যামাইনো অ্যাসিডের অপচিতি বিপাক (Catabolism of Amino acids)

প্রকৃতিতে অ্যামাইনো অ্যাসিড দুইটি ধাপে পাচিত হয়। এদের মধ্যে প্রথমটি হল অ্যামাইনো মূলকের অপসারণ এবং দ্বিতীয়টি হল কার্বন কাঠামোর বিপাক।

6.4.1 অক্সিডেটিভ ডিঅ্যামিনেশন (Oxidative deamination)

উপযুক্ত উৎসেচকের দ্বারা অক্সিজেনের উপস্থিতিতে অ্যামাইনো অ্যাসিড থেকে $-NH_2$ মূলকটির অপসারণ ঘটে এবং তার ফলে অ্যামাইনো অ্যাসিডটি এমন একটি কিটোঅ্যাসিডে রূপান্তরিত হয় যা সহজেই কোষীয় শ্বসন প্রক্রিয়ায় অংশ নিতে পারে।



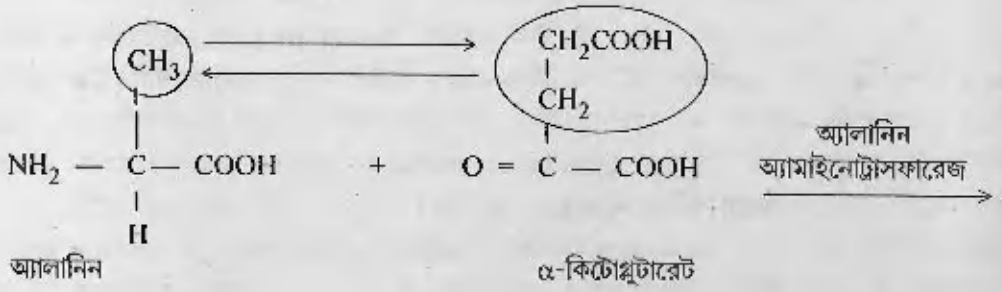
যদি অ্যামাইনো অ্যাসিডটি হয় অ্যালানিন তাহলে বিক্রিয়াটি নিম্নরূপ ঃ

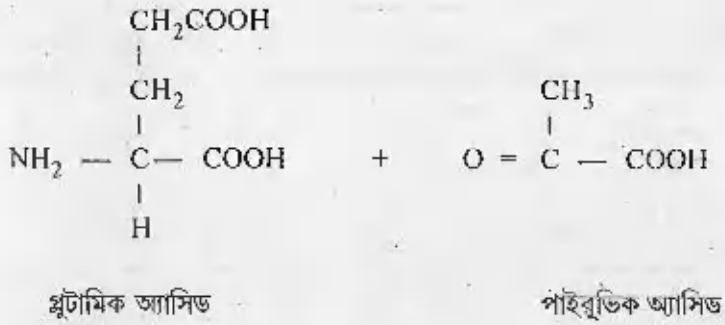
2 অ্যালানিন + O_2 ⟶ 2 পাইরুভিক অ্যাসিড + $2NH_3$ ..... (6.12)

পাইরুভিক অ্যাসিড TCA চক্রে অংশ নিতে পারে। এই পদ্ধতি মেরুদণ্ডী প্রাণীতেই মুখ্যতঃ দেখা যায়। কিছু কিছু ব্যাকটেরিয়া এই পদ্ধতিতে অ্যামাইনো অ্যাসিডকে পাচিত করে।

6.4.2 ট্রান্সঅ্যামিনেশন (Transamination)

আগেই বলা হয়েছে যে ট্রান্সঅ্যামিনেশন হল অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের একটি অন্যতম প্রধান পদ্ধতি। আবার অ্যামাইনো অ্যাসিডের অপচিতি বিপাকও এই পদ্ধতিতেই হয়ে থাকে। এই বিক্রিয়ার মূল উদ্দেশ্য হল অ্যামাইনো অ্যাসিড ও কিটো অ্যাসিডের মধ্যে পারস্পরিক মূলক বিনিময়।





গ্লুটামিক অ্যাসিড পাইরুভিক অ্যাসিড

এই পদ্ধতিতে যে কেবল নতুন অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষিত হয় তা নয়, যে কিটো অ্যাসিড এর মাধ্যমে পাওয়া যায় তা সহজেই TCA চক্রে অংশ নিতে পারে অথবা অন্য অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষে কিটো মূলকের উত্তমরূপে কাজ করতে পারে।

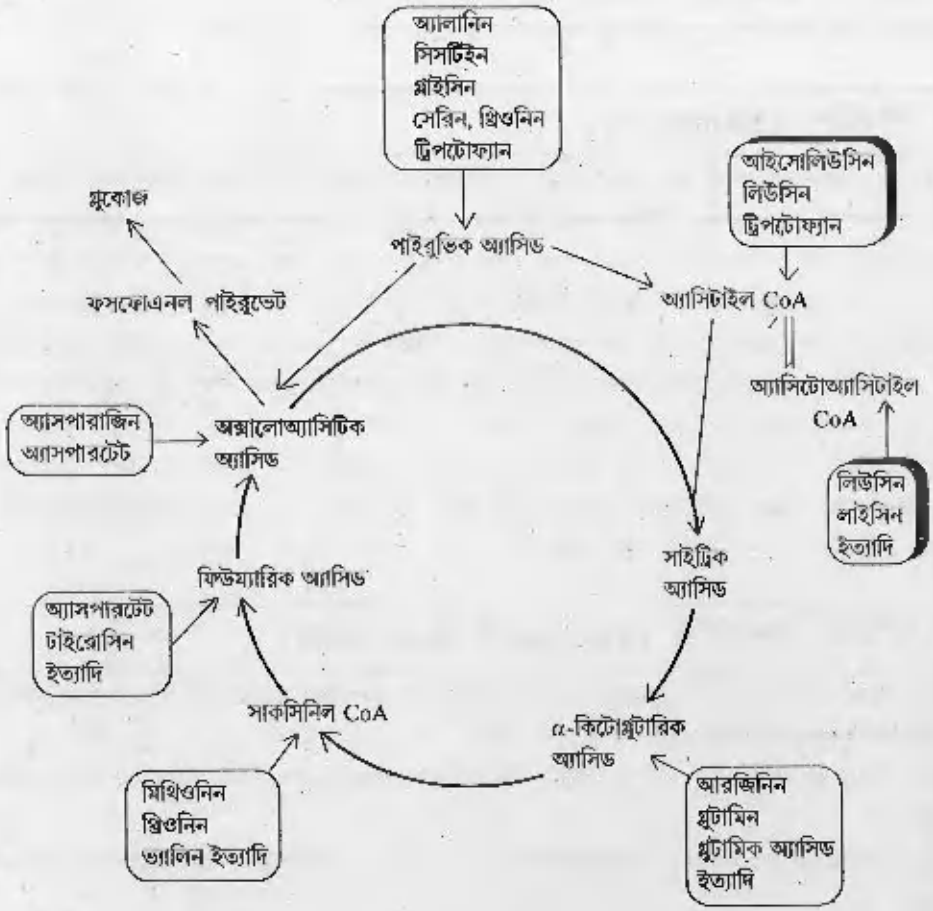
6.4.3 কার্বন কাঠামোর রূপান্তর (Transformation of Carbon Atoms of Amino Acids)

অ্যামাইনো অ্যাসিডের অপচিতি বিপাকের প্রথম ধাপ নাইট্রোজেন ঘটিত অ্যামাইনো মূলক অপসারণের ফলে যে কার্বন অণুদ্বারা গঠিত কাঠামো পড়ে থাকে তার পরিণতি কি?

প্রথমত ঃ কার্বন কাঠামোটি অধিকাংশ ক্ষেত্রেই কিটো মূলক যুক্ত কিটো অ্যাসিড হওয়ার দরুণ এটি সহজেই ট্রান্সঅ্যামিনেশন প্রক্রিয়ায় অংশ নিয়ে অপরাপর অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষ করতে পারে। এ সম্পর্কে আগেই আলোচনা করা হয়েছে।

দ্বিতীয়ত ঃ কার্বন কাঠামোটি এমন কয়েকটি অন্তর্বর্তী যৌগ গঠন করতে পারে যারা সহজেই গ্লুকোজে রূপান্তরিত হতে পারে। নতুবা তারা সরাসরি TCA চক্রের মধ্য দিয়ে জারিত হয়ে শক্তির উৎসরূপে কাজ করতে পারে। উৎপাদিত যৌগগুলির মধ্যে উল্লেখযোগ্য হল **পাইরুভিক অ্যাসিড, অ্যাসিটাইল CoA, অ্যাসিটো অ্যাসিটাইল Co A, α - কিটোগ্লুটারেট, সাকসিনিক Co A, ফিউম্যারিক অ্যাসিড** এবং **অক্সালোঅ্যাসিটিক অ্যাসিড।** অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলির মধ্যে লিউমিন, আইসোলিউসিন এবং ট্রিপটোফ্যান তৈরী করে অ্যাসিটাইল Co A। আর লাইসিন ফিনাইল অ্যালানিন ও টাইরোসিন রূপান্তরিত হয় অ্যাসিটোঅ্যাসিটাইল Co A-তে। একত্রে এই কয়টি অ্যামাইনো অ্যাসিডকে বলে **কিটোজেনিক অ্যামাইনো অ্যাসিড।** বাকী সব কয়টি অ্যামাইনো অ্যাসিড গ্লুকোজে রূপান্তরিত হতে পারে বলে তাদের বলা হয় **গ্লুকোজেনিক অ্যামাইনো অ্যাসিড।** চিত্র 6.2এ অ্যামাইনো অ্যাসিডের কার্বন কাঠামোর রূপান্তরের চিত্ররূপ দেওয়া হয়েছে। দেখা যাচ্ছে যে এরা TCA চক্রের এবং গ্লাইকোলাইসিসের একটি বিপরীতমুখী বিক্রিয়ার মাধ্যমে গ্লুকোজ সৃষ্টি করতে পারে।

সুতরাং অ্যামাইনো অ্যাসিড নিজে কোষের সঞ্চিত খাদ্য না হলেও পরোক্ষভাবে খাদ্য সঞ্চয়ে এদের সদর্থক ভূমিকা আছে।



চিত্র 6.2 : অ্যামাইনো অ্যাসিডের কার্বন কাঠামোর রূপান্তর চিত্রের ডানদিকে Shade যুক্ত অ্যামানো অ্যাসিডের বিক্রিয়াগুলি কিটোজেনিক বিক্রিয়া। অপর সব কয়টি বিক্রিয়াই গ্লুকোজেনিক।

অনুশীলনী ▌ 2

নীচের প্রশ্নগুলির উত্তর দিন :

(a) অক্সিজেনের উপস্থিতিতে অ্যামাইনো অ্যাসিডের NH_2 মূলকের অপসারণকে কি বলে?

(b) অ্যালানিনের অক্সিডেটিভ ডিঅ্যামিনেশনের ফলে সৃষ্ট কিটো অ্যাসিডের নাম কী?

(c) অ্যালানিন থেকে CH_3 মূলক α-কিটোগ্লুটারেটে স্থানান্তরিত হলে কী কী পাওয়া যায়?

(d) অ্যামাইনো অ্যাসিডের অপচিতি বিপাকের ফলে যে অন্তর্বর্তী যৌগগুলি গঠিত হয় তাদের জৈব ভূমিকা কী?

(e) কিটোজেনিক অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংজ্ঞা ও উদাহরণ দিন।

(f) গ্লুকোজেনিক অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংজ্ঞা ও উদাহরণ দিন।

6.5 সারাংশ (Summary)

প্রোটিনের গঠনগত একক হল অ্যামাইনো অ্যাসিড। অ্যামাইনো অ্যাসিডের উপচিতি বিপাক পর্যায়ে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষিত হয়। উদ্ভিদ দ্বারা শোষিত নাইট্রেট কোষরসে অ্যামোনিয়াম আয়নরূপে সংবন্ধিত হয়। অ্যামোনিয়াম হল ক্ষতিকারক আয়ন এবং কোষের মধ্যে প্রায় সঙ্গে সঙ্গেই তা অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের কাজে ব্যবহৃত হয়। তিনটি উৎসেচক তিনটি বিভিন্ন বিক্রিয়ার মাধ্যমে অ্যামোনিয়াম আয়নকে অ্যামাইনো অ্যাসিডে পরিণত করে। এরা হল গ্লুটামিন সিনথেটেজ, গ্লুটামেট সিনথেটেজ এবং গ্লুটামেট ডিহাইড্রোজিনেজ। এর ফলে যে গ্লুটামিন এবং গ্লুটামিক অ্যাসিড পাওয়া গেল তারা ট্রান্সঅ্যামিনেশন পদ্ধতিতে অপরাপর অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি সংশেলষ করতে পারে। ট্রান্সঅ্যামাইডেশন পদ্দতিতে গ্লুটামিন থেকে তৈরী হয় অ্যাসপারাজিন। অ্যামাইনো অ্যাসিডের অপচিতি বিপাক ঘটে অক্সিডেটিক ডিঅ্যামিনেশন পদ্ধতিতে এবং ট্রান্সঅ্যামিনেশন পদ্ধতিতে নাইট্রোজেন ঘটিত অ্যামাইনো মূলকের অপসারণ দ্বারা। পড়ে থাকা কার্বন অণুগুলি গ্লাইকোলাইসিসের বিপরীতমুখী প্রক্রিয়ায় গ্লুকোজ তৈরী করে থাকে।

6.6 অন্তিম প্রশ্নাবলী (Terminal Questions)

1. উদ্ভিদকোষে অ্যামোনিয়াম আয়নের উৎসগুলি সম্পর্কে সংক্ষেপে লিখুন। অ্যামোনিয়াম আয়নকে অ্যামাইনো অ্যাসিডে রূপান্তরের বিক্রিয়াগুলি আলোচনা করুন।
2. ট্রান্সঅ্যামিনেশন কী? এই পদ্ধতিতে কিভাবে উদ্ভিদকোষে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষিত হয় তা আলোচনা করুন।
3. অ্যামাইনো অ্যাসিডের অপচিতি বিপাকের ক্রমগুলি কী কী? এই পদ্ধতিগুলি বিক্রিয়ার সমীকরণসহ আলোচনা করুন।

6.7 উত্তরমালা (Answers)

অনুশীলনী — 1

(a) NO_3 আয়ন

(b) নাইট্রেট রিডাকটেজ

(c) NH_4^+ আয়ন

(d) (i) NO_3 আয়নকে নাইট্রেট ও নাইট্রাইট রিডাকটেজ দ্বারা বিজারণ।

(ii) নাইট্রোজেন সংবন্ধনের ফলে প্রাপ্ত NH_3 এর বিজারণ।

(iii) ফটোরেসপিরেশন।

(e) গ্লুটামিন সিনথেটেজ।

(f) GOGAT = গ্লুটামিন 2 – অক্সোগ্লুটারেট অ্যামাইনো ট্রান্সফারেজ। এটি একটি উৎসেচক যা গ্লুটামিন থেকে গ্লুটামিক অ্যাসিড সংশ্লেষিত করে।

(g) GDH = গ্লুটামিন ডি-হাইড্রোজিনেজ।

(h) পাইরিডক্সাল ফসফেট।

(i) অক্সালোঅ্যাসিটিক অ্যাসিড।

(j) 6.3.3. অংশে 6.9 চিহ্নিত বিক্রিয়া।

(k) ট্রান্সঅ্যামিনেজ।

(l) অ্যাসপারাজিন।

(m) AS = অ্যাসপারজিন সিনথেটেজ।

অনুশীলনী — 2

(a) অক্সিডেটিভ ডিঅ্যামিনেশন।

(b) পাইরুভিক অ্যাসিড।

(c) গ্লুটামিক অ্যাসিড ও পাইরুভিক অ্যাসিড।

(d) এগুলি TCA চক্রের মাধ্যমে পাচিত হয়ে শক্তি উৎপাদন করতে পারে।

(e) যে সমস্ত অ্যামাইনো অ্যাসিডের কার্বন কাঠামো অ্যাসিটাইল CoA এবং অ্যাসিটোঅ্যাসিটাইল CoA'তে রূপান্তরিত হয়। যেমন, লিউসিন ও আইসোলিউসিন।

(f) যে সমস্ত অ্যামাইনো অ্যাসিডের কার্বন কাঠামো গ্লুকোজে রূপান্তরিত হয়। যেমন, অ্যাসপারটিক অ্যাসিড।

অন্তিম প্রশ্নাবলী

1. মুখ্যত নাইট্রেট শোষণ। এক্ষেত্রে দুটি ধাপে সম্পন্ন বিক্রিয়ায় প্রথমে নাইট্রাইট ও পরে অ্যামোনিয়া উৎপাদন বলুন। এছাড়া নাইট্রোজেন বন্ধন এবং ফটোরেসপিরেশন পদ্ধতির বিক্রিয়া থেকে বুঝিয়ে বলুন কিভাবে NH_4^+ পাওয়া যায়।
   6.3.1. অংশে NH_4^+ আয়নের রূপান্তর আলোচিত হয়েছে।
2. 6.3.2. অংশ দেখুন।
3. ক্রমগুলি যথাক্রমে অক্সিডেটিভ ডিঅ্যামিনেশন এবং কার্বন কাঠামোর রূপান্তর 6.4 অংশ থেকে আলোচনা করুন।

একক 7 ❑ কার্বোহাইড্রেট

গঠন

7.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

7.2 কার্বোহাইড্রেট ও তার প্রকারভেদ

7.3 মনোস্যাকারাইডের স্টিরিও কেমিস্ট্রি

7.4 ডাইস্যাকারাইড

7.5 পলিস্যাকারাইড

7.6 কার্বোহাইড্রেটের গুরুত্ব

7.7 সারাংশ

7.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

7.9 উত্তরমালা

7.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা ঃ

কার্বোহাইড্রেট বা জল অঙ্গারের স্থূল সংকেত হল $Cn(H_2O)n$ তবে আধুনিক রসায়নবিদেরা কার্বোহাইড্রেটকে পলিহাইড্রক্সিঅ্যালডিহাইড বা পলিহাইড্রক্সিকিটোনরূপে অভিহিত করেছেন। স্যাকারাইড এককের উপর ভিত্তি করে কার্বোহাইড্রেটকে মনো, ডাই ও পলিস্যাকারাইডে বিভক্ত করা হয়। পারমাণবিক বিন্যাসের উপর ভিত্তি করে মনোস্যাকারাইডের অসংখ্য আইসোমার পাওয়া যায়। গ্লিসার‍্যালডিহাইড নামক অ্যালডোজ শর্করা ও ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোন ফসফেট নামক কিটো শর্করার থেকেই বিভিন্ন আইসোমারগুলি সৃষ্টি হয়। গ্লুকোজ ও ফ্রুক্টোজ উদ্ভিদদেহের প্রধান মনোস্যাকারাইড। দু'টি মনোস্যাকারাইড যুক্ত হয়ে ডাইস্যাকারাইড গঠন করে। মলটোজ ও সুক্রোজ প্রধান উদ্ভিদজাত ডাইস্যাকারাইড। অসংখ্য মনোস্যাকারাইডের সমন্বয়ে গঠিত হয় পলিস্যাকারাইড। স্টার্চ সঞ্চিত খাদ্যরূপে এবং সেলুলোজ কোষপ্রাচীরের মুখ্য উপাদানরূপে উদ্ভিদকোষে অবস্থান করে। গ্লুকোজ অণুই শ্বসনের প্রধান সাবস্ট্রেটরূপে ব্যবহৃত হয়। এছাড়া রাইবোজ-নিউক্লিক অম্ল সংশ্লেষে, কাইটিন ছত্রাকের কোষপ্রাচীর গঠনে এবং পেপটাইডোগ্লাইকন ও গ্লাইকোলিপিড জাতীয় সংযুক্ত শর্করা যথাক্রমে ব্যাকটেরিয়ার কোষপ্রাচীর ও কোষপর্দার মুখ্য উপাদানরূপে বর্তমান।

উদ্দেশ্য ঃ

এই এককটি পাঠ করে আপনি ঃ—

- কার্বোহাইড্রেটের বিভিন্ন প্রকারভেদ সম্পর্কে ধারণা লাভ করবেন।
- ত্রিমাত্রিক গঠনের উপর ভিত্তি করে মনোস্যাকারাইডের শ্রেণিবিভাগ করতে পারবেন।
- ডাইস্যাকারাইড ও পলিস্যাকারাইড গঠন ব্যাখ্যা করতে পারবেন।
- কার্বোহাইড্রেটের গুরুত্ব আলোচনা করতে পারবেন।

7.2 কার্বোহাইড্রেট ও তার প্রকারভেদ

কার্বোহাইড্রেট কথাটির অর্থ হাইড্রেট যুক্ত কার্বন। রাসায়নিক ভাবে প্রতিটি কার্বোহাইড্রেট C, H ও O পরমাণুর সমন্বয়ে গঠিত যাদের অনুপাত 1 : 2 : 1 এই কারণে কার্বোহাইড্রেটের স্থূল সংকেত হল $(CH_2O)_n$। তবে অনেক ক্ষেত্রেই এই গঠনীতি কার্যকরী হয় না। যেমন র‍্যামনোজ একটি কার্বোহাইড্রেট হওয়া সত্ত্বেও এর সংকেত হল $C_6H_{12}O_5$। অপরদিকে অ্যাসিটিক অম্ল কার্বোহাইড্রেট না হলেও এর সংকেত হল CH_3COOH বা $C_2H_4O_2$ যার স্থূল সংকেত কার্বোহাইড্রেটের মতন। আধুনিক রসায়নবিদদের মতে কার্বোহাইড্রেট হল পলিহাইড্রক্সিঅ্যালডিহাইড বা পলিহাইড্রক্সিকিটোন।

কার্বোহাইড্রেটকে প্রধানত তিনটি শ্রেণিতে ভাগ করা হয়

A. মনোস্যাকারাইড — এরা সরলতম কার্বোহাইড্রেট যার মধ্যে একটি মাত্র স্যাকারাইড একক থাকে।

B. অলিগোস্যাকারাইড — এই ধরনের কার্বোহাইড্রেটে 2 – 10টি স্যাকারাইড একক থাকে। এদের মধ্যে প্রকৃতিতে ডাইস্যাকারাইডই সর্বাধিক পরিমাণে পাওয়া যায়।

C. পলিস্যাকারাইড — এই কার্বোহাইড্রেট শ্রেণিতে স্যাকারাইড এককের সংখ্যা 10 এর বেশী (সচরাচর অসংখ্য) হয়।

মনোস্যাকারাইড — একটিমাত্র স্যাকারাইড একক যুক্ত কার্বোহাইড্রেটকে মনোস্যাকারাইড বলে। মনোস্যাকারাইডের শ্রেণিবিন্যাস দু'টি পদ্ধতিতে করা যায় — A) কার্বন পরমাণুর সংখ্যার ভিত্তিতে B) অ্যালডোজ ও কিটোন বর্গের উপস্থিতির ভিত্তিতে।

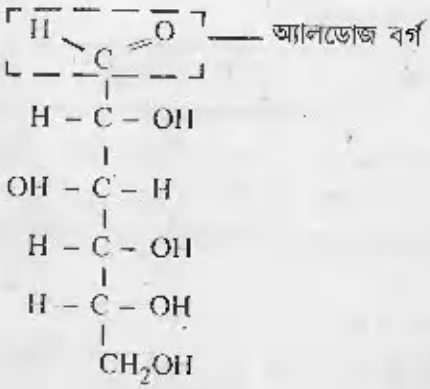
মনোস্যাকারাইডে কার্বন সংখ্যা ন্যূনতম 3 হয় এবং প্রকৃতিতে সচরাচর সর্বাধিক 7 কার্বনযুক্ত শর্করা দেখা যায়। একটি বিষয় উল্লেখযোগ্য যে মনো ও অলিগোস্যাকারাইডকে শর্করা বলা হয় কারণ এরা জলে দ্রবণীয় ও স্বাদে মিষ্ট হয়।

প্রকৃতিতে প্রাপ্ত কয়েকটি মনোস্যাকারাইড

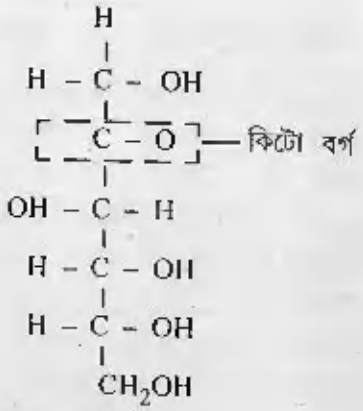
গোষ্ঠী	স্থূল সংকেত	নাম
ট্রায়োজ	3 কার্বনযুক্ত $C_3H_6O_3$	গ্লিসারালডিহাইড, ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোন
টেট্রোজ	4 কার্বনযুক্ত $C_4H_8O_4$	এরিথ্রোজ, থ্রিয়োজ
পেন্টোজ	5 কার্বনযুক্ত $C_5H_{10}O_5$	রাইবোজ, রাইবুলোজ, অ্যারবিনোজ, জাইলুলোজ
হেক্সোজ	6 কার্বনযুক্ত $C_6H_{12}O_6$	গ্লুকোজ ফ্রুক্টোজ, গ্যালাকটোজ
হেপ্টোজ	7 কার্বনযুক্ত $C_7H_{14}O_7$	সেডোহেপ্টুলোজ

7.3 মনোস্যাকারাইডের স্টিরিও কেমিস্ট্রি

মনোস্যাকারাইডের দু'টি প্রধান আইসোমার থাকে অ্যালডোজ ও কিটোজ। আইসোমারগুলির স্থূল সংকেত এক হলেও পরমাণবিক বিন্যাস পৃথক পৃথক হয়। গ্লুকোজ একটি অ্যালডোজ শর্করা এবং ফ্রুক্টোজ একটি কিটো শর্করা। নীচে এদের গঠনপ্রকৃতি লক্ষ্য করুন —



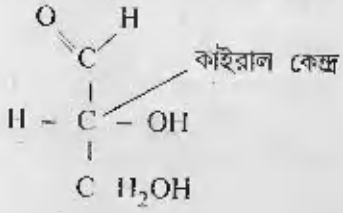
গ্লুকোজ অণু



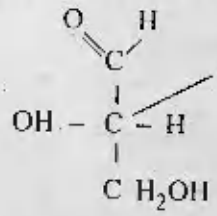
ফ্রুক্টোজ অণু

এইক্ষেত্রে গ্লুকোজ ও ফ্রুক্টোজ — দু'টি হেক্সোজ গোষ্ঠীর মনোস্যাকারাইডের স্থূল সংকেত $C_6H_{12}O_6$ তবে গ্লুকোজে অ্যালডিহাইড বর্গ (– CHO) থাকায় এটি একটি অ্যালডোজ শর্করা এবং ফ্রুক্টোজে কিটো বর্গ থাকায় এটি একটি কিটো (C = O) শর্করা।

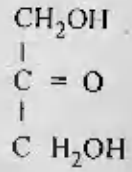
ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোন ছাড়া প্রতিটি মনোস্যাকারাইডে এক বা একাধিক অসম (Asymmetric) বা কাইরাল কার্বন পরমাণু থাকে। এই পরমাণুর বৈশিষ্ট্য হল এর ডান ও বাম দিকে H পরমাণু থাকে। এই পরমাণুর বৈশিষ্ট্য হল এর ডান ও বাম দিকে H পরমাণু বা OH মূলক থাকতে পারে। H ও OH অবস্থানের উপর নির্ভর করে মনোস্যাকারাইডের অপটিকাল আইসোমার বা এনানসিওমার (Enantiomer) গঠিত হয়। সরলতম অ্যালডোজ শর্করার মধ্যবর্তী কার্বনটি কাইরাল প্রকৃতির ও এর ফলে D গ্লিসার‍্যালডিহাইড ও L-গ্লিসার‍্যালডিহাইড গঠিত হয়।



D - গ্লিসার‍্যালডিহাইড
(অ্যালডোজ শর্করা)



L-গ্লিসার‍্যালডিহাইড
(অ্যালডোজ শর্করা)



ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোন
(কিটো শর্করা যাতে
কোন কাইরাল কেন্দ্র নেই)

কোন মনোস্যাকারাইডে কাইরাল কেন্দ্রের সংখ্যা n হলে, আইসোমারের সংখ্যা 2^n হবে। গ্লিসার‍্যালডিহাইডে কাইরাল কেন্দ্রের সংখ্যা 1 বলে আইসোমারের সংখ্যা $2^1 = 2$। অনুরূপভাবে কোন হেক্সোজ শর্করায় কাইরাল কেন্দ্রের সংখ্যা 4 হওয়ায় (দ্বিতীয়, তৃতীয়, চতুর্থ ও পঞ্চম কার্বন) হেক্সোজ শর্করার আইসোমারের সংখ্যা $2^4 = 16$টি হবে— এর মধ্যে 8টি D-শর্করা ও 8টি L-শর্করা হবে।

D-কথাটির অর্থ হল ডেক্সট্রোরোটেটরি এবং L-কথাটির অর্থ হল লিভোরোটেটরি। যে শর্করার কেলাসে পোলারাইজড আলো পতিত আলোকরশ্মি ডান দিকে বেঁকে যায় তাদের ডেক্সট্রোরোটেটরি শর্করা বলে এবং আলোকরশ্মি বাম দিকে বেঁকে গেলে লিভোরোটেটরি শর্করা বলে।

সমগ্র মনোস্যাকারাইড গোষ্ঠীটি দু'টি ভাগে বিভক্ত। একটি অ্যালডোজ শর্করা গ্লিসার‍্যালডিহাইড থেকে শুরু হয় এবং অপর বিভাগটি ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোন নামক কিটো শর্করা থেকে শুরু হয়। গ্লিসার‍্যালডিহাইডের (3C যুক্ত শর্করা) একটি কাইরাল কেন্দ্র থাকায় দু'টি আইসোমার গঠন করে। স্বাভাবিকভাবে পরবর্তী অ্যালডোজ শর্করা (4C) থ্রিয়োজ এরিথ্রোজে দু'টি কাইরাল কেন্দ্র থাকায় প্রতিটি দু'টি করে মোট 4টি আইসোমার গঠন করে। যেহেতু অ্যালডোজ শর্করায় প্রথম ও শেষ কার্বনটি বাদে সব কটি কার্বনেই কাইরাল কেন্দ্র থাকে তাই অ্যালডোজ শর্করায় আইসোমারের সংখ্যা $= 2^{n-2}$ (n = কার্বন সংখ্যা)

অপরদিকে, 3C যুক্ত কিটো শর্করা ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোন ফসফেটে কোন কাইরাল কেন্দ্র না থাকায় এর কোন আইসোমার থাকে না। এরিথ্রোজ 4C যুক্ত কিটো শর্করা যার একটি কাইরাল কেন্দ্র থাকায় দু'টি আইসোমার (D এবং L) গঠিত হয়। যেহেতু কিটো শর্করায় প্রথম, দ্বিতীয় শেষ কার্বনটি ছাড়া অন্য কার্বনগুলিতে কাইরাল কেন্দ্র থাকে তাই কিটো শর্করায় আইসোমারের সংখ্যা $= 2^{n-3}$ (n = কার্বন সংখ্যা)। এই কারণে 6 কার্বনযুক্ত ফ্রুক্টোজ শর্করায় আইসোমারের সংখ্যা $2^{6-3} = 2^3 = 8$টি

যখন দু'টি আইসোমারের কোন কার্বনের সাথে যুক্ত H ও OH ডান ও বামদিকে স্থান বিনিময় করে তখন তাদের এপিমার (Epimer) বলে। যেমন দ্বিতীয় কার্বনটির পরিপ্রেক্ষিতে D-গ্লুকোজ ও D-ম্যানোজ এপিমার আবার চতুর্থ কার্বনটির পরিপ্রেক্ষিতে D-গ্লুকোজ ও D-গ্যালাকটোজ এপিমার (চিত্র 1.A ও 1.B দেখুন)।

আমরা এতক্ষণ যে আইসোমারের গঠন আলোচনা করলাম তাতে কার্বন পরমাণুগুলি রৈখিক শৃঙ্খলে (Straight Chain) বিন্যস্ত থাকে। দেখা গেছে যে প্রাকৃতিক অবস্থায় কার্বন পরমাণু পরস্পরের সঙ্গে বলয়াকারে সজ্জিত হয়ে চক্রাকার বা সাইক্লিক (Cyclic) যৌগ গঠন করে। এই ধরণের বলয়ে 5 টি বন্ধনী (Five membered) থাকলে তাকে ফুরানোজ (Furanose) এবং 6 টি বন্ধনী (Six membered) থাকলে তাকে পাইরানোজ যৌগ বলে। হেক্সোজ শর্করাগুলি উভয়রূপেই অবস্থান করতে পারে যেমন ফ্রুক্টোজ অণু ফ্রুক্টোফুরানোজ বা ফ্রুক্টোপাইরানোজ রূপে অবস্থান করতে পারে। জলীয় দ্রবণে 67% ফ্রুক্টোজ পাইরানোজরূপে এবং 33% ফ্রুক্টোজ ফুরানোজ রূপে অবস্থান করে।

আর একটি বিষয় উল্লেখযোগ্য যে পাইরানোজ বা ফুরানোজের কার্বনিল কার্বনটি (প্রথম কার্বন বা C_1) অপ্রতিসম (Asymmetric) হয়। এই কার্বনটির নীচে – OH মূলক থাকলে তাকে α এবং উপরে – OH মূলক থাকলে β আইসোমার বলা হয় (চিত্র 2)। পাইরানোজ বা ফুরানোজের α ও β আইসোমারকে অ্যানোমার (Anomer) বলা হয়।

অনুশীলনী ঃ

1. (a) কার্বোহাইড্রেটের শ্রেণিবিভাগ করুন ও প্রতিটি শ্রেণির অন্তর্ভুক্ত কার্বোহাইড্রেটের উদাহরণ দিন।
   (b) কার্বন সংখ্যার উপর ভিত্তি করে মনোস্যাকারাইডকে কয় ভাগে ভাগ করা যায়? প্রতিটি ক্ষেত্রে উদাহরণ দিন ও রাসায়নিক সংকেত লিখুন।
   (c) স্টিরিও কেমিস্ট্রির পরিপ্রেক্ষিতে মনোস্যাকারাইডের অন্তর্ভুক্ত বিভিন্ন যৌগগুলির সংকেত ও উদাহরণ লিখুন।

2. এক কথায় উত্তর দিন।
   (a) ক্ষুদ্রতম অ্যালডোজ ও কিটো শর্করার নাম উল্লেখ করুন।
   (b) একটি 7 কার্বনযুক্ত শর্করার নাম লিখুন।

(c) এমন একটি যোগের নাম লিখুন যার স্থূল সংকেত $C_n (H_2O)_n$ কিন্তু সেটি শর্করা নয়।

(d) D ও L কথাটির অর্থ কি?

(f) পাইরানোজ ও ফুরানোজ বলয় কাকে বলে?

3. শূণ্যস্থান পূরণ করুন।

(a) —— শর্করায় কাইরাল কার্বন পরমাণু থাকে না।

(b) D -গ্লুকোজে D কথাটির অর্থ হল ——।

(c) শর্করার α ও b আইসোমারকে —— বলে।

(d) অলিগোস্যাকারাইডে শর্করা এককের সংখ্যা —— থেকে —— টি।

7.4 ডাইস্যাকারাইড

দু'টি মনোস্যাকারাইড যুক্ত হয়ে ও এক অণু জল মুক্ত করে ডাইস্যাকারাইড গঠিত হয়। প্রকৃতিতে অলিগোস্যাকারাইডের মধ্যে ডাইস্যাকারাইডই প্রধান, তাই এই এককে ডাইস্যাকারাইড সম্পর্কে আলোচনা করা হল।

প্রধান ডাইস্যাকারাইডগুলি হল—

(i) মলটোজ — দুই অণু গ্লুকোজের সমন্বয়ে মলটোজ গঠিত হয়। একটি পাইরানোজ গ্লুকোজের [α প্রকৃতি] প্রথম কার্বনের সাথে দ্বিতীয় পাইরানোজ গ্লুকোজের চতুর্থ কার্বনটি অক্সিজেন পরমাণুর সাহায্যে গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী সৃষ্টি করে। তাই মলটোজকে α – D গ্লুকোপাইরানোসাইল (1 → 4) D – গ্লুকোপাইরানোজ বলা হয়।

(ii) সুক্রোজ — একটি α - D গ্লুকোপাইরানোজ শর্করার প্রথম কার্বনের সাথে ফুরানোজ প্রকৃতির ফ্রুক্টোজের দ্বিতীয় কার্বন, অক্সিজেন পরমাণুর সাথে যুক্ত হয়ে সুক্রোজ গঠন করে। তাই সুক্রোজ হল α - D গ্লুকোপাইরানোসাল (1 → 2) – β – D ফ্রুক্টোফুরানোসাইড।

(iii) ল্যাকটোজ β - পাইরানোজ প্রকৃতির গ্যালাকটোজ β পাইরানোজ প্রকৃতির গ্লুকোজের সাথে যুক্ত হয়ে ল্যাকটোজ গঠন করে।

এছাড়াও উদ্ভিদদেহে আইসোমলটোজ, সেলোবায়োজ প্রভৃতি ডাইস্যাকারাইড পাওয়া যায়।

7.5 পলিস্যাকারাইড

অসংখ্য মনোস্যাকারাইড একক যখন পরস্পর যুক্ত ও নিরুদিত হয়ে জটিল কার্বোহাইড্রেট গঠন করে তাকে পলিস্যাকারাইড বলে। এদের স্থূল সংকেত $(C_6H_{10}O_5)_n$।

(i) সেলুলোজ — কোষপ্রাচীরের মুখ্য উপাদান যেখানে আনুমানিক 15000টি গ্লুকোজ অণু β(1 → 4) গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনীর সাহায্যে রৈখিক শৃঙ্খলযুক্ত (Linear Chain) পলিমার গঠন করে। এইরূপ প্রায় 40 টি শৃঙ্খল সমান্তরালভাবে বিন্যস্ত হয়ে সেলুলোজ তন্তু গঠন করে।

(ii) স্টার্চ — স্টার্চ হল উদ্ভিদের প্রধান সঞ্চিত খাদ্যবস্তু। এটি α - অ্যামাইলোজ ও অ্যামাইলোপেকটিন দুই ধরণের শৃঙ্খল দ্বারা গঠিত। অ্যামাইলোজ শৃঙ্খলটি শাখাবিহীন যার মধ্যে অসংখ্য গ্লুকোজ অণু α(1 → 4) বন্ধনীর সাহায্যে যুক্ত থাকে। অপরদিকে অ্যামাইলো পেকটিন হল শাখাযুক্ত শৃঙ্খল এবং প্রতিটি শাখায় 24 থেকে 30টি গ্লুকোজ অণু α(1 → 4) বন্ধনীর সাহায্যে যুক্ত থাকে। যেই স্থান থেকে শাখাটি উৎপন্ন হয় সেখানকার গ্লুকোজ অণু দুটি α(1 → 6) বন্ধনীর সাহায্যে যুক্ত থাকে। স্টার্চ জলে অদ্রাব্য। স্টার্চ ও অ্যামাইলোজ

উভয়েই আয়োডিনের উপস্থিতিতে নীল বর্ণ ধারণ করে। অ্যামাইলোপেকটিন জলে কোলয়েড দ্রবণ সৃষ্টি করে এবং আয়োডিনের উপস্থিতিতে লালচে বেগুনী বর্ণ ধারণ করে।

এছাড়া উদ্ভিদে ডেক্সট্রান, ছত্রাকের কোষপ্রাচীরে কাইটিন, ব্যাকটেরিয়া ও ইস্টে ম্যানান এবং প্রাণীকোষে গ্লাইকোজেন নামক পলিস্যাকারাইড থাকে। অধিকাংশ পলিস্যাকারাইড জলে অদ্রবণীয় ও স্বাদহীন হয়।

7.6 কার্বোহাইড্রেটের গুরুত্ব

1. জীবদেহে কার্বোহাইড্রেট প্রধান শক্তি সঞ্চয়ী খাদ্য। 1 গ্রাম অণু শর্করা থেকে 4.0 KCal শক্তি পাওয়া যায়।
2. সালোকসংশ্লেষের ফলে উৎপন্ন শর্করা গ্লুকোজ অণু ফ্রুক্টোজের সাথে যুক্ত হয়ে সুক্রোজরূপে উদ্ভিদ অঙ্গে ফ্লোয়েমের মাধ্যমে পরিবাহিত হয়।
3. গ্লুকোজ অণু শ্বসনের মুখ্য সাবস্ট্রেট রূপে ব্যবহৃত হয়।
4. বিভিন্ন গ্লাইকোলিপিড কোষপর্দা গঠনে সহায়তা করে।
5. D - রাইবোজ নামক 5C যুক্ত মনোস্যাকারাইড ও ডিঅক্সিরাইবোজ DNA অণু গঠনে মুখ্য ভূমিকা পালন করে। এছাড়া রাইবোজ শর্করা ATP, NADP গঠন করে।
6. D - অ্যারাবিনোজ গদ জাতীয় বর্জ্য পদার্থের মুখ্য উপাদান।
7. ফলের রস ও মধুতে গ্লুকোজ, ফ্রুক্টোজ প্রভৃতি মনোস্যাকারাইড পাওয়া যায়। চিনি প্রধানত সুক্রোজ দিয়ে গঠিত এবং দুধের প্রধান ডাইস্যাকারাইড হল ল্যাকটোজ।
8. গ্লুকোজঅ্যামাইন নামক অ্যামাইনো শর্করা ব্যাকটেরিয়া কোষপ্রাচীরের সেলুলোজ, হেমিসেলুলোজ প্রভৃতি উদ্ভিদ কোষপ্রাচীরের কাইটিন ছত্রাক কোষপ্রাচীরের প্রধান উপাদান।
9. দিনের বেলায় সালোকসংশ্লেষের ফলে উৎপন্ন গ্লুকোজের অধিকাংশই শ্বসনে ব্যবহৃত হয়। উদ্বৃত্ত গ্লুকোজ স্টার্চরূপে উদ্ভিদকোষে সঞ্চিত হয়।

7.7 সারাংশ

জল অঙ্গার বা কার্বোহাইড্রেটের সাধারণ স্থূল সংকেত হল $C_n(H_2O)_n$। স্যাকারাইড বা শর্করা এককের সংখ্যার উপর ভিত্তি করে কার্বোহাইড্রেটকে মনো, ডাই ও পলিস্যাকারাইডে বিভক্ত করা হয়। মনোস্যাকারাইডে কার্বনের সংখ্যা 3 (ট্রায়োজ) থেকে 7 (হেপ্টোজ) পর্যন্ত হয়। গ্লিসার‍্যালডিহাইড এবং ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিট্রোন হল ক্ষুদ্রতম অ্যালডোজ ও কিটো শর্করা। গ্লুকোজ ও ফ্রুক্টোজের সমন্বয়ে সুক্রোজ ও দুটি গ্লুকোজ অণুর সমন্বয়ে মলটোজ তৈরী হয়। অ্যালডোজ ও কিটো শর্করায় কার্বনের সংখ্যা এবং কার্বন পরমাণুতে হাইড্রোজেন ও হাইড্রক্সিল বর্গের আপেক্ষিক অবস্থানের উপর ভিত্তি করে শর্করার অণুর স্টিরিও কেমিকাল গঠন নির্ণীত হয়। পলিস্যাকারাইডগুলি সচরার জলে অদ্রবণীয় হয়। উদ্ভিদের প্রধান পলিস্যাকারাইড হল স্টার্চ ও সেলুলোজ। স্টার্চ অণু অ্যামাইলোজ ও অ্যামাইলোপেকটিন শৃঙ্খল দ্বারা গঠিত হয়।

7.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

1. সংক্ষেপে উত্তর দিন।

(a) কাইরাল কেন্দ্র কাকে বলে?

(b) গ্লিসার‍্যালডিহাইড ও ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোনের পরমাণবিক বিন্যাসের প্রভেদ কি?

(c) কিটো শর্করা থেকে অ্যালডোজ শর্করার সংখ্যা বেশী কেন?

(d) স্টার্চ অণুর গঠন কি কি শৃঙ্খল দ্বারা গঠিত?

2. A - স্তম্ভের সাথে B - স্তম্ভের মিল স্থাপন করুন।

A - স্তম্ভ	B - স্তম্ভ
1. 5 কার্বন যুক্ত শর্করা হল	1. ফ্রুক্টোজ
2. সালোকসংশ্লেষে উৎপন্ন প্রথম শর্করাটি হল	2. গ্লুকোজ
3. একটি কিটো শর্করার উদাহরণ হল	3. মলটোজ
4. আইডোসের এপিমার হল	4. গ্লিসার‍্যালডিহাইড
5. 2 টি গ্লুকোজ অণুর সমন্বয়ে গঠিত হয়	5. রাইবোজ

3. শূন্যস্থান পূরণ করুন।

(a) চতুর্থ কার্বনের পরিপ্রেক্ষিতে D গ্লুকোজের এপিমার হল ——।

(b) ফ্রুক্টোজ শর্করায় আইসোমারের সংখ্যা ——।

(c) অ্যামাইলোপেকটিনের শাখাগুলিতে —— লিংকেজ দেখা যায়।

(d) মিষ্টতম শর্করা হল ——।

7.9 উত্তরমালা

অনুশীলনী

1. (a) 7.2 দ্রষ্টব্য । (b) 7.2 তে পাবেন । (c) 7.3 দেখুন।

2. (a) গ্লিসার‍্যালডিহাইড ও ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোন।

(b) সেডোহেপ্টুলোজ

(c) অ্যাসিটিক অম্ল (CH_3 COOH)

(d) ডেক্সট্রোরোটেটরি ও লিভোরোটেটরি

(e) 7.3 দেখুন।

3. (a) ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোন

(b) ডেক্সট্রোরোটেটরি।

(c) অ্যানোমার

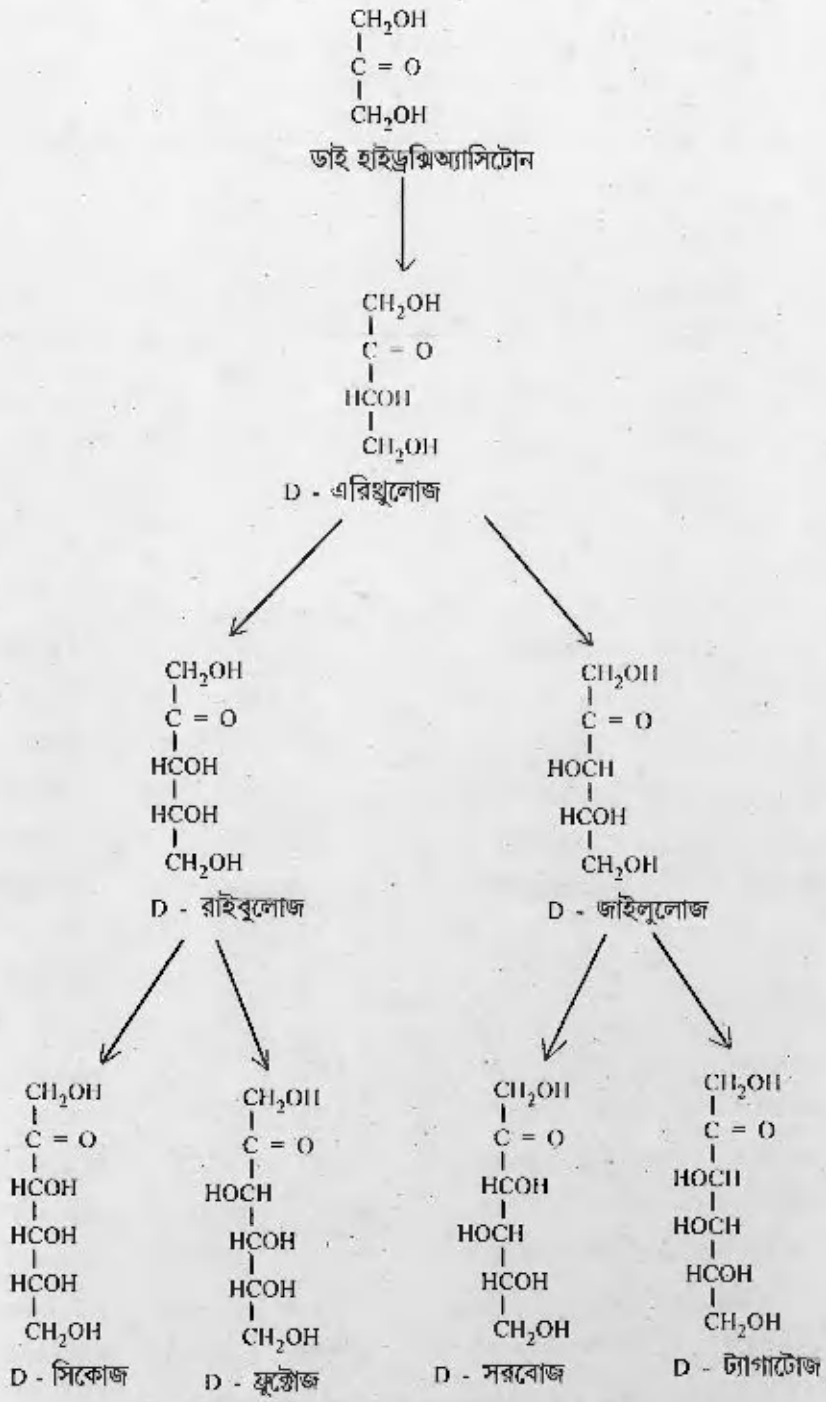
(d) 2, 10.

সর্বশেষ প্রশ্নমালা

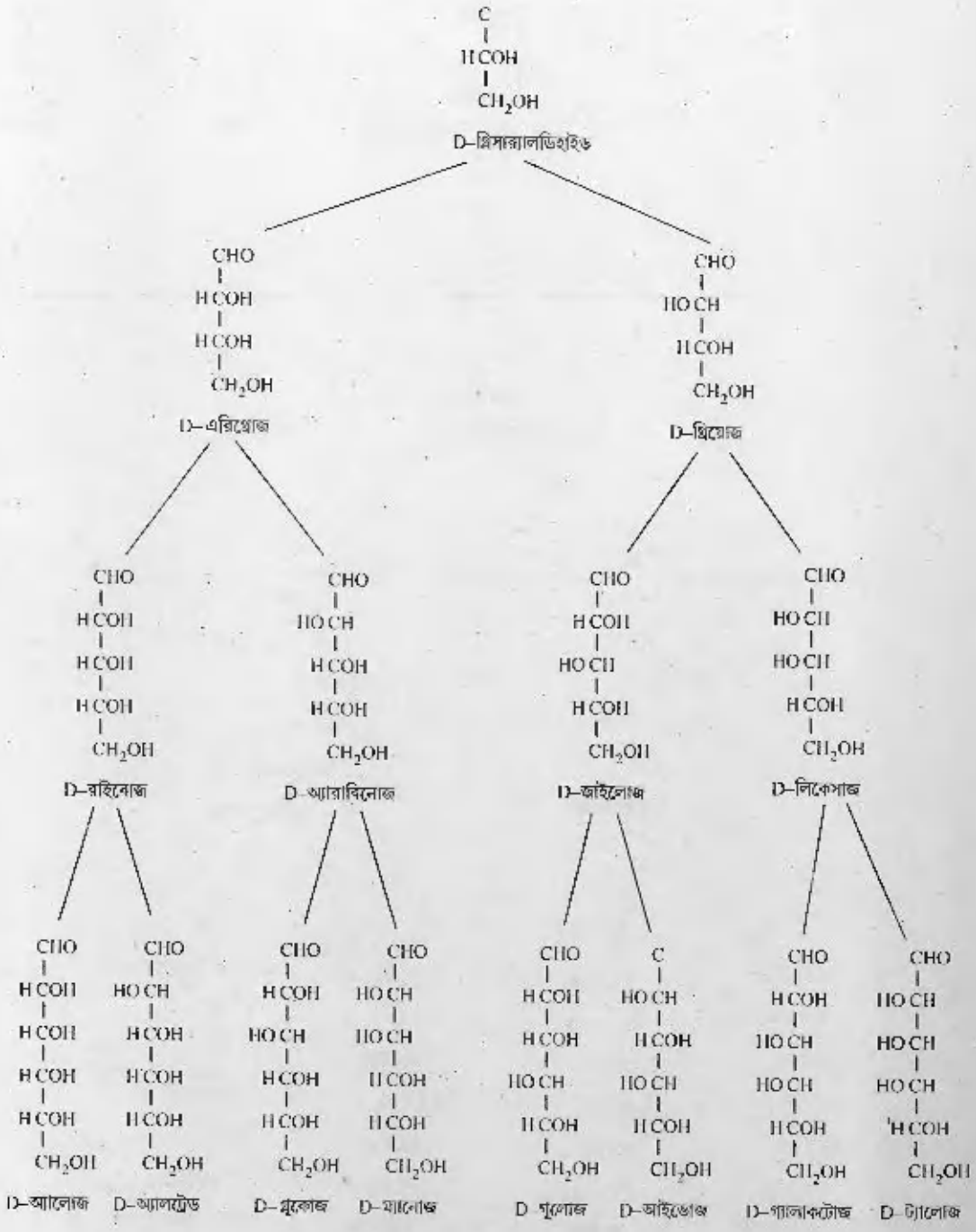
1 (a) 7.3 দেখুন (b) 7.3 তে পাবেন (c) কিটো শর্করার ক্ষুদ্রতম যোগ ডাইহাইড্রক্সিঅ্যাসিটোনে কাইরাল কেন্দ্র থাকে না বলে— এই প্রসঙ্গে 7.3 দেখুন (d) অ্যামাইলোজ ও অ্যামাইলোপেকটিন।

2. (a) 1–5 (b) 2–4 (c) 3–1 (d) 4–2 (e) 5–1

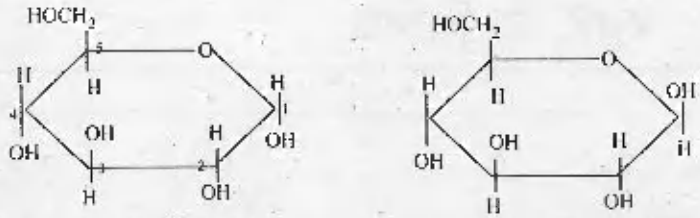
3. (a) D-গ্যালাকটোজ (b) 8 (c) α (1 $\rightarrow$ 6) (d) ফ্রুক্টোজ।



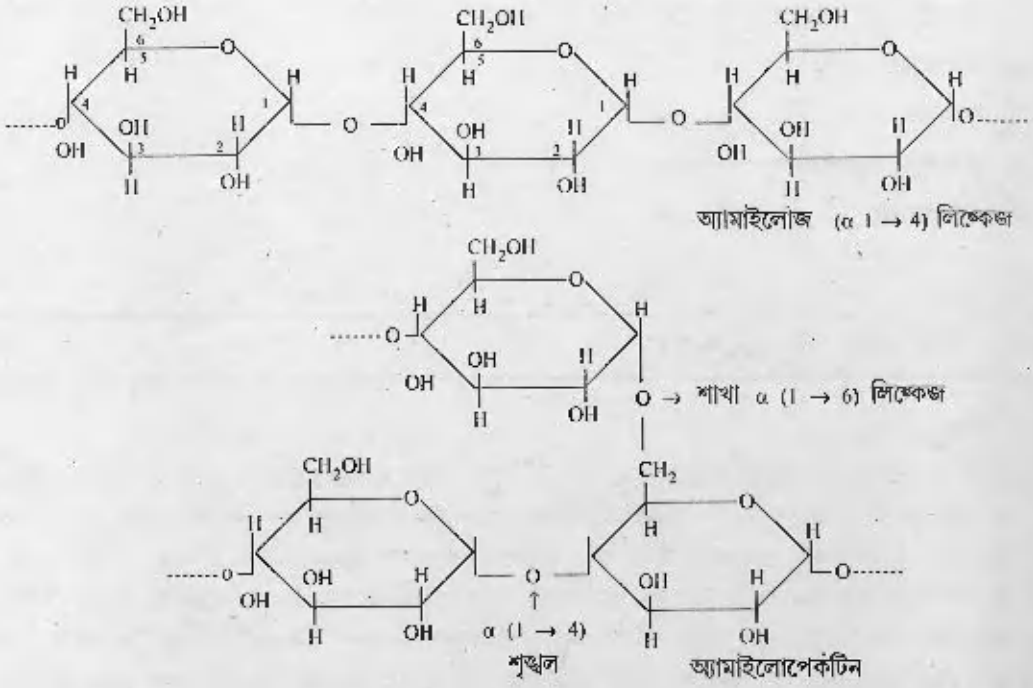
চিত্র 1.A : মনোস্যাকারাইডের কিটো পরিবার



চিত্র 1.B : মনোস্যাকারাইডের অ্যালডোজ পরিবার



চিত্র 2 : D - গ্লুকোপাইরানোজের α ও β রূপ।



চিত্র 3 : স্টার্চ অণুর গঠন — অ্যামাইলোজ ও অ্যামাইলোপেকটিনের গঠন দেখান হয়েছে।

একক ৪ ❑ ফ্যাট বা লিপিড

গঠন

৪.১ প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

৪.২ লিপিডের ধর্ম

৪.৩ ফ্যাটি অম্ল - রাসায়নিক প্রকৃতি ও গঠন

৪.৪ লিপিডের শ্রেণিবিন্যাস

৪.৫ ফ্যাটের বিপাক

৪.৫.১ ফ্যাটি অম্লের β-জারণ

৪.৫.২ β জারণের মাধ্যমে শক্তি উৎপাদন

৪.৬ লিপিডের কাজ

৪.৭ সারাংশ

৪.৮ সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

৪.৯ উত্তরমালা

৪.১ প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা ঃ

স্নেহপদার্থ বা লিপিড হল কার্বন, হাইড্রোজেন ও অক্সিজেনের সমন্বয়ে গঠিত বিশেষ যোগ বা জলে অদ্রবণীয় এবং এই যোগগুলিতে হাইড্রোজেনের তুলনায় অক্সিজেনের পরিমাণ অনেক কম থাকে। তেল, ঘি, মাখন, চিজ্ প্রভৃতি খাদ্য উপাদানগুলি স্নেহপদার্থ সমৃদ্ধ হয়। উদ্ভিদের স্নেহপদার্থ প্রধানত বীজ ও শস্যে সঞ্চিত থাকে। লিপিড বা স্নেহপদার্থ প্রধানত ফ্যাটি অম্ল ও গ্লিসারলের সমন্বয়ে গঠিত হয়। ফ্যাটি অম্লগুলি আবার সম্পৃক্ত বা অসম্পৃক্ত হতে পারে। অসম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্লে কার্বন পরমাণুগুলির মধ্যে এক বা একাধিক দ্বি-বন্ধনী দেখা যায়। উদ্ভিজ্জ স্নেহ পদার্থ সচরাচর অসম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্ল দ্বারা গঠিত এবং সাধারণ উষ্ণতায় এরা তরল অবস্থায় থাকে। প্রকৃতিতে লিপিড সরল, যৌগিক বা পরিবর্তিত অবস্থায় থাকে। বিভিন্ন স্নেহপদার্থ কোষপর্দা গঠনে, কোষের সক্রিয় পরিবহনে সহায়তা করে। আমাদের দেহে লিপিড অপনিরোধক পদার্থ হিসাবে কাজ করে। স্টেরল প্রকৃতপক্ষে লিপিড না হলেও এদের ধর্ম লিপিডের ন্যায় হয়। আমাদের দেহে কোলেস্টেরল সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ স্টেরল এবং উদ্ভিদে আর্গোস্টেরল, মাইকোস্টেরল, স্টিগমাস্টেরল প্রভৃতি স্টেরল যোগ দেখা যায়। লাইপেজ উৎসেচকের মাধ্যমে লিপিড অণু বিশ্লিষ্ট হয়ে ফ্যাটি অম্ল ও গ্লিসারলে পরিণত হয়। ফ্যাটি অম্ল আবার β-জারণ পদ্ধতিতে বিশ্লিষ্ট হয়ে প্রচুর পরিমাণে ATP উৎপন্ন করে ও তাপশক্তি নির্গত করে।

উদ্দেশ্য ঃ

এই এককটি পাঠ করে আপনি

1. লিপিড বা স্নেহপদার্থের ভৌত ও রাসায়নিক ধর্মগুলি সম্পর্কে জানতে পারবেন।
2. ফ্যাটি অম্লের রাসায়নিক প্রকারভেদ সম্পর্কে ধারণা লাভ করবেন।
3. লিপিডের বিভিন্ন শ্রেণিগুলি সম্পর্কে অবহিত হবেন।
4. ফ্যাটি অম্লের জারণ প্রক্রিয়াটি আলোচনা করতে পারবেন।
5. লিপিডের শারীরবৃত্তীয় ও জৈবরাসায়নিক গুরুত্বগুলি বোঝাতে পারবেন।

8.2 লিপিডের ধর্ম

স্নেহ পদার্থ বা স্নেহপদার্থজাত যে উপাদানগুলি জলে অদ্রবণীয় কিন্তু মিথানল, ক্লোরোফর্ম প্রভৃতি জৈব দ্রাবকে দ্রবণীয় এবং ক্ষারীয় হাইড্রোলিসিসের ফলে ফ্যাটি অম্ল ও গ্লিসারল উৎপন্ন করে তাদের লিপিড বলা হয়।

● **লিপিডের ভৌত ধর্মগুলি হল ঃ**

1. ভৌত অবস্থা— সম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্লবিশিষ্ট লিপিড সাধারণ তাপমাত্রায় কঠিন হয় কিন্তু অসম্পৃক্ত ফ্যাটি-অম্লের সমন্বয়ে যে লিপিড গঠিত হয় সেগুলি সাধারণ তাপমাত্রায় তরল হয়।

2. বর্ণ, গন্ধ ও স্বাদ— বিশুদ্ধ লিপিড বর্ণহীন ও গন্ধহীন হয় এবং দীর্ঘদিন উচ্চ তাপমাত্রায় বাতাসের সংস্পর্শে আসলে লিপিডের আর্দ্রবিশ্লেষণ ঘটে ও ফ্যাটি অম্লগুলি জারিত হয়। এই অবস্থায় লিপিডগুলি র‍্যানসিড (Rancid) ও দুর্গন্ধযুক্ত হয়।

3. দ্রবণীয়তা— লিপিড জলে অদ্রাব্য বা অতি সামান্য পরিমাণে দ্রাব্য কিন্তু ক্লোরোফর্ম, মিথানল, অ্যাসিটোন প্রভৃতি জৈব দ্রাবকে দ্রাব্য। ফ্যাটি অম্লের শৃঙ্খলগুলি দৈর্ঘ যত বেশী হয় ততই তাদের দ্রবণীয়তা কমতে থাকে।

4. গলনাঙ্ক— লিপিডের গলনাঙ্ক ফ্যাটি অম্লের প্রকৃতির উপর নির্ভর করে। সম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্লযুক্ত লিপিডের ক্ষেত্রে কার্বন পরমাণুর সংখ্যা যত বাড়ে তার গলনাঙ্ক তত বেড়ে যায়। অসম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্লের ক্ষেত্রে কার্বন পরমাণু এবং দ্বিবন্ধনীর সংখ্যা (Double bond) বৃদ্ধি পেলে গলনাঙ্ক কমে যায়।

5. আপেক্ষিক গুরুত্ব— লিপিডের আপেক্ষিক গুরুত্ব সর্বদাই 1-এর কম এবং অধিকাংশ ক্ষেত্রেই 0.86-এর কাছাকাছি হয়।

6. অবদ্রব গঠন— স্নেহ পদার্থকে জল, ক্ষারীয় পদার্থ বা প্রোটিনের উপস্থিতিতে ঝাঁকালে বড় অণুগুলি ক্ষুদ্র ক্ষুদ্র অণুতে রূপান্তরিত হয়। এই ঘটনাকে অবদ্রব গঠন (Emulsification) বলে।

7. পৃষ্ঠটান— জলের উপর তরল স্নেহপদার্থকে ঢেলে দিলে সেটি জলস্তরের উপরে একটি সূক্ষ্ম স্তর গঠন করে এবং জলের পৃষ্ঠটানকে (surface tension) কমিয়ে দেয়।

● **লিপিডের রাসায়নিক ধর্মগুলি হল ঃ**

1. আর্দ্র বিশ্লেষণ— লাইপেজ উৎসেচকের প্রভাবে লিপিড আর্দ্রবিশ্লিষ্ট হয়ে ফ্যাটি অম্ল ও 3 অণু গ্লিসারল উৎপন্ন করে।

2. স্যাপোনিফিকেশন— লিপিডকে ক্ষারের উপস্থিতিতে আর্দ্রবিশ্লেষণ করলে গ্লিসারল ও ফ্যাটি অম্লের লবণ উৎপন্ন হয়। এই প্রক্রিয়াকে স্যাপোনিফিকেশন (Saponification) বলে।

8.3 ফ্যাটি অম্ল-রাসায়নিক প্রকৃতি ও গঠন

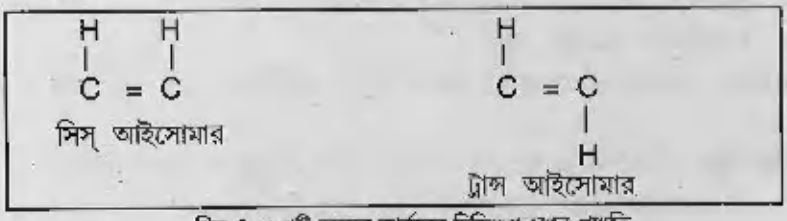
ফ্যাটি অম্লগুলি মূলত হাইড্রোকার্বনের দীর্ঘ শৃঙ্খল (4-30টি কার্বন পরমাণু সম্পন্ন) যাতে একটি কার্বক্সিল মূলক (–COOH) ও একটি দীর্ঘ হাইড্রোকার্বন শৃঙ্খল থাকে। ফ্যাটি অম্লের নামকরণ ও শ্রেণিবিভাগ জেনোভিয়ান (Genevean system) পদ্ধতিতে করা হয়। এই পদ্ধতির মূল বৈশিষ্ট্যগুলি হল

1. যে ফ্যাটি অম্লগুলিতে শুধু একক বন্ধনী (Single bond) থাকে তাদের সংপৃক্ত ফ্যাটি অম্ল (Saturated fatty acid) বলে এবং যে অম্লে এক বা একাধিক দ্বিবন্ধনী থাকে তাদের অসম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্ল বলে।
2. ফ্যাটি অম্লের কার্বনগুলিকে সংখ্যা বা গ্রিক অক্ষর দ্বারা চিহ্নিত করা হয়। অম্লের প্রান্তভাগে কার্বক্সিল মূলকের কার্বনকে C_1 এবং তার পরবর্তী কার্বন পরমাণুগুলিকে যথাক্রমে C_2, C_3 রূপে চিহ্নিত করা হয়। অপরদিকে কার্বক্সিলমূলকের পরবর্তী কার্বনটিকে α(2C কার্বন) এবং তার পরবর্তী কার্বনগুলিকে যথাক্রমে β, γ, δ, ও ε রূপে চিহ্নিত করা হয়। হাইড্রোকার্বন শৃঙ্খলের দৈর্ঘ যাই হোক না কেন, কার্বক্সিল মূলক থেকে সর্বাধিক দূরত্বের কার্বনকে w দ্বারা চিহ্নিত করা হয়।
3. IUPAC-এর (International Union of Pure and Applied Chemistry) নিয়মানুসারে যে হাইড্রোকার্বন থেকে ফ্যাটি অম্লের সৃষ্টি হয় তার নামের সর্বশেষ (suffix) 'e'টি অপসারিত করে—'oic' কে সাফিক্সরূপে বসানো হয়। যেমন হেক্সেন (Hexane) থেকে উৎপন্ন ফ্যাটি অম্লটির নাম হেক্সানয়িক (Hexanoic) অম্ল।
4. ফ্যাটি অম্লের নামকরণ কার্বন সংখ্যার ভিত্তিতে করা হয় এবং এই সংখ্যাগত নামকরণের পর অম্লটিতে কটি দ্বিবন্ধনী আছে তাও সংখ্যায় উল্লেখ করা হয়। যেমন হেক্সাডেকানয়িক অম্লকে 16:0 দ্বারা চিহ্নিত করা হয় অর্থাৎ এই অম্লে 16টি কার্বন আছে এবং কোন দ্বিবন্ধনী নেই।

$$\underset{\varepsilon}{\overset{6}{R-CH_2}}-\underset{\delta}{\overset{5}{CH_2}}-\underset{\gamma}{\overset{4}{CH_2}}-\underset{\beta}{\overset{3}{CH_2}}-\underset{\alpha}{\overset{2}{CH_2}}-\overset{1}{COOH}$$

চিত্র 1 : ফ্যাটি অম্লের কার্বনের চিহ্নিতকরণের পদ্ধতি

5. অসম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্লকে সিস্ (Cis) ও ট্রান্স (Trans) রূপে চিহ্নিত করা হয়। যেমন সিস্ Δ^9 অক্টাডেসিনয়িক অম্ল। এইক্ষেত্রে প্রথমে লক্ষ্য করুন যে দ্বিবন্ধনীযুক্ত অম্লের ক্ষেত্রে যদি একটি দ্বিবন্ধনী থাকে তাহলে সাফিক্স— Enoic (এনোয়িক) এবং দু'টি দ্বিবন্ধনীর ক্ষেত্রে —dienoic (ডাইয়োনিক) এবং তিনটি দ্বিবন্ধনী থাকলে— trienoic (ট্রাইয়োনিক) সাফিক্স ব্যবহার করা হয়। সুতরাং অক্টাডেসিনয়িক অম্লটিতে একটি মাত্র দ্বিবন্ধনী আছে। Δ^9 সংকেতের মাধ্যমে আমরা বুঝতে পারি যে অম্লের ডানদিক থেকে নবম এবং দশম কার্বনের মধ্যে দ্বিবন্ধনীটি উপস্থিত। আবার যে দু'টি কার্বন দ্বি-বন্ধনীযুক্ত হয় সেই কার্বন দুটির সঙ্গে যুক্ত হাইড্রোজেন পরমাণু দুটি যদি একই দিকে থাকে তাহলে 'সিস' এবং বিপরীত দিকে থাকলে 'ট্রান্স' প্রেফিক্স (Prefix) ব্যবহার করা হবে। 11.8.A সারণি পাঠ করলেই এই বিষয়ে আপনারা বিস্তারিত ধারণা লাভ করবেন।



চিত্র 2 : ফ্যাটি অম্লের কার্বনের চিহ্নিতকরণের পদ্ধতি

সারণি 8.A : শাখাবিহীন সংপৃক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড

ক্রমিক সংখ্যা (Serial No.)	ট্রিভিয়াল নাম (Trivial Name)	IUPAC নির্বাচিত নাম (Systematic Name)	কার্বন সংখ্যা (Number of Carbon atom)	শৃঙ্খলদ্বিবন্ধের সংখ্যা (No. of double bond)	সংকেত (Formula)	গলনাঙ্ক (Melting point)
1.	অ্যাসিটিক অ্যাসিড (Acetic acid) [জলীয় দ্রবণ প্রতিদিনের ব্যবহৃত ভিনিগার]	ইথানয়িক অ্যাসিড (ethanoic acid)	2	O	CH3COOH	16.6
2.	বিউটাইরিক অ্যাসিড (Butyric acid)	বিউটানয়িক অ্যাসিড (Butanoic acid)	4	O	$CH_3CH_2CH_2COOH$	–7.9
3.	ক্যাপরোয়িক অ্যাসিড (Caproic acid)	হেক্সানয়িক অ্যাসিড (Hexanoic acid)	6	O	$CH_3(CH_2)_4COOH$	–3.4
4.	ক্যাপরাইলিক অ্যাসিড (Caprylic acid)	অক্টানোয়িক অ্যাসিড (Octanoic acid)	8	O	$CH_3(CH_2)_6COOH$	16.3
5.	ক্যাপরিক অ্যাসিড (Capric acid)	ডেকানয়িক অ্যাসিড (Decanoic acid)	10	O	$CH_3(CH_2)_8COOH$	32
6.	লরিক অ্যাসিড (Lauric acid)	ডোডেকানয়িক অ্যাসিড (Dodecanoic acid)	12	O	$CH_3(CH_2)_{10}COOH$	44
7.	মাইরিসটিক অ্যাসিড (Myristic acid)	টেট্রাডেকানয়িক অ্যাসিড (Tetradecanoic acid)	14	O	$CH_3(CH_2)_{12}COOH$	54
8.	পামিটিক অ্যাসিড (Palmitic acid)	হেক্সাডেকানয়িক অ্যাসিড (Hexadecanoic acid)	16	O	$CH_3(CH_2)_{14}COOH$	63
9.	স্টিয়ারিক অ্যাসিড (Stearic acid)	অকটাডেকানয়িক অ্যাসিড (Octadecanoic acid)	18	O	$CH_3(CH_2)_{16}COOH$	69.6
10.	অ্যারাকিডিক অ্যাসিড (Arachidic acid)	আইকোসানয়িক অ্যাসিড (Eicosanoic acid)	20	O	$CH_3(CH_2)_{18}COOH$	75

সারণি 8.B : শাখান্বিত ফ্যাটি অ্যাসিড; হাইড্রক্সি ফ্যাটি অ্যাসিড

ক্রমিক সংখ্যা (Serial No.)	ট্রিভিয়াল নাম (Trivial Name)	IUPAC নির্বাচিত নাম (Systematic Name)	কার্বন সংখ্যা (Number of Carbon atom)	শৃঙ্খলদ্বিবন্ধের সংখ্যা (No. of double bond)	সংকেত (Formula)	গলনাঙ্ক (Melting point)
11.	আইসোবিউটাইরিক অ্যাসিড (Isobutyric acid)	2-মিথাইল প্রোপায়নিক অ্যাসিড (2-methyl propionic acid)	4	O	$CH_3CH(CH_3)COOH$	47
12.	আইসোভ্যালেরিক অ্যাসিড (Isovaleric acid)	3-মিথাইল বিউটানোয়িক অ্যাসিড (3-methyl butanoic acid)	5	O	$CH_3CH(CH_3)CH_2COOH$	37·6
13.	অ্যান্টাইসোভ্যালেরিক অ্যাসিড (Antisovaleric acid)	2-মিথাইল বিউটানোয়িক অ্যাসিড (2-methyl butanoic acid)	5	O	$CH_3CH_2CH(CH_3)COOH$	
14.	রিসিনোলেয়িক অ্যাসিড (Ricinoleic acid) (রেড়ির তেলে পাওয়া যায়)	12-হাইড্রক্সি-9 অক্টাডেসিনোয়িক অ্যাসিড (12-hydroxy-9-octadecenoic acid)	18	1	$CH_3(CH_2)_5CH(OH)CH_2CH{=}CH(CH_2)_7COOH$	5
15.	মেভালনিক অ্যাসিড (Mevalonic acid)	3, 5-ড্রাইহাইড্রক্সি- 3 মিথাইল পেন্টানয়িক অ্যাসিড (3,5-dihydroxy-3methyl pentanoic acid)	6	O	$HO.CH_2.C(OH)(CH_3).CH_2.COOH$	
16.	লেকটোবেসিলিক অ্যাসিড (Lactobacillic acid) ল্যাকটোবেসিলাস ব্যাকটেরিয়া থেকে পাওয়া যায়।		19	O	$CH_3(CH_2)_5CH{-}CH_2(CH_2)_9COOH$ (ring closed at CH$_2$)	28

সারণি 8.C : অসংপৃক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড

ক্রমিক সংখ্যা (Serial No.)	ট্রিভিয়াল নাম (Trivial Name)	IUPAC নির্বাচিত নাম (Systematic Name)	কার্বনসংখ্যা (Number of Carbon atom)	শৃঙ্খলদ্বিবন্ধের সংখ্যা (No. of double bond)	সংকেত (Formula)	গলনাঙ্ক (Melting point)
		একটি দ্বিবন্ধযুক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড				
17.	মাইরিসটোলেয়িক অ্যাসিড (Myristoleic acid)	Cis Δ^9-টেট্রাডেসিনোয়িক অ্যাসিড (Cis $\Delta 9$ tetradecenoic acid)	14	1	$CH_3(CH_2)_3\overset{H}{\overset{\mid}{C}} \overset{Cis}{=\!=} \overset{H}{\overset{\mid}{C}}(CH_2)_7COOH$	18·5
18.	ওলিক অ্যাসিড (Oleic acid)	Cis Δ^9-অক্টাডেসিনোয়িক অ্যাসিড (Cis $\Delta 9$ Octadecenoic acid)	18	1	$CH_3(CH_2)_7\overset{H}{\overset{\mid}{C}} \overset{Cis}{=\!=} \overset{H}{\overset{\mid}{C}}(CH_2)_7COOH$ (চিত্র - 2)	13·4
19.	এলাইডিক অ্যাসিড (Elaidic acid)	trans Δ^9-অক্টাডেসিনোয়িক অ্যাসিড (trans $\Delta 9$ Octadecenoic acid)	18	1	$CH_3(CH_2)_7\underset{H}{\underset{\mid}{C}} \overset{trans}{=\!=} \overset{H}{\overset{\mid}{C}}(CH_2)_7COOH$	45
		দুটি দ্বিবন্ধযুক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড				
20.	লিনোলেয়িক অ্যাসিড (Linoleic acid)	Cis, Cis $\Delta^9\ \Delta^{12}$-অক্টাডেকা-ডায়িনোয়িক অ্যাসিড (Cis, Cis $\Delta^9\ \Delta^{12}$ Octadeca-dienoic acid)	18	2	$CH_3(CH_2)_4(CH{=}CH\ CH_2)_2(CH_2)_6\ COOH$	–5
		তিনটি দ্বিবন্ধযুক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড				
21.	লিনোলিনিক অ্যাসিড (Linolenic acid)	Cis, Cis, Cis $\Delta^9\ \Delta^{12}\ \Delta^{15}$ অক্টাডেকাট্রায়িনোয়িক অ্যাসিড Cis, Cis, Cis, $\Delta^9\ \Delta^{12}\ \Delta^{15}$ Octadecatrienoie acid)	18	3	$CH_3CH_2(CH{=}CH.\ CH_2)_3(CH_2)_6\ COOH$	–11

8.4 লিপিডের শ্রেণিবিন্যাস (Classification of Lipids)

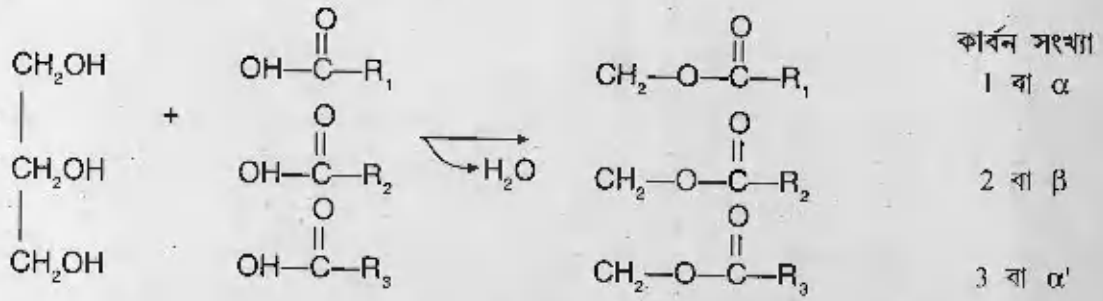
1. সরল লিপিড (Simple Lipid) বা নিউট্রাল ফ্যাট (Neutral fat)
   (a) অ্যাসাইল গ্লিসারল (acyl glycerol)
      (i) ট্রাইগ্লিসারাইড বা ট্রাইঅ্যাসাইল গ্লিসারল (Triglycerids or triacylglycerol)
      (ii) ডাইগ্লিসারাইড বা ডাইঅ্যাসাইল গ্লিসারল (Diglyceroides or Diacylglycerol)
      (iii) মোনোগ্লিসারাইড বা মোনোঅ্যাসাইল গ্লিসারল (Monoglyceride or monoacylglycerol)
   (b) মোম বা ওয়াক্স (Wax)

2. জটিল লিপিড (Complex Lipid)
   (a) ফসফোলিপিড (Phospholipid) বা ফসফাটাইডস (Phosphatides)
   (b) গ্লাইকোলিপিড (Glycolipid) বা গ্লাইকোগ্লিসেরোলিপিড (glycoglycerolipid)
   (c) স্ফিংগোলিপিড (Sphingolipid)

3. পরিবর্তিত ফ্যাট (Derived Lipid)
   (a) টারপিনয়েড, স্টেরয়েড, ক্যারোটিনয়েড (Terpenoids, steroids, carotenoids)
   (b) লাইপোপ্রোটিন (Lipoprotein)
   (c) প্লাসমোজেন (Plasmogen)

■ 1.(a) অ্যাসাইল গ্লিসারল (Acyl Glycerol)

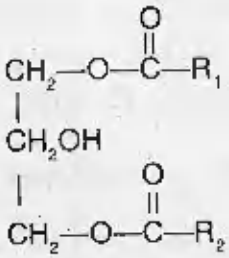
প্রকৃতিতে সবচেয়ে পরিচিত ফ্যাটটি হল ট্রাইগ্লিসারাইড বা ট্রাইঅ্যাসাইল গ্লিসারল। একটি ট্রাইহাইড্রিক অ্যালকোহল অর্থাৎ গ্লিসারল [যাতে 3টি হাইড্রক্সিল মূলক (—OH) থাকে।] যদি 3টি ফ্যাটি অ্যাসিডের সাথে যুক্ত হয়ে এস্টার তৈরী করে তবে তাকে ট্রাইগ্লিসারাইড বলে।



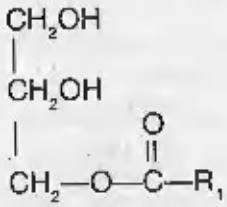
ট্রাইগ্লিসারাইড

গ্লিসারল তিনটি ফ্যাটি অ্যাসিড
(R_1, R_2, R_3 একই হতে পারে বা ভিন্ন হতে পারে)

একটি গ্লিসারলের সাথে যদি দুটি ফ্যাটি অ্যাসিড যুক্ত থাকে তবে তাকে ডাইগ্লিসারাইড এবং একটি থাকলে তাকে মোনোগ্লিসারাইড বলা হয়।



ডাইগ্লিসারাইড



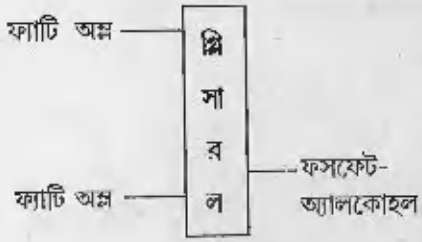
মোনোগ্লিসারাইড

প্রাণীজাত ট্রাইগ্লিসারাইডে বেশীর ভাগ ফ্যাটি অ্যাসিডই সংপৃক্ত (উদাহরণ— গোমাংসের 54% ফ্যাটি অ্যাসিডই সংপৃক্ত এবং 46% ফ্যাটি অ্যাসিড অসংপৃক্ত) কিন্তু উদ্ভিদজাত ট্রাইগ্লিসারাইডে বেশীর ভাগ ফ্যাটি অ্যাসিডই অসংপৃক্ত (উদাঃ অলিভ তেলে অসংপৃক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড 40% এবং সংপৃক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড 20%) প্রতিদিনকার ব্যবহারের মাখনে শতকরা 11 ভাগ ফ্যাটি অ্যাসিডই মুক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড (অর্থাৎ কার্বনশৃঙ্খলগুলি ক্ষুদ্র) বলে ঘরের স্বাভাবিক উষ্ণতায় মাখন নরম। স্তন্যপায়ী প্রাণীর অ্যাডিপোজ কোষের (adipose cells) সাইটোপ্লাজমে প্রচুর ট্রাইগ্লিসারাইড সঞ্চিত থাকে এবং প্রয়োজনে শক্তির জোগান দেয়।

ট্রাইগ্লিসারাইডের কোভ্যালেন্ট বন্ডটি অতিসংবেদনশীল। ফলে যদি একে একটি শক্তিশালী ক্ষারের (KOH বা NaOH) উপস্থিতিতে উত্তপ্ত করা হয় তবে তা কিছুক্ষণের মধ্যে ভেঙে গিয়ে গ্লিসারল ও ফ্যাটি অ্যাসিডের ক্ষারীয় লবণ তৈরী করে। এই পদ্ধতিকে বলা হয় **স্যাপোনিফিকেশন (Saponification)** বা সাবান তৈরী পদ্ধতি (Soap formation) এবং উৎপন্ন ফ্যাটি অ্যাসিডের লবণটিকে বলা হয় সাবান বা সোপ। আমাদের প্রতিদিনকার ব্যবহৃত সাবান এই পদ্ধতিতেই প্রস্তুত হয়।

■ 1.(b) মোম বা ওয়াক্স (Wax)

একটি লম্বাকার্বনশৃঙ্খলবিশিষ্ট মোনোহাইড্রিক অ্যালকোহল (উদাহরণ— পামিটোইল অ্যালকোহল অর্থাৎ 16টি কার্বন যুক্ত একটি অ্যালকোহল) একটি লম্বাদৈর্ঘের ফ্যাটি অ্যাসিডের সাথে যুক্ত হয়ে ওয়াক্স বা মোম তৈরী করে। এই ফ্যাটি অ্যাসিডটিতে জোড় বা বিজোড় সংখ্যার কার্বন থাকতে পারে। ফ্যাটি অ্যাসিডগুলি সাধারণত সংপৃক্ত বা একটি দ্বিবন্ধনীযুক্ত (মোনোইনয়িক ফ্যাটি অ্যাসিড) হয়। পাতার ও ফলের কিউটিকল বা আবরণ, মৌমাছির তৈরী মোম এধরনের ওয়াক্সএস্টার দিয়ে তৈরী। তাছাড়া শৈবাল, ছত্রাক, ব্যাকটিরিয়া ও সামুদ্রিক প্রাণীরা এই ধরণের ওয়াক্সধর্মী ফ্যাট তৈরী করে।



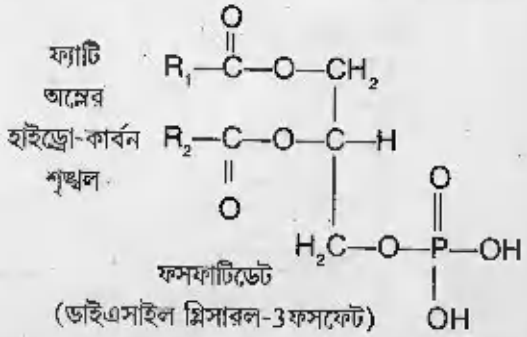
চিত্র 3 : ফসফোগ্লিসারাইডের গঠন

2. জটিল লিপিড (Complex Lipid)

(a) ফসফোলিপিড (Phospholipid) বা ফসফাটাইডস্ (Phosphatide) ফসফোগ্লিসারাইড (Phosphoglyceride) বা গ্লিসেরোফসফোলিপিড (glycerophospholipid) নাম থেকে আমরা এর রাসায়নিক গঠনের আন্দাজ করতে পারি। অর্থাৎ ফ্যাটি অ্যাসিড ও গ্লিসারলের সাথে একটি অজৈব ফসফেট, জৈব নাইট্রোজেন বেস বা পলিহাইড্রক্সি মূলকের সমন্বয়ে ফসফোলিপিড তৈরী হয়। ফসফোলিপিডের ফ্যাটি অ্যাসিড অংশটি ননপোলার (nonpolar) অর্থাৎ জলবিরাগী কিন্তু ফসফেট ও নাইট্রোজেনসমন্বিত মিথাইল

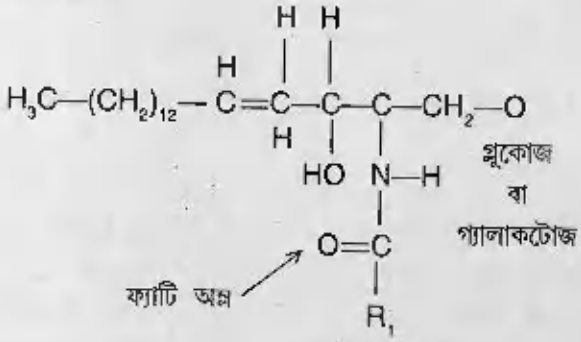
মূলকের প্রান্তটি জলানুরাগী (Hydrophilic)। এরকম দুধর্মী পদার্থ একই যোগে বর্তমান বলে ফসফোলিপিডকে অ্যাম্পিপ্যাথিক (amphipathic) যোগ বলে।

ফসফোলিপিড কোষপর্দার গঠনগত একক এবং এ সম্বন্ধে কোষপর্দার রাসায়নিক গঠন বর্ণনায় বিস্তারিত আলোচনা করা হয়েছে। **ফসফোটাইডেট** (Phosphotidate) ফসফোলিপিডের মূল অণু। প্রকৃতিতে আমরা বিভিন্ন প্রকারের ফসফোলিপিড পেয়ে থাকি। ভিন্ন ভিন্ন প্রকারের মূলকের উপস্থিতির উপর ফসফোলিপিডাক বিভিন্ন প্রকারে ভাগ করা হয়। যেমন— (a) ফসফোটাইডিল কোলিন (সাধারণ নাম লেসিথিন, Lecithin); (b) ফসফোটাইডিল ইথানোলেমিন (অর্থাৎ সেফালিন, cephalin) (c) ফসফোটাইডিল ইনোসিটল (Phosphatidyl inositol) উদ্ভিদের বীজ ও পাতায় পাওয়া যায়। (d) ফসফোটাইডিল গ্লিসেরল (Phosphatidyl glycerol) ও (e) ফসফোটাইডিল সেরিন (Phosphatidyl serine)।



চিত্র 4 :

এগুলি সবই উদ্ভিদ ও প্রাণীকোষের কোষপর্দা, শৈবাল ও ব্যাকটেরিয়ার কোষপর্দায় প্রচুর পরিমাণে পাওয়া যায়। এছাড়াও ডাইফসফোটাইডিল গ্লিসেরল (অর্থাৎ কার্ডিওলিপিন) মাইটোক্রনডিয়ার অন্তঃকোষপর্দায় পাওয়া যায়।



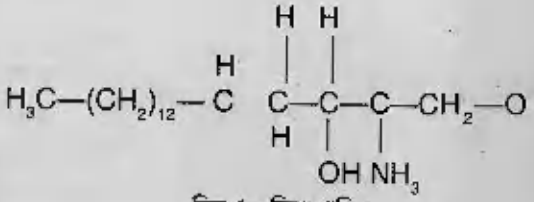
সেরিব্রোমাইড

■ 2.(b) গ্লাইকোলিপিড (Glycolipid)

পাতার মেসোফিল কোষের ক্লোরোপ্লাস্টে এই ফ্যাটটি প্রচুর পরিমাণে থাকে। গ্লাইকোলিপিডকে জল বিশ্লেষণ করলে আমরা গ্লিসারল, ফ্যাটি অ্যাসিড ও একটি কার্বোহাইড্রেট যোগ পাই। কার্বহাইড্রেটটি গ্লুকোজ, গ্যালাকটোজ, ম্যানেজ, র‍্যামনোজ ইত্যাদি হতে পারে। ব্যাকটিরিয়াতেও এই কার্বহাইড্রেট সমন্বিত লিপিড পাওয়া যায়। সেরিব্রোসাইড (Cerebrosides) একটি কার্বহাইড্রেট অংশযুক্ত সরলতম গ্লাইকোলিপিড। আটা, আলু, আপেল ও কিছু ছত্রাকে সেরিব্রোসাইড পাওয়া যায়। অপরদিকে গ্যাংলিওসাইডস (gangliosides) 7 টি কার্বহাইড্রেট অংশযুক্ত জটিল গ্লাইকোলিপিড, গ্যাংলিওসাইড জীবজন্তুর নার্ভকোষে প্রচুর পরিমাণে পাওয়া যায়।

■ 2.(c) স্ফিংগোলিপিড (Sphingolipid)

এই লিপিডটিতে থাকে ফ্যাটি অ্যাসিড, গ্লিসারলের পরিবর্তে একটি লম্বা দৈর্ঘ্যের অ্যামিন ($—NH_2$ মূলক) ও একটি অজৈব ফসফেট। স্ফিংগোলিপিডের মুখ্য যোগটি একটি নাইট্রোজেন সমন্বিত অ্যালকোহল যার নাম **স্ফিংগোসিন**। এই স্ফিংগোসিন পামিটিল-কো-এনজাইম (Palmityl CoA) ও সেরিন (Serine) অ্যামাইনো

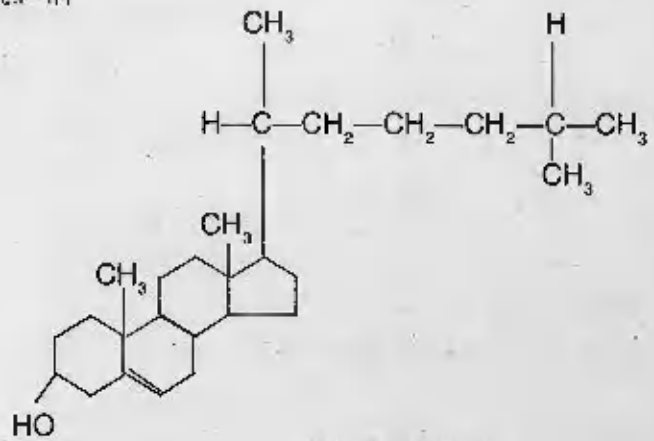

চিত্র 6 : স্ফিংগোসিন

অ্যাসিডের রাসায়নিক বিক্রিয়ার ফলে তৈরী হয়ে থাকে। রক্তে ও স্নায়ুকলায় আমরা এই ধরণের লিপিড পেয়ে থাকি।

■ 3. পরিবর্তিত ফ্যাট (Derived lipid)

উপরিউক্ত লিপিডগুলি ছাড়াও প্রকৃতিতে বিভিন্ন প্রকারের পরিবর্তিত ফ্যাট পাওয়া যায়। যেমন টারপিনয়েড, স্টেরয়েড, ক্যারোটিনয়েড ইত্যাদি এগুলি সবই 5টি কার্বনবিশিষ্ট আইসোপ্রিন (Isoprene Unit) নামক যৌগের পরিবর্তিত রূপ। মেভালনিক অ্যাসিড থেকে (Mevalonic acid, সারণি 1B) 'আইসোপ্রিন' যোগটি উদ্ভূত হয়। উদ্ভিদের থেকে আমরা যতরকম রেসিন (resin) ও বানতেল বা এসেনসিয়াল তেল (essential oil) যেমন— ইউক্যালিপটাস গাছের তেল, লেবুর তেল ইত্যাদি পাই তার বেশীরভাগই **টারপিনয়েড** ধর্মী যোগ। Pinaceal, Umbelliferal, Myrtaceal, Lauraceal, Rutaceal, Labiatal ও Composital গোত্রের প্রায় 40,000 প্রজাতির মধ্যে আমরা এই ধরণের জিনিস দেখতে পাই। আমরা কাঠের ফার্নিচার রং করার কাজে যে তার্পিন তেল ব্যবহার করি তা Pinus গাছের রেসিননালিকা থেকে সংগ্রহ করা হয়। এছাড়া Trichothecium নামের ছত্রাকেও এইরকম যৌগ দেখতে পাওয়া যায়।

স্টেরয়েড (Steroid) একটি বিশেষ ধরণের পরিবর্তিত ফ্যাট যাতে "Cyclopentanoperhydrophenantherene" রিং নামে একটি টেট্রাসাইক্লিক হাইড্রোকার্বন (চিত্র-7) থাকে। এই রিংটি সবরকম স্টেরয়েড হরমোনগুলির (যেমন টেস্টোটেরন, প্রজেস্টেরন, ইস্ট্রোজেন) গঠনকাঠামো তৈরী করে। রক্তের কোলেস্টেরল, গাছের বিভিন্ন প্রকারের বর্জ্য পদার্থ অর্থাৎ অ্যালকোলয়েড (Alkaloid) ও গ্লাইকোসাইডস (glycosides) প্রায় সবই এই ধর্মী যোগ। টারপিন ও স্টেরয়েড নন্‌সেপোনিফায়াব্‌ল লিপিড অর্থাৎ ক্ষারের উপস্থিতিতে সাবান তৈরী করে না।



চিত্র 4 : কোলেস্টেরল

উদ্ভিদের প্রতিটি সজীব কোষের প্লাসটিডে প্রচুর পরিমাণে ক্যারোটিনয়েড (Carotenoids) পাওয়া যায়। ক্যারোটিন (Carotene) ও জ্যান্থফিল (Xanthophyll) উদ্ভিদের সালোকসংশ্লেষে ক্লোরোফিলের পাশাপাশি পরোক্ষভাবে অংশগ্রহণ করে। বিভিন্নরকম ফলে, টমাটোতে, গাজরে অনেক রকম (যথা α, β, γ, δ carotene) ক্যারোটিন পাওয়া যায়।

উদ্ভিদজাত রবার (যেমন ***Havea brasiliensis*** গাছ থেকে পাওয়া যায়), চিক্‌ল (***Achras sapota*** গাছ থেকে পাওয়া যায়; এর থেকে Chewing gum তৈরী হয়) সবই এই আইসোপ্রিন যোগ সমন্বিত পরিবর্তিত ফ্যাট।

লাইপোপ্রোটিন (Lipoprotein) ও প্লাজমোজেন (Plasmogen)

লিপিডের সাথে একটি প্রোটিন অণু যুক্ত হয়ে যোগ গঠন করলে তাকে লাইপোপ্রোটিন বলা হয়। লাইপোপ্রোটিনের লিপিড অংশটি ট্রাইগ্লিসারাইড, ফসফোলিপিড, কোলেস্টেরল (বা এর এস্টার) নিয়ে গঠিত। প্রোটিন অংশের ননপোলার অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি লিপিড অংশটিকে ধরে রাখে। নিউক্লিয়াস, এন্ডোপ্লাজমিক রেটিকুলাম, মাইটোক্রনড্রিয়া, ক্লোরোপ্লাস্টের পদার্থ ও ব্যাকটিরিয়ার কোষপর্দায় প্রচুর লাইপোপ্রোটিন পাওয়া যায়।

প্লাসমোজেন একটি বিশেষধর্মী লিপিড (ফ্যাটি অ্যাসিড, গ্লিসারল, ফস্‌ফেট, নাইট্রোজেন বেস ও একটি অ্যালডিহাইড নিয়ে গঠিত যোগ) ব্রেন ও পেশীতে পাওয়া যায়।

এছাড়াও কোবালেমিন নামে লিপিড থাকে মাইটোক্রনডিয়ার মেমব্রেন বা পর্দায়। সালফোলিপিড ক্লোরোপ্লাস্টের মাইলাকয়েড মেমব্রেন পাওয়া যায়।

অনুশীলনী—1

উপরের অংশগুলি ঠিকমত পড়লে আপনি নীচের প্রশ্নগুলির সঠিক উত্তর দিতে পারবেন।

1. শূন্যস্থান পূরণ করুন ঃ

[a] কার্বহাইড্রেট জলানুরাগী কিন্তু লিপিড _____।

[b] লিপিডের গঠনগত একক হল _____।

[c] ট্রাইঅ্যাসাইল গ্লিসারল 1 অণু _____ ও 3 অণু _____ নিয়ে গঠিত যোগ।

[d] ফসফোলিপিড ফ্যাটি অ্যাসিড _____, _____, অজৈব নাইট্রোজেন বা পলিহাইড্রক্সি মূলক নিয়ে গঠিত যোগ।

2. বাঁদিকের অংশের সাথে ডানদিকের অংশ সঠিকভাবে মেলান ঃ

(a) বিউটাইরিক অ্যাসিড	(i) $CH_3(CH_2)_3COOH$
(b) ডেকানয়িক অ্যাসিড	(ii) —3·4°C
(c) ভেলেরিক অ্যাসিড	(iii) $CH_3CH_2CH_2COOH$
(d) ক্যাপরোয়িক অ্যাসিডের গলনাঙ্ক	(iv) $CH_3(CH_2)_8COOH$
(e) পামিটিক অ্যাসিডের গলনাঙ্ক	(v) 63°C

3. নিম্নলিখিত ফ্যাটি অ্যাসিডগুলির গঠন ও সংকেত লিখুন।

[1] পামিটোলেয়িক অ্যাসিড।

[2] 1-stearo—2,3—dipalmitin.

[3] 12-hydroxy 18:1 (9)

[4] 10—CH_3—18 : 0

[5] 20 : 4 (5, 8, 11, 14)

8.5 ফ্যাটের বিপাক

স্নেহ পদার্থের বিপাক প্রক্রিয়া অত্যন্ত জটিল। এই এককে আমরা স্নেহ পদার্থের অপচিতিমূলক ক্রিয়া অর্থাৎ বিশ্লেষণ পদ্ধতি সম্পর্কে আলোচনা করব। যে কোন জীবকোষে অধিকাংশ স্নেহ পদার্থই প্রশম অবস্থায় (Neutral fat) বা ট্রাইগ্লিসারাইডরূপে থাকে। এই যোগ লাইপেজ উৎসেচকের মাধ্যমে 1 অণু গ্লিসারল ও 3 অণু ফ্যাটি অম্লে বিশ্লিষ্ট হয়। পরবর্তী পর্যায়ে গ্লিসারলের বিপাক পদ্ধতির মাধ্যমে গ্লিসারালডিহাইড-3-ফসফেট উৎপন্ন হয় যা গ্লাইকোলাইসিস এবং গ্লুকোনিওজেনিক চক্রে প্রবেশ করে অর্থাৎ শ্বসনের উপাদানরূপে ব্যবহৃত হয়। অপরদিকে, ফ্যাটি অম্লটি β জারণের মাধ্যমে পর্যায়ক্রমে অ্যাসিটাইল CoA (AcetylCoA) উৎপন্ন করে এবং প্রচুর পরিমাণে শক্তি (ATP রূপে) নির্গত করে।

8.5.1 ফ্যাটি অম্লের β-জারণ

1904 খ্রীষ্টাব্দে বিজ্ঞানী ফ্রানজ্নুপ (Franzknoop) ফ্যাটি অম্লের β জারণ পদ্ধতিটি আবিষ্কার করেন। এই পদ্ধতিটির বৈশিষ্ট্য হল—

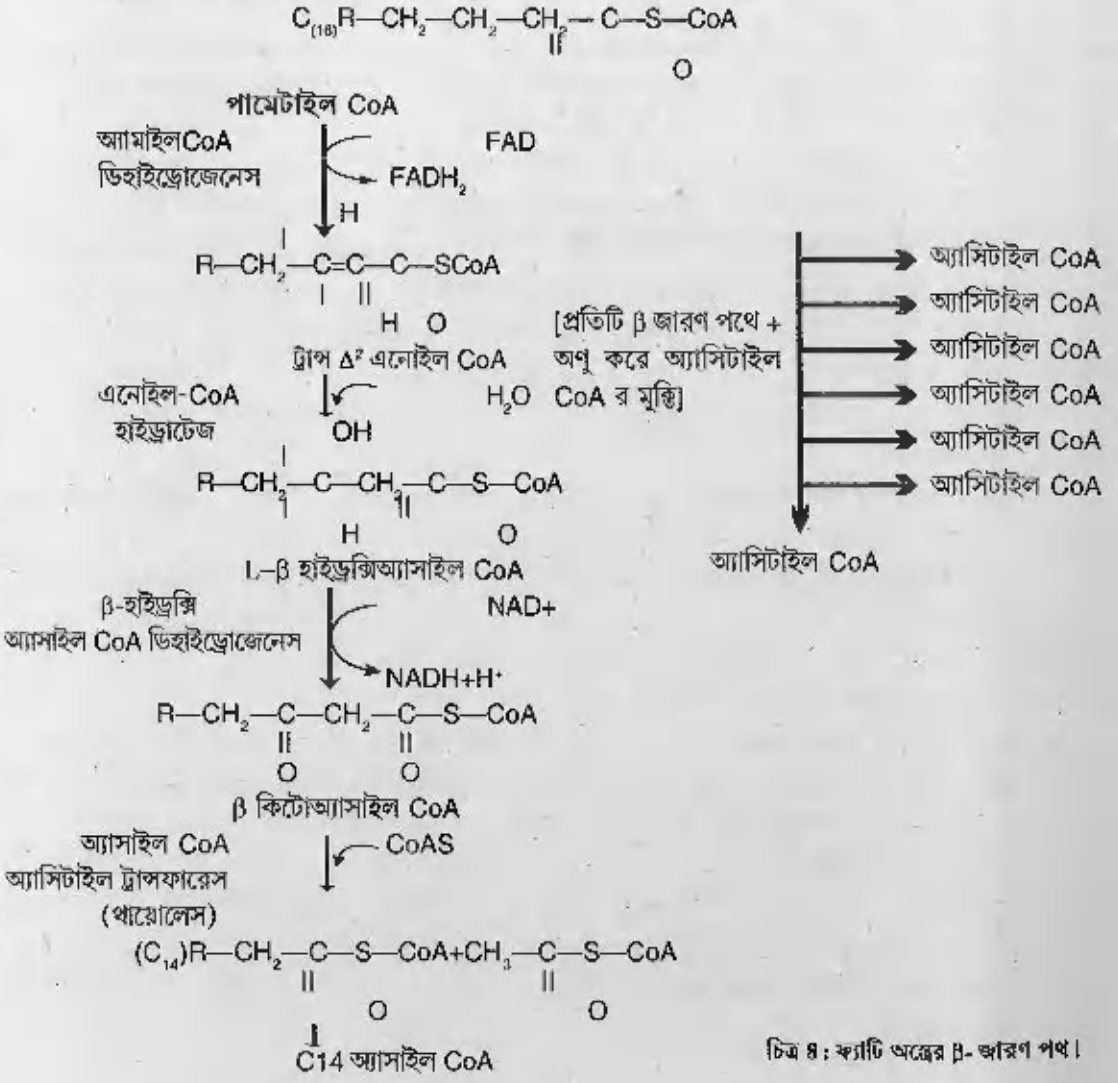
1. প্রতিটি পর্যায়ে একটি ফ্যাটি অম্লের α ও β কার্বনের মধ্যবর্তী বন্ধনীটি বিচ্ছিন্ন হয় এবং কয়েকটি জটিল রাসায়নিক বিক্রিয়ার মাধ্যমে এই বিচ্ছিন্ন অংশটি অ্যাসিটাইল CoA-তে রূপান্তরিত হয়।
2. একবার β-জারণ সম্পন্ন হলে ফ্যাটি অম্লটি 2টি করে কার্বন হারায়। এই কারণে ফ্যাটি অম্লটিকে সম্পূর্ণ বিশ্লিষ্ট করতে হলে বারবার β জারণের প্রয়োজন হয়। উদাহরণস্বরূপ বলা যায় যে পামিটিক অম্ল একটি 16 কার্বনযুক্ত ফ্যাটি অম্ল যাকে সম্পূর্ণভাবে জারিত করার জন্য $\frac{16}{2}-1=7$ বার β জারণের প্রয়োজন।
3. β-জারণের ফলে উৎপন্ন অ্যাসিটাইল CoA অণুগুলি সরাসরি শ্বসন প্রক্রিয়ায় প্রবেশ করে ATP উৎপাদন করে।
4. β-জারণ ছাড়াও অনেক বায়ুজীবী ব্যাকটেরিয়ায় ফ্যাটি অম্লের ω (ওমেগা বন্ধনী) বন্ধনীটি অর্থাৎ শেষ বন্ধনীটি বিশ্লিষ্ট হয়ে জারণ সম্পন্ন হয়। তাই এই জারণ পদ্ধতিকে ω-জারণ বলা হয়।
5. আদি নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষের সাইটোপ্লাজমে এবং আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষের মাইটোকনড্রিয়ার ধাত্রে সম্পন্ন হয়।

β জারণ পদ্ধতি :

ফ্যাটি অম্লের β জারণ নিম্নলিখিত বিক্রিয়ার মাধ্যমে সম্পন্ন হয়।

1. **ফ্যাটি অম্লের সক্রিয়করণ—** এই পর্যায়ে ফ্যাটি অম্লটি কো এনজাইম A-এর সাথে যুক্ত হয়ে সক্রিয় ফ্যাটি অম্ল বা অ্যাসাইল CoA তে পরিণত হয়। অ্যাসাইল CoA সিন্থেটেজ উৎসেচকটি ATP ও Mg^{2+} এর উপস্থিতিতে এই বিক্রিয়া সম্পন্ন করে। β-জারণের এটি একমাত্র পর্যায় যেখানে ATP-এর প্রয়োজন হয়।
2. **অ্যাসাইল CoA-এর জারণ—** পরবর্তী পর্যায়ে অ্যাসাইল ডিহাইড্রোজেনেস উৎসেচকের উপস্থিতিতে ট্রান্স-Δ^2—এনোইল CoA উৎপন্ন করে। এই যৌগের α-কার্বনটি কিটো অবস্থায় (C=O) থাকে এবং হাইড্রোজেনের বিপরীত অবস্থানের জন্যে ট্রান্স-যোগ গঠিত হয়। FAD এই বিক্রিয়ায় জারকের ভূমিকা গ্রহণ করে।

3. **জলের সংযুক্তিকরণ—** ট্রান্স-Δ^2 এনোইল CoA যৌগটি এনোইল CoA হাইড্রাটেজ উৎসেচকের উপস্থিতিতে এক অণু জল গ্রহণ করেন্ত L—β-হাইড্রক্সিঅ্যাসাইল-CoA গঠন করে।
4. **L-β-হাইড্রক্সিঅ্যাসাইল CoA-এর জারণ—** এই পর্যায়ে—L-β হাইড্রক্সিঅ্যাসাইল CoA যৌগটি—NAD-এর দ্বারা জারিত হয়ে β-কিটো অ্যাসাইল CoA গঠন করে। β-হাইড্রক্সিঅ্যাসাইল CoA ডিহাইড্রোজেনেস এই বিক্রিয়াকে নিয়ন্ত্রণ করে।
5. **β-কিটো অ্যাসাইল CoA-এর বিয়োজন—** অ্যাসিটাইল CoA নামক যৌগটি এই পর্যায়ে ফ্যাটি অম্ল থেকে অপসারিত হয় অর্থাৎ ফ্যাটি অম্লটি 2টি কার্বন পরমাণু হারায়। অ্যাসাইল- CoA অ্যাসাইল ট্রান্সফারেজ নামক উৎসেচক β-কিটো অ্যাসাইল CoA এর সাথে একটি কো-এনজাইম A যুক্ত করে এই বিশ্লেষণ প্রক্রিয়া সম্পন্ন করে। সালফারঘটিত বিয়োজন ঘটে বলে এই উৎসেচককে থায়োলেজ নামেও অভিহিত করা হয়। (চিত্র 8)



চিত্র 8 : ফ্যাটি অম্লের β- জারণ পথ।

8.5.2 β-জারণের মাধ্যমে শক্তি উৎপাদন

ফ্যাটি অ্যাসিড β-জারণের ফলে সম্পূর্ণ বিশ্লেষিত হয়ে ATP রূপে শক্তি উৎপন্ন করে। এই রাসায়নিক শক্তি ই জীবদেহের বিভিন্ন বিপাকীয় প্রক্রিয়ায় প্রয়োজনীয় শক্তির যোগান দেয়।

ATP-এর গাণিতিক হিসাব ঃ—

নিম্নে দুটি ধাপে দেখানো হয়েছে।

(a) মনে করা যাক্ পামিটিক অ্যাসিড β জারণ পথে সম্পূর্ণ বিশ্লেষিত হয়েছে। আপনারা চিত্র 13 তে দেখেছেন যে— সমগ্র β জারণ পথে প্রতি একবার চক্রে—

1 অণু FADH ও 1 অণু NADH উৎপন্ন হয়। এখন, আমরা জানি যে FADH ও NADH ইলেকট্রন ট্রান্সপোর্ট চেন এর (Electron transport chain সংক্ষেপে ETC) মাধ্যমে যথাক্রমে 2 অণু ও 3 অণু ATP উৎপন্ন করে। (অনুচ্ছেদ.....) অতএব প্রতি একবার চক্রে (2+3)=5 অণু ATP উৎপন্ন হয়। পামিটিক অ্যাসিড 16টি কার্বন নিয়ে গঠিত, অর্থাৎ 7টি চক্র সমাধা হলে পামিটিক অ্যাসিড 8 অণু অ্যাসিটিল-কো-এনজাইম এ উৎপন্ন করে।

একবার চক্রে 5 অণু ATP উৎপন্ন হয় (FADH ও NADH থেকে) অর্থাৎ 7 বার চক্রে 5×7=35 ATP উৎপন্ন হয়।

(b) আপনারা জানেন যে অ্যাসিটিল-কো-এনজাইমএ ক্রেবস চক্রে অনুপ্রবেশ করে ও কার্বন-ডাই-অক্সাইড ও জল উৎপন্ন করে। প্রতিবার ক্রেবস চক্রে—

(i) আইসোসাইট্রেন ⟶ α কিটোগ্লুটারেট	ঃ এক অণু NADH	=	3 অণু ATP
(ii) α কিটোগ্লুটারেট ⟶ সাক্সিনিল কোএনজাইম-এ	ঃ এক অণু NADH	=	3 অণু ATP
(iii) সাক্সিনিল কো এনজাইম এ ⟶ সাক্সিনিক অ্যাসিড	ঃ এক অণু GTP	=	1 অণু ATP
(iv) সাক্সিনিক অ্যাসিড ⟶ ফিউমারিক অ্যাসিড	ঃ এক অণু FADH	=	2 অণু ATP
(v) ম্যালিক অ্যাসিড ⟶ অক্সালো অ্যাসিটিক অ্যাসিড	ঃ এক অণু NADH	=	3 অণু ATP
			12 অণু ATP

অতএব, 8 অণু অ্যাসিটিল কো-এনজাইম এ ক্রেবস চক্রের মাধ্যমে

12×8=96 অণু ATP তৈরী করে।

সুতরাং (a) এবং (b) ধাপের সমগ্র ATP এর সংখ্যা 35+96=131 অণু এখন পামিটিক অ্যাসিড β- জারণে অনুপ্রবেশের আগে পামিটিল কো-এনজাইম-এ তে উদ্দীপিত হয়, তখন এক অণু ATP এর ব্যয় হয়। অতএব (131−1)=130 অণু ATP উৎপন্ন হয়।

এক অণু পামিটিক অ্যাসিড সম্পূর্ণ জারণের ফলে 130 অণু ATP উৎপন্ন করে।

8.6 লিপিডের কাজ

1. লিপিড বা স্নেহপদার্থ উদ্ভিদ বা প্রাণীকোষের প্রধান সঞ্চিত খাদ্য। রেড়ি, বাদাম প্রভৃতি তৈলবীজে এবং প্রাণীদেহের মেদকলা স্নেহপদার্থের ভান্ডার।
2. লিপিড জারিত হলে সর্বাধিক পরিমাণে শক্তি নির্গত হয়। 1 গ্রাম লিপিড জারণের ফলে 9.3 কিলোক্যালরি তাপ সৃষ্টি হয়।

3. ফসফোলিপিড কোষপর্দার মুখ্য উপাদান।
4. স্নেহপদার্থ তাপের কুপরিবাহী। মেরু অঞ্চলের প্রাণীদের দেহে প্রচুর পরিমাণে স্নেহপদার্থ সঞ্চিত থাকে যা তাদের শৈত্যের হাত থেকে রক্ষা করে।
5. ফসফোলিপিড ফ্যাটি অম্লের শোষণ ও পরিবহণে সহায়তা করে।
6. ভিটামিন D, টেস্টোস্টেরন ও ইস্ট্রোজেনজাতীয় যৌন হর্মোন স্নেহজাত যৌগ।
7. ভিটামিন A, D, E, ও K স্নেহ পদার্থে দ্রবীভূত অবস্থায় থাকে।
8. বর্তমানে হাঙ্গরের রক্ত থেকে স্কুইল্যামিন (Squalamine) নামক একটি স্টেরয়েড পাওয়া গেছে যা অ্যান্টিবায়োটিক বা বীজাণুরূপে ব্যবহার করা যায়।
9. লেসিথিন জাতীয় যৌগ সক্রিয় পরিবহণে অংশগ্রহণ করে।

8.7 সারাংশ

কার্বন, হাইড্রোজেন ও অক্সিজেনের সমন্বয়ে গঠিত যে জৈব যৌগ জলে অদ্রবণীয় কিন্তু জৈব দ্রাবকে দ্রবণীয় তাদের লিপিড বা স্নেহপদার্থ বলে। লিপিড সচরাচর বর্ণহীন হয় এবং এদের আপেক্ষিক গুরুত্ব জলের চেয়ে কম হয়। ফ্যাটি অম্ল ও গ্লিসারলের সমন্বয়ে লিপিড গঠিত হয়। যে ফ্যাটি অম্লগুলির কার্বন পরমাণুদের মধ্যে দ্বিবন্ধনী নেই তাদের সংপৃক্ত ও যাদের দ্বিবন্ধনী আছে তাদের অসম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্ল বলে। ফ্যাটি অম্ল শাখাযুক্ত বা চক্রাকারও হতে পারে।

দ্বিবন্ধের উপস্থিতির ও সংখ্যার উপর ফ্যাটি অ্যাসিডের গলনাঙ্ক নির্ভর করে। অপেক্ষাকৃত কম কার্বনসংখ্যাবিশিষ্ট ফ্যাটি অ্যাসিডগুলি (C_2–C_8) কোষে মুক্ত অবস্থায় পাওয়া যায় বলে এদের **মুক্ত ফ্যাটি অ্যাসিড** বা free fatty acid বলে। ফ্যাটি অ্যাসিড অন্য একটি রাসায়নিক যৌগের সাথে মিলিত হয়ে ফ্যাট বা লিপিড তৈরী করে। ফ্যাটি অ্যাসিডের সাথে যুক্ত রাসায়নিক যৌগের প্রকৃতি অনুযায়ী লিপিডকে কয়েকটি ভাগে ভাগ করা যায়। যেমন **সরল, জটিল** ও **পরিবর্তিত** ফ্যাট। ফ্যাটি অ্যাসিডের সাথে গ্লিসারল যুক্ত হয়ে যে লিপিড তৈরী করে তাকে বলা হয় অ্যাসাই গ্লিসারড বা নিউট্রাল ফ্যাট, ট্রাইগ্লিসারাইড, ডাইগ্লিসারাইড, মোনোগ্লিসারাইড এই গোত্রীয় লিপিড। ওয়াক্স বা মোমে ফ্যাটি অ্যাসিডের সাথে একটি লম্বাদৈর্ঘের অ্যালকোহল যুক্ত থাকে। ফসফোলিপিড, গ্লাইকোলিপিড, স্ফিংগোলিপিড হল জটিল লিপিড। ফসফোলিপিড কোষপর্দার গঠনগত একক, ফসফোলিপিডে গ্লিসারল, ফ্যাটি অ্যাসিডের সাথে অজৈব ফসফেট ও জৈব নাইট্রোজেন বা পলিহাইড্রক্সি মূলক যুক্ত থাকে। গ্লাইকোলিপিডে গ্লিসারল, ফ্যাটি অ্যাসিড ও কার্বহাইড্রেট যৌগ যুক্ত থাকে। স্ফিংগোলিপিডে গ্লিসারলের পরিবর্তে এক লম্বাদৈর্ঘের অ্যামিন যুক্ত থাকে। এছাড়াও আমরা বিভিন্নপ্রকার পরিবর্তিত ফ্যাট প্রকৃতিতে পেয়ে থাকি। যেমন, টারপিনয়েড যৌগ, স্টেরয়েড, ক্যারোটিনয়েড, রবার, লাইপোপ্রোটিন, প্লাজমোজেন ইত্যাদি। টারপিনয়েড, স্টেরয়েড, ক্যারোটিনয়েড ও রবার একটি বিশেষ 5 কার্বনবিশিষ্ট যৌগ নিয়ে গঠিত হয় যাকে 'আইসোপ্রিন' নামে অভিহিত করা হয়। লাইপোপ্রোটিনে লিপিডের সাথে একটি প্রোটিন অণু যুক্ত থাকে। প্লাসমোজেনে ফ্যাটি অ্যাসিড গ্লিসারল, ফসফেট ও নাইট্রোজেন ছাড়াও একটি অ্যালডিহাইড যুক্ত থাকে।

8.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

1. সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন ঃ

(a) স্নেহ পদার্থের ভৌত ও রাসায়নিক বৈশিষ্ট্যগুলি উল্লেখ করুন।

(b) সম্পৃক্ত ও অসম্পৃক্ত ফ্যাটি অম্লগুলিকে কিভাবে IUPAC অনুসারে নামকরণ করা হয়।

(c) লিপিডের শ্রেণিবিন্যাস করুন ও প্রতিটি শ্রেণির লিপিডের বৈশিষ্ট্য ও উদাহরণ লিখুন।

(d) ফ্যাটি অম্লের β-জারণ পদ্ধতির বর্ণনা দিন।

(e) পামিটিক অম্লের β-জারণের ফলে কত অণু ATP উৎপন্ন হয় তা পর্যায়ক্রমিক বিক্রিয়ার মাধ্যমে বুঝিয়ে দিন।

2. শূন্যস্থান পূরণ করুন ঃ

(a) β জারণ পদ্ধতি ইউক্যারিওটিক কোষের _____ অঙ্গাণুতে সম্পন্ন হয়।

(b) 18:0 ফ্যাটি অম্ল β জারণের ফলে _____ অণু অ্যাসিটাইল CoA উৎপন্ন করে।

(c) আদর্শ সরল লিপিডের উদাহরণ হল _____।

(d) _____ যৌগ সক্রিয় পরিবহণে সহায়তা করে।

(e) _____ অম্ল থেকে আইসোপ্রিন যৌগটি উৎপন্ন হয়।

3. ডান স্তম্ভের সাথে বাম স্তম্ভের অর্থবহ সংযোগ স্থাপন করুন।

(a) β জারণ পথে ATP ব্যবহৃত হয়।	(i) অ্যামাইল CoA জারণের সময়।
(b) একটি দ্বিবন্ধনীযুক্ত ফ্যাটি অম্লের ক্ষেত্রে সাফিক্স (suffix) হল।	(ii) সিস্ আইসোমার।
(c) কার্বন পরমাণু একই দিকে H পরমাণু থাকলে তাকে বলা হয়	(iii) এনোয়িক।
(d) সেরিব্রোসাইড হল একটি	(iv) অ্যাসাইল CoA উৎপাদনের সময়
(e) কোষপর্দার গঠনগত একক হল	(v) ফসফোলিপিড
(f) FAD ব্যবহৃত হয়।	(vi) কার্বোহাইড্রেটযুক্ত সরলতম গ্লাইকোলিপিড।

8.9 উত্তরমালা

অনুশীলনী — 1

1. [a] জলবিরাগী (Hydrophobic)

[b] ফ্যাটি অ্যাসিড

[c] ফ্যাটি অ্যাসিড, গ্লিসারল।

[d] গ্লিসারল ও অজৈব ফসফেট।

2. [a] (iii)

[b] (iv)

[c] (i)

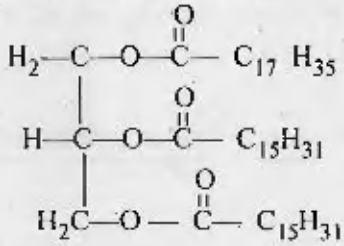
[d] (ii)

[e] (v)

3. [1]

$$CH_3(CH_2)_5\overset{H}{\overset{|}{C}}=\overset{H}{\overset{|}{C}}(CH_2)_7COOH \; ; \; \text{Cis } \Delta^9 \; 16:1$$

[2]



[3]

$$CH_3(CH_2)_5\underset{OH}{\underset{|}{CH}}.CH_2\overset{H}{\overset{|}{C}}=\overset{H}{\overset{|}{C}}(CH_2)_7COOH$$

[4] $CH_3(CH_2)_7.\underset{CH_3}{\underset{|}{CH}}(CH_2)_8COOH$

[5]

$$CH_3(CH_2)_4\overset{H}{\overset{|}{C}}=\overset{H}{\overset{|}{C}}.CH_2\overset{H}{\overset{|}{C}}=\overset{H}{\overset{|}{C}}.CH_2.\overset{H}{\overset{|}{C}}=\overset{H}{\overset{|}{C}}.CH_2\overset{H}{\overset{|}{C}}=\overset{H}{\overset{|}{C}}(CH_2)_3CO$$

সর্বশেষ প্রশ্নাবলী — 2

1. (a) 11.8.2 দ্রষ্টব্য।
   (b) 11.8.3 দ্রষ্টব্য।
   (c) 11.8.4 অনুচ্ছেদে দেখুন।
   (d) 11.8.5.1 এ পাবেন।
   (e) 11.8.5.2 দ্রষ্টব্য।

2. (a) মাইটোকনড্রিয়া।
   (b) 9
   (c) ট্রাইগ্লিসারাইড।
   (d) লেসিথিন।
   (e) মেভালনিক অম্ল।

3. (a) — (iv)
   (b) — (iii)
   (c) — (ii)
   (d) — (vi)
   (e) — (v)
   (f) — (i)

একক 9 ❑ ডি.এন.এ অণুর গঠন ও বৈচিত্র্য (Structure and Types of DNA)

গঠন

9.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

9.2 ডি.এন.এ-এর অবস্থান

9.3 ডি.এন.এ-এর রাসায়নিক গঠন

9.3.1 ওয়াটসন ও ক্রিকের মডেল

9.3.2 চারগাফের সূত্র

9.4 ডি.এন.এ-এর ভৌতধর্ম

9.5 ডি.এন.এ-এর বৈচিত্র্য

9.6 সারাংশ

9.7 অনুশীলনী

9.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

9.9 উত্তরমালা

9.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা ঃ

'জিন' হল ডি.এন.এ (DNA) নামক অণুর বিশেষ কোনো অংশ যা সাধারণত কোনো একটি বিশেষ গুণ বা ধর্মকে (character) চিহ্নিত করে এবং ওই বিশেষ বার্তাটি (information) ডি. এন. এ মারফত এক জনু থেকে পরের জনুতে বাহিত হয়। RNA ভাইরাসে অবশ্য RNA অণু জিন হিসাবে কাজ করে। অতএব 'জিন' কী তা জানতে হলে প্রথমে আমাদের DNA এর গঠন ও বৈচিত্রকে ভালোভাবে জানা প্রয়োজন। ডি. এন. এ কথাটির পুরো নাম ডিঅক্সিরাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড (Deoxyribonucleic acid) প্রকৃতিতে ডি. এন. এ ছাড়াও আর একটি নিউক্লিক অ্যাসিড আমরা পাই। তাকে বলা হয় আর. এন. এ (RNA) যার পুরো নাম রাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড (Ribonucleic acid)।

1953 খ্রিস্টাব্দে ওয়াটসন ও ক্রিক (James D. Watson ও Francis Crick) ডি. এন. এ অণুর ত্রিমাত্রিক রাসায়নিক গঠন বিশ্লেষণ করে নোবেল বিজয়ী হয়েছিলেন। প্রথিতযশা এই দুই বিজ্ঞানীর যুগান্তকারী আবিষ্কারই আজকের দিনের অণুজীববিদ্যা বা মলিকিউলার বায়োলজি (Molecular Biology) শাখার ভিত্তিপ্রস্তর।

উদ্দেশ্য ঃ

এই পাঠক্রম অধ্যয়ন করলে আপনারা নিম্নলিখিত বিষয়গুলি সম্পর্কে জানতে পারবেন—

- কোষের মধ্যে DNA অণুর অবস্থান।
- DNA অণুর গঠন।
- DNA অণুর রাসায়নিক ধর্ম।
- নানাধরনের DNA অণুর মধ্যে সুনির্দিষ্ট তফাৎগুলি।

9.2 ডি.এন.এ-এর অবস্থান

ইউক্যারিওটিকধর্মী উন্নত জীবকোষে আমরা সাধারণত নিউক্লিয়াসের ক্রোমোজোমের মধ্যে ডি.এন.এ-কে বদ্ধ অবস্থায় পাই। ডি. এন. এ অণুটি প্রোটিনের সমন্বয়ে সরু সুতোর মতো ক্রোমোজোম গঠন করে। এই ক্রোমোজোমই কোষ বিভাজনে প্রত্যক্ষভাবে অংশগ্রহণ করে। নিউক্লিয়াস ছাড়াও ইউক্যারিওটিক কোষের মাইটোক্রনড্রিয়া ও ক্লোরোপ্লাস্টের মধ্যেও আমরা ডি. এন. এ পেয়ে থাকি। তবে এই ডি. এন. এ-এর প্রকৃতিটা একটু অন্যরকমের অর্থাৎ অনেকটা আদি বা প্রোক্যারিওটিক কোষের মতো।

আদি অর্থাৎ প্রোক্যারিওটিকধর্মী কোষে ডি. এন. এ অণুটি মুক্ত অবস্থায় সাইটোপ্লাজমে সূত্রাকারে ছড়িয়ে ছিটিয়ে থাকে, ক্রোমোজোম গঠন করে নিউক্লিয়াসের মধ্যে বদ্ধ অবস্থায় থাকে না।

9.3 ডি.এন.এ-এর রাসায়নিক গঠন

ডি.এন.এ হল কার্বন (C), নাইট্রোজেন (N), হাইড্রোজেন (H), অক্সিজেন (O) ও ফসফরাস (P) সমন্বিত একটি বিশেষ ধরনের অণু যাকে সাধারণভাবে নিউক্লিক অ্যাসিড বলা হয়। জীবদেহে আরও এক রকমের নিউক্লিক অ্যাসিড অর্থাৎ আর. এন. এ (R. N. A) এর কথা আমরা আগেই জেনেছি। এই আর. এন. এ সম্পর্কে বিস্তারিতভাবে পরবর্তী অধ্যায়ে (11.11) জানব।

নিউক্লিক অ্যাসিড তা ডি. এন. এ ই হোক বা আর. এন. এই হোক— নাইট্রোজেন বেস, পাঁচটি কার্বনের শর্করা ও ফসফেটের সমন্বয়ে গঠিত একটি বিশেষ ধরণের শৃঙ্খল।

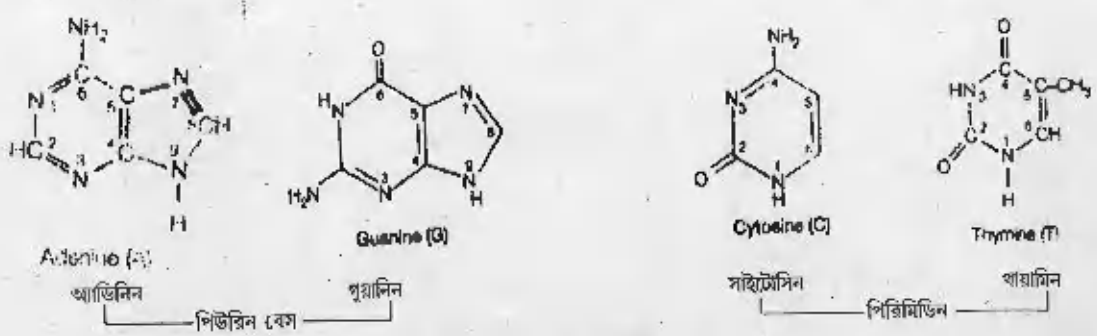
(a) নাইট্রোজেন ঘটিত বেস — ডি. এন. এ নিউক্লিক অ্যাসিড শৃঙ্খলে আমরা চাররকমের হেটারোসাইক্লিক* অ্যারোমেটিক চক্রযুক্ত বেস পাই। এই চক্রগুলিতে নাইট্রোজেনের উপস্থিতির জন্য এদের বলা হয় নাইট্রোজেন ঘটিত বেস। এগুলি হল **অ্যাডিনিন** (Adenine), **গুয়ানিন** (Guanine), **সাইটোসিন** (Cytosine) ও **থায়ামিন** (Thiamine), অ্যাডিনিন ও গুয়ানিনকে একত্রে বলা হয় **পিউরিন** বেস (Purine) অপরদিকে সাইটোসিন ও থায়ামিনকে একত্রে বলা হয় **পিরিমিডিন** বেস (Pyrimidine)। পিউরিন ও পিরিমিডিন বেসগুলির গঠনগত

---

* **টীকা ঃ** হেটারোসাইক্লিক অ্যারোমেটিক চক্র — অ্যারোমেটিক চক্রটি যদি বিভিন্নরকম পরমাণু নিয়ে তৈরি হয় তবে তাকে হেটারোসাইক্লিক অ্যারোমেটিক চক্র বলা হয়। এক্ষেত্রে কার্বন ও নাইট্রোজেন দুরকম পরমাণু নিয়ে চক্রগুলি গঠিত। (চিত্র 11.9.2)

বৈসাদৃশ্য রয়েছে। পিউরিনে কার্বন-নাইট্রোজেন সমন্বিত দুটি চক্র বর্তমান কিন্তু পিরিমিডিনে একটি অ্যারোমেটিক চক্র থাকে। নাইট্রোজেন বেসগুলি নিম্নরূপ—

(a) নাইট্রোজেন বেস



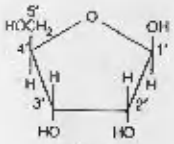
চিত্র 9.1. (a) নাইট্রোজেন বেস

(b) শর্করা — ডি. এন. এ এর শর্করাটি পাঁচটি কার্বন বিশিষ্ট বলে একে বলা হয় পেন্টোজ শর্করা ('Penta' মানে পাঁচ)। রাইবোজ শর্করা এরকমই একটি পেন্টোজ শর্করা। ডি. এন. এ-এর শর্করাটি 'ডি-অক্সিরাইবোজ' শর্করা কারণ শর্করাটির ২নং কার্বনটিতে হাইড্রক্সিল মূলকের পরিবর্তে একটি হাইড্রোজেন পরমাণু থাকে অর্থাৎ একটি অক্সিজেন পরমাণু কম থাকে বলে ["deoxy" — মানে 'অক্সিজেনবিহীন'] —একে ডি-অক্সিরাইবোজ শর্করা বলা হয়। (চিত্র 9.2.a)

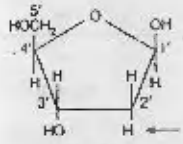
যখন নাইট্রোজেন বেস ও ডিঅক্সিরাইবোজ শর্করা একসাথে যুক্ত হয় তখন তাকে বলা হয় **নিউক্লিওসাইড**। ডিঅক্সিরোইবোজ শর্করাটি পিউরিন বা পিরিমিডিন অর্থাৎ চারটি নাইট্রোজেন বেসের যে কোনো একটির সাথে যুক্ত থাকে। শর্করা ও বেস যুক্ত করার বন্ধনীটিকে বলা হয় গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী বা গ্লাইকোসাইডিক বন্ড (Glycosidic bond) শর্করার সাথে পিউরিন বেস যুক্ত থাকলে তা 9 নং নাইট্রোজেনের সাথে বন্ধনী তৈরি করে অপরপক্ষে শর্করার সাথে পিরিমিডিন বেস যুক্ত থাকলে তা 1 নং নাইট্রোজেনের সাথে বন্ধনী তৈরি করে। বেসগুলি সর্বদা শর্করার 1 নং কার্বনটির থাকে যুক্ত থাকে (চিত্র 11.9.2.e)।

(c) ফসফেট — নিউক্লিওসাইডের (নাইট্রোজেন বেস ও শর্করা) সাথে ফসফেট যুক্ত হয়ে যখন এস্টার তৈরি করে তখন তাকে বলা হয় **নিউক্লিওটাইড**। ফসফেট গ্রুপ ডিঅক্সিরাইবোজ শর্করার 5 নং কার্বনের সাথে যুক্ত থাকে। সর্বাপেক্ষা তিনটি এবং ন্যূনতম একটি ফসফেট ডিঅক্সিরাইবোজ শর্করার সাথে যুক্ত হতে পারে। তিনটি ফসফেট যুক্ত থাকলে নাইট্রোজেনবেসের নামানুকরণে নিউক্লিওটাইডটির (nucleotide) নাম হয় যেমন অ্যাডিনোসিন-ট্রাই-ফসফেট বা সংক্ষেপে এ. টি. পি (ATP), দুটি ফসফেট থাকলে অ্যাডিনোসিন-ডাই-ফসফেট বা (ADP), একটি ফসফেট থাকলে অ্যাডিনোসিন-মোনো-ফসফেট বা (AMP)। এ. টি. পি.-কে আমরা সালোকসংশ্লেষ বা শ্বসন পদ্ধতিতে উৎপাদিত শক্তি হিসাবে পাই। একইভাবে আমরা dGTP, dCTP, dTTP প্রভৃতি নিউক্লিওটাইডগুলি পাই। ছোটো হরফে 'd' লেখার অর্থ শর্করাটি ডিঅক্সিরাইবোজ শর্করা; তারপরে অক্ষরটি নাইট্রোজেন বেসের আদ্যক্ষর, (যেমন G – Guanine গুয়ানিন, C – Cytosine সাইটোসিন, T – thiamine থায়ামিন ইত্যাদি); তৃতীয় 'T' অক্ষরটির অর্থ ট্রাই অর্থাৎ তিনটি এবং 'P' মানে ফসফেট এইভাবে অভিহিত করা হয়।

(b) শর্করা



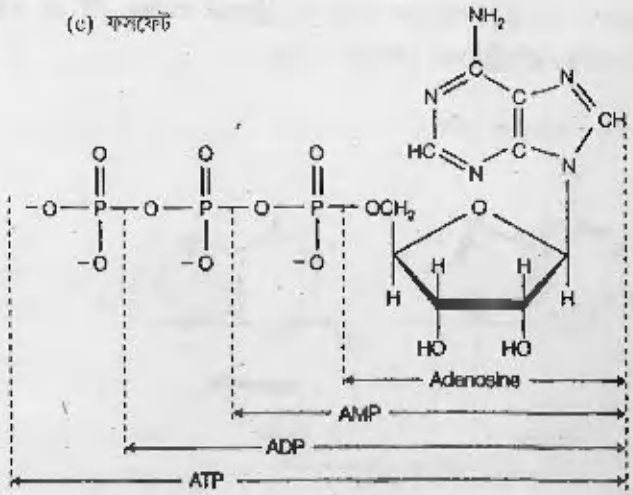
রাইবোজ শর্করা



← 2-এর অনুপস্থিতি লক্ষণীয়

ডিঅক্সিরাইবোজ শর্করা

(c) ফসফেট

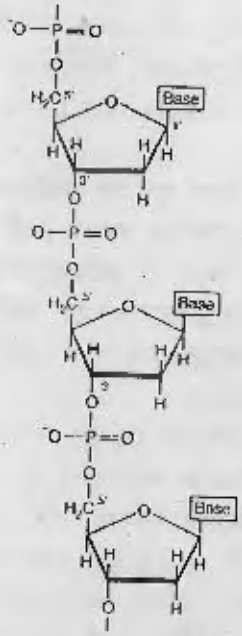


অ্যাডিনোসিন মোনো-ফসফেট

অ্যাডিনোসিন ডাই-ফসফেট

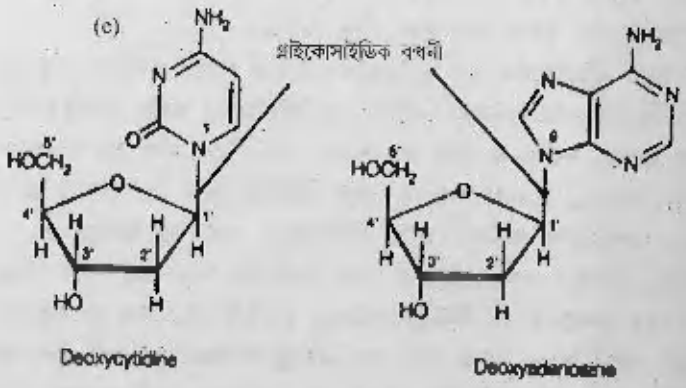
অ্যাডিনোসিন ট্রাই-ফসফেট

(d)



(e)

গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী



চিত্র 9.2.

(b) শর্করা

(c) ফসফেট

(d) নাইট্রোজেন বেস, শর্করা ও ফসফেটের সজ্জাবিন্যাস — যা ডি. এন. এ.-এর একটি তন্ত্রী গঠন করে।

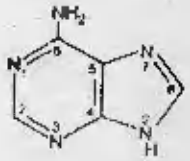
(e) শর্করা ও বেস গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনীর মাধ্যমে যুক্ত থাকে।

প্রতিটি নিউক্লিওটাইড (নাইট্রোজেন বেস + শর্করা + ফসফেট) ডি. এন. এ শৃঙ্খলের গঠনগত একক। ডি. এন. এ সংশ্লেষের সময় কেবল একটি মাত্র ফসফেট ডি. এন. এ শৃঙ্খলটিতে থাকে, বাকি দুটি ফসফেট ছিন্ন হয়ে যায়।

একটি নিউক্লিওটাইড অপর আর একটি নিউক্লিওটাইডের সাথে ফসফেট গ্রুপের মাধ্যমে একটি বিশেষ নিয়মে যুক্ত থাকে। মধ্যবর্তী ফসফেটটি একটি নিউক্লিওটাইডের ডিঅক্সিরাইবোজশর্করার পঞ্চম (5 নং) কার্বনের সাথে যুক্ত থাকলে পরের নিউক্লিওটাইডের শর্করার 3 নং কার্বনটির সাথে যুক্ত থাকে। ফলে ফসফেট সমন্বিত এই বন্ধনীটিকে বলা হয় ফসফোডাইএস্টার বন্ধনী (Phosphodiester bond)। 'ডাই' কথার অর্থ দুই, অর্থাৎ দুটি অণুর সাথে এস্টার তৈরি করে বলে ডাইএস্টার। ডি. এন. এ শৃঙ্খলের যে প্রান্তে ডিঅক্সিরাইবোজ শর্করার 5 নং কার্বনটি ফসফেটবিহীন হয় বা মুক্ত অবস্থায় থাকে সেই প্রান্তটিকে 5' বলে চিহ্নিত করা হয়। অপরদিকে যদি শৃঙ্খলে প্রান্তশর্করার 3 নং কার্বনটির ফসফেটবিহীন হয় বা মুক্ত থাকে তাহলে সেদিকটিকে 3' বলে চিহ্নিত করা হয়। লেখার সময় ডি. এন. এ শৃঙ্খলকে 5'–3' বা 3'–5' বলে দিকনির্দেশ করা হয়। ফসফেট পরমাণুটি pH7-এ ধনাত্মক চার্জবিশিষ্ট ফলে এটি অ্যাসিডধর্মী।

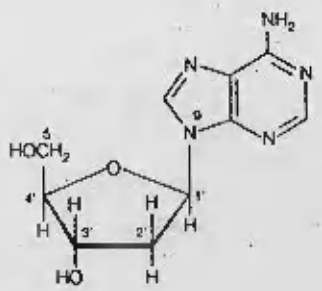
চারটি বেসের সাপেক্ষে নামগুলি নিম্নরূপ :

নাইট্রোজেনঘটিত বেস (Nitrogenous base)	নিউক্লিওসাইড (Nucleoside)	নিউক্লিওটাইড (Nucleotide)
অ্যাডিনিন	ডিঅক্সিঅ্যাডিনোসিন	ডিঅক্সিঅ্যাডিনাইলেট বা ডিঅক্সিঅ্যাডিনাইলিক অ্যাসিড
গুয়ানিন	ডিঅক্সিগুয়ানোসিন	ডিঅক্সিগুয়ানাইলেট বা ডিঅক্সিগুয়ানাইলিক অ্যাসিড
সাইটোসিন	ডিঅক্সিসাইটিডিন	ডিঅক্সিসাইটিডাইলেট বা ডিঅক্সিসাইটিডাইলিক অ্যাসিড
থায়ামিন	ডিঅক্সিথায়ামিডিন	ডিঅক্সিথাইমিডাইলেট বা ডিঅক্সিথাইমিডাইলিক অ্যাসিড

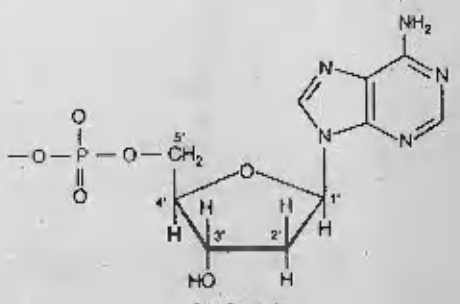


অ্যাডিনিন (A)

নাইট্রোজেন বেস

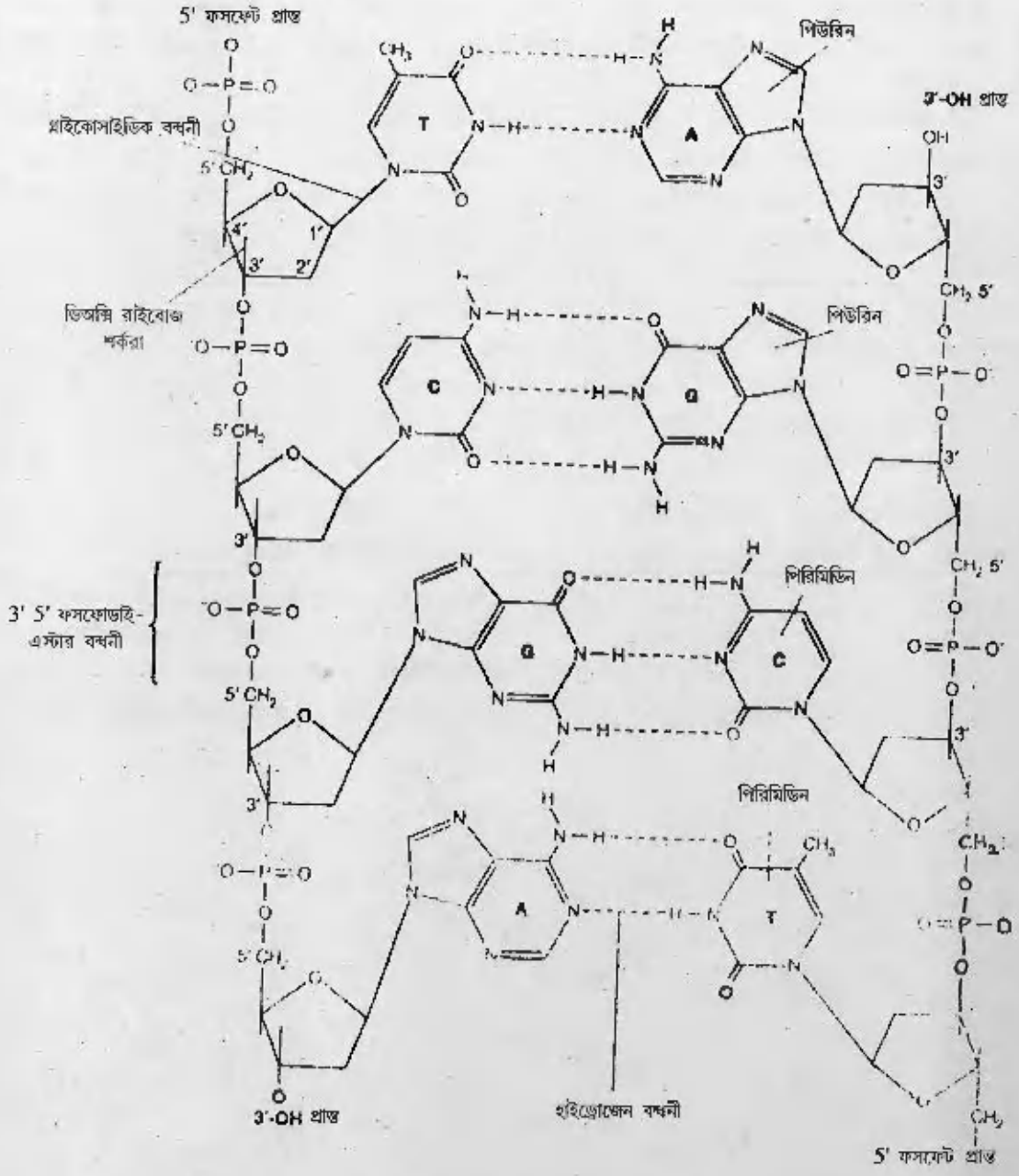


নিউক্লিওসাইড



নিউক্লিওটাইড

9.3 (a) বেস নিউক্লিওসাইড ও নিউক্লিওটাইড চিত্রের মাধ্যমে তুলনামূলক আলোচনা করা হল।



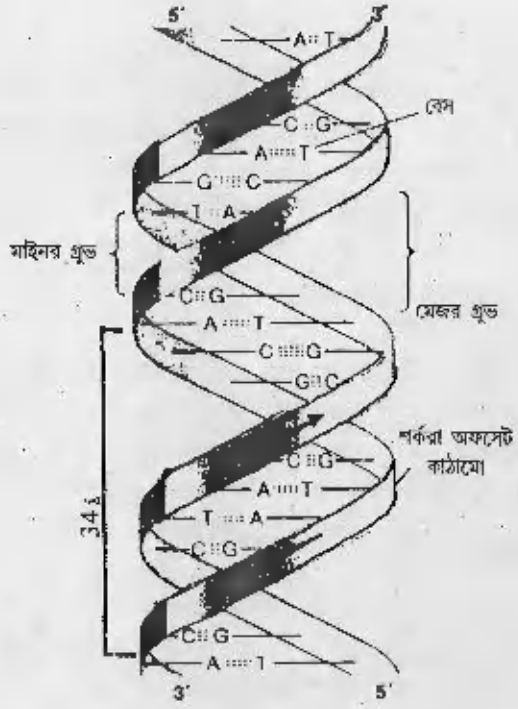
চিত্র 9.4 : ডি. এন. এ. শৃঙ্খলের দুটি তন্তু এইভাবে পরস্পরের সাথে যুক্ত থাকে।

9.3.1. ওয়াটসন ও ক্রিকের মডেল

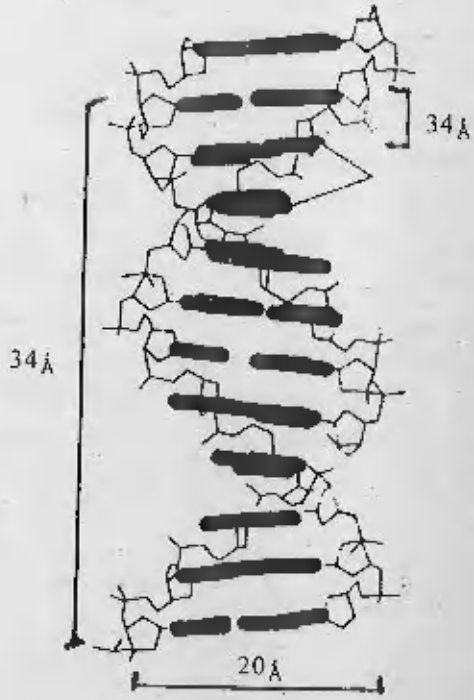
1953 সালে ওয়াটসন ও ডি. এন. এ-এর একটি ত্রিমাত্রিক গঠন বর্ণনা করেন। তাঁদের মডেল অনুযায়ী শৃঙ্খলটি নিম্নরূপ—

(1) ডি. এন. এ শৃঙ্খলটি দ্বিপাকচক্রী বা দ্বিতন্ত্রী (Double helix or double standed) একটি তন্ত্রী আর একটি তন্ত্রীকে অক্ষ বরাবর বেষ্টন করে থাকে— অনেকটা ঘোড়ানো লোহার সিঁড়ি বা স্ক্রুয়ের মতো। বেষ্টিত তন্ত্রী অক্ষের সাপেক্ষে ডানমুখী (right handed)। তন্ত্রী দুটি পরস্পরের বিপরীত অভিমুখী (complementary) অর্থাৎ একটি তন্ত্রী 5' – 3' অভিমুখী হলে অন্যটি 3'–5'।

(2) মনে করা যাক্ যে সিঁড়ির ধাপগুলি নাইট্রোজেন বেস দিয়ে তৈরি। নাইট্রোজেন বেসগুলির একটি বিশেষ সজ্জাবিন্যাস আছে। একটি তন্ত্রীতে কোনো একটি পিউরিন থাকলে অপর তন্ত্রীতে ঐ ধাপে একটি পিরিমিডিন বেস থাকে। অর্থাৎ অ্যাডিনিন থায়ামিনের সাথে যুক্ত থাকবে আবার গুয়ানিন সাইটোসিনের সাথে জোড় বন্ধন করবে। সাধারণত এই নিয়মের ব্যতিক্রম হয় না-হলেও ডি. এন. এ শৃঙ্খল একটি বিশেষ পদ্ধতিতে তা শুধরে নিতে পারে। পদ্ধতিটিকে বলা হয় ডি. এন. এ রিপেয়ার (DNA repair mechanism) পদ্ধতি বা ডি. এন. এ শৃঙ্খল মেরামত পদ্ধতি।



9.5.a দ্বিতন্ত্রী ডি. এন. এ শৃঙ্খল তন্ত্রীদুটি বিপরীত অভিমুখী।



9.5.b ওয়াটসন ও ক্রিকের ত্রিমাত্রিক ডি. এন. এ মডেলকে সামনে থেকে অনেকটা এরকম দেখায়।

9.3.2 চারগফের সূত্র

1950 খ্রিস্টাব্দে বিজ্ঞানী এরউইন চারগফ (Erwin Chargaff) ডি. এন. এ. শৃঙ্খলের গঠনশৈলীতে বিশেষ কতকগুলি নিয়ম লক্ষ করেন। এগুলিকে একত্রে বলা হয় "চারগফের সূত্র" বা Chargaff's rule. নিয়মগুলি হল—

1. একটি শৃঙ্খলে পিউরিন বেসের সমষ্টিগত সংখ্যা সর্বদা পিরিমিডিন বেসের সমষ্টিগত সংখ্যার সমান হবে।

2. শৃঙ্খলে অ্যামাইনো বেসের সমষ্টি (অ্যাডিনিন ও সাইটোসিন) কিটোবেসের সমষ্টির সমান হবে (গুয়ানিন ও থায়ামিন) (চিত্র : 9.2 (a)) তবে কিছু কিছু ক্ষেত্রে এই নিয়মের ব্যাতিক্রম হয় যেমন গমের ডি. এন. এ-তে গুয়ানিন সাইটোসিনের থেকে বেশি পরিমাণে থাকে। তবে সেক্ষেত্রে সাইটোসিনের বদলে 5-মিথাইল-সাইটোসিন থাকে (5-methyl-cytosine) আবার ϕx 174 ভাইরাস বা ঐ ধরনের কলিফাজ ভাইরাসের ডি.এন.এ-তে অ্যাডিনিন থায়ামিনের সমপরিমাণে থাকে না আবার গুয়ানিন সাইটোসিনের সমপরিমাণে থাকে না।

3. অ্যাডিনিন-থায়ামিন (A–T) এবং গুয়ানিন-সাইটোসিনের (G–C) এর পরিমাণের উপর ভিত্তি করে DNA শৃঙ্খল দুধরনের এদের A–T সংখ্যাতিরিক্ত A–T rich ডি. এন. এ অথবা G–C সংখ্যাতিরিক্ত ডি. এন. এ (G–C rich) বলে অভিহিত করা হয়। দেখা যায় যে G–C এর পরিমাণের উপর ডি. এন. এ শৃঙ্খলের কিছু ভৌতধর্ম নির্ভর করে। যেমন সিজিয়াম ক্লোরাইড ($CsCl_2$) দ্রবণে ডি. এন. এ শৃঙ্খলের প্লাবিক ঘনত্ব (bouyant density)* নির্ভর করে ওই শৃঙ্খলের গুয়ানিন ও সাইটোসিনের পরিমাণের উপর।

4. বেসের তলটি অক্ষতলের অভিলম্ব বরাবর। শর্করাটি নাইট্রোজেন বেসের সাথে প্রায় সমকোণে আলম্ব থাকে। নাইট্রোজেন বেসগুলি অক্ষের দিকে বিন্যস্ত থাকে এবং ফসফেট ও শর্করাটি অক্ষের বাইরের দিকে থাকবে। ডি. এন. এ শৃঙ্খলটির ব্যাস প্রায় 20 Å (1Å = 10^{-10} m)। একটি বেস ও অপর আর একটি বেসের মধ্যবর্তী দূরত্ব প্রায় 3.4 Å। এরকম 10 টি বেস পরপর থাকলে ডি. এন. এ শৃঙ্খলটি অক্ষবরাবর 360^0 কোণে ঘুরে যায়। অর্থাৎ একবার ঘূর্ণনে 10 টি বেসের সমষ্টিগত দূরত্ব হয় প্রায় 34 Å। প্রতিবার 360^0 ঘূর্ণনের ফলে ডি. এন. এ শৃঙ্খলে দুটি খাঁজের সৃষ্টি হয়। বড় খাঁজটিকে বলা হয় **মেজর গ্রুভ** (Major Groove) এবং ছোটো খাঁজটিকে বলা হয় **মাইনর গ্রুভ** (Minor Groove)। বড়ো খাঁজটির মাপ 22 Å এবং ছোটো খাঁজটির মাপ 12 Å।

5. ডি.এন.এ শৃঙ্খলের একটি তন্ত্রীর নাইট্রোজেনবেস অপর তন্ত্রীর নাইট্রোজেন বেসের সাথে হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা যুক্ত থাকে। অ্যাডিনিন ও থায়ামিনের মধ্যে দুটি হাইড্রোজেন বন্ধনী (A = T) এবং গুয়ানিন ও সাইটোসিনের মধ্যে তিনটি (G ≡ C) হাইড্রোজেন বন্ধনী থাকে। ওয়াটসন ও ক্রিকের প্রস্তাবিত ডি. এন. এ-কে বর্তমানে B-DNA (বি. ডি. এন. এ) বলে আখ্যা দেওয়া হয়েছে। বিংশ শতাব্দীর শেষের দিকে অন্য আরও কয়েকরকমের ডি. এন. এ আবিষ্কৃত হয়েছে। সেগুলি সম্পর্কে পরের পরিচ্ছেদে আলোচনা করা হবে। (চিত্র 9.5a & b)

---

* প্লাবিক ঘনত্ব : সিজিয়াম ক্লোরাইড একটি বিশেষ দ্রবণ। এই দ্রবণে দ্রাব্য পদার্থের মিশ্রণ নিয়ে যদি অতিরিক্ত অপকেন্দ্রিক বলে (Centrifugal force) ঘোরানো হয় তবে দেখা যায় যে দ্রাব্য পদার্থের ভরের উপর নির্ভর করে পদার্থগুলি বিভিন্ন স্তরে আলাদা হয়ে যায়। একইভাবে শৃঙ্খলের গুয়ানিন ও সাইটোসিনের পরিমাণের উপর নির্ভর করে বিভিন্নরকম DNA—-কে এইভাবে আলাদা করা যায়।

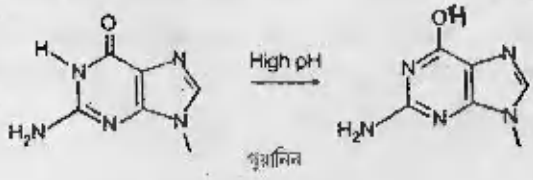
1 অ্যাংস্ট্রম (1Å) = 10^{-10} মিটার দৈর্ঘ্যের একভাগ।

1 ন্যানোমিটার (1nm) = 10^{-9} মিটার দৈর্ঘ্যের একভাগ।

9.4 ডি. এন. এ-এর ভৌত ধর্ম (Physical properties of DNA)

(1) ডি. এন. এ শৃঙ্খলকে যদি জোড়ালো অম্ল যেমন পারক্লোরিক অ্যাসিড ($HClO_4$) দিয়ে 100^0C উত্তপ্ত করা যায় তাহলে নাইট্রোজেন বেস, শর্করা ও ফসফেট প্রভৃতি উপাদানগুলি বিচ্ছিন্ন হয়ে যায়। যদি ডি. এন. এ শৃঙ্খলকে কমগাঢ়ত্বের অম্ল দিয়ে (pH 3–4, dilute acid) বিক্রিয়া করানো হয় তবে নাইট্রোজেনবেস, ডিঅক্সিরাইবোজ ও ফসফেটগুলি বিশেষ বিশেষ অংশে বিচ্ছিন্ন হয়। যেমন পিউরিন ও ডিঅক্সিরাইবোজের মধ্যের গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনীটি ছিন্ন হয়ে যায় এরকম পিউরিনাবিহীন ডি. এন. এ শৃঙ্খলকে অপিউরিনিক (apurinic) নিউক্লিক অ্যাসিড বলে। এই পদ্ধতি অনুসরণ করেই কোনো কোষে কত পরিমাণ ডি. এন. এ আছে তা মাপা হয়।

(2) ক্ষারের সংস্পর্শে ডি. এন. এ শৃঙ্খলের প্রতিক্রিয়া— ক্ষারের সংস্পর্শে ডি. এন. এ শৃঙ্খলের দ্বিতন্ত্রী অবস্থা ভেঙে গিয়ে একতন্ত্রী হয়ে যায় এই পদ্ধতিকে বলা হয় ডিনেচারেশন (denaturation)। এক্ষেত্রে যদি দ্রবণের pH 8.0 এর মতো হয় তাহলে গুয়ানিন চক্রের "কিটো" (Keto) অবস্থাটি "এনোল" (enol) অবস্থায় পরিবর্তিত হয়ে যায়। (চিত্র 9.6 a)



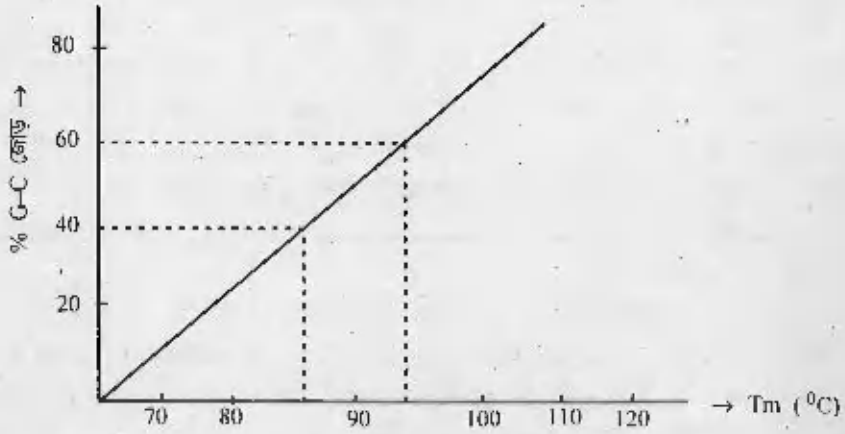
9.6. (a) গুয়ানিন বেসের কিটো গ্রুপটি (= CO) ইনোল (= C - OH) অবস্থায় পরিবর্তিত হয়েছে।

9.6 (b) ডি. এন. এ দ্বিতন্ত্রী অবস্থা থেকে একতন্ত্রী অবস্থায় পরিণত হয়।

(3) ডি. এন. এ শৃঙ্খলকে $85–95^0C$ তাপমাত্রায় উত্তপ্ত করলেও দ্বিতন্ত্রী অবস্থা বিচ্ছিন্ন হয়ে একতন্ত্রীতে পরিণত হয়। এই অবস্থাকে ডিনেচবরেশন বা পলন বলে (melting)। এই তাপমাত্রা সীমার মধ্যবিন্দুকে "গলন তাপমাত্রা" বা "melting temperature" বলা হয়, সংক্ষেপে "Tm" বলে অভিহিত করা হয়। এই Tm এর মান, শৃঙ্খলের নাইট্রোজেন বেসের প্রকৃতির উপর নির্ভর করে। যেমন যদি কোনো শৃঙ্খলে শতকরা 40 ভাগ গুয়ানিন থাকে তবে তার Tm হয় 87^0C আবার যদি শতকরা 60 ভাগ গুয়ানিন থাকে তাহলে Tm হয় প্রায় 95^0C (চিত্র 9.6.C)

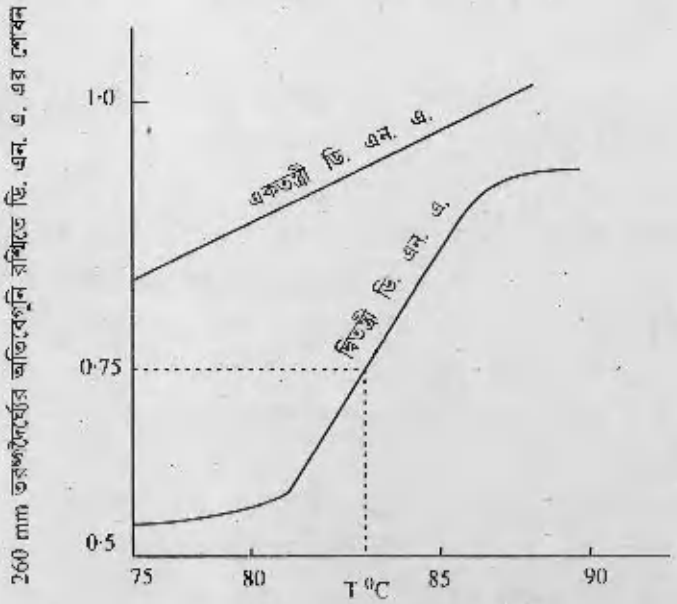
(4) ডি. এন. এ. শৃঙ্খলের বিশেষ বৈশিষ্ট্য হল যে তন্ত্রী দুটিকে যেমন আলাদা করা যায় সেরকম যে কারণে তন্ত্রী দুটি বিচ্ছিন্ন হয়েছে সেই কারণটিকে সরিয়ে নিলে আবার পরস্পরের সাথে জুড়ে যায়। এই জুড়ে যাওয়ার পদ্ধতিতে বলা হয় রিনেচারেশন (Renaturation)। তবে মনে রাখা প্রয়োজন যে একটি তন্ত্রী অপর আর একটি তন্ত্রীর পরিপূরক বা Camplementary হবে এবং অ্যাডিনিন সমসময় থায়মিনের সাথে এবং গুয়ানিন সর্বদা সাইটোসিনেব সাথে জোড় বাঁধবে। নাইট্রোজেন বেসগুলির পরস্পরের সাথে জুড়ে যাওয়াকে

বলা হয় অ্যানিলিভ (Annealing) এবং দুটি তন্ত্রীর এই জুড়ে যাওয়া অবস্থাকে বলা হয় হাইব্রিডাইজেশন বা Hybridzation.



চিত্র 9.6 (c) : গলন তাপমাত্রার রেখাচিত্র

(5) ডি. এন. এ নিউক্লিক অ্যাসিডটি 260 nm তরঙ্গদৈর্ঘ্যের অতিবেগুনি রশ্মি শোষণ করতে পারে। বিচ্ছিন্ন নিউক্লিওটাইড, একতন্ত্রী ডি. এন. এ এবং দ্বিতন্ত্রী ডি. এন. এ শৃঙ্খলের অতিবেগুনী (uv) রশ্মির শোষণ ক্ষমতা তুলনা করলে দেখা যায় যে দ্বিতন্ত্রী ডি. এন. এ শৃঙ্খলের শোষণক্ষমতা একতন্ত্রী ডি. এন. এ-এর শোষণক্ষমতার থেকে কম। এই ধর্মকে বলা হয় হাইপোক্রমিসিটি (Hypochromicity) (চিত্র 9.6 d)



চিত্র 9.6 (d) : হাইপোক্রমিসিটি

উপরিউক্ত ভৌতধর্মগুলির উপর ভিত্তি করেই আজকের দিনের জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং বা রিকমবিন্যান্ট ডি. এন. এ টেকনোলজির উন্নতিসাধন হয়েছে।

9.5 ডি. এন. এ-এর প্রকারভেদ বা বৈচিত্র্য

ওয়াটসন ও ক্রিকের মডেলের উপর ভিত্তি করে যে ডি. এন. এ সম্পর্কে এতক্ষণ আলোচনা করা হল তাকে প্রথাগতভাবে আমরা 'B'-ডি. এন. এ নামে অভিহিত করি। এছাড়াও প্রকৃতিতে আমরা বিভিন্নরকমের ডি. এন. এ পেয়ে থাকি। তবে বেশীরভাগ ক্ষেত্রেই প্রাকৃতিক বিপর্যয় বা কোনো বিশেষ কারণে যেমন কিছু জৈবদ্রবণে দ্রবীভূত থাকলে, গাঢ় লবণের দ্রবণে দ্রবীভূত থাকলে বা প্রোটিন মিশ্রিত দ্রবণে দ্রবীভূত হলে পরিচিত 'B' ধরন থেকে বিচ্যুত হয়ে শৃঙ্খলের কিছু কিছু গঠনগত পার্থক্য দেখা যায়। এই বৈচিত্র্যগুলি সাধারণত নিম্নলিখিত কারণে হয়—

(a) প্রতি আবর্তে নাইট্রোজেন বেস জোড়ার সংখ্যা (অর্থাৎ 10 এর থেকে কম বা বেশি)

(b) তন্ত্রী অক্ষের সাপেক্ষে নাইট্রোজেন বেসের ঘূর্ণনের কোণ

(c) একটি নাইট্রোজেন বেস জোড়া থেকে অপর আর একটি বেসজোড়ার মধ্যকার দূরত্ব।

ঘটনাটিকে এইভাবে তুলনা করলে বোধ হয় ভালো বোঝা যায়—

আপনি লোহার ঘোড়ানো সিঁড়ির ধাপ বরাবর উপরে উঠছেন, লক্ষ্য করলে দেখা যায় যে একটি ধাপ সিঁড়ির অক্ষের সাথে একটি কোণ করে আছে যা B-DNA এর ক্ষেত্রে $34{\cdot}6^0$ — এটি হল অক্ষের সাপেক্ষে বেসের ঘূর্ণনের কোণ। B – ডি. এন. এ-তে এরকম 10.4 টি ধাপ অতিক্রম করলে এক আবর্তে 360^0 ঘোরা হয়ে যায়। আবার দেখা যায় যে এই কৌণিক আবর্তের সাথে সাথে এক ধাপ থেকে আর এক ধাপ উঠলে কিছুটা স্থানিক উন্নতি হয়— এটি হল একটি নাইট্রোজেন বেস জোড়া থেকে আর একটি বেসজোড়ার মধ্যেকার দূরত্ব।

বিভিন্ন রকমের ডি. এন. এ শৃঙ্খলের বৈশিষ্ট্যগুলি নীচের সারণিতে উল্লেখ করা হল—

বিভিন্ন ধরন	অক্ষের সাপেক্ষে বেসজোড়ার ঘূর্ণনের কোণ	প্রতি আবর্ত বেসজোড়ার সংখ্যা	দুটি বেসজোড়ার মধ্যবর্তী দূরত্ব	তন্ত্রীর ব্যাস	অক্ষের সাপেক্ষে সমগ্র তন্ত্রীর আনত কোণ
B	$+ 34{\cdot}6^0$	10·4	3·38 Å	19Å	0^0
C	$+ 38{\cdot}6^0$	9·33	3·22 Å	19 Å	6^0
A	$+ 34{\cdot}7^0$	11	2·56 Å	23 Å	20^0
Z	$- 30{\cdot}0^0$	12	5·71 Å	18 Å	—

সারণিতে '+' এর অর্থ শৃঙ্খলটি অক্ষের সাপেক্ষে দক্ষিণাবর্তী বা ডানমুখী (right-handed), '–' এর অর্থ বামাবর্তী বা বামমুখী (left handed)।

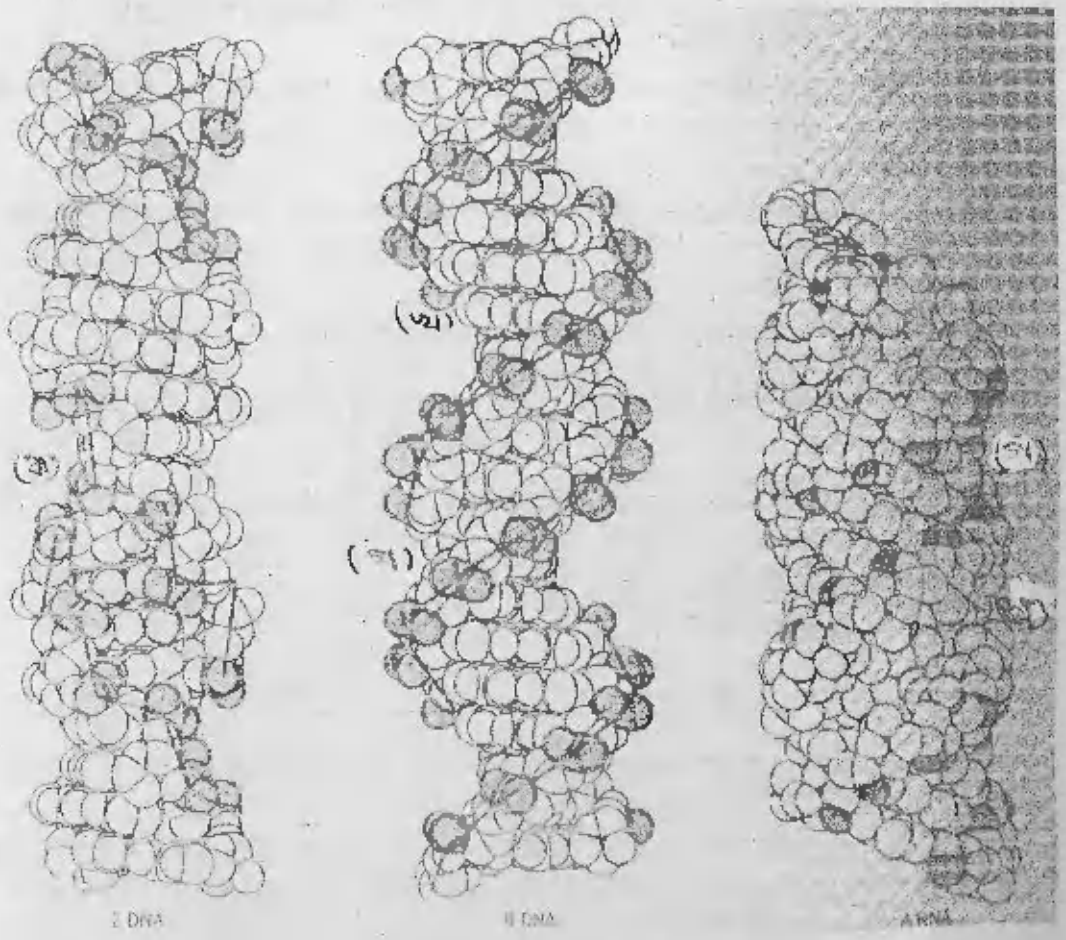
মনে হতে পারে সারণিতে "প্রতি আবর্তে বেসজোড়ার সংখ্যাটি" ভগ্নাংশ কেন? ছবিতে শৃঙ্খলের ত্রিমাত্রিক গঠনটি পর্যবেক্ষণ করলে দেখা যায় যে একটি তন্ত্রী আর একটি তন্ত্রীর উপর দিয়ে জড়িয়ে আছে সেক্ষেত্রে এক আবর্তে 360^0 হতে গেলে বেসজোড়ার সংখ্যা ভগ্নাংশ হয়।

A – ডি. এন. এ — এই ধরনের ডি. এন. এ শৃঙ্খলটি অনেক বেশি ঘনসন্নিবেশিত (compact)। অক্ষের সাপেক্ষে বেসজোড়াগুলি 'B' ডি. এন. এ-এর মতো শায়িত থাকে না বরং কিছুটা আনত থাকে। A – ডি.

এন. এ তে মাইনর গ্রুভ বা ছোটো খাঁজ এবং বড়ো খাঁজ বা মেজর গ্রুভের মধ্যে খুব পার্থক্য থাকে না ব্যাসও বেশি।

Z – ডি. এন. এ — এই ধরনটি বামমুখী, কিন্তু A, B, C সবগুলিই ডানমুখী। ব্যাস সবচেয়ে কম। Z–ডি. এন. এ-তেও ছোটো খাঁজ বা মাইনর গ্রুভ থাকে না, কেবল একরকম খাঁজ থাকে। আমরা (9.3 পরিচ্ছেদে) জানি যে ডি. এন. এ ঋণাত্মক ধর্মী। তবে Z ডি. এন. এ B–ডি. এন. এ-এর তুলনায় অনেক বেশি ঋণাত্মক চার্জ বিশিষ্ট।

উপরিউক্ত ডি. এন. এ এর ধরনগুলি ছাড়াও আরও দুরকমের ডি. এন. এ আমরা পেয়ে থাকি। এগুলি হল D–ডি. এন. এ এবং E–ডি. এন. এ। এগুলিতে গুয়ানিন নাইট্রোজেন বেস্ থাকে না এবং এক আর্বতে এদের বেসজোড়ার সংখ্যাও কম— যেমন, D – ডি. এন. এ-এর ক্ষেত্রে 8টি E – ডি. এন. এ-এর ক্ষেত্রে 7·5 টি হয়। তবে এই ধরনটি সম্বন্ধে এখনও খুববেশি জানা যায় নি। বর্তমানে গবেষণা চলছে।



চিত্র 9.5 : বিভিন্ন রকমের ডি. এন. এ।
(ক) খাঁজ, (খ) বড় খাঁজ, (গ) ছোট খাঁজ

9.6 সারাংশ

"জিন" কথাটির সাথে আমরা সবাই এখন অল্পবিস্তর পরিচিত। জিন হল ডি. এন. এ শৃঙ্খলের এমন একটি অংশ যা কোনো বিশেষ গুণকে প্রতিফলিত করে। এই গুণ বা বার্তাটি ডি. এন. এ শৃঙ্খল মারফত এক প্রজন্ম থেকে অন্য প্রজন্মে বাহিত হয়। ডি. এন. এ প্রোক্যারিওটিক কোষের সাইটোপ্লাজমে বিক্ষিপ্তভাবে ছড়িয়ে থাকে— যাকে বলা হয় নিউক্লিওয়েড কিন্তু ইউক্যারিওটিক কোষে ক্রোমোজোম গঠন করে নিউক্লিয়ার পর্দা দ্বারা আবদ্ধ হয়ে থাকে। ডি. এন. এ শৃঙ্খলটি নাইট্রোজেন বেস, শর্করা ও ফসফেটের সমন্বয়ে গঠিত একটি বিশেষ ধরনের যৌগ অণু যাকে সাধারণভাবে বলা হয় নিউক্লিক অ্যাসিড। ডি. এন. এ ছাড়াও জীবজগতে আর একটি নিউক্লিক অ্যাসিড পাওয়া যায় যার নাম আর. এন. এ। এই ডি. এন. এ. এর পুরো নামটি হল ডিঅক্সিরাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড, ডিঅক্সিরাইবো অর্থাৎ শর্করাটি রাইবোজ শর্করা, ডি-অক্সি মানে শর্করাটিতে একটি অক্সিজেন কম থাকে। ডি. এন. এ নিউক্লিক অ্যাসিডটিতে চারটি নাইট্রোজেন বেস থাকে সেগুলি হল যথাক্রমে— অ্যাডিনিন (A), গুয়ানিন (G), সাইটোসিন (C) ও থায়ামিন (T)। অ্যাডিনিন ও গুয়ানিনকে একসাথে বলা হয় পিউরিন এবং সাইটোসিন ও থায়ামিনকে একসাথে বলা হয় পিরিমিডিন। নাইট্রোজেনবেসটি শর্করার সাথে গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনীর মাধ্যমে এবং ফসফেটের সাথে ফসফোডাইএস্টার বন্ধনীর মাধ্যমে জুড়ে থাকে। বেস ও শর্করাকে একত্রে নিউক্লিওসাইড এবং বেস, শর্করা ও ফসফেটকে একত্রে বলা হয় নিউক্লিওটাইড। বেসের প্রকৃতির উপর নিউক্লিসাইড বা নিউক্লিওটাইডের নামকরণ হয়।

1953 সালে ওয়াটসন ও ক্রিক ডি. এন. এ শৃঙ্খলের ত্রিমাত্রিক গঠন বর্ণনা করেন। তারা বলেন ডি. এন. এ দ্বিতন্ত্রীবিশিষ্ট, তন্ত্রীদুটি একটি অপরটির বিপরীত সমান্তরাল মুখী (antiparallel) অর্থাৎ 5'–3' এবং 3'–5'। আমরা জানি যে, তন্ত্রীর কোনো একপ্রান্তের শেষ শর্করার 3 নং কার্বনটি যদি ফসফেটযুক্ত না হয় তাহলে ওই মুক্ত কার্বনের নম্বর অনুযায়ী ওই প্রান্তটির দিকনির্দেশ করা হয় 3', একইভাবে 5' দিকনির্দেশ করা 5 নং কার্বনের ভিত্তিতে। মডেলটি অনেকটা লোহার ঘোড়ানো সিঁড়ির অনুরূপ। সিঁড়ির ধাপগুলি নাইট্রোজেন বেস দিয়ে তৈরি। তন্ত্রীদুটি এক আবর্তে 360^0 ঘুরে যায়। একটি আবর্তের সামগ্রিক দৈর্ঘ্য 34 Å এবং একটি আবর্তের ফলে দুটি খাঁজ তৈরি হয়। ছোটো খাঁজটিকে বলা হয় মাইনর খাঁজ এবং বড় খাঁজটিকে বলা হয় মেজর খাঁজ বা গ্রুভ। ওয়াটসনের বিবৃত এই অক্ষের সাপেক্ষে ডানমুখী ডি. এন. এ কে এখন B-DNA নামে অভিহিত করা হয়। এই B-ডি. এন. এ শৃঙ্খলের ব্যাস প্রায় 20Å এবং একআবর্তে 10টি সিঁড়ির ধাপ বা নাইট্রোজেন জোড়া বর্তমান। নাইট্রোজেন বেসের সাথে শর্করাটি অভিলম্ব বরাবর সজ্জিত থাকে এবং ফসফেটটি থাকে শৃঙ্খলের বাইরের দিকে। একটি তন্ত্রীর নাইট্রোজেন বেস যদি পিউরিন হয় তবে অপরতন্ত্রীর বেসটি হবে পিরিমিডিন। অর্থাৎ A = T, G = C —এগুলি পরস্পরের সাথে হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা যুক্ত থাকে।

1955 সালে বিজ্ঞানী চারগফ ডি. এন. এ-এর গঠনশৈলীর উপর কতকগুলি নিয়মাবলী বিবৃত করেন। এগুলিকে 'চারগফের সূত্র' বলা হয়। সূত্রটিতে বলা হয় যে— কোনো একটি শৃঙ্খলে পিউরিন বেসের সমষ্টিগত সংখ্যা ওই শৃঙ্খলের পিরিমিডিন বেসের সংখ্যার সমান হবে। শৃঙ্খলে অ্যাডিনিন ও সাইটোসিন একত্রে গুয়ানিন ও থায়ামিনের সমান। কিছু কিছু ক্ষেত্রে যে এই নিয়মের ব্যতিক্রম হয় না তা নয়। তবে কোনো শৃঙ্খলে A–T জোড় বা G–C জোড় সংখ্যার উপর ভিত্তি করে শৃঙ্খলটি "A–T সংখ্যাতিরিক্ত বা "G–C সংখ্যাতিরিক্ত শৃঙ্খল" হিসাবে সূচিত করা হয়।

ডি. এন. এ-এর বিশেষ কতকগুলি ভৌতধর্মের উপর ভিত্তি করেই আজকের জেনেটিক ইঞ্জিনিয়ারিং এর প্রসার ঘটেছে। ডি. এন. এ শৃঙ্খলকে পারক্লোরিক অ্যাসিড দিয়ে 100^0C তাপমাত্রায় উত্তপ্ত করলে নাইট্রোজেন বেস শর্করা ও ফসফেট বিচ্ছিন্ন হয়ে যায়। ক্ষারের উপস্থিতিতে ডি.এন.এ শৃঙ্খলের দ্বিতন্ত্রী অবস্থা ছিন্ন হয়ে একতন্ত্রী হয়ে যায়। ক্ষারের pH 8.0 এর বেশি হলে গুয়ানিন চক্রের কিটো অবস্থা এনোল অবস্থায় পরিণত হয়। আবার শৃঙ্খলটিকে 85^0–95^0C এ উত্তপ্ত করলে দ্বিতন্ত্রী অবস্থা একতন্ত্রীতে পরিণত হয়। এই পদ্ধতিকে বলা হয় ডিনেচারেশন বা মেল্টিং এবং গলনতাপমাত্রাকে বলা হয় মেল্টিং টেমপারেচর বা সংক্ষেপে Tm। শৃঙ্খলে G–C জোড়ের শতকরা সংখ্যার উপর Tm নির্ভর করে। শৃঙ্খলের আর একটি গুরুত্বপূর্ণ বৈশিষ্ট্য হল যে তন্ত্রী বিচ্ছিন্ন হবার কারণটিকে সরিয়ে নিলে তন্ত্রীদুটি আবার বিপরীতমুখী হয়ে জোড় বাঁধে। এই পুনর্যোজনকে বলা হয় হাইব্রিডাইজেশন। ডি. এন. এ শৃঙ্খল 260 nm তরঙ্গদৈর্ঘ্যের অতিবেগুনী রশ্মিদ্বারা শোষিত হয়। বিচ্ছিন্ন নিউক্লিওটাইড, একতন্ত্রী ডি. এন. এ দ্বিতন্ত্রী ডি. এন. এ-এর শোষনক্ষমতার তুলনা করলে দেখা যায় দ্বিতন্ত্রীর শোষণক্ষমতা সবচেয়ে কম। এই ধর্মকে বলা হয় হাইপোক্রমিসিটি।

বর্তমানে B-ডি. এন. এ ছাড়াও কয়েকপ্রকার ডি. এন. এ আবিষ্কৃত হয়েছে। কোনো বিশেষ অবস্থাতে এগুলির সৃষ্টি হয়। এগুলি হল যথাক্রমে C-DNA, A-DNA, Z-DNA, D-DNA, E-DNA প্রভৃতি। এগুলির গঠনশৈলীতে কিছু কিছু পার্থক্য দেখা যায় যেমন, প্রতি আবর্তে বেসজোড়ার সংখ্যা, অক্ষের সাপেক্ষে বেসের ঘূর্ণনের কোণ, পরপর দুটি বেসজোড়ার মধ্যেকার দূরত্ব ইত্যাদি। সারণিতে এগুলি সম্বন্ধে আলোচনা করা হয়েছে। তবে এদের মধ্যে Z-DNA হল অক্ষের সাপেক্ষে বামমুখী। গবেষণার মাধ্যমে এগুলির নতুন নতুন ধর্ম আজও আবিষ্কৃত হচ্ছে।

9.7 অনুশীলনী

আগের পরিচ্ছদগুলি ভালোভাবে পড়লে আপনি নীচের প্রশ্নগুলির সঠিক উত্তর দিতে পারবেন।

1. **শূন্যস্থান পূরণ করুন :**

(a) ডি. এন. এ শৃঙ্খল ———, ——— ও ——— নিয়ে গঠিত যৌগ অণু।

(b) গুয়ানিন সমন্বিত নিউক্লিওসাইডটির নাম ——— ও নিউক্লিয়টাইডটির নাম ———।

(c) ওয়াটসন ও ক্রিকের মডেল অনুসৃত ডি. এন. এ-এর নাম ———।

(d) ডি. এন. এ শৃঙ্খলের পিউরিন দুটির নাম ——— ও ——— এবং পিরিমিডিন দুটির নাম ——— ও ———।

(e) অক্ষের সাপেক্ষে বামমুখী ডি. এন. এ-টির নাম ———।

2. **বাঁদিকের সারণির সাথে ডানদিকের সারণি সঠিকভাবে মেলান।**

(a) শর্করা ও নাইট্রোজেন বেসের যুক্ত হওয়ার বন্ধনীকে বলে।	(a) ফসফাডাইএস্টার বন্ড বা বন্ধনী
(b) দুটি নিউক্লিওটাইড পরস্পরের সাথে যুক্ত হওয়ার বন্ধনীকে বলে	(b) তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধনীর মাধ্যমে
(c) অ্যাডিনিন ও থায়মিনের জোড় বন্ধন হয়	(c) দুটি হাইড্রোজেন বন্ধনীর মাধ্যমে

(d) গুয়ানিন ও সাইটোসিনের জোড় বন্ধন হয়
(e) একটি পিউরিনের কার্বন নাইট্রোজেন সম্বলিত
(f) একটি পিরিমিডিনে কার্বন-নাইট্রোজেন সমন্বিত

(d) দুটি চক্র বর্তমান
(e) গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী
(f) একটি চক্র বর্তমান।

3. **সঠিক উত্তরটি লিখুন :**

(a) ডি. এন. এ শৃঙ্খলের একটি তন্ত্রী যদি 3'–5' অভিমুখী হয় তবে অপর তন্ত্রীটি হবে
(1) 3'–5' (2) 5'–3' (3) কোনোটাই হবে না।

(b) শর্করার সাথে পিউরিন বেস যুক্ত থাকলে তা
(1) 9 নং নাইট্রোজেনের সাথে বন্ধনী তৈরি করে।
(2) 1 নং নাইট্রোজেনের সাথে বন্ধনী তৈরি করে।
(3) 3 নং নাইট্রোজেনের সাথে বন্ধনী তৈরি করে।

(c) B–ডি. এন. এ.-এর তন্ত্রী দুটি এক আবর্তে
(1) 360^0 ঘুরে যায়, (2) 180^0 ঘুরে যায়, (3) 90^0 ঘুরে যায়।

(d) ডি. এন. এ শৃঙ্খলের শর্করাটি
(1) 3টি কার্বন সমন্বিত শর্করা, (2) 6টি কার্বন সমন্বিত শর্করা, (3) 5টি কার্বন সমন্বিত শর্করা।

(e) সাইটোসিন সর্বদা জোড় বাঁধে
(1) অ্যাডিনিনের সাথে (2) গুয়ানিনের সাথে (3) থায়ামিনের সাথে।

9.8 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

(a) ডি. এন. এ-এর রাসায়নিক গঠন বর্ণনা করুন।
(b) ওয়াটসন ও ক্রিকের প্রস্তাবিত ডি. এন. এ-এর ত্রিমাত্রিক গঠন বর্ণনা করুন।
(c) ডি. এন. এ কয় রকমের পাওয়া যায়? তাদের গঠন বর্ণনা করুন।

9.9 উত্তরমালা

1. (a) নাইট্রোজেনবেস, শর্করা ও ফসফেট
(b) গুয়ানোসিন ও গুয়ানাইলিক অ্যাসিড বা গুয়ানাইলেট
(c) B–ডি. এন. এ
(d) অ্যাডিনিন, গুয়ানিন এবং সাইটোসিন, থায়ামিন
(e) Z-ডি. এন. এ.

2.

বাঁদিক		ডানদিক	বাঁদিক		ডানদিক
a	এর সাথে	e;	b	এর সাথে	a
c	এর সাথে	c;	d	এর সাথে	b
e	এর সাথে	d;	f	এর সাথে	f

3. (a) (2) হবে (b) (1) হবে (c) (1) হবে
(d) (3) হবে (e) (2) হবে।

4. (a) 9.4 এর (5) নং অংশটি
(b) 9.4 এর (3) নং অংশটি
(c) 9.3.2 পরিচ্ছেদটি
(d) 9.5 এর সারণি এবং শেষ অনুচ্ছেদ।
(e) 9.4 এর (4) নং অংশটি
(f) 9.5 এর সারণি এবং উল্লিখিত অনুচ্ছেদ।

5. (a) 9.3 পরিচ্ছেদ পড়ে ছবিসহ তৈরি করুন।
(b) 9.3.1 অংশ বর্ণিত হয়েছে।
(c) 9.5 অংশে সারণিসহ বর্ণনা করা হয়েছে।

একক 10 ❑ ডি. এন. এ রেপ্লিকেশন (DNA Replication)

গঠন

10.1 প্রস্তাবনা

10.2 উদ্দেশ্য

10.3 DNA রেপ্লিকেশনের প্রকৃতি

10.3.1 মেসেল্‌সন ও স্থালের পরীক্ষা

10.3.2 ইউক্যারিওটিক কোষে সেমিকনজারভেটিভ রেপ্লিকেশনের প্রমাণ

10.4 E. Coli কোষের DNA রেপ্লিকেশন

10.4.1 রেপ্লিকেশনের সাধারণ ধর্ম

10.4.2 রেপ্লিকেশনের জন্য প্রয়োজনীয় উপকরণসমূহ

10.4.3 E. Coli কোষে DNA রেপ্লিকেশনের ঘটনাবলী

10.5 সারাংশ

10.6 প্রশ্নমালা

10.7 উত্তর সংকেত

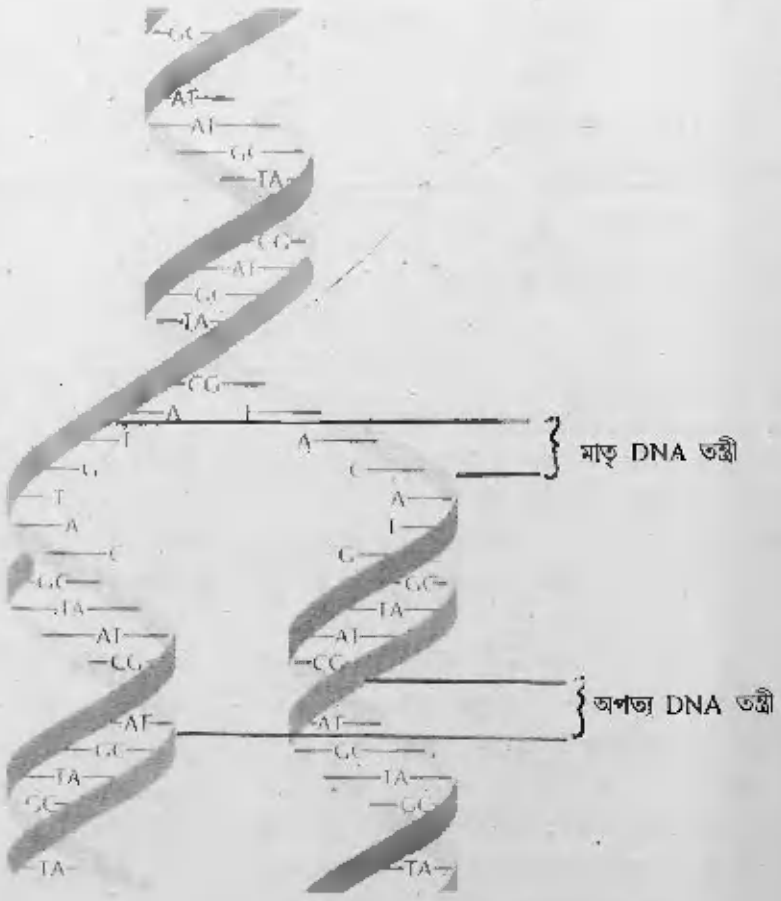
10.1 প্রস্তাবনা

জেনেটিক্ বস্তুর অন্যতম প্রধান ধর্ম হল নিজের হুবহু প্রতিলিপি গঠনের ক্ষমতা। কোষ বিভাজনের পূর্বে প্রতিটি কোষেই জেনেটিক্ বস্তু বা DNA-র পরিমাণ দ্বিগুণ হয় ও কোষ বিভাজনের মাধ্যমে সৃষ্ট দুটি অপত্যকোষেই একই জেনেটিক তথ্য (genetic information) সঞ্চারিত হয়— এইভাবেই কোষের তথা জীবের বংশগতির ধারা বজায় থাকে। যে পদ্ধতিতে কোষে DNA-র পরিমাণ দ্বিগুণ হয় তাকে রেপ্লিকেশন বলা হয়।

কোষস্থ DNA-র নিজের হুবহু প্রতিলিপি গঠনের ক্ষমতা জীবের স্বাতন্ত্র্য রক্ষায় একান্ত অপরিহার্য। এটি একটি অত্যন্ত জটিল ও ঘটনাবহুল প্রক্রিয়া; নির্ভুলতা এই প্রক্রিয়ার প্রধান বৈশিষ্ট্য। এই নির্ভুলতার প্রয়োজনীয়তা একটি সহজ উদাহরণের সাহায্যে সহজেই উপলব্ধি করা যায়। মানুষের প্রতিটি কোষে 23 জোড়া ক্রোমোজোমে মোট 10^9 (100,00,00,000) বেস-জোড়া (basepair) DNA আছে যা প্রতিটি কোষচক্রে (সাধারণত প্রতি 24 ঘণ্টায়) একবার করে দ্বিগুণ হয়। প্রতিলিপি গঠনের সময় প্রতি দশ লক্ষ বেস-জোড়া পিছু একটি ভুল হলেও প্রতি কোষচক্রে প্রায় 1000 ভুল সৃষ্টি হবে— যা মারাত্মক বিপর্যয় সৃষ্টি করবে।

1953 খ্রিস্টাব্দে ওয়াট্‌সন ও ক্রীক DNA-র দ্বিতন্ত্রী গঠন বর্ণনা করেন। সেই সময় থেকেই বিজ্ঞানীরা DNA-র প্রতিলিপি গঠনের সম্ভাব্য প্রকৃতি পদ্ধতি আবিষ্কারে উৎসাহী হন। ওয়াট্‌সন ও ক্রিকের মতে যদি তাঁদের বর্ণিত DNA-র দ্বিতন্ত্রী গঠন সঠিক হয় তবে DNA-প্রতিলিপি গঠন বা রেপ্লিকেশনের প্রকৃতি যথেষ্ট

সরল হবে। DNA দ্বিতন্ত্রী অণুর দুটি তন্ত্রী পৃথক হয়ে যাবে ও প্রতিটি তন্ত্রী ছাঁচ (template) হিসাবে কাজ করে নিজের পরিপূরক প্রতিলিপি তন্ত্রী (complementary strand) তৈরি করবে। যেহেতু DNA দ্বিতন্ত্রীটি এক প্রান্ত থেকে ক্রমশ খুলতে থাকবে, তাই নতুন সৃষ্ট DNA-তন্ত্রীটির বেসসজ্জা পরিপূরক বেস-জোড়বন্ধনের নীতি (complementary base pairing rules)-র অনুসারে ছাঁচ তন্ত্রীটির বেসসজ্জা দ্বারা নির্ধারিত হবে। রেপ্লিকেশন শেষ হবার পর দু-টি অপত্য DNA দ্বিতন্ত্রী উৎপন্ন হবে— যার প্রতিটিতে একটি মাতৃ DNA তন্ত্রী (parental DNA strand) ও একটি নতুন সৃষ্ট DNA তন্ত্রী থাকবে। DNA রেপ্লিকেশনের এই প্রকৃতিকে আংশিক সংরক্ষণশীল বা সেমিকনজারভেটিভ (Semiconservative) রেপ্লিকেশন বলা হয়— কারণ নতুন সৃষ্ট দুটি অপত্য দ্বিতন্ত্রীতেই একটি করে মাতৃ DNA তন্ত্রী থাকে। DNA রেপ্লিকেশনের এই পদ্ধতি পরবর্তীকালে একাধিক পরীক্ষার মাধ্যমে প্রমাণিত হয়েছে। (চিত্র 10.1)



চিত্র 10.1 : DNA-রেপ্লিকেশনের প্রকৃতি

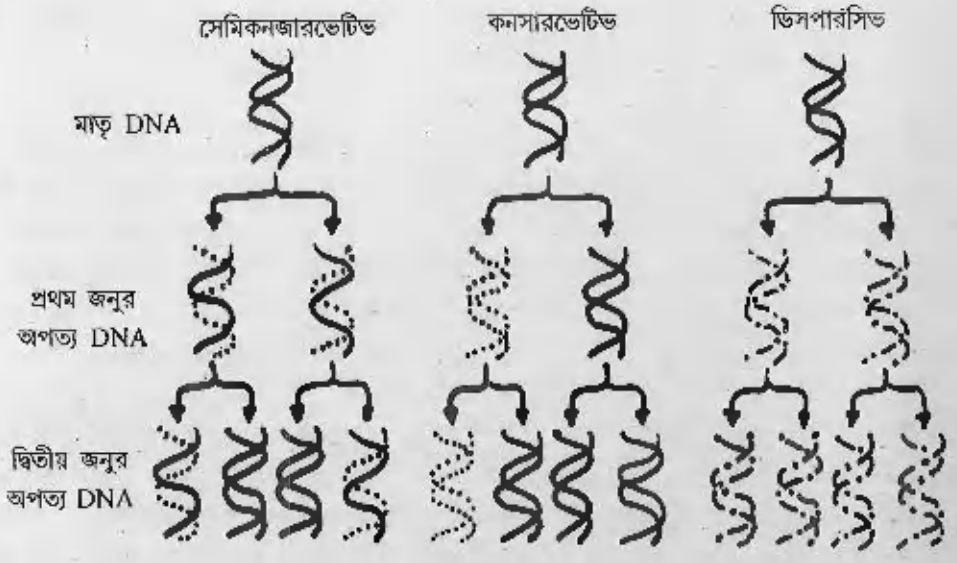
DNA রেপ্লিকেশনের সাধারণ প্রকৃতি আবিষ্কারের সঙ্গে সঙ্গেই রেপ্লিকেশনের বিস্তৃত জৈবরাসায়নিক ব্যাখ্যা জানার উদ্দেশ্যে নিবিড় বৈজ্ঞানিক অনুসন্ধান গতিলাভ করে। আমরা বর্তমানে জানি যে, অনেক সংখ্যক উৎসেচক ও প্রোটিন ফ্যাক্টর DNA রেপ্লিকেশনের জটিল পর্যায়গুলিকে চালনা ও নিয়ন্ত্রণ করে। DNA রেপ্লিকেশনের জৈবরাসায়নিক পর্যায়গুলির জটিলতার কারণে বিগত 50 বছরেরও বেশী সময় ধরে এটি অত্যন্ত নিবিড় বৈজ্ঞানিক অনুসন্ধানের বিষয়বস্তু। DNA রেপ্লিকেশনের আণবিক ব্যাখ্যা দেবার অনুসন্ধান জীববিদ্যার একটি নতুন শাখা— আণবিক জীববিদ্যাকে (molecular biology) প্রভূত সমৃদ্ধ করেছে।

10.2 উদ্দেশ্য

আপনারা এই অধ্যায় পাঠ করে DNA রেপ্লিকেশনের সাধারণ প্রকৃতি (mode) এবং বিভিন্ন প্রকার উৎসেচক ও প্রোটিন সহযোগে DNA রেপ্লিকেশন প্রক্রিয়াটির সংঘটন সম্পর্কে বিস্তৃত ধারণা লাভ করবেন। আমাদের আলোচনায় সাধারণত প্রোক্যারিওটিক কোষ, *Escherichia coli*-র রেপ্লিকেশন পদ্ধতি আলোচনা করা হবে।

10.3 DNA রেপ্লিকেশনের প্রকৃতি (Model of DNA replication)

আমরা আগেই জেনেছি যে ওয়াট্‌সন ও ক্রিক DNA-র দ্বিতন্ত্রীগঠন বর্ণনা করার সঙ্গেই DNA-অণুর রেপ্লিকেশনের সম্ভাব্য প্রকৃতি সম্পর্কে ধারণা দেন। তাঁদের মতে রেপ্লিকেশনের ফলে সৃষ্ট অপত্য দ্বিতন্ত্রী DNA



চিত্র 10.2 : সেমিকনজারভেটিভ, কনজারভেটিভ ও ডিসপারসিভ পদ্ধতিতে রেপ্লিকেশনের চিত্ররূপ।

অণু দুটিতে একটি তন্ত্রী পুরোনো ও অন্য তন্ত্রীটি নতুন হয়- একারণে DNA রেপ্লিকেশনের সম্ভাব্য প্রকৃতি সেমিকনজারভেটিভ বলে তাঁরা উল্লেখ করেন। সমসাময়িক কালে ডেলব্রুক কন্‌জারভেটিভ (conservative) বা সংরক্ষণশীল রেপ্লিকেশন ও ডিস্‌পারসিভ (dispersive) বা বিচ্ছুরণশীল রেপ্লিকেশন মতবাদ প্রচার করেন। কনজারভেটিভ রেপ্লিকেশনের ক্ষেত্রে উপজাত দুটি DNA অণুর একটি সম্পূর্ণ নতুন ভাবে তৈরি ও অপরটি পুরোনো মাতৃ DNA অণু। মাতৃ DNA দ্বিতন্ত্রীর দুটি তন্ত্রীকে ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে পরিপূরক DNA-তন্ত্রী উৎপন্ন হয়, কিন্তু নতুন সৃষ্ট DNA তন্ত্রীগুলি পরস্পর জোড় বেঁধে একটি নতুন DNA দ্বিতন্ত্রী উৎপন্ন করে এবং মাতৃ DNA-র দুটি তন্ত্রী পুনরায় জোড় বাঁধে— এভাবে মাতৃ DNA দ্বিতন্ত্রীটি কন্‌জার্ভড (conserved) বা সংরক্ষিত হয়। ডিস্‌পারসিভ রেপ্লিকেশনের ক্ষেত্রে মাতৃ DNA-দ্বিতন্ত্রীটির তন্ত্রীদুটি ছোট ছোট খণ্ডে বিভক্ত হয়ে যায় ও প্রতিটি খণ্ডকের অনুরূপ প্রতিলিপি সৃষ্টি হয়। সংশ্লেষের শেষ পর্যায়ে পুরোনো ও নতুন খণ্ডগুলি একত্রে অপত্য DNA অণু গঠন করে। এভাবে প্রতিটি DNA তন্ত্রীই পুরোনো ও নতুন সৃষ্ট DNA অংশের সংমিশ্রণ। চিত্র 10.2 এ সেমিকনজারভেটিভ কনজারভেটিভ ও ডিস্‌পারসিভ তিনপ্রকার পদ্ধতির চিত্ররূপ দেখানো হয়েছে।

কন্‌জারভেটিভ ও ডিস্‌পারসিভ পদ্ধতিতে DNA রেপ্লিকেশনের মতবাদ প্রচারিত হলেও DNA রেপ্লিকেশন প্রকৃতপক্ষে সেমিকনজারভেটিভ পদ্ধতিতেই হয়ে থাকে। এর স্বপক্ষে পরীক্ষালব্ধ প্রমাণও পাওয়া গেছে।

10.3.1 ঃ মেসেল্‌সন ও স্থালের পরীক্ষা (The Meselson-Stahl experiment)

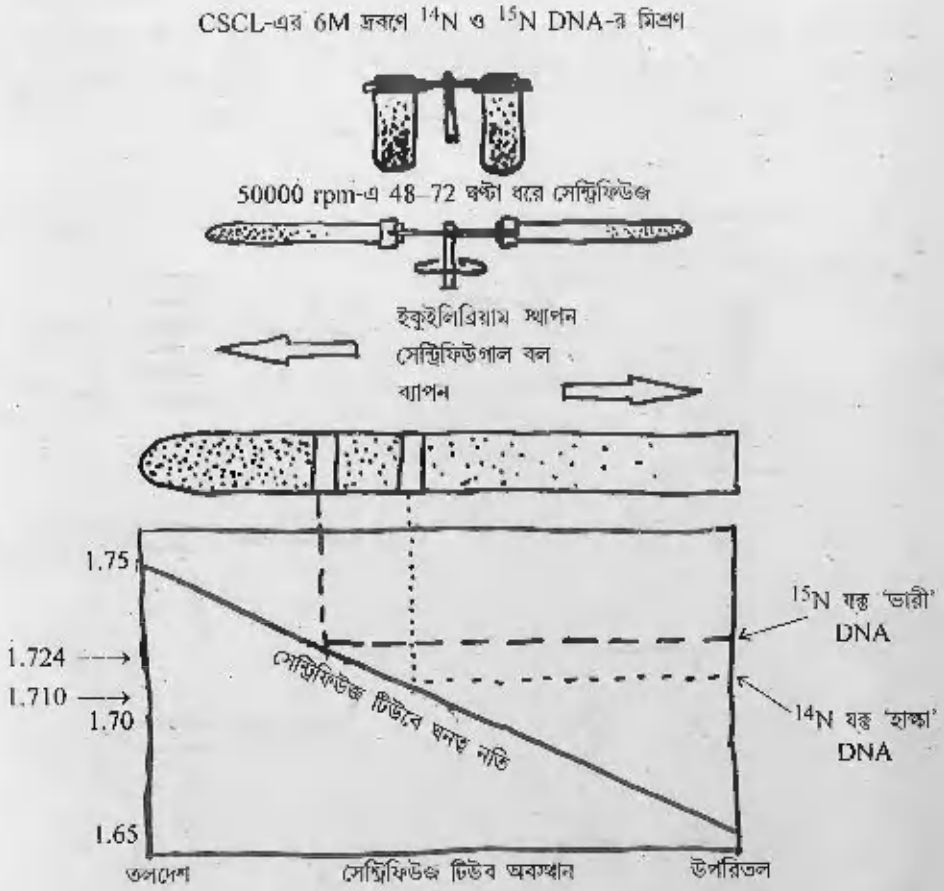
1958 খ্রিস্টাব্দে মেসেল্‌সন ও স্থাল্ Escherichia Coli নামক ব্যাকটিরিয়ার DNA রেপ্লিকেশন যে প্রকৃতপক্ষে সেমিকন্‌জারভেটিভ পদ্ধতিতেই হয় সে সম্পর্কে জোরালো প্রত্যক্ষ প্রমাণ পেশ করেন।

পরীক্ষা ব্যবস্থায় তাঁরা ইকুইলিব্রিয়াম ডেনসিটি-গ্রেডিয়েন্ট সেন্ট্রিফিউগেশন (Equilibrium density gradient centrifugation) আল্ট্রাভায়োলেট ফটোগ্রাফি (Ultraviolate Photography) ও DNA চিহ্নিতকরণ (DNA labelling) প্রভৃতি পদ্ধতির আশ্রয় নিয়েছিলেন।

BOX 10.1 ঃ মেসেল্‌সন ও স্থালের ব্যবহৃত পদ্ধতিগুলি (techniques) সম্পর্কে ধারণা ঃ

মেসেল্‌সন ও স্থাল্ নাইট্রোজেনের 'ভারী' আইসোটোপ, ^{15}N, যুক্ত একপ্রকার বিশেষ কালচার মাধ্যমে বেশ কয়েক জনু ধরে **E. Coli** ব্যাকটিরিয়া কালচার করেন। কালচার মাধ্যমে নাইট্রোজেনের একমাত্র উৎস ছিল $^{15}NH_4Cl$ (অ্যামোনিয়াম ক্লোরাইড)। নাইট্রোজেন 'ভারী' আইসোটোপে (^{15}N) একটি অতিরিক্ত নিউট্রন (neutron) থাকায় সেটি নাইট্রোজেনের প্রাকৃতিক (প্রাকৃতিতে অধিক মাত্রায় প্রাপ্ত) আইসোটোপ ^{14}N অপেক্ষা 'ভারী' হয়। নাইট্রোজেনের এই 'ভারী' আইসোটোপ (^{15}N) একটি সুস্থিত (Stable) আইসোটোপ। DNA-র অন্যতম গঠনগত উপাদান পিউরিন পিরিমিডিন বেসগুলি নাইট্রোজেন যুক্ত যোগ— একারণে 'ভারী' নাইট্রোজেন আইসোটোপ (^{15}N) যুক্ত কালচার মাধ্যমে বৃদ্ধিপ্রাপ্ত **E. Coli** গুলির DNA-র নাইট্রোজেনগুলি ক্রমশ ^{15}N নাইট্রোজেন-এ পরিণত হয়। এভাবে DNA-কে বিশেষ অণু দ্বারা চিহ্নিত করাকে DNA চিহ্নিতকরণ বলা হয়। ^{15}N মাধ্যমে বৃদ্ধিপ্রাপ্ত **E. Coli**-এর DNA-র ঘনত্ব (প্রতি একক আয়তনে ভর) স্বাভাবিক (^{14}N মাধ্যমে বৃদ্ধিপ্রাপ্ত) **E. Coli**-র DNA-র ঘনত্ব অপেক্ষা বেশী হয়। এই দু-প্রকার DNA-কে খুব সহজেই ইকুইলিব্রিয়াম ডেনসিটি গ্রাডিয়েন্ট সেন্ট্রিফিউগেশন পদ্ধতি দ্বারা পৃথক করা যায়। বিশেষ কয়েক প্রকার ভারী ধাতুর লবণ (heavy metal salt) যেমন সিজিয়াম ক্লোরাইড (CsCl), এর বিশেষ ঘনত্বের দ্রবণ অতি উচ্চ

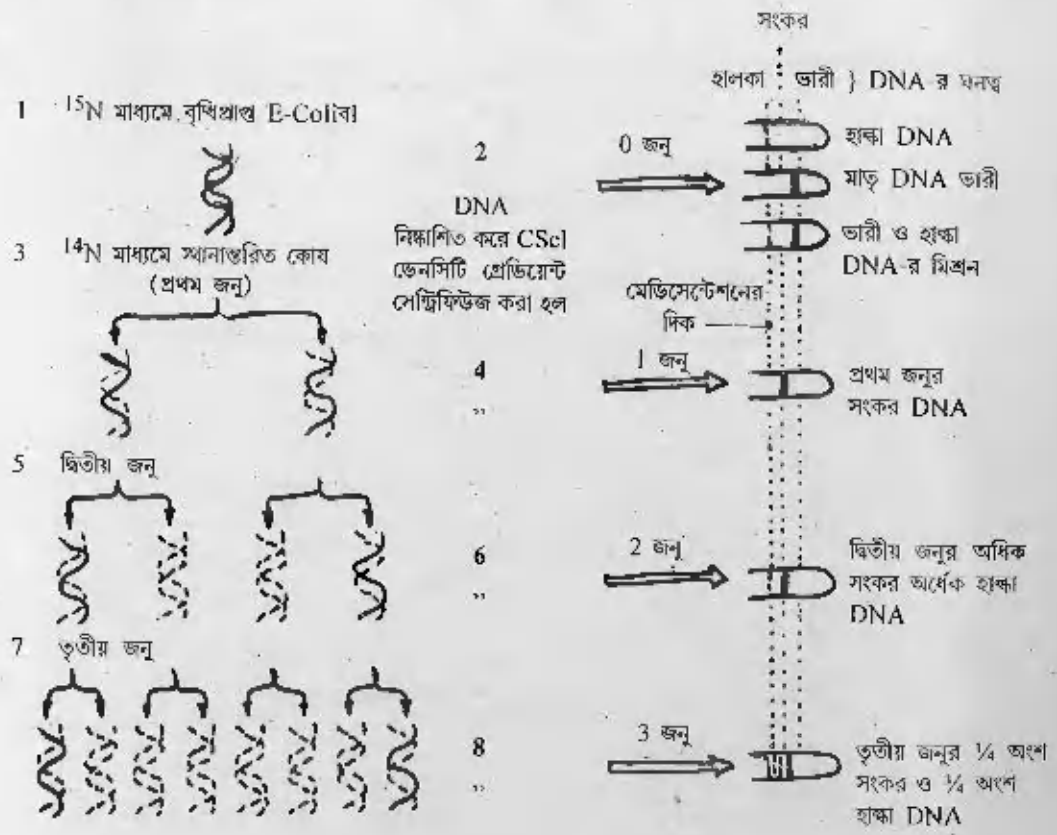
গতিতে বহুক্ষণ ধরে সেন্ট্রিফিউজ করলে সেন্ট্রিফিউজ টিউবে দ্রবণটির পতন (Sedimentation) ও ব্যাপনের (diffusion) একটি সাম্যাবস্থা (equilibrium) সৃষ্টি হয়, ফলে টিউবটির উপর থেকে ক্রমশ নীচের দিকে অধিকতর ঘনত্বের এটি রৈখিক ঘনত্ব নতি (linear gradient of increasing density) তৈরি হয়। টিউবটির উপরে দিকে সবচেয়ে কম ঘনত্বের ও তলদেশে সবচেয়ে বেশি ঘনত্বের দ্রবণ থাকে। এরকম ঘনত্বের নতি সমন্বিত টিউবে উপযুক্ত ঘনত্বের নমুনা দ্রবণের মিশ্রণের সেন্ট্রিফিউগেশন করলে নমুনা দ্রবণের ভিন্ন ঘনত্বের উপাদান নিজ নিজ ঘনত্বের সমান ঘনত্বযুক্ত অঞ্চলে লবণ দ্রবণের ঘনত্ব নতিতে জমা হয়। এভাবে বিভিন্ন ঘনত্বের দ্রবণ পৃথকীকৃত হয়। এই বিশেষ ধরনের সেন্ট্রিফিউগেশন পদ্ধতিকে ইকুইলিব্রিয়াম ডেনসিটি-গ্রেডিয়েন্ট সেন্ট্রিফিউগেশন বলে। প্রায় সমস্ত প্রকার DNA-র ঘনত্ব CsCl এর গাঢ় দ্রবণের ঘনত্বের প্রায় সমান। যেমন,



চিত্র 10.3 : ইকুইলিব্রিয়াম ডেনসিটি গ্রাডিয়েন্ট সেন্ট্রিফিউগেশন পদ্ধতি DNA পৃথকীকরণ

CsCl-এর 6M (6 মোলার) দ্রবণের ঘনত্ব 1.7 gm/ cm^3. E. Coli-র ^{14}N ও ^{15}N যুক্ত DNA-র ঘনত্ব যথাক্রমে 1.710 gm/Cm^3 ও 1.724 gm/ Cm^3. CsCl-এর 6M দ্রবণকে অতি উচ্চগতিতে (প্রতি মিনিটে 30,000 – 50,000 বার ঘূর্ণন; 30,000 – 50,000 r.p.m) বহুক্ষণ ধরে (48 – 72 ঘণ্টা) সেন্ট্রিফিউজ করলে টিউবে ঘনত্বের নতি সৃষ্টি হয়— টিউবের উপরে (top) ঘনত্ব হয় 1.65 gm/ Cm^3 ও তলদেশে (bottom) ঘনত্ব হয় 1.75 gm/Cm^3. ^{14}N ও ^{15}N যুক্ত DNA-র ঘনত্ব CSCl-এর ঘনত্ব নতির মধ্যে হওয়ায় ইকুইলিব্রিয়াম ডেনসিটি গ্রেডিয়েন্ট সেন্ট্রিফিউগেশন করলে দু'প্রকার DNA নিজ নিজ ঘনত্বের অঞ্চলে জমা হয়। সেন্ট্রিফিউজ টিউবে পৃথকীকৃত DNA, UV-ফটোগ্রাফি দ্বারা শনাক্ত করা যায়। DNA-র UV রশ্মি শোষণ করার ক্ষমতা আছে বলে সেন্ট্রিফিউজের যে স্থানে DNA থাকে ফটোগ্রাফি প্লেটে সেই স্থানে কালো ব্যান্ড (band) দেখা যায়। (চিত্র 10.3)

পরীক্ষাব্যবস্থায় মেসেল্‌সন ও স্থাল্ কিছু **E. Coli** কোষকে $^{15}NH_4Cl$ যুক্ত কালচার মাধ্যমে কয়েক জনু ধরে পালন করেন, এর ফলে সমস্ত **E. Coli** কোষের DNA ^{15}N 'ভারী' নাইট্রোজেন দ্বারা চিহ্নিত হয়ে যায়। ^{15}N চিহ্নিত ব্যাকটিরিয়াগুলিকে তাঁরা ^{14}N যুক্ত কালচার মাধ্যমে স্থানান্তরিত করেন। এর ফলে পরবর্তী



চিত্র 10.4 : মেসেলসন ও স্থালের পরীক্ষার চিত্ররূপ।

প্রজন্মের **E. Coli** গুলিতে নতুন যে DNA তৈরি হয় তাতে ^{14}N নাইট্রোজেন আইসোটোপ ('হাল্কা' নাইট্রোজেন) থাকে। তাঁরা **E. Coli** কোষগুলিকে ^{14}N কালচার মাধ্যমে পরপর কয়েকজন্ম ধরে পালন করেন। নির্দিষ্ট সময় পর পর তাঁরা কিছু কিছু **E. Coli** কোষ কালচার মাধ্যম থেকে তুলে নেন ও সেগুলির DNA নিষ্কাশন করে ইকুইলিব্রিয়াম ডেনসিটিগ্রেডিয়েন্ট সেন্ট্রিফিউগেশন দ্বারা সেগুলির ঘনত্ব তুলনা করেন। তাঁদের পরীক্ষার ফলাফল চিত্র 10.4-এ দেখানো হয়েছে।

^{14}N মাধ্যমে এক জন্ম বৃদ্ধিপ্রাপ্ত **E. Coli** থেকে নিষ্কাশিত DNA 'ভারী' DNA ($^{15}N/^{15}N$) ও 'হাল্কা' DNA ($^{14}N/^{14}N$)-র মধ্যবর্তী অঞ্চলে একটি সংকর (hybrid) ব্যান্ড তৈরি করে। এই ফলাফল প্রমাণ করে যে DNA রেপ্লিকেশন কনজারভেটিভ পদ্ধতিতে হয় না। যদি হত তবে দুটি ব্যান্ড পাওয়া যেত— একটি 'ভারী' DNA-র ($^{15}N/^{15}N$) (মাতৃ DNA) ও অন্যটি হাল্কা DNA-র ($^{14}N/^{14}N$) (অপত্য DNA)। কিন্তু এই ফলাফল সেমিকনজারভেটিভ বা ডিসপারসিভ রেপ্লিকেশনের সঙ্গে সামঞ্জস্যপূর্ণ।

দ্বিতীয় জন্মর **E. Coli** থেকে নিষ্কাশিত DNA দুটি সুস্পষ্ট পৃথক ব্যান্ড তৈরি করে— একটি 'সংকর' অঞ্চলে ($^{15}N/^{14}N$) ও অন্যটি 'হাল্কা' DNA অঞ্চলে ($^{14}N/^{14}N$)। তৃতীয় জন্মর **E. Coli** নিয়ে পরীক্ষা করেও তাঁরা একই ফলাফল পান। কেবলমাত্র 'হাল্কা' ($^{14}N/^{14}N$) অঞ্চলে ব্যান্ডটির ব্যাপ্তি বৃদ্ধি পায়। এই ফলাফল কেবলমাত্র DNA-র সেমিকনজারভেটিভ রেপ্লিকেশন হলেই সম্ভব। কারণ DNA রেপ্লিকেশন ডিসপারসিভ প্রকৃতিতে হলে প্রথম জন্মর পর থেকেই 'সংকর' $^{15}N/^{15}N$ DNA-র আনুপাতিক পরিমাণ কমতে থাকত এবং ওই ব্যান্ডটি ক্রমশ হাল্কা হতে হতে $^{14}N/^{14}N$ ব্যান্ড টি তৈরি হত — দুটি সুস্পষ্ট ব্যান্ড পাওয়া যেত না।

এইভাবে মেসেলসন ও স্থাল্ তাঁদের পরীক্ষার বিভিন্ন ধাপে পর্যায়ক্রমে কনজারভেটিভ ও ডিসপারসিভ রেপ্লিকেশনের সম্ভাবনা খারিজ করে ব্যাকটিরিয়ার রেপ্লিকেশন যে সেমিকনজারভেটিভ পদ্ধতিই হয়, সে সম্পর্কে সুনিশ্চিত প্রমাণ পেশ করেন।

10.3.2. ঃ ইউক্যারিওটিক কোষে সেমিকনজারভেটিভ রেপ্লিকেশনের প্রমাণ (Proof of semiconservative replication in eukaryotes)

মেসেলসন ও স্থালের পরীক্ষা প্রকাশিত হওয়ার আগের বছর 1957 খ্রিস্টাব্দে, টেলর (Taylor), উডস্ (Woods) ও হিউজেস (Hughes) নামে তিন বিজ্ঞানী ইউক্যারিওটিক কোষের ক্রোমোজোম ও যে সেমিকনজারভেটিভ পদ্ধতিতেই রেপ্লিকেশন করে সে সম্পর্কে প্রমাণ দেন।

টেলর এবং তাঁর সহযোগীগণ **Vicia fava** নামে একপ্রকার মটর গাছের (broad-bean) মূলাগ্রের কোষ (root-tip cells) নিয়ে পরীক্ষা করেন। পরীক্ষায় তাঁরা DNA-চিহ্নিতকরণ ও অটোরেডিওগ্রাফি (autoradiography) এই দুই পদ্ধতির সাহায্য নেন।

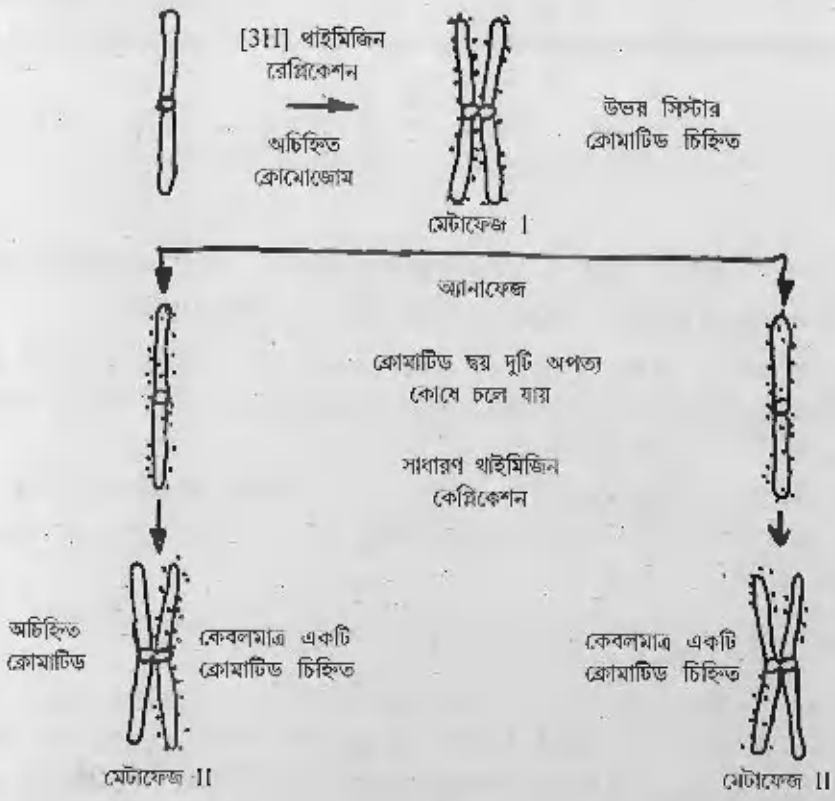
BOX 10.2 ঃ অটোরেডিওগ্রাফি (Autoradiography) ঃ

অটোরেডিওগ্রাফি হল কোষীয় বস্তুতে (Cytological preparations) তেজস্ক্রিয় (radioactive) আইসোটোপের উপস্থিতি নির্ধারণ ও চিহ্নিতকরণের পদ্ধতি। এই প্রক্রিয়ায় ক্ষীণ-শক্তির তেজস্ক্রিয় বিকিরণে সংবেদনশীল (sensitive to low-energy radiation) বিশেষ একপ্রকার ফটোগ্রাফিক ইমালসান্ (photographic emulision) যুক্ত প্লেট ব্যবহার করা হয়। তেজস্ক্রিয় আইসোটোপ থেকে তেজস্ক্রিয় রশ্মি বিকিরিত হয়।

এরকম আইসোটোপ যুক্ত কোন কোষীয় বস্তুর উপরে ফটোগ্রাফিক ইমালসান্‌টিকে অন্ধকারে ধরলে কেবলমাত্র তেজস্ক্রিয় রশ্মিতে এক্সপোজড্ (exposed) অঞ্চলগুলিতে রাসায়নিক বিক্রিয়া হয়। এই স্লাইডটিকে ফটোগ্রাফিক ফিল্মের মতো ডেভেলপ (develop) করলে বিক্রিয়ার স্থানগুলি ছোট ছোট কালো বিন্দুর মতো দেখায়। এই কালো বিন্দুগুলির উপস্থিতি ও বিস্তার দেখে কোন বস্তুতে তেজস্ক্রিয় আইসোটোপের উপস্থিতি বা বিস্তার সম্পর্কে ধারণা করা যায়।

টেলর এবং তাঁর সহযোগীগণ হাইড্রোজেনের তেজস্ক্রিয় আইসোটোপ বা ^3H যুক্ত থাইমিডিন নিউক্লিওটাইড বা [^3H] থাইমিডিন সমন্বিত কালচার মাধ্যমে **Vicia fava**-র মূলাগ্র প্রায় 8 ঘণ্টা ধরে কালচার করেন। এই সময়কাল ওই কোষের একটি কোষচক্র সম্পূর্ণ করতে যা সময় লাগে তার চেয়ে সামান্য কম।

এরপর তাঁর মূলাগ্র-গুলি তেজস্ক্রিয় মাধ্যম থেকে সরিয়ে নিয়ে ও উপযুক্ত ভাবে ধুয়ে সাধারণ অতেজস্ক্রিয় মাধ্যমে কালচার করেন। ওই কালচার মাধ্যমে তাঁরা কল্‌চিসিন্ (colchicine) নামক উপক্ষার যোগ করেন। কল্‌চিসিনের প্রভাবে কোষ বিভাজনের অ্যানাফেজ দশায় বেমতন্তু (spindle fibre) গঠন বন্ধ হয়ে যায়, ফলে কোষবিভাজন মেটাফেজ দশার পরে আর এগোতে পারে না। কল্‌চিসিন্ যোগ করার ফলে কোষে DNA (ক্রোমোজোমের)-র পরিমাণ দ্বিগুণ হলেও তারা পৃথক হতে পারে না। এভাবে প্রত্যেক কোষচক্রে দ্বিগুণ হয়ে যাওয়া ক্রোমোজোমে [^3H] থাইমিডিনে উপস্থিতি তাঁরা অটোরেডিওগ্রাফির মাধ্যমে পর্যবেক্ষণ করেন।



চিত্র 10.5 : টেলর ও সহযোগিগণের পরীক্ষার চিত্ররূপ।

টেলর ও তাঁর সহযোগীগণ পর্যবেক্ষণ করেন যে তেজস্ক্রিয় মাধ্যমে বৃদ্ধিপ্রাপ্ত কোষের প্রথম জনুতে দুটি সিস্টার ক্রোমাটিডেই তেজস্ক্রিয়তা দেখা যায়, কিন্তু পরবর্তী কালে অতেজস্ক্রিয় মাধ্যমে বৃদ্ধিপ্রাপ্ত কোষে (দ্বিতীয় জনুতে) তেজস্ক্রিয়তার পরিমাণ কমে যায় (DNA-র দুটি তন্ত্রের একটিতে তেজস্ক্রিয়তা দেখা যায়) । এই অবস্থায় কেবলমাত্র একটি ক্রোমাটিডে তেজস্ক্রিয়তা পরিলক্ষিত করেন। টেলর ও তাঁর সহযোগী গণের পরীক্ষা চিত্রের সাহায্যে দেখানো হল (চিত্র 10.5) ঃ

10.4 কোষের DNA রেপ্লিকেশন (Replication of DNA in E. Coli cell)

E. Coli কোষে একটিমাত্র দ্বিতন্ত্রী বলয়াকার (double stranded circular) DNA থাকে। সাধারণত DNA অণুটি কোষের মধ্যে অতিকুণ্ডলী (Supercoil) গঠন করে নিউক্লিওয়েড হিসাবে অবস্থান করে। কোষ বিভাজনের আগে এই DNA অণু দুটি অপত্য বলয়াকার DNA অণু রেপ্লিকশেনের মাধ্যমে তৈরি করে। আমরা আগেই জেনেছি যে রেপ্লিকেশন সেমিকনজার্ভেটিভ পদ্ধতিতে হয়ে থাকে। এছাড়াও সামগ্রিকভাবে কয়েকটি ধর্ম মেনে রেপ্লিকেশন সম্পন্ন হয়।

10.4.1. ঃ রেপ্লিকেশনের সাধারণ ধর্ম (General Properties of replication)

(a) DNA রেপ্লিকেশন পদ্ধতির মাধ্যমে কোষস্থ সকল DNA অণুরই সম্পূর্ণ ও হুবহু প্রতিলিপি তৈরি হয়। (আমরা পরে জানব যে, ট্রান্সক্রিপসন পদ্ধতিতে কেবলমাত্র পূর্বনির্ধারিত DNA অঞ্চল থেকেই RNA তৈরি হয়)।

(b) সাধারণভাবে ব্যাকটিরিয়া কোষে সর্বদা ও ইউক্যারিওটিক কোষে কোষচক্রের কেবলমাত্র S দশায় DNA রেপ্লিকেশন হয়ে থাকে।

(c) DNA দ্বিতন্ত্রের দুটি তন্ত্রই পৃথক হয়ে ছাঁচ (template) হিসাবে কাজ করে— পৃথকীকৃত দুটি তন্ত্রের বেস সজ্জার পরিপূরক বেস যুক্ত নিউক্লিওটাইড জোড়া লেগে নতুন দুটি DNA তন্ত্রই একত্রে গঠিত হয়।

(d) প্রত্যেকবার DNA রেপ্লিকেশন শুরু হয় DNA অণুর বিশেষ একটি/একাধিক অঞ্চল থেকে - যত্রতত্র নয়। এই বিশেষ স্থানটিকে বলে রেপ্লিকেশনের উৎসস্থল (origin of replication). E. Coli DNA-তে মাত্র একটি রেপ্লিকেশনের উৎসস্থল আছে যাকে, যাকে বলে oriC (অরি-সি) ইউক্যারিওটিক কোষের DNA-তে একাধিক রেপ্লিকেশন উৎসস্থল থাকে (**Drosophila** মাছির DNAতে প্রায় 3,500 রেপ্লিকেশন উৎসস্থল থাকে)।

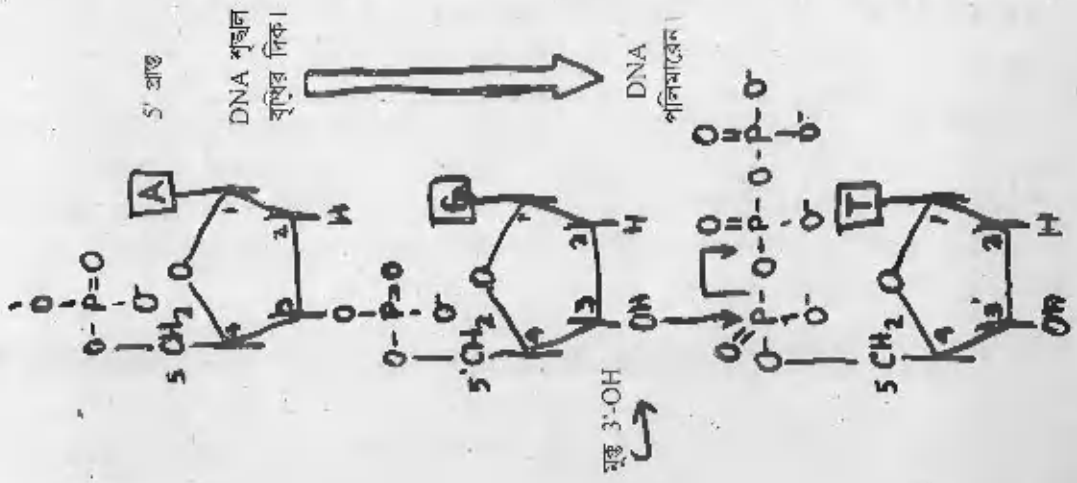
(e) DNA রেপ্লিকেশন প্রকৃতপক্ষে একটি পলিমারাইজেশন্ (polymerisation) বিক্রিয়া। এক্ষেত্রে DNA-র একক বা নিউক্লিওটাইডগুলি পরপর জোড়া লাগে। নতুন নিউক্লিওটাইড সর্বদা তার 5'– ফসফেট্ প্রান্তের মাধ্যমে আগের নিউক্লিওটাইডের 3'-OH প্রান্তের সঙ্গে যুক্ত হয়। অর্থাৎ প্রত্যেক বার পলিমারাইজেশন একটি করে নতুন 3'–OH প্রান্ত তৈরি করে। একারণে বলা হয় DNA রেপ্লিকেশন 5' → 3' অভিমুখে হয়ে থাকে (চিত্র 10.6)

(f) সামগ্রিকভাবে রেপ্লিকেশন একটি দ্বিমুখী প্রক্রিয়া (bidirectional process)। রেপ্লিকেশন উৎসস্থল থেকে নিউক্লিওটাইড সংযোজন শুরু হয়ে উভয়দিকে রেপ্লিকেশন চলতে থাকে।

(g) রেপ্লিকেশনের উৎসস্থলের মতো রেপ্লিকেশনের সমাপ্তিও নির্দিষ্ট অঞ্চলে হয়ে থাকে।

(h) রেপ্লিকেশনের মূল বিক্রিয়া বা পলিমারাইজেশন্ DNA পলিমারেজ (DNA Polymerase) নামক উৎসেচক দ্বারা সংঘটিত হয়। এছাড়াও অনেকগুলি উৎসেচক ও প্রোটিন ফ্যাক্টর রেপ্লিকেশনের কাজে ব্যবহৃত হয়।

(i) আমরা আগেই জেনেছি যে নির্ভুলতা (fidelity) রেপ্লিকেশন প্রক্রিয়ার একটি অন্যতম বৈশিষ্ট্য বিভিন্ন DNA পলিমারেজগুলি মূলতঃ এই নির্ভুলতা প্রদান করে।



চিত্র 10.6 : 5' → 3' অভিমুখে DNA-র বৃদ্ধি

10.4.2. ঃ DNA রেপ্লিকেশনের জন্য প্রয়োজনীয় উপকরণসমূহ (Components required for DNA replication)

রেপ্লিকেশনের পদ্ধতি সম্পর্কে বিস্তারিতভাবে জানার আগে রেপ্লিকেশনের জন্য অত প্রয়োজনীয় উপকরণগুলি সম্পর্কে সাধারণ ধারণা করা প্রয়োজন। এগুলি হল ঃ

(a) ছাঁচ DNA (template DNA) ছাঁচ DNA-টির বেস সজ্জার উপর নির্ভর করেই অপত্য পরিপূরক DNA তন্তুটি তৈরি হয়।

(b) চারপ্রকার নিউক্লিওসাইড ট্রাইফসফেট (all four d NTPs) – d ATP, d GTP, d CTP ও d TTP কোষের মধ্যে মজুত থাকে। যেকোনো একটি না থাকলেই DNA রেপ্লিকেশন হয় না। এই চারপ্রকার নিউক্লিওসাইড ট্রাইফসফেট কোষীয় মজুত থেকে সংগৃহীত হয় ও রেপ্লিকেশনের সময় পর পর জোড়া লেগে বহু নিউক্লিওটাইড শৃঙ্খল তৈরি করে। এছাড়াও এগুলি রেপ্লিকেশন প্রক্রিয়ায় শক্তির উৎস হিসাবে কাজ করে।

(c) ম্যাগনেশিয়াম আয়ন (Mg^{2+})।

(d) উৎসস্থল (Origin) — মাতৃ DNA-টির মধ্যে সুনির্দিষ্ট বেস-সজ্জা বা রেপ্লিকেশন উৎসস্থল রেপ্লিকেশন শুরুর জন্য একান্ত প্রয়োজনীয়।

(e) বিভিন্ন প্রোটিন ফ্যাক্টরসমূহ (protein factors)

(i) Dna A, Dna B, Dna C প্রোটিনসমূহ — এই প্রোটিনগুলি রেপ্লিকেশন উৎসস্থলটি চিহ্নিত করে ও মাতৃ DNA তন্ত্রীর দুটি তন্ত্রীকে পৃথক করার কাজে লাগে।

(ii) SSB (Single – Strand binding) প্রোটিন — মাতৃ DNA দ্বিতন্ত্রের পৃথকীকৃত দুটি তন্ত্রীকে পুনরায় সংযুক্ত হয়ে দ্বিতন্ত্রী গঠন করতে বাধা দেয়।

(iii) Tus প্রোটিন — DNA রেপ্লিকেশনের প্রান্তিক (terminal) দশায় রেপ্লিকেশন শেষ করতে প্রয়োজনীয়।

(f) বিভিন্ন উৎসেচকসমূহ (enzymes) — DNA রেপ্লিকেশনে অন্তত 30 রকম উৎসেচক অংশগ্রহণ করে। তারমধ্যে অতি প্রয়োজনীয় উৎসেচকগুলি সম্পর্কে তাদের কাযের ক্রমানুসারে বর্ণনা করা হল—

(i) DNA হেলিকেজ (DNA helicases) :

- এই জাতীয় উৎসচেকগুলি ATP-র শক্তির সহায়তায় DNA দ্বিতন্ত্রীর দুটি তন্ত্রীকে পৃথক করে।
- E. Coli কোষে মূলত Dna B প্রোটিন (dna B জিন থেকে প্রাপ্ত)টি DNA হেলিকেজ হিসাবে কাজ করে।
- এই উৎসেচক DNA দ্বিতন্ত্রের পরিপূরক বেস-জোড়ের সংযোগরক্ষাকারী হাইড্রোজেন বন্ধনীটি ভেঙে দেয়।
- প্রতি E. Coli কোষে এই উৎসেচকের প্রায় 20 টি কপি থাকে।।

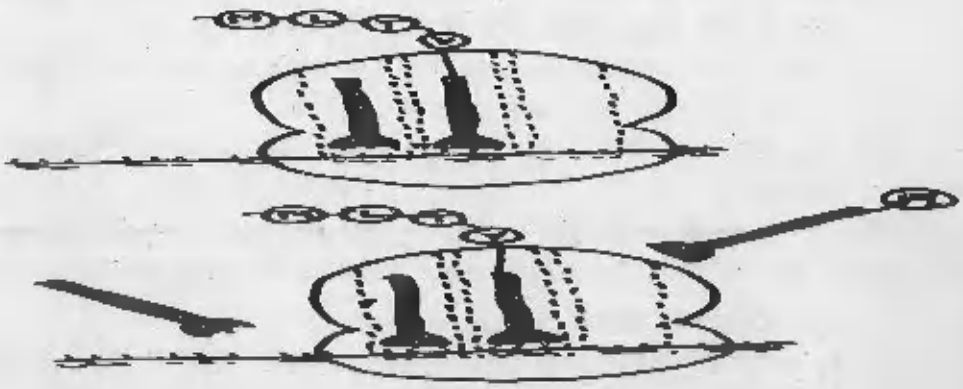
(ii) DNA টোপোআইসোমারেজ (DNA topoisomerase)

- DNA হেলিকেজগুলি DNA দ্বিতন্ত্রীকে খানিকটা খুলে দিলে DNA-র প্যাঁচানো অংশে অতিকুণ্ডলী চাপ (Supercoiling force) সৃষ্টি হয়, এর ফলে DNA অণুর গঠনগত পরিবর্তন হয়। এই চাপ রেপ্লিকেশন চলার পথে বাধা সৃষ্টি করে। তারজন্য একধরনের উৎসেচক এক বিশেষ প্রক্রিয়ায়— যাকে বলে স্যুইভেল (Swivel), এই চাপ থেকে DNAকে মুক্ত করে। এই উৎসেচকগুলিকে DNA টোপোআইসোমারেজ বলে।
- এই উৎসেচকগুলি DNA-র অণুতে সাময়িকভাবে একটি তন্ত্রী বা দুটি তন্ত্রী কাটা স্থান (break) সৃষ্টি করে ও অতিকুণ্ডলী চাপ মুক্ত করেই আবার কাটা স্থান জুড়ে দেয়। এইভাবে DNA-র অতিকুণ্ডলী গঠন বা টোপোলজি (topology) পরিবর্তন করতে পারে বলেই এই উৎসেচকগুলির নাম DNA টোপোআইসোমারেজ।
- E. Coli কোষে সাধারণত দু'ধরণের টোপোআইসোমারেজ পাওয়া যায়—

  টাইপ I টোপোআইসোমারেজ : এই ধরনের উৎসেচক DNA দ্বিতন্ত্রের একটি তন্ত্রীতে ভাঙন (break) সৃষ্টি করে ও অন্য তন্ত্রীটি ফাঁক দিয়ে গলিয়ে দিয়ে DNA-র চাপ (Stress) মুক্ত করে। পরে আবার ভাঙনটি জুড়ে দেয়।

  টাইপ II টোপোআইসোমারেজ : এই ধরনের উৎসেচক DNA দ্বিতন্ত্রের দুটি তন্ত্রীই ভাঙন সৃষ্টি করে এবং সৃষ্ট 'গেট দিয়ে দ্বিতন্ত্রের অন্য অংশটি গলিয়ে দিয়ে কাটা অংশ পুনরায় জুড়ে দেয়।

  E. Coli-র DNA গাইরেজ (gyrase) উৎসেচক টাইপ II টোপোআইসোমারেজের উদাহরণ।



চিত্র : 10.7 : দু-প্রকার DNA টোপোআইসোমারেজের কার্যকারিতা

(iii) **প্রাইমেজ (Primase) :**

- DNA - পলিমারেজ উৎসেচকগুলির কোনটিই নতুন DNA শৃঙ্খল সৃষ্টি শুরু করতে পারে না— তাদের কাজের জন্য একটি মুক্ত 3'-OH প্রান্ত অত্যাবশ্যক। এজন্য DNA-রেপ্লিকেশন (পলিমারাইজেশন) শুরুর আগে একটি ছোটো (1–60 নিউক্লিওটাইড লম্বা) RNA খণ্ডক সৃষ্টি হয় যা মুক্ত 3'–OH প্রান্ত প্রদান করে। এই RNA খণ্ডককে প্রাইমার বা iRNA বলে।
- প্রাইমারটি ছাঁচ DNA তন্ত্রীর একটি বিশেষ অংশের পরিপূরক হিসাবে তৈরি হয় ও DNA-পলিমারেজ উৎসেচককে অতি প্রয়োজনীয় মুক্ত 3'–OH প্রান্ত প্রদান করে।
- প্রাইমার তৈরি করার জন্য প্রয়োজনীয় উৎসেচকটিকে প্রাইমেজ বলে— এটি প্রকৃতপক্ষে এক বিশেষপ্রকার RNA পলিমারেজ।
- **E. Coli** কোষে প্রায় 50টি প্রাইমেজ অণু থাকে ও Dna G জিন দ্বারা এই উৎসেচকটি এনকোডেড (encoded) হয়।

(iv) **DNA পলিমারেজ (DNA polymerase) :**

- এই উৎসেচকগুলি রেপ্লিকেশনের মূল উৎসেচক। ছাঁচ তন্ত্রীর বেস-সজ্জার উপর ভিত্তি করে পরিপূরক বেস-যুক্ত নিউক্লিওটাইড পলিমারাইজেশন করা এগুলির মূল কাজ।
- **E. Coli** কোষে অন্তত পাঁচ রকমের DNA পলিমারেজ থাকে। এগুলি হল — DNA পলিমারেজ I (DNA pol I), DNA পলিমারেজ II (DNA pol II), DNA পলিমারেজ III (DNA pol III), DNA পলিমারেজ IV (DNA pol IV) ও DNA পলিমারেজ V (DNA pol V) ইত্যাদি।
- এই উৎসেচকগুলির কয়েকটি সাধারণ ধর্ম আছে—

  (a) প্রত্যেকটির পলিমারাইজেশন করার জন্য একটি একতন্ত্রী ছাঁচ DNA (Single-strande

DNA template) প্রয়োজন।

(b) প্রতিটিই 5' → 3' অভিমুখে পলিমারাইজেশন ঘটায়।

বর্ধিষ্ণু নিউক্লিওটাইড শৃঙ্খলে একটির পর একটি নিউক্লিওটাইড মুক্ত 3'–OH প্রান্তে যোগ করে।

(c) প্রতিটি DNA পলিমারেজই DNA সংশ্লেষ শুরু করতে (**de novo** strand synthesis) অক্ষম। তাদের অবশ্যই একটি প্রাইমার প্রয়োজন।

(d) প্রতিটিরই 3' → 5' অভিমুখে এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্ষমতা (exonuclease activity) আছে। এই ক্ষমতার বলে তারা DNA শৃঙ্খলের 3' প্রান্ত থেকে নিউক্লিওটাইড খুলে দিতে পারে। ভুলক্রমে কোনো অনুপযুক্ত নিউক্লিওটাইড যুক্ত হয়ে গেলে পলিমারেজটি পরের নিউক্লিওটাইড জোড়ার আগে পিছিয়ে এসে (3' → 5' অভিমুখে) ভুল নিউক্লিওটাইডটি খুলে দেয় ও সঠিক নিউক্লিওটাইড সংযোজন করে। এই কার্যকারিতাকে প্রুফরিডিং (proofreding) বলা হয়। DNA পলিমারেজের এই ক্ষমতার জন্য রেপ্লিকেশনের নির্ভুলতা বজায় থাকে।

এছাড়াও বিভিন্ন DNA পলিমারেজের কিছু কিছু নিজস্ব ধর্ম আছে।

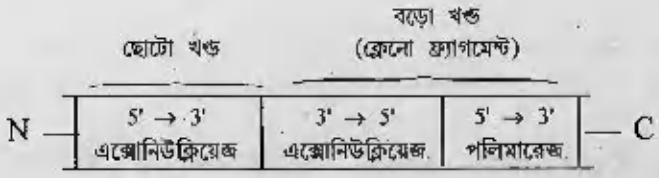
E. Coli তে অন্তত পাঁচ রকম পলিমারেজের কথা জানা গেলেও রেপ্লিকেশনের কাজে মূলত DNA pol I ও DNA pol III ব্যবহৃত হয়। অন্য পলিমারেজগুলি সাধারণত DNA রিপেয়ারের কাজে লাগে।

DNA pol I :—

DNA পলিমারেজগুলির মধ্যে এটিই সর্বপ্রথম আবিষ্কৃত হয়েছে। সবথেকে বেশি তথ্যও এটি সম্পর্কে পাওয়া যায়। আবিষ্কর্তার (Arthur Kornberg, 1957) নাম অনুসারে এই উৎসেচকটিকে কর্নবার্গের উৎসেচক (Kornberg enzyme) ও বলা হয়। **E-coli** জিনোমের pol A জিন থেকে এই উৎসেচকটি তৈরি হয়। **E-coli** কোষে প্রায় 300 টি DNA pol I অণু থাকে।

DNA pol I এর একটি বিশেষ ধর্মের জন্য এই উৎসেচকটি অন্যান্য DNA পলিমারেজের থেকে আলাদা। অন্য সব উৎসেচকের মতো 5' → 3' অভিমুখে DNA সংশ্লেষও 3' → 5' অভিমুখে এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্ষমতা ছাড়াও একমাত্র এই উৎসেচকেরই 5' → 3' অভিমুখে এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্ষমতা আছে। এই ক্ষমতার দ্বারাই DNA pol I প্রাইমার ছাঁটাই করতে পারে। আবার এই স্থানে 5' → 3' অভিমুখে DNA সংশ্লেষও DNA pol I করে দেয়।

DNA pol I এর তিনটি পৃথক কার্যকারিতা এই উৎসেচকের তিনটি পৃথক অংশ দ্বারা পরিচালিত হয়। প্রোটিয়েজ (protease) উৎসেচক দ্বারা এই উৎসেচককে দুটি অংশে ভাগ করা যায়। ছোট অংশটি 5'→3'



চিত্র : 10.8 : DNA pol I এর বিভিন্ন কার্যকারিতা

এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্ষমতা দেখায়। বড় অংশটি, যাকে ক্লেনো ফ্র্যাগমেন্ট (Klenow fragment) বলে, 5'→3' পলিমারেজ ও 3'→5' এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্ষমতাধারী। (চিত্র 10.8)।

এই তিন ধরনের ভিন্ন ভিন্ন কার্যকারিতার জন্য DNA pol I কে বহুমুখী কার্যকারীতা (versetile activity) সম্পন্ন উৎসেচক বলা হয়।

DNA pol III :

এই পলিমারেজটিই E. Coli-র বেশির ভাগ DNA সংশ্লেষ করে। এটির গঠনগত বৈচিত্র্যই রেপ্লিকেশন পথতিকে গতিশীল ও নির্ভুল করেছে।

এই পলিমারেজ আকারে বৃহৎ ও জটিল গঠন সম্পন্ন।

10 রকম ভিন্ন ভিন্ন প্রোটিন উপত্রকক দ্বারা এই উৎসেচকটি (হলোএনজাইম) তৈরি। বিভিন্ন উপএকক ও তাদের কাজ নিম্নরূপ ঃ-

উপত্রকক	প্রতি হলোএনজাইমে উপত্রককের সংখ্যা	কাজ	
α (আলফা)	2	পলিমারাইজেশন (5' → 3')	কোর (মূল) পলিমারেজ
ε (এপসিলন্)	2	3' → 5' এক্সোনিউক্লিয়েজ (প্রুফরিডিং)	
θ (থিটা)	2	জানা যায়নি	
τ (টাও)	2	ছাঁচের সঙ্গে স্থায়ী বাঁধন সৃষ্টি ও কোর পলিমারেজ ডাইমারাইজেশন।	
γ (গামা)	2	ক্ল্যাম্প-লোডিং কমপ্লেক্স (Clamp-loading complex) যা ল্যাগিং স্ট্রান্ড-এ প্রতি ওকাজাকি খণ্ডকে β-উপএকক নির্মিত ক্ল্যাম্প লোড করে	
δ (ডেল্টা)	1		
δ′ (ডেল্টা-প্রাইম)	1		
χ (কাই)	1		
ψ (সাই)	1		
β (বিটা)	4	ক্ল্যাম্প তৈরি। দুটি ছাঁচ তন্ত্রে আলাদা আলাদা ক্ল্যাম্পের (β-ডাইমার দ্বারা নির্মিত) সাহায্যে DNA pol III উৎসেচকটি লেগে থাকে। লিডিং স্ট্যান্ডে তৈরি ক্ল্যাম্প DNA সংশ্লেষ শেষ না হওয়া পর্যন্ত খোলে না কিন্তু ল্যাগিং স্ট্র্যান্ডে প্রত্যেক ওকাজাকি খণ্ড তৈরির শেষে ক্ল্যাম্প খুলে নতুন প্যাঁচ তৈরি সহজ করে দেয়।	

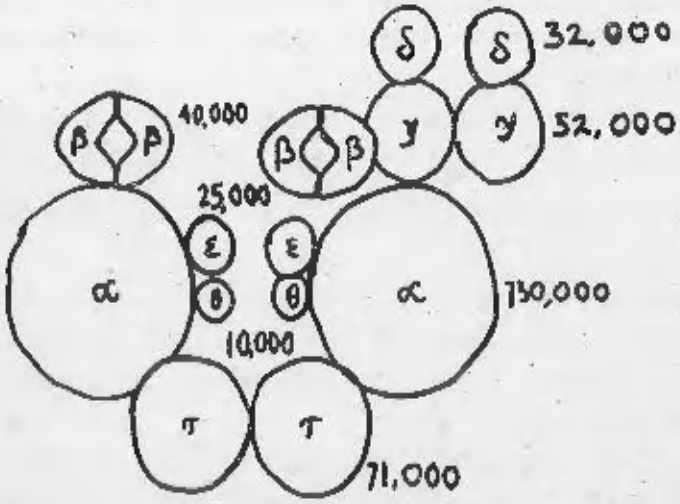
DNA pol III প্রতি সেকেন্ড প্রায় 250 – 1000 নিউক্লিওটাইড নির্ভুলভাবে সংযোজন করতে পারে। এজন্য এই উৎসেচকটিকে উচ্চ গতিশীল কার্যকারিতা সম্পন্ন (highly processive) বলা হয়।

10.4.3. ঃ E. Coli কোষে DNA রেপ্লিকেশনের ঘটনাবলী

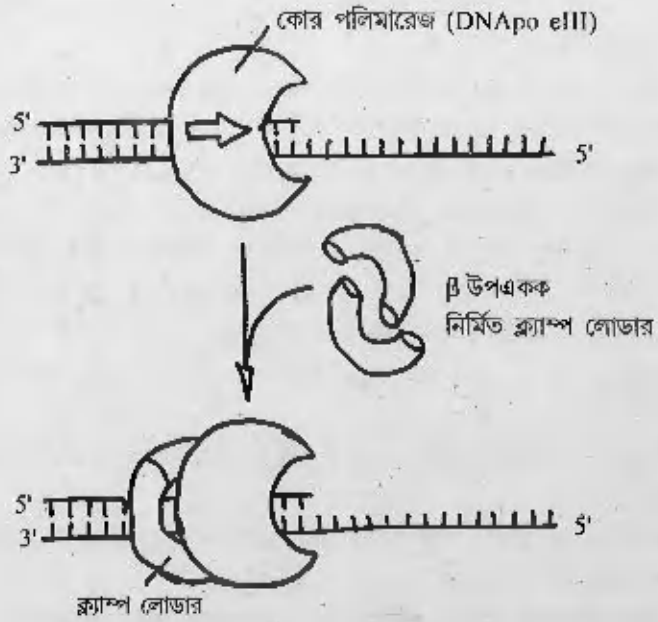
E. Coli-র রেপ্লিকেশন পথতিটিকে তিনটি পর্যায়ে বিভক্ত করা যায়— প্রারম্ভিক (initiatian) দশা, বৃদ্ধি (elongation) দশা ও অন্তিম (termination) দশা।

প্রারম্ভিক দশা (Initiation Phase) :

(i) **E. Coli**-র রেপ্লিকেশন উৎসগুলিকে বলে **oriC**. প্রতিটি **E. Coli** কোষে মাত্র 1 টি করে **oriC** অঞ্চল থাকে।



চিত্র 10.9 : DNA pol III উৎসোচকের উপ একক সমূহ সংখ্যাগুলি উপ এককগুলির আণবিক ভার



চিত্র 10.10 : ক্ল্যাম্প লোডার ও কোর পলিমারেজ (DNA pol III)

(ii) **oriC** অঞ্চল প্রকৃতপক্ষে **E. Coli** জিনোমের মধ্যে 245 বেস-জোড় (tase-pair বা bp) সমন্বিত একটি বিশেষ বেস-সজ্জা (Sequence)। এই অঞ্চলের বেস-সজ্জার বৈশিষ্ট্য-র জন্য রেপ্লিকেশনের প্রারম্ভিক দশার বিভিন্ন উৎসেচক ও প্রোটিনগুলি এই স্থানেই রেপ্লিকেশনের সূচনা করে।

(iii) **oriC** অঞ্চলে দুটি ছোট পুনরাবৃত্তি অঞ্চল (Short repeat motif) থাকে। একটি পুনরাবৃত্তি অঞ্চল 9টি বেস জোড়সমন্বিত—এটিকে বলা হয় 9 মারস (9 - meres) অন্য পুনরাবৃত্তি অঞ্চলটি 13টি বেস-জোড় সমন্বিত— বলা হয় 13 মারস্।

(iv) **oriC** অঞ্চলে তিন কপি 13 মারস্ (বেস সজ্জা 5' – GATCTNTTNTTTT – 3', N = যে কোন নিউক্লিওটাইড) এবং 5 কপি 9 মারস্ (বেস সজ্জা 5' – TT$\frac{A}{T}$T$\frac{A}{C}$CA$\frac{A}{C}$A – 3') থাকে।

(v) 13 মারস্ অঞ্চলগুলি **oriC**-র একপ্রান্তে পরপর সজ্জিত থাকে, কিন্তু 9 মারস্ অঞ্চলগুলি **oriC** অঞ্চলে ছড়ানো থাকে।

(vi) Dna A প্রোটিন 9 মারস্ অঞ্চলগুলিকে চিহ্নিত করতে পারে ও সেগুলির সঙ্গে বন্ধন তৈরী করতে পারে। প্রায় 30 টি Dna A প্রোটিন একক একটি কোর (core) তৈরী করে, যাকে বেষ্টন করে 4টি 9-মারস্ অঞ্চল ঋণাত্মক অতিকুণ্ডলী তৈরি করে থাকে। DNA বক্রীকরণ (bending) করতে হিস্টোনের মতো HU বা IHC প্রোটিন সাহায্য করে।

(vii) Dna A প্রোটিনগুলি **oriC**-র 'বাম' প্রান্তের তিনটি 13 মারস্‌কে পর্যায়ক্রমে গলিয়ে দেয় (melt)। এটি একটি ATP-নির্ভর পদ্ধতি। 13-মারস্‌গুলি গলে গিয়ে একটি উন্মুক্ত কমপ্লেক্স (open complex) তৈরি করে।

(viii) Dna A প্রোটিন এরপর দুটি Dna B_6, Dna C_6 প্রোটিন কমপ্লেক্সকে উন্মুক্ত কমপ্লেক্সের দুই প্রান্তে বসতে সাহায্য করে— এভাবে প্রাক্-প্রাইমিং কমপ্লেক্স (pre-priming complex) তৈরি হয়। কিছু পরে Dna C প্রোটিনগুলি খুলে বেরিয়ে যায়। (চিত্র 10.11)

(ix) DNA হেলিকেজ (Dna B প্রোটিন) উৎসেচক SSB প্রোটিন ও DNA গাইরেজ উৎসেচকের উপস্থিতিতে DNA দ্বিতন্ত্রীকে আরও উন্মুক্ত করে। প্রাক্-প্রাইমিং কমপ্লেক্সের উভয় দিকেই DNA দ্বিতন্ত্রী খানিকটা করে খুলে গিয়ে প্রাইমেজ উৎসেচকটিকে প্রবেশ করার সুযোগ করে দেয়। এইভাবে **oriC** অঞ্চলের দু-দিকে দুটি 'y'-আকৃতির রেপ্লিকেশন ফর্ক (replication fork) উৎপন্ন হয়।

(x) DNA সংলগ্ন হেলিকেজ, প্রাইমেজ ইত্যাদি উৎসেচক ও আরও অন্যান্য পলিপেপটাইড (প্রায় 20টি) -এর জটিল প্রোটিন সমন্বয়কে প্রাইমোজোম (primosome) বলা হয়। এই প্রোটিন ও উৎসেচকগুলি সম্মিলিত ভাবে DNA তৈরির বিক্রিয়া সংঘটিত করতে সক্রিয়তা লাভ করে।

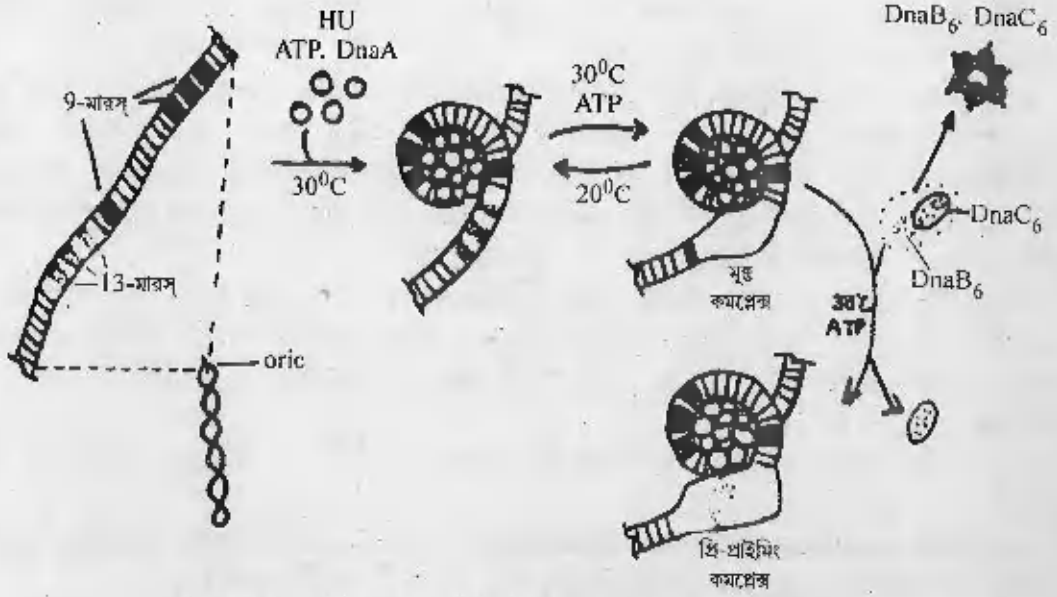
SSB প্রোটিনগুলি চতুষ্টয় (tetramer) তৈরি করে কেবলমাত্র (specifically) এক-তন্ত্রী DNA-র সঙ্গে যুক্ত হয়ে সেগুলিকে সুস্থিত (Stabilize) করে।

DNA গাইরেজ উৎসেচক 'স্যুইভেল' ক্রিয়ার মাধ্যমে অতিকুণ্ডলীজনিত ঘূর্ণন চাপ (torsional stress) থেকে DNA-কে মুক্ত করে।

প্রাইমেজ উৎসেচক দুটি অপত্য DNA তন্ত্রী তৈরির জন্যই প্রয়োজনীয় RNA প্রাইমার তৈরি করে। প্রাইমারটিকে ইনিশিয়েটর RNA বা iRNAও বলা হয়।

(xi) এইভাবে সৃষ্ট প্রাইমারটি DNA পলিমারেজ উৎসেচককে অতি প্রয়োজনীয় মুক্ত 3' – OH প্রান্ত প্রদান করে এবং পলিমারেজ উৎসেচক নিউক্লিওটাইড সংযোজনের মাধ্যমে DNA সংশ্লেষ শুরু করে। মূলতঃ

DNA পলিমারেজ III (DNA pol III) উৎসেচকটি মাতৃ DNA-র উপর চলতে চলতে রেপ্লিকেশন করতে থাকে।



চিত্র 10.11 : Oric অঞ্চলে E. Coli DNA রেপ্লিকেশনের সূচনার মডেল।

(xii) প্রাইমোজোম কমপ্লেক্স ও DNA pol III উৎসেচক একত্রে চলতে চলতে নতুন অংশে DNA-দ্বিতন্ত্রীকে খুলে সেখানে অপত্য DNA তৈরি করতে করতে এগোতে থাকে। এই দু-প্রকার উৎসেচক সমষ্টিকে একত্রে রেপ্লিজোম (replisome) বলা হয়।

oriC অঞ্চলে DNA-র দুটি তন্ত্র খুলে গিয়ে দুপাশে দুটি রেপ্লিকেশন ফর্ক সৃষ্টি হয়। সামগ্রিকভাবে DNA-র এই অঞ্চলটি স্ফীত বুদবুদের মতো দেখায় — একে বলে রেপ্লিকেশন বুদবুদ (replication bubble)। বৃদ্ধি দশায় ক্রমান্বয়ে রেপ্লিকেশন ফর্ক বরাবর DNA তন্তু খুলতে থাকে ও টেমপ্লেট তন্তুর উপর সংশ্লেষ চলে। রেপ্লিকেশন যত অগ্রসর হয় বুদবুদের চেহারা তত বাড়তে থাকে।

বৃদ্ধি দশা (elongation phase) :

আমরা আগেই জেনেছি যে DNA রেপ্লিকেশন একটি দ্বিমুখী প্রক্রিয়া। রেপ্লিকেশন বুদবুদের উভয়প্রান্তের রেপ্লিকেশন ফর্কেই একসঙ্গে DNA সংশ্লেষ চলতে থাকে। প্রতিটি রেপ্লিকেশন ফর্কে আবার দুটি মাতৃ DNA তন্ত্রী থাকে— যারা পরস্পর প্রতি-সমান্তরাল (anti-parallel) রেপ্লিজোম উৎসেচক সমষ্টি রেপ্লিকেশন ফর্ক বরাবর অগ্রসর হতে হতে উভয় DNA তন্ত্রীকেই ছাঁচ হিসাবে ব্যবহার করে পরিপূরক অপত্য DNA তন্ত্রী সংশ্লেষ করে। কিন্তু আমরা এ-ও জেনেছি যে DNA সংশ্লেষ কেবলমাত্র 5' – 3' অভিমুখে হতে পারে। একারণে রেপ্লিকেশন ফর্কে যে মাতৃ (ছাঁচ) তন্ত্রীটির অভিমুখ 3' – 5' সেটির প্রতি সমান্তরাল অপত্য তন্ত্রীটি রেপ্লিজোমের গতির অভিমুখে সহজেই অবিরাম ধারায় (continuous fashion) DNA সংশ্লেষ হতে পারে— এই অপত্য তন্ত্রীটিকে লিডিং স্ট্র্যান্ড (leading strand) বলা হয়। কিন্তু অপর তন্ত্রীটিতে (রেপ্লিকেশন ফর্কে রেপ্লিজোমের গতির সাপেক্ষে যেটির অভিমুখ 5' – 3') এভাবে DNA সংশ্লেষ হতে পারে না, এক্ষেত্রে বিরাম

বা ছেদ সহযোগে (discontinuous fashion) DNA সংশ্লেষ হয় বলে এই তন্ত্রীটিকে ল্যাগিং স্ট্র্যান্ড (lagging strand) বলা হয়। DNA সংশ্লেষ একাধারে অবিরাম ধারায় (লিডিংস্ট্র্যান্ড-এর ক্ষেত্রে) ও বিরাম বা ছেদ সহযোগে (ল্যাগিং স্ট্র্যান্ড-এর ক্ষেত্রে) চলতে থাকে বলে রেপ্লিকেশন পদ্ধতিটিকে সেমি ডিসকনটিনিউআস পদ্ধতি (semidiscontinuous process) ও বলা হয়।

(i) DNA pol III উৎসেচকের বিশেষ বৈশিষ্ট্যের জন্যই এভাবে DNA সংশ্লেষ সম্ভব হয়। DNA pol III উৎসেচক ডাইমার (dimer)-এ দুটি বিক্রিয়াশীল (catalytic) অঞ্চল আছে। একটি বিক্রিয়াশীল অঞ্চল রেপ্লিকেশনের শুরু থেকে শেষ পর্যন্ত মাতৃ (ছাঁচ) DNA তন্ত্রীকে ধরে থেকে লিডিং স্ট্র্যান্ডটি সংশ্লেষ করে। অপরদিকে অন্য ছাঁচ তন্ত্রীটি (ল্যাগিং স্ট্র্যান্ড-এর ছাঁচ তন্ত্রী) পলিমারজের উপর একটি প্যাঁচ (loop) তৈরি করে পলিমারেজের গতির অভিমুখের সাপেক্ষে নিজের অভিমুখ 3' – 5' করে নেয়।

(ii) ল্যাগিং স্ট্র্যান্ড এ প্রায় 1000 নিউক্লিওটাইড সংযোজনের পর পলিমারেজটি প্যাঁচানো ছাঁচ তন্ত্রীটি ছেড়ে দেয় এবং আবার একটি নতুন প্যাঁচ সৃষ্টি হয়। এইভাবে প্রতি প্যাঁচে আলাদা আলাদাভাবে DNA সংশ্লেষের রাসায়নিক অভিমুখ (chemical direction) 5' – 3' হলেও, সামগ্রিকভাবে ল্যাগিংস্ট্র্যান্ডটি 3' – 5' অভিমুখেই খণ্ডে খণ্ডে বৃদ্ধি পায়। (চিত্র 10.12)

(iii) ল্যাগিংস্ট্র্যান্ড-এর খণ্ডগুলিকে আবিষ্কর্তার নাম অনুসারে ওকাজাকি খণ্ড (okazaki fragment) বলা হয়।

(iv) প্রতিটি ওকাজাকি খণ্ড তৈরির শুরুতে প্রাইমেজ উৎসেচক প্রাইমার তৈরি করে। অর্থাৎ লিডিংস্ট্র্যান্ড সংশ্লেষে একবার মাত্র প্রাইমার-এর প্রয়োজন হলেও ল্যাগিংস্ট্র্যান্ড-এ বার বার প্রাইমার তৈরি হয়।

(v) ল্যাগিংস্ট্র্যান্ড-এ দুটি ওকাজাকি খণ্ডকের মধ্যবর্তী ফাঁক DNA পলিমারেজ I (DNA pol I) উৎসেচক নতুন নিউক্লিওটাইড সংযোজনের মাধ্যমে ভরাট করে দেয়।

(vi) DNA pol I উৎসেচক তার বিশেষ ক্ষমতা 5' – 3' এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্ষমতার মাধ্যমে RNA নির্মিত প্রাইমারগুলিকে সরিয়ে দেয় ও সেই স্থানে উপযুক্ত DNA সংশ্লেষ করে। DNA pol III এই কাজ করতে পারে না, কারণ তার 5' – 3' এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্ষমতা নেই।

(vii) সবশেষে DNA লাইগেজ (DNA ligase) DNA খণ্ডগুলিকে জুড়ে দেয়।

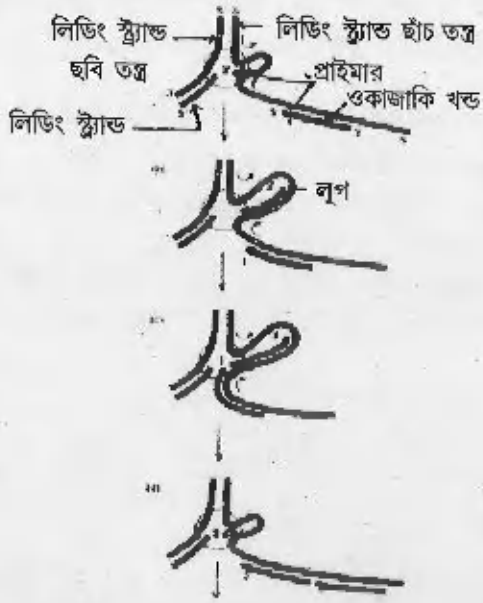
অন্তিম দশা (Termination phase) ঃ

(i) **oriC** অঞ্চলের ঠিক বিপরীত দিকে সুনির্দিষ্ট অঞ্চলে DNA রেপ্লিকেশন শেষ হয়— এই অঞ্চলটিকে বলা হয় **Ter** বা টারমিনাস্ (terminus) অঞ্চল।

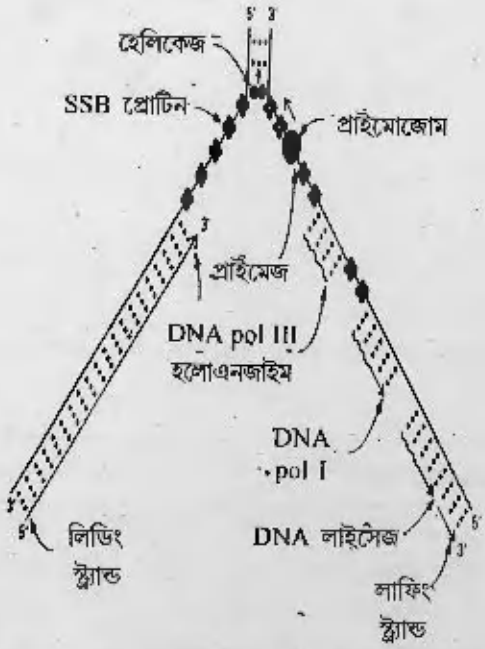
(ii) এই অঞ্চলটি বেশ বড় প্রায় 350 kb (কিলোবেস) দীর্ঘ। এই অঞ্চলের দু-প্রান্তে তিনটি তিনটি করে মোট ছ-টি অনুরূপ (identical) বেস সজ্জা (~23 বেসজোড় সমন্বিত) আছে — যেগুলি একপ্রান্তে যথাক্রমে Ter E, Ter D ও Ter A এবং অন্যপ্রান্তে যথাক্রমে Ter F, Ter B ও Ter C.

(iii) এই **Ter** অঞ্চলগুলি একমুখী ভালব্ (one-way valve) এর মতো কাজ করে। রেপ্লিকেশন ফর্ক একপ্রান্তের **Ter** অঞ্চলগুলি দিয়ে ঢুকে অন্য প্রান্তের **Ter** অঞ্চল দিয়ে বেরিয়ে যেতে পারে না।

(iv) ক্লকওয়াইজ (Clockwise) ভাবে অগ্রগতিসম্পন্ন রেপ্লিকেশন ফর্ক যথাক্রমে Ter E, Ter D ও Ter A অঞ্চল দিয়ে প্রবেশ করলেও যথাক্রমে Ter C, Ter B ও Ter F অঞ্চলে ক্রমান্বয়ে বাধাপ্রাপ্ত হয় এবং রেপ্লিকেশন ফর্কের অগ্রগতি রোধ হয়।



চিত্র 11.12 : DNA poi III দ্বারা লিডিং ও ল্যাগিং তন্ত্রসংশ্লেষ। ল্যাগিংতন্ত্রর ছাঁচ উৎসেচকের উপর প্যাঁচ সৃষ্টি করে।



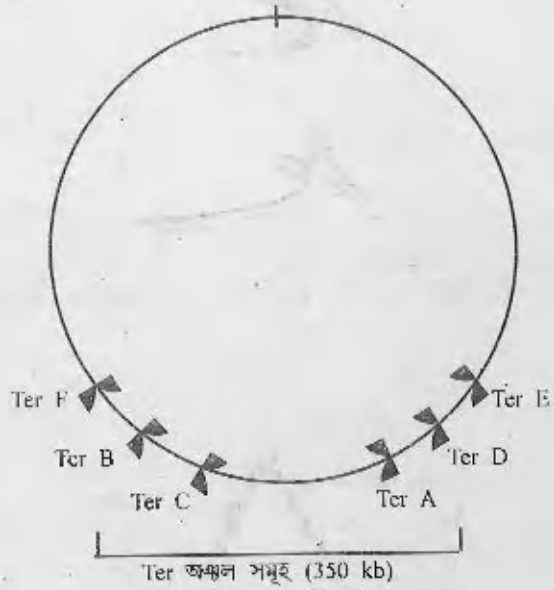
চিত্র 11.13 : রেপ্লিকেশন ফর্কে বিভিন্ন উৎসেচকের ক্রিয়াস্থান।

অনুরূপভাবে, অ্যান্টি-ক্লকওয়াইজ (anticlockwise) ভাবে অগ্রগতি সম্পন্ন রেপ্লিকেশন ফর্ক যথাক্রমে Ter F, Ter B ও Ter C অঞ্চলে অতিক্রম করে ক্রমান্বয়ে Ter A, Ter D ও Ter E অঞ্চলে বাধাপ্রাপ্ত হয়ে থেমে যায়। (চিত্র 11.14)

উভয়ক্ষেত্রেই সাধারণত প্রথম বাধাতেই রেপ্লিকেশন ফর্কের অগ্রগতি রোধ হয়।

(v) **Ter** অঞ্চলে রেপ্লিকেশন ফর্কের অগ্রগতি **Tus (terminus utilization substance)** প্রোটিন দ্বারা রোধ হয়— এটি Dna B হেলিকেজকে সরিয়ে দিয়ে (displacement) DNA দ্বিতন্ত্রীর খুলে যাওয়া থামিয়ে রেপ্লিকেশন ফর্কের অগ্রগতি রোধ করে।

(vi) সবশেষে টোপোআইসোমারেজ IV (একপ্রকার টাইপ II টোপোআইসোমারেজ) এর দ্বারা মাতৃ-অপত্য DNA দ্বিতন্ত্রী জোড়গুলি আলাদা হয়ে গিয়ে পৃথক দুটি DNA দ্বিতন্ত্রী সৃষ্টি হয়।



চিত্র 11.14 : E. Coli জিনোমে Ter অঞ্চল।

রেপ্লিকেশনের হার (Rate of replication) ঃ-

E. Coli-র রেপ্লিকেশন অত্যন্ত দ্রুতগতিতে হয়। রেপ্লিকেশন ফর্ক প্রতি সেকেন্ডে 1000 বেস-জোড় দৈর্ঘ্য অগ্রসর হয়।

10.5 সারাংশ (Summary)

ব্যাকটিরিয়ার (**E. Coli**)-র DNA রেপ্লিকেশন একটি জটিল প্রক্রিয়া— একাধিক উৎসেচক, প্রোটিন ফ্যাক্টর ও DNA সজ্জার কার্যকারিতায় নতুন DNA সংশ্লেষ হয়। এইগুলির সঠিক কার্যকারিতা DNA সংশ্লেষের জন্য অত্যাবশ্যক। DNA রেপ্লিকেশনের সাধারণ নিয়মগুলি নিম্নরূপ ঃ-

1. DNA রেপ্লিকেশন সর্বদা সেমিকনজারভেটিভ পদ্ধতিতে হয়।
2. রেপ্লিকেশন সর্বদা বিশেষ একটি অঞ্চল (উৎস্থল বা origin) থেকে শুরু হয়।

3. RNA নির্মিত ছোট নিউক্লিওটাইড সজ্জা বা প্রাইমার থেকে DNA সংশ্লেষ শুরু হয়।
4. DNA তন্ত্রের বৃদ্ধি সর্বদা 5' – 3' অভিমুখে হয়।
5. লিডিং স্ট্র্যান্ড-এ রেপ্লিকেশন অবিরামভাবে হয় ও ল্যাগিং স্ট্র্যান্ডএ ছেদযুক্তভাবে রেপ্লিকেশন হয়। এজন্য সামগ্রিক ভাবে DNA রেপ্লিকেশন পদ্ধতিটিকে সেমি ডিসকনটিনিউআস বলা হয়।
6. নতুন DNA তন্ত্র ছাঁচ তন্ত্রটির পরিপূরক ও প্রতি-সমান্তরাল ভাবে তৈরি হয়।
7. রেপ্লিকেশনের সমাপ্তিও সুনির্দিষ্ট স্থানে ঘটে।
8. রেপ্লিকেশন প্রক্রিয়াটি অতিদ্রুত ও নির্ভুলভাবে সংঘটিত হয়। উন্নত ধরনের প্রুফরিডিং ব্যবস্থা রিপেয়ার ব্যবস্থা ও সঠিক নিউক্লিওটাইড চয়ন ব্যবস্থা এই প্রক্রিয়াটির বিশেষ বৈশিষ্ট্য।

10.6 প্রশ্নমালা (O)

A. সংক্ষেপে উত্তর দিন :

1. DNA দ্বিতন্ত্রী গঠন প্রথম কারা বর্ণনা করেন?
2. DNA রেপ্লিকেশনের সম্ভাব্য প্রকৃতি কিরূপ হতে পারে?
3. সেমিকনজারভেটিভ পদ্ধতিতে রেপ্লিকেশন বলতে কী বোঝায় চিত্রসহ ব্যাখ্যা করুন।
4. ইকুইলিব্রিয়াম ডেনসিটি গ্র্যাডিয়েন্ট সেন্ট্রিফিউগেশন বলতে কী বোঝায়?
5. মেসেল্‌সন ও স্থাল কীভাবে প্রমাণ করেন যে DNA রেপ্লিকশেন কনজারভেটিভ / ডিসপারসিভ পদ্ধতিতে হয় না বা সেমিকনজারভেটিভ পদ্ধতিতে হয়।
6. অটোরেডিওগ্রাফি বলতে কি বোঝেন?
7. সেমিকনজারভেটিভ রেপ্লিকেশনের সপক্ষে টেলর ও সহযোগীগণের পরীক্ষাটি বর্ণনা করুন।
8. DNA রেপ্লিকেশনের সাধারণ ধর্ম বা নীতিগুলি কী কী?
9. 'DNA-রেপ্লিকেশন 5' – 3' অভিমুখে হয়'— ব্যাখ্যা করুন।
10. DNA রেপ্লিকেশনের জন্য ছাঁচ DNA-র গুরুত্ব কী?
11. DNA রেপ্লিকেশনে বিভিন্ন প্রোটিন ফ্যাক্টরের ভূমিকা কী?
12. DNA টোপোআইসোমারেজ I ও টোপোআইসোমারেজ II বলতে কী বোঝেন?
13. DNA রেপ্লিকেশনে প্রাইমেজ কেন প্রয়োজন?
14. DNA পলিমারেজ উৎসেচকগুলির পলিমারাইজেশন ও এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্রিয়ার অভিমুখগুলি নির্দেশ করুন।
15. DNA pol I কে বহুমুখী কার্যকারিতা সম্পন্ন উৎসেচক বলে কেন?
16. DNa pol III-র বিভিন্ন উপএককগুলির কাজ কী কী?
17. **E. Coli** রেপ্লিকেশনে প্রারম্ভিক দশার ঘটনাগুলি বর্ণনা করুন।
18. DNA রেপ্লিকেশন পদ্ধতিটিকে সেমি-ডিসকনটিনিউআস পদ্ধতি বলে কেন?

B. শূন্যস্থান পূরণ করুন :

1. **E. Coli**-র DNA ——— ও ———.
2. মেসেল্‌সন ও স্থাল তাঁদের পরীক্ষায় ——— আইসোটোপ ব্যবহার করেন।
3. ——— একটি ভারী ধাতুর লবণ।

4. ——— প্রয়োগে কোষবিভাজন মেটাফেজ দশায় বন্ধ হয়ে যায়।
5. oriC হল ——— ।
6. রেপ্লিকেশন একটি ——— প্রক্রিয়া।
7. SSB প্রোটিনের পুরো নাম ——— ——— ——— প্রোটিন।
8. E. Coli কোষে অন্তত ——— রকম DNA পলিমারেজ আছে।
9. প্রতিটি DNA পলিমারেজই DNA সংশ্লেষ শুরু করতে ———।
10. DNA poll এর বিশেষ ক্ষমতা হল ———।
11. কর্নবার্গ উৎসেচক হল ———।
12. DNA pol III এর ক্ল্যাম্প ——— উপ একক দ্বারা নির্মিত।
13. oriC অঞ্চলে ——— টি 13 মার্‌স ও ——— টি 9 মারস্ থাকে।
14. ওকাজাকি খণ্ডকের দৈর্ঘ্য ———।
15. ——— প্রোটিন রেপ্লিকেশনের অন্তিম দশায় কার্যকর।

C. বাম ও ডান দিকের অর্থবোধক সমন্বয় সাধন করুন।

বামদিক	ডানদিক
1. **Vicia fava**র মূলাগ্র	A. অটোরেডিওগ্রাফি
2. [3H] থাইমিডিন	B. Dna B প্রোটিন
3. DNA পলিমারেজ	C. DNA টোপোআইসোমারেজ
4. হেলিকেজ	D. DNA pol I
5. স্যুইভেল ক্রিয়া	E. টেলর ও সহযোগী গণের পরীক্ষা
6. iRNA	F. ল্যাগিং স্ট্র্যান্ড
7. ক্লেনো ফ্র্যাগমেন্ট	G. **Tus** প্রোটিন
8. ওকাজাকি খণ্ডক	H. RNA পলিমারেজ
9. **Ter** অঞ্চল	I. প্রাইমেজ
10. প্রাইমেজ	J. মুক্ত 3' – OH প্রান্ত

10.7 উত্তর সংকেত

A. (1) 10.1 দ্রষ্টব্য; (2) 10.3 দ্রষ্টব্য; (3) 10.3 দ্রষ্টব্য; (4) 10.3.1 দ্রষ্টব্য; (5) 10.3.1 দ্রষ্টব্য; (6) 10.3.2 দ্রষ্টব্য; (7) 10.3.2 দ্রষ্টব্য; (8) – (5) 10.4.1 দ্রষ্টব্য; (10) – (16) 10.4.2 দ্রষ্টব্য; (17) – (18) 10.4.3 দ্রষ্টব্য।

B. (1) দ্বিতন্ত্রী ও বলয়াকার, (2) ^{15}N, (3) CSCL, (4) কল্‌বিসিনং, (5) **E. Coli**-র রেপ্লিকেশনের উৎসস্থল, (6) দ্বিমুখী। (7) Single Strand brinding, (8) 5. (9) অফম, (10) 5' – 3' exonuclease, (10) DNA pol I, (12) β, (13) 3 ও 5, (14) 1000 নিউক্লিওটাইড, (15) **Tus.**

C. 1—E; 2—A; 3—J; 4—B; 5—C; 6—I; 7—D; 8—F; 9—G; 10—H.

একক 11 ❑ ডি.এন.এ সংশোধনী (DNA Repair)

11.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

11.2 DNA সংশোধনীর শ্রেণীবিভাগ

11.3 ত্রুটিপূর্ণ বেস সংশোধন

11.3.1 প্রুফরিডিং বা সম্পাদনা

11.3.2 মিসম্যাচ সংশোধনী

11.4 থায়ামিন - ডাইমার সংশোধনী

11.4.1 আলোক সক্রিয়তা

11.4.2 এক্সিসন সংশোধনী

11.4.3 পুনঃ সংযোজিত সংশোধনী

11.5 এস. ও. এস সংশোধনী

11.6 সারাংশ

11.7 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

11.8 উত্তরমালা

11.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা ঃ

আপনারা নিশ্চয়ই জানেন যে 1953 সালে জেমস্ ওয়াটসন ও ফ্রান্সিস ক্রিক (James Watson and Francis Crick) ডি. এন. এ-র দ্বিতন্ত্রী পেঁচানো (Double helix) গঠন আবিষ্কার করেন। এই গঠন অনুসারে ডি. এন. এ.-তে চারটি নাইট্রোজেন বেস আছে। এর মধ্যে অ্যাডেনিন (A) ও গুয়ানিন (G) হল পিউরিন বেস এবং থায়ামিন (T) ও সাইটোসিন (C) হল পিরিমিডিন বেস। স্বাভাবিক অবস্থায় ডি. এন. এ.-র এই গঠনে অ্যাডেনিন থায়ামিনের সাথে দুটি এবং গুয়ানিন সাইটোসিনের সাথে তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা সংযুক্ত অবস্থায় থাকে। একটি কোষ বিভাজিত হয়ে যখন দুটি কোষ তৈরি হয় সেই সময় কোষমধ্যস্থ এই ডি. এন. এ.-ও নিজস্ব প্রতিলিপি গঠন করে। সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ বিষয় হল, প্রতিলিপি গঠনের সময় এই বেস-সংযুক্তীকরণ প্রক্রিয়াটিই নির্ধারণ করে দেয় মাতৃকোষ থেকে অপত্য কোষে সকলপ্রকার জিনগত বৈশিষ্ট্যের সঠিক প্রবাহ এবং আর নির্ভুল প্রকাশ। কিন্তু আপনারা জানেন পরিব্যক্তির প্রভাবে কখনো কখনো এই সঠিক

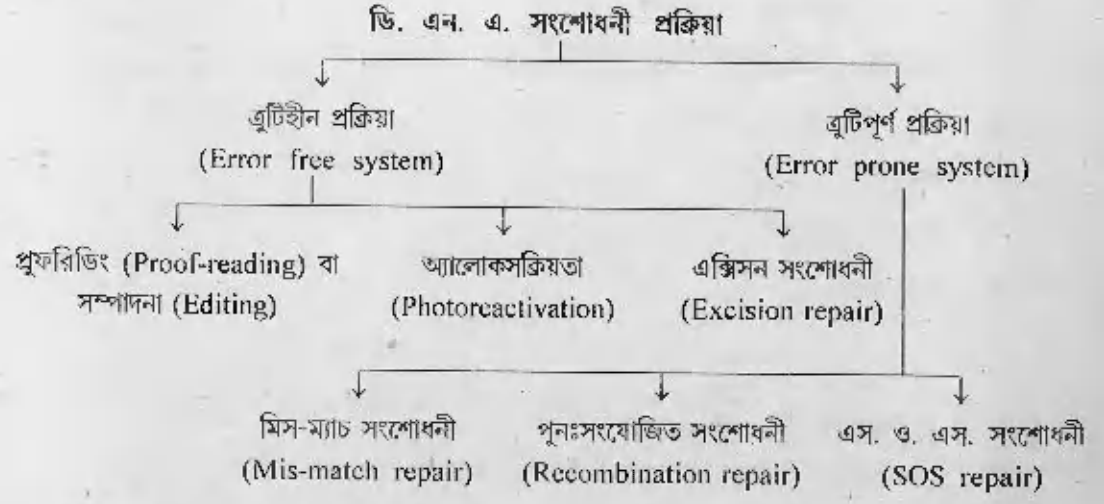
বেস সংযক্তীকরণ প্রক্রিয়াটি বিঘ্নিত হয়। যার ফলে অপত্য কোষগুলি ত্রুটিপূর্ণ বৈশিষ্ট্যযুক্ত হয় যা চরমতম ক্ষেত্রে একটি জীবের মৃত্যুর কারণও হতে পারে। তাৎপর্যপূর্ণ বিষয় হল কোষের মধ্যে এই ত্রুটিপূর্ণ ডি. এন. এ. সংশোধনের জন্য বিভিন্ন রকম প্রক্রিয়া আছে যা অনেকাংশেই এই ত্রুটি দূরীকরণে সক্ষম। তাই এ সম্পর্কে আপনাদের সম্যক ধারণা থাকা প্রয়োজন।

উদ্দেশ্য :

বর্তমান এককটি পাঠ করে আপনি—

- ডি. এন. এ. সংশোধনী সম্পর্কে জানতে পারবেন।
- ডি. এন. এ. সংশোধনীর গুরুত্ব ব্যাখ্যা করতে পারবেন।
- বিভিন্ন প্রকার ডি. এন. এ. সংশোধনী সম্পর্কে ধারণা লাভ করতে পারবেন।
- ত্রুটিপূর্ণ ও ত্রুটিহীন সংশোধনীর মধ্যে পার্থক্য নিরূপণ করতে পারবেন।

11.2 ডি. এন. এ. সংশোধনীর শ্রেণীবিভাগ



ত্রুটিহীন প্রক্রিয়া — এই প্রক্রিয়াতে ডি. এন. এ. সংশোধনী সম্পূর্ণ ত্রুটিযুক্ত। সাধারণত প্রত্যক্ষ পরিব্যক্তি প্রভাবকের দ্বারা সৃষ্ট ত্রুটিগুলি এই পদ্ধতি দ্বারা সংশোধিত হয়ে থাকে।

ত্রুটিপূর্ণ প্রক্রিয়া : এই সংশোধনী প্রক্রিয়া পুরোপুরি ত্রুটিযুক্ত নয়। সাধারণত পরোক্ষ পরিব্যক্তি প্রভাবকের দ্বারা সৃষ্ট ত্রুটিগুলি এই পদ্ধতি দ্বারা সংশোধিত হয়ে থাকে।

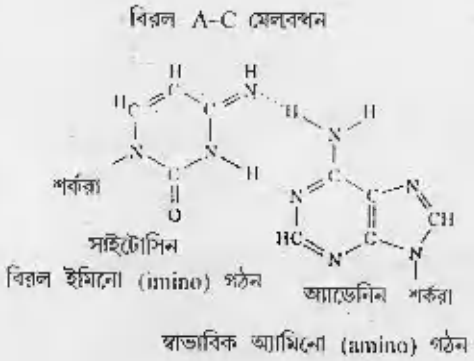
11.3 ত্রুটিপূর্ণ বেস সংশোধন (Repair of incorrect bases)

পূর্বে একথা উল্লেখ করা হয়েছে যে অ্যাডেনিন, থায়ামিনের সাথে এবং গুয়ানিন, সাইটোসিনের সাথে হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা যুক্ত থাকে। কিন্তু পরিব্যক্তি বা অন্য কোন কারণে অ্যাডেনিন, সাইটোসিনের সঙ্গে ও গুয়ানিন, থায়ামিনের সঙ্গে বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হতে পারে। এইরূপ মেলবন্ধনকে "মিসম্যাচ" বেস (চিত্র

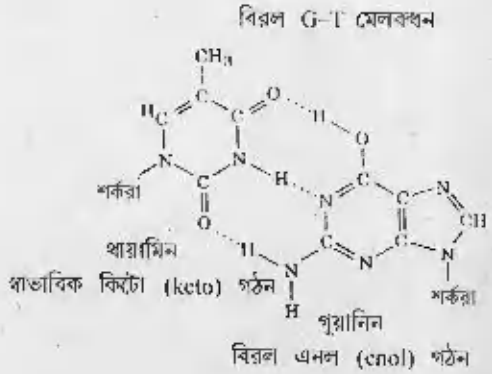
11.1 ও 11.2) বলা হয়। কোনো কোনো বেস ছাঁচ ডি. এন. এ. (Template DNA) তন্ত্রীর উপর অবস্থিত বেসের সঙ্গে হাইড্রোজেন বন্ধন গঠন করতে পারে না। এদেরও ত্রুটিপূর্ণ বেস বলা হয়। এই ত্রুটিগুলি নিম্নলিখিত পদ্ধতি দ্বারা সংশোধিত হয়ে থাকে।

11.3.1. প্রুফরিডিং বা সম্পাদনা

প্রুফরিডিং বা সম্পাদনা হল এমনই একটি ত্রুটিহীন সংশোধন পদ্ধতি যা ডি. এন. এ-র প্রতিলিপি গঠন নির্ভুলতা রাখতে সাহায্য করে। এই পদ্ধতি প্রধানত নিয়ন্ত্রিত হয় ডি. এন. এ. পলিমারেজ-I (DNA



চিত্র – 11.1 : বিরল A – C মেলবন্ধন।



চিত্র – 11.2 : বিরল G – T মেলবন্ধন।

Polymerase - I) নামক উৎসেচক দ্বারা। ডি. এন. এ. সংশ্লেষ করা ছাড়াও এই উৎসেচকটির 3'→5' এক্সোনিউক্লিয়েজ (Exonuclease) ক্ষমতাও রয়েছে। প্রতিলিপি গঠনের সময় ছাঁচ (Template) অনুকরণকারী প্রাইমার (Primer) ডি. এন. এ.-এর 3' প্রান্তে যখন কোন নিয়মবহির্ভূত বা 'মিস-ম্যাচ' বেস এসে যায়, তখন এই উৎসেচকটি ওই ত্রুটিপূর্ণ বেসটিকে 3' প্রান্ত থেকে অপসারণ (Exonuclease) করে সঠিক বেস পুনঃস্থাপন

> এক্সোনিউক্লিয়েজ — এটি একটি উৎসেচক যা নিউক্লিক অ্যাসিডকে (DNA বা RNA) শুধুমাত্র বাইরের প্রান্ত থেকে ভাঙতে পারে।

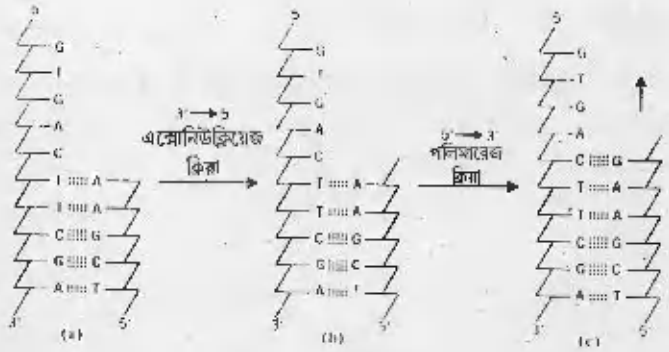
করে। এইভাবে নির্ভুল প্রতিলিপি গঠন প্রক্রিয়াটি চলতে থাকে। আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে ডি. এন. এ. পলিমারেজ ডেল্টা (δ) এই কাজটি সম্পন্ন করে থাকে (চিত্র–11.3)।

11.3.2. ঃ মিস-ম্যাচ সংশোধনী ঃ

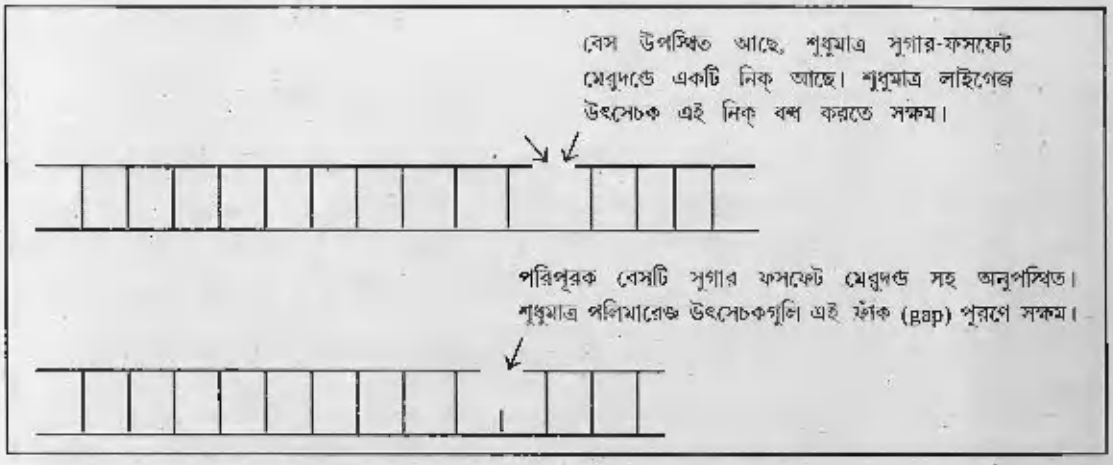
ত্রুটিপূর্ণ বেস সাধারণত প্রুফরিডিং প্রক্রিয়া দ্বারা সংশোধিত হয়ে থাকে। কিন্তু কোষের মধ্যে ডি. এন. এ. বেসগুলির সঠিক ক্রমানুবর্তিতা (Sequence) বজায় রাখা এতটাই গুরুত্বপূর্ণ যে প্রুফরিডিং ছাড়াও সংশোধনের একটি দ্বিতীয় প্রক্রিয়াও বিদ্যমান যা প্রুফ-রিডিং প্রক্রিয়ার অনুপস্থিতিতে বা নিষ্ক্রিয়তায় কার্যকরী হয়।

একেই 'মিস-ম্যাচ' সংশোধনী বলা হয়। এই পদ্ধতিতে হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা যুক্ত নয় এরকম বেসগুলিকে ত্রুটিযুক্ত ধরা হয় এবং ডি. এন. এ-র এই অংশটিকে অপসারণ করা হয়। এর ফলে সৃষ্ট ফাঁকটি (gap)

ডি. এন. এ. পলিমারেজ - I (Pol - 1) পূরণ করে এবং অবশিষ্ট নিক্ (nick) ডি. এন. এ. লাইগেজ উৎসেচক বন্ধ করে। [DNA-এর শর্করা ফসফেট মেরুদণ্ডে ক্ষুদ্র কর্তন বা cut-কে নিক (nick) নামে অভিহিত করা হয়।]



চিত্র – 11.3 : DNA সংশ্লেষের সময় DNA পলিমারেজ উৎসেচকের 3'→5' এক্সোনিউক্লিয়েজ ক্রিয়ার মাধ্যমে প্রুফ-রিডিং।

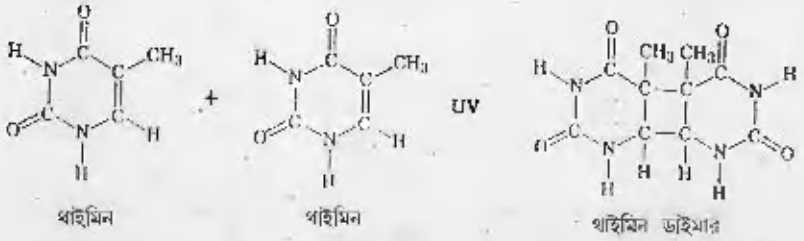


এখন প্রশ্ন হল মিস-ম্যাচ সংশোধনী পদ্ধতি ত্রুটিযুক্ত বেস কীভাবে চিহ্নিত করে? ***E. Coli*** নামক ব্যাকটিরিয়ামের উপরে কাজের ভিত্তিতে দেখা যায় ডি. এন. এ. গঠনকারী বেসগুলির মধ্যে অ্যাডেনিন ও সাইটোসিন মিথাইলেটেড [methylated – মিথাইল গ্রুপ (CH_3) যুক্ত] অবস্থায় থাকে। বেসের সঙ্গে মিথাইল গ্রুপের এই সংযুক্তিকরণ '*dam*' (ড্যাম) জিন দ্বারা উৎপন্ন 'মিথাইলেজ' উৎসেচকের দ্বারা নিয়ন্ত্রিত হয়। একটি গুরুত্বপূর্ণ তথ্য হল এই মিথাইলেটেড অ্যাডেনিন সাধারণত 'GATC' ক্রমঅনুসারে থাকে এবং জনিতৃ তন্ত্রী ও অপত্য তন্ত্রীর মধ্যে মিথাইল গ্রুপের উপস্থিতি-মাত্রার পার্থক্য থাকে। এই পার্থক্যই মিস-ম্যাচ সংশোধনী পদ্ধতিকে ত্রুটিপূর্ণ বেস চিহ্নিতকরণে সাহায্য করে। কিন্তু চিহ্নিতকরণের এই প্রক্রিয়াটি একটি নির্দিষ্ট সময় পর্যন্তই কার্যকর থাকে। প্রতিলিপি গঠনের পর অপত্য তন্ত্রীতে মিথাইল গ্রুপের প্রতিস্থাপন সম্পূর্ণ হয়ে গেলে

জনিতৃ তন্ত্রীর সঙ্গে অপত্য তন্ত্রীর মিথাইলেশন মাত্রার আর কোনো পার্থক্য থাকে না। এই মিস্-ম্যাচ সংশোধনী প্রক্রিয়া ত্রুটিপূর্ণ বেসকে আর চিহ্নিত করতে পারে না এবং নিষ্ক্রিয় হয়ে যায়।

11.4 থাইমিন-ডাইমার সংশোধনী

ডি. এন. এ-র গঠনে একটি গুরুত্বপূর্ণ বেস হল থাইমিন। অতি বেগুনি রশ্মির (UV-light) প্রভাবে পাশাপাশি অবস্থিত থাইমিন নিজেদের মধ্যে C – C বন্ধনী দ্বারা আবদ্ধ হয়ে থাইমিন ডাইমার গঠন করে (চিত্র–11.4)।



চিত্র – 11.4 : অতি বেগুনী রশ্মি দ্বারা থাইমিন ডাইমার গঠন।

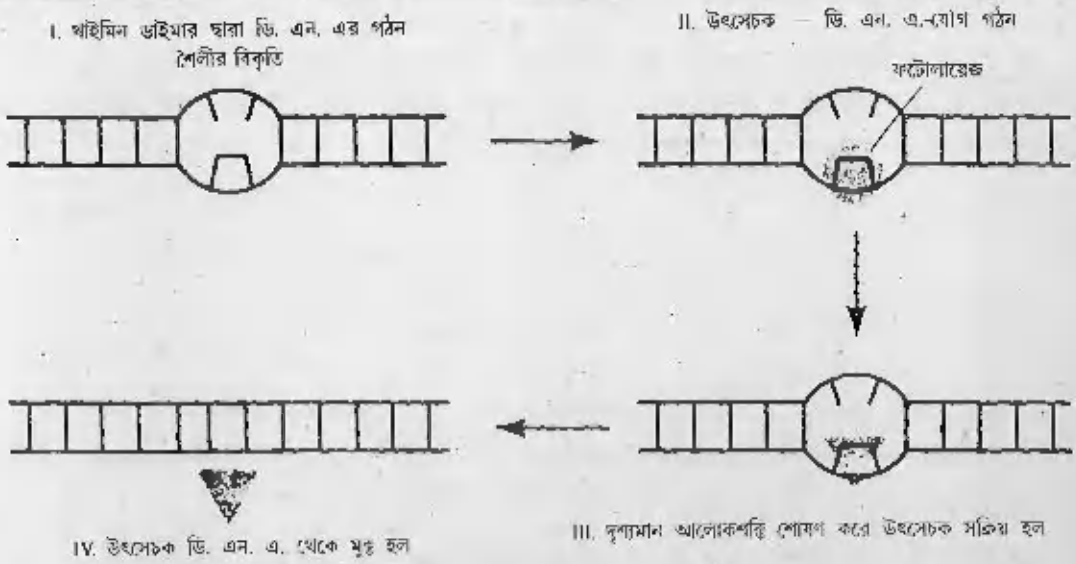
এককোষী উদ্ভিদ ও প্রাণীদেহে এর প্রভাব খুবই মারাত্মক, যদিও উন্নত উদ্ভিদ ও প্রাণীদেহে এ ঘটনা বিরল নয়। এই ডাইমার ডি. এন. এ.-র স্বাভাবিক গঠন শৈলী নষ্ট করে ও প্রতিলিপি গঠনে বাধা দেয়। এই ডাইমারকে নিম্নলিখিত প্রক্রিয়াগুলির মাধ্যমে সংশোধন করা যায়।

11.4.1. ঃ আলোকসক্রিয়তা (Photoreactivation)

1940 সালের শেষদিকে অ্যালবার্ট কেলনার (Albert Kener) নামে একজন বিজ্ঞানী স্ট্রেপটোমাইসিস ব্যাকটেরিয়ায় অতিবেগুনি রশ্মি দ্বারা ক্ষতিগ্রস্ত ডি. এন. এ-র উপরে তাপমাত্রার প্রভাব নিয়ে পরীক্ষা করছিলেন। তিনি লক্ষ্য করলেন একই তাপমাত্রায় রাখা সত্ত্বেও কিছু ব্যাকটিরিয়ার রেণুর (spore) ভেতরে ডি. এন. এ. সংশোধনী অন্যগুলির তুলনায় দ্রুততর। অবশেষে তিনি দেখলেন দ্রুততর সংশোধনী প্রক্রিয়া সমন্বিত রেণুগুলি পরীক্ষাগারের জানালায় মুক্ত আলোতে রাখা ছিল। এবার তিনি কিছু রেণুকে অন্ধকারে রেখে দেখলেন যে এখানে ডি.এন.এ. সংশোধনী প্রক্রিয়া অনুপস্থিত। রেনাতো ডালবেকো (Renato Dulbecco) অতি বেগুনি রশ্মির প্রভাবে ক্ষতিগ্রস্ত ফাজ্ ভাইরাস দ্বারা ব্যাকটিরিয়াকে সংক্রামিত করেন এবং একই ফলাফল লক্ষ্য করেন। এই দুটি ঘটনাই কোষের মধ্যে আলোকনির্ভর ডি. এন. এ. সংশোধনী পদ্ধতির উপস্থিতি প্রমাণ করে।

ডি.এন.এ. সংশোধনের এই পদ্ধতিটি উৎসেচক নিয়ন্ত্রিত এবং আলোক নির্ভর। উৎসেচক ফটোলাইয়েজ (Photolyase) নিম্নশ্রেণীর ব্যাকটেরিয়া থেকে শুরু করে উন্নত উদ্ভিদ ও প্রাণীকোষে পাওয়া গেছে। প্রক্রিয়াটি আলোকনির্ভর হলেও তাৎপর্যপূর্ণ ব্যাপার হল, উৎসেচকটি থায়ামিন ডাইমারের সঙ্গে আলোকের অনুপস্থিতিতে সুনির্দিষ্টভাবে যুক্ত হয়। এই উৎসেচক ডি. এন. এ. যোগটি দৃশ্যমান আলোকের (300 – 600 mm) নীলাভ বর্ণালী অংশ থেকে আলোকশক্তি শোষণ করে ডাইমারের C – C বন্ধনীটি ভেঙে দেয় এবং দুটি থায়ামিন মোনোমার (monomer) তৈরি করে (চিত্র 11.5)।

একথা জানা খুবই প্রয়োজন যে সংশোধনী প্রক্রিয়ায় অংশগ্রহণকারী উৎসেচকগুলি একই সঙ্গে অনেক কাজ করতে সক্ষম। উদাহরণস্বরূপ, ডি. এন. এ. পলিমারেজ I. ডি. এন. এ. সংশ্লেষ করা ছাড়াও এক্সোনিউক্লিয়েজ ও এন্ডোনিউক্লিয়েজ ক্রিয়াও সম্পন্ন করে।



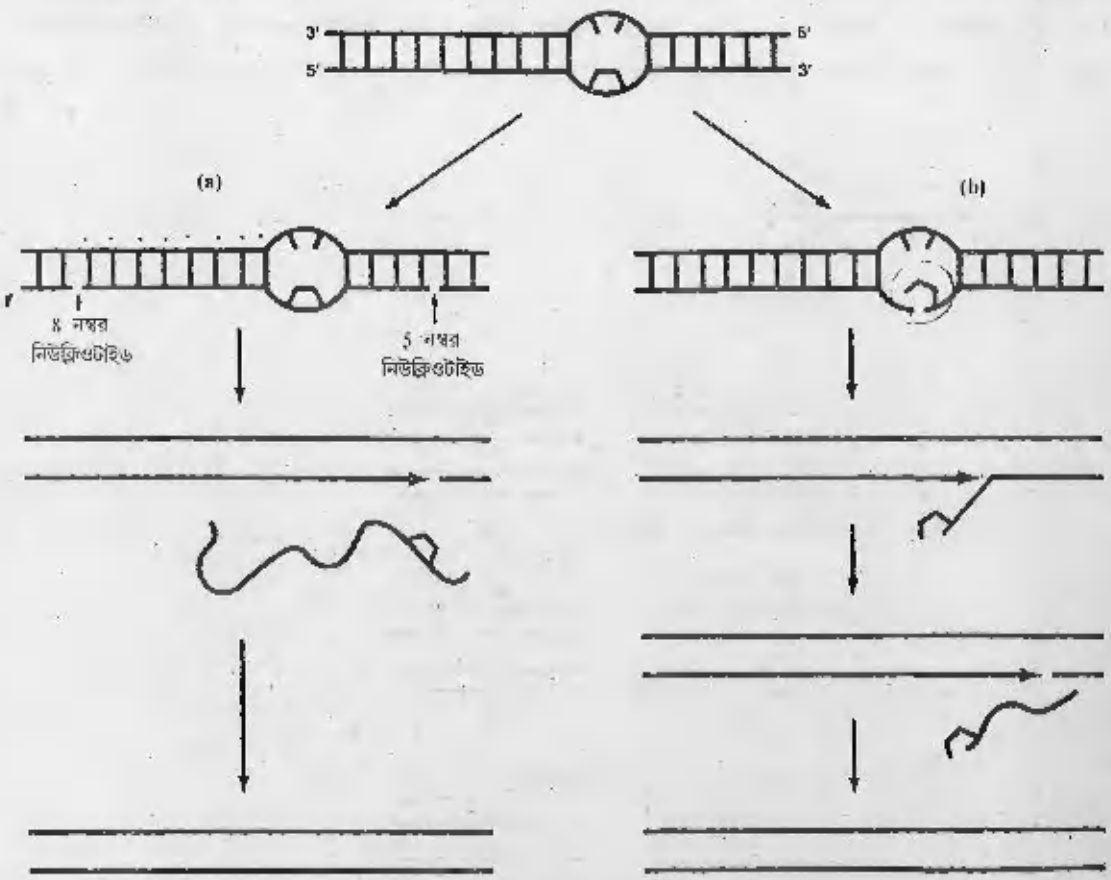
চিত্র - 11.5 : থাইমিন ডাইমারের উৎসেচক দ্বারা আলোকসক্রিয়তা সংশোধনী।

11.4.2. ঃ এক্সিসন সংশোধনী (Excision Repin)

এক্সিসন সংশোধনী বহুপর্যায়ে যুক্ত একটি পদ্ধতি। বিভিন্ন ব্যাকটিরিয়ায় এই পদ্ধতিটির মধ্যে উৎসেচকগত কিছু পার্থক্য আছে। থায়ামিন ডাইমার তৈরি হবার পর ডি. এন. এ.-র গঠনশৈলী সেই স্থানে বিকৃত হয়ে যায়। *E. coli* (ই. কোলাই) ব্যাকটিরিয়ামে অবস্থিত একটি এন্ডোনিউক্লিয়েজ (Endonuclease) উৎসেচক এই বিকৃত গঠনশৈলীসহ ডাইমারটিকে চিহ্নিত করে এবং ডাইমারটিকে সরাসরি আক্রমণ না করে তার দুপাশে সুগার ফসফেট মেরুদণ্ডে দুটি জায়গা ভেঙে দেয়। একটি ডাইমার থেকে ৪টি নিউক্লিওটাইড দূরে 5' প্রান্তমুখী এবং অন্যটি ডাইমার থেকে 4-5টি নিউক্লিওটাইড দূরে 3' প্রান্তমুখী। প্রথম বিক্রিয়াটির ফলে 5' প্রান্তে একটি মুক্ত 3'–OH মূলক তৈরি হয়। এই মূলকটিকে (গ্রুপ) প্রাইমার হিসেবে ব্যবহার করে ডি. এন. এ. পলিমারেজ -I উৎসেচক ডি. এন. এ. সংশ্লেষ করতে থাকে। থায়ামিন ডাইমার যুক্ত ডি. এন. এ. অংশটিকে 5'-3' এক্সোনিউক্লিয়েজ কার্যকরিতা দ্বারা অপসারিত করে। সংশ্লেষ সম্পূর্ণ হলে ডি. এন. এ. লাইগেজ নিক গুলি বন্ধ করে। অপসারিত ডি. এন. এ. অংশটিকে কোষের মধ্যে সদা ভ্রাম্যমান অসংখ্য এক্সো ও এন্ডোন্যুক্লিয়েজ ভেঙে একক নিউক্লিওটাইডে পরিণত করে যা পুনরায় সংশ্লেষের কাজে লাগানো যায়।

Micrococcus luteus (মাইক্রোকক্কাস লুটিয়াস) এবং ফাজ্-ভাইরাস T_4-এ পদ্ধতিটি একটু অন্যরকম। এখানে উৎসেচক পিরিমিডিন-ডাইমার গ্লাইকোসাইলেজ (Glycosylase) সরাসরি থায়ামিন (একটি পিরিমিডিন বেস) ডাইমারকে আক্রমণ করে এবং দুটি থাইমিনের মধ্যে ডি. এন. এ. তন্ত্রীর 5' প্রান্তে অবস্থিত থায়ামিন বেসটির সাথে প্রথমে তার সুগার ফসফেট মেরুদণ্ডের সংযোগটি (যাকে N–গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী বলা হয়)

ভেঙে দেয়। বাকি থায়ামিন বেসটিকেও তার মেরুদণ্ড থেকে একইভাবে বিচ্ছিন্ন করে দেয়। এই ভাঙনের ফলে মুক্ত 3'OH মূলক তৈরি হয় কিন্তু যেহেতু কোন বেস যুক্ত থাকে না, তাই ডি. এন. এ. সংশ্লেষের সাধারণ নিয়ম অনুযায়ী একে প্রাইমার হিসেবে ব্যবহার করা যায় না। এই সময় কোন এক অজ্ঞাত পদ্ধতিতে মেরুদণ্ডের



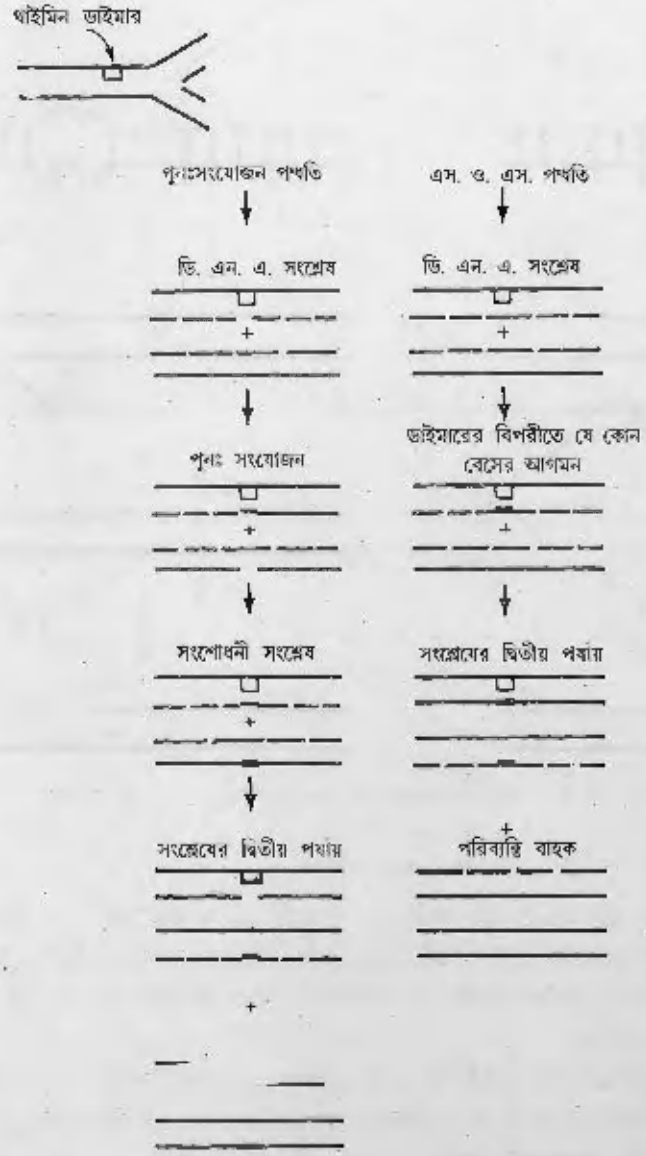
চিত্র – 11.6 : এক্সিসন সংশোধনীর দুটো পদ্ধতি।
(a) *E. coli* প্রক্রিয়া
(b) *M. luteus* প্রক্রিয়া

ডি-অক্সিরাইবোজ (Deoxyribose– যা DNA-তে অবস্থিত) সুগারটি অপসারিত হয় এবং ডি. এন. এ. পলিমারেজ – I আবার নতুন 3'OH তৈরি করে সেটিকেই প্রাইমার হিসেবে ব্যবহার করে। ফাঁকটি পূর্ণ হবার পর ডাইমার যুক্ত অংশটি 5'→3' এক্সোনিউক্লিয়েজ কার্যকারিতা দ্বারা অপসারিত হয়। এই সংশোধনী পদ্ধতিটি সম্পূর্ণভাবে ত্রুটিমুক্ত (চিত্র–11.6)।

কিছু কিছু মানুষ্য উপজাতির মধ্যে আলোকসক্রিয়তা এবং এক্সিসন সংশোধনী দুটিই অনুপস্থিত থাকে। এই সমস্ত ক্ষেত্রে ফটোলাইয়েজ উৎসেচক থাকে না এবং এক্সিসন সংশোধনীর সঙ্গে যুক্ত জিনগুলিও নিষ্ক্রিয় হয়ে যায়। এই সব মনুষ্যরা জেরোডার্মা পিগমেন্টোসাম (Xerodenma Pigmentosum) নামে একটি চর্ম-সংক্রান্ত ক্যান্সারে আক্রান্ত হয়, যা বংশগত। এই রোগীরা কখনই সূর্যালোক সহ্য করতে পারে না।

11.4.3. ঃ পুনঃসংযোজিত সংশোধনী (Recombinational Repair)

পুনঃসংযোজিত সংশোধনী সম্পর্কে আলোচনা করতে হলে প্রথমেই আপনাদের জেনে রাখা প্রয়োজন থাইমিন ডাইমার ডি. এন. এ-র প্রতিলিপি গঠনের উপর কীভাবে প্রভাব বিস্তার করে। ডি. এন. এ পলিমারেজ–III উৎসেচকটি (যার কাজ ডি. এন. এ. সংশ্লেষ করা) যখন জনিতৃ তন্ত্রীতে অবস্থিত থাইমিন-ডাইমারের কাছে পৌঁছায়, তখন সংশ্লেষ শলাকাটিতে (Replication fork) সংযোগ প্রক্রিয়াটি সাময়িকভাবে বন্ধ হয়ে



চিত্র – 11.7 : পুনঃসংযোজিত ও এস. ও. এস. সংশোধনী দ্বারা থায়ামিন ডাইমারের সংশোধন।

যায়। একটি থায়ামিন ডাইমার কিন্তু দুটি অ্যাডেনিনের সঙ্গে হাইড্রোজেন বন্ধনী তৈরী করতে সক্ষম, কেননা ডাইমার গঠনের সময় হাইমিন বেসটির থাইড্রোজেন বন্ধনে অংশগ্রহণকারী গ্রুপগুলির কোন রাসায়নিক পরিবর্তন হয় না। হাইড্রোজেন বন্ধন গঠনে সক্ষম হলেও ডাইমারটি ডি. এন. এ. তন্ত্রের স্বাভাবিক গঠনশৈলীকে বিকৃত করে দেয়। যার ফলে অপত্য তন্ত্রীটির নির্মীয়মান প্রান্তে যখন অ্যাডেনিন থাইমিন ডাইমারের সঙ্গে যুক্ত হতে আসে, তখন পলিমারেজ–III উৎসেচকটি থাইমিন ডাইমার সংলগ্ন ডি. এন. এ-এর বিকৃত অংশটিকে ত্রুটিপূর্ণ হিসেবে চিহ্নিত করে এবং ডাইমারের বিপরীতে অবস্থিত অপত্য তন্ত্রীর অ্যাডেনিনকে প্রুফরিডিং ক্রিয়ার মাধ্যমে অপসারিত করে। এই চক্রটি পুনরায় শুরু হয়— অ্যাডেনিন যুক্ত হয় ও আবার অপসারিত হয়। যার ফলে পলিমারেজ–III উৎসেচকটি ডাইমারকে আর অতিক্রম করতে পারে না। ডি. এন. এ.-র সংশ্লেষ ছাড়াই এই চক্রের পুনরাবৃত্তিকে বলা হয় ইডলিং (idling) প্রক্রিয়া। এই অবস্থা থেকে ডি. এন. এ. সংশ্লেষ প্রক্রিয়াকে পুনরায় শুরু করতে সাহায্য করে পুনঃসংযোজিত সংশোধন পদ্ধতি।

এই পদ্ধতি অনুসারে থায়ামিন ডাইমারকে অতিক্রম করে এর পর থেকে নতুন করে প্রতিলিপি গঠন শুরু হয়। যার ফলে অপত্য তন্ত্রীটিতে বিশাল ফাঁকের সৃষ্টি হয় (তন্ত্রীতে অবস্থিত প্রতিটি ডাইমারের জন্য অপত্য তন্ত্রীতে একটি করে ফাঁকের সৃষ্টি হয়)। এই ফাঁক পূরণ হয়ে থাকে "ভগিনী স্ট্র্যান্ড বিনিময়" (Sister Stand Exchange) নামক পুনঃসংযোজিত প্রক্রিয়া দ্বারা। এই প্রক্রিয়ায় সংশ্লেষ-শলাকাস্থিত একটি স্বাভাবিক সমসংস্থ ডি. এন. এ. তন্ত্রী থেকে একটি ত্রুটিহীন অংশ অপসারিত হয় ও অপত্য স্ট্র্যান্ডে অবস্থিত ফাঁকটিকে পূরণ করে। ডি. এন. এ. পলিমারেজ–I ও ডি. এন. এ. লাইগেজের যৌথ ক্রিয়ায় এই আগত ডি. এন. এ-র অংশটি পার্শ্ববর্তী অংশের সাথে যুক্ত হয়। ত্রুটিহীন ডি. এন. এ-র অংশ কেটে নেওয়ার ফলে দাতা ডি. এন. এ-টিতে যে ফাঁকের সৃষ্টি হয় তাও একইভাবে পলিমারেজ–I ও লাইগেজ উৎসেচক দ্বারা সম্পূর্ণভাবে পূরণ হয়ে থাকে। প্রতিটি উপস্থিত থাইমিন ডাইমারের জন্য ত্রুটিহীন ডি. এন. এ. অংশের আদানপ্রদান ও ফাঁক পূরণ সম্ভব হলে দুটি সম্পূর্ণ স্বাভাবিক অপত্য তন্ত্রী তৈরি হয় যা পরবর্তী প্রতিলিপি গঠন চক্রে ছাঁচ ডি. এন. এ. হিসেবে ব্যবহৃত হয় (চিত্র–7)।

এক্সিসন সংশোধনী পদ্ধতিটির সঙ্গে পুনঃসংযোজিত সংশোধনীর একটি গুরুত্বপূর্ণ পার্থক্য হল এই যে, এক্সিসন প্রক্রিয়ায় থায়ামিন ডাইমার অপসারিত করে ডি. এন. এ.-সংশ্লেষ শুরু হতে অনেকটা সময় লাগে। কিন্তু পুনঃসংযোজিত প্রক্রিয়ায় ডাইমার অপসারণ না করেই ডি. এন. এ. সংশ্লেষ হয়, তাই সময়ের কোনো অপচয় হয় না।

অনুশীলনী—1

নিচের তালিকা থেকে শব্দ বা শব্দগুচ্ছ বেছে নিয়ে শূন্যস্থান পূরণ করুন।

(a) প্রুফরিডিং বা সম্পাদনা সাধিত হয় ——— নামক উৎসেচক দ্বারা।

(b) প্রতিলিপি গঠনের সময়ে ডি. এন. এ.-এর যে তন্ত্রীটি ছাঁচ হিসেবে ব্যবহৃত হয় তাকে ——— তন্ত্রী বলে।

(c) মিস্-ম্যাচ সংশোধনী ——— এর মাত্রা নির্ভর।

(d) আলোকসক্রিয়তা সংশোধনী প্রক্রিয়ার উল্লেখযোগ্য উৎসেচকটি হল ———।

(e) ডি. এন. এ. লাইগেজ উৎসেচকের প্রধান কাজ হল ——— বন্ধ করা।

(f) জেরোডার্মা পিগমেন্টোসাম হয় ——— প্রক্রিয়ার ত্রুটির জন্য।

(ডি. এন. এ. সংশোধনী ফটোলাইয়েজ, নিক্, ডি. এন. এ. পলিমারেজ–I, জনিতৃ, মিথাইলেশন)

11.5 এস. ও. এস. সংশোধনী

এস. ও. এস. সংশোধনী একটি ত্রুটিপূর্ণ পদ্ধতি যা ডি. এন. এ.-তে অবস্থিত থায়ামিন ডাইমারকে এড়িয়ে গিয়ে ডি. এন. এ. সংশ্লেষ প্রক্রিয়া চালু রাখে। এই সংশোধনী পদ্ধতির ফলে অতিবেগুনি রশ্মি দ্বারা সৃষ্ট থায়ামিন ডাইমারটি ডি. এন. এ.-তে থেকে যায় এবং বংশপরম্পরায় কোষগুলি পরিব্যক্তির প্রভাবও বহন করে। কিন্তু ডি. এন. এ. সংশ্লেষ বন্ধ হয়ে গেলে জীবের মৃত্যু ঘটতে পারে। এর চেয়ে থায়ামিন ডাইমার দ্বারা সৃষ্ট পরিব্যক্তি নিয়ে জীবের বেঁচে থাকাটা অনেক শ্রেয়— এই তত্ত্বের উপর ভিত্তি করে এস. ও. এস. সংশোধনী কাজ করে।

E. Coli (ই. কোলাই) ব্যাকটিরিয়ার উপর কাজের ভিত্তিতে বলা যায়, এই সংশোধনী পদ্ধতি *rec*A জিন থেকে তৈরি Rec A প্রোটিনের উপর সম্পূর্ণভাবে নির্ভরশীল। এই প্রোটিন একক তন্ত্রী বিশিষ্ট (Single strand) ডি. এন. এ.-এর সাথে যুক্ত হয় এবং ডি. এন. এ. পলিমারেজ III উৎসেচকটির এপসিলন (ε) উপ এককের সাথে বিক্রিয়া করে এর প্রুফরিডিং-এর কার্যকরিতা নষ্ট করে দেয়। ফলে উৎসেচকটি থায়ামিন ডাইমারটিকে চিহ্নিত করতে ব্যর্থ হয় এবং সাধারণত দুটি অ্যাডেনিন বেস পরিপূরক তন্ত্রীতে প্রতিস্থাপন করে এবং ডি. এন. এ. সংশ্লেষ চলতে থাকে (চিত্র–11.7)।

rec A জিন ছাড়াও আরও জিন এই সংশোধনী পদ্ধতির সঙ্গে যুক্ত। উদাহরণস্বরূপ, *umu* C এবং *umu* D। এই জিনগুলি (i) Rec A প্রোটিনকে ডি. এন. এ-র সাথে শক্তভাবে যুক্ত করতে সাহায্য করে, (ii) পলিমারেজ–III উৎসেচকের সাথে Rec A প্রোটিনের বিক্রিয়া করায় এবং (iii) ডাইমারকে পাশ কাটিয়ে ডি. এন. এ. সংশ্লেষের গতি ত্বরান্বিত করে।

11.6 সারাংশ

এই এককটি পাঠ করে আপনারা লিখেছেন—

- ডি. এন. এ. সংশোধনী কোষের একটি গুরুত্বপূর্ণ বিক্রিয়া।
- এই সংশোধনী কোষের মধ্যে অবস্থা অনুযায়ী ব্যবস্থা নেয়। যেমন, ত্রুটিযুক্ত বেস অপসারণ করতে প্রুফরিডিং পদ্ধতি সাহায্য করে। প্রুফরিডিং ব্যর্থ হলে মিস্-ম্যাচ সংশোধনী কার্যকর হয়।
- পিরিমিডিন ডাইমার (বিশেষ করে থায়ামিন ডাইমার) সংশোধন করতে আলোকসক্রিয় এবং এক্সিসন সংশোধনীর মতো সম্পূর্ণ ত্রুটিমুক্ত পদ্ধতির পাশাপাশি ত্রুটিপূর্ণ এস. ও. এস. সংশোধনীও অংশগ্রহণ করে। এস. ও. এস. সংশোধনী একটি আপদকালীন জরুরি ব্যবস্থা।
- ডি. এন. এ. সংশ্লেষ বন্ধ হয়ে গেলে চরমতম ক্ষেত্রে কোষের মৃত্যু পর্যন্ত হতে পারে। সমস্ত সংশোধনী প্রক্রিয়াগুলি তাই নির্দিষ্ট নিয়মানুবর্তিতা মেনে চলে। এই শৃঙ্খলার ফলে সংশ্লেষের পাশাপাশি সংশোধনীও চলতে থাকে।
- এই সংশোধনী আদি নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষ থেকে শুরু করে আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত উদ্ভিদ ও প্রাণীকোষে বিদ্যমান। যদিও উন্নত কোষে সংশোধনী পদ্ধতির অনেক বিস্তারিত তথ্য এখনও আমাদের অজানা।

ডি. এন. এ.-র একটি অংশের সংশোধনীর জন্য ডি. এন. এ.-এরই অন্য অংশ সাহায্য করে। যেমন ধরুন— থায়ামিন ডাইমার তো ডি. এন. এ.-রই একটি অংশ। একে সংশোধিত করতে বিভিন্ন প্রক্রিয়ায় যে

উৎসেচকগুলি অংশগ্রহণ করে তা কিন্তু সেই ডি. এন. এ. থেকেই এম. আর. এন. এ. (m RNA) মাধ্যমে তৈরি হচ্ছে। সুতরাং কেন্দ্রীয় মতবাদের (Central dogma) কার্যকারিতাও এখানে প্রকাশ পাচ্ছে।

কেন্দ্রীয় মতবাদ—

ডি. এন. এ. (জিন) $\xrightarrow{\text{ট্রাপক্রিপসন}}$ mRNA $\xrightarrow{\text{ট্রান্সলেশন (অনুবাদ)}}$ প্রোটিন (উৎসেচক ইত্যাদি)

11.7 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

নিম্নলিখিত প্রশ্নগুলির উত্তর দিন।

1. ডি. এন. এ. সংশোধনী কতরকমের হয় তা উল্লেখ করুন।
2. ত্রুটিপূর্ণ বেস সংশোধন পদ্ধতিগুলি বর্ণনা করুন।
3. থাইমিন ডাইমার সংশোধন আলোকসক্রিয়তা ও পুনঃসংযোজিত সংশোধনী পদ্ধতি দ্বারা কীভাবে সংঘটিত হয় তা বর্ণনা করুন।
4. এস. ও. এস. সংশোধনী কী?

11.8 উত্তরমালা

অনুশীলনী – 1

(a) ডি. এন. এ. পলিমারেজ – I
(b) জনিতৃ
(c) মিথাইলেশন
(d) ফটোলাইয়েজ
(e) নিক্
(f) ডি. এন. এ. সংশোধনী

সর্বশেষ প্রশ্নমালা

1. অনুচ্ছেদ 11.2 দেখুন।
2. অনুচ্ছেদ 11.3 দেখুন।
3. অনুচ্ছেদ 11.4 দেখুন।
4. অনুচ্ছেদ 11.5 দেখুন।

একক 12 ❑ আর. এন. এর গঠন ও বৈচিত্র্য (RNA structure and Types)

12.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

12.2 আর. এন. এ.-এর রাসায়নিক গঠন

12.3 আর. এন. এ.-এর গঠনশৈলী

12.4 আর. এন. এ.-এর প্রকারভেদ

12.4.1 মেসেঞ্জার আর. এন. এ

12.4.2 রাইবোজোমাল আর. এন. এ

12.4.3 ট্রান্সফার আর. এন. এ

12.5 ডি. এন. এ ও আর. এন. এ অণুর পার্থক্য

12.6 সারাংশ

12.7 প্রশ্নাবলী

12.8 উত্তরমালা

12.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা :

আমরা আগের অধ্যায়ে (9 : 1) জেনেছি যে জীবদেহে ডি. এন. এ (D. N. A) ছাড়াও আর একটি নিউক্লিক অ্যাসিড পাওয়া যায় যাকে বলা হয় রাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড বা সংক্ষেপে আর. এন. এ (R. N. A)। এই আর. এন. এ. আবার কোনো কোনো ভাইরাসের ক্ষেত্রে সরাসরি ডি. এন. এ-এর মতো বংশগতির ধারক হিসাবে কাজ করে। তবে তাদের সম্বন্ধে পরে আলোচনা করা হবে। এখন আর এন এ কি এবং তা কত রকমের ইত্যাদি নিয়ে এই অধ্যায়ে আলোচনা করব।

উদ্দেশ্য : এই অধ্যায়টি পাঠ করার পর আপনি

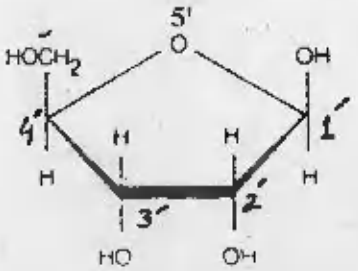
- আর. এন. এ **(RNA)**-এর রাসায়নিক গঠন ব্যাখ্যা করতে সক্ষম হবেন।
- বংশগতির বার্তা বহন করায় আর. এন. এ-এর ভূমিকা সম্পর্কে অবহিত হবেন।
- আর. এন. এ কত রকমের তা জানতে পারবেন ও
- সামগ্রিকভাবে আর. এন. এ এবং ডি. এন. এ-র পার্থক্য নিরূপণ করতে পারবেন।

12.2 আর. এন. এ.-এর রাসায়নিক গঠন

আর. এন. এ, ডি. এন. এ-র মতোই, কার্বন (C), নাইট্রোজেন (N), হাইড্রোজেন (H) অক্সিজেন (O) ফসফরাস (P) সমন্বিত একটি বিশেষ ধরনের অণু যাকে আমরা বলি নিউক্লিক অ্যাসিড।

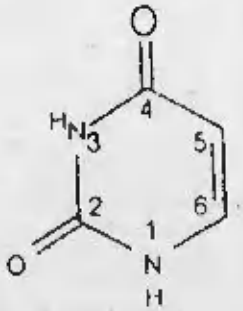
(a) নাইট্রোজেন বেস ঃ আর. এন. এ চার রকমের নাইট্রোজেন বেস নিয়ে গঠিত শৃঙ্খল। এগুলি হল অ্যাডিনিন (Adenine), গুয়ানিন (Guanine), সাইটোসিন (cytosine) এবং ইউরাসিল (Uracil) ডি. এন. এ-এর থায়ামিনের (Thyamine) এর পরিবর্তে আর. এন. এ.-তে থাকে ইউরাসিল। অ্যাডিনিন ও গুয়ানিন একত্রে পিউরিন এবং সাইটোসিন ও ইউরাসিলকে একত্রে বলা হয় পিরিমিডিন।

(b) শর্করা ঃ আর. এন. এ. এর শর্করাটিও পাঁচটি কার্বনবিশিষ্ট রাইবোজ শর্করা। তবে 2নং কার্বনটিতেও হাইড্রক্সিল মূলকটি থাকে।



রাইবোজ

চিত্র – 12.1 : 5 কার্বনযুক্ত রাইবোজ শর্করা লক্ষণীয় বিষয় 2 নং কার্বনটিতে হাইড্রক্সিল মূলক বর্তমান।



ইউরাসিল

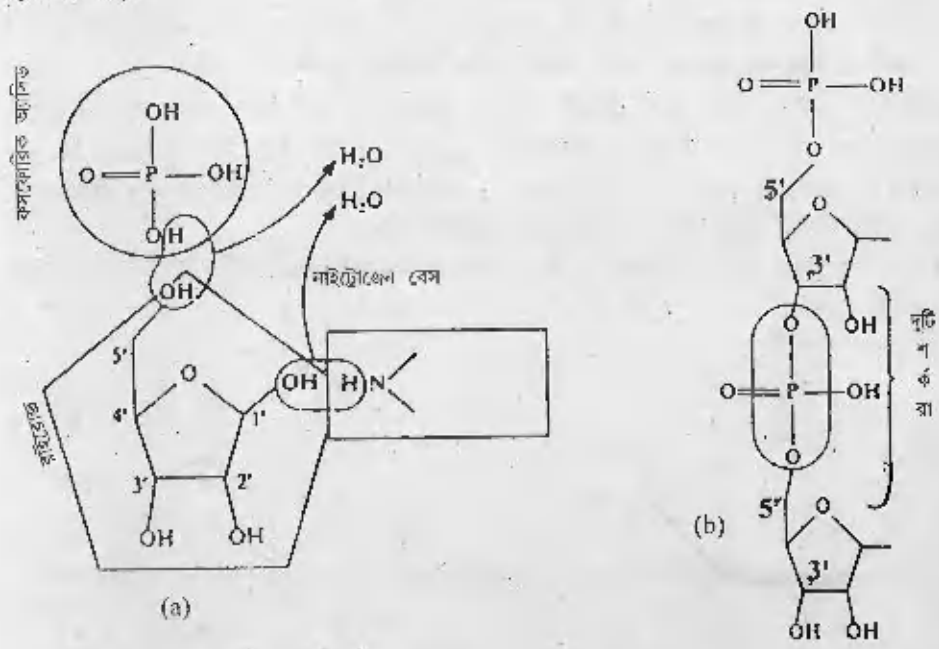
চিত্র – 12.2 : ইউরাসিল নাইট্রোজেন বেস।

একটি নাইট্রোজেন বেস, একটি শর্করা অণুর সাথে গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী বা বন্ডের মাধ্যমে যুক্ত হয় নিউক্লিওসাইড গঠন করে। ইউরাসিল সমন্বিত নিউক্লিওসাইডটির নাম ইউরিডিন (Uridine)। বাকি নাইট্রোজেন বেস সমন্বিত নিউক্লিওসাইডগুলির নাম আমরা আগেই জেনেছি। এখানে বলে রাখা ভালো যে, ইউরাসিল যেহেতু পিরিমিডিন সেহেতু ডি. এন. এ.-এর নিয়মেই চক্রের 1নং নাইট্রোজেনটি শর্করা 1নং কার্বনের সাথে গ্লাইকোসাইডিক বন্ড বা বন্ধনী গঠন করে।

(c) ফসফেট ঃ আমরা আগেই জেনেছি যে ডি. এন. এ-এর মত নিউক্লিওসাইডটির শর্করার 3' ও 5' কার্বনের হাইড্রক্সিল মূলকটি ফসফেটের উপস্থিতিতে এস্টার তৈরি করে। একটি শর্করা অণুর 3' নং কার্বনের সাথে ফসফেট যুক্ত হলে সেই ফসফেটটিই পরের শর্করা-অণুর 5' কার্বনের সাথে যুক্ত হয়ে ফসফোডাইএস্টার বন্ধনী তৈরি করে। এই অবস্থাকে নাইট্রোজেনবেসের সাপেক্ষে **নিউক্লিওটাইড** বলা হয়। যেমন, ইউরাসিল

এখানে বোঝার সুবিধার জন্য বেস চক্রের নাইট্রোজেন ও কার্বনগুলিকে 1, 2, 3, 4 ..... ইত্যাদিতে প্রকাশ করা হয়, কিন্তু শর্করার কার্বনগুলি 1', 2', 3'..... ইত্যাদি প্রকাশ করা হল।

বেস সমন্বিত নিউক্লিওটাইডটির নাম ইউরিডিন 5' ফসফেট বা অন্যভাবে বলা যায় ইউরিডাইলিক অ্যাসিড (Uridylic acid)।



চিত্র - 12.3 :(a) শর্করার 5' কার্বনের হাইড্রক্সিল মূলক ফসফেটের উপস্থিতিতে জল অণু বার করে দিয়ে কিভাবে এস্টার তৈরি করে দেখানো হল, একইভাবে নাইট্রোজেন বেসটি জলঅণু বার করে দিয়ে গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী তৈরি করে।

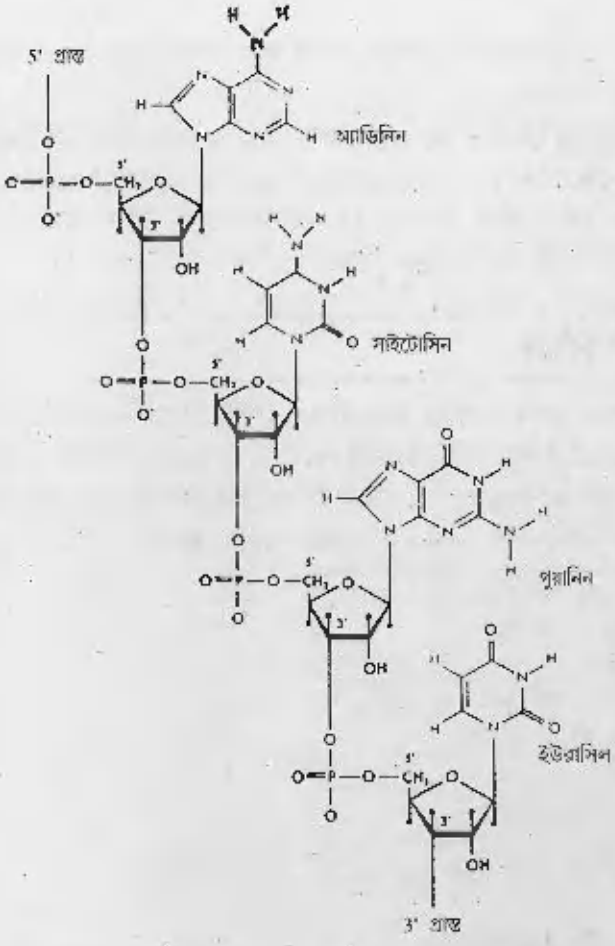
(b) দেখানো হল ফসফোডাইএস্টার ব্রীজটি তৈরি হয়েছে একটি শর্করার 3' নং কার্বন এবং অপর আর একটি শর্করার 5' কার্বনের মধ্যে।

12.3 আর. এন. এ-এর গঠনশৈলী

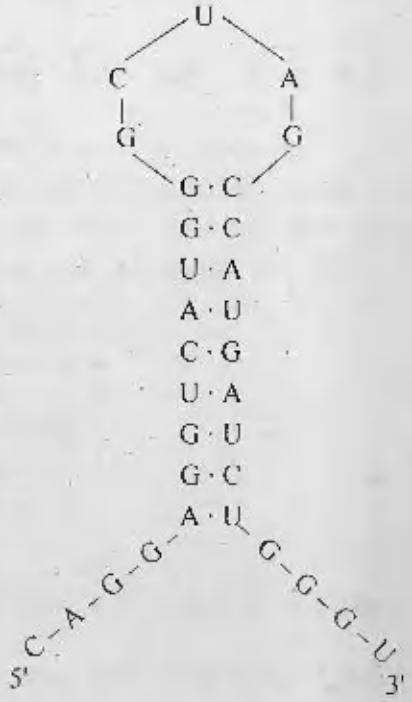
আর. এন. এ. **সাধারণত একতন্ত্রী** (Single Stranded)* তবে কোনো **বিশেষ অবস্থায়** নাইট্রোজেন বেসগুলি পরস্পরের সাথে জুড়ে দ্বিতন্ত্রী অবস্থা তৈরি করতে পারে কিন্তু তা **ক্ষণস্থায়ী**। সেক্ষেত্রে সাধারণত অ্যাডিনিন(A), ইউরাসিলের (U) সাথে এবং গুয়ানিন (G), সাইটোসিনের (C) সাথে হাইড্রোজেন বন্ধনীর দ্বারা যুক্ত হয় ও একইভাবে অ্যাডিনিন ও ইউরাসিলের মধ্যে দুটি হাইড্রোজেন বন্ধনী এবং সাইটোসিন ও গুয়ানিনের সাথে তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা যুক্ত থাকে। এখানে মনে রাখতে হবে যে ডি. এন. এ. দ্বিতন্ত্রী গঠন করার সময় জোড়বন্ধনের ধরাবাঁধা নিয়ম (অর্থাৎ A = T এবং G = C) আর. এন. এ.-এর ক্ষেত্রে সবসময় খাটে না, কম হলেও অনেকসময় G = U এর সাথেও জোড় বাধতে পারে। নীচে এরকম একটি দ্বিচক্রী (double-helical) আর. এন. এ. দেখানো হয়েছে যেখানে একতন্ত্রীবিশিষ্ট একটি আর. এন. এ. নিজের অক্ষের সাপেক্ষে বিশেষ বন্ধনী তৈরী করে দ্বিচক্রীতে পরিণত হয়েছে। এই বিশেষধরণের বন্ধনীতে বলা হয় **হেয়ারপিন লুপ**

* কয়েকটি ভাইরাস দ্বিতন্ত্রী আর. এন. এ দেখা যায়। যেমন ঃ রোটাভাইরাস, রিওভাইরাস, ϕ6-ফাজ ইত্যাদি।

(Hairpin loop) অর্থাৎ বন্ধনীটি চুলের কাঁটার মতো দেখতে। এরকম অবস্থায় A ও U এবং G ও C এর পরিমাণের অনুপাতে ভিন্নতা দেখা দেয়। ডি. এন. এ.-এর মতোই আর. এন. এ-কে 5' – 3' দিকনির্দেশ



চিত্র – 12.4 : RNA পলিনিউক্লিওটাইডের কিছু অংশ।



চিত্র – 12.5 : আর. এন. এ.-এর একটি তন্ত্রী দুটি তন্ত্রীতে পরিণত হয়েছে, এক্ষেত্রে কখনও কখনও G U-এর সাথে বন্ধনী তৈরি করতে পারে। (.) দ্বারা হাইড্রোজেন বন্ধনী দেখানো হল।

করেই লেখা হয়। আর. এন. এ. এর এইরকম প্রাথমিক গঠন (Primary Structure) ছাড়াও বহুরকম দ্বিমাত্রিক (Secondary Structure) ও ত্রিমাত্রিক (Tertiary Structure) গঠন দেখা যায়।

আর. এন. এ.-এর দ্বিমাত্রিক ও ত্রিমাত্রিক গঠন ঃ আর. এন. এ. একতন্ত্রী হওয়ার দরুন এতে স্বতঃই দ্বিমাত্রিক ও ত্রিমাত্রিক গঠন তৈরি হয়। তন্ত্রীতে বেসগুলির পারস্পরিক **আকর্ষণ ও বিকর্ষণের ফলে** এই বিশেষ গঠনগুলি সৃষ্টি হয়ে থাকে। যেমন— (a) আর. এন. এ. এ যখন দ্বিতন্ত্রী অংশ তৈরি করে, এরকম দুটি বা তার বেশি দ্বিতন্ত্রী অংশ পরস্পরের সাথে জুড়ে যেতে পারে। এই বিশেষ অংশটি তখন হয় ত্রিমাত্রিক এবং একে বলা হয় **স্টেম জাংশন** (Stem junction)।

(b) আবার, যখন দ্বিতন্ত্রী অংশের সাথে একতন্ত্রী অংশের বেসগুলি বন্ধনী দ্বারা সম্পর্ক তৈরি করে, তখন তাকে বলা হয় **সিউডোনট্** (Pseudoknot) ইত্যাদি।

দেখা যায় যে, আর. এন. এ.-এর এই দ্বিমাত্রিক ও ত্রিমাত্রিক গঠন কাঠামোকে নিয়ন্ত্রিত করে কতকগুলি বিশেষ ধরনের প্রোটিন যাদের বলা হয় **মলিকিউলার সেপেরন** (molecular chaperones) বা সেপেরন (chaperon) বা **সেপেরনিন** (Chaperonins) এই ধরনের প্রোটিন প্রথম আবিষ্কৃত হয় ড্রোসোফিলা মাছিতে। বর্তমানে এই সেপেরনগুলির গঠন ও কার্যকারিতা নিয়ে পৃথিবীব্যাপী বহু গবেষণা চলছে।।

12.4 আর. এন. এর প্রকারভেদ

কোষে বিভিন্ন রকমের আর. এন. এ. কোষে দেখা যায় যাদের সহযোগিতায় প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। এগুলি প্রধানত mRNA, tRNA এবং rRNA। এছাড়াও কোষে বিভিন্নরকমের আর. এন. এ. পাওয়া যায়, সেগুলি সম্বন্ধে পরে আলোচনা করব। সবরকম আর. এন. এ. লেখার সময় আদ্যক্ষরটিকে ছোট অক্ষরে লেখা হয়। মনে রাখা প্রয়োজন যে, **সবরকমের আর. এন. এ.— ডি. এন. এ. থেকে তৈরি হয়।**

মেসেঞ্জার আর. এন. এ. (Messenger R. N. A.) m RNA	3 – 5%
রাইবোজোমাল আর. এন. এ. (Ribosonal RNA, rRNA)	80%
ট্রান্সফার আর. এন. এ. (transfer RNA, tRNA)	15%

সারনি 12:1 ঃ ইউক্যারিওটিক কোষে বিভিন্ন রকম আর. এন. এ.-এর শতকরা অনুপাত।

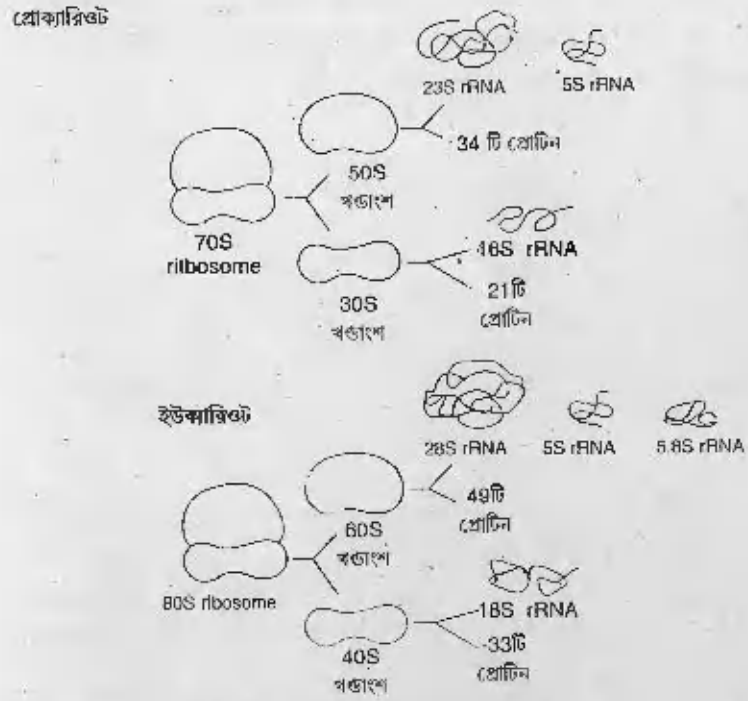
12.4.1 মেসেঞ্জার আর. এন. এ. (mRNA)

যে পদ্ধতিতে ডি. এন. এ. থেকে RNA তৈরি হয় তাকে বলা হয় **ট্রান্সক্রিপশন**। ট্রান্সক্রিপশনের সময় ডি. এন. এ-এর দ্বিতন্ত্রী অবস্থাটি খুলে যায় এবং প্রতিটি তন্ত্রী আলাদাভাবে mRNA তৈরিতে সাহায্য করে, এক একটি তন্ত্রীকে এখন বলা হয় ছাঁচ বা টেমপ্লেট (Template) যার অনুকরণে বিপরীত ধর্মী (complementary) বেস পরপর যুক্ত হয়ে আর. এন. এ. সংশ্লেষিত হয়। অর্থাৎ ডি. এন. এ.-এর টেমপ্লেট তন্ত্রীটিতে যদি বেস থাকে ACTGA.....ইত্যাদি তাহলে সংশ্লেষিত নতুন m আর. এন. এ-এর বেসগুলি হবে UGACU। সাহায্যকারী এনজাইমটির নাম **আর. এন. এ. পলিমারেজ** (RNA polymerase) m আর. এন. এ. তৈরি হবার পর তা খুবই ক্ষণস্থায়ী— প্রোক্যারিওটিক কোষে (যেমন ব্যাকটিরিয়া) এটি কয়েকমিনিট

থাকে; ইউক্যারিওটিক কোষে কয়েক ঘণ্টা বা কয়েকটি বিশেষ ক্ষেত্রে কয়েকদিন থাকে। ইউক্যারিওটিক কোষের নিউক্লিয়াসে সদ্য তৈরী আর. এন. এ.-কে বলা হয় হেটারোজেনাস নিউক্লিয়ার আর. এন. এ. (hn RNA) যা বিভিন্ন মাপের হয়। পরে তা বিশেষ কয়েকটি ধাপে রূপান্তরিত হয়ে নিউক্লিওপ্লাজম থেকে mRNA রূপে কোষের সাইটোপ্লাজমে জমা হয়। প্রোক্যারিওটিক কোষে এক রকমের আর. এন. এ. পলিমারেজ উৎসেচক mRNA, tRNA, rRNA তৈরি করে কিন্তু ইউক্যারিওটিক কোষে তিন রকমের আর. এন. এ.-এর জন্য তিনধরনের আর. এন. এ. পলিমরেজ দেখা যায় যাদের RNA পলিমারেজ I, II ও III নামে অভিহিত করা হয়। আর. এন. এ. পলিমারেজ II এবং III নিউক্লিওপ্লাজমে পাওয়া যায়। এই পলিমারেজ II এনজাইমটি mRNA তৈরিতে অংশগ্রহণ করে। নতুন আর. এন. এ.-টি সংশ্লেষিত হয় 5'–3' এই দিকনির্দেশ অনুযায়ী।

12.4.2. : rRNA (রাইবোজোমাল আর. এন. এ.)

আমরা জেনেছি যে— rRNA সাইটোপ্লাজমের কয়েকটি প্রোটিনের সমন্বয়ে কোষের রাইবোজোমগুলি তৈরি করে। এই রাইবোজোম অণুগুলি প্রোটিন সংশ্লেষে প্রত্যক্ষভাবে অংশগ্রহণ করে। কোষের নিউক্লিয়াসের ক্রোমোজোমগুলি নিউক্লিওলাস অঞ্চলে একসাথে জড়ো হয়ে **নিউক্লিওলার আরগ্যানাইজার** (Nucleolar Organiser) গঠন করে। rRNA এই নিউক্লিওলার অরগ্যানাইজার অঞ্চলে যুক্ত ক্রোমোজোমগুলির ডি. এন. এ. থেকে তৈরি হয়। নিউক্লিওলাসের আর. এন. এ. পলিমারেজ I এনজাইমটি rRNA তৈরিতে সাহায্য করে। আমরা জানি, প্রোক্যারিওটিক রাইবোজোমগুলি 70S এবং ইউক্যারিওটিক রাইবোজোম 80S প্রকৃতির হয়।



চিত্র – 12.6 : প্রোক্যারিওটিক ও ইউক্যারিওটিক কোষের (70S and 80S) রাইবোজোমের অংশগুলিও ইকোনিউক্লিওপ্রোটিনগুলি দেখানো হল।

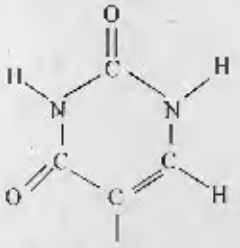
12.6 চিত্রে রাইবোজোমের বড় ও ছোট অংশগুলি যেধরনের rRNA দিয়ে গঠিত তা দেখানো হল। তবে rRNA এর বৈশিষ্ট্য হল যে এর অংশবিশেষের বেসসজ্জা (base sequence; অর্থাৎ কোন বেসের পরে কোন বেস থাকবে, যেমন AUGCA ইত্যাদি) নির্দিষ্ট থাকে ***E. Coli*** (ব্যাকটিরিয়া) থেকে Elephant (উন্নত শ্রেণীর স্তন্যপায়ী) সবার ক্ষেত্রে। অভিব্যক্তি ধারাপথে এই বেসসজ্জা অপরিবর্তনশীল থাকাকে বিজ্ঞানের ভাষায় আমরা বলি "অতিরিক্ত সংরক্ষিত" বা "Highy conserved", বেসসজ্জা।

12.4.3. ঃ Transfer RNA (tRNA) ট্রান্সফার আর. এন. এ.

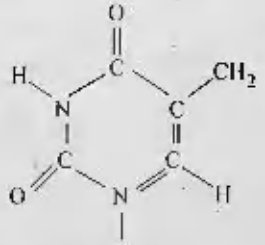
সাইটোপ্লাজমে ছড়িয়ে ছিটিয়ে থাকা অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলিকে tRNA সংঘবদ্ধ করে রাইবোজোমে পরপর বিন্যস্ত করে পূর্ণাঙ্গ প্রোটিনের রূপ দেয়। ফলে প্রতিটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের জন্য ভিন্ন ভিন্ন tRNA দেখা যায়। t RNA এর অস্তিত্ব প্রথম পর্যবেক্ষণ করেন Crick, পরে এর গঠন বিশ্লেষণ করেন হোয়াগল্যান্ড (Hoagland) 1955 সালে। 1965 সালে রবার্ট হোলে (Robert Holley) ইস্ট ছত্রাকের tRNA এর সমস্ত বেসসজ্জার (base sequence) চিত্র তুলে ধরেন এবং পরবর্তীকালে tRNA-এর দ্বিমাত্রিক মডেল বর্ণনা করেন। এই দ্বিমাত্রিক আকারকে দেখতে অনেকটা ক্লোভার গাছের পাতার মতো দেখতে বলে একে "ক্লোভার লিফ মডেল" (clover leaf model) বলে আখ্যা দেওয়া হয়। পরবর্তীকালে t RNA-এর ত্রিমাত্রিক আকারও আবিষ্কৃত হয়। RNA-এর পলিমারেজ III উৎসেচকটি প্রত্যক্ষভাবে tRNA তৈরিতে সহায়তা করে।

t. আর. এন. এ-এর দ্বিমাত্রিক গঠন (ক্লোভার লিফ্ মডেল) ঃ

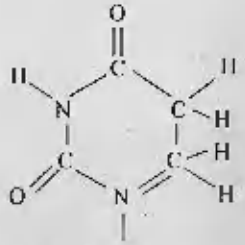
বেসগুলি হাইড্রোজেন বন্ধনীদ্বারা পরস্পরের সাথে যুক্ত হয়ে এই মডেল তৈরি করে। tRNA বৈশিষ্ট্য হল স্বাভাবিক বেসগুলি ছাড়াও ওই বেসগুলি থেকেই তৈরি কিন্তু নতুনরকমের কিছু বেস এতে থাকে। যেমন, সিউডোইউরাসিল, রাইবোথায়ামিন, ডাইহাইড্রোইউরিডিন ইত্যাদি।



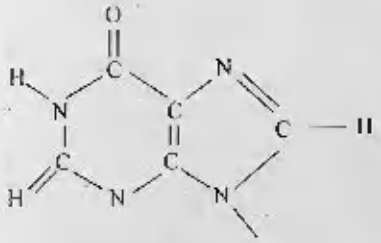
সিউডোইউরাসিল (Ψ)



রাইবোথায়ামিন (T)



ডাইহাইড্রোইউরাসিল (D)



ইনোসিন (I)

চিত্র – 12.7 : tRNA এ তে কিছু অন্যরকম কয়েকটি বেস থাকে। সেগুলি দেখানো হল।

"S" মানে "Svedberg Unit"—এ সম্বন্ধে আমরা II : 9 অধ্যায়ে আলোচনা করেছি।

t RNA-এর বাহু তিনটিতে বেসগুলি নিম্নরূপ—

(a) **অ্যান্টিকোডনলুপ** | "কোডন" হল তিনটি বেসসমন্বিত RNA-এর অংশ যা একটি অ্যামাইনো অ্যাসিডকে চিহ্নিত করে। এই কোডন যদি GCC হয় তবে tRNA-এর বেসগুলি হবে বিপরীতধর্মী (complementary) অর্থাৎ CGG, এগুলিকেই বলাহয় অ্যান্টিকোডন J। প্রোটিন সংশ্লেষের ট্রান্সলেশন ধাপে tRNA-এর অ্যান্টিকোডনগুলি mRNA-এর কোডনগুলির সাথে জোড় বন্ধন করে। ইনোসিন (I) নামক বেসটি অনেকসময় অ্যান্টিকোডন লুপে থাকে, সেক্ষেত্রে পূর্বোক্ত অ্যান্টিকোডনটি CGI হতে পারে।

(b) **D-লুপ বা DHU লুপ (Dihydrouracil) :** এই লুপটিতে ইউরাসিল পিরিমিডিন থেকে তৈরি ডাইহাইড্রোইউরাসিল বেসটি থাকে।

(C) **T-লুপ বা T ψ C লুপ :** এই লুপটিতে যথাক্রমে রাইবোথায়ামিন (ribrthymine)— সিউডোইউরাসিল (Pseudouracil) – সাইটোসিন (Cytosine)

এগুলি ছাড়াও কিছু নতুন বেস যেমন মিথাইলইনোসিন (methylinosin) অ্যান্টিকোডন লুপে থাকতে পারে।

এছাড়া আরও কয়েকটি বৈশিষ্ট্য হল— t RNA-এর 3' OH মুক্ত প্রান্তের সঙ্গে অ্যামাইনো অ্যাসিড যুক্ত হতে পারে। এই প্রান্তে বেসগুলির বিন্যাসক্রম হল 3'–CCA।

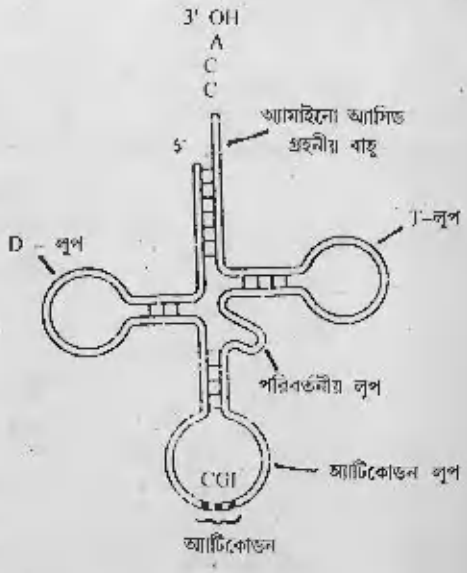
t RNA-এর ত্রিমাত্রিক গঠন :

1947 সালে ইষ্ট ছত্রাকের ফিনাইল অ্যালনিন অ্যামাইনো অ্যাসিডটির t RNA পর্যবেক্ষণ করতে গিয়ে আলেজান্ডার রিচ্ (Alexander Rich) এবং আরন ক্লাগ্ (Aaron Klug) t RNA-এর ত্রিমাত্রিক গঠন বর্ণনা করেন। ক্রিস্টালোগ্রাফী (X-ray crystallography) পরীক্ষার মাধ্যমে দেখা যায় যে অণুটি অনেকটা "L" আকৃতি। যার কিছু কিছু প্রান্তে থাকে CCA বেসসজ্জাক্রম এবং অন্যদিকটিতে থাকে অ্যান্টিকোডন লুপ।

এ্যান্টিকোডন

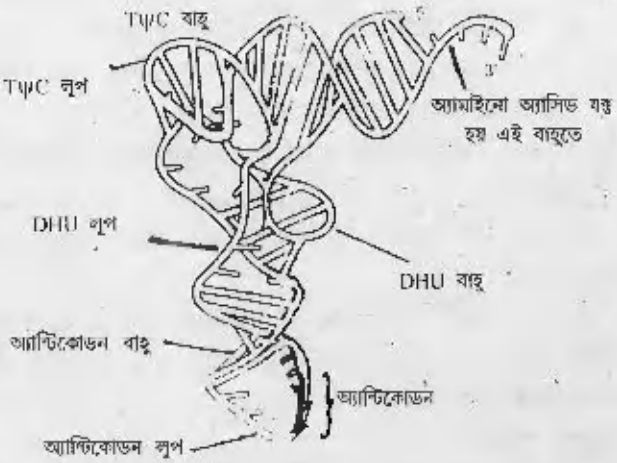
```
  3'          5'
– C – G – I   tRNA
  :   :   :
  :   :   :
– G – C – C – mRNA
  5'          3'
```

(a), (b), (c) লুপ ছাড়াও অতিরিক্ত আরএকটি লুপ tRNA এতে বর্তমান একটি **পরিবর্তনীয় লুপ** (Variable loop)। এই লুপটি 3-21 নিউক্লিওটাইড সমন্বয়ে গঠিত হয়।



চিত্র – 12.8 : tRNA এর দ্বিমাত্রিক গঠন (ক্লোভার লিফ্ মডেল)

TψC এবং DHU লুপ দুটি L এর কোনটিতে থাকে। 'L' এর একদিকে বেসগুলি অনুভূমিকভাবে পরস্পরের সাথে যুক্ত থাকে এবং অন্যদিকে বেসগুলি অভিলম্ব বরাবর যুক্ত থাকে।



চিত্র 12.9 : tRNA-এর ত্রিমাত্রিক মডেল

বার্তাবহ আর. এন. এ. (mRNA), রাইবোজোমাল আর. এন. এ. (rRNA) ও ট্রান্সফার আর. এন. এ (tRNA) ছাড়া বেশ কয়েকপ্রকার আর. এন. এ-র কথা জানা গিয়েছে। নিম্নলিখিত সারণী থেকে তাদের সম্বন্ধে জানতে পারবো।

আর. এন. এ	কাজ
1. hn RNA হেটেরোজেনাস নিউক্লিয়ার আর. এন. এ.)	ডি. এন. এ থেকে তৈরি সদ্য mRNA-কে বলা হয় hnRNA. এই hnRNA বিভিন্ন ধাপের মধ্যে দিয়ে রূপান্তরিত হয়ে প্রোটিন সংশ্লেষ উপযোগী m RNA তৈরি করে। এই ধরনের RNA ইউক্যারিওটিও কোষের নিউক্লিয়াসে দেখা যায় এবং বিভিন্নমাপের হয়। এটি জিনের এক্সন (exon) ও ইনট্রন (intron) দুধরনের অংশ নিয়ে তৈরি। পরে ইনট্রন অংশগুলি ছিন্ন হয়ে গিয়ে mRNA তৈরি করে। যে পদ্ধতিতে **অকার্যকারী ইনট্রন কার্যকরী এক্সন** থেকে ছিন্ন হয় সে পদ্ধতিকে বলা হয় **আর. এন. এ. স্পলাইসিং** (RNA splicing)
2. Sn RNA (Small nuclear RNA) or U-RNA (uridine rich RNA)	কমাআনবিক গুরুত্ব বিশিষ্ট, কম বেসসজ্জাসমন্বিত RNA যা নিউক্লিয়াসের ডি. এন. এ. থেকে তৈরি hnRNA-কে প্রোটিন সংশ্লেষে কার্যোপযোগী mRNA-তে পরিণত হতে সাহায্য করে।

আর. এন. এ	কাজ
	অর্থাৎ ইউক্যারিওটিক কোষের নিউক্লিওপ্লাজমের এই RNA ইন্ট্রনকে ছিন্ন করতে সাহায্য করে। এই SnRNA টিতে 'U' (ইউরাসিল) বেসটির প্রাচুর্য থাকে বলে এক ইউরিডিন-রিচ্ RNA বা URNA নামেও অভিহিত করা হয়।
3. Sc RNA (Small cytoplamic RNA)	খুব কম আনবিক-গুরুত্ব বিশিষ্ট এইসব আর. এন. এ. সাইটোপ্লাজমে দেখা যায় এবং বিভিন্ন রকম প্রোটিনের সাথে যুক্ত হয়ে রাইবোনিউক্লিওপ্রোটিন বা সংক্ষেপে ScRNP গঠন করে। তবে এদের কার্যকারিতা সম্বন্ধে বিশেষ কিছু জানা না গেলেও দেখা যায় যে, এইসব আর. এন. এ জিনের গুণাগুন প্রকাশকে (gene expression) নিয়ন্ত্রণ করে।
4. অ্যান্টিসেন্স আর. এন. এ. (Antisense RNA) বা mic-RNA (m-RNA interfering complamentary RNA.) antisense DNA	নতুন আবিষ্কৃত এই আর. এন. এ প্রোটিন সংশ্লেষকে নিয়ন্ত্রণ করে। এই আর. এন. এ-এর বেসসজ্জা mRNA এর বেসসজ্জার বিপরীতধর্মী (Complementary) হয় এবং mRNA এর সাথে যুক্ত হয়ে দ্বিতন্ত্রী গঠন করে[+], কোনো একটি বিশেষ ধরনের প্রোটিনসংশ্লেষকে বাধা দিয়ে সংশ্লেষকে নিয়ন্ত্রণ করে। অনেকসময় mRNA এর বিপরীতধর্মী বেসসজ্জাবিশিষ্ট একতন্ত্রী DNA কেও প্রোটিন সংশ্লেষের নিয়ন্ত্রক হিসাবে ব্যবহার করা হয়, তখন তাকে antisense DNA নামে অভিহিত করা হয়। প্রকৃতিতে প্রধানত ব্যাকটিরিয়াতে এই antisense RNA প্রচুর পাওয়া যায়, তবে কৃত্রিমভাবে মাইক্রোইনজেক্শন্ পদ্ধতি বা বাহকের মাধ্যমে কোষে অ্যান্টিসেন্স প্রবেশ করিয়ে বিশেষ কোনো প্রোটিনের সংশ্লেষকে বন্ধ রাখা যায়। কৃত্রিমভাবে তৈরি অ্যান্টিসেন্স আর. এন. এ. গুলি সাধারণত 20টি অলিগোনিউক্লিওটাইড বিশিষ্ট হয়। বর্তমানে চিকিৎসাশাস্ত্রে এই অ্যান্টিসেন্স আর. এন. এ. ব্যবহার করে রোগ নিরাময়ের চেষ্টা চলছে। এই সংক্রান্ত গবেষণার জন্য 2006 খৃষ্টাব্দের নোবেল প্রাইজে ভূষিত হয়েছেন রাজার কর্ণবার্গ।
5. রাইবোজাইম (Ribozyme)	আর. এন. এ. যখন উৎসেচক রূপে রাসায়নিক বিক্রিয়ায় অংশগ্রহণ করে তখন তাকে বলা হয় রাইবোজাইম। অর্থাৎ এক্ষেত্রে উৎসেচক প্রোটিন না হয়ে RNA নিজেই সেই কাজ করে। উদাহরণ, সদ্য তৈরি tRNA রাইবোজাইমের সাহায্যে বিভিন্নভাবে রূপান্তরিত হয়ে ট্রান্সশ্লেষণের উপযোগী tRNA-তে পরিণত হয়। মাইটোক্রনডিয়ার

	মধ্যস্থ ডি. এন. এ.-এর সংশ্লেষেও কয়েকটি রাইবোজাইম অংশগ্রহণ করে। [ক্রোমোজোমের টেলোমিয়ার অঞ্চলের দৈর্ঘ্য বজায় রাখে টেলোমারেজ নামক একটি এনজাইম, সেটিও রাইবোজাইম গোত্রের।]
6. Sno RNA (Small nucleolar RNA)	এটি খুব কম আনবিক গুরুত্ব-বিশিষ্ট, অতিকম বেসসজ্জা সমন্বিত RNA যা নিউক্লিওলাসে তৈরি pre r RNA এর রূপান্তর ঘটিয়ে পরিণত r RNA তৈরিতে সাহায্য করে। এরকম কয়েকটি SNO আর. এন. এ. হল U_1 RNA, U_2 RNA, U_3 RNA, U_8 RNA, U_{22} RNA ইত্যাদি।
7. ইনিশিয়েটর আর. এন. এ. (initiator RNA)	স্বল্প বেসসজ্জা সমন্বিত আর. এন. এ যা ডি. এন. এ সংশ্লেষের পিছিয়ে থাকা (Lagging Stand) তন্ত্রীটিকে সংশ্লেষে অংশগ্রহণ করতে সাহায্য করে এবং শুরুতে প্রাইমার (Primer) হিসাবে কাজ করে। *
8. টিলোমারেজ আর. এন. এ. (Telomerase আর. এন. এ)	স্বল্পকয়েকটি বেসসজ্জা সমন্বিত RNA যা নিউক্লিয়াসের ক্রোমোজোমের টিলোমেয়ার তৈরিতে অংশগ্রহণ করে। আমরা জানি ক্রোমোজোমের টিলোমেয়ার অংশটিতে **বেসসজ্জার পুনরাবৃত্তি** (repeatative sequence) হয়। এই বিশেষ অংশটি তৈরি হয় RNA এর তন্ত্রীটিকে কাজে লাগিয়ে।
9. গাইড আর. এন. এ. (g-RNA or guide RNA)	mRNA রূপান্তরের সময় দেখা যায় যে কোনো একটি বেস (যেমন U) mRNA তন্ত্রীটিতে যোগ হয় বা ছিন্ন হয়ে যায়— এই পদ্ধতিকে বলা হয় আর. এন. এ. এডিটিং (RNA-editing)। বর্তমানে এই বিশেষ পদ্ধতিটি উদ্ভিদ, স্তন্যপায়ী প্রাণী, প্রোটোজোয়া প্রভৃতি কোষে আবিষ্কৃত হয়েছে। g-RNA এই বিশেষ পদ্ধতিটিতে প্রত্যক্ষভাবে অংশগ্রহণ করে।

+ আমরা জানি, প্রোটিনসংশ্লেষের ট্রান্সক্রিপসনে ও ট্রান্সলেশনে DNA ও RNA উভয়েই একতন্ত্রী অবস্থায় অংশগ্রহণ করে, ফলে দ্বিতন্ত্রী অবস্থা তৈরি হলে সংশ্লেষ ব্যাহত হয়।

* ডি. এন. এ. সংশ্লেষ : এ সম্বন্ধে আপনারা বিস্তারিতভাবে অন্য অধ্যায়ে জানবেন। তবে সংশ্লেষের শুরুতে ডি. এন. এ. দ্বিতন্ত্রী অবস্থা খুলে যায় এবং তন্ত্রীদুটি আলাদা আলাদাভাবে সংশ্লেষে অংশ নেয়— একটি আগে এবং একটি পরে। পিছিয়ে থাকা তন্ত্রীটিকে বলা হয় ল্যাগিং স্ট্র্যান্ড (Lagging stand)

তবে মনে রাখা প্রয়োজন যে উপরে উল্লিখিত প্রায় সব RNA গুলিই স্বল্প বেসসজ্জা সমন্বিত, স্বল্পআনবিক গুরুত্ব বিশিষ্ট, কোষের ভিতর ক্ষণস্থায়ী এবং বিভিন্নরকম সংশ্লেষ পদ্ধতিতে অংশগ্রহণ করে। কেউ কেউ ডি. এন. এ সংশ্লেষে আবার বেশীরভাগই RNA সংশ্লেষ বা রূপান্তরে অংশ নেয়। যেমন— সংক্ষেপে,

m RNA রূপান্তরে — Sn RNA, g RNA

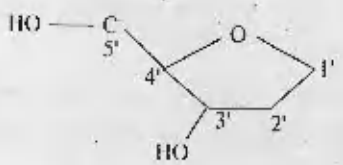
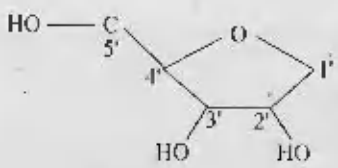
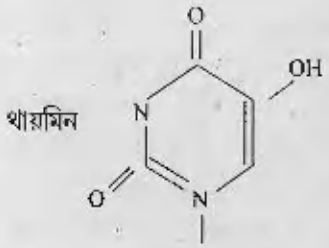
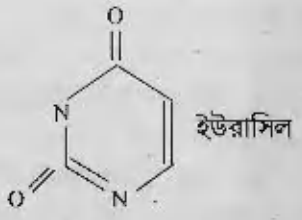
r RNA রূপান্তরে — Sno RNA

t RNA রূপান্তরে — রাইবোজাইম

এবং জিনের গুণাগুণ বহিঃপ্রকাশে ScRNA, antisense RNA নিয়ন্ত্রক হিসাবে কাজ করে।

12.5 ডি. এন. এ ও আর. এন. এ-এর পার্থক্য

এই নিউক্লিক অ্যাসিড দুটি পার্থক্য নিম্নরূপ ঃ

ডিঅক্সিরাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড (ডি. এন. এ)	রাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড (আর. এন. এ)
1. শর্করাটি ডিঅক্সিরাইবোজ 	1. শর্করা রাইবোজ শর্করা। 
2. নাইট্রোজেন বেস। পিউরিন দ্বয় **অ্যাডিনিন গুয়ানিন; পিরিমিডিনদ্বয় সাইটোসিন** ও  **থায়ামিন**।	2. নাইট্রোজেন বেস পিউরিন - অ্যাডিনিন, গুয়ানিন, পিরিমিডিন - সাইটোসিন ও **ইউরাসিল**। 
3. দ্বিতন্ত্রী (Donble stranded)	3. সাধারণত একতন্ত্রী, বিশেষ কোনো কোনো সময় দ্বিতন্ত্রী।
4. ডি. এন. এ. দ্বিতন্ত্রী হওয়ায় অতিরিক্ত কোনো বেস ফাঁকা থাকে না ফলে বেসগুলির আন্তঃতন্ত্রীঘটিত জোড়বাঁধার প্রবণতা প্রায় নেই বললেই চলে।	4. আর. এন. এ. একতন্ত্রী হওয়ায় আন্তঃতন্ত্রী বেসগুলি নিজেদের মধ্যে (intramolecular basepairing) বন্ধনীদ্বারা যুক্ত হয়ে সতত দ্বিমাত্রিক গঠন তৈরি করতে পারে।

ডিঅক্সিরাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড (ডি. এন. এ)	রাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড (আর. এন. এ)
5. ডি. এন. এ তুলনামূলকভাবে এই ধরনের (ডানদিকে উল্লিখিত) কাজে অংশগ্রহণ করতে পারে না।	5. আর. এন. এ.-এর বিভিন্নরকম দ্বিমাত্রিক গঠন কোষের বিভিন্নরকম অত্যাবশ্যক কাজ যেমন - জিনগত ধর্মের বহিঃপ্রকাশ (Gene expression) এবং তার নিয়ন্ত্রণ ইত্যাদিকে চালনা করে।
6. ডি. এন. এ.-তে অস্বাভাবিক বেস প্রায় নেই বললেই চলে, ফলে ডি. এন. এ অনেকবেশী রক্ষণশীল।	6. আর. এন. এ-তে অস্বাভাবিক বেসের প্রাচুর্য থাকার দরুন আর. এন. এ. পরিবর্তনশীল।
7. এছাড়াও তন্ত্রীর ব্যাস, ঘূর্ণনের দিক, চক্রের একটি প্যাঁচে বেসগুলির দূরত্ব ও সংখ্যা ইত্যাদির উত্তর ভিত্তি করে ডি. এন. এ-কে বিভিন্ন রকমভাবে ভাগ করা হয়। যেমন A-DNA, Z-DNA ইত্যাদি।	7. আর. এন. এ-কেও তাদের গঠন ও কাজের উপর নির্ভর করে বিভিন্নভাবে ভাগ করা যায়। যেমন mRNA, rRNA এবং tRNA.
8. ডি. এন. এ. নমনীয় এবং খুব সহজে ক্ষারীয় দ্রবণে বিশ্লেষিত হয় না।	8. আর. এন. এ অপেক্ষাকৃতভাবে অনমনীয়। (Steric hindrance থাকার দরুন) এবং সহজেই ক্ষারীয় দ্রবণে বিশ্লেষিত হয়।
9. ডি. এন. এ. জীবদেহের প্রধান বংশগতির ধারক ও বাহক।	9. কেবলমাত্র ভাইরাস ছাড়া আর. এন. এ. সাধারণত জীবদেহে বংশগতির ধারক ও বাহক রূপে কাজ করে না।

12.6 সারাংশ

জীবকোষের ডি. এন. এ ছাড়া অপর আর একটি নিউক্লিক অ্যাসিডের নাম আর. এন. এ (রাইবোনিউক্লিক অ্যাসিড)। আর. এন. এ. কার্বন, নাইট্রোজেন, হাইড্রোজেন ও অক্সিজেন ও ফসফরাস নিয়ে গঠিত একতন্ত্রীবিশিষ্ট জৈবতাণু। তন্ত্রীতে চারটি নাইট্রোজেন বেস (যাদের দুটি পিউরিন এবং দুটি পিরিমিডিন) শর্করার সাথে গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়ে নিউক্লিওসাইড গঠন করে। শর্করাটি পাঁচটি কার্বনযুক্ত রাইবোজ শর্করা যার দুই ও তিন নম্বর কার্বনদুটিতেই হাইড্রক্সিল মূলক থাকে। তবে আর. এন. এ-তে থায়ামিন নাইট্রোজেন বেসের পরিবর্তে ইউরাসিল বেস থাকে। ফসফেট অণুটি একটি শর্করার 3' নং কার্বনের এবং অপর আর একটি শর্করা 5' নং কার্বনের মধ্যে ফসফোডাইএস্টার বন্ধনী তৈরি করে। অ্যাডিনিন বেসটি ইউরাসিলের সাথে দুটি হাইড্রোজেন বন্ধনীদ্বারা এবং গুয়ানিন সাইটোসিনে সাথে তিনটি হাইড্রোজেন বন্ধনীদ্বারা যুক্ত হয়।

আর. এন. এ. একতন্ত্রী হওয়ায় বেসগুলির পারস্পরিক আকর্ষণ ও বিকর্ষণের ফলে দ্বিমাত্রিক ও ত্রিমাত্রিক গঠনশৈলী দেখা যায়। দেখা যায় যে অনেকসময় আর. এন. এর একতন্ত্রীটি নিজের অক্ষের সাপেক্ষে দ্বিতন্ত্রী হয়ে যায়। এরকম অবস্থার উদাহরণ হেয়ারপিন লুপ। আবার এরকম দুই বা তার বেশি দ্বিতন্ত্রী অবস্থা জুড়ে গিয়ে দ্বিমাত্রিক গঠন তৈরি করে। এগুলি যেমন স্টেম জাংশান, সিউডোনট্ ইত্যাদি। বিশেষ ধরনের

কতগুলি প্রোটিন এই দ্বিমাত্রিক গঠনকাঠামোকে নিয়ন্ত্রণ করে। এগুলিকে একসাথে বলা হয় মলিকিউলার সেপেরন্।

আমরা জানি যে কোনো একটি জিনে বিশেষ গুণাগুণ প্রকাশের জন্য প্রোটিনের সংশ্লেষ প্রয়োজন, কারণ প্রোটিনই কোষের গঠনগত ও কার্যকরী জৈব অণু। ডি. এন. এ থেকে তৈরি প্রধানত তিনরকমের আর. এন. এ mRNA, tRNA, rRNA প্রোটিন সংশ্লেষে অংশগ্রহণ করে যে পদ্ধতিতে ডি. এন. এ. থেকে আর. এন. এ. তৈরি হয় তাকে বলা হয় ট্রান্সক্রিপশন্। তিনরকমের আর. এন. এ. পলিমারেজ এনজাইম যথা, RNA পলিমারেজ I, II, III এই ট্রান্সক্রিপশন পদ্ধতিতে অংশগ্রহণ করে।

সারণি - 3

এনজাইমের নাম	অবস্থান	RNA এর প্রকারভেদ
RNA পলিমারেজ I	নিউক্লিওলাস	r RNA
RNA পলিমারেজ II	নিউক্লিওপ্লাজম	m RNA
RNA পলিমারেজ III	নিউক্লিওপ্লাজম	t RNA

এই তিনরকমের আর. এন. এ-এর সমন্বয়ে যে পদ্ধতিতে প্রোটিনটি তৈরি হয় তাকে বলা হয় ট্রান্সলেশণ। প্রোক্যারিওটিক এবং ইউক্যারিওটিক কোষের প্রোটিন সংশ্লেষে কিছু পার্থক্য আছে, সেগুলি সম্বন্ধে বিস্তারিত আলোচনা পরে করব।

তবে প্রধানত এই তিনরকম আর. এন. এ. ছাড়াও কয়েকরকম স্বল্প আনবিকগুরুত্ব বিশিষ্ট, ক্ষণস্থায়ী আর. এন. এ কোষে তৈরি হয় যারা পরোক্ষভাবে বিভিন্নরকম সংশ্লেষ প্রক্রিয়াকে নিয়ন্ত্রণ করে। এগুলি যেমন— hn RNA, Sn RNA, Sc RNA, antisense RNA, Ribozyme, Sno RNA, ইনিসিয়েটর RNA, টিলোমারেজ RNA, guide RNA ইত্যাদি। hn RNA টিকে প্রধানত ইউক্যারিওটিক কোষে আমরা পাই। এই hnRNA টি কার্যকরী জিন (exon) এবং অকার্যকরী জিন (intron) কে ছিন্ন করে ট্রান্সলেশণে অংশগ্রহণ করে। কিন্তু প্রোক্যারিওটিক কোষে সরাসরি কার্যকরী জিন (exon) তৈরি হয়, সেক্ষেত্রে অকার্যকরী জিন (imtron) এর অস্তিত্ব নেই বলে পরবর্তী ধাপটির প্রয়োজন নেই।

12.8 প্রশ্নাবলী

1. সঠিক উত্তরটি (✓) চিহ্ন দিন।

(a) আর. এন. এ ..... সমন্বিত জৈব অণু।

(i) ডিঅক্সিরাইবোজ — অ্যাডিনিন — ফসফেট

(ii) রাইবোজ — থায়ামিন — ফসফেট

(iii) রাইবোজ — ইউরাসিল — ফসফেট

(b) আর. এন. এ.

(i) দ্বিতন্ত্রী, (ii) সাধারণত একতন্ত্রী তবে কখনও কখনও দ্বিতন্ত্রী, (iii) একতন্ত্রী।

(c) একটি পলিপেপটাইড তৈরি হওয়ার জন্য প্রয়োজন।
(i) শুধুমাত্র mRNA (ii) tRNA ও rRNA (iii) nRNA, tRNA, rRNA.

(d) ডি. এন. এ. থেকে আর. এন. এ. তৈরি হওয়ার পদ্ধতিতে বলা হয়—
(i) ট্রান্সলেশন, (ii) ট্রান্সক্রিপশন, (iii) জিনের ধর্মের বহিঃপ্রকাশ।

2. একটি বেসকে নিয়ে আর. এন. এ পলিনিউক্লিওটাইডের ছোট্ট একটি অংশ রেখাচিত্রের মাধ্যমে একে দেখান।

3. ইউক্যারিওটিক কোষের প্রোটিন সংশ্লেষের সংক্ষিপ্ত চিত্রটি একে লেবেল করুন।

4. অল্পকয়েকটি বাক্যে উত্তর দিন ঃ
(i) tRNA, (ii) mRNA, (iii) rRNA.

5. ডি. এন. এ ও আর. এন. এ-এর পার্থক্যগুলিকে সারণি করে উল্লেখ করুন।

12.9 উত্তরমালা

1. (a) (iii), (b) (ii), (c) (iii), (d) (ii)
2. চিত্র 12 : 4 দেখো।
3. চিত্র 12 : 6 দেখো।
4. tRNA, mRNA, rRNA, পরিচ্ছেদগুলি পড়লে উত্তর পাবেন।
5. 12 : 5

অতিরিক্ত পাঠ্য

(ডি. এন. এ. ও আর. এন. এ.-এর পাঠ্যসূচির জন্য)

1. Advanced Molecular Biology (A concise Reference)
Richard M. Twyman; (edt) W. Wisden, 2003, Viva Books Pvt. Ltd. New Delhi.
2. The Cell (a molecular approach); Geoffrey M. Cooper. 2nd Ed. ASM Press, USA, 2000.
3. Concepts of Genetics, William S. Klug and Michael R. Cummings; 2003, Pearson Education, Singapore.
4. Molecular Biology of the Cell, Alberts, Bray, Lewis, Raff, Roberts & J. D. Watson; 1989, (2nd Ed), USA. Garland Publishing.
5. Molecular Biology of the Gene; Watson, Hopkins, Roberts, Steitz, Weiner, (4th ed); Benjamin Cummings Publishing Company, 1988.
6. Biochemistry, Lubert Stryer, (4th ed), W. H. Freeman and Company, N. Y., 2000.

একক 13 ❑ অনুলেখন (Transcription) এবং আর. এন. এ প্রক্রিয়াকরণ (RNA Processing)

গঠন

13.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

13.2 অনুলেখনে অংশগ্রহণকারী উপাদানসমূহ

13.3 অনুলেখন পদ্ধতির বিভিন্ন পর্যায়

- 13.3.1 প্রারম্ভ (Initiation)
- 13.3.2 RNA তন্তুর দীর্ঘিকরণ (Elongation)
- 13.3.3 সমাপ্তিকরণ (Termination)

13.4 আদি ও আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে অনুলেখন পদ্ধতির পার্থক্য

13.5 RNA প্রক্রিয়াকরণ (RNA Processing)

- 13.5.1 বিচ্ছিন্নকরণ (Splicing)
  - 13.5.1.1 mRNA বিচ্ছিন্নকরণ (mRNA splicing)
  - 13.5.1.2 rRNA বিচ্ছিন্নকরণ (rRNA splicing)
  - 13.5.1.3 tRNA বিচ্ছিন্নকরণ (tRNA splicing)
- 13.5.2 ট্রিমিং (Trimming)
- 13.5.3 3' প্রান্তে নিউক্লিওটাইড সংযুক্তীকরণ (Tailing)
- 13.5.4 টুপী সংযোজন (Capping) ও মিথাইল বিভাগ সংযুক্তিকরণ (Methylation)

13.6 সিস্ বিচ্ছিন্নকরণ ও ট্রান্স-বিচ্ছিন্নকরণ (Cis-splicing and Trans-splicing)

13.7 RNA সম্পাদনা (RNA editing)

13.8 সারাংশ

13.9 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

13.10 উত্তরমালা

13.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা ঃ

আপনারা সকলেই অবগত আছেন যে, প্রায় সমস্ত আদি নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে (কিছু ভাইরাস ছাড়া) এবং সকল উদ্ভিদ ও প্রাণীকোষে ডি. এন. এ. জেনেটিক বস্তু হিসেবে অবস্থিত থাকে। প্রোটিন ডি. এন. এ. থেকে সরাসরি তৈরি হয় না। কেন্দ্রীয় মতবাদ (Central dogma) অনুসারে ডি. এন. এ. থেকে প্রথমে আর. এন. এ. (রাইবো নিউক্লিক অ্যাসিড) এবং তারপর সেই আর. এন. এ. থেকে প্রোটিন তৈরি হয়। কোষের মধ্যে ডি. এন. এ. থেকে আর. এন. এ. তৈরির এই পদ্ধতিকে বলা হয় অনুলেখন বা ট্রাপক্রিপসন (Transcription)। এই অনুলেখিত আর. এন. এ.-র এবার কোষের মধ্যে বিভিন্নভাবে প্রক্রিয়াকরণ হয় যাকে আর. এন. এ. প্রক্রিয়াকরণ (R. N. A. Processing) বলা হয়। এই প্রক্রিয়াজাত আর. এন. এ. এবার প্রোটিন সংশ্লেষে অংশগ্রহণ করে। সুতরাং এটা বলা যায় যে অনুলেখন এবং প্রক্রিয়াকরণ না হলে প্রোটিন সংশ্লেষ অসম্ভব। আর প্রোটিন না থাকলে জীবজগতের কোনো অস্তিত্বই সম্ভব নয়। তাই এ সম্পর্কে আপনাদের সম্যক জ্ঞান থাকা বাঞ্ছনীয়।

উদ্দেশ্য ঃ

এই এককটি পাঠ করে আপনি—

- অনুলেখনের সংজ্ঞা এবং এর গুরুত্ব কী, তা বুঝতে পারবেন।
- এই পদ্ধতি কীভাবে কাজ করে তা জানতে পারবেন।
- অনুলেখনে অংশগ্রহণকারী উৎসেচক এবং সহযোগী উপাদানগুলি কি কি এবং অনুলেখনের কোন পর্যায়ে এরা কিভাবে অংশগ্রহণ করে তা জানতে পারবেন।
- আদি ও আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে এই পদ্ধতির পার্থক্য নিরূপণ করতে সক্ষম হবেন।
- বিভিন্নপ্রকার আর. এন. এ. প্রক্রিয়াকরণ সম্পর্কে ধারণা লাভ করতে পারবেন।

13.2 অনুলেখনে অংশগ্রহণকারী উপাদানসমূহ

প্রস্তাবনার সূত্র ধরে আমরা জানি যে সাধারণভাবে ডি. এন. এ. থেকে আর. এন. এ. সংশ্লেষের পদ্ধতিকে অনুলেখন বলা হয়। এই পদ্ধতিতে অংশগ্রহণকারী দুটি গুরুত্বপূর্ণ এবং প্রাথমিক উপাদান হল ডি. এন. এ. যা ছাঁচ হিসেবে ব্যবহৃত হয় এবং আর. এন. এ. পলিমারেজ (RNA Polymerase), যা আর. এন. এ. সংশ্লেষকারী উৎসেচক। ই. কোলাই (*E. Coli*) নামক ব্যাকটিরিয়ায় এবং কিছু আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে এই উৎসেচকটির উপর বিস্তারিত কাজ হয়েছে। *E. Coli* আর. এন. এ. পলিমারেজের আনবিক ওজন 4,90,000 ডালটন (d) এবং ছয়টি পলিপেপটাইড উপএকক নিয়ে গঠিত। এই ছয়টি উপ এককের মধ্যে দুটি আলফা (α) প্রতিটির আনবিক ওজন 41,000 ডালটন, একটি বিটা (β) – আনবিক ওজন 1,55,000 ডালটন, একটি বিটা ড্যাস্ (β') – আনবিক ওজন 1,65,000 ডালটন এবং একটি ওমেগা (ω) – আনবিক ওজন 12,000 ডালটন — এই পাঁচটি পলিপেপটাইড উপএকক নিয়ে গঠিত উৎসেচক অংশটিকে বলা হয় 'কোর' (core) উৎসেচক। 1969 সালে রিচার্ড বার্গস, অ্যান্ড্রু ট্রাভার্স এবং সহকর্মীরা এই 'কোর' উৎসেচকটির সঙ্গে আরও একটি পলিপেপটাইড উপ একক আবিষ্কার করেন। এর নাম 'সিগমা ফ্যাক্টর' (σ factor), আনবিক ওজন

95000 ডালটন। কোর উৎসেচক ও সিগমা ফ্যাক্টর নিয়েই একটি পরিপূর্ণ আর. এন. এ. পলিমারেজ উৎসেচক (Holoenzyme) গঠিত (চিত্র – 1)।

চিত্র – 13.1 : ই. কোলাই RNA পলিমারেজের বিভিন্ন উপএকক।

আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে (ইউক্যারিওটিক) তিনটি বিভিন্ন আর. এন. এ. পলিমারেজ থাকে। **আর. এন. এ. পলিমারেজ – I** নিউক্লিয়াসের মধ্যে অবস্থিত নিউক্লিওলাসে থাকে এবং রাইবোজোমীয় আর. এন. এ. (rRNA) সংশ্লেষ করে। অন্যদিকে **আর. এন. এ. পলিমারেজ II** এবং **III** নিউক্লিওলাসের বাইরে নিউক্লিওরসের মধ্যে অবস্থিত থাকে। **আর. এন. এ. পলিমারেজ III** এস. এন. আর. এন. এ. (Small nuclear RNA or snRNA) এবং টি. আর. এন. এ. (tRNA or transfer RNA) তৈরি করে কিন্তু সবচেয়ে গুরুত্বপূর্ণ কাজটি করে আর. এন. এ. পলিমারেজ – II উৎসেচকটি, এটি কোষের অধিকাংশ গঠনগত জিনের অনুলেখন করে এবং বার্তাবহ আর. এন. এ. (messenger RNA or mRNA) তৈরি করে।

আর. এন. এ. পলিমারেজ উৎসেচকটি ডি. এন. এ.-র একটি নির্দিষ্ট স্থান থেকেই আর. এন. এ. সংশ্লেষ বা অনুলেখন শুরু করে। এই নির্দিষ্ট স্থানটি প্রোমোটার (Promoter) অঞ্চল নামে পরিচিত। ই. কোলাই ব্যাকটিরিয়ায় এখনও পর্যন্ত 50 টি এরকম অঞ্চলের ক্রমানুবর্তীতা (Sequence) জানা গেছে এবং সামান্য অংশ ছাড়া প্রতিটি অঞ্চলের বাকি অংশগুলির মধ্যে প্রচুর পার্থক্য রয়েছে। এই সামান্য অংশটি খুবই সংরক্ষিত থাকে এবং ই. কোলাই. প্রোমোটারে এরকম তিনটি সংরক্ষিত অংশ রয়েছে।

(1) **প্রারম্ভিক বিন্দু** (Start Point) এটি সাধারণত অ্যাডেনিন (A) নামক একটি পিউরিন বেস নিয়ে গঠিত এবং প্রোমোটার অঞ্চলের মাঝামাঝি কোথাও অবস্থিত থাকে।

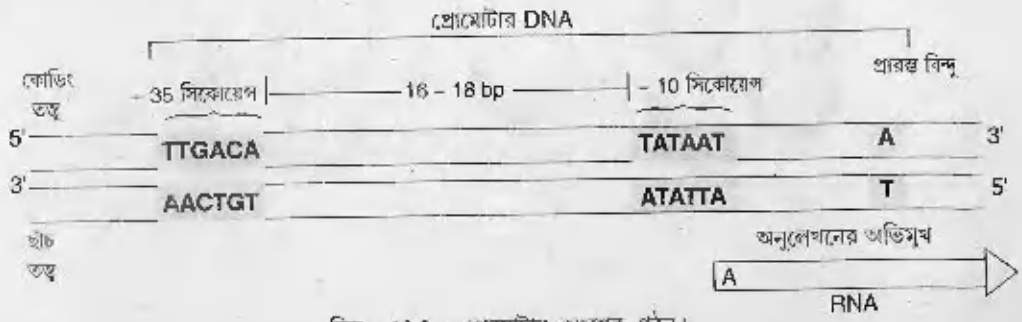
(2) **–10 ক্রমানুবর্তী অংশ :** অনুলেখনের প্রারম্ভিক বিন্দুর 10 টি বেস বাঁদিকে এটি অবস্থিত। একে **'আপস্ট্রিম 10** বলে অভিহিত করা হয়। এর বেসগুলির ক্রমানুবর্তীতা হল 'TATAAT' যার নাম দেওয়া হয়েছে **'প্রিবনো বক্স'** (Pribnow box)।

(3) – **35 ক্রমানুবর্তী অংশ :** অনুলেখনের প্রারম্ভিক বিন্দুর 35টি বেস বাঁদিকে অবস্থিত এই অংশটির বেসগুলির ক্রমানুবর্তীতা হল 'TTGACA', একে 'চিহ্নিতকরণ' (Recognition) রেখাও বলা হয়। (চিত্র –2)

আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে আর. এন. এ. পলিমারেজ প্রোমোটার অঞ্চলেও এরকম দুটি সংরক্ষিত অংশ রয়েছে—

(1) একটি অনুলেখনের প্রারম্ভিক বিন্দু থেকে 25টি বেস বাঁদিকে অবস্থিত। একে বলা হয় **'হগনেস বক্স' (TATA box),** এর বেসগুলির ক্রমানুবর্তীতা হল 'TATAAAA'।

(2) অপরটি ওই একই বিন্দুর 75টি বেস বাঁদিকে অবস্থিত, একে বলা হয় 'CAAT box' বা 'ক্যাট বাক্স' এবং এর বেসগুলির ক্রমানুবর্তীতা হল 'GGCCAATCT' এখানে উল্লেখযোগ্য যে প্রারম্ভিক বিন্দুর ডানদিকে অবস্থিত অঞ্চলগুলিকে 'Downstream' বলা হয়।



চিত্র – 13.2 : প্রোমোটার অংশের গঠন।

13.3 অনুলেখন পদ্ধতির বিভিন্ন পর্যায়

আর. এন. এ. পলিমারেজ উৎসেচকটি তিনটি বিভিন্ন পর্যায়ে এই পদ্ধতিটি সম্পন্ন করে। ই. কোলাই ব্যাকটিরিয়ায় এই তিনটি পর্যায় নিচে উল্লিখিত হল—

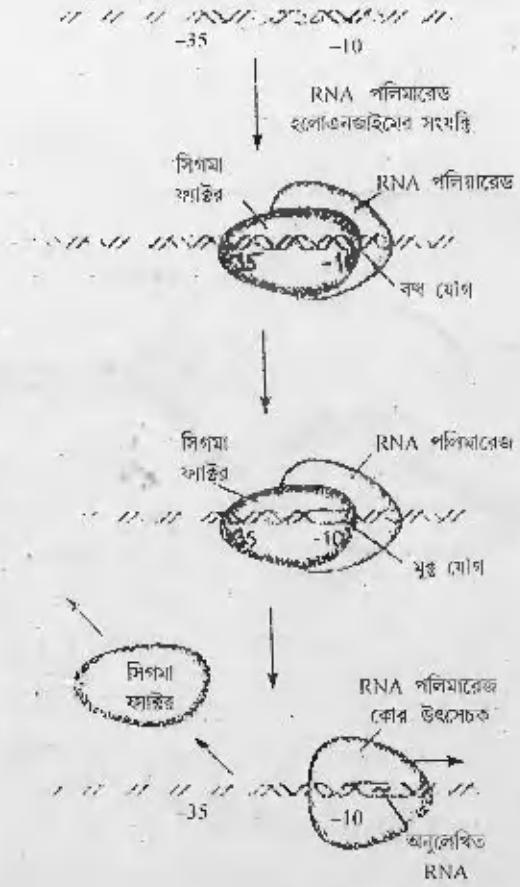
13.3.1 প্রারম্ভ (Initiation)

'সিগমা' যুক্ত উৎসেচকটি DNA-এর কাছাকাছি আসার পর সিগমা ফ্যাক্টরটি DNA-এর প্রমোটার অঞ্চলটিকে প্রথমে চিহ্নিত করে এবং তারপর উৎসেচকটিকে শক্ত করে সংযুক্ত (bind) করে। আম্লিক DNA এবং ক্ষারীয় পলিমারেজ প্রোটিনটির পারস্পরিক আকর্ষণ এই সংযুক্তিকরণকে ধরে রাখে, যা কয়েক ঘণ্টা স্থায়ী থাকে। প্রিবনো (Pribnow) বাক্স বা – 10 অঞ্চলটি এবার খুলতে থাকে যাকে 'DNA-এর গলন' (DNA melting) বলা হয়। এই গলন DNA-এর A = T অঞ্চলে G = C-এর তুলনায় তাড়াতাড়ি হয় এবং এই কারণেই প্রোমোটার অঞ্চলের এই অংশটি আগে খুলতে থাকে। RNA পলিমারেজ উৎসেচকটি এবার DNA-এর একটি তন্তুকে যাকে অর্থবাহী তন্তু (Sense strand) বলা হয়, ছাঁচ (template) হিসেবে ব্যবহার করে তার পরিপূরক RNA তন্তু তৈরি আরম্ভ করে। এই কাজে চারটি রাইবোনিউক্লিওটাইড (ATP, GTP, CTP এবং UTP) একক ব্যবহার করা হয়। প্রথম নিউক্লিওটাইড নির্দিষ্ট স্থানে বসানোর পর অনুলেখন এককটির (transcription unit) সংশ্লেষ শুরু হয়ে যায় এবং সিগমা ফ্যাক্টর উৎসেচকটির কোর অংশ থেকে বিচ্ছিন্ন হয়ে যায়। এই ফ্যাক্টরটি শুধুমাত্র সংশ্লেষ প্রক্রিয়া আরম্ভ করতে পারে কিন্তু তারপর এর কোনও ভূমিকা নেই (চিত্র–3)।

13.3.2 RNA তন্তুর দীর্ঘিকরণ (Elongation)

সিগমা ফ্যাক্টর পরিপূর্ণ উৎসেচক (Holoenzyme) থেকে বিচ্ছিন্ন হবার পর RNA পলিমারেজ এর কোর অংশটি প্রোমোটার অঞ্চল থেকে বেরিয়ে আসে এবং এর অর্থবাহী তন্তুটিকে ছাঁচ হিসেবে ব্যবহার করে ডাউনস্ট্রিম (downstream) এর দিকে মুক্ত 3'–OH মূলক ব্যবহার করে রাইবোনিউক্লিওটাইড এককগুলিকে 5'–3' দিকে

বসাতে থাকে এবং এইভাবে আর. এন. এ সংশ্লেষ চলতে থাকে। এই সংশ্লেষপদ্ধতি ডি. এন. এ. সংশ্লেষেরই অনুরূপ যদিও নিম্নলিখিত তিনটি ক্ষেত্রে আর. এন. এ. সংশ্লেষ পদ্ধতিটি একটু আলাদা—



চিত্র – 13.3 : ই. কোলাই ব্যাকটিরিয়ার অনুলেখনের প্রারম্ভপর্যায়।

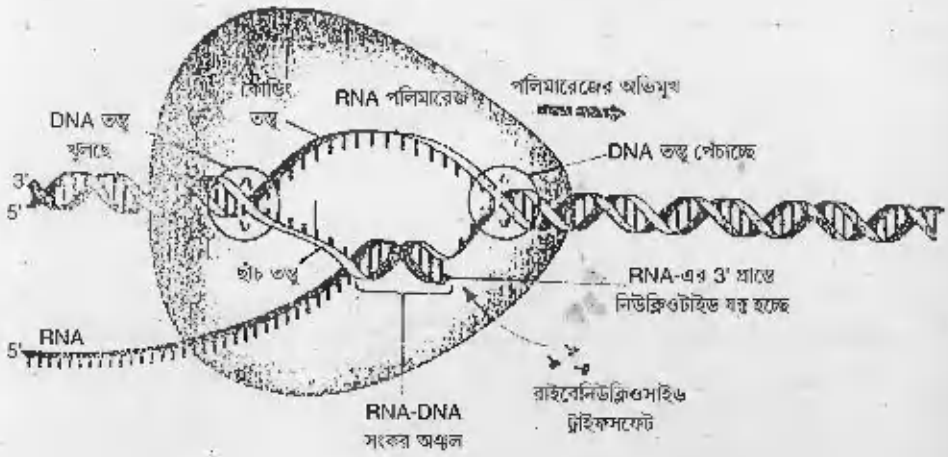
1. গঠনকারী একক ডিঅক্সিরাইবোনিউক্লিওটাইডের বদলে রাইবোজেনিউক্লিওটাইড

2. আর. এন. এ. পলিমারেজ উৎসেচকটি একবারে শুধুমাত্র সামান্য ডি. এন. এ. অংশেরই অনুলেখন করতে সক্ষম। এই অনুলেখনের গতি ***E. coli*** ব্যাকটিরিয়ায় 37°C তাপমাত্রায় 40 নিউক্লিওটাইড/ সেকেন্ড এবং কিছু ফাজ ভাইরাসে 37°C তাপমাত্রায় প্রতি সেকেন্ডে 200 টি নিউক্লিওটাইড।

3. পরিপূরক R. N. A. তন্তু তৈরির পর, D. N. A. – R. N. A. অসম দ্বিতন্ত্রী গঠন (Heteroduplex) থেকে বিচ্ছিন্ন হয়ে যায় এবং R. N. A. সবসময়েই একতন্ত্রী।

একটি গুরুত্বপূর্ণ বিষয় হল, RNA সংশ্লেষের সময়, একটি D. N. A. এর দুটি তন্তু কখনোই পুরো

খুলে যায় না। যেখানে RNA-র সংশ্লেষ চলে, DNA'র সেই অংশটিই শুধুমাত্র খুলে যায় (Melting) অন্য অংশ স্বাভাবিক ভাবেই পেঁচানো থাকে। ইউক্যারিওটিকোষের ক্ষেত্রে RNA সংশ্লেষ পদ্ধতির কিছু তফাৎ রয়েছে। পরবর্তী এককে এ সম্পর্কে আলোচনা করা হয়েছে। (চিত্র – 4)



চিত্র – 13.4 : ই. কোলাই ব্যাকটিরিয়ায় অনুলেখনের দীর্ঘিকরণ দশা।

13.3.3. ঃ সমাপ্তিকরণ (Termination)

ডি. এন. এর. প্রোমোটার অংশ আর. এন. এ. পলিমারেজ উৎসেচকটিকে অনুলেখন আরম্ভ করতে যেমন সাহায্য করে ঠিক সেরকমই কিছুক্ষণ সংশ্লেষ চলার পর উৎসেচকটি ডি. এন. এর অর্থবাহী তন্তুতে অবস্থিত টারমিনেটর সিকোয়েন্স-এ এসে পড়ে। অধিকাংশ আদিনিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে mRNA-র সংশ্লেষ ডি. এন. এর 3' AAAAAAT 5' বেস ক্রমানুবর্তীতায় এসে সমাপ্ত হয়। এই সমাপ্তিকরণ কখনও কখনও 'রো' (*rho*) নামে একটি পলিপেপটাইডের সাহায্যে সম্পন্ন হয়। তবে একতন্ত্রী RNA তৈরি হবার পর নিজের মধ্যে বেস যগ্ম (base pairing) গঠন করে 'হেয়ারপিন' (hairpin) নামে একটি 'লুপ' (loop) তৈরি করে। এই 'লুপ' এর পর একটি Poly-U অঞ্চল থাকে। আর. এন. এ পলিমারেজ উৎসেচকটি এই দুই অঞ্চলে এসে গেলে 'রো' (*rho*) প্রোটিন ছাড়াই অনুলেখন বন্ধ হয়ে যায়।

সংশ্লেষিত একতন্ত্রী আর. এন. এ-টি এবং কোর উৎসেচকটি ডি. এন. এ-র অর্থবাহী তন্তু থেকে বিচ্ছিন্ন হয়ে আসে। সম্পূর্ণ পদ্ধতি সম্পন্ন হবার পর ডি. এন. এর উন্মুক্ত অংশটি আবার পেঁচিয়ে যায় এবং কোর উৎসেচকটি 'সিগমা' ফ্যাক্টরটিকে সংযুক্ত করে আবার নতুন প্রোমোটার অঞ্চলের খোঁজ শুরু করে।

13.4 আদি নিউক্লিয়াসযুক্ত (Prokaryote) ও আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত (Eukaryote) কোষে অনুলেখন পদ্ধতির পার্থক্য

বিষয়	আদি নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষ	আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষ
1. আর. এন. এ পলিমারেজ		
(i) প্রকার	(i) এক রকম	(i) তিন রকম — আর. এন. এ. পলিমারেজ - I, II, III.
(ii) আনবিক গুরুত্ব	(ii) 4,80,000 ডালটন	(ii) 5,00,000 ডালটন
(iii) উপ একক	(iii) $\alpha_2\beta\beta'\sigma$	(iii) 2-বড় উপএকক + 10-টির কম ছোট উপ-একক।
2. অনুলেখন ফ্যাক্টর	জানা যায়নি	বিভিন্ন রকম আছে যা অনুলেখন পদ্ধতিকে ও তার নিয়ন্ত্রনে উল্লেখযোগ্য ভূমিকা গ্রহণ করে।
3. প্রোমোটার	সরল এবং অপেক্ষাকৃত ছোটো বেস ক্রম নিয়ে গঠিত।	অপেক্ষাকৃত বড়ো ও জটিল।
4. অনুলেখনের প্রারম্ভ	পরিপূর্ণ উৎসেচকটি প্রোমোটার অঞ্চলের সাথে যুক্ত হয় ও অনুলেখন শুরু করে।	অনুলেখন ফ্যাক্টরগুলি প্রোমোটার অঞ্চলের সঙ্গে প্রথমে যুক্ত হয় এবং তার পর আর. এন. এ পলিমারেজ তাদের সঙ্গে যুক্ত হয়ে অনুলেখন শুরু করে।
5. অনুলেখন যোগ		
(i) গঠন	(i) কোর উৎসেচক + σ ফ্যাক্টর	(i) আর. এন. এ. পলিমারেজ + অনুলেখন ফ্যাক্টর
(ii) গঠনকারী উপাদানের বিচ্ছিন্নকরণ	(ii) σ ফ্যাক্টরটি অনুলেখন শুরু হওয়ার পরেই কোর উৎসেচক থেকে আলাদা হয়ে যায়।	(ii) অনুলেখন ফ্যাক্টরগুলি অনুলেখন সমাপ্তির পরে আলাদা হয়ে যায়।
6. সর্বশেষ উৎপন্ন পদার্থ।	বহু সিস্ট্রনযুক্ত আর. এন. এ। অনুলেখ।	এক সিস্ট্রনযুক্ত আর. এন. এ. অনুলেখ।

13.5 আর. এন. এ. প্রক্রিয়াকরণ (R.N.A. Processing)

আদি নিউক্লিয়াসযুক্ত এবং আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত উভয় প্রকার কোষেই ডি. এন. এ. থেকে অনুলেখনের ফলে উৎপন্ন আর. এন. এ.গুলির (r-RNA, t-RNA এবং m-RNA) যাদের বলা হয় প্রাথমিক ভাবে লিখিত

(Primary transcript) আর. এন. এ, তাতে বিভিন্ন ধরনের অপ্রয়োজনীয় বেস থাকে যা কোষের নির্দিষ্ট উদ্দেশ্যে ব্যবহৃত প্রোটিনগুলির সংশ্লেষে কোন ভূমিকাই পালন করে না। এই বেসগুলি **ইনট্রন (Intron)** নামে পরিচিত যারা নির্দিষ্ট প্রোটিন তৈরিতে সক্ষম বেসগুলির **(Exon বা এক্সন)** মাঝে অবস্থিত থাকে। ফলে কার্যকর রাইবোসোমাল আর. এন. এ (r-RNA) পরিবাহক আর. এন. এ (t-RNA) এবং বার্তাবহ আর. এন. এ (m-RNA) তৈরি করতে গেলে জটিল প্রাথমিক ভাবে লিখিত আর. এন. এ-এর প্রক্রিয়াকরণ অবশ্যই প্রয়োজনীয়।

আদি ও আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত উভয় কোষেই জটিল প্রাথমিক ট্রান্সক্রিপ্ট থেকে r-RNA এর t-RNA প্রক্রিয়াকরণের মাধ্যমে মুক্ত হয়। একইভাবে আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষের m-RNA বৃহদাকার এইচ. এন— আর. এন. এ. (hnRNA বা heterogeneous nuclear RNA) থেকে প্রক্রিয়াকরণের মাধ্যমে পরিপূর্ণতা লাভ করে। অন্যদিকে আদি নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে প্রাথমিক ট্রান্সক্রিপ্টই কয়েকটি ক্ষেত্রে ছাড়া সরাসরি এম. আর. এন. এ হিসেবে কাজ করে।

উৎসেচক : আর. এন. এ প্রক্রিয়াকরণ পদ্ধতিতে রাইবোনিউক্লিয়েজ উৎসেচকটি উল্লেখযোগ্য ভূমিকা গ্রহণ করে। এটি দু-প্রকারের হয়ে থাকে— (a) এক্সোরাইবোনিউক্লিয়েজ— যা আর. এন. এর যে কোন এক প্রান্ত থেকে বেস অপসারণ করে ও (b) এন্ডোরাইবোনিউক্লিয়েজ— যা আর. এন. এ-র মধ্যবর্তী অঞ্চল থেকে বেস অপসারণ করে।

প্রক্রিয়াকরণ পদ্ধতি : এটি নিম্নলিখিত কয়েকটি পর্যায়ে সংঘটিত হয়ে থাকে।

13.5.1. : বিচ্ছিন্নকরণ বা splicing :

প্রাথমিক ট্রান্সক্রিপ্ট থেকে ইনট্রনগুলিকে অপসারণ করে, এক্সনগুলিকে যুক্ত করাকে আর. এন. এ Splicing বা বিচ্ছিন্নকরণ বলা হয়ে থাকে। প্রতিটি পৃথক আর. এন. এর ক্ষেত্রে (এম-আর. এন. এ, টি-আর. এন. এ ও আর-আর. এন. এ) প্রাথমিক অনুলেখ (Primary transcript) বা প্রিকারসর আলাদা আলাদা হয়ে থাকে।

13.5.1.1 : m-RNA বিচ্ছিন্নকরণ (mRNA splicing)

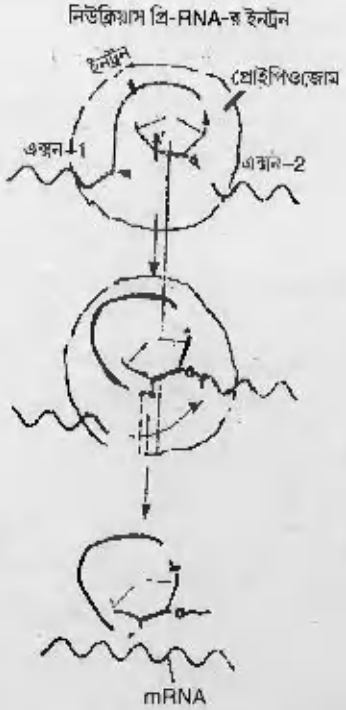
কার্যকরী mRNA প্রস্তুতিতে একপ্রকার বৃহদাকার নিউক্লিয়ার RNA যা হেটেরোজেনাস নিউক্লিয়ার RNA নামে পরিচিত, প্রাথমিক অনুলেখ হিসেবে ব্যবহৃত হয়ে থাকে। হেটেরোজেনাস RNA-এর মধ্যে বিচ্ছিন্নকরণের স্থান নির্দিষ্ট থাকে। সাধারণত ইনট্রনের প্রথম দুটি বেস সবসময় GU ও শেষ দুটি বেস সবসময় AG হয়। 5' ও 3' বিচ্ছিন্নকরণ স্থানে কিছু রক্ষিত বেসের নির্দিষ্ট ক্রমানুবর্তিতা (Consensus sequence) দেখা যায় যা সঠিক বিচ্ছিন্নকরণের জন্য প্রয়োজনীয়। এই ক্রমানুবর্তিতা পরিবর্তিত হলে অস্বাভাবিক বিচ্ছিন্নকরণ হতে পারে।

[স্বাভাবিক স্থানে বিচ্ছিন্নকরণ না হয়ে অস্বাভাবিক স্থানে (যাকে ক্রিপটিক স্থান বলা হয়) বিচ্ছিন্নকরণ হলে মানুষের বিটা থ্যালসিমিয়া হয়ে থাকে।]

একপ্রকার ক্ষুদ্র নিউক্লিয়ার RNA (Small Nuclear RNA_s on S_n RNA_s) mRNA প্রিকারসারের বিচ্ছিন্নকরণে উল্লেখযোগ্য ভূমিকা গ্রহণ করে। এই SnRNA কোষের মধ্যে প্রোটিনের সঙ্গে যুক্ত অবস্থায় থাকে বলে, একে ক্ষুদ্র নিউক্লিয়ার রাইবোনিউক্লিওপ্রোটিন (SnRNPs) বা 'স্নার্প' (Snurps) বলে। U1 এরকমই একটি SnRNP, যার একটি অঞ্চল mRNA প্রিকারসারের বিচ্ছিন্নকরণ স্থানে অবস্থিত নির্দিষ্ট রক্ষিত বেসের

পরিপূরক। এই RNAটি mRNA প্রিকারসারের 5' প্রান্তমুখী বিচ্ছিন্নকরণ স্থানে হাইড্রোজেন বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়। বিচ্ছিন্নকরণের সময় প্রথম এক্সন ও ইনট্রনের 5' প্রান্তমুখী গুয়ানিনের ফসফোডাইএসটার বন্ধনীটি ছিন্ন হয় এবং 'ল্যারিয়েট' (Lariat) আকারের একটি অংশ গঠিত হয়। এইভাবে ইনট্রনটি অপসারিত হয় এবং এক্সনদুটি নিজেদের মধ্যে যুক্ত হয়।

নিউক্লিয়ার mRNA প্রিকারসারের বিচ্ছিন্নকরণের ক্ষেত্রে একপ্রকার জটিল যোগ স্প্লাইসিওজোমের অংশগ্রহণও উল্লেখযোগ্য। প্রকৃতপক্ষে mRNA প্রিকারসার ও অসংখ্য SnRNP যেমন— U1, U2, U4, U5, U6 প্রভৃতি নিয়ে গঠিত জটিল যোগটিকেই স্পলাইসিওজোম বলা হয়। যেমন— স্তন্যপায়ী প্রাণীদের স্পলাইসিওজোমটির আকার বৃহৎ রাইবোজমীয় উপ এককের (50S – 60S) মতো হয়ে থাকে (চিত্র – 5)।



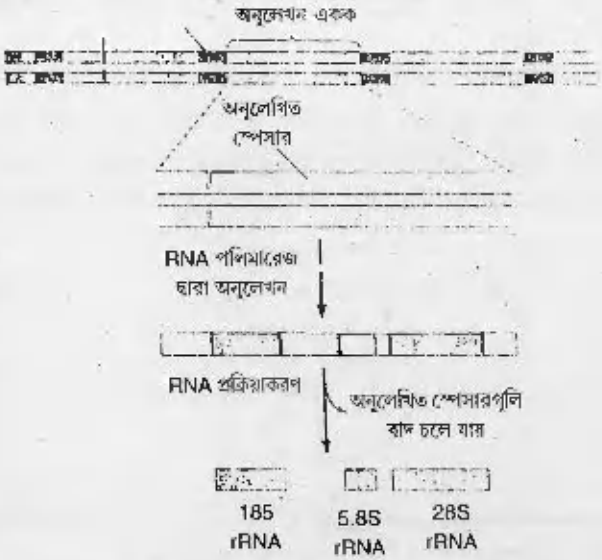
চিত্র – 13.5 : mRNA বিচ্ছিন্নকরণ প্রক্রিয়া।

13.5.1.2 nRNA বিচ্ছিন্নকরণ (rRNA splicing)

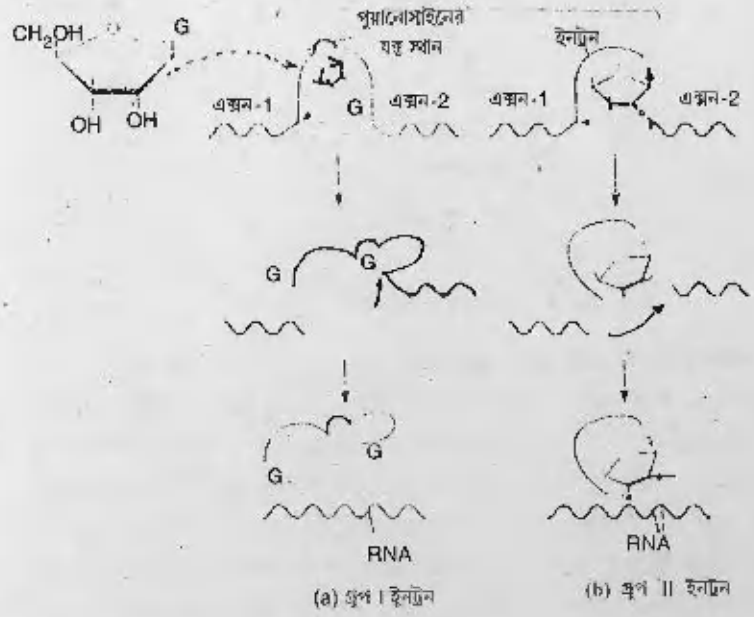
সকল আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে সকলপ্রকার nRNA (যেমন 5·8S, 18S ও 28S rRNA) গুলি একটি RNA প্রিকারসারে একত্রে অনুলেখিত হয়। rRNA প্রিকারসারের বিচ্ছিন্নকরণ পদ্ধতিটি বিশেষভাবে উল্লেখযোগ্য এই কারণে যে এটির বিচ্ছিন্নকরণ উৎসেচকের সাহায্য ছাড়া নিজে থেকেই হয় (Self splicing)।

প্রোটোজোয়া Tetrahymena (টেট্রাহাইমেনা)র নিউক্লিয়ার rRNA গ্রুপ – I ইনট্রন নামে পরিচিত। এরা নিজেরাই গুয়ানোসাইন নিউক্লিওটাইডের সাহায্যে নিজেদের বিচ্ছিন্নকরণে সক্ষম। অন্য ইনট্রনগুলি যাদের গ্রুপ II ইনট্রন বলা হয়, তারাও স্ববিচ্ছিন্নকরণে সক্ষম কিন্তু বিক্রিয়া শুরুর জন্য গুয়ানোসাইন নিউক্লিওটাইডের উপর নির্ভরশীল নয়, বরং ইনট্রনের অন্তর্ভুক্ত একটি অ্যাডিনোসাইন নিউক্লিওটাইড এই বিক্রিয়া শুরু করতে

পারে। প্রথম এক্সন ও ইনট্রনের মধ্যবর্তী বন্ধনীটি যখন অ্যাডিনোসিন নিউক্লিওটাইড দ্বারা আক্রান্ত হয় তখন নিউক্লিয় mRNA বিচ্ছিন্নকরণের মতোই ল্যারিয়েট গঠন লক্ষ করা যায় (চিত্র–13.6 ও 13.7)।



চিত্র – 13.6 : আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে rRNA বিচ্ছিন্নকরণ।



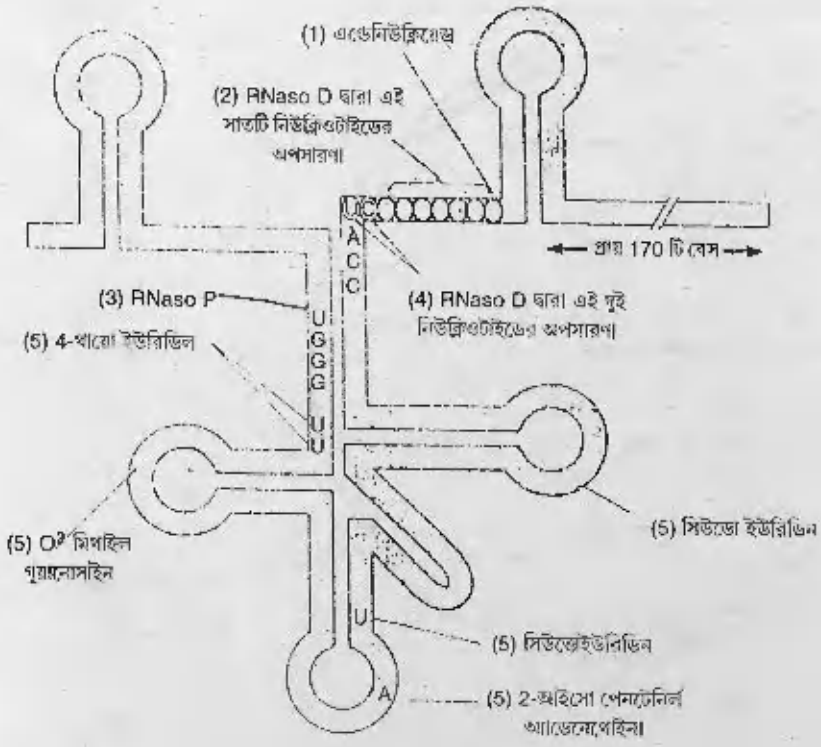
চিত্র – 13.7 : rRNA প্রিকারসার থেকে গ্রুপ I ও গ্রুপ II ইনট্রনের অপসারণ প্রক্রিয়া।

13.5.1.3 : t-RNA বিচ্ছিন্নকরণ (t-RNA splicing)

ইউক্যারিয়ট এবং প্রোক্যারিয়ট উভয় ক্ষেত্রেই, যত দূর জানা গেছে কার্যকর tRNA গুলি অপেক্ষাকৃত বড় প্রাথমিক অনুলেখের (যা t-DNA জিন থেকে অনুলেখিত হয়) বিচ্ছিন্নকরণ পদ্ধতির মাধ্যমে তৈরি হয়ে থাকে।

ই. কোলাই (*E. coli*), ব্যাকটিরিয়ায় t RNA-র জিনগুলি একটি গুচ্ছ হিসেবে থাকে। উদাহরণস্বরূপ, tyr U ওপেরনটি চারটি t RNA জিনকে বহন করে। অনুলেখনের পর t RNA গুলি প্রাথমিক অনুলেখের মধ্যে পরিপূর্ণ t RNA-র মতোই গৌণ গঠন (Secondary Structure) তৈরি করে যা রাইবোনিউক্লিয়েজ উৎসেচকটিকে t RNA-কে চিহ্নিত করতে সাহায্য করে।

রাইবোনিউক্লিয়েজ P (RNaseP) নামে একটি এন্ডোনিউক্লিয়েজ এসে জিন থেকে অনুলেখিত প্রাথমিক RNA টিকে কাটতে থাকে এবং চারটি t RNA-র একটি 5' প্রান্ত তৈরি করে। RNase D নামে অপর একটি এক্সোনিউক্লিয়েজ উৎসেচক t RNA গুলির 3' প্রান্ত তৈরি করে এবং 3' থেকে 5'-এর দিকে নষ্ট করতে করতে এগোয় যতক্ষণ না সেটি CCA বেস ক্রমানুবর্তীতায় এসে হাজির হয়। এই CCA অংশের 3' প্রান্তটিই পরিণত t RNA-র 3' প্রান্ত (চিত্র–13.8)।



চিত্র – 13.8 : t-RNA বিচ্ছিন্নকরণ প্রক্রিয়া।

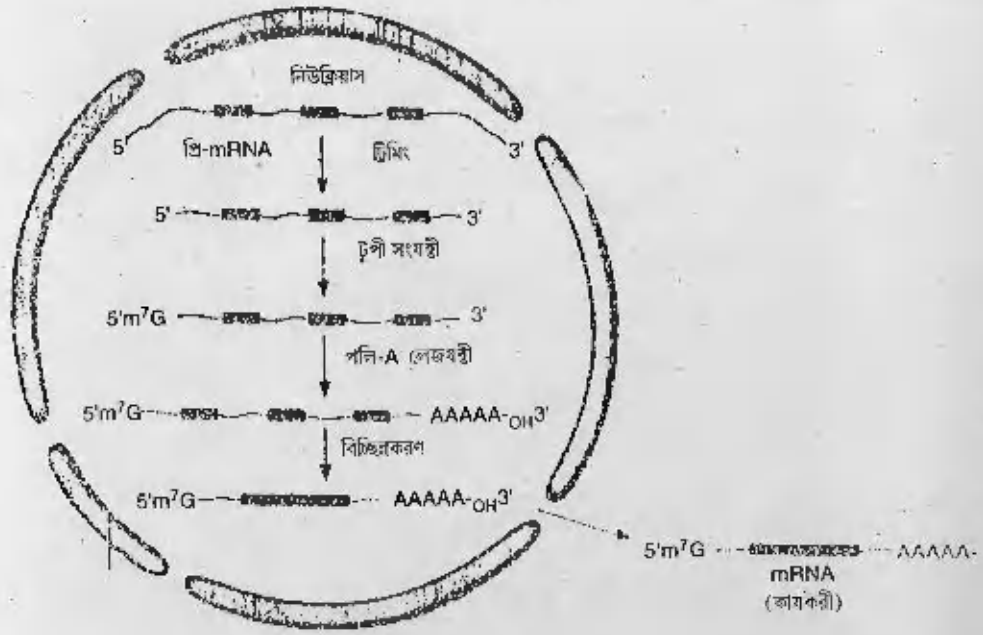
13.5.2. ঃ ট্রিমিং (Trimming)

rRNA ও tRNA-এর মধ্যে অনেক সময় কিছু বাড়তি নিউক্লিওটাইড এদের প্রান্তে বা মধ্যবর্তী অঞ্চলে উপস্থিত থেকে প্রয়োজনীয় RNA গুলিকে (5·8S, 18S, 28S r RNAs) বিচ্ছিন্ন করে রাখে। এই বাড়তি অনাবশ্যক অংশগুলির অপসারণ ট্রিমিং বা ক্ষুদ্রীকরণ প্রক্রিয়ার মাধ্যমে হয়ে থাকে।

স্থায়ী RNA (Stable RNA) :– রাইবোজোমাল RNA ও ট্রান্সফার RNA-কে একত্রে স্থায়ী RNA বলা হয়ে থাকে। কারণ এরা mRNA-এর তুলনায় অনেক বেশি সময় ধরে কোষে উপস্থিত থাকে।

13.5.3. ঃ 3' প্রান্তে নিউক্লিওটাইড সংযুক্তীকরণ ঃA

হিসটোন mRNA ছাড়া প্রায় সকল ইউক্যারিওটিক mRNA–র 3' প্রান্তে প্রায় 150 – 200টি বেস সমন্বিত একটি পলি-অ্যাডেনিন অংশ বহন করে। পলি (A) পলিমারেজ নামে একটি উৎসেচক নিউক্লিয়াসে mRNA প্রিকারসারের সঙ্গে এই পলি (A) অংশ যুক্ত করে, যাকে পলিঅ্যাডেনাইলেশন বলা হয়। এই পলি (A) অংশ mRNA–র ভাঙন প্রতিরোধে উল্লেখযোগ্য ভূমিকা গ্রহণ করে। rRNA ও tRNA-র সঙ্গে এবং প্রোকারিওটিক mRNA-র সঙ্গে এইরূপ কোনও পলি (A) অংশ যুক্ত থাকে না (চিত্র–13.9)।



চিত্র – 13.9 : আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে প্রি mRNA-র প্রক্রিয়াকরণ।

13.5.4. ঃ টুপি বা CAP সংযোজন ও মিথাইলেশন

ইউক্যারিওটিক mRNA-র প্রান্তে একটি টুপি বা CAP যুক্ত থাকে। ক্যাপিং উৎসেচক (capping enzyme) এই সংযোজনে সহায়তা করে। এই উৎসেচকটি GTP-কে শেষের দিক থেকে দ্বিতীয় নিউক্লিওটাইডের (Penultimate nucleotide) সঙ্গে 5' – 5' ট্রাইফসফেট বন্ধনী দ্বারা আবদ্ধ করে। এরপর মিথাইল ট্রান্সফারেজ নামক উৎসেচক শেষ গুয়ানিনের সপ্তম নাইট্রোজেনের সঙ্গে ও শেষের আগের নিউক্লিওটাইডের রাইবোজ সুগারের 2' হাইড্রক্সিল গ্রুপের সঙ্গে মিথাইল গ্রুপ যুক্ত করে। এইভাবে যুক্ত ক্যাপটি দুভাবে mRNA-কে সাহায্য করে। প্রথমত mRNA-র ভাঙ্গন প্রতিরোধ করে এবং দ্বিতীয়ত mRNA অনুবাদের (translation) সময় mRNA-র সঙ্গে রাইবোজোমের বন্ধনী তৈরিতে সাহায্য করে (চিত্র–13.9)।

উন্নত ইউক্যারিওটিক mRNA-তে ও কিছু কিছু tRNA-তে কখনো কখনো মধ্যবর্তী অঞ্চলেও মিথাইলেখন লক্ষ্য করা যায়। তবে mRNA ও tRNA-র গঠনের উপর এই মিথাইলেশনের কোনো উল্লেখযোগ্য ভূমিকা আছে কিনা তা এখনও প্রমাণসাপেক্ষ।

উপরিউক্ত আলোচনার ভিত্তিতে বলা যায় যে বিভিন্ন প্রকার RNA-তে প্রক্রিয়াকরণ পদ্ধতিটি এইরূপ।

	m RNA	r RNA	t RNA
1. বিচ্ছিন্নকরণ হয়	হয়	হয়	হয়
2. ট্রিমিং	হয় না	হয়	হয়
3. 3' প্রান্তে নিউক্লিওটাইড সংযুক্তীকরণ	হয়	হয় না	হয় না
4. টুপি সংযোজন	হয়	হয় না	হয় না
5. মিথাইলেশন	হয়	হয় না	হয়

অনুশীলনী – 1

(a) নিচের তালিকা থেকে শব্দ বা শব্দগুচ্ছ বেছে নিয়ে শূন্যস্থান পূরণ করুন।

1. উৎসেচক ——— অনুলেখনে উল্লেখযোগ্য ভূমিকা পালন করে।
2. 'TATAAT' এই বেসক্রমকে ——— বলা হয়।
3. হগনেস বাক্সটির বেসক্রম হল ———।
4. অনুলেখ পদ্ধতি সুরু করে RNA পলিমারেজ এর ——— ফ্যাক্টর।
5. RNA অনুলেখিত হয় ——— থেকে ——— এর দিকে।

(5', RNA পলিমারেজ, TATAAAA, প্রিবনো বাক্স, 3', সিগমা)।

13.6 সিস্ বিচ্ছিন্নকরণ ও ট্রান্স-বিচ্ছিন্নকরণ

একটি RNA-র উপর অবস্থিত এক্সনগুলি যখন বিচ্ছিন্নকরণের পর সংযুক্ত হয়, তখন এই পদ্ধতিকে বলা হয় সিস্ বিচ্ছিন্নকরণ (Cis-splicing) এটি একটি RNA-র অন্তর্বর্তী বিক্রিয়া (Intramolecular reaction)। RNA-র সমস্ত রকম বিচ্ছিন্নকরণের মধ্যে এই সিস্-বিচ্ছিন্নকরণ প্রক্রিয়াই প্রধানত দেখা যায়।

বিরল কিছু ক্ষেত্রে, যেমন ট্রাইপ্যানোজোমস প্রোটোজোয়া ও নিমাটোড *Caenorhabditis elegans* এর mRNA বিচ্ছিন্নকরণে একপ্রকার আন্তরআনবিক বিক্রিয়া (Intermolecular reaction) লক্ষ করা যায়, যা ট্রান্স বিচ্ছিন্নকরণ (trans-splicing) নামে পরিচিত। এই প্রক্রিয়া দুই বা ততোধিক ভিন্ন RNA-র মধ্যে হয়ে থাকে যাদের মধ্যে পরিপূরক (Complementary) ইনট্রন সিকোয়েন্স দেখা যায়। এই পরিপূরক ইনট্রনগুলি নিজেদের মধ্যে বন্ধনী যুক্ত হয়ে H-আকৃতির গঠন তৈরি করে। এক্ষেত্রে দুটি ভিন্ন RNA-র এক্সনগুলি একত্রে সংযুক্ত হলে, তাকে ট্রান্স-বিচ্ছিন্নকরণ বলা হয়।

13.7 RNA সম্পাদন (RNA editing)

অনুলেখনের পর RNA-র বেস ক্রমানুবর্তীতায় যে কোনও রকম পরিবর্তন যেমন— বেস সংযুক্তি বা বিযুক্তি, বেস রূপান্তরিত হয়ে অন্য একটি বেসে পরিণত হওয়া যেমন— C থেকে U বা A থেকে G ইত্যাদি সকল প্রকার বেস পরিবর্তনকে RNA সম্পাদনা (RNA editing) বলা হয়। মাইটোকনড্রিয়াল ও ক্লোরোপ্লাস্ট RNA-র মধ্যে এবং কিছু ইউক্যারিওটিক গঠনগত RNA-র (Structural RNA, যেমন rRNA) মধ্যে এই রকম RNA সম্পাদনা লক্ষ করা যায়। যেমন— মাইটোকনড্রিয়াল mRNA-র মধ্যে RNA সম্পাদনার ফলে অনুবাদ প্রারম্ভিক কোডন (translation initiation codon), অনুবাদ সমাপ্তিকরণ কোডন (traslation termination codon) ইত্যাদি সৃষ্টি হয়ে থাকে।

13.8 সারাংশ

এই এককটি পড়ে আপনারা জেনেছেন—

- কেন্দ্রীয় মতবাদ অনুসারে DNA থেকে RNA তৈরির ধাপটিকে বলা হয় অনুলেখন।
- এই পদ্ধতিটি সাধারণত তিনটি পর্যায়ে সংঘটিত হয় প্রারম্ভ, দীর্ঘিকরণ ও সমাপ্তি।
- RNA পলিমারেজ নামে একটি জটিল উৎসেচক 5' থেকে 3'-এর দিকে DNA-এর একটি তন্তু ছাঁচ হিসেবে ব্যবহার করে RNA সংশ্লেষ করে।
- আদি ও আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে RNA সংশ্লেষ সংক্রান্ত কিছু কিছু উল্লেখযোগ্য পার্থক্য লক্ষ করা যায়।
- অনুলেখিত হওয়ার পর RNAটি প্রক্রিয়াকরণের মাধ্যমে কোষের প্রয়োজনীয় কার্যকর RNA-তে রূপান্তরিত হয়। এই কার্যকর RNA-র দৈর্ঘ্য প্রাথমিক অনুলেখিত RNA-র থেকে অনেক কম।
- mRNA, tRNA এবং rRNA-র ক্ষেত্রে প্রক্রিয়াকরণের সময় কিছু কিছু পার্থক্য লক্ষ্য করা যায়।
- সকল প্রকার বিচ্ছিন্নকরণের মধ্যে সিস্ বিচ্ছিন্নকরণ পদ্ধতিই প্রধান, কোথাও কোথাও ট্রান্স বিচ্ছিন্নকরণ পদ্ধতি লক্ষ্য করা যায়।

13.9 সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

1. অনুলেখনে অংশগ্রহণকারী উপাদানসমূহ সম্পর্কে যা জানেন লিখুন।
2. অনুলেখন পদ্ধতির বিভিন্ন পর্যায়গুলি সম্পর্কে বিস্তারিত আলোচনা করুন।

3. আদি ও আদর্শ নিউক্লিয়াসযুক্ত কোষে এই পদ্ধতির কী কী পার্থক্য লক্ষ্য করা যায়?
4. RNA প্রক্রিয়াকরণে বিভিন্ন ধাপগুলি লিখুন।
5. mRNA, rRNA ও tRNA-র প্রক্রিয়াকরণ আলাদা আলাদাভাবে বর্ণনা করুন।
6. সিস্ ও ট্রান্স বিচ্ছিন্নকরণ সম্পর্কে সংক্ষিপ্ত আলোচনা করুন।

13.10 উত্তরমালা

অনুশীলনী

1. RNA পলিমারেজ।
2. প্রিবনো বাক্স।
3. TATAAAA।
4. সিগমা।
5. 5', 3'।

সর্বশেষ প্রশ্নাবলী

1. অনুচ্ছেদ 13.2 দেখুন।
2. অনুচ্ছেদ 13.3 দেখুন।
3. অনুচ্ছেদ 13.4 দেখুন।
4. অনুচ্ছেদ 13.5.1, 13.5.2, 13.5.3 এবং 13.5.4 দেখুন।
5. অনুচ্ছেদ 13.5.1.1, 13.5.1.2 ও 13.5.1.3 দেখুন।
6. অনুচ্ছেদ 13.6. দেখুন।

একক 14 ❑ অনুবাদন (Translation)

গঠন

14.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

14.2 প্রোটিন সংশ্লেষের পর্যায়

14.3 প্রারম্ভ (Initiation)

14.3.1 রাইবোজোমের ক্ষুদ্রতর উপ একক ও প্রারম্ভিক কোডনের স্থানগত সাম্য (I)

14.3.2 পলিপেপটাইডের N-প্রান্ত

14.3.3 t RNA ও অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংযোগ

14.3.4 প্রারম্ভিক t RNA ও রাইবোজোমের সংযোগ

14.4 শৃঙ্খলের দৈর্ঘ্যে বৃদ্ধি

14.4.1 দৈর্ঘীকরণে সহায়তাকারী শর্ত

14.4.2 A স্থান ও aa-t RNA এর সংযোগ

14.4.3 পেপটাইড বন্ধনী গঠন

14.4.4 রাইবোজোমের স্থানান্তরণ

14.5 শৃঙ্খলযতি

14.6 পলিজোম

14.7 সারংশ

14.8 অন্তিম প্রশ্নাবলী

14.9 উত্তরমালা

14.1 প্রস্তাবনা ও উদ্দেশ্য

প্রস্তাবনা :

আমরা ইতিপূর্বেই জেনেছি যে ক্রোমোজোমের অন্তর্গত DNA-এর নিউক্লিওটাইড বিন্যাস অনেকটা বর্ণমালার অক্ষর বিন্যাসের সঙ্গে তুলনীয়। অক্ষরগুলির বিভিন্ন বিন্যাসক্রম যেরকম সুনির্দিষ্ট অর্থবাহী শব্দ সৃষ্টি করে

তেমনভাবেই নিউক্লিওটাইডগুলির সুনির্দিষ্ট বিন্যাসক্রম সুনির্দিষ্ট প্রোটিনের সৃষ্টি করে। এই কাজটি দুটি ধাপে সম্পন্ন হয়। ট্রান্সক্রিপশন প্রক্রিয়ার DNA-এর বর্ণমালা RNA-এর বর্ণমালায় ভাষান্তরিত হয়। আমরা জেনেছি যে, m RNA-তে নিউক্লিওটাইডের যে বিন্যাসক্রম তা বস্তুতঃপক্ষে তিনটি করে ক্ষার দ্বারা গঠিত জেনেটিক কোডের সুনির্দিষ্ট রৈখিক ক্রম, এক একটি কোডন (codon) এক একটি নির্দিষ্ট অ্যামাইনো অ্যাসিডের জন্য সংবাদ বহন করে। সুতরাং একটি কোডবিন্যাস হল একটি প্রোটিনের অন্তর্গত অ্যামাইনো অ্যাসিডের বিন্যাসক্রমের mRNA বাহিত সংবাদ। এই দুই বিন্যাসক্রমের মধ্যে অন্তর্বর্তী পদার্থ রূপে কাজ করে t RNA অণু। t RNA অণুকে এই কারণে যথার্থভাবেই বলা হয় অ্যাডাপটর (adaptor) অণু। এরা m RNA স্থিত কোডনের পরিপূরক এয়া ক্ষারবিন্যাস অ্যান্টিকোডন বহন করে বলে t RNA-এর মাধ্যমে জেনেটিক কোডের ভাষা নির্ভুলভাবে অ্যামাইনো অ্যাসিডের ভাষায় অনুবাদিত হয়। কোডনের সঙ্গে অ্যান্টিকোডনের এই খাপ খাওয়ানোর পদ্ধতি এবং সেই কারণেই অ্যামাইনো আসিডের শৃঙ্খল (অর্থাৎ পলিপেপটাইড) সৃষ্টি যা রাইজোজোমের উপর ঘটে থাকে তাকে বলে ট্রানশ্লেসন (Translation) অথবা অনুবাদন।

উদ্দেশ্য :

এই অধ্যায়টি পড়ে আপনারা জানতে পারবেন :

- প্রোটিন সংশ্লেষের প্রারম্ভ (initiation) পর্যায়ে কী ঘটে?
- অ্যামাইনো অ্যাসিড শৃঙ্খলের রৈখিক বৃদ্ধি ঘটার উপায় কী?
- পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের বৃদ্ধি যতি (termination) লাভ করে কী উপায়ে?
- সম্পূর্ণ প্রোটিন সংশ্লেষ পদ্ধতিতে রাইবোজোমের ভূমিকা কী?

14.2 প্রোটিন সংশ্লেষের পর্যায় (Stages of Protein Synthesis)

ট্রানশ্লেসন পদ্ধতিতে সংঘটিত প্রোটিন সংশ্লেষের পর্যায়ক্রমিক ধাপ তিনটি যথাক্রমে প্রারম্ভ বা Initiation, শৃঙ্খল বৃদ্ধি বা Elongation এবং শৃঙ্খলযতি বা Termination.

প্রারম্ভ পর্যায়ে রাইবোজোম একটি mRNA এর উপর স্থিত প্রোটিনের সংবাদবাহী কোডবিন্যাসটির মধ্য থেকে প্রারম্ভিক কোডনটিকে খুঁজে নেয়।

শৃঙ্খলবৃদ্ধি পর্যায়ে **পেপটাইডিল ট্রান্সফারেজ** নামক উৎসেচকের সাহায্যে প্রোটিনের প্রাথমিক গঠনের জন্য অ্যামাইনো অ্যাসিডগুলি একে অন্যের সঙ্গে পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা যুক্ত হয়।

শৃঙ্খলযতি পর্যায়ে রাইবোজোম m RNA -এ স্থিত যতিনির্ধারক কোডনের সঙ্গে যুক্ত হয়ে পলিপেপটাইড শৃঙ্খলটিকে সুনির্দিষ্ট ধ্রুবক দৈর্ঘ্য বজায় রাখতে সাহায্য করে।

14.3 প্রারম্ভ (Initiation)

mRNA-এর দৈর্ঘ্য বরাবর নিউক্লিওটাইডগুলির বিন্যাস রৈখিক এবং যতিবিহীন। এর মধ্য থেকে সঠিক এয়া কোডনগুলিকে খুঁজে নেওয়ার কাজটি শুরু করতে হয় সুনির্দিষ্ট প্রারম্ভিক কোডন (Start Codon) থেকে। প্রারম্ভিক কোডনটি সাধারণভাবে AUG এবং এটিকে খুঁজে নেওয়ার কাজটি করে রাইবোজোম। প্রারম্ভিক

কোডন সুনির্দিষ্ট হবার সুবিধা এই যে প্রোটিনের অ্যামাইনো অ্যাসিড বিন্যাসটি ত্রুটিবিহীন, ব্যত্যয়বিহীন এবং সুনির্দিষ্ট থাকে। একটি ক্ষারবিন্যাসকে উদাহরণ হিসেবে নিলে ব্যাপারটি বোঝা সহজ।

— C U A G U U **A U G** C U C C A G U C C U G —

এইরকম একটি ক্ষারবিন্যাস থেকে রাইবোজোম খুঁজে নেয় প্রারম্ভিক কোডন A U G-কে এবং তারপর পরবর্তী কোডন C U C-তে অগ্রসর হয়। এভাবে রাইবোজোমের সঙ্গে AUG-এর বন্ধন প্রোটিনের সঠিক পাঠযোগ্য ক্রমটিকে (reading frame) সর্বদাই ধ্রুবক রাখে। মুখ্যত তিনটি ধাপে প্রোক্যারিওটিক কোষে প্রারম্ভ পর্যায়টি সম্পন্ন হয়।

14.3.1. ঃ রাইবোজোমের ক্ষুদ্রতর উপএকক ও প্রারম্ভিক কোডনের স্থানগত সাম্য

mRNA রাইবোজোমের উপর আধারিত অবস্থায় অনুবাদিত হয় সত্য, আবার এটাও সত্য যে m RNA একবারে সম্পূর্ণ অখণ্ডিত রাইবোজোমের সঙ্গে যুক্ত হতে পারে না। এটি আলাদা আলাদা পর্যায়ে রাইবোজোমের ক্ষুদ্রতর ও বৃহত্তর উপএককের সঙ্গে যুক্ত হয়। ব্যাকটেরিয়ায় প্রোটিন সংশ্লেষের প্রথম মুখ্য বিক্রিয়াটি হল রাইবোজোমের ক্ষুদ্রতর উপএকক (অর্থাৎ 30S উপএকক) এবং প্রারম্ভিক কোডনের সংযোজীকরণ। কি করে 30S উপ একক প্রারম্ভিক AUG-কে খুঁজে পায়? কোন একটি পাঠযোগ্যক্রমের শুরুতে আছে AUG আমরা আগেই জেনেছি। ব্যাকটেরিয়ার mRNA'তে এই AUG এর থেকে 8–13টি নিউক্লিওটাইড পূর্ববর্তী দূরত্বে আছে একটি ক্ষুদ্র পিউরিন-প্রধান ক্ষারবিন্যাস। এটি হল 5' – G G A G G – 3'। এই ক্ষারবিন্যাসটিকে আবিষ্কর্তাদের নাম অনুসারে বলা হয় **সাইন-ডালগারনো** (Shine - Dalgarno) **কনসেনসাস ক্ষার বিন্যাস।** রাইবোজোমের ক্ষুদ্রতর উপএককটিতে যে 16SrRNA আছে সেটিতে নিউক্লিওটাইডের বিন্যাসক্রমে ঠিক এর পরিপূরক একটি কনসেনসাস ক্ষারবিন্যাস আছে। এটি হল 3'-CCUCC–5'। mRNA-এর এবং রাইবোজোমের 16S r RNA এর এই পরস্পরের পরিপূরক বিন্যাস ক্ষুদ্রতর উপ-এককটিকে m RNA এর দৈর্ঘ্য বরাবর ঠিক প্রারম্ভিক কোডনের পূর্ববর্তী অংশে সংযুক্ত হতে সাহায্য করে।

প্রান্তলিপি – 1

কনসেনসাস ক্ষারবিন্যাসক্রম (Consensus sequence) ঃ নিউক্লিওটাইডের বিন্যাসক্রম বস্তুতঃপক্ষে অ্যামাইনো আসিডের বিন্যাসক্রমকে নির্ধারণ করে থাকে— একথা আমরা জানি। জীবভেদে এই বিন্যাসক্রম ততটাই আলাদা যতটা জাতিজনিগতভাবে জীবগুলি দূরতর। তথাপি এমন কিছু কিছু নিউক্লিওটাইড বিন্যাসক্রম জীবকোষে দেখতে পাওয়া যায় যারা মোটামুটি সার্বজনীনভাবে স্থানগত ও কার্যগত ধ্রুবকত্ব বজায় রাখে। প্রোক্যারিওটিক জীবগুলির মধ্যে তুলনাগতভাবে যতই বৈসাদৃশ্য থাক না কেন, সাইন ডালগারনো ক্ষারবিন্যাস এদের মধ্যে সর্বজনীন। এই ধরনের বিন্যাসক্রমের অন্য উদাহরণ হল TATA box, Pribnow box ইত্যাদি যাদের কথা আমরা ট্রাসক্রিপসন পর্যায়ে পড়ে এসেছি। এদেরই বলা হয় কনসেনসাস ক্ষারবিন্যাসক্রম।

14.3.2. পলিপেপটাইডের N – প্রান্ত (N-terminus of polypeptide) ঃ

আমরা জানি AUG যা নাকি Start কোডন নামে পরিচিত সেটি আবার মিথিওনিন নামক অ্যামাইনো অ্যাসিড সংশ্লেষের কোডনও বটে। সুতরাং এই যুক্তি মেনে চলতে হয় যে কোন প্রোটিনের N-প্রান্তটি হল মিথিওনিন প্রান্ত। প্রোক্যারিওটিক কোষে এই মিথওনিন যখন প্রারম্ভিক অবস্থানে থাকে তখন সেটা আর

সাধারণ মিথিওনিন নয়, বরং এটির N-প্রান্তে একটি ফরমাইল মূলক যুক্ত হয়ে এটাকে **N ফরমাইল মিথিওনিন** (N-formylmethionine)-এ রূপান্তরিত করে। সংক্ষিপ্তভাবে সাধারণ মিথিওনিনকে Met এবং ফরমাইলমিথিওনিনকে Met সংকেত দ্বারা চিহ্নিত করা হয়ে থাকে।

14.3.3. ঃ t RNA ও অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংযোগ (Loading of t-RNA)

যথাযথভাবে t-RNA এবং অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে সংযোগ সাধন হল প্রোটিন সংশ্লেষের একটি অতি উল্লেখযোগ্য ঘটনা। এই সংযোগসাধন ত্রুটিহীন হলেই প্রোটিন শৃঙ্খল ত্রুটিমুক্তভাবে সংশ্লেষিত হবে। ঠিক উল্টোভাবে বলা যায় যে t RNA যে অ্যামাইনো অ্যাসিডের জন্য নির্ধারিত সেটি তার সঙ্গে জোড় না বেঁধে ভুল অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে জোড় বাঁধলে পলিপেপটাইড শৃঙ্খলে ভুল থেকে যাবে, কেননা, রাইবোজোম এই ত্রুটি নির্ধারণে অক্ষম। যে উৎসেচকের উপস্থিতিতে t-RNA অণুটি অ্যামাইনো অ্যাসিড অণুর সঙ্গে জোড় বেঁধে **অ্যামাইনো অ্যাসিল t RNA** (amino acyl t-RNA, সংক্ষেপে aa-tRNA) গঠন করে, তাকে বলে **aa - tRNA সিনথেটেজ**। ATP-এর আর্দ্রবিশ্লেষণ এই দুই ধাপে সম্পন্ন বিক্রিয়ায় শক্তি যোগায়।

অ্যামাইনো অ্যাসিড + ATP → aa – AMP + P – P ..... (i)

aa – AMP + t RNA → aa – t RNA + AMP .....(ii)

t-RNA অণুর 3' OH প্রান্ত এই ভাবে অ্যামাইনো অ্যাসিড সংযুক্তির ঘটনাটিকে t RNA এর **লোডিং বা চার্জিং** (Charging) বলেও অভিহিত করা হয়। চার্জড অবস্থায় t RNA-কে সঙ্গী অ্যামাইনো অ্যাসিডের আদ্যক্ষরটির সঙ্গে জুড়ে লেখা হয়। যেমন অ্যালনিন যুক্ত t RNA-কে লেখা হয় $Ala–tRNA^{Ala}$

14.3.4. ঃ প্রারম্ভিক t-RNA ও রাইবোজোমের সংযোগ (Joining the Initiator t RNA with Ribosome)

যেহেতু প্রারম্ভিক কোডন AUG ফরমাইলমিথিওনিনের দ্যোতক সেহেতু প্রথম t-RNA যা প্রোটিন সংশ্লেষের সূচনা ঘটায় তা হল $f\,Met – t\,RNA^{fMet}$। এই t RNA এর আর একটি বৈশিষ্ট্য হল এটি রাইবোজোমের বৃহত্তর (50S) উপএককের অনুপস্থিতিতেই রাইবোজোমের অর্ধাংশের সঙ্গে (অর্থাৎ 30'S উপএকক) যুক্ত হতে পারে। রাইবোজোমের ভূমিকা এক্ষেত্রে বিশেষভাবে উল্লেখযোগ্য। প্রতিটি রাইবোজোমের মধ্যে তিনটি পরিষ্কারভাবে শনাক্তযোগ্য স্থান আছে। এর মধ্যে দুটি স্থান কোডনকে জায়গা করে দেয়। প্রথমটি হল **পেপটাইডিল স্থান বা P – স্থান** ঃ এটি হল সেই স্থান যেখানে প্রথমবার m RNA ও aa – t RNA এর সংযোগ ঘটে। **অ্যামাইনো অ্যাসিড স্থান বা A-স্থান** ঃ এটি হল প্রারম্ভিক কোডনের পরবর্তী → 3' অভিমুখে থাকা সব কয়টি কোডনের aa–t RNA এর সঙ্গে সংযোগ স্থাপনের স্থান। **E স্থান বা Exit স্থান** ঃ এটি হল রাইবোজোমের উপর স্থিত সেই স্থান যেখান থেকে অ্যামাইনো অ্যাসিডের ভার মুক্ত t RNA রাইবোজোম তথা m RNA থেকে বিচ্ছিন্ন হয়ে যায়।

প্রারম্ভিক SD বিন্যাসক্রমে আবদ্ধ রাইবোজোমের ক্ষুদ্রতর উপএকক 5' → 3' অগ্রসর হতে হতে যখন AUG কোডনটি খুঁজে পায় তখন তাকে জায়গা দেয় P-স্থানে। এই P স্থানে m RNA এর অন্তর্গত AUG কোডন জায়গা নেওয়ার সঙ্গে সঙ্গেই প্রাথমিক t RNAটি (Initiator t RNA) সক্রিয় হয়ে উঠে। প্রাথমিক t RNA, আগেই বলা হয়েছে; ফরমাইল মিথিওনিন দ্বারা চার্জড। এই t RNA কে বলা হয় $f\,Met – t\,RNA^{t\text{-}Mat}$। এই অ্যামাইনো অ্যাসিল t RNA তার অ্যান্টিকোডনের সহায়তায় পরিপূরক AUG (Start codon) কোডনের সঙ্গে আবদ্ধ হয় এবং সঙ্গে সঙ্গেই প্রোটিন সংশ্লেষ তথা ট্রান্সলেশনের সূচনা ঘটে। একবার

প্রারম্ভিক কোডন ও প্রারম্ভিক tRNA এর সংযোগ সাধিত হলে রাইবোজোমের বৃহত্তর উপ-একক, অর্থাৎ 50S উপ-একক ক্ষুদ্রতর 30S উপ এককের সঙ্গে যুক্ত হয়ে পূর্ণাঙ্গ রাইবোজোম গঠন করে ফেলে। এর সঙ্গে সঙ্গেই প্রারম্ভ বা Initiation পর্যায়ের সমাপ্তি ঘটে (চিত্র 14.1A লক্ষ্যনীয়)।

প্রান্তলিপি — 2

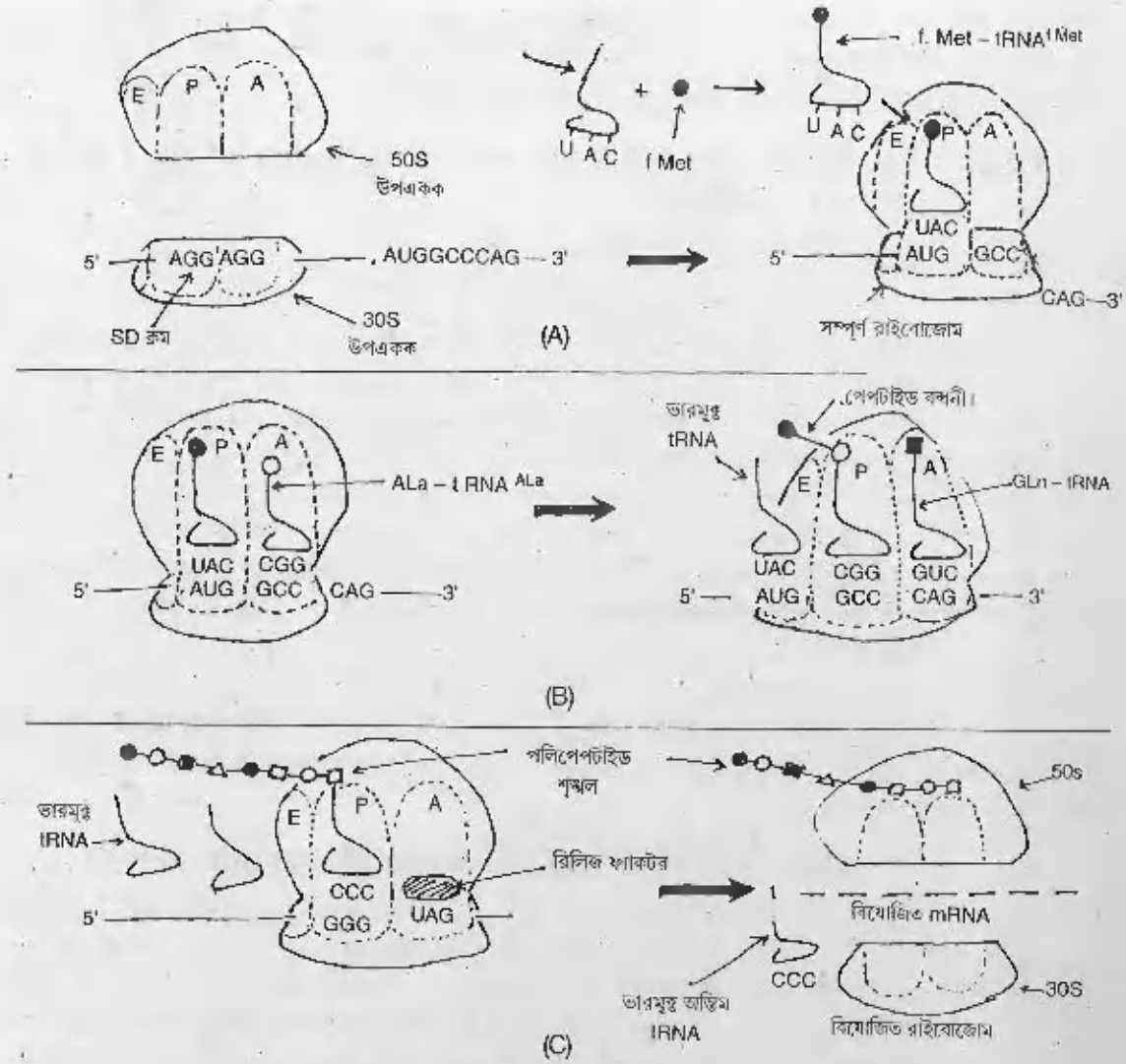
ইউক্যারিওটিক কোষের প্রারম্ভিক কোডন AUG বটে কিন্তু প্রারম্ভিক অ্যামাইনো অ্যাসিডটি হল স্বাভাবিক Met, প্রোক্যারিওটদের মতো f-Met নয়। এক্ষেত্রে রাইবোজোমের ক্ষুদ্রতর উপএককটি হল 40S প্রকৃতির 30S নয়। ইউক্যারিওটিক m RNA এর প্রারম্ভিক স্থানটি SD ক্রম দ্বারা বোঝাবার উপায় নেই কেননা এই m-RNAতে এমন কোন কনসেনসাস সিকোয়েন্স নেই। তবে এক্ষেত্রে m-RNA তে আছে 5' মিথাইল Cap যা সর্বপ্রথম রাইবোজোমের 40S উপএককের সঙ্গে জোড় বাঁধে। এই রাইবোজোম এবার m-RNA এর দৈর্ঘ্য বরাবর এগিয়ে যাওয়ার পথে প্রথম যখন AUG কোডন পায় তখন তাকে স্থিত করে নিজের A-স্থানে। আর এর পরই জোড় বাঁধে Met – $t\text{-}RNA^{met}$।

অনুশীলনী — 1

1. **নিম্নলিখিত প্রশ্নগুলির সংক্ষিপ্ত উত্তর দিন ঃ**
   (a) প্রারম্ভিক কোডন কী এবং এটি প্রোক্যারিওটিক কোষে কোন অ্যামাইনো অ্যাসিডের পরিপূরক?
   (b) SD ক্রমবিন্যাস বলতে কী বোঝায়?
   (c) t RNA অণুর কোন প্রান্তে অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংযোগ ঘটে?
   (d) t RNA এর চার্জিং বলতে কী বোঝায়?
   (e) রাইবোজোমের কোন উপএকক প্রারম্ভিক পর্যায়ে m-RNA এর সঙ্গে যুক্ত হয়?
   (f) AUG কোডন রাইবোজোমের কোন স্থানে প্রারম্ভিক t RNA এর সাথে যুক্ত হয়?
   (g) প্রারম্ভিক t RNA কে কোন সংকেত দ্বারা লেখা হয়ে থাকে?

14.4 শৃঙ্খলের দৈর্ঘ্য বৃদ্ধি (Chain Elongation)

পলিপেপটাইড শৃঙ্খল সৃষ্টির তথা ট্রান্সলেসন প্রক্রিয়ায় প্রথম ধাপটি অতিক্রান্ত হওয়ার পর তাহলে আমরা কি দেখতে পাচ্ছি? আমরা দেখছি যে, জিন বাহিত সংবাদ যা m-RNA-এর ভাষায় ভাষান্তরিত হয়েছিল তা সাইটোপ্লাজমে এসে রাইবোজোমের সঙ্গে সংযুক্ত হয়েছে। রাইবোজোম প্রোটিন সৃষ্টি করার প্রারম্ভিক সংকেতটি পায় প্রোক্যারিওটিক m-RNA-তে SD (সাইন— ডালগারনো) ক্ষারবিন্যাস ক্রমকে চিনতে পারার সঙ্গে সঙ্গে। এরপর রাইবোজোম mRNA-এর 5'P → 3' OH দৈর্ঘ্য বরাবর অগ্রসর হয়ে তথাকথিত Start কোডন AUG-কে নিজের P-স্থানে আবদ্ধ করে। এই AUG কোডন প্রারম্ভে থাকার দরুন সাধারণ মিথিওনিনকে সংকেত না পাঠিয়ে সংকেত পাঠায় ফরমাইল মিথিওনিনকে। এ ফরমাইল মিথিওনিন বাহী t RNA (f Met – $t\ RNA^{f\ Met}$) যখন AUG কোডনের সঙ্গে অ্যান্টিকোডন দ্বারা আবদ্ধ হয় তখনই শেষ হয় প্রারম্ভ বা Initiation পর্যায়ের এবং এখান থেকেই শুরু হয় **শৃঙ্খলের দৈর্ঘ্যীকরণ** বা Elongatin পর্যায়।



চিত্র – 14.1 : ট্রানস্লেসনের তিনটি পর্যায়।

(A) **প্রারম্ভ** : দেখা যাচ্ছে যে প্রারম্ভিক t RNA প্রারম্ভিক কোডনের সঙ্গে সংযুক্ত হবার পরই রাইবোজোমের পূর্ণাঙ্গ দশা সৃষ্টি হয়।

(B) **দৈর্ঘীকরণ** : A-স্থানে স্থিত পরবর্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে প্রারম্ভিক f-Met এর পেপটাইড বন্ধনী গঠনের মাধ্যমে ডাইপেপটাইড গঠন।

(C) **শৃঙ্খলযতি** : UAG একটি যতিজ্ঞাপক কোডন। এটির জন্য কোন t RNA নেই। এটি RF এর সঙ্গে আবদ্ধ হয়ে শৃঙ্খলের দৈর্ঘীকরণে যতি টেনে দেয়। সঙ্গে সঙ্গে রাইবোজোম ও m RNA বিযোজিত হয়ে যায়।

14.4.1. : দৈর্ঘীকরণে সহায়তাকারী শর্ত (Elongation Factors)

শৃঙ্খলের দৈর্ঘীকরণে সহায়তাকারী শর্তগুলি হল বস্তুতপক্ষে দুইটি প্রোটিন। এরা হল যথাক্রমে EF–tu (Elongation Factor – temperature unstable) এবং EF–G. প্রোটিনের শৃঙ্খলবৃদ্ধির জন্য এই দুটি

প্রোটিনেরই প্রথমে GTP-এর সঙ্গে সংযোগ সাধিত হওয়া দরকার। GTP-এর সঙ্গে যুক্ত অবস্থায় এরা রাইবোজোমের সঙ্গে শৃঙ্খলবৃদ্ধির ক্রিয়ায় অংশ নিতে সক্ষম। প্রতিবার কাজের শেষে GTP কে ভেঙে এরা GDP + iP তৈরি করে। GDP-এর সঙ্গে যুক্ত অবস্থায় এরা রাইবোজোম থেকে অপসারিত হয়।

14.4.2. ঃ A-স্থান ও aa-t RNA এর সংযোগ (Binding of aa–t RNA to the A–Site)

আমরা একটি নিউক্লিওটাইড বিন্যাসক্রমের কথা কল্পনা করি ঃ

5' – A U G G C C C G U – 3'

প্রারম্ভ পর্যায়ে এই বিন্যাসক্রমের AUG কোডন P-স্থানে আবদ্ধ এবং f Met – t $RNA^{f\,Met}$-এর সঙ্গে জোটবদ্ধ। রাইবোজোমের A-স্থানে তখন অবস্থান করছে পরবর্তী কোডন GCC। শৃঙ্খলের দৈর্ঘীকরণের জন্য এরপর যা আবশ্যক তা হল যথাযথ অ্যামাইনো অ্যাসিড t RNA এর সঙ্গে এই কোডনটির সংযোগ ঘটা। আমরা জানি GCC কোডনটি অ্যালানিন নামক অ্যামাইনো অ্যাসিডের দ্যোতক। সুতরাং যে t RNA এর অ্যান্টি কোডন GCC-এর পরিপূরক (অর্থাৎ CGG) তার সঙ্গে অ্যালানিন জোট বেঁধে তৈরি করে Ala–t RNA^{Ala} এবং সেটি এবার A স্থানে ওই GCC কোডনের উপর স্থিত হয়। উদাহরণ স্বরূপ এখানে অ্যালানিনের কথা বলা হল। কার্যত প্রথম কোডনের যেমন স্থানস্থিরতা আছে পরবর্তী কোডনগুলির সম্পর্কে তা বলা যায় না। পরবর্তী কোডনগুলি কি তা নির্ভর করে প্রোটিনটির গঠন তথা অ্যামাইনো অ্যাসিড ক্রমের উপর। শৃঙ্খলের যতি অবশ্য আবার সুনির্দিষ্ট কোডন নির্ভর যা আমরা পরে আলোচনা প্রসঙ্গে দেখতে পাব।

এখানে বলা দরকার aa – t RNA গঠিত হবার জন্য শর্তজ্ঞাপক প্রোটিন EF–tu-এর সঙ্গে যুক্ত হওয়া দরকার। এই অবস্থাতেই সেটি রাইবোজোমের উপর A-স্থানে আবদ্ধ হয়। **দৈর্ঘীকরণ এবং প্রারম্ভ এই দুই পদ্ধতির মধ্যে বড় পার্থক্য এই যে,** f Met – $tRNA^{f\,Met}$ এর কার্যকারিতার জন্য এই শর্তজ্ঞাপক প্রোটিনের সঙ্গে বন্ধন আবশ্যক নয়।

14.4.3. ঃ পেপটাইড বন্ধনী গঠন (Formation of Peptide Bond)

P স্থানে স্থিত f Met এবং A স্থানে স্থিত পরবর্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে পেপটাইড বন্ধনী গঠনের ফলে ডাইপেপটাইড তৈরি হওয়া হল দৈর্ঘীকরণের প্রথম লক্ষ্য। এর জন্য শুরুতেই যা দরকার তা হল GTP-এর আর্দ্রবিশ্লেষণ হয়ে একটি অজৈব ফসফেটের (iP) অপসারণ। EF–Tu ও পড়ে থাকা GDP এর জোট রাইবোজোম থেকে অপসারিত হয়ে যাবার সংকেত পায় এবং একই সঙ্গে **পেপটাইডিল ট্রান্সফারেজ** (Peptidyl Transferase) নামক উৎসেচকটিকে সক্রিয় করে তোলে। এই উৎসেচকটি দুটি পরস্পরসংলগ্ন অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে পেপটাইড বন্ধনী গঠনে অনুঘটকের কাজ করে। বিক্রিয়াটি নিম্নরূপ ঃ

$$\text{t RNA} - \text{O} - \text{CO} - \text{f Met} + \text{NH}_2 - \underset{\underset{\text{R'}}{|}}{\text{CH}} - \text{CO} - \text{O} - \text{t RNA}$$

(P – স্থান) (A – স্থান)

$$\xrightarrow{\text{পেপটাইডিল ট্রান্সফারেজ}} \underset{\text{(P – স্থান)}}{\text{t RNA} - \text{OH}} + \underset{\text{(A – স্থান)}}{\text{f Met} - \underset{\underset{\text{পেপটাইড বন্ধনী}}{\uparrow}}{\text{CO} - \text{NH}} - \underset{\underset{\text{R}}{|}}{\text{CH}} - \text{CO} - \text{O} - \text{tRNA}}$$

দেখা যাচ্ছে যে চিত্র 14.1B-তে প্রথম পেপটাইড বন্ধনীটি তৈরি হবার পর P স্থানে পড়ে আছে একটি unloaded অথবা uncharged t RNA এবং A স্থানে জায়গা নিয়েছে f Met এবং পরবর্তী অ্যামাইনো অ্যাসিডটি যার পরস্পরের সঙ্গে পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা যুক্ত।

14.4.4. ঃ রাইবোজোমের স্থানান্তরণ (Translocation of Ribosome)

রাইবোজোম এর পর 5' → 3' অভিমুখে এক ধাপ এগিয়ে যায়। এই এগিয়ে যাবার কাজের জন্য আর একটি শর্তজ্ঞাপক প্রোটিন EF–G এর সঙ্গে রাইবোজোমের সংযোগ দরকার। যথারীতি এটিও GTP এর সঙ্গে যুক্ত অবস্থায় রাইবোজোমের সঙ্গে জোড়া লাগে। **ট্রান্সলোকেজ** (Translocase) নামক উৎসেচকের প্রভাবে রাইবোজোম একধাপ এগিয়ে গেলে কি ঘটে? P-স্থানে স্থিত অ্যামাইনো অ্যাসিড বিহীন t RNA চলে আসে E স্থানে, ডাইপেপটাইড বহনকারী t RNAটি চলে আসে এই মুহূর্তে খালি হওয়া P স্থানে আর A স্থানটি অধিকার করে পরবর্তী কোডন। প্রারম্ভিক ক্ষার বিন্যাসটি নিয়ে যদি কল্পনা করা যায় তাহলে রাইবোজোমের বিভিন্ন স্থানের পরিপ্রেক্ষিতে এদের অবস্থান স্থানান্তরের ফলে এখন এইরকম—

5' –	AUG	GCC	CGU	— 3'
	E স্থান	P স্থান	A স্থান	

ট্রান্সলোকেশনের সঙ্গে সঙ্গেই EF – G ও GTP এর আর্দ্র বিশ্লেষণ ঘটে এবং EF-G-GDP যোগ রাইবোজোম থেকে অপসারিত হয়। তৃতীয় aa - t RNA যা তৃতীয় কোডনটির দ্যোতক তা একইভাবে A স্থানে আবদ্ধ হয় পরিপূরক অ্যান্টিকোডনের সাহায্যে। আবার EF – Tu – GTP এর প্রভাবে পরবর্তী পেপটাইড বন্ধনীটি গঠিত হয়। ফলে প্রোটিনের শৃঙ্খল আর এক একক বৃদ্ধি পেয়ে গঠিত হয় ট্রাই-পেপটাইড। প্রোটিনটি কত একক অ্যামাইনো অ্যাসিড দ্বারা গঠিত তার উপর নির্ভর করছে কতবার এই ঘটনার পুনরাবৃত্তি ঘটতে থাকবে। প্রতিবার একধাপ ট্রান্সলোকেশনের ফলে প্রোটিন শৃঙ্খলের দৈর্ঘ্য এক একক বৃদ্ধি পায়।

দেখা যাচ্ছে যে কেবলমাত্র প্রারম্ভিক f Met – t RNA ছাড়া অন্য কোন অ্যামাইনো অ্যাসিল tRNA P স্থানে রাইবোজোমের সঙ্গে জোট বাঁধার কাজটি করে না। বাকি সবার জন্য জোট বাঁধার স্থানটি হল A স্থান।

ট্রান্সলোকেশনের সঙ্গে সঙ্গেই ভারমুক্ত t RNA E স্থান থেকে অপসারিত হয় এবং আবার নতুন করে নির্দিষ্ট অ্যামাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে জোট বাঁধার জন্য তৈরি হয় অর্থাৎ t RNA সমূহ পুনরায়ব্যবহারযোগ্য।

14.5 শৃঙ্খলযতি (Termination)

শৃঙ্খলের দৈর্ঘীকরণ ততক্ষণ পর্যন্ত চলতে পারে যতক্ষণ না m RNA এর 5' → 3' অভিমুখে রাইবোজোমের সংযোগ ঘটছে কোন যতিনির্ধারক কোডনের সঙ্গে। যতিনির্ধারক বা stop কোডন হল তিনটি— UGA, UAA এবং UAG।

এরা কেন Stop কোডন হিসাবে কাজ করতে পারে? কেননা **এই তিনটি কোডনের জন্য কোনও পরিপূরক t RNA নেই।** বরং কোষস্থ অপর একদল প্রোটিন যাদের বলে **রিলিজ ফ্যাক্টর** (Release Factors RF) এই কোডনগুলিকে চিনতে পারে এবং দীর্ঘায়িত শৃঙ্খলকে রাইবোজোমের থেকে আলাদা করে দেয়। RF–1 চিনতে পারে UAA এবং UAG কে আর RF-2 চিনতে পারে UAA এবং UAG-কে। রাইবোজোমের

A স্থানে যখন কোন যতিজ্ঞাপক কোডন এসে পড়ে তখন RF-1 অথবা RF-2 m-RNA এর সঙ্গে যুক্ত হয়। এই সংযোগ P-স্থানে স্থিত অ্যামাইনো অ্যাসিডটিকে তার সঙ্গী t RNA-এর থেকে বিচ্ছিন্ন করে ফেলে। ফলে প্রোটিন শৃঙ্খলটি রাইবোজোম থেকে বিচ্ছিন্ন হয়ে যায়। রাইবোজোমের উপ-এককদ্বয় এবং m-RNA অনুটিও এরপর বিযোজিত (dissociate) হয়ে যায়। এভাবেই প্রোটিন সংশ্লেষ তথা ট্রান্সলেশনের যতি পড়ে। (চিত্র 14.1C লক্ষ্যনীয়)।

অনুশীলনী — 2

1. নীচের প্রশ্নগুলির সংক্ষিপ্ত উত্তর দাও :

(a) শৃঙ্খলের দৈর্ঘীকরণে সহায়তাকারী প্রোটিনগুলি কী?

(b) রাইবোজোমের কোন স্থানে প্রারম্ভিক অ্যামাইনো অ্যাসিল t RNA যুক্ত হয়?

(c) পরবর্তী অ্যামাইনো অ্যাসিল t RNA গুলির সংযোগস্থল কোনটি?

(d) পেপটাইড বন্ধনী তৈরি হবার কাজে অনুঘটকের কাজ করা উৎসেচকটি কী?

(e) শৃঙ্খলের দৈর্ঘীকরণে GTP এর ভূমিকা কী?

(f) ভারমুক্ত tRNA বলতে কী বোঝায়?

(g) রাইবোজোমের স্থানান্তরণের অভিমুখ কোনটি?

(h) রাইবোজোমের স্থানান্তরণে সাহায্যকারী উৎসেচক কোনটি?

(i) t RNA কে পুনর্ব্যবহারযোগ্য বলা হয় কেন?

(j) যতিজ্ঞাপক কোডনগুলি কী কী?

(k) রিলিজ ফ্যাক্টর বলতে কী বোঝায়?

(l) শৃঙ্খলযতির শেষে রাইবোজোমের পরিণতি কি হয়?

14.6 পলিজোম (Polysome)

পূর্ববর্তী অংশটি পড়ে এমন ধারণা হওয়াই স্বাভাবিক যে একটি m RNA একবার প্রোটিন তৈরির চক্রটি সম্পূর্ণ করেই বিযোজিত হয়ে যায়। আসলে কিন্তু প্রোক্যারিওটিক কোষে একটি m RNA বহুবার একই প্রোটিন তৈরির কাজে ব্যবহৃত হয়। কীভাবে তা ঘটে? একবার যখন প্রারম্ভিক কোডনটিকে খুঁজে পেয়ে প্রারম্ভিক রাইবোজোম প্রোটিন সংশ্লেষের সূচনা ঘটায় তখনই দ্বিতীয় একটি রাইবোজোমের ক্ষুদ্রতর উপএকক এই কাজের পুনরাবৃত্তি ঘটানোর জন্য তৈরি হয়ে যায়। প্রথম রাইবোজোম ট্রান্সলোকেশনের ফলে 5' → 3' অভিমুখে কিছুটা এগিয়ে গেলেই দ্বিতীয় রাইবোজোম একই ভাবে AUG কোডনকে আবদ্ধ করে এবং ট্রান্সলেশনের দ্বিতীয় চক্রের সূচনা ঘটায়। এভাবে m RNA বহু সংখ্যক রাইবোজোমের সঙ্গে একই সঙ্গে কিন্তু স্থানাগত দূরত্ব বজায় রেখে আবদ্ধ হতে পারে। এই সংগঠনগত অবস্থাটিকে **পলিজোম বা পলিরাইবোজোম** বলে অভিহিত করা হয়।

14.7 সারাংশ (Summary)

ট্রাসক্রিপশনের পরবর্তী ধাপ হল ট্রানশ্লেসন। এই পর্যায়ে m RNA বাহিত ত্রয়া কোডনগুলি অ্যামাইনো অ্যাসিডের ভাষায় রূপান্তরিত হয়। অর্থাৎ এই পর্যায়ে প্রোটিন সংশ্লেষিত হয়। তিনটি পর্যায়ে এই বিক্রিয়া সাধিত হয়। প্রারম্ভ বা Initation পর্যায়ে রাইবোজোম সুনির্দিষ্ট SD ক্ষারবিন্যাসকে চিনে নিয়ে m RNA এর সঙ্গে যুক্ত হয়। তারপর 5' → 3' অভিমুখে অগ্রসর হবার ফলে এর P স্থানে প্রথম কোডন AUG স্থিত হয়। এই AUG কোডন হল প্রারম্ভিক অ্যামাইনো অ্যাসিড f-Met এর দ্যোতক। এর ফলে f-Met দ্বারা চার্জড অ্যামাইনো অ্যাসিল t RNA তার অ্যান্টিকোডন দ্বারা AUG-এর সঙ্গে আবদ্ধ হয়। এর ফলে রাইবোজোম অণু পূর্ণাঙ্গ রূপ পায়। পরবর্তী পর্যায় হল শৃঙ্খলের দৈর্ঘ্য বৃদ্ধি। যখন রাইবোজোমের P-স্থানে AUG-এর অবস্থান তখন A স্থলে আসে পরবর্তী কোডন। এই কোডনের পরিপূরক অ্যামাইনো অ্যাসিল t RNA পরবর্তী আমাইনো অ্যাসিডের সঙ্গে P অবস্থানে স্থিত f Met এর সঙ্গে পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা জোট বাঁধে এবং ডাইপেপটাইড গঠিত হয়। এরপর রাইবোজোম 5' → 3' অভিমুখে আর এক ধাপ এগোয় যার জন্য ভার মুক্ত প্রারম্ভিক t RNA সরে আসে E-অবস্থানে, A স্থানে স্থিত ডাইপেপটাইড বাহী t RNA আসে P স্থানে এবং A স্থানে এসে বসে নতুন কোডন। এইভাবে পর্যায়ক্রমিক ট্রান্সলোকেশন এবং পেপটাইড বন্ধনী গঠনের ফলে প্রোটিন শৃঙ্খলটি দীর্ঘতর হতে থাকে। এর পরের পর্যায় **শৃঙ্খলযতি**। এই পর্যায়ে যতি নির্ধারক তিনটি কোডনের মধ্যে যে কোনও একটি এসে পড়ে A স্থানে। যেহেতু যতিজ্ঞাপক কোডনের কোন পরিপূরক t RNA নেই সেহেতু নতুন পেপটাইড বন্ধনী গঠিত হয় না এবং প্রোটিনটি রাইবোজোম থেকে মুক্ত হয়ে যায়।

14.8 অন্তিম প্রশ্নাবলী (Terminal Questions)

1. ট্রান্সলেসনের প্রারম্ভ পর্যায়ের চিত্রসহ বিবরণ দিন।
2. ট্রান্সলেসনের দৈর্ঘ্যকরণ পর্যায় সম্পর্কে উপযুক্ত চিত্রসহ যা জানেন লিখুন।
3. টীকা লিখুন :
   (a) SD বিন্যাসক্রম
   (b) রাইবোজোমের ট্রান্সলোকেশন
   (c) রাইবোজোমের A স্থান
   (d) শৃঙ্খলযতি
   (e) প্রারম্ভিক অ্যামাইনো অ্যাসিল t RNA

14.9 উত্তরমালা (Answers)

অনুশীলনী — 1

(a) AUG এটি f Met – t RNA^{fMet} এর পরিপূরক।

(b) প্রোক্যারিওটিক m RNA তে প্রাপ্ত, একটি কনসেনসাস ক্ষারবিন্যাস যা AUG থেকে 8–13 টি ক্ষারদূরত্ব পূর্ববর্তী অবস্থানে থাকে।

(c) 3' OH প্রান্তে

(d) অ্যামাইনো অ্যাসিডের সংযোগায়ন

(e) 30 S উপএকক

(f) P স্থানে

(g) f Met – t RNA$^{f Met}$

অনুশীলনী – 2

(a) EF – Tu এবং EF – G

(b) P – স্থানে

(c) A – স্থানে

(d) পেপটাইডিল ট্রান্সফারেজ

(e) EF–Tu এবং EF–G প্রোটিন দ্বয় GTP-এর সঙ্গে সংযুক্ত অবস্থায় রাইবোজোমের সঙ্গে যুক্ত হয় এবং GTP এর আর্দ্রবিশ্লেষণের ফলে সেখান থেকে বিযুক্ত হয়।

(f) অ্যামাইনো অ্যাসিডটি পেপটাইড বন্ধনী দ্বারা শৃঙ্খলে যুক্ত হবার পর t RNA অণু আনচার্জড হয়ে যায়। একে বলে ভারমুক্ত t RNA.

(g) 5' P → 3' OH

(h) ট্রান্সলোকেজ

(i) ভারমুক্ত t RNA পুনরায় সাইটোপ্লাজম থেকে নতুন অ্যামাইনো অ্যাসিড সংগ্রহ করে চার্জড হয় তাই।

(j) UAA, UAG এবং UGA

(k) RF-1 এবং RF-2 হল সেই দুটি প্রোটিন যারা Stop কোডনের সঙ্গে যুক্ত হয়ে শৃঙ্খল যতি ঘটায়।

(l) রাইবোজোম বিযোজিত হয়ে যায়।

প্রান্তিক প্রশ্নাবলী

1. 14.2 অংশে প্রারম্ভ পর্যায়টি আলোচিত হয়েছে। এই অংশের 14.2.1 থেকে 14.2.4 অংশঙ্কিত আলোচনাটি পড়ে সংক্ষেপে উত্তরটি লিখুন।
2. 14.3 অংশে আলোচিত হয়েছে। 14.3.1 থেকে 14.3.4 অংশাঙ্খিত আলোচনা পড়ে নিয়ে সংক্ষেপে উত্তর দিন।
3. (a) 14.2.1 অংশ দেখুন।
   (b) 14.3.4 অংশ দেখুন।
   (c) 14.3.2 অংশ দেখুন।
   (d) 14.4.4 অংশ দেখুন।
   (e) 14.2.2 অংশ দেখুন।

একক 15 ❑ প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় অ্যান্টিবায়োটিকের প্রভাব

গঠন

15.1 প্রস্তাবনা

15.2 উদ্দেশ্য

15.3 অ্যান্টিবায়োটিক সম্পর্কে কিছু সাধারণ ধারণা

- 15.3.1 অ্যান্টিবায়োটিকের সংজ্ঞা
- 15.3.2 প্রথম অ্যান্টিবায়োটিক
- 15.3.3 অ্যান্টিবায়োটিকের বৈশিষ্ট্য

15.4 ব্যাকটিরিয়ার কোষে প্রোটিন সংশ্লেষের পদ্ধতি সম্পর্কে সংক্ষিপ্ত আলোচনা

15.5 প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বিভিন্ন অ্যান্টিবায়োটিকের প্রভাব সম্পর্কে বিস্তৃত আলোচনা

- 15.5.1 টেট্রাসাইক্লিন
- 15.5.2 ক্লোরামফেনিকল্
- 15.5.3 অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড
- 15.5.4 ম্যাক্রোলাইড
- 15.5.5 অক্সালিজিডোনোন
- 15.5.6 স্ট্রেপটোগ্রামিন
- 15.5.7 লিঙ্কোসামাইড
- 15.5.8 ফিউসিডিক অ্যাসিড
- 15.5.9 মিউপিরোসিন

15.6 সারাংশ

15.7 প্রশ্নমালা

15.8 উত্তর সংকেত

15.1 প্রস্তাবনা

প্রস্তাবনা ঃ

বিংশ শতাব্দীর শুরুর দিক পর্যন্ত সমগ্র পৃথিবীতেই মানুষের গড় আয় বা জীবন-ধারন কাল (Life expactancy) ছিল বেশ কম। এর অন্যতম প্রধান কারণ ছিল যক্ষা, প্লেগ, কলেরা ইত্যাদি মহামারীর প্রকোপ। এমনকি সাধারণ সংক্রমণজনিত নিউমোনিয়া কিংবা সেপ্টিকে আক্রান্ত হয়েও বহু মানুষের মৃত্যু ঘটত। বিংশ শতাব্দীর মধ্যভাগ থেকে একাধিক অ্যান্টিবায়োটিক ওষুধের আবিষ্কারের ফলে এই অবস্থার পরিবর্তন হয়। একদা ভয়ানক মারণ রোগগুলি অতিসহজেই চিকিৎসার দ্বারা প্রতিহত করা সম্ভব হয় এবং মানুষের গড় আয় প্রায় দ্বিগুণ হয়ে যায়। একারণে অ্যান্টিবায়োটিকের আবিষ্কারকে চিকিৎসাবিজ্ঞানের এক স্বর্ণযুগের সূচনাকারী ঘটনা বলে চিহ্নিত করা হয়। সংক্রমণ সৃষ্টিকারী ব্যাকটিরিয়ার জৈবনিক ক্রিয়ার উপর অ্যান্টিবায়োটিক ওষুধগুলি বিভিন্ন প্রকার বিঘ্ন সৃষ্টি করতে সক্ষম। আমরা এই অধ্যায়ে ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় অ্যান্টিবায়োটিকের প্রভাব সম্পর্কে আলোচনা করব।

15.2 উদ্দেশ্য

এই এককটি পাঠ করে আপনি—

- অ্যান্টিবায়োটিকের বিভিন্ন ধর্ম সম্পর্কে ধারণা লাভ করবেন।
- বিভিন্ন প্রকার অ্যান্টিবায়োটিকের কার্যপদ্ধতি সম্পর্কে জানতে পারবেন।
- ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বাধাদানকারী বিভিন্ন প্রকার অ্যান্টিবায়োটিকগুলি প্রোটিন সংশ্লেষের কোন বিশেষ পর্যায়ে বাধাদান করে তা আলোচনা করতে সক্ষম হবেন।
- বিভিন্ন প্রকার সংক্রমনের চিকিৎসায় ব্যবহৃত সাধারণ অ্যান্টিবায়োটিকগুলির নাম (প্রোটিন সংশ্লেষে বাধাদানকারী) জানতে পারবেন।

15.3 অ্যান্টিবায়োটিক সম্পর্কে কিছু সাধারণ ধারণা

'অ্যান্টিবায়োটিক' শব্দটির উৎপত্তি 'অ্যান্টিবায়োসিস' (antibiosis) শব্দ থেকে, যার আক্ষরিক অর্থ 'জীবনের বিপক্ষে' (against life)। ফরাসী বিজ্ঞানী পল্ ভুইলেমিন (Paul Vuillemin) 1889 খ্রিস্টাব্দে সর্বপ্রথম এই শব্দটি ব্যবহার করেন।

15.3.1. ঃ অ্যান্টিবায়োটিকের সংজ্ঞা

অনুজীব (যেমন ব্যাকটিরিয়া, ছত্রাক ইত্যাদি)-এর দেহ থেকে প্রাপ্ত যে জৈব যোগ অপর অনুজীবের মৃত্যু ঘটায় বা তার বৃদ্ধি রোধ করে সেই সমস্ত যৌগকে অ্যান্টিবায়োটিক বলে। যেমন, **Penicillium notatum** নামক ছত্রাক থেকে প্রাপ্ত অ্যান্টিবায়োটিক পেনিসিলিন, **Staphylococcus aureus** নামক ব্যাকটিরিয়ার বৃদ্ধি রোধ করে।

সঠিকভাবে বলতে গেলে, রাসায়নিকভাবে কৃত্রিম পদ্ধতিতে উৎপন্ন কোন যৌগকে অ্যান্টিবায়োটিক বলা চলে না যদিও তা অনুজীবের বৃদ্ধি রোধ করে বা মৃত্যু ঘটায়। যেমন, বিভিন্ন প্রকার সালফোনামাইড। যদিও কার্যক্ষেত্রে এই কঠোর ব্যবধান প্রায়শই মানা হয় না।

15.3.2. ঃ প্রথম অ্যান্টিবায়োটিক

মানুষের চিকিৎসার কাজে প্রথম ব্যবহৃত অ্যানিটবায়োটিক পেনিসিলিন। লণ্ডনের সেন্ট মেরি হাসপাতালে গবেষণাকালে স্কটিশ বিজ্ঞানী আলেক্জান্ডার ফ্লেমিং 1928 খ্রিস্টাব্দে পেনিসিলিন আবিষ্কার করেন। হাওয়ার্ড ফ্লোরে ও আর্নস্টচেন্ নামে দুই বিজ্ঞানী বিশুদ্ধ পেনিসিলিন নিষ্কাশন করতে সক্ষম হন এবং সংক্রামিত ইঁদুরের দেহে প্রয়োগ করে এর কার্যকারিতার প্রমাণ দেন। ফ্লেমিং, ফ্লোরে ও চেন্‌কে পেনিসিলিন আবিষ্কার ও নিষ্কাশনের জন্য 1945 খ্রিস্টাব্দে নোবেল প্রাইজে ভূষিত করা হয়।

15.3.3. ঃ অ্যান্টিবায়োটিকের বৈশিষ্ট্য

1. **নির্বাচিত বিষক্রিয়া** — চিকিৎসার কাজে ব্যবহৃত অ্যান্টিবায়োটিকগুলি নির্দিষ্ট অনুজীবের বিরুদ্ধে কাজ করে এবং পোষক মানবদেহের বিশেষ ক্ষতিসাধন করে না।
2. **কার্যকারিতা** — কোন কোন অ্যান্টিবায়োটিক অনেকপ্রকার গ্রাম-পজিটিভ ও গ্রাম-নেগেটিভ ব্যাকটিরিয়ার বিরুদ্ধে কার্যকর হয়। এমন অ্যান্টিবায়োবিককে ব্রড স্পেক্ট্রাম (broad spectrum) বা বিস্তৃত প্রভাবী অ্যান্টিবায়োটিক বলে। পক্ষান্তরে, যে সব অ্যান্টিবায়োটিক স্বল্প সংখ্যক ব্যাকটিরিয়া, যেমন, কেবলমাত্র গ্রাম পজিটিভ ব্যাকটিরিয়ার বিরুদ্ধে কার্যকর হয় তাদের ন্যারো স্পেক্ট্রাম (Narrow Spectrum) বা সংকীর্ণ প্রভাবী অ্যান্টিবায়োটিক বলে।
3. **কার্যপ্রকৃতি** — অ্যান্টিবায়োটিক প্রয়োগে যদি নির্দিষ্ট ব্যাকটিরিয়াটির মৃত্যু হয় তবে সেই ধরনের অ্যান্টিবায়োটিককে ব্যাকটিরিসাইডাল বলে। আবার, যে সকল অ্যান্টিবায়োটিক ব্যাকটিরিয়াটির বৃদ্ধি প্রতিরোধ করে তাদের ব্যাকটিরিওস্ট্যাটিক অ্যান্টিবায়োটিক বলা হয়। ব্যাকটিরিওস্ট্যাটিক অ্যান্টিবায়োটিক দ্বারা নিষ্ক্রিয় ব্যাকটিরিয়া পোষকের নিজের প্রতিরোধ ব্যবস্থা দ্বারা (যেমন, ফ্যাগোসাইটিস দ্বারা) ধ্বংসপ্রাপ্ত হয়। ব্যাকটিরিয়ার বৃদ্ধিদশা ও প্রয়োগমাত্রার উপর ভিত্তি করে একই অ্যান্টিবায়োটিক কখনও ব্যাকটিরিসাইডাল, কখনও ব্যাকটিরিওস্ট্যাটি হিসাবে কাজ করতে পারে।
4. **কার্যপদ্ধতি** — অ্যান্টিবায়োটিক বিভিন্ন উপায়ে নিশানা ব্যাকটিরিয়ার ক্ষতিসাধন করতে পারে, যেমন—
   (a) ব্যাকটিরিয়াটির প্লাজমাপর্দার বিদীর্ণকরণ ঃ পলিমিক্সিন B জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিক এইভাবে কাজ করে।
   (b) ব্যাকটিরিয়া কোষপ্রাচীর তৈরিতে বাধাদান ঃ ব্যাকটিরিয়ার কোষ প্রাচীর পেপটাইডোগ্লাইক্যান নামক বিশেষ একপ্রকার জৈবযোগ দ্বারা নির্মিত, পেনিসিলিন, সেফালোস্পোরিন জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিক পেপটাইজোগ্লাইক্যান সংশ্লেষে বাধা সৃষ্টি করে।
   (c) ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষে বাধা দান ঃ একাধিক অ্যান্টিবায়োটিক ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বাধা দান করে। অ্যামাইনো গ্লাইকোসাইড, টেট্রাসাইক্লিন, ম্যাক্রোলাইড ইত্যাদি অ্যান্টিবায়োটিকগুলি এভাবে কাজ করে।
   (d) অত্যাবশ্যক বিপাকবস্তু তৈরিতে বাধা দান ঃ ব্যাকটিরিয়া কোষে নিউক্লিওটাইড সংশ্লেষের জন্য প্রয়োজনীয় কো-এনজাইম তৈরিতে ফোলিক অ্যাসিড অন্যতম উপাদান। সালফোনামাইড, ট্রাইমেথোপ্রিম জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিকগুলি ফোলিক অ্যাসিড সংশ্লেষে বাধা সৃষ্টি করে ব্যাকটিরিয়ার বৃদ্ধি ব্যাহত করে।
   (e) ব্যাকটিরিয়া নিউক্লিক অ্যাসিড তৈরিতে বাধা দান ঃ ব্যাকটিরিয়ার কোষে DNA রেপ্লিকেশন

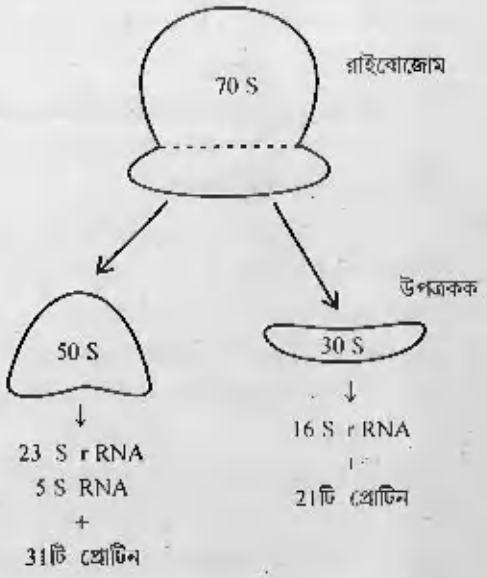
ও RNA ট্রান্সক্রিপসনের জন্য প্রয়োজনীয় উৎসেচকগুলিকে কাযে বাধাদান করে এই শ্রেণির অ্যান্টিবায়োটিক। ফ্লুওরোকুইনোলোন (সিপ্রোফ্লক্সাসিন, ওফ্লক্সাসিন), রিফামাইসিন ইত্যাদি অ্যান্টিবায়োটিক ব্যাকটিরিয়ার নিউক্লিক অ্যাসিড তৈরীর প্রক্রিয়ায় বাধাদান করে।

আমরা পরবর্তী অনুচ্ছেদে ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষে বাধাদানকারী অ্যান্টিবায়োটিকগুলির কার্যপদ্ধতি সম্পর্কে আলোচনা করব। আলোচনার সুবিধার জন্য প্রথমেই আমরা ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষের প্রক্রিয়াটি সম্পর্কে দৃষ্টিপাত করব।

15.4 ব্যাকটিরিয়ার কোষে প্রোটিন সংশ্লেষের পদ্ধতি সম্পর্কে সংক্ষিপ্ত আলোচনা

ব্যাকটিরিয়ার কোষে প্রোটিন সংশ্লেষ পদ্ধতি সম্পর্কে বিস্তৃত আলোচনা এই পরিচ্ছেদের বিষয়বস্তু নয়। কেবলমাত্র যে সকল গুরুত্বপূর্ণ বিষয় অ্যান্টিবায়োটিকের কার্যপদ্ধতি আলোচনার জন্য প্রয়োজন, তা আলোচনা করা হল—

ব্যাকটিরিয়ার রাইবোজোম — কোষে রাইবোজোমের উপরই পলিপেপটাইড সংশ্লেষ হয়। তাই রাইবোজোমকে বলা হয় প্রোটিন সংশ্লেষের ওয়ার্ক বেঞ্চ (work bench)। ব্যাকটিরিয়ার কোষে রাইবোজোম হল 70S ধরনের, যার দুটি উপ একক — বৃহত্তর 50S ও ক্ষুদ্রতর 30S উপ একক। ট্রান্সলেসনের শুরুতে 30S উপএকক কাজ করে, পরে 50S উপএককটি যুক্ত হয়। 50S ও 30S উপএককগুলির গঠনগত উপাদান চিত্র নং 1-এ দেখানো হয়েছে।



চিত্র – 1 : ব্যাকটিরিয়ার রাইবোজোমের গঠনগত উপাদান

প্রোটিন সংশ্লেষে প্রয়োজনীয় উৎসেচক : বেশ কিছু উৎসেচক ও প্রোটিন এই কাজে নিযুক্ত থাকলেও দুটি বিশেষ উৎসেচক সম্পর্কে এই প্রসঙ্গে জানা বিশেষ প্রয়োজন।

(a) অ্যামাইনোঅ্যাসাইল t RNA সিনথেটেজ : এই উৎসেচকটি একাধারে ব্যবহারযোগ্য অ্যামাইনো অ্যাসিডকে সক্রিয় করে ও অন্যদিকে অ্যামাইনো অ্যাসিডকে t RNA-র সঙ্গে যুক্ত করে। কোষে প্রতিটি আলাদা রকমের অ্যামাইনো অ্যাসিডের জন্য পৃথক উৎসেচক থাকে। এই উৎসেচক আবার t RNA-র জন্যও নির্দিষ্ট। অর্থাৎ ট্রান্সলেশনের কাজে একাধিক অ্যামাইনো অ্যাসাইল t RNA সিনথেটেজ দরকার হয়।

(b) পেপটাইডিল ট্রান্সফারেজ — রাইবোজোমের বড় উপএককের (50S) উপর এই উৎসেচকটি অবস্থান করে। দুটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে পেপটাইড বন্ধনী তৈরিতে এই উৎসেচক সাহায্য করে।

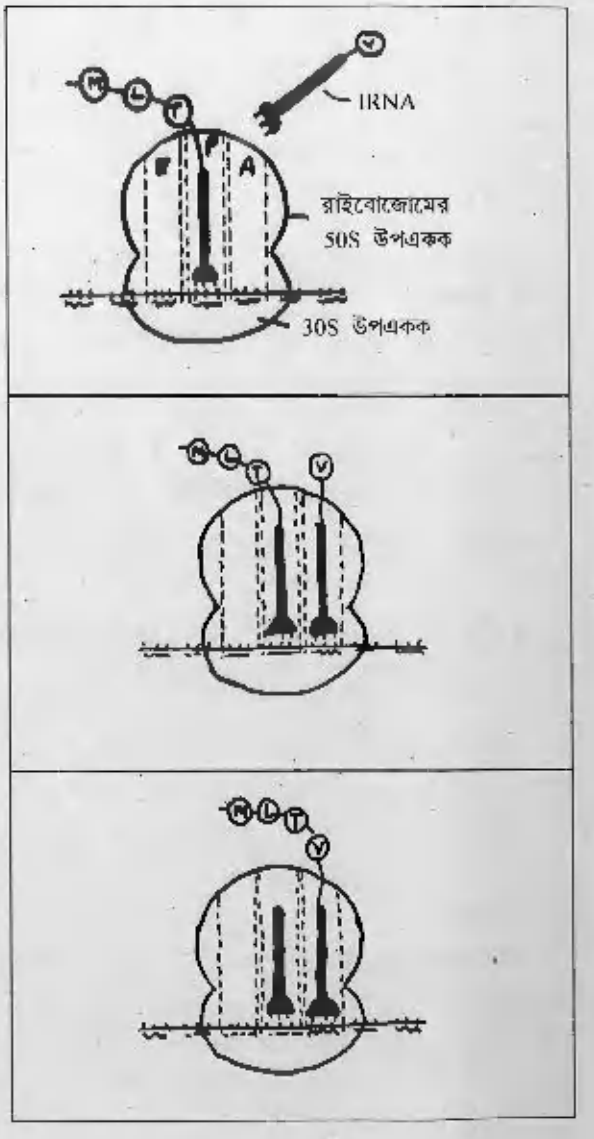
একাধিক প্রাকৃতিক ও কৃত্রিমভাবে সৃষ্ট জৈবযৌগ ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বাধা দেয়, কিন্তু

সবকটিই চিকিৎসার কারণে অ্যান্টিবায়োটিক হিসাবে ব্যবহার করা যায় না। কারণ, ব্যাকটিরিয়ার বিপাকে বাধা দিতে সক্ষম অধিকাংশ যোগই পোষক বানবদেহের কোষীয় বিপাককেও বিঘ্নিত করে। তাই অ্যান্টিবায়োটিকের সংখ্যা সীমিত। এগুলি ব্যাকটিরিয়া কোষের সেইসমস্ত ব্যবস্থাকেই নিশানা করে যেগুলি পোষক ইউক্যারিওটিক কোষে পৃথক বা পাওয়া যায় না, যেমন, ইউক্যারিওটিক রাইবোজোম 80S হয় তার উপএকক 60S ও 40S। তাই ব্যাকটিরিয়ার 30S বা 50S রাইবোজোম উপএককককে পরিবর্তনকারী অ্যান্টিবায়োটিক ইউক্যারিওটিক কোষের ক্ষতিসাধন করতে পারে না।

ব্যাকটিরিয়ার কোষে প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়াটির বৃদ্ধিদশার সরলতর চিত্ররূপ চিত্র নং 2 এ দেখানো হল।

চিত্র – 2 : প্রোটিন সংশ্লেষের বৃদ্ধিদশার চিত্ররূপ

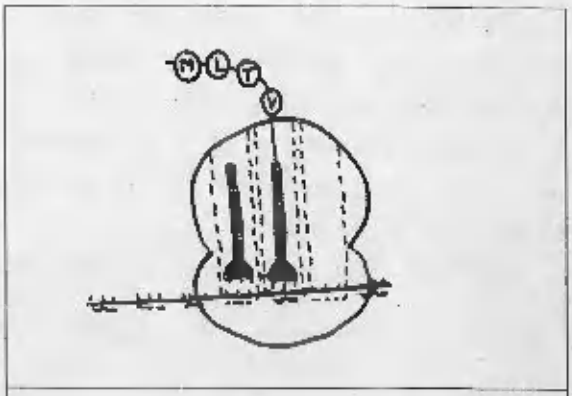
প্রোটিন সংশ্লেষের বৃদ্ধি দশায় বিভিন্ন উপাদানগুলির ভূমিকা— রাইবোজোম : t RNA-র সঙ্গে বন্ধন করার জন্য তিনটি স্থান P, A ও E স্থান, m RNA : বিভিন্ন অ্যামাইনো এ্যাসিডের কোডন (নিউক্লিওটাইড ত্রয়ী) সমন্বিত। t RNA : P স্থানের t RNAটি বর্ধিষ্ণু পেপটাইড শৃঙ্খলযুক্ত (যথাক্রমে মিথিওনিন, লিউসিন ও ট্রিপটোফ্যান, MLT) ও m RNA-র সঙ্গে কোডন অ্যান্টিকোডন সম্পর্কে যুক্ত। A-স্থানে আগত t RNA টির সঙ্গে ভ্যালিন অ্যামাইনো অ্যাসিড (v) সমযোজী বন্ধনে যুক্ত।

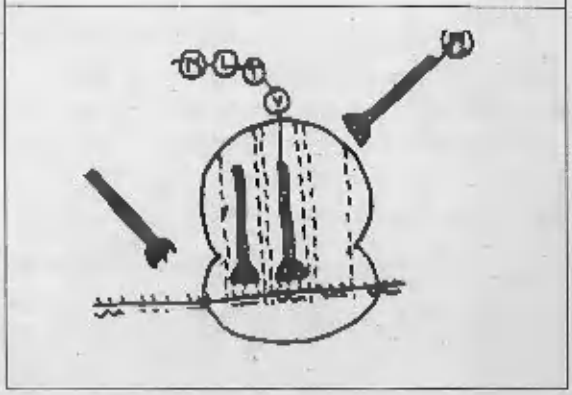


A-স্থানে আগত t RNAটি A-স্থানের কোডনের সঙ্গে কোডন-অ্যান্টিকোডন সম্পর্কে (পরিপূরক বেসজোড় গঠনের মাধ্যমে) যুক্ত হয়।

পেপটাইডিল ট্রান্সফারেজ উৎসেচকের মাধ্যমে P-স্থানের t RNA-র পেপটাইড শৃঙ্খল A-স্থানের t RNAর উপর স্থানান্তরিত হয়। এভাবে A-স্থানের t RNA-র উপর পেপটাইড শৃঙ্খলটি হয় যথাক্রমে মিথিওনিন লিউসিন ট্রিপটোফ্যান ভ্যালিন (MLTV) P-স্থানের t-RNA 'চার্জ' বিহীন (পেপটাইড বিহীন) হয়ে যায়।

পেপটাইড বিহীন t RNAটি P স্থান থেকে E স্থানে স্থানান্তরিত হয়। বর্ধিষ্ণু পেপটাইড শৃঙ্খলযুক্ত t RNAটি A স্থান থেকে P স্থানে স্থানান্তরিত হয় এবং রাইবোজেম m RNA-র উপর এক কোডন পর্যন্ত এগিয়ে যায়। লে একটি ফাঁকা A স্থান সৃষ্টি হয়।





পেপটাইড বিহীন t RNA টি E স্থান থেকে বেরিয়ে যায়। একটি নতুন t RNA. উপযুক্ত অ্যামাইনো অ্যাসিড (মিথিওনিন, M) যুক্ত হয়ে A স্থানের কোডনের উপর এসে বসে। (কোডন-অ্যান্টিকোডন পরিপূরক বেসজোড় গঠনের মাধ্যমে)
এইভাবে সমগ্র প্রক্রিয়াটির পুনরাবৃত্তির মাধ্যমে প্রোটিন সংশ্লেষ চলতে থাকে।

15.5 প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বিভিন্ন অ্যান্টিবায়োটিকের প্রভাব সম্পর্কে বিস্তৃত আলোচনা

15.5.1. ঃ টেট্রাসাইক্লিন (Tetracycline)

সাধারণ ধর্ম ঃ

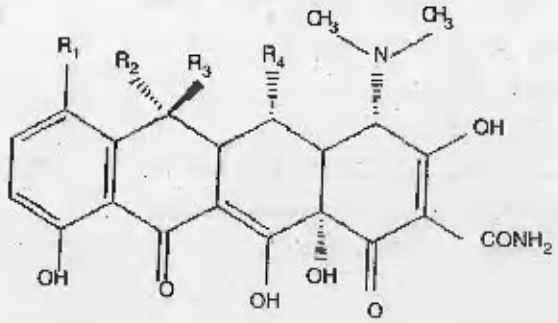
1. এই গোষ্ঠীর অ্যান্টিবায়োটিকগুলি চারটি বলয় সমন্বিত মূল শৃঙ্খল ও বিভিন্ন প্রকার পার্শ্বশৃঙ্খল যুক্ত (চিত্র–3)
2. কার্যকারিতা — ব্রড-স্পেক্ট্রাম
3. কার্যপ্রকৃতি — ব্যাকটিরিও-স্ট্যাটিক।

কার্যপদ্ধতি ঃ

এই অ্যান্টিবায়োটিকগুলি ব্যাকটিরিয়ার রাইবোজোমের 305 উপ এককের সঙ্গে যুক্ত হয়। এর ফলে রাইবোজোমের A স্থানে (A site) বিকৃতি ঘটে এবং অ্যামাইনোঅ্যাসাইল t RNA অণুর অ্যান্টিকোডন অংশ সঠিকভাবে m RNA-র কোডন অঞ্চলে সংযুক্ত হতে পারে না। এইভাবে ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ বাধাপ্রাপ্ত হয়।

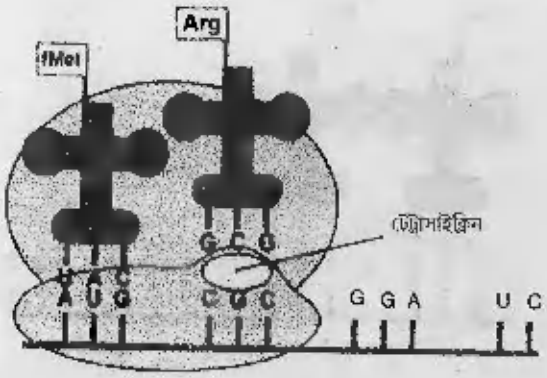
ব্যবহার :

টেট্রাসাইক্লিন ব্রড-স্পেক্ট্রাম কার্যকারিতা সম্পন্ন অ্যান্টিবায়োটিক গ্রাম পজিটিভ ও গ্রাম-নেগেটিভ এই দু'প্রকার ব্যাকটিরিয়া নিয়ন্ত্রণেই টেট্রাসাইক্লিন ব্যবহৃত হয়। এছাড়াও নিউমোনিয়া সৃষ্টিকারী Mycoplasma



চিত্র – 3 : একপ্রকার টেট্রাসাইক্লিনের রাসায়নিক গঠন

pneumoniae টাইফাস জ্বর (typhus fever) সৃষ্টিকারী **Rickettsia** spp., মূত্রনালীতে রোগ সৃষ্টিকারী **Chlamydia trachomatis** প্রভৃতি ব্যাকটিরিয়া নিয়ন্ত্রণে টেট্রাসাইক্লিন ব্যবহৃত হয়। অ্যামিবা জাতীয় প্রোটোজোয়া নিয়ন্ত্রণেও এর ব্যবহার আছে। এই গুনের কয়েকটি বহুল ব্যবহৃত অ্যান্টিবায়োটিক হল — অক্সিটেট্রাসাইক্লিন (টেরামাইসিন), ক্লোরটেট্রাসাইক্লিন (অরিওমাইসিন) ও টেট্রাসাইক্লিন।



চিত্র – 4 : ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বাধাদানে টেট্রাসাইক্লিনের ভূমিকা

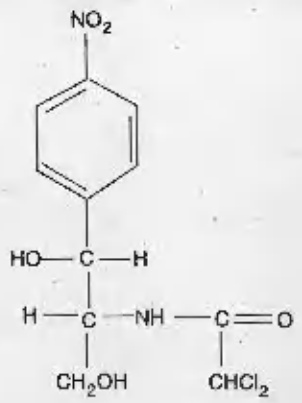
পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া :

টেট্রাসাইক্লিন ব্রড-স্পেক্ট্রাম অ্যান্টিবায়োটিক বলে আমাদের অন্ত্রের উপকারী ব্যাকটিরিয়াগুলিকেও আক্রান্ত করে ও এর ফলে পাচনতন্ত্রের গোলযোগ ডিটামিন B কমপ্লেক্সের অভাব ইত্যাদি দেখা দিতে পারে। এ ছাড়াও অস্থিবিকলাঙ্গতা, যকৃত বিষক্রিয়া ইত্যাদি ঘটানোর সম্ভাবনা আছে বলে শিশু ও গর্ভবতী মহিলাদের টেট্রাসাইক্লিন দেওয়া হয় না।

15.5.2. ঃ ক্লোরামফেনিকল্ (Chloramphenicol)

সাধারণ ধর্ম ঃ

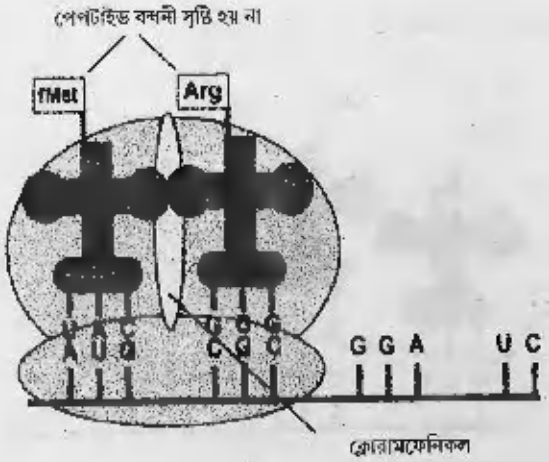
1. এই অ্যান্টিবায়োটিক-টি সর্বপ্রথম **Streptomyces venizuelae** নামক ব্যাকটিরিয়া কালচার থেকে পৃথক করা হয়। কিন্তু গঠনগত সরলতার জন্য বর্তমানে কৃত্রিমভাবে সংশ্লেষ করা হয়।
2. কার্যকারিতা—ব্রড-স্পেক্ট্রাম
3. কার্যপ্রকৃতি — বেশীর ভাগ ব্যাকটিরিয়ার ক্ষেত্রে ব্যাকটিরিওস্ট্যাটিক রূপে কাজ করলেও Haemophilus influenzaeর ক্ষেত্রে ব্যাকটিরিসাইডাল রূপে কাজ করে।



চিত্র – 5 : ক্লোরামফেনিকলের রাসায়নিক গঠন।

কার্যপদ্ধতি ঃ

ক্লোরামফেনিকল্ রাইবোজোমের 50 S উপএককের 23 S r RNA-র সঙ্গে যুক্ত হয়। এটি পাশাপাশি দু'টি অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে পেপটাইড্ বন্ধনী সৃষ্টিকারী পেপ্টাইডিল্ ট্রান্সফারেজ উৎসেচকের কার্যকারিতায় প্রতিবন্ধকতা সৃষ্টি করে। এর ফলে পেপটাইড শৃঙ্খলের বৃদ্ধি বাধাপ্রাপ্ত হয়।



চিত্র – 6 : ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বাধাদানে ক্লোরামফেনিকল্-এর ভূমিকা।

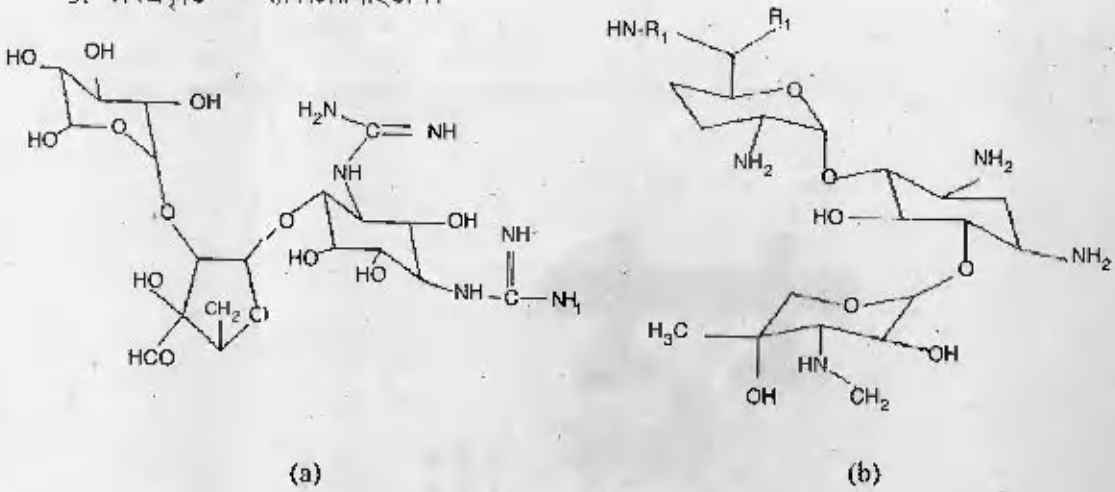
ব্যবহার ঃ এই ব্রড-স্পেক্ট্রাম অ্যান্টিবায়োটিক গ্রাম-পজিটিভ, গ্রাম-নেগেটিভ সবরকম ব্যাকটিরিয়ার চিকিৎসায় কাজে লাগে। অন্য অ্যান্টিবায়োটিক প্রতিরোধ (resistant) **Haemophilus influenzae**-র সংক্রমণে, মেনিন্জাইটিস ইত্যাদি প্রানঘাতী রোগে যেখানে অন্য অ্যান্টিবায়োটিক কাজ করে না, সেসব ক্ষেত্রে ক্লোরামফেনিকল্ ব্যবহৃত হয়।

পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া : অ্যান্টিবায়োটিক হিসাবে উচ্চমানের হলেও এটি যথেষ্ট বিষক্রিয়া ঘটায়। একারণে, কেবলমাত্র জীবন-সংশয় কালেই ক্লোরামফেনিকল ব্যবহৃত হয়। এটি অস্থিমজ্জার কার্যকারিতা হ্রাস করে ফলে রক্তকোষের সংখ্যা হ্রাসপ্রাপ্ত হয়। নবজাতকদের শরীরে যথেষ্ট পরিমাণ নিষ্ক্রিয়করণ (inactivation) ও রেচন হয় না বলে তারা বমি, পায়খানা, শীতলতা ইত্যাদিতে ভোগে ও গায়ের রং আঁশুটে (ashen-grey) হয়ে যায়। এই অবস্থাকে 'গ্রে বেবি-সিন্ড্রোম' (Grey baby syndrome) বলে।

15.5.3. : অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড (Aminoglycoside)

সাধারণ ধর্ম

1. এই গোষ্ঠীর অ্যান্টিবায়োটিকগুলির রাসায়নিক গঠন বেশ জটিল। এগুলিতে একাধিক অ্যামাইনো শর্করা গ্লাইকোসাইডিক বন্ধনী দ্বারা যুক্ত থাকে। (চিত্র–7)
   এই গোষ্ঠীর অন্যতম প্রধান অ্যান্টিবায়োটিকগুলি হল— স্ট্রেপটোমাইসিন (1944 খ্রিস্টাব্দে আবিষ্কৃত) জেনটামাইসিন, অ্যামিকাসিন, নিওমাইসিন ইত্যাদি।
2. কার্যকারিতা — ব্রড-স্পেক্ট্রাম
3. কার্যপ্রকৃতি — ব্যাকটিরিসাইডাল।



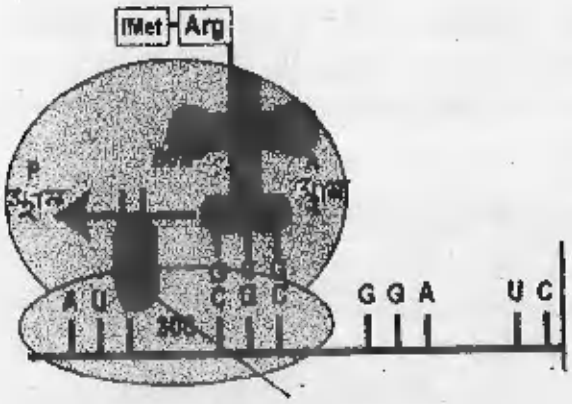
চিত্র – 7 : স্ট্রেপটোমাইসিন ('a') ও জেনটামাইসিন ('b') এর রাসায়নিক গঠন।

কার্যপদ্ধতি :

এই-জাতীয় অ্যান্টিমায়েটিকগুলি রাইবোজোমের 30 S উপত্রককের সঙ্গে যুক্ত হয়ে দু'ভাবে প্রোটিন সংশ্লেষে বাধা দান করে।

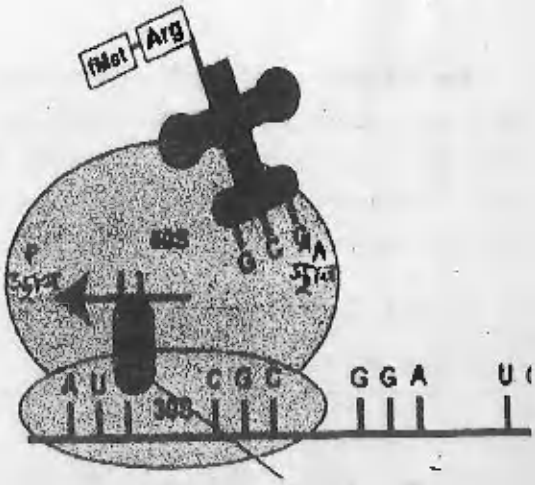
প্রথমত, তারা পেপটাইডিল্ t RNA-র রাইবোজোমের A স্থান থেকে P স্থানে স্থানান্তরণে বাধা দেয় (চিত্র - 8'ক')

দ্বিতীয়ত, তারা কোডন স্থানে বেধিক অ্যান্টিকোডন যুক্ত t RNA-র প্রবেশ বর্জনের হার কমিয়ে দেয়, ফলে কোডনের ভুল অর্থ করা হয় ও সঠিক অ্যামাইনো অ্যাসিড সংযুক্ত হতে পারে না (চিত্র-8খ)। এর ফলে প্রোটিন সংশ্লেষনের অকাল সমাপ্তি ঘটে ও প্রোটিনটি সম্পূর্ণরূপে গঠিত হতে পারে না।



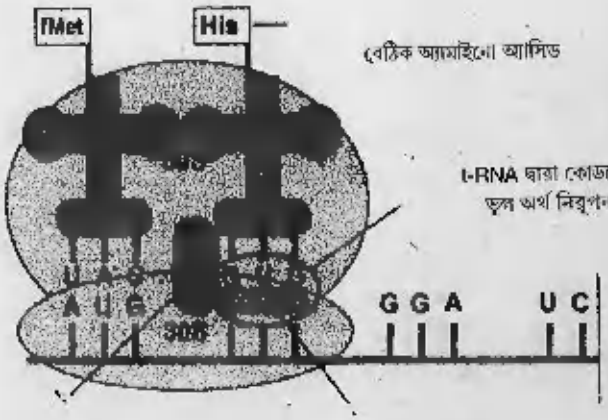
30S উপএককের সঙ্গে যুক্ত
অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড

চিত্র – 8 (ক) : অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড রাইবোজোমের 30 S উপএককের সঙ্গে যুক্ত থেকে পেপথটাইডিল্ t-RNA-র A-স্থান থেকে P-স্থানে স্থানান্তরণে বাধা দেয়।



30 S উপএককের সঙ্গে যুক্ত
অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড

চিত্র – 8 (খ) : অ্যামাইনো গ্লাইকোসাইড রাইবোজোমের 30 S উপ এককের সঙ্গে যুক্ত থেকে কোডনের ভুল অর্থ করে বেঠিক অ্যামাইনো অ্যাসিড যোগ করায়।।



চিত্র – 8 : ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ার বাধাদানে অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইডের ভূমিকা।

ব্যবহার :

অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড অ্যান্টিবায়োটিকগুলি অনেক সবাত-শ্বসনকারী গ্রাম-নেগেটিভ ব্যাকটিরিয়া এবং কিছু গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়ার বিরুদ্ধে কার্যকর। যক্ষা (Mycobacterium uberculosis) প্লেগ (Yersinia pestis) ইত্যাদির মহামারী নিয়ন্ত্রণে একসময় ব্যাপকহারে স্ট্রেপটোমাইসিন ব্যবহৃত হয়। অন্ত্রে সংক্রমণ (Kubsiella

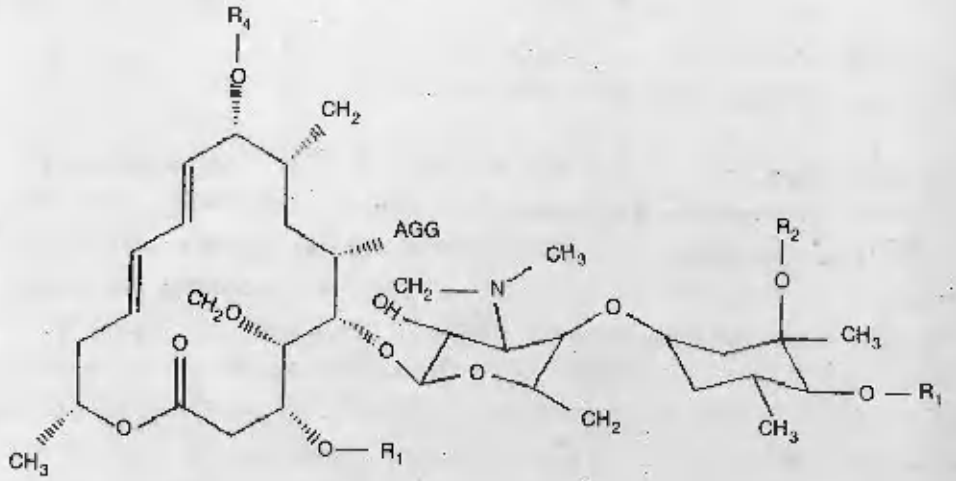
spp) ও সেপটিক অবস্থা প্রতিরোধেও অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড বহুল ব্যবহৃত। জেন্টামাইসিন **Pseudomonus** সংক্রমণে (বিশেষত সিষ্টিক ফাইব্রোসিস রোগে ফুসফুসের সংক্রমণে) বিশেষভাবে ব্যবহৃত হয়। নিওমাইসিন কাটা-ছেঁড়া-য় ব্যবহৃত সাধারণ মলমের (নিওস্পোরিন) অন্যতম উপাদান।

পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া : অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড অ্যান্টিবায়োটিকগুলিও যথেষট বিষক্রিয়া সৃষ্টি করে। কিড্নিতে বিষক্রিয়া শ্রবণক্ষমতা হ্রাস, অ্যালার্জি ইত্যাদি পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া লক্ষ্য করা গেছে। এইসব বিষক্রিয়া ছাড়াও অতিদ্রুত ব্যাকটিরিয়ার (বিশেষত, M. tuberculesis এর ক্ষেত্রে) প্রতিরোধী ক্ষমতা (resistance) উৎপন্ন হয়ে যায় বলেও বর্তমানে এই জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিক-এর ব্যবহার কমে গেছে।

15.5.4. : ম্যাক্রোলাইড (Macrolides)

সাধারণ ধর্ম :

1. এই জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিকগুলি একটি 12 থেকে 22 কার্বন যুক্ত অতিবৃহৎ ল্যাকটোন্ বলয় ও এক বা একাধিক ডিঅক্সি শর্করা যুক্ত (চিত্র–9)
2. কার্যকারিতা — ব্রড-সেপক্ট্রাম।
3. কার্যপ্রকৃতি — সাধারণত ব্যাকটিরিওস্ট্যাটিক।



চিত্র – 9 : একটি 16 কার্বনযুক্ত ল্যাকটোন বলয় সমন্বিত ম্যাক্রোলাইডের রাসায়নিক গঠন।

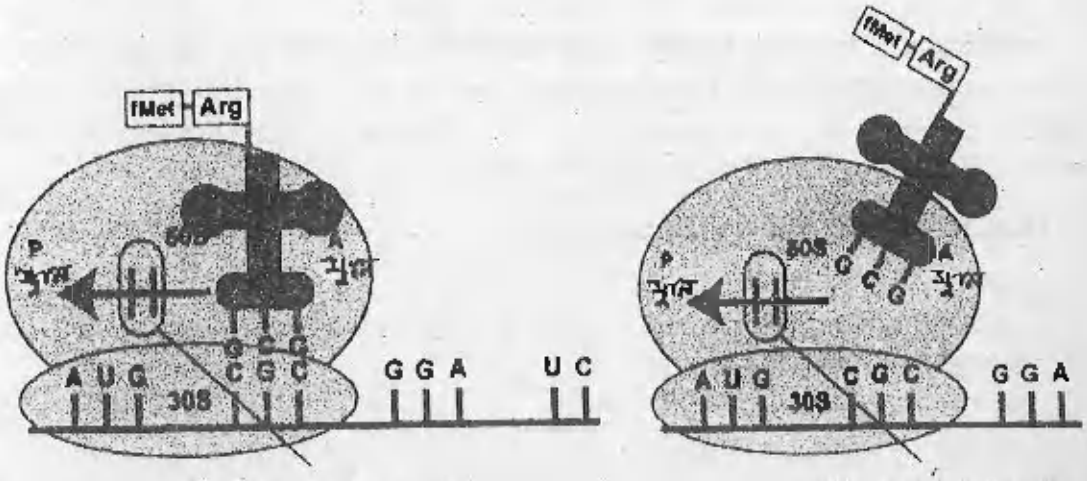
কার্যপদ্ধতি :

এই জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিকগুলি ব্যাকটিরিয়ার 50 S রাইবোজোম উপএককের 23 S r RNA-র সঙ্গে যুক্ত হয়। এর ফলে পেপটাইডিল ট্রান্সফারেজ উৎসেচক দুটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে পেপটাইড বন্ধনী তৈরি করতে পারে না। উপরন্তু পেপটাইডিল tRNA-র A স্থান থেকে P-স্থানে স্থানান্তরণও বাধাপ্রাপ্ত হয়। এইভাবে ম্যাক্রোলাইড অ্যান্টিবায়োটিকগুলি প্রোটিন শৃঙ্খল বৃদ্ধিতে প্রতিবন্ধকতা সৃষ্টি করে (চিত্র–10)

ব্যবহার :

ম্যাক্রোলাইড জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিকগুলির মধ্যে অন্যতম চারটি হল— এরিথ্রোমাইসিন, ক্ল্যারিথ্রোমাইসিন,

রক্সিথ্রোমাইসিন এবং অ্যাজিথ্রোমাইসিন। এগুলির মধ্যে সর্বাপেক্ষা বহুল ব্যবহৃত হল এরিথ্রোমাইসিন, এটি একটি তুলনামূলক ভাবে ব্রড স্পেক্ট্রাম অ্যান্টিবায়োটিক গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়া (যেমন, শ্বাসতন্ত্রে প্রদাহ



50 S উপএককে আবদ্ধ ম্যাক্রোলাইড

50 S উপ এককে আবদ্ধ ম্যাক্রোলাইড

চিত্র – 10 : ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বাধাদানে ম্যাক্রোলাইড জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিকের ভূমিকা।

সৃষ্টিকারী **Streptococcus** spp., ফোঁড়া কাটা স্থানে ঘা ইত্যাদি সৃষ্টিকারী **Staphylococcus** spp. ইত্যাদি) , মাইকোপ্লাজমা **(Mycoplasma pneumoniae)** এবং কোন কোন গ্রাম-নেগেটিভ ব্যাকটিরিয় (যেমন হুফিং কাশি সৃষ্টিকারী Bordetella pertussis, গনোরিয়া সৃষ্টিকারী **Neisseria gonorrhoeae)** ইত্যাদির চিকিৎসার ব্যাপকভাবে ব্যবহৃত হয়। ক্ল্যারিথ্রোমাইসিন নিউমোনিয়া সৃষ্টিকারী **Haemophilus influenzae,** পেপটিক্ আলসার সৃষ্টিকারী **Helicobactor pylori** ও কুষ্ঠসৃষ্টিকারী **Mycobacterium leprae** ইত্যাদি প্রতিরোধে বিশেষভাবে ব্যবহৃত হয়। রক্সিথ্রোমাইসিন ও অ্যাজিথ্রোমাইসিন **Haemophilus influenzae** জনিত নিউমোনিয়ার চিকিৎসায় সুফল দেয়। অ্যাজিথ্রোমাইসিন আন্তঃকোষীয় গ্রাম নেগেটিভ ব্যাকটিরিয়া **Chlamydia trachomatis** যা সাধারণ যৌন সংবাহিত রোগ (Sexually transmited disease, STD) -এর চিকিৎসায় বিশেষ কার্যকরী।

পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া ঃ

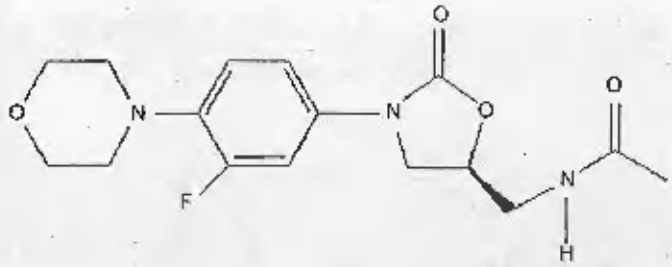
এই জাতীয়র অ্যান্টিবায়োটিকগুলি অপেক্ষাকৃত কম বিষক্রিয়া ঘটায়। সাধারণ পৌষ্টিক গোলযোগ, ত্বকে জ্বালা-চুলকানি ইত্যাদি সাধারণ পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া।

15.5.5. ঃ অক্সালিজিডোনোন (Oxalizidonones)

সাধারণ ধর্ম ঃ

1. অক্সালিজিডোনোন জাতীয় আন্টিবায়োটিকগুলি অপেক্ষাকৃত নতুন ধরনের অ্যান্টিবায়োটিক। 2001 খ্রিস্টাব্দে মার্কিন যুক্তরাষ্ট্রে এর ব্যবহার আইনসিদ্ধ হয়। সরলতর রাসায়নিক গঠনযুক্ত এই জাতীয় যৌগে

নাইট্রোজেন-যুক্ত উপক্ষার মর্ফোলিন বলয় থাকে (চিত্র–11) লাইনজোলিড হল এই গোষ্ঠীর প্রথম ব্যবহৃত অ্যান্টিবায়োটিক।



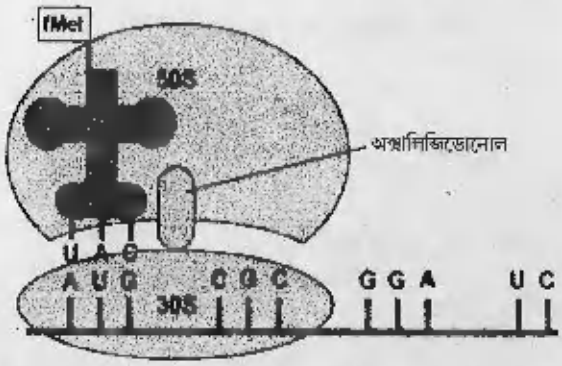
চিত্র – 11 : লাইনজোলিড-এর রাসায়নিক গঠন

2. কার্যকারিতা — মূলত গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়া প্রতিরোধে কার্যকর।

3. কার্যপ্রকৃতি — সাধারণতঃ ব্যাকটিরিওস্ট্যাটিক।

কার্যপদ্ধতি ঃ

এই জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিকগুলি রাইবোজোমের 50 S উপএককের সঙ্গে এমনভাবে যুক্ত হয় যে রাইবোজেমের দুটি উপএককের (50 S ও 30 S) সংযোজস্থলে গঠনগত পরিবর্তন হয়। এর ফলে 50 S উপএককটি প্রারম্ভিক জোটের সঙ্গে সংযুক্ত হতে পারে না (চিত্র–12)। একারণে প্রোটিন সংশ্লেষের প্রক্রিয়াটি শুরু হলেও প্রারম্ভিক দশার পর আর অগ্রগতি লাভ করে না এবং অসম্পূর্ণ থেকে যায়।



চিত্র – 12 : ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বাধাদানে অক্সালিজিডোনোন (লাইনজোলিড) এর ভূমিকা

ব্যবহার ঃ

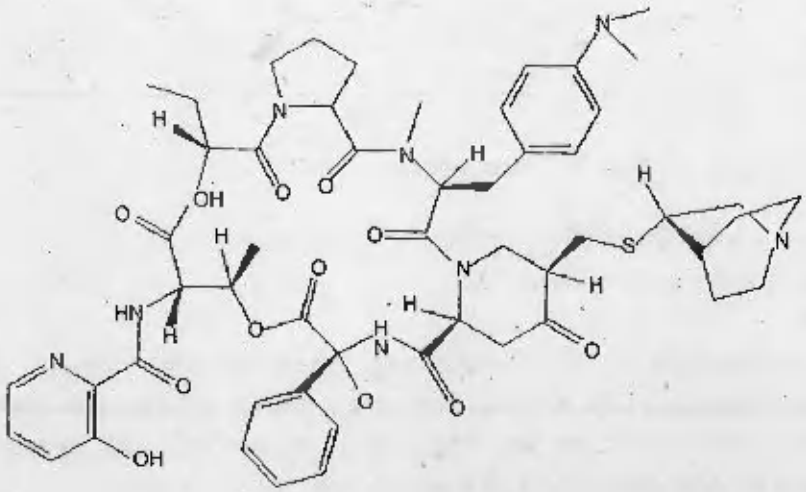
এই জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিকগুলি গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়া বিশেষত, অন্য অ্যান্টিবায়োটিকে প্রতিরোধী ধরণের **Streptococcus pneumaniae' S. aureus** প্রতিরোধে বিশেষভাবে কার্যকর। এই ধরনের অ্যান্টিবায়োটিকগুলি সম্পূর্ণভাবে কৃত্রিম উপায়ে তৈরি বলে ও ব্যবহার অপেক্ষাকৃত নতুন বলে এর প্রতিরোধী ধরন এখনও সৃষ্টি হয়নি।

পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া ঃ পেটের গোলযোগ, বমিবমি ভাব ইত্যাদি।

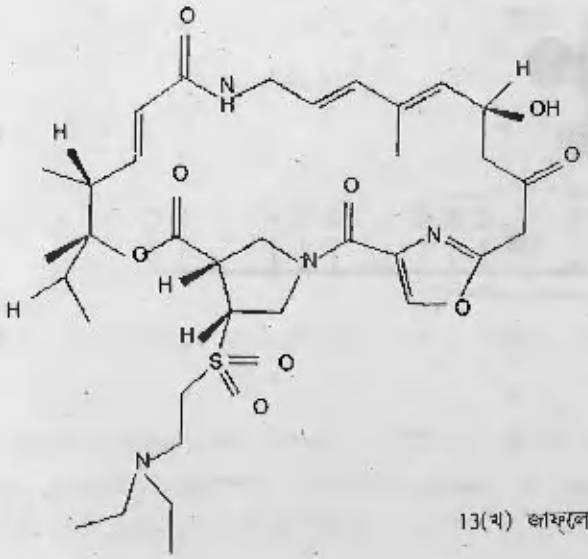
15.5.6. ঃ স্ট্রেপটোগ্রামিন (Streptogramins)

সাধারণ ধর্ম ঃ

1. এই ধরনের অ্যান্টিবায়োটিকগুলি আসলে দু'প্রকার যোগের (স্ট্রেপটোগ্রামিন A ও স্ট্রেপটোগ্রামিন B) মিশ্রন। A গ্রুপের যোগগুলি বহুঅসম্পৃকতা বিশিষ্ট বৃহৎ পেপটাইড বলয় যুক্ত এবং B গ্রুপের যোগগুলি মূলত চক্রাকার পেপটাইড।



13(ক) ক্যুইনুপ্রিস্টিন (স্ট্রেপটোগ্রামিন B)



13(খ) জাফ্‌লোপ্রিস্টিন (স্ট্রেপটোগ্রামিন A)

চিত্র – 13 : স্ট্রেপটোগ্রামিন-এর রাসায়নিক গঠন।

2. এই গোষ্ঠীর প্রথম ব্যবহৃত ওষুধ হল সাইনারসিড, যা দুটি ভিন্ন অ্যান্টিবায়োটিক — ক্যুইনুপ্রিসটিন (স্ট্রেপটোগ্রামিন B) ও ড্যাফ্‌লোপ্রিসটিন (স্ট্রেপটোগ্রামিন A) এর 3 : 7 অনুপাতে (ওজন অনুপাতে)র মিশ্রণ। এই দুটি ভিন্ন যোগ মিশ্রণ হিসাবে অধিক কার্যকর।

2. কার্যকারিতা — ন্যারো-স্পেক্ট্রাম, মূলতঃ গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়ার বিরুদ্ধে কার্যকর।

3. কার্যপ্রকৃতি — ব্যাকটিরিওস্ট্যাটিক।

কার্যপদ্ধতি :

ক্যুইনুপ্রিস্টিন ও ড্যাফ্‌লোপ্রিস্টিন একযোগে কাজ করে। ড্যাফলোপ্রিস্টিন রাইবোজোমের 50S উপএককের সঙ্গে যুক্ত হয়ে এর গঠনগত পরিবর্তন ঘটায়। এর ফলে ক্যুইনোপ্রিস্টিনের 50 S উপএককের সঙ্গে জোড় বাঁধার প্রক্রিয়া সহজ হয়ে যায়। ড্যাফ্‌লোপ্রিস্টিন 50 S উপএককের সঙ্গে যুক্ত হয়ে t-RNA-র জোড় বাঁধায় বাধা দেয় এবং ক্যুইনুপ্রিস্টিন বর্ধিষ্ণু পলিপেপটাইড শৃঙ্খলের স্থানান্তরণে বাধা দেয়। এই দুই ধরনের অ্যান্টিবায়োটিকের সম্মিলিত ক্রিয়ার ফলে পলিপেপটাইড শৃঙ্খলটি অসম্পূর্ণ অবস্থায় রাইবাজোম থেকে বিচ্যুত হয়ে যায়।

ব্যবহার : বিভিন্ন গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়ার বিরুদ্ধে কার্যকর এই জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিক। অ্যান্টিবায়োটিক প্রতিরোধী ধরনের ব্যাকটিরিয়ার ক্ষেত্রে বিশেষ সুফল দেয়। যেমন, **Staphylococcus aureus,** অস্ত্রপচার জনিত কাটায় সংক্রমণ সৃষ্টি কারী **Enterococcus faecium** এই সকল গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়া প্রতিরোধে বিশেষভাবে কার্যকর।

পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া :

বহুমূল্য হলেও স্ট্রেপটোগ্রামিন অ্যান্টিবায়োটিকগুলি মারাত্মক পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া, যেমন, প্রদাহ, তীব্র ব্যথা (অস্থিসন্ধি ও মাংসপেশীতে), বমি ও পেটের গোলযোগ ইত্যাদি দেখা দেয়।

15.5.7. : লিঙ্কোসামাইড (Lincosamides)

এই জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিকগুলির মধ্যে সর্বাপেক্ষা বেশী ব্যবহৃতটি হল ক্লিন্‌ডামাইসিন। এই জাতীয় ব্রড-স্পেক্ট্রাম অ্যান্টিবায়োটিকগুলি বিভিন্ন প্রকার গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়া (যেমন, **Staphylococcus spp.**, অবাতশ্বসনকারী **Bacteroides fragilis** ইত্যাদি)ও গ্রাম-নেগেটিভ ব্যাকটিরিয়ার বিরুদ্ধে কার্যকর। লিঙ্কোসামাইডের কার্যপদ্ধতি প্রধানত ম্যাক্রোলাইড ও ক্লোরামফেনিকলের সঙ্গে তুলনীয়— এটিও রাইবোজোমের 50S উপএককের সঙ্গে যুক্ত হয়ে প্রোটিনসংশ্লেষের প্রগতি রোধ করে।

15.5.8. : ফিউসিডিক অ্যাসিড (Fusidic Acid)

এই স্টেরয়েডধর্মী অ্যান্টিবায়োটিকটি ন্যারো-স্পেক্ট্রাম কার্যকারিতার ও গ্রাম-পজিটিভ ব্যাকটিরিয়ার বিরুদ্ধে কার্যকর। এটি পেপ্‌টাইডিল t RNA-র স্থানান্তরণে বাধা দিয়ে ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ায় বিঘ্ন ঘটায়।

15.5.9. : মিউপিরোসিন (Mupiriocin)

মিউপিরোসিন হল আইসো-লিউমিন অ্যামাইনো অ্যাসিডের রাসায়নিক প্রতিরূপ (analogue)। ব্যাকটিরিয়ার কোষে উপস্থিত আইসো-লিউসাইল ট্রান্সফারেজ উৎসেচককে এটি আবদ্ধ করে রাখে, ফলে আইসো-লিউমিন যুক্ত t RNA উৎপন্ন হতে পারে না ও বর্ধিষ্ণু পলিপেপটাইড শৃঙ্খলে আইসো-লিউসিন অ্যামাইনো অ্যাসিডটি সংযুক্ত হতে পারে না। এইভাবে প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়াটি বাধাপ্রাপ্ত হয়। ত্বকের সংক্রমণে বাহ্যিকভাবে (মলম হিসাবে) এই অ্যান্টিবায়োটিক ব্যবহৃত হয়।

15.6 সারাংশ

বর্তমান চিকিৎসাশাস্ত্রে অ্যান্টিবায়োটিকের গুরুত্ব অপরিসীম। এর কল্যাণে বেশীরভাগ সংক্রমণ সৃষ্টিকারী ব্যাকটিরিয়ার প্রতিরোধই আজ সম্ভব। বিভিন্ন প্রকার অ্যান্টিবায়োটিক নিজ নিজ উপায়ে ব্যাকটিরিয়ার ক্ষতিসাধন করে। প্রোটিন সংশ্লেষে বাধাদানকারী অ্যান্টিবায়োটিকগুলি একাধারে যেমন চিকিৎসাশাস্ত্রে অত্যন্ত গুরুত্বপূর্ণ, তেমনি ব্যাকটিরিয়া কোষের বিভিন্ন বিপাকর কার্যের আনবিক ব্যাখ্যাও এই যোগগুলি নিয়ে গবেষণার ফলে পাওয়া যায়। কিন্তু অ্যান্টিবায়োটিকগুলির যথেষ্ট পার্শ্বপ্রতিক্রিয়া আছে, তাই এগুলির ব্যবহারও সুচিন্তিত হওয়া প্রয়োজন। উপরন্তু অ্যান্টিবায়োটিকের অনিয়মিত ব্যবহারের কারণে বিশেষ বিশেষ ব্যাকটিরিয়ার প্রতিরোধী ধরন উৎপন্ন হয়, যা পরবর্তী সংক্রমণে ওই অ্যান্টিবায়োটিক দ্বারা প্রশমিত হয়ে না। তাই অ্যান্টিকায়োটিক সম্পর্কে নতুন নতুন গবেষণা ও নতুন অ্যান্টিবায়োটিক সৃষ্টি করা বিজ্ঞানীদের সামাজিক দায়িত্ব। চিকিৎসকদের ও সাধারণ রোগীদেরও এসম্পর্কে সচেতনতা প্রয়োজন।

15.7 প্রশ্নমালা

A. সংক্ষেপে উত্তর দিন ঃ

1. ব্যাকটিরিয়ার রাইবোজোমের গঠন সম্পর্কে টিকা লিখুন।
2. ব্যাকটিরিয়ার প্রোটিন সংশ্লেষ প্রক্রিয়ার প্রয়োজনীয় দুটি উৎসেচকের নাম ও কাজ লিখুন।
3. টেট্রাসাইক্লিনের কার্যপদ্ধতির চিত্রসহ ব্যাখ্যা দিন।
4. ক্লোরামফেনিকলের কার্যপদ্ধতির চিত্রসহ ব্যাখ্যা দিন।
5. অ্যামাইনোগ্লাইকোসাড কীভাবে ব্যাকটিরিয়ার বৃদ্ধিতে বাধা দান করে?
6. ব্যাকটিরিয়ার বৃদ্ধিতে বাধাদান কার্যে ম্যাক্রোলাইড ও অক্সালিজিডোনোন-এর ভূমিকার তুলনামূলক আলোচনা করুন।

B. শূন্যস্থান পূরণ করুন ঃ

1. বিজ্ঞানী ——— পেনিসিলিন আবিষ্কার করেন।
2. রাইবোজোমকে প্রোটিন সংশ্লেষের ——— বলা হয়।
3. ——— উৎসেচক দুটি অ্যামাইনো অ্যাসিডের মধ্যে পেপটাইড বন্ধনী তৈরি করে।
4. টেট্রাসাইক্লিনের প্রভাবে রাইবোজোমের ——— স্থানের বিকৃতি ঘটে।
5. ——— জাতীয় অ্যান্টিবায়োটির বিষক্রিয়ায় 'গ্রে বেবি সিনড্রোম' হয়।
6. পেপটাইডিল t RNA-এর A-স্থান থেকে P স্থানে স্থানান্তরনে বাধাদানকারী অ্যান্টিবায়োটিকগুলি হল ——— ও ———।
7. ——— জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিক প্রারম্ভিক জোট গঠনে বাধা দেয়।
8. স্ট্রেপটোগ্রামিন অ্যান্টিবায়োটিক (সাইনারসিড) দুটি ভিন্ন অ্যান্টিবায়োটিক ——— ও ——— এর মিশ্রণ।
9. ——— অ্যান্টিবায়োটিকটি হল আইসো-লিউসিন অ্যামাইনো অ্যাসিডের রাসায়নিক প্রতিরূপ।
10. ——— হল সর্বপেক্ষা বেশী ব্যবহৃত ম্যাক্রোলাইড জাতীয় অ্যান্টিবায়োটিক।

C. বাম ও ডানদিকের অর্থবোধক সমন্বয় সাধন করুন।

বামদিক	ডানদিক
1. ক্লোরাম্‌ফেনিকল	A. Yersinia pestis
2. টাইফাস জ্বর	B. ন্যারো-স্পেক্ট্রাস্ অ্যান্টিবায়োটিক।
3. অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড	C. অ্যামাইনো অ্যাসিড প্রতিরূপ।
4. প্লেগ	D. প্রোটিন সংশ্লেএসণ অলগন সমাপ্তি
5. অন্তঃকোষীয় গ্রাম-নেগেটিভ	E. পেপটাইড বন্ধনী সৃষ্টিতে বাধা
6. স্ট্রেপটোগ্রামিন	F. পেপটাইডিল t RNA স্থানান্তরনে বাধাদান।
7. ফিউসিডিক অ্যাসিড	G. নবীনতম অ্যান্টিবায়োটিক
8. অক্সালিজিডোনোন	H. **Helicobactor pylori**
9. পেপটিক্ আলসার	I. **Rickettsia** spp.
10. মিউপিরোসিন	J. **Chlamydia trachomatis**

15.8 উত্তরসংকেত

A. 1. 15.4 দ্রষ্টব্য।
2. 15.4 দ্রষ্টব্য।
3. 15.5.1 দ্রষ্টব্য।
4. 15.5.2 দ্রষ্টব্য।
5. 15.5.3 দ্রষ্টব্য।
6. 15.5.4, 15.5.5 দ্রষ্টব্য।

B. 1. আলেকজাণ্ডার ফ্লেমিং
2. ওয়ার্ক বেঞ্চ
3. পেপটাইডিল ট্রান্সফারেজ
4. A
5. ক্লোরামফেনিকল্
6. অ্যামাইনোগ্লাইকোসাইড, ম্যাক্রোলাইড
7. অক্সালিজিডোনোন
8. ক্যুইনুপ্রিমটিন, ড্যাফলোপ্রিসটিন।
9. মিউপিরোসিন
10. এরিথ্রোমাইসিন।

C. 1–E; 2–I; 3–D; 4–A; 5–T; 6–B; 7–F; 8–G; 9–H; 10–C.

Notes

মানুষের জ্ঞান ও ভাবকে বইয়ের মধ্যে সঞ্চিত করিবার যে একটা প্রচুর সুবিধা আছে, সে কথা কেহই অস্বীকার করিতে পারে না। কিন্তু সেই সুবিধার দ্বারা মনের স্বাভাবিক শক্তিকে একেবারে আচ্ছন্ন করিয়া ফেলিলে বুদ্ধিকে বাবু করিয়া তোলা হয়।

— রবীন্দ্রনাথ ঠাকুর

ভারতের একটা mission আছে, একটা গৌরবময় ভবিষ্যৎ আছে, সেই ভবিষ্যৎ ভারতের উত্তরাধিকারী আমরাই। নূতন ভারতের মুক্তির ইতিহাস আমরাই রচনা করছি এবং করব। এই বিশ্বাস আছে বলেই আমরা সব দুঃখ কষ্ট সহ্য করতে পারি, অন্ধকারময় বর্তমানকে অগ্রাহ্য করতে পারি, বাস্তবের নিষ্ঠুর সত্যগুলি আদর্শের কঠিন আঘাতে ধূলিসাৎ করতে পারি।

— সুভাষচন্দ্র বসু

Any system of education which ignores Indian conditions, requirements, history and sociology is too unscientific to commend itself to any rational support.

— Subhas Chandra Bose

Price : Rs. 225.00
(NSOU-র ছাত্রছাত্রীদের কাছে বিক্রয়ের জন্য নয়)

Published by Netaji Subhas Open University, DD-26, Sector-I, Salt Lake, Kolkata-700 064 &
Printed at Sailec Press Pvt. Ltd., 4A Manicktala Main Road, Kolkata 700 054