1. मॉड्यूल और इसकी संरचना

मॉड्यूल विस्तार	
विषय का नाम	जीव विज्ञान
पाठ्यक्रम का नाम	जीवविज्ञान 03 (कक्षा XII, छमाही-1)
मॉड्यूल का नाम / शीर्षक	अनुवादन, जीन अभिव्यक्ति का विनियमन - भाग 4
मॉड्यूल आईडी	lebo_10604
पूर्व-अपेक्षित	प्रतिलिपीकरण की प्रक्रिया और अनुलेखन के बारे में ज्ञान
उद्देश्य	इस पाठ के माध्यम से अध्ययन के बाद, शिक्षार्थी निम्नलिखित को समझने में सक्षम होंगे: a) टी-आर॰एन॰ए॰ (t-RNA) की संरचना b) टी-आर॰एन॰ए॰ का आवेश c) अनुवादन की प्रक्रिया d) लैक-ऑपरोन
मुख्य शब्द	विशिष्टप्रकूट, असंदिग्ध, पतित, सार्वभौमिक, बिंदु उत्परिवर्तन, अनुकूलक आर॰एन॰ए॰, टी-आर॰एन॰ए॰ का आवेश, अनुवादन, अअनुवादित क्षेत्र, ऑपरोन , दमनकर्ता, प्रेरक

2. विकास दल

भूमिका	नाम	सम्बद्धता
राष्ट्रीय MOOC समन्वयक (NMC)	प्रो. अमरेंद्र पी बेहरा	सीआईईटी, एनसीईआरटी, नई दिल्ली
कार्यक्रम के समन्वयक	डॉ. मो. ममूर अली	सीआईईटी, एनसीईआरटी, नई दिल्ली
पाठ्यक्रम समन्वयक (सीसी) / पीआई	डॉ. चोंग वी शिमरे	डी.इ.एस.एम., एन.सी.ई.आर.टी., नई दिल्ली
पाठ्यक्रम सह समन्वयक/ सह-पी.आई.	डॉ. यश पॉल शर्मा	सीआईईटी, एनसीईआरटी, नई दिल्ली
विषय वस्तु विशेषज्ञ	सुश्री अंकिता सिंधानिया	एनआईएमआर, नई दिल्ली
समीक्षा दल	डॉ मधुमिता बनर्जी	रामजस कॉलेज, दिल्ली विश्वविद्यालय
अनुवादक	मीनू वर्मा	द ग्रेजुएट स्कूल कॉलेज फॉर वीमेन, जमशेदपुर

विषय - सूची :

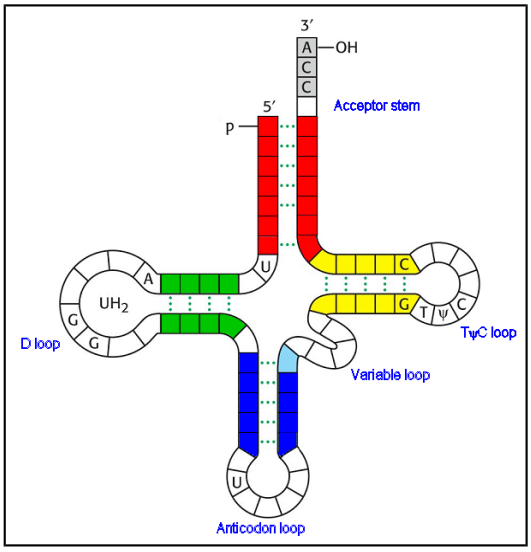
1. परिचय
2. टी-आर॰एन॰ए॰ की संरचना
3. अनुवादन
3.1 टी-आर॰एन॰ए॰ का आवेश
3.2 अनुवादन की प्रक्रिया
3.3 अअनुवादित क्षेत्र
4. जीन अभिव्यक्ति का विनियमन
5. ऑपरोन अवधारणा
6. लैक-ऑपरोन
7. सारांश

1. परिचय

डी॰एन॰ए॰ की प्रतिलिपिकरण की प्रक्रिया और डी॰एन॰ए॰ से आर॰एन॰ए॰ के अनुलेखन को प्रयोगात्मक रूप से सिद्ध किया गया था और वैज्ञानिकों द्वारा पूरकता के आधार पर अच्छी तरह से समझाया गया था। सबसे बड़ी चुनौती उस प्रकरण की व्याख्या करना था जिसके द्वारा न्यूक्लियोटाइड्स का बहुलक अमीनो अम्ल के बहुलक में परिवर्तित हो जाता है क्योंकि दोनों के बीच इस तरह की कोई पूरकता की परिकल्पना नहीं की जा सकती थी। साथ ही, बहुत से शोध सूक्ष्म जीव विज्ञान के क्षेत्र में थे, जो अनुवादन की प्रक्रिया और साथ ही साथ प्रकरण की व्याख्या करने में सक्षम थे जिसके द्वारा जीवों में विभिन्न जीनों की अभिव्यक्ति का विनियमन हुआ। इस खंड में हम आनुवंशिक प्रकूट के बारे में चर्चा करेंगे जो न्यूक्लियोटाइड के बहुलक को अमीनो अम्ल के बहुलक में परिवर्तित करने में मदद करता है। यह सामग्री उस प्रक्रिया पर भी ध्यान केंद्रित करेगी जो जीवों में जीन की अभिव्यक्ति के विनियमन में मदद करती है।

2. टी-आर॰एन॰ए॰ की संरचना

फ्रांसिस क्रिक की राय थी कि एमआर॰एन॰ए॰ पर प्रकूट को पढ़ने और इसे अमीनो अम्ल से जोड़ने के लिए एक क्रियाविधि होनी चाहिए। उन्होंने प्रस्तावित किया कि एक अनुकूलक अणु है जो एक तरफ प्रकूट पढ़ता है और दूसरी तरफ विशिष्ट अमीनो अम्ल से बांधता है।
स्थानांतरण आर॰एन॰ए॰ को टी-आर॰एन॰ए॰ के रूप में संकेताक्षर किया जाता है और पूर्व में इसे एस आर॰एन॰ए॰ के रूप में संदर्भित किया जाता था, अर्थात, घुलनशील (soloble) आर॰एन॰ए॰। यह एक अनुकूलक अणु है जो आर॰एन॰ए॰ से बना होता है जिसमें लगभग 73 से 93 न्यूक्लियोटाइड होते हैं। स्थानांतरण आर॰एन॰ए॰ या तथाकथित टी-आर॰एन॰ए॰, एमआर॰एन॰ए॰ और प्रोटीन के अमीनो अम्ल अनुक्रम के बीच बाह्य कड़ी के रूप में कार्य करता है। टी-आर॰एन॰ए॰ प्रत्येक अमीनो अम्ल के लिए विशिष्ट होता है। किसी भी टी-आर॰एन॰ए॰ के लिए कोई समापक विशिष्टप्रकूट नहीं हैं।
प्रवर्तन के लिए, एक विशिष्ट टी-आर॰एन॰ए॰ है जिसे प्रवर्तक टी-आर॰एन॰ए॰ के रूप में जाना जाता है।



रॉबर्ट विलियम होले ने स्थानांतरण आर॰एन॰ए॰ (टी-आर॰एन॰ए॰) को अलग किया और फिर खमीर एलेनिन टी-आर॰एन॰ए॰ की संरचना और अनुक्रम निर्धारित किया जो कि एलेनिन अमीनो अम्ल को प्रोटीन में संयोजित करने में मदद करता है । टी-आर॰एन॰ए॰ की द्वितीयक संरचना की व्याख्या करने के लिये उन्होंने एक तिपतिया पत्ती अर्दश (क्लोवर लीफ मॉडल) दिया। टी-आर॰एन॰ए॰ की तृतीयक संरचना एक संरक्षित उल्टे एल (L)-आकार के जैसी दिखाई देती है।

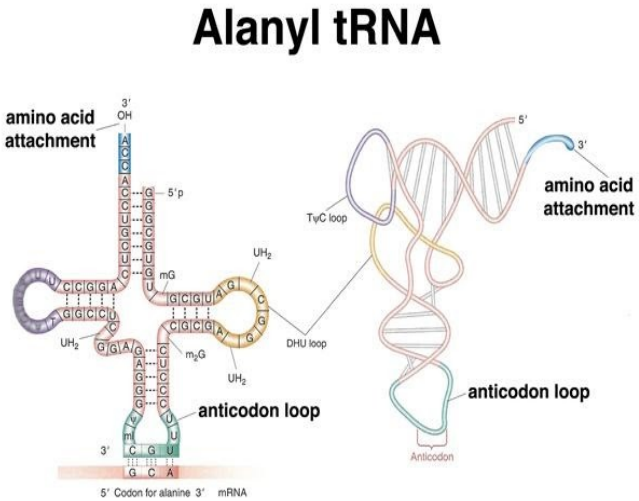
टी-आर॰एन॰ए॰ की संरचना में निम्नलिखित भाग होते हैं—

(i) एक 5'- अंतिम फॉस्फेट समूह।

(ii) एक 3'अंत जो हमेशा सीसीए (CCA) अनुक्रम के साथ समाप्त होता है । अमीनो अम्ल एक एस्टर संबंध के माध्यम से रिबोस के 3' ओएच (OH) समूह से जुड़ा होता है।

(iii) डीएचयू या डी भुजा एक गाँठ में समाप्त होने वाला 4 से 6 बीपी (bp) शाखा है। इसमें विशिष्ट किण्वक अमीनोएसिल- टी-आर॰एन॰ए॰ सिंथेटेज है जो अमीनो अम्ल को सक्रिय करती है।

(iv) टी-आर॰एन॰ए॰ के एक छोर में 5-बीपी की एक शाखा होती है जिसे विपक्षी प्रकूट गाँठ कहते है जो एक एम-आर॰एन॰ए॰ के साथ संयोजित होकर एक विशिष्ट अमीनो अम्ल को निर्दिष्ट करता है । एम-आर॰एन॰ए॰ पर उपस्थित प्रकूट का पूरक आधार, विपक्षी विशिष्टप्रकूट गाँठ के पास होता है।

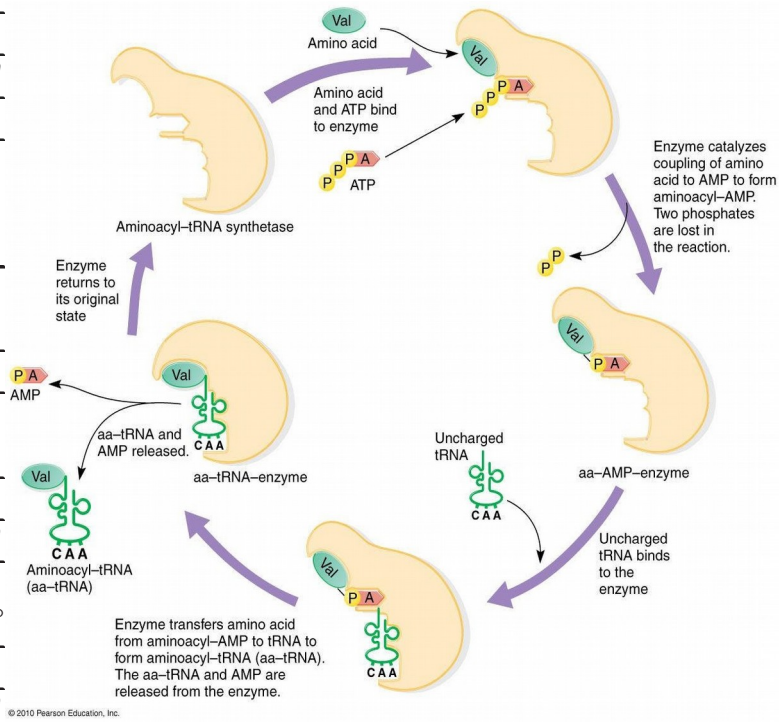


(v) टी आर्म एक 4- से 5- बीपी स्टेम है, जिसमें सीक्वेंस TΨC होता है जिसे सीक्वेंस TψC (थाइमाइन-स्यूसडॉरिडाइन (ψ) -cytosine की उपस्थिति के लिए नामित किया जाता है। यह राइबोसोम-बाइंडिंग साइट के रूप में कार्य करता है।

(vi) वैरिएबल आर्म एंटीकोडन लूप और TinC लूप के बीच कुछ tRNA में मौजूद होता है। इसमें 3 से 21 न्यूक्लियोटाइड होते हैं जो एमिनो एसिड पर निर्भर करते हैं जिसके लिए tRNA एन्कोड करता है।

3. अनुवादन

अनुवादन वह प्रक्रिया है जिसके द्वारा एम-आर॰एन॰ए॰ में आधारों के अनुक्रम के अनुसार पॉलीपेप्टाइड बनाने के लिए अमीनो अम्ल का बहुलीकरण होता है।



3.1 टीआरएनए का चार्ज- एमिनो एसिड सक्रियण चरण

इस प्रक्रिया को टी-आर॰एन॰ए॰ का **अवेशीकरण या** टी-आर॰एन॰ए॰ का एमिनोएसिलेशन कहा जाता है।

टी-आर॰एन॰ए॰ को अवेशित करने की प्रक्रिया तब शुरू होती है जब एक विशिष्ट अमीनो अम्ल और एटीपी अमीनोएसिल टी-आर॰एन॰ए॰ संश्लेषण प्रकूट का एक अणु अपने सक्रिय क्षेत्र पर होता है । इसके परिणामस्वरूप ए॰एम॰पी॰ और अमीनो अम्ल के कार्बोक्सिल समूह के बीच एक सहसंयोजक बंधन का निर्माण होता है और पायरोफॉस्फेट किण्वक से अलग हो जाता है। एक विशिष्ट टी-आर॰एन॰ए॰ जिसमें विपक्षी प्रकूट होता है जो अमीनो अम्ल से मेल खाता है, फिर सिंथेटेज से संलग्न होता है। किण्वक अमीनो अम्ल को अमीनोएसिल ए॰एम॰पी॰ से इसके साथ संलग्न टी-आर॰एन॰ए॰ में स्थानांतरित करता है। अमीनो-प्रकूट एम्पोसाइल टी-आर॰एन॰ए॰ के 3' अंत के साथ अमीनोएसिल टी-आर॰एन॰ए॰ बनाने के लिए संलग्न होता है जो ए॰एम॰पी॰ के साथ किण्वक से मुक्त हो जाता है। अब, टी-आर॰एन॰ए॰ को 'आवेशित' टी-आर॰एन॰ए॰ कहा जाता है ।

किण्वक अमीनोएसिल- टी-आर॰एन॰ए॰ या आवेशित टी-आर॰एन॰ए॰ जारी करने के बाद अपने मूल स्थिति में लौट आता है ।

एए + एटी →एए-ए॰टी॰पी॰

एए-ए॰टी॰पी॰ +टी-आर॰एन॰ए॰ (अमीनोएसिल टी-आर॰एन॰ए॰ सिंथेटेस किण्वक द्वारा उत्प्रेरित) → एए-टी-आर॰एन॰ए॰ - एएमपी + 2iP

आवेशित टी-आर॰एन॰ए॰ का उपयोग राइबोसोम पर अनुवादन की प्रक्रिया में किया जाता है। अमीनो अम्ल एक बंधन से जुड़े होते हैं जिसे पेप्टाइड बंध के रूप में जाना जाता है जिसके लिए ऊर्जा के व्यय की आवश्यकता होती है । यह उद्देश्य आवेशित टी-आर॰एन॰ए॰ द्वारा हल किया जाता है क्योंकि यदि ऐसे दो आवेशित टी-आर॰एन॰ए॰ को एक दूसरे के करीब लाया जाए, तो अमीनो अम्ल के बीच पेप्टाइड बंध का गठन शक्तिशाली रूप से पक्ष में होगा ।

3.2 अनुवादन की प्रक्रिया

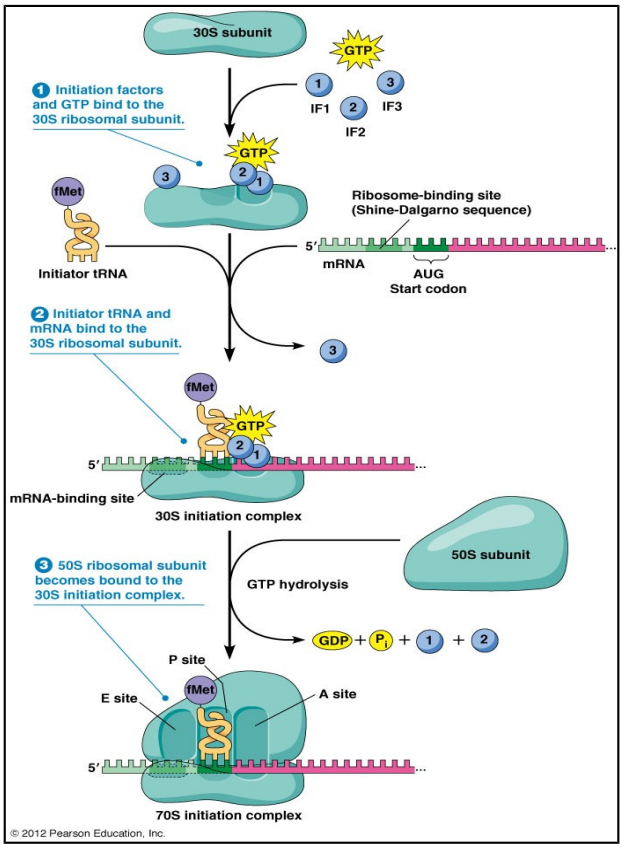
अनुवादन की प्रक्रिया के दौरान, अनुलेखन की प्रक्रिया में उत्पादित संवादवाहक आर॰ एन॰ए॰ (एम-आर॰एन॰ए॰) अमीनो अम्ल श्रृंखला या पॉलीपेप्टाइड की एक विशिष्ट श्रृंखला का उत्पादन करने के लिए राइबोसोम द्वारा डिकोड किया जाता है।

राइबोसोम में संरचनात्मक आर०एन०ए० होते हैं और लगभग **80** विभिन्न प्रकार के प्रोटीन, प्रोटीन संश्लेषण के लिए कोशीय कारखाने के रूप में कार्य करते हैं। अपने निष्क्रिय स्थिति में, राइबोसोम दो उपइकाइयों, एक बड़ी उपइकाई (प्रोकेरियोट्स में **50** एस और यूकेरियोट्स में **60** एस) और एक छोटी उपइकाई (प्रोकेरियोट्स में **30** एस और यूकेरियोट्स में **40** एस) के रूप में मौजूद होता है।
अनुवादन की प्रक्रिया प्रवर्तन, विस्तार और समापन इन तीन चरणों में होती है।

(i) **प्रवर्तन**:- प्रवर्तन के लिए, राइबोसोम की छोटी उपइकाई एम-आर०एन०ए० की उपरी प्रवाह (अपस्ट्रीम) क्षेत्र (5' की ओर) से मिल जाती है और जब तक कि यह प्रारंभक प्रकूट ए यू जी (एयूजी) का सामना नहीं करती निचली प्रवाह (डाउनस्ट्रीम) (5' - 3') की और बढ़ती है । प्रोकेरियोट्स में प्रवर्तन की प्रक्रिया के दौरान तीन प्रवर्तन कारक प्रोटीन (जिसे प्रवर्तन कारक-**1**, प्रवर्तन कारक -**2**, और प्रवर्तन कारक -**3** या **IF1**, **IF2** और **IF3** के रूप में जाना जाता है) की आवश्यकता होती है।

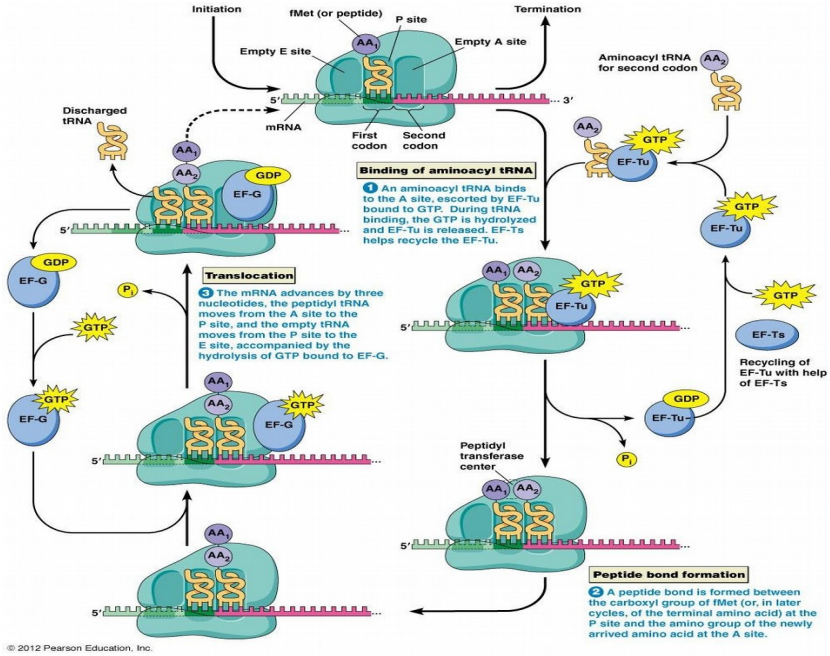
प्रवर्तन कारक- **3** के द्वारा, राइबोसोम की छोटी उपइकाई के साथ एम-आर०एन०ए० का बंधन, सुगम बन जाता है और एम-आर०एन०ए० पर मौजूद अनुक्रम जो शाइन दलगार्नो अनुक्रम कहलाता है और यह **16** एस रिबोसोमल आर०एन०ए० के छोटी उपइकाई का पूरक होता है। शाइन-दलगार्नो अनुक्रम से निचली प्रवाह (डाउनस्ट्रीम) की ओर पहला ए यू जी (एयूजी) अनुक्रम को प्रारम्भ प्रकूट के रूप में पहचाना जाता है । फिर, प्रारम्भ प्रकूट (आम तौर पर ए यू जी (एयूजी) कभी-कभी जी यू जी **(GUG)**) पर फॉर्मिलेटेड मेथियोनाइन अमीनो अम्ल ले जाने वाला टी-आर०एन०ए० **(t RNA)**, एम-आर०एन०ए० **(m RNA)** से जुड़ कर प्रवर्तन परिसर का निर्माण करता है। प्रवर्तन कारक-**2 (IF2)** प्रवर्तक टी-आर०एन०ए० के साथ परिसर के संयोजन में मदद करता है। प्रवर्तन कारक-**1 (IF2)** परिसर के असंबद्धता के लिए आवश्यक है। प्रवर्तन परिसर बनने के बाद बड़ी राइबोसोमल उपइकाई इस परिसर से जुड़ती है। राइबोसोम की बड़ी उपइकाई में टी-आर०एन०ए० अणु के जुड़ाव के लिए तीन क्षेत्र होते हैं । ए-क्षेत्र (अमीनो अम्ल क्षेत्र) जिस पर अमीनोसिल- टी-आर०एन०ए० अपने पूरक विपक्षी प्रकूट के साथ एम-आर०एन०ए० प्रकूट से जुड़ता है ।
पी-क्षेत्र (पॉलीपेप्टाइड क्षेत्र) जिस पर पॉलीपेप्टाइड की बढ़ती श्रृंखला को ले जाने वाला टी-आर०एन०ए० मौजूद होता है। दोनों क्षेत्र, ए क्षेत्र और पी क्षेत्र अमीनो अम्ल के संयोजन के लिए आवश्यक है और यह पेप्टाइड बंध के गठन के लिए पर्याप्त है । तीसरा क्षेत्र ई-क्षेत्र (निकास **(exit)** क्षेत्र) है जो रिक्त टी-आर०एन०ए० द्वारा संप्राप्त कर लिया जाता है जो पी क्षेत्र से स्थानांतरित होता है। ई-क्षेत्र से, टी-आर०एन०ए० दूसरे अमीनो अम्ल से संयोजन और प्रक्रिया को दोहराने के लिए वापस कोशिकाद्रव्य में मुक्त हो जाता है । जो राइबोसोम के पी क्षेत्र से सीधे संयोजित हो सकता है, वह, प्रवर्तक एफ मिथियोनिन टी-आर०एन०ए० केवल अमीनोएसिल - टी-आर०एन०ए० है। राइबोसोम का ए क्षेत्र, एम-आर०एन०ए० पर दूसरे प्रकूट के साथ श्रेणीबद्ध होता है। प्रवर्तक ए० ए०- टी-आर०एन०ए० को छोड़कर, सभी ए० ए० -टी-आर०एन०ए० परिसरें राइबोसोम के ए क्षेत्र से संयोजित होते हैं । दूसरा अमीनोएसिल- टी-आर०एन०ए० आता है और ए क्षेत्र और उसके अमीनो अम्ल पर संप्राप्त कर लेता है जो प्रवर्तक एफ मिथियोनिन से पेप्टाइड बंध द्वारा जुड़ जाता है।
यूकेरियोट्स में, प्रवर्तक टी-आर०एन०ए० मेथियोनाइन (एम ई टी) **(Met)** होता है जबकि बैक्टीरिया में संशोधित फॉर्मिलेटेड मेथियोनाइन (एफ एम ई टी) **(fMet)** प्रवर्तक टी-आर०एन०ए० होता है ।

(ii) विस्तार
राइबोसोम 5'-3' की दिशा में एम-आर०एन०ए० के साथ चलता है। पूरी पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला केवल एक राइबोसोम द्वारा संश्लेषित होती है।
विस्तार प्रक्रिया में तीन चरण होते हैं।
पेप्टाइड bandh अनुलेखन के राइबोसोम निर्माण
की क्षेत्र पर आने वाले एए-टी-आर०एन०ए० परिसर को रखना

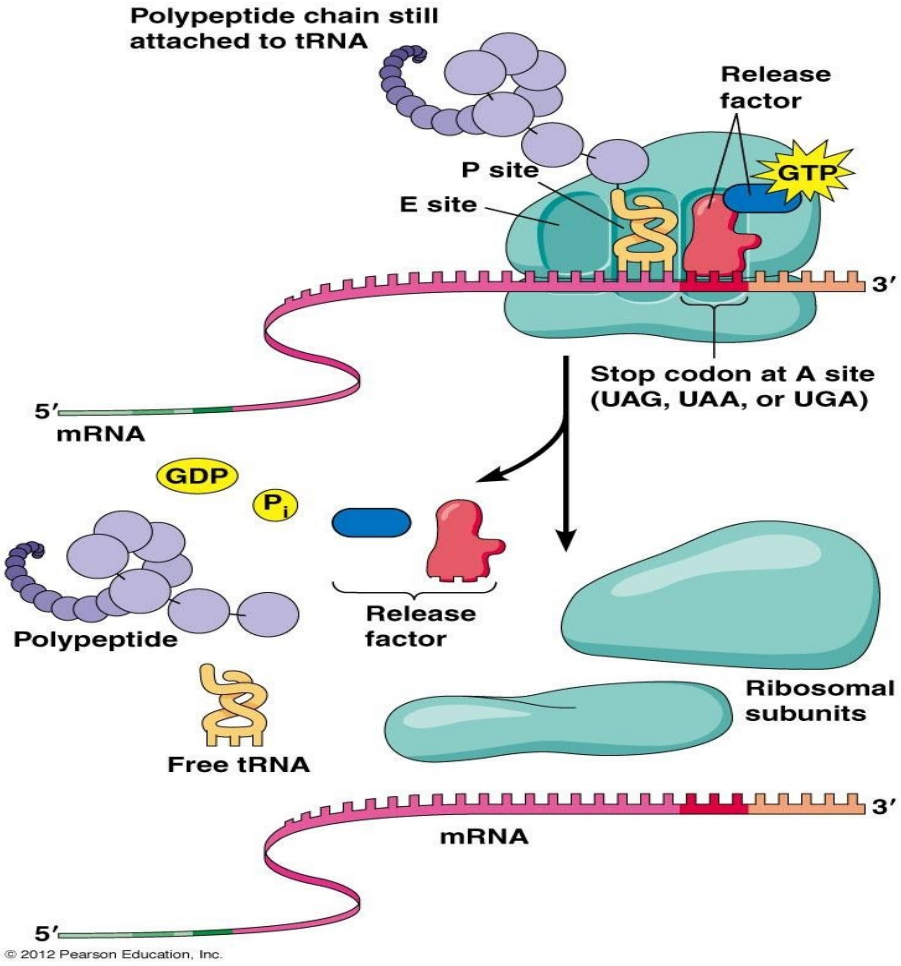


चरण 1. राइबोसोम की एक क्षेत्र पर आने वाली ए. ए.-टी-आर॰एन॰ए॰ परिसर को रखना । एक अमीनोएसिल-टी-आर॰एन॰ए॰ (जिसमें अमीनो अम्ल सहसंबद्ध रूप से टी-आर॰एन॰ए॰ से जुड़ा होता है) आता है और ए-क्षेत्र पर मौजूद एम-आर॰एन॰ए॰ के प्रकूट के आधार के साथ जुड़ जाता है । यह कदम एक विस्तार कारक (जिसे बैक्टीरिया में ईएफ- टीयू EF-Tu' और यूकेरियोट्स में ईएफ-1 कहा जाता है) और जीटीपी की उपस्थिति में होता है जो ऊर्जा के स्रोत के रूप में कार्य करता है। जीटीपी, गुवानोसाइन डिफास्फेट (जीडीपी) बनता है । जीडीपी और ईएफ- टीयू 'EF-Tu' अगले दौर के लिए ईएफ –टीऐश 'EF-Ts' द्वारा पुनर्नवीनीकरण प्राप्त करने के लिए मुक्त हो जाता है।

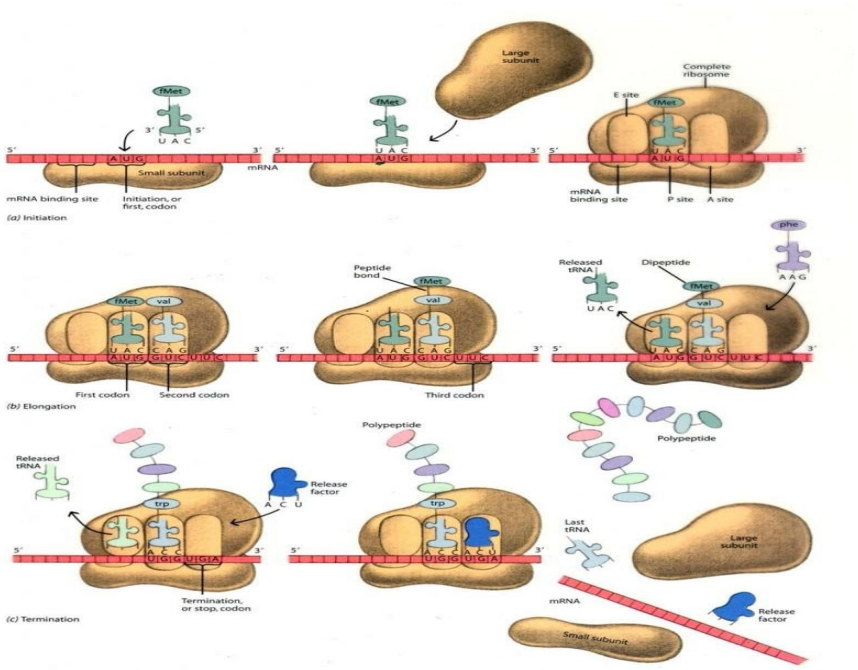
चरण 2.पेप्टाइड बन्ध का गठन। 23 ऐश आर॰एन॰ए॰ (रिबोसोम) अणु बड़े उपइकाई में पेप्रकूट के लिए विपक्षी प्रकूट के साथ कोई टी-आर॰एन॰ए॰ अणु नहीं होते हैं । ये विराम प्रकूट प्रोटीन रिलीज कारकों द्वारा पहचाने जाते हैं जब वे ए-क्षेत्र पर पहुंचते हैं। जीटीपी के अणु के साथ ये प्रोटीन राइबोसोम से पॉलीपेप्टाइड को छोड़ने में मदद करते हैं। पॉलीपेप्टाइड चेन जारी होने के बाद राइबोसोम की दो उपइकाई भी असंबद्ध हो जाती हैं।



चरण-3 पेप्टाइड बॉन्ड बनने के बाद, राइबोसोम शिफ्ट हो जाता है या एमआरएनए के साथ बदल जाता है। यह ए-साइट पर पी-साइट के साथ-साथ अपने संलग्न पेप्टाइड के साथ टीआरएनए को स्थानांतरित करता है। यह एक नए एमिनोएसिल-टीआरएनए के आगमन के लिए ए साइट खोलता है। यह GTP के अणु की उपस्थिति में यूकेरियोट्स में बैक्टीरिया और EF-2 नामक एक अन्य प्रोटीन बढ़ाव कारक द्वारा प्रोत्साहित किया जाता है जो प्रक्रिया के लिए ऊर्जा देता है। TRNA जो P- साइट पर था, E साइट पर स्थानांतरित हो जाता है और बाद में साइटोप्लाज्म में एक और एमिनो एसिड लेने के लिए छोड़ दिया जाता है। प्रक्रिया दोहराई जाती है और mRNA के सभी कोडन tRNA अणुओं द्वारा पढ़े जाते हैं। इसलिए, इस प्रक्रिया के दौरान, tRNA से जुड़े अमीनो एसिड बढ़ते हुए पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला बनाने के लिए उपयुक्त क्रम में एक साथ जुड़ जाते हैं। जब तक राइबोसोम mRNA पर स्टॉप कोडन तक नहीं पहुंचता तब तक बढ़ाव की प्रक्रिया दोहराई जाती है।

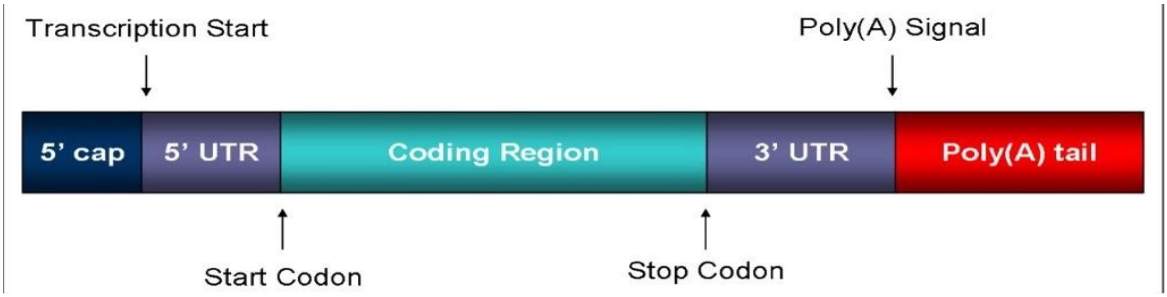


(iii) समाप्ति- समाप्ति प्रक्रिया तब होती है जब राइबोसोम स्टॉप कोडन (यूएए, यूएजी या यूजीए) तक पहुंच जाता है क्योंकि स्टॉप कोडोन के लिए एंटीकोडॉन के साथ कोई टीआरएनए अणु नहीं होते हैं। ए-साइट पर पहुंचने पर ये स्टॉप कोडन प्रोटीन रिलीज कारकों से पहचाने जाते हैं। जीटीपी के एक अणु के साथ ये प्रोटीन राइबोसोम से पॉलीपेप्टाइड की रिहाई में मदद करते हैं। राइबोसोम के दो सबयूनिट भी पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला की रिहाई के बाद अलग हो जाते हैं।



3.3 अअनुवादित क्षेत्र

एम-आर॰एन॰ए॰ में एक ट्रांसलेशनल यूनिट आर॰एन॰ए॰ का अनुक्रम है जिसमें प्रारम्भ प्रकूट (एयूजी) और दोनों तरफ विराम प्रकूट है। इन के बीच के क्षेत्र में एक पॉलीपेप्टाइड में अनुलेखन हो जाता है।



4. जीन अभिव्यक्ति का विनियमन

जीन को अभिव्यक्त कहा जाता है अगर यह अपने संबंधित प्रोटीन के निर्माण में सक्षम है । यह बहुस्तरीय प्रक्रिया दो प्रमुख चरणों में होती है। प्रथम चरण जिसे अनुलेखन के रूप में जाना जाता है, में डी॰एन॰ए॰ में जानकारी आर॰एन॰ए॰पॉलिमरेज II नामक किण्वक द्वारा एक संवाद वाहक आर॰एन॰ए॰ (एम-आर॰एन॰ए॰) में स्थानांतरित की जाती है।

यूकेरियोट्स में, एचएन आर०एन०ए० **(hnRNA)** नामक एक पूर्व एम-आर०एन०ए० अणु बनता है जिसे परिपक्व एम-आर०एन०ए० बनाने के लिए संसाधित किया जाता है। प्रोकरियोट्स में, एम-आर०एन०ए० कोशिका द्रव्य में मौजूद होता है जबकि यूकेरियोट्स में एम-आर०एन०ए० नाभिक से कोशिका केकोशिका द्रव्यमें बाहर जीन के विनियमन की प्रक्रिया केवल उन्हीं जीनों की अभिव्यक्ति में मदद करती है जिनकी आवश्यकता होती है और उन जीनों को बंद कर देते हैं जिनकी आवश्यकता नहीं होती है । जीन की अभिव्यक्ति उपापचयक, शारीरिक या पर्यावरणीय स्थितियों से प्रभावित हो जाती है।
यूकेरियोट्स में, जीन अभिव्यक्ति को चार स्तरों पर विनियमित किया जा सकता है:
(i) अनुलेखित स्तर (एचएन आर०एन०ए० के रूप में प्राथमिक प्रतिलिपि के गठन के दौरान),
(ii) प्रसंस्करण स्तर (एम-आर०एन०ए० बनाने के लिए एचएन आर०एन०ए० के विभाजन का विनियमन),
(iii) नाभिक से कोशिका केकोशिका द्रव्यतक एम-आर०एन०ए० का परिवहन,
(iv) अनुवादित स्तर जहां एम-आर०एन०ए० का उपयोग पॉलीपेप्टाइड बनाने के लिए किया जाता है।
प्रोकेरियोट्स में, जीन अभिव्यक्ति का विनियमन मुख्य रूप से अनुवादित प्रवर्तन पर होता है।

5. ऑपरोन संकल्पना

सन **1961** में, जैकब और मोनोड ने एक अनुलेखित ट्रांसक्रिप्शनली विनियमित प्रणाली की अवधारणा को ऑपरोन कहा। सामान्य समर्थक और नियामक जीन द्वारा विनियमित पॉलीसिस्ट्रोनिक संरचनात्मक जीन को ऑपरोन के रूप में निर्दिस्ट किया गया है। उदाहरण: लेक **(lac)** ऑपरोन , ट्रॉपेरोन , ऐरोपेरोन, हिस **(his)** ऑपरोन , वैलोपेरोन आदि। एक ऑपरोन में **3** बुनियादी डी०एन०ए० घटक होते हैं:

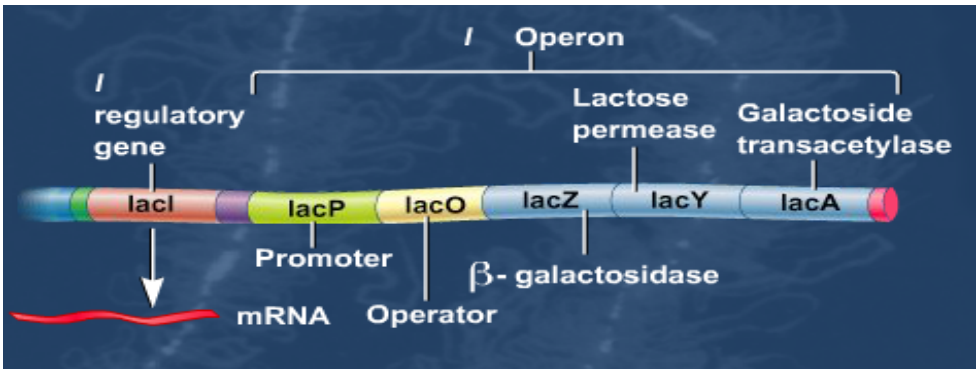
i. समर्थक – यह अनुलेखन शुरू करने के लिए आर०एन०ए० पॉलीमरेज द्वारा पहचाना गया एक न्यूक्लियोटाइड अनुक्रम है और एक जीन को लेखन करने में सक्षम बनाता है।
ii.प्रचालक - यह समर्थक और ऑपरोन के संरचनात्मक जीन के बीच एक खंड है जिस पर दमनकारी बांधता है। प्रचालक क्षेत्र समर्थक तत्वों से सटा हुआ है।
iii.संरचनात्मक जीन- इस क्षेत्र में ऐसे जीन होते हैं जो ऑपरोन द्वारा सह-विनियमित होते हैं।

अनुलेखन इकाई में, किसी दिए गए समर्थक पर आर०एन०ए० पॉलीमरेज की गतिविधि को सहायक प्रोटीन के साथ अंत:क्रिया द्वारा विनियमित किया जाता है क्योंकि वे प्रारम्भ क्षेत्र को पहचानने की क्षमता को प्रभावित करते हैं।
नियामक जीन जो लगातार दमन प्रोटीन बनाने के लिए अभिव्यक्त किया जाता है, ऑपरोन के साथ उपस्थित
है।

दमनकारी एम-आर०एन०ए० द्वारा जनित दमनकारी प्रोटीन अधिकांश ऑपरोन में प्रचालक क्षेत्र को बांधते हैं। प्रत्येक ऑपरोन का अपना विशिष्ट प्रचालक और विशिष्ट दमनकर्ता होता है।
ऑपरोन का विनियमन या तो सकारात्मक या नकारात्मक प्रेरण या दमन द्वारा हो सकता है ।
ये नियामक प्रोटीन जो सकारात्मक (प्रेरक) और नकारात्मक (दमनकर्ता) दोनों कार्य कर सकते हैं, इस प्रक्रिया को विनियमित करने में मदद करते हैं। नकारात्मक नियंत्रण में अनुलेखन को रोकने के लिए, प्रचालक के लिए एक दमन kata se बंधन सम्मिलित है। सकारात्मक नियंत्रण में, अनुलेखन तब होता है जब एक उत्प्रेरक प्रोटीन एक क्षेत्र पर डी०एन०ए० से बांधता है जो आमतौर पर प्रचालक के अलावा अन्य होता है।

6. लेक-ऑपरोन

लेक-ऑपरोन में एक नियामक जीन होता है जिसे लेक *I* जीन ya *i* जीन' कहा जाता है, जहां "I' 'आई' अवरोधक और तीन संरचनात्मक जीन (लेक जेड या 'जेड जीन', लेक वाई या 'वाई जीन', और लेक ए या ए 'जीन') को संदर्भित करता है।) 'आई जीन' दमनकारी एम-आर॰एन॰ए॰ बनाता है जो लेक ऑपरोन के दमन प्रोटीन के लिए प्रकूट करता है।



किण्वक बीटा-गैलेक्टोसिडेस **(β-gal)** के लिए 'जेड जीन' प्रकूट करता है जिसके परिणामस्वरूप लैक्टोज का हाइड्रोलियोसिस गैलेक्टोज और ग्लूकोज में होता है। परमिएज किण्वक के लिए 'वाई जीन' प्रकूट है जो कोशिका की पारिरोधीता को बढ़ाता है। 'ए जीन' एक ट्रांसएसिटाइलेज किण्वक को एन्कोड करता है जो एसीटाइल- कोए **(acetyl-CoA)** से **β**-गैलेक्टोसाइड्स में एक एसीटाइल समूह के हस्तांतरण में मदद करता है। इसलिए लेक-ऑपरोन में लैक्टोज के उपापचय के लिए तीनों जीन यानी लेक जेड, लेक वाई and लेक लेक-ऑपरोन में एक नियामक जीन होता है जिसे लेक *I* जीन ya *i* जीन' कहा जाता है, जहां "I' 'आई' अवरोधक और तीन संरचनात्मक जीन (लेक जेड या 'जेड जीन', लेक वाई या 'वाई जीन', और लेक ए या ए 'जीन') को संदर्भित करता है।) 'आई जीन' दमनकारी एम-आर॰एन॰ए॰ बनाता है जो लेक ऑपरोन के दमन प्रोटीन के लिए प्रकूट करता है।

ग्लूकोज जीवाणु के लिए पसंदीदा कार्बन स्रोत है। यदि ग्लूकोज के बजाय, जीवाणु को लैक्टोज प्रदान किया जाता है तो लैक्टोज को परमिएज की अनुयोजन के माध्यम से कोशिकाओं में ले जाया जाता है और जीवाणु के लिए एक ऊर्जा स्रोत के रूप में कार्य करता है। ऊर्जा प्राप्त करने के लिए लैक्टोज के अपचय में शामिल जीन की अभिव्यक्ति लेक-ऑपरोन द्वारा नियंत्रित की जाती है।

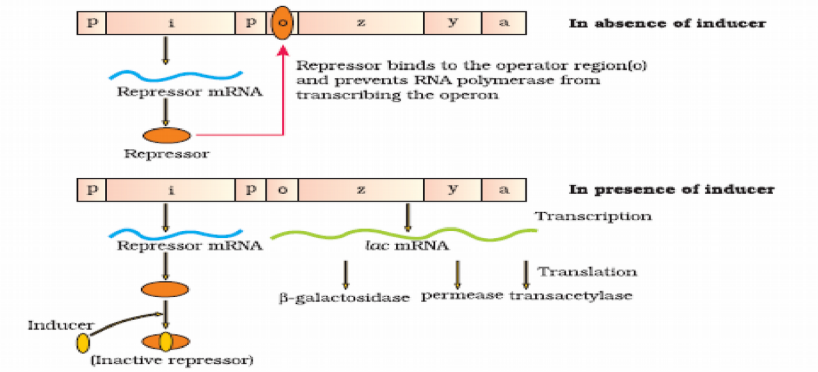
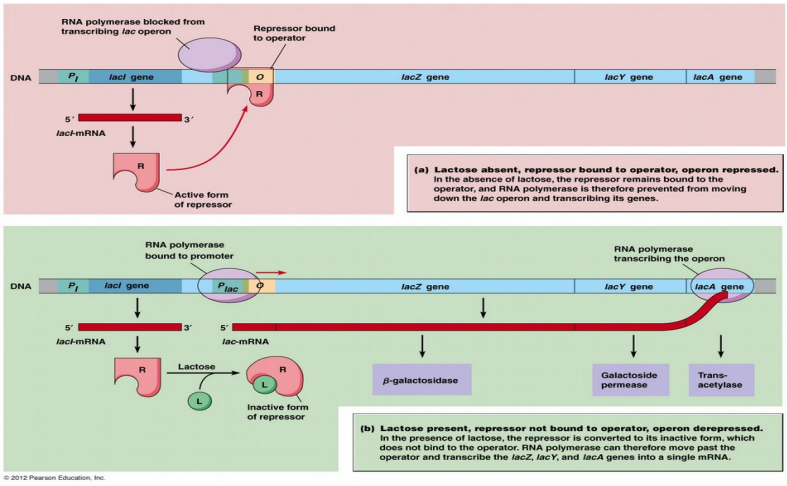


Figure 6.14 The *lac* Operon

लैक्टोज लेक-ऑपरोन में दोहरी भूमिका निभाता है क्योंकि यह किण्वक के लिए अध्यस्तर है और तीन संरचनात्मक जीनों की अभिव्यक्ति के लिए ऑपरोन को खोलने के लिए 'प्रेरक' के रूप में भी कार्य करता है। इसलिए, लेक-ऑपरोन इसके अध्यस्तर द्वारा किण्वक संश्लेषण के विनियमन का एक उदाहरण है।
ऑपरोन का दमनकर्ता लगातार यानी, हर समय संश्लेषित हो जाता है । ऐसे जीन जिन्हें लगातार अनुलेखित किया जाता है, उन्हें संविलियन जीन कहा जाता है। गृह व्यवस्था (हाउस कीपिंग) जीन हमेशा संविलियन होते हैं। लैक्टोज के अभाव में, दमनकर्ता प्रोटीन ऑपरोन के प्रचालक क्षेत्र से बांधता है और



आर॰एन॰ए॰ पॉलीमरेज को समर्थक से जुड़ने से रोकता है । यह लेक-ऑपरोन के संरचनात्मक जीन के अनुलेखन को रोकता है।
लैक्टोज या एलोलेक्टोज की उपस्थिति में जो प्रेरक के रूप में कार्य करते हैं, दमनकर्ता निष्क्रिय हो जाता है क्योंकि प्रेरक इसे जोड़ता है और आर॰एन॰ए॰ पॉलीमरेज लैक्टोज के टूटने के लिए आवश्यक तीन संरचनात्मक जीनों के अनुलेखन को पूरा करने के लिए समर्थक तक पहुंच प्राप्त करता है। दमनकर्ता प्रोटीन द्वारा लेक ऑपरोन के विनियमन को नकारात्मक विनियमन के रूप में संदर्भित किया जाता है ।

7. सारांश

आनुवंशिक प्रकूट जो एमआर०एन०ए० पर मौजूद प्रकूट के आधार पर अमीनो अम्ल के बाहुलिकरण में मदद करता है, जॉर्ज गामो द्वारा प्रस्तावित किया गया था। आनुवंशिक प्रकूट गैर-अतिव्यापी, अध: पतन, सार्वभौमिक है और एक सन्निहित फैशन में पढ़ा जाता है। टी- आर०एन०ए० की द्वितीयक संरचना जो एक क्लोवर-पत्ती से मिलती-जुलती है, रॉबर्ट विलियम होली द्वारा दी गई थी। टी -आर०एन०ए० अपने तृतीयक त्रिआयामी (3 D) संरचना में एक औंधा-एल जैसा दिखता है। एक पॉलीपेप्टाइड बनाने के लिए एम आर०एन०ए० के अनुवादन की प्रक्रिया कोशिका के कोशिकाद्रव्य में होती है। अनुवादन में टी-आर०एन०ए० की अवेशित होने और आरंभ, अनुलेखन और समापन के रूप में तीन चरण शामिल हैं। राइबोसोम और विभिन्न कारक अनुवादन की प्रक्रिया में मदद करते हैं। प्रोटीन की आवश्यकता होने पर ही जीन की अभिव्यक्ति को विनियमित किया जा सकता है। जीन की अभिव्यक्ति के विनियमन का एक अच्छा उदाहरण लेक- ऑपरोन है जो बैक्टीरिया में मौजूद है। फ्रांसिस जैकब और जैक्स मोनाड द्वारा जीन की अभिव्यक्ति के विनियमन को समझाने के लिए ऑपरॉन मॉडल दिया गया था।