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	मानव जीनोम परियोजना और डीएनए फिंगर प्रिंटिंग - भाग 5
मॉड्यूल आईडी	lebo_10605
पूर्व-अपेक्षित	डीएनए संरचना और कार्य के बारे में ज्ञान
उद्देश्य	इस पाठ को पढ़ने के पश्चात, शिक्षार्थी निम्नलिखित को समझने में सक्षम होंगे: मानव जीनोम परियोजना डी ऑक्सी राइबो न्यूक्लिक एसिड/ डीएनए फिंगर प्रिंटिंग
मुख्य शब्द	डीएनए, मानव जीनोम परियोजना, डीएनए फिंगरप्रिंटिंग

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	शैलजा गौर	जीएमपीएस देहरादून, उत्तराखंड

विषय - सूची :

1. परिचय
2. मानव जीनोम परियोजना (HGP)
3. एचजीपी के लक्षय
4. एचजीपी के तरीके
5. मानव जीनोम की मुख्य विशेषताएं
6. अनुप्रयोग और भविष्य की चुनौतियाँ
7. डी ऑक्सी राइबो न्यूक्लिक एसिड(डी.एन. ए) फिंगर प्रिंटिंग
8. डीएनए फिंगरप्रिंटिंग की तकनीक
9. डीएनए फिंगरप्रिंटिंग के अनुप्रयोग
10. सारांश

1. परिचय

पूर्ववर्ती वर्गों में आपने सीखा है कि यह डीएनए में आधारों का अनुक्रम है जो किसी दिए गए जीव की आनुवंशिक जानकारी को निर्धारित करता है। दूसरे शब्दों में, एक जीव या व्यक्ति का आनुवंशिक निर्धारण डीएनए अनुक्रमों में निहित है। यदि दो व्यक्ति अलग-अलग हैं, तो उनके डीएनए अनुक्रम भी अलग-अलग होने चाहिए, कम से कम कुछ स्थानों पर। इन धारणाओं ने मानव जीनोम के सम्पूर्ण डीएनए अनुक्रम को ज्ञात करने के अन्वेषण कार्य का नेतृत्व किया। अनुवांशिक इंजीनियरिंग तकनीकों की स्थापना के साथ जहां डीएनए के किसी भी टुकड़े को अलग करना और क्लोन करना संभव था और डीएनए अनुक्रमों के निर्धारण के लिए सरल और तीव्र तकनीकों की उपलब्धता, मानव जीनोम अनुक्रमण की एक बहुत ही महत्वाकांक्षी परियोजना वर्ष 1990 में शुरू की गई थी।

“ह्यूमन जीनोम प्रोजेक्ट (एचजीपी) इतिहास में अन्वेषण के महान कार्यों में से एक था - ग्रह या ब्रह्मांड के बाहरी अन्वेषण के बजाय खोज की आंतरिक यात्रा; जीन के सभी अनुक्रम और मानचित्रण के लिए एक अंतरराष्ट्रीय शोध प्रयास (जिन्हे एक साथ जीनोम के रूप में जाना जाता है) हमारी प्रजातियों के सदस्यों , होमो सेपेंस, के लिए अप्रैल 2003 में पूरा हुआ, HGP ने हमें पहली बार, मानव के निर्माण के लिए प्रकृति के संपूर्ण आनुवंशिक खाका / ब्लूप्रिंट को पढ़ने की क्षमता दी----------राष्ट्रीय मानव जीनोम अनुसंधान संस्थान।

2. मानव जीनोम परियोजना

ह्यूमन जीनोम प्रोजेक्ट (HGP) को एक मेगा प्रोजेक्ट कहा जाता था। आप परियोजना के परिमाण और आवश्यकताओं की कल्पना कर सकते हैं यदि हम परियोजना के उद्देश्यों को निम्नानुसार परिभाषित करे तो :

- मानव जीनोम के बारे में कहा जाता है कि इसमें लगभग 3 x 109 बीपी होता है, और यदि आवश्यक अनुक्रमण की लागत यूएस $ 3 प्रति बीपी (शुरुआत की अनुमानित लागत) है, तो परियोजना की कुल अनुमानित लागत लगभग 9 बिलियन अमेरिकी डॉलर होगी।
- इसके अलावा, यदि प्राप्त अनुक्रमों को पुस्तकों में टाइप किए गए रूप में संग्रहित किया जाना हो, और यदि पुस्तक के प्रत्येक पृष्ठ में 1000 अक्षरहो और प्रत्येक पुस्तक में 1000 पृष्ठ हो, तो ऐसी 3300 ऐसी पुस्तकों की आवश्यकता होगी जो एकल मानव कोशिका से डीएनए अनुक्रम की जानकारी संग्रहीत कर पाए ।

- अत्यधिक मात्रा मे उत्पन्न होने वाले डेटा के संग्रहण और पुनर्प्राप्ति, तथा विश्लेषण के लिए तीव्र गति वाले कम्प्यूटेशनल उपकरणों के उपयोग की भी आवश्यकता होगी ।
- HGP जीव विज्ञान के एक तेजी से विकसित होते नए क्षेत्र के निकटता से जुड़ा हुआ था जिसे जैव सूचना विज्ञान/ बायोइन्फरमेटिक्स कहा जाता है।

3. एचजीपी के लक्ष्य

एचजीपी के कुछ महत्वपूर्ण लक्षय इस प्रकार थे:

a) मानव डीएनए में सभी लगभग 20,000-25,000 जीनों की पहचान करना
b) मानव डीएनए को बनाने वाले 3 बिलियन रासायनिक आधार जोड़े के अनुक्रमों को निर्धारित करना
c) डेटाबेस में इस जानकारी को स्टोर करना
d) डेटा विश्लेषण के लिए उपकरणों में सुधार करना
e) संबंधित तकनीकों को अन्य क्षेत्रों में स्थानांतरित करना, जैसे उद्योग
f) परियोजना से उत्पन्न होने वाले नैतिक, कानूनी और सामाजिक मुद्दों (ईएलएसआई) को संज्ञान मे लेना कर सकते हैं।

मानव जीनोम परियोजना अमेरिकी ऊर्जा विभाग और राष्ट्रीय स्वास्थ्य संस्थान द्वारा समन्वित एक 13-वर्ष की परियोजना थी। एचजीपी के शुरुआती वर्षों के दौरान, वेलकम ट्रस्ट (यूके) एक प्रमुख भागीदार बन गया; अतिरिक्त योगदान जापान, फ्रांस, जर्मनी, चीन और अन्य देशो द्वारा दिया गया । यह परियोजना 2003 में पूरी हो गई थी। व्यक्तियों के बीच डीएनए विविधताओं के प्रभावों के बारे में ज्ञान, मनुष्य को प्रभावित करने वाले हजारों विकारों के निदान, उपचार और आने वाले समय मे रोकथाम के क्रांतिकारी नए तरीकों को जन्म दे सकता है। मानव जीव विज्ञान को समझने के लिए सुराग प्रदान करने के अलावा, गैर-मानव जीवों के बारे में डीएनए अनुक्रम सीखने से उनकी प्राकृतिक क्षमताओं की समझ पैदा हो सकती है जो कि स्वास्थ्य देखभाल, कृषि, ऊर्जा उत्पादन, पर्यावरण उपचार में चुनौतियों को हल करने की दिशा में लागू की जा सकती है। कई गैर-मानव मॉडल जीव, जैसे कि बैक्टीरिया, खमीर, कैनोर्हाडाइटिस एलिगेंस (एक नि: शुल्क जीवित गैर-रोगजनक नेमाटोड), ड्रोसोफिला (फल मक्खी), पौधों (चावल और एरेबीडोपीसिस), आदि का भी अनुक्रम किया गया है।

4. तरीके

विधियों में दो प्रमुख तरीके शामिल थे। पहले तरीके मे सभी जीनों की पहचान करने पर ध्यान केंद्रित करता है जिन्हें आर.एन.ए के रूप में व्यक्त किया जाता है (जिसे एक्सप्रेस अनुक्रम टैग (ईएसटी) कहा जाता है। दूसरे ने जीनोम के पूरे सेट को अनुक्रमित करने का अनिश्चित तरीका अपनाया जिसमें सभी कोडिंग और गैर-कोडिंग अनुक्रम शामिल थे, और बाद मे कार्यो के साथ अनुक्रम में विभिन्न क्षेत्रों से निर्दिष्ट किया गया (जिसे अनुक्रम व्याख्या कहा जाता है)। अनुक्रमण के लिए, एक कोशिका से सम्पूर्ण डीएनए को अलग किया जाता है और अपेक्षाकृत छोटे आकारों के यादृच्छिक/रैंडम टुकड़ों में परिवर्तित किया जाता है (याद रखें डीएनए एक बहुत लंबा बहुलक है, और डीएनए के बहुत लंबे टुकड़े के अनुक्रमण की तकनीकी सीमाएँ है) और विशेष वैक्टर का उपयोग करके उपयुक्त मेजबान में क्लोन किया गया। क्लोनिंग के परिणामस्वरूप डीएनए टुकड़े के प्रत्येक टुकड़े का प्रवर्धन हुआ ताकि बाद में इसे आसानी से अनुक्रमित किया जा सके।

आमतौर पर इस्तेमाल होने वाले क्लोनिंग मेजबान बैक्टीरिया और खमीर थे, और वैक्टर को बीएसी (बैक्टीरिया कृत्रिम गुणसूत्र), और वाईएसी (खमीर कृत्रिम गुणसूत्र) कहा जाता था। टुकड़ों को स्वचालित डीएनए अनुक्रमकों का उपयोग करके अनुक्रमित किया गया था जो फ्रेडरिक सेंगर द्वारा विकसित विधि के सिद्धांत पर काम करते थे। (याद रखें, सेंगर को प्रोटीन में अमीनो एसिड अनुक्रमों के निर्धारण की विधि के विकास लिए भी श्रेय दिया जाता है)। इन अनुक्रमों को तब उनमें मौजूद कुछ अतिच्छादित क्षेत्रों के आधार पर व्यवस्थित किया गया था। इसमें अनुक्रमण के लिए अतिच्छादित अंशों की आवश्यकता है। इन दृश्यों का संरेखण मानवीय रूप से संभव नहीं था। इसलिए, विशेष कंप्यूटर आधारित कार्यक्रम विकसित किए गए थे। इन अनुक्रमों को बाद में एनोटेट किया गया और प्रत्येक गुणसूत्र को सौंपा गया। गुणसूत्र 1 का अनुक्रम मात्र मई 2006 में पूरा हुआ (यह 24 मानव गुणसूत्रों,- 22 ऑटोसोम और एक्स और वाई, में से अनुक्रमित होने के लिए अंतिम था)। एक और चुनौतीपूर्ण कार्य जीनोम पर आनुवंशिक और भौतिक मानचित्रों को निर्दिष्ट करना था। यह प्रतिबंध एंडोन्यूक्लिज़ मान्यता साइटों के बहुरूपता पर जानकारी का उपयोग करके उत्पन्न किया गया था, और कुछ दोहराए जाने वाले डीएनए अनुक्रमों को माइक्रोसेटलाइट्स के रूप में जाना जाता है (दोहरावदार डीएनए अनुक्रमों में बहुरूपता के अनुप्रयोगों में से एक को डीएनए फिंगरप्रिंटिंग के अगले भाग में समझाया जाएगा)।

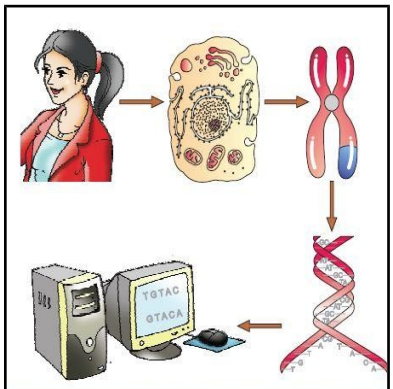


Figure 6.15 A representative diagram of human genome project

5. मानव जीनोम की मुख्य विशेषताएं

मानव जीनोम परियोजना से प्राप्त कुछ मुख्य अवलोकन इस प्रकार हैं:

a) मानव जीनोम में 3164.7 मिलियन न्यूक्लियोटाइड आधार होते हैं।
b) औसत जीन में 3000 आधार होते हैं, लेकिन आकार में काफी भिन्नता होती है, सबसे बड़े ज्ञात मानव जीन डिस्ट्रोफिन मे 2.4 मिलियन आधार होते है।
c) जीनो की कुल संख्या 30,000 अनुमानित की गयी है जो पूर्व में लगाए गए 80,000 से1,40,000 जीनो की संख्या के अनुमान से काफी कम है|
d) खोजे गए जीनों में से 50 प्रतिशत से अधिक के कार्य अज्ञात है।
e) 2 फीसदी से भी कम जीनोम प्रोटीन को कोड/ कूटबद्ध करते है
f) बार-बार अनुक्रम मानव जीनोम के बहुत बड़े हिस्से को बनाते हैं।
g) दोहराए जाने वाले अनुक्रम डीएनए अनुक्रमों के खंड होते हैं जो कई बार दोहराए जाते हैं, कभी-कभी सौ से हजार बार। माना जाता है कि उनके पास कोई प्रत्यक्ष कोडिंग कार्य नहीं है, लेकिन वे गुणसूत्र संरचना, गतिशीलता और विकास पर प्रकाश डालते हैं।
h) गुणसूत्र 1 में सर्वाधिक जीन (2968) हैं, और वाई में सबसे कम (231) हैं।
i) वैज्ञानिकों ने मनुष्यो मे लगभग 1.4 मिलियन ऐसे स्थानों की पहचान की है, जहां एकल आधार डीएनए विभिन्नताएँ (एसएनपी - एकल न्यूक्लियोटाइड बहुरूपता, जिसे 'स्निप्स' कहा जाता है) पाई जाती हैं|

यह जानकारी रोग-संबंधी अनुक्रमों और मानव इतिहास का पता लगाने के लिए गुणसूत्र स्थानों को खोजने की प्रक्रियाओं में क्रांतिकारी बदलाव का वादा करती है।

6. अनुप्रयोग और भविष्य की चुनौतियाँ

डीएनए अनुक्रमों से सार्थक ज्ञान प्राप्त करना आने वाले दशकों में जैविक प्रणालियों की हमारी समझ के लिए अनुसंधान को परिभाषित करेगा। इस विशाल कार्य के लिए दुनिया भर में सार्वजनिक और निजी दोनों क्षेत्रों में विविध विषयों के हजारों वैज्ञानिकों की विशेषज्ञता और रचनात्मकता की आवश्यकता होगी। एचजी अनुक्रम होने के सबसे महान प्रभावों में से एक जैविक अनुसंधान के लिए मौलिक रूप से नए दृष्टिकोण को सक्षम करना हो सकता है। अतीत में, शोधकर्ताओं ने एक समय में एक या कुछ जीनों का अध्ययन किया। संपूर्ण-जीनोम अनुक्रमों और नई उच्च- डेटा हस्तांतरण की दर वाली तकनीकों के साथ, हम व्यवस्थित रूप से और बहुत व्यापक पैमाने परअनुसन्धान कार्य कर सकते हैं। वे सभी जीनों का एक जीनोम में अध्ययन कर सकते हैं, उदाहरण के लिए, किसी विशेष ऊतक या अंग या टचूमर के सभी ट्रांसक्रिप्ट /प्रतिलिपिओं का अध्ययन या यह जानना कि जीवन प्रक्रियाओं के आयोजन हेतु कैसे हजारों लाखों जीन एवं प्रोटीन परस्पर सबद्ध होकर कार्य करती हैं|

7. डी.एन.ए फिंगर प्रिंटिंग

जैसा कि पूर्ववर्ती खंड में कहा गया है, मनुष्यों में 99.9 प्रतिशत आधार अनुक्रम समान है। यदि मानव जीनोम को *3 × 109* बीपी माना जाये, तो कितने बेस सीक्वेंस /आधार अनुक्रमों में अंतर होगा?

डीएनए के अनुक्रम के ये अंतर प्रत्येक व्यक्ति को उनके लक्षणसमष्टि/ दिखावट में अद्वितीय बनाते हैं। यदि किसी का उद्देश्य दो व्यक्तियों के बीच या किसी आबादी के व्यक्तियों के बीच आनुवंशिक अंतर का पता लगाना है, तो हर बार डीएनए का अनुक्रमण करना एक कठिन और महंगा कार्य होगा। कल्पना करें कि 3 × 106 बेस पेयर के दो सेटों की तुलना करने की कोशिश की जाए। डीएनए फिंगरप्रिंटिंग किसी भी दो व्यक्तियों के डीएनए अनुक्रम की तुलना करने के लिए एक बहुत ही त्वरित तरीका है।
डीएनए फिंगरप्रिंटिंग में डीएनए अनुक्रम में कुछ विशिष्ट क्षेत्रों में अंतर की पहचान करना शामिल है, जिसे पुनरावृति डीएनए कहा जाता है, क्योंकि इन अनुक्रमों में, डीएनए का एक छोटा सा खिंचाव कई बार दोहराया जाता है। ये पुनरावृत्ति डीएनए घनत्व प्रवगता अपकेन्द्रीकरण के दौरान विभिन्न चोटियों के रूप में थोक जीनोमिक डीएनए से अलग किए जाते हैं। थोक डीएनए एक प्रमुख शिखर बनाता है और अन्य छोटी चोटियों को अनुचर / सैटेलाइट डीएनए के रूप में जाना जाता है। आधार संरचना (ए: टी समृद्ध या जी: सी समृद्ध), खंड की लंबाई, और दोहराए जाने वाली इकाइयों की संख्या के आधार पर उपग्रह डीएनए को कई श्रेणियों में वर्गीकृत किया जाता है, जैसे कि माइक्रो-सैटेलाइट, मिनी-सैटेलाइट आदि। सामान्यत: ये अनुक्रम किसी भी प्रोटीन के लिए कोड नहीं है, लेकिन वे मानव जीनोम के एक बड़े हिस्से का निर्माण करते हैं। ये अनुक्रम उच्च स्तर की बहुरूपता दिखाते हैं और डीएनए फिंगरप्रिंटिंग का आधार बनाते हैं। चूंकि एक व्यक्ति के हर ऊतक के डीएनए (जैसे रक्त, बाल-कूप,त्वचा, हड्डी, लार, शुक्राणु आदि), बहुरूपता की समान डिग्री दिखाते हैं, वे न्यायिक अनुप्रयोगों में बहुत उपयोगी पहचान उपकरण बन जाते हैं। इसके अलावा, जैसा कि बहुरूपता माता-पिता से बच्चों में वंशागत है, विवादों के मामले में डीएनए फिंगरप्रिंटिंग पितृत्व परीक्षण का आधार है।

जैसा कि डीएनए अनुक्रम में बहुरूपता मानव जीनोम के आनुवांशिक मानचित्रण के साथ-साथ डीएनए फिंगरप्रिंटिंग का आधार है, यह समझना आवयशक है कि सरल शब्दों में डीएनए बहुरूपता का क्या अर्थ है। बहुरूपता (आनुवंशिक स्तर पर भिन्नता) उत्परिवर्तन के कारण उत्पन्न होती है। (विभिन्न प्रकार के उत्परिवर्तन और उनके प्रभावों को याद करें जिनका आपने पहले अध्याय 5 में और इस अध्याय के पूर्ववर्ती खंडों में अध्ययन किया है।) नए उत्परिवर्तन किसी व्यक्ति में या तो दैहिक कोशिकाओं में या जनन कोशिकाओं [कोशिकाएं जो लैंगिक प्रजनन जीवो मे युग्मक उत्त्पन करती है] में दिखाई देते हैं । यदि

जनन कोशिका उत्परिवर्तन किसी व्यक्ति की संतान होने की क्षमता को गंभीर रूप से प्रभावित नहीं करता है जो उत्परिवर्तन को प्रसारित कर सकता है, तो यह जनसंख्या के अन्य सदस्यों (यौन प्रजनन के माध्यम से) में फैल सकता है। यदि किसी स्थान विशेष की मानव आबादी में एक से अधिक प्रकार (एलील) में 0.01 से अधिक आवृत्ति के साथ होता है तो युग्मविकल्पी/ एलिलिक (फिर से अध्याय 5 से एलील्स की परिभाषा को याद करें) अनुक्रम भिन्नता को परंपरागत रूप से डीएनए पॉलीमॉर्फिज़्म के रूप में वर्णित किया जाता है । सरल शब्दों में, यदि (उच्च आवृत्ति पर) एक अंतर्निहित उत्परिवर्तन किसी आबादी में देखा जाता है, तो इसे डीएनए बहुरूपता कहा जाता है। नॉनकोडिंग डीएनए अनुक्रम में देखी जाने वाली ऐसी भिन्नता की संभावना अधिक होगी क्योंकि इन अनुक्रमों में उत्परिवर्तन किसी व्यक्ति की प्रजनन क्षमता में तत्काल प्रभाव / प्रभाव नहीं डाल सकते हैं। ये उत्परिवर्तन पीढ़ी दर पीढ़ी जमा होते रहते हैं, और परिवर्तनशीलता / बहुरूपता के आधार में से एक होते हैं।

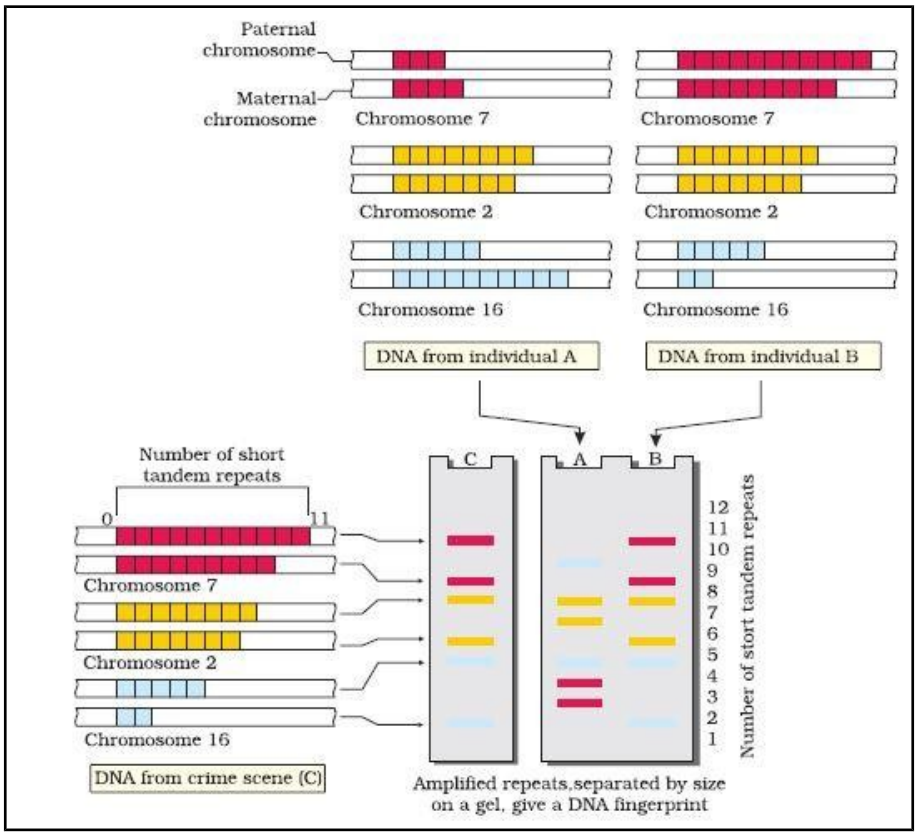
बहुरूपता के विभिन्न प्रकारो की विविधिता एकल न्यूक्लियोटाइड परिवर्तन से लेकर बहुत बड़े पैमाने पर परिवर्तन तक हैं। विकास और प्रजातिकरण के लिए, ऐसी बहुरूपता बहुत महत्वपूर्ण भूमिका निभाते हैं, और आप इनका अध्ययन उच्च कक्षाओं में करेंगे।
डीएनए फ़िंगरप्रिंटिंग की तकनीक को शुरू में एलेक जेफ़रीज़ ने विकसित किया था। उन्होंने जांच के रूप में एक अनुचर डीएनए का उपयोग किया था जो बहुरूपता के उच्च स्तर को दर्शाता है। इसे वेरिएबल नंबर ऑफ टैंडेम रिपीट (वीएनटीआर) में कहा जाता है ।

8. डीएनए फिंगरप्रिंटिंग की तकनीक

पूर्व मे प्रयुक्त इस तकनीक मे अनुसन्धान हेतु सर्दन ब्लॉट ह्यब्रीडाएज़ेशन /दक्षिणी धब्बा संकरण मे रेडियो चिन्हित वी एन टी आर का प्रयोग सम्मिलित था । इसमें निहित थे

- डीएनए का अलगाव,
- प्रतिबंध एंडोन्यूक्लाइजेशन द्वारा डीएनए का पाचन,
- वैद्युतकणसंचलन द्वारा डीएनए अंशों का पृथक्करण,
- सिंथेटिक झिल्ली, जैसे नाइट्रोसेल्यूलोज या नायलॉन मे विलगित डीएनए टुकड़े के स्थानांतरण (ब्लॉटिंग),
- लेबल VNTR जांच का उपयोग कर हाइब्रिडिज़ेशन, और
- ऑटोरेडियोग्राफ़ी द्वारा हाइब्रिड किए गए डीएनए अंशों का पता लगाना।

वीएनटीआर अनुचर डीएनए के एक वर्ग से संबंधित है जिसे मिनी- अनुचर/ सॅटॅलाइट कहा जाता है। एक छोटे डीएनए अनुक्रम को कई प्रतिलिपि संख्याओं में अग्रानुक्रम में व्यवस्थित किया जाता है। प्रतिलिपि संख्या एक व्यक्ति में गुणसूत्र से गुणसूत्र तक भिन्न होती है। दोहराने की संख्या बहुरूपता की बहुत उच्च डिग्री दिखाती है। परिणामस्वरूप VNTR का आकार 0.1 से 20 kb तक भिन्न होता है। नतीजतन, वीएनटीआर जांच के साथ संकरण के बाद, ऑटोरैडियोग्राम विभिन्न आकारों के कई बैंड देता है। ये बैंड एक व्यक्तिगत डीएनए (चित्र 6.16) के लिए एक विशिष्ट पैटर्न देते हैं। यह किसी आबादी में छोड़कर अलग अलग व्यक्तियों मे अलग अलग होता है, केवल मोनोज़ायगोटिक (समान) जुड़वाँ के मामले अपवाद हैं 0। पोलीमरेज़ चेन रिएक्शन (पीसीआर-आप अध्याय 11 में इसके बारे में अध्ययन करेंगे) के उपयोग से तकनीक की संवेदनशीलता में वृद्धि हुई है।

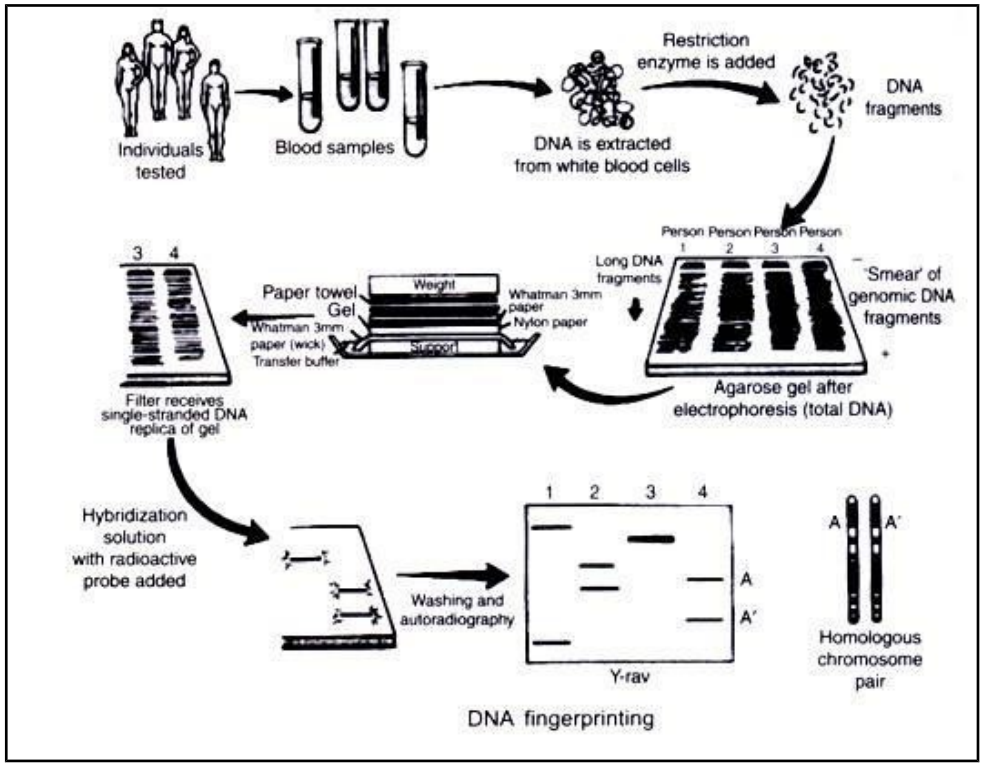


डीएनए फिंगरप्रिंटिंग का एक योजनाबद्ध प्रतिनिधित्व चित्र में दिखाया गया है।
परिणामस्वरूप, डीएनए फिंगरप्रिंटिंग विश्लेषण करने के लिए एक एकल कोशिका का डीएनए पर्याप्त है। फोरेंसिक विज्ञान में अनुप्रयोग के अलावा, इसके बहुत व्यापक अनुप्रयोग है, जैसे कि जनसंख्या और आनुवंशिक विविधता का निर्धारण करने में। वर्तमान में, डीएनए फिंगरप्रिंट बनाने के लिए कई अलग-अलग जांच का उपयोग किया जाता है।
इस समय उपयोग में आने वाले अन्य प्रकार के डीएनए फिंगरप्रिंटिंग तरीके RFLP, Amp FLP और STR हैं।

(ए) RFLP:

प्रतिबंध टुकड़ा लंबाई बहुरूपता (RFLP) का यह प्रकार दोहराव जोड़ी पैटर्न के साथ डीएनए अणुओं की किस्में की लंबाई का विश्लेषण करता है। प्रत्येक मानव कोशिका के नाभिक के अंदर, गुणसूत्र में डीएनए अणुओं की लंबी किस्में होती हैं।

प्रत्येक डीएनए स्ट्रैंड में बड़ी संख्या में कोडिंग जीन होते हैं जबकि डीएनए नॉन कोडिंग होता है। हालांकि 95% गैर-कोडिंग जीन में आधार जोड़े के पहचान योग्य दोहराव वाले अनुक्रम होते हैं, जिन्हें VNTR के रूप में जाना जाता है। जैसा कि दोहराव की लंबाई अलग-अलग व्यक्तिओ में भिन्न होती है, आरईएस के साथ वीएनटीपी का पाचन अलग-अलग व्यक्तिओ में अलग-अलग लंबाई के टुकड़े प्रदान करता है । अलग-अलग व्यक्ति। यह प्रतिबंध घर्षण लंबाई बहुरूपता (RFLP) के रूप में जाना जाता है।



(बी) एम्पीएफएलपी या एएफएलपी:

90 के दशक में AmpFLP (एम्प्लिफाइड फ्रैग्मेंट लेंथ पॉलीमॉर्फिज्म) AmpFLP प्रचलन में आया और अब भी डीएनए फिंगरप्रिंटिंग की प्रक्रिया में शामिल छोटे देशों में लोकप्रिय है। यह अपेक्षाकृत कम जटिल ऑपरेशन है और इसमें प्रक्रिया की लागत-प्रभावशीलता है।
पीसीआर विश्लेषण का उपयोग करके मानव कोशिका की मिनीसैटेरेटरी लोकी बढ़ाई गई, यह विधि RFPP की तुलना में रिकवरी में तेज साबित हुई। इसके विश्लेषण चरण में प्रक्रिया में जेल के प्रयोग के कारण वीटीआरएन के वीटीआरएन के गुच्छे उत्पन्न होते हैं जिनसे पहचान/ शिनाख्त के विवाद भी उत्त्पन होते हैं ।

(सी) एसटीआर:

डीएनए फिंगरप्रिंटिंग का सबसे व्यापक रूप वाला सिस्टम शॉर्ट टेंडेम रिपीट (एसटीआर) पद्धति है।
एसटीआर विश्लेषण करता है कि डीएनए के एक स्ट्रैंड पर कितनी बार बेस जोड़े खुद को किसी विशेष स्थान पर दोहराते हैं। यह डीएनए की तुलना की संभावनाओं का लगभग अंतहीन सीमा तक मिलान कर सकता है; इसलिए, इस विधि में यह बड़ा फायदा है।
आपराधिक संदिग्धों की व्यक्तिगत पहचान में उपयोग के लिए डीएनए फिंगरप्रिंटिंग बेहद सफल रही है। जातीयता के लिए डीएनए परीक्षण , कमी की पहचान, साथ ही साथ न्यायालय द्वारा अनुमोदित पितृत्व परीक्षण मे भी उपयोगी है । हालाँकि, अभी भी डीएनए समस्याएँ उत्पन्न करता है क्योंकि वंशानुगत मिलने वाले VNTRs सभी लोगों में समान रूप से वितरित नहीं होते हैं । इसके अलावा, त्रुटिपूर्ण मानव ही सभी डीएनए फिंगरप्रिंटिंग प्रक्रियाओं के प्रबंधन मे अभिव्यक्ति के तत्त्व हैं ।

9. डीएनए फिंगरप्रिंटिंग के अनुप्रयोग

1. पितृत्व और मातृत्व

एक व्यक्ति अपने माता-पिता से अपने VNTR को विरासत में लेता है अत:, VNTR पैटर्न का उपयोग पितृत्व और मातृत्व स्थापित करने के लिए किया जा सकता है। ये पैटर्न इतने विशिष्ट हैं कि इनसे एक माता-पिता के VNTR पैटर्न को फिर से बनाया जा सकता है, भले ही केवल बच्चों के VNTR पैटर्न ज्ञात हों (जितने अधिक बच्चे पैदा किए गए हों, पुनर्निर्माण उतना ही विश्वसनीय होगा)। पैरेंट-चाइल्ड VNTR पैटर्न विश्लेषण का उपयोग मानक पिता-पहचान के मामलों को हल करने के साथ ही अधिक जटिल मामलो जैसे कानूनी राष्ट्रीयता की पुष्टि करने, गोद लेने, जैविक पितृत्व के मामलों में भी किया जाता ऐ ।

2. आपराधिक पहचान और फोरेंसिक

अपराध या निर्दोषता का निर्धारण करने के लिए अपराधी के डीएनए के साथ VNTR पैटर्न के माध्यम से रक्त, बाल, त्वचा कोशिकाओं या किसी अपराध के दृश्य पर छोड़े गए अन्य आनुवंशिक सबूतों से डीएनए की तुलना की जा सकती है। वीएनटीआर पैटर्न एक हत्या के शिकार की पहचान स्थापित करने में भी उपयोगी है, या तो डीएनए से सबूत के रूप में या शरीर से ही मिला है।

3. व्यक्तिगत पहचान

व्यक्तियों की पहचान करने के लिए आनुवांशिक बार कोड के एक प्रकार के रूप में डीएनए फिंगरप्रिंट का उपयोग करने की धारणा पर चर्चा की गई है, लेकिन भविष्य में कभी भी ऐसा होने की संभावना नहीं है। अलग-थलग करने के लिए आवश्यक तकनीक, फाइल मे रखना, और फिर लाखों निर्दिष्ट VNTR पैटर्न का विश्लेषण करना महंगा और अव्यावहारिक दोनों है। व्यक्तिगत पहचान स्थापित करने के लिए सामाजिक सुरक्षा नंबर, पिक्चर आईडी और अन्य अधिक सांसारिक तरीकों के प्रचलित तरीके बने रहने की संभावना अधिक है।

4. आनुवंशिक स्तर पर विविधता का अध्ययन करने के लिए डीएनए फिंगरप्रिंटिंग का उपयोग किया जा सकता है। यह वर्गीकरण और विकासवादी अध्ययन में भी उपयोगी है ।

10. सारांश

मानव जीनोम परियोजना एक वृहद परियोजना थी जिसका उद्देश्य मानव जीनोम में प्रत्येक आधार का अनुक्रम करना था। इस परियोजना से बहुत नई जानकारी मिली है। कई नए क्षेत्र और रास्ते इस परियोजना के परिणाम स्वरुप खुल गए हैं। डीएनए फिंगरप्रिंटिंग डीएनए स्तर पर किसी आबादी के व्यक्तियों में भिन्नता का पता लगाने की एक तकनीक है। यह डीएनए अनुक्रमों में बहुरूपता के सिद्धांत पर काम करता है। इसके फोरेंसिक विज्ञान, आनुवंशिक जैव विविधता और विकासवादी जीव विज्ञान के क्षेत्र में अपार अनुप्रयोग हैं।