ipca
A dose of life

missiongyan
LET'S LEARN TOGETHER

कक्षा - 12

जीव विज्ञान

अध्याय - 5

वंशागति का आणविक आधार

Part - 11

मानव जीनोम परियोजना

Rajika Agrawal

ipca
A dose of life

मानव जीनोम परियोजना

missiongyan
LET'S LEARN TOGETHER

3300 किताबें

3 × 10⁹

HGP

मेगा प्रोजेक्ट

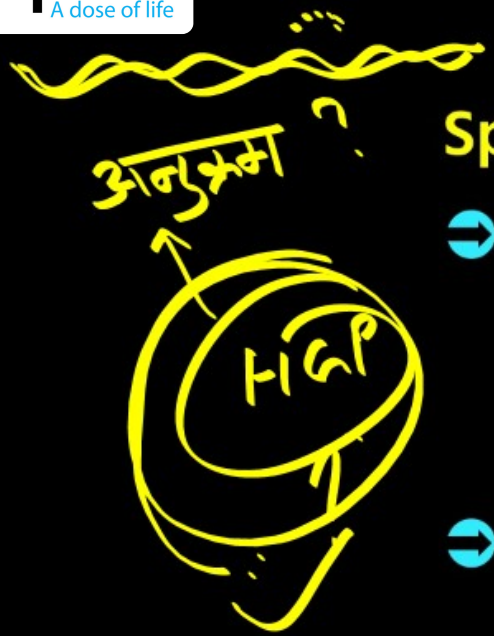
1990 - 2003

13 yrs

- आनुवांशिक अभियांत्रिक तकनीकों के विकास से डीएनए खण्ड को विलगित व क्लोन किया जा सकता है।
- डीएनए अनुक्रमों को शीघ्र जानने के लिए 1990 में मानव जीनोम के अनुक्रमों का पता लगाने के लिए महत्वाकांक्षी योजना।
- HGP - मेगा प्रोजेक्ट
- HGP के बारे में जानकारी - जैव सूचना विज्ञान (Bioinformatic)

HGP के लक्ष्य

- 20000-25000 सभी जीनों के बारे में पता लगाना।
- 3 बिलियन रासायनिक क्षार युग्मों के अनुक्रमों को निर्धारित करना।
- जानकारी को आँकड़ों के रूप में संग्रहित करना।
- आँकडों के विश्लेषण हेतु नयी तकनीक का सुधार करना।
- योजना द्वारा उठने वाले नैतिक, कानूनी व सामाजिक मुद्दों के बारे में विचार करना।



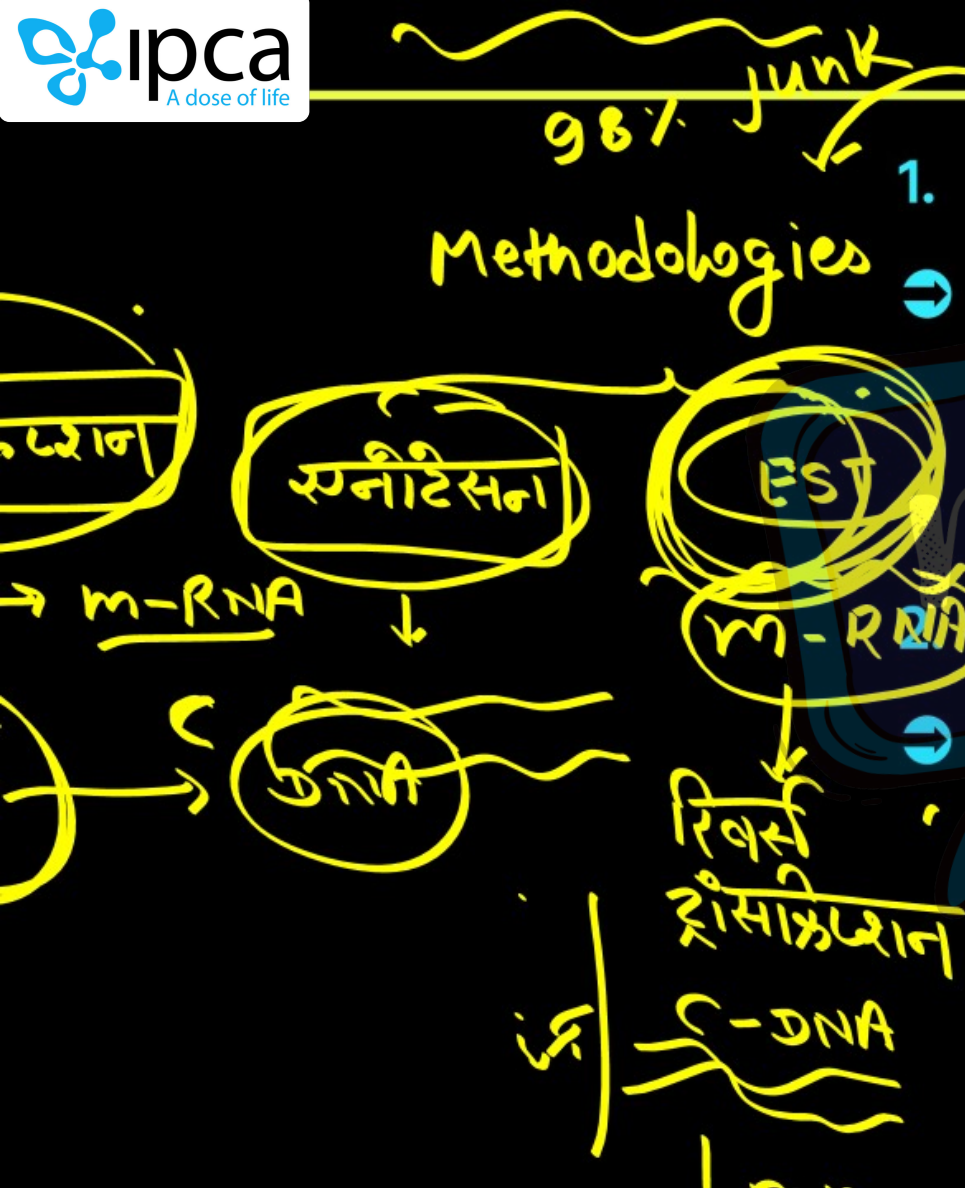
Special Point :

- अमेरिकी ऊर्जा विभाग [U.S. department of energy] व राष्ट्रीय स्वास्थ्य संस्थान (National Institute of health) से सहयोग प्राप्त ।
- कई अमानवीय प्रतिरूप - जीवों गैसे- जीवाणु, यीस्ट, केएनोरहेब्डीटीस इलीगेंस (स्वतंत्र अरोगजनक सूत्रकृमि), ड्रासोफिला (फलमक्खी), पौधा (धान व एरेबीडाप्सीस) आदि के अनुक्रमों के बारे में जानकारी प्राप्त हुई है।

ipca
A dose of life

missiongyan
LET'S LEARN TOGETHER

कार्य प्रणालियाँ



1. **व्यक्त अनुक्रम घुंडी**

➡ सभी जीन जो RNA के रूप में व्यक्त होते है, उनके बारे में ध्यान देना । (इक्सेप्रेस्ड सीक्वेंश टैग्स, ESTs)

अनुक्रम टिप्पण / सिक्वेंस एनोटेसन

➡ जीन में मिलने वाले सभी जीनोम के व्यक्तेक व अत्यक्तेक अनुक्रमों की जानकारी प्राप्त कर उनके कार्यो को निर्धारित करना ।

सेंगर द्वारा

संवाहक : (vector)



DNA → विलगित → छोटे यादृच्छिक खंड

संवाहकों का उपयोग कर उचित आतिथेय में भेजना

क्लोंनिग द्वारा प्रत्येक DNA के प्रवर्धन में सहायता

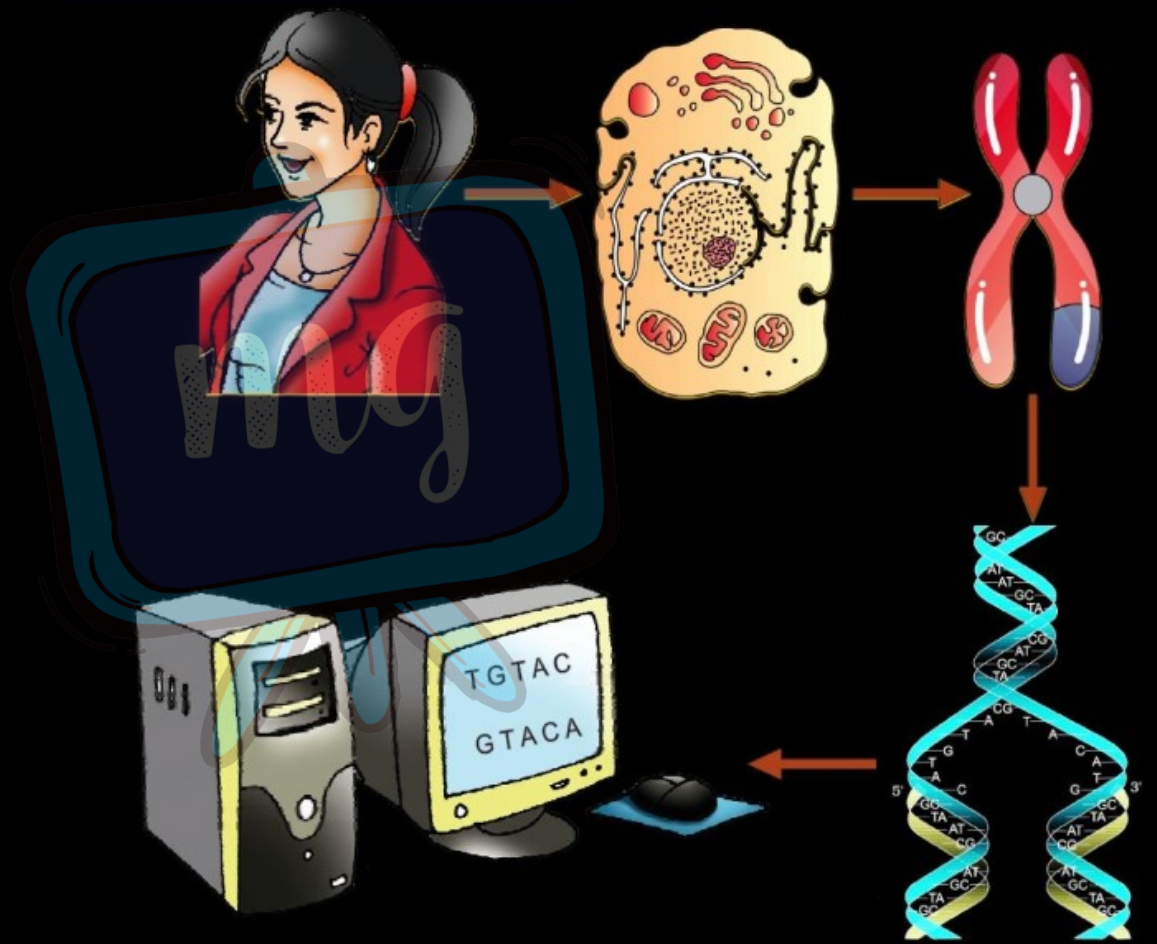
उपयोगी आतिथेय

- जीवाणु
- यीस्ट

BAC (जीवाणु कृत्रिम गुणसूत्र) संवाहक → BAC

YAC (यीस्ट कृत्रिम गुणसूत्र) संवाहक → YAC

वंशागति का आणविक आधार



मानव जीनोम की मुख्य विशेषताएँ

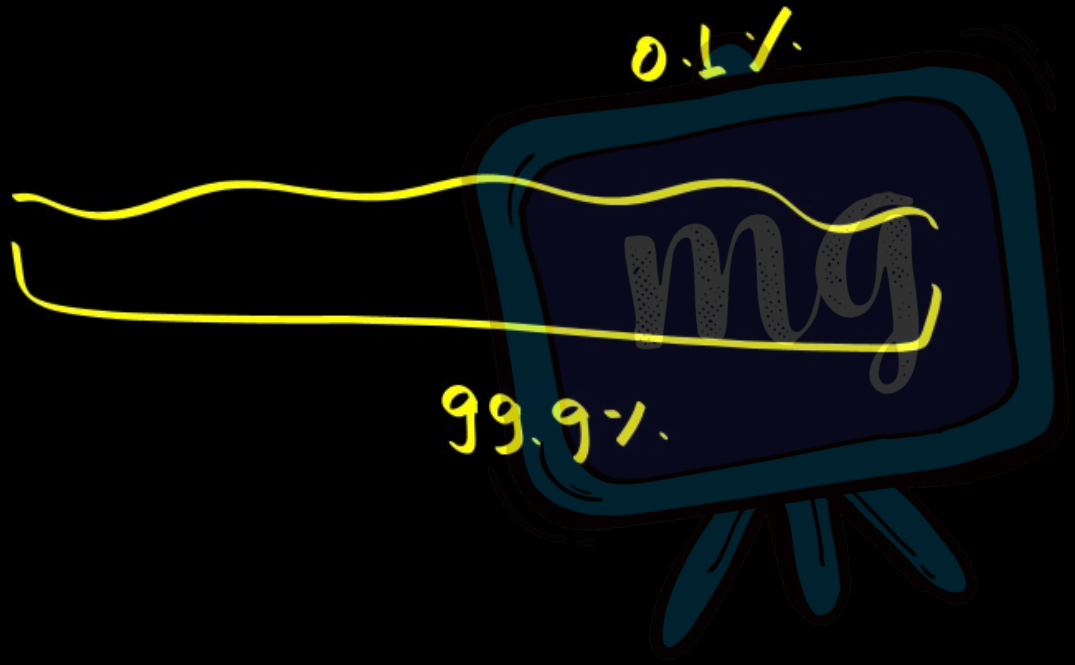
(क) मानव जीनोम 3164.7 करोड़ क्षार युग्म मिलते हैं।

(ख) औसतन प्रत्येक जीन में 3000 क्षार स्थित हैं जिनके आकार में अधिक विभिन्नताएँ हैं। मनुष्य को ज्ञात सबसे बड़ी जीन डिस्ट्रॉफिन (Dystrophin) में 2.4 करोड़ क्षार मिले हैं।

(ग) जीन की संख्या 30,000 है जो पहले की अनुमानित संख्या 80,000 से 140,000 से काफी कम है। लगभग सभी (99.9 प्रतिशत) लोगों में मिलने न्यूक्लियो टाइड्स क्षार एक समान है।

ipca
A dose of life

missiongyan®
LET'S LEARN TOGETHER



ipca
A dose of life

वंशागति का आणविक आधार

missiongyan
LET'S LEARN TOGETHER

2% DNA coding DNA 50%

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

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

98% DNA ↓ junk DNA ↓ पुनरावृत्ति अनुक्रम

(च) मानव जीनोम के बहुत बड़े भाग का निर्माण पुनरावृत्ति अनुक्रम द्वारा होता हैं ।

(छ) पुनरावृत्ति अनुक्रम डीएनए के फैले हुए भाग हैं जिनकी कभी - कभी सौ से हजार बार पुनरावृत्ति होती है। जिनके बारे में यह विचार है कि इनका सीधा कूटलेखन में कोई कार्य नहीं है लेकिन इनसे गुणसूत्र की संरचना, गतिकीय व विकास के बारे में जानकारी प्राप्त होती है।

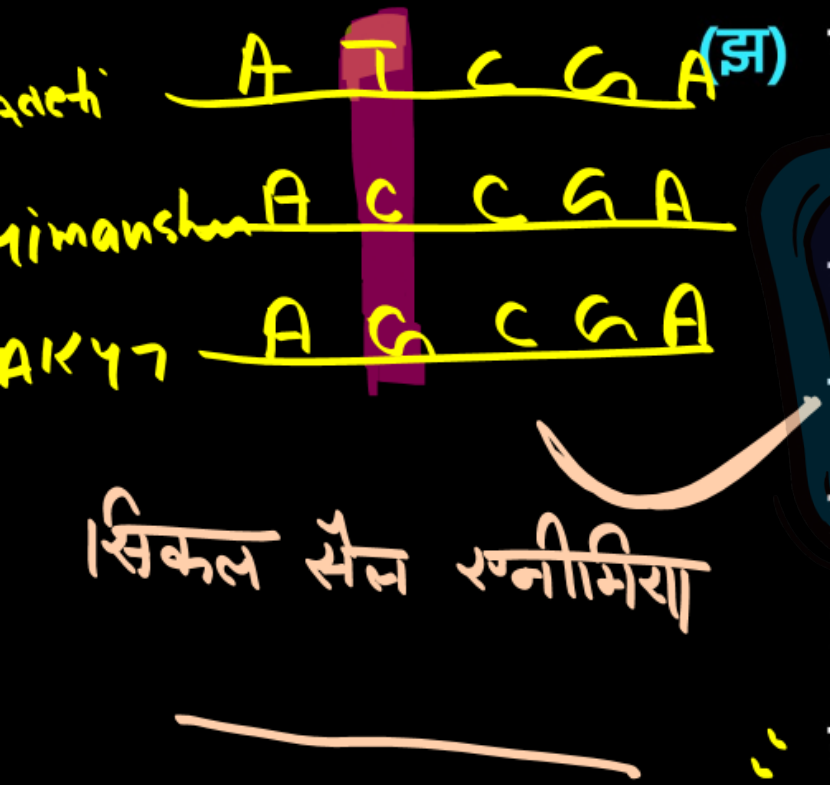
ATCGATCGATCG

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

ipca
A dose of life

missiongyan
LET'S LEARN TOGETHER

वंशागति का आणविक आधार



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