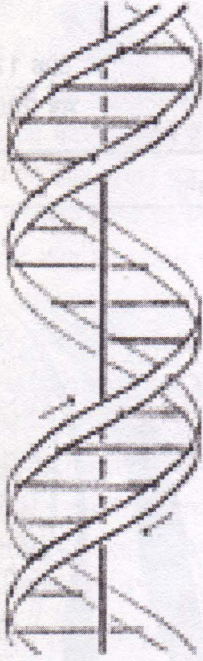


डी.एन.ए. के पचास साल

डॉ. सुशील जोशी



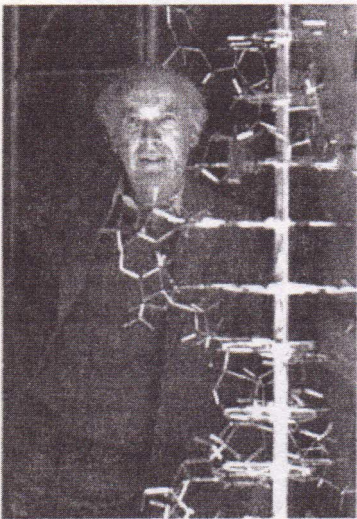
डीएनए यानी डीऑक्सीराइबो न्यूक्लिक एसिड की संरचना की खोज आज से पचास साल पूर्व 1953 में हुई थी। वैसे यह बात तो 1944 में ही पता चल चुकी थी कि जीवों में अनुवांशिकता यानी पीढ़ी दर पीढ़ी गुणों के हस्तांतरण का काम डी.एन.ए. के ज़रिए ही होता है। मगर 1953 में जाकर ही पता चला कि यह हस्तांतरण कैसे होता है। डी.एन.ए. की संरचना की खोज के लिए जेम्स वाटसन, फ्रांसिस क्रिक और मॉरिस विल्किंस को 1962 में नोबल पुरस्कार भी दिया गया। वैसे आज भी यह आश्चर्य का विषय है कि 1944 में जिनेटिक्स में डी.एन.ए. की भूमिका की खोज करने वाले ओस्वाल्ड एवरी, मैक्लीन मैकार्टी और कॉलिन मैक्लिऑड नोबल पुरस्कार से वंचित कैसे रह गए थे। यह भी विवादों के घेरे में रहा है कि रोज़ेर्लिंग फ्रेंकलीन को डी.एन.ए. संरचना के नोबल पुरस्कार में शामिल क्यों नहीं किया गया जबकि इस संरचना की खोज को संभव बनाने वाले आंकड़े उनकी अथक मेहनत से ही उपलब्ध हुए थे।

डी.एन.ए. संरचना की खोज का इतिहास काफी लंबा व रोमांचक है। मगर एक बार इसकी संरचना पता लग जाने के बाद जीव विज्ञान की शक्ल ही बदल गई। जीव विज्ञान अचानक एक वर्णन विज्ञान से हटकर एक डिजिटल सूचना विज्ञान बन गया। डी.एन.ए. की संरचना पता लगने के बाद के पचास वर्ष जीव विज्ञान में भारी गहमा गहमी के वर्ष रहे हैं। इसके अलावा इस खोज का असर चिकित्सा, कृषि, अपराध विज्ञान जैसे तमाम क्षेत्रों पर भी पड़ा। जैव टेक्नॉलॉजी और जिनेटिक इंजीनियरिंग जैसे क्षेत्र आज सामाजिक जीवन में अत्यंत महत्वपूर्ण हो गए हैं।

डी.एन.ए. की संरचना

डी.एन.ए. दरअसल एक बहुलक है। मतलब यह एक-सी रासायनिक इकाइयों के बार-बार, कई बार जुड़ने से बनता है। प्रत्येक इकाई में एक अणु शर्करा राइबोज का होता है, एक अणु फॉस्फेट होता है तथा एक अणु क्षार का होता है। प्रत्येक इकाई में राइबोज और फॉस्फेट तो एक समान होते हैं मगर प्रत्येक में क्षार निम्नलिखित चार में से कोई एक होता है : एडीनीन (A), ग्वानीन (G), सायटोसीन (C), और थायमीन (T)।

मज़ेदार बात यह है कि डी.एन.ए. सदैव दो शृंखलाओं की कुंडली के रूप में पाया जाता है। ये दो शृंखलाएं परस्पर पूरक होती हैं : यदि एक शृंखला पर किसी जगह पर एडीनीन है तो दूसरी शृंखला पर उसके सामने थायमीन ही होगा। जबकि यदि एक शृंखला पर कहीं ग्वानीन है तो उसके सामने दूसरी शृंखला पर सायटोसीन होगा। जब भी ये दो शृंखलाएं अलग-अलग होती हैं, तो प्रत्येक शृंखला पर एक नई शृंखला बन जाती है जिस पर क्षारों



वाटसन का चित्र मॉडल सहित

का क्रम उपरोक्तानुसार ही होगा। ज़ाहिर है कि इस अणु की सत्य प्रतिलिपि काफी सटीकता से बन सकती है।

यह डी.एन.ए. प्रत्येक कोशिका के केंद्रक में पाया जाता है। जब कोशिका का विभाजन होता है तो डी.एन.ए. की प्रतिलिपियां बनकर दोनों नई कोशिकाओं में पहुंच जाती हैं। इस तरह दोनों कोशिकाओं में मातृ कोशिका में उपस्थित सूचना पहुंच जाती है। सवाल यह है कि डी.एन.ए. में क्या सूचना होती है और वह कैसे काम करती है।

डी.एन.ए. में सूचना

जब वाटसन और क्रिक ने डी.एन.ए. संरचना का भंडाफोड़ किया था तब हमें नहीं पता था कि डी.एन.ए. किस तरह अपना प्रभाव दर्शाता है। दरअसल डी.एन.ए. इतना सरल अणु है कि यह बात पचाना थोड़ा मुश्किल है कि वह किसी जीव के इतने सारे विविध गुणों का निर्धारण करता है। डी.एन.ए. की क्रियाविधि स्पष्ट करने का श्रेय कई वैज्ञानिकों के प्रयासों को जाता है। इनमें फ्रैंक जेकब और जेकेस मनोड का योगदान विशेष रूप से उल्लेखनीय है।

यदि ज़्यादा जटिलता में न जाएं तो कहा जा सकता है कि डी.एन.ए. पर क्षारों के क्रम से काफी कुछ तय होता है। कुल मिलाकर चार क्षार हैं। इन्हें यदि 3-3 की तिकड़ियों में जमाया जाए तो कुल 64 क्रम बनाए जा सकते हैं। तीन क्षारों की ऐसी एक तिकड़ी को एक कोडॉन कहते हैं।

हम जानते हैं कि सजीवों में जितने भी प्रोटीन पाए जाते हैं, वे कुल 23 अमीनो अम्लों से बनते हैं। क्षारों की उपरोक्त 64 तिकड़ियों में से 61 तिकड़ियां अमीनो अम्लों की द्योतक होती हैं। एक अमीनो अम्ल के लिए एक से ज़्यादा कोडॉन हो सकते हैं। जैसे ग्लायसीन नामक अमीनो अम्ल के लिए 5 कोडॉन होते हैं। इस तरह से डी.एन.ए. पर क्षारों का एक क्रम अमीनो अम्लों के एक क्रम यानी किसी प्रोटीन का द्योतक होता है। एक प्रोटीन के लिए ज़िम्मेदार सारे कोडॉन मिलकर एक जीन कहलाता है। अर्थात् जीन डी.एन.ए. का वह हिस्सा है जो एक प्रोटीन का निर्माण करता है।

क्षारों की तीन अन्य तिकड़ियां यह दर्शाने का काम करती हैं कि जीन कहां से शुरू हुआ और कहां खत्म हुआ।

सूचना का सरल रूप

उपरोक्त विवरण से स्पष्ट है कि डी.एन.ए. एक ऐसा अणु है जिसमें प्रोटीन बनाने की सूचना है। और यह सूचना इतने सरल रूप में है कि इसे सरल रूप में संग्रहित करके रखा जा सकता है। लिहाज़ा इसका उपयोग करना भी निहायत सरल है।

डी.एन.ए. की संरचना पता चल जाने का एक प्रमुख प्रभाव या हुआ कि सजीवों की संरचना को समझने में रसायन शास्त्र की भूमिका अहम हो गई। दरअसल, डी.एन.ए. एक रसायन ही तो है। यानी सजीवों के सारे गुण, सारी विविधता इस एक रसायन से तय होती है। किसी जीव की पूरी जानकारी को सहेजने के लिए उसके डी.एन.ए. को सहेजना



1944 में जिनेटिक्स में डी.एन.ए. की भूमिका की खोज करने वाले मैक्लीन मैकार्टी





पर्याप्त होगा। और यदि आप किसी जीव के डी.एन.ए. का क्षार क्रम जान जाएं तो मात्र इस क्षार क्रम को लिखकर रखने से काम चल जाएगा। और यदि क्षार क्रम पता है तो आप उस जीव की रचना भी कर सकेंगे और उसमें फेरबदल भी कर सकेंगे। विज्ञान कथाओं जैसी नज़र आने वाली इन बातों को साकार करने के प्रयास पिछले पचास सालों में जीव विज्ञान का प्रमुख सरोकार रहा है।

क्षार क्रम का खुलासा

सबसे पहले खोज की गई कि कोशिका के अंदर कौन से एंजाइम डी.एन.ए. की प्रतिलिपियां बनाने, उसके टुकड़े करने और जोड़ने का काम करते हैं। इन एंजाइमों का उपयोग डी.एन.ए. सम्बंधी शोध में बहुतायत से हुआ है।

पहला काम तो यह पता लगाना था कि गुणसूत्रों पर कौन-सा जीन कहां उपस्थित है। मसलन इंसान की कोशिका में 23 जोड़ी गुणसूत्र हैं। अब यह कैसे पता लगाया जाए कि इन पर कौन-सा जीन कहां है। इस दिशा में सबसे पहले 1975 में डी.एन.ए. के क्रम निर्धारण की विधि विकसित हुई। इसके बाद 1985 में पॉलीमरेज़ चेन रिएक्शन (पी.सी.आर.) की खोज हुई। पी.सी.आर. की बदौलत यह संभव हो गया कि डी.एन.ए. के किसी भी खंड की अनगिनत प्रतिलिपियां बनाई जा सकें और उनका अध्ययन किया जा सके। जब ये अध्ययन किए गए तो व्यक्ति-व्यक्ति के डी.एन.ए. में थोड़े-थोड़े अंतर ('बहुरूपता') पाए गए। इन अंतरों के आधार पर डी.एन.ए. फिंगर प्रिंट की अवधारणा और तकनीक विकसित हुई। डी.एन.ए. फिंगर प्रिंट व्यक्ति की पहचान का एक प्रमुख आधार बन गया तथा इसका उपयोग पितृत्व सम्बंधी विवादों और बलात्कार के मामलों में किया जाने लगा। अदालत ने भी इसे बतौर प्रमाण स्वीकार किया।

जल्दी ही यह भी पता चला कि डी.एन.ए. बहुरूपता कई बीमारियों के लिए भी ज़िम्मेदार है। इसके आधार पर पूर्वानुमान चिकित्सा का मार्ग प्रशस्त हुआ। डी.एन.ए. के अध्ययन के आधार पर यह बताना संभव हो गया कि किसी व्यक्ति को अमुक रोग होने की संभावना ज़्यादा है। कई मामलों में तो भ्रूणावस्था में ही डी.एन.ए. की जांच करके ऐसे पूर्वानुमान लगाए जा सकते हैं।

डी.एन.ए. पर क्षार क्रम पता लगाने का शुरुआती काम 1970 के दशक में वाल्टर गिल्बर्ट और फ्रेड सेंगर ने किया था। उन्होंने सर्वप्रथम लगभग 100 क्षार लंबी डी.एन.ए. शृंखला में क्षार क्रम खोज निकाला था।

1977-78 में एक पूरे वायरस का 5000 क्षार लंबा जीनोम (समस्त जीन का क्रम) पता चल गया। इस खोज से स्पष्ट हो गया कि डी.एन.ए. शृंखला की जानकारी से जीन की क्रियाविधि के बारे में महत्वपूर्ण जानकारी हासिल हो सकती है। इसके अलावा यह भी साफ था कि किसी जीव का जिनेटिक कोड उसके बारे में ढेरों जानकारी उपलब्ध करा सकता है। तब डी.एन.ए. शृंखला पता लगाने के लिए तकनीकों के विकास में तेज़ी आई।

पहले तो क्षार क्रम पता लगाने के लिए एक हस्त-चालित यंत्र का निर्माण हुआ। मगर



1944 में जिनेटिक्स में डी.एन.ए. की भूमिका की खोज करने वाले ऑस्वाल्ड एवरी

जल्दी ही लेरॉय हुड, लॉयड स्मिथ और माइक हंकापिलर ने डी.एन.ए. विश्लेषण का एक स्वचालित यंत्र बना डाला। इसकी मदद से प्रतिदिन 200 क्षारों की श्रृंखला का खुलासा हो सकता था। अंततः 1986 में एक ऐसी मशीन बनाई गई जो सारा काम स्वचालित ढंग से करती थी। इसमें सुधार होते-होते आज स्थिति यह है कि यह मशीन 24 घंटे में 15 लाख क्षारों के क्रम का खुलासा कर सकती है। वैसे अनुमान है कि अभी सुधार की बहुत गुंजाइश है। मसलन, आज एक व्यक्ति का पूरा जीनोम पता लगाने में करीब 5 करोड़ डॉलर का खर्च आएगा। अनुमान है कि कुछ ही वर्षों में यह काम मात्र (!) 10 हजार डॉलर में एक दिन में पूरा हो जाएगा। ऐसा होने पर मानव जीनोम में विविधता के अध्ययन के नए रास्ते खुल जाएंगे। और शायद अलग-अलग जीन को पेटेन्ट कराने की होड़ भी लग जाएगी।

वैसे यह मानना एक बड़ी भूल होगी कि उक्त सारे काम मात्र वैज्ञानिकों की जिज्ञासा के परिणामस्वरूप हुए हैं। यह बहुत पहले ही पता चल गया था कि जीन सम्बंधी सारी सूचनाओं का व्यापक व्यापारिक महत्व है। जैसा कि हम आगे देखेंगे, चिकित्सा और कृषि के क्षेत्र में इन सूचनाओं व तकनीकों का भरपूर लाभ उठाया जा रहा है और तमाम जीन पेटेन्ट किए जा रहे हैं।

मानव जीनोम परियोजना

जीव विज्ञान के क्षेत्र में शायद ही कोई इतनी विशाल परियोजना सोची या क्रियान्वित की गई हो। 1990 में शुरू की गई इस परियोजना का मकसद था पूरे मानव जीनोम का क्रम पता करना। इसके व्यापारिक महत्व का अनुमान इसी बात से लगाया जा सकता है कि यह कार्य एक साथ दो जगह किया गया। एक सार्वजनिक धन से चला, तो दूसरा एक निजी कम्पनी सेलेरा जीनोमिक्स ने चलाया। मानव जीनोम में लगभग 3 अरब क्षार होते हैं। इनका मानचित्र बनाते-बनाते कई नई-नई तकनीकें विकसित हुईं और सैकड़ों वनस्पतियों और जीवों के जीनोम के नक्शे तैयार हो गए। मानव जीनोम परियोजना ने अपना काम निर्धारित समय से पहले ही पूरा कर लिया। इस कार्य के पूरा होने से एक बात रेखांकित हुई कि हम सजीव तंत्र की पूरी जानकारी हासिल करके उसे एक डेटाबेस के रूप में सहेज कर रख सकते हैं।

जीन किसके नियंत्रण में?

डी.एन.ए. की संरचना पता लगने तथा उसे काटने-छांटने के साधन उपलब्ध हो जाने का एक परिणाम यह हुआ कि जिनेटिक इंजीनियरिंग का एक सर्वथा नया क्षेत्र अस्तित्व में आया। जिनेटिक इंजीनियरिंग यानी जीन को उसके मूल स्थान (मूल जीनोम) में से काटकर किसी अन्य जीनोम में फिट कर देना। मगर मात्र किसी जीन को काटकर दूसरी जगह लगा देने से वह सक्रिय नहीं हो जाता। जीन के सक्रिय होने का मतलब है कि वह निर्धारित प्रोटीन का संश्लेषण करने लगे।

अतः जिनेटिक अनुसंधान में जहां एक ओर जीन्स को काटकर दूसरे जीव के जीनोम में



1944 में जिनेटिक्स में डी.एन.ए. की भूमिका की खोज करने वाले कॉलिन मैक्लिऑड



फिट करने की तकनीकें विकसित करने का काम चला, वहीं दूसरी ओर यह समझने के प्रयास चले कि जीन की क्रिया का नियंत्रण कैसे होता है। जीन की क्रिया का नियंत्रण करने के नेटवर्क को आज हम काफी हद तक समझते हैं मगर अभी काफी कुछ समझना बाकी है। मसलन, हमारी प्रत्येक कोशिका में एक ही जीनोम है मगर यह पूरा किसी भी कोशिका में अभिव्यक्त नहीं होता। दरअसल जीव जगत की काफी सारी विविधता, जीनोम में विविधता से नहीं बल्कि जीन नियंत्रण नेटवर्क में विविधता की वजह से होती है। इस नियंत्रण नेटवर्क का एक महत्वपूर्ण गुण पर्यावरण के साथ अंतर्क्रिया करने की इसकी क्षमता है। इस नेटवर्क की समझ विकसित होने के साथ-साथ हम जीन से लेकर सजीव संगठन के विभिन्न स्तरों - कोशिका, ऊतक, अंग, तंत्र, जीव, प्रजाति, आबादी, इकोसिस्टम वगैरह - के बीच सूचनाओं के आदान-प्रदान को बेहतर ढंग से समझ पाएंगे।

प्रजाति की घटती साख

यह कहने की ज़रूरत नहीं कि डी.एन.ए. सम्बंधी सूचनाएं मिलने तथा डी.एन.ए. के साथ खिलवाड़ करने का सबसे प्रमुख असर जिनेटिक इंजीनियरिंग के रूप में सामने आया है। तकनीकी पेचीदगियों में न जाते हुए, इतना ही कहना पर्याप्त होगा कि पहले जहां हम एक ही प्रजाति की विविध किस्मों के बीच गुणों का आदान प्रदान (संकरण) करने में सक्षम थे, वहीं जिनेटिक इंजीनियरिंग ने प्रजाति की सीमा को शिथिल कर दिया है। आज न सिर्फ एक वनस्पति प्रजाति के गुण हम किसी दूसरी वनस्पति प्रजाति में डाल सकते हैं, बल्कि वनस्पति के गुण जंतुओं में डालना भी संभव हो गया है। इस दृष्टि से देखा जाए तो आज हम सजीव जगत को एक नवीन एकीकृत रूप में देख पा रहे हैं। दूसरी दृष्टि से देखें तो जिनेटिक इंजीनियरिंग ने हमें प्रकृति के साथ छेड़छाड़ ही नहीं बल्कि उस पर नियंत्रण के सर्वथा नए औज़ार भी मुहैया करा दिए हैं। प्रजाति (यानी सजीवों का वह समूह जो परस्पर प्रजनन करके प्रजनन-क्षम संतान पैदा कर सके) जीव विज्ञान में समूहीकरण की एक प्रमुख इकाई मानी जाती रही है। जिनेटिक इंजीनियरिंग ने उस इकाई की साख को लगभग खत्म कर दिया है।

जिनेटिक रूप से परिवर्तित फसलें तो सुरिखियों में रही ही हैं। चिकित्सा के क्षेत्र में भी जिनेटिक इंजीनियरिंग का दबदबा बढ़ रहा है। मसलन, मानव इंसुलिन जीन को एक बैक्टीरिया में प्रविष्ट करवाकर इंसुलिन का उत्पादन होने लगा है। इस प्रकार के कई उपयोग सामने आ रहे हैं। शायद भ्रूणावस्था में जिनेटिक इंजीनियरिंग के ज़रिए कई जिनेटिक रोगों का इलाज संभव हो जाए।

कुल मिलाकर देखा जाए तो डी.एन.ए. की संरचना पता लगने के बाद जीव विज्ञान ने न सिर्फ वैज्ञानिक तरक्की में अन्य विषयों को पीछे छोड़ दिया है, बल्कि अब जीव विज्ञान एक प्रमुख व्यापारिक गतिविधि बन गया है। आगे चलकर यह जीवन की हमारी समझ व प्रकृति के साथ हमारे सम्बंधों को भी पुनः परिभाषित करने का संकेत दे रहा है। (स्रोत फीचर्स)

