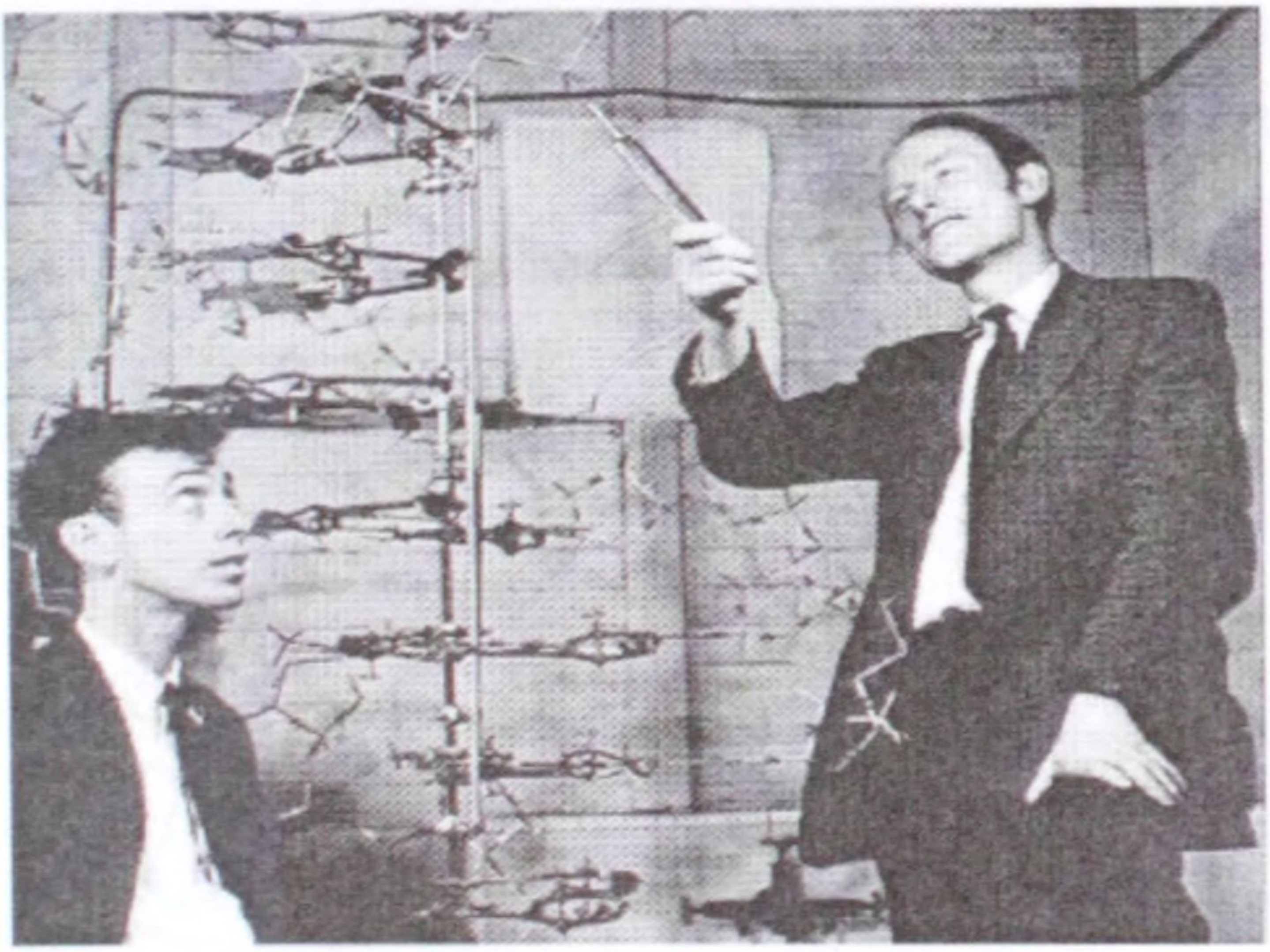
1.2 ඩී.එන්.ඒ. / ජාන (DNA / GENES)

ඩිඔක්සිරයිබෝස් නියුක්ලික් අම්ලය ලෙස හැඳින්වෙන්නේ ජීවයේ මූලිකම රසායනික අණුවයි. මෙම DNA අණුව තුළ ජීවීන්ගේ ලක්ෂණ සහ ක්‍රියාකාරකම් පාලනය කරන ජාන සැකසී තිබේ. මේ ලෝකයේ ජීවත් වන සියලුම ජීවීන්ට (යම් වෛරස ආකාර කිහිපයක හැර) පොදු වන DNA, ජීවීන් අතර පවතින මූලික වෙනස් වීම් සඳහාද දායක වෙයි.

අලියා වර්තමානයේ ගොඩබිම ජීවත් වන විශාලතම ක්ෂීරපායී සත්වයායි. කුහුඹුවන්, ක්ෂුද්‍ර ජීවීන්, ශාක, මත්ස්‍යයින්, මිනිසුන්, ඒ වාගේම අනෙකුත් සියලුම ජීවීන් එකිනෙකාගෙන් වෙනස් වන්නේ එම ජීවීන්ගේ DNA අණුවල ඇති සුළු වෙනස්කම් නිසයි (3 වන රූපය). එක ජීවියෙකුගේ සෛලයක ඇති සමස්ත DNA ප්‍රමාණය එම ජීවියාගේ ජිණෝමය (Genome) නැතහොත් ගෙනෝමය ලෙස හැඳින්වෙයි.

රූපය 3 මෙම සියලු ජීවීන්ගේ මූලික ජෛව අණුව වන්නේ DNA ය

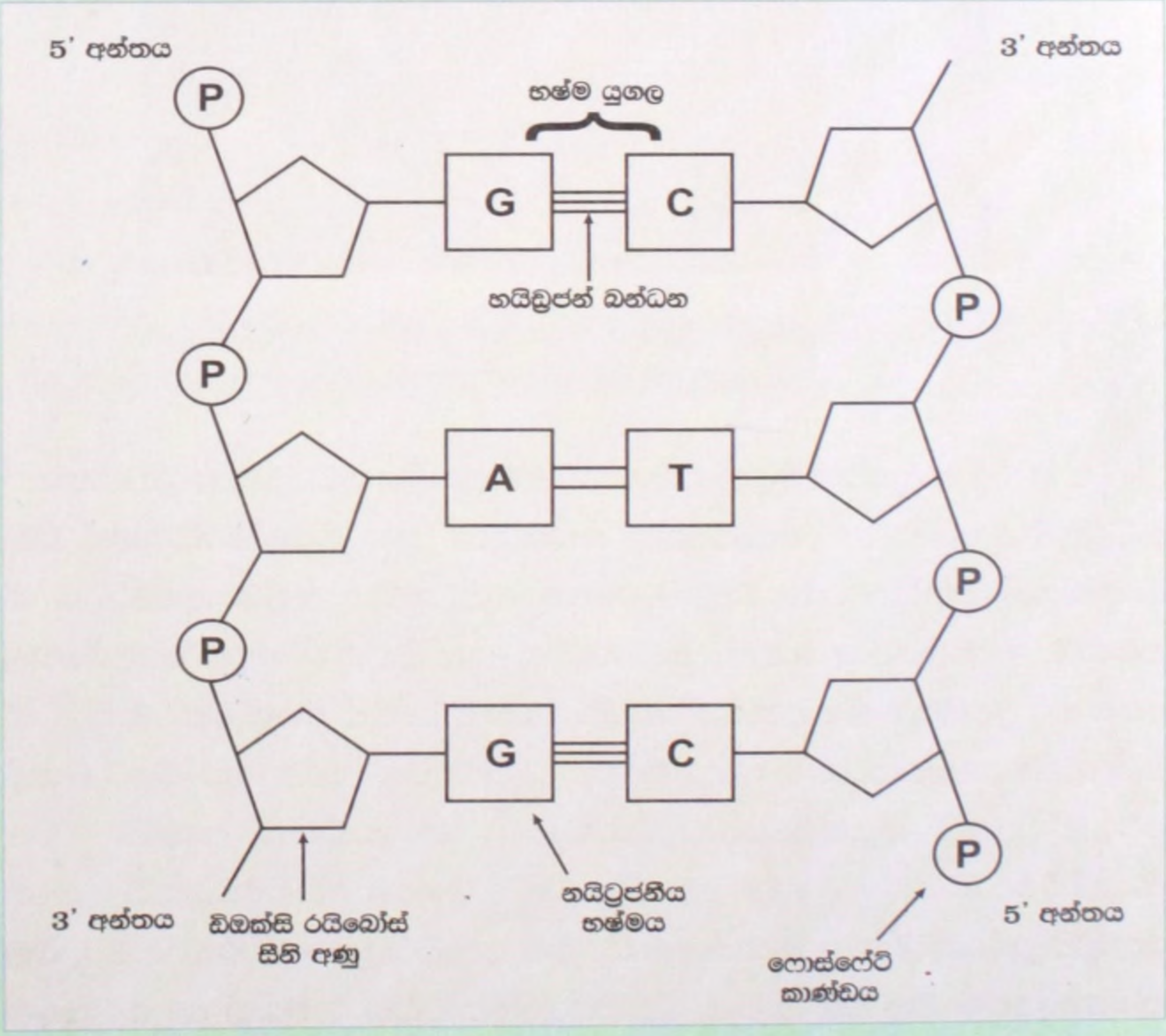
1953 දී වොට්සන් සහ ක්‍රීක් යන විද්‍යාඥයන් විසින් DNA අණුවෙහි රසායනික ව්‍යුහය නිර්ණය කළ අතර ඒ සඳහා ඔවුන්ව නොබෙල් ත්‍යාගයෙන් පුදනු ලැබුණි (4 වන රූපය). මෙම සොයා ගැනීම මානව වංශ කථාව නව මඟකට හැරවීමට සමත් විය.



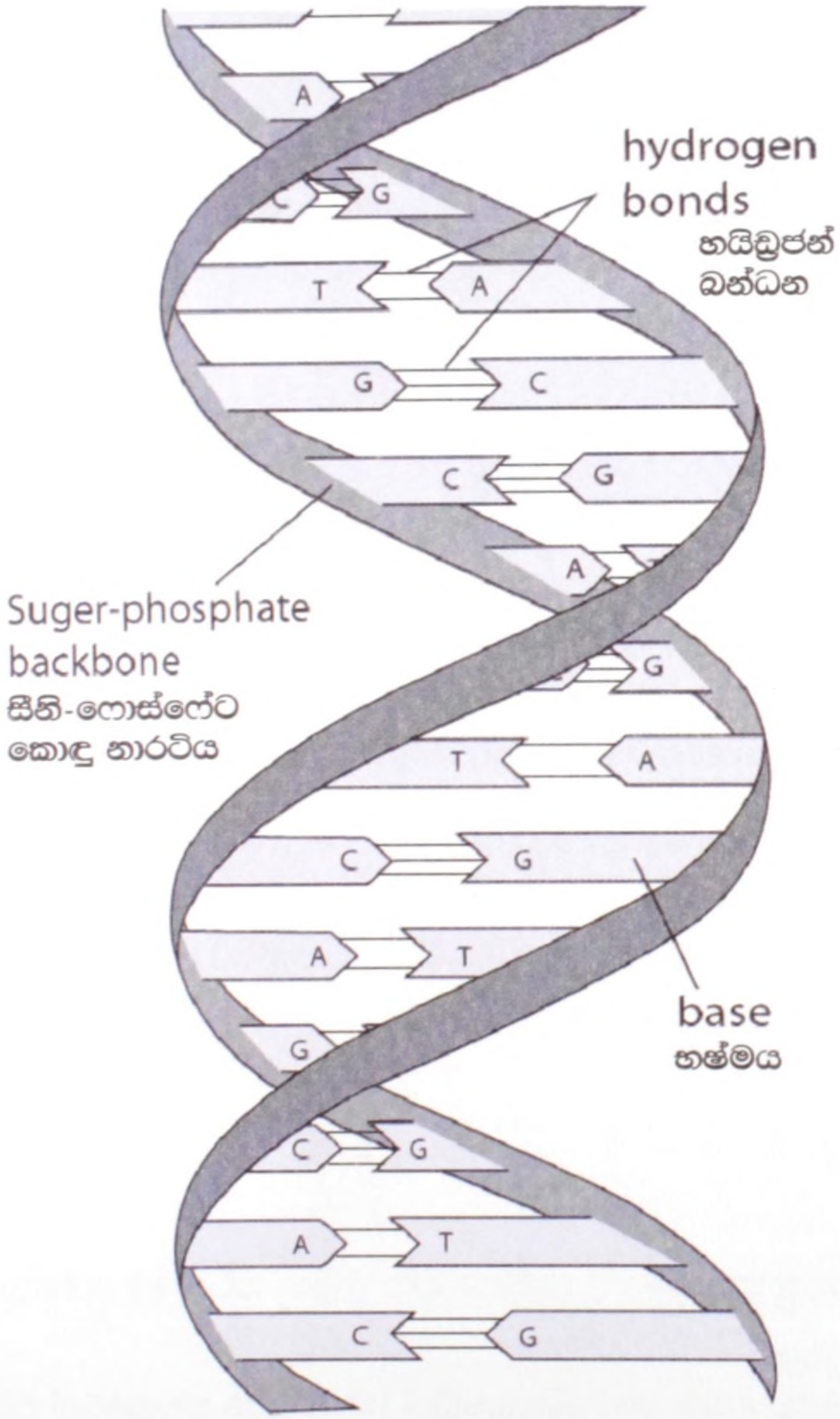
රූපය 4 DNA අණුවේ ව්‍යුහය සොයාගත් වොට්සන් සහ ක්‍රික් යන විද්‍යාඥයින් එහි ආකෘතිය සමඟ

DNA අණුවෙහි මූලික ඒකකය වන නියුක්ලියෝටයිඩය තැනී ඇත්තේ නයිට්‍රජනීය භෂ්මයක්, පොස්ෆේට් කාණ්ඩයක් සහ ඩිඔක්සිරයිබෝස් සීනි කාණ්ඩයක් එකට එකතු වීමෙනි. මෙම නයිට්‍රජනීය භෂ්ම ආකාර 4 ක් පවතියි. ඇඩිනීන්, ගුවැනීන්, සයිටොසීන් සහ තයමීන් ලෙස හැඳින්වෙන මෙම නයිට්‍රජනීය භෂ්ම අතරින් ඇඩිනීන් සහ ගුවැනීන් අයත් වන්නේ පියුරීන් නම් භෂ්ම කාණ්ඩයට වන අතර අනෙක්වා පිරමිඩීන් භෂ්ම කාණ්ඩයට අයත් වේ. ඒ අනුව නියුක්ලියෝටයිඩ වර්ග 4 ක් පැවතිය හැකියි. මෙම නියුක්ලියෝටයිඩ ඕනෑම සංඛ්‍යාවක් ඕනෑම පිළිවෙලකට බැඳී පොලිනියුක්යෝටයිඩ දාමයක් තනයි. එම පොලිනියුක්යෝටයිඩ දාමය එම ප්‍රමාණයෙන්ම දිග වන තවත් පොලිනියුක්යෝටයිඩ දාමයක් හා හයිඩ්‍රජන් බන්ධන මඟින් බැඳීමෙන් ද්වි දාම DNA අණුව තැනෙයි. මෙහිදී පොලිනියුක්යෝටයිඩ දාම දෙකේ නියුක්ලියෝටයිඩවල ඇති නයිට්‍රජනීය භෂ්ම මඟින් බැඳීම සිදුවන අතර මේ නයිට්‍රජනීය භෂ්ම එකිනෙක බැඳෙන්නේ සුවිශේෂ පිළිවෙලකටය. ඇඩිනින් සහ තයමින් හයිඩ්‍රජන් බන්ධන දෙකකින් එකිනෙක බැඳෙන අතර ගුවැනීන් සහ සයිටොසීන් එකිනෙක බැඳෙන්නේ හයිඩ්‍රජන් බන්ධන තුනකිනි (5 වන රූපය).

මෙසේ ඉනිමඟක ආකාරයෙන් සැකසෙන පොලිනියුක්ලියෝටයිඩ දාම 2 එකිනෙක දකුණු දිශාවට ඇඹරී යාමෙන් වොට්සන් සහ ක්‍රීක් යන විද්‍යාඥයන් සොයාගත් ආකාරයේ ද්විත්ව හෙලික්සීය ව්‍යුහය නිර්මාණය වෙයි (6 වන රූපය).



රූපය 5 DNA අණුව නිර්මාණය වීම



රූපය **6 DNA** අණුවෙහි ද්විත්ව හෙලික්සිය ව්‍යුහය. අළු පැහැති පටි වලින් පොලිනියුක්ලියෝටයිඩ දාම දෙකේ පොස්ෆේට කාණ්ඩ සහ ඩිඔක්සිරයිබෝස් සීනි කාණ්ඩ නිරූපණය වෙයි.

DNA අණුවෙහි නිශ්චිත කොටස් ජාන ලෙස ක්‍රියාකරයි. එම ජාන වල ඇති භෂ්ම රටාව බොහෝ සෙයින් DNA වැනිම රයිබෝස් නියුක්ලික් අම්ලය (RNA) ලෙස හැඳින්වෙන තවත් අණුවකට පිටපත් වී හෙවත් ප්‍රතිලේඛනය වී (Transcription) අවසානයේ එම රටාව ප්‍රෝටීනයක් බවට පරිවර්තනය (Translation) වීම සිදුවෙයි. මෙම ප්‍රෝටීන, ජීවීන්ගේ ව්‍යුහය, ක්‍රියාකාරිත්වය ආදී සියලුම ක්‍රියා සිදු කිරීමට සමත්ය.

මිහිපිට වාසය කරන සියලුම ජීවීන් පාහේ සතුව DNA ඇති බැවින් එක ජීවියෙකුගේ DNA අණුවකින් ජානයක් වෙන් කරගෙන වෙනත් ජීවියෙකුගේ අණුවලට රසායනිකව බද්ධ කර සාමාන්‍ය පරිදි ක්‍රියාත්මක වීමට සැළැස්විය හැකියි. එනම් ජානය ලද ජීවියා නව ප්‍රෝටීනයක් (ජානය ලබා දුන් ජීවියාගේ තිබුණු) නිපදවීම ආරම්භ කරයි. මෙම තාක්‍ෂණය සැකෙවින් ගත් කළ ජාන ඉංජිනේරු විද්‍යාව (Genetic Engineering) හෙවත් ප්‍රතිසංයෝජිත ජාන තාක්‍ෂණය (Recombinant DNA Technology) ලෙස හැඳින්වේ. නවීන ජෛවතාක්‍ෂණයේ මූලිකම පදනම වන්නේත් මෙයයි.

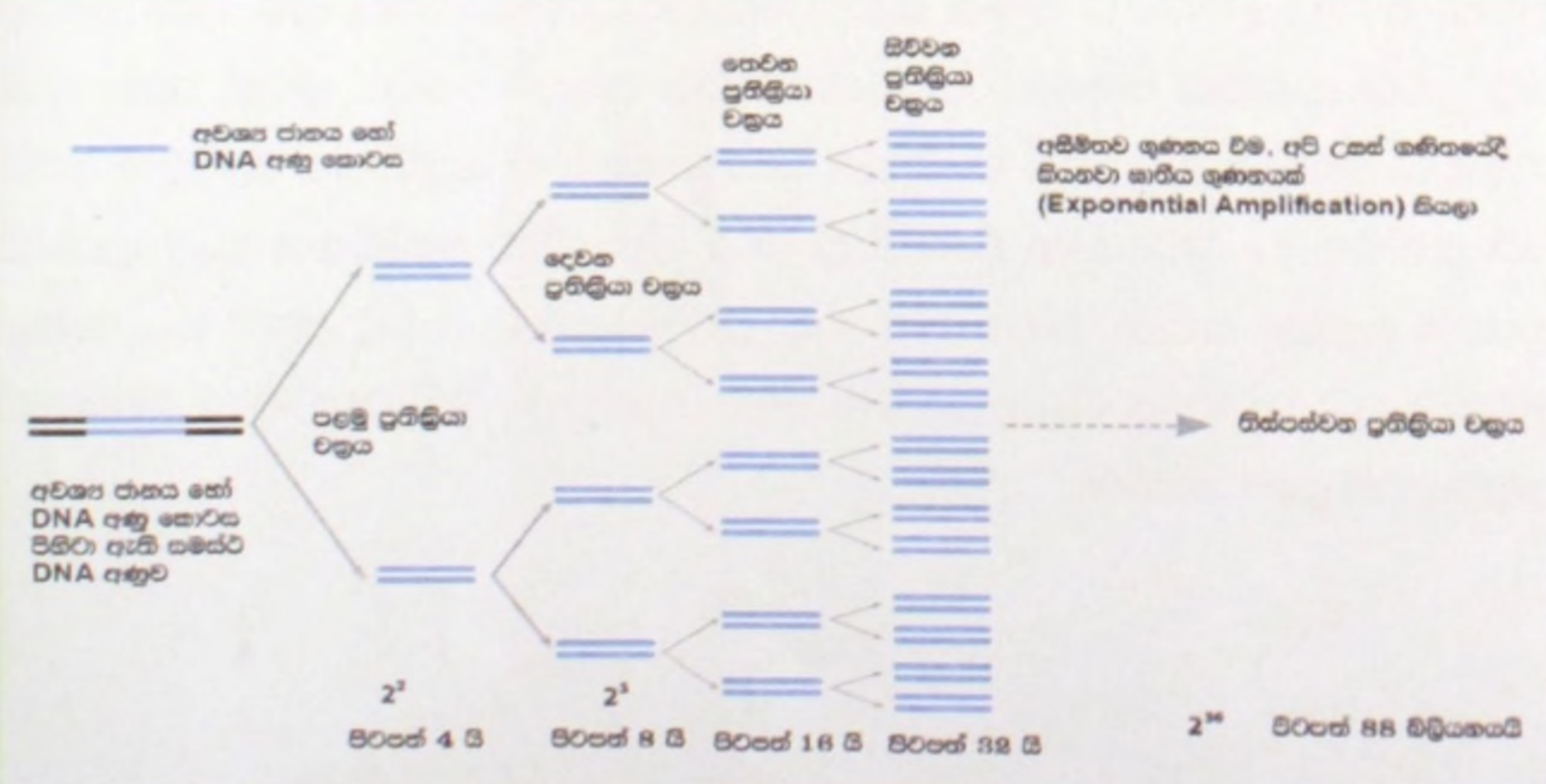
එමෙන්ම ජීවීන්ගේ ප්‍රජනනයේදී මෙම DNA දෙමව්පියන්ගෙන් දරුවන්ට ලැබෙන අතර එම නිසා ලක්‍ෂණ පරම්පරාවෙන් පරම්පරාවට ගමන් කර මිහිපිට ජීවය අඛණ්ඩව පවත්වා ගනියි. එමෙන්ම DNA අණු ඉතා සෙමින් සහ ඉතා විරලව භෂ්ම රටා වෙනස් කර ගනිමින් පරිණාමය සඳහාද දායක වෙයි.

1.3. ජෛවතාක්‍ෂණයේදී භාවිතා වන මූලික පරීක්ෂණාත්මක ක්‍රම

ජෛව පටක හෝ සෛලවලින් DNA ඉතා පහසුවෙන් රසායනිකව වෙන් කර ගත හැකියි. මෙම DNA අණු මත ඇති ජාන ප්‍රදේශ ඉතා සංකීර්ණ රසායනික සහ ජෛව තොරතුරු තාක්‍ෂණික (Bioinformatics) ක්‍රම මඟින් හඳුනාගෙන විශේෂිත එන්සයිමයන්ගෙන් කපා වෙන් කර ගැනීම සිදුවෙයි.

එම කපා ගත් ජාන පහසුවෙන් විනාශ විය හැකි බැවින් වාහක (Vectors) නමැති DNA අණුවලට බද්ධ කර අවශ්‍ය ජීවියාට, ජීවී පටකයට හෝ සෛලයට බද්ධ කර ගත හැකියි. නව ජීවියා තුළදී නව ජානය එම ජීවියාගේ DNA අණුවට බද්ධ වීම සිදු වී නව ප්‍රෝටීනය නිපදවීම ආරම්භ කෙරේ. මෙහිදී බද්ධ කිරීමට සහ පර්යේෂණ වලට අවශ්‍ය DNA අණු කොටස් ඉතා වැඩි ප්‍රමාණයකට ගුණනය කිරීම පරීක්ෂණාත්මකව ඉතා පහසුය. ඒ සඳහා කෙරී මුලිස් නම් විද්‍යාඥයා විසින් සොයා ගත් පොලිමරේස දාම ප්‍රතික්‍රියාව (Polymerase Chain Reaction or PCR) නම් තාක්ෂණය භාවිත වෙයි (7 වන රූපය). එමෙන්ම පොලිමරේස දාම ප්‍රතික්‍රියාව මඟින් ජාන හෝ DNA හෝ කොටස් කැපීමකින් තොරව වෙන් කර ගත හැකියි.

නිවැරදිව ජානය පිහිටා ඇති ස්ථානය වැනි භෂ්ම අනුපිළිවෙළ හා සම්බන්ධ තොරතුරු ලබා ගැනීමට ෆෙඩ්රික් සාංගර් නම් විද්‍යාඥයා විසින් සොයාගත් අති සූක්ෂම DNA භෂ්ම අනුපිළිවෙල කියවීමේ තාක්ෂණය (DNA Sequencing) යොදාගැනෙයි (උදාහරණයක් සඳහා 8 වන රූපය බලන්න). කෙරී මුලිස් සහ ෆෙඩ්රික් සාංගර් යන විද්‍යාඥයන් දෙදෙනා මෙම මහඟු සොයා ගැනීම් සඳහා නොබෙල් ත්‍යාගවලින් පිදුම් ලැබූහ. මෙවැනි සංකීර්ණ පරීක්ෂණාත්මක ක්‍රම දැන් ශ්‍රී ලංකාව තුළද සිදු කළ හැකිය.



රූපය 7 පොලිමරේස දාම ප්‍රතික්‍රියාව
(Polymerase Chain Reaction or PCR) සැකෙවින්

ACATTTGCTTCTGACACAACTGTGTTCACTAGCAACCTCAAACAGACACCATGGTGCATCTGACTCCTGAGG**A**G
AAGTCTGCCGTTACTGCCCTGTGGGGCAAGGTGAACGTGGATGAAGTTGGTGGTGAGGCCCTGGGCAGGTTGGT
ATCAAGGTTACAAGACAGGTTTAAGGAGACCAATAGAAACTGGGCATGTGGAGACAGAGAAGACTCTTGGGTTT
CTGATAGGCACTGACTCTCTCTGCCTATTGGTCTATTTTCCCACCCTTAGGCTGCTGGTGGTCTACCCTTGGAC
CCAGAGGTTCTTTGAGTCCTTTGGGGATCTGTCCACTCCTGATGCTGTTATGGGCAACCCTAAGGTGAAGGCTC
ATGGCAAGAAAGTGCTCGGTGCCTTTAGTGATGGCCTGGCTCACCTGGACAACCTCAAGGGCACCTTTGCCACA
CTGAGTGAGCTGCACTGTGACAAGCTGCACGTGGATCCTGAGAACTTCAGGGTGAGTCTATGGGACGCTTGATG
TTTTCTTTCCCCTTCTTTTCTATGGTTAAGTTCATGTCATAGGAAGGGGATAAGTAACAGGGTACAGTTTAGAA
TGGGAAACAGACGAATGATTGCATCAGTGTGGAAGTCTCAGGATCGTTTTAGTTTCTTTTATTTGCTGTTCATA
ACAATTGTTTTCTTTTGTTTAATTCTTGCTTTCTTTTTTTTTCTTCTCCGCAATTTTTACTATTATACTTAATG
CCTTAACATTGTGTATAACAAAAGGAAATATCTCTGAGATACATTAAGTAACTTAAAAAAAAACTTTACACAGT
CTGCCTAGTACATTACTATTTGGAATATATGTGTGCTTATTTGCATATTCATAATCTCCCTACTTTATTTTCTT
TTATTTTTAATTGATACATAATCATTATACATATTTATGGGTTAAAGTGTAATGTTTTAATATGTGTACACATA
TTGACCAAATCAGGGTAATTTTGCATTTGTAATTTTAAAAAATGCTTTCTTCTTTTAATATACTTTTTTGTTTA
TCTTATTTCTAATACTTTCCCTAATCTCTTTCTTTCAGGGCAATAATGATACAATGTATCATGCCTCTTTGCAC
CATTCTAAAGAATAACAGTGATAATTTCTGGGTTAAGGCAATAGCAATATCTCTGCATATAAATATTTCTGCAT
ATAAATTGTAACTGATGTAAGAGGTTTCATATTGCTAATAGCAGCTACAATCCAGCTACCATTCTGCTTTTATT
TTATGGTTGGGATAAGGCTGGATTATTCTGAGTCCAAGCTAGGCCCTTTTGCTAATCATGTTCATACCTCTTAT
CTTCCTCCCACAGCTCCTGGGCAACGTGCTGGTCTGTGTGCTGGCCCATCACTTTGGCAAAGAATTCACCCCAC
CAGTGCAGGCTGCCTATCAGAAAGTGGTGGCTGGTGTGGCTAATGCCCTGGCCCACAAGTATCACTAAGCTCGC
TTTCTTGCTGTCCAATTTCTATTAAAGGTTCCTTTGTTCCCTAAGTCCAACTACTAAACTGGGGGATATTATGA
AGGGCCTTGAGCATCTGGATTCTGCCTAATAAAAAACATTTATTTTCATTGC

රූපය 8 මේ තමයි මිනිස් රුධිරයේ ඇති හිමොග්ලොබීන් ප්‍රෝටීනයේ ප්‍රධාන උප ඒකකය වන බීටා ග්ලොබින් ප්‍රෝටීනය සඳහා වන ජානයේ සරල භෂ්ම අනුපිළිවෙල. මෙය DNA භෂ්ම අනුපිළිවෙල කියවීමේ තාක්‍ෂණය මගින් ලබාගෙන ඇත. A, G, C සහ T යන අක්‍ෂර වලින් ඇඩිනීන්, ගුවැනීන්, සයිටොසීන් සහ තයමීන් යන භෂ්ම පිළිවෙලින් දැක්වේ. භෂ්ම 1606 ක් දක්වා ඇත (DNA හි භෂ්ම සහිත පොලිනියුක්යෝටයිඩ දාම 2ක් තිබෙන නමුදු එක් දාමයක් පමණක් අධ්‍යනය කිරීම සෑහේ). යටින් ඉරක් ඇඳ ඇති 73 වන භෂ්මය A වූ විට සාමාන්‍ය බීටා ග්ලොබින් ප්‍රෝටීනය සෑදෙන අතර එම භෂ්මය G වුවහොත් විකෘත වූ බීටා ග්ලොබින් ප්‍රෝටීනය සැදී දෑකැති හැඩති සෛල සහිත රක්ත හීනතාව (Sickle Anemia) ඇති විය හැක. මෙය http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC 000011.10 වෙබ් අඩවියෙන් ලබා ගැනිණි.

1.4. විවිධ ජෛවතාක්ෂණික ආකාර

ජෛවතාක්ෂණය විවිධ වූ උප කොටස් යටතේ අධ්‍යයනය කළ හැකියි. විවිධ පොත් සහ වෙබ් අඩවිවල ඔබට වෙනත් ආකාරයේ වර්ගීකරණ දැක ගත හැකිය. නමුත් පහත දක්වා ඇති වර්ගීකරණය අනුව විස්තර කිරීම තෝරා ගැනීම ඔබට ඕනෑම ආකාරයේ ජෛවතාක්ෂණික භාවිතාවක් තේරුම් ගැනීම පහසුකරනු ඇත.

- ක්ෂුද්‍ර ජීව ජෛවතාක්ෂණය **(Microbial Biotechnology)**
- වෛද්‍ය ජෛවතාක්ෂණය **(Medical Biotechnology)**
- කෘෂිකාර්මික ජෛවතාක්ෂණය **(Agricultural Biotechnology)**
  - ශාක ජෛවතාක්ෂණය **(Plant Biotechnology)**
  - සත්ව ජෛවතාක්ෂණය **(Animal Biotechnology)**
- පාරිසරික ජෛවතාක්ෂණය / ජෛවභායනය **(Environemental Biotechnology / Bioremediation)**

ඉදිරි කොටස් වලදී මේ එක් එක් තාක්ෂණය පිළිබඳව වෙන වෙනම උදාහරණ සහිතව සාකච්ඡා කිරීම අපේක්ෂා කෙරේ.