

## 5. පාරිසරික ජෛවතාක්ෂණය / ජෛවනායනය (Environmental Biotechnology / Bioremediation)

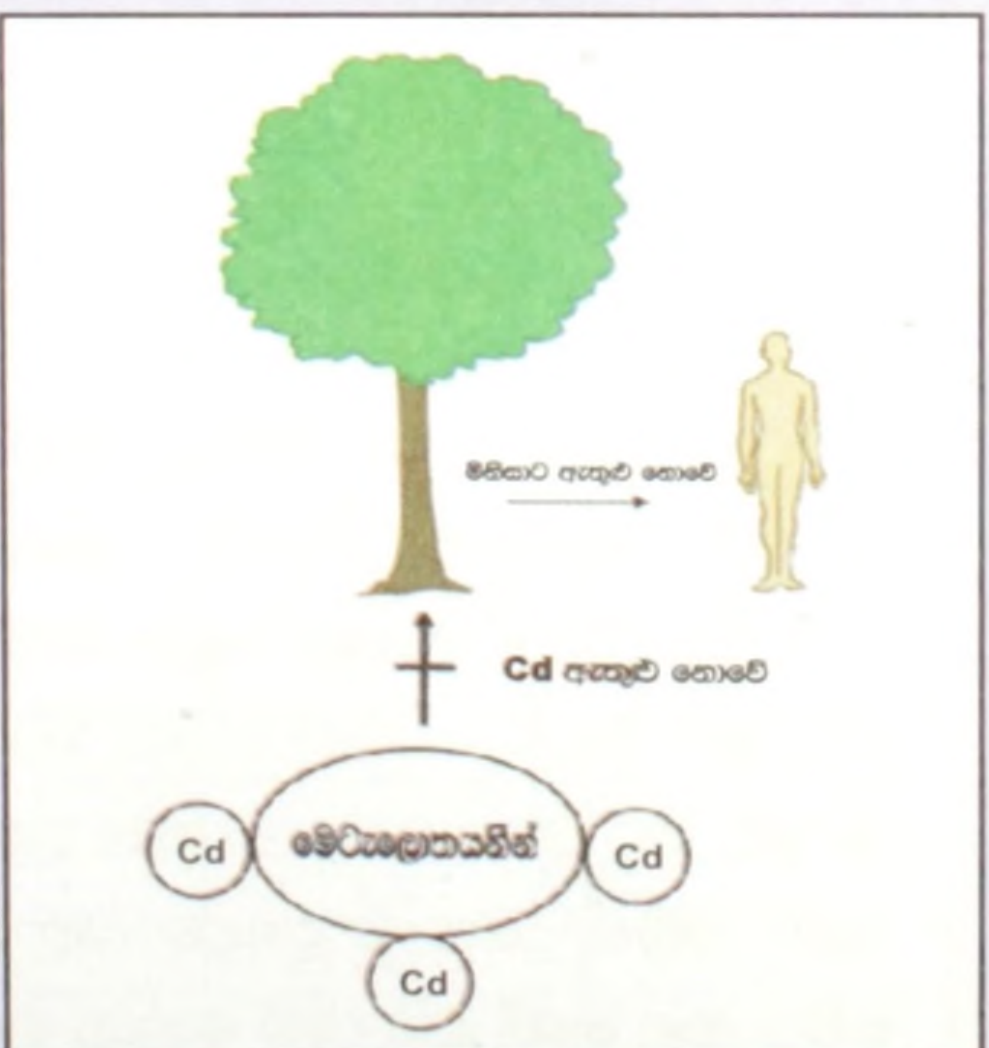
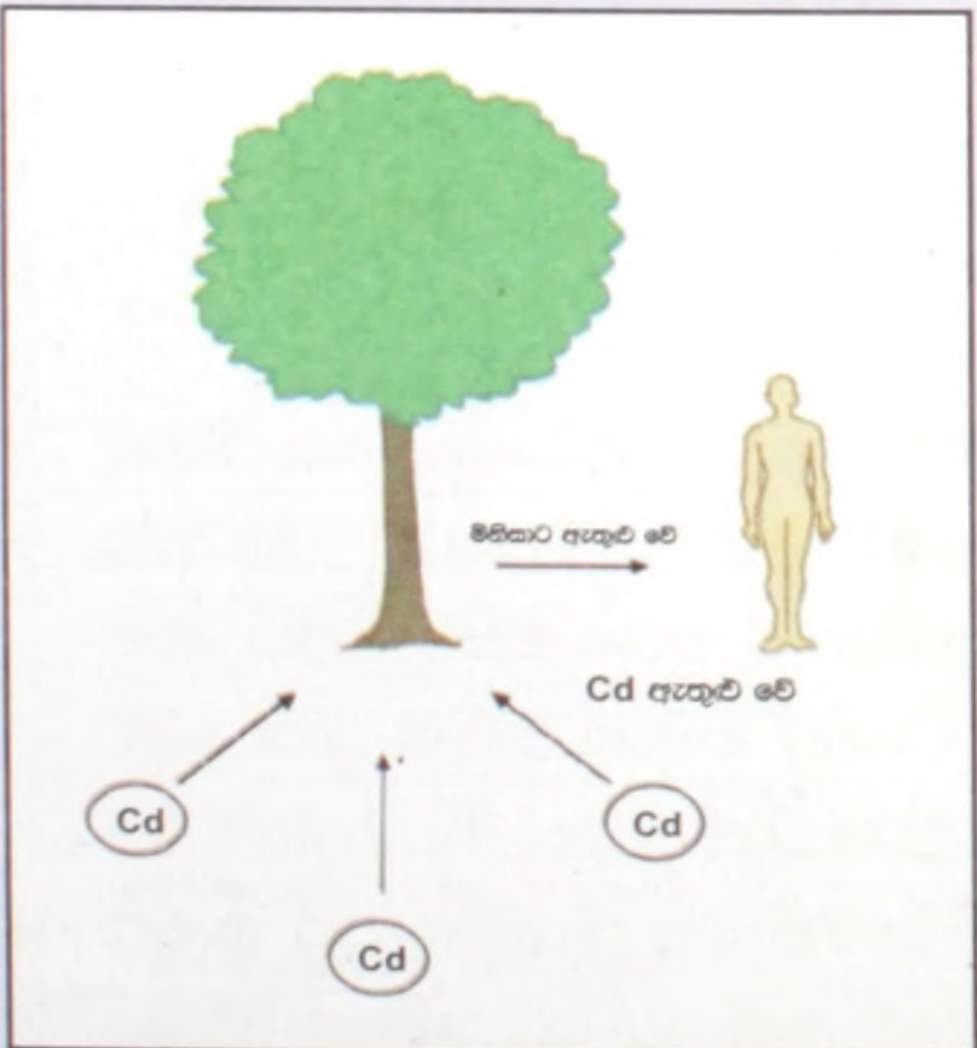
අපද්‍රව්‍ය, කාබනික රසායනික ද්‍රව්‍ය, පලිබෝධනාශක, ආසනික් වැනි බැර ලෝහ, කර්මාන්තශාලා වලින් බැහැර වන අපද්‍රව්‍ය අප ජීවත් වන පරිසරයට හානි කරන බරපතළම හේතු ලෙස දැක්විය හැක. මේවා ශ්‍රී ලාංකීය ජන සමාජය රෝගී කිරීමට මූලිකවම දායක වෙයි.

වර්තමානයේ ශ්‍රී ලංකාවේ සිදුකරන ශීග්‍ර සංවර්ධන ක්‍රියාවලි හමුවේ මෙවැනි අපද්‍රව්‍ය එකතු වීම නොවැළැක්විය හැකි කරුණකි. කෘෂිකාර්මික ජීවන රටාවක් ඇති ලංකාවට පලිබෝධනාශක භාවිතාකිරීමට සිදුවීම නොවැළැක්විය හැකි කරුණකි. මෙවැනි විෂ රසායනික ද්‍රව්‍ය ඉවත් කිරීම හිතන තරම් ලෙහෙසි පහසු නොවේ. ඒ සඳහා අති විශාල ශ්‍රමයක් සහ මූල්‍යමය දායකත්වයක් ලබා දිය යුතු වෙයි. එවන් ශ්‍රමයකින් පිරිසිදු කරගන්නා පරිසරය 100% ක්ම විෂ භාවයෙන් තොරයි කියා පැවසීම ඉතාමත් අපහසුය. ඒ අප මෙහිදී භාවිත කරන්නේ කෘතිම ක්‍රියාවලියක් වීම නිසයි. කෘතිම ක්‍රියාවලියකින් 100% ක්ම සාර්ථක ප්‍රතිඵල ලබාගත නොහැක.

පලිබෝධනාශක භාවිතා නොකර පලිබෝධකයන් විනාශ කිරීමට ජෛවතාක්ෂණය පිළිතුරු සපයනවා සේම මෙසේ පරිසරයට එකතු වූ පලිබෝධනාශක මුළුමනින්ම ඉවත් කිරීමේ හැකියාවද ජෛවතාක්ෂණය සතුවේ.

ක්ෂුද්‍ර ජීවීන් තම ජීවි අවශ්‍යතාව සඳහා යොදා ගන්නා ක්‍රියාවලි උපයෝගී කරගෙන පරිසරයේ ඇති හානිකර විෂ රසායනික ද්‍රව්‍ය ඉවත් කිරීම මෙහිදී සිදු කෙරේ. ගෘහස්ත අපද්‍රව්‍ය විශෝජනය කිරීම, කර්මාන්ත ශාලා සහ කෘෂිකාර්මික බිම් වලින් පිටවන විෂ රසායනික ද්‍රව්‍ය ඉවත් කිරීම සඳහා ජෛවතාක්ෂණය යොදා ගත හැකි බව ඔබට දැන් වැටහෙනවා ඇති. කාබනික ද්‍රව්‍ය විශෝජනය කිරීම සඳහා යොදාගන්නා එන්සයිම භාවිතා කර අපට මෙම විශෝජන ක්‍රියාවලිය වේගවත් කිරීමට හැකියි. එමගින් අපද්‍රව්‍ය විශෝජනය කිරීමට වැය වන ඇති විශාල වූ මුදලත්, ශ්‍රමයත්, ඉතිරි කරගත හැකිවන අතර එම මුදල වෙනත් සංවර්ධන ක්‍රියාවලියකට යොදා ගත හැකිය.

බැර ලෝහ ඉවත් කිරීම ජෛවතාක්ෂණයේ තවත් අතුරුදහන්යකි. ජාන ඉංජිනේරු විද්‍යාව භාවිතා කර අපට මෙටලොතයනින් (Metalathionin) නම් ප්‍රෝටීනය සහිත ක්ෂුද්‍ර ජීවීන් බෝ කිරීමේ හැකියාව තිබේ. මෙම ප්‍රෝටීනය මගින් බැර ලෝහ බැඳ තබාගනියි (29 වන රූපය). මෙසේ බැඳ තබාගන්නා බැර ලෝහ ආහාර දාම කරා නිදහස් වන්නේ නැත. මෙසේ ක්ෂුද්‍ර ජීවීන් විසින් බැඳ තබාගන්නා බැර ලෝහ ශාක කරා නිදහස් වන්නේ නැත. ශාක තම මූල පද්ධතිය හරහා පසේ ඇති මූලද්‍රව්‍ය ලබාගනිති. පසේ ඇති බැර ලෝහත් මේ ආකාරයට ශාක මගින් උරා ගනියි. එම බැර ලෝහ ශාක තුළ තැන්පත්වී ආහාර දාම ඔස්සේ අනිකුත් පෝෂණ මට්ටම් වලට ගලායාමෙන් ජෛව විශාලනය (Biomagnification) නිසා සතුන් මිය යාමත් සිදුවෙයි. ක්ෂුද්‍ර ජීවීන් විසින් රඳවා තබාගන්නා බැර (කැඩ්මියම් වැනි) ලෝහ මෙසේ ජෛව විශාලනයට ලක්නොවේ.



රූපය 29 ක්ෂුද්‍ර ජීවීන් මෙටලොතයනින් ප්‍රෝටීනය මගින් බැර ලෝහ බැඳ තබා ගැනීම (Cd: කැඩ්මියම්)

සාගරයේ සහ ගංගා ආදී ජලාශවල සිදුවන බහිෂ්ත තෙල් ඉවතට ගලා යාම නිසා පරිසරයද ජලජ ජීවීන්ද ඉතාමත් දුෂ්කරතාවයට පත්වෙති. (30 වන රූපය). මෙහිදී ජලජ ජීවීන් දහස් ගණන් මරණයට පත්වෙති. මෙම බහිෂ්ත තෙල් වල ඇති කාබනික සංයෝග දිරාපත් කළ හැකි බැක්ටීරියා ජෛව තාක්ෂණය ආධාරයෙන් නිපදවා ඇත.



රූපය 30 බහිෂ්ත තෙල් ඉවතට ගලා යාම නිසා දැඩි ලෙස අසරණ වූ පක්ෂියෙක්. සත්ව හිතකාමීන්ට මෙම සියලුම ජීවීන් මෙලෙස බේරා ගැනීමට හැකියාවක් ඇත්තේ නැත.

මෙම පින්තූරය 2014 ජූලි මස පස් වන දින

<http://battlecreekenquirer.com/> සහ <http://aviewfromtheright.com> යන වෙබ්

පිටුවෙන් ලබා ගැනිණි.

සමහර ශාක වලටද පසේ තිබෙන විෂ ද්‍රව්‍ය උරාගෙන පස පිරිසිදු කිරීමේ හැකියාව තිබේ. මෙය ශාක මඟින් සිදුකරන භායනස (Phytoremediation) ලෙස හැඳින්වෙනවා. ඒ අතර ශීෂ්ට් වලින් වෙන් කර ගත් ඕල්ඩ් යෙලෝ (Old Yellow Gene) නමැති ජානය ශාක වලට ඇතුළු කර එම ශාක යුද්ධ නිසා පුපුරණ ද්‍රව්‍ය (Tri-Nitro-Toluene/TNT වැනි) වලින් දුෂිත වූ ප්‍රදේශ වල වගාකිරීමෙන් එම තැන්වල පස් නැවත පවිත්‍ර කළ හැකි බව දැන් සොයා ගෙන තිබේ. පශ්චාත් යුධ සමයක තිබෙන ශ්‍රී ලංකාවට මෙවැනි දෑ වැදගත්ය.

## 6. ජෛව තොරතුරු තාක්ෂණය (Bioinformatics)

DNA සෑදී ඇත්තේ A, T, G සහ C යන හේම බව අප සාකච්ඡා කරන ලදී. DNA වලින් තැනී ඇති ජාන දැක්වෙන්නේද A, T, G සහ C යන හේම වලින් බව ඔබ හඳුනා ගන්නා ලදී. මෙම ජාන මගින් ලක්ෂණ (උස මිටි, පොකුටු කෙස් දිගැටි කෙස්, බීටා කැරොටින් ඇති නැති ආදිය) පාලනය කිරීමේදී ප්‍රෝටීන සෑදේ. මෙම ප්‍රෝටීනද මූලිකව තැනෙන්නේ ඇමයිනෝ අම්ල නම් රසායනික සංඝටක 20ක් (වගුව 3) නිශ්චිත සංඛ්‍යා වලින් නිශ්චිත රටා වලින් රේඛීය ආකාරයට බැඳීමෙනි. පසුව මෙම ප්‍රෝටීන රසායනිකව විවිධ විශේෂිත හැඩ ගෙන තමන් නිපදවීමට තොරතුරු සැපයූ ජානයට අදාළ ක්‍රියාව සිදුකරයි.

වගුව 3 ප්‍රෝටීන සෑදෙන ඇමයිනෝ අම්ල සහ ඒවා දක්වන සම්මත සංකේත

ඇමයිනෝ අම්ලය	අකුරු තුනේ සංකේතය	තනි අකුරේ සංකේතය
ඇලනින් (Alanine)	Ala	A
ආර්ජිනින් (Arginine)	Arg	R
ඇස්පරජින් (Asparagine)	Asn	N
ඇස්පාර්ටික් ඇසිඩ් (Aspartic acid)	Asp	D
සිස්ටේයින් (Cysteine)	Cys	C
ග්ලූටමික් ඇසිඩ් (Glutamic acid)	Glu	E
ග්ලූටමින් (Glutamine)	Gln	Q
ග්ලයිසින් (Glycine)	Gly	G
හිස්ටිඩින් (Histidine)	His	H
අයිසෝ ලෙයුසින් (Isoleucine)	Ile	I
ලෙයුසින් (Leucine)	Leu	L
ලයිසින් (Lysine)	Lys	K
මෙතියොනින් (Methionine)	Met	M
ෆිනයිල් ඇලනින් (Phenylalanine)	Phe	F
ප්‍රෝලින් (Proline)	Pro	P
සේරින් (Serine)	Ser	S
ත්‍රියොනින් (Threonine)	Thr	T
ට්‍රිප්ටොපන් (Tryptophan)	Trp	W
ටයිරෝසින් (Tyrosine)	Tyr	Y
වැලින් (Valine)	Val	V

නූතන තාක්ෂණයේ බල මගියෙන් මෙම ජාන, පිනෝම සහ ප්‍රෝටීන වල හිමිම හෝ ඇමයිනෝ අම්ල වල අනුපිළිවෙල කියවීම ඉතා බහුලව සිදුවේ. ජෛව තාක්ෂණයේදී නව ජාන සහ ප්‍රෝටීන සොයා ගැනීමට විකෘති වූ ජාන සහ ප්‍රෝටීන සොයා ගැනීමට, පීවීන් අතර පිනෝමවල සමානකම් සොයා බැලීම වැනි දෑට මෙසේ හිමිම / ඇමයිනෝ අම්ල අනුපිළිවෙලයන් කියවීම ඉතාම වැදගත් ය. නමුත් මෙම ජාන, පිනෝම සහ ප්‍රෝටීන වල දිග එනම් හිමිම / ඇමයිනෝ අම්ල සංඛ්‍යාවන් ඉතා වැඩියි. ඇසින් බලා තේරුම් ගැනීම, සංසන්දනය කිරීම, පිනෝමය තුළ ජාන ඇති තැන් සොයා ගැනීම කළ නොහැකියි. මෙය සිදුකිරීම සඳහා අපට පරිගණක (Computers) භාවිතයෙන් තොරතුරු තාක්ෂණ (Information technology) උපක්‍රම සහ මෙවලම් යොදා ගැනීමට සිදු වේ.

මෙසේ තොරතුරු තාක්ෂණික ක්‍රමවේදයන් (පරිගණක තාක්ෂණය, ගණිතය, සංඛ්‍යානය ආදී) භාවිතා කරමින් ජාන, පිනෝම, ප්‍රෝටීන සහ ආශ්‍රිත සියලු තොරතුරු රැස් කල පසු දත්ත සංචිත (Databases) ලෙස ගබඩා කිරීම (Storage), නැවත අවශ්‍ය විට ඉතා ලෙහෙසියෙන් කියවීමට (Retrieval) සහ විශ්ලේෂණයට සුදුසු ලෙස නිරීක්ෂණ ක්‍රම (Analysis and Visualization) සහ සමීකරණ (Algorithms) එම දත්ත ගොනු හා බද්ධ කිරීම සහ අවසානයේ එම ජාන, පිනෝම, ප්‍රෝටීන ආදිය මගින් ජෛව ක්‍රියා සිදුකරන අන්දම තේරුම් ගැනීම ජෛව තොරතුරු තාක්ෂණය (Bioinformatics) ලෙස අර්ථ දැක්වේ. මෙම තොරතුරු රැස්කර අවශ්‍ය අයට භාවිතා කිරීම සඳහා ගොනු කර ඇති වෙබ් අඩවි ලැයිස්තුවක් වගුව 4හි දැක්වේ.

වගුව 4 ජෛව තොරතුරු තාක්ෂණික දත්ත සංචිත සහිත වෙබ් අඩවි

දත්ත සංචිතය	වෙබ් අඩවිය
ප්‍රාථමික ප්‍රෝටීන අනුපිළිවෙල (අැමයිනෝ අම්ල වල) Protein sequence (Primary)	
SWISS-PROT	<a href="http://www.expasy.ch/sprot/sprot-top.html">www.expasy.ch/sprot/sprot-top.html</a>
PIR-International	<a href="http://www.mips.biochem.mpg.de/proj/protseqdb">www.mips.biochem.mpg.de/proj/protseqdb</a>
සමස්ත ප්‍රෝටීන අනුපිළිවෙල Protein sequence (composite)	
OWL	<a href="http://www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/OWL">www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/OWL</a>
NRDB	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=Protein">www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=Protein</a>
ද්විතියික ප්‍රෝටීන අනුපිළිවෙල Protein sequence (secondary)	
PROSITE	<a href="http://www.expasy.ch/prosite">www.expasy.ch/prosite</a>
PRINTS	<a href="http://www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/PRINTS/PRINTS.html">www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/PRINTS/PRINTS.html</a>
Pfam	<a href="http://www.sanger.ac.uk/Pfam/">www.sanger.ac.uk/Pfam/</a>
මහා අණුවල ව්‍යුහ Macromolecular structures	
Protein Data Bank (PDB)	<a href="http://www.rcsb.org/pdb">www.rcsb.org/pdb</a>
Nucleic Acids Database (NDB)	<a href="http://ndbserver.rutgers.edu/">ndbserver.rutgers.edu/</a>
HIV Protease Database	<a href="http://www.ncifcrf.gov/CRYSHIVdb/NEW_DATABASE">www.ncifcrf.gov/CRYSHIVdb/NEW_DATABASE</a>
ReLiBase	<a href="http://www2.ebi.ac.uk:8081/home.html">www2.ebi.ac.uk:8081/home.html</a>
PDBsum	<a href="http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/pdbsum">www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/pdbsum</a>
CATH	<a href="http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/cath">www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/cath</a>
SCOP	<a href="http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop">scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop</a>
FSSP	<a href="http://www2.embl-ebi.ac.uk/dali/fssp">www2.embl-ebi.ac.uk/dali/fssp</a>
DNA හේම අනුපිළිවෙල Nucleotide sequences	
GenBank	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank">www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank</a>
EMBL	<a href="http://www.ebi.ac.uk/embl">www.ebi.ac.uk/embl</a>
DDBJ	<a href="http://www.ddbj.nig.ac.jp">www.ddbj.nig.ac.jp</a>
ජිනෝම වල හේම අනුපිළිවෙල Genome sequences	
Entrez genomes	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=Genome">www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=Genome</a>
GeneCensus	<a href="http://bioinfo.mbb.yale.edu/genome">bioinfo.mbb.yale.edu/genome</a>
COGs	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG">www.ncbi.nlm.nih.gov/COG</a>
ඉහත සංචිත ඒකාබද්ධ කල සංචිත Integrated databases	
InterPro	<a href="http://www.ebi.ac.uk/interpro">www.ebi.ac.uk/interpro</a>
Sequence retrieval system (SRS)	<a href="http://www.expasy.ch/srs5">www.expasy.ch/srs5</a>
Entrez	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez">www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez</a>

ඇමෙරිකා එක්සත් ජනපදයේ යේල් විශ්ව විද්‍යාලයේ ආචාර්ය එන්. එම්. ලුස්කොම්බ් සහ පිරිස විසින් පලකල ලිපියක් ඇසුරිනි.

මෙහිදී GenBank ([www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank)) යන වෙබ් අඩවිය ඇමෙරිකා එක්සත් ජනපදයේ ජෛවතාක්ෂණය පිලිබඳ ජාතික ආයතනය (National Center for Biotechnology Information) මගින් පවත්වා ගෙන යන අතර එය මේ ක්ෂේත්‍රයේ බහුලවම භාවිතා වන වෙබ් අඩවියයි. මෙහි 2013 වසර අවසන් වන විට එකිනෙකට වෙනස් DNA අණු වල හෂ්ම අනුපිළිවෙල 654613333676 සංඛ්‍යාවක් පැවතුණි. මෙම ගණන වසරකට 45.1% කින් වර්ධනය වන බව දැක්වේ. ඒ අනුව ජෛව තාක්ෂණය හා සම්බන්ධව ලොව පුරා සිදුවන පර්යේෂණ අනන්ත සංඛ්‍යාව ගැන සිතා ගත හැකියි නේද? මෙම සියලුම දත්ත විද්‍යාඥයින් විසින් සිදුකරන පර්යේෂණ වල ප්‍රතිඵල වන අතර ඒවා අනෙකුත් විද්‍යාඥයින්ගේ ප්‍රයෝජන සඳහා මේ ආකාරයෙන් පරිගණක ගත කොට තිබේ.

මානව ජිනෝමය හෂ්ම යුගල් බිලියන 3 කින් සැදී තිබේ. එය අන්තර්ජාලයේ දැක්වෙන අයුරු 31 වන රූපය මගින් සැකෙවින් දක්වා ඇති අන්දම බලන්න. 32 වන රූපය මගින් එහි කුඩාම වර්ණදේහයේ දළ සැකැස්ම දැක්වෙන අන්දමත් එහි ඇති වැදගත්ම ජානය වන *SRY* (Sex-Determination Region of Y chromosome) Y වර්ණදේහයේ ඇති ලිංග නිර්ණය කරන ප්‍රදේශය) ජානයට අදාළ හෂ්ම අනුපිළිවෙල, *SRY* ප්‍රෝටීනයේ ඇමයිනෝ අම්ල අනුපිළිවෙල සහ *SRY* ප්‍රෝටීනයේ ව්‍යුහය මෙම තොරතුරු සඳහා උදාහරණයක් ලෙස පෙන්වා ඇති අන්දම බලන්න.

BLAST search Homo sapiens sequences



Usage: Escherichia, Mirus, Chlamy, Clostr, Coxi, Yersinia, Enterobacter, Moraxella, Eubacter, Escherichia, Zoonos, Haplophos, Citrobac, Hemophil, Homo, Homo, agnata

February 2014, Annotation Release 106

This full annotation can include the following assembly(s):

- GRCh38 (accession GCF\_000001405.2)
- CHM1\_1.1 (accession GCF\_000006651.1)
- Haldor (accession GCF\_000002125.1)

The NCBI Map Viewer provides graphical displays of features on the genome assembly. Map features that can be seen along the sequence include annotated genes and transcripts, GeneMark-predicted genes and transcripts, mapped transcripts and protein sequences, RefSeq repeats (the Contig map), the assembly tiling path (the Component map), and more. For some species, additional non-sequence maps such as Genetic maps, Radiation hybrid maps, and others may be available.

Available Databases:

- Annotation Report
- Intron Maps Help
- General Map Viewer Help
- NCBI Handbook Map Viewer chapter
- NCBI Handbook Map Viewer glossary
- NCBI Annotation Project
- Genomes

Genome | HumanGenomeData  
NCBI | Map | 106

රූපය 31 මානව පිනෝමය වන වර්ණ දේහවලට සාපේක්ෂව ඉතා සැකෙවින් දක්වා ඇති අයුරු



මෙම මානව *SRY* ප්‍රෝටීනය විමිපන්සියාගේ ඒ වෙනුවෙන් ඇති ප්‍රෝටීනය සමඟ සංසන්දනාත්මකව රූපය 33 මඟින් දක්වා ඇත.

human	MQSYASAMLSVFN	SDDYSPAVQENIPALRRSS	SSFLCTESCNSKYQCETGENSKGNVQDRV	60
chimpanzee	MQSYASAMLSVFN	SDDYSPAVQQNIIPALRRSS	SSFLCTESYNSKYQRETGENSKDSVQDRV	60
	*****:***** ..*****			
human	KRPMNAFIVWSRD	QRRKMALENPRMRNSEISKQLGYQWKMLTEAEKWPFFQEAQKLQAMH	120	
chimpanzee	KRPMNAFFVWSRD	QRRKMALENPRMRNSEISKQLGYQWKMLTEAEKWPFFQEAQKLQAMH	120	
	*****:*****			
human	REKYPNYKYRPRR	KAKMLPKNC	SLLPADPASVLCSEVQLDNRLYRDDCTKATHSRMEHQL	180
chimpanzee	REKYPNYKYRPRR	KANMLPKNC	SLLPADPASVLCSEVQLDNRLYRDDCTKATHSRMEHQL	180
	*****:*****			
human	GHLPPINAASSP	QQRRDRYSHWTKL	204	
chimpanzee	GHLPPINAASSP	QQRRDRYSHWTKL	204	
	*****			

රූපය 33 මිනිසාගේ සහ විමිපන්සියාගේ *SRY* ප්‍රෝටීන අතර සංසන්දනයක් සරලව දක්වා ඇත. ( ස්ථාන 5ක ඇති වෙනස්කම් බලන්න. දැන් ඔබට තේරුම් ගත හැකිද ජීවින් පරිණාමිකව එකිනෙකාට හැකිම දක්වන බව (Clustal W (<http://www.ebi.ac.uk/Tools>) මෘදුකාංගය මඟින් Genbank ඇති තොරතුරු ආධාරයෙන් මෙම පොතෙහි පෙන්නීම සඳහා ගොඩ නැංවිණි).

මෙසේ පේළි තොරතුරු තාක්ෂණය මඟින් ඉතා පුළුල් සහ විස්තරාත්මකව ජීවින්ගේ ජාන සහ ප්‍රෝටීන වල වැදගත් තොරතුරු උකහා ගත හැක. පෙරදී මෙන් නොව ජීවය පිළිබඳව අපගේ දැනුම මේ තුලින් ඉතා ශීඝ්‍ර ලෙස වැඩිවෙමින් පවතී. ජීව විද්‍යාවට සහ පරිගණක තාක්ෂණයට එකසේ ඇතිම කරන දරුවනට අනාගතය සඳහා මෙය ඉතා හොඳ ක්ෂේත්‍රයකි.