

गुणसूत्र**(The Chromosomes)**

क्रोमोसोम (अभिरंजित जीवद्रव्य काय) की खोज 1842 में नगेली (Nageli) एवं 1849 में हॉफमेस्टर (Hofmeister) नामक वैज्ञानिक ने की। क्रोमोसोम (गुणसूत्र) शब्द का प्रयोग सर्वप्रथम 1888 में बेलडेयर (Waldeyer) नामक वैज्ञानिक ने किया। गुणसूत्रों को केवल कोशिका विभाजन के समय (समसूत्री विभाजन या अर्धसूत्री विभाजन) ही देखा जा सकता है। अन्तरावस्था (Interphase) के दौरान क्रोमोसोम संघनित होकर एक जाल तन्त्र का निर्माण करते हैं। इस जाल तन्त्र को क्रोमेटिन जाल (Chromatin net) कहते हैं।

11.1 गुणसूत्र (Chromosome) की व्याख्या कीजिए, तथा इसके रासायनिक संघटन की विवेचना करें। (C.C.S.U. Meerut 1995, 97, 98, 2002)

गुणसूत्र की परिभाषा (Definition of Chromosome)

नाभिक में जीन युक्त संरचनाओं को गुणसूत्र कहते हैं। प्रोकैरियोट्स में यह न्यूक्लियोइड (Nucleoid) में रहते हैं।

गुणसूत्रों का संगठन एवं कार्य विशिष्ट होते हैं। इनमें निम्न गुण होते हैं :

1. इनमें स्वयं जनन या पुनरावृत्ति (Self replication) होती है।
2. क्षारीय अभिरंजकों (Basic dyes) से यह अभिरंजित हो जाते हैं।
3. यह अल्ट्रावायलेट (Ultraviolet) प्रकाश किरणों को अवशोषित करते हैं।
4. एक प्रजाति (Species) में इनकी संख्या एवं आकृति निश्चित एवं अपरिवर्तनीय होती है।

रासायनिक संरचना (Chemical Composition)

गुणसूत्र क्रोमेटिन से निर्मित होते हैं। क्रोमेटिन में प्रोटीन एवं नाभिकीय अम्ल (Nucleic acids) होते हैं।

प्रोटीन (Protein)

गुणसूत्रों में निम्नलिखित दो प्रकार की प्रोटीन होती हैं :

- (a) **क्षारीय या हिस्टोन प्रोटीन (Basic or histone proteins)** : इनमें धनात्मक विद्युत आवेश (Positive charge) वाले एमीनो अम्ल प्रचुर मात्रा में होते हैं (20 से 30% Arginine एवं Lysine)। धनात्मक आवेश होने के कारण ही हिस्टोन, DNA के निगेटिव चार्ज युक्त फास्फेट से सम्बद्ध रहता है।

हिस्टोन प्रोटीन के दो समूहों में विभक्त किया जा सकता है। प्रथम समूह में न्यूक्लियोसोमल हिस्टोन (Nucleosomal histones) होते हैं। इनके नाम H2A, H2B, H3 एवं H4 हैं।

द्वितीय समूह में H1 हिस्टोन आता है।

हिस्टोन प्रोटीन समस्त यूकैरियोटिक कोशिकाओं के गुणसूत्रों में उपस्थित होती हैं परन्तु शुक्राणुओं में इनके स्थान पर प्रोटामिन (Protamine) प्रोटीन होती है।

प्रोकैरियोटिक कोशिकाओं एवं कणाणुओं तथा हरित लवकों के गुणसूत्र में हिस्टोन नहीं होते।

- (b) **नॉनहिस्टोन प्रोटीन (Nonhistone proteins)** : यह अनेक प्रकार के होते हैं। अधिकांश अम्लीय (Acidic) एवं निगेटिव आवेश युक्त होते हैं।

नाभिकीय अम्ल (Nucleic acids) : यह दो प्रकार के होते हैं :

(a) **Deoxyribonucleic acid (DNA)**, एवं

(b) **Ribonucleic acid (RNA)**

गुणसूत्रों में 45% DNA होता है (शेष प्रोटीन एवं अन्य पदार्थ होते हैं)। DNA आनुवंशिक पदार्थ है एवं आनुवंशिक सूचनाएं (Genetic informations) रखता है। RNA की कुछ मात्रा क्रोमेटिन के सम्पर्क में रहती है।

वसा, कार्बोहाइड्रेट्स एवं धातुओं के आयन गुणसूत्रों में सूक्ष्म मात्रा में होते हैं। Ca^{2+} , Mg^{2+} एवं Fe^{2+} आयन DNA को DNA से एवं प्रोटीन से सम्बद्ध (Link) करते हैं।

11.2 आधुनिक खोजों के आधार पर गुणसूत्र की संरचना एवं कार्य का वर्णन कीजिए।

(C.C.S.U. Meerut 1997, 98, 2000, 02)

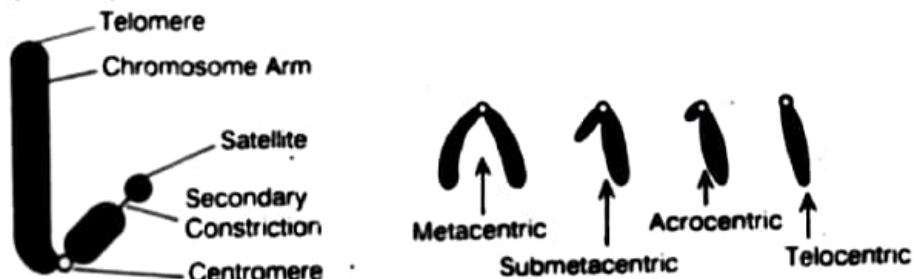
यूकैरियोटिक गुणसूत्र की संरचना (Structure of eukaryotic chromosome)

अन्तरावस्था (Interphase) में क्रोमोसोम नाभिक में क्रोमेटिन जालक के रूप में होते हैं। कोशिका विभाजन के प्रारम्भ में यह जालक संघनित होता है और गुणसूत्र अलग-अलग हो जाते हैं। गुणसूत्रों की संरचना माइटोसिस कोशिका विभाजन की मेटाफेज और एनाफेज (Metaphase and anaphase) प्रावस्थाओं में देखी जाती है। एक गुणसूत्र में क्रोमेटिड, क्रोमोनीमा, क्रोमोमीयर, सेन्ट्रोमीयर, काइनेटोकोर, सेटेलाइट, सैकेन्डरी कॉन्स्ट्रिक्शन एवं न्यूक्लियोलर ऑर्गेनाइजर होते हैं।

- क्रोमेटिड्स (Chromatids)** : मेटाफेज प्रावस्था में प्रत्येक गुणसूत्र में दो धागे के समान समरूपी (Identical) संरचनाएं होती हैं। इन्हें क्रोमेटिड्स कहते हैं। एक गुणसूत्र के दोनों क्रोमेटिड्स को सिस्टर क्रोमेटिड्स (Sister chromatids) कहते हैं। दोनों क्रोमेटिड्स एक बिन्दु से आपस में संयुक्त रहते हैं। इस बिन्दु को गुणसूत्र बिन्दु (Centromere) कहते हैं। एक क्रोमेटिड DNA के एक अणु से निर्मित होता है।
- कुण्डल सूत्र (Chromonema)** : कुछ वर्षों पूर्व तक यह माना जाता था कि प्रत्येक क्रोमेटिड में दो क्रोमोनीमा होते हैं। अब यह निश्चित हो चुका है कि क्रोमेटिड में क्रोमोनीमा नहीं होते।
- रंग्य कण (Chromomere)** : अन्तरावस्था (Interphase) में यह क्रोमेटिन में मोती के रूप में दिखाई पड़ते हैं। यह DNA के अधिक संघनित अंश होते हैं। इनमें DNA के अधिक कसे हुए कुण्डल (Tightly packed coils of DNA) होते हैं। मेटाफेज प्रावस्था में सम्पूर्ण गुणसूत्र अत्यधिक संघनित होता है इसलिये क्रोमोमीयर्स दिखाई नहीं पड़ते।
- गुणसूत्र बिन्दु या प्राथमिक संकुचन (Centromere or primary constriction)** : अधिकांश गुणसूत्रों में एक सेन्ट्रोमीयर होता है पर इनकी संख्या अधिक भी हो सकती है। सेन्ट्रोमीयर की संख्या के आधार पर गुणसूत्र निम्न प्रकार के होते हैं :
 - मोनोसेन्ट्रिक (Monocentric)** : एक गुणसूत्र में एक सेन्ट्रोमीयर

- (b) **डाइसेन्ट्रिक (Dicentric)** : एक गुणसूत्र में दो सेन्ट्रोमीयर
 (c) **पॉलीसेन्ट्रिक (Polycentric)** : एक गुणसूत्र में दो से अधिक सेन्ट्रोमीयर होते हैं।
 (d) **डिफ्यूज्ड सेन्ट्रोमीयर (Diffused centromere)** : एक गुणसूत्र में अनेक सेन्ट्रोमीयर होते हैं। ऐसे गुणसूत्र कुछ शैवालों एवं कुछ कीटों (Insects) में होते हैं।

- (e) **एसेन्ट्रिक (Acentric)** : गुणसूत्र में कोई सेन्ट्रोमीयर नहीं होता। ऐसे गुणसूत्र वास्तव में गुणसूत्रों के टूटे हुए टुकड़े होते हैं। यह जीवित नहीं रहते। कोशिका विभाजन में यह लुप्त हो जाते हैं।



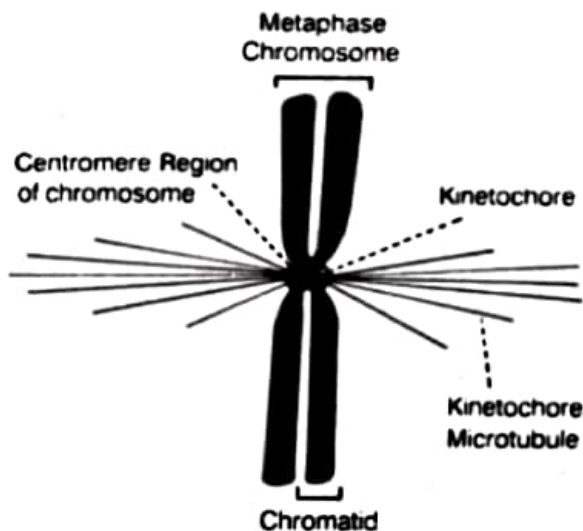
चित्र 11.1 सेन्ट्रोमीयर की स्थिति के आधार पर विभिन्न प्रकार के गुणसूत्र

कोशिका विभाजन की एनाफेज (Anaphase) प्रावस्था में गुणसूत्र विपरीत ध्रुवों की ओर खिंचते हैं। इस गति (Movement) से गुणसूत्र की दोनों भुजाएँ सेन्ट्रोमीयर के बिन्दु पर कोण बनाते हुए मुड़ जाती हैं और गुणसूत्र एक विशिष्ट आकृति बनाते हैं (चित्र 11.1)। गुणसूत्रों को सेन्ट्रोमीयर की स्थिति के आधार पर निम्न नाम दिये गए हैं :

- (a) **अन्तसूत्री (Telocentric)** : सेन्ट्रोमीयर गुणसूत्र के सिरे पर स्थित होता है। ऐसे गुणसूत्र दण्डाकार होते हैं और इनमें एक ही भुजा होती है।
 (b) **शिखरस्थ या अग्र बिन्दु (Acrocentric)** : सेन्ट्रोमीयर गुणसूत्र के सिरे के निकट स्थित होता है। इन गुणसूत्रों में एक बड़ी एवं एक बहुत छोटी भुजा (Arm) होती है।
 (c) **उपमध्यकेन्द्री (Submetacentric)** : सेन्ट्रोमीयर की स्थिति गुणसूत्र के मध्य बिन्दु से कुछ हट कर होती है। गुणसूत्र की दोनों भुजाएँ असमान लम्बाई की होती हैं। Anaphase stage में ऐसे गुणसूत्र 'L' या 'J' जैसी आकृति में होते हैं।
 (d) **मध्यकेन्द्री (Metacentric)** सेन्ट्रोमीयर गुणसूत्र के लगभग मध्य में होता है। गुणसूत्र की दोनों भुजाएँ लगभग समान लम्बाई की होती हैं। Anaphase stage में ऐसे गुणसूत्र 'V' के आकार में होते हैं।

5. **गति केन्द्र (Kinetochores)** : कोशिका विभाजन की Prophase अवस्था के लगभग अन्त में दो काइनेटोकोर (प्रत्येक सिस्टर क्रोमेटिड में एक) सेन्ट्रोमीयर की विपरीत सतहों पर विकसित होते हैं (चित्र 11.2)।

काइनेटोकोर RNA एवं प्रोटीनों से निर्मित एक डिस्क के आकार की त्रिस्तरीय (Trilaminar) संरचना होती है। इसमें प्रोटीन का सघन बाह्य स्तर, कम घनत्व वाला मध्य स्तर एवं सघन अन्तः स्तर होता है। अन्तः स्तर सेन्ट्रोमीयर के DNA से घनिष्ठ रूप में संयुक्त रहता है। प्रोफेज (Prophase) के अन्त में कुछ सूक्ष्म नलिकाएँ (Microtubules) काइनेटोकोर से जुड़ जाती हैं। सूक्ष्म



चित्र 11.2 गति केन्द्र या काइनेटोकोर

नलिकाएं गुणसूत्रों को ध्रुवों की ओर गति करते समय बल (Force) प्रदान करती हैं।

6. **अन्त खण्ड (Telomere) :** गुणसूत्रों के छोर या दोनों किनारों (Tips or ends) को टेलोमीयर कहते हैं। इनमें विशेष गुण होते हैं। गुणसूत्रों के टूटने पर उनके टूटे हुए किनारे चिपचिपे (Sticky) होते हैं एवं सम्पर्क में आने पर दूसरे टूटे टुकड़ों से जुड़ जाते हैं। गुणसूत्रों के टेलोमीयर वाले सिरे स्थायी होते हैं एवं गुणसूत्र के किसी भी भाग से नहीं जुड़ते।
परासंरचना (Ultrastructure) : DNA अणु के अन्तः खण्ड (Telomere) में 5 से 8 न्यूक्लियोटाइड्स (Nucleotides) के क्रम की अनेक बार पुनरावृत्ति होती है। मनुष्य में TTAGGG की पुनरावृत्ति 250 से 1000 बार तक होती है। यह क्रम सभी कशेरुकी जन्तुओं (Vertebrates) एवं एक कोशिकीय प्रोटोजोआ ट्रिपेनोसोमा, (*Trypanosoma*), में होता है। अत्यधिक Guanine (G) युक्त DNA का यह भाग एक सूत्री (Single stranded) होता है। यह DNA Hair pin की भाँति मुड़ा होता है एवं यहाँ G = G युग्मन (Pairing) होता है।
7. **द्वितीयक एवं तृतीयक संकुचन (Secondary and tertiary constrictions) :** प्रत्येक कोशिका में एक या अधिक गुणसूत्रों में प्राथमिक संकुचन (Centromere) की भाँति ही द्वितीयक एवं कभी-कभी तृतीयक संकुचन भी होते हैं पर इन स्थानों पर गुणसूत्रों में कोई झुकाव (Angular deviation) नहीं होता। द्वितीयक संकुचन केन्द्रिका (Nucleolus) से सम्बद्ध रहते हैं। तृतीयक संकुचन का महत्व अभी तक ज्ञात नहीं है।
8. **केन्द्रिका संगठन क्षेत्र (Nucleolar organizer region) :** कुछ द्वितीयक संकुचनों के DNA के जीन 18S एवं 28S राइबोसोम के RNAs का निर्माण करते हैं एवं नवीन केन्द्रिका के गठन को प्रेरित करते हैं। ऐसे द्वितीयक संकुचनों को केन्द्रिका संगठन क्षेत्र कहते हैं। मनुष्य में ऐसा क्षेत्र 13, 14, 15, 21 एवं 22वें गुणसूत्रों में होता है।
9. **सैटेलाइट या अनुचांग (Satellite) :** यह एक गोलाकार पिंड है। यह शेष गुणसूत्र से द्वितीयक संकुचन के द्वारा पृथक रहता है। कोशिका के कम से कम एक गुणसूत्र में सैटेलाइट अवश्य होता है।
10. **आधारक (Matrix) :** सामान्यतया गुणसूत्र विभिन्न प्रकार के अणुओं से ढके रहते हैं। इन अणुओं में राइबोन्यूक्लियो प्रोटीनों (Ribonucleo-proteins) के अणु अधिक मात्रा में होते हैं।

गुणसूत्र की परासंरचना (Ultrastructure of Chromosome)

न्यूक्लियोसोम मॉडल (Nucleosome model)

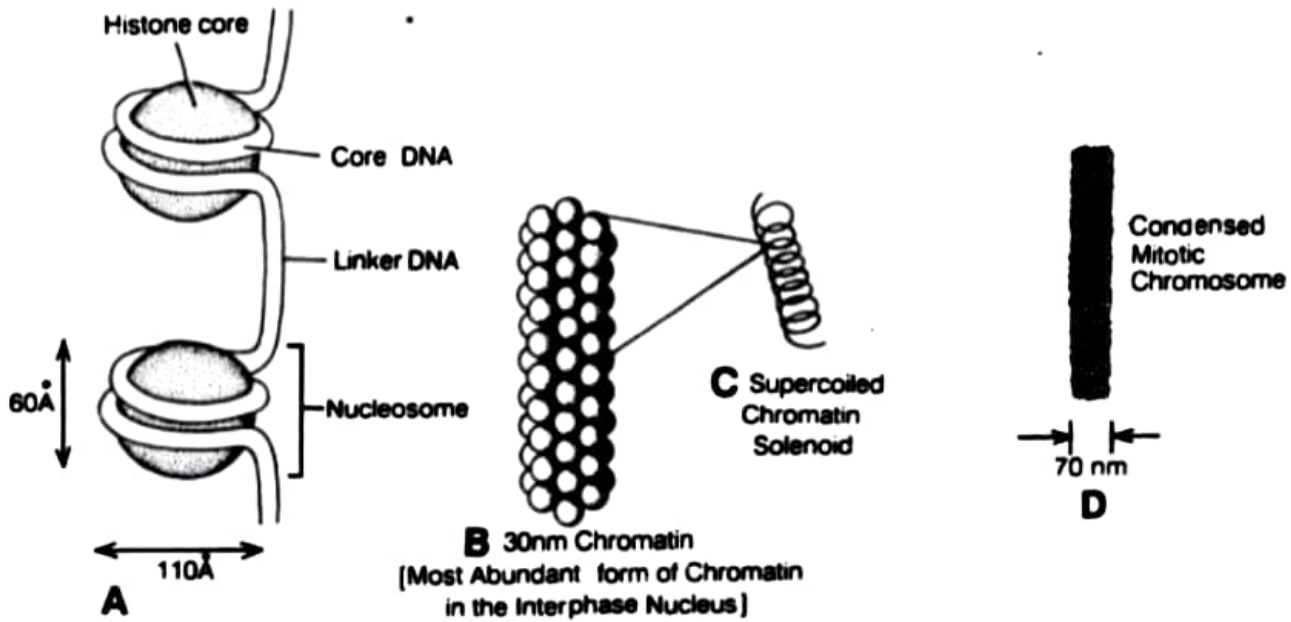
गुणसूत्रों का न्यूक्लियोसोम मॉडल आर० डी० कोर्नबर्ग एवं जे० ओ० थॉमस (R. D. Kornberg and J. O. Thomas) ने 1974 में प्रस्तुत किया था। न्यूक्लियोसोम (Nucleosome) शब्द का प्रयोग सर्वप्रथम Oudet एवं साथियों (1975) ने किया था।

इलेक्ट्रॉन सूक्ष्मदर्शी के द्वारा गुणसूत्र मोती की लड़ी (Chain of beads) की भाँति दिखाई पड़ते हैं। इन मोतियों को न्यूक्लियोसोम (Nucleosome) कहते हैं। इनका व्यास 11 nm या 110 Å होता है। ये एक 10 nm तन्तु (Fiber) बनाते हैं।

न्यूक्लियोसोम (Nucleosome) में एक हिस्टोन कोर (Histone core) होता है। कोर में H2A, H2B, H3 एवं H4 हिस्टोन प्रोटीनों के दो-दो अणु होते हैं। इस प्रकार आठ अणु संयुक्त होकर एक ऑक्टामर (Octamer) निर्मित करते हैं।

द्विसूत्री (Double stranded) DNA कोर के चारों ओर दो कुण्डल (Coils) बनाता है। प्रत्येक कुण्डल में 83 न्यूक्लियोटाइड्स (Nucleotides) होते हैं। न्यूक्लियोसोम में DNA जिस दिशा से प्रवेश करता है उसी दिशा से बाहर निकलता है। प्रवेश करने वाले एवं बहिर्गमन करने वाले DNA से H1 हिस्टोन प्रोटीन संयुक्त होकर DNA कुण्डलों को सील (seal) कर देता है। यह सम्पूर्ण संरचना न्यूक्लियोसोम कहलाती है (चित्र 11.3A)। एक न्यूक्लियोसोम दूसरे न्यूक्लियोसोम से Linker DNA के द्वारा सम्बद्ध रहता है।

न्यूक्लियोसोम 10 nm तन्तु बनाता है। यह तन्तु पुनः कुण्डलित होकर Solenoid जैसी संरचना बनाता है। Solenoid के प्रत्येक कुण्डल में 6 न्यूक्लियोसोम होते हैं। इस संरचना को H1 हिस्टोन स्थायी बनाते हैं। इस संरचना का व्यास



चित्र 11.3 न्यूक्लियोसोम मॉडल (10.nm तन्तु), B. 30 nm तन्तु, C. सॉलीनॉइड (Solenoid), D. मेटाफेज गुणसूत्र 30 nm होता है और इसे 30 nm तन्तु कहते हैं (चित्र 11.3 B एवं C) प्रोफेज के अन्त में यही तन्तु दृष्टिगोचर होता है। 30 nm तन्तु एक केन्द्रीय नॉनहिस्टोन (Nonhistone) अक्ष (Axis) के चारों ओर पुनः कुण्डलित होकर 700.nm तन्तु या मेटाफेज गुणसूत्र बनाता है। केन्द्रीय अक्ष को Scaffold कहते हैं।

(विस्तृत वर्णन के लिये 11.3 देखिये)

गुणसूत्रों के कार्य

1. गुणसूत्र जीव की समस्त उपापचयी क्रियाओं (Metabolic activities) का नियमन करते हैं।
2. ये गुणों (Characters) के विकास का नियमन करते हैं।
3. इनमें समस्त आनुवंशिक सूचनाएं (Hereditary informations) एकत्रित रहती हैं।
4. कोशिका विभाजन की अन्तिम प्रावस्था में गुणसूत्रों का केन्द्रिका संगठन क्षेत्र (Nucleolar organizer region) केन्द्रिका का निर्माण करता है।
5. गुणसूत्रों की संख्या एवं संरचना में अतिसूक्ष्म परिवर्तन भी गुणों में परिवर्तन उत्पन्न करता है।
6. कोशिका विभाजन में काइनेटोकोर गुणसूत्रों को तर्कु से संयुक्त करता है एवं गुणसूत्रों के ध्रुवों की ओर जाने की गति में सहायक होता है।
7. गुणसूत्रों का Repetitive DNA अर्धसूत्री (Meiosis) कोशिका विभाजन में समरूपी गुणसूत्रों के संयुग्मन (Pairing of homologous chromosomes) एवं क्रॉसिंग ओवर (Crossing over) में सहायक होता है। यह कार्य निश्चित नहीं है।

11.3 क्रोमोसोम के आऊडेट एवं साथियों द्वारा प्रतिपादित न्यूक्लियोसोम मॉडल का वर्णन करिये और बताइये कि किस प्रकार यह मॉडल डूपा द्वारा प्रतिपादित फोल्डेड फाइबर मॉडल से बेहतर है। यह भी बताइये कि कौन सा मॉडल प्रोटीन संश्लेषण की प्रक्रिया को बेहतर ढंग से समझाता है।

(C.C.S.U. Meerut 1990, 91, 93)

विभिन्न यूकैरियोट्स में 1 से 20 cm लम्बाई के गुणसूत्र कुछ μm व्यास वाले नाभिक (Nucleus) के अन्दर स्थित होते हैं। नाभिक में गुणसूत्र अत्यधिक संघनित (condensed) अवस्था में रहते हैं। गुणसूत्रों के संघनन या फोल्डिंग (folding)

एवं संरचना के सम्बन्ध में दो प्रकार के मॉडल दिये गए हैं :

1. **बहुसूत्री मॉडल (Multineme or multistranded model)** : इसके अनुसार प्रत्येक गुणसूत्र में अनेक DNA तन्तु समानान्तर स्थित होते हैं।
2. **एकरसूत्री मॉडल (Unineme or single stranded model)** : इसके अनुसार गुणसूत्र में DNA का एक दीर्घ Double helix होता है। यह DNA अत्यधिक कुण्डलित (Coiled) एवं फोल्डेड (folded) अवस्था में होता है। बहुसूत्री मॉडल अस्वीकार किया जा चुका है।

एकरसूत्री मॉडल (Unineme model)

निम्न दो एकरसूत्री मॉडल मुख्य

हैं :

1. **डुप्रा का फोल्डेड फाइबर मॉडल (Dupraw's folded fibre model)** : यह मॉडल डुप्रा ने 1965 में प्रस्तुत किया था। इसके अनुसार गुणसूत्र में DNA का एक द्विसूत्री हेलिक्स (double helix) होता है। यह हेलिक्स हिस्टोन प्रोटीन में तह किया हुआ (Folded) होता है। इसका



चित्र 11.4 डुप्रा का गुणसूत्र का फोल्डेड फाइबर मॉडल

व्यास 250 से 300 Å तक होता है। यह फोल्डेड फाइबर पुनः अनुदैर्घ्य एवं अनुप्रस्थ (Longitudinal and transverse) दिशाओं में फोल्ड होकर मेटाफेज प्रावस्था का अत्यधिक संघनित गुणसूत्र बनाता है (चित्र 11.4)। इस मॉडल के पक्ष में कोशिका विज्ञान से प्रमाण नहीं मिले हैं। यह मॉडल लगभग अस्वीकार किया जा चुका है।

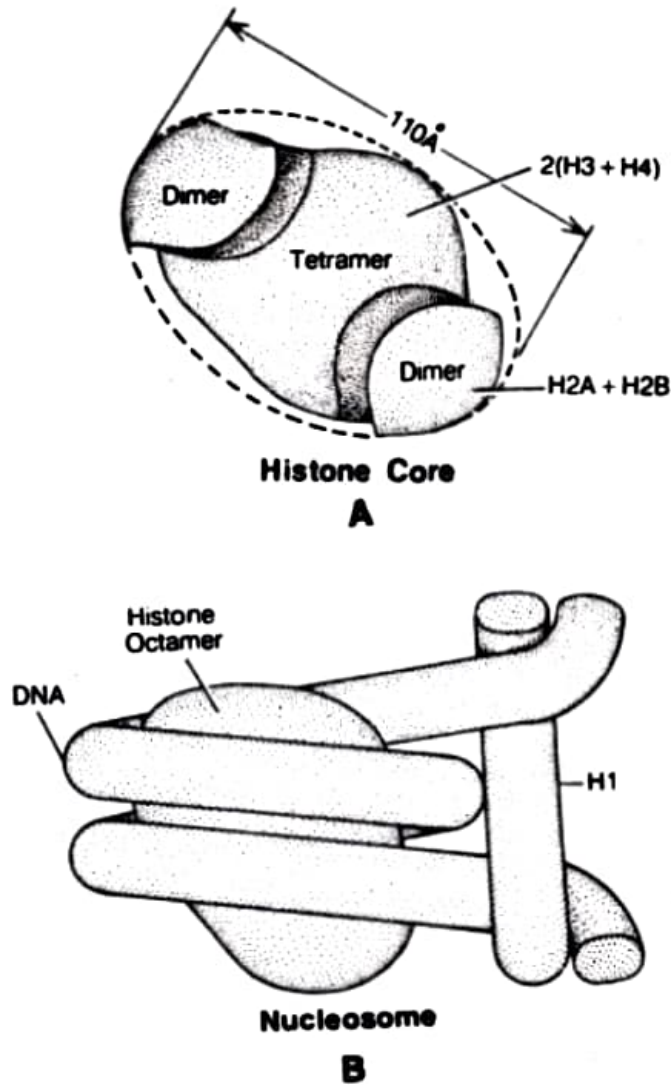
2. **न्यूक्लिओसोम मॉडल (Nucleosome model)** : इस मॉडल को 1974 में आर० डी० कार्नबर्ग एवं जे० ओ० थामस (R. D. Kornberg एवं J. O. Thomas) ने प्रस्तुत किया था। इस मॉडल के लिये न्यूक्लिओसोम (Nucleosome) शब्द का प्रयोग सर्वप्रथम आऊडेट और साथियों (Outdet and coworkers) ने 1975 में किया था।

अन्तरावस्था (Interphase) कोशिकाओं में इलेक्ट्रॉन सूक्ष्मदर्शी द्वारा देखे जाने पर गुणसूत्र मोती की लड़ी (Beads on a string) की तरह दिखाई पड़ते हैं। मोतियों को न्यूक्लिओसोम कहते हैं। अन्तरावस्था में इस मोती की लड़ी का व्यास लगभग 30 nm (300 Å) होता है और इसे 30-nm तन्तु (30-nm fibre) कहते हैं।

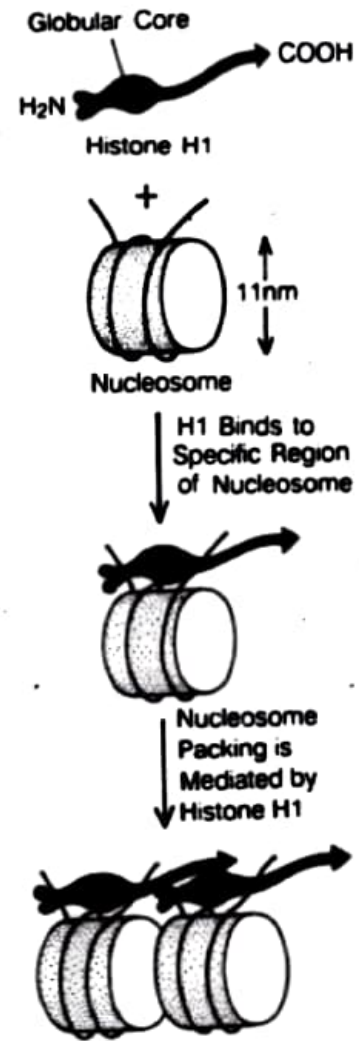
H2A, H2B, H3 एवं H4 हिस्टोन प्रोटीनों के दो-दो अणु (योग 8 अणु) संयुक्त होकर एक ऑक्तामर (Octamer) बनाते हैं जिसे हिस्टोन कोर (Core) कहते हैं (चित्र 11.5 A)। ऑक्तामर में दो डाइमर (Dimer) और एक टेट्रामर (Tetramer) होता है। एक डाइमर H2A और H2B के एक-एक अणु के संयुक्त होने से बनता है। टेट्रामर में H3 एवं H4 के दो-दो अणु होते हैं।

द्विसूत्री (Double stranded) DNA हेलिक्स (Helix) कोर के चारों ओर दो कुण्डल (Coils) बनाता है। प्रत्येक कुण्डल में 83 न्यूक्लिओटाइड होते हैं। एक न्यूक्लिओसोम दूसरे न्यूक्लिओसोम से Linker DNA के द्वारा सम्बद्ध रहता है। न्यूक्लिओसोम का व्यास 11 nm (110 Å) एवं ऊँचाई 6 nm होती है (चित्र 11.5 B)।

न्यूक्लिओसोम में प्रविष्ट होने वाले एवं बहिर्गमन करने वाले DNA से H1 हिस्टोन प्रोटीन संयुक्त होकर DNA के कुण्डलों को सील कर देता है। DNA के कुण्डल DNA की लम्बाई को सात गुना कम कर देते हैं। DNA का यह



चित्र 11.5 A. हिस्टोन कोर, B. न्यूक्लिओसोम



चित्र 11.6

कुण्डलन (Coiling) क्रोमेटिन की प्राथमिक पैकेजिंग (Primary packaging of chromatin) कहलाता है एवं इस क्रोमोसोम को 10-nm तन्तु (10-nm fibre) कहते हैं।

विभिन्न प्रजातियों (Species) में लिंकर DNA (Linker DNA) की लम्बाई भिन्न-भिन्न होती है। लिंकर DNA में 0 (Yeast कोशिकाएँ) से 80 (सी-अर्चिन) तक न्यूक्लिओटाइड्स होते हैं।

30-nm तन्तु का निर्माण या DNA की सुपर क्वाएलिंग (Super coiling of DNA)

10-nm तन्तु में न्यूक्लिओसोम का रैखिक विन्यास (Linear arrangement) होता है। H1 हिस्टोन 10-nm तन्तु की फोल्डिंग कर इसे 30-nm तन्तु में परिवर्तित करता है। H1 अणु का केन्द्रीय भाग फूला हुआ एवं गोल (Globular) होता है। इसमें दो भुजाएँ होती हैं। केन्द्रीय भाग न्यूक्लिओसोम के एक विशिष्ट भाग से संयुक्त रहता है। एक भुजा लिंकर DNA के न्यूक्लिओसोम के निकट वाले भाग के सम्पर्क में रहती है, एवं दूसरी भुजा अगले हिस्टोन कोर के सम्पर्क में रहती है। इस प्रकार H1 हिस्टोन न्यूक्लिओसोम को पास-पास खींचते हैं और इन्हें पैक (Pack) करते हैं।

30-nm तन्तु 10-nm के पुनः कुण्डलित होने से बनता है। प्रत्येक कुण्डल में 6 न्यूक्लिओसोम होते हैं। इस द्वितीयक कुण्डलन से Solenoid की तरह का तन्तु बन जाता है (चित्र 11.6)। इसके निर्माण में H1 हिस्टोन सहायक होते हैं। इस कुण्डलन को Super order coiling कहते हैं। यह गुणसूत्र की लम्बाई को पुनः सात गुना कम कर देता है।

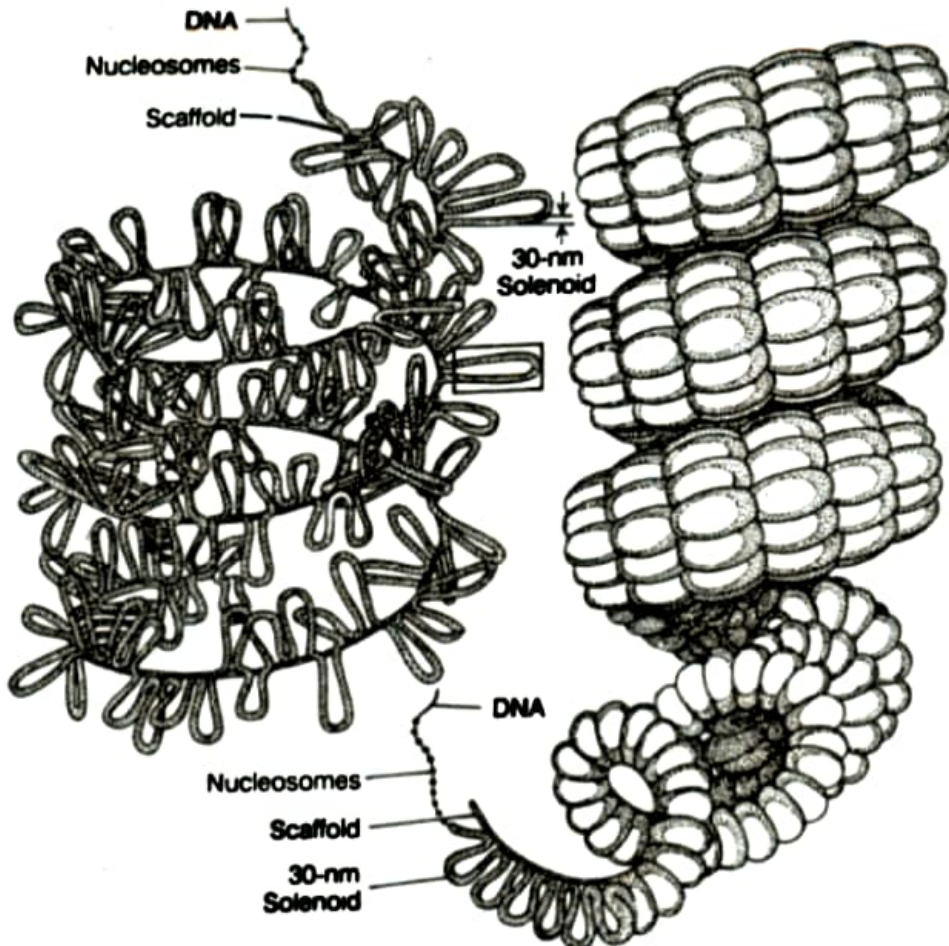
उच्च कुण्डलन (Higher order colling)

मेटाफेज (Metaphase) प्रावस्था में गुणसूत्रों का व्यास लगभग 700 nm या 7000 Å होता है। इस प्रावस्था का गुणसूत्र 30-nm तन्तु के पुनः कुण्डलन से निर्मित होता है। इस गुणसूत्र में एक केन्द्रीय कोर होता है जिसे स्केफोल्ड (Scaffold) कहते हैं। Scaffold टोपोआइसोमेरेज II (Topoisomerase II) एन्जाइम एवं 12 से 20 तक नॉनहिस्टोन प्रोटीनों (Nonhistone proteins) से निर्मित होता है। Scaffold में DNA को संयुक्त करने के लिये विशिष्ट क्षेत्र होते हैं जिन्हें Scaffold attachment regions या SARs कहते हैं। Scaffold चक्राकार होता है। SARs से 30-nm तन्तु के पाश (loops) संयुक्त होकर Giant supercoils बनाते हैं। एक पाश (loop) में 4500 से 112000 न्यूक्लिओटाइड्स होते हैं।

न्यूक्लिओसोम मॉडल डूफ्रा के फोल्डेड फाइबर मॉडल से श्रेष्ठ है

इस वास्तविकता के पक्ष में निम्न प्रमाण हैं :

1. डूफ्रा मॉडल के अनुसार DNA का द्विसूत्री हेलिक्स प्रोटीन में चक्राकार ढंग से तह किया हुआ (folded) होता है। न्यूक्लिओसोम मॉडल के अनुसार DNA प्रोटीन कोर के चारों ओर कुण्डलित रहता है। इस संरचना की प्रमाणिकता कोशिका विज्ञान की तकनीकों (Techniques) के द्वारा सिद्ध हो चुकी है।
2. डूफ्रा मॉडल के अनुसार फोल्डेड फाइबर पुनः अनुदैर्घ्य एवं अनुप्रस्थ ढंग से फोल्ड होकर मेटाफेज प्रावस्था का गुणसूत्र बनाता है। यह फोल्डिंग नियमित नहीं होती।



चित्र 11.7 न्यूक्लिओसोम का प्रस्तावित अकुण्डलित प्रतिलेखन मॉडल

न्यूक्लियोसोम मॉडल के अनुसार 10-nm तन्तु की फोल्डिंग नियमित ढंग से होती है। 10-nm तन्तु कुण्डलित होकर Solenoid बनाता है (30-nm तन्तु)। यह पुनः पाश (loop) के रूप में Topoisomerase scaffold से चिपकता है और इस प्रकार मेटाफेज गुणसूत्र बनता है। रासायनिक एवं कोशिका विज्ञान की तकनीकों (Techniques) के द्वारा उपरोक्त की सत्यता प्रमाणित हो चुकी है।

3. डूप्पा मॉडल के पक्ष में रासायनिक एवं कोशिका विज्ञान की विधियों से यथेष्ट प्रमाण नहीं मिलते हैं।

न्यूक्लियोसोम मॉडल प्रोटीन संश्लेषण प्रक्रिया को श्रेष्ठ ढंग से समझाता है।

RNA polymerase एन्जाइम के द्वारा DNA से मेसेन्जर RNA (m RNA) का निर्माण (यह क्रिया प्रतिलेखन या Transcription कहलाती है) न्यूक्लियोसोम मॉडल के द्वारा समझाना एक समस्या है। RNA polymerase प्रतिलेखन कार्य DNA कुण्डलों के हिस्टोन कोर से अकुण्डलित हुए बिना नहीं कर सकता। सी० पी० प्रोओर एवं साथियों (C. P. Pryor and coworkers) ने 1983 में न्यूक्लियोसोम के अकुण्डलन के विषय में एक मॉडल प्रस्तुत किया है (चित्र 11.7) जिसके विषय में शोध (research) हो रहा है। इस मॉडल को अकुण्डलित प्रतिलेखन मॉडल (Unfolded transcriptional model) कहते हैं।