लॉन्ग रीड सीक्वेंसगि और Y गुणसूत्र

प्रलिमि्स के लयि:

लॉन्ग रीड सीक्वेंसगि, एक्स और वाई क्रोमोसोम, डीएनए

मेन्स के लयि:

लॉन्ग रीड सीक्वेंसगि का महत्त्व

[स्रोत: द हदि्]

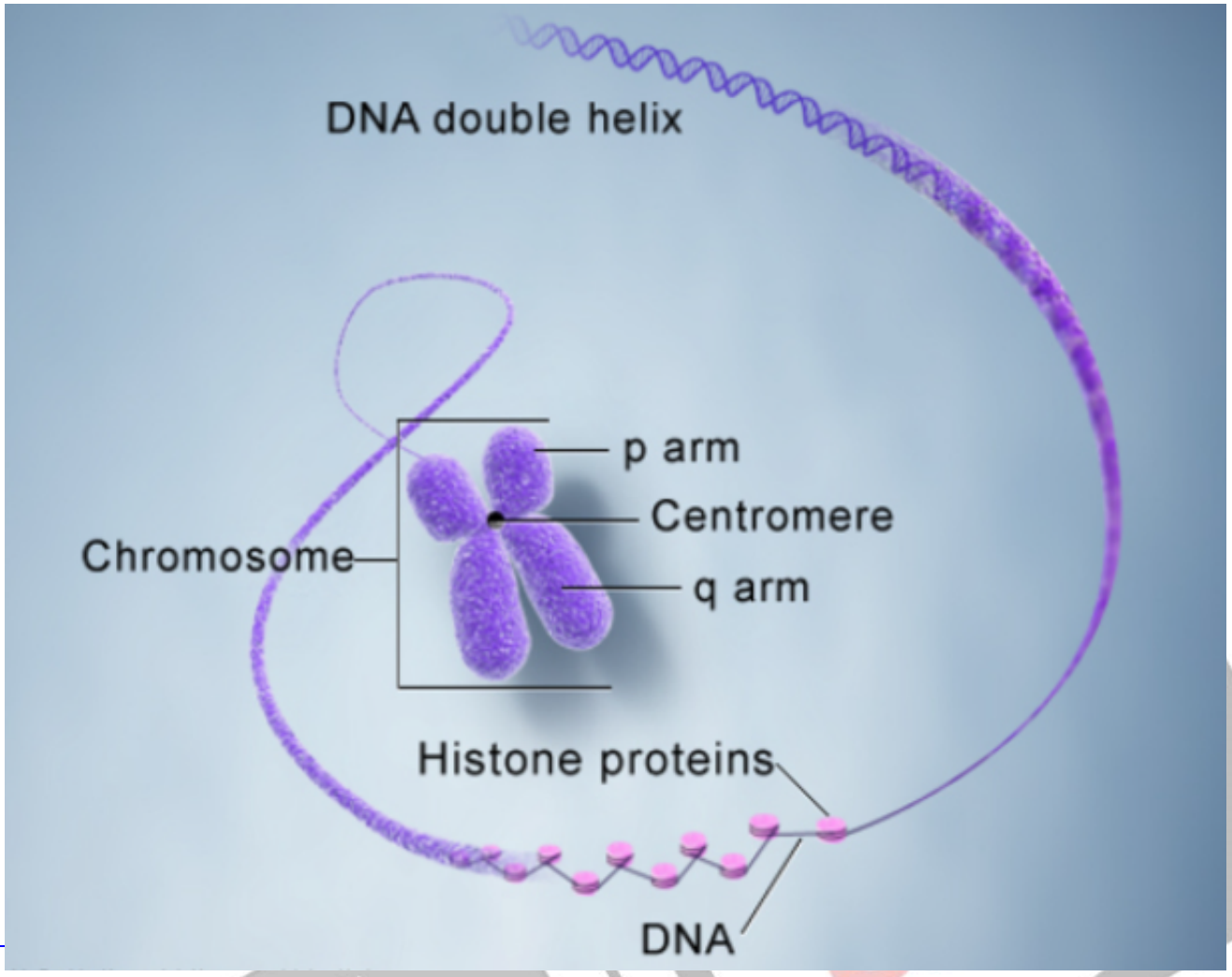
चर्चा में क्यों?

नई **"लॉन्ग रीड" सीक्वेंसगि तकनीक** ने Y गुणसूत्र के एक छोर से दूसरे छोर तक वशि्वसनीय अनुक्रम प्रदान कयि है।

- नेचर जर्नल में प्रकाशति नष्किर्ष सेक्स जीन और शुक्राणु की कार्यप्रणाली, Y गुणसूत्र के वकिास तथा कुछ मलियिन वर्षों में इसके संभावति रूप से गायब होने के बारे में जानकारी प्रदान करते हैं।
- इससे पहले कुछ अध्ययनों ने [कोलोरेक्टल और मूत्राशय के कैंसर में Y गुणसूत्र की भूमकिा] पर प्रकाश डाला था, जसिमें प्रमुख आनुवंशकि तंत्रों का खुलासा कयि गया था जो ट्यूमर की प्रगति, [प्रतरिक्षा प्रतकि्रयिा] और नैदानकि पूर्वानुमान में योगदान करते हैं।

DNA, जीन और गुणसूत्र के बीच अंतर:

- **DNA:**
  - **DNA एक लंबा अणु है जसिमें हमारा अद्वतिीय आनुवंशकि कोड होता है।** DNA दो रेशों से बनता है जो सर्पलि सीढ़ी की तरह एक डबल हेलक्सि आकार बनाने के लयि एक-दूसरे के चारों ओर लपिटे होते हैं।
  - DNA का प्रत्येक रेशा चार बुनयिादी बलि्डगि ब्लॉक्स या **'बेस'** से बनता है: एडेननि (A), साइटोसनि (C), गुआननि (G) और थाइमनि (T)।
- **जीन:**
  - **जीन DNA के खंड होते हैं** जनिमें शरीर में एक वशिष्टि अणु, आमतौर पर एक प्रोटीन का उत्पादन करने के लयि नरि्देशों का सेट होता है।
    - ये प्रोटीन यह नयिंत्रति करने कि शरीर कैसे बढ़ता है और कैसे काम करता है तथा आँखों का रंग, रक्त का प्रकार या ऊँचाई जैसी वशिेषताओं के लयि ज़म्मिेदार होते हैं।
  - प्रत्येक कोशकिा में जीन के दो सेट मौजूद होते हैं, एक माँ से प्राप्त होता है और एक पति से। भंडारण और पहुँच में आसानी के लयि जीन की पैकेजगि 46 पार्सल के रूप में होती है, इन्हीं 46 पार्सल को गुणसूत्र/क्रोमोसोम कहा जाता है।
- **गुणसूत्र:**
  - प्रत्येक कोशकिा के केंद्रक में DNA अणु गुणसूत्र नामक धागे जैसी संरचना में व्यवस्थति होता है।
  - प्रत्येक गुणसूत्र **हसि्टोन** नामक प्रोटीन के चारों ओर मज़बूत कुंडलति DNA से बना होता है जो इसकी संरचना का समर्थन करता है।
  - **कोशकिा के केंद्रक में गुणसूत्र दखिाई नहीं देते**- माइक्रोस्कोप से भी नहीं।



//

Y गुणसूत्र और इसके संबंधति नष्किर्ष:

- **परचिय:**
  - Y गुणसूत्र एक पुरुष-नरि्धारण गुणसूत्र है; इसमें **SRY (Sex-Determining region Y- लगि-नरि्धारण क्षेत्र Y)** नामक जीन होता है, जो भ्रूण में वृषण के वकिास को नरि्देशति करता है।
- **Y बनाम X:**
  - Y, X और मानव जीनोम के 22 अन्य गुणसूत्रों से बहुत अलग होता है; **यह आकार में छोटा होता है** और इसमें बहुत सारे DNA अनुक्रम होते हैं जो लक्षणों **(जंक DNA)** में योगदान नहीं करते हैं (X पर लगभग 1,000 की तुलना में केवल 27) जसिसे गुणसूत्र को अनुक्रमति करना कठनि हो जाता है।
- **Y का लोप:**
  - लगभग 150 मलियिन वर्ष पहले SRY वकिसति हुआ और एक नए प्रोटो-Y को परभिाषति कयिा गया जो काफी तेज़ी से नष्ट होता गया (प्रतमिलियिन वर्ष ~10 सक्रयि जीन के वघिटन के साथ)।
  - यदयिह गरिावट जारी रही तो कुछ मलियिन वर्षों में **संपूर्ण मानव Y गुणसूत्र वलिुप्त हो जाएगा** (जैसा कपिहले ही कुछ कृंतकों में हो चुका है)।
- **Y अनुक्रमण के नष्किर्ष:**
  - Y अं**तमि मानव गुणसूत्र है जसि एंड-टू-एंड** अथवा T2T (telomere-to-telomere) **अनुक्रमति कयिा गया है।**
    - टेलोमेरेस DNA अनुक्रमों और **गुणसूत्रों के छोर पर पाए जाने वाले** प्रोटीन से बनी संरचनाएँ हैं।
  - कुछ नए जीन खोजे गए हैं लेकनि वे मात्र ज्ञात जीन की अतरिक्ति प्रतयिाँ हैं।
  - अब **सेंट्रोमयिर संरचना ज्ञात है** तथा Y के अंत में दोहराव वाले अनुक्रम पढ़े जा चुके हैं।
    - सेंट्रोमयिर गुणसूत्र का एक क्षेत्र है जो **कोशकिा के वभिाजति होने पर प्रतयिों को एक ओर/दूर खींचता है।**
    - प्रत्येक गुणसूत्र पर सेंट्रोमयिर का स्थान गुणसूत्र को वशिष्टि आकार देता है तथा इसका उपयोग वशिष्टि जीन के स्थान का उल्लेख करने में मदद के लयि कयिा जा सकता है।
  - ये नष्किर्ष वशि्व भर के वैज्ञानकिों के लयि महत्त्वपूर्ण हैं। यह **Y जीन के ववरिण की जाँच करने में मदद करेगा,** साथ ही SRY और शुक्राणु जीन कैसे व्यक्त होते हैं अथवा दोहराए गए अनुक्रम कहाँ एवं कैसे उत्पन्न होते हैं, इसकी जानकारी भी देगा।

लॉन्ग रीड सीक्वेंसिंग:

- लॉन्ग रीड सीक्वेंसिंग, जिसे **तीसरी पीढ़ी की अनुक्रमणिका**(sequencing) भी कहा जाता है, एक DNA अनुक्रमण तकनीक है जो पारंपरिक लघु-पठित (Short reads) अनुक्रमण विधियों की तुलना में **अधिक लंबे DNA टुकड़ों के अनुक्रमण** को सक्षम बनाती है।
    - DNA अनुक्रमण के सबसे बुनियादी रूपों में से एक सेंगर (Sanger) अनुक्रमण है जो DNA के अपेक्षाकृत छोटे टुकड़ों (900 क्षार युग्म तक) को अनुक्रमित कर सकता है।
    - DNA अनुक्रमण के अधिक आधुनिक रूपों को **भावी पीढ़ी के अनुक्रमण** कहा जाता है जो सेंगर अनुक्रमण की तुलना में लंबे DNA अनुक्रमों को कुशलतापूर्वक निर्धारित कर सकता है।
- पिछले दशक में लॉन्ग-रीड, एकल-अणु DNA अनुक्रमण प्रौद्योगिकियाँ जीनोमिक्स में शक्तिशाली कारक के रूप में उभरी हैं। ये**अधिक लंबे DNA अंशों** (सामान्य श्रेणी: 10,000 - 100,000 क्षार युग्म) **के** DNA **अनुक्रम** को पढ़ सकती हैं।
- **शॉर्ट रीड** अधिकांश आनुवंशिक भिन्नता को पकड़ सकता है जबकि**लॉन्ग रीड सीक्वेंसिंग जटिल संरचनात्मक वेरिएंट का पता लगाने में मदद करता है** जिन्हें **शॉर्ट रीड** के साथ पता लगाना मुश्किल हो सकता है।

UPSC सिविल सेवा परीक्षा, विगत वर्ष के प्रश्न

प्रश्न. प्रायः समाचारों में आने वाला Cas9 प्रोटीन क्या है? (2019)

(a) लक्ष्य-साधित जीन संपादन (टारगेटेड जीन एडिटिंग) में प्रयुक्त आण्विक कैंची।
(b) रोगियों में रोगजनकों की ठीक-ठीक पहचान के लिये प्रयुक्त जैव संवेदक।
(c) एक जीन जो पादपों को पीड़क-प्रतिरोधी बनाता है।
(d) आनुवंशिकतः रूपांतरित फसलों में संश्लेषित होने वाला एक शाकनाशी पदार्थ।

उत्तर: (a)

प्रश्न. भारत में कृषि के संदर्भ में प्रायः समाचारों में आने वाले "जीनोम अनुक्रमण (जीनोम सिक्वेंसिंग)" की तकनीक का आसन्न भविष्य में किस प्रकार उपयोग किया जा सकता है? (2017)

1. विभिन्न फसली पौधों में रोग प्रतिरोध और सूखा सहिष्णुता के लिये आनुवंशिक सूचकों का अभिज्ञान करने के लिये जीनोम अनुक्रमण का उपयोग किया जा सकता है।
2. यह तकनीक, फसली पौधों की नई किस्मों को विकसित करने में लगने वाले आवश्यक समय को घटाने में मदद करती है।
3. इसका प्रयोग फसलों में पोषी रोगाणु-संबंधों को समझने के लिये किया जा सकता है।

नीचे दिये गए कूट का प्रयोग कर सही उत्तर चुनिये :

(a) केवल 1
(b) केवल 2 और 3
(c) केवल 1 और 3
(d) 1, 2 और 3

उत्तर: (d)

प्रश्न. अनुप्रयुक्त जैव-प्रौद्योगिकी में शोध तथा विकास-संबंधी उपलब्धियाँ क्या हैं? ये उपलब्धियाँ समाज के निर्धन वर्गों के उत्थान में किस प्रकार सहायक होंगी? (2021)

PDF Refernece URL: https://www.drishtiias.com/hindi/printpdf/long-read-sequencing-and-y-chromosome