संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण

प्रलिम्सि के लयि:

संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण, DNA, जीन, जीनोम।

मेन्स के लयि:

संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण और इसका महत्त्व।

चर्चा में क्यों?

हाल ही में भारतीय वज्ञिान शक्षिा एवं अनुसंधान संस्थान (Indian Institute of Science Education and Research- IISER) भोपाल के शोधकर्त्ताओं ने बरगद (*Ficus benghalensis*) और पीपल (*Ficus religiosa*) की पत्ती के ऊतकों के नमूनों से संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण (Whole Genome Sequencing) कयिा है।

- इस कार्य ने बरगद के मामले में **17 जीनों और पीपल के 19 जीनों की पहचान करने** में मदद की, जनिमें अनुकूली वकिास के कई लक्षण हैं जो इन **दो गूलर (Ficus) प्रजातयों के लंबे समय तक जीवति** रहने में महत्त्वपूर्ण भूमकिा नभिाते हैं।

संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण:

- **परचिय:**
  - सभी जीवों का एक अद्वतीय **आनुवंशकि कोड या जीनोम होता** है, जो न्यूक्लयिोटाइड बेस **एडेननि (A), थाइमनि (T), साइटोसनि (C) और गुआननि (G)** से बना होता है।
  - एक जीव में बेस के अनुक्रम का पता लगाकर अद्वतीय **डीऑक्सीराइबोन्यूक्लकि एसडि (Deoxyribonucleic Acid- DNA)** फगिरप्रटि या पैटर्न की पहचान की जा सकती है।
    - **बेस के** क्रम का नर्िधारण **अनुक्रमण कहलाता है।**
  - संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण एक प्रयोगशाला प्रक्रयिा है जो एक प्रक्रयिा में जीव के जीनोम में बेस के क्रम को नर्िधारति करती है।
- **कार्यप्रणाली:**
  - **DNA को काटने के लयि:**
    - वैज्ञानकि DNA को काटने के लयि आणवकि कैंची का उपयोग करते हैं, यह लाखों आधारों (A, C, T और G) से बना होता है, जो अनुक्रमण मशीन को समझने के लयि काफी छोटे होते हैं।
  - **DNA बारकोडगि :**
    - वैज्ञानकि DNA टैग के छोटे-छोटे टुकड़े जोड़ते हैं या बार कोड का उपयोग यह पहचानने के लयि करते हैं कि कटा हुआ DNA का कौन-सा टुकड़ा **कसि बैक्टीरयिा से संबंधति** है।
      - यह उसी तरह है जैसे एक बार कोड कसी करिाने की दुकान पर कसी उत्पाद की पहचान करता है।
  - **DNA सीक्वेंसर:**
    - कई बैक्टीरयिा से बार-कोडेड DNA को मलिया जाता है और DNA सीक्वेंसर में डाल दयिा जाता है।
    - अनुक्रमक **A's, C's, T's और G's या उन आधारों की पहचान करता है,** जो प्रत्येक जीवाणु अनुक्रम बनाते हैं।
    - अनुक्रमण बार कोड का उपयोग करता है **ताकि यह पता लगाया जा सके कि कौन से आधार कसि बैक्टीरयिा के हैं।**

- **डेटा वश्लिेषण:**
    - वैज्ञानिक कई बैक्टीरिया से **अनुक्रमों की तुलना करने और मतभेदों की पहचान करने के लिये कंप्यूटर वश्लिेषण टूल का उपयोग** करते हैं।
    - ये मतभेद वैज्ञानिकों को यह समझने में मदद करती है क**िजीवाणु कतिनी नकिटता से संबंधति हैं और कतिनी संभावना है कवि एक ही प्रकोप का हस्सिा हैं।**
- **लाभ:**
    - जीनोम का **उच्च-रज़िॉल्यूशन, आधार-दर-आधार दृश्य** प्रदान करता है।
    - बड़े और छोटे **दोनों रूपों को शामलि करता है जो लक्षति दृष्टकिोणों से छूट सकते हैं।**
    - जीन अभव्यिक्तऔिर वनियिमन तंत्र के आगे के **अनुवर्ती अध्ययन के लिये संभावति प्रेरक रूपों की पहचान करता है।**
    - नोबेल जीनोम की असेंबली का समर्थन करने के लिये **कम समय में बड़ी मात्रा में डेटा वतिरति करता है।**
- **महत्त्व:**
    - **वंशानुगत वकिारों की पहचान करने, कैंसर कोशकिाओं के उत्परविर्तनों को चह्निति करने और बीमारी के प्रकोपों को ट्रैक** करने में जीनोमकि जानकारी महत्त्वपूर्ण भूमकिा नभिाती है।
    - यह कृषकिी दृष्टसि महत्त्वपूर्ण **पशुधन, पौधों या रोग संबंधी रोगाणुओं के अनुक्रमण के लिये लाभदायक है।**

जीनोम:

- जीनोम एक जीव में मौजूद समग्र **आनुवंशकि सामग्री को संदर्भति करता है और सभी लोगों में मानव जीनोम अधकितर समान होता है,** लेकनि DNA का एक बहुत छोटा हस्सिा एक व्यक्तितिथा दूसरे के बीच भन्नि होता है।
- प्रत्येक जीव का आनुवंशकि कोड उसके **डीऑक्सीराइबोज न्यूक्लकि एसडि (DNA) में नहिति होता है, जो जीवन के नर्िमाण खंड होते हैं।**
- वर्ष **1953 में जेम्स वाटसन और फ्राँससि क्रकि द्वारा "डबल हेलकि्स"** के रूप में संरचति DNA की खोज की गई, जसिसे यह समझने में मदद मलिी कजिीन कसि प्रकार जीवन, उसके लक्षणों एवं बीमारयिों का कारण बनते हैं।
- प्रत्येक जीनोम में उस जीव को बनाने और बनाए रखने के लिये आवश्यक सभी जानकारी होती है।
- मनुष्यों में पूरे जीनोम की एक प्रतमिें 3 अरब से अधकि DNA बेस जोड़े होते हैं।

जीनोम और जीन में अंतर:

जीन	जीनोम
जीन DNA अणुओं का एक हस्सिा है	जीनोम कोशकिा में मौजूद कुल DNA हैं
आनुवंशकि जानकारी का वंशानुगत तत्त्व	DNA अणु के सभी समूह
प्रोटीन संश्लेषण को एन्कोड करता है	प्रोटीन संश्लेषण के लिये प्रोटीन और नयिामक तत्त्वों दोनों को एन्कोड करता है
इसमें लगभग कुछ सौ क्षार जोड़े होते है	एक उच्च जीव के जीनोम में अरब क्षार जोड़े होते हैं
एक उच्च जीव में लगभग हज़ारों जीन होते हैं	प्रत्येक जीव में केवल एक जीनोम होता है
एलील्स नामक जीन की भन्निता को स्वाभावकि रूप से चुना जा सकता है	क्षैतजि जीन स्थानांतरण और दोहराव जीनोम में बड़े बदलाव का कारण बनते हैं

UPSC सविलि सेवा परीक्षा, वगित वर्ष के प्रश्न (PYQ):

प्रश्न. भारत में कृषकिे संदर्भ में प्रायः समाचारों में आने वाले 'जीनोम अनुक्रमण (जीनोम सीक्वेंसगि)' की तकनीक का आसन्न भवषि्य में कसि प्रकार उपयोग कयिा जा सकता है? (2017)

1. वभिन्नि फसली पौधों में रोग प्रतरिोध और सूखा सहष्णुता के लिये आनुवंशकि सूचकों का अभज्ञिान करने के लिये जीनोम अनुक्रमण का उपयोग कयिा जा सकता है।
2. यह तकनीक फसली पौधों की नई कस्मिों को वकिसति करने में लगने वाले आवश्यक समय को कम करने में मदद करती है।
3. इसका प्रयोग फसलों में पोषी-रोगाणु संबंधों को समझने के लिये कयिा जा सकता है।

नीचे दयिे गए कूट का प्रयोग कर सही उत्तर चुनयिे:

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

उत्तर: (d)

व्याख्या:

- चीनी वैज्ञानिकों ने वर्ष 2002 में चावल के जीनोम को डिकोड किया। भारतीय कृषि अनुसंधान संस्थान (IARI) के वैज्ञानिकों ने चावल की बेहतर किस्मों जैसे- पूसा बासमती-1 और पूसा बासमती -1121 को विकसित करने के लिये जीनोम अनुक्रमण का उपयोग किया, जिसने वर्तमान में भारत के चावल निर्यात में काफी हद तक वृद्धि की है। कई ट्रांसजेनिक किस्में भी विकसित की गई हैं, जिनमें कीट प्रतिरोधी कपास, शाकनाशी सहिष्णु सोयाबीन और वायरस प्रतिरोधी पपीता शामिल हैं। **अत: 1 सही है।**
- पारंपरिक प्रजनन में पादप प्रजनक अपने खेतों की जाँच करते हैं और उन पौधों की खोज करते हैं जो वांछनीय लक्षण प्रदर्शित करते हैं। ये लक्षण उत्परिवर्तन नामक एक प्रक्रिया के माध्यम से उत्पन्न होते हैं, लेकिन उत्परिवर्तन की प्राकृतिक दर उन सभी पौधों में लक्षणों को उत्पन्न करने के लिये बहुत धीमी और अविश्वसनीय है जो कि प्रजनक चाहते हैं। हालाँकि जीनोम अनुक्रमण में कम समय लगता है, इस प्रकार यह अधिक बेहतर विकल्प है। **अत: 2 सही है।**
- जीनोम अनुक्रमण एक फसल के संपूर्ण डीएनए अनुक्रम का अध्ययन करने में सक्षम बनाता है, इस प्रकार यह रोगजनकों के अस्तित्व या प्रजनन क्षेत्र को समझने में सहायता प्रदान करता है। **अत: 3 सही है।**
- **अतः विकल्प (D) सही उत्तर है।**

प्रश्न. निम्नलिखित कथनों पर विचार कीजिये:

1. DNA बारकोडिंग किसका उपसाधन हो सकता है?
2. किसी पादप या प्राणी की आयु का आकलन करने के लिये
3. समान दिखने वाली प्रजातियों के बीच भिन्नता जानने के लिये
4. प्रसंस्कृत खाद्य पदार्थों में अवांछित प्राणी या पादप सामग्री को पहचानने के लिये

उपर्युक्त कथनों में कौन-सा/से सही है/हैं?

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

उत्तर: (d)

व्याख्या:

- परमाणु या ऑर्गेनेल जीनोम से लघु DNA अनुक्रमों का उपयोग कर जैविक प्रतिदर्शों की पहचान करने की नई तकनीक को DNA बारकोडिंग कहा जाता है।
- DNA बारकोडिंग के विभिन्न क्षेत्रों में कई अनुप्रयोग हैं जैसे प्राकृतिक संसाधनों को संरक्षित करना, लुप्तप्राय प्रजातियों की रक्षा करना, कृषि कीटों को नियंत्रित करना, रोग वैक्टर की पहचान करना, पानी की गुणवत्ता की निगरानी करना, प्राकृतिक स्वास्थ्य उत्पादों का प्रमाणीकरण और औषधीय पौधों की पहचान करना।
- लुप्तप्राय वन्यजीवों की प्रजातियों की पहचान (एक जैसी दिखने वाली प्रजातियों के बीच अंतर), कीट संगरोध और रोग वाहक (अवांछनीय जानवरों / पौधों की पहचान करना) कुछ ऐसे क्षेत्र हैं जिनमें DNA बारकोडिंग शोधकर्त्ताओं, प्रवर्तन एजेंटों एवं उपभोक्ताओं हेतु बहुत कम समय-सीमा में निर्णय लेती है।
- **अतः कथन 2 और 3 सही हैं, अतः विकल्प (d) सही है।**

?????:

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)**

[स्रोत:द हिंदू]