

## जीनोम इंडिया प्रोजेक्ट

### प्रलिस के लयः

जीनोम इंडया प्रोजेक्ट, हयूमन जीनोम प्रोजेक्ट, जीनोम मैपग, डीऑक्सीराइबोन्यूक्लक एसड।

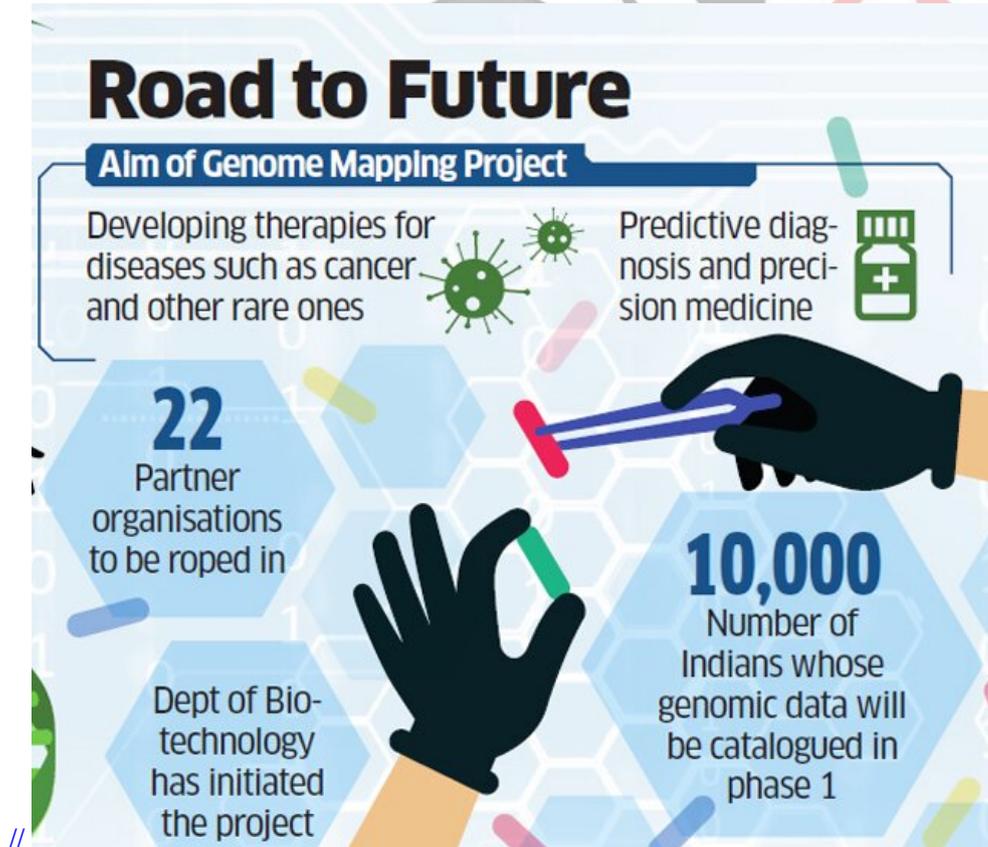
### मेन्स के लयः

जैव प्रौद्योगकक, कृष और सवास्थय के क्षेत्र में जीनोम इंडया प्रोजेक्ट कक कषमता ।

## चरचा में कयों?

सरकार का लक्ष्य [जीनोम इंडया प्रोजेक्ट \(GIP\)](#) के तहत वर्ष 2023 के अंत तक 10,000 जीनोम का अनुक्रमण करना है ।

- वज्जान और प्रौद्योगकक मंत्रालय के जैव प्रौद्योगकक वभाग ने लगभग 7,000 जीनोम का अनुक्रमण कया है और इनमें से 3,000 पहले से ही सार्वजनक उपयोग के लयः उपलब्ध हैं ।



## जीनोम इंडया प्रोजेक्टः

## ■ आवश्यकता:

- भारत की 1.3 बिलियन की आबादी में 4,600 से अधिक विविध जनसंख्या समूह शामिल हैं, जिनमें से कई के बीच अंतरववाह (निकट जातीय समूहों में ववाह) की प्रथा है। इन समूहों में अद्वितीय आनुवंशिक विविधताएँ और बीमारी उत्पन्न करने वाले उत्परिवर्तन होते हैं जिनकी तुलना अन्य आबादी से नहीं की जा सकती है। भारतीय जीनोम का एक डेटाबेस बनाकर, शोधकर्त्ता इन अद्वितीय आनुवंशिक रूपों के बारे में जान सकते हैं तथा वैयक्तिकृत दवाओं और उपचारों को बनाने में इस जानकारी का उपयोग कर सकते हैं। **ग्लोबल कगिडम, चीन और संयुक्त राज्य अमेरिका उन देशों में से हैं जिनके पास अपने जीनोम के कम-से-कम 1,00,000 अनुक्रमण के लिये कार्यक्रम हैं।**

## ■ परिचय:

- यह **ह्यूमन जीनोम प्रोजेक्ट (HGP)** से प्रेरित एक वैज्ञानिक पहल है, जो का एक अंतरराष्ट्रीय प्रयास है जिसने वर्ष 1990 और वर्ष 2003 के बीच पूरे मानव जीनोम को सफलतापूर्वक डिकोड किया।
- इस परियोजना को वर्ष 2020 में शुरू किया गया था, जिसका उद्देश्य भारतीय जनसंख्या के लिये विशिष्ट आनुवंशिक विविधताओं और रोग उत्पन्न करने वाले उत्परिवर्तनों को बेहतर ढंग से समझना है, जो का विश्व में सबसे अधिक आनुवंशिक विविधताओं में से एक है।
- इन जीनोमों का अनुक्रमण और विश्लेषण करके शोधकर्त्ता रोगों के अंतरनहित आनुवंशिक कारणों में अंतरदृष्टि प्राप्त करने और अधिक प्रभावी व्यक्तित्व चिकित्सा विकसित करने की उम्मीद करते हैं।
- इस परियोजना में भारत भर के 20 संस्थानों का सहयोग शामिल है और इसका नेतृत्व बंगलूर स्थित भारतीय विज्ञान संस्थान में मसतक अनुसंधान केंद्र द्वारा किया जा रहा है।

## महत्त्व:

### ■ सटीकता के साथ स्वास्थ्य देखभाल:

- GIP का उद्देश्य रोगियों के जीनोम के आधार पर वैयक्तिकृत दवा विकसित करना है ताकि बीमारियों का अनुमान लगाया जा सके और उन्हें न्यंत्रित किया जा सके।
- आनुवंशिक विविधताओं के लिये रोग प्रवृत्तियों की मैपिंग करके हस्तक्षेपों को अधिक प्रभावी ढंग से लक्षित किया जा सकता है और रोगों के विकसित होने से पहले ही उनका अनुमान लगाया जा सकता है।
  - उदाहरण के लिये जीनोम में भिन्नता से यह पता लगाया जा सकता है कि किस प्रकार **हृदय रोग दक्षिण एशियाई लोगों में दिल के दौरों का कारण बनता है परंतु अफ्रीका के अधिकांश हिस्सों में स्ट्रोक का कारण बनता है।**

### ■ सतत कृषि:

- यदि कीटों, कीड़ों और उत्पादकता को कम करने वाली अन्य समस्याओं के लिये **सुभेद्यता के आनुवंशिक आधार की समझ को बेहतर बनाया** जाए तो कृषिक्षेत्र को भी समान रूप से लाभान्वित किया जा सकता है।
- इससे **रसायनों पर निर्भरता में कमी** लाई जा सकती है।

### ■ अंतरराष्ट्रीय सहयोग:

- विविधता के उच्च स्तरीय जीन डेटाबेस में से एक, **मैपिंग प्रोजेक्ट भी वैश्विक शोध के लिये फायदेमंद होगा।**
- इसके दायरे और विविधता के कारण इसका आनुवंशिक शोध में काफी योगदान होगा, विश्व में अपनी तरह की इस परियोजना को सबसे महत्त्वपूर्ण माना जाता है।

## चुनौतियाँ:

### ■ वैज्ञानिक नस्लवाद:

- GIP वैज्ञानिक नस्लवाद की संभावना और आनुवंशिकता तथा नस्लीय शुद्धता के आधार पर रूढ़िवादिता के सुदृढीकरण संबंधी चिंता व्यक्त करता है। **बीते समय में दासता एवं अन्य प्रकार के भेदभाव को सही ठहराने** के लिये इसी प्रकार के वैज्ञानिक अध्ययनों का इस्तेमाल किया गया है।
- जेनेटिक मैपिंग पहचान की राजनीतिको और बढ़ावा सकती है जिसका पहले से ही भारत जैसे देश में विभाजनकारी प्रभाव रहा है।

### ■ डेटा नजिता:

- यह परियोजना **डेटा गोपनीयता और भंडारण** पर भी एक प्रश्नचिह्न है। भारत में व्यापक डेटा गोपनीयता विधायक के अभाव में GIP द्वारा एकत्रित आनुवंशिक जानकारी के संभावित दुरुपयोग के बारे में चिंताओं को नज़रअंदाज नहीं किया जा सकता है।

### ■ नैतिक चिंताएँ:

- यह डॉक्टरों के **नजिी तौर पर जीन संशोधन अथवा चयनात्मक प्रजनन का अभ्यास** करने की क्षमता पर नैतिक प्रश्न उठाता है।
- इस तरह की प्रथाएँ हमेशा ही विवादास्पद रही हैं, वर्ष 2020 में दुनिया के पहले जीन-संपादित बच्चे का निर्माण करने वाले चीन के एक वैज्ञानिक को सज़ा सुनाई गई थी।

## जीनोम:

- वर्ष 1953 में जेम्स वाटसन और फ्रैंसिस क्रिक द्वारा "डबल हेलक्स" के रूप में संरचित डीएनए की खोज की गई, जिससे यह समझने में मदद मिली कि **जीन किस प्रकार जीवन, उसके लक्षणों एवं बीमारियों का कारण बनते हैं।**
  - प्रत्येक जीव का आनुवंशिक कोड उसके **डीऑक्सीराइबोन्यूक्लिक एसिड (डीएनए)** में नहित होता है जिसमें जीव के जनन, वृद्धि और विकास के संबंध में जानकारी नहित होती है।
- किसी जीव का जीनोम उसकी आनुवंशिक सामग्री का संपूर्ण सेट होता है। इसमें जीव की वृद्धि और विकास से संबंधित सभी आवश्यक जानकारी होती है।

- मनुष्यों के जीनोम में **3 बिलियन से अधिक डीएनए बेस युग्म** होते हैं जो एक डबल हेलिक्स संरचना में व्यवस्थित होते हैं।
- जीनोमिक्स के अध्ययन (जिसमें जीनोम का विश्लेषण करना शामिल है) से **रोग विज्ञान, दवा विकास, और फसलों तथा पशुधन के संबंध में नई अंतरदृष्टि** प्राप्त होने के साथ जैव प्रौद्योगिकी, चिकित्सा तथा कृषि सहित कई क्षेत्रों में क्रांति आई है।

## जीनोम अनुक्रमण:

- जीनोम अनुक्रमण का आशय किसी जीनोम में डीएनए न्यूक्लियोटाइड्स या बेस युग्म के क्रम का पता लगाना है यानी एडेनिन (ए), थाइमिनि (टी), साइटोसिनि (सी) और गुआनिनि (जी) का क्रम, जिससे किसी जीव के डीएनए का निर्माण होता है।

## आगे की राह

- GIP को पर्याप्त सुरक्षा उपायों के साथ संचालित किया जाना आवश्यक है ताकियह सुनिश्चित किया जा सके कियह परियोजना नैतिक दृष्टिकोण के साथ व्यक्तगत गोपनीयता और मानवाधिकारों का सम्मान करने वाले तरीके से संचालित की जाए।
- इस परियोजना में भारत के जैव प्रौद्योगिकी, कृषि और स्वास्थ्य सेवा क्षेत्र को मज़बूत करने की क्षमता है। हालाँकि इसमें यह सुनिश्चित करना आवश्यक है कि गोपनीयता संबंधी चिंताओं को दूर करने एवं डेटा के संभावित दुरुपयोग को रोकने के साथ चिकित्सा नैतिकता को बनाए रखा जाए।

## UPSC सविलि सेवा परीक्षा, वगित वर्ष के प्रश्न

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

1. वभिन्न फसली पौधों में रोग प्रतिरिध और सूखा सहषिणुता के लयि आनुवंशिक सूचकों का अभजिज्ञान करने के लयि जीनोम अनुक्रमण का उपयोग कया जा सकता है।
2. यह तकनीक, फसली पौधों की नई कसिमों को विकसति करने में लगने वाले आवश्यक समय को घटाने में मदद करती है।
3. इसका प्रयोग फसलों में पोषी रोगाणु-संबंधों को समझने के लयि कया जा सकता है।

नीचे दयि गए कूट का प्रयोग कर सही उत्तर चुनयि :

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

**उत्तर: (d)**

- चीनी वैज्ञानिकों ने वर्ष 2002 में चावल के जीनोम को डिकोड कया। भारतीय कृषि अनुसंधान संस्थान (IARI) के वैज्ञानिकों ने चावल की बेहतर कसिमों जैसे- पूसा बासमती-1 और पूसा बासमती -1121 को विकसति करने के लयि जीनोम अनुक्रमण का उपयोग कया, जसिने वर्तमान में भारत के चावल नरियात में काफी हद तक वृद्धिकी है। कई ट्रांसजेनिक कसिमों भी विकसति की गई हैं, जनिमें कीट प्रतिरिधी कपास, शाकनाशी सहषिणु सोयाबीन और वायरस प्रतिरिधी पपीता शामिल हैं। **अतः कथन 1 सही है।**
- पारंपरिक प्रजनन में पादप प्रजनन अपने खेतों की जाँच करते हैं और उन पौधों की खोज करते हैं जो वांछनीय लक्षण प्रदर्शति करते हैं। ये लक्षण उत्परविरतन नामक एक प्रक्रया के माध्यम से उत्पन्न होते हैं, लेकिन उत्परविरतन की प्राकृतिक दर उन सभी पौधों में लक्षणों को उत्पन्न करने के लयि बहुत धीमी और अवशि्वसनीय है जो क प्रजनन चाहते हैं। हालाँकि जीनोम अनुक्रमण में कम समय लगता है, इस प्रकार यह अधिक बेहतर विकल्प है। **अतः कथन 2 सही है।**
- जीनोम अनुक्रमण एक फसल के संपूरण 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। **अतः कथन 3 सही है।**
- **अतः विकल्प (D) सही उत्तर है।**

## स्रोत: द हिंदू