

टिकाऊ समुद्री संवर्धन के लिए जीनोमिक्स : वर्तमान स्थिति एवं संभावनाएँ

संध्या सुकुमारन

भा कृ अनु प- केन्द्रीय समुद्री मात्स्यिकी अनुसंधान संस्थान, एरणाकुलम नोर्थ पी. ओ., कोच्ची, केरल, भारत-682018

पृष्ठभूमि

अतिमत्स्यन और जलवायु परिवर्तन के वर्तमान परिदृश्य में समुद्री संवर्धन गतिविधियों की उत्पादकता, टिकाऊपन, उत्पाद की गुणवत्ता और लाभप्रदता को बढ़ाना महत्वपूर्ण है। ताज़े और खारे पानी में पालतू प्रजातियाँ कम होने के कारण जलजीव पालन की तुलना में समुद्री संवर्धन गतिविधियों के लिए उम्मीदवार प्रजातियों का विकल्प बहुत सीमित है। जीनोटाइपिक और फीनोटाइपिक विविधताओं को जोड़कर समुद्री संवर्धन उत्पादकता को बढ़ाने के लिए आनुवंशिक और जीनोमिक उपकरणों को प्रभावी ढंग से लागू किया जा सकता है। वृद्धि और रोग प्रतिरोध जैसे वाणिज्यिक रूप से महत्वपूर्ण लक्षणों के आनुवंशिक आधार को समझने के लिए प्रथम चरण के रूप में संभावित जीवों की जीनोम संरचना और संगठन के बारे में ज्ञान बहुत महत्वपूर्ण है।

आज कई जीनोम आधारित तरीके प्रचलन में हैं, मुख्यतः, जीनोमिक्स, ट्रांसक्रिप्टोमिक्स, प्रोटियोमिक्स और एपिजीनोमिक्स। जीनोम और फीनोम के बीच संबंध स्थापित हो जाने के बाद, वांछित परिणाम प्राप्त करने के लिए आवश्यक जीन और जीन क्षेत्रों को संशोधित

करने हेतु जीनोम एडिटिंग (genome editing) का उपयोग किया जा सकता है। रोग प्रतिरोध, वृद्धि, फीड रूपांतरण दक्षता, प्रसंस्करण उपज, प्रजनन दक्षता और पर्यावरणीय परिस्थितियों के प्रति सहिष्णुता के संबंध में मात्रात्मक विशेषता स्थान (क्यू टी एल) की पहचान की जानी चाहिए और जीन समूह में इसका वैधीकरण किया जाना चाहिए।

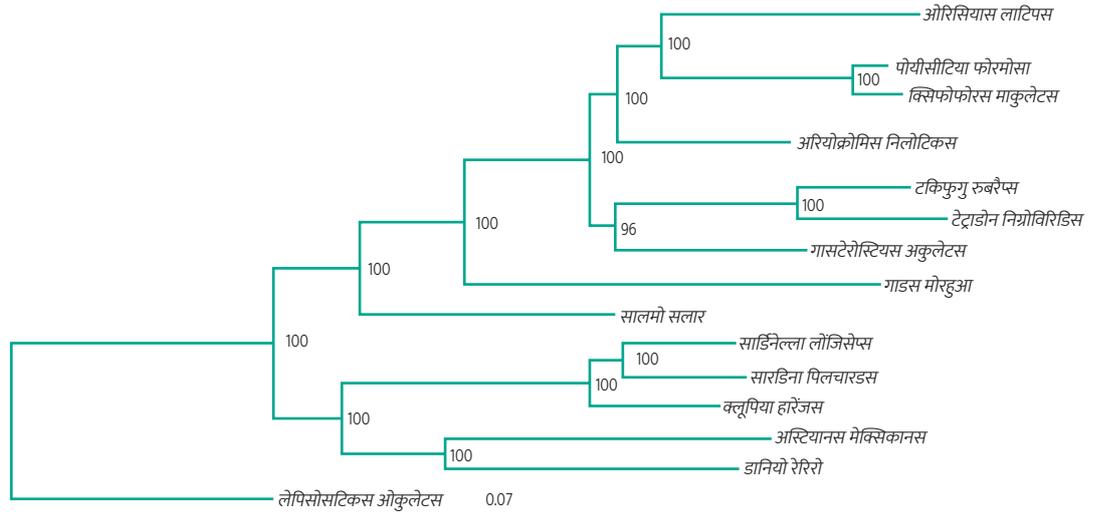
जीनोम सक्षम प्रौद्योगिकियों के लिए प्राथमिकता दी जाने वाली प्रजातियाँ प्रजातियों की जैविक विशेषताओं, बाज़ार की माँग और उद्योग द्वारा वरीयता पर निर्भर करती हैं। एक बार प्रजनन करने वाली प्रजातियाँ लंबी अवधि में प्रजनन करने वाली प्रजातियों की तुलना में अधिक लाभान्वित होंगी। महँगे जीनोमिक तकनीकों को अपनाने और लागू करने से पहले ऐसे कई कारकों को ध्यान में रखा जाना चाहिए।

संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण एवं असेंबली

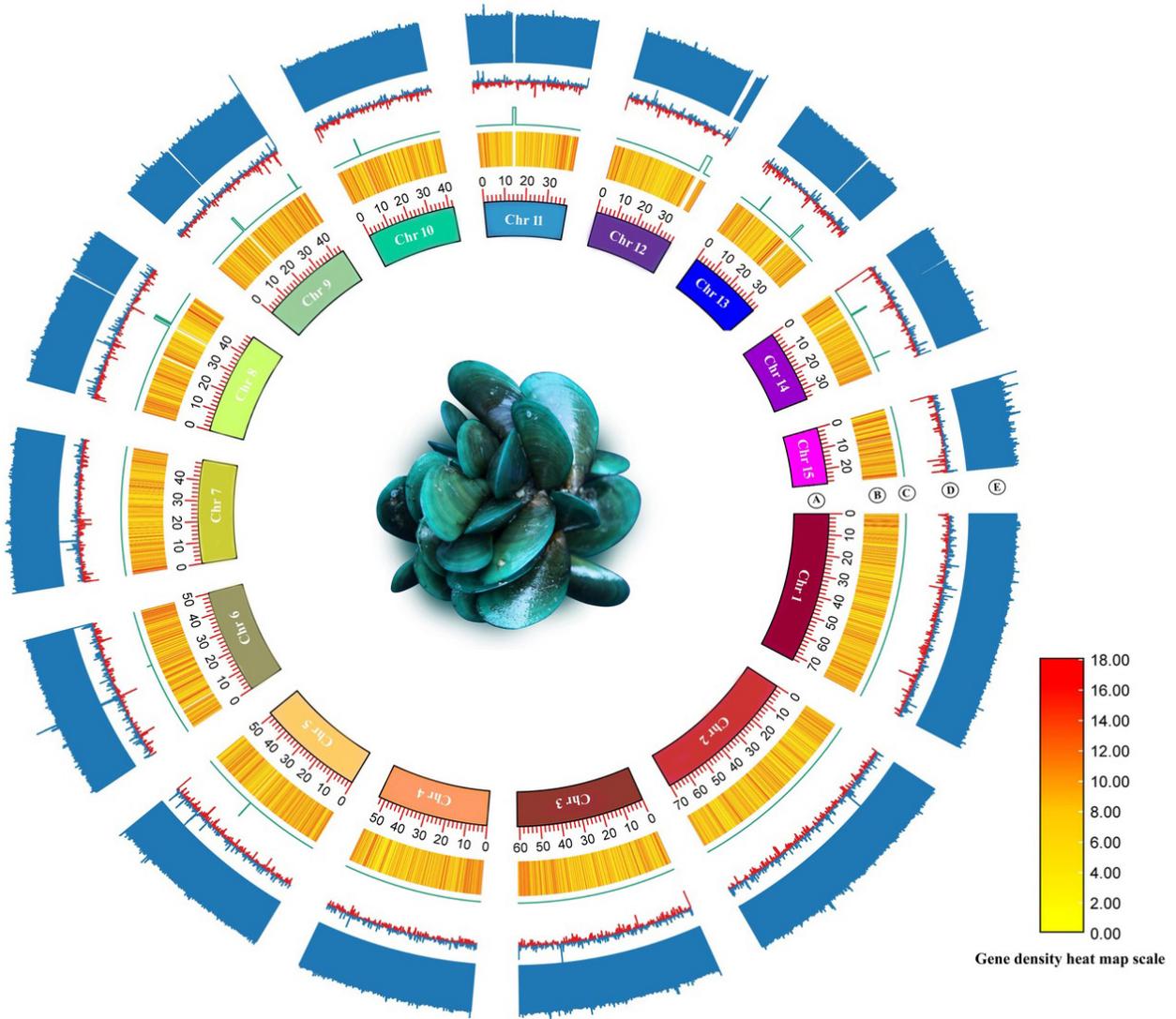
कई देशों में, जलजीव पालन में महत्वपूर्ण प्रजातियों की संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण प्रक्रिया प्रचलित है। कैटफिश, अटलांटिक सैल्मन, तिलापिया, धारीदार बास, रेनबो



संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण के लिए उपयोग की गयी भारतीय तारली मछली, *साईनेल्ला लोजिसेप्स*



13 प्रतिनिधि टेलोस्ट और साडिनेल्ला लोजिसेप्स से एकल प्रतिलिपि ऑर्थोलॉगस जीन का उपयोग करके मक्सिमम लैक्लीहुड फ़ाइलोजेनेटिक ट्री (maximum likelihood phylogenetic tree) तैयार किया गया। लेपिस्टोस्टियस अकुलेटस को आउटग्रुप के रूप में इस्तेमाल किया गया था। ट्री को IQ-TREE v 2.1.4 का उपयोग करके तैयार किया गया था।



पी. विरिडिस जीनोम असेंबली का सर्कोस प्लॉट। ए) 15 गुणसूत्र बी) जीन घनत्व हीट मैप सी) एन-अनुपात, डी) जीसी स्क्वैर्ड जी सी सामग्री का वितरण



संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण के लिए उपयोग किया गया एशियन हरित शंभु, *पेर्या विरिडिस*

ट्राउट, पैसिफिक ऑयस्टर, ईस्टर्न ऑयस्टर, पैसिफिक व्हाइट श्रिम्प, येलो पर्च मछली और ब्लूगिल सनफिश मछली जैसी पख और कवच मछलियों के जीनोम अब उपलब्ध हैं। वर्तमान में संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण के लिए विभिन्न प्रौद्योगिकियाँ उपलब्ध हैं। जलजीव पालन के संबंध में इल्लुमिना और पैकबायो अनुक्रमण सबसे लोकप्रिय अनुक्रमण प्रौद्योगिकियाँ रही हैं। भा कृ अनु प-सी एम एफ आर आइ द्वारा भारतीय तारली, *साडिनेल्ला लोजिसेप्स* और एशियन हरित शंभु *पेर्या विरिडिस* का संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण किया गया है।

समुद्री संवर्धन / जलजीव पालन में कार्यात्मक जीनोमिक्स

कार्यात्मक जीनोमिक्स का तात्पर्य ऐसे कैंडिडेट जीन (Candidate gene) की सापेक्ष अभिव्यक्ति का अध्ययन करना है, जिनकी जीवों में महत्वपूर्ण शारीरिक प्रक्रियाओं को नियंत्रित करने और विनियमित करने में महत्वपूर्ण भूमिका होती है। विकास, प्रजनन और रोग प्रतिरोधक क्षमता जैसे लक्षणों पर ज्ञात कार्य और प्रभाव

वाले कार्यात्मक जीन को विभिन्न पर्यावरणीय स्थितियों पर उनके प्रभाव को समझने के लिए चुना जा सकता है, जिसे जलजीव पालन उत्पादकता बढ़ाने के लिए और अधिक उपयोग किया जा सकता है। व्यक्तिगत और जनसंख्या स्तरों पर कार्यात्मक जीन भिन्नताओं का प्रदर्शन और उसके बाद में चयनात्मक प्रजनन और आनुवंशिक सुधार के साथ सहसंबद्ध किया जा सकता है।

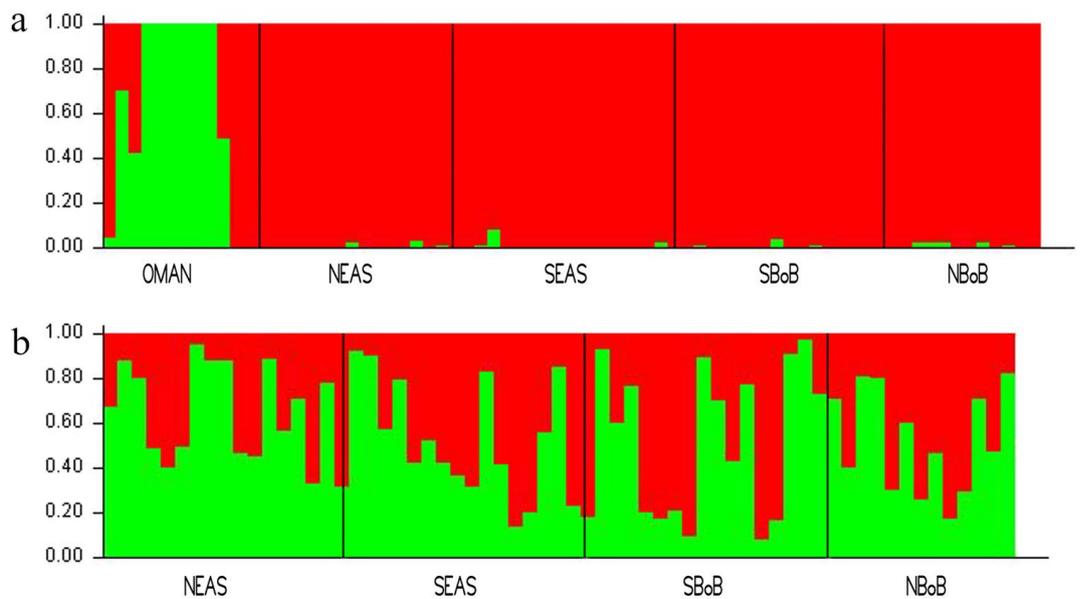
जीनोम स्कैन पद्धति आनुवंशिक परिवर्तन के कारण उच्च मात्रा में संरचना वाले क्षेत्रों या स्थानों की पहचान करने पर निर्भर करती है। जब ये स्थान संतुलन या दिशात्मक चयन के अधीन होते हैं, तो ऐसे स्थानों पर परिवर्तनशील पैटर्न पाए जाते हैं जो जीनोम पर चयनात्मक बलों के संबंध में अंतर्दृष्टि प्रदान करती हैं। जीनोम में व्यापक रूप से मौजूद आनुवंशिक मार्कर जैसे एस एन पी, माइक्रोसैटेलाइट्स या कार्यात्मक जीन मार्कर जैसे ई एस टी से जुड़े जीन को इस पद्धति के लिए प्रभावी रूप से इस्तेमाल किया जा सकता है। ट्रांसक्रिप्टोम अनुक्रमण का उपयोग ई एस टी से जुड़े जीन का पता लगाने के लिए किया जा सकता है। इस प्रकार,

जीनोम स्कैन पद्धति चयन के अंतर्गत स्थानों का पता लगाने में मदद करती है।

क्यू टी एल या मात्रात्मक विषयक स्थान मैपिंग फीनोटाइपिक लक्षणों के आनुवंशिक आधार के बारे में संकेत प्रदान करने वाले मार्करों के एक सघन सेट का उपयोग करके निर्मित लिंकेज मानचित्रों से प्राप्त जानकारी पर निर्भर करता है। प्रयोगशाला में नियंत्रित स्थितियों के तहत पारिवारिक क्रॉस के माध्यम से फीनोटाइपिक लक्षणों के आनुवंशिक आधार को समझा जा सकता है। क्यू टी एल जानकारी को संबंधित प्रजातियों में लागू किया जा सकता है जो इससे जुड़ी लागत को कम करता है। चूंकि क्यू टी एल जाँच के लिए नियंत्रित प्रयोगात्मक स्थितियों की आवश्यकता होती है, इसलिए जलजीव पालन के लिए उपयुक्त प्रजातियाँ क्यू टी एल से संबंधित प्रयोगों के लिए सबसे अच्छी उम्मीदवार होंगी। विकास दर, यौन परिपक्वता समय, रोग प्रतिरोधक क्षमता, शरीर की बनावट, तनाव के प्रति प्रतिक्रिया, तैरने की क्षमता, लवणता सहिष्णुता, माँसपेशी लक्षण, परासरणनियमन (osmoregulation) क्षमता और स्मोल्टिफिकेशन (smoltification) जैसे लक्षणों के संबंध में क्यू टी एल मैपिंग की रिपोर्ट मछलियों में की गई है (जीनोम आधारित जलजीव पालन प्रौद्योगिकियों पर एफ ए ओ द्वारा की गई समीक्षा देखें)। इनमें से सबसे अधिक प्रयास विकास लक्षणों और रोग प्रतिरोध के क्यू टी एल मैपिंग के लिए समर्पित किए गए हैं।

समुद्री परिदृश्य या भूदृश्य जीनोमिक्स आनुवंशिक विभेदन के भौगोलिक पैटर्न के बारे में जानकारी प्राप्त करने के लिए भौगोलिक स्थानों के बारे में ज्ञान के साथ आनुवंशिक मार्करों से जानकारी को सहसंबंधित करने का प्रयास करता है। कार्यात्मक जीन का विचलन स्तर आवास विशेषताओं के आधार पर चयन पैटर्न के बारे में जानकारी प्रदान करती है। आनुवंशिक विचलन स्थानीय रूप से अनुकूलित आबादी की उपस्थिति का भी संकेत है।

महत्वपूर्ण शारीरिक प्रक्रियाओं को विनियमित करने में प्रमुख कार्यात्मक जीन की भूमिका को समझने के लिए विभेदक जीन अभिव्यक्ति पैटर्न के बारे में डेटा महत्वपूर्ण है। बड़े पैमाने पर आर एन ए अनुक्रमण जैसे ट्रांसक्रिप्टोमिक दृष्टिकोणों के साथ वास्तविक समय में जीन अभिव्यक्ति पैटर्न में भिन्नता को समझना अब संभव है और ये तरीके अब बहुत व्यवहार्य और लागत प्रभावी हो गई हैं। सूक्ष्म-सरणियों का उपयोग एक साथ सैकड़ों या हजारों जीन की अंतर जीन अभिव्यक्ति को मापने के लिए किया जाता है जबकि वास्तविक समय पी सी आर एक या दो उम्मीदवार जीन की जीन अभिव्यक्ति को मापता है। माइक्रोएरे में, हजारों एकल फँसे हुए डी एन ए स्पॉट काँच स्लाइड जैसी सतहों से जुड़े होते हैं और प्रत्येक स्पॉट एक जीन से मेल खाता है। जीन अभिव्यक्ति को स्लाइड्स पर फ्लोरोसेंटली टैग किए गए सी डी एन



संरचना में RAD अनुक्रमण के माध्यम से उत्पन्न 56,358 SNPs स्थान से प्राप्त भारतीय तारली की सभी जनसंख्या के बीच मिश्रण विश्लेषण के ग्राफिकल परिणाम। ऊर्ध्वधर रेखाएँ सिम्युलेटेड क्लस्टर में व्यक्तिगत सदस्यता की संभावना को दर्शाती हैं। (ए) K = 2 के लिए प्लॉट (सभी पाँच नमूनों सहित), (बी) K = 2 के लिए प्लॉट (ओमान नमूनों को छोड़कर)। प्लॉट को स्ट्रक्चर v2.3 के साथ तैयार किया गया था।

ए को धोकर मापा जाता है ताकि पूरक स्ट्रैंड्स सरणी और फ्लोरोसिस पर संकरण करें। अभिव्यक्ति दर को प्रत्येक स्थान की तीव्रता से मापा जाता है। लेकिन इन सभी जाँचों को उम्मीदवार जलजीव पालन प्रजातियों के प्रदर्शन के साथ जीन अभिव्यक्ति डेटा को संबंधित करने के लिए नियंत्रित प्रयोगात्मक स्थितियों की आवश्यकता होती है।

रियल टाइम पी सी आर सामान्य पी सी आर के सिद्धांत पर आधारित है और उत्पाद को फ्लोरोसेंट डाई के साथ प्रतिक्रिया मिश्रण को टैग करके वास्तविक समय में मापा जा सकता है। प्रत्येक पी सी आर चक्र के बाद फ्लोरोसेंस को मापा जा सकता है जो जीन के अभिव्यक्ति स्तर से मेल खाता है। रियल टाइम पी सी आर के साथ मुख्य दोष यह है कि इस तरीके का उपयोग करके एक जीनोम के भीतर केवल बहुत कम जीनों का अध्ययन किया जा सकता है।

प्रतिबंध साइट संबद्ध डी एन ए अनुक्रमण एक ऐसा तरीका है जहाँ प्रतिबंध एंजाइमों का उपयोग विशिष्ट साइटों पर जीनोम को काटने के लिए किया जाता है जो एक विशेष प्रतिबंध एंजाइम द्वारा काटी गई प्रत्येक साइट का एक जीनोम व्यापक प्रतिनिधित्व प्रदान करता है। इसे एक जीनोम "जटिलता न्यूनीकरण प्रोटोकॉल" भी कहा जाता है। यह तरीका हाल के वर्षों में कई व्यक्तियों से बहुरूपी मार्करों की जीनोम वाइड खोज के लिए बहुत लोकप्रिय हो गई है।

संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण की तुलना में आर ए डी अनुक्रमण के कई लाभ हैं क्योंकि यह जीनोम के एक विशिष्ट खंड को अनुक्रमित करने की अनुमति देता है। यह एक कम प्रतिनिधित्व तरीका है जो कई व्यक्तियों में जीनोम में केवल साइटों के एक साझा सेट का नमूना लेती है जो अनुक्रमण की लागत को कम करती है। इसके अलावा, एन जी एस आर ए डी अनुक्रमण का उपयोग करके बारीक पैमाने पर लिकेज मैपिंग, फ़ाइलोजेनेटिक्स, फ़ाइलोज्योग्राफी, जीनोम स्कैफ़ोल्डिंग और जनसंख्या आनुवंशिकी जाँच की जा सकती है। हाल ही में, इसे सैल्मन, कटथोट और रेनबो ट्राउट जैसी प्रजातियों में जनसंख्या आनुवंशिक संरचना के बारे में निष्कर्ष निकालने के लिए उपयोग किया गया है।

बहुरूपी मार्करों का विकास

संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण हजारों बहुरूप डी एन ए मार्करों की पहचान करने की अनुमति देता है। संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण का उपयोग करके माइक्रोसैटेलाइट्स और एस एन पी दोनों की पहचान की जा सकती है। जीनोम पुनः अनुक्रमण, जीनोटाइपिंग बाय अनुक्रमण (डी डी आर ए डी अनुक्रमण) और आर एन ए अनुक्रमण का उपयोग करके एस एन पी की पहचान भी की जा सकती है। एकल न्यूक्लियोटाइड बहुरूपता (एस एन पी) बिंदु उत्परिवर्तन के कारण होने वाले बहुरूपता हैं जो एक स्थान के भीतर एक विशेष न्यूक्लियोटाइड स्थिति पर वैकल्पिक आधारों वाले एलील को जन्म देते हैं। अगली पीढ़ी के अनुक्रमण तरीकों के आगमन के बाद, कई व्यक्तियों में उन्हें तेजी से पहचानना और जीनोटाइप करना संभव है। आमतौर पर एस एन पी के कारण एलील एक आधार में भिन्न होते हैं और पारंपरिक तकनीकों का उपयोग करके ऐसे सूक्ष्म अंतरों को अलग करना मुश्किल होता है। अगली पीढ़ी के अनुक्रमण तकनीकें ऐसे सूक्ष्म अंतरों का तेजी से पता लगाने की अनुमति देती हैं और कई एस एन पी मार्करों की पहचान कैटफिश (लियू एट अल., 2011) से की गई है। चैनल कैटफिश की उच्च घनत्व वाली एस एन पी सरणियों का निर्माण किया गया है (लियू एट अल., 2014) जिससे जीनोम वाइड एसोसिएशन स्टडीज़ (जीडब्ल्यूएस) (गेंग एट अल., 2015), लिकेज मैपिंग, क्यू टी एल मैपिंग और संपूर्ण जीनोम सूचना के आधार पर चयन के लिए बड़े पैमाने पर जीनोटाइपिंग संभव हो पाई है।

ट्रांसक्रिप्टोम संसाधनों का विकास

ट्रांसक्रिप्टोम की जानकारी जीन अभिव्यक्ति और जीन क्षेत्रों की पहचान करने में मदद करती है। कई जलजीव पालन प्रजातियों में बड़ी संख्या में व्यक्त अनुक्रम टैग की पहचान की गई है जो ट्रांसक्रिप्ट बनाने की प्रक्रिया में महत्वपूर्ण जानकारी प्रदान करती हैं। कुछ संस्थानों द्वारा कैटफिश, सैल्मन, स्ट्राइप्ड बास, तिलापिया, येलो पर्च, ब्लू गिल और पैसिफिक ऑयस्टर जैसी कुछ महत्वपूर्ण जलजीव पालन प्रजातियों के लिए ट्रांसक्रिप्टोम डेटासेट तैयार किए गए हैं। इन प्रजातियों में रोग प्रतिरोधक क्षमता, वृद्धि, ताप तनाव, क्षारीयता तनाव, लवणता तनाव और कम या उच्च वसा वाले

आहार के प्रति अनुकूलन के संबंध में अलग-अलग व्यक्त जीन का अध्ययन किया गया है।

प्रोटीओमिक संसाधनों का विकास

प्रोटीओमिक्स उन जीनों के कार्यों को समझने के लिए महत्वपूर्ण है जो महत्वपूर्ण उत्पादन लक्षणों से संबंधित हैं। कई अध्ययनों ने टैंडम मास स्पेक्ट्रोमेट्री (tandem mass spectrometry) दृष्टिकोणों का उपयोग करके प्रोटीन के बारे में महत्वपूर्ण जानकारी को उजागर किया है और प्रजनन और पेशी शोष में महत्वपूर्ण भूमिका निभाने वाले प्रोटीन की पहचान की है।

गैर-कोडिंग ट्रांसक्रिप्ट, जीनोम अभिव्यक्ति विनियमन और एपिजीनोमिक्स की पहचान करना

भले ही जीन अभिव्यक्ति के विनियमन में गैर-कोडिंग प्रतिलेख महत्वपूर्ण हैं, लेकिन उन्हें जलजीव पालन प्रजातियों में प्रोटीन कोडिंग प्रतिलेखों के रूप में अच्छी तरह से नहीं समझा जाता है क्योंकि यह अनुसंधान का एक नया क्षेत्र है। जलजीव पालन में रेनबो ट्राउट मछली महत्वपूर्ण प्रजाति है जिसमें गैर-कोडिंग आर एन ए पर अधिकांश कार्य किए गए हैं। ज्यादातर, माइक्रो-आर एन ए ने प्रदर्शन लक्षणों के साथ संबंध दिखाया। यौन रूप से परिपक्व और अपरिपक्व मछलियों में अलग-अलग व्यक्त माइक्रो-आर एन ए की पहचान की गई है, और उनमें से कुछ अंडे की गुणवत्ता और माँसपेशियों की वृद्धि के संबंध में अलग-अलग व्यक्त किए गए थे। अटलांटिक सैल्मन के माइक्रो-आर एन ए प्रदर्शनों की सूची का बेकेट एट अल. 2013 द्वारा गहनता से अध्ययन किया गया है और उन्होंने 888 माइक्रो आर एन ए जीन की पहचान की है।

जलजीव पालन प्रजनन कार्यक्रम और जीनोमिक प्रौद्योगिकियाँ

पॉलीप्लोइडाइजेशन, गाइनोजेनेसिस, एंड्रोजेनेसिस, सेक्स रिवर्सल, गैमेट क्रायोप्रिजर्वेशन और जीन ट्रांसफर जैसी जीनोम प्रौद्योगिकियों का उपयोग करने वाले जलजीव पालन प्रजनन कार्यक्रम जलजीव पालन की उत्पादकता में सुधार करने में बहुत उपयोगी हैं। मार्कर सहायता प्राप्त चयन (एम ए एस), जीनोम चयन (जी एस) और जीनोम एडिटिंग अन्य प्रौद्योगिकियाँ हैं

जिन्हें जलजीव पालन उत्पादकता में सुधार के लिए सफलतापूर्वक नियोजित किया जा सकता है। एम ए एस को अटलांटिक सालमन मछली (अब्दुलरहमान एट अल की समीक्षा 2017 और उसमें संदर्भ) में रोग प्रतिरोध और आई पी एन प्रतिरोध के लिए जापानी फ्लाउंडर में नियोजित किया गया है।

TALEN (ट्रांसक्रिप्शन एक्टिवेटर-जैसे इफेक्टर न्यूक्लियस) और CRISPR/Cas9 (क्लस्टर्ड रेगुलेटरी इंटरस्पेस शॉर्ट पैलिंड्रोमिक रिपीट्स) जैसी जीनोम एडिटिंग प्रौद्योगिकियाँ बहुत आशाजनक हैं कि उन्हें जलजीव पालन में प्रभावी ढंग से उपयोग किया जा सकता है। TALEN (ट्रांसक्रिप्शन एक्टिवेटर-जैसे इफेक्टर न्यूक्लियस) प्रतिबंध एंजाइम हैं जिन्हें डी एन ए के विशिष्ट अनुक्रमों को काटने के लिए संशोधित किया जा सकता है। उन्हें डी एन ए क्लेवाज डोमेन में ट्रांसक्रिप्शन एक्टिवेटर जैसे इफेक्टर डी एन ए बाइंडिंग डोमेन में शामिल करके बनाया जा सकता है। ट्रांसक्रिप्शन एक्टिवेटर जैसे इफेक्टरों को किसी भी वांछित डी एन ए टुकड़े को बांधने के लिए इंजीनियर किया जा सकता है, इसलिए जब क्लेवाज डोमेन (एक नाभिक) के साथ जुड़ जाता है, तो डी एन ए को विशिष्ट साइटों (बोच एट अल., 2009) पर क्लियर किया जा सकता है। कोशिकाओं से परिचित होने पर इन प्रतिबंध एंजाइमों को जीन या जीनोम एडिटिंग के लिए नियोजित किया जा सकता है।

CRISPR/Cas9 (क्लस्टर्ड रेगुलेटरी इंटरस्पेस शॉर्ट पैलिंड्रोमिक रिपीट्स) में बैक्टीरियल डी एन ए होते हैं जिनमें शॉर्ट पैलिंड्रोम नियमित अंतराल पर दोहराया जाता है। CRISPR-संबंधित (Cas) प्रोटीन में न्यूक्लियेस शामिल होते हैं जो डी एन ए को काटते हैं। CRISPR विदेशी या हमलावर वायरस या प्लास्मिड के खिलाफ बैक्टीरिया की प्रतिरक्षा का एक तंत्र है। यह यूकेरियोटिक आर एन ए हस्तक्षेप मार्गों के समान काम करता है। CRISPR में एक CRISPR RNA (crRNA) शामिल होता है, जो लक्ष्य डी एन ए और ट्रांस-एक्टिवेटिंग RNA (tracrRNA) को बांधकर दरार का मार्गदर्शन करता है, जो crRNA के साथ बेस पेयर बनाता है और Cas9-crRNA कॉम्प्लेक्स को लक्षित डी एन ए और Cas9 न्यूक्लियेस का पता लगाने में सक्षम बनाता है। Cas9 एक एंजाइम है जो डी एन ए को काटता है और CRISPR में डी एन ए अनुक्रमों का एक संग्रह होता है जो काटने के लिए साइटों के बारे में Cas9 को मार्गदर्शन करता है।

जलजीव पालन उत्पादकता में वृद्धि के लिए न्यूट्रीजीनोमिक्स

न्यूट्रीजीनोमिक्स पोषक तत्वों और जीन के बीच की अंतःक्रिया पर निर्भर करता है। खाद्य पदार्थों में प्राकृतिक रूप से पाए जाने वाले रसायनों के प्रभाव और जीन की आण्विक अभिव्यक्ति के बीच संबंध को न्यूट्रीजीनोमिक जाँच में खोजा जाता है। पोषक तत्वों, आहार घटकों और पोषक तत्व-जीन अंतःक्रियाओं को कोशिका और व्यक्तिगत स्तर पर समझने के लिए जीनोमिक, प्रोटीओमिक और मेटाबॉलिक तकनीकें उपलब्ध हैं। न्यूट्रीजीनोमिक्स में पोषक तत्वों का जीन पर प्रभाव भी शामिल है, लेकिन पोषक तत्वों के चयापचय पर आनुवंशिक संरचना का प्रभाव भी शामिल है। पोषक तत्वों द्वारा प्रेरित जीन अभिव्यक्ति के अध्ययन को न्यूट्रीट्रांसक्रिप्टोमिक्स कहा जाता है। ऐसे ट्रांसक्रिप्शन कारक हैं जो पोषक तत्वों के साथ अंतःक्रिया करते हैं; परमाणु रिसेप्टर्स, जैसे कि पेरॉक्सिसोम प्रोलिफेरेटर एक्टिवेटर रिसेप्टर (पी पे ए आर) (बाइंडिंग फैटी एसिड) या लिवर एक्स रिसेप्टर (बाइंडिंग कोलेस्ट्रॉल मेटाबोलाइट्स), बड़ी संख्या में जीन के प्रमोटर क्षेत्रों में विशिष्ट न्यूक्लियोटाइड अनुक्रमों (प्रतिक्रिया तत्वों) के लिए रेगुलैटरी एक्स रिसेप्टर के साथ हेटेरोडिमेर के रूप में बंधते हैं (अफ़मैन और मुलर, 2006)। ये ट्रांसक्रिप्शन कारक "पोषक तत्व सेंसर" के रूप में भी जाना जाता है।

जलजीव पालन रोग नियंत्रण और निवारण के लिए मेटाजीनोमिक्स

जलजीव पालन में रोगों के नियंत्रण और निवारण में ओमिक्स प्रौद्योगिकियों की बहुत प्रासंगिकता है। उभरते मछली रोगजनकों और संक्रामक रोगों की पहचान करने और उसके बाद के निवारण और नियंत्रण के लिए मेटाजीनोमिक्स का प्रभावी ढंग से उपयोग किया जा सकता है। स्वास्थ्य स्थिति की निगरानी के लिए परपोषी माइक्रोबायोटा को समझने के अलावा मछली पालन वातावरण की माइक्रोबियल संरचना का निर्धारण किया जा सकता है।

भारत में मछली जीनोमिक अनुसंधान

भारतीय कृषि अनुसंधान परिषद के अंतर्गत मात्स्यिकी अनुसंधान संस्थानों ने वाणिज्यिक प्रमुख पक्ष और कवच मछलियों, भारतीय तारली, *साडिनेला*

लोजिसेप्स, रोहू *लेबियो रोहिता*, *क्लेरियस बैट्राचस*, *टेनुअलोसा इलिशा*, एशियन हरित शंबु, *पेर्णा विरिडिस* और *पेनियस इंडिकस* में संपूर्ण जीनोम अनुक्रमण और जीनोमिक संसाधनों का उत्पादन किया है। कई पालन योग्य मछलियों के ट्रांसक्रिप्टोम संसाधनों का भी विकास किया जा रहा है।

जैव सूचनात्मक चुनौतियाँ

किसी भी जीनोमिक परियोजना की सफलता जैव सूचनात्मक डेटा खनन, विश्लेषण और डेटा साझाकरण के माध्यम से बड़े डेटा सेट का विश्लेषण करने की क्षमता पर निर्भर करती है और जैव सूचना विज्ञान विशेषज्ञता को किसी भी अनुसंधान की सफलता का कारण माना जाता है जिसमें जीनोमिक प्रौद्योगिकियों का उपयोग किया जाता है। वांछित परिणाम प्राप्त करने के लिए सूचना विज्ञान के ज्ञान को जीव विज्ञान के ज्ञान के साथ एकीकृत करना बहुत महत्वपूर्ण है। विशेषज्ञता की कमी के अलावा, कम्प्यूटेशनल चुनौतियाँ भी मौजूद हैं। अगली पीढ़ी के अनुक्रमक टैराबाइट्स डेटा उत्पन्न करने में सक्षम हैं जिन्हें सुपरकंप्यूटर या उच्च प्रदर्शन कंप्यूटर क्लस्टर (एच पी सी) के उपयोग के माध्यम से संभाला जाना चाहिए। एच पी सी महँगे हैं और उनका रखरखाव करना मुश्किल है।

निष्कर्ष

समुद्री संवर्धन गतिविधियों में सुधार के लिए जीनोमिक्स की संभावनाएँ बहुत अधिक हैं और व्यवस्थित तरीकों का उपयोग करके इसकी क्षमता का दोहन किया जाना चाहिए। जीनोम एडिटिंग प्रौद्योगिकियाँ और मार्कर सहायता प्राप्त चयन समुद्री संवर्धन प्रजनन कार्यक्रमों में सुधार कर सकते हैं, जिससे उत्पादकता में वृद्धि में काफी योगदान मिल सकता है। *रैचीसेंट्रॉन कैनाडम*, *ट्रैकिनोटस ब्लोची*, *ट्रैकिनोटस मूकाली*, *एपिनेफेलस कूइडस*, *लेथिनस लेंटजन*, *पेरना पेरना*, *क्रैसोस्ट्रिया बिलिनेटा* और *पीनीयस सेमीसलकैटस* जैसी महत्वपूर्ण समुद्री संवर्धन प्रजातियों के जीनोम और ट्रांसक्रिप्टोम संसाधनों को तत्काल प्राथमिकता देते हुए विकसित किया जाना चाहिए। भा कृ अनु प- केन्द्रीय समुद्री मात्स्यिकी अनुसंधान संस्थान ने इस दिशा पर जाँच शुरू की है। हम जीनोमिक्स में प्रगति के युग को देख रहे हैं और यह सही समय है कि हम भारत जैसे विकासशील देशों में खाद्य सुरक्षा सुनिश्चित करने के लिए इन जीनोमिक तकनीकों का लाभ उठाएं।