चुकंदर में जैव सूचना तकनीक से जैविक ऊर्जा एवं औद्योगिक उपयोगिता की संभावनाएँ

राघवेन्द्र कुमार[1], संगीता श्रीवास्तव[1], मीर आसिफ इकवाल[2], सारिका जयसवाल[2] एवं दिनेश कुमार[2]
भा.कृ.अनु.प.– गन्ना अनुसंधान संस्थान, लखनऊ
[2]कृशि जैव सूचना केन्द्र, भा.कृ.अनु.प.–भारतीय कृशि साँख्यिकीय अनुसंधान संस्थान, नई दिल्ली
संवादी लेकख का ई–मेल : raghwendkumar@gmail.com

चुकंदर शर्करा उत्पादन के लिए गन्ना के बाद सबसे महत्वपूर्ण नकदी फसल है। यह प्रायः समशीतोश्ण जलवायु में उगाए जाने वाली द्विबीजपत्रीय फसल है, जो 6 माह की अवधि में तैयार हो जाती है। वनस्पतिशास्त्र के अनुसार चुकंदर, बीटा वल्गेरिस को एमरेन्थेसीई कुल तथा बीटोआइडी उपकुल में वर्गीकृत किया जाता है। इसके कन्दमूल को पतले टुकड़ों (स्लाइस) में विभक्त करके लुगदी (पल्प) से चीनी का उत्पादन होता है। इसमें लगभग 15 से 20 प्रतिशत तक वृहत मात्रा में सुक्रोज सामग्री पाई जाती है। अतः यह विश्व के वार्षिक शर्करा उत्पादन के लगभग 30 प्रतिशत हिस्से का प्रतिनिधित्व करता है।

लगातार बढ़ती जनसंख्या के सन् 2050 तक लगभग 10 बिलियन का आँकड़ा पार कर लेने की स्थिति में, जीवाष्म ईंधन के अलावा वैकल्पिक ऊर्जा स्रोतों के लिए एक स्थायी परिपेक्ष्य में सतत् अक्षय ऊर्जा स्रोत के लिए एक स्थायी जैविक समाधान की खोज एक महत्वपूर्ण अनुतरित प्रश्न बनता जा रहा है। यदि चुकंदर के बायोमास के एनसाइलेज तथा अवायुवीय (ऐनेरॉबिक) पाचन का उपयोग किया जाए तो इसमें बायोएथेनॉल उत्पादन की तुलना में प्रति हेक्टेयर अधिक जैविक ऊर्जा प्राप्ति की अपार संभावनाएँ निहित होती है।

चुकंदर से चीनी तथा बायोएनर्जी उत्पादन के संदर्भ में फसल औद्योगिक उपयोग के अलावा इसमें अतिरिक्त बहु–संख्यक गुणक लाभ पाए जाते हैं। इस फसल में विभिन्न जलवायु और बंजर कृषि भूमि में भी उपज के प्रति सहिष्णुता पाई जाती है। संक्षेप में कहा जाए तो इसकी खेती से तीन तरह फायदा किसानों को मिलता है: (1) नकदी फसल होने से त्वरित कमाई में बढ़ोत्तरी, (2) मृदा परिशोधन/मिट्टी की उर्वरता में सुधार, तथा (3) सूखे एवं गर्मी के दिनों के दौरान पशु चारा तथा उनके खनिज पूरक के लिए लाभकारी खासकर जब हरे चारे का अभाव हो।

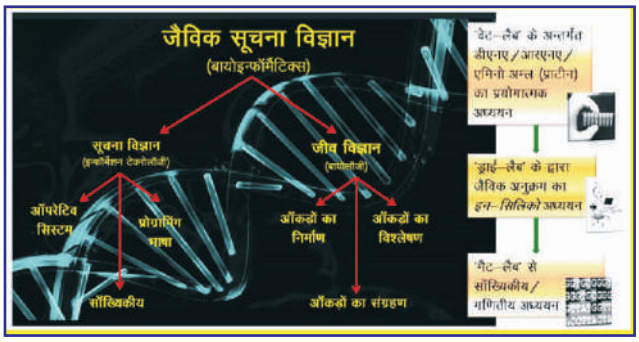
औद्योगिक क्षेत्र में चुकंदर से डाई हाइड्रोक्सीटोन, जो एक विशेष प्रकार का सनलेस टैन्नर (चर्मशोधक) है, उत्पादित किया जाता है। कई प्रकार के जीवन रक्षक औषधियाँ मानव स्वास्थ्य के लिए उपयोगी है, जिनमें कैंसर विरोधी नाशक, एन्टीऑक्सीडेंट, अवसादरोधी, कामोद्दीपक गुण विद्यमान होते हैं। हर्बल थेरेपी (जड़ी–बूटी चिकित्सा) में इससे प्राप्त किए गए यौगिक विशेषकर बीटेन, फिनोलिक्स और बीटासाइन्सिन दवा उद्योग के लिए महत्वपूर्ण है। चुकंदर से प्राप्त बेटेन का उपयोग पीसीआर सहायक उद्योग में व्यापकतापूर्वक किया जाता है क्योंकि इससे जीनोमिक्स अनुक्रमों के प्रवर्धन में सुधार होता है।

प्लास्टिक के विकल्प के तौर पर इन दिनों चुकंदर के अवषेश से बने जैविक पॉलीएथिलीन अत्यंत लोकप्रिय हो रहे हैं। इटली के कई व्यवसायी इसके मोलासेस को जैव सूचना तकनीक से विकसित जीवाणुओं की मदद से किण्वनीकरण करके इसमें विद्यमान शर्करा को लैक्टिक अम्ल में बदलने के उपरान्त कई जटिल प्रसंस्करण विधि द्वारा जैविक पॉलीमर प्राप्त करने की औद्योगिक महारत हासिल किया है। सामान्यतः चुकंदर के जैविक पॉलीएथिलीन को पीएचपी (पॉलीहाईड्रॉक्सी एल्कोनेट) प्लास्टिक कहा जाता है। यह पर्यावरण में आसानी से स्वतः अपघटित होकर मिट्टी के उर्वरा शक्ति के विकास में सहायक होता है। 'सिंगल–यूज्ड प्लास्टिक' के दुरूपयोग से छुटकारा दिलाने में यह एक स्वागत योग्य पहल हो सकता है। अन्य शर्करा फसल जैसे गन्ना, मीठी ज्वार, इत्यादि से भी जैविक पॉलीएथिलीन का उत्पादन होता है, किन्तु आर्थिक दृष्टिकोण से चुकंदर सर्वाधिक महत्वपूर्ण है।

कृषि जैविक सूचना विज्ञान के महत्व

जैव सूचना विज्ञान (बायोइन्फार्मेटिक्स) के अंतर्गत जैविक

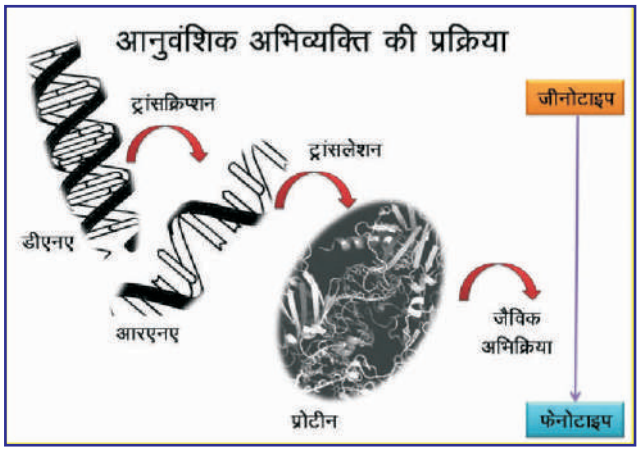
सूचना का अर्जन, भंडारण, संसाधन, विश्लेषण, वितरण, व्याख्या इत्यादि से संबन्धित शोध कार्य जीव विज्ञान, सूचना तकनीक तथा गणित के माध्यम से सम्पन्न होता हैं। इस कार्य के लिए कम्प्युटर और अन्य हार्डवेयर, इंटरनेट कनैक्शन, वर्ल्ड–वाइड–वेव, डाटाबेस, उपयुक्त सॉफ्टवेर के सधान नितांत आवश्यक होते हैं। समान्यतः डाटावेस माइनिंग (खोज) के लिए न्यूक्लिक अम्ल (डीऑक्सीरीबो न्यूक्लिक एसिड/डीएनए, रीबो न्यूक्लिक एसिड, प्रोटीन/एमीनो एसिड तथा जैविक अणुओं के अनुक्रम (सिक्वेंस) वांछित टूल्स (उपकरण) की सहायता से की जाती हैं। इसके उपरांत जीनोम की संरचना (डिज़ाइनिंग) प्राप्त होती हैं और इनके उपयोग से विभिन्न क्षेत्र मे शोध कार्य संचालित होते हैं।



जैव सूचना तकनीक के महत्व

जैविक ऊर्जा तथा औद्योगिक अनुप्रयोग में सम्मुन्नत बीज उत्पादन में सुधार के लिए आनुवंशिक विविधताओं के विकास तथा विभिन्न प्रकार के जैविक तथा अजैविक कारकों के प्रति सहनशील जीन (आनुवंशिक अणु) से युक्त जीवद्रव्य (जीनोटाइप) की खोज की जाती है। जीवद्रव्य पौधों में आनुवंशिक गुणों के तलाश में जैविक अणु, डीऑक्सीराइबो न्यूक्लिक अम्ल (डीएनए) में गहन आणविक अध्ययन किया जाता है। डीएनए में विभिन्न प्रकार के जीन अनुक्रम की पहचान के लिए आणविक मार्कर का उपयोग किया जाता है। जीनोमिक्स अध्ययन में 'वेट–लैब' से जुड़े प्रयोग में चुकंदर के जीनोटाइप 'केडब्लूएस 2320' में अनुक्रमित जीनोम डाटा का उपयोग किया गया था।

वर्तमान समय में जीनोमिक्स से जुड़े 'वेट–लैब' प्रयोग में सर्वप्रथम चुकंदर के डीऑक्सीराइबो न्यूक्लिक अम्ल (डीएनए) निष्कासित किए जाते हैं। डीएनए में पॉली न्यूक्लियोटाइड श्रृंखला एक अक्ष पर स्प्रिंग की भाँति द्विकुण्डलिनी (डबल हेलिक्स) संरचना बनाती है और मूलतः 4 प्रकार के आधार नत्रजनीय समाक्षार एडिनीन, थायमीन के साथ तथा ग्वानिन, साइट्रोसीन के साथ एक दूसरे से गूंथे रहते है। प्रत्येक श्रृंखला में फॉस्फोरस बंध खास न्यूक्लियोटाइड के अनुक्रम शर्करा के अणु से जुड़े होते हैं। इनको हाइड्रोजन बंध एक–दूसरे से एक साथ विशेष परिस्थितियों में जोड़े रखता है। जैव रासायनिक अभिक्रिया के संयोग द्वारा द्विकुण्डलिनीडीएनए टूटकर एकल कुण्डलिनी (सिंगल हेलिक्स) संरचना राइबोन्यूक्लिक अम्ल (आरएनए) में परिवर्तित होकर थाइमिन के स्थान पर यूरेसिल से जुड़कर आवश्यक जैव सूचनाओं को एक स्थान से दूसरे स्थान अर्थात् केन्द्रक से कोशिका द्रव्य तक संचारित करते है। इस जैविक घटना को ट्रांसक्रिप्सन कहा जाता है।



आणविक जीव विज्ञान की केन्द्रीय मताग्रह (डीग्मा)

वस्तुतः ऐसे ट्रांसक्रिप्टोम्स अणु विशिष्ट प्रकार के जैविक सूचनाओं को अरबो तथा खरबों की संख्या से अधिक आँकड़ों में संचारित करते हैं। आगे चलकर ऐसे तमाम जैव अणु विशिष्ट प्रकार के प्रोटीन के ट्रांसलेशन प्रक्रिया में हिस्सा लेती है। प्रोटीन के जैव अणु मूलरूप से किसी भी जैविक गुणों को प्रत्यक्ष तथा परोक्ष रूप से प्रभावित करते हैं और अनुकूल एमीनो अम्ल का निर्माण होने लगता है। इस क्रम में प्रोटीन से प्रोटीन तथा प्रोटीन से डीएनए के समागमन होने लगता है। समागमन से प्रोटीन की मॉड्यूलिंग को कम्प्यूटर के विभिन्न टूल्स (उपकरण) की सहायता से चित्रित किया जाता है। इन दिनों वैज्ञानिकों ने लगभग 20 प्रकार के अति विशिष्ट गुणधर्म वाले अमीनो अम्ल की पहचान करने में सफलता हासिल किया है। कुल मिलाकर कहा जाए तो

जेनेटिक गुण एक खास जैविक संयोग, जिसमें प्रोटीन की सहभागिता अत्यंत प्रमुख है, के फलस्वरूप फिनोटिपिक गुणों को संप्रेषित करता है।

जैविक सूचना के गणितीय प्रस्तुतीकरण के आधार पर सिक्वेंस डाटाबेस का विशेष उपयोग जैव अभियांत्रिक के माध्यम से होता है। इस तरह के कार्य को 'ड्राई–लैब' में डाटा माइनिंग (आँकड़ा खनन) के नाम से जाना जाता है। डाटा माइनिंग के लिए मार्कर से गुणसूत्र में विद्यमान विभिन्न प्रकार के गुणों तथा लक्षणों (ट्रेट) की पहचान आसानी से किया जाता है। आणविक मार्कर के द्वारा जैविक अणु, डीएनए के खास समूह (फ्रेगमेंट्स) होते हैं जो किसी खास जीनोम की विशिष्ट जगह पर अज्ञात डीएनए के अनुक्रम को उजागर करने में सहायता प्रदान करते हैं। समस्याग्रस्त जीन को उजागर करने में इन के बहुमूल्य योगदान है।

चुकंदर के एसबीएमडीबी (SBMDb) के मार्कर

'ड्राई–लैब' शोध कार्य हेतु जैविक सूचना विज्ञान के विभिन्न सॉफ्टवेयर टूल्स (उपकरण) के कम्प्यूटरी विश्लेषण द्वारा सम्पन्न किए जाते है। वस्तुतः यह जीनोटाइप 567 एमबी अगुणित (हेप्लोएड) जीनोम के 85 प्रतिशत अनुक्रम डाटाबेस विकसित किया गया था। चुकंदर के 9 गुणसूत्रों (2n =18) के 63 प्रतिशत जीन सघनता समूह (एसेम्बली) के अध्ययन के द्वारा प्रतिपादित किया गया। इनसे प्राप्त डेटा संग्रहण से आगे की खोज (डेटा माइनिंग) में भरपूर मदद मिलती है। डीनोवो एसेम्बली के कम्प्यूटीकृत विश्लेषण से लगभग 27000 संख्या में प्रयोजन युक्त सार्थक जीन की सटीक पहचान की भविष्यवाणी की जाती है। इसके मिलान के लिए 'फास्टा' (FASTA) टूल के मदद जो नैशनल सेंटर फॉर बायोटेक्नोलॉजिकल इन्फॉर्मेशन (एनसीबीआई) के वेबसाइट से डाउनलोड करके संपादित किया जाता है। चुकंदर में कार्यात्मक 'सिम्पल सिक्वेंस रिपीट्स माइक्रोसेटेलाइट' मार्कर को जैव सूचना विज्ञान के शब्दावली में 'सिम्पल सिक्वेंस रिपिट्स–फंक्शनल डोमेन मार्कर' (SSR-FDMs) कहा जाता है। सहयोगी एक्सप्रेस्ड सिक्वेंस टैग (ESTs) के अनुक्रम ज्ञात करने के लिए कम्प्यूटर नेटवर्क के माध्यम से डाउनलोड किया जाता है।

साथ ही चुकंदर के 'प्यूटेटिव यूनिट ट्रांसक्रिप्ट्स' (PUT) के लिए 'प्लांटजीडीबी' टूल के 187 विमोचित संस्करण के वेबसाइट से डाउनलोड किया जाता है। सभी एक्सप्रेड सिक्वेन्स टैग तथा प्यूटेटिव यूनिक ट्रांसक्रिप्ट्स को सर्वप्रथम होमोपॉलीमर्स त्रुटियों के उपस्थिति के फलस्वरूप निदान हेतु स्कैन किया जाना नितांत आवश्यक है। डाटाबेस में उपलब्ध एक्सप्रेड सिक्वेंस टैग–ट्रिमर की सहायता से अनुक्रमों में व्याप्त अस्पष्टता को हटाने के उद्देश्य से वेबसाइट नेटवर्क निचली सेटिंग पर अनुक्रम श्रृंखला सुनिश्चित की जाती है। इसके लिए एमआइएसए (MISA) की मदद ली जाती है।

'एसएसआर–एफडीएम' मार्कर के जीनोटाइपिंग की सहायता से विशेष प्रकार के प्राइमरों को जीनोमिक डीएनए सिक्वेंश पर कम्प्यूटर के माध्यम से डिजाइन तैयार किया जाता है ताकि सिक्वेंश के आणविक विश्लेषण में आसानी से व्याख्या की जा सके। सम्पूर्ण जीनोम आधारित मार्करों को मोटिफ आकार, मोटिफ प्रकार, उनके लम्बाई तथा आकार के साथ समायोजित करके दोहराने की संख्या, दोहराए जाने के प्रकार, व्याप्त जीसी सामग्री और समाप्ति की स्थिति पर वर्णनात्मक जैव सूचनाओं के साथ ऑन लाईन प्रस्तुतिकरण दर्शाया जाता है। 'क्वालिटेटिव ट्रेट लोसी' (QTL) अथवा जीन के मान चित्रण से वांछित अंतराल पर प्रत्येक गुणसूत्र पर मार्कर लगाने के लिए विशेष प्रावधान विकसित किए जाते है। साथ ही मार्कर को मोटिफ प्रकार, रिपिट्स के प्रकार, जीसी सामग्री, बेस पेयर की संख्या और रिपिट यूनिट की संख्या के आधार पर चयन की प्रक्रिया सम्पन्न होती है, क्योंकि आठ से अधिक रिपिट्स वाले मार्कर अक्सर डीएनए प्रतिकृति घटना के फलस्वरूप बहुरूपता (पॉलीमार्फिज्म) प्रदर्शित करते है। प्राइमर पीढ़ी का एक अतिरिक्त 'प्लग–इन' ऐसे विशेष मार्करों के लिए लागू किया गया था। प्राइमर 3 कोर को अमल में लाते हुए 500 बीपी अपस्ट्रीम तथा डाउनस्ट्रीम सीक्वेंस को 'पर्ल' (PERL) टूल की मदद से लगभग 1000 बीपी के विशिष्ट प्राइमर डिजाइनिंग के लिए टेम्पलेट का लक्ष्य सुनिश्चित किया जाता है।

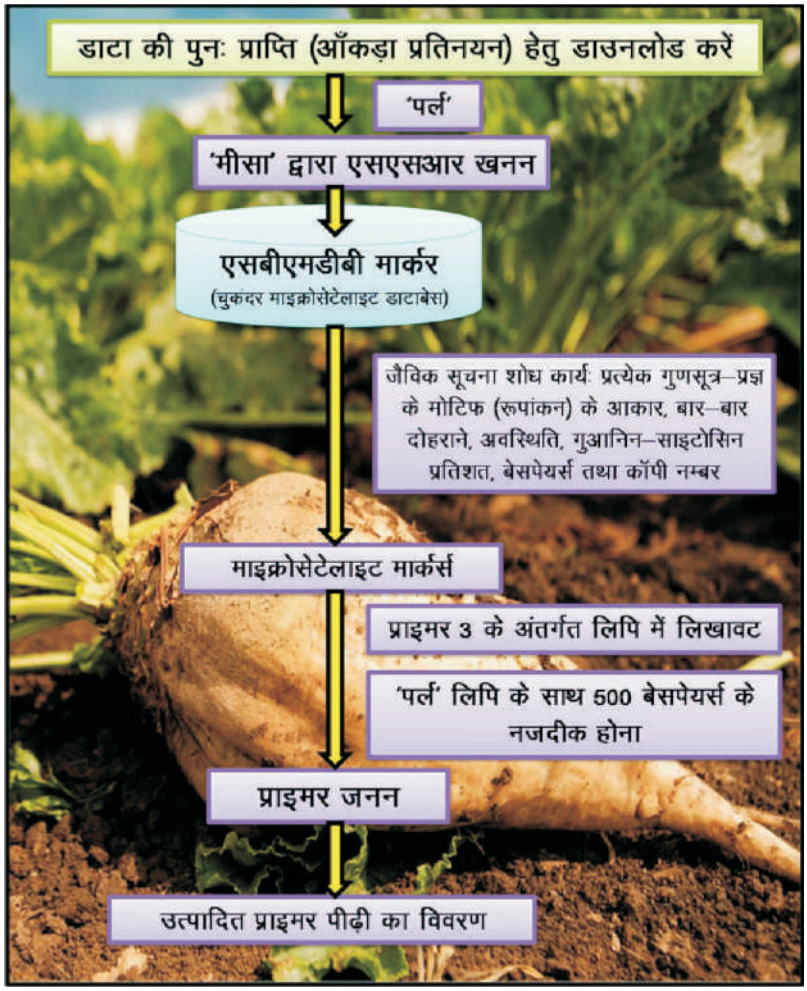
फंक्शनल डोमेन मार्कर की विशिष्ट श्रृंखला में चुकंदर के 'एसबीएमडीबी' (SBMDb) मार्कर के लिए विकसित विश्लेषणात्मक पाइपलाइन के प्रभाव को जैव सूचना विज्ञान के अंतर्गत तर्क संगत तरीके से प्रदर्शित करता है। पहचान किए गए मार्करों के लिए वेब आधरित एप्लीकेशन विंडो, डब्लूएएमपी सर्वर के साथ 'अपाचे' (Apache), 'पीएचपी' (PHP) और 'माईसॉल'

(MySOL) डेटाबेस महत्वपूर्ण है। चुकंदर के आनुवंशिक लिंकेज मान चित्रण को समकालीन आणविक मार्कर की सहायता से लगभग 9 समूहों में बाँटा गया है और इससे अभी तक लगभग 700 मार्करों की सटीक जानकारी उपलब्ध है।

ज्ञातव्य है कि 'शॉर्ट टैंडम रिपिट्स' (STR) मार्कर के विकास के पूर्व के शोध उतने सक्षम नहीं थे और इस कार्य में अधिक समय व्यर्थ होता था। आधुनिक सम्पूर्ण जीनोमिक अथवा ट्रांसक्रिप्टॉमिक डेटा का उपयोग करके शॉर्ट टैंडम रिपिट्स मार्कर के विकास करके फसल सुधार के क्षेत्र में अपार संभावनाओं के द्वार खुल गए है। पूरे जीनोम की मदद से बड़ी मात्रा में मार्कर की खोज में क्रांतिकारी बदलाव आए है। इन दिनों 'सिम्पल सिक्वेंस रिपिट्स–फंक्शनल डोमेन' जैसे माइक्रोसेटेलाइट मार्कर का व्यापक उपयोग मीठे चुकन्दर में जैविक ऊर्जा संरक्षण तथा बायोमास के प्रचलित जीवद्रव्य के 'डब्लूएस 2320' (KWS 2320) में आणविक प्रजनन कार्यक्रम के अंतर्गत बड़ी मात्रा में मार्करों की खोज 'इन–सिलिको' (कम्प्यूटर द्वारा) किया जाता है।

डाटाबेस का विकास

चुकंदर के माइक्रासेटेलाइट सापेक्षिक डाटाबेस मुख्यतः तीन टीयर आर्किटेक्चर जिसे क्लाईंट टीयर, मीडिल टीयर तथा डाटाबेस टीयर शामिल होते हैं। प्राइमर 3 के अंतर्गत चयनित एसटीआर की गणना करने के लिए समन्वित किया जाता है। विशिष्ट लोकस (लोसी) के लिए प्राइमर कॉल अर्थात् प्राइमर डिजाइनिंग का उत्पादन तथा उनके सापेक्षिक पिघलने का तापक्रम, गुआनिन साइटोसिन सामग्री, शुरूआती स्थिति और अनुमानित पीसीआर उत्पाद के आकार के साथ पाँच प्राइमरों की सूची डेटाबेस में उपलब्ध रहती है।



चुकंदर के डाटाबेस अन्वेषण का प्रवाह प्रस्ततीकरण

फंक्शनल डोमेन को सिंपल सीक्वेंस रीपिट् पैटर्न के साथ जोड़े जाने पर, सिम्पल सीक्वेंस को दोहराने के लिए फंक्शनल डोमेन मार्कर का सृजन होता है। कार्यात्मक डोमेन की पहचान करने के लिए सभी अनुक्रमों को सभी 6 रीडिंग फ्रेमों में अनुवाद किया जाता है। इसके डिफॉल्ट संटिंग्स का उपयोग करके प्रोटीन डोमेन का विश्लेषण तथा भविष्यवाणी करने के लिए 'इण्टरप्रोस्कैन' टूल का प्रयोग किया जाता है। कार्यात्मक डोमेन को प्राप्त करने वाले अनुक्रम और प्राइमर जोड़े के साथ मिलकर सरल अनुक्रम दोहराये जाते है जिन्हें कार्यात्मक मार्कर के रूप में वर्गीकृत किया जाता हे।

इस डाटाबेस को पादप जीव वैज्ञानिक तथा पादप प्रजनकों की आवश्यकताओं को पूरा करने के लिए डिजाइन किया जाता है। मोटिफ (रूपांकन) टाइप के विकल्प जैसे मोनो, डाई, टेट्रा, पेन्टा और एक्सा रिपीट टाइप तथा रिपीट काइन्ड चुकंदर के सभी 9 गुणसूत्रों पर प्रजनन के लिए उपयोगी होता है। इस प्रकार क्यूटीएल के स्थापन हेतु वांछित एसटीआर मार्करों की सहायता से चयन करने में सुविधा मिलती है। चूँकि एसएसआर द्वारा पॉलीमॉर्फिक का प्रदर्शन 8 से अधिक रिपीट यूनिट से अधिक अथवा इसके बराबर होने के फलस्वरूप पॉलीमॉर्फिक मार्करों की खोज के उद्देश्य से मोनो–न्यूक्लियोटाइड रिपिट्स को छोड़कर सभी सिम्पल रिपिट्स का चयन सुविधानुसार किया जाता है। सामान्यतः इसके लिए 'पर्ल' लिपि का प्रयोग किया जाता है। इसके अलावा चयनित प्राइमरों को पाँच जीनोटाइप के बीच ई–पीसीआर में रखा जाता है ताकि पीसीआर उत्पाद में होने वाले अंतर से लोकस को बहुरूपी माना जा सके।

भविष्य की संभावनाएँ

पूर्व के मार्कर संबंधित शोध कार्य में चुकंदर के दो प्रमुख स्पेसिज, बीटा वल्गेरिस तथा बीटा वेबेनिया के रूपान्तरण मार्कर के आधार पर जैव सूचना विज्ञान प्रस्तुत किया गया था, जो आइसोएन्जाइम की मदद से सम्पन्न हुई है। पहली बार एसटीआर तथा एसएनपी मार्कर से सीमित मात्रा में चुकंदर की प्रजाति संबंधित आणविक जैव सूचना उजागर हुए है। भारत में सन् 2015 में कृषि जैव सूचना केन्द्र, भाकृअनुप–भारतीय कृशि साँख्यिकीय अनुसंधान संस्थान, नई दिल्ली के वैज्ञानिकों ने मीठे चुकंदर के सम्पूर्ण जीनोम आधारित एसटीआर खनन के तमाम माइक्रोसेटेलाइट मार्कर डेटाबेस का विकास सफलतापूर्वक किया है। प्रत्येक गुणसूत्र से सटीक चयन के साथ प्राइमर डिजाइनिंग तथा बहुरूपता मूल्याँकन संबंधित बायोइंफार्मेटिक्स शोध शुगर बीट माइक्रोसेटेलाइट वेबसाइट http:// webapp.cabgrid.res.in/sbmdb/ पर जैव सूचना विज्ञान भाोध कार्य हेतु आसानी से उपलब्ध है तथा संबंधित मूल शोध पत्र, 'डाटाबेस' (DATABASE) शोध पत्रिका में पहली बार सन् 2015 में प्रकाशित हुआ है। इस दिशा में संस्थान के अधीन कार्यरत सुपर कम्प्यूटर, 'अ ाोका' (एडवांस्ड सुपर कम्प्यूटरिंग हब ऑफ ओमिक्स नॉलेज इन एग्रीकल्चर) कृषि जैव सूचना विज्ञान में शोध हेतु महत्वपूर्ण है।

एसटीआर मार्कर का जीन अभिव्यक्ति (एक्सप्रेशन) तथा विनियामक अथवा नियंत्रण (रेगूलेशन) में व्यापक उपयोग होता है। इससे अभिनव सृजन की दिशा में भरपूर सहयोग मिलता है। एसटीआर जीन अभिव्यक्ति के लिए एक 'ट्यूनिंग नॉब्स' की तरह काम करता है। इस नॉब्स की सहायता से किसी खास फिनोटिपिक बदलाव के मकसद से जेनेटिक बदलाव कर पाना संभव हुआ है। सामान्यतः इनका प्रयोग रोगों से निदान में वांछित जीन के बदलाव के लिए होता है। इन परीक्षण से फसल से विभिन्न प्रजाजियों के मॉर्फोलॉजिकल गुणों का अध्ययन किया जाता है। जो प्रजनन संबंधित शोध कार्य में महत्वपूर्ण है।

चुकंदर में अधिक बायोएथेनॉल तथा बायोमास के उत्पादन में एसटीआर मार्कर का उपयोग से विभिन्न पादप जीन नियमन में प्रयोज्य तत्व का विकास चुकंदर में भी संभव है। रिपिट्स सिक्वेंस के खनन से जीन एक्सप्रेशनके अध्ययन में फायदा मिलता है।

चुकंदर प्रक्षेत्र के बिहंगम दृश्य

एसटीआर के उपयोग से जेनेटिक मॉडीफायड चुकंदर, आनुवांशिक विविधता और कंदमूल के ट्रेट में विकास की अपार संभावना निहित है जो भविष्य की अक्षय ऊर्जा संरक्षण के लिए महत्वपूर्ण है। इस दिशा में अब तक 2027 पॉलीमार्फिक मार्करों की खोज 'इन–सिलिको' डेटाबेस में सुरक्षित है। इससे कृषि जगत में विभिन्न प्रकार के उत्पाद जैसे चीनी, जैविक ईंधन, स्वास्थ्य संबंधित औषधी, रंग–रंजक, के उत्पाद में निःसंदेह बदलाव आएगें।

आनुवांशिक विविधिता अध्ययन के अलावा प्रजातियों के फाइलो जेनेटिक अध्ययन से विभिन्न प्रकार के जैविक सूचनाओं के उपयोगिता के आधार पर अन्य जीव में हस्तानांतरित करने में मदद मिलती है। ऐसे शोध कार्य प्रायः कम्प्यूटर की मदद से होने से अनुसंधान तथा विकास के मद मे व्यय भारी धनराशि स्वतः बच जाएगी। यर्थात् में कृषि जैविक सूचना विज्ञान का एकमात्र उद्देश यही होता है कि कृषि अनुसंधान में व्यय हो रहे लागत खर्च को कम से कम किया जा सके। इस कड़ी में शुगर बीट माइक्रो सेटेलाइट डेटाबेस विश्व की अनुपम खोज है। जिसके अंतर्गत इसके सभी गुणसूत्र (9 हैप्लॉइड) के तमाम व्यवसायिक महत्व के जीन की खोज इन–सीलिको किया जाता है। भविष्य में इसके डेटाबेस के उपयोग से नित्य नए, अनूठे, तथा मानव उपयोगी उत्पादों के सृजन किया जा सकता है।

नोबेल पुरस्कार विजेता वाल्टर गिल्बर्ट ने सच ही कहा था कि 21वीं सदी में जीव विज्ञान की अधिकतर खोज कम्प्यूटर से/में (इन–सिलिको) होंगे। आर्थिक दृष्टिकोण से आज के दौर में वही राष्ट्र सबसे सम्पन्न और समृद्ध माना जाता है जिनके पास आँकड़ों का भण्डार सुरक्षित होता है। आने वाले समय में आँकड़ों की बाजीगरी ही हमें हर तरफ जीत दिलाएगी, आपका क्या ख्याल है?

भारत के विकास में हिंदी का योगदान अति महत्वपूर्ण हैं. यदि हम भारत को विकसित देश के रूप में देखना चाहते हैं तो हिंदी के महत्व को हम सबको समझना होगा।