श्वेत-रतुआ के हथियार-खजाने का नक्शा: सरसों के घातक रोगज़क के 214 नए इफेक्टर मिले

कृषि-जैवप्रौद्योगिकी / खाद्य सुरक्षा (मुख्य परीक्षा: सामान्य अध्ययन-III) | समाचार संदर्भ: Frontiers in Fungal Biology में प्रकाशन (4 सितंबर 2026) और विज्ञान-मीडिया कवरेज (17 अक्टूबर 2026) | प्रकाशित: 24 अक्टूबर 2026

खबरों में क्यों

भारतीय सरसों (Brassica juncea) की सबसे बड़ी जैविक बाधाओं में से एक – श्वेत-रतुआ (white rust) – के रोगज़क Albugo candida की भारतीय नस्ल (रेस Ac2V, दिल्ली आइसोलेट) का अब तक का सबसे सुदृढ़ जीनोम-नक्शा ICAR-राष्ट्रीय पादप जैवप्रौद्योगिकी संस्थान (NIPB), नई दिल्ली के शोधकर्ताओं ने बनाया है। हाइब्रिड सीक्वेंसिंग (छोटी+लंबी रीड) से तैयार 36.88 मेगाबेस के असेंबली में 13,715 प्रोटीन-कोडिंग जीन और 355 स्रावी इफेक्टर (रोग फैलाने वाले हथियार-प्रोटीन) पहचाने गए – जिनमें 214 पूरी तरह नए हैं। शोध Frontiers in Fungal Biology में 4 सितंबर 2026 को छपा (खंड 7; खुली-पहुँच); विज्ञान-मीडिया कवरेज 17 अक्टूबर को आई। तिथि-परतें ध्यान दें: इसी कार्य का प्रीप्रिंट सितंबर 2024 से उपलब्ध था – यानी 'ताजा खबर' कवरेज है, प्रयोगशाला-कार्य लंबी प्रक्रिया से गुजरा है (विस्तार सीमा-खंड में)।

पृष्ठभूमि: सरसों और श्वेत-अंगमारी

रायसड़-सरसों भारत की प्रमुख तिलहनी फसल है – 2025-26 का उत्पादन अनुमानित 13.8 मिलियन टन (कृषि मंत्रालय के तृतीय अग्रिम अनुमान का संकलन; राजस्थान अग्रणी)। फिर भी भारत खाद्य-तेल में भारी आयात-निर्भर है, और श्वेत-रतुआ अकेले सरसों में 20-60% तक उपज-क्षति कर सकता है (साहित्य-सीमा, इस अध्ययन का मापन नहीं)। रोगज़क एक 'आब्लिगेट बायोट्रोफ' है – जिंदा पोषक-ऊतक के बिना जीवित नहीं रह सकता, इसलिए प्रयोगशाला में सामान्य तरीके से उगाया भी नहीं जा सकता; 24 से अधिक जातियां (रेस) 200 से ज्यादा पोषक-प्रजातियों में घातक हैं। ऐसे दुश्मन से लड़ने का पहला कदम उसके हथियार-खजाने (सिक्रिटोम/इफेक्टर-सूची) को जानना है – तभी प्रतिरोधी-जीन (R-जीन) प्रजनन और रेस-निगरानी संभव होती है। यह अध्ययन भारतीय परिस्थितियों वाली नस्ल का वह मूलभूत नक्शा देता है: एक राष्ट्रीय-संसाधन जीनोम, जिस पर अगला दशक प्रजनन-कार्य टिकेगा। परीक्षा-दृष्टि से यह जीनोमिक्स, फसल-सुरक्षा और तिलहन-आत्मनिर्भरता – तीनों की कड़ी है।

रोग की तस्वीर पहचानने योग्य है: पत्तियों की निचली सतह पर मलाई जैसे सफेद पुष्टुले (जोस्पोरेंजिया से भरे) फूटते हैं, और गंभीर संक्रमण में पुष्प-अंग विकृत होकर 'स्टैगहेड' बन जाते हैं – बीज-भराई ही रुक जाती है। जीन-प्रति-जीन (गीन-फॉर-गीन) तर्क में पोषक का प्रतिरोध-जीन रोगज़क के इफेक्टर को पहचानता है; रोगज़क इफेक्टर बदलकर पहचान छुड़ाता है। इसलिए इफेक्टर-सूची स्थिर नहीं – यह हथियारों की दौड़ (आर्म्स-रेस) है, और 214 नए इफेक्टर इस दौड़ के अनदेखे हथियार हैं।

नीति-परत भी जोड़ें: राष्ट्रीय तिलहन मिशन (NMEO-Oilseeds) के तहत 2030-31 तक उत्पादन लगभग दोगुना करने का लक्ष्य चर्चा में रहा है; ऐसे में उपज-स्थिरता (वर्ष-दर-वर्ष उतार-चढ़ाव कम करना) उतनी ही अहम है जितनी उपज। जैविक-बाधा-प्रबंधन का मजबूत वैज्ञानिक आधार – रेस-निगरानी, इफेक्टर-नक्शा, R-जीन प्रजनन – इसी स्थिरता का पहला खंभा है।

तरीका: दो तकनीकों का मिश्रण, कई दौर की घिसाई

शोधकर्ताओं ने Ac2V के शुद्ध कल्चर (संवेदनशील किस्म पूसा जयकिसान पर, नियंत्रित कक्ष में) से उच्च-गुणवत्ता DNA निकाला और दो प्लेटफॉर्म पर सीक्वेंस किया: Illumina NovaSeq (छोटी, सटीक रीड; 4.5 GB) और Oxford Nanopore MinION (लंबी, त्रुटिपूर्ण रीड; 6.3 GB)। लंबी रीड से ढांचा (NECAT सुधार, Canu असेंबली, ntLink स्कैफोल्डिंग, MaSuRCA से गैप-भरण), फिर पांच दौर Racon और चार दौर POLCA से छोटी-रीड घिसाई। गुणवत्ता-जांच BUSCO

(stramenopiles डेटासेट) से: Augustus-आधारित जीन-मॉडल पर 97% पूर्ण, MetaEuk पर 100% – यानी असेंबली लगभग संपूर्ण। तुलना-बिंदु: पुरानी SOLiD-आधारित Ac2V असेंबली 34.56 Mb और PacBio-आधारित 38.96 Mb की थीं – नई 36.88 Mb असेंबली (415 स्कैफोल्ड, N50 301.91 kb, GC 43.44%) रेस-2 की अपेक्षित सीमा में बैठती है।

एक तकनीकी परत और: 'आब्लिगेट बायोट्रोफ' होने का मतलब है कि रोगज़क को पोषक पर ही पालना पड़ता है – जीन-संपादन जैसे आधुनिक प्रयोग उस पर सीधे मुश्किल। ऐसे में जीनोम-नक्शा और इफेक्टर-सूची ही शोध का प्रवेश-द्वार है: पहले हथियार पहचानो, फिर पोषक की तरफ से जवाबी-जीन खोजो। यही 'डिफेन्स-फर्स्ट' रणनीति स्वतंत्र रूप से उगाए जा सकने वाले रोगज़कों के मुकाबले अधिक व्यावहारिक है।

मिला क्या: 355 हथियार, 214 अनदेखे

13,715 जीनों (औसत 359 जीन प्रति मेगाबेस; 84.2% का कार्य-एनोटेशन संभव) में से सिक्रिटोम-छंटनी – सिग्नल-पेप्टाइड मौजूद, ट्रांसमेम्ब्रेन डोमेन अनुपस्थित – ने 355 स्रावी इफेक्टर निकाले। इनमें 141 का मिलान ज्ञात डेटाबेस से हुआ; 214 का कोई समरूप (होमोलॉग) नहीं मिला – यानी वर्तमान ज्ञान-कोष में अनदर्जी। कई इफेक्टर की भूमिका qPCR से पोषक-संक्रमण में सत्यापित भी हुई। संदर्भ के लिए: इसी रोगज़क का सिक्रिटोम आलू-झुलसा रोगज़क Phytophthora infestans के सिक्रिटोम का लगभग दो-तिहाई है – और 2021 के एक अध्ययन ने इसी Ac2V में 'CCG' वर्ग इफेक्टर का 250% विस्तार (40 से बढ़कर) दिखाया था; इफेक्टर-विस्तार ही इस रोगज़क की अनुकूलन-क्षमता की कुंजी मानी जाती है। प्रीप्रिंट-वंशावली से: संस्करण-विश्लेषण में 1,24,974 SNP और 1,039 SSR भी दर्ज – भविष्य के मार्कर-विकास के कच्चा माल।

सीमाएँ और सावधानियाँ

पहली, यह एक ही आइसोलेट (Ac2V, दिल्ली) का जीनोम है – 24+ रेसों वाले रोगज़क के पूरे विविधता-स्पेक्ट्रम का प्रतिनिधि नहीं; रेस-वार जीनोम-सर्वे अभी बाकी। दूसरी, '214 नए इफेक्टर' का अर्थ है 'वर्तमान डेटाबेस में समरूप नहीं' – यह डेटाबेस-परिपूर्णता पर निर्भर दावा है, 'केवल भारत में' का प्रमाण नहीं। तीसरी, 20-60% उपज-क्षति साहित्य-सीमा है (पेपर Gupta et al. से उद्धृत), इस अध्ययन का क्षेत्र-मापन नहीं; वास्तविक क्षति रेस, किस्म और मौसम पर निर्भर। चौथी, असेंबली-तुलना (SOLiD/PacBio/हाइब्रिड) अलग-अलग तकनीकों की है – सीधी आमने-सामने प्रतियोगिता नहीं; BUSCO-पूर्णता भी पाइपलाइन-निर्भर (97% बनाम 100%)। पाँचवीं, qPCR सत्यापन सीमित इफेक्टर-सेट पर, प्रयोगशाला-कक्ष में, एक संवेदनशील किस्म पर – क्षेत्र-पुष्टि अलग कदम। छठी, Albugo candida 'फफूंद' नहीं, ऊमीसीट (जल-फफूंद, stramenopile) है – फफूंद-जीवविज्ञान पत्रिका में छपना श्रेणी-भ्रम न बनाए; यह प्रिलिम्स का क्लासिक जाल है। सातवीं, तिथि-परतें: प्रीप्रिंट सितंबर 2024, पत्रिका-प्रकाशन 4 सितंबर 2026, मीडिया-कवरेज 17 अक्टूबर 2026 – तीनों अलग; 'ताजा' कवरेज है, निष्कर्ष दो वर्ष की पाइपलाइन से गुजरे हैं। आठवीं, यह संसाधन-निर्माण अध्ययन है – कोई प्रतिरोधी किस्म या क्षेत्र-उपाय अभी नहीं; प्रजनन-उपयोग भविष्य का कार्य।

स्मरण रहे, यह नक्शा खुली-पहुँच है – यानी देश का कोई भी प्रजनन-केंद्र, विश्वविद्यालय या निजी बीज-कंपनी इसी डेटा पर अपना कार्य शुरू कर सकती है; खुला जीनोम-संसाधन प्रतिस्पर्धा नहीं, सहयोग-मंच है।

आगे क्या देखना होगा?

तीन चीजें: (1) इफेक्टर-सूची का प्रतिरोधी-जीन से मिलान – कौन-सा इफेक्टर किस R-जीन से टकराता है, यही मार्कर-सहायक प्रजनन की नींव है; (2) रेस-वार जीनोमिक्स – भारत की अलग-अलग सरसों-बेल्ट (राजस्थान, हरियाणा, मध्य प्रदेश, पूर्वी UP) की प्रमुख रेसों के नक्शे तभी किस्म-तैनाती स्थानीय बनेगी; (3) SSR/SNP मार्करों का क्षेत्र-सत्यापन – 1.25 लाख SNP और 1,039 SSR का उपयोगी-सबसेट निकलकर निदान-किट तक पहुंचे। नीति-दृष्टि से, तिलहन-आत्मनिर्भरता मिशन में ऐसे जीनोम-संसाधन 'अदृश्य अवसंरचना' हैं – किस्म-विकास की अगली स्पीड इन्हीं पर टिकी है।

पाठक के लिए संदर्भ-बिंदु

चार बातें याद रखें। पहली, इफेक्टर: रोगज़क द्वारा पोषक-कोशिका में डाला गया प्रोटीन-हथियार जो रोग-प्रतिरोध धोता है – पादप-रोग विज्ञान का 'तरकश'। दूसरी, हाइब्रिड असेंबली: लंबी रीड (Nanopore) का ढांचा + छोटी रीड (Illumina) की सटीकता – जीनोम-सीक्वेंसिंग की मानक आधुनिक विधि। तीसरी, BUSCO: असेंबली-पूर्णता का सार्वभौमिक मीटर-पैमाना (एकल-प्रतिलिपि जीनों की उपस्थिति)। चौथी, संस्था-युग्म: ICAR-NIPB (IARI परिसर, नई दिल्ली) – पादप जैवप्रौद्योगिकी का राष्ट्रीय केंद्र; ICAR-DRMR भरतपुर सरसों-विशिष्ट निदेशालय – दोनों की भूमिका-अंतर प्रिलिम्स में पूछी जाती रही है।

मुख्य परीक्षा अभ्यास प्रश्न

'तिलहन-आत्मनिर्भरता की लड़ाई प्रयोगशाला के जीनोम-नक्शों से शुरू होती है, खेत से नहीं।' श्वेत-रतुआ रोगज़क के भारतीय जीनोम-अध्ययन के आलोक में इस कथन की समीक्षा कीजिए और जीनोमिक्स से किस्म तक की प्रवर्तन-शृंखला की चुनौतियां सुझाइए। (सामान्य अध्ययन-III: कृषि-जैवप्रौद्योगिकी; 250 शब्द, 15 अंक)

उत्तर की रूपरेखा:

भूमिका में: बताएँ कि श्वेत-रतुआ भारतीय सरसों (Brassica juncea) की बड़ी जैविक बाधा है और ICAR-राष्ट्रीय पादप जैवप्रौद्योगिकी संस्थान, नई दिल्ली ने रोगज़क Albugo candida की भारतीय नस्ल (रेस Ac2V, दिल्ली आइसोलेट) का जीनोम बनाया है: 36.88 मेगाबेस, 13,715 प्रोटीन-कोडिंग जीन, 355 स्रावी इफेक्टर, जिनमें 214 का वर्तमान डेटाबेस में कोई समरूप नहीं मिला (Frontiers in Fungal Biology, 4 सितंबर 2026)। संदर्भ रखें कि भारत खाद्य-तेल में भारी आयात-निर्भर है।

मुख्य भाग में: कथन की समीक्षा करें। पक्ष में: रोगज़क आब्लिगेट बायोट्रोफ है और प्रयोगशाला में सामान्य तरीके से उगाया नहीं जा सकता, इसलिए जीनोम-नक्शा और इफेक्टर-सूची पहला कदम है; इससे प्रतिरोधी-जीन (R-जीन) प्रजनन और रेस-निगरानी संभव होती है; नक्शा खुली-पहुँच है, इसलिए कोई भी प्रजनन-केंद्र उस पर काम शुरू कर सकता है। विपक्ष में सीमाएँ रखें: यह संसाधन-निर्माण अध्ययन है, कोई प्रतिरोधी किस्म या क्षेत्र-उपाय अभी नहीं है; यह एक ही आइसोलेट का जीनोम है जबकि रोगज़क की 24 से अधिक रेस हैं; 214 नए इफेक्टर का अर्थ केवल वर्तमान डेटाबेस में समरूप न मिलना है; qPCR सत्यापन सीमित इफेक्टर-सेट पर, प्रयोगशाला-कक्ष में और एक संवेदनशील किस्म पर हुआ, क्षेत्र-पुष्टि अलग कदम है; 20-60 प्रतिशत उपज-क्षति साहित्य-सीमा है, इस अध्ययन का मापन नहीं। जीनोमिक्स से किस्म तक की चुनौतियाँ बताएँ: इफेक्टर-सूची का प्रतिरोधी-जीन से मिलान; रेस-वार जीनोमिक्स; SNP और SSR मार्करों का क्षेत्र-सत्यापन; और इफेक्टर के बदलते रहने से हथियारों की दौड़।

निष्कर्ष में: निष्कर्ष में कहें कि जीनोम-नक्शा तिलहन-स्थिरता का आधार (अदृश्य अवसंरचना) है, पर कथन का पूरा अर्थ तब बनेगा जब यह प्रतिरोधी किस्म और क्षेत्र-परीक्षण तक पहुँचे। प्रजनन-उपयोग को भविष्य का कार्य ही लिखें और कोई समय-सीमा या उपज-लाभ अपने मन से न जोड़ें।

स्रोत और सीमाएँ

- प्राथमिक पेपर (Frontiers in Fungal Biology, खुली-पहुँच): Mehta S, Awasthi L, Tomar R ... Rai PK, Gupta AK (2026), "Comprehensive whole genome hybrid assembly unravels genes and secretome of Albugo candida (Indian isolate), causing white rust disease in Brassica juncea", खंड 7:1756853; DOI 10.3389/ffunb.2026.1756853। पूर्ण पाठ, विधि, सिक्रिटोम-विश्लेषण पठित।
- Crossref अभिलेख: प्रकाशन 4 सितंबर 2026, खंड 7 – तिथि-पुष्टि।

- Research Square प्रीप्रिंट (2 सितंबर 2024): DOI 10.21203/rs.3.rs-4862026/v1 – वही संख्याएं (36.88 Mb/415/13,715/1,24,974 SNP/1,039 SSR); वंशावली-तिथि।
- पूर्व-अध्ययन संदर्भ (MPMI, 2021): Ac2V में CCG-इफेक्टर 250% विस्तार – DOI 10.1094/mpmi-04-21-0075-r (खोज-अभिलेख)।
- बायोइंजीनियर.ऑर्ग (17 अक्टूबर 2026): विज्ञान-मीडिया कवरेज – विधि-विवरण, 'up to 60%' उपज-क्षति (पेपर 20-60% कहता है – भेद दर्ज)।
- ICAR-NIPB संस्थागत पृष्ठ (nipb.res.in): संस्था-संदर्भ।
- indianagri.com डेटा-संकलन (कृषि मंत्रालय तृतीय अग्रिम अनुमान आधारित): 2025-26 रायसड़-सरसों 13.8 मिलियन टन, राजस्थान-अग्रणी, 2015-16 से +102.6% – द्वितीयक संकलक-उद्धृत।
- सीमाएँ: एकल-आइसोलेट जीनोम (24+ रेसों में से एक); 'नए' = डेटाबेस-अदर्ज, भारत-विशिष्ट नहीं; 20-60% क्षति साहित्य-सीमा; प्रीप्रिंट 2024/पेपर सितंबर 2026/कवरेज अक्टूबर 2026 – तिथि-परतें अलग; ऊमीसीट, फफूंद नहीं; BUSCO पाइपलाइन-निर्भर; qPCR प्रयोगशाला-सीमित; संसाधन-अध्ययन, क्षेत्र-उपाय नहीं; उत्पादन-आंकड़े द्वितीयक संकलन से।

अक्सर पूछे जाने वाले प्रश्न (FAQ)

संक्षिप्त उत्तर: भारतीय सरसों (Brassica juncea) की सबसे बड़ी जैविक बाधाओं में से एक – श्वेत-रतुआ (white rust) – के रोगज़क Albugo candida की भारतीय नस्ल (रेस Ac2V, दिल्ली आइसोलेट) का अब तक का सबसे सुदृढ़ जीनोम-नक्शा ICAR-राष्ट्रीय पादप जैवप्रौद्योगिकी संस्थान (NIPB), नई दिल्ली के शोधकर्ताओं ने बनाया है। हाइब्रिड सीक्वेंसिंग (छोटी+लंबी रीड) से तैयार 36.88 मेगाबेस के असेंबली में 13,715 प्रोटीन-कोडिंग जीन और 355 स्रावी इफेक्टर (रोग फैलाने वाले हथियार-प्रोटीन) पहचाने गए – जिनमें 214 पूरी तरह नए हैं।

प्रश्न: Albugo candida के Ac2V जीनोम पर क्या कार्य हुआ?

भारतीय सरसों (Brassica juncea) की सबसे बड़ी जैविक बाधाओं में से एक – श्वेत-रतुआ (white rust) – के रोगज़क Albugo candida की भारतीय नस्ल (रेस Ac2V, दिल्ली आइसोलेट) का अब तक का सबसे सुदृढ़ जीनोम-नक्शा ICAR-राष्ट्रीय पादप जैवप्रौद्योगिकी संस्थान (NIPB), नई दिल्ली के शोधकर्ताओं ने बनाया है। हाइब्रिड सीक्वेंसिंग (छोटी+लंबी रीड) से तैयार 36.88 मेगाबेस के असेंबली में 13,715 प्रोटीन-कोडिंग जीन और 355 स्रावी इफेक्टर (रोग फैलाने वाले हथियार-प्रोटीन) पहचाने गए – जिनमें 214 पूरी तरह नए हैं।

प्रश्न: सरसों में श्वेत-रतुआ के लक्षण क्या हैं?

रोग की तस्वीर पहचानने योग्य है: पत्तियों की निचली सतह पर मलाई जैसे सफेद पुष्टुले (जोस्पोरेंजिया से भरे) फूटते हैं, और गंभीर संक्रमण में पुष्प-अंग विकृत होकर 'स्टैगहेड' बन जाते हैं – बीज-भराई ही रुक जाती है। जीन-प्रति-जीन (गीन-फॉर-गीन) तर्क में पोषक का प्रतिरोध-जीन रोगज़क के इफेक्टर को पहचानता है; रोगज़क इफेक्टर बदलकर पहचान छुड़ाता है।

प्रश्न: आब्लिगेट बायोट्रोफ होने से शोध में क्या कठिनाई आती है?

एक तकनीकी परत और: 'आब्लिगेट बायोट्रोफ' होने का मतलब है कि रोगज़क को पोषक पर ही पालना पड़ता है – जीन-संपादन जैसे आधुनिक प्रयोग उस पर सीधे मुश्किल। ऐसे में जीनोम-नक्शा और इफेक्टर-सूची ही शोध का प्रवेश-द्वार है: पहले हथियार पहचानो, फिर पोषक की तरफ से जवाबी-जीन खोजो।