RESEARCH ARTICLE Bhartiya Krishi Anusandhan Patrika, Volume 38 Issue 3: 210-217 (September 2023)

मेटाजीनोमिक्स और इसके उपकरण और सॉफ्टवेयर

ज्योतिका भाटी[1], रत्ना प्रभा[2], द्विजेश चंद्र मिश्रा[1]

सारांश

पृष्ठभूमि: संपूर्ण प्रकृति में, सूक्ष्मजीवों को विभिन्न प्रकार की पर्यावरणीय परिस्थितियों में फलते–फूलते पाया जा सकता है। पारंपरिक तकनीकों का उपयोग करके अधिकांश समुद्री जीवन या तो असंस्कृत या संस्कृति के लिए चुनौतीपूर्ण है।

विधियाँ: एक पर्यावरण नमूने से सीधे प्राप्त जीनोमिक डेटा के विश्लेषण के माध्यम से, मेटाजीनोमिक्स सभी सूक्ष्मजीवों के अध्ययन को सक्षम बनाता है, भले ही उन्हें सुसंस्कृत किया जा सकता है या नहीं। यह मौजूद प्रजातियों की पहचान के साथ–साथ उनके प्राकृतिक आवास में माइक्रोबियल समुदायों की कार्यक्षमता के बारे में ज्ञान निकालने की अनुमति देता है।

परिणाम: यह लेख उपयोग किए गए अत्याधुनिक मेटाजीनोमिक्स दृष्टिकोण और उनसे जुड़े सॉफ्टवेयर्स और टूल्स का सारांश देता है। अप्राप्य सूक्ष्मजीवों को समझने और उनका उपयोग करने के लिए, मेटाजीनोमिक्स माइक्रोबियल दुनिया की विशाल विविधता तक पहुंच प्रदान करता है और अकादमिक समुदायों और औद्योगिक सेटिंग्स दोनों में महत्वपूर्ण रूप से उन्नत हुआ है।

मुख्य शब्द: मेटाजीनोमिक्स, मेथड्स, सॉफ्टवेयर्स, टूल्स।

Metagenomics and Its Tools and Softwares

Jyotika Bhati[1], Ratna Prabha[2], Dwijesh Chandra Mishra[1]

10.18805/BKAP637

ABSTRACT

Background: Throughout all of nature, microorganisms can be found thriving in a variety of environmental circumstances. Most marine life is either unculturable or challenging to culture using conventional techniques.

Methods: Through the analysis of genomic data obtained directly from an environmental sample, metagenomics enables the study of all microorganisms, regardless of whether they can be cultured or not. This allows for the identification of the species present as well as the extraction of knowledge about the functionality of microbial communities in their natural habitat.

Result: This article summarizes the state-of-the-art metagenomic approaches used and their associated softwares and tools. In order to comprehend and utilise unculturable microorganisms, metagenomics provides access to the enormous diversity of the microbial world and has significantly advanced both academic communities and industrial settings.

Key words: Metagenomics, Methods, Softwares, Tools.

प्रस्तावना

मेटाजीनोमिक्स कार्यात्मक जीन स्क्रीनिंग या अनुक्रमण विश्लेषण का उपयोग करके एक विशेष वातावरण से अलग किए गए रोगाणुओं का अध्ययन है। मेटाजीनोमिक्स पर अध्ययन रोगाणुओं की विविधता, समुदायों की संरचना, आनुवंशिक और विकासवादी संबंधों, कार्यात्मक गतिविधियों और पर्यावरण के साथ बातचीत और संबंधों पर ध्यान केंद्रित करता है। मेटाजीनोमिक्स एक शक्तिशाली उपकरण के रूप में उभरा है जिसका उपयोग माइक्रोबियल समुदायों का अध्ययन करने के लिए किया जा सकता है, भले ही सदस्य जीवों की पारंपरिक अलगाव का उपयोग करके प्रयोगशाला में सुसंस्कृत होने की क्षमता हो। इसने पर्यावरण में सूक्ष्मजीव जीवन की विविधता का वर्णन करने का अवसर भी प्रदान किया है क्योंकि कई अभी भी सुसंस्कृत होने में असमर्थ हैं (Yasir *et al*., 2014)। मेटाजीनोमिक्स एक नया दृष्टिकोण है जो किसी विशेष वातावरण में सूक्ष्मजीवों की जांच के लिए कार्यात्मक जीन स्क्रीनिंग या अनुक्रमण

[1]Division of Agricultural Bioinformatics, ICAR-Indian Agricultural Statistics Research Institute, New Delhi-110 012, India.
[2]Agricultural Knowledge Management Unit, ICAR-Indian Agricultural Research Institute, New Delhi-110 012, India.

Corresponding Author: Jyotika Bhati, Division of Agricultural Bioinformatics, ICAR-Indian Agricultural Statistics Research Institute, New Delhi-110 012, India. Email: singh.jyotika@gmail.com

How to cite this article: Bhati, J., Prabha, R. and Mishra, D.C. (2023). Metagenomics and Its Tools and Softwares. Bhartiya Krishi Anusandhan Patrika. 38(3): 210-217. doi: 10.18805/BKAP637.

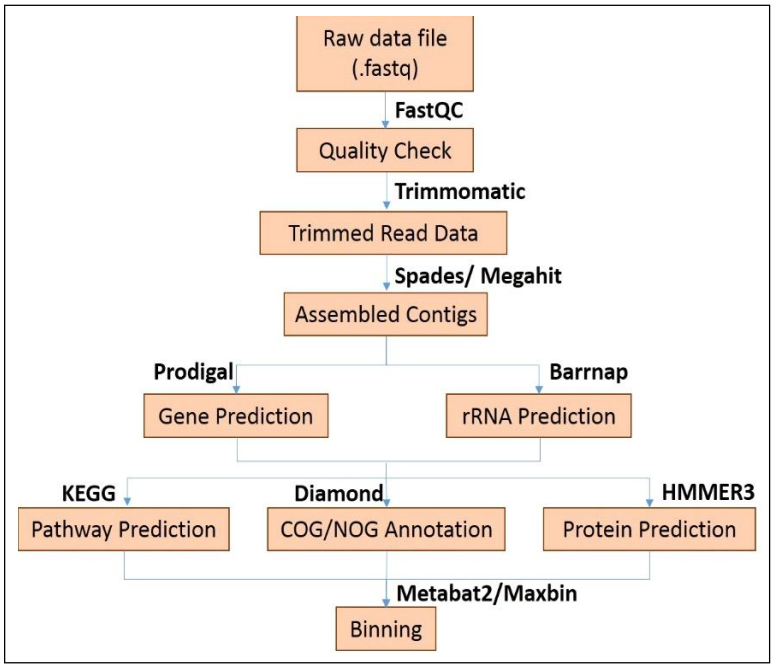
Submitted: 22-03-2023 **Accepted:** 21-08-2023 **Online:** 29-09-2023

विश्लेषण का उपयोग करता है। मेटाजीनोमिक्स, जिसमें पानी या मिट्टी जैसे ग्रह के अधिकांश आवासों में सूक्ष्मजीवों के संग्रह से डीएनए का प्रत्यक्ष निष्कर्षण और क्लोनिंग शामिल है, को पर्यावरण और सामुदायिक जीनोमिक्स के रूप में भी जाना जाता है। पर्यावरणीय जीनोम को अलग किया जाता है, खंडित किया जाता है, और फिर इसके प्लास्मिड का उपयोग करके एक जीव में क्लोन किया जाता है, जिसमें गुणा करने की क्षमता होती है। सुसंस्कृत होने के बाद, जीवों का उपयोग मेटाजेनोमिक्स पुस्तकालयों के निर्माण के लिए किया जाता है, जिनका डीएनए अनुक्रमण (Nazir, 2016) का उपयोग करके विश्लेषण किया जाता है।

पर्यावरण के नमूनों से सीधे डीएनए की क्लोनिंग की अवधारणा को सबसे पहले 1986 में Pace और उनके सहयोगियों द्वारा प्रस्तावित किया गया था (Pace *et al.*, 1986) और Schmidt और उनके सहयोगियों ने 1991 में (Schmidt *et al.*, 1991) 16S rRNA जीन अनुक्रम अध्ययन के लिए फेज वेक्टर में पिकोप्लांकटन से डीएनए क्लोन करने के लिए इस विधि को नियोजित किया। 1995 में पहले उत्पादक कार्य–संचालित मेटाजीनोमिक्स पुस्तकालयों की जांच की गई थी और उन्हें जूलाइब्रेरीज (Healy *et al.*, 1995) के रूप में जाना जाता था। हालांकि, जूलिब्रेरी का पहली बार 1998 में उपयोग किया गया था और जो Handelsman और उनकी टीम (Handelsman *et al.*, 1998) द्वारा ''सूक्ष्मजीवों के एक संयोजन से डीएनए के प्रत्यक्ष निष्कर्षण और क्लोनिंग द्वारा सूक्ष्मजीवों के जीनोमिक अध्ययन'' के रूप में वर्णित किया गया था। नतीजतन, अधिकांश जीव जो पहले पारंपरिक तरीकों से दुर्गम थे, अब उपलब्ध हैं। माइक्रोबियल दुनिया कैसे कार्य करती है, इसकी व्यापक समझ प्राप्त करने के अंतिम लक्ष्य के साथ मेटाजीनोमिक्स सामुदायिक जीनोम को संदर्भित करता है। मेटाजीनोमिक्स एक रणनीति दृष्टिकोण प्रदान करता है जो तीन प्राथमिक इंटरलिंक्ड स्तरों, नमूना प्रसंस्करण, डीएनए अनुक्रमण और कार्यात्मक विश्लेषण (Maria-Eugenia *et al.*, 2009) पर अनुसंधान को एकीकृत करता है। पर्यावरणीय नमूनों में सूक्ष्मजीवों की कुल संख्या का 99% तक उनकी विविधता निर्धारित करने के लिए इस तकनीक का उपयोग करके पढ़ा जा सकता है (Prayogo *et al.*, 2020)। सामुदायिक जीनोमिक्स, पर्यावरण जीनोमिक्स, और जनसंख्या जीनोमिक्स मेटाजीनोमिक्स (Neelakanta and Sultana, 2013) के लिए आगे की शब्दावली हैं।

मेटाजेनोमिक्स रूपरेखा

चित्र 1 मेटाजीनोमिक्स अध्ययन में दिशा दिखाता है। पर्यावरणीय नमूनों (Jimenez *et al.*, 2012) से उपन्यास जैव–अणुओं को निकालने के लिए मेटाजीनोमिक्स को दो रणनीतियों, कार्यात्मक आधारित और अनुक्रम आधारित में विभाजित किया गया है। अनुक्रम मेटाजीनोमिक्स का अध्ययन माइक्रोबियल समुदायों की संरचना से संबंधित है। किसी दिए गए संदर्भ में एक समुदाय बनाने में जाने वाले विभिन्न तत्वों के बीच संबंधों को समझना सामुदायिक संरचना के अध्ययन का मुख्य लक्ष्य है।



चित्र 1: मेटाजेनोमिक्स कार्यप्रवाह।

पारिस्थितिकी और जैविक प्रक्रियाओं के अध्ययन के लिए, समुदाय के सदस्यों के बीच संबंधों का महत्वपूर्ण ज्ञान होता है। असेंबली, बिनिंग, और माइक्रोबियल समुदाय विश्लेषण दृष्टिकोण जैसे टैक्सोनोमिक प्रोफाइलिंग, जीन भविष्यवाणी, और मेटाबॉलिक रास्ते मौलिक संरचनात्मक मेटाजीनोमिक्स तकनीक बनाते हैं (Jimenez *et al.*, 2012; Alves *et al.*, 2018; Roumpeka *et al.*, 2017)।

कार्यात्मक मेटाजीनोमिक्स एक विशिष्ट प्रोटीन का उत्पादन करने वाले जीन के उपयोग के लिए समर्पित है। जैव प्रौद्योगिकी क्षेत्र में उपयोग किए जा सकने वाले प्राकृतिक पदार्थों की खोज कार्यात्मक मेटाजीनोमिक्स के विज्ञान के साथ एक नई चुनौती पेश करती है। जीन निर्माण, स्क्रीनिंग और जीन अभिव्यक्ति कुछ मौलिक तकनीकें हैं जिनका उपयोग कार्यात्मक मेटाजीनोमिक्स में उपन्यास एंजाइमों को खोजने के लिए किया जाता है। इन तकनीकों का अनुक्रम, पीएफएएम, संरचना भविष्यवाणी और फाइलोजेनेटिक विश्लेषण के साथ–साथ इष्टतम पीएच दर, इष्टतम तापमान दर और प्रोटीन गतिविधि विश्लेषण जैसे प्रोटीन उत्पाद लक्षण वर्णन जैसे जैव सूचनात्मक विश्लेषण द्वारा पालन किया जा सकता है।

पारिस्थितिकी और जैव प्रौद्योगिकी जांच में माइक्रोबियल समुदायों की जांच के लिए एक विधि के रूप में, संरचनात्मक और कार्यात्मक मेटाजीनोमिक्स अध्ययन में हाथ से काम करते हैं। दोनों माइक्रोबियल पारिस्थितिकी के साथ चुनौतियों की नींव के रूप में काम करते हैं, अर्थात् ''पर्यावरण में किस प्रकार के सूक्ष्म जीव हैं?'' और ''ये सूक्ष्मजीव पर्यावरण में क्या भूमिका निभाते हैं?

जैव सूचना विज्ञान उपकरण और सॉफ्टवेयर (तालिका 1) मेटाजीनोमिक्स अध्ययन में महत्वपूर्ण भूमिका निभाते हैं। SqueezeMeta (Tamames and Puente-Sanchez, 2019) और MG-RAST (Keegan *et al.*, 2016) एक पूर्ण पैकेज आधारित उपकरण हैं जो गुणवत्ता जांच से लेकर असेंबली और जीन की पहचान और एनोटेशन तक सभी विश्लेषण करते हैं। जैव सूचना विज्ञान उपकरणों का उपयोग अन्वेषण लक्ष्यों पर निर्भर करता है। उदाहरण के लिए, पर्यावरण नमूना विश्लेषण जैव सूचना विज्ञान प्रौद्योगिकियों द्वारा सहायता प्राप्त है, जैसा कि 16S rRNA डेटा (Niu *et al.*, 2018) के विश्लेषण में है। मेटाजीनोमिक्स दृष्टिकोण में उपयोग किए जाने वाले जैव सूचना विज्ञान विश्लेषण के कुछ उदाहरण निम्नलिखित हैं:

असेंबली

असेंबली के लिए जाने से पहले, FastQC टूल के साथ रॉ रीड्स की गुणवत्ता की जांच की जाती है और Trimmomatic सॉफ्टवेयर का उपयोग करके रीड्स को ट्रिम किया जाता है। अप्रसंस्कृत जीवों के जीनोम को पुनर्प्राप्त करने के लिए, छोटे ट्रिम किए गए पढ़ने वाले टुकड़ों से लंबी जीनोमिक सामग्री को पुनः प्राप्त करने के लिए असेंबली आवश्यक है। लंबे अनुक्रमों को contigs कहा जाता है। मेटाजीनोम असेंबली में उपयोग की जाने वाली दो सामान्य विधियाँ OLC और कम Bruijn ग्राफ हैं। SequeezeMeta (Tamames and Puente-Sanchez, 2019) जैसे कुछ सॉफ्टवेयर अनुक्रमिक, सह–असेंबली और हाइब्रिड असेंबली दृष्टिकोणों के आधार पर विकसित किए गए हैं। अन्य विधानसभा उपकरण IDBA_UD (Peng *et al.*, 2012), मेटामोस (Treangen *et al.*, 2013), मेगाहिट (Dinghua *et al.*, 2015), मेटाक्वास्ट (Alla *et al.*, 2016) और मेटावेलवेट (Namiki *et al.*, 2012) हैं।

बिनिंग

बिनिंग डीएनए अनुक्रमों को समूहीकृत करने की प्रक्रिया है जो निकट संबंधी जीवों से एकल जीनोम या जीनोम का प्रतिनिधित्व कर सकता है। जैविक टैक्सोन का प्रतिनिधित्व करने के लिए कंटिग्स को बिनिंग द्वारा वर्गीकृत किया जाता है। बिनिंग विश्लेषण के लिए उपयोग किए जाने वाले सॉफ्टवेयर मेटावाट (Strous *et al.*, 2012) और कॉनकॉक्ट (Alneberg *et al.*, 2014) हैं। मेटावाट की उच्च सटीकता है जबकि CONCOCT जटिल माइक्रोबियल समुदायों को।

अनुक्रम विश्लेषण

सरल संरेखण और एकाधिक संरेखण का उपयोग करके विभिन्न प्रकार के जीवों के अनुक्रमों की तुलना करने के लिए अनुक्रम विश्लेषण (sequence analysis) का उपयोग किया जाता है। सबसे अधिक इस्तेमाल किया जाने वाला टूल ब्लास्ट (बेसिक लोकल एलाइनमेंट सर्च टूल) है। संरेखण अपेक्षा मूल्य (ई–मूल्य) (Altschul *et al.*, 1990) के आधार पर सांख्यिकीय रूप से बनाए जाते हैं। इसके अलावा अनुक्रमों का विश्लेषण टैक्सोनोमिक प्रोफाइल, COGs (ऑर्थोलॉगस जीन के क्लस्टर) और KEGG पाथवे के लिए किया जाता है।

प्रोटीन परिवार की पहचान

पारिवारिक स्तर पर प्रोटीन अनुक्रमों के बीच संबंध देखने के लिए, Pfam डेटाबेस का उपयोग किया जाता है। यह प्रोटीन परिवारों की पहचान करने के लिए छिपे हुए मार्कोव मॉडल का उपयोग करता है (Khandelwal *et al.*, 2017)।

प्रोटीन संरचना पूर्व–सूचना

प्रोटीन कैसे काम करता है यह समझने के लिए प्रोटीन की

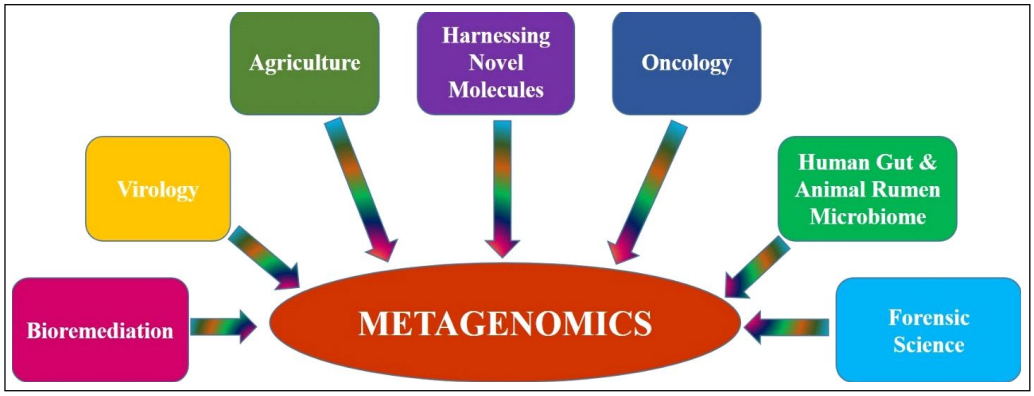
तालिका 1: मेटाजेनोमिक्स उपकरण और सॉफ्टवेयर उनकी कार्यक्षमता के अनुसार समूहीकृत।

उपकरण/सॉफ्टवेयर	विवरण	संदर्भ
मेटाजेनोमिक्स असेंबली		
मेटावेलवेट	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइन टूल; बड़ी मात्रा में RAM की आवश्यकता होती है; चलने में कई दिन लग सकते हैं	Namiki *et al.*, 2012
मेटावेलवेट–एसएल	समान विशेषताओं के साथ मेटावेलवेट का विस्तारय काइमेरा का बेहतर पता लगाना	Afiahayati *et al.*, 2014
आईडीबीए–यूडी	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइन टूलय बड़ी मात्रा में RAM की आवश्यकता होती है; चलने में कई दिन लग सकते हैं	Peng *et al.*, 2012
मेगाहिट	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइन टूलय कम मेमोरी और प्रोसेसर आवश्यकताएं, हालांकि केवल कुछ विकल्पों के लिए	Dinghua *et al.*, 2015
मेटामोस	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइन टूलय कई अन्य सॉफ्टवेयर टूल्स पर निर्भर करता है; उपयोग किए गए असेंबलर के आधार पर बड़ी मात्रा में RAM की आवश्यकता हो सकती है	Treangen *et al.*, 2013
मेटाक्वास्ट	लिनक्सध्यूनिक्स कमांड–लाइन टूलय उच्च प्रदर्शन	Alla *et al.*, 2016
बिनिंग		
मेटाबैट	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइनय उचित समय में साधारण कमोडिटी/डेस्कटॉप पीसी पर चलने के लिए डिजाइन किया गया	Kang *et al.*, 2015
मैक्सबिन	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइनय मॉडल बनाने के लिए 50 जीबी रैम और 24 घंटे की आवश्यकता होती है	Wu *et al.*, 2014
मेटावाट	जीयूआई आधारितय डेस्कटॉप हार्डवेयर पर चलने के लिए डिजाइन किया गया	Strous *et al.*, 2012
CONCOCT	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइनय अन्य सॉफ्टवेयर पर निर्भर करता है; शुरुआत में असेंबली के लिए रे मेटा का इस्तेमाल किया	https%//arxiv-org/abs/1312.4038
जीन पूर्व–सूचना		
मेटाजीन एनोटेटर	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइन या वेब इंटरफेस के माध्यम से उपलब्ध (10 एमबी तक सीमित वेब इंटरफेस)	Hideki *et al.*, 2008
ऑर्फेलिया	लिनक्सध्यूनिक्स कमांड–लाइन या वेब इंटरफेस के माध्यम से उपलब्ध (30 एमबी तक सीमित वेब इंटरफेस)	Hoff *et al.*, 2009
फ्रैगजेनस्कैन (FragGenScan)	Linux/Unix कमांड–लाइन के रूप में उपलब्धय मिनटों/घंटों में कमोडिटी/डेस्कटॉप हार्डवेयर पर चलने के लिए डिजाइन किया गया	Ro *et al.*, 2010
प्रोक्का	Linux/Unix कमांड–लाइन के रूप में उपलब्धय अन्य सॉफ्टवेयर पर निर्भर करता है; समानांतर प्रसंस्करण का उपयोग करता है	Torsten, 2014
डोमेन डेटाबेस		
इंटरप्रो	14 प्रोटीन/डोमेन/पारिवारिक डेटाबेस का संघ	https%//www-ebi-ac-uk/interpro/
इंटरप्रोस्कैन	Linux/Unix कमांड–लाइन के रूप में उपलब्ध; या वेब–इंटरफेस; या एपीआई के माध्यम से	Quevillon *et al.*, 2005
पाथवे डेटाबेस		
केईजीजी (KEGG)	प्रतिक्रियाओं/पाथों के लिए ऑनलाइन संसाधनय शुल्क के लिए डाउनलोड करने के लिए उपलब्ध डेटाय वेब इंटरफेस या एपीआई के माध्यम से पहुँचा जा सकता है	Ogata *et al.*, 1999

Table 1: Continue.....

Table 1: Continue.....

मेटासाइक	प्रतिक्रियाआ/पाथों के लिए ऑनलाइन संसाधन; डाउनलोड करने के लिए उपलब्ध डेटा; वेब इंटरफेस या एपीआई के माध्यम से पहुँचा जा सकता है	Caspi *et al.*, 2020
विश्लेषण पाइपलाइन		
एमजी–रैस्ट	ग्राफिकल यूजर इंटरफेस के साथ ऑनलाइन प्रणाली	Keegan *et al.*, 2016
ईबीआई मेटाजेनोमिक्स	ग्राफिकल यूजर इंटरफेस के साथ ऑनलाइन सिस्टमय EBI ENA में डेटा होना आवश्यक है	Hunter *et al.*, 2014
आईएमजी/एम	ग्राफिकल यूजर इंटरफेस के साथ ऑनलाइन सिस्टम	Markowitz *et al.*, 2014
स्क्वीजमेटा	लिनक्स/यूनिक्स कमांड–लाइन टूलय बड़ी मात्रा में RAM की आवश्यकता होती है; चलने में कई दिन लग सकते हैं	Tamames and Puente-Sánchez, 2019
सिल्वा	जीयूआई आधारितय डेस्कटॉप हार्डवेयर पर चलने के लिए डिजाइन किया गया	Pruesse *et al.*, 2007
मेगन	जीयूआई आधारितय डेस्कटॉप हार्डवेयर पर चलने के लिए डिजाइन किया गया	Huson *et al.*, 2013



चित्र 2: विभिन्न वैज्ञानिक क्षेत्रों में मेटाजेनोमिक्स के अनुप्रयोग।

संरचना को समझना आवश्यक है। प्रोटीन की प्राथमिक संरचना इसे एन्कोड करने वाले जीन के अनुक्रम से आती है। प्रोटीन संरचना का जैव सूचना विज्ञान का पूर्वानुमान अध्ययन प्रोटीन के भौतिक गुणों और कार्यों को समझने में सहायता कर सकता है (Raza, 2012)।

वंशावली विश्लेषण

प्रोटीन अणुओं के समूहों के बीच विकासवादी संबंधों को फिर से बनाने और एक अणु के कुछ गुणों की पूर्व–सूचना के लिए, फाइलोजेनेटिक विश्लेषण किया जाता है (Mehmood *et al.*, 2014)। फाइलोजेनेटिक विश्लेषण में व्यापक रूप से उपयोग किए जाने वाले उपकरण MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) (Tamura *et al.*, 2011) और PHYLIP (Felsenstein, 1989) हैं।

सूक्ष्मजीव अध्ययनों के अनुसार, मेटाजीनोमिक्स को बैक्टीरियल मेटाजीनोमिक्स, फंगल मेटाजीनोमिक्स और वायरल मेटाजीनोमिक्स में वर्गीकृत किया जा सकता है। वर्तमान मेटाजीनोमिक अनुसंधान में, जीवाणु मेटाजीनोमिक्स के साथ–साथ अनुक्रम विश्लेषण मेटाजीनोमिक्स तेजी से बढ़ रहा है।

अनुप्रयोग

चिकित्सा, कृषि, पर्यावरण संरक्षण, और अन्य क्षेत्रों (चित्र 2) सहित डोमेन में मेटाजीनोमिक्स अनुसंधान तेजी से आगे बढ़ रहा है। सूक्ष्मजीवों और माइक्रोबियल मेटाबोलाइट्स से उपन्यास बायोएक्टिव यौगिकों और कार्यात्मक जीन की पहचान करने के लिए कार्यात्मक मेटाजीनोमिक्स महत्वपूर्ण है। मेटाजीनोमिक्स तकनीक में बायोकैटलिस्ट जीन (Uchiyama *et al.*, 2005), पॉलीकेटाइड सिंथेज कोडिंग जीन (Ginolhac *et al.*, 2004),

एंटीबायोटिक प्रतिरोध जीन (एआरजी) (Riesenfeld *et al.*, 2004) सहित कई नए जीन पाए गए हैं।

अनुक्रम मेटाजीनोमिक्स अप्रसंस्कृत सूक्ष्मजीवों का अध्ययन करने में सहायक है। माइक्रोबियल समुदाय की विविधता की जांच करके, सूक्ष्मजीवों की प्रजातियों, आनुवंशिकी और विकासवादी इतिहास के बारे में सीखना संभव है। नए रोगजनक माइक्रोबियल साक्ष्य (Kasper *et al.*, 2020) द्वारा चिकित्सा संक्रमणों के मौजूदा निदान में सुधार किया जा सकता है। संस्कृति की स्थिति की आवश्यकता के बिना, कार्यात्मक मेटाजीनोमिक्स स्क्रीनिंग के माध्यम से लक्ष्य जीन या सक्रिय उत्पादों तक पहुंच सकते हैं। मौजूदा एंजाइम परिवारों या एंजाइमों के उपन्यास सदस्यों की खोज में कार्यात्मक मेटाजीनोम सहायता जो केवल विशेष भौतिक–रासायनिक परिस्थितियों में सक्रिय हैं, जो दोनों औद्योगिक अनुप्रयोगों के लिए अधिक उपयोगी हैं (Bekele *et al.*, 2021)। पर्यावरण बैक्टीरिया (Zhang *et al.*, 2021) के कार्बन, नाइट्रोजन और सल्फर चक्र चयापचय का विश्लेषण करने के लिए मेटाबॉलिकमिक्स और कार्यात्मक मेटाजीनोमिक्स को युग्मित किया गया था।

मिट्टी, गहरे महासागरों, हिमनदों, गड्ढों और अन्य आवासों में रोगाणुओं का अध्ययन पर्यावरणीय मेटाजीनोमिक्स का एक अनुप्रयोग है। गैस्ट्रोइंटेस्टाइनल ट्रैक्ट में हानिकारक बैक्टीरिया की खोज, रक्त प्रवाह संक्रमण, फेफड़ों में संक्रमण, केंद्रीय तंत्रिका तंत्र संक्रमण, और अन्य बीमारियां चिकित्सा क्षेत्र के मेटाजीनोमिक्स के कई उपयोगों में से कुछ हैं। एंटीबायोटिक–प्रतिरोधी बैक्टीरिया (ARB), एंटीबायोटिक–प्रतिरोधी जीन (Nnadozie and Odume, 2019), जैव–उत्प्रेरक, और दवाएं मेटाजीनोमिक्स अनुसंधान (Duarte *et al.*, 2020) का वर्तमान फोकस हैं।

अहमद और उनकी टीम (2018) द्वारा एक अध्ययन किया गया था, जिसमें खारे मिट्टी के माइक्रोबायोम की मूल संरचना और ऑस्मोएडाप्टेशन में शामिल उपन्यास आनुवंशिक तत्वों की खोज की गई थी। 16S rRNA जीन अनुक्रम विश्लेषण ने प्रोटीनोबैक्टीरिया (Proteobacteria), एक्टिनोबैक्टीरिया (Actinobacteria), जेमटिमोनैडेटेस (Gemmatimonadetes), बैक्टेरॉइडेट्स (Bacteroidetes), फर्मिक्यूट्स (Firmicutes) और एसिडोबैक्टीरिया (Acidobacteria) से संबंधित हेलोफिलिक/हेलोटोलरेंट फाइलोटाइप्स के प्रभुत्व का संकेत दिया है। इस कार्यात्मक मेटागेनॉमिक्स दृष्टिकोण ने ऑस्मोटोलेरेंट (Osmotolerant) क्लोन SSR1, SSR4, SSR6, SSR2 को BCAA_ABCtp, GSDH, STK_Pknb, और duf3445 जीनों की पहचान की। उपरोक्त रोगाणुओं के भीतर प्रचलित आनुवंशिक तत्वों के डिकोडिंग का उपयोग या तो मिट्टी को सुधारने के लिए किया जा सकता है या उनके आनुवंशिक रूप से संशोधित रूप फसलों को खारे वातावरण में प्रतिरोध और जीवित रहने में सहायता कर सकते हैं (Ahmed *et al.*, 2018)।

कृषि, जीव विज्ञान, प्रदूषण की रोकथाम, ऊर्जा, पर्यावरण, वातावरण और अन्य क्षेत्रों पर अनुसंधान मेटाजीनोमिक्स (Suttner *et al.*, 2020) का उपयोग करता है। अत्यधिक आवास, समुद्र और भूमि सभी में रोगाणुओं के अध्ययन की क्षमता है। बड़ी संख्या में सूक्ष्मजीव मिट्टी में रहते हैं, और मेटाजीनोमिक्स शोध से पता चला है कि इसमें एंटीबायोटिक्स और एंटीफंगल पदार्थों (Gillespie *et al.*, 2002) का खजाना हो सकता है।

निष्कर्ष

माइक्रोबियल समुदायों से संबंधित प्रश्नों और विभिन्न वातावरणों में उनकी भूमिका को संबोधित करने के लिए मेटाजीनोमिक्स बहुत तेज गति से उभर रहा है। मेटाजीनोमिक्स की विशाल संभावित भूमिका के कारण, परिणामी डेटासेट का पूर्ण उपयोग करने के लिए मेटाजीनोमिक्स को एक विश्वव्यापी पहल बनाने की आवश्यकता है जो दुनिया भर में सभी प्रकार की मेटाजीनोमिक परियोजनाओं को एक साथ लाएगी। निकट भविष्य में, अन्य 'ओमिक्स' विधियों जैसे कि मेटाट्रेनस्क्रिप्टोमिक्स और मेटाप्रोटोमिक्स के साथ एकीकरण करके, मेटाजीनोमिक हमारे पर्यावरण को देखने के महत्वपूर्ण घटकों में से एक होगा। सुसंस्कृत उपसमुच्चय की परवाह किए बिना मेटाजेनोमिक्स बड़ी मात्रा में आनुवंशिक जानकारी का लाभ उठा सकता है और विविध अप्रकाशित माइक्रोबियल समुदायों के आनुवंशिक विकास में ज्ञान की कमी को भी हल कर सकता है। कार्यात्मक मेटाजीनोमिक्स स्क्रीनिंग तकनीक एक मजबूत अनुसंधान उपकरण है जिसमें जैव–उत्प्रेरक की क्षमता है जो पर्यावरण और व्यावसायिक रूप से महत्वपूर्ण है।

संदर्भ

Afiahayati, Sato, K., Sakakibara, Y. (2014). MetaVelvet-SL: An extension of the velvet assembler to a de novo metagenomic assembler utilizing supervised learning. DNA Research. 22(1): 69-77.

Ahmed, V., Verma, M.K., Gupta, S., Mandhan, V. and Chauhan, N.S. (2018). Metagenomic profiling of soil microbes to mine salt stress tolerance genes. Frontiers in Microbiology. 9: 159. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00159.

Alla, M., Vladislav, S., Alexey, G. (2016). MetaQUAST: Evaluation of metagenome assemblies. Bioinformatics. 32(7): 1088-1090.

Alneberg, J., Bjarnason, B.S., De Bruijn, I., Schirmer, M., Quick, J., *et al.* (2014). Binning metagenomic contigs by coverage and composition. Nature Methods. 11: 1144-1146.

Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W., Lipman, D.J. (1990). Basic local alignment search tool. Journal of Molecular Biology. 215(3): 403-410.

Alves, L.D.F., Westmann, C.A., Lovate, G.L., Marcelino, G., De Siqueira, V., *et al.* (2018). Metagenomic Approaches for understanding new concepts in microbial science. International Journal of Genomics. 2018: 1-15.

Bekele, W., Zegeye, A., Simachew, A., Assefa, G. (2021). Functional metagenomics from the Rumen environment-A review. Advances in Biosciences and Biotechnology. 12: 125-141.

Caspi, R., Billington, R., Keseler, I.M., Kothari, A., Krummenacker, M., *et al.* (2020). The MetaCyc database of metabolic pathways and enzymes - a 2019 update. Nucleic Acids Research. 48(D1): D445-D453.

Dinghua, L., Chi-Man, L., Ruibang, L., Kunihiko, S., Tak-Wah, L. (2015). MEGAHIT: An ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly *via* succinct de Bruijn graph. Bioinformatics. 31(10): 1674-1676.

Duarte, A.S.R., Stärk, K.D., Munk, P., Leekitcharoenphon, P., Bossers, A. *et al.* (2020). Addressing learning needs on the use of metagenomics in antimicrobial resistance surveillance. Frontiers in Public Health. 8: 38.

Felsenstein, J. (1989). PHYLIP - Phylogeny Inference Package (Version 3.2). Cladistics. 5: 164-166.

Ginolhac, A., Jarrin, C., Gillet, B., Robe, P., Pujic, P., *et al.* (2004). Phylogenetic analysis of polyketide synthase I domains from soil metagenomic libraries allows selection of promising clones. Applied Environmental Microbiology. 70: 5522-5527.

Handelsman, J., Rondon, M.R., Brady, S.F., Clardy, J., Goodman, R.M. (1998). Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: A new frontier for natural products. Chemical Biology. 5(10): R245-R249.

Healy, F.G., Ray, R.M., Aldrich, H.C., Wilkie, A.C., Ingram, L.O. *et al.* (1995). Direct isolation of functional genes encoding cellulases from the microbial consortia in a thermophilic, anaerobic digester maintained on lignocellulose. Applied Microbiology and Biotechnology. 43: 667-674.

Hideki, N., Takeaki, T., Takehiko, I. (2008). Meta gene annotator: Detecting species-specific patterns of ribosomal binding site for precise gene prediction in anonymous prokaryotic and phage genomes. DNA Research. 15(6): 387-396.

Hoff, K.J., Lingner, T., Meinicke, P., Tech, M. (2009). Orphelia: Predicting genes in metagenomic sequencing reads. Nucleic Acids Research. 37(Web Server issue): W101-W105.

Hunter, S., Corbett, M., Denise, H., Fraser, M., Gonzalez-Beltran, A., *et al.* (2014). EBI metagenomics - A new resource for the analysis and archiving of metagenomic data. Nucleic Acids Research. 42(Database issue): D600-D606.

Huson, D.H. and Weber, N. (2013). Microbial community analysis using MEGAN. Methods Enzymology. 531: 465-485.

Jimenez, D.J. andreote, F.D., Chaves, D., Montan, J.S., Osorio-Forero, C., *et al.* (2012). Structural and functional insights from the metagenome of an acidic hot spring microbial planktonic community in the Colombian Andes. PLoS One. 7: 1-15.

Kang, D.D., Froula, J., Egan, R., Wang, Z. (2015). MetaBAT, an efficient tool for accurately reconstructing single genomes from complex microbial communities. Peer Journal. 3: e1165.

Kasper, C., Ribeiro, D., Almeida, A.M.D., Larzul, C., Liaubet, L., *et al.* (2020). Omics application in animal science-A special emphasis on stress response and damaging behaviour in pigs. Genes. 11: 920.

Keegan, K.P., Glass, E.M., Meyer, F. (2016). MG-RAST, a Metagenomics Service for Analysis of Microbial Community Structure and Function. Methods Molecular Biology. 1399: 207-233.

Khandelwal, I., Sharma, A., Agrawal, P.K., Shrivastava, R. (2017). Bioinformatics Database Resources. In: Library and Information Services for Bioinformatics Education and Research. IGI Global, Hershey. pp 45-90.

Maria-Eugenia, G., Ana, B., Peter, N.G., Manuel, F. (2009). Metagenomics as a new technological tool to gain scientific knowledge. World Journal of Microbiology and Biotechnology. 25: 945-954.

Markowitz, V.M., Chen, I.M., Chu, K., Szeto, E., Palaniappan, K., *et al.* (2014). IMG/M 4 version of the integrated metagenome comparative analysis system. Nucleic Acids Research. 42(Database issue): D568-D573.

Mehmood, M.A., Sehar, U., Ahmad, N. (2014). Use of bioinformatics tools in different spheres of life sciences. Data Mining, Genomices and Proteomics. 5: 1-13.

Namiki, T., Hachiya, T., Tanaka, H., Sakakibara, Y. (2012). Meta Velvet: An extension of Velvet assembler to de novo metagenome assembly from short sequence reads. Nucleic Acids Research. 40(20): e155.

Nazir, A. (2016). Review on metagenomics and its applications. Imperial Journal of Interdisciplinary Research. 2(3): 277-286.

Neelakanta, G. and Sultana, H. (2013). The use of metagenomic approaches to analyze changes in microbial communities. Microbiol. Insights. 6: 37-48.

Niu, S., Yang, J., Mcdermaid, A., Zhao, J., Kang, Y. (2018). Bioinformatics tools for quantitative and functional metagenome and metatranscriptome data analysis in microbes. Briefings in Bioinformatics. 19: 1415-1429.

Nnadozie, C.F. and Odume, O.N. (2019). Freshwater environments as reservoirs of antibiotic resistant bacteria and their role in the dissemination of antibiotic resistance genes. Environmental Pollution. 254: 113067.

Ogata, H., Goto, S., Sato, K., Fujibuchi, W., Bono, H., *et al.* (1999). KEGG: Kyoto encyclopedia of genes and genomes. Nucleic Acids Research. 27(1): 29-34.

Pace, N.R., Stahl, D.A., Lane, D.J., Olsen, G.J. (1986). Analyzing natural microbial populations by Ribosomal RNA sequences. Advances in Microbial Ecology. 9: 1-5.

Peng, Y., Leung, H.C., Yiu, S.M., Chin, F.Y. (2012). IDBA-UD: Ade novo assembler for single-cell and metagenomic sequencing data with highly uneven depth. Bioinformatics. 28(11): 1420-1428.

Prayogo, F.A., Budiharjo, A., Kusumaningrum, H.P., Wijanarka, W., Suprihadi, A., *et al.* (2020). Metagenomic applications in exploration and development of novel enzymes from nature: A review. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology. 18: 39.

Pruesse, E., Quast, C., Knittel, K., Fuchs, B.M., Ludwig, W., *et al.* (2007). SILVA: A comprehensive online resource for quality checked and aligned ribosomal RNA sequence data compatible with ARB. Nucleic Acids Research. 35(21): 7188-7196.

Quevillon, E., Silventoinen, V., Pillai, S., Harte, N., Mulder, N., *et al.* (2005). InterProScan: Protein domains identifier. Nucleic Acids Research. 33(suppl_2): W116-W120.

Raza, K. (2012). Application of data mining in bioinformatics. Indian Journal of Computer Science and Engineering. 1: 114-118.

Rho, M., Tang, H., Ye, Y. (2010). FragGeneScan: Predicting genes in short and error-prone reads. Nucleic Acids Research. 38(20): e191.

Riesenfeld, C.S., Goodman, R.M., Handelsman, J. (2004). Uncultured soil bacteria are a reservoir of new antibiotic resistance genes. Environmental Microbiology. 6: 981-989.

Roumpeka, D.D., Wallace, R.J., Escalettes, F., Fotheringham, I., Watson, M. (2017). A review of bioinformatics tools for bio-prospecting from metagenomic sequence data. Frontiers in Genetics. 8: 1-10.

Schmidt, T.M., DeLong, E.F., Pace, N.R. (1991). Analysis of a marine picoplankton community by 16S rRNA gene cloning and sequencing. Journal of Bacteriology. 173(14): 4371-4378.

Strous, M., Kraft, B., Bisdorf, R., Tegetmeyer, H.E. (2012). The binning of metagenomic contigs for microbial physiology of mixed cultures. Frontiers in Microbiology. 3: 1-11.

Suttner, B., Johnston, E.R., Orellana, L.H., Rodriguez-R, L.M., Hatt, J.K. *et al.* (2020). Metagenomics as a public health risk assessment tool in a study of natural creek sediments influenced by agricultural and livestock runoff: Potential and limitations. Applied Environmental Microbiology. 86(6): e02525-19.

Tamames, J. and Puente-Sánchez, F. (2019). SqueezeMeta, A Highly Portable, Fully Automatic Metagenomic Analysis Pipeline. Frontiers in Microbiology. 9: 3349.

Tamura, K., Peterson, D., Nicholas, P., Glen, S., Masatoshi, N., *et al.* (2011). MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony methods. Molecular Biology and Evolution. 28(10): 2731-2739.

Torsten, S. (2014). Prokka: Rapid prokaryotic genome annotation. Bioinformatics. 30(14): 2068-2069.

Treangen, T.J., Koren, S., Sommer, D.D., Liu, B., Astrovskaya, I. *et al.* (2013). MetAMOS: A modular and open source metagenomic assembly and analysis pipeline. Genome Biology. 14(1): R2.

Uchiyama, T., Abe, T., Ikemura, T., Watanabe, K. (2005). Substrate-induced gene-expression screening of environmental metagenome libraries for isolation of catabolic genes. Nature Biotechnology. 23: 88-93.

Wu, Y.W., Tang, Y.H., Tringe, S.G., Simmons, B.A., Singer, S.W. (2014). MaxBin: An automated binning method to recover individual genomes from metagenomes using an expectation-maximization algorithm. Microbiome. 2: 26.

Yasir, B., Salam, P.S., Bolin, K.K. (2014). Metagenomics: An application based perspective. Chinese Journal of Biology. 2014: 146030.

Zhang, L., Chen, F., Zeng, Z., Xu, M., Sun, F., *et al.* (2021). Advances in metagenomics and its application in environmental microorganisms. Frontiers in Microbiology. 12: 766364.