

भाकृअनुप-रापअनुसंब्यूरो

समाचार-पत्र

ICAR-NBAGR

Newsletter

Volume 22
January - June, 2025



Dear Colleagues and Stakeholders,

I am immensely pleased and delighted to present the January-June 2025 issue of the newsletter from ICAR-National Bureau of Animal Genetic Resources (NBAGR), Karnal. This newsletter not only reflects concisely the Bureau's half-yearly work, progress, and contributions but also highlights our unflinching commitment to the conservation, management, research, and outreach activities in protecting the country's valuable animal genetic resources (AnGR). Over the past six months, we have achieved several significant milestones that strengthen our contributions to sustainable development in agriculture and animal husbandry, while addressing the challenges of biodiversity conservation.



One of the most prominent accomplishments during this period has been the registration of 10 new indigenous breeds across livestock, poultry, and dog species. At the 12th meeting of the Breed Registration Committee (BRC), held on January 6, 2025, in New Delhi, we registered the Manah buffalo from Assam, Gaddi dog from Himachal Pradesh, Changkhi dog from Ladakh, Ladakhi yak and donkey from Ladakh, Tripureswari duck from Tripura, Chaugarkha goat from Uttarakhand, Bundelkhandi goat from Uttar Pradesh and Madhya Pradesh, Karkambi pig from Maharashtra, and Kheri sheep from Rajasthan. The gazette notification of these breeds (April 15, 2025) and the felicitation ceremony for the applicants (January 17, 2025) not only affirm the recognition of these rare and adapted breeds but also encourage government programs for their conservation and development. To date, a total of 229 indigenous breeds have been registered, including 53 of cattle, 21 of buffalo, 41 of goat, 46 of sheep, and various others across species. This progress is a solid step towards the 'Mission Towards Zero Non-Descript AnGR,' aimed at reducing non-descript livestock populations and preserving their genetic diversity.

In the realm of research, our team has provided valuable insights through several innovative and impactful studies. For instance, the genomic signatures of high-altitude adaptation in Ladakhi cattle highlight genes like HIF1A and VEGFA, which play important roles in hypoxic environments. Similarly, studies on positive selection signatures in Kanniadu goats, genome-wide insights into CNVs in Indian goats, and molecular signatures of heat stress resilience in Jamunapari goats offer tools to combat climate change and environmental challenges in livestock breeds. Research on seasonal stress impacts in Murrah bulls, mitochondrial copy number and gene expression changes in buffalo spermatozoa, and breed-specific metabolomic profiles of milk-derived exosomes advance our understanding in animal health, reproduction, and nutrition. Additionally, the metabolomic profiling of colostrum and milk in Ladakhi cattle from high-altitude

HIGHLIGHTS OF THIS ISSUE...

» Institute Profile	2
» New Germplasm	3
» Published Research Highlights	5
» Meetings	9
» Farmers Program & Outreach	10

regions provides insights into newborn survival and growth in hypoxic environments.

In the development of genomic resources, we have designed and validated high-density SNP array: 'Axiom_Kukkut' for Indian chicken breeds and 'Axiom_Shwaan' for Indian dog breeds.

These arrays will serve as powerful tools for genome-wide association studies, detection of selection signatures, diversity analysis and breed improvement programs, thereby aiding in the preservation of genetic diversity in indigenous breeds.

In outreach and collaborative work, a stakeholder meet in Lakshadweep (January 9, 2025) was convened where a strategy paper and documentary (on AnGR) were launched. The annual review meeting of the Network Project on AnGR (January 30-31, 2025) reviewed progress from 33 centers, including documentation of 53 potential populations. An interactive meeting with DAHD (May 14, 2025) strengthened future associations. The International Biodiversity Day (May 22, 2025) celebration, which included poster and speech competitions and awarding cattle farmers, was successful in creating awareness about the importance of biodiversity.

Farmer programs included scientist-farmer interface meets in Lakshadweep, Haryana, and Uttarakhand, where animal health kits were provided. Under 'Viksit Krishi Sankalp Abhiyan' (May 29-June 12, 2025), 19 scientists interacted with more than 3,500 farmers across 250+ villages, emphasizing the unique qualities of indigenous livestock and poultry. Exposure visits by farmers and school students to NBAGR facilitated knowledge exchange. Our exhibition stall at the Agriculture Science Congress reflected our technologies and conservation efforts.

These milestones are the outcome of hard work by the scientists of the Bureau, the staff, partner institutions, and stakeholders. We continue to be devoted to the conservation, research, and sustainable use of indigenous animal genetic resources to combat issues such as climate change, food security, and rural economy. I offer my deepest gratitude to all of you for your efforts and look forward to still more successes in the future.

Jai Hind ...

(N H Mohan)

Director, ICAR-NBAGR, Karnal

Publisher: N H Mohan, Director, ICAR-NBAGR

Editors: SK Niranjana, Sonika Ahlawat and MS Dige

Production & Design: SK Niranjana, Incharge, PME Cell, ICAR-NBAGR

Compiled by: Ms Teena (YP II), PME Cell

Production Assistance: Anita Chanda, PA, Director Cell

Photographs: PGE Section, Scientists of ICAR-NBAGR

ICAR-NATIONAL BUREAU OF ANIMAL GENETIC RESOURCES

G.T. Road By-Pass, Near Basant Vihar, Karnal-132 001 (HARYANA) INDIA
Tel. 0184-2961000, Fax: 0184-2960460

Email: director.nbagr@icar.gov.in | Website: <https://nbagr.icar.gov.in>
Twitter: @IcarNbagr

Institute Profile

With the realization of the unique significance of native animal and poultry genetic resources and their potential utilization at global level, a need was felt by the ICAR in 1960s for establishing an organization which could undertake the responsibility of evaluating, certifying and conserving the country's rich and diverse germplasm resources. The establishment of two different institutes- National Bureau of Animal Genetic Resources (NBAGR) and National Institute of Animal Genetics (NIAG) was approved, in principle, during IV Five-Year-Plan. The Institute was set up on 21st September, 1984 at the campus at National Dairy Research Institute (Southern Regional Station), Bangalore and further shifted to Karnal on 19th July, 1985. Finally, NBAGR and NIAG were merged in 1995.

Mission

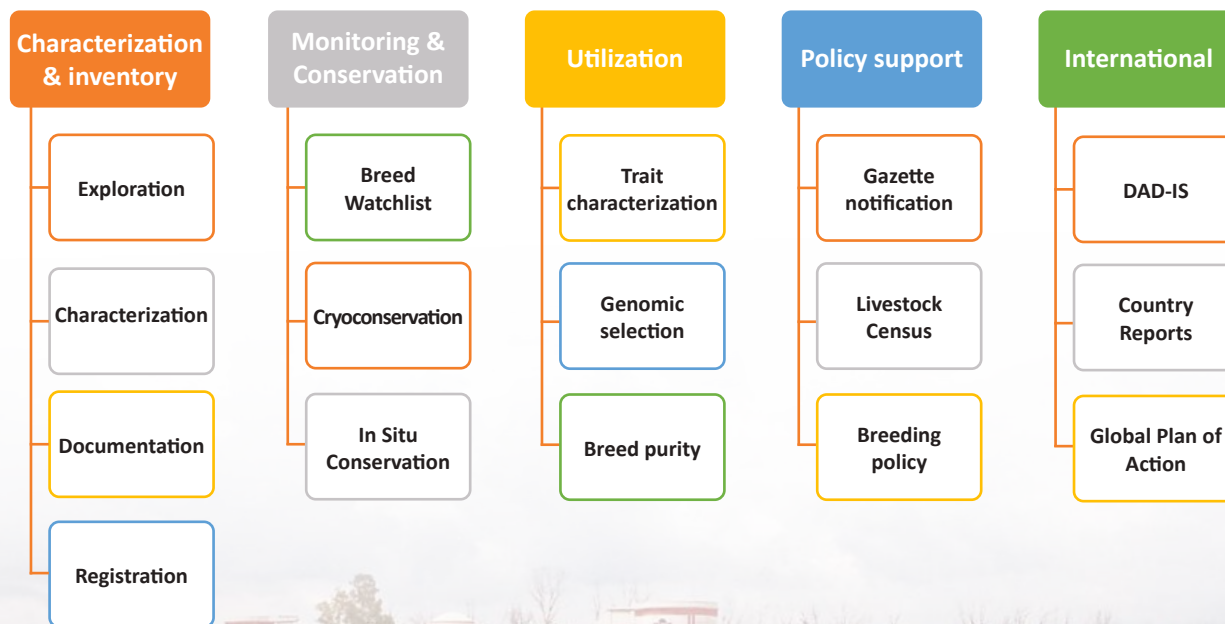
To protect and conserve indigenous Farm Animal Genetic Resources for sustainable utilization and livelihood security.

Mandate

- ♦ Identification, evaluation, characterization, conservation and sustainable utilization of livestock and poultry genetic resources of the country.
- ♦ Coordination and capacity building in animal genetic resources management and policy issues.

Objectives

- ♦ To conduct systematic surveys to characterize, evaluate and catalogue farm livestock and poultry genetic resources and to establish their National Data Base.
- ♦ To design methodologies for *ex-situ* conservation and *in-situ* management and optimal utilization of farm animal genetic resources.
- ♦ To undertake studies on genetic characterization using modern techniques of molecular biology.
- ♦ To conduct training programmes as related to evaluation, characterization and utilization of animal genetic resources.



New Germplasm

Registration and Gazette Notification of Indigenous animal breeds

ICAR-NBAGR registered 10 indigenous breeds of livestock (7), poultry (1) and dog (2) species based on the recommendation of Breed Registration Committee (BRC), during the meeting held on 6th January, 2025 at New Delhi. The BRC headed by Deputy Director General (Animal Science), ICAR is the apex body for registration of newly identified animal breeds in the country. Total 229 indigenous breeds, which include 53 breeds of cattle, 21 of buffalo, 41 of goat, 46 of sheep, 8 of horse, 9 of camel, 15 of pig, 4 of donkey, 5 of dog, 2 of yak, 20 of chicken, 4 of duck, and 1 of geese have been registered, so far. Bureau has also assigned the Accession numbers to the newly registered breeds.

Native breeds of livestock poultry and dog registered by ICAR

S. N.	Species	Name of breed	Native tract	Accession Number
1	Buffalo	Manah	Assam	INDIA_BUFFALO_0200_MANAH_01021
2	Dog	Gaddi	Himachal Pradesh	INDIA_DOG_0600_GADDI_19004
3	Dog	Changkhi	Ladakh	INDIA_DOG_3800_CHANGKHI_19005
4	Donkey	Ladakhi	Ladakh	INDIA_DONKEY_3800_LADAKHI_05004
5	Duck	Tripureswari	Tripura	INDIA_DUCK_1900_TRIPURESWARI_11004
6	Goat	Chaugarkha	Uttarakhand	INDIA_GOAT_2400_CHAUGARKHA_06040
7	Goat	Bundelkhandi	Uttar Pradesh & Madhya Pradesh	INDIA_GOAT_2010_BUNDELKHANDI_06041
8	Pig	Karkambi	Maharashtra	INDIA_PIG_1100_KARKAMBI_09015
9	Sheep	Kheri	Rajasthan	INDIA_SHEEP_1700_KHERI_14046
10	Yak	Ladakhi	Ladakh	INDIA_YAK_3800_LADAKHI_16002

Newly registered breeds

Manah is a dual purpose buffalo used for milk and draught, distributed in Nalbari, Kamrup rural, Barpeta, Goalpara districts of Assam State. It is medium sized buffalo and reared for milk and draught purpose. The daily milk yield is around 1.75 kg.



Tikamgarh, Chhatrapur, Datia district of M.P. These animals are black in colour, well adapted and able to cover long distances while grazing.

Kheri sheep is distributed in the Tonk, Ajmer, Bhilwara, Jaipur, Nagaur, Pali, Jodhpur districts of Rajasthan. These animals are



tall and have majestic look. It has ability to walk long distance, that is why farmers prefer this breed for migration. These animals are well adapted to harsh climatic conditions and can survive during scarcity of feed and fodder resources.

Chaugarkha also called as Kumaoni goat, is distributed in the Almora, Pithoragarh, Nainital, Champawat and Bageshwar districts of Uttarakhand state. It is mainly reared for mutton production. Average adult body weight in male is 27 Kg and in female is 24 Kg.



Bundelkhandi goat is originated in Bundelkhand region of U.P. & M.P. It is a medium sized goat, mainly used for meat purpose. It is distributed in Jhansi, Banda, Chitrakoot, Mahoba, Hamirpur, Lalitpur and Jalaun districts of U.P. and Sagar, Panna, Damoh,



Karkambi pig is distributed in Solapur, Pune, and Satara district of Maharashtra. It is mainly reared for meat purpose under scavenging system. Litter size varies from 2 to 10. Average adult body weight in male is 45 Kg and in female is 43 Kg.



Tripureswari Duck is native to Tripura state and distributed in Sepahijala, Gomati, Kowai, Dhalai, South, West, Unokoti



and North Tripura. It is mainly reared for egg and meat purpose. Average body weight is 1.199 kg at 12 months. The annual egg production of these ducks are ranged from 70 to 101.

Ladakhi yak is distributed in the Leh and Kargil districts of Ladakh (UT). It is reared mainly for milk, meat, fibre, manure, draught and transport purpose. Ladakhi yaks are medium in size, larger than Arunachali yak. Average adult body weight for male is 250 Kg and for female is 183 Kg.



Ladakhi Donkey is distributed in the Leh and Kargil districts of Ladakh (UT). This is only donkey population which are reared above 3000 meter msl and used for transportation at very high altitude with low oxygen and temperature. Average adult body weight for male is 82 Kg and for female is 78 Kg.

Gaddi dog is distributed in the Chamba, Kangra, Kullu, Mandi,

Lahaul Spiti and Kinnaur districts of Himachal Pradesh. It is named after the Gaddi tribe who is associated with the migratory farming since ages. It is mainly reared as guarding dog. The litter size varies from 4-8.



Changkhi dog is native of Ladakh (UT). Changkhi dog is used as watch dog to guard their livestock including sheep and goat from snow leopard, wild animals and other predators, and also for their safety.



Gazette Notification

These newly registered indigenous breeds were further Gazette notified by DARE, Min. of Agriculture & Farmers Welfare, Govt. of India [No. 1689(S.O.1720 (E) (April 15, 2025)]. The Gazette Notification of the breeds have been initiated by the Department in 2019. Till date, all 230 animal breeds have been notified in the official Gazette.



ICAR Felicited Breed Applicants

Indian Council of Agricultural Research (ICAR) felicitated applicants of animal breeds registered during 2023 to 2025 in a ceremony held on January 17, 2025, at NASC Complex ICAR, New Delhi. In the ceremony, about 80 breed applicants were honored for registering 18 breeds of indigenous livestock, poultry and dog breeds. Vice-chancellors and Directors of various SAUs/SVUs, DDGs ADGs of ICAR, and officers from DAHD also attended the program.

Dr. Himanshu Pathak, Secretary (DARE) and Director General (ICAR) graced the occasion as chief guest. In his address, Dr Raghavendra Bhatta, Deputy Director General (Animal Sciences), ICAR informed about the breeds registered by the ICAR. He said that registering the animal breeds was started by the ICAR in 2008 so as to protect native breeds. Dr Abhijit Mitra, Animal Husbandry Commissioner, Govt. of India, complimented all the breed applicants. It would also let initiate various government programs for the development of these breeds in their states. The livestock keepers would be benefitted by these programs in the long run. He also appreciated the efforts of ICAR-NBAGR for supporting DAHD for conducting Breed-wise Livestock Census (2024) in the country.

Out of the 18 breeds, three each from Ladakh (UT) and Andaman & Nicobar (UT) as primary home tract. Other states are Andhra Pradesh (1), Assam (1), Chhattisgarh (1), Gujarat (1), Maharashtra (2), Himachal Pradesh (1), Rajasthan (1), Tripura (1), Uttarakhand (1) and Uttar Pradesh (2). Two breeds were having more than one state as their native tract.



Dr. Himanshu Pathak, Secretary (DARE) and Director General (ICAR) addressing the breed applicants and other stakeholders



Applicants of Chaugarkha goat from Uttarakhand being honored by the dignitaries

Published Research Highlights

Signatures of high-altitude adaptation in Ladakhi cows

Whole-genome sequence data from Ladakhi cattle, adapted to the high-altitude environment of Leh-Ladakh, and Sahiwal cattle, native to the arid and semi-arid tropics, were analyzed to explore genomic regions under selection pressure in contrasting environments. Two complementary approaches, runs of homozygosity (ROH) and fixation index (F_{ST}), were applied. Several ROH hotspots in Ladakhi cattle harbored genes linked to high-altitude adaptation, including *HIF1A*, *VEGFA*, *VEGFC*, *EPHB1*, *ZEB1*, *CAV3*, *TEK*, *SENP2*, *GATA6*, *RAD51*, and *ADAMTSL4*. The genome-wide F_{ST} value of 0.32 reflected strong genetic divergence between the two breeds, with 3,616 candidate regions identified as being under selection. F_{ST} -based analysis further highlighted key genes such as *HIF1A*, *VEGFC*, *ZEB1*, *SOD1*, *EGLN3*, *EPAS1*, *ZNF*, *DYSF*, *ADAM*, *SENP2*, *MMP16*, and *CDK2*, many of which are known to contribute to adaptation in hypoxic conditions. Pathway enrichment analysis revealed significant representation of signaling pathways related to *HIF-1*, VEGF signaling, DNA repair, and angiogenesis in Ladakhi cattle, underscoring their role in physiological adjustment to high-altitude, oxygen-limited environments.

Reference: Tiwari M, Sodhi M, Chanda D, Kataria RS, Niranjana SK, Singh I, Bharti VK, Iqbal M, Rabgaia S, Amarjeet, Vivek P, Kumari P and Mukesh M (2025) Deciphering genomic basis of unique adaptation of Ladakhi cattle to Trans-Himalayan high-altitude region of Leh-Ladakh in India. *Gene* 942:149251.

Genomic signatures of positive selection in the Kanniadu goat

Whole-genome resequencing (~10X coverage) was performed on Kanniadu ($n = 10$) and Jakhra ($n = 10$) goats using Illumina NovaSeq 6000, with publicly available Saanen genomes ($n = 10$) included for comparison. Variant calling in Kanniadu goats identified ~22.5 million SNPs and 3.7 million INDELs, distributed across intronic, intergenic, and exonic regions. Selection signatures were detected using nucleotide diversity ($\theta\pi$) and composite likelihood ratio (CLR) methods, while between-breed divergence was assessed using the fixation index (F_{ST}). The top 1% outlier regions revealed 52 overlapping genes under selection, including *WARS2* (fat deposition), *TBX15* and *RNPC3* (growth), and genes influencing body size. Selective sweeps were enriched on chromosomes 16, 25, and 23, encompassing *IPO9* (muscle growth), *LMOD1* (smooth muscle function), and *DCN* and *PTPRR* (carcass traits). Functional enrichment analysis further revealed significant involvement of PI3K-Akt, mTOR, MAPK, and EGFR signaling pathways, highlighting their role in transcriptional regulation, growth, and survival.

Reference: Yadav R, Vanzampui ZST, Dixit SP, Singh S, Bhatia AK, Iram D and Ganguly I (2025) Genetic signatures of meat type Kanniadu goat: A genome-wide exploration. *Small Ruminant Research* 251: 107564.

Genome-wide insights into CNVs in Indian goats

Advances in next-generation sequencing (NGS) have made it feasible to characterize genome-wide variation with high

precision, with copy number variations (CNVs) and copy number variation regions (CNVRs) offering a powerful lens to investigate the genetic basis of adaptation and diversity. Whole-genome resequencing was used to delineate the distribution of CNVs and CNVRs in 11 indigenous Indian goat breeds. Diversity metrics calculated from the identified CNVRs revealed significant patterns of genetic structure. Principal component analysis (PCA) distinguished Kanniadu (KAN) and Jharkhand Black (JB) goats from the remaining breeds, suggesting their unique genomic profiles, likely influenced by their origin from institutional farms. Admixture analysis, complemented by f_3 statistics, indicated distinct genetic structuring of JB, KAN, and Tellicherry (TEL) relative to other studied populations. Furthermore, selection signature analysis using the variance-stabilizing transformation (VST) approach identified 32 genomic regions under selection, highlighting key candidate genes such as *ZBTB7C*, *BHLHE22*, and *AGT*, which are potentially involved in thermoregulation and adaptation to contrasting hot and cold environments. Overall, a comprehensive dataset of 32,711 autosomal CNVRs along with customized computational pipelines was generated, offering valuable resources for future research on CNV-driven genetic diversity and adaptive mechanisms in goats.

Reference: Sukhija N, Kanaka KK, Ganguly I, Dixit SP, Singh S, Goli RC, Rathi P, Nandini PB and Koloi S (2025) Cataloging copy number variation regions and allied diversity in goat breeds spanning pan India. *Mammalian Genome* 36:523-540

CNVR-based assessment of genetic diversity in Indian and global goat breeds

Whole-genome resequencing data were employed to examine CNV regions (CNVRs) in Indian goat breeds and to compare them with transboundary and global populations, including wild relatives, with the aim of assessing their utility in exploring genetic diversity and population structure. Two datasets were assembled: Dataset-I included 103 genomes from native Indian breeds along with nine publicly available sequences of Black Bengal and Beetal goats; Dataset-II consisted of 262 genomes from international breeds and wild goat species. CNVRs were detected using CNV caller, which relies on normalized read depth across sliding windows. This analysis identified 63,728 CNVRs in Dataset-I and 48,869 CNVRs in Dataset-II. These values exceed those reported in earlier studies, likely due to improved detection resolution, increased sample size, and the application of advanced computational pipelines. Population structure was examined through principal component analysis (PCA) and admixture analysis, with cross-validation errors confirming distinct clustering of Indian breeds and evidence of genetic admixture with transboundary populations. Phylogenetic reconstruction using a customized pipeline (Plink2Phylo) further revealed distinct evolutionary nodes, with breeds such as Uttarakhand Hill and Black Bengal forming unique clusters, underscoring their high levels of genetic variability.

Reference: Sukhija N, Ganguly I, Kanaka KK, Dixit SP, Singh S, Bhatia A, Goli RC and Rathi P (2025) Genome-wide copy number diversity in Indian goat breeds scaled to world-wide breeds. *Small Ruminant Research* 249: 107525.

Molecular signatures of heat stress resilience in Jamunapari goats

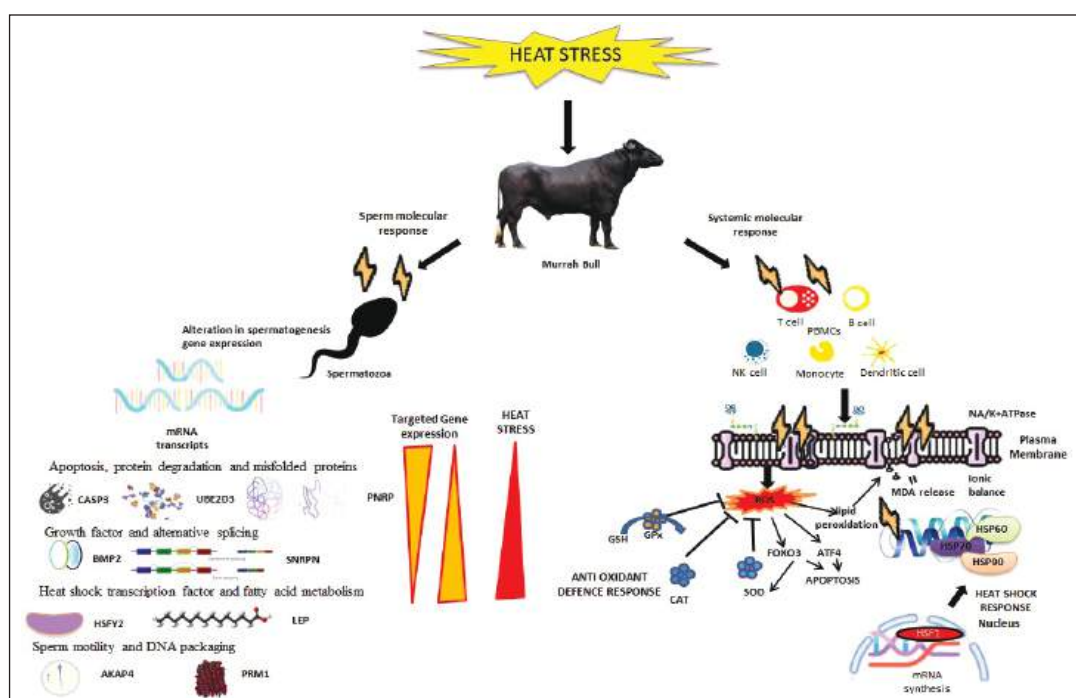
Heat stress poses a major challenge to livestock productivity, especially in tropical regions where ambient temperatures frequently surpass the animals' thermal comfort limits. To unravel the molecular mechanisms underlying heat stress resilience, a transcriptomic study was conducted in Jamunapari goats (*Capra hircus*). Female goats aged 1–2 years were evaluated under two contrasting conditions: normal Thermal Humidity Index (THI) during March and elevated THI during June. Based on physiological traits and heat tolerance indices, animals were categorized into Thermo-Neutral Group (TNG) and Extreme Heat Stress Group (EHSG). Comparative transcriptome analysis revealed many differentially expressed genes in the EHSG goats. Genes upregulated under heat stress were mainly involved in NF-kappa B signaling, MAPK signaling, and cytokine-cytokine receptor interactions, whereas downregulated genes were enriched in IL-17 signaling and platelet activation pathways. Interestingly, key molecular players such as small heat shock proteins (*CRYAB*) and aquaporins (*AQP11*) exhibited marked downregulation under heat stress. Weighted Gene Co-expression Network Analysis (WGCNA) further identified modules associated with the Iberia Heat Tolerance Coefficient and respiration rate, pointing to hub genes including *TUFM*, *TOMM40*, *BCSL1*, *VCL*, *VASP*, *ITGB*, and *VWF* as central to adaptive responses. Collectively, these findings provide valuable insights into the genetic and molecular basis of heat stress tolerance in goats and highlight potential candidate genes and pathways that could be utilized in selective breeding programs to enhance livestock resilience in tropical environments.

Reference: Dige MS, Gurao A, Mehrotra A, Singh MK, Kumar A, Kaushik R, Kataria RS and Rout PK (2025) Comparative transcriptomic and co-expression network analysis identifies key gene modules involved in heat stress responses in goats. *International Journal of Biological Macromolecules* 305:140975.

Gene expression and physiological adaptations to seasonal heat stress in Murrah bulls

Heat stress poses a significant challenge to livestock productivity, with water buffalo being particularly vulnerable due to their limited heat tolerance. To gain deeper insights, a comprehensive investigation was conducted in Murrah bulls through gene expression profiling. Based on semen quality across different seasons, hot summer, comfort, and winter, the bulls were classified into two categories: **seasonally affected (n = 6)** and **seasonally non-affected (n = 6)**. The investigation demonstrated that heat stress markedly influenced physiological parameters such as scrotal temperature and respiration rate, along with alterations in serum antioxidant levels. Gene expression analysis was performed in peripheral blood mononuclear cells to evaluate responses to both thermal and oxidative stress, while targeted semen quality-related genes were examined in spermatozoa. Seasonal variations were found to impact bulls differently depending on their semen quality status, with notable changes at physiological, biochemical, and molecular levels. Significant differences were particularly evident during the summer, where infrared thermography revealed elevated scrotal surface temperatures, coupled with differential expression of heat shock proteins and the *leptin* gene between groups.

Reference: Vasisth R, Sriranga KR, Chitkara M, Gurao A, Singh LP, Dige MS, Sodhi M, MukeshM, Kumar P, Singh P and Kataria RS (2025) Serum biochemical and gene expression changes in the spermatozoa of buffalo bulls under heat stress. *Biochemical Genetics* doi: 10.1007/s10528-025-11122-2.



Impact of seasonal stress on mitochondrial copy number and gene expression in buffalo spermatozoa

The relative mitochondrial copy number was assessed to explore its potential link with the expression of mitochondrial-encoded stress-associated genes in buffalo spermatozoa. Semen samples were obtained from breeding bulls during two contrasting temperature-humidity index (THI) conditions: the hot summer and winter. Based on semen quality assessments, bulls were classified into two categories: those showing reduced semen quality under summer stress were labeled as *seasonally affected*, while bulls maintaining consistently good semen quality were grouped as *seasonally unaffected*. Overall, mitochondrial copy numbers were found to be lower in summer (15.42 ± 1.23) compared to winter (17.29 ± 0.72). Within the summer season, seasonally affected bulls exhibited markedly reduced copy numbers (12.86 ± 1.34) compared to their unaffected counterparts (17.97 ± 1.34). These results highlight the possible contribution of mitochondria to semen quality, particularly under conditions of compromised scrotal thermoregulation in summer. Although expression fold changes of apoptotic genes (*BCL2*, *MCL1*, *CASP3*, *BAK*) and oxidative stress-related genes (*CAT*, *SOD*, *GPx*, *ATF4*, *FOXO3*) did not differ significantly between bull groups, seasonal differences were evident. To further examine the role of mitochondrial copy number in apoptosis and ROS detoxification, a generalized mixed model analysis was performed. The analysis revealed a significant negative association between copy number and *CAT* expression, as well as a positive association with apoptotic gene expression. These findings highlighted the importance of mitochondrial copy number in buffalo spermatozoa for regulating oxidative balance and apoptotic pathways, thereby mediating the physiological challenges imposed by heat stress and tropical climatic conditions.

Reference: Chitkara M, Kaur H, Vasisth R, Sriranga KR, Gurao A, Mahar K, Dige MS, Aggarwal RAK, Mukesh M, Kumar P, Singh P and Kataria RS (2025) Evaluation of mitochondrial copy number and gene expression changes in the spermatozoa of buffalo bulls under heat stress. *Reproductive Biology* 25(2):101014.

Breed-specific metabolomic profiles of milk-derived exosomes

Exosomes are nanoscale vesicles of endocytic origin, typically ranging from 30 to 150 nm in diameter, secreted by nearly all cell types. Bovine milk, being a nutrient-dense and balanced biological fluid, serves as an excellent natural source for large-scale exosome isolation. To explore their biochemical composition, metabolomic profiling of milk-derived exosomes (MDEs) was performed in three cattle genetic groups: Sahiwal (*Bosindicus*), Holstein Friesian (*Bostaurus*), and the crossbred Karan Fries (*Bosindicus* × *Bostaurus*). Using ^1H NMR spectroscopy, a total of 41 metabolites were detected across all groups. Comparative evaluation revealed that 16 metabolites differed significantly ($p < 0.01$; $\log_2(\text{FC}) > 1$; $\text{VIP} > 1$), with all being enriched in Sahiwal-derived exosomes (SW-MDEs). Pair wise comparisons further identified 19 metabolites showing differential abundance between SW and HF, and 10 each between SW-KF and KF-HF. Except for citrate and lactose, which showed higher levels in other groups, the majority of

metabolites were consistently enriched in SW-MDEs, followed by KF and HF. Several metabolites abundant in Sahiwal exosomes, including alanine, leucine, isoleucine, valine, phenylalanine, O-acetylcarnitine, and 3-hydroxybutyrate, are known for their beneficial health properties and their involvement in fundamental pathways such as energy metabolism, growth regulation, intestinal cell proliferation, and immune modulation. These findings not only underscore breed-specific differences in the metabolome of milk-derived exosomes but also emphasize the superior nutritional and therapeutic potential of exosomes derived from *Bosindicus* (Sahiwal) milk.

Reference: Garg V, Mukesh M, Kumar U, Kumar D, Amarjeet, Mahajan R, Kataria RS, Kumari P and Sodhi M (2025) Characterization of metabolite profiles in milk derived exosomes from indicus, crossbred and taurine cows by proton nuclear magnetic resonance analysis. *Food Chemistry* 473:143015.

Metabolomic profiling of colostrum and milk in Ladakhi cattle of high-altitude region

The milk and colostrum metabolome of Ladakhi cattle, uniquely adapted to the high-altitude cold desert of Leh-Ladakh, was systematically profiled. Using high-resolution 1D ^1H NMR spectroscopy at 800 MHz, metabolites were characterized across colostrum, transition milk, and mature milk. Multivariate statistical analysis demonstrated clear separation of these three stages into distinct clusters, driven by metabolites with high variable importance in projection (VIP)

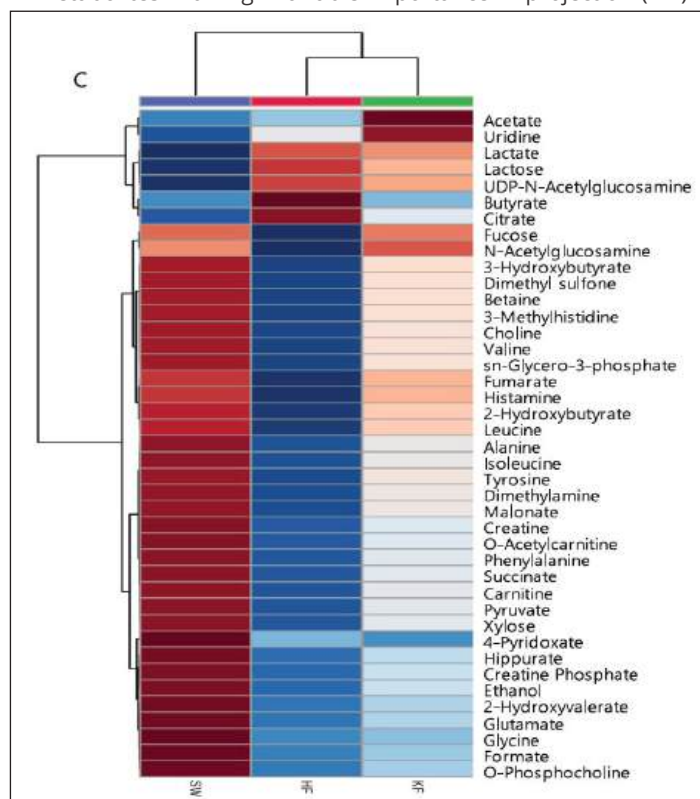


Figure: Heat map of metabolite concentration in indicus, crossbred, and taurine cows

scores, including UDP-galactose, UDP-glucose, citrate, creatine phosphate, myo-inositol, lactose, 2-oxoglutarate, valine, maltose, leucine, dimethylamine, and choline. Colostrum was particularly enriched with UDP-galactose and UDP-glucose, metabolites essential for cellular proliferation, differentiation, and immune defense. Elevated levels of branched-chain amino acids in colostrum suggested their role in mammary gland function and neonatal nutrition. Furthermore, metabolites such as N-acetylglucosamine, N-acetylcarnitine, and choline were present at higher concentrations in colostrum, likely contributing to the growth, neurodevelopment, and survival of newborn calves in the hypoxic high-altitude environment characteristic of Ladakh.

Reference: Amarjeet, Kumar U, Sodhi M, Kumar D, Vivek P, Niranjan SK, Kataria RS, Kumar S, Sharma M, Tiwari M, Aggarwal RAK, Bharti VK, Iqbal M, Rabgaia S, Kumar A, Chanda D and Mukesh M (2025) Characterizing metabolome signature of colostrum, transition and mature milk of indigenous cows (*Bos indicus*) adapted to high altitude environment of Leh-Ladakh. *Food Chemistry* 464:141767.

Development and validation of Axiom_Kukut: A high-density SNP chip for Indian chicken breeds

Backyard chicken populations in India are uniquely adapted to local agro-climatic conditions and harbor distinct genetic attributes, underscoring the need for a specialized SNP array to capture their diversity, support breed identification, and facilitate conservation. To address this, a high-density custom SNP chip, Axiom_Kukut, was designed using genome-wide SNP markers identified from 16 indigenous breeds, along with Red Jungle Fowl and White Leghorn. The chip comprises 622,376 SNPs with an average inter-marker spacing of 1.9 kb, offering a denser genomic coverage compared to existing commercial platforms. Validation was carried out by genotyping diverse Indian chicken breeds, with all SNPs subjected to evaluation. The array demonstrated exceptional accuracy, yielding an average call rate of 99.92% and 91.28% as high-resolution polymorphic markers. Population-level analyses revealed substantial genetic diversity among indigenous breeds and highlighted distinct linkage disequilibrium patterns. Principal component analysis further confirmed the genetic distinctiveness of breeds such as Red Jungle Fowl and Uttara, where low variability likely reflects geographical isolation or restricted breeding practices. The Axiom_Kukut SNP chip provides a powerful platform for multiple downstream applications, including genome-wide association studies (GWAS), detection of selection signatures, population genetics, and breed improvement programs. With continued refinement, its scope can be extended to incorporate exotic and commercial lines, thereby enhancing its utility across diverse chicken populations.

Reference: Vijh RK, Arora R, Sharma U, Raheja M, Kapoor P, Ahlawat S and Sharma R (2025) Development and validation of a high-density SNP chip tailored for genomic analysis in Indian backyard chickens. *British Poultry Science* DOI: 10.1080/00071668.2025.2500343.

Development of a high-density SNP array for Indian dog genomics

A customized high-density SNP genotyping array was designed to facilitate genomic studies in Indian dog populations. Whole-genome resequencing was performed on 48 dogs representing four genetically diverse populations at an average coverage of 10X. Using the Axiom Array design pipeline, more than 23 million raw SNPs were initially detected, from which 629,597 high-quality SNPs were selected and incorporated into the array, named Axiom_Shwaan. With an average inter-marker spacing of 3.8 kb, this platform substantially enhances genome-wide coverage for Indian canines. The array was validated by genotyping 186 dogs belonging to 11 breeds/populations, yielding a high average call rate of 99%, confirming its reliability and suitability for Indian dog genomes. Population stratification using principal component analysis and phylogenetic reconstruction clearly separated native breeds into distinct clusters, reflecting their genetic uniqueness. The Axiom_Shwaan array provides a powerful genomic resource for diverse downstream applications, including population genetics, detection of selection signatures, identification of breed- or trait-specific markers, and genome-wide association studies aimed at unraveling the genetic basis of adaptive and functional traits in Indian dogs.

Reference: Raja KN, Arora R, Vijh RK, Sharma U, Raheja M, Sharma M, Maggon M and Ahlawat S (2025) Empowering canine genomics: design and validation of a high-density SNP array for Indian dogs. *Genome* 68: 1–12.

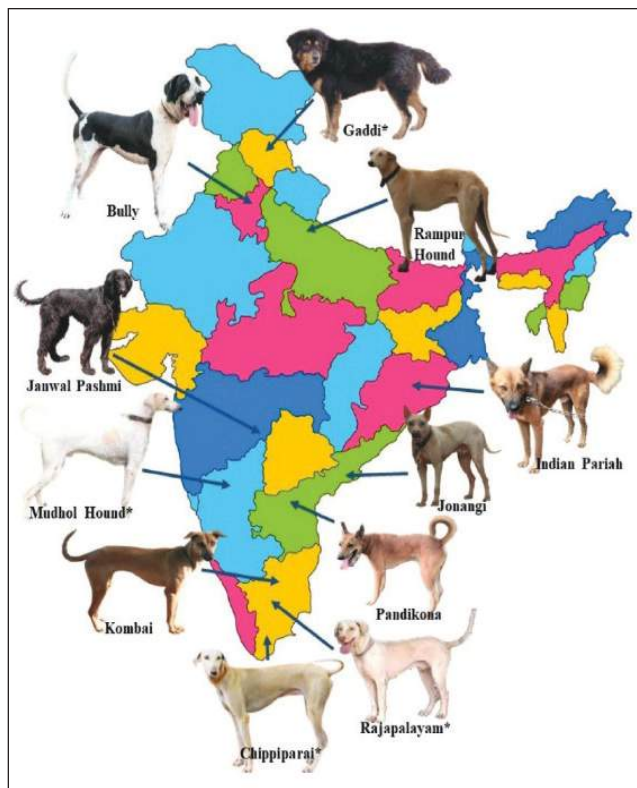


Figure: Geographic distribution of dog breeds/populations selected for designing and genotyping the Indian dog SNP array

Meetings

Breed Registration Committee meeting:

The 12th Meeting of Breed Registration Committee (BRC) was held on January 06, 2025 at NASC, New Delhi. The BRC meeting was chaired by Dr Raghavendra Bhatta, Deputy Director General (Animal Sciences), ICAR. The BRC is the apex body for registration of newly identified animal breeds in the country. Newly registered breeds are- Manah buffalo from Assam, Gaddi dog from Himachal Pradesh, Tripureswari duck from Tripura, Chaugarkha goat from Uttarakhand, Bundelkhandi goat from Uttar Pradesh and Madhya Pradesh, Karkambi pig from Maharashtra, Kheri sheep from Rajasthan, Changkhi dog, Ladakhi donkey, and Ladakhi yak from Ladakh (UT).

Stakeholder Meet in Lakshadweep

ICAR-NBAGR organized a Stakeholder Meet on 'Animal Genetic Resources of Lakshadweep (UT): Strategy for Documentation and Sustainable Management' at Kavaratti (Union Territory of

Lakshadweep) on 9th January, 2025 in collaboration with ICAR-Krishi Vigyan Kendra (KVK) and Department of Veterinary & Animal Husbandry Services, Union Territory of Lakshadweep. Dr Raghavendra Bhatta, DDG (AS), ICAR, New Delhi was the Chief Guest and Shri Rajthilak S (IFS), Secretary, Agriculture, Fisheries, Animal Husbandry, Environment & Forest, and Science & Technology, Union Territory of Lakshadweep, was Guest of Honor. About 50 participants including scientists/officers of ICAR-NBAGR, KVK Lakshadweep and Department of Environment & Forest, Govt. of Lakshadweep, Department of Veterinary & Animal Husbandry Services and local livestock keepers attended the Meet. On the occasion, a Strategy paper on 'Animal Genetic Resources in Union Territory of Lakshadweep: Strategy for Sustainable Management' and a documentary on AnGR of Lakshadweep was also released. Animal health kits were also distributed among livestock keepers on the Occasion.

Annual Review Meeting-NWP on AnGR

ICAR-National Bureau of Animal Genetic Resources organized Annual Review Meet on 'Network Project on Animal Genetic Resources' (NWP-AnGR) during 30-31st January 2025 at the Bureau. Total 44 participants including Principal Investigators of 33 Network Centres participated in the review Meeting and presented the progress report of their respective centres /states. The Meeting was chaired by Dr. Raghavendra Bhatta, Deputy Director General (Animal Science), ICAR, New Delhi. Addressing the delegates, he emphasized over documenting the indigenous AnGR and registering potential breeds to reduce non-descript livestock population.



Appreciating the efforts of NBAGR for initiating 'Mission towards Zero Non-descript AnGR' in the country, he told that NWP Centres would play a crucial role to complete this mammoth task. During the meeting, the progress (year 2023-24) of all the centres was reviewed comprehensively by the DDG (AS) and ADG (AP&B), ICAR. Many of the suggestions were given for improvement of the project. Under NWP-AnGR, total 53 potential populations of indigenous livestock, poultry and dog were taken for characterization by the participating centres, among these; the documentation of 15 populations has been completed during the period.

Interactive Meeting with DAHD

An Interactive meeting to discuss present and future collaborations between ICAR-NBAGR and Dept. of Animal Husbandry & Dairying (DAHD), MoFAHD, Govt. of India was held on 14th May 2025 at the Bureau. Ms. Alka Upadhyaya, Hon'ble Secretary (AHD), DAHD, Govt. of India chaired the meeting. She interacted with scientists of the bureau and discussed in details regarding activities, achievements and way forward of the Bureau. The Secretary along with Animal Husbandry Commissioner, and other officers from AHD, Govt. of India also visited various laboratories including National Bovine Genomic Centre-Indigenous Breeds (NBGC-IB).



Farmers Program & Outreach

International Biodiversity Day



ICAR- National Bureau of Animal Genetic Resources, Karnal successfully organized the International Biodiversity Day on 22 May, 2025. This year the theme of "International Biodiversity Day" is "Harmony with Nature and Sustainable Development". On this occasion, a poster and speech competition was organized for students to make people aware about the importance of biodiversity and cattle farmers were also honored for rearing native breeds. Dr Gurbachan Singh, former Chairman, ASRB & Chief Guest of the function felicitated the livestock keepers for promoting indigenous animal breeds.

Scientists-Farmers Interface Meet

Kadmat (Lakshadweep): ICAR Scientists Farmers Interface Meet was organized on 12th January, 2025 at Kadmat island of Lakshadweep (UT) with goat and poultry keepers, in collaboration with the KVK, Kavaratti (Lakshadweep) and Dept. of Animal Husbandry, Lakshadweep. Farmers were sensitized about scientific management of indigenous AnGR. Around 40 farmers attended the program. Dr Raghavendra Bhatta, DDG (AS) ICAR, Dr B P Mishra, Director, ICAR-NBAGR, other scientists of the NBAGR and KVK, Officers of Dept. of Animal Husbandry, Lakshadweep attended the programs. Animal Kit/supplements were also distributed to the beneficiaries under the TSP scheme.

Haryana: A Farmers and Scientists Interface meet was organized at Garhi Khajur village in Gharaunda tehsil of Karnal district (Haryana) on 22.03.2025, in collaboration with Haryana Pashu Vigya Kendra, Uchani (LUVAS). Scientists interacted with the women farmers and explained in detail about scientific management and health aspects of livestock as well as native Animal Genetic resources management. Kits comprising mineral mixture, calcium, dewormer, digestive stimulant etc were also distributed among 300 beneficiaries belonging to SC community under Schedule Caste Sub-Plan program.

Uttarakhand: Another Scientist Farmers interaction meet at Telliwala village, Haridwar (Uttarakhand) in collaboration with KVK, Haridwar. Distributed Health kit to the 26 beneficiaries.



Viksit Krishi Sankalp Abhiyan

The ICAR-National Bureau of Animal Genetic Resources (NBAGR), Karnal, actively participated in the nation-wide campaign "Viksit Krishi Sankalp Abhiyan" organized by the Ministry of Agriculture and Farmers Welfare from 29 May to 12 June, 2025. The primary objective of the campaign was to promote modernization of Indian agriculture through scientific outreach, adoption of sustainable practices, and empowerment of the farming community. During the fifteen days program 19 scientists participated in the program covering more than 250 villages from 06 districts (Panchkula, Jind, Fatehabad, Kaithal, Kurukshetra and Yamunanagar) of Haryana as team involving various departments

Overall, the campaign facilitated effective farmer-scientist interaction and served as a platform for transferring knowledge and technologies to the grassroots level. More than 3500 farmers participated and interacted with scientists and the farmers were sensitized about unique qualities and management of indigenous livestock and poultry and its role in agriculture sector and human health.

Exposure visits & exhibition

About thirty progressive farmers (17 Women & 13 Men) from Kullu district of Himachal Pradesh made an exposure visit to ICAR-NBAGR, Karnal on 09.04.2025. Krishi Vigyan Kendra, Kullu (CSKHPKV, Palampur) organized the visit under the program of Natural farming. Farmers interacted in detail about the role of ICAR-NBAGR in management of indigenous Animal Genetic Resources and also about indigenous livestock and poultry breeds suitable rearing in the hilly terrain of Himachal Pradesh, Kullu district in particular. The visit was coordinated by Dr A K Mishra, and Dr Raja K N Principal Scientists of the bureau.

About 188 students (101 boys & 87 girls) of class X from Pratap Public School, Karnal made an exposure visit to ICAR-NBAGR, Karnal on 17.04.2025. Students interacted in detail about the role of ICAR-NBAGR in management of indigenous Animal Genetic Resources and also showed interest regarding the DNA based diversity studies, conservation of extinct species etc. and visited National GeneBank and core lab. The visit was coordinated by Dr Rekha Sharma and Dr Raja K N Principal Scientists of the bureau.

The institute displayed its activities at the Agriculture Science Congress (20-22 February, 2025) through an exhibition stall featuring banners and informational materials. A diverse range of technologies, significant achievements and efforts in animal genetic resource conservation were displayed.



भाकृअनुप-रापअनुसंब्यूरो

समाचार-पत्र

ICAR-NBAGR

Newsletter

खंड 22

जनवरी - जून, 2025



प्रिय सहकर्मियों एवं हितधारकों,

मुझे अत्यंत प्रसन्नता और गर्व हो रहा है कि मैं भारतीय कृषि अनुसंधान परिषद - राष्ट्रीय पशु आनुवंशिक संसाधन ब्यूरो (आईसीएआर-एनबीएजीआर), करनाल की जनवरी-जून 2025 की समाचार पत्रिका प्रस्तुत कर रहा हूँ। यह समाचार पत्रिका न केवल ब्यूरो की अर्धवार्षिक गतिविधियों, उपलब्धियों और योगदानों का संक्षिप्त प्रतिबिंब है बल्कि हमारे दृढ़ संकल्प को भी रेखांकित करती है, जो पशु आनुवंशिक संसाधनों (AnGR) के संरक्षण, प्रबंधन, अनुसंधान एवं प्रसार प्रयासों के माध्यम से राष्ट्र की समृद्ध जैव विविधता की रक्षा हेतु समर्पित है। पिछले छह महीनों में हमने कई महत्वपूर्ण उपलब्धियाँ हासिल की हैं, जिन्होंने कृषि और पशुपालन में सतत विकास के प्रति हमारे योगदान को सुदृढ़ किया है और जैव विविधता संरक्षण से जुड़ी चुनौतियों का समाधान करने की दिशा में कदम बढ़ाया है।

इस अवधि की सबसे महत्वपूर्ण उपलब्धियों में से एक विभिन्न पशुधन, कुकूट और श्वानों की 10 नई स्वदेशी नस्लों का पंजीकरण रहा। 6 जनवरी 2025 को नई दिल्ली में आयोजित नस्ल पंजीकरण समिति (BRC) की 12वाँ बैठक में असम की मनाह भैंस, हिमाचल प्रदेश का गद्दी श्वान, लद्दाख का चांगखी श्वान, लद्दाख का याक और गधा, त्रिपुरा की त्रिपुरेश्वरी बत्ख, उत्तराखंड की चौगर्खा बकरी, उत्तर प्रदेश एवं मध्य प्रदेश की बुंदेलखंडी बकरी, महाराष्ट्र का करकंबी सूअर और राजस्थान की खेरी भेड़ को पंजीकृत किया गया। इन नस्लों की अधिसूचना 15 अप्रैल 2025 को भारत राजपत्र में प्रकाशित हुई और 17 जनवरी 2025 को आवेदकों को सम्मानित करने का समारोह आयोजित किया गया। इससे न केवल इन दुर्लभ एवं अनुकूलित नस्लों की मान्यता सुनिश्चित हुई बल्कि इनके संरक्षण एवं विकास हेतु सरकारी कार्यक्रमों को भी प्रोत्साहन मिला। अब तक कुल 229 स्वदेशी नस्लें पंजीकृत की जा चुकी हैं, जिनमें 53 गाय, 21 भैंस, 41 बकरी, 46 भेड़ और अन्य विभिन्न प्रजातियाँ शामिल हैं। यह प्रगति “मिशन टुवर्ड्स ज़ीरो नॉन-डिस्क्रिप्ट पशु आनुवंशिक संसाधन” की दिशा में एक ठोस कदम है, जिसका उद्देश्य अविवेचित पशुधन जनसंख्या को कम करना और उनकी आनुवंशिक विविधता को सुरक्षित रखना है।

अनुसंधान के क्षेत्र में हमारी टीम ने कई नवाचारी एवं प्रभावी अध्ययनों के माध्यम से मूल्यवान जानकारीयों प्रदान की हैं। उदाहरणस्वरूप, लद्दाखी गायों में उच्च ऊँचाई के अनुकूलन हेतु जीनोमिक संकेतक जैसे HIF1A और VEGFA की पहचान हुई है, जो कम ऑक्सीजन वाले वातावरण में महत्वपूर्ण भूमिका निभाते हैं। इसी तरह कन्नियाडु बकरी में पॉज़िटिव सेलेक्शन संकेतों पर अध्ययन, भारतीय बकरियों में CNVs पर जीनोम-व्यापी जानकारी, और जमुनापारी बकरी में हीट स्ट्रेस सहनशीलता के आणविक संकेत पशुधन में जलवायु परिवर्तन और पर्यावरणीय चुनौतियों से निपटने हेतु उपयोगी उपकरण प्रदान करते हैं। मुराई साँड़ों में मौसमी तनाव का प्रभाव, भैंस के शुक्राणुओं में माइटोकॉन्ड्रियल कॉपी संख्या और जीन अभिव्यक्ति परिवर्तन, तथा दूध-व्युत्पन्न एक्सोसोम्स की नस्ल-विशिष्ट मेटाबोलोमिक प्रोफाइल पशु स्वास्थ्य, प्रजनन और पोषण की हमारी समझ को आगे बढ़ाते हैं। इसके अतिरिक्त, लद्दाखी गायों के कोलोस्ट्रम और दूध का मेटाबोलोमिक प्रोफाइलिंग ऊँचाई वाले क्षेत्रों में नवजात शिशुओं के जीवित रहने और विकास पर प्रकाश डालती है।



स्वदेशी नस्लों की आनुवंशिक विविधता संरक्षित करने में मदद मिलेगी।

आउटरीच एवं सहयोगात्मक गतिविधियों के अंतर्गत, 9 जनवरी 2025 को लक्षद्वीप में हितधारक बैठक आयोजित की गई, जिसमें AnGR पर रणनीति पत्र और डॉक्यूमेंट्री जारी की गई। AnGR पर नेटवर्क परियोजना की वार्षिक समीक्षा बैठक (31-30 जनवरी 2025) में 33 केंद्रों से प्रगति की समीक्षा की गई, जिनमें 53 संभावित जनसंख्या का दस्तावेजीकरण शामिल था। 14 मई 2025 को DAHD के साथ एक इंटरैक्टिव बैठक ने भविष्य के सहयोग को मजबूत किया। 22 मई 2025 को अंतर्राष्ट्रीय जैव विविधता दिवस का आयोजन पोस्टर और भाषण प्रतियोगिताओं तथा पशुपालकों को सम्मानित करने के साथ मनाया गया, जिससे जैव विविधता के महत्व पर जागरूकता बढ़ी।

किसान कार्यक्रमों में लक्षद्वीप, हरियाणा और उत्तराखंड में वैज्ञानिक-किसान संवाद बैठकें आयोजित की गई, जिनमें पशु स्वास्थ्य किट वितरित किए गए। “विकसित कृषि संकल्प अभियान” (29 मई-12 जून 2025) के अंतर्गत 19 वैज्ञानिकों ने +250 गाँवों में 3,500 से अधिक किसानों के साथ संवाद किया और स्वदेशी पशुधन एवं कुकूट की विशिष्टताओं पर बल दिया। किसानों और स्कूल छात्रों के लिए एनबीएजीआर का exposure दौरा आयोजित किया गया, जिससे ज्ञान का आदान-प्रदान हुआ। कृषि विज्ञान कांग्रेस में हमारे प्रदर्शनी स्टॉल ने हमारी तकनीकों और संरक्षण प्रयासों को प्रदर्शित किया।

ये उपलब्धियाँ ब्यूरो के वैज्ञानिकों, कर्मचारियों, सहयोगी संस्थानों और हितधारकों की कड़ी मेहनत का परिणाम हैं। हम जलवायु परिवर्तन, खाद्य सुरक्षा और ग्रामीण अर्थव्यवस्था जैसी समस्याओं से निपटने के लिए स्वदेशी पशु आनुवंशिक संसाधनों के संरक्षण, अनुसंधान और सतत उपयोग के लिए समर्पित हैं। मैं आप सभी के प्रयासों के लिए हार्दिक आभार व्यक्त करता हूँ और भविष्य में और भी अधिक सफलताओं की आशा करता हूँ।

जय हिंद।

डॉ. एन. एच. मोहन

निदेशक, आईसीएआर-राष्ट्रीय पशु आनुवंशिक संसाधन ब्यूरो (एनबीएजीआर), करनाल

इस अंक की मुख्य बातें...

» संस्थान प्रोफाइल	12
» नया जर्मप्लाज्म	13
» प्रकाशित अनुसंधान हाइलाइट्स	15
» बैठकें	19
» किसान कार्यक्रम एवं आउटरीच	20

संस्थान प्रोफाइल

देशी पशु और कुक्कुट आनुवंशिक संसाधनों के अद्वितीय महत्व और वैश्विक स्तर पर उनके संभावित उपयोग को समझते हुए, 1960 के दशक में ICAR द्वारा एक ऐसे संगठन की स्थापना की आवश्यकता महसूस की गई जो देश के समृद्ध और विविध जर्मप्लाज्म संसाधनों के मूल्यांकन, प्रमाणन और संरक्षण की ज़िम्मेदारी उठा सके। चौथी पंचवर्षीय योजना के दौरान, दो अलग-अलग संस्थानों - राष्ट्रीय पशु आनुवंशिक संसाधन ब्यूरो (NBAGR) और राष्ट्रीय पशु आनुवंशिकी संस्थान (NIAG) की स्थापना को सैद्धांतिक रूप से मंजूरी दी गई थी। यह संस्थान 21 सितंबर, 1984 को राष्ट्रीय डेयरी अनुसंधान संस्थान (दक्षिणी क्षेत्रीय स्टेशन), बैंगलोर के परिसर में स्थापित किया गया था और 19 जुलाई, 1985 को इसे करनाल स्थानांतरित कर दिया गया था। अंततः, NBAGR और NIAG का 1995 में विलय कर दिया गया।

मिशन

स्थायी उपयोग और आजीविका सुरक्षा के लिए स्वदेशी कृषि पशु आनुवंशिक संसाधनों की रक्षा और संरक्षण करना।

अधिदेश

- देश के पशुधन और कुक्कुट आनुवंशिक संसाधनों की पहचान, मूल्यांकन, लक्षण-निर्धारण, संरक्षण और सतत उपयोग।
- पशु आनुवंशिक संसाधन प्रबंधन और नीतिगत मुद्दों में समन्वय और क्षमता निर्माण।

उद्देश्य

- कृषि पशुधन और कुक्कुट आनुवंशिक संसाधनों के लक्षण-निर्धारण, मूल्यांकन और सूचीकरण हेतु व्यवस्थित सर्वेक्षण करना और उनका राष्ट्रीय डेटाबेस स्थापित करना।
- कृषि पशु आनुवंशिक संसाधनों के बाह्य-स्थाने संरक्षण और अंतर्स्थाने प्रबंधन और इष्टतम उपयोग हेतु कार्यप्रणाली तैयार करना।
- आणविक जीव विज्ञान की आधुनिक तकनीकों का उपयोग करके आनुवंशिक लक्षण-निर्धारण पर अध्ययन करना।
- पशु आनुवंशिक संसाधनों के मूल्यांकन, लक्षण-निर्धारण और उपयोग से संबंधित प्रशिक्षण कार्यक्रम आयोजित करना।



• जर्मप्लाज्म पंजीकरण के लिए नोडल एजेंसी

• राष्ट्रीय जर्मप्लाज्म भंडार केंद्र

• एफएओ के लिए AnGR नोडल केंद्र

• एसडीजी 2.5 के लिए नोडल केंद्र

• राष्ट्रीय गोजातीय जीनोमिक केंद्र

नया जर्मप्लाज्म

देशी पशु नस्लों का पंजीकरण और राजपत्र अधिसूचना

आईसीएआर-एनबीएजीआर ने 6 जनवरी, 2025 को नई दिल्ली में आयोजित बैठक के दौरान नस्ल पंजीकरण समिति (बीआरसी) की सिफारिश के आधार पर पशुधन (7), मुर्गी (1) और कुत्ता (2) प्रजातियों की 10 देशी नस्लों को पंजीकृत किया। आईसीएआर के उप महानिदेशक (पशु विज्ञान) द्वारा अध्यक्षता वाली बीआरसी देश में नए पहचाने गए पशु नस्लों के पंजीकरण के लिए शीर्ष संस्था है। अब तक कुल 229 देशी नस्लों को पंजीकृत किया गया है, जिसमें 53 गाय की नस्लें, 21 भैंस की, 41 बकरी की, 46 भेड़ की, 8 घोड़े की, 9 ऊंट की, 15 सुअर की, 4 गधे की, 5 श्वान की, 2 याक की, 20 मुर्गी की, 4 बतख की, और 1 हंस की शामिल हैं। ब्यूरो ने नई पंजीकृत नस्लों को प्रवेश संख्याएं भी सौंपी हैं।

आईसीएआर द्वारा में पंजीकृत पशुधन, मुर्गी और श्वान की देशी नस्लों की सूची

क्र. सं.	प्रजाति	नस्ल का नाम	देशी क्षेत्र	प्रवेश संख्या
1	भैंस	मनाह	असम	INDIA_BUFFALO_0200_MANAH_01021
2	श्वान	गद्दी	हिमाचल प्रदेश	INDIA_DOG_0600_GADDI_19004
3	श्वान	चंगखी	लद्दाख	INDIA_DOG_3800_CHANGKHI_19005
4	गधा	लद्दाखी	लद्दाख	INDIA_DONKEY_3800_LADAKHI_05004
5	बतख	त्रिपुरेश्वरी	त्रिपुरा	INDIA_DUCK_1900_TRIPURESWARE_11004
6	बकरी	चौगाखा	उत्तराखंड	INDIA_GOAT_2400_CHAUGARKHA_06040
7	बकरी	बुंदेलखंडी	उत्तर प्रदेश एवं मध्य प्रदेश	INDIA_GOAT_2010_BUNDELKHANDI_06041
8	सुअर	करकंबी	महाराष्ट्र	INDIA_PIG_1100_KARKAMBI_09015
9	भेड़	खेरी	राजस्थान	INDIA_SHEEP_1700_KHERI_14046
10	याक	लद्दाखी	लद्दाख	INDIA_YAK_3800_LADAKHI_16002

नई पंजीकृत नस्लें

मनाह भैंस एक द्वि-उद्देश्यीय भैंस है, जिसे दूध तथा कृषि कार्य (बोझा ढोने/हल चलाने) दोनों के लिए उपयोग किया जाता है, जो असम राज्य के नलबाड़ी, कामरूप ग्रामीण, बारपेटा, गोलपारा जिलों में वितरित है। यह मध्यम आकार की भैंस है और इसे मुख्यतः दूध एवं कृषि कार्यों के लिए पाला जाता है। इसकी दैनिक दूध उत्पादन क्षमता लगभग 1.75 किलोग्राम है।



चौगाखा, जिसे कुमाऊँनी बकरी भी कहा जाता है, उत्तराखंड राज्य के अल्मोड़ा, पिथौरागढ़, नैनीताल, चम्पावत और बागेश्वर जिलों में पाई जाती है। यह मुख्यतः मटन उत्पादन के लिए पाली जाती है। वयस्क नर का औसत शरीर भार लगभग 27 किलोग्राम तथा मादा का औसत शरीर भार लगभग 24 किलोग्राम होता है।

बुंदेलखंडी बकरी उत्तर प्रदेश एवं मध्य प्रदेश के बुंदेलखंड क्षेत्र की देशी नस्ल है। यह मध्यम आकार की बकरी है, जिसे मुख्यतः मांस उत्पादन के लिए पाला जाता है। इसका वितरण उत्तर प्रदेश के झाँसी, बाँदा, चित्तकूट, महोबा, हमीरपुर, ललितपुर और जालौन जिलों तथा मध्य प्रदेश के सागर, पन्ना, दमोह, टीकमगढ़, छतरपुर और दतिया जिलों में पाया



जाता है। ये बकरियाँ प्रायः काले रंग की होती हैं, अच्छी तरह अनुकूलित हैं तथा चराई के दौरान लंबी दूरी तय करने में सक्षम होती हैं।



खेड़ी भेड़ राजस्थान के टोंक, अजमेर, भीलवाड़ा, जयपुर, नागौर, पाली और जोधपुर जिलों में पाई जाती है। ये भेड़ें ऊँचे कद वाली होती हैं और आकर्षक स्वरूप की होती हैं। इनमें लंबी दूरी तक चलने की क्षमता होती है, इसी कारण किसान इस नस्ल को प्रवास (migration) के लिए पसंद करते हैं। ये पशु कठोर जलवायु परिस्थितियों के अनुकूल होते हैं तथा चारे और चारा संसाधनों की कमी के दौरान भी जीवित रह सकते हैं।

कारकांबी सुअर महाराष्ट्र राज्य के सोलापुर, पुणे और सातारा जिलों में पाया जाता है। इसे मुख्यतः मांस उत्पादन के लिए स्कैवेंजिंग सिस्टम के तहत पाला जाता है। इसका लिटर आकार 2 से 10 तक होता है। वयस्क नर का औसत शरीर भार लगभग 45 किलोग्राम तथा मादा का औसत शरीर भार लगभग 43 किलोग्राम होता है।



त्रिपुरेश्वरी बतख त्रिपुरा राज्य की देशी नस्ल है और इसका वितरण सिपाहीजला, गोमती, कोवाई, धलाई, दक्षिण, पश्चिम, उनाकोटी तथा उत्तर त्रिपुरा जिलों में पाया जाता है। इसे मुख्यतः अंडा एवं मांस उत्पादन के लिए

पाला जाता है। 12 माह की आयु में इसका औसत शरीर भार लगभग 1.19 किलोग्राम होता है। इन बतखों की वार्षिक अंडा उत्पादन क्षमता 70 से 101 अंडों तक होती है।

लद्दाखी याक लद्दाख (केंद्र शासित प्रदेश) के लेह और कारगिल जिलों में पाया जाता है। इसे मुख्यतः दूध, मांस, रेशा, गोबर (खाद), बोझा ढोने और परिवहन के लिए पाला जाता है। लद्दाखी याक मध्यम आकार का होता है तथा अरुणाचली याक से बड़ा होता है। वयस्क नर का औसत शरीर भार लगभग 250 किलोग्राम तथा मादा का औसत शरीर भार लगभग 183 किलोग्राम होता है।



लद्दाखी गधा लद्दाख (केंद्र शासित प्रदेश) के लेह और कारगिल जिलों में पाया जाता है। यह एकमात्र गधा प्रजाति है जिसे 3000 मीटर से अधिक ऊँचाई पर पाला जाता है और जिसका उपयोग बहुत उच्च ऊँचाई पर कम ऑक्सीजन और तापमान में परिवहन के लिए किया जाता है। वयस्क नर का औसत शरीर वजन 82 किग्रा और मादा का 78 किग्रा होता है।

गद्दी कुत्ता हिमाचल प्रदेश के चंबा, कांगड़ा, कुल्लू, मंडी, लाहुल स्पीति और किन्नौर जिलों



में पाया जाता है। इसका नाम गद्दी जनजाति के नाम पर रखा गया है, जो सदियों से पशुपालन (पैस्टोरलिस्ट) से जुड़ी हुई है। इसे मुख्य रूप से पहरेदारी के लिए पाला जाता है। एक बार में जन्मने वाले बच्चों की संख्या 8-4 के बीच होती है।



चांगखी श्वान लद्दाख (केंद्र शासित प्रदेश) का मूल निवासी है। चांगखी श्वान का उपयोग मुख्य रूप से पहरेदारी के लिए किया जाता है ताकि वे अपने मवेशी, जैसे भेड़ और बकरी, को लोपर्ड, जंगली जानवरों और अन्य शिकारी जानवरों से सुरक्षित रख सकें, और साथ ही उनकी अपनी सुरक्षा भी सुनिश्चित कर सकें।

राजपत्र सूचना

इन नए पंजीकृत देशी नस्लों को आगे जाकर भारत सरकार, कृषि और किसान कल्याण मंत्रालय, DARE द्वारा राजपत्र में अधिसूचित किया गया [संख्या 1689(S.O.1720 (E) (15 अप्रैल, 2025)]। इन नस्लों का राजपत्र में अधिसूचना प्रक्रिया 2019 में विभाग द्वारा शुरू की गई थी। अब तक कुल 230 पशु नस्लों को आधिकारिक राजपत्र में अधिसूचित किया जा चुका है।



ICAR ने किया नस्ल आवेदकों का सम्मान

भारतीय कृषि अनुसंधान परिषद (भा. कृ. अनु. पं) ने 2023 से 2025 के दौरान पंजीकृत पशु नस्लों के आवेदकों को 17 जनवरी, 2025 को NASC परिसर, भा. कृ. अनु. पं, नई दिल्ली में आयोजित एक समारोह में सम्मानित किया। इस अवसर पर लगभग 80 नस्ल आवेदकों को देशी पशुधन, पोल्ट्री और कुत्तों की 18 नस्लों को पंजीकृत करने के लिए सम्मानित किया गया। विभिन्न राज्य कृषि विश्वविद्यालय / राज्य पशु चिकित्सा विश्वविद्यालय (SAUs/SVUs) के कुलपति और निदेशक, भा. कृ. अनु. पं के उप महानिदेशक (DDGs) और सहायक महानिदेशक (ADGs), तथा DAHD के अधिकारी भी कार्यक्रम में उपस्थित रहे।

इस अवसर पर मुख्य अतिथि के रूप में डॉ. हिमांशु पाठक, सचिव (कृषि अनुसंधान और शिक्षा विभाग)

एवं महानिदेशक (ICAR) उपस्थित थे। अपने संबोधन में डॉ. राघवेंद्र भट्ट, उप महानिदेशक (पशु विज्ञान), भारतीय कृषि अनुसंधान परिषद ने भा. कृ. अनु. पं द्वारा पंजीकृत नस्लों की जानकारी दी। उन्होंने बताया कि देशी नस्लों की सुरक्षा हेतु ICAR ने 2008 में पशु नस्ल पंजीकरण की प्रक्रिया शुरू की थी। डॉ. अभिजीत मित्रा, पशुपालन आयुक्त, भारत सरकार ने सभी नस्ल आवेदकों की सराहना की। उन्होंने कहा कि इससे राज्यों में इन नस्लों के विकास के लिए विभिन्न सरकारी कार्यक्रम भी शुरू किए जा सकेंगे और लंबे समय में पशुपालकों को इन कार्यक्रमों से लाभ मिलेगा। उन्होंने भा. कृ. अनु. पं - राष्ट्रीय पशु आनुवंशिक संसाधन ब्यूरो के प्रयासों की भी सराहना की, जिन्होंने पशुपालन एवं डेयरी विभाग (DAHD) का समर्थन करते हुए देश में नस्लवार पशुधन जनगणना (2024) आयोजित की।

18 पंजीकृत नस्लों में से, लद्दाख (केंद्र शासित प्रदेश) और अंडमान एवं निकोबार (केंद्र शासित प्रदेश) की तीन-तीन नस्लें उनके प्राथमिक गृह क्षेत्र के रूप में हैं। अन्य राज्य हैं: आंध्र प्रदेश (1), असम (1), छत्तीसगढ़ (1), गुजरात (1), महाराष्ट्र (2), हिमाचल प्रदेश (1), राजस्थान (1), त्रिपुरा (1), उत्तराखंड (1) और उत्तर प्रदेश (2)। दो नस्लों के लिए एक से अधिक राज्य उनके मूल क्षेत्र हैं।



डॉ. हिमांशु पाठक, सचिव (कृषि अनुसंधान और शिक्षा विभाग) एवं महानिदेशक (भारतीय कृषि अनुसंधान परिषद), नस्ल आवेदकों और अन्य हितधारकों को संबोधित करते हुए।



उत्तराखंड के चौगारखा बकरी के आवेदकों को विशिष्ट अतिथियों द्वारा सम्मानित किया जा रहा है।

प्रकाशित अनुसंधान हाइलाइट्स

लद्दाखी गायों में ऊँचाई के अनुकूलन के लक्षण / विशेषताएँ

लेह-लद्दाख के उच्च-ऊँचाई वाले पर्यावरण के अनुसार अनुकूल लद्दाखी गायों और शुष्क/अर्ध-शुष्क उष्णकटिबंधीय क्षेत्रों की साहीवाल गायों के पूरे जीनोम अनुक्रम डेटा का विश्लेषण किया गया, ताकि विपरीत पर्यावरण में चयन दबाव के अधीन आने वाले जीनोमिक क्षेत्रों की पहचान की जा सके। इसके लिए दो पूरक तरीके अपनाए गए – समयगमजता के रन (runs of homozygosity, ROH) और फिक्सेशन इंडेक्स (fixation index, FST)। लद्दाखी गायों में कई ROH हॉटस्पॉट्स पाए गए, जिनमें ऐसे जीन शामिल थे जो उच्च-ऊँचाई पर अनुकूलन से जुड़े हैं, जैसे HIF1A, VEGFA, VEGFC, EPHB1, ZEB1, CAV3, TEK, SENP2, GATA6, RAD51 और ADAMTSL4। पूरे जीनोम में फिक्सेशन इंडेक्स का मान 0.32 था, जो दोनों नस्लों के बीच मजबूत आनुवंशिक विभाजन को दर्शाता है। कुल 3,616 संभावित क्षेत्र चयन के अधीन पाए गए। फिक्सेशन इंडेक्स आधारित विश्लेषण ने प्रमुख जीनों जैसे HIF1A, VEGFC, ZEB1, SOD1, EGLN3, EPAS1, ZNF, DYSE, ADAM, SENP2, MMP16 और CDK2 को उजागर किया, जिनमें से कई कम ऑक्सीजन (hypoxic) परिस्थितियों में अनुकूलन में योगदान करते हैं। मार्ग संवर्धन विश्लेषण (Pathway enrichment analysis) ने दिखाया कि लद्दाखी गायों में HIF1-, VEGF signaling, DNA repair और angiogenesis से जुड़े मार्ग प्रमुख रूप से मौजूद हैं, जो उच्च-ऊँचाई और कम ऑक्सीजन वाले वातावरण में उनके शारीरिक अनुकूलन में मदद करते हैं।

Reference: Tiwari M, Sodhi M, Chanda D, Kataria RS, Niranjan SK, Singh I, Bharti VK, Iqbal M, Rabgaia S, Amarjeet, Vivek P, Kumari P and Mukesh M (2025) Deciphering genomic basis of unique adaptation of Ladakhi cattle to Trans-Himalayan high-altitude region of Leh-Ladakh in India. *Gene* 942:149251.

कन्नियाडू बकरी में सकारात्मक चयन के जीनोमिक संकेत

इल्लुमिना नोवासेक 6000 का उपयोग करके कन्नियाडू ($n = 10$) और जखराना ($n = 10$) बकरियों पर संपूर्ण जीनोम पुनःअनुक्रमण ($\sim 10X$ कवरेज) किया गया, जिसमें तुलना के लिए सार्वजनिक रूप से उपलब्ध सानेन जीनोम ($n = 10$) भी शामिल थे। कन्नियाडू बकरियों में वैरिएंट कॉलिंग से लगभग 22.5 मिलियन SNPs और 3.7 मिलियन INDELs की पहचान हुई, जो इंट्रोनि, इंटरजेनिक और एक्सोनिक क्षेत्रों में वितरित थे। न्यूक्लियोटाइड विविधता ($\theta\pi$) और समग्र संभावना अनुपात (CLR) विधियों का उपयोग करके चयन चिह्नों का पता लगाया गया, जबकि फिक्सेशन इंडेक्स (FST) का उपयोग करके नस्लों के बीच विचलन का आकलन किया गया। शीर्ष %1 आउटलायर क्षेत्रों में चयन के तहत 52 अतिव्यापी जीन पाए गए, जिनमें WARS2 (वसा जमाव), TBX15 और RNPC3 (वृद्धि), और शरीर के आकार को प्रभावित करने वाले जीन शामिल हैं। गुणसूत्र 25, 16 और 23 पर चयनात्मक स्वीप को समृद्ध किया गया, जिसमें IPO9 (मांसपेशी वृद्धि), LMOD1 (चिकनी मांसपेशी कार्य), और DCN व PTPRR (शरीर के लक्षण) शामिल थे। कार्यात्मक संवर्धन विश्लेषण से PI3K-Akt, mTOR, MAPK और EGFR सिग्नलिंग मार्गों की महत्वपूर्ण भागीदारी का पता चला, जिससे ट्रांसक्रिप्शनल विनियमन, वृद्धि और उत्तरजीविता में उनकी भूमिका पर प्रकाश डाला गया।

Reference: Yadav R, Vanzampuii ZST, Dixit SP, Singh S, Bhatia AK, Iram D and Ganguly I (2025) Genetic signatures of meat type Kanniadu goat: A genome-wide exploration. *Small Ruminant Research* 251: 107564.

भारतीय बकरियों में सीएनवी के बारे में जीनोम-व्यापी जानकारी

अगली पीढ़ी के अनुक्रमण (एनजीएस) में प्रगति ने उच्च परिशुद्धता के साथ जीनोम-व्यापी भिन्नता को चिह्नित करना संभव बना दिया है, जिसमें प्रतिलिपि संख्या भिन्नताएँ (सीएनवी) और प्रतिलिपि संख्या भिन्नता क्षेत्र (सीएनवीआर) अनुकूलन और विविधता के आनुवंशिक आधार की जांच के लिए एक शक्तिशाली लेंस प्रदान करते हैं। 11 स्वदेशी भारतीय बकरी नस्लों में सीएनवी और सीएनवीआर के वितरण को चित्रित करने के लिए पूरे जीनोम पुनः अनुक्रमण का उपयोग किया गया था। पहचाने गए सीएनवीआर से गणना की गई विविधता मैट्रिक्स ने आनुवंशिक संरचना के महत्वपूर्ण पैटर्न का खुलासा किया। प्रमुख घटक विश्लेषण (पीसीए) ने कन्नियाडू (केएएन) और झारखंड ब्लैक (जेबी) बकरियों को शेष नस्लों से अलग किया, जो उनके अद्वितीय जीनोमिक प्रोफाइल का सुझाव देता है, जो संभवतः संस्थागत खेतों से उनकी उत्पत्ति से प्रभावित है। इसके अलावा, विचरण-स्थिरीकरण परिवर्तन (VST) दृष्टिकोण का उपयोग करते हुए चयन हस्ताक्षर विश्लेषण ने चयन के अंतर्गत 32 जीनोमिक क्षेत्रों की पहचान की, जिसमें ZBTB7C, BHLHE22, और AGT जैसे प्रमुख उम्मीदवार जीनों को उजागर किया गया, जो संभावित रूप से तापमान नियंत्रण और विपरीत गर्म और ठंडे वातावरणों के अनुकूलन में शामिल हैं। कुल मिलाकर, अनुकूलित कम्प्यूटेशनल पाइपलाइनों के साथ 32,711 ऑटोसोमल CNVRs का एक व्यापक डेटासेट तैयार किया गया, जो बकरियों में CNV-संचालित आनुवंशिक विविधता और अनुकूलता तंत्रों पर भविष्य के शोध के लिए मूल्यवान संसाधन प्रदान करता है।

Reference: Sukhija N, Kanaka KK, Ganguly I, Dixit SP, Singh S, Goli RC, Rathi P, Nandini PB and Koloi S (2025) Cataloging copy number variation regions and allied diversity in goat breeds spanning pan India. *Mammalian Genome* 36:523-540

भारतीय और वैश्विक बकरी नस्लों में आनुवंशिक विविधता का CNVR-आधारित आकलन

भारतीय और वैश्विक बकरी नस्लों में CNVR आधारित आनुवंशिक विविधता का अध्ययन किया गया। भारतीय बकरी नस्लों में CNV regions (CNVRs) की पहचान करने और उन्हें सीमापार और वैश्विक आबादी, जिसमें जंगली बकरियाँ भी शामिल हैं, के साथ तुलना करने के लिए whole-genome resequencing डेटा का उपयोग किया गया। दो डेटासेट एकत्र किए गए: डेटासेट-I में देशी भारतीय नस्लों के 103 जीनोम के साथ-साथ ब्लैक बंगाल और बीटल बकरियों के नौ सार्वजनिक रूप से उपलब्ध अनुक्रम शामिल थे; डेटासेट-II में अंतर्राष्ट्रीय नस्लों और जंगली बकरी प्रजातियों के 262 जीनोम शामिल थे। CNVR का पता CNV कॉलर का उपयोग करके लगाया गया, जो स्लाइडिंग विंडो में सामान्यीकृत रीड डेथ पर निर्भर करता है। इस विश्लेषण ने डेटासेट-I में 63,728 CNVR और डेटासेट-II में 48,869 CNVR की पहचान की। ये मान पहले के अध्ययनों में बताए गए मानों से अधिक हैं, संभवतः बेहतर डिटेक्शन रिज़ॉल्यूशन, बड़े हुए सैंपल साइज़ और उन्नत कम्प्यूटेशनल पाइपलाइनों के अनुप्रयोग के कारण। जनसंख्या संरचना की जाँच प्रमुख घटक

विश्लेषण (पीसीए) और मिश्रण विश्लेषण के माध्यम से की गई, जिसमें क्रॉस-वैलिडेशन लुटियों ने भारतीय नस्लों के विशिष्ट समूहों और सीमा पार की आबादियों के साथ आनुवंशिक मिश्रण के प्रमाण की पुष्टि की। एक अनुकूलित पाइपलाइन (प्लिक2फाइलो) का उपयोग करके किए गए फ़ाइलोजेनेटिक पुनर्निर्माण ने विशिष्ट विकासवादी नोड्स का और अधिक खुलासा किया, जिसमें उत्तराखंड हिल और ब्लैक बंगाल जैसी नस्लें अद्वितीय समूह बनाती हैं, जो उनकी उच्च स्तर की आनुवंशिक परिवर्तनशीलता को रेखांकित करता है।

Reference: Sukhija N, Ganguly I, Kanaka KK, Dixit SP, Singh S, Bhatia A, Goli RC and Rathi P (2025) Genome-wide copy number diversity in Indian goat breeds scaled to world-wide breeds. *Small Ruminant Research* 249: 107525.

जमुनापारी बकरियों में ताप तनाव प्रतिरोधकता के आणविक लक्षण

गर्मी का तनाव पशुधन उत्पादन के लिए एक बड़ा चुनौतीपूर्ण कारक है, विशेष रूप से उष्णकटिबंधीय क्षेत्रों में जहाँ पर्यावरण तापमान अक्सर जानवरों की तापीय आराम सीमा से अधिक हो जाता है। गर्मी के तनाव के प्रति सहनशीलता (heat stress resilience) के पीछे के आणविक तंत्र को समझने के लिए जमुनापारी बकरियों (Capra hircus) में एक ट्रांस्क्रिप्टोमिक अध्ययन किया गया। 2-1 वर्ष आयु की मादा बकरियों का मूल्यांकन दो विपरीत परिस्थितियों में किया गया: मार्च में सामान्य तापीय आर्द्रता सूचकांक (THI) और जून में उच्च THI। फिजियोलॉजिकल लक्षणों और ताप सहनशीलता सूचकांक के आधार पर जानवरों को थर्मो-न्यूट्रल ग्रुप (TNG) और एक्सट्रीम हीट स्ट्रेस ग्रुप (EHSG) में वर्गीकृत किया गया। तुलनात्मक ट्रांस्क्रिप्टोम विश्लेषण में EHSG बकरियों में कई भिन्न रूप से व्यक्त जीन पाए गए। गर्मी के तनाव के दौरान ऊपर व्यक्त हुए जीन मुख्य रूप से NF-kappa B signaling, MAPK सिग्नलिंग, और साइटोकाइन-साइटोकाइन रिसेप्टर इंटरैक्शन में शामिल थे, जबकि नीचे व्यक्त हुए जीन IL17- signaling और platelet activation pathways में समृद्ध पाए गए। दिलचस्प रूप से, छोटे हीट शॉक प्रोटीन (CRYAB) और एक्वापोरिन (AQP11) जैसे प्रमुख आणविक घटक गर्मी के तनाव के दौरान

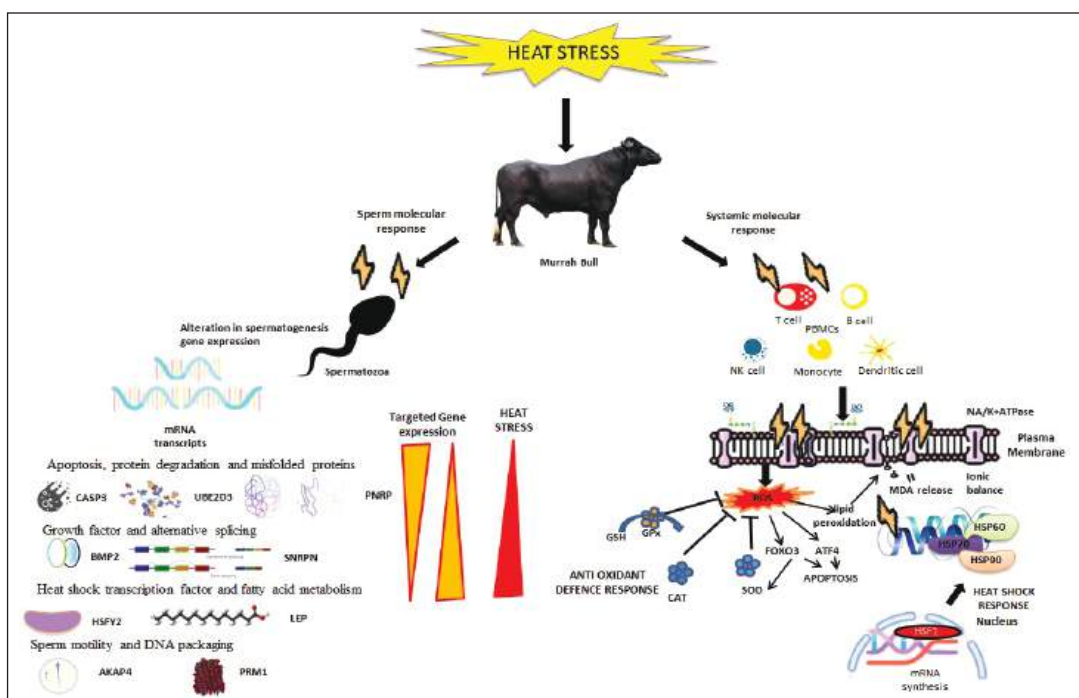
उल्लेखनीय रूप से नीचे व्यक्त हुए। भारत जीन सह-अभिव्यक्ति नेटवर्क विश्लेषण (WGCNA) ने अतिरिक्त रूप से ऐसे मॉड्यूल पहचाने जो इबेरिया ताप सहनशीलता गुणों और श्वसन दर (respiration rate) से जुड़े थे, और इसमें TUFM, TOMM40, BCSL1, VCL, VASP, ITGB, और VWF जैसे हब जीनों को अनुकूलन प्रतिक्रियाओं में केंद्रीय भूमिका निभाते हुए दर्शाया गया।

कुल मिलाकर, ये निष्कर्ष बकरियों में गर्मी के तनाव सहनशीलता के आनुवंशिक और आणविक आधार की मूल्यवान जानकारी प्रदान करते हैं और ऐसे संभावित उम्मीदवार जीन और pathways को उजागर करते हैं जिन्हें उष्णकटिबंधीय वातावरण में पशुधन की सहनशीलता बढ़ाने के लिए चयनात्मक प्रजनन कार्यक्रमों में उपयोग किया जा सकता है।

Reference: Dige MS, Gurao A, Mehrotra A, Singh MK, Kumar A, Kaushik R, Kataria RS and Rout PK (2025) Comparative transcriptomic and co-expression network analysis identifies key gene modules involved in heat stress responses in goats. *International Journal of Biological Macromolecules* 305:140975.

मुराह बैलों में मौसमी गर्मी तनाव के प्रति जीन अभिव्यक्ति और शारीरिक अनुकूलन

ऊष्मा तनाव पशुधन उत्पादकता के लिए एक गंभीर चुनौती है, जिसमें भैंस अपनी सीमित ऊष्मा सहनशीलता के कारण विशेष रूप से असुरक्षित हैं। गहन जानकारी प्राप्त करने के लिए, मुराह सांडों में जीन अभिव्यक्ति प्रोफाइलिंग के माध्यम से एक व्यापक अध्ययन किया गया। विभिन्न मौसमों, गर्म ग्रीष्मकाल, आरामदायक और शीतकाल में वीर्य की गुणवत्ता के आधार पर, सांडों को दो श्रेणियों में वर्गीकृत किया गया: मौसमी रूप से प्रभावित (n = 6) और मौसमी रूप से अप्रभावित (n = 6)। अध्ययन से पता चला कि ऊष्मा तनाव ने अंडकोषीय तापमान और श्वसन दर जैसे शारीरिक मापदंडों को, साथ ही सीरम एंटीऑक्सीडेंट स्तरों में परिवर्तनों को, उल्लेखनीय रूप से प्रभावित किया। परिधीय रक्त मोनोन्यूक्लियर कोशिकाओं में तापीय और ऑक्सीडेटिव दोनों प्रकार के तनावों की प्रतिक्रियाओं का मूल्यांकन



करने के लिए जीन अभिव्यक्ति विश्लेषण किया गया, जबकि शुक्राणुओं में लक्षित वीर्य गुणवत्ता-संबंधी जीनों की जाँच की गई। मौसमी परिवर्तन सांडों पर उनके वीर्य की गुणवत्ता की स्थिति के आधार पर अलग-अलग प्रभाव डालते पाए गए, जिसमें शारीरिक, जैवरासायनिक और आणविक स्तरों पर उल्लेखनीय परिवर्तन हुए। महत्वपूर्ण अंतर विशेष रूप से गर्मियों के दौरान स्पष्ट थे, जहाँ इन्फ्रारेड थर्मोग्राफी ने अंडकोषीय सतह के तापमान में वृद्धि, साथ ही समूहों के बीच ऊष्मा आघात प्रोटीन और लेप्टिन जीन की भिन्न अभिव्यक्ति का खुलासा किया।

Reference: Vasisth R, Sriranga KR, Chitkara M, Gurao A, Singh LP, Dige MS, Sodhi M, MukeshM, Kumar P, Singh P and Kataria RS (2025) Serum biochemical and gene expression changes in the spermatozoa of buffalo bulls under heat stress. *Biochemical Genetics* doi: 10.1007/s10528-025-11122-2.

भैंस के वीर्य में मौसमी तनाव का माइटोकॉन्ड्रियल कॉपी नंबर और जीन अभिव्यक्ति पर प्रभाव

भैंस के शुक्राणुओं में माइटोकॉन्ड्रियल-एन्कोडेड तनाव-संबंधित जीन की अभिव्यक्ति के साथ इसके संभावित लिंक की खोज के लिए सापेक्ष माइटोकॉन्ड्रियल प्रतिलिपि संख्या का आकलन किया गया था। प्रजनन करने वाले बैलों से वीर्य के नमूने दो विपरीत तापमान-आर्द्रता सूचकांक (टीएचआई) स्थितियों के दौरान प्राप्त किए गए थे: गर्म गर्मी और सर्दी। वीर्य की गुणवत्ता के आकलन के आधार पर, बैलों को दो श्रेणियों में वर्गीकृत किया गया था: गर्मियों के तनाव में कम वीर्य की गुणवत्ता दिखाने वाले बैलों को मौसमी रूप से प्रभावित के रूप में चिह्नित किया गया था, जबकि लगातार अच्छी वीर्य की गुणवत्ता बनाए रखने वाले बैलों को मौसमी रूप से अप्रभावित के रूप में वर्गीकृत किया गया था। कुल मिलाकर, माइटोकॉन्ड्रियल प्रतिलिपि संख्या सर्दियों (0.72 ± 17.29) की तुलना में गर्मियों (± 15.42 1.23) में कम पाई गई। ये परिणाम वीर्य की गुणवत्ता में माइटोकॉन्ड्रिया के संभावित योगदान को उजागर करते हैं, विशेष रूप से गर्मियों में अंडकोषीय तापनियमन में कमी की स्थिति में। हालाँकि, एपोप्टोटिक जीन (BCL2, MCL1, CASP3, BAK) और ऑक्सीडेटिव तनाव-संबंधी जीन (CAT, SOD, GPx, ATF4, FOXO3) के अभिव्यक्ति-गुना परिवर्तन सांड समूहों के बीच महत्वपूर्ण रूप से भिन्न नहीं थे, फिर भी मौसमी अंतर स्पष्ट थे। एपोप्टोसिस और ROS विषहरण में माइटोकॉन्ड्रियल प्रतिलिपि संख्या की भूमिका की और जाँच करने के लिए, एक सामान्यीकृत मिश्रित मॉडल विश्लेषण किया गया। विश्लेषण से प्रतिलिपि संख्या और CAT अभिव्यक्ति के बीच एक महत्वपूर्ण नकारात्मक संबंध, साथ ही एपोप्टोटिक जीन अभिव्यक्ति के साथ एक सकारात्मक संबंध का पता चला। इन निष्कर्षों ने ऑक्सीडेटिव संतुलन और एपोप्टोटिक मार्गों को विनियमित करने के लिए भैंस के शुक्राणुओं में माइटोकॉन्ड्रियल प्रतिलिपि संख्या के महत्व को उजागर किया, जिससे ताप तनाव और उष्णकटिबंधीय जलवायु परिस्थितियों द्वारा उत्पन्न शारीरिक चुनौतियों का समाधान किया जा सके।

Reference: Chitkara M, Kaur H, Vasisth R, Sriranga KR, Gurao A, Mahar K, Dige MS, Aggarwal RAK, MukeshM, Kumar P, Singh P and Kataria RS (2025) Evaluation of mitochondrial copy number and gene expression changes in the spermatozoa of buffalo bulls under heat stress. *Reproductive Biology* 25(2):101014.

दूध-व्युत्पन्न एक्सोसोम की नस्ल-विशिष्ट मेटाबोलोमिक प्रोफाइल

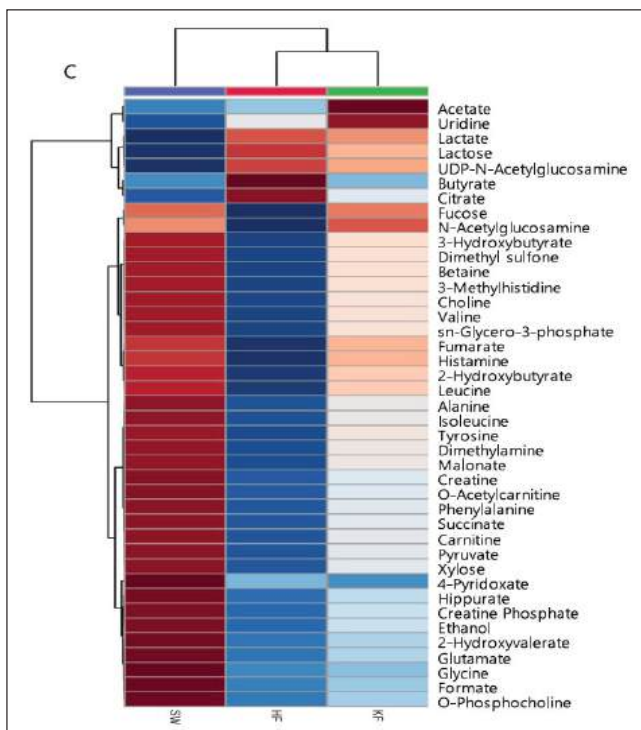
एक्सोसोम एंडोसाइटिक उत्पत्ति के नैनोस्केल पुटिकाएँ हैं, जिनका व्यास आमतौर पर 30 से 150 नैनोमीटर तक होता है और जो लगभग सभी

प्रकार की कोशिकाओं द्वारा स्रावित होते हैं। गोजातीय दूध, पोषक तत्वों से भरपूर और संतुलित जैविक द्रव होने के कारण, बड़े पैमाने पर एक्सोसोम पृथक्करण के लिए एक उत्कृष्ट प्राकृतिक स्रोत के रूप में कार्य करता है। उनकी जैव रासायनिक संरचना का पता लगाने के लिए, तीन मवेशी आनुवंशिक समूहों में दूध-व्युत्पन्न एक्सोसोम (एमडीई) की मेटाबोलोमिक प्रोफाइलिंग की गई: साहीवाल (बॉस इंडिकस), होल्स्टीन फ्राइज़ियन (बॉस टॉरस), और संकरित करण फ्राइज़ (बॉस इंडिकस × बॉस टॉरस)। ^1H एनएमआर स्पेक्ट्रोस्कोपी का उपयोग करके, सभी समूहों में कुल 41 मेटाबोलाइट्स का पता लगाया गया। तुलनात्मक मूल्यांकन से पता चला कि 16 मेटाबोलाइट्स में काफी अंतर था ($p < 0.01$; $\log_2(\text{FC}) > 1$; $\text{VIP} > 1$), और सभी साहीवाल-व्युत्पन्न एक्सोसोम (SW-MDEs) में समृद्ध थे। जोड़ीवार तुलना ने SW और HF के बीच विभेदक प्रचुरता दिखाने वाले 19 मेटाबोलाइट्स और SW-KF और KF-HF के बीच 10-10 मेटाबोलाइट्स की पहचान की। साइट्रेट और लैक्टोज को छोड़कर, जिन्होंने अन्य समूहों में उच्च स्तर दिखाया, अधिकांश मेटाबोलाइट्स SW-MDEs में लगातार समृद्ध थे, उसके बाद KF और HF थे। साहीवाल एक्सोसोम में प्रचुर मात्रा में पाए जाने वाले कई मेटाबोलाइट्स, जिनमें एलानिन, ल्यूसीन, आइसोल्यूसीन, वेलिन, फेनिलएलनिन, O-एसिटाइलकार्निटाइन और -3हाइड्रॉक्सीब्यूटिरेट शामिल हैं ये निष्कर्ष न केवल दूध से प्राप्त एक्सोसोम के मेटाबोलोम में नस्ल-विशिष्ट अंतर को रेखांकित करते हैं, बल्कि बोसिंडिकस (साहीवाल) दूध से प्राप्त एक्सोसोम की बेहतर पोषण संबंधी और चिकित्सीय क्षमता पर भी जोर देते हैं।

Reference: Garg V, Mukesh M, Kumar U, Kumar D, Amarjeet, Mahajan R, Kataria RS, Kumari P and Sodhi M (2025) Characterization of metabolite profiles in milk derived exosomes from indicus, crossbred and taurine cows by proton nuclear magnetic resonance analysis. *Food Chemistry* 473:143015.

उच्च ऊंचाई वाले क्षेत्र के लद्दाखी मवेशियों में कोलोस्ट्रम और दूध की मेटाबोलोमिक प्रोफाइलिंग

लेह-लद्दाख के उच्च-ऊंचाई वाले ठंडे रेगिस्तान के लिए विशिष्ट रूप से अनुकूलित लद्दाखी मवेशियों के दूध और कोलोस्ट्रम मेटाबोलोम का व्यवस्थित रूप से प्रोफाइल तैयार किया गया। 800 मेगाहर्ट्ज पर उच्च-रिज़ॉल्यूशन $1\text{D} \ ^1\text{H}$ NMR स्पेक्ट्रोस्कोपी का उपयोग करके, कोलोस्ट्रम, संक्रमणकालीन दूध और परिपक्व दूध में मेटाबोलाइट्स का वर्णन किया गया। बहुभिन्नरूपी सांख्यिकीय विश्लेषण ने इन तीनों चरणों को अलग-अलग समूहों में स्पष्ट रूप से अलग-अलग प्रदर्शित किया, जो प्रक्षेपण (वीआईपी) स्कोर में उच्च परिवर्तनशील महत्व वाले मेटाबोलाइट्स द्वारा संचालित थे, जिनमें यूडीपी-गैलेक्टोज, यूडीपी-ग्लूकोज, साइट्रेट, क्रिएटिन फॉस्फेट, मायो-इनोसिटोल, लैक्टोज, -2ऑक्सोग्लूटरेट, वेलिन, माल्टोज, ल्यूसीन, डाइमिथाइलमाइन और कोलीन शामिल थे। कोलोस्ट्रम विशेष रूप से यूडीपी-गैलेक्टोज और यूडीपी-ग्लूकोज से समृद्ध था, जो कोशिकीय प्रसार, विभेदन और प्रतिरक्षा रक्षा के लिए आवश्यक मेटाबोलाइट्स हैं। कोलोस्ट्रम में शाखित-श्रृंखला वाले अमीनो अम्लों के उच्च स्तर ने स्तन ग्रंथि के कार्य और नवजात शिशु के पोषण में उनकी भूमिका का संकेत दिया। इसके अलावा, कोलोस्ट्रम में एन-एसिटाइलग्लूकोसामाइन, एन-एसिटाइलकार्निटाइन और कोलीन जैसे मेटाबोलाइट्स उच्च सांद्रता में मौजूद थे, जो संभवतः लद्दाख के विशिष्ट हाइपोक्सिक उच्च-ऊंचाई वाले वातावरण में नवजात बछड़ों के विकास, तंत्रिका-विकास और जीवित रहने में योगदान करते हैं।



चित्र: इंडिसिन, क्रॉसब्रेड और टॉरिन गायों में मेटाबोलाइट सांद्रता का हीट मैप

Reference: Amarjeet, Kumar U, Sodhi M, Kumar D, Vivek P, Niranjan SK, Kataria RS, Kumar S, Sharma M, Tiwari M, Aggarwal RAK, Bharti VK, Iqbal M, Rabgaia S, Kumar A, Chanda D and Mukesh M (2025) Characterizing metabolome signature of colostrum, transition and mature milk of indigenous cows (*Bos indicus*) adapted to high altitude environment of Leh-Ladakh. *Food Chemistry* 464:141767.

एक्सिओम_कुक्कुट का विकास और सत्यापन: भारतीय मुर्गी नस्लों के लिए एक उच्च घनत्व वाली एसएनपी चिप

भारत में पिछवाड़े की मुर्गी की आबादी स्थानीय कृषि-जलवायु परिस्थितियों के लिए विशिष्ट रूप से अनुकूलित है और विशिष्ट आनुवंशिक विशेषताओं को आश्रय देती है, जो उनकी विविधता को पकड़ने, नस्ल की पहचान का समर्थन करने और संरक्षण को सुविधाजनक बनाने के लिए एक विशेष एसएनपी सरणी की आवश्यकता को रेखांकित करती है। इसे संबोधित करने के लिए, उच्च घनत्व वाले कस्टम एसएनपी चिप, एक्सिओम_कुक्कुट को 16 स्वदेशी नस्लों से पहचाने गए जीनोम-व्यापी एसएनपी मार्करों का उपयोग करके डिज़ाइन किया गया था, जिसमें रेड जंगल फाउल और व्हाइट लेगोर्न भी शामिल थे। चिप में 1.9 केबी के औसत इंटर-मार्कर स्पेसिंग के साथ 622,376 एसएनपी शामिल हैं, जो मौजूदा वाणिज्यिक प्लेटफॉर्मों की तुलना में अधिक सघन जीनोमिक कवरेज प्रदान करते हैं। विभिन्न भारतीय मुर्गी नस्लों की जीनोटाइपिंग करके सत्यापन किया गया, जिसमें सभी एसएनपी का मूल्यांकन किया गया प्रमुख घटक विश्लेषण ने रेड जंगल फाउल और उत्तरा जैसी नस्लों की आनुवंशिक विशिष्टता की पुष्टि की, जहां कम परिवर्तनशीलता संभवतः भौगोलिक अलगाव या प्रतिबंधित प्रजनन प्रथाओं को दर्शाती है। एक्सिओम_कुक्कुट एसएनपी चिप कई डाउनस्ट्रीम अनुप्रयोगों के लिए एक शक्तिशाली प्लेटफॉर्म प्रदान करता है, जिसमें जीनोम-वाइड एसोसिएशन स्टडीज़ (जीडब्ल्यूएस), चयन चिह्नों का पता लगाना, जनसंख्या आनुवंशिकी और नस्ल सुधार कार्यक्रम शामिल हैं। निरंतर सुधार के साथ, इसका दायरा विदेशी और व्यावसायिक प्रजातियों को शामिल करने के लिए बढ़ाया जा सकता है, जिससे विविध मुर्गी आबादियों में इसकी उपयोगिता बढ़ जाती है।

Reference: Vijh RK, Arora R, Sharma U, Raheja M, Kapoor P, Ahlawat S and Sharma R (2025) Development and validation of a high-density SNP chip tailored for genomic analysis in Indian backyard chickens. *British Poultry Science* DOI: 10.1080/00071668.2025.2500343.

भारतीय श्वानों के जीनोमिक्स के लिए उच्च घनत्व वाले एसएनपी सरणी का विकास

भारतीय कुत्तों की आबादी में जीनोमिक अध्ययन को सुविधाजनक बनाने के लिए एक अनुकूलित उच्च घनत्व वाले एसएनपी जीनोटाइपिंग सरणी को डिज़ाइन किया गया था। 10X के औसत कवरेज पर चार आनुवंशिक रूप से विविध आबादी का प्रतिनिधित्व करने वाले 48 श्वानों पर पूरे जीनोम पुनः अनुक्रमण किया गया था। एक्सिओम सरणी डिज़ाइन पाइपलाइन का उपयोग करते हुए, 23 मिलियन से अधिक कच्चे एसएनपी को शुरू में पता लगाया गया था, जिसमें से 629,597 उच्च गुणवत्ता वाले एसएनपी का चयन किया गया था और एक्सिओम_श्वान नामक सरणी में शामिल किया गया था। 3.8 केबी के औसत अंतर-मार्कर रिक्ति के साथ, यह प्लेटफॉर्म भारतीय श्वानों के लिए जीनोम-व्यापी कवरेज को काफी हद तक बढ़ाता है। 11 नस्लों/आबादियों से संबंधित 186 कुत्तों की जीनोटाइपिंग करके सरणी को मान्य किया गया एक्सिओम_श्वान सरणी विविध अनुप्रवाह अनुप्रयोगों के लिए एक शक्तिशाली जीनोमिक संसाधन प्रदान करती है, जिसमें जनसंख्या आनुवंशिकी, चयन चिह्नों का पता लगाना, नस्ल या लक्षण-विशिष्ट मार्करों की पहचान, और जीनोम-व्यापी संबद्धता अध्ययन शामिल हैं, जिनका उद्देश्य भारतीय श्वानों में अनुकूलि और कार्यात्मक लक्षणों के आनुवंशिक आधार को उजागर करना है।

Reference: Raja KN, Arora R, Vijh RK, Sharma U, Raheja M, Sharma M, Maggon M and Ahlawat S (2025) Empowering canine genomics: design and validation of a high-density SNP array for Indian dogs. *Genome* 68: 1–12.



चित्र: भारतीय कुत्तों की एसएनपी सरणी के डिज़ाइन और जीनोटाइपिंग के लिए चयनित कुत्तों की नस्लों/आबादी का भौगोलिक वितरण

बैठकें

नस्ल पंजीकरण समिति की बैठक:

नस्ल पंजीकरण समिति (बीआरसी) की 12वीं बैठक 06 जनवरी, 2025 को एनएएससी, नई दिल्ली में आयोजित की गई। बीआरसी की बैठक की अध्यक्षता आईसीएआर के उप महानिदेशक (पशु विज्ञान) डॉ. राघवेंद्र भट्टा ने की। बीआरसी देश में नई पहचानी गई पशु नस्लों के पंजीकरण के लिए सर्वोच्च निकाय है। नई पंजीकृत नस्लें हैं- असम से मनाह भैंस, हिमाचल प्रदेश से गद्दी श्वान, लिपुला से लिपुलेश्वरी बत्तख, उत्तराखंड से चौगरखा बकरी, उत्तर प्रदेश और मध्य प्रदेश से बुंदेलखंडी बकरी, महाराष्ट्र से करकंबी सुअर, राजस्थान से खेरी भेड़, लद्दाख (यूटी) से चांगखी श्वान, लद्दाखी गधा और लद्दाखी याक।

लक्षद्वीप में हितधारक बैठक

आईसीएआर-एनबीएजीआर ने आईसीएआर-कृषि विज्ञान केंद्र (केवीके) और पशु चिकित्सा एवं पशुपालन सेवा विभाग, केंद्र शासित प्रदेश लक्षद्वीप के सहयोग

से 9 जनवरी, 2025 को कावारत्ती (केंद्र शासित प्रदेश लक्षद्वीप) में 'लक्षद्वीप (यूटी) के पशु आनुवंशिक संसाधन: प्रलेखन और सतत प्रबंधन की रणनीति' पर एक हितधारक बैठक का आयोजन किया। डॉ. राघवेंद्र भट्टा, डीडीजी (एएस), आईसीएआर, नई दिल्ली मुख्य अतिथि थे और श्री राजतिलक एस (आईएफएस), सचिव, कृषि, मत्स्य पालन, पशुपालन, पर्यावरण एवं वन, और विज्ञान एवं प्रौद्योगिकी, केंद्र शासित प्रदेश लक्षद्वीप, सम्मानित अतिथि थे। आईसीएआर-एनबीएजीआर, केवीके लक्षद्वीप और पर्यावरण एवं वन विभाग, लक्षद्वीप सरकार, पशु चिकित्सा एवं पशुपालन सेवा विभाग के वैज्ञानिकों/अधिकारियों और स्थानीय पशुपालकों सहित लगभग 50 प्रतिभागियों ने बैठक में भाग लिया। इस अवसर पर, 'केंद्र शासित प्रदेश लक्षद्वीप में पशु आनुवंशिक संसाधन: सतत प्रबंधन हेतु रणनीति' विषय पर एक रणनीति पत्र और लक्षद्वीप के पशु आनुवंशिक संसाधन (AnGR) पर एक वृत्तचित्र का भी विमोचन किया गया। इस अवसर पर पशुपालकों को पशु स्वास्थ्य किट भी वितरित की गई।

वार्षिक समीक्षा बैठक-एनडब्ल्यूपी ऑन एनजीआर

आईसीएआर-राष्ट्रीय पशु आनुवंशिक संसाधन ब्यूरो ने 31-30 जनवरी 2025 के दौरान ब्यूरो में 'पशु आनुवंशिक संसाधनों पर नेटवर्क परियोजना' (एनडब्ल्यूपी-एनजीआर) पर वार्षिक समीक्षा बैठक का आयोजन किया। समीक्षा बैठक में 33 नेटवर्क केंद्रों के प्रधान अन्वेषकों सहित कुल 44 प्रतिभागियों ने भाग लिया और अपने-अपने केंद्रों/राज्यों की प्रगति रिपोर्ट प्रस्तुत की। बैठक की अध्यक्षता आईसीएआर, नई दिल्ली के उप महानिदेशक (पशु विज्ञान) डॉ. राघवेंद्र भट्टा ने की। प्रतिनिधियों को संबोधित करते हुए, उन्होंने स्वदेशी एनजीआर का दस्तावेजीकरण करने और गैर-वर्णित पशुधन आबादी को कम करने के लिए संभावित नस्लों को पंजीकृत करने पर जोर दिया। देश में 'शून्य गैर-वर्णित एनजीआर की ओर मिशन' शुरू करने के लिए एनबीएजीआर के प्रयासों की सराहना करते हुए, उन्होंने बताया कि एनडब्ल्यूपी केंद्र इस विशाल कार्य को पूरा करने में महत्वपूर्ण भूमिका निभाएंगे। परियोजना में सुधार के लिए कई सुझाव दिए गए। एनडब्ल्यूपी-एनजीआर के अंतर्गत, सहभागी केंद्रों द्वारा लक्षण-निर्धारण हेतु देशी पशुधन, मुर्गी और कुत्तों की कुल 53 संभावित आबादियों को लिया गया, जिनमें से 15 आबादियों का दस्तावेजीकरण इस अवधि के दौरान पूरा हो चुका है।



पशुपालन एवं डेयरी विभाग (डीएचडी) के साथ संवादात्मक बैठक

आईसीएआर-एनबीएजीआर और पशुपालन एवं डेयरी विभाग (डीएचडी), पशुपालन एवं डेयरी मंत्रालय, भारत सरकार के बीच वर्तमान और भविष्य के सहयोग पर चर्चा के लिए 14 मई 2025 को ब्यूरो में एक संवादात्मक बैठक आयोजित की गई। बैठक की अध्यक्षता माननीय सचिव (एचडी), पशुपालन एवं डेयरी विभाग, भारत सरकार सुश्री अलका उपाध्याय ने की। उन्होंने ब्यूरो के वैज्ञानिकों के साथ बातचीत की और ब्यूरो की गतिविधियों, उपलब्धियों और भविष्य की योजनाओं पर विस्तार से चर्चा की। सचिव ने पशुपालन आयुक्त और पशुपालन एवं डेयरी विभाग, भारत सरकार के अन्य अधिकारियों के साथ राष्ट्रीय गोजातीय जीनोमिक केंद्र-स्वदेशी नस्लों (एनबीजीसी-आईबी) सहित विभिन्न प्रयोगशालाओं का भी दौरा किया।



किसान कार्यक्रम एवं आउटरीच

अंतर्राष्ट्रीय जैव विविधता दिवस



आईसीएआर-राष्ट्रीय पशु आनुवंशिक संसाधन ब्यूरो, करनाल द्वारा 22 मई, 2025 को अंतर्राष्ट्रीय जैव विविधता दिवस का सफलतापूर्वक आयोजन किया गया। इस वर्ष “अंतर्राष्ट्रीय जैव विविधता दिवस” का विषय “प्रकृति के साथ सामंजस्य और सतत विकास” है। इस अवसर पर, लोगों को जैव विविधता के महत्व के बारे में जागरूक करने हेतु छात्रों के लिए पोस्टर और भाषण प्रतियोगिता का आयोजन किया गया और देशी नस्लों के पशुपालकों को सम्मानित भी किया गया।

वैज्ञानिक-किसान संपर्क बैठक

कदमत (लक्षद्वीप): आईसीएआर वैज्ञानिक-किसान संपर्क बैठक 12 जनवरी, 2025 को लक्षद्वीप (केंद्र शासित प्रदेश) के कदमत द्वीप पर बकरी और मुर्गी पालकों के साथ कृषि विज्ञान केंद्र, कवरत्ती (लक्षद्वीप) और पशुपालन विभाग, लक्षद्वीप के सहयोग से आयोजित की गई। किसानों को स्वदेशी एएनजीआर के वैज्ञानिक प्रबंधन के बारे में जागरूक किया गया। कार्यक्रम में लगभग 40 किसान शामिल हुए। डॉ. राघवेंद्र भट्टा, उपमहानिदेशक (कृषि), आईसीएआर, डॉ. बी. पी. मिश्रा, निदेशक, आईसीएआर-एनबीएजीआर, एनबीएजीआर और केवीके के अन्य वैज्ञानिक, पशुपालन विभाग, लक्षद्वीप के अधिकारी भी कार्यक्रम में शामिल हुए। टीएसपी योजना के तहत लाभार्थियों को पशु किट/पूरक आहार भी वितरित किए गए।

हरियाणा: हरियाणा पशु विज्ञान केंद्र, उचानी (लुवास) के सहयोग से 22.03.2025 को करनाल जिले (हरियाणा) की घरौंदा तहसील के गढ़ी खजूर गाँव में एक किसान और वैज्ञानिक संवाद बैठक का आयोजन किया गया। वैज्ञानिकों ने महिला किसानों के साथ बातचीत की और पशुधन के वैज्ञानिक प्रबंधन और स्वास्थ्य पहलुओं के साथ-साथ देशी पशु आनुवंशिक संसाधन प्रबंधन के बारे में विस्तार से बताया। अनुसूचित जाति उप-योजना कार्यक्रम के तहत अनुसूचित जाति समुदाय के 300 लाभार्थियों को खनिज मिश्रण, कैल्शियम, कृमिनाशक, पाचन उत्तेजक आदि से युक्त किट भी वितरित किए गए।

उत्तराखंड: केवीके, हरिद्वार के सहयोग से हरिद्वार (उत्तराखंड) के तेल्लीवाला गाँव में एक और वैज्ञानिक-किसान संवाद बैठक आयोजित की गई। 26 लाभार्थियों को स्वास्थ्य किट वितरित की गई।



विकसित कृषि संकल्प अभियान

आईसीएआर-राष्ट्रीय पशु आनुवंशिक संसाधन ब्यूरो (एनबीएजीआर), करनाल ने 29 मई से 12 जून, 2025 तक कृषि एवं किसान कल्याण मंत्रालय द्वारा आयोजित राष्ट्रव्यापी अभियान “विकसित कृषि संकल्प अभियान” में सक्रिय रूप से भाग लिया। इस अभियान का मुख्य उद्देश्य वैज्ञानिक पहुँच, स्थायी प्रथाओं को अपनाने और कृषक समुदाय के सशक्तिकरण के माध्यम से भारतीय कृषि के आधुनिकीकरण को बढ़ावा देना था। पंद्रह दिवसीय कार्यक्रम के दौरान, हरियाणा के 06 जिलों (पंचकूला, जींद, फतेहाबाद, कैथल, कुरुक्षेत्र और यमुनानगर) के 250 से अधिक गाँवों को कवर करते हुए 19 वैज्ञानिकों ने विभिन्न विभागों की टीमों के रूप में भाग लिया।

कुल मिलाकर, इस अभियान ने किसान-वैज्ञानिकों के बीच प्रभावी संवाद को सुगम बनाया और ज्ञान एवं प्रौद्योगिकियों को जमीनी स्तर तक पहुँचाने के लिए एक मंच के रूप में कार्य किया। 3500 से अधिक किसानों ने भाग लिया और वैज्ञानिकों के साथ संवाद किया। किसानों को देशी पशुधन और मुर्गीपालन के अनूठे गुणों और प्रबंधन तथा कृषि क्षेत्र एवं मानव स्वास्थ्य में उनकी भूमिका के बारे में जागरूक किया गया।

अनुभव भ्रमण एवं प्रदर्शनी

हिमाचल प्रदेश के कुल्लू जिले के लगभग तीस प्रगतिशील किसानों (17 महिलाएँ और 13 पुरुष) ने 09.04.2025 को आईसीएआर-एनबीएजीआर, करनाल का अनुभव भ्रमण किया। कृषि विज्ञान केंद्र, कुल्लू (सीएसकेएचपीकेवी, पालमपुर) ने प्राकृतिक खेती कार्यक्रम के अंतर्गत इस भ्रमण का आयोजन किया। किसानों ने स्वदेशी पशु आनुवंशिक संसाधनों के प्रबंधन में आईसीएआर-एनबीएजीआर की भूमिका और हिमाचल प्रदेश, विशेष रूप से कुल्लू जिले के पहाड़ी इलाकों में पालन के लिए उपयुक्त स्वदेशी पशुधन और मुर्गी पालन नस्लों के बारे में विस्तार से बातचीत की। इस भ्रमण का समन्वय ब्यूरो के प्रधान वैज्ञानिक डॉ. ए. के. मिश्रा और डॉ. राजा के. एन. ने किया।

प्रताप पब्लिक स्कूल, करनाल के दसवीं कक्षा के लगभग 188 छात्रों (101 लड़के और 87 लड़कियाँ) ने 17.04.2025 को आईसीएआर-एनबीएजीआर, करनाल का अनुभव-भ्रमण किया। छात्रों ने स्वदेशी पशु आनुवंशिक संसाधनों के प्रबंधन में आईसीएआर-एनबीएजीआर की भूमिका पर विस्तार से चर्चा की और डीएनए आधारित विविधता अध्ययन, विलुप्त प्रजातियों के संरक्षण आदि में रुचि दिखाई। उन्होंने राष्ट्रीय जीन बैंक और कोर लैब का भी दौरा किया। इस दौरे का समन्वय ब्यूरो की प्रमुख वैज्ञानिक डॉ. रेखा शर्मा और डॉ. राजा के. एन. ने किया।

संस्थान ने कृषि विज्ञान कांग्रेस (22-20 फरवरी, 2025) में बैनर और सूचनात्मक सामग्री से युक्त एक प्रदर्शनी स्टॉल के माध्यम से अपनी गतिविधियों को प्रदर्शित किया। पशु आनुवंशिक संसाधन संरक्षण में विविध प्रकार की तकनीकों, महत्वपूर्ण उपलब्धियों और प्रयासों का प्रदर्शन किया गया।

