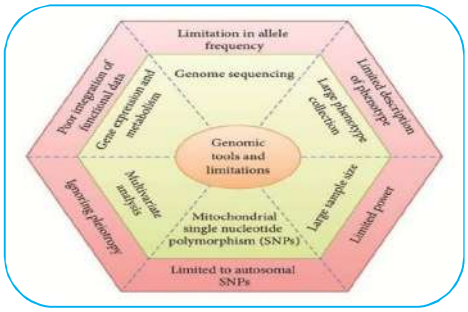
INDIAN STREAMS RESEARCH JOURNAL
ISSN NO : 2230-7850
IMPACT FACTOR : 5.1651 (UIF)
VOLUME - 13 | ISSUE - 12 | JANUARY - 2024

लुप्तप्राय पौधों के संरक्षण में जनसंख्या जीनोमिक्स की भूमिका: एक समग्र समीक्षा

Role of Population Genomics in the Conservation of Endangered Plants: A Comprehensive Review

मुदित कुमार साहू
शोधार्थी - वनस्पति विज्ञान, स्वामी विवेकानन्द विश्वविद्यालय सागर मध्यप्रदेश – भारत.

सारांश (Abstract)



विश्व स्तर पर जैव-विविधता में तीव्र गिरावट के कारण अनेक पादप प्रजातियाँ विलुप्ति के संकट का सामना कर रही हैं। आवास विनाश, जलवायु परिवर्तन, अत्यधिक दोहन, प्रदूषण, आक्रामक प्रजातियों का प्रसार तथा प्राकृतिक आवासों का विखंडन लुप्तप्राय पौधों की आबादी को प्रभावित करने वाले प्रमुख कारक हैं। किसी प्रजाति के दीर्घकालीन अस्तित्व के लिए केवल उसकी वर्तमान जनसंख्या संख्या का संरक्षण पर्याप्त नहीं है, बल्कि उसके भीतर विद्यमान आनुवंशिक विविधता तथा भविष्य में पर्यावरणीय परिवर्तन के प्रति अनुकूलन की क्षमता को बनाए रखना भी आवश्यक है।

जनसंख्या जीनोमिक्स (Population Genomics) आधुनिक जीनोमिक तकनीकों का उपयोग करके प्राकृतिक आबादियों में हजारों से लाखों आनुवंशिक मार्करों का अध्ययन करती है। Next-Generation Sequencing (NGS), Whole Genome Sequencing (WGS), Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs), Reduced Representation Sequencing तथा Landscape Genomics जैसी तकनीकों ने लुप्तप्राय पौधों की आनुवंशिक संरचना, जनसंख्या विभेदीकरण, जीन प्रवाह, प्रभावी जनसंख्या आकार, अंतःप्रजनन, ऐतिहासिक जनसंख्या परिवर्तन तथा स्थानीय अनुकूलन के अध्ययन को अधिक सटीक बनाया है।

यह समीक्षा लुप्तप्राय पौधों के संरक्षण में जनसंख्या जीनोमिक्स की भूमिका, प्रमुख तकनीकों, आनुवंशिक विविधता के मूल्यांकन, conservation units की पहचान, ex situ एवं in situ संरक्षण, climate adaptation तथा भविष्य की संरक्षण रणनीतियों का समग्र विश्लेषण प्रस्तुत करती है। उपलब्ध अध्ययनों से स्पष्ट है कि जीनोमिक जानकारी को पारंपरिक पारिस्थितिक एवं संरक्षण विधियों के साथ जोड़कर अधिक प्रभावी और वैज्ञानिक संरक्षण रणनीतियाँ विकसित की जा सकती हैं।

मुख्य शब्द: जनसंख्या जीनोमिक्स, लुप्तप्राय पौधे, संरक्षण जीनोमिक्स, आनुवंशिक विविधता, SNP, NGS, WGS, जीन प्रवाह, अंतःप्रजनन, स्थानीय अनुकूलन, जैवविविधता।-

1. परिचय :-

पादप जैव-विविधता पृथ्वी के पारिस्थितिक तंत्रों की स्थिरता, खाद्य सुरक्षा, औषधीय संसाधनों तथा मानव जीवन के लिए अत्यंत महत्वपूर्ण है। इसके बावजूद मानव गतिविधियों के कारण अनेक पादप प्रजातियों की आबादी

निरंतर घट रही है। आवासों का विनाश एवं विखंडन, कृषि विस्तार, शहरीकरण, खनन, वनों की कटाई, अत्यधिक औषधीय एवं वाणिज्यिक दोहन तथा जलवायु परिवर्तन लुप्तप्राय पौधों के लिए गंभीर खतरे उत्पन्न कर रहे हैं।

छोटी और अलग-थलग आबादियाँ आनुवंशिक बहाव (genetic drift), अंतःप्रजनन (inbreeding) और जीन प्रवाह में कमी के प्रति अधिक संवेदनशील हो सकती हैं। इससे आनुवंशिक विविधता में कमी और अनुकूलन क्षमता के ह्रास का खतरा उत्पन्न होता है। छोटे पौधों के समूहों में genetic drift, inbreeding तथा gene flow संरक्षण के लिए महत्वपूर्ण आनुवंशिक प्रक्रियाएँ हैं।

परंपरागत संरक्षण आनुवंशिकी मुख्यतः सीमित संख्या के molecular markers पर निर्भर थी। आधुनिक जनसंख्या जीनोमिक्स हजारों SNPs तथा genome-wide markers के माध्यम से कहीं अधिक व्यापक जानकारी उपलब्ध कराती है। इससे किसी प्रजाति के भीतर और विभिन्न आबादियों के बीच आनुवंशिक विविधता तथा विभेदीकरण का अधिक विश्वसनीय अनुमान लगाया जा सकता है।

2. अध्ययन के उद्देश्य :-

इस समीक्षा के प्रमुख उद्देश्य निम्नलिखित हैं —

1. लुप्तप्राय पौधों में जनसंख्या जीनोमिक्स की अवधारणा को स्पष्ट करना।
2. आनुवंशिक विविधता के संरक्षण में जीनोमिक तकनीकों की भूमिका का अध्ययन करना।
3. NGS, WGS और SNP आधारित तकनीकों के उपयोग का विश्लेषण करना।
4. जनसंख्या संरचना एवं gene flow के संरक्षणात्मक महत्व को समझना।
5. प्रभावी जनसंख्या आकार तथा demographic history के आकलन का अध्ययन करना।
6. inbreeding एवं deleterious mutations की पहचान में genomics की भूमिका स्पष्ट करना।
7. जलवायु परिवर्तन के संदर्भ में local adaptation तथा adaptive variation का अध्ययन करना।
8. in situ एवं ex situ संरक्षण के लिए genomic information के उपयोग का मूल्यांकन करना।
9. भविष्य की conservation genomics रणनीतियों के लिए संभावनाओं एवं चुनौतियों की पहचान करना।

3. जनसंख्या जीनोमिक्स की अवधारणा :-

जनसंख्या जीनोमिक्स, जनसंख्या आनुवंशिकी का विस्तृत रूप है जिसमें किसी प्रजाति की अनेक आबादियों में पूरे genome या genome के बड़े भाग में मौजूद आनुवंशिक variation का अध्ययन किया जाता है।

इसका मुख्य उद्देश्य यह समझना है कि—

- आनुवंशिक विविधता कहाँ और कितनी है;
- कौन-सी आबादियाँ आनुवंशिक रूप से अलग हैं;
- विभिन्न आबादियों के बीच gene flow कितना है;
- population size समय के साथ कैसे बदला;
- कौन-से genomic regions environmental adaptation से संबंधित हैं;
- किन आबादियों में inbreeding का स्तर अधिक है।

Genome-scale data के कारण conservation researchers अब effective population size, migration rate, demographic history और adaptive variation जैसे parameters का अधिक सटीक अध्ययन कर सकते हैं।

4. लुप्तप्राय पौधों के लिए प्रमुख आनुवंशिक संकट

4.1 आनुवंशिक विविधता में कमी:-

छोटी आबादियों में genetic drift के कारण alleles के खोने की संभावना बढ़ जाती है। Genetic diversity में कमी होने पर भविष्य में बदलते पर्यावरण के प्रति अनुकूलन क्षमता प्रभावित हो सकती है।

हालाँकि यह मान लेना उचित नहीं है कि प्रत्येक endangered species में genetic diversity बहुत कम ही होगी। 2024 की एक वैश्विक synthesis में पाया गया कि endangered plants हमेशा low genetic diversity तक सीमित नहीं होते; हाल की population declines के बावजूद कुछ प्रजातियाँ पर्याप्त आनुवंशिक variation बनाए रख सकती हैं।

4.2 Genetic Drift :-

जब किसी आबादी का effective size छोटा होता है, तो संयोग के कारण allele frequencies तेजी से बदल सकती हैं। दीर्घकाल में इससे दुर्लभ alleles के विलुप्त होने की संभावना बढ़ जाती है।

4.3 Inbreeding :-

छोटी और isolated populations में निकट संबंधी व्यक्तियों के बीच प्रजनन की संभावना बढ़ सकती है। इससे homozygosity बढ़ती है और recessive deleterious alleles के व्यक्त होने का खतरा बढ़ सकता है।

4.4 Gene Flow में कमी :-

Habitat fragmentation के कारण populations के बीच pollen और seed dispersal कम हो सकता है। इससे genetic isolation बढ़ती है।

4.5 Deleterious Mutations :-

कुछ लुप्तप्राय आबादियों में harmful mutations का accumulation दीर्घकालीन fitness के लिए समस्या बन सकता है। आधुनिक genomic sequencing ऐसे variants की पहचान करने में सहायता कर सकती है।

5. जनसंख्या जीनोमिक्स में प्रयुक्त प्रमुख तकनीकें :-

5.1 Next-Generation Sequencing :-

NGS ने कम लागत और बड़े पैमाने पर DNA sequencing को संभव बनाया है। इसके माध्यम से बड़ी संख्या में samples से genome-wide genetic markers प्राप्त किए जा सकते हैं।

5.2 Whole Genome Sequencing :-

Whole Genome Sequencing द्वारा organism के लगभग संपूर्ण genome का अध्ययन किया जाता है। इससे neutral तथा potentially adaptive variation दोनों का अध्ययन संभव होता है।

5.3 SNP Analysis :-

Single Nucleotide Polymorphisms अत्यधिक संख्या में उपलब्ध genomic markers हैं। SNP-based analysis द्वारा population structure, genetic differentiation, gene flow और demographic history का अध्ययन किया जा सकता है।

5.4 Reduced Representation Sequencing :-

जब पूरे genome की sequencing महँगी या तकनीकी रूप से कठिन हो, तब RAD-seq तथा अन्य reduced-representation approaches के माध्यम से genome के चयनित भागों से हजारों markers प्राप्त किए जा सकते हैं।

5.5 Landscape Genomics :-

Landscape genomics genomic variation को environmental variables के साथ जोड़ती है। इससे यह पता लगाने में सहायता मिलती है कि कौन से-genetic variants तापमान, वर्षा, सूखा, ऊँचाई अथवा अन्य environmental conditions के अनुकूलन से संबंधित हो सकते हैं।

6. आनुवंशिक विविधता का मूल्यांकन:-

Conservation genomics का सबसे महत्वपूर्ण उपयोग genetic diversity का आकलन है।

प्रमुख parameters में शामिल हैं —

- nucleotide diversity;
- heterozygosity;
- allelic richness;
- private alleles;
- observed और expected heterozygosity;
- genetic differentiation;
- nucleotide polymorphism।

इन parameters से conservation managers यह निर्धारित कर सकते हैं कि कौन-सी populations आनुवंशिक रूप से अधिक विविध हैं और किन populations को तत्काल संरक्षण की आवश्यकता है।

7. Population Structure और Genetic Differentiation :-

लुप्तप्राय पौधों की विभिन्न populations भौगोलिक दूरी, ecological barriers और habitat fragmentation के कारण आनुवंशिक रूप से अलग हो सकती हैं।

Genomic data द्वारा populations को genetically distinct groups में विभाजित किया जा सकता है। इससे Conservation Units या Management Units की पहचान में सहायता मिलती है।

यदि दो populations अत्यधिक अलग हैं तो उन्हें अलग अलग-conservation units के रूप में प्रबंधित किया जा सकता है। इसके विपरीत, यदि populations के बीच पर्याप्त gene flow मौजूद है तो संरक्षण कार्यक्रम में उन्हें एक interconnected genetic system के रूप में देखा जा सकता है।

8. Gene Flow का संरक्षणात्मक महत्व :-

Gene flow genetic diversity बनाए रखने की महत्वपूर्ण प्रक्रिया है। Pollen और seed dispersal के माध्यम से एक population के alleles दूसरी population तक पहुँचते हैं।

Genomic analysis से gene flow की दिशा और मात्रा का अनुमान लगाया जा सकता है। यदि habitat fragmentation के कारण gene flow बहुत कम हो गया है, तो ecological corridors, habitat restoration अथवा वैज्ञानिक रूप से नियोजित genetic reinforcement पर विचार किया जा सकता है।

9. Effective Population Size :-

Census population size और effective population size समान नहीं होते। Effective population size (Ne) उस आनुवंशिक रूप से प्रभावी आबादी के आकार को दर्शाता है जो genetic drift की दर को प्रभावित करता है।

Genomic data का उपयोग Ne के अनुमान के लिए किया जा सकता है। बहुत कम Ne वाली populations में genetic drift और inbreeding का खतरा अधिक हो सकता है।

10. Demographic History का पुनर्निर्माण :-

Population genomics केवल वर्तमान स्थिति नहीं बताती बल्कि किसी population के अतीत का अनुमान लगाने में भी सहायता करती है।

Genomic data से निम्नलिखित घटनाओं का अध्ययन किया जा सकता है—

- historical population expansion;
- population bottleneck;
- long-term population decline;
- migration;
- population isolation;
- historical range expansion।

ऐसी जानकारी conservation planning में अत्यंत उपयोगी है क्योंकि किसी population की वर्तमान genetic स्थिति को उसके evolutionary history के संदर्भ में समझा जा सकता है। Threatened plants के लिए demographic history को conservation genomics में विशेष रूप से महत्वपूर्ण माना गया है।

11. Inbreeding और Runs of Homozygosity :-

Runs of Homozygosity (ROH) genomic regions के ऐसे लंबे segments हैं जिनमें दोनों chromosome copies समान ancestry से आई हो सकती हैं।

ROH analysis से population में recent अथवा historical inbreeding का अनुमान लगाया जा सकता है। लुप्तप्राय पौधों में ROH का अध्ययन यह निर्धारित करने में मदद कर सकता है कि कौन-सी populations या individuals genetic management के लिए प्राथमिकता के योग्य हैं।

12. Local Adaptation और Climate Change :-

जलवायु परिवर्तन भविष्य में पौधों की survival के लिए गंभीर चुनौती है। तापमान, वर्षा, सूखा, मिट्टी और अन्य environmental factors में परिवर्तन species distribution और reproductive success को प्रभावित कर सकते हैं।

Landscape genomics environmental variables और genomic variation के बीच संबंधों का अध्ययन करके local adaptation के संभावित संकेतक खोज सकती है। आधुनिक conservation research में evolutionary potential को बनाए रखना एक प्रमुख लक्ष्य माना जा रहा है।

इस जानकारी का उपयोग climate-resilient populations की पहचान और restoration planning में किया जा सकता है।

13. Conservation Units की पहचान :-

Genomic information का एक महत्वपूर्ण उपयोग Conservation Units की पहचान है।

इनमें प्रमुख रूप से —

1. Evolutionarily Significant Units (ESUs)
2. Management Units (MUs)
3. genetically distinct populations
4. locally adapted populations

शामिल हो सकते हैं यह वर्गीकरण conservation resources को प्राथमिकता के अनुसार वितरित करने में सहायता करता है।

14. In Situ Conservation में जनसंख्या जीनोमिक्स :-

In situ conservation का अर्थ है प्रजातियों को उनके प्राकृतिक habitat में संरक्षित करना।

Genomic information द्वारा —

- genetically diverse populations की पहचान;
- isolated populations का पता;
- gene flow barriers की पहचान;
- habitat corridors की योजना;
- genetically important individuals की पहचान;
- restoration sites का चयन किया जा सकता है।

इस प्रकार conservation genomics पारंपरिक protected-area approaches को genetic information के साथ जोड़ती है।

15. Ex Situ Conservation में जनसंख्या जीनोमिक्स :-

Ex situ conservation में seed banks, botanical gardens, tissue culture collections और living collections का उपयोग किया जाता है।

Genomic analysis यह सुनिश्चित करने में सहायता करती है कि ex situ collection में किसी species की पर्याप्त genetic diversity प्रतिनिधित्वित हो।

यदि seed bank में अधिकांश samples एक ही genetic lineage से हैं, तो पूरी species की genetic diversity संरक्षित नहीं हो सकती। इसलिए sampling strategy में genomic information महत्वपूर्ण है।

16. Restoration और Reintroduction :-

जब किसी endangered plant को उसके प्राकृतिक habitat में पुनः स्थापित किया जाता है, तब source population का चयन अत्यंत महत्वपूर्ण होता है। Genomic analysis से यह पता लगाया जा सकता है कि —

- कौन-से individuals genetically diverse हैं;
- किन populations को source के रूप में उपयोग करना चाहिए;
- क्या source और recipient populations genetically compatible हैं;
- क्या excessive hybridization का खतरा है।

इस प्रकार genetic information reintroduction programs की सफलता बढ़ा सकती है।

17. Hybridization और Introgression :-

कभी-कभी endangered species का निकट संबंधी species के साथ hybridization हो सकता है। यह कुछ परिस्थितियों में genetic diversity बढ़ा सकता है, लेकिन दूसरी परिस्थितियों में original genetic identity को खतरा पहुँचा सकता है।

Genome-wide markers hybrid individuals तथा introgressed regions की पहचान में सहायता कर सकते हैं। इसलिए conservation managers को hybridization को हमेशा सकारात्मक या नकारात्मक मानने के बजाय species-specific evidence के आधार पर निर्णय लेना चाहिए।

18. Genome Editing की संभावनाएँ :-

Genome editing, विशेषकर CRISPR आधारित approaches, भविष्य में conservation biology में संभावित भूमिका निभा सकती हैं। 2024 की समीक्षा में endangered plants के संदर्भ में climate change, pathogens और pests जैसी चुनौतियों से निपटने में genome editing की संभावनाओं पर चर्चा की गई है।

हालाँकि यह तकनीक अभी अधिकांश conservation applications में प्रारंभिक अवस्था में है और इसके ecological, ethical, technical तथा regulatory प्रश्नों पर गंभीर विचार आवश्यक है।

इसलिए वर्तमान समय में genome editing को conventional conservation का विकल्प नहीं बल्कि संभावित future tool माना जाना चाहिए।

19. जनसंख्या जीनोमिक्स और पारंपरिक संरक्षण विधियों का एकीकरण :-

केवल genomic data के आधार पर conservation decisions लेना पर्याप्त नहीं है।

एक प्रभावी conservation framework में निम्नलिखित को एकीकृत किया जाना चाहिए —

Genomic data + Ecological data + Demographic data + Geographic data + Phenotypic data Landscape genomics पर आधुनिक समीक्षा भी यह बताती है कि genomic approaches को established population-genetic तथा ecological approaches के साथ मिलाकर उपयोग करना अधिक प्रभावी है।

20. प्रमुख चुनौतियाँ

20.1 उच्च लागत

Whole genome sequencing और downstream bioinformatics अभी भी कई endangered plants के लिए महँगी हो सकती है।

20.2 Reference Genome की कमी :-

बहुत-सी threatened plant species के लिए उच्च गुणवत्ता वाले reference genomes उपलब्ध नहीं हैं। Plant conservation genomics में reference genome gaps अभी भी एक महत्वपूर्ण समस्या हैं।

20.3 नमूना संग्रह की कठिनाई :-

अत्यंत दुर्लभ species से पर्याप्त samples प्राप्त करना कठिन हो सकता है।

20.4 Bioinformatics विशेषज्ञता :-

Genome-wide datasets अत्यधिक बड़े होते हैं और इनके analysis के लिए computational expertise आवश्यक है।

20.5 Genetic Data की गलत व्याख्या :-

High genetic diversity का अर्थ हमेशा high conservation priority या high fitness नहीं होता। इसी प्रकार low genetic diversity का अर्थ स्वतः extinction का निकट खतरा नहीं है।

20.6 Ethical और Regulatory Issues :-

Genome editing तथा genetic manipulation जैसी technologies के प्रयोग में ecological risks और regulatory frameworks का ध्यान रखना आवश्यक है।

21. भविष्य की संभावनाएँ :-

आने वाले वर्षों में endangered plant conservation में निम्न क्षेत्रों का महत्व बढ़ने की संभावना है —

1. Pan-genomics
2. Long-read sequencing
3. Single-cell genomics
4. Landscape genomics
5. Environmental DNA
6. AI-assisted genomic analysis
7. Ancient DNA और historical herbarium genomics
8. Genomic-assisted restoration
9. Climate-adaptive conservation
10. Genome editing
11. Integrated seed-bank genomics
12. Genomic monitoring

Global biodiversity policy में genetic diversity को species की adaptive potential से जोड़कर देखना increasingly महत्वपूर्ण हो रहा है।

22. भारत के संदर्भ में महत्व :-

भारत जैव-विविधता की दृष्टि से अत्यंत समृद्ध देश है। हिमालय, पश्चिमी घाट, पूर्वोत्तर भारत, अंडमान-निकोबार तथा मध्य भारत में अनेक endemic और threatened plant species पाई जाती हैं।

भारत में population genomics के माध्यम से विशेष रूप से निम्न क्षेत्रों में research की जा सकती है—

- औषधीय पौधों की genetic diversity;
- endemic medicinal plants;
- forest tree species;
- orchids;
- rare herbs;
- threatened Himalayan plants;
- Western Ghats endemic species;
- मध्य भारत की दुर्लभ वनस्पतियाँ।

मध्य प्रदेश जैसे राज्य में भी वनस्पति जैव-विविधता, medicinal plants तथा forest-dependent species पर population genomic studies conservation planning के लिए महत्वपूर्ण हो सकती हैं।

24. निष्कर्ष :-

लुप्तप्राय पौधों का संरक्षण केवल उनकी संख्या बढ़ाने तक सीमित नहीं होना चाहिए। दीर्घकालीन संरक्षण के लिए genetic diversity, evolutionary potential और adaptive capacity को सुरक्षित रखना आवश्यक है। Population genomics ने endangered plants के अध्ययन में एक महत्वपूर्ण परिवर्तन उत्पन्न किया है। NGS, WGS और SNP-based approaches के माध्यम से अब genetic diversity, population structure, gene flow, effective population size, demographic history, inbreeding और local adaptation का genome-wide स्तर पर अध्ययन किया जा सकता है।

आधुनिक शोध यह भी दर्शाता है कि endangered plants में genetic diversity का स्तर प्रजाति-दर-प्रजाति भिन्न हो सकता है; इसलिए केवल population size के आधार पर conservation priority तय करना पर्याप्त नहीं है।

भविष्य में conservation genomics को ecological monitoring, remote sensing, climate modelling, seed banking, habitat restoration तथा demographic studies के साथ एकीकृत करना अधिक प्रभावी संरक्षण रणनीतियों के विकास में महत्वपूर्ण भूमिका निभाएगा।

अतः जनसंख्या जीनोमिक्स को **"संकटग्रस्त प्रजातियों के आनुवंशिक स्वास्थ्य की पहचान से लेकर वैज्ञानिक संरक्षण एवं पुनर्स्थापन तक"** एक शक्तिशाली आधुनिक उपकरण के रूप में देखा जा सकता है।

25. संदर्भ सूची (Selected References) :-

1. Allendorf, F. W., Hohenlohe, P. A., & Luikart, G. (2010). Genomics and the future of conservation genetics. *Nature Reviews Genetics, 11*, 697–709.
2. Aitken, S. N., Jordan, R., & Tumas, H. R. (2024). Conserving evolutionary potential: Combining landscape genomics with established methods to inform plant conservation. *Annual Review of Plant Biology, 75*, 707–736.
3. Ellstrand, N. C., & Elam, D. R. (1993). Population genetic consequences of small population size: Implications for plant conservation. *Annual Review of Ecology and Systematics, 24*, 217–242.
4. Hogg, C. J. (2024). Translating genomic advances into biodiversity conservation. *Nature Reviews Genetics, 25*, 362–373.
5. Khan, S. et al. (2016). Overview on the role of advance genomics in conservation biology of endangered species. *International Journal of Genomics*.
6. Ma, Q., Wu, G., Li, W., Yuzuak, S., Guan, F., & Lu, Y. (2023). Research advances and perspectives of conservation genomics of endangered plants. *IntechOpen*.
7. Schneider, H. et al. (2023). Integrating genomics and conservation to safeguard plant diversity. *Integrative Conservation*.
8. Supple, M. A., & Shapiro, B. (2018). Conservation of biodiversity in the genomics era. *Genome Biology, 19*, 131.
9. Yin, K., Chung, M. Y., Lan, B., Du, F. K., et al. (2024). Plant conservation in the age of genome editing: Opportunities and challenges. *Genome Biology, 25*, 279.
10. *A global synthesis of the patterns of genetic diversity in endangered and invasive plants* (2024). *Biological Conservation, 291*, 110473.