

भारतीय लोगों में जिनेटिक विविधता

डॉ. डी. बालसुब्रमण्यन

मानव जीनोम प्रोजेक्ट इस साल बीस वर्ष का हो गया है। प्रोजेक्ट की बैठक सितंबर के आखरी दिनों में हैदराबाद में आयोजित की गई थी। इस मानव जीनोम बैठक (एच.जी.एम. 2008) का आयोजन दिल्ली के समीर ब्रह्मचारी, हैदराबाद के लालजी सिंह और कोलकाता के पार्थ मजूमदार ने किया था। इसमें 44 देशों के 1000 से ज़्यादा वैज्ञानिकों ने शिरकत की और मानव जीनोम के क्षेत्र में हुई ताज़ा प्रगति का जायज़ा लिया।

अपने प्रमुख व्याख्यान के ज़रिए डॉ. चार्ल्स कैंटर ने पूरी बैठक का मिज़ाज तय कर दिया। उन्होंने कहा कि जीनोम ज़खला पता करने की लागत काफी कम हो गई है। उनका विचार था कि अगले एक दशक में पूरे मानव जीनोम की ज़खला पता करने का काम चंद हज़ार रुपए में करना संभव हो जाएगा। लागतों का एक एहसास पाने के लिए, ज़रा यह सोचिए कि पांच साल पहले इसी काम की लागत 12,000 करोड़ रुपए थी। खैर।

उपरोक्त तीन भारतीय वैज्ञानिकों ने 2003 में एक प्रोजेक्ट तैयार किया था, जिसका नाम था इण्डियन जीनोम वेरिएशन (भारतीय जीनोम में विविधता)। इस प्रोजेक्ट का लक्ष्य यह था कि पूरे देश के विभिन्न जनजातीय तथा भाषाई समूहों से करीब 1,000 स्वास्थ्य समस्याओं व रोगों से सम्बंधित 4,000 जिनेटिक मार्कर्स की जानकारी एकत्रित की जाए। भारतीय जीनोम विविधता का डेटा बेस आंशिक रूप से एच.जी.एम. 2008 में प्रस्तुत किया गया। भारत की विशाल आबादी में जिनेटिक विविधता का अध्ययन करके उम्मीद है कि स्वास्थ्य व तंदुरुस्ती से सम्बंधित कई सवालों के जवाब मिल सकेंगे। जैसे क्या आबादी में ऐसे समूह हैं जो स्वास्थ्य सम्बंधी कुछ स्थितियों के प्रति पूर्व-प्रवृत्त होते हैं। क्या पूरे देश में सब लोगों को एक ही उपचार दिया जा सकता है या समूह-आधारित निर्णय करने की ज़रूरत है?

इन समूहों के भीतर जिनेटिक अंतरों की प्रकृति व परिमाण क्या हैं? ये सवाल भारत के संदर्भ में महत्वपूर्ण हैं जहां लोग भाषा, धर्म और सामाजिक रीति रिवाज़ों के आधार पर शादी करके परिवार व समुदाय बसाते हैं। भारतीय जिनेटिक विविधता डेटा बेस में कोशिश है कि देश का एक स्वास्थ्य मानचित्र बने जिसमें डी.एन.ए. आधारित चिन्हों का उपयोग किया जाए।

स्वास्थ्य सम्बंधी कई स्थितियां एक अकेले जीन पर निर्भर होती हैं। उस जीन की डी.एन.ए. ज़खला का पता लगाकर उसमें त्रुटियों ढूंढकर हमें उस स्थिति का कारण समझने में मदद मिलती है। मगर स्वास्थ्य की कई स्थितियां एक से अधिक जीन्स पर निर्भर करती हैं और ये काफी पेचीदा होती हैं। कई जीन्स की ज़खला पता करना मुश्किल काम होता है। मगर इसे लिए एक शॉर्टकट है।

किन्हीं भी दो असम्बंधित व्यक्तियों में गुणसूत्रों पर डी.एन.ए. की 99.5 प्रतिशत ज़खला एक-सी होती है। मगर हो सकता है कि इसमें किसी स्थान पर एक व्यक्ति में अक्षर 'ए' हो जबकि दूसरे में 'सी'। ऐसे प्रत्येक स्थान को एस.एन.पी. (एकल क्षार बहुरूपता) कहते हैं। हर ऐसे स्थान पर दो संभावनाएं होती हैं। दोनों तरह की ज़खलाओं को एलील कहते हैं।

किसी भी गुणसूत्र पर एलील की एक ज़खला को हैप्लोटाइप कहते हैं। अर्थात जब निकट के एस.एन.पी. जो साथ-साथ हस्तांतरित होते हैं, तो ये एक हैप्लोटाइप हैं। तो जब हम व्यक्तियों या समूहों के बीच एस.एन.पी. में विविधता का विश्लेषण करते हैं, तो हमें उनकी जिनेटिक पूर्व-प्रवृत्ति का अंदाज़ लगता है। आबादियों के बीच हैप्लोटाइप्स की साझेदारी होती है मगर उनके पाए जाने की आवृत्ति में बहुत अंतर होते हैं। अतः हैप्लोटाइप मानचित्रण किसी भी समूह के अध्ययन का एक कारगर व उपयोगी तरीका है।

और इसके लिए चुने हुए गुणसूत्रों पर डी.एन.ए. जंखला पता लगाई जाती है और चुने हुए जीन्स के आसपास का एस.एन.पी. विश्लेषण किया जाता है। इसके बाद सांख्यिकीय विश्लेषण की मदद से पूरे समुदाय में हैप्लोटाइप विविधता का वर्गीकरण किया जाता है।

भारतीय जीनोम विविधता प्रोजेक्ट ने देश भर से करीब 2000 लोगों का चयन किया था। इनका चयन 6 अलग-अलग भौगोलिक क्षेत्रों में रहने वाले विभिन्न सामाजिक-सांस्कृतिक तबकों में विभिन्न जनजातीय व भाषाई समूहों में से किया गया था। इस तरह से उन्हें 55 प्रतिनिधि आबादियों के समूह मिले।

फिर उन्होंने सारे गुणसूत्रों पर फैले 75 जीन्स और गुणसूत्र क्रमांक 22 पर स्थित 52 लाख क्षार लंबे खंड का विश्लेषण किया। इस खंड में 49 जीन्स पाए जाते हैं। इस तरह से वे इन 55 आबादियों में 409 एस.एन.पी. की प्रकृति व विविधता का अध्ययन कर पाए।

इस डेटा बेस का उपयोग कैसे होगा? यह डेटा बेस भारत की जिनेटिक जनगणना की कोशिश है। इससे हमें स्वास्थ्य सम्बंधी सवालों के उत्तर मिलने की उम्मीद है। ये उत्तर पहले से कहीं अधिक भरोसेमंद व यकीनी होने की भी उम्मीद है। इसके बारे में और जानने के लिए यह वेबसाइट देख सकते हैं: www.igvdb.res.in (स्रोत फीचर्स)