

विकासात्मक आनुवंशिकी

इकाई की रूपरेखा

12.1 प्रस्तावना	जातिवृत्त का पता लगाने के लिए माइटोकॉन्ड्रियाई DNA
अपेक्षित अध्ययन परिणाम	
12.2 जैविक विकास	12.6 जीनोम विकास
12.3 आण्विक विकास	12.7 लक्षणप्ररूपी विकास
न्यूक्लीओटाइड और ऐमीनो अम्ल अनुक्रमों का विश्लेषण	12.8 जातिउद्भवन
आण्विक विकास की दरें	विस्थानिक जातिउद्भवन
न्यूक्लीओटाइड अनुक्रम और प्रोटीन संरचना में विभिन्नताएं	समस्थानिक जातिउद्भवन
आण्विक विकास का उदासीन सिद्धान्त	परास्थानिक जातिउद्भवन
12.4 समजात अनुक्रम	12.9 सारांश
12.5 आण्विक जातिवृत्त	12.10 पाठांत प्रश्न
	12.11 उत्तर
	12.12 अन्य अध्ययन पुस्तकें

12.1 प्रस्तावना

पिछली इकाई में आपने हार्डी वीनबर्ग नियम के विषय में पढ़ा था, जो समष्टि जनसंख्या आनुवंशिकी का मौलिक नियम है। यह एलील और जीनप्ररूप आवृत्तियों के बीच मात्रात्मक संबंध प्रदान करता है। इस इकाई में लैंगिक जनन करने वाले जीवों की समष्टि में एलील आवृत्तियों में परिवर्तन के लिए जिम्मेदार विकासात्मक बलों के विषय में बताया गया है।

इस इकाई में हम यह जानेंगे कि किस प्रकार इन बलों से जातिउद्भवन (speciation) और वर्गकों (taxa) का विकासात्मक हुआ है। मुख्य अन्तर समय कालक्रम है जिसमें ये

प्रचालन करते हैं और कारकों जैसे कि उत्परिवर्तन का है, जो जनन द्वारा संबधित समष्टियों (populations) में सूक्ष्मविकास की तुलना में महत्वपूर्ण बन गया है। विशेष महत्व आण्विक स्तरों पर (DNA और प्रोटीन) भिन्नताओं का विश्लेषण करने और जातिवृत्तीय वृक्षों तथा जातिउद्भवन की रचना पर दिया जाएगा।

अपेक्षित अध्ययन परिणाम

इस इकाई को पढ़ने के पश्चात् आपको निम्न में सक्षम होना चाहिए:

- ❖ जैविक विकास का वर्णन कर सकेंगे और इसके समर्थन में प्रमाणों को दे सकेंगे;
- ❖ न्यूक्लीक अम्लों और प्रोटीनों में क्रमशः न्यूक्लीओटिडों और ऐमीनों अम्ल अनुक्रमों के स्तर पर विकास की व्याख्या कर सकेंगे;
- ❖ समजात् अनुक्रमों और उनके प्रकारों को परिभाषित कर सकेंगे;
- ❖ मूलबद्ध (rooted) और अमूलबद्ध जातिवृत्तीय वृक्षों के बीच अन्तर कर सकेंगे और विकासात्मक जातिवृत्तियों की रचना कैसे की जाती है, इसका वर्णन कर सकेंगे;
- ❖ जातिउद्भवन को परिभाषित कर सकेंगे और जातिउद्भवन के प्रकारों का वर्णन कर सकेंगे।

12.2 जैविक विकास

विकास के महत्व को काफी पहले प्रकृति विज्ञानियों और जीवविज्ञानियों द्वारा पहचाना गया। विकासात्मक आनुवंशिकी के एक अग्रणी टी. डोबज़ेन्सकी (T. Dobzhansky) द्वारा ये उचित रूप से संक्षेप में कहा गया है "जीवविज्ञान में किसी का भी कोई अर्थ नहीं है, यदि उसे विकास की दृष्टि से नहीं देखा जाता है।" हम सबने विकास होते हुए देखा है जैसे कि DDT के लिए कीट प्रतिरोधकता, प्रतिकर्षियों (repellents) के लिए मच्छरों की या एन्टीबायोटिक्स के लिए सूक्ष्मजीवों की प्रतिरोधकता। इन सभी जीवों का अल्प जनन काल होता और ये सभी बड़ी संख्या में संततियां उत्पन्न करते हैं (उच्च जनक्षमता)। इसको जीवाश्म रिकॉर्ड/अभिलेखों, तुलनात्मक शरीर और भ्रूणविज्ञान, जैवरासायानिक विश्लेषण और न्यूक्लीक अम्लों तथा प्रोटीनों के जीवित और जीवाश्मीकृत (DNA अनुक्रमण) नमूनों के अनुक्रमणों से भी काफी समर्थन मिला है।

जैविक विकास एक समान जीन पूल (gene pool) वाले जीवों के समूह में होने वाले आनुवंशिक परिवर्तनों द्वारा होता है। सामान्य रूप से प्राकृतिक समष्टियों (populations) में उच्च स्तर की आनुवंशिक भिन्नता पाई जाती है। आपने पिछली इकाई में पढ़ा है कि स्वतः होने वाले यादृच्छिक उत्परिवर्तन विद्यमान जीन पूल में नई आनुवंशिक भिन्नता का स्रोत होता है। ये नए एलील पुनः पुनर्योग करके अतिरिक्त संयोजन उत्पन्न कर सकते हैं। इसके अतिरिक्त आनुवंशिक परिवर्तों (genetic variants) की आवृत्ति उनका विकास होने पर परिवर्तित हो जाती है क्योंकि विभिन्न विकासात्मक बल उन पर क्रिया कर रहे होते हैं। इसका नेट परिणाम जीन पूल में परिवर्तन है क्योंकि कुछ एलीलों की आवृत्ति बढ़ या घट सकती है जबकि अन्य लुप्त हो सकते हैं। विकासात्मक परिवर्तनों का पता लगाने के लिए विभिन्न कसौटियों पर इनका विश्लेषण किया जाता है।

12.3 आण्विक विकास

आण्विक विकास (molecular evolution) विकासात्मक जीवविज्ञान का क्षेत्र है जिसका संबंध मुख्य कोशिकीय वृहदाणुओं (DNA, RNA और प्रोटीन्स) के अनुक्रम में पीढ़ियों में होने वाले और जातियों तथा उच्चतर वर्गों के बीच होने वाले परिवर्तनों से है। यह आण्विक स्तर पर विकासात्मक परिवर्तन से जुड़े पैटर्नों और प्रक्रियाओं की पहचान करने का प्रयास करता है। ये परिवर्तन लक्षणप्ररूपी रूप से उदासीन हो सकते हैं अथवा ये विकास से सहसंबन्धित लक्षणप्ररूपी परिवर्तनों (आनुवंशिकी परिवर्तनों) को आरंभ/ट्रिगर कर सकते हैं। समष्टि आनुवंशिकी के सिद्धान्तों का उपयोग परिवर्तन की दरों का निर्धारण करने और प्राकृतिक समष्टियों में आण्विक स्तर पर भिन्नता का प्रमात्रीकरण करने के लिए किया जाता है।

आण्विक विकास के क्षेत्र ने जीवों के विकासात्मक इतिहास की हमारी समझ को अत्यधिक बढ़ाया है। यह प्राथमिक रूप से प्रोटीनों और न्यूक्लीक अम्लों के लिए अनुक्रमण तकनीकों; PCR द्वारा DNA के प्रवर्धन, माइक्रोसेटलाइट भिन्नताओं और एकल न्यूक्लीओटाइड बहुरूपता (single nucleotide polymorphism; SNP) में उन्नति से व्यावहारिक रूप से हुआ है। अब जबकि बड़ी संख्या में जीनोम और प्रोटीनों का अनुक्रमण हो चुका है (सरलतम से लेकर सबसे उन्नत जीवों तक के), इससे शोधकर्ताओं के लिए उनकी तुलना करना, विकासात्मक प्रक्रियाओं की गतिकी को समझना और आण्विक स्तर पर परिवर्तनों के अनुक्रम की पुनर्रचना करना संभव हो गया है। यह सब भंडारित अनुक्रमों (डाटाबेसों) की पब्लिक डोमेन में उपलब्धता के कारण और उपयोगी जानकारी तक पहुंचने और उसे प्राप्त करने के लिए उन्नत साधनों के सतत विकास से संभव हुआ है।

मूलरूप से आण्विक विकास का अध्ययन समझाता है कि प्रोटीन और DNA अणुओं का विकास किस प्रकार हुआ है और किस प्रकार जीन और जीव विकास के संदर्भ में संबंधित है। प्रोटीनों और न्यूक्लीक अम्लों के क्रम यथार्थ और प्रमात्रीकरण योग्य होते हैं। आण्विक आंकड़ों का प्रयोग सभी जीवों का विश्लेषण और उनकी तुलना के लिए किया जा सकता है। इसके विपरीत लक्षणप्ररूपी तुलनाएं विशेषरूप से दूरस्थ जीवों के लिए उपयुक्त नहीं होती है। DNA और प्रोटीन अनुक्रम भिन्नताओं की आनुवंशिकता के सामान्य नियमों के द्वारा व्याख्या की जा सकती है।

12.3.1 न्यूक्लीओटाइड और ऐमीनो अम्ल अनुक्रमों का विश्लेषण

विकास के अध्ययन में न्यूक्लीक अम्ल और प्रोटीन जैसे जैविक अनुक्रमों की तुलना की जाती है। अनुक्रम विश्लेषण अध्ययन में जैविक अनुक्रमों की तुलना, उनका संरेखण, सूची बनाना और विश्लेषण किया जाता है। ये सभी उन्नत बायोइन्फोर्मेटिक (bioinformatic) साधनों के समकालिक विकास पर अत्यधिक निर्भर करते हैं।

अनुक्रम संरेखण (sequence alignment) इस तर्क पर आधारित है कि सभी सजीव विकास द्वारा जुड़े हैं। इसका अर्थ है कि जो प्रजातियां विकास में एकदूसरे के अधिक नजदीक रही हैं, उनके न्यूक्लीओटाइड (DNA और RNA) और प्रोटीन अनुक्रमों के अधिक समानता प्रदर्शित करने की आशा की जाती है। संरेखण (alignment) अनुक्रमों

को एक रेखीय क्रम में व्यवस्थित करने की प्रक्रिया है जिससे अधिकतम पहचान स्तर पर पहुंचा जा सके, जो अनुक्रमों के बीच समानता के स्तर को भी बताता है। दो अनुक्रम समजात् (homologous) होते हैं, यदि उनके पूर्वज समान होते हैं।

विकासात्मक आनुवंशिकी में, अनुक्रम विश्लेषण द्वारा अनेक प्रश्नों के उत्तर प्राप्त करने में सहायता मिलती है, जिनमें शामिल हैं :

1. अनुक्रमों की तुलना समानता का पता लगाने के लिए की जाती है। प्रायः ये जानने के लिए कि क्या वे संबन्धित (समजात्) है। श्रेष्ठ संरेखण दो या अधिक अनुक्रमों के बीच वास्तविक संबन्ध को प्रदर्शित करता है।
2. इसका निर्धारण करता है कि किस प्रकार नए कार्यों वाले अणु उत्पन्न होते हैं।
3. अनुक्रम की आंतर विशेषताओं जैसे सक्रिय स्थलों, अनुलेखन/ट्रांसलेशन पश्चात् रूपांतरण स्थलों, जीन संरचनाओं, वाचन प्राधार/रीडिंग फ्रेमों, इंद्रों और एक्सॉनों तथा नियंत्रक तत्वों के वितरणों की पहचान करती है।
4. अनुक्रम अन्तरों और विभिन्नताओं जैसे बिंदु उत्परिवर्तनों तथा एकल न्यूक्लीओटाइड बहुरूपता (single nucleotide polymorphism; SNP) की पहचान जो विश्वसनीय आनुवंशिक मार्कर्स (चिन्हक) है।
5. जातिउद्भवन (speciation) के आनुवंशिक आधार को समझने के लिए अणुओं और जीवों के जातिवृत्तीय संबन्धों को स्थापित करना।
6. जातिवृत्तीय (phylogenetic) रूप से असमान जीवों जैसे यीस्ट और मनुष्यों के बीच अनुक्रमों की आनुवंशिक विभिन्नता और विकास का पता लगाना।
7. सिर्फ अनुक्रम से ही आण्विक संरचना की पहचान करना।

12.3.2 आण्विक विकास की दरें

जीवों के किसी जोड़े के लिए न्यूक्लीओटाइड प्रतिस्थापनों (substitutions) अथवा ऐमीनो अम्ल परिवर्तनों की संख्या जो दोनों अनुक्रमों में तब से हुई है जब उन्होंने आखिर में समान पूर्वज की साझेदारी की थी, आण्विक विकास के विश्लेषण का एक महत्वपूर्ण पहलू होता है। परिकलनों को ये मानते हुए सरलीकृत किया जाता है कि प्रतिस्थापन दोनों अनुक्रमों में समकालिक और स्वतंत्र रूप से हुए हैं। प्रतिस्थापन की दर का परिकलन नीचे दिए गए सूत्र से किया जाता है :

$$r = K / (2T)$$

जहां, r प्रतिस्थापन की दर, K प्रति स्थल पर परिवर्तनों की संख्या और T अपसरण अवधि (divergence time) है जिसे 2 से गुणा किया गया है क्योंकि दो स्वतंत्र रूप से विकसित होने वाले समजात् अनुक्रम है।

आइए हम चूहों और मनुष्यों से α -ग्लोबिन पोलीपेप्टाइड के उदाहरण पर विचार करते हैं। दोनों वंशक्रम लगभग 8 करोड़ वर्ष पूर्व (million years ago; mya) अपसरित (diverged) हो गए थे। इन दोनों समूहों के लिए प्रति ऐमीनो अम्ल स्थल पर परिवर्तनों

की औसत संख्या श्रृंखला में 141 ऐमीनो अम्लों में से 16 है ($16/141 = 0.11$, संशोधित मान 0.12 है)। इस जानकारी से r का परिकलन किया जा सकता है।

$$(0.12/2 \times 80) = 0.00075$$

$$= 0.75 \times 10^{-3}/100000$$

$$= 0.75 \times 10^{-9} \text{ ऐमीनो अम्ल प्रतिस्थल/वर्ष परिवर्तित हुए हैं।}$$

12.3.3 न्यूक्लीओटाइड अनुक्रम और प्रोटीन संरचना में विभिन्नताएं

आइए अब हम न्यूक्लीक अम्लों और प्रोटीन अनुक्रमों की तुलना से प्राप्त हुए कुछ प्रमुख निष्कर्षों को साररूप में जानते हैं। विकास के दौरान न्यूक्लीक अम्लों (DNA और अनेक विषाणुओं में RNA) का चयन आनुवंशिक पदार्थ के रूप में हुआ और उसके अनुक्रमों और प्रोटीनों का विश्लेषण जो उसे कोड करते हैं, हमारी पूर्वजता (ancestry) का पता लगाने का श्रेष्ठ तरीका है।

अनेक जीनों के न्यूक्लीओटाइड अनुक्रमों की तुलना से पता चलता है कि जीनों के विभिन्न भागों का विकास (कोडिंग और नॉन-कोडिंग) भिन्न दरों से हुआ है। कोडिंग अनुक्रम में अधिकांश प्रतिस्थापन उत्परिवर्तन एक ही ऐमीनो अम्ल को (समानार्थी परिवर्तन) का कोडन करते हैं अथवा असमानार्थी ऐमीनो अम्ल परिवर्तनों को करते हैं जो कम घातक होते हैं क्योंकि प्रतिस्थापित होने वाला ऐमीनो अम्ल संरचनात्मक और क्रियात्मक रूप से कमोबेश एकजैसे होते हैं (संरक्षी परिवर्तन)। आनुवंशिक कूट/जेनेटिक कोड के अपह्वास (degeneracy) के कारण किसी कोडॉन के तीसरे स्थान के न्यूक्लीओटाइड पहले और दूसरे स्थान से अधिक तेज दर से विकसित होते हैं। औसत रूप से समानार्थी न्यूक्लीओटाइड परिवर्तन असमानार्थी परिवर्तनों से पांच गुना अधिक होता है। दूसरी तरफ सूडोजीन्स/कूटजीन (द्विगुणित जीन जो अब क्रियात्मक प्रोटीनों के लिए कूटलेखन नहीं करते हैं) कहीं उच्चतर दर से उत्परिवर्तनों को संचित करते हैं। ये तर्कसंगत प्रतीत होता है कि वृहदाणु आंशिक या पूर्ण रूप से क्रियात्मक सीमाओं के होने पर कहीं कम दर से विकसित हुए हैं।

वे न्यूक्लीओटाइड प्रतिस्थापन जो प्रोटीन के ऐमीनो अम्ल अनुक्रम को बदल देते हैं असमानार्थी (non synonymous) प्रतिस्थापन होते हैं जबकि जो ऐमीनो अम्ल अनुक्रम को परिवर्तित नहीं करते हैं वे समानार्थी प्रतिस्थापन कहलाते हैं।

12.3.4 आण्विक विकास का उदासीन सिद्धान्त

आण्विक विकास का उदासीन/न्यूट्रल सिद्धान्त (neutral theory of molecular evolution) प्राकृतिक समष्टियों में DNA और प्रोटीन अनुक्रमों में दिखाई देने वाली अपार विभिन्नता की व्याख्या करने का प्रयास करता है। इसको सबसे पहले 1968 में मूटू कीमूरा (Motoo Kimura) ने प्रस्तुत किया था। इस सिद्धान्त के अनुसार अधिकांश आण्विक भिन्नताएं उदासीन उत्परिवर्तनों के संचयन के कारण होती हैं जिनका लक्षणप्ररूप और सेहत पर न्यूनतम प्रभाव होता है। आण्विक अनुक्रमों का विकास उत्परिवर्तन शोधन करने वाले चयन और यादृच्छिक आनुवंशिक विचलन (genetic drift) करता है।

विकास होने के लिए उत्परिवर्तनों का होना अनिवार्य है, यद्यपि ये अल्प दर से होती हैं। स्वतः उत्परिवर्तन व्यापक रूप से यादृच्छिक प्रतिकृतियन त्रुटियों और DNA को होने

वाली क्षति के कारण होते हैं। इन दरों को DNA प्रतिकृतियन के समय प्रत्येक नए समावेशित न्यूक्लियोटाइड की प्रूफवाचन/प्रूफरीडिंग के लिए आनुवंशिक मशीनरी के विकास के और मरम्मत एन्जाइमों के अपव्यूहित संयोजन के कारण कम रखा जाता है।

उत्परिवर्तन लाभदायक, हानिकारक या उदासीन हो सकते हैं। लाभदायक उत्परिवर्तन समय के साथ प्रसारित होकर स्थिर हो जाते हैं जबकि हानिकारक उत्परिवर्तनों के शोधन चयन (purifying selection) द्वारा दूर हो जाने की पूरी संभावना रहती है। हानिकारक उत्परिवर्तनों के विपरीत लाभदायक उत्परिवर्तन सेहत/तंदरुस्ती को बेहतर बनाते हैं। यह DNA (और प्रोटीनों) के क्षेत्रों में उन विकासात्मक दरों की भिन्नता की व्याख्या करता है जो चयन द्वारा व्यवरोधित (constrained) होती हैं और वे जो व्यवरोधित या प्रतिबंधित नहीं होती हैं। ऐसे उत्परिवर्तन भी होते हैं जो तंदरुस्ती को प्रभावित नहीं करते हैं और वरणात्मक रूप से उदासीन होते हैं जैसे कि प्रोटीनों में संरक्षी ऐमीनो अम्ल परिवर्तन, कूटजीन/सूडोजीन में उत्परिवर्तन और कोडॉन के तीसरे स्थान पर परिवर्तन।

अधिकांश विकासात्मक परिवर्तन और प्रजाति के अंदर बहुरूपता प्राकृतिक चयन द्वारा नहीं बल्कि कुछ वरणात्मक रूप से उदासीन उत्परिवर्तनों के यादृच्छिक आनुवंशिक विचलन (random genetic drift) के कारण हुई है। समष्टि में इन उत्परिवर्तनों का स्थिरीकरण उदासीन उत्परिवर्तन दर के बराबर होता है जो समय के साथ भिन्न वंशक्रमों में लगभग स्थिर रहती है। सिद्धान्त में कहा गया है कि वरणात्मक रूप से उदासीन उत्परिवर्तनों का यादृच्छिक स्थिरीकरण (आनुवंशिक विचलन) लाभदायक उत्परिवर्तनों के चयन से अधिक होता है, यद्यपि ये इससे सहमत है कि डार्विन का चयन विकास के दौरान जाति में अनुकूली परिवर्तनों के लिए जिम्मेदार होता है।

बोध प्रश्न 1

सूडोजीन (कूटजीन) क्या होते हैं?

12.4 समजात् अनुक्रम

समजात् अनुक्रम ऐसे न्यूक्लीक अम्ल/प्रोटीन अनुक्रम होते हैं जो साझा पूर्वजता के कारण समान होते हैं। इनको आगे ऑर्थोलॉग, पैरालॉग और जीनोलॉग में वर्गीकृत किया गया है जो इस पर निर्भर करता है कि ये कैसे उत्पन्न हुए हैं।

जब DNA, RNA या प्रोटीन अनुक्रम समान होते हैं तो ये समजात् कहलाते हैं, यदि वे समान विकासात्मक पूर्वजता को साझा करते हैं। RNA, DNA और प्रोटीन में समजात्ता प्ररूपी रूप से क्रमशः उनके न्यूक्लीओटाइड या ऐमीनो अम्ल अनुक्रम समानता से प्राप्त होती है। समजात्ता एक गुणात्मक परिणाम है, जिसका अर्थ है कि समाजत्ता की कोई मात्रा/डिग्री नहीं होती और अनुक्रम या तो समजात् होते हैं अथवा नहीं होते हैं। काफी समानता इसका सशक्त प्रमाण है कि दो अनुक्रम समान पूर्वजी अनुक्रम से विकासात्मक परिवर्तनों के द्वारा संबन्धित है। महत्वपूर्ण रूप से समाजत्ता त्रिविम संरचनाओं में अधिक स्पष्ट रूप से दिखाई देती है, तब भी जब अनुक्रम समानता सांख्यिकीय रूप से महत्वपूर्ण नहीं होती है। सामान्य रूप से प्रोटीनों की तृतीयक संरचना प्राथमिक संरचना से अधिक संरक्षी होती है। उदाहरण के लिए पादपों और जंतुओं में ग्लोबिनों की तृतीयक संरचनाएं एक जैसी होती हैं, लेकिन बहुत कम अनुक्रम समानता दर्शाती है, विशेषरूप से α -ग्लोबिन और लेगहीमोग्लोबिन के बीच।

बहु अनुक्रमों के संरेखणों का उपयोग ये दर्शाने के लिए किया जाता है कि प्रत्येक अनुक्रम के कौन से क्षेत्र समजात हैं। तीन प्रकार के समजात अनुक्रम ज्ञात हैं ऑर्थोलॉग (orthologs), पैरालॉग्स (paralogs) और जीनोलॉग्स (xenologs)। ऑर्थोलॉग और पैरालॉग ऊर्ध्व स्थानांतरण (vertical transfer) द्वारा समान पूर्वज से संबन्धित होते हैं (उन पूर्वजों में आनुवंशिक परिवर्तन जो समान वंशक्रम के थे) जबकि जीनोलॉग क्षैतिज स्थानांतरण (horizontal transfer) के घटना द्वारा (भिन्न जातियों के बीच आनुवंशिक पदार्थ का विनिमय) व्युत्पन्न होते हैं।

ऑर्थोलॉग भिन्न प्रजातियों में समजात अनुक्रम हैं जो जातिउद्भवन के दौरान समान पूर्वज से उत्पन्न हुए हैं। ये माना जाता है कि इनके समान या मिलते जुलते जैविक कार्य होते हैं जैसे कि मानव और चूहे के मायोग्लोबिन, और मानव तथा गोवंश (bovine) के राइबोन्यूक्लीएस। ऑर्थोलॉग जाति उद्भवन के बाद परिवर्ती स्तरों पर अपसरण (divergence) दर्शाते हैं और इसलिए अपने पूर्वजों के कार्य को आवश्यक रूप से बनाए नहीं रख पाते हैं।

पैरालॉग ऐसे समजात अनुक्रम हैं जो एक ही जाति में जीन द्विगुणन से उत्पन्न होते हैं। उदाहरण के लिए, मानव एल्फा-1 ग्लोबिन, एल्फा-2 ग्लोबिन का पैरालॉग है और ये दोनों प्रोटीन 100% ऐमीनो अम्ल सर्वसमता साझा करते हैं। ये अनुक्रम सामान्यतः एकल प्रति के ऑर्थोलॉग से अधिक दर पर उत्परिवर्तनों को संचयित करके अधिक तेज दर से विकसित हुए हैं क्योंकि अनुक्रम को बनाए रखने का वरणात्मक दबाव कम होता है और एक ही क्रियात्मक जीन सामान्य कार्य करने के लिए पर्याप्त होता है।

द्विगुणित जीनों के विकास के भिन्न परिणाम हो सकते हैं। जीनों की अनेक प्रतियों से टेन्डम (ग्लोबिन जीन कुल) में व्यवस्थित बहुजीन कुल प्राप्त हो सकता है जो समान कार्य करते हैं लेकिन ये उच्च विशिष्ट/विकास से विशिष्ट चरणों में परिवर्तित नियंत्रकों/गतिकी गुणों के साथ अभिव्यक्त हो सकते हैं। जीन अनुक्रम में परिवर्तनों से अक्रियाशील कूट जीन भी बन सकते हैं या नए कार्य की प्राप्ति हो सकती है। गोवंशी एन्जियोजेनिन और राइबोन्यूक्लीएस एक ही प्रोटीन कुल के सदस्य हैं और बहुत संभावना है कि इनके पूर्वज भी समान हैं। भिन्न कार्यों वाले पैरालॉग्स का अन्य उदाहरण एक्टिन और हीटशॉक (तापआघात) प्रोटीन 70 का है। इनमें सिर्फ लगभग 15% अनुक्रम सर्वसमता होती है लेकिन इनकी 3D (त्रिविम संरचनाएं) समान होती हैं।

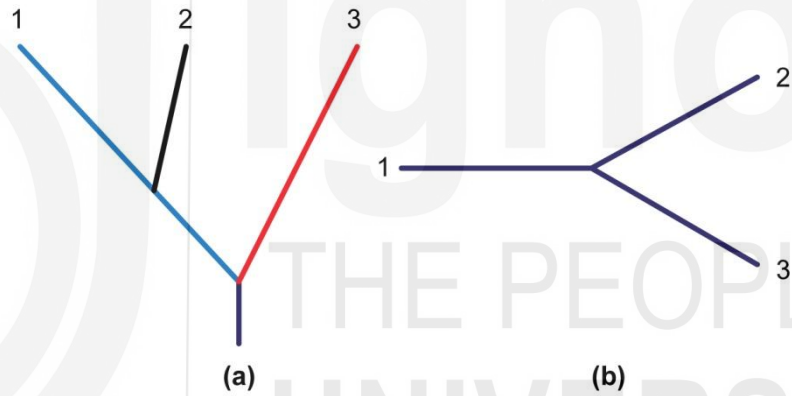
जीनोलॉग एक प्रकार के ऑर्थोलॉग हैं जिनमें भिन्न प्रजातियों में समजात अनुक्रम क्षैतिज (पार्श्व) जीन स्थानांतरण द्वारा अर्जित होते हैं। ये जीवाणुओं में काफी सामान्य हैं; जीवाणुओं से ससीमकेन्द्रकी जीवों और ससीमकेन्द्रकी जीवों के विभिन्न किंगडम/जगत् के बीच भी रिपोर्ट किया गया है। ये संभवतः विभिन्न कार्य करने के लिए विकसित हुए हैं।

अनुरूप (analogous) से अभिप्राय ऐसे जीन/प्रोटीन से है जो समजात नहीं हैं लेकिन उनके कार्य एक जैसे/मिलते जुलते होते हैं। ये अभिसारी विकास (convergent evolution) के उदाहरण हैं। पक्षियों, कीटों और चमगादड़ों के पंख और सीरीन प्रोटिएसेस (स्तनी काइमोट्रिप्सिन तथा बैसीलस सबटिलिस से सबटिलिसिन) साझा पूर्वजता के द्वारा जुड़े हुए नहीं हैं।

12.5 आण्विक जातिवृत्त

जातिवृत्तीय वृक्ष जातियों के समूह अथवा किसी दिए गए पूर्वज से जीनों के विकासात्मक संबंधों का ग्राफीय प्रदर्शन है।

जातिवृत्त जातियों के बीच विकासात्मक संबंध को वर्णित करता है जिसे ग्राफीय रूप से जातिवृत्तीय वृक्ष (phylogenetic tree) के रूप में प्रदर्शित किया जाता है। जब कोई आंतरिक नोड पर्वसंधि (internal node) किसी समान पूर्वज को प्रदर्शित करती है जिससे सभी अन्य पर्वसंधिया प्रत्यक्ष अथवा अप्रत्यक्ष रूप से जुड़ी रहती है, तो वृक्ष को मूलबद्ध (rooted) के रूप में वर्णित किया जाता है अन्यथा इसे अमूलबद्ध (unrooted) कहा जाता है (कोई पूर्वजी मूल नहीं, चित्र 12.1)। एक प्रारूपिक वृक्ष में पर्वसंधियां (internal nodes) और शाखाएं होती हैं जो उनकी पूर्वजता के उपलब्ध संबंधों को प्रदर्शित करती हैं, शाखाएं दो या अधिक निकटवर्ती पर्वसंधियों को जोड़ती हैं। सीमांत (सबसे बाहर वाली) पर्वसंधियां उस जीव को प्रदर्शित करती हैं जिसके लिए आण्विक आंकड़े निर्मित किए गए हैं जबकि आंतरिक पर्वसंधियां साझा पूर्वजों को उनके पृथक वर्गों में अपसरित होने से पूर्व प्रदर्शित करती हैं। शाखाओं की लंबाई को मापा जाता है जिससे करोड़ों वर्ष पूर्व (mya) उनके विकासात्मक अपसरण के बारे में पता चलता है।



चित्र 12.1 : (क) मूलबद्ध; (ख) अमूलबद्ध जातिवृत्तीय वृक्ष।

जीन वृक्ष (जातिवृत्तीय वृक्ष) एक जीन के संबंधों को जबकि प्रजाति वृक्ष प्रजातियों के बीच संबंधों को प्रदर्शित करता है। दोनों अनिवार्य रूप से एक समान नहीं होती हैं।

पहले जातिवृत्तीय संबंध दृश्य लक्षणप्ररूपों की तुलना पर आधारित थे जिससे जीवों के समूहों के बीच आनुवंशिक समानताओं और अन्तरों का पता किया जाता था। अध्ययन की गई विशेषताएं शारीरिक विशेषताओं से लेकर जैवरासायनिक परासंरचनात्मक और व्यवहारगत तक के परास की थीं। ये अनेक पादप और जंतु जातियों के विकासात्मक वृक्षों के निर्माण में उपयोगी थीं लेकिन इनको जीवों के सभी समूहों/वर्गों के अध्ययन के लिए बहिर्वेशित नहीं किया जा सकता था। जब प्रोटीन और न्यूक्लीक अम्लों के विश्लेषण और अनुक्रमण के लिए साधन उपलब्ध हो गए तो आण्विक जातिवृत्त की ओर रुझान हो गया, यद्यपि दोनों प्रायः एक दूसरे के पूरक होते हैं।

आण्विक जातिवृत्त का संबंध आण्विक अन्तरों, प्राथमिक रूप से DNA, RNA या प्रोटीन के समजात अनुक्रमों में अन्तरों से है। किसी आनुवंशिक लोकस के लिए DNA अनुक्रमों के बीच विकासात्मक संबंधों को एक प्रकार के जातिवृत्तीय वृक्ष (जीन वृक्ष) से प्रदर्शित किया जाता है। यह हमें जीन के विकासात्मक इतिहास के बारे में बताता है। दूसरी तरफ प्रजाति वृक्ष (species tree) की रचना अनेक जीनों से अनुक्रम आंकड़ों की तुलना

करके की जाती है। कभी-कभी अ-जीनी अनुक्रमों का उपयोग जीवों के बीच संबंध स्थापित करने के लिए किया जाता है। आप विकासात्मक रूप से संबंधित जातियों में उन जातियों की तुलना में अधिक समानताएं होने की उम्मीद करते हैं जो दूरस्थ रूप से संबंधित होती है।

संभावित मूलबद्ध और अमूलबद्ध वृक्षों की संख्या अत्यधिक बढ़ जाती है यदि विचार किए जा रहे वर्गों की संख्या में बहुत कम वृद्धि भी होती है। किसी विकासात्मक आनुवंशिकीविद् के लिए किसी ऐसे वृक्ष को चुनना लगभग असंभव होता है जो वास्तविक जातिवृत्तीय संबंध को प्रदर्शित करता हो। इसलिए वे इस कार्य के लिए हाई स्पीड कंप्यूटर्स पर निर्भर करते हैं। विकासात्मक संबंधों का पता लगाने के लिए उपयोग किए गए कंप्यूटर ऐल्गोरिथ्म (कलनविधि) दूरस्थ मैट्रिक्स (सांख्यिकीय संबंधों पर निर्भर करते हैं) और मितव्ययता/पार्सीमोनी आधारित विधियों आधारित होते हैं जो इस विचार पर आधारित हैं कि उत्परिवर्तन दुर्लभ घटनाएं हैं और जिस वृक्ष को सबसे कम संख्या में उत्परिवर्तनों की आवश्यकता होती है वही सबसे संभावित वृक्ष है।

बोध प्रश्न 2

बताइए कि निम्नलिखित कथन सत्य हैं या असत्य हैं :

- क) एक जातिवृत्तीय वृक्ष विभिन्न प्रजातियों के बीच विकासात्मक संबंधों को ग्राफीय रूप से प्रदर्शित करता है। (सत्य/असत्य)
- ख) जीन वृक्ष और जाति वृक्ष सदैव एक समान होता है। (सत्य/असत्य)
- ग) जीनोलॉग एक प्रकार के समजात अनुक्रम हैं जिनको क्षैतिज स्थानांतरण द्वारा अर्जित किया जाता है। (सत्य/असत्य)

12.5.1 जातिवृत्त का पता लगाने के लिए माइटोकॉन्ड्रियाई DNA

स्तनधारीय माइटोकॉन्ड्रियाई/सूत्रकणिकीय जीनोम में गोल द्विरज्जुक DNA होता है। इसकी प्रतिस्थापन उत्परिवर्तनों की दर बहुत उच्च होती है। समानार्थी/समनामी उत्परिवर्तनों (synonymous mutations) की प्रति स्थल प्रतिवर्ष दर केन्द्रकीय जीनों की तुलना में लगभग 10 गुना अधिक होती है। असमानार्थी/असमनामी दर भी केन्द्रकीय जीनों से कहीं अधिक होती है लेकिन विभिन्न प्रोटीन कोडिंग जीनों में काफी परिवर्ती होती है। इसका संभावित कारण कम चयन दाब हो सकता है क्योंकि अधिकांश कोशिकाओं में अनेक माइटोकॉन्ड्रिया होते हैं, जिनमें से प्रत्येक में DNA की अनेक प्रतियां होती हैं। इसके अतिरिक्त माइटोकॉन्ड्रियाई DNA (mtDNA) पोलीमरेस में प्रूफरीडिंग क्रिया नहीं होती है और ये अभिक्रियाशील मुक्त मूलक (free radicals) निर्मित करते हैं जो उत्परिवर्तनजनी होते हैं।

mtDNA की वंशागति मातृ होती है और सभी संततियां माता के समान ही माइटोकॉन्ड्रियाई DNA अनुक्रमों के सेट को वंशागत करती हैं। ये एक मुख्य कारक हैं जो हमारे लिए एक मादा से वंशजों का पता लगाना संभव बनाता है (मातृसत्तात्मक वंशक्रम) यह निकट रूप से संबंधित वंशक्रमों की तुलना करने के लिए भी एक उपयोगी साधन है।

बोध प्रश्न 3

माइटोकॉन्ड्रियाई DNA (mtDNA) अनुक्रम किसी जीव में केन्द्रकीय जीनों की तुलना में प्रतिस्थापनों को अधिक तेज दर से क्यों संचित करते हैं?

12.6 जीनोम विकास

ससीमकेन्द्रकी जीवों में जीन्स का विकास एक्सोन स्थानांतरण के द्वारा होता है जिसमें एक्सोनों का अन्य जीन्स से विनिमय होता है जिससे भिन्न कार्य वाले नए जीन्स बनते हैं। ऐसे जीन्स में पूर्व विद्यमान जीन्स के मोजेक होते हैं। अधिकांश एक्सोन प्रोटीन्स के विविक्त क्रियात्मक डोमेनों को कोड करते हैं।

पूर्ण जीनोम अनुक्रमण के लिए त्वरित और अपेक्षाकृत सस्ती तकनीकों के विकास के साथ ही अनुक्रमित जीनोम की पब्लिक डोमेन में पहुंच ने जीनोम विकास और उन प्रक्रियाओं के बारे में नई जानकारी प्रदान की है जो इसे निरूपित करती हैं। इनमें जीन द्विगुणन, एक्सॉन स्थानांतरण, जीनोम द्विगुणन और क्षैतिज जीन स्थानांतरण शामिल हैं।

ससीमकेन्द्रकी जीवों में अधिकांश जीनों में अनेक एक्सॉन होते हैं जो नोन-कोडिंग इन्ट्रॉन के द्वारा अंतरक्षेपित (interrupted) रहते हैं। एक्सोन प्रायः प्रोटीनों के विविक्त क्रियाशील डोमेनों को कोड करते हैं। विकास के दौरान कुछ जीन एक्सॉन द्विगुणन (आंतरिक द्विगुणन) के बाद अपसरण से विकसित हुए हैं जैसे कि कशेरुकियों में इम्युनोग्लोबुलिन जीन जबकि अन्य भिन्न जीन की एक्सॉन से अदला बदली द्वारा (एक्सॉन या डोमेन स्थानांतरण) विकसित हुए हैं। ससीमकेन्द्रकी जीवों में अनेक जीन बहु जीन का मोजेक हैं।

अन्य क्रियाविधि में जीन द्विगुणन और अपसरण शामिल है जिससे भिन्न संरचना, कार्य और नियंत्रक गुणों वाले बहुजीन कुलों के साथ कुछ कुलों में एक या अनेक कूट जीन/सूडोजीन निर्मित होते हैं, उदाहरण के लिए ग्लोबिन जीन कुल। जीन कुल टेन्डम में समान गुणसूत्र पर उपस्थित हो सकते हैं अथवा वे भिन्न गुणसूत्रों पर बिखरे हो सकते हैं। ग्लोबिन जीन कुल एक पूर्वजी जीन से विकसित हुए जिसने आद्य α -ग्लोबिन और β ग्लोबिन जीन को उत्पन्न किया, इनसे फिर भिन्न मानव गुणसूत्रों पर स्वतंत्र क्लस्टर/गुच्छ बन गए। इससे नवीन कार्यों वाले प्रोटीनों का भी विकास हो सकता है।

पूर्ण जीनोम का द्विगुणन जीवों के विकास के दौरान हुआ और प्रत्येक जीन की एक अतिरिक्त प्रति उत्परिवर्तित होने अथवा नवीन कार्य अर्जित करने के लिए भी स्वतंत्र थी। ऐसा पादपों में प्रायः बहुगुणित के द्वारा होता है लेकिन जंतुओं में ये अपेक्षाकृत कम सामान्य है। DNA अनुक्रम विश्लेषण की तुलना से भिन्न जातियों के बीच क्षैतिज जीन स्थानांतरण का पता चला। ये जीवाणुओं में सामान्य है।

12.7 लक्षणप्ररूपी विकास

अनुकूलनी संरचनाओं का लक्षणप्ररूपी विकास प्राथमिक रूप से जीनों के उत्परिवर्तन के द्वारा होता है जिसकी विकास की प्रक्रिया में भूमिका है। आपको याद रखना चाहिए कि आण्विक विकास से सदैव लक्षणप्ररूपी विकास नहीं होता है। आण्विक स्तर पर परिवर्तनों से जीवों का विविधीकरण भी होता है। जीवों के विभिन्न संघों/फाइलम अथवा वर्गों/क्लास में पाई जाने वाली अपार विविधता नवीन उत्परिवर्तनों के संचयन के साथ ही उनके चयन का उत्पाद है जो अनुकूलनी लाभ के होते हैं और इस प्रकार तदरुस्ती को बढ़ाते हैं।

12.8 जातिउद्भवन

जातिउद्भवन (speciation) एक विकासात्मक प्रक्रिया है जिसके द्वारा नई जाति उत्पन्न होती है। नई जाति का लक्षण चित्रण अनेक गुणों पर निर्भर करता है जो उनका विभेदन करने के लिए उपलब्ध होते हैं। इससे प्रजाति की संकल्पना विकसित हुई है जो जातिवृत्तीय (जो आकारिकीय, कोशिकीय और आण्विक गुणों की तुलना करती है), जैविक (जो अन्तरप्रजनन और जीवनक्षम तथा उर्वर/अबंध्य संतति उत्पन्न करने की क्षमता पर आधारित है) और विकासात्मक (पूर्वजता का विश्लेषण करती है, हो सकती है। अधिकतर संबन्धित जीवों को विभेदित करने के लिए जिन गुणों का उपयोग किया जाता है, वे जीवों के विभिन्न वर्गों में एकसमान नहीं होते हैं।

जैविक प्रजाति की संकल्पना 1920 के दशक के अंत में थियोडोसियस डोबज़ैस्की (Dobzhansky) द्वारा प्रस्तुत की गई थी, जो सुझाती है कि जनन पृथक्करण क्रियाविधि (reproductive isolation mechanisms; RIM) नई प्रजाति के विकास में प्रमुख महत्व की है। अनेक पूर्वयुग्मजी (prezygotic) या पश्चयुग्मजी (postzygotic) क्रियाविधियां हैं जो जनन पृथक्करण प्राप्त करने के लिए भिन्न प्रजातियों में अकेले या संयोजन में प्रचालन करती हैं। पूर्वयुग्मजी क्रियाविधियों में जननांगों की शारीरिक संरचनाओं में (यांत्रिक पृथक्करण/ ecological isolation), आवास में (पारिस्थितिक पृथक्करण/ mechanical isolation), कालिक (temporal) (भिन्न समयों पर जनन परिपक्वता प्राप्त करते हैं; दिन के भिन्न समयों पर संगम करते हैं), व्यवहारगत कारकों (मैथुन व्यवहार में अन्तर) में अन्तर और अनिषेच्य युग्मक (incompatible gametes) शामिल हैं जबकि पश्चयुग्मजी क्रियाविधियों में निषेचित अंड सामान्य रूप से विकसित नहीं होते हैं, बंध्य संतति उत्पन्न करते हैं (सामान्यतः नर बंध्यता के कारण, अधिकतर यदि वे विषमयुग्मकी होते हैं) अथवा अबंध्य/उर्वर संकर आगे की पीढ़ियों में जननक्षम और अबंध्य नहीं रहते हैं (संकर निष्फलता)। पश्चयुग्मजी पृथक्करण क्रियाविधियां प्रायः पूर्वयुग्मकी अवरोधों के प्रबलीकरण से पहले होती हैं।

सार रूप में जातिउद्भवन में एकल विकासात्मक वंशक्रम की समष्टियों का इस प्रकार दो या अधिक आनुवंशिक रूप से स्वतंत्र वंशक्रमों में विभक्त होना शामिल है जिनको नई जातियों के रूप में वर्गीकृत किया जा सकता है। विकासात्मक परिवर्तनों के होने की दर परिवर्ती हो सकती है जिसमें त्वरित (असंलग्न) और छोटे क्रमिक परिवर्तन शामिल हैं।

विकासात्मक जीवविज्ञानियों ने जनन द्वारा जुड़े जीवों के समूहों में जातिउद्भवन के दो पैटर्न की पहचान की है जो **प्रविकास (anagenesis)** और वंश/शाखन (cladogenesis) है। प्रविकास/एनाजेनेसिस (ग्रीक शब्द एना, उच्च जेनेसिस माने उत्पत्ति) में किसी एक जाति का नई प्रजाति में विकास (शाखन के बगैर) यादृच्छिक सेम्पलिंग त्रुटियों के बाद बेहतर अनुकूलित रूप के प्राकृतिक चयन के द्वारा होता है। प्राविकासी विकास के कारण बीस लाख वर्षों की समयावधि में मनुष्य के कपाल का आमाप दोगुना हो गया। **वंश/शाखन/क्लैडोजेनेसिस** (ग्रीक शब्द : क्लैडोस माने शाखा और जेनेसिस माने उत्पत्ति) जाति के दो या अधिक शाखाओं में अपसरण के द्वारा होता है जिनमें से प्रत्येक स्वतंत्र रूप से भिन्न जातियों में विकसित हो जाती है, जबकि मूल जाति समान रहती है। जातिउद्भवन के कारणों के आधार पर वंशशाखन में विस्थानिक (allopatric), समस्थानिक (sympatric) अथवा परास्थानिक (parapatric) जातिउद्भवन हो सकता है।

12.8.1 विस्थानिक जातिउद्भवन

विस्थानिक (एलोपैट्रिक; Allopatric) (ग्रीक शब्द ऐलोस, अन्य और लेटिन शब्द पेट्रिया माने स्वदेश) जातिउद्भवन तब होता है जब कोई भौगोलिक अवरोध जैसे कि पर्वत श्रृंखला, नदी या मरुस्थल समष्टि को दो या अधिक समूहों में विभक्त कर देता है और पृथक्कृत समूहों के बीच जीन प्रवाह को रोक देता है। समय बीतने के साथ आनुवंशिक अन्तर स्वतंत्र रूप से पृथक समूहों में संचित हो जाते हैं जिनमें से कुछ अनुकूलनी लाभ प्रदान करते हैं जबकि अन्य अंततः जननात्मक नए स्थान पर प्रवास के लिए चले जाते हैं (संस्थापक प्रभाव / founder effect) जो भौगोलिक रूप से पृथक्कृत होता है। ये आनुवंशिक विचलन और प्राकृतिक चयन के कारण स्वतंत्र रूप से अपेक्षाकृत अधिक तीव्र दर से विकसित होते हैं। गैलापेगोस द्वीपसमूह (बिखरे हुए द्वीपों का समूह) पर पाई जाने वाली डार्विन की फिन्चें (पक्षियों का एक समूह) पुनरावर्ती विस्थानिक जातिउद्भवन का एक उदाहरण हैं। फिन्चों की 14 प्रजातियां जो भिन्न द्वीपों पर निवास करती हैं, का विकास एक ही जाति से आनुवंशिक विचलन और स्थानीय पर्यावरण के लिए अनुकूलन के द्वारा हुआ। इनकी चोंचें काफी परिवर्तित हो गई जिससे वे वहां पर उपलब्ध भोजन के प्रकार को खा सकें। आण्विक साधनों से सभी 14 जातियों का अनुक्रमण, उन गुणसूत्री क्षेत्रों की पहचान जो चोंच की आकारिकी में परिवर्तनों से जुड़े हैं और प्रत्येक जाति की आकलित आयु का पता लगाना संभव हुआ है।

12.8.2 समस्थानिक जातिउद्भवन

समस्थानिक (सिमपैट्रिक; Sympatric) जातिउद्भवन (ग्रीक शब्द सिम = एकसाथ) तब होता है जब जीन प्रवाह के लिए किसी बाह्य अवरोध की अनुपस्थिति में, कोई नई जाति एक ही भौगोलिक क्षेत्र में एक ही अन्तरप्रजनन करने वाली समष्टि में उत्पन्न हो जाती है। किसी अन्तरप्रजनन करने वाली समष्टि में जनन पार्थक्य (reproductive isolation) विकसित होने का एक सामान्य तरीका गुणिता में परिवर्तन (स्वगुणिता या परगुणिता) द्वारा है जिनमें से अनेक से जीवनक्षम अबंध्य या उर्वर संताने नहीं भी उत्पन्न हो सकती हैं। बहुगुणिता ने पौधों के जातिउद्भवन में प्रमुख भूमिका निभाई है। इसके अतिरिक्त समस्थानिक चयन उन स्थितियों में भी हो सकता है जब जीनों में परिवर्तन लैंगिक चयन के साथ ही संसाधन उपयोग को प्रभावित करते हैं।

12.8.3 परास्थानिक जातिउद्भवन

परास्थानिक (पैरापैट्रिक; Parapatric) जातिउद्भवन (ग्रीक शब्द पैरा माने के साथ) तब होता है जब जाति के सदस्यों के बीच भौगोलिक पृथक्करण पूर्ण नहीं होता है। ये प्रायः स्थानबद्ध जातियों में भौगोलिक पृथक्करण की अनुपस्थिति में होता है। स्थानबद्ध जीवों के उदाहरणों में पौधे, अनेक पंखहीन कीट और थलीय घोंघे शामिल हैं। जातिउद्भवन की प्रक्रिया में कुछ हद तक दो समष्टियों के बीच जीन प्रवाह संभव होता है और अन्तरफलक (interface) पर संकर क्षेत्र (hybrid zones) पाए जा सकते हैं। जब आनुवंशिक अन्तर जैसे गुणसूत्रों में सरंचनात्मक परिवर्तन बढ़ जाते हैं, तो संकर क्षेत्र में जीन प्रवाह नगण्य हो जाता है।

बोध प्रश्न 4

पूर्व युग्मजी और पश्च युग्मजी जनन पार्थक्य क्रियाविधियों (RIMs) में से प्रत्येक के दो तरीकों को बताइए।

12.9 सारांश

- जैविक विकास समान जीनपूल वाले जीवों के समूहों में होने वाले आनुवंशिक परिवर्तनों से हुआ। सामान्य रूप से प्राकृतिक समष्टियों में उच्च स्तर की आनुवंशिक विभिन्नता पाई जाती है। विकासात्मक बल समष्टियों के आनुवंशिक गठन को निरूपित करते हैं और दीर्घकालिक विकास करते हैं।
- आण्विक विकास विकासात्मक जीवविज्ञान का क्षेत्र है जिसमें पीढ़ियों में और जातियों तथा उच्चतर वर्गों के बीच DNA, RNA और प्रोटीनों के अनुक्रमों की तुलना करके विकासात्मक परिवर्तन से जुड़े पैटर्न और प्रक्रियाओं की पहचान का प्रयास करता है।
- अनेक जीनों के न्यूक्लीओटाइड अनुक्रमों की तुलना से पता चला है कि जीनों के विभिन्न भाग (कोडिंग और नॉन कोडिंग अनुक्रम) भिन्न दरों से विकसित हुए हैं। सामान्य रूप से वृहदाणु आंशिक या पूर्ण रूप से अपेक्षाकृत मंद दर से विकसित होते हैं जब क्रियात्मक व्यवरोध होते हैं। सूडोजीन/कूटजीन उत्परिवर्तनों को कहीं तीव्र दर से संचित करते हैं।
- आण्विक विकास का उदासीन सिद्धान्त प्राकृतिक समष्टियों में DNA और प्रोटीनों के अनुक्रमों में दिखाई देने वाली अपार भिन्नताओं को समझाने का प्रयास करता है। इस सिद्धान्त के अनुसार अधिकांश आण्विक विभिन्नताएं उदासीन उत्परिवर्तनों के संचयन के कारण होती हैं जिनका लक्षणप्ररूप और सेहत/तंदरुस्ती पर न्यूनतम प्रभाव होता है।
- जब DNA, RNA और प्रोटीन के अनुक्रम समान होते हैं तो वे समजात् कहलाते हैं, यदि वे समान विकासात्मक पूर्वजता को साझा करते हैं। समजात् अनुक्रम तीन प्रकार के होते हैं, ऑर्थोलॉग, पैरालॉग और जीनोलॉग।
- जातिवृत्त जातियों के बीच विकासात्मक संबन्ध का वर्णन करता है जिसे ग्राफीय रूप से एक जातिवृत्तीय वृक्ष के रूप में प्रदर्शित किया जाता है। इसमें पर्वसंधियां और शाखाएं होती हैं जो उनके विकासात्मक संबन्धों को प्रदर्शित करती हैं।
- ससीमकेन्द्रकी जीवों में जीनोम विकास एक्सॉन द्विगुणन, जीन द्विगुणन, एक्सॉन स्थानांतरण, जीनोम द्विगुणन (जैसे बहुगुणिता) और क्षैतिज जीन स्थानांतरण के द्वारा होता है।
- जातिउद्भवन एक विकासात्मक प्रक्रिया है जिसके द्वारा नई जाति उत्पन्न होती है। इसमें एक विकासात्मक वंशावली की समष्टियों का दो या अधिक आनुवंशिक रूप से स्वतंत्र वंशावलियों में विभाजन होता है जो नई और भिन्न जातियां बन जाती हैं।

जैविक जाति की संकल्पना के अनुसार जननात्मक पृथक्करण क्रियाविधियां (reproductive isolation mechanisms ; RIM) जाति के विकास में प्रमुख महत्व की होती है।

- जातिउद्भवन का पैटर्न प्रविकास या वंशशाखन का हो सकता है। वंश/शाखन को आगे विस्थानिक, समस्थानिक और परास्थानिक जातिउद्भवन में श्रेणीकृत किया गया है।

12.10 पाठांत प्रश्न

1. जातिउद्भवन क्या है? प्रविकास और वंशशाखन में क्या अन्तर है?
2. समजात अनुक्रम क्या है?
3. जातिवृत्तीय वृक्ष को परिभाषित कीजिए और इसके शरीर को चित्रित कीजिए।
4. निम्नलिखित जोड़ों के मध्य तुलना कीजिए :
 - i) विस्थानिक और समस्थानिक जाति उद्भवन
 - ii) ऑर्थोलॉग और पैरालॉग
 - iii) मूलबद्ध और अमूलबद्ध जातिवृत्तीय वृक्ष
5. विकासात्मक संबंधों का पता लगाने के लिए DNA अनुक्रमों का उपयोग करने के लाभ बताइए।

12.11 उत्तर

बोध प्रश्न

1. कूटजीन/सूडोजीन वह जीन होता है जो उत्परिवर्तनों के संचयन के कारण अब क्रियाशील प्रोटीन को कोड नहीं करता है। ये जीन सामान्यतः बहुजीन कुलों के क्लस्टर्स/समूहों में पाए जाते हैं जो द्विगुणन और अपसरण से विकसित हुए हैं।
2. क) सत्य; ख) असत्य; ग) सत्य
3. त्रुटि संभावित DNA प्रतिकृतियन (कोई प्रूफ रीडिंग नहीं), मुक्त मूलकों के उच्चतर स्तर के कारण उच्चतर उत्परिवर्तन दर (उत्परिवर्तनजनी) और विश्रांत चयन प्रक्रिया।
4. युग्मकी युग्मन की असफलता, एक ही समय पर जनन परिपक्वता नहीं होती है, व्यवहारगत कारक और ii) युग्मनज सामान्य रूप से विकसित नहीं होते हैं, संततियां बंध्य होती है, संकर का निष्फल होना।

पाठान्त प्रश्न

1. जातिउद्भवन एक विकासात्मक प्रक्रिया है जिसके द्वारा नई जाति उत्पन्न होती है। इसमें एक विकासात्मक वंशक्रम की समष्टियों का दो या अधिक आनुवंशिक रूप से स्वतंत्र वंशावलिओं में विभाजन हो जाता है जिससे वो नई और भिन्न जातियां बन जाती हैं। प्रविकास जातिउद्भवन की प्रक्रिया है जब एक जाति एक नई जाति में विकसित हो जाती है जबकि वंशशाखन में जाति अपसरित (विभक्त) होकर स्वतंत्र रूप से दो या अधिक भिन्न जातियों में विकसित हो जाती है।
2. दो आण्विक अनुक्रम (DNA, RNA, प्रोटीन) समजात होते हैं यदि वे समान विकासात्मक पूर्वजता को साझा करते हैं। समजातता एक गुणात्मक नतीजा है जिसका अर्थ है कि समजातता की कोई डिग्री/मात्रा नहीं है और अनुक्रम या तो समजात होते हैं अथवा नहीं होते हैं।
3. जातिवृत्तीय वृक्ष एक आरेख है जो जीवों के बीच विकासात्मक संबंध को प्रदर्शित करता है। जातिवृत्तीय वृक्ष में शाखन का पैटर्न इसे परिलक्षित करता है कि किस प्रकार जातियां या अन्य समूह समान पूर्वजों की श्रेणी से विकसित हुए हैं। इसमें पर्वसंधियां और शाखाएं होती हैं जो उनकी पूर्वजता के उपलब्ध संबंधों को प्रदर्शित करती हैं; शाखाएं दो या अधिक समीपवर्ती पर्वसंधियों को जोड़ती हैं। पर्वसंधियां पुनः आंतरिक पर्वसंधियों में उपविभाजित होती हैं जो अपसरण से पहले समान पूर्वजों को प्रदर्शित करती हैं और अंतस्थ पर्वसंधियां (वृक्ष की सबसे बाहर की शाखाएं) जिसके लिए आंकड़े प्राप्त किए हैं, प्रायः वर्तमान जीव होते हैं। प्रत्येक पर्वसंधि एक जाति को प्रदर्शित करती है और शाखाओं की लंबाई उस समय को प्रदर्शित करती है जब उनका अभिसरण हुआ था। वृक्ष को मूलबद्ध रूप में वर्गीकृत किया जाता है जब कोई आंतरिक पर्वसंधि समान पूर्वज को प्रदर्शित करती है जिससे सभी अन्य पर्वसंधियां प्रत्यक्ष/अप्रत्यक्ष रूप से जुड़ी रहती हैं अन्यथा इसे अमूलबद्ध (कोई पूर्वज मूल नहीं) कहा जाता है।
4. i) विस्थानिक जातिउद्भवन तब होता है जब कोई भौगोलिक अवरोध जैसे पर्वत श्रृंखला जनसंख्या/समष्टि को दो या अधिक समूहों में विभक्त कर देती है अथवा जब समष्टि के कुछ सदस्य नए स्थान पर प्रवास के लिए चले जाते हैं (संस्थापक प्रभाव) जो भौगोलिक रूप से पृथक होता है। ये स्वतंत्र रूप से अपेक्षाकृत तेज गति से विकसित होते हैं जो प्राथमिक रूप से आनुवंशिक विचलन और प्राकृतिक चयन के कारण होता है और समय बीतने के साथ ये जननात्मक रूप से पृथक जाति बन जाते हैं।

समस्थानिक जातिउद्भवन जीन प्रवाह के लिए किसी बाह्य अवरोध की अनुपस्थिति में होता है, नई जाति एक ही अन्तरप्रजनन करने वाली समष्टि में समान भौगोलिक क्षेत्र में विकसित हो जाती है। ऐसा तब होता है जब परस्पर प्रजनन करने वाले सदस्यों में गुणिता में परिवर्तन होता है।

- ii) ऑर्थोलॉक्स भिन्न जातियों के समजात अनुक्रम होते हैं जो जातिउद्भवन के दौरान समान पूर्वज जीन से उत्पन्न होते हैं। ऐसा माना जाता है कि इनके समान या एक जैसे जैविक कार्य होते हैं।

पैरालॉग्स ऐसे समजात अनुक्रम होते हैं जो एक ही जाति में जीन द्विगुणन से उत्पन्न होते हैं। ये अनुक्रम सामान्यतः कम चयन दाब के कारण एकल प्रति ऑर्थोलॉग की तुलना में उच्चतर दर से उत्परिवर्तनों का संचयन करके अधिक तेज दर से विकसित होते हैं। द्विगुणित जीनों के विकास के भिन्न परिणाम हो सकते हैं, जैसे नए कार्य अर्जित करना, अक्रियाशील कूटजीन बन जाना अथवा भिन्न कालिक रूप से समान कार्य को करना अथवा ऊतक विशिष्ट अभिव्यक्ति प्राचल या भिन्न गतिक और नियंत्रक गुण आदि।

iii) वृक्ष को मूलबद्ध के रूप में वर्गीकृत किया जाता है जब कोई आंतरिक पर्वसंधि समान पूर्वज को प्रदर्शित करती है जिससे अन्य सभी पर्वसंधियां प्रत्यक्ष/अप्रत्यक्ष रूप से जुड़ी रहती हैं अन्यथा वह अमूलबद्ध होता है जिसमें कोई पूर्वजी मूल नहीं होते हैं।

5. DNA अनुक्रम ऐतिहासिक रिकॉर्ड (अभिलेख) होते हैं जो विकासात्मक इतिहास की गतिकी की पहचान करने में हमारी सहायता कर सकते हैं। ये जीवों के बीच आनुवंशिक अंतरों की प्रत्यक्ष तुलना को संभव बनाते हैं। इनका आसानी से प्रमात्रीकरण किया जा सकता है और सभी जीवों के लिए उपयोग किया जा सकता है।

12.12 अन्य अध्ययन पुस्तकें

1. Russell, Peter J. Essential Genetics, 2003, Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.
2. Brooker, R.J. Genetics: Analysis and Principles, 3rd Ed, 2009, McGraw-Hill
3. Pierce, B. Genetics: A conceptual approach, 6th Ed. W.H. Freeman and Company.
4. Berg, J.M; Tymoczko, J.L and Stryer, L. Biochemistry, 5th Ed, 2002, W.H. Freeman and Company.
5. Snustad, D.P and Simmons, M.J. Genetics, 6th Ed, 2012, John Wiley and sons, Inc.

शब्दावली



ignou
THE PEOPLE'S
UNIVERSITY

active	सक्रिय
additive variance; V_A	योगज प्रसरण
alignment	संरेखण
allele segregation	युग्मविकल्पी पृथक्करण
allelic pair	युग्मविकल्पी युग्म
allelism	युग्मविकल्पता
allopatric	विस्थानिक
allopolyploid	परबहुगुणित
alternate hypothesis	वैकल्पिक परिकल्पना
anabolic	उपचयी
anagenesis	प्रविकास
analogous	अनुरूप
ancestry	पूर्वजता
aneuploidy	असुगुणिता
asexual	अलैंगिक
assimilatory power	स्वांगीकारक ऊर्जा
autosomal / autosome	अलिंगी
autosomal dominant traits	अलिंगसूत्री प्रभावी विशेषक
bacteriophage	जीवाणुभोजी
balancer chromosome	संतुलित गुणसूत्र
base pair	क्षारक युग्म
behavioural genetics	व्यवहार आनुवंशिकी
bell shaped symmetrical curve	घंटाकार सममितीय वक्र
binary fission	द्विखंडन
binomial expansion	द्विपद प्रसरण
biogenesis	जीवात्जनन
blending inheritance	वंशानुक्रम सम्मिश्रण
blood clotting	स्कंदन
broad sense	व्यापक बोध
bud stage	कली अवस्था
budding	मुकुलन
caudal gene	दुम जीन
chorion	जरायु
chromosomal aberration	गुणसूत्री विपथन

chromosomal arrangements	गुणसूत्र विन्यासों
chromosomal exchange	गुणसूत्री विनिमय
circular chromosome	गोल गुणसूत्र
<i>cis - trans</i> configuration	समपक्ष—विपक्ष संरूपण
cis-trans position effect	समपक्ष—विपक्ष स्थिति प्रभाव
clastogenic	सूत्रविपथक
coarsest	खुरदुरे
coated	लेपित
codominance	सहप्रभाविता
coefficient of coincidence	संपात गुणांक
cohesive	संसंजक
co-infection	सहसंक्रमण
colinear	सहरेखीय
competence	सक्षमता
complete dominance	पूर्ण प्रभाविता
concordance	सुसंगति
conditional lethal mutants	प्रानुकूलित / सप्रतिबंध घातक उत्परिवर्ती
configuration	विन्यास / संरूपण
conjugal transfer	संयुग्मनी स्थानांतरण
conjugation	संयुग्मन
consanguineous marriage	कौटुम्बिक विवाह
constitutive	रचक
constrained	व्यवरोधित
contiguous segment	सन्निहित खंड
continuous variation	सतत् विभिन्नता
controlled cross	नियंत्रित संकरण
convergent evolution	अभिसारी विकास
cooperative association	सहयोगी संबन्ध
correlation	सहसंबन्ध
coupling and repulsion	युग्मन और प्रतिकर्षण
critical value	क्रांतिक मान
fertilization	निषेचन
crude microscope	सामान्य सूक्ष्मदर्शी
crude	अनगढ़ रूप

cytogenetic	कोशिकाआनुवंशिक
cytogenetic mapping	आनुवंशिक मानचित्रण
deep freezer	अति प्रशीतित्र
degeneracy	अपह्मास
degree of freedom	स्वातंत्र्य कोटि
deletion	विलोपन
delimit	परिसीमित
deposit / deposition	निक्षेपित / निक्षेप
designed	अभिकल्पित
detoxify	निराविषीकरण
deviation	विचलन
dicotyledonous	द्विबीजपत्री
differentially methlyated region	विभेदी मेथिलीकृत क्षेत्र
differentiation	विभेदन
diffusible product	विसरणीय उत्पाद
diluted phage suspension	तनुकृत फेज निलंबन
dilution test	तनुकरण परीक्षण
discontinuous variation	असतत् विभिन्नता
discordance	विसंगति
disjunction	वियोजन
displaced duplication	प्रतिस्थापित द्विगुणन
disruption of gene function	जीन प्रकार्य का विदारण
diverge	अपसारित
divergence time	अपसरण अवधि
dizygotic	द्वियुग्मजी
domestication	प्राणिपालन
dominance	प्रभाविता
dominance variance; V_D	प्रभाविता प्रसरण
dominant character	प्रमुख लक्षण
dominant epistasis	प्रभावी प्रबलता
dosage compensation	मात्रा प्रतिकार
double mutant	द्विउत्परिवर्ति
downstream	अनुप्रवाह / अधोधारा
duplicate dominant epistasis	द्विप्रभावी प्रबलता

ecological	पारिस्थितिक
Egg polarity genes	अंडा-ध्रुवीयता जीन
emasculation	निष्क्रियन / विपुंसन
embryo	भ्रूण
endocytosis	कोशिकता
endopolyploidy	अंतःबहुगुणिता
enucleated differentiated cell	सम्मिलित विभेदित कोशिका
epigenetic	अनुजात / पश्चजात्
epistatic	प्रबल
epistatic interaction	प्रबल परस्परक्रिया
eukaryote	सुकेंद्रकी
euploid	सुगुणित
<i>ex utero</i>	बहिःगर्भाशय
exceptional	विशिष्ट
excised	कर्तित
exclusion	अपवर्जन
exclusive classes	अनन्य वर्ग
exposure	उद्भासन
expression profile	अभिव्यक्ति प्राचल
extranuclear inheritance	केन्द्रकबाह्य वंशागति
extremities	अग्रंग
eye colour mutant	नेत्रों / आंखों के रंग उत्परिवर्ती
familial trait	पारिवारिक विशेषक
fecundity	जननशक्ति
fermentation	किण्वन
fertile	जननक्षम / उर्वर / अबंध्य
fertility factor	जननक्षमता कारक
fertilized egg	निषेचित अंडे
flagella / flagellate	कशाभ / कशाभिक
flowering rosette plant	पुष्पित गुच्छ पौधा
fluorescent labeled	प्रतिदीप्त चिन्हित
free radical	मुक्त मूलक
frequency distribution graph	आवृत्ति वितरण ग्राफ
freshly emerged	नवागत

functional allelism	क्रियात्मक युग्मविकल्पता
functional copy	क्रियात्मक-प्रति
gamete	युग्मक
gametic fusion	युग्मक संलयन
gap gene	अंतर जीन
gemmule	मुकुलक
gene duplication	जीन गुणन
generalised	सामान्यीकृत
genetic code	आनुवंशिक कूट
genetic drift	आनुवंशिक विचलन
genetic variants	आनुवंशिक परिवर्तों
genital ducts	जननांग नलिकाओं
genotype	जीन प्ररूप
germinal cell	जननिक कोशिका
germline	जनन वंश
gonads	जनदों
grown	संवर्धित
haploid	अगुणित
haplosufficient	अगुणित पर्याप्त
hemizygous	अर्धयुग्मजी
hereditary determinant	आनुवंशिक निर्धारक
heredity	आनुवंशिकता
heritability	वंशागतित्व
hermaphrodite	उभयलिंगी
heterochromatic knob	विषमवर्णी नॉब / घुंडी
heterogeniety	विषमांगता
heteroplasmic	विषमद्रव्यी
heterothallic filamentous fungi	विषमथैलसी तंतुमय कवक
heterozygotes	विषमयुग्मजी / विषमयुग्मज
hetroplasmic	विषमद्रव्यी
high frequency recombination	उच्च आवृत्ति पुनर्योजन
histocompatibility antigen	प्रतिजन / ऐन्टीजन
homologous chromosomes	समजात गुणसूत्र
homozygotes	समयुग्मज / समयुग्मजी

homozygous recessive	समयुग्मजी अप्रभावी
hotspots	अधिस्थल
human peripheral blood lymphocyte; HBL	मानव परिधीय रक्त लसीकाणु
hybrid zones	संकर क्षेत्र
hybridization	पादप संकरण
hyperactivate	अतिसक्रिय
hyperploid	अतिगुणित
hyphae	कवकतंतुओं
hypoploid	अधोगुणित
hypostatic	अबल
illegitimate recombination	अशुद्ध पुनर्योजन
imprecise excision	अयथार्थ कर्तन
imprecise recombination	अयथार्थ पुनर्योग
imprinted	अध्यंकित
<i>in situ</i> hybridisation	स्थाने संकरण
inbred	अंतःप्रजात
incompatible gametes	अनिषेचय युग्मक
independent assortment	स्वतंत्र अपव्यूहन
inheritance	वंशागति
integration	समेकन
integration site	समाकलन स्थल
inter cross	अंतः संकरण
Interactive Variance; V_E	अन्योन्यक्रिया प्रसरण
interface	अन्तरफलक
interference	यतिकरण
internal node	नोड पर्वसंधि
interphase	अंतरावस्था
interphase nucleus	अंतरावस्था केंद्रक
interrupted mating experiment	बाधित संगम परीक्षण
interstitial intercalary	आंतरायिक (अंतर्वेधी)
intestinal trait	जीवों के आंत्र
intragenic complementation	अन्तराजीनी (या अन्तर युग्मविकल्पी) पूरकन

invagination	अंतर्वलन
inversion	प्रतिलोमन
isochromosome	समगुणसूत्र
kernal	अष्टि
law of segregation	पृथक्करण का नियम
leap coloration	पर्णकन
lethal mutation	घातक उत्परिवर्तन
light microscopy	प्रकाश सूक्ष्मदर्शिकी
binary fission	द्वि-विभाजन
linkage phase	सहलग्नता प्रावस्था
linked marker	सहलग्न संकेतक
localisation	स्थानीयकरण
loss of identity	सरूपता का ह्रास
lysogenic / lysogeny	लयजनक / लयजनन
male specific lethal	पुरुष विशिष्ट घातक
maternal effect gene	मातृ प्रभाव जीन
mating	समागम
mating types	समागम प्रकार
meiosis	अर्धसूत्रण / अर्धसूत्रीविभाजन
membrane bound endonuclease	कलाबद्ध एन्डोन्यूक्लीएस
merodiploid	अंशद्विगुणित
microevolution	सूक्ष्मविकास
microinjection	सूक्ष्मअंतःक्षेपण
microtubule-depolymerising agent	सूक्ष्मनलिका विबहुलकन कर्मक
mitosis	समसूत्रीविभाजन
mitotically heritable	समसूत्रणी रूप से वंशागत
molecular evolution	आण्विक विकास
monosomy	एकसूत्रता
monozygotic	एकयुग्मजी
moulting	निर्मोचन
multimeric	बहुलकीय
multinomial expansion	बहुपद प्रसार
multivariant	बहुपरिवर्ति
mutant	उत्परिवर्ती

mutation	उत्परिवर्तन
mycelium	कवकजाल
narrow	संकुचित
natural population	प्राकृतिक समाष्टि
non-crossover	अविनिमयी
non-disjunction	अवियोजन
non-epistatic interactions	अ-प्रबल पारस्परिक क्रियाएं
non-homologous	असमजात्
non-invasive	अ-आक्रामक
nuclear transfer	केन्द्रक हस्तांतरण
nuclear transfer experiment	केंद्रकीय स्थानांतरण परीक्षण
alleles	युग्मविकल्पी
null hypothesis	निराकरणीय परिकल्पना
nullisomy	द्विन्यूनसूत्रता / शून्यसूत्रता
nurture	पालनपोषण
observed deviation	प्रेक्षित विचलन
octad	अष्टक
oligomeric	स्वल्पलकी
oocyte	अण्डक
oogenesis	अंडजनन
ordered tetrad	क्रमित अष्टक
ovariole	अंडाशयक
ovary	अंडाशय
overdominance	अतिप्रभाविता
overlap	आच्छादन
overlapping mutation	अतिव्यापनी उत्परिवर्तन
pair rule gene	जोड़ी नियम जीन
pangeneses	पैनजीनवाद
parapatric	परास्थानिक
parasexual	परालैंगिक
parasitized	अंतर्ग्रहित
parazite	परजीवी
parthenogenesis / parthenogenetic	अनिषेकजनन / अनिषेकजननी
partial diploidy	आंशिक द्विगुणिता

particulate nature	कण प्रकृति
particulate units	विविक्त एककों
passive	निष्क्रिय
patterning mutant	पैटर्निंग / प्रतिरूपण उत्त्परिवर्ती
pedigree	वंशावली
pedigree analysis	वंशावली विश्लेषण
penetrant	वेधक
permissible	अनुमेय
phenocopy	लक्षणकृति
phenotype	लक्षणप्ररूप
phenotypic	लक्षणप्ररूपी
phylogenetic	जातिवृत्तीय
phylogenetic tree	जातिवृत्तीय वृक्ष
pigment deposition	वर्णक निक्षेपण
pigmented	वर्णकित
pleiotropy	बहुप्रभाविता
pole cell	ध्रुव कोशिका
pollen	परागकोश
polymorphic / polymorphism	बहुरूपी / बहुरूपता
polyploidy / polyploidy	बहुगुणित / बहुगुणिता
polyspermy	बहुबीजता / बहुशुक्राणुता
population genetics	समष्टि आनुवंशिकी
position effect	स्थिति प्रभाव / स्थान प्रभाव
postzygotic	पश्चयुग्मजी
precocious puberty	अकालपक्व किशोरावस्था
predictive method	पूर्वकथन पद्धति
preferential multiplication	वरणात्मक गुणन
preformation	पूर्व-निर्माण
prezygotic	पूर्वयुग्मजी
probability method	संभाव्यता विधि
proboscis	मादा सूंड
pseudoautosomal region	छद्मअलिंगसूत्री क्षेत्र
pseudodominance	कूटप्रभाविता
purifying selection	शोधन चयन

quantitative trait loci; QTL	मात्रात्मक विशेषक लोकस
random alignment	यादृच्छिक संरेखण
random genetic drift	यादृच्छिक आनुवंशिक विचलन
raw material	अपरिष्कृत सामग्री
recessive	अप्रभावी
recessive disorder	अप्रभावी विकार
reciprocal cross	व्युत्क्रम संकरण
recombinant	पुनर्योगज
recombinant DNA technology	पुनर्योगज डीएनए प्रौद्योगिकी
recombinant gametes	पुनर्योगी युग्मक
recombination	पुनर्योजन
reduction division	न्यूनकारी विभाजन
regression analysis	समाश्रयण विश्लेषण
renal	वृक्कीय
repeated backcross	प्रतीप संकरण
replication	प्रतिकृतियन
repression	दमन
reproductive isolation	जनन पार्थक्य
reproductive isolation mechanisms; RIM	जनन पृथक्करण क्रियाविधि
repulsion or trans configuration	प्रतिकर्षण या विपक्ष-संरूपण
restriction enzyme	अंतर्जात प्रतिबंधन एन्जाइम
ring chromosome	वलय गुणसूत्र
rough edge	रूक्ष किनारे
scatter diagram	प्रकीर्ण आरेख
scientific discipline	वैज्ञानिक शास्त्र
sea urchin	जलसाही
secretory tissue	ऊतक
segmentation gene	विभाजन जीन
selection differential	चयन विभेद
selective elimination	वरणात्मक निष्कासन
self fertilisation	स्व-निषेचन
self sterility	स्व-वध्यता
self-pollinated	स्व-परागण

semisolid	अर्धठोस
sequence alignment	अनुक्रम संरेखण
sequenced	अनुक्रमित
sex influenced	लिंग प्रभावित
sex-limited traits	लिंग-सीमित विशेषकों
sexual differentiation	लैंगिक विभेदन
sexual dimorphism	लैंगिक द्विरूपता
sexually dimorphic	द्विरूपी
sib-mating	समाभासी संगम
simultaneous reversion	समकालिक प्रत्यावर्तन
single copy gene	एकल जीन प्रति
single germ cell	एकल जनन कोशिका
single nucleotide polymorphism; SNP	एकल न्यूक्लीओटाइड बहुरूपता
somatic cell hybridization	कोशिका संकरण
specialised transduction	विशेषीकृत पारक्रमण
speciation	जातिउद्भवन
species tree	प्रजाति वृक्ष
standard deviation	मानक विचलन
sterile	वंध्य
sticky ends	सिरे/संलागी सिरे
strains	प्रभेदों
stripe by stripe	धारी दर धारी
structural aberrations	संरचनात्मक विपथन
subculture	उप-संवर्धित
successor	अनुक्रमिक
survival of the fittest	उत्तरजीविता
sustainable agriculture	संधारणीय कृषि
symbiosis	सहजीवन
sympatric	समस्थानिक
synchronous	समकालिक
synonymous mutation	समानार्थी/समनामी उत्परिवर्तन
taxa	वर्गक
temperate phage	संयत विभोजी
temperature sensitive	ताप संवेदी

temporal map	कालिक मानचित्र
teratogen	टिरेटोजन / विरूपजन
test cross	परीक्षार्थ संकरण
texture	गठन
theoretical distribution	अनुमानित प्रसार
thoracic bristles	वक्षीय शूक
trait	विशेषक
transcription factor	अनुलेखन कारक
transcriptionally silent nuclear compartment	अनुलेखनीय नीरव केन्द्रक कोष्ठ
transducing particle	पारक्रमी कण
transducing phage	पारक्रमी फाज
transformation	रूपांतरण
transfusion	रक्ताधान
transgenic line	वंशानुक्रम
trans-heterozygote	विपक्ष-विषमयुग्मज
translation	अनुवादन
translational repressor	अनुवादनीय दमनक
transmission	संचरण
transmission genetics	संचरण आनुवंशिकी
trial and error	परीक्षण और त्रुटि
trihybrid	त्रिसंकर
trihybrid selfing	त्रिसंकर स्वसंकरण
trisomy	एकाधिसूत्रता / त्रिसूत्रता
true breeding	तद्रूप प्रजनन / तद्रूप प्रजनन
truit	विशेषक
turbidity	आविलता
unambiguous	असंदिग्ध
undiluted	विशुद्ध
unfused	अयुग्मित
uniparental disomy	एकजनकीय द्विसूत्रता
unordered combination	अक्रमित संयोजन
unordered tetrad	अक्रमित चतुष्टय
unrooted	अमूलबद्ध

upregulated	वर्धनियंत्रित
upstream	प्रतिप्रवाह / उपरिधारा
variant	परिवर्त
variation	विभिन्नता
vertebrate model system	कशेरुकी मॉडल प्रणाली
X-linked dominant traits	X-सहलग्न प्रभावी विशेषक
Yeast-Artificial Chromosome; YAC	यीस्ट कृत्रिम गुणसूत्र
zygotic	युग्मनज



ignou
THE PEOPLE'S
UNIVERSITY