



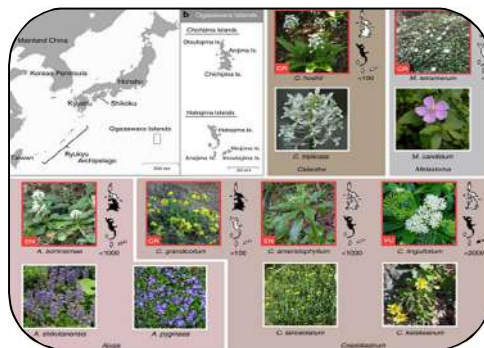
जनसंख्या जीनोमिक्स और लुप्तप्राय पौधों की प्रजातियाँ: संरक्षण के लिए निहितार्थ Population Genomics and Endangered Plant Species: Implications for Conservation

मुदित कुमार साहू

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

सारांश (Abstract)

जैव-विविधता का तीव्र हास वर्तमान वैश्विक पर्यावरणीय संकटों में से एक है। आवास-विनाश, जलवायु परिवर्तन, प्राकृतिक संसाधनों का अतिदोहन, आक्रामक विदेशी प्रजातियाँ, प्रदूषण तथा मानवीय गतिविधियाँ अनेक पौधों की प्रजातियों को विलुप्ति के संकट की ओर ले जा रही हैं। किसी प्रजाति के संरक्षण के लिए केवल उसकी संख्या और भौगोलिक वितरण का अध्ययन पर्याप्त नहीं है, बल्कि उसकी आनुवंशिक विविधता तथा भविष्य में पर्यावरणीय परिवर्तन के अनुकूलन की क्षमता का आकलन भी आवश्यक है। जनसंख्या जीनोमिक्स (Population Genomics) ने संरक्षण आनुवंशिकी को एक नई दिशा प्रदान की है। आधुनिक Next-Generation Sequencing (NGS), Whole-Genome Sequencing (WGS), SNP genotyping तथा अन्य genomic techniques के माध्यम से किसी प्रजाति की genome-wide genetic diversity, population structure, gene flow, inbreeding, demographic history, effective population size तथा deleterious genetic variation का अधिक सटीक अध्ययन किया जा सकता है।



लुप्तप्राय पौधों में छोटी एवं पृथक जनसंख्या के कारण genetic drift, inbreeding और genetic diversity की कमी जैसी समस्याएँ उत्पन्न हो सकती हैं। ऐसी परिस्थितियों में population genomics संरक्षण की प्राथमिकताओं को निर्धारित करने, genetically important populations की पहचान करने, seed collection एवं ex-situ conservation programmes को बेहतर बनाने तथा आवश्यकता पड़ने पर genetic rescue और assisted gene flow की योजना बनाने में महत्वपूर्ण भूमिका निभा सकता है। यह शोध-पत्र जनसंख्या जीनोमिक्स की अवधारणा, प्रमुख

तकनीकों, लुप्तप्राय पौधों में इसके उपयोग, संरक्षण रणनीतियों, चुनौतियों तथा भविष्य की संभावनाओं का विश्लेषण प्रस्तुत करता है।

मुख्य शब्द: - जनसंख्या जीनोमिक्स, संरक्षण जीनोमिक्स, लुप्तप्राय पौधे, आनुवंशिक विविधता, SNP, जीन प्रवाह, आनुवंशिक बहाव, इनब्रीडिंग, जैव-विविधता, संरक्षण।

1. प्रस्तावना :-

पौधे पृथ्वी के पारिस्थितिक तंत्रों के आधारभूत घटक हैं। वे भोजन, औषधि, ईंधन, रेशा, ऑक्सीजन तथा अनेक पारिस्थितिक सेवाएँ प्रदान करते हैं। इसके बावजूद अनेक वनस्पति प्रजातियाँ वर्तमान समय में गंभीर संरक्षण संकट का सामना कर रही हैं। प्राकृतिक आवासों का विखंडन, कृषि एवं नगरीकरण का विस्तार, वनों की कटाई, जलवायु परिवर्तन तथा प्राकृतिक संसाधनों का अनियंत्रित दोहन पौधों की आबादी को लगातार प्रभावित कर रहा है।

परंपरागत संरक्षण विज्ञान में किसी प्रजाति की जनसंख्या का आकार, वितरण, प्रजनन तथा आवास की स्थिति प्रमुख संकेतक रहे हैं। किंतु केवल population size से किसी प्रजाति के दीर्घकालीन अस्तित्व की पूरी जानकारी प्राप्त नहीं होती। दो समान आकार की जनसंख्याओं में genetic diversity का स्तर अलग हो सकता है। जिस population में आनुवंशिक विविधता अधिक होगी, उसमें बदलती पर्यावरणीय परिस्थितियों के प्रति अनुकूलन की संभावना अपेक्षाकृत अधिक हो सकती है।

IUCN के अनुसार genetic diversity दीर्घकालीन survival, adaptation और resilience की आधारभूत शर्तों में से एक है। इसलिए genetic diversity की नियमित monitoring संरक्षण कार्यक्रमों का महत्वपूर्ण भाग बनती जा रही है।

Population genomics ने इस समस्या के समाधान के लिए व्यापक genomic datasets उपलब्ध कराए हैं। पारंपरिक conservation genetics में सीमित संख्या के molecular markers का उपयोग किया जाता था, जबकि आधुनिक sequencing technologies हजारों या लाखों genetic markers का विश्लेषण संभव बनाती हैं।

2. अध्ययन के उद्देश्य :-

इस शोध-पत्र के प्रमुख उद्देश्य निम्नलिखित हैं—

1. Population Genomics की अवधारणा को स्पष्ट करना।
2. लुप्तप्राय पौधों की genetic diversity के संरक्षण में genomics की भूमिका का अध्ययन करना।
3. NGS, WGS और SNP-based techniques की उपयोगिता का विश्लेषण करना।
4. Population structure तथा gene flow की पहचान में genomic approaches की भूमिका समझना।
5. Inbreeding तथा genetic load के प्रभावों का अध्ययन करना।

6. Endangered plant species के conservation programmes में population genomics के व्यावहारिक उपयोग का विश्लेषण करना।
7. In-situ तथा ex-situ conservation के लिए genomic information की उपयोगिता का मूल्यांकन करना।
8. भविष्य में conservation genomics की संभावनाओं और चुनौतियों की पहचान करना।

3. शोध-पद्धति (Research Methodology)

यह शोध-पत्र **Review Research Methodology** पर आधारित है। अध्ययन के लिए conservation genetics, population genomics तथा threatened plant conservation से संबंधित वैज्ञानिक शोध-पत्रों, review articles, IUCN publications तथा अन्य विश्वसनीय वैज्ञानिक स्रोतों का अध्ययन किया गया है।

अध्ययन में निम्न प्रमुख विषयों को आधार बनाया गया है—

- Genetic diversity
- Population structure
- Effective population size
- Gene flow
- Inbreeding
- Genetic drift
- Demographic history
- Genetic load
- Local adaptation
- Conservation genomics
- In-situ conservation
- Ex-situ conservation
- Genetic rescue

आधुनिक conservation-genomics literature में NGS तथा WGS आधारित datasets से endangered plants में genetic diversity, population differentiation, demographic history, runs of homozygosity और deleterious mutations का अध्ययन किया जा रहा है।

4. Population Genomics की अवधारणा :-

Population genomics किसी प्रजाति की विभिन्न populations में genome-wide genetic variation के अध्ययन को कहा जाता है। इसका उद्देश्य यह समझना है कि genetic variation किस प्रकार populations के बीच और population के भीतर वितरित है।

Traditional population genetics में microsatellites या सीमित molecular markers का प्रयोग व्यापक रूप से किया जाता रहा है। इसके विपरीत population genomics हजारों से लाखों SNPs तथा अन्य genomic variants का उपयोग कर सकती है।

Population genomics के माध्यम से निम्नलिखित प्रश्नों का उत्तर प्राप्त किया जा सकता है—

- किसी species में genetic diversity कितनी है?
- कौन-सी population सबसे अधिक genetically diverse है?
- populations के बीच genetic differentiation कितना है?
- क्या populations के बीच gene flow हो रहा है?
- क्या population में inbreeding बढ़ रही है?
- क्या population का आकार ऐतिहासिक रूप से घटा है?
- क्या genetic bottleneck हुआ है?
- कौन-से genomic regions environmental adaptation से संबंधित हैं?
- कौन-सी population conservation के लिए प्राथमिकता की पात्र है?

5. लुप्तप्राय पौधों में आनुवंशिक विविधता का महत्व :-

Genetic diversity किसी species के evolutionary potential का महत्वपूर्ण आधार है। उच्च genetic diversity वाली population में विभिन्न environmental conditions के प्रति adaptation की संभावनाएँ अधिक हो सकती हैं।

इसके विपरीत, छोटी population में लगातार genetic drift के कारण alleles का loss हो सकता है। यदि population लंबे समय तक छोटी और isolated रहती है, तो inbreeding बढ़ सकती है तथा fitness में कमी आ सकती है।

लुप्तप्राय पौधों में निम्नलिखित आनुवंशिक समस्याएँ सामान्यतः महत्वपूर्ण हो सकती हैं —

5.1 Genetic Drift :-

छोटी populations में random genetic changes का प्रभाव अधिक होता है। इसके कारण rare alleles तेजी से समाप्त हो सकते हैं।

5.2 Inbreeding :-

निकट संबंधी individuals के बीच breeding से homozygosity बढ़ सकती है। इससे deleterious recessive alleles के expression की संभावना बढ़ सकती है।

5.3 Genetic Bottleneck :-

जब population size अचानक कम हो जाती है, तो genetic diversity का महत्वपूर्ण हिस्सा खो सकता है।

5.4 Isolation :-

Habitat fragmentation के कारण populations एक-दूसरे से अलग हो सकती हैं। इससे gene flow कम हो जाता है।

5.5 Genetic Load :-

हानिकारक genetic variants population में जमा हो सकते हैं। अत्यधिक genetic load population की long-term viability को प्रभावित कर सकता है।

Threatened plants में population collapse के अध्ययन यह दर्शाते हैं कि demographic decline, inbreeding और genetic load को conservation planning में एक साथ देखना आवश्यक है।

6. Population Genomics की प्रमुख तकनीकें :-

6.1 Next-Generation Sequencing :-

NGS ने बड़े genomic datasets को कम समय और अपेक्षाकृत कम लागत में प्राप्त करना संभव बनाया है। इससे endangered species के लिए हजारों genetic markers की पहचान की जा सकती है।

6.2 Whole Genome Sequencing :-

WGS द्वारा पूरे genome का sequence प्राप्त किया जा सकता है। यह approach genetic variation की अधिक व्यापक तस्वीर प्रदान करती है।

6.3 SNP Analysis :-

Single Nucleotide Polymorphisms अर्थात् SNPs population genomics के सबसे उपयोगी markers में से हैं। SNP data से population structure, genetic differentiation तथा demographic history का अध्ययन किया जा सकता है।

6.4 RAD-seq तथा Reduced Representation Sequencing :-

जब reference genome उपलब्ध नहीं होता या पूरा genome sequence करना कठिन होता है, तब reduced-representation methods उपयोगी हो सकती हैं।

6.5 Chloroplast Genomics :-

पौधों में chloroplast genome का अध्ययन phylogeography, maternal lineage तथा historical dispersal patterns को समझने में उपयोगी हो सकता है।

6.6 Transcriptomics :-

Transcriptomic approaches यह समझने में सहायता करती हैं कि environmental stress के दौरान कौन से genes सक्रिय होते हैं।

7. Population Structure और Gene Flow :-

Population genomics विभिन्न populations के बीच genetic differentiation को मापने में सक्षम है। इससे यह निर्धारित किया जा सकता है कि कोई species वास्तव में एक genetically connected population है अथवा कई genetically distinct populations में विभाजित है।

Gene flow किसी species की genetic health के लिए महत्वपूर्ण हो सकता है। यदि populations के बीच पर्याप्त gene flow है तो genetic diversity बनी रह सकती है। लेकिन habitat fragmentation के कारण gene flow बाधित होने पर populations में differentiation बढ़ सकता है।

Genomic studies conservation managers को यह तय करने में सहायता कर सकती हैं कि —

- किन populations को जोड़ना चाहिए;
- किन populations में genetic material का exchange उपयोगी होगा;
- किन populations को अलग evolutionary unit के रूप में संरक्षित किया जाना चाहिए।

8. Effective Population Size :-

Effective population size (N_e) वास्तविक population size से भिन्न हो सकती है। यह उस population size को दर्शाती है जो genetic drift के संदर्भ में वास्तविक population के समान genetic behaviour प्रदर्शित करती है।

कई endangered plant populations में census population size दिखाई देने में बहुत कम नहीं होती, लेकिन effective population size बहुत छोटी हो सकती है। इसलिए conservation planning में केवल individuals की संख्या पर निर्भर रहना पर्याप्त नहीं है।

Population genomics effective population size के अनुमान को अधिक सटीक बनाने में सहायता करती है। Genomic data conservation biology में effective population size तथा migration rate जैसे महत्वपूर्ण parameters के अनुमान की precision बढ़ा सकता है।

9. Demographic History का अध्ययन :-

Population genomics के माध्यम से किसी species के अतीत की demographic history का अनुमान लगाया जा सकता है।

इससे यह पता लगाया जा सकता है कि —

- population कब बड़ी हुई;
- कब population decline हुआ;
- क्या historical bottleneck हुआ;
- क्या climate change ने population size को प्रभावित किया;
- क्या हाल का population decline मानव गतिविधियों से संबंधित हो सकता है।

ऐसी जानकारी conservation strategy को वर्तमान population size के आधार पर ही नहीं, बल्कि evolutionary history के आधार पर भी तैयार करने में सहायता देती है।

10. Inbreeding और Runs of Homozygosity :-

Genome-wide data से Runs of Homozygosity (ROH) की पहचान की जा सकती है। लंबी ROH सामान्यतः हाल की inbreeding का संकेत दे सकती हैं, जबकि छोटी ROH पुराने demographic events से संबंधित हो सकती हैं।

Endangered plant populations में ROH analysis यह पहचानने में उपयोगी हो सकता है कि :-

- कौन-सी population में inbreeding अधिक है;
- कौन-से individuals genetically अधिक related हैं;
- conservation breeding में किन individuals का चयन किया जाना चाहिए।

इस प्रकार genomic data conservation breeding programmes को अधिक वैज्ञानिक बनाने में सहायता कर सकता है।

11. Genetic Load और Deleterious Mutations :-

किसी population में उपस्थित harmful genetic variants को genetic load के संदर्भ में देखा जा सकता है। यदि population लंबे समय तक छोटी रहती है, तो deleterious mutations के प्रभाव और accumulation का प्रश्न महत्वपूर्ण हो जाता है।

Conservation genomics endangered plants में deleterious mutations तथा genetic load की पहचान करने के लिए genome-wide data का उपयोग कर सकती है। यह विशेष रूप से उन species के लिए महत्वपूर्ण है जिनकी populations लंबे समय से बहुत छोटी और isolated हैं।

12. Conservation में Population Genomics के प्रमुख अनुप्रयोग:-

12.1 Conservation Units की पहचान :-

Genomic information के आधार पर genetically distinct populations को अलग conservation units के रूप में पहचाना जा सकता है।

12.2 Genetic Hotspots की पहचान :-

कुछ populations अन्य populations की तुलना में अधिक genetic diversity रख सकती हैं। ऐसी populations को priority conservation areas बनाया जा सकता है।

IUCN की genetic diversity monitoring guidance भी genetic diversity hotspots और refugia की पहचान को conservation planning का महत्वपूर्ण भाग मानती है।

12.3 Seed Collection :-

Seed banks में केवल अधिक संख्या में seeds संग्रहित करना पर्याप्त नहीं है। अलग-अलग genetic populations का पर्याप्त प्रतिनिधित्व होना चाहिए।

Population genomics यह निर्धारित करने में मदद कर सकती है कि seed collection किन populations से और कितनी genetic representation के साथ किया जाए।

12.4 Ex-situ Conservation :-

Botanical gardens, seed banks, tissue culture तथा living collections में genetic diversity बनाए रखने के लिए genomic information उपयोगी हो सकती है।

12.5 Genetic Rescue :-

यदि किसी isolated population में genetic diversity बहुत कम है, तो carefully planned introduction of genetic material से genetic rescue की संभावना उत्पन्न हो सकती है।

हालाँकि genetic rescue के दौरान outbreeding depression, local adaptation के loss तथा pathogen introduction जैसे जोखिमों का भी मूल्यांकन आवश्यक है।

12.6 Assisted Gene Flow :-

Climate change के कारण किसी population के लिए भविष्य का habitat unsuitable हो सकता है। ऐसे मामलों में genetically appropriate populations के बीच gene flow conservation strategy का हिस्सा बनाया जा सकता है।

13. In-situ और Ex-situ Conservation का एकीकरण :-

Population genomics conservation को केवल laboratory-based activity नहीं बनाती, बल्कि field conservation से जोड़ती है।

In-situ Conservation :-

इसमें species को उसके प्राकृतिक habitat में संरक्षित किया जाता है।

Genomic information की सहायता से —

- genetically diverse populations की पहचान;
- habitat corridors की योजना;
- fragmented populations के बीच connectivity;
- priority populations की monitoring की जा सकती है।

Ex-situ Conservation

इसमें species को प्राकृतिक habitat के बाहर seed banks, botanical gardens, tissue culture laboratories आदि में संरक्षित किया जाता है।

Genomic screening यह सुनिश्चित करने में सहायता करती है कि ex-situ collection में species की वास्तविक genetic diversity पर्याप्त रूप से प्रतिनिधित्व करती हो।

14. जलवायु परिवर्तन और Population Genomics :-

Climate change पौधों के लिए तापमान, वर्षा, सूखा, समुद्र-स्तर वृद्धि तथा seasonal changes जैसी नई परिस्थितियाँ उत्पन्न कर रहा है।

Population genomics climate-associated genetic variation की पहचान करने में सहायता कर सकती है। इससे researchers यह समझ सकते हैं कि कौन-सी populations drought, heat, salinity या अन्य environmental stresses के प्रति अधिक adapted हो सकती हैं।

Genomics-based restoration में seed sourcing को climatic तथा genetic information के साथ जोड़ने की क्षमता है।

15. लुप्तप्राय पौधों के संरक्षण हेतु प्रस्तावित Genomic Framework :-

एक प्रभावी conservation genomics programme में निम्न चरण अपनाए जा सकते हैं —

Population Identification → Field Sampling → DNA Extraction → Sequencing → SNP/Variant Identification → Genetic Diversity Analysis → Population Structure → Gene Flow → Demographic History → Inbreeding/Genetic Load → Conservation Planning → Monitoring इस framework का उद्देश्य genomic data को सीधे practical conservation decisions में बदलना है। आधुनिक conservation literature भी basic genomic research और practical biodiversity management के बीच के gap को कम करने की आवश्यकता पर बल देता है।

16. भारत के संदर्भ में महत्व :-

भारत जैव-विविधता की दृष्टि से अत्यंत महत्वपूर्ण देश है। हिमालय, पश्चिमी घाट, पूर्वोत्तर भारत, अंडमान-निकोबार तथा अन्य ecological regions में अनेक endemic एवं threatened plant species पाई जाती हैं।

भारत में population genomics का उपयोग निम्न क्षेत्रों में विशेष रूप से उपयोगी हो सकता है —

1. Endemic medicinal plants का संरक्षण।
2. Forest tree species की genetic monitoring।
3. Rare तथा threatened plant populations का अध्ययन।
4. Climate-sensitive Himalayan plants का संरक्षण।
5. Western Ghats की fragmented plant populations का अध्ययन।
6. Wild relatives तथा traditional plant genetic resources का संरक्षण।
7. Seed banks एवं botanical gardens में genetic representation बढ़ाना।

भारत जैसे विशाल और जैव-विविध देश में genomic conservation को field ecology, taxonomy, traditional knowledge और community-based conservation के साथ जोड़ना अधिक प्रभावी हो सकता है।

17. Population Genomics की प्रमुख चुनौतियाँ :-

यद्यपि population genomics अत्यंत शक्तिशाली तकनीक है, फिर भी इसके सामने अनेक चुनौतियाँ हैं।

17.1 उच्च लागत :-

Whole-genome sequencing और bioinformatics infrastructure के लिए पर्याप्त वित्तीय संसाधनों की आवश्यकता हो सकती है।

17.2 Reference Genome की कमी :-

कई non-model plant species के लिए high-quality reference genome उपलब्ध नहीं है।

17.3 Bioinformatics विशेषज्ञता :-

Genomic datasets बहुत बड़े होते हैं और उनके analysis के लिए advanced computational skills की आवश्यकता होती है।

17.4 Sampling Bias :-

यदि sampling केवल कुछ populations तक सीमित हो तो genomic conclusions पूरी species पर लागू नहीं किए जा सकते।

17.5 Genomic Data की व्याख्या :-

हर genomic difference adaptive significance नहीं रखता। Neutral और functional variation में अंतर करना महत्वपूर्ण है।

17.6 Ethical और Policy Issues :-

Genetic resources के उपयोग में access and benefit-sharing, indigenous knowledge तथा national biodiversity regulations का ध्यान रखना आवश्यक है।

18. भविष्य की संभावनाएँ :-

आने वाले वर्षों में conservation genomics में कई महत्वपूर्ण विकास अपेक्षित हैं। पहला, endangered plants के लिए अधिक reference genomes उपलब्ध होंगे। दूसरा, long-read sequencing तथा improved assembly technologies complex plant genomes के अध्ययन को बेहतर बनाएंगी। तीसरा, AI और machine learning genomic तथा ecological datasets को एकीकृत करके extinction risk और conservation priorities के अनुमान में सहायता कर सकते हैं। Genomic data के साथ AI approaches का conservation applications में उपयोग पहले से विकसित हो रहा है।

इसके अतिरिक्त, genomic prediction, climate modelling, remote sensing और ecological monitoring को एकीकृत करके अधिक predictive conservation programmes विकसित किए जा सकते हैं।

2026 के conservation-genomics literature में restoration genetics और genomics को biodiversity restoration से जोड़ने पर भी बढ़ता ध्यान दिखाई देता है।

19. चर्चा (Discussion) :-

लुप्तप्राय पौधों का संरक्षण केवल population numbers को बढ़ाने का प्रश्न नहीं है। यदि किसी species के individuals की संख्या बढ़ा दी जाए लेकिन उसकी genetic diversity लगातार घटती रहे, तो उसकी long-term evolutionary potential कमजोर हो सकती है।

Population genomics इस समस्या को genome-wide स्तर पर देखने का अवसर देती है। यह conservation biologists को यह समझने में सहायता करती है कि कौन-सी populations genetically महत्वपूर्ण हैं, किन populations में inbreeding अधिक है और कहाँ gene flow को बनाए रखने या पुनर्स्थापित करने की आवश्यकता है।

हालाँकि genomic information को ecological information का विकल्प नहीं माना जाना चाहिए। Habitat quality, reproductive biology, pollination ecology, population demography और species interactions भी conservation success के लिए उतने ही महत्वपूर्ण हैं।

अतः सबसे प्रभावी दृष्टिकोण “**Genomics + Ecology + Demography + Local Knowledge + Conservation Policy**” का एकीकृत मॉडल होना चाहिए।

20. संरक्षण नीति के लिए सुझाव :-

लुप्तप्राय पौधों के संरक्षण में population genomics के प्रभावी उपयोग के लिए निम्न सुझाव दिए जा सकते हैं —

1. Threatened plant species के लिए national genomic databases विकसित किए जाएँ।
2. Genetic diversity की नियमित monitoring की जाए।
3. Genetically distinct populations को conservation planning में विशेष प्राथमिकता दी जाए।
4. Seed banks में genetically representative samples सुरक्षित किए जाएँ।
5. Conservation breeding programmes में genomic relatedness का उपयोग किया जाए।
6. Habitat fragmentation को कम करने के लिए ecological corridors विकसित किए जाएँ।
7. Genetic rescue अथवा assisted gene flow को वैज्ञानिक genomic assessment के बाद ही अपनाया जाए।
8. Universities, botanical gardens, forest departments तथा research institutes के बीच सहयोग बढ़ाया जाए।

9. Genomic resources के उपयोग में biodiversity तथा access-and-benefit-sharing regulations का पालन किया जाए।

10. Genomic results को सीधे field-level conservation action में परिवर्तित करने के लिए interdisciplinary programmes विकसित किए जाएँ।

IUCN guidance में भी genetic diversity assessment के आधार पर neutral तथा functional variation, population connectivity और आवश्यकता पड़ने पर gene-pool mixing तथा ex-situ conservation जैसे विकल्पों पर विचार करने की रूपरेखा प्रस्तुत की गई है।

21. निष्कर्ष (Conclusion) :-

Population genomics ने endangered plant conservation के क्षेत्र में एक महत्वपूर्ण वैज्ञानिक परिवर्तन उत्पन्न किया है। Traditional conservation genetics की तुलना में genomic approaches बहुत अधिक molecular markers के माध्यम से genetic diversity, population structure, gene flow, effective population size, demographic history, inbreeding और genetic load का विस्तृत अध्ययन संभव बनाती हैं।

लुप्तप्राय पौधों के लिए genomic information का सबसे महत्वपूर्ण योगदान यह है कि यह conservation decisions को केवल population size के आधार पर लेने के बजाय evolutionary और genetic information पर आधारित बनाती है।

भविष्य में Whole Genome Sequencing, population-scale SNP analysis, long-read sequencing, environmental genomics, AI तथा climate modelling के एकीकरण से endangered plants के conservation programmes अधिक predictive और effective हो सकते हैं।

फिर भी genomics को conservation का अकेला समाधान नहीं माना जा सकता। Habitat protection, ecological restoration, sustainable resource use, community participation और effective environmental policy के साथ population genomics को जोड़ना आवश्यक है।

अतः जनसंख्या जीनोमिक्स को लुप्तप्राय पौधों के संरक्षण के लिए एक decision-support technology के रूप में विकसित करना चाहिए, जिसका उद्देश्य genetic diversity को बनाए रखना, adaptive potential को सुरक्षित रखना और प्रजातियों की दीर्घकालीन evolutionary resilience सुनिश्चित करना हो।

22. 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. DeSalle, R., & Amato, G. (2004). The expansion of conservation genetics. *Nature Reviews Genetics*, 5, 702–712.
3. Hogg, C. J. (2024). Translating genomic advances into biodiversity conservation. *Nature Reviews Genetics*, 25, 362–373.

4. Tian, X. L., & Ma, Y. P. (2021). Editorial: Conservation Genomic Studies for Threatened Plants. *Frontiers in Genetics*, 12, 778712.
5. Hvilsom, C., Segelbacher, G., Ekblom, R., et al. (2022). Selecting species and populations for monitoring of genetic diversity. IUCN.
6. Pokrovac, I., & Pezer, Ž. (2022). Recent advances and current challenges in population genomics of structural variation in animals and plants. *Frontiers in Genetics*, 13.
7. van Oosterhout, C. (2024). AI-informed conservation genomics. *Heredity*, 132, 1–4.
8. van Oosterhout, C., et al. (2025). Genome engineering in biodiversity conservation and restoration. *Nature Reviews Biodiversity*, 1, 543–555.
9. Maxted, N., & Magos Brehm, J. (2026). Conservation of crop wild relatives and landraces for use in crop production. *Nature Reviews Biodiversity*.
10. Ludwig, A., & Foerster, D. W. (2026). Editorial: Restoration genetics and genomics. *Frontiers in Conservation Science*, 7, 1792971.