



## Isolated populations in India are vulnerable to COVID-19!

The infection of coronavirus SARS-CoV-2 has impacted various ethnic groups all over the world. Recent studies suggest that the indigenous groups in Brazil have been massively affected by COVID-19. The death rate was twice high among the indigenous communities of Brazil. It was also shown that many of the indigenous communities have reached the verge of extinction due to this pandemic.

India is home for several indigenous and smaller communities including Andaman Islanders, who are living in isolation for tens of thousands of years. Recently, Dr Kumarasamy Thangaraj from CSIR-CCMB, who is presently Director of CDFD, Hyderabad and Prof Gyaneshwer Chaubey of BHU, Varanasi jointly led the genomic analysis of several Indian populations. They found that populations that carry similar long DNA segments (homozygous) in their genome are most likely to be more susceptible to COVID-19. The research has been published online recently in the journal *Genes and Immunity*.

Dr Thangaraj, who traced the origin of Andaman Islanders, said, “We have investigated a high-density genomic data of >1600 individuals from 227 ethnic populations. We found high frequency of contiguous lengths of homozygous genes among Onge, Jarawa (Andaman Tribes) and a few more populations who are in isolation and follow a strict endogamy, making them highly susceptible for COVID-19 infection”.

The researchers have also assessed the *ACE2* gene variants, that make individuals susceptible for COVID-19. They found that the Jarawa and Onge populations have high frequency of these mutations.

“There have been some speculations on the effect of COVID-19 among isolated populations. However, for the first time, we have used genomic data to assess the risk of COVID-19 on the small and isolated populations”, said Prof Chaubey, Professor of Molecular Anthropology at BHU, Varanasi.

“Results obtained from this study suggest that we need to have a high priority protection and utmost care for the isolated populations, so that we don’t lose some of the living treasures of modern human evolution”, said Dr. Vinay Kumar Nandicoori, Director, CCMB, Hyderabad.

Other participants of this study include: Prajval Pratap Singh, Prof VN Mishra, Prof Royana Singh and Dr Abhishek Pathak from BHU, Varanasi; Dr Prashanth Suravajhala from Amrita University, Kerala; Pratheusa Machha from CSIR-CCMB, Hyderabad; Dr Rakesh Tamang from Calcutta University, Dr Ashutosh K Rai from Saudi Arabia, Dr Pankaj Shrivastava from FSL MP, and Prof Keshav K Singh from University of Alabama USA.

Link: <https://www.nature.com/articles/s41435-021-00150-8>



### अंडमान के आदिवासी समूहों को कोविड-19 से ज्यादा खतरा

कोरोनावायरस के विश्वव्यापी विस्तार ने दुनिया भर के विभिन्न मानव समूहों को प्रभावित किया है। ब्राज़ील में लोगों पर हालिया अध्ययन में यह बात सामने आई है कि वहां के आदिवासी समूह इस वायरस से बड़े पैमाने पर प्रभावित हुए हैं। ब्राज़ील के आदिवासी समुदायों में मृत्यु दर दोगुनी थी। किये गए शोधों में सामने आया कि इस महामारी के कारण कई आदिवासी समुदाय विलुप्त होने के कगार पर पहुंच गए हैं। भारत में भी बहुत से आदिवासी समुदाय हैं, जिनमें से कई ऐसे हैं जिनकी कुल जनसंख्या 1000 से भी कम है। अंडमान द्वीप समूह के आदिवासी लोग इनमें प्रमुख हैं। सीएसआईआर-सीसीएमबी हैदराबाद के डॉ. कुमारसामी थंगराज और बीएचयू वाराणसी के प्रोफेसर जानेश्वर चौबे के सह-नेतृत्व में एक महत्वपूर्ण शोध में देश भर के 13 संस्थानों के 11 वैज्ञानिकों ने भारतीय आबादी का जीनोमिक विश्लेषण किया है, और पाया कि पाया है कि कुछ समुदायों के जीनोम में समान प्रकार के डीएनए सेगमेंट (समयुग्मजी) पाए जा रहे हैं जो उनको COVID-19 के प्रति अधिक संवेदनशील बनाती हैं। और ऐसे जीनोम की कोविड-19 से संक्रमित होने की सबसे अधिक संभावना है। यह शोध विज्ञान की पत्रिका जीन्स एंड इम्युनिटी में प्रकाशित हुआ है।

प्रमुख वैज्ञानिक, डॉ. कुमारसामी थंगराज, जो अंडमान द्वीप वासियों की उत्पत्ति का पता लगाने के लिए जाने जाते हैं, ने कहा कि उनकी शोध टीम ने 227 समुदायों के 1600 से ज्यादा व्यक्तियों के उच्च रेसोल्यूशन वाले जीनोमिक डेटा में उस डीएनए की जांच की जो कोविड-19 जोखिम को बढ़ा देता है। टीम ने ऑंगे और जरावा (अंडमान जनजाति) में सबसे ज्यादा जोखिम पाया।

शोधकर्ताओं की टीम ने ACE2 जीन का अध्ययन करते हुए कोविड-19 के जोखिम का भी आकलन किया, और पाया कि जारवा और ओन्गे में कोविड-19 के खतरे को बढ़ाने वाला म्यूटेशन सबसे ज्यादा पाया गया।

बीएचयू के मॉलिक्यूलर एंथ्रोपोलॉजी के प्रोफेसर जानेश्वर चौबे ने कहा कि अभी तक इस विषय पर की कोविड-19 का प्रभाव किसी भी समुदाय पर कैसे पड़ेगा, इसके बारे में कोई भी पुख्ता जानकारी नहीं थी। इस तरीके के पहले शोध में हमारी टीम ने यह दिखाया है, कि जेनोमिक डाटा का इस्तेमाल करते हुए कैसे हम किसी भी समुदाय को कोविड-19 के जोखिम स्तर को पता कर सकते हैं।

इस अध्ययन से प्राप्त परिणाम बताते हैं कि हमें आइसोलेटेड आबादी के लिए उच्च प्राथमिकता वाली सुरक्षा और अत्यधिक देखभाल की आवश्यकता है, ताकि हम आधुनिक मानव विकास के कुछ जीवित किंवदंतियों को न खोएं, डॉ. विनय के नंदीकुरी, सीसीएमबी, हैदराबाद के निदेशक, ने कहा।

इस अध्ययन के अन्य वैज्ञानिक: प्रज्जवल प्रताप सिंह, प्रो. वीएन मिश्रा, प्रो. रोयाना सिंह और डॉ. अभिषेक पाठक बीएचयू, वाराणसी से; अमृता विश्वविद्यालय, केरल से डॉ. प्रशांत सुरवज़ाला; सीएसआईआर-सीसीएमबी, हैदराबाद से प्रत्युसा मच्चा; कलकत्ता विश्वविद्यालय से डॉ. राकेश तमांग, सऊदी अरब से डॉ. आशुतोष राय, एफएसएल मध्य प्रदेश से डॉ. पंकज श्रीवास्तव, और अलबामा विश्वविद्यालय अमेरिका से प्रोफेसर केशव के सिंह थे।

Link: <https://www.nature.com/articles/s41435-021-00150-8>