

აბესაძე თამთა

თბილისის სახელმწიფო სამედიცინო უნივერსიტეტი

მედიცინის ფაკულტეტი

V კურსი

თემა I - როგორ გვეხმარება დნმ კაცობრიობის უძველესი ისტორიის შესწავლაში?

დნმ-უნიკალური მოლეკულაა, რომლის სტრუქტურული თავისებურებები თითოეულ ინდივიდს გენეტიკური თვალსაზრისით განსაკუთრებულად აქცევს. მისი აღმოჩენის შემდეგ კაცობრიობის უძველესი ისტორია საფუძვლიანად შეიცვალა და უამრავ იდუმალ კითხვას გაეცა სათანადო პასუხი. დნმ-ის საშუალებით თითქოს წარსულის ნაწილი ვხდებით, უფრო ახლოს ვეცნობით იმ ეპოქას, რომელთანაც ათასწლეულები და კიდევ უფრო მეტი დრო გვაშორებს. საინტერესოა, რომ დნმ შეიცავს ისტორიებს უძველესი წარსულის შესახებ, ის რაიმე წერილობითი ჩანაწერის არსებობამდე გაცილებით უფრო დიდი ხნით ადრე მომხდარ ფაქტებზე გვიამბობს. ეს ყოველივე არქეოლოგიურ აღმოჩენებთან ერთად გვამცნობს უძველესი ადამიანების სიცოცხლის ხანგრძლივობის, მათი ცხოვრების წესისა და ამა თუ იმ უნარის შესახებ. და მაინც, რამდენად გვეხმარება დნმ კაცობრიობის უძველესი ისტორიის შესწავლაში?! პასუხი ცალსახა და ნათელია, რადგან მისი აღმოჩენის შემდგომ ბევრი რამ შეიცვალა უძველეს ისტორიაში, დაიმსხვრა უამრავი მითი და უამრავიც თავიდან დაიბადა.

ბოლო ათი ათასი წელია დედამიწაზე ჰომო საპიენსები ბატონობენ, თუმცა წარსულში ჰომოს გვარში საპიენსის გარდა სხვა სახეობებიც შედიოდა. საინტერესოა რა მოხდა, რა დაემართა მათ გენეტიკურ ინფორმაციას, სად გაქრა იგი?! ამ კითხვას პასუხი 2010 წელს გაეცა, როდესაც ნეანდერტალელის გენომის ოთხწლიანი კვლევის შედეგები გამოქვეყნდა. გენეტიკოსებმა ნამარხიდან საკმარისი გენეტიკური მასალის მოგროვება შეძლეს, რათა ნეანდერტალელისა და თანამედროვე ჰომო საპიენსის დნმ ერთმანეთისთვის შეედარებინათ. შედეგმა სამეცნიერო საზოგადოება გააოგნა.

კვლევამ ცხადყო, რომ ახლო აღმოსავლეთისა და ევროპის მოსახლეობის უნიკალური დნმ-ის 1 დან 4 პროცენტამდე ნეანდერტალელის დნმ-ია. ეს არც თუ ისე დიდი, მაგრამ მაინც მნიშვნელოვანი რიცხვია, თუ გავითვალისწინებთ იმ ფაქტს, რომ ნეანდერტალელი დასავლეთ ევრაზიის ტერიტორიაზე 40 000 წლის წინათ ცხოვრობდა. ჰომინინის ნაშთებიდან მოპოვებული დნმ-ის თანმიმდევრობები გვთავაზობენ უნიკალურ მოდელს მათი სპეციფიკური მახასიათებლების გასაგებად.

კვლევამ ასევე აჩვენა, რომ ნეანდერტალელები უფრო მეტ გენეტიკურ ვარიანტებს იზიარებენ ევრაზიის მოსახლეობასთან, ვიდრე აფრიკის მცხოვრებლებთან, რაც იმაზე მიუთითებს, რომ გენის ნაკადი ნეანდერტალელებიდან არააფრიკელების წინაპრებში გავრცელდა(1).

2010 წელს გენეტიკოსებმა მარადიულ დავიწყებას კიდევ ერთი შორეული წინაპარი გადააარჩინეს, როდესაც ციმბირში, დენისოვას გამოქვაბულში, გათხრების შედეგად მეცნიერებმა განამარხებული ფალანგი აღმოაჩინეს. კვლევებმა დაადგინა, რომ თითის ძვალი აქამდე უცნობ ადამიანის სახეობას ეკუთვნოდა, რომელსაც შემდგომში Homo denisova უწოდეს. ნაპოვნი თითის დნმ-ის შესწავლის შედეგად დადგინდა, რომ თანამედროვე მელანეზიელთა და აბორიგენ ავსტრალიელთა უნიკალური დნმ-ის 6 პროცენტი ჰომო დენისოველისაა(2).

2000 წელს დენისოვას გამოქვაბულში უძველესი ადამიანის კბილი აღმოაჩინეს. სექვენირების შედეგად დადგინდა, რომ განსაზღვრული დნმ-ის რანდომული თანმიმდევრობების დაახლოებით 0,17% შეესაბამება ადამიანის გენომს, დანარჩენი კი კბილში გავრცელებულ მიკრობულ კონტამინაციას წარმოადგენს. ამიტომ, გენეტიკოსებმა გამოიყენეს novel DNA, რათა სრულიად გაეშიფრათ mtDNA-ს თანმიმდევრობები. სულ იდენტიფიცირებულ იქნა 15094 თანმიმდევრობა, რამაც მეცნიერებს საშუალება მისცა, შეექმნათ უძველესი ადამიანის გენეტიკური მოდელი. 2010 წელს კი ცხადი გახდა, რომ თითი და კბილი ორ აბსულუტურად სხვადასხვა ინდივიდს ეკუთვნოდა, რომელიც, სავარაუდოდ, ერთი სახეობაც კი არ უნდა ყოფილიყო(3).

საინტერესოა, როგორ უნდა დავადგინოთ ბიოლოგიური და გენეტიკური კავშირი ადამიანის სახეობებს შორის მაშინ, როდესაც ანთროპოლოგები ჯიუტად ამტკიცებენ, რომ ადამიანთა სხვადასხვა სახეობის პოპულაციები ერთმანეთს არასდროს შერევია. მაშინ საიდან გაჩნდა ევროპელების დნმ-ში ნეანდერტალელის დნმ-ის მცირე, თუმცა მაინც მნიშვნელოვანი რაოდენობა?! ან რა კავშირი უნდა

ჰქონდეს თანამედროვე მელანეზიელებსა და ავსტრალიელ აბორიგენებს შორეულ ციმბირში მცხოვრებ ჰომო დენისოვასთან?! ფაქტია, რომ უძველესმა ადამიანებმა მხოლოდ ძვლები, ჩვენს დნმ-ში რამდენიმე გენი და უამრავი პასუხგაუცემელი კითხვა დაგვიტოვეს.

1991 წელს ალპების ერთერთი მყინვარის ქვეშ მოლაშქრებმა თოვლის ქვეშ დამარხული მუმიფიცირებული ნეშთი აღმოაჩინეს, რომელიც ნეოლითის ხანის წარმომადგენელს ეკუთვნოდა. მეცნიერებმა მას ყინულის კაცი- „ეცი“ უწოდეს. ეცის გენომის სექვენირება 2012 წელს დასრულდა. აღმოჩნდა, რომ ყინულის კაცის Y ქრომოსომის დნმ ჰაპლოჯგუფ G-ს ეკუთვნის, რომელშიც განსაზღვრულია SNPs 201, P287, P15, L223 და L91 თანმიმდევრობები. ამ მონაცემებისა და Binary Alignment Map(BAM)-ს გამოყენებით გენეტიკოსებმა სრულიად შეისწავლეს ნეოლითის ადამიანის გენეტიკური მახასიათებლები. ეცის მამობრივი წარმომავლობა, G2a, არის უძველესი გენეტიკური სუბსტრატის ნაწილი, რომელიც ევროპაში ახლო აღმოსავლეთიდან ჩამოვიდა პირველი ნეოლითური მიგრაციისას დაახლოებით 8000 წლის წინ. დამატებითმა მიგრაციებმა და სხვა დემოგრაფიულმა მოვლენებმა, რომლებიც ევროპაში ნეოლითის ხანის შემდეგ მოხდა, ნაწილობრივ შეცვალა G2a სხვა გვარებით, გარდა გეოგრაფიულად იზოლირებული ტერიტორიებისა, როგორცაა სარდინია, კორსიკა. ამის საპირისპიროდ, ყინულის კაცის დედის შტო წარმოიშვა ადგილობრივად, აღმოსავლეთ ალპებში, მინიმუმ 5300 წლის წინ. იმავე მიგრაციებმა, რომლებმაც მხოლოდ ნაწილობრივ შეცვალეს ეცის მამობრივი წარმომავლობა, გამოიწვია მისი დედობრივი შტოს გადაშენება, რადგან ის დემოგრაფიულ-მემკვიდრეობითი თვალსაზრისით ძალიან მცირე ნაწილს ერგო(4).

მიტოქონდრიული დნმ-ის შესწავლის შედეგად დადგინდა, რომ ეცის მიტოქონდრიული დნმ აქამდე ნაცნობ არცერთ კლასს არ მიეკუთვნება და შეზღუდული განაწილებით ხასიათდება დღესდღეობით ცნობილ ყველა მონაცემთან. უძველესი დნმ-ის ანალიზმა აჩვენა, რომ მამაკაცი ათეროსკლეროზის განვითარების

მაღალი რისკის ქვეშ იმყოფებოდა, ასევე გამოვლინდა, რომ ის სიცოცხლეშივე იტანჯებოდა ლაქტოზის აუტანლობით. საინტერესო ფაქტია ისიც, რომ ეცის სხეულში აღმოჩნდა *Borrelia burgdorferi*, ამიტომაც მეცნიერები მას პოტენციურად ლაიმის დაავადების მქონედ განიხილავდნენ, თუმცა მომდევნო კვლევებმა ზემოთ ხსენებული არ დაადასტურა(5).

ნათელია, რამდენად დაგვეხმარა დნმ კაცობრიობის უძველესი ისტორიის შესწავლაში, თუმცა კვლევის მეთოდები დღითიდღე იხვეწება და წარსულის შესასწავლად ახალ პერსპექტივებს გვისახავს. გენომური რევოლუცია და უძველესი დნმ სრულიად ცვლის წარმოდგენას ისტორიის შესახებ. ამავდროულად, გენომიკა არღვევს იმ აზრს, რომ არ არსებობს ბიოლოგიურად მნიშვნელოვანი განსხვავებები უძველეს ადამიანთა პოპულაციებს შორის. დასკვნის სახით უნდა ითქვას, რომ დნმ, როგორც უნიკალური მოლეკულა, უძველეს ადამიანთა ისტორიის შესასწავლად წარსულში გვაბრუნებს, მაგრამ გენეტიკის მომავლისთვის სრულიად ახალ პერიპეტონს ხსნის.

გამოყენებული ლიტერატურა:

1. Green, R. E. et al. Science 328, A Draft Sequence of the Neandertal Genome 710-722 (2010).
2. Reich D., Green R. E., Kircher M., Krause J., Patterson N., Durand E. Y., Viola B., Briggs A. W., Stenzel U., Johnson P. L. F., Maricic T., Good J. M., Marques-Bonet T., Alkan C., Fu Q., Mallick S., Li H., Meyer M., Eichler E. E., Stoneking M., Richards M., Talamo S., Shunkov M. V., Derevianko A. P., Hublin J. J., Kelso J., Slatkin M., Pääbo S., Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. Nature 468, 1053–1060 (2010).
3. Denisova tooth-Maricic, T., Whitten, M. & Pääbo, S. Multiplexed DNA Sequence Capture of Mitochondrial Genomes Using PCR Products. PLoS ONE 5, e14004 (2010)
4. Müller, W., Fricke, H., Halliday, A. N., McCulloch, M. T. & Wartho, J. A. Origin and migration of the Alpine Iceman. Science. 302, 862–866 (2003).
5. Hall, Stephen S. (November 2011). "Iceman Autopsy". National Geographic. Archived from the original on 19 October 2011. Retrieved 17 October 2011.