

თბილისის სახელმწიფო სამედიცინო უნივერსიტეტი
მედიცინის ფაკულტეტი
IV კურსი
არჩილ კახიძე

ესეს თემა:

**როგორ გვეხმარება დნმ კაცობრიობის უძველესი
ისტორიის შესწავლაში?**

ჰემინგუეის აზრით, საჭიროა წარსული გამოცდილება, სიტყვიერი თუ წერილობითი გარდამოცემა, რათა მომავალ თაობებს არსებობის დაწყება სუფთა ფურცლიდან არ მოუწიოთ. ამას ადამიანი დიდი ხანია ქვეცნობიერად იაზრებს და ცდილობს კაცობრიობის უძველესი ისტორია შემოინახოს, ხოლო დავიწყებული გამოიკვლიოს, გაიხსენოს. ისტორიის მიერ ამ თივის ზვინში ნემსის მაძებრობას ეხმარება სხვადასხვა კვლევით სიბრტყეში ლინგვისტიკა, ეთნოლოგია, არქეოლოგია, შედარებით ახალი დისციპლინები - პალეოპათოლოგია, პალეოანთროპოლოგია. 1984 წლიდან კი ასპარეზზე გამოდის პალეოგენეტიკა, მას შემდეგ რაც გენეტიკოსთა გუნდმა ანტიკური დნმ-ის სექვენირება მოახდინა გადაშენებული ჯიშის ცხენიდან¹. ჩნდება შეკითხვა, არის ანტიკური-დნმ ადამიანთა ისტორიის შესწავლისათვის იგივე ფასეულობის გამოგონება, როგორც იყო მე-17 საუკუნეში მიკროსკოპი - ზოგადად მეცნიერებისთვის?

ანტიკური დნმ-ის მისაღებად გენეტიკოსები სტუმრობენ აბორიგენულ დასახლებებს, არქეოლოგიურ მუზეუმებს, გაყინულ ნიადაგებს, კარსტულ მღვიმეებსა და ტბებს, სადაც ადამიანთა მასალებს აგროვებენ: ძვლებს, კბილებს, მუმიფიკაციურ ქსოვილებს, თმებს და ინტესტინურ მიკრობიომებსაც კი. ამის შემდეგ ხდება დნმ-ის ბირთვული უჯრედისგან ექსტრაქცია, ფრაგმენტაცია რესტრიქტაზული ფერმენტებით, ელექტროფორეზული აპარატით იზოლირება და მათი ზომის მიხედვით განლაგება. შემდეგ ხდება დნმ-ის ბლოტირება, ჰიბრიდიზაცია და სპეციალური დანომრვა ფოსფორის იზოტოპებით. ამის შემდეგ უკვე საქმეში ერთვება NTS (ახალი თაობის სექვენირება). სექვენირებული სრული გენომი კი საბოლოოდ ბიოსტატისტიკურ ანალიზს გადის, სადაც ხდება შედეგების მეცნიერული ინტერპრეტაცია და ინფორმაციული ბიბლიოთეკების აწყობა³. შედეგების ინტერპრეტაციისას მნიშვნელოვანია უკვე არსებული ისეთი ცოდნა, როგორცაა წინაპართა საინფორმაციო მარკერები - AIMS, ჰარდი-ვაინბერგის წონასწორობის კანონი და სხვა.

მიღებული გენეტიკური ინფორმაცია რიგ შემთხვევებში ბუნდოვანია, მაგრამ უპრეცედენტო ცნობებს გვაწვდის კაცობრიობის წარსულზე და უკვე არსებულ ინფორმაციასთან ინტეგრაციაში ნამდვილი ფილოსოფიური ქვის როლის შესრულება ძალუძს. ანტიკური დნმ იძლევა ადამიანთა ურთიერთმიმართებისა და ნათესაობის დადგენის საშუალებას. მაგალითისთვის მიტოქონდრიული დნმ-ის გამოყენებით გენეალოგიური ხეების შედგენა არც ისე რთული საქმეა, რაც მოხდა უკვე ტუტანჰამონის 5 თაობისთვის³. მიტოქონდრიული დნმ მხოლოდ დედის ხაზით გადაეცემა და რადგან სეგრეგაციასა და რეკომბინაციას არ განიცდის თაობიდან თაობაში ცვლილება მინიმალურია, მხოლოდ მუტაციების ხარჯზე. აქედან გამომდინარე ორი ანტიკური ადამიანის ნათესაობის შემთხვევაში, შეიძლება გამოვთვალოთ, თუ რამდენი თაობა აშორებთ მათ ერთმანეთისგან.

ანტიკური დნმ-ის საშუალებით შესაძლებელია ნათელი მოვფინოთ რიგი ისტორიული პოპულაციების დემოგრაფიებს, მათ შორის მიმდინარე სოციო-ეკონომიკურ პროცესებსა და მათ ცხოვრების წესს, ფიზიკურ თვისებებს. ინტესტინური ბიომეხების შესწავლით შესაძლებელია დავადგინოთ კვებითი რეჟიმის ტიპები, ადამიანთა ჯანმრთელობის შესახებ მივიღოთ ფართო ცნობები. სექვენირებული გენომი გვაწვდის ცნობებს ანტიკური ადამიანის თვალის, თმისა და კანის ფერის, სიმაღლის შესახებ და ამ ნიშან-თვისებების დროში ცვალებადობა, გვამღევეს საშუალებას მოხდეს საზოგადოებათა მიგრაციის, პოპულაციათა შორის ურთიერთკავშირის, ასიმილაციური პროცესებისა ან მათი მაშინდელ გარემოსთან ურთიერთობის განვითარების ინტერპრეტაცია. ასე, მაგალითად, დგინდება, რომ ნეოლითის ხანის ევროპელებს მუქი ფერის კანი, თმა და ამასთანავე ყავისფერი თვალები ჰქონდათ. ისინი ძირითადად შემგროვებლები და მონადირეები იყვნენ. მოგვიანებით, ენეოლითურ ხანაში ანატოლიელი მიწათმოქმედების დასავლეთით მიგრაციის შემდეგ მოხდა პოპულაციათა ასიმილაცია და შეიცვალა მათი ცხოვრების წილი, ხოლო გარეგნობაში აღინიშნა თვალის ფერისა და კანის ფერის გაღიალება⁴.

ანტიკური დნმ-ის მეშვეობით შესაძლებელია ისტორიული ჩანაწერების მიღმა აღმოჩენების გაკეთება. ასე მაგალითად ახლო ნათესაური ქორწინებების რიცხვის ზრდა მე-16 საუკუნის ჰაბსბურგთა დინასტიასა და ძვ.წ IV ათასწლ. ჰანის დინასტიის მმართველობის ეპოქაში, ძალაუფლების შენარჩუნების მიზნით ძალიან არაბუნებრივ თანამედროვე სამყაროსთვის მეთოდის გამოყენებაზე მეტყველებს. ხოლო სახლთა ტერიტორიული განაწილების ცვლილება, ხალხთა ფართო მასების დიეტების დაახლოება და მიცვალებულთა დამარხვის მეთოდების გამარტივება მეტყველებს ჩინეთში ტომთა გაერთიანების პროცესის - დინასტიური მმართველობის ჩამოყალიბების შესახებ⁵.

ანტიკური დნმ გარდა ჩანაწერების მიღმა „მიკროსკოპული“ დაკვირვებისა, ასევე უძველესი წერილობითი ძეგლების დადასტურების შესაძლებლობასაც იძლევა და უმნიშვნელოვანესი კულტურული აღმოჩენების მოწმეებად გვაქცევს. ასე მაგალითად, ჩვენთვის საინტერესოა ინდოეთში, გოაში წმ. ავგუსტინეს ეკლესიაში აღმოჩენილი 3 ძვალი, რომელიც თარიღდება დაახლოებით მე-17 საუკუნით, მდებარეობითი სქესისაა და შეიცავს ქართულ AIM-ს. ცნობა ქეთევან წამებულის წმინდა ნაწილების ინდოეთში წაღების შესახებ შესაძლოა სიმართლეს შეესაბამებოდეს⁶. პარალელურად ანტიკური დნმ-ის მეშვეობით შესაძლებელია უძველესი დაავადებების, პალეოკლიმატის, ანტიკური ეკოსისტემების აღდგენა. ხალხთა შორის ნათესაური კავშირებისა და მათი კონკრეტულ არეალთან კუთვნილების დადასტურება, გაამარტივებს რეპატრიაციის მტკივნეულ პოლიტიკურ თემას და, მაგალითისთვის, მესხური მოსახლეობისთვის მშობლიურ მიწებთან დაბრუნების შანსს ზრდის.

ფართო შესაძლებლობების განვითარების კვალდაკვალ, პალეოგენეტიკა უზრუნველყოფს ამ დისციპლინისთვის სირთულეების დაძლევის მეთოდის შემუშავებასაც. დნმ-ის ადამიანთა ისტორიის შესწავლის პროცესში გამოყენებისას ვაწყდებით რიგ ეთიკურ პრობლემებს, როცა საქმე ეხება სხვადასხვა საკრალური

მასალების, მუზეუმური არტეფაქტებისა და აბორიგენული მოსახლეობების საკითხებს. მაგრამ მთავარი სირთულე გახლავთ სუფთა დნმ მასალების მოპოვება. ადამიანის ქსოვილები და მათ შორის დნმ-ც განიცდის სიკვდილის შემდგომ გარდაქმნებს, სხვადასხვა კლიმატური და გარემო პირობების შესაბამისად დეგრადაციის ხარისხიც სხვადასხვაგვარია. დნმ ექვემდებარება ჰიდროლიზსა და ჟანგვას, რაც მისი დაზიანების მთავარი წყაროა. ამასთანავე ადგილი აქვს მასალების მოპოვებისას მის კონტამინაციასაც. დღეისათვის მეცნიერებმა უკვე შექმნეს ე.წ. PathPhynder, რომელიც ავტომატურად გამიჯნავს დაბინძურებულს, სუფთა დნმ-სგან⁷.

დასკვნის სახით, ჩემი აზრით უნდა ითქვას, რომ წლიდან წლამდე კიდევ უფრო დავრწმუნდებით, რომ ანტიკური დნმ კაცობრიობის ისტორიისთვის, მართლაც ტოლფასი მნიშვნელობისაა მიკროსკოპისა - ზოგადად მეცნიერებისთვის. ის გვეხმარება გამოვავლინოთ ადამიანთა პრეისტორიის კიდევ უფრო მეტი ნიუანსი, რათა უკეთ გავიგოთ წარსული, შევიმეცნოთ ჩვენი კაცობრიობის ახლანდელი და მომავალი. ვინაიდან, დნმ შეიცავს ადამიანის ორგანიზმის ფორმირებისა და ცხოველმყოფელობის უზრუნველსაყოფად ყველა საჭირო და აუცილებელ ინფორმაციას, ის შესაძლებელია სულ ცოტა ხანში იქცეს ისტორიის გააზრების ანი და ჰოედ. ჩვენ კი გვმართებს მეტი მონდომება ამ მიმართულებით შრომისა, რადგან როგორც ძველი ჩინელები იტყოდნენ, თუ ქვის გახეთქვის მტკიცე გადაწყვეტილება და სურვილი არსებობს, ქვას თვითონ გაუჩნდება ბზარი.

გამოყენებული ლიტერატურა:

1. Higuchi, R., Bowman, B., Freiberger, M. *et al.* DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature* 312, 282–284 (1984).
<https://doi.org/10.1038/312282a0>
2. Herrmann, B., & Hummel, S. (1994). Ancient DNA: Recovery and analysis of genetic material from paleontological, archaeological, museum, medical, and forensic specimens. 14-27. New York: Springer-Verlag.
3. Gaeta R. (2021). Ancient DNA and paleogenetics: risks and potentiality. *Pathologica*, 113(2), 141–146. <https://doi.org/10.32074/1591-951X-146>
4. Irving-Pease, E. K., Muktupavela, R., Dannemann, M., & Racimo, F. (2021). Quantitative Human Paleogenetics: What can Ancient DNA Tell us About Complex Trait Evolution?. *Frontiers in genetics*, 12, 703541.
<https://doi.org/10.3389/fgene.2021.703541>
5. Ning, C., Zhang, F., Cao, Y., Qin, L., Hudson, M. J., Gao, S., Ma, P., Li, W., Zhu, S., Li, C., Li, T., Xu, Y., Li, C., Robbeets, M., Zhang, H., & Cui, Y. (2021). Ancient genome analyses shed light on kinship organization and mating practice of Late Neolithic society in China. *iScience*, 24(11), 103352. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2021.103352>
6. Thangaraj, K., & Rai, N. (2019). Peopling of India: Ancient DNA perspectives. *Journal of biosciences*, 44(3), 70.
7. Martiniano, R., De Sanctis, B., Hallast, P., & Durbin, R. (2022). Placing Ancient DNA Sequences into Reference Phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 39(2), msac017. <https://doi.org/10.1093/molbev/msac017>
8. Reich, D. (2018). *Who we are and how we got here: Ancient DNA and the new science of the human past.*
9. Nussbaum, R. L., McInnes, R. R., Willard, H. F., Hamosh, A., & Thompson, M. W. (2007). *Thompson & Thompson genetics in medicine.* Philadelphia: Saunders/Elsevier.