

«فیل سانان»^۱ مخلوقاتی سحرآمیز و آشنا برای همه هستند. این پستانداران عظیم‌الجثه، هنوز در تعداد قابل توجه در آسیا و آفریقا زندگی می‌کنند و به‌طور وسیعی توسط انسان اهلی شده‌اند و به‌نظر می‌رسد که عضو ثابت دنیای ما هستند. عملاً هنوز فیل‌های کنونی، آخرین نمایندهٔ یک گروه در حال اضمحلال‌اند و این امکان کاملاً وجود دارد که حتی بدون مداخلهٔ انسان به عنوان عاملی نابودکننده، این جانوران طی چند هزار سال آینده حیاتشان خاموش شود و از بین بروند.

در حال حاضر، تعداد فیل‌ها قابل توجه است و به دو جنس محدود می‌شود و هر جنس نیز یک گونه دارد؛ یکی در آفریقا و دیگری در آسیا. یافتن اطلاعات در مورد اجداد و خویشاوندان وابستهٔ فیل‌ها که به تعداد شگفت‌انگیزی در جهان ساکن شدند و در یک صف‌آرایی گیج‌کننده از جنسها و گونه‌ها در سرتاسر دوران سنوزوئیک ترتیب یافتند، به سختی امکان‌پذیر است. فسیل‌های به دست آمده از فیل‌ها نشان می‌دهد، که آنها در طول دوره‌های متفاوت سنوزوئیک، در تمام قاره‌ها به جز استرالیا و قطب جنوب زندگی می‌کردند. این پستانداران، در اواخر سنوزوئیک شروع به انشعاب در مسیرها و مکان‌های گوناگون کردند که بعضی از این روندها تا پلیستوسن ادامه داشت. فسیل‌های شناخته شدهٔ فیل سانان از کشورهای متفاوت دنیا به ترتیب قدمت عبارت‌اند از:

1. *Moeritherium*
2. *Deinotherium*
3. *Palaeomastodon*
4. *Mammut* (American Mastodon)
5. *Gomphotherium*
6. *Stegodon*
7. *Primeelephas*

علم ژنتیک

روشی نوین در دانش دیرین‌شناسی

ژنوم ماموت پشم‌دار و تبارشناسی جدید فیل سانان

حیب علی‌محمدیان، سازمان زمین‌شناسی و اکتشافات معدنی کشور
خدیجه عنصری، عضو هیئت علمی گروه زیست‌شناسی (ژنتیک)، دانشگاه آزاد اسلامی - واحد پرند
جعفر صبوری، سازمان زمین‌شناسی و اکتشافات معدنی کشور

کلیدواژه‌ها: فیل سانان، سنوزوئیک، ماموت، ژنوم، توالی‌یابی ژنی، متیوکندری



آنها کمک کنند که بتوانند گونه‌های خیلی از پیش منقرض شده حیواناتی را که توالی DNA هسته آنها قبلاً به دست آمده است، مورد مطالعه قرار بدهند.

اما تا همین اواخر، ابزاری را که آنها بتوانند اجزای DNA های قدیمی قابل دسترسی را کشف کنند، در دست نداشتند. این ابزار، با توسعه سریع و در مقیاس بزرگ فناوری «توالی‌یابی ژنی»^۳ مثل روشی که نام «۴۵۴» معروف است (pennisi, 2005) و در واقع اجزای بسیار کوچک DNA کار می‌کند، به دست آمد و به دانشمندان در یافتن توالی DNAها کمک بسیاری کرد.

در سال ۲۰۰۵، در دانشگاه ایالتی پنسیلوانیا و در کالج ایالتی، **استفان شوستر**، متخصص ژنتیک و همکارانشان، این ابزار جدید را برای پیدا کردن توالی ژنوم ماموت پشم‌دار، ۱۳ میلیون «جفت باز»^۴ از DNA میتوکندریال موروثی مادرزادی موی ماموت پشم‌دار به کار

8. *Mammuthus* (Woolly Mammoth)

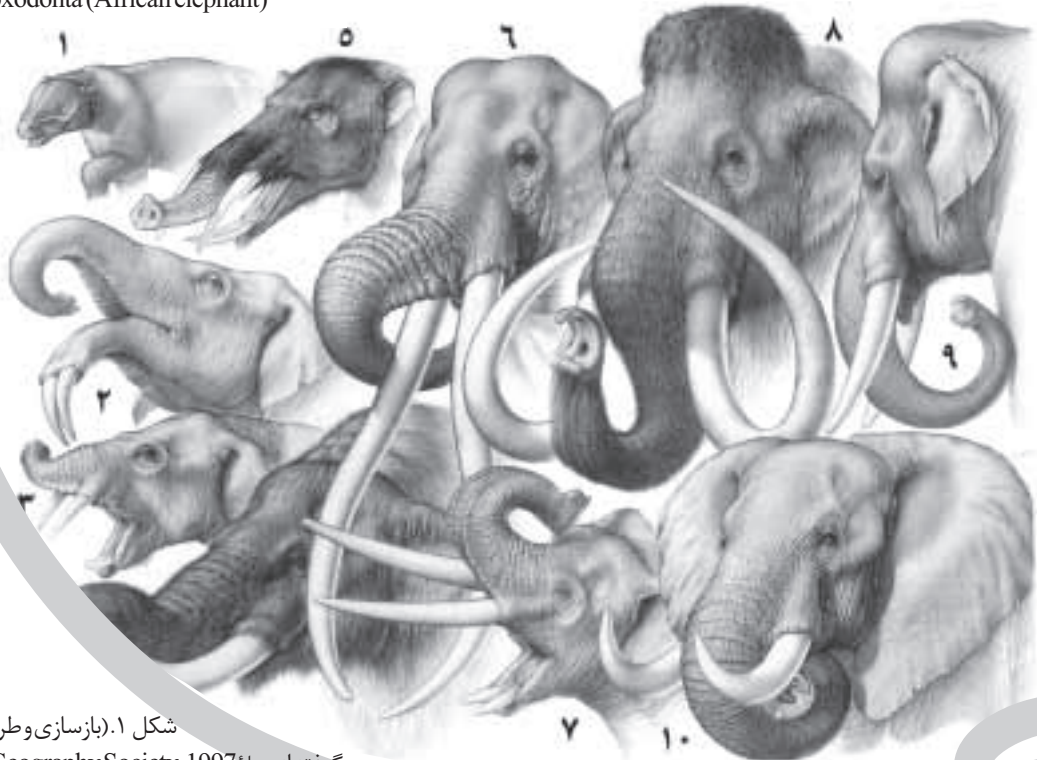
9. *Elephas* (Asian elephant)

10. *Loxodonta* (African elephant)

با پیدایش ماموت‌های پشم‌دار در سرزمین‌های یخ‌بسته سیبری، این فرضیه بین دانشمندان زمین‌شناس قوت گرفت که با انجام آزمایش‌های لازم از جمله آزمایش‌های ژنتیک، می‌توان دلیل انقراض این حیوانات عظیم‌الجثه را پیدا کرد و نیز در صورت امکان، تاریخ انشعاب این گونه از خانواده فیل‌سانان را از نیاکان آنها تعیین کرد. مقاله زیر، تازه‌ترین مقاله چاپ شده در مجله ساینس (Ann Gibbons, 2008) است و نتیجه آخرین اطلاعات به دست آمده از آزمایش‌های ژنتیکی روی ماموت‌های پشم‌دار کشف شده از سیبری را در اختیار علاقه‌مندان قرار می‌دهد.

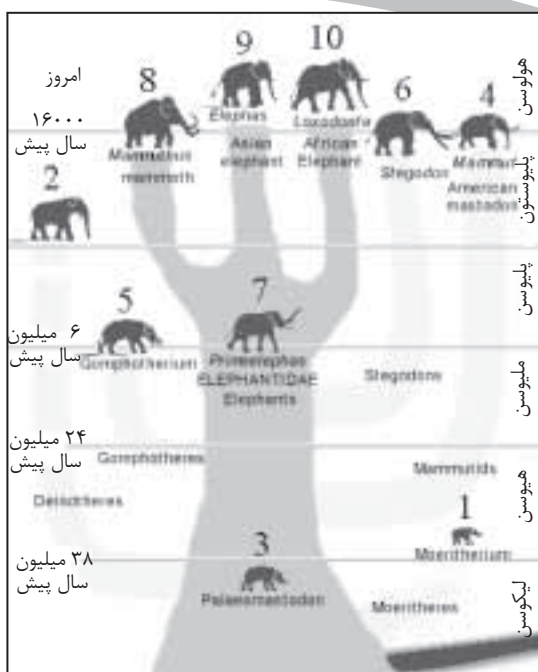
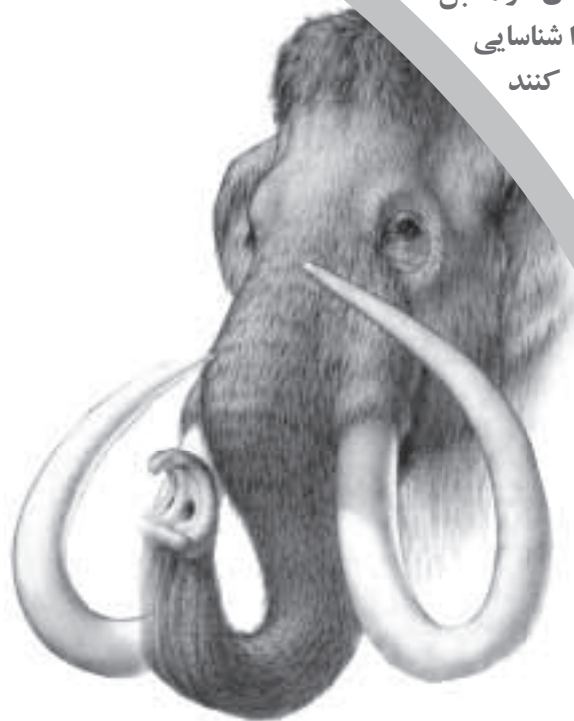
جمعی از محققان که موی ماموت پشم‌دار کشف شده از سیبری را از طریق خرید اینترنتی تهیه کرده بودند، توانستند ۷۰ درصد ژنوم این جان‌دار ماقبل تاریخ را شناسایی کنند. این برای اولین بار است که تقریباً توالی^۲ ژنوم یک جان‌دار منقرض شده به‌طور کامل شناسایی شده است. با در دست داشتن مقدار بسیار زیادی از DNA، تیم تحقیقاتی قادر به ردیابی تکامل ماموت و جهش‌های نقطه‌ای شدند که ممکن است به سازگاری این حیوان با شرایط یخ‌بندان کمک کرده باشد. دانشمندان امیدوارند که DNAهای قدیمی به

1. Moeritherium
2. Deinotherium
3. Palaeomastodon
4. Mammut (American Mastodon)
5. Gomphotherium
6. Stegodon
7. Primeelephas
8. Mammuthus (Woolly Mammoth)
9. Elephas (Asian elephant)
10. Loxodonta (African elephant)



شکل ۱. (بازسازی و طراحی فیلسانان برگرفته از مجله National Geography Society, 1997):

جمعی از محققان که موی ماموت
پشم‌دار کشف شده از سیبری را از طریق
خرید اینترنتی تهیه کرده بودند،
توانستند ۷۰ درصد ژنوم
این جان‌دار ماقبل
تاریخ را شناسایی
کنند



▲ شکل ۲. درخت تکاملی فیلسانان

این به دلیل نبود باکتری و قارچ در پوست که به‌طور عمومی در استخوان‌های حفره‌دار پیدا می‌شود و آلودگی به‌وجود می‌آورد. برای اطمینان، ابتدا موی ماموت پشم‌دار به‌طور کامل شسته می‌شود تا هرگونه آلاینده از آن پاک شود. سپس DNA آنها استخراج شد و با استفاده از روش ۴۵۴، به‌طور متناوب توالی ۳/۳ میلیون جفت باز از DNA ماموت پشم‌دار را به دست آوردند. اطلاعات به دست آمده ۱۰۰ مرتبه وسیع‌تر از هر اطلاعات به چاپ رسیده در مورد گونه‌های منقرض شده بود و نشان می‌داد، مطالعه DNAهای قدیمی نیز می‌تواند به سطحی از درجه اهمیت آورده شوند که پروژه‌های ژنومی عصر حاضر هستند.

وقتی که دانشمندان توالی DNA هسته را به دست آوردند، نتیجه آزمایش آنها گزارش‌های قبلی تاریخ جدایی نیاکان ماموت‌های پشم‌دار را از فیل‌های آفریقایی و هم‌چنین، وجود دوگونه ماموت پشم‌دار در سیبری را تأیید کرد. میتوکندری DNA مورد بسیار خوبی برای توالی‌یابی کل ژنوم است. از نظر تبارشناسی تکاملی و فرضیه هم‌زیستی درونی میتوکندری اندامکی است که فقط به موجودات هوازی که پروکاریوت‌ها هستند، به درون سلول‌های یوکاریوت‌های بی‌هوازی وارد می‌شود و شرایط را برای ادامه زندگی این موجودات در شرایط وجود اکسیژن فراهم می‌آورد. میتوکندری دارای DNA مخصوص به خود، و تنها تعداد بسیار کمی از پروتئین‌های خود وابسته به ژنوم هسته‌ای است. با توجه به فرضیه هم‌زیستی درونی، میتوکندری با ورود خود به درون موجودات پیشرفته‌تر، امکان بقای

بردند که شامل DNA دارای کدینگ ۱۳ ماموت پشم‌دار با حدود ۲۰ هزار ژن و مقداری DNA هسته‌ای بود. آنها متوجه شدند که ماموت‌های پشم‌دار بسیار شبیه به فیل‌های آفریقایی هستند و نیاکان این ماموت‌ها حدود شش میلیون سال پیش، از فیل‌های آفریقایی جدا شده‌اند (Gibbon, 2005).

تحقیقات اخیر احتمال می‌دادند که دوگونه ماموت پشم‌دار در سیبری زندگی می‌کردند. اما دیرین‌شناسان از آن‌جا که تغییرات مهمی در استخوان‌های ماموت‌های پشم‌دار که گواه بر جدا بودن این دو گونه باشد، مشاهده نمی‌کردند، به این نظریه با شک و تردید نگاه می‌کردند. از این‌رو استفان شوستر به دنبال ژنوم هسته رفت. او به DNA استخوان ماموت‌های به دست آمده در آزمایشات قبلی دسترسی نداشت. از این‌رو تصمیم گرفت موی ماموت پشم‌دار را از طریق اینترنت بخرد. او قبل از خرید، جزئیات پیمان‌نامه را به دقت بررسی کرد و توسط دانشمندان روسی، از واقعی بودن موی ماموت پشم‌دار مورد معامله مطمئن شد و به شکل قانونی و با مجوز رسمی، موی ماموت پشم‌دار را تهیه کرد. بنابر نظر دانشمندان، مو بهترین منبع DNAهای قدیمی است.

▶ شکل ۳. شکار ماموت پشم‌دار توسط ببرهای خنجر دندان
(نقاشی از مریم آسودی)

▼ شکل ۴. تصویر ماموت پشم‌دار مومی اصلی یافت شده از سیبری



این موجودات را فراهم کرده است.

با پیدایش اغلب توالی‌های ژنوم هسته، این تیم تحقیقاتی قادر شد که تاریخ جدایی این دو گونه ماموت پشم‌دار را تا بیش از ۱/۵ میلیون سال پیش محاسبه کند. هم‌چنین نتیجه آزمایشات DNA نشان داد که ماموت‌ها دارای تفاوت ژنتیکی بسیار کمتری نسبت به «تخستیان»^۵ بوده‌اند. شاید همین امر باعث شده است که ماموت‌ها مستعد انقراض شوند. این تیم تحقیقاتی هم‌چنین جهش ژنتیکی جدیدی را مشخص کرد که تا به حال فقط در ناحیه‌ای از ژنوم در ماموت‌های پشم‌دار پیدا شده است. این ناحیه در دیگر پستان‌داران و هم‌چنین فایله‌ها به شدت محافظت می‌شود. این دانشمندان عقیده دارند، این جهش ژنتیکی به ماموت‌های پشم‌دار کمک کرده است تا بتوانند با شرایط بسیار سخت محیطی و آب‌وهوایی سازگار شوند. سازگاری مذکور شاید با انجام کدگذاری پروتئین‌های مهم برای متابولیسم، هضم غذاهای مختلف و یا مبارزه علیه بیماری‌های انجام پذیرفته است.

محققان هم‌چنین به دنبال پیدا کردن ویروسی هستند که داخل ژنوم رسوخ پیدا کرده است. این تیم تحقیقاتی معتقدند که چنین جهش‌های ژنتیکی ممکن است به این پرسش پاسخ دهد که چه نوع سازگاری و یا بیماری، انقراض ماموت‌های پشم‌دار را در ۱۲ هزار سال قبل، وقتی که هوا در سیبری گرم‌تر شد، تسریع کرد. شناخت این‌گونه جهش‌های ژنتیکی، در حال حاضر هدف اصلی تحقیقات جدید است. بسیاری از دانشمندان در مورد این اطلاعات جدید عقیده دارند که این اطلاعات نشان می‌دهند که ما هنوز هم می‌توانیم عمیق‌تر در این راستا به تحقیق ادامه دهیم.

پی‌نوشت

1. Proboscians
2. Sequence
3. DNA Sequencing

4. base pairs

5. Primates

Genetic material:

ماده وراثتی: نوکلئوتیدهایی که در جایگاه ۲ پریم، قند ریبوز اکسیژن خود را از دست داده‌اند و دارای گروه H هستند.

Sequencing:

پیدا کردن توالی ژنی - توالی‌یابی ژنی

Base pair:

جفت‌باز

mtDNA: Mitochondrial DNA

DNA حلقوی مربوط به میتوکندری سلول. در واقع دو نوع DNA در سلول وجود دارد: DNA هسته که همان ژنوم اصلی سلول است و mtDNA که DNA حلقوی مربوط به میتوکندری سلولی است.

Primate:

پریماتها (تخستیان)

منابع

- **Gibbons, Ann; 2008:** Scientists Untangle Woolly Mammoth Genome. Science New Daily News, 19 November. <http://news.sciencemag.org/sciencenow/2008/11/19-02.html>

- **Pennisi, Elizabeth; 2005:** Cut-Rate Genomes on the Horizon? Science Weekly News, 5 August, Vol. 309 no. 5736 p.862, <http://www.sciencemag.org/content/309/5736/862.1.summary>

- **Gibbons Ann, 2005:** New Methods Yield Mammoth Samples, Science Weekly News, 23 December, Vol. 310 no. 5756 p. 1889, <http://www.sciencemag.org/content/310/5756/1889.1.full>