

ساخت بزرگ‌ترین شجره‌نامه برای تمام بشریت!

محققان موسسه "داده‌های بزرگ" دانشگاه آکسفورد (Oxford's Big Data) گامی بزرگ در جهت ترسیم تمامی روابط ژنتیکی میان انسان‌ها برداشتند، شجره‌نامه‌ی واحدی که نشان‌دهنده اصل و نسب همه ما خواهد بود.



محققان موسسه "داده‌های بزرگ" دانشگاه آکسفورد (Oxford's Big Data) گامی بزرگ در جهت ترسیم تمامی روابط ژنتیکی میان انسان‌ها برداشتند، شجره‌نامه‌ی واحدی که نشان‌دهنده اصل و نسب همه ما خواهد بود.

به گزارش ایسنا و به نقل از فیز، در دو دهه گذشته شاهد پیشرفت‌های خارق‌العاده‌ای در تحقیقات ژنتیکی انسان بوده ایم که داده‌های ژنومی صدها هزار نفر از جمله انسان‌های ماقبل تاریخ را ایجاد کردند.

این موضوع، امکان دستیابی به منشأ تنوع ژنتیکی انسان را برای ترسیم نقشه‌ای کامل از ارتباط میان انسان‌ها در سراسر جهان فراهم می‌کند.

تا پیش از این چالش اصلی، رسیدن به راهی برای ترکیب توالی‌های ژنوم از پایگاه‌های داده مختلف و تولید الگوریتمی برای مدیریت داده‌هایی با این اندازه بود. با این حال روش جدیدی که روز گذشته توسط محققان موسسه داده‌های بزرگ دانشگاه آکسفورد منتشر شد می‌تواند به راحتی داده‌های چندین منبع را با یکدیگر ترکیب کند و علاوه بر آن در مقیاسی بزرگ، میلیون‌ها توالی ژنوم را در خود جای دهد.

"دکتر یان وانگ" (Yan Wong)، متخصص ژنتیک تکاملی در موسسه‌های داده‌های بزرگ و یکی از نویسندگان این مقاله توضیح می‌دهد: ما اساساً یک شجره‌نامه بزرگ ساخته ایم. یک شجره‌نامه برای تمام بشریت که می‌تواند تاریخچه تنوع ژنتیکی انسان‌های امروزی را مدل‌سازی کند. این شجره‌نامه به ما این امکان را می‌دهد که ببینیم توالی ژنتیکی هر فرد چگونه با افراد دیگر در تمامی نواحی ژنوم ارتباط دارد.

از آنجا که نواحی ژنومی افراد تنها از یکی از والدین به ارث می‌رسد، تبار هر نقطه در ژنوم را می‌توان به صورت یک درخت در نظر گرفت. مجموعه‌ای از این درخت‌ها با عنوان "توالی درخت" (tree sequence) یا نمودار نوترکیبی اجدادی (ancestral recombination graph) نواحی ژنتیکی را به اجدادی که تنوع‌های ژنتیکی اولین بار در آن‌ها ظهور پیدا کرده است، ارتباط می‌دهد.

دکتر "آنتونی وایلدروونز" (Anthony Wilder Wohns) نویسنده اصلی این مقاله، که این تحقیق را به عنوان بخشی از دکترای خود بر عهده گرفت می‌گوید: ما در حال بازسازی ژنوم اجدادمان و استفاده از آن‌ها برای ایجاد شبکه‌ی گسترده‌ای از روابط هستیم. پس از آن قادر خواهیم بود زمان و محل زندگی این اجداد را تخمین بزنیم. قدرت این رویکرد در آن است که مفروضات بسیار کمی در مورد داده‌های اساسی ایجاد می‌کند و همچنین می‌تواند نمونه‌های دی‌ان‌ای جدید و باستانی را در خود جای دهد. در این مطالعه، داده‌های مربوط به ژنوم انسان‌های امروزی و باستانی از هشت پایگاه داده مختلف باهم ادغام شده‌اند و شامل ۲۶۰۹ توالی ژنوم فردی از ۲۱۵ جمعیت می‌شود.

ژنوم‌های باستانی شامل نمونه‌هایی هستند که در سراسر جهان با قدمت ۱۰۰۰ تا بیش از ۱۰۰ هزار سال کشف شده‌اند. الگوریتم‌ها پیش‌بینی می‌کنند که اجداد مشترک در چه مکان‌هایی باید وجود داشته باشند تا بتوان الگوی‌های تنوع ژنتیکی در درخت تکاملی را توضیح داد.

شبکه‌ی حاصل شامل حدود ۲۷ میلیون مورد از اجداد بود. نویسندگان پس از افزودن داده‌های مرتبط با مکان به نمونه‌های ژنوم، از این شبکه برای تخمین محل زندگی اجداد مشترک استفاده کردند.

نتایج به دست آمده با موفقیت رویدادهای اساسی در تکامل انسان‌ها از جمله مهاجرت به خارج از آفریقا را بازتابی کرد. اگرچه که این شجره‌نامه در حال حاضر یک منبع بسیار غنی است اما محققان قصد دارند تا آن را جامع‌تر کنند و داده‌های ژنتیکی بیشتری به آن بیافزایند.

از آن‌جا که در این روش داده‌ها به صورت بسیار کارآمدی ذخیره می‌شوند می‌توان میلیون‌ها ژنوم اضافی به مجموعه داده‌ها اضافه کرد.

دکتر "وونگ" می‌گوید: این مطالعه زمینه را برای نسل بعدی توالی‌یابی دی‌ان‌ای فراهم می‌کند. با بهبود کیفیت توالی‌های ژنوم دی‌ان‌ای مدرن و باستانی، این شجره‌نامه دقیق‌تر خواهد شد و در نهایت می‌توانیم یک نقشه واحد و یکپارچه ایجاد کنیم. او افزود: اگرچه این مطالعه بر روی انسان‌ها متمرکز است اما می‌توان آن را به اکثر موجودات زنده از اورانگوتان‌ها گرفته تا باکتری‌ها تعمیم داد. این مطالعه می‌تواند برای ژنتیک پزشکی مفید باشد.

این مطالعه روز گذشته در مجله‌ی ساینس (Science) منتشر شده است.