

Denisovako gizakiaren kalitate handiko sekuentzia genetikoa osatu dute

la DNA-analisen bidez bakarrik ezagutzen da giza espezie horren historia

2010ean iragarri zuten Denisovako gizakiaren aurkikuntza, Siberia hegoaldeko Denisova haitzuloan, Altai mendietan. Arrastoak oso urriak ziren, neskato baten falange-zati bat eta bi hagin, baina zeresan handia eman du, harrezkero, aurkikuntzak. Izan ere, falangeak ez-ohiko proportzioan kontserbatu zuten DNA, eta, analisi genetikoei esker, ordura arte ezagutzen ez zen giza espezie bateko kidea zela ondorioztatu zuen Svante Pääbo Leipzigekeko Max Planck Institututuko ikertzailearen taldeak.

Fosila aurkitu zenetik, genomaren hiru sekuentzia osatu dira. Mitokondrietako genomaren analisia, lehenengo, espezie berria iragartzeko balio izan zuena; eta genoma osoaren beste bi, ondoren.

Genoma osoaren zirriborroa 2010ean bertan argitaratu zen, eta, besteak beste, erakutsi zuen Denisovako gizakiaren ondare genetikoa dutela gaur egungo Melanesiako biztanleek, genomaren % 6. Ondorioz, Siberia hegoaldean ez ezik, Asiaren hegoaldeko uharteetan ere bizi izan zen gizaki hura, falangearen datazioaren arabera, duela 50.000-30.000 urte.

Filogeniari dagokionez, neandertalarekin batera kokatu zuen Denisovako gizakiaren lerroa genoma osoaren sekuentziak. Mitokondrietako genomaren analisiak ez bezala, neandertalek eta Denisovako gizakiak arbaso komuna zutela iradokitzen zuen, eta arbaso komun hori gizaki modernoaren eta neandertalaren lerroa banatu eta gerokoa zela.

Science aldizkarian argitaratu den kalitate handiko genomaren sekuentziak orduko ondorioak berretsi eta zehaztu ditu, oro har.

Adibidez, ikusi dute Papuako biztanleek alelo gehiago partekatzen dituztela denisovatarrekin kromosoma arruntetan X kromosoman baino, eta horrek hainbat migrazio-hipotesirako bide eman die: beharbada, denisovatar arren bidez iritsi ziren batik bat geneak papuarren arbasoengana, edo, beharbada, bi espezieek elkarrekin topo egin ahala, talde txikiagoak sortu eta papuarren arbaso emeak izan ziren migratu zutenak...

Halaber, ikusi dute oso aldakortasun genetiko txikia zuela Denisovako gizakiak, eta, ondorioz, uste dute populazio mugatu batetik sortu zirela.



Denisovako haitzuloan aurkitutako bi hagineta bat. ARG.: © ANTROPOLOGIA EBOLUTIBOAREN MAX PLANCK INSTITUTUA.

Zirriborroak ez bezala, genomaren sekuentzia berriak aukera eman die ikertzaileei, konparazioz, gizaki modernoarenak bakarrik diren ezaugarri genetikoen katalogo bat osatzeko; eta nahiz eta gaur egun ezin den jakin ezaugarri horiek zer funtziori lotuta dauden, oso baliagarria da eboluzioaren ibilbide genetikoa osatuz joateko.

Azkenik, denisovatarren fenotipoari buruzko pistaren bat edo beste ere eman du sekuentziak. Izan ere, sekuentziatutako aleloetako batzuk azal, ile eta begi ilunak izatearekin daude lotuta egungo gizakietan. Ezin da ahaztu, ordea, banako bakarraren genoma dutela ikertzaileek eskuartean, eta ezaugarri horiek ez dutela zertan populazio osoarenak izan.

Nolanahi ere, sekuentzia berriarekin, morfologiagatik baino gehiago genomagatik ezaguna den lehen giza espeziearen titulua berretsi du Denisovako gizakiak.

DNA-sekuentziaren kalitatea gizaki modernoarentzat lortzen denaren baliokidea da —batez beste 30 kopia nukleotido bakoitzeko; zirriborroan, 1,9 izan ziren—, eta, teknika berarekin, antzinako DNAREN kalitate handiko sekuentzia gehiago eskuratzea espero dute aurrerantzean ikertzaileek; adibidez, neandertalarena. ●



Aurkitutako falange-zatiaren erreplika, esku baten gainean. ARG.: © ANTROPOLOGIA EBOLUTIBOAREN MAX PLANCK INSTITUTUA.