ಜೀವದ ಇತಿಹಾಸದ ಪುನಾರಚನೆ

ಆನುವಂಶಿಕ ವಿಧಾನ

ಕೃಷ್ಣಪ್ರಿಯ ತಮ್ಮಾ

ಈ ಜಗತ್ತಿನಲ್ಲಿ 7 ಶತಕೋಟಿ ಜನರು, 100 ಸಹಸ್ರ ಕೋಟಿಗಿಂತಲೂ ಹೆಚ್ಚು ಇರುವೆಗಳು ಮತ್ತು ಒಂದು ಶತಕೋಟಿಗಿಂತಲೂ ಹೆಚ್ಚು ಜೇನ್ನೊಣಗಳಿವೆ. ಇಷ್ಟೊಂದು ವೈವಿಧ್ಯತೆ ಎಲ್ಲಿಂದ ಬಂತು? ನಾವು ಹೇಗೆ ವಿಕಾಸಗೊಂಡೆವು– ಮನುಷ್ಯನ ಕಥೆಯೇನು? ಇಂತಹ ಕೆಲವು ಪ್ರಶ್ನೆಗಳಿಗೆ ಉತ್ತರಿಸಲು ನಾವು ಮಾಡಿರುವ ಕೆಲವು ಪ್ರಯತ್ನಗಳನ್ನು ಹುಡುಕಿ ನೋಡುವ ಕೆಲಸವನ್ನು ಲೇಖಕರು ಈ ಲೇಖನದಲ್ಲಿ ಮಾಡಿದ್ದಾರೆ.

ಈ ಭೂಮಿಯ ಮೇಲೆ ಜೀವಿಗಳ ಉಗಮದ ಬಗ್ಗೆ ಮಾನವರು ಸದಾ ಕುತೂಹಲಿಗಳಾಗಿದ್ದಾರೆ. ಮಾನವನ ಇತಿಹಾಸದುದ್ದಕ್ಕೂ ಈ ಬಗ್ಗೆ ಅನೇಕ ಸಿದ್ಧಾಂತ ಮತ್ತು ವಿವರಣೆಗಳನ್ನು ನೀಡಲಾಗಿದೆ. ಡಾರ್ವಿನ್ ಮತ್ತು ವಾಲೇಸ್ ತಮ್ಮ ನೈಸರ್ಗಿಕ ಆಯ್ಕೆಯ ಮೂಲಕ ಜೀವವಿಕಾಸದ ಸಿದ್ಧಾಂತವನ್ನು ಮೊಟ್ಟ ಮೊದಲು ಪ್ರತಿಪಾದಿಸಿದಾಗ ಬಹಳಷ್ಟು ವಾದವಿವಾದಗಳು ಎದುರಾದವು. ಆದರೆ, ಇಂದು ಈ ಸಿದ್ಧಾಂತಕ್ಕೆ ನಿರ್ವಿವಾದವಾದ ಸಾಕ್ಷಿಯಿದೆ. ಡಾರ್ವಿನ್ ಪ್ರಕಾರ ವಿಕಾಸವೆನ್ನುವುದು ಕೆಲವು ಮಾರ್ಪಾಡಿನೊಂದಿಗೆ ಪೀಳಿಗೆ ಮುಂದುವರಿಕೆ ಅಥವಾ '**ಡಿಸೆಂಟ್ ವಿತ್ ಮಾಡಿಫಿಕೇಷನ್**" '**Descent with modification**', ಅಂದರೆ, ಗುಣಲಕ್ಷಣಗಳು ತಂದೆತಾಯಿಗಳಿಂದ ಅವರ ಮಕ್ಕಳಿಗೆ ಪರಿಪೂರ್ಣವಾಗಿ ಅಲ್ಲದೆ ಹೋದರೂ ಆನುವಂಶಿಕವಾಗಿ ಸಾಗುವುದು. ಮಕ್ಕಳು/ಮರಿಗಳು ತಮ್ಮ ತಂದೆತಾಯಿಗಳನ್ನು ಬಹುಪಾಲು ಹೋಲುತ್ತಿದ್ದರೂ ಅವು ಕೆಲವು ವ್ಯತ್ಯಾಸಗಳನ್ನು ತೋರಬಹುದು.

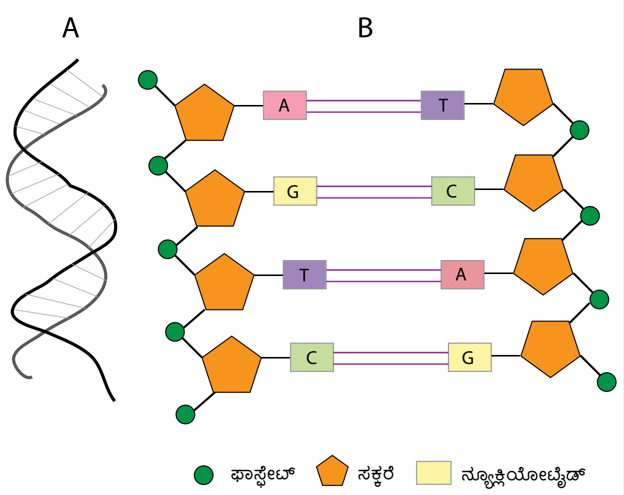
ಕಾಲಕ್ರಮೇಣ, ಈ ವ್ಯತ್ಯಾಸಗಳೇ **ಆಯ್ಕೆ**ಯಾಗಿ, ಒಂದು ಹೊಸ ಪ್ರಭೇದವನ್ನು ಹುಟ್ಟುಹಾಕುವಷ್ಟು ಬಲವಾದ ವಿಭಿನ್ನತೆಯಾಗುತ್ತದೆ. ಈ ಹೊಸ ಪ್ರಭೇದವು ತಾನು ಹಿಂದಿನ ಪ್ರಭೇದದಿಂದ ವ್ಯುತ್ಪತ್ತಿಯಾದ ಕಾರಣ ಅದು ತನ್ನ ಹಳೆಯ ಪ್ರಭೇದದೊಂದಿಗೆ ಸಂಬಂಧವನ್ನು ಹೊಂದಿರುತ್ತದೆ. ನಾನು ಮತ್ತು ನನ್ನ ಸೋದರ ಸಂಬಂಧಿಗೆ ಹೇಗೆ ನಮ್ಮ ತಾತ ಒಬ್ಬರೇ ಸಾಮಾನ್ಯ ಪೂರ್ವಜರಾಗುತ್ತಾರೋ ಹಾಗೆಯೇ ಪ್ರಭೇದಗಳೂ ಸಹ ತಮ್ಮ ಸಂಬಂಧಿ ಪ್ರಭೇದಗಳೊಂದಿಗೆ ಒಂದೇ ಪೂರ್ವಜರನ್ನು ಹಂಚಿಕೊಳುತ್ತವೆ. ಕಾಲಚಕ್ರದಲ್ಲಿ ನಾವು ಬಹಳ ಹಿಂದೆ (ಸುಮಾರು 3.8 ಶತಕೋಟಿ ವರ್ಷಗಳು ಹಿಂದಕ್ಕೆ) ಹೋದರೆ, ಈ ಭೂಮಿಯ ಮೇಲೆ ಇರುವ ಸಕಲ ಜೀವಿಗಳ ಜನ್ಮದಾತ ಜೀವಿಯನ್ನು ಕಂಡು ಹಿಡಿಯಬಹುದು. ಹೀಗೆ ನಾವು, ಪ್ರಭೇದಗಳ ನಡುವಿನ ಸೂಕ್ಷ್ಮ ಸಂಬಂಧಗಳನ್ನು ಎಚ್ಚರಿಕೆಯಿಂದ ಪುನಾರಚಿಸುತ್ತಾ, ಭೂಮಿಯ ಮೇಲೆ ಜೀವಿಯ ಇತಿಹಾಸವನ್ನು ಮತ್ತೆ ನಿರ್ಮಿಸಬಹುದು.

ವಿವಿಧ ಪ್ರಭೇದಗಳ ನಡುವಿನ ಸಂಬಂಧಗಳ ಮರುರಚನೆ ಮತ್ತು ವಂಶಾವಳಿಗಳ ವಿಕಾಸದ ಚರಿತ್ರೆಯ ಮರುರಚನೆಯನ್ನು ಕೇಂದ್ರೀಕರಿಸಿ ಅಧ್ಯಯನ ನಡೆಸುವ ಜೀವ ವಿಜ್ಞಾನದ ವಿಭಾಗವೇ ಫೈಲೋಜೆನೆಟಿಕ್ಸ್ Phylogenetics (ಪ್ರಜಾತಿ ವಂಶೋತ್ಪತ್ತಿ ಶಾಸ್ತ್ರ).

ರೂಪರಚನೆ (ಮಾರ್ಫಾಲಜಿ) ಮಾಹಿತಿ ಮತ್ತು ಆನುವಂಶಿಕ ಮಾಹಿತಿಯಿಂದ ನಾವು ವಿಭಿನ್ನ ವಂಶಾವಳಿ ಅಥವಾ ಪ್ರಜಾತಿ ವಂಶವೃಕ್ಷವನ್ನು (**ಚಿತ್ರ** 1 ಗಮನಿಸಿ) ರಚಿಸಬಹುದು. ಇಂದು ತಳಶಾಸ್ತ್ರ, ಆನುವಂಶಿಕ ಮಾಹಿತಿ ಅಥವಾ ಡಿಎನ್ಎ ಆಧಾರಿತ ಮಾಹಿತಿಗಳ ಕ್ಷೇತ್ರದಲ್ಲಿ ಎಷ್ಟೊಂದು ಪ್ರಗತಿ ಆಗಿದೆಯೆಂದರೆ ನಿಕಟವಾಗಿ ಸಂಬಂಧಿಸಿದ ಮತ್ತು ರೂಪರಚನೆಯಲ್ಲಿ ಒಂದನ್ನೊಂದು ಹೋಲುವಂತಹ ಪ್ರಭೇದಗಳ ನಡುವೆಯೂ ಸಂಬಂಧಗಳನ್ನು ಪುನಾರಚಿಸಲು ಸಾಧ್ಯವಿದೆ. ಆದರೆ ಇದನ್ನು ಮಾಡುವುದು ಹೇಗೆ? ಯಾವುದೇ ಎರಡು ಜೀವಿಯ

ಒಂದು ಜೀವಿಯ ಜೀನೋಮ್ ಎಂದರೆ ಅದರ ಎಲ್ಲಾ ಜೀನುಗಳನ್ನು ಒಳಗೊಂಡ ಅದರ ಡಿಎನ್ಎಗಳ ಪೂರ್ಣ ಗುಂಪು. ಆಯಾ ಜೀವಿಯ ಇಡೀ **ಜೀನೋಮಿನ** – ಮನುಷ್ಯರಲ್ಲಿ ಮೂರು ಶತಕೋಟಿ ಡಿ ಎನ್ ಎ ಬೇಸ್ ಜೋಡಿಗಳು– ಒಂದೊಂದು ಪ್ರತಿಯು ದೇಹದ ಪ್ರತಿಯೊಂದು ಜೀವಕೋಶದಲ್ಲೂ ಇರುತ್ತದೆ. ಜೀನೋಮ್ ನ ಒಂದೊಂದು ಪ್ರತಿಯೂ ಇಡೀ ಜೀವಿಯನ್ನು ನಿರ್ಮಿಸಿ ನಿರ್ವಹಿಸಿಕೊಂಡು ಬರಲು ಬೇಕಾದ ಎಲ್ಲಾ ಮಾಹಿತಿಯನ್ನು ಹೊಂದಿರುತ್ತದೆ.

ಜೀವಿಗಳ ನೀಲನಕ್ಷೆ ಡಿಎನ್ಎ, ಇದು ಎರಡು ಎಳೆ ಇರುವಂತಹುದು (ದ್ವಿ ತಂತು).



ಚಿತ್ರ 1. ಡಿಎನ್ಎ ರಚನೆ

ನಮಗೆ ಗೊತ್ತಿರುವ ಎಲ್ಲಾ ಜೀವಿಗಳು ಮತ್ತು ಅನೇಕ ವೈರಾಣುಗಳ ಬೆಳವಣಿಗೆ, ಅಭಿವೃದ್ಧಿ, ಕಾರ್ಯನಿರ್ವಹಣೆ ಮತ್ತು ಸಂತಾನೋತ್ಪತ್ತಿಗೆ ಬೇಕಾದ ಆನುವಂಶೀಯ ಸಲಹೆ ಸೂಚನೆಗಳನ್ನು ಹೊತ್ತು ಒಯ್ಯುವ ಒಂದು ಅಣು ಎಂದರೆ ಡೀಆಕ್ಸೀರೈಬೋನ್ಯೂಕ್ಲಿಕ್ ಆಸಿಡ್ (Deoxyribonucleic acid) ಇದು ಬಹಳಷ್ಟು ಒಂದಕ್ಕೊಂದು ಸುತ್ತಿಕೊಂಡು ಒಂದು ಹೆಲಿಕ್ಸ್ ರೂಪಿಸುವ ಎರಡು ವಿರುದ್ಧ ಪಂಕ್ತಿಯ ಸಮಾನಾಂತರ ಬಯೋ ಪಾಲಿಮರ್ ಎಳೆಗಳನ್ನು ಹೊಂದಿರುತ್ತದೆ.

ಪ್ರೋಟೀನ್‌ಗಳು ಹೇಗೆ ಅಮೈನೋ ಆಮ್ಲಗಳ ಪಾಲಿಮರ್‌ಗಳಾಗಿವೆಯೋ, ಹಾಗೆಯೇ ಡೀಆಕ್ಸೀರೈಬೋನ್ಯೂಕ್ಲಿಕ್ ಆಸಿಡ್ ಅಥವಾ ಡಿಎನ್ಎ.ಯ ಎಳೆಗಳಲ್ಲಿ ಪ್ರತಿಯೊಂದೂ ಪಾಲಿನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್ ಆಗಿರುತ್ತದೆ ಅಥವಾ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್‌ಗಳ ಪಾಲಿಮರ್ ಆಗಿರುತ್ತದೆ. ಪ್ರತಿಯೊಂದು ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್, ಒಂದು ಫಾಸ್ಫೇಟ್ ಗುಂಪು, ಡೀಆಕ್ಸೀರೈಬೋಸ್ ಎಂದು ಕರೆಯಲಾಗುವ ಸಕ್ಕರೆ ಮತ್ತು ಸಾರಜನಕವನ್ನು ಒಳಗೊಂಡಿರುವ ನಾಲ್ಕು ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಬೇಸ್‌ಗಳಲ್ಲಿ ಒಂದರಿಂದ ಮಾಡಲ್ಪಟ್ಟಿವೆ. ಡಿಎನ್ಎನಲ್ಲಿ ನಾಲ್ಕು ರೀತಿಯ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಬೇಸ್‌ಗಳಿವೆ– ಅವು ಅಡಿನೀನ್ (A) ಗ್ವಾನೀನ್(G), ಥೈಮಿನ್(T) ಮತ್ತು ಸೈಟೊಸಿನ್ (C). ಡಿಎನ್ಎ ಅಣುವಿನಲ್ಲಿ ಇವುಗಳ ಅನುಕ್ರಮವೇ ಪ್ರೋಟೀನ್‌ಗಳಲ್ಲಿ ಅಮೈನೋ ಆಮ್ಲಗಳ ಅನುಕ್ರಮವನ್ನು ನಿರ್ಧರಿಸುತ್ತದೆ. ಒಂದು ತಂತುವಿನ ಮೇಲಿರುವ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಬೇಸ್‌ಗಳು ಇನ್ನೊಂದು ತಂತುವಿನಲ್ಲಿ ಸಂವಾದಿ ಸ್ಥಳದಲ್ಲಿರುವ ಬೇಸ್ಗಳ ಜೊತೆ ಜೋಡಿಯಾಗಿ ಬೇಸ್ ಜೋಡಿಯಾಗುತ್ತವೆ.

ಡಿಎನ್ಎ ಯಲ್ಲಿರುವ ಬೇಸ್ ಜೋಡಿಗಳು ಎರಡು ವಿಧದವಾಗಿರುತ್ತವೆ A-T ಅಥವಾ C-G. ಒಂದು ಬೇಸ್ ಜೋಡಿಯ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್‌ಗಳು ಪರಸ್ಪರ ಪೂರಕವಾಗಿರುತ್ತವೆ. ಅಂದರೆ ಅವುಗಳ ಆಕಾರವು ಜಲಜನಕದ ಬಾಂಡ್ ನಿಂದ ಪರಸ್ಪರ ಜೋಡಿಯಾಗಲು ಅನುವು ಮಾಡಿಕೊಡುತ್ತವೆ.

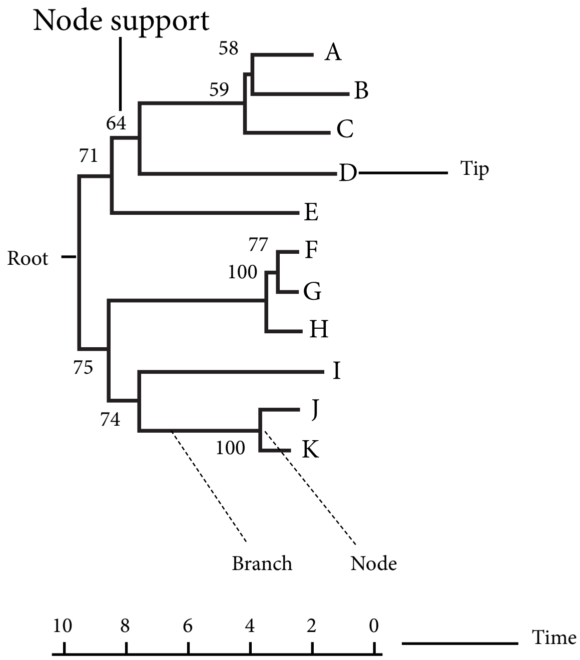
ಜೀನ್ ಎಂಬುದು ಒಂದು ಕಾರ್ಯಕಾರಿ ಆರ್ ಎನ್ ಎ ಅಥವಾ ಒಂದು ಪ್ರೋಟೀನ್ ಉತ್ಪನ್ನವನ್ನು ಸಸಂಕೇತರೂಪಿಸುವ (encoded) ಡಿ ಎನ್ ಎ ಯಲ್ಲಿರುವ ಒಂದು ತಾಣ ಅಥವಾ ಸ್ಥಳ. ಅದು ಆನುವಂಶಿಕತೆಯ ಅಣುರೂಪದ ಘಟಕ. ಒಂದು ಜೀವಿಯ ಸಂತತಿಗೆ ಜೀನುಗಳ ವರ್ಗಾವಣೆ ಆಗುವುದೇ ಬಾಹ್ಯರೂಪದ ಆನುವಂಶಿಕ ಗುಣವಿಶೇಷಗಳು ವಂಶದಿಂದ ವಂಶಕ್ಕೆ ಸಾಗಿಬರಲು ಮೂಲ ಕಾರಣ.

ಜೀನೋಮ್‌ಗಳ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್‌ಗಳ .ಸರಣಿಯನ್ನು ಹೋಲಿಸಿ ನೋಡಿದಾಗ, ಅವುಗಳೊಳಗಿನ ಮತ್ತು ಅವುಗಳ ಪ್ರಭೇದಗಳ ನಡುವಿನ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯನ್ನು ಲೆಕ್ಕ ಹಾಕಬಹುದು. ಈ ವ್ಯತ್ಯಾಸವನ್ನು ನಾವು ಎರಡು ಜೀವಿ/ ಪ್ರಭೇದಗಳ ನಡುವೆ ಇರುವ ಜೆನೆಟಿಕ್ ಅಂತರದಿಂದ ಲೆಕ್ಕಹಾಕುತ್ತೇವೆ ಮತ್ತು ಅವುಗಳಲ್ಲಿ ಎಷ್ಟು ಬೇಸ್ಗಳು ಸಮಾನ (A, T, G, & C) ವಾಗಿವೆ ಮತ್ತು ಎಷ್ಟು ಬೇಸ್ಗಳು ಭಿನ್ನವಾಗಿವೆ ಎಂಬ ಲೆಕ್ಕಾಚಾರದಲ್ಲಿ ಈ ಅಂತರವನ್ನು ಗುರುತಿಸಬಹುದು. ವಿಶೇಷ ಕಂಪ್ಯೂಟರ್ ಪ್ರೋಗ್ರಾಂಗಳ ಮೂಲಕ ಈ ಜೆನೆಟಿಕ್ ಅಂತರಗಳನ್ನು ಬಳಸಿಕೊಂಡು ನಾವು ಸಂಬಂಧಗಳ ಪ್ರಜಾತಿ ವಂಶವೃಕ್ಷಗಳನ್ನು (phylogenetic tree) ರಚಿಸಬಹುದು. ಒಟ್ಟಾರೆ, ಎರಡು ವರ್ಗಗಳ (taxa) ನಡುವಿನ ಜೆನೆಟಿಕ್ ಅಂತರವು ಹೆಚ್ಚು ಹೆಚ್ಚು ಆದಂತೆಯೆ ಅವುಗಳ ಸಂಬಂಧ ಸಾಮಿಪ್ಯ (degree of relatedness) ಕಡಿಮೆಯಾಗುತ್ತಾ ಹೋಗುತ್ತದೆ. ಆದ್ದರಿಂದ, ನಿಕಟ ಸಂಬಂಧದ ವರ್ಗಗಳ ಜೆನೆಟಿಕ್ ಅಂತರದ ಸಂಖ್ಯೆ ಕಡಿಮೆಯಿದ್ದು, ದೂರ ಸಂಬಂಧದ ವರ್ಗಗಳಲ್ಲಿ ಹೆಚ್ಚು ಇರುತ್ತದೆ. ಈ ಮಾಹಿತಿಯಿಂದ ನಾವು ವಿಭಿನ್ನ ಪ್ರಭೇದಗಳ ನಡುವಿನ ಸಂಬಂಧಗಳ ರಚನೆ ಮಾಡುವುದು ಮಾತ್ರವಲ್ಲದೇ, ಈ ವಿಭಿನ್ನ ಪ್ರಭೇದಗಳ ಸಮುದಾಯಗಳು ಪರಸ್ಪರ ಒಂದಕ್ಕೊಂದು ಹೇಗೆ ಸಂಬಂಧಿಸಿವೆ ಎಂಬುದನ್ನು ತಿಳಿದುಕೊಳ್ಳಬಹುದು. ಮಾನವನ ವಿಕಾಸದ ಬಗ್ಗೆ ಇದು ಏನನ್ನಾದರೂ ಹೇಳಲು ಸಾಧ್ಯವೇ?

ಪ್ರಜಾತಿ ವಂಶೋತ್ಪತ್ತಿ ವೃಕ್ಷವನ್ನು ಹೇಗೆ ಅಧ್ಯಯನ ಮಾಡಬೇಕು?

ವಂಶೋತ್ಪತ್ತಿ ವೃಕ್ಷವೆನ್ನುವುದು ವಿವಿಧ ವರ್ಗಗಳ ನಡುವಿನ ಸಂಬಂಧಗಳ ರೇಖಾತ್ಮಕ ನಿರೂಪಣೆ (**ಚಿತ್ರ 2**). ನಿಕಟವಾಗಿ ಸಂಬಂಧಿಸಿದ ಪ್ರಭೇದಗಳು ಈ ವೃಕ್ಷದಲ್ಲಿ ಪರಸ್ಪರ ಹತ್ತಿರವಿದ್ದು, ಕೆಲವೇ ಕೆಲವು ಶಾಖೆಗಳಿಂದ ಸೇರಿಕೊಂಡಿರುತ್ತವೆ. ಇದನ್ನು ಮತ್ತಷ್ಟು ಸರಿಯಾಗಿ ಅರ್ಥಮಾಡಿಕೊಳ್ಳಲು ನಾವು ಈ ವಂಶೋತ್ಪತ್ತಿ ವೃಕ್ಷವನ್ನು ತುಂಡು ತುಂಡಾಗಿ ನೋಡೋಣ. ಇಲ್ಲಿ ಮೊಟ್ಟಮೊದಲು ನಮಗೆ ಕಾಣುವುದು ಒಟ್ಟಾರೆ ಮರದ ರಚನೆ– ಮರದ ಸಂಪೂರ್ಣ ಶಾಖೆಗಳ ಮಾದರಿಯನ್ನು ‘topology’. ‘ಟೋಪಾಲಜಿ’ ಎನ್ನುತ್ತಾರೆ. ಮರದ ಬುಡದಲ್ಲಿ ‘ಬೇರು’ಗಳಿವೆ. ನಾವು ಈಗ ಪರೀಕ್ಷಿಸಲು ಹೊರಟಿರುವ ವಂಶಾವಳಿಯ ವ್ಯಾಪ್ತಿಯಲ್ಲಿ ಬರದ ‘ಔಟ್ ಗ್ರೂಪ್’ (ಹೊರಗುಂಪು) ಮರದ ಬೇರಾಗಿ ಅವಶ್ಯವಾಗಿದೆ. ‘ಇನ್ ಗ್ರೂಪ್’ (ನಾವು ಈಗ ಆಸಕ್ತಿ ಹೊಂದಿರುವ ಗುಂಪು) ನಲ್ಲಿರುವ ಪ್ರಭೇದಗಳ ನಡುವಿನ ಸಂಬಂಧಗಳ ಸ್ಪಷ್ಟೀಕರಣಕ್ಕೆ ಸಹಾಯ ಮಾಡುವ ಹೋಲಿಕೆ ಬಿಂದುವನ್ನು ಈ ಔಟ್ ಗ್ರೂಪ್ ಒದಗಿಸುತ್ತದೆ. ಮರದ ‘ತುದಿ’ಗಳು ನಾವು ಹೋಲಿಕೆಗೆ ತೆಗೆದುಕೊಂಡಿರುವ ಪ್ರಭೇದಗಳಾಗಿದ್ದು, ‘ಶಾಖೆಗಳ’ ಮೂಲಕ

ವಂಶೋತ್ಪತ್ತಿ ವೃಕ್ಷವನ್ನು ತಿಳಿದುಕೊಳ್ಳುವುದು ಹೇಗೆ?



‘ಬಿ’ ‘ಎ’ನ ನಿಕಟ ಸಂಬಂಧಿ; ‘ಎ’ ಮತ್ತು ‘ಬಿ’ಗಳನ್ನು ‘ಸೋದರರು’ ಎನ್ನುತ್ತಾರೆ

ಅವೆರಡೂ ‘ಸಿ’ನೊಂದಿಗೆ ಒಂದೇ ಪೂರ್ವಜನನ್ನು ಹಂಚಿಕೊಳ್ಳುತ್ತವೆ

ಈ ವೃಕ್ಷದ ಬೇರು ವಂಶಾವಳಿಯ ಮೂಲ ಪೂರ್ವಜನನ್ನು ಪ್ರತಿನಿಧಿಸುತ್ತದೆ ಮತ್ತು ಇಲ್ಲಿಂದಲೇ ಎಲ್ಲಾ ಪೀಳಿಗೆಗಳು ಮುಂದುವರೆಯುತ್ತವೆ

ಗೆಣ್ಣುಗಳ ಮೇಲಿನ ಸಂಖ್ಯೆಗಳು ಗೆಣ್ಣುಗಳ ಆಧಾರವನ್ನು ತೋರಿಸುತ್ತದೆ

ಇದು ವೃಕ್ಷದಲ್ಲಿ ನಿಬಿಡತೆಯ (condence) ಮೌಲ್ಯಮಾಪನ ವಿಧಾನವೂ ಆಗಿದೆ

ಅಡ್ಡಗೆರೆ ದಶಲಕ್ಷ ವರ್ಷಗಳ ಲೆಕ್ಕದಲ್ಲಿ ಹಿಂದಿನ ಸಮಯವನ್ನು ಸೂಚಿಸುವ ಅಳತೆಗೋಲಾಗಿದೆ. ಸೊನ್ನೆ ವರ್ತಮಾನವನ್ನು ಸೂಚಿಸುತ್ತದೆ.

ಈ ವಂಶಾವಳಿಯ ಬೇರು ಸರಿ ಸುಮಾರು ಹತ್ತು ದಶಲಕ್ಷ ವರ್ಷಗಳ ಹಿಂದಿನ ಸಮಯದ್ದಾಗಿದೆ.

ಚಿತ್ರ 2. ಪ್ರಜಾತಿ ವಂಶೋತ್ಪತ್ತಿ ವೃಕ್ಷವನ್ನು ಹೇಗೆ ಅಧ್ಯಯನ ಮಾಡಬೇಕು?

ಬೇರೆ ತುದಿಗಳಿಗೆ ಸಂಬಂಧ ಪಟ್ಟಿರುತ್ತವೆ. ‘ಆಂತರಿಕ ಗೆಣ್ಣು’ (ಇಂಟರ್ನಲ್ ನೋಡ್ಸ್) ಗಳು ಎರಡು ಅಥವಾ ಅದಕ್ಕಿಂತ ಹೆಚ್ಚು ಪೀಳಿಗೆಗಳು ಯಾವುದರಿಂದ ಹೊರಹೊಮ್ಮಿರುತ್ತವೆಯೋ ಆ ಪೂರ್ವಜ ಜೀವಿಯನ್ನು ಸೂಚಿಸುತ್ತವೆ. ಎರಡು ತುದಿಗಳು ಸೇರಿಕೊಳ್ಳುವ ಗೆಣ್ಣುಗಳು ಇವೆರಡರ ಇತ್ತೀಚಿನ ಸಾಮಾನ್ಯ ಪೂರ್ವಜನನ್ನು ಹೊಂದಿದ್ದ ಬಿಂದುವನ್ನು ಸೂಚಿಸುತ್ತವೆ. ಸಾಮಾನ್ಯವಾಗಿ ಒಂದು ಪೂರ್ವಜ ಜೀವಿಯಿಂದ ಎರಡು ಪ್ರಭೇದಗಳು (ಅಥವಾ ವಂಶಾವಳಿ) ಹುಟ್ಟಿಕೊಳ್ಳುತ್ತವೆ. ಈ ಗೆಣ್ಣುಗಳು ಪ್ರಭೇದ ರೂಪುಗೊಂಡ ಊಹಿತ ಘಟನೆಯನ್ನೂ ಸೂಚಿಸುತ್ತವೆ. ಒಂದೇ ಪೂರ್ವಜನನ್ನು ಹೊಂದಿರುವ ವರ್ಗ (ತುದಿ) ಗಳನ್ನು ಸೋದರ ಜೀವಿಗಳೆಂದು ಪರಿಗಣಿಸಬಹುದು.

ಉದಾಹರಣೆಗೆ, ಓರ್ವ ಸಾಮಾನ್ಯ ವೀಕ್ಷಕನಿಗೆ ನಮ್ಮ ಪ್ರೈಮೇಟ್ ಸೋದರರಾದ ಬೊನೋಬೊ ಮತ್ತು ಚಿಂಪಾಂಜಿಗಳೆರಡೂ ಒಂದೇ ರೀತಿಯಾಗಿ ಕಾಣುತ್ತವೆ.

ಆದರೆ, ತಳೀಯವಾಗಿ (genetically) ಅವೆರಡೂ ಸಾಕಷ್ಟು ವಿಭಿನ್ನವಾಗಿವೆ. ವಾನರ ವೃಕ್ಷದಲ್ಲಿ (**ಚಿತ್ರ 3**) ಮಾನವ, ಚಿಂಪಾಂಜಿ, ಬೊನೋಬೋ, ಗೊರಿಲ್ಲಾ ಮತ್ತು ಒರಾಂಗುಟಾನ್‌ಗಳು ತುದಿಗಳನ್ನು ಪ್ರತಿನಿಧಿಸುತ್ತವೆ. ಎಲ್ಲಾ ವಾನರ ಜೀವಿಗಳು ಉಳಿದ ಪ್ರೈಮೇಟ್‌ಗಳಿಂದ ಬೇರೆಯಾದಂತಹ ಒಂದೇ ಪೂರ್ವಜನನ್ನು ಹೊಂದಿವೆ. ಚಿಂಪ್ ಮತ್ತು ಬೊನೋಬೋಗಳು ಸೋದರ ಜೀವಿಗಳಾಗಿದ್ದು, ಮಾನವರೂ ಸಹ ಅವುಗಳೊಂದಿಗೆ ಒಬ್ಬನೇ ಪೂರ್ವಜನನ್ನು ಹಂಚಿಕೊಂಡಿದ್ದೇವೆ. ಹೀಗೆ ನಾವು ಪ್ರೈಮೇಟ್‌ಗಳ ಸಂಬಂಧಿಗಳಾಗಿದ್ದೇವೆ! ಎಷ್ಟು ವರ್ಷಗಳ ಹಿಂದೆ ನಮ್ಮ ಮತ್ತು ಈ ಪ್ರೈಮೇಟ್‌ಗಳ ಸಾಮಾನ್ಯ ಪೂರ್ವಜ ಅಸ್ತಿತ್ವದಲ್ಲಿದ್ದ?

ಈ 'ಜೀವ ವೃಕ್ಷ'ದಿಂದ ವಯಸ್ಸನ್ನು ತಿಳಿಯುವ ಬಗೆ

ಪ್ರಜಾತಿ ವಂಶೋತ್ಪತ್ತಿ ವೃಕ್ಷದಿಂದ ವಿವಿಧ ವರ್ಗಗಳ ನಡುವಿನ ಸಂಬಂಧಗಳ ಪುನರ್ನಿರ್ಮಾಣವಷ್ಟೇ ಅಲ್ಲದೇ, ವಿಕಾಸದ ಹಾದಿಯ ಕವಲು ಒಡೆದ ಸಮಯವನ್ನು 'ಡೈವರ್ಜೆನ್ಸ್ ಡೇಟಿಂಗ್' ಎಂಬ ಪ್ರಕ್ರಿಯೆ ಮೂಲಕ ತಿಳಿದುಕೊಳ್ಳಬಹುದು. (ಡೈವರ್ಜೆನ್ಸ್ ಡೇಟಿಂಗ್) ವೈವಿಧ್ಯತೆ ಕಾಲಗಣನೆ ಎನ್ನುವುದು ಆಣ್ವಿಕ ಗಡಿಯಾರ ಪೂರ್ವ ಸಿದ್ಧಾಂತವನ್ನು ಆಧರಿಸಿದೆ. ಇದರ ಪ್ರಕಾರ ಸಾಕಷ್ಟು ಸಮಯಾವಧಿಯಲ್ಲಿ ಮ್ಯುಟೇಷನ್‌ಗಳು ಏಕರೀತಿಯ ಗತಿ (rate)ಯಲ್ಲಿ ಸಂಚಯಿತವಾಗುತ್ತಾ ಬರುತ್ತವೆ, ಎರಡು ಪ್ರಭೇದಗಳ ಜೀನೋಮ್‌ಗಳಲ್ಲಿರುವ ಬೇಸ್‌ಗಳ ವ್ಯತ್ಯಾಸಗಳ ಸಂಖ್ಯೆಯನ್ನು ಲೆಕ್ಕ ಹಾಕುವ ಮೂಲಕ, ಈ ವ್ಯತ್ಯಾಸಗಳು ಯಾವ ಗತಿಯಲ್ಲಿ ಸಂಚಯನಗೊಂಡಿವೆ ಎಂಬ ನಮ್ಮ ಜ್ಞಾನದ ಆಧಾರದ ಮೇಲೆ ಎರಡು ವಂಶಪರಂಪರೆಗಳು ಯಾವಾಗ ವಿಭಜನೆಯಾದವು ಎಂದು ಅಂದಾಜು ಮಾಡಬಹುದು. ಈ ಸರಣಿಗಳ ವಿಕಾಸ ಯಾವುದೇ ನಿಗದಿತ ಗತಿಯನ್ನು ಅನುಸರಿಸದ ಕಾರಣ, ನಾವು ಒಂದು ಗತಿಯನ್ನು ಹಂಚಿಕೆಯೆಂದು (ಸಾಮಾನ್ಯ ಹಂಚಿಕೆ ಎಂದುಕೊಳ್ಳೋಣ) ಮಾದರಿಯಾಗಿಟ್ಟು ಕೊಂಡು (ಡೈವರ್ಜೆನ್ಸ್) ಕವಲು ಒಡೆದದ್ದನ್ನು ಅಂದಾಜು ಮಾಡಬಹುದು. (ಮರಗಳ ವಯಸ್ಸನ್ನು ಲೆಕ್ಕ ಹಾಕಲು ಪಳೆಯುಳಿಕೆಗಳನ್ನು ಅನೇಕ ಬಾರಿ ಬಳಸಲಾಗುವುದು ಏಕೆಂದರೆ ಕ್ಲೇಡ್‌ಗಳ (ಪೂರ್ವಜ + ಪೀಳಿಗೆ = ಕ್ಲೇಡ್) ಮಾಪನಕ್ಕೆ ಪಳೆಯುಳಿಕೆಗಳು ಸ್ವತಂತ್ರವಾದ ಪರಾಮರ್ಶನ ವಯಸ್ಸನ್ನು ಕೊಡುವ ಕಾರಣ ಹೆಚ್ಚಾಗಿ ಇದಕ್ಕಾಗಿ ಪಳೆಯುಳಿಕೆಗಳನ್ನೇ ಉಪಯೋಗಿಸುತ್ತಾರೆ).

ಡೈವರ್ಜೆನ್ಸ್ ಡೇಟಿಂಗ್‌ನ ಉದಾಹರಣೆಯೊಂದನ್ನು ನಾವು ಪ್ರೈಮೇಟ್‌ಗಳ ವೃಕ್ಷದಲ್ಲಿ (**ಚಿತ್ರ 3**) ಕಾಣಬಹುದು. ಇದರಲ್ಲಿ ಮಾನವ ಮತ್ತು ಚಿಂಪಾಂಜಿ ಪೀಳಿಗೆಗಳು ಸುಮಾರು 4-5 ದಶಲಕ್ಷ ವರ್ಷಗಳ ಹಿಂದೆ ವಿಭಜನೆಗೊಂಡಿರುವುದೆಂದು ತೋರಿಸುತ್ತದೆ. ಇದರ ಅರ್ಥವೇನೆಂದರೆ, ಮಾನವ ಪೀಳಿಗೆಯಲ್ಲಿ ಬದುಕುಳಿದಿರುವ ಏಕ ಮಾತ್ರ ಪ್ರಭೇದವಾದ *ಹೋಮೋ ಸೇಪಿಯನ್ಸ್*, ಸರಿ ಸುಮಾರು 5 ದಶಲಕ್ಷ ವರ್ಷಗಳ ಹಿಂದೆ ವಿಕಾಸ ಹೊಂದಿರಬಹುದು. ಪಳೆಯುಳಿಕೆಗಳು ಇದನ್ನು ದೃಢೀಕರಿಸುತ್ತದೆ. ಇಂದಿನ ಮತ್ತು ಹಿಂದಿನ 5 ದಶಲಕ್ಷ ವರ್ಷಗಳ ನಡುವೆ *ಹೋಮೋ ನಿಯಾಂಡರ್ತಲೆನ್ಸಿಸ್* ನನ್ನೂ ಸೇರಿಸಿ ಸಾಕಷ್ಟು *ಹೋಮೋ* ಪ್ರಭೇದಗಳು, ವಿಕಾಸ ಹೊಂದಿರುವುದನ್ನು ಇದು ತೋರಿಸಿದರೂ, *ಹೋಮೋ ಸೇಪಿಯನ್ಸ್* ಒಂದನ್ನು ಬಿಟ್ಟು ಉಳಿದೆಲ್ಲವೂ ಅಳಿದುಹೋಗಿವೆ.

ನಾವು ಈ ವರೆಗೆ ರಚಿಸಿರುವ ವಾನರರ ಚಿತ್ರಣದ ಮಾದರಿಯಲ್ಲೇ ಮತ್ತಷ್ಟು ವಿಸ್ತರಿಸಿ, ಭೂಮಿಯ ಮೇಲಿನ

ಲೀನಿಯೇಜ್ (ವಂಶಪರಂಪರೆ): ಸಂತತಿಯ ಒಂದು ನಿರಂತರ ರೇಖೆಯನ್ನು ವಂಶಪರಂಪರೆ ಎನ್ನಬಹುದು: ಇದು ಯಾವುದೇ ತಂದೆತಾಯಿಗಳ ಸಂತಾನೋತ್ಪತ್ತಿಯಿಂದ ಹುಟ್ಟಿದ ಮಕ್ಕಳ ಯಾವುದೇ ಸರಣಿ.

ಸ್ಪೀಸಿಯೇಷನ್ (ಪ್ರಭೇದನ): ಜೀವಿ ಸಮುದಾಯಗಳು ವಂಶೋತ್ಪತ್ತಿಯ ವಿಷಯದಲ್ಲಿ ಪ್ರತ್ಯೇಕಗೊಂಡು ಎರಡು ಹೊಸ ಪ್ರಭೇದಗಳ ರಚನೆಗೆ ಕಾರಣವಾಗುವ ವಿಕಾಸ ಪ್ರಕ್ರಿಯೆಯನ್ನು ಸ್ಪೀಸಿಯೇಷನ್ ಎನ್ನಬಹುದು. ಅನೇಕ ಬಾರಿ ಪ್ರಭೇದಗಳು ಒಂದೇ ಪೂರ್ವಜರಿಂದ ಎರಡಾಗಿ ವಿಭಜನೆಯಾಗುತ್ತವೆ. ಹೀಗೆ ಅವು ವಿಭಜನೆಯಾದಾಗ ರೂಪಾಂತರಗುಣಗಳನ್ನು ಸಂಚಯಿಸುತ್ತಾ ಕೊನೆಗೊಮ್ಮೆ ಪ್ರಜನನದ ವಿಷಯದಲ್ಲಿ ಪ್ರತ್ಯೇಕತೆ ಹೊಂದುತ್ತವೆ- ಅಂದರೆ ಈ ಪ್ರತ್ಯೇಕಗೊಂಡ ಎರಡು ಗುಂಪಿನ ಸದಸ್ಯರು ಸಫಲವಾಗಿ ಸಂತಾನೊತ್ಪತ್ತಿ ಮಾಡುವುದು ಅಸಾಧ್ಯ. ಪ್ರತ್ಯೇಕ ಪ್ರಭೇದವಾಗುವುದಕ್ಕೆ ಪ್ರಜನನದ ಪ್ರತ್ಯೇಕತೆ ಅನಿವಾರ್ಯವಾದ ನಿಯಮ.

ಮ್ಯುಟೇಷನ್ (ರೂಪಾಂತರ): ಜೀವಕೋಶಗಳು ಪ್ರತಿಯೊಂದು ಸಲ ನಕಲುಗೊಂಡಾಗಲೂ ಅದರ ಸಂಪೂರ್ಣ ಜೀನೋಮ್‌ನ ಮರುಪ್ರತಿಯಾಗುತ್ತದೆ. ಕೆಲವು ಸನ್ನಿವೇಶಗಳಲ್ಲಿ, ಕೆಲವೊಮ್ಮೆ ಹೀಗೆ ಮರುಪ್ರತಿಯಾಗುವಾಗ ತಪ್ಪುಗಳಾಗಿ ತಪ್ಪು ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್‌ಗಳು ನಕಲಾದ ಕೋಶಗಳಲ್ಲಿ ಸೇರಿಕೊಂಡುಬಿಡುತ್ತವೆ. ಜೀನೋಮ್‌ನಲ್ಲಿ ಆಗುವ ಈ ವ್ಯತ್ಯಾಸಗಳನ್ನು ಮ್ಯುಟೇಷನ್ ಎನ್ನುತ್ತಾರೆ. ಅನೇಕ ಬಾರಿ ಈ ಮ್ಯುಟೇಷನ್‌ಗಳು ತಾವು ಕೋಡ್ ಮಾಡುವ ಅಮೈನೋ ಆಸಿಡ್‌ಗಳನ್ನು ಬದಲಾಯಿಸಿ, ಪರಿಣಾಮವಾಗಿ ಪ್ರೋಟೀನ್‌ಗಳಲ್ಲಿ ಬದಲಾವಣೆಯನ್ನು ಉಂಟು ಮಾಡುತ್ತವೆ.

ಅವುಗಳನ್ನು ಬೇರೆ ಬೇರೆ ಎಂದು ಹೇಳಲು ಸಾಧ್ಯವಿಲ್ಲ! ರೂಪ ಲಕ್ಷಣದಲ್ಲಿ ಚಿಂಪಾಂಜಿಗಳು ಬೊನೋಬೊಗಳನ್ನು ತುಂಬಾ ಹೋಲುತ್ತವೆ

ಚಿಂಪಾಂಜಿ (ಫೋಟೋ: ಥಾಮಸ್ ಲರ್ಷ್) ವಿಕಿಮೀಡಿಯ ಕಾಮನ್ಸ್ ಚಿತ್ರಗಳು

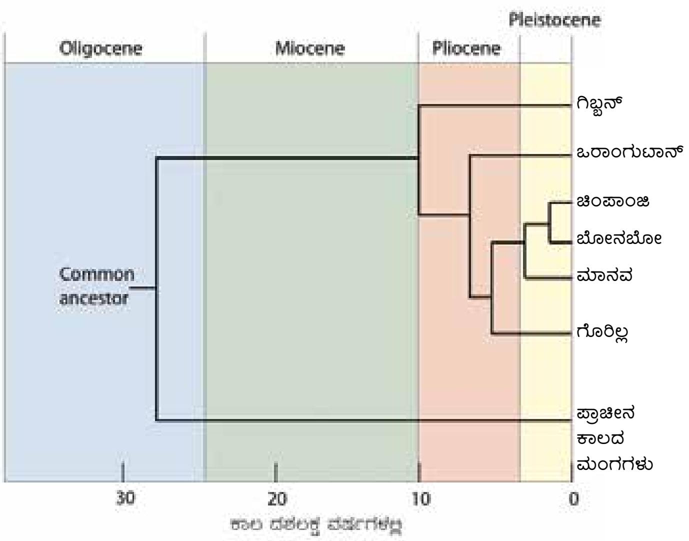
ಬೊನೊಬೋ (ಚಿತ್ರ: USAID)

ತಳೀ ಶಾಸ್ತ್ರೀಯವಾಗಿ ಅವುಗಳ ವಿಭಿನ್ನತೆ ತೋರಿಸಬಹುದು.

			*		*								*	*	*		
ಚಿಂಪಾಂಜಿ	C	A	T	G	T	T	C	G	A	T	C	T	A	C	A	C	A
ಬೋನಬೋ	C	A	T	G	T	T	C	G	A	T	C	T	A	C	G	C	A
ಗೊರಿಲ್ಲ	C	A	G	G	T	T	C	G	A	T	C	T	A	T	G	C	A
ಮಾನವ	C	A	G	G	A	T	C	G	A	T	C	T	G	T	C	C	A

* indicate a difference between sequences

ಪ್ರೈಮೇಟ್ಗಳ ಫೈಲೋಜೆನೆಟಿಕ್ ಮರ. ಟ್ಯಾಕ್ಸಗಳ ನಡುವಿನ ಸಂಬಂಧವನ್ನು ಮತ್ತು ವಂಶಾವಳಿಗಳ ನಡುವೆ ಭಿನ್ನತೆಗಳು ಉಗಮವಾದ ಸಮಯವನ್ನು ಮರವು ಪ್ರತಿನಿಧಿಸುತ್ತದೆ



ಚಿತ್ರ ೩. ಪ್ರೈಮೇಟ್‌ಗಳ ನಡುವಿನ ಸಂಬಂಧದ ಮರು ಸೃಷ್ಟಿ ಹೇಗೆ ಮಾಡಬಹುದು?

ಪ್ರತಿಯೊಂದು ಜೀವಿಯೂ ಒಂದಕ್ಕೊಂದು ಸಂಬಂಧಿಸಿವೆ ಎಂಬುದನ್ನು ನಿರೂಪಿಸುವ ವೃಕ್ಷವನ್ನು ರಚಿಸುವಂತಿದ್ದರೆ ಎಷ್ಟು ಚೆನ್ನಾಗಿರುತ್ತಿತ್ತಲ್ಲವೇ? ಆಣ್ವಿಕ ಮಾಹಿತಿ, ಅತ್ಯಾಧುನಿಕ ತಳಶಾಸ್ತ್ರ ಮತ್ತು ಕಂಪ್ಯೂಟರ್ ತಂತ್ರಜ್ಞಾನದ ಸಹಾಯದಿಂದ ಜೀವ ವೃಕ್ಷ (ಟ್ರೀ ಆಫ್ ಲೈಫ್) ಎನ್ನುವ ಯೋಜನೆ ಇಂತಹದೇ ಒಂದು ಗುರಿಯನ್ನು ಇಟ್ಟುಕೊಂಡಿದೆ. ಮತ್ತೊಂದು ಕುತೂಹಲಕಾರಿ ಅಂಶವೇನೆಂದರೆ, ಡಾರ್ವಿನ್ ಮತ್ತು ತದನಂತರ ಬಂದ ವಿಕಾಸ ಜೀವಶಾಸ್ತ್ರಜ್ಞರು ಸಂಬಂಧಗಳನ್ನು ಜೀವ ವೃಕ್ಷ / 'ಟ್ರೀ ಆಫ್ ಲೈಫ್' ಮಾದರಿಯಲ್ಲೇ ಚಿತ್ರಿಸಿದ್ದಾರೆ. ಇತ್ತೀಚೆಗೆ ನಾವು ತಿಳಿದುಕೊಂಡಿರುವಂತೆ, ಜೀನ್‌ಗಳ ಸಮತಲ ವರ್ಗಾವಣೆಯನ್ನು (ಹಾರಿಝಾಂಟಲ್ ಜೀನ್ ಟ್ರಾನ್ಸ್‌ಫರ್)

ಕ್ಲೇಡ್ಸ್: ಈ ಪದವನ್ನು ಗ್ರೀಕ್‌ನ 'ಕ್ಲಾಡೋಸ್'ನಿಂದ ಪಡೆಯಲಾಗಿದೆ. ಇದರ ಅರ್ಥ ಟೊಂಗೆ ಅಥವಾ ರೆಂಬೆ. ಕ್ಲೇಡ್ ಎನ್ನುವುದು ಮೋನೋಫೈಲೆಟಿಕ್ ಟಾಕ್ಸಾನ್; ಅಥವಾ ತಮ್ಮ ಗುಂಪಿನ ಎಲ್ಲಾ ಸದಸ್ಯರೂ ಹಂಚಿಕೊಂಡಿರುವ ತೀರ ಇತ್ತೀಚೆಗಿನ ಒಂದೇ ಪೂರ್ವಜ ಮತ್ತು ತೀರ ಇತ್ತೀಚಿನ ಆ ಪೂರ್ವಜನ ಪೀಳಿಗೆಗಳಾದ ಜೀವಿಗಳ ಸಮೂಹ.

ಪ್ರೋಕ್ಯಾರಿಯೋಟ್ಸ್: (ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯಸ್ ರಹಿತ ಏಕಾಣು ಜೀವಿಗಳು); ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯಸ್ ಮತ್ತು ಪೊರೆ ಆವೃತ ಕಣ ಅಂಗಗಳನ್ನು ಹೊಂದಿರದ ಏಕಾಣು ಜೀವಿಗಳು.

ಒಳಗೊಂಡಂತೆ, ದೀರ್ಘಕಾಲದ ಹಿಂದೆಯೇ ವಿಭಜನೆಗೊಂಡ ಪ್ರಭೇದಗಳ ಅನುಸಾರ ವಾಸ್ತವದಲ್ಲಿ ಎಲ್ಲಾ ಜೀವಿಗಳು ಜೀವ ಜಾಲದಲ್ಲಿ (Web of Life) ಪರಸ್ಪರ ಒಂದಕ್ಕೊಂದು ಬೆಸೆದುಕೊಂಡಿವೆ ಎನ್ನುವ ಸಾಧ್ಯತೆಯನ್ನು ತೋರಿಸುತ್ತದೆ. ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯಸ್ ರಹಿತ ಏಕಾಣು ಜೀವಿಗಳ ಮಟ್ಟಿಗಂತೂ ಇದು ಖಂಡಿತ ನಿಜ.

ಈ ಜೀವ ವೃಕ್ಷವನ್ನು ಪರಿಪೂರ್ಣಗೊಳಿಸಲು ನಿಜಕ್ಕೂ ನಮ್ಮ ಬಳಿ ಎಲ್ಲಾ ಮಾಹಿತಿ ಇದೆಯೇ? ಹಿಂದೆಂದಿಗಿಂತಲೂ ನಮ್ಮ ಬಳಿ ಪ್ರಭೇದಗಳ ಬಗ್ಗೆ ಸಾಕಷ್ಟು ಮಾಹಿತಿಯಿದ್ದರೂ ಸಹ, ನಮಗೆ ತಿಳಿಯದ ಅನೇಕ ಹೊಸ ಪ್ರಭೇದಗಳನ್ನು ನಾವು ಪತ್ತೆ ಹಚ್ಚುತ್ತಿದ್ದೇವೆ. ನಾವು ತಿಳಿದುಕೊಂಡಿರುವ ಪ್ರಭೇದಗಳಲ್ಲಿಯೂ ಕೂಡ, ಉಷ್ಣವಲಯದ ಬಹಳಷ್ಟು ತಳಿಗಳ ಮಾಹಿತಿ ನಮ್ಮ ಬಳಿಯಿಲ್ಲ.

ಜೀವವೃಕ್ಷದಿಂದ ನಾವು ಏನನ್ನು ಕಲಿಯಬಹುದು? ಅಸಂಪೂರ್ಣವೆನಿಸಿದರೂ ನಮಗೆ ಜೀವವೃಕ್ಷದಾದ್ಯಂತ ವಂಶಾವಳಿಗಳ ವಿತರಣೆ ಯಲ್ಲಿ ಆಶ್ಚರ್ಯಚಕಿತಗೊಳಿಸುವ ರೀತಿಯಲ್ಲಿ ವಿಭಿನ್ನತೆ ಕಂಡುಬರಬಹುದು. ವಂಶಾವಳಿಯಲ್ಲಿ ಕೆಲವು ಕ್ಲೇಡ್‌ಗಳು ಅತಿ ಹೆಚ್ಚು ವೈವಿಧ್ಯತೆಯನ್ನು ಹೊಂದಿದ್ದರೆ ಮತ್ತೆ ಕೆಲವು ಕೇವಲ ಒಂದೇ ಒಂದು ಪ್ರಭೇದವನ್ನಷ್ಟೇ ಹೊಂದಿವೆ. ಇಂತಹ ಸಮೃದ್ಧ ವೈವಿಧ್ಯತೆಗೆ ಒಳ (ಜೈವಿಕ) ಮತ್ತು ಹೊರ (ಐತಿಹಾಸಿಕ) ಪರಿಣಾಮಗಳು ಕಾರಣವಾಗಿವೆ. ಉದಾಹರಣೆಗೆ, ರೊಡೆನ್ಷಿಯಾ (ಸುಂಡಿಲಿ ಮತ್ತು ಇಲಿ) ಮತ್ತು ಕೈರಾಪ್ಟೆರಾ (ಬಾವಲಿ) ಸೇರಿದಂತೆ ಚಿಕ್ಕ ಸಸ್ತನಿಗಳು ಅತಿ

ಸಮೃದ್ಧ ವೈವಿಧ್ಯವುಳ್ಳ ಸಸ್ತನಿ ವಂಶಾವಳಿಗಳಾಗಿವೆ. ಅವುಗಳ ಚಿಕ್ಕ ಶರೀರ ಮತ್ತು ಅತಿ ಹೆಚ್ಚು ಸಂತಾನೋತ್ಪತ್ತಿಯೇ ಇದಕ್ಕೆ ಕಾರಣವಾಗಿರಲೂಬಹುದು. ಕೆಲವು ಗುಂಪುಗಳಲ್ಲಿನ ಈ ತ್ವರಿತ ವಿಕಾಸ ಮತ್ತು ವರ್ಗೀಕರಣಕ್ಕೆ ಕೆಲವು ಐತಿಹಾಸಿಕ ಅಂಶಗಳು ಒಗ್ಗೂಡಿರಲೂಬಹುದು. ಉದಾಹರಣೆಗೆ, ಆಲಿಗೋಸೀನ್ (35 ದಶಲಕ್ಷ ವರ್ಷಗಳ ಹಿಂದೆ)ನಲ್ಲಿ ಹುಲ್ಲುಗಾವಲುಗಳ ವಿಸ್ತಾರ ಹೆಚ್ಚಾಗಿದ್ದುದರಿಂದ ಹಿಪ್ಸೋಡಾಂಟ (ದೊಡ್ಡ ಹಲ್ಲುಗಳು) ವಿಕಾಸವಾಯಿತು ಮತ್ತು (ಹಿಪ್ಸೋಡಾಂಟ) ದಪ್ಪ ಹಲ್ಲು ಹೊಂದಿರುವ ಪ್ರಾಣಿಗಳ ವೈವಿಧ್ಯತೆ ಹೆಚ್ಚಾಯಿತು ಎಂದು ನಂಬಲಾಗಿದೆ,

ಹೀಗೆ ವಿಕಾಸದ ಪಥಗಳು ಕೇವಲ ಸಂಬಂಧಗಳ ಮರುನಿರ್ಮಾಣವನ್ನಷ್ಟೇ ಅಲ್ಲದೇ, ಈ ಜೀವಿವೈವಿಧ್ಯತೆಗಳು ಹೇಗೆ ಸಂಚಿತವಾಗಿವೆ ಮತ್ತು ಅವುಗಳ ಕಾರ್ಯವಿಧಾನದ ಬಗ್ಗೆ ತನಿಖೆ ನಡೆಸಲು ಅನುವು ಮಾಡಿಕೊಡುತ್ತವೆ. **ಚಿತ್ರ 4** ರಲ್ಲಿ ಕೆಲವು ಕ್ಲೇಡ್‌ಗಳು ಉಳಿದವುಗಳಿಗಿಂತ ಹೆಚ್ಚು ವೈವಿಧ್ಯತೆಯಿಂದ ಕೂಡಿವೆ (ಹೆಚ್ಚು ಪ್ರಭೇದಗಳನ್ನು ಹೊಂದಿವೆ) ಮತ್ತೆ ಕೆಲವು ಕ್ಲೇಡ್‌ಗಳು ಇತರ ಕ್ಲೇಡ್‌ಗಳಿಗಿಂತ ಕಿರಿಯ ಕ್ಲೇಡ್‌ಗಳಾಗಿವೆ ಎಂಬುದು ಕಂಡುಬರುತ್ತದೆ. ವೈವಿಧ್ಯೀಕರಣ ಪ್ರಕ್ರಿಯೆಯ (ಪ್ರಭೇದನ ಮತ್ತು ಅಳಿವು) ಗತಿಯಲ್ಲಿ ಪ್ರಾದೇಶಿಕ ಮತ್ತು ಕಾಲದ ವ್ಯತ್ಯಾಸಗಳ ಅಧ್ಯಯನ, ಜೀವವೈವಿಧ್ಯತೆಯ ನಿರ್ಮಾಣವನ್ನು ಅರಿತುಕೊಳ್ಳಲು ನಮಗೆ ಸಹಾಯ ಮಾಡುತ್ತದೆ.

ನಾವು ಇನ್ನೂ ಈ ಜಗತ್ತಿನ ಎಲ್ಲಾ ಜೀವಿಗಳ ವಿಕಾಸದ ಇತಿಹಾಸವನ್ನು ಮ್ಯಾಪಿಂಗ್ (ಚಿತ್ರಣ) ಮಾಡಿರದಿದ್ದರೂ ಜೀನೋಮಿಕ್ ಡೇಟಾದಲ್ಲಾಗಿರುವ ಅಪೂರ್ವ ಸಾಧನೆ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯನ್ನು ಕಂಡುಹಿಡಿಯಲು ಮತ್ತು ಮೌಲ್ಯಮಾಪನ ಮಾಡಲು ಈಗ ನಮಗೆ ಸಾಕಷ್ಟು ಬಲವನ್ನು ನೀಡಿದೆ. ಒಮ್ಮೆಗೆ ಕೆಲವೇ ಕೆಲವು ಜೀನ್‌ಗಳತ್ತ ಕೇಂದ್ರೀಕರಿಸುವ ಬದಲಾಗಿ ಈಗ ನಾವು ಪ್ರಭೇದಗಳ ಬಹುತೇಕ ಸಂಪೂರ್ಣ ಜೀನೋಮ್‌ನತ್ತ ಗಮನ ಹರಿಸಬಹುದು. ಇದು ನಮಗೆ ಹಿಂದಿನಿಂದ ಈಗಿನವರೆಗೆ ಎಲ್ಲಾ ಕಾಲ ಘಟ್ಟದಲ್ಲೂ ಒಂದು ಪ್ರಭೇದವನ್ನು ರೂಪಿಸುವಲ್ಲಿ ಐತಿಹಾಸಿಕ ಅಂಶಗಳನ್ನು ಪತ್ತೆ ಮಾಡುವಲ್ಲಿ ಮತ್ತು ಪ್ರಭೇದಗಳ ಆನುವಂಶಿಕ ಇತಿಹಾಸವನ್ನು ತಿಳಿದುಕೊಳ್ಳುವಲ್ಲಿ ಹಿಂದೆಂದೂ ಲಭ್ಯವಿಲ್ಲದ ಮಾರ್ಗವನ್ನು ತೋರಿಸಿದೆ. ಇನ್ನು ಶೈಶವಾವಸ್ಥೆಯಲ್ಲಿದ್ದರೂ ಸಹ ಇಂತಹ ಮಾಹಿತಿಗಳಿಂದ ಜೀವವಿಕಾಸವನ್ನು ನಿರೂಪಿಸಬಲ್ಲ ಸಾಕಷ್ಟು ವಿಧಾನಗಳು ಅಭಿವೃದ್ಧಿಯಾಗುತ್ತಿವೆ.

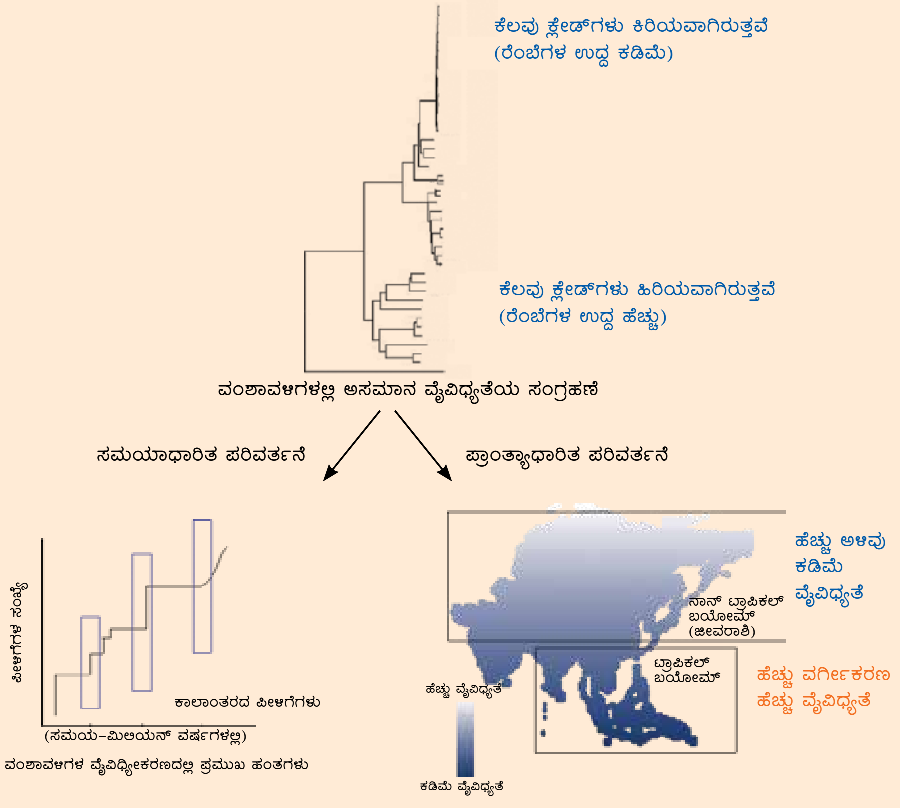
ಜೀವ ವಿಕಾಸದ ಬಳಕೆಯಿಂದ ಭೂಮಿಯ ಮೇಲೆ ಜೀವಿಗಳ ಇತಿಹಾಸದ ಪುನನಿರ್ಮಾಣ

ಅಂತಿಮವಾಗಿ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯು ಪ್ರಭೇದನ ಮತ್ತು ಅಳಿವನ್ನು ಆಧರಿಸಿದೆ. ಕ್ಲೇಡ್‌ಗಳುದ್ದಕ್ಕೂ ಪ್ರಭೇದನ ಮತ್ತು ಅಳಿವಿನ ಗತಿ ಸಮಾನವಾಗಿಲ್ಲ.

ಪ್ರಭೇದನ ಮತ್ತು ಅಳಿವು, ಸಮಯ ಮತ್ತು ಸ್ಥಳವನ್ನು ಅವಲಂಬಿಸಿವೆ ಮತ್ತು ಒಟ್ಟಾರೆ ಪ್ರಭೇದ ವೈವಿಧ್ಯತೆ ಸಂಚಯವನ್ನು ನಿರ್ಧರಿಸುತ್ತದೆ.

ಕೆಲವು ಬಾರಿ ಕಾಲಾಂತರದಲ್ಲಿ ಈ ಗತಿಯಲ್ಲಿ ವ್ಯತ್ಯಾಸವುಂಟಾಗುತ್ತದೆ ಮತ್ತು ಕೆಲವೊಮ್ಮೆ ಪ್ರಭೇದಗಳ ಸಂಖ್ಯೆಯಲ್ಲಿ ಘಾತೀಯ ಹೆಚ್ಚಳ ಕಂಡುಬರುತ್ತದೆ. ಕಾಲಾಂತರದಲ್ಲಿ ಪೀಳಿಗೆಗಳಲ್ಲಿ ಇದು ಕಾಣಬರುತ್ತದೆ

ಹಲವು ಬಾರಿ ಕೆಲವು ಪ್ರಾಂತ್ಯಗಳು ಹೆಚ್ಚು ಪ್ರಭೇಧನವನ್ನು ಪ್ರದರ್ಶಿಸಿ ಅಧಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಗೆ ಕಾರಣವಾಗುತ್ತದೆ ಉದಾ: ಉಷ್ಣವಲಯದ ಪ್ರದೇಶಗಳು



ಚಿತ್ರ 4. ಜೀವ ವಿಕಾಸದ ಬಳಕೆಯಿಂದ ಭೂಮಿಯ ಮೇಲೆ ಜೀವಿಗಳ ಇತಿಹಾಸದ ಪುನನಿರ್ಮಾಣವನ್ನು ಮಾಡಬಹುದು.

ಪ್ರಭೇದಗಳ ಒಳಗಿನ ವಿನ್ಯಾಸಗಳನ್ನು ಕುರಿತು

ನೀವು ಭಾರತ ದೇಶದ ಯಾವುದೇ ಬಸ್ ನಿಲ್ದಾಣಕ್ಕೆ ಹೋದರೂ ಅಲ್ಲಿ ನಿಮಗೆ ಸಾಕಷ್ಟು ವೈವಿಧ್ಯಮಯ ಜನಗಳು ಕಂಡುಬರುತ್ತಾರೆ. ಜಾಗತಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಗೆ ಹೋಲಿಸಿದಾಗ ಭಾರತ ಕೇವಲ ಒಂದು ಸಣ್ಣ ಚಿತ್ರ ಮಾತ್ರ. ಕೂದಲು, ಚರ್ಮದ ಬಣ್ಣ, ಮುಖದ ರಚನೆ ಮತ್ತು ಉಳಿದ ರೂಪವಿನ್ಯಾಸದಲ್ಲಿ – ಈ ಜಗತ್ತಿನಾದ್ಯಂತ ಮಾನವರಲ್ಲಿ ಅಪರಿಮಿತ ವೈವಿಧ್ಯತೆ ಕಂಡುಬರುತ್ತದೆ. ಆದರೆ, ನಿಖರವಾಗಿ ನಾವು ಎಷ್ಟು ವೈವಿಧ್ಯಮಯ?

ನಮಗೆ ಕಾಣಿಸುವ ರೂಪರಚನೆ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯ ಹೊರತಾಗಿಯೂ, ಮಾನವ ಸಮುದಾಯಗಳ ನಡುವೆ ಚಿಂಪ್‌ಗಳಿಗಿಂತಲೂ ಅತಿ ಕಡಿಮೆ ಆನುವಂಶಿಕ (ತಳಿ) ವೈವಿಧ್ಯತೆ ಕಂಡುಬರುತ್ತದೆ! ಆದರೆ ಮಾನವ ಸಮುದಾಯಗಳಲ್ಲಿನ ಆನುವಂಶಿಕ ಪರಿವರ್ತನೆಗಳಲ್ಲಿ ಭೌಗೋಳಿಕ ಮಾದರಿಗಳು ಕಂಡುಬರುತ್ತವೆ. ವಿವಿಧ ಭೌಗೋಳಿಕ ಸ್ಥಳಗಳಲ್ಲಿ ಒಂದು ಪ್ರಭೇದದ ಒಳಗೆ (ನಿಕಟ ಸಂಬಂಧಿತ ಪ್ರಭೇದಗಳಲ್ಲಿ) ಆನುವಂಶಿಕ ಪರಿವರ್ತನೆಗಳು ಹೇಗೆ ಹಂಚಿಕೆಯಾಗಿದೆ ಎನ್ನುವುದನ್ನು ಅಧ್ಯಯನ ಮಾಡುವ ಕ್ಷೇತ್ರವೇ ಫೈಲೋಜಿಯಾಗ್ರಫಿ. ವಿವಿಧ ಸಮುದಾಯಗಳಲ್ಲಿರುವ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಗಳ ಹೋಲಿಕೆಯು ನಮಗೆ ಈ ಸಮುದಾಯಗಳ ಇತಿಹಾಸದ ವೈಶಿಷ್ಟಮಯ ಒಳನೋಟಗಳನ್ನು ಒದಗಿಸುತ್ತದೆ.

ಉದಾಹರಣೆಗೆ, ವಿವಿಧ ಮಾನವ ಜನಾಂಗಗಳ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯನ್ನು ಹೋಲಿಸಿದಾಗ, ಆಫ್ರಿಕನ್ ಜನಾಂಗಗಳು ಅತಿ ಹೆಚ್ಚು ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯನ್ನು ತೋರಿಸುವುದಷ್ಟೇ ಅಲ್ಲದೇ ಮಾನವ ಜನಾಂಗದ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಗಳೆಲ್ಲವೂ ಆಫ್ರಿಕನ್ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯ ಉಪವರ್ಗವೇ ಆಗಿದೆ. ಆಧುನಿಕ ಮಾನವ (ಹೋಮೋ ಸೇಪಿಯನ್) ನ ಅಂಗರಚನಾಶಾಸ್ತ್ರವನ್ನು ನೋಡಿದಾಗ ಅವನ ಉಗಮ ಆಫ್ರಿಕಾದಲ್ಲಾಗಿದ್ದು ತದನಂತರ ಅಲ್ಲಿಂದ ಪ್ರಪಂಚದ ಉಳಿದ ಭಾಗಗಳಿಗೆ ಹಂಚಿಕೆಯಾಗಿ ಬೀಡುಬಿಟ್ಟಿರುವುದು ಈಗ ರುಜುವಾತಾಗಿದೆ. ಈ ಐತಿಹಾಸಿಕ ಸಂಚಾರ (ಮತ್ತು ತದನಂತರದ) ಎಲ್ಲವೂ ಭೌಗೋಳಿಕ ವಿತರಣೆಯ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯ ಮಾದರಿಗಳಲ್ಲಿ ದಾಖಲಾಗಿದೆ. ಇವು ಕೇವಲ ವಲಸೆಗಳಷ್ಟೇ ಅಲ್ಲ– ನಮ್ಮ ಇತಿಹಾಸದ ಜನಸಂಖ್ಯಾ ವಿಜ್ಞಾನದ ಪ್ರತಿಯೊಂದು ಘಟನೆ, ಅದು ಜನಸಂಖ್ಯೆಯ ಇಳಿಕೆಯಾಗಲೀ ಅಥವಾ ಏರಿಕೆಯಾಗಲೀ ನಮ್ಮ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯ ಮೇಲೆ ಛಾಪನ್ನು ಮೂಡಿಸಿದೆ. ನೀವು ನೋಡಿರುವಂತೆ, ಈ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯ ವಿಭಜನೆಯ ಆಧಾರದ ಮೇಲೆ ನಾವು ಸಾಕಷ್ಟು ಮಾತನಾಡಬಹುದಲ್ಲವೇ!

ಮತ್ತೊಂದು ಉದಾಹರಣೆಯಲ್ಲಿ, ಇತ್ತೀಚೆಗೆ ಭಾರತದ ದಕ್ಷಿಣ, ಪಶ್ಚಿಮ ಮತ್ತು ಮಧ್ಯ ಭಾಗಗಳಲ್ಲಿರುವ ಹುಲಿಗಳ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯನ್ನು ಮಾಪನಮಾಡಲು ಅಧ್ಯಯನವೊಂದರ ಪ್ರಯತ್ನ ನಡೆಯಿತು. ಪ್ರಪಂಚದಲ್ಲಿಯೇ ಅತಿ ಹೆಚ್ಚು

ಜೀನ್ ಫ್ಲೋ/ಹರಿವು: ಜನಾಂಗಗಳ ನಡುವೆ ಜೀವಿಗಳ ವಲಸೆಯಾದಾಗ, ಅವು ತಮ್ಮೊಂದಿಗೆ ತಮ್ಮ ಜನಾಂಗದಲ್ಲಿರುವ ವಿಶಿಷ್ಟ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯನ್ನು ತೆಗೆದುಕೊಂಡು ಹೋಗುತ್ತವೆ. ಈ ವಲಸೆಗಳು ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಗಳನ್ನು ಬೆರೆಸುವುದರ ಜೊತೆಗೆ, ಜನಾಂಗಗಳ ವಿಶಿಷ್ಟತೆಯನ್ನು ತಡೆ ಹಿಡಿಯುತ್ತವೆ. ಆದ್ದರಿಂದ ಇದನ್ನು ಜೀನ್– ಫ್ಲೋ ಎಂತಲೂ ಕರೆಯುತ್ತಾರೆ.

ಅಲೀಲ್: ಜೀನ್‌ನ ವೈವಿಧ್ಯಮಯ ಮಾದರಿಗಳು. ಪ್ರತಿಯೊಬ್ಬ ಮನುಷ್ಯನಲ್ಲಿಯೂ ಜೀನ್‌ನ ಎರಡು ಪ್ರತಿಗಳಿವೆ. ಎರಡು ಪ್ರತಿಗಳು ಒಂದೇ ರೀತಿಯಿದ್ದರೆ ಆ ಮನುಷ್ಯ ಹೋಮೋಜೈಗಸ್, ಬೇರೆಬೇರೆಯಿದ್ದರೆ ಹೆಟೆರೋಜೈಗಸ್. ಯಾವುದೇ ಜೀವಿಯು ಜೀನ್‌ನಲ್ಲಿ ಎರಡು ಅಲೀಲ್‌ಗಳನ್ನು ಮಾತ್ರ ಹೊಂದಲು ಸಾಧ್ಯ, ಆದರೆ ಜನಾಂಗಗಳಲ್ಲಿ ಬಹಳಷ್ಟು ಅಲೀಲ್‌ಗಳು ಇರುತ್ತವೆ.

ಮೈಟೊಕಾಂಡ್ರಿಯಲ್ ಡಿಎನ್‌ಎ: ಇದು ಯುಕ್ಯಾರಿಯೋಟ್ ಜೀವಕೋಶಗಳಲ್ಲಿರುವ ಒಂದು ವಿಶೇಷ ಭಾಗ (ಆರ್ಗನೆಲ್– ಕಣಅಂಗ). ಅದು ತನ್ನದೇ ಆದ ಚಿಕ್ಕ ಜೀನೋಂ ಹೊಂದಿದ್ದು, ಮೈಟೊಕಾಂಡ್ರಿಯಾದಲ್ಲೇ ಉಪಯೋಗವಾಗುವಂತಹ ಪ್ರೊಟೀನ್‌ಗಳನ್ನು ತಯಾರಿಸುತ್ತದೆ. ಇದನ್ನು ಮೈಟೊಕಾಂಡ್ರಿಯಲ್ ಡಿಎನ್‌ಎ ಎನ್ನುತ್ತಾರೆ ಮತ್ತು ಇದು ಹೆಣ್ಣು/ತಾಯಿಯಿಂದ ಮಾತ್ರ ಅನುವಂಶೀಯವಾಗುತ್ತದೆ (ಏಕೆಂದರೆ ಅಂಡಾಣುವಿನೊಂದಿಗೆ ಕೂಡುವ ವೀರ್ಯಾಣುವಿನಲ್ಲಿ ಮೈಟೊಕಾಂಡ್ರಿಯ ಇರುವುದಿಲ್ಲ).

ಸೈಟೊಕ್ರೋಮ್ ಬಿ: ಉತ್ಕರ್ಷಣಶೀಲ ಮಾರ್ಗದಲ್ಲಿ (ಆಕ್ಸಿಡೇಟೀವ್ ಪಾಥ್ವೇ) ಮುಖ್ಯವಾಗಿರುವ ಪ್ರೊಟೀನನ್ನು ತಯಾರಿಸಬಲ್ಲ ಮೈಟೊಕಾಂಡ್ರಿಯದ ಜೀನೋಂನಲ್ಲಿರುವ ಜೀನ್.

ಸಿಂಗಲ್ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್ ಪಾಲಿಮಾರ್ಫಿಸಂ (ಎಸ್‌ಎನ್‌ಪಿ'ಸ್): ಎರಡು ಜೀವಿಗಳ ಮಧ್ಯೆ ಪ್ರತಿ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್‌ಗಳ ನಲ್ಲಿರುವ ವ್ಯತ್ಯಾಸವೇ ಎಸ್‌ಎನ್‌ಪಿ. ಇದು ಎರಡು ಜೀನೋಂಗಳ ನಡುವೆ ಕಂಡುಬರುವ ಅತಿ ಸಾಮಾನ್ಯ ವ್ಯತ್ಯಾಸ.

ಹುಲಿಗಳು ಭಾರತದಲ್ಲಿದ್ದು, ಈಗ ದೇಶದುದ್ದಕ್ಕೂ ಅವು ಕೇವಲ ಕೆಲವು ಕಾಡುಗಳಿಗಷ್ಟೇ ಸೀಮಿತವಾಗಿಬಿಟ್ಟಿವೆ. ಭಾರತದ ವಿವಿಧ ಹುಲಿಗಳ ಸಮುದಾಯಗಳ ನಡುವೆ, ಹಂಚಿಹೋದ ಮತ್ತು ವಿಶಿಷ್ಟ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆ ವಿಶ್ಲೇಷಣೆಯ ಆಧಾರದ ಮೇಲೆ ವಿಜ್ಞಾನಿಗಳು ಈ ಸಮುದಾಯಗಳ ಐತಿಹಾಸಿಕ ಗಣತಿಯಲ್ಲಿ ಏನಾದರೂ ವ್ಯತ್ಯಾಸವಿದೆಯೇ ಎನ್ನುವುದನ್ನು ನಿರ್ಧರಿಸಿ ಜೀನ್ ಫ್ಲೋ/ ಹರಿವಿನ (ವಿವಿಧ ಸಮುದಾಯಗಳಲ್ಲಿ ಒಂದರಿಂದಿನ್ನೊಂದಕ್ಕೆ ಒಂದೊಂದು ಹುಲಿಗಳ ವಲಸೆ ಅಥವಾ ಸಂಚಾರದ ಬದಲಾಗಿ) ಪರಿಮಾಣ ನಿಷ್ಕರ್ಷೆ ಮಾಡಿದರು. ಈ ಅಧ್ಯಯನದಿಂದ, ಸರಿ ಸುಮಾರು 200 ವರ್ಷಗಳ ಹಿಂದೆಯೇ ಹುಲಿಗಳ ಸಂಖ್ಯೆಯಲ್ಲಿ ಇಳಿಮುಖವಾಗಿರುವುದು ಕಂಡುಬಂದಿತು (ಬಹುಶಃ ಬ್ರಿಟಿಷರ ಹುಲಿ ಬೇಟೆಯೇ ಇದಕ್ಕೆ ಕಾರಣವಾಗಿರಬಹುದು). ಆದ್ದರಿಂದ, ವಂಶಾವಳಿಯ ರೀತಿಯಲ್ಲೇ, ಗಣತಿಯಲ್ಲಿ (ಸಮುದಾಯದ ಏರಿಕೆ, ಇಳಿಕೆ ಇತ್ಯಾದಿ) ಘಟನೆಗಳ ಕಾಲಮಾನವನ್ನೂ ಕಂಡುಹಿಡಿಯಬಹುದು.

ಏಕೀಭವನ ಸಿದ್ಧಾಂತದ (ಕೊಯಲಿಸೆಂಟ್ ಥಿಯರಿ) ಅಭಿವೃದ್ಧಿಯಿಂದ ಮಾತ್ರ ನಾವು ಭೂತಕಾಲದ ಘಟನೆಗಳ ಬಗ್ಗೆ ಇಷ್ಟೊಂದು ಖಚಿತ ತೀರ್ಮಾನಗಳನ್ನು ನೀಡಬಹುದಾಗಿದೆ. ಈ ಸಿದ್ಧಾಂತವು ಒಂದು ಸಮುದಾಯದಲ್ಲಿರುವ ಸಮಕಾಲೀನ ಅಲೀಲ್ (ವಿಗುಣ ಜೀನ್ ಜೋಡಿ) ಆವರ್ತನಗಳನ್ನು (ಅಲೀಲ್‌ಗಳ ವಿತರಣೆ) ಅದೇ ಸಮುದಾಯದ ಜನಾಂಗೀಯ ಇತಿಹಾಸದೊಂದಿಗೆ ಹೋಲಿಸಿ 'ಜೀನ್-ಜೀನಿಯಾಲಜಿ' (ಜೀನ್-ವಂಶಾವಳಿ)ಯನ್ನು ರಚಿಸುವಲ್ಲಿ ಸಹಕಾರಿಯಾಗಿದೆ. ಇದಕ್ಕೊಂದು ಸರಳವಾದ ಹೋಲಿಕೆ ನೀಡುವುದಾದರೆ, ಈ ಜೀನ್-ಜೀನಿಯಾಲಜಿಗಳು ಕುಟುಂಬಗಳ ಇತಿಹಾಸ ಮತ್ತು ಪ್ರಾಣಿಗಳ ವಂಶಾವಳಿಯಾಗಿದ್ದು, ಅವು ಜೀನ್ ಮತ್ತು ಅಲೀಲ್‌ಗಳ ಹಂತದಲ್ಲಿ ರಚಿತವಾಗಿರುತ್ತವೆ. ಇವುಗಳೂ ಸಹ ಪ್ರಭೇಧವಿಕಾಸಕ್ಕೆ ಸಮಾನಾಂತರವಾಗಿ ಕಾರ್ಯ ನಿರ್ವಹಿಸಿದರೂ, ಜೀನ್-ಜೀನಿಯಾಲಜಿಗಳು ಜನಾಂಗಗಳ ಏರಿಕೆ ಅಥವಾ ಇಳಿಕೆಯಿಂದ ಪ್ರಭಾವಿತವಾಗುವ ಅಲೀಲ್ ಆವರ್ತನಗಳಿಗೆ ಮಾತ್ರ ಸೀಮಿತವಾಗಿವೆ. ಜನಾಂಗಗಳಲ್ಲಿರುವ ಅಲೀಲ್‌ಗಳ ಇತಿಹಾಸವನ್ನು ಚಿತ್ರಿಸುವ ಮೂಲಕ, ಉಳಿದ ವಿವರಣೆಗಳ ಜೊತೆಗೆ, ಕಾಲಾಂತರದಲ್ಲಿ ಸಮುದಾಯದ ಗಾತ್ರದಲ್ಲಿ ಏರಿಳಿತವೇನಾದರೂ ಆಗಿದೆಯೇ ಎಂದು ನಾವು ಅರ್ಥ ಮಾಡಿಕೊಳ್ಳಬಹುದು.

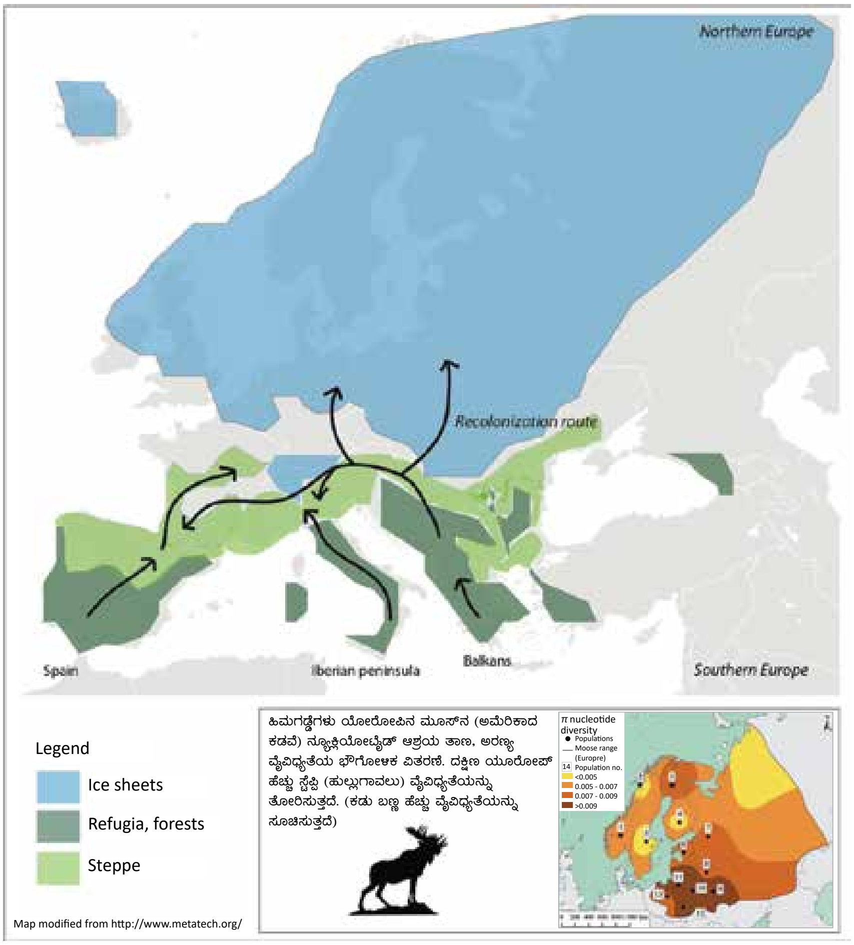
ಪ್ರಾರಂಭದಲ್ಲಿ ಪ್ರಭೇದದ ವಲಸೆಗಳ ಮಾದರಿ ಮತ್ತು ಜನ ಸಂಖ್ಯಾ ಇತಿಹಾಸವನ್ನು (ಜನಸಂಖ್ಯೆ ಏರಿಕೆ ಅಥವಾ ಇಳಿಕೆ) ಸೈಟೊಕ್ರೋಮ್ ಬಿ/ ಮೈಟೊಕಾಂಡ್ರಿಯಲ್ ಡಿಎನ್ಎ ಹಾಪ್ಲೋಟೈಪ್‌ಗಳ (DNA haplotypes=ಆನುವಂಶಿಕವಾಗಿ ಒಟ್ಟೊಟ್ಟಿಗೆ ಸಾಗುವ ಡಿಎನ್ಎ ವೈವಿಧ್ಯತೆಗಳು) ಭೌಗೋಳಿಕ ಹಂಚಿಕೆಯ ಮೂಲಕ ಅಧ್ಯಯನ ಮಾಡಲಾಗುತ್ತಿತ್ತು. ಆರಂಭಿಕ ಅಧ್ಯಯನಗಳು ಜೀನೋಮ್‌ನ ಅತಿ ಚಿಕ್ಕ ಭಾಗಗಳನ್ನು ಗುರಿಯಾಗಿಸಿಕೊಂಡ ಕೇವಲ ಒಂದು ಅಥವಾ ಕೆಲವು ಅಣು ಮಾರ್ಕರ್‌ಗಳನಷ್ಟೇ ಆಧರಿಸಿತ್ತು. ಇದರಿಂದ ಸಮುದಾಯಗಳ ಉಪವಿಭಾಗ ಮತ್ತು ಜೀನ್ ಫ್ಲೋ ಬಗ್ಗೆ ಸವಿವರವಾಗಿ ಮತ್ತು ಸ್ಪಷ್ಟವಾಗಿ ಅರ್ಥಮಾಡಿಕೊಳ್ಳುವುದು ಸೀಮಿತವಾಗುತ್ತದೆ. ಅಲ್ಲದೇ, ಪ್ರಮುಖವಾದ ಜೀನ್ ಆಗಿರುವ ಸೈಟೊಕ್ರೋಮ್ ಬಿ ಕೂಡ ಅತಿ ಕಡಿಮೆ ರೂಪಾಂತರ (ಮ್ಯುಟೇಷನ್) ತೋರಿಸುತ್ತದೆ. ತರುವಾಯ, ಬಹಳಷ್ಟು ಲೋಸೈ ಇರುವ ಸ್ಥಾನಗಳನ್ನು ಆಧರಿಸಿರುವ ಮೈಕ್ರೋಸಾಟಲೈಟ್‌ಗಳ (ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯರ್) ಮಾಹಿತಿಯ ಉಪಯೋಗವು ಮಾದರಿಗಳನ್ನು ಪತ್ತೆ ಹಚ್ಚುವಲ್ಲಿ ಶಕ್ತಿಯುತವಾಗಿವೆ. ಅತಿ ಹೆಚ್ಚು ಪುನರಾವರ್ತನೆಯಾಗಿರುವ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್ ಘಟಕಗಳನ್ನು ಹೊಂದಿರುವ ಜೀನೋಮ್‌ಗಳೇ ಮೈಕ್ರೋಸಾಟಲೈಟ್ಸ್. ತಮ್ಮ ಆನುವಂಶಿಕ ಸಂಯೋಜನೆಯ ಕಾರಣದಿಂದ ಸೈಟೊಕ್ರೋಮ್ ಬಿ ಅಥವಾ ಉಳಿದ ಯಾವುದೇ ಜೀನ್‌ಗಳಿಗಿಂತ ಮೈಕ್ರೋಸಾಟಲೈಟ್ಸ್ ಅತಿ ಹೆಚ್ಚು ಬಾರಿ ರೂಪಾಂತರ ಹೊಂದುತ್ತವೆ. ಅತಿ ಕಡಿಮೆ ಅವಧಿಯಲ್ಲಿ ಅತಿ ಹೆಚ್ಚು ರೂಪಾಂತರಗಳನ್ನು ಸಂಗ್ರಹಣೆ ಮಾಡಿಕೊಳ್ಳುತ್ತವೆ. ಇದರಿಂದ ನಮಗೆ ತೀರ ಇತ್ತೀಚಿನ ಜನವರ್ಗ ಮತ್ತು ಜನಸಂಖ್ಯಾ ಮಾದರಿಗಳನ್ನು ಕಾಣಲು ಅನುವು ಮಾಡಿಕೊಡುತ್ತವೆ. ಇಂದು ನಾವು ಆನುವಂಶಿಕ (ತಳಿ) ವಿಧಾನಗಳಲ್ಲಾಗಿರುವ ಪ್ರಗತಿಯನ್ನು ನಿಜಕ್ಕೂ ಅಭಿನಂದಿಸಬೇಕು. ಅದರಲ್ಲೂ ಆನುವಂಶಿಕ (ತಳಿ) ಮಾಹಿತಿ ಮತ್ತು ವಿಶ್ಲೇಷಣೆ (ಸಿಂಗಲ್ ನ್ಯೂಕ್ಲಿಯೋಟೈಡ್ ಪಾಲಿಮಾರ್ಫಿಸಮ್ಮನ್ನೂ ಸೇರಿಸಿ) ಯಿಂದ ನಾವು ಜನಸಂಖ್ಯಾ ಇತಿಹಾಸವನ್ನು ಪತ್ತೆ ಮಾಡಲು ಅನುಕೂಲವಾಗಿದೆ. ಈ ಆನುವಂಶಿಕ ಮಾಹಿತಿಯ ಸಹಾಯದಿಂದ ಜೀನೋಮ್‌ಗಳ ಬಗ್ಗೆ ಹೆಚ್ಚು ತಿಳಿದುಕೊಳ್ಳುವುದರ ಜೊತೆಗೆ, ಇತ್ತೀಚಿನ ಘಟನೆಗಳ ಬಗ್ಗೆಯೂ ಕುರುಹು ದೊರೆಯುತ್ತದೆ. ಇಷ್ಟೇ ಅಲ್ಲದೇ-ಕಂಪ್ಯೂಟರ್‌ನಲ್ಲಾಗಿರುವ ಪ್ರಗತಿ ಮತ್ತು ಅನುಕ್ರಮಣಿಕೆಗೆ (ಸೀಕ್ವೆನ್ಸಿಂಗ್) ತಗಲುವ ಖರ್ಚು ಕಡಿಮೆಯಾಗಿರುವುದರಿಂದ ಆನುವಂಶಿಕ ಮಾಹಿತಿಯು ಮೊದಲಿಗಿಂತ ಕೈ ಗೆಟಕುವಂತಾಗಿದೆ.

ಮುಕ್ತಾಯ

ಡಿಎನ್ಎಯು ಇತಿಹಾಸದ ಅತ್ಯದ್ಭುತ ಭಂಡಾರವೇ ಸರಿ. ಸಂತತಿ ಪರಂಪರೆ ಮತ್ತು ಜನಾಂಗಗಳ ಇತಿಹಾಸವನ್ನು ಕಲಿಯಲು ಮತ್ತು ವ್ಯಾಖ್ಯಾನಿಸಲು ಪ್ರಭೇದತಳವಿಕಾಸ ಮತ್ತು ಫೈಲೋಜಿಯಾಗ್ರಫಿಗಳು ಸಹಕಾರಿಯಾಗಿವೆ. ಇನ್ನೊಂದರ್ಥದಲ್ಲಿ ಹೇಳುವುದಾದರೆ, ಇದು ಪ್ರಾಕೃತಿಕ ಇತಿಹಾಸದಲ್ಲಿ 'ಇತಿಹಾಸ' ದ ತುಣುಕುಗಳನ್ನು ಒಗ್ಗೂಡಿಸಿ

ಯೂರೋಪಿನ ಫೈಲೋಜಿಯೋಗ್ರಾಫಿಕ್ ಮಾದರಿಗಳು

ಕಳೆದ 2.4 ದಶಲಕ್ಷ ವರ್ಷಗಳಿಂದಲೂ, ಸಮಶೀತೋಷ್ಣ ವಲಯಗಳಲ್ಲಿ ಮಂಜುಗಡ್ಡೆಗಳು ನಿರಂತರವಾಗಿ ನಿರ್ದಿಷ್ಟ ಗತಿಯಲ್ಲಿ ಹಿಗ್ಗುತ್ತಾ ಮತ್ತು ಕುಗ್ಗುತ್ತಾ ಜೀವಚರಗಳ ಹಂಚಿಕೆಯ ಮೇಲೆ ಜಾಗತಿಕ ಪರಿಣಾಮವನ್ನು ಬೀರಿವೆ. ಅದರಲ್ಲೂ, ಯೂರೋಪಿನ ಉತ್ತರ ಖಂಡದಾದ್ಯಂತ ಹಿಮಗಡ್ಡೆಗಳು ಹರಡಿ ಕೊಂಡಿವೆ. ಇದರಿಂದ ಜೀವಿಗಳು ಹಿಮಾವೃತವಲ್ಲದ ಪ್ರದೇಶಗಳಿಗೆ ಮಾತ್ರ ಸೀಮಿತವಾಗಿದ್ದು, ಈ ಹಿಮಗಡ್ಡೆಗಳು ಕರಗಿದ ತರುವಾಯ ಮತ್ತೆ ಉತ್ತರ ಯೋರೋಪಿಗೆ ತೆರಳುತ್ತವೆ. ಯೋರೋಪಿನ ಜನಾಂಗಗಳಲ್ಲಿ ನಡೆಸಿದ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆ ಮತ್ತು ಜೀನೋಮ್‌ಗಳ ಮೇಲೆ ನಡೆಸಿದ ಅಧ್ಯಯನದಿಂದ ಇದು ಸ್ಪಷ್ಟವಾಗಿದೆ. ದಕ್ಷಿಣ ಯೋರೋಪಿನ ಜನಾಂಗಗಳಲ್ಲಿರುವ ಅದರಲ್ಲೂ, ಐಬೀರಿಯನ್ ಜಂಬೂದ್ವೀಪ, ಸ್ಪೇನ್ ಮತ್ತು ಬಾಲ್ಕಾನ್ಸ್‌ನ ಹಲವು ಪ್ರಭೇದಗಳು ಹೆಚ್ಚು ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯವನ್ನು ತೋರಿಸುತ್ತವೆ. ನೀರ್ಗಲ್ಲುಗಳಿಂದ ಆಶ್ರಯ ಪಡೆಯಲು ಸಾಕಷ್ಟು ಪ್ರಭೇದಗಳಿಗೆ ದಕ್ಷಿಣ ಯೂರೋಪ್ ಆಶ್ರಯ ತಾಣವಾಗಿರುವುದೆಂದು ಇದು ಸೂಚಿಸುತ್ತದೆ (ಚಿತ್ರ 3). ಆದ್ದರಿಂದ ಈ ಭೂ ಪ್ರದೇಶದಲ್ಲಾಗುವ ಕುಗ್ಗುವಿಕೆ– ಹಿಗ್ಗುವಿಕೆ ಮತ್ತು ಜನಸಂಖ್ಯೆಯ ಗಾತ್ರವೆರಡೂ ವಿವಿಧ ಪ್ರಭೇದಗಳ ಆನುವಂಶಿಕ ವೈವಿಧ್ಯತೆಯ ಮೇಲೆ ಪರಿಣಾಮವನ್ನು ಬೀರಿವೆ.



ಅರಿಯುವ ಪ್ರಯತ್ನ. ಆದರೆ, ನಾವು ಹಿಂದಿನ ಕಾಲಕ್ಕೆ ಹೋಗಿ, ಅಲ್ಲಿ ನಮ್ಮ ಪೂರ್ವಜರನ್ನು ನೋಡುವುದಾಗಲೀ ಅಥವಾ ನಮ್ಮ ತಳವಂಶವೃಕ್ಷಗಳನ್ನು ಪರಿಶೀಲಿಸುವುದಾಗಲೀ ಅಥವಾ ಜನಸಂಖ್ಯಾ ಇತಿಹಾಸದ ಪುನರ್ನಿರ್ಮಾಣವಾಗಲೀ ಅಸಾಧ್ಯ. ಆದ್ದರಿಂದ, ಪ್ರತಿಯೊಂದು ವರ್ಗದ/ಪ್ರಭೇದದ ನಡುವಿನ ಸಂಬಂಧ ಮತ್ತು ಕವಲೊಡೆದು ಶಾಖೆಯಾಗಿರುವ ಮಾದರಿಗಳನ್ನು ತಿಳಿಯಲು ಈ ವಂಶವೃಕ್ಷ ಮತ್ತು ಜೀನ್–ಜೀನಾಲಜಿಗಳನ್ನು ಕೇವಲ ಪರಿಕಲ್ಪನೆಗಳನ್ನಾಗಷ್ಟೇ ನೋಡಲಾಗಿದೆ. ಮುಂದೆಯೂ ಉತ್ತಮ ಮತ್ತು ಹೊಸ ಹೊಸ ಮಾಹಿತಿಗಳು ದೊರೆತ ಮೇಲೆ ತಳವಂಶವೃಕ್ಷವು ಬದಲಾಗುವ ಸಾಧ್ಯತೆಯೂ ಇದೆ.

ಇಂದು ನಮಗೆ ದೊರೆಯುತ್ತಿರುವ ಜೆನೆಟಿಕ್ (ತಳಿಶಾಸ್ತ್ರದ) ಸಾಧನಗಳು ವಂಶಾವಳಿಗಳ ಇತಿಹಾಸ, ಪ್ರಭೇದ ಮತ್ತು ಜನಾಂಗಗಳ ಬಗ್ಗೆ ಹಿಂದೆಂದಿಗಿಂತಲೂ ಚೆನ್ನಾಗಿ ತಿಳಿದುಕೊಳ್ಳಲು ಅನುಕೂಲವಾಗಿಸಿವೆ. ಈ ಪ್ರಾಕೃತಿಕ ಜಗತ್ತು ಮತ್ತು ಸ್ವಾಭಾವಿಕ ವಿನ್ಯಾಸಗಳನ್ನು ಉಂಟುಮಾಡುವ ಪ್ರಕ್ರಿಯೆಗಳನ್ನು ಅರಿತುಕೊಳ್ಳುವುದನ್ನು ಡಿಎನ್‌ಎ ಆಧಾರಿತ ಪ್ರಭೇಧ ವಿಕಾಸ ಮತ್ತು ಫೈಲೋಜಿಯಾಗ್ರಫಿ ವಿಧಾನಗಳು ಆಮೂಲಾಗ್ರವಾಗಿ ಬದಲಾಯಿಸಿವೆ. ಆದರೆ, ನಮಗೆ ತಿಳಿಯದೇ ಇರುವುದು ಇನ್ನೂ ಬಹಳಷ್ಟಿದೆ, ಇನ್ನೂ ಚೆನ್ನಾದ ವಿಧಾನಗಳ ಸಹಾಯದಿಂದ ನಾವು ಇನ್ನಷ್ಟು ಕಲಿಯುವ ನಂಬಿಕೆಯಿದೆ.

References

1. Gregory, R.T. (2008). Understanding evolutionary trees. *Evo Edu Outreach*, 1, 121-137
2. Rolland, J. (2014). Faster speciation and reduced extinction in the tropics contribute to the mammalian latitudinal diversity gradient. *Plos Biology*
3. Hickerson MJ et al. (2010). Phylogeography's past, present and future: 10 years after Avise, 2000. *Mol Phylogenet Evol*, 54(1): 291-301.
4. Hewitt, G. (2000). The genetic legacy of the quaternary ice ages. *Nature*, 405
5. Henn, B et al. (2015). Distance from sub-Saharan Africa predicts mutational load in diverse human genomes. *PNAS*
6. Mondol, S et al. (2013). Demographic loss, genetic structure and conservation implications for Indian tigers. *Proceedings of the Royal Society B*.
7. Understanding Evolution. (2016). University of California Museum of Paleontology. 22 December 2015 <http://evolution.berkeley.edu/>
8. Maddison, D. R. and K.-S. Schulz (eds.). (2007). The Tree of Life Web Project. Internet address: http://tolweb.org
9. Baldauf, SL. (2003). Phylogeny for the faint of heart: a tutorial. *Trends in Genetics*, 19(6), 345-51.

ಕೃಷ್ಣಪ್ರಿಯಾ ತಮ್ಮಾ, ತಮ್ಮ ಪಿಎಚ್.ಡಿ.ಅದ್ಯಯನವನ್ನು ನ್ಯಾಷನಲ್ ಸೆಂಟರ್ ಫಾರ್ ಬಯಾಲಾಜಿಕಲ್ ಸೈನ್ಸಸ್, ಟಿಎಫ್ಐಆರ್ ನಲ್ಲಿ ಮಾಡಿರುತ್ತಾರೆ. ಅವರು ವಿಶಾಲ ವ್ಯಾಪ್ತಿಯ ಪ್ರಭೇದಗಳ ಹಂಚಿಕೆ ಮತ್ತು ಅವುಗಳ ಮೇಲೆ ಪರಿಣಾಮ ಬೀರುವ ಅಂಶಗಳ ಬಗ್ಗೆ ಅಧ್ಯಯನ ನಡೆಸುವ ಆಸಕ್ತಿ ಹೊಂದಿದ್ದಾರೆ. ಹಿಮಾಲಯದ ಚಿಕ್ಕ ಸಸ್ತನಿಗಳ ಜೀವ ಭೂವಲಯ (ಬಯೋಜಿಯೋಗ್ರಾಫಿಕ್) ವಿನ್ಯಾಸಗಳ ಬಗ್ಗೆ ಪಿಎಚ್.ಡಿ. ಪ್ರಬಂಧವನ್ನು ಮಂಡಿಸಿರುತ್ತಾರೆ. ಅವರನ್ನು priya.tamma@gmail.com ನಲ್ಲಿ ಸಂಪರ್ಕಿಸಬಹುದು. **ಅನುವಾದಕರು:** ಚಂದ್ರಿಕಾ ವಿಜಯೇಂದ್ರ **ಪರಿಶೀಲನೆ:** ಸುಧಾ

Published by Azim Premji Foundation for Development, Pixel 'B' , PES college of Engineering Campus, Electronics City, Bengaluru - 560100

Printed by SCPL, Bengaluru - 560062. Editor: Ramgopal Vallath