## روسیه، سایوز ۵ را سال آینده می‌سازد

دیمیتری برانوف، مدیر مرکز توسعه موشك‌های فضایی روسیه اعلام کرد، فرآیند ساخت موشك سایوز۵ (Irtysh) به‌زودی آغاز خواهد شد. روسیه تصمیم دارد در اواسط ۲۰۲۱ میلادی سایوز ۵ را جایگزین وسیله پرتاب زنیت کند. سازمان هوافضای روسیه در سال ۲۰۱۸ میلادی یك قرارداد ۸/۱ میلیون دلاری با شرکت «موشك و فضا» برای طراحی و آزمایش سایوز۵ امضا کرد./ مهر

## ماموریت «سنتینل-۶» ناسا به‌زودی پرتاب خواهد شد

ناسا ماهواره جدیدی به نام «سنتینل-۶ مایکل فرایلیچ (Sentinel-6 Michael Freilich) دارد که قصد دارد ماه نوامبر (آبان و آذر ۹۹) آن را پرتاب کند. تمرکز اصلی این ماهواره نظارت بر افزایش سطح دریا با دقت فوق‌العاده بالا خواهد بود. ابزار دیگری که روی این فضاپیما قرار دارد، داده‌های جوی را بررسی خواهد کرد که این موضوع به بهبود پیش‌بینی‌های آب و هوا، ردیابی توفان‌ها و بهبود مدل‌های آب و هوایی کمك می‌کند./ ایسنا

بقایای فرد حامل آبله در اولند سوئد (مربوط به ۸۰۰-۱۰۵۰ میلادی) / عکس: The Swedish National Heritage Board

### بررسی‌های محققان نشان می‌دهد قدمت آبله و دیگر بیماری‌های ویروسی در جمعیت انسانی فراتر از تصور ماست

# تاریخچه نبرد انسان با بیماری‌ها

مهناز موسوی
دانش

**احتمالا تعجب می‌کنید اگر بشنوید پژوهش‌های انجام‌شده در حوزه ژنتیك موجب بازنویسی تاریخچه بیماری‌ها شده است. در سال‌های اخیر اطلاعات جدیدی از سابقه بسیاری از بیماری‌ها با منشأ ویروسی از جمله آبله در جمعیت‌های انسانی به‌دست آمده است. آبله از جمله بیماری‌های واگیردار است که تاریخ مرگ‌ومیر مشخصی دارد. این بیماری ویروسی با کشتن بیش از ۳۰۰ میلیون نفر در جهان، جان آخرین قربانی خود را در سال ۱۳۵۷ گرفت. دو سال بعد و در ۱۸ اردیبهشت ۵۹، سازمان بهداشت جهانی اعلام کرد ویروس واریولا که عامل بیماری آبله بود، ریشه‌کن شده است. اما منشأ این ویروس ویرانگر هنوز مشخص نیست. در حال حاضر، شواهد ژنتیکی در حال پیدا کردن زمانی است که در آن تاریخ، آبله برای اولین بار جوامع انسانی را مورد حمله قرار داد.**

**به‌تازگی، یك گروه تحقیقاتی بین‌المللی پس از سال‌ها جست‌وجو برای یافتن دی‌ان‌ای ویروسی در بقایای انسان‌های باستانی، گزارش داده است انسان‌ها از سال ۶۰۰ میلادی، ویروس واریولا را با خود حمل می‌کردند. تجزیه و تحلیل این موضوع نشان می‌دهد ویروس آبله حتی زودتر از این زمان در بدن انسان‌ها در حال گردش بوده است؛ یعنی حداقل ۱۷۰۰ سال قبل از تاریخ گفته شده!**

در سال ۱۳۹۵، پژوهشگران با استفاده از دی‌ان‌ای استخراج‌شده از یك مومیایی در لیتوانی، تاریخ پیدایش آبله را به قرن هفدهم میلادی نسبت دادند. مارتین سیکورا، زیست‌شناس تکاملی و از اعضای این گروه تحقیقاتی از دانشگاه کپنهاگ می‌گوید: «ما نشان دادیم ویروس واریولا، هزار سال قبل‌تر و در عصر وایکینگ‌ها در اروپا کاملا پراکنده شده بود.»

### آنچه اخیرا از سابقه بیماری‌های مهلك دریافته‌ایم

آبله آخرین نمونه از بیماری‌های عفونی خطرناك است که در دهه گذشته، تاریخ این بیماری به کمك بررسی‌های صورت‌گرفته روی دی‌ان‌ای ویروسی به‌طور ناگهانی و قابل ملاحظه‌ای بازنویسی شده است. در اوایل سال جاری، مقاله‌ای منتشر شد که در آن گزارش می‌داد ویروس سرخك که ظهور آن را به قرن نهم میلادی نسبت داده‌اند، ممکن است در هزاره اول پیش از میلاد به انسان‌ها منتقل شده باشد. به نظر می‌رسد در آن زمان توالی ویروس سرخك از ویروس طاعون گاوی که گاوها را بیمار می‌کند (در حال حاضر ریشه‌کن شده است) گرفته شده باشد. از طرفی گروه تحقیقاتی سیکورا در سال ۱۳۹۷ نشان داد که هپاتیت B از عصر برنز یعنی ۵۰۰۰ سال پیش، انسان‌ها را آلوده کرده است. این گروه پیشتر و در سال ۱۳۹۴ برای بیماری طاعون منشأ اولیه مشابهی را گزارش داد که عامل آن باکتری یرسینا پستیس است.

نتیجه همه تحقیقات صورت‌گرفته در حوزه ژنتیك لزوما منجر به عقب رفتن زمان شیوع بیماری‌ها نشده است. برای مثال در سال ۱۳۹۳، یك گروه تحقیقاتی آلمانی گزارش داد؛ بیماری‌زایی سل در انسان برخلاف نتایج تحقیقات گذشته که مربوط به ۷۰ هزار تا ۱۲ هزار سال پیش بود، به کمتر از ۶۰۰۰ سال پیش برمی‌گردد.

به‌گفته آن کارمیچل، مورخ طاعون از دانشگاه ایندیانا بلومینگتون، این یافته‌ها درك پژوهشگران از نحوه اثرگذاری بیماری‌ها بر جوامع انسانی در طول تاریخ را تغییر می‌دهد. شواهد دی‌ان‌ای حاکی از آن است که شیوع بیماری‌هایی مانند طاعون و هپاتیت B با مهاجرت‌های بزرگ پیش از تاریخ ارتباط دارند؛ موضوعی که اکنون به‌نظر می‌رسد درباره ویروس عامل آبله نیز درست باشد. این سوال که آیا مهاجرت‌ها بیماری‌ها را به مناطق جدید برده‌اند یا ظهور بیماری موجب مهاجرت مردم شده است، موضوعی است که باستان‌شناسان، تاریخ‌نگاران و متخصصان ژنتیك امیدوارند بتوانند به آن پاسخ دهند. شواهد دی‌ان‌ای همچنین درکی از شدت بیماری‌زایی آبله باستانی ایجاد کرده است. برای مثال، آخرین پژوهش‌ها حاکی از آن است که وایکینگ‌ها حامل سویه‌ای (نوعی) از ویروس آبله بوده‌اند که از سویه امروزی کاملا متفاوت بوده است. سورن سیندبیك از دانشگاه آرهوس دانمارك معتقد است تلفیق ژنتیك با تاریخ و باستان‌شناسی وظیفه‌ای است که پیش روی ماست. او می‌گوید: «ما می‌توانیم این رویدادها را طبق مقیاس‌های زمانی انسانی مشخص کنیم. در آینده ارائه زمان‌بندی دقیق‌تر برای بازنویسی تاریخ بشر حیاتی خواهد بود.»

### ژنوم عوامل بیماری‌زای باستانی

قبل از رمزگشایی از دی‌ان‌ای باستانی، پژوهشگران برای یافتن شواهدی مشخص از بیماری‌ها متکی به بررسی اسکلت‌ها، سوابق تاریخی و به‌ندرت مومیایی‌ها بودند. با این حال، بسیاری از عفونت‌ها نشانه‌های قابل مشاهده‌ای روی استخوان برجای نمی‌گذارد. در موارد دیگر، سرنخ‌های غیرمستقیم مربوط به قدمت برخی بیماری‌ها از تخمین سن و توزیع جغرافیایی جهش‌های محافظ در انسان‌ها به‌دست آمده است. برای مثال، افراد با گلبول‌های قرمز خون بدون آنتی‌ژن‌های دافی محافظت کمی در برابر انگل عامل مالاریا یعنی پلاسمودیوم ویواکس دارند.

از دهه ۱۳۷۰، پژوهشگران توانسته‌اند قطعاتی از دی‌ان‌ای عوامل بیماری‌زا را از بقایا استخراج کنند. در دهه گذشته، پژوهشگران برای بازسازی ژنوم کامل پاتوژن‌های باستانی از توالی‌یاب‌های نسل آینده دی‌ان‌ای بهره گرفتند. این توالی‌یاب‌ها در خواندن قطعات کوتاه بی‌شمار و توالی‌یابی (به معنی تشخیص ساختار داخلی) دی‌ان‌ای قدیمی که در طول صدها و هزارها سال آسیب دیده‌اند، استفاده می‌شود. در سال ۱۳۹۰، دانشمندان اولین نمونه از این ژنوم‌ها را برای یرسینیا پستیس که از چهار اسکلت در گورستانی در لندن جمع‌آوری شده بود، منتشر کردند. در این گورستان هزاران قربانی همه‌گیری طاعون سیاه مربوط به قرن چهاردهم میلادی، دفن شده بودند.

اسك ویلرسل، زیست‌شناس تکاملی از دانشگاه کمبریج بریتانیا که روی بیماری آبله تحقیق کرده است، می‌گوید: «در حال حاضر، غربالگری بقایای انسان‌های باستانی برای کشف عوامل بیماری‌زای شناخته‌شده به کاری عادی تبدیل شده است.» استفاده از غربالگری به‌عنوان شاخه‌ای از یك پروژه و برای ترسیم پراکنش وایکینگ‌ها در اواخر اولین هزاره میلادی آغاز و در ادامه به تجزیه و تحلیل‌های بسیار بزرگ‌تری تبدیل شد. پژوهشگران، دی‌ان‌ای جمع‌آوری‌شده از ۱۸۶۷ فرد را که در بازه زمانی ۳۲ هزار تا ۱۵۰ سال پیش در اوراسیا و قاره آمریکا زندگی می‌کردند، غربالگری کردند. پژوهشگران این پروژه، در ۲۶ مورد قطعاتی از دی‌ان‌ای را پیدا کردند که شبیه سویه‌های امروزی واریولا بودند. در ۱۳ مورد توانستند به بقایای اصلی برگردند و طی توالی‌یابی هدفمند، دی‌ان‌ای بیشتری را از واریولا استخراج کنند. توالی‌یابی هدفمند شیوه‌ای است که در آزمایشگاه از دی‌ان‌ای مصنوعی برای انتخاب سویه‌های مشابه از استخوان‌ها یا دندان استفاده می‌کنند. پژوهشگران از بخش خاره‌ای استخوان گیجگاهی، واقع در نزدیك گوش که متراکم‌ترین استخوان پستانداران است و دی‌ان‌ای باستانی انسان را به‌خوبی حفظ می‌کند به‌عنوان منبعی مناسب استفاده کردند؛ با این حال، ویلرسلف می‌گوید: «این احتمال بیشتر است که عوامل بیماری‌زا خود را بیشتر در دندان که خون بیشتری در آنها جریان دارند، نشان دهند.»

۱۱ نفر از این افراد از اهالی بریتانیا، روسیه و اسکاندیناوی امروزی بودند. آنها بین سال‌های ۶۰۰ تا ۱۰۵۰ میلادی (هم‌زمان با عصر وایکینگ‌ها) زندگی می‌کردند. همچنین یك گور دسته‌جمعی در آکسفورد بریتانیا کشف شده که به نظر می‌رسد مربوط به کشتار روز سنت برایس (کشتار دانمارکی‌ها به دستور پادشاه انگلستان در سال ۱۰۰۲ میلادی) است. برای بازسازی کامل ژنوم‌های واریولا باستانی و مقایسه آنها با توالی‌های واریولا امروزی، پژوهشگران از چهار فرد از عصر وایکینگ‌ها دی‌ان‌ای ویروسی کافی را به دست آوردند. در کمال تعجب، دودمانی که نمونه‌های دوران وایکینگ‌ها را آلوده کرده بود، جد مستقیمی از تبارهای قرن نوزدهم و بیستم نبود. سیکورا می‌گوید: «این مسیر تکاملی جداگانه‌ای است که در نقطه‌ای از زمان از بین رفته و تا جایی که می‌دانیم، امروز دیگر وجود ندارد.»

پژوهشگران این درخت خانوادگی را با رویکرد ساعت مولکولی (روشی برای تعیین زمان وقوع گونه‌زایی) ردیابی کردند. آنها مقدار تفاوت تبارهای امروزی و باستانی را اندازه‌گیری کردند و با استفاده از میزان تجمع تفاوت‌های ژنتیکی، مدت‌زمانی که برای جدایش تبارها گذشته است را محاسبه کردند. در این تحقیق عنوان می‌شود که آخرین جد مشترك آنها احتمالا حدود ۱۷۰۰ سال پیش زندگی کرده است. تری جونز، متخصص زیست‌شناسی محاسباتی از بیمارستان چاریته در برلین و دانشگاه کمبریج که روی این پروژه کار کرده، می‌گوید: «این به آن معنا نیست که بیماری اولین بار در آن زمان به انسان‌ها رسیده؛ بلکه در حقیقت تاریخ به‌هم‌پیوستگی تمام نمونه‌هایی را نشان می‌دهد که تاکنون از یکدیگر متفاوت شده‌اند.»

### سؤال‌هایی که هر روز بیشتر می‌شود

به‌گفته پژوهشگران، احتمالا در آینده تحقیقات صورت‌گرفته در زمینه تاریخ تکاملی ویروس‌ها بتواند در محافظت از انسان‌ها مفید باشد. لاسه وینر، ویروس‌شناس دانشگاه کپنهاگ و از نویسندگان مقاله مورد بحث، می‌گوید: «بسیار دشوار است که بتوان مسیر تکامل آینده ویروس را پیش‌بینی کرد. با این حال ما با دانستن این‌که ویروس قبلا کجا بوده است، تصور بهتری از تغییرات احتمالی آینده آن به‌دست می‌آوریم.» آندره مك‌کلوم، متخصص همه‌گیرشناسی (اپیدمیولوژی، علم بررسی انتشار و علل بیماری‌ها) از مرکز کنترل و پیشگیری بیماری در آتلانتا که روی آبله مطالعه می‌کند، می‌گوید: این درخت خانوادگی می‌تواند اطلاعات مفیدی درباره توان محافظتی ذخایر باقی‌مانده واکسن آبله، در برابر ویروس آبله گاوی فراهم کند. در همین حین، مورخان فعال در ثبت بیماری‌ها متوجه شده‌اند سؤالات جدیدی برای پاسخ دادن دارند. کار میچل می‌گوید: «ما واقعا باید از نو مطالعات‌مان را شروع کنیم.»

در سال ۱۳۹۰ پس از تایید این موضوع که یرسینیا پستیس، عامل طاعون سیاه (همه‌گیری طاعون از ویرانگرترین بیماری‌های همه‌گیر تاریخ است) است، بحث درباره علت همه‌گیری آن به‌پایان رسید. ولی پرسش جدیدی از سوی تاریخ‌نگاران مطرح شد: از آنجا که سویه‌ای که موجب طاعون سیاه شد، بسیار شبیه به یرسینیا پستیس امروزی است، چرا طاعون در قرن‌های گذشته بسیار مرگبارتر از امروز بوده است؟ همبستگی و سبك زندگی ممکن است تا حدودی علت آن را توضیح دهد؛ اما پاسخ هنوز مشخص نیست. کار میچل می‌گوید: «پرداختن به این موضوع یك سؤالی تاریخی است و نه ژنتیکی!»

> در دهه گذشته پژوهشگران برای بازسازی ژنوم کامل پاتوژن‌های باستانی از توالی‌یاب‌های نسل آینده دی‌ان‌ای بهره گرفتند

> ویروس سرخك که ظهور آن را به قرن نهم میلادی نسبت داده‌اند ممکن است در هزاره اول پیش از میلاد به انسان‌ها منتقل شده باشد به نظر می‌رسد در آن زمان توالی ویروس سرخك از ویروس طاعون گاوی که گاوها را بیمار می‌کند گرفته شده باشد

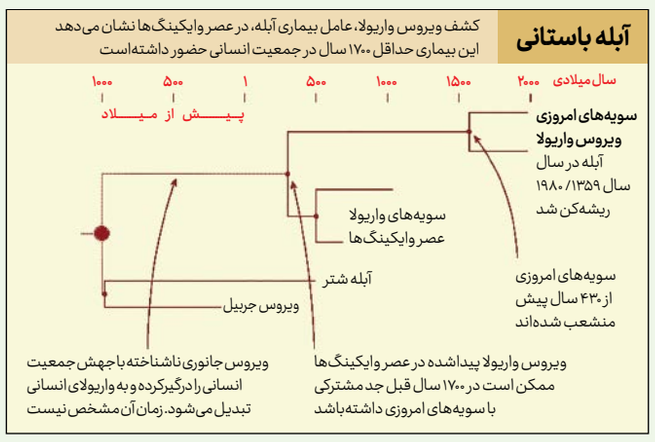
## بازنویسی تاریخ بیماری‌ها

بررسی عوامل بیماری‌زای باستانی مانند طاعون، هپاتیت B و آبله ثابت کرده ممکن است بتوان این عوامل را در بقایایی تشخیص داد که نشانه‌های بیماری را ندارند؛ بنابراین لازم نیست دانشمندان تجزیه و تحلیل‌های خود را به بقایای موجود در گودال‌های طاعونی محدود کنند. این موضوع، تصویر جامع‌تری از اثر پاتوژن‌ها را در دنیای باستان ارائه می‌دهد. توزیع ساختار ژنتیکی عوامل بیماری‌زا و نحوه تغییر آنها در طول زمان، ممکن است اطلاعات جدیدی درباره نحوه حرکت مردم در گذشته فراهم کند. برای مثال، کشف یرسینیا پستیس در دندان‌های حفظ‌شده گله‌داران یامنیا (اجداد مردمان کنونی ساکن روسیه) که از مناطق استپی شرق اروپا (منطقه‌ای دارای درختان خاردار و بوته‌های کوتاه‌قد) به اروپا آمدند، این فرضیه را ایجاد کرده که این مهاجمان با گسترش طاعون به نابودی جوامع کشاورزی نوسنگی، بعد از ۳۵۰۰ سال پیش از میلاد، سرعت داده‌اند. با این حال دتلف گروننبورن، باستان‌شناس مؤسسه تحقیقات باستان‌شناسی لایبنیتس در آلمان معتقد است این فرضیه بحث‌برانگیز است. زیرا شواهد باستان‌شناسی نشان می‌دهد زوال از هزار سال پیش از رسیدن گله‌داران یامنیا در حال وقوع بوده است. از آنجا که تنها حدود ۲۰۰ ژنوم پاتوژن باستانی و فقط تعداد محدودی برای هر عامل بیماری‌زا تعیین توالی شده است، نتایجی که می‌توان از تجزیه‌وتحلیل تبار زایش (به بررسی ارتباط تکاملی گروه‌های مختلف جانداران نظیر گونه‌ها یا جمعیت‌ها می‌پردازد) گرفت، محدود است. حتی در همه‌گیری فعلی که ده‌ها هزار ژنوم ویروس عامل بیماری کووید-۱۹ تجزیه‌وتحلیل شده است، پژوهشگران گاهی اوقات درباره مسیر حرکت ویروس در طی شیوع آن، نتیجه‌گیری‌های نادرستی کرده‌اند. پینار می‌گوید: «پژوهشگران هرچه بیشتر به عقب برگردند و نمونه‌ها را پراکنده‌تر کنند، خطر تفسیر افراطی بیشتر می‌شود.»

## بحث بر سر پیشینه آبله

گروهی از پژوهشگران گمان می‌کنند سابقه بیمار شدن انسان با ویروس واریولا (عامل آبله) بیش از ۱۷۰۰ سال است. سوابق تاریخی نشان می‌دهد سابقه بیمار شدن ما با نوعی بیماری شبیه آبله به بیش از ۳۰۰۰ سال قبل برمی‌گردد. حتی ممکن است علت مرگ رامسس پنجم از فرمانروایان مصر باستان در قرن دوازدهم قبل از میلاد نیز همین بیماری بوده باشد. البته آخرین شواهد به دست آمده از بررسی دی‌ان‌ای این ایده را حمایت نمی‌کند. با این حال قرار است یك پروژه مصری که درحال تجزیه و تحلیل دی‌ان‌ای مومیایی‌های سلطنتی است، نتایج خود را در سال ۱۴۰۱/ ۲۰۲۲ گزارش کند.

دانشمندانی که در تحقیقات صورت‌گرفته روی واریولا مشارکت نکرده‌اند، تحت‌تأثیر نتایج این پژوهش قرار گرفته‌اند. مایکل وروبی، زیست‌شناس تکاملی از دانشگاه آریزونا می‌گوید: «این مقاله جدید نشان می‌دهد تبارهایی وجود داشته‌اند که ما کاملا از وجود آنها بی‌خبر بوده‌ایم.» هندریك پینار، دیرینه‌شناس حوزه ژنتیك از دانشگاه مك‌مستر همیلتون کانادا و از اعضای گروه تحقیقاتی مطالعه آبله در سال ۱۳۹۵، نظر دیگری دارد. به گفته او تفاوت‌های بزرگ میان تبارهای مدرن و وایکینگ‌ها این احتمال را ایجاد می‌کند که ممکن است وایکینگ‌ها به‌شکلی که ما می‌شناسیم، مبتلا به آبله نشده باشند. جونز می‌گوید، ممکن است این گفته درست باشد. برای مثال، شواهدی وجود دارد که نشان می‌دهد غیرفعال‌سازی تجمعی ژن‌ها در ویروس، موجب افزایش بیماری‌زایی آن شده است. او می‌گوید: «نمی‌توانیم اطمینان داشته باشیم؛ اما استدلال خوبی وجود دارد که قبل از قرن هفدهم، آبله به‌شکل بومی و خفیف بوده است.»




جام آسمان

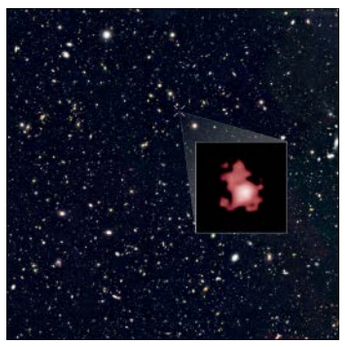
## اندازه عالم چقدر است؟

دکتر محسن شادمهری
دانشیار گروه فیزیك دانشگاه گلستان

ذهن ما و شاید منطق درونی‌اش، به‌شدت متأثر از تجربیات روزمره از بدو تولد تا به امروز باشد. برخی از اینها جزو اصول تفکرمان می‌شوند. اما آیا مفاهیم برگرفته از تجربیات آدمی می‌توانند توصیف‌کننده رفتار و پدیده‌های عالم باشند؟ پرسش سختی است. ولی این را می‌دانیم که پرسشگری نوع بشر همچنان برگرفته از همان تجربیات و اصول ساختاری ذهن است. از آن جمله می‌توان به این باور کلی اشاره کنیم که هر جسم یا موجودی باید ابعاد و اندازه‌ای داشته باشد. جز این تصور دیگری نمی‌توانیم داشته باشیم. پس بسیار طبیعی است که بپرسیم اندازه عالم چقدر است؟ سوالی شاید به قدمت پیدایش آدمی!

این سوال ساده تا شاید همین یك قرن اخیر امکان پاسخگویی در حیطه علوم تجربی نداشت. اما تحولات شگرفی رخ دادند که این سوال هم به‌تدریج در ساختار علم جای گرفت. دست‌کم امکان بررسی علمی آن اکنون وجود دارد.

حدود یکصد سال پیش، اخترشناسی به نام هابل از یکی از رازهای حیرت‌انگیز عالم پرده برداشت: انبساط عالم! او دریافت که کهکشان‌های عالم در حال دور شدن از یکدیگرند و هرچه دورتر باشند، سرعت دورشدن‌شان نیز بیشتر است. این یافته یکی از شواهد تأییدکننده نظریه مهبانگ یا همان انفجار بزرگ (Big Bang) است.



پس باید تا می‌توانیم فاصله‌های دورتر را رصد کنیم. اما کار ساده‌ای نیست؛ زیرا نیاز به ابزار رصدی بزرگ و پیشرفته داریم که ممکن است به دلایل فنی ساخت آن فعلا عملی نباشد. اما تلسکوپ فضایی هابل موفق شد از یکی از دورترین کهکشان‌های عالم تصویربرداری کند. این کهکشان که GN-z11 نام گرفت، در فاصله ۱۳/۴ میلیارد سال نوری قرار دارد. یعنی نوری که الان دریافت می‌کنیم ۱۳/۴ میلیارد سال قبل از سوی این کهکشان گسیل شده که اکنون به ما می‌رسد! این در واقع مرز «قابل مشاهده» عالم است. معنی دیگر این موضوع این است که آن چه می‌بینیم به زمان پیدایش عالم نزدیك‌تر است. مثلا در مورد این کهکشان به نظر می‌رسد ۴۰۰ میلیون سال بعد از مهبانگ این نور را گسیل کرده است.

قطعا به کمك تلسکوپ‌های قوی‌تر، مرز «قابل مشاهده» عالم گسترش خواهد یافت و به لحظه پیدایش عالم نزدیك‌تر می‌شویم؛ همانند یك ماشین زمان!

اخترشناسان امیدوارند با شروع به کار تلسکوپ فضایی جیمز وب، این مرز قابل مشاهده عالم گسترش یابد و ای‌بسا ناشناخته‌های بسیاری را در برابر دیدگان‌مان قرار دهد.

اما آیا مرز «قابل مشاهده» عالم را می‌توان به عنوان اندازه عالم در نظر گرفت؟ در پاسخ باید گفت، خیر! درواقع عالم در حال انبساط است و به طور قطع، فاصله این کهکشان دوردست که «اکنون» می‌بینیم همین حالا، در فاصله‌های بسیار دورتری است. از این گذشته هنوز به درستی نمی‌دانیم آیا عالم محدود است یا نامحدود. برخی نظریه‌ها اندازه عالم را ۳۰۰ میلیارد تریلیون برابر عالم قابل مشاهده برآورد می‌کنند! و برخی نظریه‌های دیگر، عالم را نامحدود می‌پندارند.

به این ترتیب به نظر می‌رسد در حال حاضر می‌توان درباره مرز قابل مشاهده عالم سخن گفت و حتی تصویربرداری کرد. اما تعیین اندازه عالم به این سادگی‌ها نیست. در تصویر بالا یکی از دورترین کهکشان‌های عالم را در فاصله ۱۳/۴ میلیارد سال نوری می‌بینیم.