

Skąd się biorą geny?

Około 40 milionów lat temu u wspólnego przodka małp Starego Świata (do których należą naczelnie) miało miejsce niezwykle wydarzenie. Umożliwiło ono nam zupełnie nowe spojrzenie na świat – dosłownie.

Widzenie barw oparte jest na światłoczułych białkach – opsynach, które, zależnie od składu aminokwasowego, są wrażliwe na różne długości fali. Większość małp Nowego Świata (np. kapucynki) ma dwa geny opsyn: jeden z nich, umiejscowiony na autosomie, koduje białko wrażliwe na fale krótkie (SW), a drugi, kodujący białko wrażliwe na fale średnie i długie (MW/LW, zależnie od sekwencji), znajduje się na chromosomie X. Stąd samce tych małp widzą wyłącznie dwubarwnie. Natomiast samice – albo dwu- (jeśli na obu chromosomach X mają taką samą wersję opsyny MW/LW), albo trójbarwnie (jeśli wersje te się różnią)!

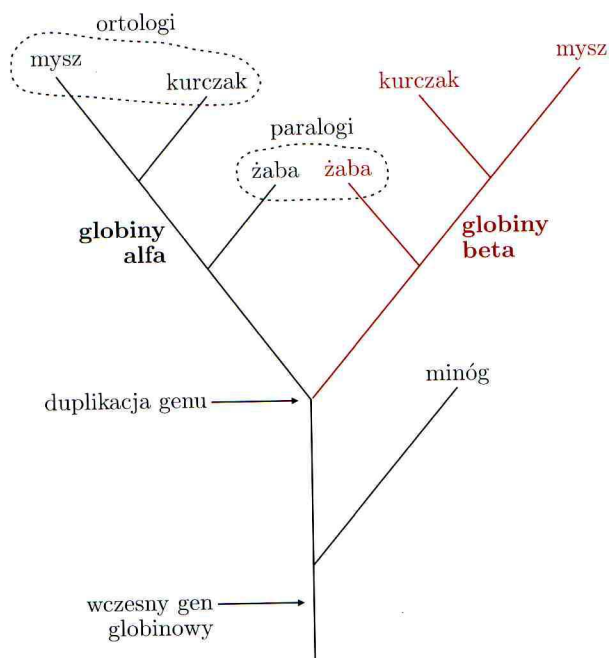
Mniej więcej 40 milionów lat temu, po oddzieleniu się małp Nowego Świata od linii prowadzącej do człowieka, gen opsyny MW/LW uległ duplikacji. Oba nowe geny szybko zróżnicowały się tak, że każdy z nich kodował białko wrażliwe na inną długość fali. Odtąd wszystkie małpy mają trzy geny opsyn – SW, MW i LW: była to bardzo dobra wiadomość dla samców, które wreszcie mogły widzieć świat trójkolorowo.

Ten niezwykle przypadek ilustruje najczęstszy sposób powstawania genów. Kiedy w genomie pojawia się kopia istniejącego już genu, presja selekcyjna, utrzymująca funkcję białka, działa tylko na jedną z nich. Druga dzięki temu bezkarnie mutuje, co czasem prowadzi do uzyskania nowej funkcji. Ewolucja nie stwarza z niczego, może tylko modyfikować istniejące rozwiązania.

W ten sposób mogą powstawać tzw. rodziny genów – grupy podobnych sekwencji powstałe na drodze duplikacji i różnicowania. Przykładem takiej rodziny są globiny, które wszystkie wyewoluowały w ciągu 800 milionów lat na drodze kolejnych duplikacji, fuzji i modyfikacji funkcji. Mioglobina, mięśniowe białko wiążące tlen, i 13 globin krwi u człowieka są takimi właśnie kuzynami.

Czasem duplikacje nie dotyczą całych genów, a jedynie ich fragmentów. Mogą być one tasowane niczym talia kart w obrębie jednego genu, albo przenoszone do innego. Znane są geny – układanki z kilku różnych sekwencji. Gen kodujący jedno z białek regulujących krzepnięcie krwi, tkankowy aktywator plazminogenu, zbudowany jest z czterech części. Pierwsza jest kawałkiem fibronektyny (wiążącej włókna białek tworzących skrzep), druga pochodzi z nabłonkowego czynnika wzrostu, a dwie ostatnie – z plazminogenu (formy enzymu rozpuszczającego skrzep). W wyniku takiego tasowania zupełnie różne i niespokrewnione geny mogą mieć bardzo podobną sekwencję.

W analizie pokrewieństwa między organizmami musimy rozróżniać sekwencje, które pojawiły się w wyniku duplikacji w obrębie genomu jednego gatunku (czyli tzw. paralogi) oraz te, które są wynikiem rozdzielenia gatunków (ortologi).



Z rysunku widać, że jeden gen może mieć więcej niż jednego ortologa u drugiego gatunku (zarówno globiny alfa, jak i beta, żaby są ortologami w stosunku do globinowego genu minoga), a także, że „bycie ortologiem” nie jest przechodnie (globiny alfa i beta myszy są ortologami globiny minoga, ale nie dla siebie).

Wyobraźmy sobie, że chcemy oszacować wiek ostatniego wspólnego przodka (OWP) człowieka i wielbłąda na podstawie liczby mutacji nagromadzonych w ich genach. W tym celu musimy porównać geny ortologiczne, np. gen A człowieka i odpowiadający mu gen wielbłąda. Jak znaleźć ortolog? Wśród genów wielbłąda jest wiele podobnych do genu A, najbardziej podobny jest gen B. Czy A i B to ortologi? Tego nie wiemy – zarówno orto-, jak i paralogi mogą być bardzo podobne. Genom wielbłąda nie został jeszcze zsekwencjonowany i wśród dostępnych sekwencji może w ogóle nie być ortologa. Może być też tak, że wielbłąd utracił ortolog genu A.

W praktyce przeszukujemy jeszcze raz genom, tym razem genom człowieka sekwencją B. Jeżeli najbardziej podobną do niej sekwencją jest A, to uznajemy geny za ortologi i na ich podstawie możemy wnioskować o OWP wielbłąda i człowieka. Nie daje nam to pewności, ale status sekwencji A i B możemy potwierdzić, przeszukując w podobny sposób kolejne genomy. W każdym przypadku dwukierunkowe przeszukania powinny prowadzić do tych samych sekwencji. A jeśli te geny to nie ortologi i porównujemy np. podobne do siebie hemoglobiny człowieka i mioglobiny wielbłąda?

Wtedy okazałoby się, że OWP tych gatunków żył około 800 milionów lat temu – bo wtedy właśnie nastąpiło rozdzielenie genów mioglobiny i hemoglobiny. A 800 milionów lat temu wielokomórkowe życie dopiero nabierało rozpędu... Naukowcom wciąż pozostaje jeszcze znalezienie odpowiedzi na pytanie, skąd wziął się pierwszy gen. Ale to jest już zupełnie inna historia...

Anna LORENC, Jarek BRYK