

ЭВОЛЮЦИОННАЯ И ПОПУЛЯЦИОННАЯ ГЕНЕТИКА

РОЖДЕНИЕ И СМЕРТЬ ГЕНОВ

Журавлева Г.А.

*Санкт-Петербургский государственный университет
(Санкт-Петербург), Россия*

*e-mail: zhouravleva@bio.pu.ru, zhouravleva@rambler.ru

В докладе пойдет речь не о возникновении жизни и появлении первых кодирующих молекул, постепенно превратившихся в современные гены. Целью является обсудить возможности возникновения новых генов в дополнение или на основе уже существующих генов, а также возможную судьбу современных генов. Предположения о возможной роли дубликаций генов в эволюции существовали еще в 30-е годы XX века. Но лишь бурное развитие методов молекулярной биологии позволило идентифицировать многочисленные повторяющиеся последовательности, показавшие высокую частоту дубликаций генов в эволюции. На основе этих данных С. Оно (1970) выдвинул предположение о том, что дубликация генов – это единственный способ возникновения новых генов. Среди множества различных механизмов дубликаций генов выделяют несколько основных: полная дубликация генома или поддиплоидизация, неравный кроссинговер или тандемные дубликации, дубликативная транспозиция и ретротранспозиция. Дубликации генов играют доминирующую роль в создании новых генов. Общеизвестно, что для эволюции более важна дубликация генома, а не отдельных его частей, так как в последнем случае возможно возникновение регуляторного дисбаланса из-за частичной дубликации регуляторных элементов генома. Известно, что полиплоидизация геномов происходила на протяжении эволюционной истории всех четырех эукариотических царств: растений, животных, грибов и протист. Сохранение дублированных копий в эволюции может обеспечиваться одним из трех процессов: (1) неофункционализацией; (2) субфункционализацией; (3) консервацией. Данных, полученных к настоящему времени, недостаточно для того, чтобы решить, какой из трех способов более часто используется в эволюции. Одним из вариантов неофункционализации является образование «химерных» или слитных генов. В обобщенном виде этот процесс известен под названием блочных перестроек генов. Это явление становится возможным вследствие дубликации всего гена или его части, т.к. лишь в этом случае оно не приведет к нарушению функции исходного гена. В настоящее время выделяют три типа эволюции семейств генов. Два самых простых типа – дивергенция и согласованная эволюция. При третьем способе, названном «рождение и смерть генов» (Niimura and Nei, 2006) комбинируются первые два способа. Анализ полностью секвенированных геномов выявил высокую частоту как возникновения, так и потери дублированных генов. Новые копии у эукариот «рождаются» с частотой около 0.001–0.01 на ген/на миллион лет, а умирают на порядок чаще, что совпадает с ранее высказанной точкой зрения, что судьбой большинства дублированных генов является псевдогенизация.

КАЛЕЙДОСКОП ВИДОВ В БАЙКАЛЕ: НЕКОТОРЫЕ МЕХАНИЗМЫ

*Шербаков Д.Ю. *, Букин Ю., Перетолчина Т., Ситникова Т.,
Пудовкина Т., Трибой Т., Коваленкова М., Кравцова Л.
Лимнологический институт СО РАН (Иркутск), Россия*
*e-mail: sherb@lin.irk.ru

Существенная часть уникального видового разнообразия Байкала приходится на „букеты видов“ – группы таксонов, ставшие результатом адаптивной радиации в рамках одной относительно замкнутой экосистемы. Сравнение нуклеотидных последовательностей митохондриальных и ядерных генов уже более 20 лет используется для исследования эволюционных историй букетов видов байкальских беспозвоночных – моллюсков, членистоногих, аннелид и т. п. Гипотеза молекулярных часов позволяет оценивать возраст эволюционных событий. В последнее время для наиболее многочисленных видов многих из этих групп были проведены сравнительные исследования генетического разнообразия на уровне популяций и близких видов. Сравнительный анализ данных этих исследований позволил выявить некоторые общие черты: (1) большинство букетов видов молоды относительно Байкала (исключение – амфиподы), иногда это противоречит палеонтологическим данным (моллюски Baicaliidae); (2) не удается получить свидетельств в пользу аллопатрических механизмов видообразования; (3) не удается получить никаких свидетельств в пользу коэволюции даже тогда, когда виды тесно связаны с рамках сообществ; (4) во всех достаточно исследованных случаях разделение видов происходило быстро и симпатрически, остались свидетельства вторичных нарушений репродуктивных барьеров в виде митохондриальной трансгрессии, неполного разделения предковых линий и противоречий между эволюционными деревьями, построенными по нуклеотидным последовательностям различных ядерных локусов. В качестве объяснения кажущейся молодости букетов видов по сравнению с возрастом Байкала и ископаемыми свидетельствами можно предложить модель случайного процесса рождения-гибели, при котором видообразование протекает в соответствии с наличием свободных экологических ниш либо – путем вытеснения вида, уже занимающего соответствующую нишу (т. е. максимальное число одновременно живущих видов лимитируется разнообразием доступных им ниш). Главное предположение этой модели состоит в том, что ниши могут существовать дольше, чем занимающие их виды, которые последовательно сменяют друг друга в процессе конкуренции, приводящей к конкурентному исключению. Важно также и то, что речь идет об эндемических условиях, практически исключая выживание „проигравших“ в рефугиумах. Компьютерные эксперименты позволяют воспроизвести эффект кажущегося единственного общего предка, который существовал гораздо позднее группы родственных видов в эко-