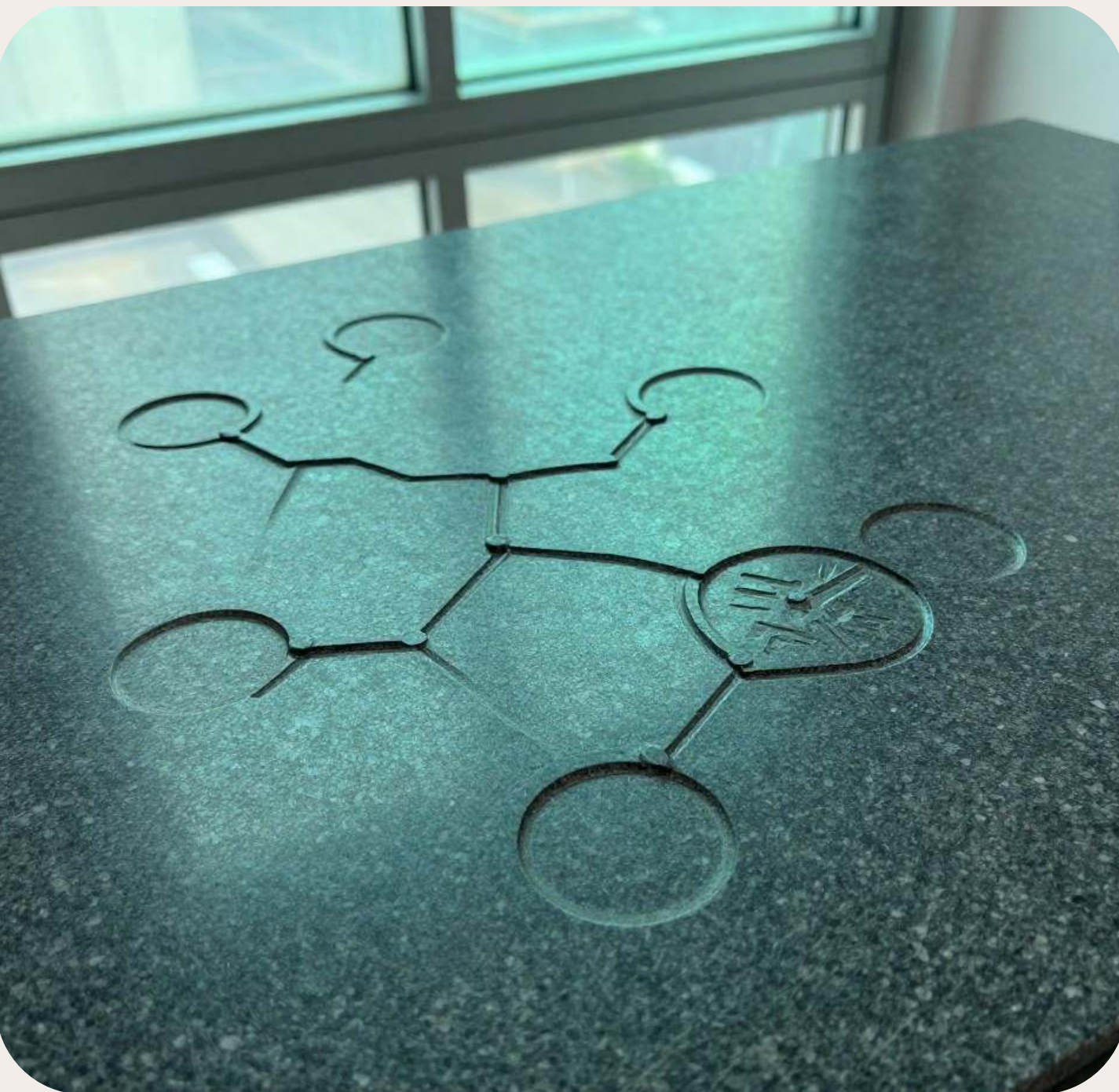


Молекулярные доказательства эволюции и типы питания

Молекулы сохраняют историю жизни, когда
ископаемые уже не помогают.



- Молекулы как следы общей истории



Сравнивая ДНК, РНК, белки и геномы, можно увидеть родство организмов и различия в их путях эволюции. Особенно наглядно это при сопоставлении автотрофов и гетеротрофов.



• Если ископаемых мало, что остаётся для сравнения?

Ограничения ископаемых

Ископаемые остаются важным источником сведений, но они редки и сохраняют лишь небольшую часть живых форм. Поэтому многие линии приходится изучать по молекулярным следам.

Наследуемые молекулы

ДНК и другие молекулы хранят наследственную информацию в каждой клетке. Их последовательности передаются потомкам, а различия накапливаются постепенно и отражают историю расхождения видов.

Следы без окаменелостей

Сходные гены, мутации, дублирования и утраты помогают сравнивать организмы даже без костей и отпечатков. Такие признаки доступны у микробов, растений, животных и грибов.

Точнее, чем внешний вид

Молекулярные данные особенно полезны там, где внешнее сходство обманчиво. Они позволяют отличать истинное родство от сходного образа жизни, сформированного независимо.

- # Что именно сравнивают в молекулярной эволюции

1

Последовательности нуклеотидов

ДНК и РНК сравнивают как последовательности нуклеотидов. Совпадения и различия в них показывают, насколько близки организмы и как давно разошлись их линии.

2

Изменения в белках

Белки анализируют по последовательности аминокислот. Даже одна замена в важном участке может менять функцию, поэтому такие различия особенно ценны для сравнения.

3

Стабильные участки

Наибольшую информацию дают консервативные участки, которые меняются медленно. Если они совпадают у разных групп, это сильный аргумент в пользу общего происхождения.

4

Суммарный смысл различий

Чем больше различий в менее важных позициях, тем можно точнее восстановить порядок ветвления линий. Но вывод всегда строят по совокупности признаков, а не по одному совпадению.

● Геном как карта наследования

Порядок генов

Геном показывает не только список генов, но и их расположение в хромосомах. Этот порядок часто сохраняется у родственных видов и передаётся по наследству.

Синтения

Сходные блоки генов у разных организмов называют синтением. Такие совпадения трудно объяснить случайностью, зато они хорошо согласуются с общим предком и последующим расхождением линий.

Перестройки генома

В геномах также заметны дупликации, вставки и потери фрагментов. Эти события меняют набор функций, но одновременно сохраняют следы древней организации генома.

Карта наследования

Сравнение целых геномов помогает увидеть, какие части были унаследованы, а какие возникли позже. Поэтому геномная карта становится важным доказательством эволюционной преемственности.



• Выравнивание последовательностей и смысл совпадений

1

Сопоставление позиций

Сначала выравнивают фрагменты ДНК или белка, чтобы одинаковые позиции оказались напротив друг друга. Без этого трудно отличить реальное сходство от случайного совпадения.

2

Поиск различий

Затем отмечают замены, вставки и пропуски. Именно повторяющиеся изменения в тех же участках помогают понять, какие виды ближе друг к другу.

3

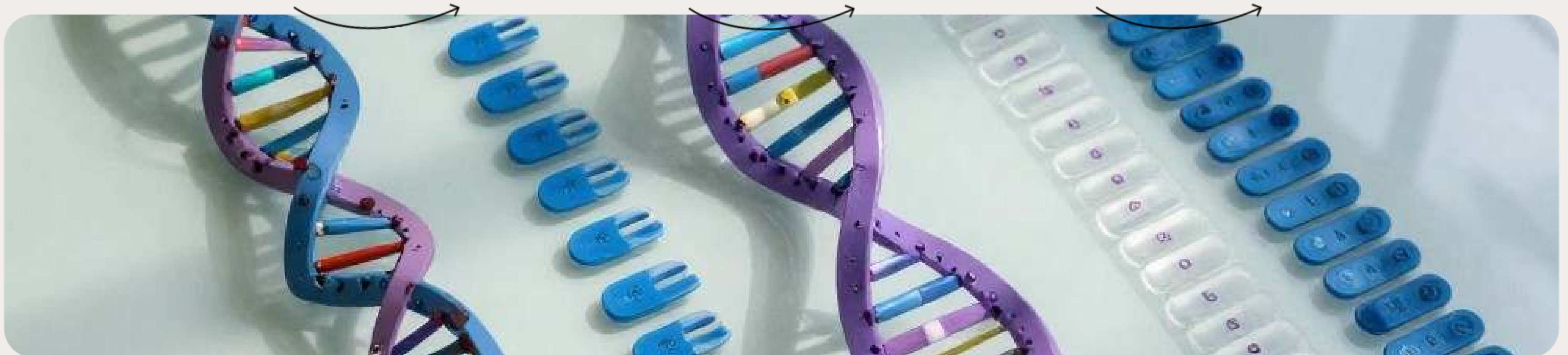
Общие изменения

Если несколько одинаковых замен встречаются у одной группы организмов, это указывает на общий участок происхождения. Такой признак намного надёжнее, чем одно совпадение.

4

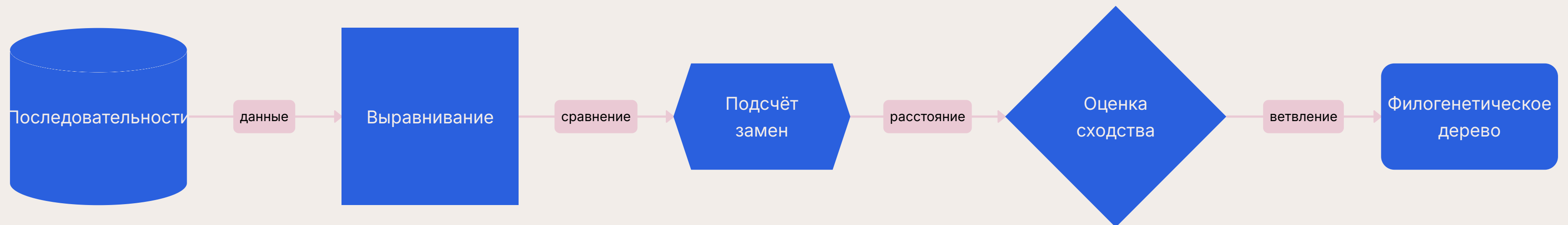
Надёжный вывод

Чем больше согласованных различий, тем увереннее можно восстановить родство и направление ветвления. Поэтому выравнивание — основа молекулярного анализа эволюции.



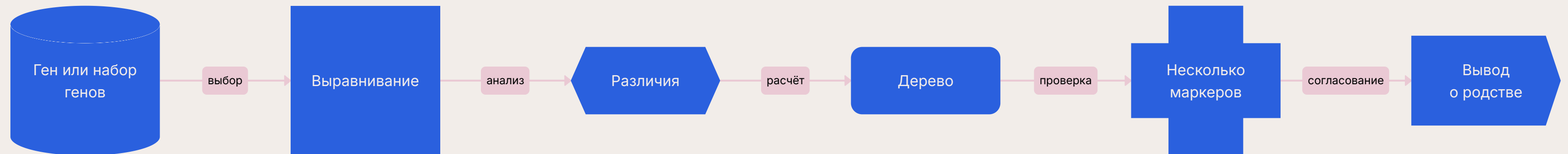
• Построение дерева по молекулярным данным

Последовательности ДНК, РНК и белков сравнивают по общим заменам и различиям.



• От гена к эволюционному выводу

Надёжный результат получают только при сравнении нескольких независимых молекулярных маркеров.



• Консервативные гены, псевдогены и синтения

1

Медленно меняющиеся гены

Консервативные гены, такие как гены рРНК и рибосомных белков, меняются медленно. Поэтому они особенно удобны для сравнения далёких групп организмов и восстановления глубоких ветвей эволюции.

2

Белки-ориентиры

Цитохромы тоже часто используют как молекулярные маркеры, потому что их последовательности сохраняют важные участки. Они помогают сопоставлять организмы с разными способами обмена веществ.

3

Следы утраченных функций

Псевдогены — это следы бывших генов, утративших функцию. Одинаковые нарушения в их последовательности трудно считать случайными, а значит, они подтверждают общее происхождение.

4

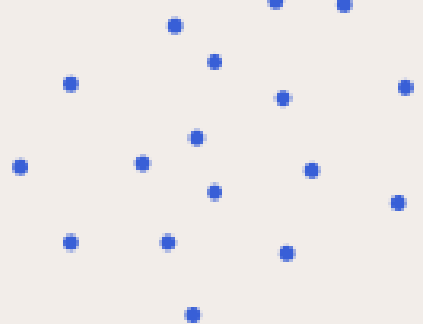
Общие ошибки

Если одинаковые изменения встречаются в неработающих генах у разных видов, это особенно убедительно. Такие совпадения редко объясняются независимым возникновением и часто говорят о наследовании.

5

Архитектура хромосом

Синтения показывает, что не только гены, но и их расположение может сохраняться веками. Это помогает увидеть древнюю архитектуру хромосом и её изменения во времени.



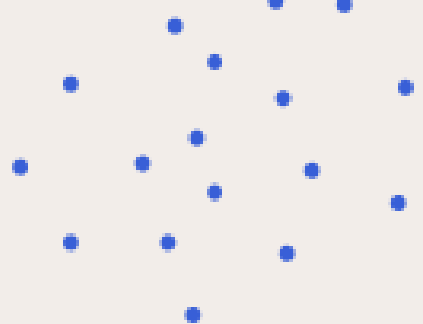
1965

года были предложены
молекулярные часы как способ
оценивать расхождение линий
по накоплению замен.

Zuckerlandl, E., Pauling, L. (1965). Evolutionary
divergence and convergence in proteins.



Это классический ориентир, с которого
началось применение молекулярных
часов в эволюции.



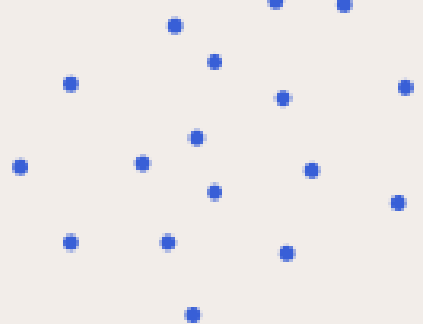
3

главные причины не полагаться
на один молекулярный признак

Учебная классификация факторов, влияющих
на интерпретацию молекулярных данных



Три источника искажений — перенос
генов, конвергенция и неполные базы —
требуют проверки по нескольким
независимым маркерам.



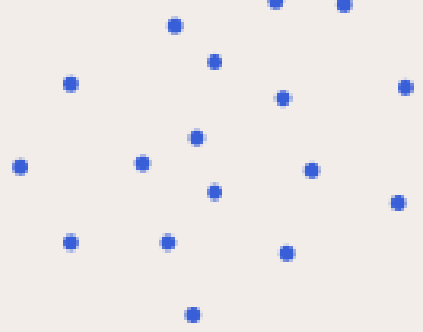
2

главных пути самостоятельного
синтеза органических веществ

Учебная биология: определения автотрофии
и гетеротрофии



Два основных типа автотрофии —
фототрофия и хемотротрофия — показывают,
как организм сам создаёт органику
из CO_2 .



2

эволюционных пути, через которые
формировались метаболические
системы

Учебная биология: происхождение
метаболических путей

Два направления энергетического
обмена — фотосинтез и хемосинтез —
помогли разным линиям освоить
фиксацию углерода в меняющейся среде.



- Гены автотрофии: фиксация углерода и получение энергии



Фиксация углерода

Гены фиксации CO_2 обеспечивают превращение неорганического углерода в органические молекулы. Именно они позволяют клетке строить собственную биомассу из исходно бедной углеродом среды.

Использование света

Фотосистемы у фототрофов улавливают свет и запускают перенос электронов. Эта энергия затем используется для синтеза веществ, необходимых для роста и деления клетки.

Цикл Кальвина

Ферменты цикла Кальвина связывают CO_2 и включают его в биохимические пути. Их наличие указывает на способность организма создавать органику из неорганического сырья.

Хемосинтез

У хемосинтезирующих бактерий энергетические модули опираются не на свет, а на окисление неорганических соединений. Такой вариант автотрофии особенно важен в тёмных экосистемах.

● Гены гетеротрофии: использование готовой органики

Гликолиз

Гликолиз позволяет расщеплять глюкозу и получать первичную энергию для клетки. У гетеротрофов этот путь особенно важен, потому что источник углерода поступает уже в готовом виде.

Цикл Кребса

Цикл Кребса завершает окисление органических молекул и поставляет восстановленные переносчики электронов. Он помогает извлекать максимум энергии из пищи, поступающей извне.

Дыхательная цепь

Дыхательная цепь использует энергию электронов для синтеза АТФ. Набор её белков показывает, как организм превращает химическую энергию питательных веществ в полезную работу.

Ферментация

Ферментация становится запасным путём, когда кислорода мало или он отсутствует. Она поддерживает жизнь клетки, хотя даёт меньше энергии, чем аэробное дыхание.



• Таблица: от молекулы к эволюционному выводу

Сопоставление молекулярных признаков показывает, какие наблюдения особенно надёжны для вывода о родстве и расхождении линий.

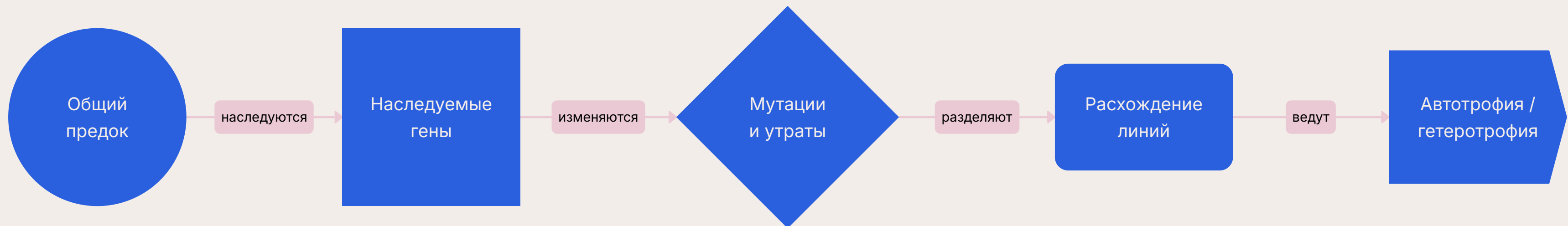
Общие последовательности, одинаковые изменения и сохранённая организация генома согласуются с общим происхождением организмов и последующим расхождением их линий.

Доказательство	Что измеряют	Смысл
ДНК и РНК	последовательность	общее происхождение
Белки	замены аминокислот	расхождение линий
Геном	синтения и потери	наследовании организации
Псевдогены	общие ошибки	следы предка

Сводные принципы молекулярной эволюции

• От молекул к функциям и происхождению

Схема отражает переход от наследования генов к изменению функций питания через накопление мутаций и отбор.



• Кейс: похожие метаболические модули у разных организмов



Не один смысл сходства

Одинаковые метаболические модули у далёких групп не всегда означают близкое родство. Подобное сходство может возникать из-за наследования от древнего предка, а не только из-за недавнего обмена генами.

Перенос между линиями

Горизонтальный перенос особенно заметен у микроорганизмов, где гены легко переходят между линиями. В результате полезный путь может появиться у неродственных организмов независимо от их общего происхождения.

Сходство без родства

Конвергенция тоже создаёт похожие решения при одинаковых условиях среды. Поэтому один и тот же путь питания может возникнуть разными эволюционными маршрутами.

Нужен комплекс признаков

Чтобы избежать ошибки, сравнивают несколько генов, а не только один метаболический путь. Чем шире набор маркеров, тем надёжнее вывод о родстве и истории вида.

● Сводка: молекулы, эволюция и питание

Молекулы как архив

ДНК и белки сохраняют следы наследования, поэтому именно они первыми показывают, какие линии связаны общим происхождением и где началось их расхождение.

Геном как карта

Геном дополняет картину: важны не только сами гены, но и их порядок, дубликаты, вставки и потери. Эти детали помогают восстановить историю изменений.

Дерево родства

Филогенетическое дерево переводит молекулярные различия в понятную схему родства. Оно показывает последовательность ветвления линий, а не направление «прогресса».

Питание в эволюции

Метаболические пути связывают эволюцию с питанием: автотрофия и гетеротрофия возникают как разные способы использовать энергию и строить биомассу.



● Что показывают молекулы: родство, изменения и история питания

Молекулы доказывают эволюцию через общие последовательности, сходство генов и перестройку геномов. Для понимания питания важно учитывать и автотрофные, и гетеротрофные пути, а вывод делать по совокупности данных.

