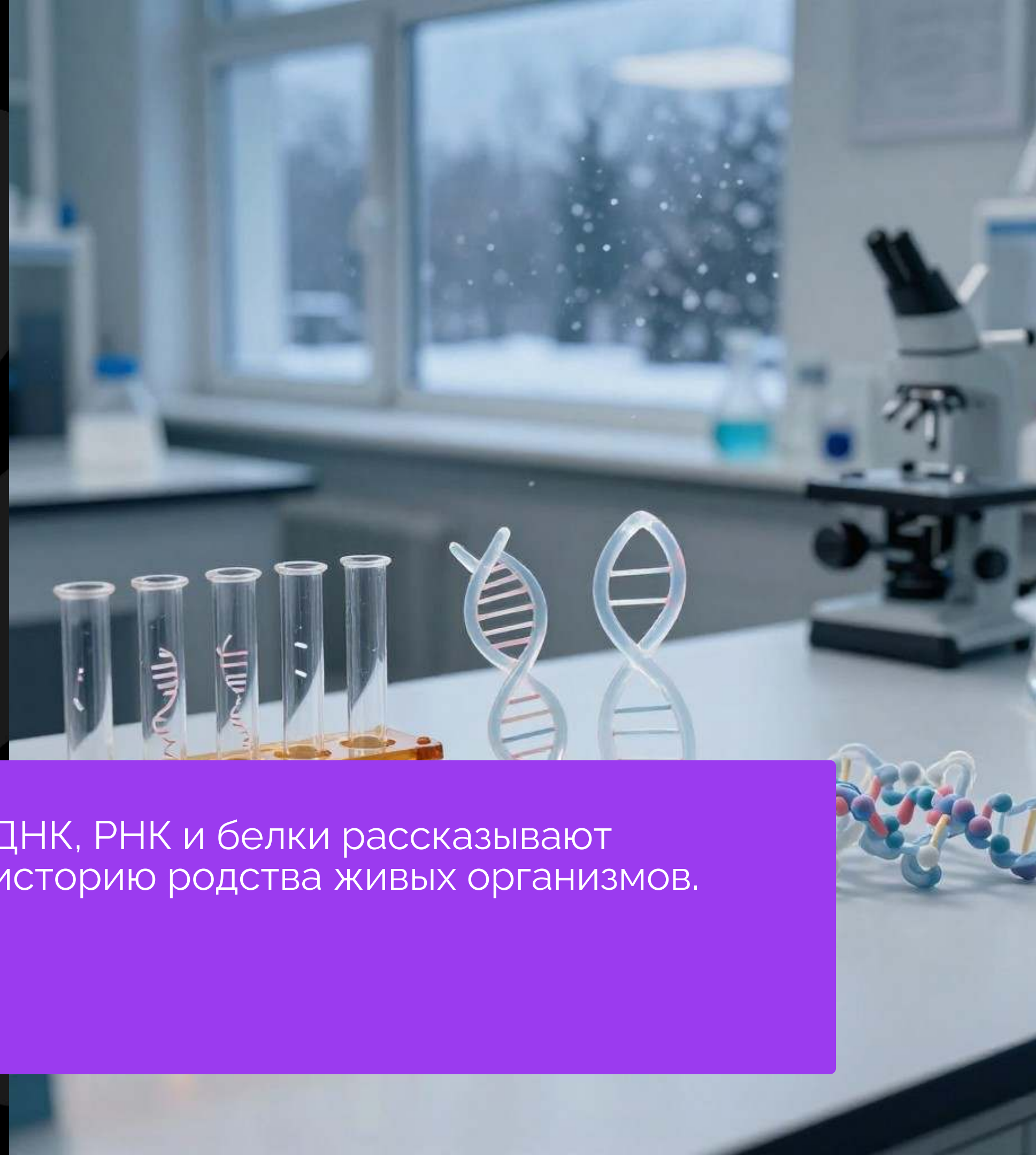


Молекулярно-генетические свидетельства эволюции

ДНК, РНК и белки рассказывают историю родства живых организмов.



Как молекулы изменили биологию



Когда учёные научились сравнивать ДНК напрямую, эволюционные связи стали измеримыми. Теперь родство можно проверять по последовательностям генов, а не только по внешнему строению организмов.



Почему ДНК особенно убедительно показывает родство

Общий носитель наследственности

ДНК передаётся от предков потомкам, а различия возникают постепенно из-за мутаций. Поэтому сходство последовательностей отражает реальную историю происхождения, а не случайное внешнее сходство организмов.

Чем ближе, тем больше совпадений

У родственных видов в геноме сохраняется больше одинаковых участков. Если сравнивать длинные последовательности, вероятность случайного совпадения становится очень малой, поэтому вывод о родстве оказывается надёжным.

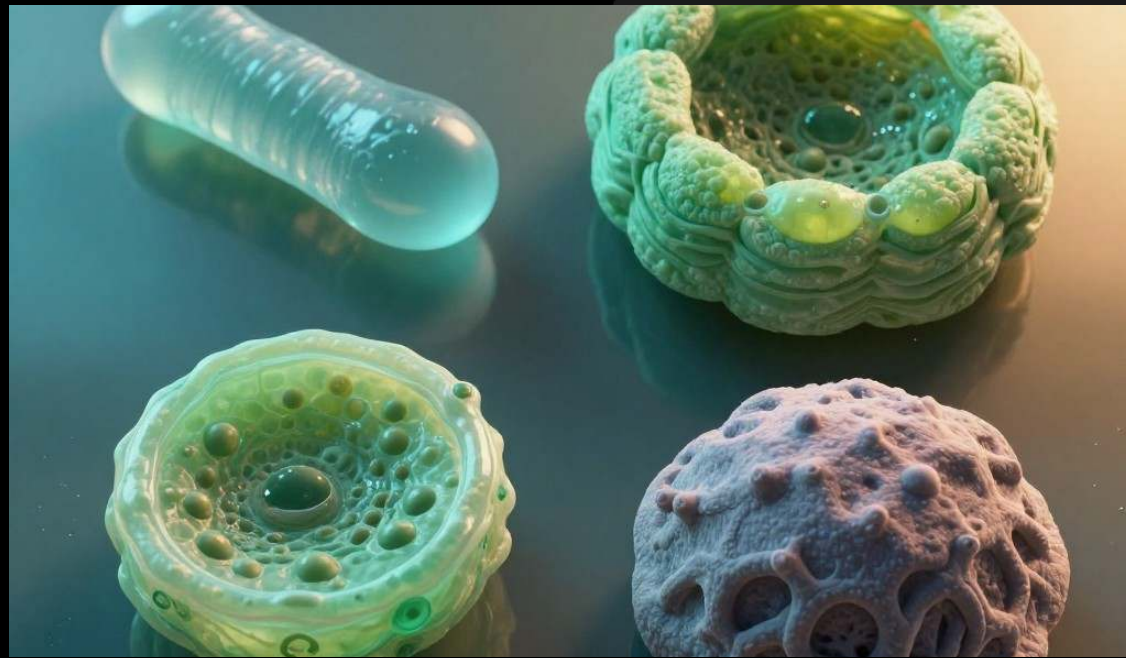
Подход на разных уровнях

Для анализа используют как отдельные гены, так и целые геномы. Это позволяет сравнивать и близких родственников, и очень далёкие группы, где внешние признаки уже сильно изменились.

Молекулярная точность

Даже при сходстве строения виды могут иметь разные эволюционные пути, а ДНК помогает увидеть это различие. Молекулярные данные часто уточняют или исправляют выводы, сделанные по анатомии.

Универсальный генетический код



01

Один язык для разных организмов

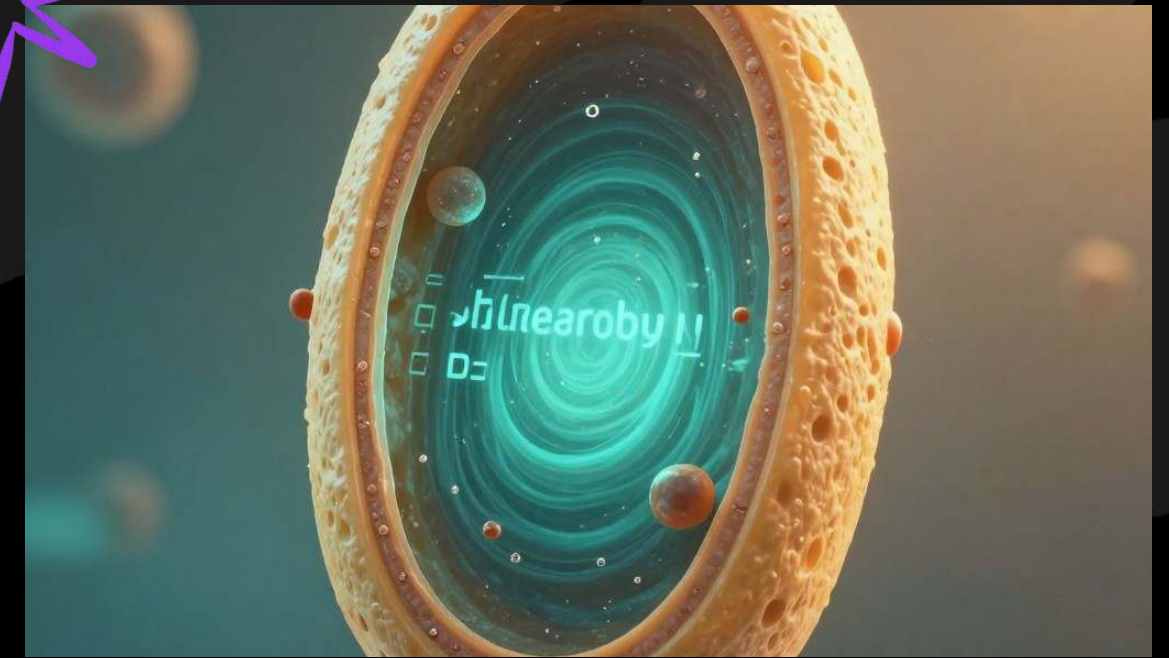
Триплеты нуклеотидов, или кодоны, почти везде читаются одинаково и означают одни и те же аминокислоты. Благодаря этому бактерии, растения, грибы и животные используют общий принцип записи наследственной информации.



02

От ДНК к белку

Ген сначала переписывается в мРНК, а затем по ней собирается белок. На схеме удобно показать, как один и тот же смысл сохраняется при переходе от ДНК к РНК и далее к аминокислотной цепи.



03

Небольшие исключения подтверждают правило

В митохондриях и у некоторых одноклеточных организмов есть частные отличия от общего кода. Но сама схема остаётся настолько устойчивой, что её универсальность рассматривают как одно из сильнейших свидетельств общего происхождения жизни.

Сходство геномов у приматов



Данные показывают не только близость, но и последовательное уменьшение сходства по мере удаления ветвей в эволюционном древе приматов.

Чем дальше общий предок, тем меньше совпадений в геноме; это согласуется с эволюционным родством.

Сводные оценки по данным сравнительной геномики приматов, учебные и обзорные источники.

Основные молекулярные маркеры эволюции



Маркер	Что сравнивают	Вывод
ДНК	последовательности	родство
Белки	аминокислоты	консервативность
Псевдогены	поломки генов	общее наследование
Ретровирусы	место вставки	общий предок

Разные типы молекулярных данных помогают по-разному восстановить историю жизни, но все они указывают на общее происхождение.

Независимые молекулярные признаки сходятся в одном выводе: живые организмы связаны общим происхождением.

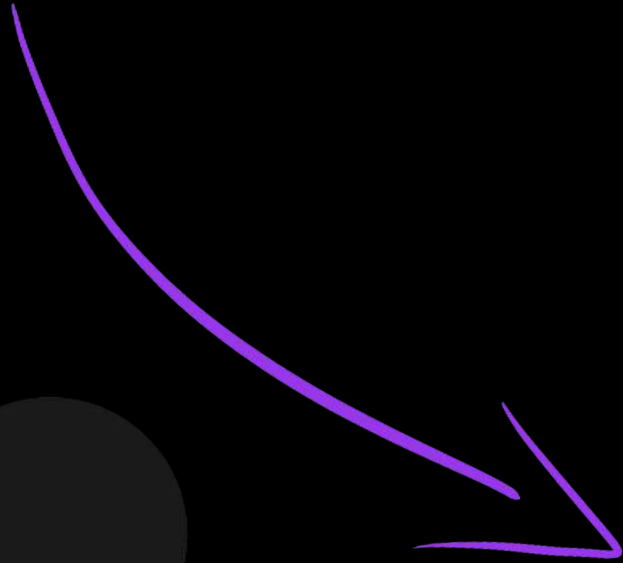
Обобщение данных молекулярной биологии и эволюционной генетики

Как получают молекулярные доказательства эволюции

Последовательность анализа ДНК и сравнения мутаций позволяет восстановить родство и время расхождения линий.



Единый псевдоген показывает, что поломка возникла у общего предка и была унаследована потомками.



1

общий нарушенный ген синтеза витамина С сохранился у человекообразных обезьян.

Сравнительная геномика человекообразных обезьян, обзорные данные

Эндогенные ретровирусы в геномах

Вирус как часть наследственности

Древний ретровирус мог встроиться в ДНК клетки зародышевой линии, и тогда его фрагмент передавался потомкам вместе с геномом. Так случайная вирусная вставка становилась наследуемой меткой.

Общее место вставки

Если одинаковый вирусный фрагмент обнаружен у разных видов в одном и том же участке хромосомы, это трудно объяснить случайностью. Такое совпадение указывает на общую вставку у общего предка.

Надёжный эволюционный след

Эндогенные ретровирусы особенно ценны для эволюционной биологии, потому что независимое появление одной и той же вставки в одинаковом месте крайне маловероятно. Они служат сильным подтверждением родства видов.



Молекулярные часы и время расхождения видов



Точность оценок зависит от выбранного участка ДНК и калибровки по ископаемым данным, поэтому используют несколько независимых маркеров.

Больше различий обычно означает более давнее расхождение линий; молекулярные часы помогают оценить возраст ветвей эволюции.

Обзорные оценки по молекулярным часам и сравнительной генетике позвоночных

Белки и консервативные участки

01 Функция ограничивает изменения

Если белок участвует в жизненно важном процессе, многие замены аминокислот нарушают его работу. Поэтому такие молекулы меняются медленно и сохраняют древние участки, важные для катализа, транспорта или связывания.

02 Сравнение показывает родство

У близких видов последовательности ключевых белков отличаются мало, а у дальних — сильнее. По степени совпадения можно судить о родстве организмов и восстановить порядок их расхождения в эволюции.

03 Консервативные белки особенно показательны

Цитохром с, гемоглобин и рибосомные белки содержат участки, которые почти не меняются у разных групп. Такие консервативные фрагменты служат надёжными молекулярными маркерами общего происхождения.



Примеры молекулярного сходства у разных организмов

Пара организмов	Сходство	Значение
Человек — шимпанзе	≈98,8%	Очень близкое родство
Человек — мышь	ниже	Общие базовые гены
Человек — дрожжи	ещё ниже	Общие клеточные процессы

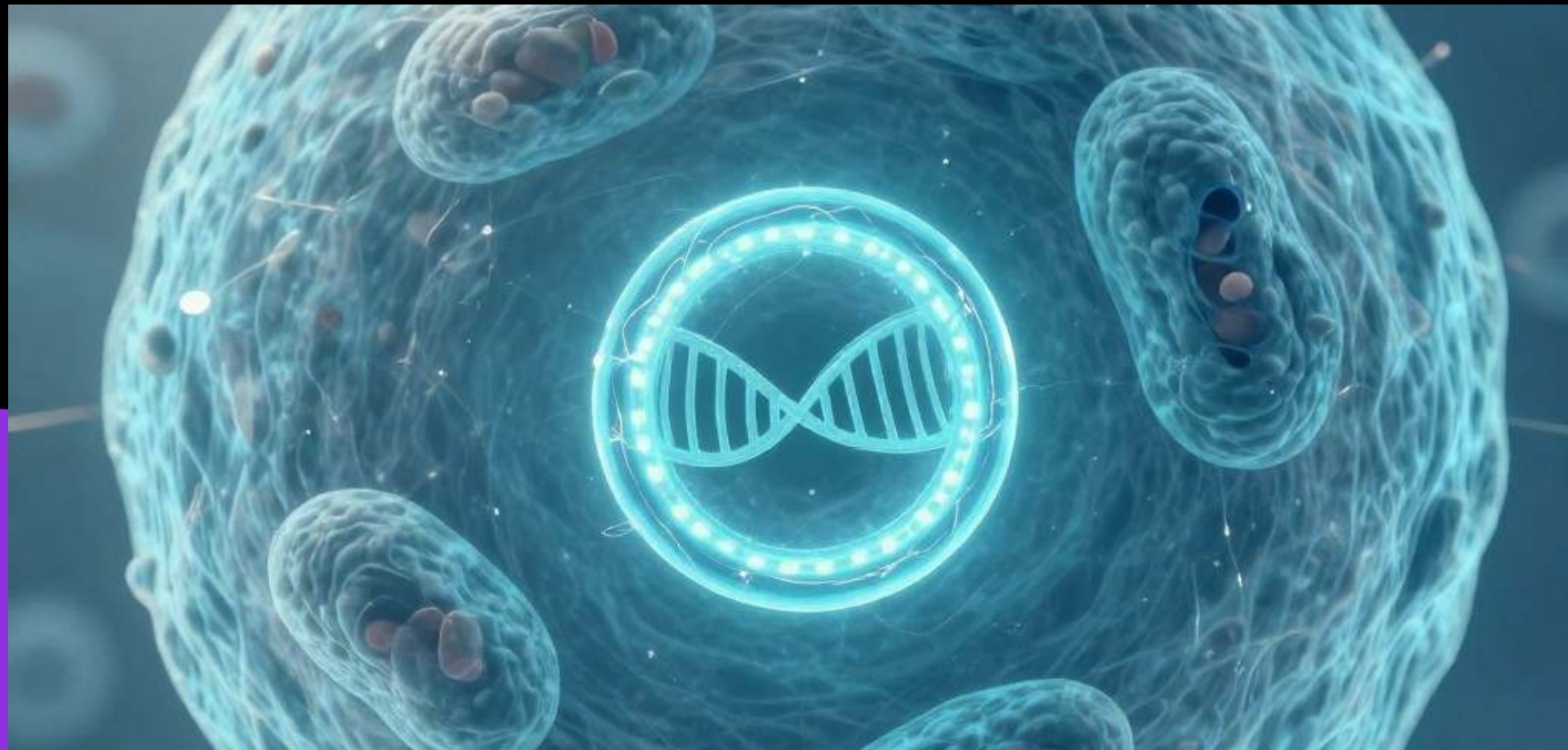
Сравнение последовательностей показывает, что даже при большом эволюционном расстоянии у организмов сохраняются общие гены и биохимические механизмы. Сводные данные сравнительной геномики и учебные примеры по молекулярной биологии

Чем дальше виды по происхождению, тем меньше сходство, но фундаментальные гены сохраняются у всех эукариот.

Митохондриальная ДНК и родословные линии

Материнская линия в клетке

В каждой клетке митохондрии несут собственную кольцевую ДНК, которая обычно передаётся потомству через яйцеклетку. Поэтому по ней удобно прослеживать родословные линии, не смешивая сигналы от обоих родителей.



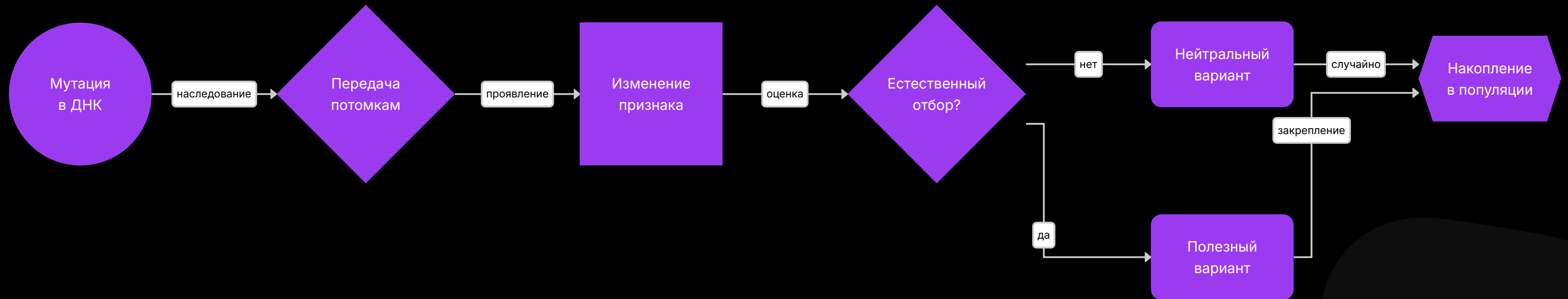
Молекулярный след миграций

Небольшие различия в митохондриальной ДНК накапливаются постепенно и помогают сравнивать популяции между собой. По этим различиям можно реконструировать древние перемещения людей и близкое родство в семьях и группах.

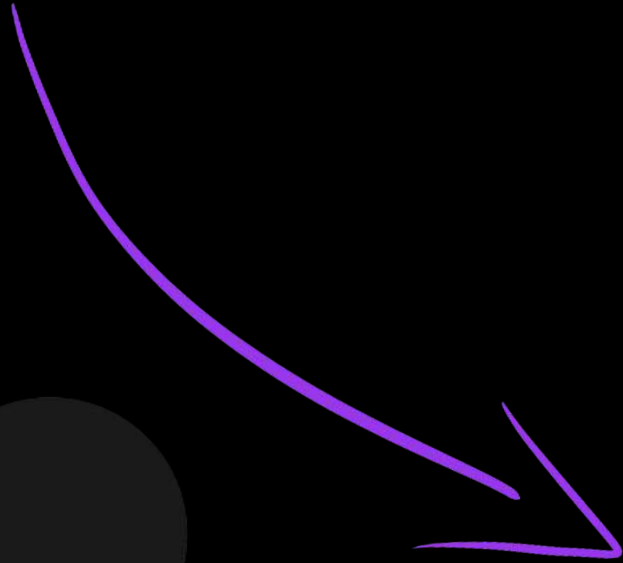


От мутации к эволюционному признаку

Схема показывает, как наследуемые изменения накапливаются в популяции и становятся материалом для эволюции.



Этот масштаб показывает, насколько много информации сравнивают генетики при поиске общих предков, родственных линий и изменений, накопленных в ходе эволюции.



3,2 млрд

пар оснований содержит геном человека, отражая его древнее родство с другими организмами.

Справочные данные по геному человека из баз геномики и учебников молекулярной биологии

Какие молекулярные данные чаще всего используют в эволюционных исследованиях

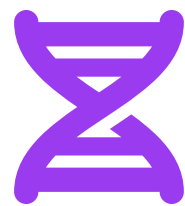


Разные типы данных дополняют друг друга: одни удобны для близких видов, другие — для древних ветвей и популяционных исследований.

Чаще всего опираются на ДНК и геномные сравнения, а псевдогены и ретровирусы особенно убедительны как метки общего происхождения.

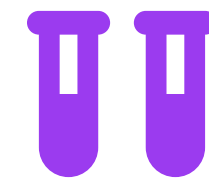
Схематическое обобщение по материалам молекулярной филогенетики и учебной биологии

Ограничения молекулярных данных и способы проверки



Скорость мутаций

Разные линии эволюции могут накапливать изменения с неодинаковой скоростью, поэтому одно и то же число различий не всегда означает одинаковый возраст расхождения.



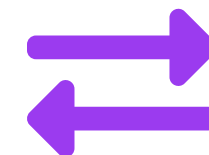
Проверка несколькими генами

Надёжные выводы строят по нескольким участкам ДНК или по целым геномам. Тогда случайные ошибки отдельного гена не искажают общую картину родства.



Сопоставление с анатомией

Молекулярные результаты сравнивают с ископаемыми остатками, строением организмов и их распространением. Совпадение независимых данных делает реконструкцию эволюции убедительнее.



Перенос генов у микроорганизмов

У бактерий и архей важен горизонтальный перенос генов, который может усложнять построение дерева жизни. Поэтому для них особенно важен широкий набор признаков.

Практическое значение молекулярной эволюции

01

Медицина и наследственность

Сравнение геномов помогает находить мутации, связанные с наследственными болезнями, и точнее понимать, какие изменения нарушают работу клеток и тканей человека.

02

Контроль инфекций

Анализ изменений в геномах вирусов и бактерий позволяет отслеживать появление новых вариантов, пути их распространения и возникновение устойчивости к лекарствам.

03

Модельные организмы

Мышь и дрожжи широко используются в исследованиях, потому что у них и у человека есть общие гены базовых процессов, а значит, результаты можно переносить на медицину.

Основные молекулярные доказательства общего происхождения

Единый генетический код

Почти все живые организмы используют один и тот же способ перевода кодонов в аминокислоты, что указывает на очень древнее происхождение наследственной системы.

Сходство последовательностей

Чем ближе виды по родству, тем больше совпадений в ДНК и белках. Такая закономерность ожидаема при общем происхождении и трудно объяснима иначе.

Псевдогены и ретровирусы

Одинаковые поломки генов и вставки древних вирусов в одних и тех же местах хромосом служат сильными метками наследования от общего предка.

Молекулярные часы

Накопление замен во времени позволяет оценивать возраст расхождения линий. Эти оценки согласуются с палеонтологическими и анатомическими данными.

Согласованность методов

Разные подходы — от сравнения отдельных генов до анализа целых геномов — приводят к близким выводам, усиливая доверие к картине древа жизни.

Эволюция, которую можно проверить

Молекулярно-генетические данные делают историю жизни измеримой: по ДНК и белкам можно восстановить родство, проследить мутации и увидеть, как постепенно формировались современные виды.