

Genetyka molekularna wobec paleontologii

Odkąd na przełomie tysiącleci nauczyliśmy się badać strukturę chemiczną materiału genetycznego – sprawnie i automatycznie – trwa wielkie sekwencjonowanie DNA. Dla wybranych organizmów wyższych, ssaków i roślin, daty tych osiągnięć są następujące: 2000 człowiek, ryż, rzodkiewnik; 2002 mysz; 2004 szczur; 2005 szympan, pies; 2007 kot, makak; 2009 koń; 2010 Neandertalczyk, panda wielka, królik; 2011 orangutan, ziemniak; 2012 goryl, szympan bonobo, delfin, świnia, pszenica; 2013 nietoperz, lew afrykański, tygrys syberyjski; 2014 wieloryb; 2015 słoń azjatycki; 2016 marchew.

Czy można znaleźć wspólną przyczynę kolejności wybierania gatunku do sekwencjonowania? Czy wnosi to ważne wnioski ewolucyjne?

Mysz jest ważna, bo to najważniejszy model badań medycznych. I dla medycyny, i dla rolnictwa ważna jest świnia. Sekwencjonowane genomy roślinne, poza rzodkiewnikiem (model badawczy) – to wszystko ważne gatunki spożywcze. Do programu marchewkowego zaproszono badaczy z Krakowa, ponieważ mogli dostarczyć danych dla wielu odmian dzikich. Szympana oczekiwano z niecierpliwością, po oznaczeniu genomu człowieka. Pandzie, słoniom grozi wyginięcie. A delfin – mądry. Nie jestem pewna, czy genomów psa i kota nie zawdzięczamy bogaczom, marzącym o klonowaniu swoich ulubieńców, a ostatnio oznaczenia genomów psów z różnych części świata pozwoliły na hipotezę dwukrotnej, niezależnej ewolucji – selekcji wilka przez hodowców w Europie i Azji. Wspólnej przyczyny nie widzę.

Ale najwięcej (tysiące) zsekwencjonowano dotychczas gatunków bakterii, co wiąże się znowu z konkretnymi potrzebami medycznymi i poszukiwaniem nowych źródeł energii. Dla ewolucjonistów ważne okazało się odkrycie, przy okazji sekwencjonowania, że bakterie przekazują geny horyzontalnie, nawet między gatunkami, co bardzo utrudnia tworzenie koncepcji drzewa ewolucyjnego wczesnego życia na Ziemi. Aby dowiedzieć się czegoś o ewolucji organizmów wyższych, „miękkich”, niezachowanych w postaci skamieniałości, sekwencjonuje się geny współczesnych organizmów, wybierając takie, które były konieczne nawet dla życia najstarszych organizmów, np. kodujące rybosomalne RNA. Dane o tych genach pozwalają także potwierdzać wnioski paleontologów o ewolucji wyższych zwierząt.

To właśnie dzięki wykopaliskom, na Grenlandii i w Chinach, przez ostatnie 15 lat dowiedzieliśmy się nowych faktów o ewolucji ssaków. Co najważniejsze: że przebyły długą drogę różnicowania gatunkowego na długo przed erą dinozaurów, czego z samych badań genów chyba byśmy się nie dowiedzieli. Po upadku planetoidy życie musiało startować prawie od nowa. Do niedawna sądzono, że ssaki wyewoluowały „u stóp dinozaurów”, a ponieważ były małe, to wytrzymały kosmiczną katastrofę 65 mln lat temu. Ale paleontolodzy wykazali, że pierwsi przedstawiciele ssakopodobnych pojawili się wcześniej, już 200 mln lat temu, i mieli najważniejsze cechy późniejszych ssaków: ciało pokryte futrem, sprawniejsze w rozgryzaniu pokarmu szczęki, guzki na trzonowych zębach. U tych zwierząt ewolucja „postanowiła” wymieniać dwa pokolenia zębów (potem my do protetyka, pieskowi papki do miski) co lepiej się sprawdza przy mlecznym karmieniu niemowląt we wrogim i niebezpiecznym otoczeniu. Zmiany w budowie zębów i uszu zdecydowały o sukcesie ewolucyjnym tej gałęzi gatunków, a silny rozwój kości otaczających narząd słuchu tłumaczy się jako korzystną izolację od hałaśliwego miażdżenia pokarmu. Dinozaury były ogromne, ale to przodkowie ssaków wykazali największą elastyczność w dostosowywaniu się do różnych nisz ekologicznych i różnych warunków środowiska! One ewoluowały, a dinozaury rosły...

Uderzenie planetoidy skutkowało pożarami, gigantycznymi falami oceanów i niespotykanymi dotąd wybuchami wulkanów. Zginęły ogromne dinozaury, a ze ssaków nie przeżyły żadne większe ani wyspecjalizowane pokarmowo. Przeżyli nieliczni przodkowie torbaczy i wczesne łożyskowe. A potem (6 mln lat temu) pewne zwierzę poszło w jedną stronę aż do dzisiejszych szympanów, a jego rówieśnik w drugą – i to jesteśmy my.

Magdalena FIKUS

