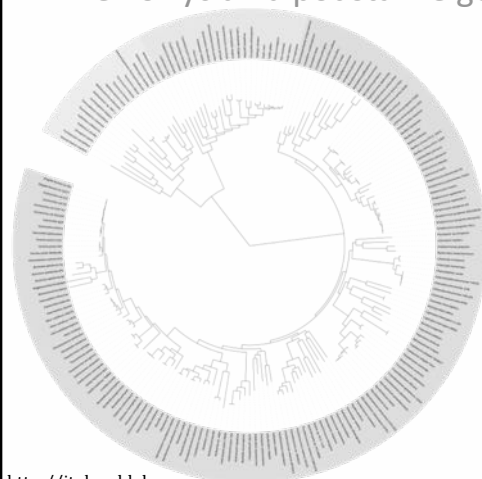


Drzewo życia na podstawie genomów

5

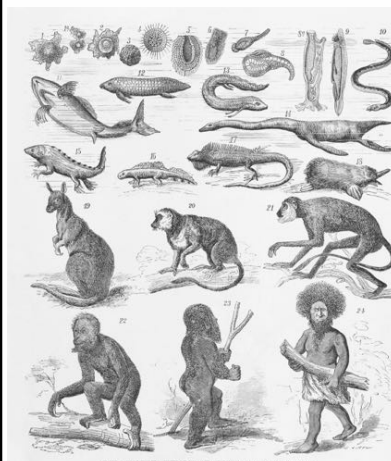


<http://itol.embl.de>

- Drzewo życia oszacowane na podstawie genomów organizmów dostępnych 10.12.2018 r.
- Nie ma wyróżnionych taksonów – wszystkie współcześnie żyjące gatunki mają identyczny status

Drabina bytów a teoria ewolucji

6



- Uproszczone postrzeganie ewolucji jako ciągu zależności między współczesnymi grupami organizmów (ssaki pochodzą od gadów, które pochodzą od płazów...)
- Retrospektywna analiza wybranych linii ewolucyjnych, pokazujących określone tendencje (czy pochodzenie *E. coli* będzie równie ładne co pochodzenie człowieka?)

Ewolucja nie jest:

7

- **celowa** – nie dąży do określonego celu, choć rozważana retrospektywnie czasem może takie wrażenie sprawiać (np. występowanie preadaptacji)
- **kierunkowa** – choć długo działający dobór kierunkowy może przez pewien czas nadawać jej określony kierunek
- **postępowa** – choć analizując retrospektywnie wybrane linie filogenetyczne albo jedynie budowę określonych układów (narządów, struktur) taki postęp, w tym wzrost złożoności, możemy obserwować

Ważne pytania o ewolucję złożoności

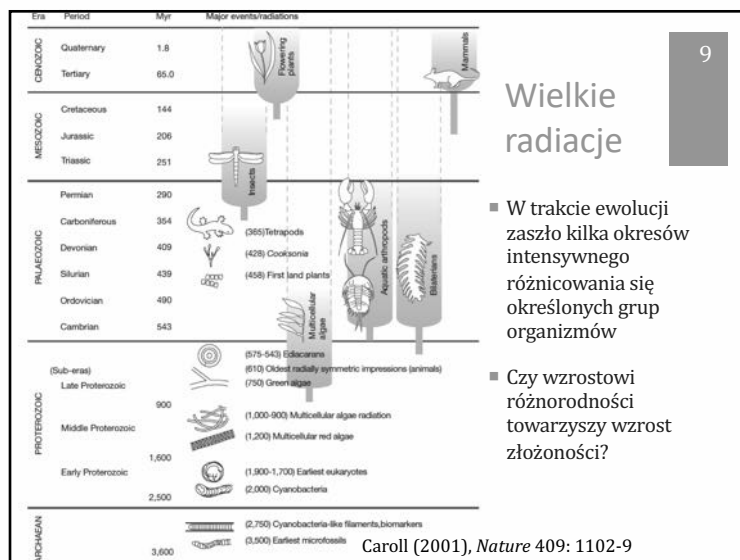
8

Aspekt naukowy

- Czy wzrost złożoności biologicznej w toku ewolucji jest koniecznością?
- Czy ma on charakter pasywny, czy może istnieją wspierające go mechanizmy?
- Jaki jest mechanizm powstawania nowości ewolucyjnych?

Aspekt społeczny

- Przekonanie o celowości, kierunkowości i postępie ewolucji są powszechne w społeczeństwie („ewolucja prowadziła do człowieka”), w tym w edukacji szkolnej
- Argument o „nieredukowalnej złożoności” jest używany przez kreacjonistów do podważania teorii ewolucji



Wielkie radiacje

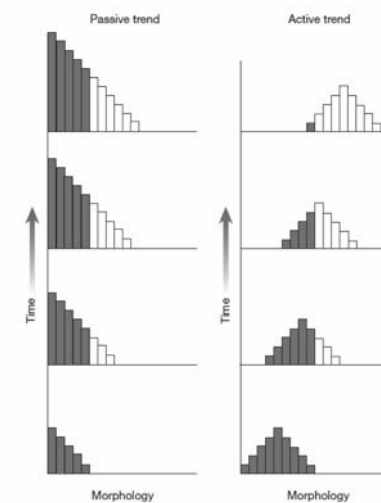
- W trakcie ewolucji zaszło kilka okresów intensywnego różnicowania się określonych grup organizmów

- Czy wzrostowi różnorodności towarzyszy wzrost złożoności?

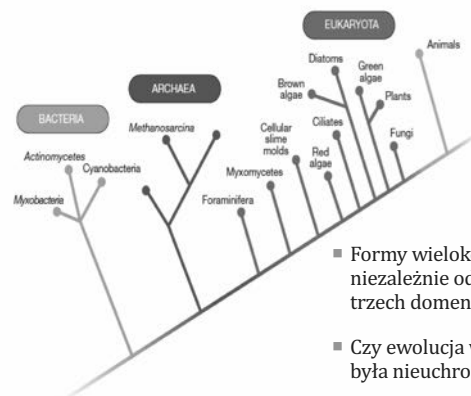
9

Pasywny i aktywny wzrost złożoności

- Pasywny wzrost złożoności wiąże się ze wzrostem wariacji rozkładu
- Aktywny wzrost złożoności wynika z nacisku doboru naturalnego
- Można je rozróżnić po tendencjach w zmianie rozkładu.

Caroll (2001), *Nature* 409: 1102-9

Ewolucja form wielokomórkowych



- Formy wielokomórkowe powstały niezależnie od siebie we wszystkich trzech domenach życia
- Czy ewolucja wielokomórkowości była nieuchronna?

Caroll (2001), *Nature* 409: 1102-9

11

Rozróżnianie rodzaju tendencji

Trend pasywny

- Średnia wzrasta
- Wartość maksymalna wzrasta
- Wartość minimalna pozostaje bez zmian
- Wartość modalna pozostaje bez zmian

Trend aktywny

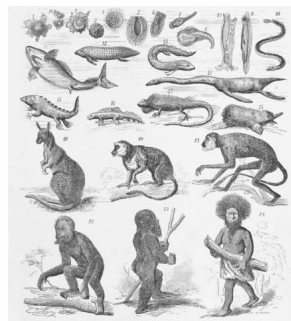
- Średnia wzrasta
- Wartość maksymalna wzrasta
- Wartość minimalna wzrasta
- Wartość modalna wzrasta

12

13

Czy obserwujemy globalny wzrost złożoności?

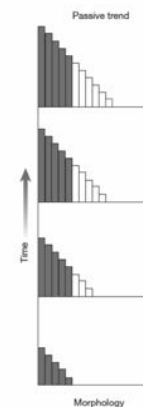
- Można mówić o globalnej tendencji wzrostowej, jeśli wzrastają wartość średnia i maksymalna
- Taką tendencję można zaobserwować w trakcie ewolucji – od organizmów jednokomórkowych przez wielokomórkowe do tkankowych, o ciałach silnie różnicowanych na narządy lub organy, pełniące określone funkcje



14

Globalnie – pasywny wzrost złożoności

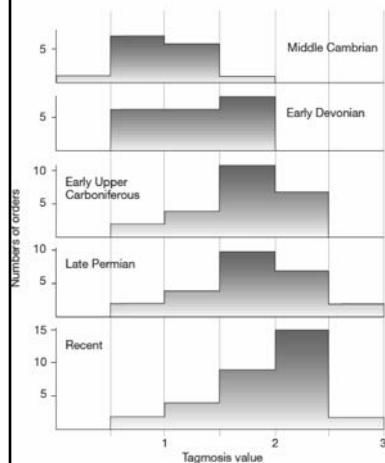
- Pod względem liczby, różnorodności siedlisk oraz różnorodności metabolizmu dominują bakterie
- Organizmy najbardziej złożone pod względem organizacji ciała są niezbyt liczne (np. ssaków jest niespełna 5 tys. gatunków)



<http://learn.genetics.utah.edu/content/begin/cells/organelles/images/bacteria.jpg>

15

Lokalnie – trendy aktywne



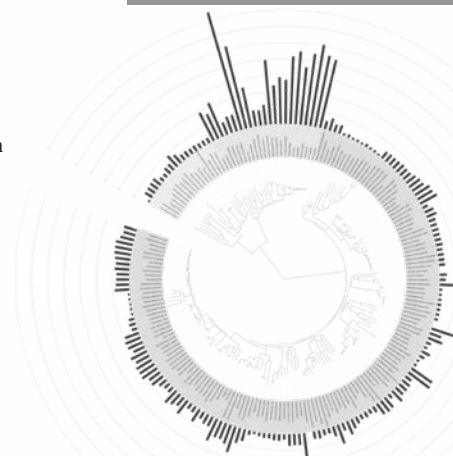
- Zróżnicowanie odnóży u stawonogów ma duże znaczenie adaptacyjne
- Dominanta rozkładu stopnia tagmizacji ciała (i różnorodności odnóży) u wodnych stawonogów wzrastała od środkowego kambru do czasów współczesnych
- UWAGA – to mogą być pseudotendencje

Caroll (2001), *Nature* 409: 1102-9

16

Wielkość genomu

Drzewo filogenetyczne organizmów, dla których znane są genomy, pokazuje, że wielkość genomu ma aspekt filogenetyczny.



<http://itol.embl.de>

Przyczyny aktywnego wzrostu złożoności

17

Table 1 Evolution of cell type and gene number

Number of cell-types*	Species	Number of genes in genome
1	<i>Mycoplasma genitalium</i>	470
	<i>Rickettsia prowazekii</i> (intracellular parasite)	834
	<i>Haemophilus influenzae</i>	1,709
	<i>Escherichia coli</i>	4,288
	<i>Campylobacter jejuni</i>	1,654
	<i>Aquifex aeolicus</i> (thermophile)	1,512
	<i>Neisseria meningitidis</i>	2,121
	<i>Archaeoglobus fulgidus</i> (Archaea)	2,436
	<i>Methanococcus jannaschii</i> (Archaea)	1,738
	<i>Synechocystis</i> sp. (cyanobacterium)	3,168
2	<i>Bacillus subtilis</i>	~4,100
	<i>Caulobacter crescentus</i>	
3	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	6,241
4	<i>Volvox</i>	
	<i>Ulva</i> (sea lettuce) placozoans	
7	Mushrooms	
	Kelp	
~11	Sponge, cnidarians	
~30	<i>Arabidopsis thaliana</i> (plant)	~24,000
~50	<i>Caenorhabditis elegans</i> (nematode)	18,424
	<i>Drosophila melanogaster</i> (fruitfly)	13,601
~120	Zebrafish	>80,000-100,000
~120	Human	~80,000-100,000

■ „Ewolucyjny wyścig zbrojeń” – koewolucja organizmów pozostających w związku antagonistycznym wymusza powstawanie coraz bardziej złożonych adaptacji neutralizujących „broń” drugiej strony

■ Wzrost złożoności organizacji ciała umożliwia specjalizację jego części, a tym samym sprawniejsze funkcjonowanie

Caroll (2001), *Nature* 409: 1102-9

Większa złożoność – więcej genów?

18

Nie zawsze

- Jednokomórkowa zawłotnia (*Chlamydomonas reinhardtii*) i wielokomórkowy toczek (*Volvox carteri*) należące do zielenic mają porównywalną liczbę genów, ale u toczka występują dodatkowe geny regulujące czas, liczbę i rodzaj podziałów komórkowych

Table 1. Comparison of the *Volvox* and *Chlamydomonas* genomes.

Species	Genome size (Mbp)	Number of chromosomes	% G and C	Protein-coding loci	% coding
<i>V. carteri</i>	138	14*	56	14,520	18.0
<i>C. reinhardtii</i>	118	17	64	14,516	16.3

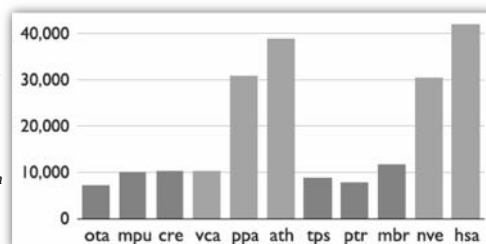
Prochnik et al. (2010), *Science* 329: 223-6

Większa złożoność – więcej domen białkowych? Może

19

- Liczba stwierdzonych domen białek (Pfam) jest znacznie wyższa u organizmów wielokomórkowych niż u jednokomórkowych (z wyjątkiem *Volvox*)

Ostreococcus tauri
Micromonas pusilla
Chlamydomonas reinhardtii
Volvox carteri
Physcomitrella patens
Arabidopsis thaliana
Thalassiosira pseudonana
Phaeodactylum tricornutum
Monosiga brevicollis
Nematostella vectensis
Homo sapiens



Prochnik et al. (2010), *Science* 329: 223-6

Liczba domen

20

Liczba domen jest silnie zróżnicowana wśród jednokomórkowców, ale jednak wyraźnie wyższa u wielokomórkowców.

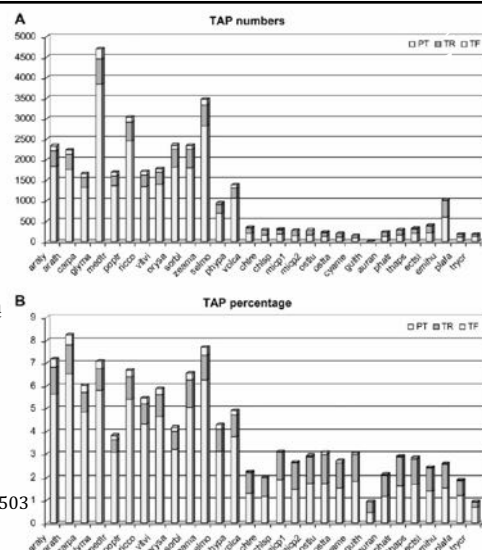


<http://itol.embl.de>

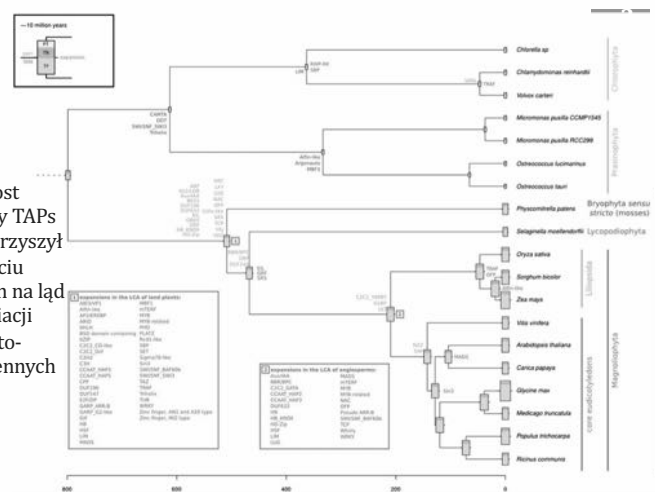
Złożoność i TAPs

- U organizmów fotosyntetyzujących liczba i udział procentowy genów kodujących białka związane z transkrypcją (TAP) są znacznie wyższe u organizmów tkankowych niż u jednokomórkowych lub plechowatych.

Lang et al. (2010), *Genome Biol. Evol.* 2:488–503



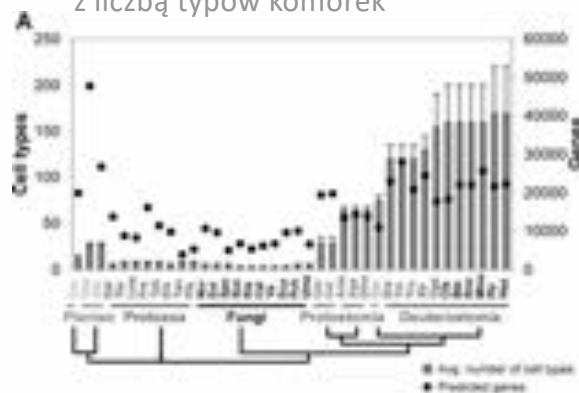
- Wzrost liczby TAPs towarzyszył wyjściu roślin na ląd i radiacji okryto-nasiennych



Lang et al. (2010), *Genome Biol. Evol.* 2:488–503

Liczba genów nie jest skorelowana z liczbą typów komórek

23



Vogel C, Chothia C (2006) Protein Family Expansions and Biological Complexity. *PLoS Comput Biol* 2(5): e48. doi:10.1371/journal.pcbi.0020048

<http://www.ploscompbiol.org/article/info:doi/10.1371/journal.pcbi.0020048>



COMPUTATIONAL BIOLOGY

Złożoność a liczba genów raz jeszcze

24

Z 1219 superrodzin genów zbadanych dla 38 organizmów wielkość 194 silnie koreluje z liczbą typów komórek u tych organizmów. Połowa wiąże się z procesami pozakomórkowymi lub regulacją.

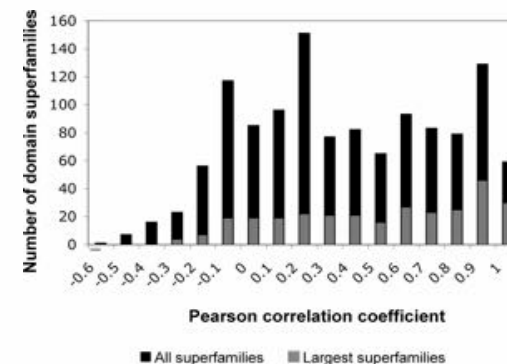


Figure 2. Some Family Expansions Correlate Well with the Number of Different Cell Types in Each Organism

Vogel C, Chothia C (2006) Protein Family Expansions and Biological Complexity. *PLoS Comput Biol* 2(5): e48.

doi:10.1371/journal.pcbi.0020048

<http://www.ploscompbiol.org/article/info:doi/10.1371/journal.pcbi.0020048>



COMPUTATIONAL BIOLOGY

Złożoność na poziomie fenotypu i genotypu

25

Fenotyp	Genotyp
- wzrost zróżnicowania wytwarzanych białek - wzrost zróżnicowania morfologicznego i funkcjonalnego komórek - wzrost zróżnicowania tkanek, organów/narządów, układów – rozwój, koordynacja i homeostaza	- wzrost liczby genów - wzrost udziału genów (ekspansja superrodzin) o funkcji regulacyjnej - wzrost powiązań międzygenowych - wzrost znaczenia splicingu alternatywnego w kształtowaniu proteomu

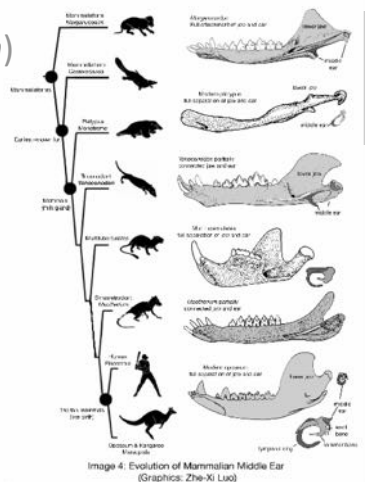
Jak powstają nowości ewolucyjne?

26

- Modularność:
 - powielanie struktury (genu, komórki, części ciała), np.:
 - geny paralogiczne
 - organizmy kolonijne i wielokomórkowe
 - metameria pierścienic, stawonogów, mięczaków (chitonów), strunowców itd.
 - telomy w ewolucji roślin naczyniowych
 - różnicowanie powielonych struktur, np.:
 - superrodziny genów o zróżnicowanych funkcjach
 - tkanki roślinne i zwierzęce
 - metameria homonomiczna -> heteronomiczna; tagmizacja
 - różnicowanie się organów roślin z telomów

Kooptacja (*cooption*)

- Nowe cechy powstają przez **kooptację** istniejącej już struktury (genu, białka, komórki, organu, narządu) do pełnienia nowej funkcji
- Nowa funkcja jest początkowo funkcją poboczną w stosunku do funkcji pierwotnej
- W wyniku **wymiany funkcji** poboczna staje się główną, a pierwotna funkcja stopniowo zanika



http://www.cryptomundo.com/wp-content/uploads/maotherium4_h.jpg

Czy jest „nieredukowalna złożoność”? Nie, nie ma.

28

- Wzrost złożoności biologicznej miał globalnie charakter pasywny (wzrost wariancji), choć lokalnie aktywny (większe dostosowanie organizmów o złożonej strukturze)
- Wzrostowi złożoności towarzyszyło:
 - zwiększenie się liczby genów oraz udziału genów o funkcji regulatorowej
 - wzrost złożoności sieci powiązań między genami
 - zróżnicowanie funkcjonalne genów, plejotropia, alternatywny splicing
- Nowe cechy powstają dzięki kooptacji istniejącej struktury do pełnienia nowej, pobocznej funkcji, a następnie wymianie funkcji