

Происхождение насекомых: взгляд генетика



25 Происхождение насекомых: взгляд генетика

Современные технологии сделали доступными расшифровку и сравнение генов организмов, занимающих ключевое положение на эволюционном дереве. Сравнивая их между собой, можно решить задачу кратчайшего или наиболее вероятного преобразования их из гипотетических предковых последовательностей, и это будет математико-статистическая модель эволюции — своеобразная машина времени, позволяющая заглянуть в прошлое. В рамках такого подхода насекомые предстают эволюционной линией ракообразных, завоевавших сушу, а традиционно допускавшееся родство насекомых с многоножками отвергается.

АВТОРЫ:

В.В. Алешин — вед. науч. сотрудник отдела эволюционной биохимии Научно-исследовательского института физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского Московского государственного университета имени М.В. Ломоносова, [e-mail: Aleshin@genebee.msu.su](mailto:Aleshin@genebee.msu.su)

Н.Б. Петров — зав. лабораторией геносистематики животных Научно-исследовательского института физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского Московского государственного университета имени М.В. Ломоносова, [e-mail: petr@belozersky.msu.ru](mailto:petr@belozersky.msu.ru)

Интуитивный этап филогенетики

Сразу после утверждения эволюционной идеи в биологии в XIX в. возник вопрос о реконструкции реальной эволюции, то есть определении степени родства всех современных видов и установлении тех изменений образа жизни и строения, которые были связаны с эволюцией от предковых к современным видам. Постановка задачи в таком виде вполне ясная, а вот с ответом вышла заминка. И это понятно: для точной реконструкции требуется знание о вымерших видах, но далеко не все они сохранились в геологической летописи и далеко не всегда по ископаемым остаткам удается без ошибок восстановить строение и образ жизни. Но есть и другая причина затруднений, она логическая. О родстве видов раньше судили по внешнему или анатомическому сходству. А затем делали выводы о том, какого рода сходство обязано родству, а какое могло возникнуть вследствие приспособлений к сходным условиям или по случайности, другими словами, судили о том, что вероятно, а что маловероятно в эволюции формы, располагая в основном дело только с рядами форм, выстроенных по степени сходства. При таком рассуждении очень трудно избежать логического круга. Для проверки старинных гипотез о родстве видов и закономерностях морфологической эволюции требовался способ анализа, независимый от признаков внешнего и анатомического строения.

Сравнительная геномика и филогенетика

Надежда на независимый метод реконструкции родственных отношений появилась полвека назад, когда биохимики расшифровали первые аминокислотные последовательности белков, а затем и нуклеотидные последовательности генов. Генетическая информация оказалась довольно независима не только от внешних признаков организма, но, до определенной степени, даже от функций белков — молекулярных машин. «Средний» белок, отвечающий за какой-то определенный биохимический процесс в клетке, как оказалось, структурно чуть-чуть отличается даже у близких видов. А у далеких видов такие белки будут иметь мало общего, несмотря на очень близкие биохимические свойства. Во многом приобретение таких функционально незначимых отличий зависит от случайных причин и может быть частично описано диффузионными уравнениями. Молекулярные признаки оказались прекрасным подспорьем для проверки эволюционных гипотез о степени родства видов, выходом из логического круга.

Первые полвека аминокислотные или нуклеотидные последовательности оставались дорогой научной экзотикой, доступной для немногих «модельных» видов. И только в последние 3—4 года произошел решительный перелом: геномные технологии удешевились, новые генетические данные хлынули бурным информаци-

онным потоком, и одновременно появились вычислительные и программные средства для его обработки. Эвристическую возможность белков легко представить, воспользовавшись тем, что их аминокислотный код двадцатibuквенный — почти как наш алфавит. Протеом среднего вида, как бы «словарь», состоит из 10 – 30 тыс. «слов и выражений» — разных белков. Это немного меньше, чем активный словарь А.С. Пушкина. Но средний размер «слова» в протеоме — 300–500 букв — на два порядка больше, чем в русском языке. Понятно, что такой словарь подходит для создания сколь угодно сложного осмысленного текста — видимого фенотипа. И даже небольшой выборки «слов» достаточно, чтобы понять, с каким «диалектом» мы имеем дело и насколько, в первом приближении, два протеома сходны между собой.

Широко известны особенности эволюции человеческих языков (консервация и сходное звучание в разных языках важнейших для коммуникации слов — числительных или корней слов, означающих некоторые важные понятия; простые правила преобразований фонетики в близких языках за счет «картавости», «шепелявости» и т.п.). В эволюции генетического материала также имеются закономерности. Часть из них довольно просто формализовать и выразить количественно. Например, в каждом белке есть наиболее консервативная часть, связанная с активным центром, с химическими группами, участвующими в каталитическом акте. А в переменных частях чаще всего одинаковые места занимают (а значит — более «охотно» меняются друг на друга в эволюции) химически сходные аминокислоты, например лейцин и изолейцин. Для 20 аминокислот можно рассчитать матрицу частот замен каждой из них на любую другую — либо в среднем по протеому, либо применительно к отдельным белкам или его частям. Такие частоты, понимаемые как вероятности эволюционного перехода, позволяют перейти к описанию эволюции белковых последовательностей как вероятностной задачи максимального правдоподобия.

Вычислительно это очень тяжелые задачи, посильные только для самых производительных суперкомпьютеров. Еще далеки от совершенства используемые здесь алгоритмы и недостаточно хорошо известны закономерности элементарных эволюционных преобразований макромолекул. То и другое поправляется год от года. Тем не менее уже сейчас ряд застарелых эволюционных зоологических задач получает приемлемое решение.

От кого произошли насекомые

«Крокодил уж слишком свирепое насекомое, но я без колебаний даю ему это имя.»

Р.А. Реомюр

«...я уже упоминал, что пингвины питаются шримсами; сие служит некоторым доказательством, что проходимый нами Ледовитый океан наполнен сими морскими насекомыми.»

Ф.Ф. Беллинсгаузен

Насекомых описано более 1 млн видов — больше, чем всех других живых существ на Земле. Шутка, что все животные — это, в первом приближении, насекомые, имеет под собой вполне серьезное основание. При этом происхождение насекомых остается загадкой. В университетских учебниках их традиционно сближают с многоножками — другими сухопутными членистоногими, по причине сходного сегментарного состава головы и трахейного дыхания (рис. 1, слева). В последние годы, однако, это объединение дало трещину: генетические данные убедительно свидетельствуют в пользу более тесного родства насекомых и ракообразных [1–3]. Так что монофилия насекомых и ракообразных в нашем филогенетическом анализе [4] довольно большой выборки из более чем полусотни белков не стала большой неожиданностью. Более примечательным оказалось другое: обнаружилось, что насекомые представляют собой всего лишь одну из многих филетических линий ракообразных (рис. 1, справа). Насекомые берут начало от клады, в научной зоологии считавшейся «низшими» ракообразными, а задолго до того, в аристотелевой зоологии, именовавшейся “Entomostraca”, то есть насекомо-раковинными. Этот филологический казус как нельзя лучше характеризует глубину ревизии, вносимой генетикой в современную картину исторического развития жизни на Земле.

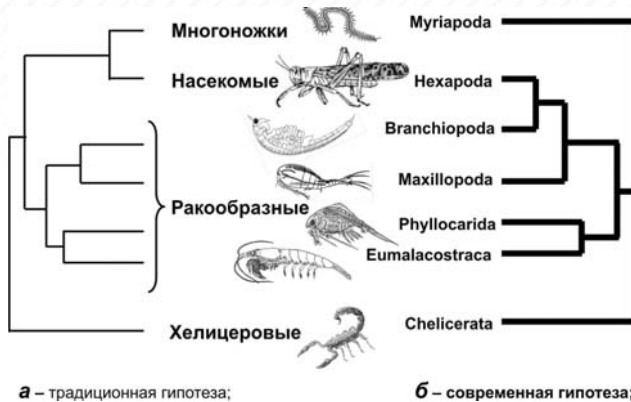


Рис. 1.

Зоологи давно обращали внимание, что насекомые, так успешно освоившие сушу, почти не встречаются в море. Теперь мы можем перевернуть этот парадокс с головы на ноги: ракообразные — это самая успешная группа членистоногих в море, она освоила пелагиаль и бенталь. Она смогла освоить также и сушу, где ее представители, насекомые, также стали самой успешной группой членистоногих. Другой вопрос — какие изменения каких генов лежали в основе преобразования тела ракообразного в тело насекомого. В будущем подходе к такому, уже не чисто филогенетическому, а эволюционному вопросу можно ожидать применения как сравнительно-генетических, так и экспериментальных инструментов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Boore J.L., Lavrov D.V., Brown W.M.* Gene translocation links insects and crustaceans. *Nature*. 1998. 392, 667–668.
2. *Baurain D., Brinkmann H., Philippe H.* Lack of resolution in the animal phylogeny: closely spaced cladogeneses or undetected systematic errors? // *Mol. Biol. Evol.* 2007. 24, 6–9.
3. *Regier J.C., Shultz J.W., Ganley A.R., Hussey A. et al.* Resolving arthropod phylogeny: exploring phylogenetic signal within 41 kb of protein-coding nuclear gene sequence // *Syst. Biol.* 2008. 57, 920–938.
4. *Алешин В.В. и др.* О положении насекомых в кладе Pancrustacea. *Молекуляр. биология*. 2009. Т. 43, 866–881.