

Сорокіна С.І., Ташбаєва Е.Н., Рашидова Ч.Р.
**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНІ ТА БІОХІМІЧНІ
ДОКАЗИ ЕВОЛЮЦІЇ**

Чарльз Дарвін видав працю «Походження видів» майже за 100 років до розшифрування структури ДНК. Нові знання, отримані з того часу, могли б остаточно спростувати еволюційну теорію, якби вона була хибною. Однак, аналіз ДНК дає підтвердження теорії еволюції [4]. Наявність спадкової мінливості є необхідною для еволюції, і якби виявилось, що ДНК стійка до змін, це означало би крах теорії. Але ДНК постійно мутує, до того ж ці мутації відповідають різниці між геномами різних видів. Наприклад, основні відмінності геному людини від геному шимпанзе містять 35 млн. замін окремих нуклеотидів, 5 млн. делецій (видалень) і інсерцій (вставок), злиття двох хромосом і дев'ять хромосомних інверсій [5]. Всі ці мутації спостерігаються і сьогодні, у протилежному випадку версію про еволюційне походження від спільного предка довелось би переглядати.

Різниця між геномами видів повинна відповідати не тільки мутаціям, які спостерігаються, але і філогенетичному дереву і палеонтологічному літопису. Подібно тому, як аналіз ДНК спроможний встановити ступіть споріднення між двома людьми, порівняння геномів дозволяє з'ясувати ступінь споріднення між видами, а знаючи кількість накопичених відмінностей, дослідники визначають час розходження двох видів, тобто час, коли існував їх останній спільний предок. Наприклад, згідно з даними палеонтології, спільний предок людини і шимпанзе жив приблизно 6 млн. років тому. Для того, щоб отримати наявну кількість відмінностей між геномами, на кожен мільярд нуклеотидів мало припадати у середньому 20 змін за одне покоління [7]. Сьогодні у людей швидкість мутацій становить 10–50 змін на кожен мільярд нуклеотидів за одне покоління [3], тобто дані палеонтології узгоджуються з результатами аналізу ДНК, у відповідності до теорії еволюції [4].

Сучасна генетика не тільки розкриває причини та механізми спадкових захворювань рослин, тварин і людини, вироблення у них природного і

набутого імунітету, а й є основою для каріосистематики, мікросистематики, геногеографії, генної інженерії тощо. Вона дає багатий матеріал для доказу еволюції організмів і розв'язання її актуальних проблем.

Дані молекулярної біології дають змогу порівнювати навіть віддалені організми – рослини, гриби, тварини та мікроорганізми – і робити висновки про їх філогенетичну спорідненість.

Носієм спадкової інформації у всіх клітинах всіх відомих організмів є молекули ДНК, основа розмноження – реплікація цієї молекули. У ДНК всіх організмів використовується 4 нуклеотиди (аденін, гуанін, тимін, цитозин), хоча у природі зустрічаються не менше 102 різних нуклеотидів [1]. Крім того, у природі зустрічаються 390 різних амінокислот [6], але білки всіх організмів складаються із одного і того ж набору, в якому лише 22 амінокислоти [2].

Якщо не враховувати еволюційне походження всіх організмів від спільного предка, то ніщо не заважає кожному виду мати власний генетичний код. Такий стан речей був би вкрай вигідним, тому що при цьому унеможлиблювалося б подолання вірусами міжвидових бар'єрів. Проте, нічого подібного не спостерігається, і теорія еволюції виключає таку можливість: зміни генетичного коду призводять до зміни більшості білків організму, така мутація практично завжди виявляється летальною, тому код не міг значно змінитися з часів останнього спільного предка, що гарантує його універсальність.

Учені, які зробили значний внесок у виявлення структури генетичного коду у 1950-х і 1960-х роках, у своїх дослідженнях активно використовували припущення, що код є практично універсальним. Френсіс Крік, Сідні Бреннер, Джордж Гамов та інші зробили це припущення виходячи з версії про еволюційний походження від спільного предка [8], не маючи жодних прямих доказів універсальності коду [9]. Покладаючись на універсальність коду, Бреннер в 1957 році дійшов висновку про те, що генетичний код не перекривається (один і той же нуклеотид не може входити одночасно до складу двох або більше триплетів) [10].

У 1961 році, за п'ять років до встановлення структури генетичного коду, Френсіс Крік посилався на роботу Бреннера у статті «Спільна природа генетичного коду для білків» [11]. Спираючись на еволюційне передбачення про універсальність коду (зокрема – на тому, що у бактерій, тютюну і людей код побудований однаково), Крік встановив найважливіші властивості генетичного коду: триплетність (значущою одиницею коду є поєднання трьох нуклеотидів – триплет, чи кодон), генетичний код не перекривається, наявність «стартових» кодонів, з яких починається зчитування (трансляція).

Також можна відзначити вкрай схожі процеси метаболізму у клітинах всіх організмів. Так, гліколіз у всіх еукаріотів і у більшості прокариотів проходить за 10 однакових кроків, в одній послідовності, з використанням тих самих десяти ферментів (при тому, що можливі тисячі різних, але термодинамічно еквівалентних шляхів гліколізу). У всіх вивчених видів основним переносником енергії у клітині є АТФ, хоча цю роль могли б виконувати сотні інших молекул [2].

Спеціальним методами досліджень, які дають змогу з великою точністю встановити родинні відносини різних груп, володіє біохімія.

При порівнянні білків крові використовується здатність організмів виробляти (у відповідь на введення в кров чужих білків) антитіла, які потім можна виділити із крові і встановити, при якому розчиненні ця сироватка буде реагувати з іншою, з якою порівнюється (реакція преципітації). Подібний аналіз засвідчує, що найбільш споріднені з людиною вищі людиноподібні мавпи, а найвіддаленішими серед приматів є лемури. Виявлено подібність крові хижих ссавців з ластоногими, спорідненість птахів із крокодилами і черепахами, подібність між хордовими і голкошкірими, відмінності між хвостатими та безхвостими амфібіями тощо.

Результати аналізу хімічного складу хлорофілу у рослин, гемоціаніну у безхребетних і гемоглобіну у хребетних, а також подібність в усіх живих організмів основних біологічних процесів (окиснення, гліколізу, розпаду жирних кислот, ферментації) підтверджують ідею Володимира Вернадського

про біохімічну універсальність життя на Землі, що є одним із доказів спільності його походження. Про ступінь спорідненості різних груп живих організмів та основні тенденції їх еволюційного розвитку свідчать дані молекулярної біології та біохімії.

Література:

1. Біологічні особливості життєдіяльності людини / Дубінін С.І. [та ін.] [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу:
http://www.umsa.edu.ua/kafhome/medbiology/lecture/medbiology/bioosobl_gi_ttedia.pdf
2. Губський Ю.І. Біологічна хімія: Підручник / Губський Ю.І. – Київ-Тернопіль: Укрмедкнига, 2000. – 508 с.
3. Медична біологія / За ред. В. П. Пішака, Ю. І. Бажори. Підручник. С М 42 Вінниця: НОВА КНИГА, 2004. – 656 с
4. Огінова І. О. О 38 Теорія еволюції (системний розвиток життя на Землі) : підручник / І. О. Огінова, О. Є. Пахомов. – Д. : Вид-во Дніпропетр. ун-ту, 2011. – 540 с.
5. Ридли М. Геном: Открытия, которые потрясли мир / Мэтт Ридли Издательство: Эксмо, 2010. – 432 с.
6. Сиволоб А.В. Молекулярна біологія : підручник / А.В. Сиволоб. – К. : Видавничополіграфічний центр Київський університет, 2008. – 384 с.
7. Crowe J.F. Mutation, fitness, and genetic load / Crowe J.F. // Oxford Survey of Evolutionary Biology, № 9, 1993. – P. 3–42.
8. Hinegardner R.T. Rationale for a Universal Genetic Code / Ralph T. Hinegardner, Joseph Engelberg // Science. – 22 листопада 1963. – Vol. 142, no. 3595. – P. 1083–1085.
9. Judson H. F. The Eighth Day of Creation: Makers of the Revolution in Biology / Judson H. F. Expanded edition. Cold Spring Harbor Press, 1996. – P. 280–281.
10. Brenner S. On the impossibility of all overlapping triplet codes in information transfer from nucleic acid to proteins / Brenner S. // PNAS. –1957. – Vol. 43, no. 8. – P. 687–694.
11. Crick F. H. C. General nature of the genetic code for proteins / Crick F. H. C., Barnett L., Brenner S., and Watts-Tobin R. J. // Nature №192, 1961. – P. 1227–1232.