

# تاریخ تکامل در ژنوم نهفته است



ترجمه: محمد کرام‌الدینی

کلیدواژه‌ها: ژنوم، تکامل، درخت زندگی.

ژنوم را امروزه فراتر از کتابی می‌دانند که فقط محتوی دستورهایی برای ساخت و نگهداری موجود زنده باشد، چون ژنوم علاوه بر چنین دستور کارهایی، اطلاعات گسترده‌ای نیز درباره‌ی گذرگاه تکاملی موجودات زنده در خود ذخیره دارد. یکی از دغدغه‌های جدید زیست‌شناسان تکاملی مدرن، یافتن ارتباط بین تغییر توالی‌های DNA و تغییر صفات ریختی است، یعنی صفاتی که مبنای ترسیم درخت‌های تکاملی هستند. چندی است مقایسه‌ی ژنوم‌های گونه‌های مختلف چنین کاری را مقدور کرده است. از سوی دیگر، افزایش شمار ژنوم‌هایی که به‌طور کامل توالی‌یابی شده‌اند، به انقلابی در زیست‌شناسی تکاملی مقایسه‌ای انجامیده است (جدول ۱). امروزه، به راه‌های مختلف می‌توان تفاوت‌های ژنتیک بین گونه‌ها را به‌طور کاملاً مستقیم مورد تحقیق قرار داد و ردپاهای مسیرهای تکاملی بین تک‌تک گونه‌ها را ردیابی کرد.

موجودات زنده‌ی زمین بیش‌تر است. تاکنون ژنوم دو حشره توالی‌یابی شده است: مگس سرکه<sup>۱</sup> که بیش از یک قرن است به‌عنوان مدل در آزمایشگاه‌های ژنتیک مورد آزمایش قرار می‌گیرد و بنابراین، شناخته‌شده‌ترین سامانه‌ی ژنتیک را در میان موجود زنده دارد و ناقل مالاریا، یعنی پشه‌ی مالاریا<sup>۲</sup> و نیز عامل مالاریا که پروتوزوئر انگل پلاسمودیوم فالسیپاروم<sup>۳</sup> است. این دو، یعنی پشه‌ی مالاریا و پروتوزوئر ناقل مالاریا در مجموع آن‌چنان بر سلامت آدمی اثر دارند که موجب مرگ ۱/۷ تا ۲/۵ میلیون نفر در سال می‌شوند. توالی‌یابی ژنوم‌های پشه‌ی آنوفل و

از سال ۱۹۹۵ تاکنون، ژنوم بیش از ۱۸۶ پروکاریوت و یوکاریوت شناخته شده است. در سال‌های آینده که پیش‌نویس توالی ژنوم‌های موجودات دیگر آماده شود، بی‌گمان دیدگاه آدمی درباره‌ی مسیر تکاملی زندگی تغییر خواهد کرد. مقایسه‌ی چند ژنوم که تاکنون توالی‌یابی شده‌اند، خبر از چشم‌اندازی هیجان‌انگیز در زیست‌شناسی تکاملی می‌دهند:



**مگس سرکه و پشه‌ی آنوفل**  
تنوع گونه‌ای و نیز تنوع ریختی حشرات از دیگر گروه‌های

## جدول ۱. مقایسه‌ی ژنوم چند یوکاریوت

سال توالی‌یابی	تعداد تقریبی ژن‌ها	اندازه‌ی تقریبی (هزار باز Mb)	موجود	
۲۰۰۱	۰۰۰/۳۰	۳/۲۰۰	آدمی <i>Homo sapiense</i>	مهره‌داران
۲۰۰۲	۰۰۰/۳۰	۲/۵۰۰	مگس <i>Mus musculus</i>	
۲۰۰۲	۶۰۹/۳۳	۳۶۵	ماهی بادکنکی <i>Fugu rubripes</i>	
۲۰۰۰	۶۰۰/۱۳	۱۳۷	مگس سرکه <i>Drosophila melanogaster</i>	بی‌مهرگان
۲۰۰۲	۰۰۰/۴۶ - ۰۰۰/۵۶	۲۷۸	پشه‌ی آنوفل <i>Anopheles gambiae</i>	
۲۰۰۲	۸۲۴/۴	۱۳/۸	مخمر <i>Schizosaccharomyces pombe</i>	قارچ‌ها
۱۹۹۷	۸۰۵/۵	۱۲/۷	مخمر نانواپی <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	
۲۰۰۰	۴۹۸/۲۵	۱۲۵	آرابیدوپسیس <i>Arabidopsis thaliana</i>	گیاهان
۲۰۰۲	۰۰۰/۳۲ - ۰۰۰/۵۵	۴۳۰	برنج <i>Oryza sativa</i>	
۲۰۰۲	۳۰۰/۵	۲۳	انگل مالاریا <i>Plasmodium falciparum</i>	

دارد، احتمالاً از جلبک‌هایی منشأ گرفته است که اجداد آن‌ها خورده‌اند. تحلیل ژنوم این موجود نشان می‌دهد که در حدود ۱۲٪ از پروتئین‌هایی که ژنوم هسته‌ای به رمز درآورده است، برای ساخته شدن آپیکوپلاست صرف می‌شوند. وظیفه‌ی این

**امروزه، به راه‌های مختلف می‌توان تفاوت‌های ژنتیک بین گونه‌ها را به‌طور کاملاً مستقیم مورد تحقیق قرار داد و ردپاهای مسیرهای تکاملی بین تک‌تک گونه‌ها را ردیابی کرد**

پروتئین‌ها تولید اسیدهای چرب است. چون آپیکوپلاست‌ها تنها مکان‌های تولید اسید چرب این سلول‌های انگل هستند، می‌توان با هدف گرفتن مسیرهای بیوشیمیایی آپیکوپلاست‌ها به مبارزه با آن‌ها پرداخت. می‌توان از علف‌کش‌های ضدکلروپلاستی نیز برای مختل کردن آپیکوپلاست‌ها و از بین بردن پلاسمودیوم فالسیپاروم استفاده کرد.

### گیاهان گل‌دار: برنج و آرابیدوپسیس

ژنوم تعداد اندکی از گیاهان نیز توالی‌یابی شده است. آرابیدوپسیس تالیانا<sup>۱</sup> یکی از آن‌هاست که برای پژوهش‌های ژنتیک مولکولی گیاهان از آن بسیار استفاده شده است. ژنوم این گیاه که در سال ۲۰۰۰ توالی‌یابی شد، ۲۵۹۴۸ ژن دارد، یعنی تقریباً به اندازه‌ی ژن‌های آدمی. آرابیدوپسیس گیاهی پژوهشی است و ارزش تجاری ندارد. اما به‌عکس، گیاه دیگری که ژنوم آن توالی‌یابی شده است، یعنی برنج، ارزش‌های اقتصادی و تجاری فراوان دارد. گیاه برنج<sup>۲</sup> به خانواده‌ی گندمیان تعلق دارد. گندم، جو و ذرت هم در خانواده‌ی گندمیان تعلق دارد. گندم،

پلاسمودیوم هر دو در سال ۲۰۰۲ به پایان رسید. مگس سرکه و پشه‌ی آنوفل در حدود ۲۵۰ میلیون سال پیش در مسیر تکامل از هم جدا شدند و به نظر می‌رسد که در این مدت بسیار سریع‌تر از مهره‌داران تکامل یافته‌اند. سازمان‌دهی ژن‌ها روی کروموزوم‌های این دو گونه حشره به‌هم‌ریختگی بسیار نشان می‌دهد. جالب است بدانیم که بخش‌های بی‌رمز DNA مگس سرکه کم‌تر از پشه‌ی آنوفل است که نیروهای تکاملی مسبب آن هنوز به‌روشنی آشکار نشده‌اند.

### آغازی پلاسمودیوم

انگل مالاریا، آغازی پلاسمودیوم فالسیپاروم است که عامل مالاریاست. ژنوم این آغازی نسبتاً کوچک و به اندازه‌ی ۲۴/۶ میلیون جفت باز است و توالی‌یابی آن بسیار مشکل بود. نسبت آدنین و تیمین در این ژنوم به‌طور غیرمعمول زیاد است و این سبب می‌شود که تشخیص هر بخش ژنوم از بخش‌های دیگر بسیار دشوار باشد. به‌همین علت پروژه‌ی توالی‌یابی این موجود پنج سال به درازا کشید و معلوم شد که این آغازی ۵۳۰۰ ژن دارد.

پلاسمودیوم فالسی پاروم انگلی ماهر و سازگار است، خود را درون گویچه‌های سرخ خون پنهان می‌کند و بدین ترتیب از گزند دستگاه ایمنی بدن محفوظ می‌ماند و به‌طور منظم پروتئین‌های سطح این گویچه‌ها را تغییر می‌دهد. این سبب دشواری تهیه‌ی واکسن یا تأثیر هر نوع درمان برای مالاریا می‌شود.

کشف ساختار کلروپلاست‌مانندی که درون سلول پلاسمودیوم وجود دارد و آپیکوپلاست<sup>۳</sup> نامیده می‌شود، چشم‌اندازی برای مبارزه با آن آشکار کرده است. این جسم که فقط در پلاسمودیوم فالسیپاروم و خویشاوندان آن وجود

## منشأ تفاوت‌های ژنوم‌ها

حتی مقایسه‌ی همین چند ژنوم که به آن‌ها پرداختیم، نشان می‌دهد که ژنوم‌ها به‌طور پویا تکامل پیدا می‌کنند. تغییر ژنوم که ماده‌ی خام تکامل به‌شمار می‌رود، از این شش راه انجام می‌شود:

- جهش یک ژن
  - تکثیر شدن مناطقی از DNA
  - جابه‌جایی بخش بزرگی از کروموزوم
  - تکثیر شدن یک کروموزوم
  - تکثیر شدن ژنوم یا مخلوط شدن آن با ژنوم موجودی دیگر و تولید سلول‌های پلی‌پلوئید
  - ورود DNA گونه‌ای دیگر به ژنوم
- بررسی تغییرات ژنوم را از بزرگ‌ترین تغییر آغاز می‌کنیم.

## پلی‌پلوئیدی

تکثیر شدن کل ژنوم در پلی‌پلوئیدی تغییرات زیادی در آن به وجود می‌آورد. شواهدی وجود دارد که تکثیر شدن تعداد اندکی از ژن‌های درون بدن موجود، سبب تنوع ریختی در موجود می‌شود. این شواهد همواره در حال افزایش‌اند. در هر دو حالت، ژن‌های تکثیر شده امکان به‌دست آوردن عملکردهای جدید را دارند. مقدار DNA آدمی ۹ برابر DNA ماهی بادکنکی است، چون اینترون‌های بلندتر دارد. اما چرا DNA گیاه لاله ۱۷۰ برابر DNA گیاه کوچک آرابیدوپسیس است؟ حداقل بخشی از پاسخ را باید در تغییرات بزرگ تکاملی از جمله تکثیر شدن کامل ژنوم جست‌وجو کرد. چون میوز به کروموزوم‌هایی که تعداد آن‌ها عددی زوج است، نیاز دارد. موجوداتی که تعداد پلی‌پلوئیدی آن‌ها مضربی از ۲ است، می‌توانند از راه جنسی زادآوری کنند. موجودات ۳n کروموزومی مانند موز نمی‌توانند به‌طور جنسی زادآوری کنند، زیرا سه دست کروموزوم را نمی‌توان به‌طور مساوی میان دو سلول در حالت تقسیم توزیع کرد. بنابراین موجوداتی مانند موز چاره‌ای ندارند، مگر آن‌که زادآوری غیرجنسی انجام دهند.

پلی‌پلوئیدی (۳n و بالاتر) حاصل تکثیر ژنوم موجود با هیبرید شدن آن با گونه‌ای دیگر است. هیبرید شدن ممکن است پس از تکثیر ژنوم به‌وجود آید، به این شرط که تعداد پلی‌پلوئیدی‌ها زوج باشد تا میوز بتواند انجام شود. مثلاً گندم نان حاصل دو رویداد هیبریدی شدن و یک رویداد تکثیر ژنوم است. چنان تغییرات عمده‌ای در ژنوم غالباً در گونه‌های جدید به‌وجود می‌آید.

تکثیر ژنوم کامل برای توضیح علت اندازه‌ی برخی ژنوم‌ها کافی نیست. محتوای ژنی گندم و برنج یکسان است و این

جو و ذرت هم در خانواده‌ی گندمیان جای دارند. اعضای این خانواده بیش‌ترین سهم را در تأمین غذای آدمی و جانوران برعهده دارند. برنج برخلاف دیگر گیاهان خانواده‌ی گندمیان ژنوم کوچکی شامل ۴۳۰ میلیون جفت باز است. ژنوم ذرت ۲۵۰۰ و ژنوم جو ۴۹۰۰ میلیون باز دارد. دو زیرگونه‌ی برنج که توالی‌یابی شده‌اند، ژنومی مشابه دارند. درصدی از ژنوم هسته‌ای برنج که به DNA تکرارشونده اختصاص دارد، در یکی از این زیرگونه‌ها ۴۲٪ و در دیگری ۴۵٪ است. رتروترانسپوزون‌ها که بیش‌ترین بخش‌های تکرارشونده هستند، ۱۵٪ از ژنوم برنج را تشکیل می‌دهند.

ژنوم برنج تعداد زیادی ژن دارد. تعداد ژن‌های هر دو نوع ژنوم توالی‌یابی‌شده‌ی برنج از همه‌ی ژنوم‌هایی که تا حالا توالی‌یابی شده‌اند، بیش‌تر است. در یک بررسی تعداد آن‌ها ۵۳۰۰۰ تا ۶۳۰۰۰ بوده‌اند و در بررسی دیگر که با معیارهای محافظه‌کارانه‌تر انجام شده است، ۳۳۰۰۰ تا ۵۰۰۰۰ ژن شناسایی شده است. با ادامه‌ی تفسیر ژنوم این اعداد دقیق‌تر اعلام خواهند شد.

ژنوم گندم مقدار زیادی DNA تکراری دارد که محتوای DNA آن را افزایش داده است، اما الزاماً موجب افزایش محتوای ژنی نشده است

بیش از ۸۰٪ از ژن‌هایی که در برنج کشف شده‌اند، در آرابیدوپسیس نیز حضور دارند. ۲۰٪ باقی‌مانده باید مسئول تفاوت‌های بسیار زیاد فیزیولوژیک و مورفولوژیک هم در برنج که گیاهی تک‌لپه‌ای است و هم در آرابیدوپسیس که گیاهی دولپه‌ای است، باشند. در حدود یک‌سوم ژن‌های این دو به یک معنی ژن‌های گیاهی هستند، یعنی ژن‌هایی هستند که هنوز در جانوران یا قارچ‌ها یافت نشده‌اند. چند هزار ژن که در فرایند فتوسنتز و ساختارهای فتوسنتزی درگیرند، از جمله‌ی این ژن‌ها هستند. بقیه‌ی ژن‌ها بسیار شبیه ژن‌هایی هستند که در ژنوم‌های جانوران و قارچ‌ها هم حضور دارند و سبب متابولیسم، تکثیر ژنوم، تعمیر آن و سنتز پروتئین می‌شوند.

هم برنج و هم آرابیدوپسیس تعداد زیادی نسخه از خانواده‌هایی ژنی دارند که در میان خوشه‌های ژن‌های تکثیرشده‌ی دیگر گسترش دارند. چنین ژن‌هایی در قارچ‌ها یا جانوران دیده نشده‌اند. این نشان می‌دهد این گیاهان که از حدود ۱۵۰ تا ۲۰۰ میلیون سال پیش از هم جدا شده‌اند، از انواع زیادی پلی‌پلوئیدی و یا تکثیر قطعات برخوردار شده‌اند.

دو خویشاوند نزدیک یکدیگرند، درحالی که ژنوم گندم ۴۰ برابر ژنوم برنج است. علت این تفاوت‌ها در اندازه‌ی ژنوم را نمی‌توان به این دانست که گندم هگزاپلوئید (6n)، اما برنج دیپلوئید (2n) است. ژنوم گندم مقدار زیادی DNA تکراری دارد که محتوای DNA آن را افزایش داده است، اما الزاماً موجب افزایش محتوای ژنی نشده است. اکنون که ژنوم برنج به‌طور کامل توالی‌یابی شده، توجه‌ها به توالی‌یابی غلات دیگر، به‌ویژه گندم معطوف شده است. مقایسه‌ی ژنوم‌های برنج و گندم باید سرخ‌هایی درباره‌ی ژنوم نیای مشترک آن‌ها آشکار کند.

### تکثیر قطعه

یکی از بزرگ‌ترین منابع صفات جدید در ژنوم تکثیر قطعه‌هایی از DNA است. ژنی که تکثیر می‌شود، ممکن است به یکی از این دو مسیر برود: از دست دادن عملکرد خود یا به‌دست آوردن عملکرد جدید بر اثر جهش‌های بعدی. در واقع بسیاری از ژن‌های تکثیرشده عملکرد خود را از دست می‌دهند و نیمه‌ی عمر چنین ژن‌هایی حدود ۴ میلیون سال بیش‌تر نیست. این مدت در عمر گونه‌ی آدمی بیش از حد طولانی، اما در مقیاس تکاملی بیش از حد کوتاه است. پس چرا پژوهشگران ادعا می‌کنند که تکثیر ژن نیروی عمده‌ی تکاملی و تولید ژن‌های جدیدی است که عملکردهای جدید دارند؟ اگر بدانیم تکثیر ژن در چه بخشی از ژنوم بیش‌تر روی می‌دهد، به شواهدی برای تکامل نزدیک‌تر شده‌ایم.

شدت تکثیر ژن‌ها در گونه‌های مختلف متفاوت است. در مگس سرکه در هر یک میلیون سال، در هر ژنوم ۳۱ المثنی به‌وجود آمده است، یعنی ۰/۰۰۲۳ المثنی در هر ژن در هر یک میلیون سال. این شدت ۱۰ برابر نماتود سنورابدیتیس الگانس<sup>۷</sup> است.

### غیرفعال شدن ژن‌ها

یکی از راه‌های مهم تکامل، غیرفعال شدن ژن‌هاست. مثلاً ژن‌های گیرنده‌های بویایی را در نظر بگیرید. این ژن‌ها گیرنده‌هایی را به رمز درمی‌آورند که با آغاز کردن آبخاری از رویدادهای سیگنالی سبب ایجاد احساس بو می‌شوند.

### انتقال جانبی ژن‌ها

زیست‌شناسان تکاملی با فرض انتقال ژن‌ها از نسلی به نسل بعدی، یعنی انتقال عمودی ژن‌ها به تبارشناسی موجودات زنده می‌پردازند. انتقال ژن‌ها از گونه‌ای به گونه‌ی دیگر انتقال جانبی ژن نام دارد و به پیچیدگی تبارزایی می‌انجامد. در آغاز پیدایش حیات، انتقال جانبی ژن‌ها بسیار بیش‌تر روی می‌داده است،

چون در آن زمان مرزهای میان سلول‌ها استحکام امروزی را نداشتند. بنابراین، در آغاز پیدایش حیات جانیشینی ژن‌ها بین گونه‌ها رایج بود.

مشاهده‌ی جانیشینی شدید ژن‌ها در میان موجودات نخستین سبب شده است که پایه‌های درخت زندگی را بازسازی کنیم. بررسی تبارزایی‌های نخستین بر پایه‌ی توالی‌های RNA ریوزومی نشان می‌دهند که پروکاریوت‌ها به دو دُمین<sup>۸</sup> اصلی تقسیم شدند: باکتری‌ها و آرکی‌ها. دُمین یوکاریوت‌ها از یکی از این دودمان‌ها پدیدار شده و اندامک‌های خود را از پروکاریوت‌های بلعیده‌شده به‌دست آورده است.

همراه با توالی‌یابی ژنوم‌های میکروبی بیش‌تر، تبارزایی rRNA مورد تجدیدنظر قرار می‌گیرد. تا سال ۲۰۰۲، تعداد ۸۷ ژنوم میکروبی توالی‌یابی شده‌اند. مشاهده شده است که در گذشته تبادل میان موجودات زنده بسیار زیاد بوده است. این سبب شده است که پایینی‌ترین شاخه‌های درخت زندگی را مورد ارزیابی دوباره قرار دهیم. درخت تبارزایی ساخته شده با کمک توالی‌یابی‌های rRNA پیشنهاد می‌کند که خویشاوندی

## مشاهده‌ی جانیشینی شدید ژن‌ها در میان موجودات نخستین سبب شده است که پایه‌های درخت زندگی را بازسازی کنیم

افراد دُمین آرکی‌ها به یوکاریوت‌ها بیش‌تر از پروکاریوت‌هاست. اما هم‌چنان که ژنوم‌های میکروبی توالی‌یابی می‌شوند، ژن‌های باکتری‌ها و آرکی‌ها با هم در آن‌ها مشاهده می‌شوند! محتمل‌ترین علت این همسانی، جانیشینی ژن‌ها بین موجودات زنده است، که حتی ممکن بوده ژن‌ها را از غذای خود نیز کسب کنند. بنابراین، شاید در آینده‌ی نزدیک پایه‌ی درخت زندگی را بیش‌تر شبیه شبکه رسم کنیم، تا شاخه‌های درخت.

#### پی‌نوشت

1. *Drosophila melanogaster*
2. *Anopheles gambiae*
3. *Plasmodium falciparum*
4. *apicoplast*
5. *Arabidopsis thaliana*
6. *Oryza sativa*
7. *Caenorhabditis elegans*
8. *Domain*

#### منبع

Raven, P. H. et al. Biology, 8th Edition, McGraw Hill, 2008, ISBN: 13 9780073227399