Let a evoluce genomu u ptáků a savců

Dominika Branišová

Let je v živočišné říši něco naprosto výjimečného. Značně se odlišuje od všech ostatních způsobů pohybu a umožnil živočichům ovládnout jediný dosud neobydlený prostor – volné nebe. Otázkou je, co stálo za vznikem tohoto fenoménu v živočišné říši a jaké procesy se na vzniku letu podílely a zároveň jaké změny v rámci genomu můžeme u jedinců využívajících tento typ pohybu pozorovat. Touto problematikou se zabývalo mnoho vědců už od pradávna, v posledních letech však díky novým molekulárním metodám získáváme naprosto nový pohled na způsob, jakým aktivní letu ovlivňoval genom u taxonů, které jsou jako jediné v živočišné říši tohoto pohybu schopni – tedy ptáci a netopýři.

Během výzkumu změn v genomu u těchto zástupců se vědci zabývali hlavně dvěma specifickými skupina sekvencí, které se vyskytují téměř u všech dnes žijících živočichů a zajímavým způsobem se podílely na evoluci jednotlivých taxonů. Jedná se o repetitivní sekvence ze skupiny (I) TE's, tedy transpozony, a (II) endogenní retroviry, zkráceně EVE's. (I) Transpozony, tedy mobilní DNA elementy, dělíme do dvou velkých skupin: retrotranspozonů šířících se genomem pomocí retrotranspozice a DNA transpozonů využívajících mechanismus klasické transpozice přes molekulu DNA. V tomto případě jsou mnohem zajímavější retrotranspozony, které dále dělíme do několika specifických skupin, (i) nonLTR retrotranspozony a (ii) a LTR retrotranspozony lišící se přítomností LTR sekvence na polyA konci. (i) Do nonLTR skupiny patří LINE a SINE sekvence vyskytující se nejčastěji v genomech obratlovců. Nejznámější LINE retrotranspozony u ptáků a savců patří mezi CR1 elementy, kdy se transpozony patřící do této skupiny používají u těchto druhů nejčastěji pro určení jejich příbuznosti. (ii) V případě LTR retrotranspozonů jsou tyto úseky vyskytující se v genomu obratlovců retrovirového původu, nejčastěji z alfa a gamma retrovirů. (II) EVE's sekvence, tedy endogenní retroviry, jsou pozůstatky napadení buňky virem, kdy byly tyto úseky začleněny do hostitelského genomu a dále přenášeny vertikální dědičností přes germinální linii, což zapříčinilo další udržení těchto sekvencí během evoluce. A jak se přesně tyto repetitivní sekvence podílely na evoluci ptáků a létajících savců?

Podrobněji si rozebereme taxon, který je tvořen nejvíce zástupci schopných aktivního letu, tedy ptáky. Vznik moderních skupin této třídy obratlovců je datován někde před 70 My lety, kdy podle všeho začal u předků proces změn v genomu, který šel ruku v ruce se vznikem moderního způsobu letu. V dnešní době tuto třídu fylogeneticky rozdělujeme na dvě podtřídy (i) Paleognathae, do kterého patří např. nanduové, tinamy nebo nejznámější zástupci pštrosi, a na (ii) Neognathae, které dále dělíme na dva velké klady, na Galloanserae, mezi které patří zástupci vrubozobých a hrabavých, a Neoaves, kam řadíme všechny zbývající ptačí druhy, které dále dělíme do dvou podřádů Oscines a Suboscines. Pomocí moderních metod bylo osekvenováno přes 75 ptačích druhů, které se použily pro přibližnou rekonstrukci procesu vzniku a odštěpování jednotlivých linií a zkoumání změn v genomu vznikajících během evoluce tohoto taxonu. U ptáků stejně jako u savců je prokázáno, že se jedná o třídy, které mají nejmenší průměrnou velikost genomu mezi amnioty, kdy u létavých ptáků a savců nalézáme

ty úplně nejmenší. Co stálo za tímto radikálním smrštěním genomu u těchto zástupců v porovnání s ostatními taxony?

Zdá se, že evoluci létajících obratlovců doprovázeli změny ve velikosti genomu pomocí inzercí a delecí, tedy přidáváním a odstraňováním určitých úseků DNA. Postupným odštěpováním jednotlivých ptačích linií se v rámci genomu v porovnání s posledním společným předkem všech ptáků ustanovil trend zvyšování počtu a aktivity transpozonů, což by logicky vedlo ke zvětšování genomu, k čemuž nedošlo z jednoho prostého důvodu. Každou expanzi DNA pomocí transpozice doprovázely delece způsobené zejména ektopickou rekombinací probíhající přibližně ve stejnou dobu, kterými bylo nastartováno postupné zmenšování genomu v průběhu evoluce. Tento fakt potvrzují i výsledky poukazující na skutečnost, že u létavých ptáků lze pozorovat větší výskyt a aktivitu transpozonů, a z toho plynoucí i větší počet delecí než u těch nelétavých. V tomto případě hrají právě delece klíčovou roli při zmenšování genomu, kdy svým počtem a rozsahem převládají nad inzercemi nových transpozonů. U nelétavých zástupců je větší velikost genomu udržována tzv. evolučním slowdown, tedy menší mírou vzniku nových transpozonů, a tedy menším výskytem delecí jednotlivých úseků DNA.

Je zajímavé, že v rámci výše zmíněních repetitivních sekvencí se jednotlivé ptačí řády mezi sebou liší zastoupením jednotlivých typů transpozonů ve své DNA, např. pro hrabavé jsou typické DNA transpozony, u zástupců řádu Oscines nalézáme větší zastoupení LTR retrotranspozonu. Dále je prokázáno, že ke zvyšování aktivity transpozonů docházelo během rané evoluce Neognathae a jejich aktivita se dále zvyšovala u zástupců Neoaves, a ne u Galloanserae, což jde jednoduše opět ruku v ruce se vznikem a zdokonalováním moderního způsobu letu. Z toho lze usoudit, že tyto elementy hrály významnou roli během diverzifikace tohoto taxonu do tolika rozmanitých řádů a druhů. Dále je zajímavé, že zvýšený výskyt transpozonů vedl k rozsáhlým inter i intrachromozomálním přestavbám. Jednoduše řečeno, v místech vyššího procenta výskytu transpozonů dochází podle všeho k větší míře poškození chromozomů např. pomocí chromozomových aberací, které pravděpodobně mohly hrát významnou roli během ptačí evoluce. Dále je nejvyšší výskyt datován v okolí centromer, mohly tedy dále ovlivňovat tvar a povahu jednotlivých centromer a tím ovlivňovat i proces oddělení jednotlivých chromatid během procesu meiózy.

Ze všech výše zmíněných informací je jasné, že transpozony hrály velice důležitou roli v utváření evoluční historie jednotlivých ptačích druhů. Stejný trend zmenšování genomu byl pozorován u netopýrů, můžeme z toho tedy vyvodit stejné již výše zmíněné závěry. Pokud bych to měla celé shrnout, zvýšený výskyt transpozonů v průběhu evoluce je pozorován u zástupců savců a ptáků používající k pohybu aktivní let a je doprovázen zvýšeným výskytem delecí určitých úseků DNA, které převažují nad inzercemi, a tudíž zde dochází ke zmenšování velikosti genomu. Jelikož je většina repetitivních sekvencí virového původu, přispívaly velkou mírou začleňováním částí svého genomu do hostitelského na evoluci aktivního letu a vzniku jednotlivých linií. Otázkou však je, jestli zvýšený výskyt transpozonů v DNA jedince vedl ke vzniku aktivního letu nebo naopak vznik letu vedl k jejich zvýšenému výskytu? Mnoho vědců zastává názor, že větší nároky na zisk energie spojené s aktivním letem a s rychlejším a výkonnějším metabolismem vede k menším investicím do reparačních mechanismů a dochází

tedy k častějším poškozením na úrovni DNA a případným přestavbám. Tato skutečnost je nejspíše hlavním důvodem toho, že genom létavých ptáků je sice v porovnání se savčím více konzervativní, ale zároveň zde i přes tuto skutečnost dochází k častějším inzercím a delecím. Dalším možným důvodem většího genomu u nelétavých je jejich větší velikost těla, pomalejší metabolismus, kratší generační doba a větší investice do reparačních mechanismů na rozdíl od zástupců s menšími tělesnými rozměry, a tedy i s rychlejším metabolismem. Odpověď na výše zmíněnou otázku však stále není úplně jasná, možná klíčovou roli hraje právě tělesná velikost a s ním spojená rychlost metabolismu. Jelikož postupem času vědci došli k závěru, že transpozony hrály velkou roli v evoluci létajících obratlovců, bude jim v dalších vlnách sekvenování nových a bližším zkoumáním již osekvenovaných genomů kladen větší význam. Doufejme, že nám to časem pomůže lépe pochopit skutečný průběh evoluce u těchto zástupců a určit význam jednotlivých úseků DNA bohatých na transpozony během tohoto procesu a případně objevit pradávnou deleci, která mohla hrát spouštěcí roli pro další evoluční procesy při vzniku tohoto fenoménu v živočišné říši.

Reference

Kapusta, A., Suh, A., & Feschotte, C. (2017). Dynamics of genome size evolution in birds and mammals. Proceedings of the National Academy of Sciences, 114(8), E1460-E1469.

Kapusta, A., & Suh, A. (2017). Evolution of bird genomes—a transposon's-eye view. Annals of the New York Academy of Sciences, 1389(1), 164-185.