Je molekulární evoluce rychlejší v tropech?

Lenka Váňová

Is molecular evolution faster in the tropics?

Matthew G. Orton, Jacqueline A. May, WinfieldLy, David J. Lee&Sarah J. Adamowicz, 2018

Tento článek se zabývá otázkou rychlosti molekulární evoluce v souvislosti se zeměpisnou šířkou. Existuje totiž jakýsi víceméně přijímaný předpoklad, že u druhů žijících v nižších zeměpisných šířkách neboli v teplejších oblastech probíhá molekulární evoluce rychleji než u druhů obývajících prostředí chladnější, dále od rovníku, tedy o vyšších zeměpisných šířkách. K jakým závěrům tedy tato studie došla? Potvrdila či vyvrátila danou hypotézu?

Evoluční rychlostí je míněna frekvence, s níž se v populaci objevují nové mutace, které se následně rozšíří do všech jejích jedinců. Jinými slovy vypovídá o míře fixace nových neutrálních mutací za generaci (jak často k fixaci dojde). Je určována množstvím různých mutací v rámci genů (především substitucemi) a předpokládá se, že molekulární evoluce je rychlejší v teplejších prostředích, tedy v tropech nebo ještě jinak řečeno v nižších zeměpisných šířkách čili blízko rovníku. Důvodem mohou být například obecně kratší generační doby organismů v teplejších prostředích, díky čemuž se zvyšují šance pro vznik nových mutací vlivem častějšího dělení buněk, nebo vyšší teplota urychlující mutační rychlost. Určitou roli může hrát i efektivní velikost populace N_e. Podle téměř neutrální teorie evoluce běží molekulární hodiny rychleji v malých populacích, substituční rychlost je tedy vyšší než ve velkých. Mírně škodlivé či výhodné mutace se v menších populacích chovají jako neutrální, kdežto ve velkých mají příznivý nebo negativní vliv a fixují se.

Evoluční rychlost koreluje s rychlostí vznikání nových evolučních linií a může být považována za jeden ze zásadních faktorů, který může vysvětlit gradient biodiverzity v závislosti na zeměpisné šířce. Toto tvrzení je založeno na předpokladu, že diverzita druhů klesá od rovníku směrem k pólům, stále se však pátrá po všech možných vlivech, které tento trend způsobují. Zdá se, že k vyššímu počtu druhů v tropech by mohla přispívat právě i rychlejší molekulární evoluce.

Otázku rychlejší "tropické" molekulární evoluce řešilo už relativně mnoho studií, které však dospěly k nejednotným závěrům. V několika případech byl předpoklad potvrzen, například v rámci savců, obojživelníků, vodních želv, mořských ryb, dírkonošců, ale i krytosemenných rostlin nebo blízce příbuzných linií ptáků. Naopak jiná studie, která porovnávala fylogeneticky nezávislé ptačí druhy, žádnou významnou závislost nepotvrdila. Stejná situace nastala u ještěrek, hadů, suchozemských želv a vodních brouků. Rozdílné výsledky jsou pravděpodobně způsobeny zkoumáním na různých taxonomických úrovních, odlišnými efektivními velikostmi populací, velikostmi zkoumaných vzorků, zahrnutím dalších faktorů (např. typ habitatu, kdy jeden může ovlivňovat míru molekulární evoluce s měnící se zeměpisnou šířkou, zatímco jiný typ vliv nemá), vlivem taxonově specifických znaků i využíváním různých metodologických přístupů a typů analýz nebo výběrem genové oblasti, v jejímž rámci se taxony zkoumají a porovnávají.

Tato studie poskytuje dosud nejucelenější pohled na vztah zeměpisné šířky a rychlosti molekulární evoluce napříč skupinami živočichů. Své závěry vyvozuje na základě zkoumání 8037 párů živočišných linií zahrnujících šest největších skupin: členovce (*Arthropoda*), kroužkovce (*Annelida*), měkkýše (*Mollusca*), žahavce (*Cnidaria*), strunatce (*Chordata*) a ostnokožce (*Echinodermata*). Pomocí

veřejně dostupných genetických dat vybrala takové záznamy, které obsahovaly specifický kódový identifikátor příslušnosti k danému druhu, tzv. BIN (Barcode Index Number), a dále údaj o zeměpisné šířce i délce a sekvenci pro COI-5P gen. Právě tato speciální oblast mitochondriálního genu COI (cytochrom c oxidáza podjednotka I) byla využita ke zkoumání rychlosti molekulární evoluce v rámci jednotlivých párů taxonů. Co se týče výskytu příslušných taxonů, každý pár se musel lišit minimálně 20° zeměpisné šířky. Každý vzorek živočichů byl reprezentován tzv. "centroidem", jednou reprezentativní DNA sekvencí zvolenou ze všech sekvencí v rámci jednoho BINu na základě určitých kritérií. Pro každý taxon se dále stanovila referenční sekvence, která se zkrátila na standardizovanou délku o 620 bp (párech bazí) a s níž se dále pracovalo. Pro vytvoření párů taxonů pak byla za využití Tamura-Nei modelu stanovena hranice genetické divergence mezi hodnotami BINů párovaných členů na 0,02 - 0,15. Kromě toho se zjišťovaly i genetické vzdálenosti mezi členy uvnitř definovaných skupin a také vzdálenost jednotlivých párů k BINu jejich nejbližšího příbuzného. Od toho se dále odvíjely výpočty délek jednotlivých fylogenetických větví a jejich poměry ("branch length ratio"). Pokud větší délky dosahoval člen z nižší zeměpisné šířky, nabýval poměr délek větví kladných hodnot.

Analýza nakonec došla k poměrně zajímavým výsledkům. Vyšší rychlost molekulární evoluce v nižších zeměpisných šířkách celkově vyšla po úpravách jako signifikantní (p-hodnota = 0,0046), ale v zásadě se hodnoty rychlosti molekulární evoluce mezi oblastmi s odlišnou zeměpisnou šířkou příliš výrazně nelišily a nelze z nich vyvozovat jednoznačně platné závěry. Ověřovaný předpoklad se potvrdil v 51,6 % (4146) párů a pro zbývajících 48,4 % (3891) naopak platilo, že molekulární evoluce probíhala rychleji u taxonů ve vyšších zeměpisných šířkách. Celkový trend významně určovali členovci, kteří byli zastoupeni v nejhojnějším počtu a dělili se dále na nižší taxonomické úrovně, přičemž došlo ještě i k dalšímu dělení jedné konkrétní skupiny, a to hmyzu. Při bližším zkoumání vztahu pro jednotlivé větve živočichů lze dojít k pozoruhodným zjištěním, například že dílčí výsledky pro ostnokožce (*Echinodermata*) a paprskoploutvé kostnaté ryby (*Actinopterygii*), zejména řád ostnoploutví (*Perciformes*), výrazně podporovaly testovaný předpoklad, protože ve většině případů opravdu vykazovaly rychlejší molekulární evoluci u jedinců v nižších zeměpisných šířkách.

Přesto na základě veškerých souhrnných výsledků autoři usuzují, že "Hypotézu evoluční rychlosti" nelze považovat za příliš robustní a že její důležitost pro vysvětlení latitudinálního gradientu diverzity také nebude tolik zásadní, jak se mohlo původně zdát. Určitou předvídatelnost míry molekulární evoluce v závislosti na latitudinálním gradientu sice lze předpokládat alespoň v rámci některých taxonů (např. ostnokožců), pro mnoho jiných to ale platit nebude. Zároveň tato studie dochází k závěru, že DNA příslušných taxonů mutuje zhruba stejně bez ohledu na zeměpisnou šířku, tedy že molekulární hodiny proteinu COI běží v rámci párovaných linií přibližně srovnatelně.