

СУЩЕСТВУЕТ ЛИ НЕОБХОДИМОСТЬ В ГИПОТЕЗЕ УНИВЕРСАЛЬНОГО ГЕНОМА?

Изучение механизмов биологической эволюции по-прежнему остается актуальной задачей, несмотря на существование множества ее концептуальных моделей – начиная от дарвиновской и заканчивая гипотезой М. Шермана [1]. Очевидно, что новые эволюционные концепции (идеи, представления) появляются по причине неполноты или противоречивости (по мнению авторов концепций), прежде всего, дарвиновской теории (ДТ) и основанной на ней синтетической теории эволюции (СТЭ). Главным образом, указанным теориям «вменяется в вину» невозможность объяснить возникновение сложных структур и функций (например, глаза, танца пчел и т.п.). Использование принципов декомпозиции и биологического усиления, с нашей точки зрения, может быть вполне достаточно для преодоления этого кажущегося противоречия, о чем мы уже писали [2].

Чаще всего тема «парадокса сложности» возникает при описании эволюционных скачков, которые якобы не вписываются в ДТ и СТЭ, в рамках которых используется принцип градуализма. Особый интерес в связи с этим у биологов-эволюционистов вызывает ситуация с так называемым «кембрийским взрывом» (КВ), который считается чуть ли самым значительным событием в эволюции животных. Так, если самые древние прокариотические организмы появились около 3,5 млрд. лет назад, т.е. спустя 1–1,5 млрд. лет после образования самой Земли, то практически все многообразие типов современных животных было сформировано в кембрийском периоде палеозойской эры приблизительно 490–540 млн. лет назад. Длится этот период примерно 50 млн. лет, что существенно меньше, чем длительность предыдущих архейской и протерозойской эр (около 1,0 и 2,0 млрд. лет, соответственно). Этот «взрыв» как бы разделит историю эволюции жизни на земле на два основных периода – на период, когда существовали преимущественно одноклеточные организмы (бактерии и водоросли), и на короткий период, в течение которого появилось основное разнообразие форм многоклеточных животных, наблюдаемое по сей день. При этом парадоксальность

ситуации состоит в том, что до сих пор нет достоверных свидетельств существования переходных форм, т.е. КВ не предшествовало длительному накоплению постепенных изменений и усложнений. Дарвину «кембрийский взрыв» тоже казался загадкой, которую невозможно было объяснить в рамках его собственной (по сути градуалистической) теории, и которая признавалась им в качестве убедительного аргумента против предложенной им теории эволюции.

Хотя с момента окончания кембрийского периода прошло уже более чем 500 млн. лет, но за это время не появилось ни одного нового типа животных с принципиально новым типом строения. Данное обстоятельство можно объяснить тремя типами гипотез: геологическими, экологическими и биологическими. Во-первых, существуют геологические данные о существенных изменениях положения земной оси относительно твердой оболочки, образованной континентами, за чем могли последовать значимые изменения эволюционных факторов. Во-вторых, выдвинута так называемая «кислородная» гипотеза (и большинство исследователей склоняется именно к ней), в соответствии с которой за период, предшествующий кембрийскому произошло значимое увеличение концентрации кислорода в земной атмосфере, что способствовало переходу к более эффективному аэробному метаболизму и снижению интенсивности ультрафиолетового излучения на земной поверхности. Указанные изменения могли привести к появлению дополнительного количества экологических ниш, которые и были в кембрии реализованы путем ускоренного формообразования (точнее, морфофункциогенеза). [3]. В конце концов, эволюция не может быть самоцелью живой материи, хотя и существует определенная инерционность эволюционных процессов. Следует учитывать также конечность разнообразия экологических ниш в земных условиях, формирующих определенные «запросы» для осваивающих их популяций. Вероятно, во всю последующую геологическую историю Земли условия не так сильно менялись,

чтобы возникали принципиально новые по своим характеристикам экониши, требующие, в свою очередь, от организмов принципиально новых форм и функций. Если мы постулируем однозначную связь формообразования (таксонообразования) с появлением новых экониш, то переходным формам организмов должны соответствовать переходные формы климатических и прочих условий (экониш). Если и не было вторых, то неоткуда было появиться и первым. Однако, фактически, были и первые и вторые, но появлялись (и исчезали) в относительной короткий по геологическим меркам срок. Быстрые адаптивные радиации характерны для периодов, наступающих сразу после крупных экологических кризисов. Кембрийский взрыв как раз и является ярким примером быстрой («катастрофической») адаптивной радиации. Стоит, однако, при этом помнить, что сам по себе экологический кризис не гарантирует ускоренной эволюции и даже просто адекватной филогенетической реакции (адаптации). В общем случае при изменении значений экологических параметров возможно как отставание, так и опережение необходимых эволюционных преобразований.

Как бы там ни было, но очевидно, что со временем экологические условия, с одной стороны, становились жестче (например, появление полярных областей холода), а, с другой – мягче (упомянутая выше защита от солнечного ультрафиолета). Все это указывает на необходимость учета двух возможных механизмов эволюционных преобразований – за счет появления новых экологических ниш, в которых могут быть реализованы наличный генетический и эпигенетический потенциалы, и за счет стрессирующего и, как следствие, мутагенного (эпигенного) действия экологических факторов. Последнее обстоятельство указывает на возможную роль собственно биологических (генетических, эпигенетических) факторов, объясняющих причины кембрийского взрыва.

Еще одним поводом для ревизии канонических теорий эволюции является так называемый парадокс величины С (C-value парадокс), суть которого состоит в том, что размеры генома эукариот настолько велики, что их потенциальная генная (информационная) емкость существенно превышает наличное (потребное) число генов. Кроме этого, вариация величины С у эукариот составляет 80 тыс. раз, а «эволюционно примитивные» реликтовые формы по содержанию ДНК на клетку зачастую

превосходят представителей эволюционно «продвинутых» таксономических групп. По словам Б.М. Медникова «Судить о степени эволюционной продвинутости по размерам генома столь же правомочно, как оценивать общественное положение человека по его весу» [4].

Выяснилось, что главным «виновником», ответственным за существование С-парадокса является некодирующая часть ДНК. Так, доля негенной ДНК может оставлять почти 99% всего генома. Количественная разница же между геномами представителей многоклеточных (притом, что эволюционно они сильно отстают друг от друга) значительно меньше. Гены многоклеточных эукариотических организмов в процессе эволюции дублировались либо мутационно изменялись, но принципиально новых генов почти не появлялось, что также сложно объяснить с позиций дарвиновской концепции эволюции [1]. При этом, вероятно, следует учитывать то обстоятельство, что эволюция могла идти и по пути совершенствования регуляторных систем, для чего не требуется появления качественно новых генов. В данном случае, следует говорить о своеобразной «эндогенной эволюции», не обусловленной переходом в новую экологическую нишу.

Вызывает также определенное затруднение для объяснения факт того, что генетические программы развития морфологически различных, но функционально подобных органов включаются одинаковым способом. Так, ген, включающий развитие глазного яблока у хордовых животных и членистоногих, представляет практически один и тот же ген, называемый *Pax6*. По теории Дарвина такого не может быть, поскольку у предков данных типов животных глаз не было. Похоже на то, что генетическая основа сходных качеств и функций существовала еще у предков, но никак себя не проявляла. Известны и другие подобные примеры (сходство генетических механизмов формирования речи человека и обучения птиц пению). Особенно показателен пример с *Hox*-генами, ответственными за план формирования отдельных сегментов тела, который (план) аналогичен у всех типов животных. Кроме этого, оказалось, что последовательность *Hox*-генов на хромосоме соответствует пространственно-временному порядку развития сегментов (головы, груди и т.д.), которые они кодируют. Это тоже трудно объяснить на языке дарвиновской теории, в соответствии с которой необходимые мутантные

локусы появлялись в случайной последовательности, т.е. в случайных местах хромосом эукариот или в нуклеоиде прокариот. Здесь, вероятно, будет уместным сказать, что символичность, знаковость генетического кода не имеет абсолютного значения. Противоположную точку зрения следует рассматривать в качестве проявления своеобразного кодоцентризма. На самом деле, может оказаться, что многоуровневая организация генетического материала в определенной степени отражает структурно-функциональную организацию биологических систем. Яркой иллюстрацией к сказанному (хоть и из весьма далекой от теории эволюции сферы) является пример из нейрофизиологии с расшифровкой визуальных объектов по содержанию спектров нейронной активности мозга. Нейроны не только кодируют информацию, но и в значительной степени топографией своей активности воспроизводят реальные (пространственные, временные) характеристики объектов, на которые направлено внимание.

Указанные выше обстоятельства («трудности» эволюционной теории) побудили Михаила Шермана [1] предложить новую модель эволюционных механизмов, отражающую их генетическую основу. Правда, он сразу и откровенно мистифицирует («креационизирует») эту модель, считая, что причины особых событий, произошедших в начале кембрийского периода не могли иметь земного происхождения, и, что здесь не могло обойтись без «вмешательства извне» («акта творения»). Тем не менее, в модели Шермана наличествует элемент «сермяжной правды», который мы и рассмотрим.

Модель М. Шермана предполагает появление в кембрийском периоде многоклеточных организмов, обладающих «универсальным геномом», в котором содержится генетическая информация о плане строения всех существующих и поныне типов животных. Другими словами, предполагается, что представитель любого типа организации имеет (или имел) в своем геноме информацию любого другого типа и, в конечном счете, именно разница во включении программ определила принадлежность к тому или иному типу организации. Таким образом, одни животные стали червями, а другие хордовыми.

В дальнейшем «доводка» генетических программ, по мнению М. Шермана, могла происходить в соответствии с концепцией Дарвина, т.е. путем небольших случайных

изменений и последующего отбора. Очевидно, что определенный биологический (структурно-функциональный) прогресс все же был, что нашло отражение в существовании более совершенных форм многоклеточных организмов (например, млекопитающих). Фактически, автором гипотезы (претендующей на «высокое звание» теории) в неявном виде утверждается идея об отсутствии прямой генетической связи (т.е. генетической преемственности) между разными типами хордовых животных – основная (базовая) информация предсуществовала еще на этапе, когда возникли основные типы многоклеточных организмов. С логической точки зрения такая позиция вполне корректна. Действительно, одновременное существование простых и сложных типов организмов вовсе не означает, что вторые произошли от первых. Фактически, предполагается наличие родственных связей между многоклеточными организмами в виде общего предка, а не в виде непрерывного (и иногда разветвляющегося) ряда все более и более усложняющихся со временем форм. Забегая вперед, скажем, что, может быть, в этом содержится самое главное рациональное зерно воззрений М. Шермана, дополняющее традиционное («фрактальное») представление генеалогического дерева. Во всяком случае, логично предположить существование двух вариантов генеалогического дерева – классического, с ветвями нескольких порядков разветвления и щеткоподобного (или кисточкоподобного), наиболее полно иллюстрирующее идею М. Шермана об «универсальном геноме». В любом случае, здесь на примере биологической эволюции поднимается очень важная проблема общей теории системогенеза – проблема возникновения нового качества у элементов, изменения их количества и отношений между ними [5].

Мы считаем, что в процессе эволюции происходила иерархизация генома, т.е. часть генов (генома) приобретала регуляторные (управляющие) функции. Данные гены, будучи способными вызывать полную структурно-функциональную реорганизацию (модифицировать морфогенез или даже просто его «породить»), занимают более высокое «положение» по сравнению со структурными генами, поэтому их можно назвать метагенами, а некоторые даже суперметагенами (регуляторы метагенов).

М. Шерман предлагает искать универсальный геном у примитивных многоклеточных, представителями которых являются кишечечно-

полостные. При этом важно было ответить на вопрос – или в процессе эволюции появляются новые гены, которые в принципе отсутствовали у предковых форм и тогда можно строить «классическое» эволюционное дерево, или происходит потеря генов первичного «универсального генома», что означает щеткоподобность эволюционного древа. М. Шерман предполагает вторую возможность, считая, что у предков кишечнополостных было гораздо больше генов, но они «потерялись» из-за неиспользования, и в доказательство приводит пример отсутствия у плоских червей генов, кодирующих белки семейства *EphR*, но имеющихся у человека. Идея Шермана состоит в том, что если у более примитивных, чем черви, форм такие гены сохранились, то это будет подтверждением его гипотезы.

В неявном виде гипотеза М. Шермана базируется на факте избыточности биологических систем, которая проявляет себя на всех уровнях биологической интеграции и, в частности, на макромолекулярном уровне. Возможно несколько путей возникновения избыточности генома, т.е. такого, у которого не вся наличная генетическая информация задействована в морфо-функциогенезе и собственно в онтогенезе. Наряду с явлением полифункциональности генов увеличение информационной емкости генома возможно за счет полногеномной и частичной дубликации генных локусов. Правда, остается открытым вопрос о механизме дубликации генетического материала. Неясно также были ли это нейтральные макромутации (геномные мутации), заложившие основы для дальнейшего адаптиогенеза, или они сразу имели адаптивный характер остается неясным.

Информационному расширению генома могла способствовать и вставки чужеродных генетических текстов, и хромосомные рекомбинации, точечные и хромосомные мутации. Подобная ситуация несколько не противоречит законам генетического наследования, поскольку нейтральные изменения генома тоже наследуются.

Можно согласиться с мыслью М. Шермана о том, что отсутствие какой-либо структуры и/или органа у более простого организма не обязательно указывает на их обязательное появление (приобретение) в процессе эволюции (что, фактически, означает необязательность прогрессивной эволюции), но также может указывать на факт потери или структурно-функционального упрощения у данного

организма за последние 500 млн. лет эволюции.

Достоинство предложенной модели состоит еще и в том, что она обладает определенной эвристичностью, т.е. предсказательной силой, главным образом, указывая на существование у более примитивных организмов генетических программ структурно-функционального развития эволюционно «продвинутых» организмов.

Необходимо также учитывать то, что регуляторных генов (генов «домашнего хозяйства») не так уж много и требуется (генетическая «поддержка» плана строения тела, функционирования выделительной системы, локомоторных органов, сенсорных систем, системы пищеварения, выделительная система, иммунитета, систем размножения, нервной и кровеносной систем), и что они могли первично существовать в виде квазигенов (протогенов). Ведь первичная молекула ДНК не представляла собой «гроздь» генов, не имеющих ни возможности транскрибироваться, ни, тем более, транслироваться.

Гены не только мутируют (мутируют «старые» гены вследствие точечных мутаций), кодируя приобретение новых функций и/или оптимизируя существующие, но возникают и новые гены на новой структурной основе (например, вследствие дубликации наличного генетического материала или путем горизонтального или вертикального переноса генов). Новые гены на новой структурной основе возникают как спонтанно («непреднамеренно») в силу эндогенных процессов, так «преднамеренно» в ответ на стрессующие «запросы» среды, представленной совокупностью биотических и абиотических факторов. Например, популяция в процессе своей жизнедеятельности сама может «породить» фактор в принципе любой природы, который, с одной стороны, будет выступать фактором изменчивости, и, с другой стороны, должна будет к нему приспосабливаться, т.е. фактор может выступить одновременно и фактором отбора [6]. О спонтанности и индуцибельности мутации, разумеется, следует говорить и в отношении точечных мутаций.

Идея избыточности «универсального генома» М. Шермана требует ответа еще на один вопрос (снова системологическая проблема) – мог ли возникнуть геном с такой степенью избыточности? Каковы вообще пределы биологической избыточности, каков механизм биологической избыточности и как его проявление зависит от уровня структурно-

функциональной организации биосистем? В этом отношении интерес представляют взгляды С.Б. Пашутина [7] на механизмы биологической эволюции. Он, в частности, считает, что можно представить «...эволюционный процесс как предварительное, за длительный срок, накопление потенциально или условно полезных химических сочетаний, которые ожидают подходящих условий, чтобы оказаться востребованными... докембрийский этап филогенеза можно рассматривать, как чрезвычайно важную стадию биологической эволюции... Его историческая ценность заключалась в накоплении «биосырья». Не исключено также, что элементы «универсального генома» существовали у одноклеточных предшественников многоклеточных организмов и их возникновение и эволюция происходило на основе «самосборки» предсуществующих генетических систем.

В заключение следует заметить, что вместо того, чтобы обвинять Михаила Шермана в креационистских настроениях (против чего,

кстати, он и сам не возражает), не лучше ли подумать о принципиальной возможности существования «универсального генома» (или о возможности геновой и/или геномной избыточности) и о том, как он мог возникнуть (если мог вообще). В конце концов, гипотеза М. Шермана не претендует на статус новой эволюционной теории, она лишь призвана описать определенный этап биологической эволюции, а именно, этап после возникновения «универсального генома». Самого механизма возникновения такого генома гипотеза не касается. Даже, если гипотеза М. Шермана не подтвердится, она уже сыграла положительную роль, являя собой яркий пример проявления принципа поризма [8], в соответствии с которым поризм – это утверждение («непредвиденное следствие»), сформулированное в ходе решения какой-либо задачи, которое по содержанию своему охватывает намного более широкий круг явлений, нежели тот, к которому эта задача относилась. И ошибочные теории могут быть пористичны.

Литература

1. Sherman M. Universal genome in the origin of metazoan // Cell Cycle. – 2007. – 6, N 15. – P. 1873–1877.
2. Михеев А.Н. Эпигенетическое усиление мутационных изменений, повышающее разрешающую способность естественного отбора // «Досягнення і проблеми генетики, селекції та біотехнології», сб. наук. праць. – К.: Логос, 2012. – 4. – С. 165–170.
3. Sperling E., Friederich C., Ramanc A., Girguis P., Levin L., Knolla A. Oxygen, ecology, and the Cambrian radiation of animals [Электронный ресурс]. – Режим доступа: www.pnas.org/cdi/doi/10.1073/2013/07/pnas/1312778110.
4. Медников Б.М. Происхождение и эволюция нуклеиновых кислот // Журн. Всесоюз. хим. о-ва им. Д.И. Менделеева. – 1980. – 25, № 4. – С. 425–431.
5. Урманцев Ю.А. Эволюционика, или Общая теория развития систем природы, общества и мышления. – М.: Либрикон, 2009. – 240 с.
6. Михеев А.Н. Может ли фактор генетической и/или эпигенетической изменчивости быть одновременно фактором отбора измененных им форм? // Сб. научных праць «Фактори експериментальної еволюції організмів». – Київ: Логос, 2010. – 8. – С. 56–61.
7. Пашутин С.Б. Биологическая эволюция и морфогенез // Биология. Приложение к газете «Первое сентября». – 2004. – N 45. – С. 2–5; N 46. – С. 22–23.
8. Корогодина В.И., Корогодина В.Л. Информация как основа жизни. – Дубна: Издательский центр «Феникс», 2000. – 208 с.

MIKHAYEV A.

*Institute of cell biology and genetic engineering of NAN of Ukraine,
Ukraine, 03143, Kiev, Zabolotnogo str., 148, e-mail: mikhalex7@yahoo.com*

IS THERE NECESSITY FOR HYPOTHESIS OF UNIVERSAL GENOME?

On the example of hypothesis about the «universal genome» of M. Sherman important questions in relation to the rates (speeds) of evolutionary transformations of the biological systems and problem of abundance (inertness) of evolutionary transformations are considered in the article. Geological, ecological and biological mechanisms which explain the phenomenon of the Cambrian explosion are selected. It is demonstrated that hypothesis of “universal genome” of not contradicts to modern evolutionary views.

Key words: hypothesis about the «universal genome», evolutionary transformations of the biological systems, phenomenon of the Cambrian explosion.