

## **Biokémiai hasonlóságok**

**Ha összehasonlítjuk a különböző fajok fehérjéit, arra a meglepő eredményre jutunk, hogy a vizsgálatok eredménye végső soron nem támogatja az evolúciós elképzelést.**

Sok ember számára a fehérjék az egyik legfontosabb táplálékcsoportot, az egészséges étrend legfontosabb alapelemét jelentik, és nemigen gondolnak arra, hogy azok valójában parányi gépezetek. Mostanában kellett ráébrednünk, hogy a fehérjék elképesztően sokféleképpen működő gépek, amelyek az élő szöveteket építik fel, és irányítják az élethez szükséges reakciókat. Egy átlagos sejtben több ezerféle típusú fehérje található, amelyek mindegyike különbözik a többi típustól. A represszor molekulának nevezett fehérjék például a szükséges ideig blokkolják vagy kikapcsolják a DNS egyes részeinek működését. A bőr javarészt egy kollagén nevű fehérjéből épül fel. Az izomsejtek összehúzózó képességéért főként a miozin és az aktin nevű fehérjék felelősek, amikor pedig fény éri a szem retináját, először a rodopszin nevű fehérjével lép kölcsönhatásba.

Az ilyen és hasonló funkciók ezreihez elengedhetetlen, hogy a fehérjék különböző részei között nagyfokú koordináció és együttműködés legyen, amelynek foka messze meghaladja bármely ember alkotta gépezetét. Ez az együttműködési funkció az aminosavak fehérjemolekulán belüli sorrendjétől függ. (A fehérjék tulajdonképpen sok egymáshoz kapcsolódó aminosavból álló molekulák.)

Az élő szervezetek molekuláris szintű tanulmányozása viszonylag új szakterület. Az információ, amit a tudósok a molekuláris biológiából nyernek, az élő szervezetek összehasonlítására és kategorizálására is használható. Ezt a szakterületet *biokémiai taxonómiának* nevezik. A biokémiai analízis azzal kecsegtet, hogy a taxonómia egy sokkal precízebb tudományággá válhat, mert lehetővé teszi a különböző szervezetek közötti különbségek megmérését és számszerű meghatározását.

### **Homológia, a kevésbé leírt dolog**

Mindannyian érezzük, hogy a ló általános felépítése sokkal hasonlőbb a tehénéhez, mint a madaréhoz, a közöttük levő különbségeket azonban lehetetlen matematikailag kifejezni. Annak eldöntése, hogy az összehasonlító anatómia és a homológiák alapján mely szervezeteket soroljuk azonos osztályba, bosszantó módon egy kicsit mindig szubjektív lesz. Úgy tűnt, hogy a molekuláris biológia forradalma mindezt megváltoztatta azáltal, hogy az organizmusok egy egészen újfajta összehasonlítási módját tette lehetővé, amely fehérjéik és DNS-eik szerkezetének összevetésén alapul.



A biokémiai taxonómia egyik legfontosabb eljárása a fehérjén belüli aminosav-sorrend (szekvencia) meghatározása, illetve a DNS-ben lévő bázishármasok (tripletek) sorrendjének megállapítása. A kutatók DNS- és fehérje-szekvencia analizátorokat alkalmaznak e sorrendek a meghatározásához. Sok fehérje számos különböző organizmusban előfordul. Felfedezték, hogy egy adott fehérje (pl. a citokróm *c*) aminosav-sorrendje nem állandó, hanem fajonként változik. A citokróm *c* rendszerint egy 104 aminosavból álló lánc. Noha mindig ugyanazt a funkciót látja el és mindig elég hasonló ahhoz, hogy tudjuk, ugyanarról a fehérjéről van szó, az egyes taxonokban nagy változatosságot mutat. Két különböző szervezet aminosav-sorrendjét úgy lehet összehasonlítani, ha egymás mellé illesztjük a két szekvenciát, és megszámláljuk az eltérő aminosavakat. Hasonló összevetést lehet végezni a DNS-szálak között is. Szemléltetésképpen nézzük meg az alábbi képen látható betűsorozatokat:

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
A	D	C	D	J	F	B	H	I	J
	1			2		3			

A fenti két sorozat mindegyike tíz betűből áll, és a három számozott helyen különböznek egymástól. A különbözőség mértéke tehát 30%. Ha a sorozatok csak egyetlen helyen különböznek, az eltérés 10% lenne, ha pedig két helyen, akkor 20%.

Azokat az állatokat, amelyek DNS- vagy aminosav-sorrendje nagyobb mértékben egyezik, taxonómiaiailag közelebbi osztályokba sorolják. A molekuláris biológián alapuló osztályozási rendszer sok esetben megerősíti a taxonómusok anatómián alapuló tradicionális besorolásait. Vagyis a ló sokkal jobban hasonlít a tehénre, mint a madárra, de nemcsak a nyilvánvaló megjelenése miatt, hanem amiatt is, mert fehérjéinek aminosav-sorrendje és DNS-ének bázishármas-sorrendje is sokkal hasonlóbb.

## Újraértelmezett hasonlóságok

A hasonlóságok azonosításának új módszereitől a biokémikusok azt várták, hogy segítenek majd megérteni, valójában mit is jelentenek ezek a hasonlóságok. A közkeletű darwini értelmezés szerint a hasonlóságok egy közös őstől való leszármazásra utalnak. Minél nagyobb két szervezet között a hasonlóság – mondják a darwinisták –, annál rövidebb ideje váltak szét egymástól a leszármazási vonalaik.

A darwinizmus támogatói a biokémiai felfedezéseket az elmélet új, fontos bizonyítékaiként üdvözölték. Azt, hogy a biokémiai hasonlóságok párhuzamosak az anatómiai hasonlóságokkal, az e hasonlóságokból fakadó evolúciós rokonság megerősítésének tekintik. Az emberi fehérjék például sokkal közelebb állnak a majmokéihoz, mint a teknősökéihez. Ez a darwini bizonyítéka annak, hogy az ember és a majom egy közös őstől származik.

Az értelmes tervezettség támogatói a szerkezeti hasonlóságokban a funkcióbeli hasonlóságok visszatükröződését látják. Minden élő szervezetnek ugyanabban az univerzumban kell fennmaradnia, és muszáj beilleszkednie annak ökológiai hálózatába. Ugyanakkor mindegyiküknek illeszkednie kell a táplálékláncba is. Az azonos univerzumon belüli működés szükségessége az összes élő szervezettel szemben azonos fizikai és kémiai igényeket támaszt. Egy intelligens cselekvő számára logikus és egyszersmind hatékony is az élőlényeket közös biokémiai alapon megtervezni. Ugyanígy az sem meglepő, hogy a szervezetek anatómiai és biokémiai szinten egyaránt mutatnak hasonlóságokat. A téma szempontjából valóban új biokémiai hozadék másban rejlik, ahogy azt a későbbiekben látni fogjuk.



*Halászsas az ebédjével. A szervezetek közötti kémiai hasonlóságok több faj hatékony támogatását teszik lehetővé a táplálékláncokban*

## Egy új sablon

A tudósok a biokémiai összehasonlítás segítségével újabb evolúciós fákat próbálnak létrehozni, hogy ellenőrizzék a régebbieket. Amikor azonban a fehérjék közötti hasonlóságok számszerűsített mértékét párhuzamba állítják, az így kibontakozó minta ellentmond a darwinizmuson alapuló elvárásoknak! De lássuk a témát részleteiben. Az 1. táblázat a különböző élőlényekben található citokróm *c* fehérje aminosav-sorrendjének százalékos eltéréseit mutatja. (Vegyük figyelembe, hogy noha több élőlénynél azonos a százalékos eltérés, az eltérő aminosavak tényleges elhelyezkedése nagy valószínűséggel nem ugyanaz.)

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.	13.	14.	15.	16.	17.
1. Ember	0	1	10	12	9	10	13	13	14	17	20	17	23	19	29	38	65
2. Rhesus majom	0	9	11	8	11	12	12	13	16	20	17	22	19	28	38	64	
3. Disznó, tehén, juh	0	3	4	6	9	10	9	11	16	11	15	13	25	40	64		
4. Ló	0	6	7	11	12	11	13	18	13	16	15	27	41	64			
5. Nyúl	0	6	8	8	9	11	16	13	16	16	24	39	64				
6. Kenguru	0	12	10	11	13	17	13	19	16	26	42	66					
7. Csirke, pulyka	0	2	8	11	16	14	18	17	26	41	64						
8. Pingvin	0	8	12	17	14	19	18	25	41	64							
9. Patintós teknős	0	10	17	13	18	18	26	41	64								
10. Kecskébéka	0	14	13	19	20	27	43	65									
11. Tonhal	0	8	19	18	30	44	65										
12. Ponty	0	14	12	25	42	64											
13. Kutyahal	0	16	30	44	65												
14. Orsóhal	0	30	46	66													
15. Selyemhernyó lepke	0	40	65														
16. Búza	0	66															
17. Rhodospirillum rubrum c <sub>2</sub>	0																

### 1. táblázat. 17 organizmus citokróm *c* molekulájának összehasonlítása

Az „ember” sort végignézve láthatjuk, hogy az aminosavak sorrendjében egyre nagyobb eltérést tapasztalunk, ahogy távolodunk a rendszertani skálán. Az ember és a rhesus majom között az eltérés csupán 1%, az ember és a disznó között 10%, az ember és a hal (ponty) között 17%, az ember és a rovar (selyemhernyó-lepke) között 29%, és így tovább. Ez a „felfedezés” nem meglepő, hiszen egybevág a hagyományos taxonómiai kategóriákkal.

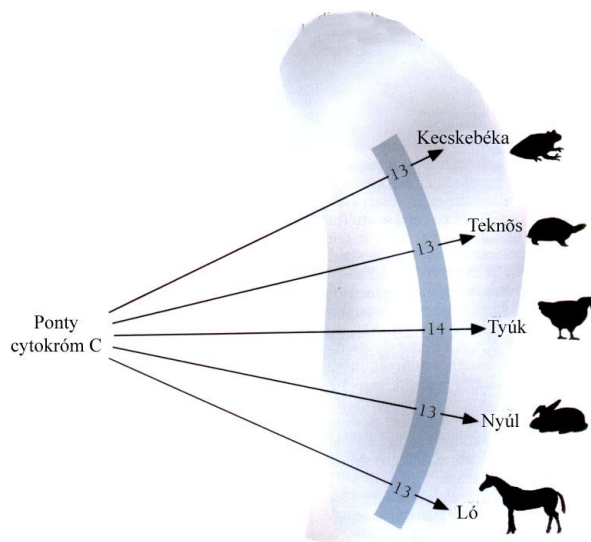
Most nézzük meg a selyemhernyó lepkéjének sorát (a táblázat 15. oszlopa), és haladjunk lefelé a gerincesek között osztályról osztályra. Figyeljük meg, hogy e rovar citokróm *c* fehér-

jéje közel ugyanolyan mértékben különbözik olyan egymástól igen eltérő szervezetektől, mint az ember, a pingvin, a teknős, a tonhal és az orsóhal. Figyelembe véve az említett szervezetek közti óriási változatosságot, meglepő, hogy citokróm *c* fehérjékük tekintetében mindannyian majdnem ugyanolyan százalékban különböznek a selyemhernyó lepkéjétől.

Ez a felfedezés azért olyan megdöbbentő, mert ellentmond a darwini elvárásoknak. Az evolúciós skálán a selyemhernyó lepkéjétől felfelé haladva azt várnánk, hogy molekuláris szinten egyre nagyobb különbségeket tapasztalunk majd. Ez az elvárás akkor is fennáll, ha voltaképpen fokozatosan megjelenő osztályok jelenlegi képviselőit hasonlítjuk össze, nem pedig leszármazottakat és ősokeket. Például a darwinisták a kétéltű kecskebékát egy többszörös elágazás termékének tekintik, amely a kétéltűek hüllőkhöz vezető ágáról való leágazás után ment végbe. Ez azt jelenti, hogy bár a kecskebéka a gerincesek egy olyan *rendjének* a tagja, amely a hüllőknek is őse, ő maga nem őse a hüllőknek. A feltételezés még mindig az, hogy a „fa”-mintát kellene tapasztalunk (jóllehet általános értelemben véve), amikor a jelenleg élő, egymással közvetlen leszármazási kapcsolatban nem lévő képviselőiken keresztül összehasonlítjuk az ősi rendeket. A darwinizmusból az következne, hogy ha összehasonlítjuk a ma élő szervezeteket, akkor nagyobb molekuláris távolságot tapasztalunk a rovaroktól a kétéltűekig, mint a ma élő halakig, még nagyobb távolságot a hüllőkig, és még ennél is nagyobbat az emlősökig. A valóság azonban nem ezt a mintát igazolja vissza.

Vizsgáljunk meg egy másik példát. Az evolúciós forgatókönyv szerint a kétéltűek a halakból alakultak ki. Így azt várhatnánk a citokróm elemzéstől, hogy a halé sokkal hasonlóbb lesz a kétéltűekéhez, ám ez nem így van. A 9. ábra mutatja a százalékos eltéréseket a hal (ponty) és néhány szárazföldi állat citokróm *c*-je között.

Ha összehasonlítjuk a citokróm *c* szekvenciák változásait néhány gerincesnél, azt találjuk, hogy azok azonos távolságra vannak a haltól. Megint hiányzik a várt evolúciós fa. A kétéltűeket, amelyeket az ábrán a kecskebéka képvisel, hagyományosan közelebbinek tekintik a halakhoz az evolúciós skálán. Azonban molekuláris szinten nincsenek közelebb a halakhoz, mint a hüllőkhöz vagy az emlősökhöz.



**9. ábra.** A citokróm *c* aminosav-sorrendjének különbségei (az eltérés százaléka) a ponty és néhány egyéb gerinces állat esetében. Figyeljük meg, hogy az eltérések mennyire közel esnek egymáshoz

A hagyományos darwini forgatókönyv szerint a kétéltűek a halak és a szárazföldi gerinces állatok közötti átmenetek. Aminosav-sorrendjük elemzése alapján a kétéltűeknek nagyjából középen kellene elhelyezkedniük, de ez nem így van. Ez majdnem az összes kétéltű fajra igaz,

amelyet az összehasonlító módszerrel megvizsgáltunk. Az evolúciós sorozat alapján azt vár-nánk, hogy bizonyos kételtűek közelebb lesznek a halakhoz („primitív” fajok), míg mások a hüllőkhöz („fejlettebb” fajok). Arra számítanánk továbbá, hogy a ló lesz a legtávolabb. Ám ez szintén nem így van. Az, hogy a ló, a nyúl, a csirke, a teknős és a kecskebéka fehérjéje azonos mértékben eltérő a pontyétól [lásd 9. ábra], még nem jelenti azt, hogy az előbbieket citokróm molekulái azonosak. Fehérjéik egymástól is és a pontyétól is különböznek. A különböző szer-vezetek esetén nem ugyanaz a 13-14 aminosav tér el a ponty aminosav-sorrendjéhez képest.

## A molekuláris óra

Néhány tudós felvetette, hogy a *molekuláris óra* elmélete megoldaná a rejtélyt. Az általuk kí-nált magyarázat az, hogy az idő előrehaladtával a mutációk aránya állandó, így egészen ter-mészetes, hogy azok a fajok, amelyek ugyanakkor váltak szét a közös őstől, ma azonos mér-tékben térnek el molekuláris sorrendjük tekintetében. Ennek a magyarázatnak azonban több komoly hiányossága is van. Először is: a tudomány szerint a mutációk aránya a generációs időhöz viszonyul, s a különböző molekulák mutációs aránya azonos az egyes generációkban. Gond akkor van, ha ugyanazon a taxonon belül két olyan fajt – pl. két emlőst – hasonlítunk össze, amelyeknek eltérő a generációs idejük. Az egerek például évente négy-öttször szapo-rodnak, így mutációik számának lényegesen magasabbnak kellene lennie, mint mondjuk az elefánt esetében. Következésképp összehasonlítható fehérjéik szekvencia-eltérésének nem szabadna azonos mértékűnek lennie.

Ezen kívül az egyes fehérjék mutációs aránya még ugyanazon a fajon belül is eltérő. Ez azt jelenti, hogy ahhoz, hogy a molekuláris óra elmélete helyes legyen, nem egy, hanem több ezer molekuláris órával kellene számolni.

## A taxonómia feladata

A taxonómia gyakran unalmas és hálátlan munka. A kutatóknak néha hosszasan kell dolgoz-niuk még egy egyszerű osztályba sorolás eldöntéséhez is. De a taxonómiának nemcsak ilyen apró részletekkel kell foglalkoznia, hanem a szerves élet általános sémájáról is képet kell ad-nia.

A darwinisták által festett kép a szervezetek folyamatos sorozatát mutatja. Az élet fokoza-tosan, számtalan fázison keresztül bontakozik ki, az egyszerűbbtől az egyre bonyolultabbig. Mindegyik kategóriában vannak „primitív” szervezetek, amelyek épp hogy csak felemelked-tek az előző, egyszerűbb állapotból, és vannak „fejlettebbek”, azaz olyanok, amelyek már egy újabb, komplexebb állapot felé haladnak.

Az értelmes tervezettség támogatói előtt egy másfajta kép tárul fel, amelyben az egymással rokon szervezetek magasabb szintű, egymástól független kategóriákba csoportosíthatók. Mi-vel az értelmes tervezettség támogatói szerint egyáltalán nem bizonyított, hogy mindegyik csoport valamely másikból fejlődött ki, a töretlen, folyamatos sorozatok nem szükségszerűek. Inkább arról van szó, hogy a fő taxonok jellegzetesek és elkülönülnek egymástól, és jól meg-különböztethetők a többiektől jellegzetes, összehangolt struktúrájuk alapján.

Vajon melyik kép illik jobban a tudomány által elének tárt világra? A jelenlegi organizmu-sok léte ésszerűen megmagyarázható az értelmes tervezettség alapján. Ha megvizsgáljuk a *Felidae* (macskák) családját, rengeteg változatot találunk közöttük, kezdve a háziasított sziá-mi macskától az afrikai oroszlánon át a bengáli tigrisig. Ugyanakkor könnyedén meg tudjuk különböztetni őket más állatfajoktól, például a rókától, a menyéttől, a kutyától stb. Az élővi-lág különböző szervezetsoportokat tár elének, amelyek mindegyike jellegzetes tulajdonságok

köré csoportosul. A határoknál, különösen a nemzetségek és a fajok szintjén, ezek a különbségek nem mindig élesek, és előfordulhat, hogy a taxonómusok később másképpen értékelik őket.

A kövületek is szervezetcsoportok sémáját tárják elénk. Az pár évtizedben a tudományban egyfajta forradalom zajlik, melynek során számos paleontológus módosította Darwin fokozatos fejlődésre vonatkozó alaptanait az egymást váltó sztázisok (változatlan állapotok) és hirtelen változások elméletére. Az evolúció-elméletnek ezt a módosítását „szakaszos egyensúlynak” (vagy „pontozott egyensúlynak”) nevezik. Ezek a tudósok a kövületek világának több mint egy évszázados kutatása után felismerték, hogy a megkövült szervezetek nem lépcsőzetes sorozatot, hanem szakadékokkal elválasztott csoportokat alkotnak.

A biokémia legújabb adatai, amelyek alapján a szervezetek különbségei valamelyest mennyiségileg is mérhetővé váltak, általában megerősítik a csoportosodás fenti sémáját. A fehérjék aminosav-sorrendjének tanulmányozása során kiderült, hogy a különböző organizmusok nem szervezhetők egyetlen,  $A \rightarrow B \rightarrow C$  típusú sorozatba, ahol A B-nek, B pedig C-nek az őse, hanem a különböző taxonokba tartozó legtöbb organizmustól azonos távolságra vannak. Ez a megfigyelés a fajok széles skálájára igaz.

A különböző szakterületek adatai egy kirakós játékhoz hasonlóan egymáshoz illenek. Habár még jó néhány darab hiányzik a kirakós játékból, az elénk táruló kép szervezetcsoportokat mutat, amelyek mindegyikén belül számos változat létezik a nem meghatározó jellegzetességek tekintetében, s amelyek mindegyikét jól kivehető hézagok választják el a többi csoporttól. A molekuláris biológia fő felfedezései új, mennyiségileg mérhető adatokat adtak a kezünkbe az élő szervezetek hasonlóságairól és különbözőségeiről. Soha nem szabad azt a benyomást keltenünk, hogy jelenlegi tudományos ismereteink elegendőek az összes kérdés megválaszolásához, azt azonban kijelenthetjük, hogy az adatok nem egy darwini evolúcióval egybevágó élővilág képét támasztják alá.

(Percival Davis és Dean H. Kenyon: Pandák és emberek c. könyve alapján.)