

Gyökereztetett baktériumtörzsfá: máshol volt minden ma élő baktérium közös őse, mint eddig gondoltuk

A ma élő baktériumok közös őseit, vagyis a bakteriális törzsfá gyökerét tárta fel Szöllősi Gergely, az ELTE-n működő Lendület Evolúciós Genomika Kutatócsoport vezetője, illetve brit és ausztrál munkatársai egy új megközelítés segítségével. Mint az a *Science*-ben megjelent cikkükből kiderül, a gyökér nem ott van, ahol eddig sejtették.

2021. MÁJUS 17.



Szöllősi Gergely

Bár a molekuláris filogenetika hallatlan fejlődésen ment át az utóbbi évtizedekben, és a környezetből izolált és elemezhető örökítőanyagok a baktériumok soha nem gyanított változatosságára derítettek fényt, a korai baktériumevolúció feltérképezésekor mégiscsak több milliárd évvel ezelőtti folyamatok nyomait kell megtalálnunk.

Ráadásul a baktériumoknak megvan az az evolúciókutatók szempontjából (látszólag) kellemetlen tulajdonságuk, hogy távoli rokon egyedek is cserél-

hetnek géneket egymással, az úgynevezett horizontális géntranszfer segítségével. Szöllősi Gergely, az ELTE-n működő Lendület Evolúciós Genomika Kutatócsoport vezetője, illetve brit és ausztrál munkatársai azonban egy merőben új megközelítés segítségével (a horizontális géntranszfert információforrásként, nem pedig zajként értelmezve)

[feltárták a ma élő baktériumok közös őseit, vagyis a bakteriális törzsfá gyökerét](#)

– a felfedezésről [a Science-ben számoltak be](#). A gyökér pedig nem ott van, ahol eddig sejtették.

Szöllősi Gergely és kutatócsoportja a világ élvonalába tartozik a baktériumok (és általában a korai földi élet) evolúciójának kutatásában. Másfél évvel ezelőtti felfedezésük már tudományos szenzációt keltett. Akkor – amint arról az mta.hu is [beszámolt](#) – kimutatták, hogy az általánosan elfogadott hárombirodalmas (doménes) felosztással szemben csak két birodalom létezik. A hagyományos elmélet szerint az élővilág korai fejlődése során először a baktériumok fejlődési vonala vált le az archeák és az eukarióták közös ősének vonaláról, majd utóbbi két csoport is kettévált. Emiatt e három élőlénycsoport három elkülönült doménnek tekintendő. Szöllősi és kutatótársai ugyanakkor

[filogenetikai módszerekkel kimutatták, hogy az eukarióták valójában az archeák leszármazottai, így nem indokolt őket külön birodalomnak tekinteni.](#)

A most a *Science*-ben megjelent tanulmányukban a baktériumok közös őseit keresték. A baktériumok alkotják a sejtés élőlények legsokszínűbb és legszámosabb csoportját. A korábbi kutatások a környezetből (legfőképpen a vizekből) izolált és elemzett örökítőanyagok elemzésének segítségével a baktériumok döbbenetes változatosságára derítettek

fényt. Szinte felmérhetetlen a bakteriális genomokról árulkodó adatmennyiség, gyakran már éppen a túl sok adat okoz nehézséget az evolúciókutatóknak, akik a DNS-szekvencia segítségével igyekeznek leszármazási kapcsolatokat találni a baktériumcsoportok között, hogy ezáltal felrajzolhassák a mai baktériumokhoz vezető evolúciós törzsfát.

„Fizikusként doktoráltam az ELTE-n, de az érdeklődésem fokozatosan az elméleti evolúcióbiológia irányába tolódott. Végül Lyonban kötöttem ki, és ott kezdtem a horizontális géntranszferrel foglalkozni – kezdi a kutatásai történetét Szöllősi Gergely. – A horizontális géntranszfer révén, ha kellően hosszú DNS-szakasz tud integrálódni a bakteriális genomba, és rövid távon nem ártalmas, esetleg hosszabb távon hasznos is, akkor bennragadhat. Ez a DNS gyakran nem közeli rokontól származik, tehát a genetikai információ nem vertikálisan, utódtól utódra, hanem horizontálisan terjed.”

Milyen lehetett, és mikor létezhetett az az ősi baktérium, amely minden ma élő baktérium őségnek tekinthető? E kérdés a temérdek genetikai adat ellenére eddig megválaszolatlan maradt, illetve az eddigi válaszokban sok volt a bizonytalanság. Ezek a nehézségek korántsem meglepőek, hiszen itt több mint háromezilliárd évvel ezelőtti leszármazási kapcsolatokat kell feltárni, ráadásul a hagyományos filogenetikai (leszármazástani) modellek nem voltak képesek számításba venni mindazokat a változatos genetikai folyamatokat, amelyek alakították és alakítják mind a mai napig a baktériumok evolúcióját. A horizontális géntranszfer különösen zavarónak tűnt eddig, és a kutatók mindent megtettek, hogy ezt a zajforrást eltüntessék az elemzésből. Ugyanakkor Szöllősi Gergelyék érvelése szerint a horizontális géntranszfer

nem kiszűrni kell, hanem megfelelően modellezni, és akkor zaj helyett értékes információforrásként szolgál a törzsfá felrajzolásához.

A kutatáshoz szükséges modellszámítások elvégzéséhez elengedhetetlen volt a Lendület-csoport Szánthó Lénárd MSc-hallgató által épített HPC-klasztere (high performance computing, mondhatni: szuperszámítógép).

„A baktériumtörzsfá felrajzolásának nehézségeit megérthetjük, ha belegondolunk, hogy egy-egy bakteriális gén néhány száz aminosav hosszú, és itt több milliárd évről beszélünk – magyarázza Szöllősi Gergely. – 3,5-4 milliárd évet háromszáz aminosav alapján rekonstruálni nagyon bizonytalan eredményt szül: így génenként csak elmosódott fákat fogunk kapni. Ezért van szükség arra, hogy minél több gént tapasszunk össze. Csakhogy ehhez a megközelítéshez olyan génekre van szükségünk, amelyek végig vertikálisan, a törzsfát követve öröklődtek. Ilyenből viszont, a horizontális géntranszfer gyakorisága miatt, kevés van. Mi több, a horizontális géntranszfer modellezése és a törzsfá ismerete nélkül nem is tudjuk melyek ezek.”

Vagyis a baktériumok leszármazási kiindulópontjának keresésekor a horizontális géntranszfer is értékes információként kellett figyelembe venni.

Az elemzéshez alapvetően háromféle adattípust használtak fel: a genombeli génduplikációkat, génkieséseket és a más baktériumoktól, transzferrel szerzett géneket.

Ez a módszer különleges módon lehetővé tette számukra, hogy a fát külső csoport (outgroup) nélkül is gyökereztesse. Általában is a rokon élőlények közös őst úgy szokás keresni, hogy a csoport genetikai jellemzőit egy velük nem rokon élőlény genomjával hasonlítják össze. Ez a módszer azonban a baktériumok esetében több okból sem praktikus. Egyrészt azért, mert a közös ős elhelyezkedése a teljes élővilág törzsfáján bizonytalan, másrészt pedig mert az archeákat (egy lehetséges outgroupot) olyan nagy távolság választja el a baktériumoktól, ami már jelentősen torzítaná az eredményeket.

Összesen 11 272 géncsalád adatait összesítették.

Nemcsak az utolsó közös baktériumost tudták lokalizálni, de az ő génjeiről is becslést tudtak adni.

Az eredményeik szerint az utolsó közös baktérium két nagy klád, a Gracilicutes és a Terrabacteria között volt. Ezzel cáfolták azt a feltételezést, hogy a bakteriális törzsfá gyökere a rendkívül kis genomú,

feltételezhetően szimbionta vagy parazita eredetű nanobaktériumokat tömörítő, úgynevezett CPR baktériumcsoport (Candidate Phylia Radiation) és a többi baktérium között lenne. Ehelyett a CPR baktériumok valószínűleg szabadon élő elődökből jöttek létre genomjuk egyszerűsödésével.

„A géntranszfer független információt ad arról, hogy hol a gyökér. Sőt, egy korábbi cikkünkben már megmutattuk, hogy a mi módszerünkkel rekonstruált géntranszferek időbeli információt hordoznak – folytatja Szöllősi Gergely. – Vagyis meg tudjuk mondani, hogy melyik leszámazási elágazás volt hamarabb. Az is kiderült, hogy az így szerzett információ konzisztens az egyéb forrásból jövő adatokkal.” Ennek hátterében az áll, hogy a beérkező gének donorjainak szükségszerűen legalább olyan idősnek kell lenniük, mint a vizsgált baktériumcsoportnak (hiszen csak így kaphattak tőlük géneket).

De milyen is volt ez az utolsó közös baktériumős? A génjei alapján úgy tűnik, hogy már neki is kettős membránja volt, és a sejtösszetevői komplex felépítésről tanúskodnak. E pálcika alakú közös ős képes lehetett a mozgásra és a kemotaxisra (vagyis a környezet kémiai koncentrációgrádiensek megfelelően közelíteni vagy távolodni tudott

bizonyos forrásoktól. Valószínűleg már birtokolta a molekuláris ollónak is hívott CRISPR/Cas enzimrendszert, melynek eredeti funkciója a vírusfertőzésekkel szembeni védekezés lehetett – és melynek molekuláris biológiai felhasználása kifejtését Nobel-díjjal jutalmazták.

A baktériumok evolúciójában rendkívül fontos szerepet játszott a gének horizontális transzferje. Szöllősi Gergely és munkatársainak eredményei szerint

[a vizsgált géncsaládok 92 százalékában történt horizontális géntranszfer az evolúció során.](#)

Viszont a génátmenetek kétharmada vertikális volt (vagyis ős és utód között ment végbe). Mindez arra utal, hogy bár igen fontosak a horizontális génátmenetek, a fő szerepet mégis a vertikális leszámazási kapcsolatok játsszák.

Forrás: https://mta.hu/tudomany_hirei/gyokerez-tett-bakteriumtorzsfa-mashol-volt-mindenma-elo-bakterium-kozos-ose-mint-eddig-gondoltuk-111402

Válogatta: Fonyó Istvánné