

# Törzsfejlődés - evolúció

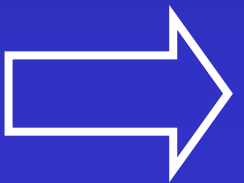
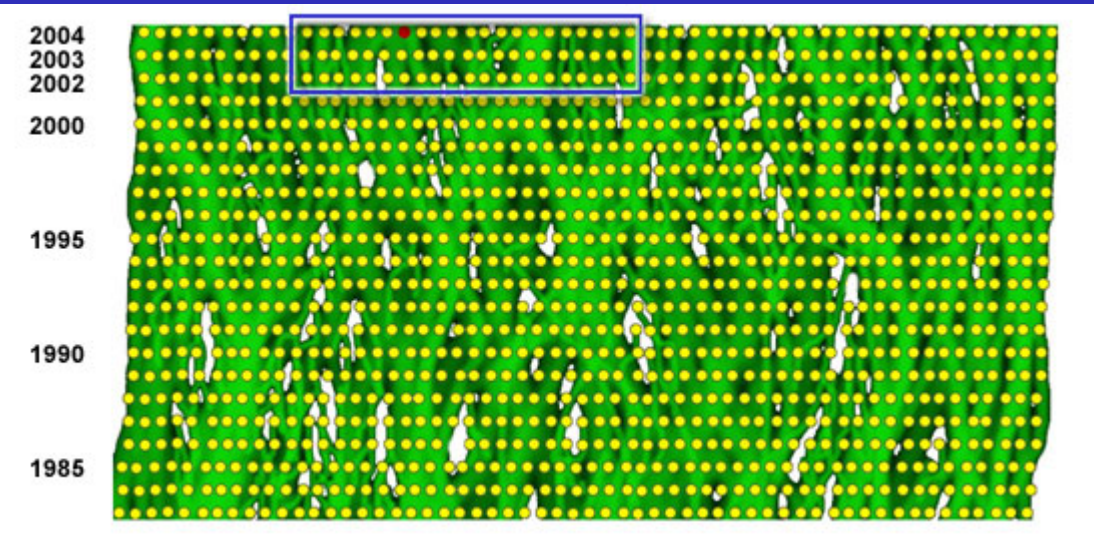
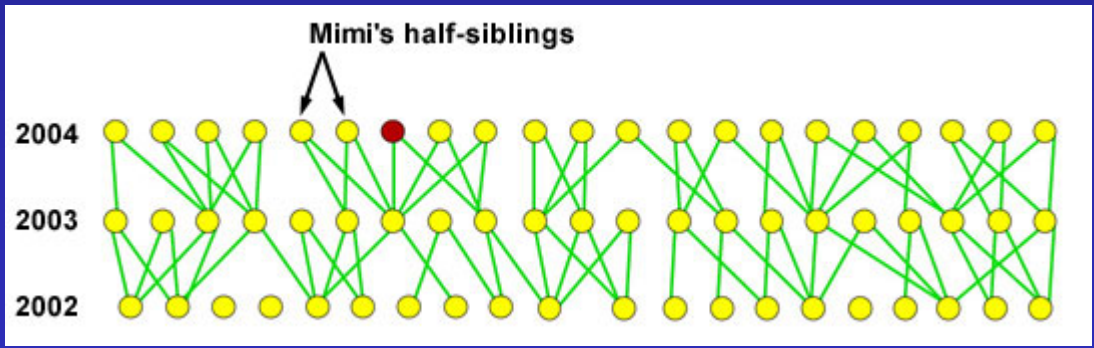
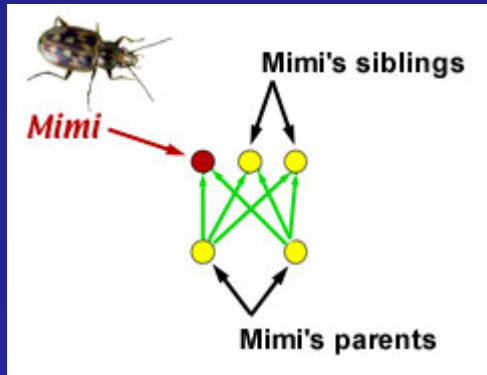


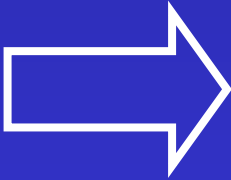
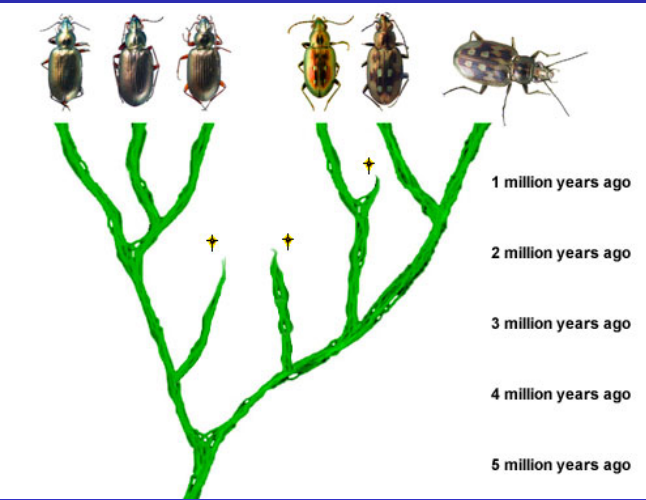
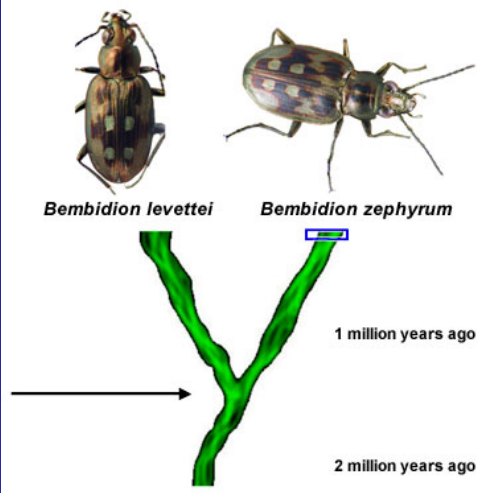
Dr. habil. Kőhidai László  
SE, Genetikai, Sejt- és Immunbiológiai Intézet  
Budapest

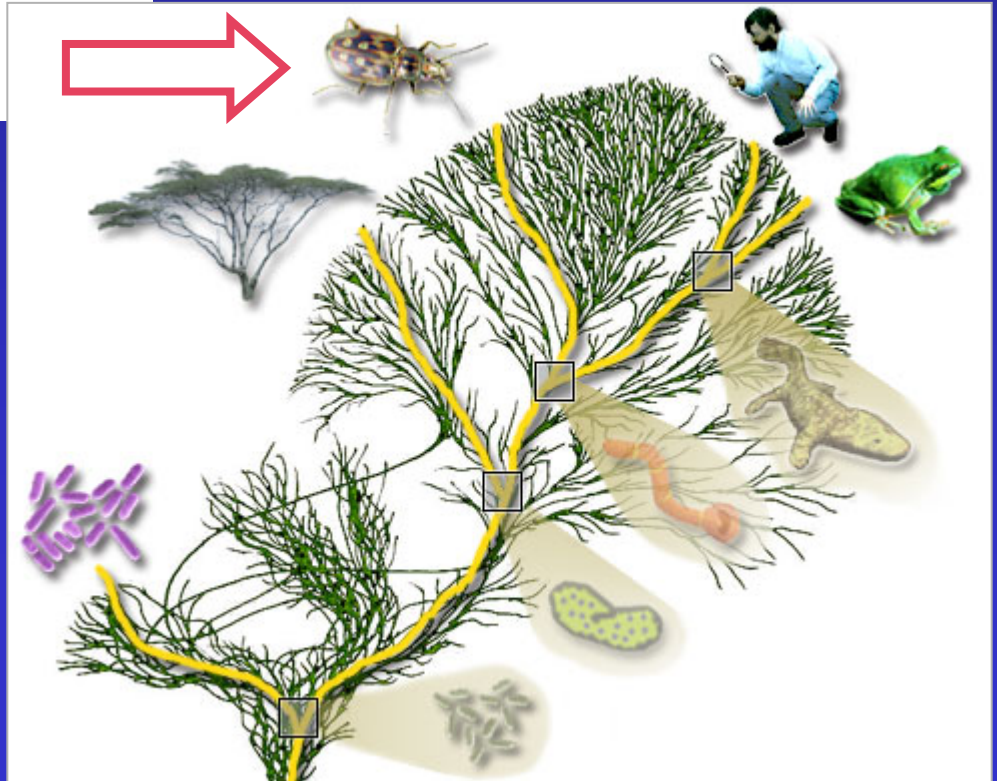
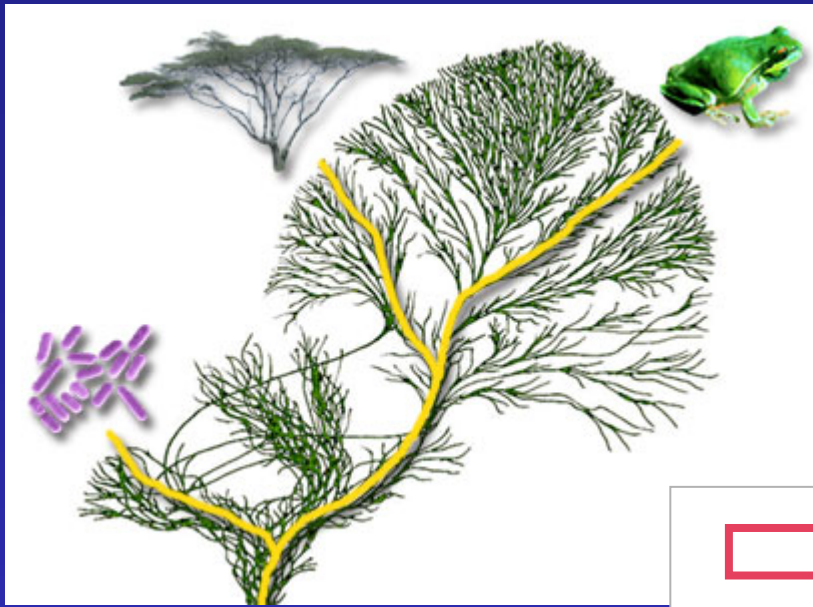
# Az evolúció definíciója:

*Új fajok természetes úton való kialakulása, melynek irányát a faj genetikai jellemzői által meghatározott tulajdonságok, valamint az élő és élettelen környezet változásai és ezek szakadatlan egymásrahatása befolyásol.*

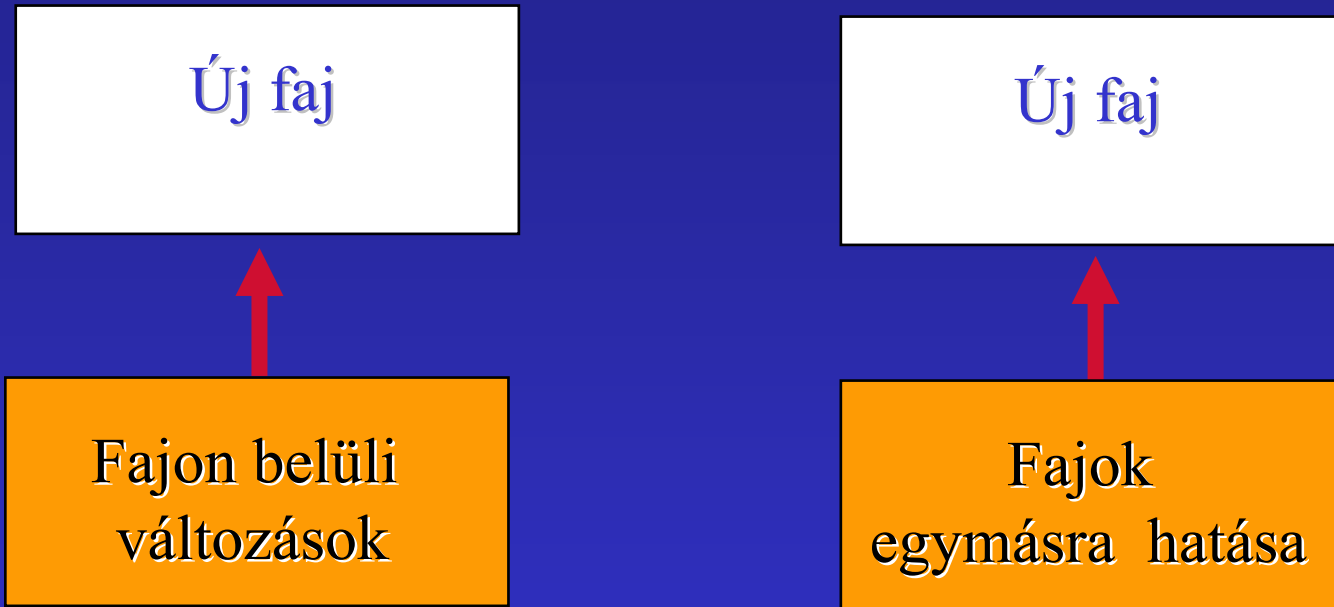
FOKZATOS FEJLŐDÉS –VÁLTOZÁS  
FOLYAMATA







# Az evolúció típusai



Mikroevolúció

Makroevolúció

# Elméletek

- Monisztikus - egyetlen tényezőnek tulajdonítanak döntő jelentőséget
- Pluralisztikus - a monisztikus elméletek elfogadható elemeiből válogat

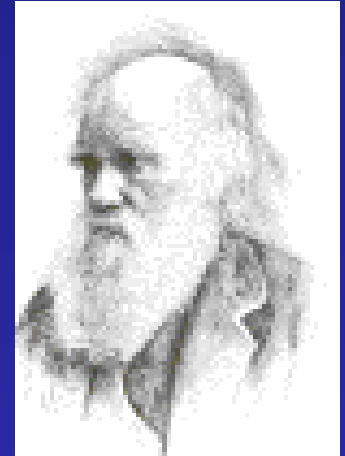
# Monisztikus elméletek - Korai

(egy tényező a meghatározó)

- **Lamarck** - az élőlények aktív alkalmazkodása; szerzett tulajdonságok és azok öröklődése
- **Cuvier** - katasztrófák majd a területek újbóli benépesülése
- **Geoffry** - környezeti hatások
- **Wagner** - térbeli elkülönülés
- **De Vries** - az örökítő anyag külső hatásra bekövetkező hirtelen változásokra képes - mutáció



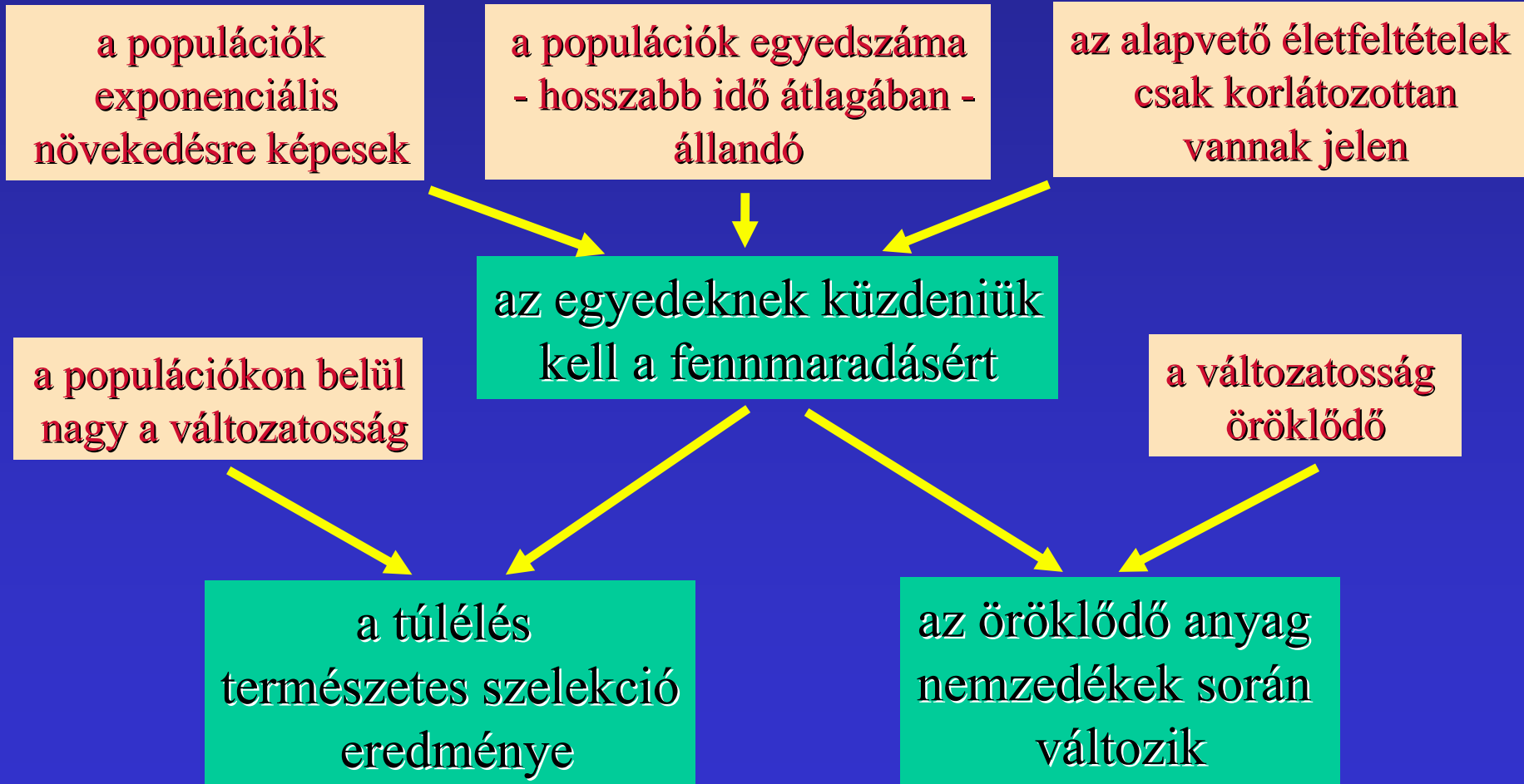
# Darwinizmus



## Természetes kiválogatódás - szelekció

- egy faj egyedeinek nagy változatossága (mutációk)
- utódok fölös számú létrehozása
- létért való küzdelem

# A természetes szelekció elméletének elemei



# Pluralisztikus elméletek (több ok eredőjének fogja fel)

- Szintetikus
- Neutrális – molekuláris *polimorfizmus* x  
neutrális mutáció
- Szaggatott – 600 millió éve „*Big Bang*”
- Szimbiotikus – a baktériumok  
*endoszimbionta* szerepét  
hangsúlyozza

# Szintetikus evolúciós elmélet

- pontmutációk, kromoszóma-aberrációk, ploidia, rekombináció, természetes szelekció
- egyedek vándorlása
- alfajok hibridizációja
- populáció nagysága

# Mikroevolúció

- kromoszóma –fehérje-DNS változása
- **fajon belüli**, intraspecifikus változások sora, melyet a populáció **génállományának** külső és belső erők hatására létrejövő **változása** eredményez
- új **alfajok**, illetve fajok keletkezése

# Mi a faj ?

- Morfológiai:
  - közel megegyező egyedek egy csoportja
  - tovább már **nem tagolható**

## Probléma:

- időben és térben dimenziótlan fogalom;
- külsőleg nem megkülönböztető, de nem is keresztezhető un. testvér-fajok (pl. egyes szúnyogfajok)

# Mi a faj ?

- Biológiai fajfogalom:
  - populációkból áll
  - jobban jellemzi **más fajokhoz** való viszony mint az egyfajú egyedek közötti viszony
  - döntő szempont a populáció reprodukív elszigeteltsége, mely biztosítja a jellemző genetikai állomány fennmaradását

# Az evolúció típusai

## **Adaptív:**

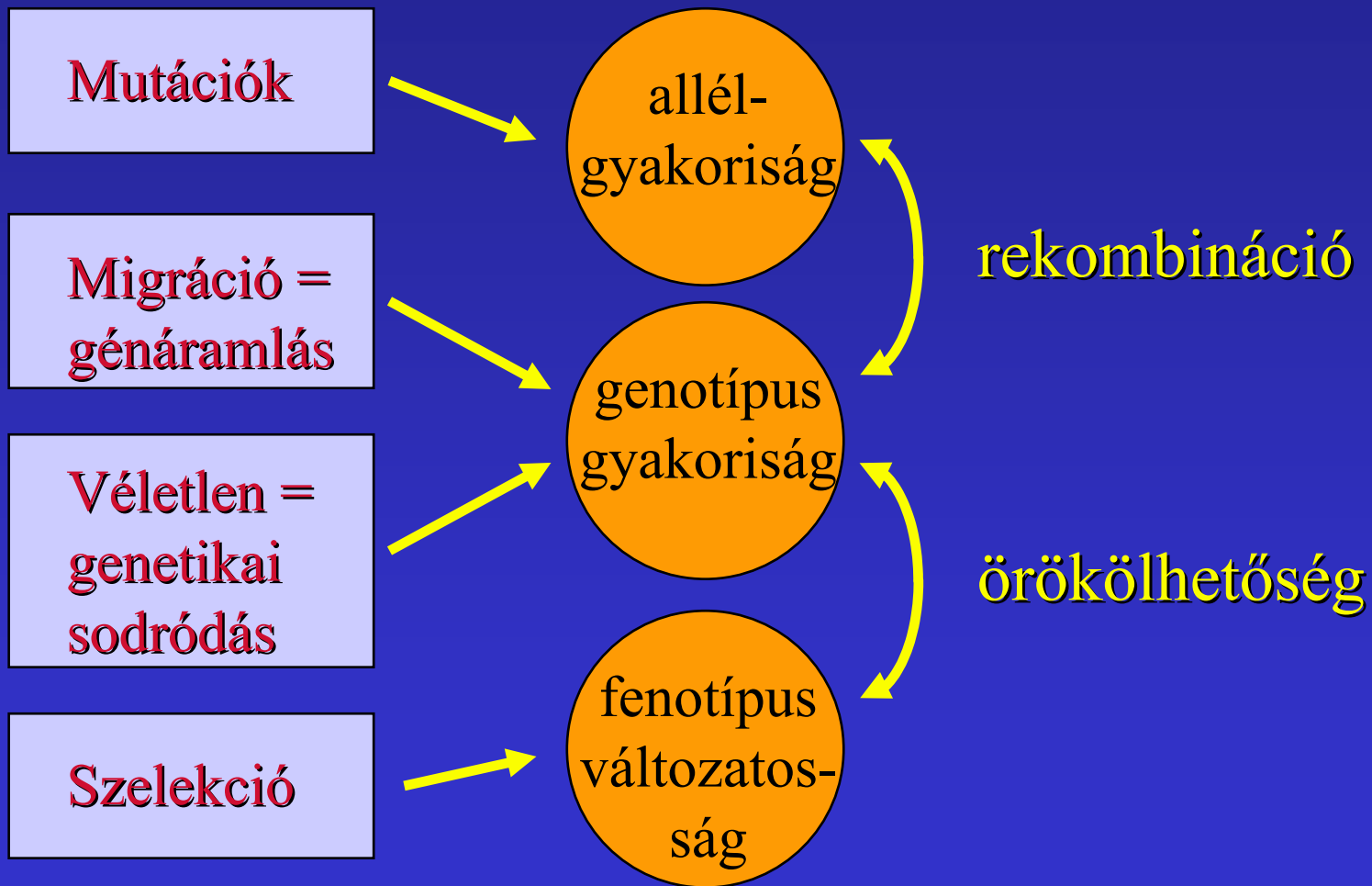
lassú – adaptáció, adaptív radiáció

## **Nem adaptív:**

véletlenszerű – genetikai sodródás, génáramlás,  
egyedek vándorlása,  
katasztrófák okozta kihalások



# Evolúciós tényezők (1)



# Evolúciós tényezők (2)

- Mutációk, migráció - a genetikai változatosságot növeli
- Szelekció - a genetikai változatosságot csökkenti
- Genetikai sodródás - a statisztikus véletlen jelensége, mely szintén módosítja a génkészletet

**Genetikai polimorfizmus:** egy populáción belül növeli a genetikai változatosságot  
pl. vércsoportok, ivari kétalakiség

# Evolúciós tényezők (3)

## Mutációk:

- főleg pontmutációk
- új gényakoriságot hoznak létre
- a *mutációs nyomás* hatását az un. populációgenetikai modell adja meg

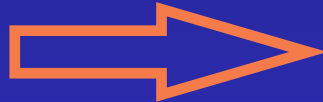
# Evolúciós tényezők (4)

## Migráció

- a géngyakoriság a populáció más, tőle korábban elszigetelt populációkkal való keveredés révén változik
- meghatározza az elszigeteltség mértéke
- a populációk közti zóna un. *géngyakorisági grádiense* jelzi

# Evolúciós tényezők

**Migráció**



a populáció fokozatos  
egységesedése

adapotalódott fenotípusok  
génjeinek továbbadási esélye  
fokozott



**Szelekció**

# Evolúciós tényezők (5)

## Szelekció

- Szelekcionista - a semleges mutációk csak variánsokat eredményeznek, **DE** adaptációt nem biztosítanak
- Naturalista - a véletlen szerepe nagyobb mint a mutációké
- Szelekciós nyomás: rátermettebb - több utód, „fitness”

# Evolúciós tényezők (6)

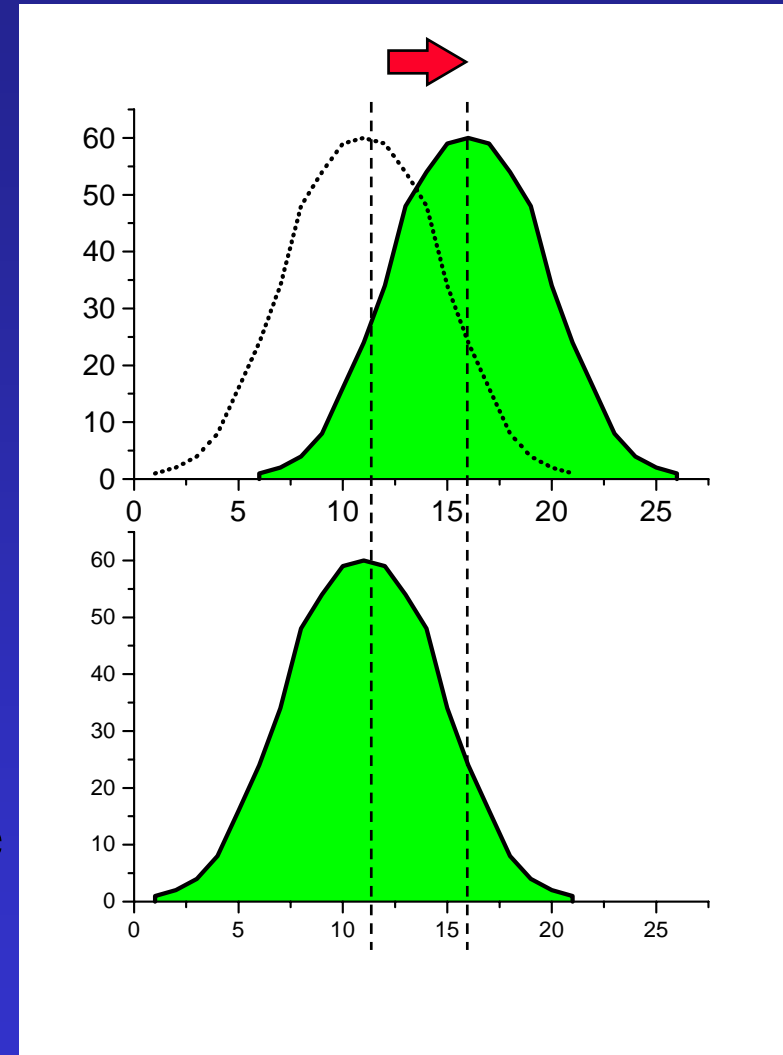
## Szelekció

- Irányító szelekció - a kedvező tulajdonságok irányába mozdít
- Stabilizáló szelekció - az eltérő egyedek kiküszöbölésével az átlagosakat segíti
- Szétválasztó szelekció - a szélsőséges egyedeket segíti, homogén populációbelüli különbségek nőnek

# Irányító szelekció

Nyírfaaraszoló - nyírfa kérgének  
színváltozása

Antibiotikus kezelések - rezistens  
törzsek populációk elterjedése



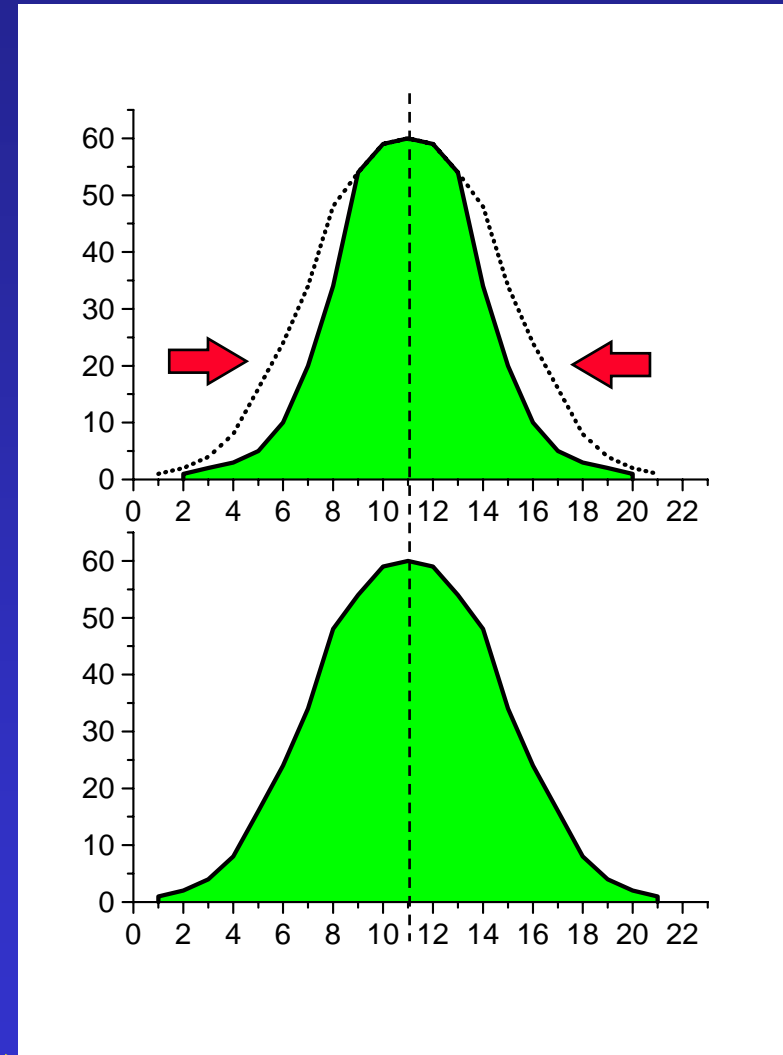


# Stabilizáló szelekció

A génállomány mutációs nyomás és génáramlás hatására növekvő variációs tartományát leszűkíti.

ember születési súlya (3600g) -  
csecsemőhalandóság

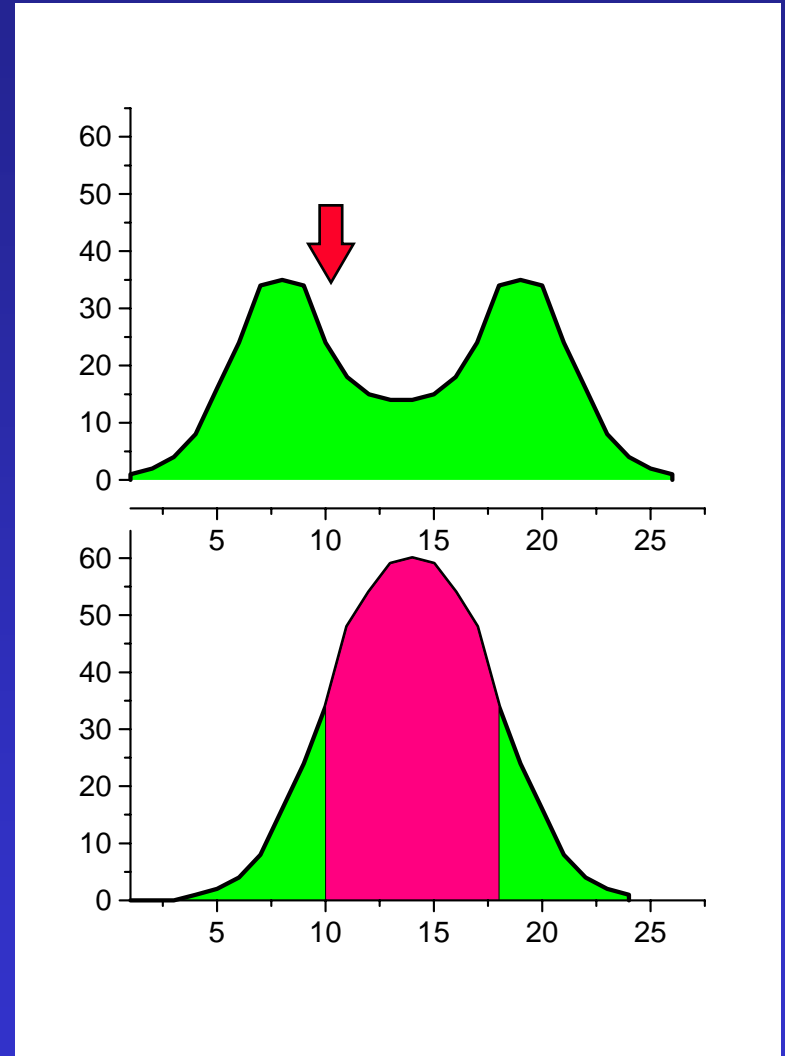
sarlósejtes anaemia -  
Hb<sup>s</sup> heterozigóták  
rezisztenciája maláriával  
szemben (Ny-Afrika **44%!!!**)



# Szétválasztó szelekció

A szelekciós nyomás a leggyakoribb formákra esik;

Két vagy több optimális adaptáció is lehetséges



# Szelekciós tényezők

- élettelen környezet - hőmérséklet, csapadék  
stb.
- ellenségek - kórokozók, élősködők, ragadozók,  
vetélytársak más fajokból
- fajon belüli verseny - táplálék, terület
- nemi partner megtalálásának képessége

# Alfaj és fajképződés fő típusai

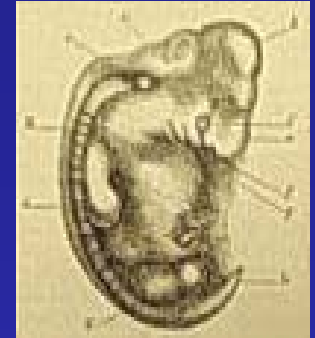
- **Földrajzi izoláció** - hegység, sivatag, folyó
- **Ökológiai izoláció** - különböző biotopok, nichek  
(darwinpintyek)
- **Szaporodási izoláció** - eltérő szaporodási viselkedés, időszak, ivarszervek
- **Genetikai izoláció** - kromoszóma-szerelvény megváltozása



# Makroevolúció

- a faj felett végbemenő evolúciós folyamatok
- a ma élő állatok és növények más szervezetű ősalakokból fejlődtek ki
- hasonlóságuk leszármazási kapcsolataik következménye

# Közvetett bizonyítékok

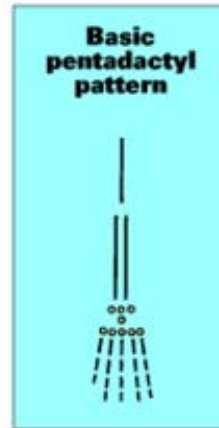


- rendszertani
- etológiai
- parazitológiai
- élettani
- biokémiai
- embriológiai
- morfológiai
- őslénytani
- állat- és növényföldrajzi

# Morfológiai bizonyítékok

- Homológ szervek - ötujjú végtagtípus - folytonosság !
- Analóg szervek - ásóláb - vakond -lótücsök
- Csökevényes szervek - futómadarak szárny csontjai;  
- gyíkok lába

# Ötujjú végtag



## Mammal forelimbs

**1** Monkey



**2** Bat



**3** Whale



- Pectoral girdle
- 3rd metacarpal



**4** Anteater



**5** Mole



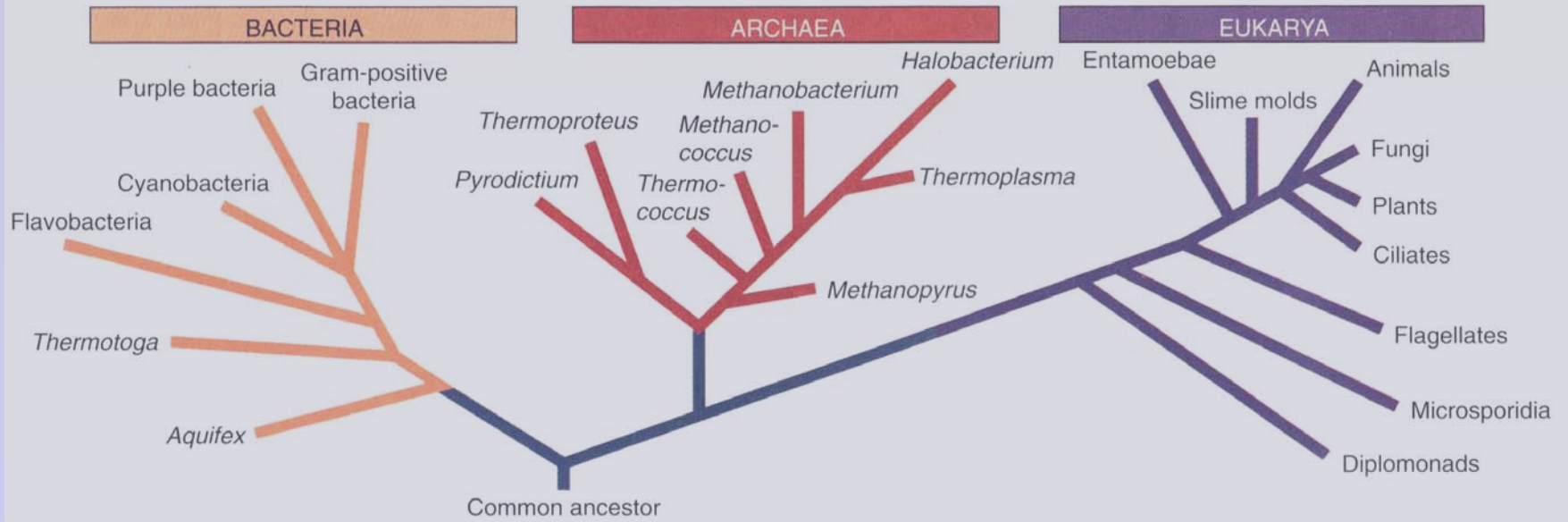
**6** Horse



**7** Pig





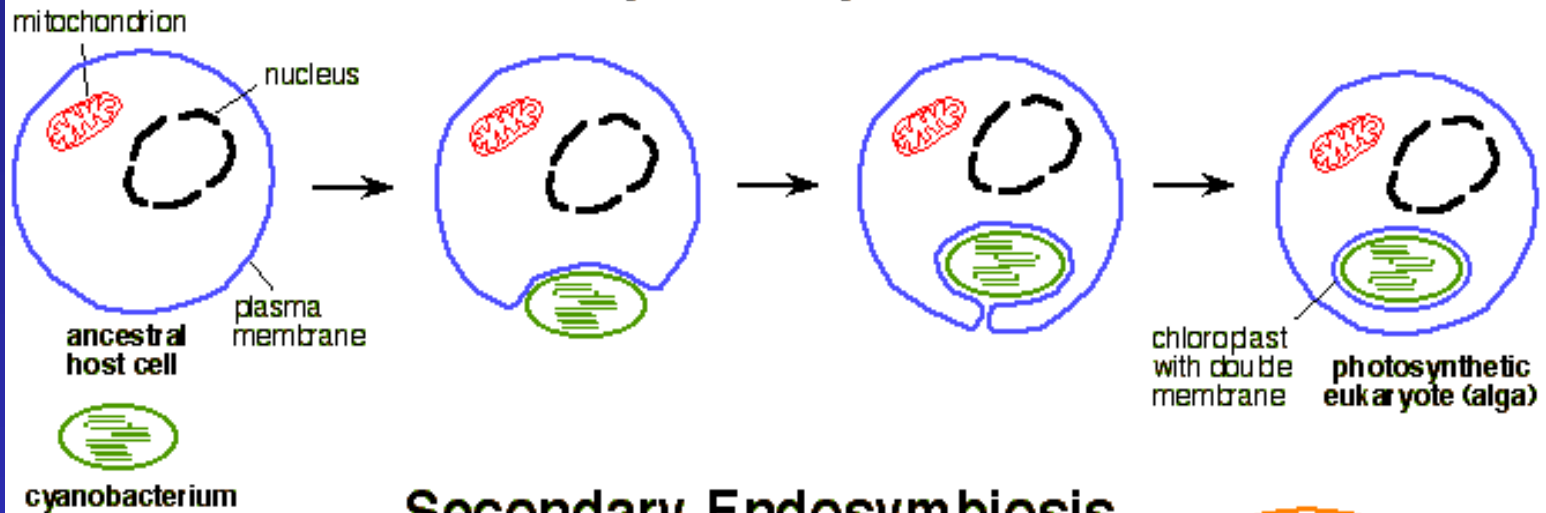


**Table 32.1 Features of the Domains of Life**

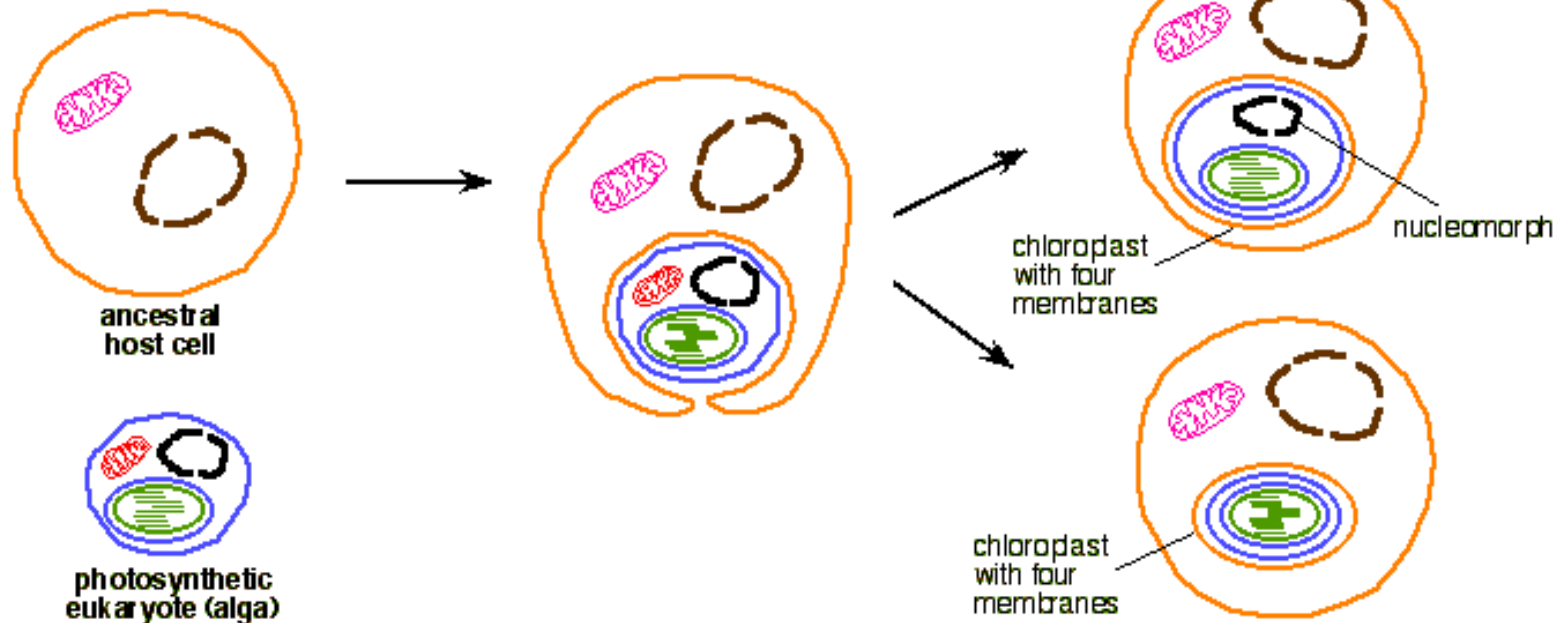
Feature	Domain		
	Archaea	Bacteria	Eukarya
Amino acid that initiates protein synthesis	Methionine	Formyl-methionine	Methionine
Introns	Present in some genes	Absent	Present
Membrane-bounded organelles	Absent	Absent	Present
Membrane lipid structure	Branched	Unbranched	Unbranched
Nuclear envelope	Absent	Absent	Present
Number of different RNA polymerases	Several	One	Several
Peptidoglycan in cell wall	Absent	Present	Absent

# Endosymbiózis

## Primary Endosymbiosis

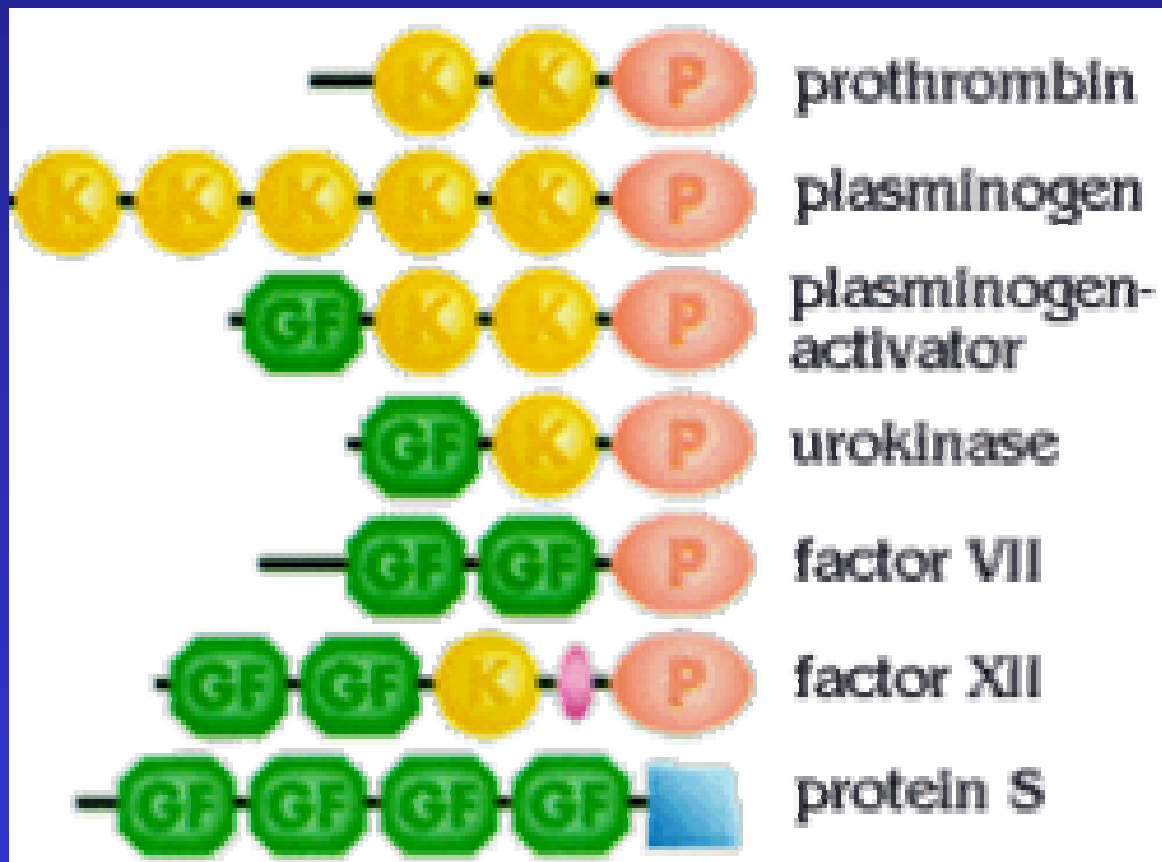


## Secondary Endosymbiosis



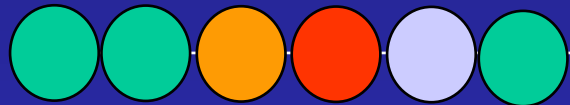
# Molekuláris szintű evolúció

## Véralvadási-faktorok

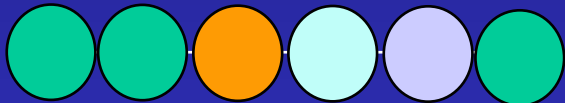


P – protombin gén; GF – növekedési faktor; K – „klinger” domain

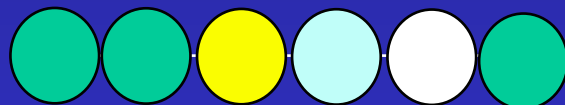
# Biokémiai bizonyítékok



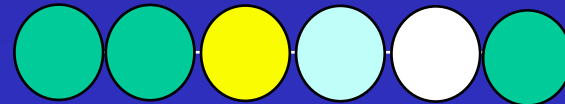
juh



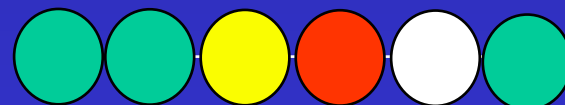
marha



sertés



bálna



ló

inzulin  $\alpha$  lánc eltérései

ATP-regeneráló foszfátok

gerincttelenek: argininfoszfát

gerincesek: kreatinfoszfát

tengeri csillag: kreatin- és  
argininfoszfát

# Biokémiai bizonyítékok

Citokróm-c enzim eltérései:  
(104-108 aminosav)

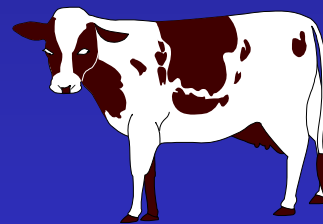
emlős - élesztő 43-49

emlős - hal 20

emlős - madár 10-5

emlős - rhesus 1

Szarvasmarha elleni antitest  
reakciója:



kicsapás foka

szarvasmarha 100%

juh 48%

teve 28%

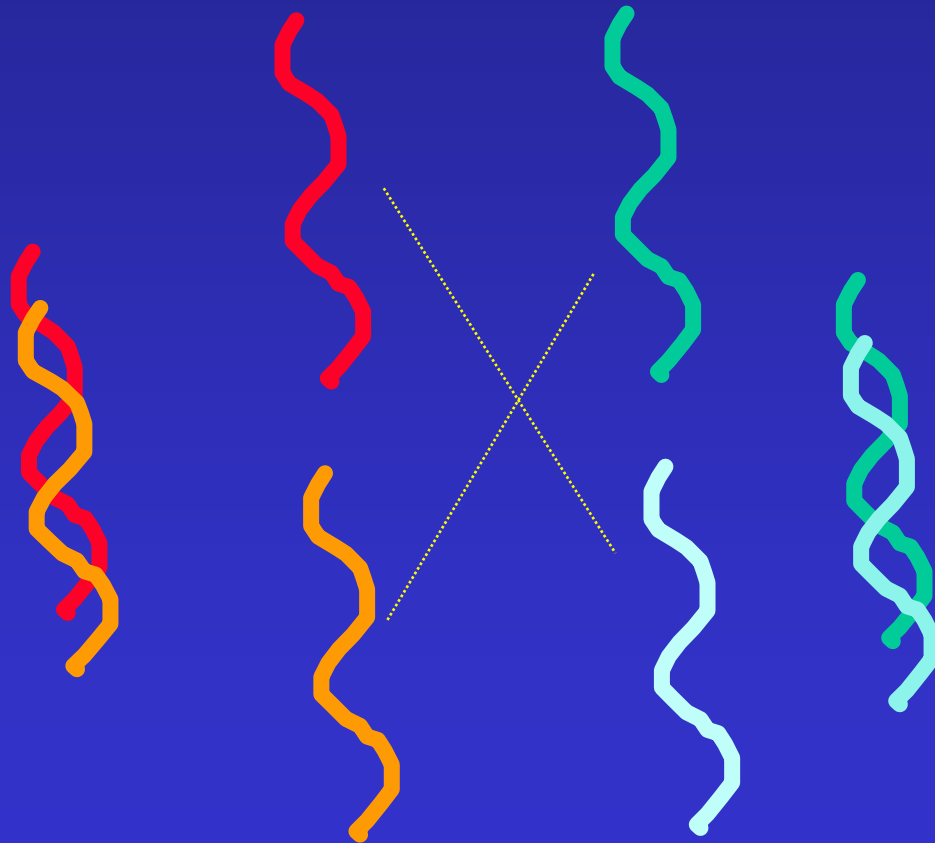
sertés 24%

pekari 10%

viziló 8%

# Biokémiai bizonyítékok

Eltérő eredetű egyszálú DNS-ek hibridizációja:



ember - egér **55%**

ember - hörcsög **24%**

ember - tengerimalac **20%**

**Table 3**  
**Proportions of Amino Acid Differences between Proteins from Various**  
**Groups of Organisms**

	Plants	Fungi	Bacteria
<b>Animals:</b>			
GAPDH .....	0.309	0.343	0.451
TPI .....	0.375	0.459	0.563
SOD .....	0.425	0.441	0.683
ATPase .....	< 0.207	< 0.237	0.281
hsp70 .....	0.196	0.218	0.444
Cytochrome c .....	0.361	0.334	0.531
Average <sup>a</sup> .....	0.274	0.306	0.446
<b>Plants:</b>			
GAPDH .....		0.320	0.463
TPI .....		0.451	0.559
SOD .....		0.453	0.697
ATPase .....		0.242	< 0.265
hsp70 .....		0.220	0.465
Cytochrome c .....		0.398	0.549
Average <sup>a</sup> .....		0.306	0.451
<b>Fungi:</b>			
GAPDH .....	(319)		0.434
TPI .....	(232)		0.568
SOD .....	(132)		0.697
ATPase .....	(410)		0.302
hsp70 .....	(451)		0.463
Cytochrome c .....	(90)		0.551
Average <sup>a</sup> .....			0.446



# rRNS

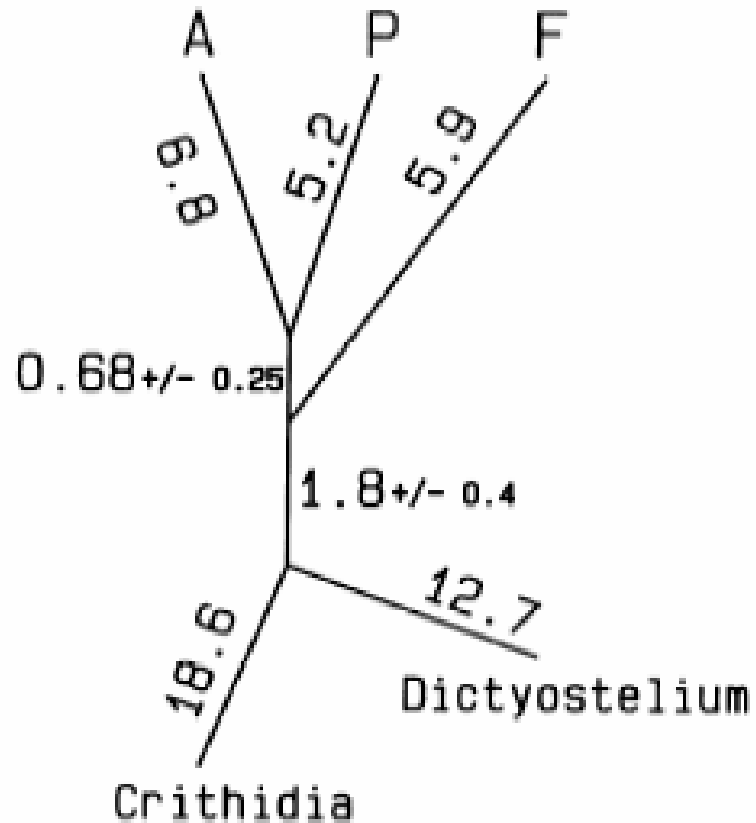


FIG. 2.—Unrooted phylogenetic tree inferred from rRNA sequences. A total of 2,971 sites were analyzed. Here and in figs. 3 and 4, branch lengths are in percent substitutions, corrected for multiple hits. The length estimates of the two internal branches are followed by their SE. A = animals; P = plants; F = fungi. See table 1 for a description of the data set.

*Manolo Gouy\*st and Wen-Hsiung Li\**Molecular Phylogeny of the Kingdoms Animalia, Plantae, and Fungi ' *Mol. Bid. Evol.* 6(2): 109-122. 1989.

## tRNS

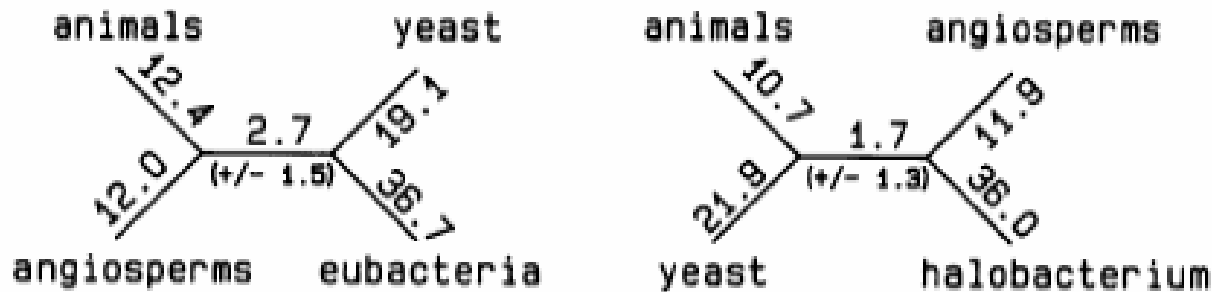


FIG. 3.—Unrooted phylogenetic trees inferred from concatenated tRNA sequences. Branch lengths are in percent substitutions. The SEs of the internal branch length estimates are given. A total of 745 sites were analyzed.

## Protein

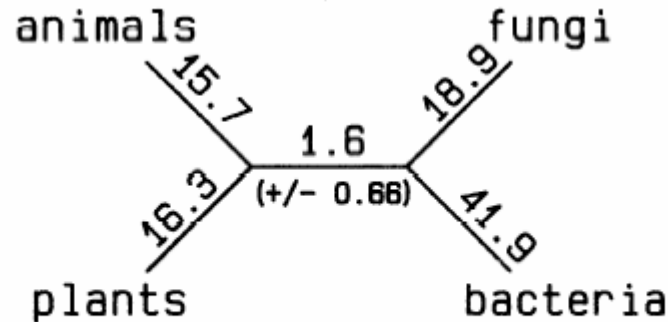


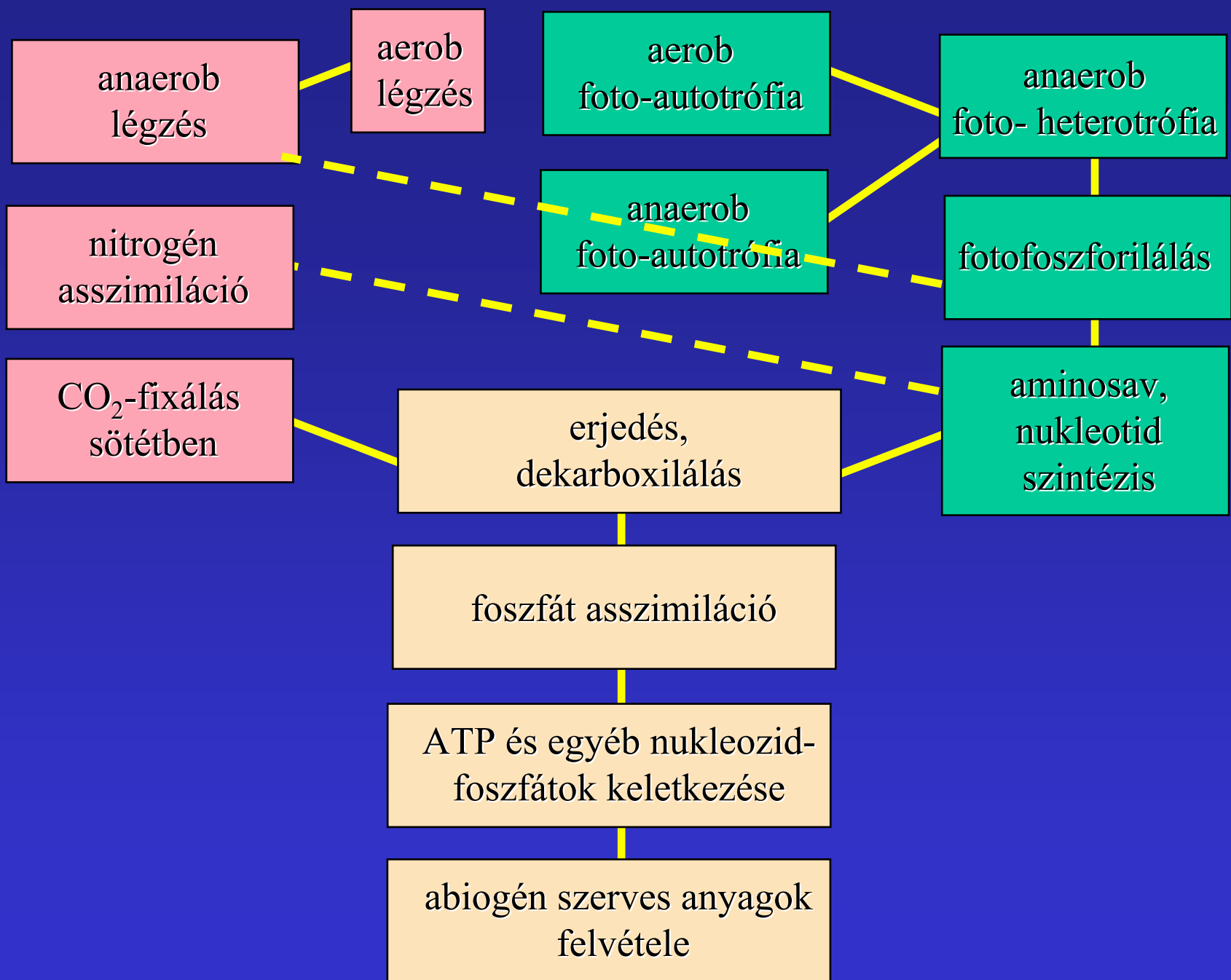
FIG. 4.—Unrooted phylogenetic tree inferred from the pooled protein data set. A total of 1,634 sites were analyzed. Branch lengths are in percent substitutions. The SE of the internal branch length estimate is shown. See table 3 for a description of the data set.

## Entrez records

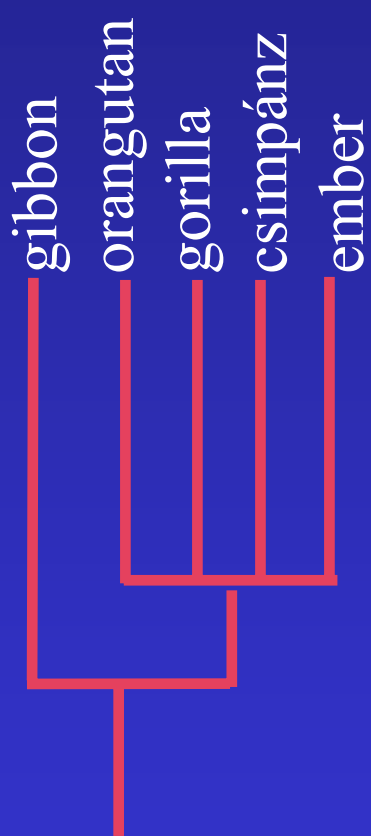
Database name	Direct links
Nucleotide	<u>1,688,048</u>
Protein	<u>52,446</u>
Structure	<u>802</u>
Genome Sequences	<u>23</u>
Popset	<u>41</u>
SNP	<u>43,229</u>
3D Domains	<u>3,947</u>
Domains	<u>3</u>
GEO Datasets	<u>308</u>
GEO Expressions	<u>901,240</u>
UniGene	<u>29,667</u>
UniSTS	<u>49,578</u>
PubMed Central	<u>639</u>
Gene	<u>28,619</u>
HomoloGene	<u>18,887</u>
Taxonomy	<u>1</u>

# Az élő anyag evolúciója

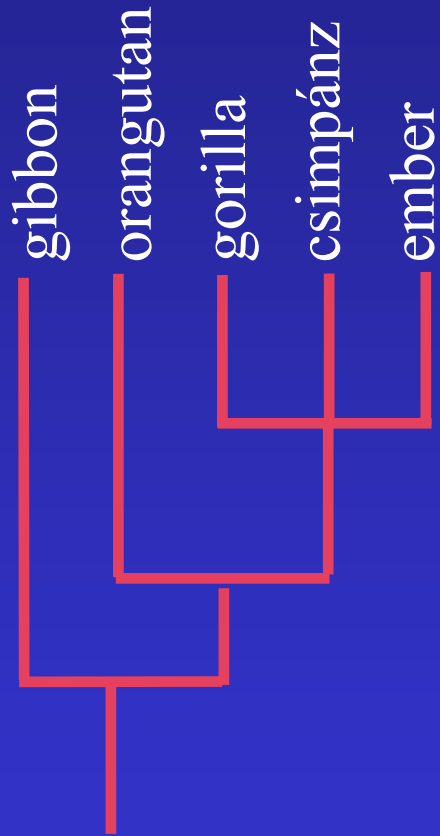
- 1859 Darwin – kémiai úton
- 1950-es évek Urey - redukáló őslégkör
- 1953 Miller - aminosavak
- Fox - protenoidok
- 1953 Watson/Crick - DNS modell
- 1960 Oro - szerves molekulák a világűrben
- 1980-as évek Czeh - RNS-enzim
- 1986 Rebek - AATE az önmásoló molekula
  - polimer halmazok kölcsönhatásának számítógépes modellezése
  - hőforrások



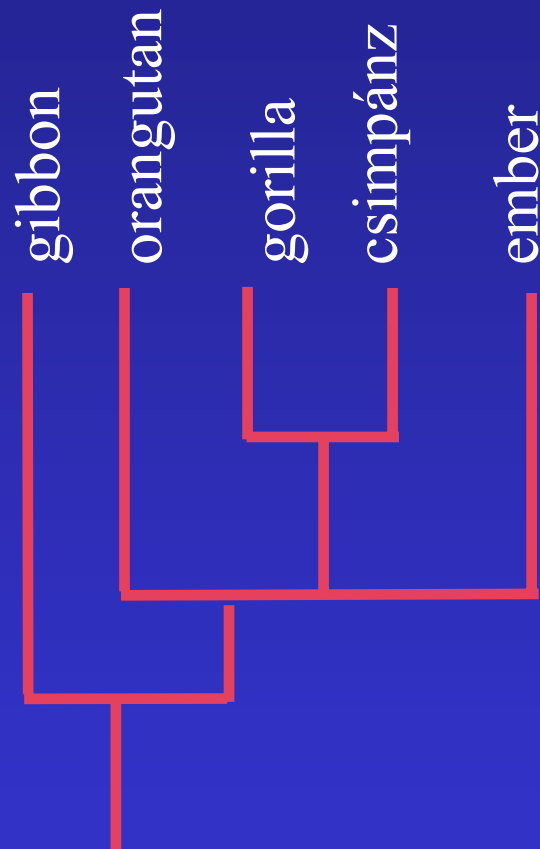
# Az ember származásának bizonyítékai



fehérjék  
elektroforézise



DNS-hibridizáció,  
immunológia,  
kromoszóma sávtechn.



összehasonlító  
morfológia

# További bizonyítékok

## Etológia

- anya-gyermek kapcs.
- mimika
- gesztusok
- nemi magatartás

## Parazitológia

- *Pediculus* -tetvek - ember, csimpánz
- *Herpes* vírus - ember, majom

## Élettan

- szín és térlátás - főemlős
- szaglóérzék visszafedjődése
- kötött szaporodási időszak
- sejtek, szövetek, szervek funkcióinak szinte teljes egyezése

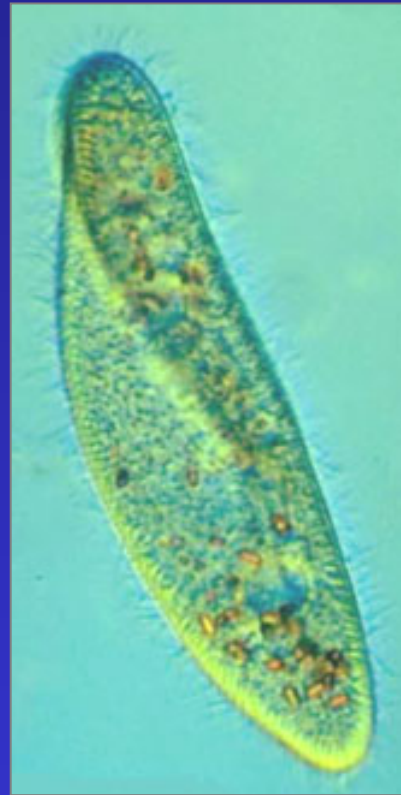
## Morfológia

- m. peroneus tertius - csimpánzok 5%-ban, gorillák 18%-ban fellelhető, de egyes emberekben hiányzik
- csökevényes szervek: fejbőr és fülkagylómozgató izmok hiánya



*Paramecium aurelia*

*Paramecium caudatum*



200.000 kb

9.000.000 kb

(3x humán)

Humán genom

2% kódol proteint

45% transpozon

20% pseudo-gén

- GDPH

3 gén

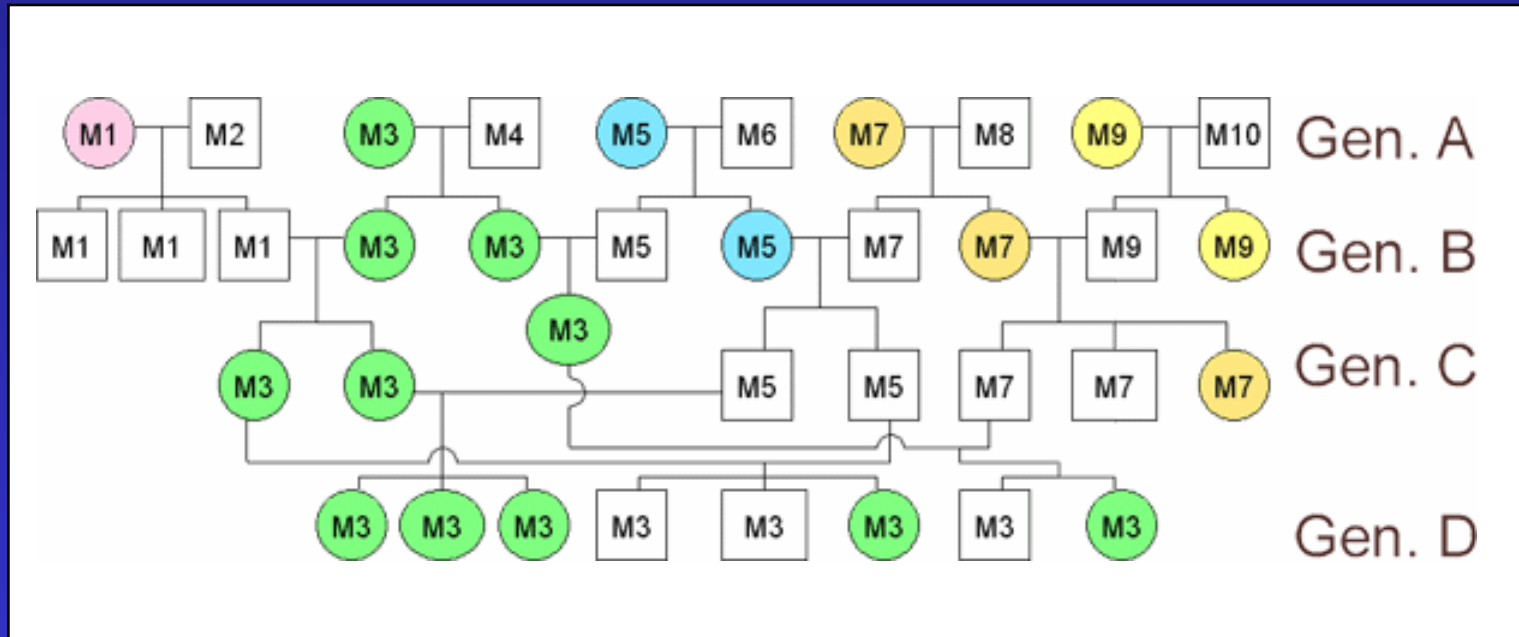
200 pseudogén

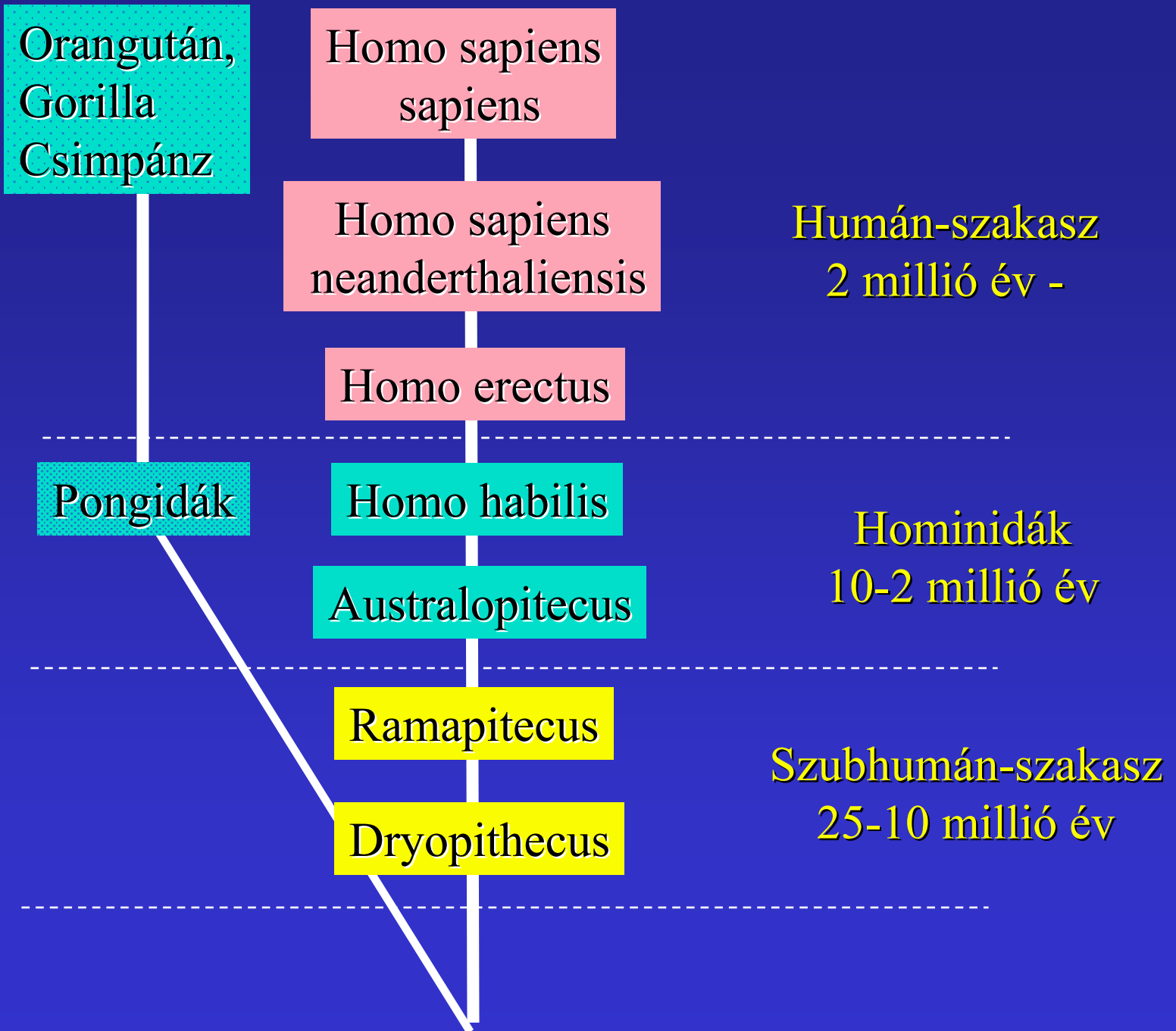
- cytochrom c

1-2 gén

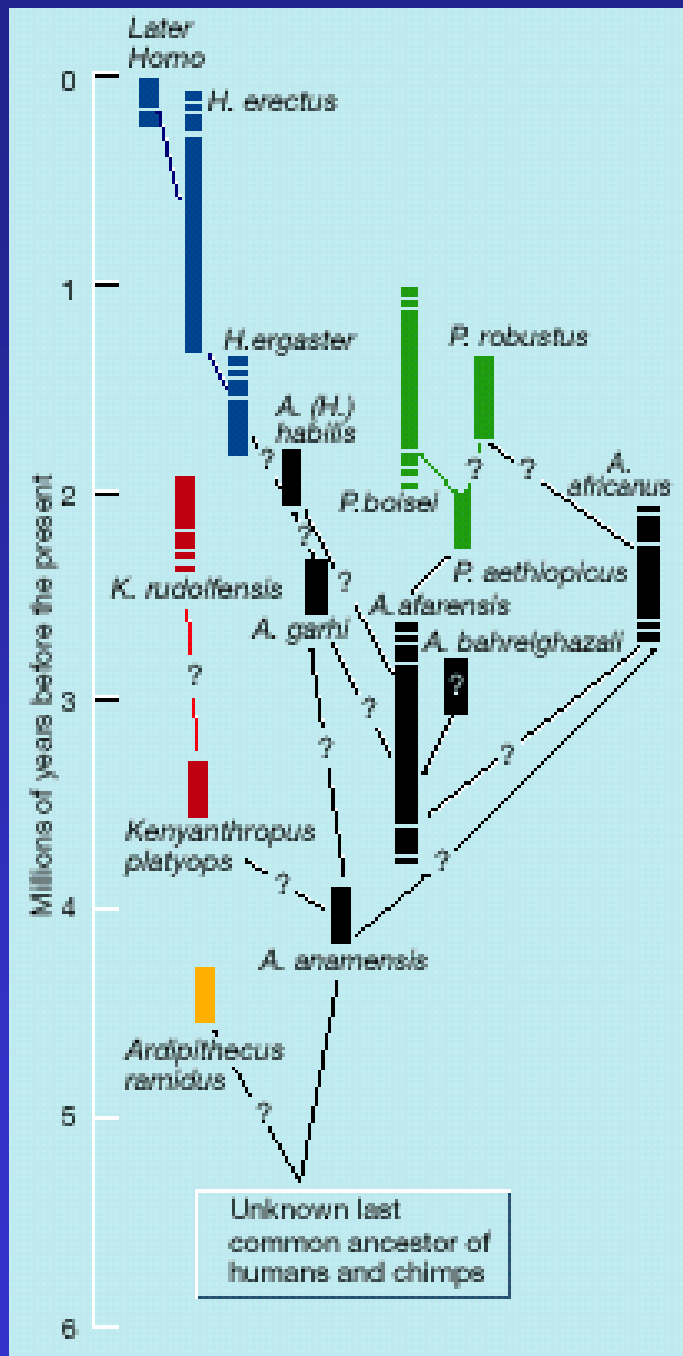
20-30 pseudogén

# Mitochondriális öröklődés – „Mitochondriális Éva”





- Homo
- Paranthropus
- Australopithecus
- Kenyanthropus
- Ardipithecus



# Ancient history in the DNA

By comparing mutations in the DNA of people who live in different parts of the world, geneticists are developing new theories about how humans populated Earth. The evidence points to a common African origin about 150,000 years ago. Much of the work has been based on maternal lines.





**Australopithecus  
bosei**

**530 cm<sup>3</sup>**

**Tanzánia**



**Australopithecus  
robustus**  
**530 cm<sup>3</sup>**

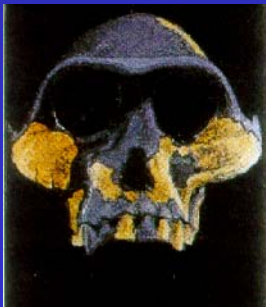
**Dél-Afrika**



**Australopithecus  
africanus**

**450 cm<sup>3</sup>**

**Dél-Afrika**

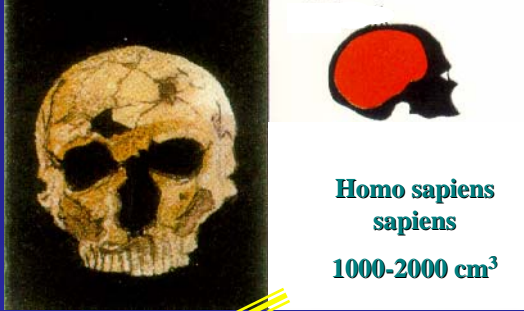


**Australopithecus  
afarensis**

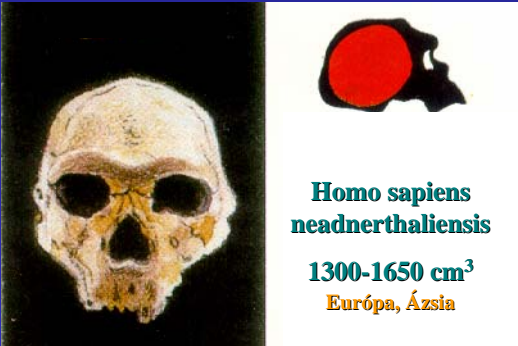
**380 cm<sup>3</sup>**

**Kelet-Afrika**





**Homo sapiens sapiens**  
1000-2000 cm<sup>3</sup>



**Homo sapiens neanderthaliensis**  
1300-1650 cm<sup>3</sup>  
Európa, Ázsia



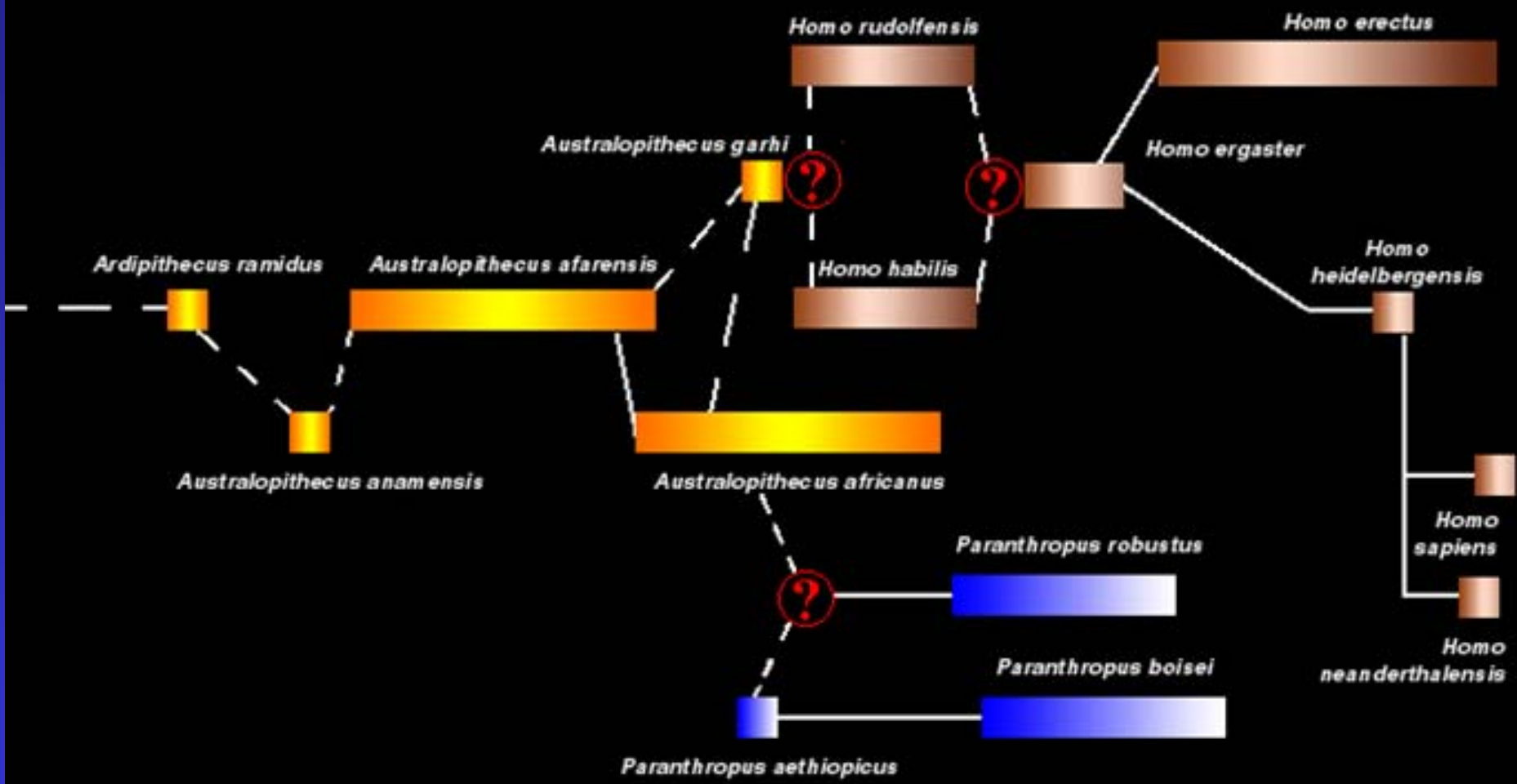
**Homo erectus**  
815-1250 cm<sup>3</sup>  
Afrika, Európa, Ázsia



**Homo habilis**  
750 cm<sup>3</sup>  
Kelet- és Dél-Afrika

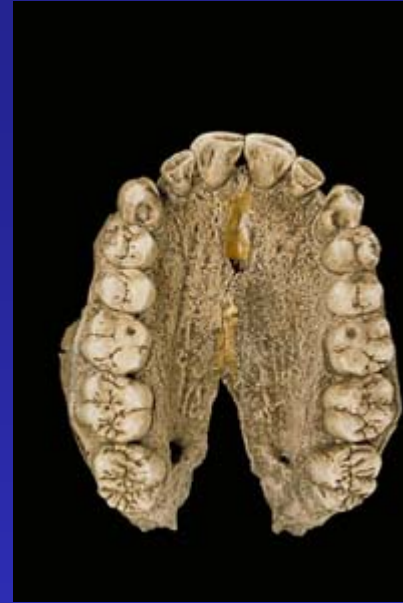
# Millions of Years Ago

5.0 4.0 3.0 2.0 1.0 Present





# Australopithecus afarensis



# Homo habilis



# Homo erectus



# Hominin species



*Kenyanthropus platyops*

*Homo rudolfiensis*

# Homo neanderthaliensis

# Homo sapiens



# Parantropus boisei



# Hominidák és szocializációjuk

- 1.6 millió év (Austr.boisei) – legkorábbi kőszerszám
- 1.0 millió év (H. erectus) – kontrollált tűz
- 350 ezer év (H. sapiens) - menedékhely
- 30 ezer év (H. sapiens) – barlagrajzok
- 10 ezer év - legutolsó jégkorszak vége
- 5 ezer év - első város