

I. EVOLUCIJA DNK SEKVENCI, GENA I PROTEINA

Prof dr Jelka Crnobrnja Isailović

A decorative graphic element consisting of a yellow horizontal bar. A green line starts from the right side of the bar, curves upwards and then downwards, ending in a small black circle with five white dots inside. The background of the slide is a repeating pattern of light gray molecular structures.

Uticaj molekularne biologije na evolucionu biologiju



Uticaj molekularne biologije na evolucionu biologiju

NEKADA – sekvencioniranje pojedinih gena

SADA – sekvencioniranje kompletnih genoma



Molekuli i procesi u genomu

Otkrića:

molekularni procesi

Nepromenjeno:

principi evolucije gena

principi divergencije vrsta



Molekuli i procesi u genomu

1. Editovanje RNK:

Izmena sekvence iRNK transkripta određenog gena

Funkcija: kompenzacija preuranjenih stop kodona i drugih grešaka u okviru gena



● Novi molekuli i procesi u genomu

2. Lateralni transfer gena:

Sada je poznato da je ovaj proces mnogo zastupljeniji među mikroorganizmima nego što se prvobitno mislilo



Molekuli i procesi u genomu

3. Tipovi kratkih RNK molekula:

Postoji mnogo više tipova kratke RNK nego što se prvobitno pretpostavljalo.

Veoma bitni u procesu razvića i za fenotipsku varijabilnost.

Uticali na promenu interpretacije funkcionisanja genske regulacije i ekspresije.



Molekuli i procesi u genomu

3a. Mikro RNK:

Sekvence od oko 22bp.

Vezuju se za RNK transkripte i sprečavaju njihovu translaciju u proteine.

Sekvence mikro RNK različitih evolucionih linija Metazoa ukazuju na njihovu progresivnu akumulaciju od predačkih ka savremenim linijama; izgleda da mikroRNK opstaje u genomu i inkorporira se mrežu regulatornih gena.



Molekuli i procesi u genomu

TRADICIONALNO SHVATANJE GENA:

Informacioni sadržaj (“obrazac”) za sintezu proteina

SAVREMENO SHVATANJE GENA:

Računarski modul



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

Genomi bakterija i virusa:

- efikasni,
- brza replikacija,
- odstranjivanje nepotrebnih gena,

Genomi eukariota:

- veliki,
- mnogo nekodirajuće DNK;
- mnogo ponovljenih sekvenci;
- nepoznate funkcije (tzv “junk” DNK)



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

Linčova hipoteza veličine populacije:

Veličina populacije značajno utiče na fiksiranje neadaptivnih osobina u genomima.



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

Linčova hipoteza veličine populacije:

Virusi i bakterije imaju velike efektivne veličine populacija i prirodna selekcija tu snažno modelira genomsku strukturu, forsirajući pozitivne mutacije i odbacujući one neadaptivne



Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

Eukarioti

Splajsozomni introni

(genske sekvence koje poseduju proteine splajsozome koji ih odvajaju od iRNK)

Prokarioti

Nekoliko introna

(sposobnost samosplajsovanja pa nemaju potrebe za splajsozomima)

Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

HIPOTEZA “RANIH INTRONA”:

**Introni su postojali i kod najstarijih zajedničkih predaka;
Njihovo odsustvo kod savremenih taksona znači da su
jednostavno izgubljeni u određenim genima**

HIPOTEZA “KASNIH INTRONA”:

**Mnogi filogenetski drevni taksoni ne poseduju introne
Većina introna je ograničena na specifične klade biljaka i
životinja
Nisu bili prisutni kod zajedničkog pretka svih eukariota niti
eukariota i bakterija**



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

Pretpostavlja se da je zajednički predak svih eukariota imao prilično visoku učestalost introna

-preko 2 introna po kilobazi (kb)

-Različite evolutivne linije imale su različite stope pojavljivanja i gubitaka introna



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

Objašnjenje za veliki diverzitet introna:

**U malim populacijama,
introni će, u proseku, biti mnogo više sačuvani nego pročišćeni
selekcijom**

(povećana stopa fiksacije štetnih mutacija putem drifta)



Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

Eukariotski genomi imaju više nekodirajuće DNK nego prokariotski

**U genomu ljudi,
samo 1.5% čine kodirajući regioni**

Oko 95% humanog genoma čine introni



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

“Sebična” DNK:

deo nekodirajuće DNK koji se sastoji od transpozonskih elemenata

-samoreplicirajući

-pomeraju se u okviru genoma

-često naruše strukturu gena svojim pomeranjem



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

“Sebična” DNK:

Više od 10% nekodirajuće DNK je veoma konzervirano između divergentnih vrsta

(npr čovek –miš)

Funkcija verovatno očuvana pročišćavajućom selekcijom



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Raznovrsnost genomskih struktura

Alternativno “splajsovanje” (AS):

**karakteristično za mnoge eukariotske genome,
ali ne i za prokariotske**

**AS je verovatno bio glavni mehanizam povećanja
funkcionalne raznovrsnosti metazoa**



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Genomi virusa i bakterija

Mala veličina genoma

Sinteza spoljašnjeg omotača

Integracija u genom domaćina



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Genomi virusa i bakterija

Redukcija genoma:

Intraćelijski simbiot biljnih vaši *Bychneria sp*
-rođak *E. coli*-

Redukcija više od 2000 gena



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Ponovljene sekvence i transpozonski elementi

Nisko repetitivna DNK

Srednje repetitivna DNK

Visoko repetitivna DNK

Sinonim: SATELITSKA DNK

-uglavnom se sastoji od transpozonskih elemenata (TE) -



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Ponovljene sekvence i transpozonski elementi

Eukarioti imaju visok nivo TE sekvenci

**Mnoge od njih su zajedničke za divergentne klade
kao insekti vs. ostali beskičmenjaci**

**Akumulacija TE u pojedinim evolucionim linijama
počinje da se dešava često
nakon što se prva TE ustanovi u genomu**



Raznovrsnost i evolucija genoma

Ponovljene sekvence i transpozonski elementi

Efekat novog transpozonskog događaja na adaptivnu vrednost genoma:

- zavisi od pozicije u genomu**
- često ima mali efekat**
- ponekada ima štetan efekat**

TE se često nalaze u regionima

- između gena**
- u intronima**



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Ponovljene sekvence i transpozonski elementi

Efekat novog transpozonskog događaja na adaptivnu vrednost genoma:

- zavisi od pozicije u genomu**
- često ima mali efekat**
- ponekada ima štetan efekat**

TE se često nalaze u regionima

- između gena**
- u intronima**

gde ne podležu selekciji

Raznovrsnost i evolucija genoma

Ponovljene sekvence i transpozonski elementi

Genetički efekat novog transpozonskog događaja:

**1. Izazivaju mutacije
(10% svih mutacija kod miševa)**

**2. Ponovljene kopije TE
u različitim delovima genoma
predstavljaju obrasce za ilegitimnu rekombinaciju**

Rezultat:

Hromozomi ili genski rearanžmani sa delecijama



● Raznovrsnost i evolucija genoma

Ponovljene sekvence i transpozonski elementi

Genetički efekat novog transpozonskog događaja:

Smanjenje adaptivne vrednosti domaćina

**glavni je razlog zašto TE nisu brojniji
u genomu domaćina**

**Oko 0.3% svih genetičkih anomalija kod ljudi
(mnogi tipovi nasledne leukemije)
nastale su ovim putem**

Evolucija proteina i robustnost translacije

Greška kodona

Evolucija gena koji kodiraju proteine modelirana je strukturom samog genetičkog koda:

- 1) stabilizirajućom ili pročišćavajućom selekcijom**
- 2) greškom kodona**



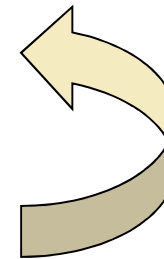
Evolicija proteina i robustnost translacije

Ekspresija gena i selekcija translacionih grešaka

Sposobnost organizma da preživi bez određenog gena

Niska korelacija

Stopa evolucije tog gena





Evolucija proteina i robustnost translacije

Ekspresija gena i selekcija translacionih grešaka

EVOLUCIJA PROTEINA **Uslovljena selekcijom**

Selekcija sprečava besmislene greške tokom translacije

**jer one imaju fatalne posledice
na gene sa visokom ekspresijom
koji kodiraju veoma prisutne proteine**



Evolucija proteina i robustnost translacije

Ekspresija gena i selekcija translacionih grešaka

ROBUSTNOST TRANSLACIJE:

**Sposobnost amino-kiseline
Da očuva odgovarajuće “pakovanje” proteina
uprkos mutacijama koje se dešavaju**



Evolucija proteina i robustnost translacije

Ekspresija gena i selekcija translacionih grešaka

ROBUSTNOST TRANSLACIJE:

“pakovanje” proteina

**= proces kojim većina proteina
održava trodimenzionalnu strukturu
koja ima biološku funkciju**

**Npr. kapacitet dobro spakovanog molekula hemoglobina
da veže molekule kiseonika**



Evolucija proteina i robustnost translacije

Ekspresija gena i selekcija translacionih grešaka

ROBUSTNOST TRANSLACIJE:

“pakovanje” proteina

**Najzastupljeniji proteini su
pod najvećim selektivnim pritiskom**

**Nemogućnost pakovanja
dovodi do formiranja ogromne količine “đubreta”
što mnogo košta i ćeliju i organizam**



Evolucija proteina i robustnost translacije

Ekspresija gena i selekcija translacionih grešaka

ROBUSTNOST TRANSLACIJE:

“pakovanje” proteina

**Najzastupljeniji proteini su
pod najvećim selektivnim pritiskom**

**Uočena je negativna korelacija
između brzine evolucije
i nivoa genske ekspresije**



Delovanje prirodne selekcije na genome

**Pozitivna selekcija je ubrzavala
zamenu povoljnih mutacija u populacijama**

**Nesinonimne povoljne mutacije
akumuliraju se znatno brže u genomu
u odnosu na sinonimne mutacije**



EVOLUCIJA DNK SEKVENCI

OBRASCI VARIRANJA SEKVENCI DNK

Kompletno proučena sekvenca enzima
ADH kod *D. melanogaster*

Mnogo više mesta varira u okviru **intronskih** u odnosu na **egzonska** mesta.



EVOLUCIJA DNK SEKVENCI

OBRASCI VARIRANJA SEKVENCI DNK

Kompletno proučena sekvenca enzima
ADH kod *D. melanogaster*

Mnogo više mesta varira u okviru **intronskih** u odnosu na **egzonska** mesta.

Rekombinacija unutar intronskih mesta proizvela je neke od varijanti genskih kopija.



EVOLUCIJA DNK SEKVENCI

OBRASCI VARIRANJA SEKVENCI DNK

Opšti obrazac:

Tokom dovoljno dugog vremenskog perioda na istim mestima dešavaju se multiple substitucije, tako da prvobitne substitucije bivaju "izbrisane" novijim.

Tako dobijeni broj razlika između dve filogenetski prilično udaljene vrste izgleda manji od broja substitucija koje su se zaista dogodile.



EVOLUCIJA DNK SEKVENCI

OBRASCI VARIRANJA SEKVENCI DNK

Opšti obrazac:

Ova brzina, za mtDNA sisara, je 5 do 10 puta veća od prosečne brzine evolucije sekvenci u nuklearnom genomu, verovatno zbog toga što DNA polimeraza koja pravi kopiju (repliku) mt DNA nema sposobnost ispravljanja (korekcije) koju ima polimeraza koja kopira nuklearnu DNA, tako da mt DNA ima veću stopu mutacija.



EVOLUCIJA DNK SEKVENCI

OBRASCI VARIRANJA SEKVENCI DNK

Opšti obrazac:

mt DNK i nuklearna DNK evoluiraju skoro podjednakom brzinom u nekim grupama beskičmenjaka.



EVOLUCIJA DNK SEKVENCI

OBRASCI VARIRANJA SEKVENCI DNK

Opšti obrazac:

Između vrsta, neme (sinonimne) nukleotidne substitucije mt DNK akumuliraju se brže nego nesinonimne (substitucije zamene amino kiselina).

Promene druge baze u okviru kodona, koje najčešće dovode do promene amino kiseline u proteinskom lancu, manje se razlikuju izmedju vrsta nego promene treće baze.



EVOLUCIJA DNK SEKVENCI

OBRASCI VARIRANJA SEKVENCI DNK

Opšti obrazac:

Brzine evolucije sekvenci su najniže za gene koji kodiraju proteine kao histoni, za koje se smatra da imaju tačna funkcionalna ograničenja.



EVOLUCIJA DNK SEKVENCI

OBRASCI VARIRANJA SEKVENCI DNK

Opšti obrazac:

Brzine evolucije sekvenci su najniže za gene koji kodiraju proteine kao histoni, za koje se smatra da imaju tačna funkcionalna ograničenja.

Brzine evolucije sekvenci su najveće kod nefunkcionalnih pseudogena. Pseudogeni, introni i druge sekvence za koje se pretpostavlja da se ne "prevode" u proteinske produkte, pokazuju veće brzine evolucije sekvenci od kodirajućih regiona



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

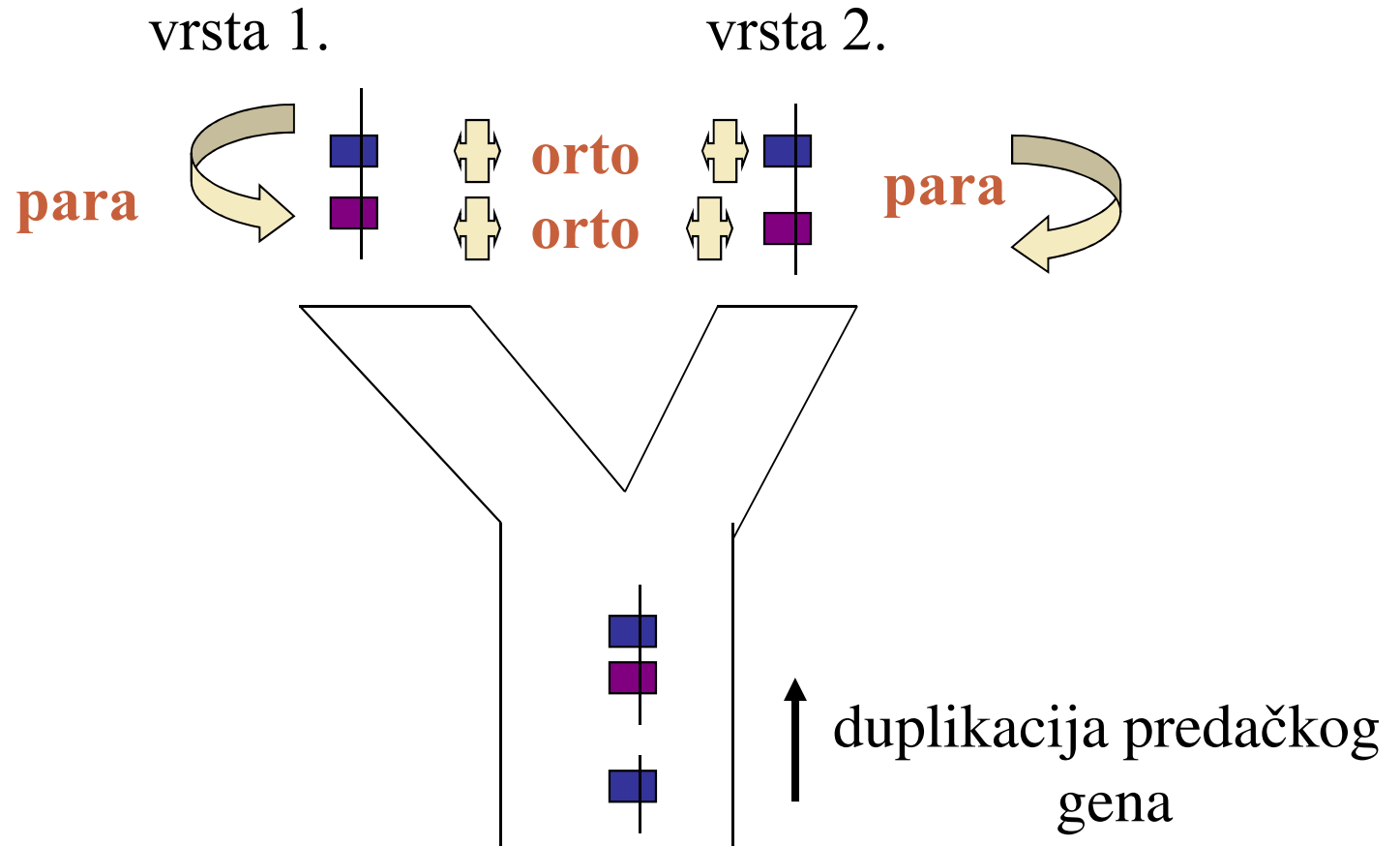
GENSKE FAMILIJE

Skupovi dva ili više gena sa sličnim DNK sekvencama.

Članovi genske familije često nastaju nejednakim crossing – over-om.

GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

GENSKE FAMILIJE





GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

GENSKE FAMILIJE

Skupovi dva ili više gena sa sličnim DNK sekvencama.

Članovi genske familije često nastaju nejednakim crossing – over-om.

Divergencija dupliciranih gena = **ORTOLOGNI
GENI**

Homologi članovi genske familije kod različitih vrsta;
Rezultat su specijacije.



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

GENSKE FAMILIJE

Skupovi dva ili više gena sa sličnim DNK sekvencama.

Članovi genske familije često nastaju nejednakim crossing – over-om.

Geni na različitim mestima = **PARALOGNI GENI**
kod iste ili različitih vrsta;

Homologi članovi genske familije unutar iste vrste.

GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

GENSKE FAMILIJE -Globini kičmenjaka:

Predak Gnathostoma = **predački globinski gen**

mioglobin
(jednolančani globin
u mišićima)

duplikacija

hemoglobin

500Mya

duplikacija

α -globin

β -globin

duplikacije



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

GENSKE FAMILIJE -Globini kičmenjaka:

Nekoliko članova α i β subfamilija eksprimiraju se u različito vreme tokom razvića

Mnoge genske familije, kao one koje kodiraju histone i nekoliko ribozomalnih RNK, imaju skoro homogene DNK sekvence i kolektivno proizvode ogromne količine istog genskog “proizvoda”.



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

GENSKE FAMILIJE -Globini kičmenjaka:

Pseudogeni - čovečija hemoglobinska familija sadrži 3 pseudogena – **TRADICIONALNI PSEUDOGENI** – homologija sa nekim sekvencama aktivnih globinskih gena.

PROCESOVANI PSEUDOGENI – nastali reverznom transkripcijom iRNK transkripta u DNK

Čine oko 9% ukupne DNK eukariota.



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

EVOLUCIJA NOVIH FUNKCIJA

Tradicionalna hipoteza:

- novoduplicirani gen je suvišan
- njegovo prisustvo/odsustvo je selektivno neutralno
- nesmetano nakupljanje mutacija dovodi do
 - a) prelaska u pseudogene
 - b) nove funkcije koja ima selektivnu prednost

Sudbina novog lokusa nastalog duplikacijom određena je “trkom” između fiksacije nultih mutacija koje ga “utišavaju” i pozitivnih mutacija koje vode novoj funkciji.



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

EVOLUCIJA NOVIH FUNKCIJA

Tradicionalna hipoteza:

fiksacija pozitivnih mutacija i evolucija novih funkcionalnih gena nasuprot preovladavanju pseudogena moguća je kada

$$4N_e sr \gg 1$$

s=selektivna prednost nove mutacije

r=odnos pozitivnih prema nultim mutacijama



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

EVOLUCIJA NOVIH FUNKCIJA

Druga hipoteza:

Duplicirani geni nastaju od predačkog koji ima dve funkcije;

duplicirani gen se specijalizira za ekspresiju jedne od funkcija.



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

USKLADJENA EVOLUCIJA GENSKIH FAMILIJA

Homogenost sekvenci među multiplim lokusima unutar organizma.

HUMANI GENOM

sekvenca za 18S r RNK i 28S r RNK ima 400 kopija



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

USKLAĐENA EVOLUCIJA GENSKIH FAMILIJA

Homogenost sekvenci medju multiplim lokusima unutar organizma.

HUMANI GENOM

sekvenca za 18S r RNK i 28S r RNK ima 400 kopija raspoređenih na 5 hromozoma



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

USKLAĐENA EVOLUCIJA GENSKIH FAMILIJA

Homogenost sekvenci među multiplim lokusima unutar organizma.

HUMANI GENOM

sekvenca za 18S r RNK i 28S r RNK ima 400 kopija raspoređenih na 5 hromozoma

Skoro svaka jedinica ima prepoznavajuće mesto za restrikcioni enzim HpaI koje ne postoji kod čovekolikih majmuna.



GENSKE FAMILIJE I NOVE FUNKCIJE GENA

ZNAČAJ USKLAĐENE EVOLUCIJE

- one genske familije koje proizvode ogromne količine istovetnog genskog produkta (histoni, rRNK)
- Prirodna selekcija može snažno uticati na postojanje usklađene evolucije
- uniformnost/raznovrsnost unutar genske familije zavisi od toga da li su adaptivniji raznovrsni ili istovetni ali mnogobrojni genski proizvodi.

VISOKO REPETITIVNA DNK I VELIČINA GENOMA

C-vrednost = ukupna količina DNK /jedru

RNA virusi	10^3 - 10^4 nukleotida	—
Bakterije	10^6 - 10^8	————
Gljive	10^7 - 10^9	—————
Alge	10^7 - 10^{12}	—————
Mahovine	10^9 - 10^{11}	—————
Golosemenjače	10^{10} - 10^{11}	———
Skrivenosemenjače	10^9 - 10^{12}	—————
Sundjeri	10^8	—
Zglavkari	10^8 - 10^{10}	————
Košljoribe	10^9 - 10^{10}	———
Vodozemci	10^9 - 10^{12}	—————
Gmizavci	10^9 - 10^{10}	————
Ptice	10^9	———
Placentalni sisari	10^9 - 10^{10}	————



VISOKO REPETITIVNA DNK I VELIČINA GENOMA

Varijabilnost C-vrednosti uglavnom potiče od razlika u količini visokorepetitivne DNK.

Visokorepetitivna DNK iznosi više od 90% eukariotskog genoma.

Ponovljene sekvence imaju 2 – više od 2000 baznih parova.

Deli se na :

1. mikrosatelitnu
2. minisatelitnu
3. satelitnu DNK



VISOKO REPETITIVNA DNK I VELIČINA GENOMA

Varijabilnost C-vrednosti uglavnom potiče od razlika u količini visokorepetitivne DNK.

Visokorepetitivna DNK iznosi više od 90% eukariotskog genoma.

Ponovljene sekvence imaju 2 – više od 2000 baznih parova.

Deli se na :

1. mikrosatelitnu
2. minisatelitnu – "jedinствени otisak"
3. satelitnu DNK



VISOKO REPETITIVNA DNK I VELIČINA GENOMA

VR DNK se uglavnom nalazi u regionima hromozoma gde je stopa rekombinacije niska (telomere, okolina centromera, Y hromozomi).

Nije poznato da li nukleotidne sekvence satelitne DNK utiču na adaptivnu vrednost.



VISOKO REPETITIVNA DNK I VELIČINA GENOMA

Ukupna količina DNK ima biološke efekte:

1. utiče na veličinu ćelije
2. stopu ćelijske deobe



VISOKO REPETITIVNA DNK I VELIČINA GENOMA

Ukupna količina DNK ima biološke efekte:

1. utiče na veličinu ćelije
2. stopu ćelijske deobe

Brzina razvića je važna komponenta adaptivne vrednosti i životne istorije.



VISOKO REPETITIVNA DNK I VELIČINA GENOMA

Broj ćelija može veoma uticati na funkcionisanje nervnog sistema i drugih organa

Relativna veličina i oblik mnogih osobina organizma pod uticajem su brzine razvića

Ako veličina genoma ne bi evoluirala, što je uglavnom uslovljeno količinom satelitne DNK, to bi ograničilo i evoluciju životnih istorija i morfološku evoluciju.



EVOLUCIJA NOVIH GENA I PROTEINA



Prvi živi organizmi:

nekoliko organizovanih sekvenci nukleinskih kiselina.

Duplikacija gena

Genske familije

Divergencija sekvenci i funkcija u okviru familija



EVOLUCIJA NOVIH GENA I PROTEINA

Nastanak novih gena putem duplikacije domena:

DOMENI – kompaktni, kontinuirani regioni molekula proteina,

prostorno odvojeni,

različitih funkcija.



EVOLUCIJA NOVIH GENA I PROTEINA

Nastanak novih gena putem duplikacije domena:

Ovomukoid – protein belanceta koji inhibira tripsin – ima tri domena.

Svaki domen ima tripsin-vezujuće mesto.

Kodirajući regioni domena su sličnih sekvenci i razdvojeni intronima.

Svaki proteinski domen = dva egzona (delimična korespondencija između domena i egzona).

Evolucija ovomukoida: 2 uzastopne duplikacije predačkog gena sa 2 egzona.



EVOLUCIJA NOVIH GENA I PROTEINA

Nastanak novih gena putem duplikacije domena:

Jedan gen – dve ili više funkcija

Gen –

primarni transkript – iRNK

nekoliko iRNK

nekoliko različitih polipeptida





EVOLUCIJA NOVIH GENA I PROTEINA

Nastanak novih gena putem duplikacije domena:

Jedan gen – dve ili više funkcija

Ili:

Gen –

iRNK

primarni proteinski proizvod

nekoliko različitih polipeptida

kortikotropin

melanotropin

endorfin



EVOLUCIJA NOVIH GENA I PROTEINA

Nastanak novih gena putem mešanja egzona:

Egzoni kao predački geni koji su se mešali i slagali u puno različitih kombinacija i tako obrazovali savremene gene.

Dokazi:

egzoni gena odgovaraju različitim domenima proteinskog proizvoda

srodni proteini imaju različite kombinacije istih domena ili modula.



EVOLUCIJA NOVIH GENA I PROTEINA

Nastanak novih gena putem mešanja egzona:

Po ovoj teoriji, pretpostavlja se da je današnja raznovrsnost gena u svim organizmima proistekla od oko najviše 1000 predačkih sekvenci.



POSTANAK I EVOLUCIJA VIRUSA

Hipoteza I.

Hauard Temin:

Virusi su potomci “pobeglih” ćelijskih gena koji su stekli proteinski omotač i sposobnost da se replikuju nezavisno od genetičkog materijala ćelija.



POSTANAK I EVOLUCIJA VIRUSA

Hipoteza I.

Hauard Temin:

Retroni – najjednostavniji entiteti koji imaju reverznu transkriptazu.

Retropozoni – retroni koji imaju sposobnost promene mesta.

Retrotranspozoni – retropozoni sa dugim ponovcima.

Retrovirusi – retrotranspozoni sa strukturnim genima.



POSTANAK I EVOLUCIJA VIRUSA



Retroni

sticanje sposobnosti premeštanja

Retropozoni

sticanje dugih ponovaka

Retrotranspozoni

sticanje strukturnih gena

Retrovirusi

gubitak sposobnosti premeštanja

Pararetrovirusi

gubitak reverzne transkriptaze

DNK virusi (sa prstenastim genomom)



POSTANAK I EVOLUCIJA VIRUSA

Hipoteza II.

Savremeni virusi predstavljaju potomke pre-ćelijskih oblika života.

Oduvek su bili nezavisni od genetičkog materijala koji se nalazi u ćelijama.

Viroidi i satelitske RNK su ostaci najstarijih tipova RNK molekula.

DNK virusi = živi predstavnici najstarijih oblika života zasnovanih na aktivnosti DNK

Retrovirusi = potomci prvih reverzних transkriptaza



POSTANAK I EVOLUCIJA VIRUSA

Hipoteze ne isključuju jedna drugu

SARS = Severe Acute Respiratory Syndrome
novembar 2002. Kina
maj 2003. inficirano 7000 ljudi, 500 umrlo

Uzročnik: nov virus SARS-CoV iz familije korona
virusa (Coronaviridae) – kodira 23 gena
nije nastao rekombinacijama poznatih korona
virusa