

DNA vyhynutých druhov

Kubo Kováč

V roku 1994 vyvolalo veľký rozruch nájdenie sekvencie dinosaurej DNA. Čo všetko sme sa z toho dozvedeli? Čo všetko sa vôbec môžeme z takej DNA dozvedieť? Bude onedlho Jurský park skutočnosťou?

Kedysi dávno si po svete poletoval moskyt. Ten uštipol nejakého dinosaura, nasal jeho krv a vzápätí sa prilepil k živici stromu (tak mu treba). Z nej po miliónoch rokov vznikol jantár – s krásne zakonzervovaným hmyzom vnútri. Vedci ten artefakt nájdu a sekvenujú DNA z krvi dinosaura. Je trochu poškodená, ale chýbajúce časti doplnia žabacou DNA, a tak znovu oživia tvory, ktoré dávno vyhynuli. Aspoň tak sa to odohrá v románe Michaela Crichtona *Jurský Park* (1990).

1 Dinosaury

Bohužiaľ, v skutočnosti to až také jednoduché nie je. Ak odhliadneme od toho, že doplnenie chýbajúcich častí žabacou DNA by s najväčšou pravdepodobnosťou nefungovalo a ak opomenieme aj ťažkosti s klonovaním, už so samotným sekvenovaním DNA vyhynutých druhov sú značné problémy. Jedným problémom je kontaminácia DNA: Ak sekvenujeme vzorku z kosti dávno uhynutého živočícha, dostaneme nielen DNA tohto konkrétneho jedinca, ale aj DNA rôznych baktérií a húb, ktoré ju rozožierali, rastlín, ktoré v blízkosti uhynuli, prípadne DNA paleontológa, laboranta či psa, ktorý kosť našiel. Výsledok z roku 1994 o sekvenovanej dinosaurej DNA bol v skutočnosti planý poplach. Tá DNA bola s najväčšou pravdepodobnosťou ľudská.

Druhým problémom je degradácia DNA: Už počas života sa DNA ničí, či už dôsledkom ultrafialového žiarenia, alebo pôsobením chemických látok, ktoré sú výsledkom metabolizmu. V každej bunke sa denne stanú desaťtisíce porúch, čo je však v poriadku, pretože bunky obsahujú rôzne enzýmy, ktoré tie poruchy vyhledávajú a opravujú. Lenže po smrti tie mechanizmy prestanú fungovať a DNA sa začne rozpadávať. Najstaršia spoľahlivo sekvenovaná DNA má asi pol milióna rokov a z fyzikálnych modelov sa odhaduje, že DNA nevydrží ani za ideálnych podmienok viac ako milión rokov. To je, bohužiaľ, stále málo na dinosaury, ktoré vyhynuli zhruba pred 65 miliónmi rokov.

2 Mamuty

Mamuty sú, samozrejme, iná kategória ako dinosaury. Po tejto zemi kráčali len pred pár miliónmi rokov, pričom najznámejší druh – srstnaté mamuty – sa vyvinuli len asi pred dvestopäťdesiatimi rokmi. Tak či tak je veľkým úspechom, že sa napriek uvedeným ťažkostiam podarilo sekvenovať väčšinu DNA mamuta srstnatého.

K úspechu prispel aj fakt, že už približne poznáme sekvenciu mamutieho príbuzného – slona afrického – a tiež DNA rôznych ďalších druhov, ako človeka, psa a rôznych húb či baktérií. Vďaka nim vedeli biológovia ľahšie povedať, ktoré kúsky patria mamutovi a kam asi patria. Sekvenovaný mamut (familiárne prezývaný M4) má „len“ asi dvadsaťtisíc rokov a jeho DNA sa skladá asi zo 4,7 miliardy báz (čo je takmer o polovicu viac, ako má človek).

Vedci tiež zistili, že kosti nie sú najlepším zdrojom DNA, oveľa lepšia je mamutia srst. To možno neznie až tak prekvapujúco, keďže vlasy sa bežne používajú pri DNA testoch (napríklad pri zločinoch či testoch otcovstva), prekvapujúce to však predsa len je. Pri testoch sa totiž používa koreň vlasu a ten sa veľmi rýchlo zničí. Vonkajšia časť vlasu je síce oveľa trvalejšia, lenže vyzerá celkom mŕtvo. Ukázalo sa však, že vnútro stonky vlasu obsahuje dostatok DNA, ktorá je, navyše, veľmi dobre chránená keratínovým obalom a dá sa ľahko vyčistiť od vonkajšej kontaminácie. Čo sa dá z takej DNA usúdiť? Mamutia DNA je z 99,4% rovnaká ako DNA afrického slona (pričom ešte bližšie ako k africkému má k slonovi indickému). Mamut sa teda podobá na slona (aspoň geneticky) dvakrát viac ako človek na šimpanza. Spoločný predok mamuta a slona je pritom zhruba rovnako starý ako spoločný predok človeka a šimpanza. To potvrdzuje už skoršie zistenia, že „evolučné hodinky“ tikajú slonovitým druhom dvakrát pomalšie ako primátom. Z nejakých záhadných príčin sa ich genóm mení pomalšie.

Vedci sa teraz môžu zamerať na tie časti, v ktorých sa mamut od slona líši, a zisťovať čo robí mamuta mamutom. Napríklad môžu skúmať, vďaka ktorým genóm sa dokázal prispôsobiť veľkým mrazom. Okrem toho môžu porovnávať medzi sebou mamuty, ktoré žili na rôznych miestach v rôznych časoch. Poznáme totiž sekvencie malých kúskov DNA zo 160 mamutov, žijúcich v rozmedzí niekoľkých desiatok tisícov rokov. Srstnaté mamuty boli vždy považované za jednu vývojovú vetvu, za jednu veľkú populáciu, ktorá sa tiahla od Európy cez Sibír až po Severnú Ameriku. Z kúskov DNA však vidno, že vývojové vetvy boli aspoň dve. Jednu tvorili mamuty zo Severnej Ameriky, ktoré sa tam dostali z Ázie (v tom čase boli Sibír a Aljaška spojené pevninou – tzv. Beringovým mostom). V Amerike sa z nich vytvorila nová vetva a asi pred 40–45 tisíc rokmi sa rozšírili cez Beringov most späť na Sibír. Tam nahradili sibírsku vetvu, ktorá v tom čase záhadne vymizla.

Drvivá väčšina zvyšných mamutov vymrela na konci pleistocénu zhruba pred desaťtisíc rokmi (hoci v niektorých oblastiach to mohlo byť neskôr; na Wrangelovom ostrove dokonca žili zakrpatené mamuty ešte pred štyritisíc rokmi).

Koniec pleistocénu predstavoval ťažké časy pre všetky veľké cicavce. Spolu s mamutmi vymizli z Eurázie a Severnej Ameriky mastodonty, srstnaté nosorožce, šablozubé mačky, rôzne druhy levov, medveďov, jeleňov, či koní. Vysvet-

lení (hypotéz), prečo toľko úžasných zvierat odrazu vymrelo, je niekoľko. Prsty v tom mohol mať človek, ktorý ich vo veľkom lovil. Druhá možnosť je zmena klímy a tomu zodpovedajúca zmena prostredia. Inou možnosťou je epidémia nejakej choroby. Zistilo sa napríklad, že mamuty mali veľmi nízku genetickú diverzitu – ich genómy sa veľmi podobali. Ak bol teda jeden mamut náchylný na nejakú chorobu, boli náchylné takmer všetky. Nízka diverzita tiež môže znamenať, že populácia sa nedokáže adaptovať na nové prírodné podmienky. Nakoniec, samozrejme, mohlo ísť o súhru niekoľkých faktorov.

3 Bizóny

Podobný výskum sa robil na americkom bizónovi (lat. *Bison bison bison*). Bizón je jeden z druhov, ktoré toto masové vymieranie nakoniec prežili, hoci mali na mále. Vedci sekvenovali kúsky DNA zo 442 bizónov žijúcich v oblasti Beringie za posledných vyše šesťdesiat tisíc rokov. Zistili, že populácii bizónov sa za posledných stopäťdesiat tisíc rokov darilo a ich počet sa zdvojnásobil približne každých desať tisíc rokov. Pred 30-45 tisíc rokmi dosiahli maximum, potom však začal ich počet dramaticky klesať. Najnižší bol asi pred desať tisíc rokmi a odvtedy sa populácia začala opäť pomaly spamätávať. Ako sa dá na niečo také prísť z kúskov DNA? Predstavme si vrečko plné farebných guľôčok. Guľôčky budú predstavovať jednotlivé bizóny a rôzne farby budú predstavovať ich rôznorodosť. Celé vrečko reprezentuje jednu generáciu bizónov.

Aby sme vytvorili novú, mladšiu generáciu, budeme z vrečka náhodne vyberať guľôčky. Do nového vrečka (novej generácie) vždy pridáme novú guľôčku takej farby, akú sme vytiahli (starú guľôčku vždy vrátíme späť do starého vrečka). Navyberať môžeme viac či menej guľôčiek (podľa toho, či populácia rastie, alebo vymiera). Na konci môžeme vrečko so starou generáciou zahodiť, ostane nám len tá nová.

Čo sa deje, keď populácia vymiera? Do nových vrecúšok sa dostáva menej a menej guľôčok. Ľahko sa tak stane, že do novej generácie sa niektoré farby nedostanú, čo znamená, že populácia stráca genetickú diverzitu. Táto populácia sa môže v istom okamihu začať zotavovať, vrecúška môžu byť opäť plnšie, avšak stále budú ochudobnené o stratené farby. Ak teda vieme, že v súčasnosti máme málo farieb, ale v minulosti boli guľôčky vo vrecúškach pestrofarebné, môžeme usudzovať, že niekedy medzi tým nastalo vymieranie a strata farieb. A tak je to aj s kúskami DNA. Môžeme ich porovnať a z tohto porovnania uvidíme, že v minulosti boli rôznorodé, zatiaľ čo dnes sa všetky na seba veľmi podobajú. Z matematických modelov (možno trochu zložitejších, ako boli naše vrecká a guľôčky) sa potom dá zistiť, ako asi populácia rástla či vymierala.

Výhodou bizónov navyše je, že si náš model môžeme overiť: Vieme, že bizóny v nedávnej minulosti skoro vymreli, pretože sme ich takmer vystrieľali. Len taký Buffalo Bill vystrieľal za 8 mesiacov 4860 bizónov. Ak spravíme rovnaké výpočty založené na informáciách o DNA iba s dnešnými bizónmi, vyjde nám (v súlade s uvedenými faktmi), že populácia rástla ešte pred tisíc rokmi a potom bizónov začalo ubúdať. Pomocou DNA sa takto dá skúmať veľkosť populácií,

ich rast či zánik, rozdelenie do rôznych podpopulácií alebo migrácie. Môžeme študovať nielen vymretie jednotlivých druhov, ale aj jeho začiatok a priebeh. Pomocou DNA sa pritom môžeme dozvedieť oveľa viac, než dokážeme zistiť z archeologických nálezov kostí a klov.