

Genes from The Junkyard

Levy A.

Nature, Vol5.74, 17, 314, October 2019

ژنهایی از پستوخانه

نازنین عندلیب*

تهران، دانشگاه تهران، پردیس علوم، دانشکده زیست شناسی

دانشمندان سالها فکر می‌کردند، ژن‌های جدید بر اثر تکامل و سرهم‌بندی ژن‌های قدیمی ظاهر می‌شوند. اما معلوم شده است که انتخاب طبیعی بسیار خلاقانه‌تر عمل می‌کند.
آدام لوی (Adam Levy)

چکیده

بر خلاف دیدگاه کلاسیک که ژنهای جدید صرفاً از ژنهای قبلی تکامل می‌یابند، کشفیات جدید نشان می‌دهد که منبع ژنهای جدید می‌تواند به شکل *De novo* از توالی‌های غیررمزگذار هم به وجود آیند. برآوردها نشان می‌دهند که حدود ۱۰ درصد ژنها از طریق *De novo* ساخته می‌شوند. این یافته‌ها دیدگاه مرسوم تکامل ژنها را توسعه می‌بخشد و نشان می‌دهد که تشکیل ژنهای جدید در طول تکامل انعطاف‌پذیرتر از آن است که قبلاً تصور می‌شد. اینکه ژنهای جدید می‌توانند از توالی‌های تکراری، زمانی موسوم به Junk DNA پدید آیند نقش تازه‌ای برای این توالی‌های غیررمزگذار تأیید می‌کند. ایجاد ژنهای جدید از این راه گویی موجودات حامل آنها را برای سازگاری با محیط کارآتر می‌سازد و نشان می‌دهد که ژنگان موجودات تا چه اندازه پویاست.

کلیدواژگان: DNA آشغال، تکامل ژنها، ژنهای از نو

* مترجم مسئول، پست الکترونیکی: Andalib2727@ut.ac.ir

که ژن‌ها همیشه از ژن‌های موجود، تکامل یافته و این همان موردی است که زیست‌شناسان مدت‌ها تصور می‌کردند. در عوض، برخی ژن‌ها از گستره‌ی ژنگان که رمزگذار مولکول‌های عملکردی نیستند، ساخته شده‌اند. زمانی که او دوباره ژنگان ماهی را مطالعه کرد به نکات [جالبی] دست‌یافت: ظاهراً پروتئین ضدیخ‌زدگی که برای بقای روغن‌ماهی ضروری است از حذف‌شدن ایجاد شد (۱). در این مرحله سایر محققین هم به نتیجه‌ی مشابه دست‌یافتند (۲).

روغن‌ماهی یک مشارکت خوبی ایجاد کرد. در پنج سال گذشته، محققان نشانه‌های زیادی از ژن‌های جدید از نو (*De novo*) را در دودمان‌های مختلف که شامل موجودات الگو مانند مگس‌میوه، موش، گیاهان زراعی مهم و انسان بود را بررسی کردند. بعضی از این ژن‌ها در مغز، بافت بیضه و بعضی دیگر در سرطان‌های مختلف بیان می‌شوند.

ژن‌های از نو (*de novo*) حتی باعث تجدیدنظر در برخی بخش‌های نظریه تکامل شدند. به‌صورت مرسوم نظر بر این

در اوج زمستان، دمای آب در اقیانوس منجمدشمالی پوشیده از یخ به زیر صفر درجه می‌رسد. این دما، به اندازه کافی برای یخ‌زدن اکثر ماهی‌ها کافی است، اما در روغن‌ماهی (Codfish) این اتفاق نمی‌افتد. یک پروتئین ویژه در خون و بافت‌های این نوع از ماهی‌ها، با پیوستن به بلورهای کوچک یخ، رشد آن‌ها را متوقف می‌کند.

خصوصیت روغن‌ماهی یک معما بود تا اینکه هله تسندبالسرود (Helle Tessand Baalsurd)، زیست‌شناس تکاملی درصد حل آن برآمد. بالسرود و همکارانش در دانشگاه اسلوو (Oslo) در مورد ژنگان روغن‌ماهی‌اطلسی (*Gadus morhua*) و نزدیک‌ترین خویشاوند آن‌ها مطالعه کردند تا بتوانند ژن‌های ضدیخ‌زدگی را ردیابی کنند. هیچ نتیجه‌ای به دست نیامد. بالسرود، کسی که اولین بار این موضوع را مطالعه کرد، نگران بود که شاید کمبود خواب وی در ایامی که مادر شده بود باعث شد که خیلی از بدیهیات را از دست داده باشد.

سپس او در اثر مطالعاتی که انجام داد به این نتیجه رسید

رمزگذاری و هر کدام عملکرد خاص خود را نشان دادند. از دهه ۱۹۷۰، با توجه به اینکه ژن‌های موجود می‌توانند شکسته و یا به صورت جانبی بین گونه‌ها منتقل شوند، محققان نمونه‌های دیگری از چگونگی اثر تکامل در بازسازی ژن‌ها پیدا کردند. همه این فرآیندها مرسوم بود: ماده اصلی آن رمز موجود در ماشین مولکولی می‌باشد.

اما ژنگان‌ها فقط حاوی ژن‌ها نیستند: در حقیقت فقط درصد کمی از ژنگان انسان به طور مثال دارای ژن‌های رمزگذار می‌باشد. در کنار بخش‌هایی از DNA [که دارای ژن‌های رمزگذار است] به نظر بخش‌هایی مسموم به Junk DNA وجود دارد که فاقد هرگونه عملکرد است. برخی از این بخش‌ها بدون اینکه در واقع دارای ژن‌های رمزگذار باشد، دارای ویژگی‌های مشترکی با ژن‌های رمزگذار پروتئین هستند: به عنوان مثال این نواحی دارای کدون ۳ حرفی هستند که در سلول می‌تواند به پروتئین تبدیل شود.

دانشمندان در اوایل سده ۲۱ دریافتند، بخش‌های غیر رمزگذار DNA دارای رمزهای عملکردی برای پروتئین‌ها هستند. تعیین توالی ژنتیکی تا آنجا پیشرفت کرد که محققان توانستند کل ژنگان خویشاوندان نزدیک را با یکدیگر مقایسه کنند؛ شواهدی به دست آمد که ژن‌ها در طی تکامل به سرعت از بین می‌روند و آیا ژن‌ها به همین سرعت نیز می‌توانند به وجود آیند یا خیر.

در سال ۲۰۰۶ و ۲۰۰۷، دیوید بیگن (David Begun)، متخصص ژنتیک تکامل در دانشگاه کالیفرنیا برای اولین بار مقاله‌ای در مورد ژن‌های ویژه از نو به وجود آمده مگس میوه منتشر کرد (۴، ۵). مطالعات او نشان داد که این ژن‌ها بیشتر در ارتباط با تولیدمثل در مگس‌های نر بود. بیگن نشان داد [این ژن‌ها] در بیضه‌ها و غدد مایع نطفه‌ای بیان شد و به نظر می‌رسد که نیروی تکامل در انتخاب جنسی و تولید ژن‌ها بسیار تعیین‌کننده بود.

اندکی قبل از آن، مارآلبا^۱ متخصص ژنتیک تکاملی در مؤسسه تحقیقاتی پزشکی بیمارستان دلمار^۲ در بارسلونا^۳

بود که ژن‌های جدید به صورت تصادفی از ژن‌های موجود بر اثر مضاعف‌شدن، ترکیب و یا شکستن از یکدیگر ایجاد می‌شوند، اما اکنون بعضی از محققین تصور می‌کنند، ژن‌های از نو می‌توانند تا حدودی متداول باشند: مطالعات نشان داد، حداقل یک دهم از ژن‌ها به طریق از نو ساخته می‌شوند و مطالعات دیگر نشان داد، ایجاد ژن‌های از نو بیشتر از ژن‌هایی است که از طریق مضاعف‌شدن ایجاد می‌شوند. ایجاد [ژن از نو] مرزهای ساخت یک ژن را از بین برد و نشان داد که ماده اولیه برخی ژن‌های جدید در DNA غیررمزگذار وجود دارد (Birth of a gene).

یونگ ژانگ (Yong Zhang) محقق در زمینه ژنتیک در مؤسسه جانورشناسی آکادمی علوم چین در پکن (Beijing) و کسی که نقش ژن‌های از نو را در مغز انسان مطالعه کرده است می‌گوید: توانایی موجودات برای به دست آوردن ژن‌های جدید از طریق از نو گواه "انعطاف‌پذیری تکامل برای ساختن موارد به ظاهر غیرممکن را ممکن کرد".

اما محققان هنوز نتوانسته‌اند چگونگی ایجاد قطعی ژن از طریق از نو را شناسایی کنند و هنوز پرسش‌هایی در مورد چگونگی و پیدایش چندباره ایجاد این ژن‌ها باقی‌مانده است. در حال حاضر، دانشمندان تعجب می‌کنند زمانی که مواد اکثر ژن‌ها از قبل وجود دارد، چرا تکامل منجر به ایجاد مشکل در ساخت ژن‌ها از طریق حذف کردن (scratch) می‌شود. چنین سئوالات پایه‌ای نشان می‌دهد که چقدر در زمینه‌ی این رشته بی‌تجربه هستیم. بالسرود می‌گوید: "شما لازم نیست به سال‌های قبلی که تکامل ژن‌ها از طریق از نو وجود داشت برگردید"

افزوده‌های جدید

پیش از دهه‌ی ۱۹۷۰، متخصصان ژنتیک، تکامل را یک روند کاملاً محافظه‌کارانه می‌دانستند. سوسومی اوهنو (Susumu Ohno) می‌گوید: "به معنای دقیق هیچ چیز در تکامل از نو ایجاد نمی‌شود و هر ژن جدید باید از ژن‌های موجود ساخته شود" و فرضیه‌ای را مطرح کرد که اکثر ژن‌ها به روش مضاعف‌شدن تکامل می‌یابند (۳).

مضاعف‌شدن ژن‌ها زمانی اتفاق می‌افتد که اشتباه در روند هم‌تاسازی DNA منجر به ایجاد چندین نمونه از ژن شود. در نسل‌های مختلف نسخه‌ها دچار جهش و واگرایی (Diverge) شده، و در نهایت مولکول‌های مختلف

^۱- Seminal fluid gland

^۲- Mar Alba

^۳- del Mar

^۴- Barcelona

می‌کنند که این ژن‌ها یا خیلی کوتاه هستند و یا بسیار متفاوت از رمزهای شناخته‌شده برای موجودات مرتبط که بتوانند عملکردهای احتمالی داشته باشند.

زمانی که کارونیس برای پروژهٔ مقطع دکتری قالب‌های باز خواندن در مخمر را مطالعه کرد، شک کرد که همه‌ی این بخش‌ها غیرفعال باشند. در مطالعه‌ای (۷) که در سال ۲۰۱۲ منتشر شد، وی بررسی کرد که آیا این قالب‌های باز خواندن دقیقاً مانند ژن‌ها به RNA رونویسی شده و آیا به پروتئین ترجمه می‌شوند یا خیر، اگرچه مشخص نیست که آیا این پروتئین‌ها برای مخمر مفید باشند و این که آیا این پروتئین‌ها در سطح کافی برای عملکرد ترجمه می‌شوند. کارونیس می‌گوید: "بنابراین ژن چیست؟ نمی‌دانم". اگرچه آنچه که او فکر می‌کرد بدان دست یافته "مواد خام و مخزنی برای تکامل بود".

خیلی از این به اصطلاح ژن‌ها یا همان چیزی که کارونیس و همکارانش ژن‌های اولیه^{۱۲} نامیدند، توالی‌های بلند و دستورالعمل‌های لازم بسیاری برای تبدیل DNA به پروتئین را دارند و خیلی شبیه به ژن‌ها می‌باشند. ژن‌های اولیه می‌توانند یک زمینه‌ی آزمایش مناسبی در تکامل برای تبدیل مواد غیر رمزگذار به ژن‌های واقعی فراهم‌آورند. اوئیف مک لیزاگت^{۱۳} که در مورد تکامل مولکولی در کالج ترینیتی^{۱۴} دوبلین^{۱۵} کار می‌کند، پیشنهاد کرد: "این مانند راه‌اندازی محصول خود در نسخه بتا است"^{۱۶}.

برخی از محققان فراتر از مشاهده به منظور بیان مواد غیر رمزگذار، موجودات را دست‌کاری کردند. مایکل ناپ^{۱۷} و همکارانش در دانشگاه اوپسالا^{۱۸} سوئد^{۱۹} نشان دادند که، وارد کردن^{۲۰} و بیان تصادفی در *E. coli* قالب‌های باز خواندنی ایجاد می‌کند که می‌تواند مقاومت باکتری را در برابر آنتی‌بیوتیک‌ها با ایجاد یک توالی که یک پپتید تولید می‌کند، ۴۸ برابر افزایش دهد (۸).

اسپانیا^۵ نشان داد هر چه ژن جدیدتر باشد از نظر تکامل سرعت رشد آن بیشتر است (۶).

او گمان کرد، چنین نتیجه‌ای به این دلیل باشد که مولکول‌های رمزگذاری شده توسط ژن‌های جوان کمتر اصلاح می‌شوند و نیاز به تنظیم بیشتری دارند و در نتیجه ژن‌های از نو ایجاد و این ژن‌های از نو عملکرد ژن‌های قدیمی را که از آن تکامل یافته‌اند را ندارند. آلبا و بیگن خاطر نشان کردند که انتشار کارهای اولیه آن‌ها در این زمینه چالش‌برانگیز بود. آلبا می‌گوید: "بدینی بسیاری وجود داشت. شگفت‌آور است که چگونه اوضاع تغییر کرده است".

مطالعات بسیاری برای شناخت ژن‌های از نو انجام شده است. برای مثال ژنی در گیاه رشادی گوش‌موشی^۶ یا *آرابیدوپسیس تالیانا*^۷ نشاسته تولید و همچنین ژنی از نو در مخمر به رشد سلول‌ها کمک می‌کند. درک آنچه که این ژن‌های از نو برای میزبان خود انجام می‌دهند و این که چرا این ژن‌ها در اثر تکامل، از [ژن‌هایی که از] مواد موجود بر اثر حذف شدن ایجاد می‌شوند سودمندتر است، به ایجاد آن‌ها کمک می‌کند. بیگن می‌گوید: "اگر ما متوجه عملکرد ژن‌های از نو نشویم، نمی‌توانیم عملکرد آن‌ها را درک کنیم".

ژنهای در نوبت

مطالعه ژن‌های از نو در واقع مطالعه‌ی بخشی از ژنتیک و بخشی از یک آزمایش است. آن-روکساندرا کارونیس^۸ در دانشگاه پیتسبورگ^۹ پنسیلوانیا^{۱۰} می‌پرسد: "چرا رشته ما تا این اندازه دشوار است؟ به خاطر فلسفی بودن موضوع است". در قلب این سؤال، سئوالی وجود دارد که کارونیس یک دهه است می‌پرسد: ژن چیست؟

به بخشی از توالی DNA یا RNA ژن گفته می‌شود که یک مولکول عملکردی رمزگذاری کند. با این حال، ژنگان مخمر دارای صدها هزار توالی است که به صورت قالب خواندن باز^{۱۱} شناخته می‌شوند و از نظر تئوری می‌توانند به پروتئین‌ها ترجمه شوند، اما متخصصان ژنتیک تصور

^{۱۲} Proto-gene

^{۱۳} Aoife McLysaght

^{۱۴} Trinity

^{۱۵} Dublin

^{۱۶} - عرضه آگاهانه یک محصول ناتمام با اشکالات شناخته شده و اشکالات ناشناخته برای کاربران

^{۱۷} Micheal Knopp

^{۱۸} Uppsala

^{۱۹} Sweden

^{۲۰} Insert

^۵ Spain

^۶ - *Thala cress*

^۷ *Arabidopsis thaliana*

^۸ Anne-Ruxandra Carvunis

^۹ Pittsburgh

^{۱۰} Pennsylvania

^{۱۱} Open reading frames (ORFs)

یک جزیره گرمسیری در جنوب چین در گرمای طاقت‌فرسای هائیان^{۲۷} با وجود شرایط بسیار دشوار، به‌خوبی رشد کرد. مانیدان لانگ^{۲۸} متخصص ژنتیک تکاملی از دانشگاه شیکاگو^{۲۹} ایلینویز^{۳۰} می‌گوید: "این وحشتناک و خیلی گرم است. شما می‌توانید تخم‌مرغ خود را در شن بپزید".

گروه لانگ می‌خواستند بدانند که چه تعداد ژن از نو در سویه برنج‌دانه (*اوریزا ساتیوا*)^{۳۱} به‌وجود آمده‌است و این ژن‌ها چه پروتئین‌هایی را می‌توانند تولید کنند. بنابراین گروه او ژنگان آن‌ها را براساس خویشاوندی گروه‌بندی کردند و با استفاده از یک برنامه، مناطقی که حاوی ژن در اکثر گونه‌ها بود و همچنین مناطقی که حاوی ژن‌هایی بود که در برخی وجود نداشت را انتخاب کردند. این فرصتی فراهم کرد تا محققان DNA غیر رمزگذاری را که ژن مورد نظر از آن ایجاد شده شناسایی کنند و مسیر حرکت آن‌ها را به‌عنوان یک ژن پی‌گیری نمایند. آن‌ها همچنین مجموع تعداد ژن‌های از نو را که در سویه ظاهر شد را گزارش دادند، ۱۷۵ ژن در طی ۳/۴ میلیون سال تکامل (۱۰)، (در همان زمان، ۸ برابر ژن‌های حاصل از مضاغف‌شدن).

این مطالعه یکی از بزرگ‌ترین مشغله‌های این رشته است: چگونه یک ژن از نو را واقعاً تشخیص دهیم. پاسخ‌ها بسیار متفاوت و رویکردها در حال پیشرفت است. به‌عنوان مثال در مطالعه اولیه ۱۵ ژن از نو را در کل پستانداران کشف کردند (۱۱)؛ در تلاش‌های بعدی فقط ۶۰ مورد را در انسان شناسایی کردند (۱۲). یک گزینه برای یافتن ژن‌های از نو، به‌کار بردن برنامه‌ای برای جستجوی ژن‌های مشابه در گونه‌های خویشاوند است. اگر ژنی مشخص نشد، ممکن است به‌روش از نو ایجاد شده باشد. اما عدم یافتن خویشاوندی به‌معنای نبودن هیچ‌گونه خویشاوندی نیست. ژن ممکن است در طول مسیر از بین رفته و یا شکل آن بسیار دورتر از خویشاوند خود باشد. مطالعه برنج با شناسایی اکید قطعات DNA غیر رمزگذار که به ژن‌های از نو تبدیل شدند، این موضوع را تحقق بخشید.

با استفاده از روشی مشابه، دیتارد تاوتز^{۳۲} و گروه او در مؤسسه زیست‌شناسی تکاملی ماکس‌پلانک^{۳۳} در پلویون^{۳۴} آلمان نشان دادند که نیمی از توالی‌ها رشد باکتری را کند و به‌نظر می‌رسد که یک چهارم آن رشد باکتری را سرعت می‌بخشد (۹) که البته در مورد این نتایج بحث‌هایی وجود دارد. چنین مطالعاتی نشان می‌دهد که پپتیدهای حاصل از توالی‌های تصادفی می‌توانند به‌طرز شگفت‌انگیزی کارآیی و عملکرد داشته باشند.

جوآنا ماسال^{۳۵} زیست‌شناس تکاملی از دانشگاه آریزونا^{۳۶} در توکسون^{۳۷} می‌گوید: اما توالی‌های تصادفی DNA می‌توانند برای پپتیدهایی که "واکنش‌پذیر، نامطلوب، مجتمع" و انجام کارهای نامناسب دارند، هم رمز داشته باشند. بیان این توالی‌ها در سطوح پایین می‌تواند به انتخاب طبیعی کمک کند تا بخش‌هایی را که احتمالاً مناسب نیستند و پروتئین‌هایی را که با تاخوردگی‌های نامناسب ایجاد می‌کنند از بین برده و بنابراین آنچه در یک گونه باقی‌مانده نسبتاً بی‌خطر است.

آلبا می‌گوید: "ایجاد ژن از مناطق غیر رمزگذار می‌تواند مزایایی نسبت به سایر روش‌های تولید ژن داشته باشد که در تمام اجداد دیده می‌شوند؛ در مقابل، ژن‌های از نو، مولکول‌های کاملاً متفاوتی تولید می‌کنند که قرار دادن آن‌ها را در شبکه‌های کاملاً تثبیت‌شده‌ی ژن‌ها و پروتئین‌ها دشوار می‌کند. اما این نوع از پروتئین‌ها همچنین می‌توانند برای برخی از کارهای جدید مناسب‌تر باشند. به‌عنوان مثال، یک ژن تازه ایجادشده می‌تواند به‌وجود کمک کند تا به تغییر شرایط محیط خود پاسخ دهد. این مورد در روغن‌ماهی دیدشده‌است. حدود ۱۵ میلیون سال پیش با خنک‌شدن نیمکره‌ی شمالی، پروتئین ضدیخی [در این نوع ماهی] ایجاد شد تا بتواند شرایط محیط را تحمل کند.

نرخ زایش

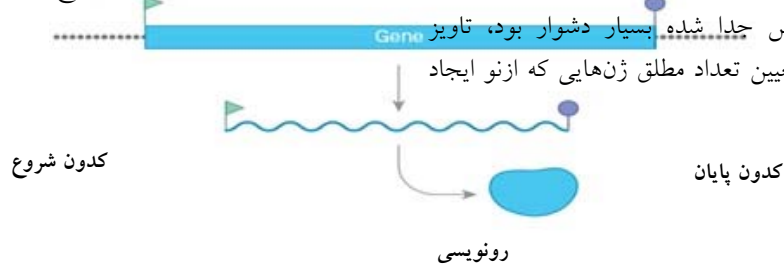
محققان به توالی‌های گسترده برای موجودات خویشاوند نزدیک نیاز دارند تا بتوانند ژن‌های از نو موجودات را ردیابی کنند. یک نوع برنج از یکی از گیاهان زراعی در

^{۲۷} Hainan
^{۲۸} Manyuan Long
^{۲۹} Chicago
^{۳۰} Illinois
^{۳۱} *Oryza sativa japonica*

^{۳۲} Diethard Tautz
^{۳۳} Max Planck
^{۳۴} Plon
^{۳۵} Joanna Masal
^{۳۶} Arizona
^{۳۷} Tucson

شده‌اند از ژن‌هایی که از مضاعف شدن به‌وجود آمده‌اند "یک سؤال تقریباً غیر قابل پاسخ است".

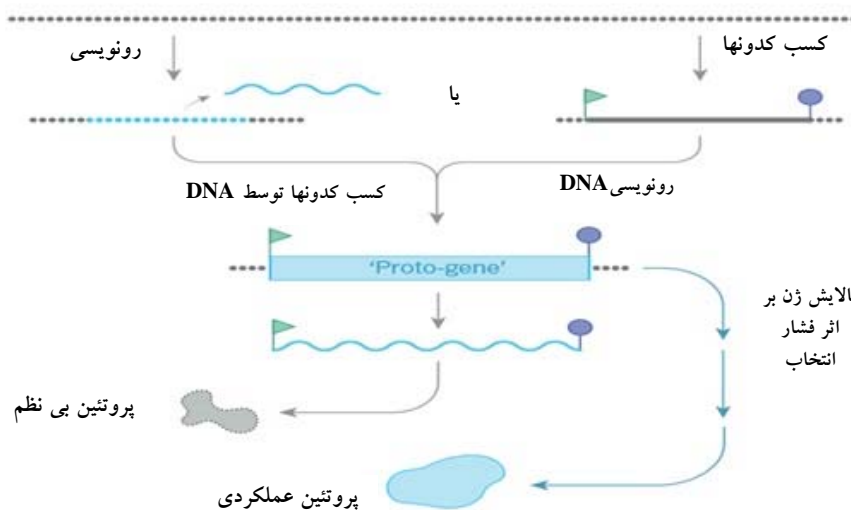
در طول سال‌های تکامل -چندین سال قبل از میلیون‌ها سال تکامل برنج- تشخیص بین یک ژن از نو و ژنی که به‌سادگی از نیاکانش جدا شده بسیار دشوار بود، تاویز می‌گوید: بنابراین تعیین تعداد مطلق ژن‌هایی که از نو ایجاد



ترجمه

پروتئین

DNA غیر ژنی



همان تبعات جدی همراه است. با شناسایی ژن‌های از نو، محققان می‌توانند به‌مطالعه‌ی نقش آن‌ها در سلامتی و بیماری بپردازند.

ژانگ و همکاران دریافته‌اند که یک ژن منحصر به فرد در مغز افراد مبتلا به بیماری آلزایمر (Alzheimer) در سطح بالایی بیان می‌شود (۱۴) و مطالعات پیشین (۱۵) نسخه‌های خاصی از این ژن را وابسته به نیکوتین معرفی کرد. از نظر ژانگ، تحقیقات در مورد ژن‌های از نو مرتبط با مغز انسان بسیار دلهره‌آور است. او می‌گوید: "ما می‌دانیم که آنچه ما را انسان ساخته، مغز ماست".

کلودیو کازیل^{۳۲}؛ متخصص ژنتیک تکاملی در دانشگاه A&M تگزاس^{۳۳} در کالج استیشن^{۳۴} برای نشان دادن میزان تنوع نتایج مختلف، از روش‌های جایگزین برای تجزیه و تحلیل دوباره‌ی نتایج مطالعات قبلی استفاده کرد و ۴۰٪ از ژن‌های پیشنهادی از راه از نو تأیید نشدند (۱۳). از نظر کازیل، این نشان‌دهنده‌ی نیاز به استانداردسازی آزمون است. در حال حاضر او می‌گوید: "به نظر می‌رسد کار بسیار دشوار باشد". شمارش ژن‌های از نو در ژنگان انسانی هم با

^{۳۲} Claudio Casola^{۳۳} Texas^{۳۴} Station

زیبایی‌های کار با ژن‌های ازنو، این است که نشان می‌دهد ژنگان تا چه اندازه پویا است."

تولد یک ژن

دانشمندان مدت‌ها تصور می‌کردند که تکامل ژن‌های جدید به‌روش کپی‌برداری اشتباه، باهم آمیختن و یا جداسدن از ژن‌های موجود انجام می‌شود. اکنون نمونه‌های بسیاری نشان می‌دهد که ژن‌ها به‌صورت ازنو از بخش‌های غیر رمزگذار ژنگان نیز ایجاد می‌شوند.

ژن‌ها چگونه کار می‌کنند

بخشی از DNA که دارای رمز برای مولکول‌های مفید است، ژن‌گفته می‌شود. برای تولید پروتئین، DNA به‌صورت RNA رونویسی و سپس به پروتئین ترجمه می‌شود. توالی سه حرفی به‌نام کدون‌ها (رمزها) تعیین‌کننده‌ی بخشی از RNA هستند که ترجمه می‌شوند.

ساختن یک ژن از طریق ازنو

ژن‌ها می‌توانند به‌روش رونویسی کدون‌های موجود در بخش غیر رمزگذار DNA به‌همان ترتیب گفته‌شده تکامل یابند. در ابتدا محصول این ژن‌های اولیه ممکن است ناکارآمد و ناقص باشند.

بنابراین برای هموارشدن راه در مطالعات آینده، پیشنهاد می‌کند که باید از کیت‌های ژنتیکی برای مطالعه تکامل مغز استفاده شود. ژانگ همچنین پیشنهاد می‌کند، محققان می‌توانند با استفاده از کیت‌های ژنتیکی و به‌روش آزمایش ارگانوئیدهای (سلول‌های کشت‌شده که به‌عنوان یک اندام مدل استفاده می‌شود) انسان بررسی را انجام دهند.

از ژن‌های ازنو می‌توان برای درک بهتر سرطان نیز استفاده کرد. یکی از این ژن‌ها که در انسان و شامپانزه‌ها وجود دارد، با مدل‌های موشی پیشرفت سرطان نوروبلاستوما رابطه دارد (۱۶). یک نوع از سرطان انسانی که به‌وسیله ویروس پاپیلوما (Papillomavirus) ایجاد می‌شود شامل ژنی است که در شکل‌های غیر سرطانی دیده نمی‌شود (۱۷).

خصوصیات بسیاری از ژن‌های ازنو مشخص نشده، بنابراین اهمیت بالقوه این [ژن‌ها] در فرآیند سلامت و بیماری مشخص نیست. کارونیس می‌گوید: "مدتی طول خواهد کشید تا بفهمیم که [این ژن‌ها] تا چه اندازه به سلامت انسان و همچنین تا چه اندازه به منشأ گونه انسان کمک می‌کند."

اگرچه ژن‌های ازنو به‌صورت معما باقی‌مانده، اما وجود آن‌ها یک چیز را روشن می‌کند: تکامل می‌تواند به‌راحتی چیزی را از هیچ پدید آورد. کازیرا می‌گوید: "یکی از

منابع

- 1- Baalsrud, H. T. et al. *Mol. Biol. Evol.* 35, 593–606 (2018).
- 2- Zhuang, X. *Creating sense from non-sense DNA: de novo genesis and evolutionary history of antifreeze glycoprotein gene in northern codfishes (gadidae)*. PhD thesis, Univ. Illinois Urbana-Champaign (2014).
- 3- Ohno, S. *Evolution by Gene Duplication* (Springer, 1970).
- 4- Begun, D. J., Lindfors, H. A., Thompson, M. E. & Holloway, A. K. *Genetics* 172, 1675–1681 (2006).
- 5- Begun, D. J., Lindfors, H. A., Kern, A. D. & Jones, C. D. *Genetics* 176, 1131–1137 (2007).
- 6- Albà, M. M. & Castresana, J. *Mol. Biol. Evol.* 22, 598–606 (2005).
- 7- Carvunis, A.-R. et al. *Nature* 487, 370–374 (2012).
- 8- Knopp, M. et al. *mBio* 10, e00837-19 (2019).
- 9- Neme, R., Amador, C., Yildirim, B., McConnell, E. & Tautz, D. *Nature Eco. Evol.* 1, 0127 (2017).
- 10- Zhang, L. et al. *Nature Ecol. Evol.* 3, 679–690 (2019).
- 11- Toll-Riera, M. et al. *Mol. Biol. Evol.* 26, 603–612 (2009).
- 12- Wu, D.-D., Irwin, D. M. & Zhang, Y.-P. *PLoS Genet.* 7, e1002379 (2011).
- 13- Casola, C. *Genome Biol. Evol.* 10, 2906–2918 (2018).
- 14- Li, C.-Y. et al. *PLoS Comput. Biol.* 6, e1000734 (2010).
- 15- Wang, D., Ma, J. Z. & Li, M. D. *Pharmacogenomics J.* 5, 166–172 (2005).
- 16- Suenaga, Y. et al. *PLoS Genet.* 10, e1003996 (2014).
- 17- Willemsen, A., Féllez-Sánchez, M. & Bravo, I. G. *Genome Biol. Evol.* 11, 1602–1617 (2019).