

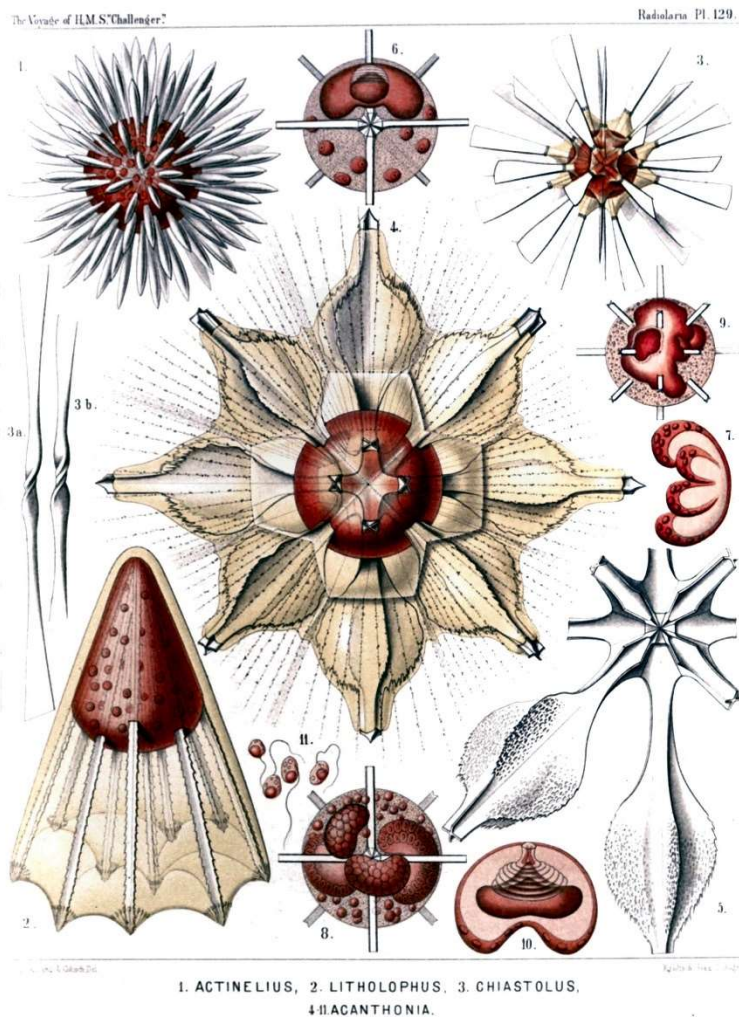
Eukarióták eredete

Egy új birodalom felemelkedése: az archeák

3. RÉSZ A körülöttünk lévő élet túlnyomó része eukarióta, vagyis sejtmagvas sejtekből áll, mint például a növények, állatok és az emberek is. A Föld biomasszájának nagyobb részét viszont a sejtmag nélküli baktériumok és ősbaktériumok alkotják, azaz a prokarióták. Az eukarióták körülbelül 2 milliárd évvel a baktériumok után jelentek csak meg, azonban olyan evolúciós újításokat hoztak, amelyek nélkül a magasabb rendű élet nem alakulhatott volna ki. Az átmenet ritka és nehéz lehetett, ráadásul nem sok nyom maradt fenn róla, éppen ezért ma is heves viták övezik. E cikksorozatban az első eukarióták nyomába eredünk, hogy megtudjuk, mi indította el a kialakulásukat és miért töretlen azóta is a csoport sikere, illetve, hogy hol tart ma a tudomány. Ebben a részben minden mai eukarióta őst, illetve az ősz legközelebbi ma élő prokarióta rokonait, az ősbaktériumokat és azok felfedezését ismerjük meg.

A 20. század nagyobbik részében minden kutató és tankönyv úgy gondolta, hogy az élővilág két nagy csoportra oszlik: vannak a sejtmag nélkül éldögélő baktériumok, a *prokarióták*, és vannak a sejtmagvas eukarióták (mint a növények, állatok, és az ember is), azok között is az egysejtűek, a *protisták* (algák, amőbák és rokonaik, minden, ami nem növény, gomba vagy állat). Kézenfekvőnek tűnt ez a felosztás, mert a baktériumok egyszerű felépítéséhez képest a legegyszerűbb eukarióta egysejtű is végtelenül összetettebbnek tűnt, a maga számos sejszervecskéjével, nagyobb genomjával, többféle fehérjéjével, aktív sejtvezérléssel és bonyolult életciklusával. Evolúciós szempontból az is nyilvánvalónak tűnt, hogy a bonyolultabbak az egyszerűbbekből jöttek létre ahogy arról már volt szó az előző részben (lásd *Természet Világa* 2023 okt.). Hihető volt tehát az a gondolat, hogy két csoportja van az életnek, s milliárd évekkel ezelőtt egy jelentéktelen baktérium törzs azzal tűnt ki a hullámzó prokarióta ősoceánból, hogy ügyesen elfogott egy másik baktériumot, amelyet aztán megszeliített, s mitokondriumot faragott belőle, maga pedig minden élő és valaha élt eukarióta ősevé fejlődött.

A 70-es évekig senki nem is sejtette, hogy egy harmadik nagy élőlénycsoport is él a Földön. Ennek oka az volt, hogy *ránézésre* tényleg minden baktérium hasonlóan tűnik: egy plazmaszák, ahol az anyagcserefolyamatok és az örökítőanyag másolása, átírása ugyanabban az osztatlan közös térben zajlik. Persze a formájuk és felépítésük rendkívül változatos, mivel különböző életkörülményekhez alkalmazkodtak, különféle anyagcserével, s a tudósok e morfológiai és metabolikus jellegeik alapján sorolták őket különböző osztályokba. Azonban a megfigyelhető bélyegek összehasonlítása igen önkényes, s nem mindig tükrözi a valós rokonsági viszonyokat. Ugyanakkor a mikrobiológusok a mikroszkóp feltalálása óta jobb híján az összehasonlító morfológiára voltak kárhoztatva, hogy megsejtsék a prokarióta birodalom evolúciós kapcsolatait. A 20. század közepéig folytatódott a morfológiai osztályozás, szebbnél szebb egysejtűábrázolásokat adva az utókornak (Ábra 1). Azonban a 60-as évekre a morfológiai osztályozás látványosan csődöt mondott, és a mikrobiológusok kezdtek kételkedni a baktériumok evolúciós rendszertanának kibogozhatóságában.



Ábra 1. Egysejtű eukarióta sugárállatkák (Radiolaria). Forrás: Challenger Expedíció (1872-1876).

1965-ben azonban *Emile Zuckerkandl* és *Linus Pauling* radikálisan új módszerrel álltak elő a leszármazási viszonyok feltárására [1]. Feltételezték, hogy az élőlények genetikai információja jobban tükrözi a közöttük húzódó evolúciós rokonságot, mint a kinézetük. A genom tulajdonképpen az organizmus pedigre papírja: a fajok közötti genetikai szekvencia-azonosság evolúciós leszármazást (rokonságot), a különbség pedig vagy *mutációt* jelent, vagy azt, hogy nem is rokonai egymásnak. Ha van rokonság, akkor minél több a különbség, annál korábban váltak el egymástól, azaz annál távolabbi a rokonság. A módszerük működött, és lefektette a filogenetikai megismerés alapjait.

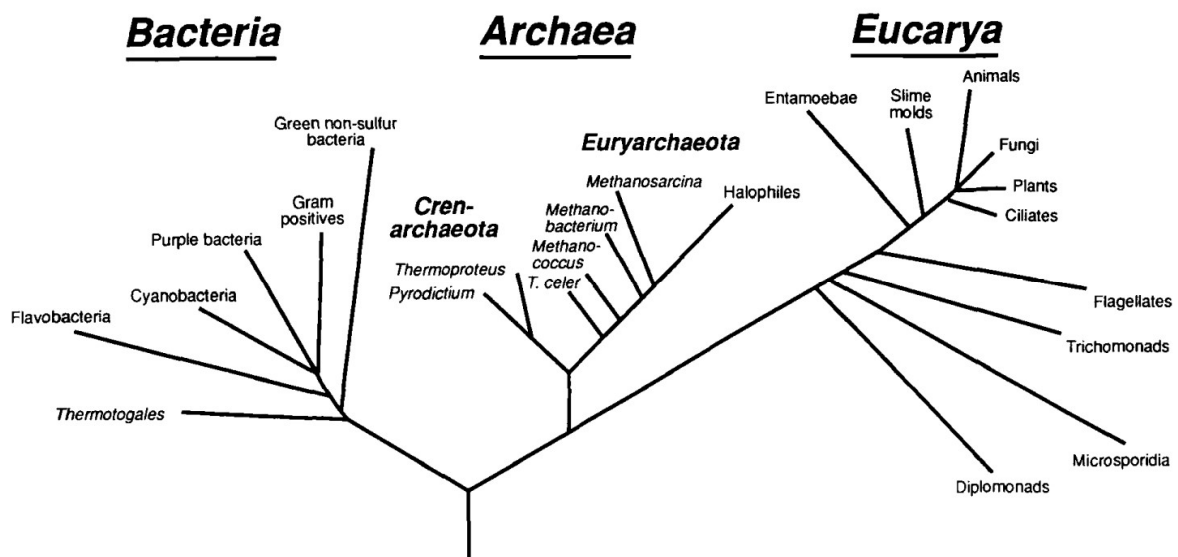
A 60-as évek végén kezdte *Carl Woese* is e módszertant alkalmazni, hogy feltárja a baktériumok valódi evolúciós leszármazási kapcsolatait. Egy évtizeden át tartó fájdalmasan unalmas RNS szaporítás, jelölés, izolálás és szekvenálás után a rendelkezésére állt egy nagyjából 60 baktériumból és néhány eukariótából álló leszármazási fa. Bár Woese elsősorban minden mai élőlény utolsó közös ősről akart megtudni valamit, ez azonban nem sikerült, mivel a kapott fának nem volt egyértelmű gyökere, ami megmutatta volna, melyik a legősibb ág. Azonban Woese egy véletlen döntés miatt sokkal többet kapott, mint amire számított.

Mintegy mellékesen, egy mikrobiológus kollégája, *Ralph Wolfe* javaslatára döntött úgy, hogy a metántermelő (*metanogén*) baktériumokat is beveszi a vizsgálatába. És egy 1976-os júniusi napon, amikor megnézte a frissen szekvenált RNS mintákat, azonnal kitűnt, hogy a

metanogének esetében bizonyos univerzális oligonukleotidok hiányoztak. Sőt, újabb vizsgálatokkal az is kiderült, hogy a metanogének jobban hasonlítanak az eukariótákra, mint a prokariótákra [2]! Ez vezetett a következő beszélgetéshez:

„Wolfe, ezek a metanogének nem baktériumok.” “Dehogyan, Carl; hát úgy néznek ki, mint bármely baktérium.” “De nem rokonai egyetlen baktériumnak sem, amit eddig láttam.” [3]

Hamar világossá vált, hogy egy új, harmadik élőlénycsoportot fedeztek fel a baktériumok és eukarióták mellett. Az új birodalom az ősbaktériumok, azaz Archaeobacteria nevet kapta. Ahogy Woese ábráján is látszik (Ábra 2), az eukarióták az archeák testvércsoportjaként jelentek meg. Azaz az Élet új törzsfája már nem két-, hanem háromágú volt (3 domains, 3D), aminek megfelelően 1990-ben Woese át is nevezte az archebaktériumokat archeákra (helyesen „archeonok”-at kellene írnom, elkerülendő a dupla többesszámot, de így rögzült a név), az eukariótákat pedig Eukarya-ra.



Ábra 2. Egy korai ábra az Élet három nagy birodalmáról, a 16S riboszomális RNS szekvenciáik távolsága alapján. A három csoport mai neve: Baktériumok (Bacteria), Ősbaktériumok (Archaea) és Eukarióták (Eukarya). Ezen az ábrán az archeák és az eukarióták már közelebb vannak egymáshoz, mint a baktériumokhoz. A későbbiekben a fa jócskán bővült. Forrás: [4].

Kicsodák az archeák?

Az archeák felfedezésével megindult az anyagcseréjük, morfológiájuk megismerése is. A sejtfaluk és membrán-lipidjeik a baktériumokétól eltérő anyagokból állnak, az ostoruk is másképp épül fel. Míg a baktérium között rengeteg fotoszintetizáló van, archeáknál csak egy ilyen ismerünk, az is teljesen máshogy csinálja. A korai archaeák ráadásul nagyon extrém élőhelyekről kerültek elő, pl. hőforrások, ahol még baktériumok sem nagyon éltek, és ezeket az extrém körülményekhez alkalmazkodott fajokat nagyon nehéz volt laborban nevelni. Így aztán kevés csoport állt rendelkezésre, hogy megszekvenáljuk őket és tágabb képet kapjunk a genetikájukról.

A kevés tenyészthető archea vizsgálatával azonban körvonalazódott, hogy bizonyos génjeik nagyon hasonlítanak az eukarióták bizonyos hasonló funkciót ellátó génjeire. *James Lake* laborja ismerte fel először, hogy az eukarióták *genetikai kimérák*: saját exkluzív génjeiken túl mind archeákhoz, mind baktériumokhoz hasonló géneket találunk bennük [5]. Az eredmények

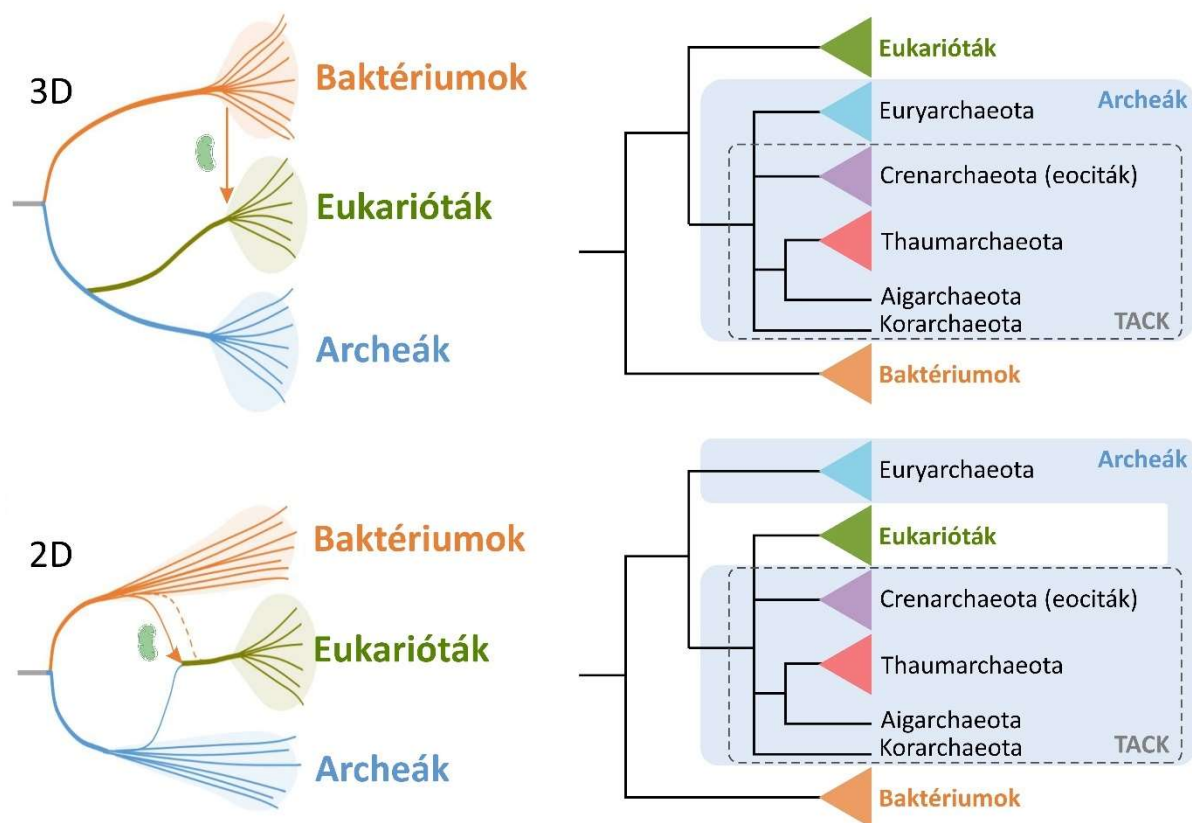
szerint határozottan elválnak egymástól az információfeldolgozásért (mint amilyen a transzkripció és a genomreplikáció) felelős gének, amelyek archea rokonságot mutatnak a működésért, energiaháztartásért felelős génektől, amelyek inkább bakteriális rokonságot. És persze van egy rakás olyan gén, ami sehová nem mutatott rokonságot, ezért azokról logikusan azt feltételezték, hogy kizárólag az eukariótákban találhatóak meg, s ott is fejlődtek ki, tehát nincs prokarióta ősök. Bár most nem rajtuk van a hangsúly, még fontos szerep jut nekik is!

Logikusan következett az eredményekből, hogy ha a funkcionális és szekvencia-hasonlóságok nem csak a véletlen művei (ami akkor sem tűnt valószínűnek, azóta pedig számos tanulmány megerősítette), akkor valamifajta evolúciós rokonságot jelentenek. Más szavakkal, a mai eukariótákban archeális és bakteriális eredetű gének vannak, amelyek **archea és baktérium** ősekből származtak. Vagyis az eukarióták mindkét prokarióta birodalomból egyszerre származtak. Az evolúció során stabilan megőrzött információs gének pedig világosan jelzik, hogy az eukarióták az archeáktól származnak.

A további eredmények fokozatosan megerősítették ezt a nézetet. Nyilvánvalóvá vált, hogy az eukarióta a fiatalabb csoport, a két prokarióta pedig az ősebb. Azaz csak két nagy elsődleges birodalom van (Archaea és Bacteria, *2 domains*, 2D fa), ezek közül is vélhetően valamelyik a másik őse. A 3D fa pedig, amiben az eukarióták egyenrangú partnerei a prokariótáknak, nem fenntartható. Viszont, ha az eukarióták az archeák leszármazottak, akkor égető a kérdés, hogy kik a legközelebbi archea rokonaik? Pontosabban: kik a legközelebbi archea *rokonaink*?

Lake és munkatársai a különböző fajok riboszómáinak struktúráját vizsgálva már 1984-ben előálltak az *eocita hipotézissel* [6], ami szerint a legközelebbi ma élő archea rokonaink az Eocyta csoportban keresendők (ma Crenarchaea klád). Persze ekkor még nagyon kevés archeát ismertünk. Ahogy nőtt a sikeresen izolált, tenyésztett és szekvenált archea fajok száma, az eukarióták filogenetikai helyzete is tisztult.

Eközben egy új technika is elkezdett teret hódítani: a metagenomikus szekvenálás. Ennek segítségével olyan mintából is ki lehet nyerni hasznos genetikai információt, amiben nincsenek használható, tenyésztethető, vagy akár csak egyben maradt sejtek. A technika lényege, hogy minden DNS töredéket azonosít a mintában, amiknek a végeit próbálja egymáshoz, hogy megtalálja az összetartozó részeket. Az így „összelegőzött” genomot nevezzük *metagenomikusan összeállított genomnak* (*metagenomically assembled genome*, MAG). A metagenom-szekvenálás gyors fejlődése folyamatosan újabb, ismeretlen mikrobiális csoportok szekvenciáit tárta fel, és az újabb tanulmányok egyre jobban megerősítették a 2D fát. A legközelebbi rokonaink pedig, úgy tűnt, az archea TACK szupertörzsben keresendők, amely a Thaumarchaeota, Aigarchaeota, Crenarchaeota és Korarchaeota csoportokból áll. Mivel az eociták a Crenarchaeota tagjai, az újabb fák összeegyeztethetőek voltak Lake 2D eocita fájával (Ábra 3).



Ábra 3. A három nagy birodalom lehetséges evolúciós kapcsolata (bal oldalt) és rekonstruált törzsfái (jobb oldalt). A régebbi 3D fa szerint (fent) a három nagy csoport egymás testvére, és az eukarióták hamarabb váltak el, mint minden mai archea őse. A 2D (eocita) fa szerint az eukarióták egy archeától származnak. A mitokondrium megszerzését narancs nyíl jelöli. Források: [7,8].

Ami kizárólagos... az nem is kizárólagos?

Ekkorra már közel 350 olyan kizárólagos eukarióta fehérjét tartottak számon, amelyeknek nem volt kimutatható homológ (azaz szekvenciáját tekintve hasonló) párja archeákban vagy baktériumokban. Az általános feltételezés az volt, hogy ezek mind az archea őstől elválás *után* jöttek létre az eukarióták korai evolúciója során. Hyman Hartman és Alexei Fedorov 2002-ben nevezte el ezeket *eukarióta szignatúra proteineknek* (ESP), gondolván, hogy ezek olyan exkluzív eukarióta fehérjék amelyek az eukarióták egyedi ismertetőjegyeiként szolgálnak. Akkor még senki sem sejtette, hogy ennél kevésbé találó nevet nehéz lett volna nekik találni.

Ahogy ugyanis a laborok sorra szekvenálták a (meta)genomokat, egyre több ilyen ESP-t (pontosabban génrokonait) találtak meg az archeákban. Először felmerült, hogy az archea minták a kísérletek során eukarióta DNS-sel fertőződtek meg – de hamar nyilvánvalóvá vált, hogy nem erről van szó: a rokonság valós. Olyan fehérjét sikerült így azonosítani archeákban (aktin-, tubulin-, hiszton-rokonok, ESCRT fehérjék, transzkripció és transzláció faktorok, stb.), amelyek nagyon szoros szekvencia-hasonlóságot mutattak eukarióta megfelelőikkel. Ez, a váratlan rokonságon túl, azért is volt meglepő, mert ezek a fehérjék *kizárólag az eukariótákra jellemző feladatot látnak el* (pl. aktív sejtváza, vezikulattranszport, sejtmembrán-hajtogatás, fagocitózis, stb.). Ilyen funkciókról archeákban (vagy akár baktériumokban) nincs tudomásunk! A filogenetikai módszerek igazolták, hogy a hasonló szekvenciájú gének valóban egymás rokonai, közös ősgénből származtak le az eukarióta és az archea oldalon (*ortológ*

gének). A TACK csoport szoros rokonságát az eukariótákkal pedig tovább erősítette a megfigyelés, hogy bennük van a legtöbb ESP fehérje.

Persze egy eukarióta gén rokona egy archeában még nem jelenti azt, hogy a róluk átírt fehérjék is ugyanazt a funkciót látják el. Sok esetben azt sem tudjuk hogy valóban kifejeződnek-e ezek a fehérjék a sejt élete során. Ráadásul a bonyolult eukarióta folyamatokhoz (mint amilyen a fagocitózis is) nem egy, hanem több ezer fehérje összehangolt működése kell. Ha egyet-egyet meg is találunk archeákban, az nem bizonyíték a fagocitózisra. Hogy a funkcióról meggyőződhetünk, ki kell tenyészteni az adott archeát, hogy életében megvizsgálhassuk, hol, mit csinálnak az adott fehérjék. Sajnos azonban a metagenomikusan összerakott archeákat nemhogy tenyészteni, még élve laborba szállítani sem sikerült! Ennek számos oka volt: sokszor egyszerűen csak nem ismerjük, hogy milyen környezetben érzi jól magát az adott faj. Számos minta kimondottan szélsőséges élőhelyekről, mélytengeri hőforrások üledékéből származik, és a fajok olyan extrém körülményekhez alkalmazkodtak, amiket laborban nem lehet reprodukálni – esetleg túl sem éltek a felszínre hozást. Gyakran az életciklusuk is lassú – becslések szerint bizonyos fajok odalent 10 évente csak egyszer szaporodnak! Számos mikróba azért nem tenyésztethető magában, mert természetes élőhelyen más fajoktól függ. Amióta az archeákat ismerjük, a tenyésztésük komoly fejtörést okozott, sőt, a prokarióták nagy többségének természetes életkörülményeiről és partnereiről gyakorlatilag a mai napig semmit sem tudunk – innen ered a *mikrobiális sötét anyag* elnevezés is.

Az eukarióta eredet kérdése azonban az ESP-kkel tovább bonyolódott. Hiába találtak egyre több rokon fehérjét archeákban, azok szórványosan bukkantak fel a fajok között. Nem volt egy olyan csoport, ami egyértelműen az ősi állapotot tükrözte volna, ahol minden eukarióta ESP rokona jelen van. Semmit sem tudtunk arról, hogy milyen lehetett az ősi archea anyagcseréje, életmódja, és hogy mi vette rá őt a mitokondrium ősével való házasságra. Mit tudott a gazda, amit más, kortárs egysejtűek nem? Mivel nem maradtak fenn köztes állapotot képviselő formák, azt sem lehetett tudni, hogy az eukarióta evolúció fontos lépései (sejtváz, sejtmag, sejtciklus, mitokondrium, fagocitózis, stb.) milyen sorrendben történtek, és melyik volt a kritikus első lépés. Tovább bonyolítja a helyzetet, hogy a rekonstrukciók szerint minden ma élő eukarióta őse már olyan fejlett lehetett, hogy ha ma szembe jönne velünk az utcán, aligha tudnánk megkülönböztetni egy mai rokonától: papíron rendelkezett minden mai eukariótára jellemző ismertetőjeggyel (sejtmag, mitokondrium, fagocitózis, stb.). Átmeneti formák, további példák és differenciált ősi eukarióták hiányában pedig örült nehéz (ha nem lehetetlen) feltárni az evolúció lépéseit!

Az északi istenek birodalma

A 2010-es években aztán felgyorsultak az események. Ekkor már egy ideje ismert volt a sarkvidéki tenger mélyén húzódó fekete füstölők erdeje, melyet Loki Kastélyának neveztek el (Norvégiához képest is messze északon, a jégóriások földjén terült el). 2012-ben *Christa Schleper* és kollégái innen származó üledékekből írták le először azt az archea csoportot amely egy teljesen új fejezetet nyitott az eukarióták eredetének történetében.

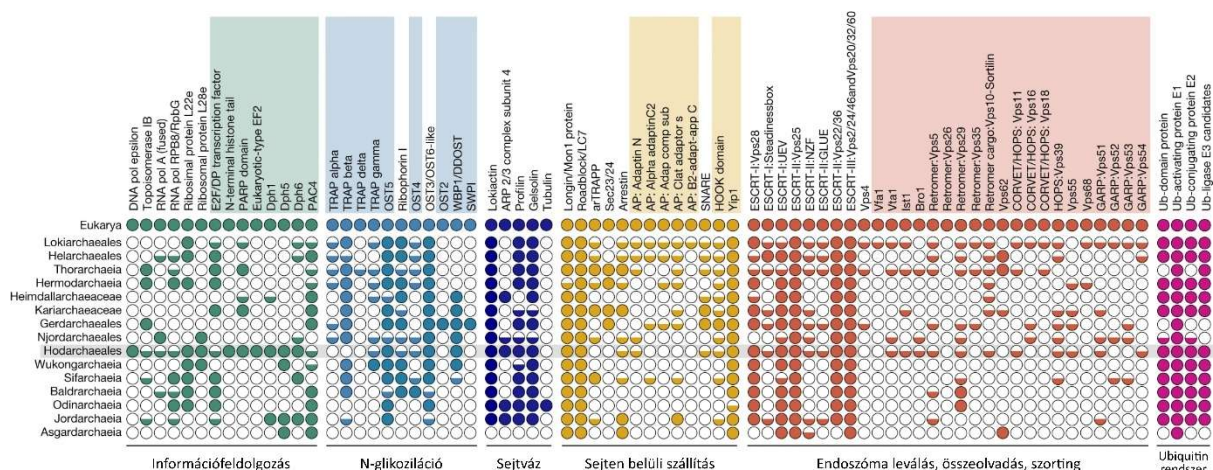
Az egyre fejlettebb metagenomikai analízisek, amelyeket *Thijs Ettema* laborja az Uppsalai Egyetemen folytatott ugyanis nyilvánvalóvá tették, hogy a mintában legalább egy addig ismeretlen organizmus genomja bújlik meg. A vizsgálatokból kiderült, hogy az új archea genomja addig archeákban ismeretlen ESP-ket is kódol (többféle G-fehérje, az ESCRT-III

vezikulattranszport új komponensei), ráadásul minden eddigi fajénál többet. Azaz az új csoport minden eddigi archeánál közelebb áll az eukariótákhoz [9]. Schleper és Ettema kutatása meggyőző filogenetikai bizonyítékkal szolgált, hogy az eukarióták valóban az archeákból fejlődtek ki, még hozzá a Loki valamely őseiből. A hír azonnal bejárta a világot, és rögtön megindult a spekuláció, hogy vajon ez lehet-e a hiányzó láncszem a prokarióták és az eukarióták között, az átmeneti forma, amit úgy kerestünk? Vajon az azonosított génekből milyen anyagcserét és sejtfunkciókat lehet kiolvasni? Van-e sejtváza, tud-e oxigént lélegezni, fagocitálni? A rendelkezésre álló adatokból igyekezett mindenki azt kimazsolázni, ami alátámasztotta az ő korábbi hipotézisét az eukarióta eredetre, pontosabban az archea ősről vonatkozóan.

Az új archea a Lokiarchaeota nevet kapta, Loki Kastélya után. No meg az északi népek mitológiájában Loki olyan ravasz tréfacsináló félisten, aki meglepően zavarba ejtő és összetett, és még a mítoszkutatókon is kifog, ha értelmezni kell a szándékait. Találó név egy olyan rejtélyes történelemcsináló archeának, amelyiknek még csak a genomját láttuk, és máris ennyi zavarba ejtő elmélet pattant ki a nyomán! Ne felejtjük el azonban, hogy ekkor még senki sem látott egyetlen élő Lokit sem. Mivel csakis a metagenomikailag összetákolt genomja alapján ismertük, senki sem tudta ellenőrizni a mikroszkóp alatt, hogy milyen, mekkora, mivel táplálkozik. Habár vannak sejtváza-fehérjéi, nem tudtuk, van-e dinamikusan alakítható sejtváza? Vannak-e sejtszervecskéi? A hipotézisek többsége továbbra is az maradt, közvetlen bizonyíték nélkül.

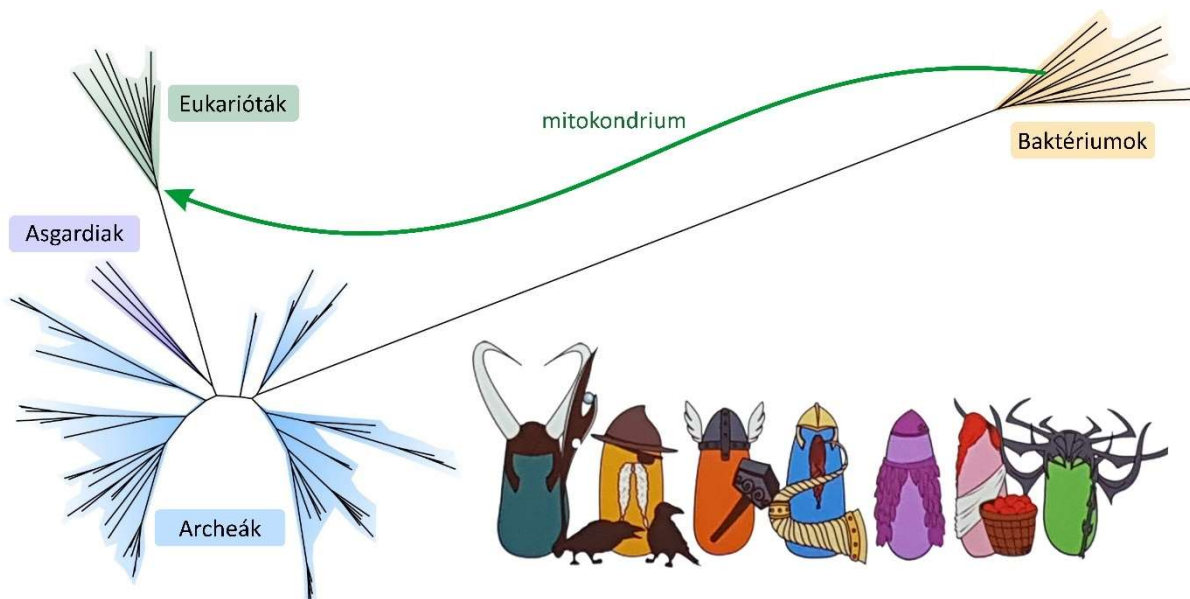
Közben előkerültek a Loki rokonai is, még hozzá egyáltalán nem extrém élőhelyekről. Részben azért, mert javultak a szűrési és szekvenálási technikák, de azért is, mert a kutatók most már tudták, mit kell keresni. És mint kiderült, kis túlzással élve, egy kerti pocsolya is hemzseg az archeáktól és a Loki sokkal gyakoribb, mint azt bárki sejtette. Előfordulnak folyókban, sekélytengeri üledékekben, felszíni hőforrásokban, még az örökké fagyott földben is. Az új jövevényeket végül az új Asgard szupertörzsbe sorolták: az északi mitológiában Asgard a lakóhelye az Áz isteneknek. 50 éve, *Carl Woese* áttörő tanulmányának idején legfeljebb néhány archeát ismertünk, s a többségük extrém élőhelyen élt. A 2010-es évek végére viszont ugrásszerűen megsaporodott az újonnan felfedezett archeák (>12 000) illetve Asgardok száma (>400). Ma már van Thor-, Odin-, Heimdall-, Frey-, Gerd-, Hel-, Idunn- és Baldrarchaeota (és még sokan mások), illetve a kissé kilógó Wukongarchaeia, jelezve, hogy a kínai kutatók is beszálltak a névadásba. Jelenleg az Asgardok a TACK csoport testvére, és az eukarióták legközelebbi archea rokonai.

Az Asgardiak számos ESP-t kódolnak, amelyek többsége eukarióta homológ, és eukariótákban olyan folyamatokban vesznek részt, amelyek hozzájárulnak az eukarióta komplexitáshoz (dinamikus sejtváza, membrán hajlítgatás, vezikula-szállítás, információ-feldolgozó fehérjék, mismatch javító rendszer, és endomembrán masinéria, Ábra 4). *Akil* és *Robinson* olyan profilin fehérjét is talált a Lokiban és Odinban, amelyek úgy tekerednek fel, mint eukariótákban, és képesek a nyúl (aki eukarióta) aktint szabályozni [10]! Azaz nemcsak az alakjuk, de a funkciójuk is hasonló. Ne feledjük, hogy a két fehérjét (archea profilin és nyúl aktin) legkevesebb 2 x 1.5 milliárd év evolúciója választja el egymástól – hogy mégis együtt tudnak működni, az sokat mondó. Azt sugallja, hogy a kapcsolatuk ősből, és az Asgardokban létezik egy profilin-szabályozta aktin sejtváza – amit korábban csak eukariótákban ismertünk.



Ábra 4. Az eukarióta szignatúra fehérjék (ESP-k) előfordulása az egyes Asgard archaea csoportokban. Az ESP-kről az Asgardok felfedezése előtt azt gondolták, hogy kizárólag eukariótákban találhatóak meg, és ott is fejlődtek ki. A táblázat látványosan cáfolja ezt, és az ESP-k többségéről ma úgy véljük, hogy az eukarióták és Asgardok közös őseben is megvolt már (forrás: [11]).

Közben a filogenetikai módszerek is fejlődtek, és a szaporodó adatokból egyre jobb törzsfákat lehetett készíteni. Néhány éve *Martin Embley* laborja *Tom Williams* vezetésével alaposan megvizsgálta a korábbi, 3D fákat eredményező filogenetikai munkákat. A hibákat korrigálva jobban illeszkedő modelleket alkottak, amelyek már robusztusan adták vissza a 2D fát (Ábra 5). E szerint az eukarióták legközelebbi rokona a Heimdallarchaeia. Külön érdekessége ennek a kutatásnak, hogy magyar vonatkozása is van, *Szöllősi Gergely* biológus-fizikus személyében.



Ábra 5. Az élet törzsfájának friss rekonstrukciója 2020-ból (forrás: [12]). A fán az eukarióták az archeák egy ágaként, az Asgardok testvéreként jelennek meg, és ezek ketten sokkal közelebb vannak egymáshoz, mint bármelyikük a baktériumokhoz. A mitokondrium bakteriális eredetét a zöld nyíl jelzi. Alul az Asgard archeák néhány reprezentatív tagja, akik az északi népek istenei után kapták neveiket: Loki-, Odin-, Thor-, Heimdall-, Freya-, Idunn-, and Helarchaeota (forrás: www.ettemalab.org).

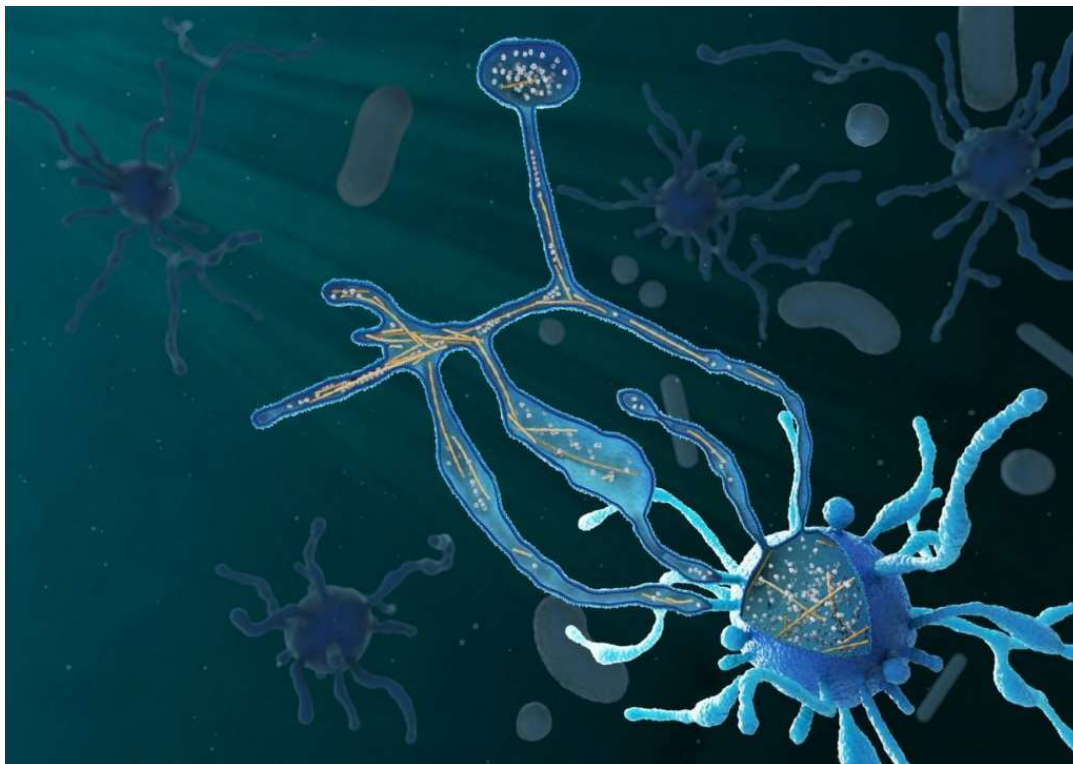
Formát öltenek az Asgardok

Egyre jobban izgatta a kutatók fantáziáját, hogy milyen is lehet egy élő Loki. Végül 2019-re egy japán csoportnak sikerült először laborban tenyésztenie egy sejtvonalat [13]. A kutatók már 6 évvel az Asgardok 2015-ös felfedezése előtt próbálkoztak a mélytengeri mikrobák

felszaporításával, hogy metán-bontókat találjanak. A feladat nehézségéről sokat elárul, hogy több, mint 10 évig tartott, amíg sikerült a laborban szaporodásra bírni a Lokit. Azóta ez már másoknak is sikerült (pl. Schleperéknek 2022-ben [14,15]), sőt, egyre több Asgardot sikerült változatos élőhelyekről begyűjteni és tenyészteni.

Lehetővé vált, hogy a kutatók végre megfigyelhessék a Loki fiziológiáját – ami sok szempontból ellent mondott az előzetes feltételezéseknek. Az világossá vált, hogy nem képes fagocitózisra, egyrétegű a sejtmembránja, és nincsenek sejt szervecskéi. Persze, lassú az anyagcseréje (ahogy arra számítottunk), nem tűri az oxigént és függőségi kapcsolatban él egy másik, metántermelő archeával, amely a Loki által termelt hidrogént fogyasztja. Ezzel segít a Lokinak, mivel csökkenti a hidrogén parciális nyomását, ami így nem gátolja a Loki anyagcseréjét – ez a *szintrófia*. Ez a függőség magyarázatot ad arra is, miért nem lehetett tenyészteni a Lokit: partner nélkül nem volt szaporodóképes. Ráadásul a vizsgálatok végleg eloszlatták a kételyt, hogy a metagenomikusan összerakott genomok fikciók lennének. A Loki élt és virult a mikroszkóp alatt.

Amire senki sem számított, hogy a Loki hosszú, elágazó nyúlványokat képes növeszteni. Ezekben a nyúlványokban a *lokiaktin* nevű fehérje alkot hosszú szálakat – ez az egyik legjobban megőrződött ESP az Asgardok között (lásd *Természet Világa* 2023 szept.). Egyelőre senki sem tudja miért nyújt ilyen „csápokat” a Loki. Kézenfekvőnek tűnik, hogy ezzel növeli a keresési terét, ahonnan a megfelelő tápanyagokat fel tudja venni, mint a fa a gyökérzetével. De lehet, hogy ennél többre is képes, pl. képes a partnereit behálózni. Erre egyelőre nincs bizonyíték, de ha igaz lenne, az mintaként szolgálhatna arra, hogyan foghatta el az ősi archea a mitokondrium őseit. Rendkívül fontos tovább kutatni, hogy milyen funkciót látnak el az elágazó nyúlványok, mennyire ősieik, és vajon be tudnak-e fogni egy sejtet?



Ábra 6. A *Lokiarchaeum* elektronmikroszkópos képek alapján színezett illusztrációja. A narancs fonalak jelzik az elágazó és összeolvadó nyúlványokba is kiterjedő aktin sejt vázát (forrás: Margot Riggi, The Animation Lab, University of Utah).

Parádés időszak volt az elmúlt pár évtized az eukarióták eredetének kutatásában. Számos kizárólagos eukarióta fehérjéről és funkcióról derült ki, hogy prokariótákban is megtalálható, s többségükről bebizonyosodott, hogy valóban rokona eukarióta párjának. Az egyre halmozódó archea örökség pedig megerősítette, hogy az eukarióták egy Asgard archea őstől származnak, sőt, az archeák közelebbi rokonaink, mint a baktériumok. Sőt, tulajdonképpen mindannyian Asgard archeák vagyunk, s a Loki az egyik legközelebbi élő asgardi rokonunk! A Loki sikeres tenyésztése pedig olyan áttörés volt, ami lehetővé tette a kb. hatmillió bázispár hosszúságú genomjának pontos szekvenálását. Ez kulcsfontosságú volt, hiszen alig néhány évvel ezelőtt még az Asgard organizmusok létét is megkérdőjelezték, mivel az akkoriban rendelkezésre álló metagenomikai módszerek nem találtak bizonyítékot rájuk. Most már minden kétség eloszlott. És bár a számos közös eukarióta-archea tulajdonság felfedezése nyomán a szakadék egyre jobban szűkül prokarióták és eukarióták között, még mindig homály fedi az utolsó Asgard őstől az első eukariótáig vezető evolúciós utat. Pedig az összes izgalmas eukarióta vívmány ott fejlődött ki.

ZACHAR ISTVÁN

IRODALOM

1. Zuckerkandl E, Pauling L. Molecules as documents of evolutionary history. *Journal of Theoretical Biology* [Internet]. 1965 Mar;8(2):357–366. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0022519365900834>
2. Woese CR, Fox GE. Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: The primary kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* [Internet]. 1977;74(11):5088–5090. Available from: <http://www.pnas.org/content/74/11/5088.abstract>
3. Wolfe R. The archaea: A personal overview of the formative years. In: Rosenberg E, DeLong EF, Lory S, Stackebrandt E, Thompson F, editors. *The prokaryotes: Other major lineages of bacteria and the archaea*. Springer; 2014. p. 3–9.
4. Woese CR. Introduction The archaea: Their history and significance. In: Kates M, Kushner DJ, Matheson AT, editors. *Elsevier*; 1993. p. vii–xxix. (*The Biochemistry of Archaea (Archaeobacteria)*; vol. 26).
5. Rivera MC, Jain R, Moore JE, Lake JA. Genomic evidence for two functionally distinct gene classes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* [Internet]. 1998;95(11):6239–6244. Available from: <http://www.pnas.org/content/95/11/6239.abstract>
6. Lake JA, Henderson E, Oakes M, Clark MW. Eocytes: a new ribosome structure indicates a kingdom with a close relationship to eukaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* [Internet]. 1984;81(12):3786–3790. Available from: <http://www.pnas.org/content/81/12/3786.abstract>
7. Williams TA, Foster PG, Cox CJ, Embley TM. An archaeal origin of eukaryotes supports only two primary domains of life. *Nature*. 2013;504(7479):231–236.
8. López-García P, Moreira D. The symbiotic origin of the eukaryotic cell. *Comptes Rendus Biologies*. 2023;346(G1):55–73.
9. Spang A, Saw JH, Jorgensen SL, Zaremba-Niedzwiedzka K, Martijn J, Lind AE, et al. Complex archaea that bridge the gap between prokaryotes and eukaryotes. *Nature*. 2015;521(7551):173–179.
10. Akıl C, Robinson RC. Genomes of Asgard archaea encode profilins that regulate actin. *Nature*. 2018;
11. Eme L, Tamarit D, Caceres EF, Stairs CW, De Anda V, Schön ME, et al. Inference and reconstruction of the heimdallarchaeal ancestry of eukaryotes. *Nature*. 2023 Jun;1–8.
12. Williams TA, Cox CJ, Foster PG, Szöllösi GJ, Embley TM. Phylogenomics provides robust support for a two-domains tree of life. *Nature Ecology & Evolution*. 2020 Dec;4:138–147.
13. Imachi H, Nobu MK, Nakahara N, Morono Y, Ogawara M, Takaki Y, et al. Isolation of an archaeon at the prokaryote-eukaryote interface. *bioRxiv*. 2019;
14. Rodrigues-Oliveira T, Wollweber F, Ponce-Toledo RI, Xu J, Rittmann SKMR, Klingl A, et al. Actin cytoskeleton and complex cell architecture in an Asgard archaeon. *Nature*. 2022 Dec;
15. Löwe J. Mysterious Asgard archaea microbes reveal their inner secrets. *Nature*. 2023 Jan;613(7943):246–248.