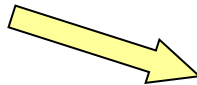
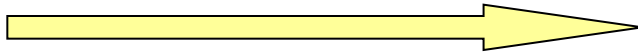
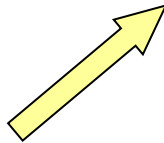


# Exprimované geny a přírodní selekce

Produkty funkčních genů a  
jejich význam v ekologických  
studiích

# Evoluční ekologie

- studuje selekční tlaky dané prostředím a evoluční odpovědi na ně  
→ vznik **adaptací**, tj. **geneticky** podmíněné přizpůsobení se prostředí
- interakce s abiotickým prostředím



# Adaptace ve vztahu k jiným jedincům

- pohlavní výběr  
(vnitrodruhové interakce)



- predátor-kořist  
(mezidruhové interakce)



- hostitel-parazit  
(mezidruhové interakce)



# Proč geny v molekulární ekologii?

- Geny mají funkční význam - geneticky determinovaný polymorfismus
- -> studium **proximálních mechanismů**



- **Př.: Proč je samec hýla rudého červeně zbarven?**
- Evoluční ekologie (**ultimátní vysvětlení**) - aby se líbil samicím a zplodil s nimi více potomků
- Molekulární ekologie (**proximátní vysvětlení**) - protože karotenoidy získané z potravy ukládá více do peří a méně je používá v imunitní odpovědi

# Expressed DNA segments - genes

- strict nucleotide structure
- exons and introns, START and STOP codons etc.
- transcription + translation → phenotype
- oligogenes - qualitative traits (f.e. homeotic genes, Wnt ligands)

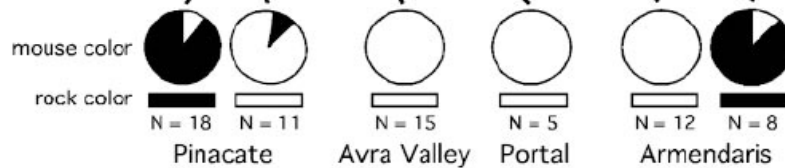
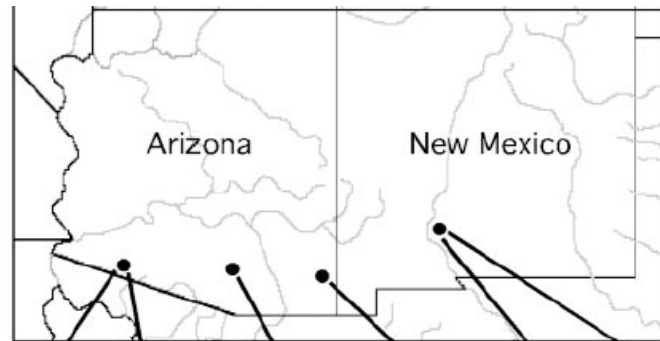
# Metody studia funkční variability

1. Sledování kandidátních genů
2. Genomické přístupy (mnoho genů najednou)

pytlouš

# *Chaetodipus intermedius*

Hoekstra, Nachman et al.



- Tmavé a světlé zbarvení
- Odpovídá barvě prostředí (tmavé zbarvení na lávě)

# Arizona

Korelace zbarvení s prostředím i na malé škále

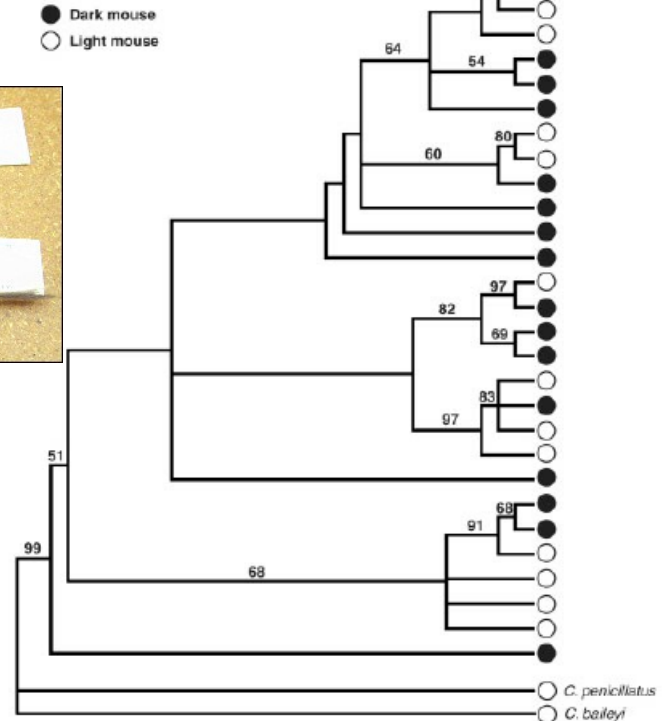
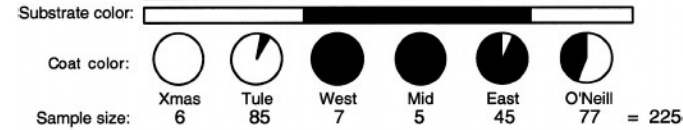
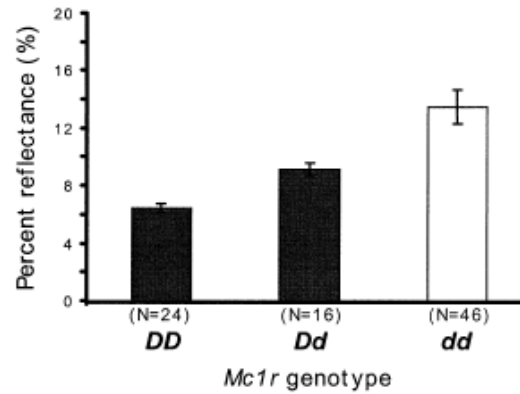
mtDNA nekoreluje se zbarvením

Sekvenování kandidátních genů (známých z inbredních myší)

melanocortin-1 receptor MC1R

Záměna 4 aminokyselin

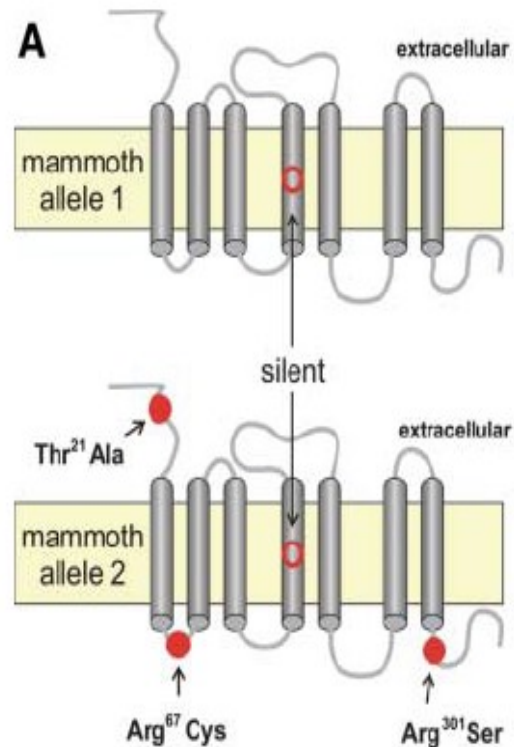
Jednoduchá dědičnost alel a zbarvení



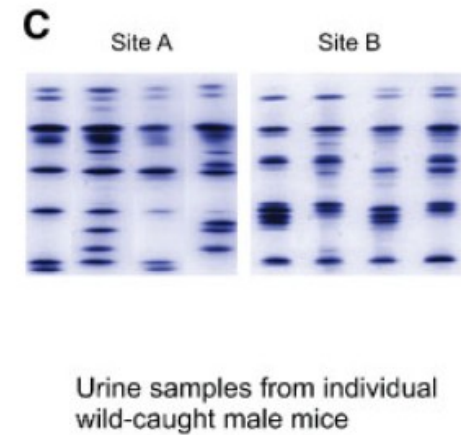
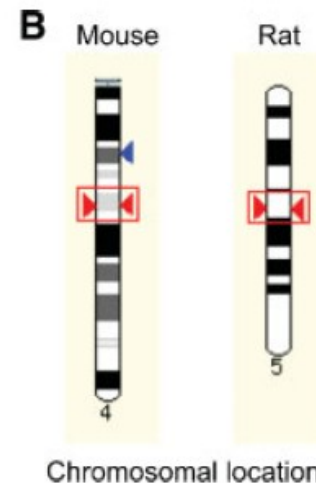
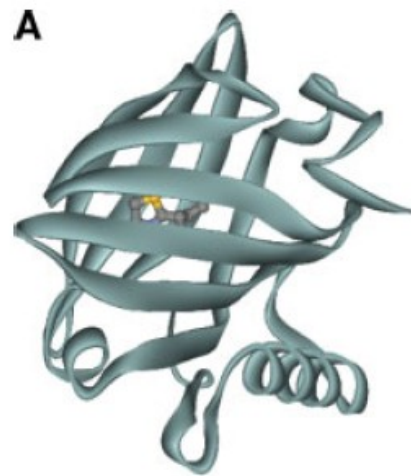


# MC1R u člověka, mamuta a dalších

- U člověka zrzavé vlasy a neschopnost se opálit
- Zbarvení krav, koňů a psů
- Výskyt dvou odlišných variant u mamutů

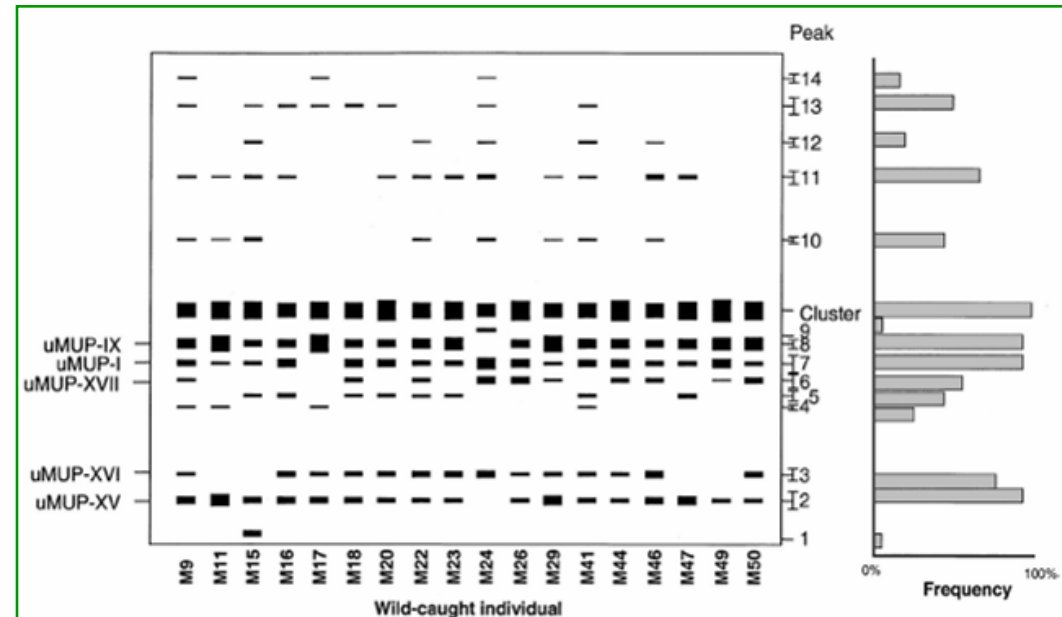


# MUPs



Major Urinary Proteins - komplex velmi podobných genů

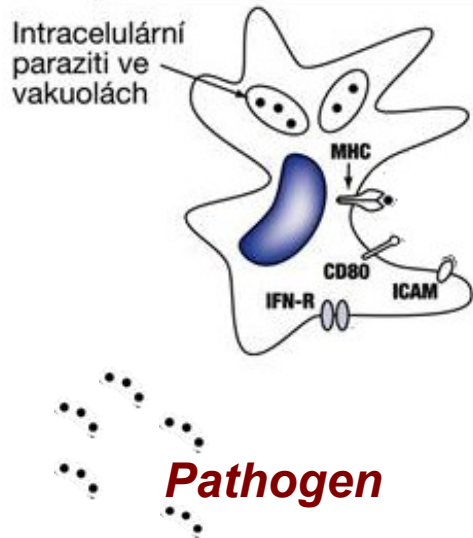
- Obtížně se studují (isoelektrická fokusace)
- Různé alely
- Navíc různá míra exprese
- → individuální profil
- Čárový kód jedince



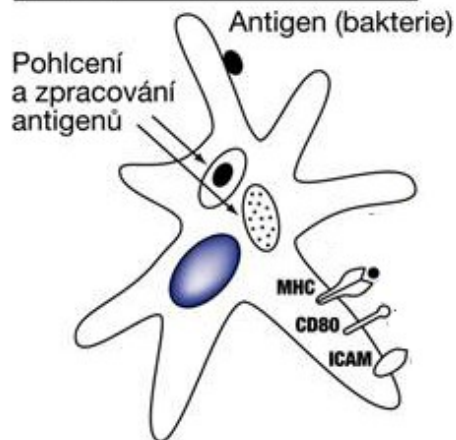
**Major histocompatibility complex (MHC)**

# Antigen-specifická imunitní odpověď

## INFIKOVANÝ MAKROFÁG

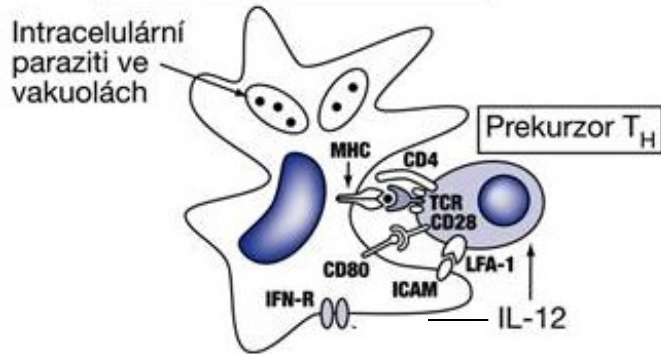


## APC (DENDRITICKÁ BUŇKA)

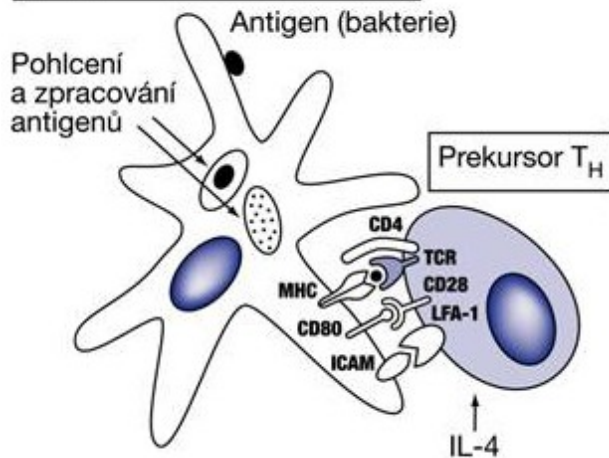


# Antigen-specifická imunitní odpověď

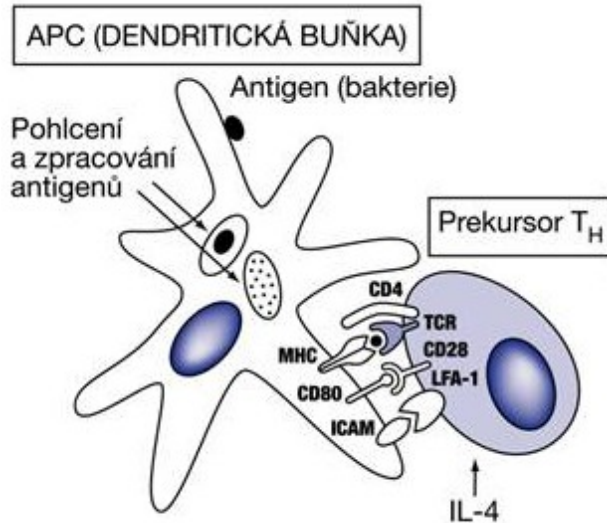
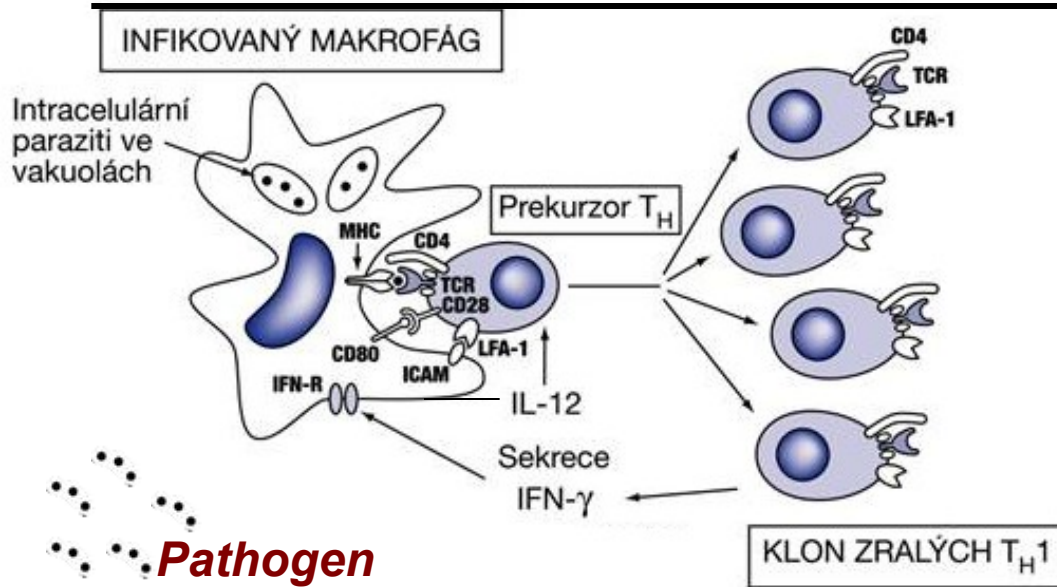
INFIKOVANÝ MAKROFÁG



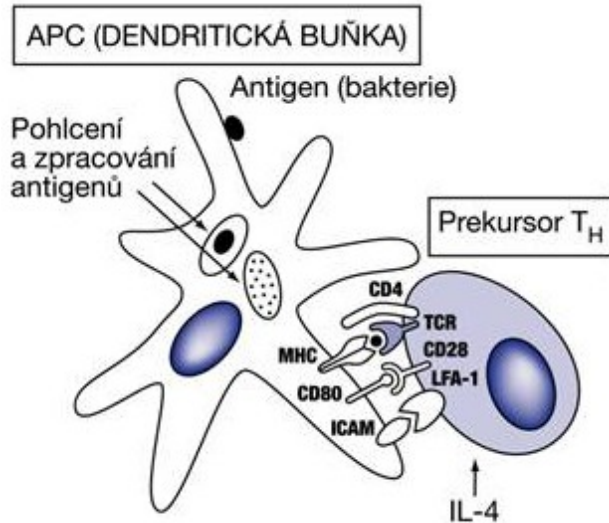
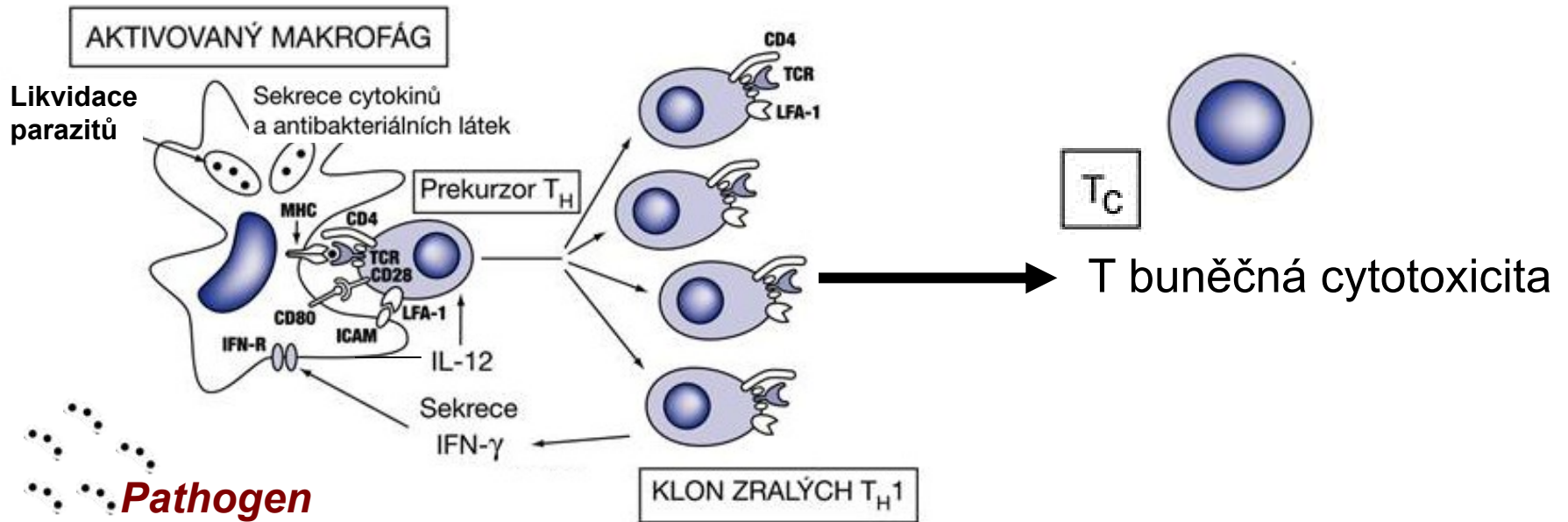
APC (DENDRITICKÁ BUŇKA)



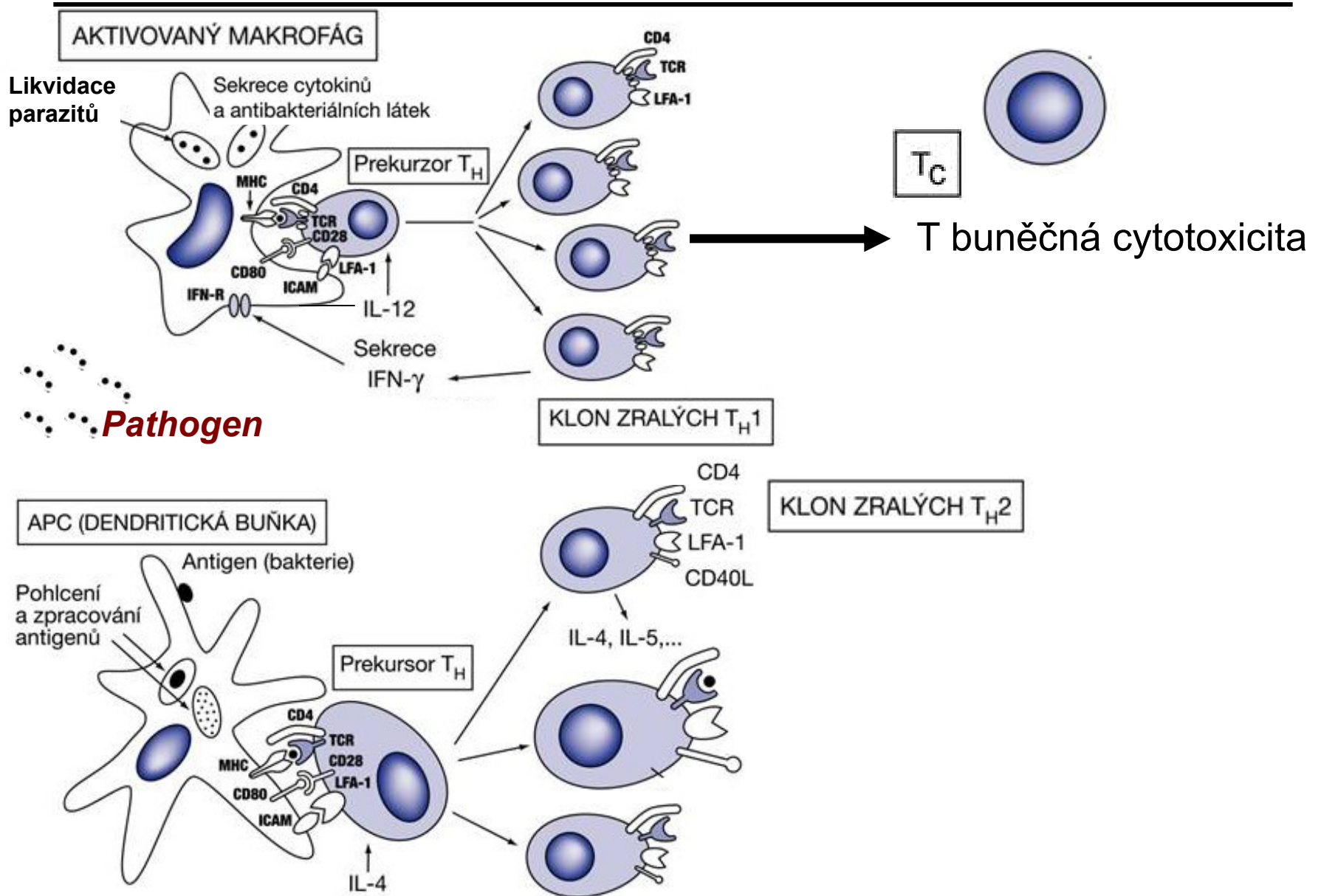
# Antigen-specifická imunitní odpověď



# Antigen-specifická imunitní odpověď

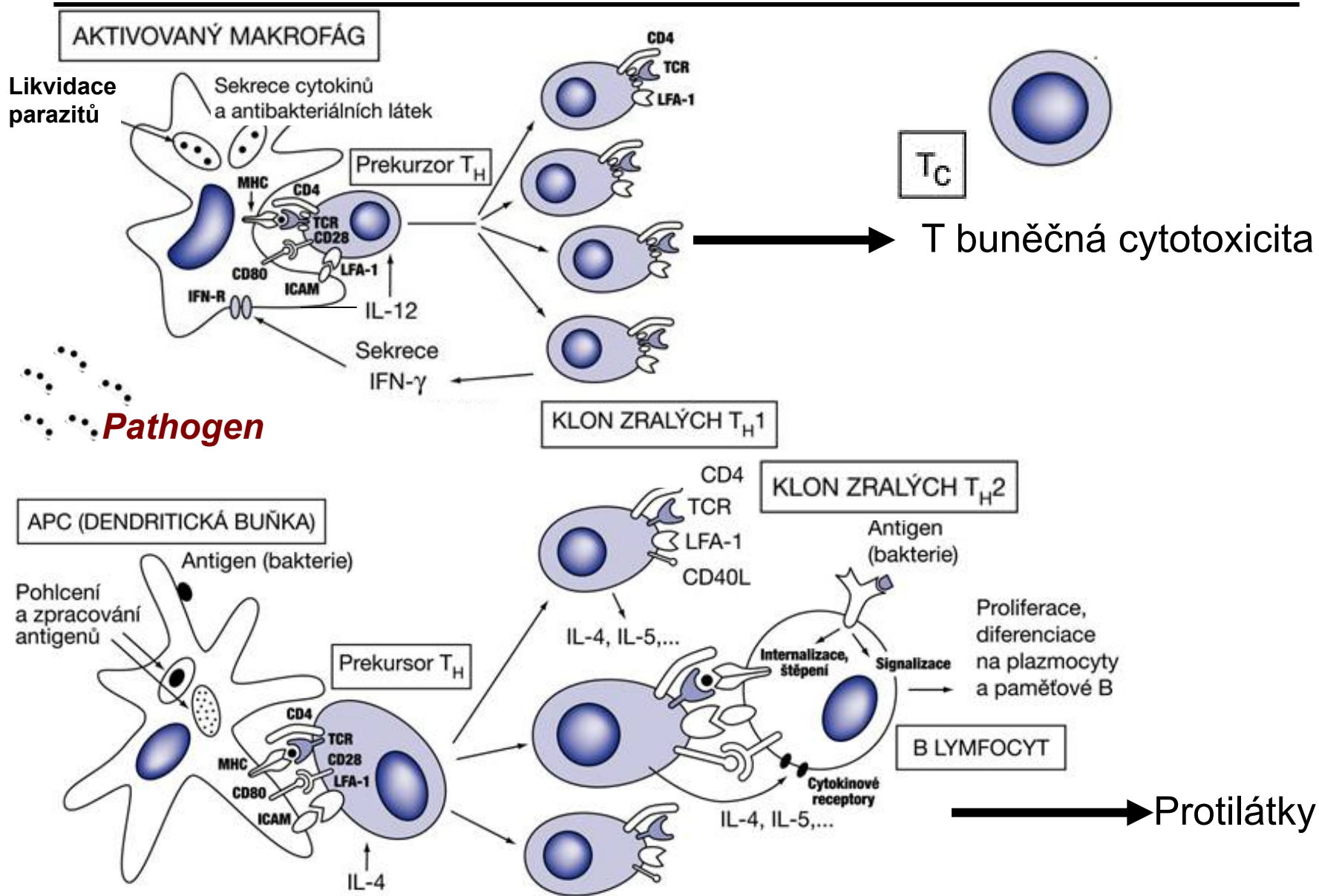


# Antigen-specifická imunitní odpověď

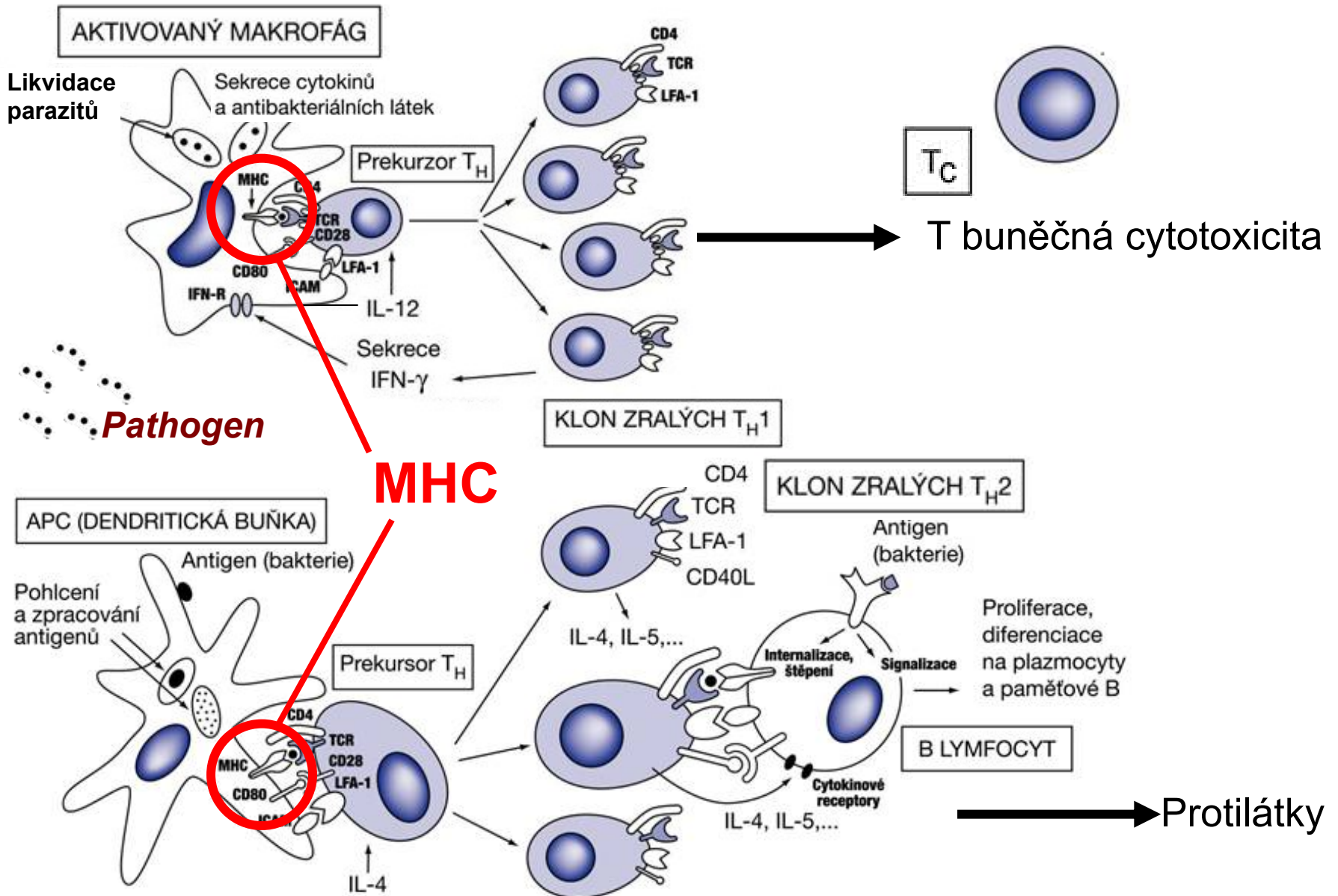




# Antigen-specifická imunitní odpověď

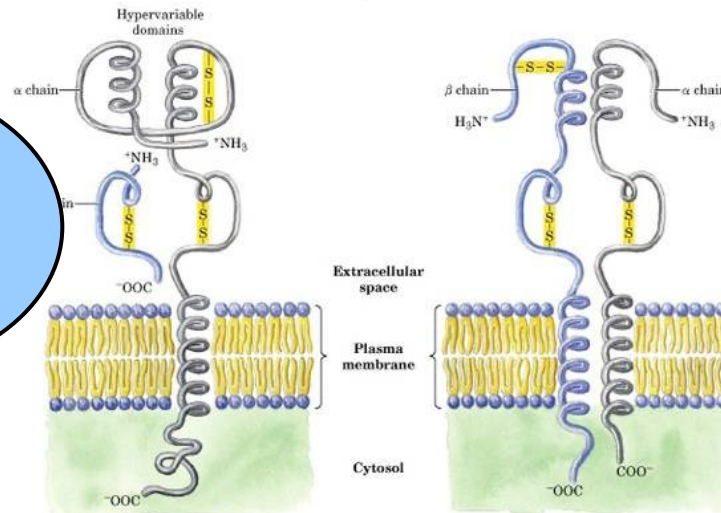


# Evoluční ekologie: Kdo a jak rozpozná parazita ?



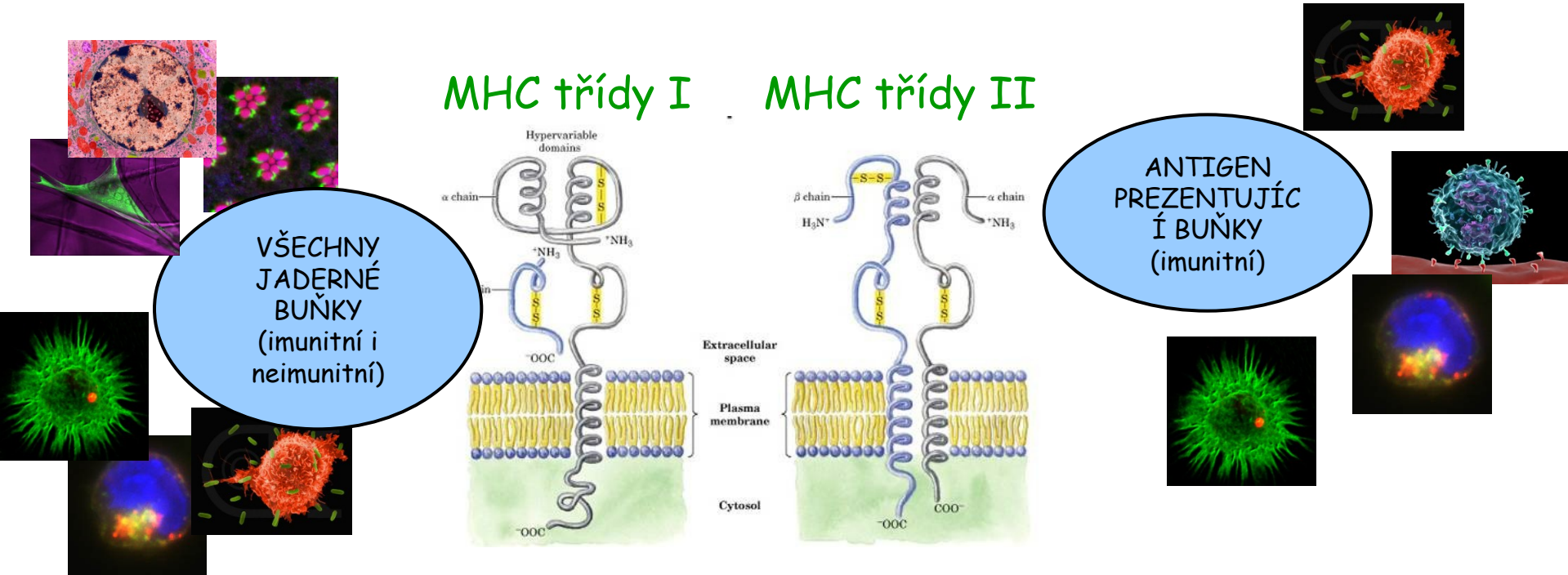
# Major histocompatibility complex (MHC)

## MHC třídy I      MHC třídy II



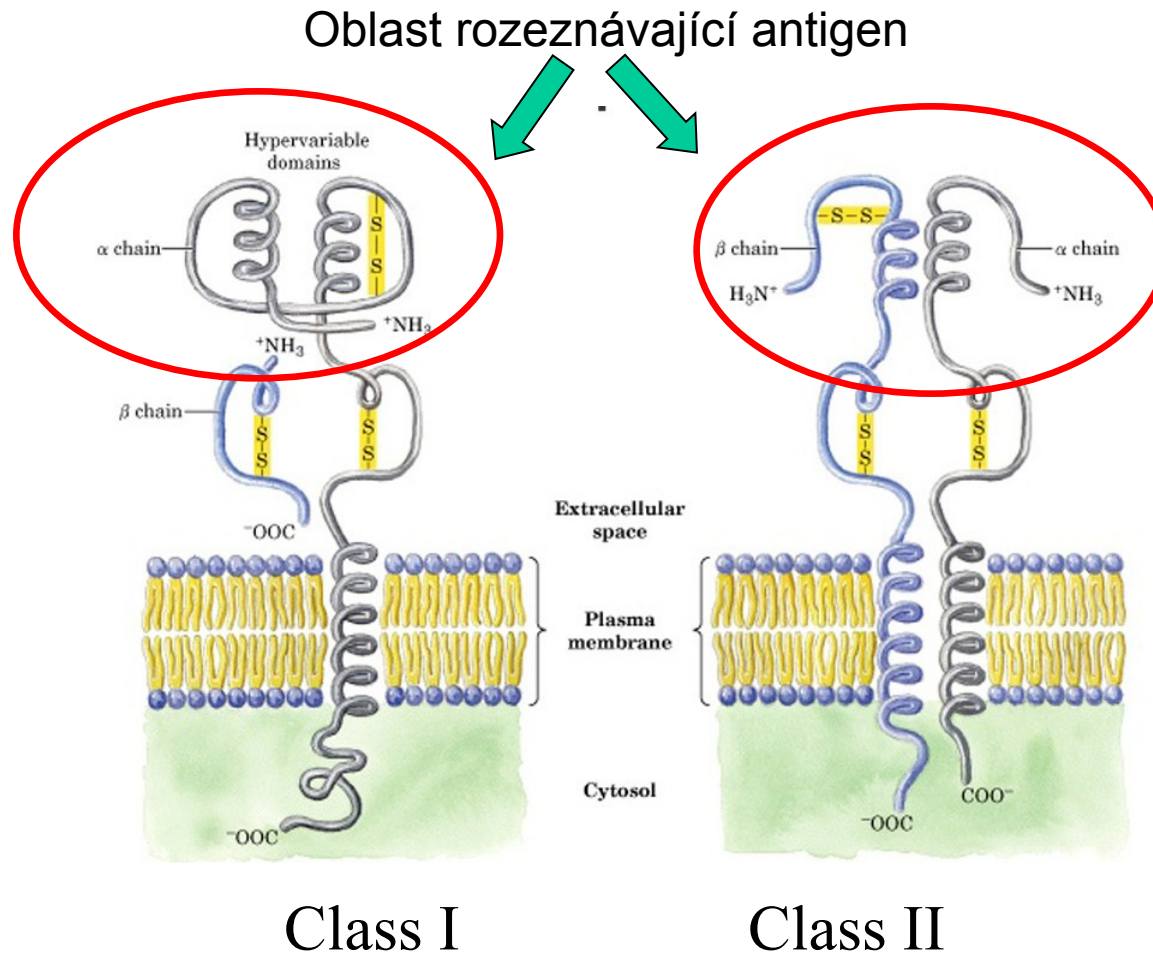
VŠECHNY  
JADERNÉ  
BUŇKY  
(imunitní i  
neimunitní)

ANTIGEN  
PREZENTUJÍCÍ  
BUŇKY  
(imunitní)

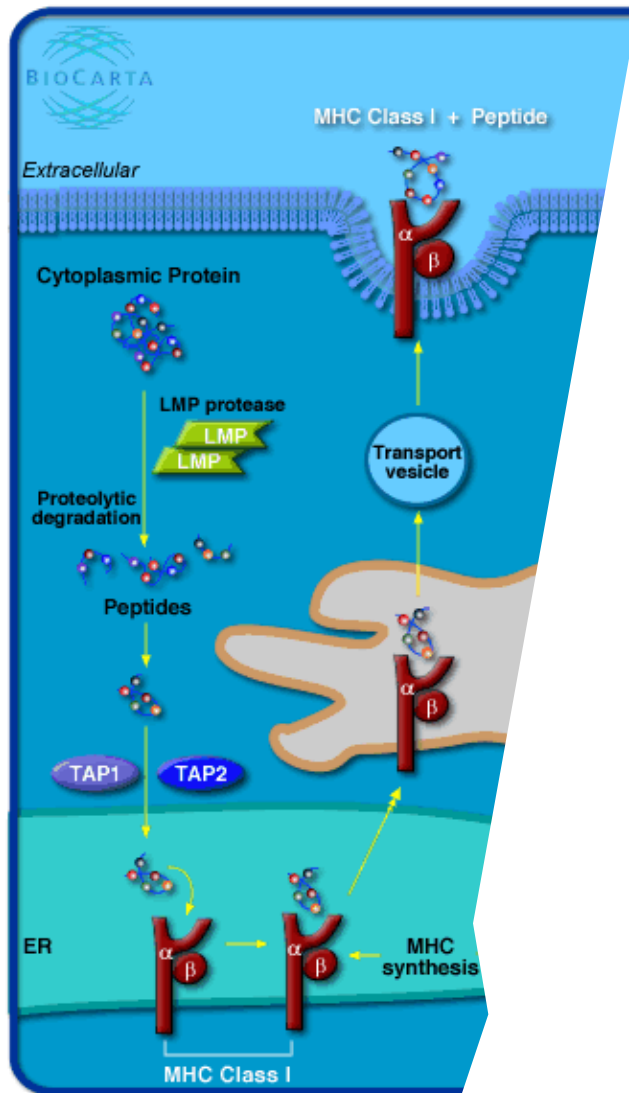


# Major histocompatibility complex (MHC)

---



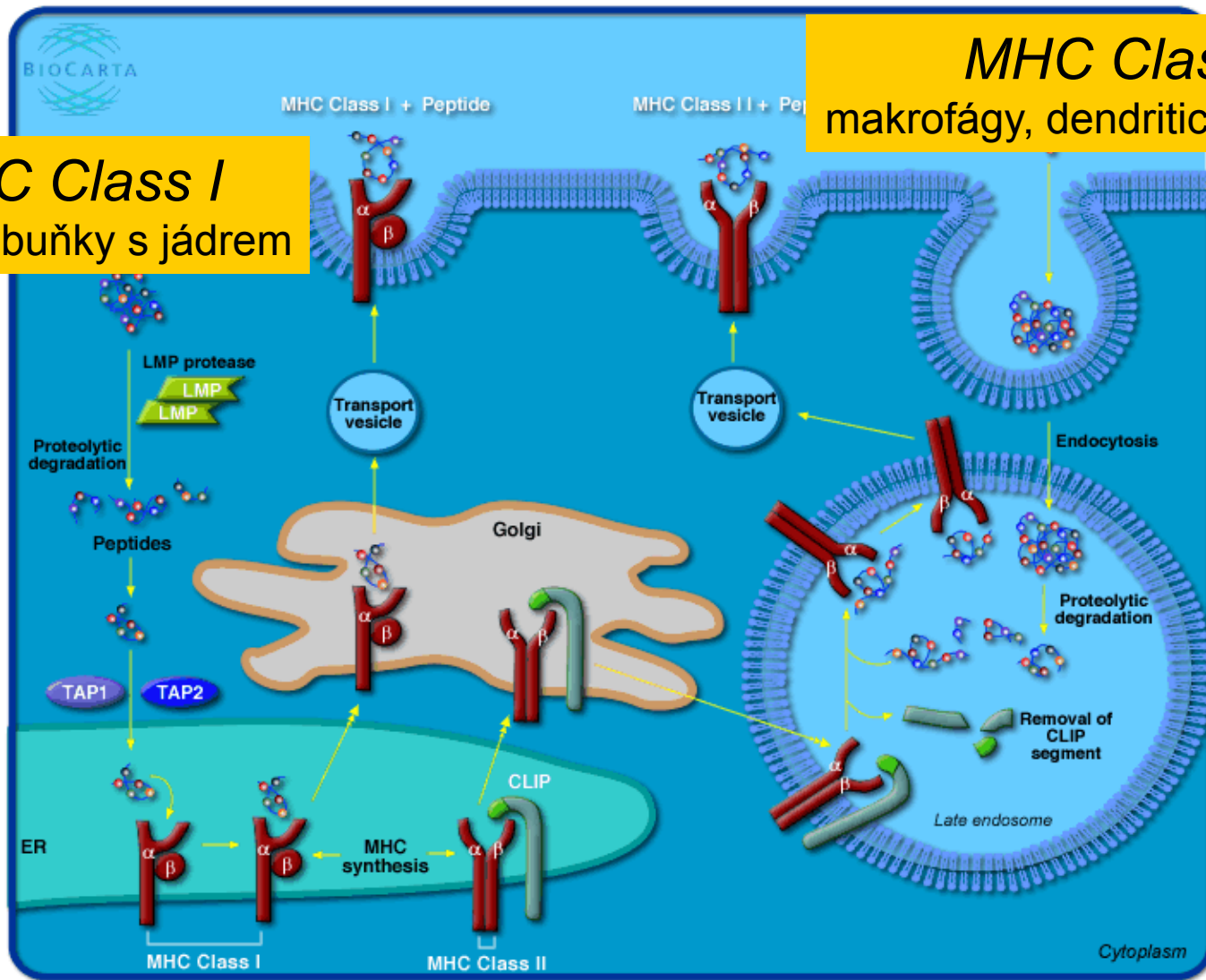
# *Funkce MHC: rozeznání a prezentace cizorodého antigenu*



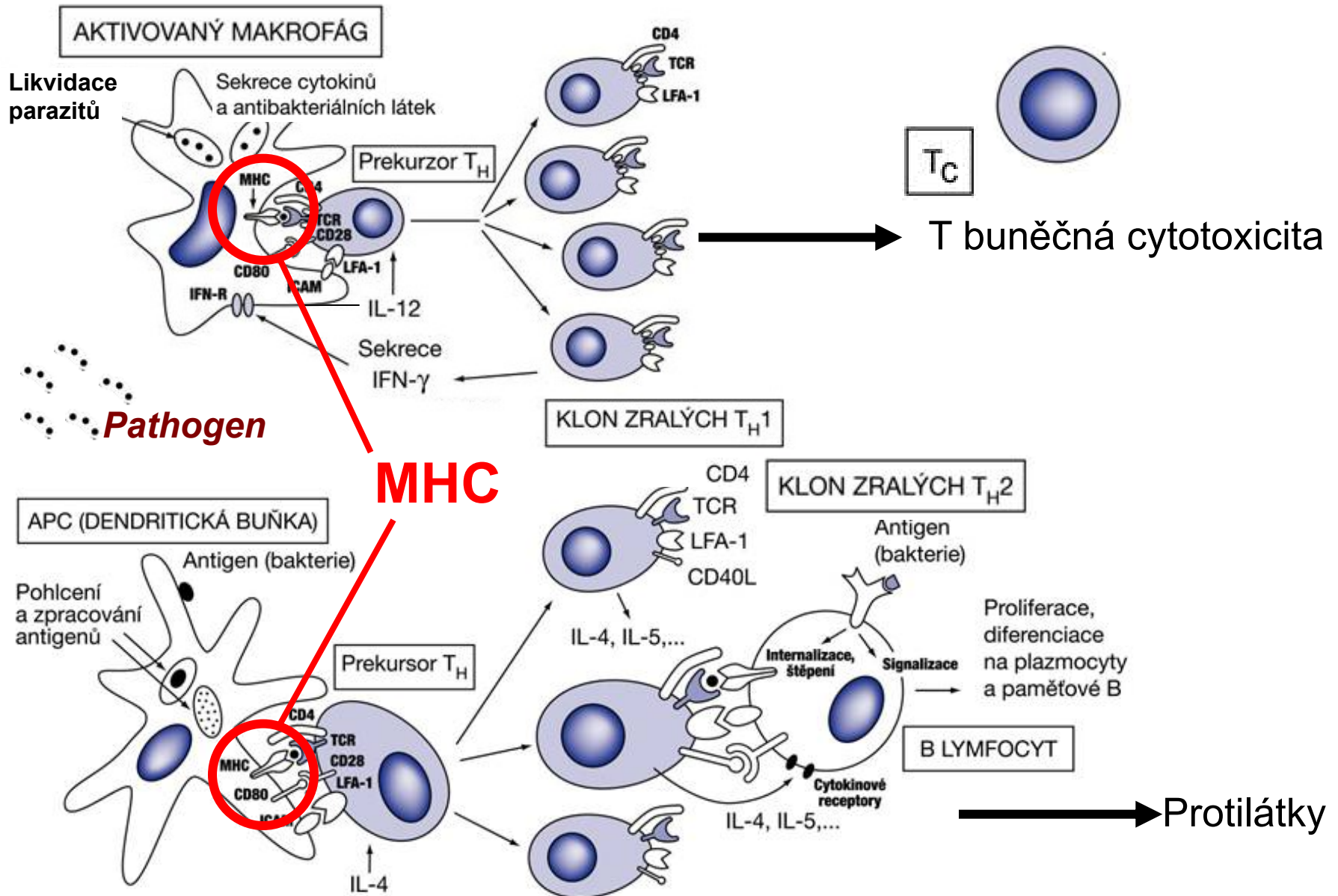
# Funkce MHC: rozeznání a prezentace cizorodého antigenu

**MHC Class I**  
všechny buňky s jádrem

**MHC Class II**  
makrofágy, dendritické buňky aj.



# Buňka nabízející antigen spustí imunitní odpověď



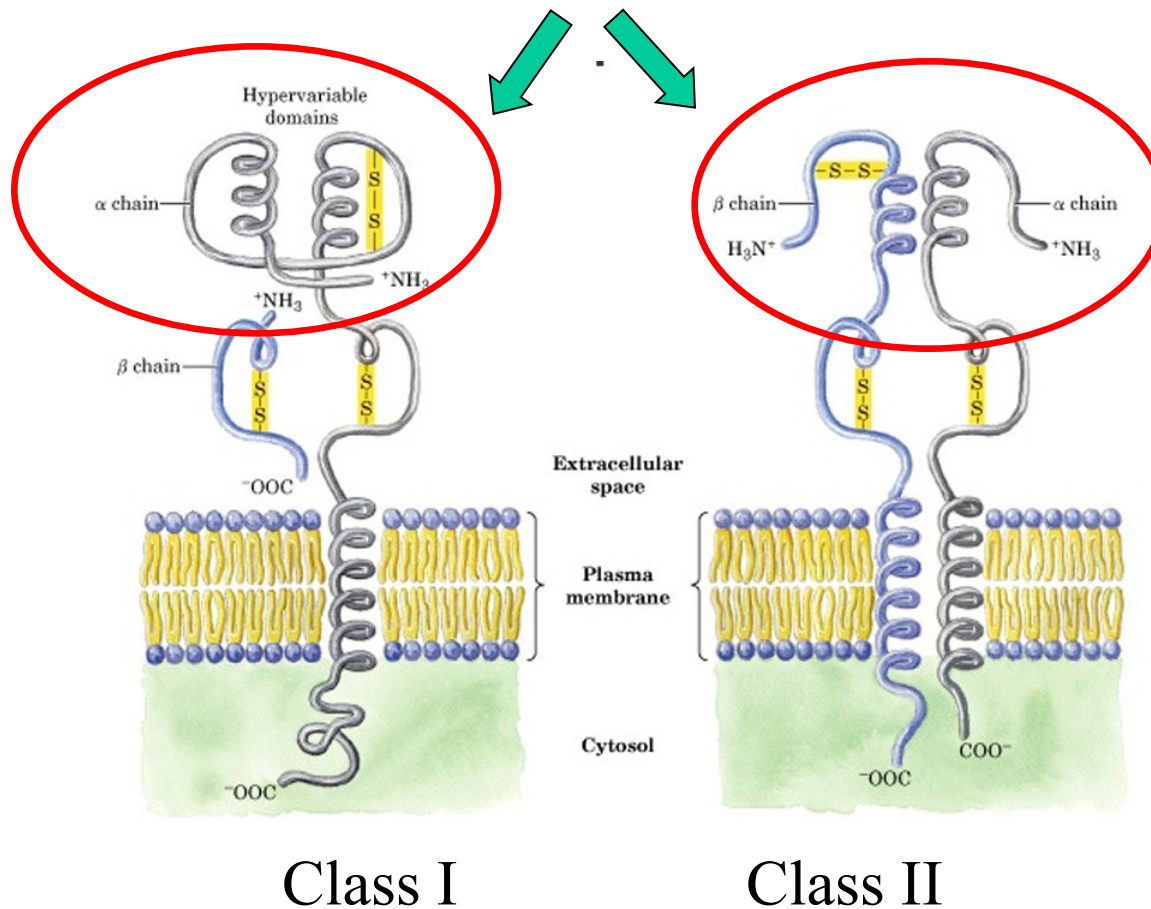
Jak zjistit, že je gen pod selekcí?



# Major histocompatibility complex (MHC)

---

Oblast rozeznávající antigen (antigen-binding sites)

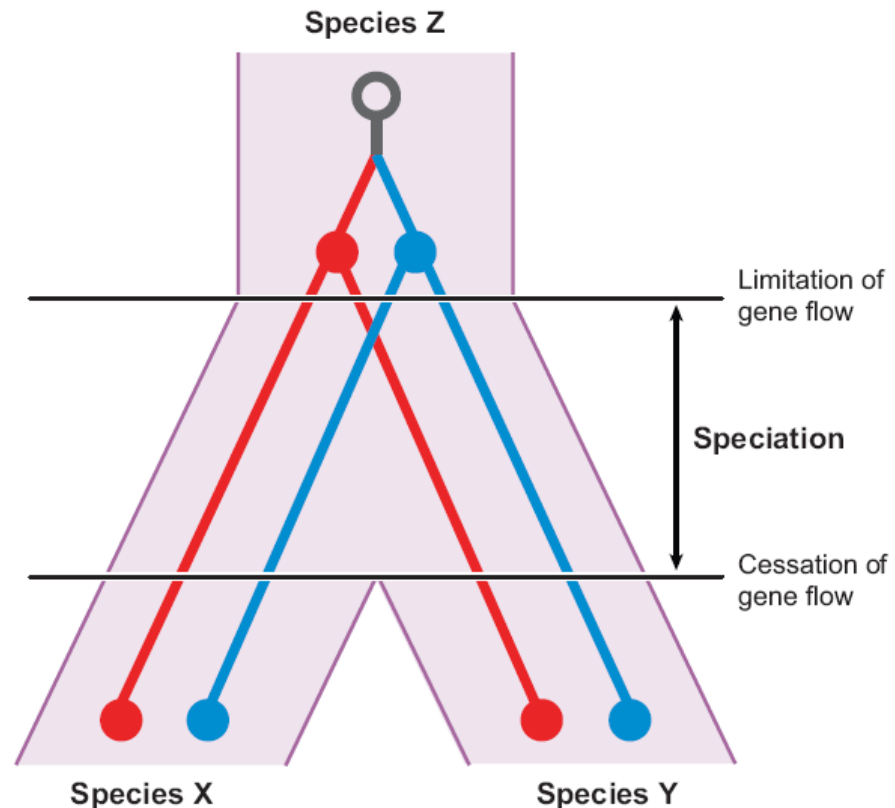


# *Je variabilita MHC důsledkem přírodního výběru?*

Pozitivní selekce - vytvoření a udržení velkého množství funkčních variant

Trans-species polymorfismus

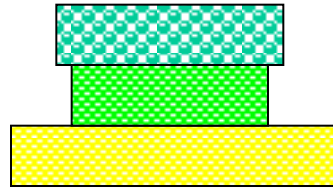
- výhodné alelické linie  
přetrvávají i po oddělení  
druhů



# Fylogenetická analýza MHC sekvencí



MHC Class II, DQA gene, Exon 2  
(Neighbour Joining Method)



*Mus*

*Rattus*



# $dN/dS$

- Poměr **nesynonymních** ( $dN$ ) a **synonymních** ( $dS$ ) mutací
- **Alignment** sekvencí stejného genu u více druhů
  - **rozdíly** (mutace)
  - jen některé mutace změni aminokyselinu - degenerovaný genetický kód
- **Korekce** (rozdílné metody, MEGA, PAML)
  - jen 25 % možných záměn nezmění aminokyselinu
  - některé typy mutací častější
  - zpětné a konvergentní mutace (hlavně u více odlišných sekvencí)
- Většinou  $dN/dS \ll 1$ , selekce eliminuje změny, „purifying selection“  
protein se nemění
- $dN/dS \gg 1$  „positive selection“ - MHC
- Různé části proteinu mohou být pod různou selekcí

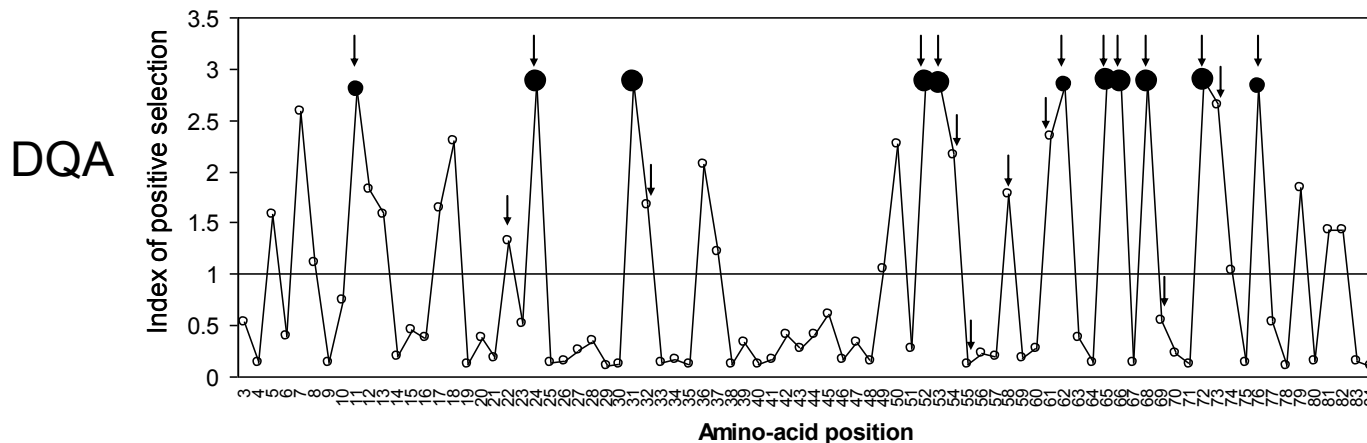
# Pozitivní historická selekce na MHC Class II

- 1) Poměr nesynonymních a synonymních mutací (dN/dS) na různých pozicích MHC molekuly



dN/dS	antigen-binding sites	
	ABS	Non ABS
DRB	5.25	3.00
DQA	3.16	0.33

- 2) Detekce aminokyselin pod pozitivní selekcí - Bayesian modelling (CodeML)



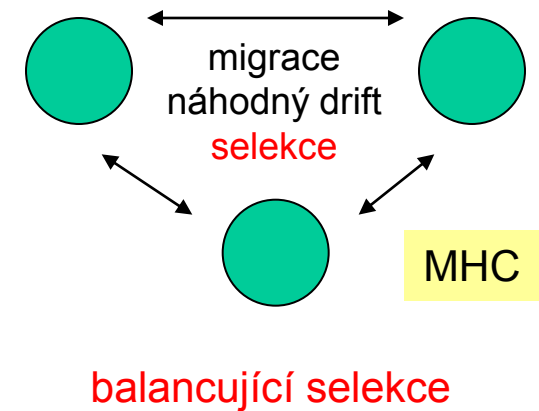
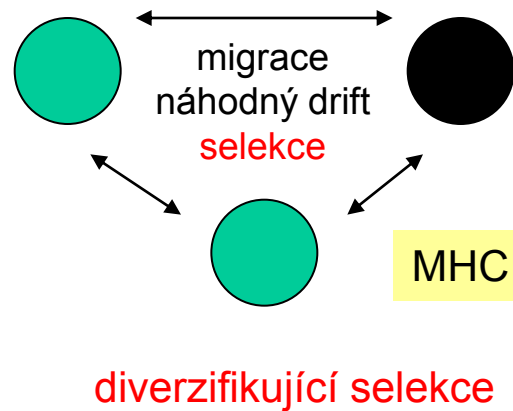
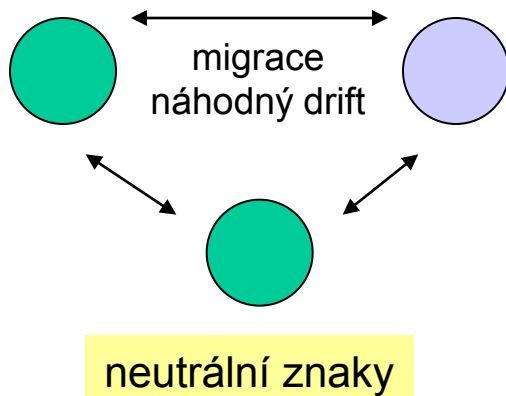
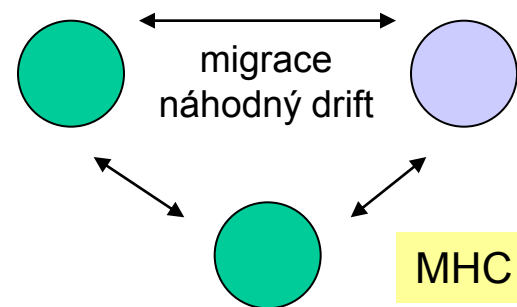
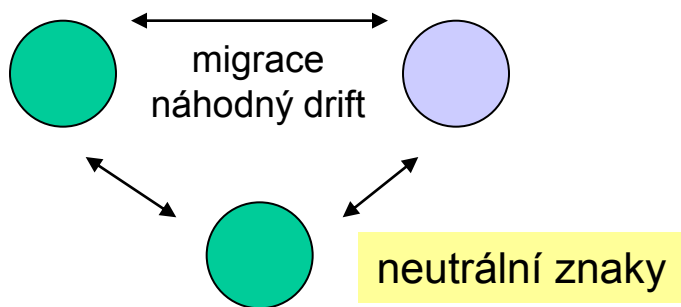
Šipky ukazují ABS místa identifikovaná na základě krystalografického modelu DQA proteinu u myši

# Důkaz a mechanismus recentní selekce

- Srovnání populačně-genetické struktury na MHC genech a neutrálních znacích (mikrosatelity)
- Asociace MHC genů a výskytu parazitů

# 1) Analýza populačně-genetické struktury

- Srovnání populačně-genetické struktury na MHC genech a neutrálních znacích (mikrosatelity)

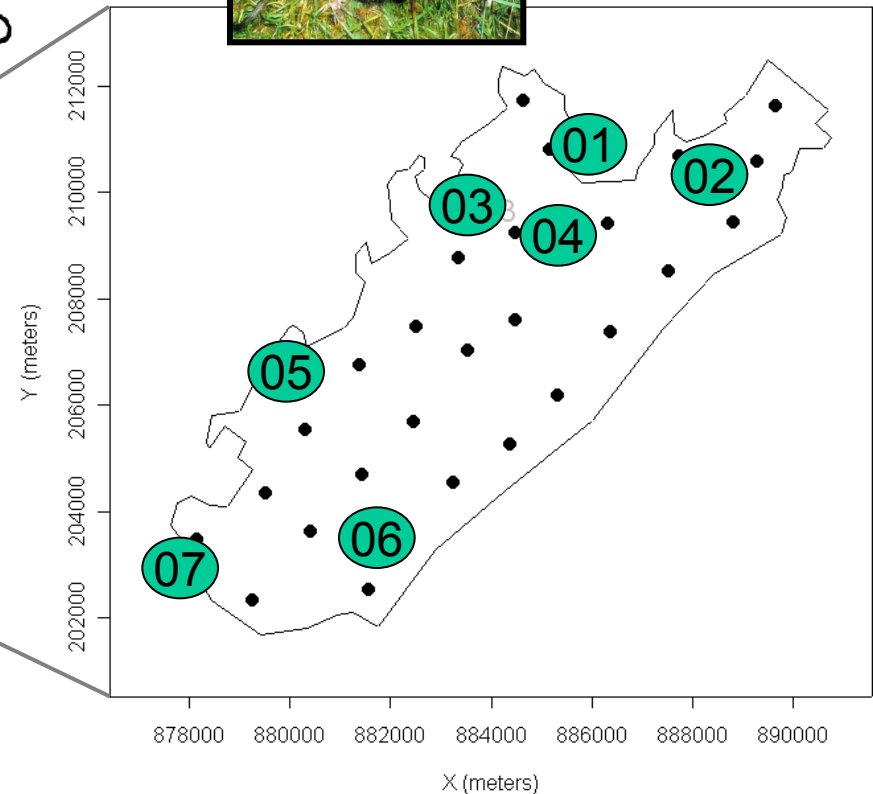
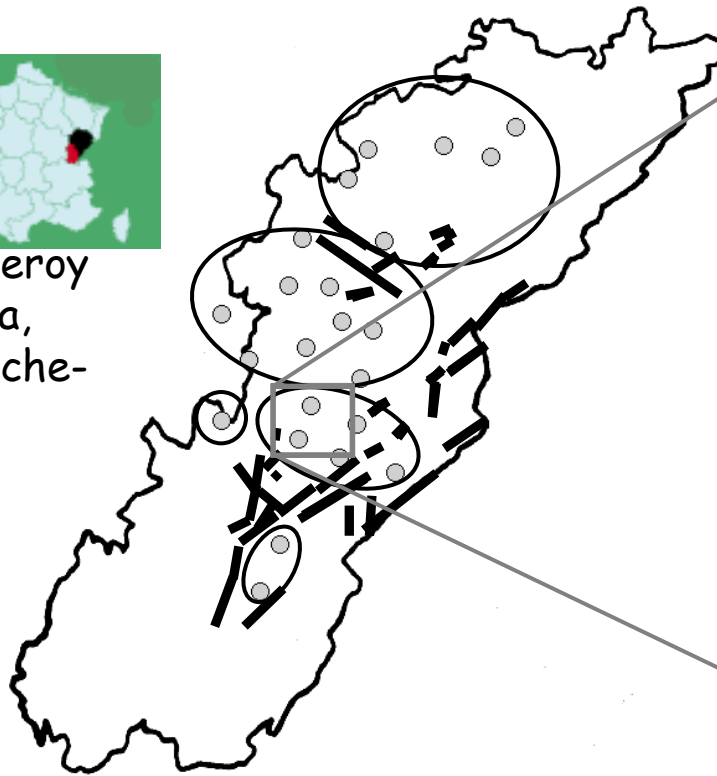


# Důkaz přírodního výběru v současnosti: analýza populačně-genetické struktury

- Srovnání neutrálních znaků a MHC



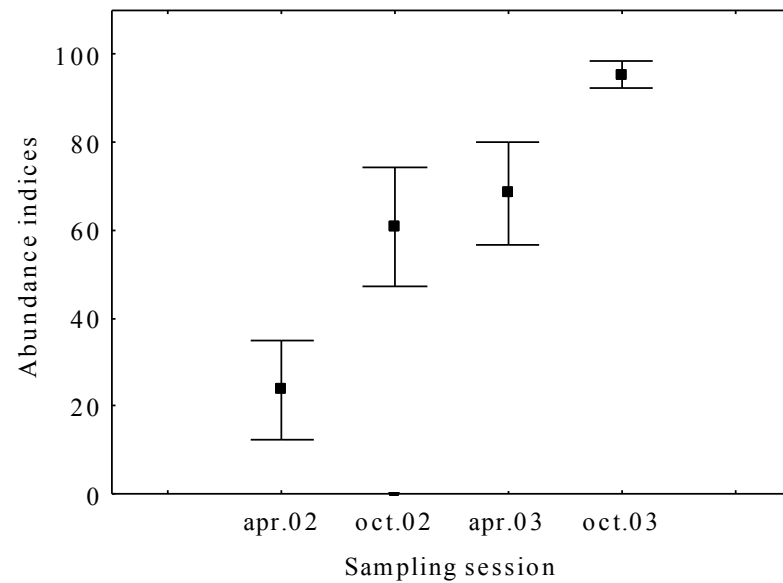
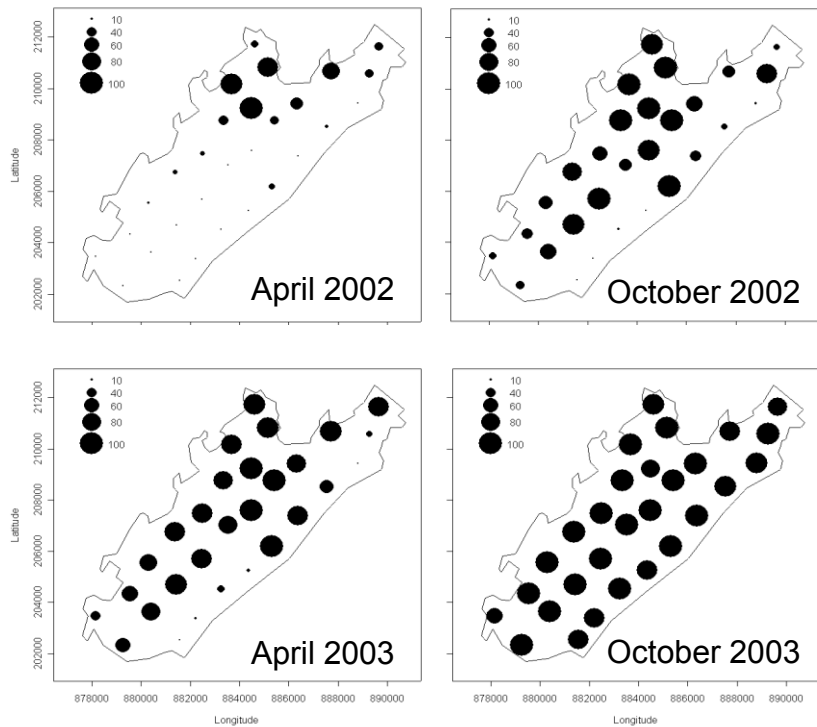
Canton Nozeroy  
(pohoří Jura,  
région Franche-  
Comté)



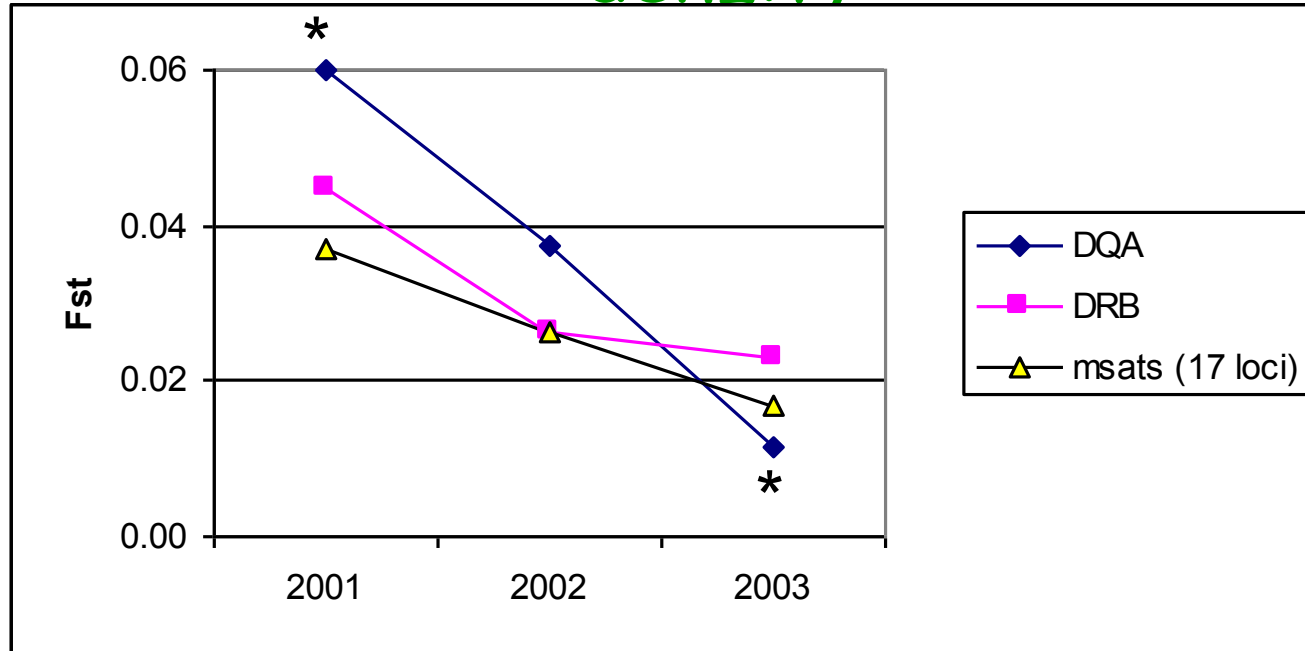
Studované lokality - 7 populací ve  
stejně fázi populačního cyklu



# → 2001-2003: fáze růstu populační hustoty



# Diferenciace populací v průběhu růstu density



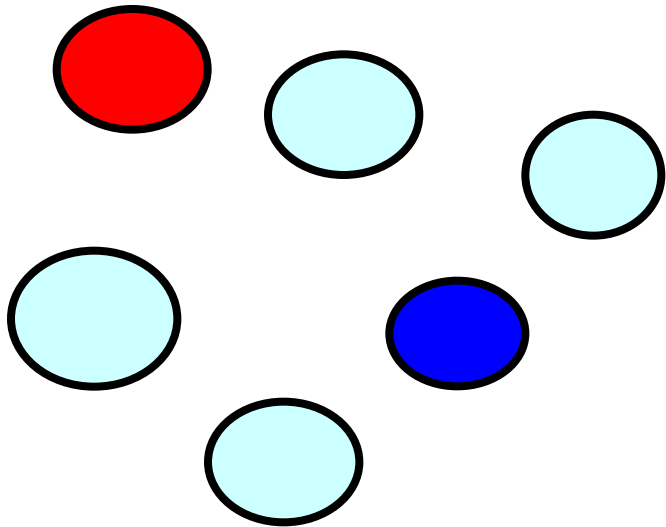
\* Signifikantní rozdíl DQA1 vs. mikrosatelity

Pokles diferenciace s nárůstem density (nárůst disperze, tj. toku genů)

MHC (zejména DQA1) - signifikantně odlišné od mikrosatelitů

# Závěr: Typ selekce na MHC závisí na početnosti populace

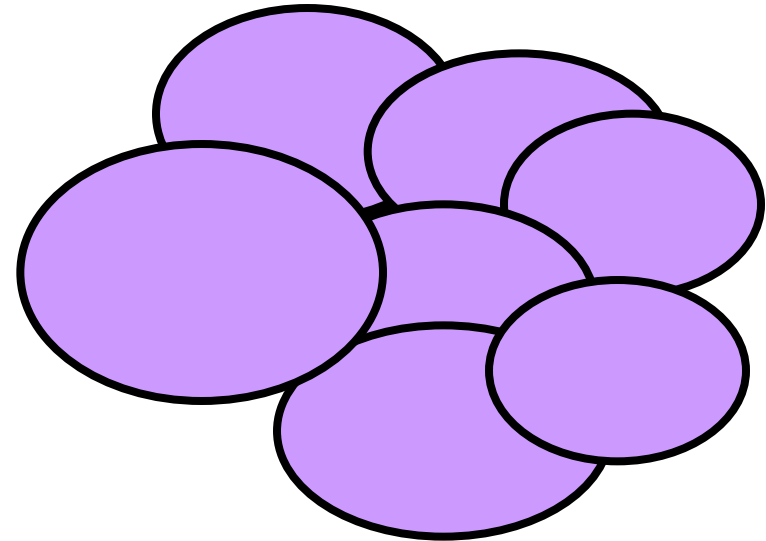
---



**Nízká denzita**

Lokální rozdíly ve  
společenstvech patogenů

**Lokální diverzifikující  
selekce**



**Vysoká denzita**

Nárůst diverzity  
parazitů v důsledku  
disperze

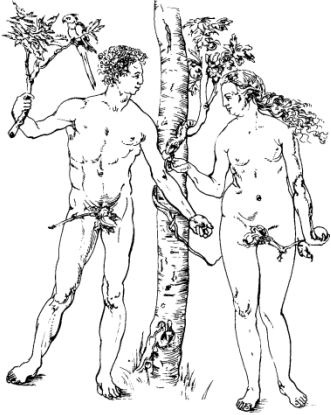
**Balancující selekce**

## *Jaké jsou mechanismy přírodního výběru pro udržení vysoké variability MHC?*

---

- Hypotéza výhody heterozygotů – mají 2x více alel než homozygoti, tj. mohou rozeznávat 2x více patogenů
- Výhoda vzácné alely (= selekce negativně závislá na frekvenci)

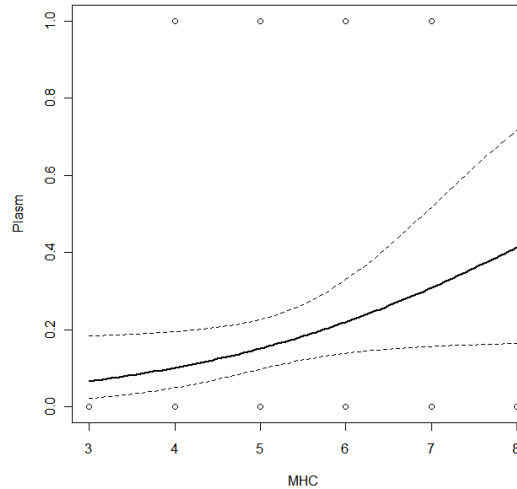
# Výhoda heterozygotů - mají 2x více alel než homozygoti, tj. mohou rozeznávat 2x více patogenů



- Člověk - rychlost vývoje • onemocnění HIV nebo hepatitidy B je asociována s MHC heterozygotností
- Dva druhy ryb - heterozygoti mají vyšší přežívání při umělém vystavení virům a helmintům



Pravděpodobnost výskytu ptačí malárie roste s počtem MHC alel - vysoká variabilita = vysoká pravděpodobnost přežití akutní fáze



- Nejednoznačné výsledky v mnoha dalších příkladech
- Teoretické modely tuto hypotézu nepodporují ...

# *Výhoda vzácné (výhodné) alely*

---

- Dynamická koevoluce mezi hostitelem a parazitem (= hypotéza „červené královny“) = **selekce negativně závislá na frekvenci**

# Výhoda vzácné (výhodné) alely

Frekvence alely



Čas

Frekvence parazita



Čas

# Výhoda vzácné (výhodné) alely

Frekvence alely

- Zdá se být pravděpodobnější než „výhoda heterozygotů“

- Nutno prokázat, že skutečně dochází k časovým změnám ve frekvenci alel a parazitů - **dlouhodobé studie neexistují !!!**

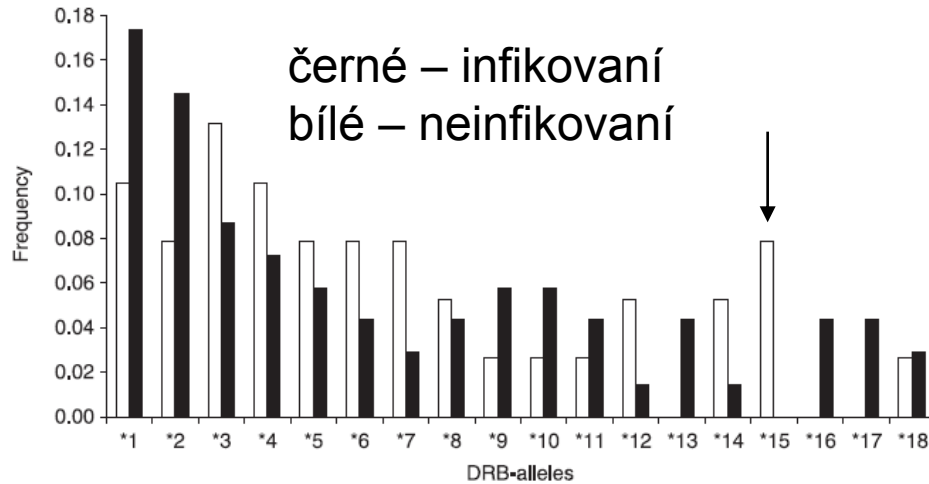
Frekvence parazita

Čas



# Asociace MHC genů a parazitů

vajíčka Nematoda v trusu



*Gerbillurus paeba*  
(Harf & Sommer, Mol. Ecol. 2005)



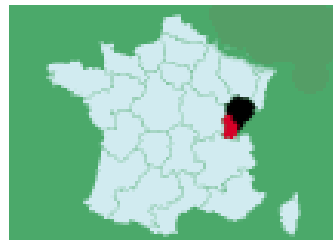
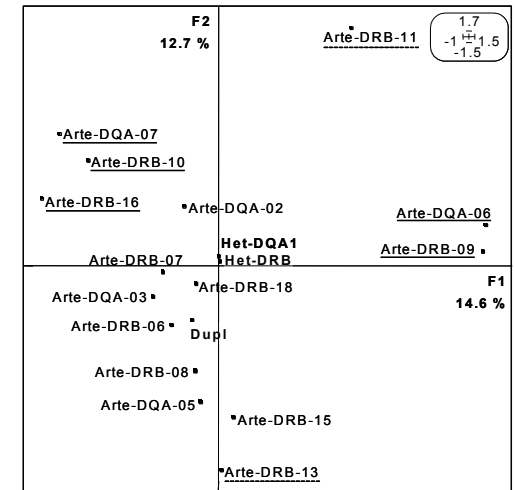
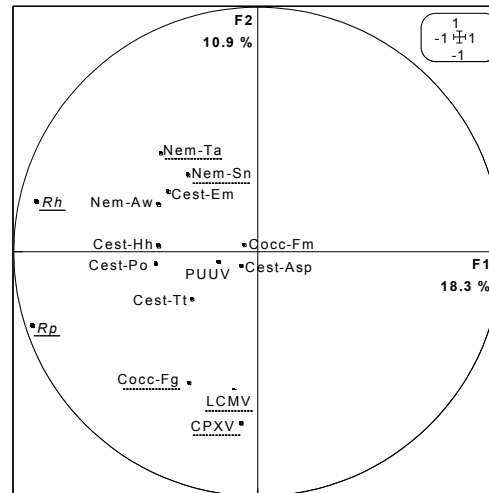
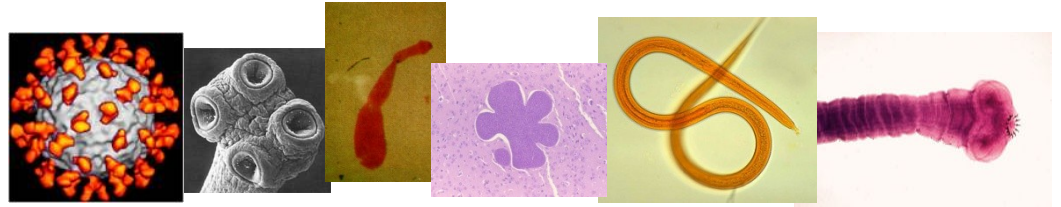
*Microcebus murinus*  
(Schad et al., Evolution 2005)



*Apodemus flavicollis*  
(Meyer-Lucht & Sommer, Mol. Ecol. 2005 )

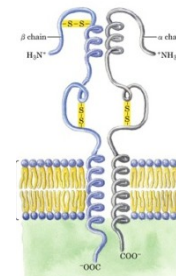
- Velké množství testů, riziko "false positives" → využití vícerozměrných metod

# Př. *Arvicola terrestris* – hryzec vodní

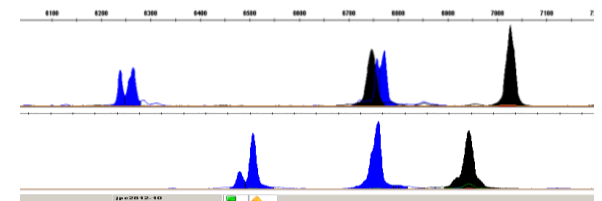


Canton Nozeroy (pohoří Jura, région Franche-Comté)

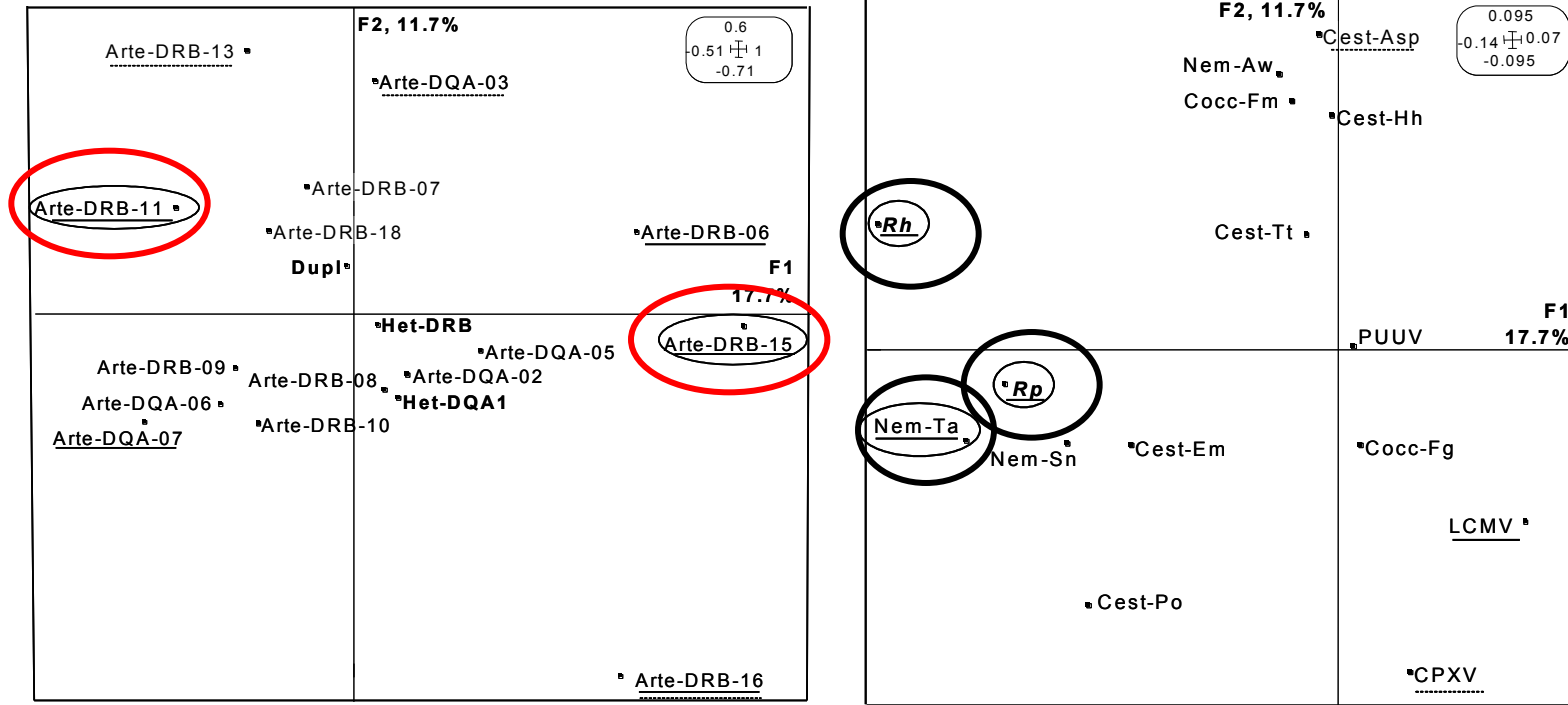
- 6 populací, 3 roky
- téměř kompletní parazitologická analýza (včetně některých virů)
- vícerozměrné analýzy



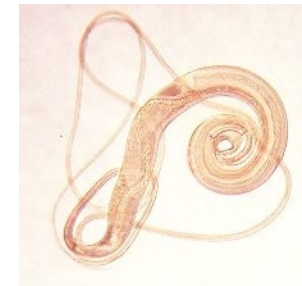
## SSCP analýza



# Analýza koinercie (co-inertia analysis)



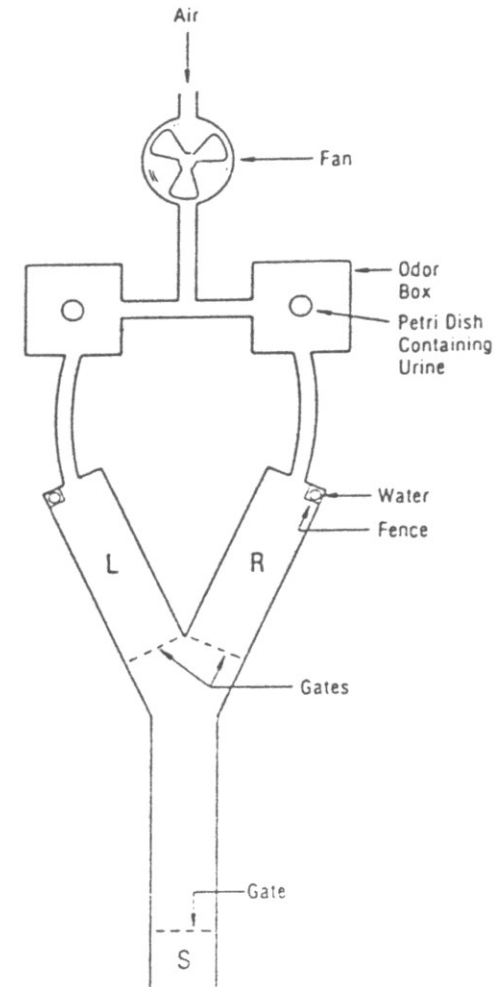
Alely DRB-11 a DRB-15 mají antagonistický efekt vzhledem k *Trichuris arvicolae* a k celkové diverzitě parazitů



# Výběr partnera a MHC



- 90. léta – experimenty s laboratorními kmeny myši vs. složení MHC
- pachové signály jsou využívány při rozeznávání příbuznosti a výběru partnera
- myši si vždy vybíraly partnera s odlišným MHC

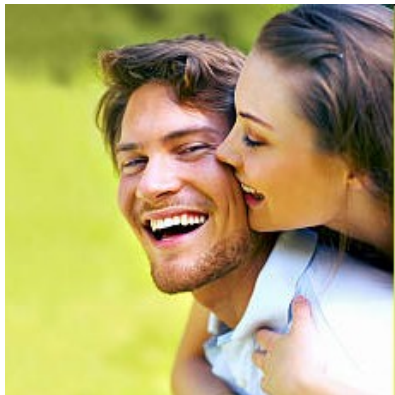


# Hypotézy pohlavního výběru podle MHC

**Ideál: Výběr partnera se specifickým genotypem zajišťujícím rezistenci**

A) Výběr partnera s odlišným MHC – „inbreeding avoidance hypothesis“

- MHC = „komplementární geny“



# Hypotézy pohlavního výběru podle MHC

**Ideál: Výběr partnera se specifickým genotypem zajišťujícím rezistenci**

B) Výběr partnera, který nemá parazity (tj. není nemocný)

- MHC = „dobré geny“, které lze „cítit“

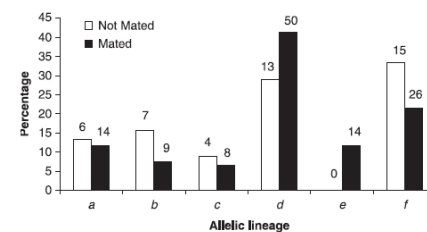


# Hypotézy pohlavního výběru podle MHC

**Ideál: Výběr partnera se specifickým genotypem zajišťujícím rezistenci**

C) Výběr nejlepšího partnera, který nemá parazity, ale má ještě „něco navíc“

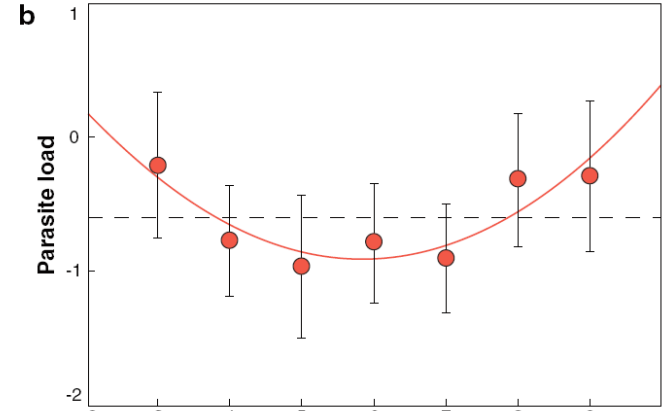
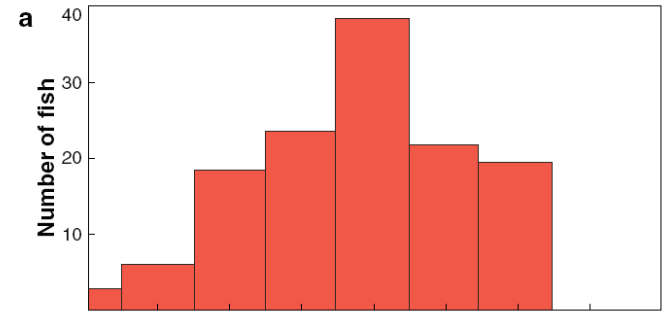
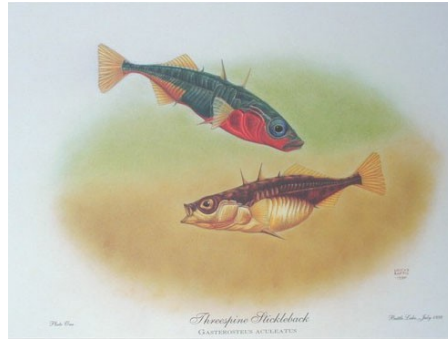
- MHC = „dobré geny“, umožňující expresi sekundárních pohlavních znaků



*Gallinago media*  
Ekblom et al. 2005



# *Gasterosteus aculeatus* Milinski et al. (2001-dosud)

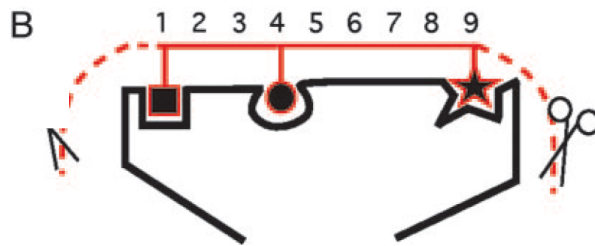


Počet MHC alel

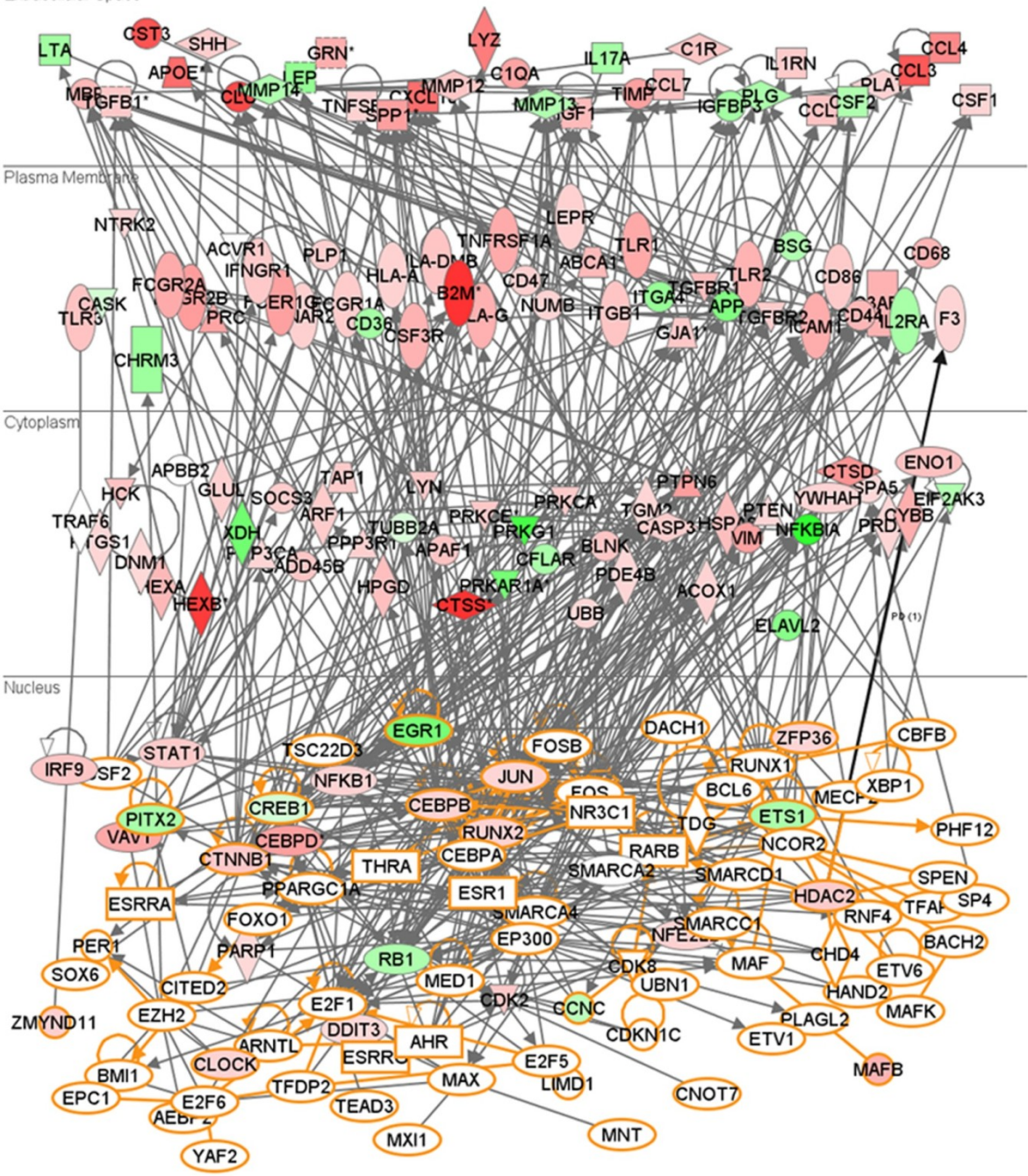
**„zlatá střední cesta“**

- ideální počet alel se liší v závislosti na prostředí (tj. diverzitě parazitů)

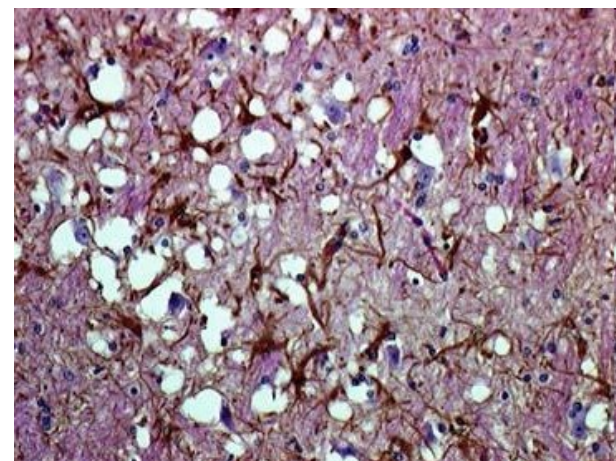
- Nedávno duplikované MHC class IIB geny
- Nejvíce jedinců má střední počet alel
- Střední počet alel = minimum parazitů
- „počítají“ vlastní počet alel a vybírají si tak aby optimalizovali počet alel u potomstva
- Výběr je ovlivněn strukturou komplexu MHC-peptid







Imunitní  
odpověď v  
mozku myši  
napadené  
"scrapie"  
(priony)





# Is MHC enough for understanding wildlife immunogenetics?

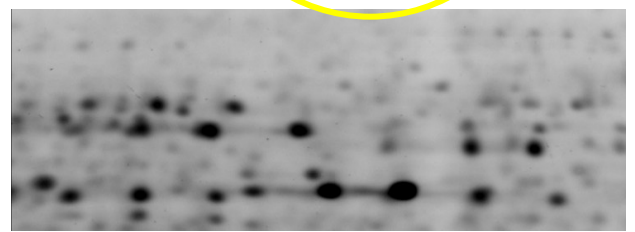
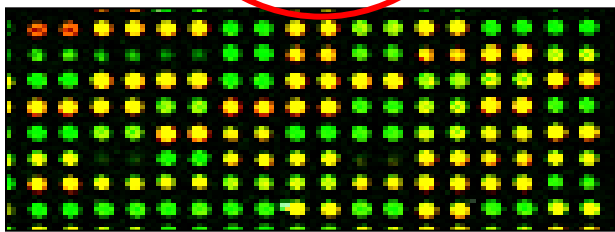
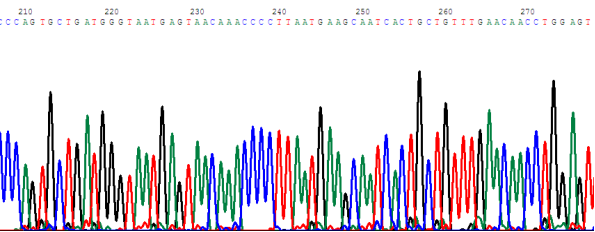
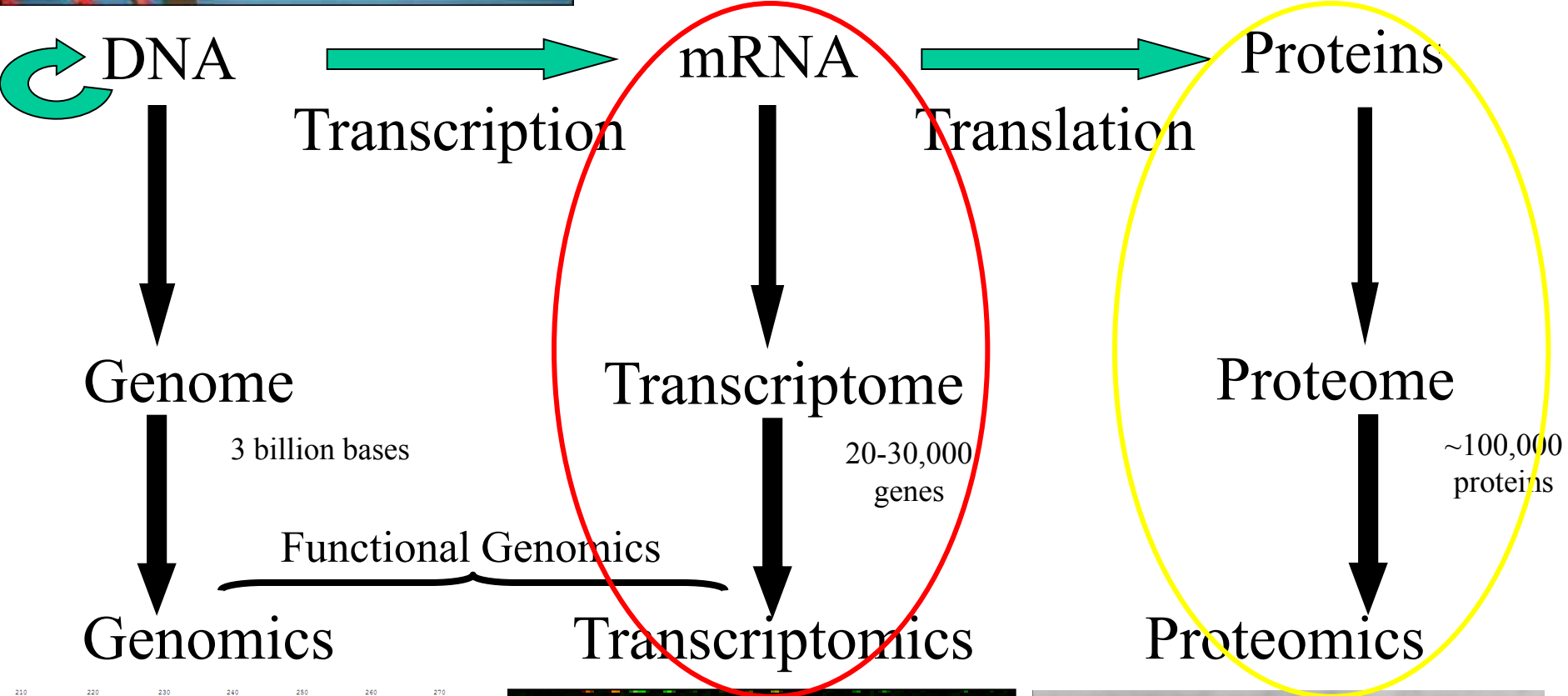
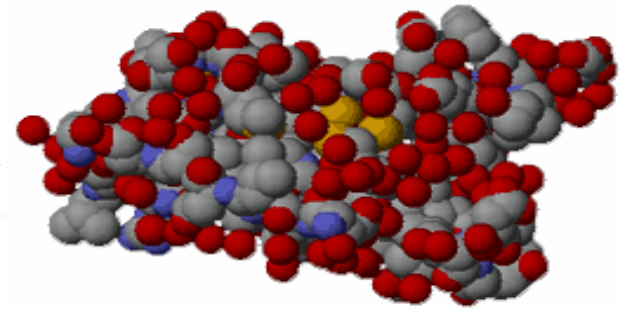
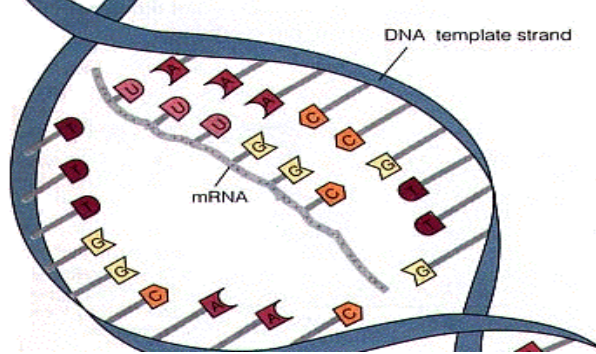
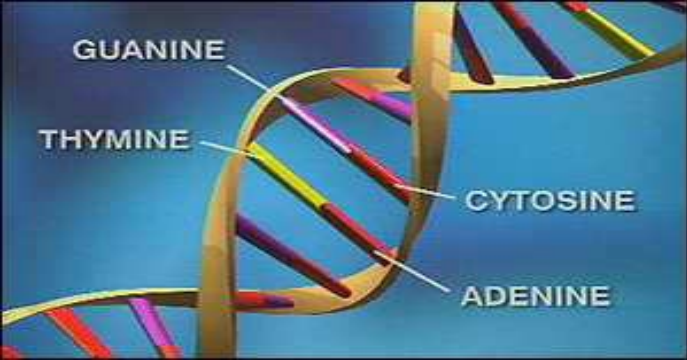
Karina Acevedo-Whitehouse and Andrew A. Cunningham

Institute of Zoology, Regent's Park, London, NW1 4RY, UK

„Mapping and association studies have revealed that approximately half of the genetic variability for resistance to infection is attributable to non-MHC genes, suggesting that MHC-independent immune responses also undergo host-pathogen coevolution.“

Acevedo-Whitehouse & Cunningham 2006

Sledování mnoha genů najednou



# Budoucnost genetických metod v ekologickém výzkumu

## 1. Nové postupy při sekvenování DNA („genomics“)

Molecular Ecology Resources (2008) 8, 3–17

doi: 10.1111 /j.1471-8286.2007.02019.x

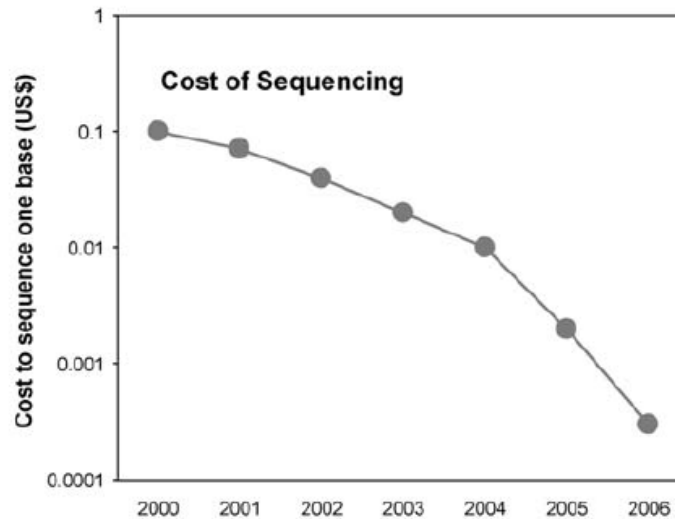
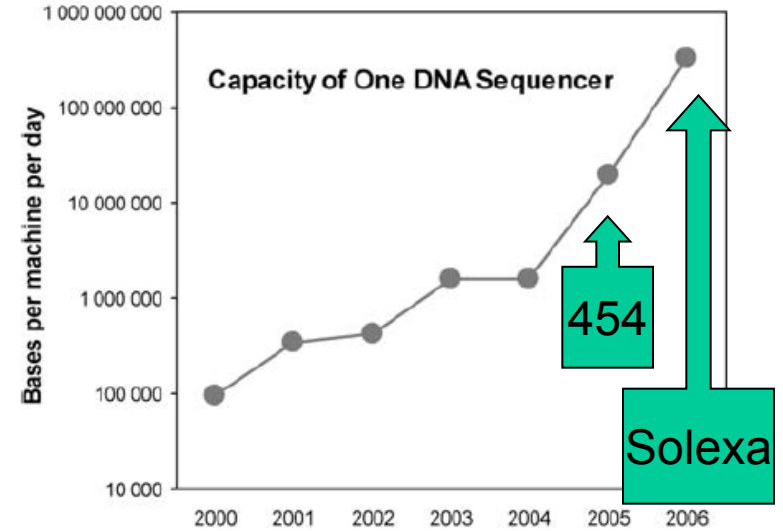
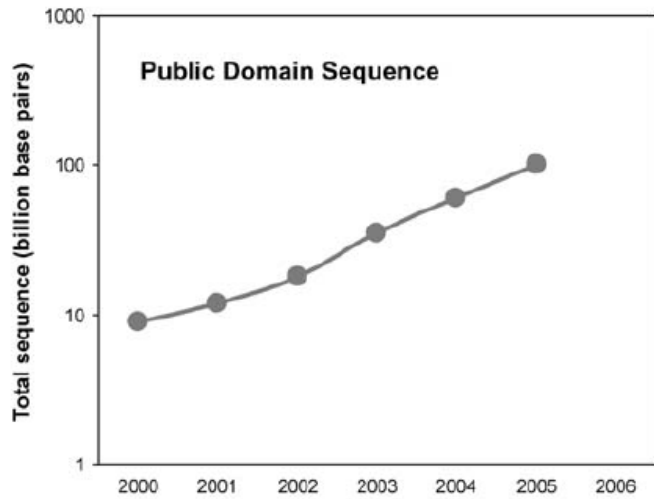
TECHNICAL REVIEW

**Sequencing breakthroughs for genomic ecology and  
evolutionary biology**

MATTHEW E. HUDSON

*Department of Crop Sciences, University of Illinois, Urbana, 334 NSRC, 1101 W. Peabody Blvd., IL 61801, USA*

# „genomics era“

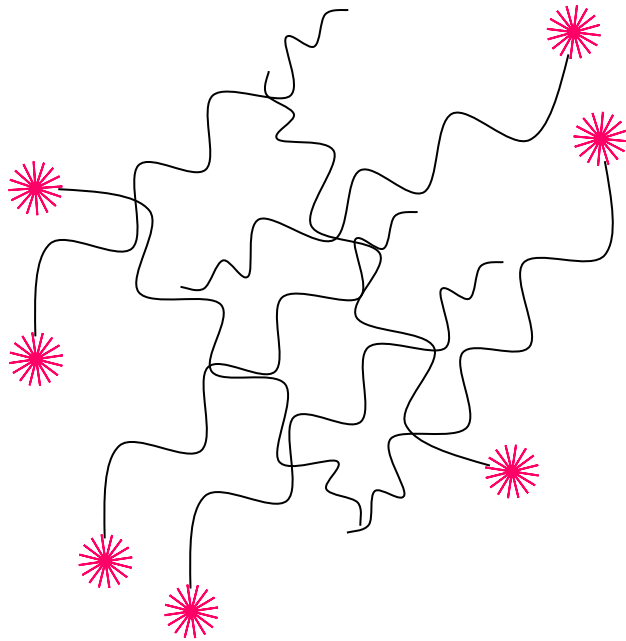


# Budoucnost genetických metod v ekologickém výzkumu

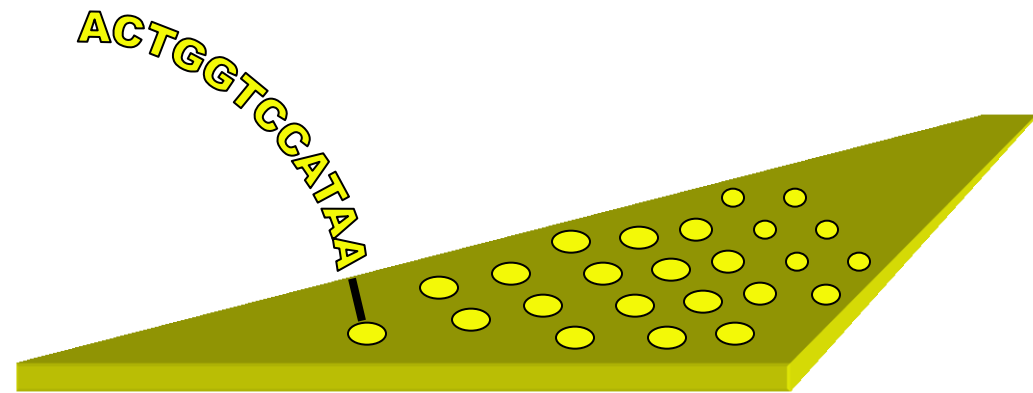
## 2. Analysis of expression by microarrays („transcriptomics“)

Ranz JM, Machado CA: Uncovering evolutionary patterns of gene expression using microarrays. TREE, 21(1): 29-37

# Microarray analysis of transcriptome (~ specific DNA hybridization)

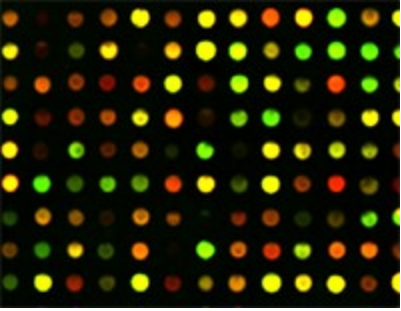


**Target** (i.e. mix of transcripts in a form of cDNA = mRNA přepsaná do DNA reverzní transkriptázou, tj. neobsahuje introny)



**Probe** (i.e. synthesized oligonucleotides complementary to particular genes)

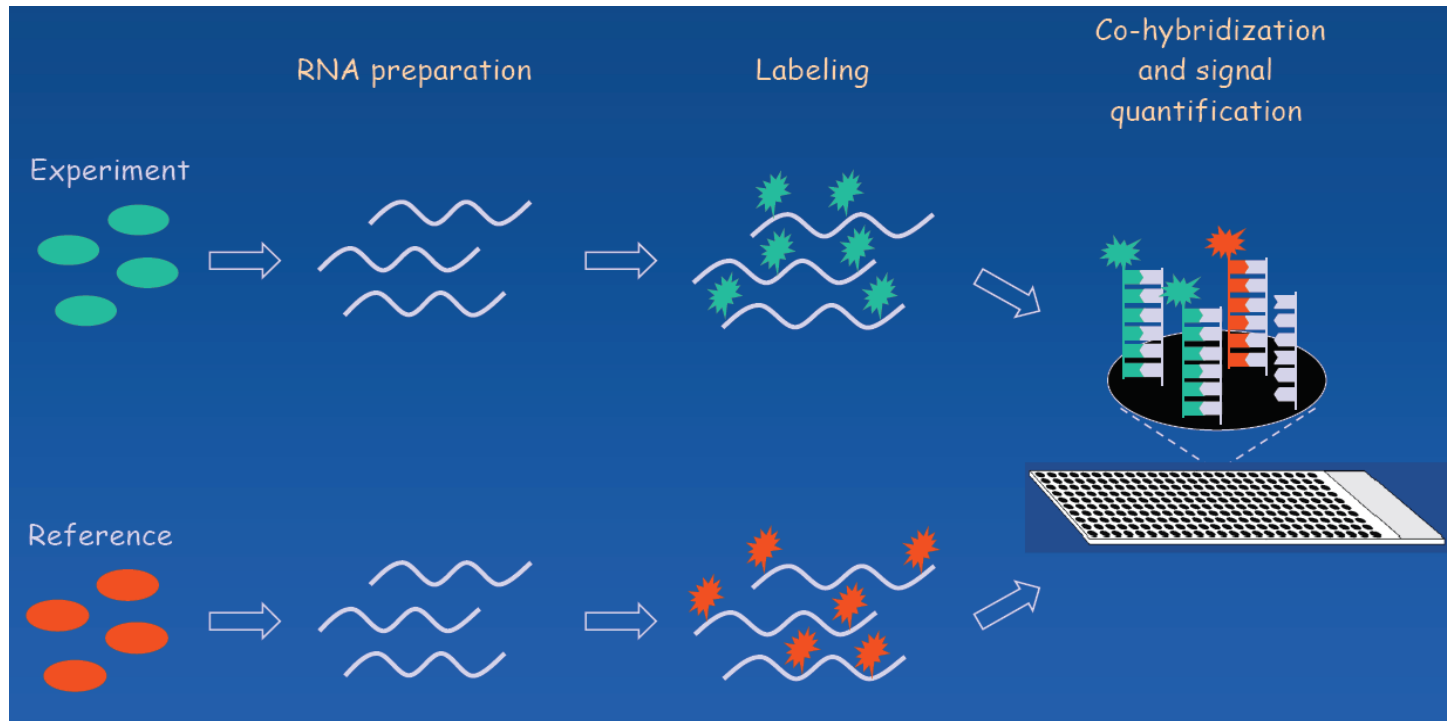




# Sledování exprese genů microarrays



- Sledování exprese mnoha (tisíce) genů najednou
- Založeno na hybridizaci
- Sleduje se rozdíl vůči kontrole ("heterologous hybridization")



# Case study: Joop Ouborg et al.

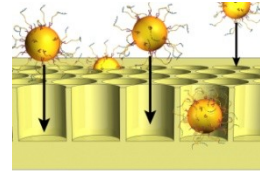
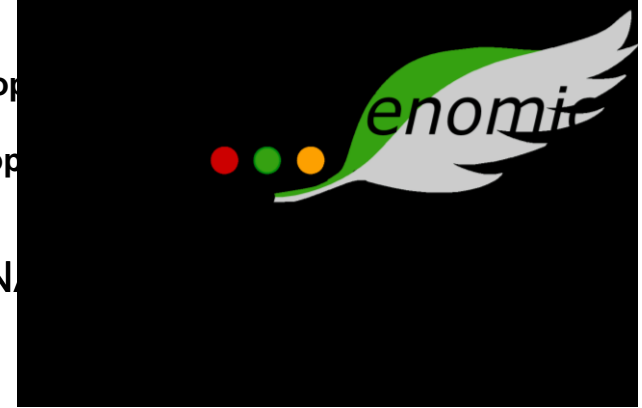
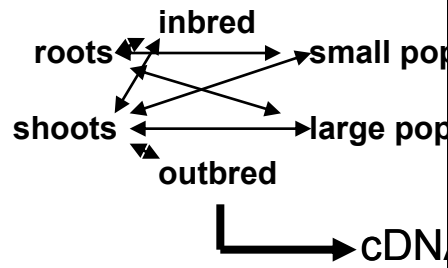
Transcriptional profiling of inbreeding depression and genetic erosion in *Scabiosa columbaria*: the balance between genetic drift and selection in the genetic erosion process.





Example:

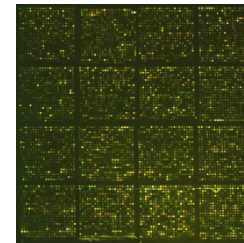
*Scabiosa columbaria*



530.000 sequences in one run, leading to ~ 40.000 ESTs



**Agilent Technologies**



15k – 30k 60-mer microarrays

Experiment: transcriptional profiling of inbreeding depression



*Annotation* of these 40.000+ ESTs („expressed

Automated programs available, like **BLAST2GO** (<http://www.blast2go.de/>).

just feed a file with the ESTs into the program, and turn it on.....

1 week later you will have the results, being:

- Homology with known sequences
- Known function

The sequences may also be searched for:

EST-associated SSR markers: MISA (<http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa/>)

SNP markers: SNP-mining software like PolyBayes

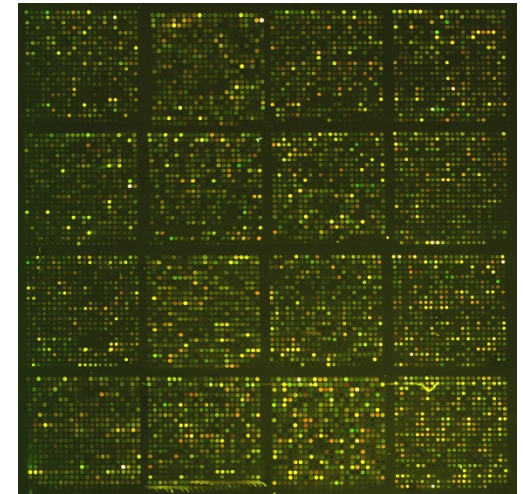
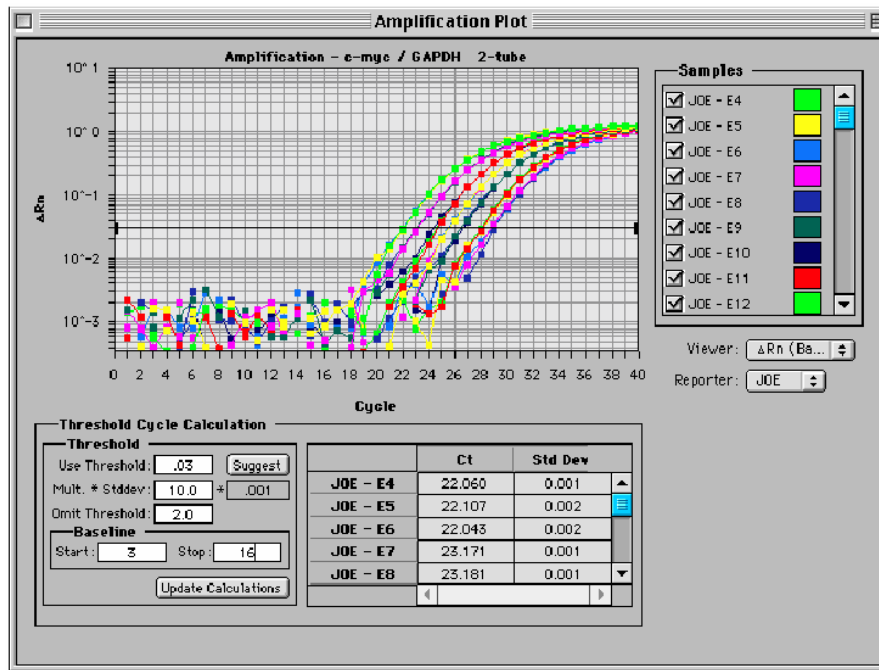
(<http://genome.wustl.edu/tools/software/polybayes.cgi>)

Again by using search software, freeware

**ALMOST HALF OF GENES (ESTs) ARE UNKNOWN !!!**

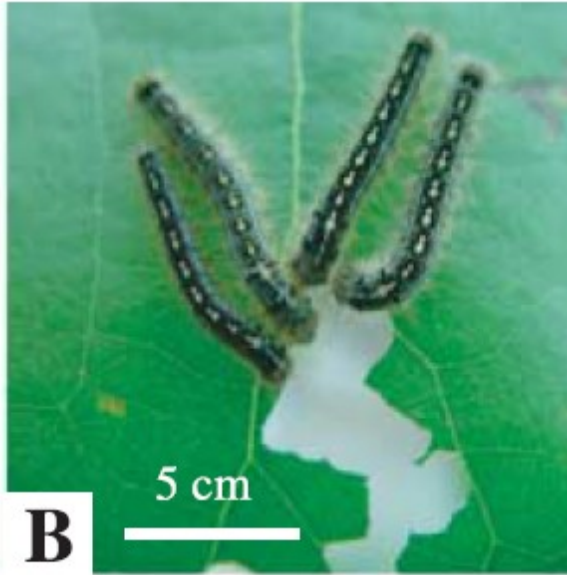
1. Design of quantitative RealTime-PCR methods, based on primer sequences

2. Design of a Scabiosa specific microarray



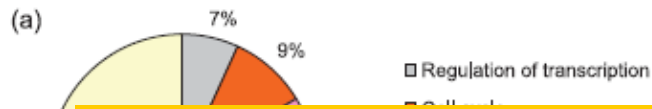


*Populus trichocarpa* x *deltoides*  
a *Malacosoma disstria* bourovec  
Ralph et al. 2006



- cDNA microarray
- 15496 genů > 3/4 genomu
- Po 24 hodinách  
1191 genů up-regulated  
537 down-regulated
- Obrana: endochitinázy, inhibitory proteáz
- Signální funkce
- Transport, metabolismus, regulace transkripce

# Jaká je úroveň exprese v různých tkáních?



- srdeční, červená a bílá svalovina
- rozdíly v expresi 113, 81 a 196 genů
- rozdíly jsou způsobeny tkáňově specifickým stupněm endotermie

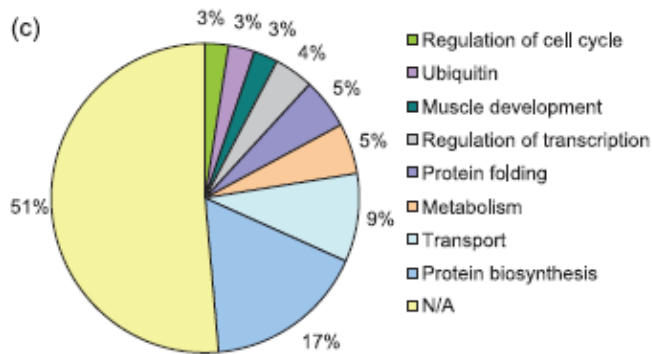
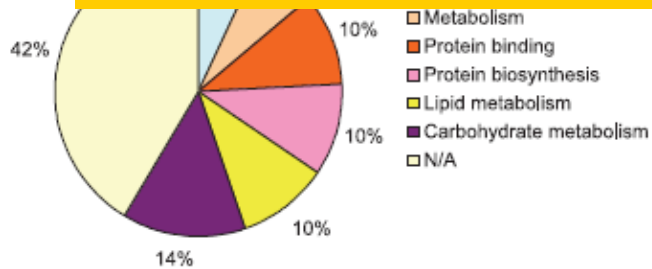


Fig. 1 Percentage of total up-regulated genes identified in the Gene Ontologies (Biological Process) of ventricle (a), red muscle (b) and white muscle (c).

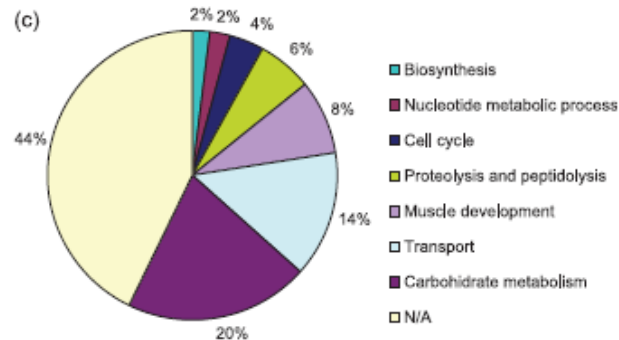
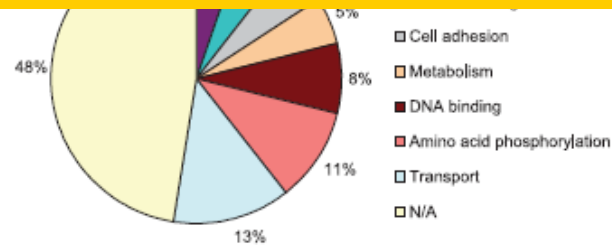
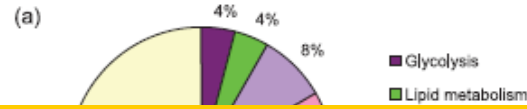
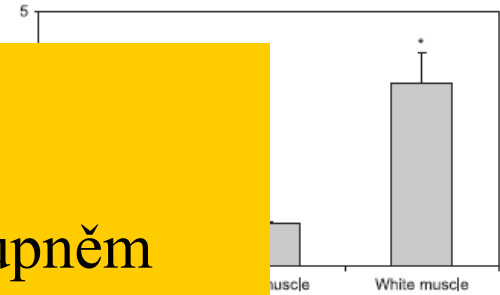


Fig. 2 Percentage of total down-regulated genes identified in the Gene Ontologies (Biological Process) of ventricle (a), red muscle (b) and white muscle (c).

quantitative real-time PCR



Relative expression of candidate gene *Hsp70* in red muscle and white muscle determined by quantitative real-time PCR. Expression values were normalized to the house-keeping gene  $\beta$ -actin. (\*) Significant values between means.



vliv aklimatizace k chladu (20° vs 15°C)

# Závěr

- Molekulární ekologie se rychle vyvíjí
- Metody se zásadně vylepšují a mění
- Co platilo dnes, nemusí platit zítra
- Těšme se tedy na zítřek!