

CG020 Genomika

Bi7201 Základy genomiky

Přednáška 4

Genetika přímá

Jan Hejátko

Funkční genomika a proteomika rostlin,
Mendelovo centrum genomiky a proteomiky rostlin,
Středoevropský technologický institut (CEITEC), Masarykova univerzita, Brno
hejatko@sci.muni.cz, www.ceitec.muni.cz



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Osnova

- Přímá vs. reverzní genetika
- Využití knihoven inzerčních mutantů v postupech přímé genetiky
 - vyhledávání v knihovnách inzerčních mutantů podle
 - anatomicky nebo morfologicky detekovatelného fenotypu
 - metabolického profilu
 - exprese zajímavých genů
 - identifikace mutovaného lokusu
 - plasmid rescue
 - iPCR
- Využití knihoven bodových mutantů v přímé genetice
 - poziční klonování

Osnova

- Přímá vs. reverzní genetika



Přístupy „klasické“ genetiky versus „reverzně genetický“ přístup ve funkční genomice

NÁHODNÁ MUTAGENEZE

„Přímě genetický“ přístup

EMS

1. IDENTIFIKACE FENOTYPU
2. GENETICKÉ MAPOVÁNÍ
3. GENOVÁ IDENTIFIKACE
-poziční klonování



$h \times n$

„Reverzně genetický“ přístup

T-DNA

1. IZOLACE SEKVENČNĚ SPECIFICKÉHO MUTANTA
2. IDENTIFIKACE FENOTYPU
3. PRŮKAZ KAUZÁLNÍ SOUVISLOSTI MEZI INZERCÍ A FENOTYPEM

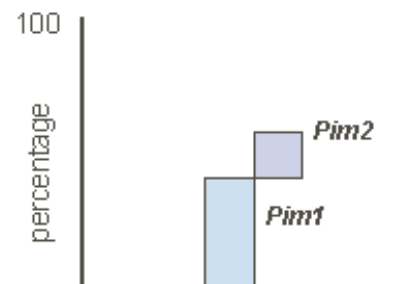
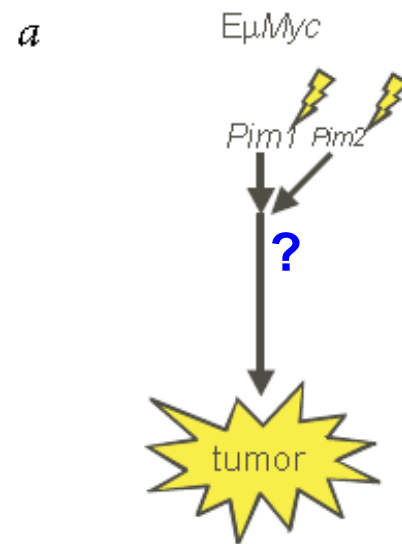
(retro)transposons

Osnova

- Využití knihoven inzerčních mutantů v postupech přímé genetiky
 - vyhledávání v knihovnách inzerčních mutantů podle
 - anatomicky nebo morfologicky detekovatelného fenotypu

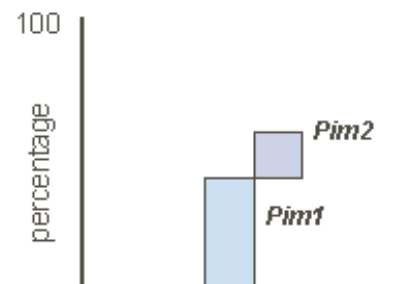
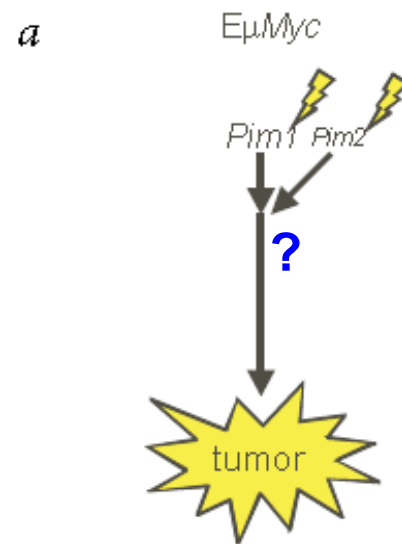
Inzerční mutagenese v přímé genetice

- Využití inzerční mutagenese ve studiu kancerogeneze
 - Infekce E μ Myc myší retrovirem MoMuLV vede k tvorbě lymfomů, které vznikly díky aktivaci Pim kináz (ve 40% aktivaci *Pim1* a v 15% aktivaci *Pim2*), molekulární cíle těchto kináz byly neznámé



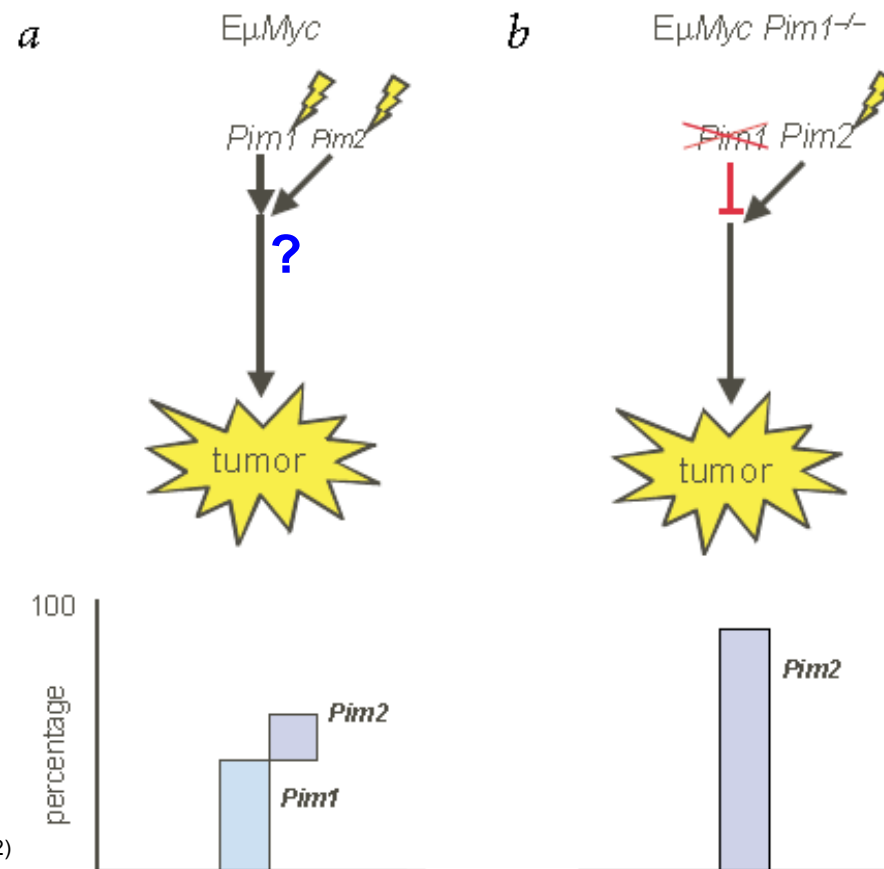
Inzerční mutagenese v přímé genetice

- Využití inzerční mutagenese ve studiu kancerogeneze
 - Infekce E μ Myc *pim1* mutantů retrovirem MoMuLV vede k tvorbě lymfomů, které obsahují v 90% inzerci v blízkosti (aktivaci) Pim2



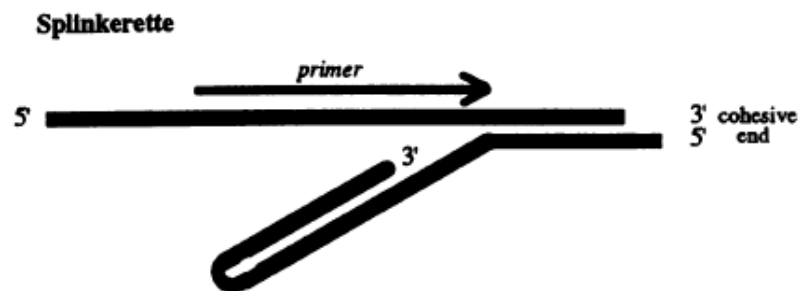
Inzerční mutagenese v přímé genetice

- Využití inzerční mutagenese ve studiu kancerogeneze
 - Infekce EμMyc dvojnásobných mutantů *pim1*, *pim2* retrovirem MoMuLV vede k tvorbě lymfomů, u kterých lze očekávat aktivaci buď některého ze signálních partnerů Pim proteinů (Y), některého z proteinů Pim signální dráhy (X) nebo k aktivaci některé z příbuzných drah vedoucích k lymfomagenezi (Z)

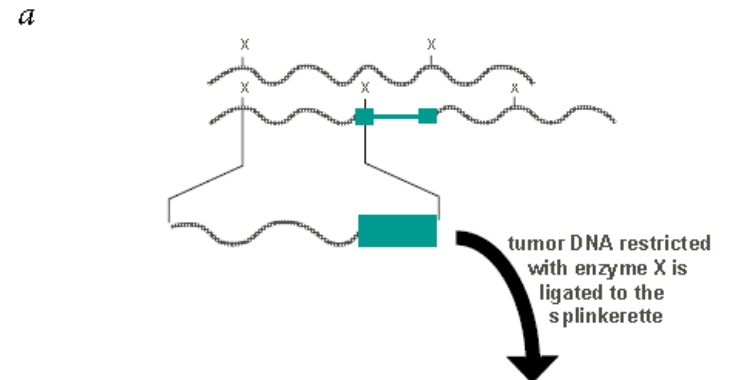


Inzerční mutageneze v přímé genetice

- Izolace genomových oblastí přilehajících k místu inzerce proviru
 - Štěpení genomové DNA a ligace speciálních linkerů, tzv. *splinkerett* (zvýšení specifiity amplifikace)



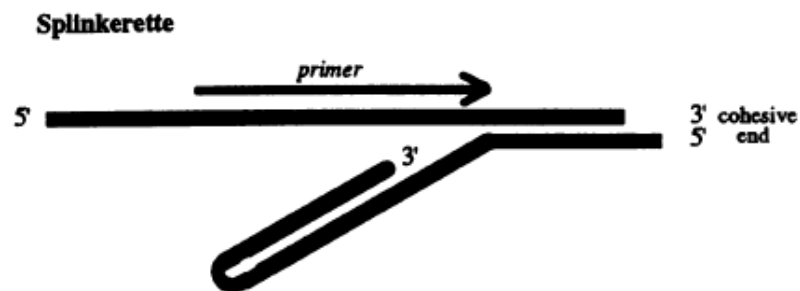
Devon et al., Nucl Acid Res (1994)



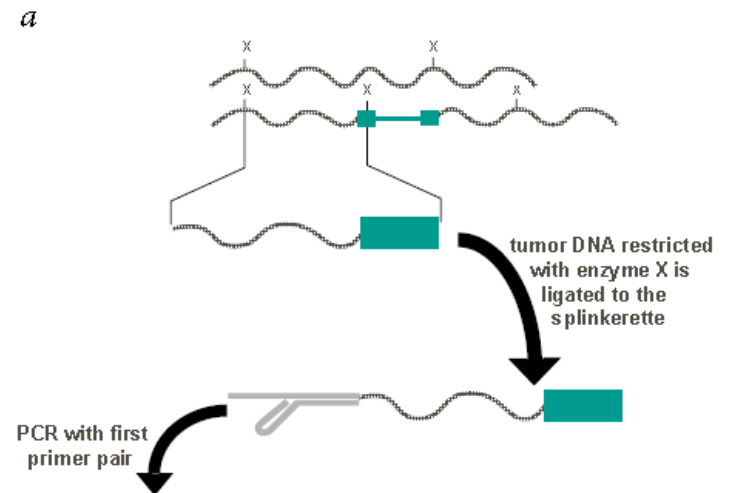
Mikkers et al., Nature Gen (2002)

Inzerční mutageneze v přímé genetice

- Izolace genomových oblastí přilhajících k místu inzerce proviru
 - První amplifikace pomocí specifických primerů



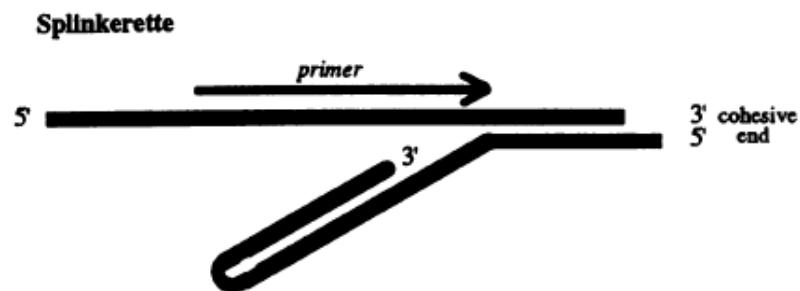
Devon et al., Nucl Acid Res (1994)



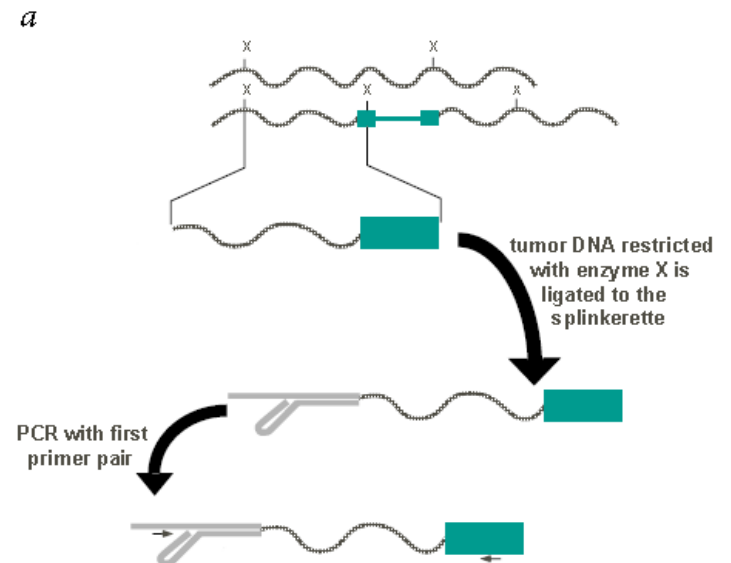
Mikkers et al., Nature Gen (2002)

Inzerční mutageneze v přímé genetice

- Izolace genomových oblastí přilhajících k místu inzerce proviru
 - Druhá amplifikace pomocí „nested“ primerů (zvýšení specifity)



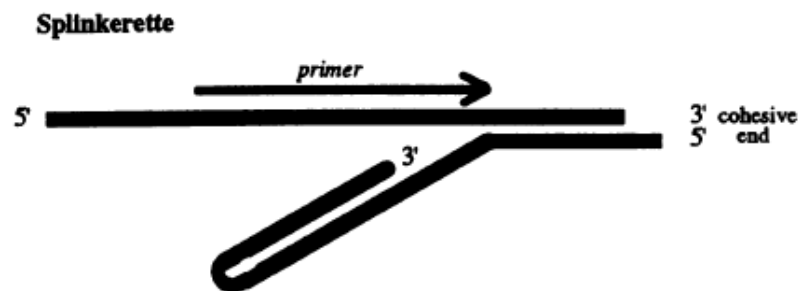
Devon et al., Nucl Acid Res (1994)



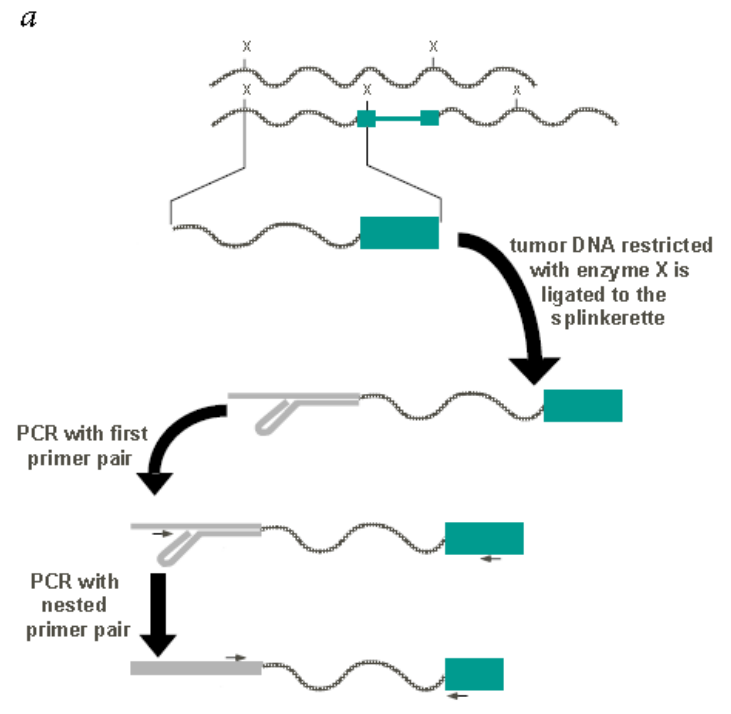
Mikkers et al., Nature Gen (2002)

Inzerční mutagenese v přímé genetice

- Izolace genomových oblastí přiléhajících k místu inzerce proviru
 - Sekvence a lokalizace oblastí přiléhajících k protovirus vyhledáváním v anotovaných databázích myšního genomu



Devon et al., Nucl Acid Res (1994)



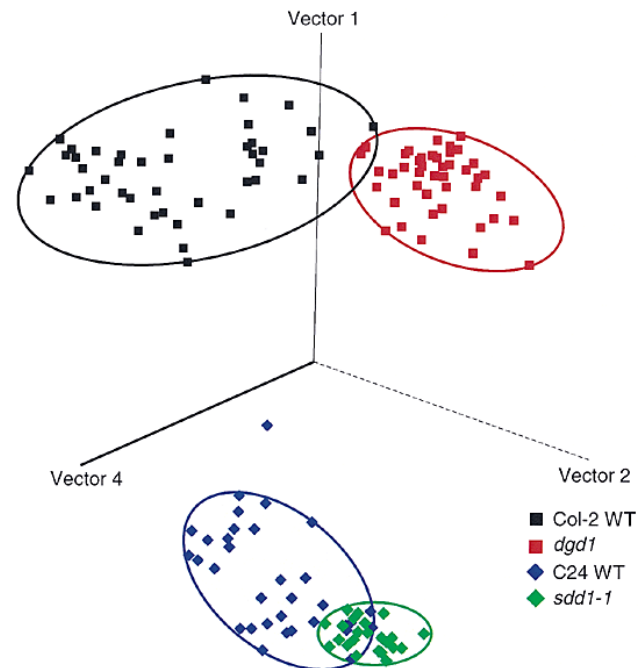
Mikkers et al., Nature Gen (2002)

Osnova

- metabolického profilu

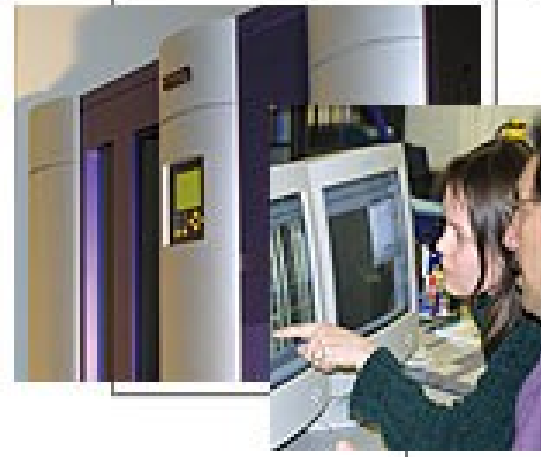
Metabolické profilování

- Metabolické profilování rostlin
 - hromadná a automatizovaná analýza metabolitů (až 25.000) pomocí GC-MS technik v knihovnách T-DNA mutantů
 - identifikace (např. i komerčně) zajímavých mutantů



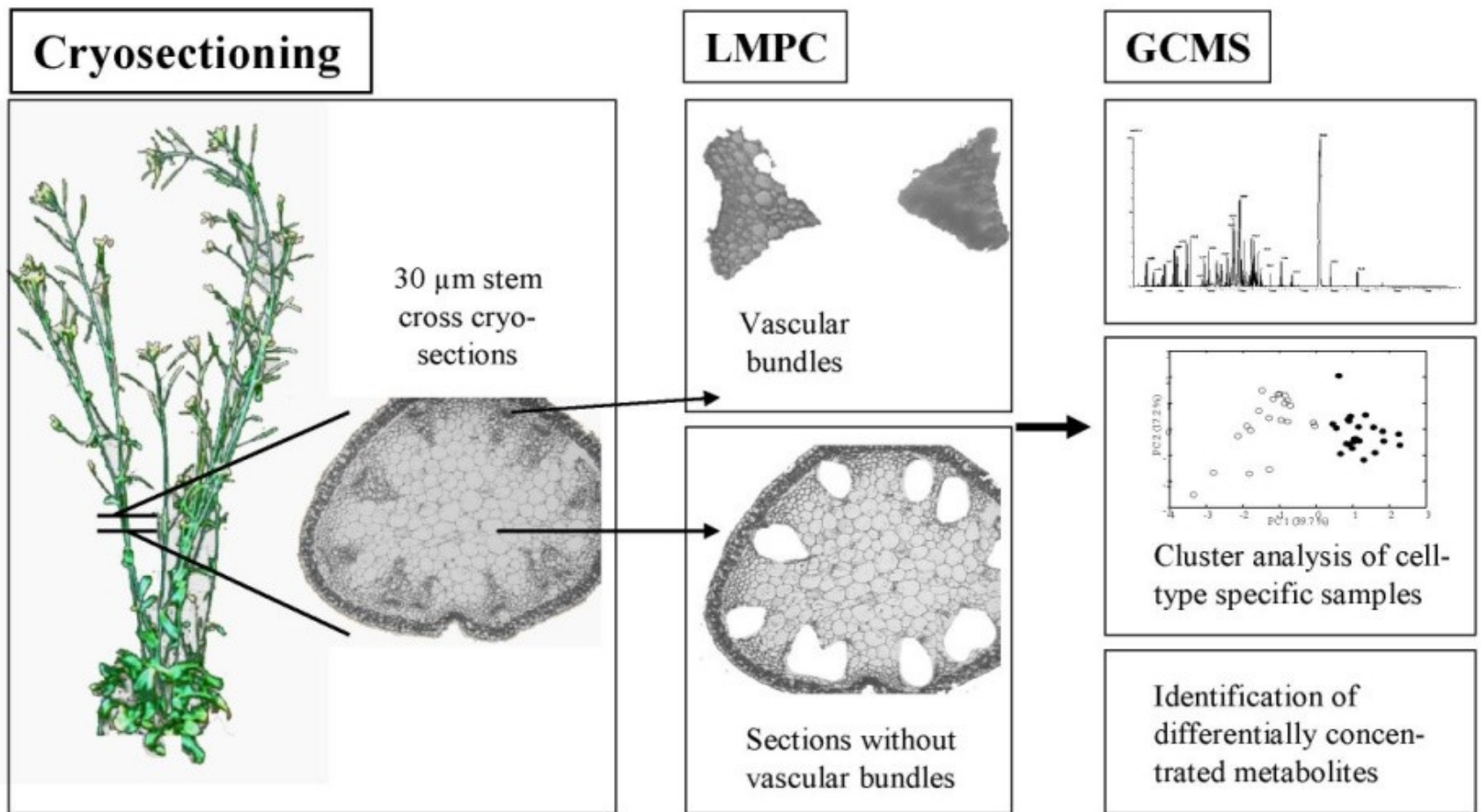
Metabolické profilování

- Metabolické profilování rostlin
 - hromadná a automatizovaná analýza metabolitů (až 25.000) pomocí GC-MS technik v knihovnách T-DNA mutantů
 - identifikace (např. i komerčně) zajímavých mutantů
 - snadná a rychlá izolace genů pomocí identifikace T-DNA zasažených sekvencí



Metabolické profilování

- Metabolické profilování rostlin
 - možnost využít i speciální techniky, např. mikrodisekce

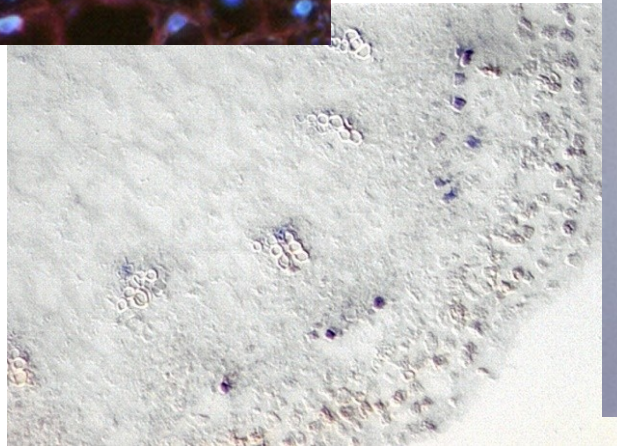
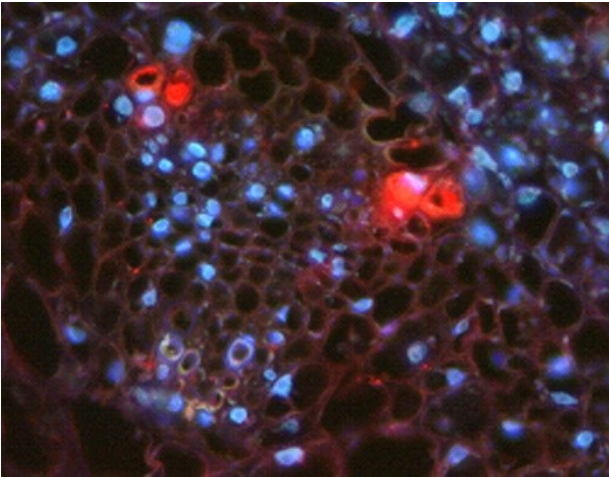


Osnova

- exprese zajímavých genů

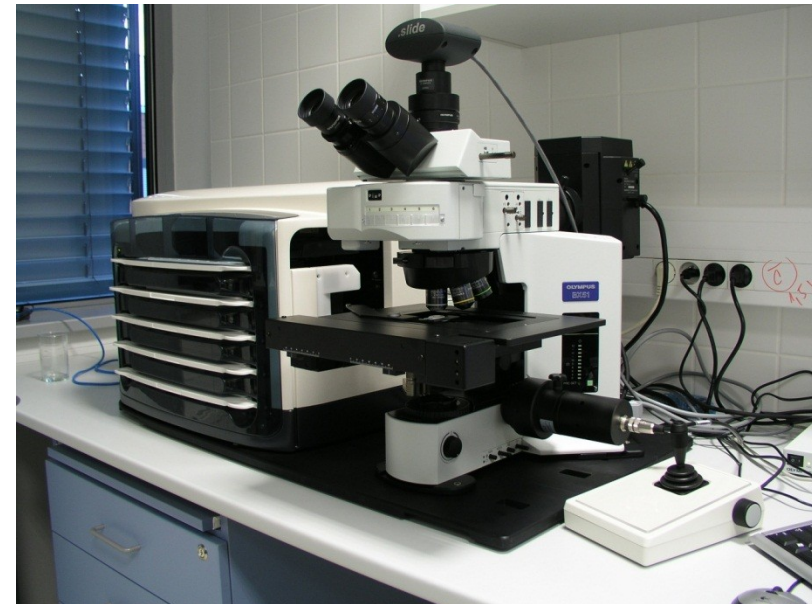
Expresní profil

- Identifikace mutantů se změnou expresního profilu
 - analýza expresního profilu (vzorce) daného genu a identifikace mutantů se změnou exprese

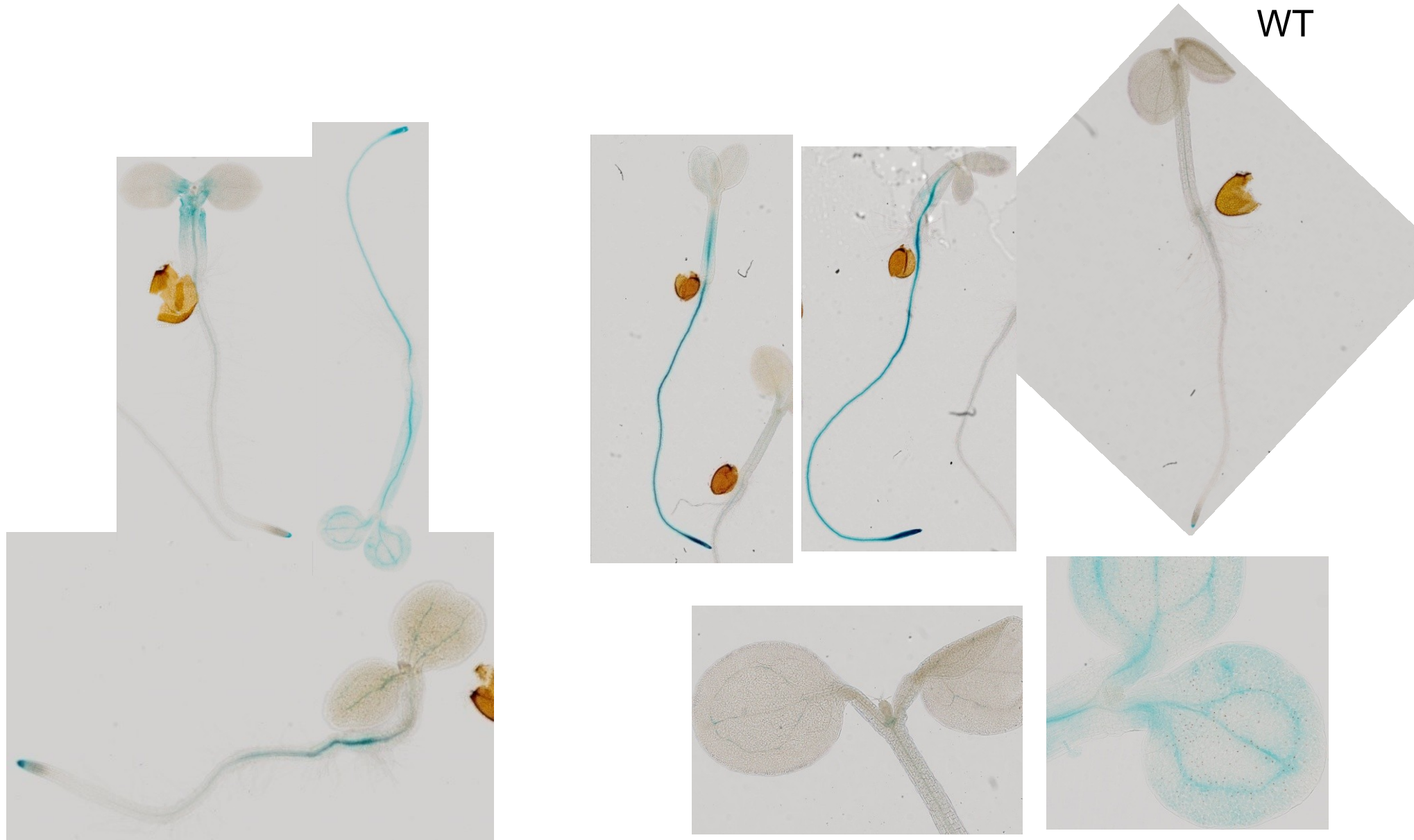


Expresní profil

- Identifikace mutantů se změnou expresního profilu
 - analýza expresního profilu (vzorce) daného genu a identifikace mutantů se změnou exprese
 - možnost částečné automatizace (virtuální digitální mikroskopie)



Expresní profil



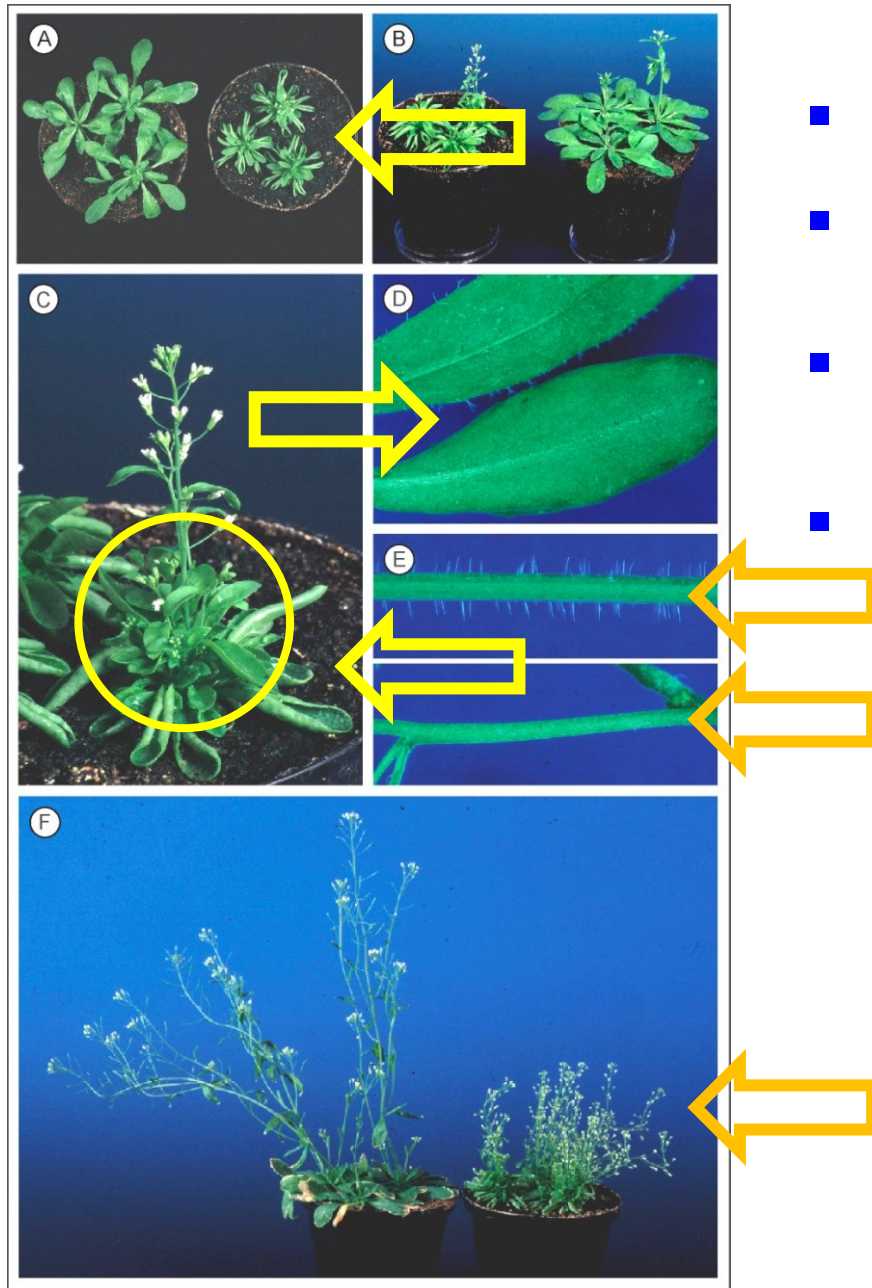
Osnova

- identifikace mutovaného lokusu
 - plasmid rescue
 - iPCR

Identifikace mutovaného lokusu

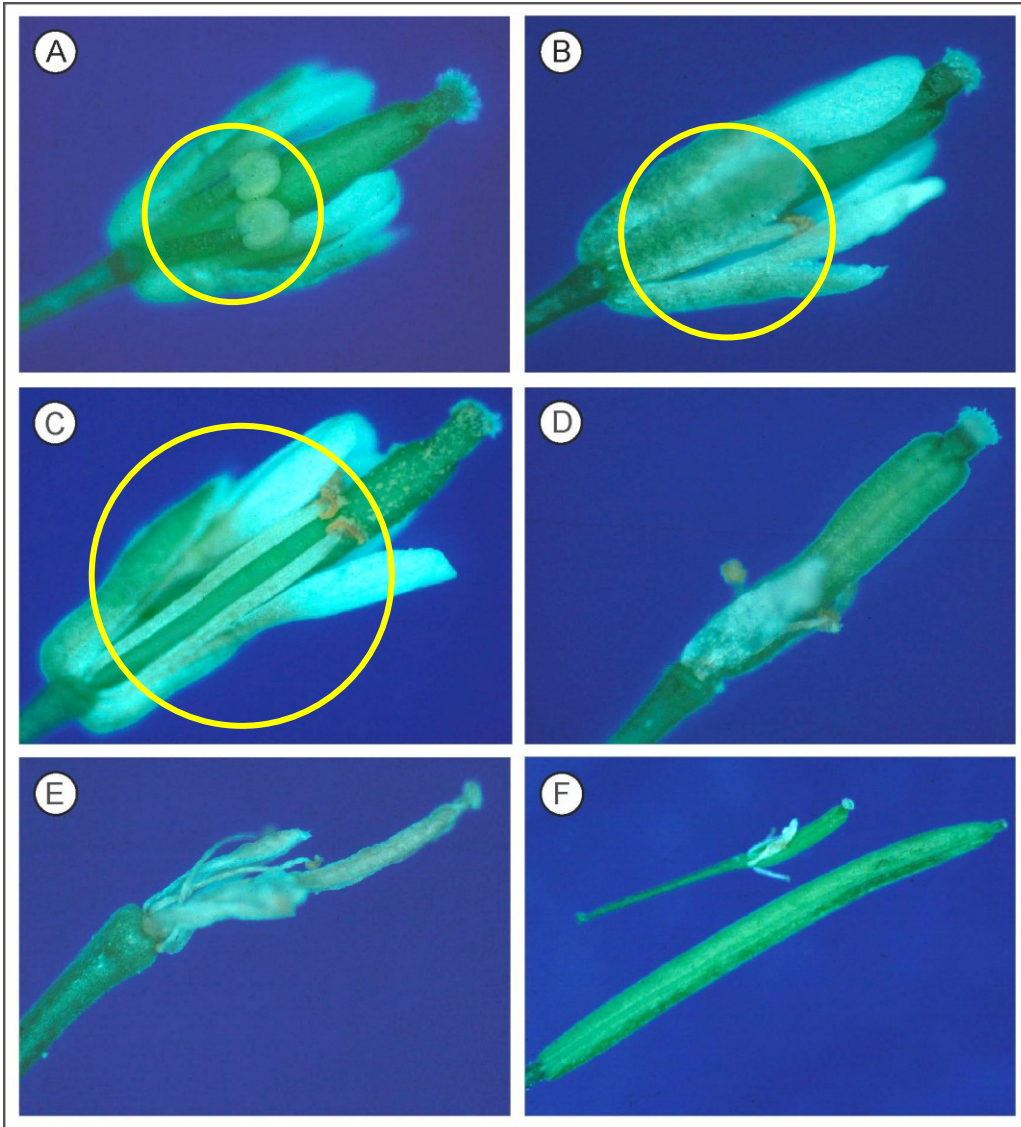
- Identifikace chromozomální přestavby zodpovědné za keříčkovitý fenotyp u *Arabidopsis*
 - popis fenotypu

Identifikace mutanta



- zvlněné listy
- keříčkový fenotyp (poruchy větvení)
- chybějící trychomy na listech a na stonku
- opožděné stárnutí

Identifikace mutanta



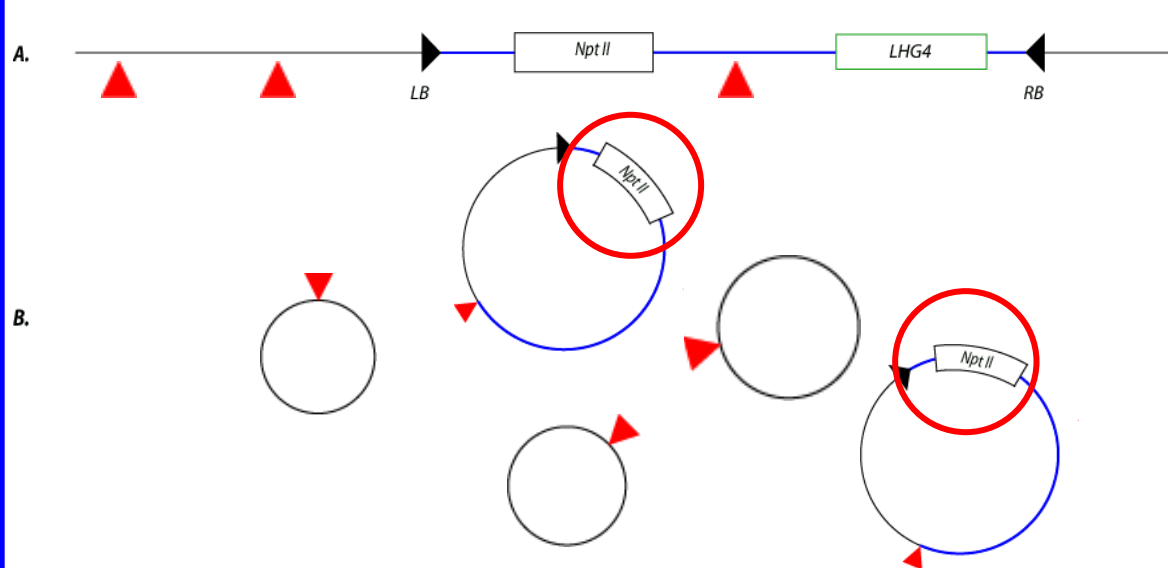
- samčí sterilita, poruchy v prodlužování tyčinek (A,B) (porovnej se standardním typem C)

Identifikace mutovaného lokusu

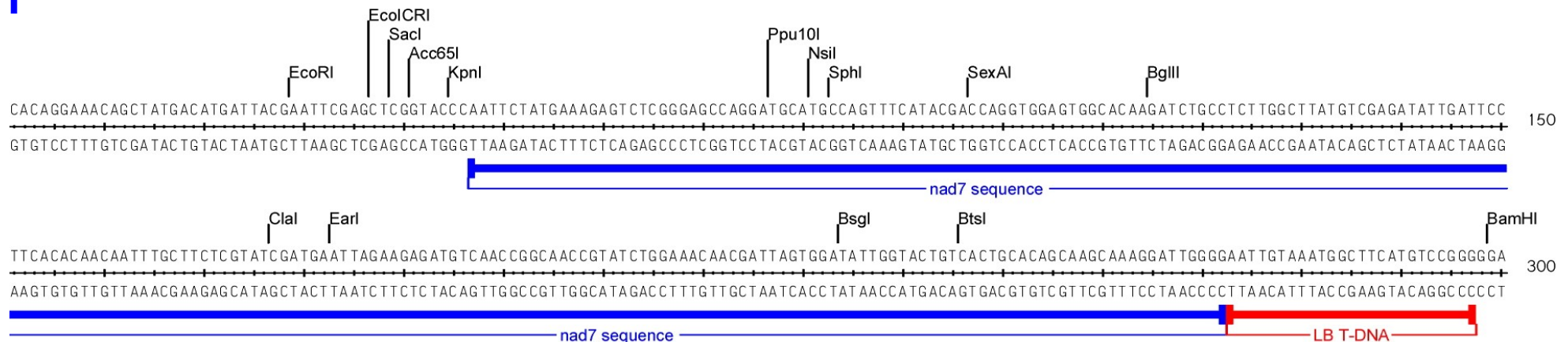
- Identifikace chromozomální přestavby zodpovědné za keříčkovitý fenotyp u *Arabidopsis*
 - popis fenotypu
 - identifikace T-DNA mutované oblasti

Identifikace mutovaného lokusu

1. Identifikace oblasti genomové DNA přiléhající k *levé hranici* pomocí *plasmid rescue*

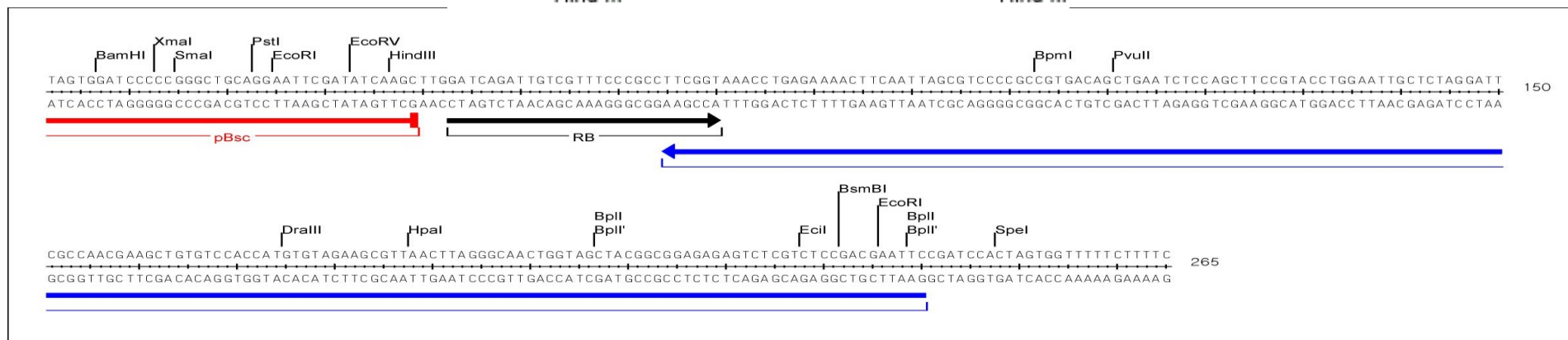
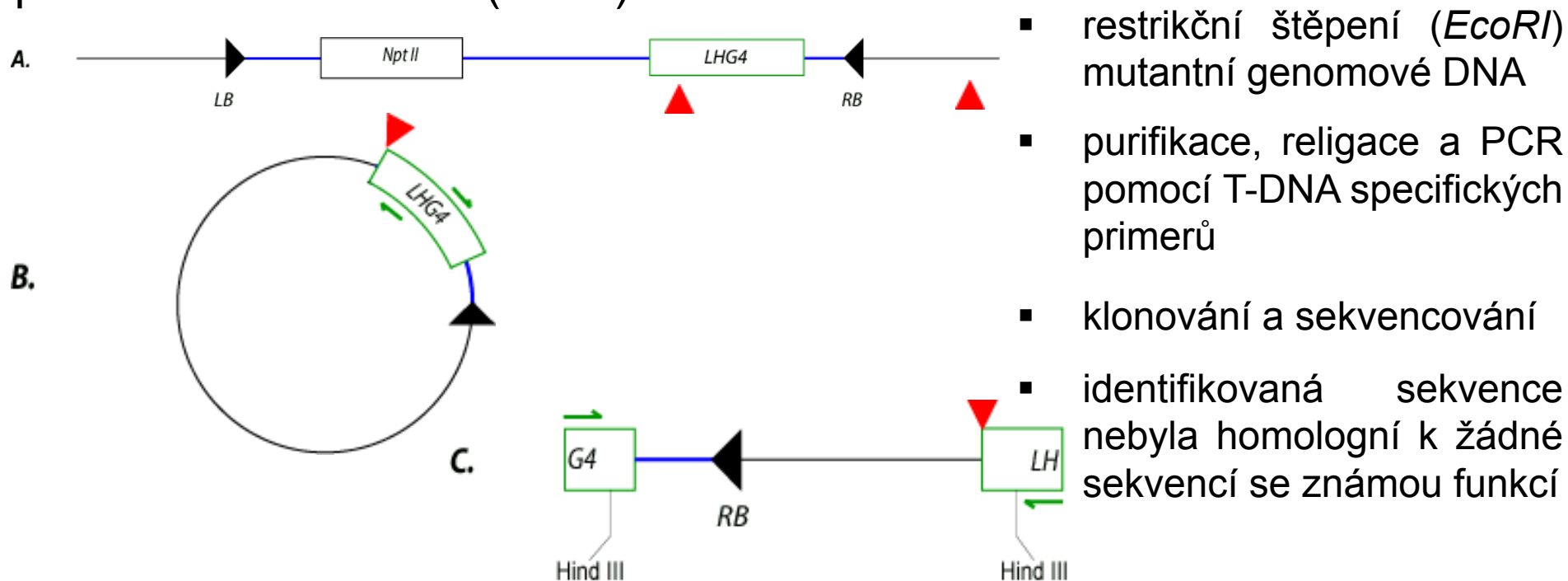


- restriční štěpení (*EcoRI*) mutantní genomové DNA
- religace a transformace *E.coli*
- izolace plazmidové DNA z pozitivně selektovaných klonů
- identifikovaná sekvence byla identická s genem pro NAD7 kódovaným na mtDNA



Identifikace mutovaného lokusu

2. Identifikace oblasti genomové DNA přiléhající k pravé hranici pomocí inverzní PCR (iPCR)

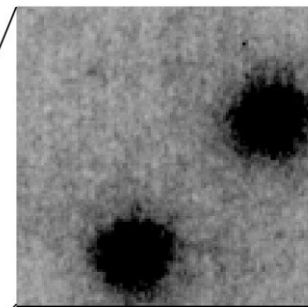
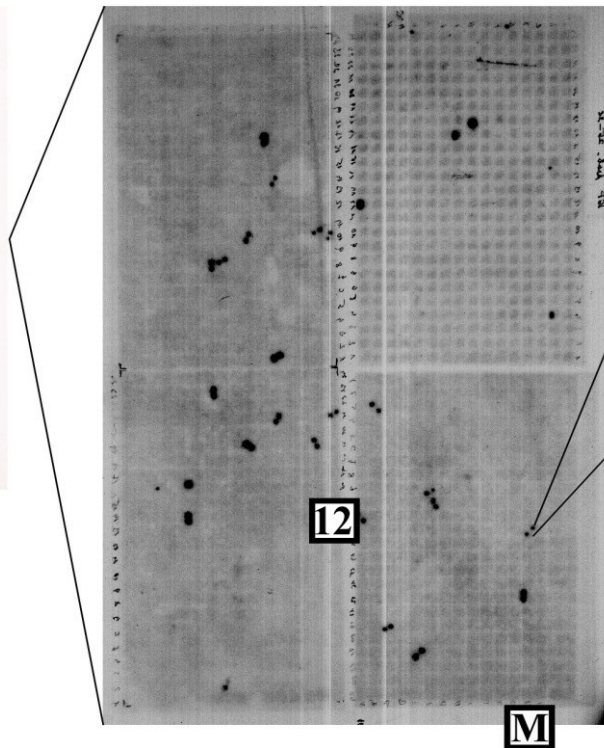


Identifikace mutovaného lokusu

- Identifikace chromozomální přestavby zodpovědné za keříčkovitý fenotyp u *Arabidopsis*
 - popis fenotypu
 - identifikace T-DNA mutované oblasti
 - lokalizace T-DNA inzerce v genomu *Arabidopsis*

Vyhledávání v knihovně IGF-BAC

- genomová knihovna obsahující 10,752 klonů s průměrnou velikostí inzertu 100 kb
- bakteriální klony uspořádané v mikrotitračních deskách
- knihovna nanesena na nylonové filtry pro hybridizaci s radioaktivně značenou sondou



F12M5

2	6	2	3
1	4	7	5
7	8	3	6
1	5	4	8

Mapování pomocí IGF-BAC databáze

I. Sekvence přiléhající k levé hranici T-DNA

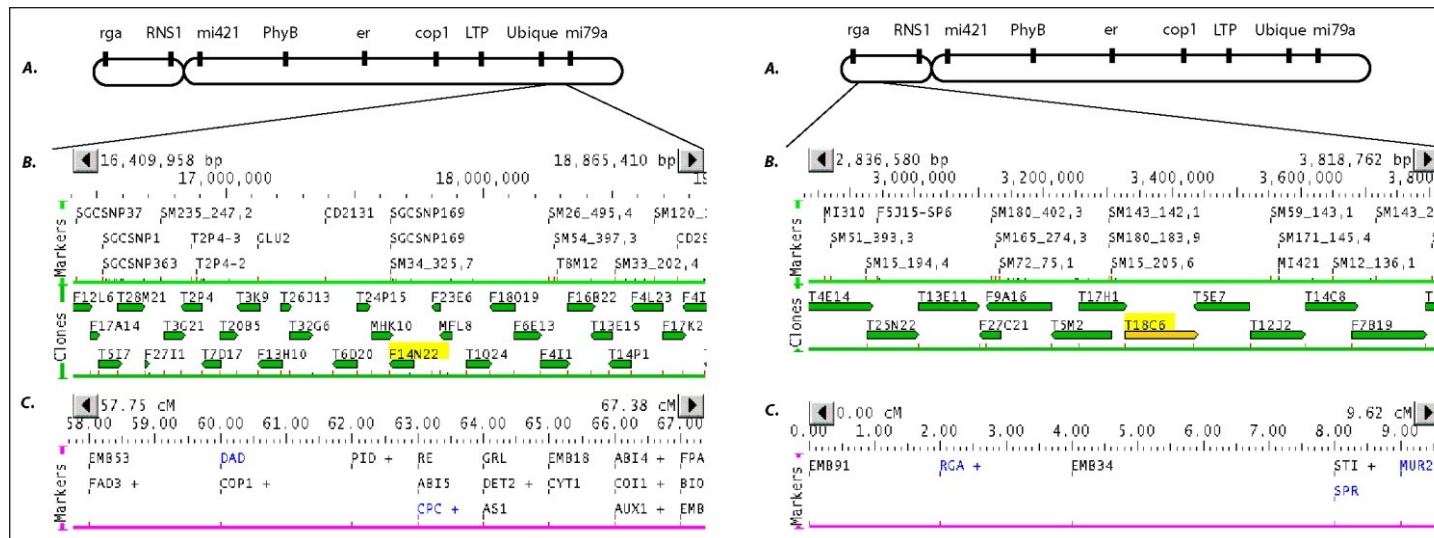
- celkem 28 pozitivně hybridizujících klonů
- 19 z nich lokalizováno na chromozomu 2
- 18 s podobností k mtDNA

II. Sekvence přiléhající k pravé hranici T-DNA

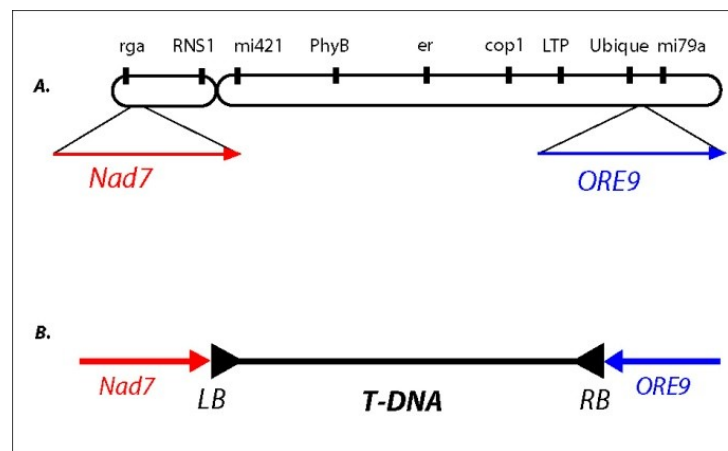
- celkem 6 pozitivně hybridizujících klonů
- všechny lokalizovány na chromozomu 2

Lokalizace genomové T-DNA přiléhající k levé i pravé hranici T-DNA na chromozomu 2

Sekvence přiléhající k *pravé* a *levé* hranici T-DNA



- pravděpodobně došlo k inverzi téměř celého chromozómu 2



Osnova



- Využití knihoven bodových mutantů v přímé genetice
 - poziční klonování

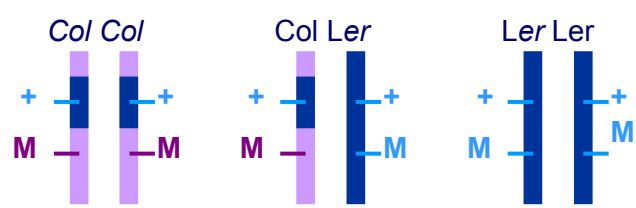
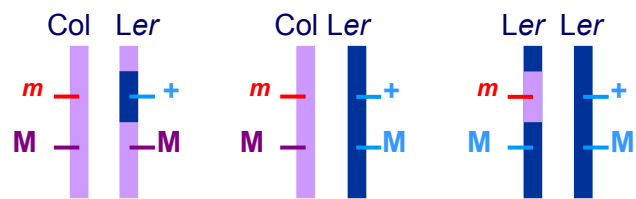
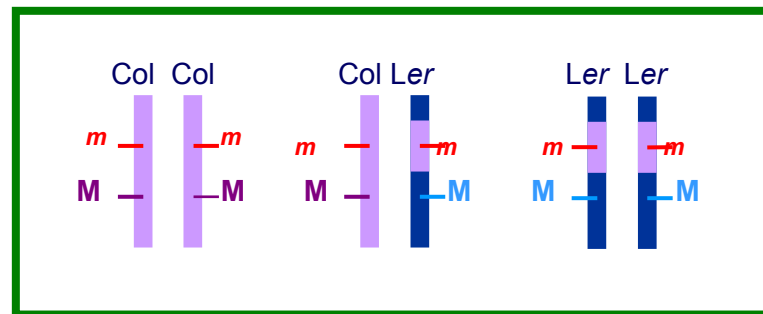
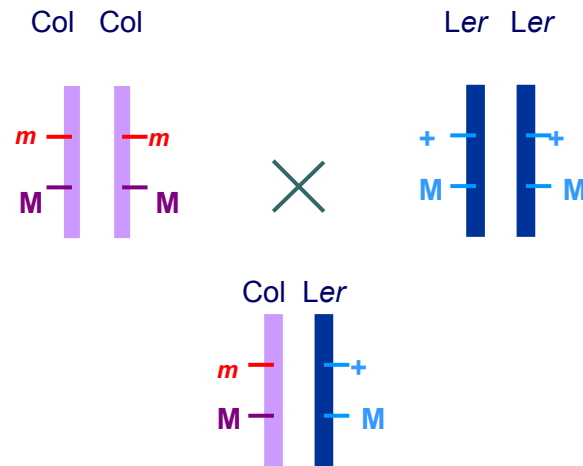
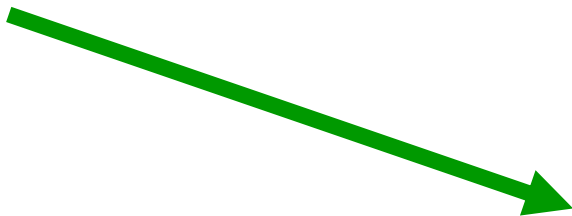
Identifikace mutovaného lokusu

■ Poziční klonování

- podstatou je kosegregační analýza segregující populace (většinou potomstva informativního zpětného křížení) s molekulárními markery
- **SSLP** (Simple Sequence Length Polymorphism)
 - polymorfismus délky genomu (PCR produktů) amplifikovaného pomocí specifických primerů
- **RFLP** (Restriction Fragment Length Polymorphism)
 - polymorfismus délky restričních fragmentů úseků genomu, detekce pomocí Southern blotu (PCR po naštěpení genomové DNA a ligaci adaptorů)
- **CAPS** (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence)
 - polymorfismus délky restričních fragmentů úseků genomu amplifikovaných pomocí PCR
- **RAPD** (Randomly Amplified Polymorphic DNA)
 - polymorfismus délky náhodně (pomocí krátkých primerů, 8-10 bp) amplifikovaných úseků genomu
- **AFLP** (Amplified Fragment Length Polymorphism)
 - polymorfismus délky fragmentů genomu (PCR po naštěpení genomové DNA a ligaci adaptorů)

Identifikace mutovaného lokusu

Příprava mapovací populace

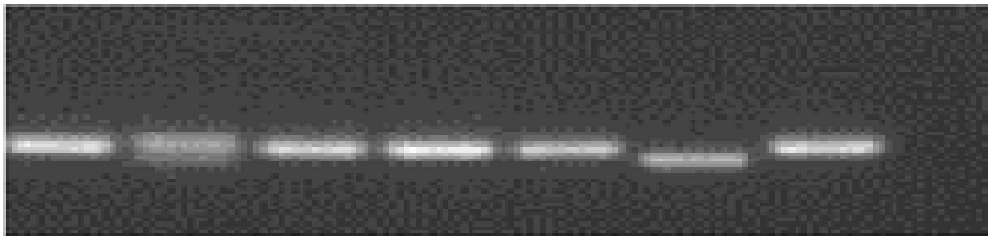


Rekombinantní analýza – určení procenta rekombinace mezi mutací a molekulárním markerem

$$r [\%] = \frac{\text{počet chomozomů Col}}{\text{počet všech chromozomů}} \times 100$$

F2 mutanti

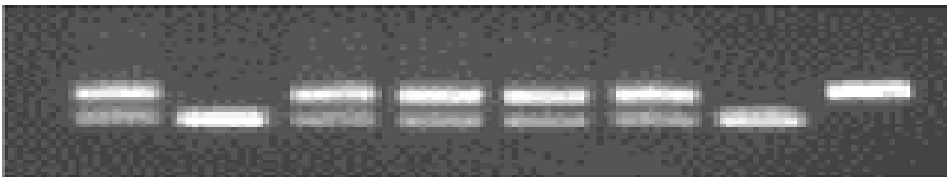
Ler Col



marker I – ve vazbě
5 mutantů
 $1/10 \times 100 = 10\%$

F2 mutanti

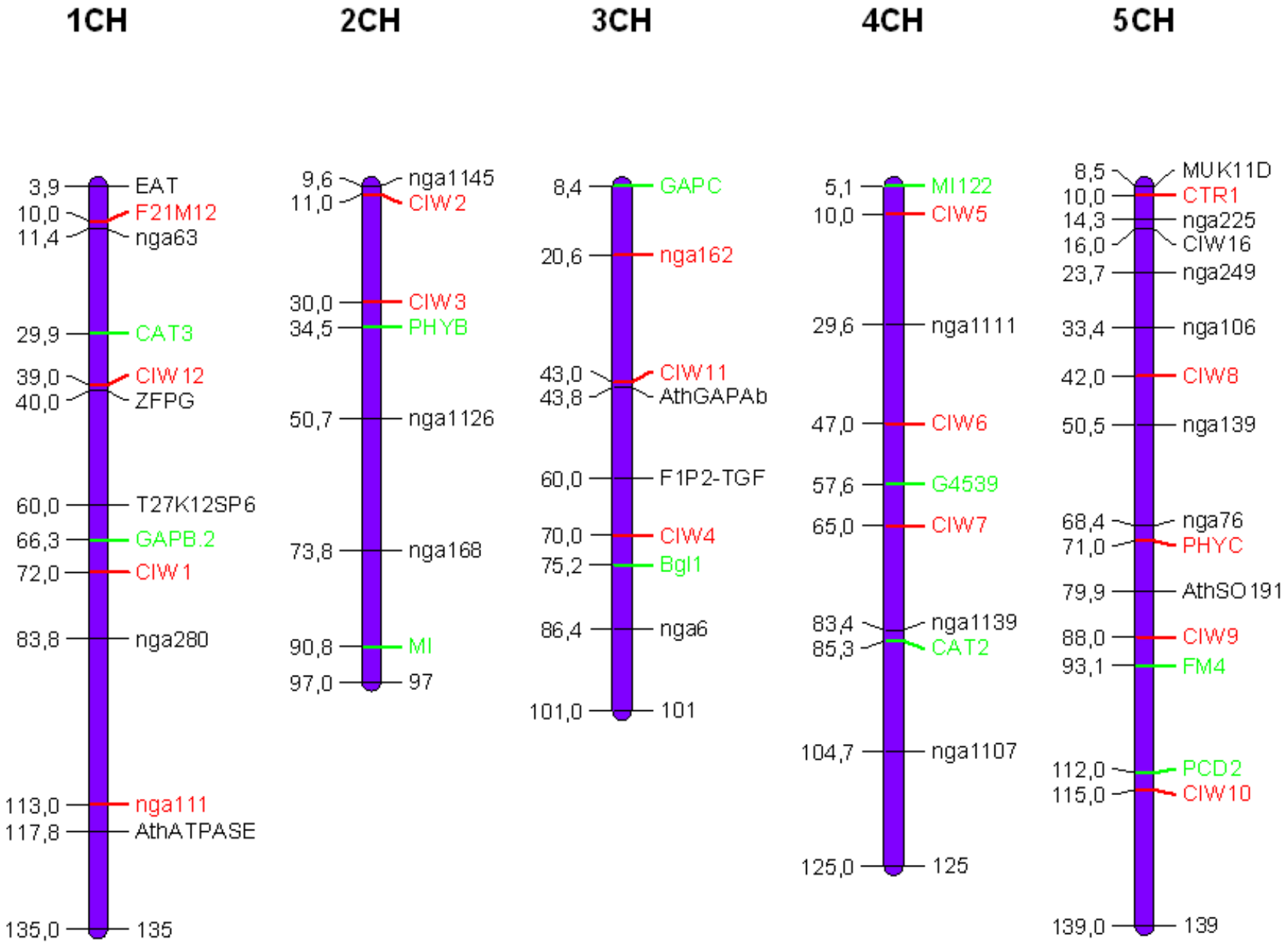
Ler Col



marker II - žádná vazba
6 mutantů
 $7/12 \times 100 = 58\%$

- Analýza cca 2000 mutantních linií
- Určení nejbližšího (ještě) segregujícího markeru
- Identifikace mutace pomocí sekvenování

Mapa DNA molekulárních markerů




Markery pro jemné mapování

- AGI Map
- Lister & Dean RI
- Classical
- mi-RFLP
- Goodman
- GoodmanBAC
- TIGR
- Finkelstein
- Altmann

Maps for Chromosome 2

for all Maps: [Search Options:](#)

 [?](#)

[MapViewer Home](#)

[Release Note](#)

[View Print-Version](#)

AGI Map

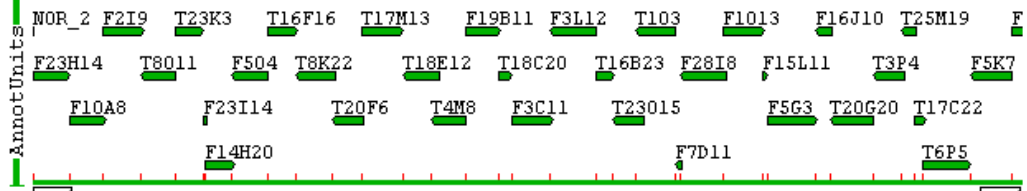
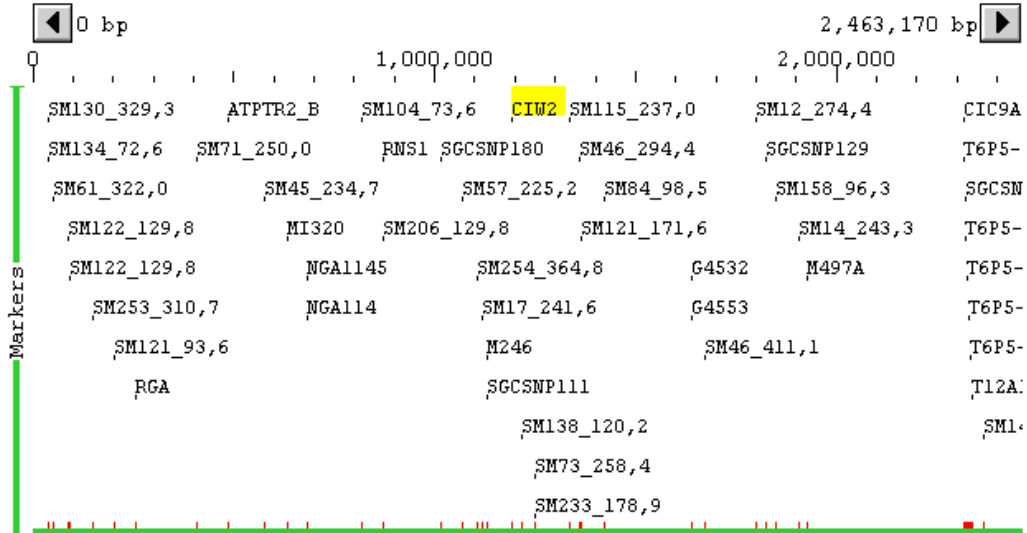
[Zoom to:](#)

Zoom up to 200x to see genes!

Search by name (e.g. UFO)

Select range (e.g. 1500-2000)

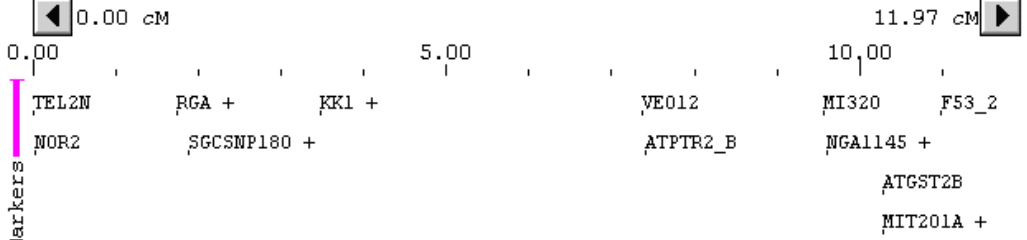
[AGI Map color key](#)



Lister & Dean RI

[Zoom to:](#)

Search by name (e.g. UFO)



Shrnutí

- Přímá vs. reverzní genetika
- Využití knihoven inzerčních mutantů v postupech přímé genetiky
 - vyhledávání v knihovnách inzerčních mutantů podle
 - anatomicky nebo morfologicky detekovatelného fenotypu
 - metabolického profilu
 - exprese zajímavých genů
 - identifikace mutovaného lokusu
 - plasmid rescue
 - iPCR
- Využití knihoven bodových mutantů v přímé genetice
 - poziční klonování

Diskuse



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky