

VÝZNAM MUTAGENEZE U BAKTERIÍ

- Vyhledání genu a stanovení jeho funkce
- praktické využití modifikovaných kmenů (biotechnologie)
- příprava vakcín

- **Výhody mikroorganismů při mutagenezi**
 - vysoká přirozená variabilita
 - haploidní genom (malá velikost)
 - velký počet potomstva za krátkou dobu
 - snadný přenos genů
 - snadná selekce

- **Způsoby mutageneze**
 - **klasická mutageneze (chemomutageny, fyzikální faktory)**
 - transpozonová mutageneze (biologické mutageny)
 - mutátorové kmeny (mutace v reparačních mechanismech)
 - mutageneze *in vitro*
 - *CRISPR/Cas*

NOMENKLATURA

- **Genotyp:** třípísmenový kód (zkratka) psaný kurzívou
- **Gen** je označen zkratkou *trpA*, alely *trpA1*
 - a) **Standardní alely** se označují znaménkem +, např. *trp+*
 - b) **Mutantní alely** se označují znaménkem -, např. *trp-*
- **Fenotyp:** Velké písmeno na začátku ne kurzívou, např. Trp. Standardní fenotyp se označí +, např. Trp+, mutantní -. Symbol není vždy totožný s označením genotypu. Např. fenotyp Nif- může mít podstatu v *nifX-* nebo *nodX-* (různé geny).
- **Rezistence:** r (R), s (S), uváděné jako exponenty (**Tet^R**)
 - delece = Δ
 - inzerce = $::$
 - plazmid, profág = *E. coli* (RP4, ϕ 80)

TcR x TetR

ZÁKLADNÍ TYPY MUTACÍ U BAKTÉRIÍ

- se změnou v morfologii kolonií
- se změnou citlivosti (k antibiotikům, toxickým látkám, záření, fágům aj.)
- v požadavcích na růstové faktory (auxotrofní)
- se změnou v produkci látek (např. pigmentů)
- supresorsenzitivní (citlivé k supresorům)
- supresorové (vedoucí ke vzniku supresorů)
- ovlivňující reparační a rekombinační schopnosti
- vedoucí ke vzniku mutátorových kmenů
- se změnou citlivosti k teplotě – vysoké nebo nízké (teplotně senzitivní)

Mutace letální x kondicionálně (podmíněně) letální

Typ mutace	Podstata změny	Detekce mutant
Ztráta pohyblivosti	Ztráta bičíku, nefunkční bičík	Kompaktní kolonie namísto plochých
Ztráta kapsuly	Ztráta nebo modifikace povrchových kapsulárních struktur	Malé drsné kolonie namísto velkých a hladkých kolonií
Drsné kolonie	Ztráta nebo změna lipopolysacharidové vnější vrstvy	Nepravidelné granulární kolonie namísto hladkých lesklých kolonií
Změna ve výživě	Ztráta enzymu biosyntetické dráhy	Neschopnost růstu na mediu postrádajícím daný růstový faktor
Zkvašování cukrů	Ztráta enzymu katabolické dráhy	Nedochází ke změně barvy v mediu obsahujícím cukr a pH indikátor
Rezistence k antibiotiku	Zábrana vstupu do buňky, změna cílové molekuly (složky ribozomu), detoxikace antibiotika	Růst na mediu obsahujícím inhibiční koncentraci antibiotika
Rezistence k fágu	Ztráta receptoru	Růst v přítomnosti fága
Citlivost k teplotě	Změna struktury esenciálního proteinu	Neschopnost růstu při zvýšené teplotě
Citlivost k chladu	Změna struktury esenciálního proteinu	Neschopnost růstu při nízké teplotě

Table 16. Genotypes of Frequently Used Bacterial Strains.

Strain	Genotype
C600 (1)	F ⁻ , <i>thi-1</i> , <i>thr-1</i> , <i>leuB6</i> , <i>lacY1</i> , <i>tonA21</i> , <i>supE44</i> , λ ⁻
C600Hfl (1)	F ⁻ , <i>thi-1</i> , <i>thr-1</i> , <i>leuB6</i> , <i>lacY1</i> , <i>tonA21</i> , <i>supE44</i> , λ ⁻ , <i>hflA150</i> , [<i>chr:Tn10</i>]
DH1 (2)	F ⁻ , <i>recA1</i> , <i>endA1</i> , <i>gyrA96</i> , <i>thi-1</i> , <i>hsdR17</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁺</i>), <i>supE44</i> , <i>relA1</i> ⁻ , λ ⁻
DH5α	F ⁻ , φ80d, <i>lacZΔM15</i> , <i>endA1</i> , <i>recA1</i> , <i>hsdR17</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁺</i>), <i>supE44</i> , <i>thi-1</i> , <i>d⁻</i> , <i>gyrA96</i> , Δ(<i>lacZYA-argF</i>), U169
DH5αF'	φ80d, <i>lacZΔM15</i> , <i>endA1</i> , <i>recA1</i> , <i>hsdR17</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁻</i>), <i>supE44</i> , <i>thi-1</i> , <i>d⁻</i> , <i>gyrA96</i> , Δ(<i>lacZYA-argF</i>), U169
HB101 (3)	F ⁻ , <i>hsdS20</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁻</i>), <i>supE44</i> , <i>recA13</i> , <i>ara14</i> , <i>proA2</i> , <i>rpsL20</i> (<i>str^r</i>), <i>xyl-5</i> , <i>mlt-5</i> , <i>supE44</i> , λ ⁻
JM83 (4)	<i>ara</i> , Δ(<i>lac-proAB</i>), <i>rpsL</i> , φ80, <i>lacZΔM15</i>
JM101 (4)	<i>thi</i> , Δ(<i>lac-proAB</i>), [F', <i>traD36</i> , <i>proAB</i> , <i>lacI^qZΔM15</i>]
JM103 (2)	<i>endA1</i> , <i>hsdR</i> , <i>supE</i> , <i>sbcb15</i> , <i>thi-1</i> , <i>strA</i> , Δ(<i>lac-pro</i>), [F', <i>traD36</i> , <i>proAB</i> , <i>lacI^qZΔM15</i>]
JM105 (4)	<i>endA1</i> , <i>thi</i> , <i>rpsL</i> , <i>sbcb15</i> , <i>hsdR4</i> , Δ(<i>lac-pro</i>), [F', <i>traD36</i> , <i>proAB</i> , <i>lacI^qZΔM15</i>]
JM107 (4)	<i>endA1</i> , <i>thi</i> , <i>syrA96</i> , <i>hsd17</i> , λ ⁻ , <i>relA1</i> , <i>supE44</i> , Δ(<i>lac-pro</i>), [F', <i>traD36</i> , <i>proAB</i> , <i>lacI^qZΔM15</i>]
JM108 (4)	<i>endA1</i> , <i>recA1</i> , <i>syrA96</i> , <i>thi</i> , <i>hsdR17</i> , <i>relA1</i> , <i>supE44</i> , Δ(<i>lac-pro</i>)
JM109 (4)	<i>endA1</i> , <i>recA1</i> , <i>syrA96</i> , <i>thi</i> , <i>hsdR17</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁺</i>), <i>relA1</i> , <i>supE44</i> , λ ⁻ , Δ(<i>lac-proAB</i>), [F', <i>traD36</i> , <i>proAB</i> , <i>lacI^qZΔM15</i>]
JM109 (DE3) (4)	<i>endA1</i> , <i>recA1</i> , <i>syrA96</i> , <i>thi</i> , <i>hsdR17</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁺</i>), <i>relA1</i> , <i>supE44</i> , Δ(<i>lac-proAB</i>), [F', <i>traD36</i> , <i>proAB</i> , <i>lacI^qZΔM15</i>], λ(DE3)
JM110 (4)	<i>rpsL</i> , <i>thr</i> , <i>leu</i> , <i>thi</i> , <i>lacY</i> , <i>galK</i> , <i>galT</i> , <i>ara</i> , <i>tonA</i> , <i>tsx</i> , <i>dam</i> , <i>dcm</i> , <i>supE44</i> , Δ(<i>lac-proAB</i>), [F', <i>traD36</i> , <i>proAB</i> , <i>lacI^qZΔM15</i>]
LE392 (5)	F ⁻ , <i>hsdR574</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁺</i>), <i>supE44</i> , <i>supF58</i> , <i>lacY1</i> , or Δ(<i>lac1ZY</i>)6, <i>galK2</i> , <i>galT22</i> , <i>metB1</i> , <i>trpR55</i> , λ ⁻

Strain	Genotype
KW251	F ⁻ , <i>supE44</i> , <i>galK2</i> , <i>galT22</i> , <i>metB1</i> , <i>hsdR2</i> , <i>mcrB1</i> , <i>mcrA⁻</i> , <i>argA81</i> : Tn10, <i>recD1014</i>
NM522 (6)	<i>supE</i> , <i>thi</i> , Δ(<i>lac-proAB</i>), Δ <i>hsd5</i> (<i>r⁻</i> , <i>m⁻</i>), [F', <i>proAB</i> , <i>lacI^qZΔM15</i>]
NM538 (7)	<i>supF</i> , <i>hsdR</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁺</i>)
NM539 (7)	<i>supF</i> , <i>hsdR</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁺</i>) (P2)
RR1 (3)	F ⁻ , <i>hsdS20</i> (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁻</i>), <i>supE44</i> , <i>ara14</i> , <i>proA2</i> , <i>rpsL20</i> (<i>str</i>), <i>xyl-5</i> , <i>mlt-5</i> , <i>supE44</i> , λ ⁻
X1776 (3)	F ⁻ , <i>tonA53</i> , <i>dapD8</i> , <i>minA1</i> , <i>glnV44</i> , (<i>supE44</i>), Δ(<i>gal-uvrB</i>) 40, λ ⁻ , <i>min82</i> , <i>rfb-2</i> , <i>gyrA25</i> , <i>thyA142</i> , <i>oms-2</i> , <i>metC65</i> , <i>oms-1</i> , (<i>tte-1</i>), Δ(<i>bioH-asd</i>) 29, <i>cyc82</i> , <i>cycA1</i> , <i>hsdA2</i>
Y1088 (8)	Δ(<i>lacU169</i>), <i>supE</i> , <i>supF</i> , <i>hsdR</i> (<i>r⁻</i> , <i>m⁺</i>), <i>metB</i> , <i>troR</i> , <i>tonA21</i> , <i>proC</i> :Tn5 (pMC9)
Y1089 (8)	Δ(<i>lacU169</i>), <i>proA</i> ⁺ , Δ(<i>lon</i>), <i>araD139</i> , <i>strA</i> , <i>hflA150</i> [<i>chr</i> :Tn10], (pMC9)
Y1090 (8)	Δ(<i>lacU169</i>), <i>proA</i> ⁺ , Δ(<i>lon</i>), <i>araD139</i> , <i>strA</i> , <i>supF</i> , [<i>trpC22</i> :Tn10], (pMC9), (<i>r_s⁻</i> , <i>m_s⁺</i>)

References:

- Jendrisak, J., Young, R.A., and Engel, J. (1987) in: *Guide to Molecular Cloning Techniques*, Eds. Berger, S. and Kimmel, A., Academic Press, 359-371.
- Hanahan, D. (1983) *J. Mol. Biol.* **F126B166**, 557-580.
- Maniatis, T., Fritsch, E.F., and Sambrook, J. (1982) in: *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY.
- Yanisch-Perron, C., Viera, J., and Messing, J. (1985) *Gene* **33**, 103-119.
- Murray, N. (1977) *Mol. Gen. Genet.* **150**, 53-58.
- Gough, J. and Murray, N. (1983) *J. Mol. Biol.* **166**, 1-19.
- Frischauf, A., et al. (1983) *J. Mol. Biol.* **170**, 827-842.
- Huynh, T., Young, R.A., and Davis, R. (1985) in: *DNA Cloning Volume 1*, Eds. Glover, D., IRL Press Ltd, 56-110.

Důležité genotypy:

- auxotrofie
- suprese
- restrikce
- lacZ
- přítomnost plazmidů
- přítomnost profágů
- přítomnost Tn a IS
- reparace
- rekombinace
- rezistence k fágům

Table 15. Descriptions of Common Host Mutations.

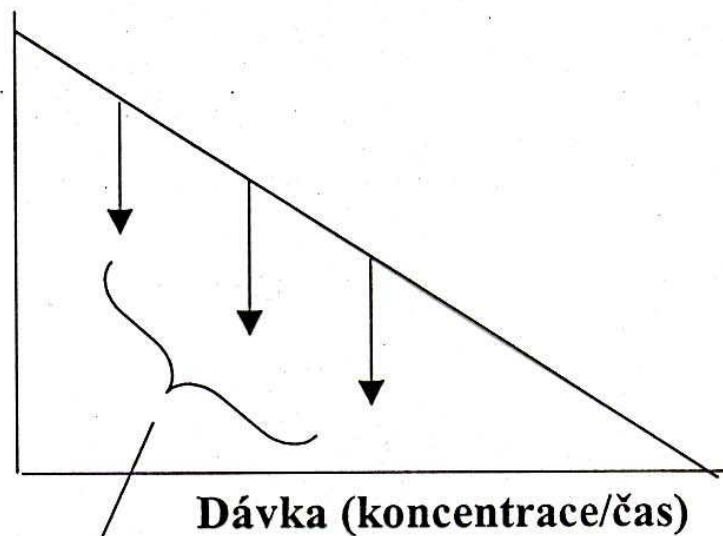
Gene symbol	Mnemonic	Phenotypic trait affected	Gene symbol	Mnemonic	Phenotypic trait affected
<i>araA</i>	Arabinose	L-Arabinose isomerase	<i>recA</i>	Recombination	general recombination, repair of radiation damage and induction of phage lambda
<i>araC</i>	Arabinose	regulatory gene: activator and repressor protein	<i>recB</i> and <i>recC</i>	Recombination	recombination and repair of radiation damage exonucleaseV subunit
<i>dapD</i>	Diaminopimelate	Succinyl-diaminopimelate aminotransferase	<i>recE</i>	Recombination	locus of <i>rac</i> prophage exonuclease VIII
<i>endA</i>		DNA specific endonuclease	<i>recF</i>	Recombination	recombination and repair of radiation damage
<i>galK</i>	Galactose	galactokinase	<i>relA</i>	Relaxed	regulation of RNA synthesis: stringent factor, ATP:GTP 3' pyrophosphotransferase
<i>galU</i>	Galactose	Glucose-1-phosphate uridylyltransferase	<i>rpsL</i>	Ribosomal protein, small	30S ribosomal subunit protein S12
<i>gyrA</i>	Gyrase	subunit A, resistance or sensitivity to nalidixic acid	<i>supB, supC, supG, supL, supM, supN, and supO</i>	Suppressor	suppressors of ochre (UAA) and amber (UAG) mutations
<i>Hfl</i> (1)		λ phages with a normal repressor (<i>cl</i>) gene are inhibited from the lytic cycle. The lysogeny frequency is greatly enhanced	<i>supD, supE, and supF</i>	Suppressor	supressor of amber mutations
<i>hisS</i>	Histidine	Histidyl-tRNA synthetase	<i>thiA</i>	Thiamine	Thiamine thiazole requirement
<i>lacI</i>	Lactose	regulator gene; repressor protein of <i>lac</i> operon	<i>tonA</i>	T-one	outer membrane protein receptor for ferrichrome, colicin M, and phages T1, T5, and ϕ 80
<i>lacY</i>	Lactose	galactoside permease	<i>tonB</i>	T-one	uptake of chelated iron and cyanobalamin
<i>lacZ</i>	Lactose	β -D-galactosidase	<i>xylA</i>	Xylose	D-xylose isomerase
<i>leuA</i>	Leucine	α -Isopropylmalate synthase	Miscellaneous		
<i>leuB</i>	Leucine	β -Isopropylmalate dehydrogenase	F ⁻	host does not contain an episome	
<i>metA</i>	Methionine	homoserine transsuccinylase	F [']	host contains episome with stated features	
<i>metB</i>	Methionine	cystathionine α -synthase	λ ⁻	bacteriophage lambda DNA is not integrated into genome of bacterial host	
<i>mtlA</i>	Mannitol	Mannitol-specific enzyme II of phosphotransferase system	References:		
P2 (2)		λ phages containing the <i>red</i> and <i>gam</i> genes of λ are growth inhibited by P2 lysogens	1. Hoyt, A., (1982) <i>Cell</i> 31 , 565-569.		
<i>proA</i>	Proline	α -glutamyl phosphate reductase	2. Kaiser, K. and Murray, N. in <i>DNA Cloning</i> Vol. 1, Eds. Glover, D., IRL Press Ltd. 1-47.		
<i>proB</i>	Proline	α -glutamyl kinase			

Table IIIA. Mutagens Used for Bacteria

Mutagen	Apparent <i>in vivo</i> specificity	Additional advantages	Disadvantages
2-AP (2-aminopurine)	transitions A:T \rightleftharpoons G:C		in some cases a weak mutagen
5-BU (5-bromouracil)	transitions A:T \rightleftharpoons G:C		must depress normal thymine incorporation; weak mutagen
NH ₂ OH (hydroxylamine)	transitions A:T \rightleftharpoons G:C		in some cases a weak mutagen
Sodium bisulfite	specific transition G:C \rightarrow A:T		weak mutagen
Mutator gene (<i>mutT</i>)	specific transversion A:T \rightarrow C:G	no treatment required	genetic construction required
EMS (ethylmethane sulfonate)	transitions and transversions	powerful mutagen	dangerous to handle
NG (nitrosoguanidine)	transitions and transversions; induces small deletions at low rate	very powerful mutagen	dangerous to handle; frequent secondary mutations
ICR 191	frameshifts; small insertions and deletions	powerful mutagen	compound difficult to obtain
Nitrous acid	transitions and probably transversions; deletions		high amount of killing required for good mutagenesis
UV (ultraviolet radiation)	transitions and probably transversions; deletions; possibly stimulates insertions and chromosomal rearrangements		high amount of killing required for good mutagenesis; certain strains too sensitive
Mu-1 phage <i>a datsi</i> <i>transposon</i>	insertions; some deletions	random induction of non-leaky, polar, non-reverting mutations	
Spontaneous (no mutagen)	transitions; transversions; insertions; deletions (frameshifts)	wide spectrum of mutations; no complications due to secondary mutations	low level of mutants; many siblings in each culture

Stanovení křivky přežití bakteriálních buněk po působení mutagenu

Počet
buněk



Stanovení počtu mutant v jednotlivých intervalech působení mutagenu

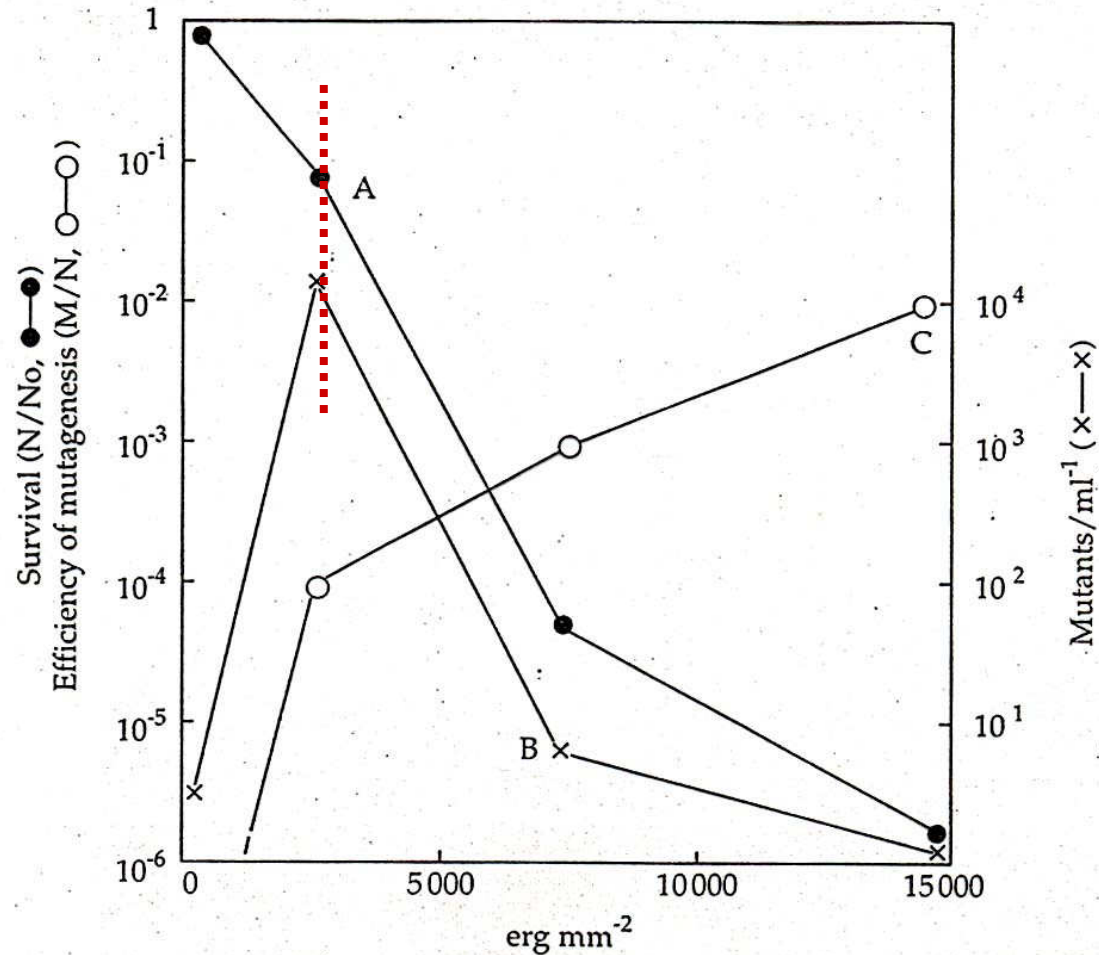
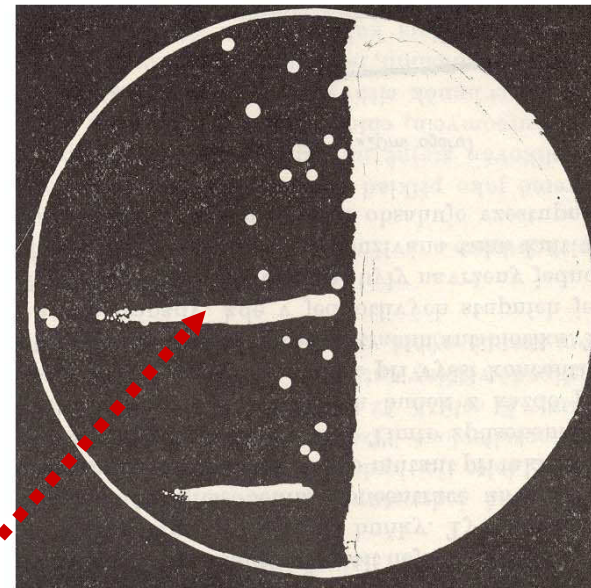
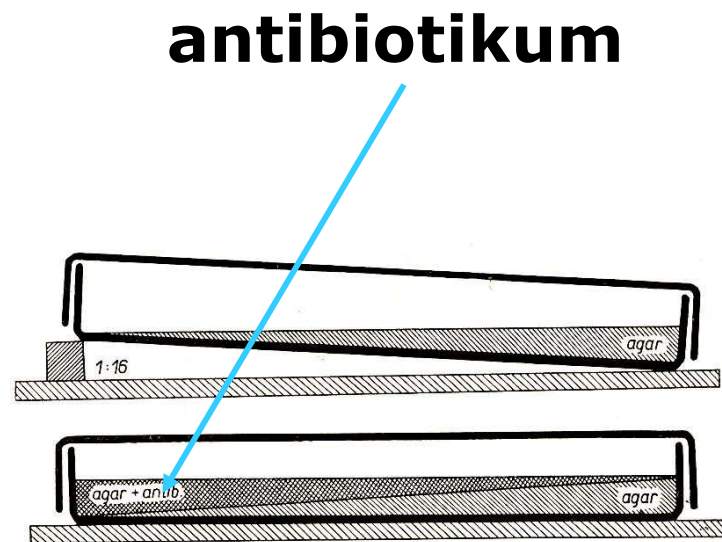


Fig. 7.5 A dose-response curve after treatment by a mutagen. A suspension of the cyanobacterium *Synechocystis* PCC6714 was irradiated with UV light for increasing doses (i.e. increasing lengths of time). Aliquots were then plated on normal medium (measure of survival, curve A) and on the same medium complemented with pF-phenylalanine, a toxic analogue of phenylalanine, to determine the induction of pF-phenylalanine resistant mutants. These are expressed as their concentration (/unit volume) in each sample (curve B) and in proportion of total viable cells in each sample (curve C). (After Astier *et al.*, 1979) N, N₀ = viable cells; M = mutants.

POSTUPY PŘI IZOLACI MUTANT

- **Skríning** (vyhledání mutant na základě pozorovatelné změny fenotypu: Růst na indikátorových mediích (utilizace cukrů – tvorba kyselin - změna pH – změna barvy) – podobně jako při odlišování druhů)
- **Obohacování** (zvyšování počtu mutant)
 - penicilinová metoda.
 - inkorporace radioaktivního prekursoru (radioaktivní sebevražda)
 - 5-BU + UV
- **Selekce** (růst za podmínek, při nichž roste jen mutanta, buňky standardního typu nepřežívají nebo nerostou /**pozitivní (přímá) selekce**/, nebo nerostou mutanty, ale buňky standardního typu ano /**negativní (nepřímá) selekce**/ - např. rezistence/citlivost k vnějším faktorům)
- **Replikování (razítkování)** (přenos kolonií na medium s odlišným složením: chybění živin n. růstových faktorů, přítomnost inhibitorů růstu (aminokyseliny, antibiotika, bakteriofágy, aj))

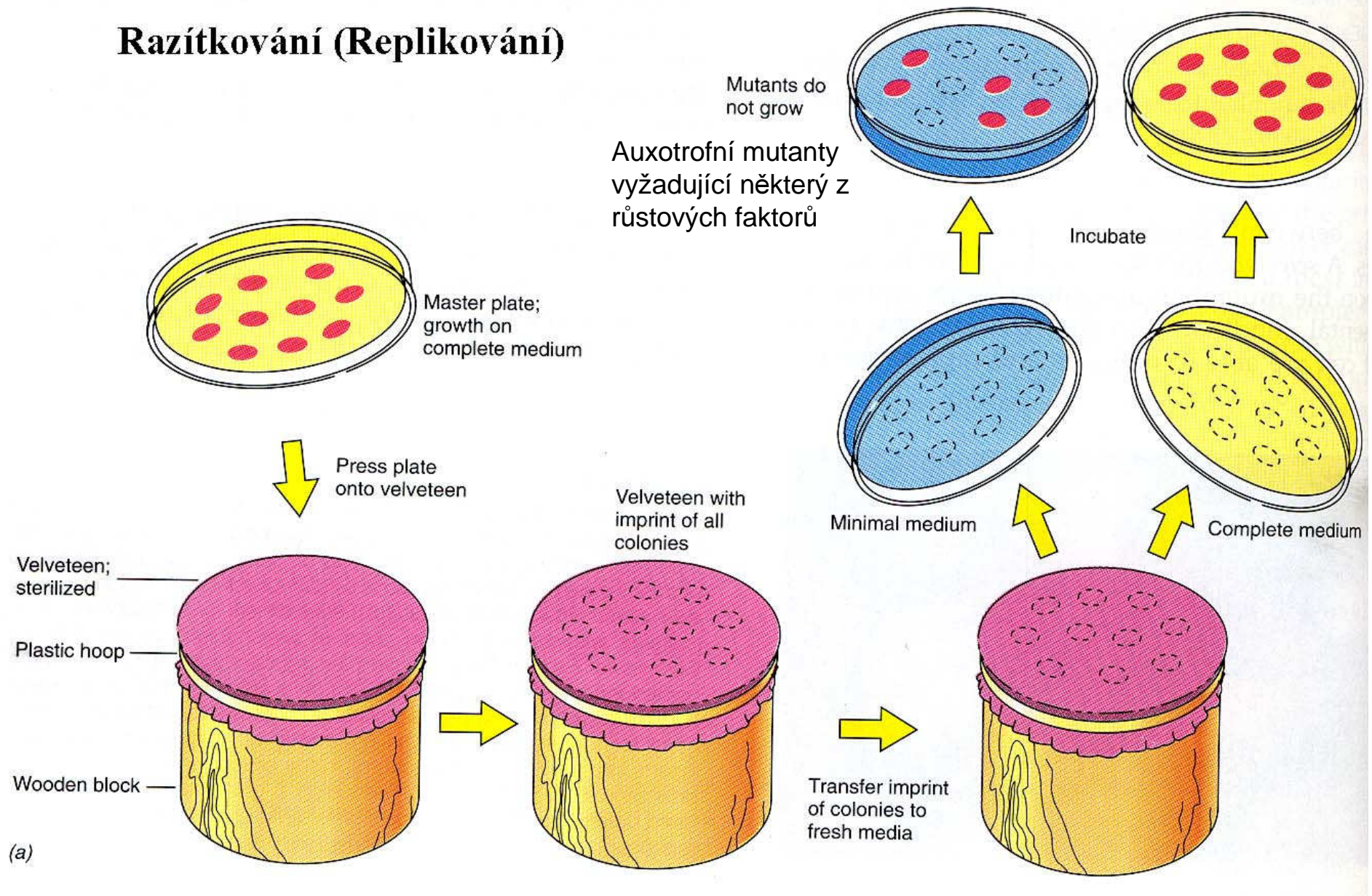
IZOLACE MUTANT REZISTENTNÍCH K ANTIBIOTIKU NA GRADIENTNÍCH PLOTNÁCH



Izolace vícečetných mutant



Razítkování (Replikování)

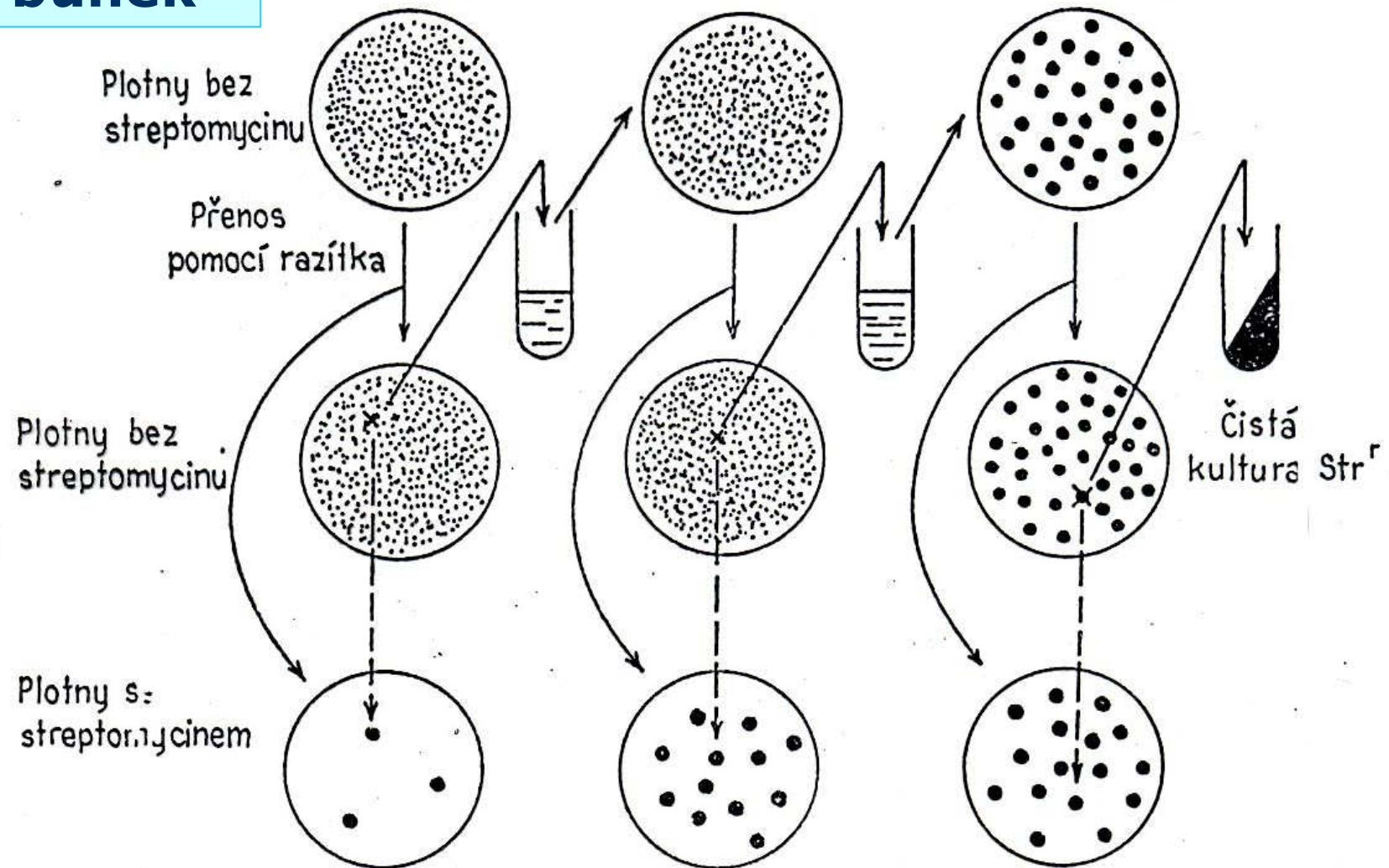


Počet
buněk

10^8

10^5

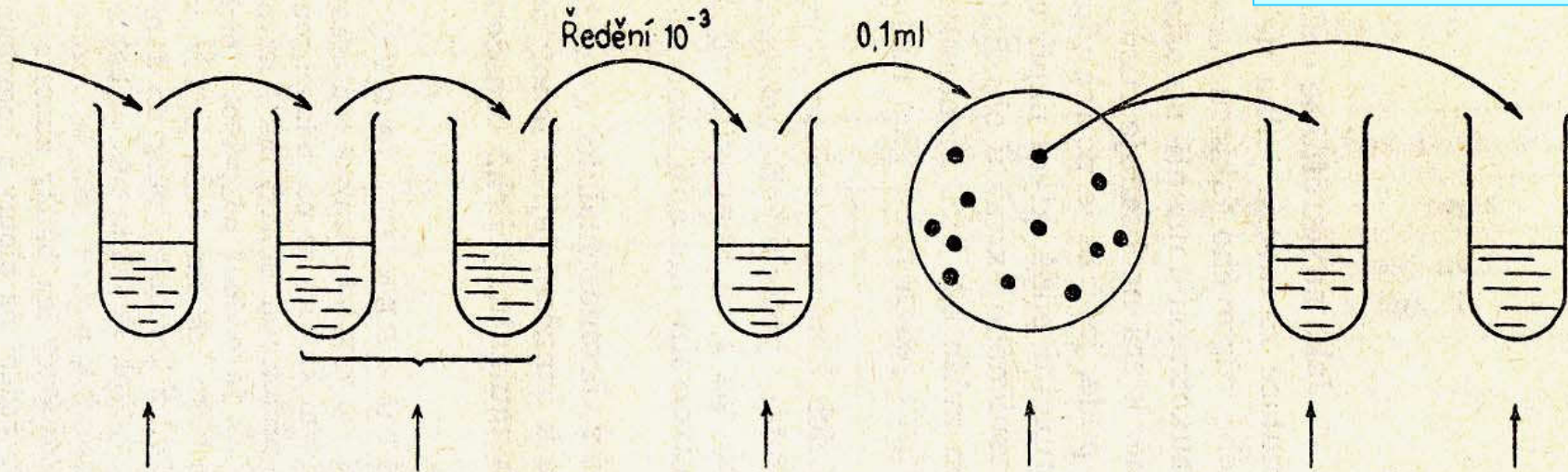
10^2



Obr. 293. Schéma postupu při nepřímé selekci mutantů razítkovou metodou.

Izolace auxotrofních mutant penicilínovou metodou

auxanografie



Ozářená suspenze buněk prototrofního kmene se kultivuje v kompletní půdě 24 hodin.

Buňky vyrostlé v kompletní půdě se několikrát promyjí ve fyziologickém roztoku.

Zředěné inokulum promytých buněk se naočkuje do minimální půdy, která obsahuje 100 až 300mj. penicilinu v 1ml. V této půdě přežijí jen auxotrofní mutanti.

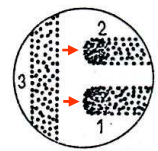
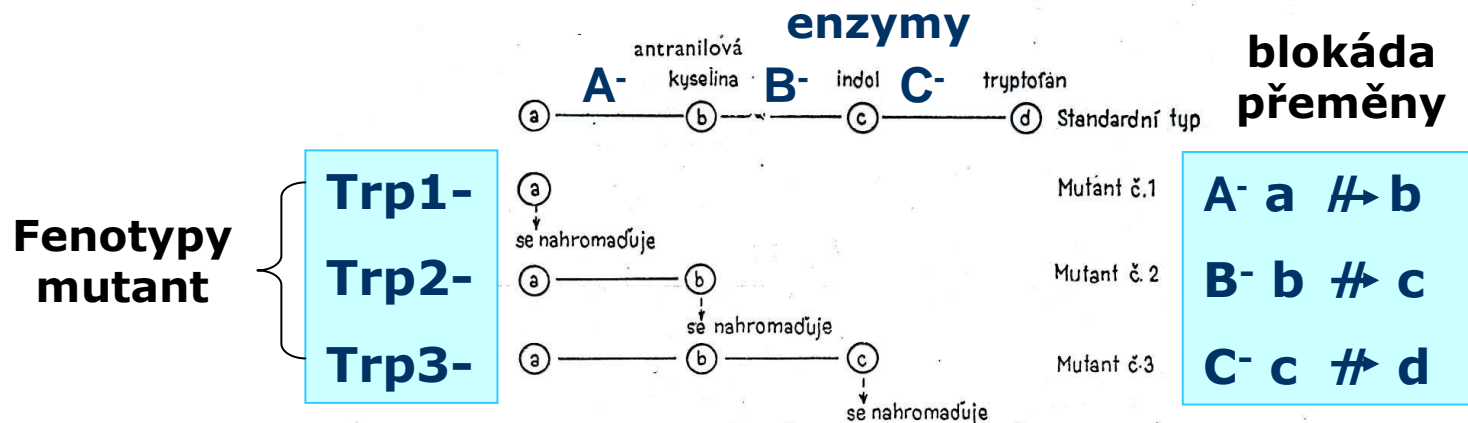
Z minimální půdy se provede rozsev na plotnu z kompletní půdy.

Kompletní půda Minimální půda

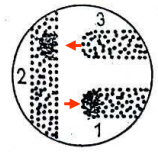
Tatáž kolonie se naočkuje do kompletní i minimální půdy. Jestliže vyroste jen v kompletní půdě, znamená to, že představuje klon auxotrofního mutantu. Dalšími testy se zjistí, za přítomnosti které aminokyseliny roste na minimální půdě.

Prototrofy rostou a tudíž hynou, auxotrofní mutanty nerostou a přežívají (negativní selekce)

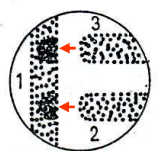
SCHEMATICKÉ ZNÁZORNĚNÍ POSTUPU PŘI STANOVENÍ NÁSLEDNOSTI REAKCÍ PŘI BIOSYNTÉZE AMINOKYSELIN POMOCÍ AUXOTROFNÍCH MUTANT



Mutanti skupiny č.3 stimuluji v růstu mutanty skupiny č.1 a 2. To znamená, že mutant č.3 syntetizuje produkt, který k růstu vyžadují mutanti skupiny č.1 a 2. Z toho je zřejmé, že u mutantů skupiny č.1 a 2 je mutací zastaven některý ze stupňů biosyntézy tryptofanu, který předchází stupni, který je zastaven u mutantů skupiny č.3.

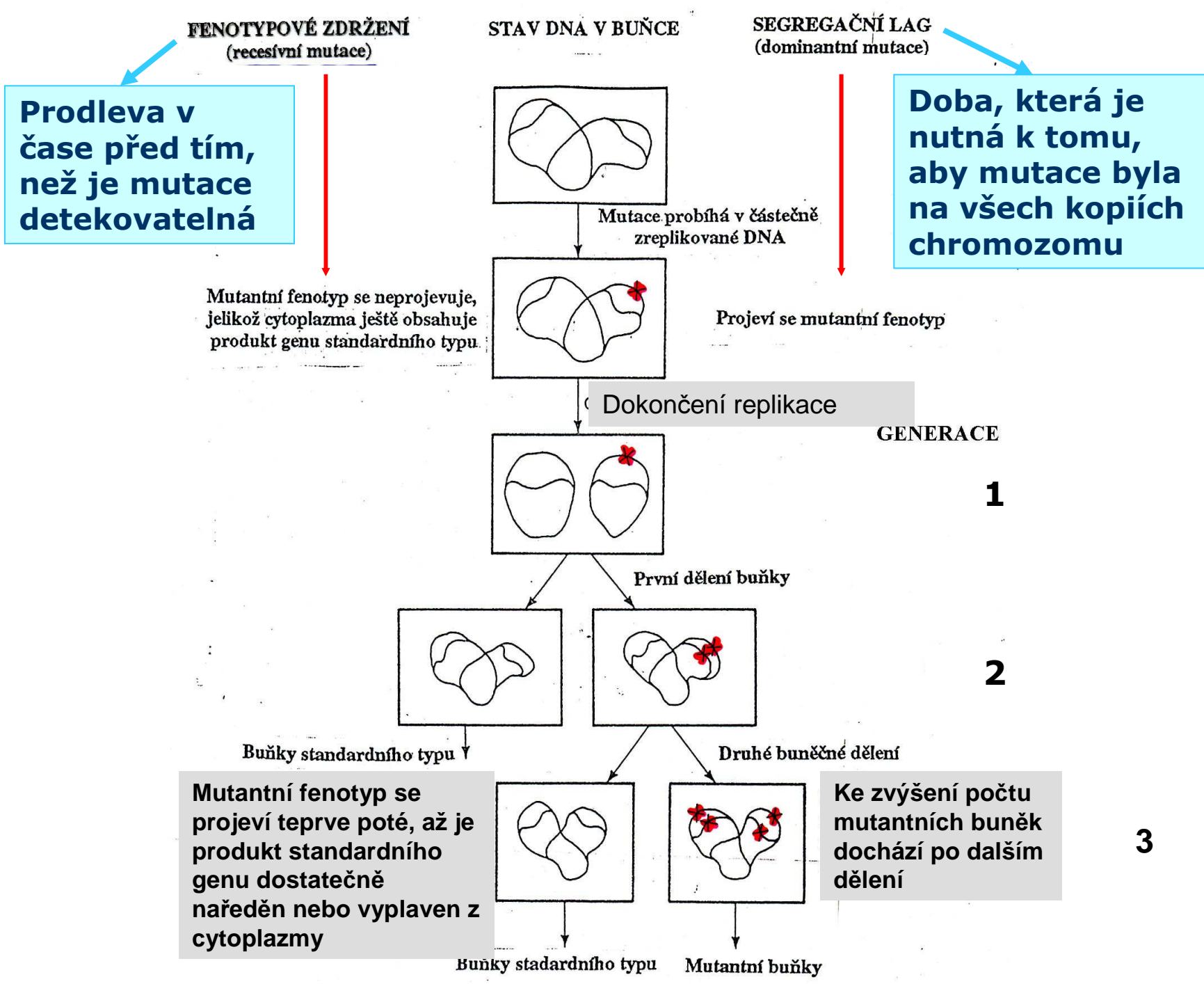


Tento test ukazuje, že mutanti skupiny č.1 jsou stimováni mutanty skupiny č.2 a tito opět mutanty skupiny č.3. To znamená, že u mutantů skupiny č.1 je zastaven některý z prvních stupňů biosyntézy tryptofanu, po kterém následuje stupeň reprezentovaný mutanty skupiny č.2 a pak skupiny č.3.



Tento test dokazuje, že mutanti skupin č.2 a 3 syntetizují meziproducty tryptofanu potřebné k růstu mutantů skupiny č.1.

Lze tedy uzavřít, že mutanti skupiny č.1 potřebují k růstu meziproduct syntetizovaný mutanty skupiny č.2 a tito potřebují meziproduct syntetizovaný mutanty skupiny č.3.



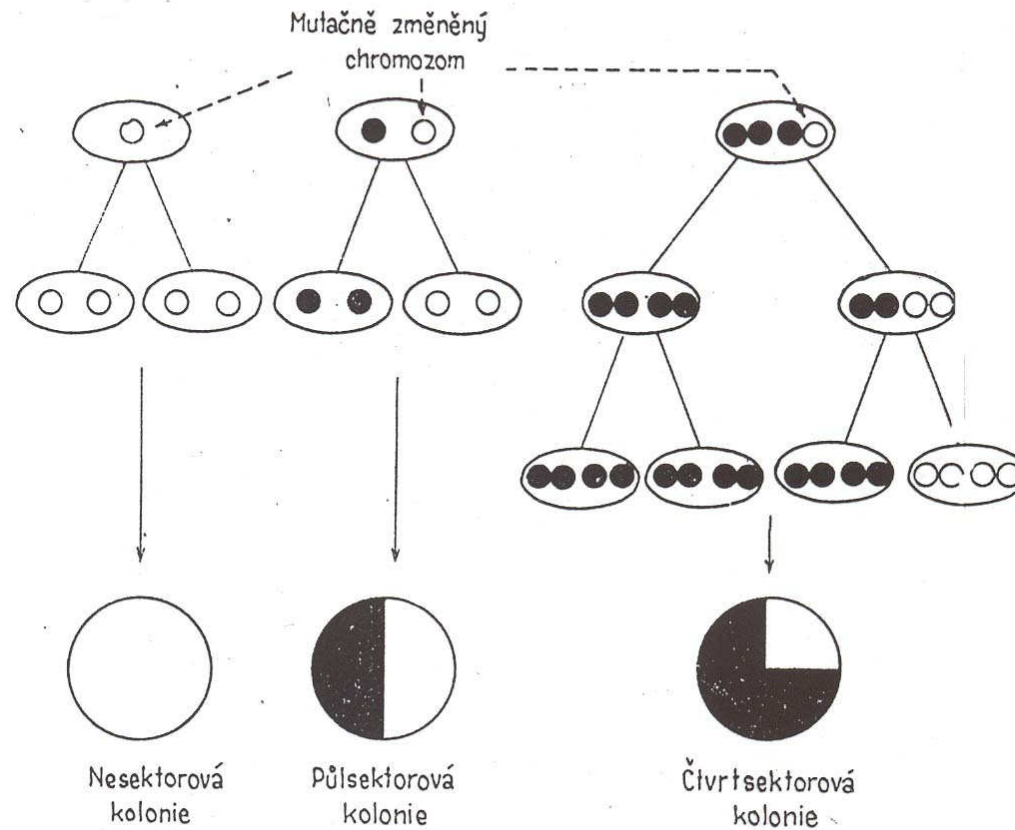
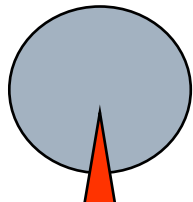
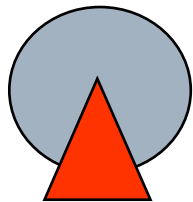
VZNIK SEKTOROVÝCH KOLONIÍ JAKO DŮSLEDEK SEGREGAČNÍHO LAGU

Počet chromozomů na buňku

1

2

4



Jaderná segregace a vznik sektorových kolonií.

Izolace supresorsenzitivních mutant

Tyto mutanty mají nesmyslný kodon v některém z genů. Vyskytují se v množství 1-1,5% mezi mutanty jakéhokoliv znaku. Detekují se tak, že se do mutantů vnese transdukujícím fágem alela supresorového genu (sup-) – lze vnést též na plazmidu.

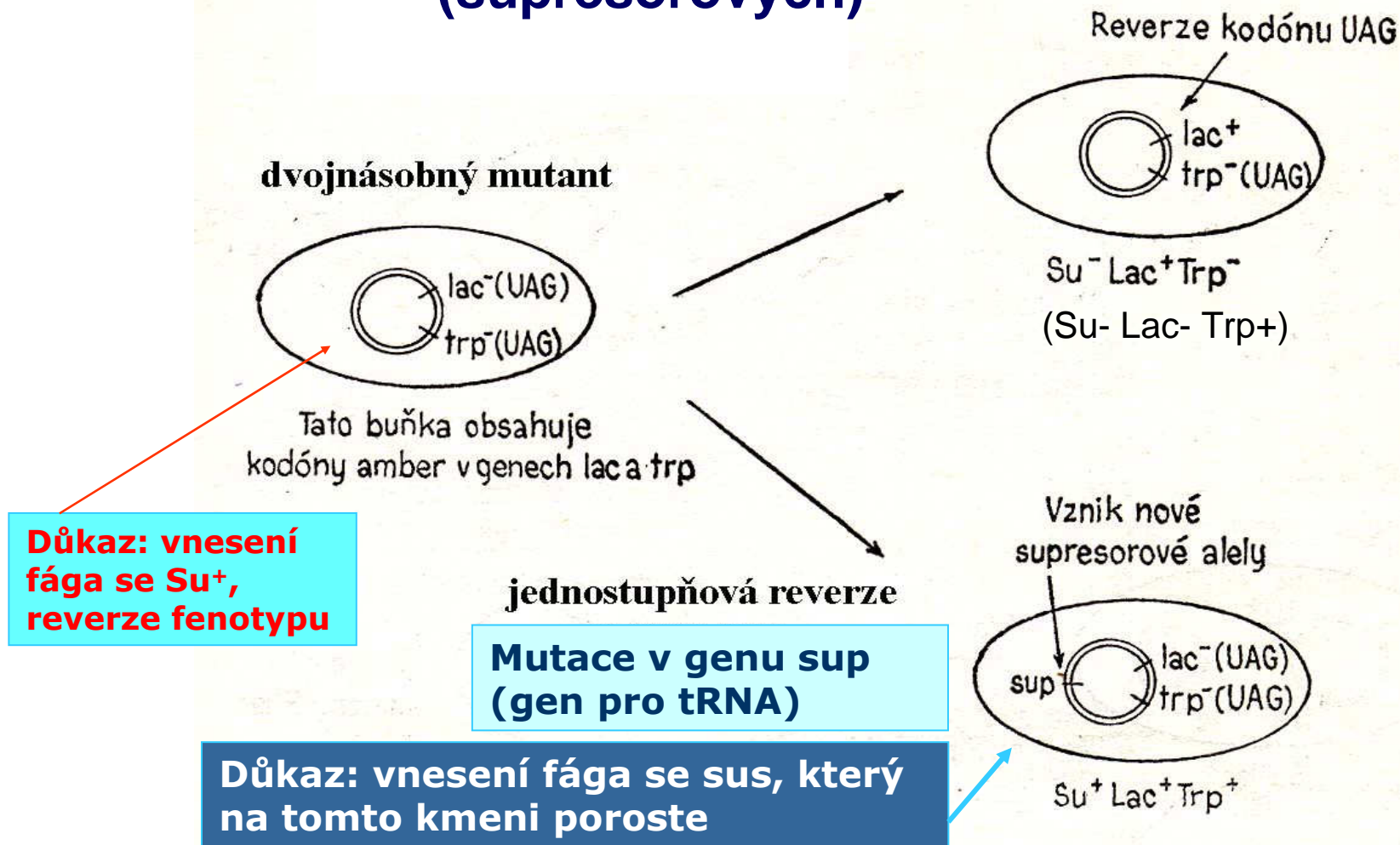
Jestliže se kolonie **mutant daného znaku** (tj. různých mutant v tomto znaku, nejen sus!) přerazítávají na selektivní plotny s fágem, který obsahuje supresor, **vyrostou jen ty, které nesou mutaci podmíněnou vznikem nesmyslného kodonu, nikoliv ty, které mají jiný defekt v příslušném genu.**

Další typy supresorových mutací:

Sense-mutace (aa1 → aa2)

Mutace ribozomových proteinů: snížená rozpoznání nebo polohování kodonu na mRNA na ribozomu

IZOLACE SUPRESORPOZITIVNÍCH MUTANT (Su+) (supresorových)



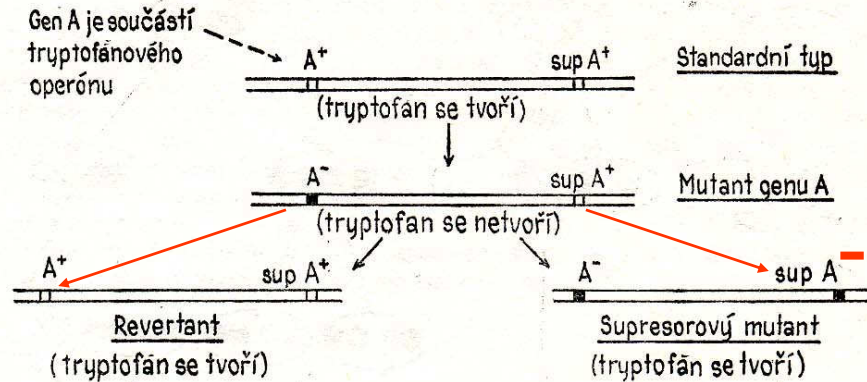
Buňka vlevo má amber mutaci v genech lac a trp. Vpravo jsou znázorněny dva typy revertantů Lac⁺. Jeden se vytvořil vznikem nové supresorové alely a druhý vznikl reverzí v kodónu amber.

PŘÍKLAD SUPRESOROVÉ MUTACE A JEJÍ DŮKAZ KŘÍŽENÍM

mutace

reverze

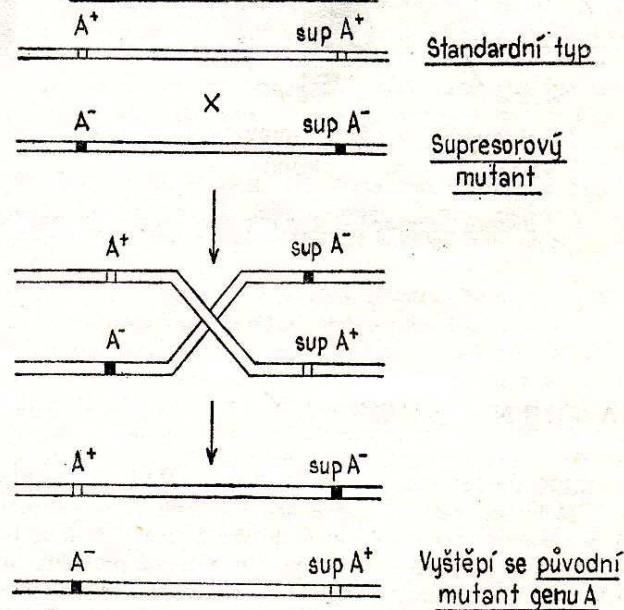
I
Mutace, reverze a supresorová mutace genu A



Vznik supresorové mutace (Su^+)

II

Důkaz supresorové mutace



$sup A^-$ = mutantní alela genu pro tRNA schopná suprimovat

TEORETICKÉ PŘEDPOKLADY FLUKTUAČNÍHO TESTU (LURIA A DELBRÜCK 1943)

- Pravděpodobnost mutace je velmi nízká, ale stejná pro každou buňku (10^{-6} - 10^{-10} buněk/generaci)
- Uvažujeme-li určitou kulturu, pocházejí z jedné buňky, pak na konci kultivace bude počet mutant odrážet dobu, ve které mutace vznikla (tj. ve které generaci). Vzhledem k nízké pravděpodobnosti mutace lze předpokládat, že i počty mutant v jednotlivých klonech budou rozděleny podle Poissonovy řady - to proto, že záleží na generaci, ve které k mutaci došlo. Proto se budou významně lišit počty mutant v jednotlivých kulturách a v kultuře, kde byly buňky pěstovány dohromady.
- Při fyziologické adaptaci reagují buňky na přítomnost látky v prostředí - to působí jako indukční agens, které indukuje adaptivní odpověď (např. tvorbu enzymů apod). Počet reagujících buněk z různých kultur (klonů) je zhruba stejný. **Změna fenotypu se nedědí, dědí se jen schopnost se adaptovat.**

Flukтуаční test

Změna znaku
StrS → StrR

Mutace?

Adaptace?

Stejný počet buněk

Zásobní kultura Str^S

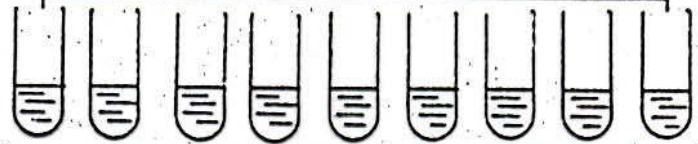
Bujónová kultura

Kontrola: důkaz citlivosti výchozí kultury ke streptomycinu

zředěno na $1 \cdot 10^3$ buněk/ml

10ml

0,5 ml v každé zkumavce
20x

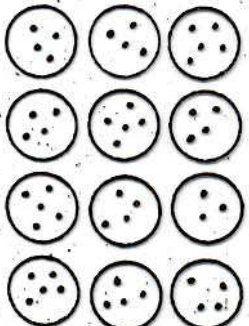


Inkubace 24-36 hod.

Počet kolonií na plotně bez streptomycinu

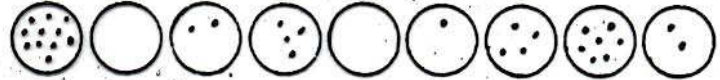
Agarová plotna se streptomycinem

0,5 ml na každou plotnu se streptomycinem



Přibližně stejné počty kolonií

Obsah zkumavek vylit na plotny se streptomycinem



Průkazné rozdíly v počtech kolonií na jednotlivých plotnách

Rozsev pro stanovení celkového počtu buněk

Výpočet chi-kvadrátu a stanovení průkaznosti rozdílů

Počty rezistentních bakterií z nerozdělené kultury a samostatných kultur

Alikvoty z nerozdělené kultury		Samostatné kultury	
Aliquot no.	No. of resistant bacteria	Culture no.	No. of resistant bacteria
1	14	1	1
2	15	2	0
3	13	3	3
4	21	4	0
5	15	5	0
6	14	6	5
7	26	7	0
8	16	8	5
9	20	9	0
10	13	10	6
		11	107
		12	0
		13	0
		14	0
		15	1
		16	0
		17	0
		18	64
		19	0
		20	35

PROVEDENÍ FLUKTUAČNÍHO TESTU

- **Má se rozhodnout, zda rezistence ke streptomycinu je výsledkem adaptace nebo mutace (zda jsou mutanty přítomny v kultuře před vystavením buněk selekčnímu agens nebo se objevují až poté)**
 - 1. Ověří se, zda je výchozí kultura citlivá k streptomycinu
 - 2. Řada zkumavek s médiem bez streptomycinu se naočkuje malým a stejným množstvím buněk
 - 3. Stejné množství buněk se naočkuje do Erlenky s objemem, který je součtem objemů v jednotlivých zkumavkách
 - 4. Kultury se ponechají inkubovat 24 hod
 - 5. Kultury se vysejí ve stejném množství na plotny se streptomycinem
 - 6. Vyhodnotí se počty kolonií na jednotlivých plotnách a srovnají se
 - 7. Vypočte se χ^2 a stanoví se, zda existují průkazné rozdíly v počtech kolonií na plotnách
 - 8. Průkazný rozdíl v počtu kolonií na plotnách z jednotlivých kultur ve srovnání s počty na plotnách z jedné kultury svědčí o tom, že rezistence ke streptomycinu vznikla mutací.

REPARACE MUTAČNĚ POŠKOZENÉ DNA

- **A. Přímé reparační**
 - 1. fotoreaktivace
 - 2. dealkylace

- **B. Nepřímé reparační**
 - 1. Excizní reparační
 - bázová
 - nukleotidová
 - řízená metylací
 - 2. rekombinační /postreplikační/
 - 3. reparační kroslinků

- **C. Inducibilní reparační**
 - 1. SOS-odpověď
 - 2. adaptivní odpovědi
 - na alkylační poškození
 - na environmentální stres

Genetický aparát pro reparační DNA

- velmi konzervativní
- asi 100 genů
- distinktní dráhy, které se mohou prolínat

TYPY REPAROVATELNÝCH POŠKOZENÍ NA DNA

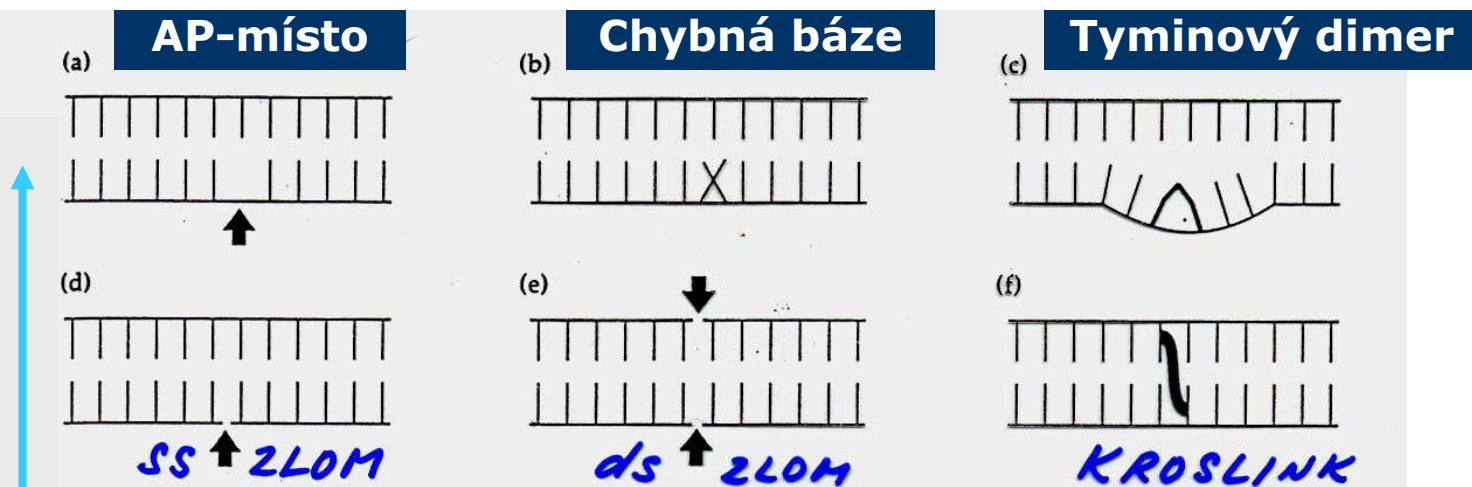
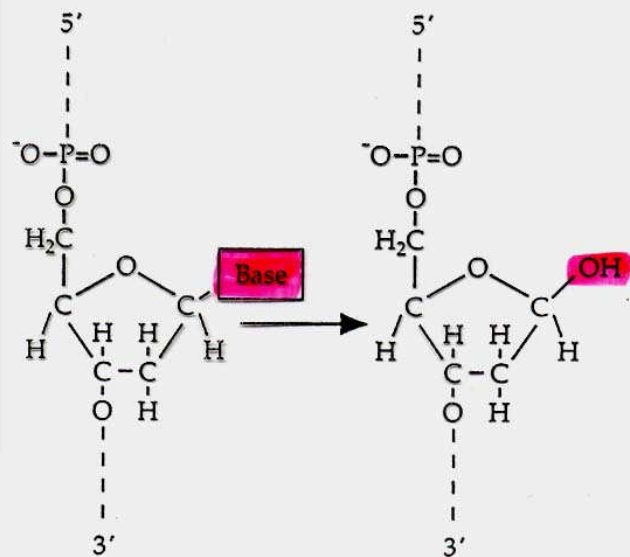


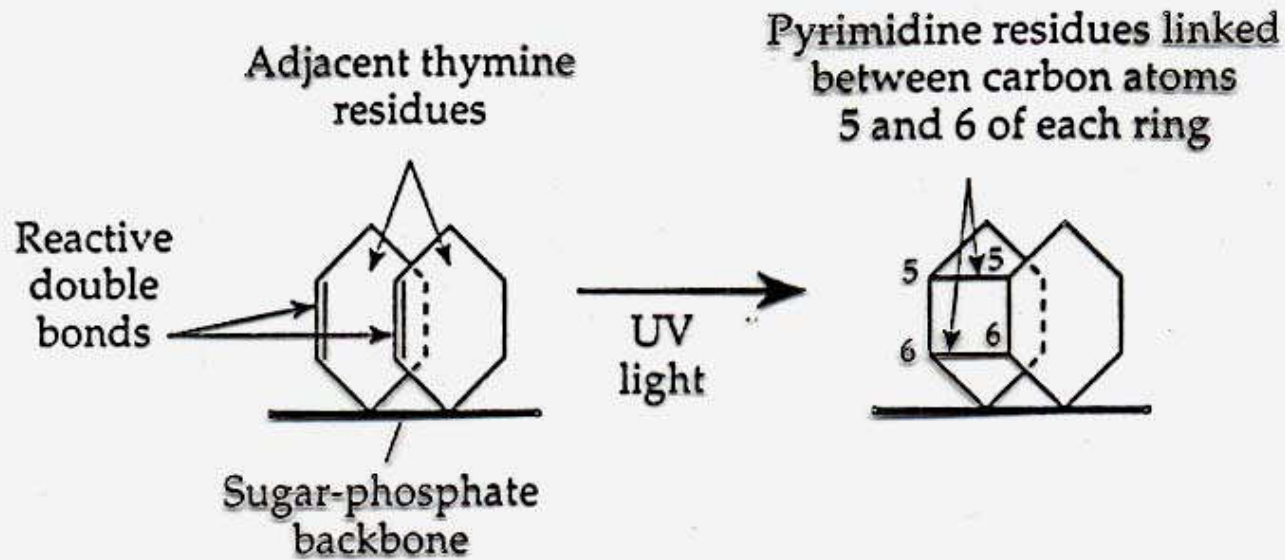
Fig. 8.1 Classification of repairable lesions. (a) Missing base; (b) incorrect base; (c) modified base (distorting the double helix); (d) single-strand break; (e) double-strand break; (f) interstrand cross-link.



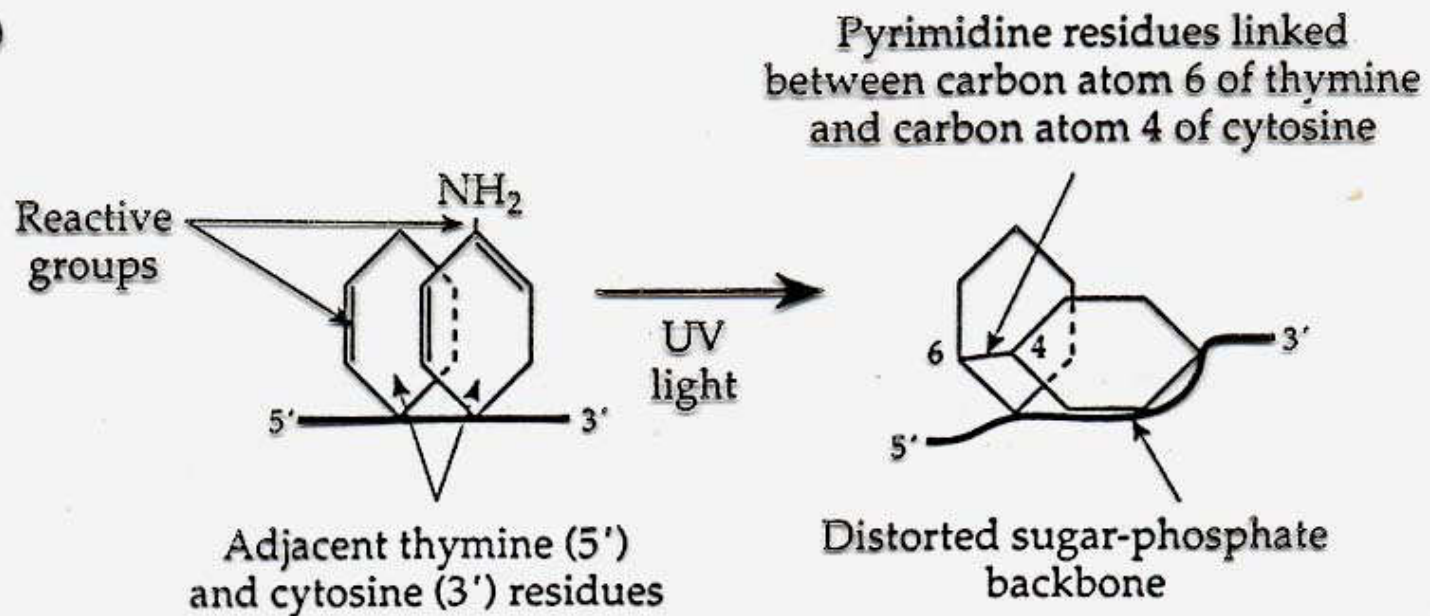
Vznik AP míst = nejčastější spontánní mutace (depurinace je 100x častější než depyrimidinace)

Fig. 8.2 Formation of an AP (apurinic/apyrimidinic) site.

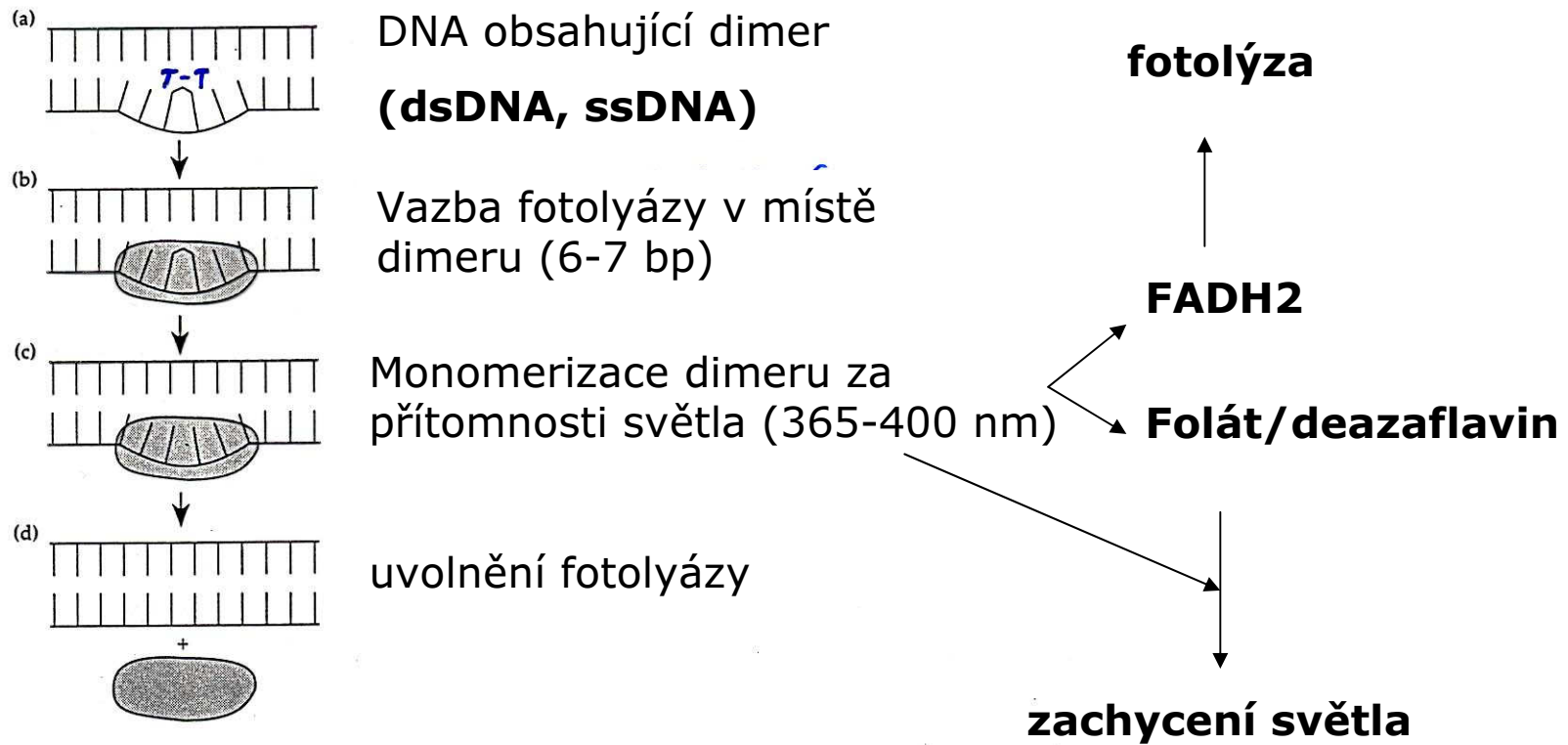
(a)

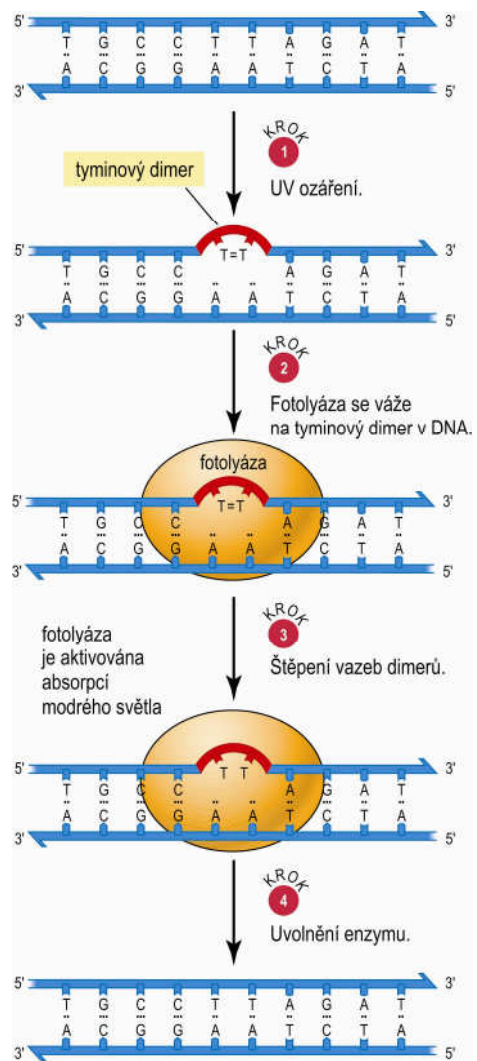


(b)



STÁDIA FOTOREAKTIVACE





Alkyltransferáza: ⁶O-Metylguanin-DNA-metyltransferáza (⁶O-MGT= Ada-protein)

nemetylovaná forma

metylovaná forma

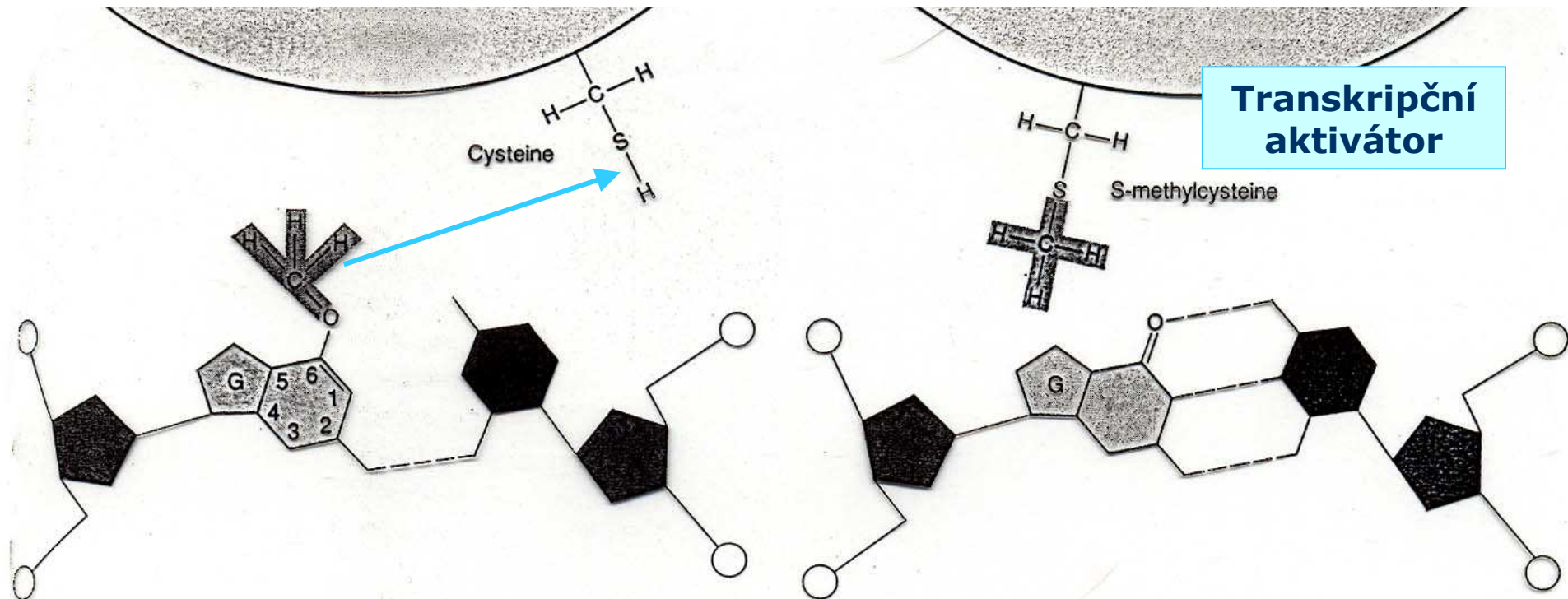
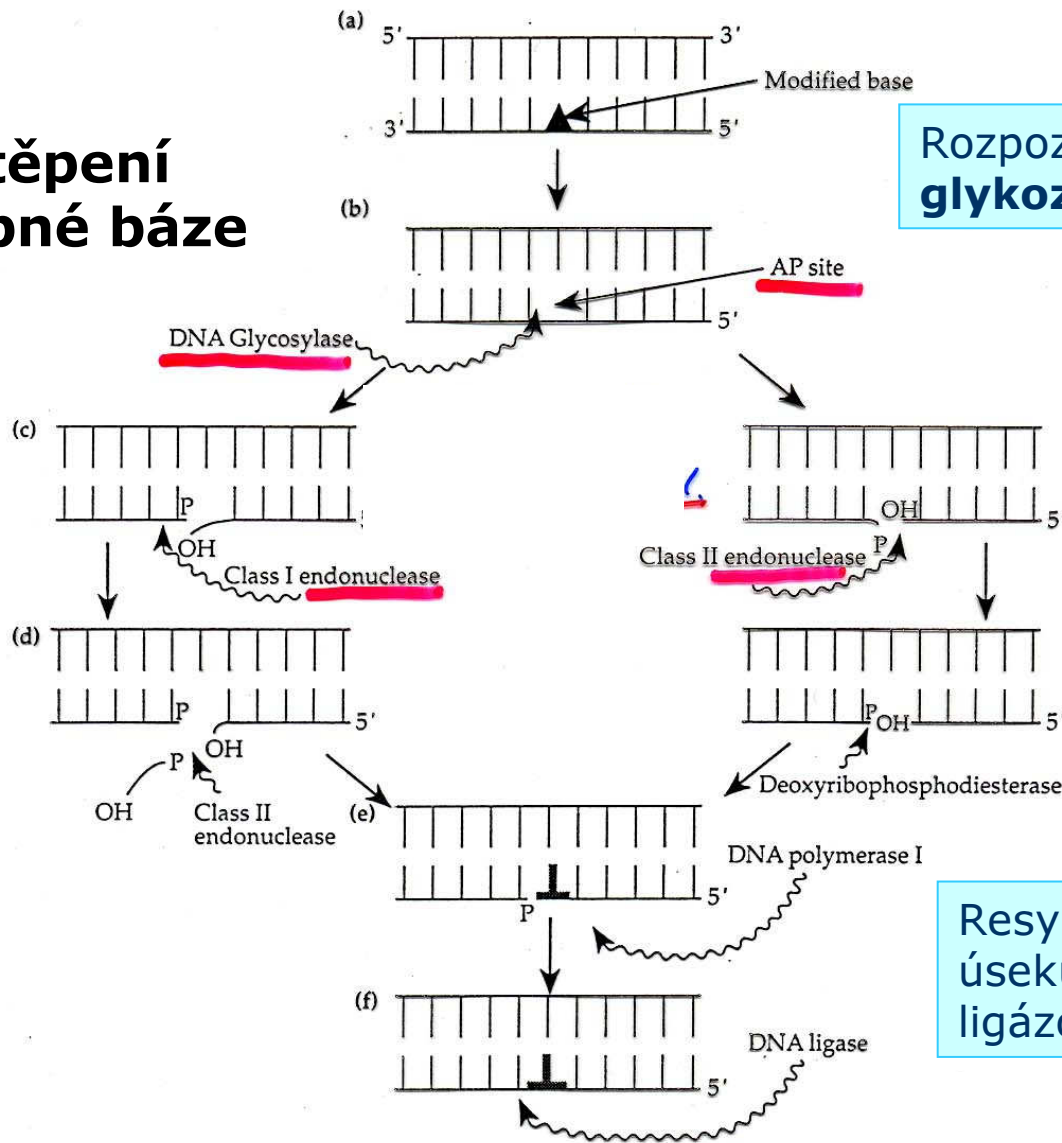


Figure 19-29 Direct reversal of DNA damage by an alkyltransferase. Methylation of a guanine residue by nitrosoguanidine (NG) is repaired by this novel process. The NG adds a methyl group (CH₃) at various sites in the DNA, including an oxygen atom at position 6 of guanine (*left*). This disrupts the hydrogen bonding of guanine to a cytosine. The repair is accomplished by a methyl-acceptor protein, one of the enzymes known as *alkyltransferases*. A cysteine residue on the protein acts as the methyl acceptor: it binds the CH₃ group, thereby restoring the guanine to its original state (*right*). (From P. Howard-Flanders, "Inducible Repair of DNA." Copyright © 1981 by Scientific American, Inc. All rights reserved.)

BÁZOVÁ EXCIZNÍ REPARACE

Vyštěpení chybné báze

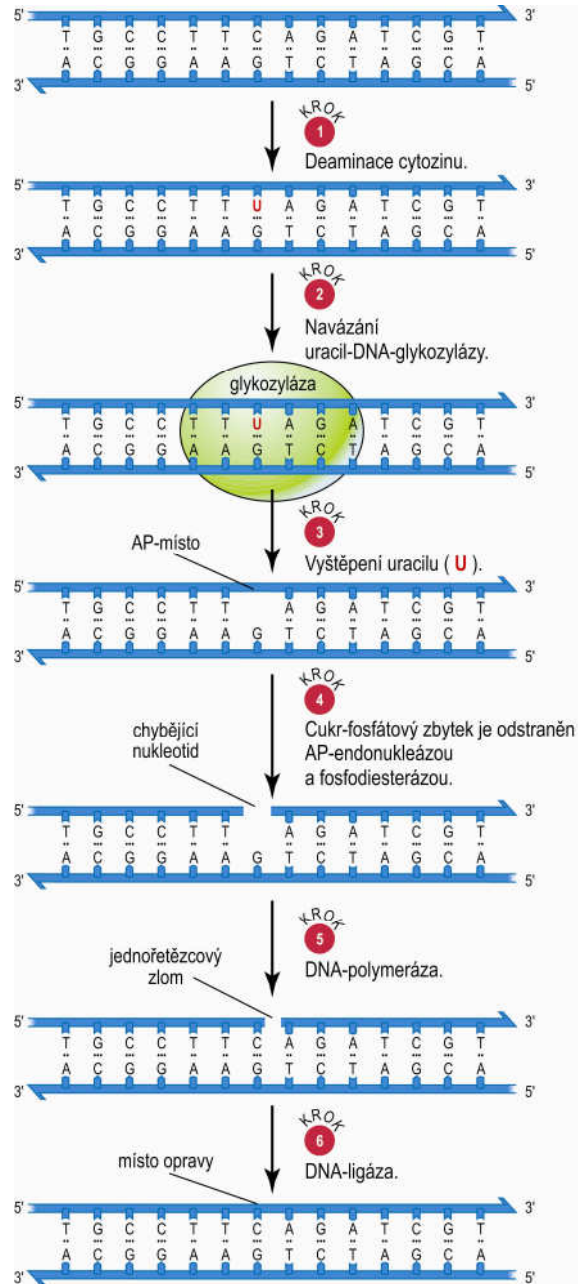


Rozpoznání chybné báze
glykozylázou, vznik AP-místa

Přerušení cukr-
fosfátových vazeb
AP-endonukleázami

Odstranění dR
s chybějící bází

Resyntéza chybějícího
úseku, spojení mezery DNA-
ligázou

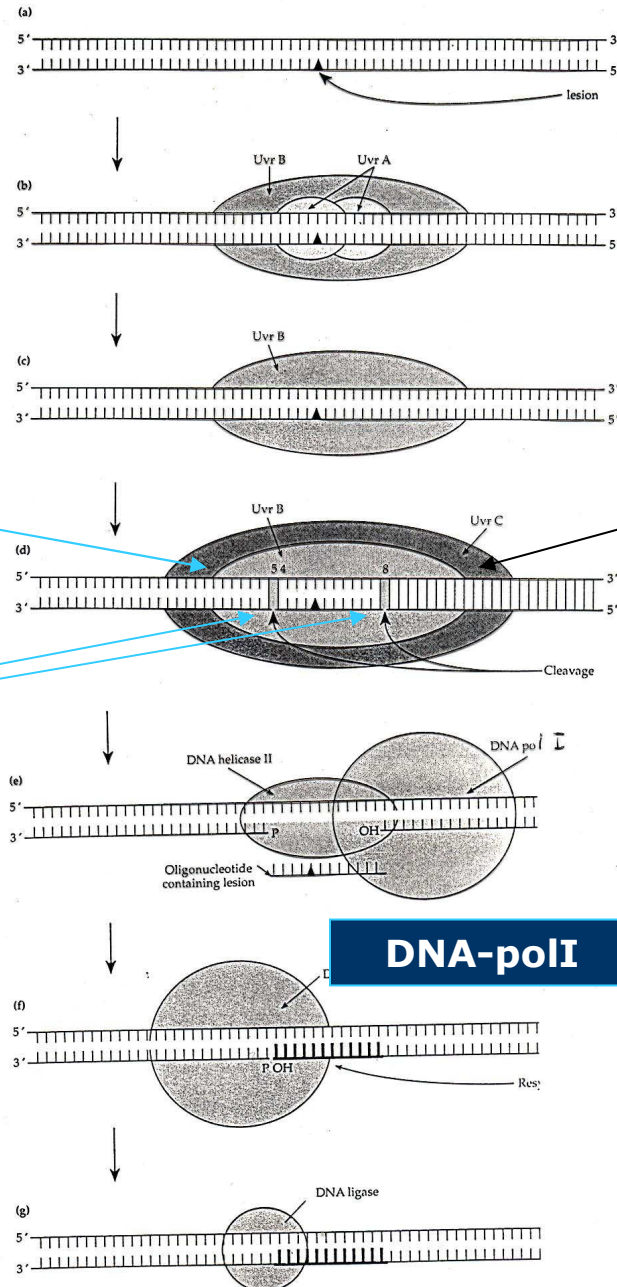


DNA-GLYKOZYLÁZY PŮSOBÍCÍ NA POŠKOZENÉ DNA

Enzyme	Substrate	Products
Ura-DNA glycosylase	DNA containing uracil	Uracil + AP sites
Hmu-DNA glycosylase	DNA containing hydroxymethyluracil	Hydroxymethyluracil + AP sites
5-mC-DNA glycosylase	DNA containing 5-methylcytosine	5-methylcytosine + AP sites
Hx-DNA glycosylase	DNA containing hypoxanthine	Hypoxanthine + AP sites
Thymine mismatch-DNA glycosylase	DNA containing G-T mispairs	Thymine + AP sites
MutY-DNA glycosylase	DNA containing G-A mispairs	Adenine + AP sites
3-mA-DNA glycosylase I	DNA containing 3-methyladenine	3-Methyladenine + AP sites
3-mA-DNA glycosylase II	DNA containing 3-methyladenine, 7-methylguanine, or 3-methylguanine	3-Methyladenine, 7-methylguanine, or 3-methylguanine + AP sites
FaPy-DNA glycosylase	DNA containing formamidopyrimidine moieties, or 8-hydroxyguanine	2,6-Diamino-4-hydroxy-5-N-methylformamido-pyrimidine and 8-hydroxyguanine + AP sites
5,6-HT-DNA glycosylase (endonuclease III)	DNA containing 5,6 hydrated thymine-moieties	5,6-Dihydroxydi-hydrothymine or 5,6 dihydrothymine + AP sites
PD-DNA glycosylase	DNA containing pyrimidine dimers	Pyrimidine dimers in DNA with hydrolyzed 5' glycosyl bonds + AP sites

SOURCE: E. C. Friedberg, G. C. Walker, and W. Siede, *DNA Repair and Mutagenesis*. ASM Press, Washington, D.C.

NUKLEOTIDOVÁ EXCIZNÍ REPARACE (SHORT PATCH REPAIR)



DNA obsahující poškození (T-T, chybný pár bazí aj)

Vazba UvrA2B1 } **SOS**
 disociace UvrA

vytvoření **preincizního komplexu**

vazba UvrC
 vytvoření **incizního komplexu** štěpení
 cukr-fosfátové kostry

vyštěpení krátkého oligonukleotidu o
 délce 11-13 b

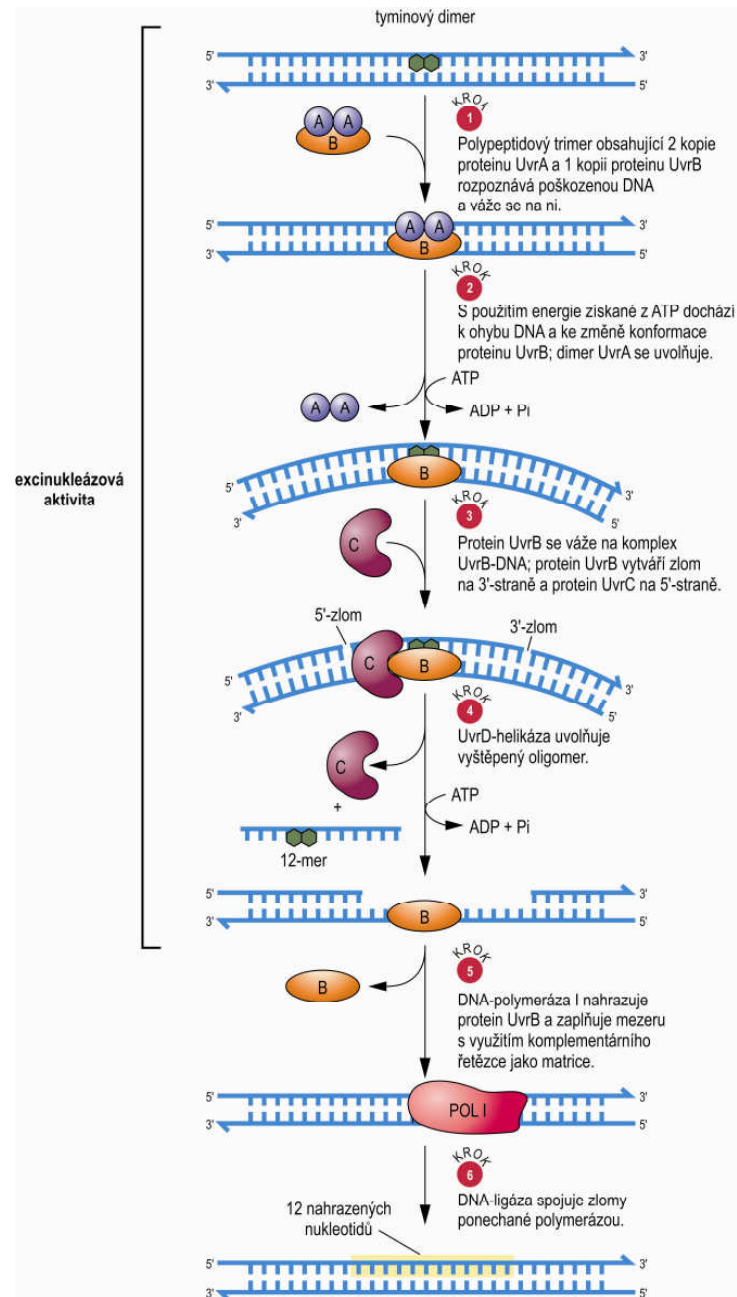
resyntéza chybějícího úseku DNA - jako
 templát slouží řetězec bez poškození

spojení mezery DNA-ligázou

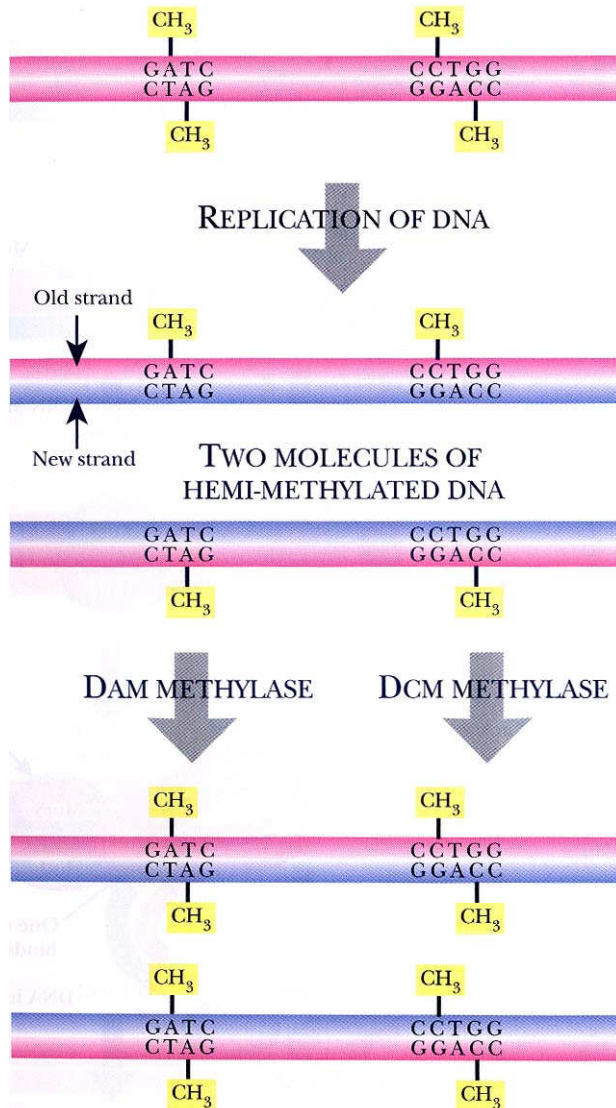
**UvrABC
 excinukleáza**

4-5b -x-- 8b

DNA-pol I



Metylace DNA místně-specifickými metylázami

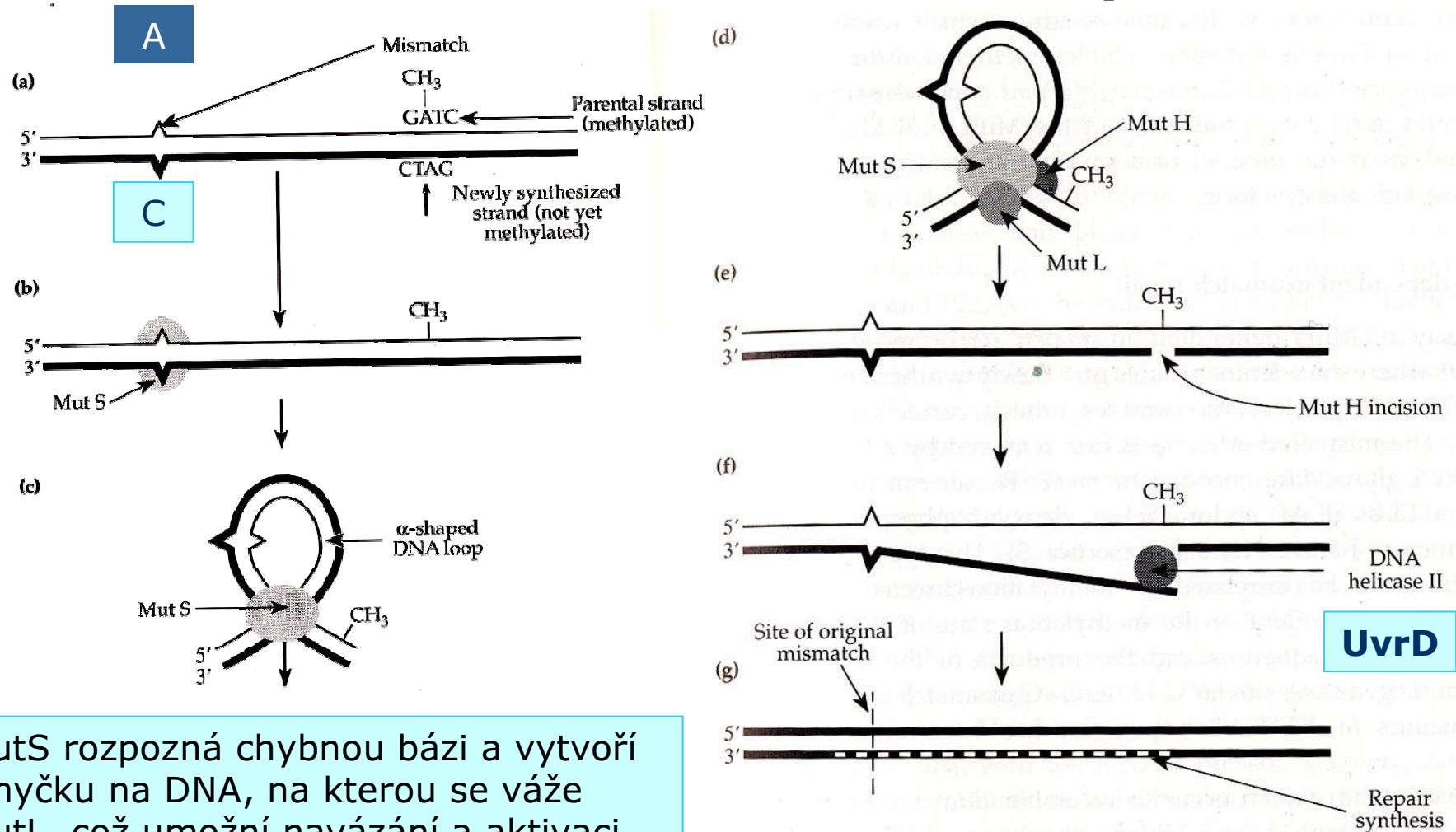


Rodičovská molekula

Dceřiné molekuly DNA
krátce po replikaci

Plně metylované dceřiné
molekuly DNA

REPARACE ŘÍZENÁ METYLACÍ (REPARACE NA DLOUHOU VZDÁLENOST)



MutS rozpozná chybnou bázi a vytvoří smyčku na DNA, na kterou se váže MutL, což umožní navázání a aktivaci MutH, která štěpí G v GATC - poté DNA-helikáza odmotá jednořetězec a ten je nahrazen reparační syntézou

A-C → A-T

DNA polymeráza III

POSTREPLIKAČNÍ REKOMBINAČNÍ REPARACE

Vznik mezery při syntéze DNA

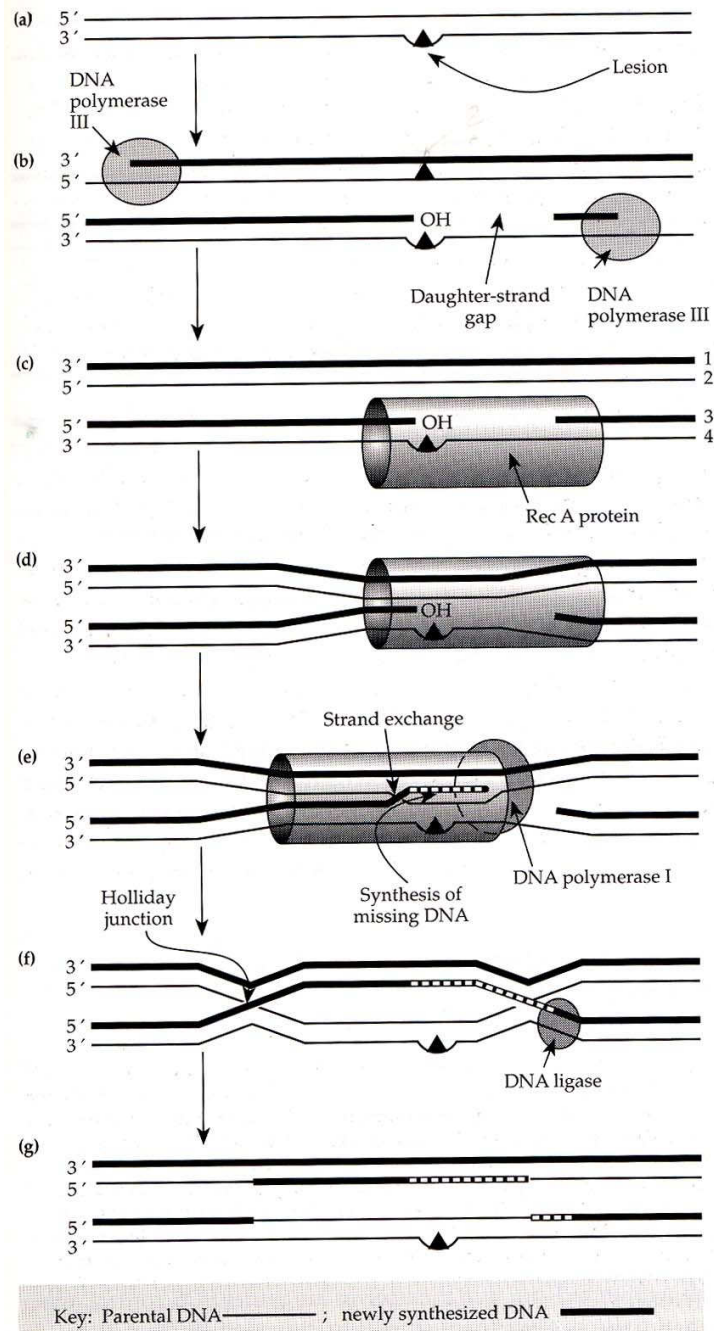
vazba proteinu RecA

navození homologního párování
neporušeného a porušeného řetězce

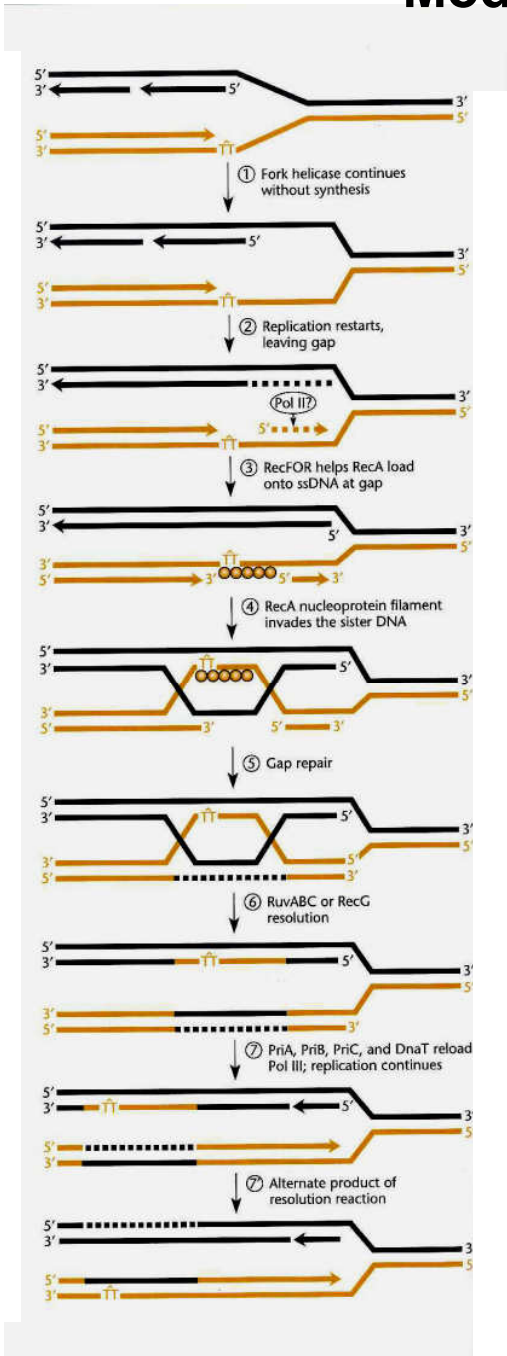
reparační syntéza DNA podle sesterského
řetězce

rekombinace homologních řetězců

poškození zůstává v jedné z molekul a je
opraveno později



Model replikativní reparace



Helikáza vytváří vidlici, ale syntéza DNA neprobíhá

Replikace opět probíhá za vzniku mezery na řetězci, na němž je poškození

Proteiny RecFOR napomáhají navázat protein RecA na řetězec s mezerou

RecA nukleoproteinový filament se váže na sesterskou DNA

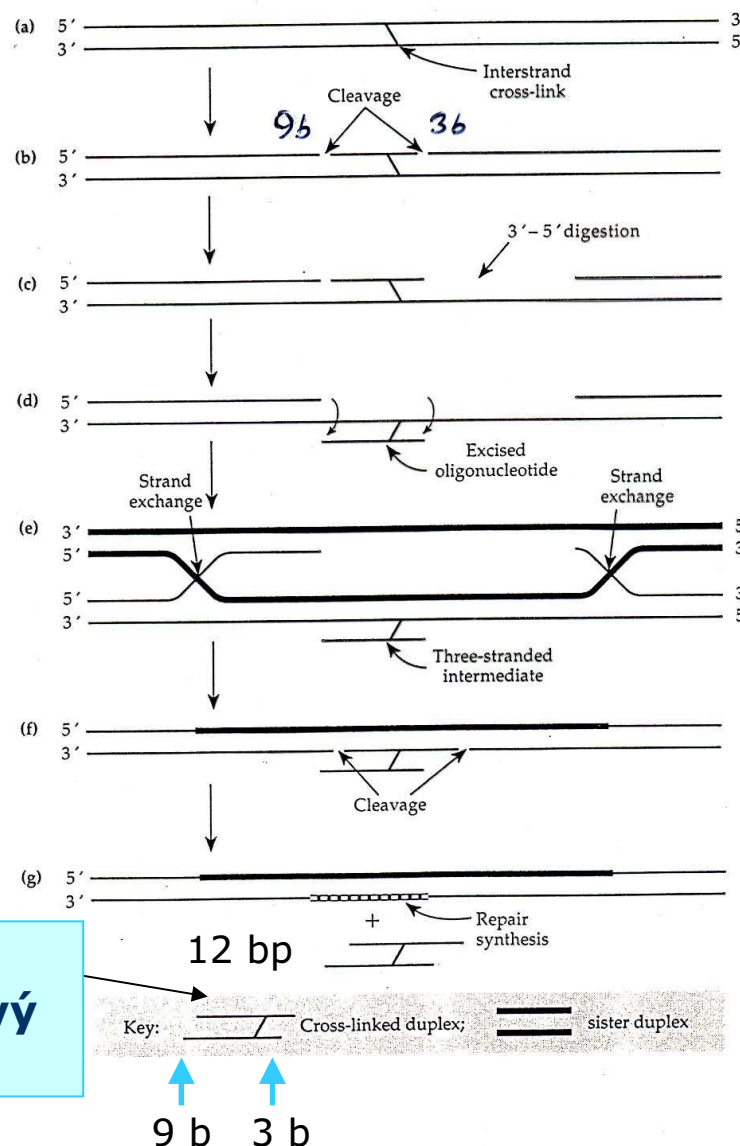
Mezera se zaplní

Proteiny RecABC nebo RecG rozloží rekombinovanou strukturu

Proteiny PriABC a DnaT opět připojí PolIII, replikace pokračuje

Produkt rozkladu, nesoucí poškození

REPARACE MEZIŘETĚZCOVÝCH SPOJENÍ (CROSS-LINK)



DNA obsahující cross-link

Komplex UvrABC
(endonukleáza) rozštěpí cukr-
fosfátovou kostru na jednom
řetězci po obou stranách

DNA-polymeráza I rozšíří
mezeru svou 5'-3'
exonukleázovou aktivitou

Za účasti RecA dojde k
výměně řetězců ze sesterského
duplexu (rekombinační
reparační náhrada)

Komplex UvrABC vyštěpí
oligonukleotid obsahující cross-
link

Mezera je zaplněna podobně
jako při nukleotidové excizní
reparaci (DNA-polI, DNA-
helikáza, DNA-ligáza)

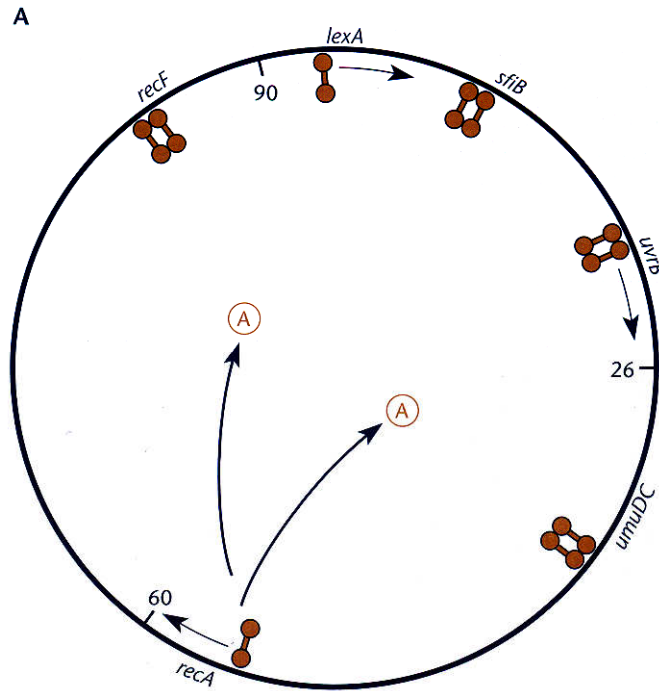
**Vyštěpený
dvouřetězcový
fragment**

SOS-ODPOVĚĎ

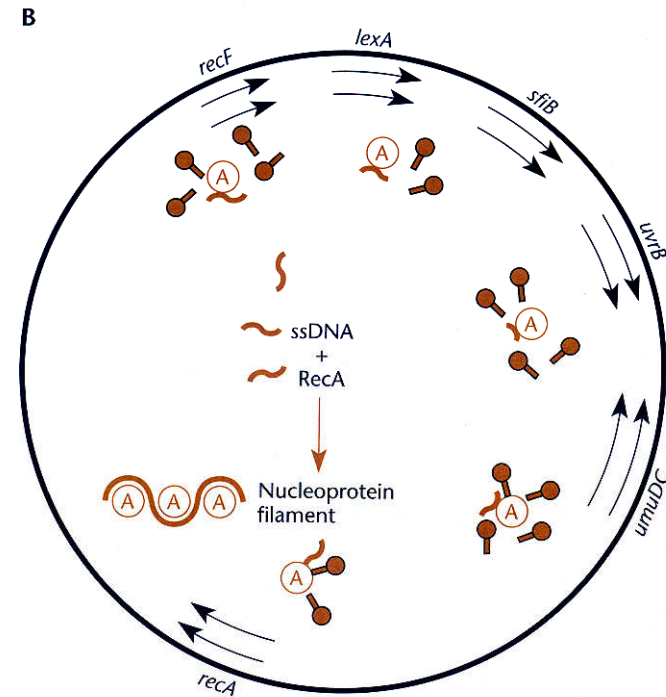
geny din = damage induced, SOS-genes (31 genů u E. coli)

- 1. Indukce SOS mutageneze
- 2. Excizní reparace dlouhých úseků
- 3. Zvýšená schopnost reparace ds zlomů
- 4. Indukce profágů (lambda, P22, f80)
- 5. Indukce tvorby kolicinů
- 6. Zmírnění restrikce
- 7. Inhibice buněčného dělení

SOS-odpověď u *E. coli*

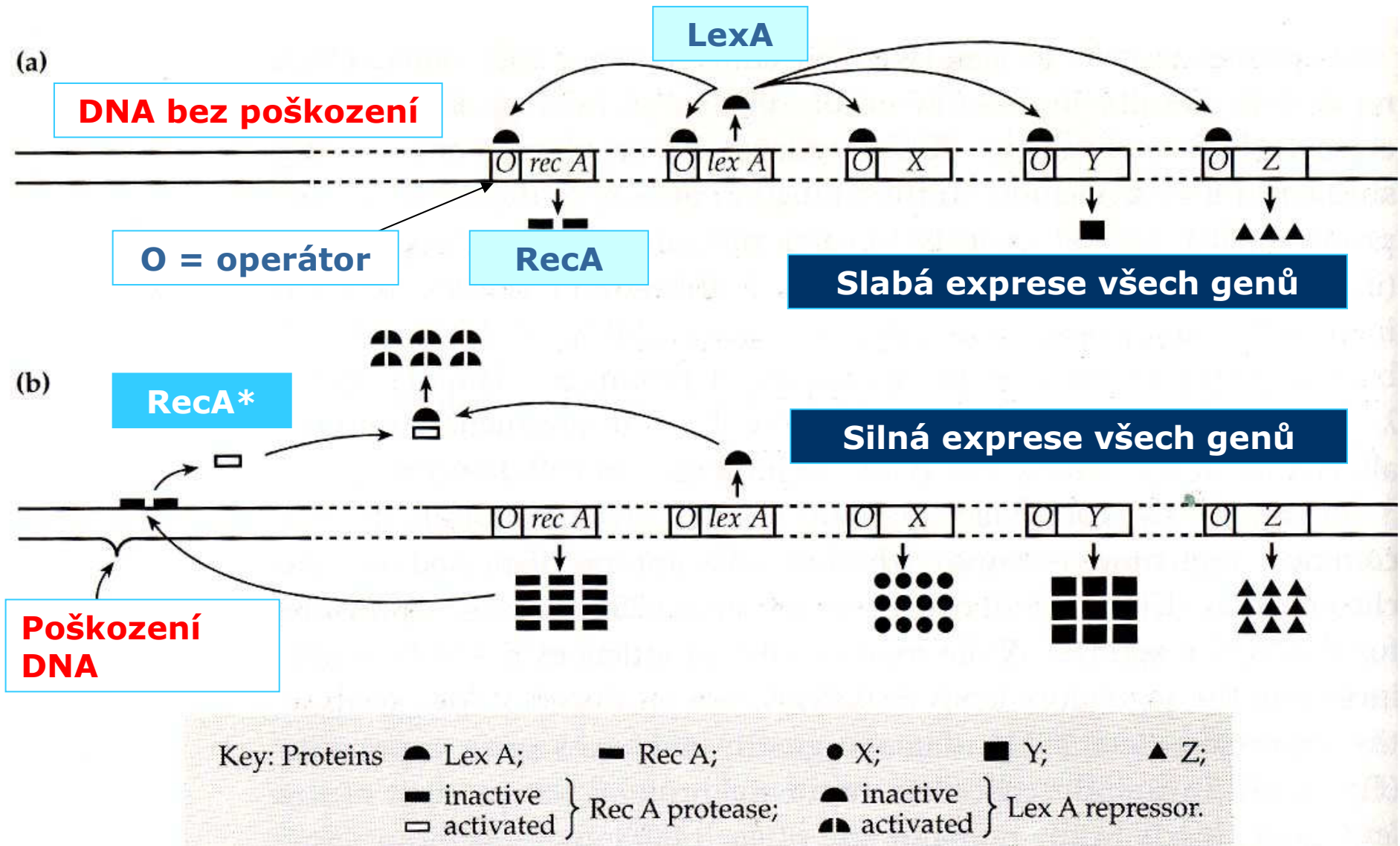


Neindukovaný stav: represor LexA se váže na operátory asi 30 SOS-genů a reprimuje jejich expresi



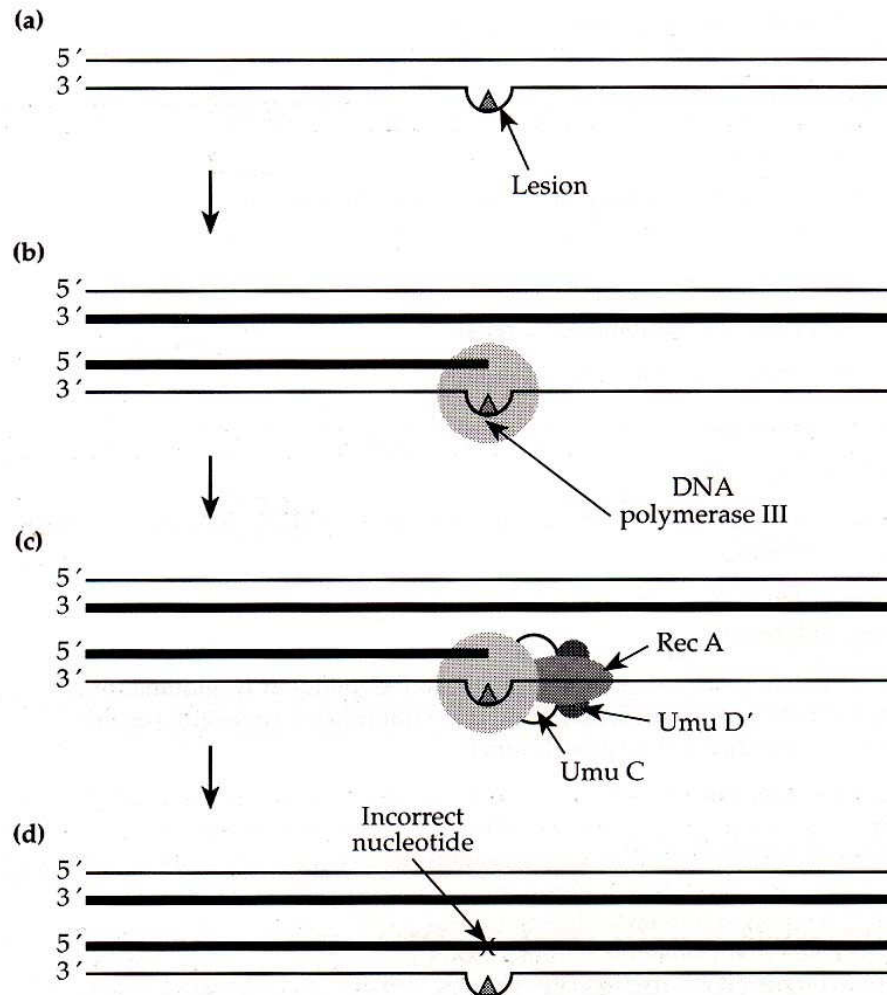
Po indukci: ssDNA se váže na RecA za tvorby **nukleoproteinového filamenta**, které váže LexA a štěpí ho, což vede k expresi SOS-genů

PRŮBĚH SOS-REPARACE



LexA = dimer, podrobující se autokatalytickému štěpení za účasti RecA* (koproteáza)
helikální filament RecA-DNA

SOS-MUTAGENEZE (ERROR-PRONE = CHYBY NAVOZUJÍCÍ) - POSLEDNÍ ZÁCHRANA



Key: Parental DNA — ; newly synthesized DNA —

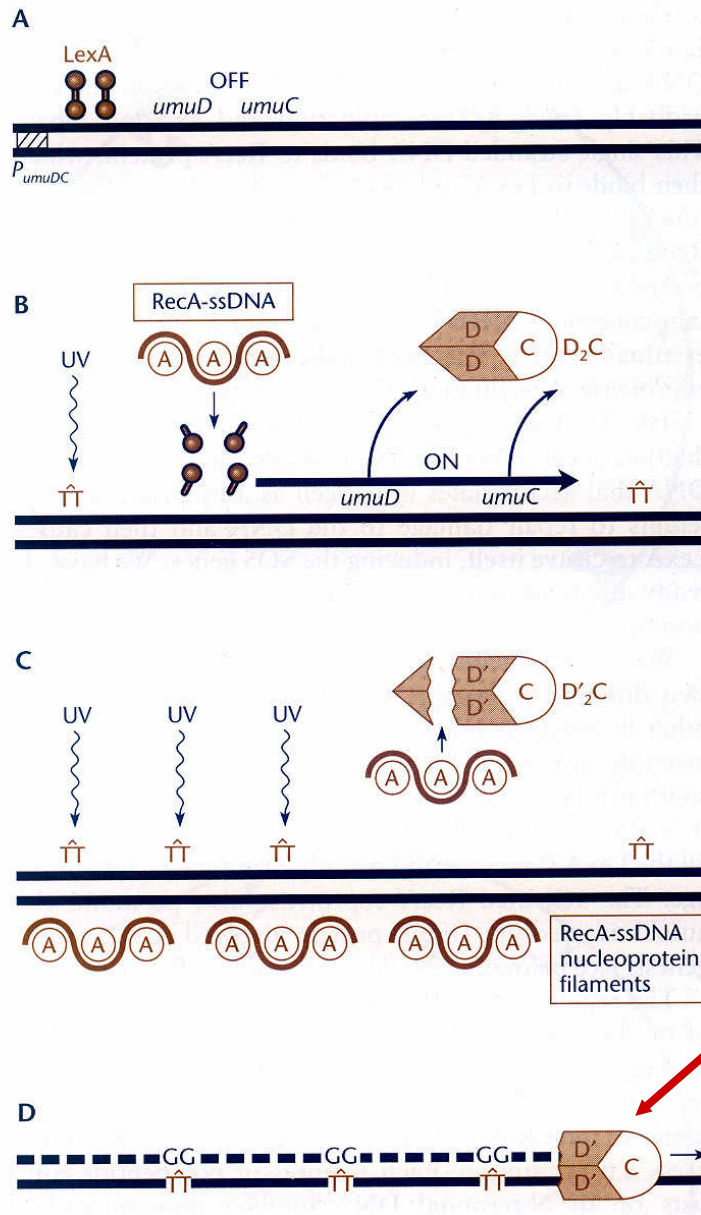
umu = UV-indukovaná mutagenese

DNA-polIII vytváří komplex s proteiny UmuC, UmuD a RecA, čímž dochází k inhibici opravy čtení

UmuD se působením RecA mění na UmuD', reakce je však pomalejší než štěpení LexA a proto je přednostně indukována standardní SOS-odpověď - ke štěpení UmuD dochází až při vysoké hladině RecA

Mutace fága lambda

Regulace SOS-mutageneze u *E. coli*



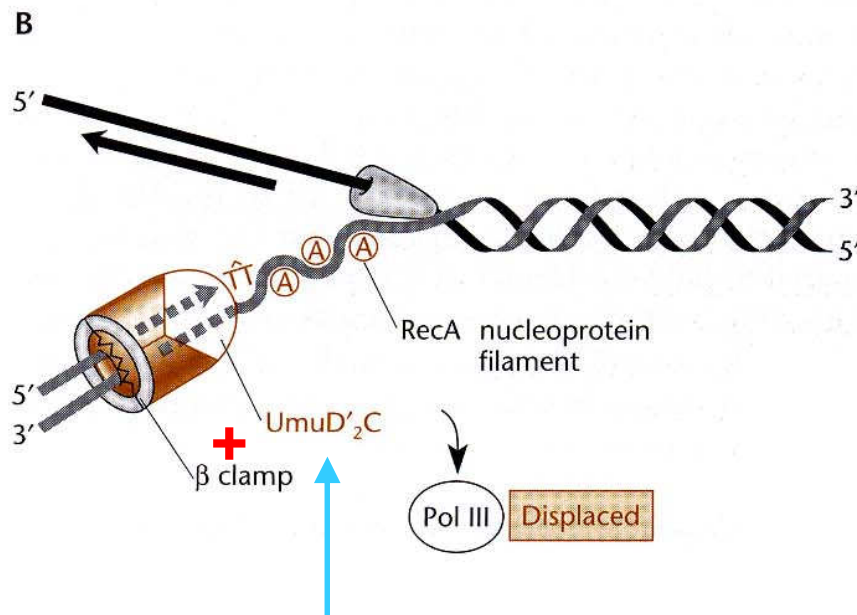
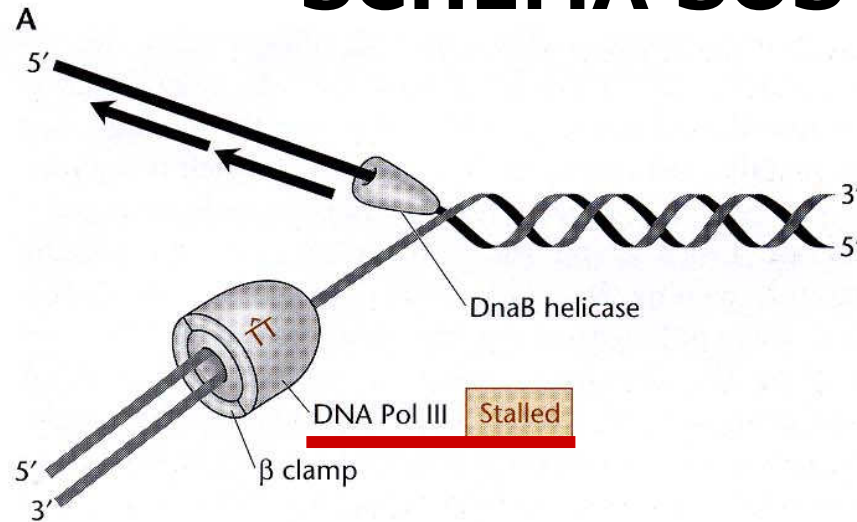
Před poškozením reprimuje LexA transkripci SOS-genů včetně operonu *umuDC*

Po mírném poškození DNA se RecA váže na ssDNA za tvorby RecA-nukleoproteinového filamenta, které se váže na LexA a ten je štěpen – dochází k expresi všech SOS-genů včetně *umuDC* (trimer UmuD₂C)

Po vysokém poškození se nahromadí RecA-np filamenta, která pak navodí štěpení UmuD a vytvoří se UmuD'₂C.

UmuC vázaný na UmuD'₂ je mutagenní polymeráza, která je schopná replikovat místa s poškozením za vzniku chyb (vkládá náhodně nukleotidy).

SCHÉMA SOS MUTAGENEZE

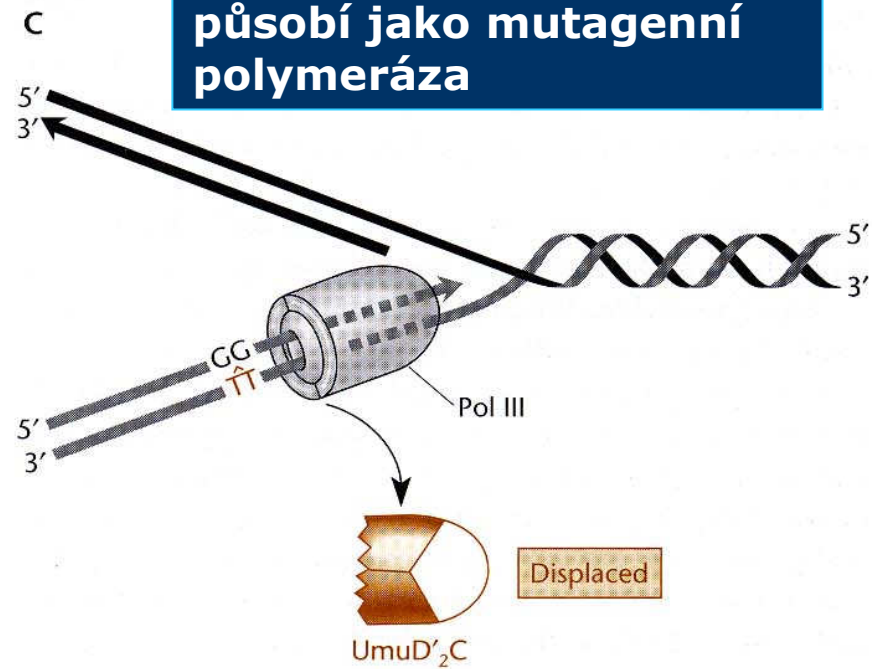


DNA-polymeráza V

Silné poškození DNA
RecA-ssDNA (RecA*)

UmuD → UmuD'

Komplex UmuD'₂C
působí jako mutagenní
polymeráza



TLS = translesion synthesis

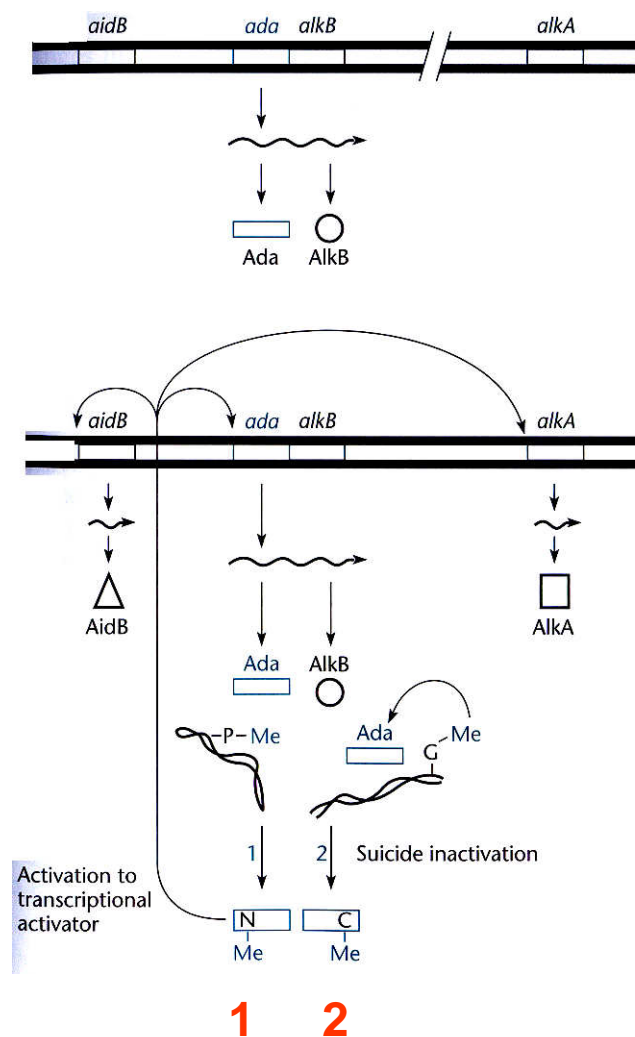
Další mutagenní polymerázy u bakterií

Polymeráza IV – produkt genu *dinB* u *E. coli* (jeden z SOS genů)

- Je příbuzná proteinu UmuC
- gen *dinB* je regulován represorem LexA
- při replikaci vytváří chyby i na nepoškozené DNA
- vytváří mutace v DNA infikujících fágů lambda
- **untargeted mutagenesis (UTM)** – důsledek působení mutagenních DNA-polymeráz

Biologická funkce?? – umožňuje replikaci DNA poškozené jinými typy poškození než těmi, která způsobuje UV

Regulace adaptivní odpovědi na alkylaci DNA

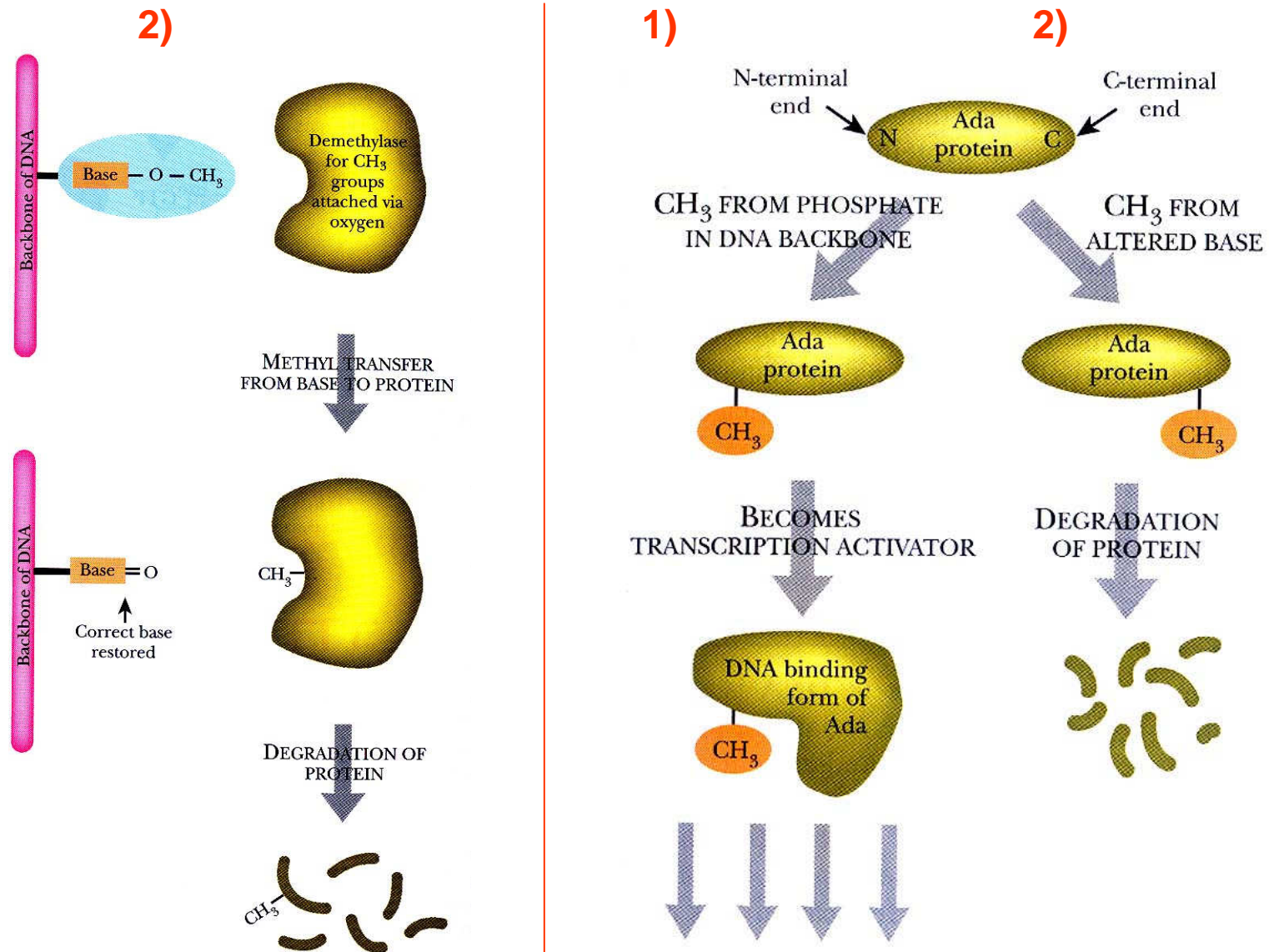


V buňce bez poškození se nachází jen několik molekul Ada proteinu. Po poškození DNA alkylační látkou přenáší Ada protein (metyltransferáza) alkylové skupiny z metylovaných fosfátů DNA na aminokyseliny umístěné na N- konci své vlastní molekuly, čímž se konvertuje na transkripční aktivátor (1), nebo přenáší alkylové skupiny z metylovaných bází na aminokyseliny na svém C-konci, což vede k inaktivaci Ada-proteinu (2).

Ke vzniku (1) dochází jen při silném poškození DNA, při nízkém poškození jsou pouze odnímány metylové skupiny z bází a protein Ada se inaktivuje.

biochemické funkce alkB a aidB zbývá objasnit

Dvojitá úloha proteinu Ada při reparaci alkylované DNA



Aktivace genů zodpovědných za reparaci

Adaptivní odpovědi na environmentální stres

- Vystavení *E. coli* netoxickým koncentracím peroxidu vodíku vede ke zvýšení následné schopnosti korigovat DNA poškození způsobované vyššími dávkami této látky.
- Adaptace k oxidativnímu stresu je nezávislá jak na alkylačním poškození, tak SOS odpovědi, a nevyžaduje *ada*, *lexA* nebo *recA* proteiny.
- V přítomnosti peroxidu je indukováno nejméně 30 proteinů ze dvou regulonů. OxyR funguje jako pozitivní regulátor devíti genů, z nichž čtyři byly identifikovány: kataláza/peroxidáza, glutationreduktáza, mangan superoxiddismutáza, a NAD(P)H-dependentní alkylhydroperoxidreduktáza.

Mutátorové kmeny u *E. coli*

Locus	Map position (min)	Specificity	Strength	Defect (if known)
<i>mutT</i>	2	A:T → C:G transversions	Moderate	Prevents incorporation of A:8-oxodG mispairs by hydrolyzing 8-oxodGTP
<i>mutH</i>	61	G:C → A:T and A:T → G:C transitions; frameshifts	Strong	Lacks methyl-directed mismatch repair system
<i>mutL</i>	95	G:C → A:T and A:T → G:C transitions; frameshifts	Strong	Lacks methyl-directed mismatch repair system
<i>mutS</i>	59	G:C → A:T and A:T → G:C transitions; frameshifts	Strong	Lacks methyl-directed mismatch repair system
<i>uvrD</i> (<i>mutU</i>)	86	G:C → A:T and A:T → G:C transitions; frameshifts	Strong	Lacks helicase II and the methyl-directed mismatch repair system
<i>mutD</i>	5	All base substitutions; frameshifts	Very strong	Altered ε subunit of DNA polymerase III
<i>mutY</i>	64	G:C → T:A transversions	Moderate	Lacks glycosylase that corrects G:A and 8-oxodG mispairs
<i>mutM</i>	82	G:C → T:A transversions	Moderate	Fapy glycosylase (8-oxodG glycosylase)
<i>mutA</i>	95	A:T → T:A, G:C → T:A, and A:T → C:G transversions	Moderate	
<i>mutC</i>	42	A:T → T:A, G:C → T:A, and A:T → C:G transversions	Weak/moderate	
<i>dam</i>	74	G:C → A:T and A:T → G:C transitions; frameshifts	Moderate	Lacks DNA adenine methylase
<i>ung</i>	56	G:C → A:T transitions	Weak/moderate	Lacks uracil-DNA glycosylase
<i>sodA</i>	88		Weak	Lacks superoxide dismutase, manganese
<i>oxyR</i>	89		Weak	Lacks positive regulator of oxidative damage genes
<i>polA</i>	87	Frameshifts; deletions	Weak/moderate	Lacks DNA polymerase I

