

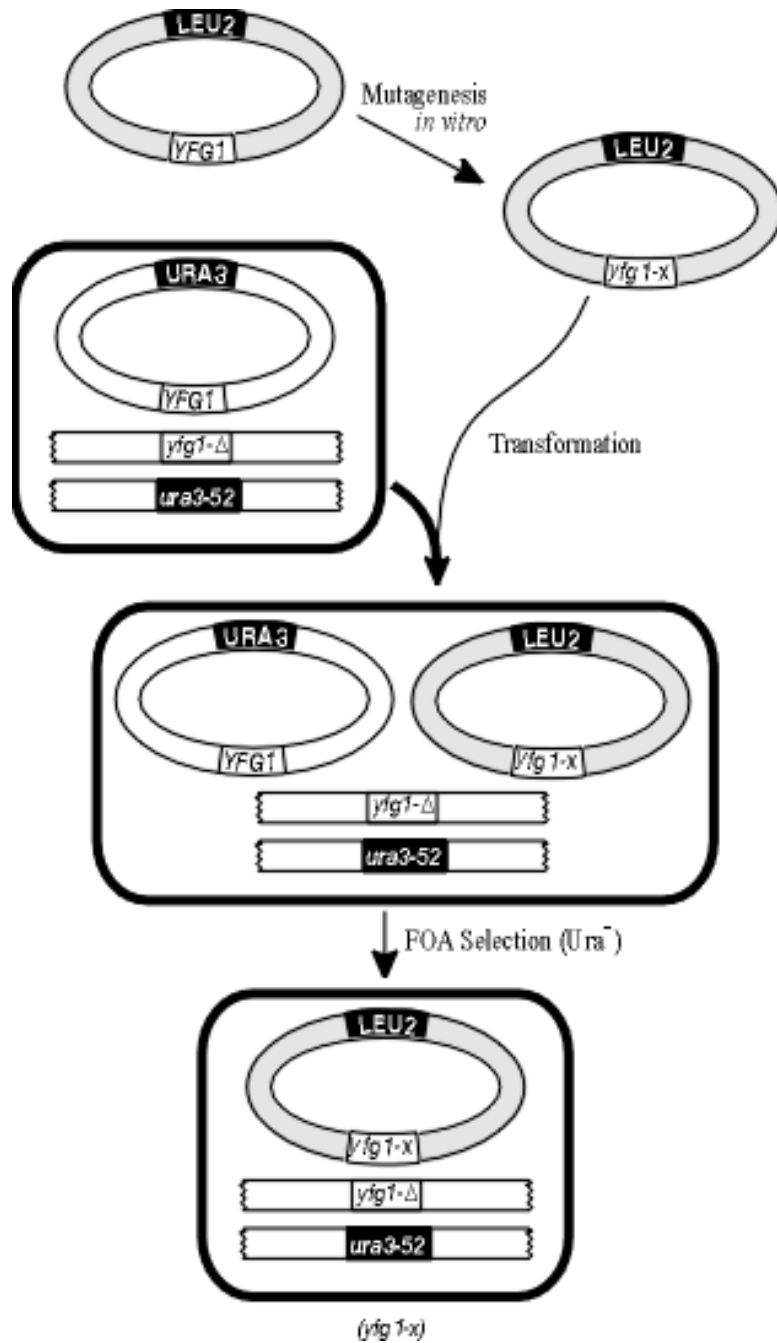
Osnova 5. přednášky

- Genetické metody
 - analýza esenciálních genů (ts mutanty)
 - tetrádová analýza
 - genetické interakce
 - mutageneze/“screen“
- Buněčný cyklus
 - průběh a regulace BC
 - synchronizace buněk
 - mechanismy regulace párování
 - homothalické kmeny

Delece/mutace genu

- Studium funkce genu – delece nebo mutace genu
 - **esenciální gen** => buňky potřebují gen např. na plasmidu
 - **plasmid shuffling**
 - => buňky potřebují funkční gen aspoň za určitých podmínek (kondicionální exprese nebo kondicionální mutanty – **ts mutanty**)
 - => buňky potřebují aspoň „částečně“ funkční gen – **hypomorfní mutanty**
- **ne-esenciální gen** – lze přímo deletovat v genomu haploidní buňky (předchozí přednáška)
- deleční/mutantní kmeny se testují na životaschopnost ... za různých podmínek – dále je lze křížit s funkčně podobnými geny/mutantami a hledat jejich funkční vztahy (synthetic lethal x epistatic x suprese)

Plasmid shuffling



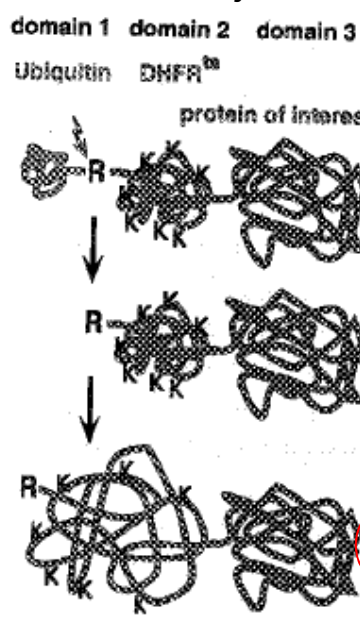
Pokud je *YFG1* **esenciální** musí být v deleční mutantě přítomna extra divoká kopie genu např. na *URA3* plasmidu, který lze odstranit (pomocí *FOA*) – analýza terminálního fenotypu

Na dalším plasmidu může být vnesena mutovaná verze *yfg1* – její efekt se projeví až po odstranění plasmidu s divokou kopií genu (pomocí *FOA*)

Podobně lze použít *ade2*, *ade3* systém s *YFG1* wt genem na plasmidu s *ADE3* (kolonie jsou červené díky *ade2* mutaci) – po ztrátě plasmidu jsou sektory kolonii bílé (bez *Ade3p* enzymu je metabolická dráha blokována dříve než vzniká červený metabolit)

Analýza esenciálních genů: ts mutanty

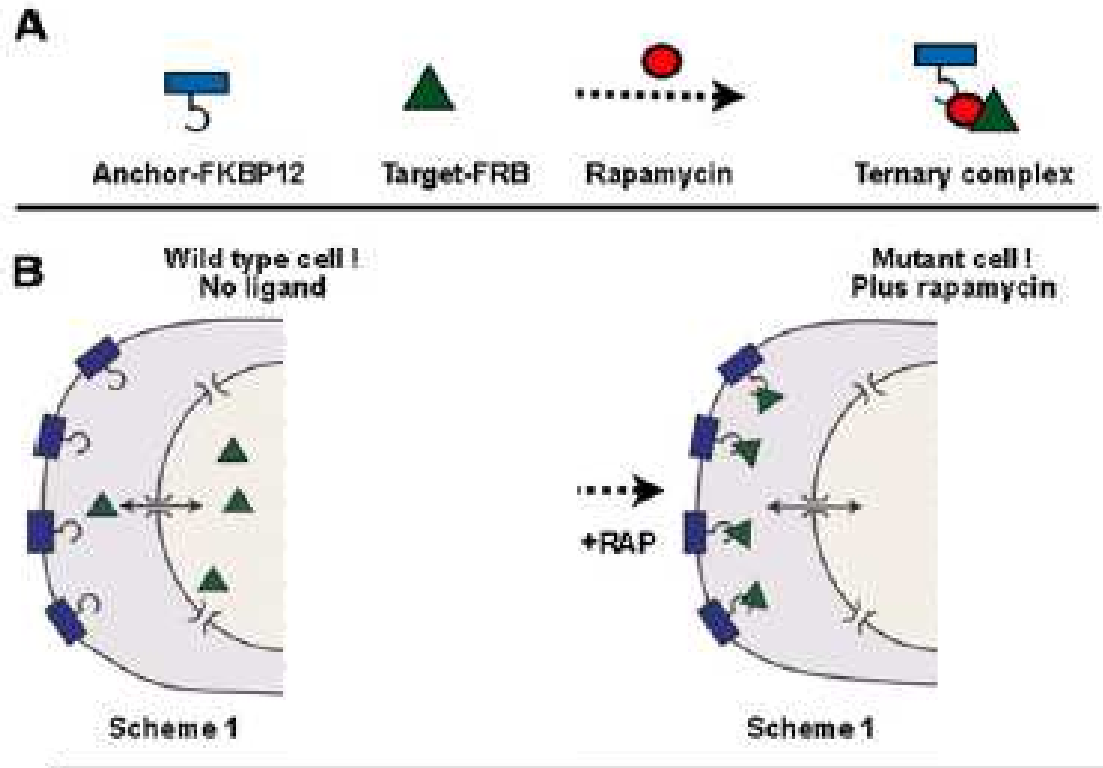
- **ts mutanty** jsou výhodné pro studium funkce esenciálních genů – mutanty jsou normální na permissivní (25°C) teplotě, ale nemohou dokončit buněčný proces vyžadující aktivní protein za restriktivní teploty (37°C)
- ts mutanty = většinou nestabilní proteiny, které se při zvýšené teplotě denaturují/ztrácí aktivitu a jsou degradovány



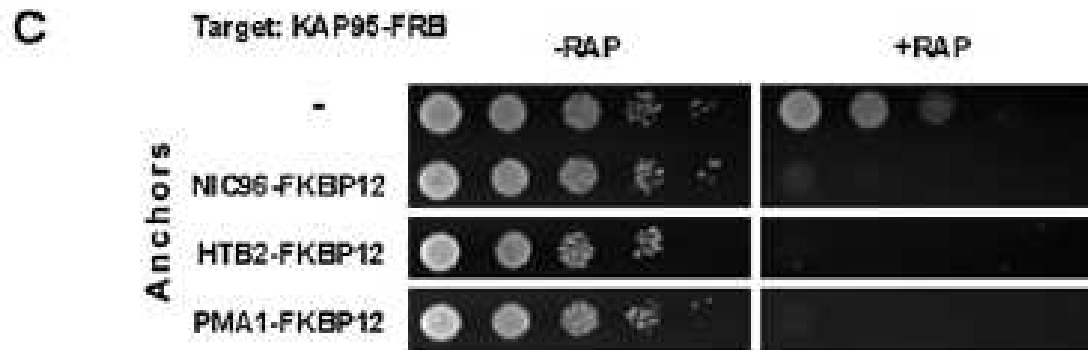
T(°C)	Half-life in <i>S. cerevisiae</i>		Phenotypes with Ura3 as domain 3		Phenotypes with Cdc28 as domain 3	
	<i>UBR1</i>	<i>ubr1Δ</i>	<i>UBR1</i>	<i>ubr1Δ</i>	<i>UBR1</i>	<i>ubr1Δ</i>
23°C	deubiquitination (cotranslational)					
23°C	long	long	Ura ⁺	Ura ⁺	growth	growth
37°C	short	long	Ura ⁻	Ura ⁺	arrest	growth

- ubiquitinace „označuje“ proteiny pro proteasom (degradaci)
- ts alela DHFR je degradována (nestabilní protein – strukturní mutace)
- fúze DHFR (ts alely) s heterologním proteinem => celý protein je na 37°C degradován
- je možno využít pro přípravu ts mutantních kvasinek (fúze s CDC28 – kvasinky arestují v G1 fázi – sleduje se **terminální fenotyp**)

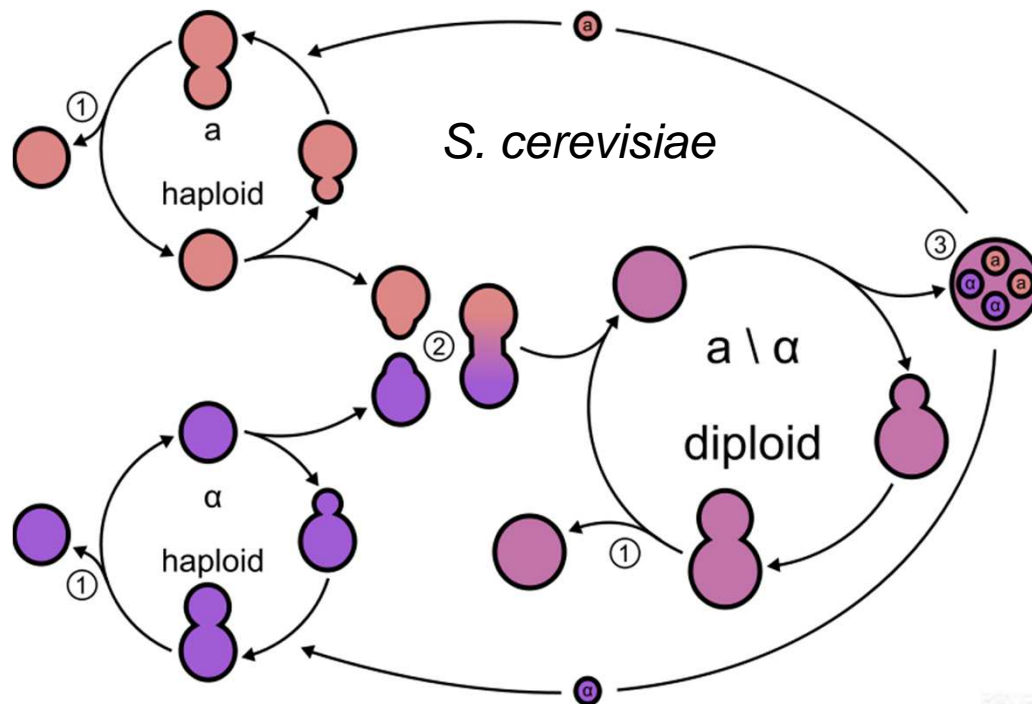
Rychlé vyřazení proteinu z funkce



protein je cíleně relokizován tj. vyřazen z funkce (např. transkripční faktor je pomocí rapamycinového systému „vytažen“ z jádra – transkripce nebude spouštěna)



Životní cyklus kvasinek

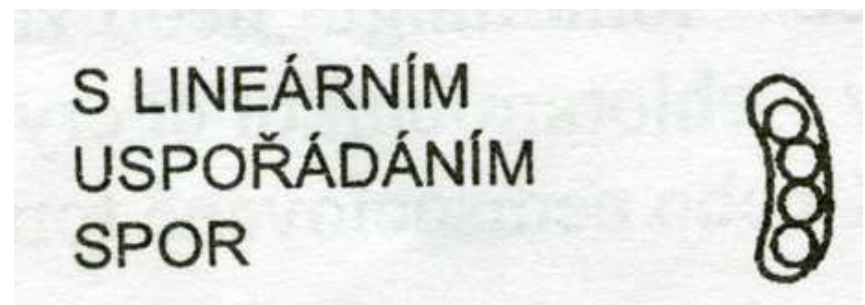
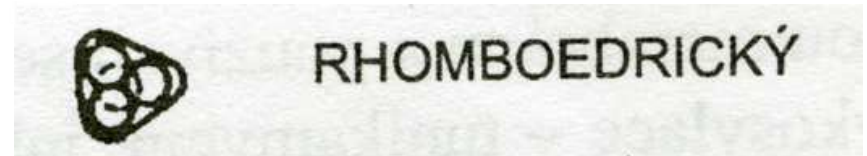


- Deleci či mutaci lze provést v haploidní či diploidní buňce

- v haploidní buňce hrozí suprese defektu proto je lépe používat diploidní buňky (druhá kopie zůstává nezměněná)

- lze připravit dvojitýho mutantu křížením haploidních mutantů a poté sporulací diploida

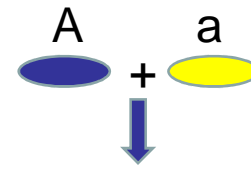
- pouzdro spory je třeba rozrušit a pomocí mikromanipulátoru získat jednotlivé haploidní buňky (lze provést i tzv. random sporulation)
- u *S.pombe* jsou diploidní buňky nestálé a okamžitě sporulují (pouzdro se rozpadá samo)



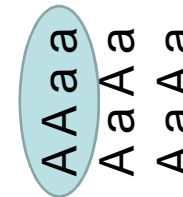
Tetrádová analýza



vřecko
4 spory



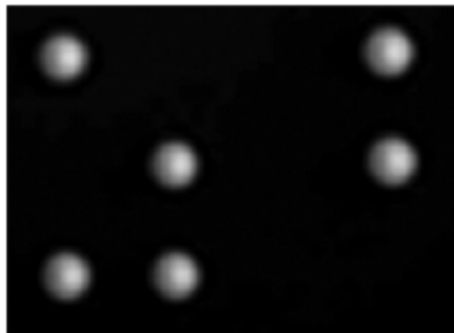
křížení
haploidní buňky
1 gen



segregace 2:2
Mendlovy zákony



esenciální gen



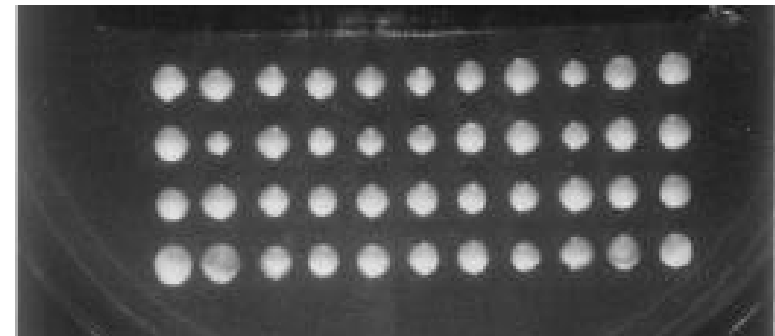
integrace

A a a A

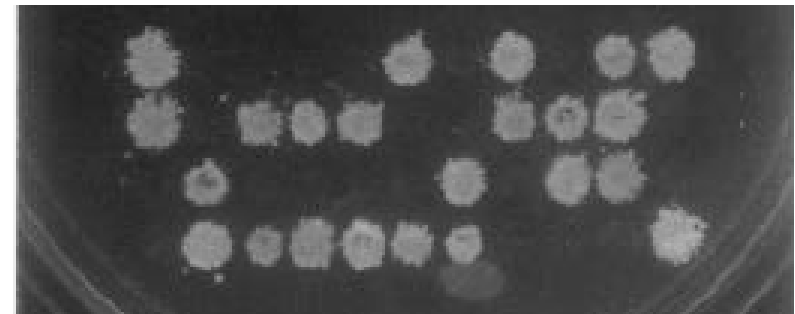
a A a A

AA a a

neesenciální gen



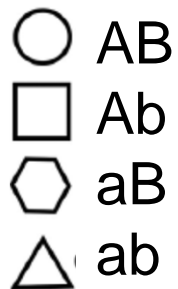
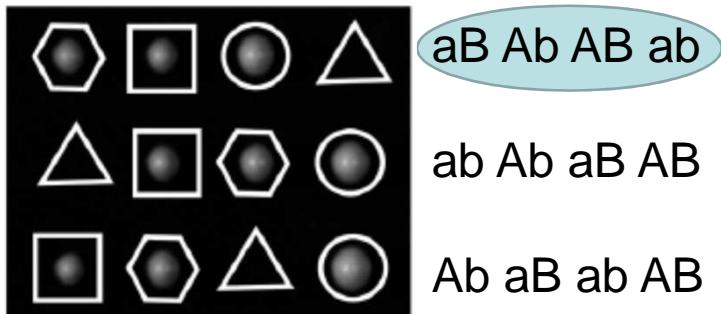
YPD



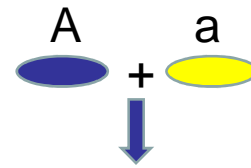
Selektivní médium
(SD-ura ... testy)

Tetrádová analýza

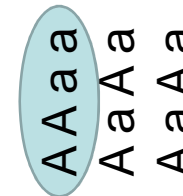
Analýza genetických interakcí
(funkčních vztahů)



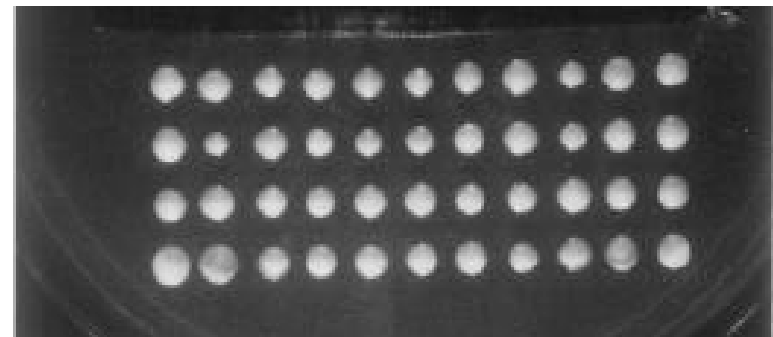
kombinace těchto
mutací je synteticky
letální



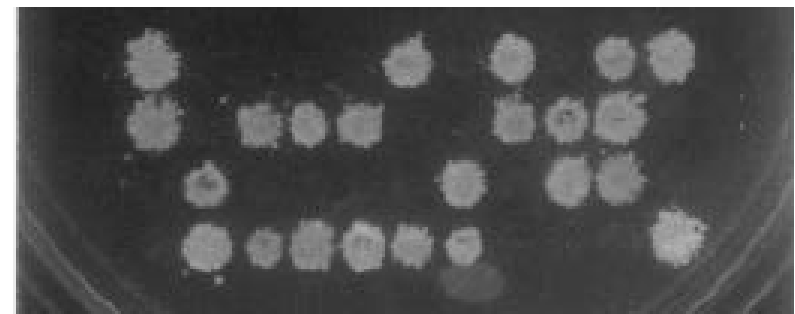
křížení
haploidní buňky
1 gen



segregace 2:2
Mendlovy zákony



YPD



Selektivní médium
(SD-ura ... testy)

Dvojité mutanty – funkční příbuznost

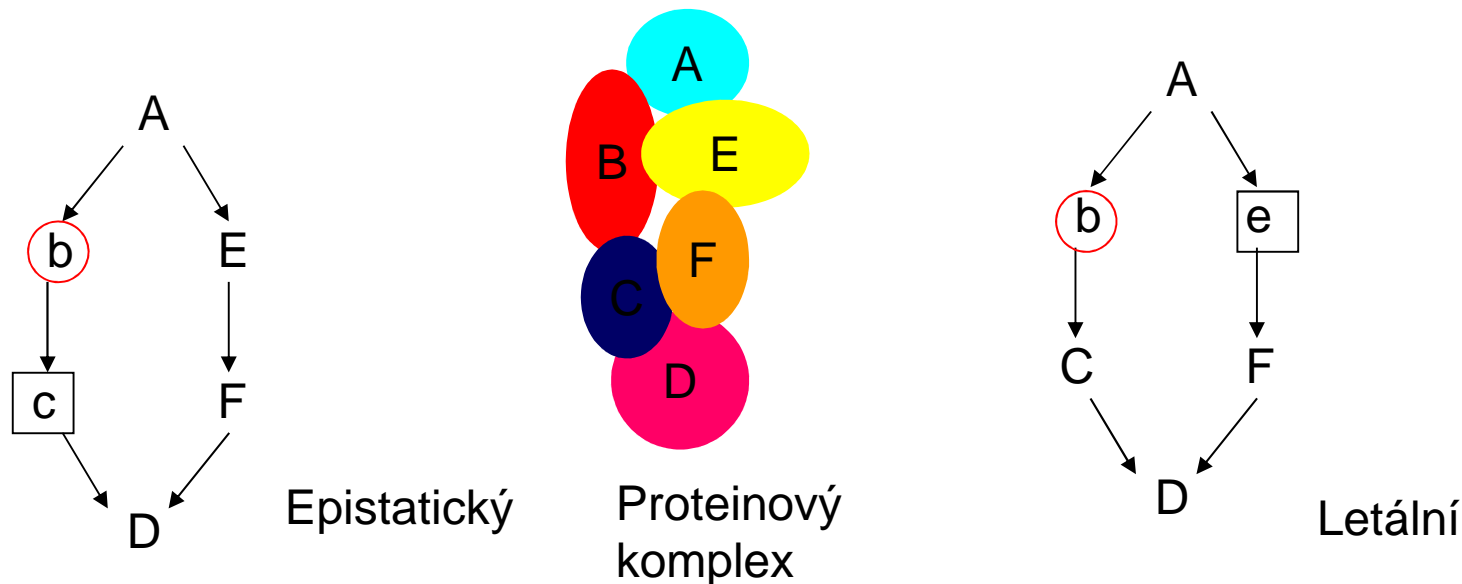
haploid x haploid => diploid – stejný fenotyp - identický gen (komplementační skup.)

- bez fenotypu – díky wt alele (různé geny)

sporulace => haploid – stejný fenotyp – epistatický (funkčně příbuzné geny)

- aditivní až letální (paralelní dráha, redundance, rozpad komplexu)

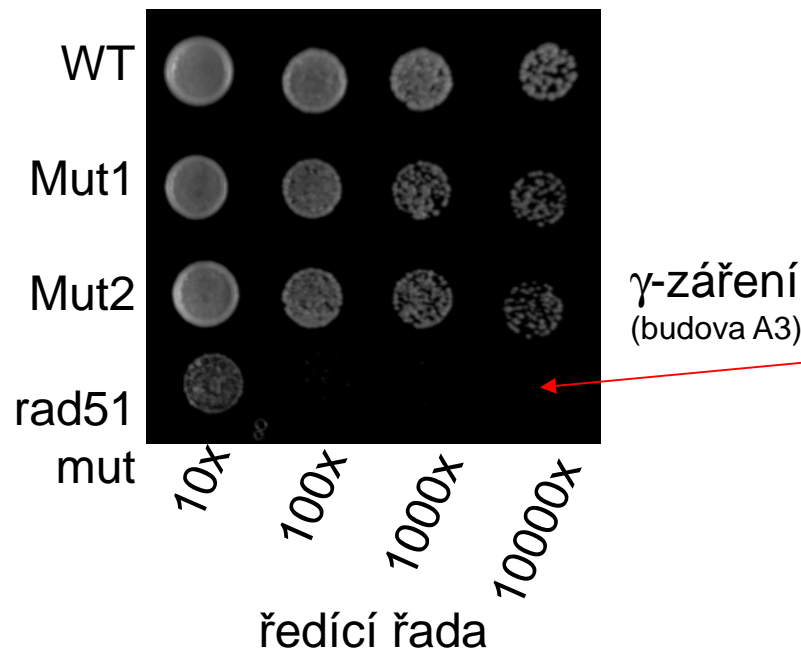
- suprese (mutace může napravit původní defect, eliminace toxicity ...)



Mutagenese pomocí hydroxylaminu ... hledání (screening) letálního mutanta – mutagenese kmene s vypínatelným plasmidem (promotor nebo FOA – viz *plasmid shuffling*)

- Studium metabolických drah (*URA, GAL ...*)
- ... flokulace, aglutinace (*FLO, AGA ...*)
- ... **sekrece**, endocytózy, morfogeneze (*SEC, END ... ORB*)
- ... mechanismu párování (*STE ...*)
- ... vlivu záření na buňky ... *rad* mutanty (např. *RAD21*, *RAD50*, ***RAD51***)
- ... buněčného cyklu (***CDC ...***)

sec
mutanty



- Studium metabolických drah (*URA, GAL ...*)
- ... flokulace, aglutinace (*FLO, AGA ...*)
- ... **sekrece**, endocytózy, morfogeneze (*SEC, END ... ORB*)
- ... mechanismu párování (*STE ...*)
- ... vlivu záření na buňky ... *rad* mutanty (např. *RAD21, RAD50, RAD51*)
- ... buněčného cyklu (***CDC*** ...)

Allele	Reverts?	Notes	Molecular description ^a	Reference
<i>ade2-101</i>	yes	ochre mutation, red colonies	G to T transversion at nucleotide 190, changing amino acid 64 from a Glu to a STOP	Gai and Voytas, 2005
<i>his3-200</i>	no	Cold sensitive; high frequency of petite formation, especially during transformation.	1 kb deletion , (-205 to 835)	Struhl 1985 ; Fasullo and Davis 1988
<i>leu2-3,112</i>	no	double mutant	GTT-to-GCT missense change at codon 69, G insertion at nucleotide 249, G insertion at nucleotide 792, GAC-to-AAC missense change at codon 300.	Hinnen et al. 1978 ; Gaber and Culbertson 1982 ;
<i>trp1-1</i>	yes	amber mutation	GAG-to-TAG amber (STOP) nonsense change at codon 83	McDonald, et al. 1997

Izolace mutant

Cloning the Wild-type Gene by Complementation

Transform a *MATa yfg1 ura3-52* strain with a YCp50 library.

Isolate Ura⁺ transformants and score for Yfg⁺



Kontrola závislosti na plasmidu na FOA plotnách

Recover the YCp-*YFGI*⁺ plasmid in *E. coli*

Analyze the plasmid by digestion with restriction endonucleases and DNA sequencing



Ověření pravosti (mutant+delece) X supresor na plasmidu

dnes - NGS

PCR genom sekvenace

Mutagenesis of a haploid *MATa* strain



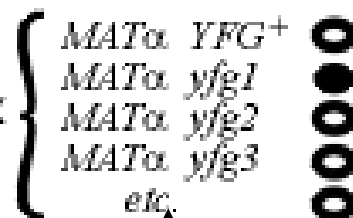
Detection of Yfg⁻ *ura, ade, rad ...*



Yfg⁻

Complementation

Cross the Yfg⁻ *MATa* mutant to *MATa* tester strains. Isolate diploid strains. Score for Yfg⁺ and Yfg⁻



Křížení – ověření - jedna mutace, meioticky defekt - rozdělení do komplementačních skupin (allelická kompl)

Počet mutací

Meiotic Analysis

Cross mutant to *MATa YFG+*



Isolate a diploid strain and Sporulate



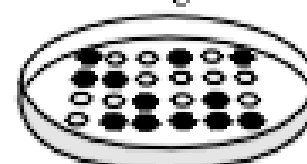
Digest ascus walls



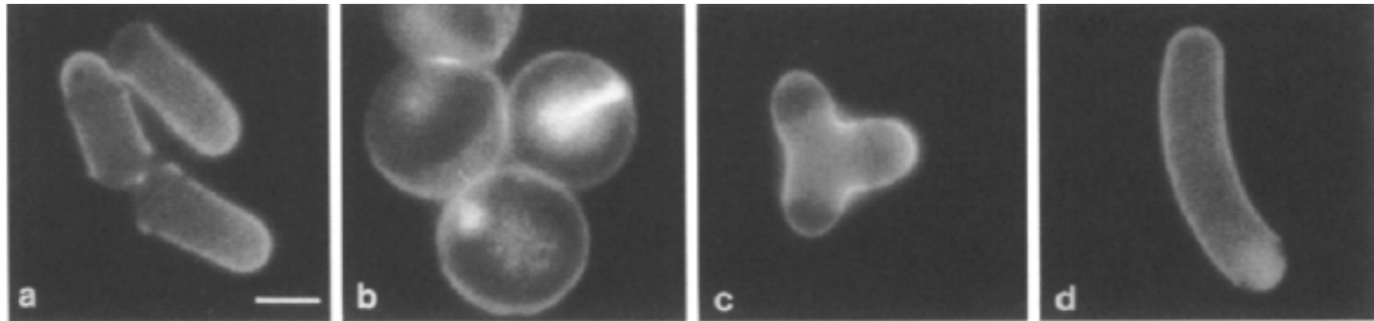
Dissect 4 spores of each tetrad



Score for Yfg⁺ and Yfg⁻



- mutagenese *S. pombe* – hledání ts mutant (55 000 kolonii) s defektní morfologií – našli 64 kmenů (3 druhy defektu: 51 kulatých=*orb*, 8 tip elongation aberrant=*tea*, 5 banana=*ban*)



- z 51 *orb* mutant křížených s WT segregovalo 43 v poměru 2:2 tj. jeden gen (8 sterilních), „linkage analysis“ mezi mutantami ukázala 12 *orb* genů (skupin – Tab. I) ... aktinový cytoskelet (polarizovaný růstu)

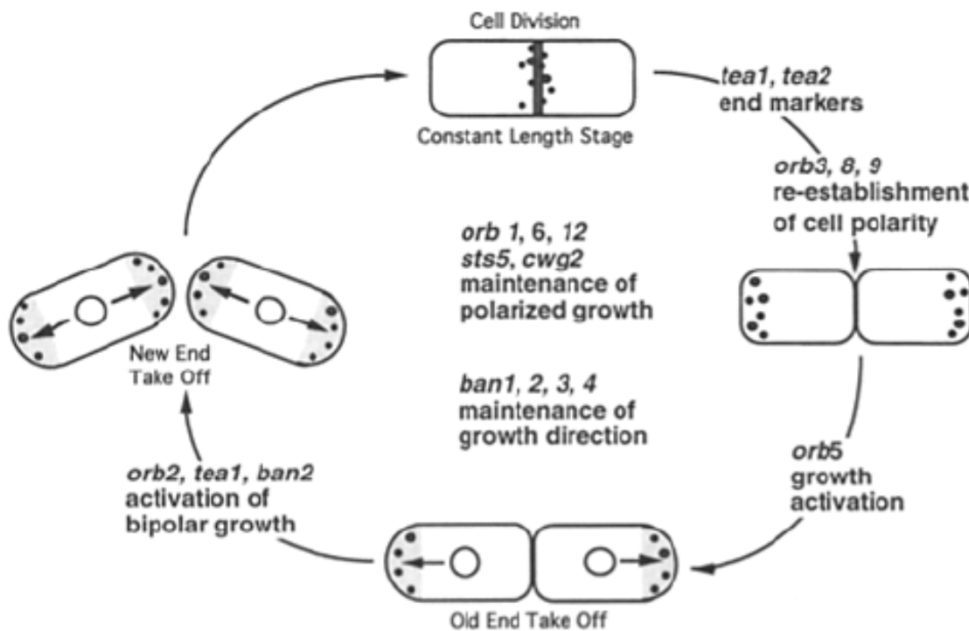


Table I. *orb* Genes

Gene	Alleles	Synthetic lethality	Close linkage*	Multicopy suppression
<i>orb1</i>	6 (3 [±])	<i>orb2, orb6</i>		
<i>orb2</i>	2 (4 [±])	<i>orb1, orb6</i>		
<i>orb3</i>	1 (1 [±])			
<i>orb4</i>	12 (1 [±])		<i>sts5</i> [§]	<i>pck1</i> ⁺ , <i>pyp1</i> ⁺
<i>orb5</i>	2 (2 [±])			
<i>orb6</i>	4	<i>orb1, orb2</i>		
<i>orb7</i>	1		<i>cwg2</i> ^l	
<i>orb8</i>	6	<i>orb9, orb11</i>		
<i>orb9</i>	1	<i>orb8, orb11</i>		
<i>orb10</i>	4			
<i>orb11</i>	2	<i>orb8, orb9</i>	<i>cwg1</i> ^{ll}	
<i>orb12</i>	2			<i>pck1</i> ⁺ , <i>pyp1</i> ⁺ , <i>ras1</i> ⁺

Nobelova cena za výzkum buněčného cyklu v roce 2001

Leland Hartwell začal studovat buněčný cyklus v 60. letech na *S. cerevisiae*.
- izoloval mutantní kvasinky s mutovaným genem - >100 genů kontrolujících
buněčný cyklus (např. *CDC28*) - také sledoval citlivost kvasinek na
poškození DNA radiací - zjistil, že BC je při poškození DNA zastaven – aby
získal čas na opravu DNA

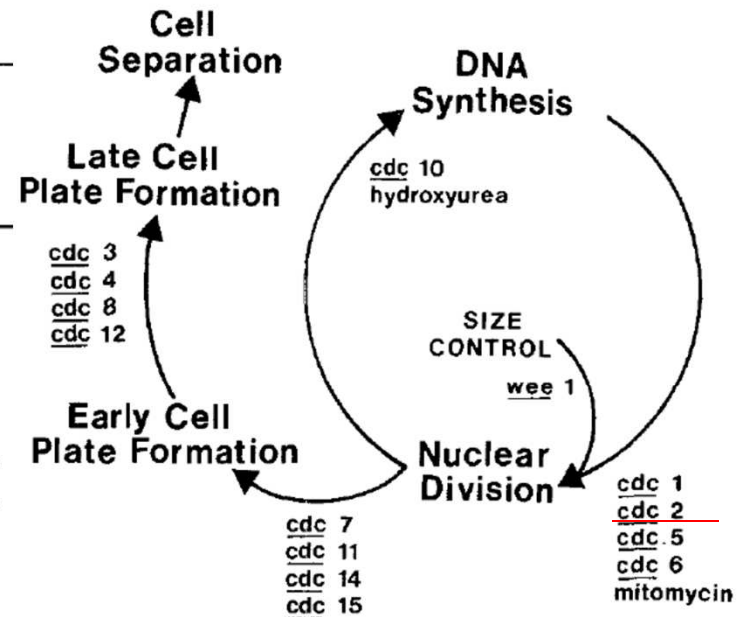
Paul Nurse studoval buněčný cyklus na *S. pombe* - v 70. letech objevil gen
Cdc2 (homolog *CDC28*) - zodpovědný za regulaci většiny fází BC - v roce
1987 izoloval homologní lidský gen a nazval jej CDK1 (cyclin dependent
kinase).



Tim Hunt na začátku 80. let objevil první cyklin – cykliny jsou proteiny, které
jsou syntetizovány a odbourávány (ubikvitinace) během určité části
buněčného cyklu. Cykliny se váží na CDK a regulují jejich aktivitu.

Nobelova cena za výzkum buněčného cyklu v roce 2001

Gene	Allele	Transition point	fgDNA/nucleus after 5 h at 35° C ^a	Defect	Notes
<i>cdc 1</i>	7	0.69	32.6	Nuclear division	
„	18	0.74	30.1	„	
<u><i>cdc 2</i></u>	33	0,78	30.2	„	
„	56	0.69	–	„	
„	130	0.74	–	„	
<i>cdc 5</i>	120	0.79	31.1	„	leaky ^b
<i>cdc 6</i>	23	0.44	–	„	leaky ^b
„	121	0.38	32.1	„	
<i>cdc 10</i>	129	–0.10	20.3	DNA Synthesis	
„	28	–0.10	–	„	
<i>cdc 13</i>	117	0.64	30.5	Nuclear division	Forms multiple cell plates
–	22	0.88	33.1	„	Sterile

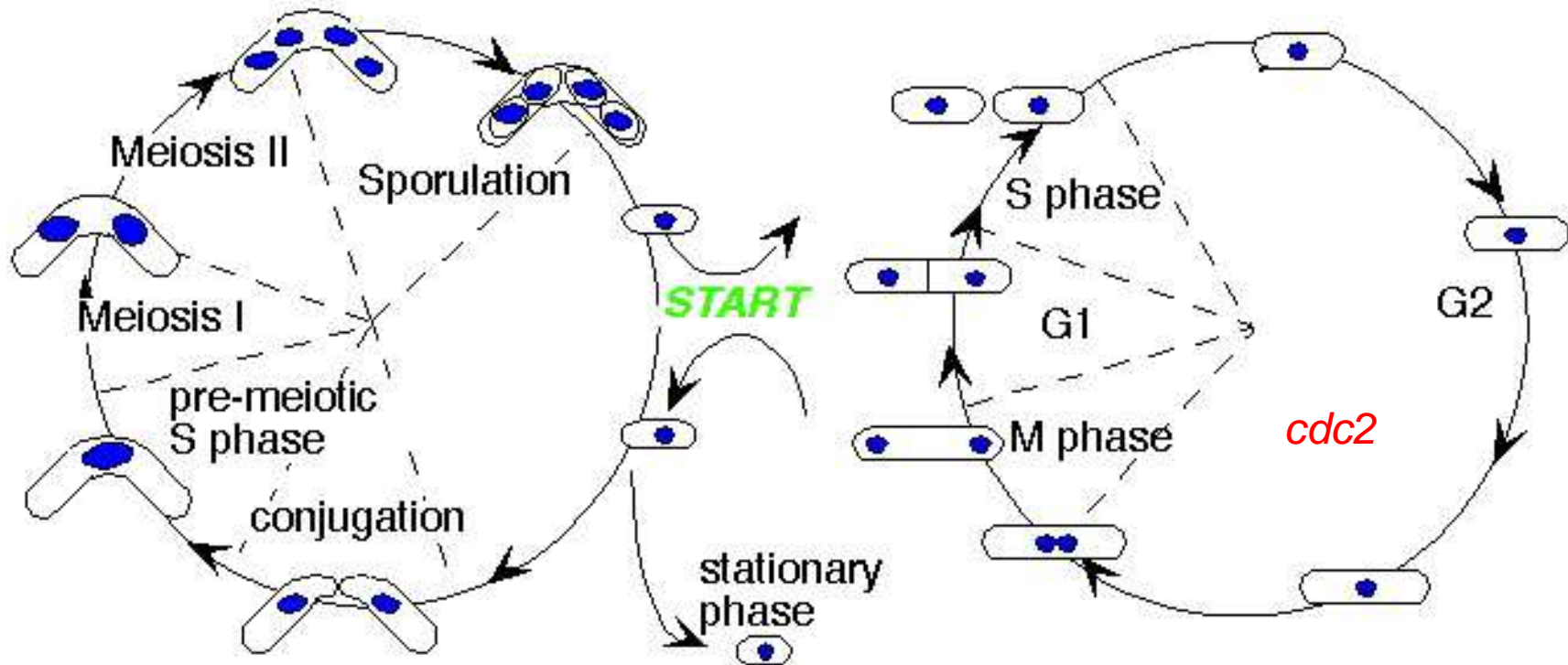


Paul Nurse studoval buněčný cyklus na *S. pombe* - v 70. letech objevil gen *Cdc2* (homolog *CDC28*) - zodpovědný za regulaci většiny fází BC - v roce 1987 izoloval homologní lidský gen a nazval jej CDK1 (cyclin dependent kinase).

Nurse et al, MGG, 1976

Buněčný cyklus *S. pombe*

S. pombe má **rovnocenné dělení** - vznikají buňky stejné velikosti – hned vstupují do S fáze (jsou dostatečně velké) – pro vstup do mitózy musí být dvojnásobná velikost (kontrola v G2 fázi => nejdelší je G2 fáze)



Meiotic cycle

Vegetative (mitotic) cycle

- nestálé diploidní buňky vstupují do meiosis hned po konjugaci (*ade6-M210xade6-M216*)
- pro konjugaci je kritická G1 fáze jako u *S. cerevisiae*

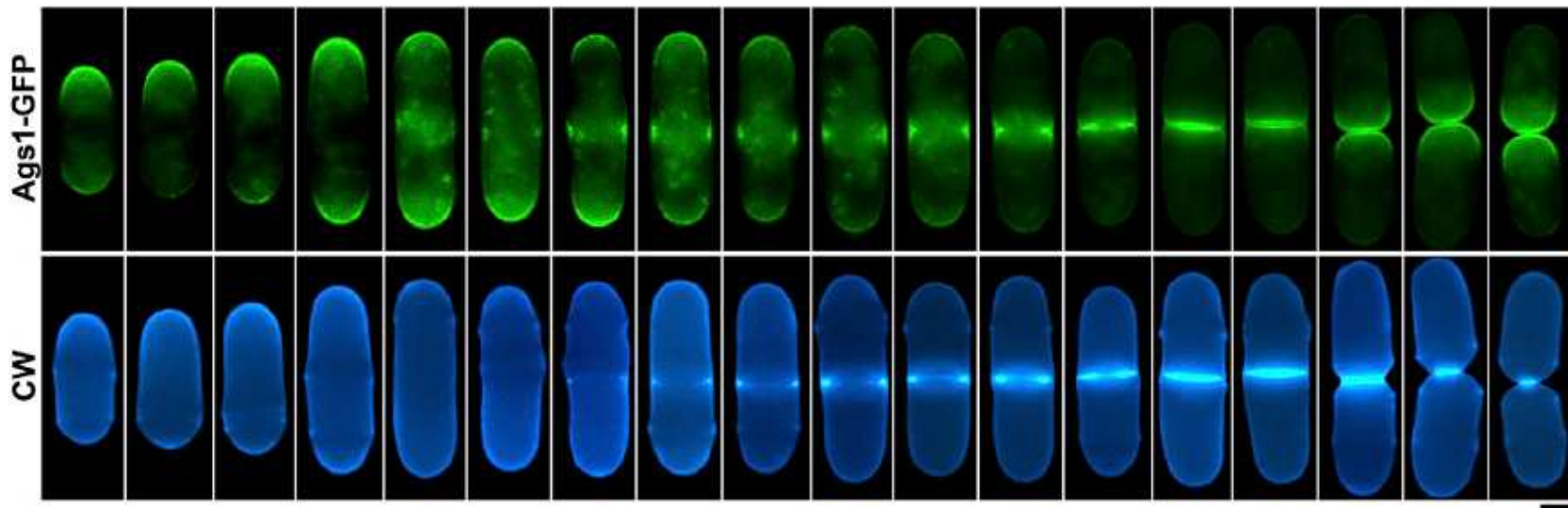
Hoffmann a spol, Genetics, 2015
<http://www.genetics.org/content/suppl/2015/10/02/201.2.403.DC1>



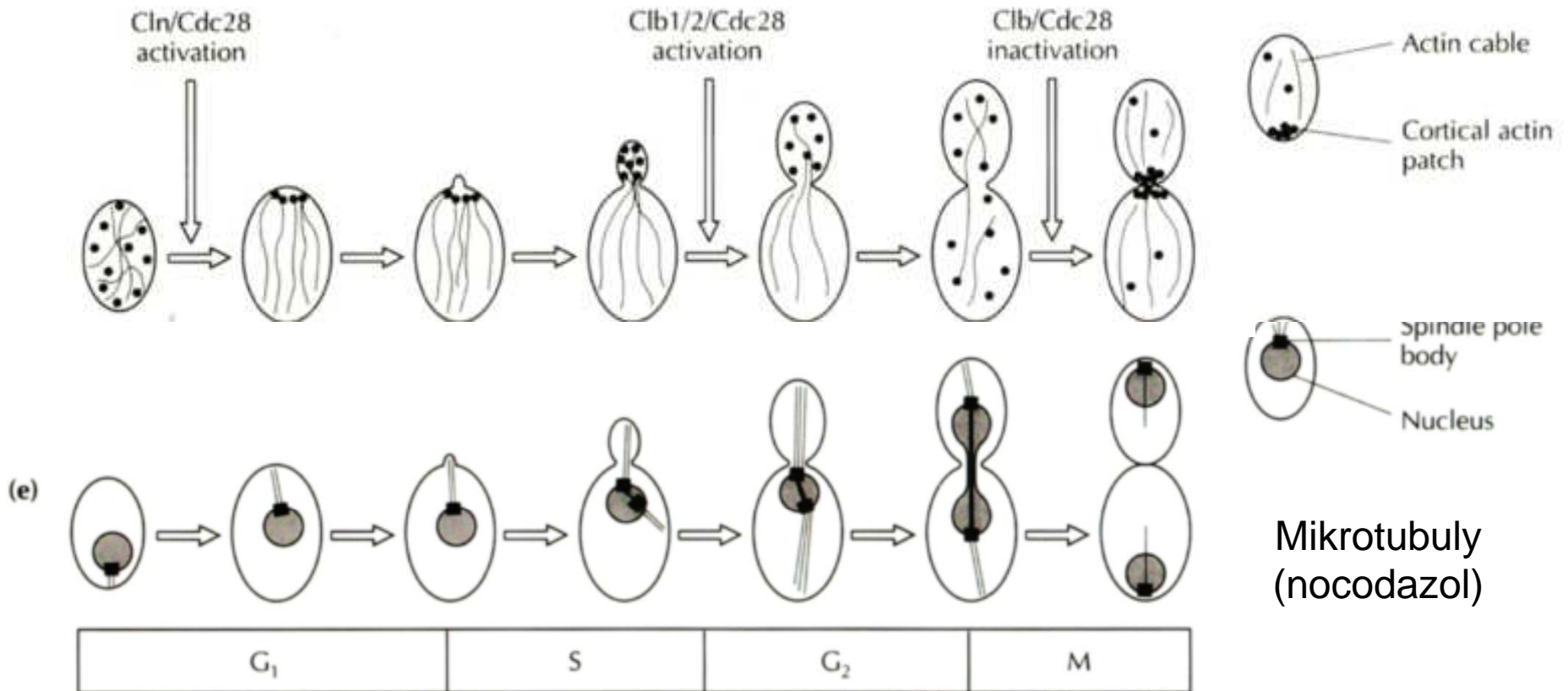
sekrece ... aktinový cytoskelet
jsou důležité pro procesy
polarizace ... v průběhu
buněčného cyklu ...
mating/fusion ...

- Více prof. Svoboda

Cortes et al, JCB, 2012

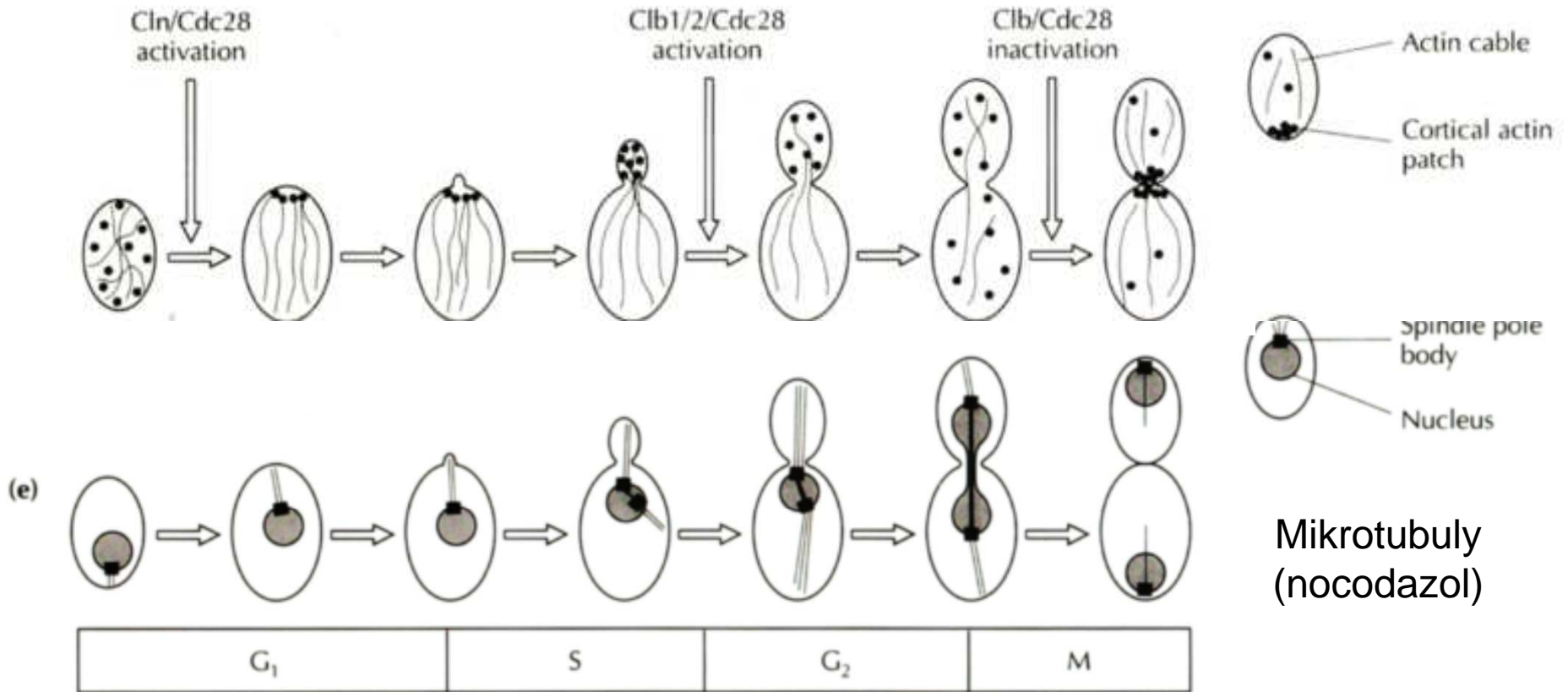


Buněčný cyklus *S. cerevisiae*



- zahájení tvorby pupene a duplikace SPB – začátek S fáze
- rozchod jaderných plaků na opačné póly – přechod z S do G₂ fáze
- jádro se protahuje – začátek M fáze (mitózy) - mikrotubuly
- oddělení pupene – cytokineze – přechod z M do G₁
- oddělená dceřiná buňka je menší než mateřská – **nerovnocenné dělení**– pro další dělení musí dosáhnout určité velikosti => dlouhá G₁ fáze

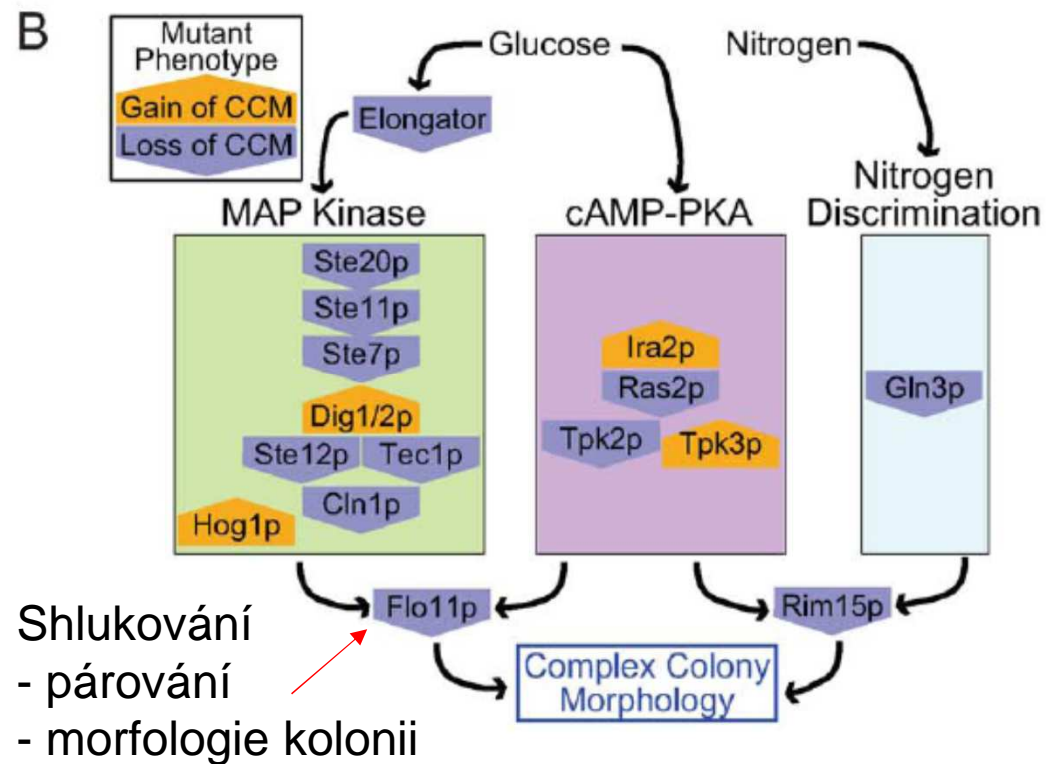
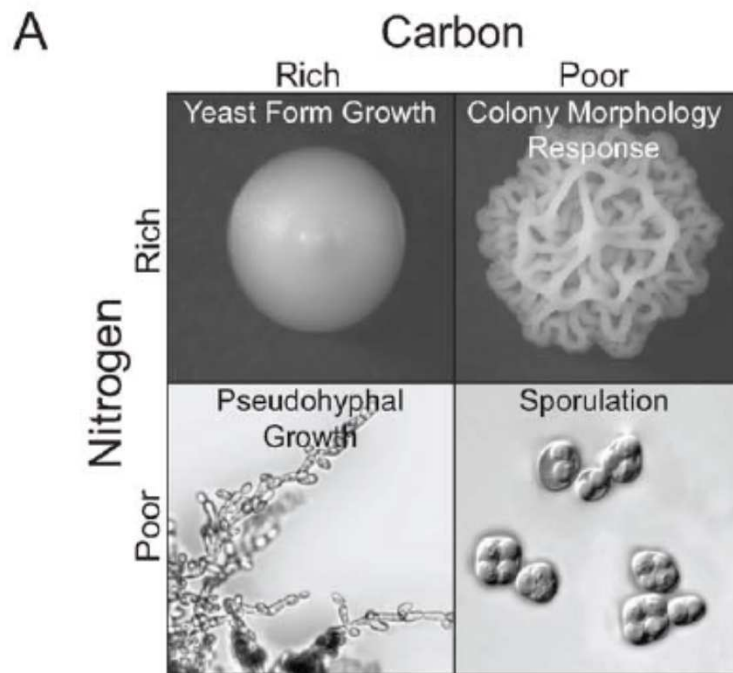
Synchronizace *S. cerevisiae* buněk



- v úseku A jsou buňky „nedorostlé“ – elutriace (centrifugace dle velikosti buněk) – tzv. **G₀ synchronizace**
- v úseku B se rozhoduje o konjugaci - za přítomnosti alfa-faktoru (krátký syntetický peptid) dochází k zastavení buněčného cyklu – **G₁ synchronizace**
- HU inhibuje syntézu nukleotidů potřebných pro replikaci – **synchronizace v S fázi**
- nocodazol blokuje polymeraci tubulinu – schází mikrotubuly pro mitózu – **G₂ synchronizace**
- ts mutanty různých *CDC* genů – různé fáze buněčného cyklu

Klíčovým mezníkem BC u *S. cerevisiae* je START, kdy se rozhoduje o přechodu z G1 do S fáze:

- pro další dělení musí buňka v G1 fázi dosáhnout určité velikosti
- při nedostatku živin aretuje v G1 nebo posléze přechází do stacionární fáze (vyčerpání živin)
- nedostatek dusíku – růst pseudohyf
- při nedostatku N a C (diploidní buňky) zastavují v G1 a zahajují sporulaci
- haploidní buňky v přítomnosti partnera zastavují v G1 fázi a konjugují

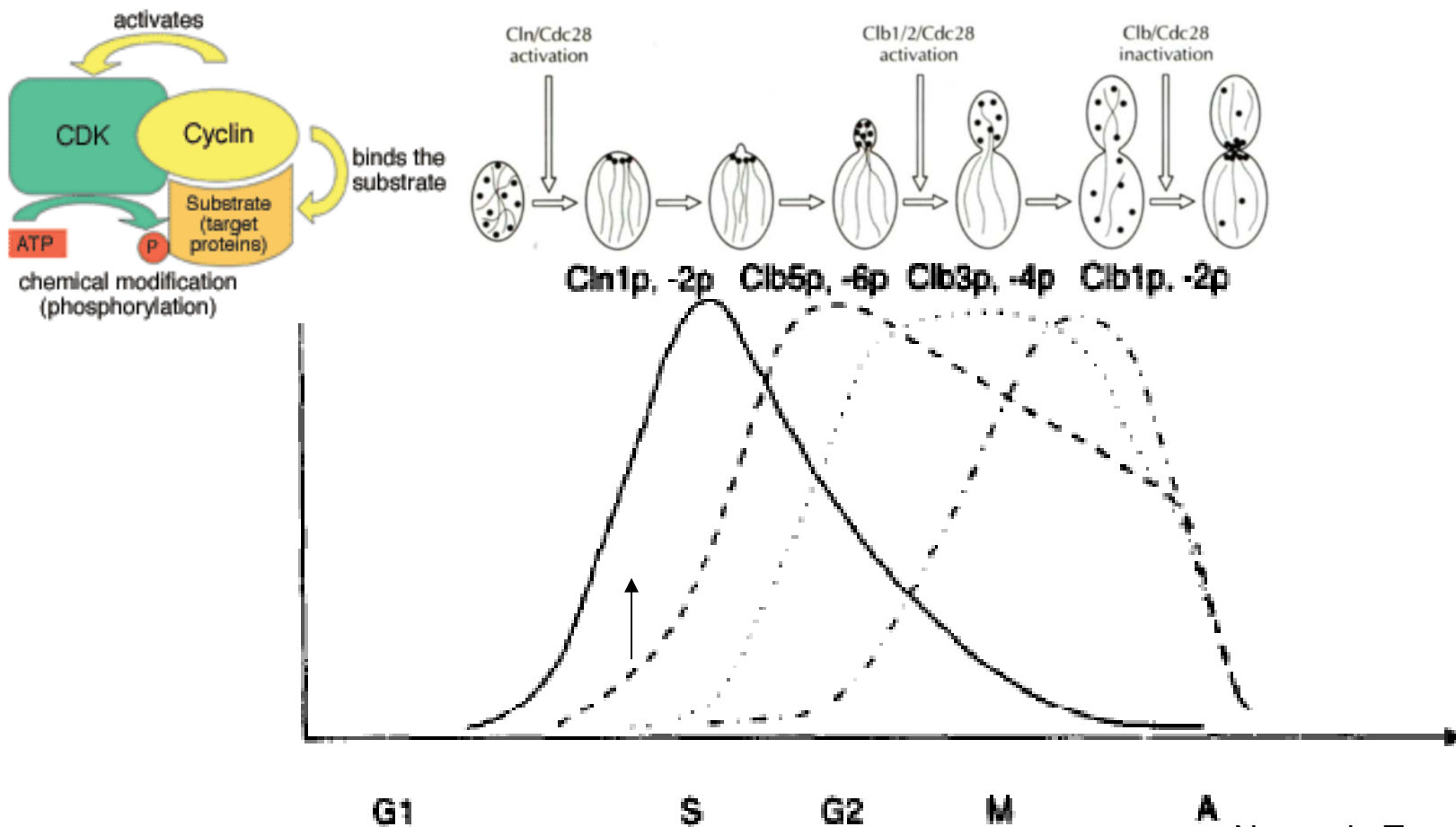


Granek and Magwene, PLoS Genet (2010)

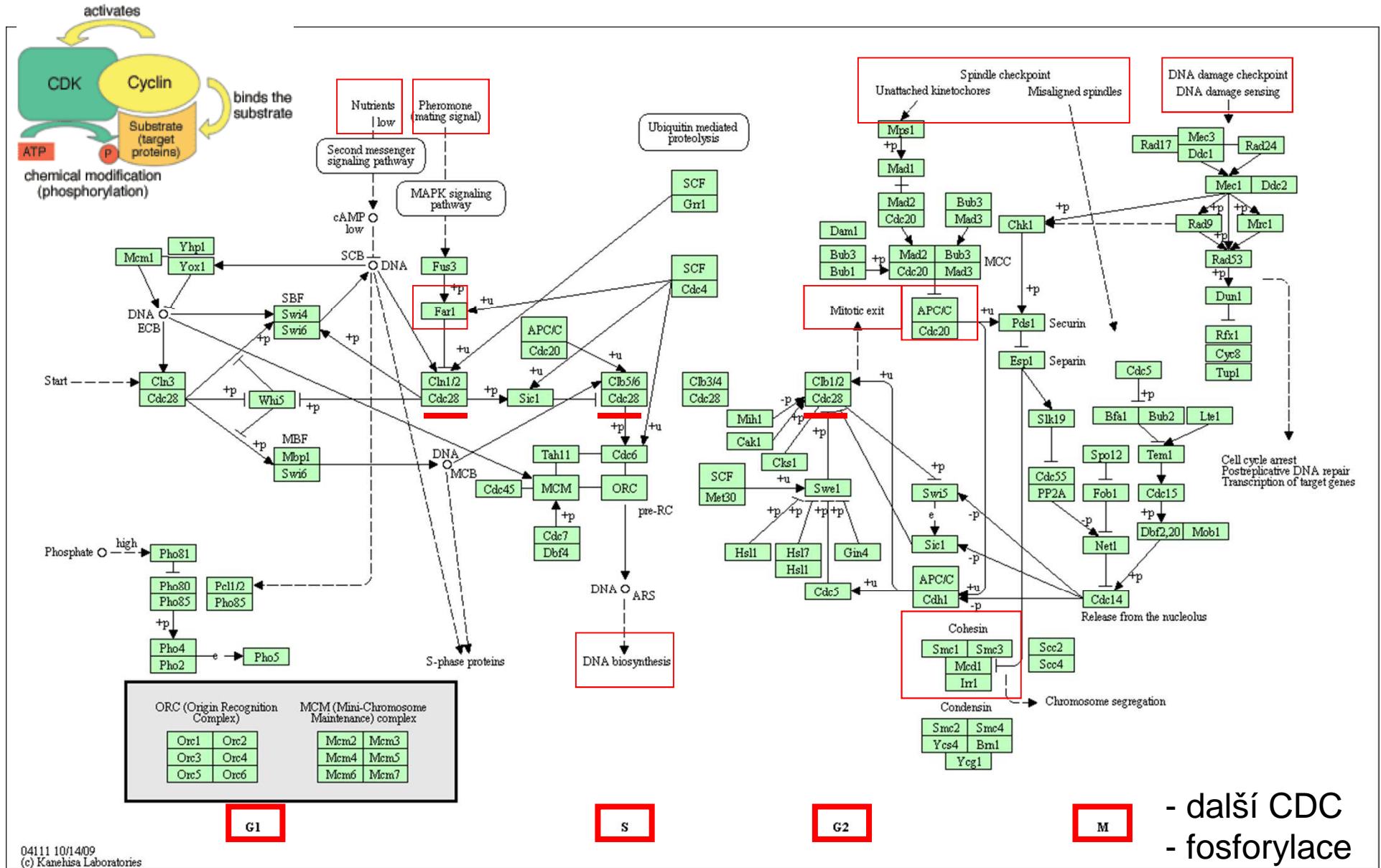
CDC28 a cykliny u *S. cerevisiae*

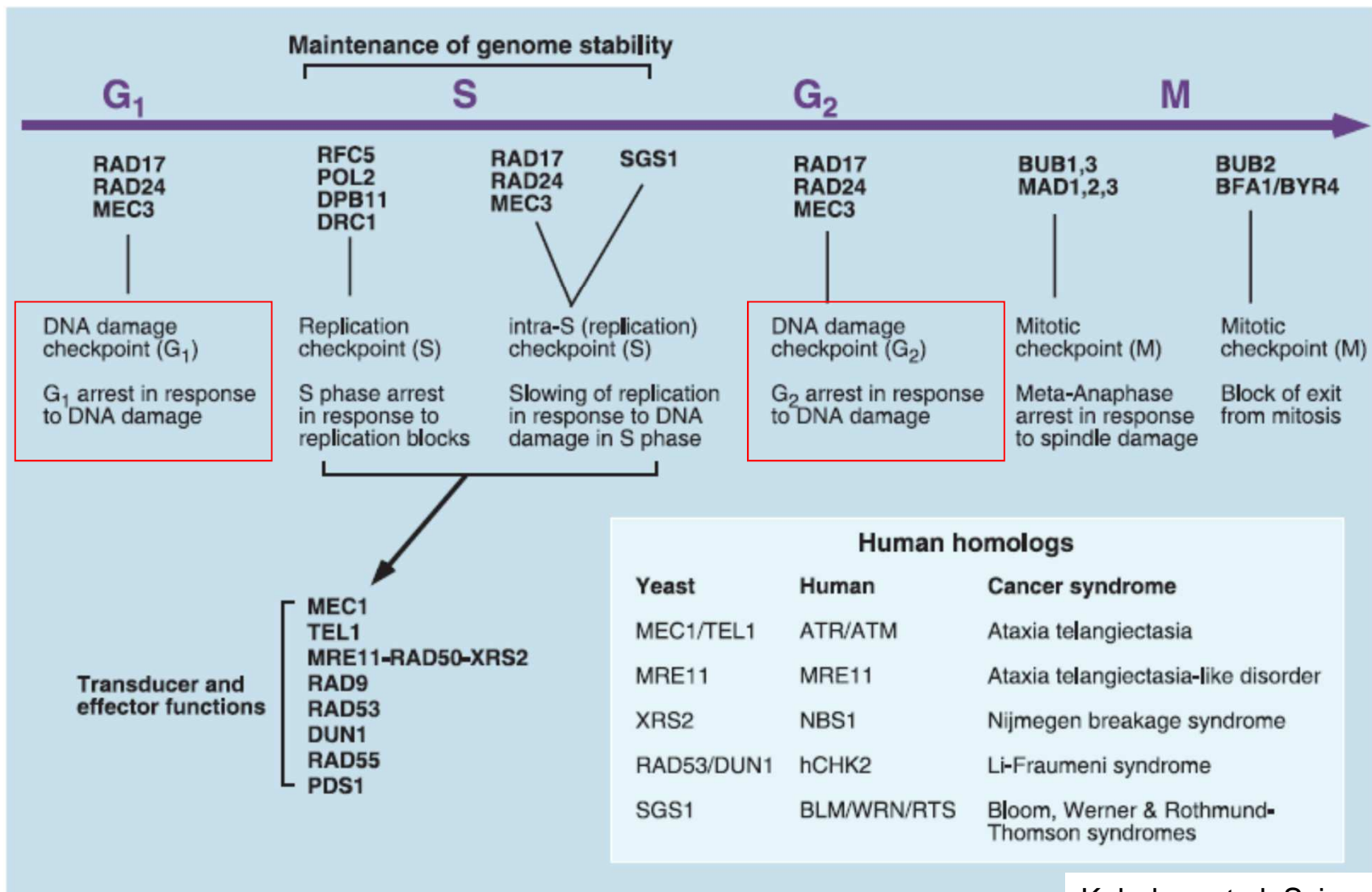
Interakcí fosforylované Cdc28p s cyklinem vzniká aktivní komplex:

- v G1 fázi *Cln1p* a *Cln2p* (CLN3 mRNA je konstantní)
- pro vstup do S fáze jsou nutné *Clb5p* a *Clb6p* (transkripce stimulovaná CLN)
- zahájení mitózy se účastní *Clb3p* a *Clb4p*
- mitózu ukončují *Clb1p* a *Clb2p* a jejich degradace



Buněčný cyklus *S. cerevisiae* - detail

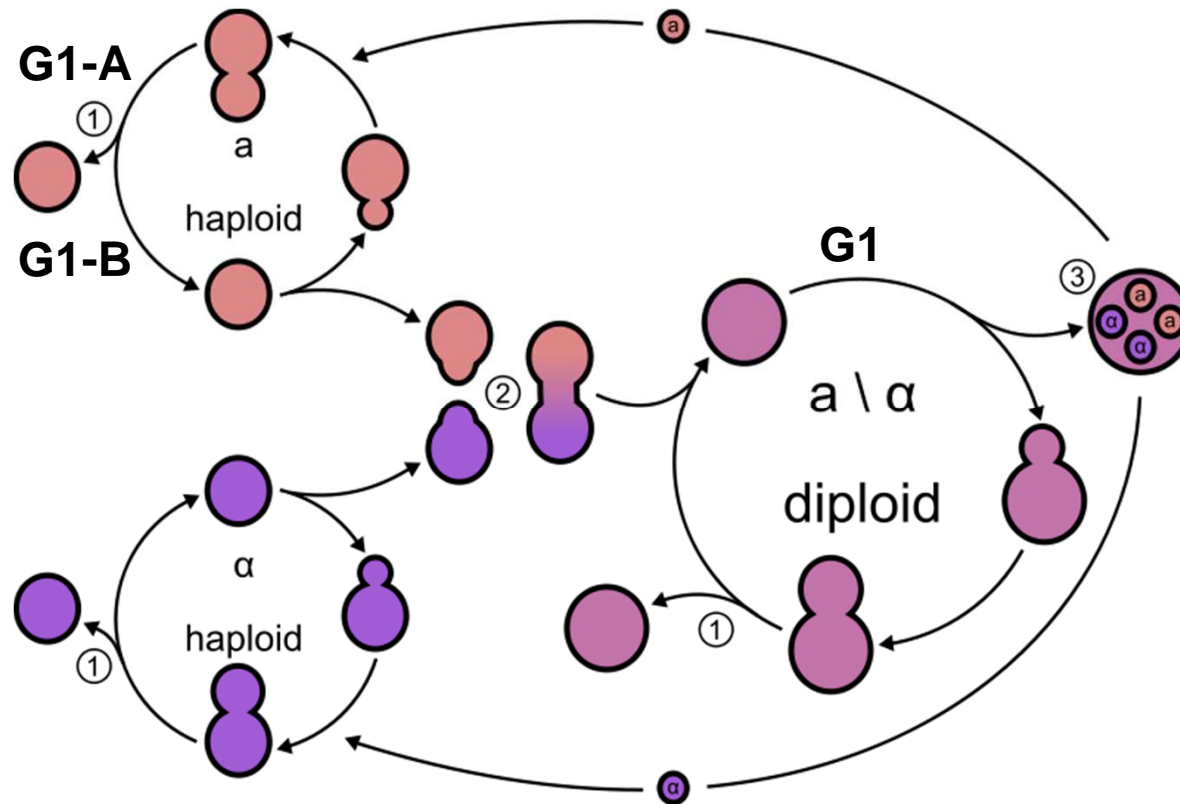




Kolodner et al, Science (2002)

Checkpoints slouží buňce ke kontrole úplnosti či správnosti průběhu určité části buněčného cyklu či procesu – např. buňka nemůže nechat neopravené dvouřetězcové zlomy DNA nebo jiná poškození DNA (podle fáze buněčného cyklu opravuje různými mechanismy)

Párování/mating kvasinkových buněk



- haploidní buňky v přítomnosti partnera zastavují v G1 fázi a konjugují
- *S. cerevisiae* = a/alfa, *S. pombe* = h+/h-
- vytváří diploidní buňky (*S. cerevisiae* = stabilní, *S. pombe* = okamžitě sporulují)
- párování doprovázeno zásadními změnami v morfologii