



Keskkond ja geenid

2014

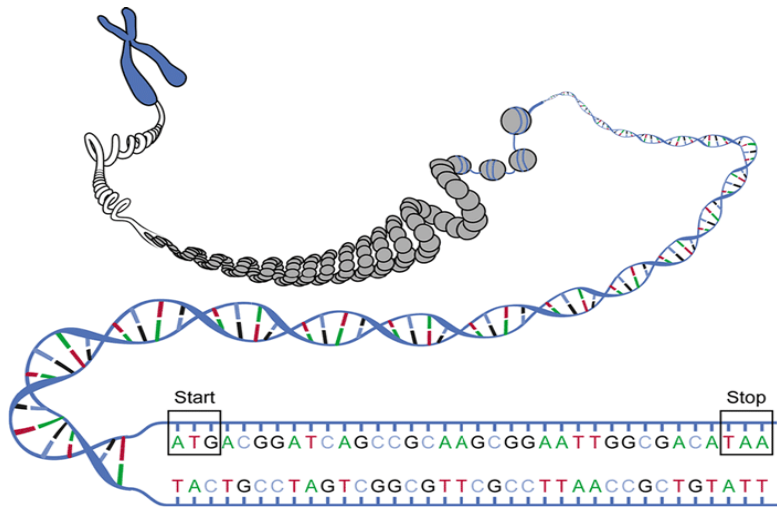
Geeni mõiste on läbi aegade muutunud

Mendel: üks faktor – üks tunnus

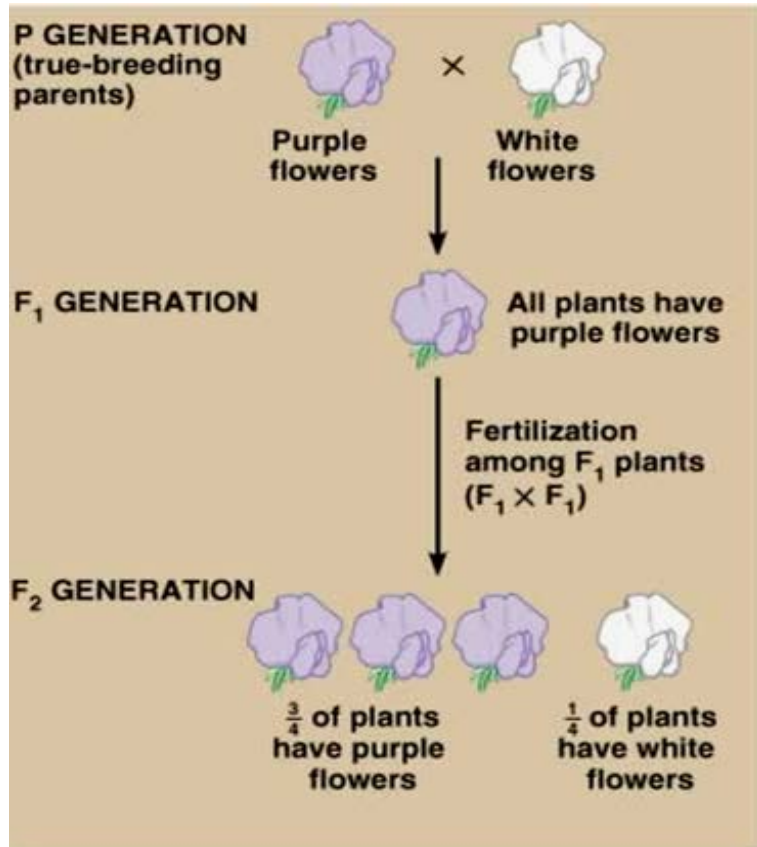
Garrod: üks mutantne geen – üks metaboolne blokk

Beadle ja Tatum: üks geen – üks ensüüm

Üks geen – üks polüpeptiid



Mendel: üks faktor – üks tunnus



Mendeli pärandumisseadused

Mendeli järgi kontrollisid spetsiifilisi fenotüübilisi tunnuseid nagu näiteks õite värvus “tunnusmärgid” (*characters*), “üksust määravad tegurid” (*unit factors*)

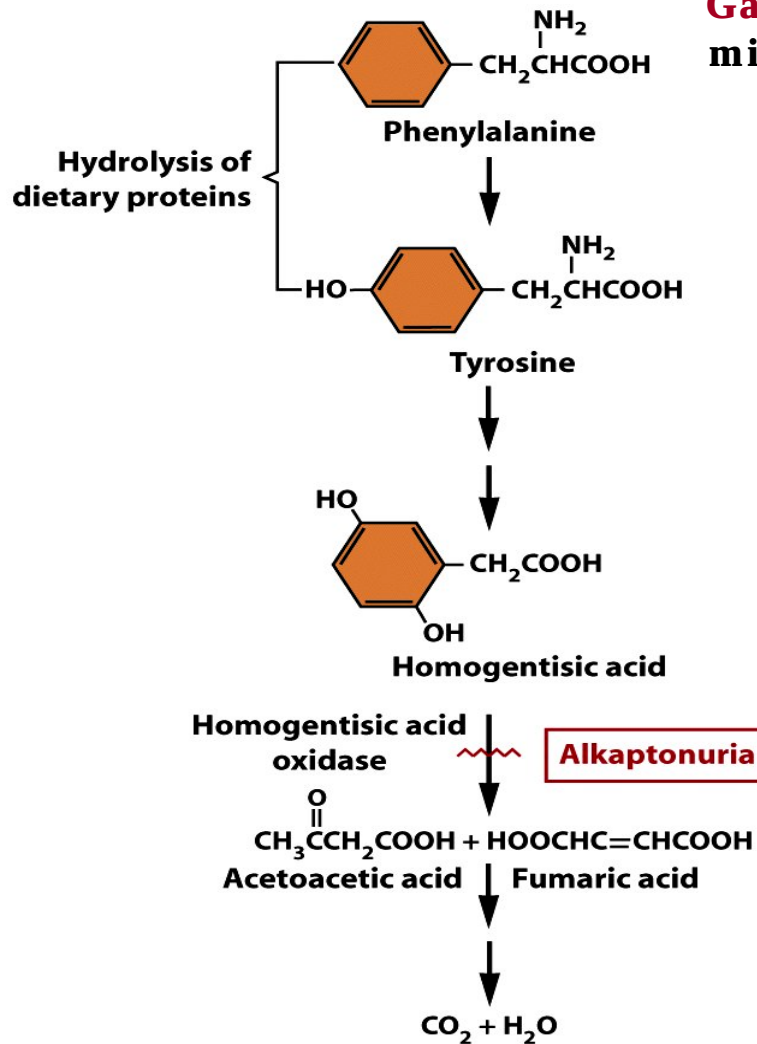
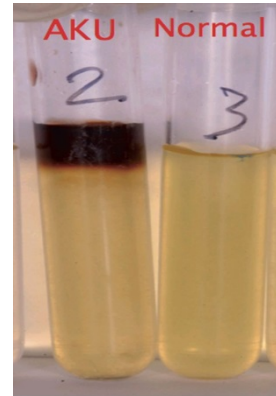
Mendeli järgi peitus iga tunnuse taga üks faktor

Definitsioon osutus ebatäpseks, kuna paljud fenotüübilised tunnused on tegelikult kompleksed, nad on avalduvad paljude erinevate geenide koosmõju tulemusena



Garrod: üks mutantne geen – üks metaboolne blokk

Inglise arst dr. Archibald
Garrod uuris inimestel
mitmeid päritavaid haigusi



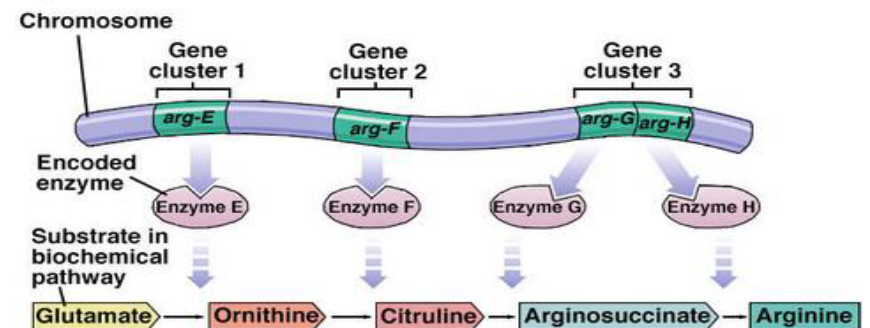
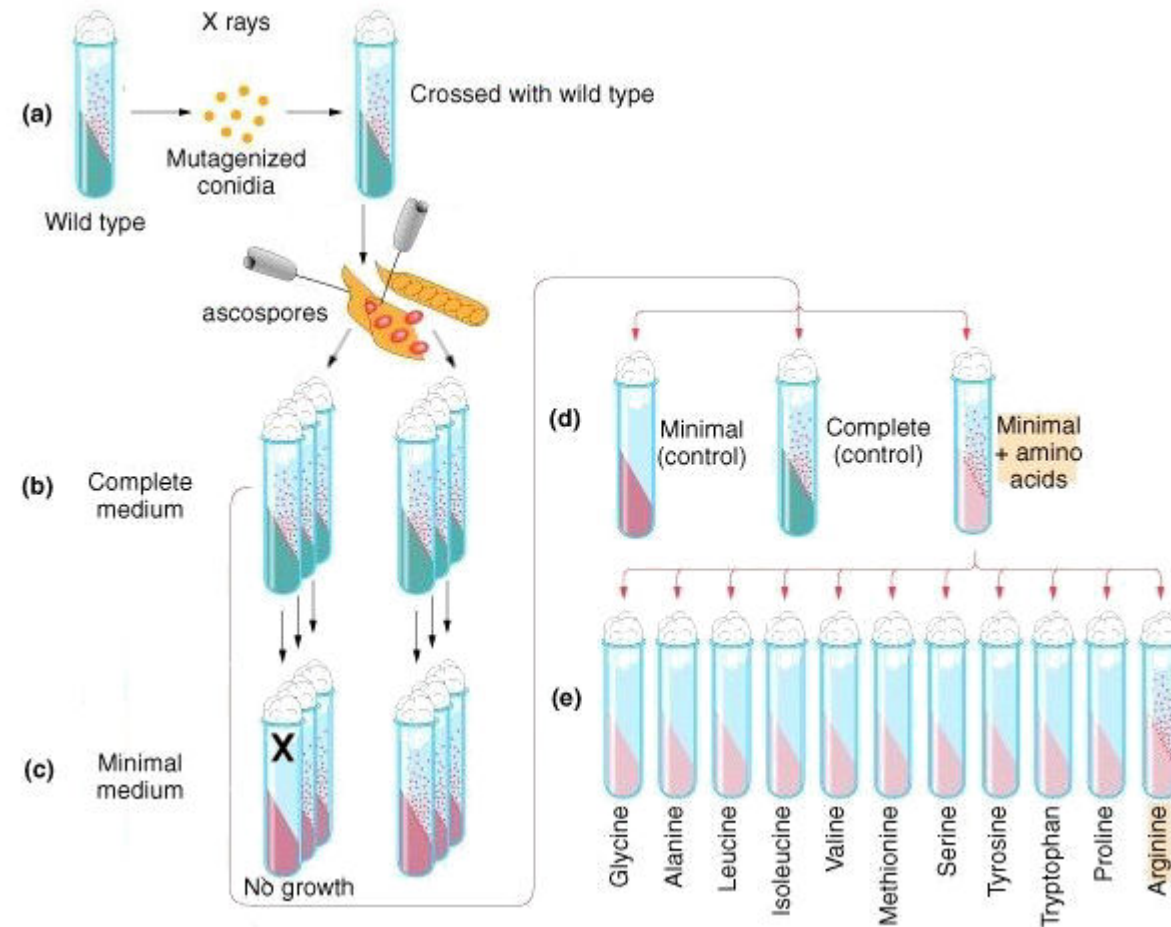
Alkaptonuuria puhul värvub haigete uriin õhuga kokkupuutel mustaks sinna koguneva **homogentisiinhape (alkaptoon) tõttu**

Metaboolne blokk homogentisiini metabolismirajas

Alkatonuuria oli esimene haigus, mille puhul ilmnes, et seda põhjustab retsessiivne mutatsioon ühes geenis

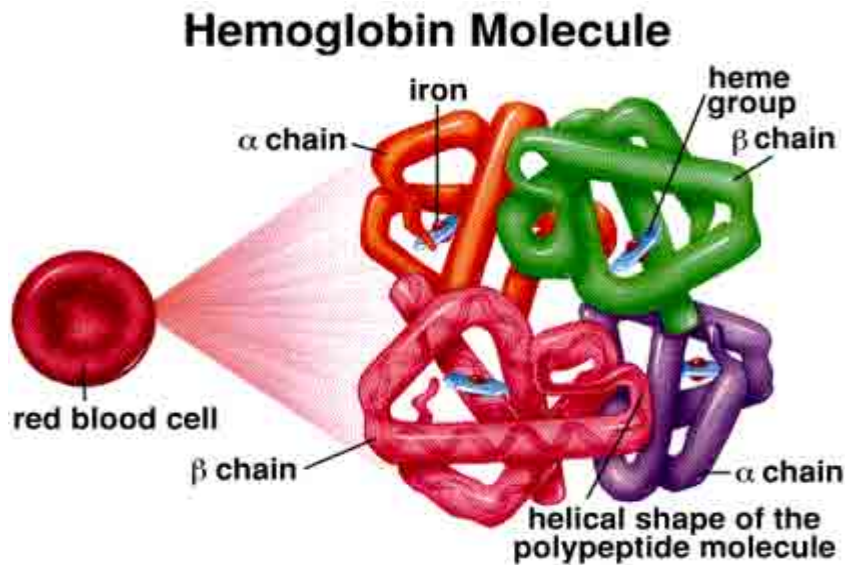
Beadle ja Tatum: üks geen – üks ensüüm

Kiiritati pärm
Neurospora grassa ja
isoleeriti metaboolseid
mutante, kus
metabolismiraja ensüümi
puudumine oli seotud
mutatsioonidega kindlas
geenis



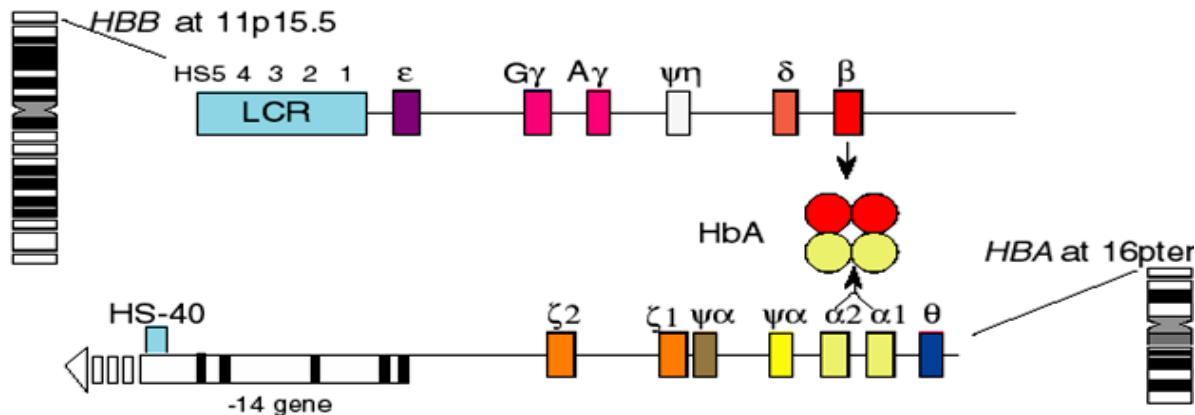
Üks geen – üks polüpeptiid

Paljud ensüümid koosnevad mitmetest erinevatest polüpeptiididest



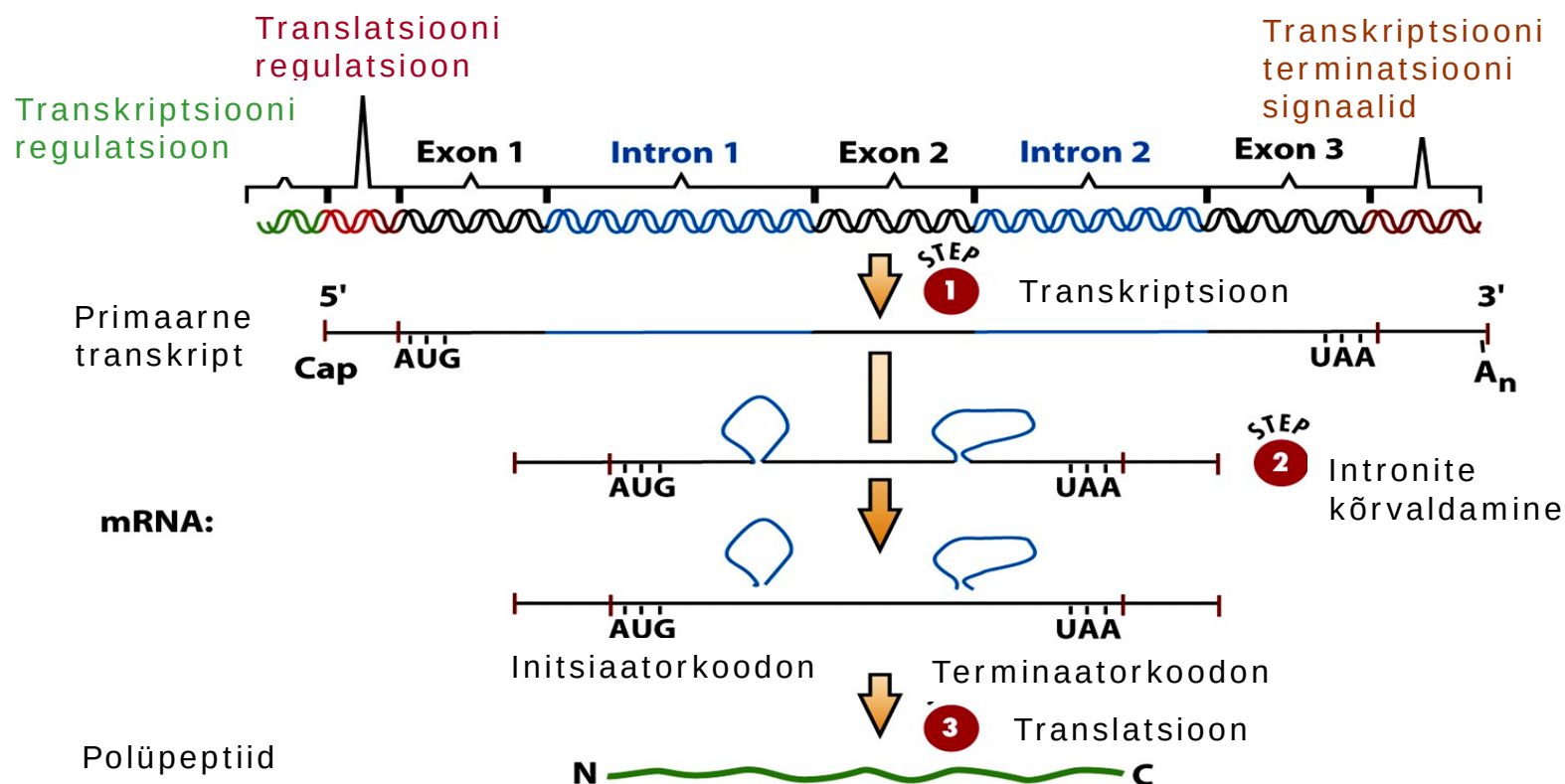
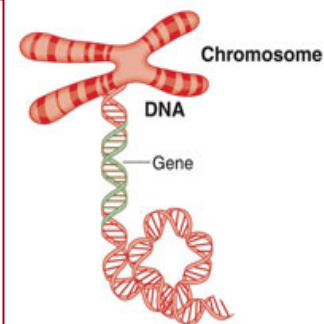
Hemoglobiin on tetrameerne valk, mis koosneb kahest α -globiini ja kahest β -globiini ahelast

Lisaks sisaldab see valk nelja hapnikku siduvat heemi rühma



Kaasaegse geeni käsitlemise järgi on geen informatsiooniüksus, mis määrab ära ühe polüpeptiidi või struktuurse RNA molekuli sünteesi

Geeni koostisesse kuuluvad ka 5' ja 3' mittekodeerivad regioonid, mis reguleerivad transkriptsiooni ja translatsiooni ning geen hõlmab ka intronjärjestusi



Geenide arv erinevates organismides

Bakter *E. coli* - 4000 ringis

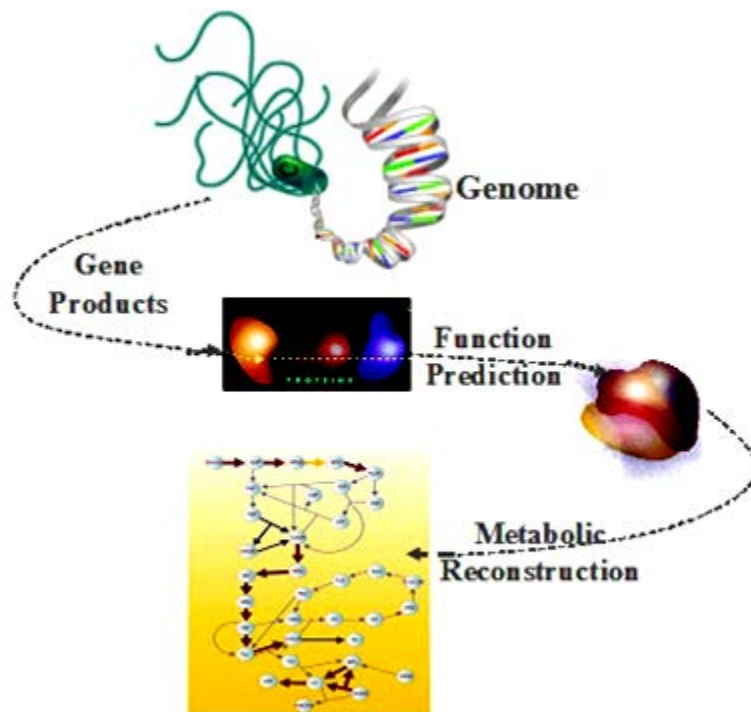
Pagaripärm – 6000

Äädikakärbes – 13000

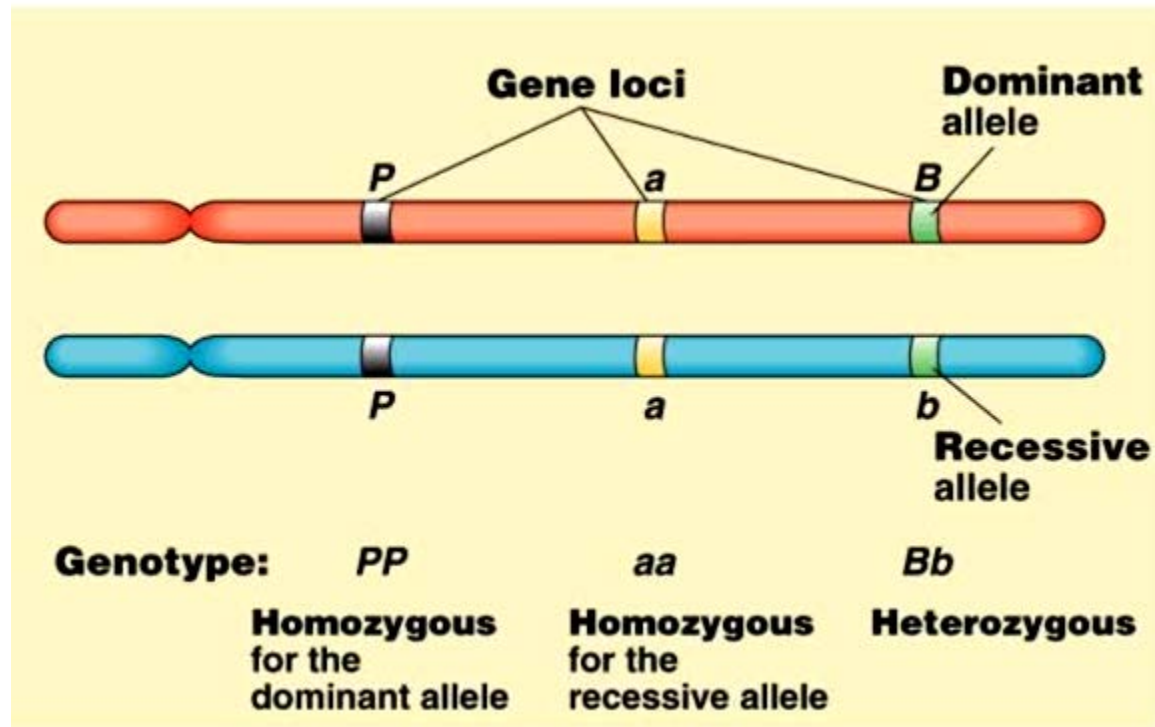
Ümaruss *C. elegans* – 19000

Taim *Arabidopsis thaliana* – 26000

Inimene – 22000



Lookus – geeni asukoht kromosoomis



Mutatsioonid põhjustavad geenide DNA järjestustes muutusi:

Dominantsed mutatsioonid – avalduvad ka heterosügootidel

Retsessiivsed mutatsioonid – avalduvad ainult homosügootses olekus

Geenil võib olla erinevaid variante - allelele

Dominantsed ja retsessiivsed tunnused



Väike sõrm kõverdunud väike sõrm sirge

Põselohukesed olemas

Põselohukesed puuduvad

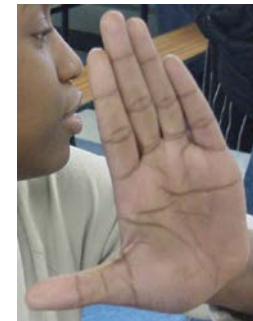
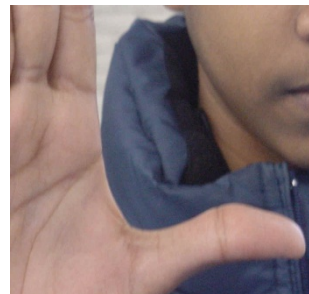


Võime keelt rullida

Keelt ei saa rulli keerata

Sõrme vahelülil pole karvu

Sõrme vahelülil karvad



Teine varvas suurest varbast pikem

Teine varvas suurest varbast lühem

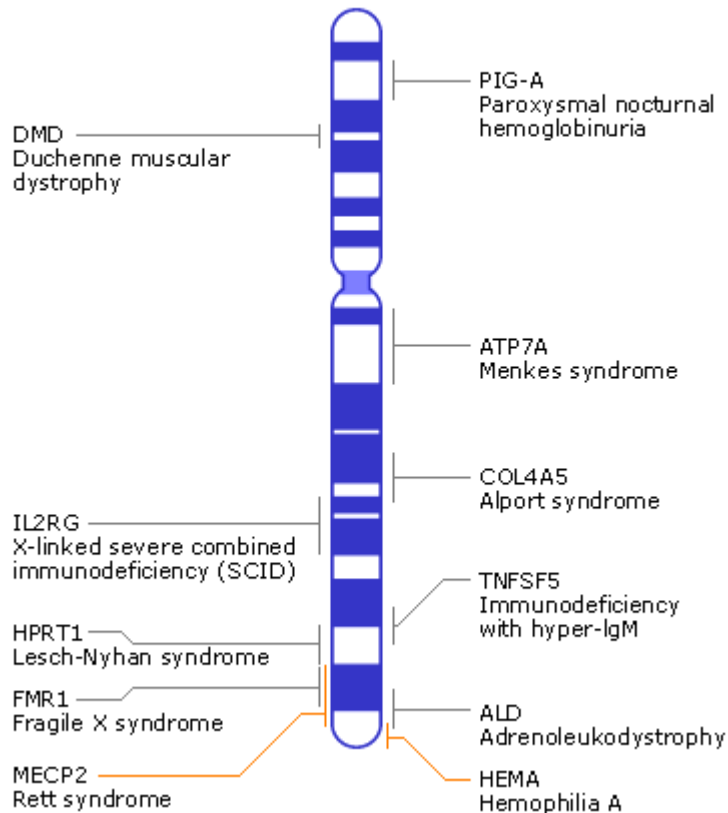
Pöidla ots kumer

Pöidla ots sirge

X-liitelised geenid inimesel

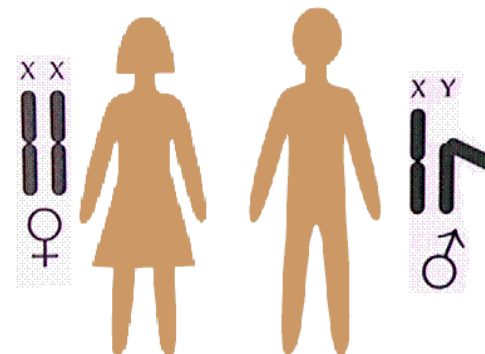
X kromosoom moodustab 4% genoomist, sisaldab 1098 geeni

10% teadaolevatest geneetilistest haigustest, mis päranduvad Mendeli seaduste järgi, on X-liitelised



Mutatsioone on leitud 113 geenis, mis on seotud geneetiliste haigustega, neist 16-s põhjustavad mutatsioonid vaimset alaarengut

Avalduvad sagedamini poisslastel



X-liitelised retsessiivsed alleelid on märksa kergemini tuvastatavad kui retsessiivsed autosomaalsed alleelid

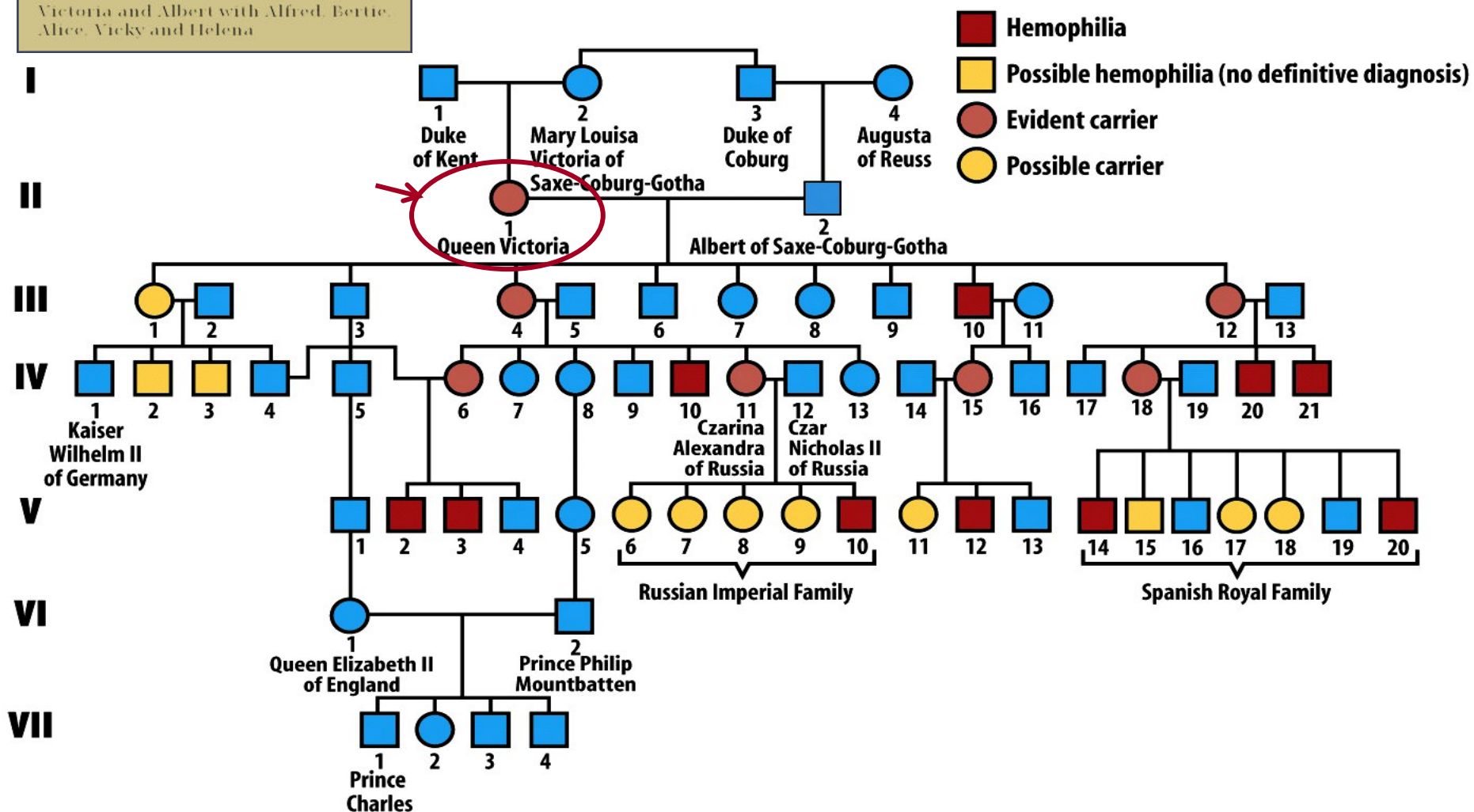
Hemofiilia – X-liiteline retsessiivne tunnus, mida avaldus Euroopa riikide kuninglikes perekondades tänu sugulusabieludele



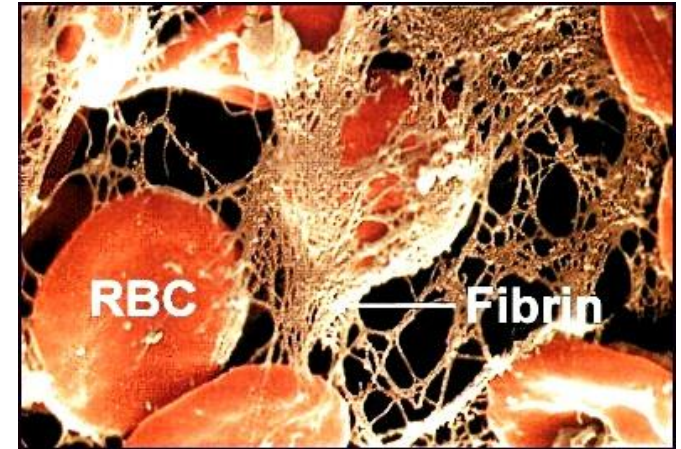
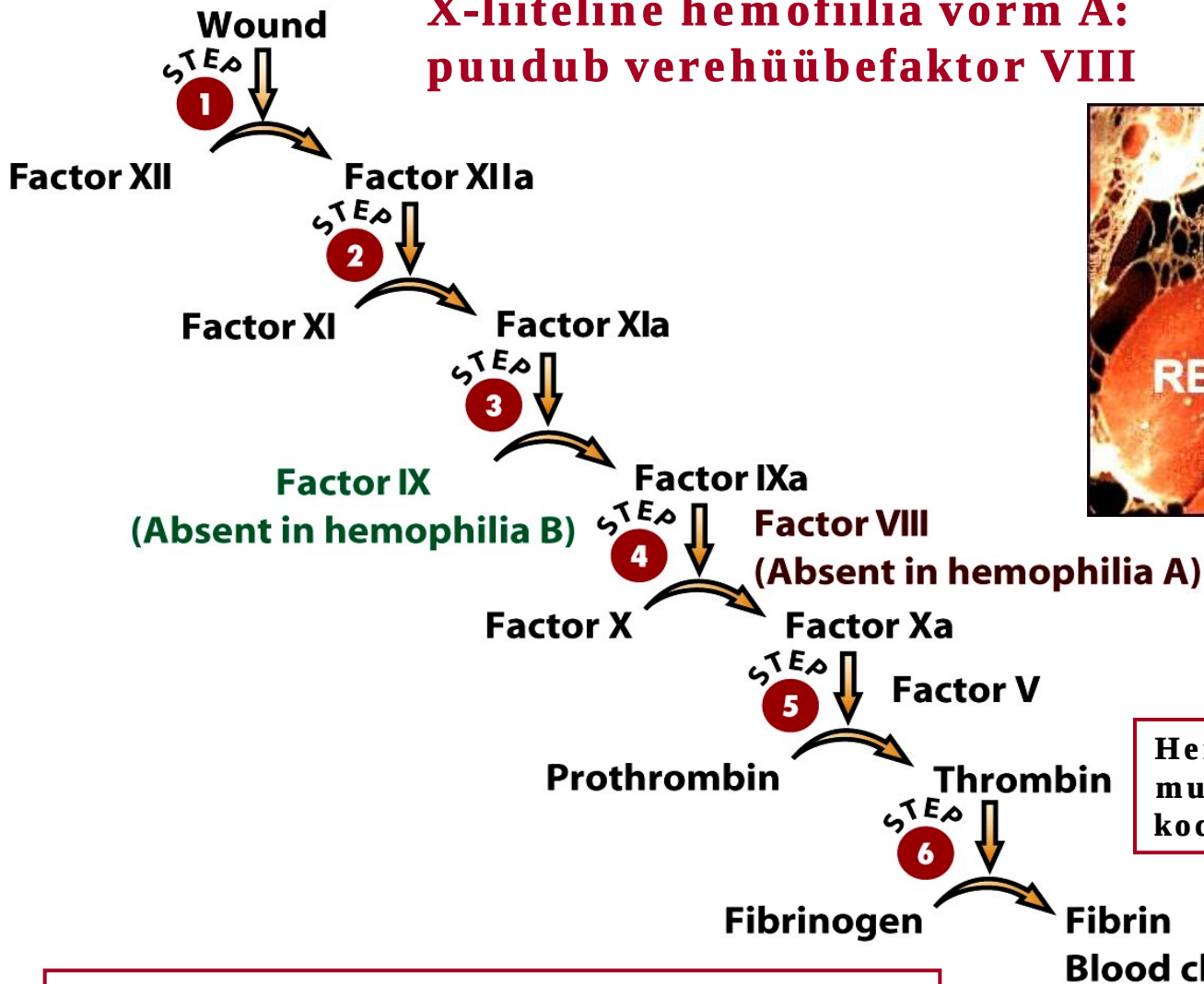
Vene tsaari Nikolai II perekond – pojal hemofiilia



Hemofiiliat põhjustava retsessiivse alleeli kandjaks oli kuninganna Victoria, kellelt see pärandus mitmesse õukonda



X-liiteline hemofiilia vorm A: puudub verehüübefaktor VIII



Hemofiiliat põhjustab mutatsioon geenis *HEMA*, mis kodeerib verehüübe faktorit VIII

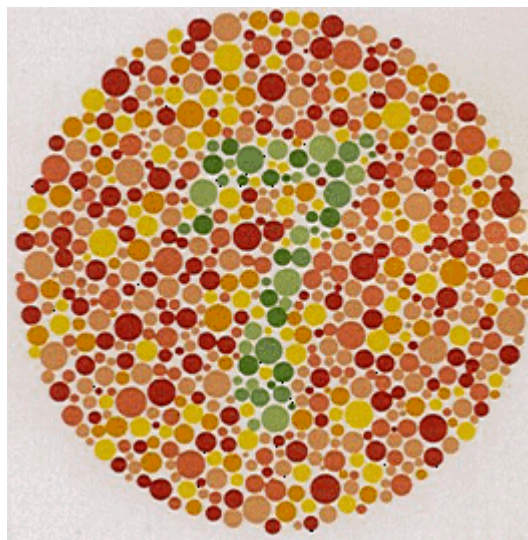
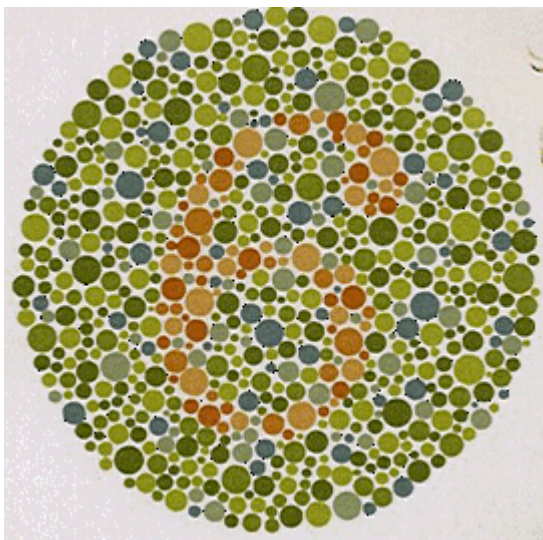
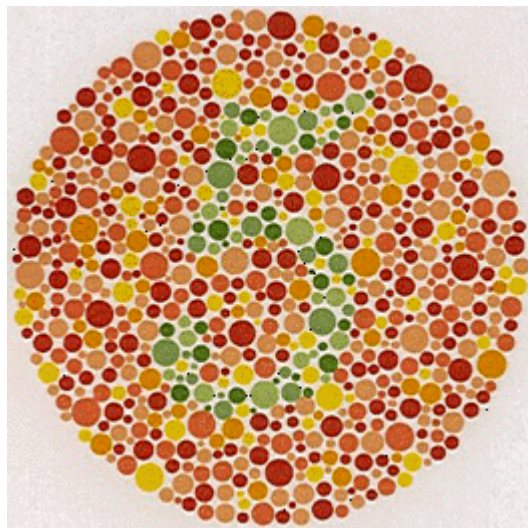
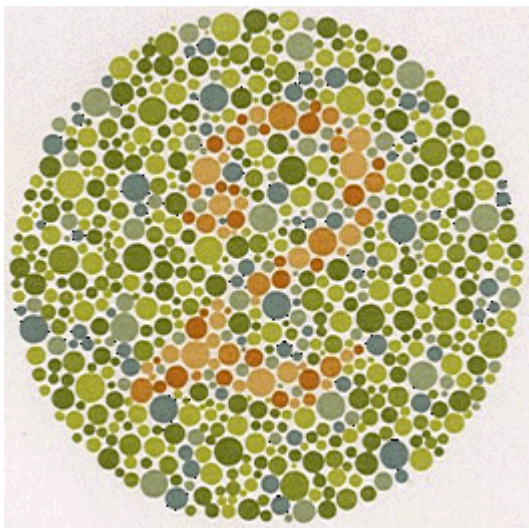
Varem kanti hemofiiliahaigetele üle faktor VIII-t sisaldavat vereplasmat

Seoses HIV-i levikuga 80-ndatel hakati otsima alternatiive

Rekombinantse faktor VIII tootmine



Värvipimedus

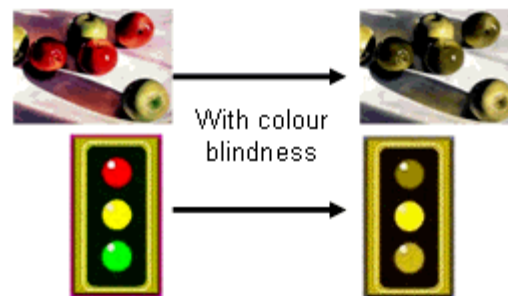


**Millised numbrid on
kirjutatud ringide sisse?**

**Võimetus eristada rohelist
ja punast värvust**

10% meestest

<1% naistest

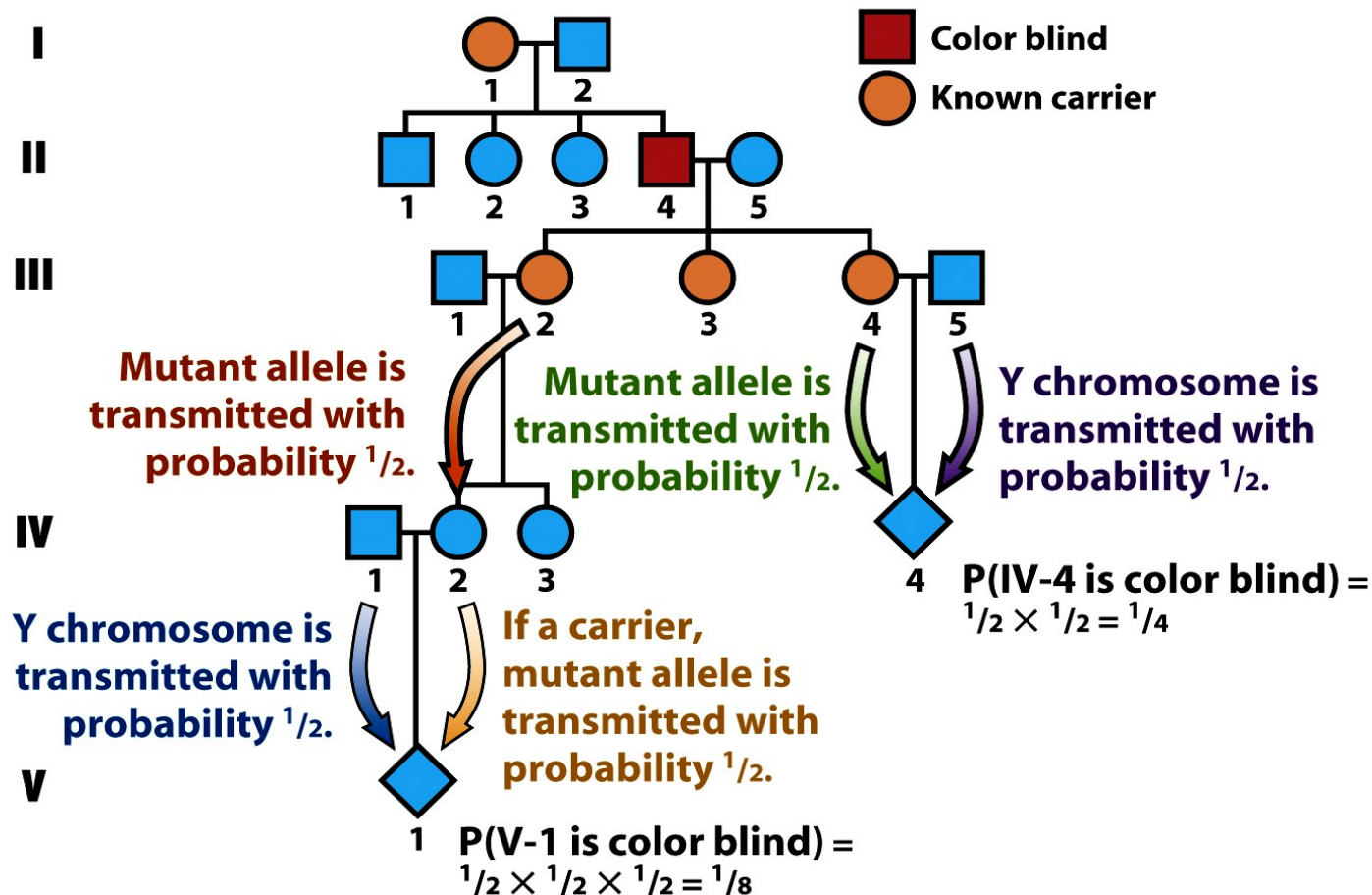


Click on the green circle....



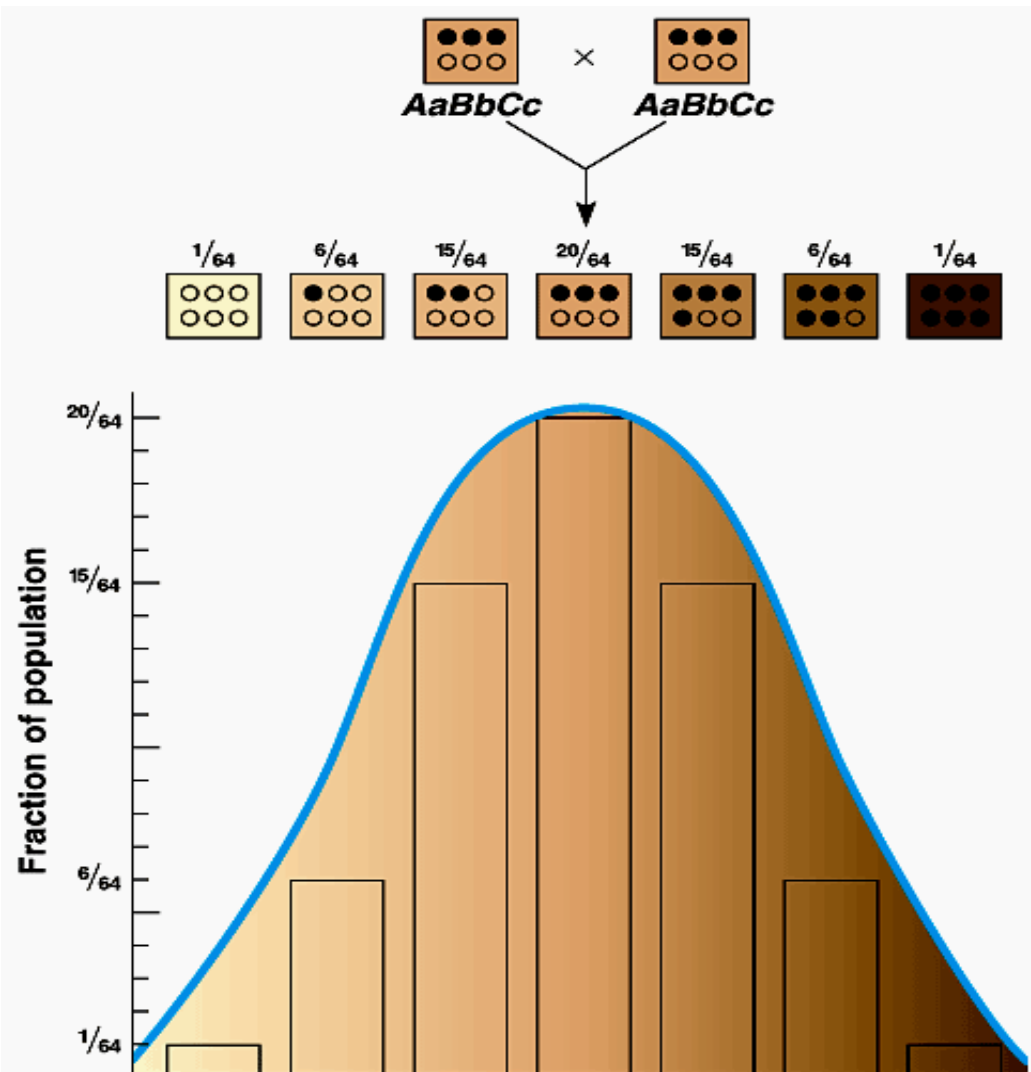
Värvipimedus

X kromosoomis on leitud 2 geeni, millest üks kodeerib rohelse valguse ja teine punase valguse retseptorit



Sinise valguse retseptorit kodeeriv geen on autosoomis

Kompleksed tunnused – mitme geeni poolt kontrollitud (polügeensed)

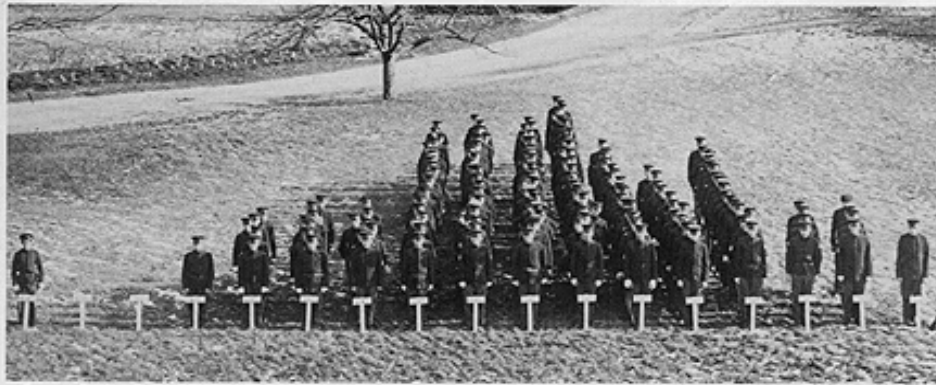


Komplekssete tunnuste puhul ilmneb **pidev fenotüübiline varieeruvus**

Pidev fenotüübiline varieeruvus ilmneb näiteks inimeste nahavärvuses



Tunnuse pidev muutlikkus (*continuous variation*) populatsioonis



1 0 0 1 5 7 7 22 25 26 27 17 11 17 4 4 1
4'10" 4'11" 5'0" 5'1" 5'2" 5'3" 5'4" 5'5" 5'6" 5'7" 5'8" 5'9" 5'10" 5'11" 6'0" 6'1" 6'2"

Figure 1.5

Differences in height in the same population: heights of conscripts over 60 years ago. (From A. Blakeslee, *Journal of Heredity*, vol. 5, 1914.)

Paljude geenide poolt mõjutatud (**polügeenne**) tunnus on ka näiteks kasv

Tunnuseid, mille fenotüübiline varieeruvus populatsioonis on pidev (puuduvad diskreetsed fenotüübilised klassid), nimetatakse **kvantitatiivseteks tunnusteks**

Fenotüübiline varieeruvus = genotüübiline varieeruvus + keskkonnateguritest põhjustatud varieeruvus

Käitumine

Käitumine – koordineeritud neuromuskulaarne vastus organismi sise- ja väliskeskkonna muutustele või signaalidele, mis toimib meelte (sensorite) ning neuraalsete ja hormonaalsete faktorite integratiivse toime kaudu



Kvantitatiivsed käitumistunnused – kompleksed, määratud paljude geenide poolt koostoimes keskkonnatingimustega (intelligentsus, isiksuseomadused, sõltuvused)

Kvalitatiivsed käitumistunnused – seotud üksiku geeni mutatsiooniga (näit. metaboolne defekt, mis põhjustab vaheprodukti kuhjumist), enamasti neuroloogilised haigused

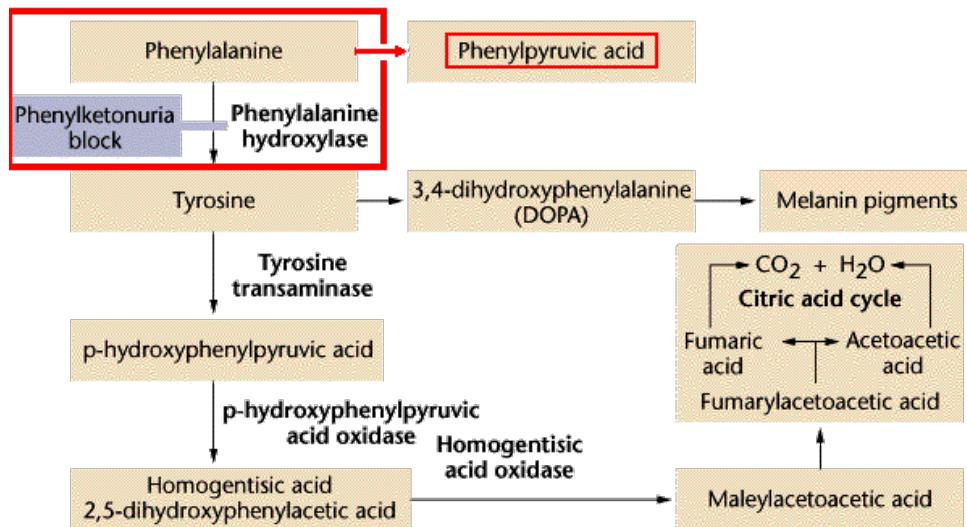
Ühe geeni defektid, mis mõjutavad inimese käitumist

Fenüülketonuuria PKU

(PKU) esineb valge rassi populatsioonis sagedusega 1:10 000 ning asiaatidel sagedusega 1:16500

Autosoomne retsessiivne tunnus, põhjustatud fenüülalaniini hüdroksülaasi (PAH) defektsusest

PAH muudab fenüülalaniini türosiiniks



Phenylketonuria

(Kluga & Cummings 1997)

Fenüülalaniini ülehulga puhul koguneb organismi metaboliit, mis kahjustab närvirakkude müeliinkesta → vaimne alaareng

PKU võib avalduda erineval määral, sõltuvalt sellest, millise PAH alleeliga on tegemist

PAH defektsust on võimalik ravida vastava dieediga, kus fenüülalaniini tase toidus on madal

Oluline on, et dieeti rakendataks imikutel kohe pärast sündimist

Isiksuse geneetilise tagapõhja uurimine

Enamus füüsilisi või käitumuslike tunnuseid on multifaktoriaalsed, olles mõjutatud nii geneetiliste kui ka mittegeneetiliste faktorite poolt

Suur osa informatsiooni käitumuslike tunnuste päritavuse kohta on saadud **ühemunakaksikute võrdlusest, kes on elanud teineteisest lahutatult juba alates varajasest lapsepõlvest**



Minnesotas alustati 1979. a. uuringuid kaksikutega, kes on kasvanud lahus (hõlmab 130 kaksikutepaari, nii ühe- kui kahemunakaksikuid)

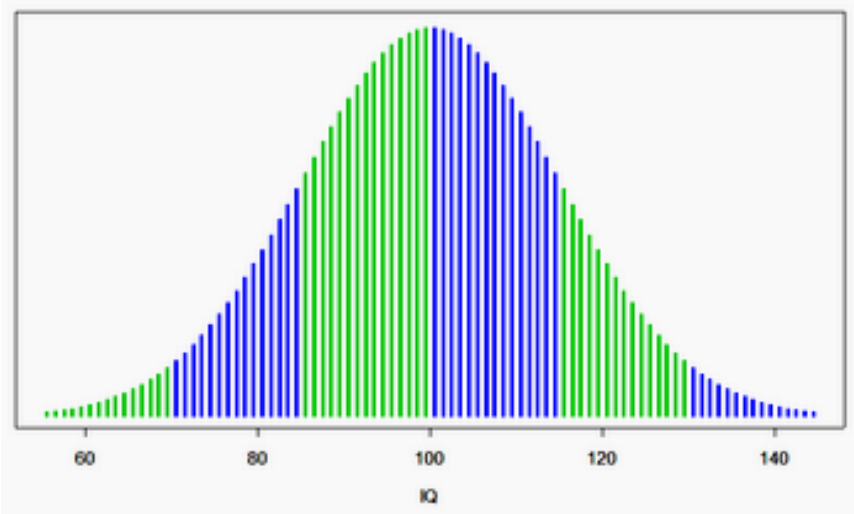
Identifitseeriti adopteerimisandmete põhjal, mõned elasid koos 4. eluaastani või puutusid hiljem kokku

Kaksikute uuringute põhjal on selgunud, et nii võimekus, huvid, sotsiaalne hoiak kui ka isiksuse omapärad on tugevasti mõjutatud genotüübi poolt

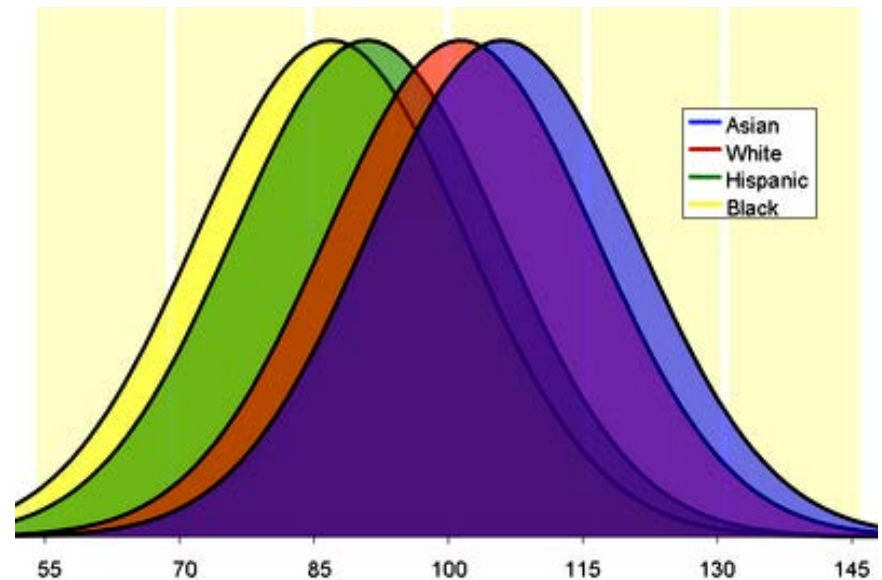
Minnesota kaksikute uuringutulemused:

IQ päritavuskoefitsient on 0,7

Geneetiliste faktorite avaldumise ulatus sõltub ka indiviidide kultuurikeskkonnast



IQ test



[Bell curve](#) showing results of studies comparing [races](#) and [ethnic groups](#) with [IQ](#) among U.S. test subjects show differences in average test scores, though the [distributions](#) overlap, as seen in this graph based on [Reynolds et al. 1987](#) (see [footnote 2](#) for further references). The causes and meaning of the different average scores for these groups are debated.

Keskmine IQ (*intelligence quotient*) – keskmine intelligentsuse kvoot on 100

IQ arvutatakse sel viisil, et jagatakse indiviidi vaimne iga tema tegeliku vanusega ning korrutatakse 100-ga

Kui näiteks 10-aastase lapse testi tulemused vastavad 12-aastase keskmistele testi tulemustele, on selle lapse IQ 120

IQ testide kasutamine on tekitanud vaidlusi

Lahus kasvanud ühemunakaksikute isiksuse omadused, huvid ja sotsiaalne hoiak on sarnased

TABLE 25.5

Mean Correlation Coefficients for MZ Twins Reared Together or Apart Who Were Evaluated for Personality Traits, Psychological Interests, and Social Attitudes as Part of the Minnesota Study of Twins Reared Apart^a

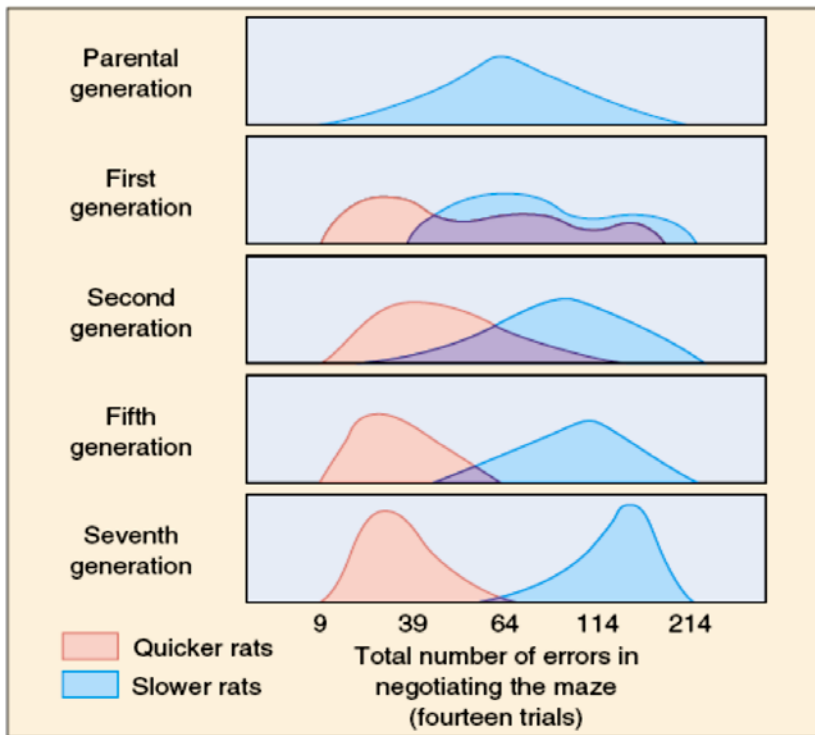
Test Instrument	MZT	MZA
Personality traits		
Multidimensional Personality Questionnaire	0.49	0.50
California Psychological Inventory	0.49	0.48
Psychological interests		
Strong Campbell Interest Inventory	0.48	0.39
Jackson Vocational Interest Survey	NA	0.43
Minnesota Occupational Interest Scales	0.49	0.40
Social attitudes		
Religiosity Scales	0.51	0.49
Nonreligious Social Attitude Items	0.28	0.34
MPQ Traditionalism Scale	0.50	0.53



Figure 38.30 Reunited Twins: Something Was Missing. Identical twins Jerry Levey and Jim Tedesco were separated as infants and long felt something was missing in their lives. Reunited in middle age, they discovered not only a close physical resemblance, but identical vocations—firefighting—and avocations—flirting, telling jokes, and drinking beer.



Rottide õppimisvõime on geneetiliselt määratud



In radial arm experiments rats are able to explore the arms of the maze, each of which is baited with a food reward. The rat is placed into the apparatus and allowed to choose the arms freely until it has obtained all eight pellets of food. Rats rapidly learn after only a few days to visit each arm only once, and seem to make a mental list of the places they have visited to optimize their search for food

FIGURE 26.4
The genetics of learning. Tryon selected rats for their ability to learn to run a maze and demonstrated that this ability is influenced by genes. He tested a large group of rats, selected those that ran the maze in the shortest time, and let them breed with one another. He then tested their progeny and again selected those with the quickest maze-running times for breeding. After seven generations, he had succeeded in halving the average time an inexperienced rat required to negotiate the maze. Parallel “artificial selection” for slow running time more than doubled the average running time.

Alkoholismi geneetilised alused

Ligikaudsete hinnangute põhjal põeb alkoholismi 3-5% meestest ning 0,1-1% naistest

Alkoholismi geneetilise tausta uurimine

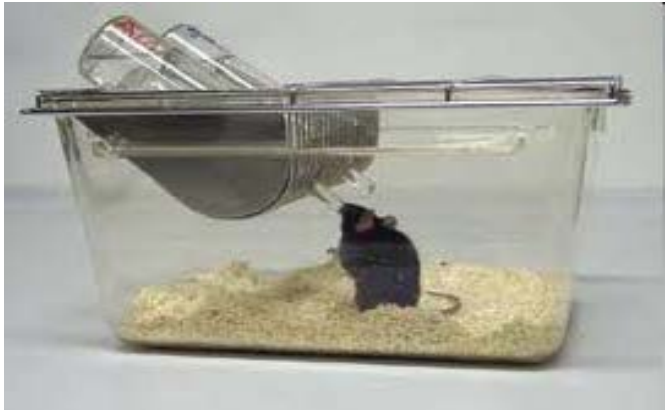
- 1) Katsed mudelloomadega**
- 2) Uuringud geneetiliselt homogeensetes populatsioonides (näiteks indiaanisuguharud)**
- 3) Alkohoolikute suguvõsa analüüs**



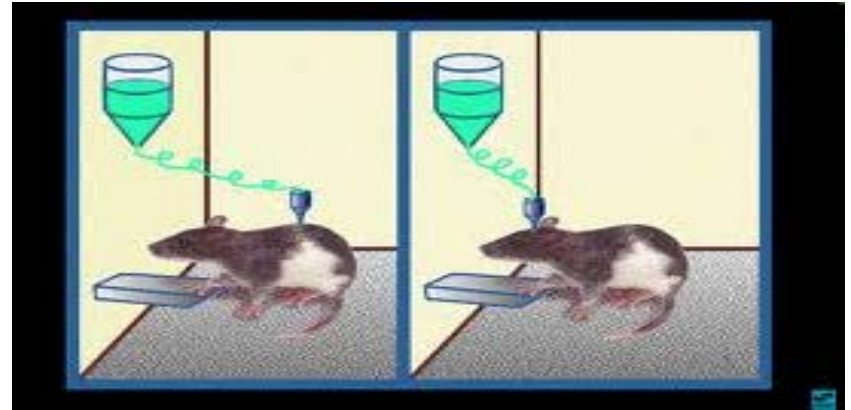
Osades perekondades esineb alkoholismi sagedamini kui teistes, mis näitab, et alkoholism võib olla päritav

Katsed mudelloomadega testimaks alkoholilembust

2 pudeli katse



Pedaali vajutamise



Asukoha valik



Alkoholismi geneetilised alused



Hiirte puhul on uuritud erinevate hiireliinide alkoholilembelisust ning leitud, et teatud hiireliinid eelistavad kuni 80% juhtudest veele 10%-list alkoholi vesilahust

Osa hiireliine vältisid alkoholi lahust täielikult

Erinevad hiireliinid olid alkoholi suhtes erineva tundlikkusega:

alkoholi eelistavad hiired talusid alkoholi paremini (magasid nad end kiiremini välja)

Erinevused avaldusid alkoholi dehüdrogenaasi ADH aktiivsuses ning aju tundlikkuses alkoholile



Hiirte alkoholitaluvust mõjutab ka mutatsioon *clock*, mis mõjutab ööpäevast rütmi

Alkoholismi geneetilised alused inimesel

Alkohoolikutest isade poegadel ja vendadel on risk muutuda alkohoolikuteks 50% suurem

Ühemunakaksikute puhul on 55% juhtudest mõlemad alkohoolikud, kahemunakaksikute puhul on konkordantsus (tunnuse koosesinemise protsent) 28%

Adopteeritud poegadel kujuneb alkoholism välja vastavuses nende bioloogilistele isadele, mitte aga kasuvanematele

Alkoholismis eristatakse kahte erinevat vormi:

Alkoholismi I vorm (*type I*) – avaldub pärast 25-ndat eluaastat ning esineb võrdselt nii meestel kui naistel

Seda alkoholismi vormi põdevad inividid on oma käitumiselt tavaliselt muretsejad, analüüsivad, sõbralikud, kaastundlikud ja sotsiaalsest keskkonnast sõltuvad

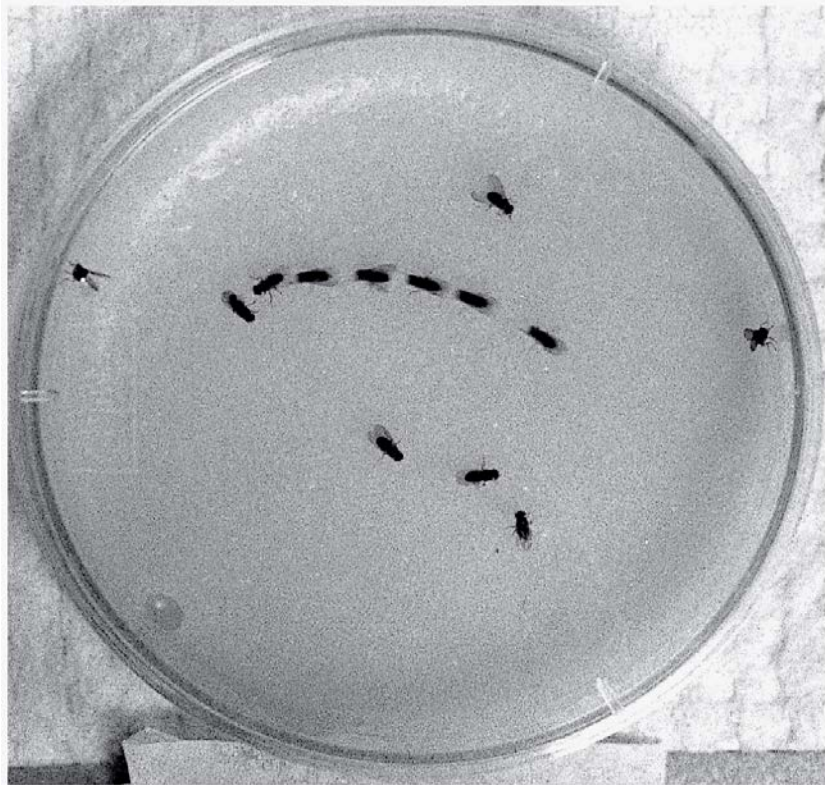
Alkoholismi II vorm (*type II*) – avaldub juba teismelistel ning esineb peamiselt meessoost inivididel

Geneetilise faktori osakaal suurem

Nad on oma käitumiselt agressiivsed, impulsiivsed ning asotsiaalsed, sageli vägivaldsed, satuvad joomaperioodidesse

Äädikakärbse seksuaalne käitumine

Mutatsioonid **geeni *fru*** põhjustavad **homoseksuaalsust**



Fru –mutantsed isased kärbsed on huvitatud ainult üksteisest

***fru* geeni isaste splaissinguvariant muudab emased kärbsed homoseksuaalseks**



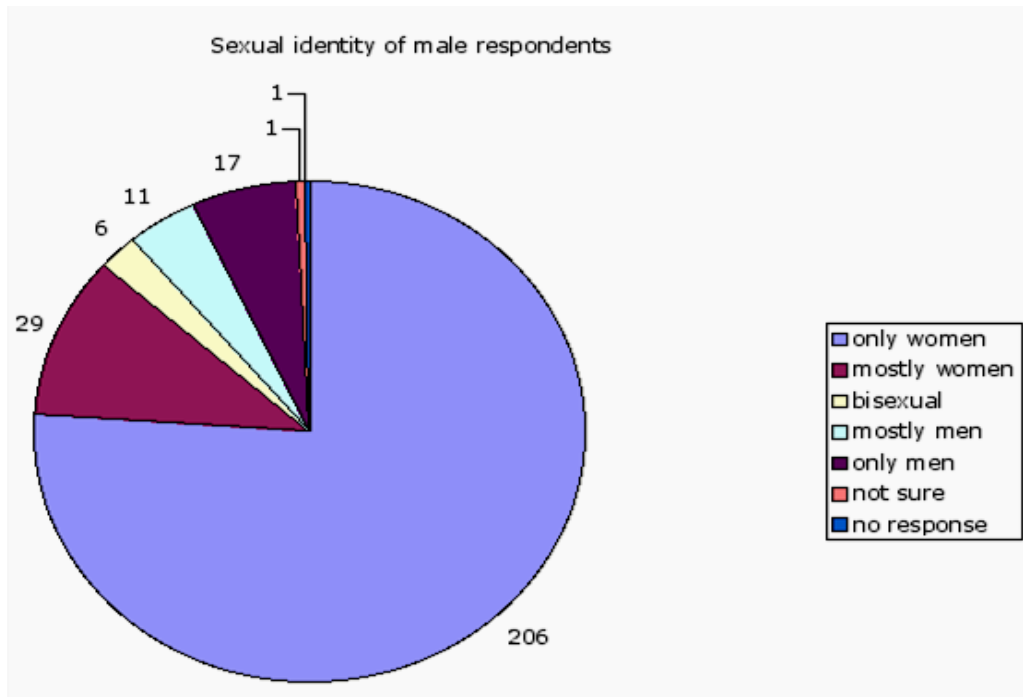
Male courtship requires products of the *fruitless* (*fru*) gene, which is spliced differently in males and females. We show that male splicing is essential for male courtship behavior and sexual orientation. More importantly, male splicing is also sufficient to generate male behavior in otherwise normal females. These females direct their courtship toward other females (or males engineered to produce female pheromones). The splicing of a single neuronal gene thus specifies essentially all aspects of a complex innate behavior.

Soolise orientatsiooni geneetiline determineeritus

Michael ja Pillard uurisid 161 homoseksuaalset meest:

52%-l homoseksuaalsetest ühemunakaksikutest olid vennad homoseksuaalsed
Kahemunakaksikutel oli see protsent 22%
11%-il adopteeritud homoseksuaalidest oli ka vend homoseksuaalne

Sarnased tulemused on saadud lesbide analüüsist

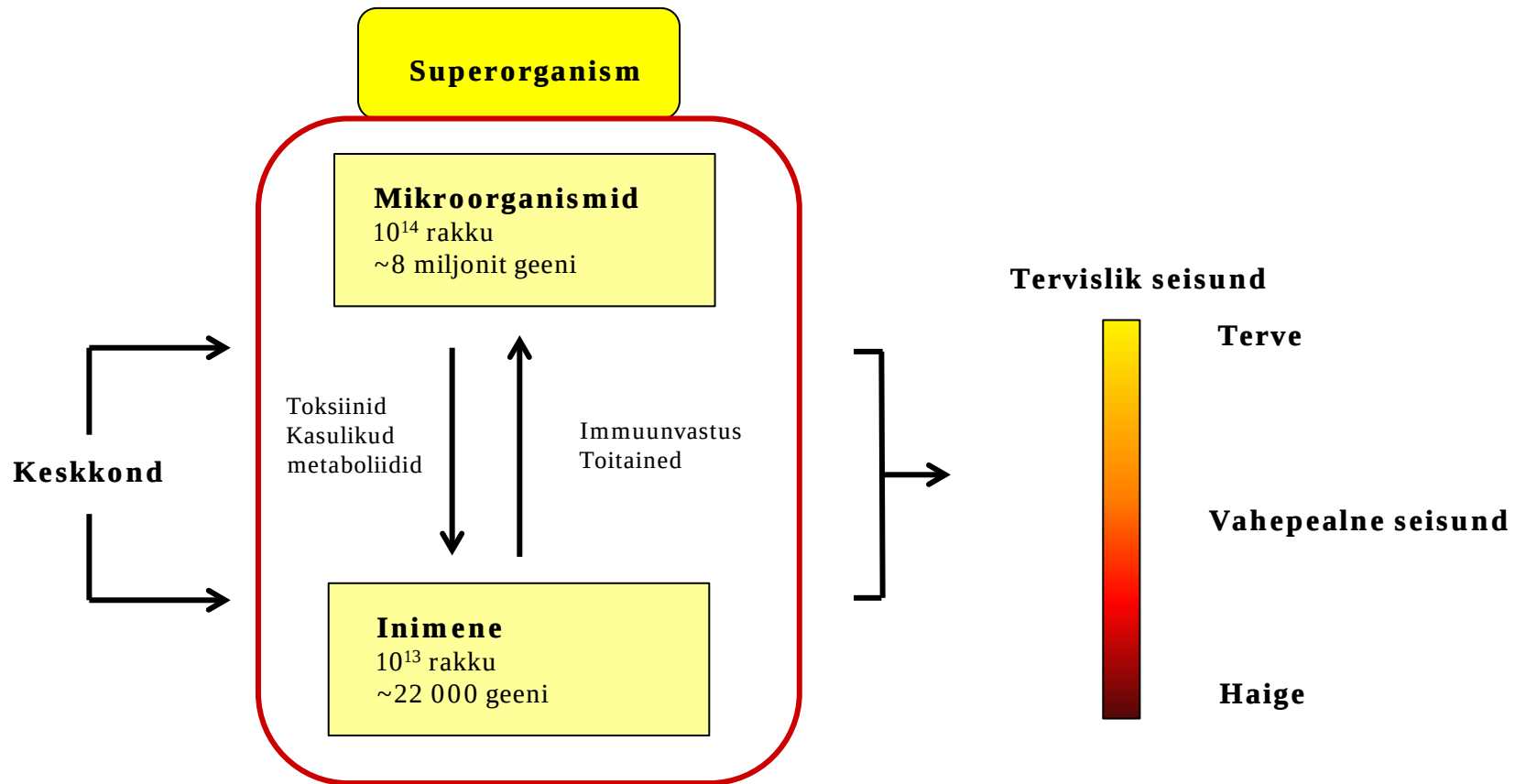


Sugupuude geneetilise analüüsi tulemused viitavad sellele, et meeste homoseksuaalsus on **X-liiteline tunnus**, sest avaldub järglastel sagedamini siis, kui ema suguvõsas on olnud homoseksuaale

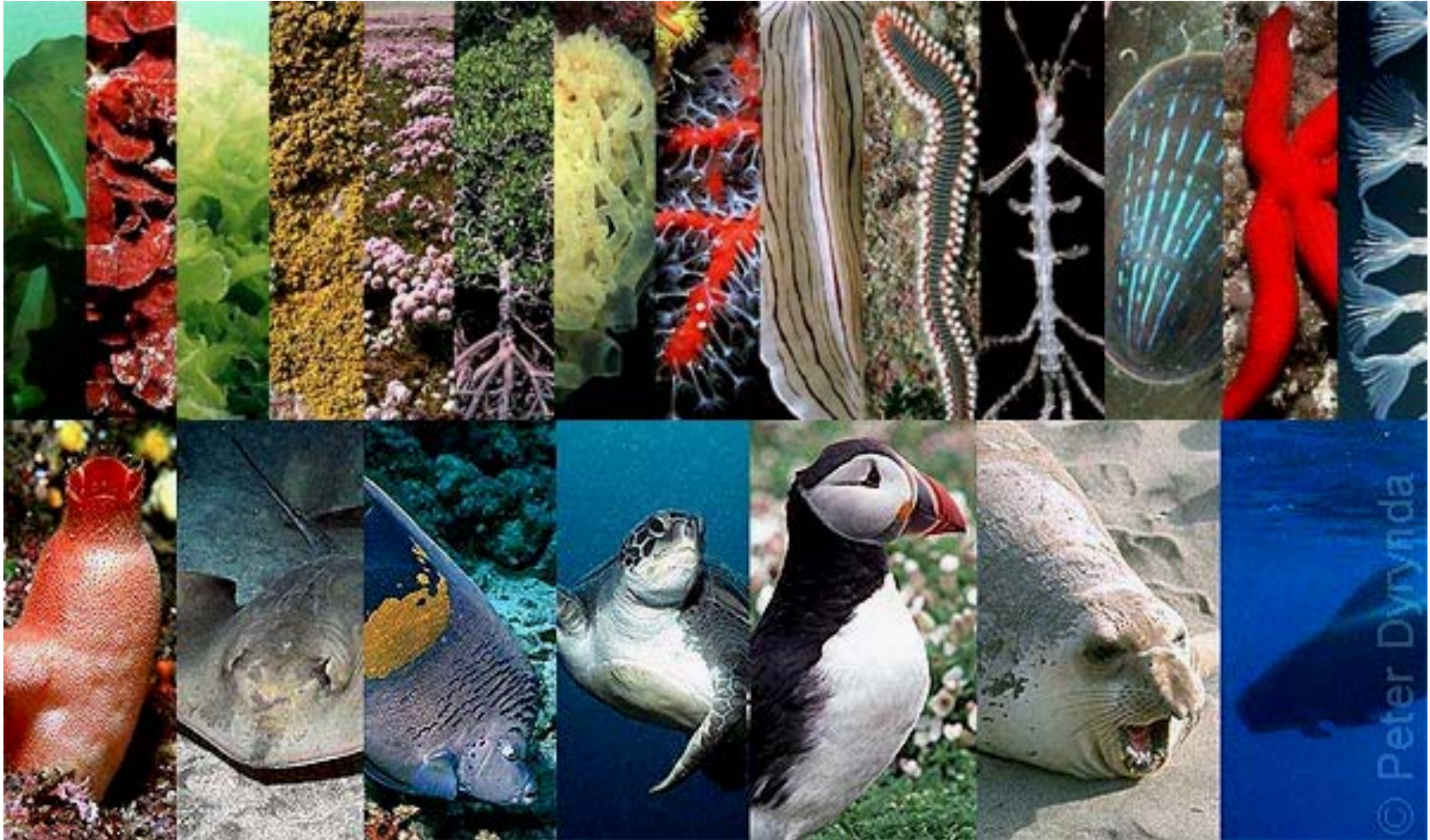
Lisaks on leitud veel **kolm regiooni kromosoomides 7, 8 ja 10**, mis sarnanesid homoseksuaalidel

Inimese tervis: keskkond + geenid

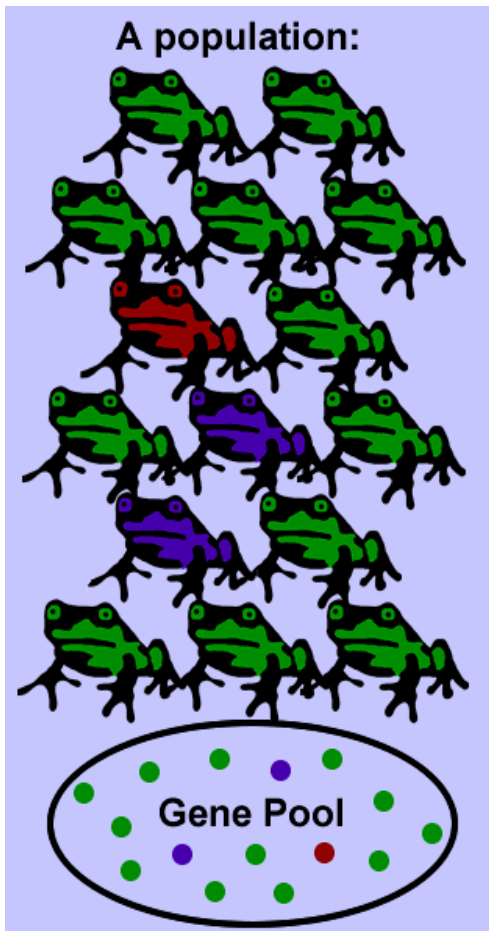
Inimese tervis sõltub mikroobikoosluse, peremehe ja keskkonna vahelistest interaktsioonidest



Evolutionary mechanisms



Populatsioonigeneetika uurib alleelide sagedust populatsioonides



Populatsioonigeneetikas on kesksel kohal mõiste **geenifond e. genofond (*gene pool*)**

Geenifond e. genofond (*gene pool*) – populatsiooni kõigi isendite genotüüpides olevate geenide (nende alleelide) ja muude geneetiliste elementide kogum

Geneetilise muutlikkuse aluseks on mutatsioonid → Populatsiooni tekivad uued alleelid, mille levik populatsioonis allub looduslikule valikule

Uutel alleelidel on kas positiivne, negatiivne või neutraalne väärtus

Neutraalse väärtusega alleelide sagedus muutub populatsioonis juhuslikult

Looduslik valik - looduses toimuv protsess, mis seisneb kohasemate geneetiliste variantide edukamas üleelamises ja paljunemises ning vähemkohaste variantide eliminatsioonis antud ökoloogilistes tingimustes

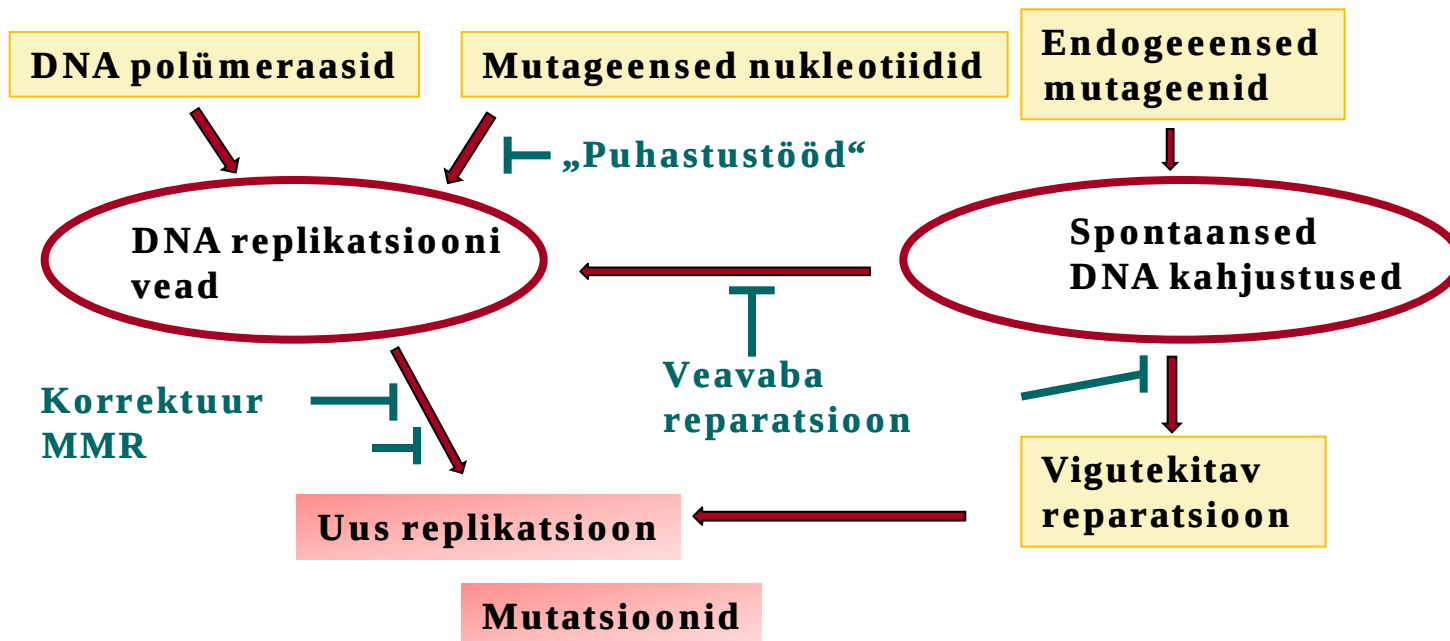
Mutatsioonid võimaldavad populatsioonisest geneetilist varieeruvust ja on alusmaterjaliks evolutsioonile



Mutatsioonisagedus ei tohi olla ei liiga kõrge ega liiga madal



Mutatsioonide teket mõjutavad tegurid



Mutatsioonisagedus populatsioonis

Mutatsioonisagedus populatsioonis ei tohi olla liiga kõrge sellepärast, et sel juhul koguneb populatsiooni liiga palju kahjulikke mutatsioone ning populatsioon hukkub

Mutatsioonisagedus ei tohi võrdsustuda ka nulliga, sest sel juhul puudub populatsioonis geneetiline muutlikkus ning populatsioon ei suuda kohaneda muutuvate keskkonnatingimustega

Spontaanne mutatsioonisagedus:

Bakterid ja bakteriofaagid – 10^{-8} kuni 10^{-10} nt kohta generatsioonis

Eukarüootsed rakud – 10^{-7} kuni 10^{-9} nt kohta generatsioonis

Mutatsioonisagedus geeni kohta (1000 nt pikkune geen) – 10^{-4} – 10^{-7} generatsiooni kohta

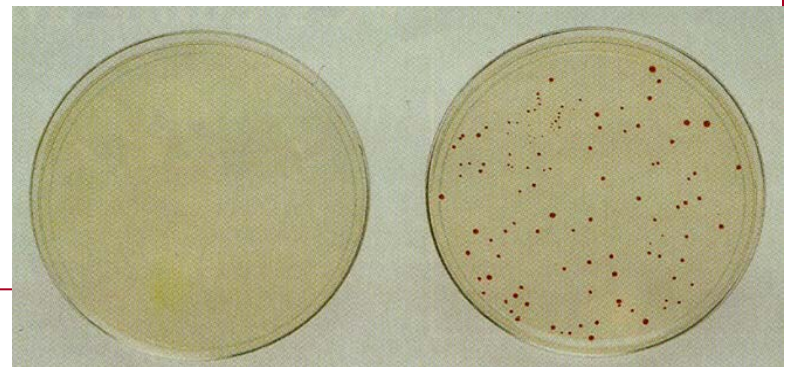
Mutaatorid – mutatsioonisagedus normaalsest oluliselt kõrgem

Kõrget mutatsioonisagedust põhjustavad:

Tavalisest vigaderohkem DNA replikatsioon

Häired DNA reparatsioonisüsteemides

Mobiilsete DNA elementide kõrge aktiivsus

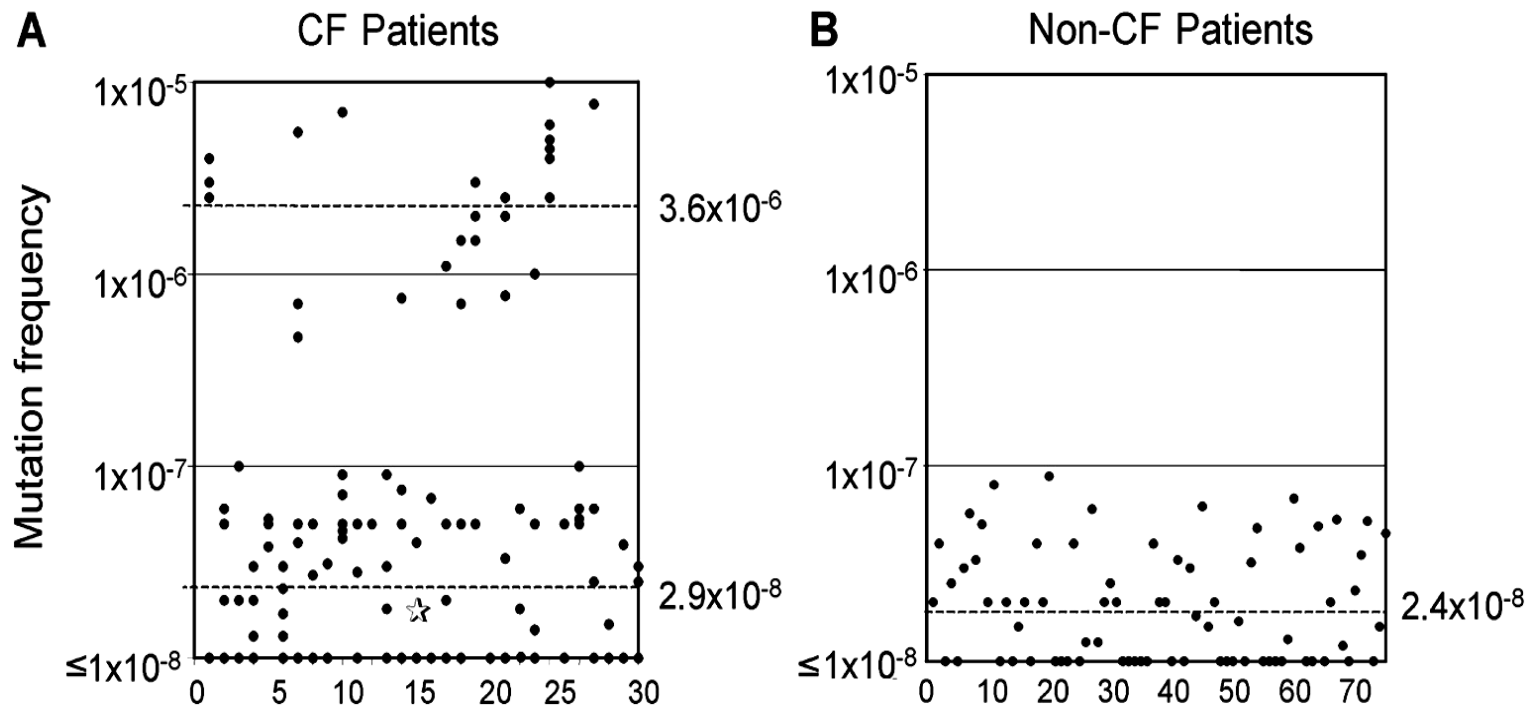


Metsiktüüp

Mutaator

Kõrge mutatsioonisagedus

Teatud olukordades (näiteks patogeense bakteri invasioonil peremeesorganismi) võib mutaatorfenotüüp bakterile kasulik olla, sest sel juhul tekib kõrgema sagedusega ka selliseid juhuslikke mutatsioone, mis antud keskkonnatingimustes bakterile kasulikuks osutuvad



Pseudomonas aeruginosa DNA reparatsioonidefektsete mutaatortüvede kõrge osakaal kroonilise tsüstilise fibroosi patsientidel (leiti 11 patsiendil 30-st)

Mutatsioonid kui geneetilise muutlikkuse allikas

Populatsioonigeneetika ning evolutsiooni seisukohalt liigitatakse mutatsioone kasulikeks, kahjulikeks ja neutraalseteks vastavalt sellele, kuidas nad mõjutavad mutatsiooni kandva isendi eluvõimet ning fertiilsust

Mutatsioonid kas suurendavad, vähendavad või ei muuda **isendite kohasust** (*fitness*)

Nii looduslik valik kui ka geenitriiv määravad selle, kas mutatsioon jääb populatsioonis püsima või elimineerub sealt

Omavahel vaidlevad kaks evolutsionistide koolkonda – selektsionistid ja neutralistid

Selektsionistid: *Survival of the fittest*

Evolutsiooniprotsessi on peamiselt kujundanud kasulike mutatsioonide teke ja looduslik valik

Neutralistid (nende tuntuimaks esindajaks on Motoo Kimura): *Survival of the luckiest*

Evolutsiooni käigus on põhiroll neutraalsetel mutatsioonidel ja geenitriivil

Evolutsoon stressitingimustes



**Evolution Canyon I, Lower Nahal Oren,
Mount Carmel, Israel**

Evolutsoonikanjon Iisraelis

- Lõunanõlval (stressinõlval) oli 11 taksonil 14-st geneetiline heterogeensus suurem
- “Stressinõlvalt” isoleeritud seenel *Sordaria fimicola* ilmnes 3-kordne mutatsioonisageduse tõus
- Äädikakärbsel oli lõunanõlval tõusnud rekombinatsioonisagedus 4 korda
- Lõunanõlvalt pärit tsüanobakteril oli tsirkaadse rütmi geenides neutraalseid mutatsioone arvutuslikult 190 korda rohkem aasta kohta

Bakterid on evolutsiooni mehhanismide uurimisel heaks mudeliks

Haploidne genoom – mutatsioonid satuvad kohe loodusliku valiku alla

Kiire kasv – ideaalsetes kasvutingimustes toimub pooldumine iga poole tunni tagant



BAKTERITE STRESS

Bakterite kiire paljunemine optimaalsetes kasvutingimustes:



**Geenide ekspressioon kõrgel tasemel
Aktiivne DNA replikatsioon**

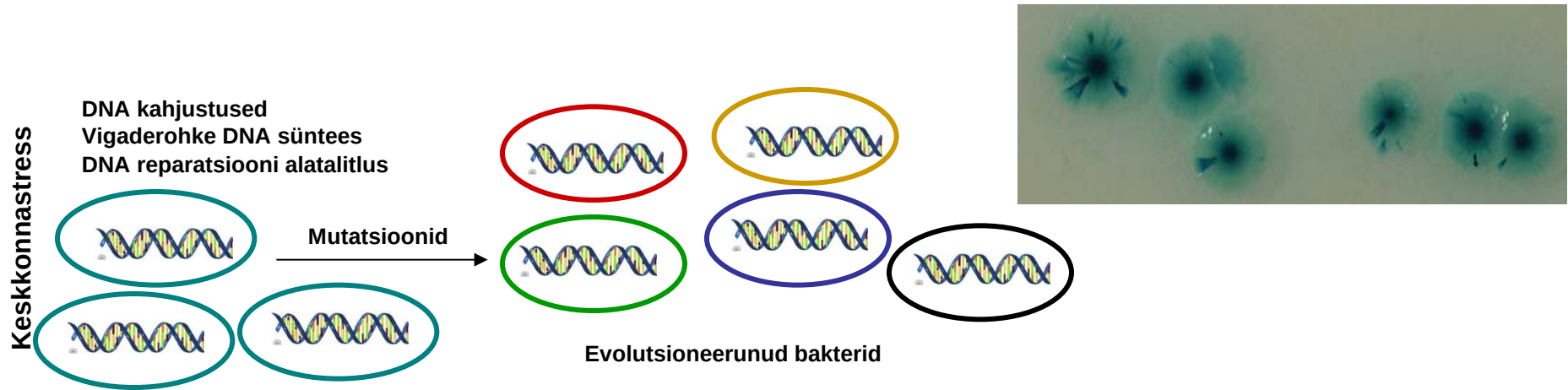
Bakterite kiire kasv on võimalik ainult lühiajaliselt

Stressina toimivad kõik keskkonnamuutused, mille tulemusena bakterite kasvukiirus aeglustub:

**toitainete nälg
pH muutused
temperatuuri muutused
DNAd ja valke kahjustavad tegurid (ROS)**



Mutatsioonide teke stressis olevates bakterites



Bakterite geneetiline kohastumine stressitingimustes: mutatsioonid tekivad näiliselt staatilises rakupopulatsioonis, kus DNA replikatsioonitase on rakkudes oluliselt langenud

Bakterite geneetiline kohastumine keskkonnastressi tingimustes, kus bakterite kasv on peatunud (bakterirakkude arvukus populatsioonis ei suurene):

Uute kasvuallikate kasutuselevõtmine

Patogenees

Resistentsus antibiootikumidele





Tartu Ülikooli Molekulaar- ja Rakubioloogia Instituut Geneetika õppetool

Mikroobigeneetika uurimisgrupp (prof. Maia Kivisaar)

- 1) Bakterite evolutsioneerumist ja mutatsiooniprotsesse mõjutavad molekulaarsed mehhanismid bakterites (Maia Kivisaar)**
- 2) Bakteriraku membraani homeostaas ja rakkude suremine (Rita Hõrak)**
- 3) Taimejuurte koloniseerimist mõjutavad mehhanismid kterites (Riho Teras)**



Grupi seminar Käärikul 5. oktoober 2013



***Pseudomonas* – üks suuremaid bakteriperekondi, kuhu kuulub nii patogeensei kui ka mittepatogeenseid bakteriliike**

***P. aeruginosa* – oportunistlik inimese patogeen**

***P. putida* – mullabakter, lagundab toksilisi aromaatsid ühendeid**

***P. putida* ja *P. aeruginosa* kui mudelorganismid mutatsiooniprotsesside uurimiseks bakterites:**

Erinevate DNA polümeraaside osalus mutatsiooniprotsessides

DNA reparatsioon ja rekombinatsioon pseudomonaadides

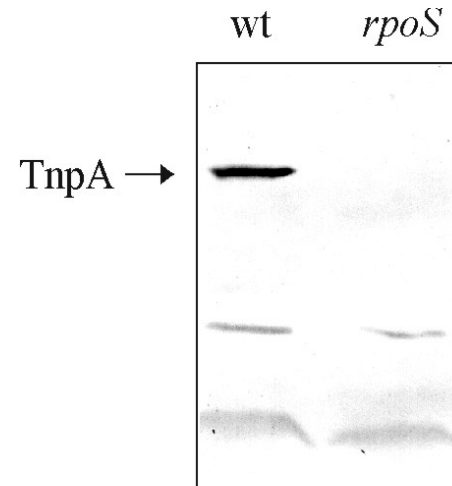
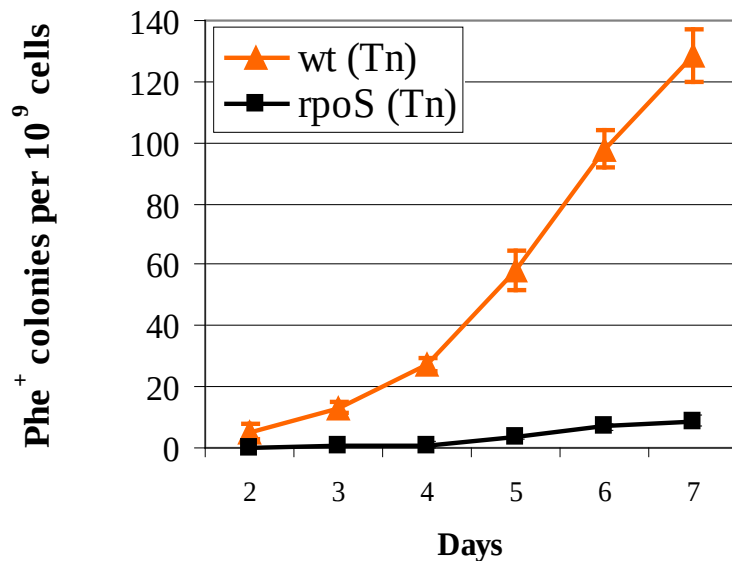
Bakterite evolutsioon stressitingimustes (toitainete nälk, oksüdatiivne stress)

Uute mutatsioonisagedust mõjutavate geenide identifitseerimine pseudomonaadides

**Kas evolutsioon on loonud
mehhanisme evolutsioneerumise
kiiruse mõjutamiseks?**

Transposooni Tn4652 transpositsiooni sagedus suureneb bakterite näljatingimustes

RpoS – sigma faktor, mis aktiveerib osade geenide transkriptsiooni statsionaarse faasi rakkudes



RpoS soodustab Tn4652 transpositsioonist põhjustatud mutantide akumul eerumist *P. putida* nälgivas rakupopulatsioonis, kontrollides transposaasi TnpA ekspressiooni

Erinevate DNA polümeraaside osalus mutageneesisil

DNA polümeraasid bakteris *E. coli*

Pol III – replikatiivne polümeraas

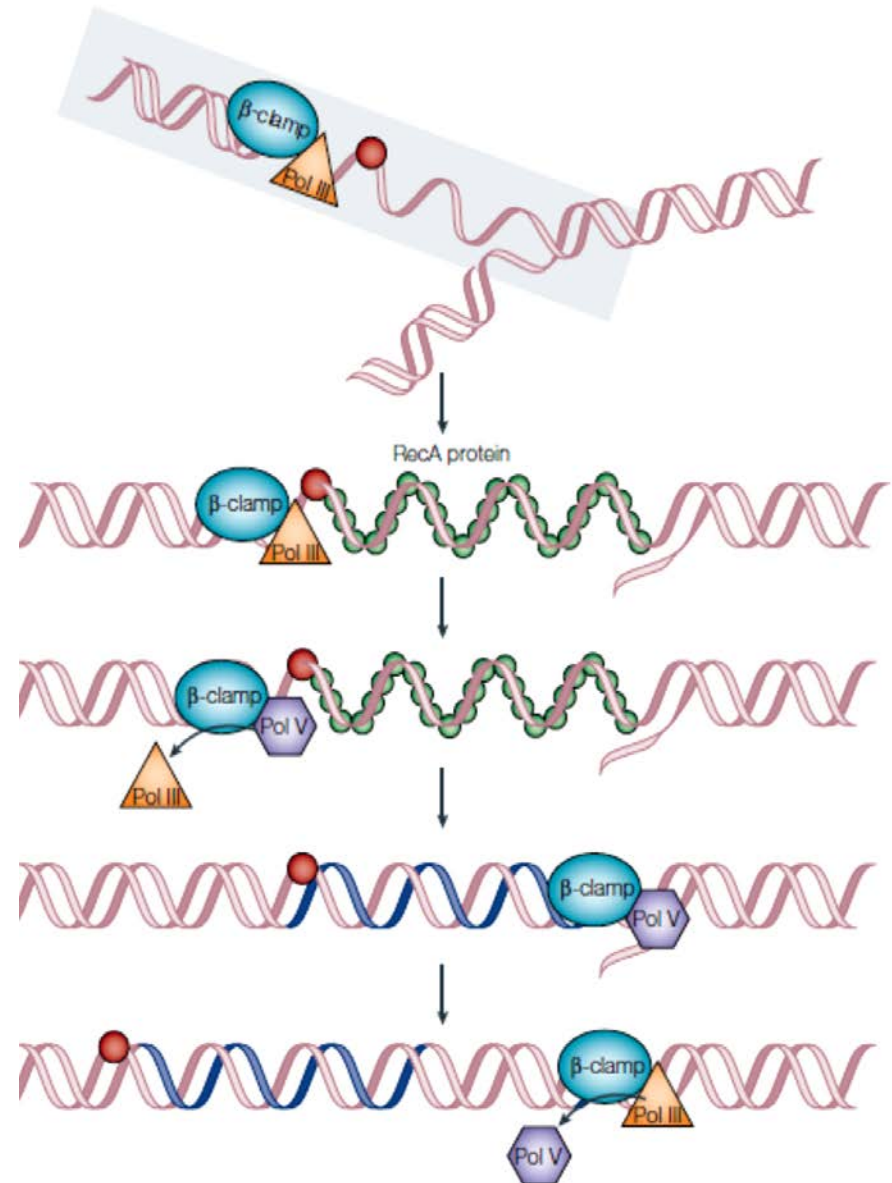
Pol I ja Pol II – DNA reparatsioon, rekombinatsioon

Pol IV ja Pol V – vigaderohked, madala protsessiivsusega,

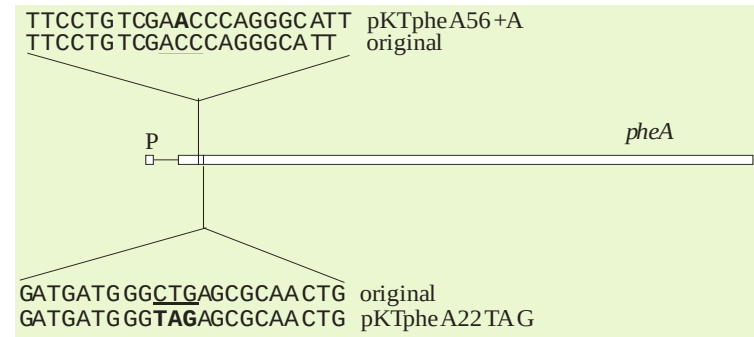
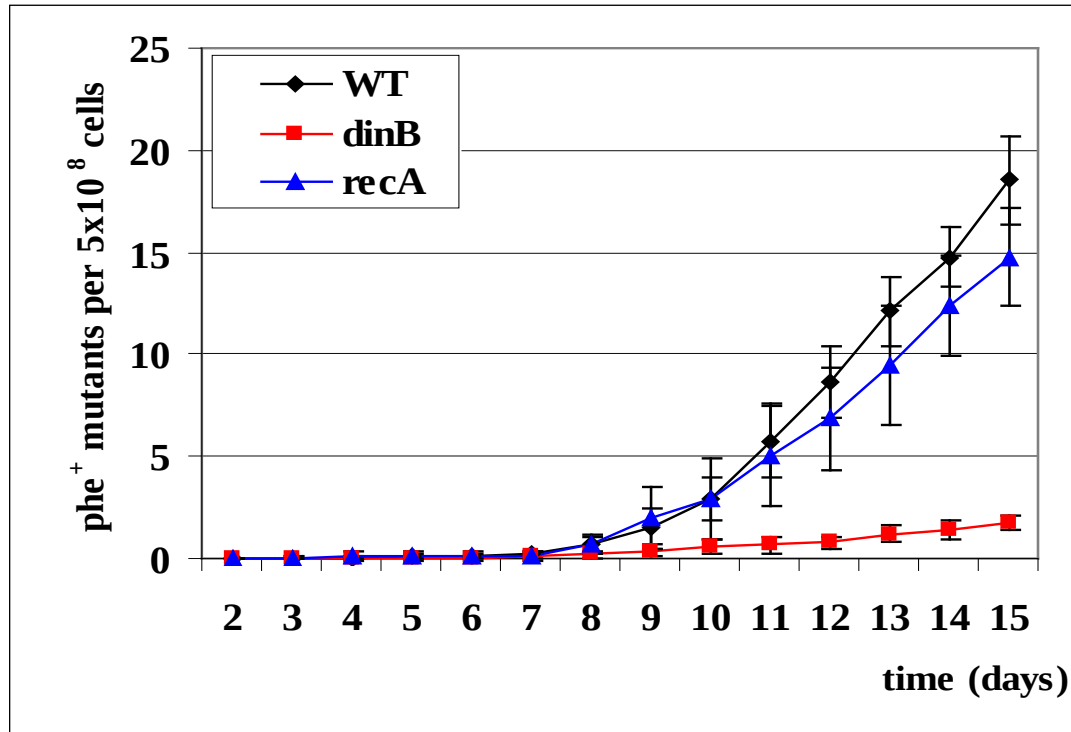
DNA sünteesi jätkamine kahjustatud kohalt, kus Pol III ei tööta

Pol II, Pol IV ja Pol V on DNA kahjustuste poolt indutseeritavad

Pol IV ja Pol V osalevad statsionaarse faasi mutatsioonide tekkel



Pol IV osalus statsionaarse faasi mutageneesisil bakteris *Pseudomonas putida*



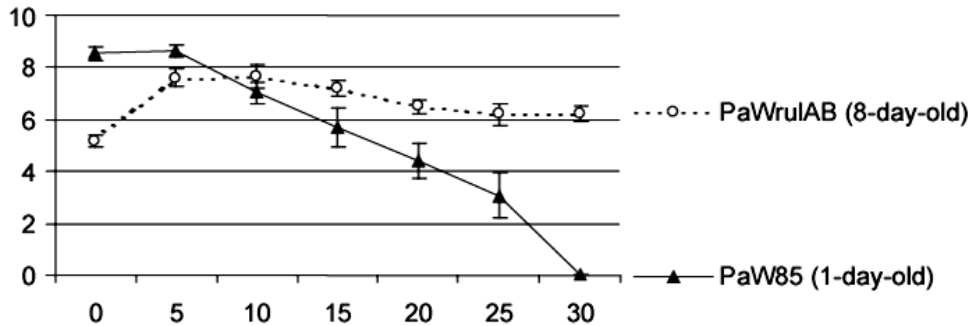
Bakterikolooniad fenooli sisaldaval minimaalsöötmel

Pol IV-st sõltuvate mutatsioonide (1-nt deletsioonid) akumulatsioon *P. putida* nälgivas populatsioonis **võimendub bakterite pikaajalise nälja korral ja on RecA valgust sõltumatu**
Pol IV ei osale asendusmutatsioonide tekkel

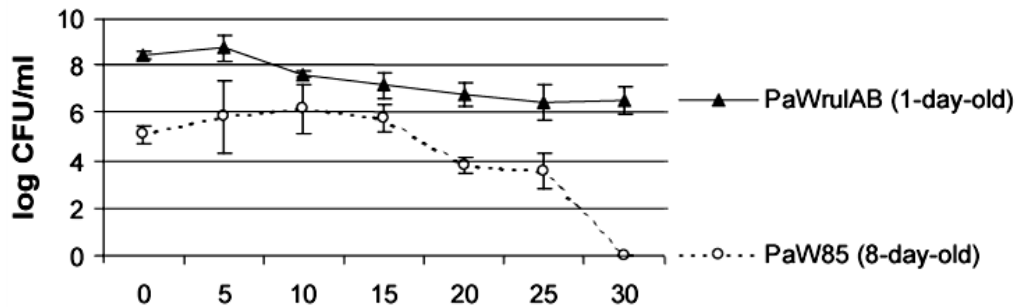
Pol V geenide olemasolu suurendab bakterite konkurentsivõimet

Pol V geenid (*rulAB* geenid) *P. putida* tolueeni kataboolsest plasmiidist suurendavad bakterite konkurentsivõimet statsionaarse faasi rakkude populatsioonis

PaWrulAB vs PaW85

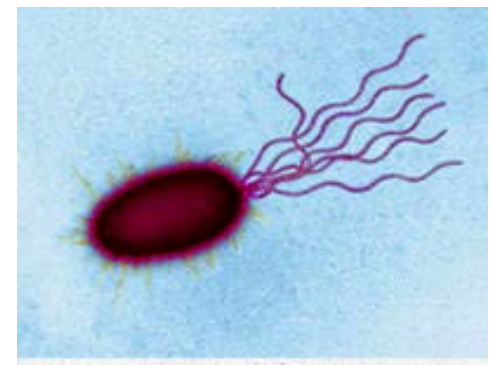


PaW85 vs PaWrulAB



IUT teema “Bakterite keskkonnaga adapteerumise molekulaarsed mehhanismid”

Teema juht: Maia Kivisaar



- 1. Bakteriraku membraani homeöstaas ja rakkude suremine (Rita Hõrak)**
- 2. Taimejuurte koloniseerimist mõjutavad mehhanismid bakterites (Riho Teras)**
- 3. Saastainete lagundamismiradade regulatsioon ja redundantsuse põhjused bakterites (Ain Heinaru)**
- 4. Bakterite evolutsioneerumist ja mutatsiooniprotsesse mõjutavad molekulaarsed mehhanismid bakterites (Maia Kivisaar)**
- 5. Saastainete lagundamismiradade evolutsioneerumine saastaineid sisaldavas keskkonnas (Eve Vedler)**

