

# Evoluční genetika 2/1 Zk/Z

Radka Reifová, Pavel Munclinger, Zuzana Musilová

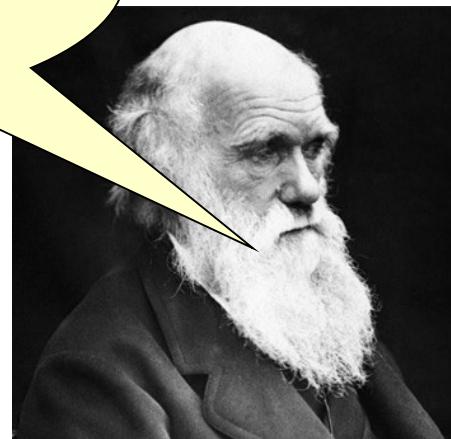
**Prezentace a materiály k přednášce**

<http://web.natur.cuni.cz/zoologie/biodiversity/>

# Evoluční genetika

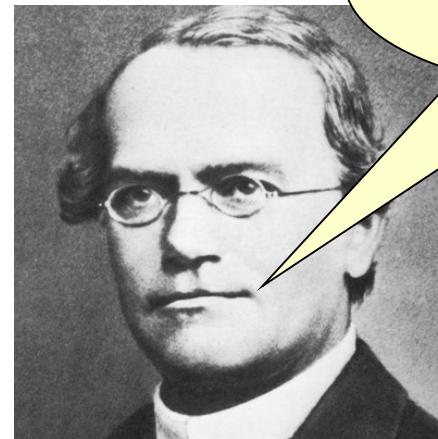
- Obor vzniklý propojením Darwinovy evoluční teorie (1859) a Mendelovy teorie dědičnosti (1866).
- Zabývá se genetickou variabilitou v populacích i mezi druhy a procesy, které ji ovlivňují.
- Snaha vysvětlit evoluci pomocí mechanismů měnících frekvence alel v populaci.

Umím vysvětlit evoluci,  
ale jak funguje dědičnost  
je mi záhadou.



Charles Darwin

Žádný strach.  
Přišel jsem na  
to!

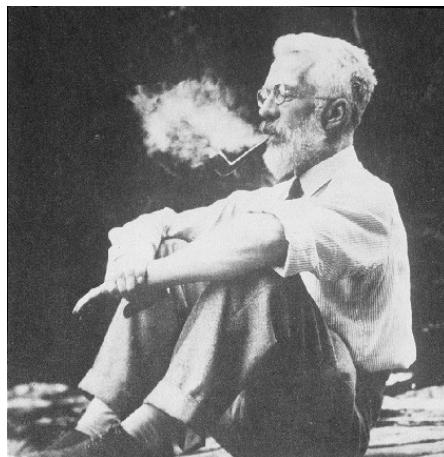


Johann Gregor Mendel

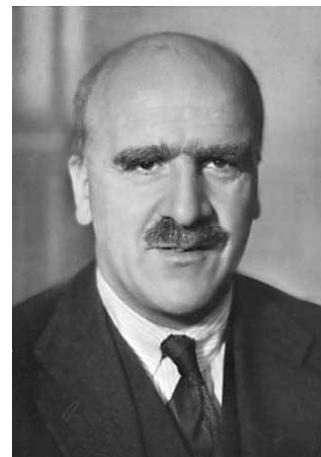
# Nejdůležitější milníky evoluční genetiky

## MODERNÍ SYNTÉZA (30. až 40. léta 20. století)

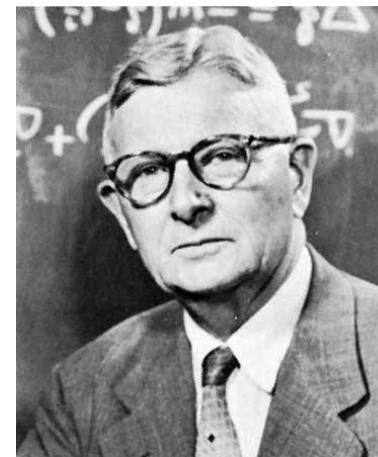
- Vytvořen teoretický aparát popisující změny ve frekvencích alel v populaci, na kterou působí různé evoluční síly.
- Základy populační genetiky.



Sir Ronald Fisher



J. B. S. Haldane

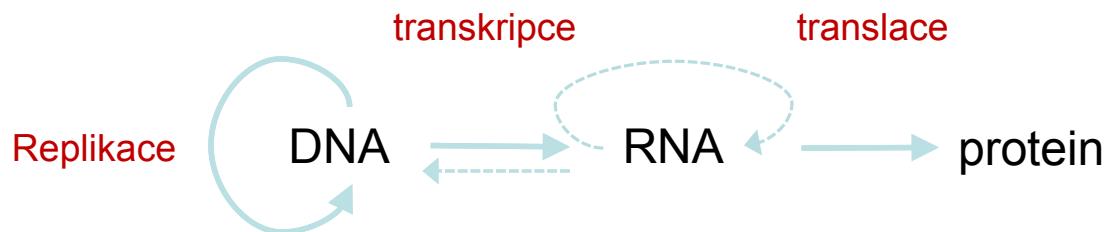


Sewall Wright

# Nejdůležitější milníky evoluční genetiky

## OBJEV DVOUJŠROUBOVICE DNA A CENTRÁLNÍ DOGMA MOLEKULÁRNÍ BIOLOGIE (50. léta 20. století)

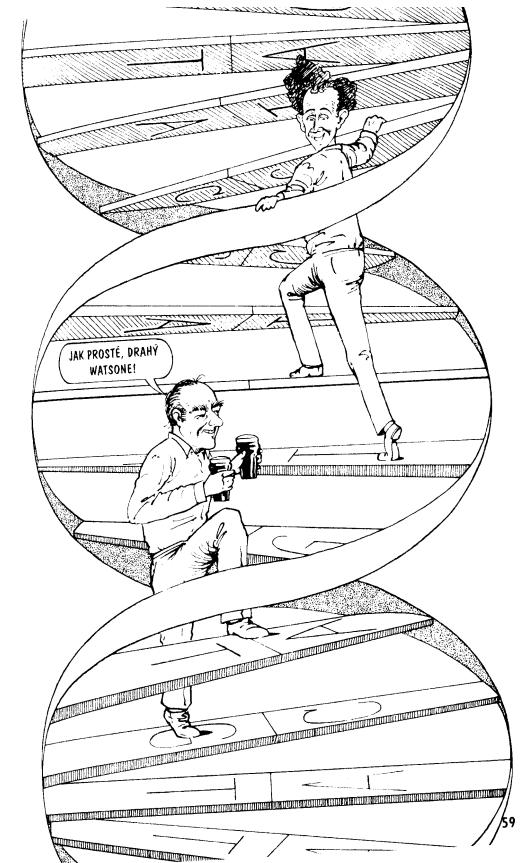
- Genetická informace je zakódována v pořadí nukleotidů v molekule DNA.



## TEORIE MOLEKULÁRNÍ EVOLUCE (70. léta 20. století)



Motoo Kimura

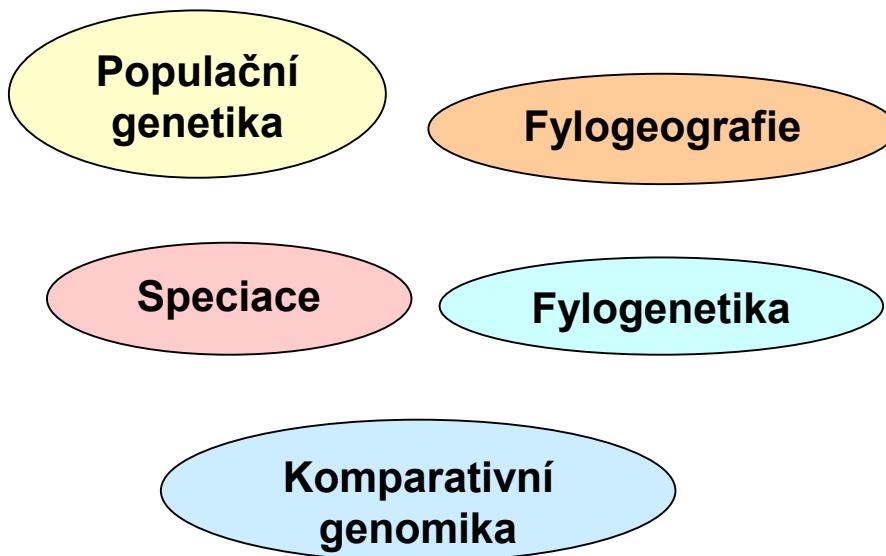


James Watson a Francis Crick

# Nejdůležitější milníky evoluční genetiky

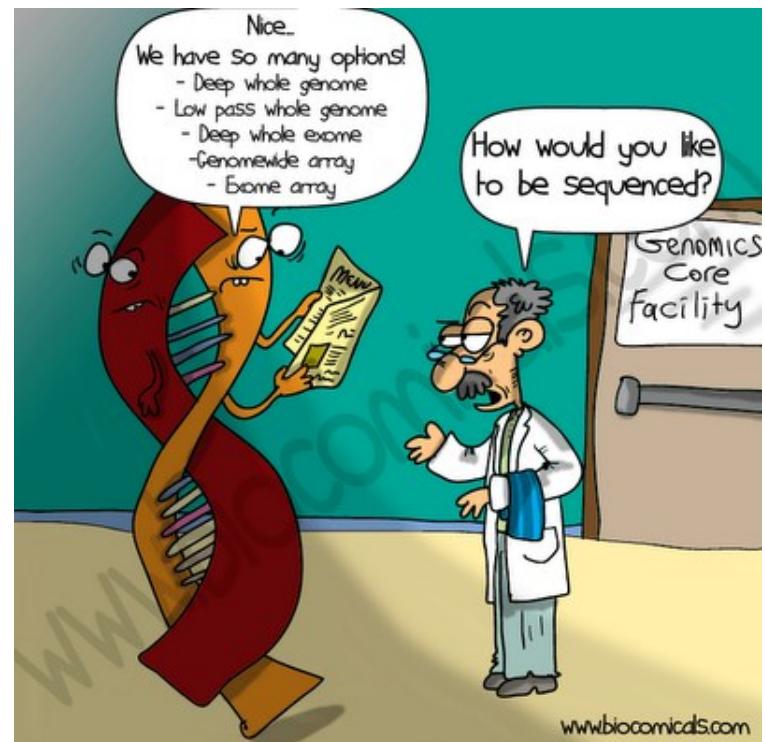
## OBJEV A ROZVOJ SEKVENAČNÍCH TECHNOLOGIÍ (od 90. let 20. století)

- Příliv ohromného množství sekvenčních dat.
- Kombinace teoretického aparátu a skutečných sekvenčních dat umožňuje studovat, jak probíhala evoluce organismů v minulosti.



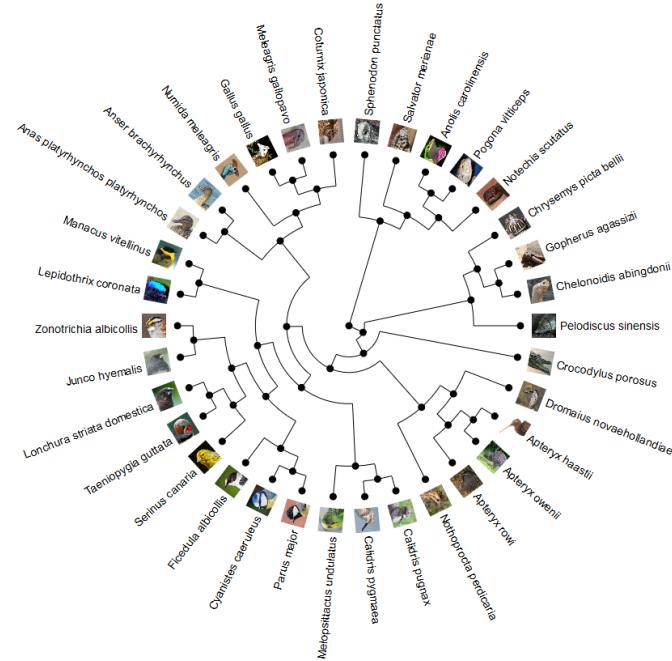
# Molekulární data

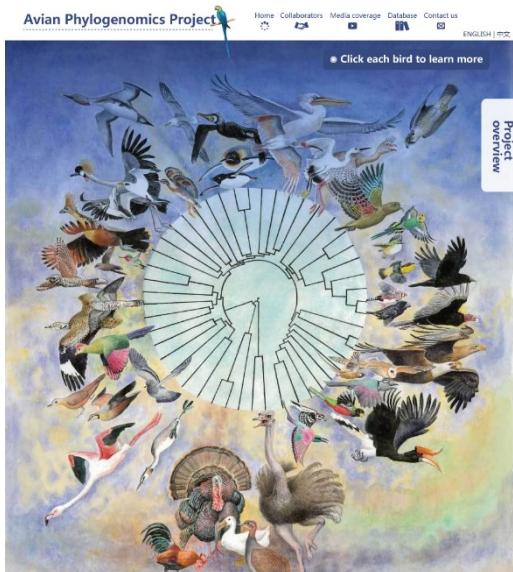
- Sekvence jednotlivých genů.
- Sekvence transkriptomů.
- Sekvence náhodných úseků genomu  
(Restriction site associated DNA (RAD) sekvenování)
- Sekvence celých genomů



# Sekvence genomů

- 1995 *Haemophilus influenzae*, 1. osekvenovaná bakterie
- 1996 *Saccharomyces cerevisiae*, 1. osekvenovaný eukaryotický organismus
- 1998 *Caenorhabditis elegans*, 1. osekvenovaný mnohobuněčný organismus
- 2000 *Drosophila melanogaster*
- 2001 *Homo sapiens*
- 2002 *Mus musculus*
- 2005 *Pan troglodytes*
- 2010 *Homo neanderthalensis*
- Dnes kompletní genomy více než 200 druhů živočichů v databázi Ensembl.





## Genome 10K Project (2009)

Cílem osekvenovat 10 000 druhů obratlovců.  
V roce 2015 již 277 druhů osekvenováno či sekvenováno.

## 5K Project (2011)

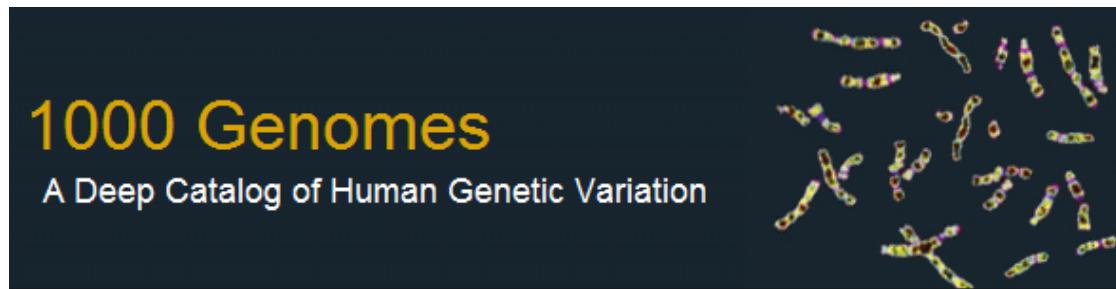
Cílem osekvenovat genomy 5 000 druhů členovců.

## Avian Phylogenomics Project

V roce 2014 osekvenovány genomy 48 druhů zahrnující všechny ptačí řády. Do pěti let v plánu osekvenovat genomy všech zhruba 10 000 druhů ptáků.

## 1000 Genomes Project

- Cílem osekvenovat 1 000 genomů v lidské populaci a detektovat genetické polymorfismy.



<http://www.1000genomes.org>

## ARTICLE

doi:10.1038/nature11632

### An integrated map of genetic variation from 1,092 human genomes

The 1000 Genomes Project Consortium\*

56 | NATURE | VOL 491 | 1 NOVEMBER 2012

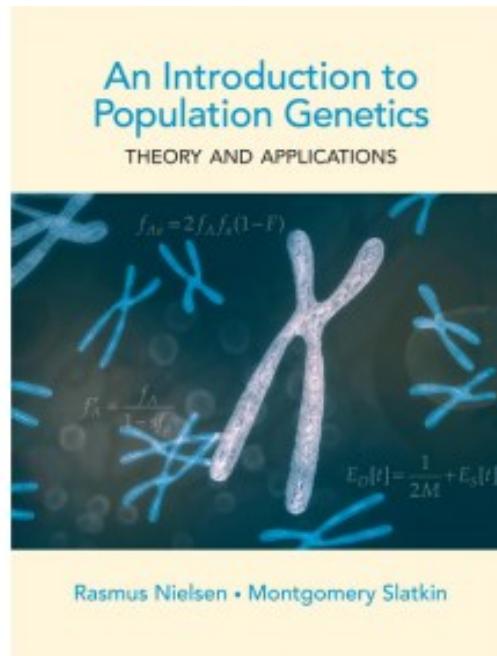


# Rozvrh přednášky

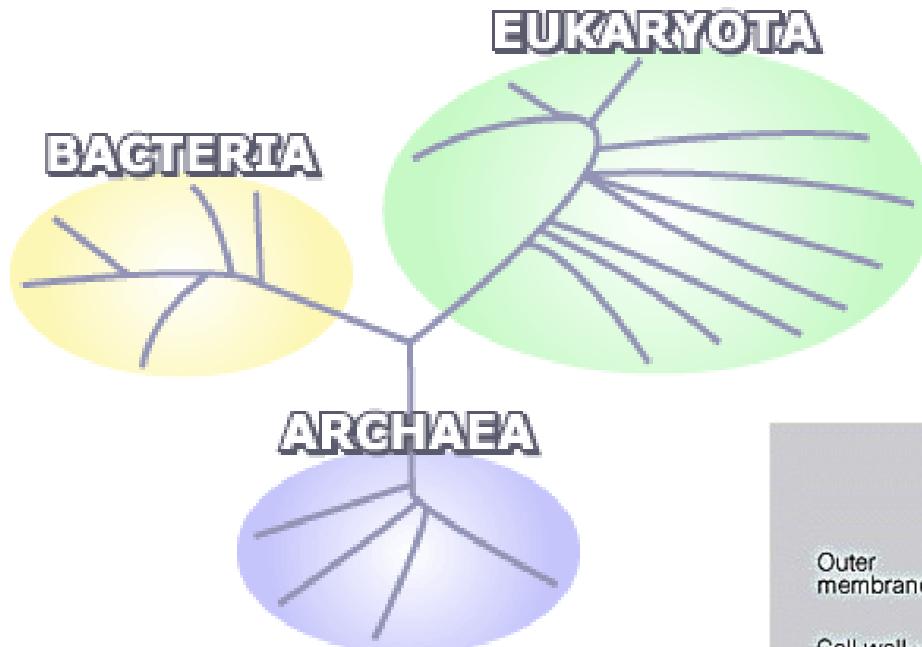
5.10.2020	Geny a genomy (RR)
12.10.2020	Dědičnost (RR)
19.10.2020	Úvod do populační genetiky, neutrální evoluce (RR)
26.10.2020	Teorie neutrální evoluce a molekulární hodiny (RR)
2.11.2020	Detekce selekce na molekulární úrovni (RR)
9.11.2020	<b>Referáty studentů (Blok1)</b>
16.11.2020	Funkční genetika (RR)
23.11.2020	<b>Referáty studentů (Blok2)</b>
30.11.2020	Genealogie (PM)
7.12.2020	Speciace (PM)
14.12.2020	Fylogeneze (ZM)
21.12.2020	<b>Referáty studentů (Blok3)</b>

# Doporučená literatura

- Slidy z přednášek, doporučené články, referáty
- **An Introduction to Population Genetics (2013)**  
**Rasmus Nielsen and Montgomery Slatkin**
- A další knihy uvedené na webu přednášky.



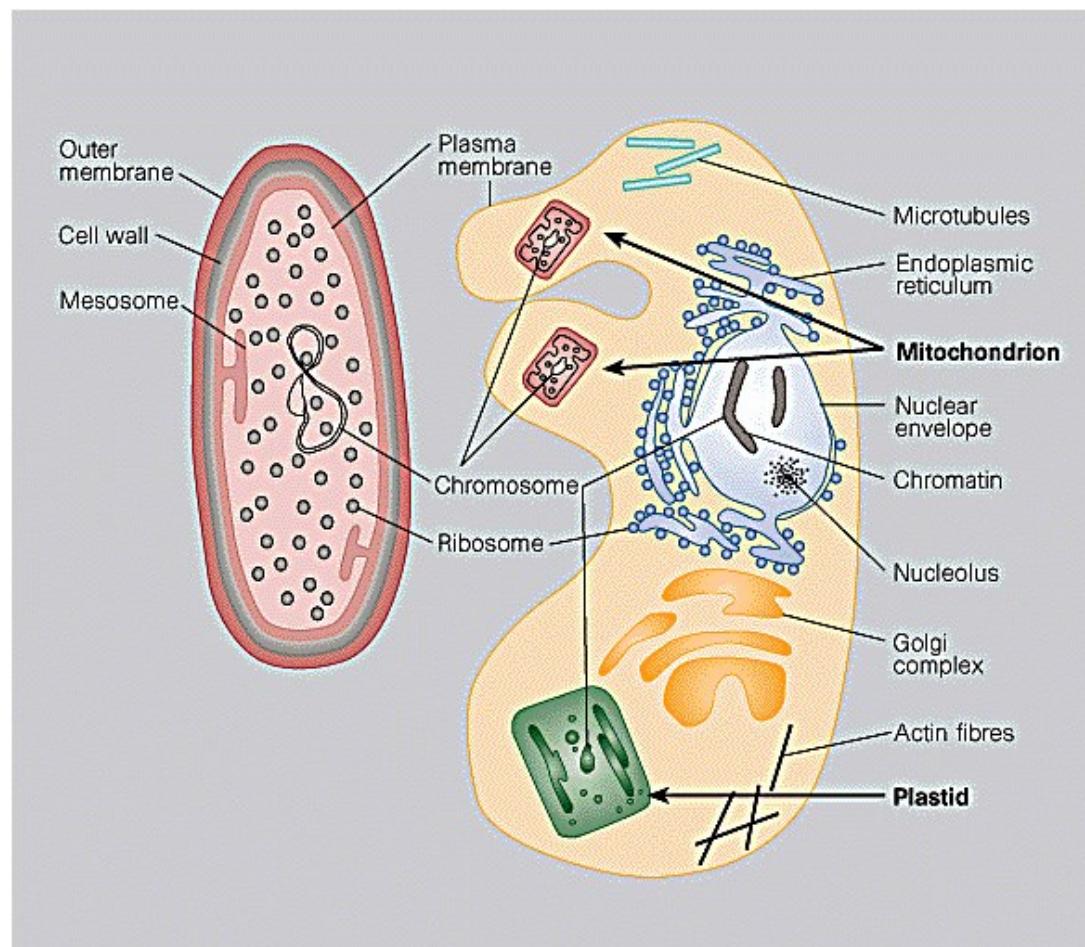
# **Geny a genomy**



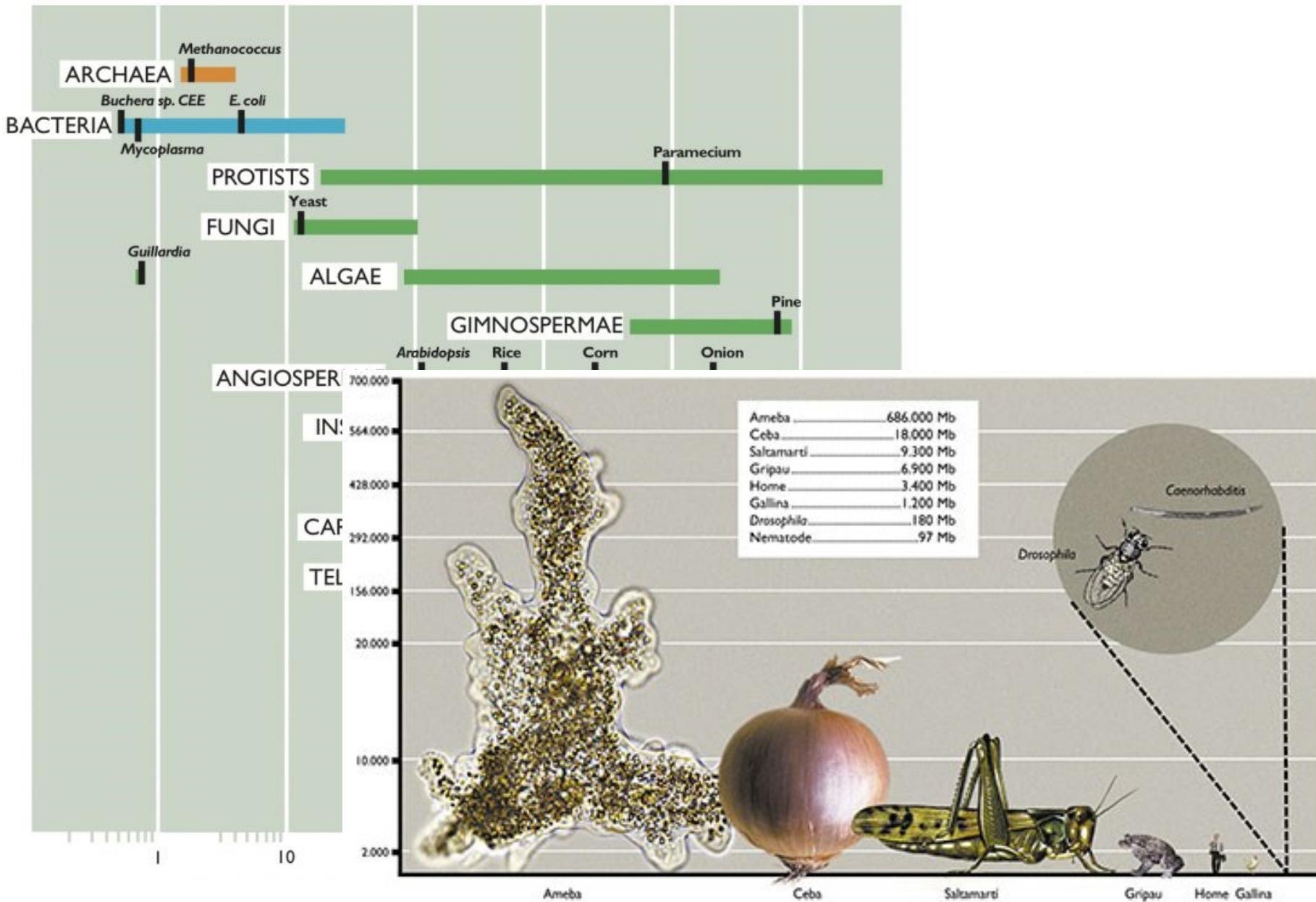
Eukaryota vznikla z archeí kmene Asgard a alfa-proteobakterií, které daly vznik mitochondrií.  
Chloroplasty ze sinic.

Nejmenší genom *Mycoplasma genitalium* dlouhý 500 kb, obsahuje cca 470 genů.

## Genom eukaryot, bakterií a archeí

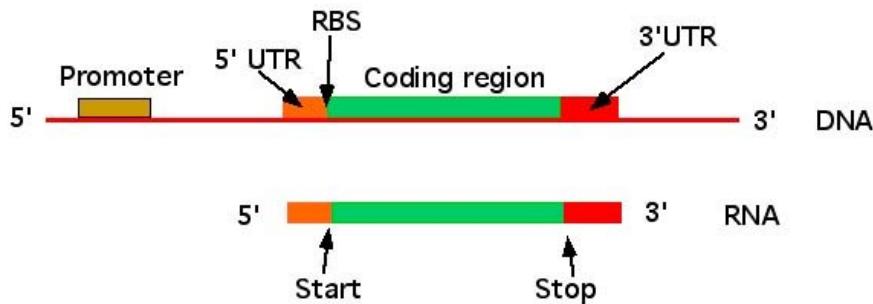


# Velikost genomu a paradox hodnoty C

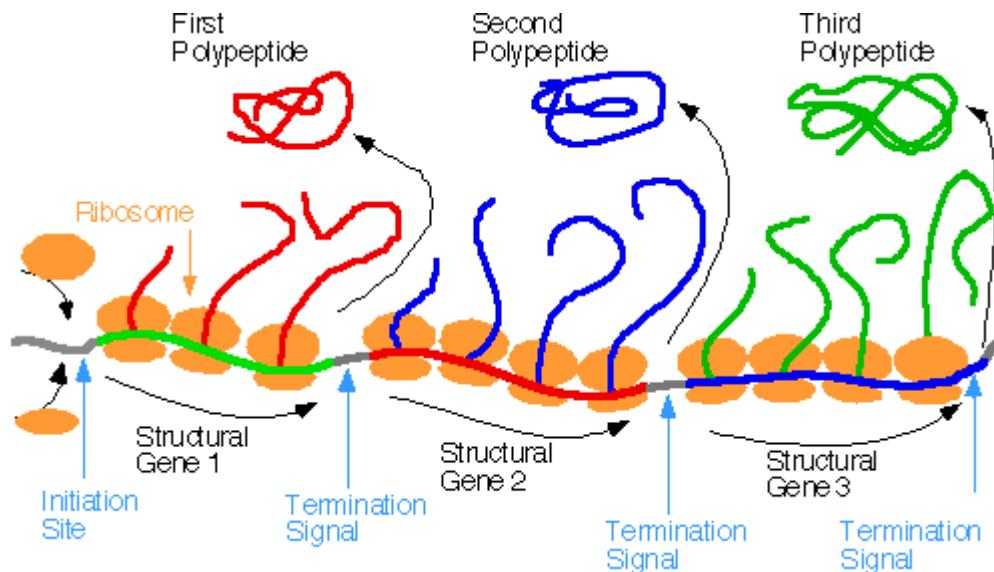


# Protein kódující geny – bakterie a archaea

- Jednoduché geny (nemají introny).

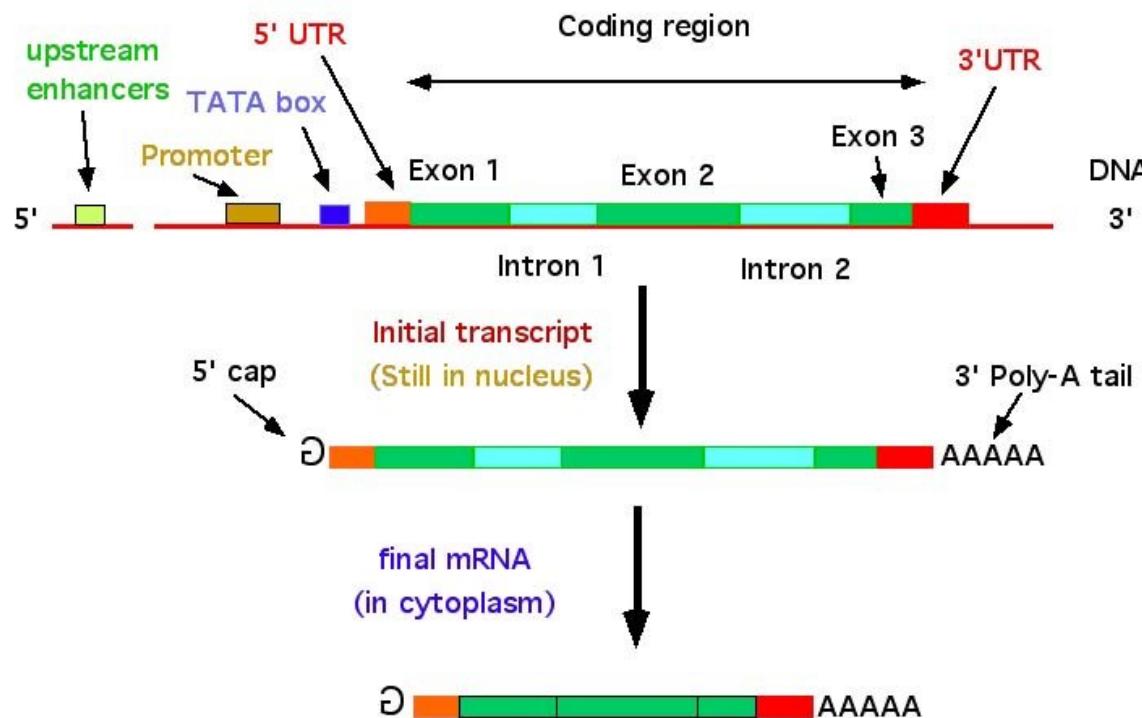


- Operony. Několik genů přepisovaných do jedné mRNA (poly cistronní RNA) kódující více proteinů. Jedna společná cis-regulační oblast. Obvykle geny jedné metabolické dráhy.



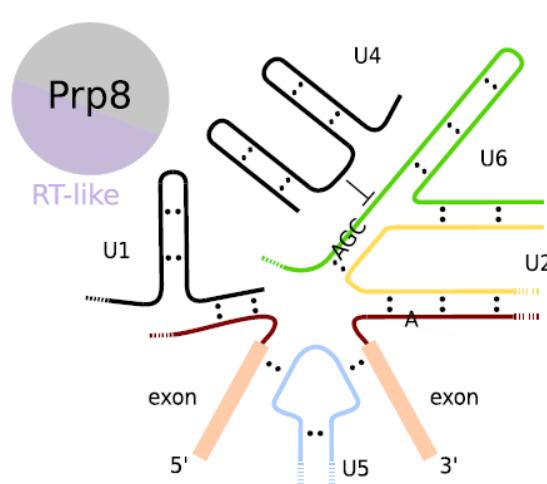
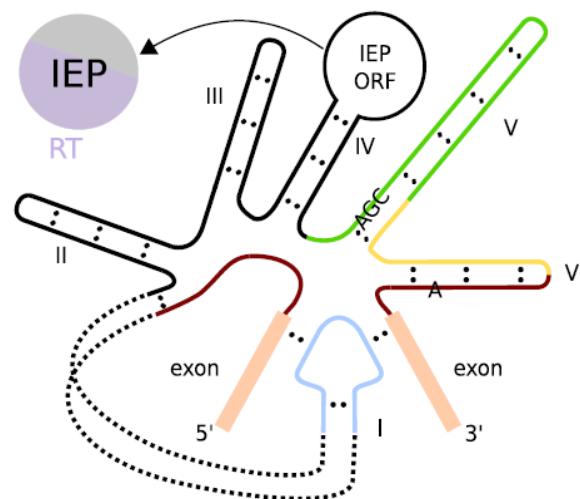
# Protein kódující geny - eukaryota

- Složené geny (exony, introny).
- Introny vystřihávány z mRNA pomocí spliceozomu (ribonukleoprotein skládající se z 5 snRNA a více než stovky proteinů).
- Jednotlivé geny mají vlastní cis-regulační oblasti (promotory, enhancery – často i daleko od kódující sekvence).
- Alternativní sestřih umožňuje vytvořit z jedné mRNA několik různých proteinů.



# Introny eukaryot vznikly ze samosestřihu jících se intronů skupiny II

Intron encoded protein



Součást spliceozomu

$\alpha$ -proteobacterial endosymbiont

Group II introns/  
retroelements –  
restricted spread

Emerging  
proto-  
eukaryotic  
cell

Massive  
invasion of  
Group II  
introns into host  
genome

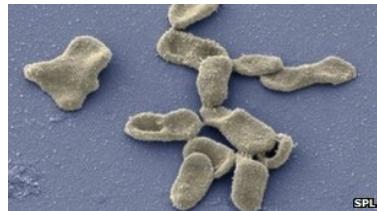
$\alpha$ -proteobacterial  
ancestor of  
mitochondria

Group II  
introns/  
retroelements

Archaea-like  
ancestor of  
eukaryotes

# Počty protein kódujících genů v genomu

*Mycoplasma genitalium*



470

*Haemophilus influenzae*



2 000

*Saccharomyces cerevisiae*



7 000

*Caenorhabditis elegans*



20 000

*Drosophila melanogaster*



14 000

*Homo sapiens*



21 000

*Mus musculus*



23 000

*Danio rerio*



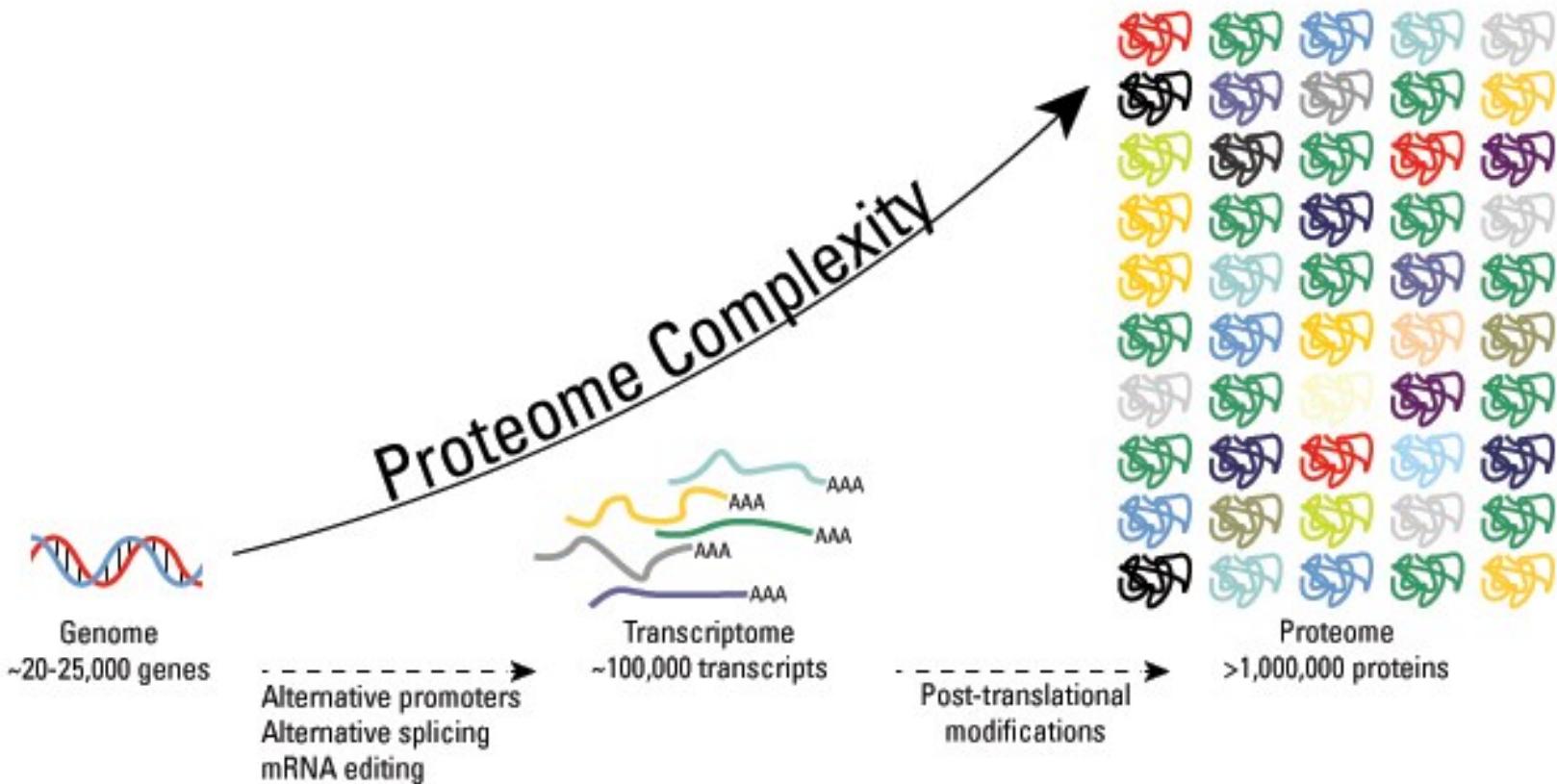
26 000

*Arabidopsis thaliana*



25 000

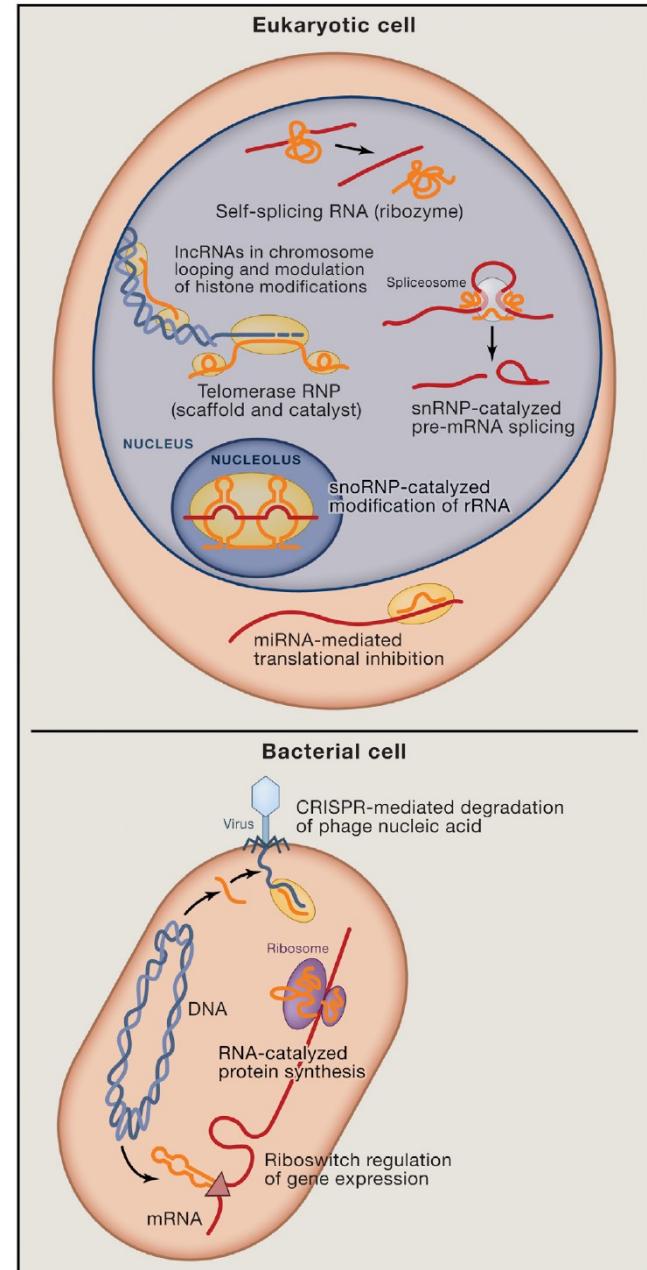
## Alternativní transkripty a post-translační modifikace proteinů mohou významně zvyšovat proteinovou komplexitu



Díky tomu vzniká u člověka až 5 x více různých proteinů než u *Drosophila* či *C. elegans*, kteří mají srovnatelný počet genů.

# RNA geny

- oblasti genomu, ze kterých je přepisována **funkční nekódující (nc) RNA**.
- ncRNA mají velmi rozmanité funkce, regulují genovou expresi na úrovni transkripce, sestřihu, translace. Ovlivňují stav chromatinu atd.
- Hrají důležitou roli v epigenetické dědičnosti
- Některé ncRNA mají katalytickou aktivitu (ribozymy), např. self-splicing introny, součást ribozomu (katalyzuje vznik peptidické vazby). **RNA svět**.



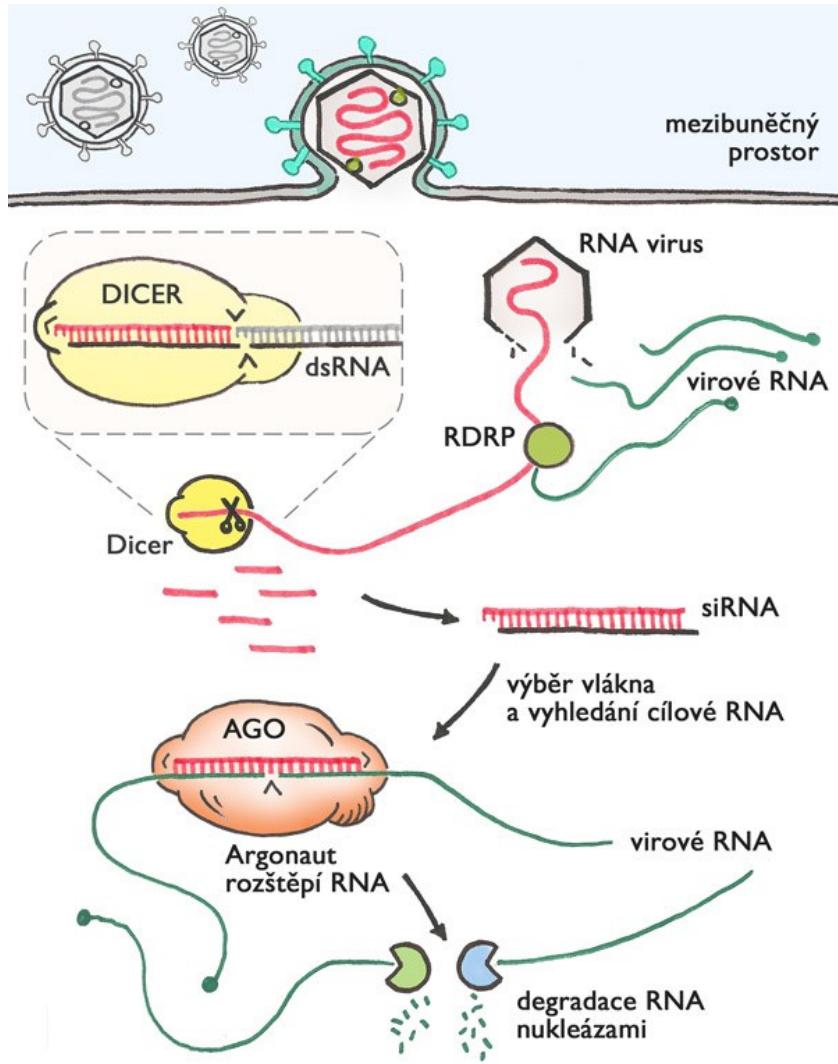
# Malé nekódující RNA

- Obvykle kratší než 100 nt, regulační malé ncRNA 20-30 nt dlouhé
- Ribosomal RNA (rRNA)
- Transfer RNA (tRNA)
- Small nuclear RNA (snRNA)
- Small nucleolar RNA (snoRNA)

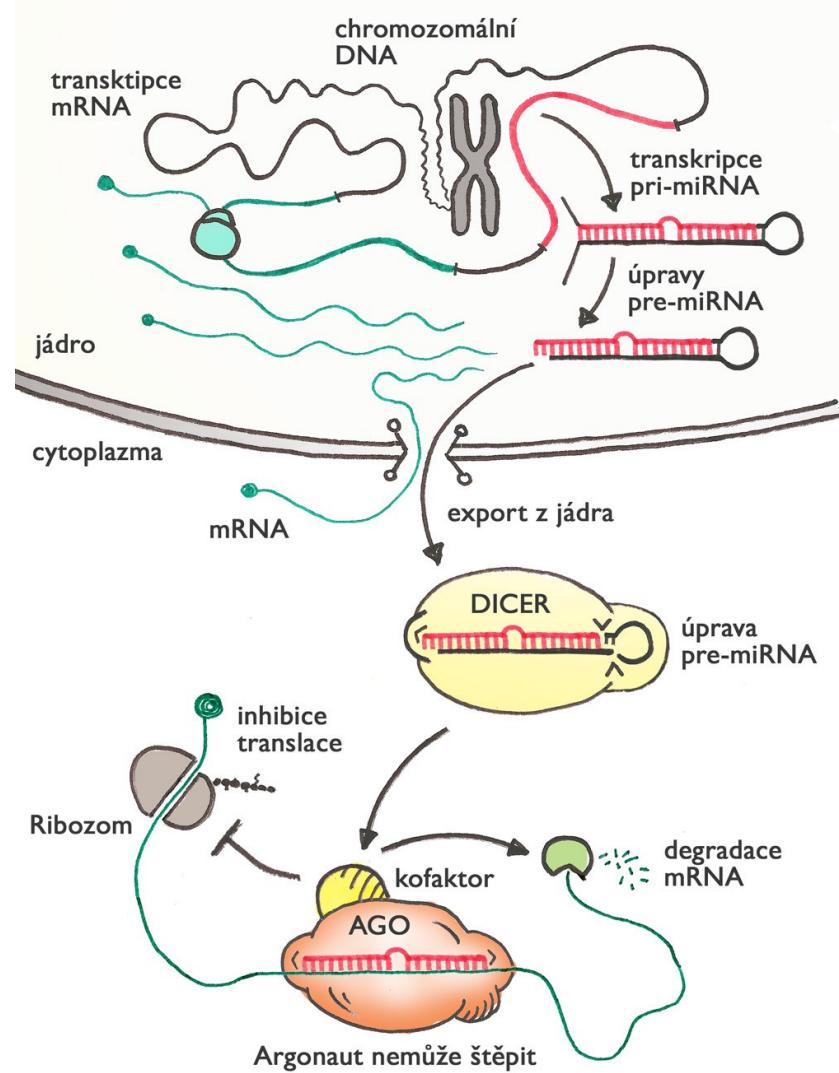
## Regulační RNA

- Small interfering RNA (siRNA) – obrana před RNA viry
- Mikro RNA (miRNA) – regulace genové exprese
- Piwi interacting RNA (piRNA) – obrana před namnožením transpozonů

## siRNA

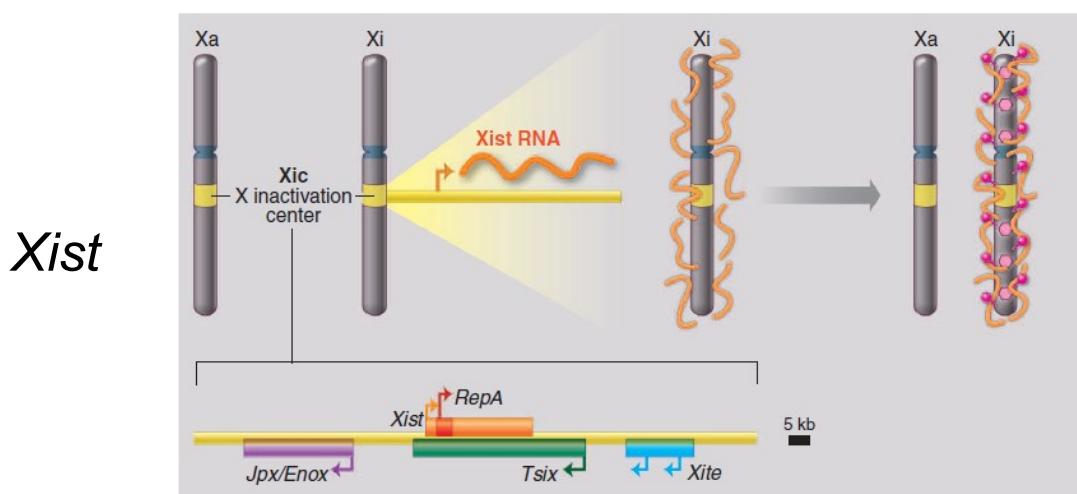


## miRNA

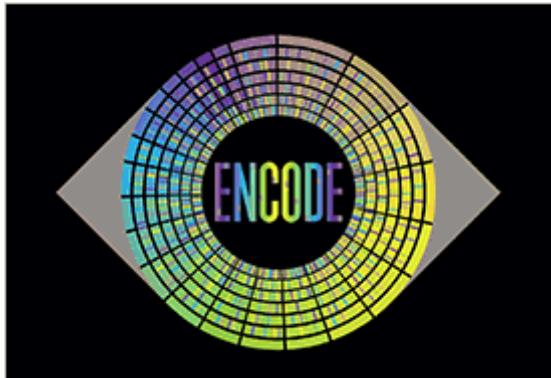


# Dlouhé nekódující RNA

- Delší než 100 nt.
- Často se překrývají s protein kódujícími geny (antisense transkripty, nekódující alternativní transkripty, RNA přepisovaná z intronů)
- Jsou ale i v nekódujících oblastech genomu. Funkce většiny z nich neznámá.
- Pravděpodobně důležitá role v regulaci genové exprese.
- Na rozdíl od transkripčních faktorů:
  - (1) Díky rychlé degradaci mohou regulovat expresi in cis (pouze alely ležící na stejném chromosomu).
  - (2) Mohou regulovat expresi jednoho či několika málo konkrétních genů, který rozpoznávají prostřednictvím sekvenční homologie.



Lee, Science (2012).



# ENCODE (Encyclopedia of DNA Elements)

Vytvořit kompletní seznam funkčních elementů v lidském genomu, zahrnující protein kódující geny, RNA geny, a regulační oblasti.

## ARTICLE

---

---

[doi:10.1038/nature11247](https://doi.org/10.1038/nature11247)

# An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome

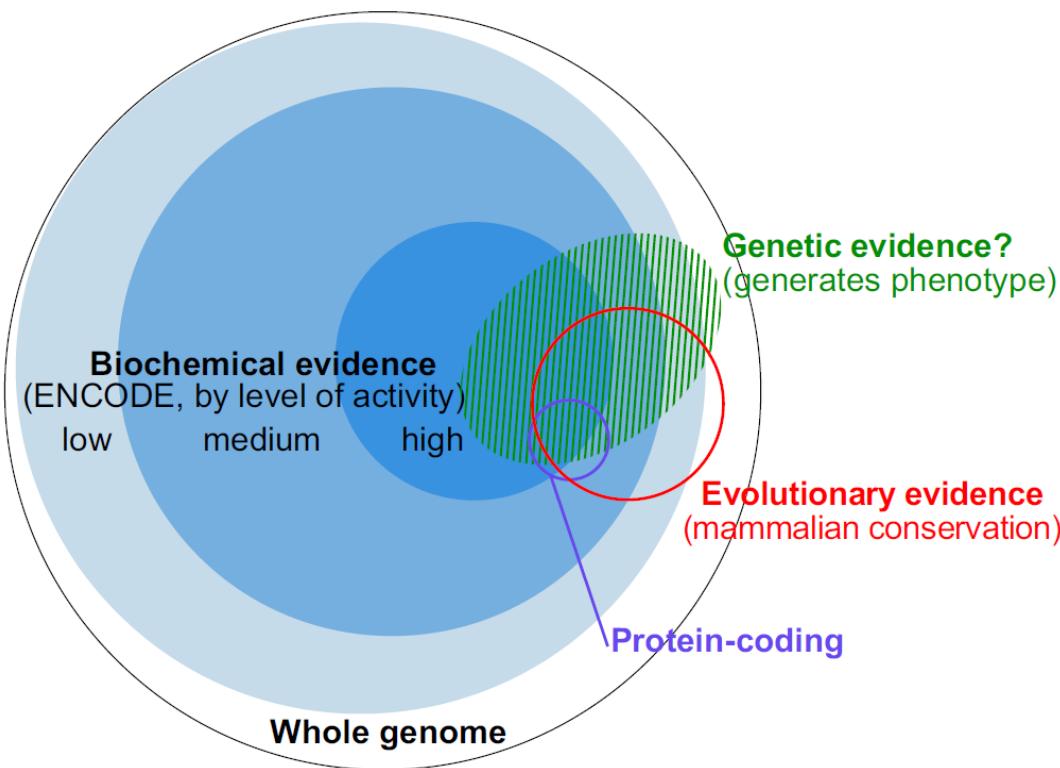
The ENCODE Project Consortium\*

6 SEPTEMBER 2012 | VOL 489 | NATURE | 57

- Transkribováno je ~80% genomu!

Je většina transkriptů funkčních nebo je jedná o transkripční šum?

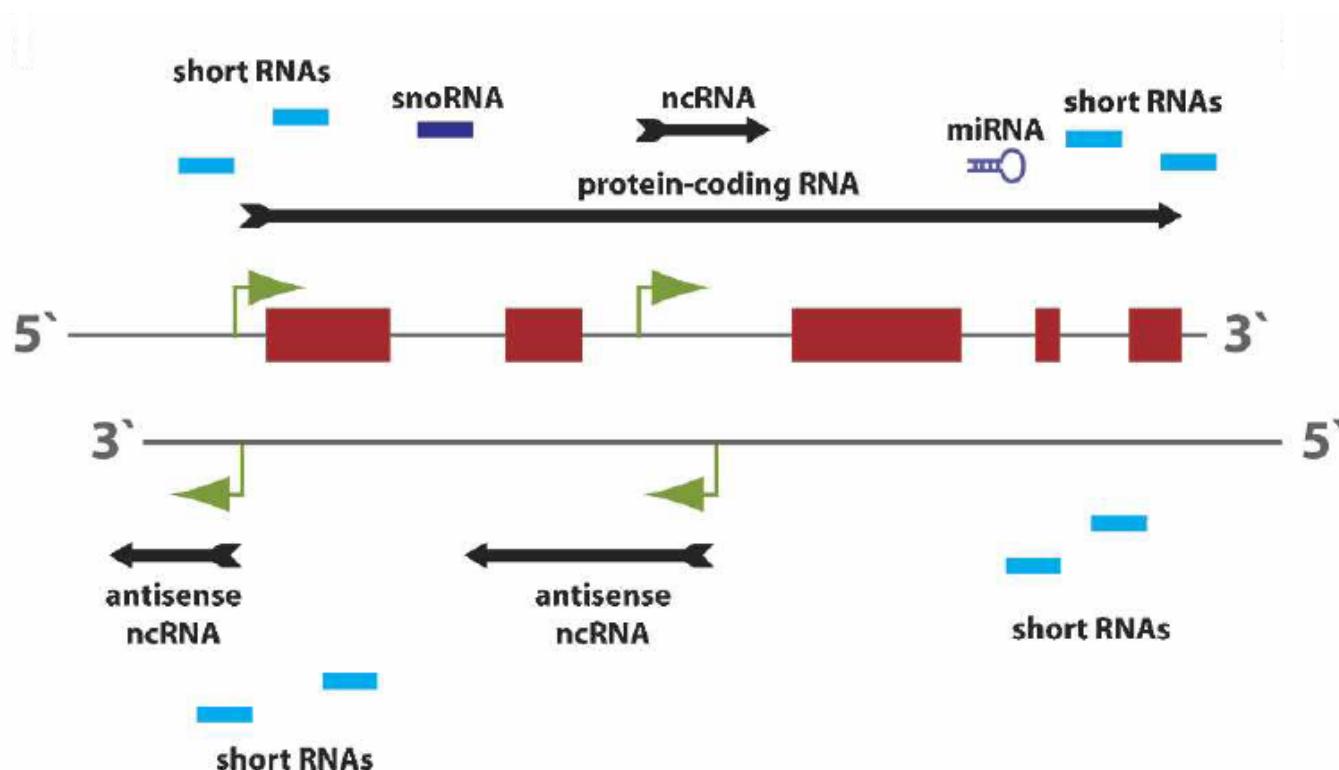
# Jak velká část genomu je funkční?



Pouze pro zhruba 10% genomu máme doklad, že jeho funkce je udržovaná selekcí a nebo může být zničena přirozenými či v laboratoři vytvořenými mutacemi.

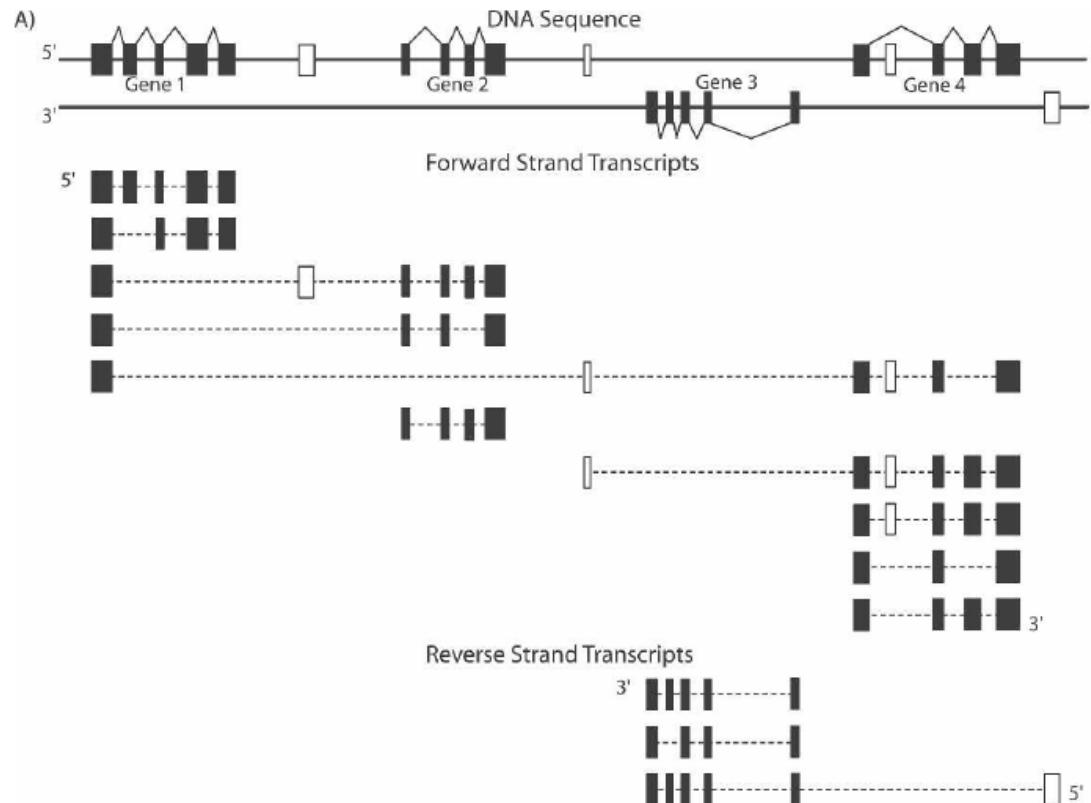
# Problémy při definici genu

- **Překryv genů.** Stejný úsek DNA může kódovat více genů - na stejném řetězci v jiném čtecím rámci či na opačném řetězci (>50% kódujících genů má antisense transkript). Introny genů často kódují funkční RNA.

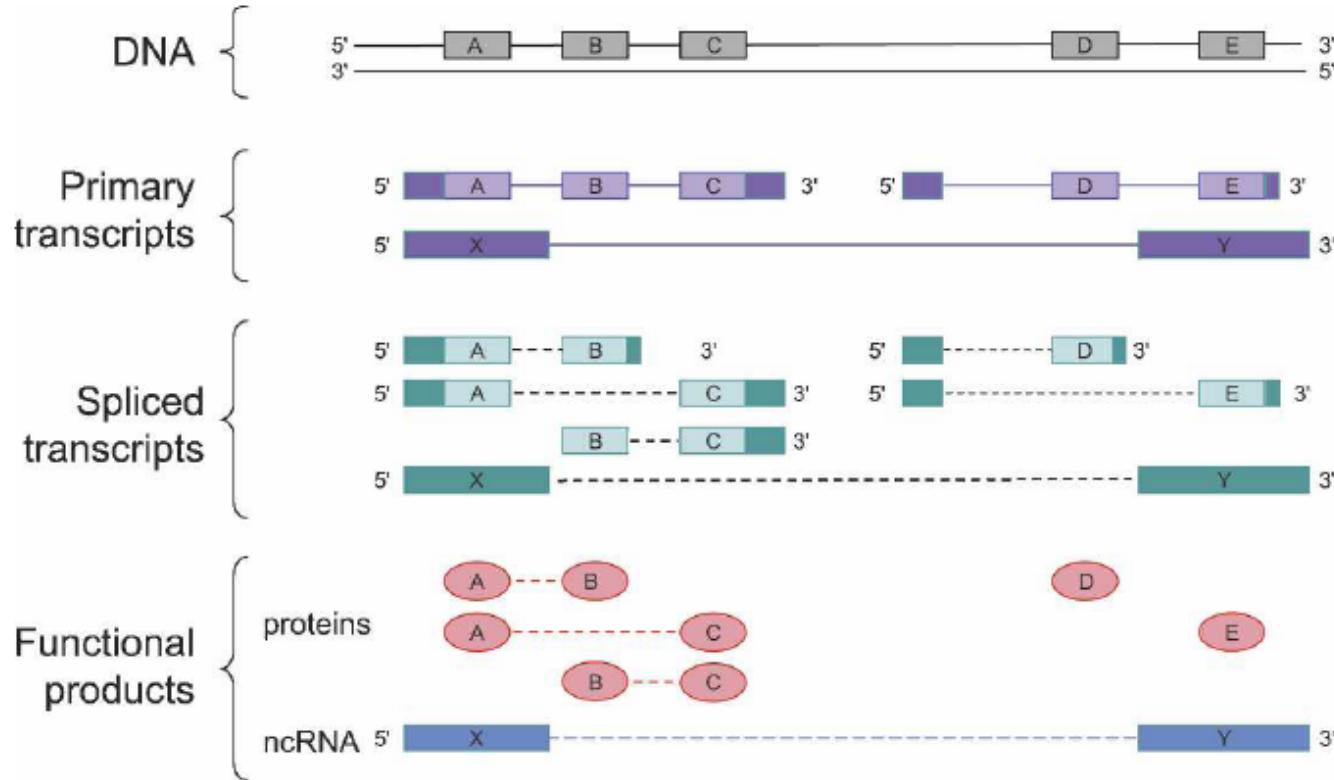


# Problémy při definici genu

- **Alternativní sestřih.** V průměru 6,3 alternativních transkriptů na gen, z toho jen 3,9 potenciálně kódujících.
- Existence **alternativních promotorů či terminátorů transkripce** (různé počátky a konce transkripce pro jeden gen).
- **Přepis sousedních genů do jedné mRNA.**



# Kolik je na obrázku genů?



# Pseudogeny

- nefunkční kopie genů (zkrácené, obsahují mutace, často předčasné stop-kodony, většinou nejsou exprimované)
- v lidském genomu ~ 14 000 pseudogenů (13% z nich transkripčně aktivní).

## Neprocesované pseudogeny

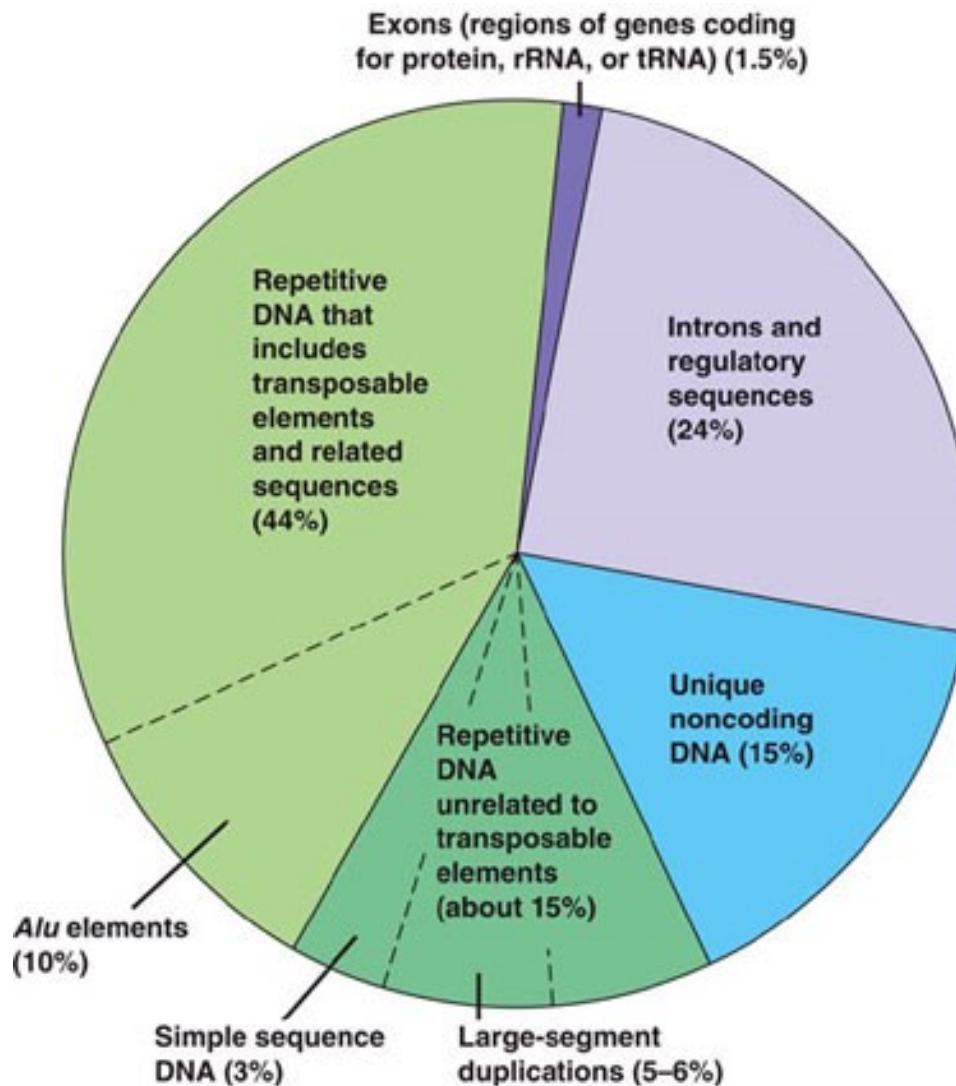
Vznikají genomovou duplikací. Obsahují exony i introny, často i okolní DNA sekvence genu včetně promotorů.

## Procesované pseudogeny

Vznikají reverzní transkripcí mRNA. Nemají introny, mají polyA. Pokud se integrují poblíž funkčního promotoru, mohou být exprimované.

Transkribované pseudogeny mohou ovlivňovat transkripci genů z nichž jsou odvozené.

# Složení lidského genomu



## „junk“ DNA

DNA, která nekóduje proteiny a nebo známé funkční RNA dříve považována za „genetické harampádí“.

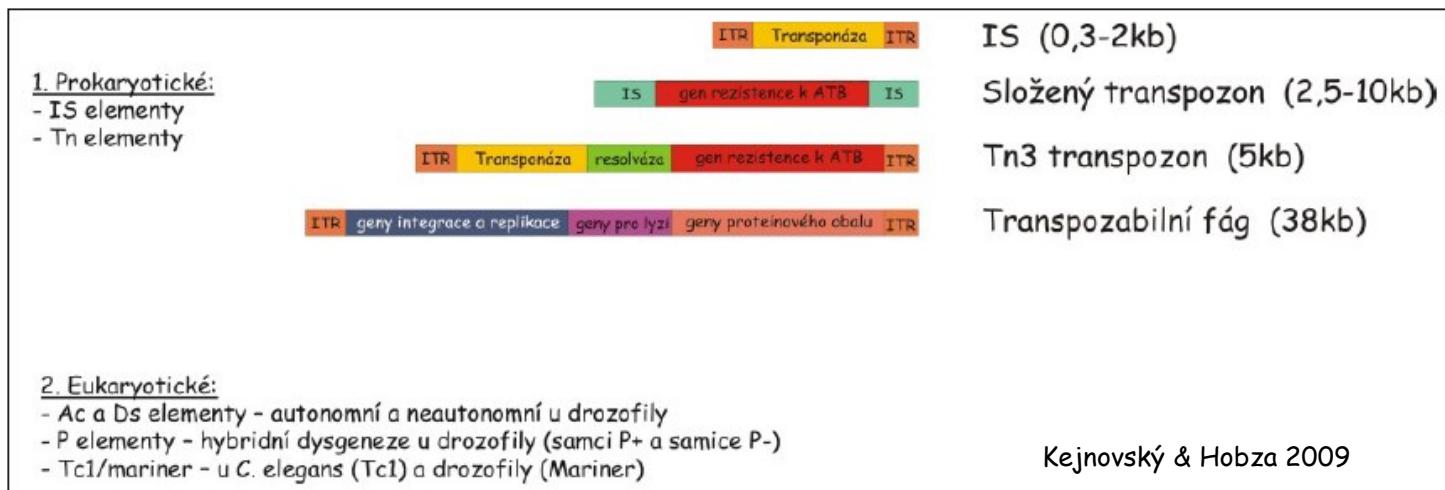


# Repetitivní sekvence

- **Tandemové repetice**  
*mikrosateliity* - opakování 1-6 bp, celková délka až několik stovek bp,  
*minisateliity* - opakování do 25 bp, celková délka až několik kb,  
    např. telomerické sekvence  
*sateliity* - opakování několika desítek až stovek bp, celková délka až 1Mb,  
    např. v centromerách
- **Rozptýlené repetice (mobilní DNA elementy, transpozony)**  
*DNA transpozony* - pohybují se procesem transpozice,  
    přes molekulu DNA.  
*retrotranspozony* - pohybují se procesem retrotranspozice,  
    přes molekulu RNA.

# DNA transpozony

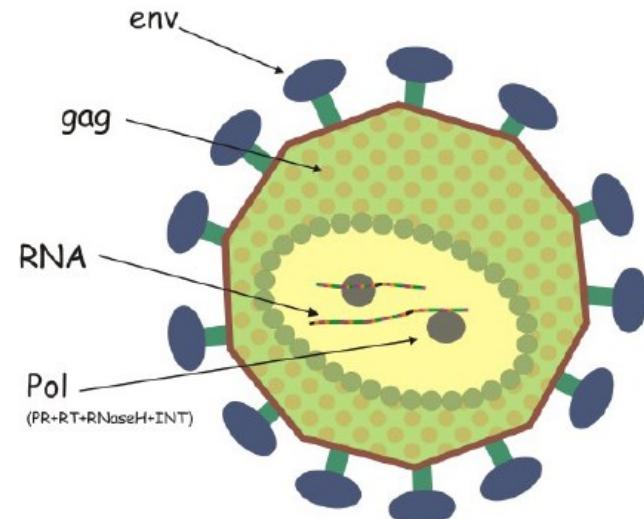
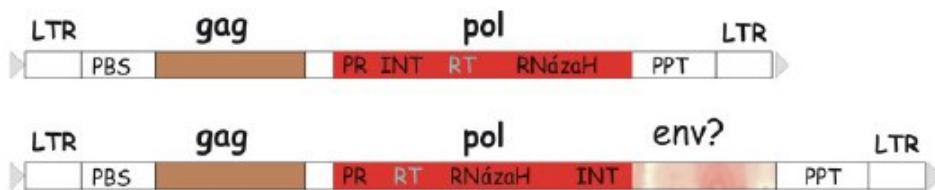
- Hojně především u prokaryot.
- Kódují enzym **transpozázu**. Často navíc také geny pro rezistenci proti antibiotikům. Lemované obrácenými repeticemi.
- IS elementy a Tn elementy u prokaryot.  
P elementy u drozofily.  
Ac a Ds elementy u kukuřice  
(Barbara McClintock).



# LTR retrotranspozony

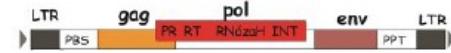
- Vznikly z retrovirů.
- Obsahují dlouhé koncové repetice (LTR) nesoucí regulační sekvence a promotory.
- Kódují enzym **reverzní transkriptázu**.
- U všech eukaryot. Hojně především u rostlin. U obratlovců méně časté. U bobu setého cca 1 milion kopií elementu Ty1-copia, tvoří polovinu genomu.

Ty1-copia, Ty3-copia



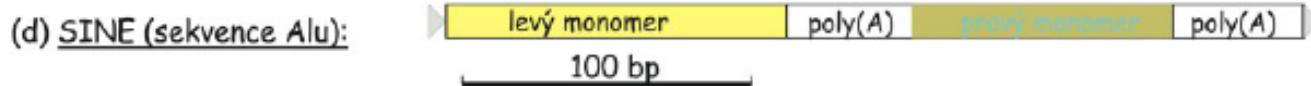
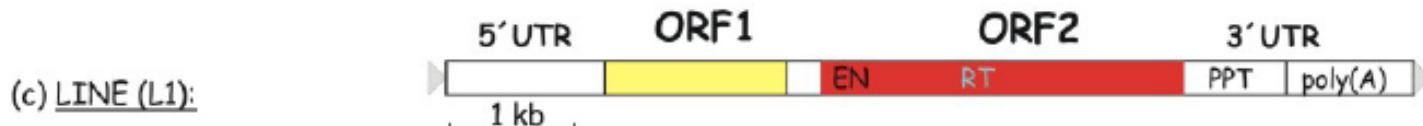
- Velmi podobné jsou i endogenní retroviry.
- Pozůstatky dávných retrovirových infekcí.

gag, pol, env ..... geny  
LTR ... dlouhé koncové repetice  
PBS ... místo vazby primeru  
PR .... proteáza  
INT .... integráza  
RT .... reverzní transkriptáz  
PPT .... polyuridylátový úsek  
▶ ..... přímé repetice



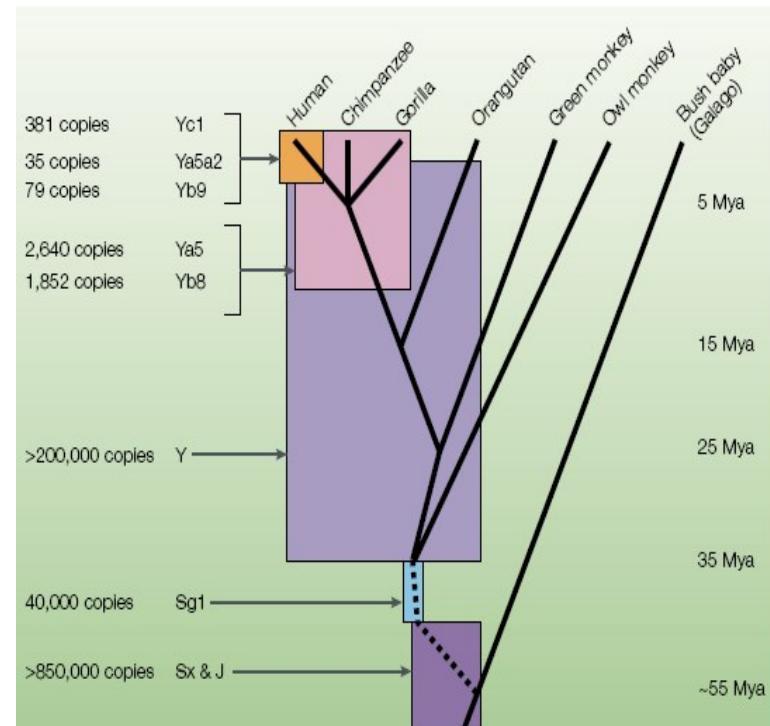
## nonLTR retrotraspozony

- Nemají LTR. Poly(A) na 3' konci.
- U všech eukaryot. Nějčastější transpozony u savců včetně člověka.
- **LINE (Long interspersed nuclear elements)**  
kódují vlastní reverzní transkriptázu.
- **SINE (Short interspersed nuclear elements)**  
Nemají vlastní reverzní transkriptázu.  
Jejich šíření závislé na přítomnosti LINE elementů.
- Nejznámější SINE je **Alu sekvence**: nejhojnější transpozon u lidí (1,5 milionů kopií, 13% genomu). Vznikla pravděpodobně z genu pro tRNA 7SLRNA (podobně jako geny pro tRNA nese vnitřní promotor přepisovaný RNA polymerázou III).



## Charakteristické rysy transpozonů

- Většinou v genomu pouze malé množství celých nepoškozených transpozonů. Většinu tvoří nefunkční, zkrácené či jinak poškozené sekvence transpozonů. Ale i poškozené transpozony se mohou kopírovat pokud v genomu alespoň několik nepoškozených kopií, které dodávají potřebné enzymy.
- V evoluci se střídají periody, kdy jsou transpozony aktivní a množí se s periodami klidu.
- Šíří se často i horizontálně.



The expansion of Alu subfamilies  
(Nat Rev Genet)

# Negativní vliv transpozonů na hostitele

## Zvětšování genomu

- U živočichů 3-45% genomu. U rostlin až 80% genomu (kukuřice)
- Energetická zátěž pro buňku.
- Zvětšení buněk.



## Obří genomy u mloků

- Velikost genomu u mloků až 120 Gb.  
Způsobeno namnožením LTR retrotranspozonů.
- Zvětšení objemu buněk.
- Zjednodušení nervové soustavy a zrakového systému.
- Některé druhy mají bezjaderné červené krvinky.
- Některé druhy mají čtyřprsté končetiny.

## Zvýšení mutageneze

- **Inzerční mutageneze.**
- **Ovlivnění genové exprese** sousedních genů (zvýšení exprese genů díky silným promotorům či naopak snížení exprese genů v důsledku heterochromatinizace).
- **Ektopická rekombinace** mezi elementy v různých částech genomu může vést ke vzniku chromosomových přestaveb či rozsáhlých delecí či duplikací.
- U člověka 1% mutací kvůli přeskokům DNA elementů, u drosofily až 50%

- Organismy se brání množení traspozonů heterochromatinizací DNA obsahujících transpozony.
- Důležitou roli v tom hrají piwi RNA.

# Referát

PLOS GENETICS

---

REVIEW

## Double-edged sword: The evolutionary consequences of the epigenetic silencing of transposable elements

Jae Young Choi<sup>1</sup>, Yuh Chwen G. Lee<sup>2\*</sup>

**1** Center for Genomics and Systems Biology, Department of Biology, New York University, New York, New York State, United States of America, **2** Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of California, Irvine, California, United States of America

\* [grylee@uci.edu](mailto:grylee@uci.edu)

# Referát

New Results

 Comment on this paper

## Somatic transposition in the *Drosophila* intestine occurs in active chromatin and is associated with tumor suppressor gene inactivation

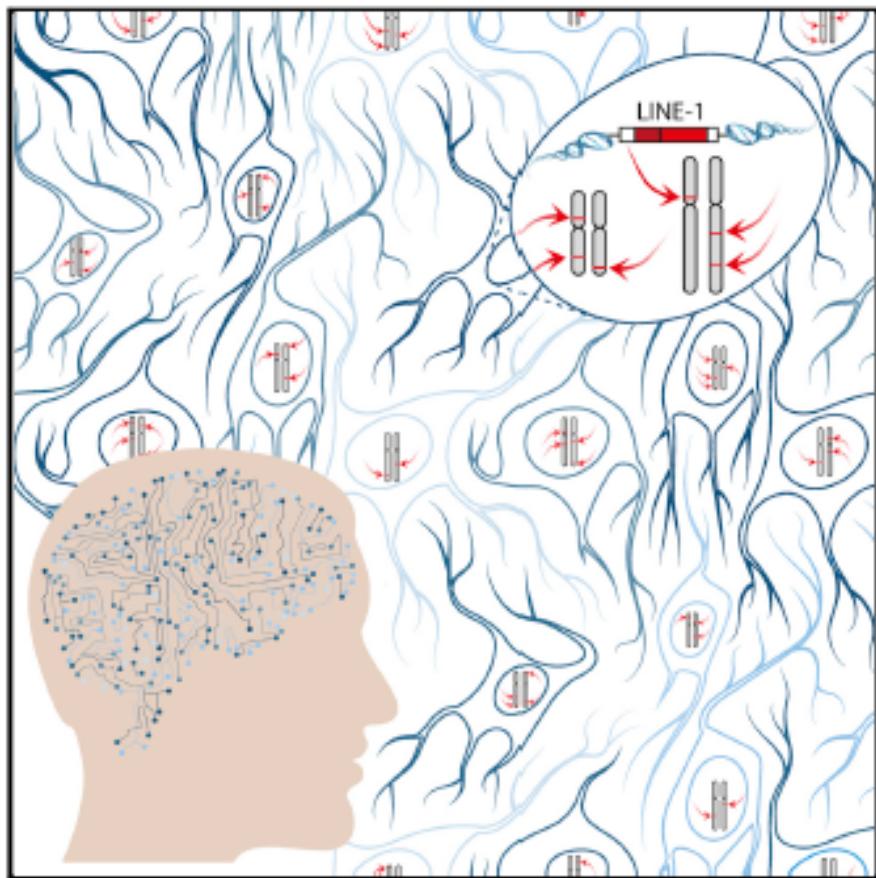
 Katarzyna Siudeja,  Marius van den Beek,  Nick Riddiford,  Benjamin Boumard, Annabelle Wurmser, Marine Stefanutti, Sonia Lameiras,  Allison J. Bardin

doi: <https://doi.org/10.1101/2020.07.10.166629>

This article is a preprint and has not been certified by peer review [what does this mean?].

# Ubiquitous L1 Mosaicism in Hippocampal Neurons

## Graphical Abstract



## Authors

Kyle R. Upton, Daniel J. Gerhardt, ...,  
Adeline Vanderver, Geoffrey J. Faulkner

## Correspondence

[faulknerge@gmail.com](mailto:faulknerge@gmail.com)

## In Brief

Somatic genome mosaicism among neurons has the potential to impact brain function. L1 retrotransposons mobilize extensively in hippocampal neurons, preferentially in hippocampally expressed loci, and are depleted from mature neurons when oriented in the most deleterious configuration to host genes, suggesting functional significance.

# Pozitivní vliv transpozonů na hostitele

## Regulace mutační rychlosti v závislosti na stresu

- Transpozony mohou být aktivovány v odpovědi na nějaké vnější podmínky – **stres, UV záření, teplotu, radioaktivní záření, zranění, infekci patogenem, polyploidizaci**
- Vznik nových mutací, mezi nimiž mohou být nové varianty schopné daný stres přežít



Tam1 , Tam3 u hledíku  
(1000x větší aktivita při 15°C)  
Reme1 u melounu (aktivace UV)

# Referát

---

Evolutionary Biology, Genetics and Genomics

## The effect of hybridization on transposable element accumulation in an undomesticated fungal species



Mathieu Hénault , Souhir Marsit, Guillaume Charron, Christian R Landry  
Université Laval, Canada

Research Article · Sep 21, 2020

---

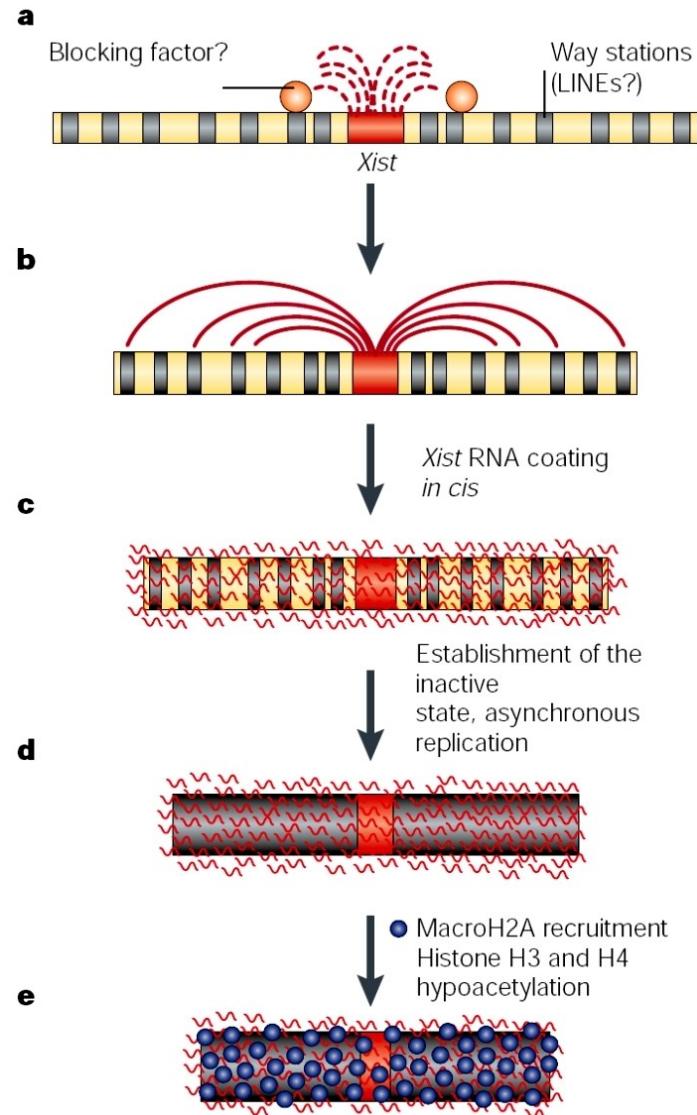
## DNA mobilní elementy činí genom dynamičtějším

- Podporují **duplikaci genů**. Díky přítomnosti reverzní transkriptázy vznikají v genomu nové kopie genů.
- Umožňují **přestavby genomu** (translokace, inverze) díky ektopickým rekombinacím. „**Exon shuffling**“ pomocí Helitronů.

**Helitrony** = DNA transpozony, replikativní transpozice pomocí mechanizmu valivé kružnice (obsahují různé fragmenty genů – možnost vzniku chimérických genů)

## Tvorba heterochromatinu

- Transpozony často umlčeny a heterochromatinizovány pomocí DNA methylace a RNA interference.
- Transpozony bývají důležitou součástí heterochromatinu centromer.
- Inaktivace chromosomu X v somatických buňkách savců (důležité LINE).

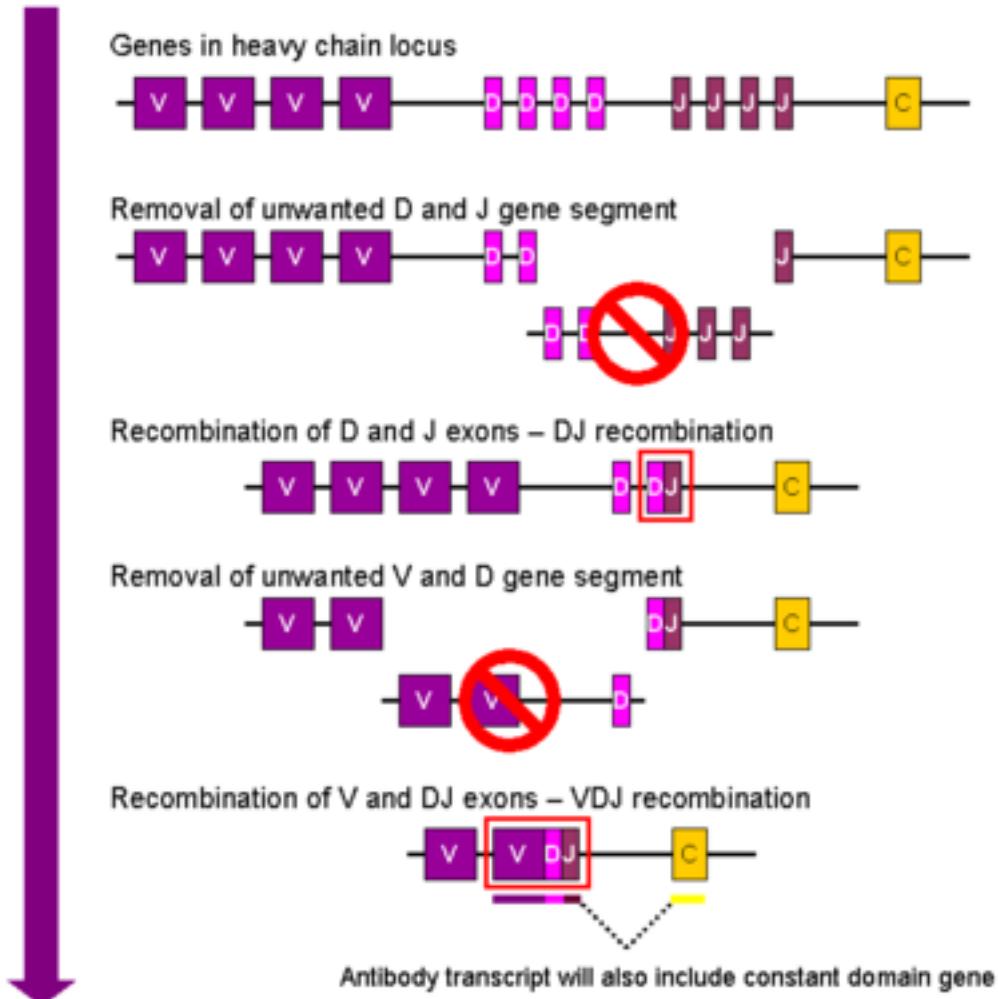


## Molekulární domestikace transpozonů

- **Náhrada činnosti telomerázy** u *Drosophila melanogaster* (non-LTR retrotranspozony Het-A, TART, TAHRE).
- **Syncytin** – odvozen od env z endogenního retrovíru HERV –W. Důležitý pro **utváření placenty**.
- **V(D)J rekombinace** (generuje variabilitu T-cell receptorů a imunoglobulinů). Řízena RAG1-RAG2 komplexem, který zřejmě pochází z DNA transpozonu.
- a další .....



# V(D)J rekombinace imunoglobulinů



Klíčovou roli při V(D)J rekombinaci hrají RAG proteiny.  
Pravděpodobně se vyvinuly z transpozázy, tj. z DNA transpozonů.

# An endogenous retroviral envelope syncytin and its cognate receptor identified in the viviparous placental *Mabuya* lizard

Guillaume Cornelis<sup>a,b,1,2</sup>, Mathis Funk<sup>a,b,1</sup>, Cécile Vernochet<sup>a,b</sup>, Francisca Leal<sup>c,3</sup>, Oscar Alejandro Tarazona<sup>c,4</sup>, Guillaume Meurice<sup>d</sup>, Odile Heidmann<sup>a,b</sup>, Anne Dupressoir<sup>a,b</sup>, Aurélien Miralles<sup>e</sup>, Martha Patricia Ramirez-Pinilla<sup>c</sup>, and Thierry Heidmann<sup>a,b,5</sup>

<sup>a</sup>Unité Physiologie et Pathologie Moléculaires des Rétrovirus Endogènes et Infectieux, CNRS UMR 9196, Gustave Roussy, Villejuif, F-94805, France; <sup>b</sup>UMR 9196, Université Paris-Sud, Orsay, F-91405, France; <sup>c</sup>Laboratorio de Biología Reproductiva de Vertebrados, Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander, 680002 Bucaramanga, Colombia; <sup>d</sup>Plateforme de Bioinformatique, INSERM US23/CNRS UMS3655, Gustave Roussy, Villejuif, F-94805, France; and <sup>e</sup>Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS UPMC EPHE, Sorbonne Universités, Paris, F-75005, France



PNAS PLUS

SEE COMMENTARY

## Industriální melanismus drsnokřídlece březového

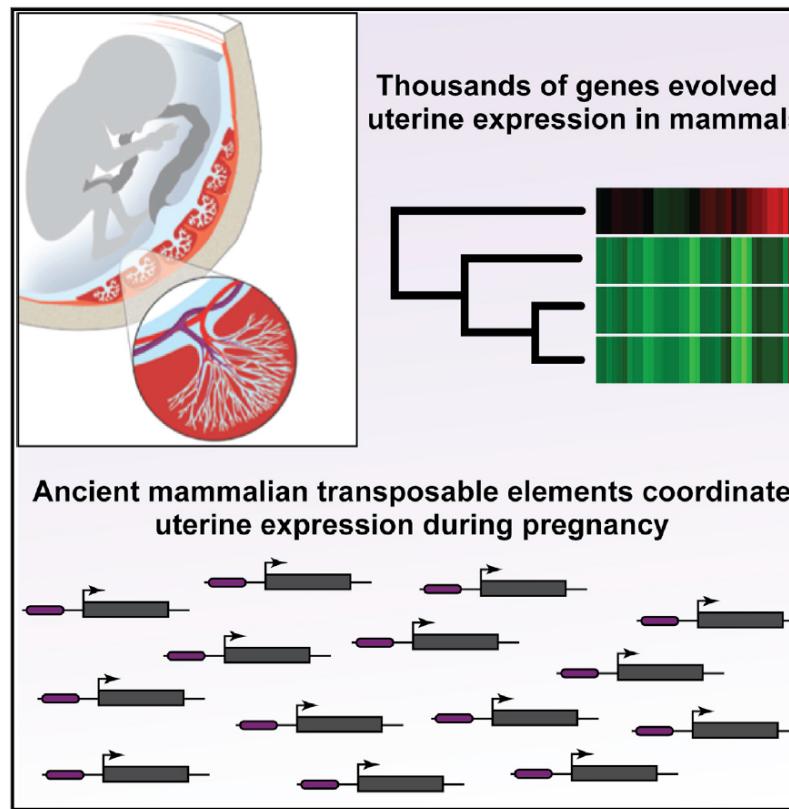


Tmavá forma (carbonaria) vznikla v 1. polovině 19. století vmezereňím transpozonu do blízkosti genu cortex, čímž došlo ke zvýšení jeho exprese.

*van't Hof, A. et al. 2016.*

# Vznik nitroděložního vývoje u savců

- Vznik velkých evolučních novinek změnou genové exprese mnoha genů najednou.
- Např. vznik nitroděložního vývoje u savců umožnila nová regulace mnoha genů exprimovaných v děloze transpozony.



# Referát

## SEX DETERMINATION

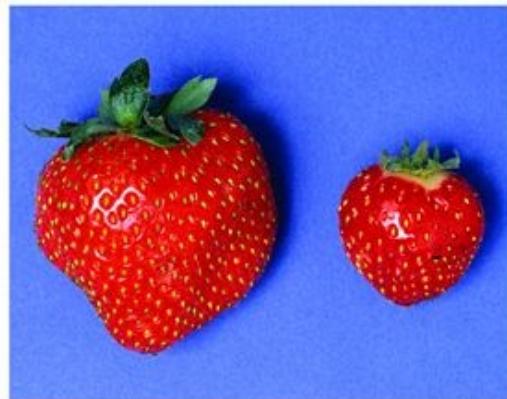
### The mouse *Sry* locus harbors a cryptic exon that is essential for male sex determination

Shingo Miyawaki<sup>1,2</sup>, Shunsuke Kuroki<sup>1,2</sup>, Ryo Maeda<sup>1,2</sup>, Naoki Okashita<sup>1,2</sup>, Peter Koopman<sup>3</sup>, Makoto Tachibana<sup>1,2\*</sup>

The mammalian sex-determining gene *Sry* induces male development. Since its discovery 30 years ago, *Sry* has been believed to be a single-exon gene. Here, we identified a cryptic second exon of mouse *Sry* and a corresponding two-exon type *Sry* (*Sry-T*) transcript. XY mice lacking *Sry-T* were sex-reversed, and ectopic expression of *Sry-T* in XX mice induced male development. *Sry-T* messenger RNA is expressed similarly to that of canonical single-exon type *Sry* (*Sry-S*), but SRY-T protein is expressed predominantly because of the absence of a degron in the C terminus of SRY-S. *Sry* exon2 appears to have evolved recently in mice through acquisition of a retrotransposon-derived coding sequence to replace the degron. Our findings suggest that in nature, SRY-T, not SRY-S, is the bona fide testis-determining factor.

## Polyploidizace

- U rostlin častější než u živočichů (60–70% krytosemenných rostlin jsou polyplodi; u živočichů zejména u obojživelníků a u ryb).
- Polyplodi často problém s meiózou. Často přecházejí na nepohlavní rozmnožování.
- Přináší i výhody: funkční redundancy, větší fenotypická variabilita a schopnost osídlit extrémní podmínky, rychlejší adaptivní evoluce.



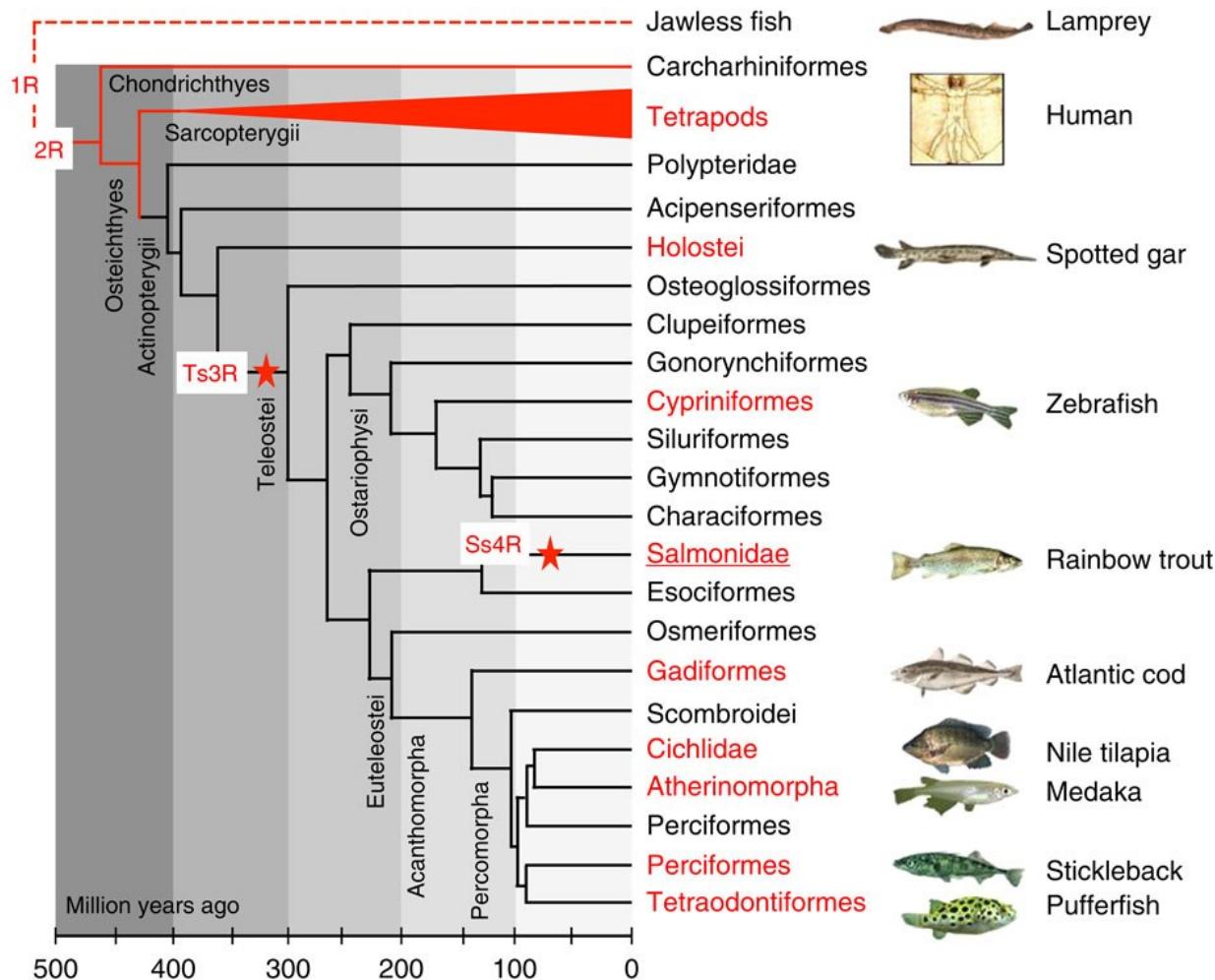
(a) Octaploid strawberries (left)  
and diploid strawberries (right)



(b) Diploid daylilies (left)  
and tetraploid relative (right)

# Paleopolypliodie u obratlovců

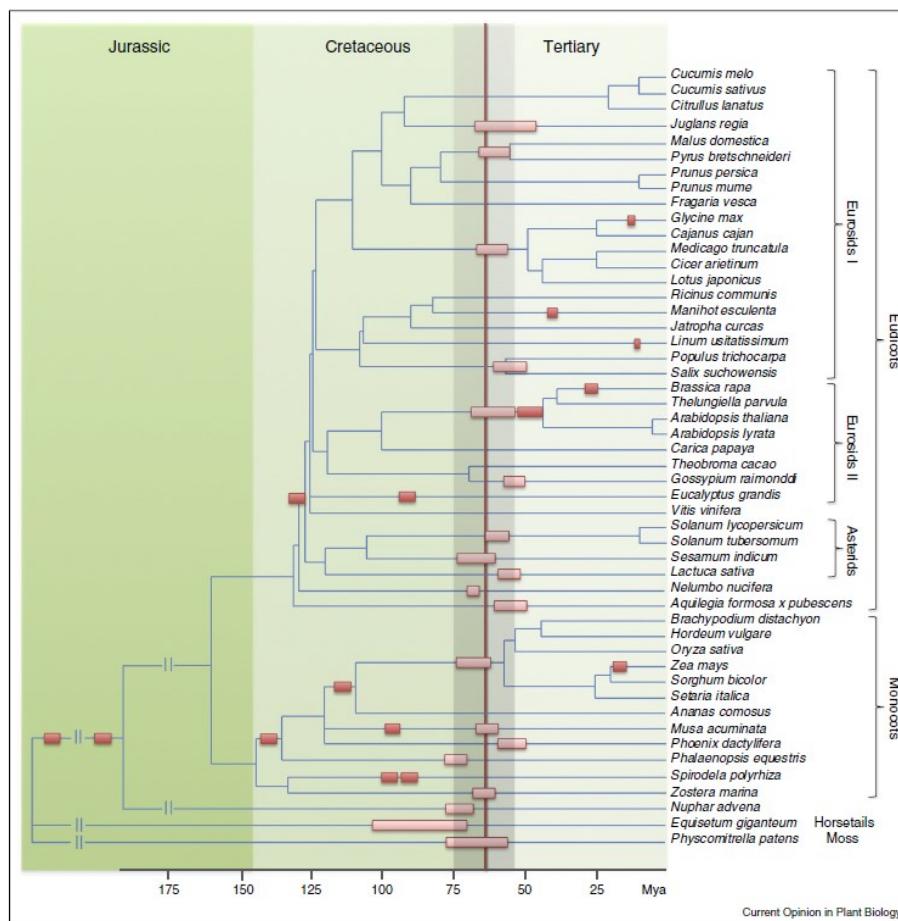
- 2 u předka všech obratlovců.
- 1 u předka kostnatých ryb.
- 1 u předka lososovitých ryb.



Berthelot et al. 2014

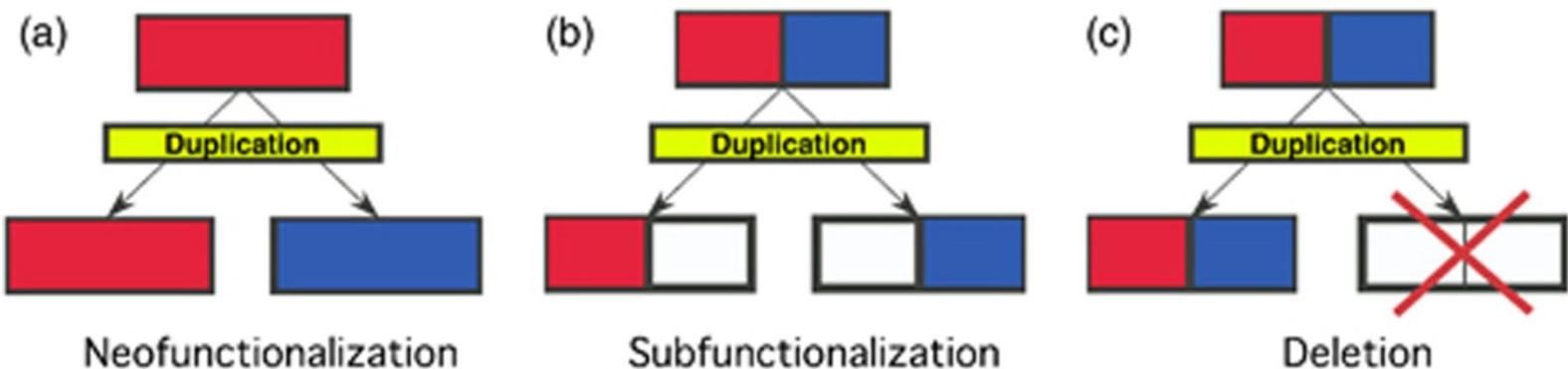
# Paleopolyploidie u krytosemenných rostlin

- K polyploidizaci došlo u předka všech krytosemenných rostlin.
- K řadě paleopolyploidizačních událostí v rámci krytosemenných rostlin došlo na přelomu druhohor a třetihor (před 60-70 miliony let) v období masivního vymírání (duplikace genomu by mohla organismům pomoci přežít v měnících se podmírkách).



Lohaus and Van de Peer 2016

# Osudy duplikovaných genů

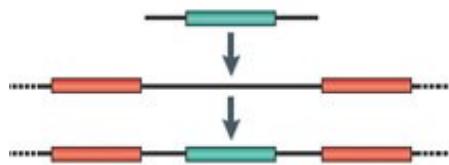


- Genom se postupně opět stává diploidní.
- Urychlení adaptivní evoluce.
- Ztráta či subfunkcionalizace odlišných kopií genů v různých populacích může vést ke vzniku reprodukční izolace mezi nimi – urychlení speciace.

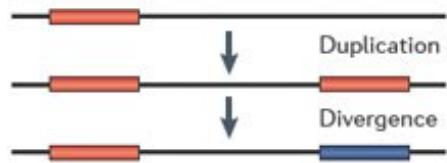
Polyploidizace u předků dnešních organismů vzácné, pokud k nim však došlo, měly pravděpodobně značný vliv na rychlosť speciace, diverzifikaci a vznik evolučních novinek v dané vývojové linii.

# Jak vznikají nové geny?

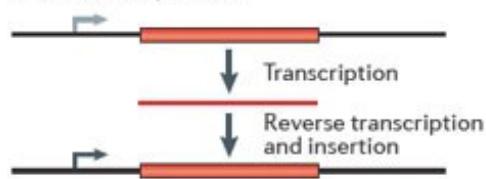
a Exon or domain shuffling



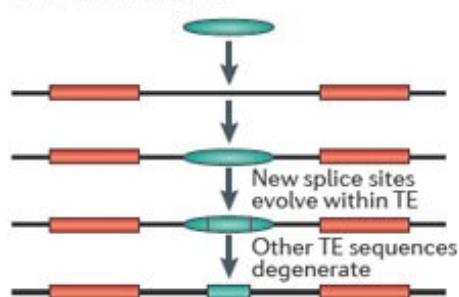
b Gene duplication



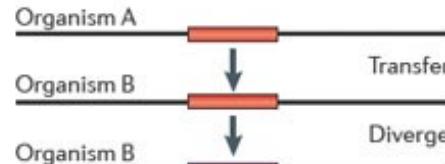
c Retrotransposition



d TE domestication



e Lateral gene transfer



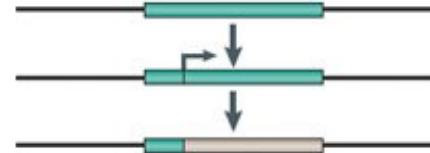
f Gene fission or fusion



g De novo origination

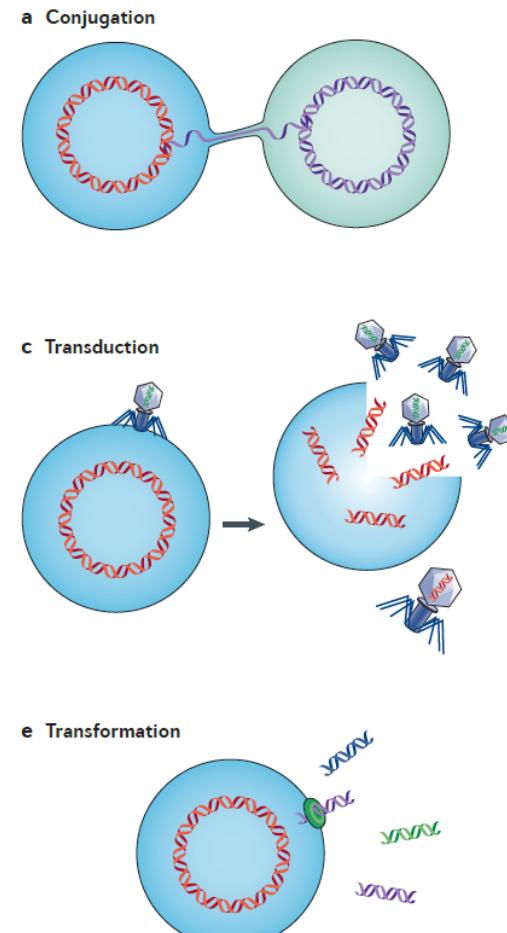
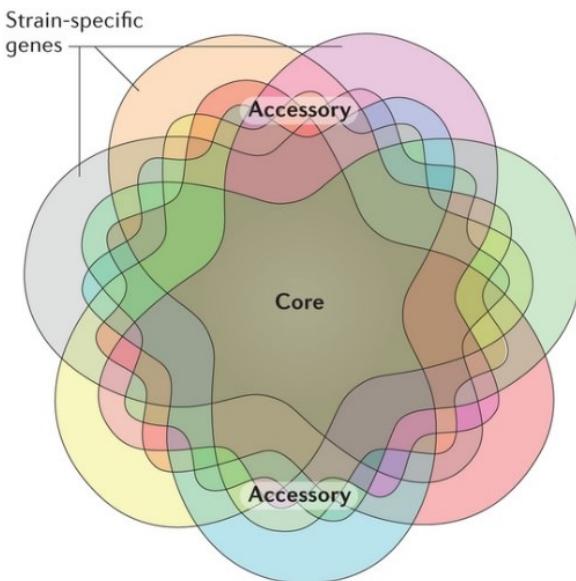


h Reading-frame shift



# Horizontální genový přenos

- velmi častý u prokaryot
- v jeho důsledku se i blízce příbuzné druhy liší svým souborem genů
- pangenom = soubor všech genů určité taxonomické skupiny



# Horizontální genový přenos

- Dochází k němu i u mnohobuněčných organismů.
- Přenos genů z mtDNA do jádra.
- Přenos genů z endosymbiontů do genomu hostitele.



*Wolbachia* → hmyz  
(např. *Drosophila*),  
hlístice



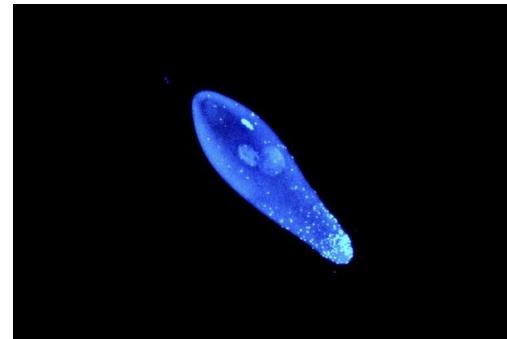
*Elysia chlorotica*



*Acyrthosiphon*  
*pisum* (aj.) – syntéza  
karotenoidů (původ:  
houby)

## Pohlaví u svinky obecné je určeno horizontálně přeneseným genem z Wolbachie

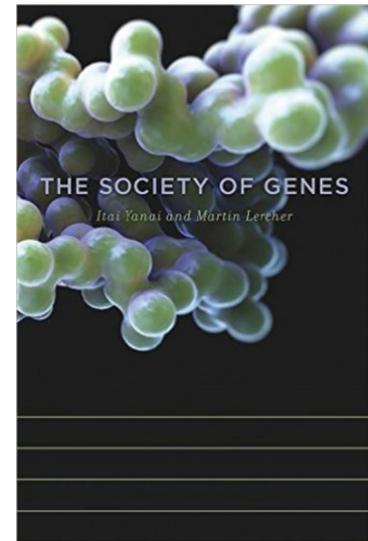
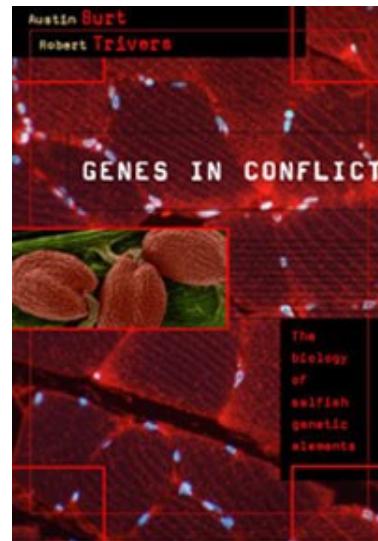
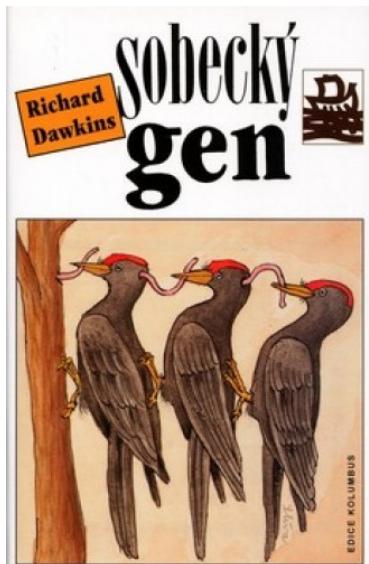
- *Wolbachia*, alfa-proteobakterie, intracelulární parazit členovců.
- Přenáší se pohlavně pouze přes vajíčko. Často způsobuje feminizaci samců.
- Horizontální genový přenos z Wolbachie do svinky obecné. Přenesená část genomu Wolbachie determinuje u svinek samičí pohlaví.



Svinka obecná

# Genom jako složitý ekosystém

- Geny a jiné genetické elementy jako druhy.
- Alely jako jedinci, vzájemně soupeří o to, která alela se nejvíce rozmnoží.
- Mezi geny různé vztahy (parazitismus, mutualismus, neutralismus).  
Vnitrogenomové konflikty.



# **Témata na referáty (Blok I)**

**Popularizační článek** (1-2 strany textu) – poslat nejpozději do čtvrtka v týdnu před plánovanými referáty.

**Prezentace** (5-10 min, slidy v PowerPoint)

**Témata v google tabulce**

[https://docs.google.com/spreadsheets/d/1Y2r09rUQWf5erQOQXVqDhknjzR\\_\\_Q8IbO\\_4Pv2BaGYo/edit#gid=2100243224](https://docs.google.com/spreadsheets/d/1Y2r09rUQWf5erQOQXVqDhknjzR__Q8IbO_4Pv2BaGYo/edit#gid=2100243224)