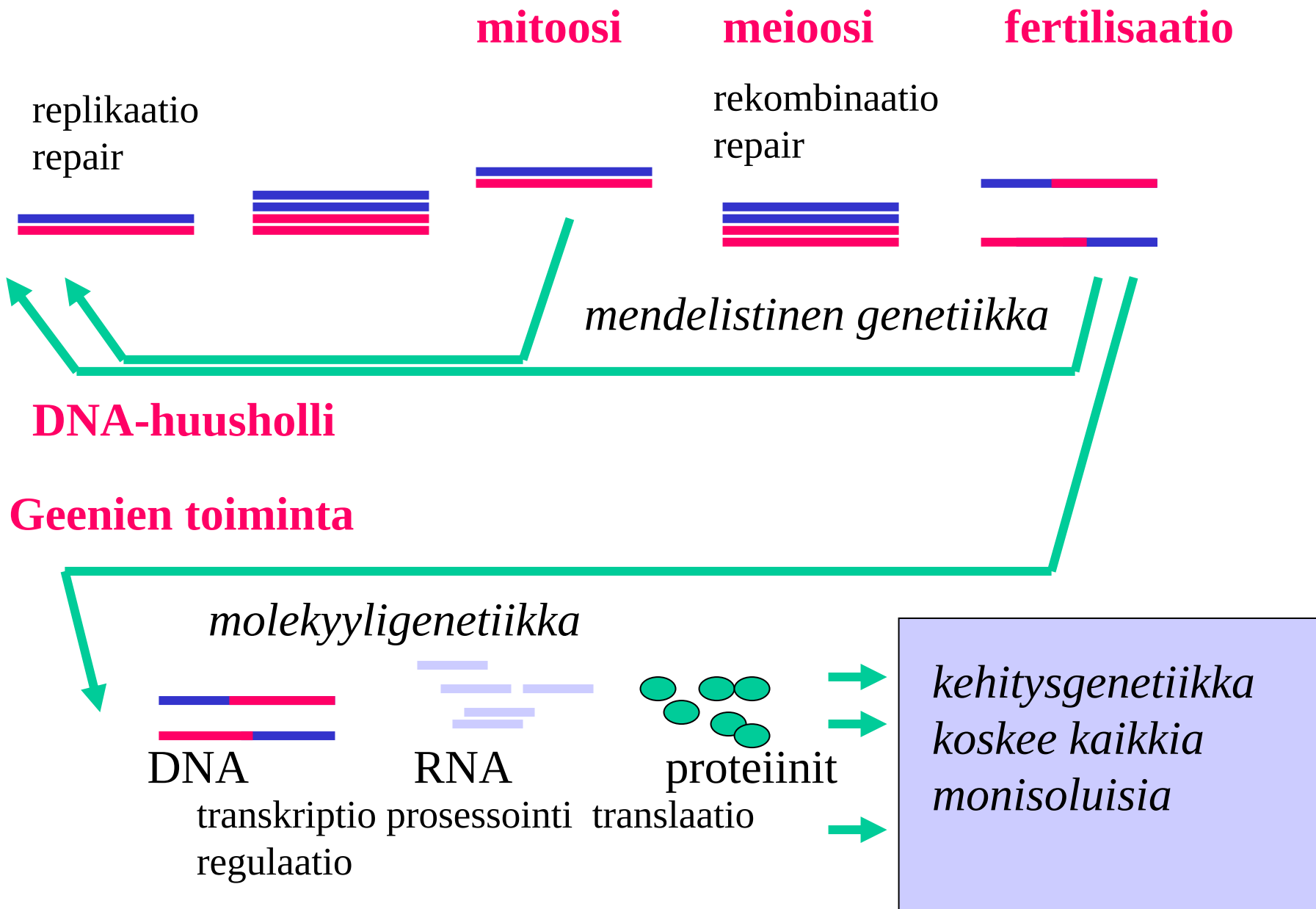




Genetiikan perusteiden miellekartta

**Miten geenitoiminnasta syntyy
pätevä monisoluisen organismin
yksilö?**

Kasvien ja eläinten erot

Solutasolla pieniä, monisoluisuustasolla järkyttävän suuria

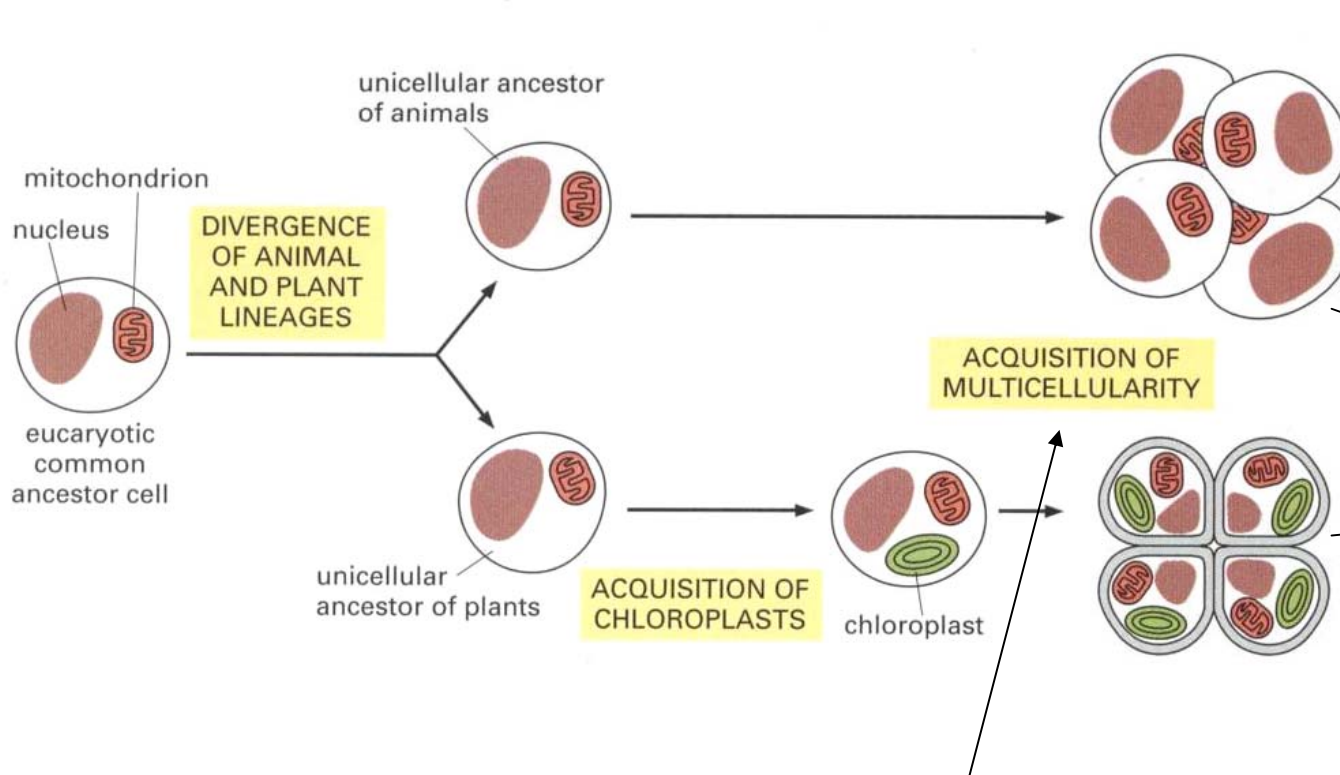
Meyerovitz 1997, Genetics 145: 5-9

Solufunktiot yhteisiä:

- DNA-asiat, replikaatio, transkriptio, ribosomit/ translaatio,
- chaperonit,
- ATP-synteesi,
- glykolyysi,
- aminohapposynteesi,
- aktiini/tubuliini, kinesiinit, keratiinit,
- ubiquitin,
- calmodulin,
- steroidihormonit

Mitoosi, meioosi, kromosomit: oleellisesti samoja

Jako ”kasveihin” ja ”eläimiin” on hiukan maalaismainen



600 Myr

Uusi ja tärkeä katsaus:

Rokas (2008) The origins of multicellularity and the early history of the genetic toolkit for animal development

Ann. Rev. Genetics 42: 235-51

doi:

10.1146/annurev.genet.42.110807.091513

Kopioi tästä ja googleta.

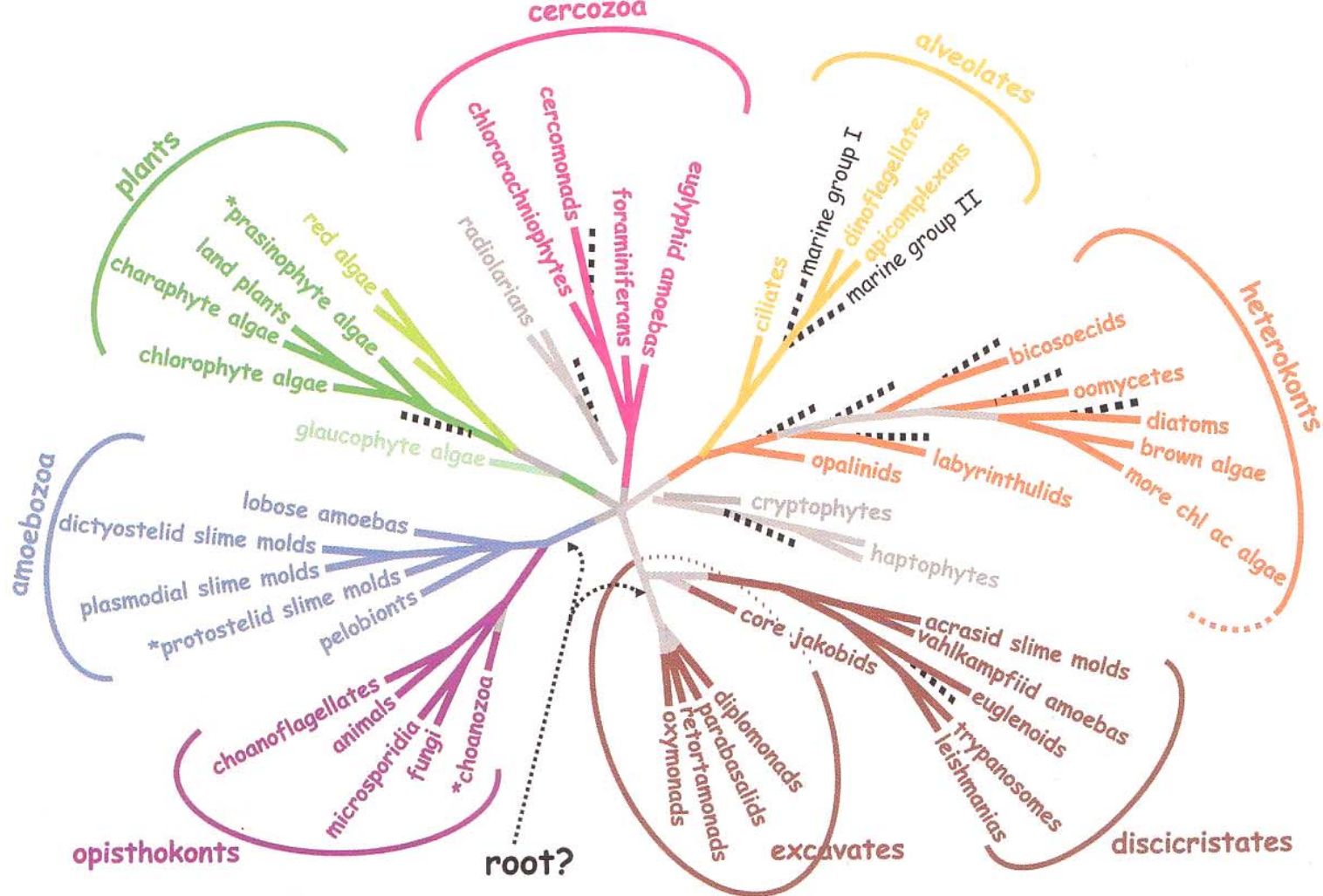
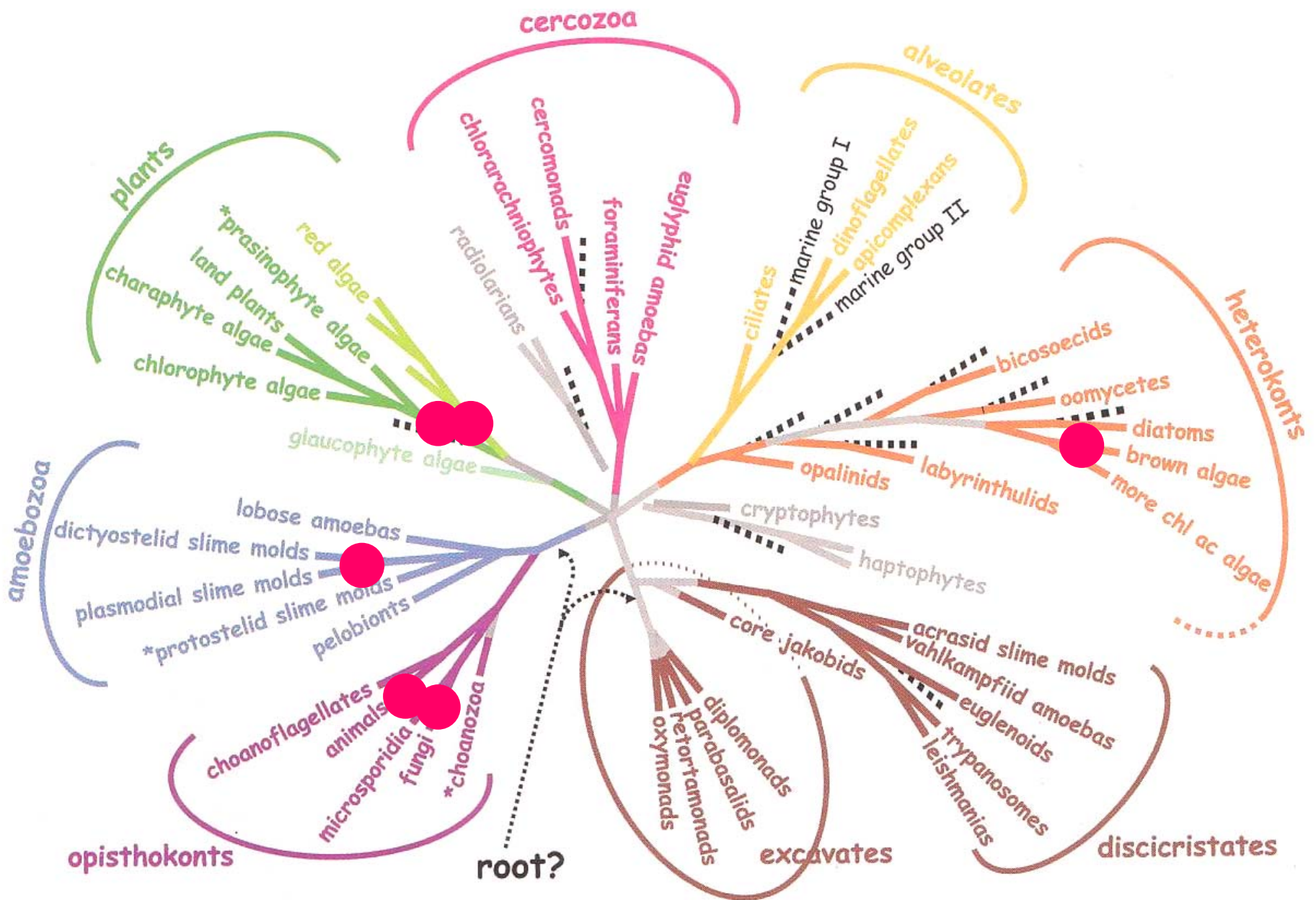
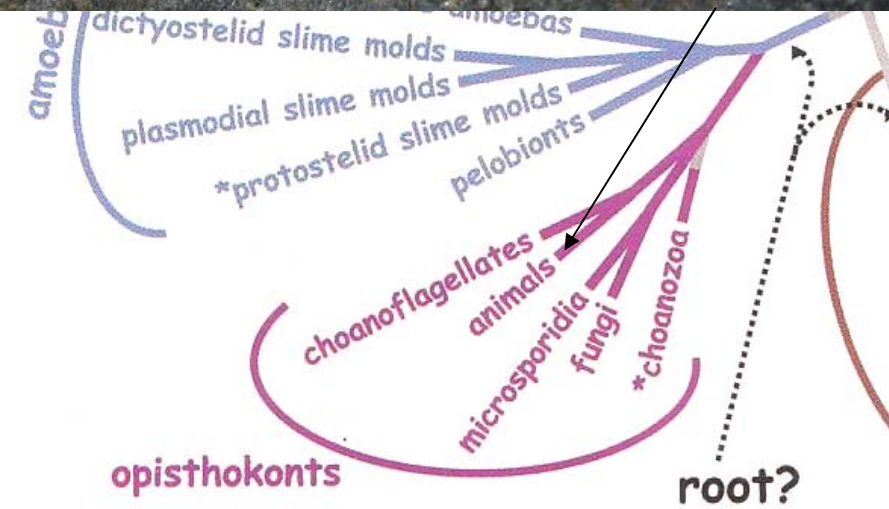


Fig. 1. A consensus phylogeny of eukaryotes. The vast majority of characterized eukaryotes, with the notable exception of major subgroups of amoebae, can now be assigned to one of eight major groups. Opisthokonts (basal flagellum) have a single basal flagellum on reproductive cells and flat mitochondrial cristae (most eukaryotes have tubular ones). Eukaryotic photosynthesis originated in Plants; they are the only plastids with just two outer membranes. Heterokonts (different flagellae) have a unique flagellum decorated with hollow tripartite hairs (stramenopiles) and, usually, a second plain one. Cercozoans are amoebae with filose pseudopodia, often living within tests (hard outer shells), some very elaborate (foraminiferans). Amoe-

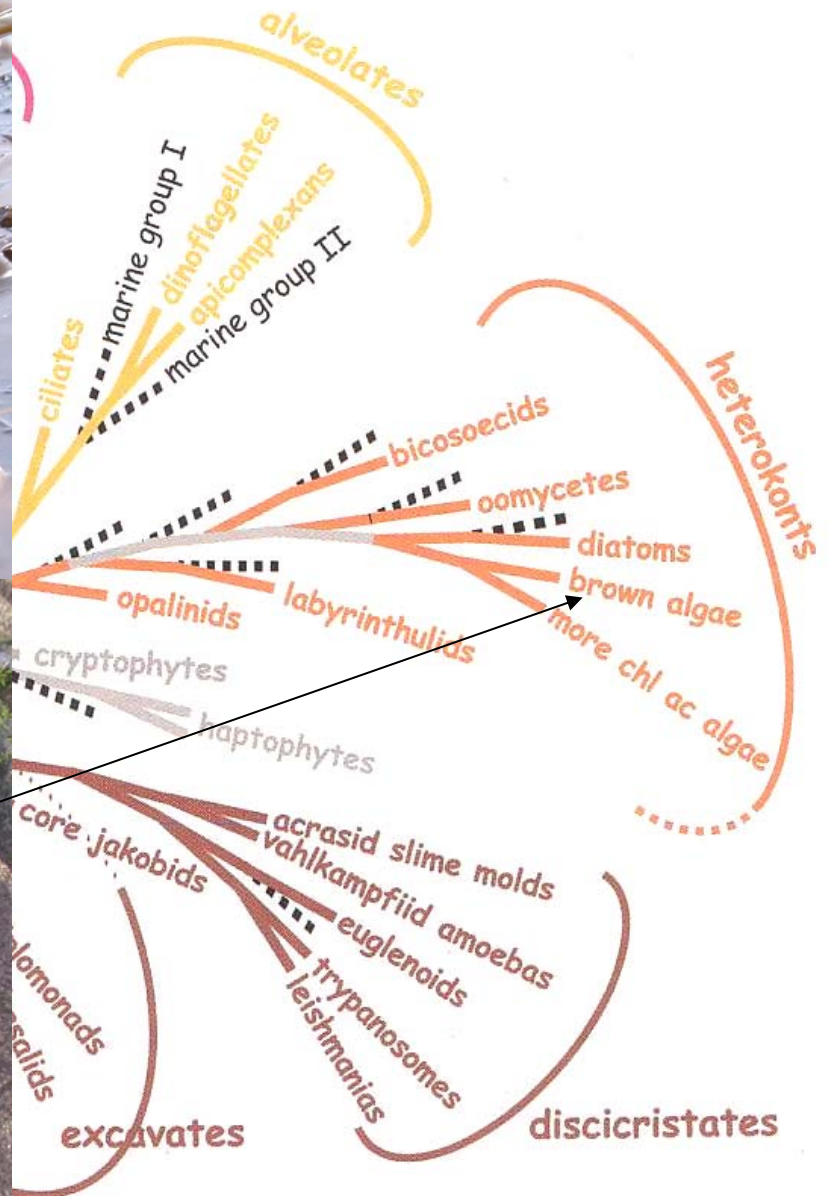
bozoa are mostly naked amoebae (lacking tests), often with lobose pseudopodia for at least part of their life cycle. Alveolates have systems of cortical alveoli directly beneath their plasma membranes. Discicristates have discoid mitochondrial cristae and, in some cases, a deep (excavated) ventral feeding groove. Amitochondrial excavates lack substantial molecular phylogenetic support, but most have an excavated ventral feeding groove, and all lack mitochondria. The tree shown is based on a consensus of molecular (1–4) and ultrastructural (16, 17) data and includes a rough indication of new ciPCR “taxa” (broken black lines) (7–11). An asterisk preceding the taxon name indicates probable paraphyletic group.



Monisoluisuus lienee omaksuttu vähintään viisi kertaa eukaryooteilla

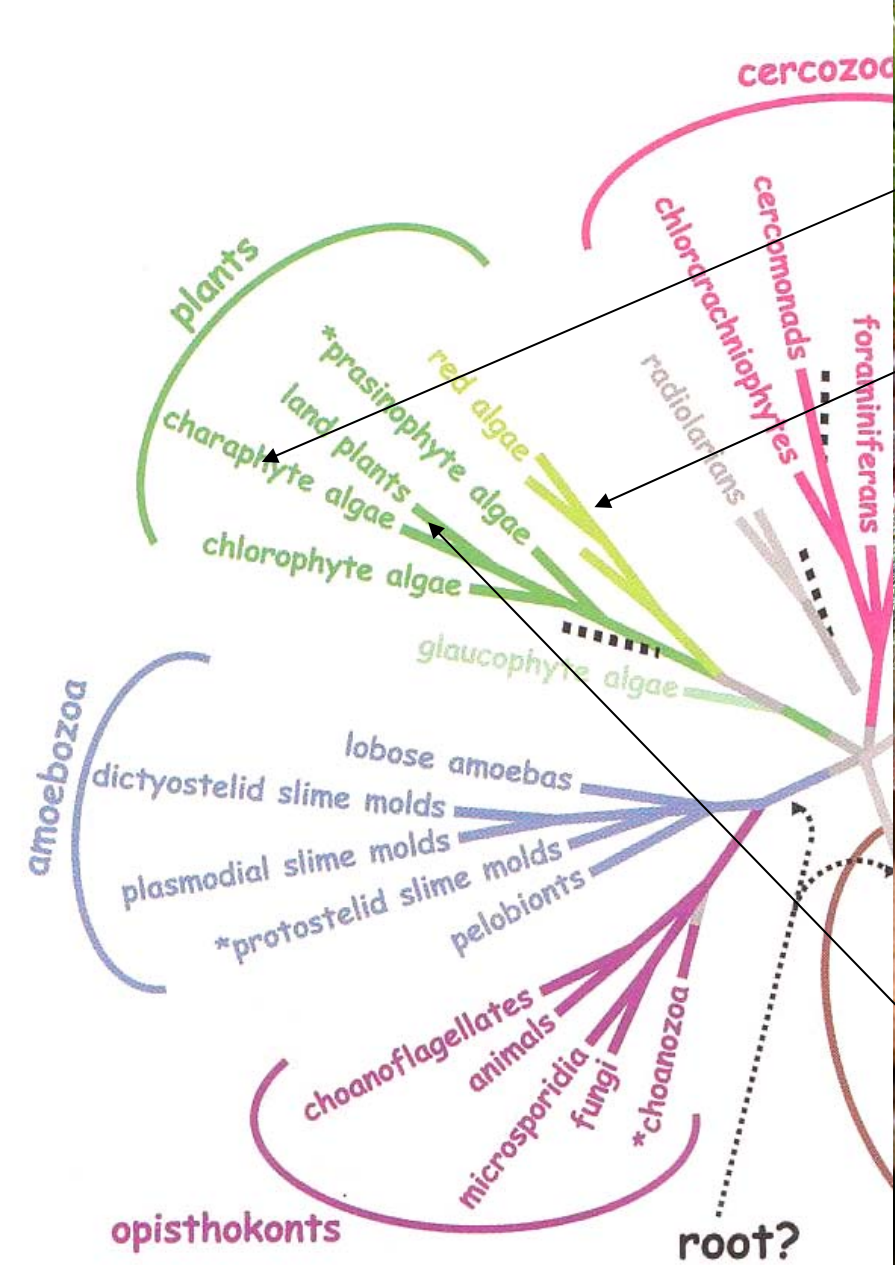


ruskolevā



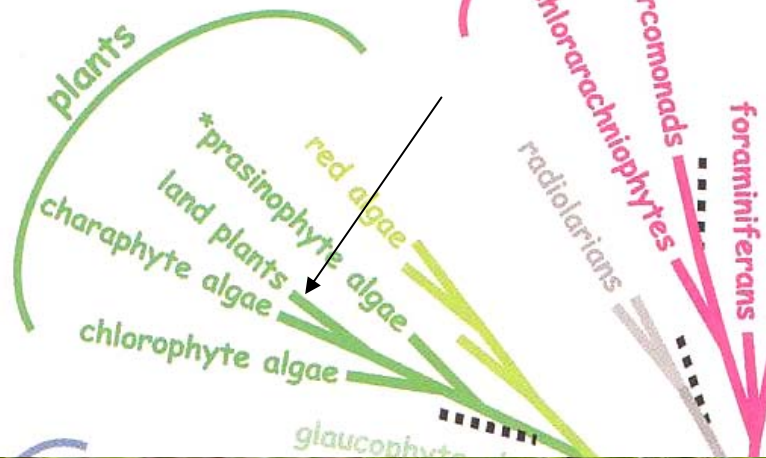
vihreä levä (ehkä näkinpartainen)

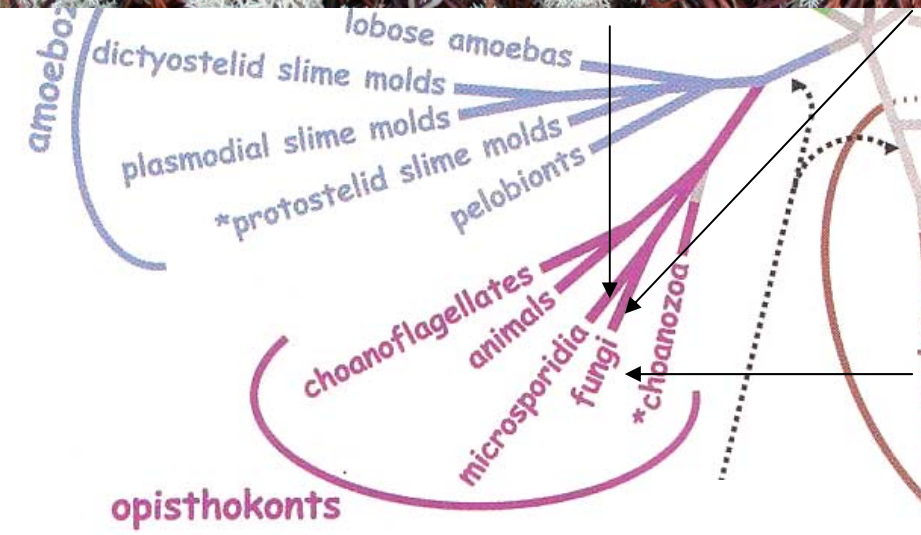
punalevä



”ensimmäinen maakasvi”

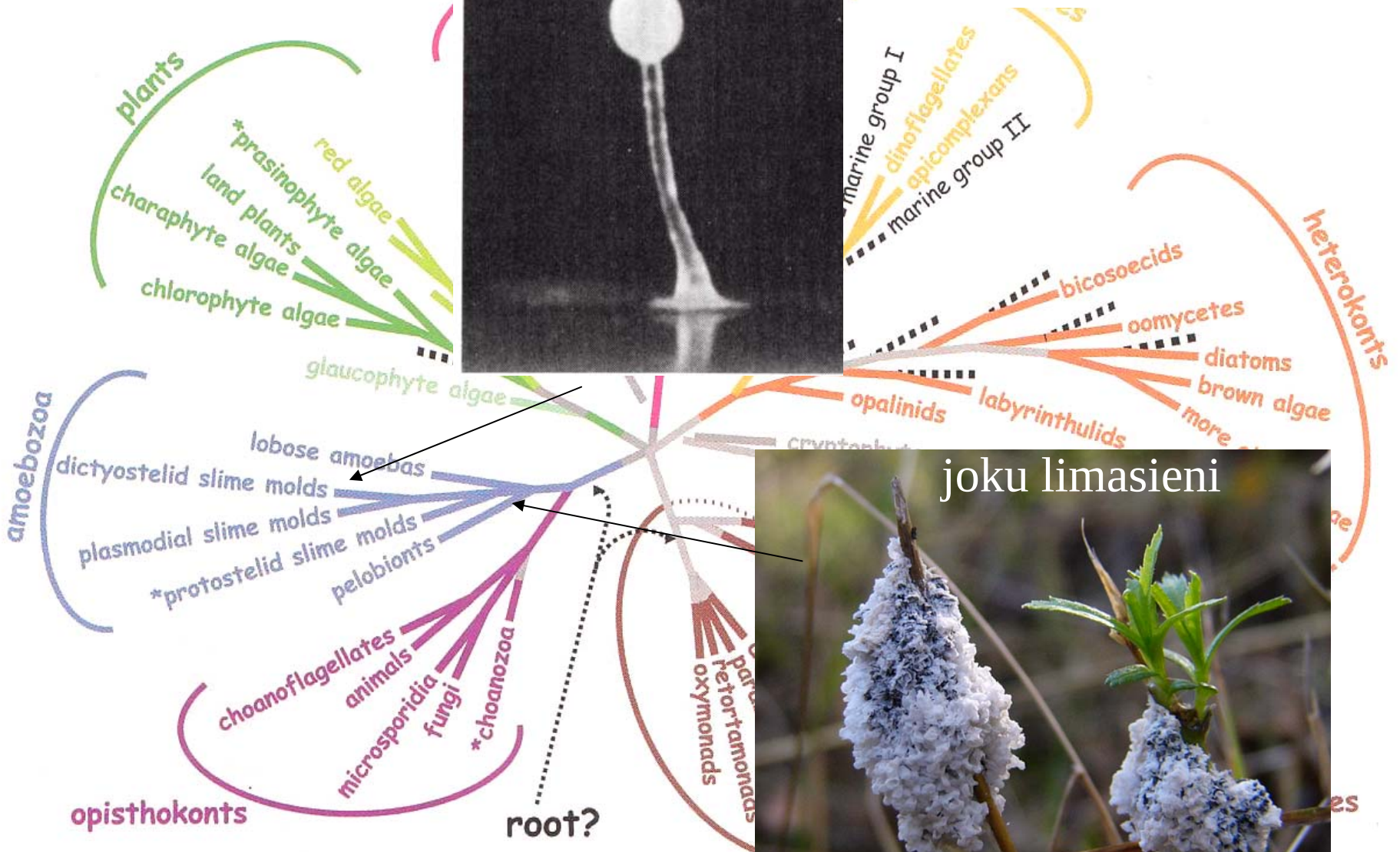
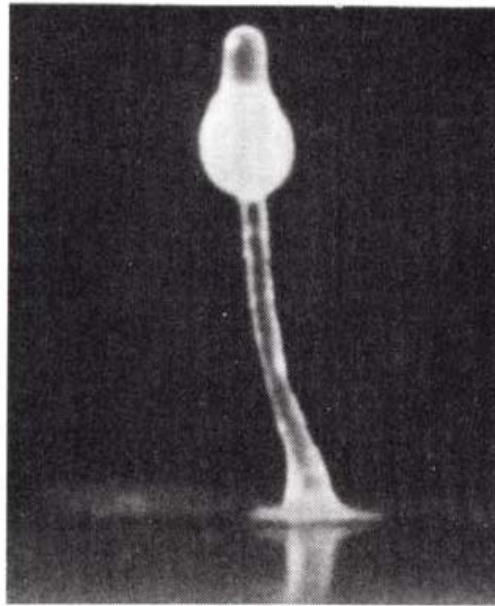
kehittyneitä maakasveja





Nämä kaikki ovat sieniä

Dictyostelium discoideum



joku limasienei



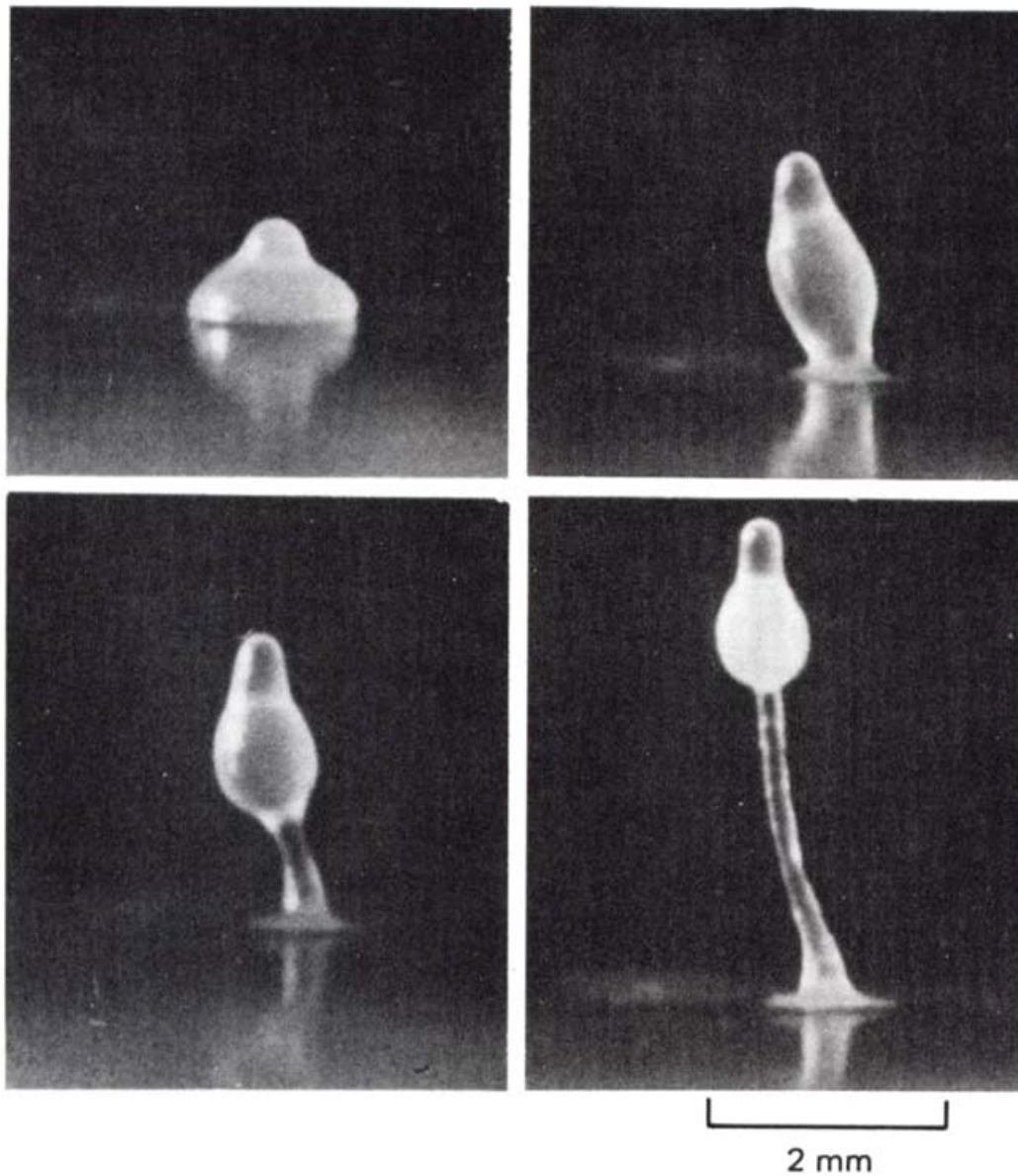


Figure 14-58 Light micrographs of *Dictyostelium discoideum* showing various stages in fruiting-body formation. (Courtesy of John Bonner.)

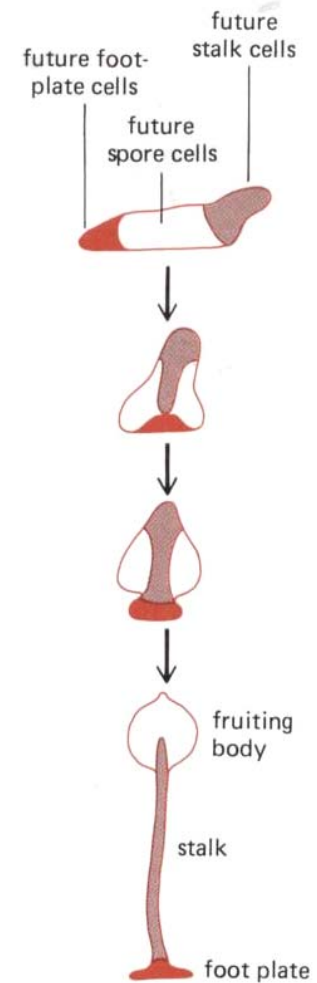


Figure 14-59 Cell migrations involved in the formation of a fruiting body in *Dictyostelium discoideum*. Cells in the front of the slug migrate down to become the stalk, while cells in the middle migrate up and differentiate into the collection of spores that forms the fruiting body.

ROLAND THAXTER's Legacy and the Origins of Multicellular Development

Dale Kaiser

Departments of Biochemistry and of Developmental Biology, Stanford University, Stanford, California 94305

ROLAND THAXTER published a bombshell in December, 1892. He reported that *Chondromyces crocatus*, before then considered an imperfect fungus because of its complex fruiting body, was actually a bacterium (Figure 1). THAXTER had discovered the unicellular vegetative stage of *C. crocatus*; the cells he found were relatively short and they divided by binary fission. *C. crocatus* was, he concluded, a "communal bacterium." THAXTER described the locomotion, swarming, aggregation and process of fruiting body formation of *C. crocatus* and its relatives, which are collectively called myxobacteria, with an accuracy that has survived 100 years of scrutiny. He recognized the behavioral similarity to the myxomycetes and the cellular slime molds, drawing attention in all three to the transition from single cells to an integrated multicellular state. He described the behavior of myxobacteria in fructification in terms of a "course of development" because it was "a definitely recurring aggregation of individuals capable of concerted action toward a definite end" (THAXTER 1892). This essay will emphasize some implications of THAXTER's demonstrations, often apparently unrecognized.

The striking similarities to cellular slime mold development probably led JOHN TYLER BONNER and KENNETH B. RAPER, 50 years after THAXTER's discovery, to take independent forays into myxobacterial development. RAPER, an eminent mycologist, had in fact discovered *Dictyostelium discoideum*, recognizing it as a superb subject for the study of morphogenesis, cellular differentiation and intercellular communication. BONNER was fascinated by morphogenesis and sought unifying principles behind the bewildering diversity (BONNER 1952, 1974). Both RAPER and BONNER seemed to be intrigued by the unusual example of morphogenetic movements exhibited by the myxobacteria as they formed fruiting bodies. RAPER saw "examples of interdependent cellular behavior that involve purposeful orientation, morphogenetic move-

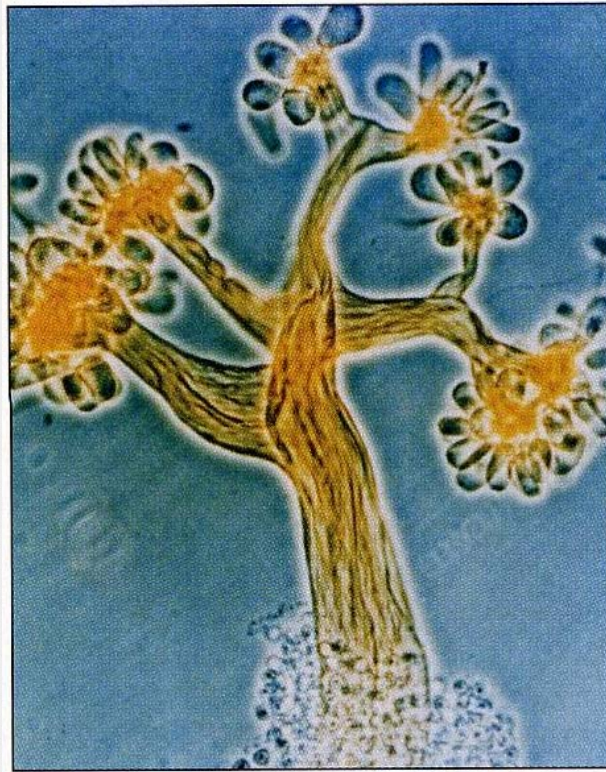


FIGURE 1.—*Chondromyces crocatus* fruiting body. Photograph by HANS REICHENBACH, GBF, Braunschweig.

ments, intercellular integration and finally coordinated differentiation that are in some ways comparable to higher forms" (QUINLAN and RAPER 1965). Both BONNER and RAPER sought the factors in *C. crocatus* that coordinated and guided the morphogenetic cell movements, noting that individual myxobacterial swarm cells retained their physical individuality throughout the process of cooperative morphogenesis, and in that respect differed from the myxomycetes but resembled the cellular slime molds.

Tämä otus on bakteerien aggregaatio, joka muistuttaa hyvin paljon limasieniä tässä monisoluisuusasiassa. Itsenäiset solut ryömivät yhteen ja muodostavat aggregaatin nälkiintyessään

Kuuluu purple-bakteerien ryhmään

Tätä ryhmää epäillään tumallistenkin esiäidiksi

Bakteerien monisoluisia systeemeitä kyllä on enemmänkin, mutta niissä on yleensä vain noin 3 erilaistunutta solutyyppiä (Rokas 2008).

Kasvien ja eläinten erot

Meyerovitz 1997, Genetics 145: 5-9

Kokonaisuuden säätely täysin erilainen

Eläimet

tyroidihormoni

neuronit eli hermosto

lihassolut liikkuminen

Kasvit

gibberelliinit

etyleen

mesofylli, ilmaraot, ksyleemi

KLOROPLASTIT, tietenkin

Tässä ei ole tilaa/ aikaa/ tietoa, mutta muut monisoluiset ryhmät kuten sienet ja ruskolevät totetuttavat yhteytensä eri tavalla

Kehityksen säätelyn geneettinen pohja

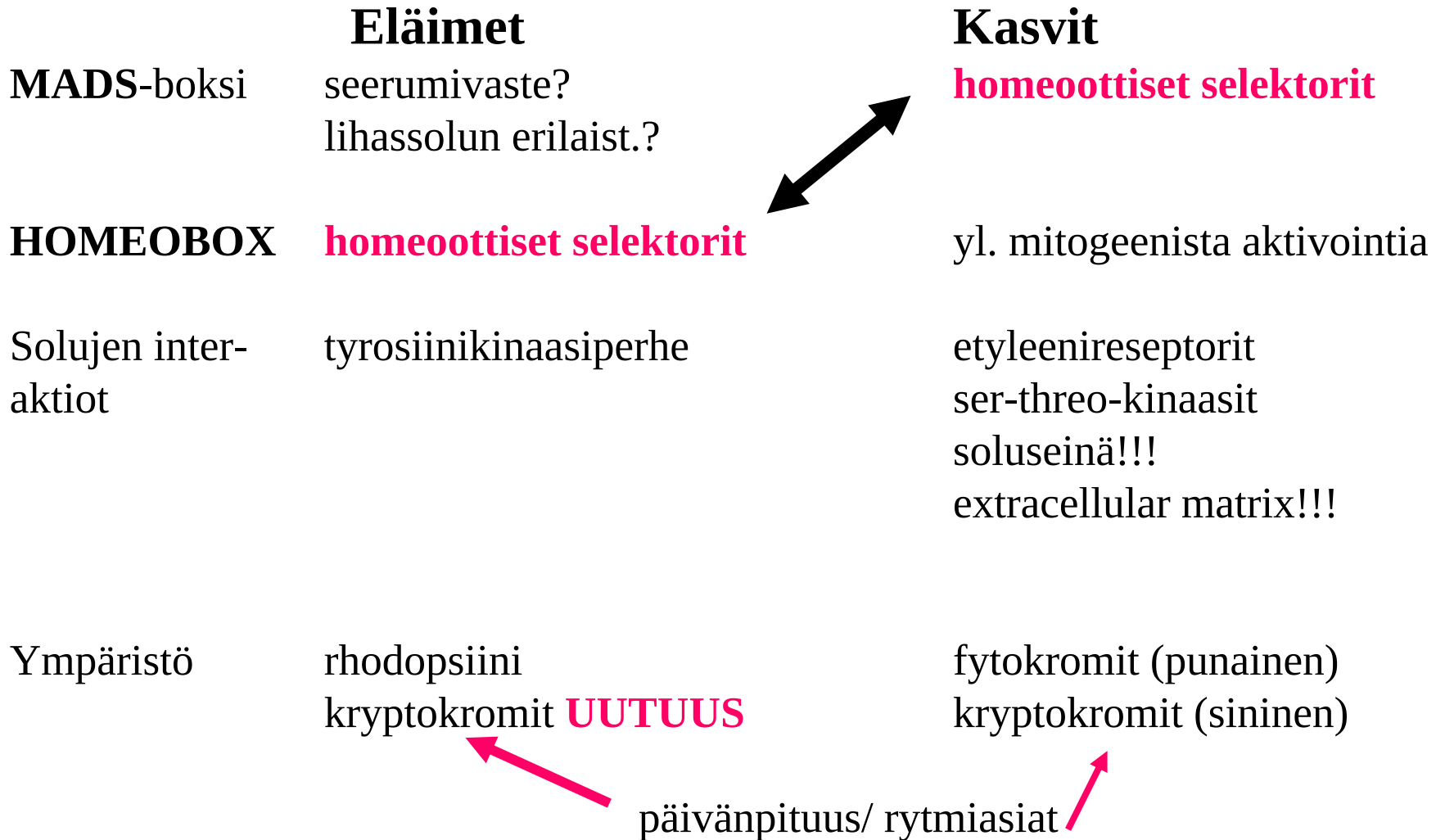


Table 22–2 Some Major Families of Gene Regulatory Proteins in *Arabidopsis*, *Drosophila*, *C. elegans*, and the Yeast *Saccharomyces cerevisiae*

FAMILY	NUMBER OF FAMILY MEMBERS PREDICTED FROM GENOME ANALYSIS			
	<i>Arabidopsis</i>	<i>Drosophila</i>	<i>C. elegans</i>	YEAST
Myb	190	6	3	10
AP2/EREBP (Apetala2/ethylene-responsive-element binding protein)	144	0	0	0
bHLH (basic helix–loop–helix)	139	46	25	8
NAC	109	0	0	0
C2H2 (Zn finger)	105	291	139	53
Homeobox	89	103	84	9
MADS box	82	2	2	4
bZIP	81	21	25	21
WRKY (Zn finger)	72	0	0	0
GARP	56	0	0	0
C2C2 (Zn finger)/GATA	104	6	9	10
Nuclear hormone receptor	0	21	25	0
C6 (Zn finger)	0	0	0	52
Estimated total (including many not listed above)	1533	635	669	209
% of genes in genome	5.9	4.5	3.5	3.5

The Table lists only those families that have at least 50 members in at least one organism. (Data from J.L. Riechmann et al., *Science* 290:2105–2110, 2000. With permission from AAAS.)

Table 22-2 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Kasvien perusratkaisu on **modulaarinen**:

Samaa rakennetta toistamalla (pienin muunnoksin) saadaan aikaan monenlaisia ratkaisuja

Avoin kasvu: samaa voidaan toistaa yhä uudelleen (ei aina, mutta usein)

Yksilöllisyys heikommin ilmaistua (miksi kuitenkin puun oksat tulevat toimeen keskenään?)

Kasvin kehitys noudattaa vakiintunutta perusmallia: varsi-lehti-silmu

Arkkitehtuuri (topologia) saadaan aikaan yksikertaisin muunnelman

Kukinta-ajan säätely (esim. aikaisin/ myöhään/ talven jälkeen)

Kukintoverso usein eroaa suuresti vegetatiivisesta

Meristeemin (kasvupisteen) luonne (kukka / verso)

Kukkalehden luonne (verho/ terä/ hede/ emi)

Myöhäiset geenit (heteen ja emin detaljit, meioosit ym.)

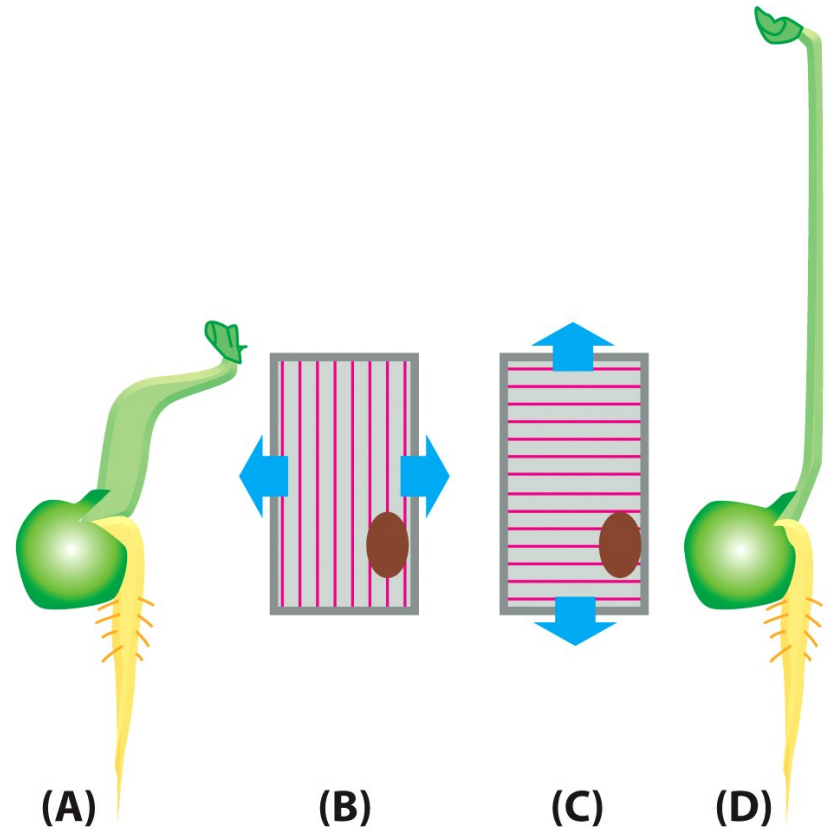
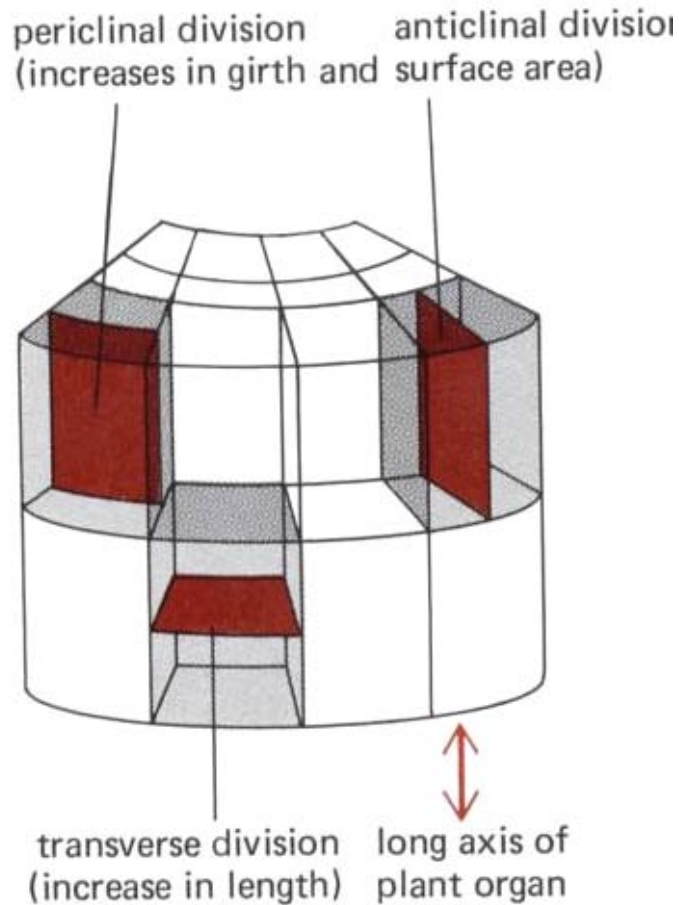


Figure 22-119 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

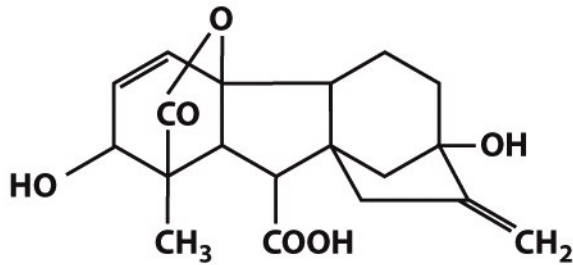
etyleen

gibberelliinihappo

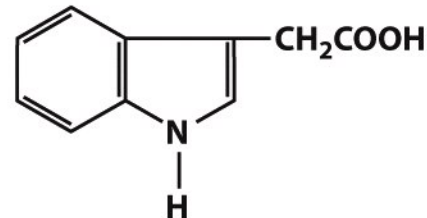
CELL 1407

Kasvin kehityksen keinot: solun jakautuminen ja sen venyminen

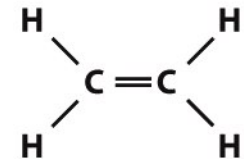
Kasvien kasvunsäätelijät ('kasvihormonit')



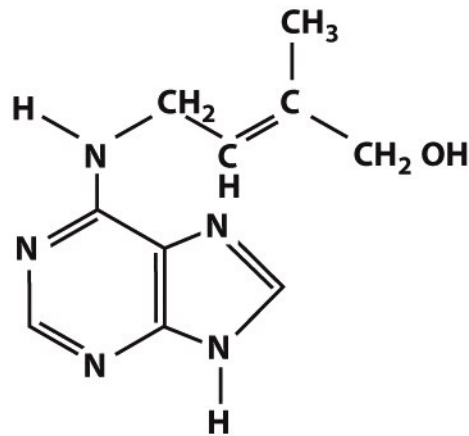
gibberellic acid (GA3) [a gibberellin]



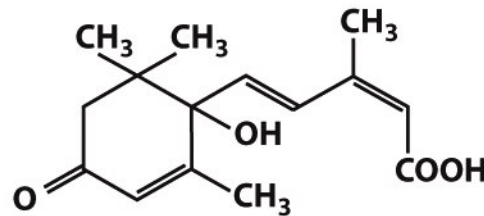
indole-3-acetic acid (IAA) [an auxin]



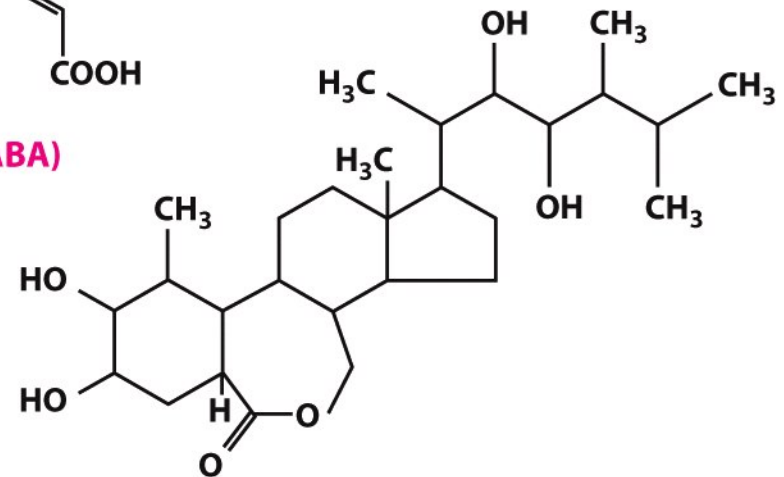
ethylene



zeatin [a cytokinin]



abscisic acid (ABA)



brassinolide [a brassinosteroid]

Figure 22-117 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

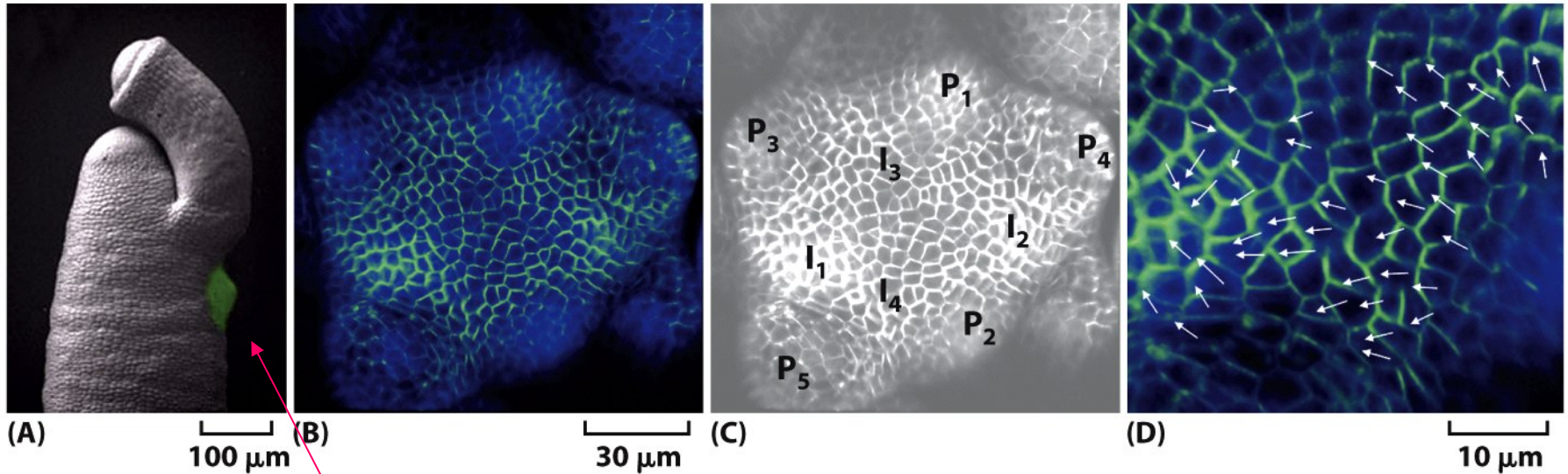


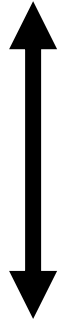
Figure 22-122 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

tippa auksiinia on laukaissut kukintasilmun

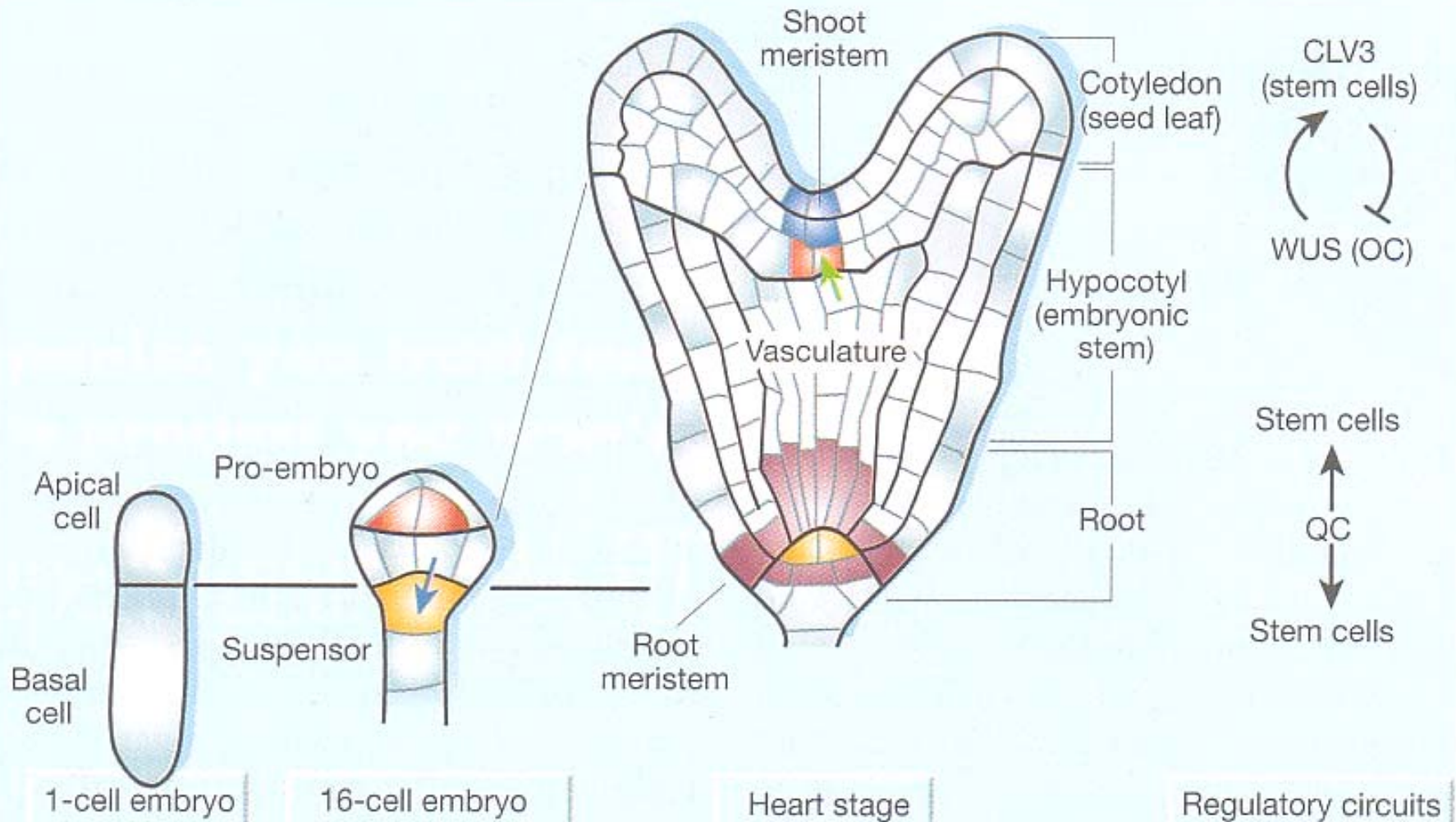
Auksiini ja sen transportti ovat keskeisiä kasvipisteen rakenteen säätäjiä

Kasvi-embryon ensimmäinen kohtalonratkaisu:

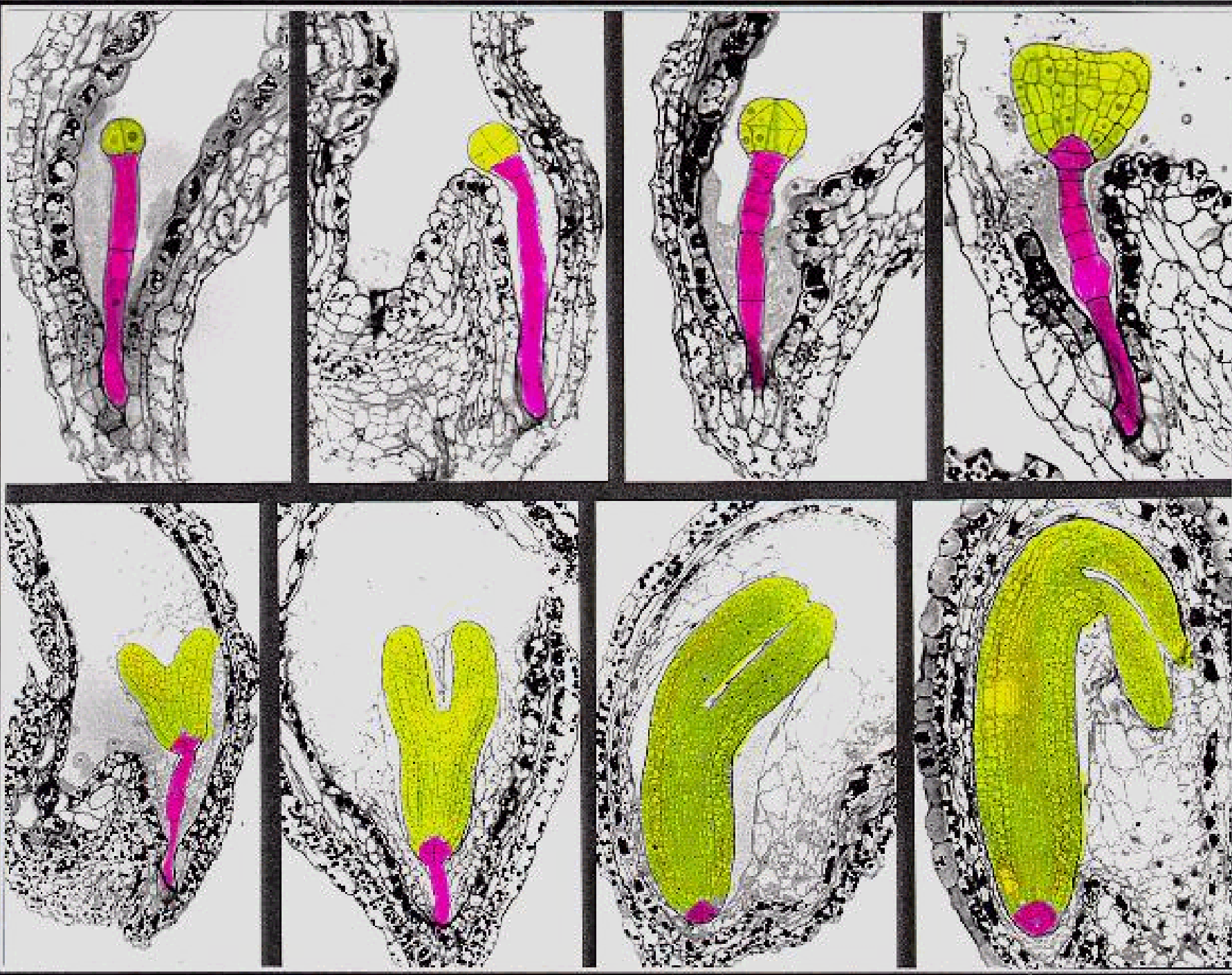
juuri ja verso



Box 1 Embryonic origin of primary meristems



CELL 1401 paneli



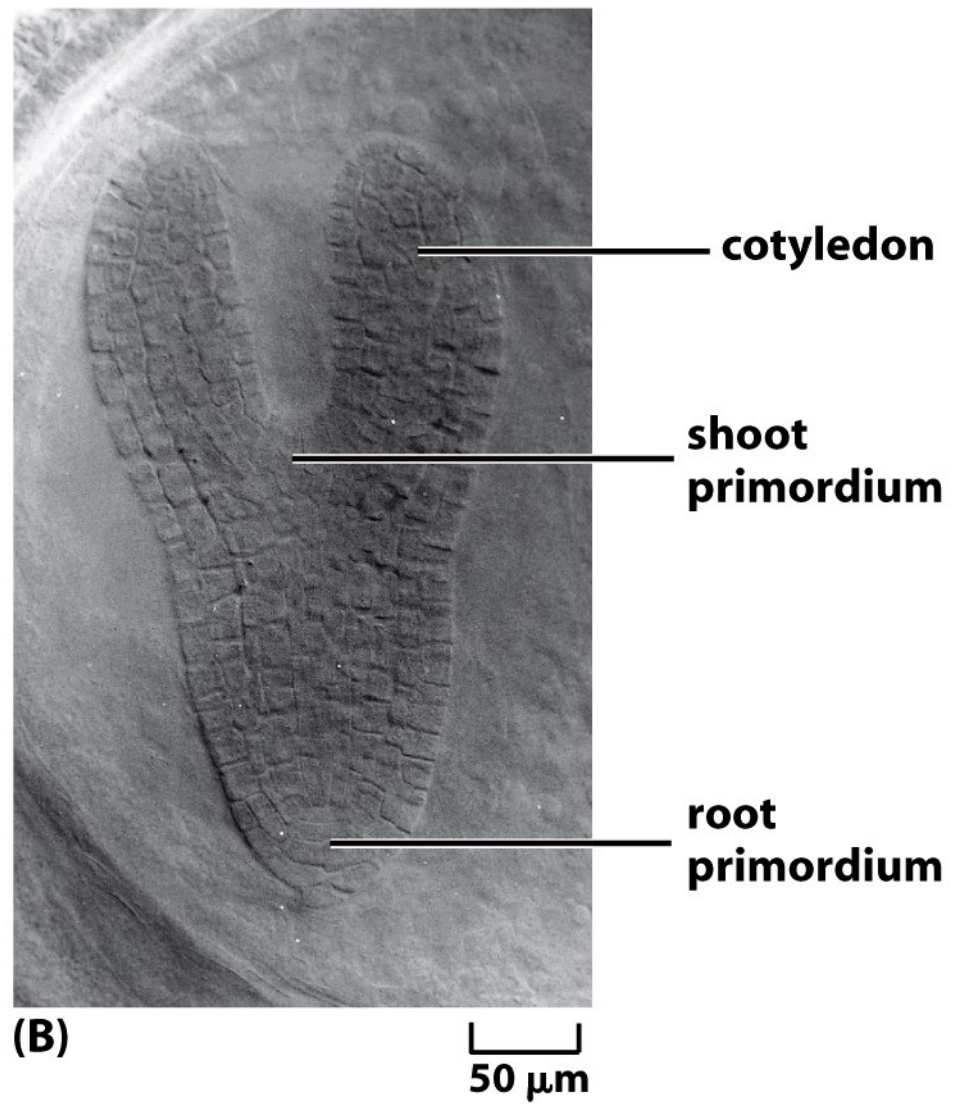
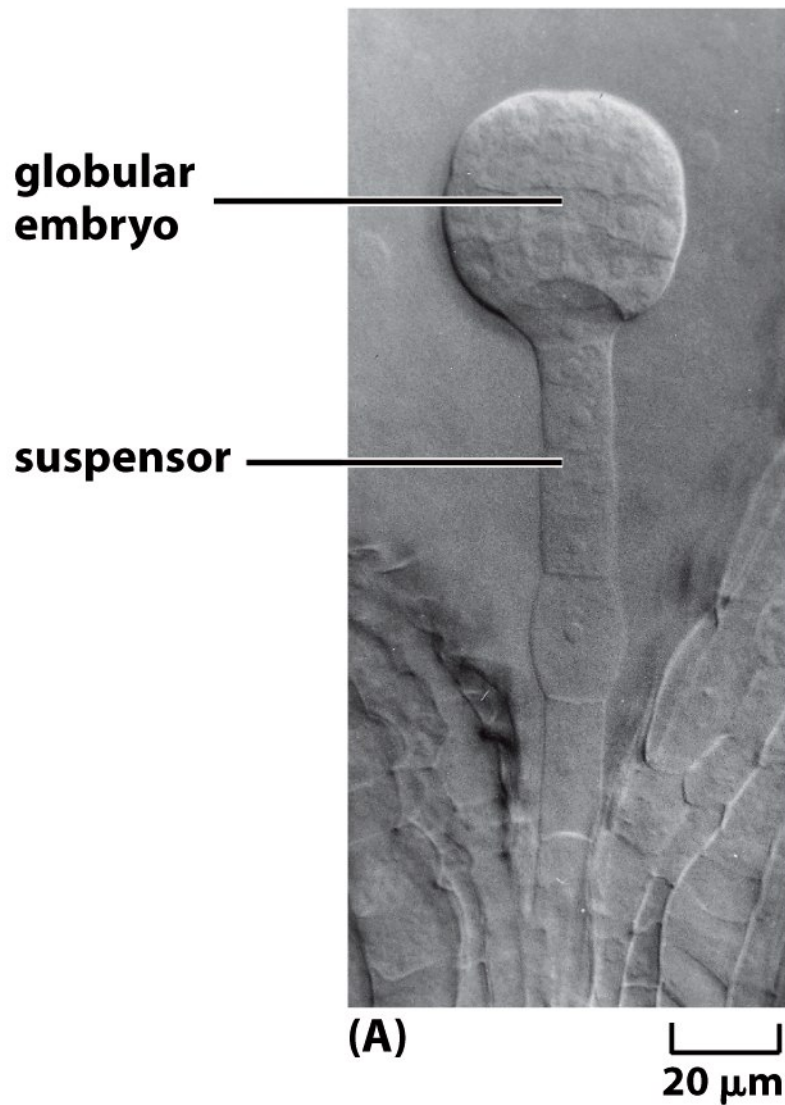


Figure 22-114 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)



Figure 22-116 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

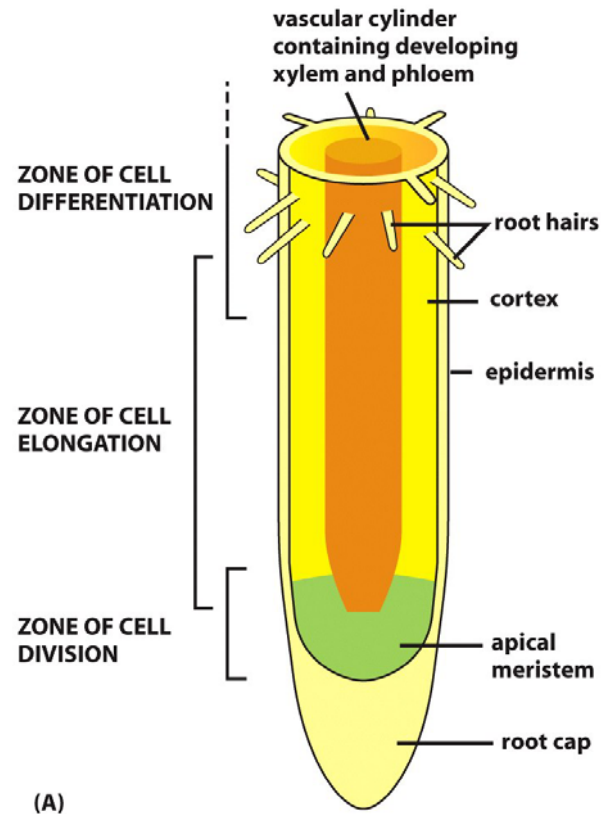
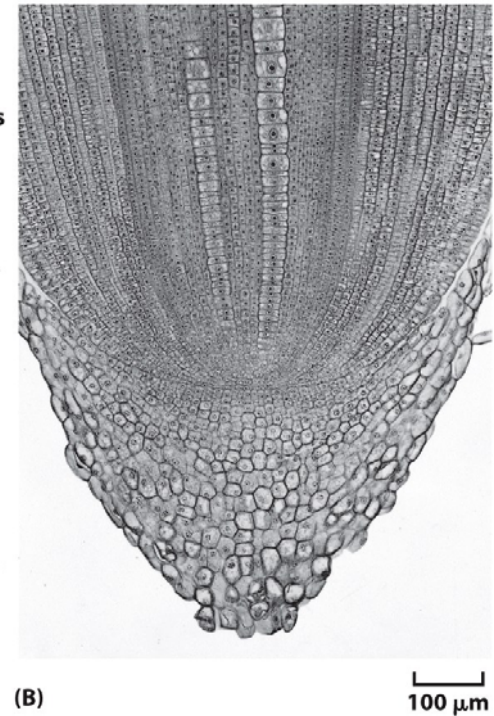


Figure 22-118 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)



CELL 1403, 1407

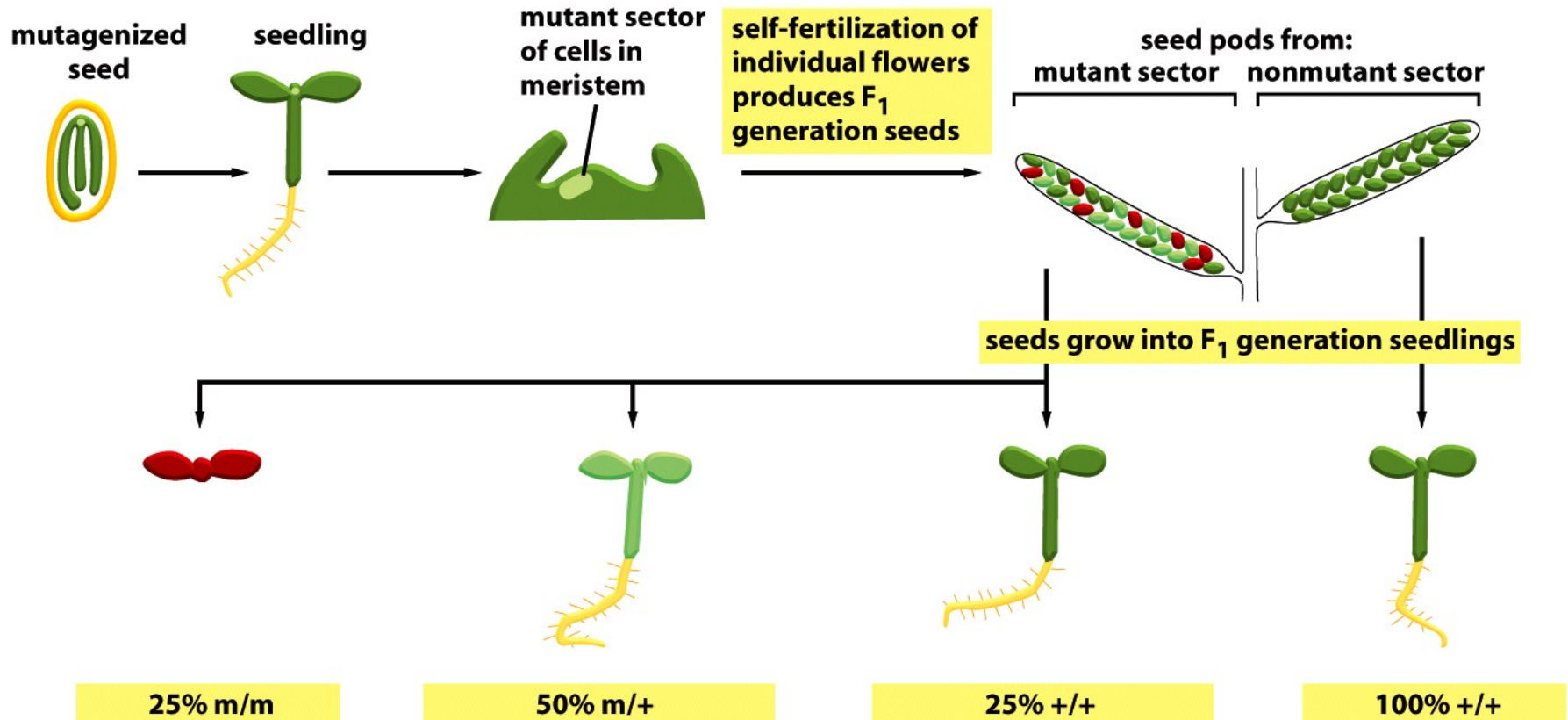
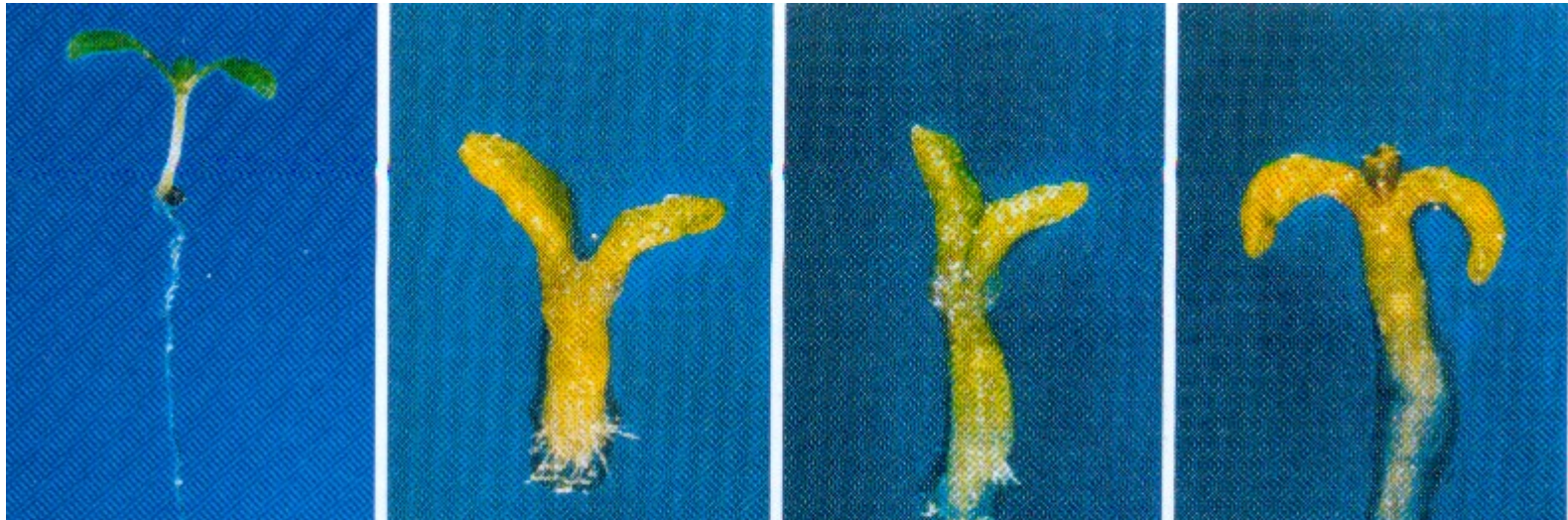
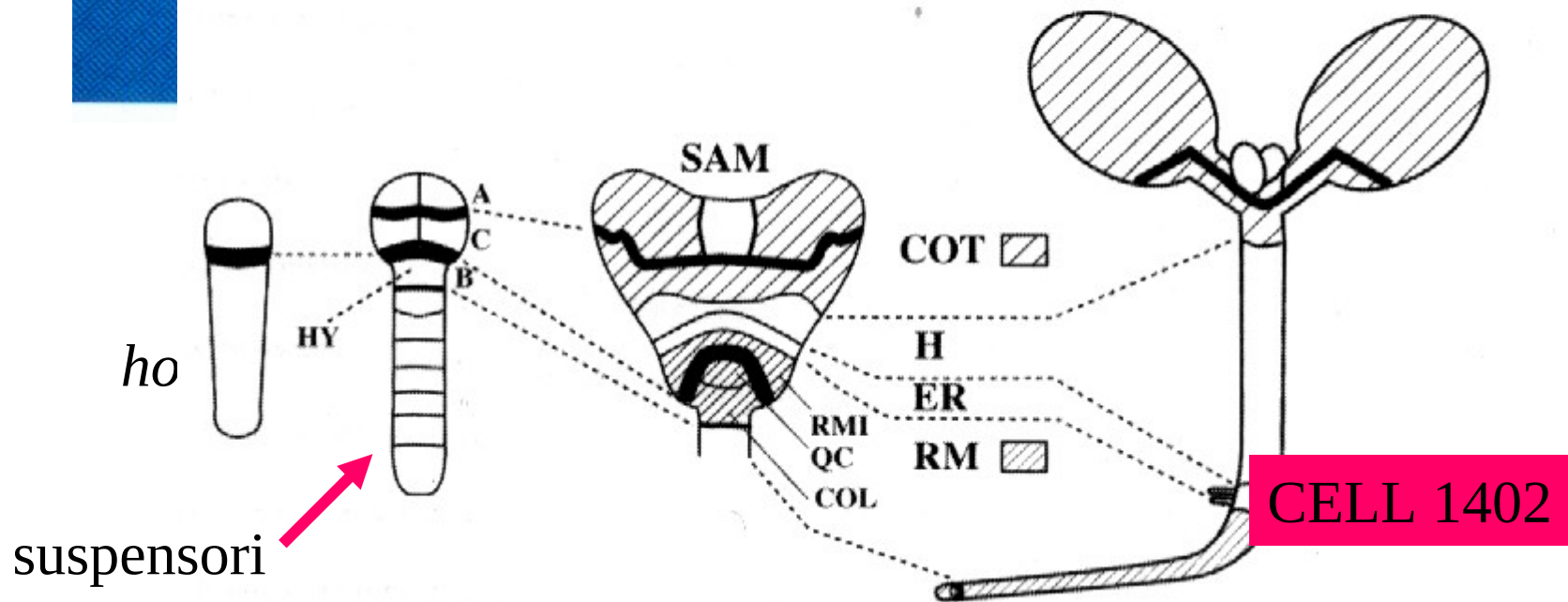


Figure 22-113 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Kuinka mutantteja indusoidaan ja tuotetaan *Arabidopsis*-kasvilla



The *HOBBIT* gene in *Arabidopsis* 523



Development

Volume 125 (3)

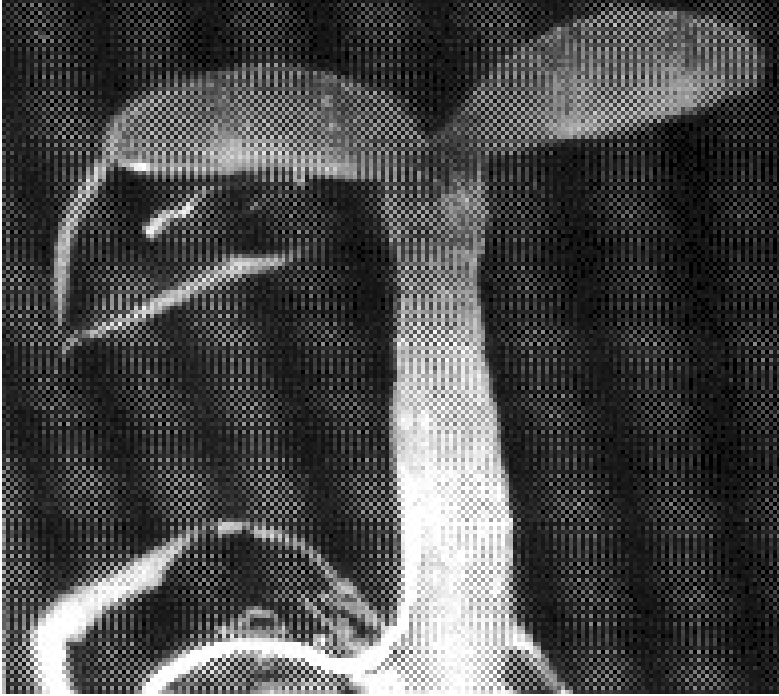
February 1998



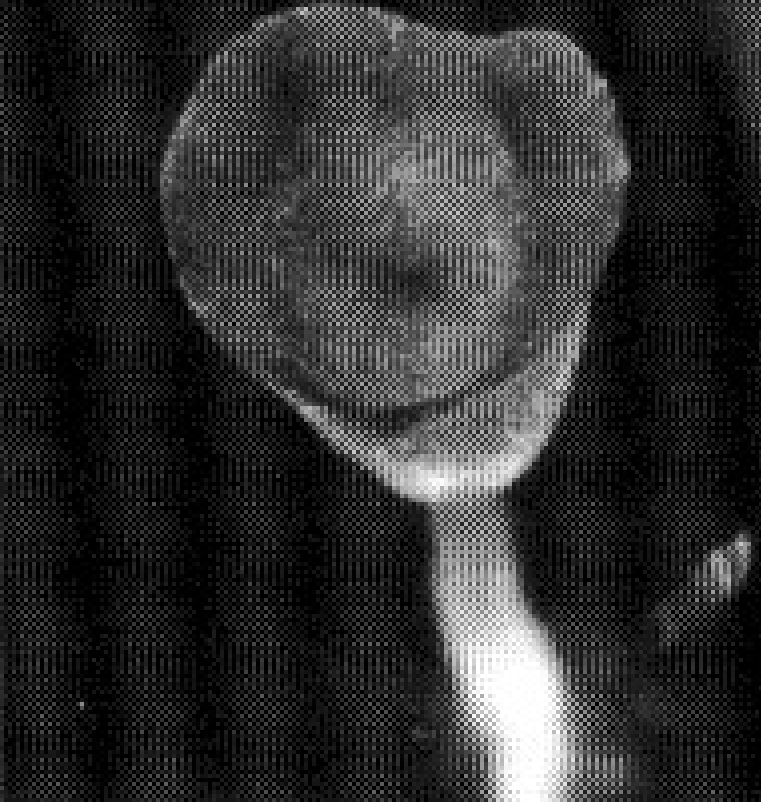
Eräät lituruohot
ovatkin hobbitteja

Arvovaltaisen
tiedelehden kansi

Ler



cuc1cuc2



Kaksi samanvaikutteista geeniä, CUP-SHAPED-COTYLEDON 1 ja 2 toimivat siten että kaksisirkkaiselle tulee kaksi sirkkalehteä. Jos molemmat ovat viallisia, sirkkataimi on kupin muotoinen! Geenit tekevät muutakin kasvin muodon kannalta oleellista.

Takada *et al.*, Development 128: 1127-1135 (2001)

CELL 1402

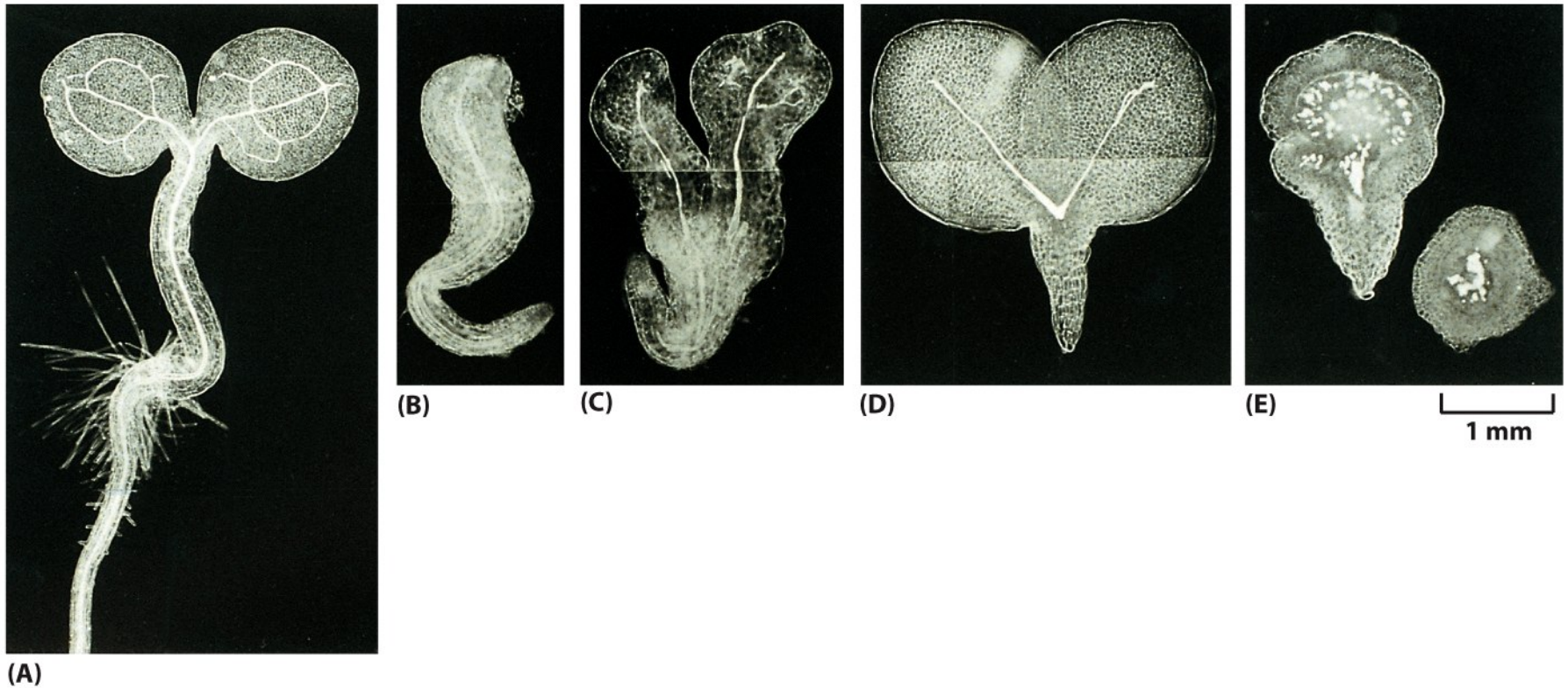


Figure 22-115 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Sirkkataimen ongelmia, eli indusoituja mutantteja, joista sitten pitää selvittää, mikä geeni on vialla. Kuva on varhainen, vuodelta 1991, ja julkaistu Naturessa, koska kasvien kehitysbiologia nykyajassa alkoi vasta silloin.

Verson kehitys noudattaa vakiintunutta perusmallia: varsi-lehti-silmu

Arkkitehtuuri (topologia) saadaan aikaan yksikertaisin muunnelman

Kukinta-ajan säätely (esim. aikaisin/ myöhään/ talven jälkeen)

Kukintoverso usein eroaa suuresti vegetatiivisesta

Meristeemin (kasvupisteen) luonne (kukka / verso)

Kukkalehden luonne (verho/ terä/ hede/ emi)

Myöhäiset geenit (heteen ja emin detaljit, meioosit ym.)

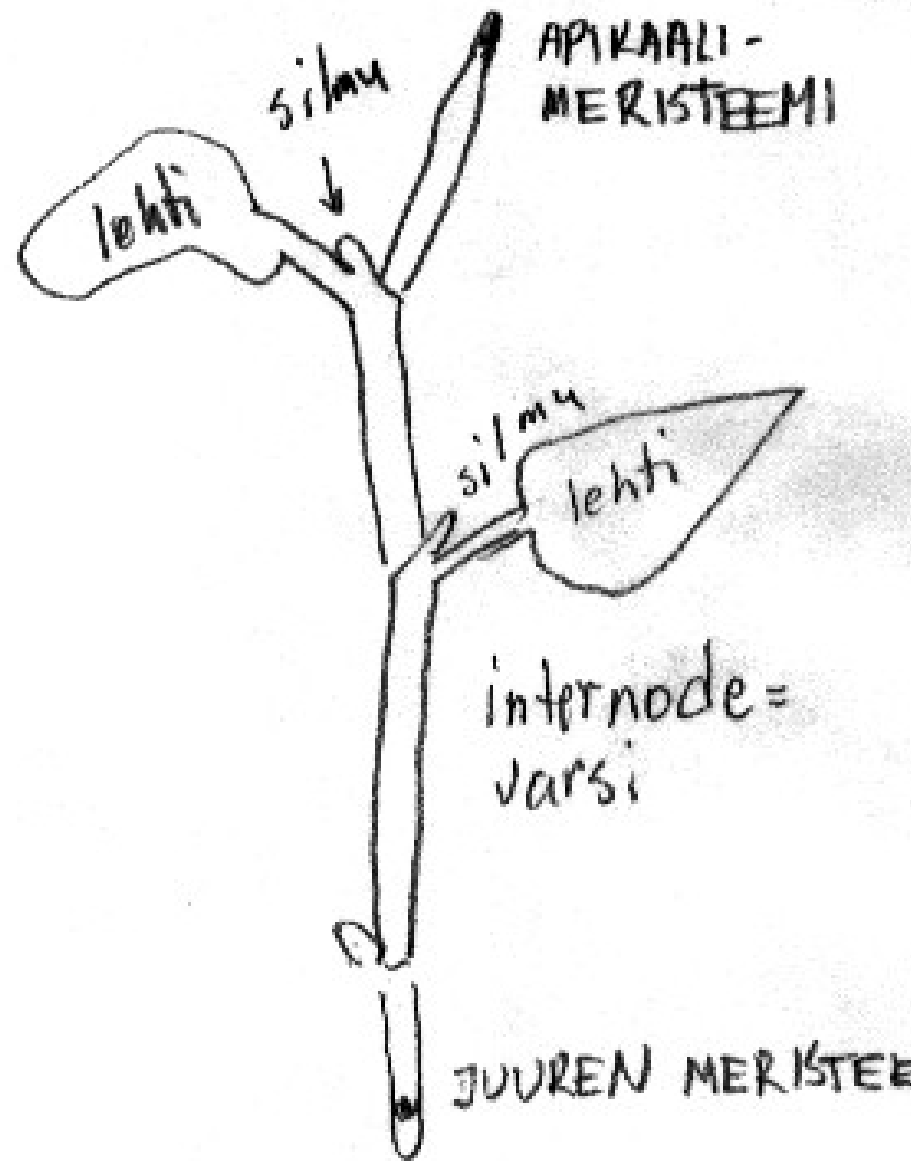
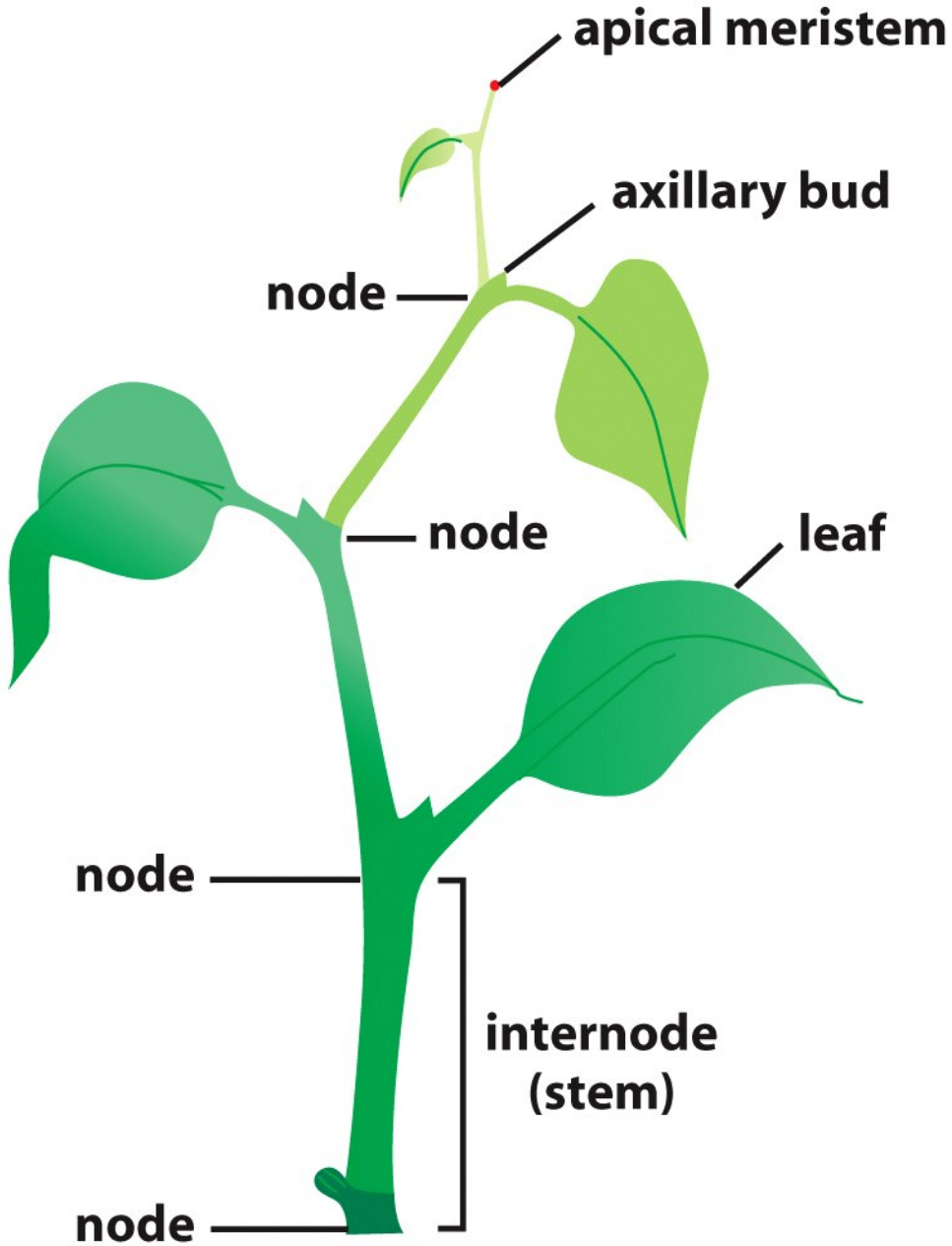
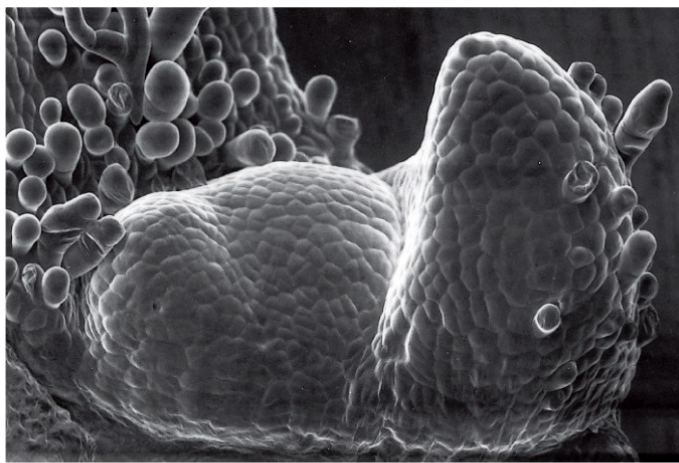
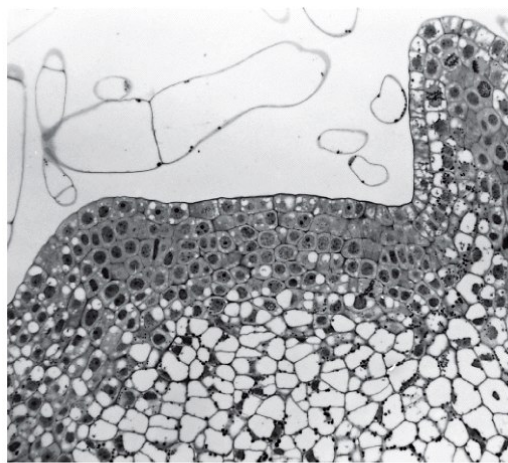


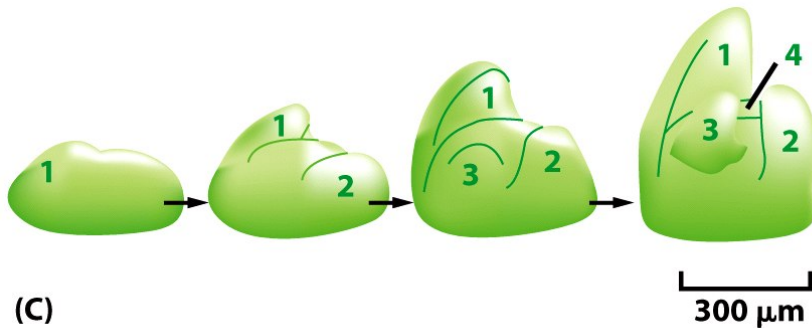
Figure 22-111 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)



(A)

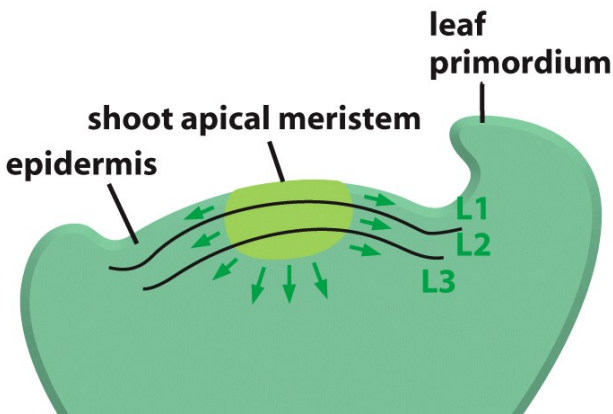


(B)

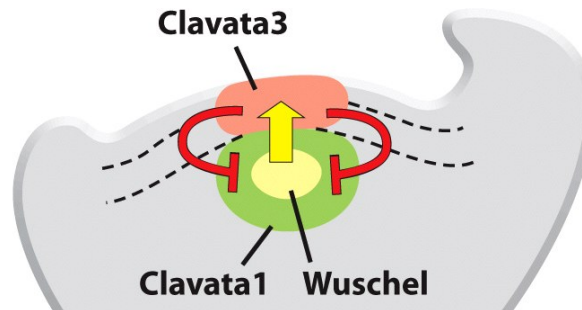


(C)

Figure 22-121 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)



(A)



(B)

Apikaalimeristeemi eli kärkikasvupiste

- kierteinen kasvutapa
- solut jakautuvat epäsymmetriseen kohtaloon: toiset jatkaa meristeeminä ja toiset jää sivuun, lehdiksi.
- kolme geeniä: signaali (CL1), reseptori (CL3) ja transkription säätelijä (Homeodomain-luokka)

CELL 1408, 1410

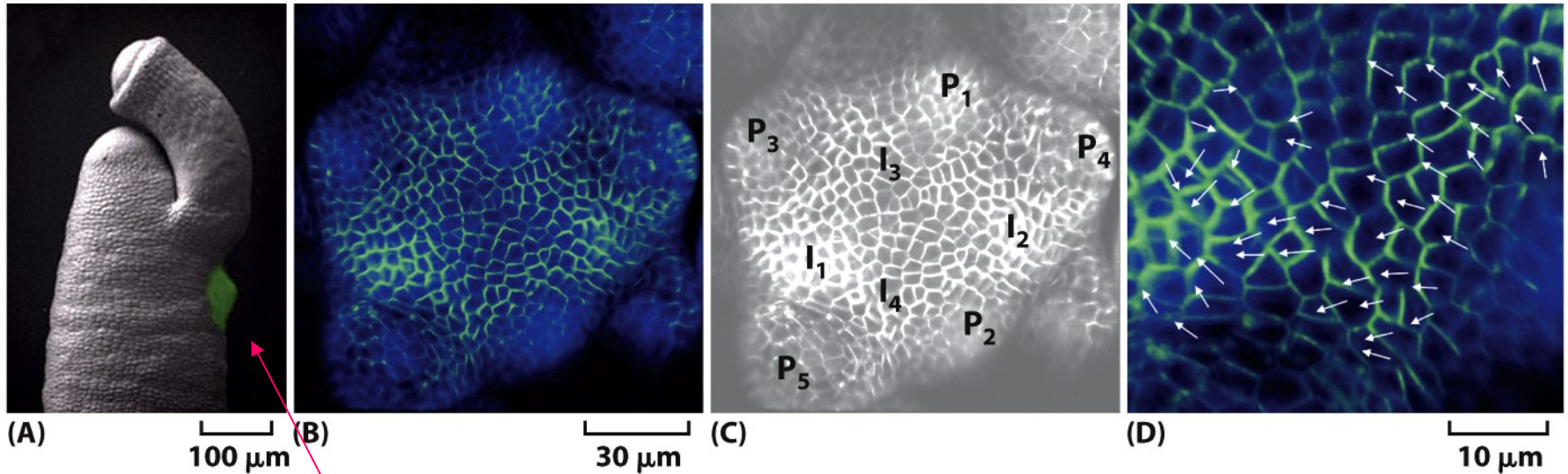
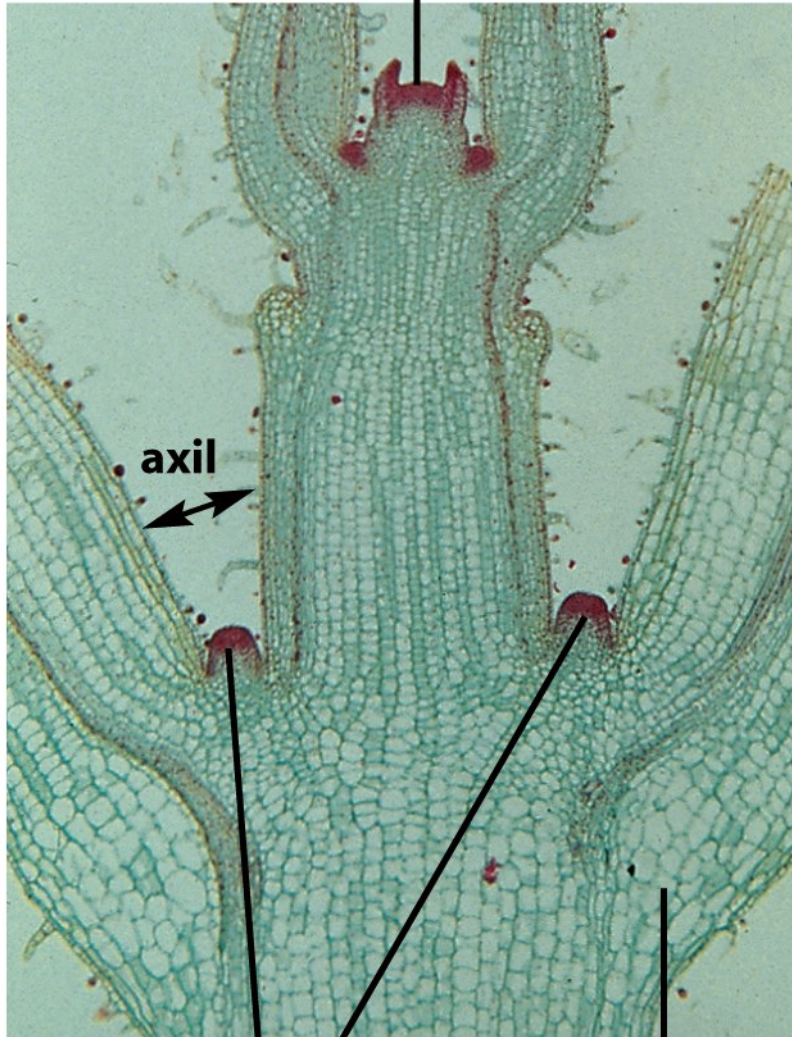


Figure 22-122 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

tippa auksiinia on laukaissut kukintasilmun

Auksiini ja sen transportti ovat keskeisiä kasvipisteen rakenteen säätäjiä

shoot apical meristem



bud primordia

leaf base

Apikaalidominanssi

Kärkisilmun (apikaalimeristeemin) pitää

- tietää olevansa kärkisilmu
- lähettää vastaava viesti
- viestin pitää kulkea alaspäin
- lehtihangan silmun pitää ymmärtää ja tulkita viesti
- jos latva katkeaa, jonkun alemmista oksista/silmuista pitää ottaa komento

Kasvin kehitys noudattaa vakiintunutta perusmallia: varsi-lehti-silmu

Arkkitehtuuri (topologia) saadaan aikaan yksikertaisin muunnelmin

Kukinta-ajan säätely (esim. aikaisin/ myöhään/ talven jälkeen)

Kukintoverso usein eroaa suuresti vegetatiivisesta

Meristeemin (kasvupisteen) luonne (kukka / verso)

Kukkalehden luonne (verho/ terä/ hede/ emi)

Myöhäiset geenit (heteen ja emin detaljit, meioosit ym.)



Kuhmossa kasvava koivu, jolla ei ole runkoa lainkaan (eikä kukkia)



Edellisen puun kloonipoikanen: ei tule runkoa tällekkään, kaikki oksat pysyy oksina.

Mutaatio on jossakin kohdassa viestiketjua: apikaalidominanssin puute on monimutkainen asia.

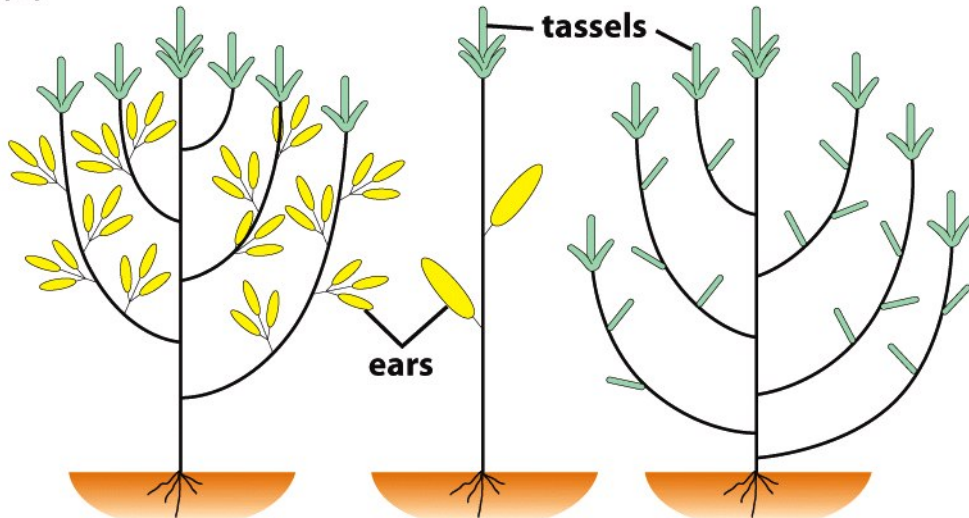


(A)

Teosintti on maissin villi kantamuoto, josta muutaman mutaation takia tuli morfologialtaan aivan toisenlainen kasvi:

ARKKITEHTUURI TOPOLOGIA

tb1 mutaatio palauttaa primitiivisen haarautumismuodon



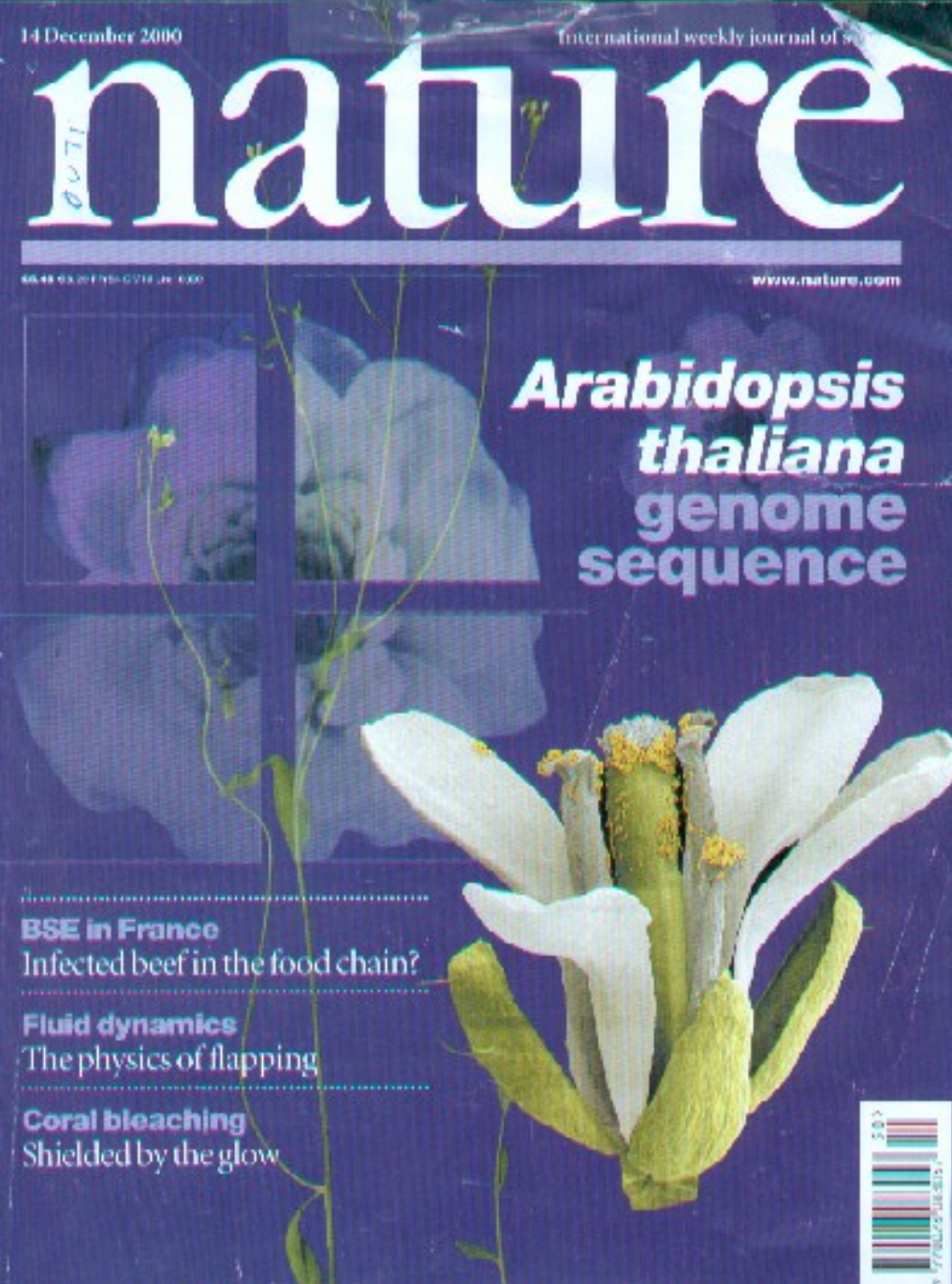
(B)

teosinte

normal maize

Tb1-defective
mutant of maize

Figure 22-125 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)



Arabidopsis thaliana

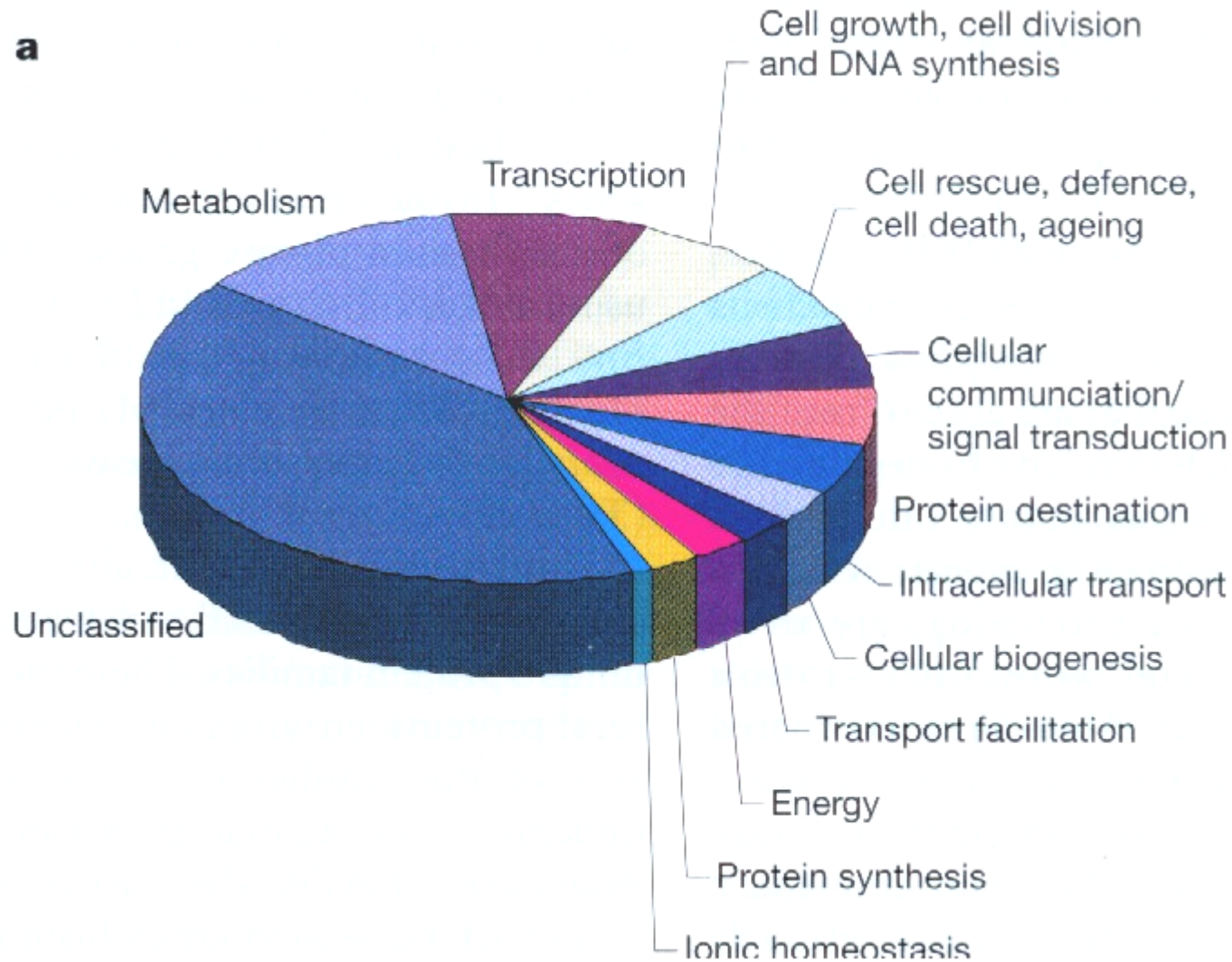
Koko sekvenssi julkaistiin
14.12.2000

118.7 Mb (Megabasea)
26 000 geeniä

duplikaatiot 180 ja 112 Myr

<http://www.arabidopsis.org/agi.html>

a



Lituruohon geenien toimialoja



Science

5 April 2002

Vol. 296 No. 5565
Pages 1–204 \$9

Kaksi riisilajiketta
sekvensoitiin heti
perään

Kaupallista ja
humanitaarista
merkitystä

The
RICE
Genome



AMERICAN ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF SCIENCE

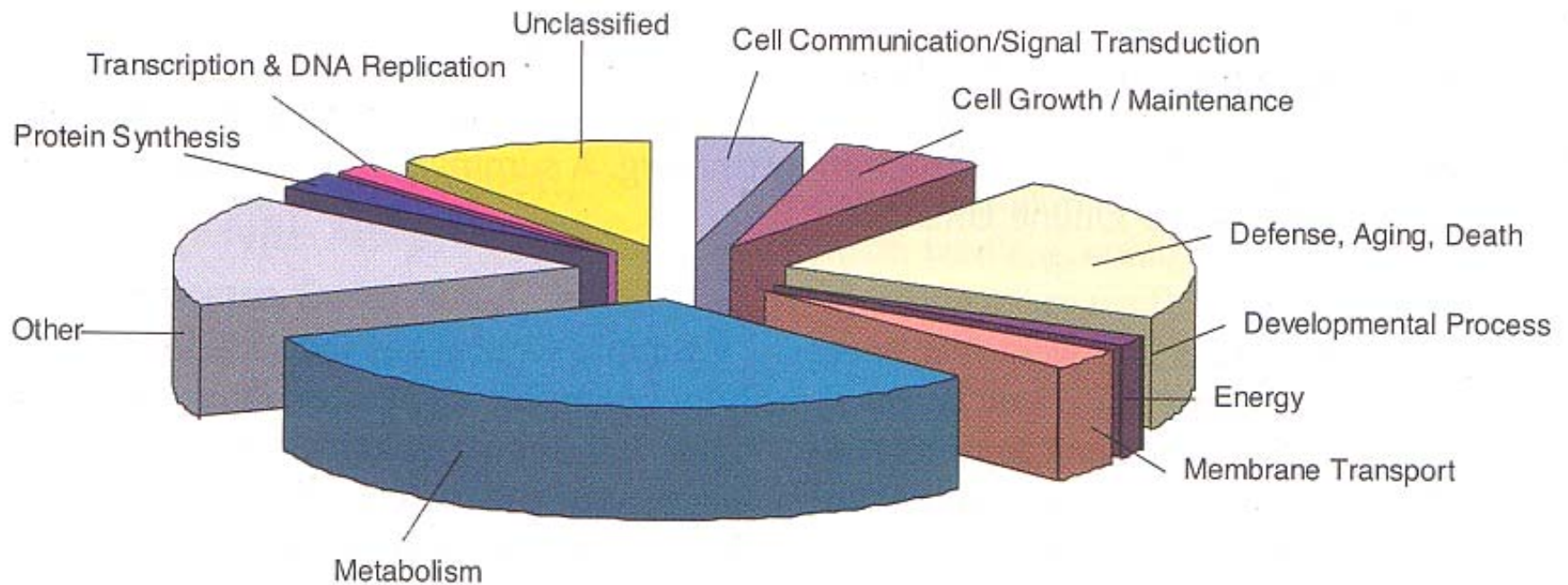


Fig. 1. Rice gene prediction classifications. *HMLgenes*³⁰⁰ were classified with Interpro and GO software (27–29); the categories generated are shown.

Huomaamme, että luokittelemattomien geenien osuus on kaventunut merkittävästi parissa vuodessa

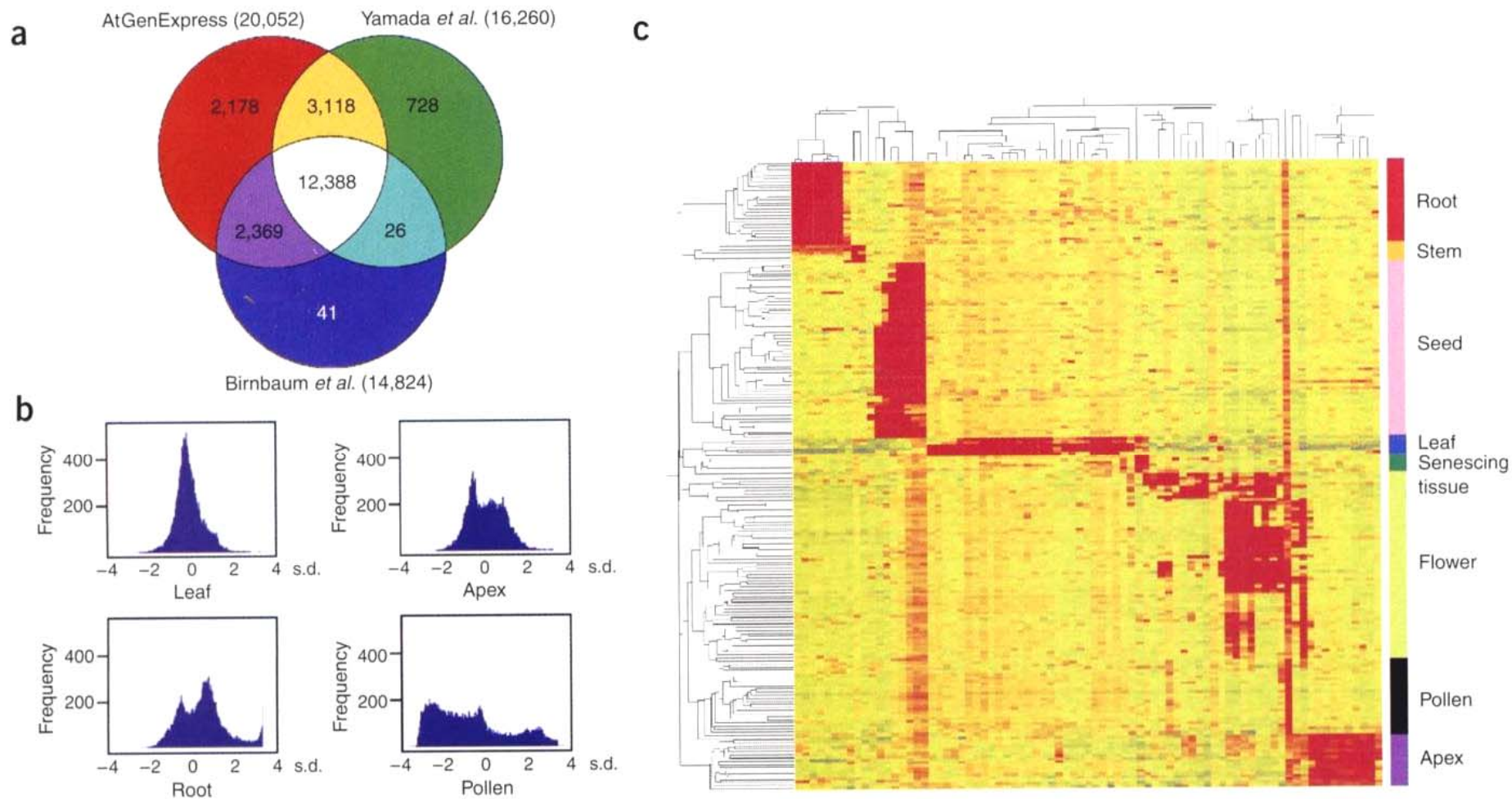


Figure 1 Expressed genes, expression dynamics and marker genes. **(a)** Comparison of detected genes in three different expression studies. AtGenExpress, this study; Birnbaum *et al.*, another study using Affymetrix ATH1 arrays and sorted root cells³; Yamada *et al.*, a study using whole genome tiling arrays². **(b)** Histograms of relative expression levels (Z scores) show tissue-specific expression dynamics. **(c)** Heat map of tissue-specific marker genes. Yellow indicates low expression; red, high expression. Top, condition tree; left, gene tree.

Nature Genetics May 2005