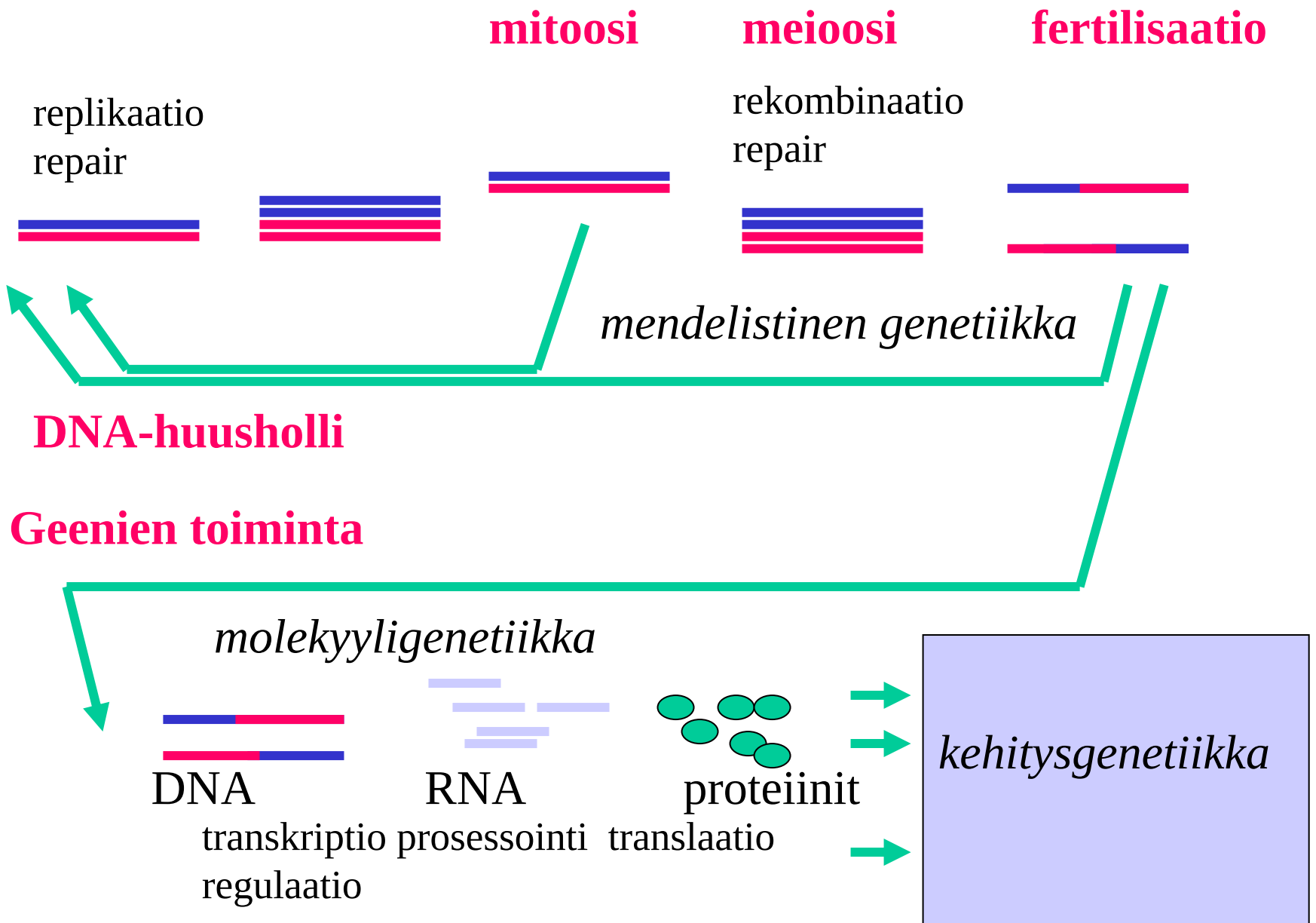




Figure 22-24a Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Drosophila on kehitysgenetiikan mallilaji nro 1

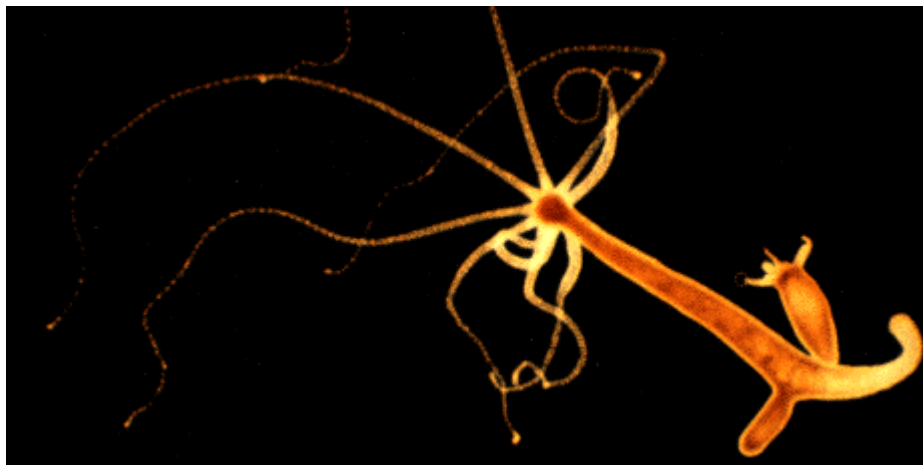


Drosophila segmentaatio

Hyvin monet eläimet ovat jaokkeellisia, mekin hiukan (pienenä enemmän, kuten opitaan)

Alkeellisilla (sic!) jaokkeet ovat keskenään samanlaisia, kehittyneillä (sic!) ne ovat erilaistuneet

Hyvin alkeellisella *Hydralla* erilaistuminen on aika niukkaa, eikä havaita mitään segmenttejä



Juuri-latva akseli
Jos *Hydra* leikataan
kahtia, puuttuva osa
kasvaa (nimen
peruste)



Joillakin niveljalkaisilla jaokkeiden *erilaistuminen* on heikkoa, mutta niitä on paljon

[Pieni elokuva ”tuhatjalkaisesta”](#)

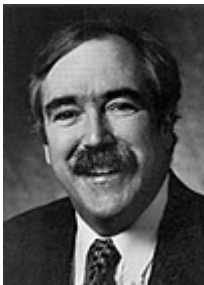
Kun pääosin maternaaliset geenit ovat säätäneet munan/
embryon **polaarisuuden**, alkaa **segmentaatiogeenien** osuus

Segmentaatio (jaokkeellisuus) etenee kolmessa vaiheessa

gap -geenit, joita on noin kuusi (*hunchback, Krüppel, knirps, tailless*)

parisääntögeenit (pair-rule), vähintään kahdeksan

segmentin napaisuus -geenit (segment polarity), yli kymmenen

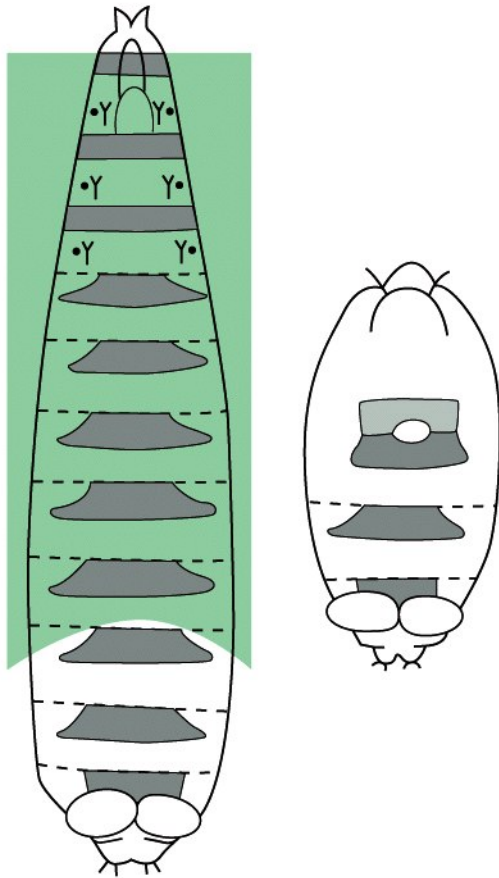


Wieschaus

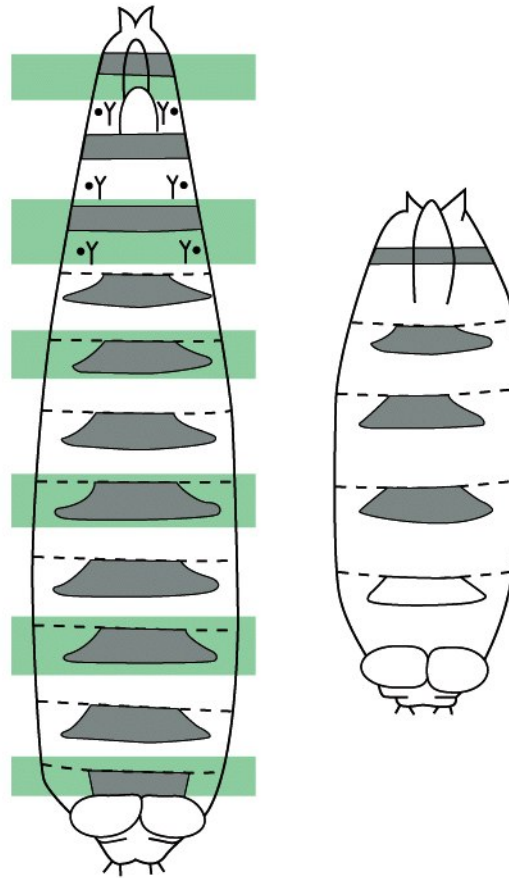
<http://nobelprize.org/medicine/laureates/1995/index.html>

CELL 1185>>

GAP GENE (*Krüppel*)



PAIR-RULE GENE (*Even-skipped*)



SEGMENT-POLARITY GENE (*Gooseberry*)

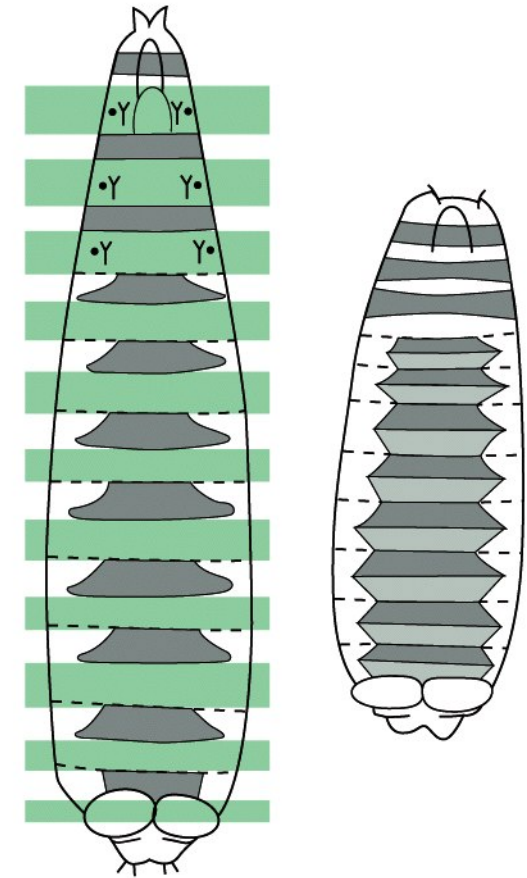
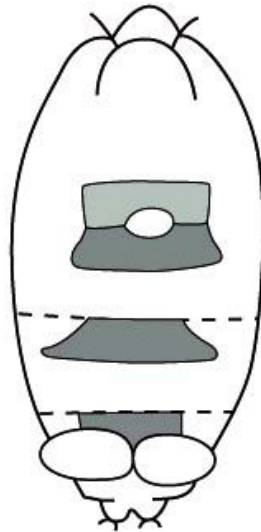
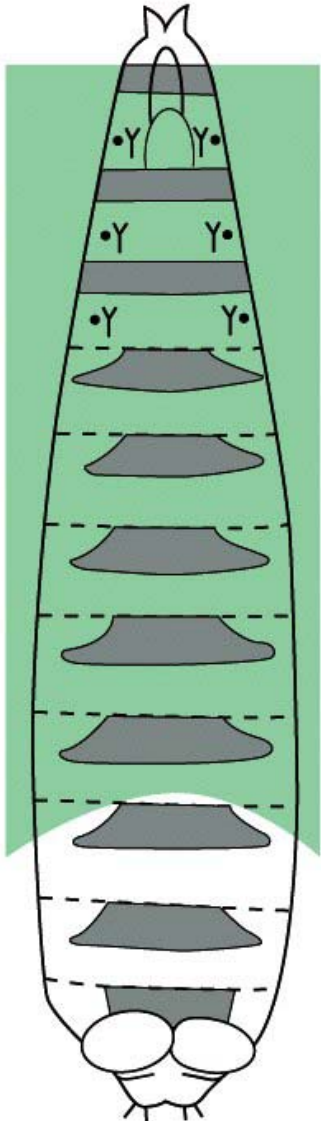


Figure 22-37 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

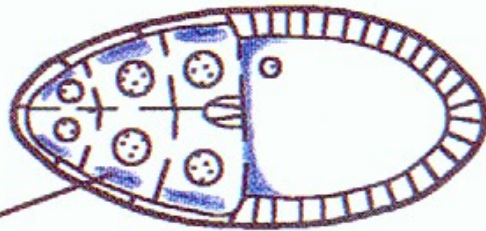
Segmentaatiogeeniluokat yhteiskuvassa

GAP GENE (*Krüppel*)

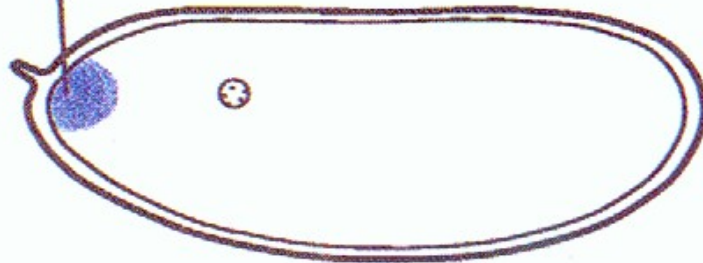


Embryon napaisuuden määrittämisen jälkeen **gap-**geenit määrittelevät embryoon leveitä vyöhykkeitä anterior-posterior -suunnassa

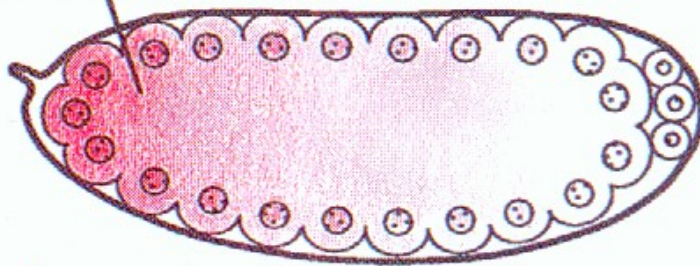
ANTERIOR



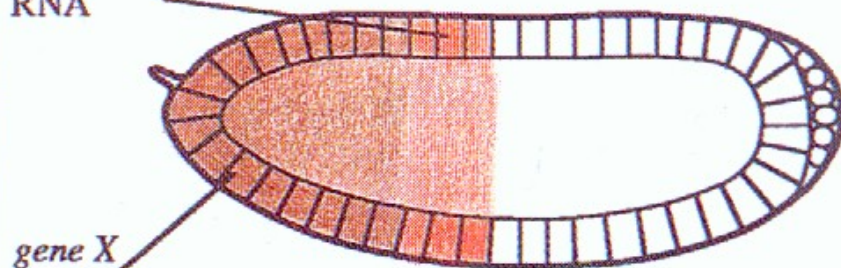
bicoid RNA



bicoid protein



hunchback RNA



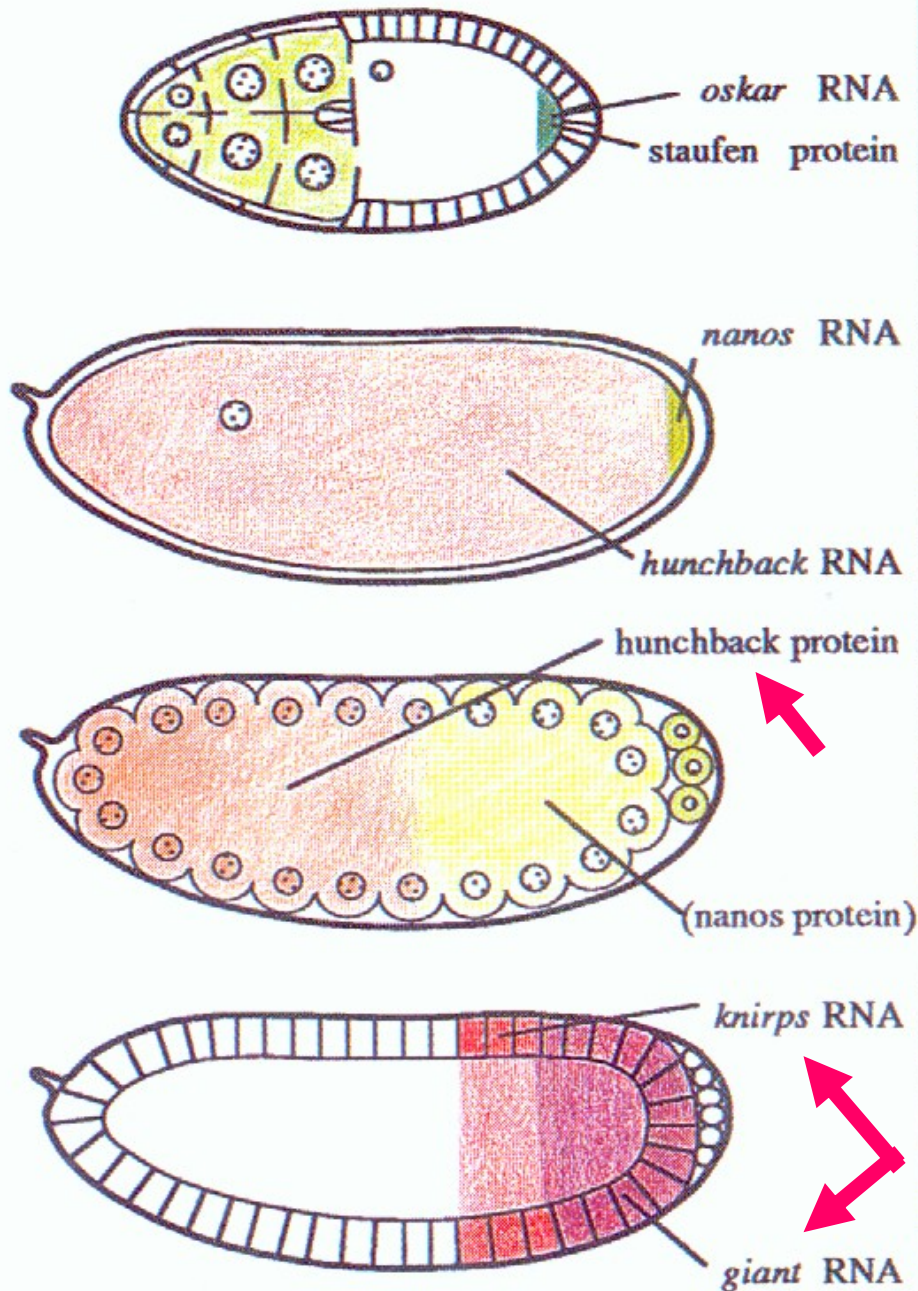
gene X RNA

bicoid on ensimmäinen etupäätä merkitsevä viesti tsygootin tumille

bicoidin tuottavat nurse-solut ja pitävät sopivasti sijoittuneena follikkelisolut: maternaalista kaikki

***hunchback* on gap-geeni**

POSTERIOR

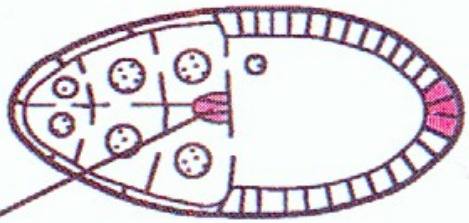


Takapään säätelyssä follikkelisolujen *staufer* sitoo *oskar*- ja *nanos*-lähettiRNA:n paikoilleen

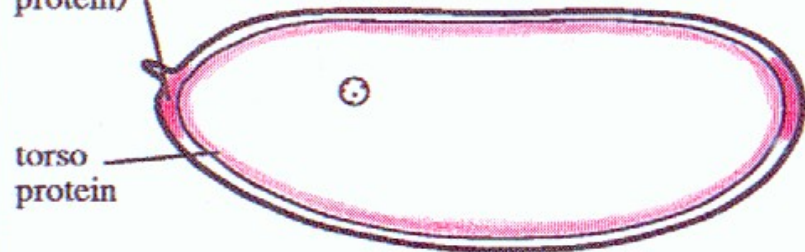
hunchback
knirps
giant

ovat jo gap-geenejä

TERMINAL

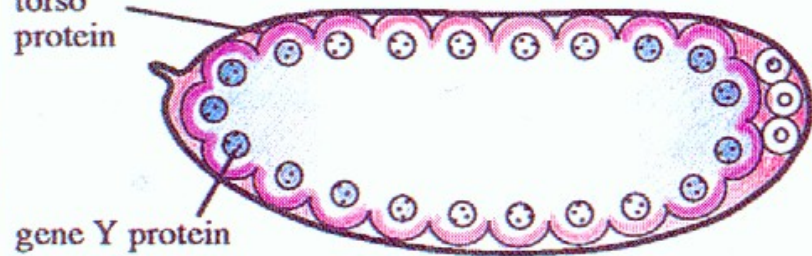


(torsolike
protein)



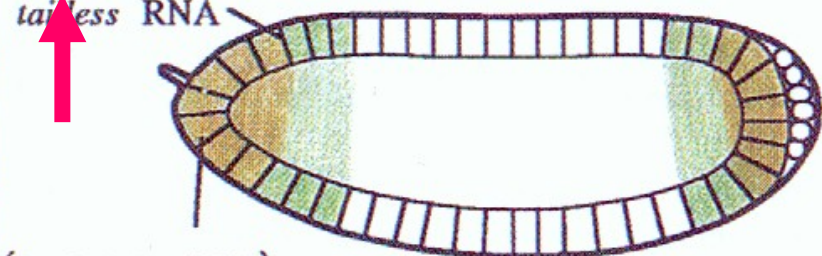
torso
protein

activated
torso
protein



gene Y protein

tailless RNA

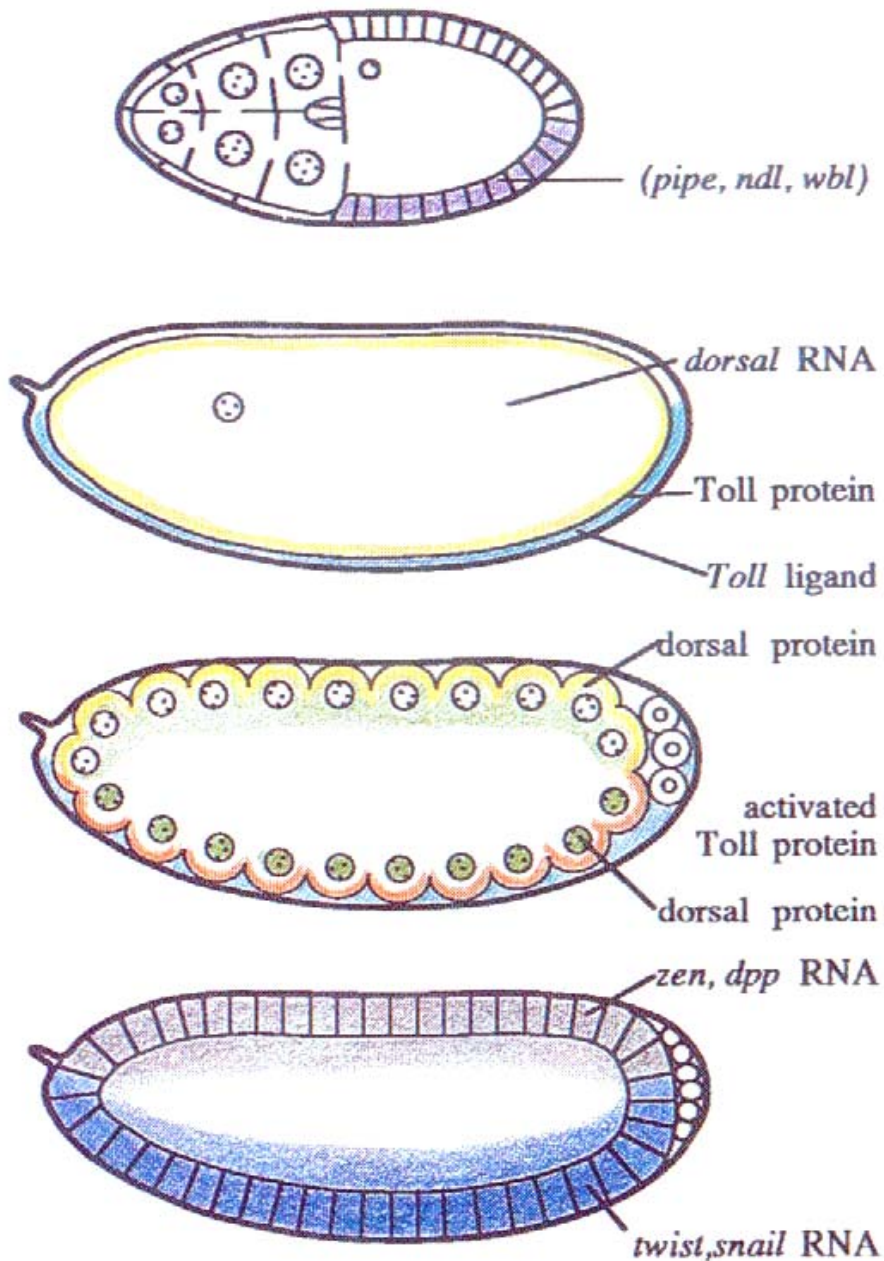


(huckebein RNA)

Terminal eli “ihan ääripää” on kolmas pääakseli tässä suunnassa

tailless on gap-geeni, jonka toimialue on molemmissa päissä

DORSO-VENTRAL

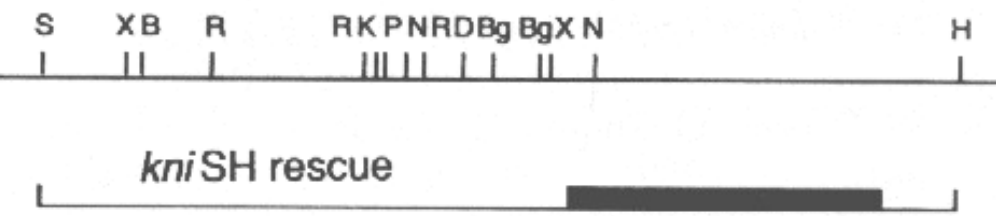


Dorsoventraalisuunta: ei gap-geenejä, koska ei ole segmenttejä, vaan lopulta siipiä vs. jalkoja

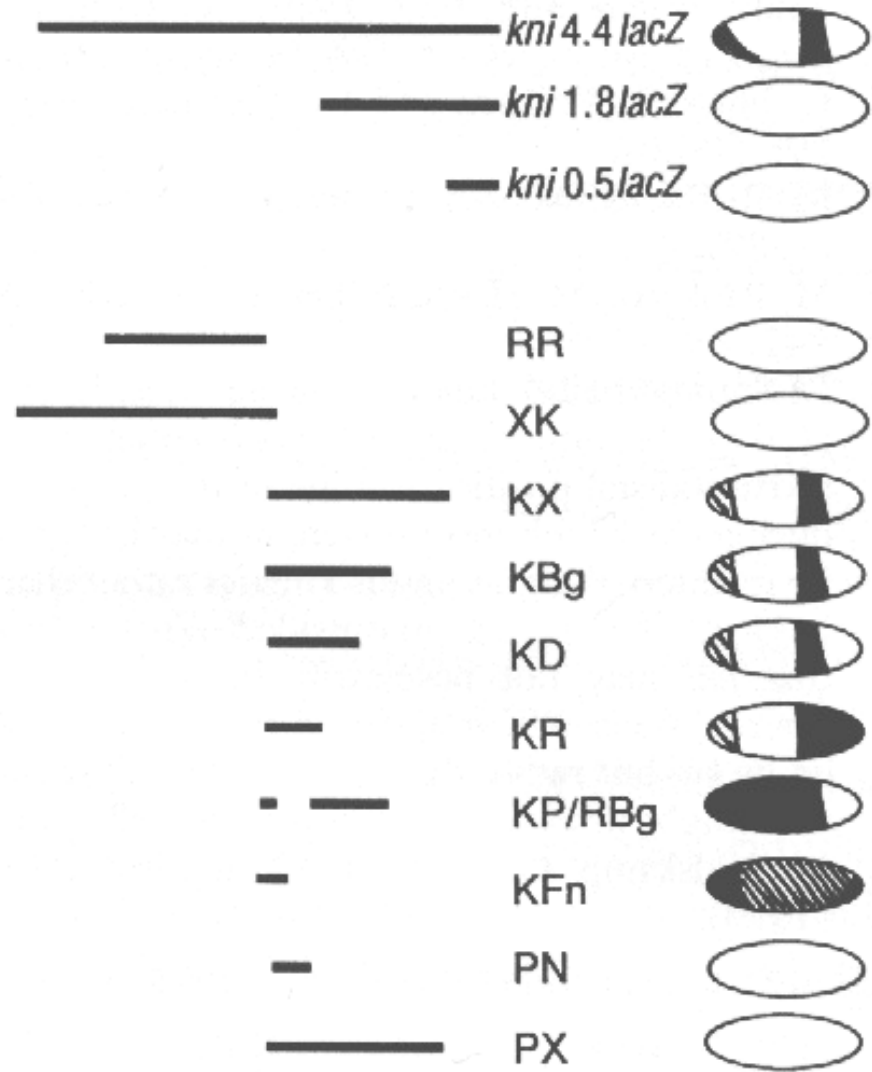
Samanlainen **kaskadi** tässäkin on

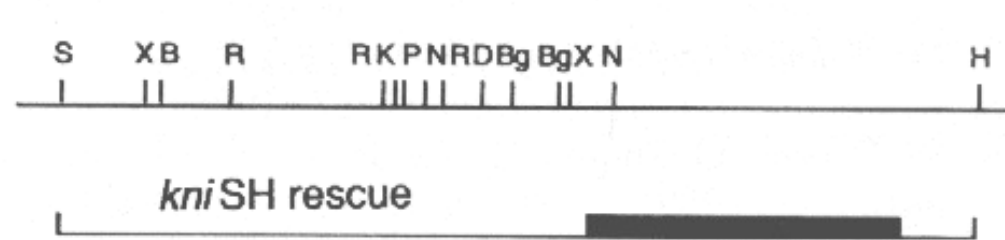
*zerknüllt, decapentaplegic
twist, snail*

Eivät ole varsinaisia originaaleja gap-geenejä mutta samanlaisia, pystysuunnassa



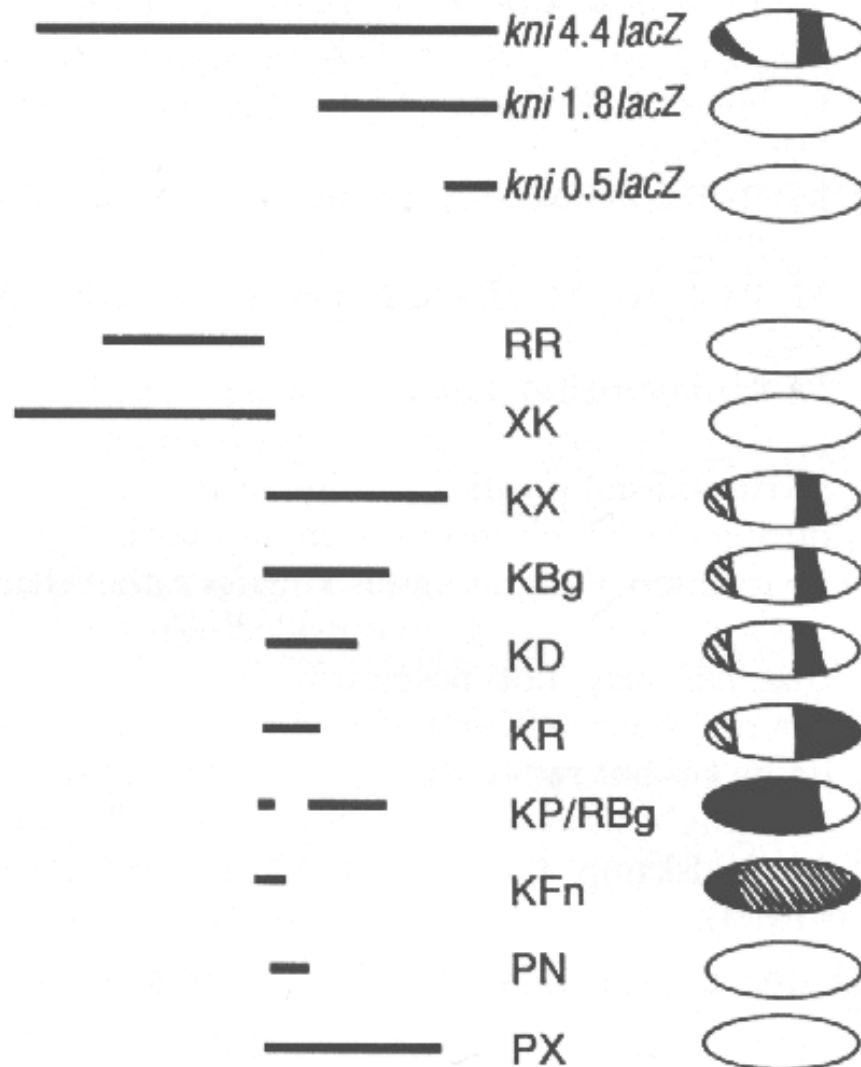
knirps





Tutkitaanpa yksityiskohtaisesti yhden gap-geenin säätelyä

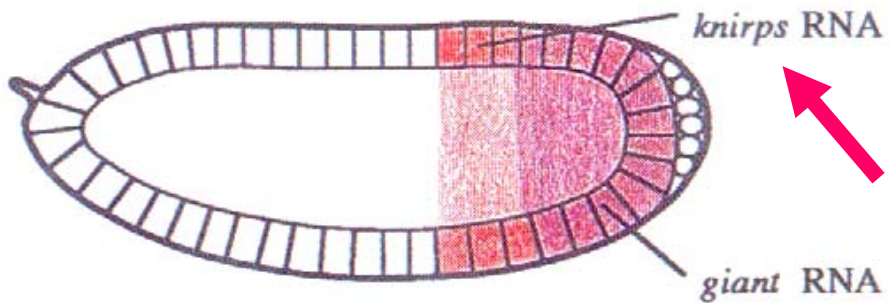
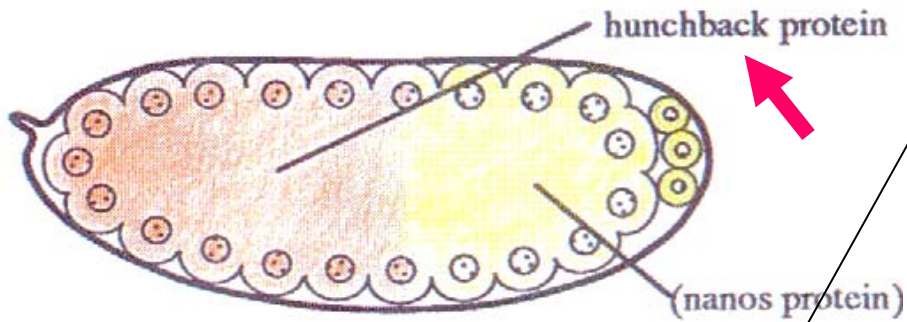
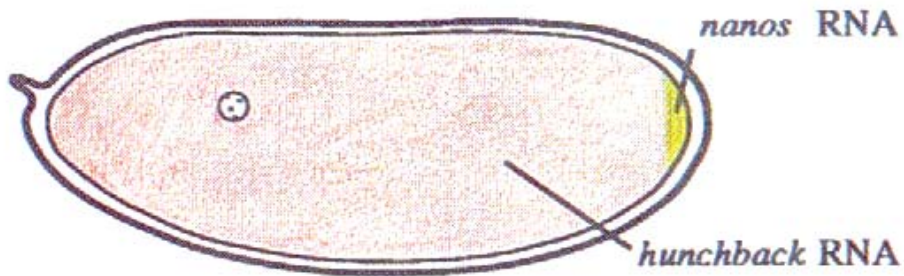
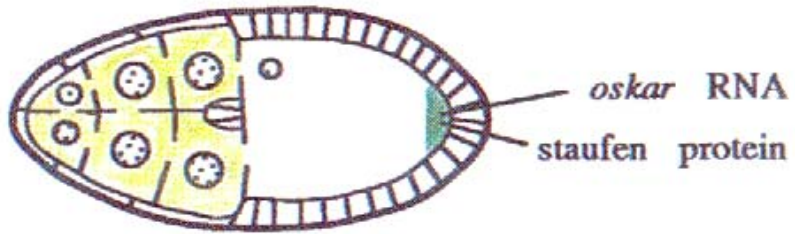
knirps



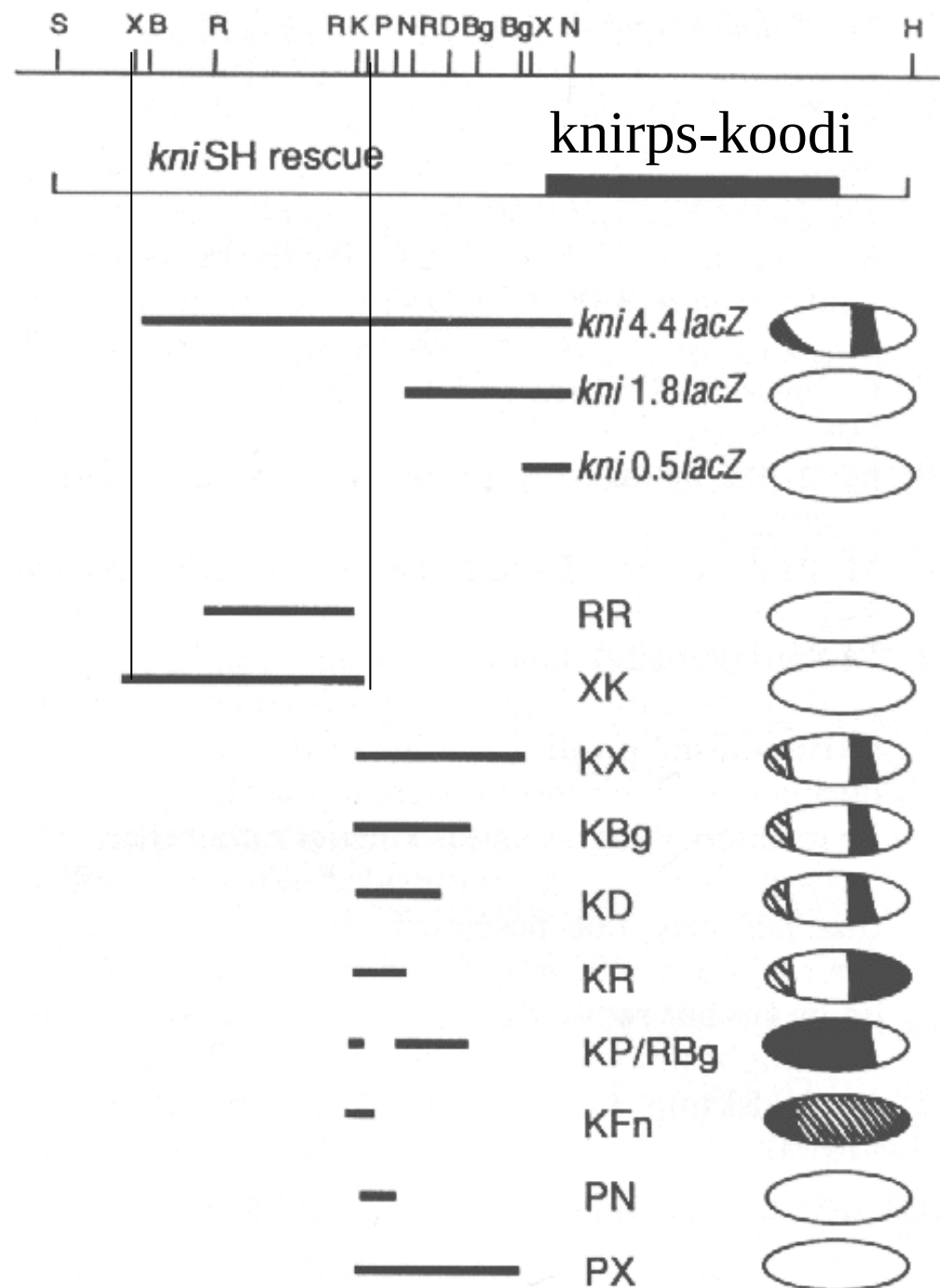
Pankratz *et al.* (1992) Spatial control of the Gap gene *knirps* in the *Drosophila* embryo by posterior morphogen system. -Science 255: 986-989

[reportterikonstruktiot](#)

POSTERIOR



knirps



Geenin restriktiokartta

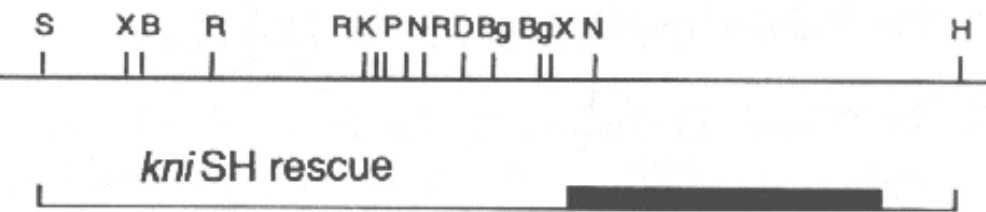
DNA-pätkä, joka voi parantaa *knirps*-vaivan

lacZ reporttereita, joissa erimittaiset *knirps*-säätelyalueet ja *knirps*-promoottori

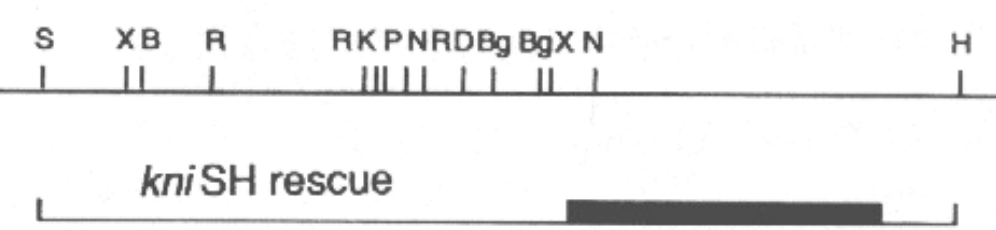
Kokeiluja säätelyalueen eri kohdilla, promoottorina *heat shock* promoottori

Kirjaimet ovat ylimmän restriktiokartan mukaan

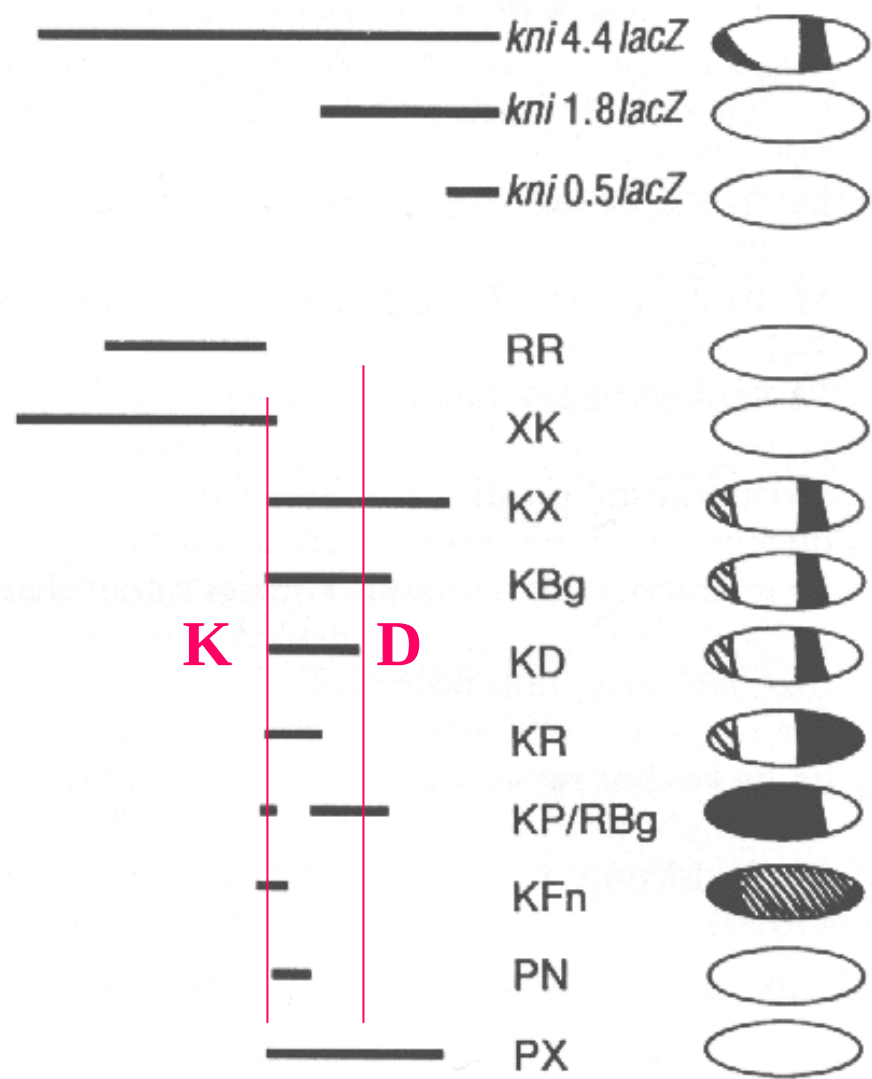
knirps



	<i>kni 4.4 lacZ</i>		toimii siellä missä <i>knirps</i>
	<i>kni 1.8 lacZ</i>		ei
	<i>kni 0.5 lacZ</i>		ei
	RR		ei
	XK		ei
	KX		OK
	KBg		OK
	KD		OK
	KR		toimii liian takana
	KP/RBg		liian edessä
	KF _n		aivan epämääräistä
	PN		ei
	PX		ei



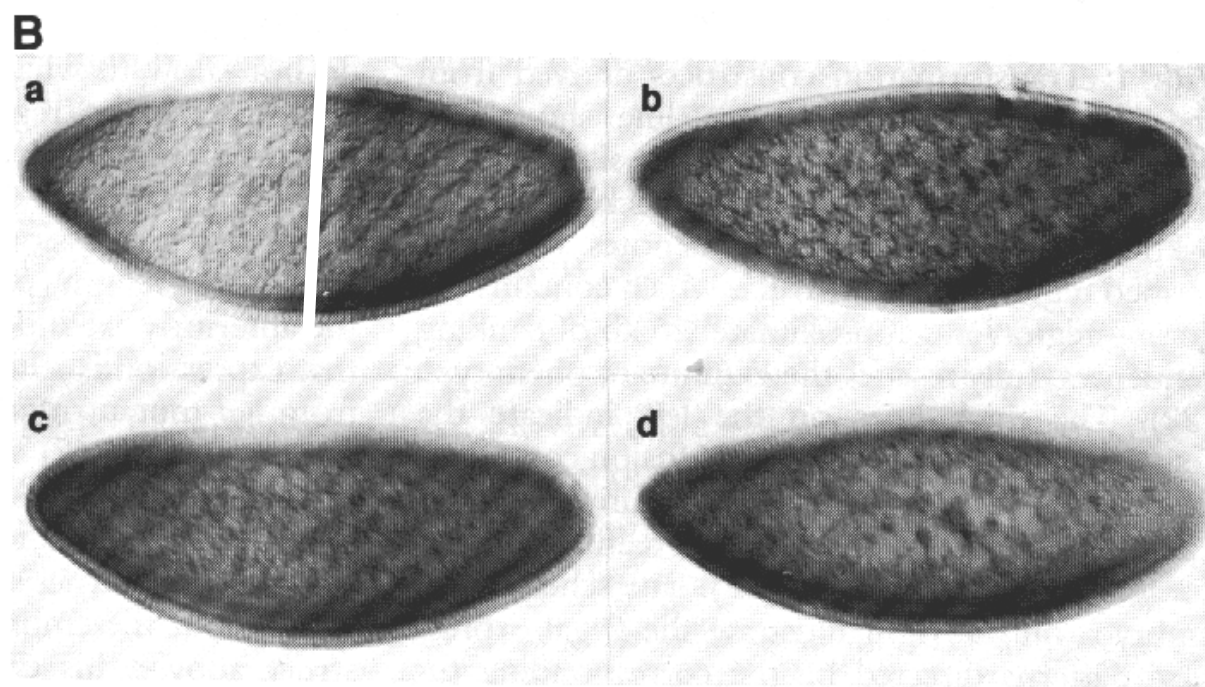
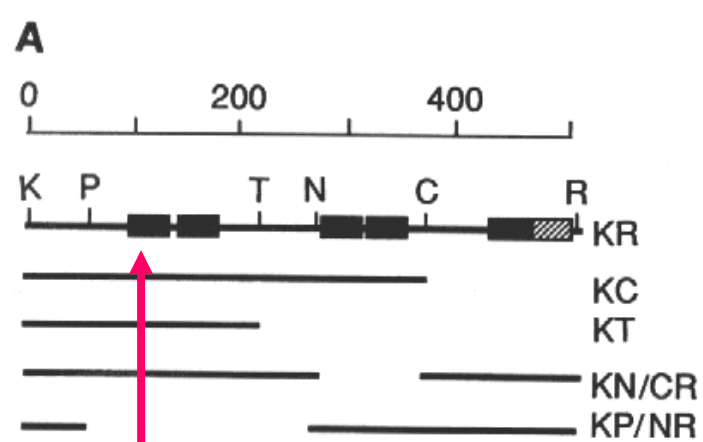
knirps



Tästä nähdään selvästi, että ...

KD-pätkä näyttää sisältävän oikeat ohjeet *knirps*-geenin aktivoinnilla/ repressoinnille

KD-pätkä siis ymmärtää, mitä *nanos* ja *hunchback* ja muut yrittävät sanoa



hunchback-proteiinin sitovia aiheita:

AATAAAAA

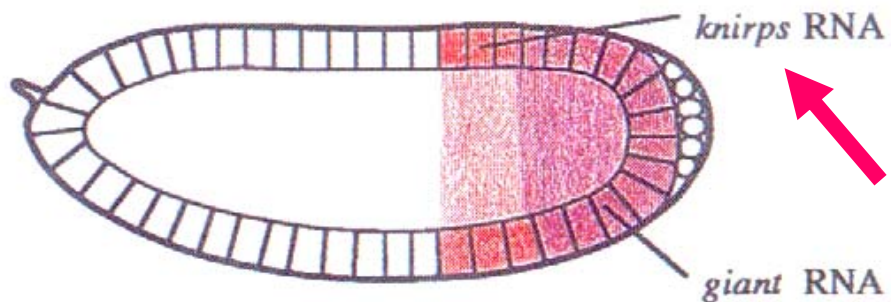
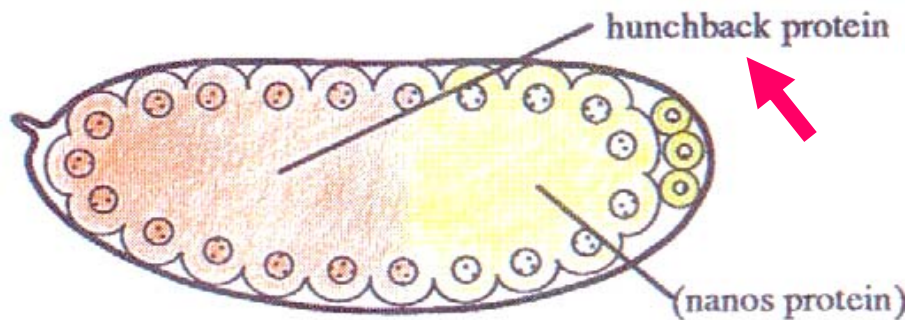
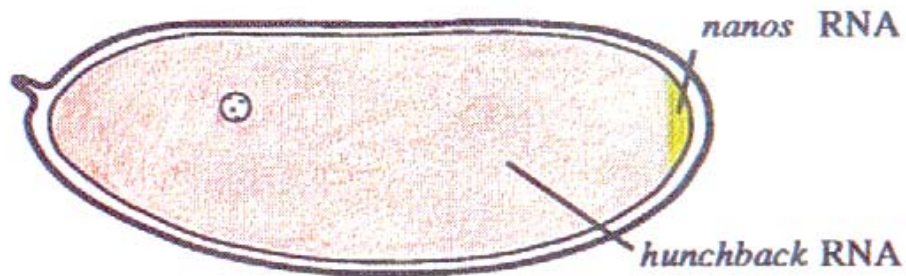
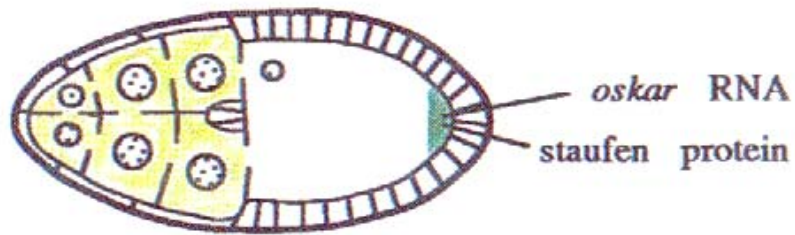
CAAAAAAC

ATAAAAAA

GTAAAAAA

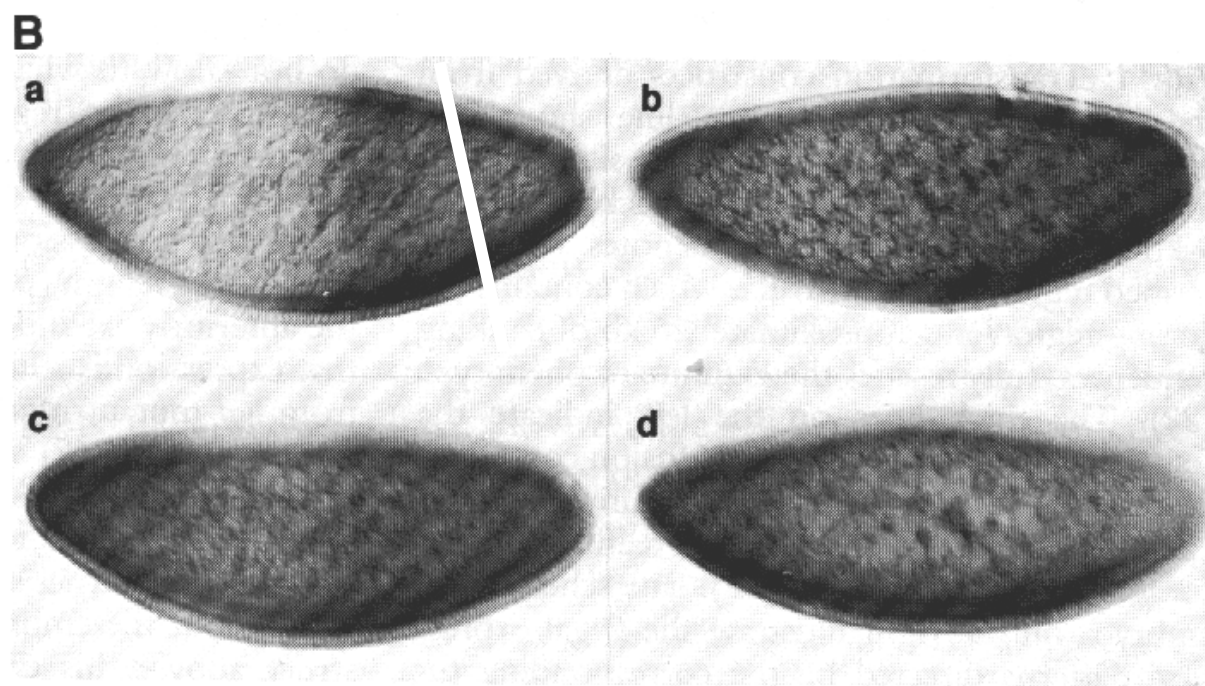
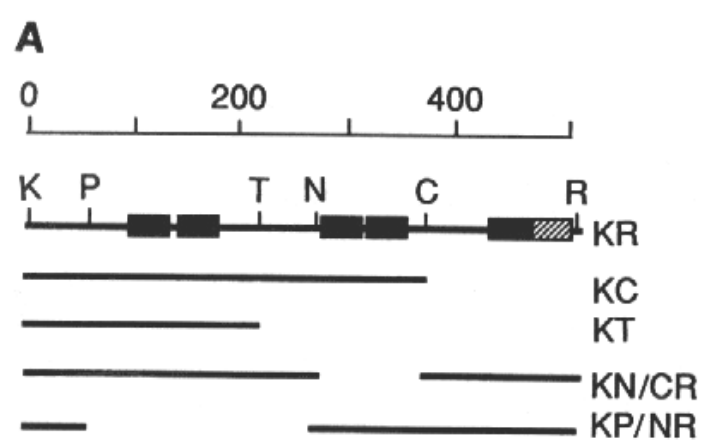
GGAAAAAA

POSTERIOR



knirps

hunchback-proteiini **estää**
knirpsin etureunasta ja
muodostaa siis rajan



knirpsin säätelyalueella on myös

tailless-proteiinin sitovia aiheita:

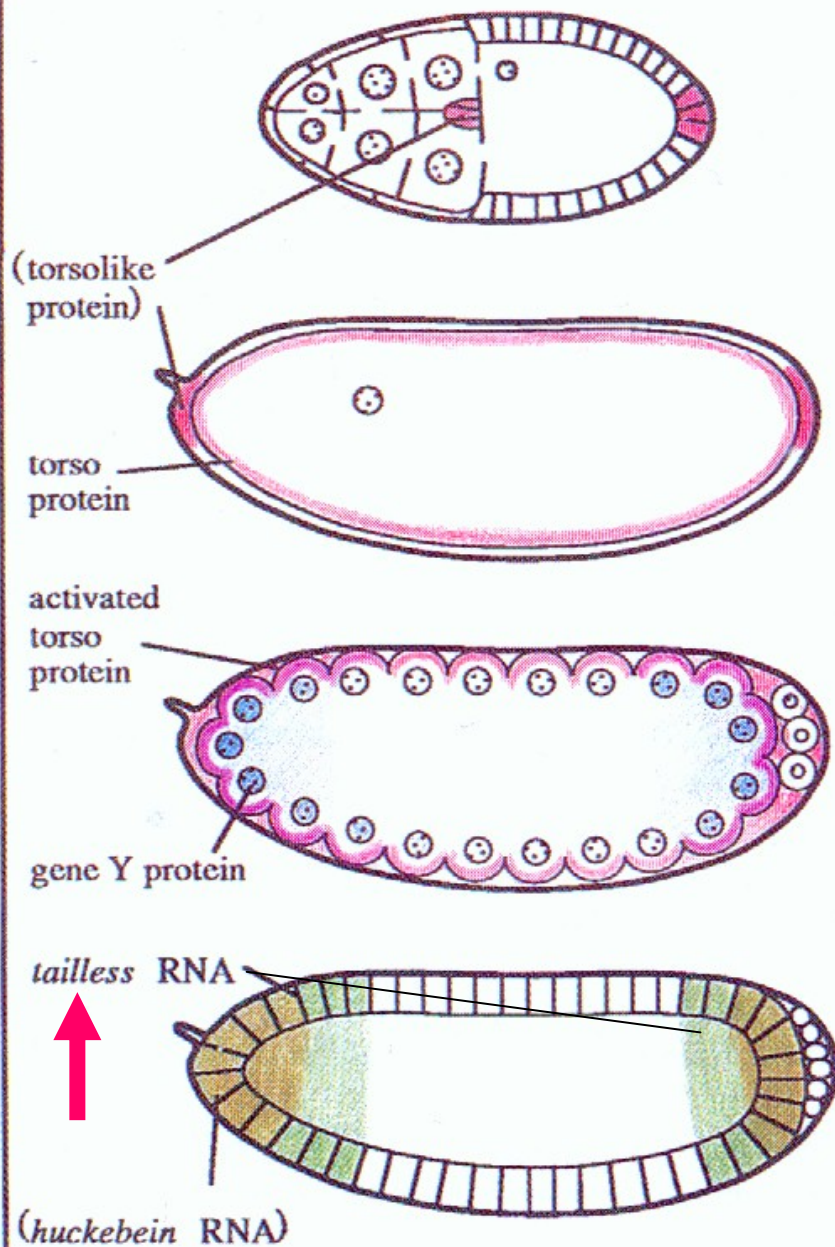
GAAAGTCAA

GGAAGTCAA

AAAAGTCAA

TERMINAL

knirps



tailless-proteiini estää *knirpsin* “takana” ja muodostaa vyöhykkeen takarajan

Näin se *knirps*-geeni voi ekspressoitua

- vain siellä missä on jo (edestä luettuna) hyvin vähän hunchback-proteiinia
- eikä vielä paljon tailles-proteiinia

Ja näin *knirps* määrittelee oman vyöhykkeensä kehittyvään embryoon

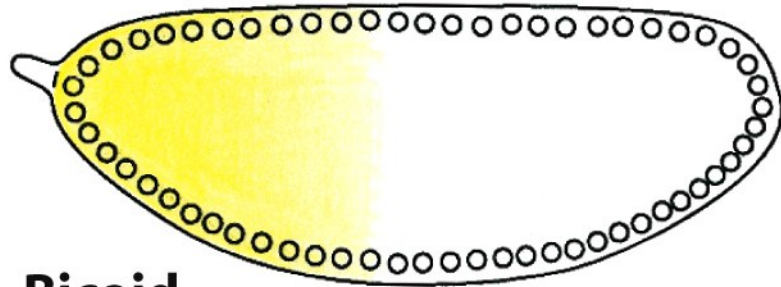
Jos *knirps* on itse rikki, tämä vyöhyke puuttuu kokonaan

[Knirps -artikkeli](#)

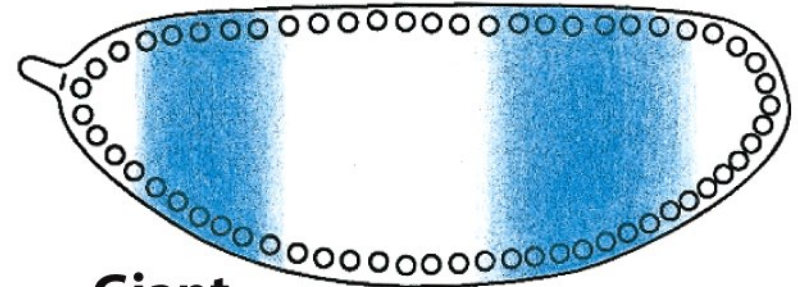
anterior

posterior

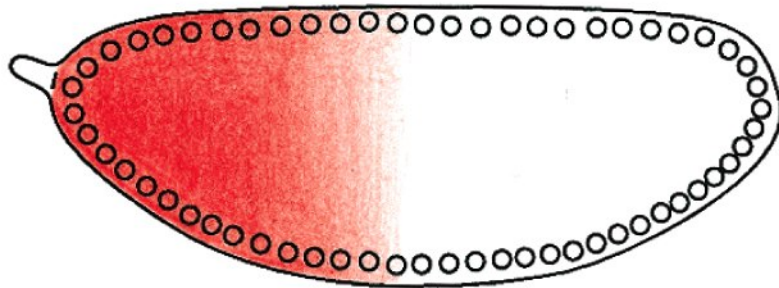
CELL 448



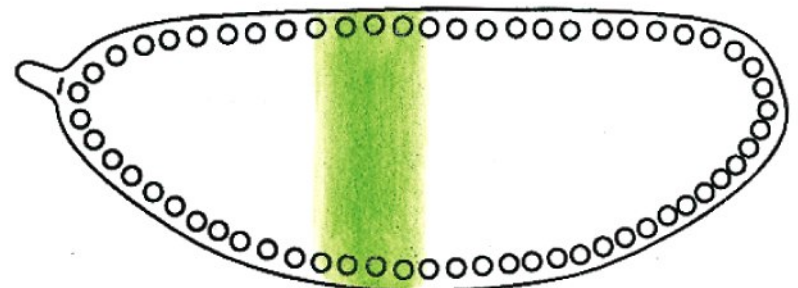
Bicoid



Giant



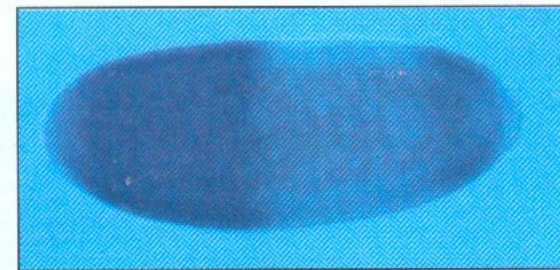
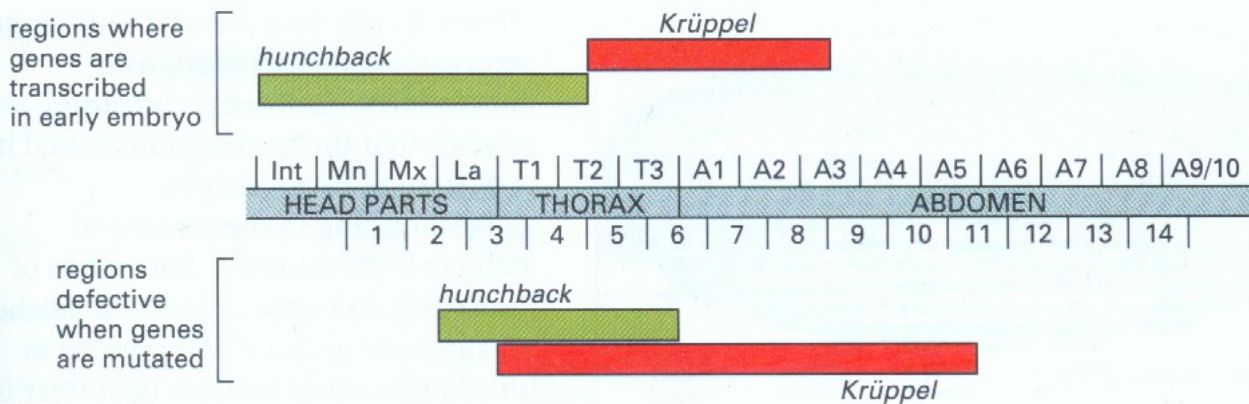
Hunchback



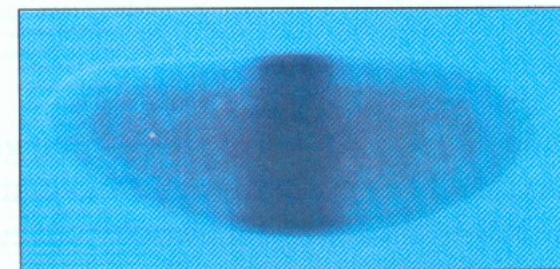
Krüppel

Figure 7-53 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Neljän muun geeninsäätelyproteiinin sijainti varhaisessa embryossa. Solulima on vielä yhteinen ja säätelyproteiinit ovat jo tumissa. Tumat tulevat *muistamaan* kaiken tästä hetkestä.

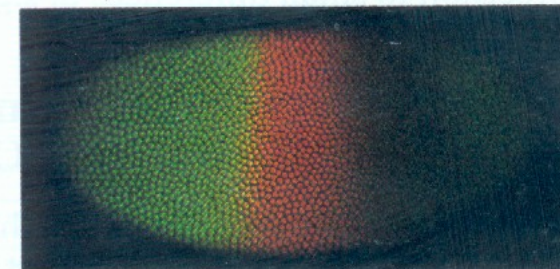


hunchback



(B)

Krüppel



(C)

Figure 21-61 The spatial domains of the gap genes *hunchback* and *Krüppel*. Both genes code for gene regulatory proteins of the zinc-finger class. (A) Diagram of the main, anterior domains of *hunchback* and *Krüppel* showing how the defect caused by an absence of functional *hunchback* or *Krüppel* product extends outside the region where the gene transcripts are normally found. (B) The normal distribution of *hunchback* and *Krüppel* transcripts as seen by *in situ* hybridization at the blastoderm stage. (C) The normal distribution of *Krüppel* protein (red) and Hunchback protein (green) as demonstrated with fluorescent antibodies. A region of overlap, where both proteins are present, appears yellow; more sensitive staining would reveal more extensive overlap. The proteins spread outside their respective gene transcription domains and are thought to act as local morphogens helping to regulate expression of other genes (including gap genes and pair-rule genes). (A, adapted from M. Hülskamp and D. Tautz, *BioEssays* 13:261–268. 1991; B. courtesy of Diethard Tautz; C. courtesy of

mRNA eli ekspressio ei ole ihan samassa paikassa kuin vikojen ilmeneminen: proteiini siirtyy ja lokalisoituu

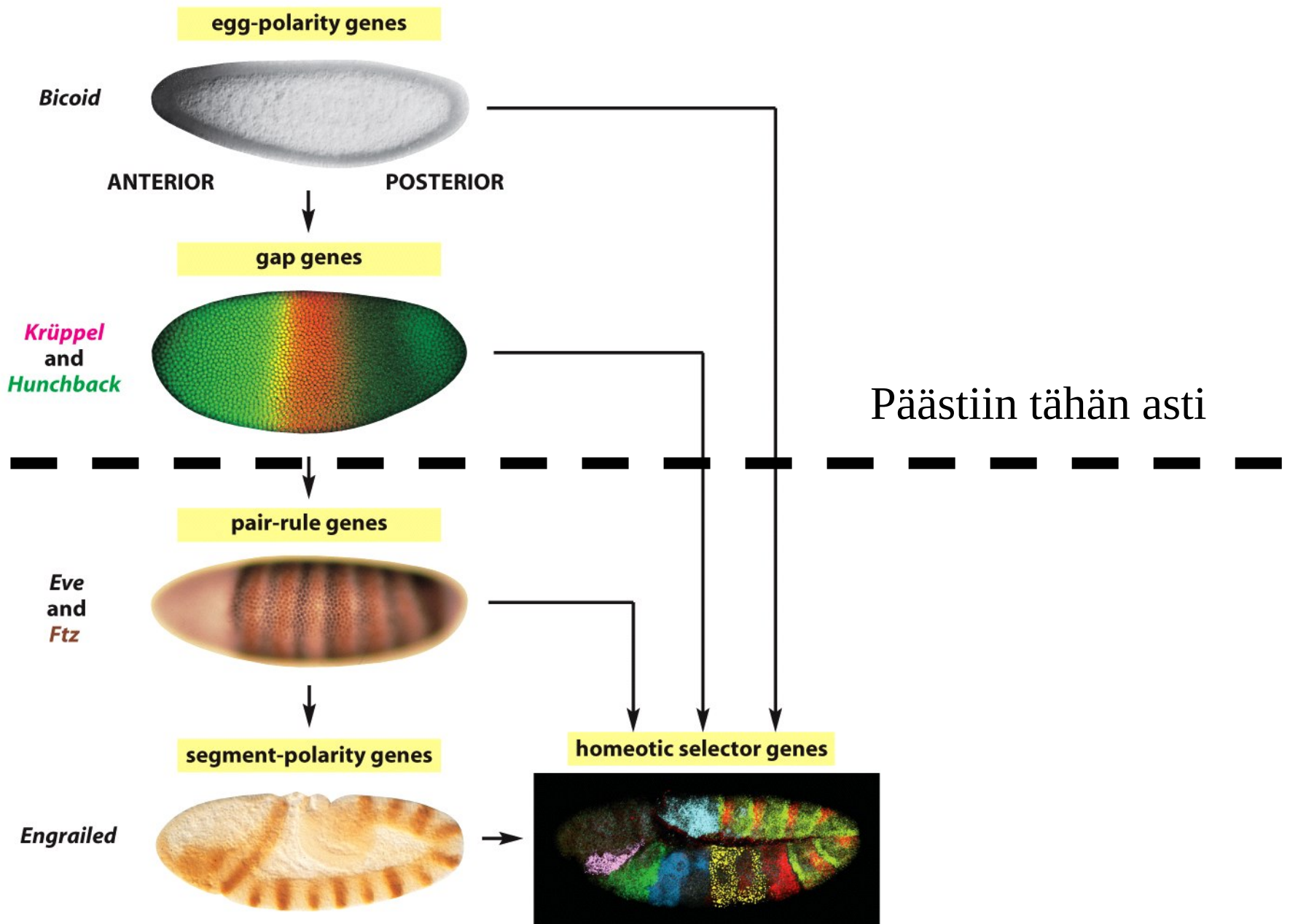


Figure 22-38 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

