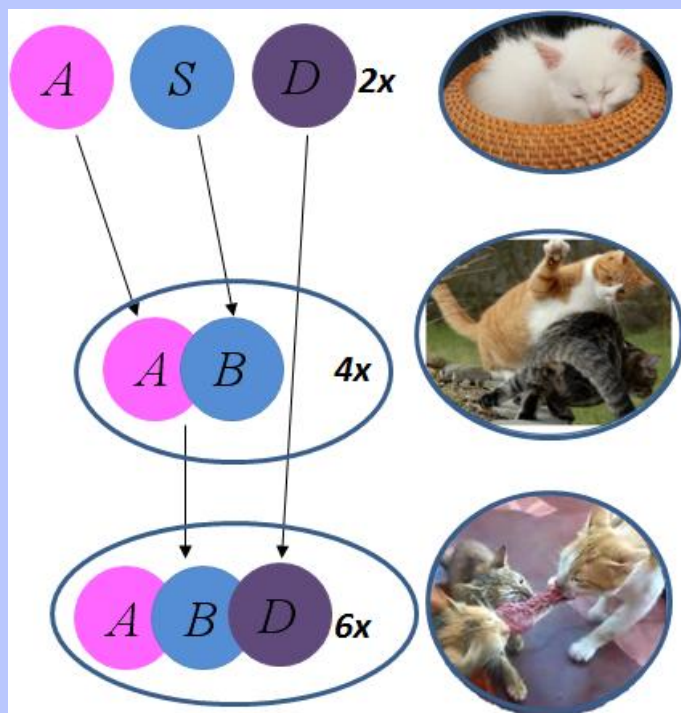


25 апреля 2012 г., Новосибирск

«ЛЕГКО ЛИ БЫТЬ АЛЛОПОЛИПЛОИДОМ?»



публичная лекция

Хлесткиной Е.К.

ИЦИГ СО РАН



Институт цитологии и генетики Сибирского отделения РАН, Новосибирск

билет 10

2. Геномные изменения: полиплоидия, анеуплоидия. Роль полиплоидии в эволюции и селекции. Автополиплоиды, особенности мейоза и характер наследования.

билет 11

2. Геномные изменения: полиплоидия, анеуплоидия. Аллополиплоиды. Амфидиплоидия как механизм возникновения плодовых аллополиплоидов.

билет 12

2. Геномные изменения: полиплоидия, анеуплоидия. Анеуплоидия: нуллисомики, моносомы, полисомы, их использование в генетическом анализе. Особенности мейоза и образования гамет у анеуплоидов, их жизнеспособность и плодовитость.

билет 34

2. Роль частной генетики отдельных видов организмов в селекции. Использование индуцированных мутаций и комбинативной изменчивости в селекции растений, животных и микроорганизмов. Роль полиплоидии в повышении продуктивности растений.

С растениями нельзя дружить,



растения не умеют ходить,



у растений большой и сложный геном,



и вообще котлеты из мяса вкуснее...



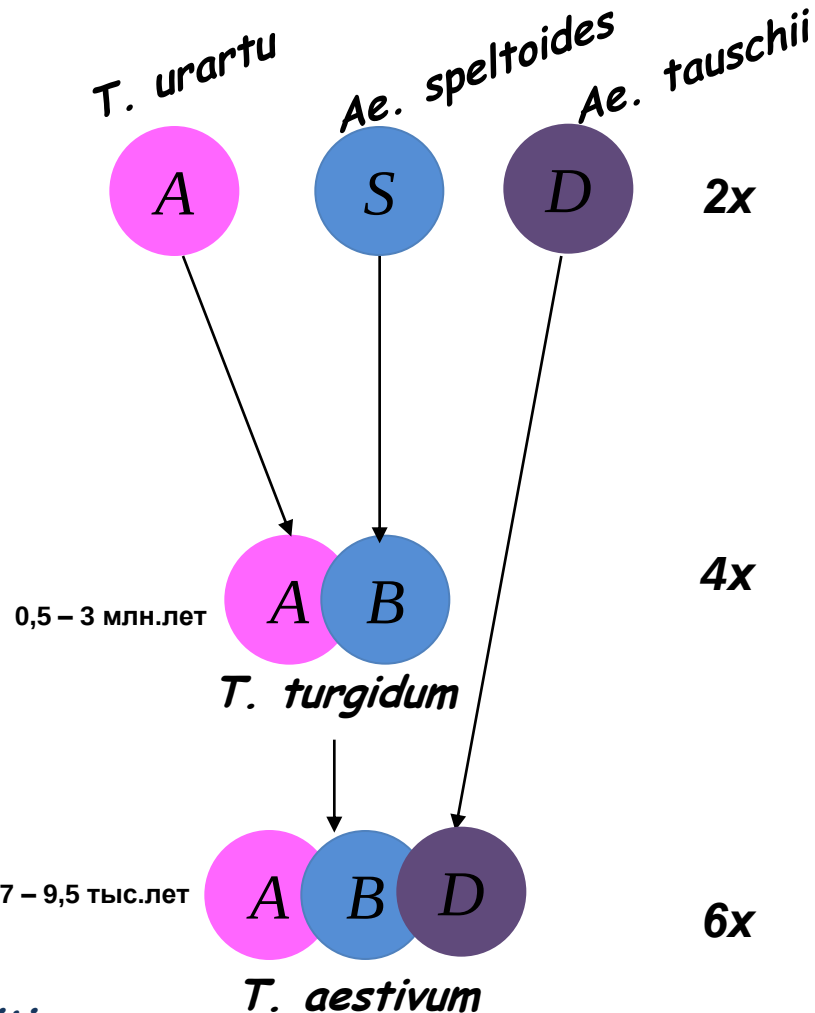
Геном дрозофилы



Геном пшеницы



Как в одном ядре «уживаются» несколько геномов от разных видов/родов?

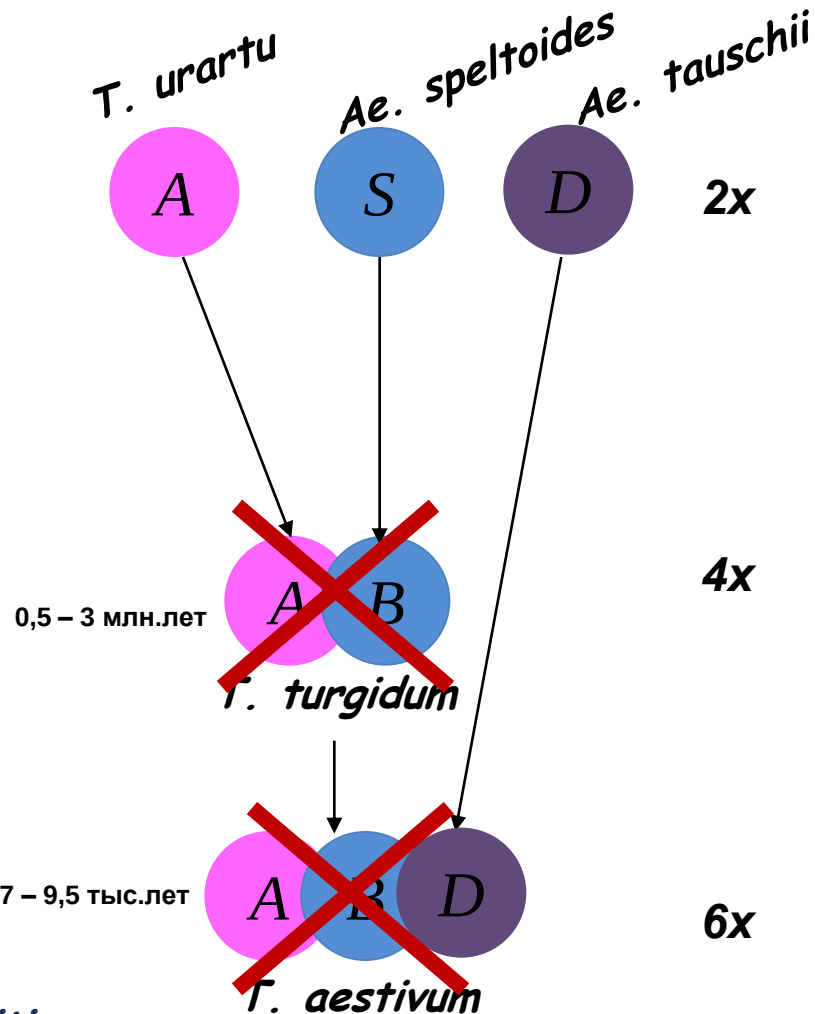


пшеница мягкая *Triticum aestivum* L., $2n = 6x = 42$

Как в одном ядре «уживаются» несколько геномов от разных видов/родов?



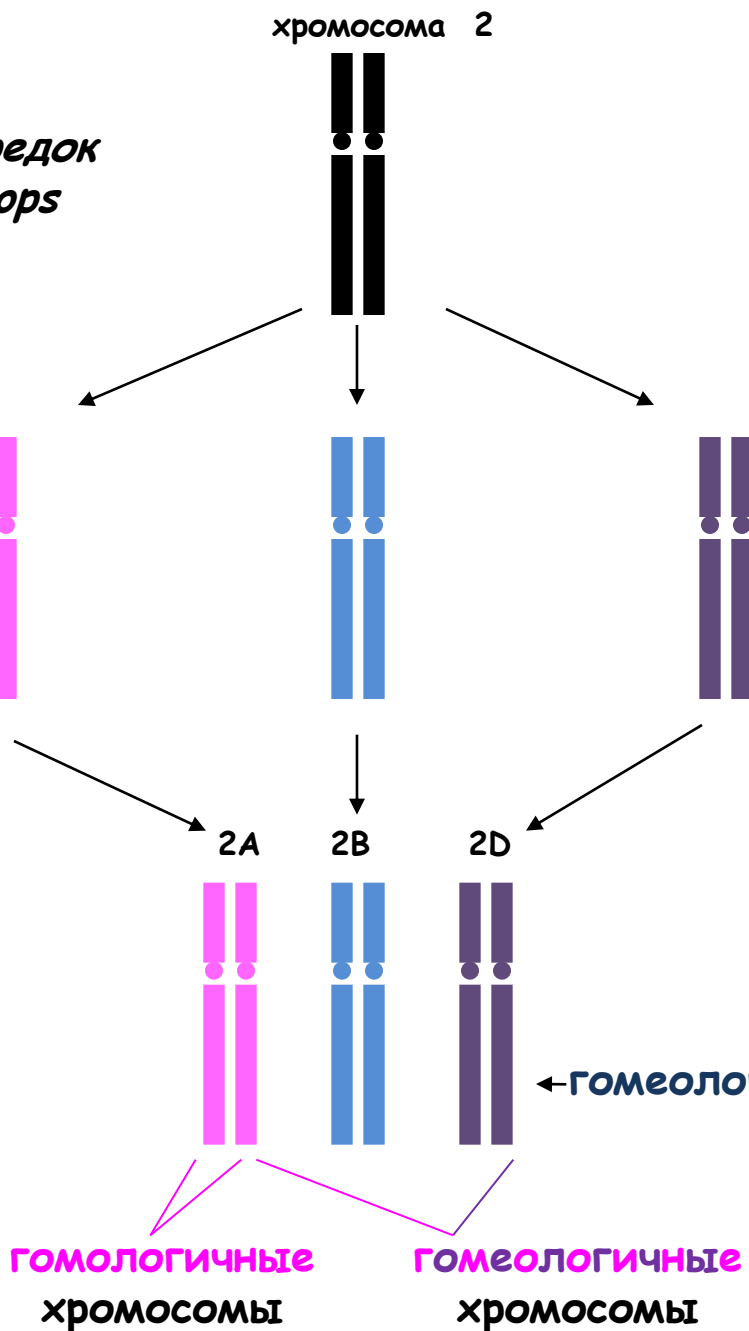
пшеница мягкая *Triticum aestivum* L., $2n = 6x = 42$



*Общий диплоидный предок
родов *Triticum* и *Aegilops**

*Диплоидные доноры
геномов A, B и D
мягкой пшеницы*

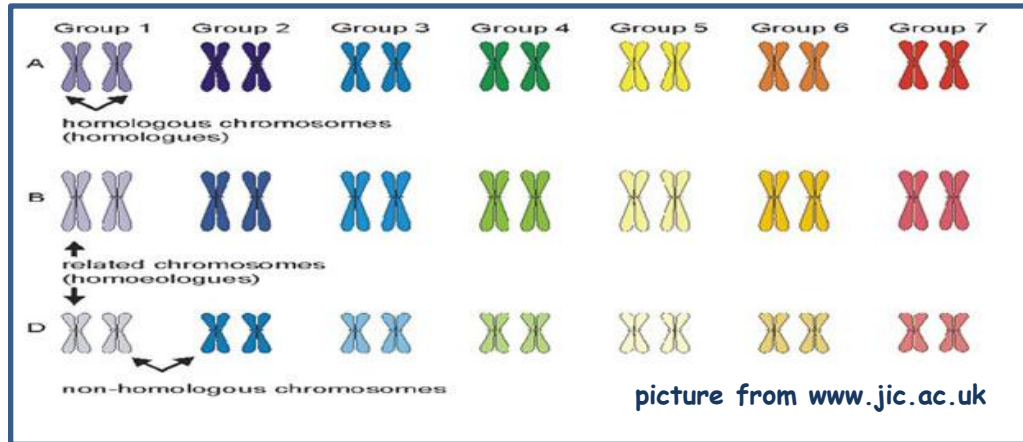
Мягкая пшеница



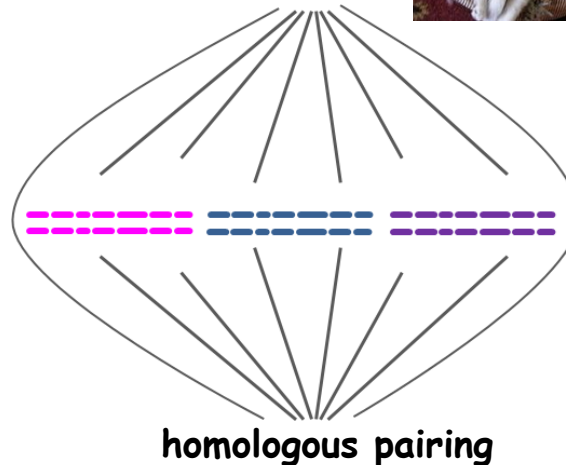
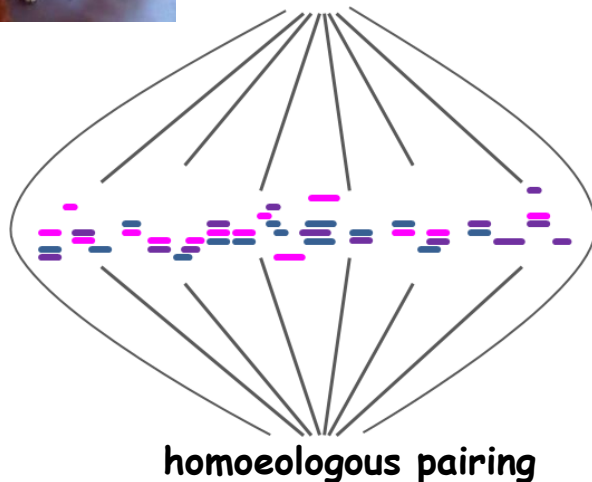
← гомеологическая группа хромосом



7 гомеологических групп мягкой пшеницы. Ген *Ph1*.

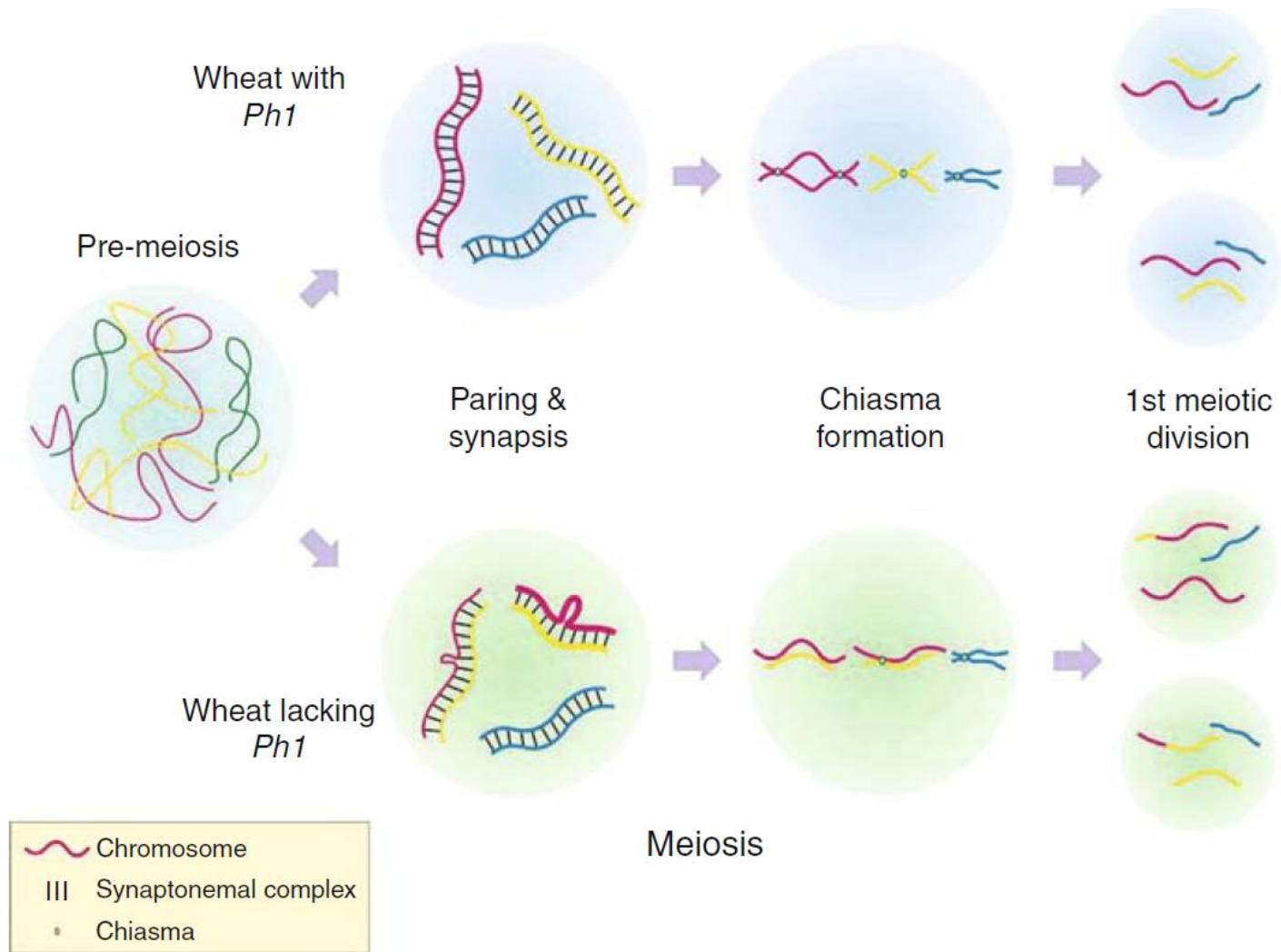


basic haploid genomes



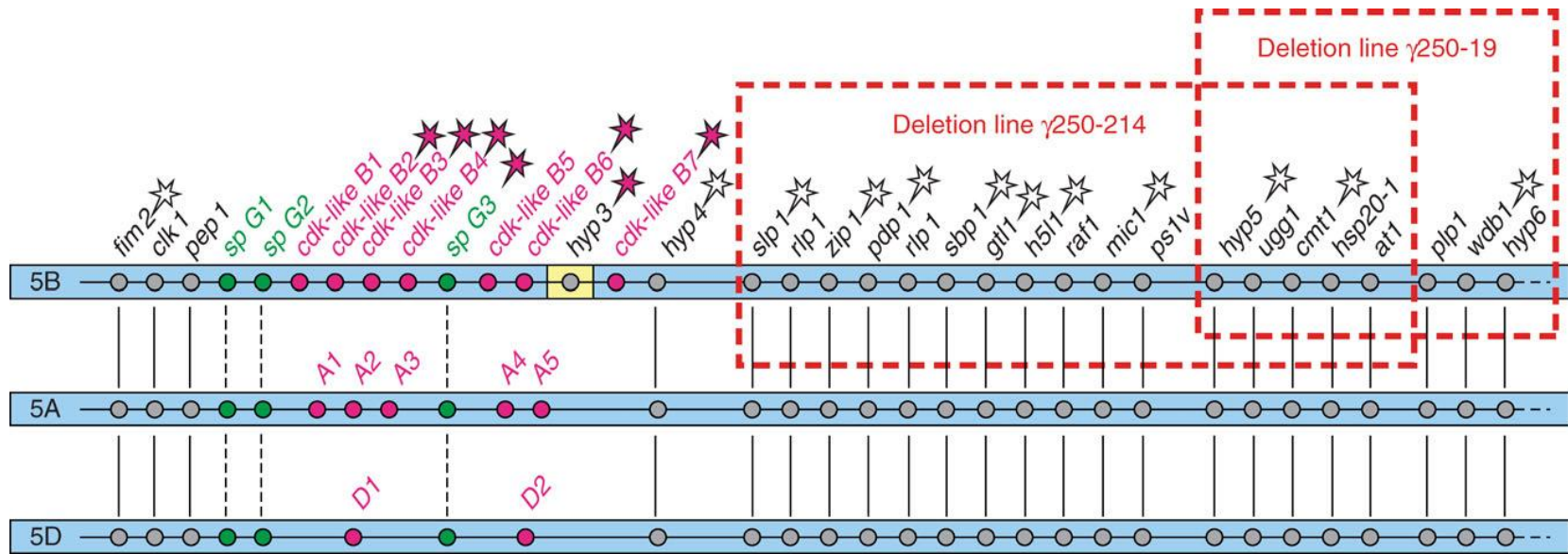
Благодаря гену *Ph1* (pairing homoeologous 1) в процессе деления клетки происходит спаривание **ГОМОЛОГИЧНЫХ**, но не **ГОМЕОЛОГИЧНЫХ** хромосом

Ген *Ph1*



Chapter 8 Early Stages of Meiosis in Wheat- and the Role of *Ph1*

Локус *Ph1*



Vol 439/9 February 2006/doi:10.1038/nature04434

nature

LETTERS

Molecular characterization of *Ph1* as a major chromosome pairing locus in polyploid wheat

Simon Griffiths¹, Rebecca Sharp¹, Tracie N. Foote¹, Isabelle Bertin¹, Michael Wanous², Steve Reader¹, Isabelle Colas¹ & Graham Moore¹

The foundation of western civilization owes much to the high fertility of bread wheat, which results from the stability of its polyploid genome. Despite possessing multiple sets of related chromosomes, hexaploid (bread) and tetraploid (pasta) wheat both behave as diploids at meiosis. Correct pairing of homologous chromosomes is essential for the formation of bivalents and the subsequent segregation of chromosomes.

size, with the equivalent region in rice being approximately 4 Mb of chromosome 9 (ref. 14). Previously, fast-neutron irradiation of hexaploid wheat produced five deletions overlapping the *ph1b* deletion¹⁵. Using markers derived from the sequence of rice chromosome 9, we show that the breakpoints for these five wheat *Ph1* deletions cluster within a 500 kb region of the wheat genome.

Annals of Botany 101: 863–872, 2008

doi:10.1093/aob/mcn252, available online at www.aob.oxfordjournals.org



OXFORD JOURNALS
OXFORD UNIVERSITY PRESS

Detailed Dissection of the Chromosomal Region Containing the *Ph1* Locus in Wheat *Triticum aestivum*: With Deletion Mutants and Expression Profiling

NADIA AL-KAFF, EMILIE KNIGHT, ISABELLE BERTIN, TRACIE FOOTE, NICOLA HART, SIMON GRIFFITHS and GRAHAM MOORE*

John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney Lane, Norwich, Norfolk NR4 7UH, UK

Received: 11 May 2007 Returned for revision: 3 August 2007 Accepted: 20 August 2007 Published electronically: 20 October 2007

• **Background and Aims** Understanding *Ph1*, a dominant homoeologous chromosome pairing suppressor locus on the long arm of chromosome 5B in wheat *Triticum aestivum* L., is the core of the investigation in this article. The *Ph1* locus restricts chromosome pairing and recombination at meiosis to true homologues. The importance of wheat as a crop and the need to exploit its wild relatives as donors for economically important traits in wheat breeding programmes is the main drive to uncover the mechanism of the *Ph1* locus and regulate its activity.

• **Methods** Following the molecular genetic characterization of the *Ph1* locus, five additional deletion mutants covering the region have been identified. In addition, more bacterial artificial chromosomes (BACs) were sequenced and

Ген *Ph1*

у млекопитающих

Cdk2 - циклинзависимая киназа (реорганизация хроматина во время репликации, участие в образовании синапсиса, в рекомбинации)

у пшеницы

Cdk дефектны, их активность

снижена



Ph1+

Спаривание только
гомологичных хромосом

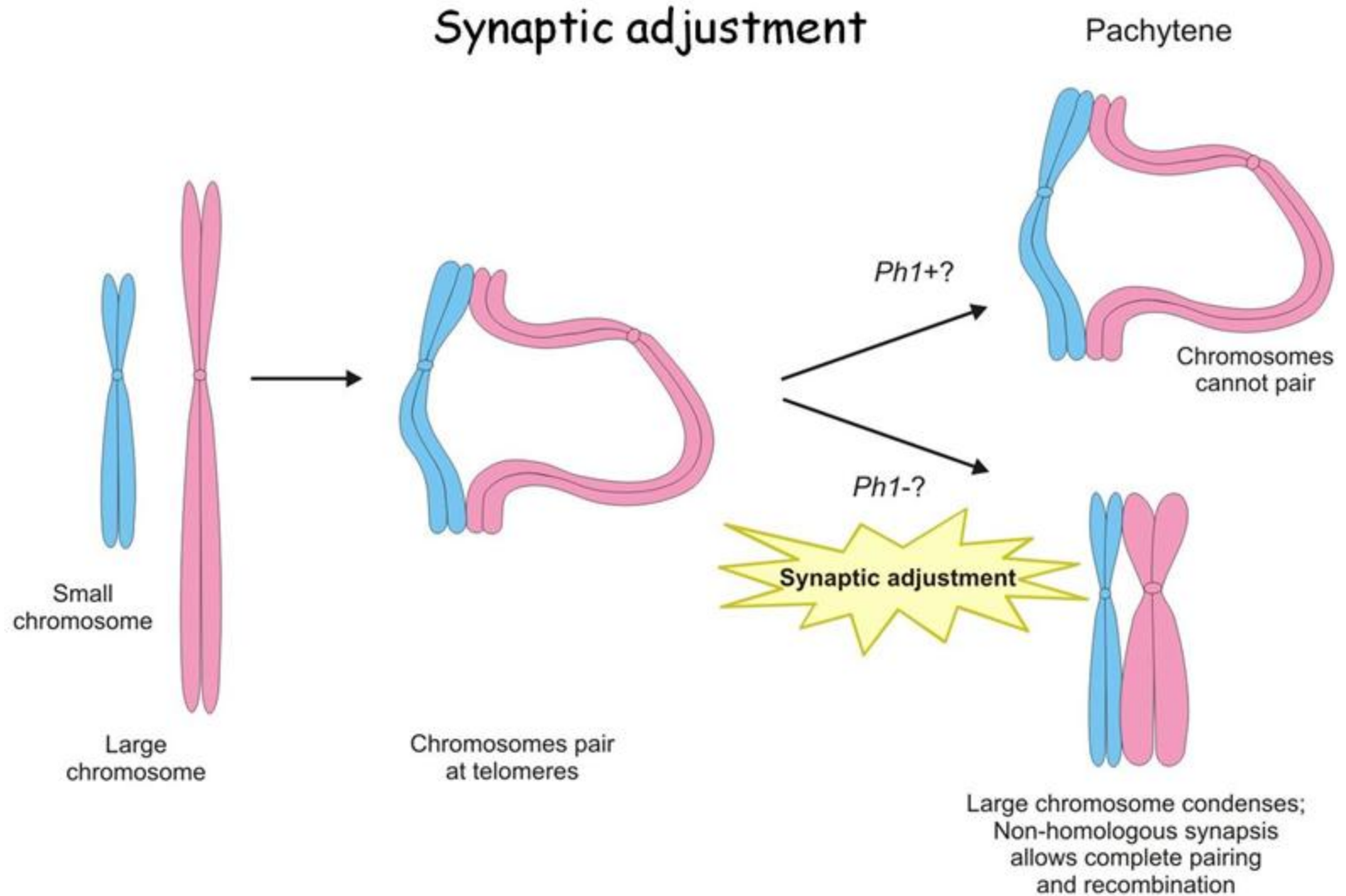
Cdk активны



Ph1-(ph1)

Спаривание и гомологичных,
и гомеологичных хромосом

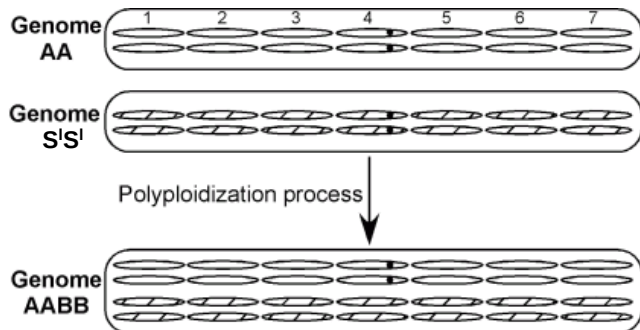
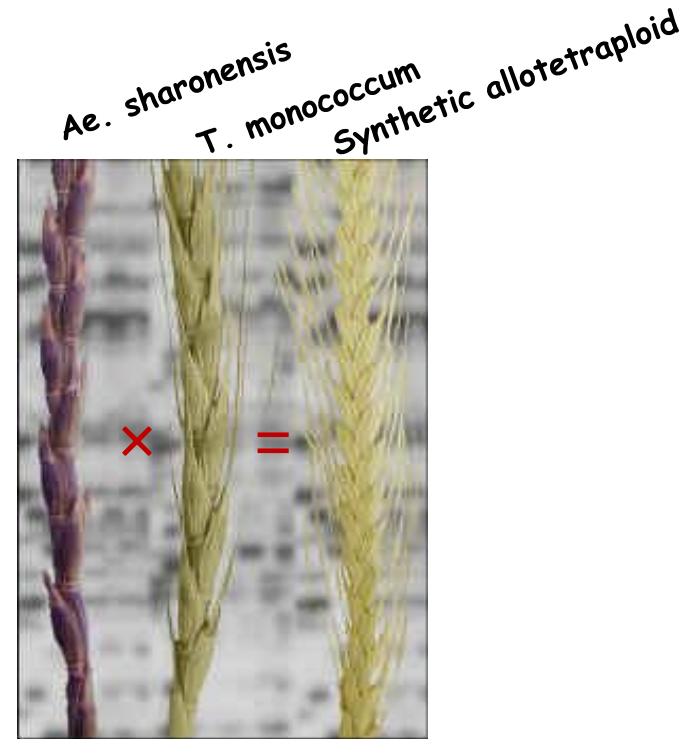
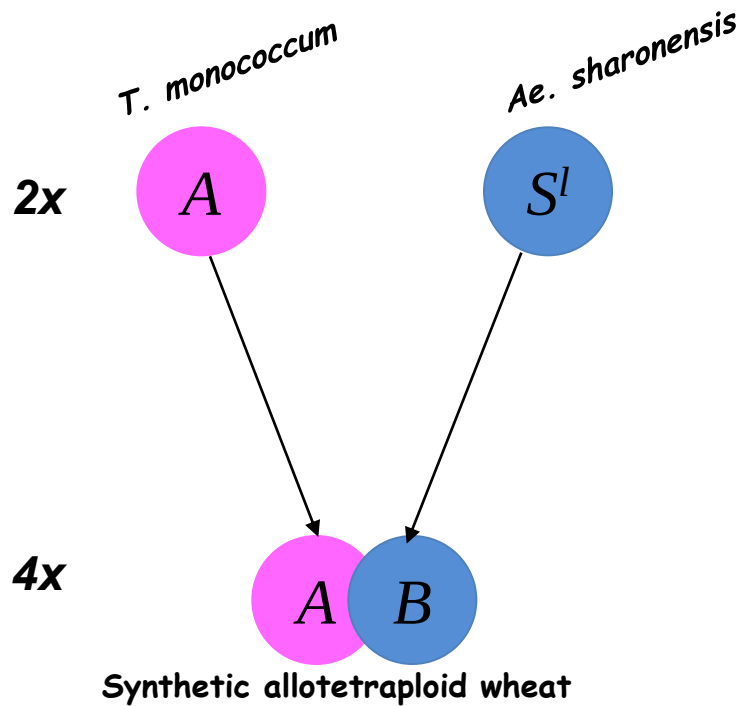
Роль *Ph1* в деконденсации гетерохроматина



http://www.jic.ac.uk/staff/graham-moore/wheat_meiosis.htm

Кроме *Ph1* важны определенные структурные отличия между гомеологичными хромосомами!

Элиминация последовательностей



Copyright © 2002 by the Genetics Society of America

Gene Loss, Silencing and Activation in a Newly Synthesized Wheat Allotetraploid

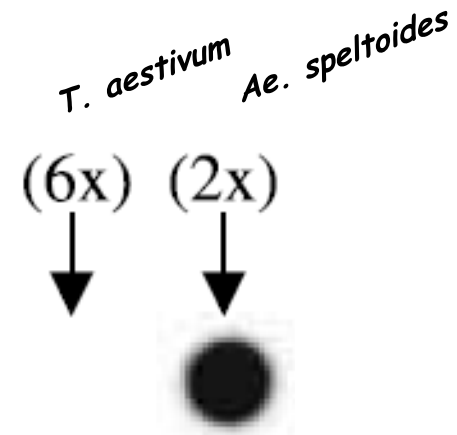
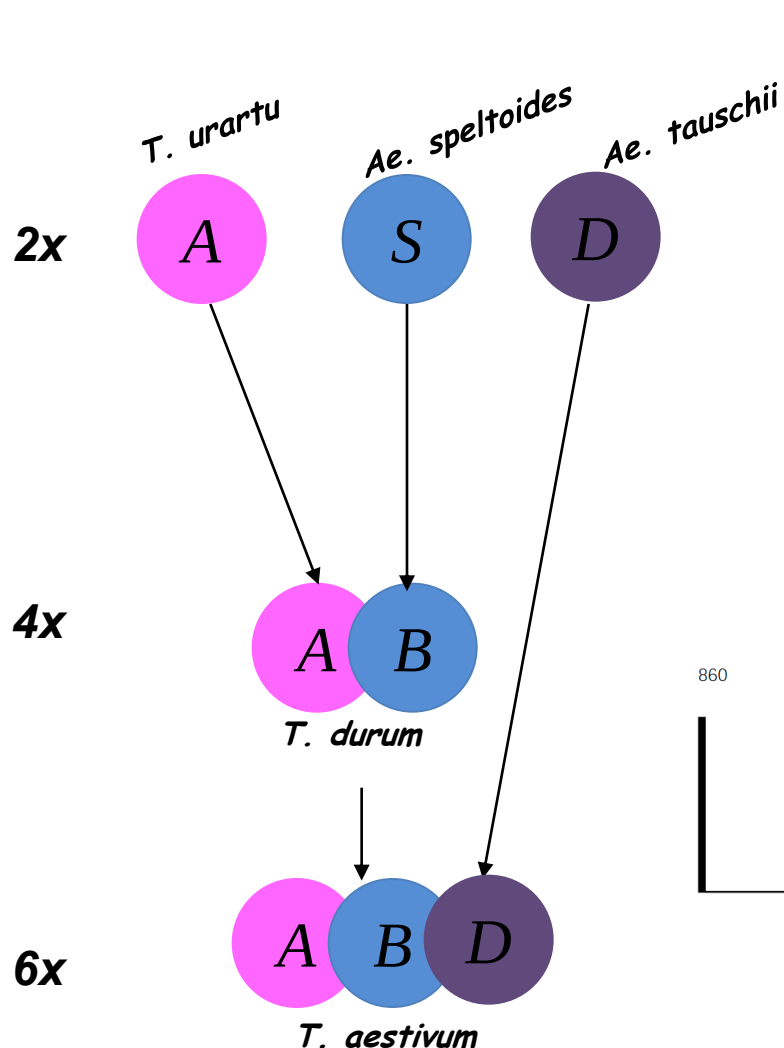
Khalil Kashkush, Moshe Feldman and Avraham A. Levy¹

Department of Plant Sciences, The Weizmann Institute of Science, Rehovot 76100, Israel

Manuscript received October 25, 2001

Accepted for publication January 28, 2002

Элиминация последовательностей



дот-гибридизация геномной ДНК с
повторяющейся последовательностью
ДНК 'Spelt1'

860

Alterations in subtelomeric tandem repeats during early stages of allopolyploidy in wheat

E.A. Salina, O.M. Numerova, H. Ozkan, and M. Feldman

Abstract: The genomic content of the subtelomeric repeated sequences Spelt1 and Spelt52 was studied by dot, Southern, and in situ hybridization in 11 newly synthesized amphiploids of *Aegilops* and *Triticum*, and data were compared with the parental plants. Spelt1 had reduced copy numbers in the first generation of three synthetic amphiploids, but two others did not change; Spelt52 was amplified in nine amphiploids and did not change in two. In the second allopolyploid generation, Spelt1 copy number did not change, whereas there was amplification of Spelt52 in some allopolyploids and decreases in others. Neither allopolyploidy level nor the direction of the cross affected the patterns of change in the newly synthesized amphiploids. Changes did not result from intergenomic recombination because similar alterations were noticed in allopolyploids with and without *Ph1*, a gene that suppresses homoeologous pairing. No differences in Spelt1 and Spelt52 tandem organization were found by Southern hybridization. The significance of these data are discussed in relation to the establishment of newly formed allopolyploids.

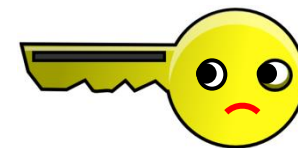
Изменение экспрессии генов после аллополиплоидизации

причины

Необходимость
нормализации
уровня экспрессии

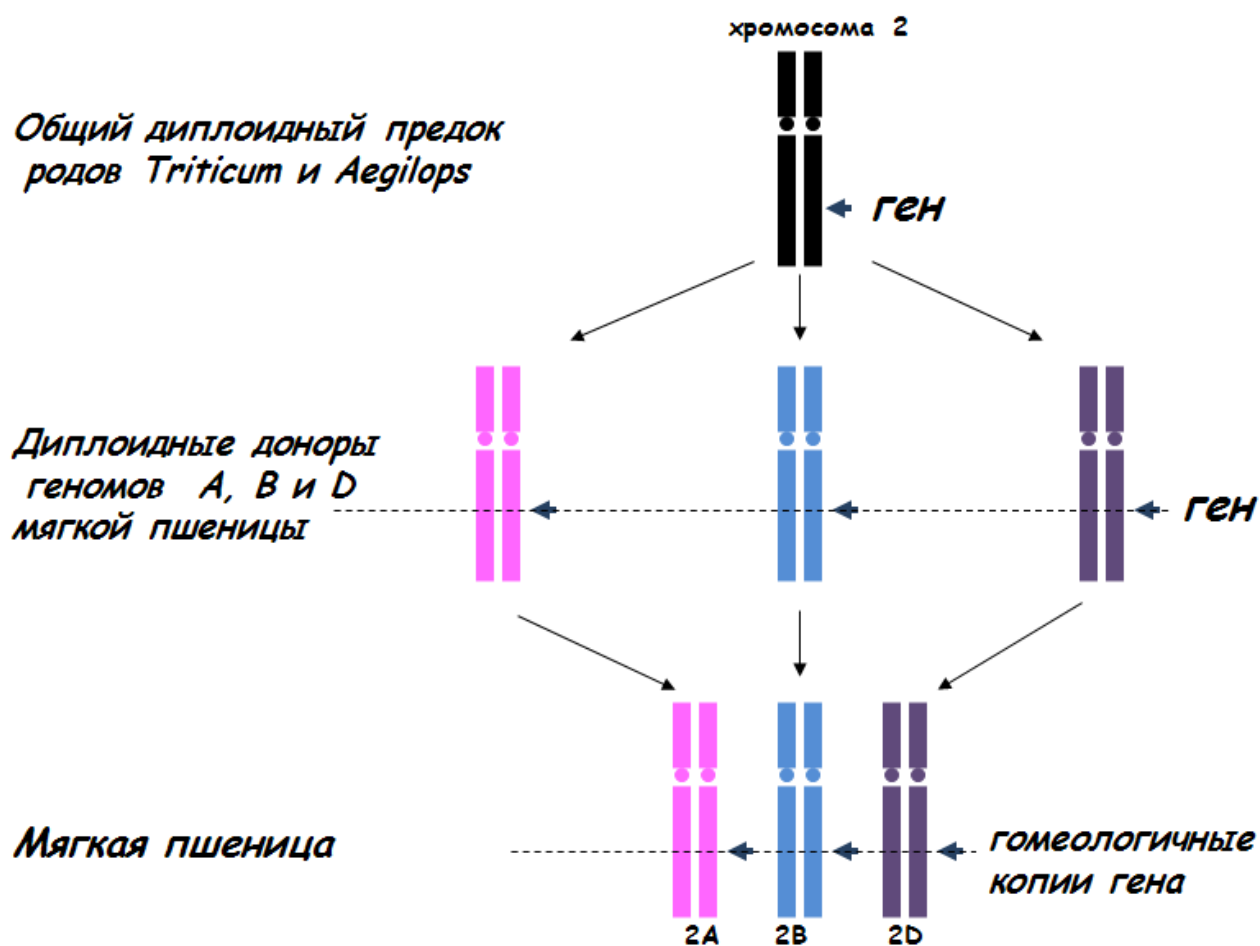


Видоспецифичность
транскрипционных
факторов

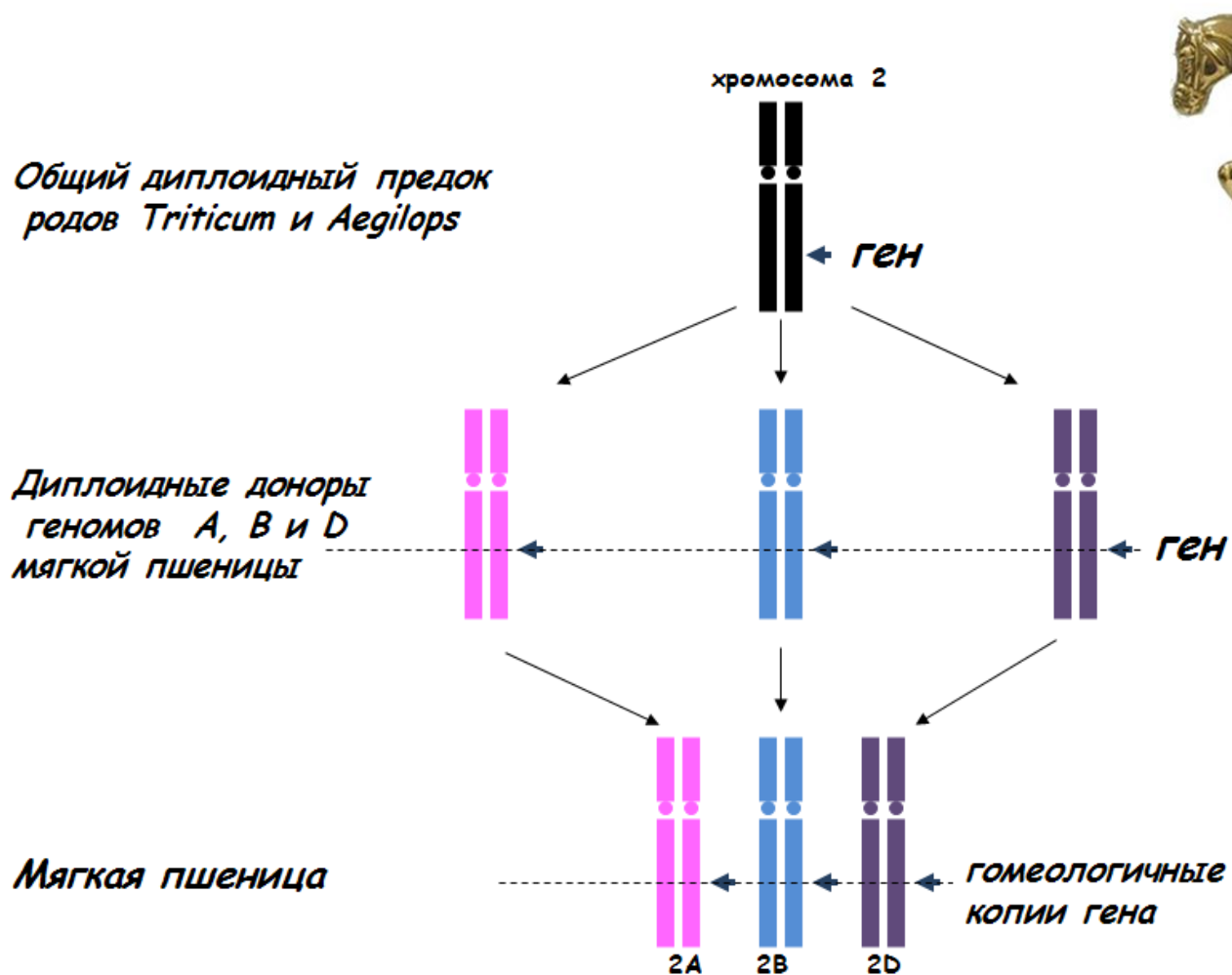


Дисбаланс
энхансеров

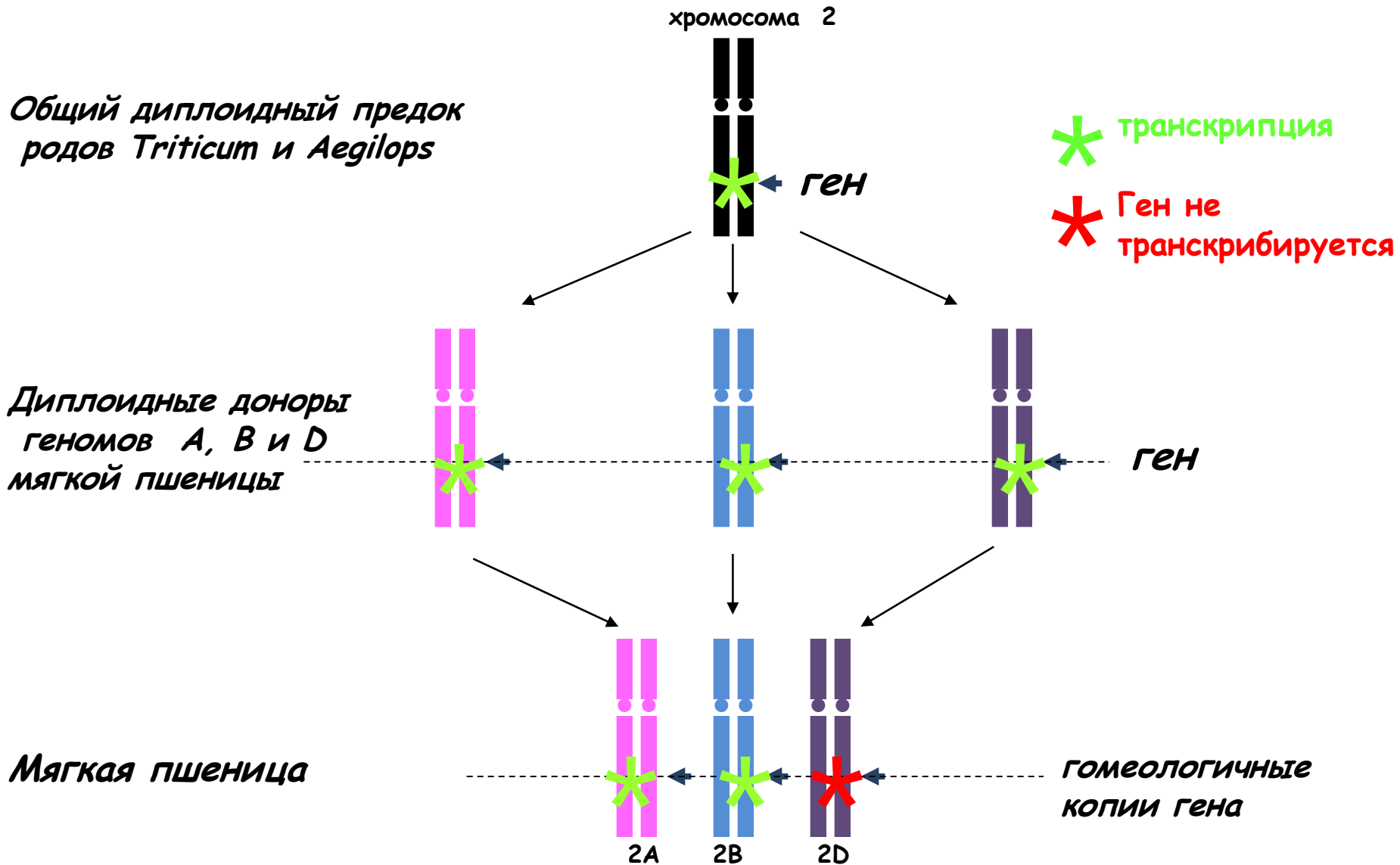
Возрастание дозы гена при полиплоидизации



Возрастание дозы гена при полиплоидизации



Подавление транскрипции отдельных гомеологов



Подавление транскрипции отдельных гомеологов



У вновь созданных
синтетических аллополиплоидов

0.4 %

Аллотетраплоид
Arabidopsis

Comai et al. 2000



У естественных
аллополиплоидов

1-5 %

Аллотетраплоид
Triticum ×
Aegilops

Kashkush et al. 2002



около 30 %

Гексаплоидная
пшеница *Triticum*
aestivum

Bottley et al. 2006



Потеря или снижение уровня функциональности одного из гомеологов

МЕХАНИЗМЫ

изменение уровня транскрипции

изменения в структуре гена

после аллополиплоидизации
изменяются паттерны
метилирования

в аллополиплоидном геноме гены подвергаются меньшему давлению отбора за счет присутствия гомеологичных копий



«Гексаплоид»



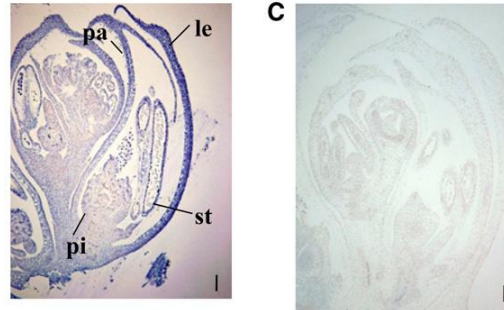
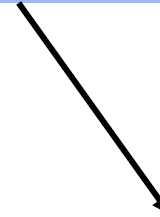
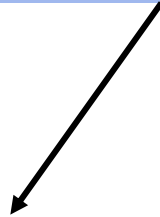
«Диплоид»

Remodeling of DNA Methylation and Phenotypic and Transcriptional Changes in Synthetic Arabidopsis Allotetraploids¹

Andreas Madlung², Ricardo W. Masuelli², Brian Watson, Steve H. Reynolds, Jerry Davison, and Luca Comai*

Department of Botany, Box 355325 University of Washington, Seattle, Washington 98195 (A.M., B.W., S.H.R., J.D., L.C.); and Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional Cuyo y Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, C.C.7 Chacras de Coria (5505), Mendoza, Argentina (R.W.M.)

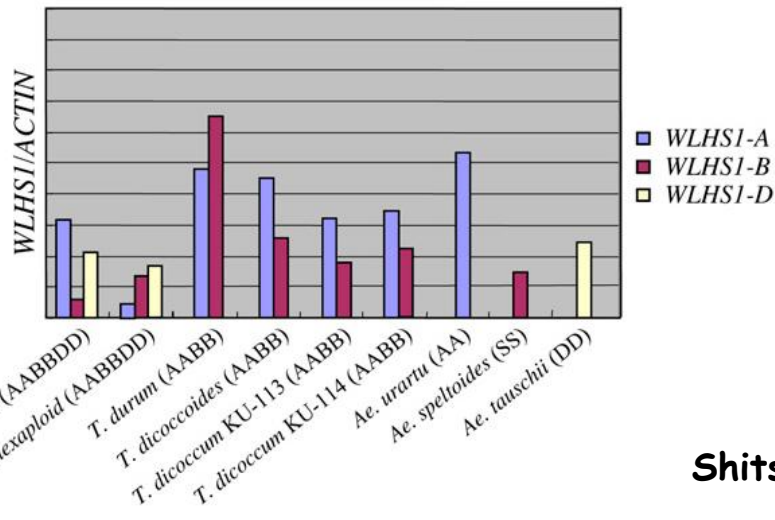
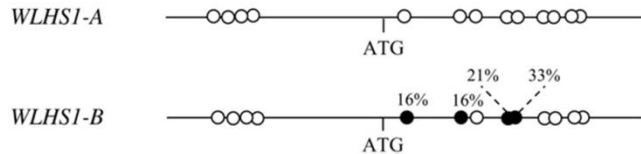
Потеря или снижение уровня функциональности одного из гомеологов



Wheat Leafy Hull Sterile1 (WLHS1) – один из генов, контролирующих развитие цветка у пшеницы

WLHS1-B

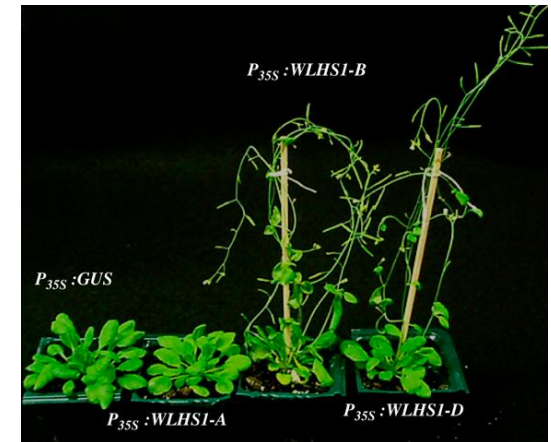
Промотор *WLNS1-B* гиперметилирован:



изменения в структуре гена

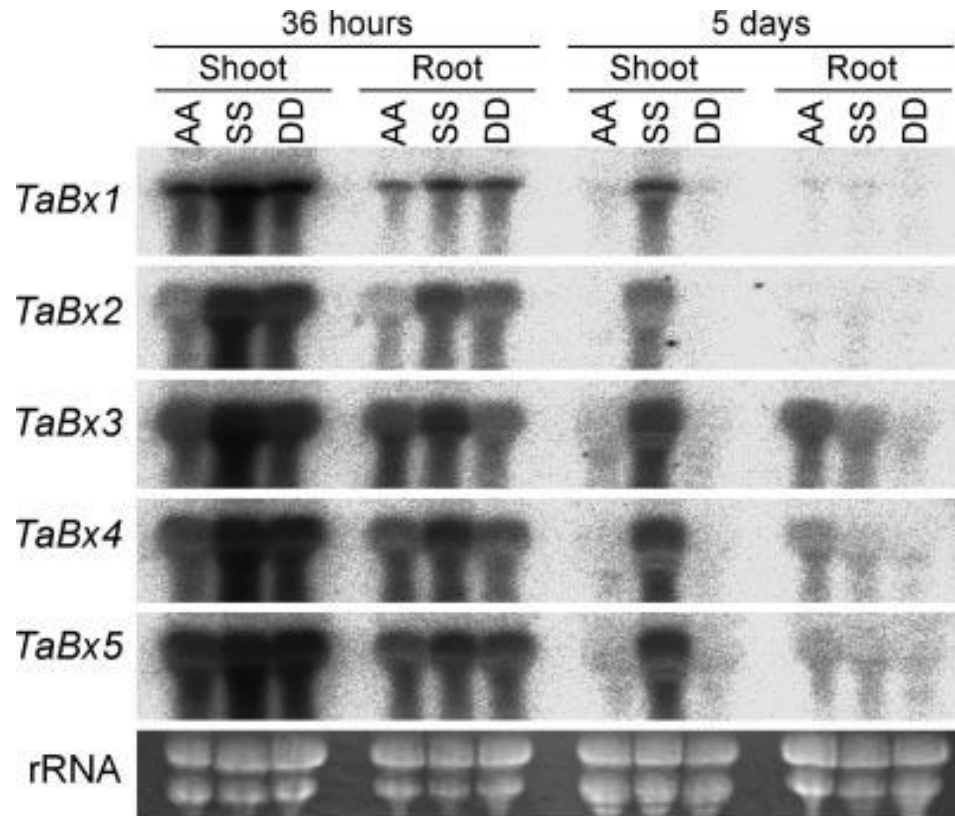
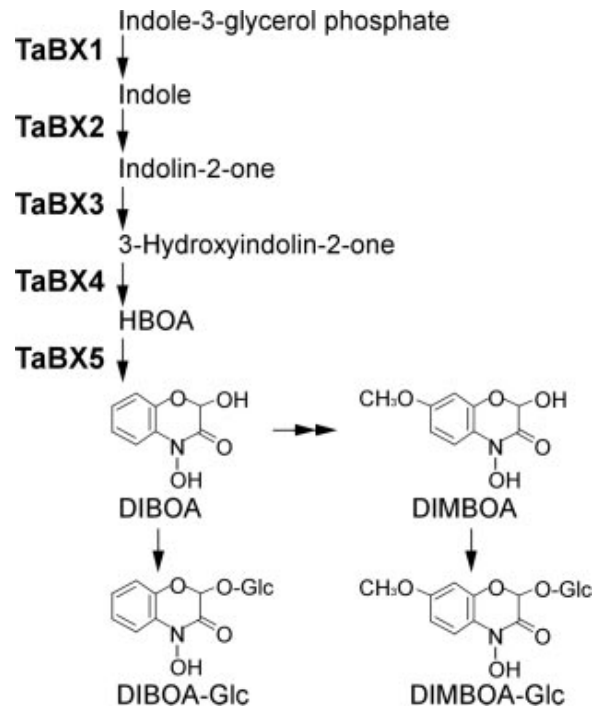
WLHS1-A

Мутация в функциональном домене



Экспрессия генов *WLNS1-A* и *WLNS1-D* пшеницы в *Arabidopsis*

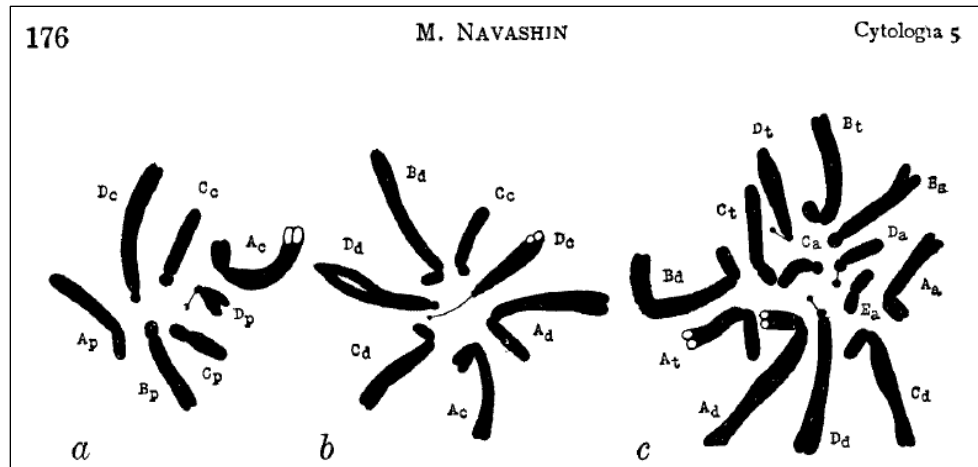
Различная экспрессия гомеологичных генов, не связанная с переходом на полиплоидный уровень



Изменение экспрессии генов после аллополиплоидизации вследствие транскрипционного доминирования

Наблюдается у аллополиплоидов, но не связано с дозой гена

ШИН



Cytologia. 1934. V. 5. P. 169-203.



Crepis - скерда

Инактивация ядрышкового организатора одного из видов

Феномен ядрышкового доминирования

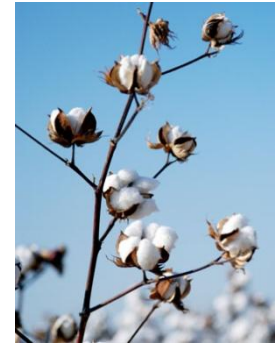
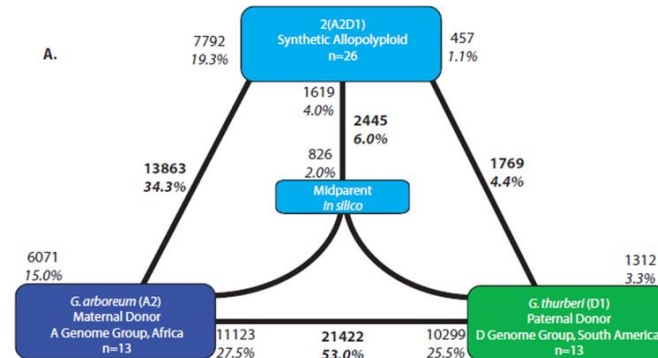
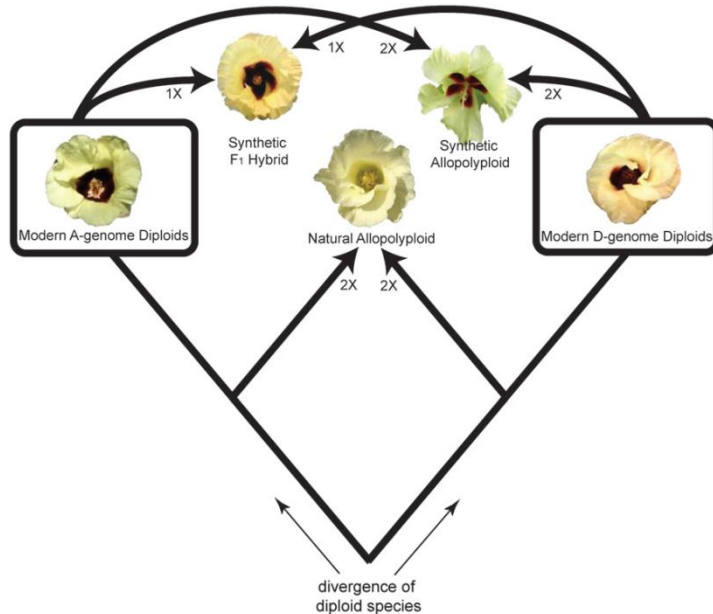
у межвидовых гибридов транскрипция генов рРНК одного вида доминирует над другим видом из-за

- 1) дисбаланса энхансеров (конкуренция между генами рРНК, имеющими неравное число энхансеров)
- 2) видоспецифичности транскрипционных факторов (неспособность ключевого фактора транскрипции узнавать промоторы генов другого вида)

Транскрипционное доминирование

Транскрипция генов одного родительского вида доминирует над генами другого вида при объединении различных геномов в одном ядре

A



BMC Biology

BioMed Central

Research article

Genomic expression dominance in allopolyploids

Ryan A Rapp¹, Joshua A Udall² and Jonathan F Wendel^{*1}

Address: ¹Department of Ecology, Evolution and Organismal Biology, Bessey Hall, Iowa State University, Ames, Iowa 50010, USA and

²Department of Plant and Wildlife Sciences, WBD, Brigham Young University, Provo, Utah 84602, USA

Email: Ryan A Rapp - rrapp@iastate.edu; Joshua A Udall - jaudall@byu.edu; Jonathan F Wendel^{*} - jfw@iastate.edu

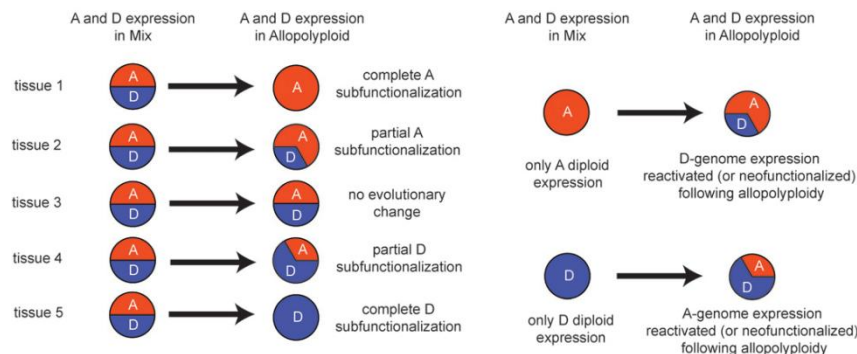
Copyright © 2009 by the Genetics Society of America
DOI: 10.1534/genetics.109.102608

Reciprocal Silencing, Transcriptional Bias and Functional Divergence of Homeologs in Polyploid Cotton (*Gossypium*)

Bhupendra Chaudhary,^{*1} Lex Flagel,^{*1} Robert M. Stupar,[†] Joshua A. Udall,[‡] Neetu Verma,^{*} Nathan M. Springer[§] and Jonathan F. Wendel^{*,2}

B detecting subfunctionalization

detecting neofunctionalization



Транскрипционное доминирование при аддитивной и неаддитивной экспрессии гомеологичных генов



T. turgidum

(AABB)

Replicate 1, 2, 3



Ae. tauschii

(DD)

Replicate 1, 2, 3



T. aestivum

(AABBDD)

Replicate 1, 2, 3

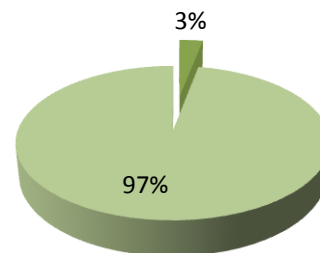
синтетическая аллогексаплоидная пшеница

Copyright © 2009 by the Genetics Society of America
DOI: 10.1534/genetics.108.096941

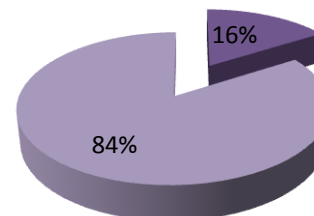
Nonadditive Expression of Homoeologous Genes Is Established Upon Polyploidization in Hexaploid Wheat

Michael Pumphrey,^{*,1} Jianfa Bai,^{*} Debbie Laudencia-Chingcuanco,[†] Olin Anderson[†] and Bikram S. Gill^{*,2}

транскрипционное доминирование (3% генов)



неаддитивная экспрессия (16% генов)



cDNA synthesis

D₁₋₃ **Cy3**

AB₁₋₃ **Cy3/Cy5**

ABD₁₋₃ **Cy5**

Microarray hybridization treatments (Trt)

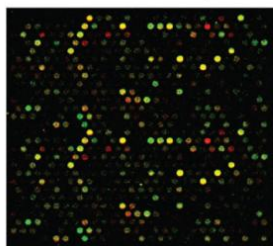
Trt 1: D₁₋₃ vs. AB₁₋₃

Trt 2: D₁₋₃ vs. ABD₁₋₃

Trt 3: AB₁₋₃ vs. ABD₁₋₃

3 biological replicates per Trt

(e.g. D₁ vs. AB₁, D₂ vs. AB₂, D₃ vs. AB₃)



Duplicate features
per
oligonucleotide

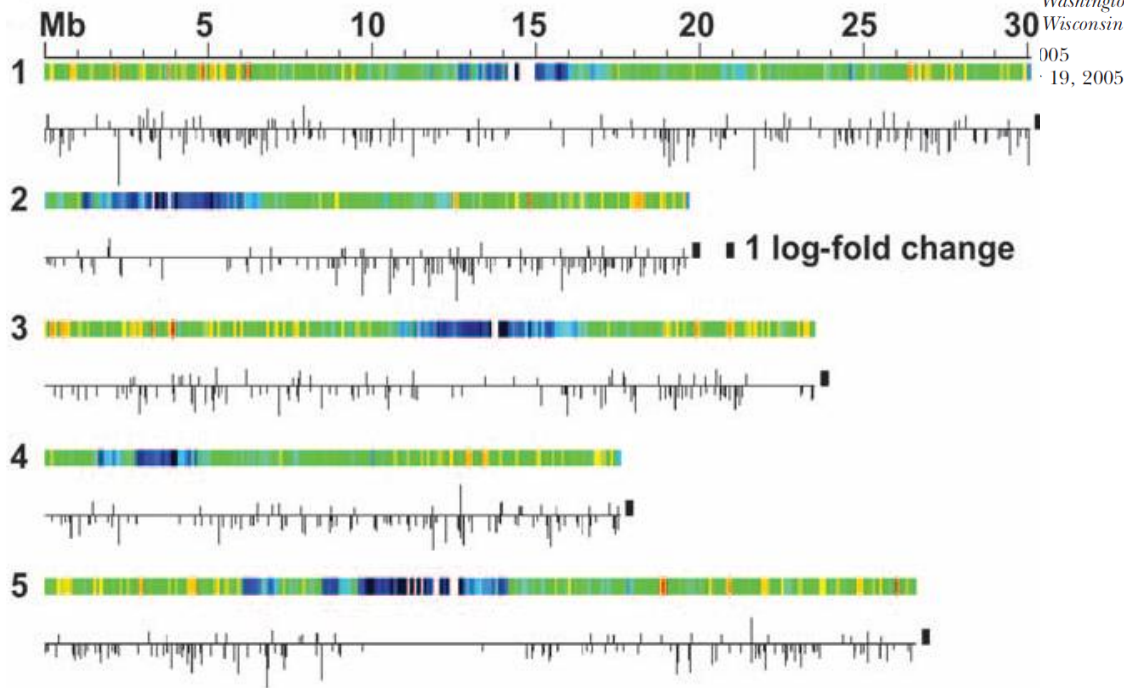
Неаддитивная экспрессия гомеологичных генов

Copyright © 2006 by the Genetics Society of America
DOI: 10.1534/genetics.105.047894

Genomewide Nonadditive Gene Regulation in Arabidopsis Allotetraploids

Jianlin Wang,^{*} Lu Tian,^{*} Hyeon-Se Lee,^{*} Ning E. Wei,^{*,†} Hongmei Jiang,[‡]
Brian Watson,[§] Andreas Madlung,^{§,1} Thomas C. Osborn,^{**}
R. W. Doerge,[‡] Luca Comai[§] and Z. Jeffrey Chen^{*,2}

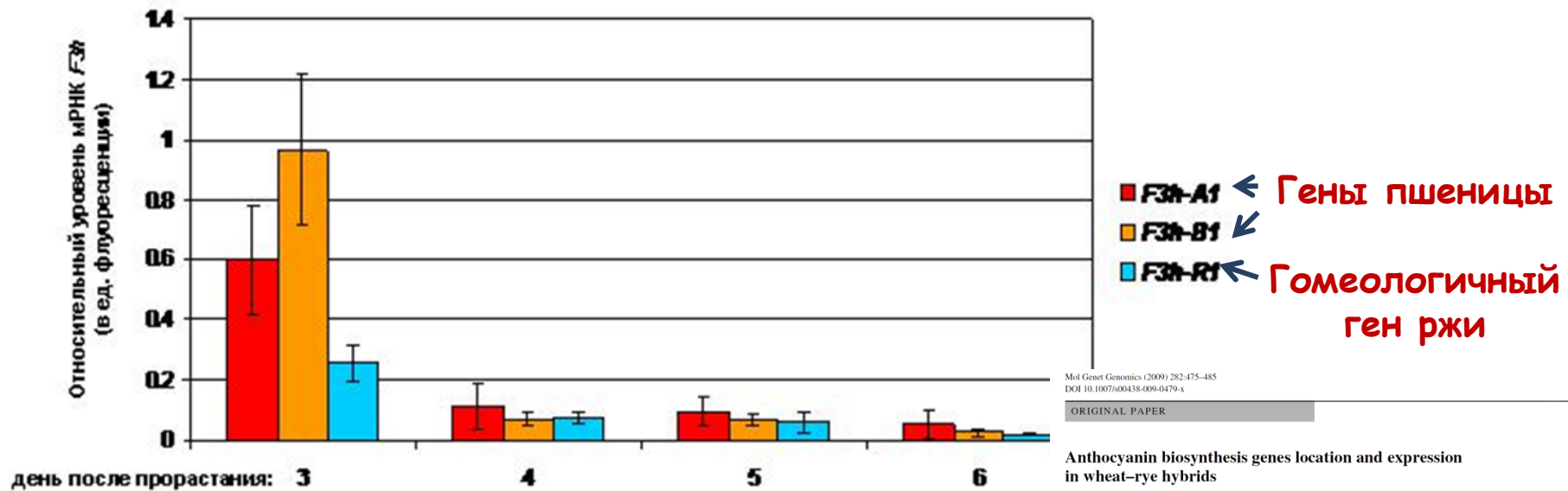
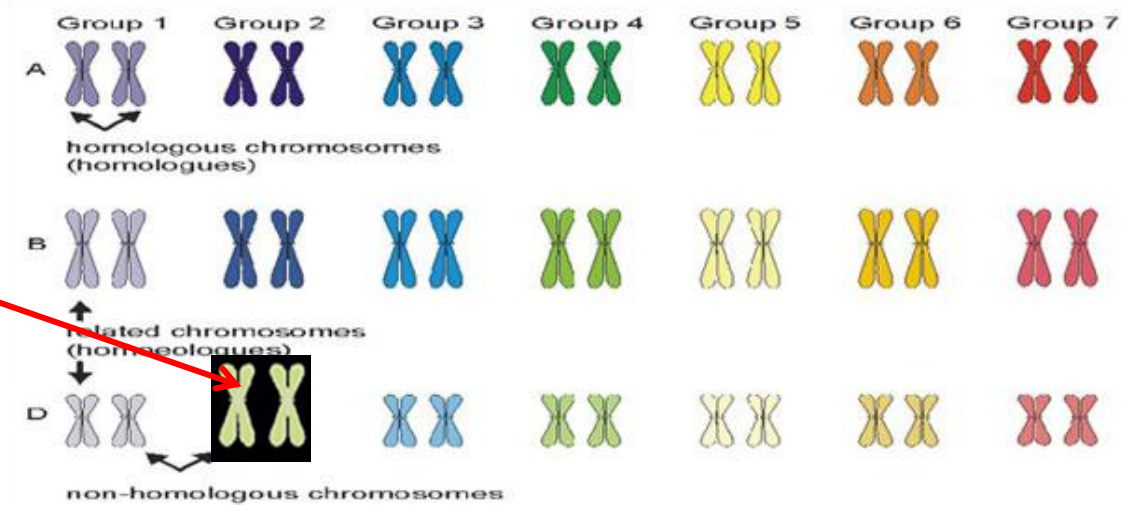
^{*}Genetics Program and Department of Soil and Crop Sciences, Texas A&M University, College Station, Texas 77843-2474, [†]Department of Computer Science, Texas A&M University, College Station, Texas 77843, [‡]Department of Statistics, Purdue University, West Lafayette, Washington 98195-5325 and ^{**}Department of Wisconsin 53706



5-6% генов у аллотетраплоидного *Arabidopsis* экспрессируются неаддитивно. Такие гены равномерно распределены по геному.

Транскрипционное доминирование

Замещение хромосомы
2В пшеницы хромосомой
2R ржи



Mol Genet Genomics (2009) 282:475–485
DOI 10.1007/s00438-009-0479-x

ORIGINAL PAPER

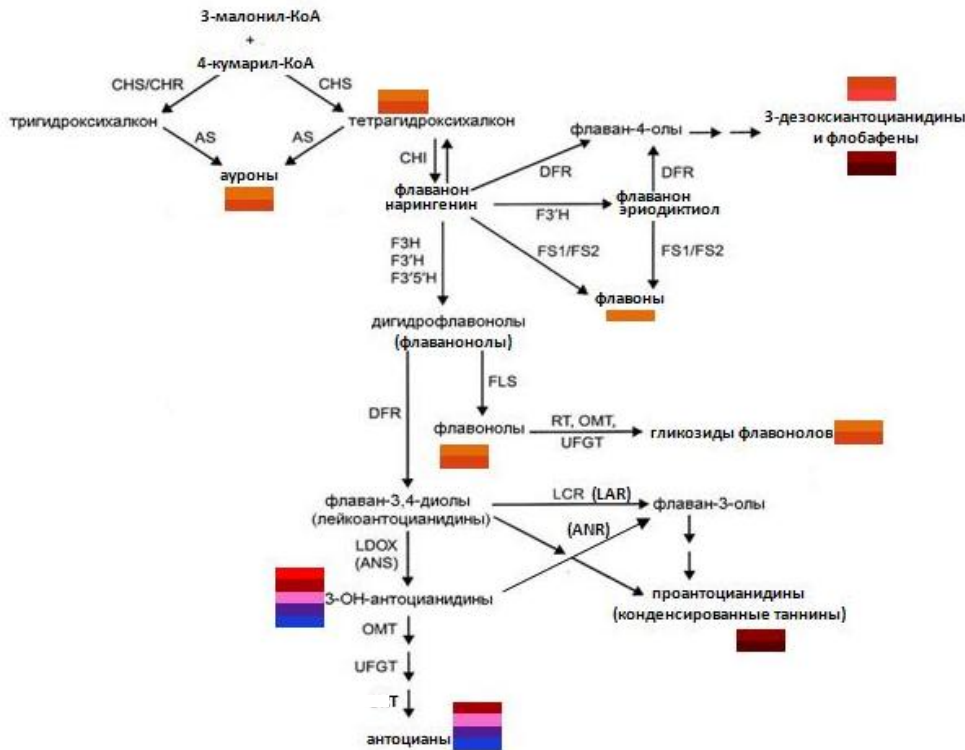
Anthocyanin biosynthesis genes location and expression
in wheat-rye hybrids

Elena K. Khlestkina · Olesya Yu. Tereshchenko ·
Elena A. Salina

Гены биосинтеза флавоноидов

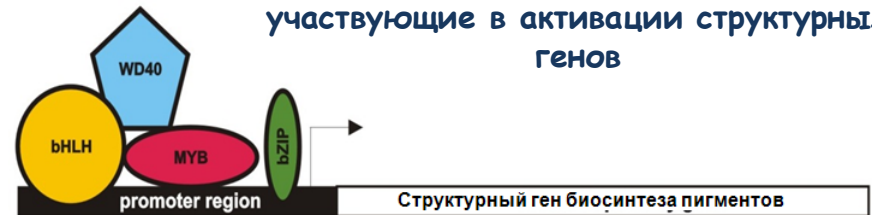
Структурные

Кодируют ферменты, непосредственно участвующие в биосинтезе

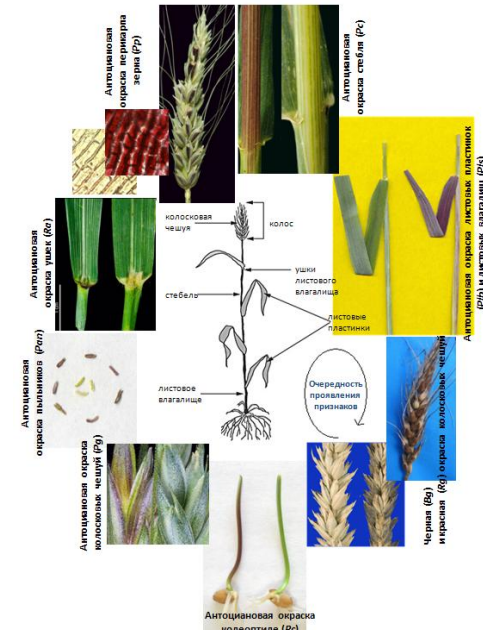


Регуляторные

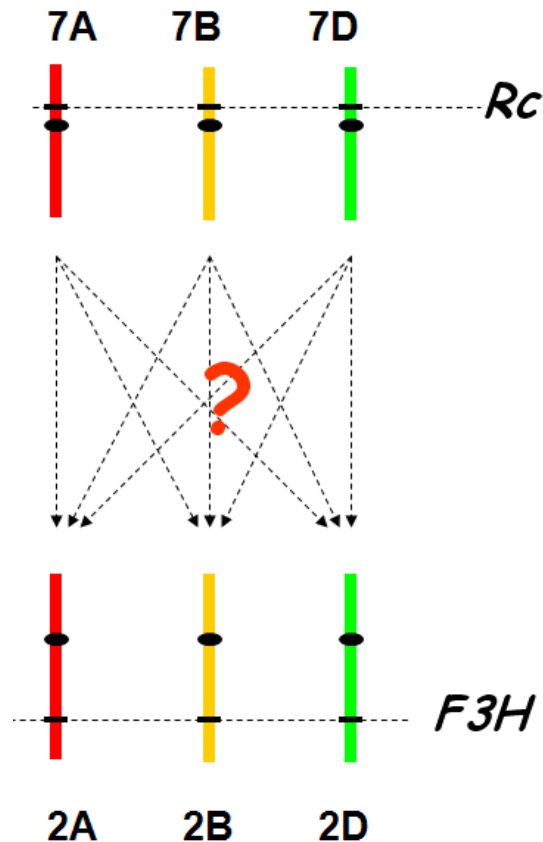
Кодируют транскрипционные факторы, участвующие в активации структурных генов



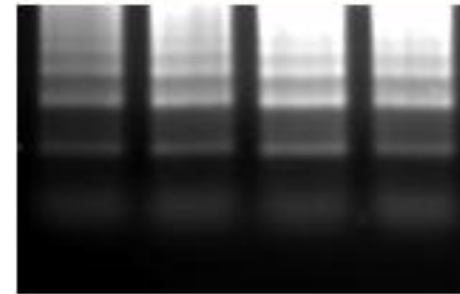
в частности, тканеспецифичные активаторы транскрипции



Взаимодействие между регуляторными и структурными генами злаков различного происхождения в геноме аллополиплоидной пшеницы



Rc



Ubc



F3h

BMC Plant Biology



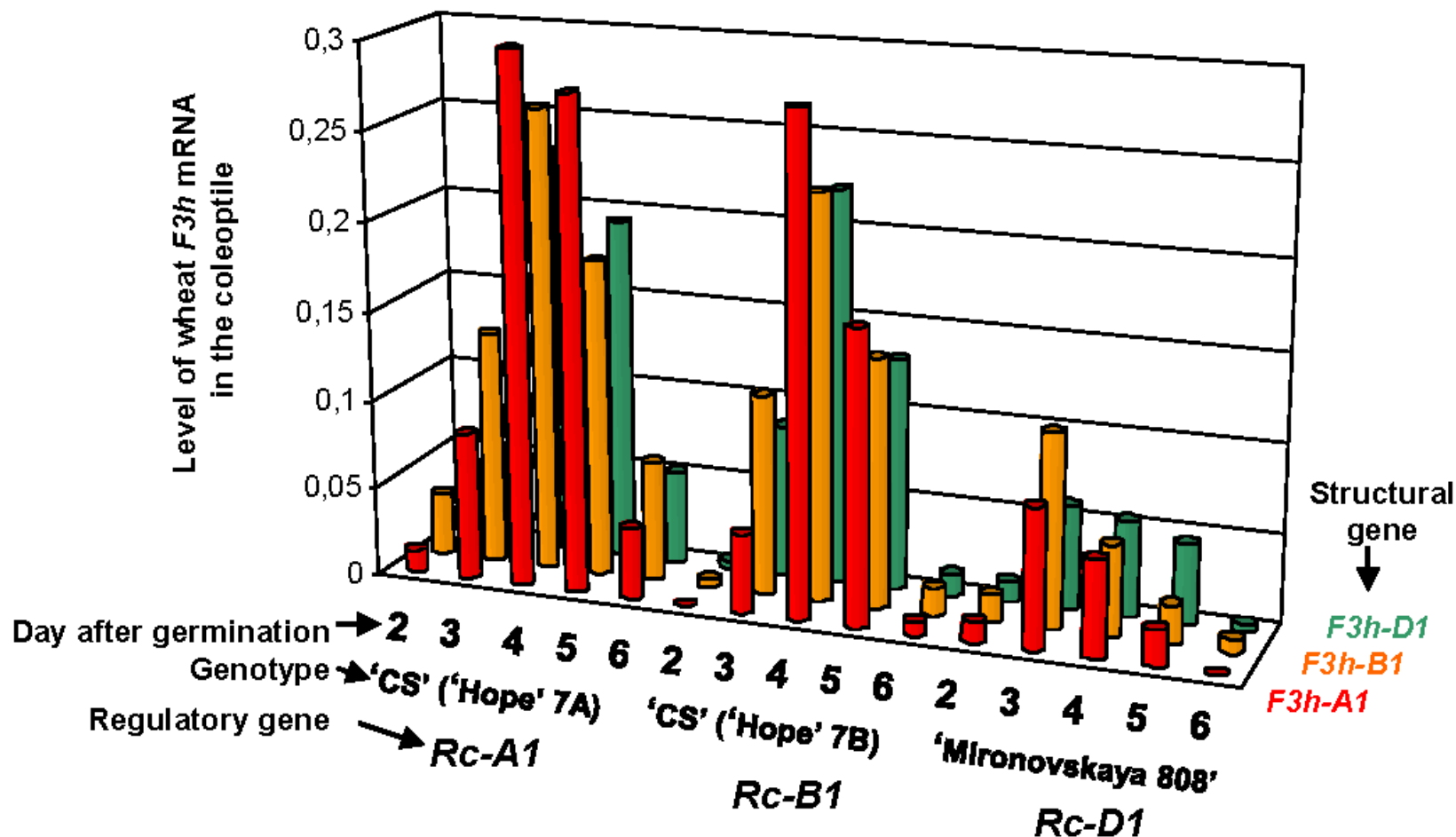
Open Access

Research article

Relationship between homoeologous regulatory and structural genes in allopolyploid genome – A case study in bread wheat

Elena K Khlestkina^{*1}, Marion S Röder² and Elena A Salina¹

регуляторные гены одинаково активируют гомеологичные копии структурных генов биосинтеза флавоноидов, независимо от того, располагаются регуляторный и структурный ген в одном и том же или разных диплоидных геномах



регуляторные гены в среднем эволюционируют вдвое быстрее структурных

The molecular evolution of development

Michael D. Purugganan

BioEssays 20:700–711, © 1998 John Wiley & Sons, Inc.

TABLE 1. Comparison of Sequence Distances Between Duplicated Structural and Regulatory Genes in the Maize Genome

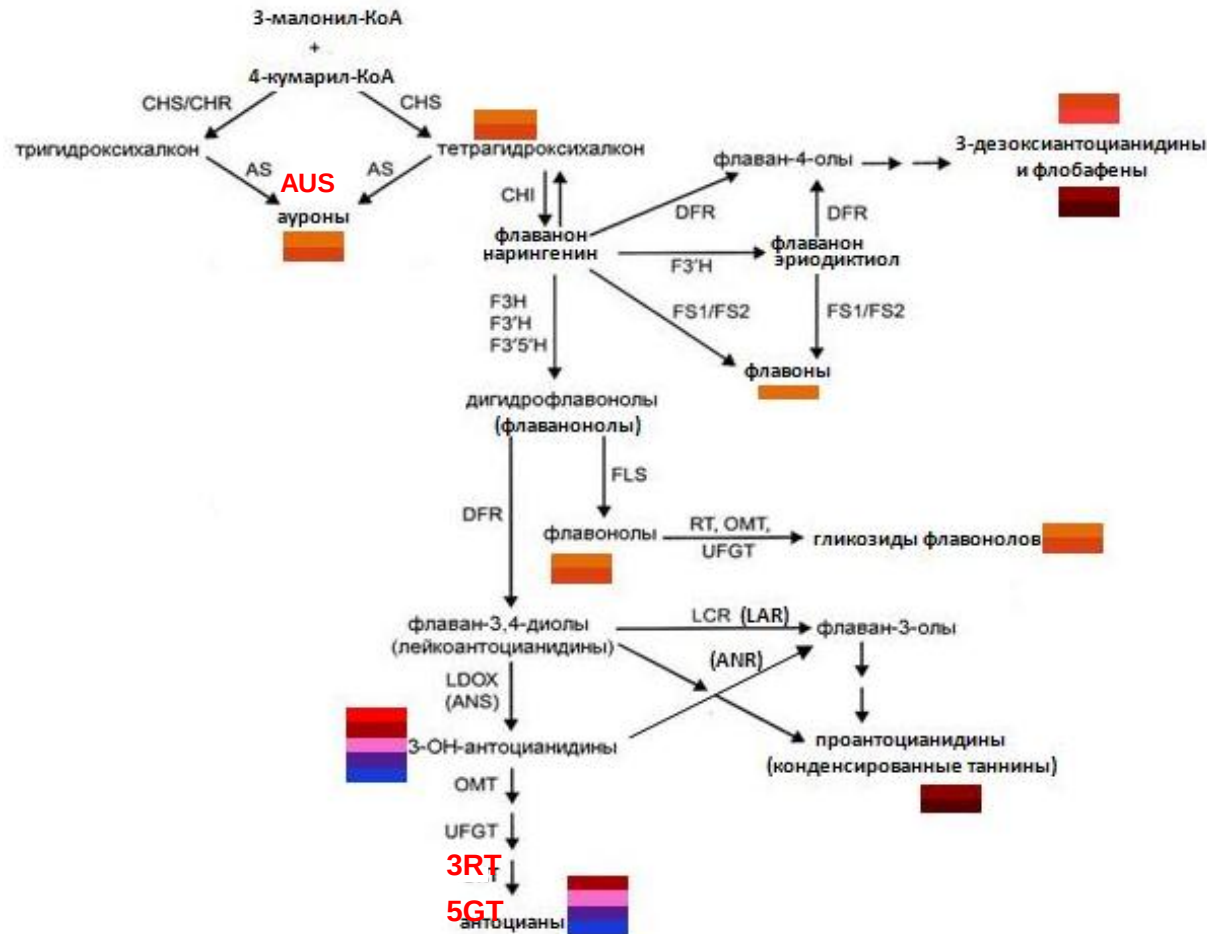
Duplicated loci	Length (kb)	Nucleotide substitution distance ^a		
		Ks	Ka	Ka/Ks
<u>Regulatory genes</u>				
<i>Ohp1/Ohp2</i>	1.200	0.254 (1.19)	0.0593 (7.25)	0.234
<i>R/B</i>	1.677	0.241 (0.83)	0.0841 (7.84)	0.349
<i>C1/PI1</i>	0.777	0.159 (1.05)	0.0462 (9.25)	0.291
<i>Ibp1/Ibp2</i>	2.061	0.150 (0.36)	0.0482 (3.62)	0.321
<i>Tbp1/Tbp2</i>	0.606	0.147 (1.20)	0.0066 (1.45)	0.045
<i>Vpl4a/Vpl4b</i>	1.821	0.121 (0.29)	0.0346 (2.69)	0.286
<i>Obf1/Obf2</i>	1.026	0.104 (0.48)	0.0196 (2.95)	0.189
Mean:				0.245
<u>Structural genes</u>				
<i>Orp1/Orp2</i>	1.170	0.298 (1.44)	0.0114 (1.31)	0.038
<i>Ant1/Ant2</i>	1.173	0.227 (1.32)	0.0114 (1.32)	0.050
<i>Cpna/Cpnb</i>	1.734	0.186 (0.55)	0.0126 (0.97)	0.068
<i>Cdc2a/Cdc2b</i>	0.882	0.177 (1.04)	0.0097 (1.46)	0.055
<i>Whp1/C2</i>	1.206	0.169 (0.66)	0.0286 (3.29)	0.169
<i>Fer1/Fer2</i>	0.627	0.168 (1.44)	0.0189 (4.01)	0.113
<i>Pgpa1/Pgpa2</i>	1.170	0.102 (0.39)	0.0494 (5.97)	0.484
Mean:				0.163

Геном кукурузы – аллополиплоидизация 11.4 млн лет назад

✚ У **диплоидных** видов растений фенотипическое разнообразие по окраске может быть обусловлено мутациями как регуляторных, так **и** структурных генов биосинтеза флавоноидных пигментов

✚ У **аллогексаплоидной** пшеницы фенотипическое разнообразие по окраске обусловлено мутациями в регуляторных, **но не** структурных генах биосинтеза флавоноидных пигментов

У диплоидных растений фенотипическое разнообразие по окраске может быть обусловлено мутациями и в регуляторных, и в структурных генах биосинтеза флавоноидных пигментов



Мутация в гене *5Gt* у периллы

Yamazaki et al. 1999



Мутация в гене *3Rf* у петунии

Brugliera et al. 1994



Мутация в гене *Aus* у львиного зева

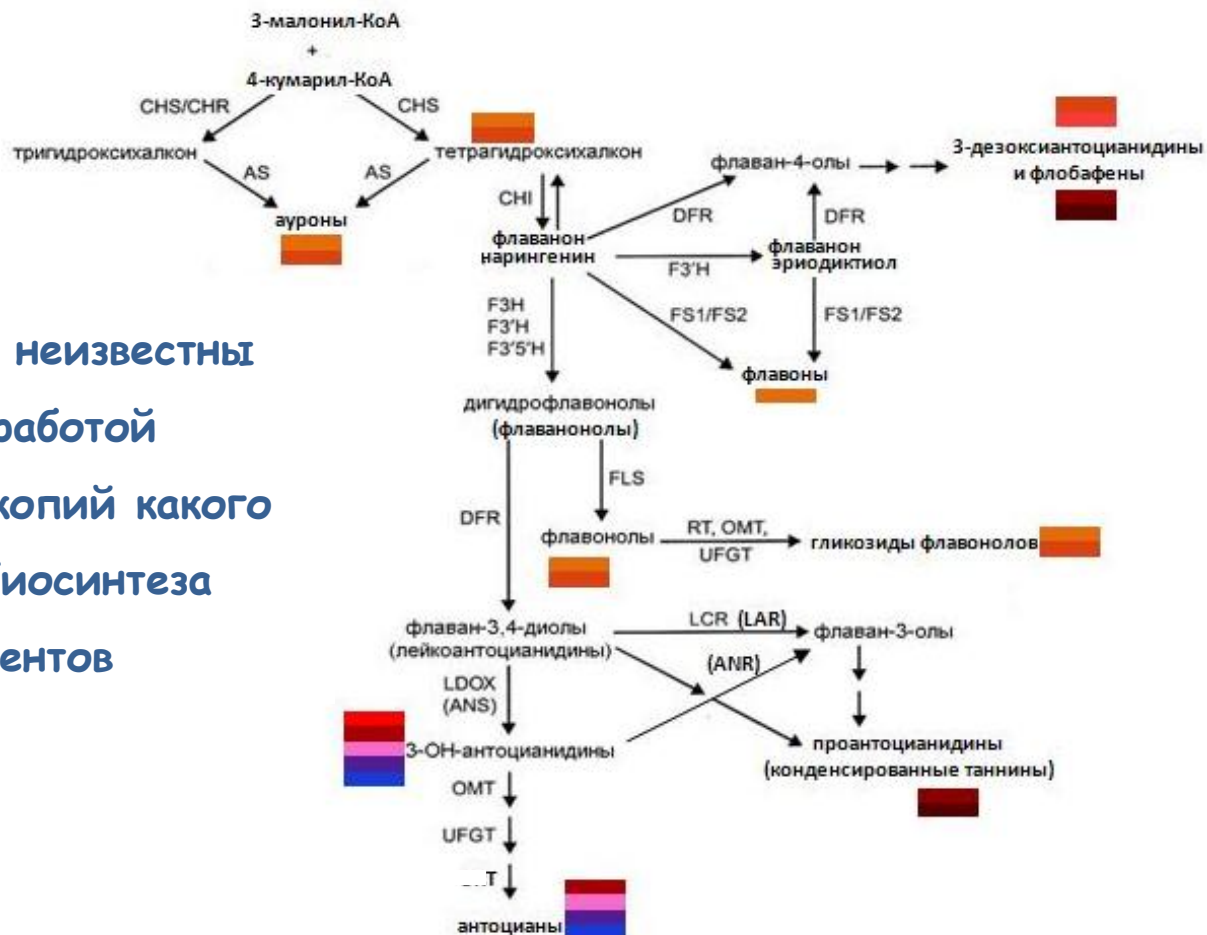
Nakayama et al. 2000





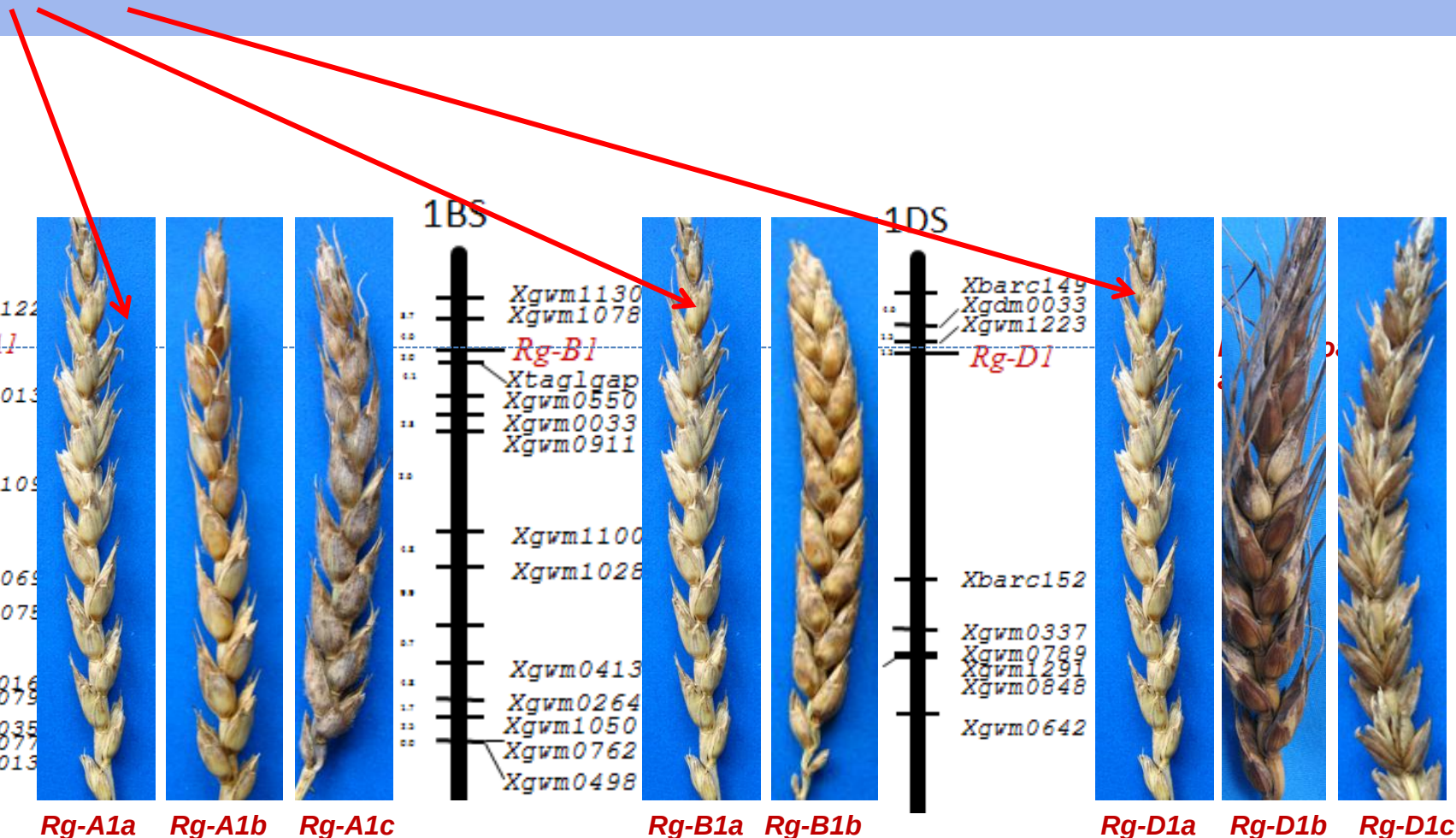
Гексаплоидная пшеница - структурные гены биосинтеза флавоноидных пигментов

У гексаплоидной пшеницы неизвестны формы с нарушенной работой сразу трех гомеологичных копий какого либо структурного гена биосинтеза флавоноидных пигментов

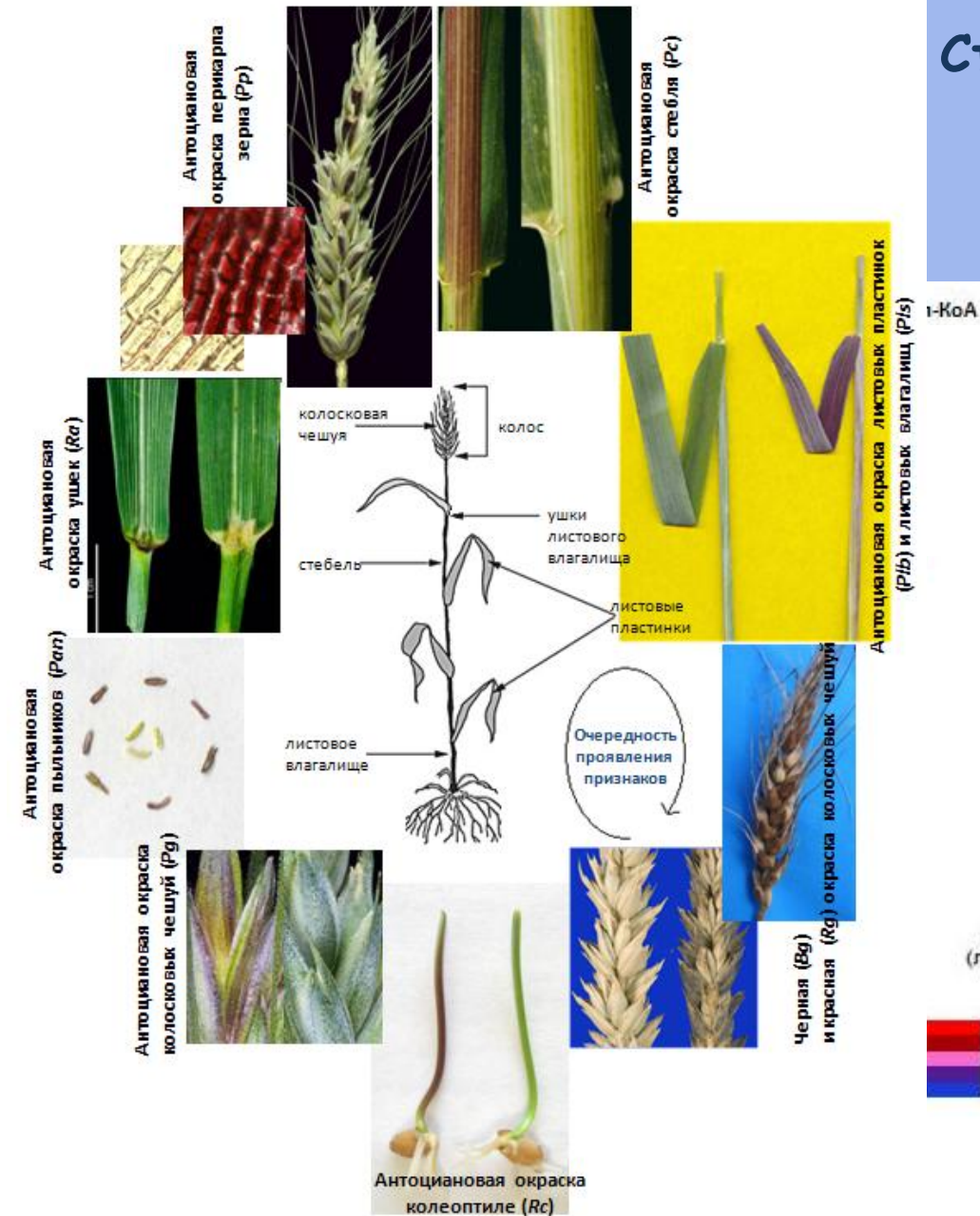




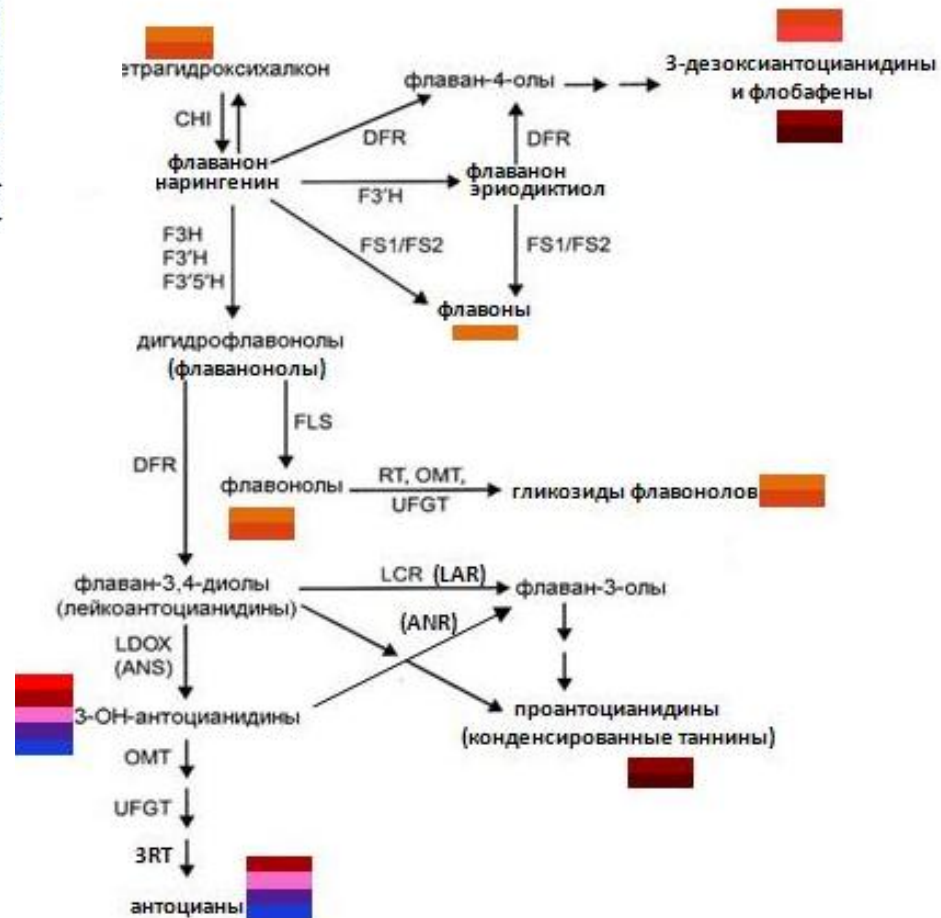
Гексаплоидная пшеница - регуляторные гены



Структурные гены подвергаются
большему давлению отбора,
чем тканеспецифичные
регуляторные гены



1-KoA



Полиплоидизация

Необходимость адаптации
разных геномов в одном ядре

Новые возможности!



Новые возможности

```
graph TD; A[Новые возможности] --> B[Увеличение аллельного разнообразия]; A --> C[Уход от адаптивного конфликта]; A --> D[«буферное» действие гомеологичных хромосом облегчает интрогрессию чужеродного материала]; A --> E[Приобретение новых функций дублированными генами];
```

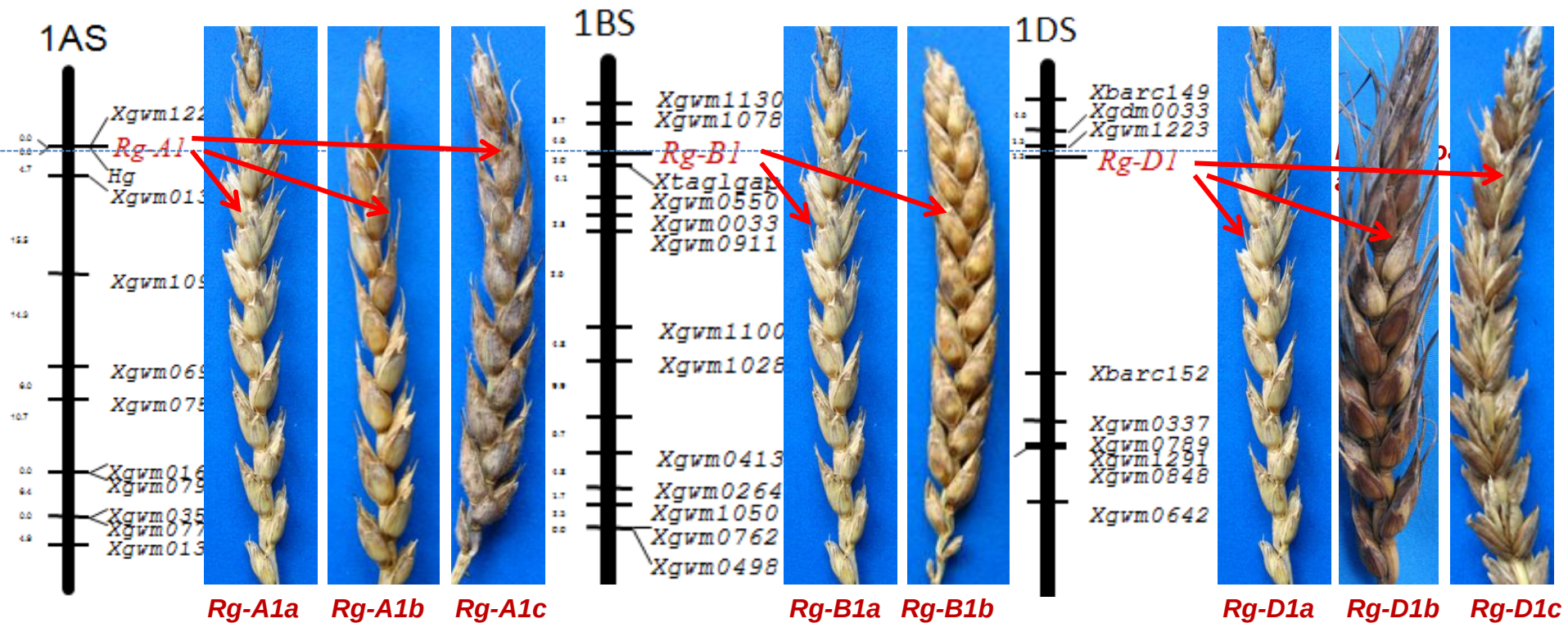
**Увеличение
аллельного
разнообразия**

**Уход от
адаптивного
конфликта**

**«буферное» действие
гомеологичных хромосом
облегчает интрогрессию
чужеродного материала**

**Приобретение
новых функций
дублированными
генами**

Аллельное разнообразие генов, определяющих окраску колоса пшеницы



Фенотипическое разнообразие

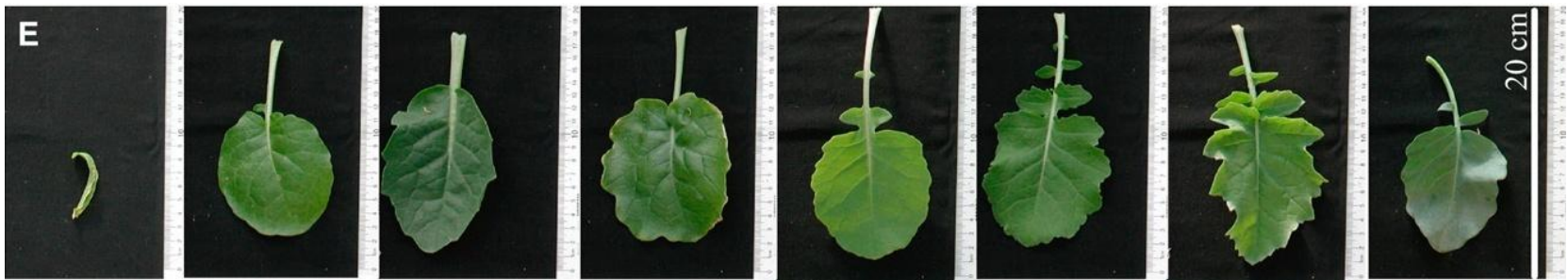
The Plant Cell, Vol. 19: 3403–3417, November 2007, www.plantcell.org © 2007 American Society of Plant Biologists

Genomic Changes in Resynthesized *Brassica napus* and Their Effect on Gene Expression and Phenotype

Robert T. Gaeta,^a J. Chris Pires,^{a,b,1} Federico Iniguez-Luy,^a Enrique Leon,^a and Thomas C. Osborn^{a,2}

^a Department of Agronomy, University of Wisconsin, Madison, Wisconsin

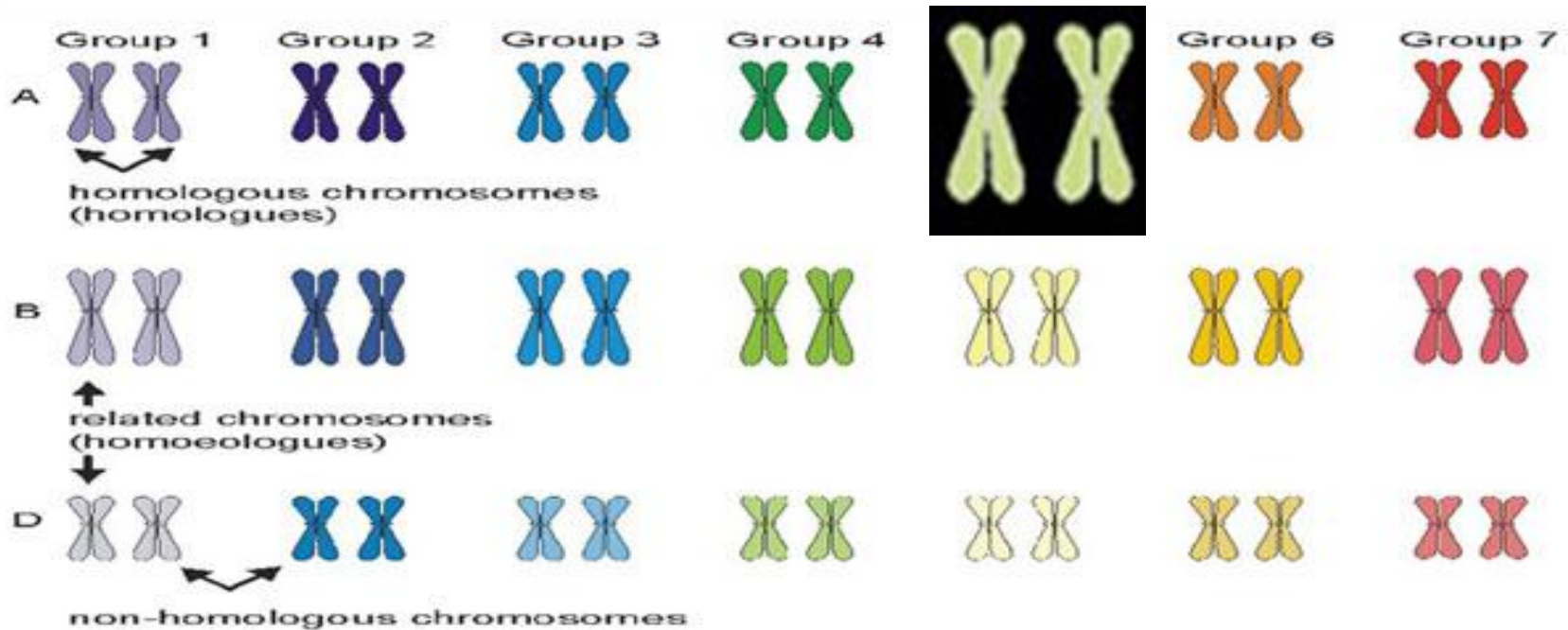
^b Department of Biological Sciences, University of Missouri, Columbia, Missouri



Examples of Phenotypic Variation among Resynthesized *B. napus* Polyploids

Variation in shape of the fourth leaf from diploid parents (IMB218 far left, and TO1000 at far right) and some S5 polyploid lines (shown between parental samples).

«Буферное» действие гомеологичных хромосом облегчает интрогрессию чужеродного материала

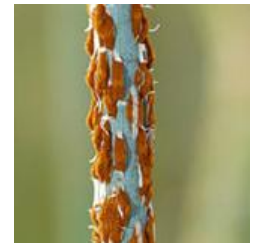
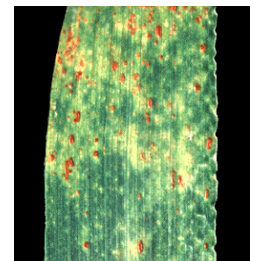
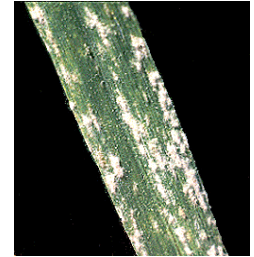
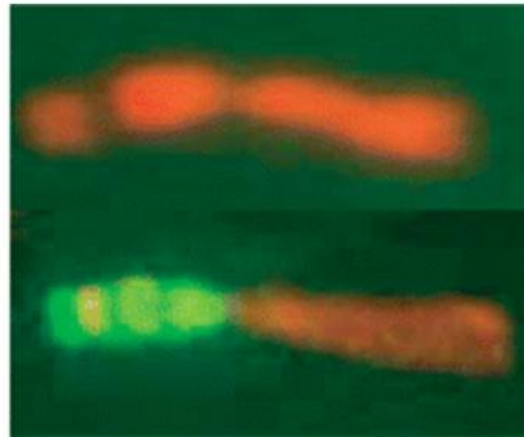


Возможность расширения генетического разнообразия пшеницы
за счет других видов злаков

«Буферное» действие гомеологичных хромосом облегчает интрогрессию чужеродного материала

Pavon (1B)

1RS.1BL



2936–2943 *Nucleic Acids Research*, 2007, Vol. 35, No. 9
doi:10.1093/nar/gkm148

Published online 16 April 2007

Mapping translocation breakpoints using a wheat microarray

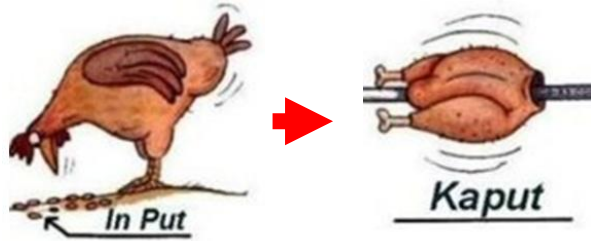
Prasanna R. Bhat¹, Adam Lukaszewski¹, Xinping Cui², Jin Xu^{2,3}, Jan T. Svensson¹, Steve Wanamaker¹, J. Giles Waines¹ and Timothy J. Close^{1,*}

¹Department of Botany and Plant Sciences, University of California, Riverside, California, USA 92521-0124,

²Department of Statistics, University of California, Riverside, California, USA 92521-0124 and ³Department of Statistics, East China Normal University, Shanghai, China, 200062

дупликация гена

Псевдогенизация



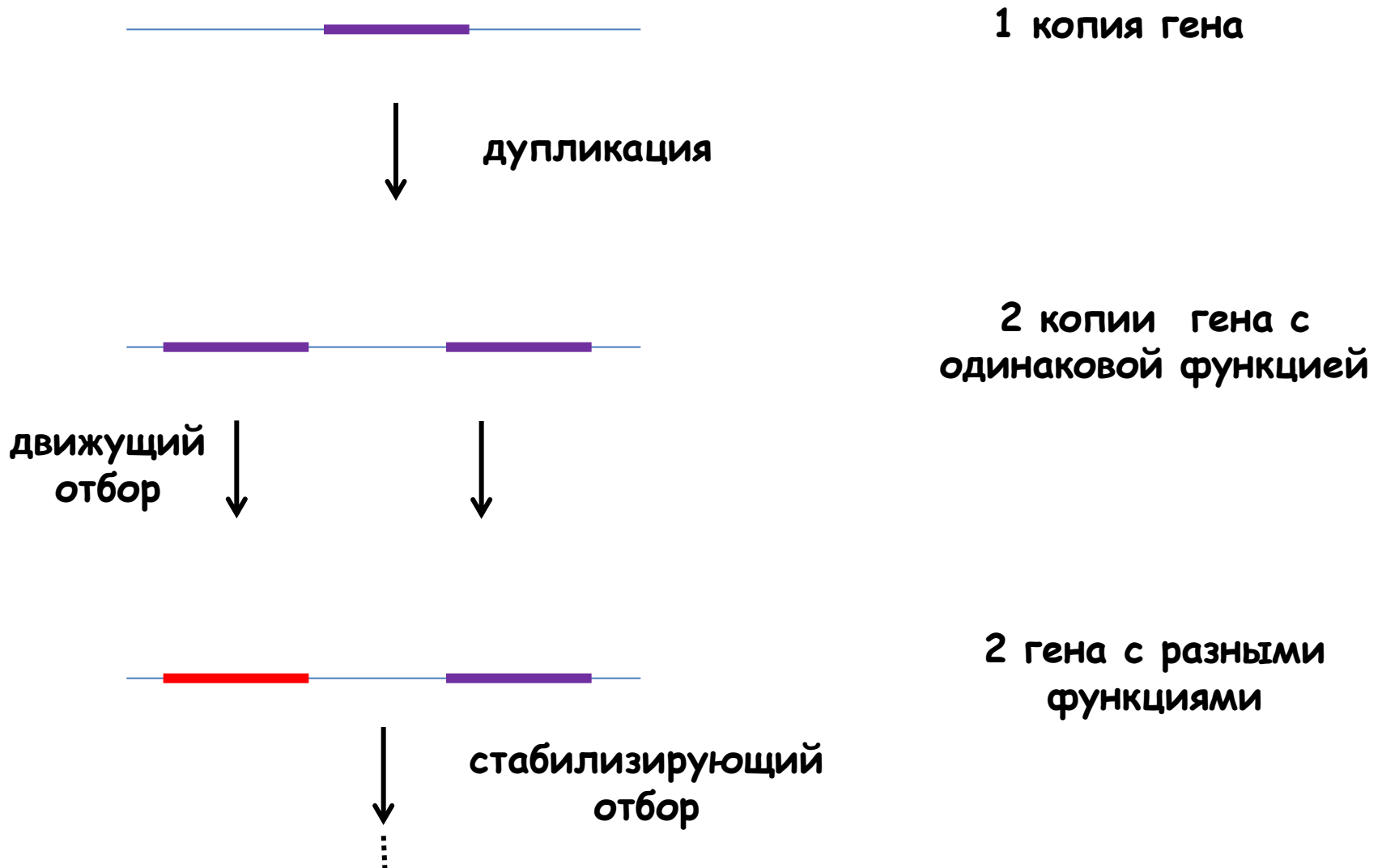
Приобретение
новой функции



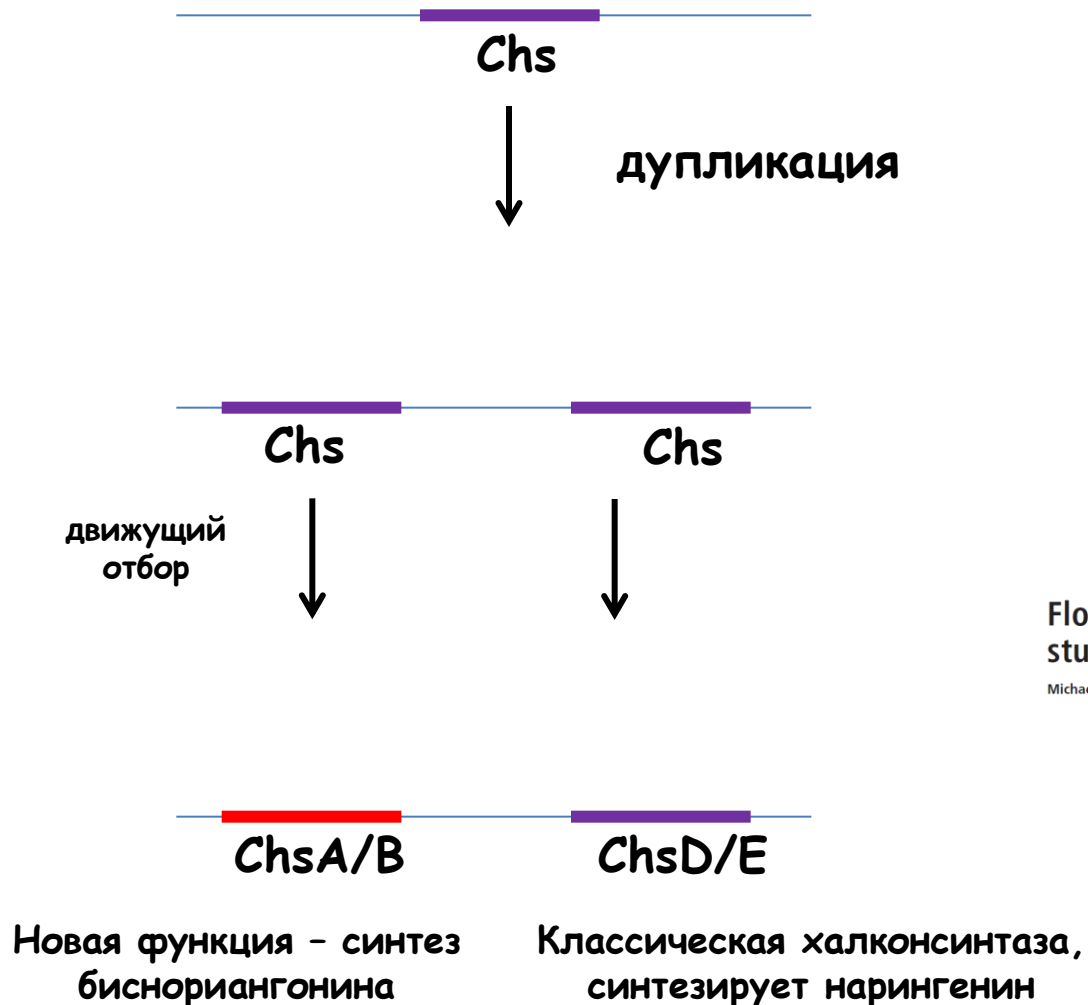
Уход от адаптивного
конфликта



Приобретение новой функции



Приобретение новой функции



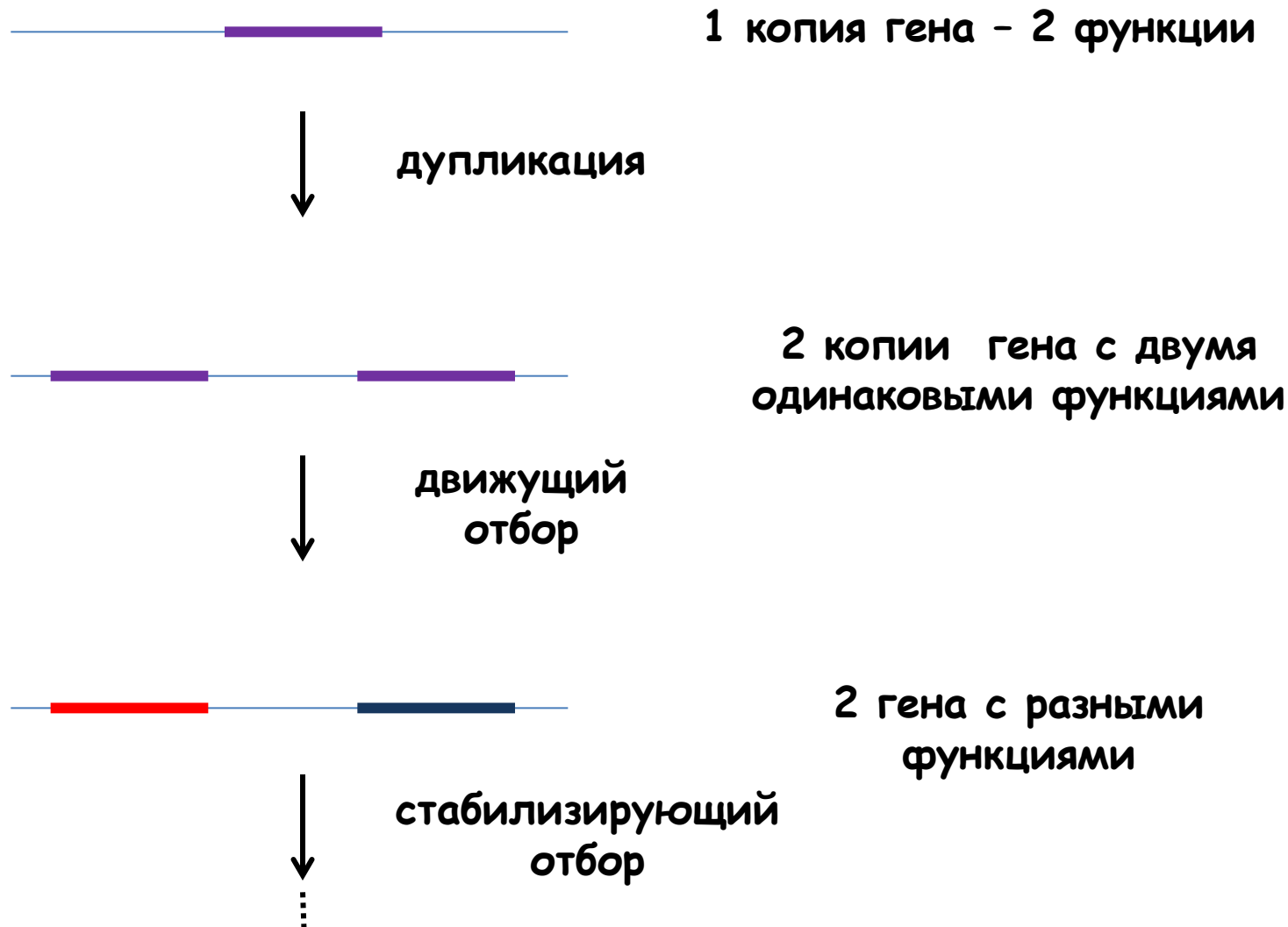
ИПОМЕЯ

Flower color variation: A model for the experimental study of evolution

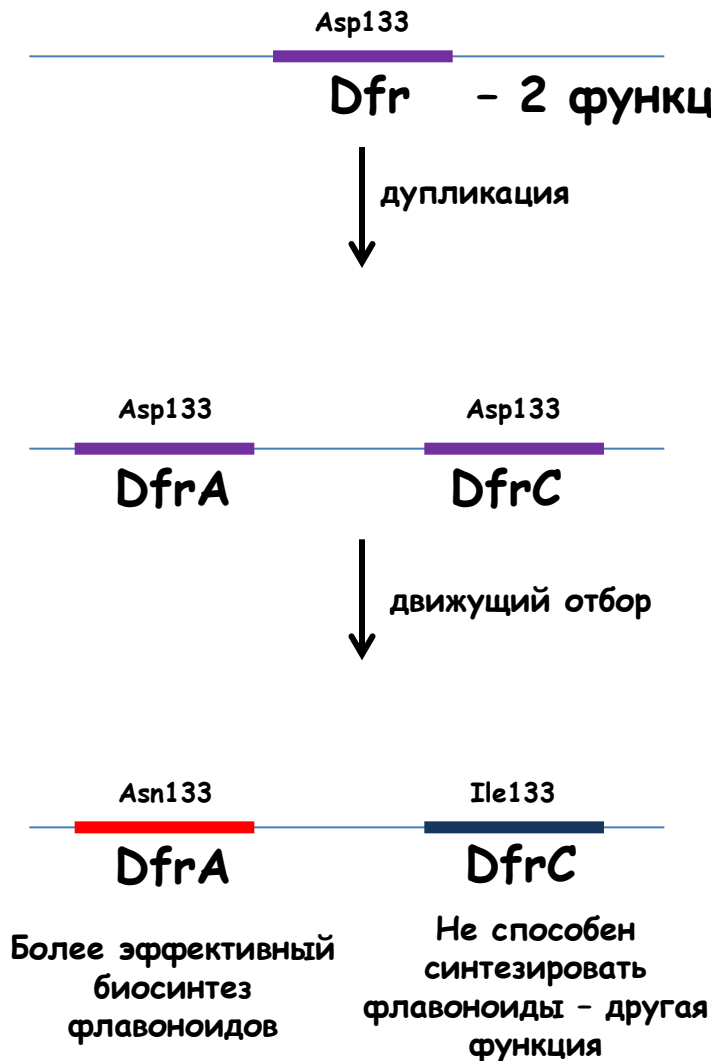
Michael T. Clegg¹ and Mary L. Durbin

7016–7023 | PNAS | June 20, 2000 | vol. 97 | no. 13

Уход от адаптивного конфликта



Уход от адаптивного конфликта



ИПОМЕЯ

nature

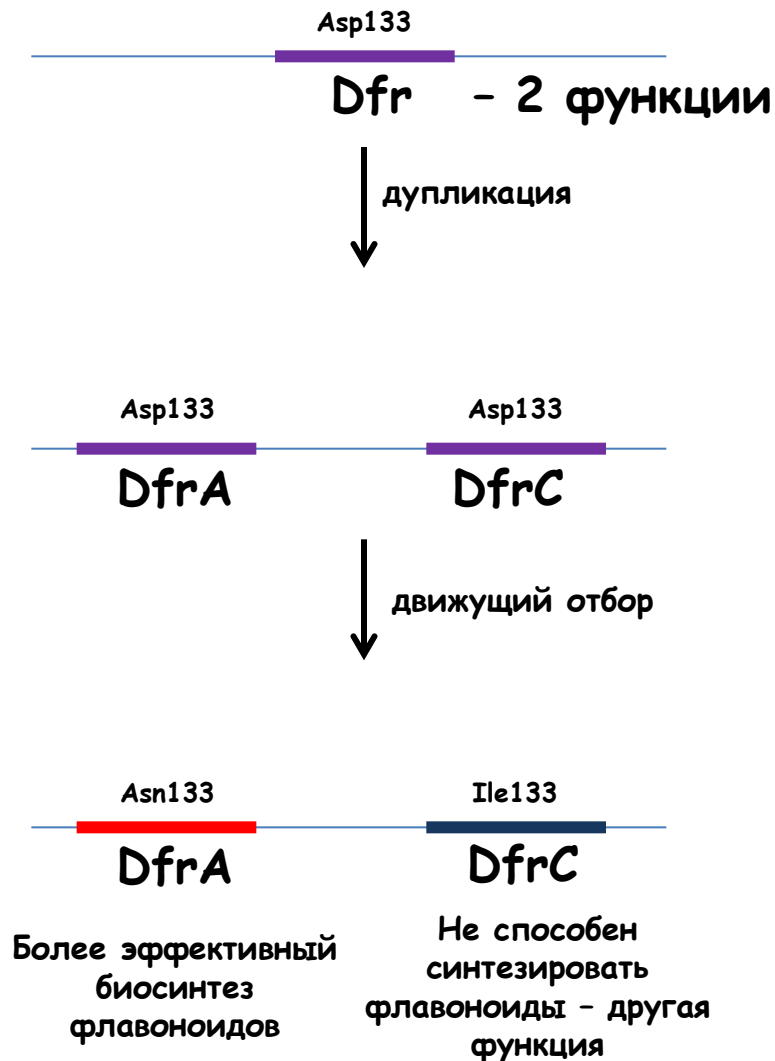
Vol 454 | 7 August 2008 | doi:10.1038/nature07092

LETTERS

Escape from adaptive conflict after duplication in an anthocyanin pathway gene

David L. Des Marais¹ & Mark D. Rausher¹

Уход от адаптивного конфликта ?



nature

Vol 454 | 7 August 2008 | doi:10.1038/nature07092

LETTERS

Escape from adaptive conflict after duplication in an anthocyanin pathway gene

David L. Des Marais¹ & Mark D. Rausher¹

NATURE | Vol 462 | 10 December 2009

BRIEF COMMUNICATIONS ARISING

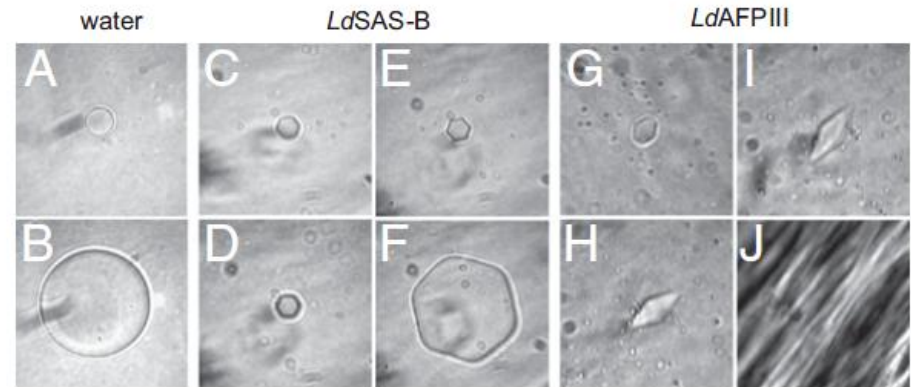
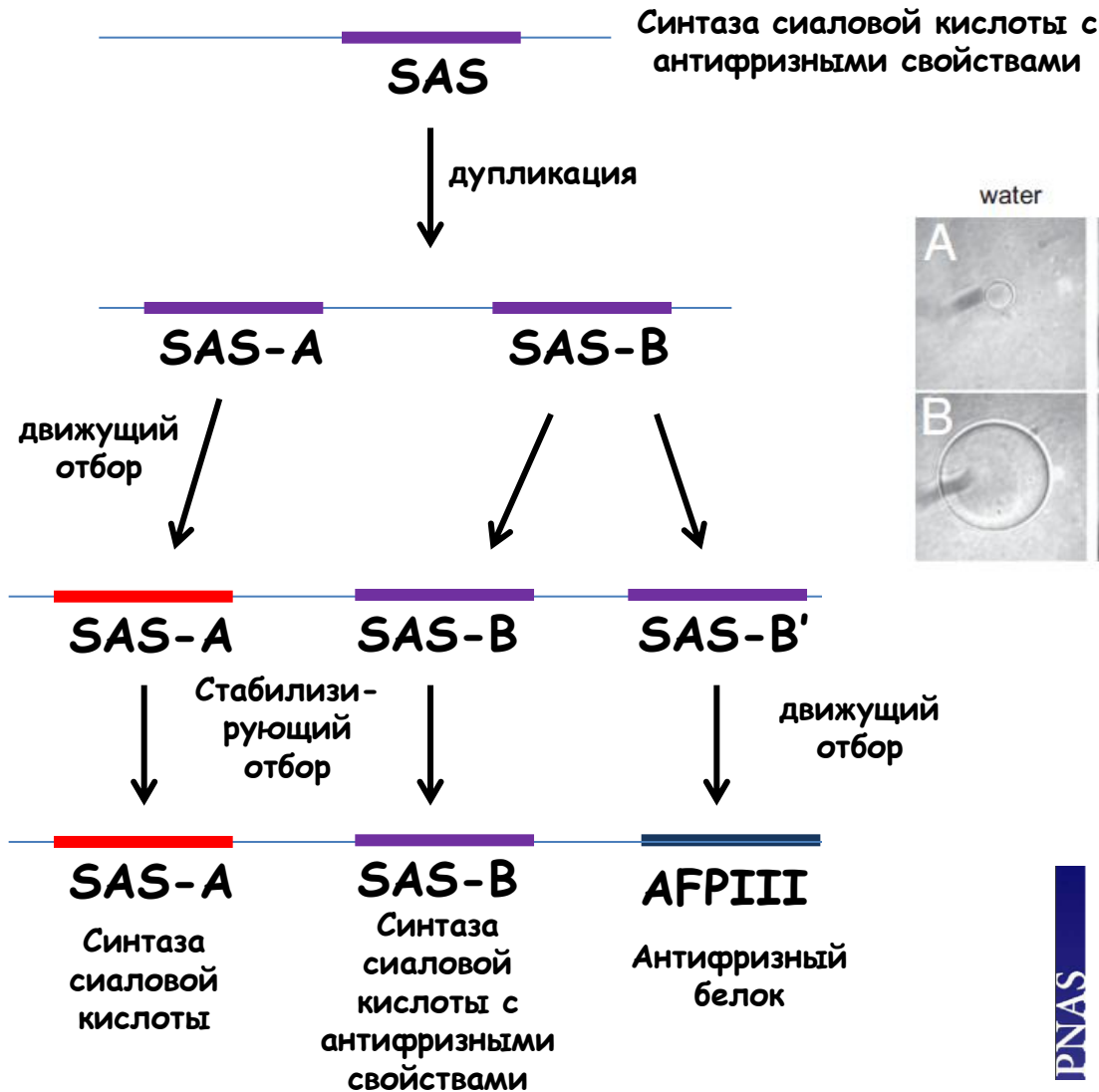
Evidence for escape from adaptive conflict?

Arising from: D. L. Des Marais & M. D. Rausher *Nature* 454, 762–765 (2008)

Уход от адаптивного конфликта



антарктический налим
(*Lycodichthys dearborni*)



AFPIII выделяется в кровь или межклеточную жидкость, где нарушает образующиеся кристаллы льда

PNAS

Evolution of an antifreeze protein by neofunctionalization under escape from adaptive conflict

Cheng Deng^{a,b}, C.-H. Christina Cheng^{c,1}, Hua Ye^{a,b}, Ximiao He^b, and Liangbiao Chen^{a,1}

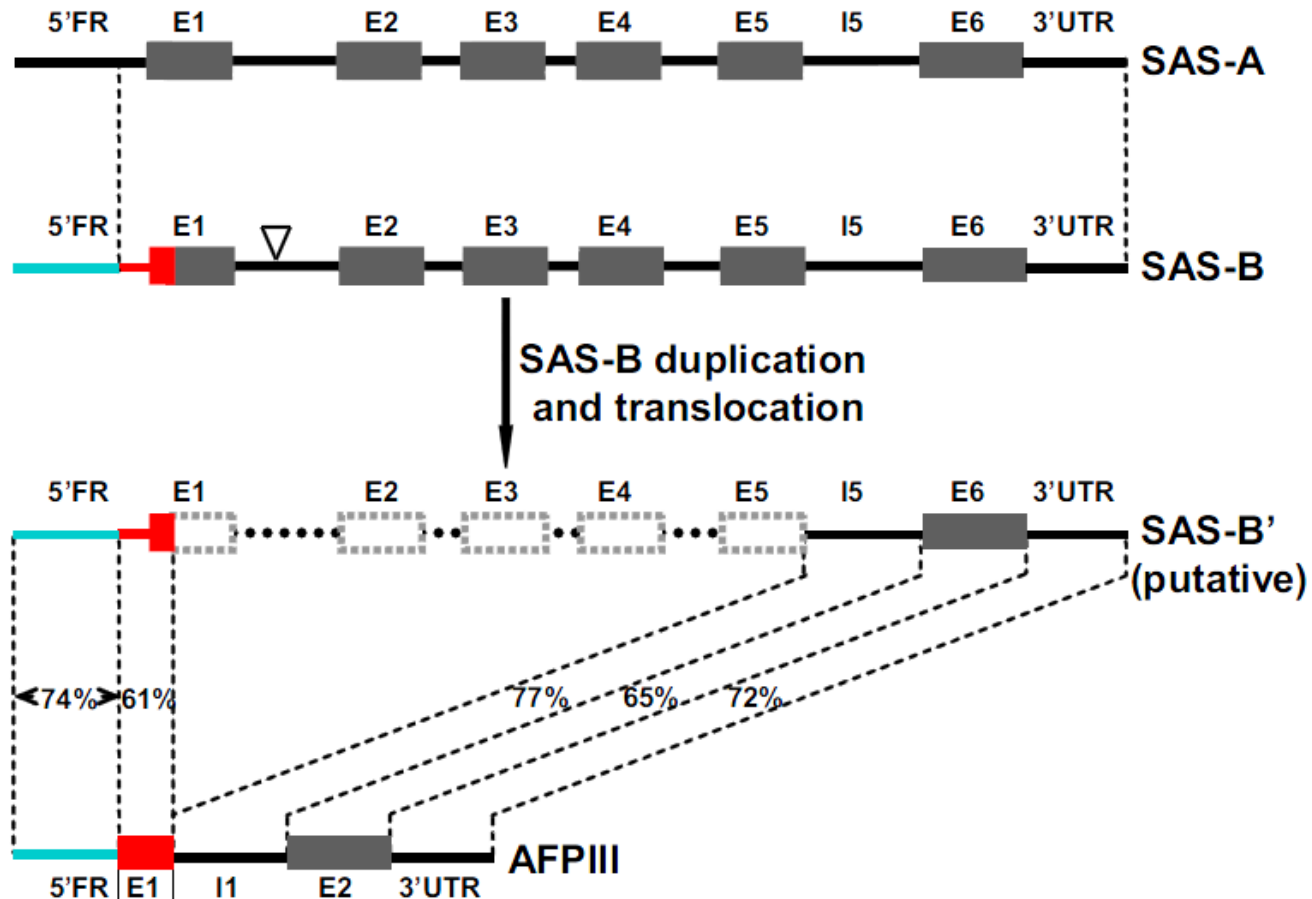
^aKey Laboratory of Molecular and Developmental Biology, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; ^bGraduate College of Chinese Academy of Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; and ^cDepartment of Animal Biology, University of Illinois, Urbana, IL 61801

Уход от адаптивного конфликта



Evolution of an antifreeze protein by
neofunctionalization under escape
from adaptive conflict

Cheng Deng^{a,b}, C.-H. Christina Cheng^{c,1}, Hua Ye^{a,b}, Ximiao He^b, and Liangbiao Chen^{a,1}



SP precursor: AATAATTCCGTTATTTTACCAGTTTGTTCGTTTCTTTCTGCAGACAAAATGCCGTTAACGTTTCGAG

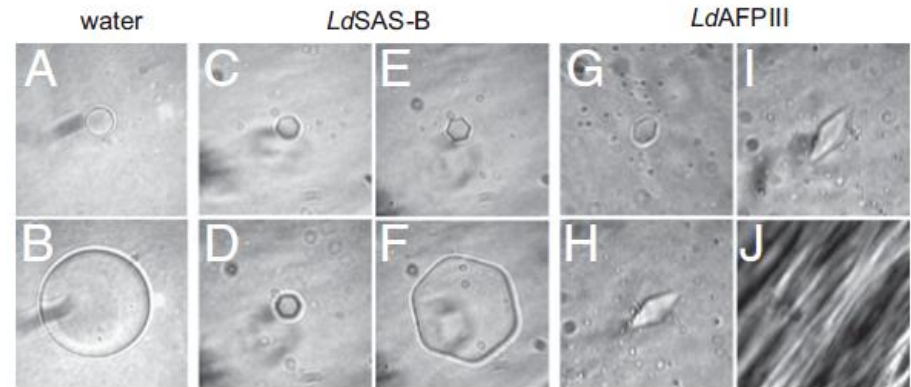
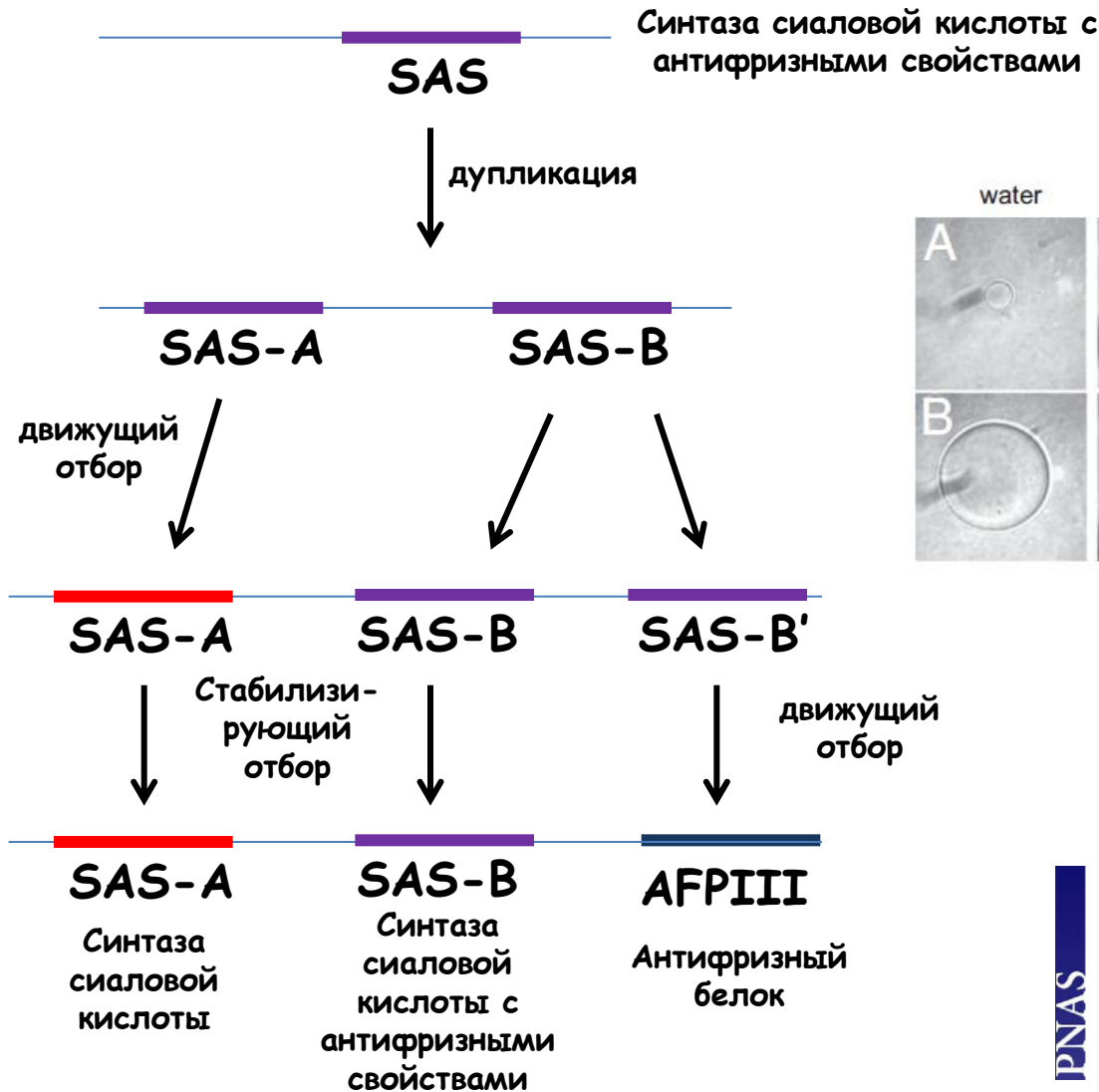
SP of AFPIII: ATGAAGTCAGTTGTTTTAACTGGTTTGCTGTTTCGTCCTCCTTTGTGTCCGACCACATGAGTTCAGCCAACAAG

* * * * *

Уход от адаптивного конфликта



антарктический налим
(*Lycodichthys dearborni*)



AFPIII выделяется в кровь или межклеточную жидкость, где нарушает образующиеся кристаллы льда

PNAS

Evolution of an antifreeze protein by neofunctionalization under escape from adaptive conflict

Cheng Deng^{a,b}, C.-H. Christina Cheng^{c,1}, Hua Ye^{a,b}, Ximiao He^b, and Liangbiao Chen^{a,1}

^aKey Laboratory of Molecular and Developmental Biology, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; ^bGraduate College of Chinese Academy of Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; and ^cDepartment of Animal Biology, University of Illinois, Urbana, IL 61801

Спасибо за внимание!

