

Evolucija kompleksa gena tkivne podudarnosti: model nastanka i nestanka gena

Bašić, Mila

Undergraduate thesis / Završni rad

2011

Degree Grantor / Ustanova koja je dodijelila akademski / stručni stupanj: **University of Zagreb, Faculty of Science / Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet**

Permanent link / Trajna poveznica: <https://urn.nsk.hr/urn:nbn:hr:217:459127>

Rights / Prava: [In copyright](#) / [Zaštićeno autorskim pravom.](#)

Download date / Datum preuzimanja: **2024-05-18**



Repository / Repozitorij:

[Repository of the Faculty of Science - University of Zagreb](#)



Prirodoslovno-matematički fakultet

Biološki odsjek

Zavod za molekularnu biologiju

SEMINARSKI RAD

Evolucija kompleksa gena tkivne podudarnosti: model nastanka i nestanka gena

Evolution of the major histocompatibility complex: birth-and-death evolution model

Mila Bašić

Mentor:

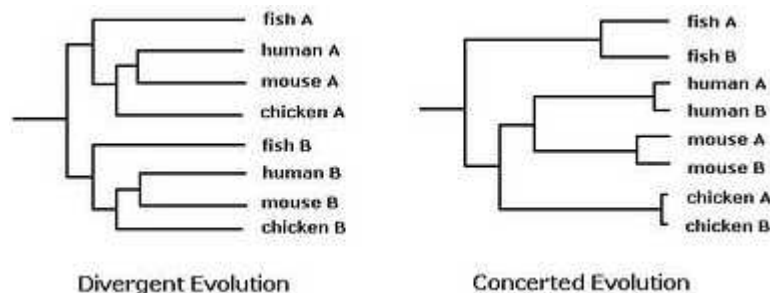
doc. dr. sc. Ana Galov

Zagreb, srpanj 2011.

1. UVOD

Multigenske porodice su one čiji članovi potječu od zajedničkog pretka, a imaju istu ili sličnu funkciju i DNA slijed. Do 1970. godine smatralo se da članovi multigenske porodice evoluiraju na način da se geni dupliciraju i zatim evoluiraju neovisno jedan o drugom i tako stječu nove funkcije. Svaki od dupliciranih gena ima zasebnu filogeniju, ali su one slične (slike 1 i 2). Taj model je nastao na temelju proučavanja α , β , γ i δ lanaca hemoglobina i mioglobina. Nazvan je modelom divergentne evolucije.

Oko 1970. godine, proučavajući ponavljajuće gene koje kodiraju rRNA roda *Xenopus* uočeno je da su nukleotidni sljedovi intergenskih regija sličniji unutar jedne vrste nego između dvije srodne vrste. To nije bilo moguće objasniti pomoću dotadašnjeg modela. Uveden je novi model evolucije multigenskih porodica koji uzrok sličnosti nalazi u usklađenoj evoluciji gena (Liao 1999). Zato geni nemaju dvije nezavisne filogenije i sličniji su unutar vrste, u usporedbi s članovima iste porodice gena u drugim vrstama (slike 1 i 2). Taj model nazvan je modelom usklađene evolucije (engl. *concerted evolution*) (Nei i sur. 2005). Primjer za evoluciju gena prema tom modelu je evolucija rRNA ili snRNA gena (Nei i sur. 2005).

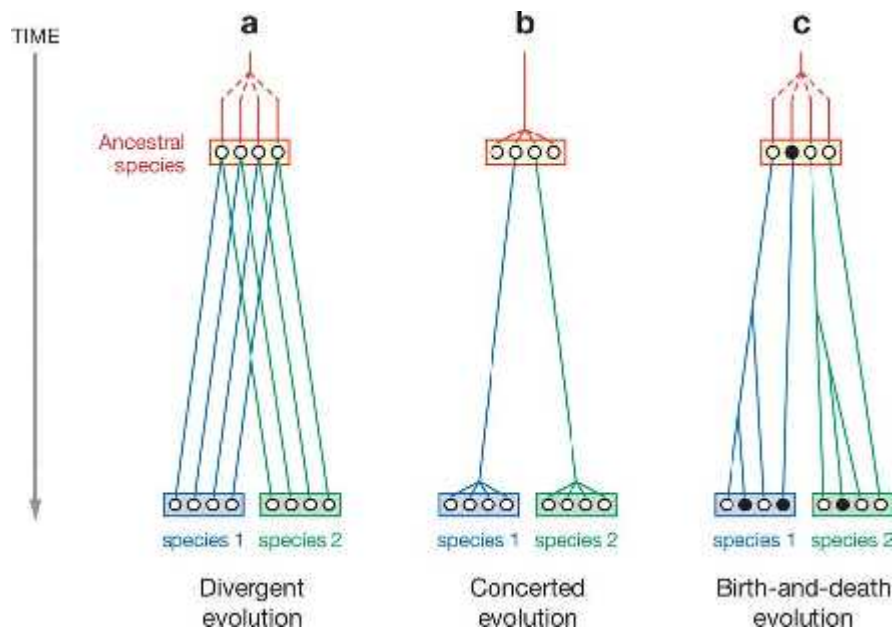


Slika 1. Prikaz filogenije prema divergentnom modelu i prema modelu usklađene evolucije

(preuzeto s <http://sandwalk.blogspot.com/2007/01/evolution-of-gene-families.html>)

Nakon uvođenja tog modela, kako je otkriveno sve više multigenskih porodica čija je evolucija pratila upravo taj model, primijenjen je i na proučavanje evolucije gena koji

kodiraju MHC molekule. Međutim, kod evolucije tih gena, taj model nije generalno primjenjiv. Javila se potreba za uvođenjem novog modela koji je kombinacija modela divergentne evolucije i usklađene evolucije. Nazvan je modelom nastanka i nestanka gena (engl. *birth-and-death*) (slika 2). Novi geni posljedica su duplikacija i kao takvi nalikuju jedan na drugog, kao i u modelu usklađene evolucije. Neki od tih gena se 'sačuvaju', odnosno nastane novi gen, a neki se deletiraju ili inaktiviraju delecijским mutacijama, odnosno gen 'nestane'. Stoga će broj gena u porodici ostati isti. Delecije i inaktivacije gena objašnjavaju zašto se neki geni prisutni u pretku ne pojavljuju u vrstama koje su evoluirale iz tog pretka, a neki od 'sačuvanih' geni su mnogo sličniji nego što se očekuje prema modelu usklađene evolucije (Nei i sur. 1997). I danas postoje polemike oko toga koji model je ispravan - usklađene evolucije ili nastanka i nestanka gena.



Slika 2. Tri različita modela evolucije gena multigenskih porodica, bijeli krugovi predstavljaju funkcionalne gene, a crni pseudogene (Nei i sur. 2005).

2. KOMPLEKS GENA TKIVNE PODUDARNOSTI KOD ČOVJEKA- HLA (engl. *human leukocyte antigen*)

2.1. Uloga MHC molekula

Osnovna komponenta humoralne imunosti su protutijela koja pružaju zaštitu preko izvanstaničnih tekućina. Međutim, što je s antigenima koji se nalaze unutar stanica? Za takvu zaštitu odgovorna je stanicama posredovana imunost čija su osnovna komponenta limfociti T koji preko svojih receptora (TCR, engl. *T cell receptors*) prepoznaju peptidne fragmente antigena. Ti peptidni fragmenti antigena vezani su preko posebnih antigen predočnih molekula, nazvanih MHC molekule, koje su izražene na površini antigen predočnih stanica (APC, engl. *antigen presenting cells*). Limfociti T, odnosno TCR, prepoznaju te peptidne fragmente samo ako su vezani na MHC molekule na površini APC i ako dođe do bliske međustanične interakcije (Male i sur. 2003).

2.2. Podjela

Postoje dvije vrste MHC molekula, to su MHC molekule skupine I (skraćeno MHC-I) i MHC molekule skupine II (skraćeno MHC-II) (Male i sur. 2003). MHC molekule su antigen predodne molekule koje vežu kratke peptidne fragmente antigena. Peptidni fragmenti koje vežu MHC-I nastali su djelovanjem proteaza u citosolu. Prijenos fragmenata iz citosola u lumen endoplazmatske mrežice vrše prijenosni proteini. U lumenu će se uz pomoć nekoliko proteina formirati MHC-I-antigenski kompleks. Kompleks će u slučaju prisutnosti antigena biti prenesen na površinu stanične membrane Golgijevim sklopom.

MHC-II, s druge strane, prezentiraju peptidne fragmente nastale djelovanjem vezikularnih proteaza. Spajanjem vezikula koje nose MHC-II i endosoma, koji sadrže fragmentirane peptide antigena, formira se MHC-II-antigenski kompleks. Spajanje se također događa u lumenu endoplazmatske mrežice (Andreiss i sur. 2004).

Duljine fragmenata antigena koje predodaju kreću se od osam do deset aminokiselina za MHC-I i 13-24 aminokiselina za MHC-II. Vezno mjesto MHC-II molekula otvorenije je

od veznog mjesta MHC-I molekula što je uzrok sposobnosti vezanja duljih fragmenata (Male i sur. 2003).

2.3. Građa

MHC-I građene su od teškog glikoziliranog lanca (45 kDa) nekovalentno povezanog s β_2 -mikrotubulinom (β_2m), također polipeptidnim lancem (12 kDa). Teški glikozilirani lanac sastoji se od 3 ekstracelularne domene (α_1 , α_2 , α_3 , svaka po ~90 aminokiselina), transmembranske domene (~25 aminokiselina) i citoplazmatskog repa (30-40 aminokiselina) (slika 3). Tri izvanstanične domene su te koje su glikozilirane. Treća domena, α_3 , nekovalentno povezuje teški lanac s β_2m . α_1 i α_2 domene teškog lanca tvore antigen-vežuće mjesto; platformu 8 antiparalelnih β lanaca koje podupiru dva α heliksa. Aminokiseline koje tvore antigen-vežuće mjesto uzrok su visoke polimorfnosti (visoke strukturne raznolikosti) i velikih razlika u obliku utora na koji se antigen veže (Male i sur. 2003).

MHC-II građene su od teškog α lanca (30-34 aminokiselina) i lakog β (26-29 aminokiselina) lanca koji su nekovalentno vezani. Razlika u molekularnoj masi proizlazi iz različite glikoziliranosti. α_1 , α_2 i β_1 su N-glikozilirani, dok β_2 domena nije. Izvanstanična regija sastoji se od dvije domene (α_1 i α_2 kod α lanca, te β_1 i β_2 kod β lanca) na koje se nadovezuju transmembranska (~30 aminokiselina) i citoplazmatska regija (10-15 aminokiselina), slično kao i kod molekula skupine I (Male i sur. 2003) (slika 3).

Strukturno gledajući građu MHC-I i MHC-II, uočava se sličnost u građi α_3 domene MHC-I i α_2 i β_2 domena MHC-II koje sve skupa strukturno nalikuju konstantnoj regiji imunoglobulina. Gledajući cjelokupnu trodimenzionalnu strukturu, MHC-I i MHC-II su dosta slične (Male i sur. 2003).

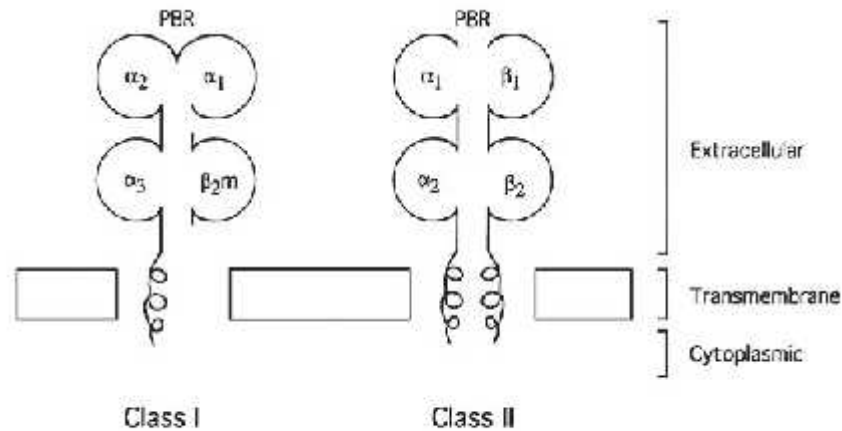


Figure 7. Schematic presentation of the structure of MHC class I and class II molecules. PBR = peptide-binding region. (Reprinted, with permission, from the Annual Review of Genetics, Vol. 24 ©1998 by Annual Reviews, www.annualreviews.org).

Slika 3. Prikaz građe MHC molekula (preuzeto s http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2006/vol4-5/gmr0218_full_text.htm)

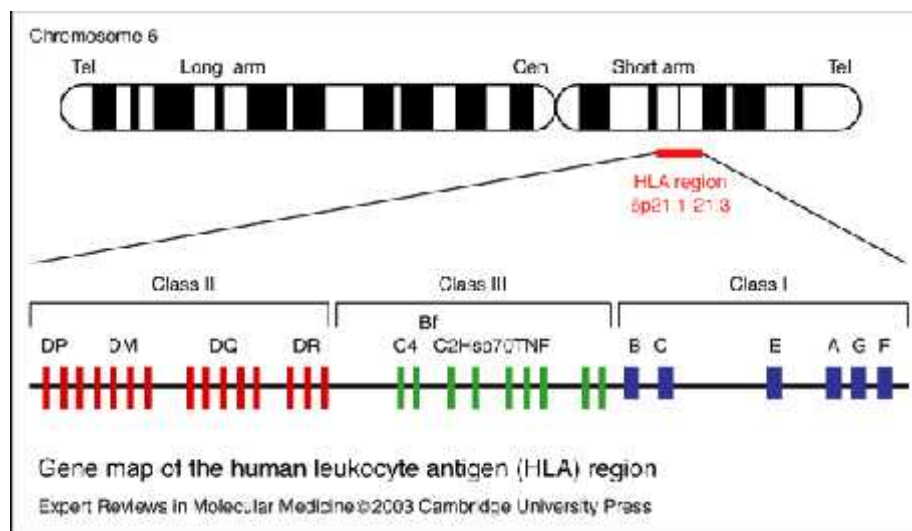
2.4. Genski lokusi

HLA zauzima dio kromosoma 6, segment od ~4,000 kilobaza (kb) koje predstavljaju ≥ 84 gena, od kojih ~15 kodira MHC-I, ~19 kodira MHC-II (Klein i sur. 1993) (slika 4).

Geni koji kodiraju MHC-I skupljeni su u klaster i zauzimaju regiju dugu ~2,000 kb, dok geni koji kodiraju MHC-II, koji su također skupljeni u klaster, zauzimaju nešto kraću regiju dugu ~1,000 kb. Postoji i regija od ~1,000 kb koja se nalazi između regija koje kodiraju MHC-I i MHC-II i zbog toga se naziva MHC-III (Klein i sur. 1993).

Glavna tri genska lokusa MHC- I su I lokusi: HLA-A, HLA-B i HLA-C, pri čemu svaki kodira teški lanac klasične MHC-I (Male i sur. 2003), dok je β_2 -mikrotubulin (β_2m) kodiran genom koji se nalazi izvan MHC regije (Nei i sur. 1997).

Geni koji kodiraju MHC-II (najmanje 6 α lanaca i 10 β lanaca) nalaze se u regiji HLA-D, a glavna tri genska lokusa su slijedeća: DP, DR i DQ, koji kodiraju barem jedan α i barem jedan β lanac (Male i sur. 2003).



Slika 4. Raspored HLA genskih lokusa (preuzeto s http://journals.cambridge.org/fulltext_content/ERM/ERM5_07/S1462399403005957sup002.htm)

2.5. Polimorfizam

Jedno od glavnih obilježja MHC molekula jest izrazito visok stupanj polimorfizma. Unutar određene MHC molekule, bilo skupine I ili II, polimorfizam je ograničen na određene regije. Kod MHC-I to su tri regije α_1 i α_2 domene. α_2 domena je, čini se, više konzervirana. Kod MHC-II polimorfizam ovisi o podregiji i polipeptidnom lancu. Većina polimorfnihi aminokiselina, kod obje skupine molekula, ograničene su na vrh molekula oko antigen-vežućeg mjesta, tako da polimorfizam utječe na sposobnost MHC molekula da vežu različite peptidne fragmente različitih antigena i proširuje spektar antigenskih fragmenta koje mogu prezentirati (Male i sur. 2003).

3. EVOLUCIJA GENA MULTIGENSKIH PORODICA

3.1. Usklađena evolucija

Iznenadujuće veliku frakciju genoma zauzimaju repetitivne sekvence. One su većinom nekodirajuće regije, a manjim dijelom kodirajuće. Neovisno o svojstvu kodiranja pokazuju zajedničko, neočekivano svojstvo da evoluiraju usklađeno, stoga nije neočekivano da je i evolucija MHC molekula proučavana na tom modelu evolucije (Liao 1999). Pretpostavlja se da su uzrok evolucije spontane mutacije koje se dogode u jednom genu, ali se prenesu na sve gene porodice tako da geni i dalje evoluiraju usklađeno. Glavni mehanizmi usklađene evolucije su nejednoliki krosingoveri ili genska konverzija. Genska konverzija je vrsta nerekipročne rekombinacije u kojoj se segment gena kopira, 'obradi' u drugi, a molekularni mehanizam do danas nije razjašnjen. I nejednoliki krosingover i genska konverzija imaju slični efekt. Jedina je razlika što nejednoliki krosingover ima za posljedicu povećanje ili smanjenje broja gena, dok genska konverzija ne. Brojni su problemi vezani uz ovaj model evolucije kod gena MHC molekula. Mala je vjerojatnost da se genska konverzija događa između dva diferencirana lokusa u točno određeno vrijeme u evoluciji. (Nei i sur. 2005). Također, kada bi geni evoluirali modelom usklađene evolucije, očekivali bi da aleli svakog polimorfnog lokusa ne tvore nužno monofiletski klaster u filogenetičkom stablu, što isto nije slučaj (Nei i sur. 2005). Nije iznenadujuće, stoga, što se pojavio drugi model koji objašnjava evoluciju gena ove multigenske porodice. Iako nisu sporne pojave krosingovera i genske konverzije, ono što je sporno jest njihova učestalost i utjecaj na evoluciju gena koji kodiraju MHC molekule. Ipak, postoje i danas autori koji zagovaraju ovaj model evolucije (Nei i sur. 2005).

3.2. Model nastanka i nestanka gena

Jedna od prvih zamjerki teoriji usklađene evolucije bila je što neki geni unutar multigenske porodice nisu nužno sličniji genima unutar iste vrste, nego nalikuju genima drugih vrsta. Neki autori zato smatraju da je evolucija multigenske porodice MHC molekula tekla prema modelu nastanka i nestanka gena prema kojem su novi nastanu duplikacijama, a dio njih 'nestane', bilo inaktivacijom ili delecijom. (Nei i sur. 1997). 'Nestanak' gena može biti nasumičan, a može

biti i posljedica selekcije. Taj model objašnjava zašto nekih gena nema u nekih vrsta koje potječu od istog zajedničkog pretka, a oni prisutni, 'sačuvani', su mnogo sličniji nego što se očekuje prema modelu usklađene evolucije. Sve učestalija otkrivanja sljedova DNA u različitim vrstama omogućila su brojne filogenetičke analize. One su, primjerice, vršene nad ljudskim genomom, ali i onim gorila, čimpanzi itd. Filogenetičke analize pokazale su da je evolucijski obrazac različit od onog koji bi bio očekivan modelom usklađene evolucije; različite porodice ili rodovi sisavaca nemaju 'prave' ortologne gene. Ortologni geni su homologni geni u različitim vrstama koji su donekle slični jer potječu iz posljednjeg zajedničkog pretka (Nei i sur. 2005). Nakon razdvajanja dvije nove vrste iz posljednjeg zajedničkog pretka, imale su različitu evoluciju, što je uzrok različitosti u slijedu DNA. Jedino logično objašnjenje za tu pojavu jest nastanak odnosno nestanak gena koji su odlike ovog modela. On ujedno objašnjava i visoki postotak inaktiviranih gena, pseudogena, u čitavoj MHC regiji (Nei i sur. 2005). Za visok stupanj polimorfnosti ponuđeno je drugo objašnjenje – hipoteza heterozigotne prednosti. Selekcija vrši se nad antigen-vežućem mjestu MHC molekula, što je alternativa teoriji da je za to zaslužna genska konverzija. Načelo hipoteze heterozigotne prednosti jest da su heterozigoti višeg fitnessa od homozigota. U ovom slučaju, heterozigoti će biti sposobni obraniti se od dvije različite vrste patogena, a homozigoti samo od jedne. Zato će heterozigoti imati viši stupanj preživljenja - viši fitness (Nei i sur. 2005). Ipak, ta saznanja ne isključuju mogućnost uključenosti genske konverzije ili nejednolikog krosingovera u evoluciji gena MHC molekula, ali čini se da je taj doprinos zanemarivo mali. Nisu geni koji kodiraju MHC molekule jedini koji pokazuju ovaj obrazac evolucije. U tu skupinu ubrajamo i ostale imunoglobulinske gene i njima srodne gene, gene olfaktornih receptora, gene feromonskih receptora i gene zaslužne za sintezu feromona (Nei i sur. 2005).

4. ZAKLJUČAK

Studije o evoluciji gena koji kodiraju MHC molekule uglavnom se svode na razmatranje dva modela evolucije: model usklađene evolucije i model nastanka i nestanka gena. Iako postoje dokazi koji idu u prilog oba modela, model nastanka i nestanka gena bolje odgovara obrascu evolucije gena koji kodiraju MHC molekule. Iako je mehanizam modela usklađene evolucije, nejednoliki krosingover i genska konverzija, dokazan, ne postoje dokazi da su ti događaji značajni u evoluciji gena koji kodiraju MHC molekule kao takvih, odnosno, njihov doprinos je zanemarivo mali. Istraživanja su pokazala da je model nastanka i nestanka gena vjerojatniji, tj. bolje odgovara obrascu evolucije, što je dokazano sve češćim filogenetičkim analizama koje se vrše nad brojnim vrstama.

Ipak, i danas postoje autori koji zagovaraju teoriju usklađene evolucije. Za razrješenje ove polemike važno je napraviti jednoznačnu studiju evolucijskih modela gena imunološkog sustava. Srećom, količina podataka o DNA sekvencama svakodnevno raste, uglavnom zbog projekata sekvenciranja genoma koje se provodi nad različitim organizmima. Sigurno je da će s novim saznanjima, s više sekvenciranih regija iz različitih vrsta biti lakše dokučiti kako je tekla evolucija gena koji kodiraju MHC molekule, ali i ostalih gena multigenskih porodica u genomu.

5. LITERATURA

1. Igor Andreiss, Drago Batinić, Filip Čulo, Danka Grčević, Matko Marušić, Milan Taradi, Dora Višnjić, 2004. Imunologija. Šesto izdanje. Medicinska naklada, Zagreb.
2. Etienne Joly, 2006. Various hypotheses on MHC evolution suggested by the concerted evolution of CD94L and MHC class Ia molecules, *Biology direct*. **1**:3.
3. Jan Klein, Colm O'hUigin, Felipe Figueroa, Werner E. Mayer, and Dagmar Klein, 1993. Different Modes of Mhc Evolution in Primates. *Mol. Biol. Evol.* **12**, 48-59.
4. Daiqing Liao, 1999. Concerted Evolution: Molecular Mechanism and Biological Implications. *Am. J. Hum. Genet.* **64**, 24-30.
5. David Male, Jonathan Brostoff, David Roth, and Ivan Roitt 2003. Immunology. 7th edition. Alden Group, Oxford.
6. Masatoshi Nei and Alejandro P. Rooney, 2005. Concerted and Birth-and Death Evolution of Multigene Families. *Annu Rev Genet.* **39**, 121-152.
7. Masatoshi Nei, Xun Gu, and Tatyana Sitnikova, 1997. Evolution by the birth-and-death process in multigene families of the vertebrate immune system. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **94**, 7799-7806.
8.
http://journals.cambridge.org/fulltext_content/ERM/ERM5_07/S1462399403005957sup002.htm
9. http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2006/vol4-5/gmr0218_full_text.htm
10. <http://sandwalk.blogspot.com/2007/01/evolution-of-gene-families.html>

6. SAŽETAK

MHC molekule važna su komponenta imunosti. Njihova uloga jest predočavanje fragmenata antigena limfocitima T. Geni koji kodiraju MHC molekule članovi su multigenske porodice. To znači da imaju zajedničko porijeklo i sličnog su DNA slijeda. MHC regija podijeljena je na tri regije, regiju koja kodira MHC molekule skupine I, regiju koja kodira MHC molekule skupine II, a između se nalazi tzv. MHC regija III. Evolucija gena multigenskih porodica, kao što su porodica rRNA gena, histona, imunoglobulinska porodica, porodica MHC molekula, proučavana je već dugi niz godina, pa su se tako javili različiti modeli koji objašnjavaju njihovu evoluciju. Neko se vrijeme smatralo da su geni koji kodiraju MHC molekule evoluirali prema modelu usklađene evolucije. Prema tom modelu uzrok evolucije su spontane mutacije koje se kopiraju i šire po porodici gena nizom uzastopnih nejednolikih krosingovera ili genskom konverzijom. Iako prisutnost tih pojava nije upitna, nema dokaza da su ti događaji dovoljno učestali i važni da su uzrok evolucije čitave porodice. Geni koji kodiraju MHC molekule, čini se, evoluirali su prema modelu nastanka i nestanka gena gdje geni nastaju duplikacijama. Neki se geni 'sačuvaju', a neki se deletiraju ili inaktiviraju, odnosno nestanu. Filogenetičke analize, koje se danas vrše zahvaljujući sve većem broju sekvenciranih sljedova DNA u različitim vrstama, potvrđuju upravo taj obrazac evolucije. Daljnjim sekvenciranjem gena koje kodiraju MHC molekule u što više različitih vrsta može se dobiti potpunija slika evolucije tih gena, ali i gena multigenskih porodica općenito.

7. SUMMARY

The MHC molecules are important part of immunity. Their function is presenting peptide fragments of antigens to T-cells. Genes coding for the MHC are a part of the multigene family. This means that they are of the same origin and have a similar DNA sequence. MHC region is divided in three regions, one that codes for MHC-I, second that codes for MHC-II and the third one, MHC-III, which is positioned between the first two regions. Evolution of multigene families, like the rRNA genes, histone genes, immunoglobulin gene family, MHC gene family, has been studied for a long time, consequently different models explaining their evolution appeared. For a certain time, it was believed that the evolution of the MHC followed a pattern called concerted evolution. According to this model, the cause of evolution are spontaneous mutations arising in a repeat unit and are then spread rapidly throughout the multigene family by unequal crossing-over or gene conversion. Although these occurrences are not questionable, there is no evidence that they are occurring often enough or even important enough to have a role in gene evolution of the entire multigene family. The MHC genes apparently evolved following birth-and-death evolution, where new genes are created by gene duplication. While some genes are maintained for a long time, others are deleted or become nonfunctional by deleterious mutations. Phylogenetic analyses, which are run thanks to an increasing number of identified DNA sequences in different species, confirm this model of evolution. Continued application of phylogenetic analysis produces not only a broader picture of evolution of these genes, but also evolution of multigene families in general.