

Izolace DNA z kvasinek



Jana Kopecká

223187@mail.muni.cz

Oddělení mikrobiologie a molekulární biotechnologie
ÚEB PřF MU

Obsah

1. Proč?
2. Kvasinky
3. Izolace – postupy
4. Kontrola a další použití

Doporučená literatura

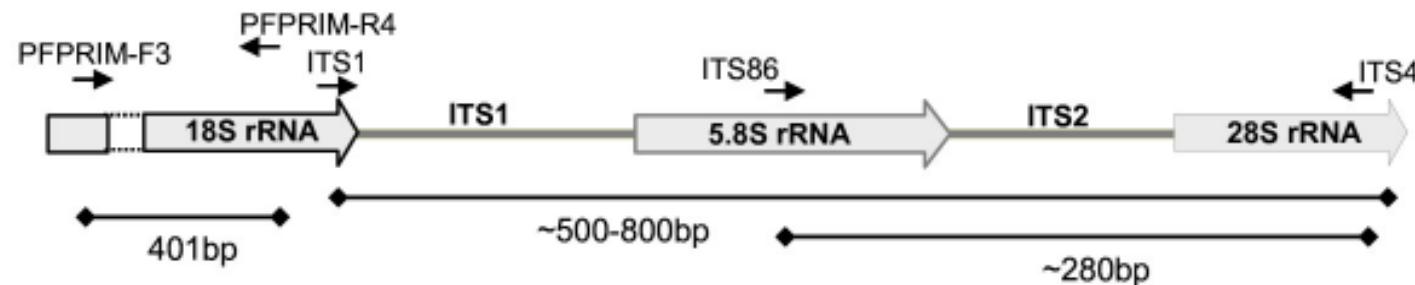
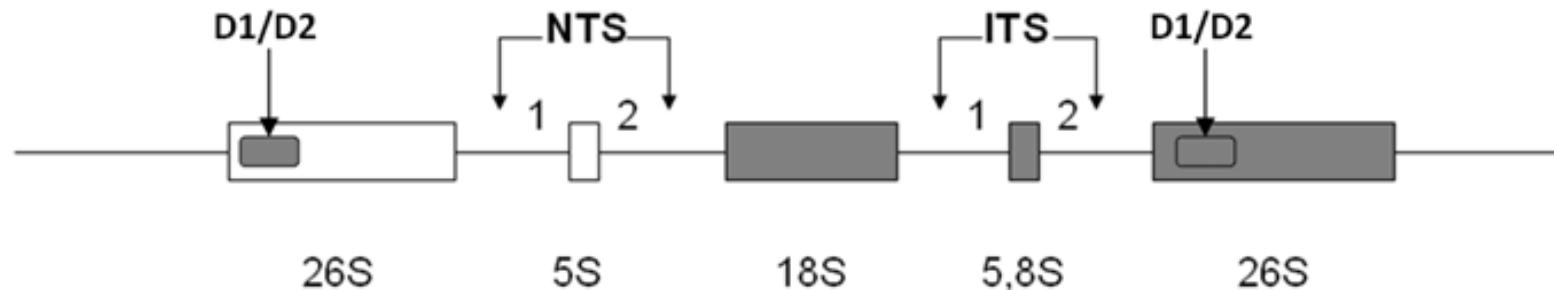
- Přednáška !!
- Podrobněji např.:
 - Sambrook a Russell (2001): Molecular cloning, a laboratory manual.
 - Giudici a Pulvirenti (2002): Molecular methods for identification of wine yeasts.
 - a mnoho dalších článků a knih...

Proč izolovat DNA/RNA z kvasinek?

- běžné mikrobiologické a biochemické testy jsou často nepřesné a nedostatečné
- testy mohou být ovlivněny kultivačními podmínkami
- jednotlivé rody či druhy mají shodné či variabilní výsledky
- → analýza sekvencí evolučně konzervativních genů či oblastí na DNA
- nejčastěji oblast ITS (Internal Transcribed Spacer), která se nachází mezi podjednotkami genů pro rDNA, 18S, 5,8S a 26S (chromozom XII)

ITS region

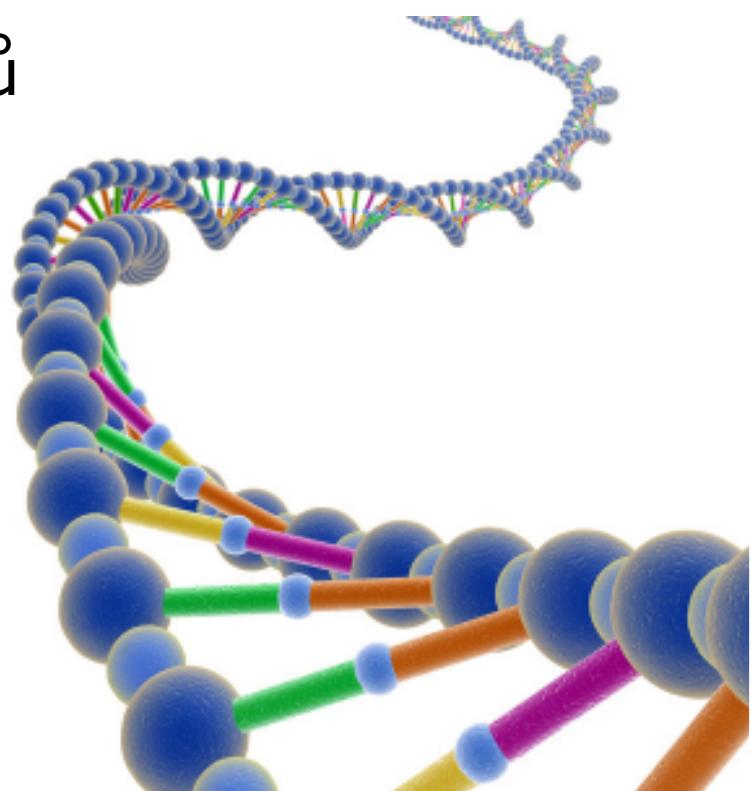
Schématické znázornění ITS, NTS a D1/D2 regionu (Giudici a Pulvirenti, 2002, upraveno)



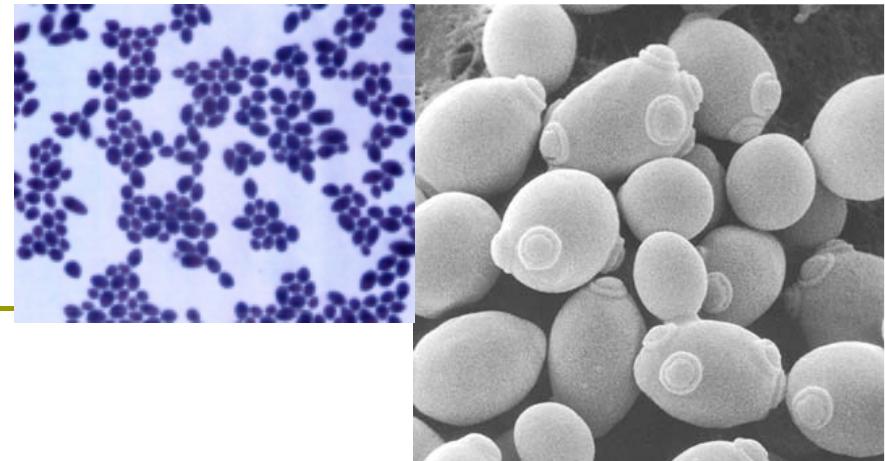
(zdroj: [ttp://www.biomedcentral.com/1471-2415/8/7/figure/F1?highres=y](http://www.biomedcentral.com/1471-2415/8/7/figure/F1?highres=y))

Proč izolovat DNA/RNA z kvasinek?

- Ověření přítomnosti mikroorganizmů
- Porovnání + klasifikace
- PCR – klonování, exprese genů
- mtDNA
- chromozomální DNA
- RNA
- plazmidová DNA
- ...



Kvasinky



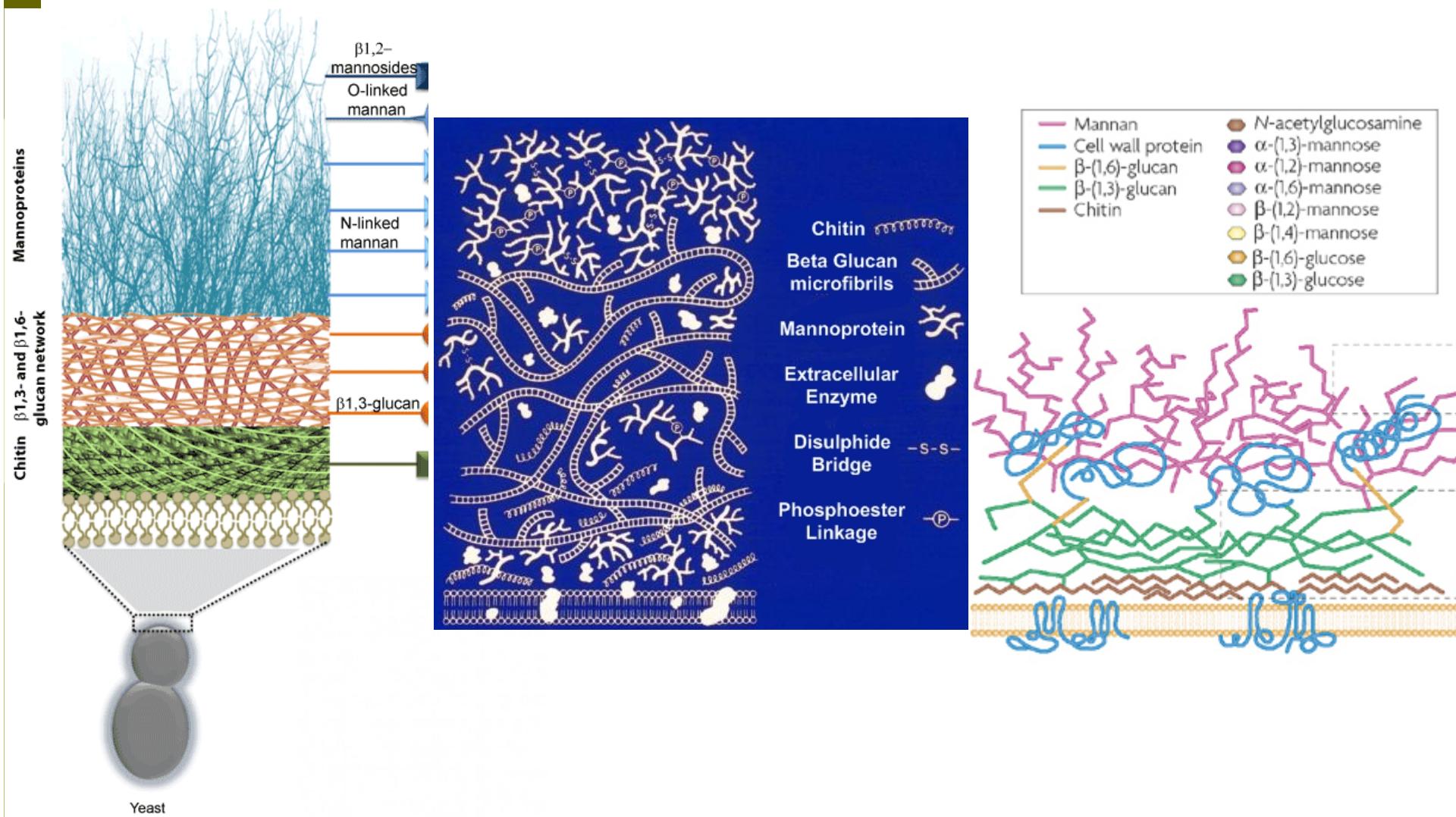
- Eukaryota, heterotrofní
- Široké využití (potravinářství, farmacie, medicína, modelové organizmy, atd.)
- Ale i patogenní kvasinky
- *Genom*: *S. cerevisiae* 12 Mb, 16 chromozomů (1996)
S. pastorianus 25 Mb, 36 chromozomů (2009)



Buněčná stěna kvasinek

- **Odlišné složení od prokaryot!!!!**
- Tvorba jizev - pučení (chitin)
- Shlukování (i s bakteriemi), rozpoznávání buněk opačného párovacího typu, přilnavost k povrchům, ...
- **polysacharidy (β -1,3-glukan, β -1,6-glukan)
glykozylované bílkoviny (manoproteiny)
chitin**

Buněčná stěna kvasinek



Izolace DNA - obecně

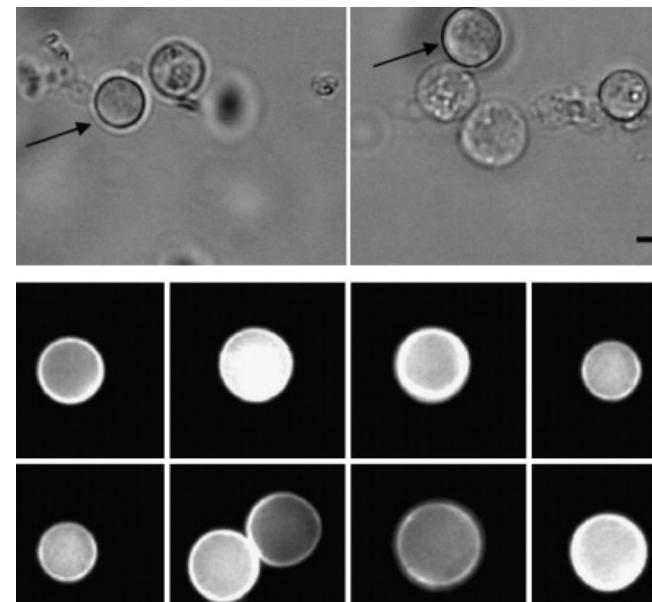
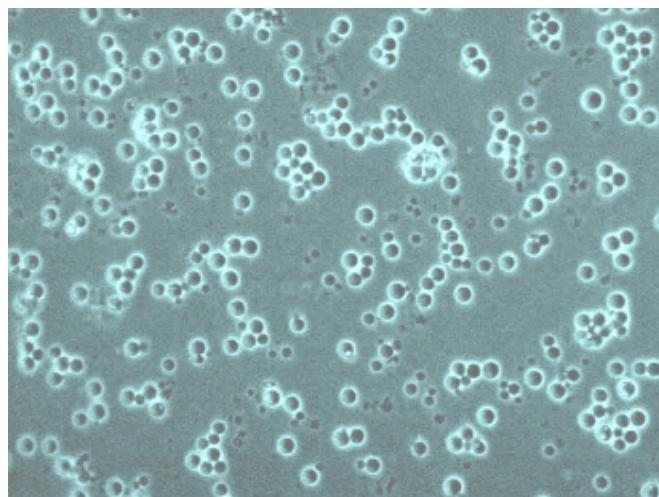
- Zisk kultury + nárůst buněk
- Odstranění buněčné stěny
- Lyze buněk
- Izolace a přečištění DNA
- Ověření gelovou elektroforézou

Izolace DNA – fenol I.

1. Promytí buněk vodou a EDTA (vyvázání iontů, které jsou potřebné pro funkčnost nukleáz)
 2. Mechanické rozbití buněk, sonikace nebo enzymatická lyze buněčné stěny
 - hydrolýza poly- β (1→3-)glukózy
- Lyticáza** (endoglukanáza, proteáza)
 - Zymoláza**
(β -1,3-glukan laminaripentaohydroláza, β -1,3-glukanáza, proteáza, mananáza)
 - β -d-glukuronidáza** (glusulase)

Izolace DNA – fenol II.

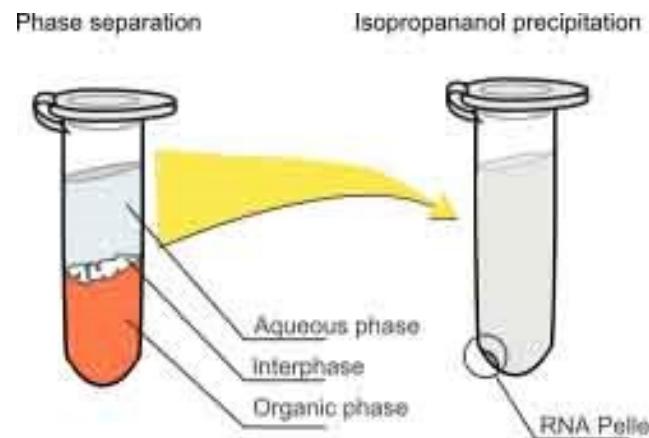
3. Tvorba sferoplastů
(protoplastů)



4. Lyze – EDTA, proteináza K, 10 % SDS (rozpouští tuky ..
narušení membrány)

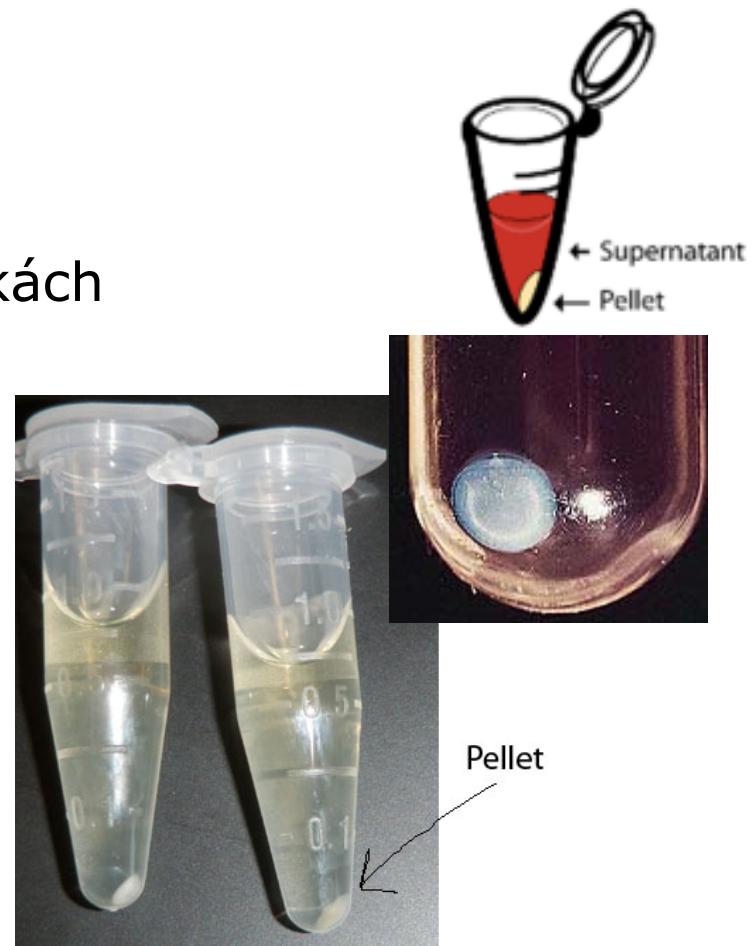
Izolace DNA – fenol III.

5. Přidání fenolu a následně směsi izoamylalkohol:chloroform v poměru 1:24
(ve které se rozpouští fenol a tedy vymizí z vodné fáze)
6. Rozdělení směsi na spodní organickou a horní vodnou (s DNA) fázi, mezi nimi jsou vysrážené proteiny
!!!odpipetování špičkou s ustříhlým koncem
(střížné síly, velikost a počet chromozomů)
6. Přídavek RNázy



Přečištění DNA

- K hrubému lyzátu se přidá 0,7 objemu izopropanolu/etanolu
- Vysrážení při -20°C
- Centrifugace DNA při vysokých otáčkách
- Vysušení, rozpuštění
→ zakoncentrování
(TE pufr, voda, 10 mM Tris)
- Uchování při 4°C
(zmražení může poškodit chromozomy)



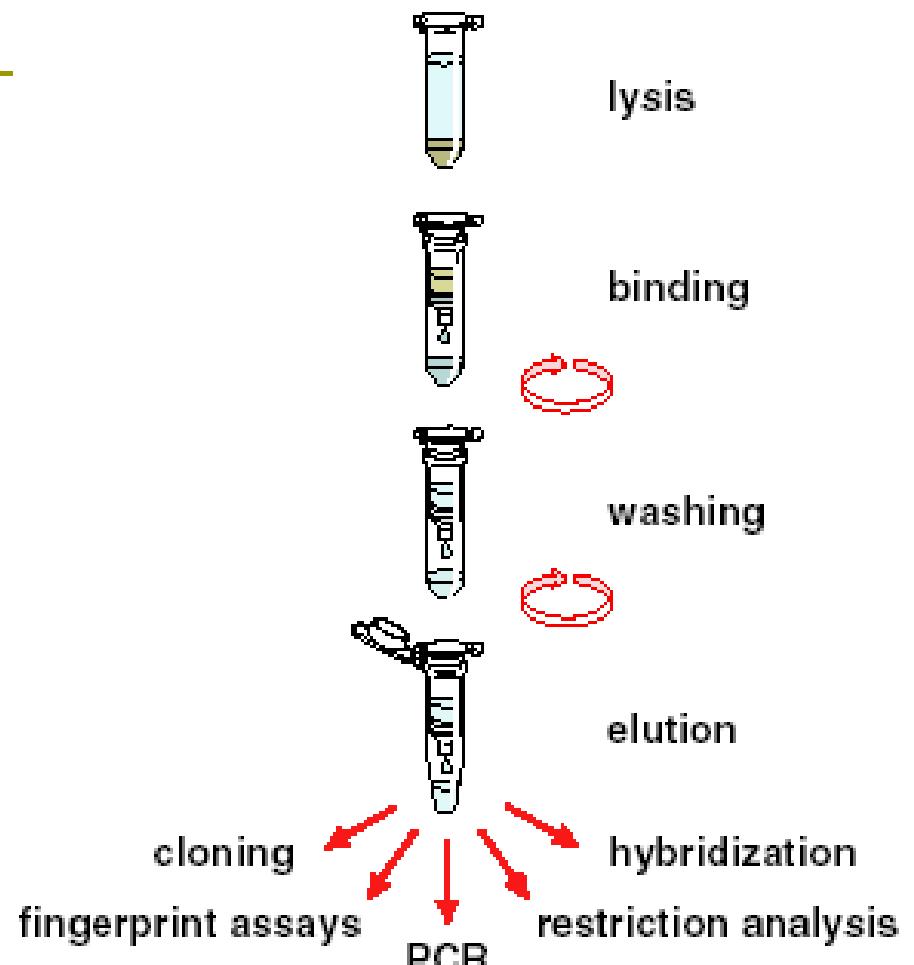
Izolace DNA - kity

- Bez fenolu, většinou „silika kolonky“
- Mechanické X enzymatické rozbití buněk
- Většinou neobsahují enzym pro rozbití buněčné stěny – nutno dokoupit!
- Často je třeba namíchat pufr pro rozbití buněk (není součástí kitu)
- Nižší výtěžky, stabilita, kompaktnost chromozomů
- Pro jednorázové stanovení dostačující, pro dlouhodobou manipulaci s DNA zvolit šetrný způsob izolace

Izolace DNA - kity

- Jednoduché
- Rychlé
(**ALE** rozbití buněčné stěny)
- Neznámé složení roztoků
- Dražší v porovnání s fenolovou metodou
- Nutno dokoupit enzym a namíchat roztoky

NucleoSpin® Tissue procedure



Macherey-Nagel (Německo)

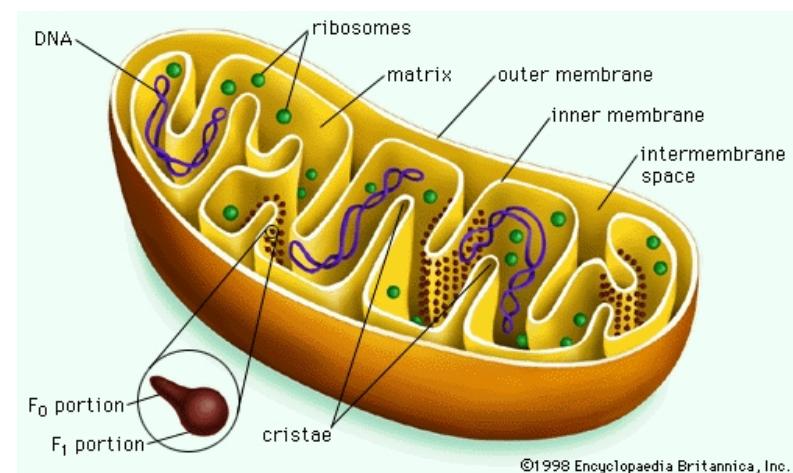
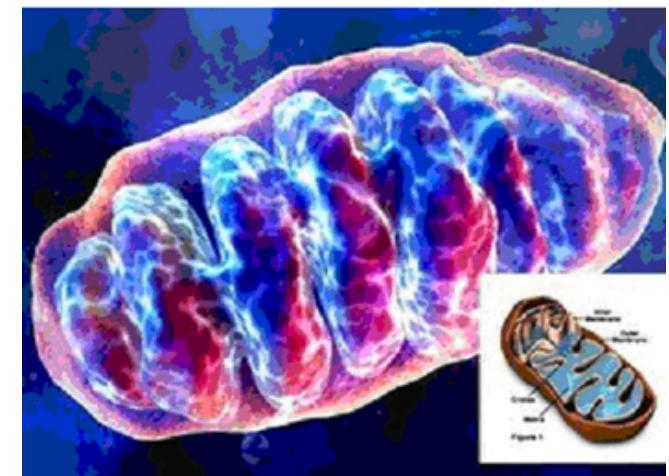
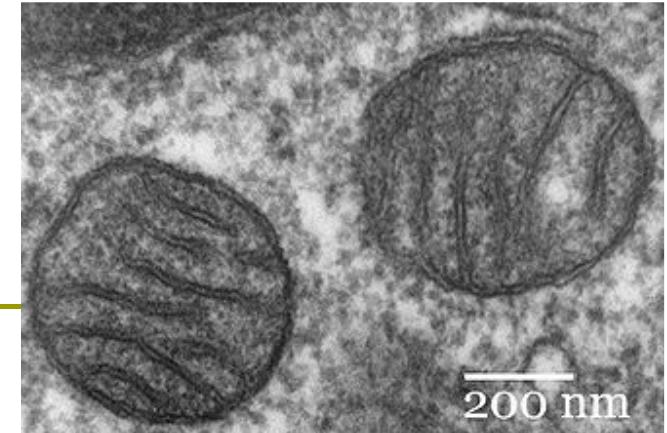
Kontrola

□ Gelovou elektroforézou



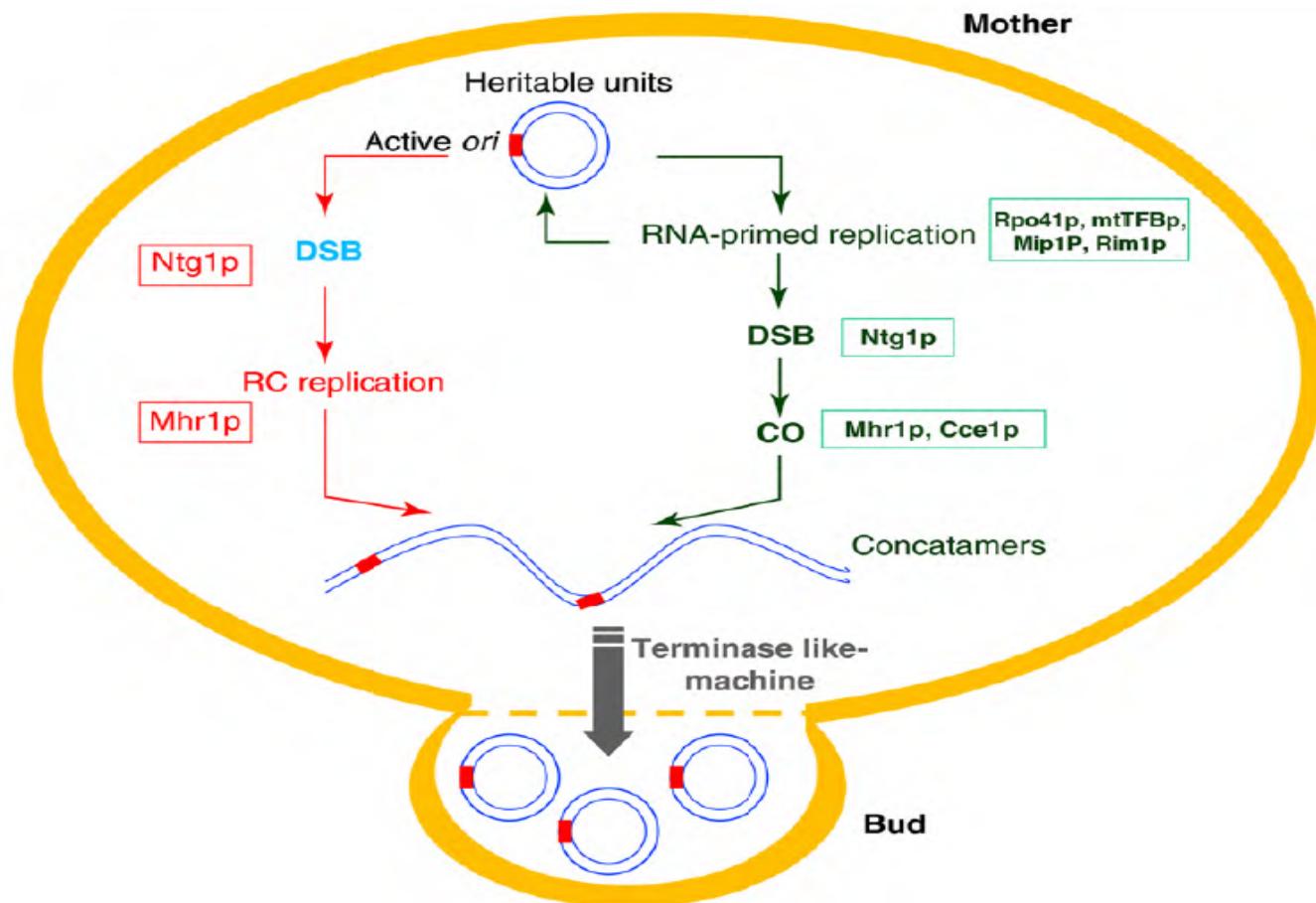
Mitochondrie kvasinek

- „Buněčná elektrárna“ → ATP
- Vnější a vnitřní membrána
- Počet: 15 - 29 v závislosti na fyziologickém stavu buňky
- Velikost: 0,6 – 2,1 µm



©1998 Encyclopaedia Britannica, Inc.

Replikace mitochondrií



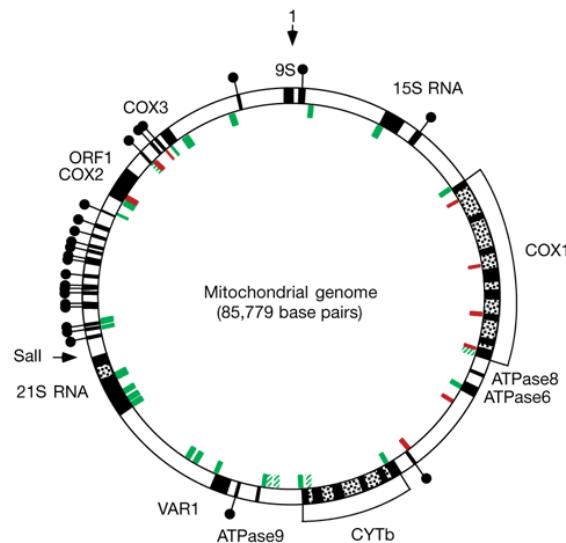
(Solieri. 2010. *Trends in Microbiol.* 18:521-530)

mtDNA

- 85 779 bp u *S. cerevisiae*
- 70 578 bp u *S. pastorianus*
- 64 300 bp u *S. bayanus*
- Různá velikost, pořadí genů, ...
- Identifikace – RFLP, štěpení genů pro cytochrom oxidázu, ...

mtDNA u rodu *Saccharomyces*

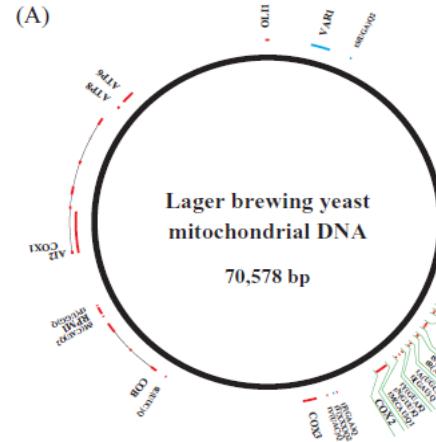
a



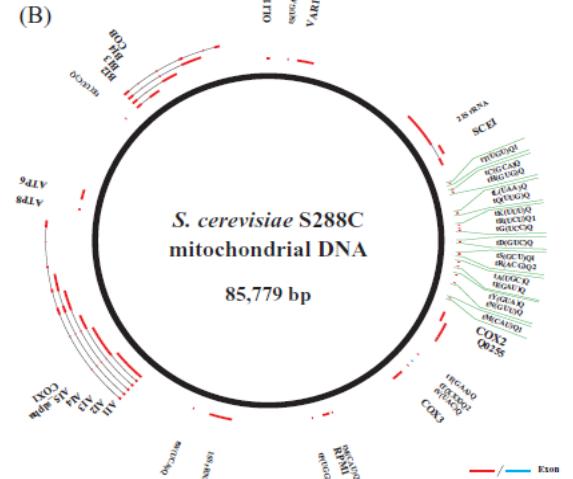
b

Survivor	Insertion length (nucleotides)	Position of fragment on the mitochondrial DNA sequence	Characteristics of the original mitochondrial sequence	Orientation
34-II-89 (b) 622pBS8 (a)	65 101	14,804–14,868 19,870–19,770	COX1 (intronic ORF αi1) COX1 (intronic ORF αi3 encoding I-SceII) Intergenic region	parallel antiparallel
34pAT9	92	23,396–23,487	COX1 (intron αi3 γ)	parallel
622pBS8 (b) 34pAS15 (b)	52 49	25,795–25,699 30,114–30,063 34,946–34,994	Intergenic region (between ori7 and ORF5) Intergenic region (between ori2 and tRNA _{Glu}). G-C cluster	antiparallel parallel
34pAS15 (a) 34pAS16	189 77	74,600–74,412 77,789–77,713	COX2 and ORF1 Intergenic region (between tRNAs _{Leu} and tRNAs _{Thr})	antiparallel antiparallel
34pAS7	47	79,020–79,066	Intergenic region (upstream of COX3)	parallel

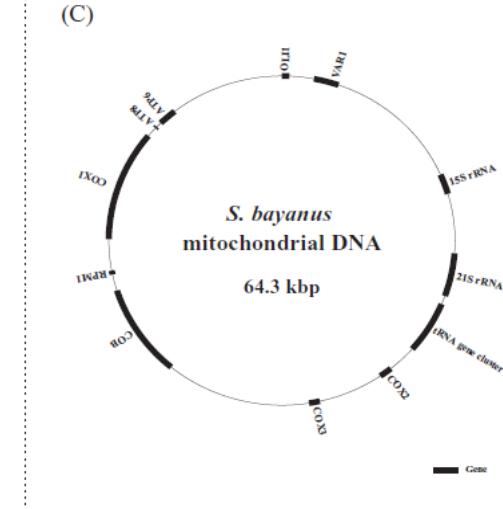
(A)



(B)



(C)



(Ricchetti et al. 1999. *Nature*. 402: 96-100.)

(Nakao et al. 2009. *DNA Research*. 16:115-129)

Pořadí genů na mitochondrii

(*Saccharomyces* sensu stricto; Groth et al. 2000)

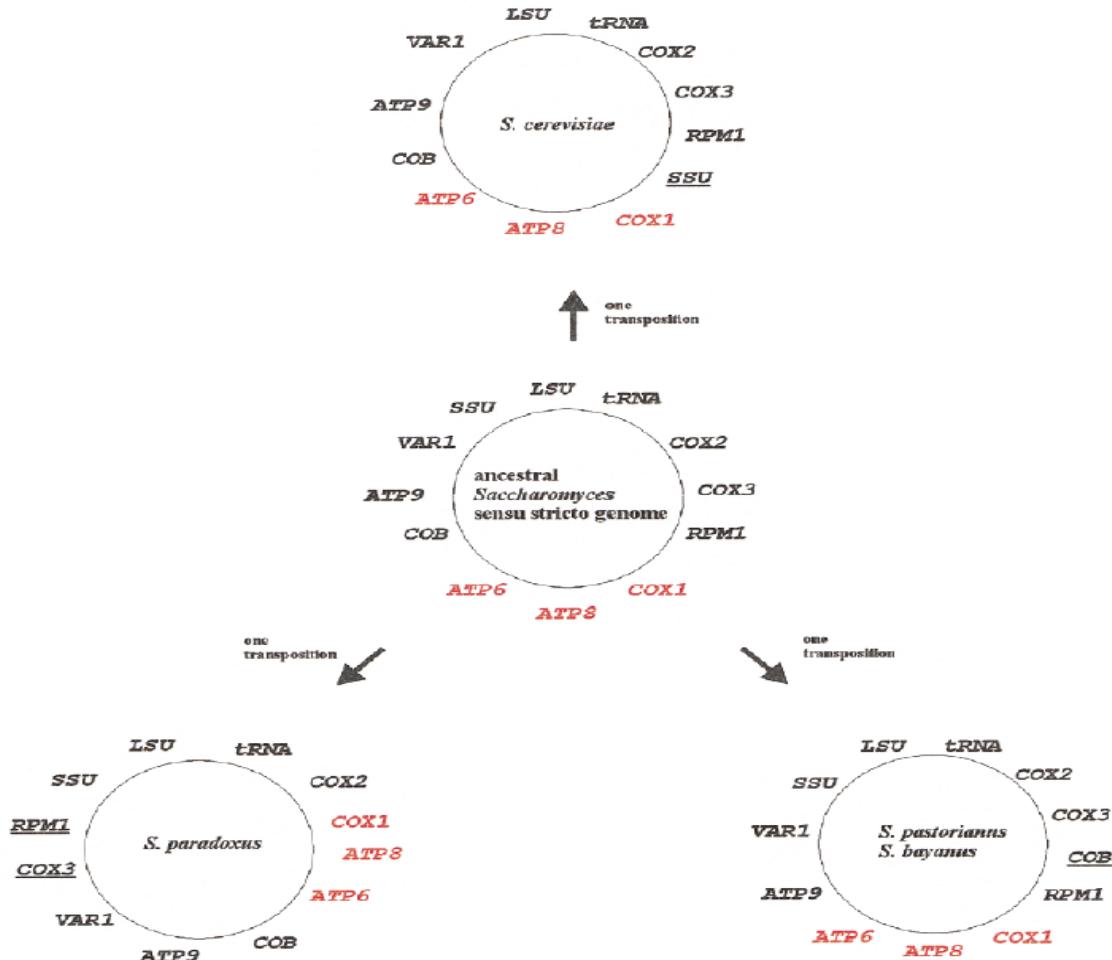
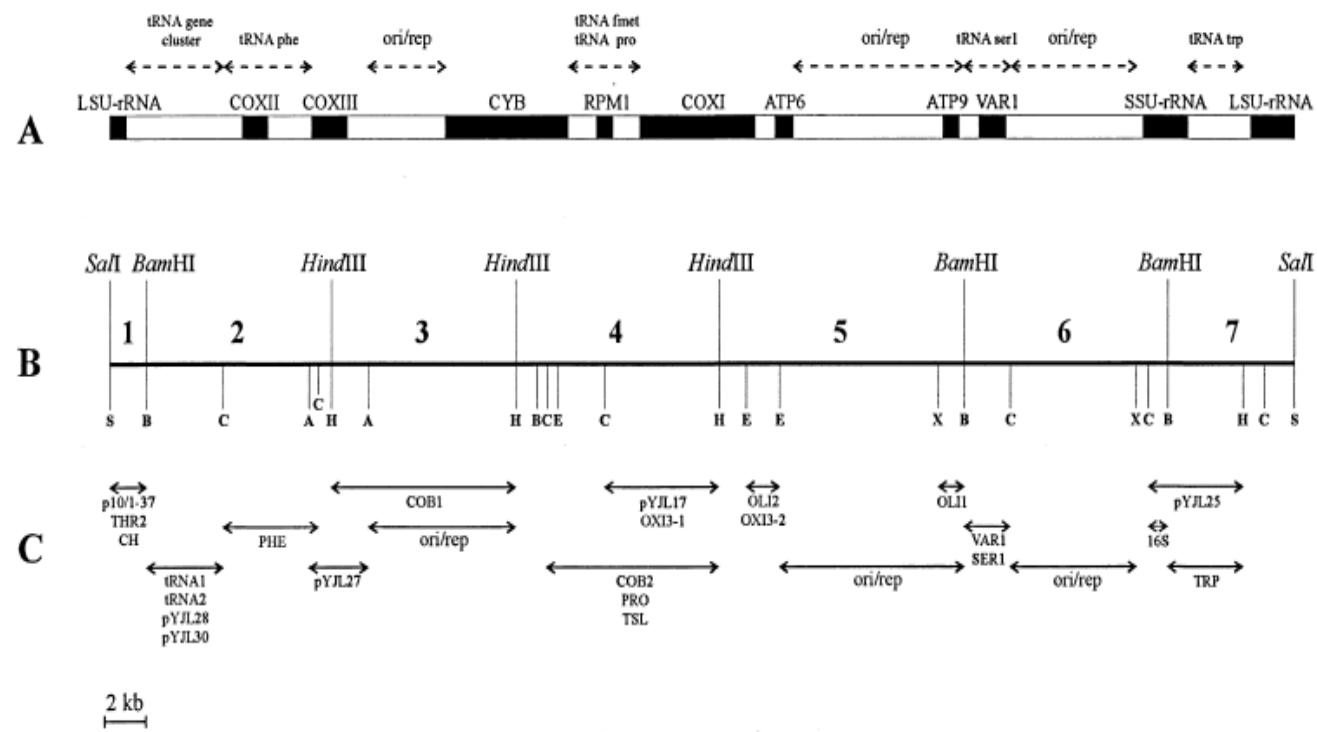


FIG. 3.—The origin of the *Saccharomyces* sensu stricto (A) and sensu lato (B) mitochondrial genome gene order. The sensu stricto progenitor molecule has given novel gene order configurations by a transposition mechanism. The “transposed” genes are underlined. The relationships among some sensu lato mtDNAs suggest that rearrangements have taken place via transpositions and/or inversions. However, note that while transpositions can preserve the orientation of the transposed transcription units, inversions always change it. The genes involved in “transpositions” and/or “inversions” are underlined. Note that *ATP6*, *ATP8*, and *COX1* genes (shown in red) are physically linked in all examined species.

COX geny

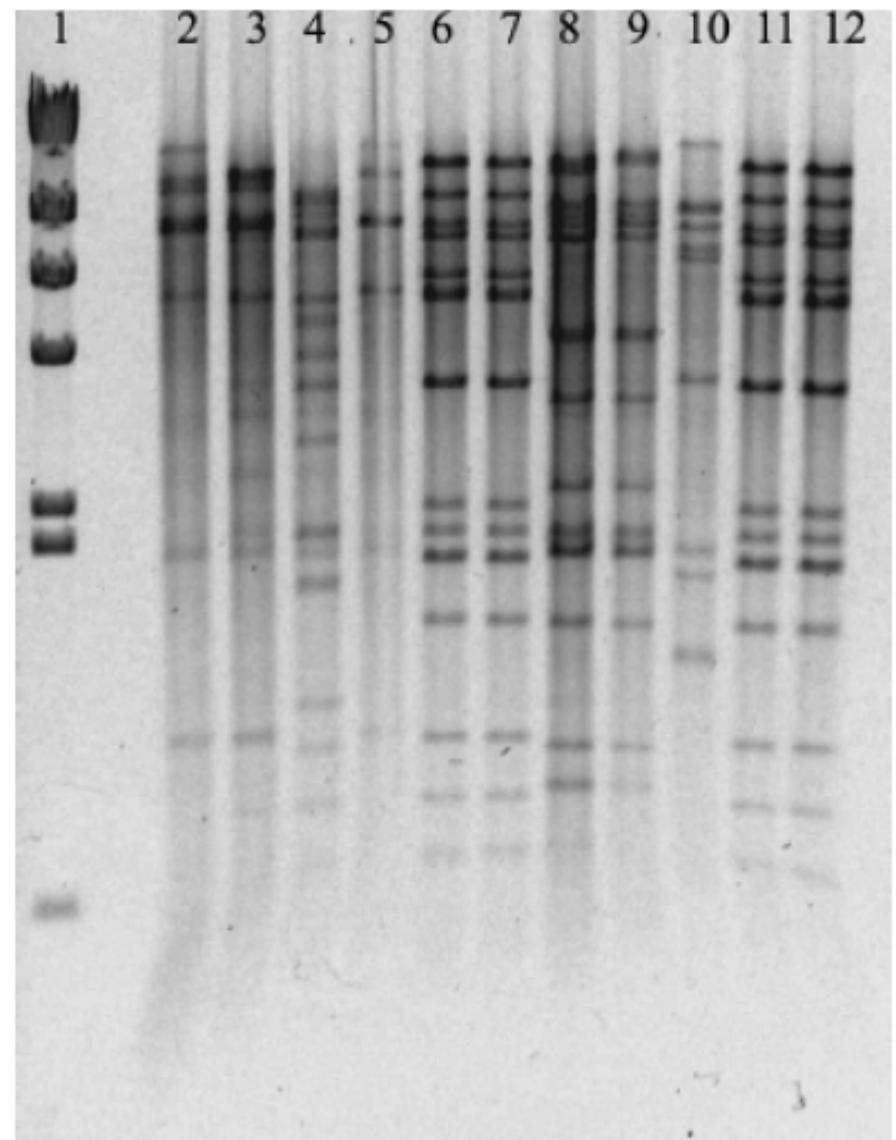
Fig. 1A–C Map of the mitochondrial genome of *S. uvarum*. A Gene order and approximate location of tRNA genes and *ori/rep*-like sequences. B linearized restriction endonuclease site map of the approximately 57-kb long genome of *S. uvarum*, which is arbitrarily represented as starting at the unique *SalI* site; restriction sites in the upper part produce the seven fragments listed in Table 2. S = *SalI*; H = *HindIII*; B = *BamHI*; C = *HincII*; A = *AccI*; E = *EcoRI*; X = *XbaI*. For *AccI* and *XbaI* only some of the sites have been reported. C indication of the smallest restriction fragments hybridizing to the probes listed in Table 1



RFLP mtDNA

- ▀ Jiné % G+C oproti chromozomální DNA
- vhodné restrikční enzymy

(Rainieri et al. 2008. *FEMS Yeast Res.* 8:586-596)



Izolace mtDNA

- Zisk kultury + růst buněk
- Odstranění buněčné stěny
- Rozbití/lyze buněk
- **Odstranění zbytků buněk a izolace mitochondrií
(na základě centrifugace)**
- Lyze mitochondrií
- Izolace a přečištění DNA
- Ověření gelovou elektroforézou