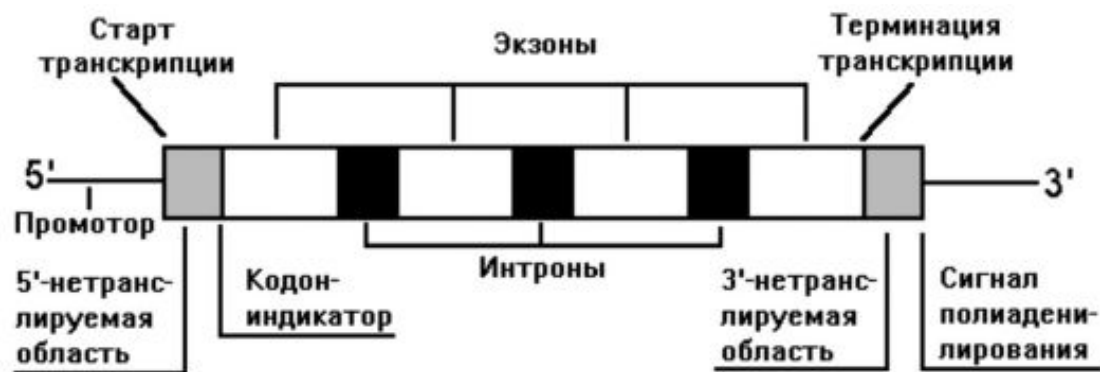


Схемы
индуцируемого оперона и процесса индукции (а)
и репрессируемого оперона и процесса репрессии (б)

Лекция 5. Структура гена



«Ген» и «аллель» - два самых важных слова в генетике, хотя бы уже по одному тому, что в течение долгого времени все снова и снова вставал вопрос, что, собственно, они означают. История генетики в значительной своей части есть история попыток ответить на этот вопрос.

У. Хейс, «Генетика бактерий и бактериофагов», 1965

- Структура прокариотических и эукариотических генов;
- Эукариотический геном как набор простых и сложных единиц транскрипции;
- Краткая характеристика мобильной ДНК прокариот и эукариот;
- Мозаичная структура гена;
- Что такое экзоны и интроны;
- Биологическая значимость интронов;
- Транскрипционно-значимые участки ДНК – промотор и терминатор;
- Структура и функции транскрипционно-значимых участков ДНК.

Ген – единица генетической информации, закодированная в определенной последовательности нуклеотидов ДНК.

В зависимости от уровня изучения может быть:

❖ Детерминантой наследуемого признака организма;

❖ Последовательностью ДНК, кодирующей специфический полипептид или РНК определенного типа.

1909 г. – Вильгельмом Людвигом Иогансеном (датский биолог, генетик) впервые введено понятие **гена** как структурной единицы наследственности. Он также предложил называть совокупность генов организма – **генотипом**, а их проявление **фенотипом**.

20-е гг. XX в. – понятие гена получило развитие в хромосомной теории наследственности выдающегося американского генетика, лауреата Нобелевской премии Томаса Ханта Моргана (функциональный и рекомбинационный тесты на множественный аллелизм).

1961 г. французские ученые Франсуа Жакоб, Жак Моно и Андре Львов изучили организацию генома и структуру гена прокариот на примере *E. coli*.

Современные представления о гене:

- ген дискретен и делим (в том числе и его части, путем кроссинговера, впервые показано А.С.Серебровский, Н.П.Дубинин в 1929 году на серии индуцированных мутаций *scute* (*sc*), нарушающих формирование разных щетинок у дрозофилы);
- ген имеет очень сложную структуру;
- информация записана в гене с помощью универсального генетического кода;
- в геноме имеются разные типы (группы) генов;
- наименьшей мутирующей единицей гена является пара нуклеотидов.

Глава 7. Структура гена	
7.1. Развитие представлений о гене	2
7.2. Перекрывающиеся гены у вирусов и прокариот	4
7.3. Оперонный принцип организации генов у прокариот	6
7.4. Химический синтез генов	8
7.5. Клонирование и анализ ДНК	11
7.5.1. Ферменты рестрикции	11
7.5.2. Векторы для молекулярного клонирования	12
7.5.2.1. Плазмидные векторы	13
7.5.2.2. Фаговые векторы	17
7.5.2.3. Космидные векторы	18
7.5.2.4. Челночные векторы	18
7.5.2.5. Искусственные хромосомы дрожжей (YAC)	20
7.5.3. Создание геномных библиотек	21
7.5.4. Построение рестрикционных карт	23
7.5.5. Саузерн-блот анализ	25
7.5.6. "Хромосомная ходьба"	27
7.5.7. Нозерн-блот анализ	29
7.5.8. Полимеразная цепная реакция	29
7.5.9. Определение последовательности нуклеотидов (секвенирование)	32
7.5.10. Трансформация у дрозофилы	34
7.6. Расположение генов в хромосомах эукариот	38
7.7. Структура транскрипта: структурная и регуляторная части гена	42
7.8. Регуляторная часть гена	44
7.8.1. Промоторы и регуляторы	44
7.8.2. Метод репортерных генов для изучения промоторных участков генов	49
7.8.3. Энхансерные участки гена	52
7.9. Структурная часть гена	58
7.9.1. Интроны и экзоны	58
7.9.2. Альтернативный сплайсинг	60
7.9.3. Локализация генов в интронах	63
7.9.4. Использование промоторов генов теплового шока	64
7.9.5. Участки терминирующие транскрипцию	66
7.9.6. Гомология генов	67
7.9.7. Псевдогены	67

Жимулев И.Ф. Общая и молекулярная генетика
www.nsu.ru/education/biology/genetics/glava7.pdf

Классификация генов

- Любые биохимические и биологические процессы в организме находятся под генным контролем.
- Так, деление клеток (митоз, мейоз) контролируется несколькими десятками генов; группы генов осуществляют контроль восстановления генетических повреждений ДНК (репарация). Онкогены и гены – супрессоры опухолей участвуют в процессах нормального деления клеток.
- Индивидуальное развитие организма (онтогенез) контролируется многими сотнями генов. Мутации в генах приводят к измененному синтезу белковых продуктов и нарушению биохимических или физиологических процессов.

Классификация генов

- По месту локализации – ядерные и цитоплазматические;
- По функциональному значению – структурные и регуляторные;
- По влиянию на физиологические процессы в клетке различают летальные, условно летальные, супервитаальные гены, гены-мутаторы, гены-антимутаторы и др.

Организация генов у про- и у эукариот имеет целый ряд различий. Для прокариот характерна относительно простая структура генов.

Так, структурный ген бактерии, фага или вируса, как правило, контролирует одну ферментативную реакцию.

Специфичным для прокариот является т.н. оперонная система организации нескольких генов.

Гены одного оперона расположены в кольцевой хромосоме бактерии рядом и контролируют ферменты, осуществляющие последовательные или близкие реакции синтеза (лактозный, гистидиновый и др. опероны).

Оперон

Оперонный принцип организации генов был открыт в 1961 году французскими учеными Франсуа Жакобом и Жаком Моно после изучения кластерной организации лактозных генов у *E. coli* (лактозный оперон).



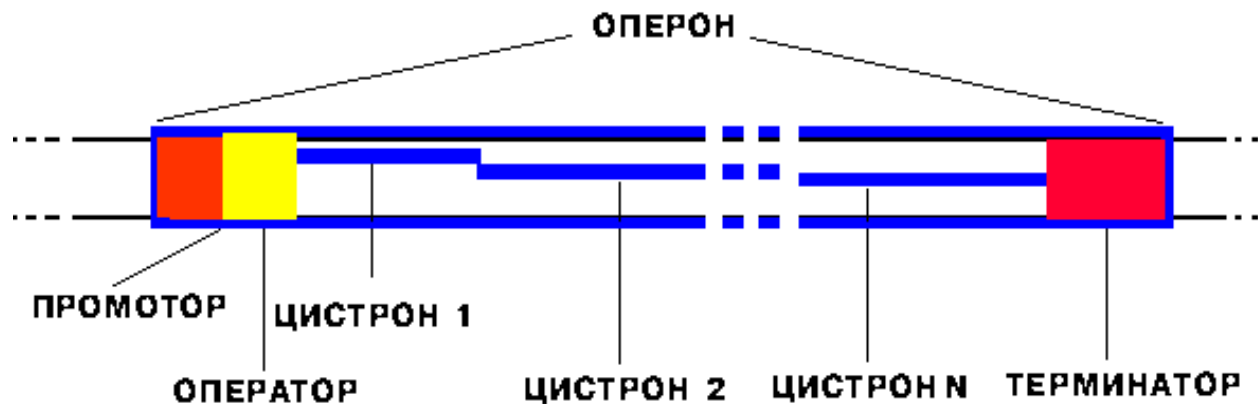
Нобелевские лауреаты 1965 г. Андрэ Львов, Франсуа Жакоб и Жак Моно в аэропорту после прилета из Стокгольма. В портфеле нобелевские дипломы

Оперон

Группа структурных генов (цистронов), управляемая одним геном – **оператором**, в целом образует оперон.

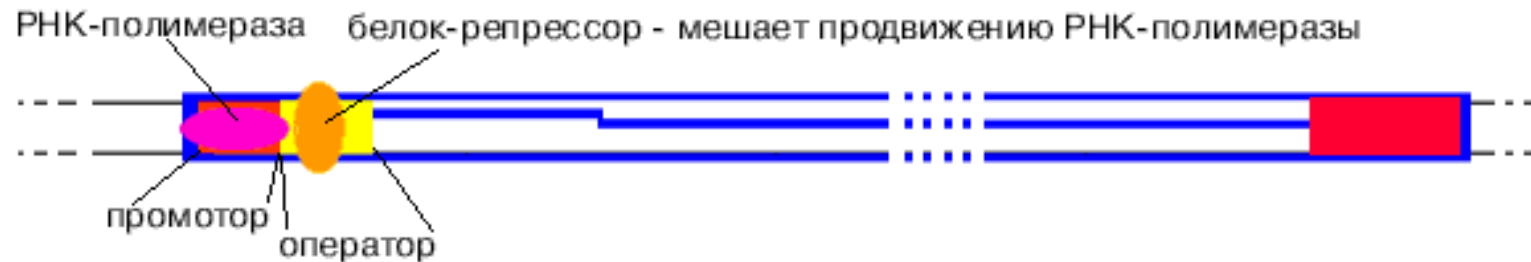
В состав оперона также входит небольшой участок ДНК - **промотор**. Этот участок служит сайтом прикрепления РНК-полимеразы – фермента, катализирующего реакции ДНК-зависимого синтеза мРНК.

Заканчивается оперон т.н. **терминатором** – особой последовательностью нуклеотидов ДНК, узнаваемой РНК-полимеразой как финиш транскрипции.



- **Ген-оператор включает и выключает структурные гены для считывания информации (транскрипции); его активность зависит от т.н. белка – репрессора.**

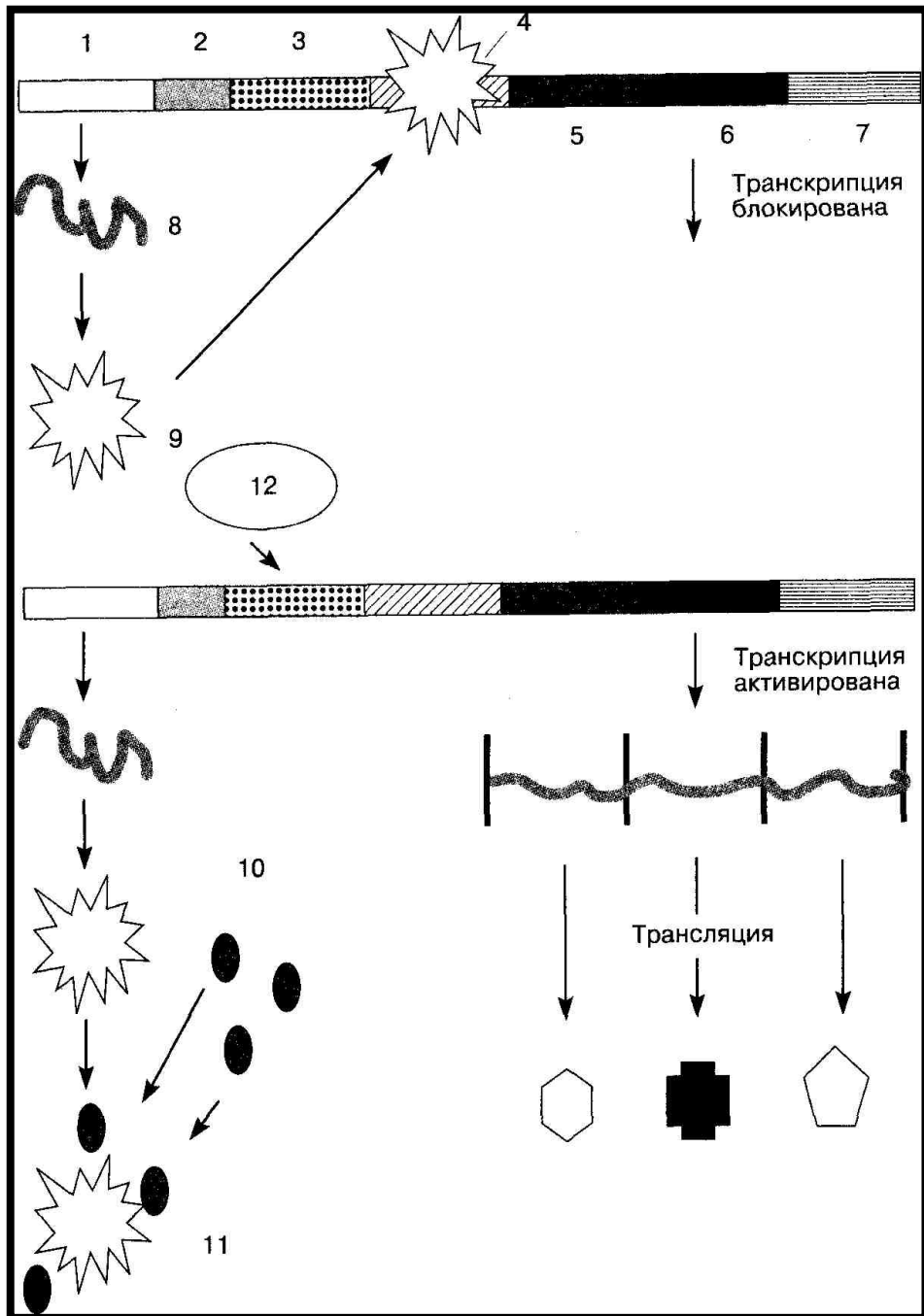
На операторе - белок репрессор. Оперон не транскрибируется.



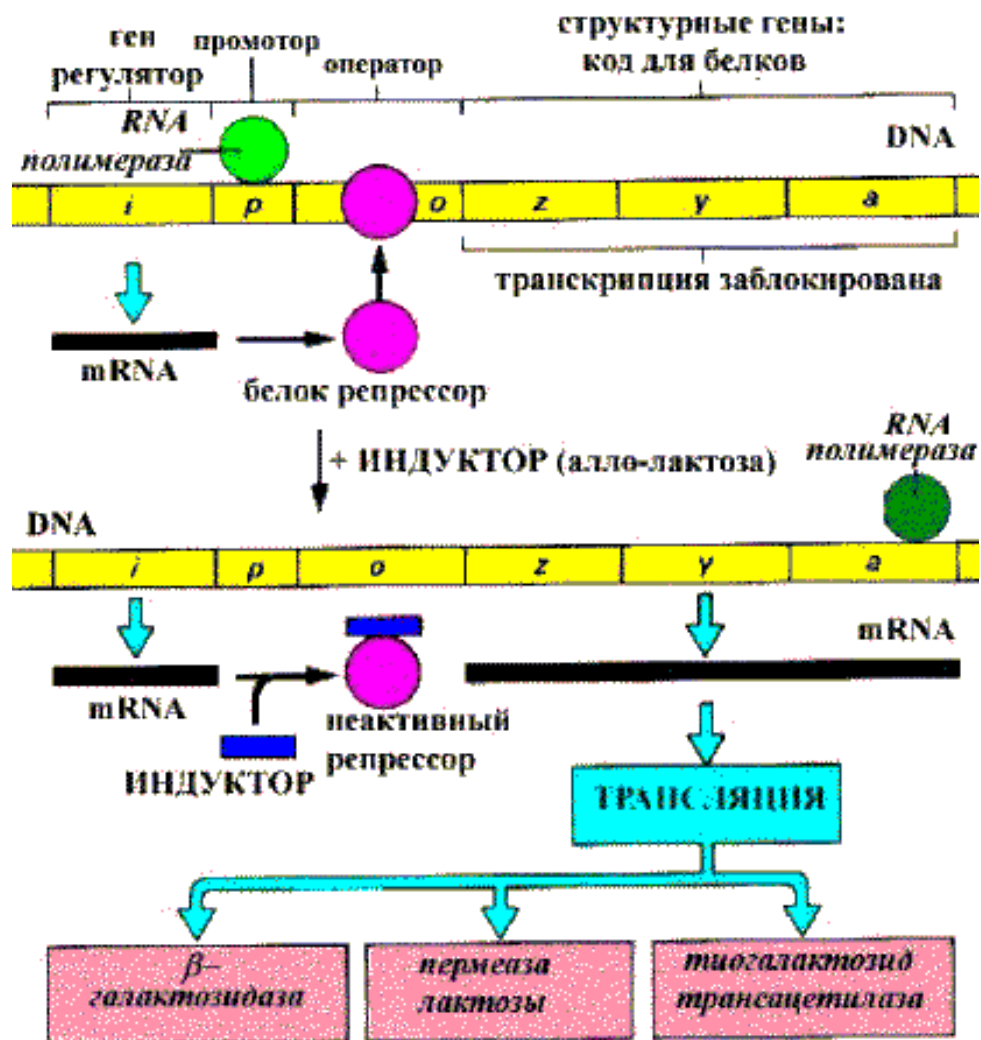
Оператор свободен. Оперон транскрибируется.



— неактивный репрессор
или отсутствие репрессора



- 1 - регуляторный lac-ген;
- 2 - нетранскрибируемый участок ДНК между регуляторным геном и промотором;
- 3 - промотор;
- 4 - ген-оператор;
- 5-7 - структурные гены, кодирующие белки-ферменты;
- 8 - иРНК;
- 9 - lac-репрессор (активный);
- 10 - лактоза;
- 11- лактоза + репрессор (неактивный);
- 12- РНК-полимераза (начало транскрипции)



Структурные гены, индуцируемые совместно, располагаются на молекуле ДНК рядом с последовательностями нуклеотидов, называемыми промотором и оператором.

Схема работы оперона

- **Ген-регулятор**, который не входит в состав оперона и находится обычно на некотором расстоянии от него, всегда активен и на основе его информации в клетке синтезируется особый белок – репрессор. Репрессор, в свою очередь, способен блокировать ген-оператор, вступая с ним в химическое соединение. В этом случае транскрипция со структурных генов не происходит, т.е. оперон не функционирует.

из Ю. С. Демина,
www.cultinfo.ru

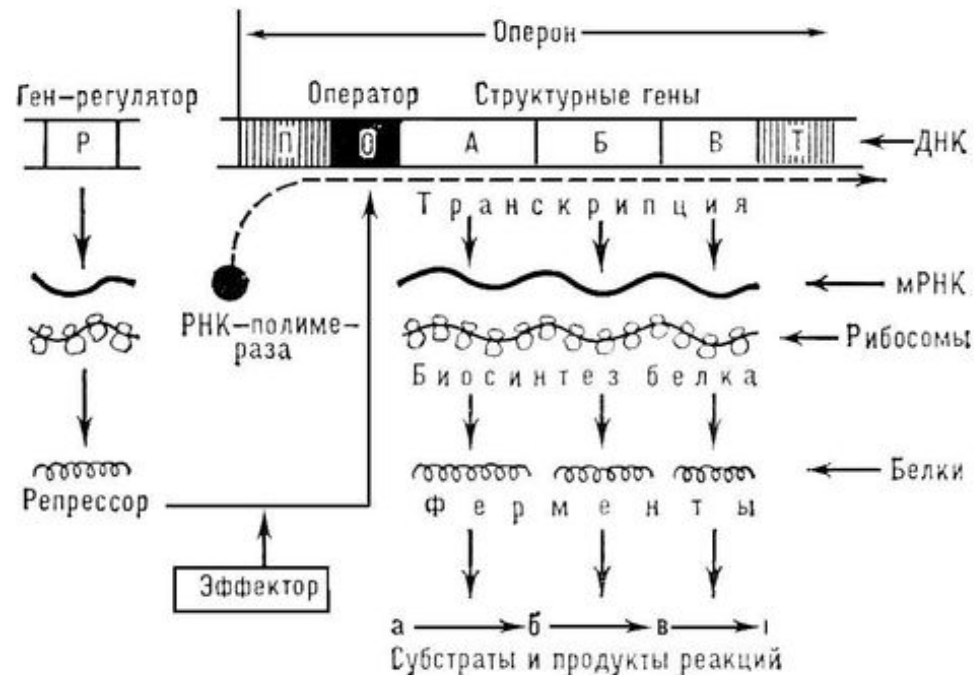
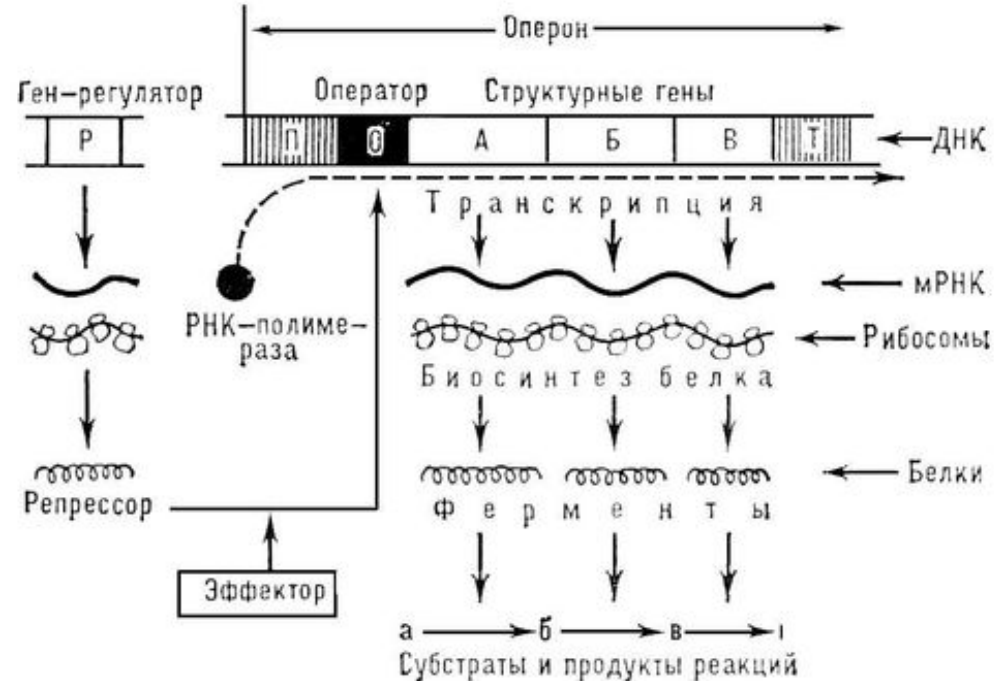


Схема работы оперона

- Однако когда в бактериальную клетку поступает т.н. индуктор (**эффектор**), он связывает белок-репрессор, высвобождая, при этом, ген-оператор. Тогда РНК-полимераза разрывает связи между двумя цепями ДНК оперона, начиная с промотора, и по принципу комплементарности информация (т.е. порядок нуклеотидов) со структурных генов переписывается на мРНК.

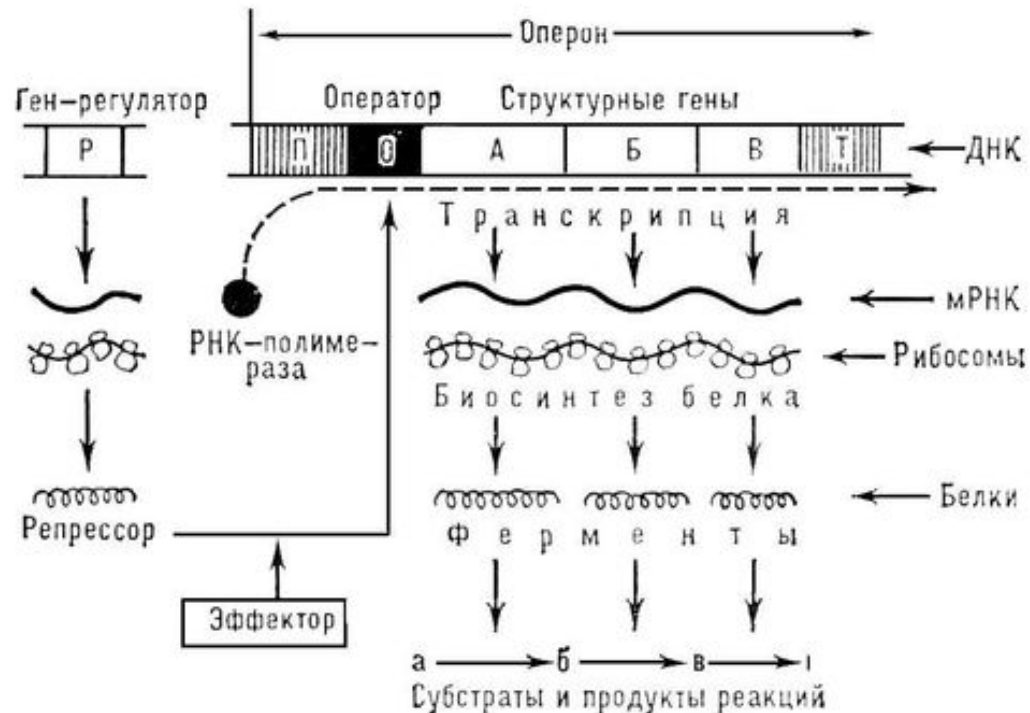


из Ю. С. Демина,
www.cultinfo.ru

Схема работы оперона

- После достижения молекулой РНК-полимеразы участка терминации транскрипции фермент покидает матрицу ДНК и транскрипция заканчивается. мРНК поступает в рибосомы, где синтезируются ферменты, которые в конечном итоге разлагают индуктор.

из Ю. С. Демина,
www.cultinfo.ru



Когда последние молекулы индуктора будут разрушены, снова освободится белок-репрессор, который в свою очередь блокирует ген-оператор – работа оперона прекратится до тех пор, пока в клетке вновь не накопится индуктор.

Для каждого оперона в геноме бактерий существует свой специфический индуктор. Например, для лактозного оперона индуктором (эффектором) является лактоза, для фруктозного – фруктоза и т.д.

Вывод:

- Структурно-функциональной особенностью генов прокариот является кластерный принцип их организации.
- Установлено, что структурные гены, контролирующие синтез ферментов определённой последовательности реакций, сцеплены в блоки (опероны).
- Имеются структуры (операторы), «включающие» синтез м-РНК структурными генами.
- Операторы, в свою очередь, находятся под контролем генов-регуляторов.

Гены в опероне составляют сложную систему, обеспечивающую строгое согласование процессов биосинтеза в клетке.

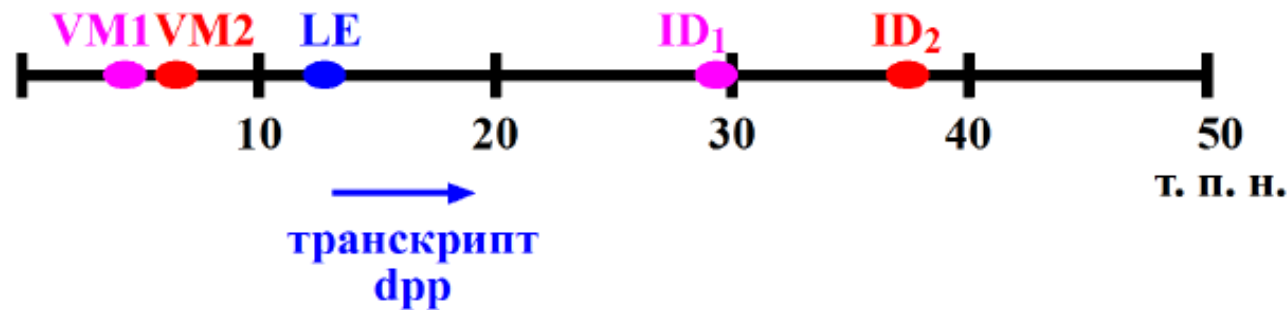
В клетках в функционально активном состоянии находится лишь часть генов; активность остальных подавлена, репрессирована.

Основным преимуществом оперонной организации генома у микроорганизмов является координация регуляции активности: все гены одного метаболического пути экспрессируются или не экспрессируются в унисон.

Гены эукариот

- В отличие от генов бактерий, имеют прерывистое **мозаичное** строение. Кодированные последовательности (**экзоны**) перемежаются с некодирующими (**интронами**).
- В результате структурные гены эукариот имеют более длинную нуклеотидную последовательность, чем соответствующая зрелая мРНК, последовательность нуклеотидов в которой соответствует экзонам.

Физическая карта гена *dpp* дрозофилы с его регуляторной зоной



Представлены некоторые из многих энхансерных элементов гена *dpp* дрозофилы на участке 50 т. п. н.

VM1 активирует развитие мезодермы внутренних органов (3-й зародышевый листок) передней части зародыша,

VM2 - задней части.

ID - один из многих энхансерных элементов, активирующих экспрессию имагинальных дисков

ПЕРЕКРЫВАНИЕ ГЕНОВ

Перекрывание генов проявляется в том, разные гены могут частично занимать одну и ту же последовательность в ДНК.

Впервые это явление было обнаружено в 1976 г. после того, как у бактериофага фХ174 выявили, что суммарное количество аминокислот в кодируемых геномом фага белках значительно превышает его кодирующие возможности – общее число нуклеотидов в фаговой хромосоме.

Перекрытие генов, открытое у бактериофагов, широко распространено в различных формах среди разных групп организмов. Приведем несколько примеров.

Нередко в дуплексе ДНК обе цепи могут являться кодирующими. Например регуляторные антисенс-РНК у про- и эукариот.

Интроны некоторых эукариотических генов содержат гены малых ядрышковых РНК, которые впоследствии вырезаются путем нуклеолитического процессинга.

За счет использования двух разных промоторов на одной последовательности ДНК могут синтезироваться две разных мРНК: одна короче, другая – длиннее.

Например, дрожжей продуктом одного из альтернативных транскриптов гена SUC2 является внутриклеточная форма инвертазы, продуктом другого транскрипта – секретируемая форма инвертазы.

Гены эукариот

- В процессе транскрипции информация о гене списывается с ДНК на промежуточную мРНК, состоящую из экзонов и интронов. Затем специфические ферменты - рестриктазы - разрезают эту про-мРНК по границам экзон-интрон, после чего экзонные участки ферментативно соединяются вместе, образуя зрелую мРНК (т. н. **сплайсинг**). Количество интронов может варьировать в разных генах от нуля до многих десятков, а длина — от нескольких пар оснований до нескольких тысяч.

Гены эукариот

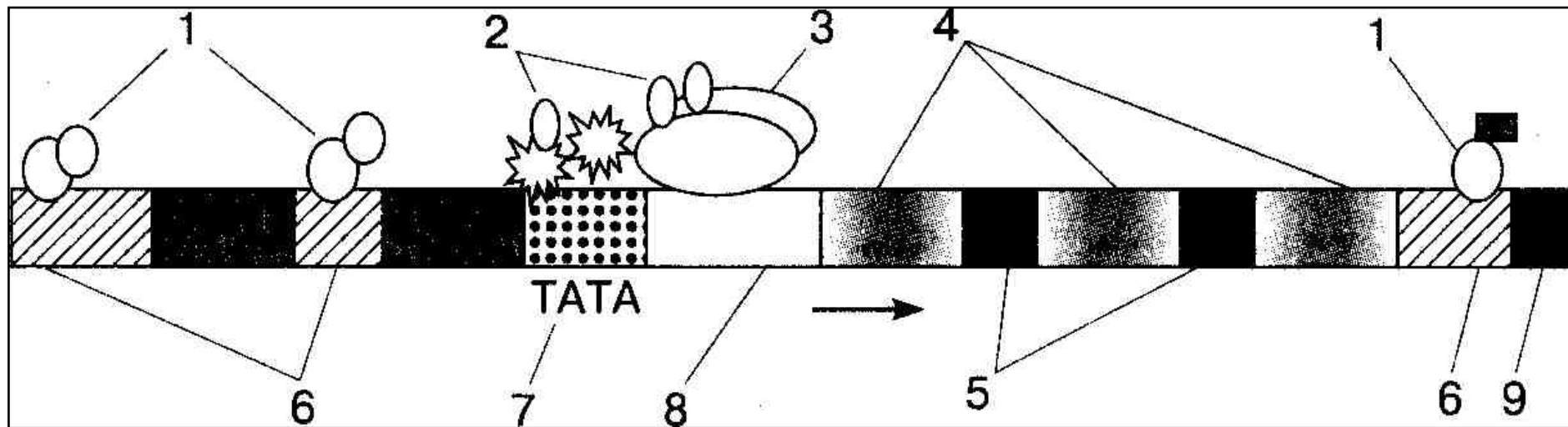
- Экзоны, как правило, имеют небольшую длину, от 100 до 600 п.н., а длина интрона может варьировать в широких пределах - от нескольких десятков пар нуклеотидов до многих десятков тысяч;
- Общая длина всех интронов зачастую значительно превышает суммарную длину экзонов;
- Например, из 7000 пар нуклеотидов гена овальбумина курицы на долю экзонов приходится всего 1872 п.н., то есть почти 75% длины ДНК составляют интроны;
- Интроны обычно отделяются от экзонов парой нуклеотидов, содержащих гуанин и тимин на 5'-конце и аденин-гуанин на 3'-конце.

Гены эукариот

- Ген может кодировать различные РНК-продукты путем изменения иницирующих и терминирующих кодонов, а также **альтернативного сплайсинга**.
- Альтернативная экспрессия гена осуществляется и путем использования различных сочетаний экзонов в зрелой мРНК, причем полипептиды, синтезированные на таких мРНК, будут различаться как по количеству аминокислотных остатков, так и по их составу.

Гены эукариот

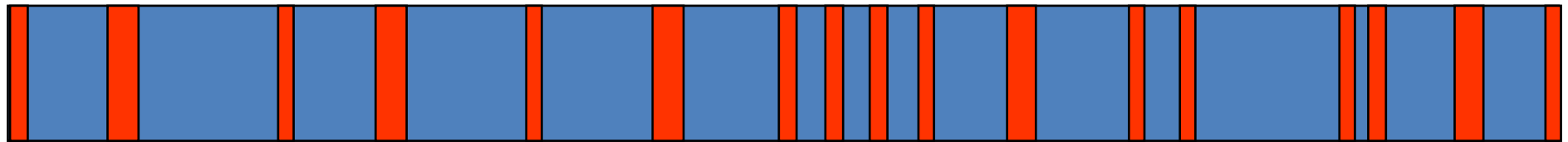
- Наряду со структурными и регуляторными генами обнаружены участки **повторяющихся нуклеотидных последовательностей**, функции которых изучены недостаточно, а также **мигрирующие элементы** (мобильные гены), способные перемещаться по геному.
- У эукариот найдены также т.н. **псевдогены**, которые представляют собой копии известных генов, расположенные в других частях генома и лишенные интронов или инактивированные мутациями.



Организация типичного гена эукариот и его регуляторные элементы:

1 – регуляторные белки; 2 – главные факторы транскрипции; 3 – РНК-полимераза;
 4 – интроны; 5 – экзоны; 6 – энхансеры (регуляторные участки гена); 7 – TATA-
 блок – инициирующая часть промотора; 8 – промотор; 9 – спейсерные участки;
 стрелка — начало процесса транскрипции

Экзон - интронная структура гена эукариот (копальбумин)



 интроны (7500 н)

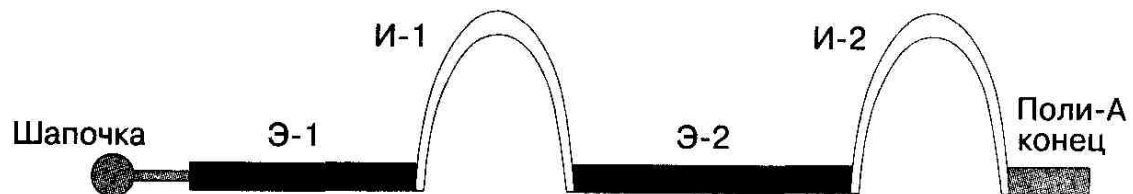
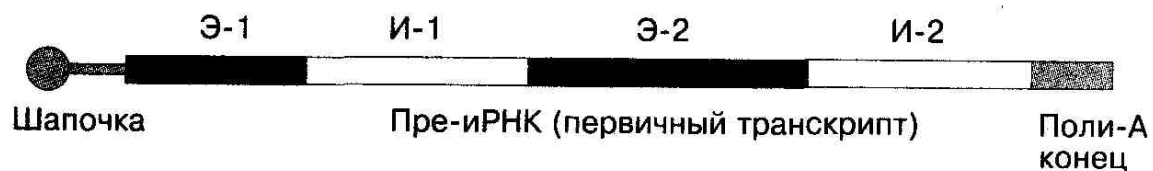
 17 экзонов (2500 н)

Участок ДНК (ген)

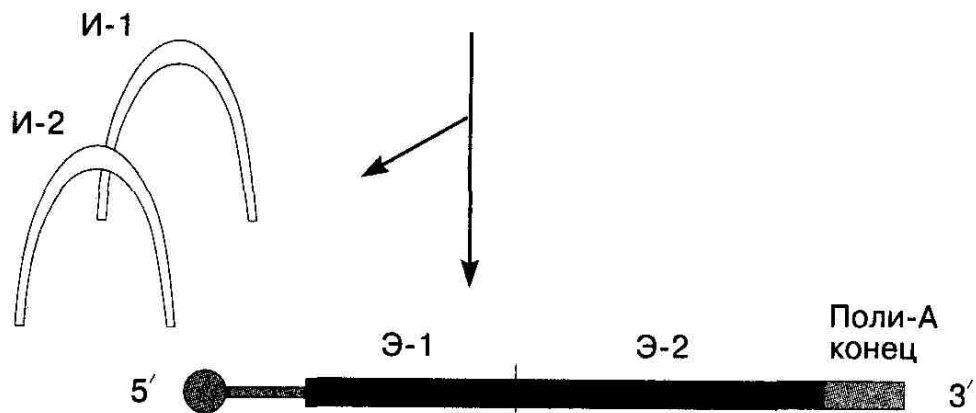
Старт Э-1 И-1 Э-2 И-2 Терминация



Транскрипция (считывание)

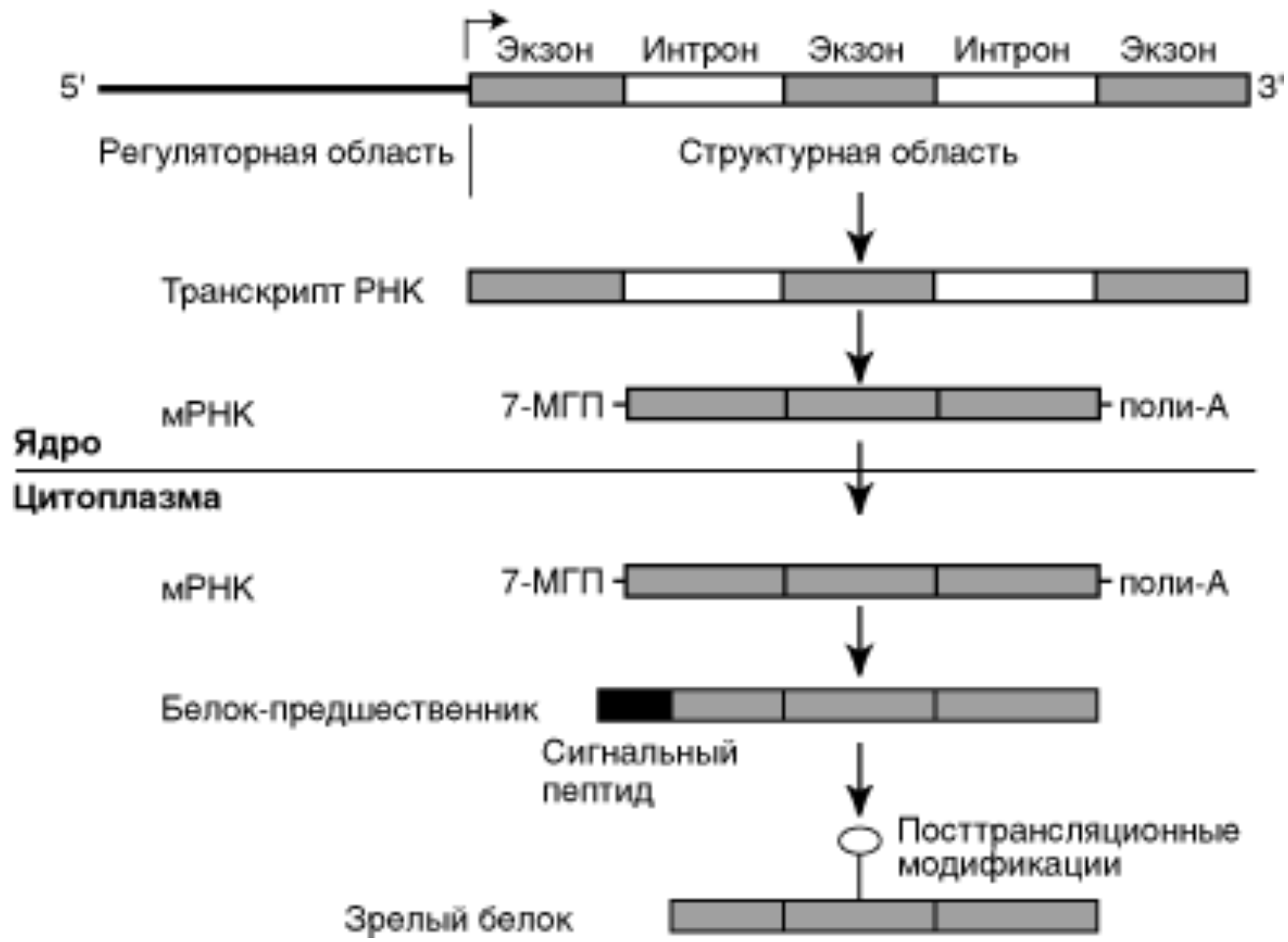


Сплайсинг (вырезание интронов)

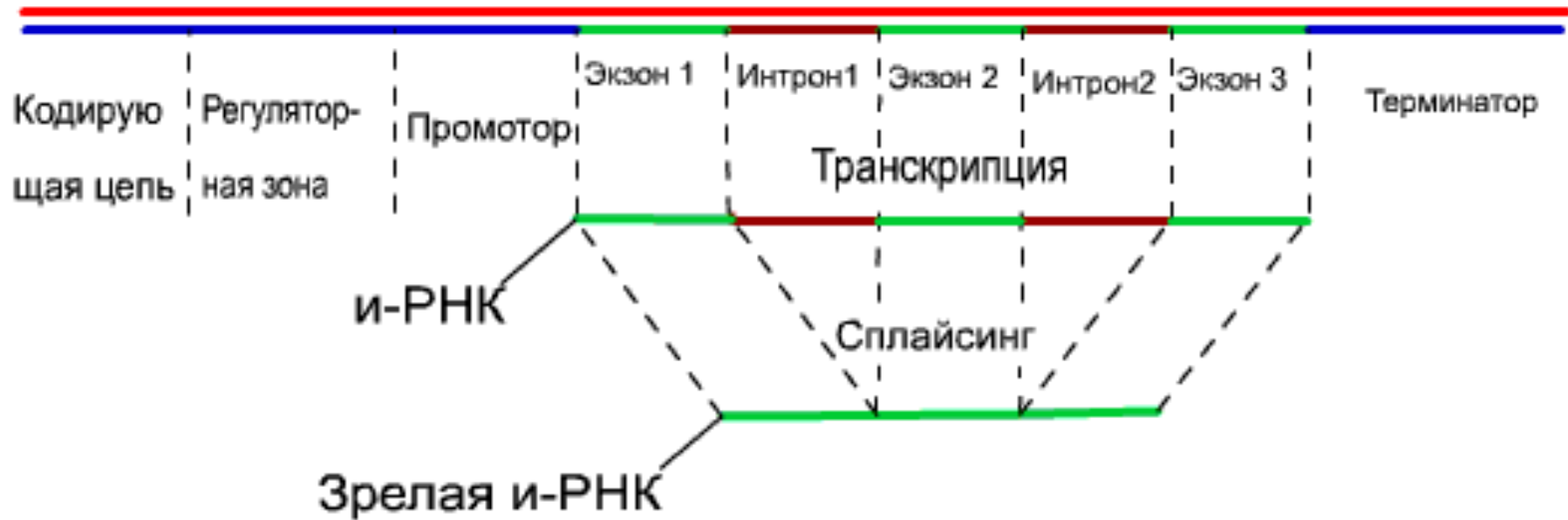


Шапочка Зрелая молекула иРНК

Транскрипционная единица



ДНК



Строение гена эукариот

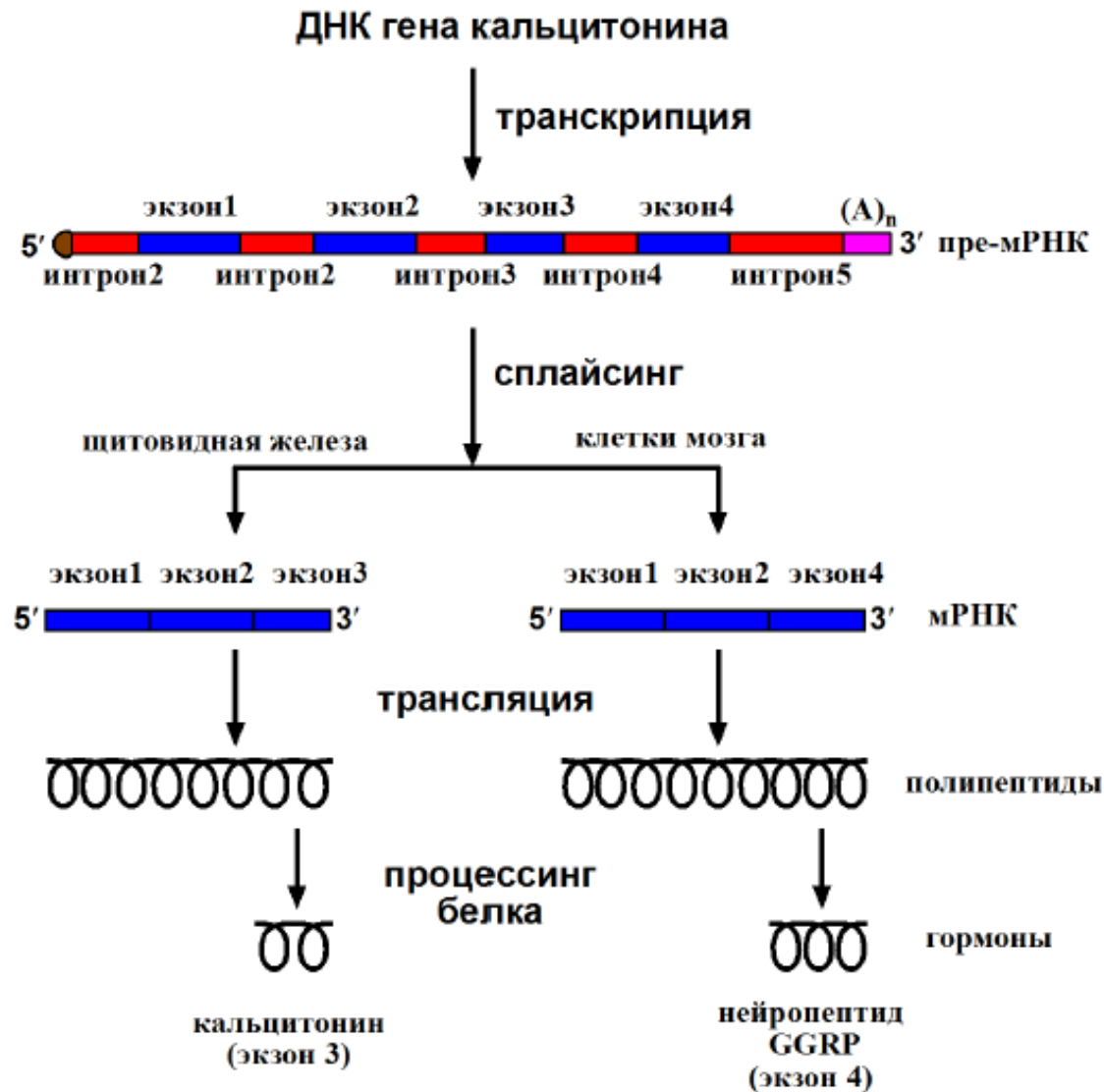
Модель структуры и регуляции работы гена эукариот

- Было выяснено, что общая схема регуляции по принципу обратной связи у про - и эукариот в целом является схожей, однако у эукариот механизмы регуляции более сложные.
- Единица транскрипции у эукариот называется **транскриптоном**, который состоит из неинформативной (акцепторной) и информативной (структурной) зон.
- Неинформативная зона начинается промотором.
- Далее следует группа генов – операторов, за которыми располагается информативная зона. Эта зона сформирована структурным геном, состоящим из чередующихся интронов и экзонов. Заканчивается транскриптон терминатором.
- Работу транскриптона регулирует несколько генов-регуляторов, дающих информацию для синтеза нескольких белков-репрессоров.
- Индукторами в клетках эукариот являются сложные молекулы (например, гормоны), для расщепления которых требуется сразу несколько ферментов.

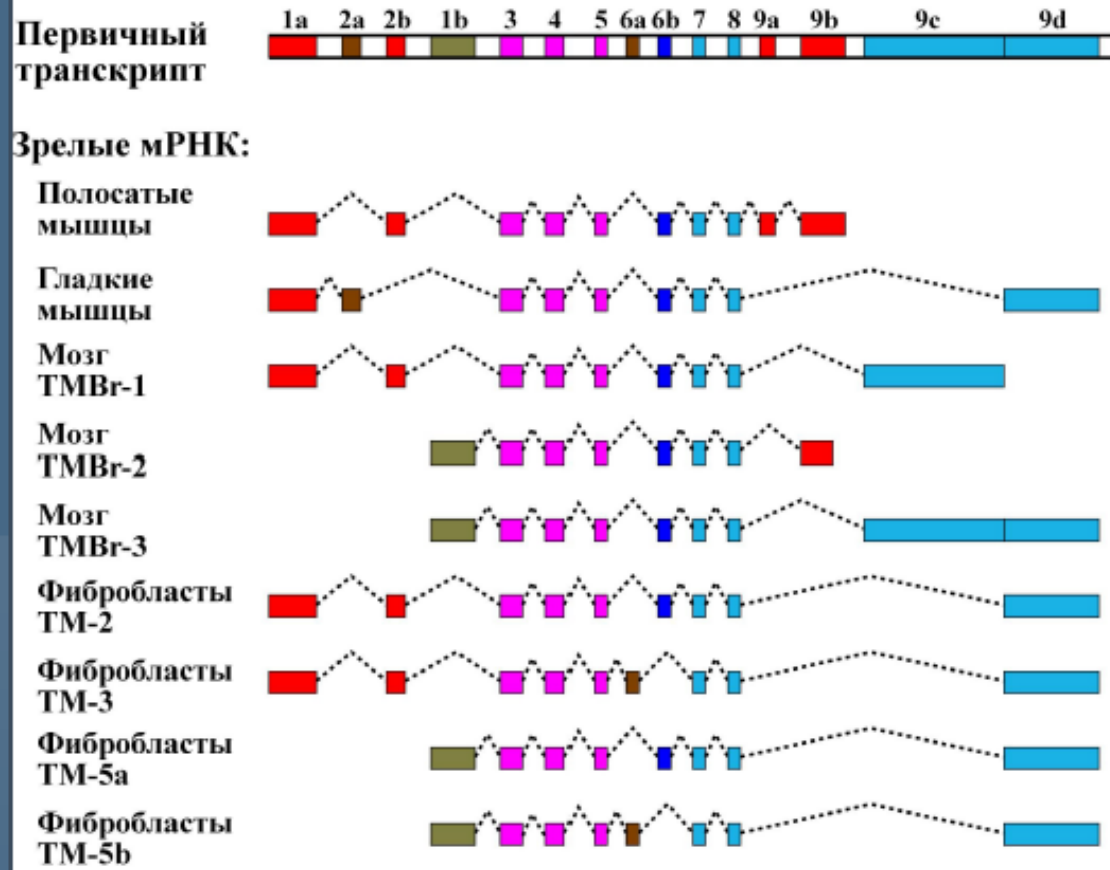
Модель структуры и регуляции работы гена эукариот

- Когда индукторы освобождают гены-операторы от белков-репрессоров, РНК-полимераза разрывает водородные связи между двумя цепочками ДНК транскриптона и по правилу комплементарности на нем исходно синтезируется большая молекула прематричной РНК, содержащая информацию как с информативной, так и с неинформативной зон;
- Далее в ядре клетки происходит **процессинг** – ферментативное разрушение неинформативной части пре-мРНК и расщепление рестриктазами информативной части на фрагменты, соответствующие экзонам;
- Молекула зрелой мРНК, соответствующая экзонам структурного гена, формируется посредством **сплайсинга** (сплавления) отдельных экзонов ферментами – лигазами;
- Процесс завершается транспортом мРНК в цитоплазму, посадкой на нее рибосом и трансляцией с нее соответствующих белков. Включение и выключение транскриптона происходит принципиально так же, как и оперона.

Альтернативный сплайсинг при экспрессии гена кальцитонина у крысы



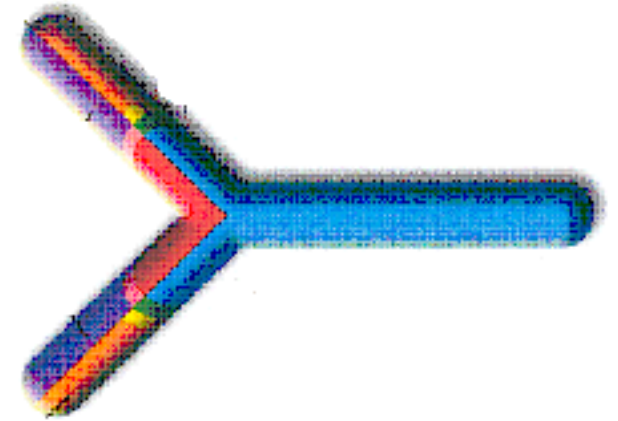
**Альтернативный сплайсинг мРНК гена
 α -тропомиозина в клетках различных тканей
 млекопитающих
 (по Griffiths *et al.*, 1999, модифицир.)**



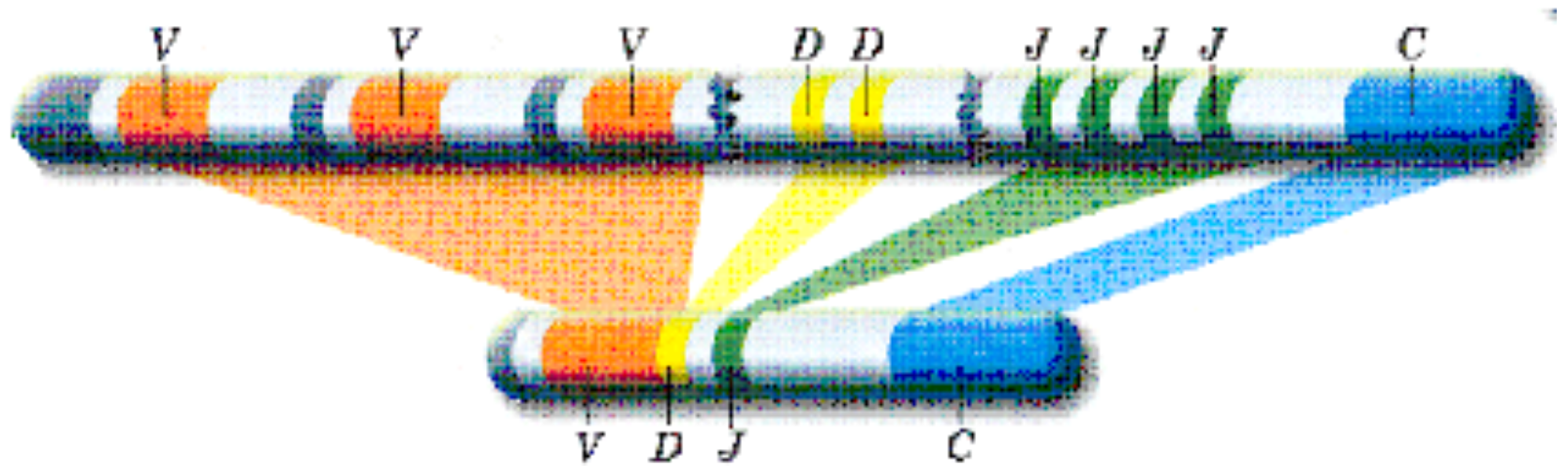
Интроны обозначены белыми прямоугольниками, экзоны - цветными прямоугольниками. Пунктирные линии указывают районы, удаляемые в результате сплайсинга.

- Ярким примером явлений, усложняющих и в то же время обогащающих наши представления о гене, являются процессы геномных перестроек, лежащих в основе **формирования генов** антител и Т-клеточных рецепторов у позвоночных.
- В иммунном ответе организма ключевую роль играют лимфоидные В- и Т-клетки, синтезирующие белки, специфически связывающие антигены. В-клетки продуцируют разнообразные антитела (иммуноглобулины), а т.н. Т-хелперы – Т-клеточные рецепторы.
- Разнообразие этих белков обеспечивается разнообразием генов, кодирующих иммуноглобулины и рецепторы Т-лимфоцитов.
- **В геномах генеративных и всех соматических клеток, кроме В-лимфоцитов, гены иммуноглобулинов отсутствуют.**
- В них представлены только наборы кодирующих сегментов V, D и J, из которых **на строго определенных стадиях дифференцировки** предшественников лимфоцитов формируются гены иммуноглобулинов.

Разнообразие иммуноглобулинов и



комбинаторика экзонов
мРНК

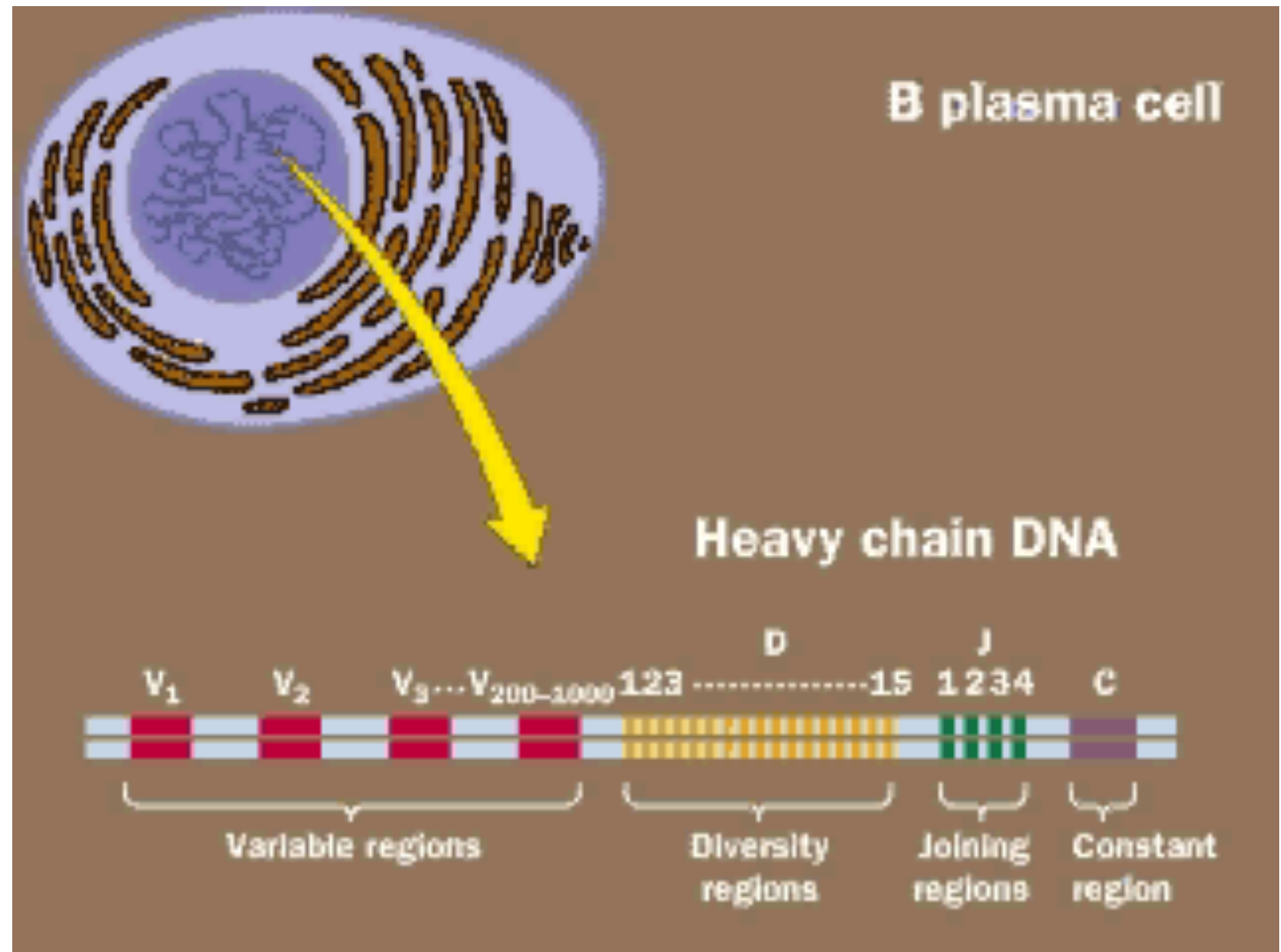


Из 200 сегментов гена - 3 миллиона антител

Биосинтез антител

ДНК
рекомбинация
объединение
VD

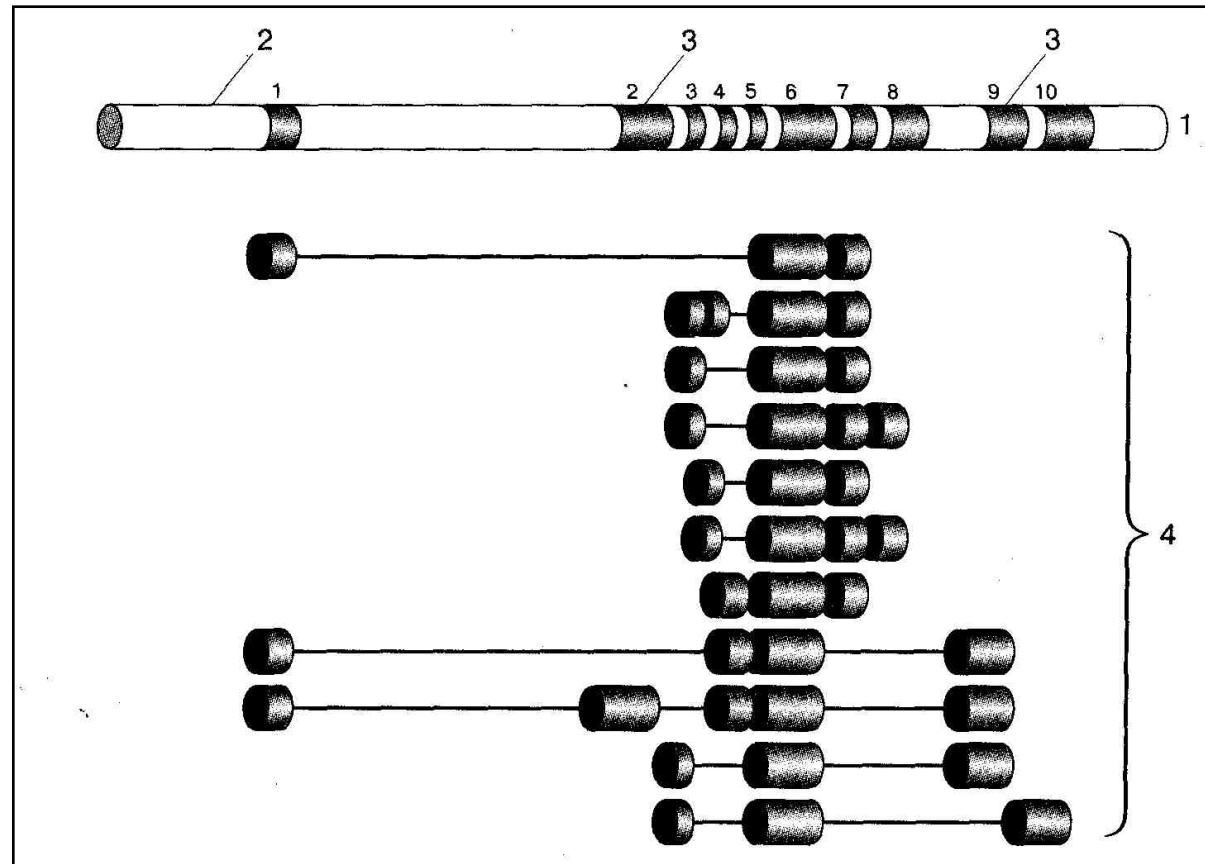
РНК
сплайсинг
объединение
(VD)J



1 ген = 1 000 000 вариантов антител

Альтернативный сплайсинг

- По мнению некоторых ученых альтернативный сплайсинг может объяснить кажущееся несоответствие между числом генов в геноме и сложностью организма;
- Альтернативный сплайсинг играет большое значение в генетической регуляции пола. Например, для того чтобы сформировался мужской пол у дрозофилы, происходит трансляция одного набора экзонов, для формирования женского пола транслируется другой набор экзонов. И то и другое происходит на одном и том же гене.



Сложный сплайсинг молекулы пре-иРНК у дрозофилы

(по Жимулеву, 2000):

1 - ген Board-complex у дрозофилы;

2 - интроны;

3 - экзоны;

4 - результаты альтернативного сплайсинга иРНК;

мелкие цифры - номера экзонов

ТРАНССПЛАЙСИНГ

Известны случаи, когда происходит сшивание экзонов из разных мРНК, считывающихся с цепей ДНК противоположной полярности и даже с разных хромосом.

Например, в эритроцитах человека обнаружен необычный белок – глюкозо-6-фосфатдегидрогеназа. 479 С-концевых аминокислотных остатка белка закодированы в гене в X-хромосоме, а 53 N-концевых остатка происходят от гена GMP-редуктазы в хромосоме 6.

Очевидно, что концепция гена как локуса в хромосоме к таким случаям неприменима.

Отличия в регуляции транскрипции генов эукариот и прокариот

- Во-первых, у эукариот функционируют три разных типа РНК-полимераз: I, II и III типа.
- РНК-полимераза I считывает гены 18S, 28S и 5,8S рибосомных РНК. РНК-полимераза II считывает основную часть генов, кодирующих полипептиды, а также некоторые малые ядерные РНК, РНК-полимераза III считывает гены 5S рибосомных РНК, транспортных РНК и остальные малые ядерные РНК.

Отличия в регуляции транскрипции генов эукариот и прокариот

- Во-вторых, РНК-полимераза эукариот не может самостоятельно инициировать транскрипцию. Для ее активирования необходимо большое число белков, называемых **общими факторами транскрипции**, которые должны объединяться в комплекс, прежде чем транскрипция начнется. Формирование комплекса - это многоступенчатый процесс, от прохождения этапов которого будет, в конечном счете, зависеть скорость инициации транскрипции. Во многих случаях регуляторные белки действуют, влияя главным образом на процесс сборки транскрипционного комплекса.

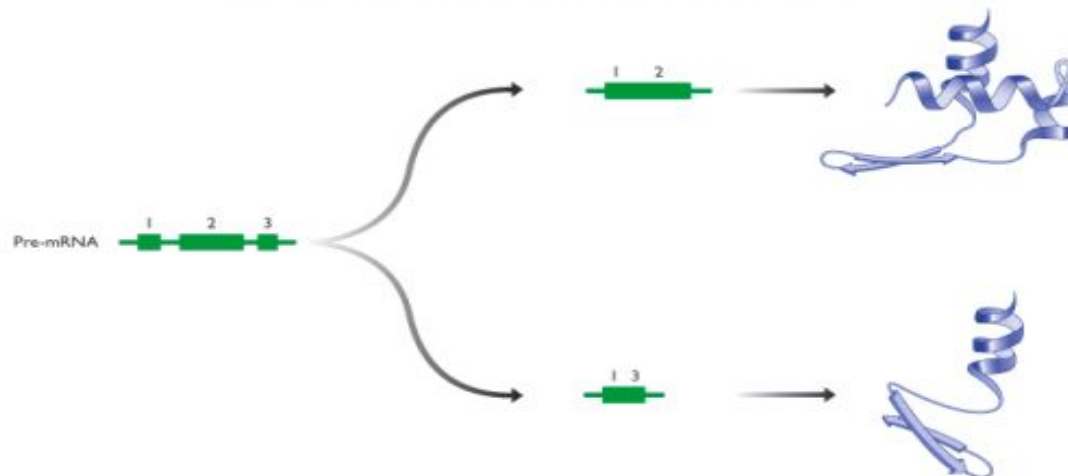
Отличия в регуляции транскрипции генов эукариот и прокариот

- В-третьих, большинство регуляторных белков у эукариот могут влиять на скорость транскрипции, даже если эти белки связываются с участками ДНК, расположенными за тысячи пар нуклеотидов от промотора. Это означает, что любой конкретный промотор может находиться под контролем неограниченного числа регуляторных последовательностей, разбросанных по геному.
- Сейчас известно, что эти **энхансерные** (то есть усиливающие, от англ. enhance - усиливать) последовательности служат в качестве специфических участков (сайтов) связывания особых регуляторных белков, усиливающих или активирующих процесс транскрипции. Выяснилось, что этот тип контроля генной активности на расстоянии является скорее правилом, чем исключением.

Отличия в регуляции транскрипции генов эукариот и прокариот

- Наконец, для регуляции работы генов у эукариот выработан особый механизм т.н. **альтернативного сплайсинга**, который играет огромную роль в различных биологических процессах. В этом случае в аминокислотные последовательности транслируются не все существующие экзоны конкретного гена. В результате с такого гена способно считывание более одного типа мРНК.

Одному гену соответствует с среднем 1.4 зрелых мРНК
Альтернативный сплайсинг – различные комбинации экзонов остающиеся в зрелой мРНК получаемой из одной и той же пре-мРНК



Основные характеристики генома человека

(по материалам журнала "Nature", 2001, т. 409, № 6822)

Общие размеры генома

Общая длина всей ДНК	1,5 – 1,75 м
Число пар нуклеотидов	$3,3 \times 10^9$
% изученных последовательностей	90%

Особенности структуры ДНК

Участки с повторяющимися последовательностями (не считываются)	45 – 50%
Транскрибируемая часть	28 – 30%

Состав транскрибируемой части генома

Транскрипция разных типов РНК	23 – 25%
Транслируется до белков (экзоны)	5%
Не транслируется до белков (интроны)	95%
Общий размер части генома, кодирующей все белки организма	1,2%
«Паразитическая» ДНК	45%
Длинные геномные повторы	5%
Сателлитная ДНК	3%

Изменчивость генома человеческой популяции

Степень сходства генома разных людей	99,9%
Индивидуальные различия	0,1%
Общее число обнаруженных точечных мутаций	3,2 ×

Число генов в геноме человека и в отдельных хромосомах

Общее число генов человека	~ 35 тыс.
Число исследованных генов	~ 22 тыс.
Число точно картированных генов	~ 11 тыс.
Хромосома 21	225 генов
Хромосома 22	525 генов

Геном - совокупность всей ДНК клетки

ООН, 3 декабря 1997 г.

Всеобщая декларация о геноме человека и правах человека.

А. Человеческое достоинство и геном человека.

Статья 1. Геном человека лежит в основе
изначальной общности всех представителей
человеческого рода, а также признания их
неотъемлемого достоинства и разнообразия.

Геном человека знаменует собой достояние
человечества.

Геном - совокупность всей ДНК клетки

Статика:

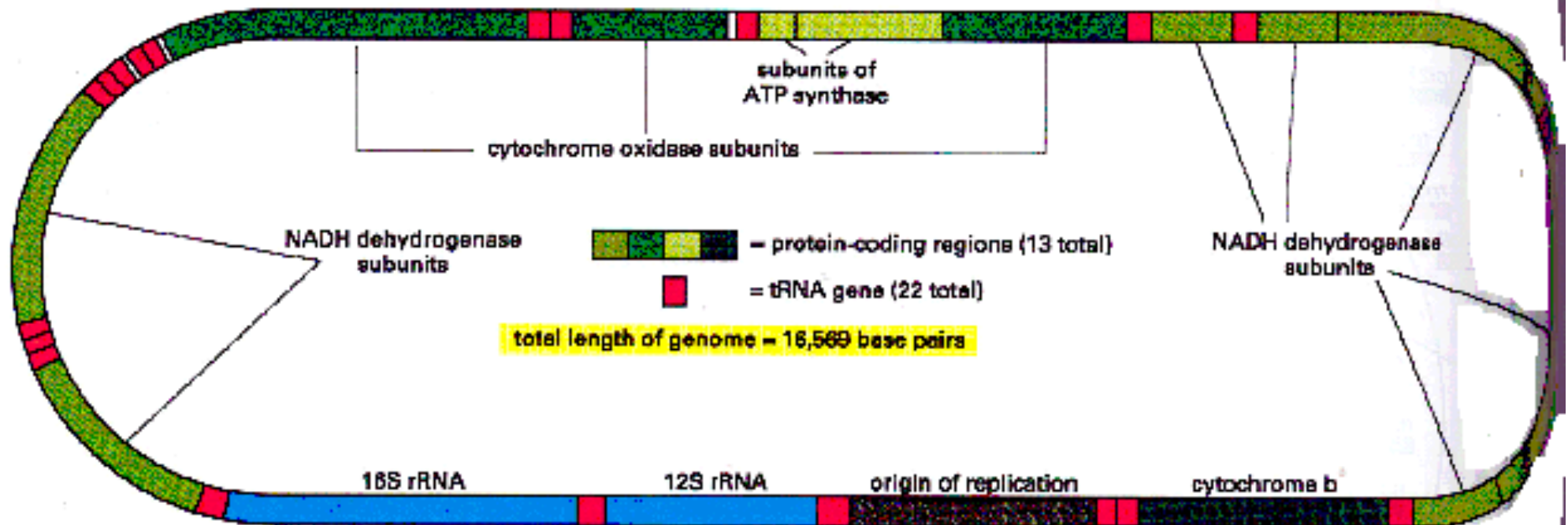
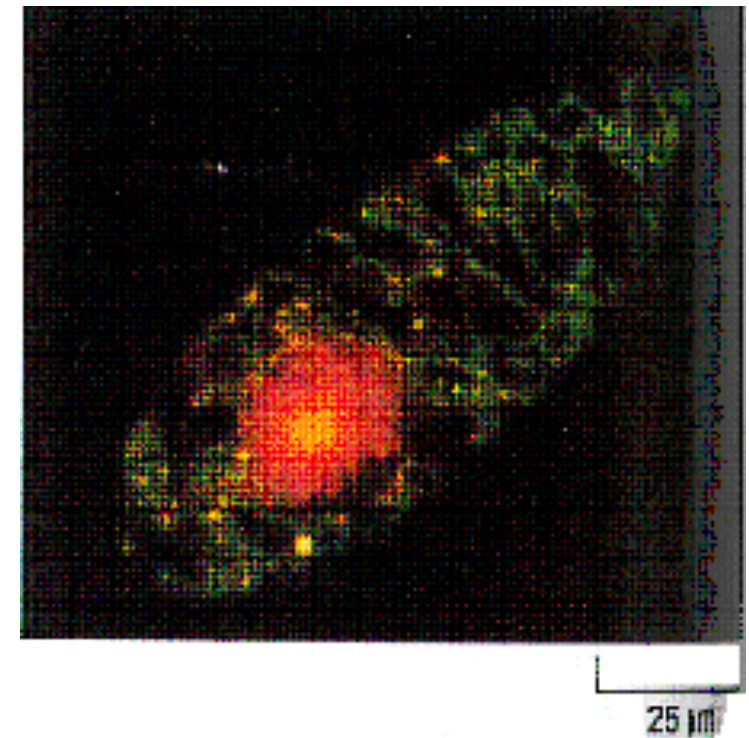
1. Прокариоты (нуклеоид)
эукариоты (хромосомы)
2. Митохондрии и хлоропласты -
«прокариоты - дегенераты»

Динамика:

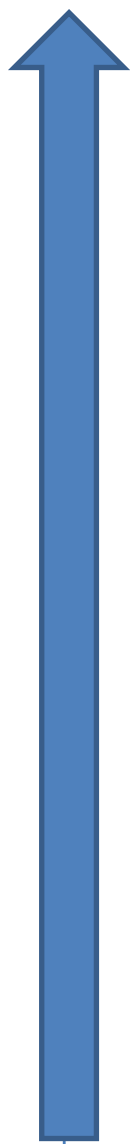
3. *Плазмиды - «генетические аксессуары»*
4. *Вирусы - «взбесившиеся гены»*

«Хромосома» МИТОХОНДРИЙ

2- 50 копий/клетку



Размеры геномов



Плазмиды - $10^3 - 10^4$

Вирусы - $10^3 - 10^4$

Митохондрии и

Хлоропласты - $10^4 - 10^5$

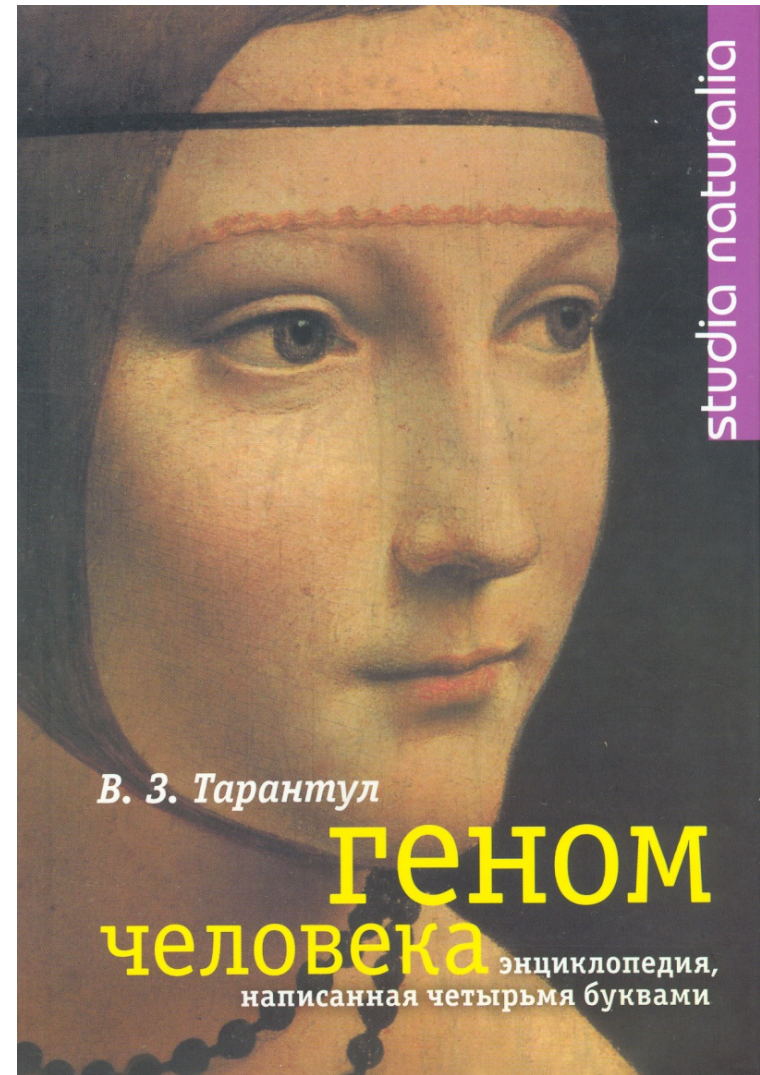
Прокариоты - $10^5 - 10^6$

ЭУКАРИОТЫ

Дрожжи - 10^7

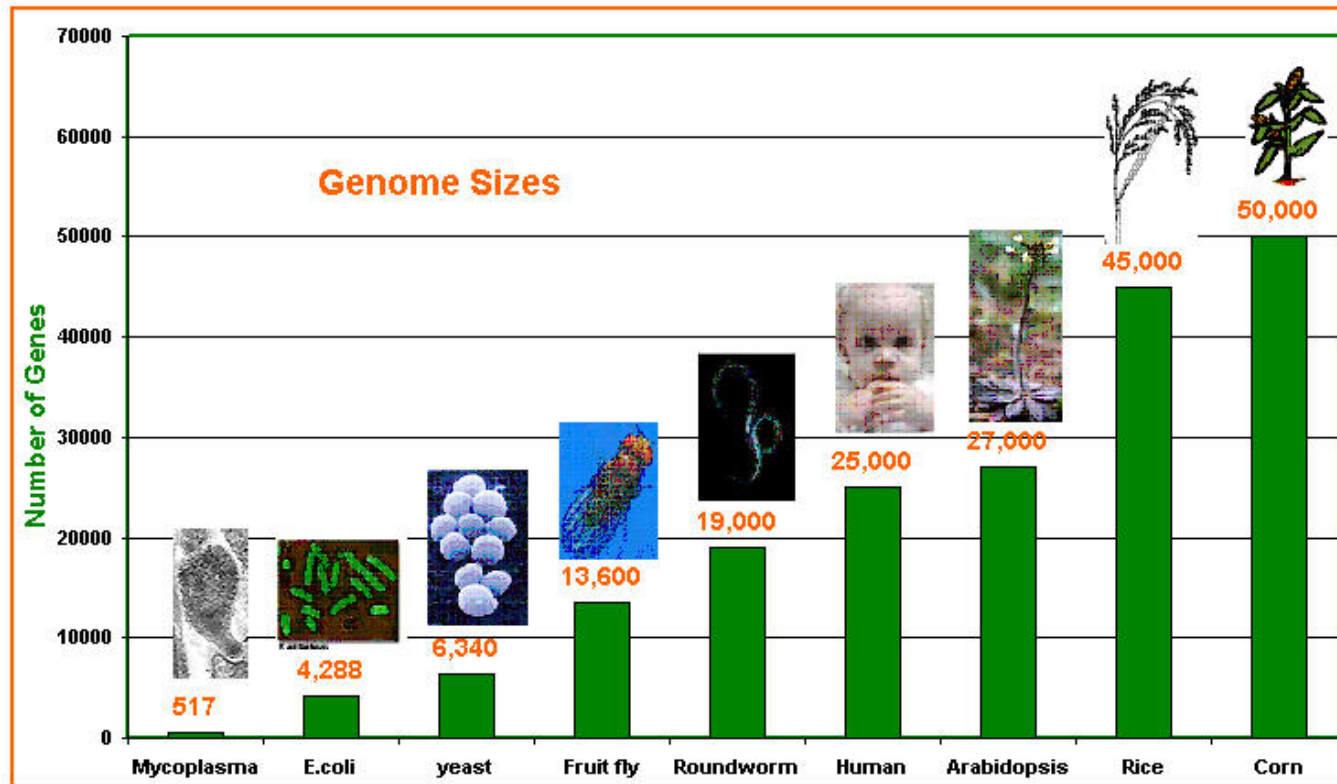
Животные - $10^8 - 10^9$

Растения - $10^9 - 10^{11}$



2 500 знаков/стр, 400 стр/книгу
 10^6 знаков/книгу

Определена первичная структура МНОГИХ ГЕНОМОВ



Вирусы: сотни примеров

Патогенные бактерии: холера, туберкулез, сифилис, язва

Модельные эукариоты и др.

Животные: нематода, дрозософила, мышь. Человек.

Растения: арабидопсис, рис, кукуруза

ПРИМЕРНАЯ ЕМКОСТЬ ГЕНОМОВ

(с точностью до порядка)

Средний ген - 1 000 н

ПРОКАРИОТЫ

геном - 1 000 000 н, 1 000 генов

ЭУКАРИОТЫ

геном - 1 000 000 000 н, должно быть

1 000 000 генов

на самом деле

100 000 генов

Что кодируют остальные 90% ДНК эукариот?

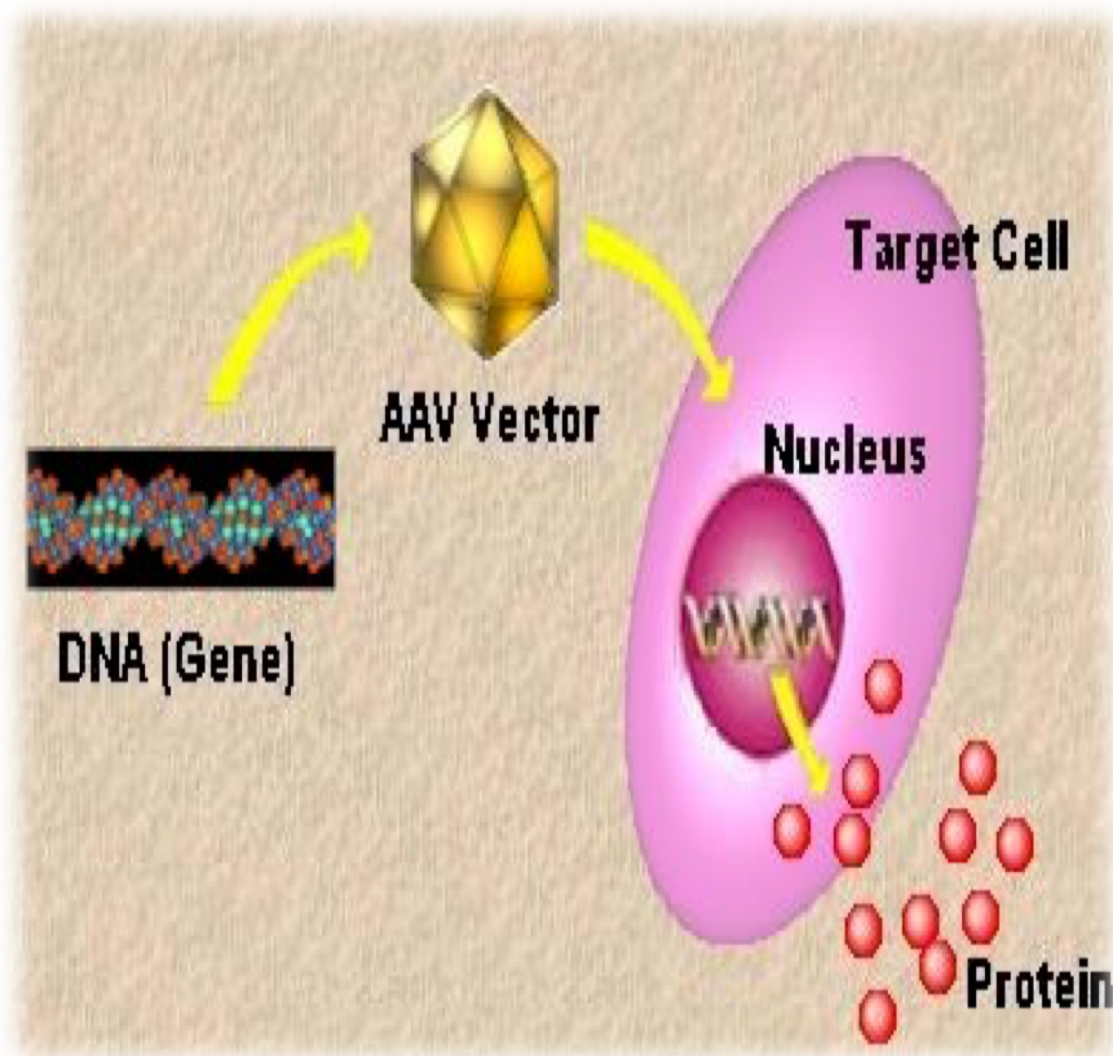
Ген как основная единица генетической информации

Ген - участок ДНК, содержащий информацию для образования функционального биологического продукта

Имеет структурную и регуляторную части

Возможности генной инженерии

- создание новых геномов
- синтез лекарственных препаратов
- генотерапия наследственных болезней




Международный проект «Геном человека»

цели проекта:

- полное определение последовательности нуклеотидов молекулы ДНК у человека.
- возможность профилактики возникновения наследственных болезней и их лечения.

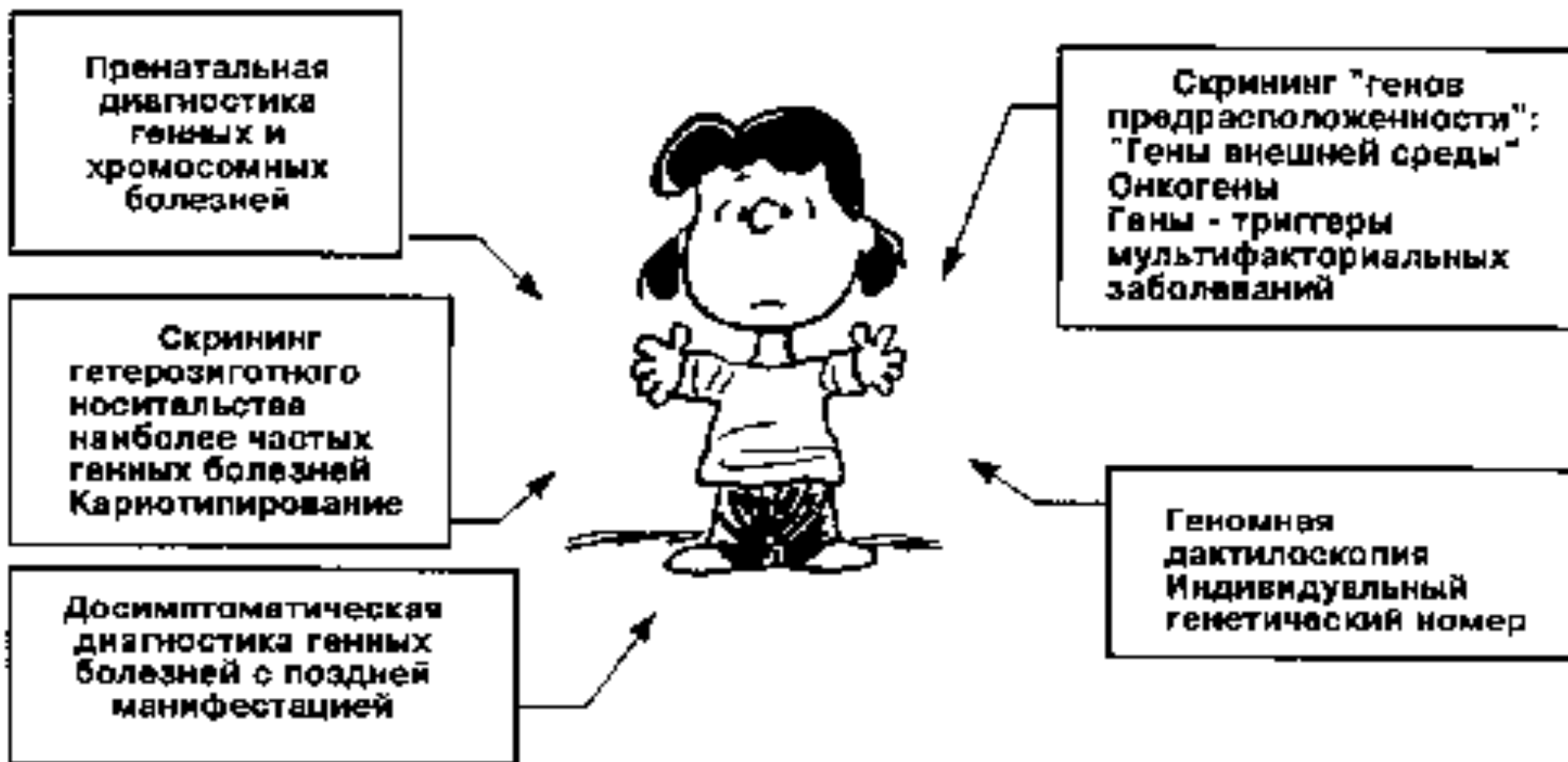
Число генов у человека



Лимфатические клетки	374	Мозг	3195
Эндотелиальные (подстилающие) клетки	1031	Глаз	547
Слюнная железа	17	Кость	904
Щитовидная железа	584	Жировая ткань	581
Околощитовидная железа	46	Тимус	261
Гладкая мускулатура	127	Пищевод	76
Молочная железа	696	Легкие	1887
Поджелудочная железа	1094	Сердце	1195
Селезенка	1094	Печень	2091
Надпочечники	658	Эритроцит	8
Желчный пузырь	788	Тромбоцит	22
Большой сальник (покрывает желудок и кишечник)	163	Толстый кишечник	879
Тонкий кишечник	297	Почка	712
Плацента	1290	Яичник	504
Простата	1283	Семенник	370
Скелетная мышца	735	Матка	1859
Белая кровяная клетка	2164	Кожа	620
		Эмбрион	1989
		Яичко	1232
		Синовиальная оболочка	813

Генетический паспорт

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПАСПОРТ
(Индивидуальная база данных)



ГЕНЕТИКА И БУДУЩЕЕ?



