



Геномика и транскриптомика

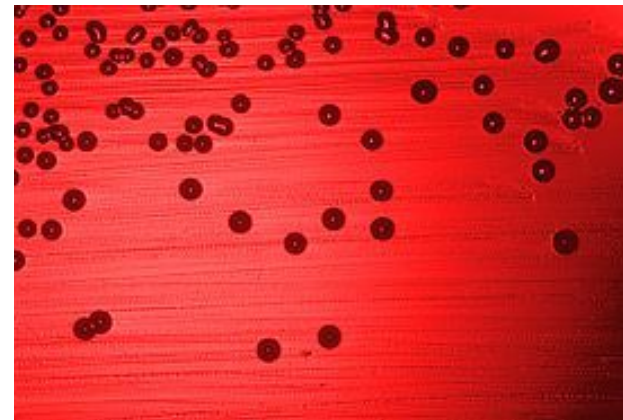
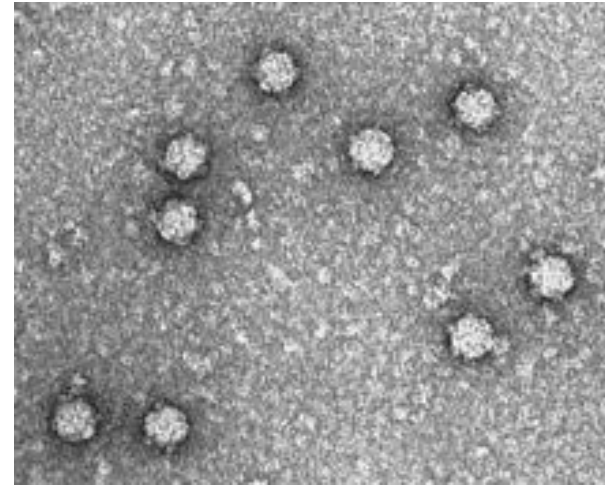
Выполнила:
Студентка 128гр.
Акашкина Юлия

Геномика

Раздел молекулярной генетики, посвящённый изучению генома и генов живых организмов.

Первым был полностью секвенирован геном бактериофага Ф-Х174 в 1977 году.

Следующим этапным событием было секвенирование генома бактерии *Haemophilus influenzae* (1995 год).



Разделы геномики

- Функциональная
- Структурная
- Сравнительная
- Синтетическая

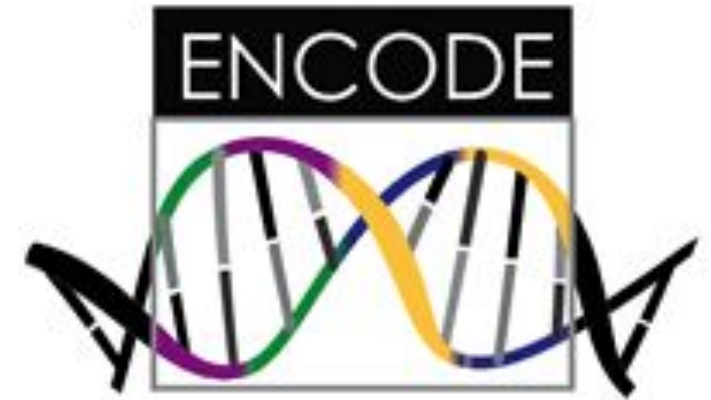


Функциональная геномика

Изучение геномов для определения биологической функции всех генов и их продуктов, а также взаимодействий между генами.



Susumu Ohno



Структурная геномика

Имеет целью изучение генов с известной структурой для понимания их функции, а также определение пространственного строения максимального числа «ключевых» белковых молекул и его влияния на взаимодействия.



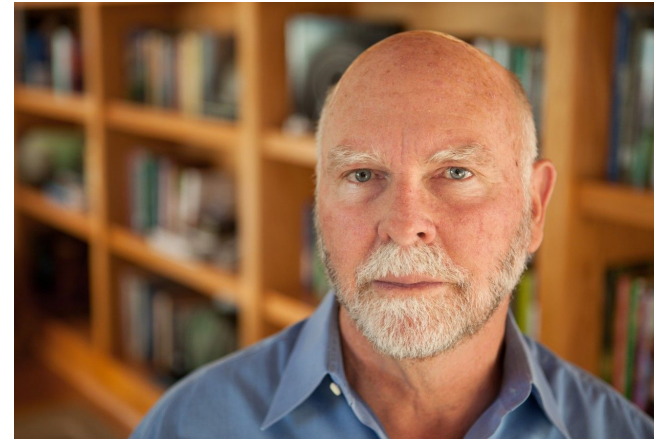
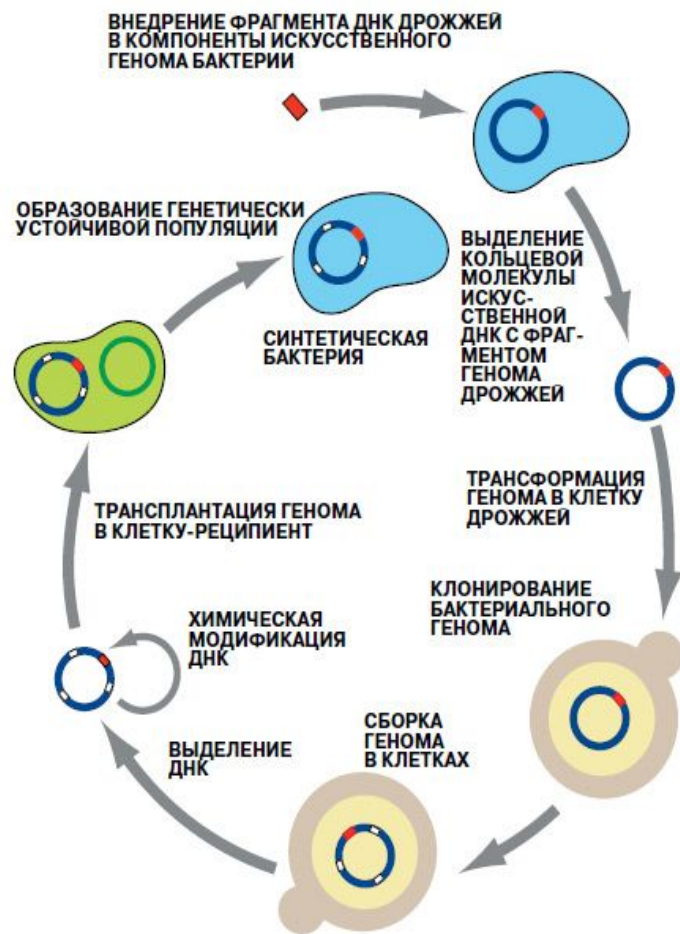
Сравнительная геномика

Сравнительные исследования содержания и организации геномов разных организмов.

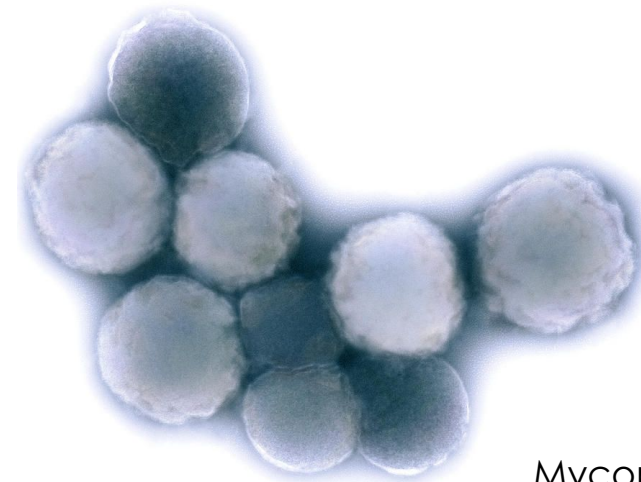
Сходство геномов различных организмов с геномом человека.

Вид	Сходство
Человек	99,9%
Шимпанзе	98,4%
Горилла	98,38%
Мышь	85%
Собака	95%
Банан	50%
Нарцисс	35%

Синтетическая геномика



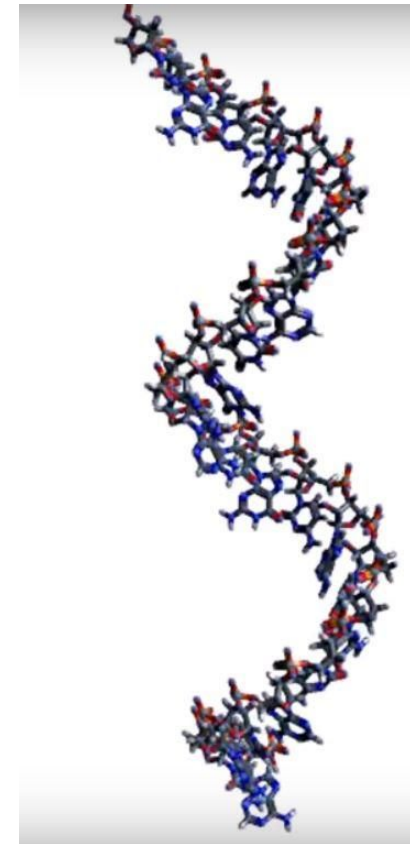
John Craig Venter



Mycoplasma mycoides

Транскриптомика

Идентификация всех матричных РНК, кодирующих белки, определение количества каждой индивидуальной мРНК, определение закономерностей экспрессии всех генов, кодирующих белки.



Задачи

- Выявление и исследование условий для формирования характерной для клеток определенных типов структуры транскриптома
- Выявление и изучение не зависящих от геномных сигналов факторов, влияющих на формирование структуры и динамики транскриптома.
- Применение методов биоинформатики на уровне анализа транскриптома, позволяет:
- реконструировать коды, заключенные в геноме (кооперация с геномикой);
- выявлять информацию в виде сигналов и кодов, необходимую для формирования протеома (кооперация с протеомикой).

Методы

- «Серийный анализ экспрессии генов» - Serial analysis of gene expression (SAGE)
- «Прочитанные фрагменты экспрессированных последовательностей» - Expressed Sequence Tags (ESTs)
- «Массовое одновременное секвенирование характерных фрагментов» Massively Parallel Signature Sequencing (MPSS)
- Метод ДНК-биочипов или ДНК микроматриц (DNA microarray, DNA biochip, oligonucleotide microarray, cDNA microarray)

Спасибо за внимание!