ҚР ДЕНСАУЛЫҚ САҚТАУ МИНИСТРЛІГІ

С.Д.АСФЕНДИЯРОВ АТЫНДАҒЫ ҚАЗАҚ ҰЛТТЫҚ МЕДИЦИНА УНИВЕРСИТЕТІ

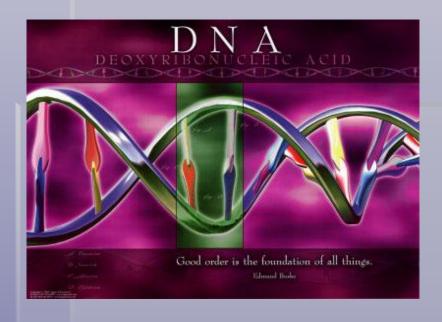


МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РК

КАЗАХСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ С.Д.АСФЕНДИЯРОВА

Кафедра: Клинико-диагностическая лаборатория

Тема:Основные методы молекулярно-генетических исследований. Молекулярно-генетические методы воснове предиктивной медецины.



Выполнил: Ордабек.Е

Факультет:Педиатрия

Ton: 603-1

Проверила:Есбаева.К.У

Молекулярно-генетические методы - большая и разнообразная группа методов, предназначенная для выявления вариаций в структуре участка ДНК (аллеля, гена, региона хромосомы) вплоть до расшифровки первичной последовательности нуклеотидов.

В основе этих методов лежат генно-инженерные манипуляции с ДНК и РНК.

Вариации в последовательности ДНК в геноме довольно условно принято делить на **мутации** и **полиморфизм**.

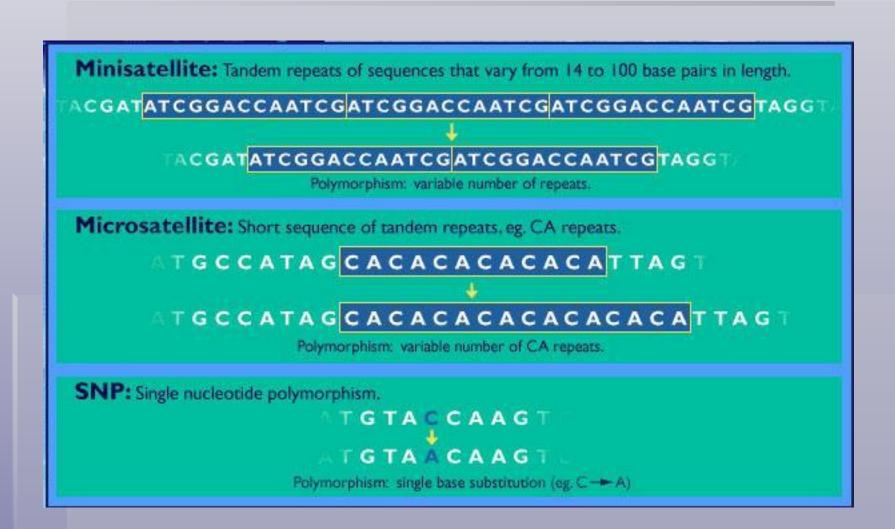
Под **мутацией** понимают все изменения, которое возникает в структуре ДНК спонтанно или редко, вне зависимости от места их локализации и влияния на фенотип.

Полиморфизм, согласно классическому определению, - это наличие нескольких (более 1) наследственных вариантов ДНК, самый редкий из которых встречается с частотой, превышающей частоту обратного мутирования.

Случайные мутации происходят постоянно, и поэтому на практике, полиморфизмами считают те из мутаций, которые произошли давно и поэтому встречаются чаще, чем у 1% организмов в данной популяции.

Полиморфизм ДНК. Основные типы генетических маркеров

По отношению к полиморфизму часто используют термин **генетический маркер**. Под маркером понимают любой участок ДНК, наследование, структуру или вариабельность которого можно проследить.













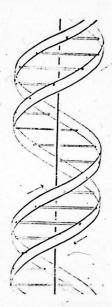


Молекулярные основы ДНК-диагностики

No. 4356 April 25, 1953 NATURE

MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

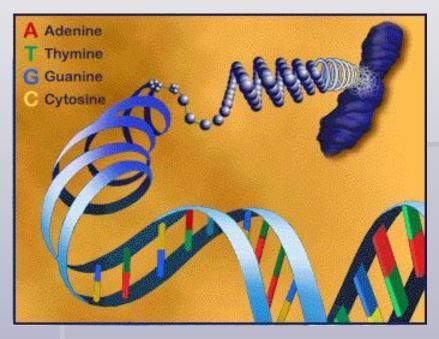


J. D. WATSON F. H. C. CRICK

Medical Research Council Unit for the Study of the Molecular Structure of Biological Systems, Cavendish Laboratory, Cambridge. · April 2.



Структура молекулы ДНК



Азотистое основание: A, T, G, C, (U)

Углевод: Рибоза (РНК), дезоксирибоза (ДНК)

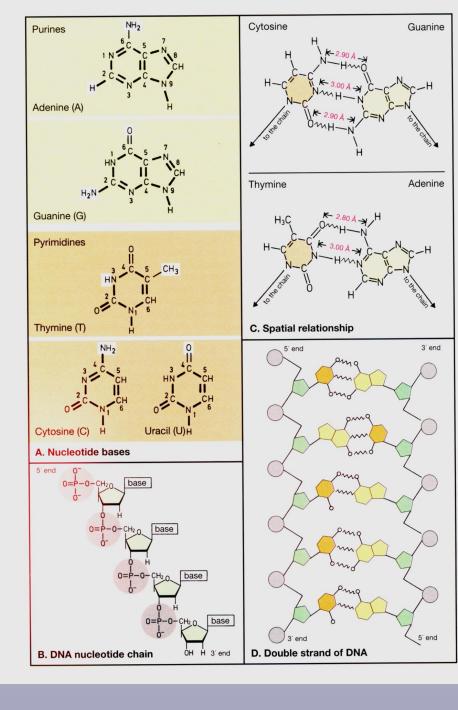
Нуклеозид: А.О. + остаток сахара

Нуклеотид: Нуклеозид + ост. фосфорной к-ты

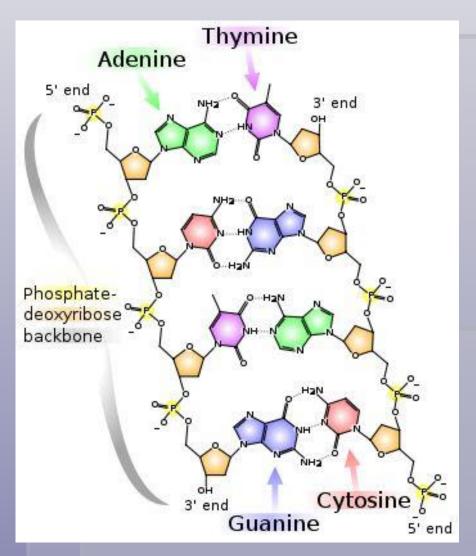
A.O.		Нуклеозид
Аденин	(A)	Аденозин
Гуанин ((G)	Гуанозин
Цитозин	ı (C)	Цитидин
Тимин (T)	Тимидин
Урацил	(U)	Уридин

Нуклеотид

Адениловая к-та (AMP, dAMP) Гуаниловая к-та (GMP, dGMP) Цитидилоая к-та (CMP, dCMP) Тимидиловая к-та (TMP, dTMP) Уридиловая к-та (UMP)



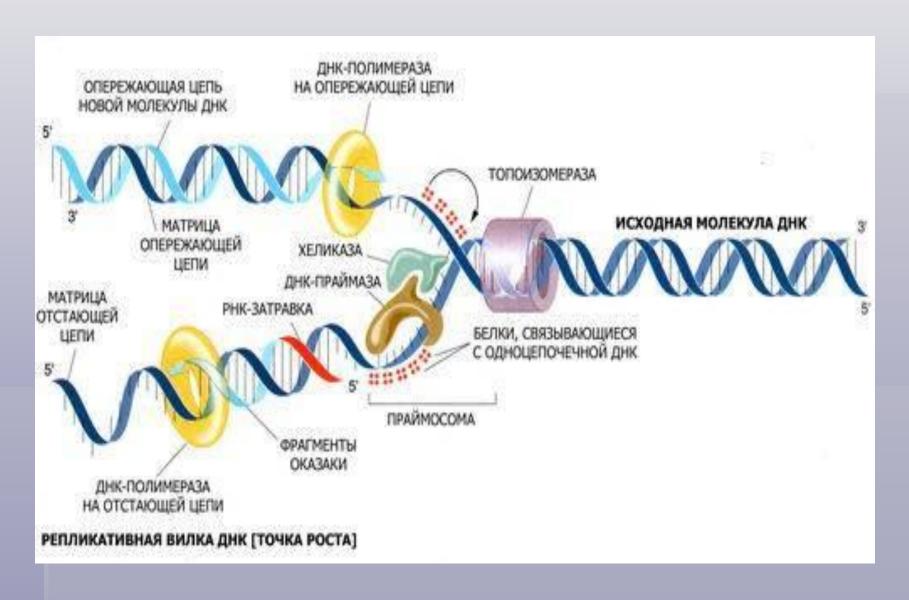
ДНК – самая сложная структура в живых организмах !



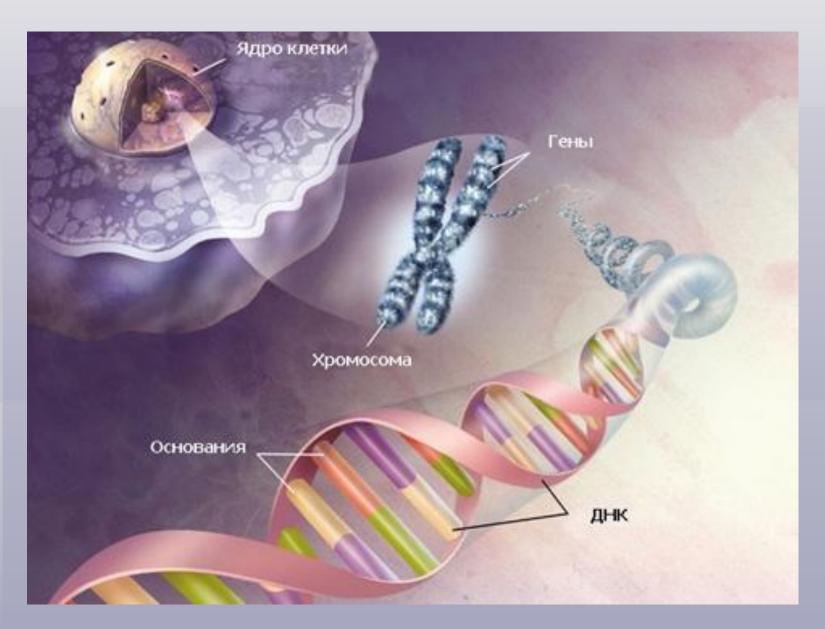
Между собой соседние нуклеотиды соединены в цепи фосфодиэфирной связью, образованной 3'-гидроксильной (3'-OH) и 5'-фосфатной группами (5'-PO3).

Это свойство обуславливает наличие полярности в ДНК, т.е. противоположной направленности, а именно 5'- и 3'-концов: 5'-концу одной нити соответствует 3'-конец второй нити.

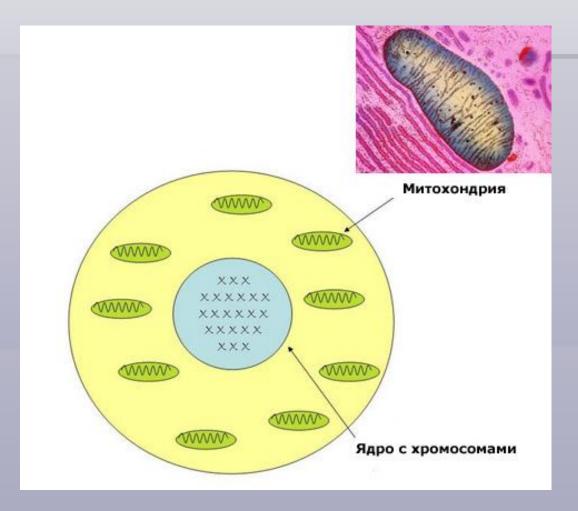
Репликация ДНК



Геном - вся совокупность генетического материала

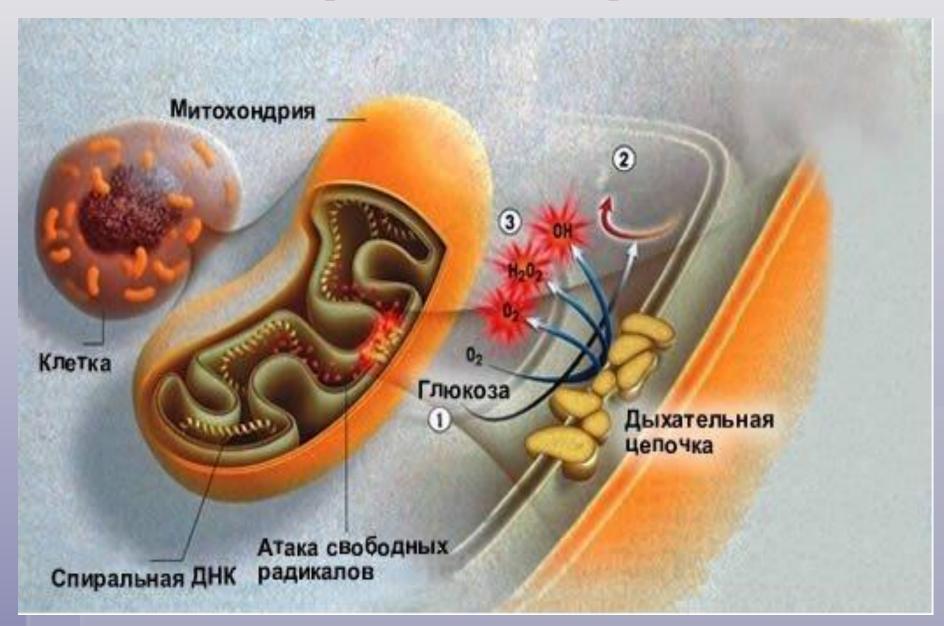


Геном ядерная ДНК + митохондриальная ДНК

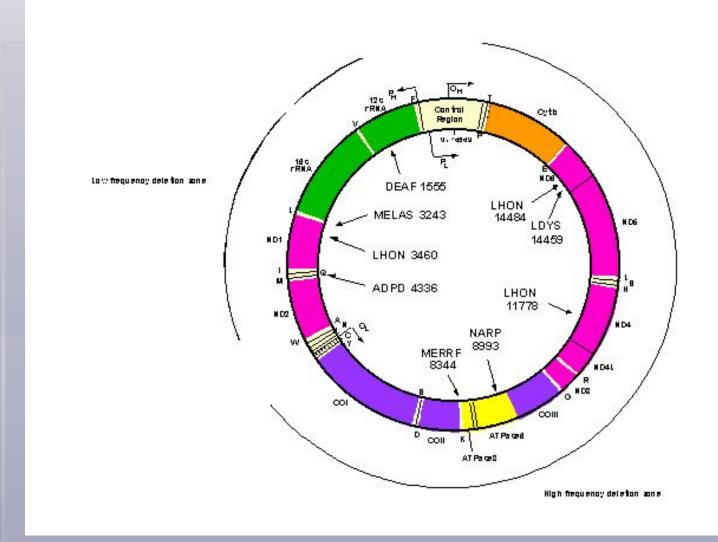


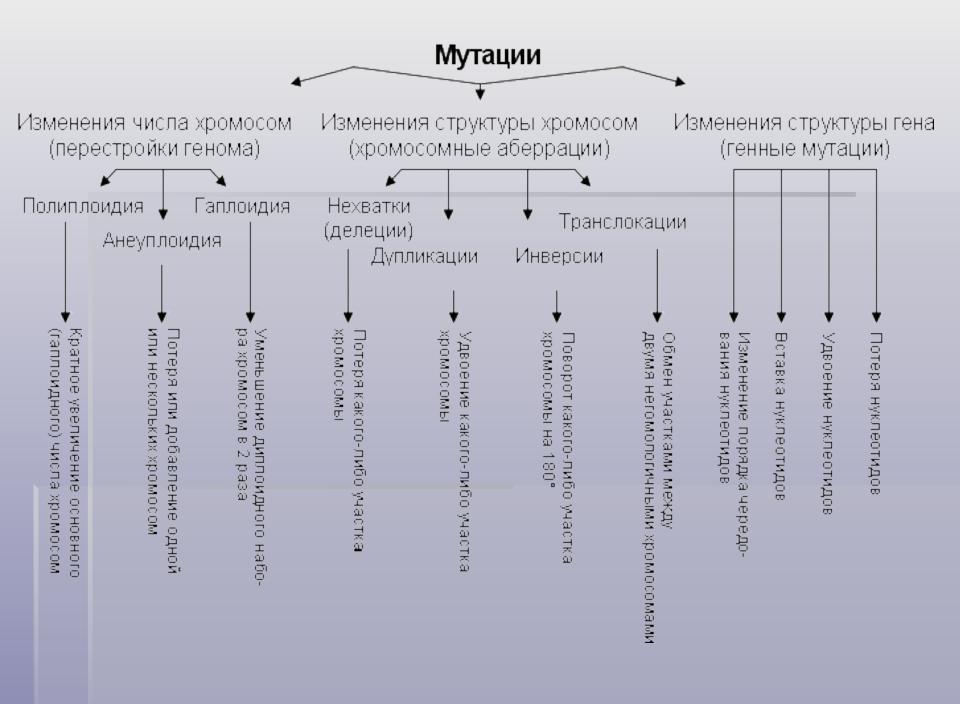
У человека составляет примерно 3 млрд пар нуклеотидов

Строение митохондрии.



Митохондриальная ДНК





Мутации

Мутация - любое изменение последовательности ДНК

- 1. Мутации возникают скачкообразно, без переходов. Альтернативны состояния
- 2. Образовавшиеся новые формы константны
- 3. Мутация является качественным изменением
- 4. Мутации разнонаправленны («полезные» и «вредные»)
- 5. Одни и те же мутации могут возникать повторно

Классификация мутаций (Инге-Вечтомов, 1989)

По характеру изменения генома

- Геномные изменения числа наборов хромосом
- Хромосомные изменения структуры хромосом (хромосомные перестройки)
- Генные локальные изменения последовательности ДНК

По характеру изменения фенотипа

- Летальные
- Морфологические
- Физиологические
- Биохимические
- Поведенческие

По проявлению в гетерозиготе

- Доминантные
- Рецессивные

По условиям возникновения

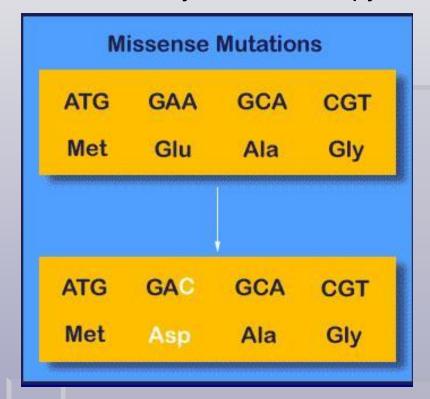
- Спонтанные
- Индуцированные

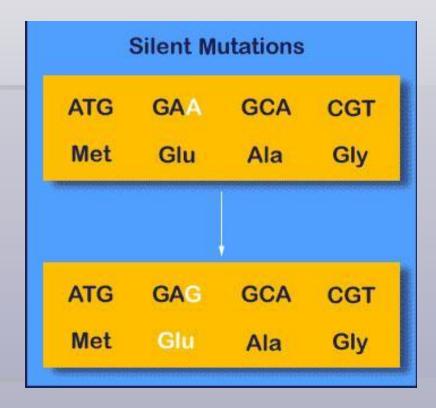
По возможности наследования

- В генеративных тканях (в половых клетках)
- Соматические (в соматических клетках)

Точечные мутации - замены одного нуклеотида

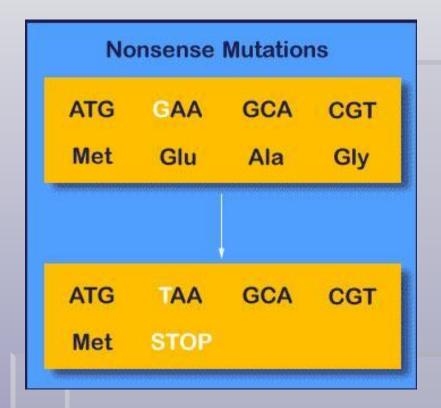
Точечные мутации в кодирующей части гена

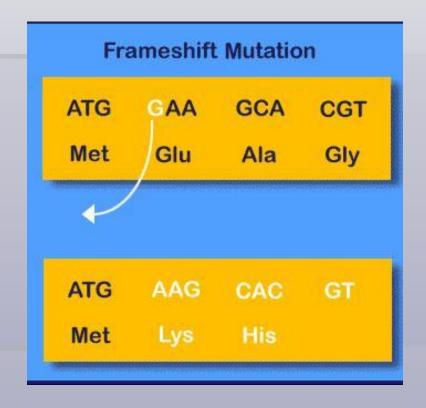




Миссенс-мутация замена аминокислотного остатка в белке

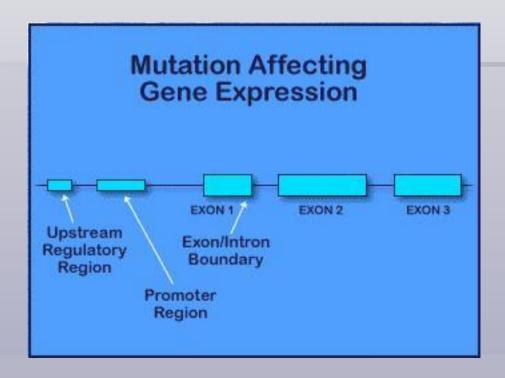
Молчащая замена не приводит к замене а/к





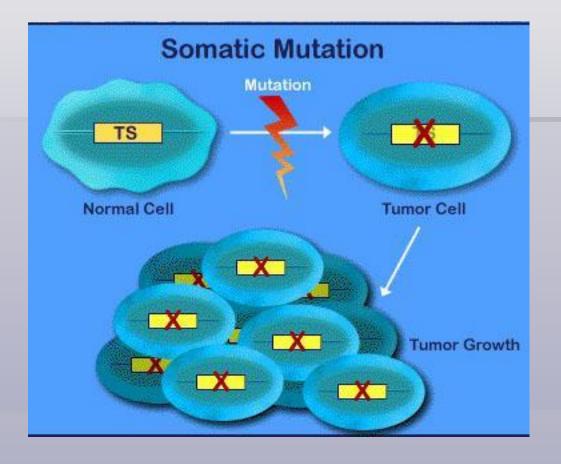
Нонсенс-мутация - замена аминокислотного кодона на стоп-кодон Мутация сдвига рамки считывания (фреймшифт) - изменение последовательности а/к

Мутации в регуляторных областях гена приводят к изменению уровня его экспрессии



Мутации в сайтах сплайсинга приводят к изменению структуры мРНК и белка

Соматические мутации



Соматические мутации в гена-супрессорах опухолей - причина раковых заболеваний

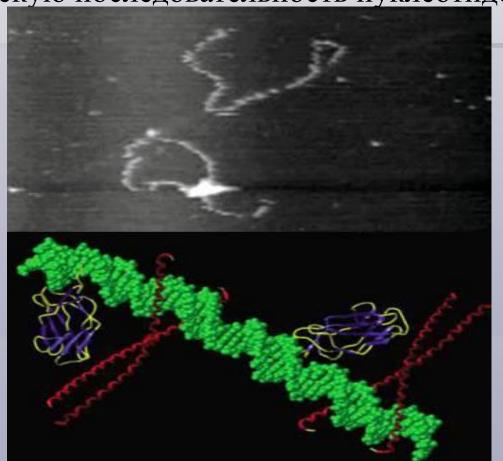
Основные принципы, на которых базируются молекулярно-генетические методы диагностики

- Комплементарность нуклеотидных оснований аденин всегда гибридизируется с гуанином, цитозин с тимином
- 2. При нагревании происходит разъединение цепей ДНК (денатурация), то есть нормальная двухцепочечная ДНК расщепляется на две одноцепочечные.
- 3. При охлаждении (ренатурации) происходит восстановление двуцепочечной структуры в соответствии с правилом комплементарности нуклеотидов.
- Расщепление молекулы ДНК может быть достигнуто с помощью специальных бактериальных ферментов эндонуклеаз, рестрицирующих молекулу ДНК в местах со строго определённой для каждой эндонуклеазы последовательностью нуклеотидов.
- 5. Фрагменты ДНК в акриламидном или агарозном гелях легко разделяются под действием электрического тока; положение фрагментов ДНК при электрофорезе определяется размерами ДНК фрагментов.

Рестриктазы

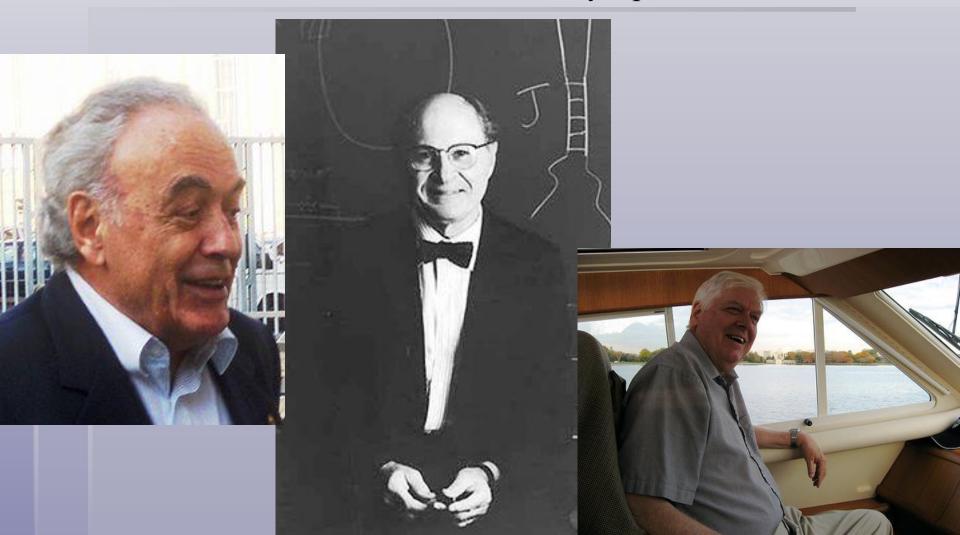
- Рестриктазы бактериальные ферменты, которые узнают специфические последовательности из 4-8 нуклеотидов в двухцепочечной молекуле ДНК и разделяют её на фрагменты в местах локализации этих последовательности, называемых *сайтами* рестрикции.
- Количество образующихся рестрикционных фрагментов ДНК определяется частотой встречаемости сайтов рестрикции.
- Размер (длина) образующихся рестрикционных сайтов определяется характером распространения сайтов по длине исходной ДНК. Чем чаще расположены сайты рестрикции, тем короче фрагменты.
- Сайты рестрикции м.б. использованы в качестве генетических маркёров ДНК.
- Рестрикционные фрагменты м.б. упорядочены по длине путём электрофореза в агарозном или полиакриламидном геле.

Сейчас известно более 500 различных типов бактериальных рестриктаз, и каждый из этих ферментов узнаёт свою специфическую последовательность нуклеотидов.



Первая рестриктаза была выделена в 1970 г. Гамильтоном Смитом из штамма Haemophilus influence. Она была обозначена HindIII.

В 1978 г.Даниел Натанс, Вернер Арбер и Гамильтон Смит получили Нобелевскую премию по физиологии и медицине «открытие ферментов рестрикации и методов их использования для изысканий в молекулярной генетике».





Базовые методы идентификации мутаций

- Блот-гибридизация
- 2. ПЦР

Блот-гибридизация по Саузерну (Саузерн-блоттинг)

Блоттинг - перенос молекул ДНК из геля на другой носитель (нитроцеллюлозу)

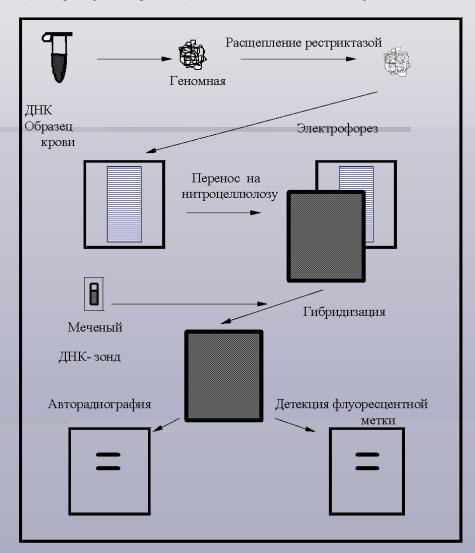
Гибридизация - формирование 2-цепочечных молекул ДНК из 1цепочечных молекул ДНКматрицы и ДНК-зонда

Эдмунд Саузерн, 1975

Нозерн-блоттинг - перенос РНК

Вестерн-блоттинг - перенос белков

ДНК-зонд - одноцепочечная молекула ДНК или РНК, соответсвующая известному гену 9участку генома) и несущая метку (радиоактивную, флюоресцентную, иммунологическую)



Литература

- 1. Жимулев И.Ф. Общая и молекулярная генетика. Новосибирск : Издательство Новосибирского университета, 2002, 2003. 458 с.
- 2. Петухов В.Л. Генетика / В. Л. Петухов, С.Ж. Стамбеков, О.С. Короткевич: Учебник Новосибирск, 2007. 616 с.