

**Молекулярно-генетический
метод**

Методы молекулярной генетики направлены на изучение молекулы ДНК как в норме, так и при ее повреждении, а также на «манипуляции» с молекулами ДНК и РНК.

Гены кандидаты

- 0 **Ген-кандидат** — ген, который может быть связан с проявлением сложного признака либо с возникновением заболевания. Ряд методов даёт возможность выявить участки хромосом, ассоциированные с той или иной болезнью.
- 0 Знание функций белка, кодируемого геном, и другие свидетельства, позволяют строить предположения о его возможной роли в патологическом процессе, и влиянии на фенотип организма.
- 0 При изучении сложных заболеваний с неясной этиологией, например, шизофрении и болезни Альцгеймера, в списки кандидатов зачастую попадают десятки генов.

0 Одним из наиболее перспективных современных методов, применяемых для исследования генетики сложных признаков, является метод **полногеномного анализа ассоциаций (Genome-Wide Association, GWA)**.

0 При **полногеномном анализе ассоциаций** определяется корреляция между сотнями тысяч однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) и фенотипами людей.

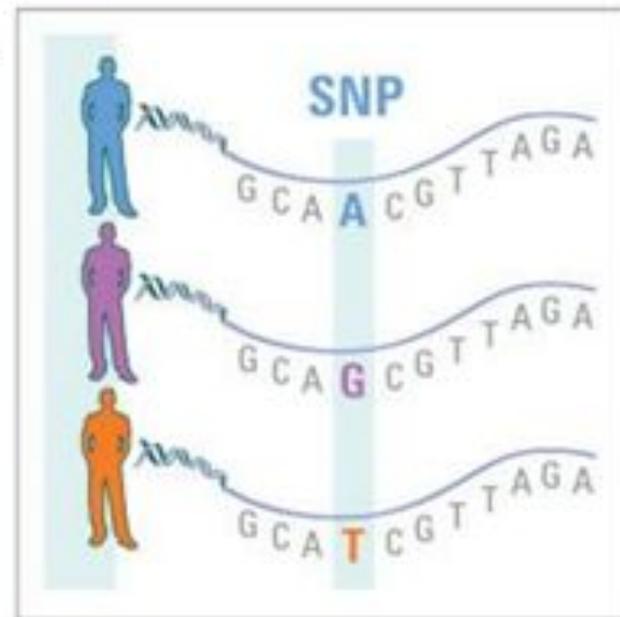
Полиморфизм

Однонуклеотидный полиморфизм

Любые изменения в ДНК ведут к возникновению генетического полиморфизма. Полиморфизм может возникать в результате замены или потери нуклеотидов. Это однонуклеотидный полиморфизм

Однонуклеотидный полиморфизм (**Single nucleotide polymorphism - SNP**) — отличия последовательности ДНК размером в один нуклеотид в геноме представителей одного вида.

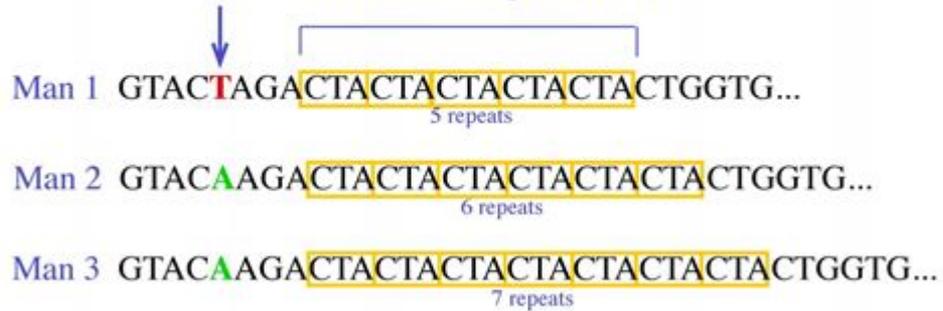
В геномах разных людей в среднем различается 1 из 300 пар нуклеотидов



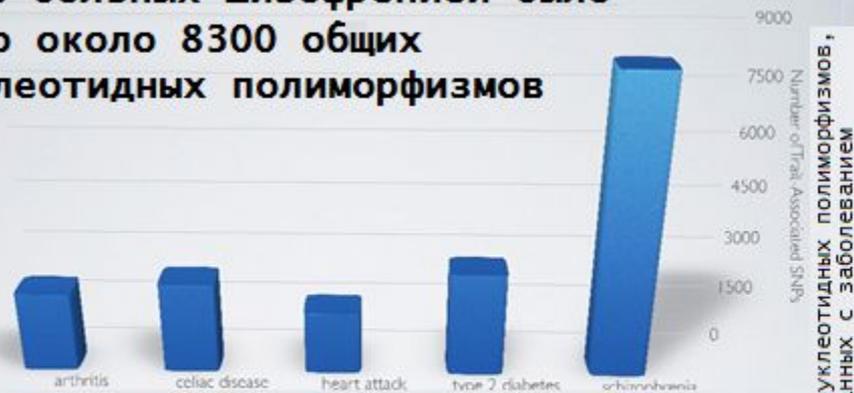
Однонуклеотидный повтор

Короткие тандемные повторы ДНК

SNP short tandem repeat (STR)



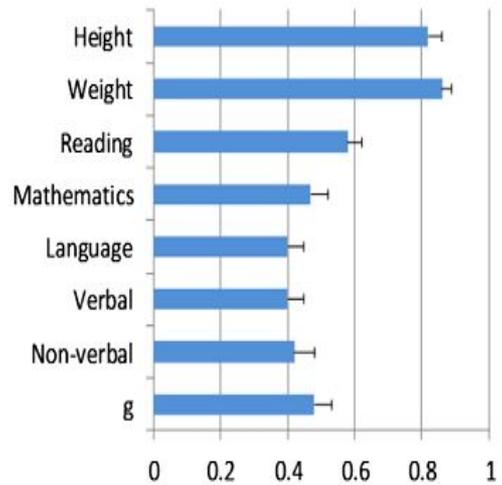
В группе больных шизофренией было выявлено около 8300 общих однонуклеотидных полиморфизмов



число однонуклеотидных полиморфизмов, ассоциированных с заболеванием

Полигенная структура шизофрении

Twin heritability



GCTA heritability

