

Ćwiczenie 5

Informacja genetyczna u różnych grup organizmów. Poszukiwanie sekwencji wspólnych dla człowieka, zwierząt i roślin.

Prof. dr hab. Roman Zieliński

1. Informacja genetyczna u różnych grup organizmów

1.1. Pytania i zagadnienia

- 1.1.1. Porównaj kwas RNA i DNA.
- 1.1.2. U jakich organizmów funkcję materiału genetycznego pełni RNA?
- 1.1.3. Porównaj chromosom bakteryjny u Prokariota i Eukariota.

1.2. Ćwiczenia

- 1.2.1. Wielkość genomu różnych grup organizmów.

Na podstawie danych podanych na wykładzie porównaj wielkość genomu gatunków z różnych grup taksonomicznych (Prokariota, rośliny, zwierzęta). Czy na podstawie otrzymanych danych można wyciągnąć jakieś wnioski?

- 1.2.2. Podaj rząd wielkości o jakie różnią się genomy wirusów, Prokariota, roślin i człowieka.

1.3. Problemy

- 1.3.1. U jakiego organizmu stwierdzono największy genom? Jak sądzisz, co jest tego przyczyną?
- 1.3.2. Pentozy oraz nukleotydy są wykorzystywane jako suplementy diety między innymi dla osób intensywnie ćwiczących. Czy stosowanie suplementów diety jest korzystne u każdego? Jaki jest cel stosowania suplementów diety? Czy istnieją inne metody wspomaganie organizmu?
- 1.3.3. Pierwotnym nośnikiem informacji był RNA. Dlaczego RNA został zastąpiony przez DNA? Czy można wyobrazić sobie efektywny system informacyjny oparty o RNA?
- 1.3.4. Czy DNA mógłby zastąpić półprzewodniki w komputerach? Czy można stworzyć komputery w oparciu o 4-ro literowy zapis informacji w DNA zamiast 0-1, jaki istnieje obecnie?

2. Poszukiwanie sekwencji wspólnych dla różnych grup organizmów

2.1. Pytania i zagadnienia

- 2.1.1. Czy u odległych genetycznie organizmów np. roślin i bakterii, człowieka i bakterii etc. występują podobne sekwencje?
- 2.1.2. U wielu gatunków np. kręgowców, traw obserwuje się zjawisko kolinearności, które polega na występowaniu tego samego układu genów na chromosomach poszczególnych gatunków. O czym świadczy zjawisko kolinearności?

2.2. Ćwiczenia

- 2.2.1. Proszę wejść na stronę:

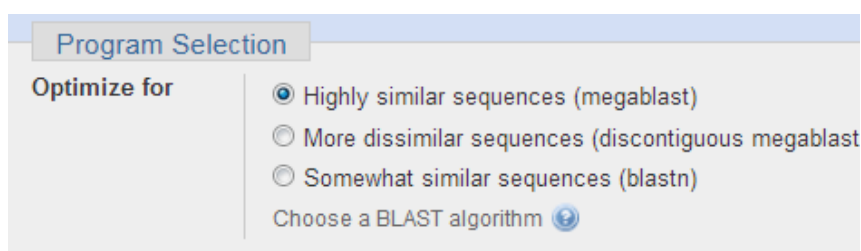
„NCBI”

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

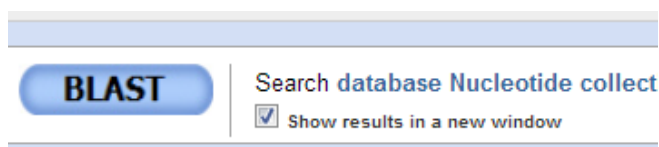
Z podanych możliwości wybrać opcję Nucleotide BLAST. Po wejściu w tę opcję pojawi się okno „Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)”. Sekwencję podaną w notatniku proszę wklepiować w okno (plik 05 PGIIP-fasta).

Proszę wklepiować tylko litery sekwencji, bez dodatkowych znaków.

- Proszę przejść do dołu strony i w miejscu „program selection” proszę wybrać (pozostawić wybór domyślny) „highly similar sequences (megablast)”.



- Proszę wybrać opcję „show results in a new window”, a następnie zaakceptować przycisk niebieski BLAST. Obliczenia będą trwały kilka sekund, strona powinna się odświeżać samorzutnie.

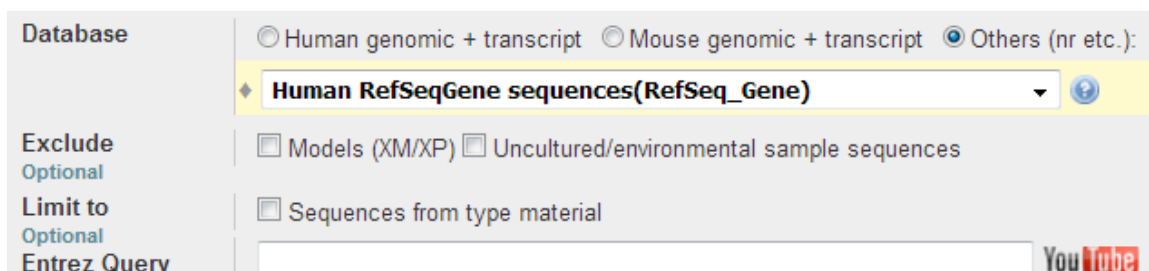


- Po wykonaniu obliczeń otrzymacie Państwo zestaw sekwencji podobnych do sekwencji podanej. Ile sekwencji baza zwróciła?
- Podana sekwencja pochodzi z *Rubus idaeus* (malina). Proszę przyjrzeć się sekwencjom zwróconym przez program. Z jakich gatunków pochodzą? Czy gatunki te są blisko spokrewnione z *R. idaeus*?

2.2.2. Proszę powtórzyć ćwiczenie z punktu 2.2.1, ale w pozycji „program selection” wybrać: „somehow similar sequences” (blastn).

- Proszę sprawdzić jakie teraz gatunki zwróciła baza danych?
- Czy jest ich tyle samo co w punkcie 2.2.1.?
- Czy lista gatunków została rozszerzona?

2.2.3. Proszę ponownie powtórzyć ćwiczenie, ale tym razem zmieniając bazę danych.



- W pozycji „Database” proszę wybrać z listy rozwijanej „HumanRefSeqGene sequences”.
- W „program selection” proszę wybrać „somehow similar sequences (blastn)” i ponownie przeprowadzić poszukiwania.
- Czy pojawiły się jakieś wyniki?
- Czy można znaleźć sekwencje podobne u człowieka? Czy są to długie fragmenty?
- Jakich genów, elementów genomu dotyczą ewentualnie wyszukane sekwencje?

2.3. Problemy

2.3.1. Jak można wykorzystać bazę NCBI i jej podobne we własnych badaniach? Jak zaplanować badania z wykorzystaniem bazy NCBI? Zastanów się nad doбором sekwencji do analiz.

2.3.2. Czy zasoby genomowe dostępne w publicznych bazach danych mogą być przydatne w praktyce lekarskiej? Uzasadnij swoje stanowisko.