

Ćwiczenie 8

Genomy. Projektowanie eksperymentów.

Prof. dr hab. Roman Zieliński

1. Wielkość genomów różnych grup organizmów

1.1. Pytania i zagadnienia

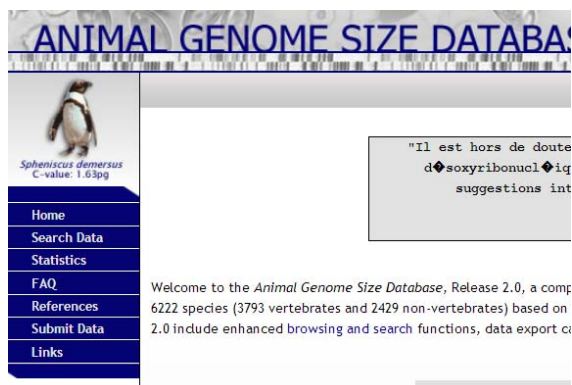
1.1.1. Jakie parametry określają wielkość genomu?

1.1.2. Jakie techniki są wykorzystywane do pomiaru wielkości genomu?

1.2. Ćwiczenia

1.2.1. Analiza wielkości genomu u różnych grup zwierzęcych.

- Proszę wejść na stronę: <http://www.genomesize.com/index.php> (Animal Genome Size database) i przejść do sekcji „search data”



- Proszę wybrać dowolną grupę zwierząt z listy po lewej stronie.
- Proszę wybrać 3 gatunki, dla których podano co najmniej 5 przypadków.
- Proszę odczytać wartości C-value dla każdego przypadku, obliczyć średnią wartość dla każdego z 3 gatunków, a następnie podać na jej podstawie wielkość genomu w pikogramach oraz w liczbie par zasad.
- Czy porównywane genomy różnią istotnie?

1.2.1. Analiza wielkości genomu u roślin z rodziny Asteracea (Złożone).

- Proszę wejść na stronę: <http://www.asteraceaegenomesize.com/>
- W polu „search”, proszę przejść do „advanced” i w polu „Genus” wybrać jeden z rodzajów i dla niego przeprowadzić poszukiwania. Proszę nie dokonywać wyboru w pozostałych polach, gdyż błędny wpis uniemożliwi wyszukanie danych.

Advanced search options

<i>Subfamily</i> Select subfamily ▾	<i>Tribe</i> Select tribe ▾	<i>Genus</i> Select genus ▾
2C value <input type="text"/> - <input type="text"/>	<i>Ploidy</i> <input type="text"/> - <input type="text"/>	<i>Chrom. number</i> <input type="text"/>
<i>Year</i> year ▾ - year ▾	<i>Infraspecific category</i> none ▾	

- Proszę wybrać 3 gatunki, dla których jest więcej przypadków i podobnie jak w punkcie 1.2.1 odczytać dla nich wartości C-Value (1C). Proszę dla każdego gatunku obliczyć średnią i porównać gatunki.
- W bazie podano także wielkość genomu w Mbp. Proszę obliczenia powtórzyć dla tego parametru.
- Czy wielkości genomów analizowanych gatunków różnią się istotnie?

1.3. Problemy

- 1.3.1. Jakie zjawiska leżą u podłoża znacznych rozmiarów genomu u roślin?
- 1.3.2. Jak sądzisz, dlaczego u roślin powszechna jest poliploidalność i jakie ma ona znaczenie ewolucyjne?
- 1.3.3. Czy poliploidalność miała znaczenie w ewolucji zwierząt?
- 1.3.4. Wirusy charakteryzują się najmniejszymi genomami. Czy, w związku z tym są one prymitywnymi organizmami czy są to formy wysoce wyspecjalizowane, które wyewoluowały z form o większych genomach?

2. Projektowanie eksperymentów

2.1. Pytania i zagadnienia

- 2.1.1. Jakie techniki możemy wykorzystać do badania genomów? Omów zarówno techniki klasyczne jak i molekularne?
- 2.1.2. Co to jest kolinearność i syntenia?
- 2.1.3. Porównaj genomy Prokariota i Eukariota.

2.2. Ćwiczenia

- 2.2.1. Korzystając z alfabetycznego wykazu sekwencjonowanych genomów w bazie NCBI (Bioproject/genomes/browse by organisms <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>) podaj liczbę zsekwencjonowanych genomów Eukariota, Prokariota, wirusów, genomów organellowych i plazmidów.
- 2.2.2. Wybierz po jednym, dowolnym rodzaju roślin i zwierząt i sprawdź czy są sekwencjonowane genomy.
 - Dla ilu gatunków z wybranego rodzaju prowadzone są projekty sekwencjonowania?
 - Jakie dane są dostępne dla wybranych przez Ciebie gatunków?
- 2.2.2. Wyobraź sobie, że znalazłeś nowy gatunek. Zaplanuj eksperyment, aby go scharakteryzować.
 - Sposób rozmnażania tego gatunku
 - Przynależność systematyczną
 - Liczbę chromosomów
 - Sposób dziedziczenia najważniejszych cech
 - Wielkość genomu

Projektując eksperyment proszę się zastanowić nad liczbą osobników i populacji, które należy uwzględnić w badaniach, proszę określić cel badań oraz z poszczególne etapy, proszę wybrać metody badań. Jak badania te można sfinansować?

2.3. Problemy

- 2.3.1. Projekt sekwencjonowania genomu ludzkiego był projektem rządowym, jednakże pierwszą sekwencję ludzkiego genomu podała firma prywatna Craig'a Venter'a. jak sądzisz, dlaczego tak się stało?
- 2.3.2. Kto jest właścicielem danych z sekwencjonowania genomów gatunków lub populacji w danym państwie? Jeżeli prywatna firma z państwa B zbiera rzadki gatunek rośliny na terenie państwa A, następnie firma z państwa B sekwencjonuje genom tej rośliny, to kto ma prawo do uzyskanych danych? Czy firma z państwa B może opatentować sekwencję genomu tej rośliny?
- 2.3.3. Jakie mogą być konsekwencje etyczne zsekwencjonowania genomu człowieka? W rozważaniach uwzględnij coraz większą dostępność testów DNA. Kto ma prawo czerpać zyski z sekwencjo genomu ludzkiego: tylko firma, która genom zsekwencjonowała czy także dawca, którego genom zsekwencjonowano?
- 2.3.4. Analiza DNA jest często używana w kryminalistyce. Czy wyniki analizy DNA są 100% pewnym dowodem? Jakie problemy mogą wyniknąć podczas analizy DNA?