

Ćwiczenie 07

Genomy u różnych grup organizmów. Projektowanie eksperymentów.

Prof. dr hab. Roman Zieliński

1. Wielkość genomów u różnych grup organizmów

1.1. Pytania i zagadnienia

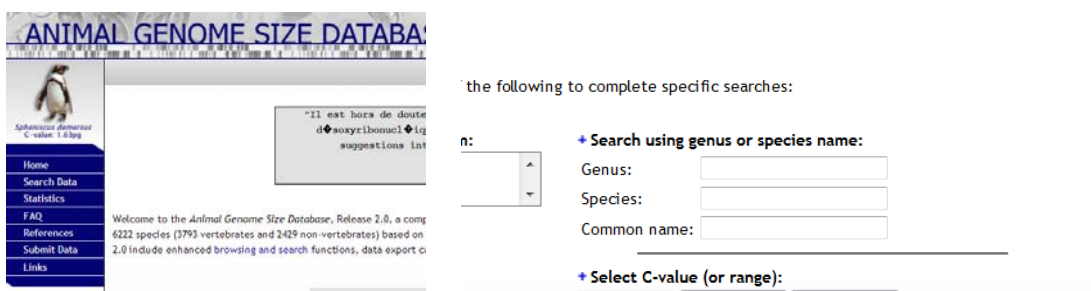
- 1.1.1. Jak definiujemy genom?
- 1.1.2. Co to jest wartość C i jak się ją określa?
- 1.1.3. Jak uzasadnić duże różnice w wielkości genomu pomiędzy różnymi gatunkami?
- 1.1.4. Czy znaczny: wzrost wielkości genomu może mieć znaczenie ewolucyjne?
- 1.1.5. Co jest większe genom człowieka czy dysk 1 TB?
- 1.1.6. Proszę porównać gęstość genów u Prokariota i Eukariota.
- 1.1.7. Czy gęstość genów jest taka sama na wszystkich chromosomach Eukariota? Proszę uzasadnić odpowiedź.
- 1.1.8. Co oznacza pojęcie „zawartość G+C”? Czy zawartość G+C jest zawsze taka sama u danego gatunku?
- 1.1.9. Jaka jest zawartość G+C w genomie człowieka?

1.2. Ćwiczenia

- 1.2.1. Konwersja jednostek związanych z wielkością genomu.
 - Odległość między zasadami w DNA wynosi 3,4 Å. Proszę podać jaką długość ma odcinek DNA. Długość proszę podać w metrach oraz w jednostce odpowiednio mniejszej.
 - A. 1 kbp
 - B. 1 Mbp
 - C. 1 Gbp
 - 1 Gbp waży około 1 pg. Proszę podać masę w pikogramach oraz w gramach:
 - D. 1 kbp
 - E. 1 Mbp
 - F. 1 Gbp

1.2.2. Analiza wielkości genomu u różnych grup zwierzęcych.

- Proszę wejść na stronę: <http://www.genomesize.com/index.php> (Animal Genome Size database) i odczytać następujące dane:
 - A. Dla ilu gatunków podano zawartość DNA? W jakiej jednostce zawartość DNA jest podana?
 - B. Jaki procent gatunków to kręgowce?
 - C. Korzystając z opcji „summaries” w opisie proszę podać gatunek o najmniejszym i największym genomie w bazie.
 - D. Proszę poszukać w Internecie, krótkiej charakterystyki gatunków z punktu C.
- Proszę przejść do sekcji „search data” i wprowadzić nazwę gatunkową w polu przeszukiwania „species”.



- Na podstawie danych z bazy proszę uzupełnić tabelę.

UWAGA: Tabelę można wykonać w arkuszu kalkulacyjnym dostępnym na komputerach w Sali 29.

Tabela 1. Porównanie wielkości genomów u różnych grup kręgowców.						
Nazwa gatunkowa	Nazwa polska	Średnia ¹ [pg]	Średnia dla typu komórki ²			³ Standardy
			1	2	3	
<i>Anguilla anguilla</i>						
<i>Bufo bufo</i>						
<i>Natrix natrix</i>						
<i>Columba livia</i>						
<i>Canis familiaris</i>						

- ¹Należy podać średnią zawartość DNA dla gatunku niezależnie od typu komórki.
- ²Jeżeli jest dostępnych więcej typów komórek, w których mierzono zawartość DNA należy wybrać maksymalnie 3 najliczniejsze grupy i dla nich podać średnią.
- ³Należy wymienić stosowane standardy.

1.2.3. Analiza wielkości genomu u różnych grup roślin.

- Proszę wejść na stronę: <http://www.asteraceagenomesize.com/>
- W polu „search”, proszę przejść do „advanced” i w polu „Genus” wybrać rodzaje, do których należą gatunki podane w tabeli. Proszę nie dokonywać wyboru w pozostałych polach, gdyż błędny wpis uniemożliwi wyszukanie danych.

Advanced search options

Subfamily *Tribe* *Genus*

2C value - *Ploidy* - *Chrom. number*

Year - *Infraspecific category*

- Dla każdego gatunku proszę obliczyć średnią wartość parametru i wpisać do tabeli.
- Proszę porównać genomy u różnych gatunków.

Tabela 2. Porównanie wielkości genomów u różnych grup roślin.				
Nazwa gatunkowa	Nazwa polska	1C [pg]	2C [pg]	2C [Mbp]
<i>Cichorium intybus</i>				
<i>Centaurea solstitialis</i>				
<i>Matricaria chamomilla</i> subsp. <i>chamomilla</i>				
<i>Solidago virgaurea</i>				
<i>Tussilago farfara</i>				

- Dla każdego z wymienionych gatunków proszę podać:
 - Zastosowanie wymienionych gatunków roślin w praktyce.
 - Właściwości lecznicze wymienionych gatunków.
 - Substancje czynne.
 - Surowiec zielarski w przypadku gatunków leczniczych.

1.2.4. Proszę uzupełnić poniższą tabelę

Tabela 3. Gęstość genów u różnych organizmów.				
Obiekt	Wielkość genomu	Długość genomu [m]	Liczba genów	Gęstość genów
A	4,3 Mbp		4 000	
B	120 Mbp		20 000	
C	15 Gbp		30 000	
D	120 Gbp		60 000	

Samodzielne, prawidłowe wypełnienie tabeli: 4 p. Termin: 09.12.2019 r. Ocena prac do 15.12.2019 r.

1.3. Problemy

- 1.3.1. Jak sądzisz, dlaczego u roślin powszechna jest poliploidalność?
- 1.3.2. 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 zsekwenconowanych 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 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 sekwencjonowania 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?