

# CG020 Genomika

## Přednáška 8

# Struktura a organizace genomů

Markéta Pernisová

**Funkční genomika a proteomika rostlin,**  
Mendelovo centrum genomiky a proteomiky rostlin,  
Středoevropský technologický institut (CEITEC), Masarykova univerzita, Brno  
[pernisov@sci.muni.cz](mailto:pernisov@sci.muni.cz), [www.ceitec.muni.cz](http://www.ceitec.muni.cz)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována  
Evropským sociálním fondem  
a státním rozpočtem České republiky

# Osnova

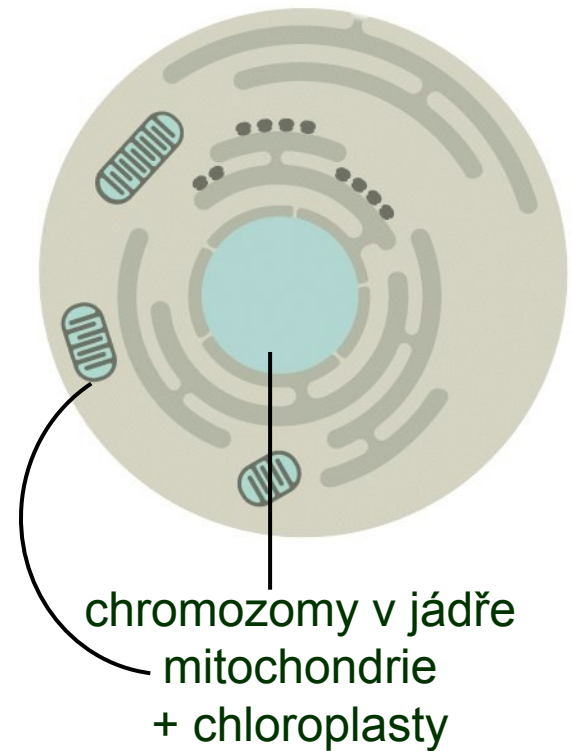
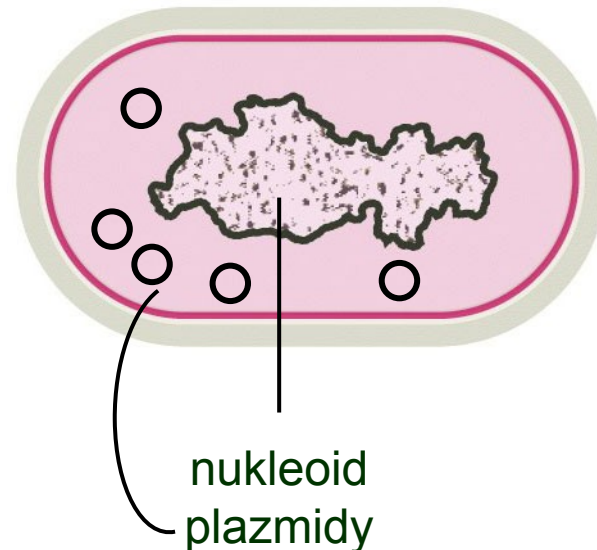
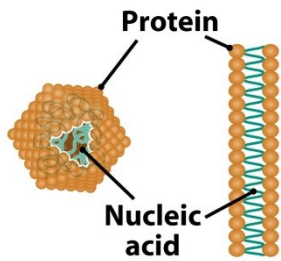
1. Internetové zdroje
2. Eukaryotický jaderný genom
3. Genomy prokaryot a eukaryotických organel
4. Genomy virů a mobilní elementy
5. Literatura

# GENOM

Genom – soubor genetické informace organismu

- biologická informace k sestavení a přežití živého jedince

- eukaryotický
- prokaryotický
- viry



# INTERNETOVÉ ZDROJE



Genomes Online Database

[Home](#)

Version 4.0

Last update: 2012-11-20  
Total # of genomes: **18893**

## Welcome to the Genomes OnLine Database

**GOLD:** Genomes Online Database, is a World Wide Web resource for comprehensive access to information regarding genome and metagenome sequencing projects, and their associated metadata, around the world.

[Home](#)

[Genome Map](#)

[Genome Earth](#)

[Search](#)

[News](#)

[Statistics](#)

[Team](#)

[Reference](#)

[Contact](#)



### Metagenomes

#### Classification

- [Studies](#): 345
- [Samples](#): 2145

### Isolate Genomes

- [Complete Projects](#): 3811
- [Incomplete Projects](#): 15038
- [Targeted Projects](#): 1743

### Genome Distribution

- [Project Type](#)
- [Sequencing Status](#)
- [Phylogenetic](#)

### 1. Register



Register your project information and Metadata in Genomes Online Database

[Register](#)

### 2. Annotate



Annotate your microbial genome or metagenome with IMG/ER or IMG/MER

[Annotate](#)

### 3. Publish



Publish your genome or metagenome in open access standards-supportive journal.

[Publish](#)

# INTERNETOVÉ ZDROJE



Genomes Online Database

[Home](#)

Search



Version 4.0

## Complete Genome Projects: 3811

**A** Archaeal: 172 **B** Bacterial: 3456 **E** Eukaryal: 183

Finished: 2263 Permanent Draft: 1548

<< first < prev 3 4 5 6 7 next > last >> 100 ▾

GOLD ID	ORGANISM	DOMAIN	INFORMATION	SIZE	CHROM #	PLASM #	GC %	DATA	SEQUENCING CENTER	GENOME DATABASE	PUBLICATION	COMPLETION DATE	CONTACT
<a href="#">Gj13083</a>	<i>Chlamydia trachomatis</i> A/5291	<b>B</b>	CHLAMYDIAE <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	1044 Kb 8 orfs	1	1	41%	<a href="#">HE601810</a>	<a href="#">Sanger Institute</a>		<a href="#">Unpublished</a> 2012-03-13	2012-03-13	<a href="#">Thomson,N.R.</a>
<a href="#">Gc02160</a>	<i>Deinococcus gobiensis</i> I-0, DSM 21396	<b>B</b>	THERMI <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	4406036 Kb 4465 orfs	1	6	69%	<a href="#">CP002191</a>	<a href="#">Chinese Academy of Agricultural Sciences</a>		<a href="#">Unpublished</a> 2012-03-12	2012-03-12	<a href="#">Lin,M.</a>
<a href="#">Gc02211</a>	<i>Rickettsia slovaca</i> D-CWPP	<b>B</b>	PROTEOBACTERIA <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	1275720 Kb 1383 orfs	1		33%	<a href="#">CP003375</a>	<a href="#">Los Alamos National Lab</a>		<a href="#">Unpublished</a> 2012-03-09	2012-03-09	<a href="#">Dasch,G.A</a>
<a href="#">Gc02223</a>	<i>Streptococcus pyogenes</i> MGAS1882	<b>B</b>	FIRMICUTES <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	1781 Kb 1792 orfs	1		38.5%	<a href="#">CP003121</a>	<a href="#">The Methodist Hospital Research Institute</a>		<a href="#">Unpublished</a> 2012-03-09	2012-03-09	<a href="#">Musser,J.M.</a>
<a href="#">Gj17125</a>	<i>Candidatus Acetothermum autotrophicum</i>	<b>B</b>	candidate division OP1 <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	310 orfs			62%	<a href="#">AP011800</a> <a href="#">AP011801</a> <a href="#">AP011802</a> <a href="#">AP011803</a>	<a href="#">Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology</a>	<a href="#">ExtremoBase</a>	<a href="#">PLoS ONE</a> <a href="#">7(11):e30559</a> 2012-03-08	2012-03-08	<a href="#">Hideto Takami</a>
<a href="#">Gc02159</a>	<i>Solitalea canadensis</i> USAM 9D, DSM 3403	<b>B</b>	BACTEROIDETES <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a> <a href="#">GEBB</a> <a href="#">Isolation</a>	5202069 Kb 4490 orfs	1		37%	<a href="#">CP003349</a>	<a href="#">DOE Joint Genome Institute</a> <a href="#">DSMZ</a>	<a href="#">IMG-GEBA</a>	<a href="#">Unpublished</a> 2012-03-08	2012-03-08	<a href="#">Eisen, Jonathan</a>
<a href="#">Gc02158</a>	<i>Methanocella conradii</i> HZ254	<b>A</b>	EURYARCHAEOTA <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	2378438 Kb 2512 orfs	1		53%	<a href="#">CP003243</a>	<a href="#">China Agricultural Univ</a>		<a href="#">J Bacteriology</a> 2012 <a href="#">May;194(9):2398-9.</a> 2012-03-07	2012-03-07	<a href="#">Zhe Lu</a>
<a href="#">Gj17082</a>	<i>Mesorhizobium alhagi</i> CCNWXJ12-2	<b>B</b>	PROTEOBACTERIA <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	6968952 Kb 7244 orfs			63%	<a href="#">AHAM00000000</a>	<a href="#">BGI, China</a> <a href="#">Northwest A&amp;F Univ</a>		<a href="#">J Bacteriology</a> 194(5):1261-2 2012-03-06	2012-03-06	<a href="#">Gehong Wei</a>
<a href="#">Gc02187</a>	<i>Streptococcus mutans</i> LJ23	<b>B</b>	FIRMICUTES <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	2015 Kb 1921 orfs	1			<a href="#">AP012336</a>	<a href="#">Tokyo Medical and Dental Univ</a>		<a href="#">Unpublished</a> 2012-03-06	2012-03-06	<a href="#">Oshima,T.</a>
<a href="#">Gj13375</a>	<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i> RhAA1	<b>B</b>	PROTEOBACTERIA <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	2233 Kb 2150 orfs			44.67%	<a href="#">AHGR00000000</a>	<a href="#">SeqWright</a> <a href="#">American Museum of Natural History</a> <a href="#">Columbia Univ</a> <a href="#">University of Medicine and Dentistry of New Jersey (UMDNJ)</a>		<a href="#">J Bacteriology</a> 194(5):1275-6 2012-03-06	2012-03-06	<a href="#">Daniel Fine</a>
<a href="#">Gj13309</a>	<i>Sinorhizobium meliloti</i> CCNWSX0020	<b>B</b>	PROTEOBACTERIA <a href="#">Taxonomy</a> <a href="#">Entrez</a>	7002 Kb 7086 orfs			59.9%	<a href="#">AGVV00000000</a>	<a href="#">Northwest A&amp;F Univ</a> <a href="#">Henan University of Science and Technology (HUST)</a>		<a href="#">J Bacteriology</a> 194(5):1267-8 2012-03-06	2012-03-06	<a href="#">Gehong Wei</a>

# INTERNETOVÉ ZDROJE



Genome News Network

[Home](#) | [About](#) | [Topics](#)

Search GNN

## FEATURE



### Genomes of the World

A pufferfish, a boxer, and a parasite that frequents swimming pools are among the organisms whose genomes have recently been sequenced. For more sequenced genomes visit GNN's [Quick Guide](#).

## NEWS STORIES

### Bioterrorism, Cloning, and Stem Cells

### Diseases and Personalized Medicine

Alzheimer's; Cancer; Cystic Fibrosis; Depression and Bipolar Disorder; Diabetes; HIV/AIDS; Heart Disease; Huntington's; Multiple Sclerosis; Obesity; Parkinson's; SARS; Schizophrenia; more...

### Drugs and Gene Tests

Antibiotics; Drug Development; Vaccines

### Energy and the Environment

Extremophiles; Oceans; Toxic Cleanup

### Genes and Genomes

Biobanks; Evolution; Human Genome; Sex and Reproduction

### Microbes

### Technology

Microarrays; Movies and Imaging; Nanotechnology

### Weird Science

### A Quick Guide to Sequenced Genomes



### What's a Genome?



### Art Gallery

### Glossary

### Bioethics Central

### Stem Cells: Policies and Players

### Book Reviews

### Timeline

[NEWS BY TOPIC](#) | [ARCHIVE](#) | [SEARCH](#)

*GNN gratefully acknowledges its collaboration with the Albert and Mary Lasker Foundation.*

Genome News Network is an editorially independent online publication of the J. Craig Venter Institute.

© 2000 - 2004 J. Craig Venter Institute.

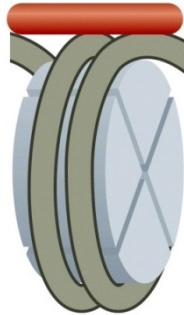
All rights reserved. This material may not be published, broadcast, rewritten or redistributed.

<http://www.genomenetwork.org/>

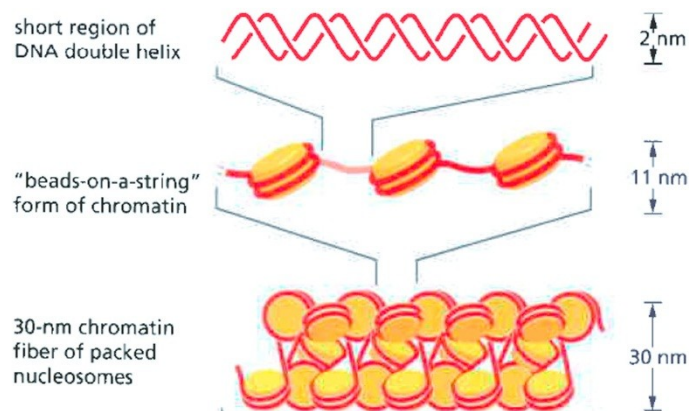
# **EUKARYOTICKÝ JADERNÝ GENOM**

# STRUKTURA CHROMOZOMŮ

DNA + histony = nukleozom



„korálková“ forma chromatinu – 11 nm





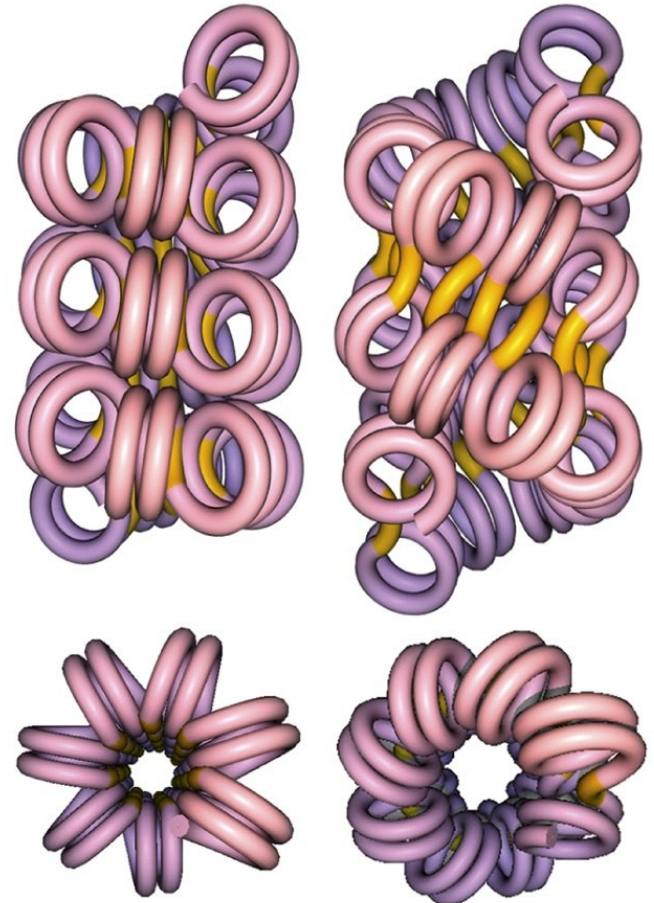
# STRUKTURA CHROMOZOMŮ

30 nm chromatinové vlákno

- několik teorií, 2 modely:
  - solenoidový model – pouze spojovací histony (např. H1)
  - helikální model – spojovací histony + konce histonů tvořících jádro nukleozomu – chemické modifikace konců histonů otevírají 30 nm vlákno

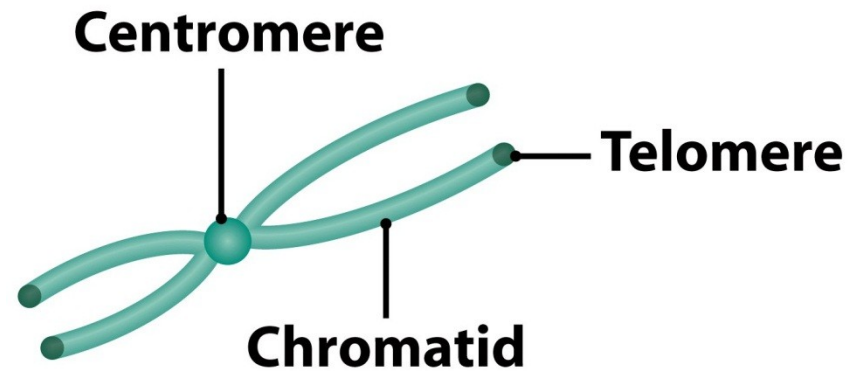
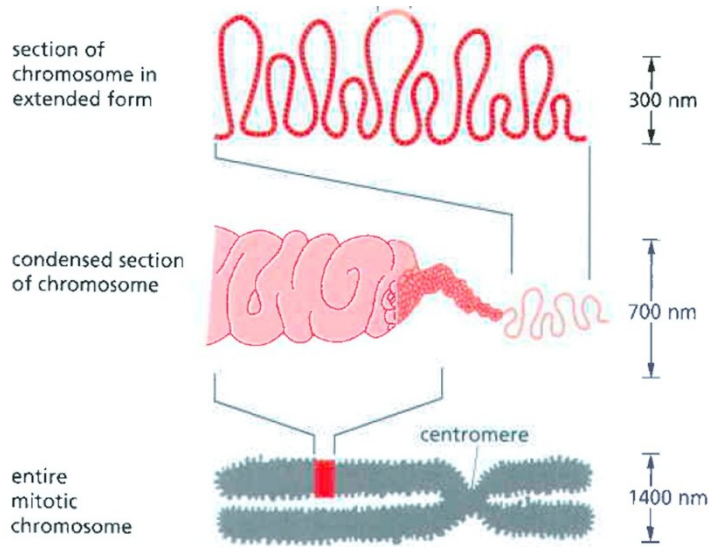
(A) The solenoid model

(B) The helical ribbon model

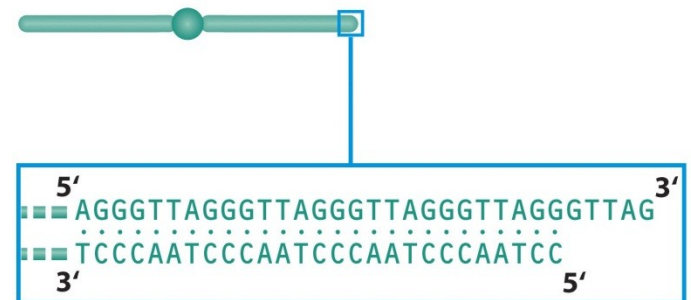


# STRUKTURA CHROMOZOMŮ

Kondenzované mitotické chromozomy: 1400 nm  
jedna chromatida: 700 nm



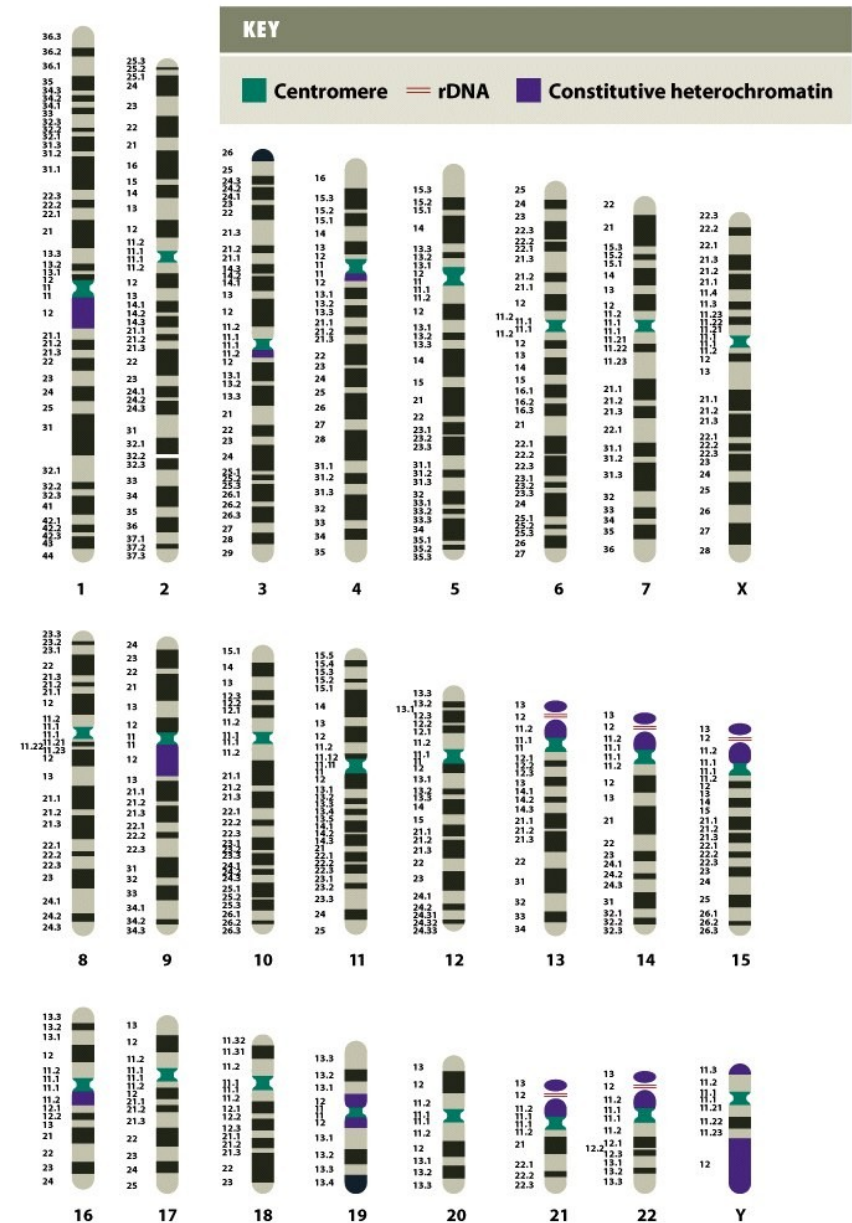
Centromery, telomery –  
repetitivní sekvence



# MITOTICKÉ CHROMOZOMY

## Lidský karyogram

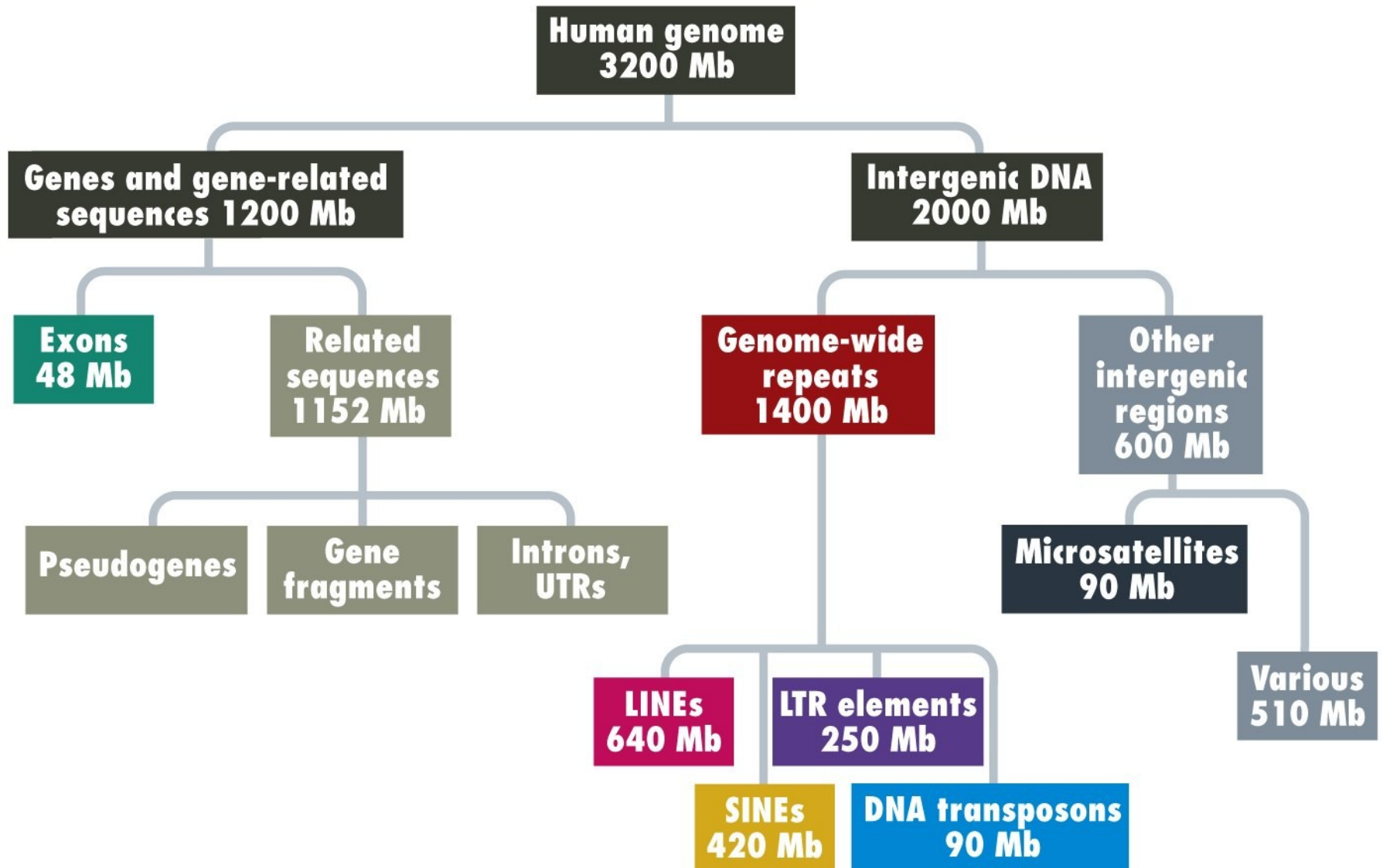
Technique	Banding pattern
G-banding	Dark bands are AT-rich Pale bands are GC-rich
R-banding	Dark bands are GC-rich Pale bands are AT-rich
Q-banding	Dark bands are AT-rich Pale bands are GC-rich
C-banding	Dark bands contain constitutive heterochromatin



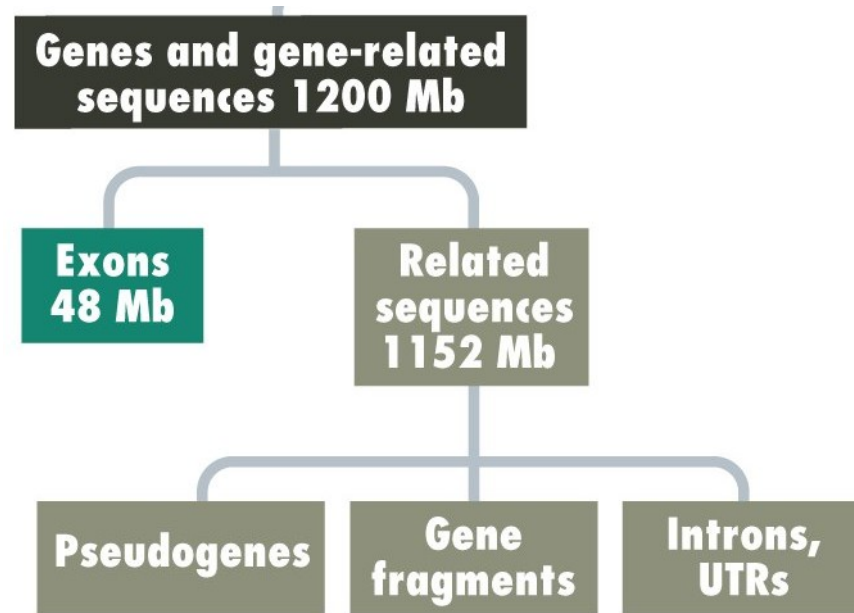
# NETYPICKÉ CHROMOZOMY

- Minichromozomy
  - krátké, vysoká hustota genů (až 6x)
  - např. kuře
- B chromozomy
  - individuální, nevyskytují se u celé populace
  - fragmenty normálních chromozomů, zřejmě pozůstatek chyb v průběhu dělení jádra
  - běžné u rostlin, snižují životaschopnost
  - i houby, hmyz, živočichové
- Holocentrické chromozomy
  - ne jedna centromera, ale několik podobných struktur podél chromozomu
  - např. *Caenorhabditis elegans*

# ORGANIZACE GENOMU



# GENY A PŘÍBUZNÉ SEKVENCE



# GENY

## Geny

- UTR – nepřekládaná oblast genu
- Introny – sestřih
- Exony – funkční produkty

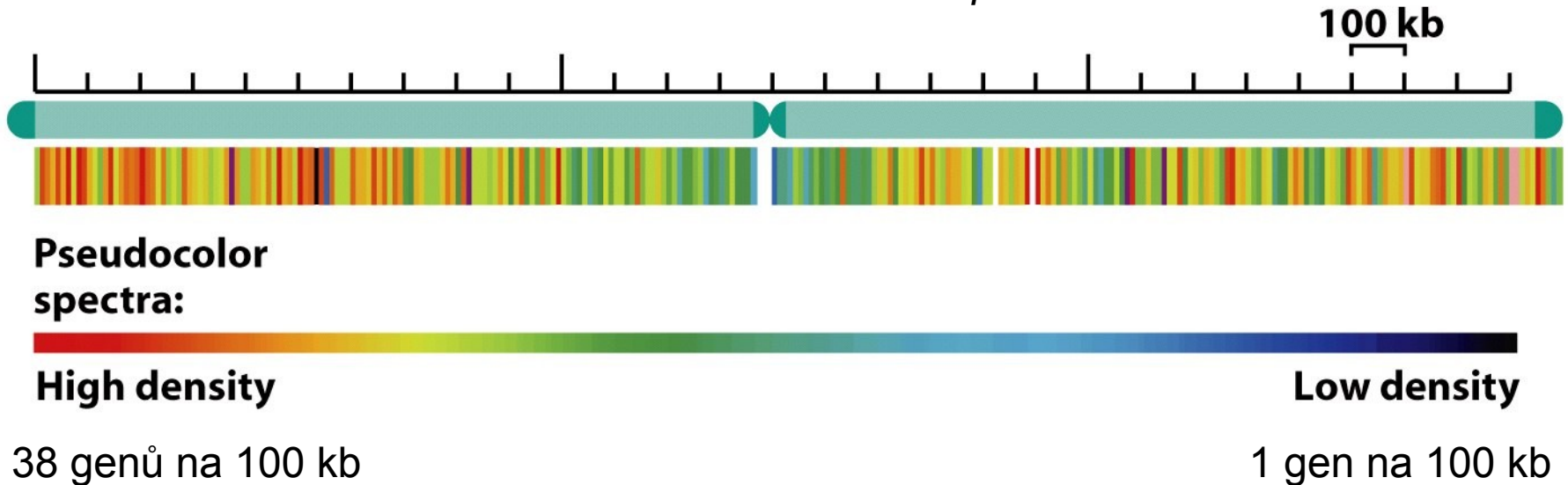
## Genové rodiny - skupiny genů se stejnou nebo podobnou sekvencí

- jednoduché
  - vznikly pravděpodobně duplikací genů
  - např. geny pro lidskou ribozomální RNA:
    - 2000 genů pro 5S rRNA – všechny v jedné skupině lokalizované na chromozomu 1
    - 280 kopií genů pro 28S, 5.8S a 18S rRNA – pět skupin po 50-70 kopiích na pěti chromozomech
- komplexní
  - podobné sekvence (ale ne stejné), odlišné vlastnosti
  - např. savčí globiny – exprimované v různých vývojových stádiích

# ROZLOŽENÍ GENŮ NA CHROMOZOMU

- Nehomogenní
- Geny i v centromere, nižší hustota

Chromozom 1 u *Arabidopsis*

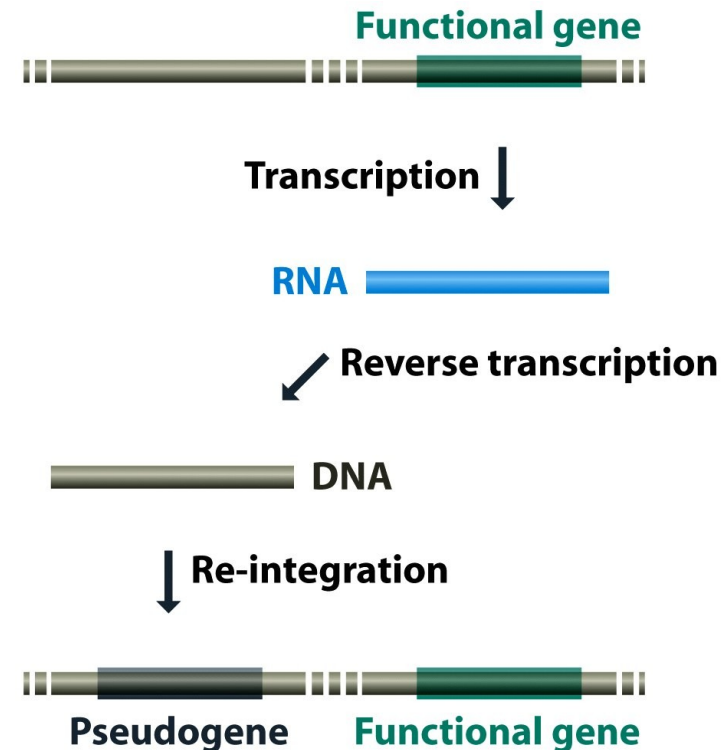


Člověk: 1-64 genů na 100kb



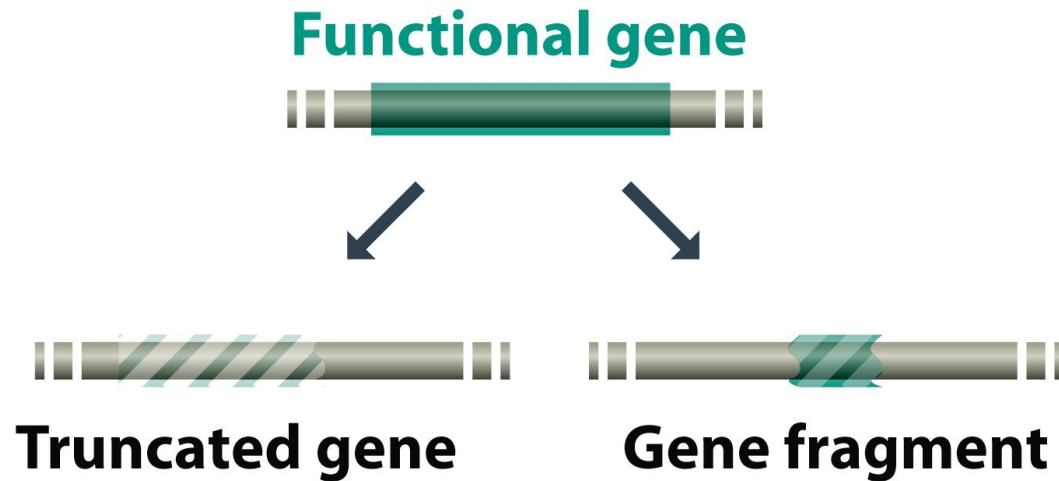
# PSEUDOGENY

- Evoluční relikv
- 2 skupiny
  - konvenční – vznikly mutací
    - částečně funkční nebo nefunkční
  - procesované – odvozené z mRNA
    - nemají introny
    - chybí jim regulační sekvence před genem
    - nefunkční



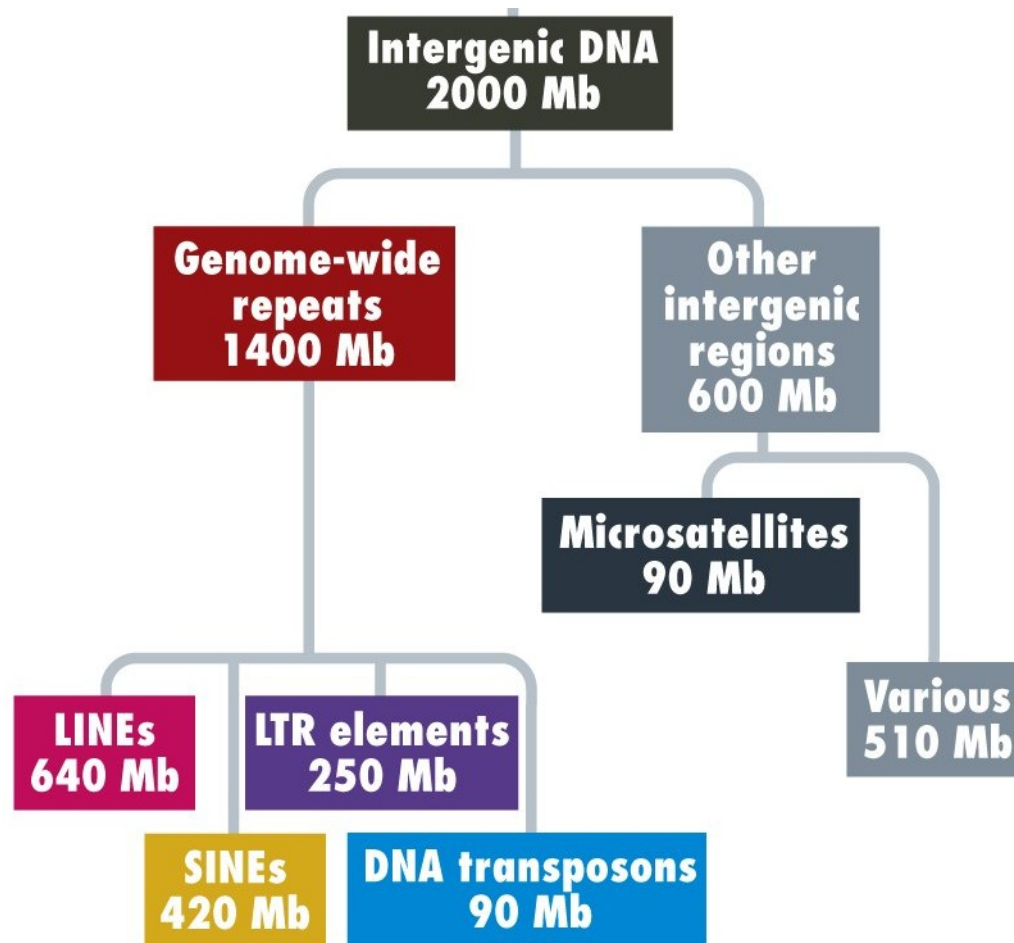
# FRAGMENTY GENŮ

- Zkrácené geny
- Genové fragmenty

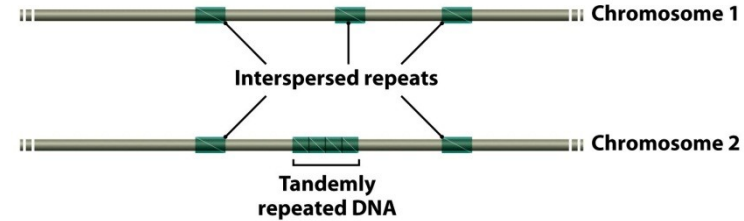


# INTERGENOVÁ DNA

- „junk“ (= veteš, haraburdí) DNA – není pravda



# REPETICE



- Rozptýlené repetice

- vznikají transpozicí

- LINEs (long interspersed nuclear elements) – nad 300 bp
- SINEs (short interspersed nuclear elements) – přibližně 300 bp

- Tandemové repetice - satelity

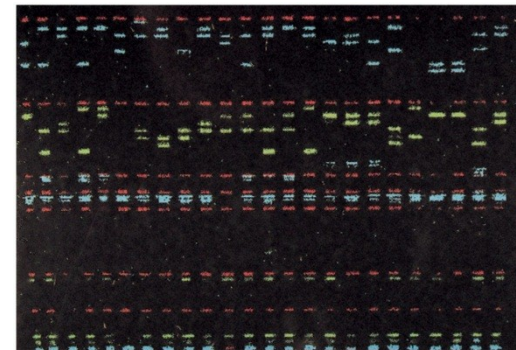
- LTR (long terminal repeat) elementy

- Minisatelity

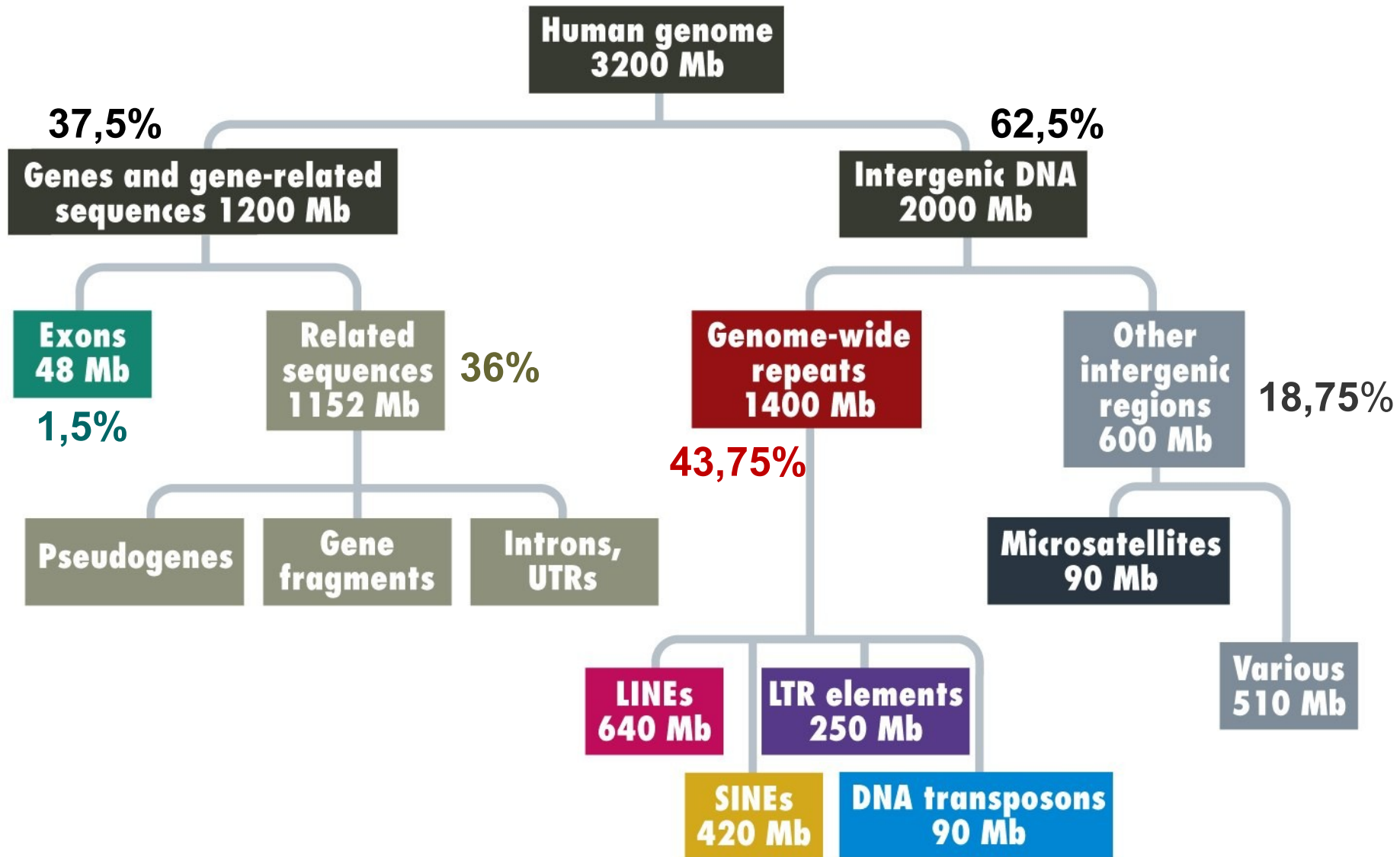
- jednotka repetice do 25 bp, délka do 200 kb
- telomery

- Mikrosatelity

- jednotka repetice do 13 bp, délka do 150 bp
- vznikají chybami při replikaci genomu
- funkce není známá
- využití: genetické profilování



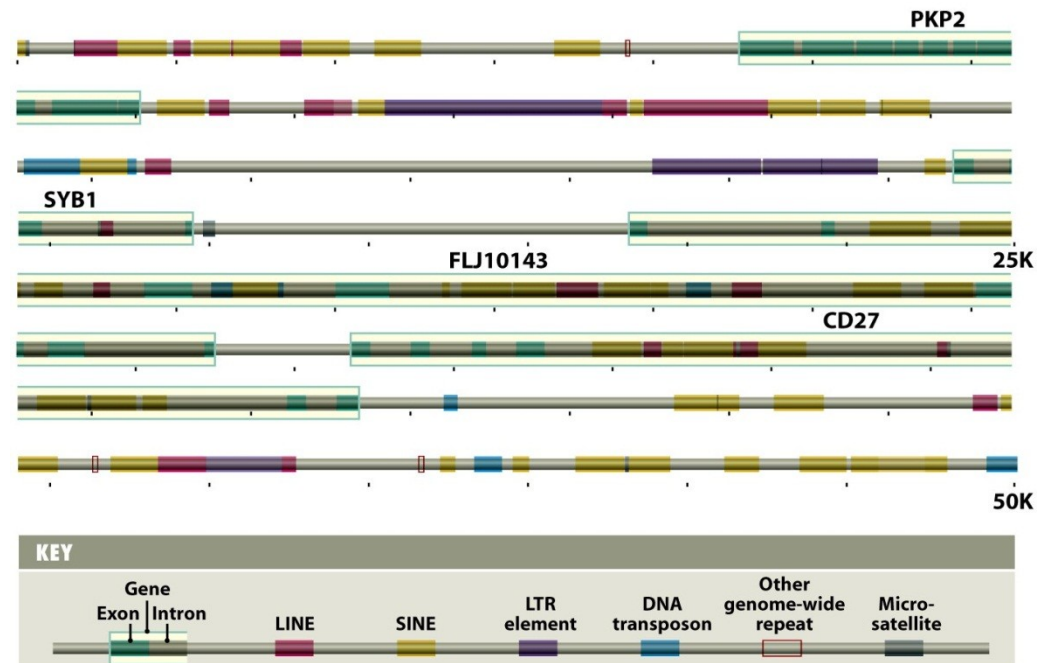
# ORGANIZACE LIDSKÉHO GENOMU



# ORGANIZACE JADERNÉHO GENOMU

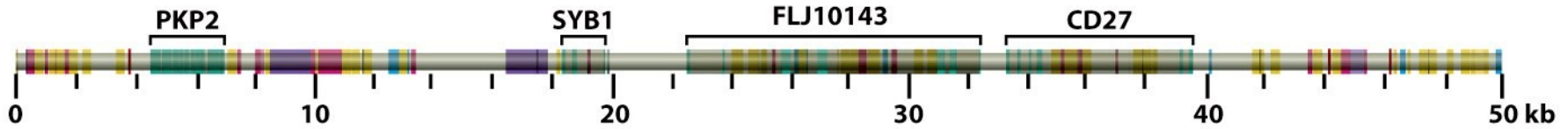
Lidský genom – 50 kb

- 4 geny
- 88 repetitivních prvků
  - LINEs
  - SINEs
  - LTRs
  - DNA transpozony
- 7 mikrosatelitů (z toho 4 v intronech)
- 30% nekódující DNA bez repetitivních a známé funkce

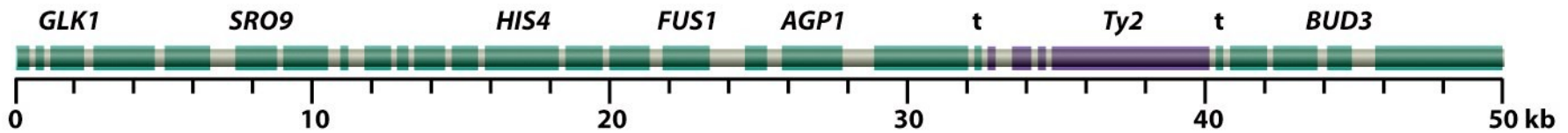


# ORGANIZACE GENOMŮ

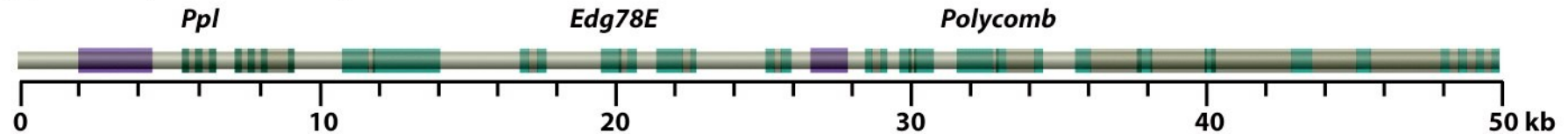
(A) Human



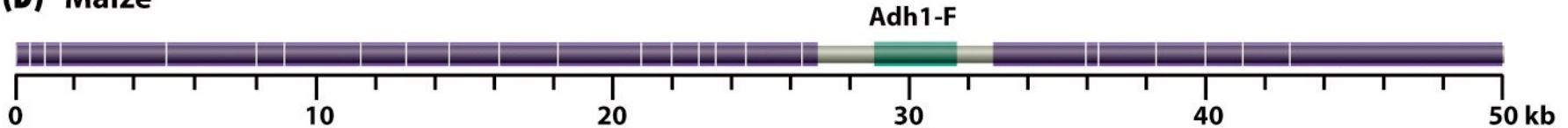
(B) *Saccharomyces cerevisiae*



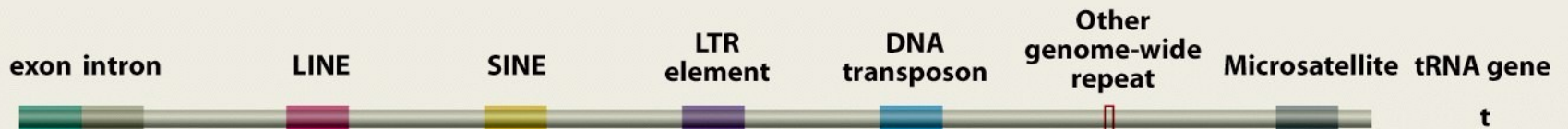
(C) *Drosophila melanogaster*



(D) Maize

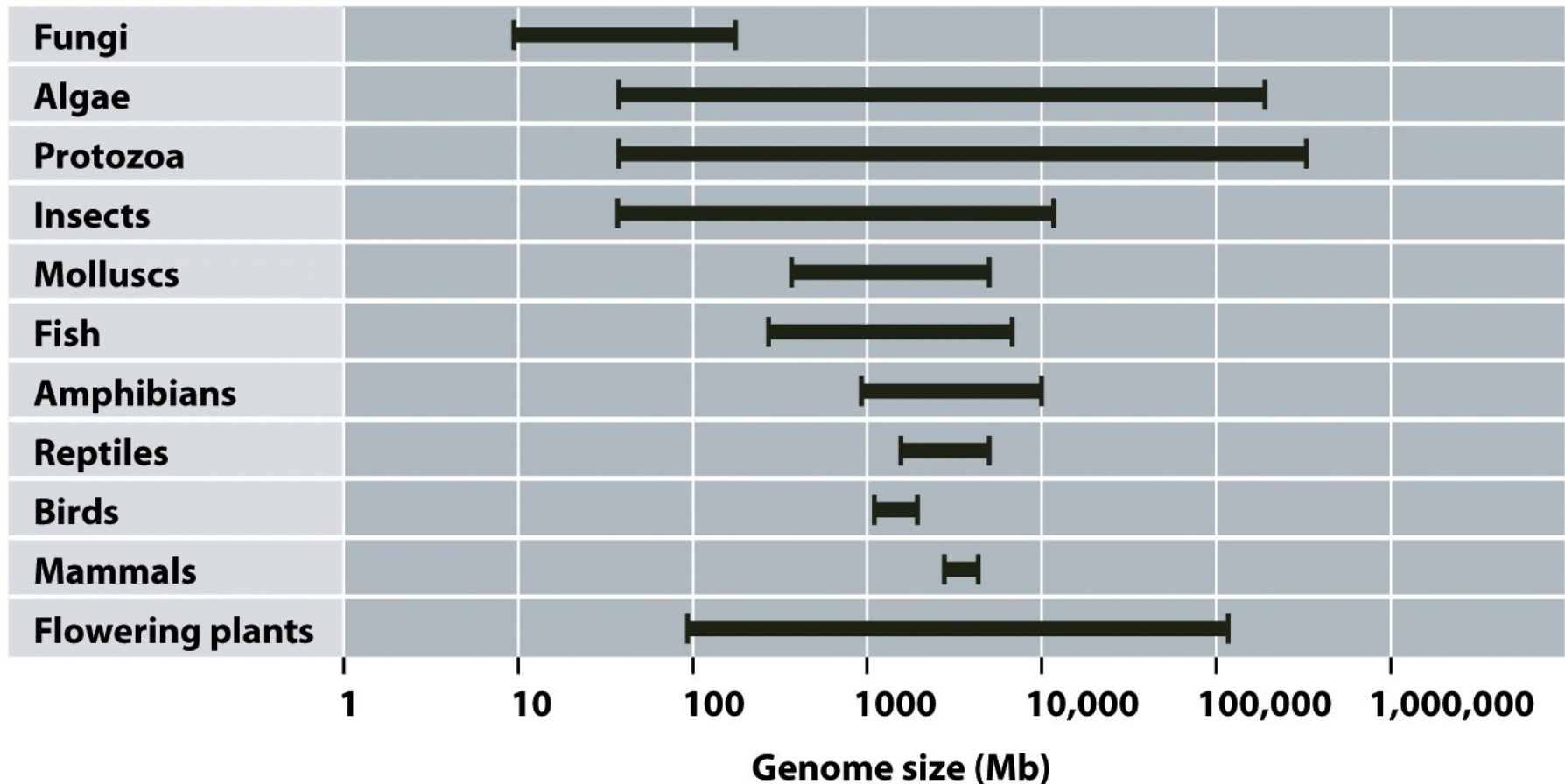


## KEY



# ORGANIZACE GENOMŮ

- C-value paradox (C-value enigma) – složitost organismu nekoreluje s velikostí genomu





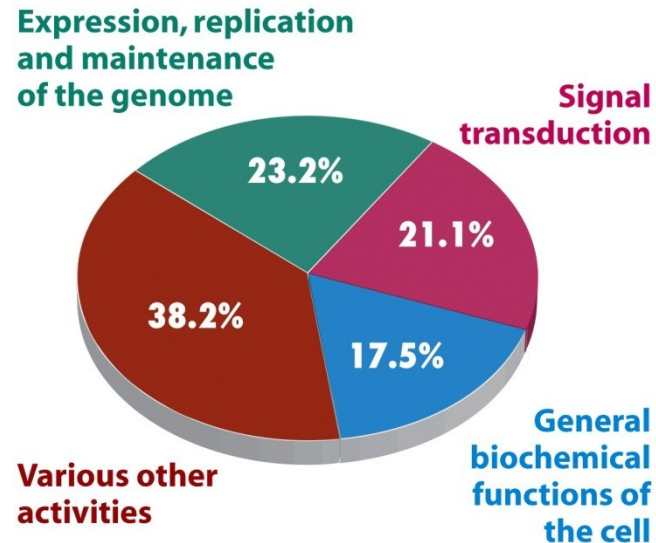
# ORGANIZACE GENOMŮ

- Velikost genomu a počet genů nekoreluje

Species	Size of genome (Mb)	Approximate number of genes
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> (budding yeast)	12.1	6100
<i>Schizosaccharomyces pombe</i> (fission yeast)	12.5	4900
<i>Caenorhabditis elegans</i> (nematode worm)	97	19,000
<i>Arabidopsis thaliana</i> (plant)	125	25,500
<i>Drosophila melanogaster</i> (fruit fly)	180	13,600
<i>Oryza sativa</i> (rice)	466	40,000
<i>Gallus gallus</i> (chicken)	1200	20,000–23,000
<i>Homo sapiens</i> (human)	3200	30,000–40,000

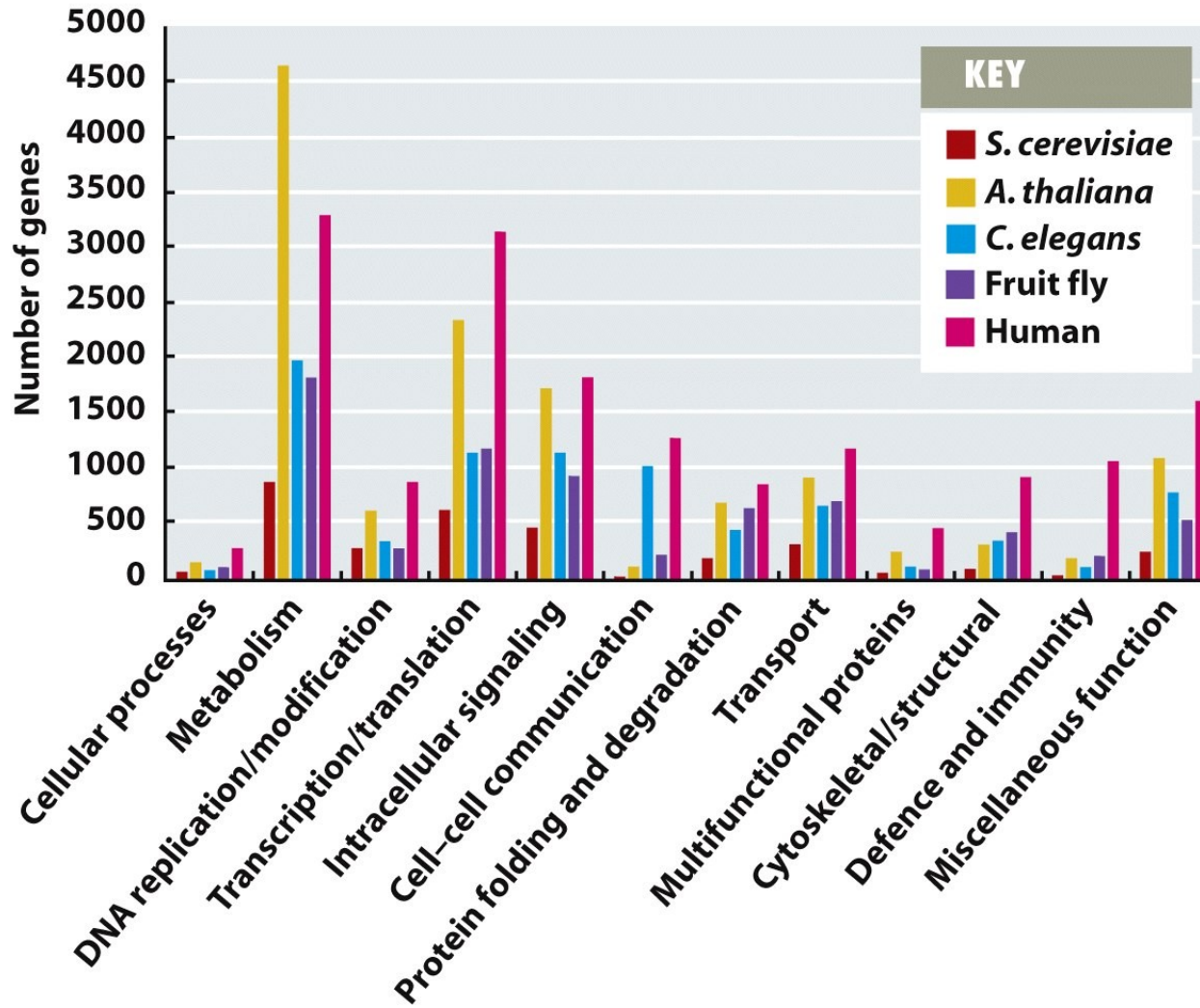
# KATALOG GENŮ

- Organizmy se sekvenovaným genomem
- Lidský katalog genů:



- co nevyčteme: Co dělá člověka člověkem?

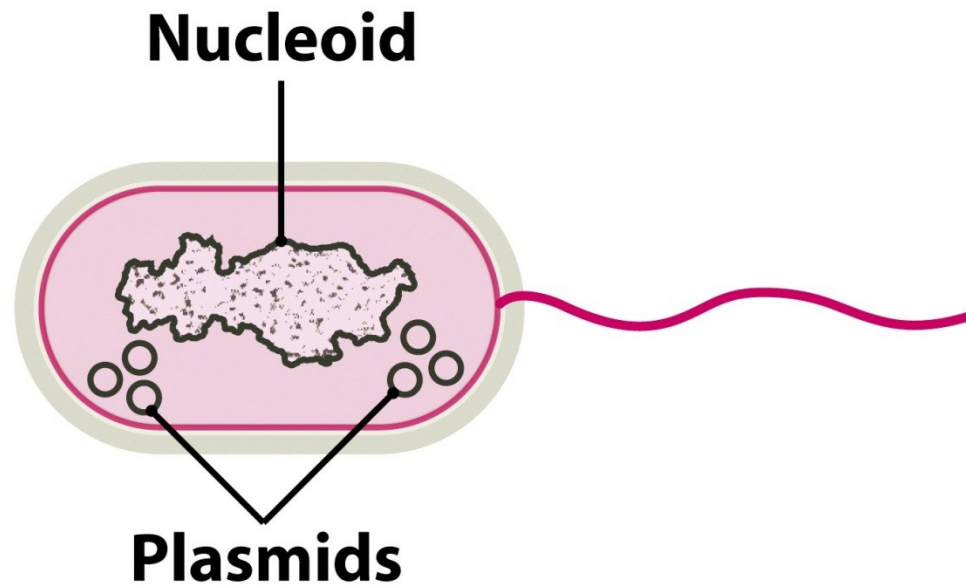
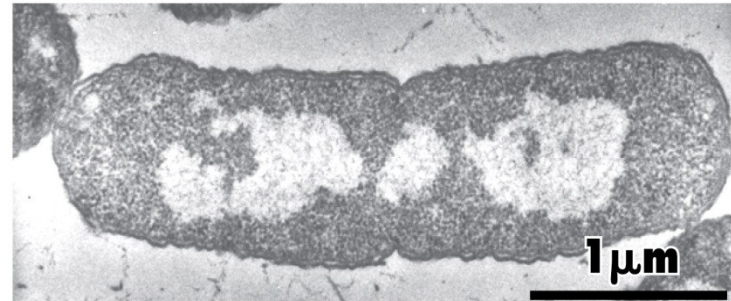
# KATALOG GENŮ



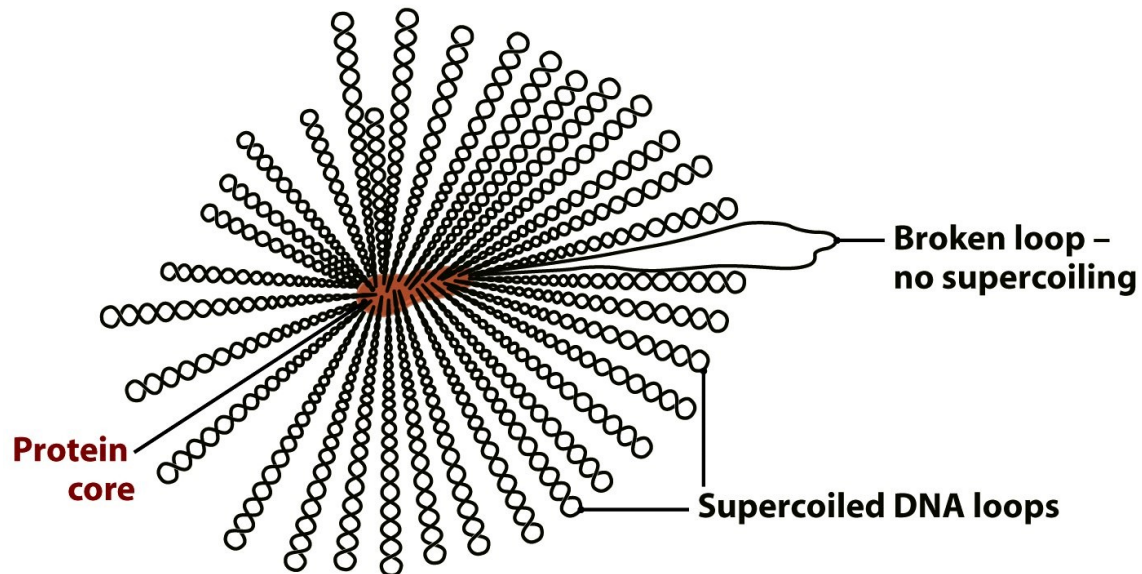
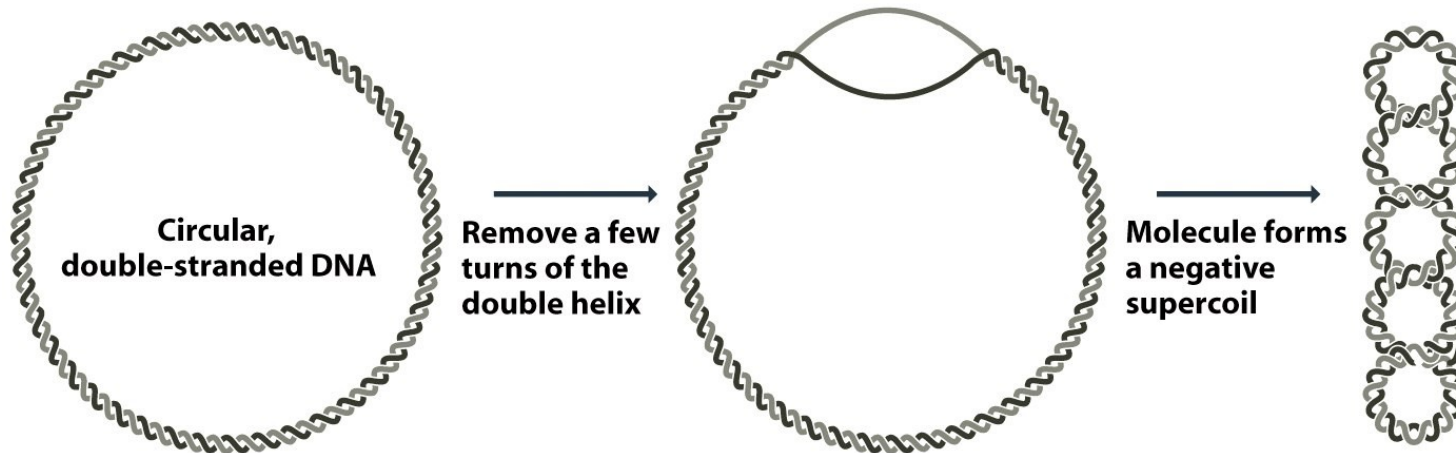
# PROKARYOTICKÝ GENOM

# PROKARYOTICKÝ GENOM

- Prokaryota
  - bacteria
  - archea



# PROKARYOTICKÝ GENOM



# PROKARYOTICKÝ GENOM

Species	Genome organization		
	DNA molecules	Size (Mb)	Number of genes
<i>Escherichia coli</i> K12	One circular molecule	4.639	4405
<i>Vibrio cholerae</i> El Tor N16961	Two circular molecules		
	Main chromosome	2.961	2770
	Megaplasmid	1.073	1115
<i>Deinococcus radiodurans</i> R1	Four circular molecules		
	Chromosome 1	2.649	2633
	Chromosome 2	0.412	369
	Megaplasmid	0.177	145
	Plasmid	0.046	40
<i>Borrelia burgdorferi</i> B31	Seven or eight circular molecules, eleven linear molecules		
	Linear chromosome	0.911	853
	Circular plasmid cp9	0.009	12
	Circular plasmid cp26	0.026	29
	Circular plasmid cp32*	0.032	Not known
	Linear plasmid lp17	0.017	25
	Linear plasmid lp25	0.024	32
	Linear plasmid lp28-1	0.027	32
	Linear plasmid lp28-2	0.030	34
	Linear plasmid lp28-3	0.029	41
	Linear plasmid lp28-4	0.027	43
	Linear plasmid lp36	0.037	54
	Linear plasmid lp38	0.039	52
	Linear plasmid lp54	0.054	76
Linear plasmid lp56	0.056	Not known	

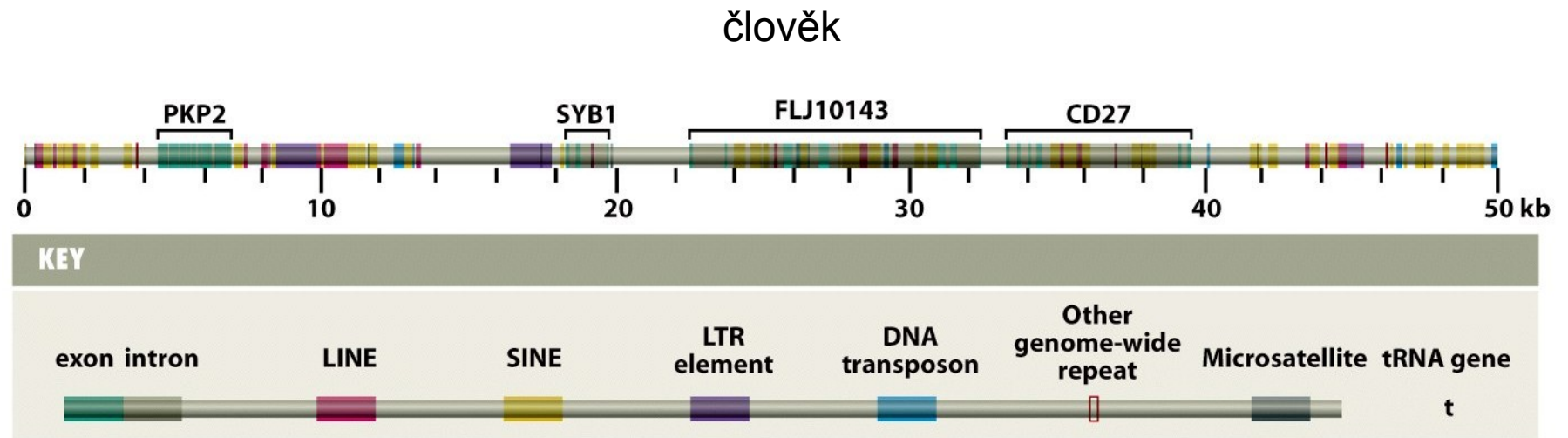
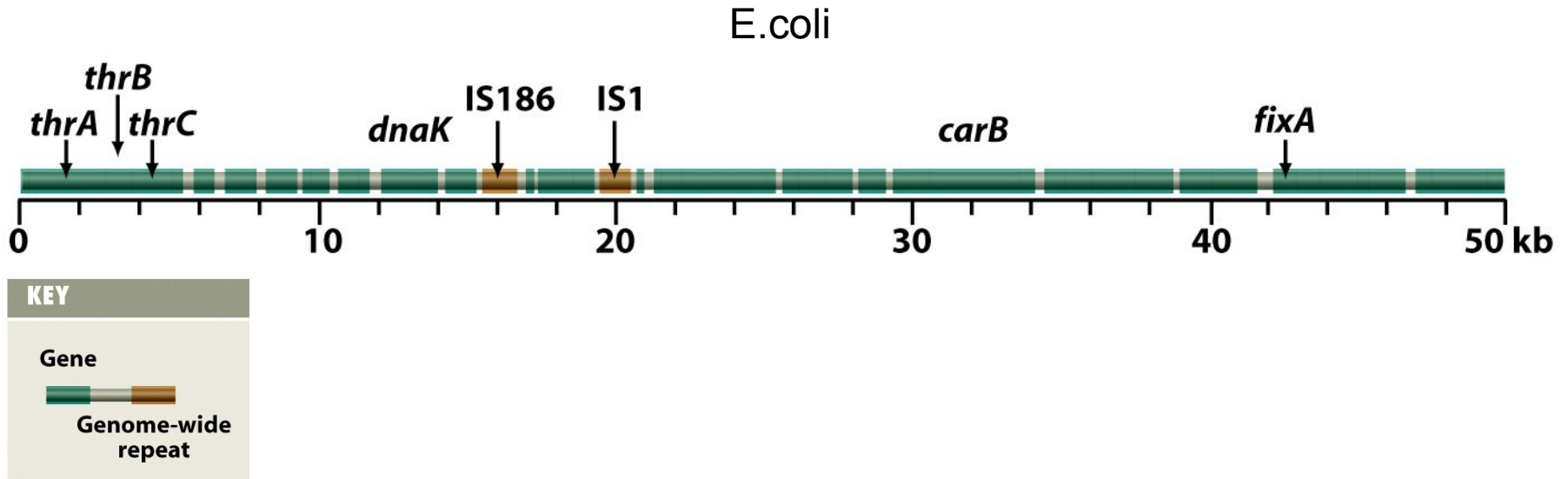
# PLAZMIDY

- dodatečná genetická informace
- adaptace na podmínky prostředí
- zvýhodnění nositele

Type of plasmid	Gene functions	Examples
Resistance	Antibiotic resistance	Rbk of <i>Escherichia coli</i> and other bacteria
Fertility	Conjugation and DNA transfer between bacteria	F of <i>E. coli</i>
Killer	Synthesis of toxins that kill other bacteria	Col of <i>E. coli</i> , for colicin production
Degradative	Enzymes for metabolism of unusual molecules	TOL of <i>Pseudomonas putida</i> , for toluene metabolism
Virulence	Pathogenicity	Ti of <i>Agrobacterium tumefaciens</i> , conferring the ability to cause crown gall disease on dicotyledonous plants

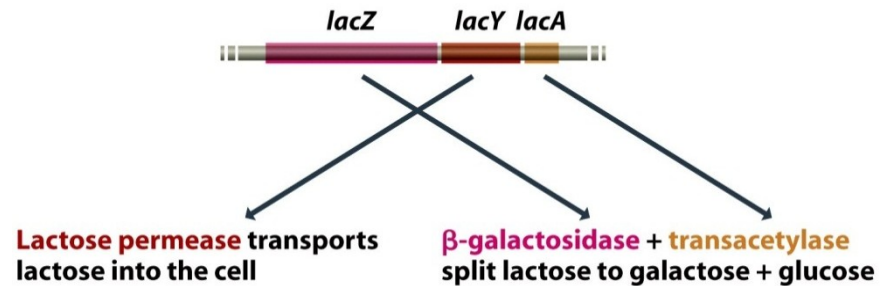


# PROKARYOTA vs. EUKARYOTA

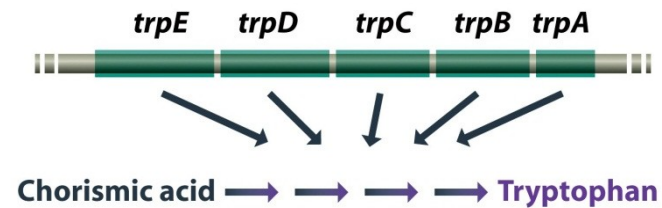


# OPERON

- laktózový operon
  - využití laktózy



- tryptofanový operon
  - stejná biochemická dráha



- *Methanococcus jannaschii* (archaea) and *Aquifex aeolicus* (bakterie)
  - rozdílné funkce



# VELIKOST PROKARYOTICKÉHO GENOMU

Species	Size of genome (Mb)	Approximate number of genes
<b>Bacteria</b>		
<i>Mycoplasma genitalium</i>	0.58	500
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	2.16	2300
<i>Vibrio cholerae</i> El Tor N16961	4.03	4000
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv	4.41	4000
<i>Escherichia coli</i> K12	4.64	4400
<i>Yersinia pestis</i> CO92	4.65	4100
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PA01	6.26	5700
<b>Archaea</b>		
<i>Methanococcus jannaschii</i>	1.66	1750
<i>Archaeoglobus fulgidus</i>	2.18	2500

# **GENOM ORGANEL**

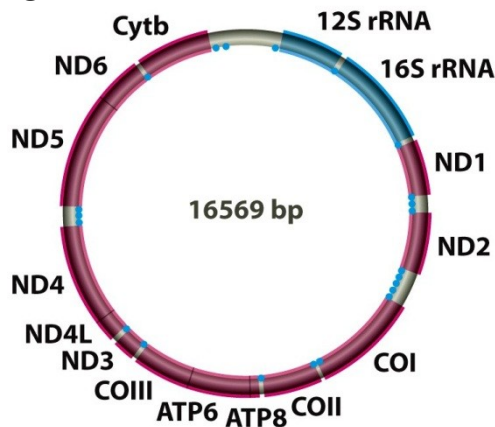
# GENOM ORGANEL

- endosymbiotická teorie vzniku organel
  - volné bakterie
  - symbióza s předchůdci eukaryotických buněk
  - endosymbióza
- 100 až 1000 kopií v jedné buňce
- dědičnost – jako jedna kopie ???
- transfer DNA z organel do jádra i mezi organelami
  - *Arabidopsis*
    - mitochondriální genom obsahuje jadernou DNA i chloroplastovou
    - jaderný genom obsahuje části chloroplastové i mitochondriální DNA
  - obratlovci
    - mitochondriální DNA v jaderném genomu

# MITOCHONDRIÁLNÍ GENOM

- cirkulární, ale i lineární
- 1 mitochondrie – 10 identických molekul = přibližně 8000 v jedné buňce (u člověka)

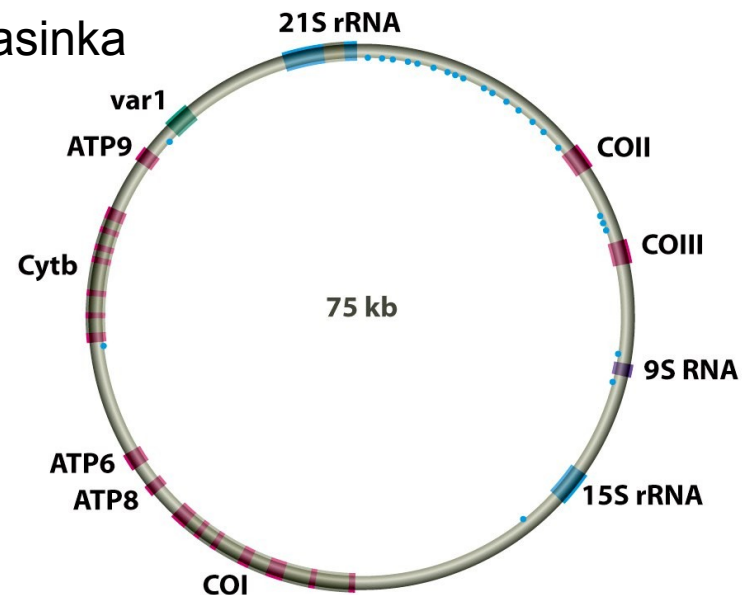
člověk



## KEY

- Respiratory complex gene
- Ribosomal RNA gene
- Transfer RNA gene

kvasinka

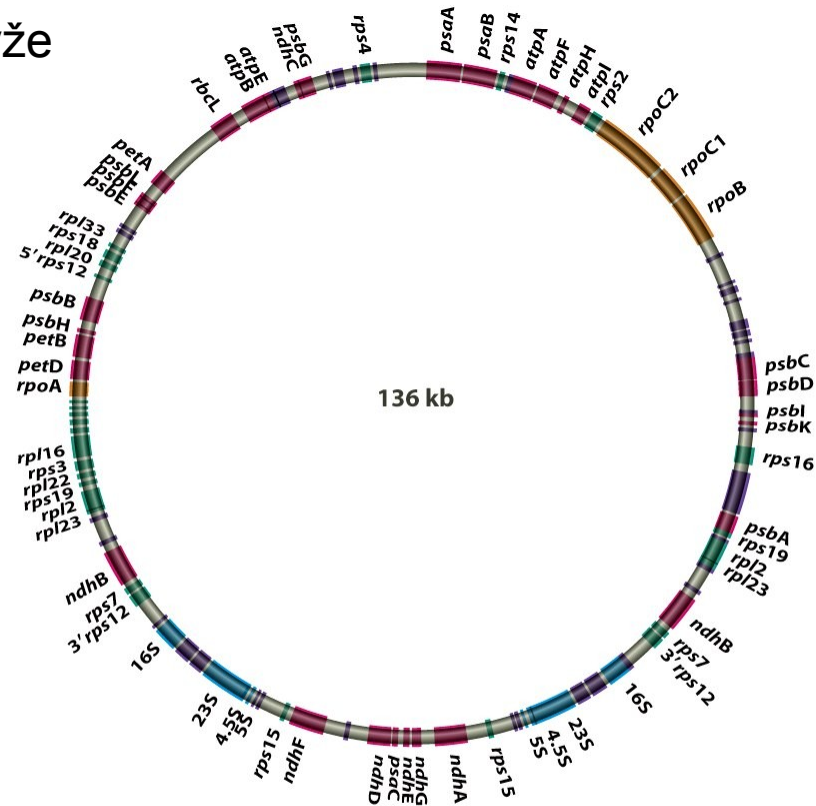


## KEY

- Respiratory complex gene
- Ribosomal protein gene
- Intron
- Ribosomal RNA gene
- Transfer RNA gene
- Other RNA gene

# CHLOROPLASTOVÝ GENOM

rýže



## KEY

- Photosynthesis gene
- Ribosomal protein gene
- Transfer RNA gene
- Ribosomal RNA gene
- RNA polymerase gene

# VELIKOST GENOMŮ ORGANEL

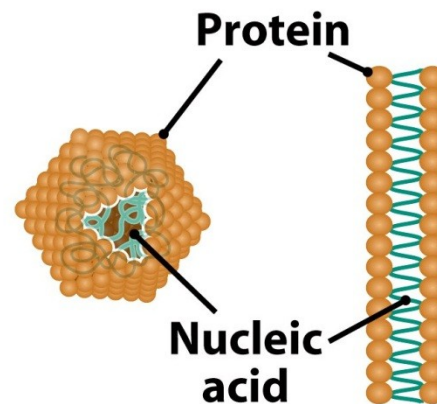
Species	Type of organism	Genome size (kb)
<b>Mitochondrial genomes</b>		
<i>Plasmodium falciparum</i>	Protozoan (malaria parasite)	6
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	Green alga	16
<i>Mus musculus</i>	Vertebrate (mouse)	16
<i>Homo sapiens</i>	Vertebrate (human)	17
<i>Metridium senile</i>	Invertebrate (sea anemone)	17
<i>Drosophila melanogaster</i>	Invertebrate (fruit fly)	19
<i>Chondrus crispus</i>	Red alga	26
<i>Aspergillus nidulans</i>	Ascomycete fungus	33
<i>Reclinomonas americana</i>	Protozoa	69
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Yeast	75
<i>Suillus grisellus</i>	Basidiomycete fungus	121
<i>Brassica oleracea</i>	Flowering plant (cabbage)	160
<i>Arabidopsis thaliana</i>	Flowering plant (vetch)	367
<i>Zea mays</i>	Flowering plant (maize)	570
<i>Cucumis melo</i>	Flowering plant (melon)	2500
<b>Chloroplast genomes</b>		
<i>Pisum sativum</i>	Flowering plant (pea)	120
<i>Marchantia polymorpha</i>	Liverwort	121
<i>Oryza sativa</i>	Flowering plant (rice)	136
<i>Nicotiana tabacum</i>	Flowering plant (tobacco)	156
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	Green alga	195



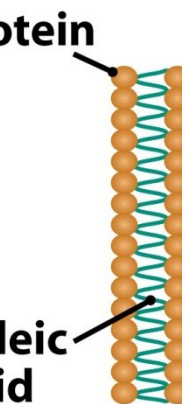
# **GENOM VIRŮ A MOBILNÍ ELEMENTY**

# VIROVÝ GENOM

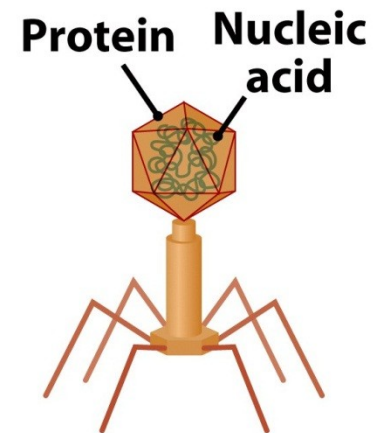
- virus – nukleoproteinová částice
- závislé na hostiteli – potřebují ribozomy a translační aparát pro syntézu proteinového obalu
- viry
  - bakterií neboli bakteriofágy (fágy)
  - eukaryot
- virový genom
  - DNA nebo RNA
  - cirkulární nebo lineární
  - ss nebo ds
  - segmentovaný nebo nesegmentovaný



Icosahedral



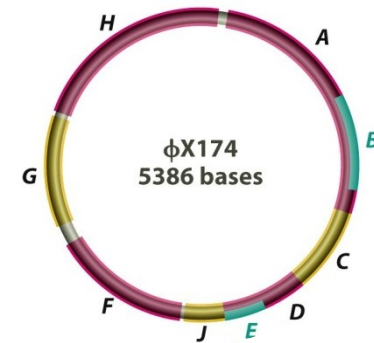
Filamentous



Head-and-tail

# GENOMY FÁGŮ

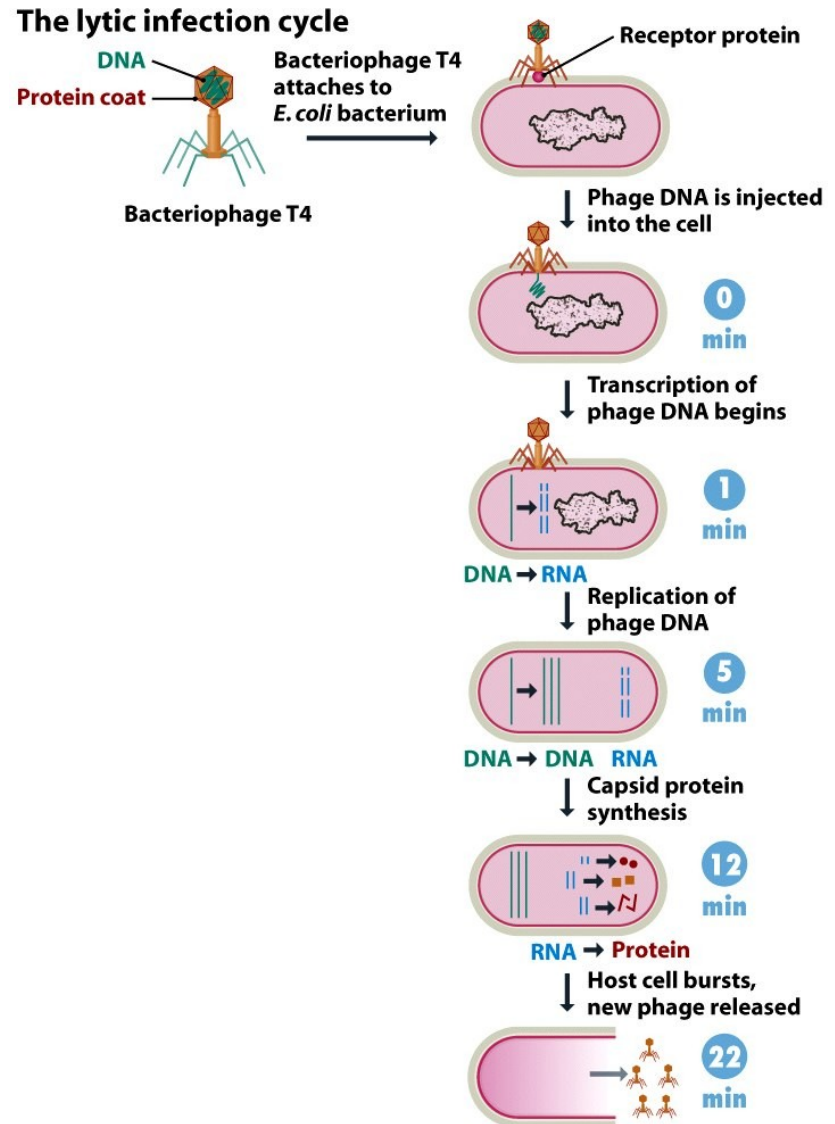
- počet genů: 3-200
- překrývající se geny
- fágy
  - lytické (virulentní), např. T4
  - lyzogenní (mírné), např. fág  $\lambda$



Phage	Host	Capsid structure	Genome structure	Genome size (kb)	Number of genes
$\lambda$	<i>Escherichia coli</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	49.5	48
$\phi$ X174	<i>E. coli</i>	Icosahedral	Single-stranded circular DNA	5.4	11
f6	<i>Pseudomonas phaseolicola</i>	Icosahedral	Double-stranded segmented linear RNA	2.9, 4.0, 6.4	13
M13	<i>E. coli</i>	Filamentous	Single-stranded circular DNA	6.4	10
MS2	<i>E. coli</i>	Icosahedral	Single-stranded linear RNA	3.6	3
PM2	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Icosahedral	Double-stranded linear DNA	10.0	approx. 21
SPO1	<i>Bacillus subtilis</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	150	100+
T2, T4, T6	<i>E. coli</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	166	150+
T7	<i>E. coli</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	39.9	55+

# LYTICKÁ INFEKCE

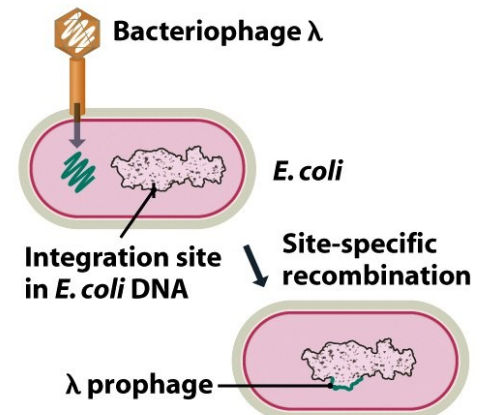
- produktivní
- dochází k lyzi buněk
- doba latence – 22 minut
  - čas potřebný k reprodukci fága



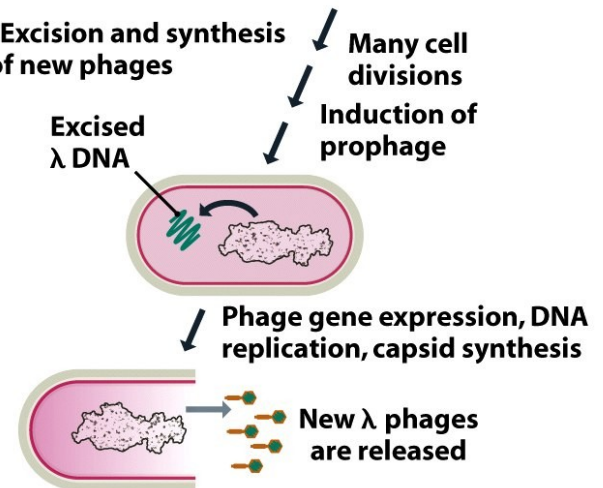
# LYZOGENNÍ INFEKCE

- mírná, skrytá
- okamžitě po proniknutí fágové DNA - integrace virového genomu do genomu hostitele místně specifickou rekombinací – profág
- indukce excize profága – chemické nebo fyzikální faktory – zřejmě vázané na poškození DNA

(A) Integration into the host DNA



(B) Excision and synthesis of new phages



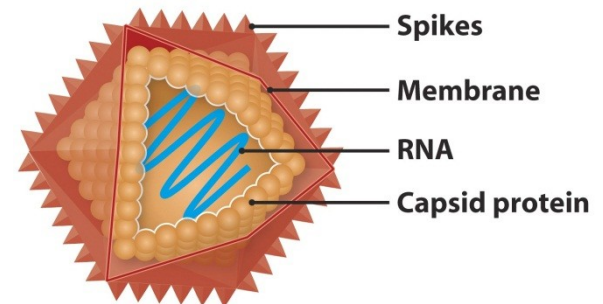
# VIRY EUKARYOT

- genomy variabilní
  - DNA, RNA; ds, ss; cirkulární, lineární; segmentované nesegmentované
- velikost genomů: 1,5-240 kb

Virus	Host	Genome structure	Genome size (kb)	Number of genes
Adenovirus	Mammals	Double-stranded linear DNA	36.0	30
Hepatitis B	Mammals	Partly double-stranded circular DNA	3.2	4
Influenza virus	Mammals	Single-stranded segmented linear RNA	22.0	12
Parvovirus	Mammals	Single-stranded linear DNA	1.6	5
Poliovirus	Mammals	Single-stranded linear RNA	7.6	8
Reovirus	Mammals	Double-stranded segmented linear RNA	22.5	22
Retroviruses	Mammals, birds	Single-stranded linear RNA	6.0–9.0	3
SV40	Monkeys	Double-stranded circular DNA	5.0	5
Tobacco mosaic virus	Plants	Single-stranded linear RNA	6.4	6
Vaccinia virus	Mammals	Double-stranded circular DNA	240	240

# VIRY EUKARYOT

- kapsid – ikozaedr nebo filamentální
- lipidická membrána – odvozená z hostitelské buňky
- rostlinné viry – většinou RNA
- lytická i lyzogenní infekce
- dlouhodobá infekce – genom viru se nezačlení do genomu hostitele
- virové retroelementy
  - retroviry – RNA genom
  - pararetroviry – DNA genom



# RETROVIRY

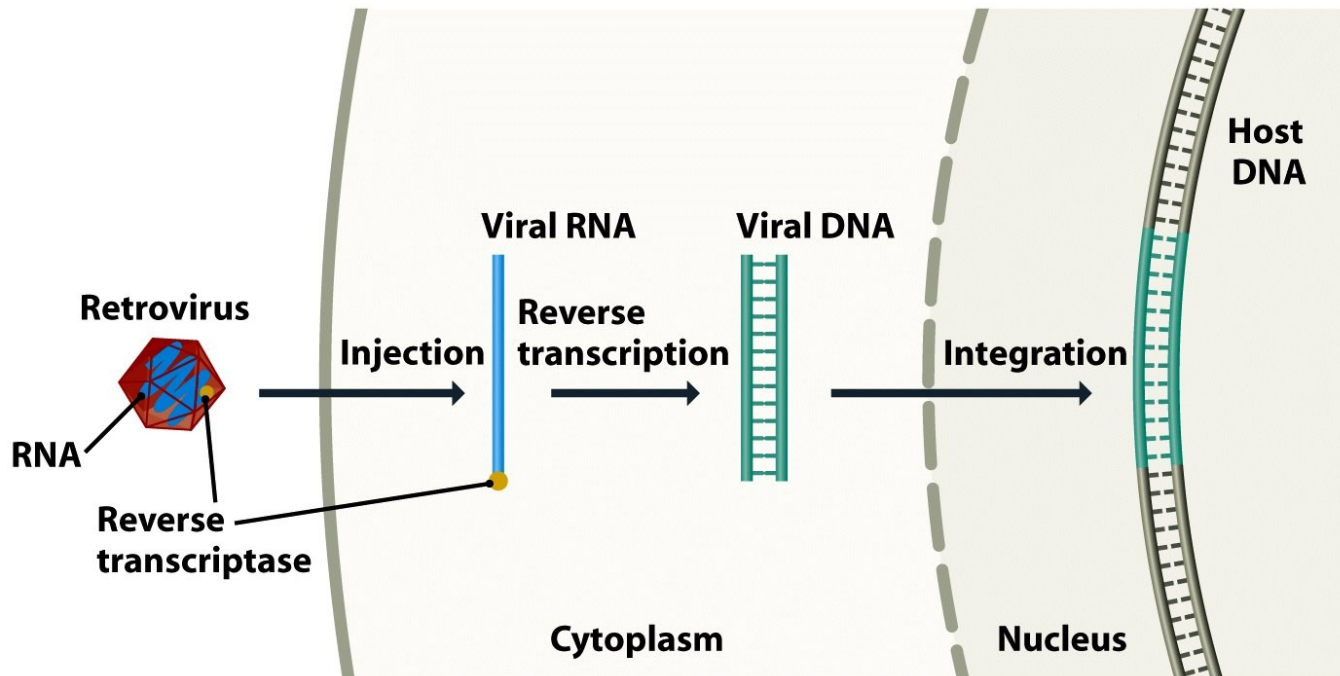
- genom retrovirů – každý ze tří genů kóduje polyproteiny, které jsou po translaci štěpeny na dva nebo více funkčních produktů
  - *gag* - proteiny kapsidu
  - *pol* – reverzní transkriptáza, integráza, proteáza
  - *env* – proteiny kapsidu
  - LTR – důležité regulační oblasti pro transkripci a replikaci





# RETROVIRY

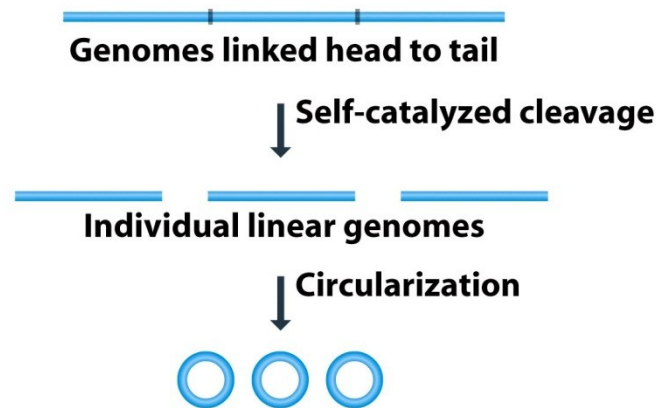
- začlenění retrovirového genomu do genomu hostitele



# VIRUSOIDY A VIROIDY

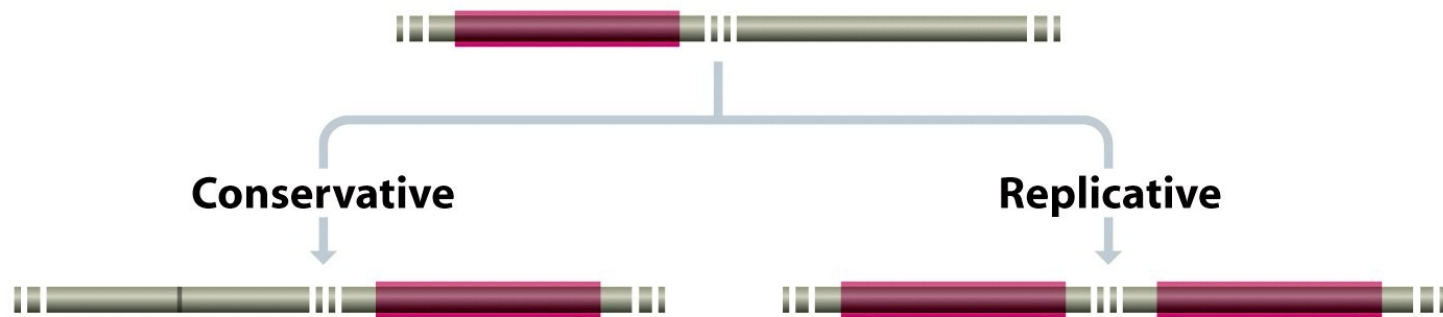
- virusoid
  - RNA molekula, 320-400 bází, nekóduje vlastní kapsid, využívá pomocný virus
- viroid
  - RNA molekula, 240-375 bází, nemá kapsid = nahá RNA
- replikace pomocí enzymů hostitele nebo pomocného viru
- schopnost samosestřihu
- zřejmě evolučně souvisí se sestřihem RNA

## Self-catalyzed cleavage of viroid and virusoid RNAs



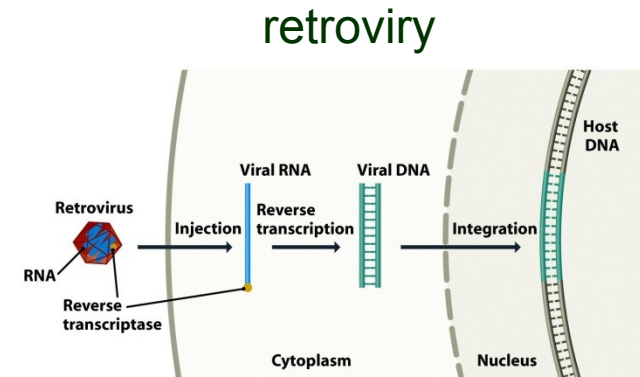
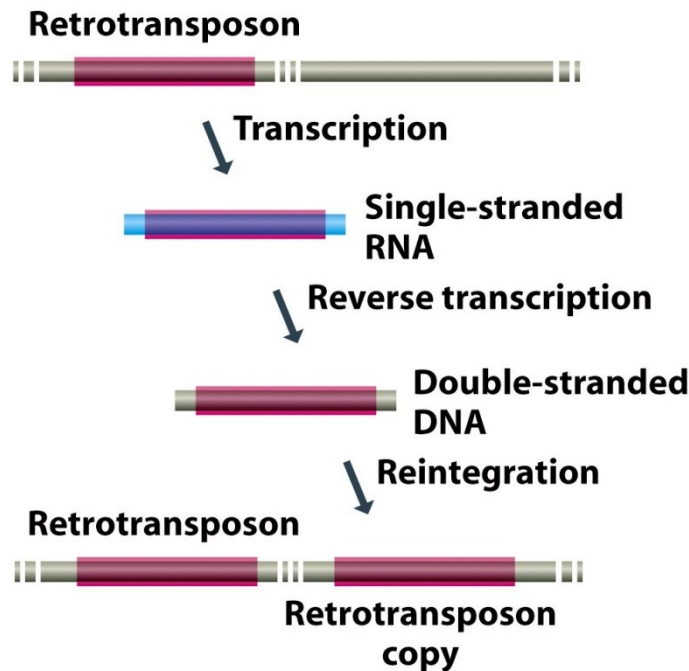
# MOBILNÍ ELEMENTY

- transpozony – DNA molekuly
- transpozice – pomocí rekombinace
  - konzervativní
  - replikativní



# RNA TRANSPOZONY

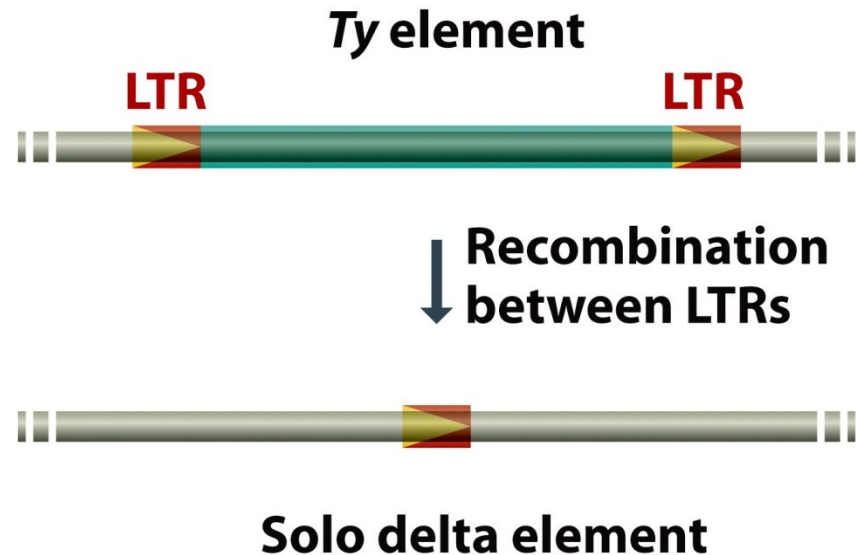
- transpozice přes RNA



- retrotranspozony
  - obsahující LTR sekvence
  - bez LTR sekvence

# RNA TRANSPOZONY s LTR

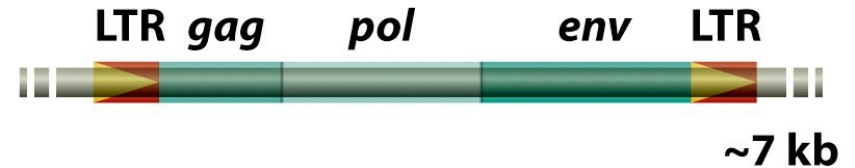
- *Ty* element
  - první objevený
  - v kvasinkách
  - 6.3 kb, 25-35 kopií
- „delta“ element
  - LTR sekvence
  - 330 bp
  - přibližně 100 kopií



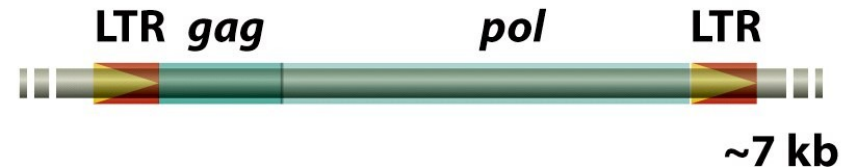
# RNA TRANSPOZONY s LTR

- *Ty1*
  - nejčastější
  - chybí *env* gen
  - schopen tvořit částice podobné virům
  - neschopen se dostat z buňky
- *Ty3*
  - ekvivalent *env*
  - některé schopny tvořit infekční viry
- ERV
  - endogenní retroviry
  - u člověka a savců

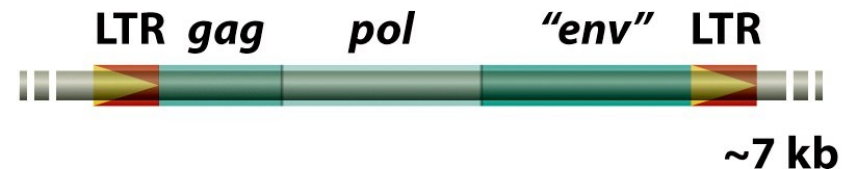
## (A) Viral retroelement



## (B) *Ty1/copia* retroelement



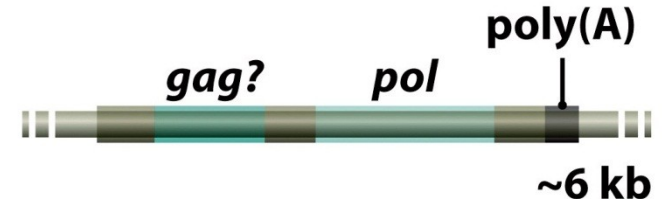
## (C) *Ty3/gypsy* retroelement



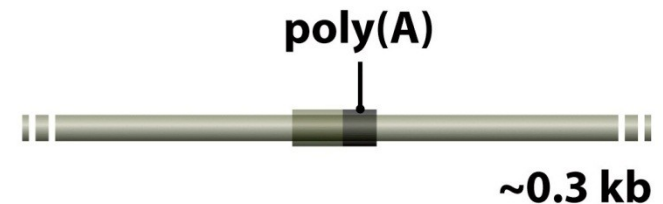
# RNA TRANSPOZONY bez LTR

- retropozony
  - LINEs (long interspersed nuclear elements)
    - *pol* gen
    - funkční reverzní transkriptáza
  - SINEs (short interspersed nuclear elements)
    - 100-400 bp
    - žádný gen
    - „půjčují“ si reverzní transkriptázu od LINE

**(A) LINE**



**(B) SINE**



# DNA TRANSPOZONY U PROKARYOT

- méně časté než RNA transpozony
- IS – inzerční sekvence
  - konzervativní i replikativní transpozice
- složený transpozon
- Tn3
  - nemá IS
  - replikativní transpozice
- Transpozibilní fág
  - replikativní transpozice

(A) Insertion sequence



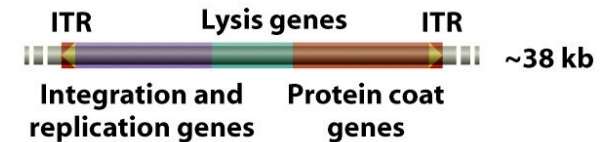
(B) Composite transposon



(C) Tn3-type transposon



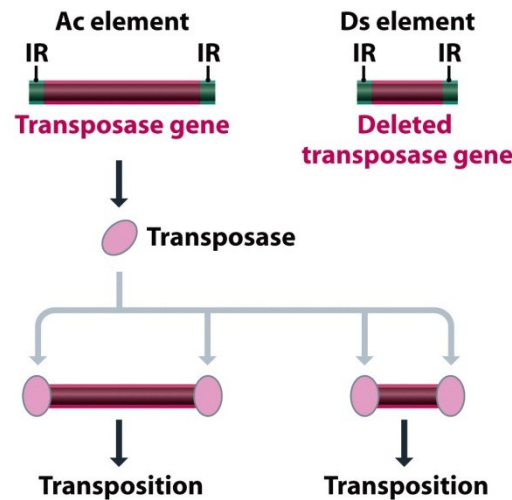
(D) Transposable phage



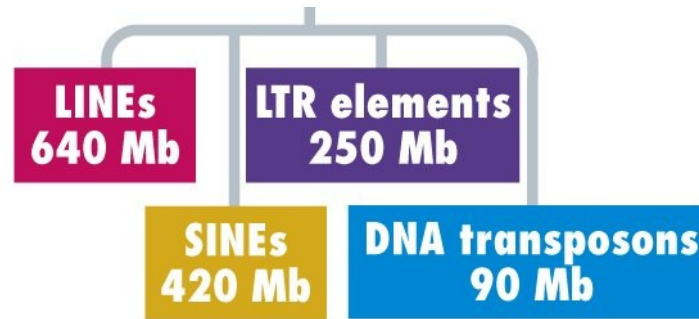


# DNA TRANSPOZONY U EUKARYOT

- Lidský genom
  - 350 000 transpozonů
  - invertované koncové repetice (ITR)
  - gen pro transponázu
  - většinou nefunkční
- Kukuřice
  - Ac/Ds elementy
  - Spm element
- *Drosophila*
  - P element



# MOBILNÍ ELEMENTY V LIDSKÉM GENOMU



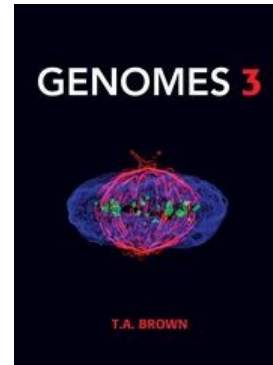
Class	Family	Approximate number of copies	Fraction of genome (%)
SINE	Alu	1,200,000	10.7
	MIR	450,000	2.5
	MIR3	85,000	0.4
LINE	LINE-1	600,000	17.3
	LINE-2	370,000	3.3
	LINE-3	44,000	0.3
LTR retroelements	ERV	240,000	4.7
	MaLR	285,000	3.8
DNA transposons	MER-1	213,000	1.4
	MER-2	68,000	1.0
	Others	60,000	0.4

# SHRNUTÍ

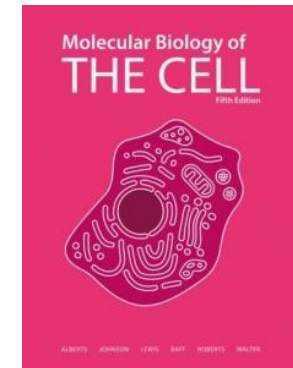
- Eukaryotický jaderný genom
  - chromozomy
  - geny
  - intergenové sekvence
  - katalog genů
- Prokaryotický genom
  - nukleoid
  - plazmidy
- Genom mitochondrií a chloroplastů
- Virové genomy
  - viry bakterií – fágy
  - viry eukaryot
- Mobilní elementy
  - RNA transpozony
  - DNA transpozony

# LITERATURA

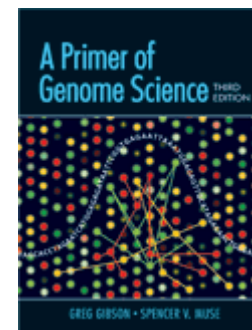
- T.A.Brown: Genomes



- Alberts and col.:  
Molecular Biology of the Cell



- G.Gibson and S.V.Muse:  
A Primer of Genome Science



+ internet, odborné články ...