

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, www.ceitec.muni.cz



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Osnova

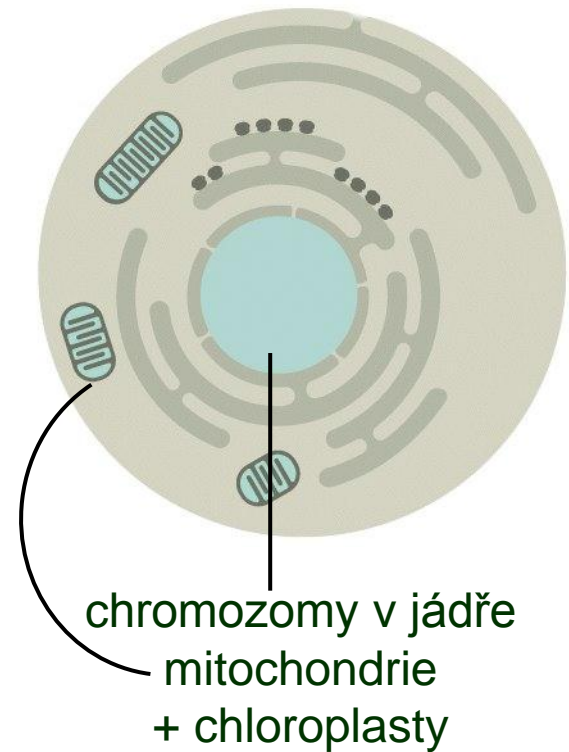
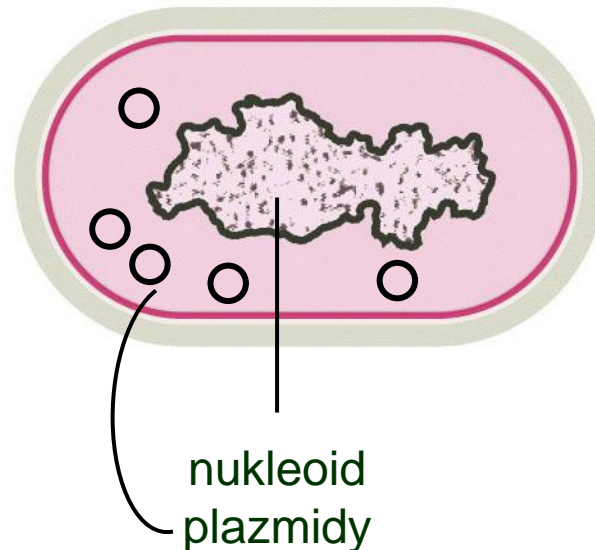
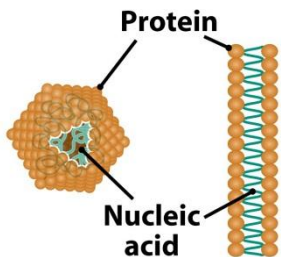
1. Internetové zdroje
2. Eukaryotický jaderný genom
3. Genomy prokaryot a eukaryotických organel
4. Genomy virů a mobilní elementy
5. Literatura

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 A/5291	B	CHLAMYDIAE Taxonomy Entrez	1044 Kb 8 orfs	1	1	41%	HE601810	Sanger Institute		Unpublished 2012-03-13	2012-03-13	Thomson,N.R.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I-0, DSM 21396	B	THERMI Taxonomy Entrez	4406036 Kb 4465 orfs	1	6	69%	CP002191	Chinese Academy of Agricultural Sciences		Unpublished 2012-03-12	2012-03-12	Lin,M.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 D-CWPP	B	PROTEOBACTERIA Taxonomy Entrez	1275720 Kb 1383 orfs	1		33%	CP003375	Los Alamos National Lab		Unpublished 2012-03-09	2012-03-09	Dasch,G.A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 MGAS1882	B	FIRMICUTES Taxonomy Entrez	1781 Kb 1792 orfs	1		38.5%	CP003121	The Methodist Hospital Research Institute		Unpublished 2012-03-09	2012-03-09	Musser,J.M.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Taxonomy Entrez GEB Isolation	5202069 Kb 4490 orfs	1		37%	CP003349	DOE Joint Genome Institute DSMZ	IMG-GEB	Unpublished 2012-03-08	2012-03-08	Eisen, Jonathan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

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.

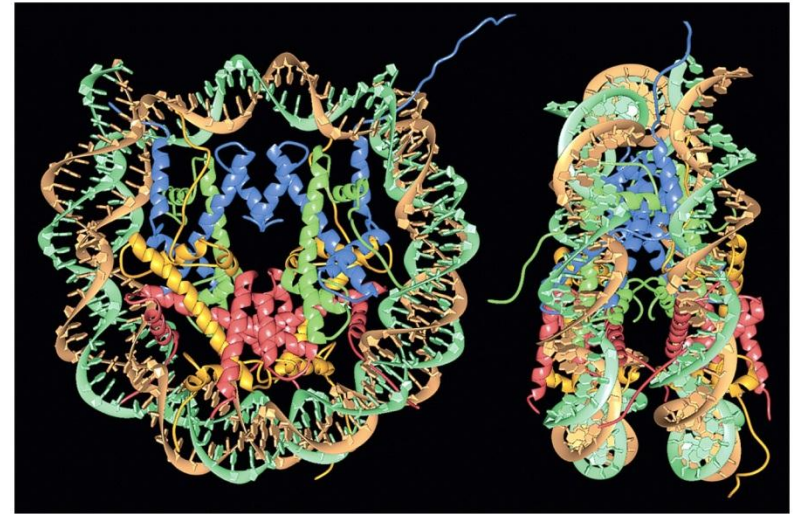
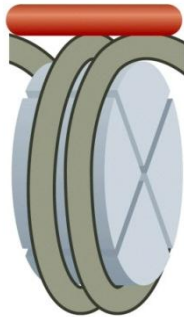
All rights reserved. This material may not be published, broadcast, rewritten or redistributed.

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

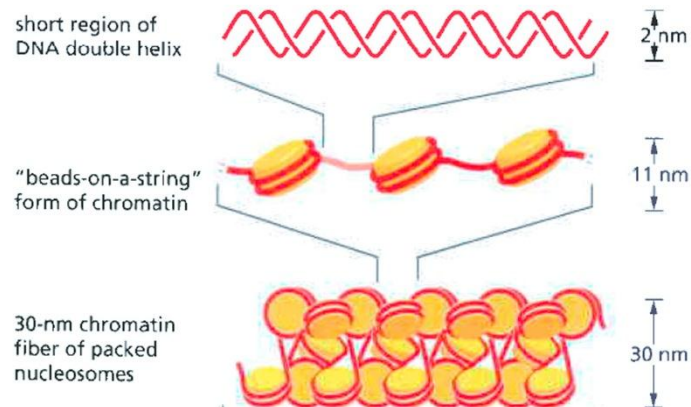
EUKARYOTICKÝ JADERNÝ GENOM

STRUKTURA CHROMOZOMŮ

DNA + histony = nukleozom



„korálková“ forma chromatinu – 11 nm



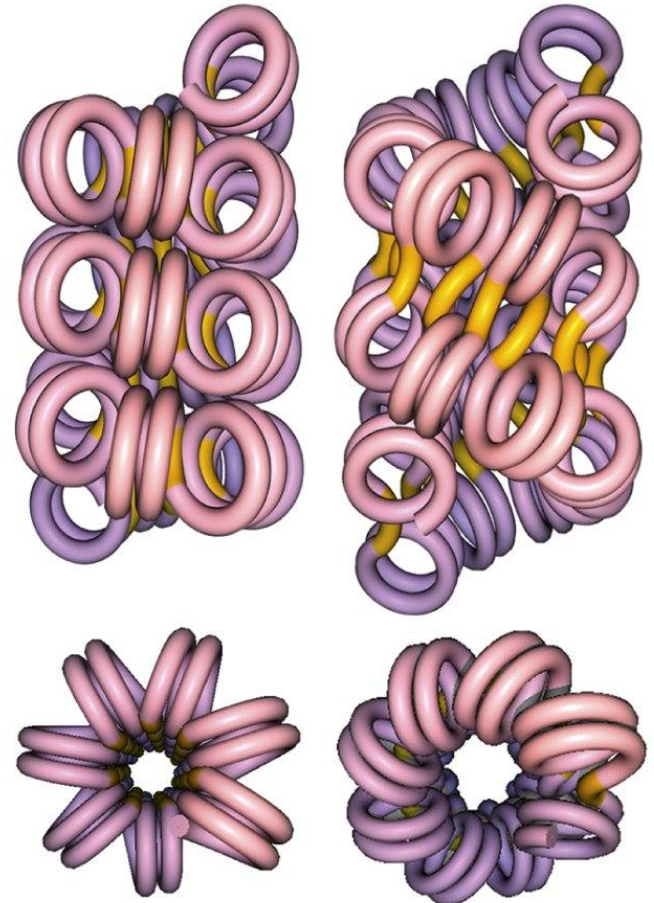
STRUKTURA CHROMOZOMŮ

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

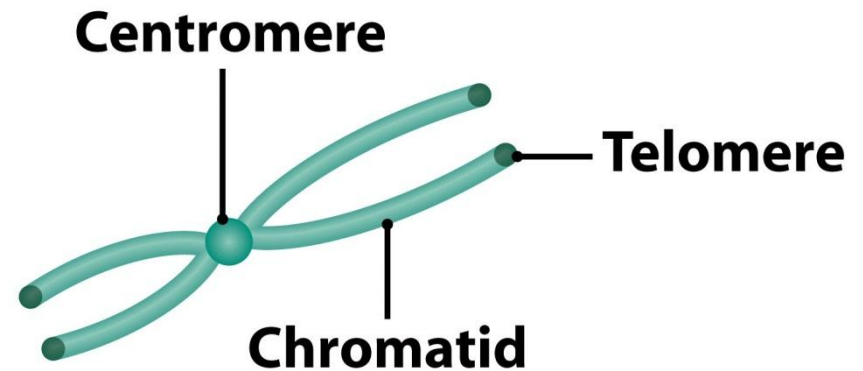
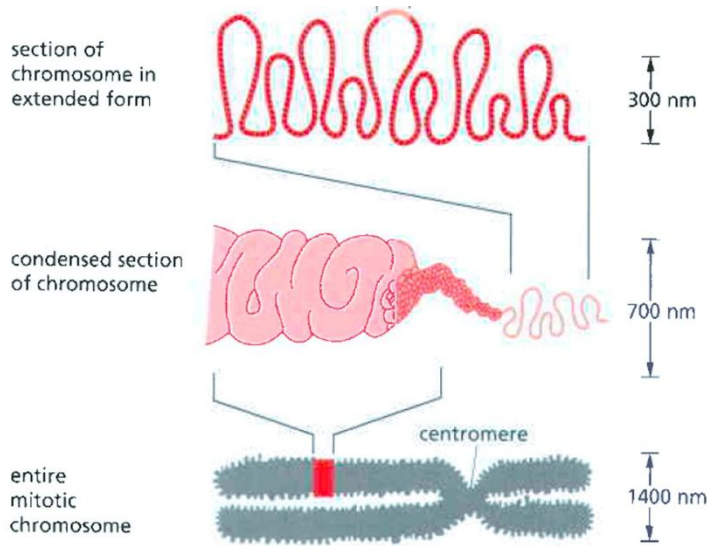
(A) The solenoid model

(B) The helical ribbon model

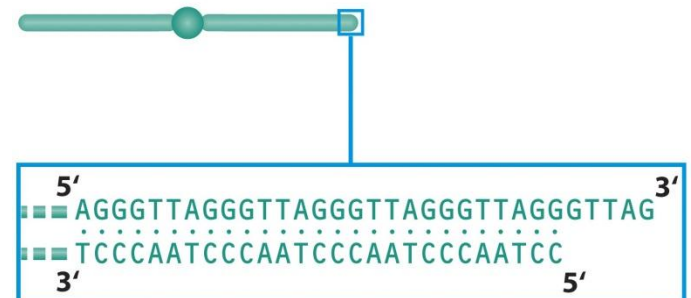


STRUKTURA CHROMOZOMŮ

Kondenzované mitotické chromozomy: 1400 nm
jedna chromatida: 700 nm



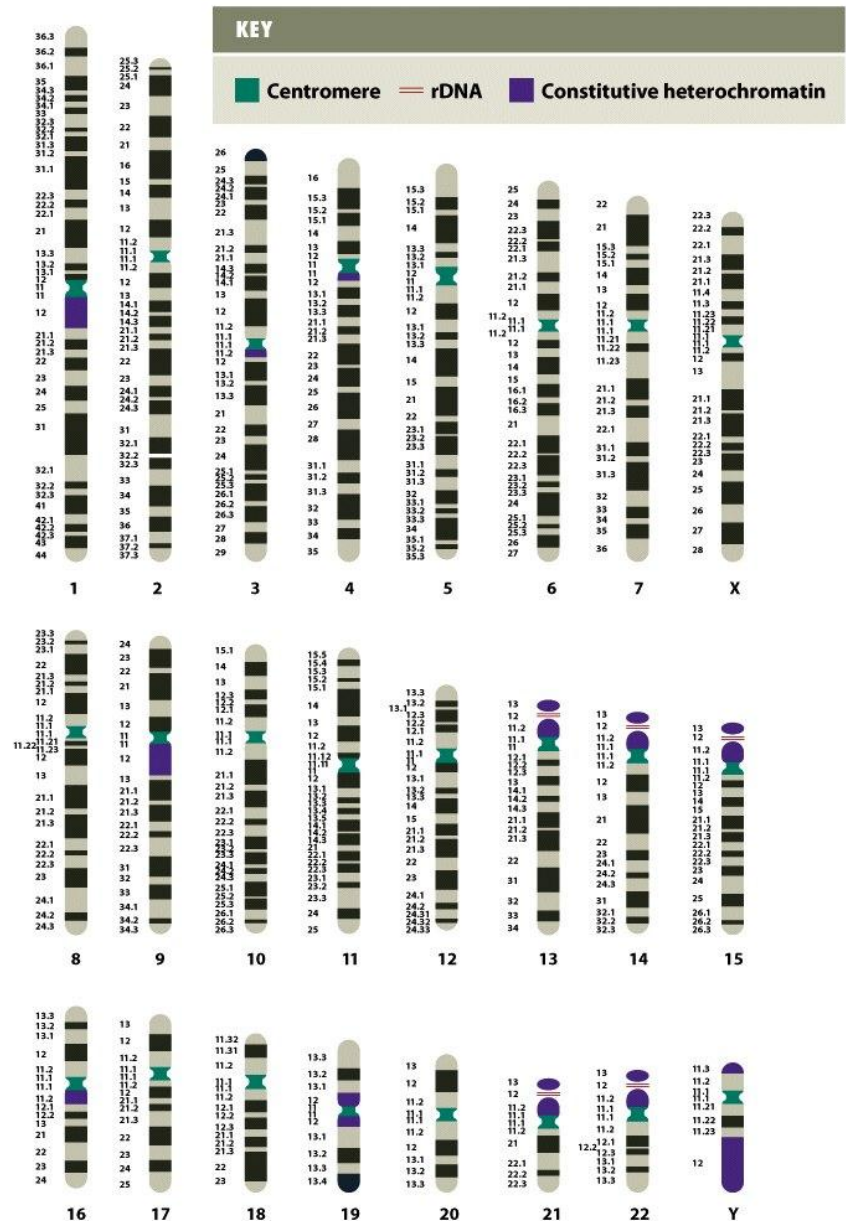
Centromery, telomery –
repetitivní sekvence



MITOTICKÉ CHROMOZOMY

Lidský karyogram

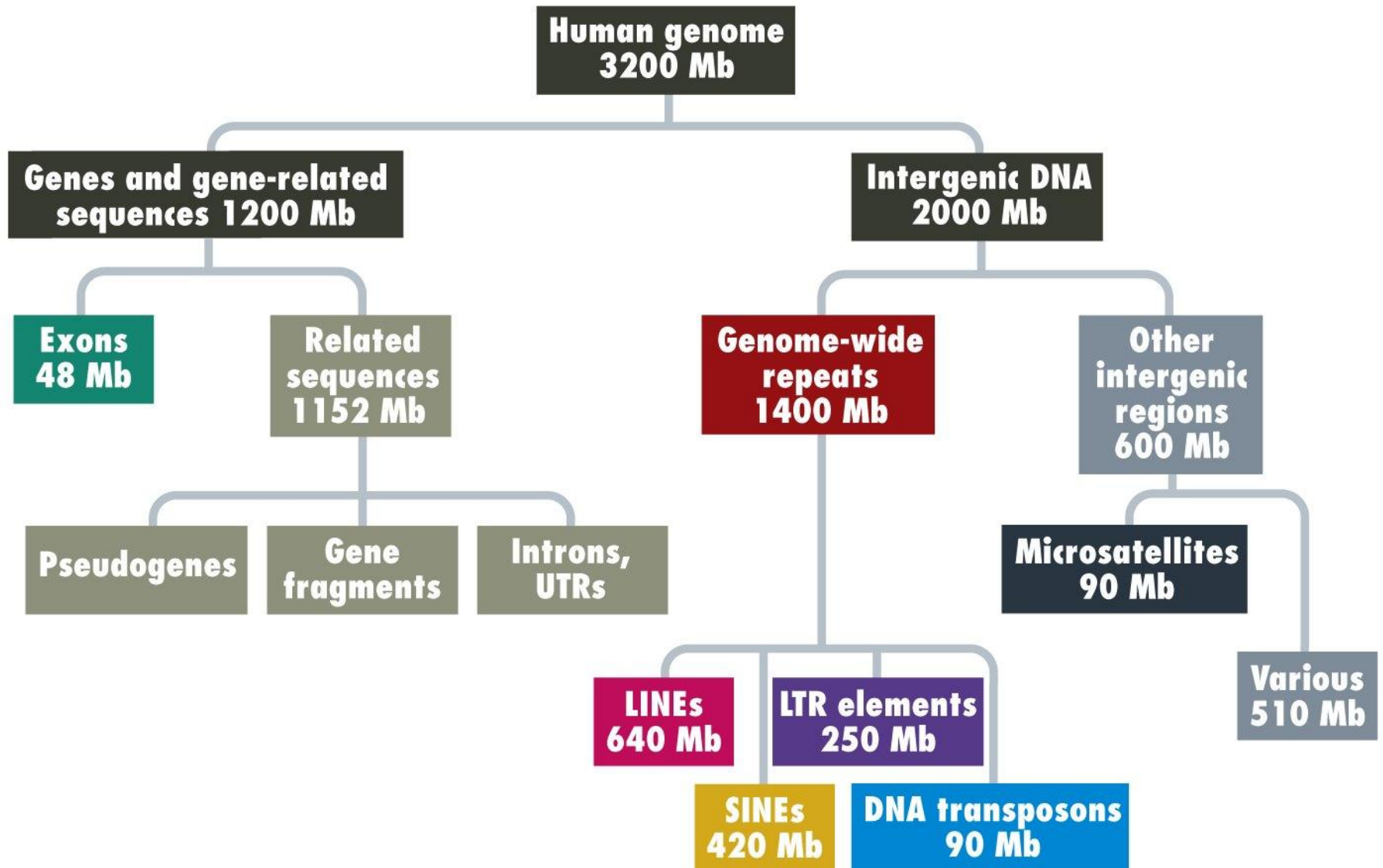
Technique	Banding pattern
G-banding	Dark bands are AT-rich Pale bands are GC-rich
R-banding	Dark bands are GC-rich Pale bands are AT-rich
Q-banding	Dark bands are AT-rich Pale bands are GC-rich
C-banding	Dark bands contain constitutive heterochromatin



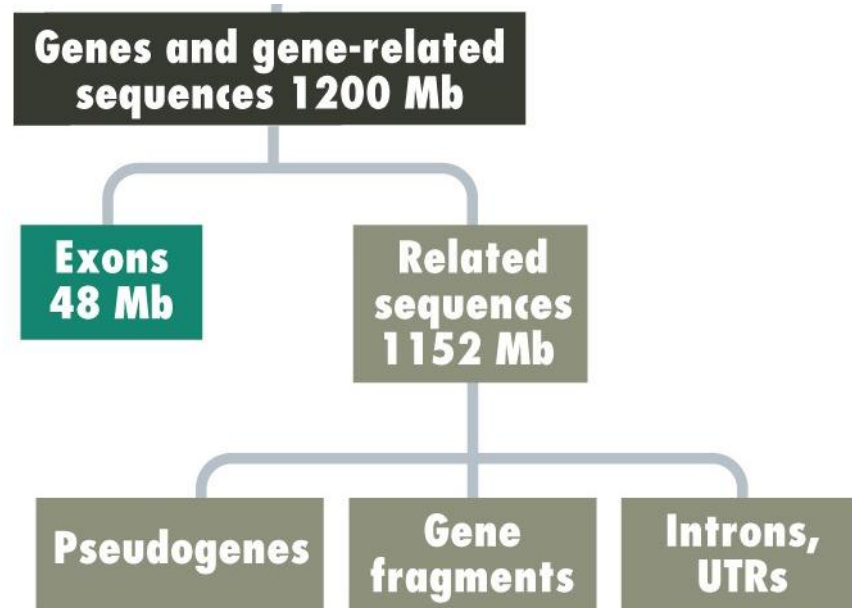
NETYPICKÉ CHROMOZOMY

- 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

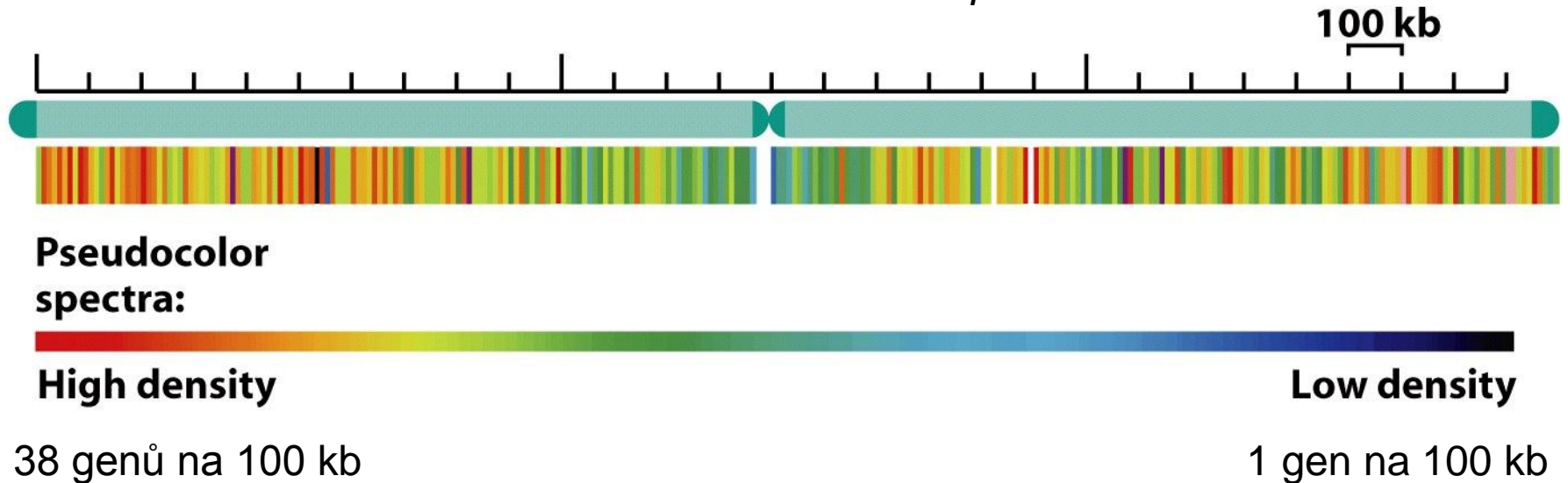
Genové rodiny - skupiny genů se stejnou nebo podobnou sekvencí

- 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

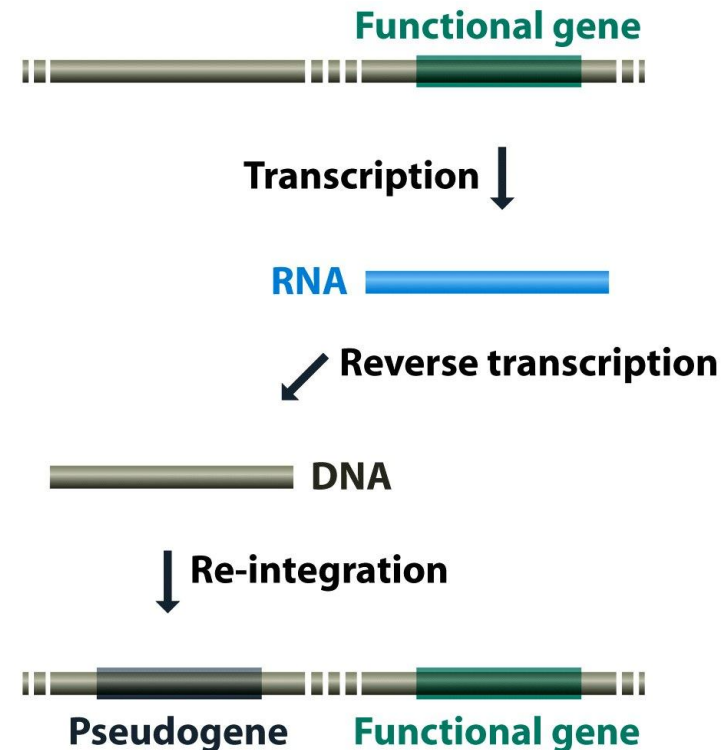
Chromozom 1 u *Arabidopsis*



Člověk: 1-64 genů na 100kb

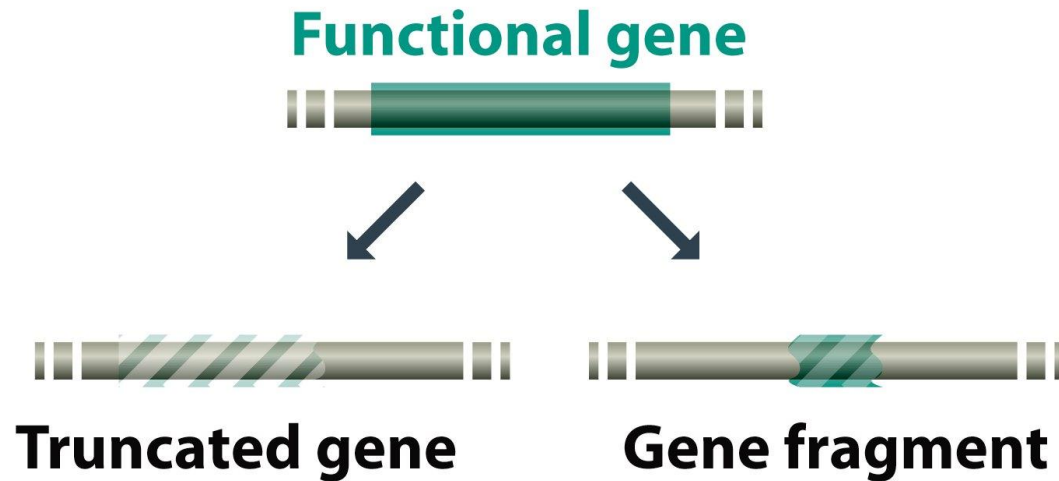
PSEUDOGENY

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



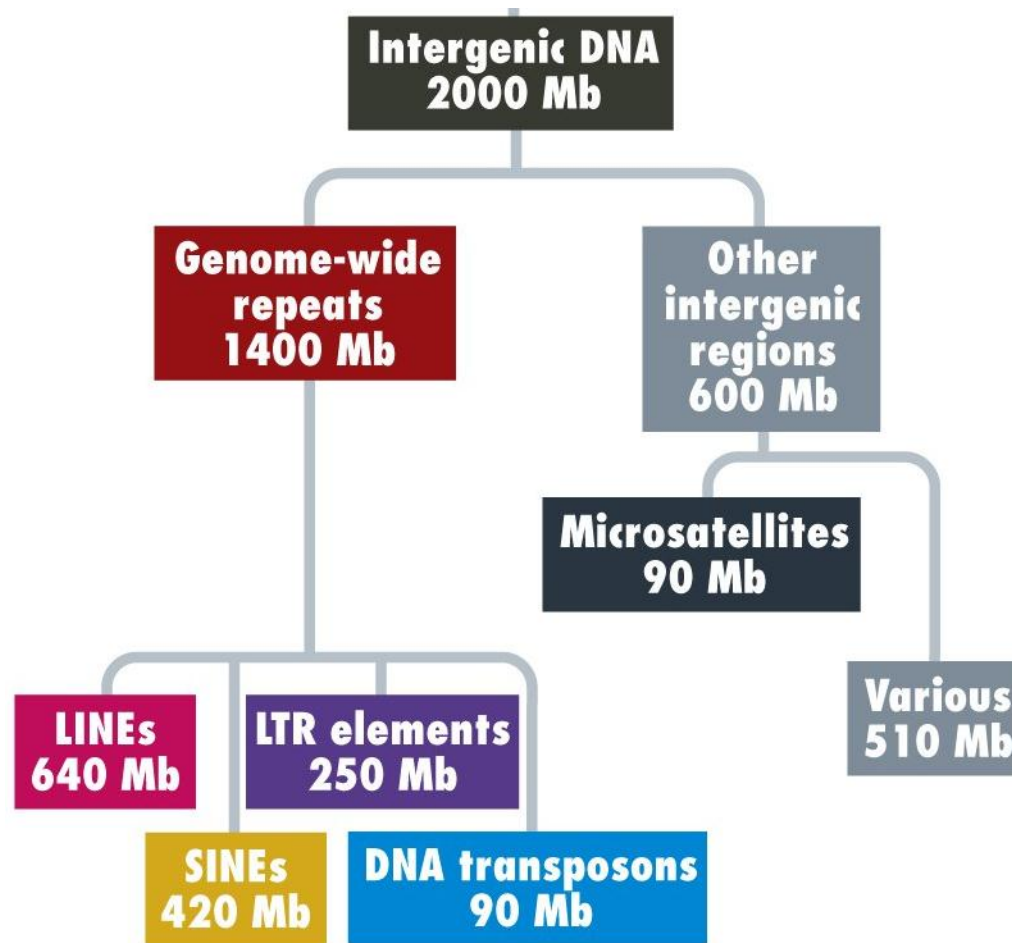
FRAGMENTY GENŮ

- Zkrácené geny
- Genové fragmenty

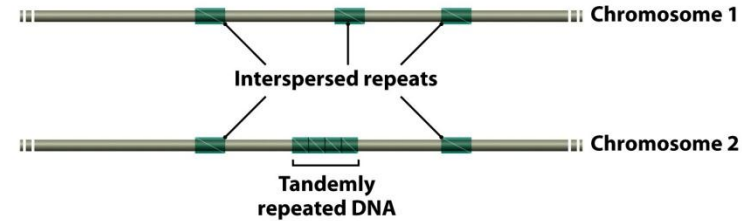


INTERGENOVÁ DNA

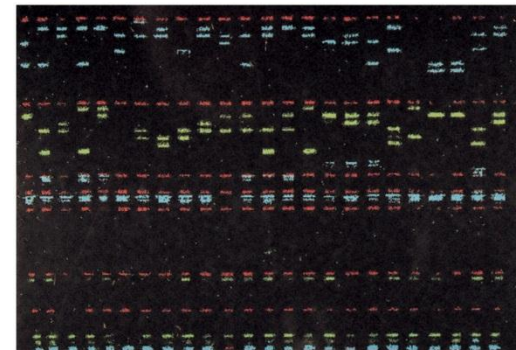
- „junk“ (= veteš, haraburdí) DNA – není pravda



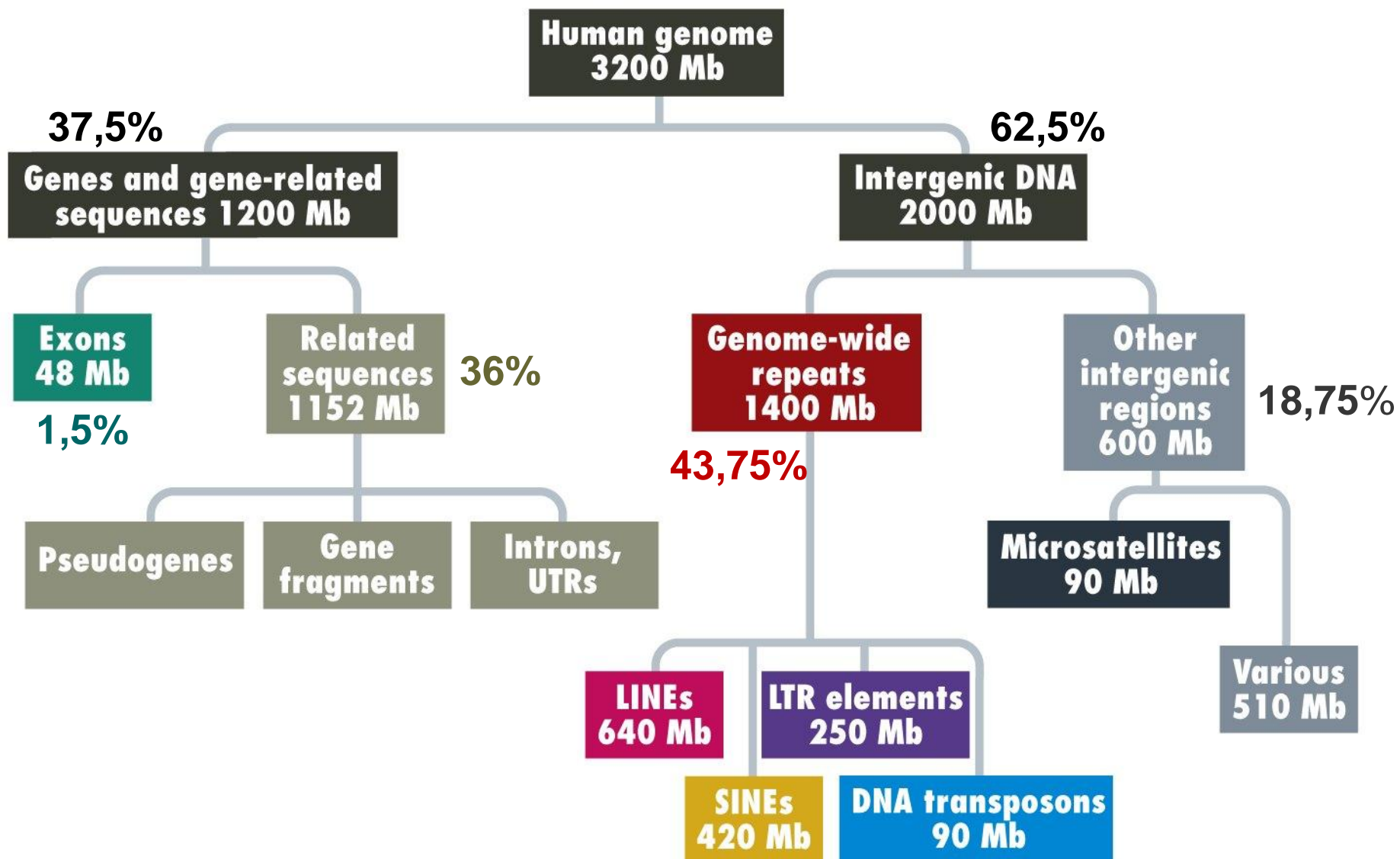
REPETICE



- 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



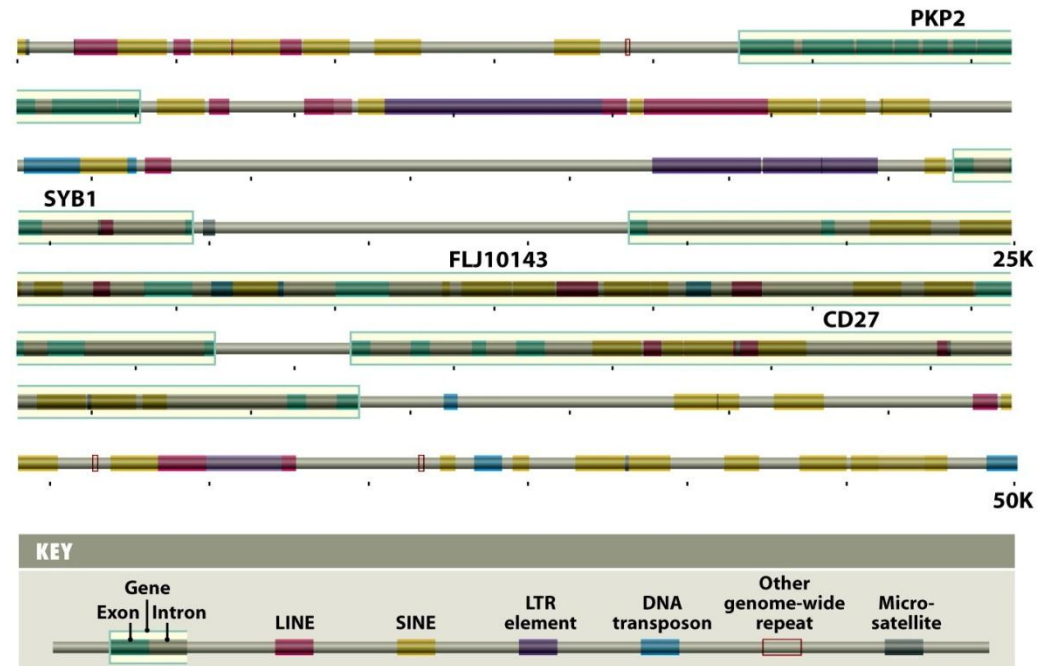
ORGANIZACE LIDSKÉHO GENOMU



ORGANIZACE JADERNÉHO GENOMU

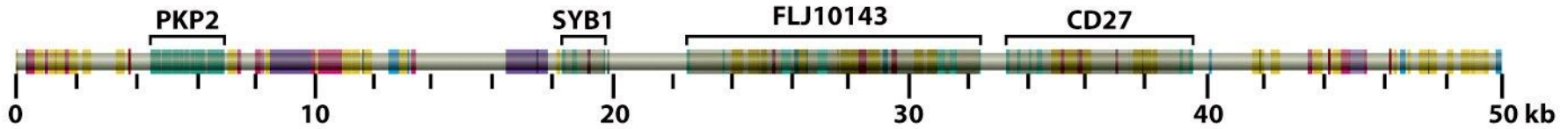
Lidský genom – 50 kb

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

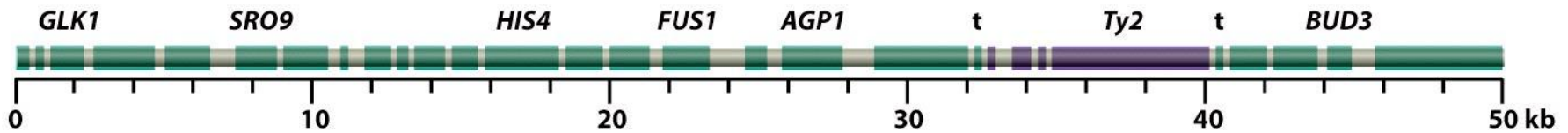


ORGANIZACE GENOMŮ

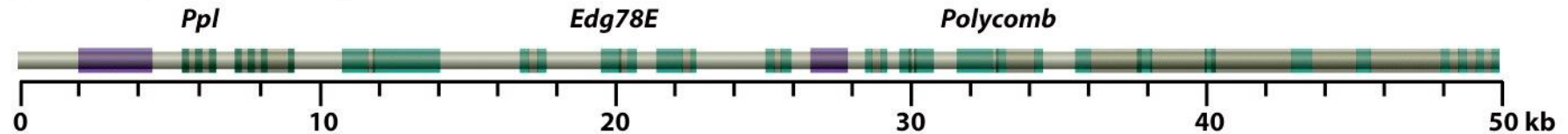
(A) Human



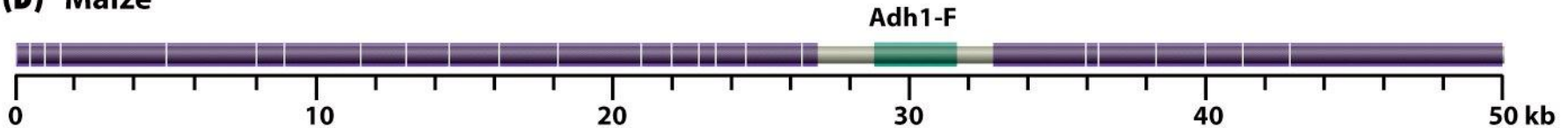
(B) *Saccharomyces cerevisiae*



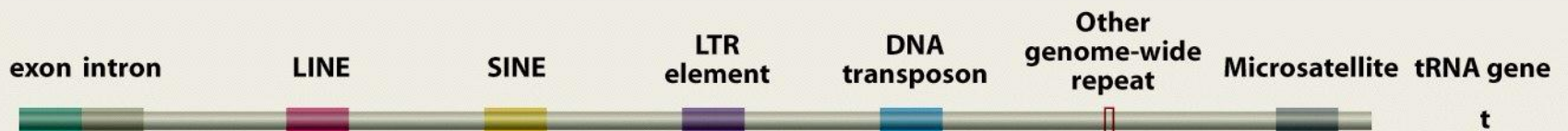
(C) *Drosophila melanogaster*



(D) Maize

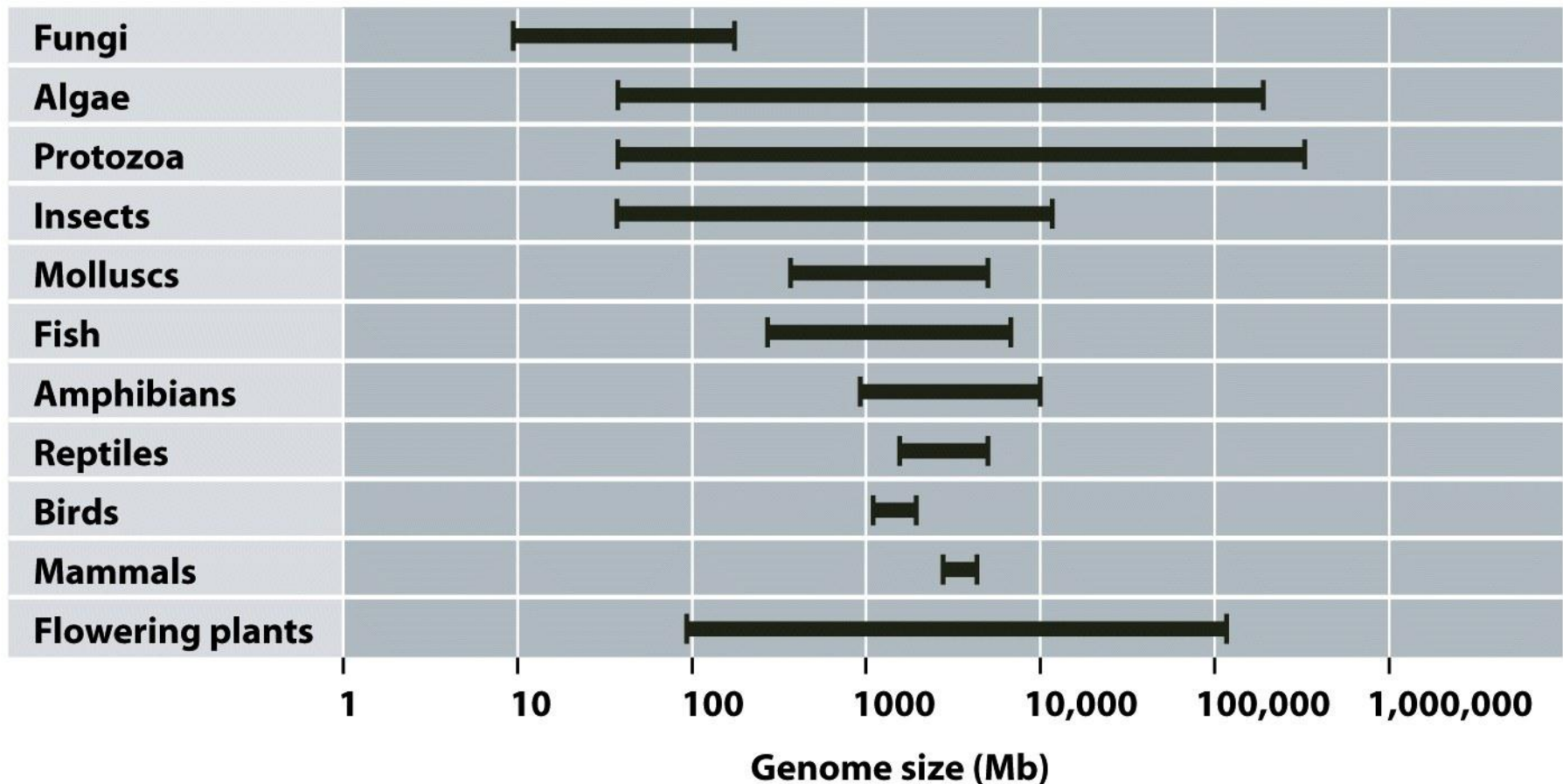


KEY



ORGANIZACE GENOMŮ

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



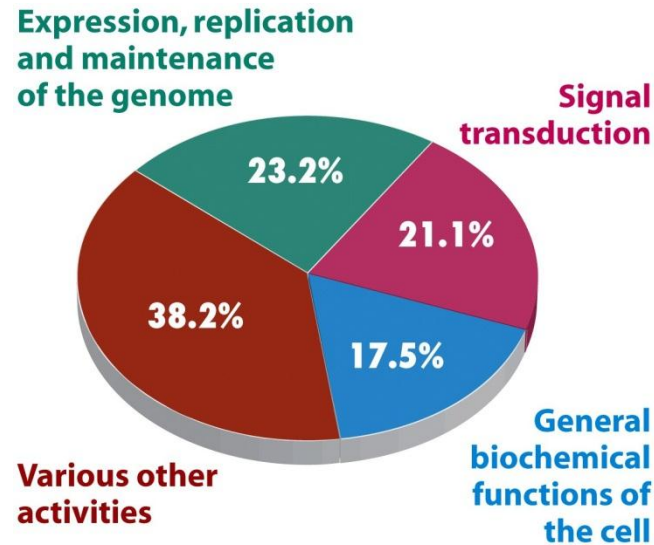
ORGANIZACE GENOMŮ

- 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

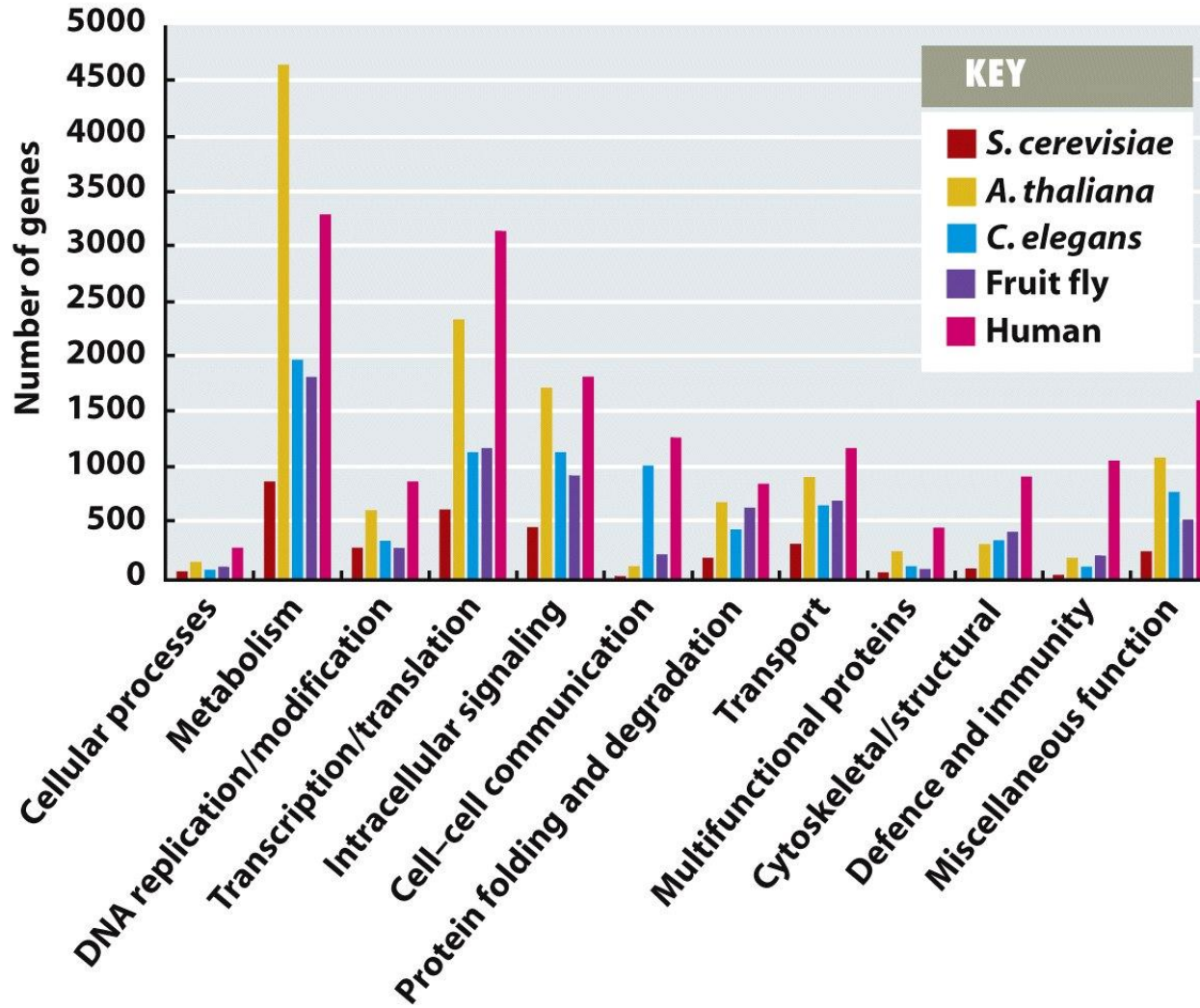
KATALOG GENŮ

- Organizmy se sekvenovaným genomem
- Lidský katalog genů:



- co nevyčteme: Co dělá člověka člověkem?

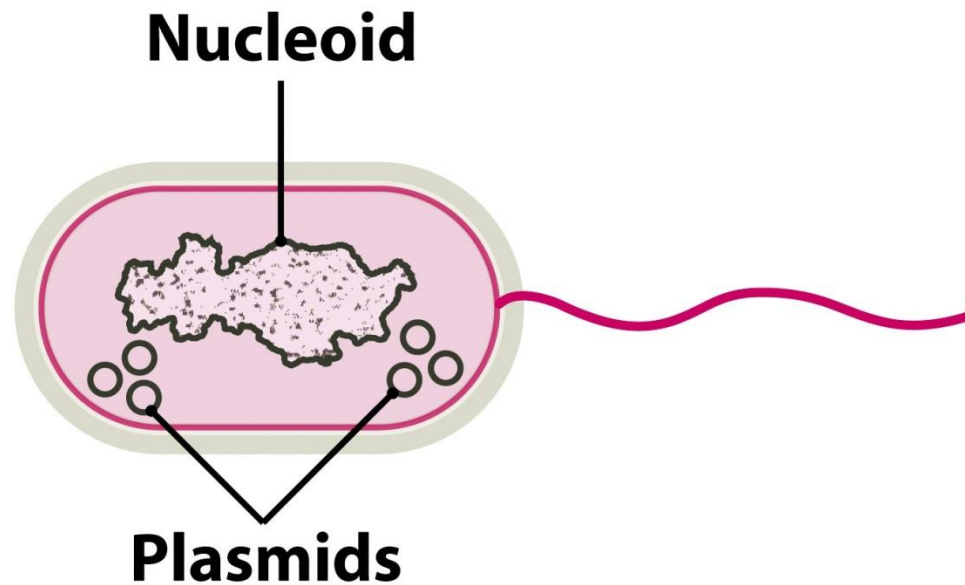
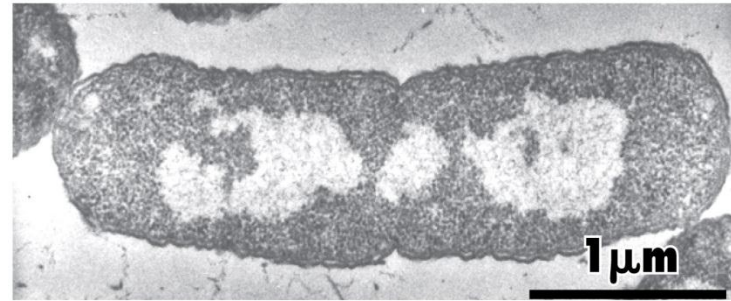
KATALOG GENŮ



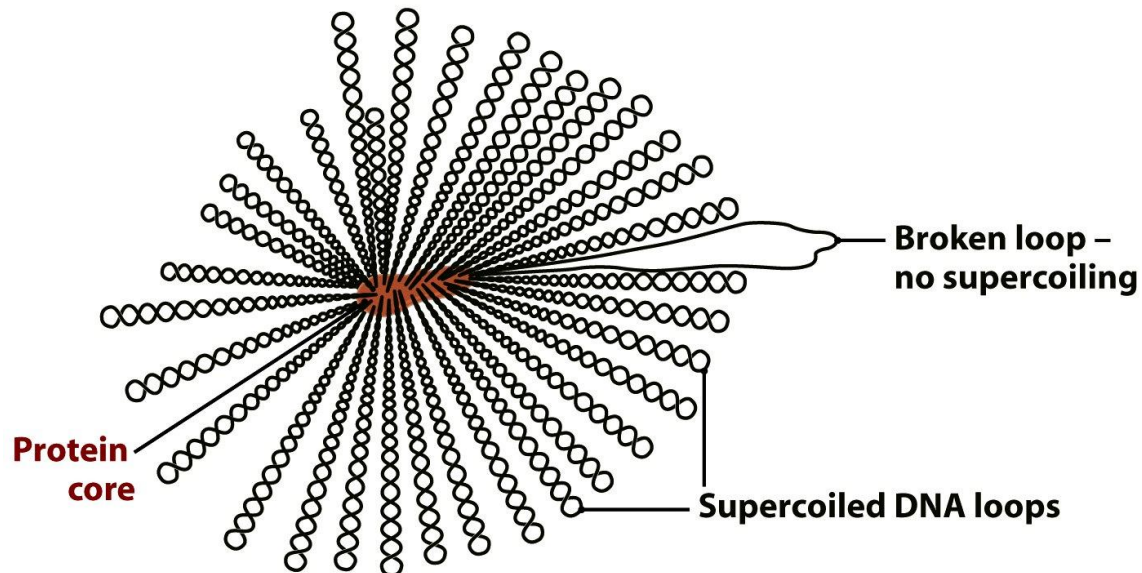
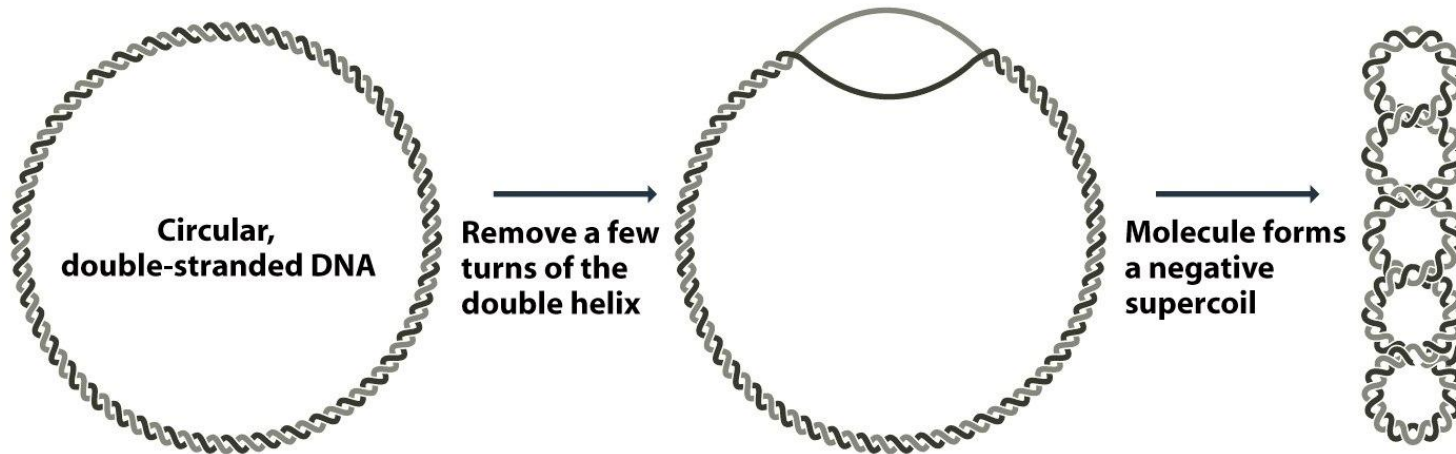
PROKARYOTICKÝ GENOM

PROKARYOTICKÝ GENOM

- Prokaryota
 - bacteria
 - archea



PROKARYOTICKÝ GENOM



PROKARYOTICKÝ GENOM

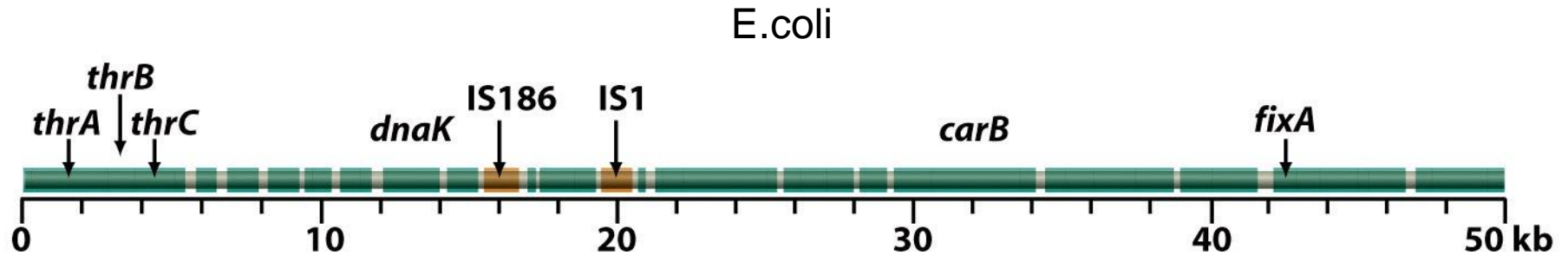
Species	Genome organization		
	DNA molecules	Size (Mb)	Number of genes
<i>Escherichia coli</i> K12	One circular molecule	4.639	4405
<i>Vibrio cholerae</i> El Tor N16961	Two circular molecules		
	Main chromosome	2.961	2770
	Megaplasmid	1.073	1115
<i>Deinococcus radiodurans</i> R1	Four circular molecules		
	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

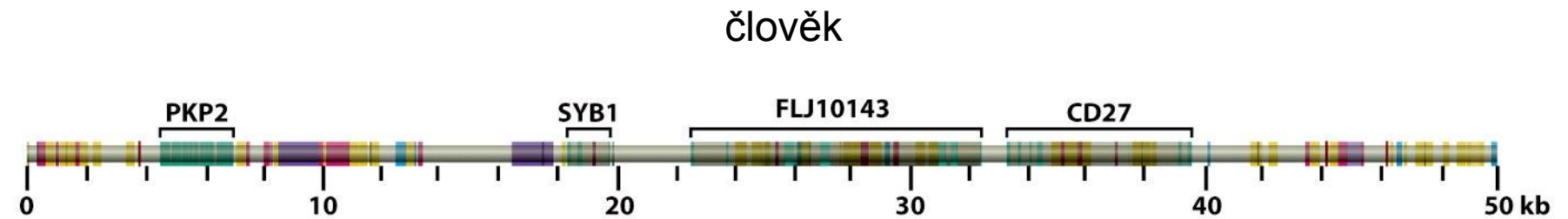


KEY

Gene



Genome-wide repeat



KEY

exon intron

LINE

SINE

LTR element

DNA transposon

Other genome-wide repeat

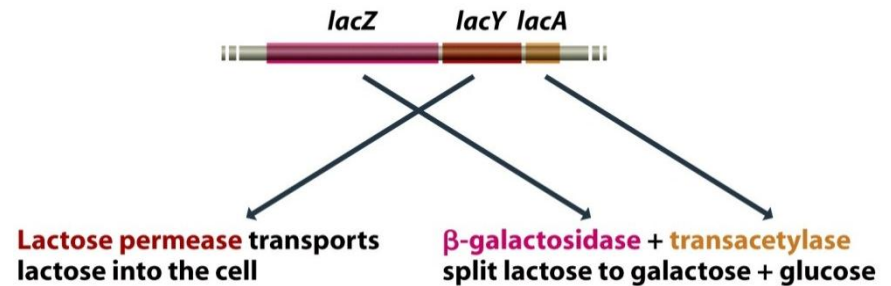
Microsatellite tRNA gene



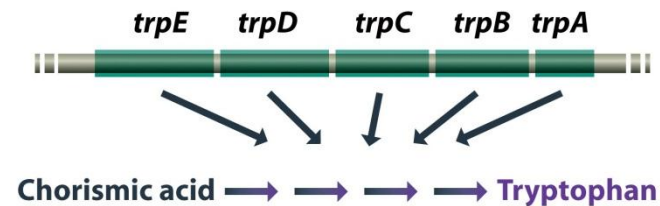
t

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
Bacteria		
<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
Archaea		
<i>Methanococcus jannaschii</i>	1.66	1750
<i>Archaeoglobus fulgidus</i>	2.18	2500

GENOM ORGANEL

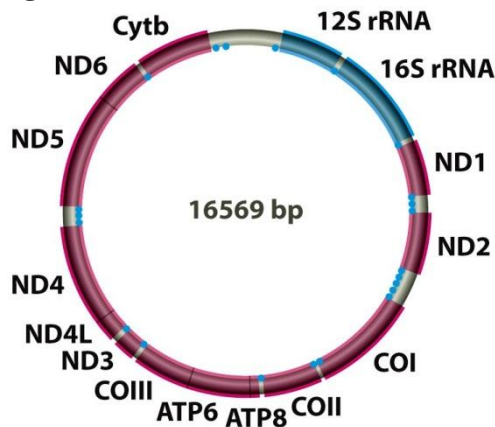
GENOM ORGANEL

- 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)

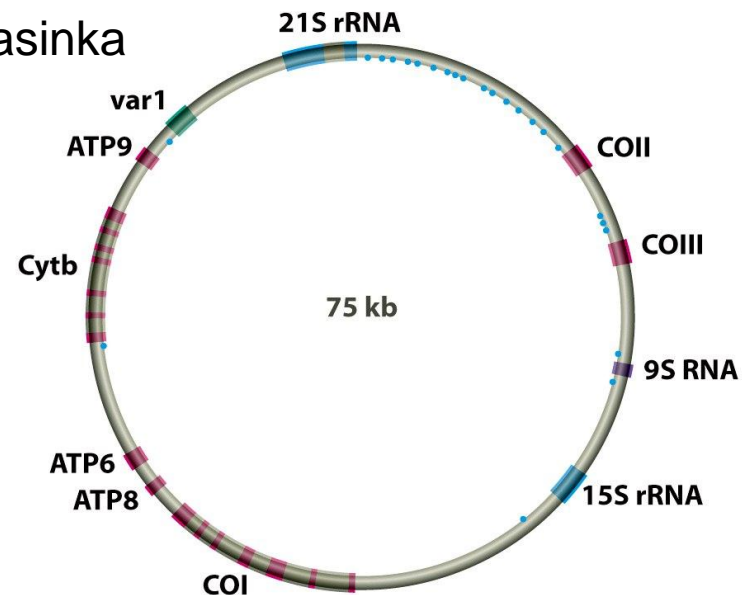
člověk



KEY

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

kvasinka

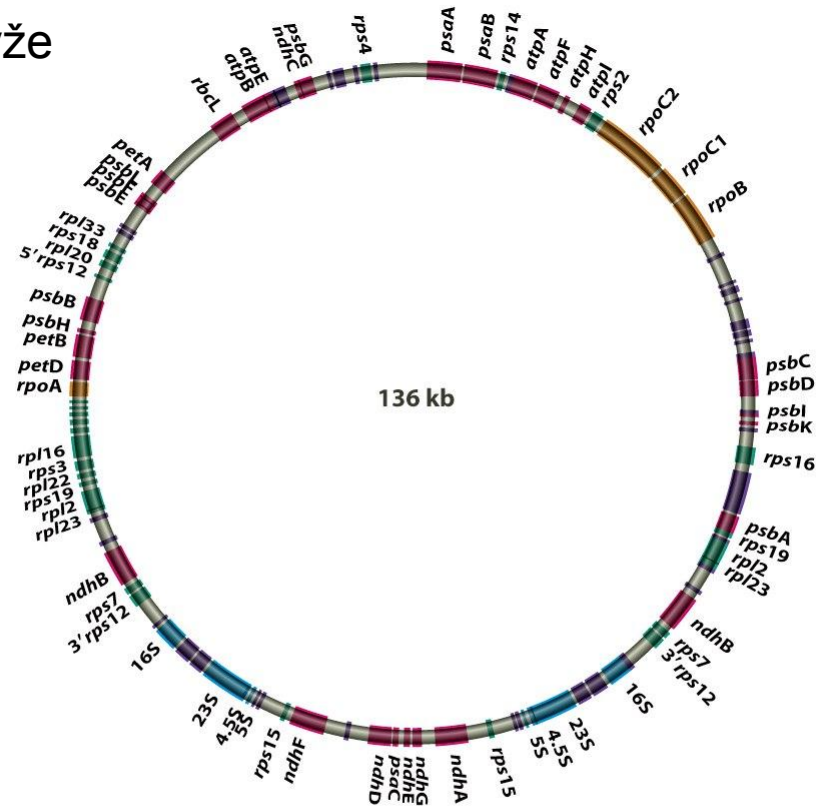


KEY




- 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 | |

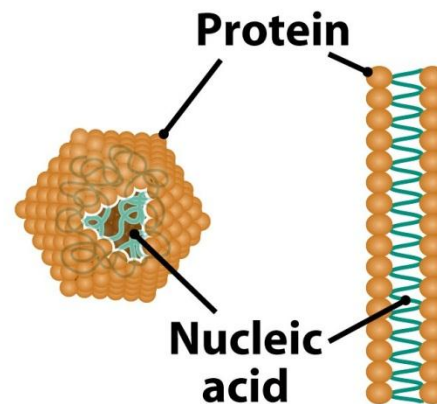
VELIKOST GENOMŮ ORGANEL

Species	Type of organism	Genome size (kb)
Mitochondrial genomes		
<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
Chloroplast genomes		
<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

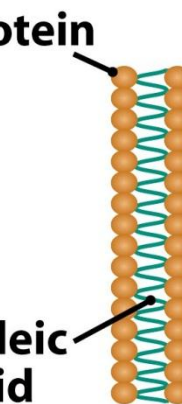
GENOM VIRŮ A MOBILNÍ ELEMENTY

VIROVÝ GENOM

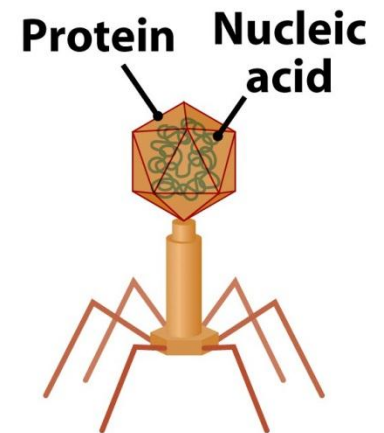
- virus – nukleoproteinová částice
- závislé na hostiteli – potřebují ribozomy a translační aparát pro syntézu proteinového obalu
- viry
 - bakterií neboli bakteriofágy (fágy)
 - eukaryot
- virový genom
 - DNA nebo RNA
 - cirkulární nebo lineární
 - ss nebo ds
 - segmentovaný nebo nesegmentovaný



Icosahedral



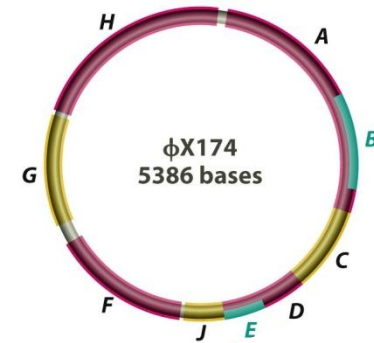
Filamentous



Head-and-tail

GENOMY FÁGŮ

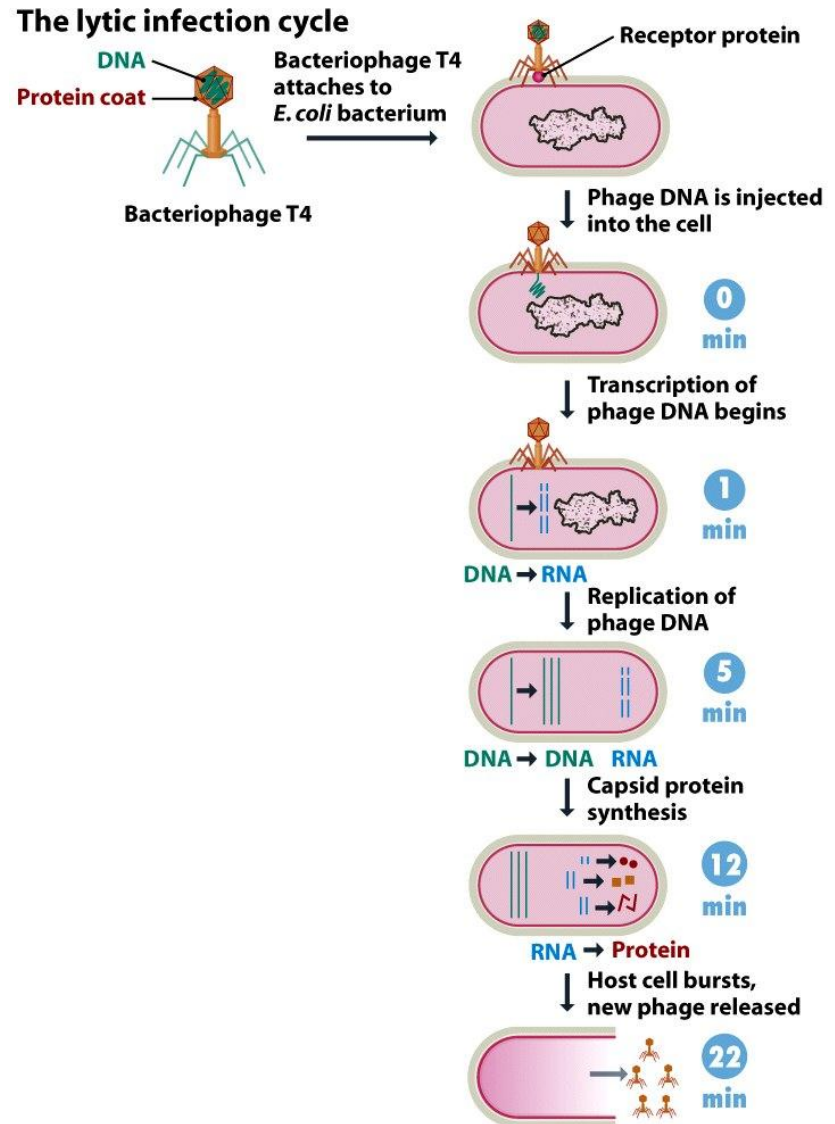
- počet genů: 3-200
- překrývající se geny
- fágy
 - lytické (virulentní), např. T4
 - lyzogenní (mírné), např. fág λ



Phage	Host	Capsid structure	Genome structure	Genome size (kb)	Number of genes
λ	<i>Escherichia coli</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	49.5	48
ϕ 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

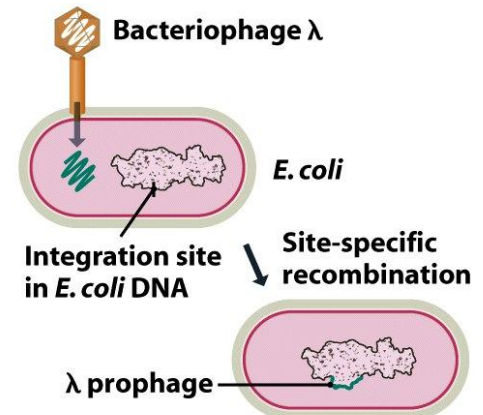
- produktivní
- dochází k lyzi buněk
- doba latence – 22 minut
 - čas potřebný k reprodukci fága



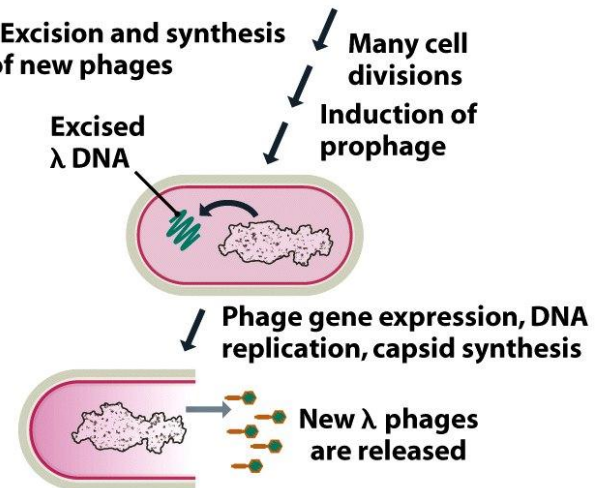
LYZOGENNÍ INFEKCE

- 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



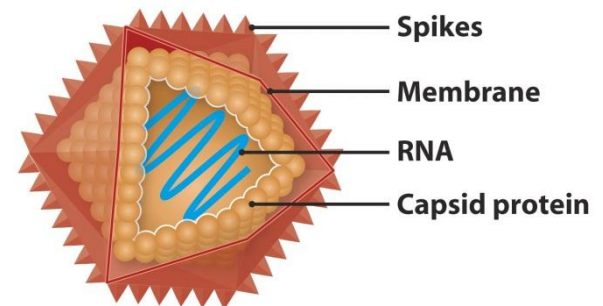
VIRY EUKARYOT

- 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



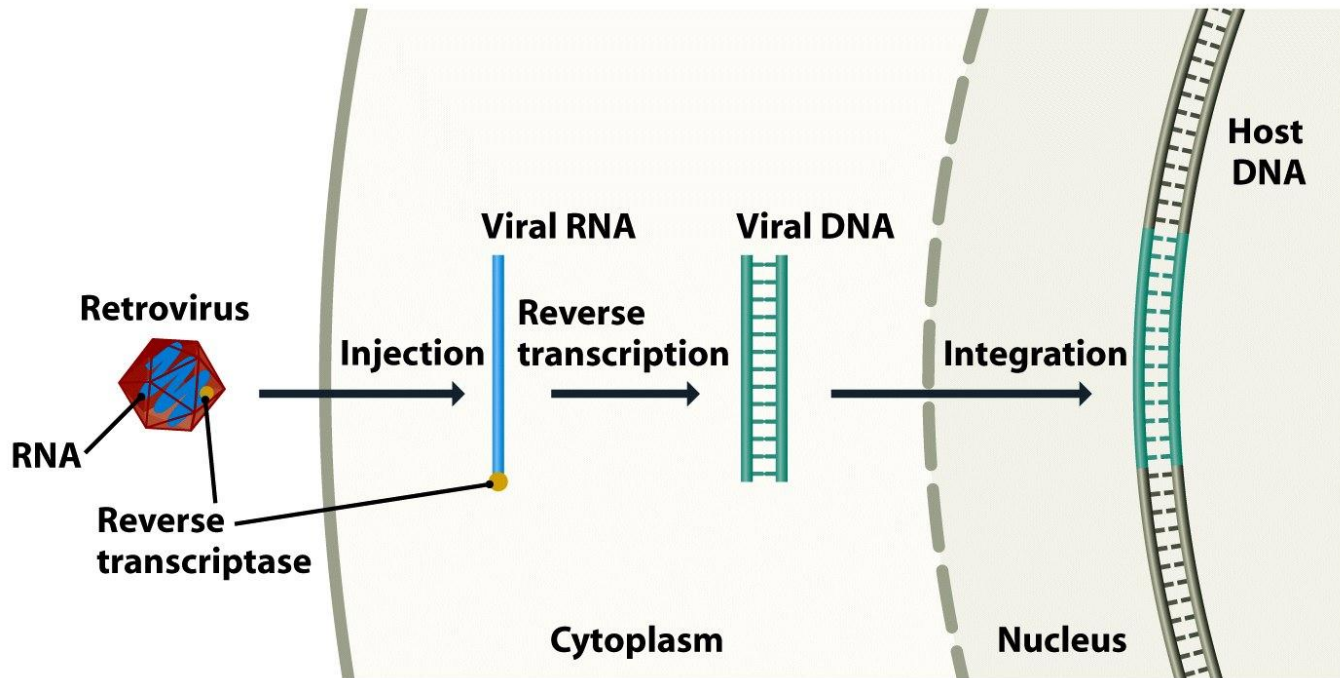
RETROVIRY

- 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

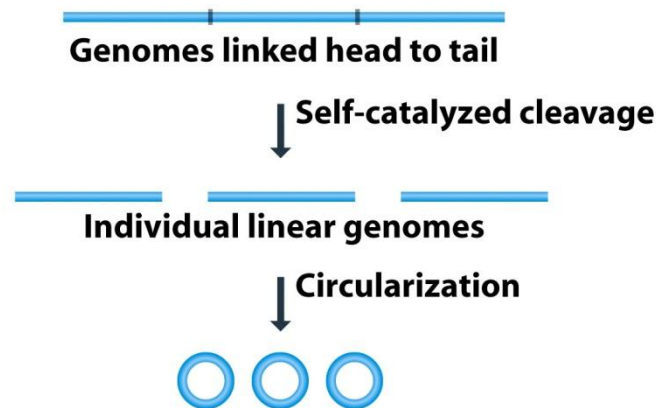
- začlenění retrovirového genomu do genomu hostitele



VIRUSOIDY A VIROIDY

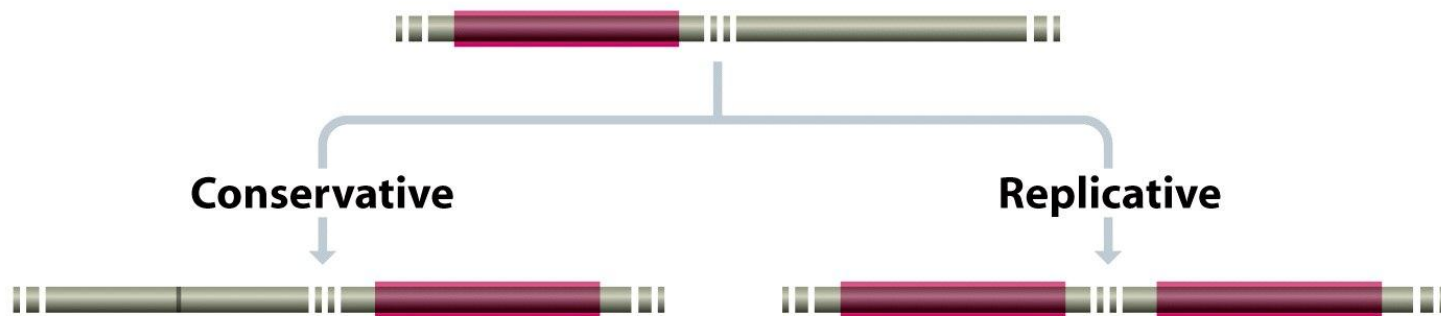
- virusoid
 - RNA molekula, 320-400 bází, nekóduje vlastní kapsid, využívá pomocný virus
- viroid
 - RNA molekula, 240-375 bází, nemá kapsid = nahá RNA
- replikace pomocí enzymů hostitele nebo pomocného viru
- schopnost samosestřihu
- zřejmě evolučně souvisí se sestřihem RNA

Self-catalyzed cleavage of viroid and virusoid RNAs



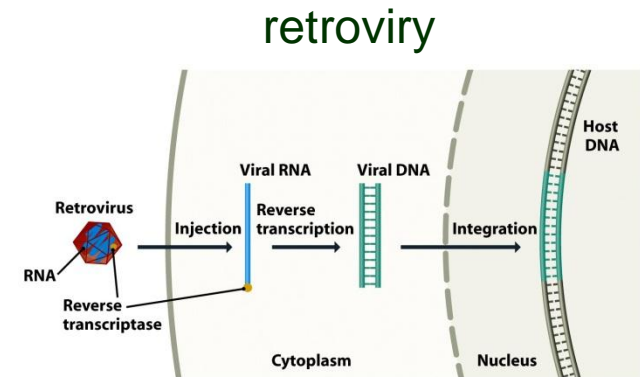
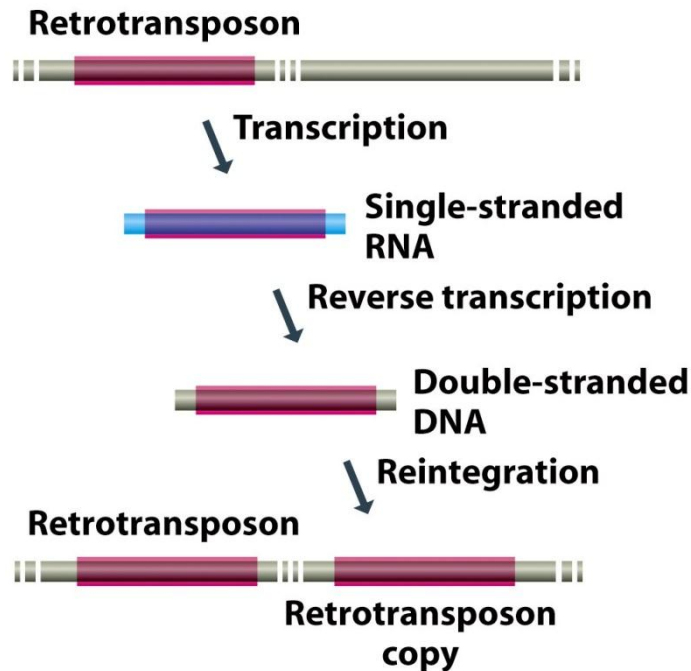
MOBILNÍ ELEMENTY

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



RNA TRANSPOZONY

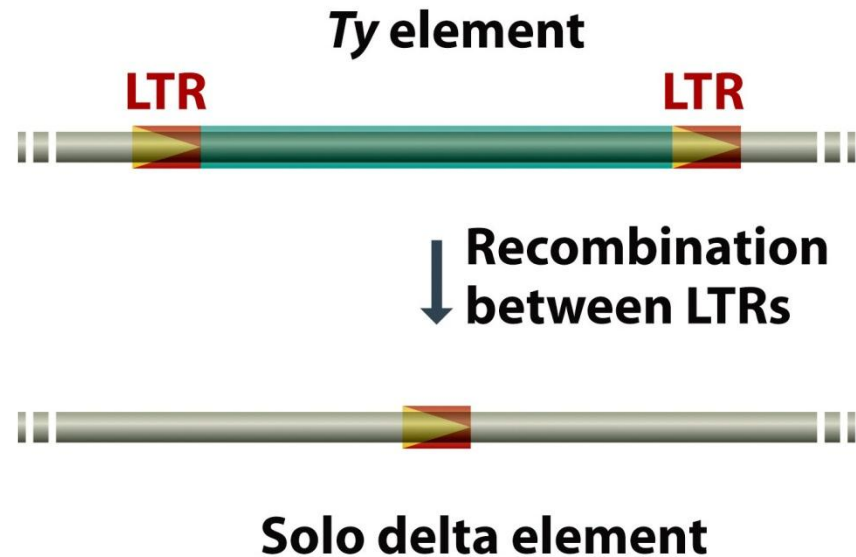
- transpozice přes RNA



- retrotranspozony
 - obsahující LTR sekvence
 - bez LTR sekvence

RNA TRANSPOZONY s LTR

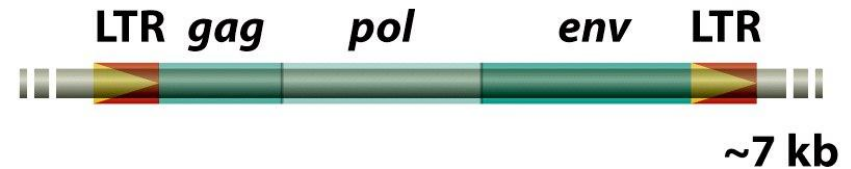
- *Ty* element
 - první objevený
 - v kvasinkách
 - 6.3 kb, 25-35 kopií
- „delta“ element
 - LTR sekvence
 - 330 bp
 - přibližně 100 kopií



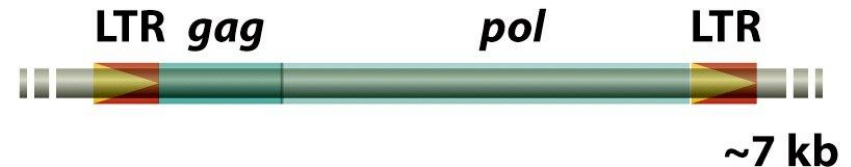
RNA TRANSPOZONY s LTR

- *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

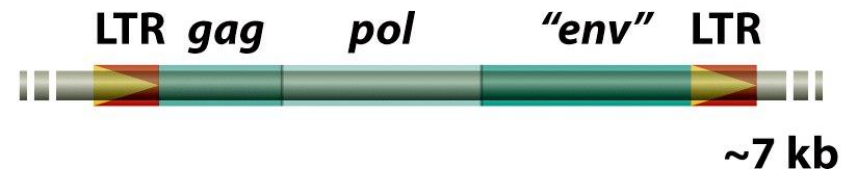
(A) Viral retroelement



(B) *Ty1/copia* retroelement



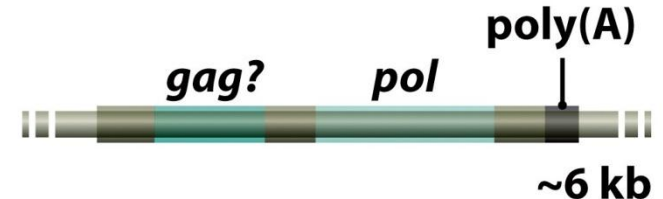
(C) *Ty3/gypsy* retroelement



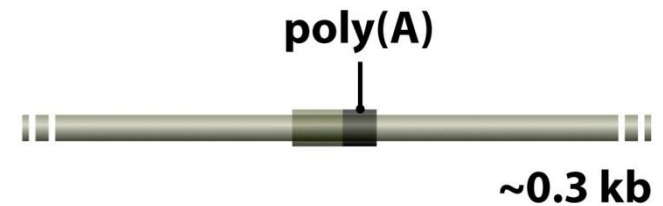
RNA TRANSPOZONY bez LTR

- 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

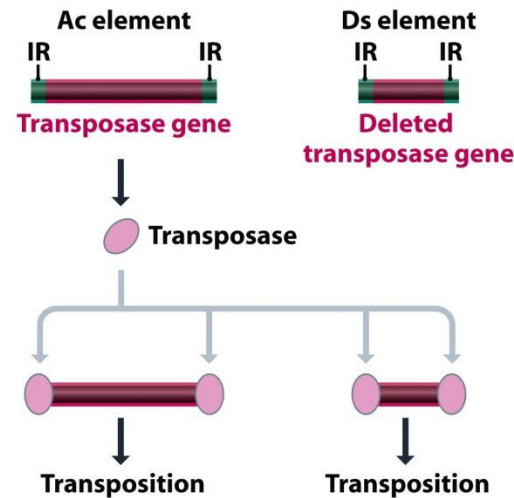


(D) Transposable phage

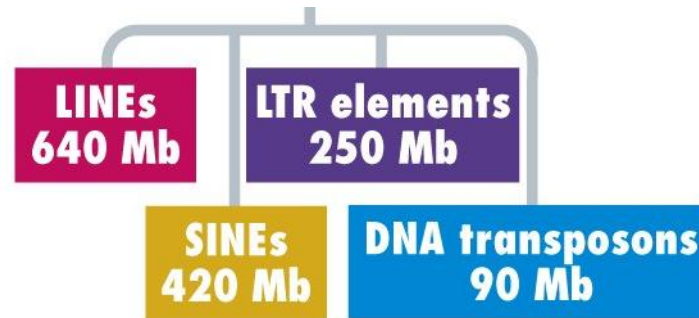


DNA TRANSPOZONY U EUKARYOT

- 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



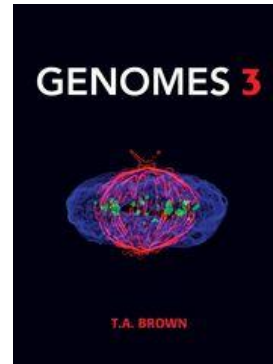
Class	Family	Approximate number of copies	Fraction of genome (%)
SINE	Alu	1,200,000	10.7
	MIR	450,000	2.5
	MIR3	85,000	0.4
LINE	LINE-1	600,000	17.3
	LINE-2	370,000	3.3
	LINE-3	44,000	0.3
LTR retroelements	ERV	240,000	4.7
	MaLR	285,000	3.8
DNA transposons	MER-1	213,000	1.4
	MER-2	68,000	1.0
	Others	60,000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

SHRNUTÍ

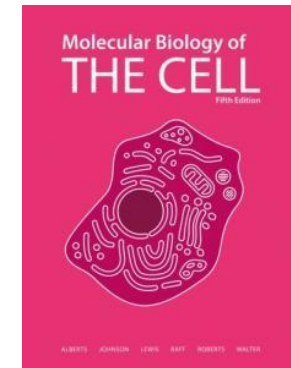
- Eukaryotický jaderný genom
 - chromozomy
 - geny
 - intergenové sekvence
 - katalog genů
- Prokaryotický genom
 - nukleoid
 - plazmidy
- Genom mitochondrií a chloroplastů
- Virové genomy
 - viry bakterií – fágy
 - viry eukaryot
- Mobilní elementy
 - RNA transpozony
 - DNA transpozony

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 ...