



# Планета генов



Студенческая газета кафедры зоологии, физиологии и генетики  
биологического факультета ГГУ им. Ф. Скорины  
Выпуск 39 март 2019

## Наши новости

День факультета – одна из неотъемлемых университетских традиций. Ежегодно это событие позволяет отметить достижения факультета и представить их многочисленным гостям. Не исключением стали и студенты биологического факультета, отметив в актовом зале ГГУ им. Ф. Скорины свой главный профессиональный праздник. Официальная часть началась с поздравительных слов доцента кафедры химии, заместителя декана по воспитательной работе Светланы Пантелеевой. Светлана Михайловна поздравила всех присутствующих с таким важным для факультета событием, дала слова напутствия на будущие творческие и научные свершения. Студенты, отличившиеся в учебной, научной, общественно-культурной, творческой и спортивной сферах жизни факультета были награждены почетными грамотами и памятными призами. Также студентами биологического факультета была подготовлена насыщенная праздничная программа. Викторинами, конкурсами, музыкальными исполнениями и многим другим артисты удивляли зрителей со сцены. Не оказались в стороне и преподаватели. Они, вместе со студентами, стали участниками уже «нашумевших» телевизионных программ «Что? Где? Когда?» и Шоу «Импровизация», в рамках которых выполняли различные задания. Участники и организаторы концерта подарили всем присутствующим замечательное настроение, а самим мероприятием факультет показал себя настоящей сплоченной командой.

**Vivere est  
cogitare.  
Жить значит  
мыслить.**

### В этом выпуске:

Наши новости	1
Скорость чтения-записи ДНК разогнали до 1,9 бит/час. Ген может кодировать более одного белка	2-3
Зарядка для ума	4



## Скорость чтения-записи ДНК разогнали до 1,9 бит/час

Ученые Вашингтонского университета (США) и корпорации Microsoft смогли записать данные на ДНК, как на какой-нибудь цифровой носитель. Они автоматизировали процедуру кодирования цифровых данных в «генетический алфавит» и потратили на запись в ДНК слова hello и его чтение 21 час.

ДНК — очень компактное и долговечное хранилище информации. Один миллилитр ДНК может уместить до миллиарда гигабайтов информации, которая может храниться тысячи лет, — сегодня ученые расшифровывают геномы палеонтологических находок, которым десятки тысяч лет. Другие же ученые занимаются не чтением, а записью информации в ДНК. Пока что рекорд объема данных, которые удалось втиснуть в ДНК той же самой исследовательской группе, — 200 мегабайт. Процесс записи до недавнего времени выглядел так: сначала информацию в виде двоичного кода из единиц и нулей переводили на «азбуку жизни» азотистых оснований (А, Т, Г, Ц), затем синтезировали ДНК с такой последовательностью. А чтобы считать информацию с ДНК, последовательность секвенировали, а затем снова переводили в двоичный код. При этом каждый шаг производился отдельно, что занимало массу времени и вообще не было похоже на использование обычного хранилища файлов.

Как сказал один из авторов статьи, «вокруг дата-центра не должны бегать люди с пипетками». Поэтому уче-

ные автоматизировали систему и создали комплекс, внутри которого происходят все стадии процесса.

Чтобы апробировать свою установку, ученые перевели слово Hello в двоичный код, получив последовательность размером 5 байтов (01101000 01100101 01101100 01101100 01101111), а затем перевели его в четверичный код, в котором А был нулем, Ц единицей, Г = 2, а Т = 3. После этого установка синтезировала ДНК в соответствующей последовательности. Всего насинтезировали 1 миллиграмм ДНК, из которого в секвенатор по специальному насосу отправилось 4 микрограмма.

Система расшифровывает ДНК нанопоровым секвенированием. В этом методе используется тонкая мембрана всего в полтора нанометра толщиной, в которую встроены белки-поры. Мембрана делит пополам камеру с раствором электролита, в котором плавает ДНК. Когда через систему подается ток, ДНК, которая заряжена отрицательно, ползет к «плюсу», по ту сторону мембраны. По дороге она протискивается через поры, и азотистые основания, из которых она состоит, затыкают дырку. Ручеек ионов электролита, который тоже течет через пору,

становится уже, и сила тока, текущего через мембрану, падает. Разные нуклеотиды имеют разную форму и в разной степени затыкают проход, поэтому по снижению тока можно определить, какой именно нуклеотид сейчас лезет через пору.

Секвенаторы такого типа позволяют расшифровывать очень длинные куски ДНК, до 100 000 пар оснований. Правда, точность у них ниже, чем у лучших секвенаторов других типов, — количество ошибок может достигать до 10%. Зато стоят они от 1000 долларов, размером меньше смартфона и работают быстро — у авторов статьи процесс расшифровки занял шесть минут. Весь остальной процесс не был таким же быстрым. На всё про всё ушел 21 час, причем львиную долю времени занял синтез ДНК.

Как пишут ученые, 5 байтов за 21 час пока нельзя назвать коммерчески жизнеспособными показателями. Тем не менее прежние технологии хранения данных тоже начинали с не очень впечатляющих результатов. Сейчас ученые собираются уменьшить время синтеза ДНК, а также сделать многократными запись и считывание информации.

## Ген может кодировать более одного белка

Ученые из Университета Иллинойса в Чикаго выяснили, что отдельный ген способен кодировать более одного белка.

Ранее общепризнанным научным мнением было то, что каждый ген имеет одну уникальную стартовую позицию и отвечает за создание только одного белка.

Однако новое исследование показывает, что некоторые гены имеют более одного стартового сайта и могут продуцировать более одного функционального белка.

Новый метод идентификации стартовых сайтов генов основан на общем рецептурном препарате под названием ретапамулин — местный антибиотик. Ретапамулин, как ученые впервые показали, работает, заставляя рибосому, которая читает генетический код, застопориться на этих стартовых сайтах, подавляя трансляцию — ключевую часть процесса, с помощью которого генетический код в ДНК используется для создания белков.

Александр Мэнкин из Университета Иллинойса и Нора Васкес-Ласлоп (профессор исследований в области химической химии и фармакогнозии в Фармацевтическом колледже и Центре биомолекулярных наук) провели исследова-

ние, в котором рассматривались клетки *E. coli* в ответ на ретапамулин в экспериментах *in vitro* и *in vivo*.

«Сначала мы поняли механизм действия антибиотика, а затем применили эти знания для определения специальных «стартовых» сигналов гена, которые клетка использует для регуляции синтеза белка, — сказал Манкин. —

В прошлом эти старт-кодоны идентифицировались довольно сложным способом — белки часто нужно было выделять и изучать, чтобы обнаружить, где стартовые сайты их генов расположены в бактериальном геноме. Теперь, в одном эксперименте, мы можем профилировать начало всех тысяч бактериальных генов более прогрессивным образом».

Манкин и Васкес-Ласлоп говорят, что использование ретапамулина для помощи в профилировании трансляции бактериальных генов открывает много новых возможностей для исследований.

Используя антибиотик, исследователи смогли определить «загадочные» или альтернативные стартовые сайты некоторых бактериальных генов.

«Мы увидели, что многие ранее скрытые белки были иницированы в сайтах в середине гена, и что эти белки

были функциональными, а инициация в альтернативных стартовых сайтах широко распространена в бактериях», — сказал Васкес-Ласлоп.

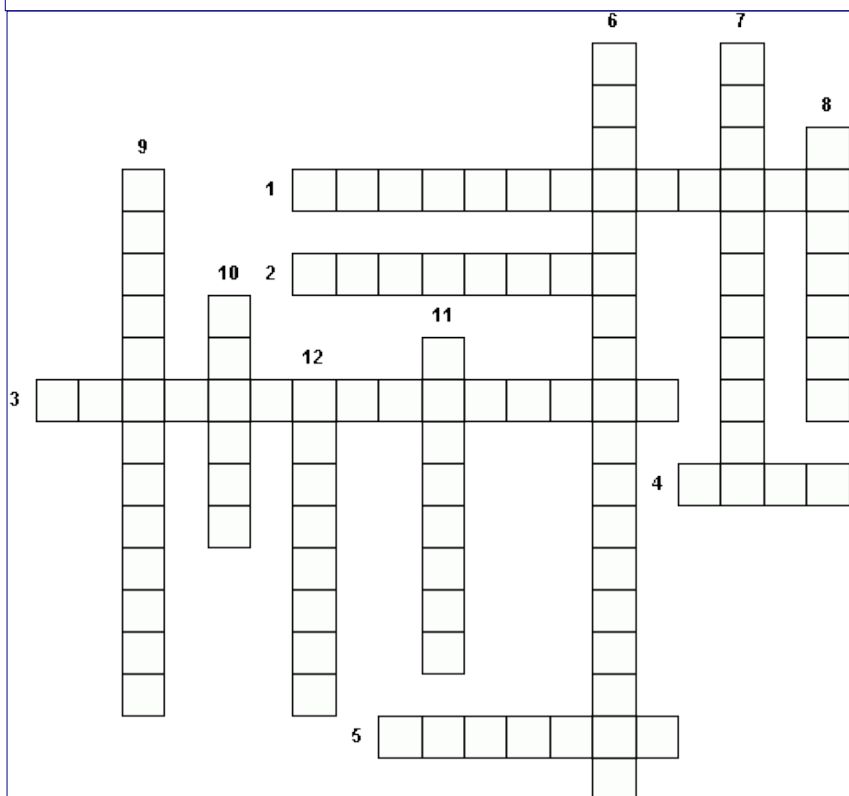
Исследователи обнаружили более 100 генов кишечной палочки из примерно 4000, которые могут иницировать синтез белка в нескольких местах.

«Белки, иницированные в этих неизвестных сайтах, могут составлять ранее скрытую часть протеома — весь набор белков, которые могут быть экспрессированы — в бактериях, и их инициация в этих сайтах может играть роль в жизни клетки, — сказал он.

Мэнкин, который также является директором Центра биомолекулярных наук. — Лучше понимая клетки и механизмы действия антибиотиков, мы можем применить эти знания, чтобы узнать больше о том, что делает бактерии патогенными».

«Мы также можем применить эти знания, чтобы лучше понять, как предотвратить вред, наносимый бактериями», — сказал Васкес-Ласлоп.

# Зарядка для ума



1. Скрещивание, при котором устанавливают генотип особей.

2. Совокупность всех вариантов всех генов, входящих в состав генотипов особей какого-либо вида.

3. Вид взаимодействия аллельных генов, когда они вместе определяют какой-либо признак.

4. «Зародышевые единицы».

5. Совокупность всех внешних и внутренних признаков и свойств организма.

6. Явление, когда доминантный признак сильнее проявляется у гетерозигот, чем у доминантных гомозигот.

7. Явление, при котором скрещивание приводит к образованию части потомства с доминантным, а части — с рецессивным признаком.

8. Совокупность всех генов организма.

9. Наследование укорочения фалангов пальцев.

10. Половые клетки.

11. Датский учёный, предложивший термин «ген».

12. Доминирование, когда один ген не до конца подавляет действие второго.

## Учредитель:

студенческий актив кафедры зоологии, физиологии и генетики

Авторы напечатанных материалов несут полную ответственность за подбор и точность приведенных фактов.

Email:

Сайт газеты:

<http://vk.com/gensplanet>

## ПЛАНЕТА ГЕНОВ

Студенческая газета кафедры зоологии, физиологии и генетики биологического факультета ГГУ им. Ф. Скорины

Наш адрес:  
246019, г. Гомель,  
ул. Советская, 108, к. 3-9

Главные редактора: Павлюк М., Щербакова А.

Редколлегия: Дудина В., Румянцева В.

Редактора-оформители:  
Зяцьков С.А., Лысенко А.Н.