



Планета генов



Студенческая газета кафедры зоологии, физиологии и генетики
биологического факультета ГГУ им. Ф. Скорины
Выпуск 55 июль 2020

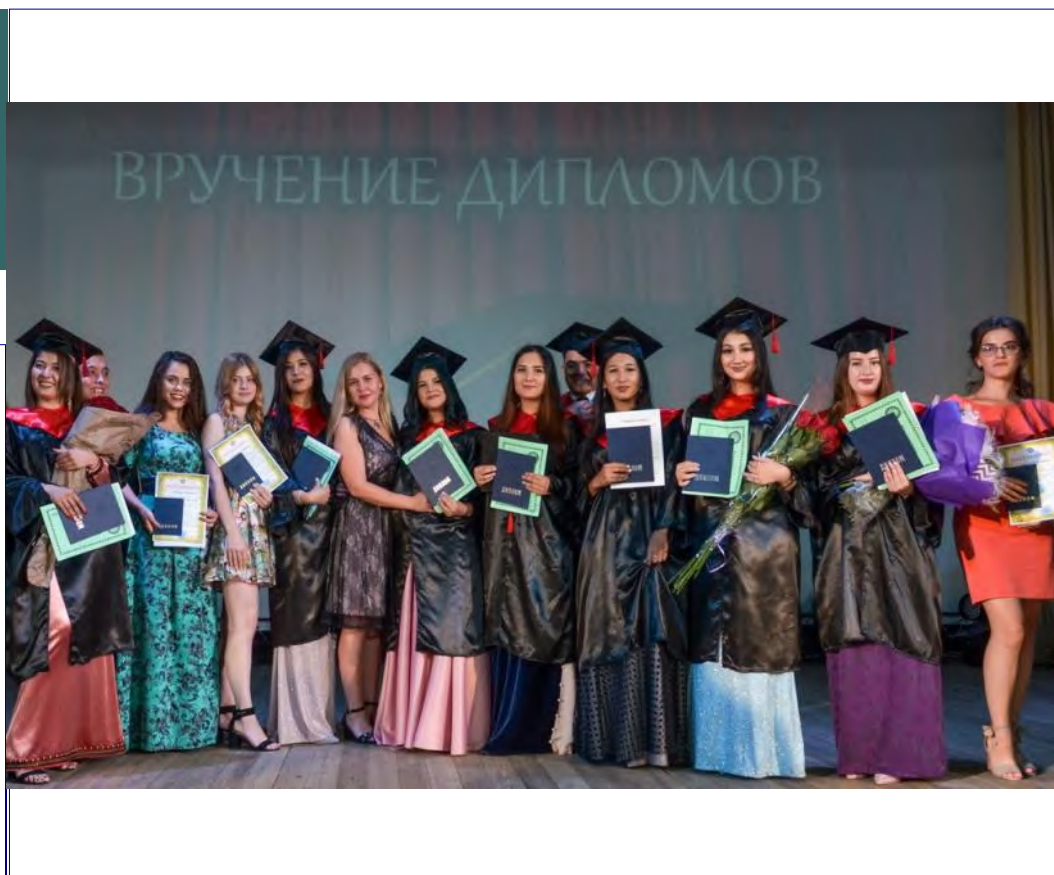
Наши новости

Гомельский государственный университет имени Франциска Скорины отмечен в номинации «образование» по итогам республиканского конкурса «Лучший экспортер 2019 года». Конкурс традиционно проводился Белорусской торгово-промышленной палатой совместно с министерствами архитектуры и строительства, здравоохранения, иностранных дел, лесного хозяйства, промышленности, сельского хозяйства и продовольствия, транспорта и коммуникаций, экономики и рядом других государственных органов, организаций и бизнес-союзов по 22 номинациям.

«Если человек не понимает проблемы, он пишет много формул, а когда поймет, в чем дело, их остается в лучшем случае две» - Нильс Бор

В этом выпуске:

Наши новости	1
Впервые полностью секвенирована X-хромосома человека.	2-3
Новая мутация фермента CRISPR оказалась в 100 раз более точной.	
Зарядка для ума	4



Впервые полностью секвенирована X-хромосома человека

Исследователям впервые удалось секвенировать всю X-хромосому от теломеры до теломеры.

Команда не секвенировала X-хромосому из обычной человеческой клетки. Вместо этого они изучили особый тип клетки, которая содержит две идентичные хромосомы, часть модельного генома, получившего название CHM13.

Одна из проблем секвенирования геномов заключается в том, что технология традиционно может считывать только короткие сегменты ДНК за один раз, заставляя ученых собирать все это вместе. К сожалению, это может быть особенно трудно, когда эти сегменты повторяются снова и снова, что уподобляется сборке головоломки, которая вся состоит из одного цвета.

Чтобы решить головоломку, ученые ис-

пользовали новые методы, которые читали гораздо более длинные последовательности за один раз. Один из них – так называемая “технология нано-пор”, которая пропускает отдельные молекулы ДНК через крошечное отверстие и связывает их, обнаруживая изменения.

“С помощью секвенирования нанопор мы получаем сверхдлинные считывания сотен тысяч пар оснований, которые могут охватывать всю область повтора, так что это позволяет обойти некоторые проблемы.” Используя этот метод, ученые смогли заполнить огромный пробел в центромере, содержащий около 3,1 миллиона пар оснований повторяющейся ДНК. И эти ранее неисследованные области могут оказаться особенно

ценными для науки. “Мы начинаем обнаруживать, что некоторые из этих регионов, где были пробелы в референтной последовательности, на самом деле являются одними из самых богатых для вариаций в человеческих популяциях, поэтому мы упускаем много информации, которая может быть важна для понимания человеческой биологии и болезней”, – говорят исследователи.

Но X-хромосома – это только начало. Осталось еще 23 хромосомы, и проект планирует нанести их все на карту к концу 2020 года. Таким образом, мы можем вскоре получить абсолютно полную последовательность генома человека.



Новая мутация фермента CRISPR оказалась в 100 раз более точной

Система редактирования генов CRISPR-Cas9 является чрезвычайно мощным инструментом, но у нее есть еще несколько перегибов, которые нужно сгладить. Одна из главных проблем — это нецелевые правки, которые могут иметь серьезные последствия. Теперь исследователи обнаружили конкретную мутацию фермента CRISPR, которая почти в 100 раз точнее, чем наиболее часто используемая.

Система CRISPR-Cas9 использует направляющую РНК, которая связывается с целевой последовательностью, вызывая фермент Cas9, чтобы сделать разрез там.

Но это не всегда происходит так точно, как должно

быть. Исследования показали, что направляющая РНК может иногда связываться с неправильным участком, если последовательность достаточно схожа. И редактирование неправильной ДНК потенциально может вызвать всевозможные проблемы.

Поэтому новое исследование, проведенное учеными из Медицинского университета Вэньжоу в Китае, было направлено на изучение того, существуют ли более точные версии этого фермента.

Чтобы выяснить это, они сгенерировали множество различных мутаций Cas9, а затем проверили, насколько хорошо они смогли выделить целевую последовательность среди очень похожих — но неправильных последовательностей.

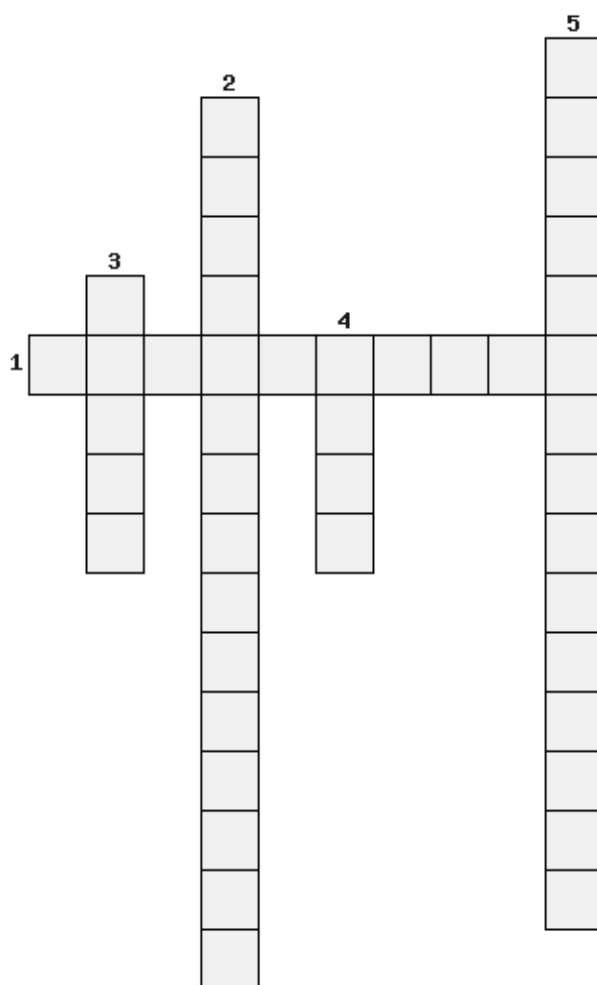
И действительно,

они нашли то, что искали. Одна мутация особенно выделялась тем, что была способна отфильтровывать несоответствия, которые отличались от желаемой цели всего лишь на одну базовую пару. Ученые говорят, что это делает его в 93 раза более точным, чем исходный фермент.

При ближайшем рассмотрении также удалось выяснить, почему так происходило. В основном мутация влияет на домен распознавания фермента, который работал, чтобы ослабить контакт между направляющей РНК и Cas9. Это означает, что требуется гораздо более сильное сопряжение, чтобы вызвать сокращение — эффективно гарантируя, что только правильная последовательность выполнит эту работу.

Зарядка для ума

1. Процесс создания двух дочерних молекул ДНК на основе родительской молекулы ДНК.
2. Недифференцированные (незрелые) клетки, способны самообновляться, делиться посредством митоза и дифференцироваться в специализированные клетки, то есть превращаться в клетки различных органов и тканей.
3. Совокупность наследственного материала, заключённого в клетке организма.
4. Совокупность клеток или особей, произошедших от общего предка путем бесполого размножения.
5. Совокупность приёмов, методов и технологий получения рекомбинантных РНК и ДНК, выделения генов из организма (клеток), осуществления манипуляций с генами, введения их в другие организмы и выращивания искусственных организмов после удаления выбранных генов из ДНК.



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

Главный редактор:
Щербакова А. Л.

Редколлегия: Павлюк М.,
Дудина В., Румянцева В.

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