Вступ

Предмет генетики

Пов'язаність генетики з іншими науками та підрозділи генетики

Методи генетики

Історія генетики

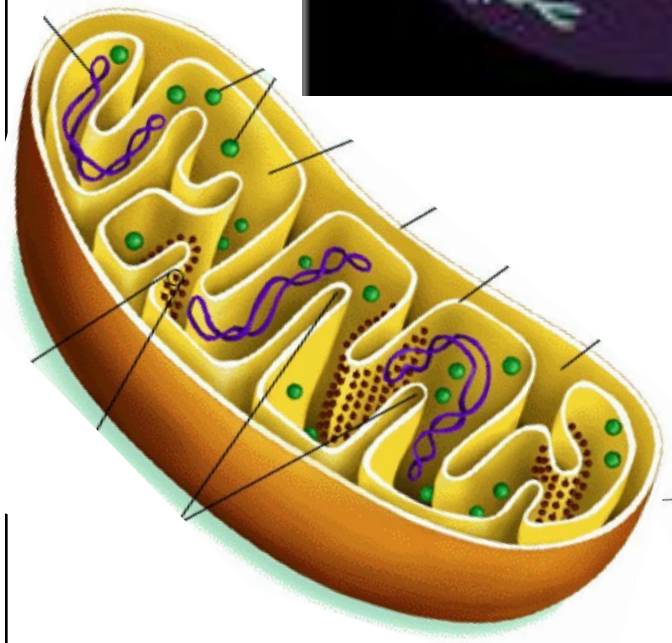
Предмет генетики.
Генетика вивчає дві взаємопов’язані властивості живих організмів – **спадковість** і

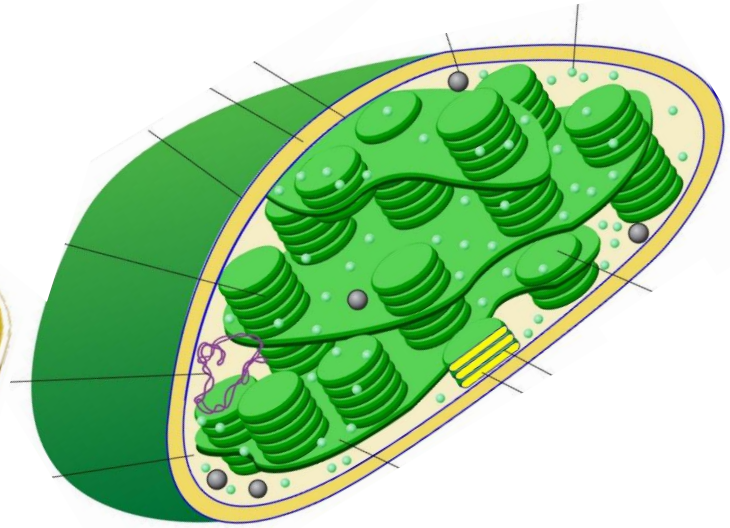
Спадковість – це властивість організмів у процесі розмноження передавати потомству свої ознаки.
Спадковість забезпечує наступність поколінь, створює безперервність органічного світу й самовідтворення у процесі зміни поколінь. Подібність предків і потомків може зберігатися мільйони років.

Розрізняють спадковість

- **хромосомну (ядерну)**, пов’язану з генами, що розташовані в хромосомах ядра

- **нехромосомну (позаядерну), або цитоплазматичну**, зумовлену позаядерними генам локалізованими в цитоплазмі.





Мінливість – це здатність живих організмів набувати певних змін.

Життя на Землі виявляється в безмірній різноманітності форм та видів рослин і тварин, а в межах кожного виду існує значна мінливість.

Сучасна генетика тісно пов’язана із **математикою, інформатикою, фізикою, хімією, іншими біологічними науками**.

Генетика надзвичайно швидко **диференціюється** на окремі підрозділи

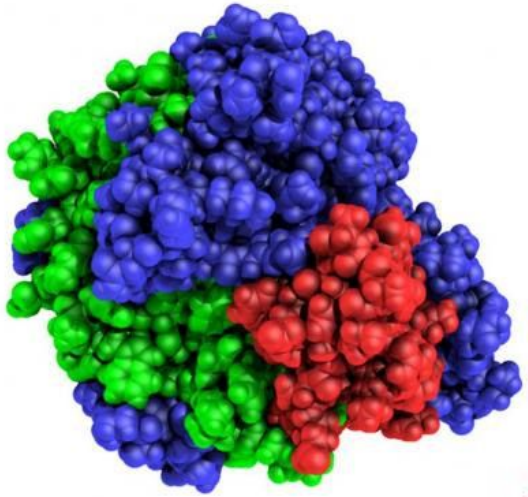
Поряд із загальною генетикою, **генетикою рослин і тварин** виникли: **цитогенетика, генетика мікроорганізмів, генетика вірусів, генетика хлоропластів, генетика мітохондрій, генетика кількісних ознак, популяційна генетика, генетична інженерія, геноміка, протеоміка, біонформатика**. Наука **молекулярна біологія** тісно пов’язана з генетикою

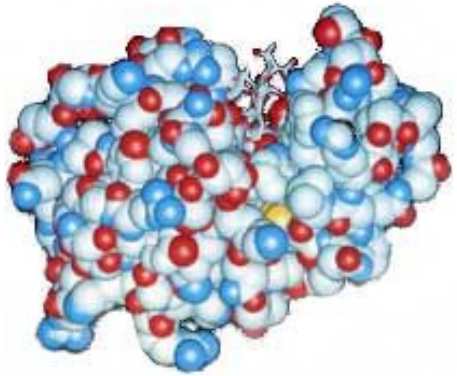
Геноміка досліджує структури і функції геному, характеризує структуру окремих генів, способів їх регуляції та взаємодії між генами у межах геному.

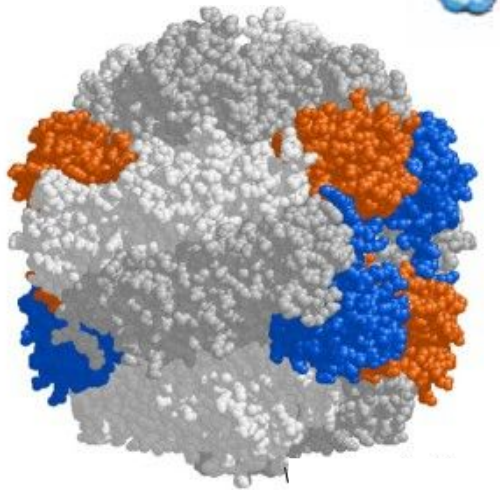
Аналіз будь-якого генома включає **визначення нуклеотидної послідовності (сиквенс)**, зокрема нуклеотидної послідовності білкових продуктів генів, вивчення взаємодії різних генів і білків і механізму регуляції всієї системи

Завдання ***протеоміки*** - визначити всі білки, синтезовані в клітині, з'ясувати їх будову, кількість, локалізацію, модифікацію і механізми взаємодії.

Транскриптоміка - вивчає координовану роботу генів, утворення первинних транскриптів, процеси сплайсингу і формування зрілих мРНК.







Біоінформатика - сукупність методів і підходів, що включають в себе:

- математичні методи комп'ютерного аналізу в **порівняльній геноміці** (геномна біоінформатика)
- розробку алгоритмів і програм для **передбачення просторової структури біополімерів** (структурна біоінформатика)
- дослідження стратегій, відповідних обчислювальних методологій, а також загальне **управління інформаційною складністю** біологічних систем.

Генетична інженерія розробляє прийоми, методи і технології одержання рекомбінантних РНК і ДНК, виділення генів з організму (клітин), здійснення маніпуляцій з генами і введення їх в інші організми

Методи генетики

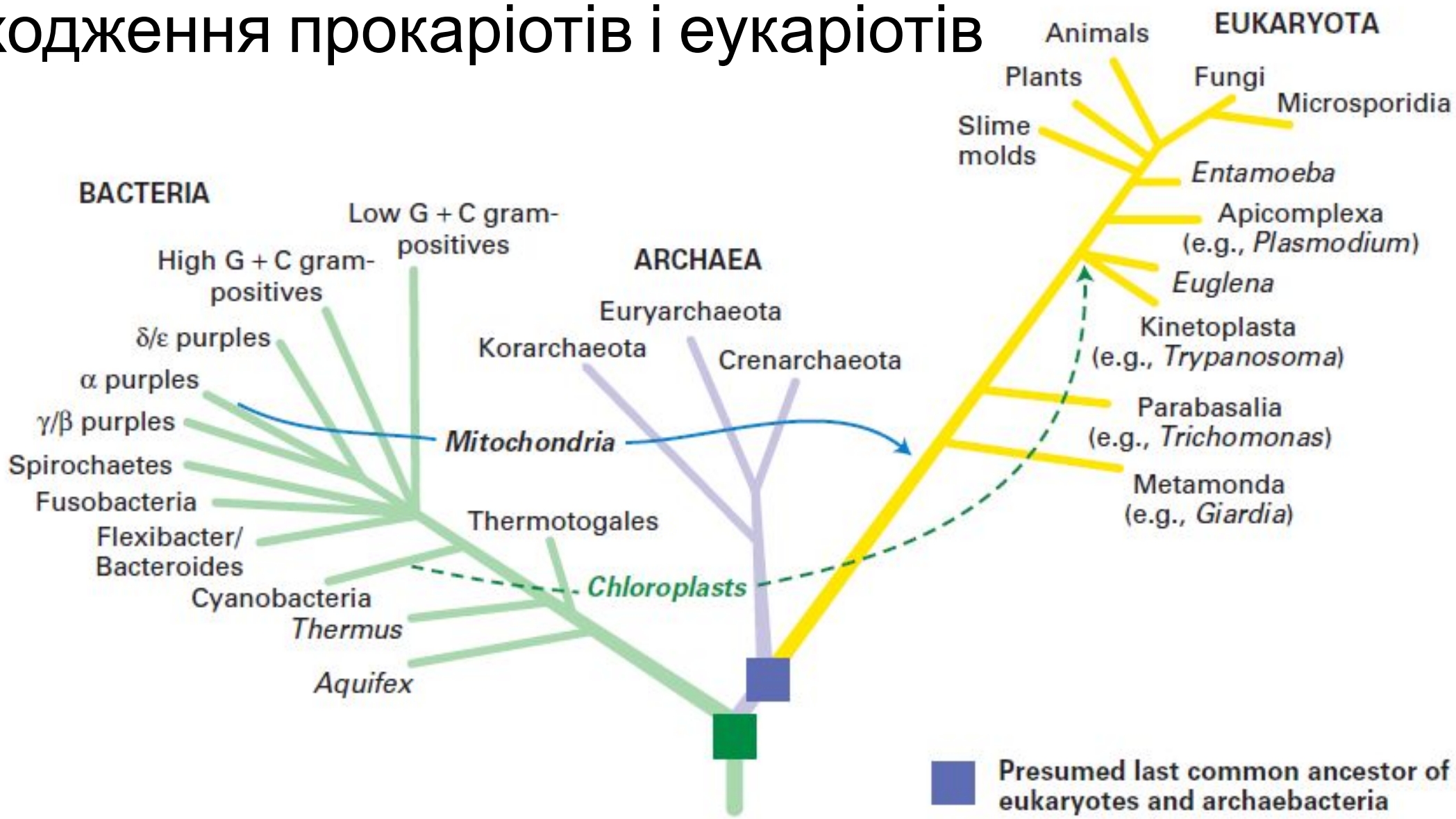
Спадковість і мінливість в сучасній генетиці досліджують на різних рівнях – молекулярному, хромосомному, клітинному, організменному, популяційному багатьма методами.

Гібридологічний аналіз - полягає в схрещуванні й аналізі потомства за окремими ознаками. Запропонований Г. Менделем в 1865 р. За допомогою цього методу будуються **генетичні карти**.

Популяційний метод - досліджують частоту різних генів, ступінь гетерозиготності, встановлює, які процеси відбувалися у популяції, які гени зазнавали елімінації, а

Цитогенетичний метод вивчає участь органоїдів клітини в передаванні та збереженні спадкової інформації на мікроскопічному і клітинному рівнях. ***Онтогенетичний метод*** - вивчає дію гена під час індивідуального розвитку організму. **Онтогенез** – це індивідуальний розвиток організму на протязі його життя від моменту запліднення яйцеклітини до смерті. ***Філогенетичний метод*** – досліджує еволюційний розвиток організмів, як сучасних, так і вимерлих. **Філогенез** — процес еволюційного розвитку живої природи і окремих груп організмів. Широко застосовує побудову **дендрограм**

Дендрограма, що описує походження прокаріотів і еукаріотів



Молекулярні методи в генетиці

- Молекулярні маркери (полімеразна ланцюгова реакція (ПЛР)
- Розділення молекул ДНК (електрофорез в гелі)
- Секвенування генів
- Метод гібридизації нуклеїнових кислот (Саузерн-блоттінг)
- In vitro-мутагенез (нокаутування генів)
- Клонування генів

Історія генетики

Перший та другий етапи

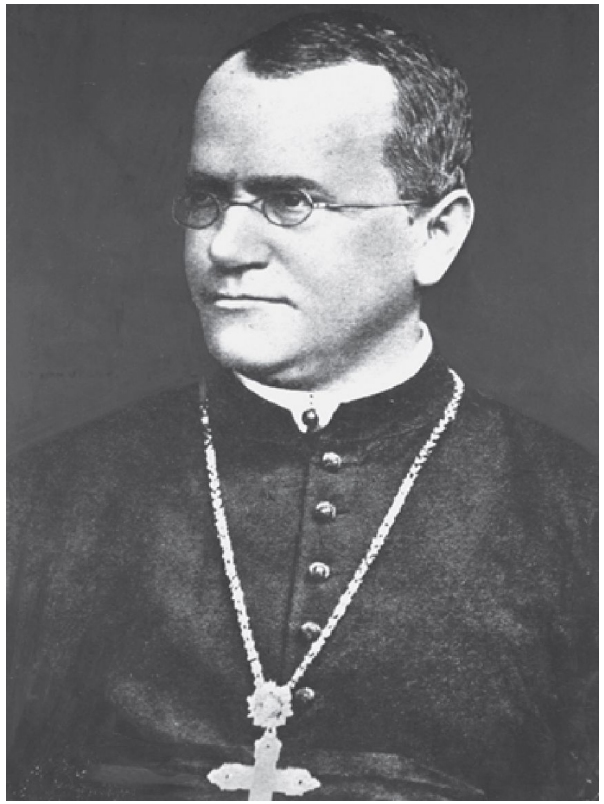
Дата	Вчений	Відкриття
1859	Чарльз Дарвін	Опублікував працю «походження видів»
1865	Грегор Мендель	Обґрунтував закони розщеплення і незалежного успадкування
1869	Фрідріх Мішер	Відкрив ДНК
1900	Карл Коренс, Ерік Чермак	Перевідкрили закони Менделя
1910, 1916	Томас Морган, К.Бріджес	Показали, що гени знаходяться в хромосомах
1913	А. Стертевант	Побудував генетичну карту
1927	Х. Мюллер	Індукував мутації за допомогою опромінення

Історія генетики

Перший етап

- Встановлено **дискретність** (переривчастість) спадкового матеріалу
- Розроблений **метод гібридологічного аналізу**
- Встановлено, що **правила успадкування ознак,** виявлені Г. Менделем у гороху, мають **універ сальний** характер і стосуються всіх організмів, які розмножуються статевим шляхом. Закони спадковості єдині для всіх живих організмів.

На цьому етапі використовували гібридологічний аналіз (схрещування), цитологічний метод (дослідження під мікроскопом) і вивчення мутаційного процесу (спонтанного)



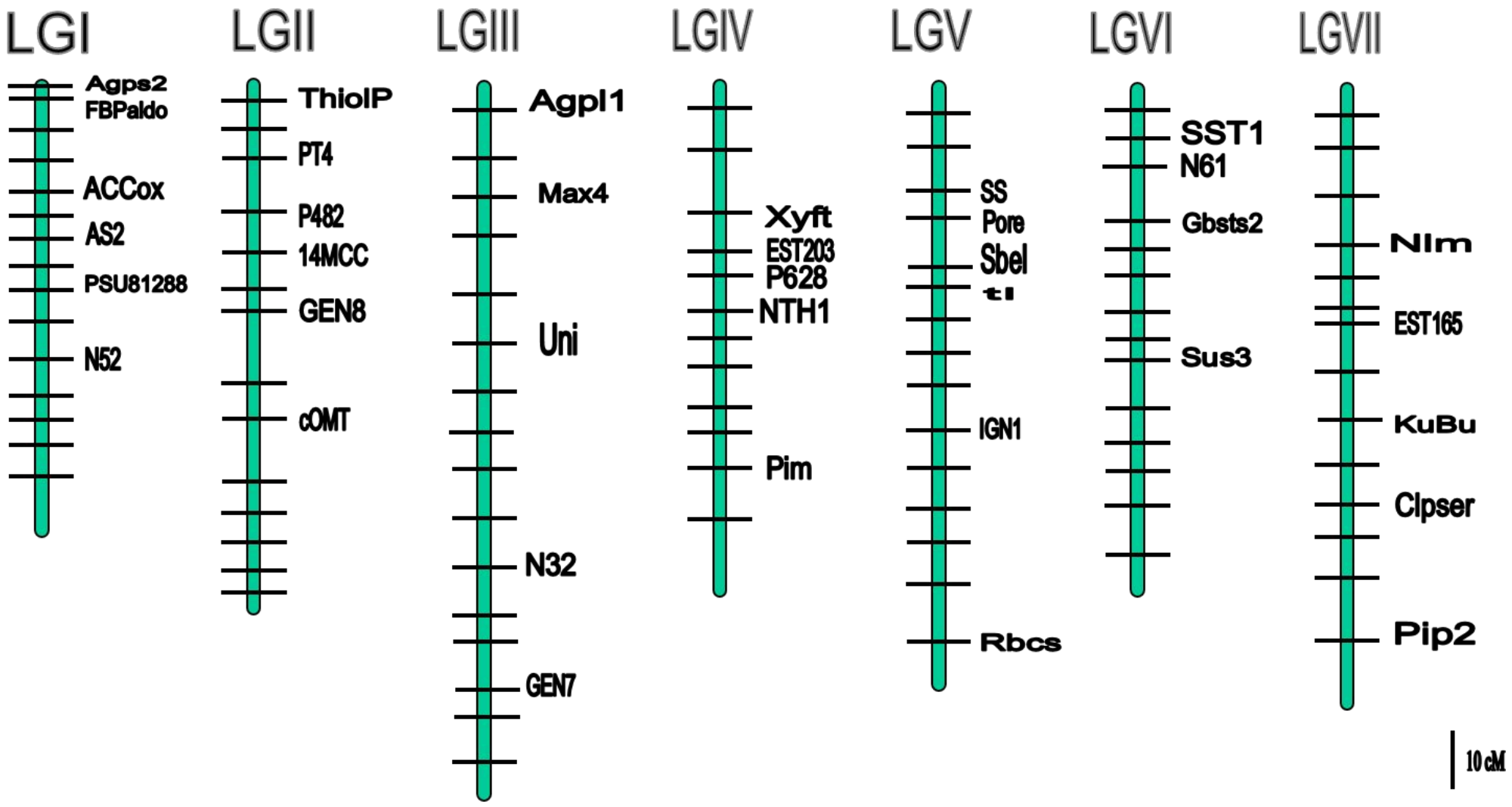
Грегор Мендель

Томас Морган

Другий етап

Встановлено матеріальні основи спадковості.

Створено **хромосомну теорію спадковості** Т.Г. Морганом і його школою. Разом зі своїми учнями А. Стертевантом, К.Бріджесом і Г.Меллером до середини 20-х років XX ст. він сформулював уявлення про **лінійне розташування генів у хромосомах** і перший варіант **теорії гена** - елементарного носія спадкової інформації.

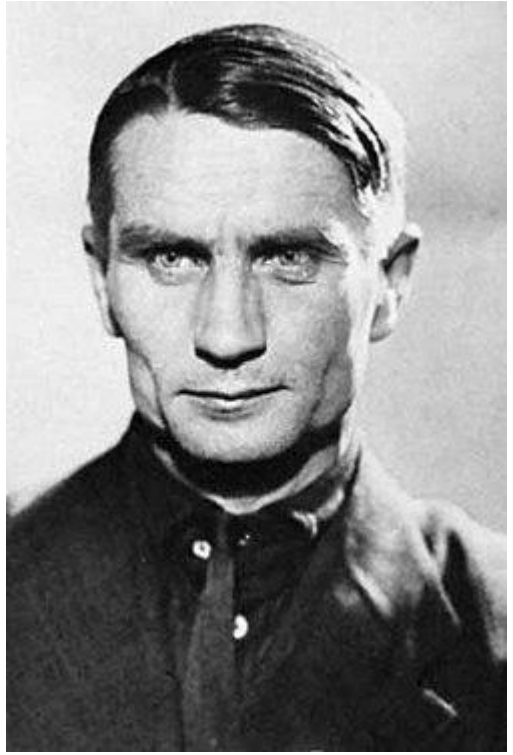

LGI
Agps2
FBPaldo
ACCox
AS2
PSU81288
N52
LGII
ThiolP
PT4
P482
14MCC
GEN8
cOMT
LGIII
Agpl1
Max4
Uni
N32
GEN7
LGIV
Xyft
EST203
P628
NTH1
Pim
LGV
SS
Pore
Sbel
IGN1
Rbcs
LGVI
SST1
N61
Gbsts2
Sus3
LGVII
NIm
EST165
KuBu
Clpser
Pip2
10 cM

Г.А. Надсон

Й.А.

Теорія мутацій збагатилася відкриттям **індукованого мутагенезу** (1925-1930 рр.). Г.А. Надсон і Г.С. Філіппов (1925) виявили вплив радіоактивного **опромінення** на мутаційний процес у нижчих грибів, Г.Меллер (1927) - у дрозофіли, Л.М. Деяоне, А.О. Сапегін (1927-1932 рр.) - у пшениці і ячменю.

Хімічні мутагени виявили на початку 40-х років Ш.Ауербах і Й.А. Рапопорт.



Т.Д. Лисенко

Теперь уже накоплен большой фактический материал, говорящий о том, что рожь может порождаться пшеницей, причем разные виды пшеницы могут порождать рожь. Те же самые виды пшеницы могут порождать ячмень. Рожь также может порождать пшеницу. Овес может порождать овсюг и т. д.

В.І. Вавілов

Створив **вчення про світові центри походження культурних рослин**. Обґрунтував вчення про **імунітет рослин**, відкрив **закон гомологічних рядів** в спадкової мінливості організмів

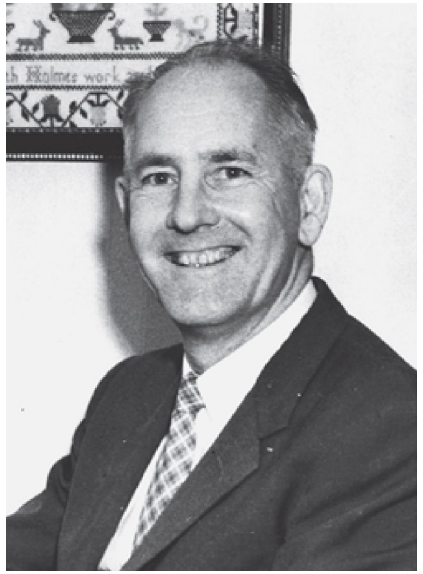
С.С. Четверіков

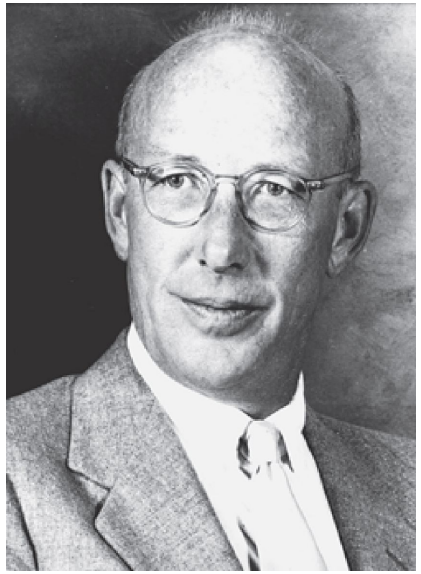
Роботи С.С. Четверікова,
М.П. Дубініна,
Д.Д. Ромашова,
С.М. Гершензона,
Р.Фішера.
С.Райта,
В.Г. Добржанського
започаткували
популяційну генетику.

Третій етап

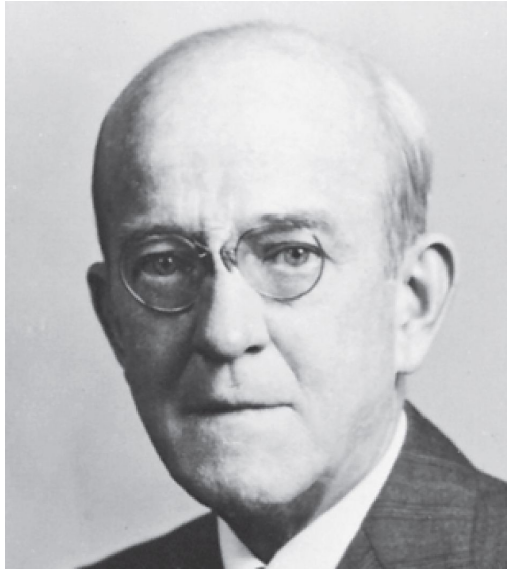
Дата	Вчений	Відкриття
1941	Дж. Бідл, Е. Татум	Запропонували гіпотезу «один ген-один фермент»
1944	О.Евері, К. Мак Леод, М. Мак Карті	Встановили, що ДНК є речовиною спадковості
1953	Дж. Уотсон, Ф. Крік, Р. Франклін	Встановили структуру ДНК
1958	М. Мезельсон, Ф. Сталь	Продемонстрували напівконсервативну реплікацію ДНК

Третій етап (почався у 40-х роках)
Дж. Бідл і Е.Татум вивчаючи мікроорганізми отримали докази того, що гени контролюють біосинтез ферментів.

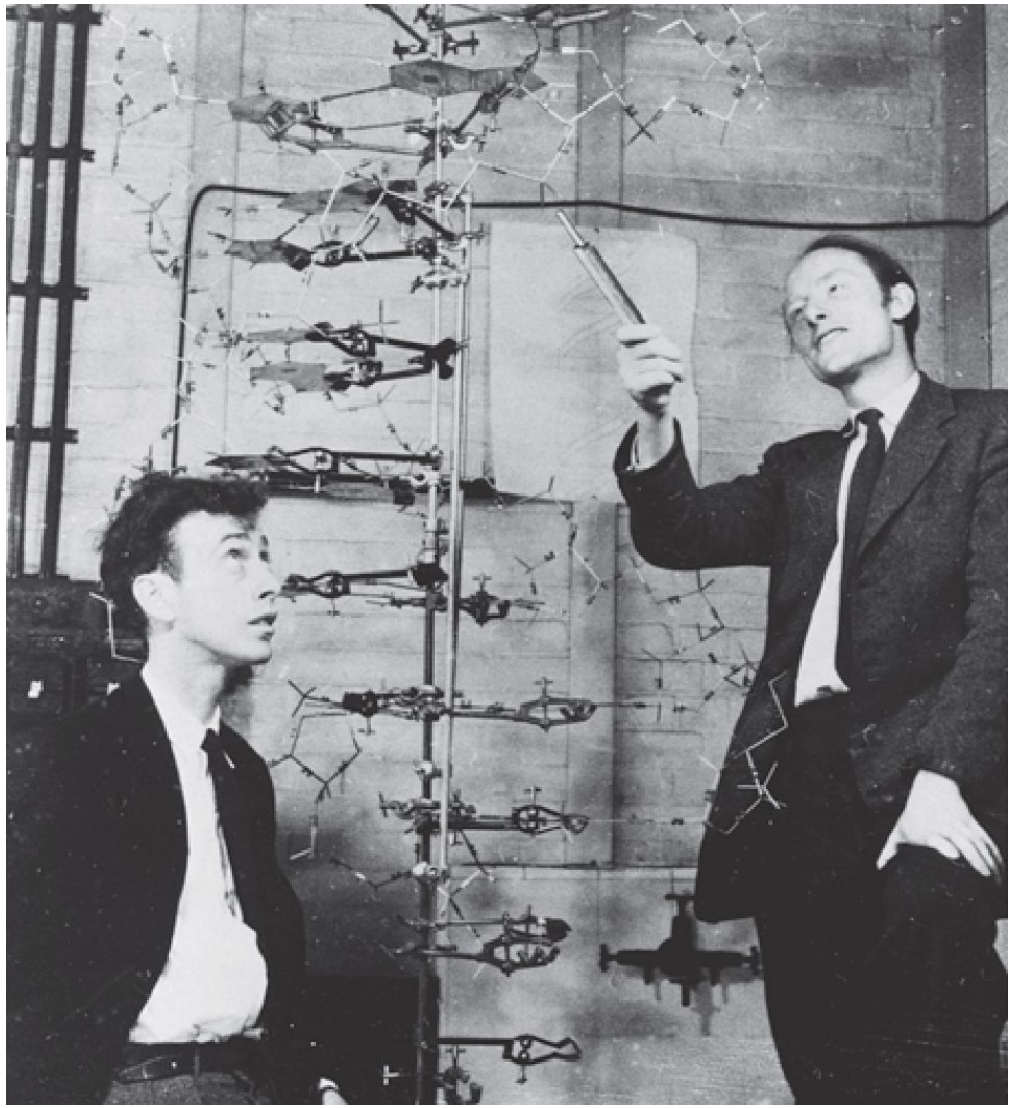




У 1944 р. О.Еверi, К.Мак-Леод і М. Мак-Карті довели генетичну **роль нуклеїнових кислот** в експериментах з трансформації у мікроорганізмів. Вони виявили, що носієм спадкової інформації була **ДНК**.



1953 р. Дж. Уотсоном і Ф.Кріком встановлено двоспіральну будову **молекули ДНК.**



Четвертий етап

Дата	Вчений	Відкриття
1961	С. Бреннер, Ф. Джакоб, М. Мезельсон	Відкрили транспортну РНК
1966	М.Ніренберг, Г.Корана	Завершили розшифровку генетичного коду
1970	Г.Сміт	Відкрив ферменти рестрикції, які розрізають ДНК у специфічних місцях, що використовується при клонуванні ДНК
1972	П.Берг	Зробив першу рекомбінантну ДНК *in vitro*
1977	Ф.Сенджер	Розробив метод визначенн нуклеотидної послідовності, встановив повну нуклеотидну послідовність геному вірусу фХ174
1977	Ф.Шарп, Р.Робертс та інші	Відкрили інтрони в генах

Продовження четвертого

етапу		
1993	В.Амброс та інші	Відкрили що мікроРНК може зменшувати експресію шляхом гібридизації з іРНК
1995	К.Вентер, Г.Сміт	Визначили послідовність геному двох бактерій *Haemophilus influenzae* та *Mycoplasma genitalium*, перших вільноживучих організмів
1996	Багато дослідників	Визначили нуклеотидну послідовність геному пивоварних дріжджів *Saccharomyces cerevisiae*, першого еукаріотичного організму
1997	І.Вільмут та інші	Клонували овечку Доллі з клітини вимені дорослої вівці
		людини
2007	К.Вентер та інші	Секвенували геном окремої людини
2008	Дж.Ванг та інші	Використали технологію NGS (next generation secuencing) для встановлення нуклеотидної послідовності геному людини азіатського походження
2012	Е.Шарпентьє та інші	Розроблено технологію редагування геномів