الفصل الثانى

نشوء وتنظيم الجينوم
Genome organization and evolution

الجينوميك والبروتيوميك Genomics and Proteomics:

الجينوم البكتيرى يتأتى من جزئ دنا منفرد والذى يصل طوله عند فرده الى نحو ٢ ملليمتر (يبلغ قطر الخلية حوالى ٠,٠٠١ ملليمتر). وينظم الدنا فى الكائنات الراقية على كروموسومات حيث تحتوى الخلية العادية فى الانسان على ٢٣ زوجا من الكروسومات. والكمية الكلية للمعلومات الوراثية لكل خلية – تتابع النيكليوتيدات فى الدنا – تكون ثابتة لدرجة كبيرة لكل أفراد النوع الواحد بينما تختلف بصورة واسعة بين الأنواع المختلفة. وبم أن ليس كل الدنا يشفر الى بروتينات فان كم معلومات تتابع البروتين فى الخلية لا يمكن تقديره بسهولة من حجم الجينوم.

البروتيوم Proteomes:

يقدم جينوم الكائن مجموعة كاملة لصفات الفرد. وتعتمد حالة تطور الكائن ونشاطه على المستوى الجزيئى فى أى لحظة على كميات وتوزيع البروتينات. ويعتبر برنامج مشروع البروتيوم من البرامج الضخمة التى تعتنى – باسلوب تكاملى – بطرز تعبير البروتينات فى الأنظمة البيولوجية بشكل يتطابق مع مشروعات الجينوم ويعظمها.

تمييز الجينات فى الجينوم:

تتعرف برامج الكمبيوترلتحليل الجينوم على أطر قراءة مفتوحة open reading frames (ORFs). ويعرف ORF بأنه منطقة من تتابع الدنا تبدأ

obeikandi.com

بكود بادئ (ATG) وينتهى بكود ايقاف. وهى منطقة فاعلة لتشفير البروتين.

وعمليات التعريف على تشفير البروتين تتم بواسطة واحد أو الجمع بين اثنان من التوجهات المحتملة التالية:

١- الكشف عن مناطق مشابهة لمناطق تشفير من كائنات أخرى. وتقوم تلك المناطق بتشفير تتابعات حمض أمينى مماثل لبروتين معروف أو مماثل علامات تتابعات ناتج الجين Expressed Sequence Tags (ESTs) وبم أن ESTs تشتق من الرنا الرسول فانها تناظر جينات معروفة. ومن الضرورى أن يتم تحديد التتابع لعدة مئات فقط من قواعد cDNA لتعطى معلومات كافية للتعرف على الجين. ويشابه تحديد الجينات بواسطة ESTs عملية فهرسة القصائد الشعرية والأغانى بالاستعانة بأول بيت فيها.

٢- طرق *Ab initio* والتى تسعى الى التعرف على الجينات من خلال خصائص تتابعات الدنا.

مصادر على الانترنت Web Resources:

HUMAN GENOME INFORMATION

Interactive access to DNA and protein sequences :
http://www.ensemble.org/

Images of chromosomes, maps, loci :
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide/

Gene map 99 :
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genemap99/

Overview of human genome structure :
http://hgrep.ims.u-tokyo.ac.jp

Single-nucleotide polymorphisms :
http://snp.cshl.org/

obeikandl.com

Human genetic disease :
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Omim/
http://www.geneclinics.org/profiles/all.htlm

Ethical, legal, social issues :
http://www.nhgri.nih.gov/ELSI/

DATABASES OF ALIGNED GENE FAMILIES

Pfam: protein families database :
http://www.sanger.ac.uk/software/pfam/

COG: Clusters of orthologous groups :
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG/

HBAGENE : Homologous Bacterial Genes Database :
http://pbil.univ-lyon1.fr/database/hobacgen.html

HOVERGEN: Homologous Vertebrate Genes Database :
http://pbil.univ-lyon1.fr/databases/hovergen.html

TAED: The Adaptive Evolution Database :
http://www.sbc.su.se/~liberles/TAED.html

GENOME DATABASES

List of completed genomes :
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/PMGifs/Genomes/allorg.html
http://www.ebi.ac.uk/genomes/mot/index.html
http://pir.georgetown.edu/pirwww/search/genome.html

Organism-specific databases :
http://www.unl.edu/ste-95/ResTools/biotools/biotools10.html
http://www.-fp.mcs.anl.gov/~gaasterland/genomes.html
http://www.hgmp.mrc.ac.uk/GenomeWeb/genome-db.html
http://www.bioinformatik.de/cgi-bin/browse/Catalog/Databases/Genome_projects/

obeikandl.com