

Molekulární genetika zvířat

(prof. Ing. Antonín Stratil, DrSc.)

Okruhy:

1. Struktura a vlastnosti nukleových kyselin, replikace, transkripce, posttranskripční úpravy, translace, posttranslační modifikace, cDNA (spíše opakování).
2. Gen, organizace, funkční oblasti, jejich charakteristika a úloha, genetický kód, degenerovaný kód, popis transkripce, sestřih, alternativní sestřih, aj. Pseudogeny.
3. Geny pro rRNA a tRNA. Jejich organizace, post-transkripční modifikace. Funkce.
4. Genomy. Genomy různých organismů, typy genomů, organizace genomu, lokalizace (v organismu, buňce), charakteristiky, rozdíly mezi genomy rostlin a živočichů, typy DNA sekvencí, jejich funkční význam, frekvence výskytu, počet genů, metody studia, využití v molekulárně-genetických studiích a při analýze genomu.
5. Metody studia DNA a RNA. Izolace, zjišťování koncentrace, uchovávání, elektroforézy, vizualizace, Southernův blotting, northern blotting, hybridizace, sondy, značení sond, RFLP, PCR-RFLP, SSCP, DGGE, RAPD, aj. (spíše výčet některých dalších, bez podrobností).
6. Reverzní transkripce a příprava cDNA.
7. Proteiny. Složení, struktura - typy, jejich charakteristika, základní fyzikálně-chemické vlastnosti (obecně), některé metody studia (zejména elektroforetické techniky), izolace, stanovení sekvence, úloha v organismu. Homologní, orthologní, paralogní.
8. PCR. Princip, primery, degenerované primery, složení reakční směsi, denaturace, annealing, elongace, elektroforéza, identifikace PCR fragmentů, problémy, význam, využití, některé modifikace PCR.
9. Sekvenování DNA (enzymová metoda). Princip, metodické přístupy, výběr a příprava vzorků, sekvenování inzertů ve vektorech, sekvenování PCR fragmentů, analýza sekvencí, vytváření kontigů (překrývajících se klonů), sekvenování genomů, identifikace kódujících sekvencí, čtecí rámce, aplikace, význam. Next-generation sequencing.
10. Databáze sekvencí DNA a proteinů (NCBI, GenBank, EMBL, DDBJ, aj.), BLAST (vyhledávání podobných sekvencí v databázích), CLUSTALW (vzájemné porovnávání dvou a více sekvencí), a další. Programy využitelné v molekulární genetice (navrhování primerů, analýza sekvencí aj.).
11. Klonování. Typy klonování, typy vektorů, proč rozdílné typy vektorů, velikosti inzertů, subklonování, význam klonování, použití, příprava genomických knihoven a účel, jejich využití, příprava cDNA knihoven, účel a jejich využití.
12. Genetický polymorfismus DNA. Charakteristika, typy, molekulární podstata, mutace a jejich charakteristika, metody studia, funkční dopady, využití studia polymorfismu.
13. Genetický polymorfismus proteinů. Molekulární podstata, molekulární důsledky mutací – dopad na strukturu a funkci proteinu, typy polymorfismů, vybrané metody studia, význam a využití polymorfismu proteinů. Vztah mezi polymorfismem DNA a proteinů.

14. Ověřování původů u hospodářských zvířat. Důvody, požadavky na používané markery, metodologie, výsledky. Výpočet frekvencí alel, výpočet zastoupení genotypů podle Hardy-Weinbergova zákona.
15. Mapování genomů hospodářských zvířat. Cíle, východiska, přístupy, mapování vazbové, genetické markery, metodologie, charakteristika metody lod skóre, negativní genetická interference, Kosambiho centimorgany, mapování cytogenetické, metody (FISH), mapování pomocí somatického hybridního panelu, pomocí radiačního hybridního panelu, provedení, komparativní mapování, určení úplné sekvence genomu, integrované genové mapy, využití genových map. Současný stav genových map u hospodářských zvířat.
16. Mapování QTL. Strategie detekce lokusů pro užitkové znaky, předpoklady pro mapování QTL, požadavky na genetické markery, metodologie, statistické přístupy, detailní mapování QTL, výsledky a problémy, současný stav mapování QTL u skotu, prasat a dalších druhů hosp. zvířat, využití QTL map, studium exprese genů podmiňujících QTL, identifikace kandidátních a příčinných genů z QTL intervalů.
17. Kandidátní geny, obecná charakteristika, výběr, význam, příklady významných kandidátních genů, využití, problémy.
18. Příčinné geny, charakteristika, identifikace a metody studia, geny pro mléčnou užitkovost (mléčné proteiny, DGAT1), geny ovlivňující tvorbu svaloviny (MSTN u skotu, IGF2 u prasat, CLPG u ovcí), geny pro kvalitu masa u prasat (PRKAG3), náchylnost ke stresu a podíl libového masa u prasat (RYR1-HAL)(pleiotropie), geny pro náchylnost k onemocnění (BLAD, CVM, aj.), geny pro plodnost u ovcí (BMPR1B, BMP15). Priony (BSE).
19. Čipy. SNP čipy, expresní čipy. Celogenomová selekce.
20. Epigenetické modifikace. Genomický imprinting, inaktivace X chromozómu.
21. Zjišťování pohlaví (preselekce pohlaví) u hospodářských zvířat.
22. Imunogenetika. Imunita, antigen, protilátka, epitop, imunoglobuliny, struktura, domény imunoglobulinových řetězců, komplexní geny, somatické rekombinace neboli přeskupování subgenů, somatické hypermutace. Hlavní histokompatibilní komplex, význam, struktura, genetická kontrola, funkce. Krevní skupiny hospodářských zvířat.
23. Proteomika (stručná charakteristika).

Literatura:

Alberts B. a kolektiv. Základy buněčné biologie. Úvod do molekulární biologie buňky. Espero Publishing, Ústí n. Labem, 1998.

Hruban V. a kolektiv. Principy a aplikace molekulární genetiky ve šlechtění. Praha 1999.

Hruban V., Majzlík I. Obecná genetiky. Praha 2000.

Rosypal S. Úvod do molekulární biologie, díl první. Brno, 1996 (nebo pozdější vydání).

Stratil A. Přednášky a materiály k přednáškám.

Doporučená literatura:

Primrose S.B. and Twyman R.M. Principles of Gene Manipulation and Genomics, Seventh Edition. Blackwell, 2007.

Ruvinski A. and Graves M. (editors). Mammalian Genomics. CABI Publishing, Oxfordshire, UK, 2005.

Říjen 2018

prof. Ing. Antonín Stratil, DrSc.