

Митотические (метафазные) хромосомы эукариот

Число хромосом



Haplopappus
gracilis
4



Lemna
gibba
52



Huperzia
selago
104



Ophioglossum
vulgatum
110



Ophioglossum
reticulatum
1260



Muntiacus muntjak
6



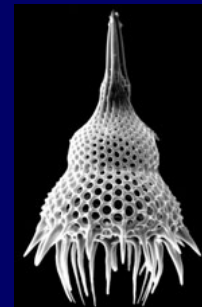
Muntiacus reevesi
46



Pl. malariae
2



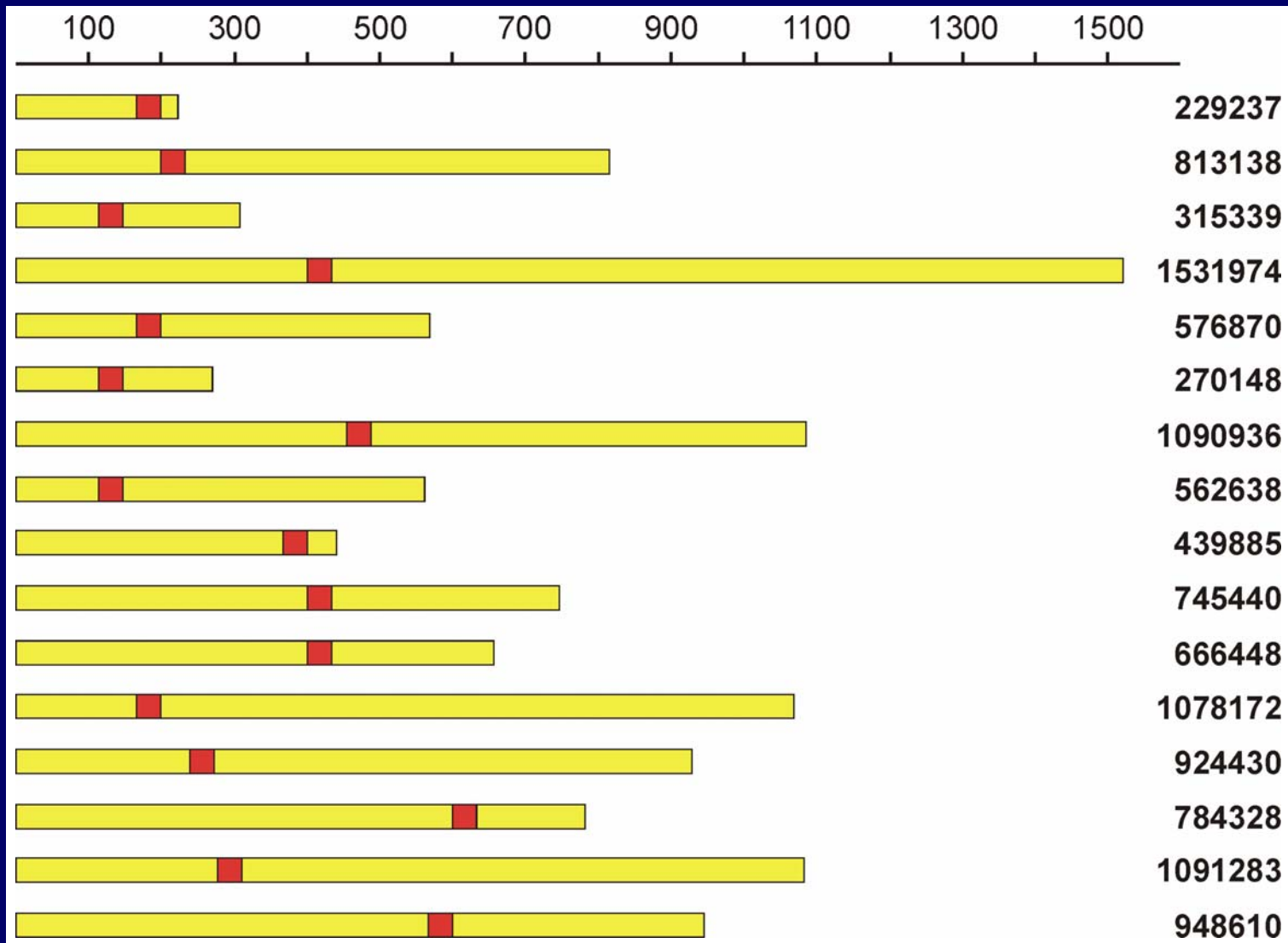
Paralithoides camtschatica
208

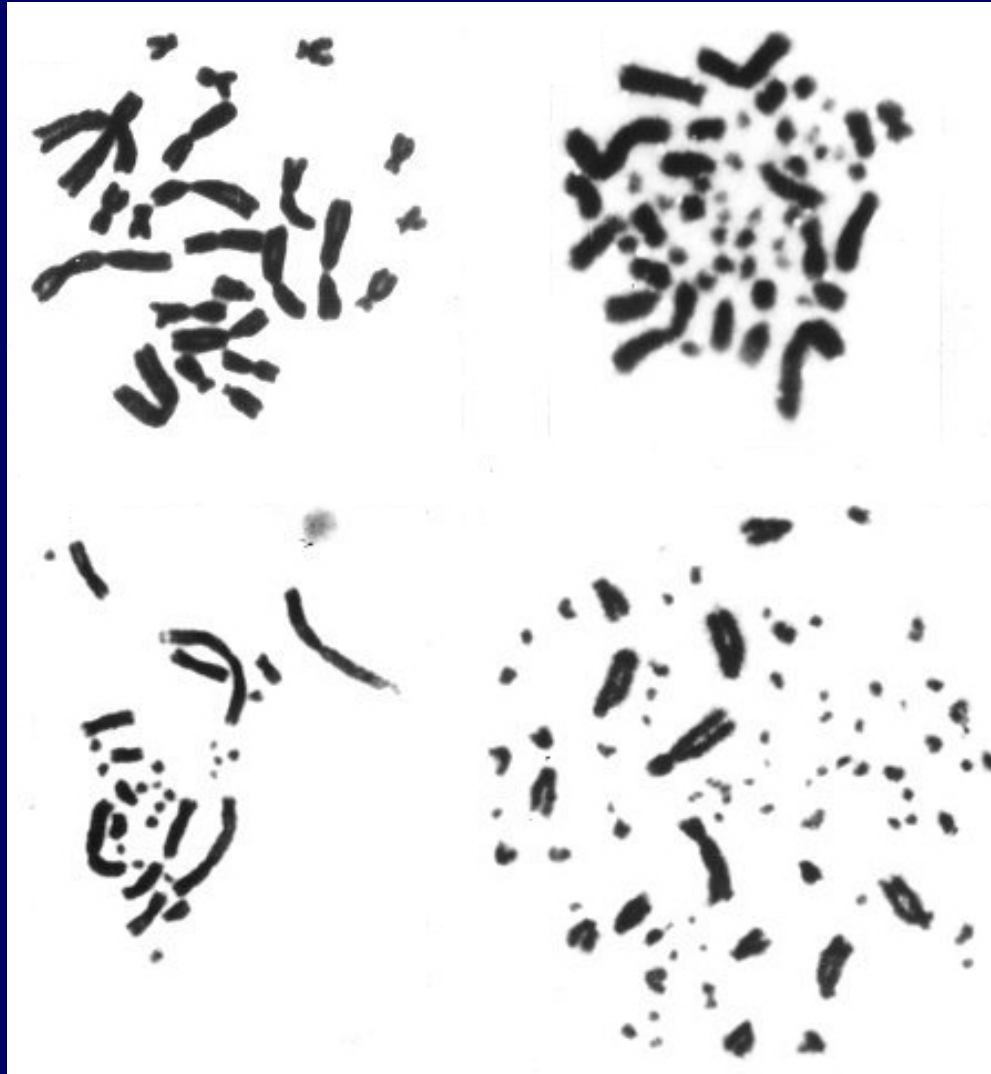


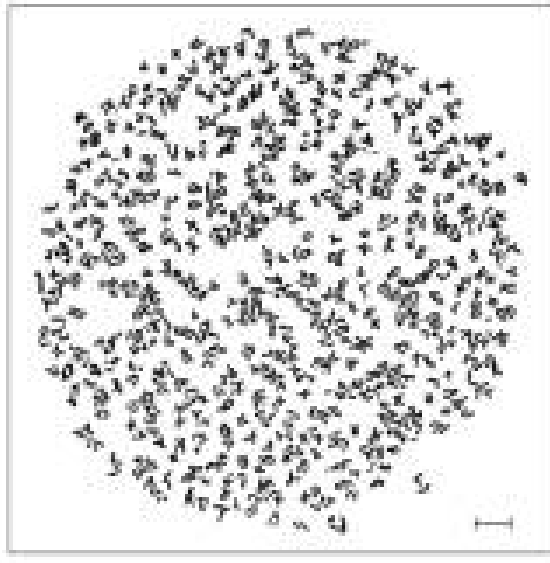
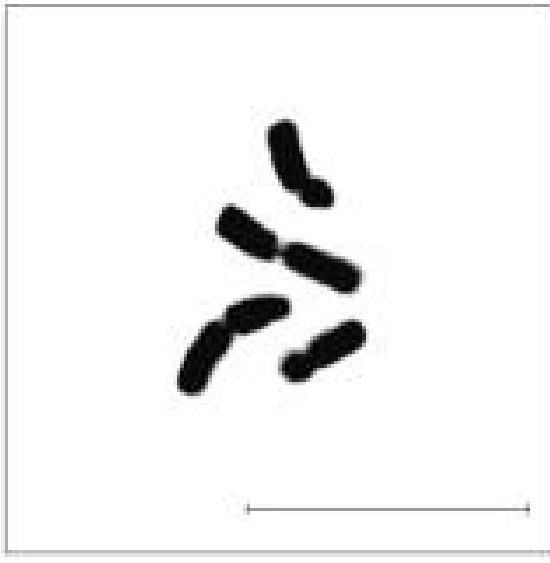
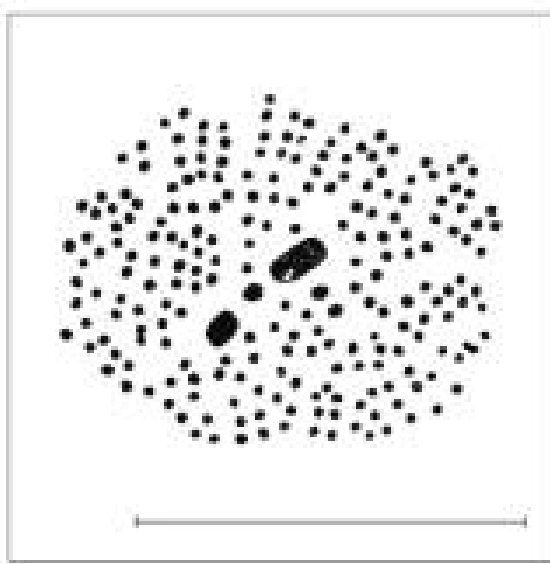
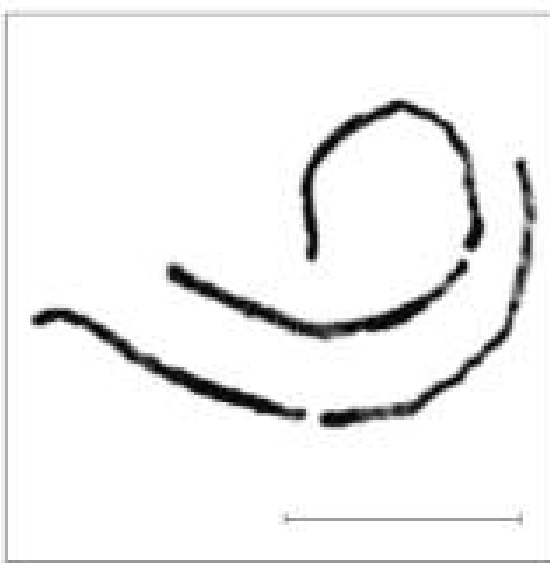
Radiolaria
~1600

Существует специальная наука – кариосистематика, образовавшаяся на стыке систематики и цитологии. Она исследует хромосомные наборы разных групп организмов для выявления их родственных связей и таксономического положения. Изучение хромосом, позволило открыть, например, виды-двойники. Оказалось, что в пределах вида чёрная крыса (*Rattus rattus*), ранее считавшегося единым, скрываются два вида-двойника: 38-хромосомный вид из Европы и Западной Азии и 42-хромосомный вид из Юго-Восточной Азии. Кариосистематика определила, что домашняя овца произошла от азиатского муфлона (*Ovis orientalis*), а домашняя лошадь от ныне исчезнувшего тапана (*Equus caballus gmelini*).

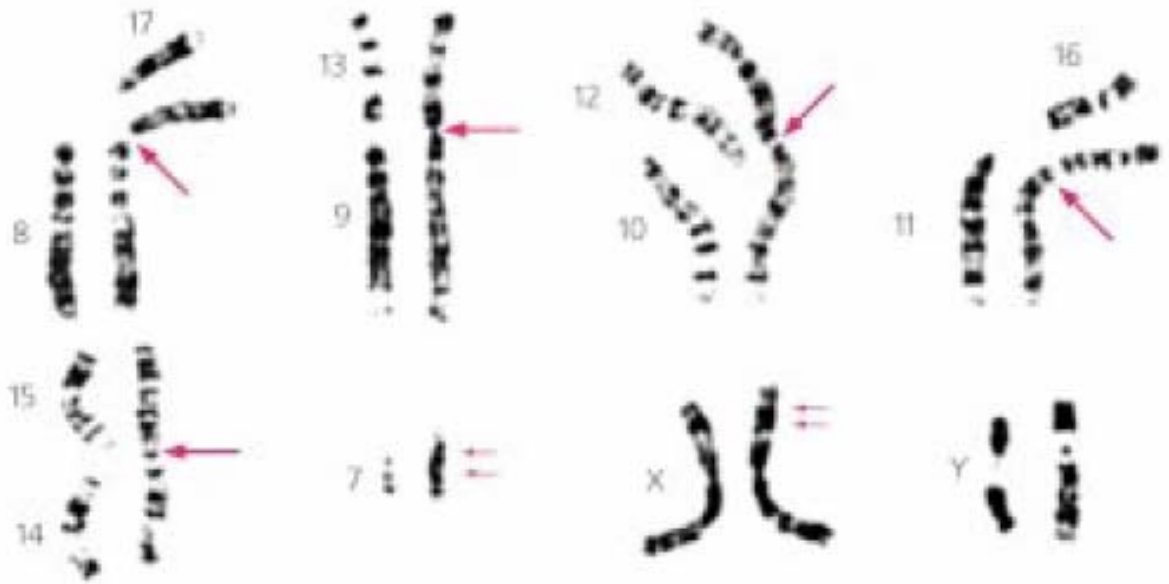
Saccharomyces cerevisiae







Пример варьирования кариотипа в пределах одного вида (Варьирование числа хромосом – очень редкое исключение из общего правила его постоянства!)

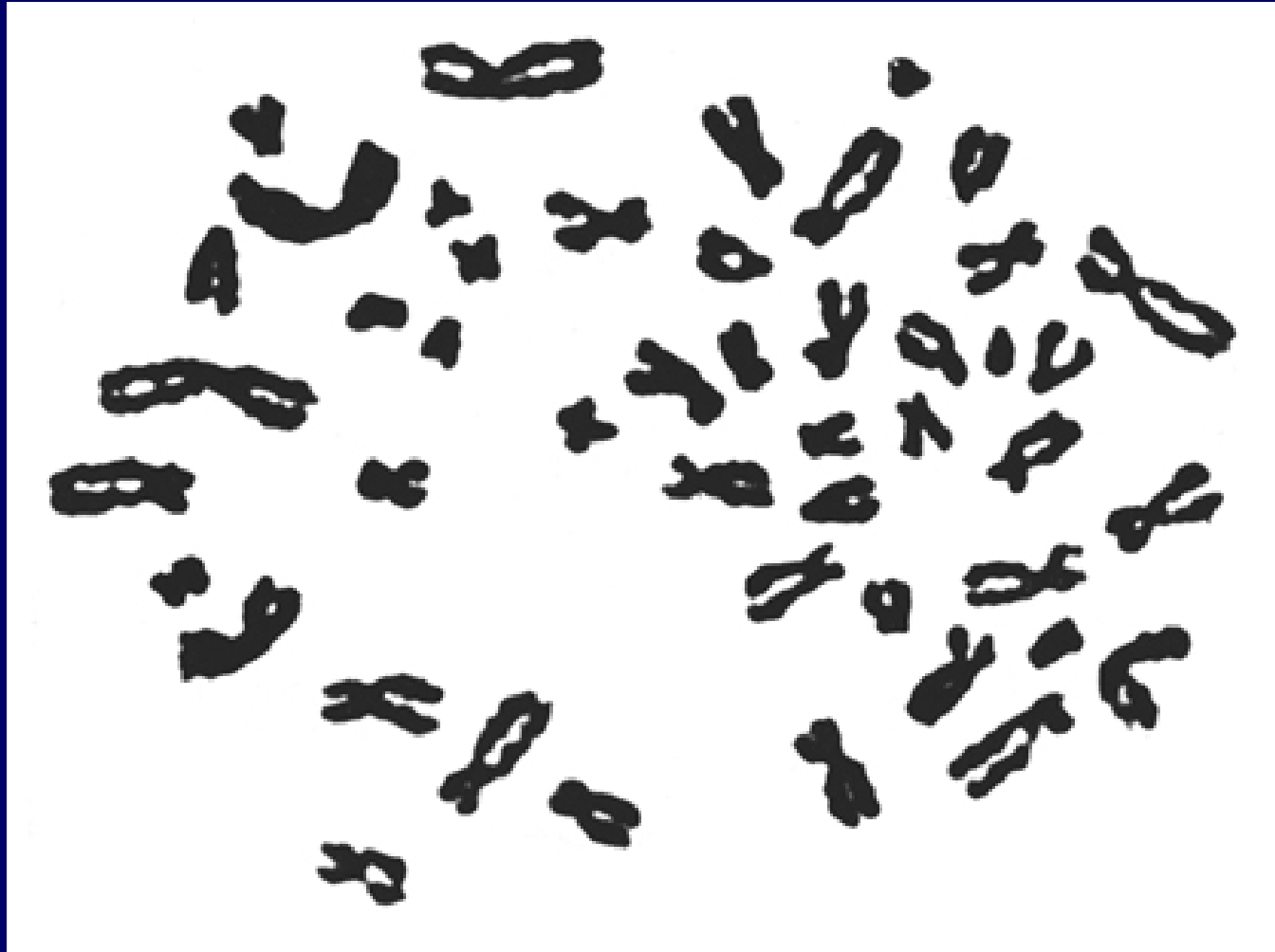


Хромосомные различия между землеройками из Непала (слева в каждой группе) и с о.Шри-Ланка. Числами обозначены номера хромосом, большими стрелками показаны места слияний хромосом, маленькими — вставки сегментов.

Sorex araneus

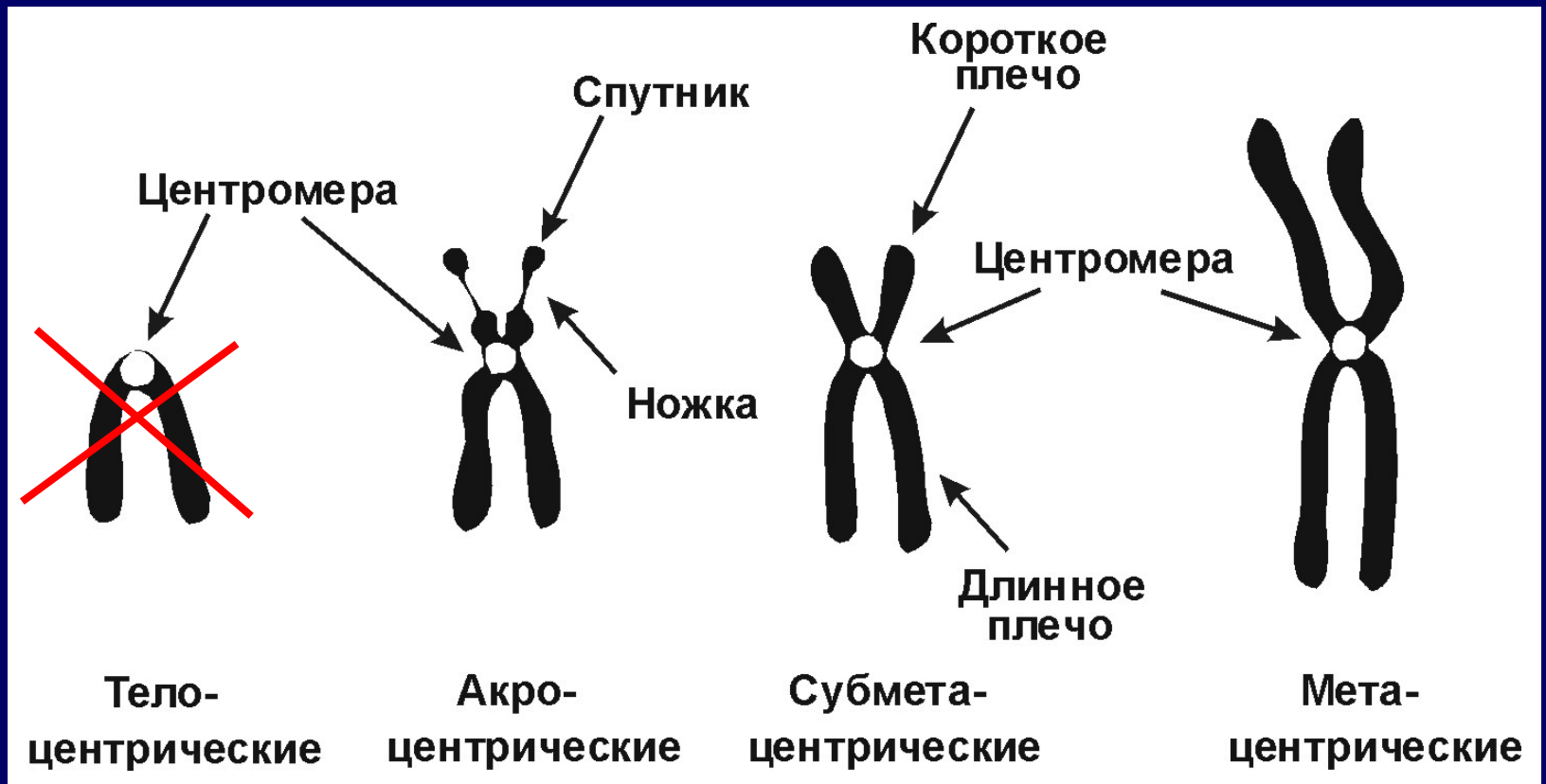


Homo sapiens (1956)



Впервые удалось точно посчитать

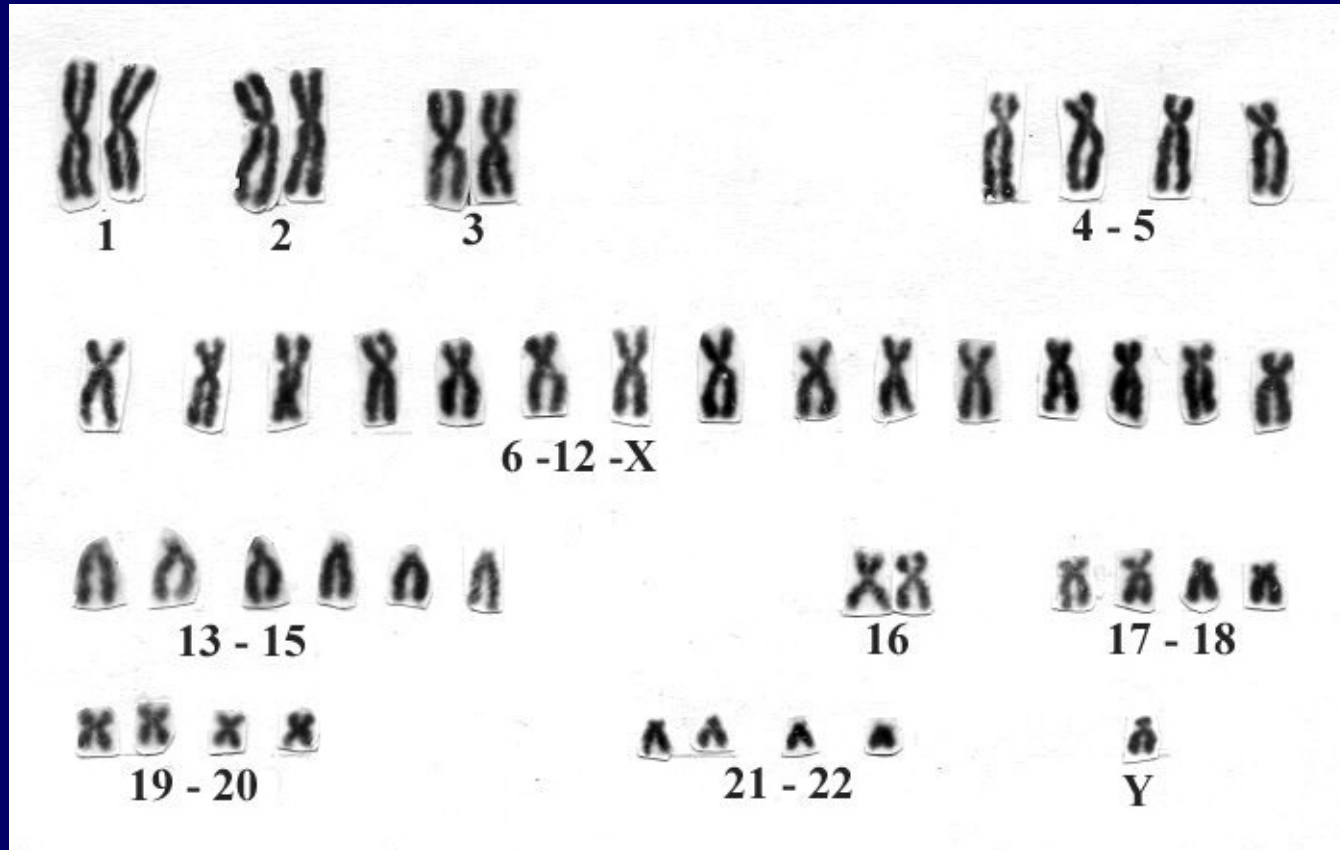
Классификация по положению центromеры



Кариотип - совокупность признаков хромосомного набора (число хромосом, их размер, положение центромер, наличие перетяжек или спутников)

Идиограмма - схематическое изображение гаплоидного набора хромосом организма, расположенных в ряд по размеру

Идиограмма кариотипа человека (46,XY)



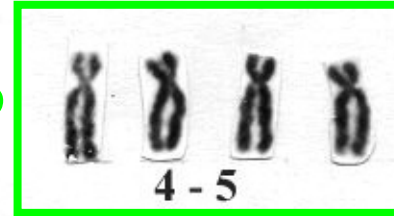
Идиограмма кариотипа человека (46,XY)

большие метацентрики

большие субметацентрики



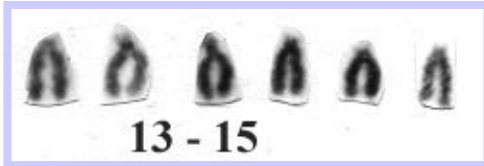
A



B



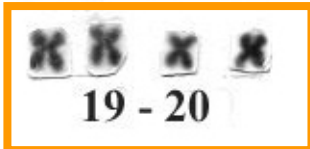
C



D



E



F



G

короткие метацентрики

короткие акроцентрики

средние субметацентрики

средние акроцентрики

короткие субметацентрики

Различия:

по AT(GC) составу ДНК
насыщенности генами или повторами
время вступления в репликацию
степень конденсации

Окраски (бэндинг):

Рутинная

H- (Q-)

G-

R- (T-)

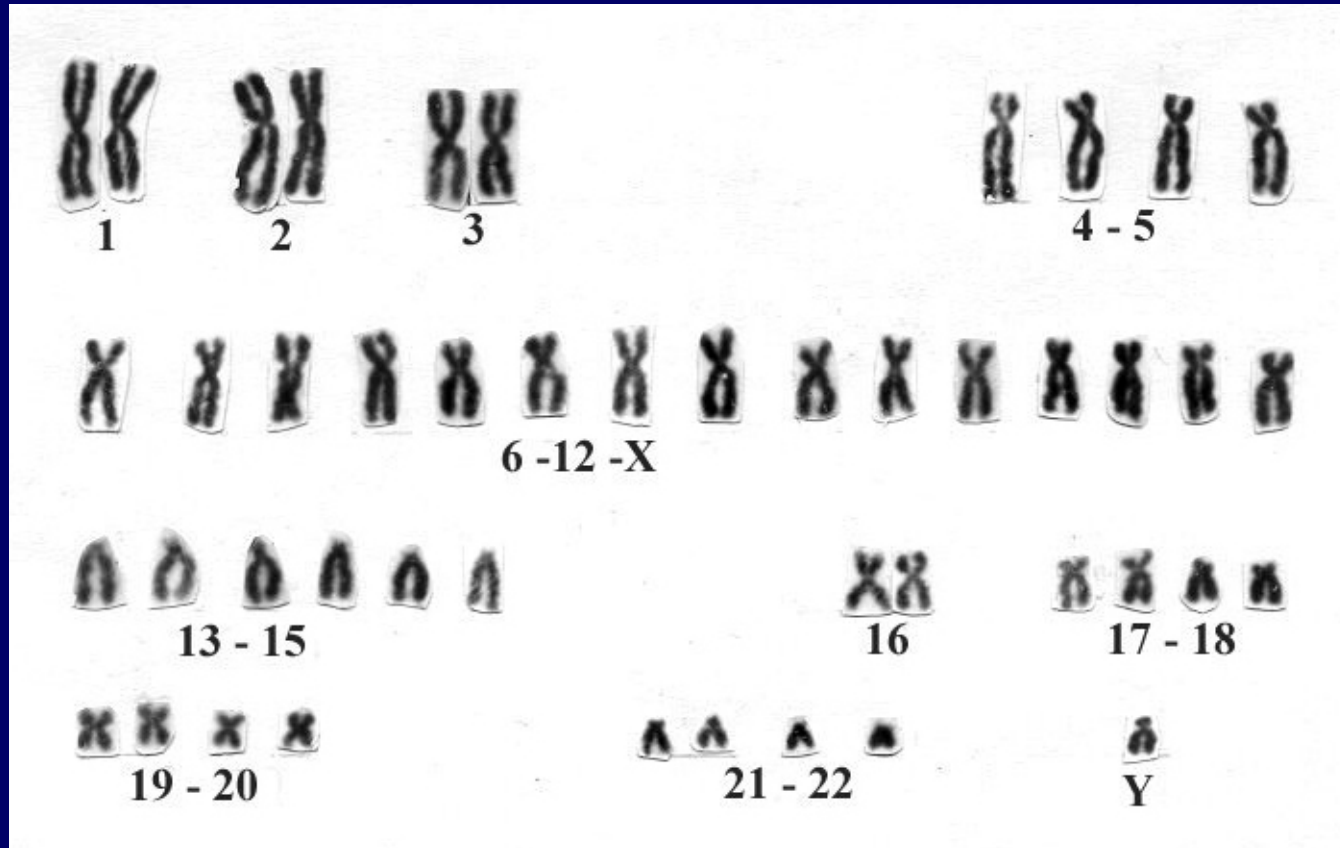
C-

Ag-

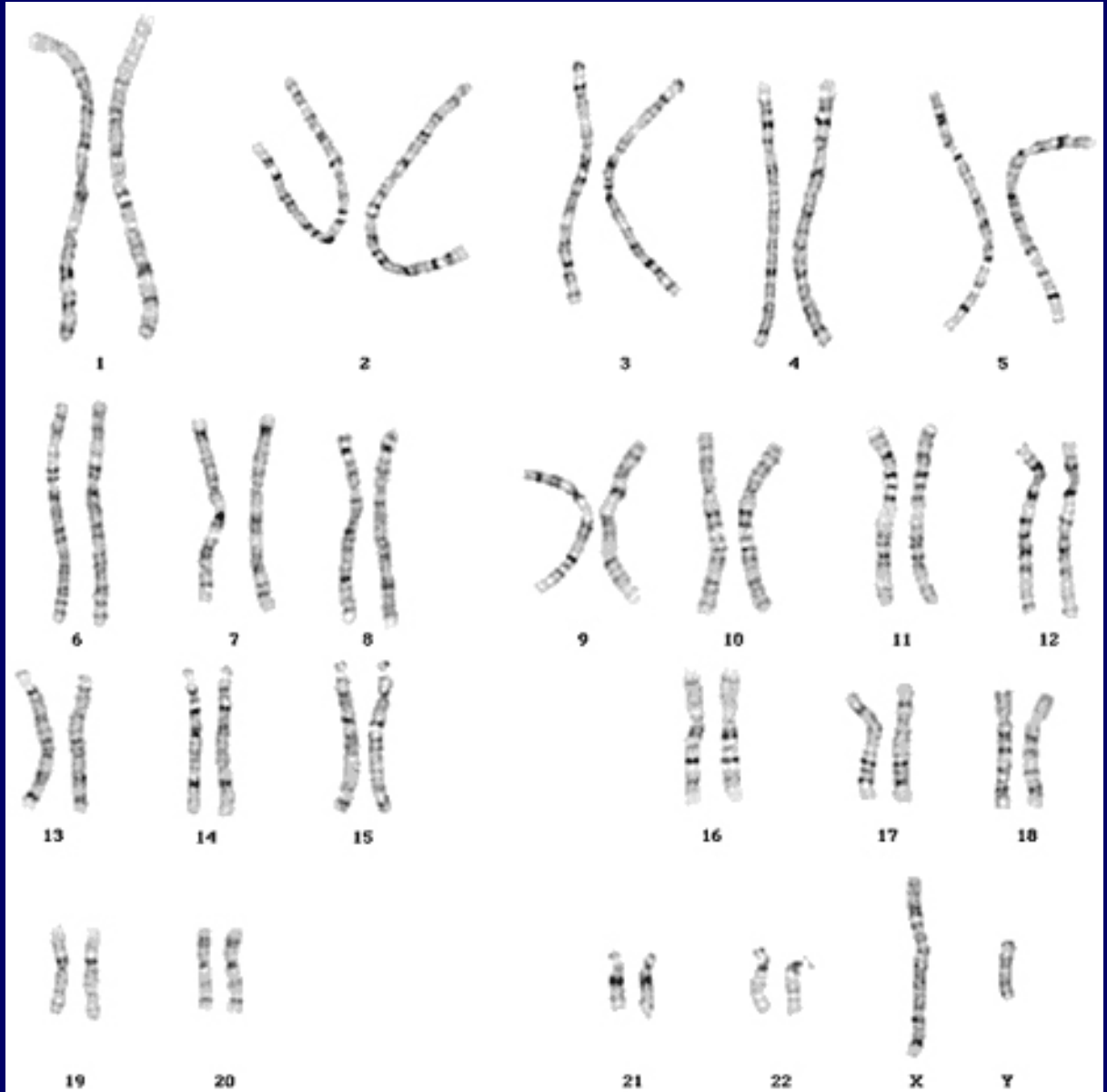
	предобработка	краситель
Рутинная	-	Гимза
G-	трипсин	Гимза
R- (T-)	t ⁰	Гимза
C-	HCl – Ba(OH) ₂ – SSC	Гимза
H- (Q-)	-	DAPI, Hoechst, Quinacrine
Ag-	-	желатин + AgNO ₃

Номо sapiens

Рутинная окраска



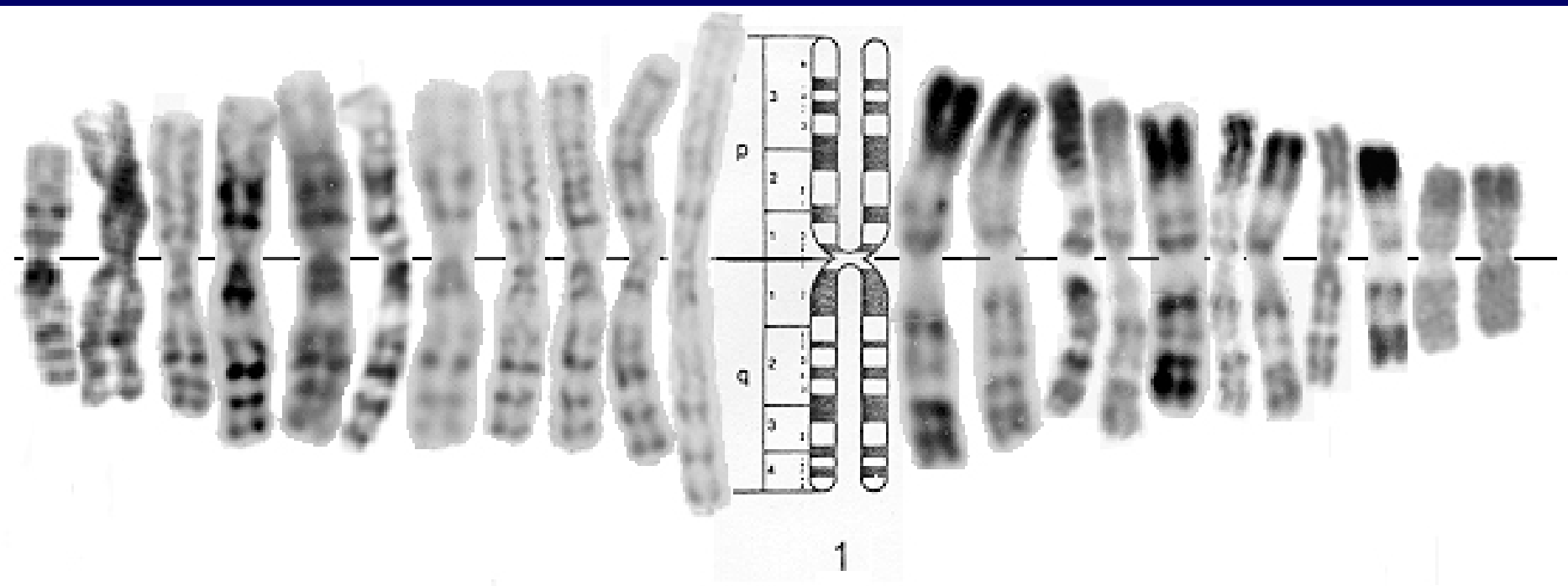
Homo sapiens G-окраска



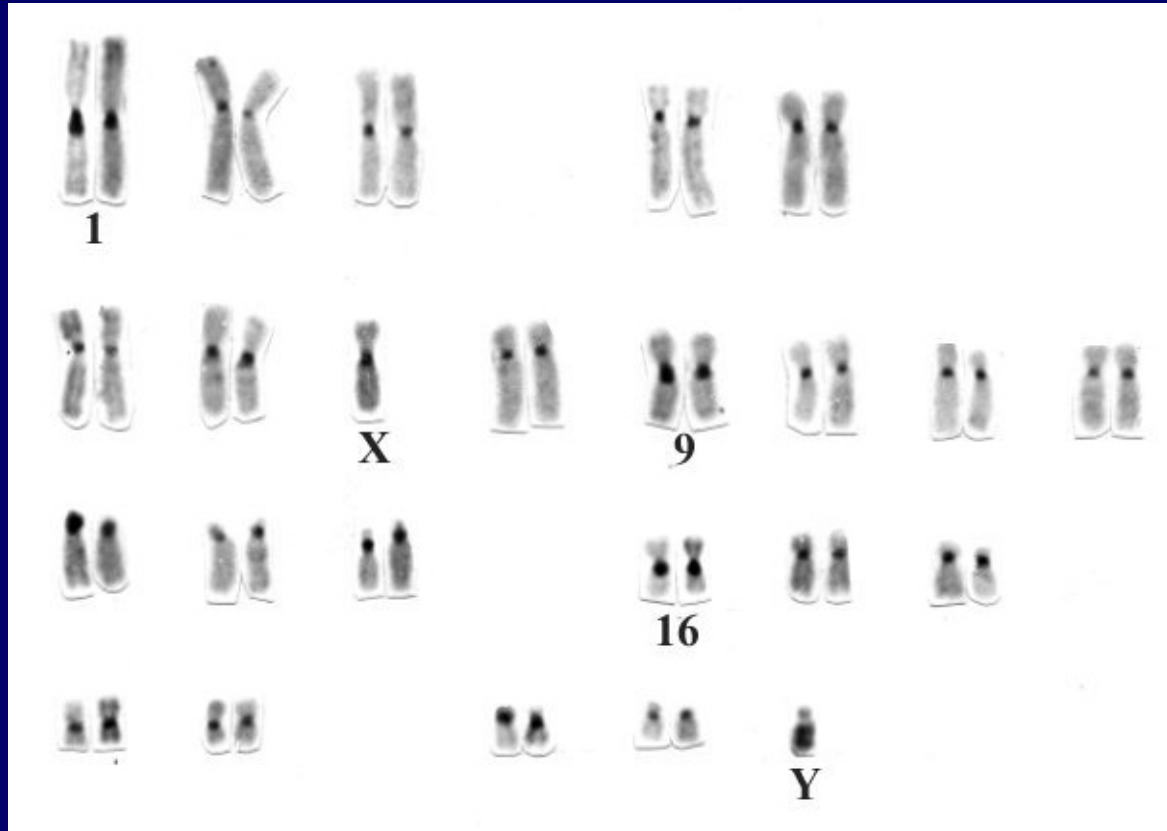
Homo sapiens

G-окраска

R-окраска



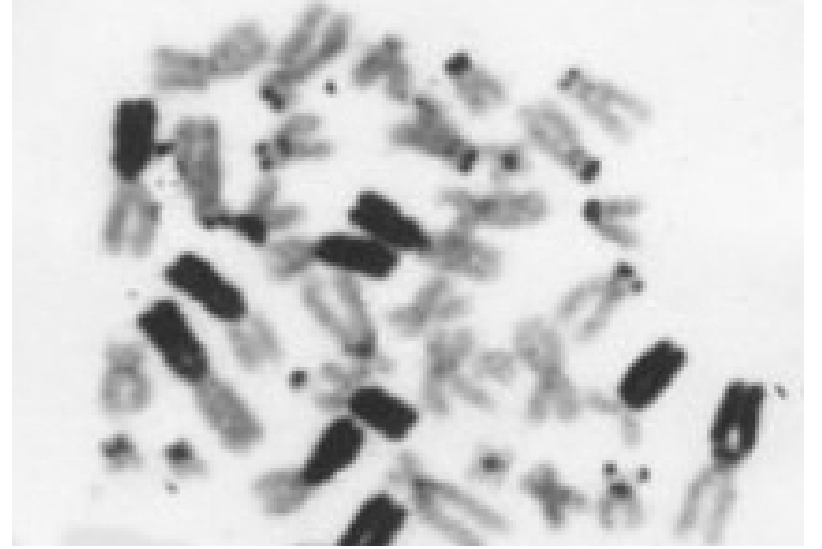
Номо sapiens С-окраска (гетерохроматин)



C-окраска



Sorex araneus

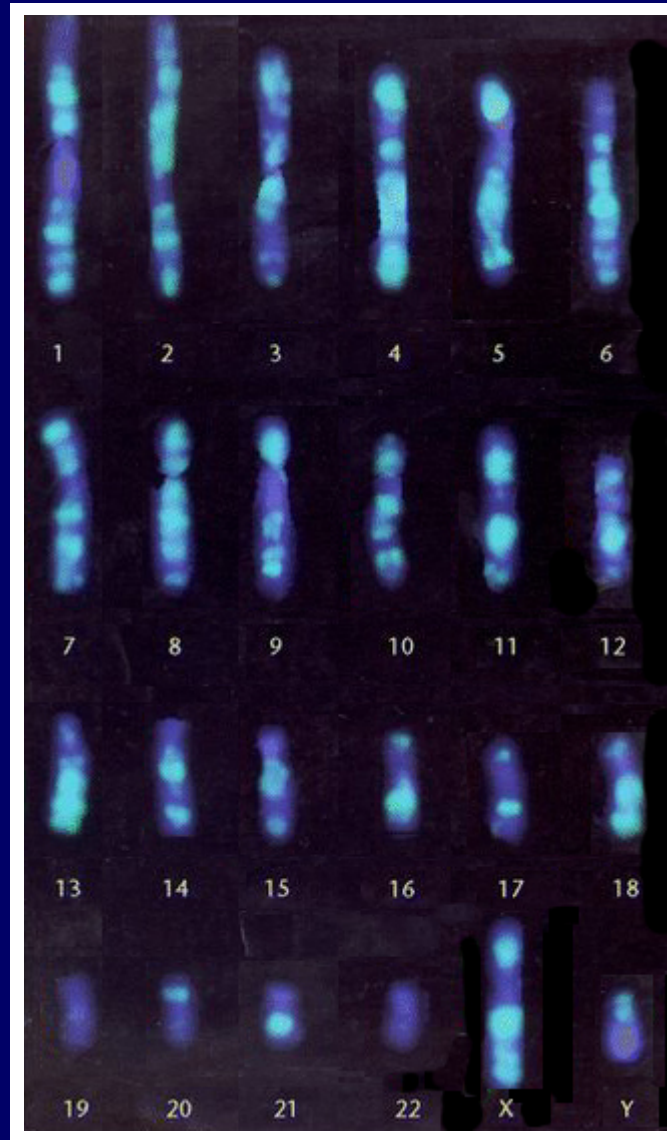


Vormela peregusna

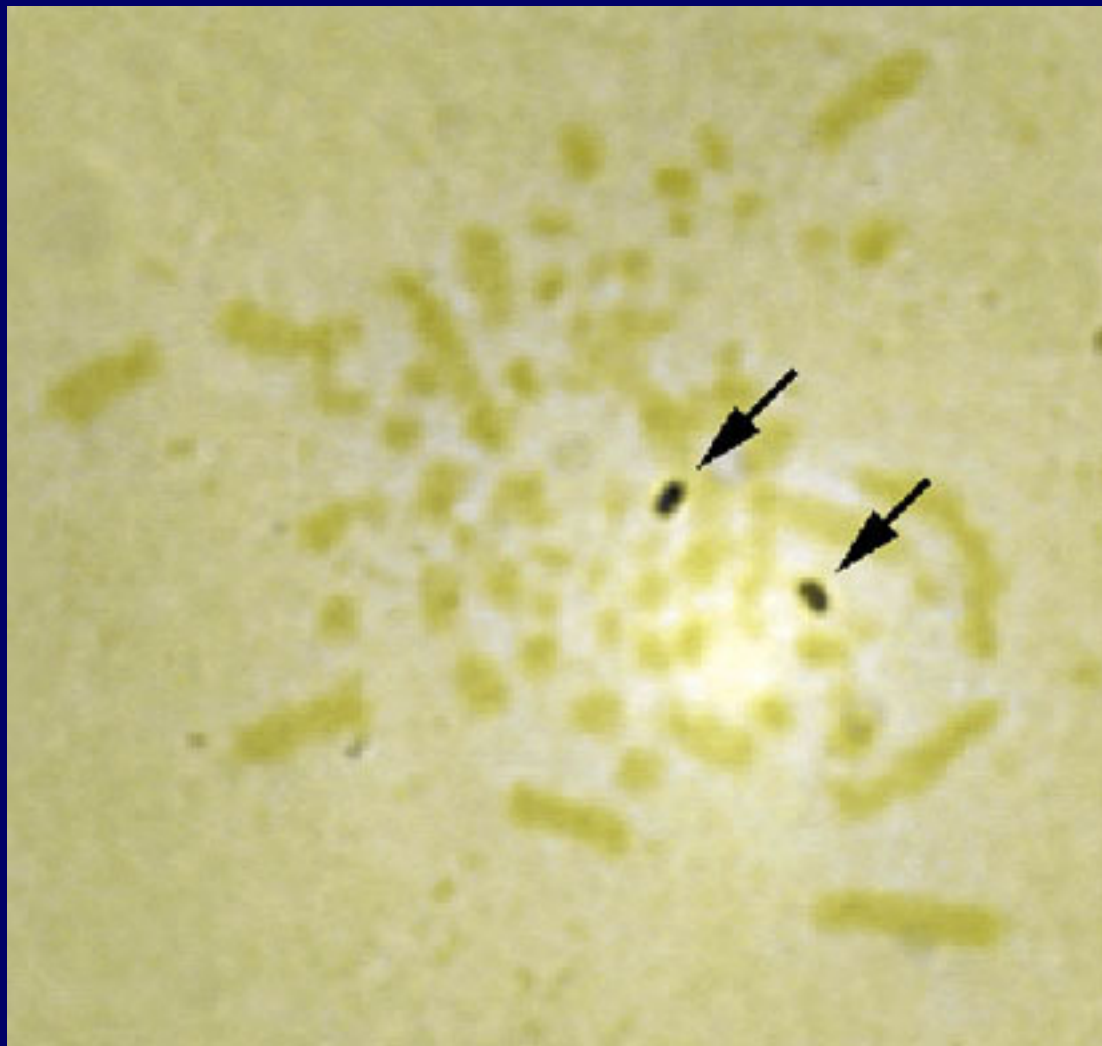


Номо sapiens

Н-окраска (АТ-богатые районы)

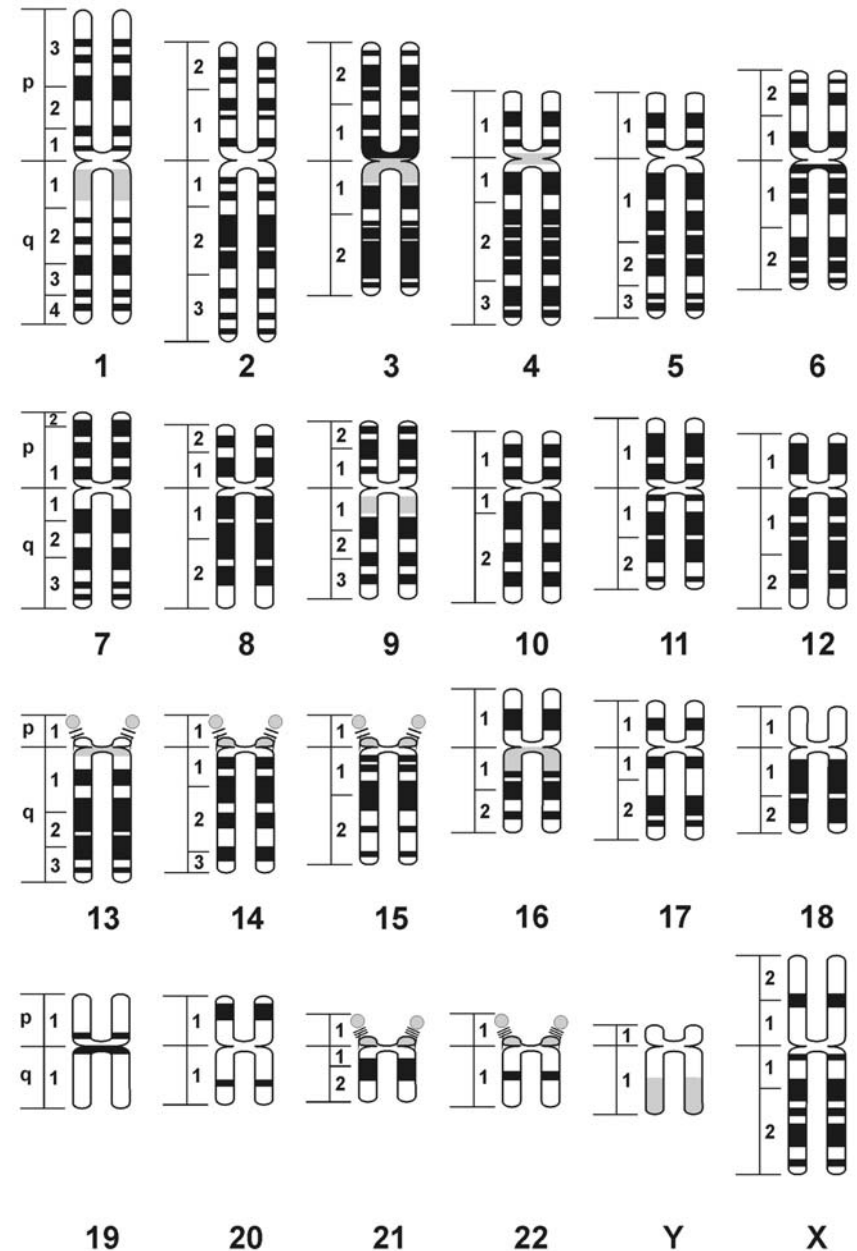


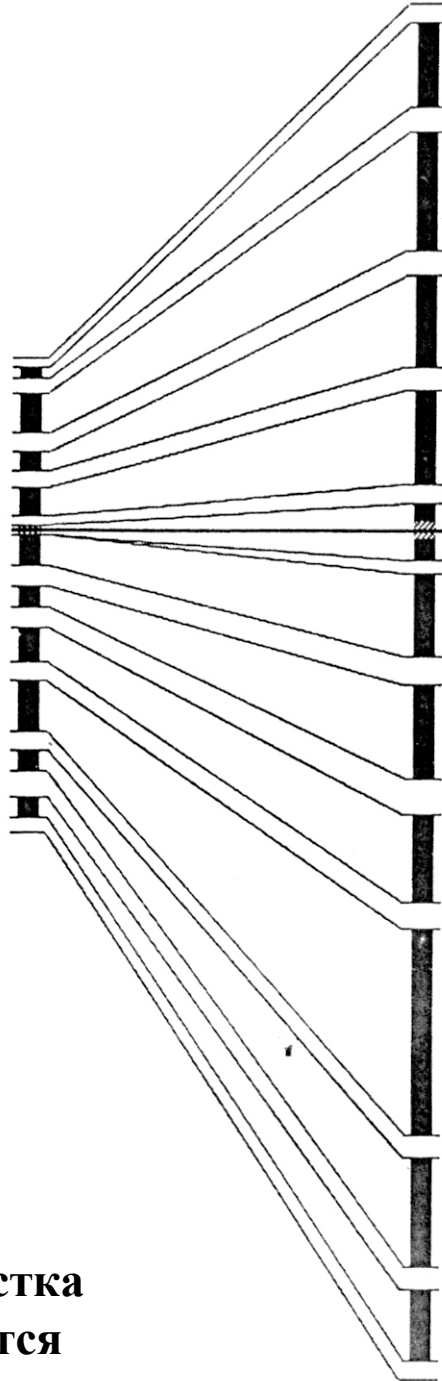
Fringilla coelebs (зяблик)
Ag-окраска
(ядрышкообразующие районы)



Homo sapiens

В каждом плече образуется набор полос уникальный по числу самих полос, их ширине и расстоянию между полосами. Для ориентировки во множестве полос необходимо было их систематизировать и придумать систему обозначений. Система обозначений и уровни разрешения, т.е. числа полос на гаплоидный геном, для хромосом человека были приняты в 1971 году на Парижской конференции по номенклатуре в цитогенетике человека. В основу положено G-окрашивание, и каждое плечо разделено на участки из нескольких полос, и каждой полосе присвоен номер. И теперь, чтобы назвать каждую конкретную полосу необходимо написать [номер хромосомы][плечо][номер участка].[номер полосы]. Например, 2-я G-полоса 15-го участка короткого плеча 5-й хромосомы записывается как 5p15.2. Число полос зависит от длины хромосом, чем на более ранней стадии митоза хромосомы окрашены, тем они длиннее, и тем больше на них можно различить полос. Поэтому приняты несколько уровней разрешения (resolution). На хромосомах средней степени конденсации можно увидеть 322 полосы. Кроме этого существуют уровни в 550 и 850 полос на геном. Высокоразрешающий уровень (high resolution) насчитывает 1250 полос.

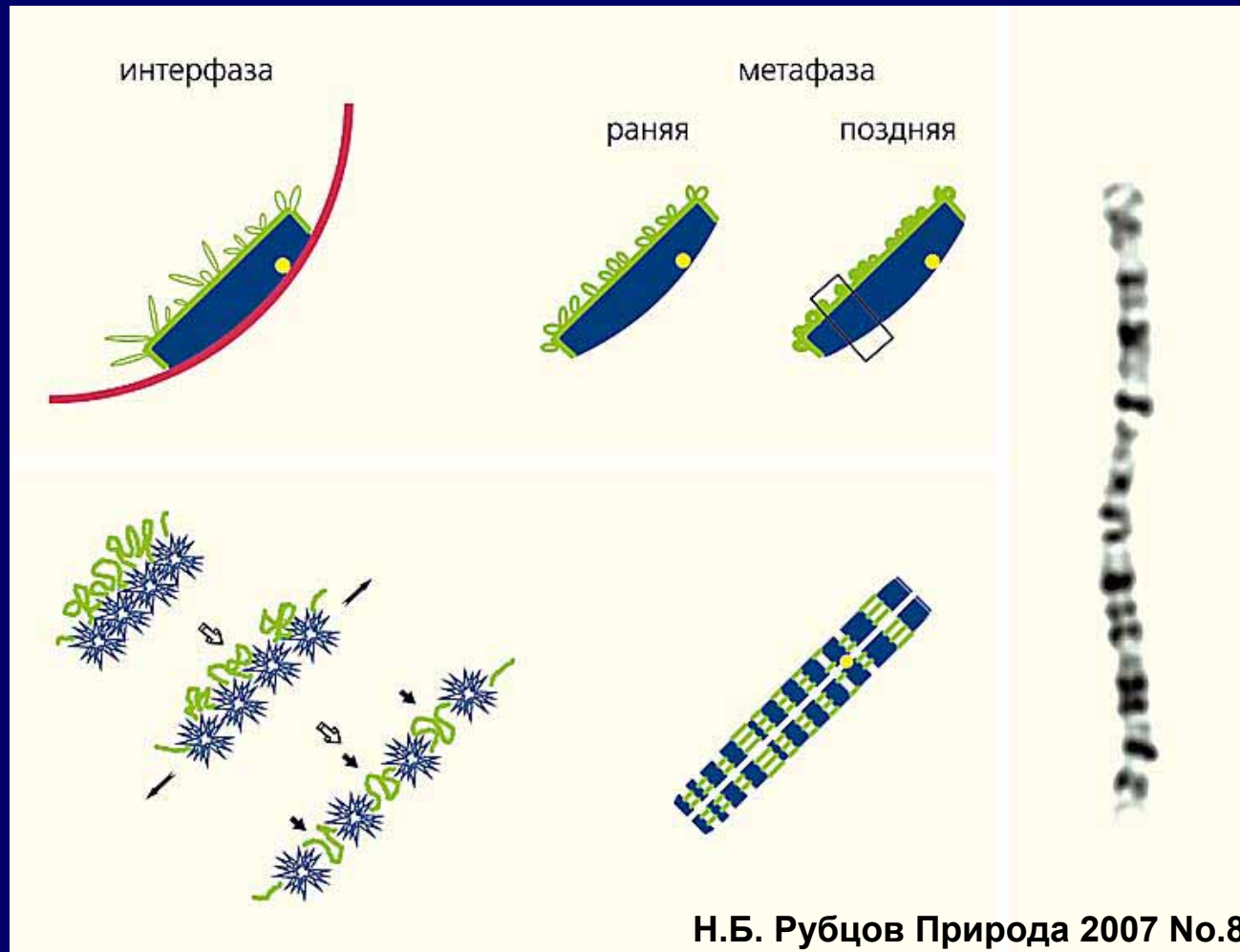




чтобы назвать каждую конкретную полосу необходимо написать [номер хромосомы][плечо][номер участка].[номер полосы]. Например, 2-я G-полоса 15-го участка короткого плеча 5-й хромосомы записывается как **5p15.2**.

как **5p15.2**.

Предполагаемая схема реорганизации хромосомы в живой клетке в метафазную хромосому, видимую на цитологическом препарате



На оптических срезах хромосомы (вверху) видны районы, обедненные функционирующими генами (G-бэнды, синий цвет); обогащенные активно работающими генами (R-бэнды, зеленый); центромерный район (желтый); ядерная оболочка (красный). Внизу показано движение R- и G-бэндов во время распластывания хромосомы по стеклу (слева) и их расположение в метафазной хромосоме на цитологическом препарате.

Изохоры - фракции генома с одинаковым GC-составом

Человек

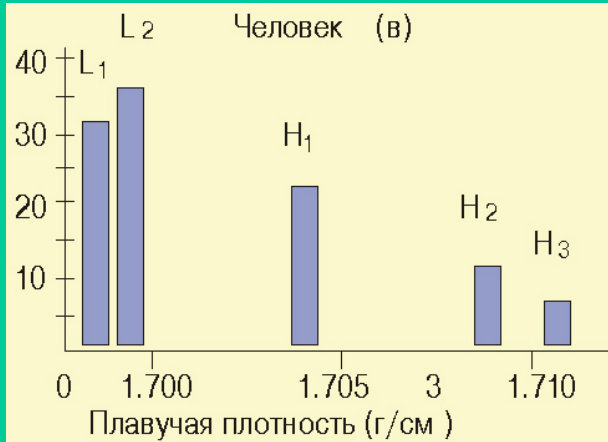
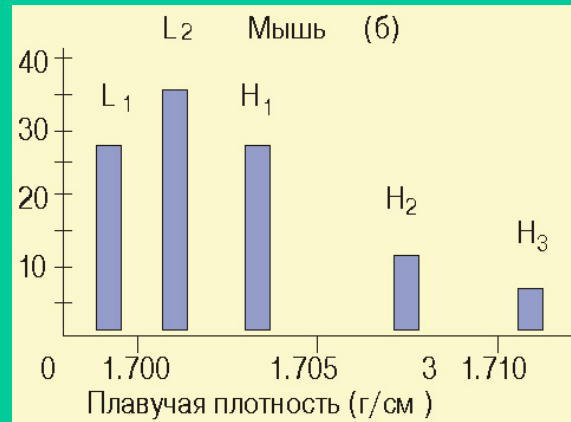
Изохора	GC (%)	Часть генома (%)	Гены (%)
L1 + L2	35-42	62	34
H1 + H2	42-52	22 + 9	38
H3	>52	3-4	28

T-районы - только H3 и немного H1+H2

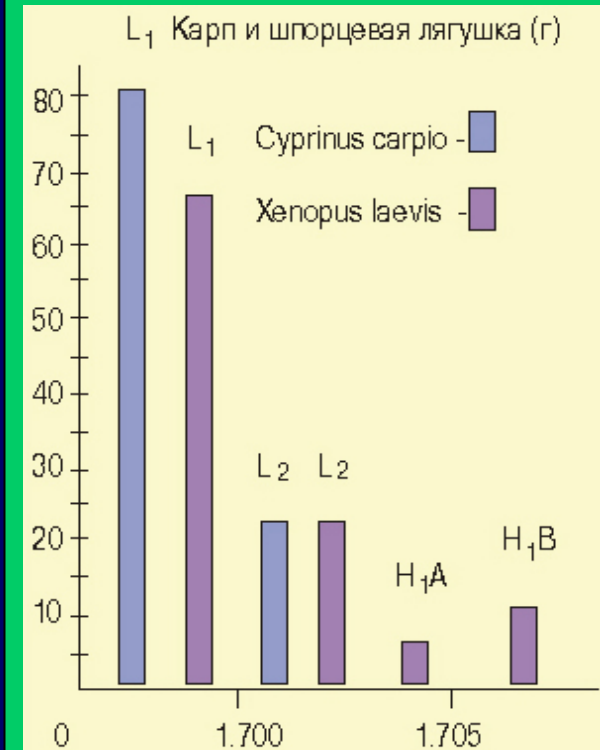
G-районы - только L и немного H1

Существуют заметные различия в композиционной организации между геномами тепло- и холоднокровных позвоночных

В геномах теплокровных существуют две легких компоненты (L1 и L2), в которые входит около 2/3 генома, и две или три тяжелых компоненты (H1, H2 и H3), составляющих остаток геномной ДНК.



Геномная ДНК холоднокровных состоит, в основном, из легких компонент.



Открытие того, что геном теплокровных имеет мозаичное строение, согласуется с данными по изучению дифференциальной окраски хромосом. Метафазные хромосомы теплокровных после воздействия флуоресцентных красителей, протеолитических ферментов или различных денатурирующих агентов, окрашенные по Гимзу, демонстрируют различные темные и светлые полосы (т.н. G - и R - bands) . Однако, метафазные хромосомы холоднокровных позвоночных демонстрируют либо слабую дифференцировку по яркости, либо вообще не проявляют различий. Исходя из этого, было выдвинуто предположение о том, что GC-богатые и GC-бедные изомеры приблизительно соответствуют G - и R -"бэндам" . Данные о времени репликации показывают, что гены, локализованные в GC-богатых изомерах, реплицируются в начале клеточного цикла, тогда как гены, локализованные в GC-бедных изомерах, реплицируются ближе к концу .

CpG-островки

- общее содержание GC больше 50%
- размеры от 0.5 до 5 т.п.н.
- встречаемость примерно 1 на 100 т.п.н.
- обычное (т.е. 1:16) содержание динуклеотида CpG
- отсутствие метилирования

Все постоянно активные гены и ~40% тканеспецифичных генов содержат CpG-островки перед и в промоторной области, первом экзоне

СrG-островки

СrG островки выявляются в противофазе с **районами поздней репликации** и **Q** (соответствуют **G**) бэндам.

