**Лекция 1**

**Введение. Цели и задачи хромосомной и генной инженерии.**

**История развития технологий хромосомной и генной инженерии.**

*Цель занятия:* Ознакомление с целями и задачами хромосомной и генной инженерии.

Манипуляции с целыми хромосомами или их участками называют *хромосомной инженерией*. Еѐ методы дают возможность заменить одну или обе гомологичные хромосомы на другие или ввести дополнительные хромосомы в генотип организма.

*ромосо м* — нуклеопротеидные структуры в ядре эукариотической клетки в которых сосредоточена бо льшая часть наследственной информации и которые предназначены для еѐ хранения реализации и передачи.

Набор всех хромосом клетки называемый *кариотипом* является видоспецифичным признаком для которого характерен относительно низкий уровень индивидуальной изменчивости.

Так имеются работы японского ученого Д. Омара когда отдельные хромосомы ржи внесены в хромосомный набор пшеницы. Полученный гибрид дал при самоопылении совершенно иные растения которые отличались от пшеницы по высоте толщине стебля размеру и форме колосьев. Привнесѐнные хромосомы ржи дали возможность существенно повысить зимостойкость гибридной пшеницы придали ей устойчивость к полеганию и к заболеваниям.

Хромосомная инженерия описывает технологии ориентированные на манипулирование с хромосомами включая создание искусственных хромосом (мини-хромосом) растений и млекопитающих с целью изменения наследования генетических признаков.

*Понятие «хромосомная инженерия»* было введено американским исследователем *Эрнестом Сирсом в 1972* г. на основании обобщения результатов его работ выполненных в 1956 г. по индуцированному переносу сегмента хромосомы *Aegilops umbеllulata* в геном мягкой пшеницы.

Согласно работам Э. Сирса понятие хромосомная инженерия представляется более специализированным.

Это технологии оптимизирующие

а) направленный перенос чужеродных хромосом и б) индуцированный перенос сегментов хромосом

в геном культурных растений от других видов с целью улучшения признаков культурных растений.

Первая искусственная мини-хромосома кукурузы была синтезирована из отдельных «блоков» – центромеры теломеры и инициаторов репликации в 2006 г. российским исследователем Е. Ананьевым с соавторами работавшими в тот период в биотехнологической фирме «Пионер» (США).

Задачи хромосомной инженерии включают:

1. Кратное увеличение и уменьшение исходного набора хромосом что соответствует получению полиплоидов и гаплоидов.
2. Изменение числа хромосом в сторону их уменьшения или увеличения (получение анеуплоидов).
3. Межсортовое и чужеродное замещение индивидуальных хромосом у культурных растений.
4. Встраивание сегментов чужеродных хромосом в хромосомы культурных видов растений и манипулирование этими сегментами.

Реализация задач по хромосомной инженерии основывается на знаниях:

1. генетических особенностей культурных растений;
2. механизмов несовместимости при отдаленной гибридизации и методах их преодоления;
3. механизмов интрогрессивной гибридизации;
4. генетического резерва видов растений используемых в качестве источников новых генов для культурных растений;
5. методов и механизмов индуцированного переноса сегментов хромосом;
6. цитологических молекулярно-цитологических и молекулярно- генетических методов выявления чужеродного генетического материала (в виде отдельных хромосом их сегментов или отдельных генов) интрогрессированного (перенесенного и встроенного) в геном культурных растений.

*Генная инженерия.* Генетическая инжене рия (генная инженерия) — совокупность приѐмов методов и технологий получения рекомбинантных РНК и ДНК выделения генов из организма (клеток) осуществления манипуляций с генами введения их в другие организмы.

Генная инженерия решает задачу целенаправленного создания новых комбинаций генетического материала путѐм лабораторных методов in vitro которые позволяют манипулировать нуклеиновыми кислотами переносить нужные гены организма одного вида в организм другого вида.

# Контрольные вопросы:

1. Хромосомная инженерия.
2. Цели и задачи хромосомной инженерии.
3. Генная инженерия.
4. Цели и задачи генной инженерии.
5. История развития технологий хромосомной и генной инженерии.

**Лекция 2**

**Структура хромосом и организация ДНК-последовательностей.**

**Упаковка ДНК в хромосомах. Кариотип и идиограмма. Эухроматин и**

**гетерохроматин.**

*Цель занятия:* Ознакомление студентов со структурой хромосом и организацией ДНК-последовательностей.

*Структура хромосом*. Хромосома представляет собой вытянутую структурированную совокупность генов которая несет информацию о наследственности и образована из конденсированного хроматина.

Хроматин состоит из ДНК и белков которые плотно упакованы вместе для образования волокон хроматина. Конденсированные волокна хроматина образуют хромосомы.

Хромосомы – структуры которые содержат нуклеиновую кислоту и функция которой состоит в хранении реализации и передаче наследственной информации. Хромосомы эукариот — это ДНК-содержащие структуры в ядре митохондриях и пластидах. Хромосомы прокариот — это ДНК- содержащие структуры в клетке без ядра. Хромосомы вирусов — это молекула ДНК или РНК в составе капсида.

*Строение хромосом*. В соответствии с классификации Навашина С.Г. (1912 г) в зависимости от расположения центромеры и соотношения длин плеч различают 3 типа строения хромосом:

-акроцентрические хромосомы у которых центромера находится практически на конце и второе плечо настолько мало что его может быть не видно на цитологических препаратах;

-субметацентрические хромосомы с плечами неравной длины;

-метацентрические хромосомы у которых центромера расположена посередине или почти посередине.

Типы хромосом определяются главным образом положением первичной перетяжки хромосомы где располагается центромера. Кроме первичной перетяжки хромосома может иметь вторичную перетяжку не имеющую отношения к прикреплению нитей веретена. Местонахождение этой перетяжки в хромосоме связано с формированием ядрышка. Этот участок хромосомы называется ядрышковым (нуклеолярным) организатором. Полагают что он имеет сложную структуру и ответствен за синтез рибосомной РНК. Иногда на концах хромосом находятся небольшие тельца

— спутники. Такие хромосомы называются спутничными.

Понятие *кариотип* ввел Г.А. Левитский в 1924 году. Индивидуальные хромосомы составляют кариотип – хромосомный комплекс вида со всеми его особенностями: числом и размерами хромосом их морфологией наличием видимых под микроскопом деталей строения перетяжек спутников соотношением длин плеч чередованием эу- и гетерохроматина. Группируя хромосомы попарно и располагая их в порядке уменьшения длины можно построить идиограмму – диаграмматический рисунок кариотипа.

# Контрольные вопросы:

1. Строение и функции хромосом .
2. Виды хромосом.
3. Кариотип и идиограмма.
4. Организация ДНК-последовательностей.
5. История открытия хромосом.

**Лекция 3**

**Хромосомы вирусов и бактерий, митохондрий и хлоропластов**

*Цель занятия –* ознакомление студентов со строением хромосом вирусов и бактерий митохондрий и хлоропластов.

*Вирус* представляют собой бесклеточные частицы размером несколько нм и видны только в электронном микроскопе (рисунок 2.1). Они являются облигатными то есть обязательными паразитами и могут размножаться только в клетках других организмов. Вне клеток вирусы существуют в виде вирионов представляющих собой комплекс нуклеиновой кислоты (ДНК или РНК) с белком связанных между собой нековалентными связями. Белковые молекулы окружающие РНК или ДНК создают оболочку вируса называемую капсидом. По типу нуклеиновой кислоты вирусы делятся на РНК-содержащие (вирусы растений а также вирусы вызывающие грипп бешенство полиомиелит СПИД и другие заболевания человека) и ДНК-со- держащие (бактериофаги некоторые вирусы человека и животных например герпеса оспы и другие). Наряду с типичными вирусами открыты вироиды. Они представляют собой частицы состоящие из низкомолекулярных РНК (240–400 нуклеотидов) и не содержащие капсидов.

Поскольку основу всего живого составляют генетические структуры то и вирусы классифицируют сейчас по характеристике их наследственного вещества - нуклеиновых кислот. Все вирусы подразделяют на две большие группы: ДНК-содержащие вирусы (дезоксивирусы) и РНК-содержащие вирусы (рибовирусы). Затем каждую из этих групп подразделяют на вирусы с двухнитчатой и однонитчатой нуклеиновыми кислотами. Следующий критерий - тип симметрии вирионов (зависит от способа укладки капсомеров) наличие или отсутствие внешних оболочек и т.п. (таблица 2.1).

Вирус с внедренным геном называется вирусным вектором (рисунок 2.2). Рекомбинантные вирусы используются в генной терапии. У ДНК содержащих вирусов бактерий сине-зеленых водрослей самореплицирующих органеллах клеток эукариот (пластидах митохондриях и центриолях) хромосома представляет собой голую двуспиральную молекулу ДНК. У большинства форм эта молекула образует кольцо закрученное в шпильку и хромосома имеет суперспирализованный вид.

*ДНК митохондрий и хлоропластов.* Существуют два типа цитоплазматических ДНК: одни находят­ся в митохондриях эукариот, другие

– в хлоропластах зеленых растений и водорослей. Все митохондрии и хлоропласты содержат по несколько копий собственной геномной ДНК. Эти молекулы ДНК обычно распре­делены в виде отдельных групп в матриксе митохондрий и в строме хлоропластов где они прикреплены к внутренней мембране. Способ упаковки ДНК неизвестен. По структуре геном более схо­ден с бактериальным геномом: например как и у бактерий у них нет гистонов.

*лоропластная и митохондриальная ДНК* привлекают внимание ученых в качестве возможных векторов для переноса генов в клетку. Структурная организация этих клеточных субгеномов существенно различается.

Хлоропласты и другие пластиды обладают одинаковой генетической информацией так называемым пластомом. У высших растений он представляет собой замкнутую молекулу ДНК длиной 150 т. н. п. достаточную для кодирования примерно 100 белков. Для синтеза пластид необходимо значительно больше белков. Остальные белки кодируются ядром синтезируются в цитоплазме и поступают в хлоропласты. Некоторые важнейшие белки хлоропластов состоят из нескольких субъединиц часть из них синтезируется на рибосомах цитоплазмы и транспортируется в хлоропласт где они объединяются с другими полипептидами закодированными в самом хлоропласте и там же синтезируемыми. Таким образом для биосинтеза функционально активного хлоропласта требуется согласованная экспрессия генома и пластома.

*Ядерная ДНК.* Ядерная ДНК яДНК (nuclear DNA nDNA) — ДНК локализованная в ядре эукариотической клетки в отличии от ДНК митохондрии у животных и хлоропластов у растений. Ядерная ДНК состоит из молекул ДНК содержащихся во всех хромосомах клетки.

Рекомендуемая литература:

1 Егорова Т.А. Основы биотехнологии. - М. : ACADEMIA 2006. - 208 с; 2 Клетки/ под ред. Б. Льюина [и др.]. - М. : Бином. Лаборатория знаний

2011. - 951 с.

# Контрольные вопросы:

1. Хромосомы вирусов про- и эукариот.
2. Репликация хромосом убактерий.
3. Геном бактерий.
4. Хромосомы митохондрий.
5. Хромосомы хлоропластов.

**Лекция 4**

**Хромосомы типа ламповых щеток.**

*Цель занятия –* изучение хромосом типа ламповых щеток.

.

Х*ромосомы типа ламповых щеток* впервые обнаруженные В.

Флеммингом в 1882 году — это специальная форма хромосом которую они

приобретают в растущих ооцитах большинства животных за исключением млекопитающих. В растущих ооцитах всех животных за исключением млекопитающих во время протяженной стадии диплотены профазы мейоза I активная транскрипция многих последовательностей ДНК приводит к преобразованию хромосом в хромосомы по форме напоминающие щетки для чистки стѐкол керосиновых ламп (хромосомы типа ламповых щѐток). Они представляют собой сильно деконденсированные полубиваленты состоящие из двух сестринских хроматид. Хромосомы типа ламповых щеток можно наблюдать с помощью световой микроскопии при этом видно что они организованы в виде серии хромомеров (содержат конденсированный хроматин) и исходящих из них парных латеральных петель (содержат транскрипционно активный хроматин).

Благодаря гигантским размерам и выраженной хромомерно-петлевой организации хромосомы типа ламповых щѐток на протяжении многих десятилетий служат удобной моделью для изучения организации хромосом работы генетического аппарата и регуляции экспрессии генов во время профазы мейоза I. Кроме того хромосомы этого типа широко используются для картирования последовательностей ДНК с высокой степенью разрешения изучения феномена транскрипции некодирующих белки тандемных повторов ДНК анализа распределения хиазм и др.

# Контрольные вопросы:

1. Хромосомы типа ламповых щеток.
2. Строение хромосом типа «ламповых щеток»

**Лекция 5**

**Политения как явление. Политенные хромосомы.**

*Цель занятия –* изучение политенных хромосом. *Политенные хромосомы*

— гигантские интерфазные хромосомы возникающие в некоторых типах специализированных клеток в результате двух процессов: во-первых многократной репликации ДНК не сопровождаемой делением клетки во- вторых боковой конъюгации хроматид.

Клетки в которых есть политенные хромосомы теряют способность к делению они являются дифференцированными и активно секретирующими то есть политенизация хромосом является способом увеличения числа копий генов для синтеза какого-либо продукта. Политенные хромосомы можно наблюдать у двукрылых у растений в клетках связанных с развитием зародыша у инфузорий при формировании макронуклеуса. Политенные хромосомы значительно увеличиваются в размерах что облегчает их наблюдение и что позволяло изучать активность генов ещѐ в 1930-е годы. Принципиальным отличием от других типов хромосом является то что политенные хромосомы являются интерфазными тогда как все остальные можно наблюдать только во время митотического или мейотического

деления клетки.

Классическим примером являются гигантские хромосомы в клетках слюнных желѐз личинок Drosophila melanogaster. Репликация ДНК в этих

клетках не сопровождается делением клетки что приводит к накоплению вновь построенных нитей ДНК. Эти нити плотно соединены между собой по длине. Кроме того в слюнных железах происходит соматический синапсис гомологичных хромосом то есть не только сестринские хроматиды конъюгируют между собой но и гомологичные хромосомы каждой пары конъюгируют между собой. Таким образом в клетках слюнных желѐз можно наблюдать гаплоидное число хромосом.

Рекомендуемая литература:

Коряков Д.Е. Жимулев И.Ф. Хромосомы. Структура и функции. — Новосибирск: Из-во СО РАН 2009. — 258 с. — ISBN 978-5-7692-1045-7.

Bridges C. B. Salivary chromosome maps with a key to the banding of the chromosomes of Drosophila melanogaster (англ.) // J Heredity : journal. — 1935.

— Vol. 26. — P. 60—64.

# Контрольные вопросы:

1. Политения как явление.
2. Политенные хромосомы.
3. Особенности политенных хромосо м.

**Лекция 6**

**Использование моносомных, нулисомных генетических линий пшеницы для картирования генов и исследования геномов.**

*Цель занятия:* изучение использования моносомных нулисомных генетических линий пшеницы для картирования генов и исследования геномов.

Коллекция анеуплоидных и замещенных линий мягкой пшеницы с успехом используется для локализации генов определяющих адаптивные и хозяйственно ценные признаки.

Начало этим исследованиям положили пионерские работы проф. Э. Сирса который получил различные по числу хромосом анеуплоидные линии: полные наборы моносомных дителосомных нулли-тетрасомных тетрасомных трисомных линий по сорту Chinese Spring (CS) (Sears 1954). Им были разработаны новые цитогенетические методы анализа генома мягкой пшеницы с использованием различных типов анеуплоидов. Для хромосомной локализации генов наиболее широко применялся моносомный

анализ. *Моносомн й анализ (monosomic analysis)* [греч. monos — один единственный и soma — тело; греч. analysis — разложение расчленение] — комплекс методов генетического анализа базирующихся на сравнении нормальных (2n) и моносомных (2n-1) по несущей анализируемые гены хромосоме особей (клеток); у моносомиков экспрессируются все аллели включая рецессивные.

С использованием ди- и монотелосомных линий проводят локализацию с точностью до плеча хромосомы. Наиболее значительные успехи в локализации генов мягкой пшеницы и других представителей трибы Triticinae были достигнуты с помощью нулли-тетрасомного анализа.

Современные молекулярно-генетические карты пшеницы были составлены с участием нулли-тетрасомных и дителосомных линий сорта CS которые являются удобным инструментом для локализации молекулярных маркеров на хромосомах. После получения первых анеуплоидных линий были начаты работы по созданию межсортовых и чужеродных замещенных и дополненных линий от желательных доноров. В мире известны полные серии моносомных линий созданные на других сортах в том числе на 14 сортах в России и странах СНГ (Worland 1988) большое число линий с замещением и добавлением целых хромосом или их фрагментов линий с транслокациями (Shchapova, Kravtsova, 1982; Rabinovich, 1998; Friebe et al., 2001).

В нашей стране это цитогенетическое направление, начиная с 1966 г. развивала О.И. Майстренко. Основным научным вкладом проводимых ею исследований является практическая реализация возможностей моно- и дителосомного анализов для локализации новых генов с их последующим картированием с помощью молекулярных маркеров что является основой построения насыщенных генетических и физических карт хромосом. А также использование разнообразия анеуплоидых и замещенных линий для установления генетической связи отдельных хромосом с ценными признаками.

В статье представлены данные о генетической коллекции анеуплоидных замещенных интрогрессивных и изогенных линий мягкой пшеницы и результаты полученные с их использованием позволившие установить влияние отдельных хромосом на проявление ряда хозяйственно важных признаков а также локализовать и картировать отдельные гены.

# Контрольные вопросы:

* 1. Анеуплоидия.
  2. Моносомики, нулисомики.
  3. Моносомный анализ.
  4. Использование моносомиков и нулесомиков генетических линий пшеницы для картирования генов и исследования геномов.
  5. Современные молекулярно-генетические карты пшеницы.

**Лекция 7**

**Геномные проекты, прогнозы развития этих проектов.**

*Цель занятия:* ознакомление студентов с Проектом Геном человека и другими геномными проектами.

*Проект Геном человека* (англ. The Human Genome Project HGP) — международный научно-исследовательский проект главной целью которого было определить последовательность нуклеотидов которые составляют ДНК и идентифицировать 20—25 тыс. генов в человеческом геноме. Этот проект называют крупнейшим международным сотрудничеством когда-либо проводившимся в биологии.

Проект начался в 1990 году под руководством Джеймса Уотсона под эгидой Национальной организации здравоохранения США. В 2000 году был выпущен рабочий черновик структуры генома полный геном — в 2003 году однако и сегодня дополнительный анализ некоторых участков ещѐ не закончен. Частной компанией Celera Corporation был запущен аналогичный параллельный проект завершѐнный несколько ранее международного. Основной объѐм секвенирования был выполнен в университетах и исследовательских центрах США Канады и Великобритании. Кроме очевидной фундаментальной значимости определение структуры человеческих генов является важным шагом для разработки новых медикаментов и развития других аспектов здравоохранения.

Хотя целью проекта по расшифровке генома человека является понимание строения генома человеческого вида проект также фокусировался и на нескольких других организмах среди которых бактерии в частности Escherichia coli насекомые такие как мушка дрозофила и млекопитающие например мышь.

Работа над интерпретацией данных генома находится всѐ ещѐ в своей начальной стадии. Ожидается что детальное знание человеческого генома откроет новые пути к успехам в медицине и биотехнологии. Ясные практические результаты проекта появились ещѐ до завершения работы. Несколько компаний например «Myriad Genetics (англ.)» начали предлагать простые способы проведения генетических тестов которые могут показать предрасположенность к различным заболеваниям включая рак молочной железы нарушения свѐртываемости крови кистозный фиброз заболевания печени и многим другим. Также ожидается что информация о геноме человека поможет поиску причин возникновения рака болезни Альцгеймера и другим областям клинического значения и вероятно в будущем может привести к значительным успехам в их лечении.

Также ожидается множество полезных для биологов результатов. Например исследователь изучающий определѐнную форму рака может сузить свой поиск до одного гена. Посетив базу данных человеческого генома в сети этот исследователь может проверить что другие учѐные

написали об этом гене включая (потенциально) трѐхмерную структуру его производного белка его функции его эволюционную связь с другими человеческими генами или с генами в мышах или дрожжах или дрозофиле возможные пагубные мутации взаимосвязь с другими генами тканями тела в которых ген активируется заболеваниями связанными с этим геном или другие данные.

Более того глубокое понимание процесса заболевания на уровне молекулярной биологии может предложить новые терапевтические процедуры. Учитывая установленную огромную роль ДНК в молекулярной биологии и еѐ центральную роль в определении фундаментальных принципов работы клеточных процессов вероятно что расширение знаний в данной области будет способствовать успехам медицины в различных областях клинического значения которые без них были бы невозможны.

Проект определения разнообразия человеческого генома (англ.) (HGDP) отдельное исследование нацеленное на картирование участков ДНК которые различаются между этническими группами. В будущем HGDP вероятно сможет получить новые данные в области контроля заболеваний развития человека и антропологии. HGDP может открыть секреты уязвимости этнических групп к отдельным заболеваниям и подсказать новые стратегии для их преодоления (см. Раса и здоровье (англ.)). Он может также показать как человеческие популяции адаптировались к этим заболеваниям.

Особые перспективы исследования генома человека открывают методы секвенирования нового поколения. В связи с развитием новых методов значительно упростился и ускорился процесс секвенирования генома. Это позволяет проводить секвенирование большого количества геномов человека для определения однонуклеотидного полиморфизма (проект 1000 геномов). Кроме того секвенирование нового поколения позволило начать проект по картированию элементов генома (регуляторных и других последовательностей) — ENCODE.

Удешевление методов секвенирования уже сейчас позволяет определять последовательность генома отдельного человека в терапевтических целях.

*Проект «Микробиом Человека» (ПМЧ)* — The Human Microbiome Project (HMP) — это исследовательская инициатива Национальных институтов здравоохранения США проявленная с целью лучшего понимания микрофлоры человека и еѐ значения для человеческого здоровья и проблем с ним связанных. Первая фаза запущенного в 2007 году[1] проекта была сосредоточена на определении и характеристиках микрофлоры человека. Вторая фаза известная как Интегративный Проект «Микробиом Человека» (иПМЧ) началась в 2014 году с целью развития ресурсной базы для характеристики микробиома и прояснения роли микробов в состояниях здоровья и болезни человека. Эта программа получила финансовую поддержку в размере 170 миллионов долларов США от общего фонда

Национальных институтов здравоохранения США с 2007 по 2016 гг.[2]

Важными компонентами ПМЧ стали культурно-свободные методы характеристики микробиального сообщества такие как метагеномика (которая открывает широкую генетическую перспективу в пределах отдельно взятого микробиального сообщества) а также обширное определение последовательности полного генома (что даѐт «глубокий» взгляд на некоторые аспекты определѐнного микробиального сообщества то есть индивидуальных видов бактерий). Последний компонент исследования послужил делу адресного секвенирования геномов — в настоящее время запланировано определение около 3000 последовательностей индивидуальных бактериальных изолятов — во время последующего метагеномного анализа. Проект также финансировал «глубокое» секвенирование бактериальной 16S рРНК на фоне усиления полимеразной цепной реакции у наблюдаемый людей.[3]

*Genome Project-write (GP-write) или Human Genome Project-write (HGP- write)[1]* - открытый международный исследовательский проект возглавляемым многопрофильной группой научных лидеров который будет тестировать попытки синтеза полного искусственного генома человека.[2]

Концептуальной основой данного проекта станут результаты исследований полученные в рамках предыдущего Проекта генома человека успешно реализовав который ученые сумели впервые прочесть упорядочить и составить полную карту генома человека.[3]

Цель проекта The Genome Project-Write заключается в том чтобы лучше разобраться в "словаре" генов. Ученые смогут приблизиться к пониманию устройства генома научиться полноценно определять смысловую нагрузку различных генов и их участков и составлять произвольную ―программу‖ для клетки[1].

*В июле 2006 года Институт эволю ионной антропологии имени Макса Планка в Германии и* компания 454 Life Sciences в США объявили о начале работы по *секвенированию полного генома неандерталь а*[1].

*Геном неандерталь а* по размеру близок к геному современного человека. Предварительные результаты показывают что ДНК современного человека и неандертальца идентичны приблизительно на 99 5%. Исследователи извлекли ископаемую ДНК неандертальца из кости бедра скелета неандертальца 38 000-летней давности из пещеры Виндия в Хорватии а также из других костей найденных в Испании России и Германии. Используя последовательности митохондриальной ДНК шимпанзе и человека в качестве опорных точек учѐные рсчитали дата расхождения между мтДНК человека и неандертальца составляет 660 000 ± 140 000 лет[2][3].

Для секвенирования требовалось приблизительно 500 мг образцов костной ткани. Работа по проекту оказалась сопряжена со многими

трудностями включая загрязнение образцов бактериями и людьми которые манипулировали костями на раскопках и в лаборатории. Было отобрано только шесть образцов кости от пяти неандертальских особей происходящих с четырѐх стоянок: образцы Vindija 33.25 и Vindija 33.16 (возраст ~44 тыс. л. н.) из пещеры Виндия (Хорватия) образцы двух неандертальцев Feldhofer 1 и Feldhofer 2 (возраст ~40 тыс. л. н.) из грота Фельдхофер (Германия) образец Sidron 1253 (возраст ~49 тыс. л. н.[4]) из пещеры Эль-Сидрон (Испания) и образец Mezmaiskaya 1 (возраст 60–70 тыс. л. н.) из пещеры Мезмайская (Россия). Более 99% генетических данных дал образец Vindija

33.16 из пещеры Виндия. Чтобы проверить являются ли полученные последовательности нуклеотидов из этого образца типичными для неандертальца исследователи проанализировали несколько миллионов пар нуклеотидов из других образцов неандертальцев. Наибольшее количество сравнительного генетического материала дали образец из Мезмайской пещеры (20 миллионов пар нуклеотидов) образец из пещеры Эль-Сидрон (5 миллионов пар нуклеотидов) образцы из грота Фельдхофер (2 миллиона пар нуклеотидов). Сравнение митохондриальной ДНК извлечѐнной в 2007 году из левой бедренной кости неандертальской девочки из пещеры Тешик-Таш а также из костей из пещеры Окладникова с мтДНК 13 европейских неандертальцев показало сходство митохондриальной ДНК сибирских и европейских неандертальцев.

# Контрольные вопросы:

1. Проект Геном человека (англ. The Human Genome Project, HGP).
2. Проект «Микробиом человека».
3. Расшифровка генома неандертальца.
4. Genome Project-write.
5. Перспективы геномных проектов.