

Uczenie maszynowe w bioinformatyce

Wykład 2: ogólny schemat przepływu informacji genetycznej

Tymon Rubel

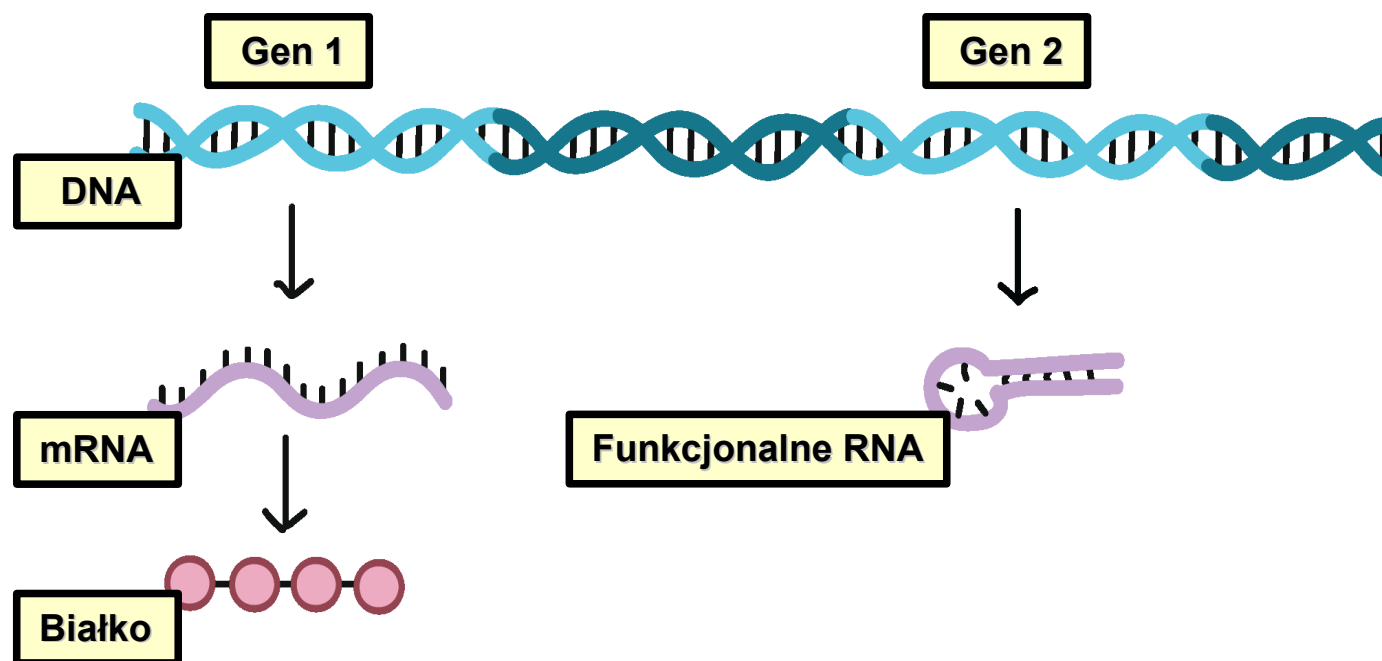
Zakład Elektroniki Jądrowej i Medycznej
Instytut Radioelektroniki i Technik Multimedialnych PW

Przepływ informacji genetycznej: geny

Informacje o budowie i funkcjonowaniu organizmu są zakodowane w sekwencjach nukleotydów cząsteczek DNA i podzielone na dużą liczbę **genów**.

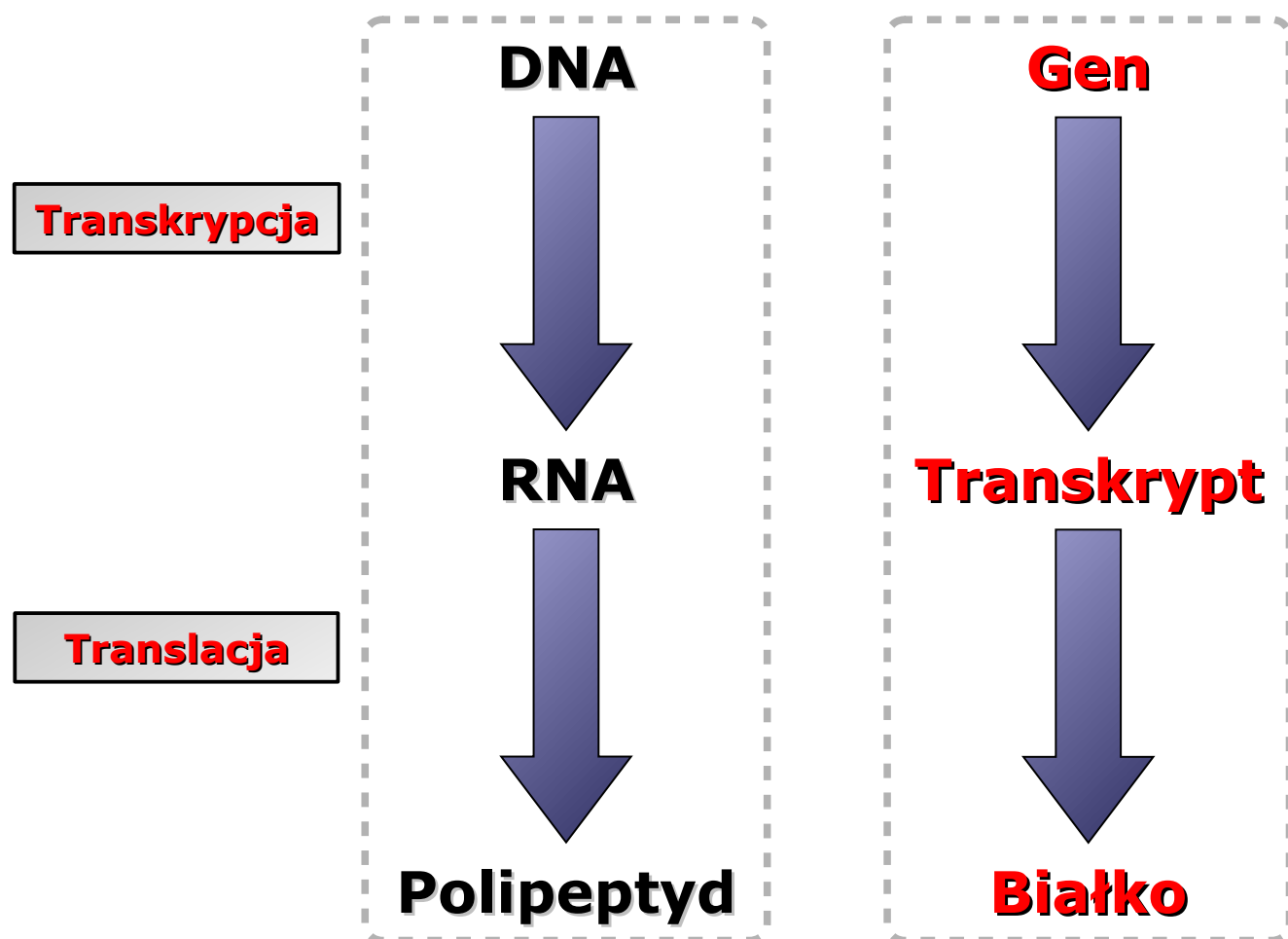
W ujęciu klasycznym gen definiowany był jako jednostka dziedziczności organizmu, determinująca jedną z jego cech (samodzielnie lub przy udziale innych genów).

Z punktu widzenia biologii molekularnej, **gen jest odcinkiem DNA, który koduje informację niezbędną do syntezy polipeptydu lub cząsteczki funkcjonalnego RNA.**



Przepływ informacji genetycznej: ekspresja genów

Proces, w którym następuje odczyt informacji genetycznej i użycie jej do syntezy odpowiedniej cząstki określany jest **ekspresją genu**. Jest on podzielony na dwie fazy: **transkrypcję** („przepisanie” informacji z genu DNA na cząstkę RNA) i **translację** („przetłumaczenie” informacji z RNA na kolejność aminokwasów w białku).

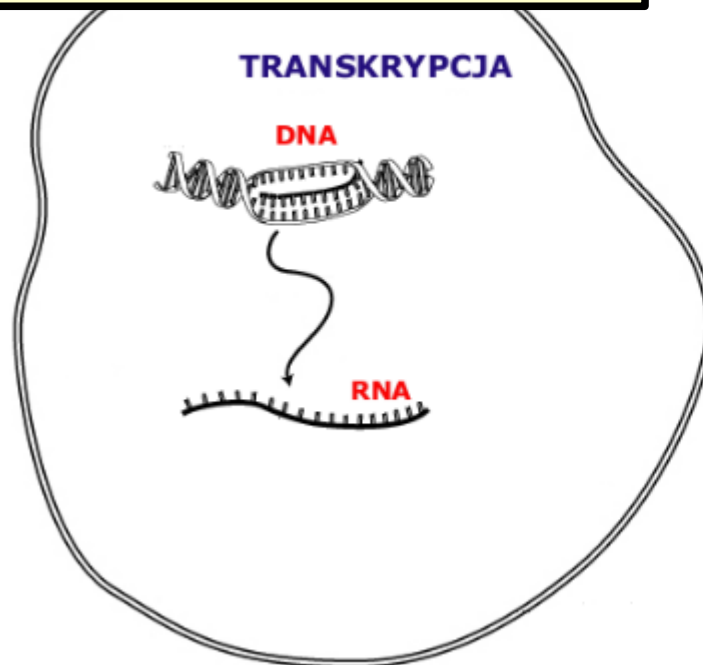


Przepływ informacji genetycznej: ekspresja genów

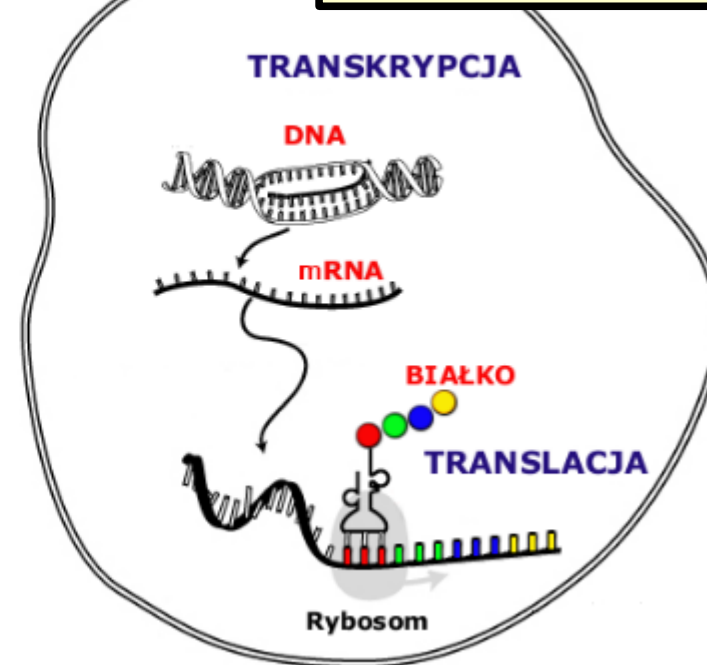
W wyniku transkrypcji genu kodującego białko powstaje cząsteczka **informacyjnego RNA (mRNA, messenger RNA)**, która stanowi bezpośrednią matrycę do syntezy białka w procesie translacji.

Część genów nie koduje białek, tylko zawiera informacje o budowie funkcjonalnego RNA, np.: **transportującego RNA (tRNA, transfer RNA)**, **rybosomalnego RNA (rRNA, ribosomal RNA)**, **mikro RNA (miRNA, micro RNA)** i innych. Dla nich translacja nie zachodzi, ale po transkrypcji może mieć miejsce edycja sekwencji powstałej cząstki.

Ekspresja genu kodującego funkcjonalne RNA

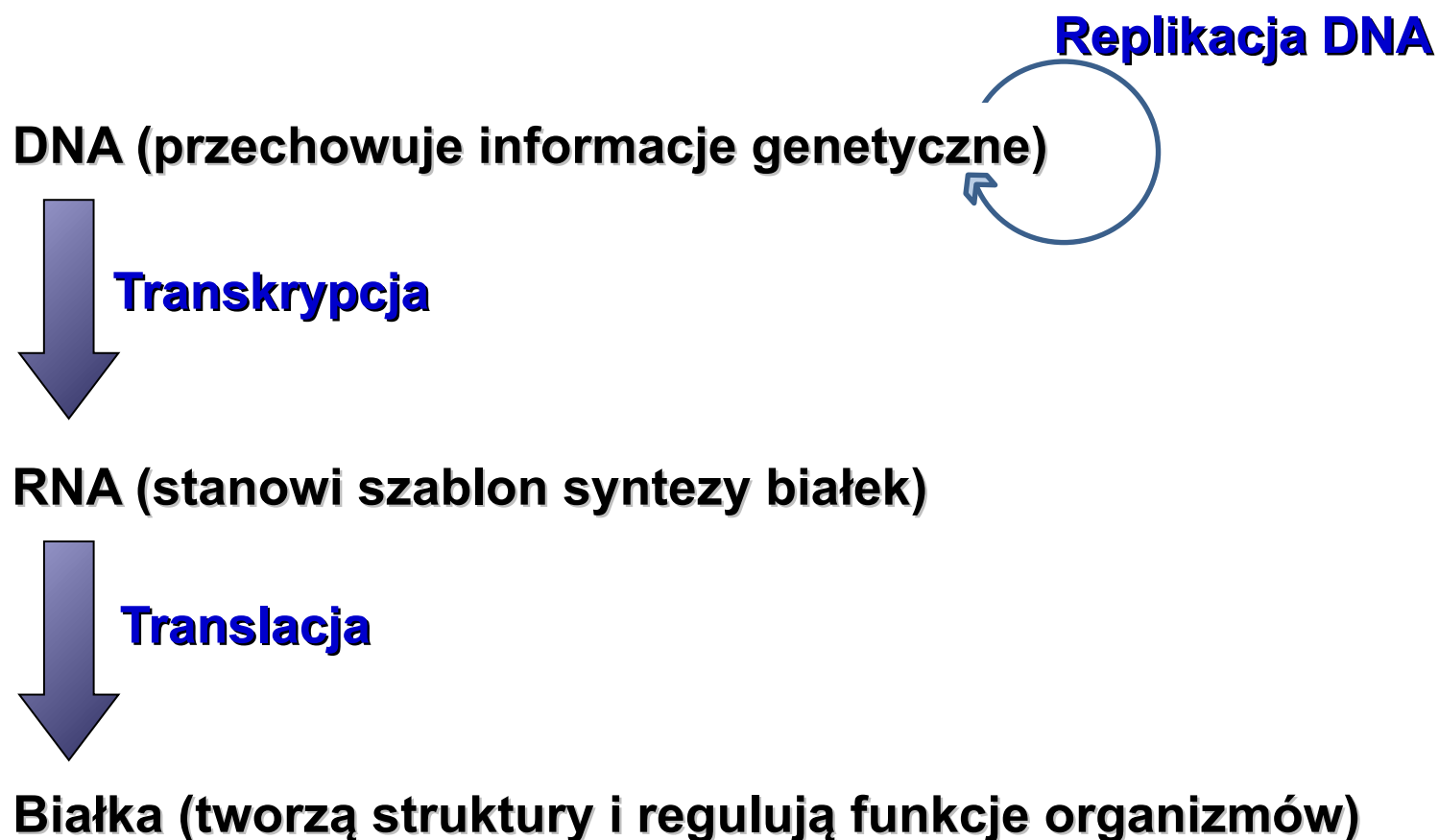


Ekspresja genu kodującego białko



Przepływ informacji genetycznej

Ze względów historycznych jednokierunkowość przepływu informacji genetycznej nazywana jest **centralnym dogmatem biologii molekularnej**. Należy jednak pamiętać, że mechanizm ekspresji genów jest bardziej złożony i w szczególnych przypadkach możliwe są procesy nie w pełni zgodne z prostym schematem DNA → RNA → białko.



Przepływ informacji genetycznej: kod genetyczny

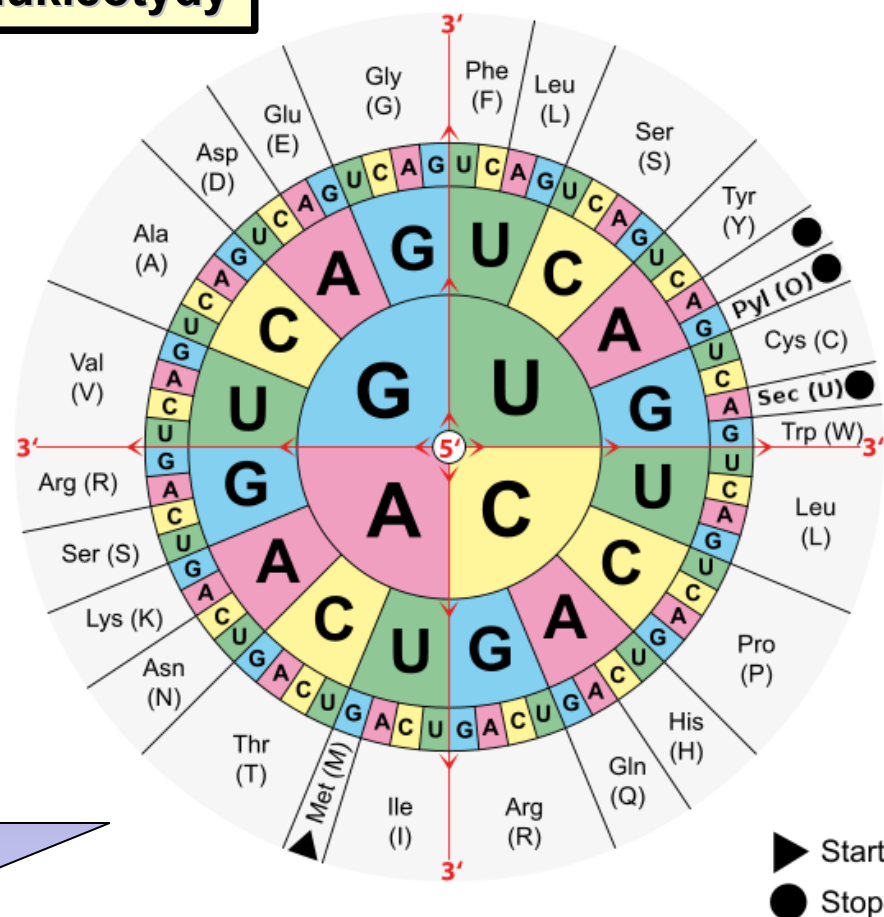
Aminokwasy budujące białka kodowane są przez grupy złożone z trzech kolejnych nukleotydów. Grupy te nazywane są **kodonami**.

Kod genetyczny określa przyporządkowanie kodonów do aminokwasów.

Alfabet kwasów nukleinowych: 4 nukleotydy

KOD
GENETYCZNY

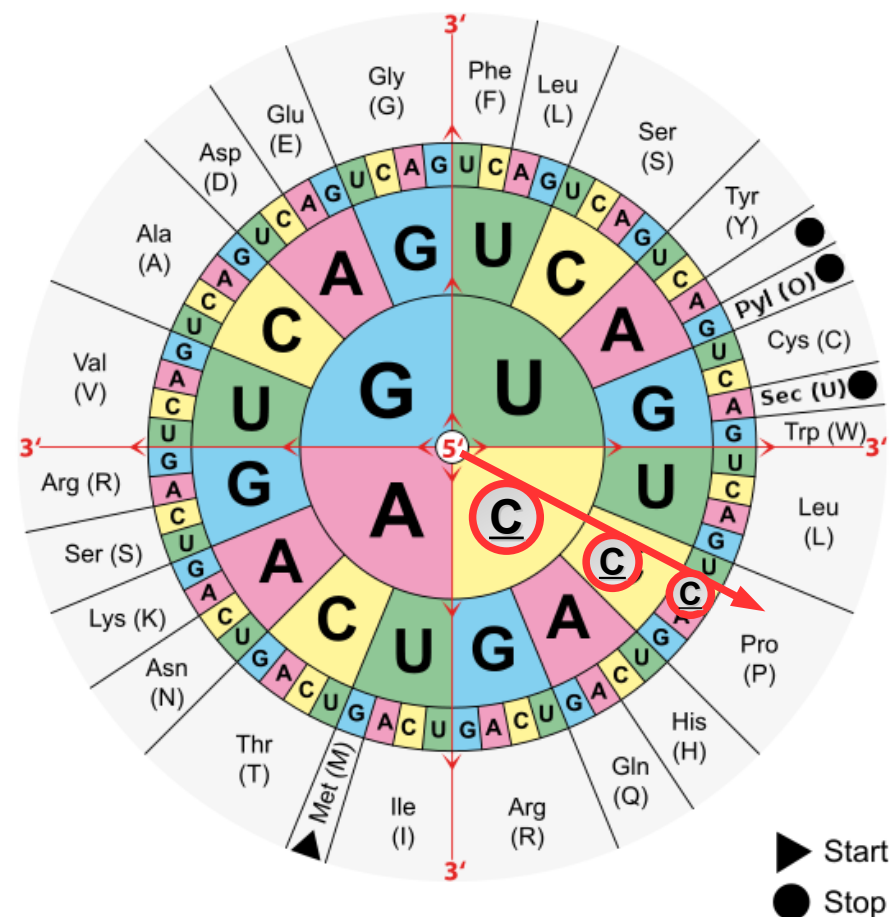
Alfabet białek: 22 aminokwasy



Przepływ informacji genetycznej: kod genetyczny (właściwości)

Kod genetyczny jest trójkowy: każde trzy kolejne nukleotydy kodują pojedynczy aminokwas albo sygnał zakończenia translacji. Spośród 64 kodonów 61 odpowiada 20 aminokwasom a trzy stanowią sygnał zakończenia translacji (**kodony terminujące, kodony stop**). Synteza białka zawsze zaczyna się od metioniny, dlatego jej kodon jest jednocześnie **kodonom startu** translacji.

CCC → prolina (Pro, P)

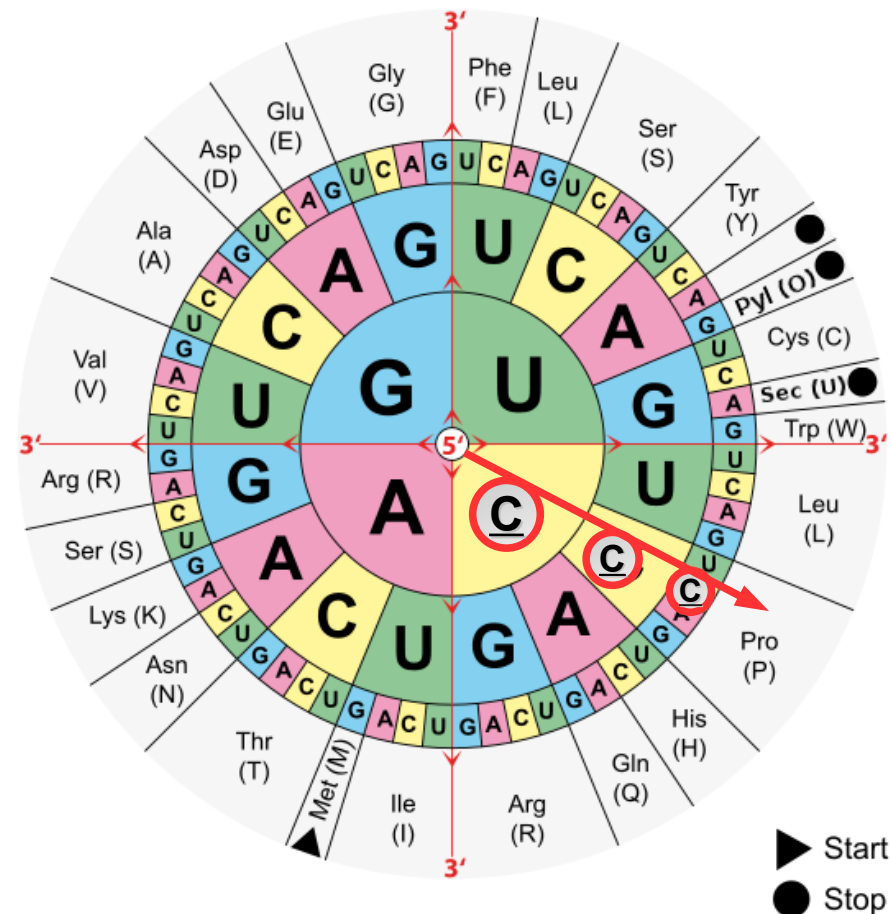


Przepływ informacji genetycznej: kod genetyczny (właściwości)

Kod genetyczny jest (niemal) jednoznaczny: każdy kodon koduje ściśle określony aminokwas lub sygnał zakończenia transkrypcji. Wyjątkami są dwa kodony stop (UGA i UAG), które – w zależności od kontekstu – mogą też kodować selenocysteinę i pirolizynę, czyli dwa aminokwasy spoza zestawu 20 najczęściej występujących.

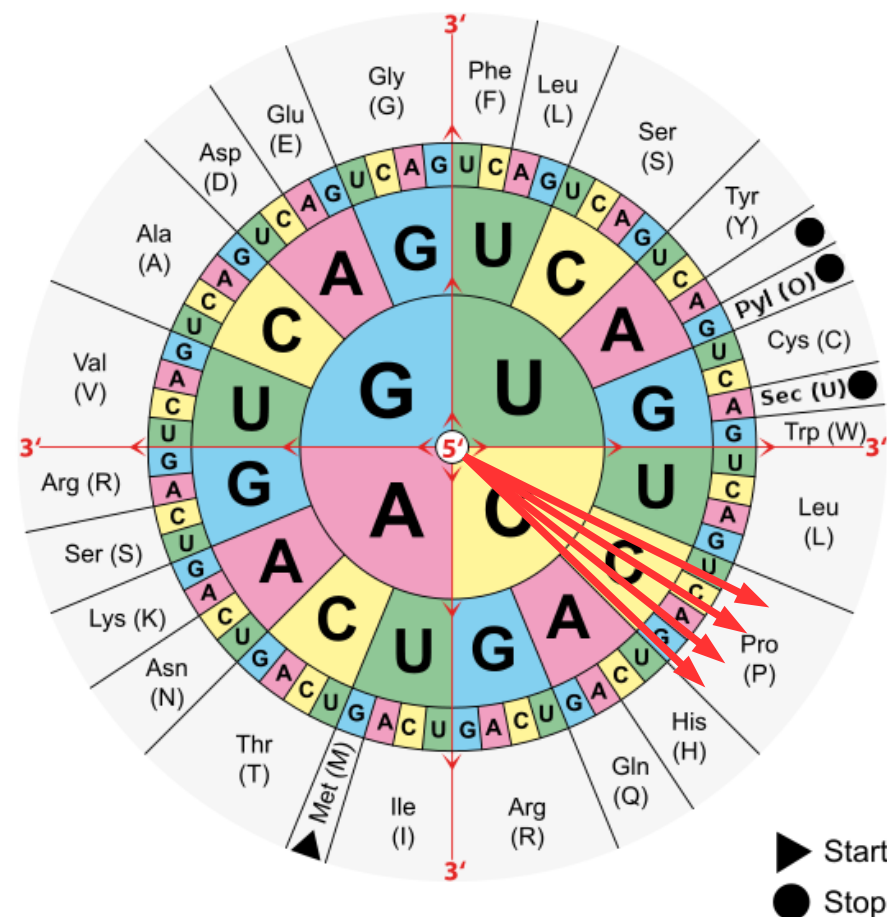
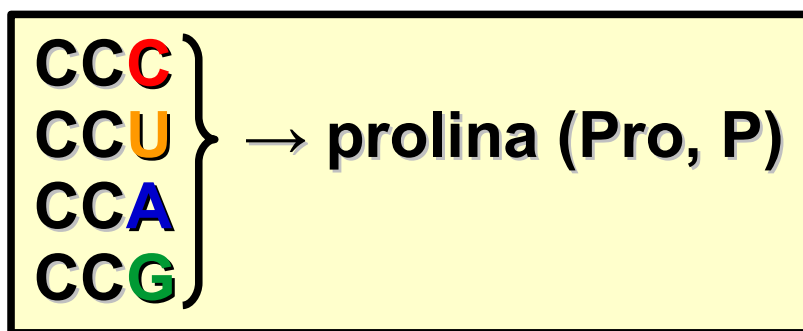
CCC → prolina (Pro, P)

~~CCC $\rightarrow$ HZyna (Lvs, K)~~



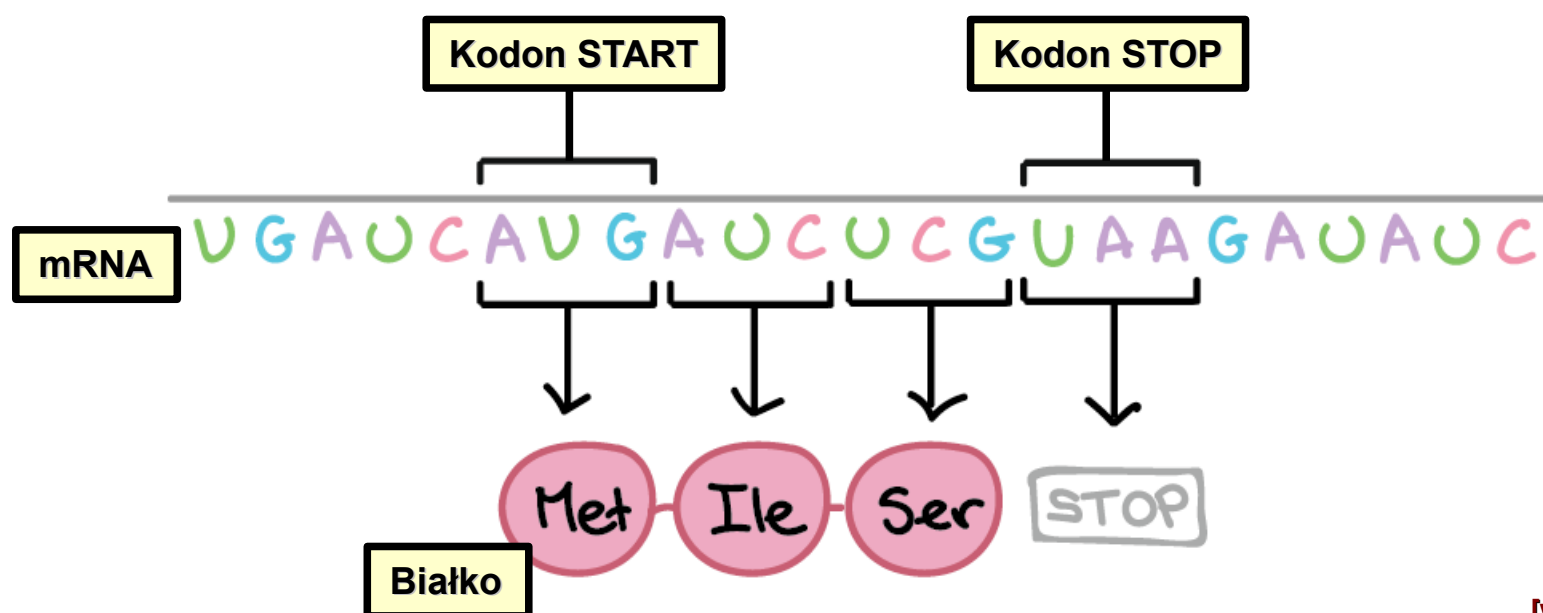
Przepływ informacji genetycznej: kod genetyczny (właściwości)

Kod genetyczny jest redundantny (zdegenerowany): większość aminokwasów może być kodowanych przez wiele różnych kodonów (od 2 do 6). Kodony odpowiadające tym samym aminokwasom mają zwykle podobne sekwencje i różnią się nukleotydem na trzeciej pozycji (tzw. **pozycja tolerancji**).



Przepływ informacji genetycznej: kod genetyczny (właściwości)

Kod genetyczny jest niezachodzący i bezprzecinkowy: następujące po sobie trójki nukleotydów w sekwencji kwasu nukleinowego tworzą kolejne kodony, pomiędzy którymi nie ma przerw. W efekcie **kod genetyczny zapewnia kolinearność**, co oznacza, że kolejność aminokwasów w białku w pełni odpowiada ułożeniu kodonów na cząstce RNA stanowiącej matrycę do jego syntezy.



Przepływ informacji genetycznej: kod genetyczny (właściwości)

Kod genetyczny jest (prawie) uniwersalny i wspólny dla zdecydowanej większości organizmów ze wszystkich trzech domen życia komórkowego (bakterii, archeonów i jądrowców). Odstępstwa od uniwersalności są niewielkie i zwykle dotyczą zmiany znaczenia pojedynczych kodonów.

Prokarionty

Bakterie



Spirochetes

Green
Filamentous
bacteria

Gram
positives

Proteobacteria

Cyanobacteria

Planctomyces

Bacteroides
Cytophaga

Thermotoga

Aquifex

Archeony



Methanosarcina
Methanobacterium
Methanococcus
T. celer
Thermoproteus
Pyrodicticum

Halophiles

Eukarionty



Entamoebae

Slime
molds

Animals

Fungi

Plants

Ciliates

Flagellates

Trichomonads

Microsporidia

Diplomonads

Przepływ informacji genetycznej: kod genetyczny (właściwości)

Kod genetyczny jest (prawie) uniwersalny i wspólny dla zdecydowanej większości organizmów ze wszystkich trzech domen życia komórkowego (bakterii, archeonów i jądrowców). Odstępstwa od uniwersalności są niewielkie i zwykle dotyczą zmiany znaczenia pojedynczych kodonów.

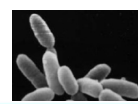
Prokarionty

Bakterie



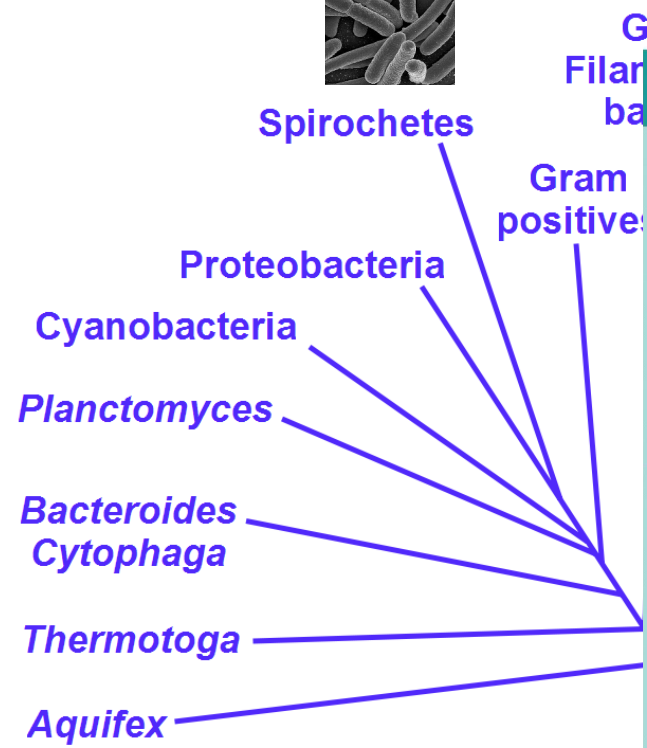
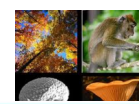
Spirochetes

Archeony



Green
Filamentous
bacteria

Eukarionty



Organism	Codon	Should code for	Actually codes for
Nuclear and prokaryotic genomes			
Several protozoa	UAA, UAG	Stop	Gln
<i>Candida cylindracea</i>	CUG	Leu	Ser
<i>Micrococcus</i> sp.	AGA	Arg	Stop
	AUA	Ile	Stop
<i>Euplotes</i> sp.	UGA	Stop	Cys
<i>Mycoplasma</i> sp.	UGA	Stop	Trp
	CGG	Arg	Stop
Mitochondrial genomes			
Mammals	UGA	Stop	Trp
	AGA, AGG	Arg	Stop
	AUA	Ile	Met
<i>Drosophila</i>	UGA	Stop	Trp
	AGA	Arg	Ser
	AUA	Ile	Met
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	UGA	Stop	Trp
	CUN	Leu	Thr
	AUA	Ile	Met
Fungi	UGA	Stop	Trp
Maize	CGG	Arg	Trp

Uczenie maszynowe w bioinformatyce

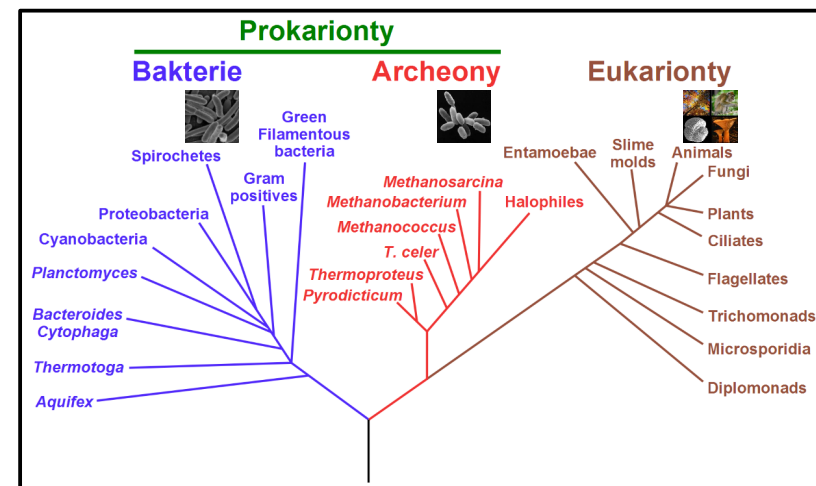
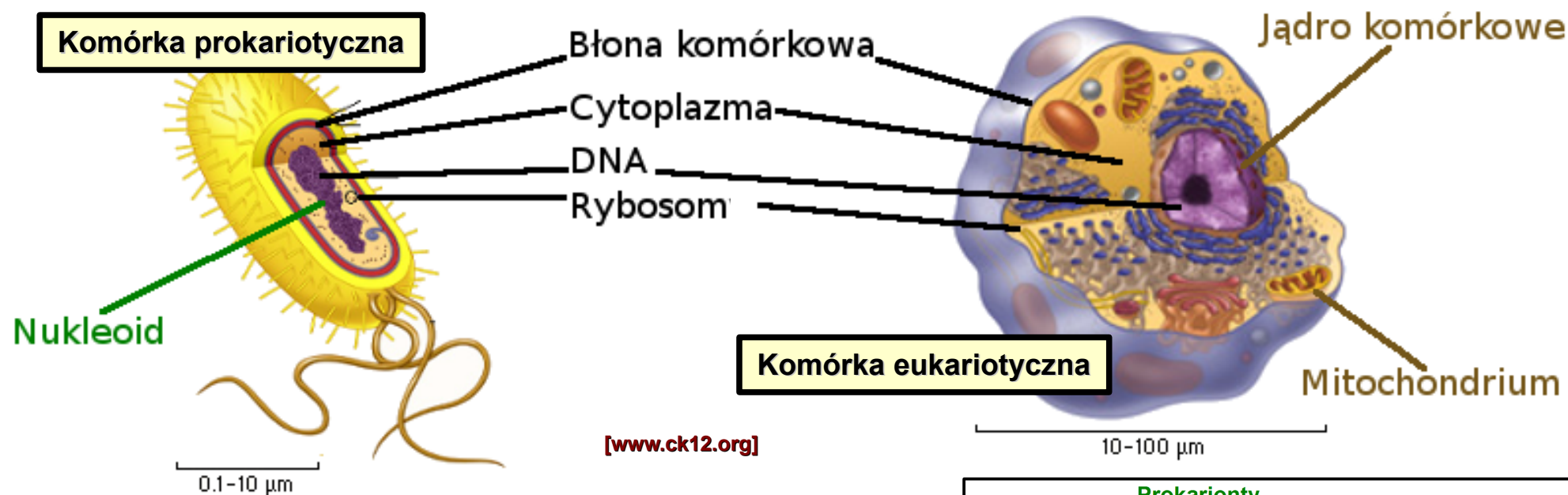
Wykład 2: geny i ich ekspresja

Tymon Rubel

**Zakład Elektroniki Jądrowej i Medycznej
Instytut Radioelektroniki i Technik Multimedialnych PW**

Organizmy prokariotyczne i eukariotyczne

Jakkolwiek ogólny schemat ekspresji jest jednakowy dla całego życia komórkowego, to szczegóły tego procesu nieco różnią się pomiędzy organizmami, których komórki zawierają otoczone błoną jądro komórkowe (**eukariotami**), a tymi nie posiadającymi wyodrębnionego jądra (**prokariotami**).

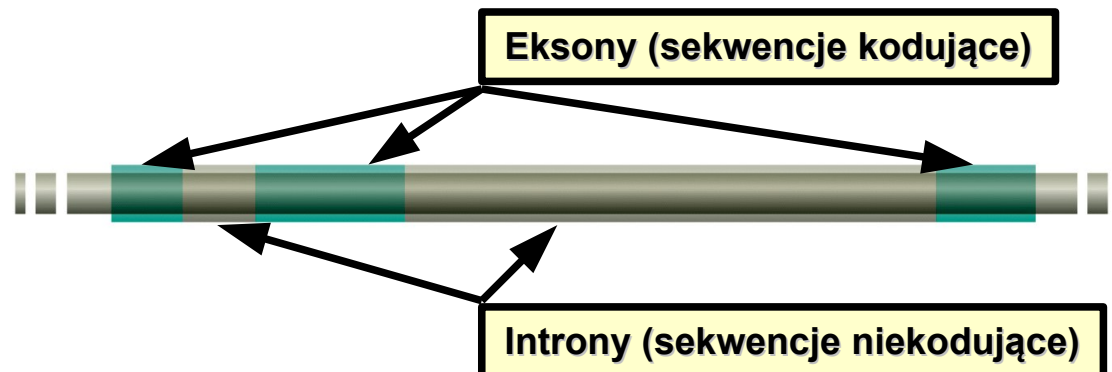


Budowa genów

U bakterii w zdecydowanej większości przypadków cała sekwencja genu koduje cząsteczkę białka lub funkcjonalnego RNA.



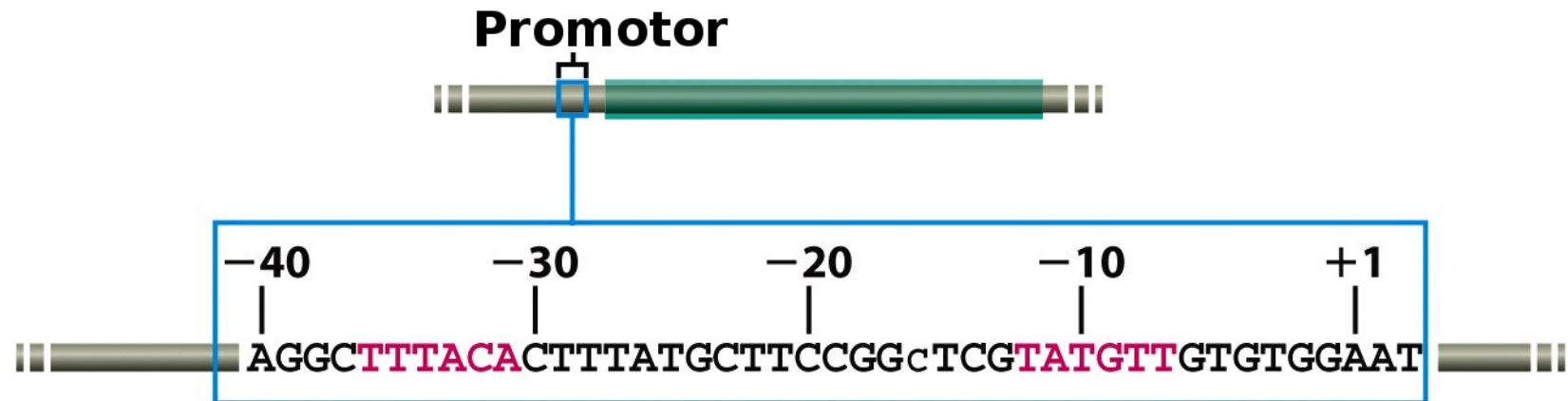
W genach eukariontów sekwencje kodujące (**eksony**) zwykle przedzielone są długimi odcinkami sekwencji niekodujących (**intronami**).



Budowa genów

Z genem związane są **sekwencje regulatorowe**. Tworzące je nukleotydy nie kodują bezpośrednio informacji o budowie cząsteczki białka lub funkcjonalnego RNA, ale wpływają na proces transkrypcji genu.

Najważniejszym regionem regulatorowym jest **promotor**, czyli sekwencja znajdująca się powyżej genu, z którą wiążą się białka inicjujące proces jego transkrypcji. Poniżej genu funkcję sygnału zakończenia transkrypcji pełni sekwencja **terminatora**.



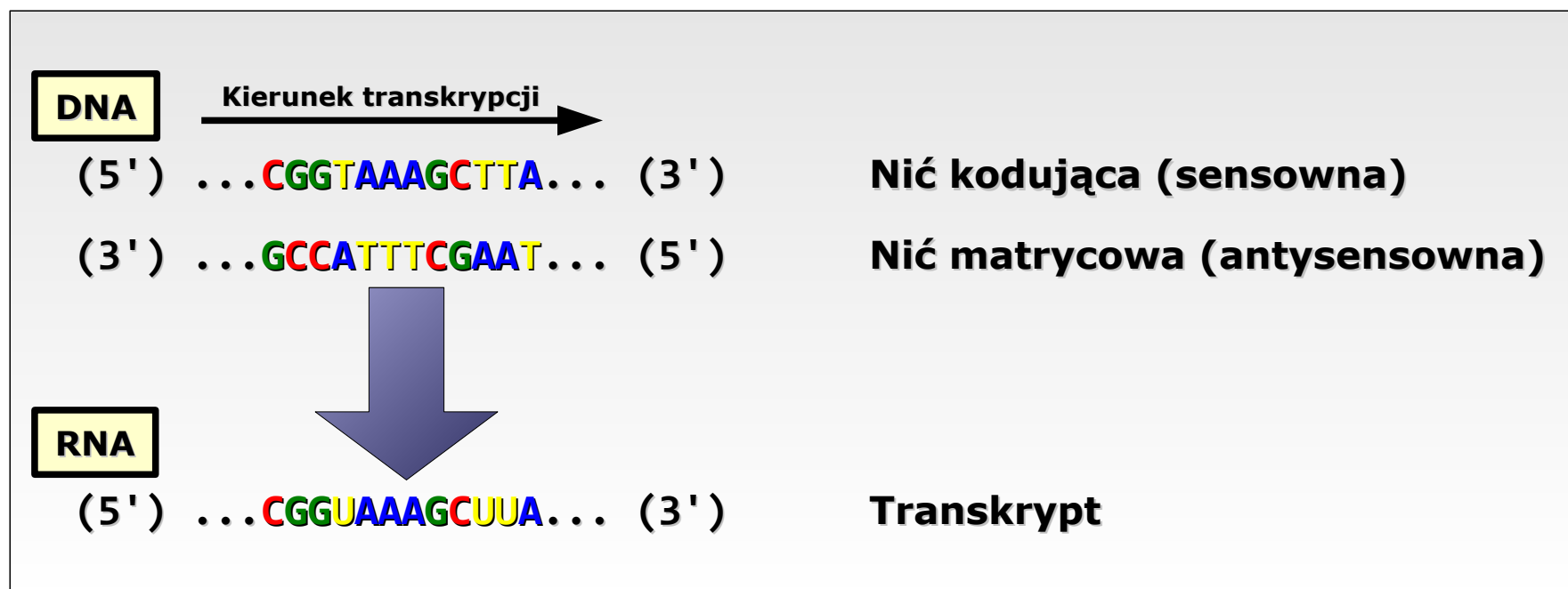
[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Ekspresja genów: transkrypcja

Pierwszym etapem ekspresji genu jest **transkrypcja**, czyli proces syntezy cząsteczki RNA na matrycy, którą stanowi jedna z nici DNA.

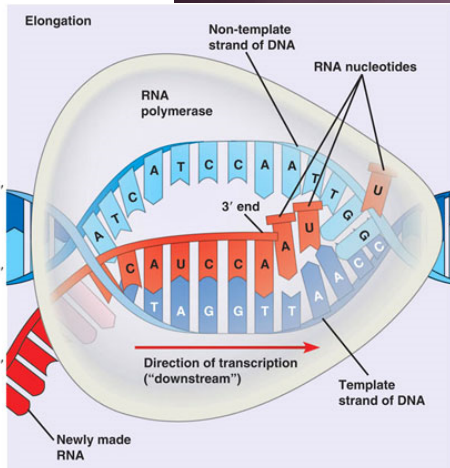
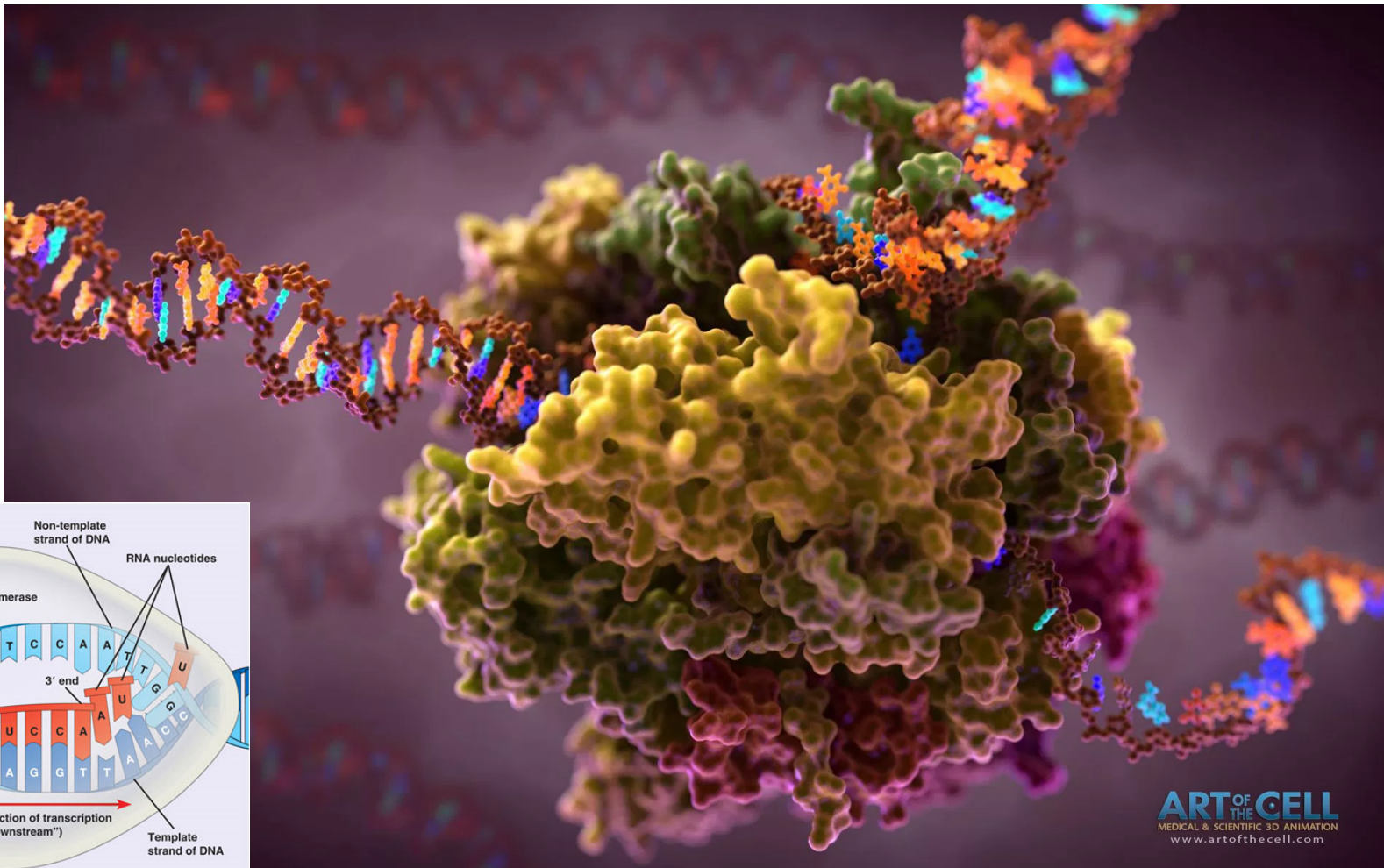
Cząstka RNA (**transkrypt**) powstaje w kierunku 5'→3' (kolejne nukleotydy dołączane są do końca 3') zgodnie z regułami komplementarności zasad azotowych.

Sekwencja nukleotydów RNA jest komplementarna **nici matrycowej**, czyli taka sama (z dokładnością do zastąpienia tyminy przez uracyl) jak sekwencja drugiej z nici, zwanej **nicią kodującą**.



Ekspresja genów: transkrypcja

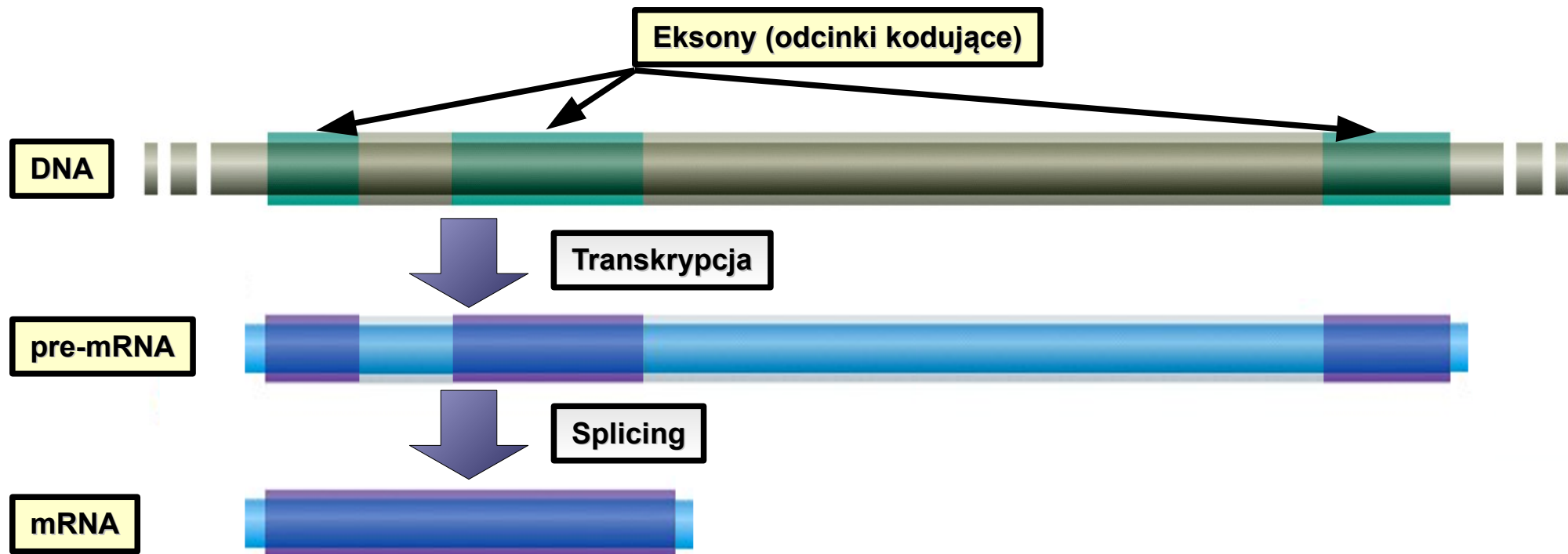
Synteza RNA jest katalizowana przez enzym białkowy nazywany **polimerazą RNA zależną od DNA**. Białko to ma specyficzną budowę, które pozwala mu związać się z DNA w miejscu występowania promotora genu, a następnie polimeryzować kolejne nukleotydy zgodnie z sekwencją nici matrycowej.



Ekspresja genów: transkrypcja u eukariontów (dojrzewanie mRNA)

U organizmów eukariotycznych powstała w wyniku transkrypcji cząstka RNA zawiera zarówno kodujące eksony, jak i niekodujące introny. Dlatego **pierwotny transkrypt** wymaga dalszej obróbki, co jest określane **dojrzewaniem mRNA**.

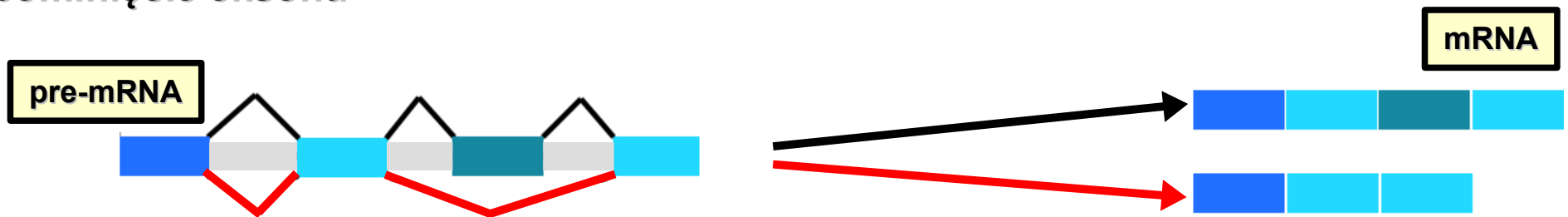
Cząstka będąca bezpośrednim efektem transkrypcji nazywana jest **prekursorowym mRNA (pre-mRNA)**. Przekształcenie jej w **dojrzałe mRNA** odbywa się w procesie **składania (splicing)**, polegającym na usunięciu sekwencji intronów.



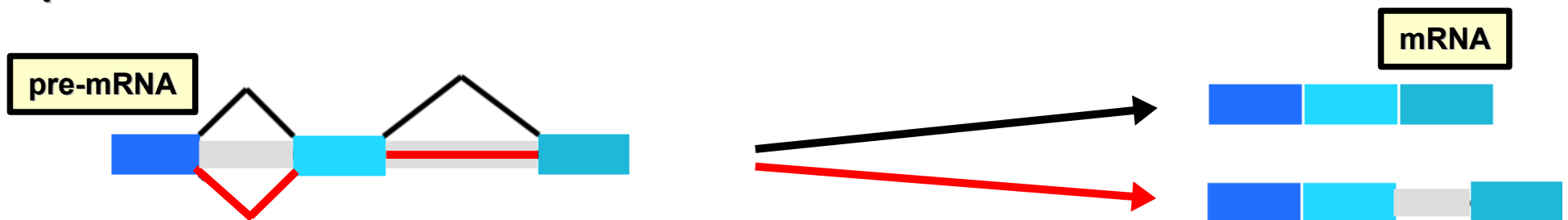
Ekspresja genów: transkrypcja u eukariontów (alternatywne składanie)

Cząsteczki pre-mRNA mogą podlegać różnym sposobom składania. W wyniku tego mechanizmu, zwanego **alternatywnym składaniem**, z jednego transkryptu mogą powstać różne cząsteczki mRNA, kodujące białka o odmiennych właściwościach. Przykładami alternatywnego splicingu mogą być:

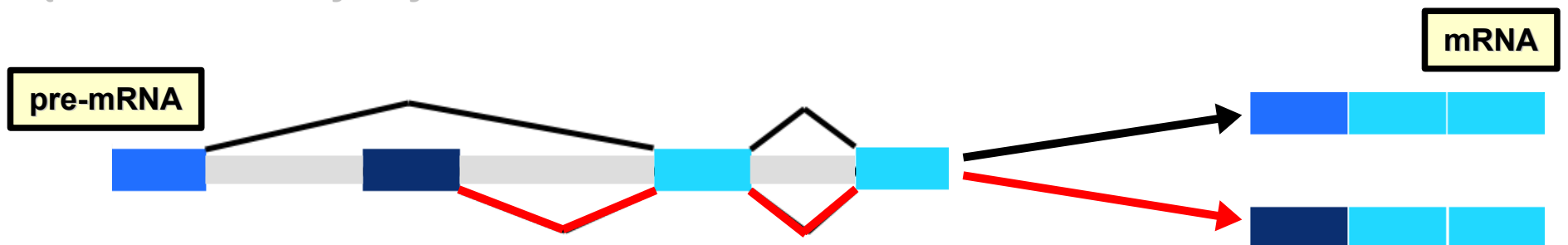
▪ pominięcie eksonu



▪ włączenie intronu

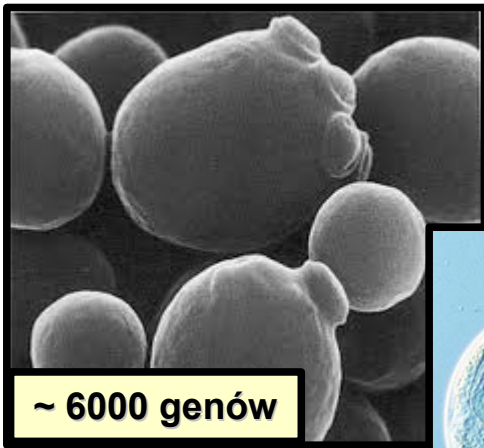


▪ włączanie alternatywnych eksonów



Ekspresja genów: transkrypcja u eukariontów (alternatywne składanie)

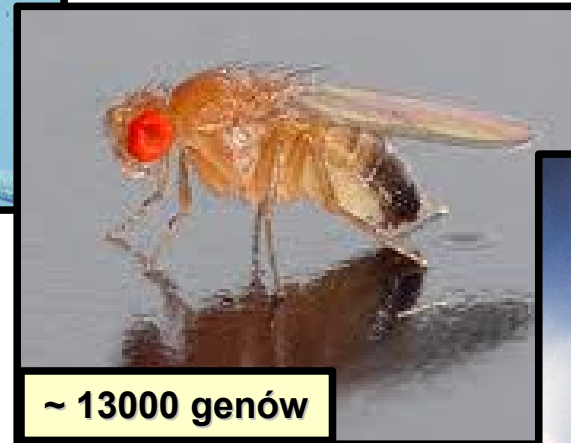
Obecnie wydaje się, że alternatywne składanie może być jednym z najważniejszych mechanizmów wpływających na złożoność organizmów eukariotycznych. Oznacza to, że istotna jest nie tylko liczba genów kodujących białka, ale także efektywność ich wykorzystania, rozumiana jako liczba możliwych form białkowych kodowanych przez poszczególne geny.



~ 6000 genów



~ 19000 genów



~ 13000 genów



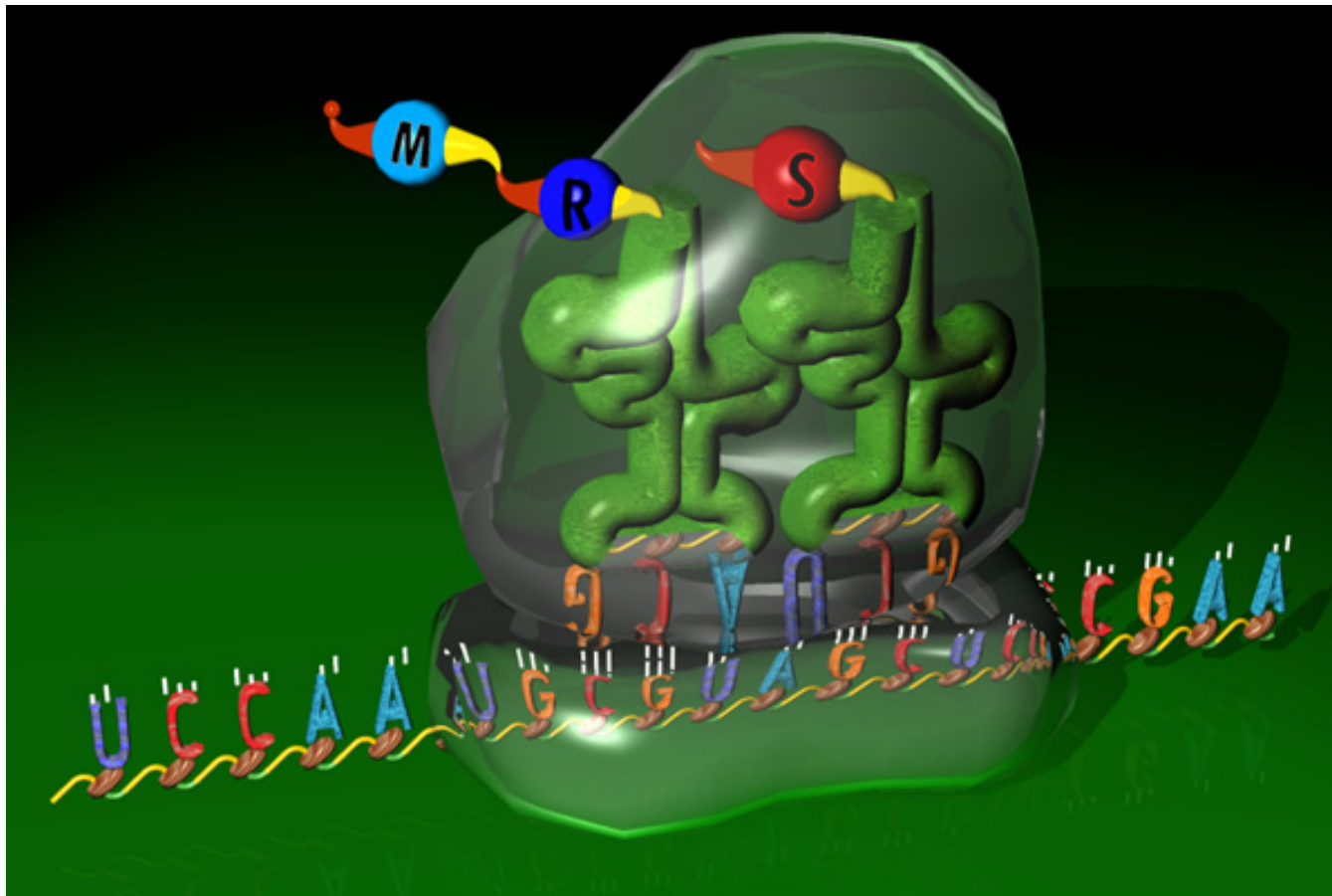
~ 20000 genów

UWAGA: podane liczby dotyczą genów kodujących białka

Ekspresja genów: translacja

Translacja jest procesem syntezy łańcucha polipeptydowego białka lub peptydu o kolejności aminokwasów odpowiadającej kolejności kodonów cząstki mRNA.

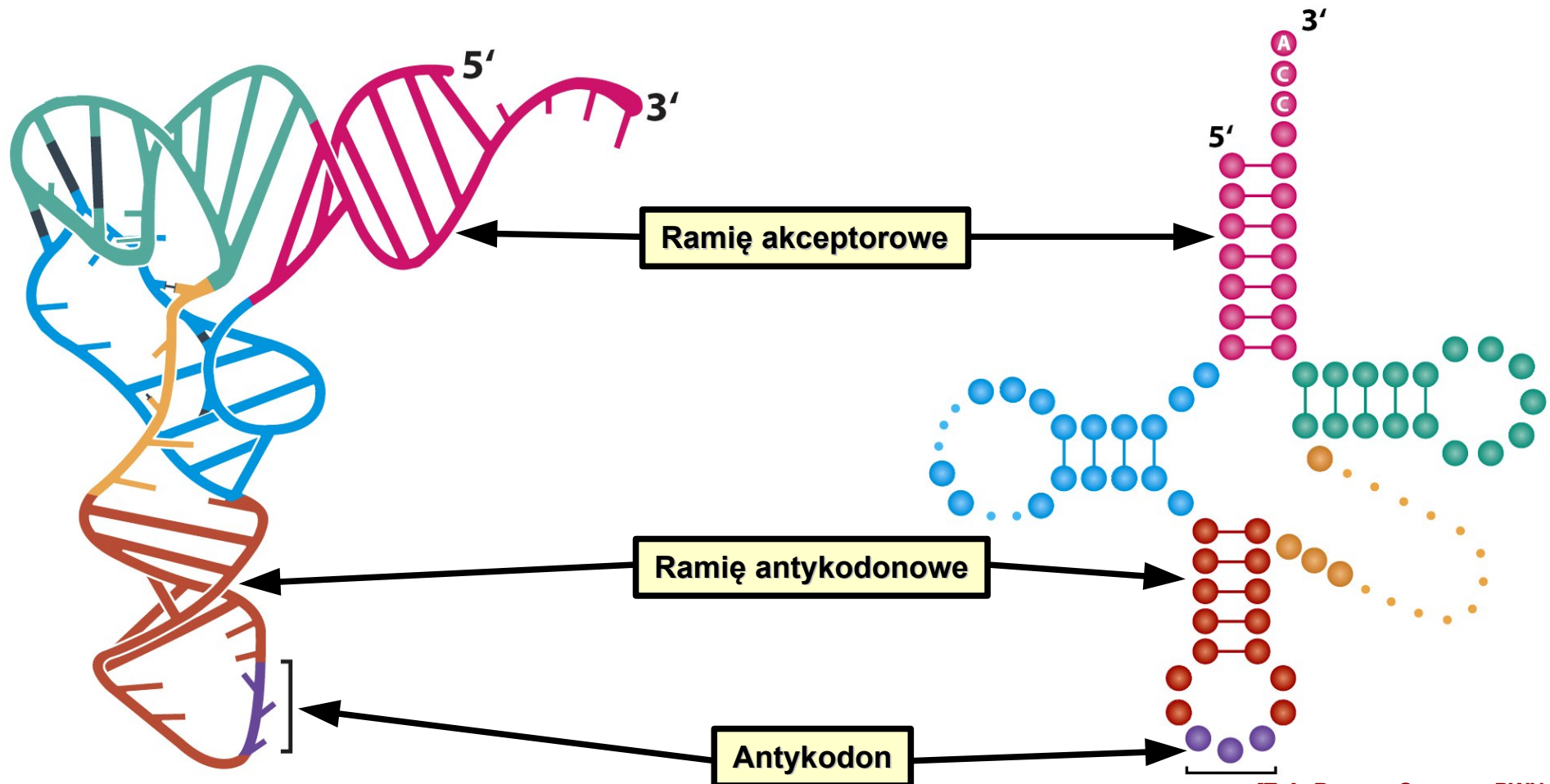
Synteza łańcucha polipeptydowego zachodzi w **rybosomach** przy udziale cząsteczek **transportującego RNA (tRNA)** oraz szeregu enzymów białkowych, zwanych **czynnikami translacyjnymi**.



Ekspresja genów: translacja (tRNA)

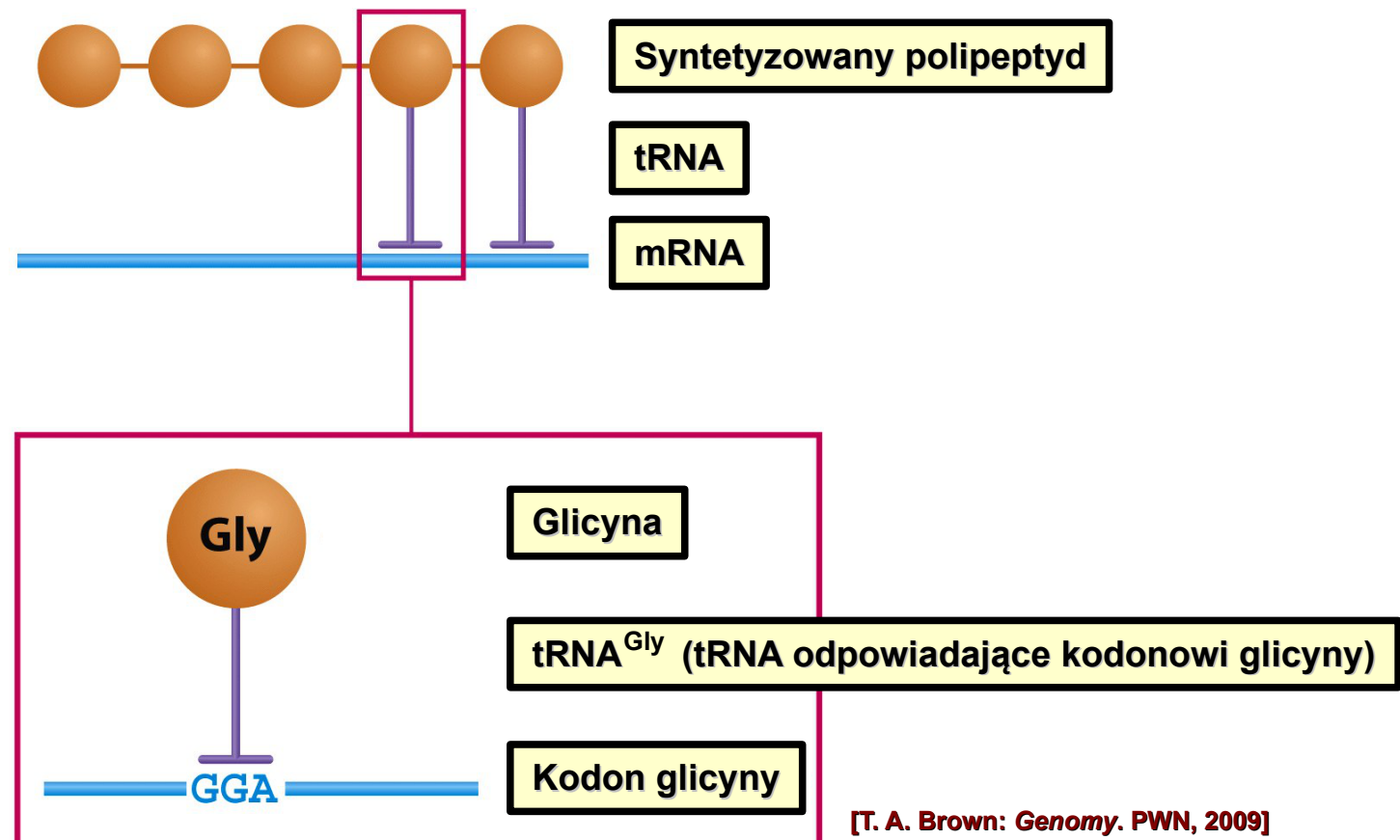
Transportujące RNA to krótkie cząsteczki (o długości 74-95 nukleotydów). Sekwencje ich nukleotydów tworzą strukturę „liścia koniczyny”, której głównymi elementami są:

- **ramię antykodonowe**, zawierające **antykonon** złożony z trzech nukleotydów łączących się w czasie translacji z określonym kodonem mRNA;
- **ramię akceptorowe**, wiążące aminokwas odpowiadający temu kodonowi.



Ekspresja genów: translacja (tRNA)

Struktura cząstek tRNA pozwala im pełnić rolę pośrednika pomiędzy mRNA a aminokwasami podczas translacji. Ich zadaniem jest dostarczanie do rybosomów aminokwasów i zapewnienie aby kolejność ich włączania do syntezowanego białka była zgodna z kolejnością występowania kodonów w cząsteczce mRNA.

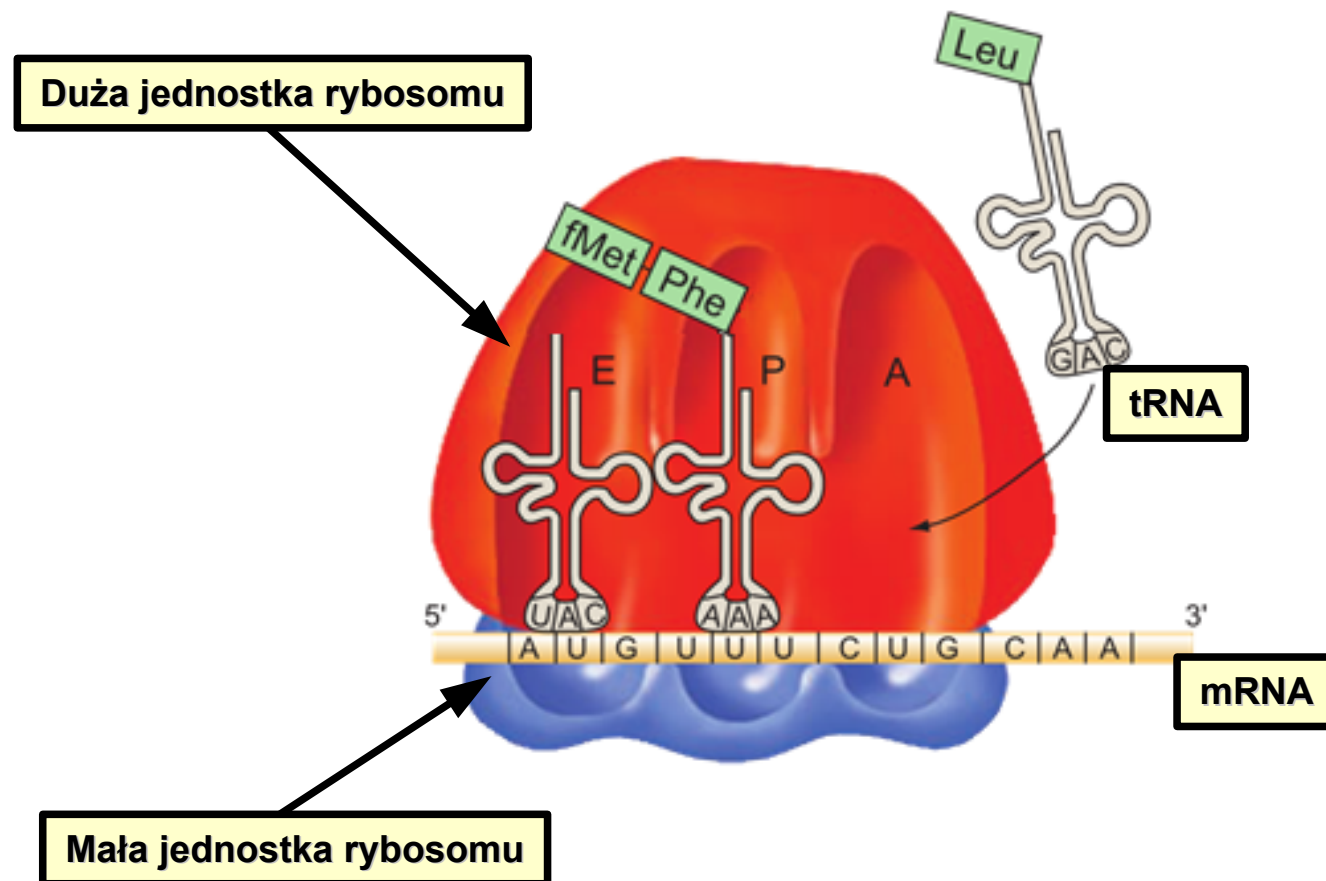


[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Ekspresja genów: translacja (rybosomy)

Rybosomy są strukturami komórkowymi zbudowanymi z **rybosomalnego RNA (rRNA)** i związanych z nim białek.

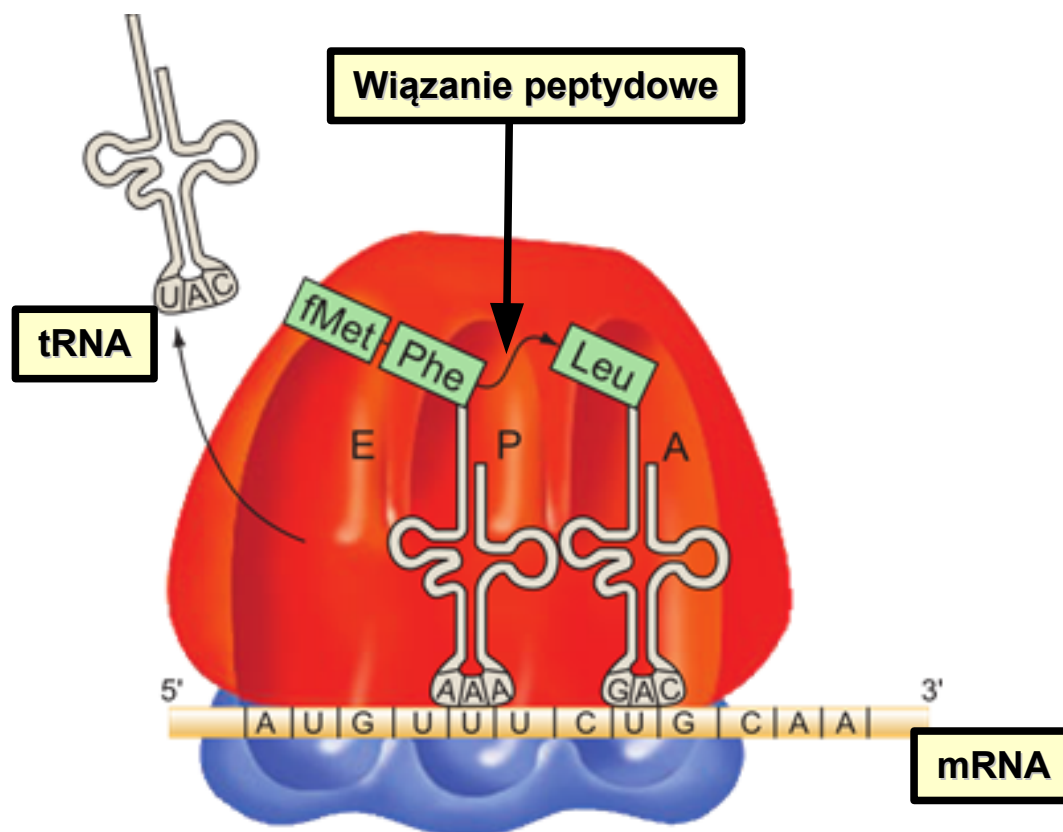
Składają się z **małej** i **dużej podjednostki**, które po połączeniu koordynują translację poprzez umieszczenie we właściwych pozycjach względem siebie cząsteczek mRNA i tRNA (z przyłączonymi aminokwasami). Jednocześnie rRNA i białka rybosomalne katalizują reakcje chemiczne zachodzące podczas translacji.



Ekspresja genów: translacja (rybosomy)

Rybosomy są strukturami komórkowymi zbudowanymi z **rybosomalnego RNA (rRNA)** i związanych z nim białek.

Składają się z **małej** i **dużej podjednostki**, które po połączeniu koordynują translację poprzez umieszczenie we właściwych pozycjach względem siebie cząsteczek mRNA i tRNA (z przyłączonymi aminokwasami). Jednocześnie rRNA i białka rybosomalne katalizują reakcje chemiczne zachodzące podczas translacji.



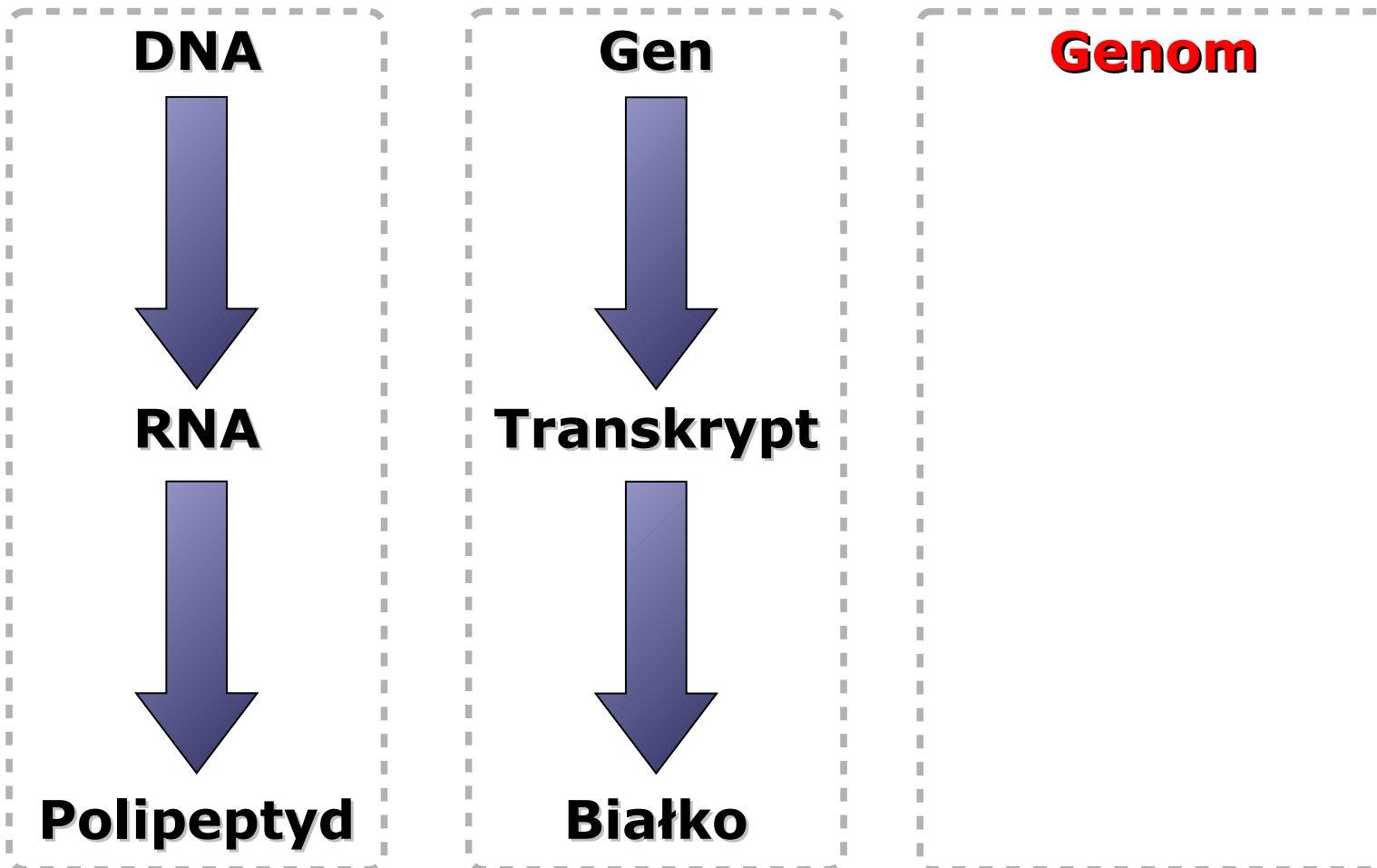
Uczenie maszynowe w bioinformatyce

Wykład 2: genomy

Tymon Rubel

**Zakład Elektroniki Jądrowej i Medycznej
Instytut Radioelektroniki i Technik Multimedialnych PW**

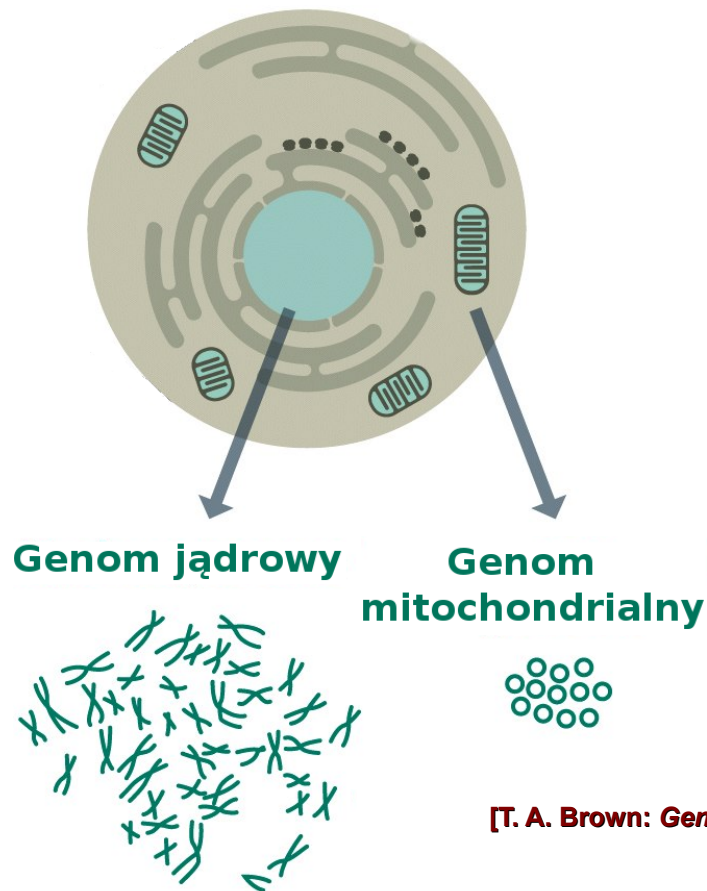
Genom jest to całkowity materiał genetyczny organizmu. Obejmuje zarówno geny i sekwencje regulatorowe, jak i obszary niekodujące (funkcjonalne i nefunkcjonalne). Tym samym jest to pojęcie szersze od genotypu, czyli zestawu genów wpływających na fenotyp organizmu.



Genomy organizmów eukariotycznych

Całkowite DNA komórek eukariotycznych jest rozdzielone pomiędzy:

- **genom jądrowy** (u wszystkich eukariontów);
- **genom mitochondrialny** (u zdecydowanej większości eukariontów);
- **genom plastydowy** (u wszystkich eukariontów fotosyntetyzujących).



[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

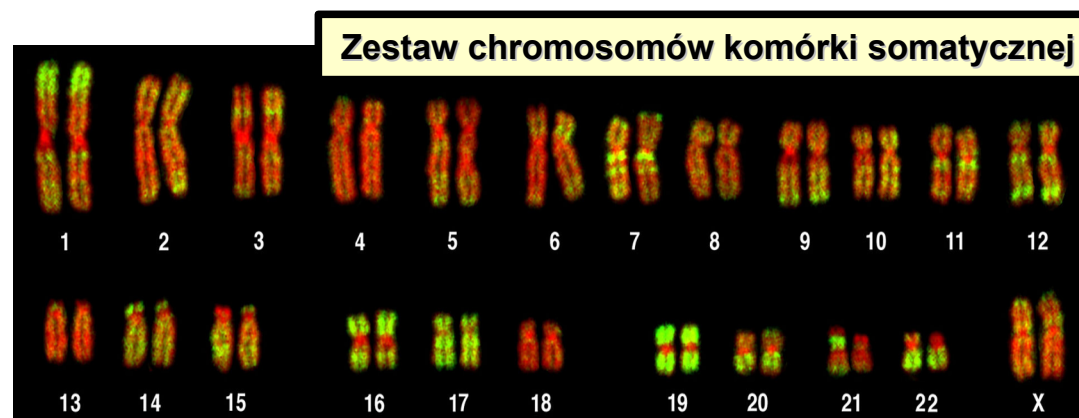
Genomy organizmów eukariotycznych: genomy jądrowe

Genom jądrowy eukariotów składa ze zbioru liniowych **chromosomów** zbudowanych z **chromatyny**, czyli kompleksu złożonego z cząstki dwuniciowego DNA i białek.

Liczba i wielkość chromosomów są zależne od gatunku. U człowieka genom jądrowy podzielony jest na 24 rodzaje chromosomów: **22 autosomy** (ponumerowane od 1 do 22, zgodnie z wielkością) i **2 chromosomy płci** (X i Y).

Komórki somatyczne są diploidalne i zawierają 23 pary chromosomów (w każdej z nich jeden chromosom pochodzi od matki, drugi od ojca):

- 22 pary autosomów;
- 1 parę chromosomów płci (XX u kobiet lub XY u mężczyzn).



Komórki rozrodcze (gamety) są haploidalne i zawierają 23 chromosomy:

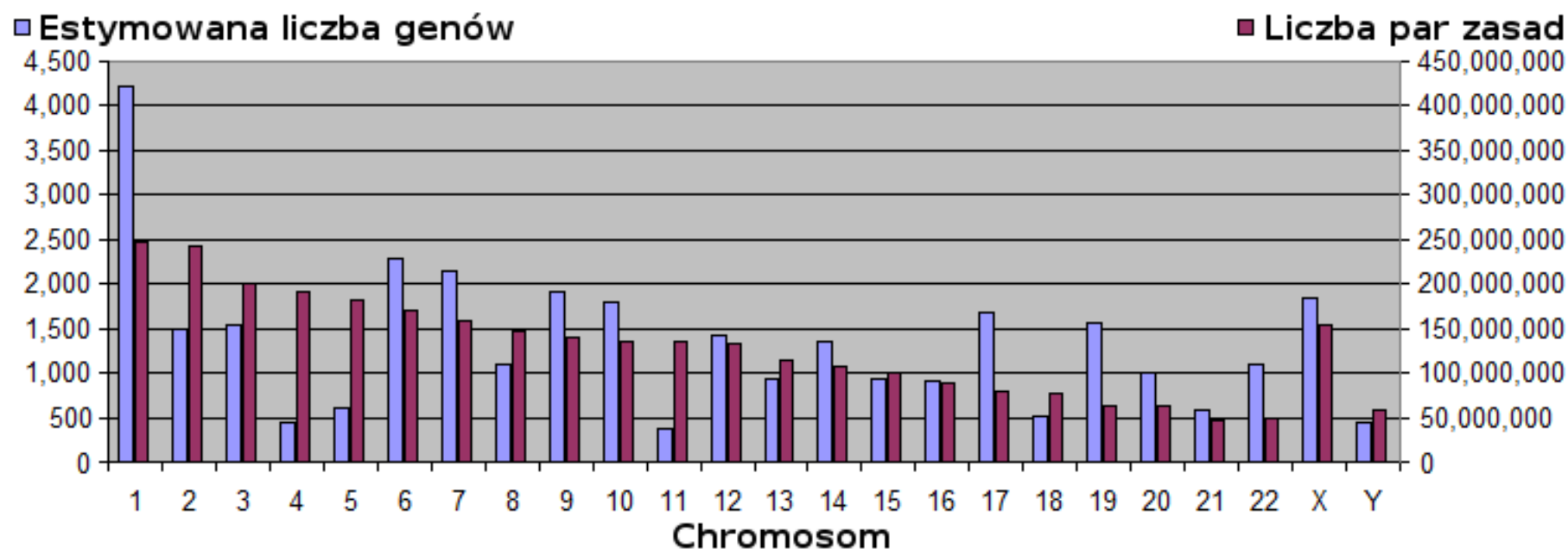
- 22 autosomy;
- 1 chromosom płci.

Genomy organizmów eukariotycznych: genomy jądrowe

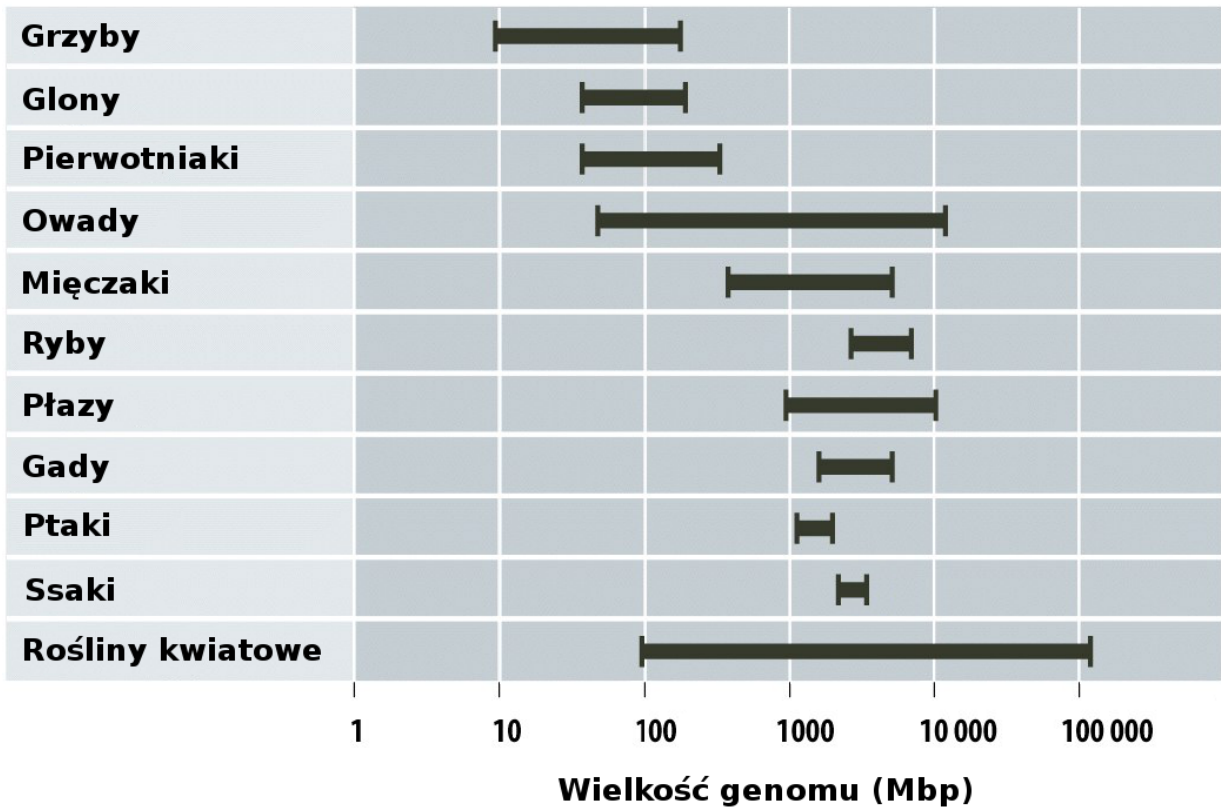
Określenie „wielkość genomu” organizmu eukariotycznego odnosi się zwykle do sekwencji haploidalnej (z uwzględnieniem obu chromosomów płci, jeżeli organizm rozmnaża się płciowo).

Rozmiar genomu wyrażany jest najczęściej w **parach zasad [bp] (*base pairs*)** lub w **pikogramach [pg]** (1 [pg] = 978 [Mbp]).

Genom człowieka ma rozmiar około 3,2 mld bp.



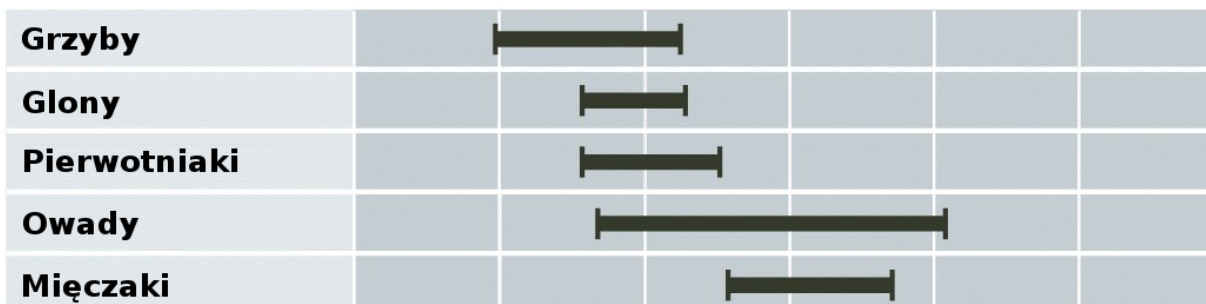
Genomy organizmów eukariotycznych: genomy jądrowe



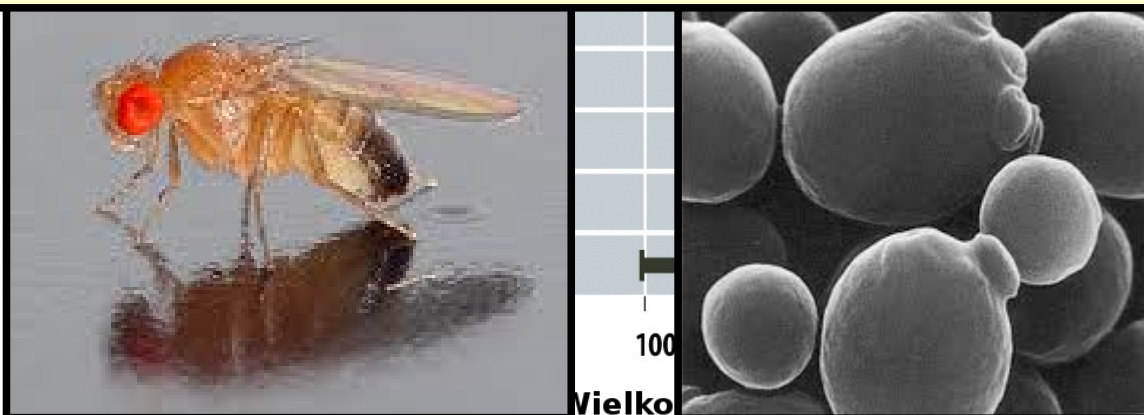
[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Gatunek	Liczba chromosomów	Rozmiar genomu [Mbp]	Przybliżona liczba genów
Drożdże pączkujące [Saccharomyces cerevisiae]	8	12,1	6100
Nicień [Caenorhabditis elegans]	6	97	19000
Muszka owocówka [Drosophila melanogaster]	4	180	13600
Ryż siewny [Oryza sativa]	12	466	40000
Człowiek [Homo sapiens]	24	3200	20000
Bezskrzydlak pieszy [Podisma pedestris]	11	16500	?

Genomy organizmów eukariotycznych: genomy jądrowe



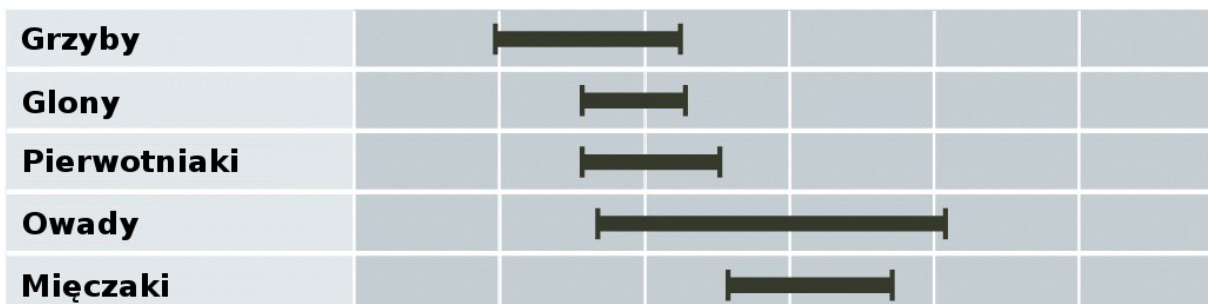
Liczba chromosomów nie jest powiązana z wielkością genomu



[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Gatunek	Liczba chromosomów	Rozmiar genomu [Mbp]	Przybliżona liczba genów
Drożdże pączkujące [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	8	12,1	6100
Nicień [<i>Caenorhabditis elegans</i>]	6	97	19000
Muszka owocówka [<i>Drosophila melanogaster</i>]	4	180	13600
Ryż siewny [<i>Oryza sativa</i>]	12	466	40000
Człowiek [<i>Homo sapiens</i>]	24	3200	20000
Bezskrzydlak pieszy [<i>Podisma pedestris</i>]	11	16500	?

Genomy organizmów eukariotycznych: genomy jądrowe



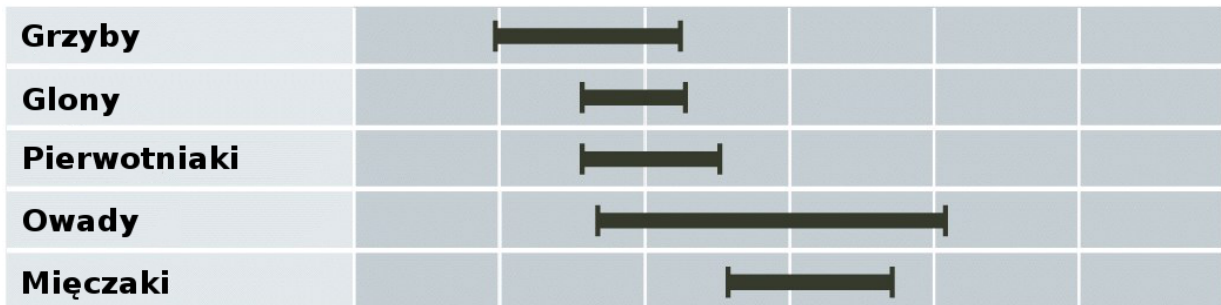
Liczba genów nie musi być powiązana ze złożonością organizmu



J. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Gatunek	Liczba chromosomów	Rozmiar genomu [Mbp]	Przybliżona liczba genów
Drożdże pączkujące [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	8	12,1	6100
Nicień [<i>Caenorhabditis elegans</i>]	6	97	19000
Muszka owocówka [<i>Drosophila melanogaster</i>]	4	180	13600
Ryż siewny [<i>Oryza sativa</i>]	12	466	40000
Człowiek [<i>Homo sapiens</i>]	24	3200	20000
Bezskrzydlak piesz [Podisma pedestris]	11	16500	?

Genomy organizmów eukariotycznych: genomy jądrowe



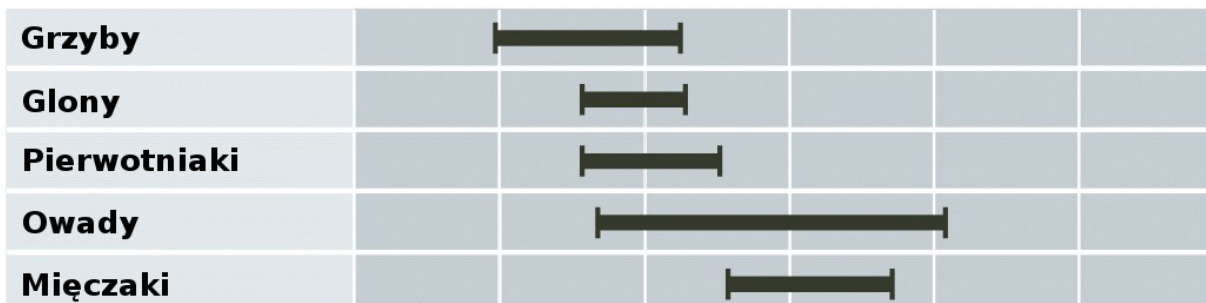
Wielkość genomu nie musi być powiązana ze złożonością organizmu



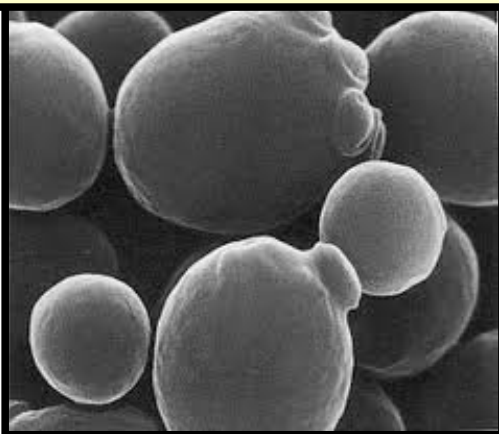
[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Gatunek	Liczba chromosomów	Rozmiar genomu [Mbp]	Przybliżona liczba genów
Drożdże pączkujące [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	8	12,1	6100
Nicień [<i>Caenorhabditis elegans</i>]	6	97	19000
Muszka owocówka [<i>Drosophila melanogaster</i>]	4	180	13600
Ryż siewny [<i>Oryza sativa</i>]	12	466	40000
Człowiek [<i>Homo sapiens</i>]	24	3200	20000
Bezskrzydlak pieszy [<i>Podisma pedestris</i>]	11	16500	?

Genomy organizmów eukariotycznych: genomy jądrowe



Relacje pomiędzy wielkością genomu a liczbą genów nie są stałe



Wielkość

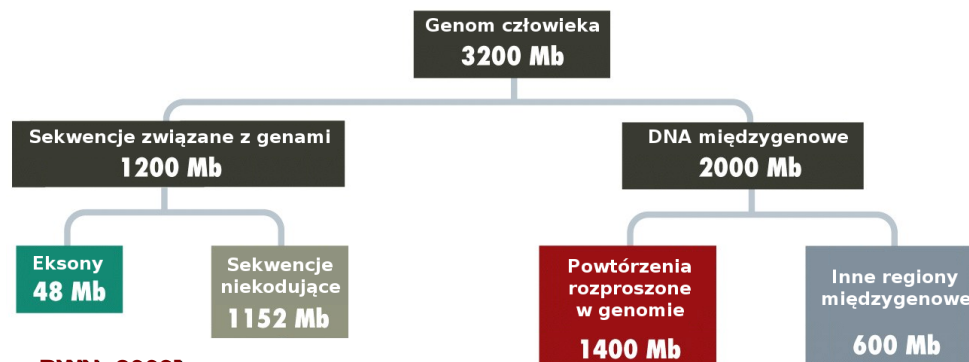


[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Gatunek	Liczba chromosomów	Rozmiar genomu [Mbp]	Przybliżona liczba genów
Drożdże pączkujące [<i>Saccharomyces cerevisiae</i>]	8	12,1	6100
Nicień [<i>Caenorhabditis elegans</i>]	6	97	19000
Muszka owocówka [<i>Drosophila melanogaster</i>]	4	180	13600
Ryż siewny [<i>Oryza sativa</i>]	12	466	40000
Człowiek [<i>Homo sapiens</i>]	24	3200	20000
Bezskrzydlak pieszy [<i>Podisma pedestris</i>]	11	16500	?

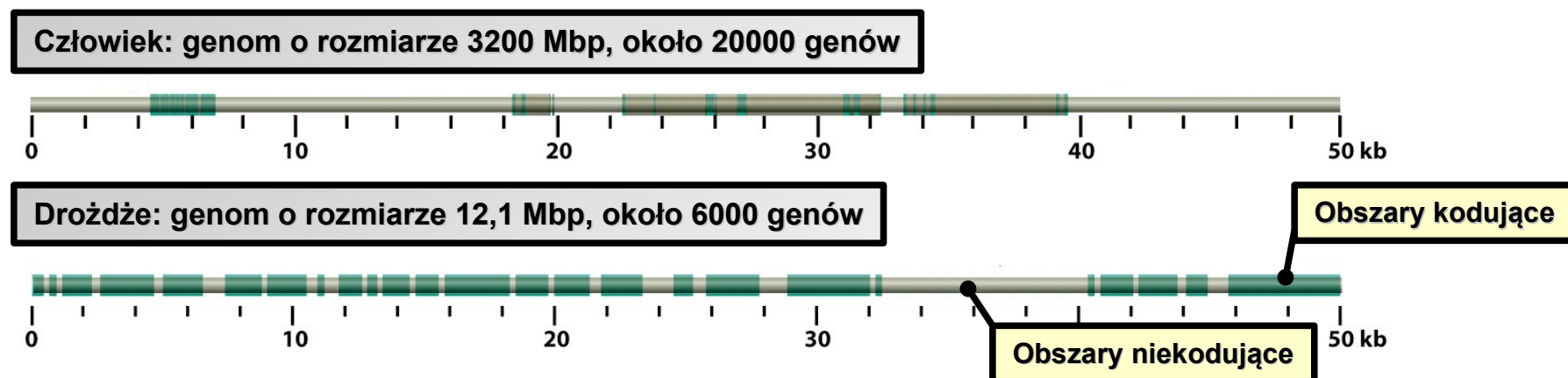
Genomy organizmów eukariotycznych: genomy jądrowe

Geny organizmów eukariotycznych są rozdzielone niekodującymi sekwencjami DNA, które nie pełnią znanych funkcji regulacyjnych (**DNA międzygenowe**). Przykładowo u człowieka sekwencje kodujące białka stanowią jedynie około 1,5% ogółu genomu.



[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Wśród eukariontów obserwuje się też istotne różnice w efektywności wykorzystania genomowego DNA, a relacje między wielkością genomu a liczbą genów nie są stałe.

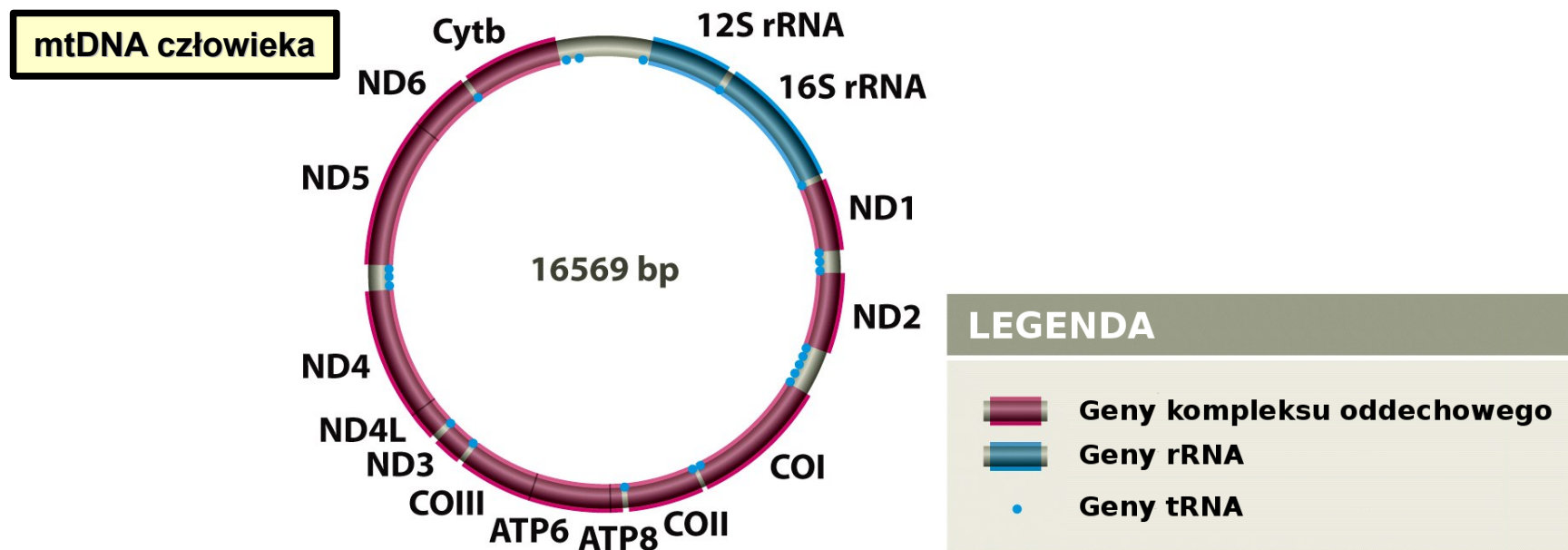


Dodatkowo, istnienie alternatywnego splicingu powoduje, że liczba genów nie może być traktowana jako bezpośrednia miara złożoności organizmu.

Genomy organizmów eukariotycznych: genomy organelli komórkowych

Mitochondria i chloroplasty mają własne genomy, niezależne od genomu jądrowego. Organelle te mają również własne rybosomy, w których zachodzi synteza białek. Większość genomów organellarnych ma postać kolistych cząsteczek występujących w wielu kopiach (1000-10000 kopii na komórkę).

Genomy mitochondrialne (mtDNA) mają wielkość 6-2500 kbp (u człowieka jest to 16569 bp) i zawierają od 5 do 100 genów (u człowieka 37), kodujących funkcjonalne RNA oraz białka związane z łańcuchem oddechowym.



[T. A. Brown: *Genomy*. PWN, 2009]

Genomy chloroplastowe (chlDNA) mają wielkość 100-200 kbp. Zawierają około 200 genów, kodujących funkcjonalne RNA i białka związane z fotosyntezą.

Uczenie maszynowe w bioinformatyce

Wykład 2: „omy” i „omiki”

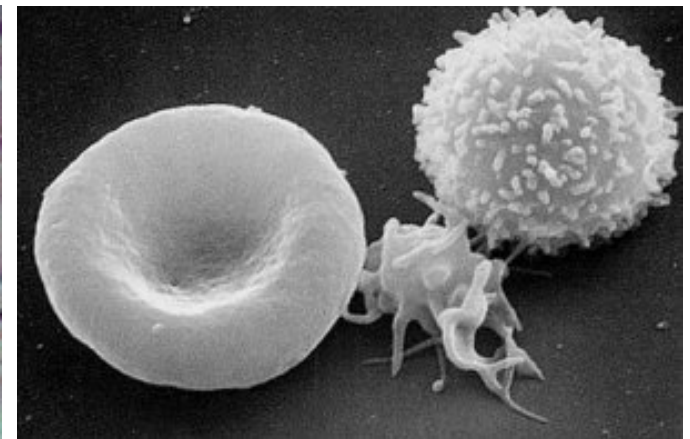
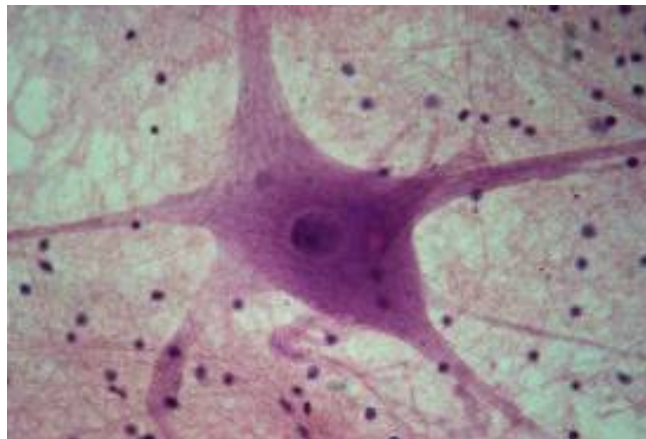
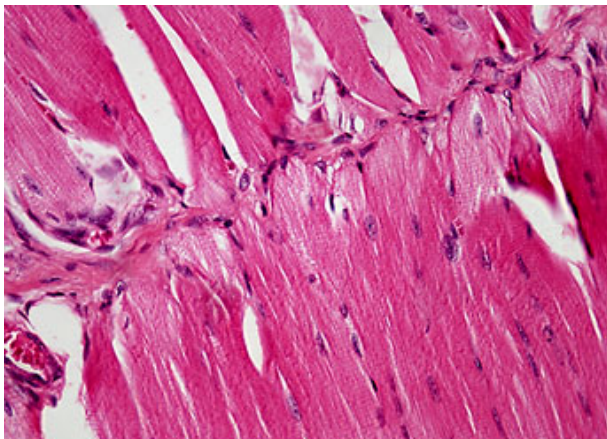
Tymon Rubel

Zakład Elektroniki Jądrowej i Medycznej
Instytut Radioelektroniki i Technik Multimedialnych PW

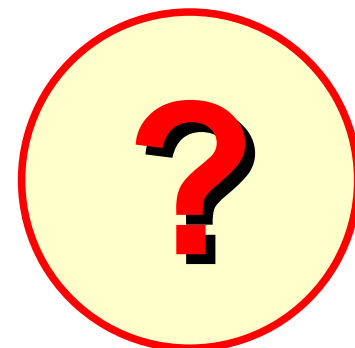
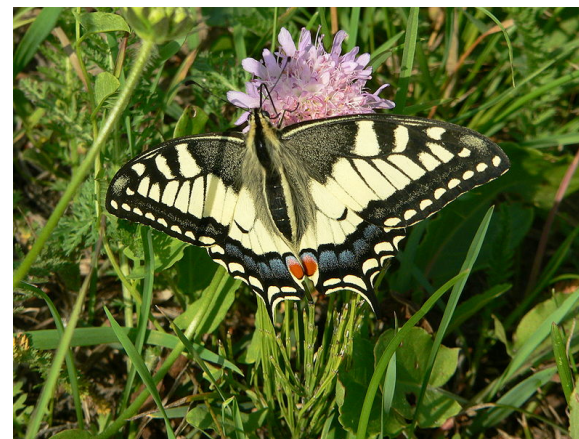
Ekspresja genomu

Każda komórka organizmu wielokomórkowego posiada własną kopię genomu.

W ramach jednego organizmu kopie genomu wszystkich komórek są identyczne...

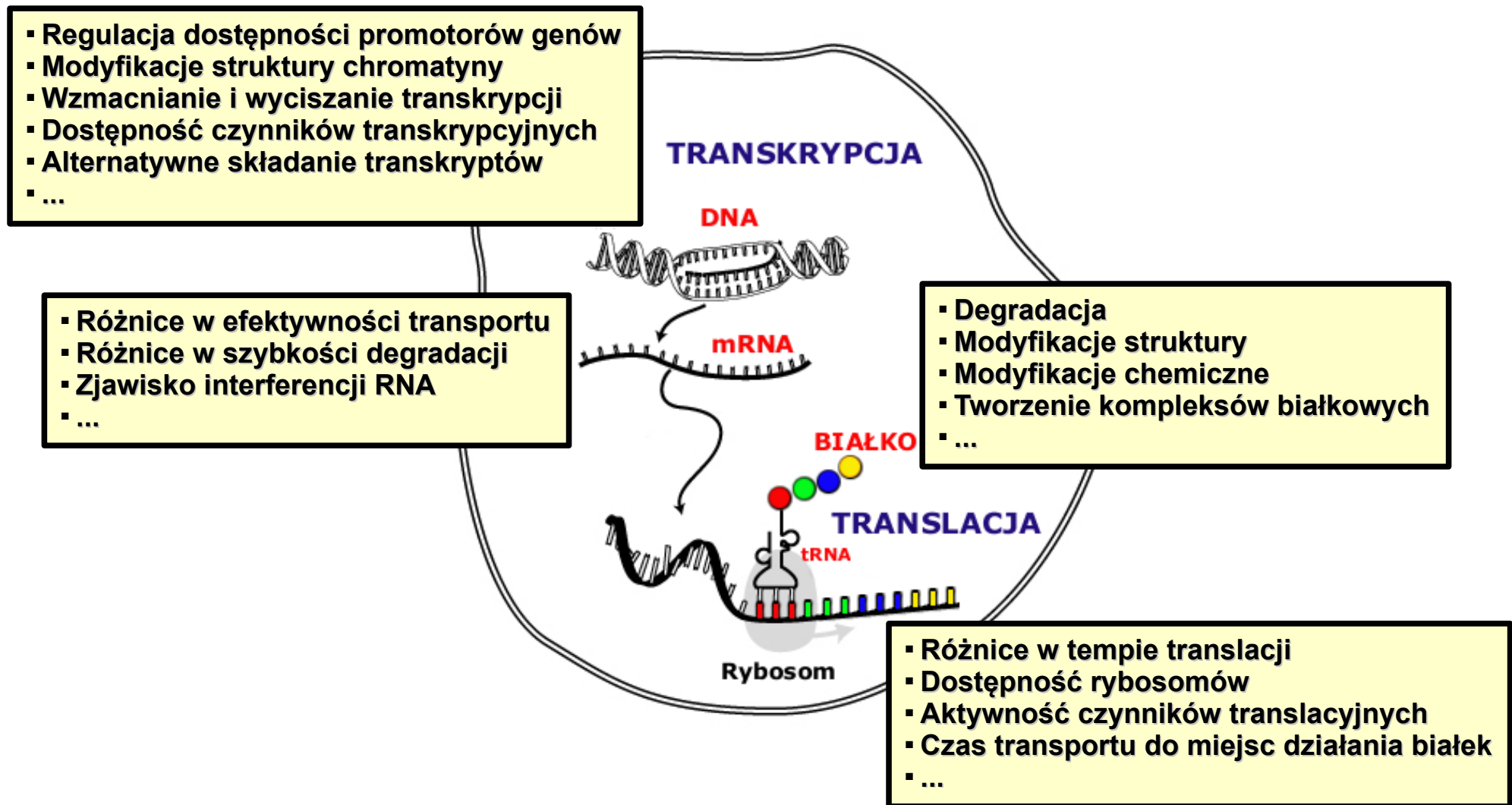


... i niezmiennie w czasie (pomijając mutacje).



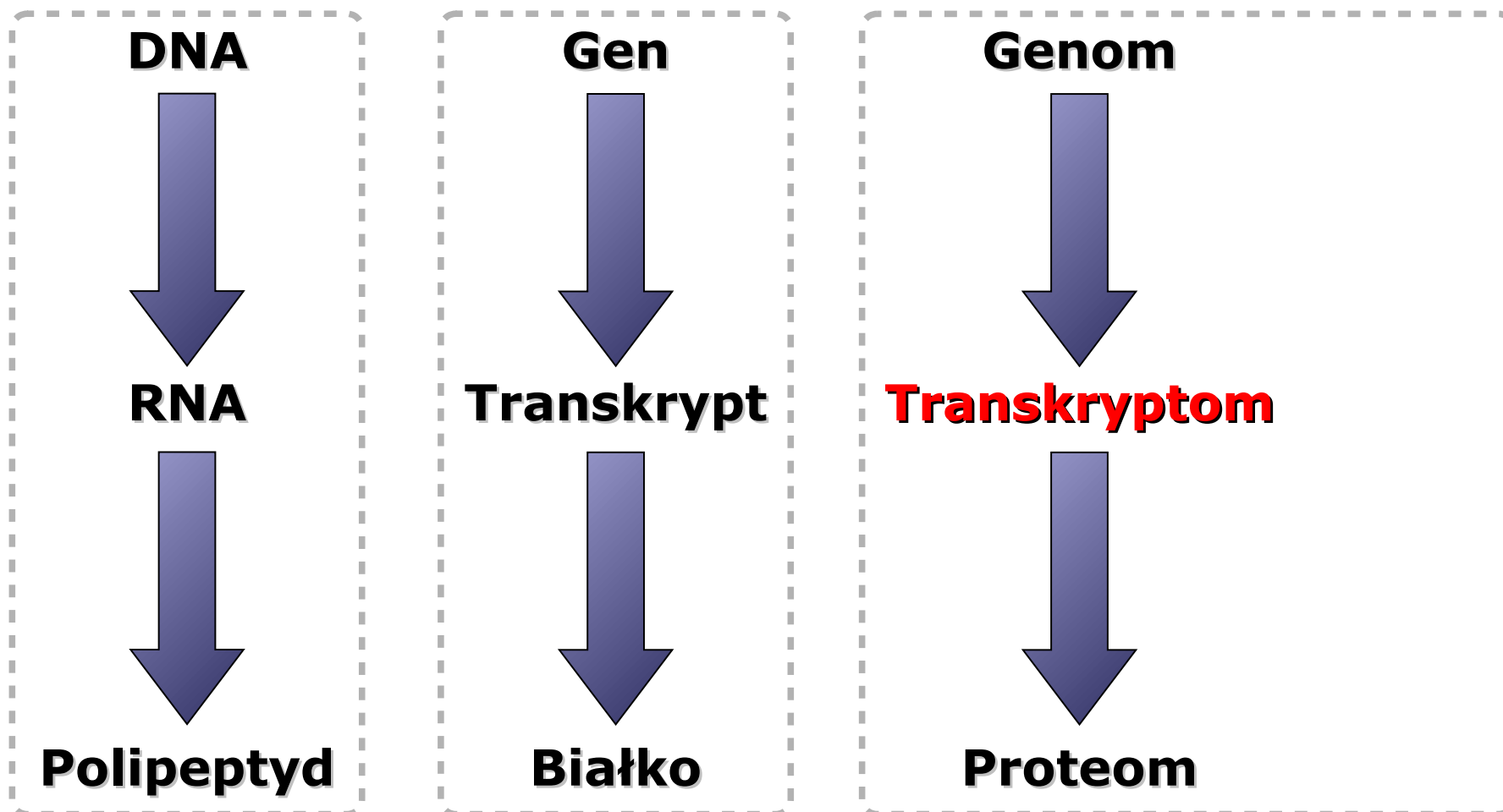
Ekspresja genomu

Ekspresja genów podlega złożonym procesom regulacji, zachodzącym na wielu poziomach w sposób zależny od fazy cyklu komórkowego i wpływu czynników zewnętrznych. Dlatego też badanie genomu nie jest wystarczające do pełnego zrozumienia mechanizmów, w ramach których ekspresja zawartej w nim informacji kieruje metabolizmem komórek i rozwojem całego organizmu.



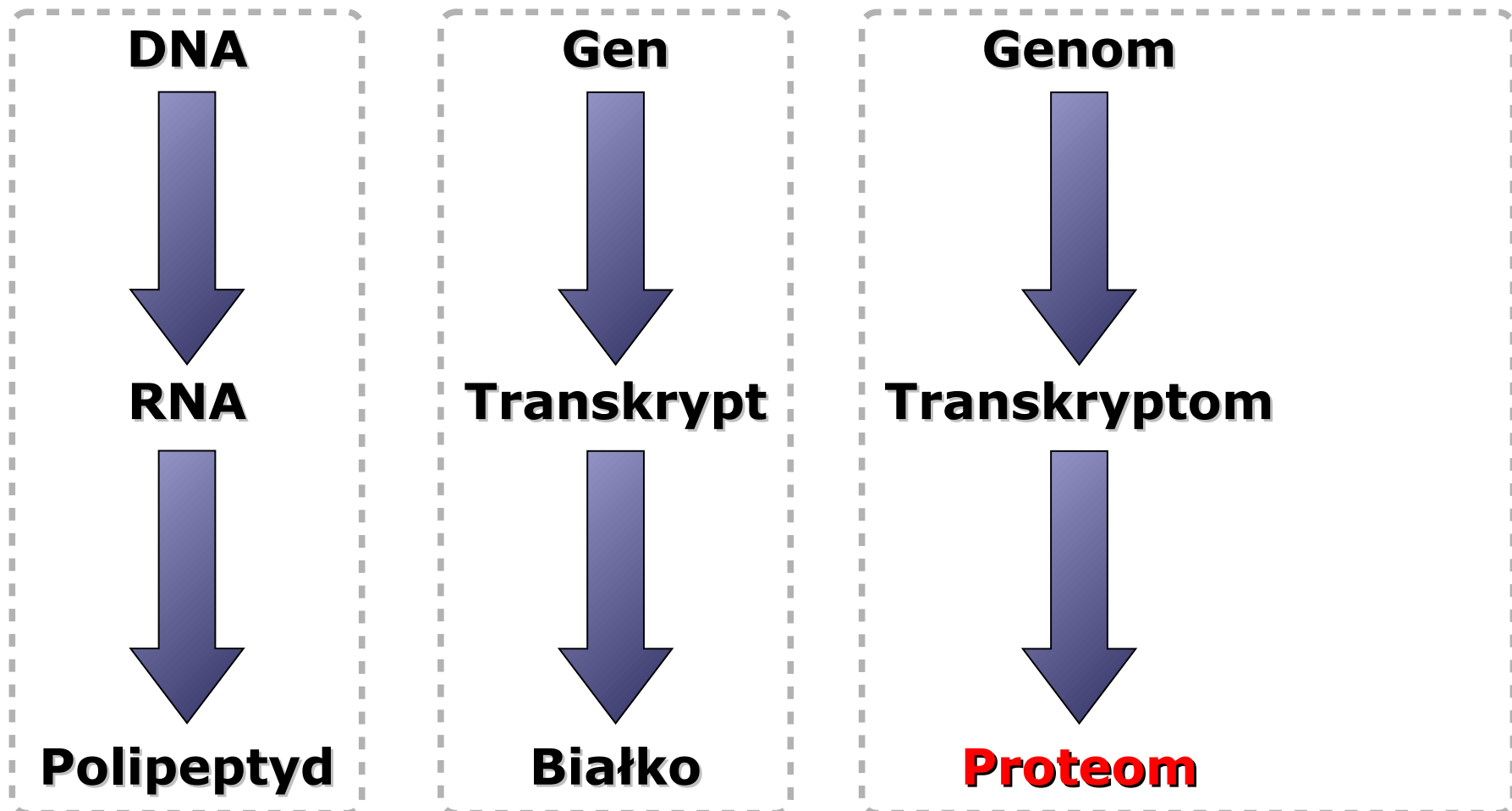
Transkryptom:

- w szerokim znaczeniu: całkowity zbiór cząsteczek mRNA (transkryptów) mogących powstać na skutek transkrypcji genomu organizmu;
- w węższym znaczeniu: zbiór cząsteczek mRNA obecnych w określonej chwili czasowej w danej komórce (grupie komórek, tkance, ...).



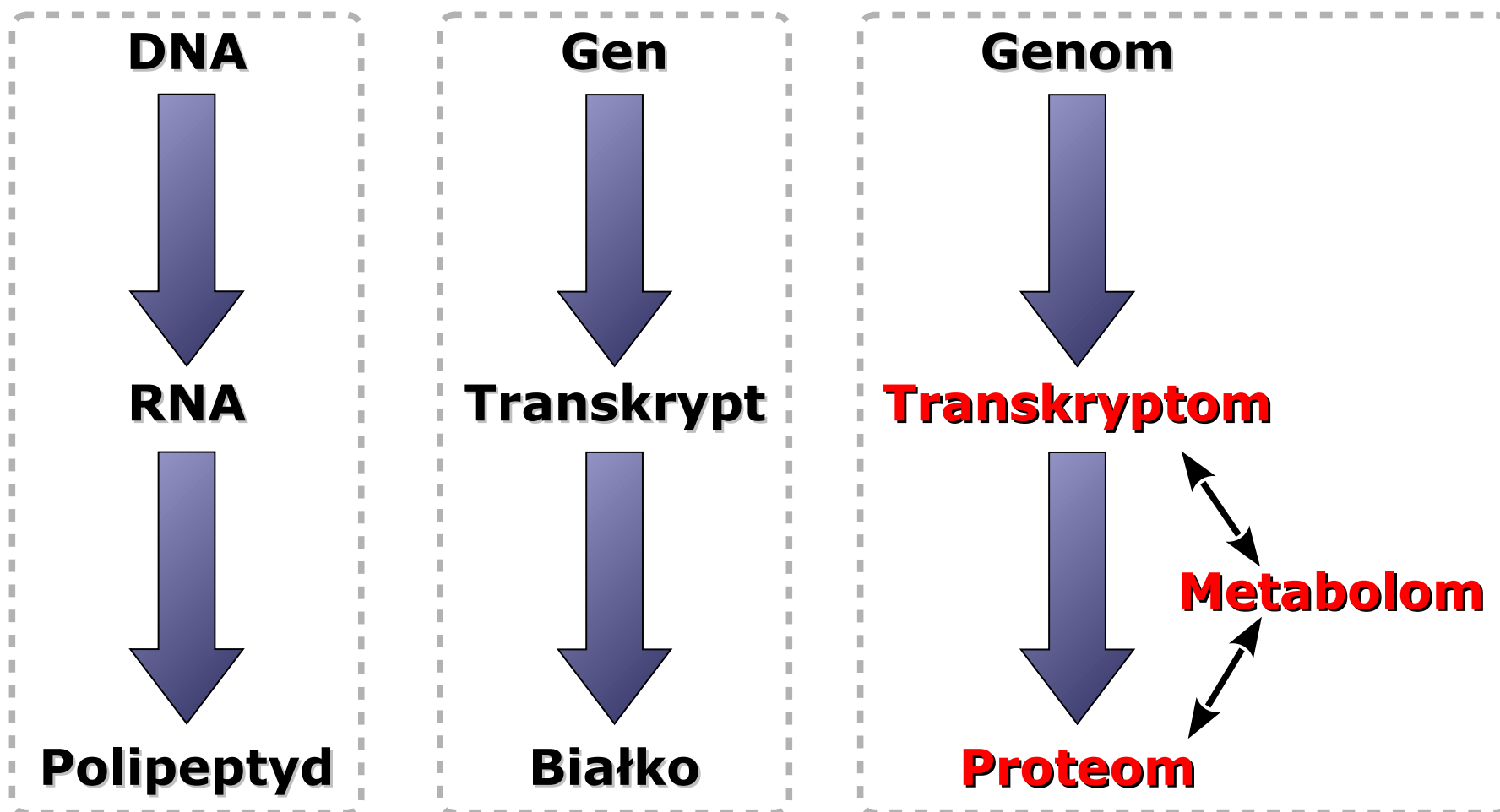
Proteom:

- w szerokim znaczeniu: całkowity zbiór białek kodowanych przez genom organizmu wraz z ich możliwymi modyfikacjami;
- w węższym znaczeniu: zbiór białek i ich zmodyfikowanych form występujących w danym czasie w konkretnej komórce (grupie komórek, tkance, ...)



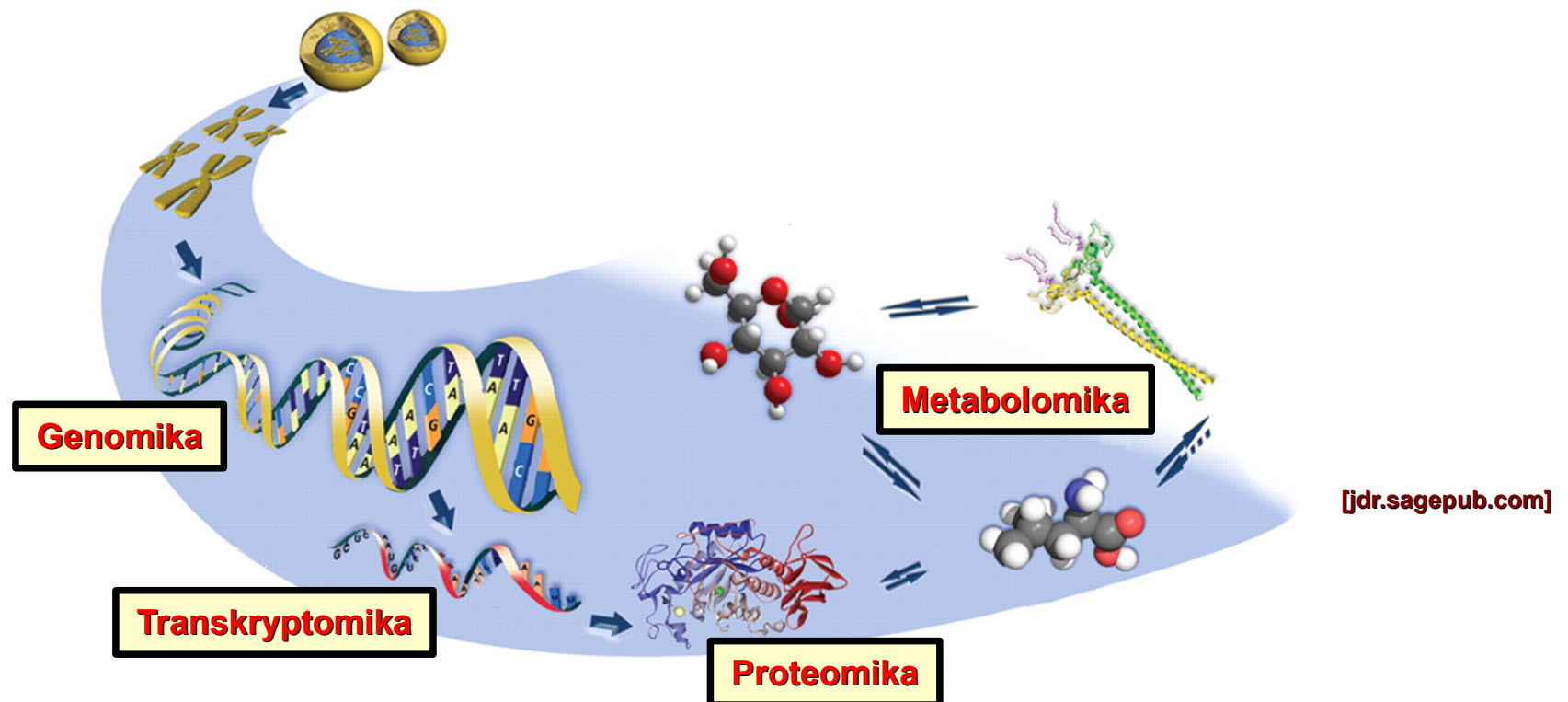
Ekspresja genomu: transkryptom, proteom i metabolom

Różnica pomiędzy alternatywnymi znaczeniami obu tych pojęć wynika z faktu, że w przeciwieństwie do genomu, **transkryptom i proteom są tworami dynamicznymi**. Ich chwilowe składy nie tylko różnią się pomiędzy komórkami tego samego organizmu, ale również zmieniają się w czasie, w zależności od fazy rozwoju, czynników środowiskowych i oddziaływań z innymi komórkami. Są one również silnie zależne od **metabolomu** komórki, czyli ogółu występujących w niej metabolitów.



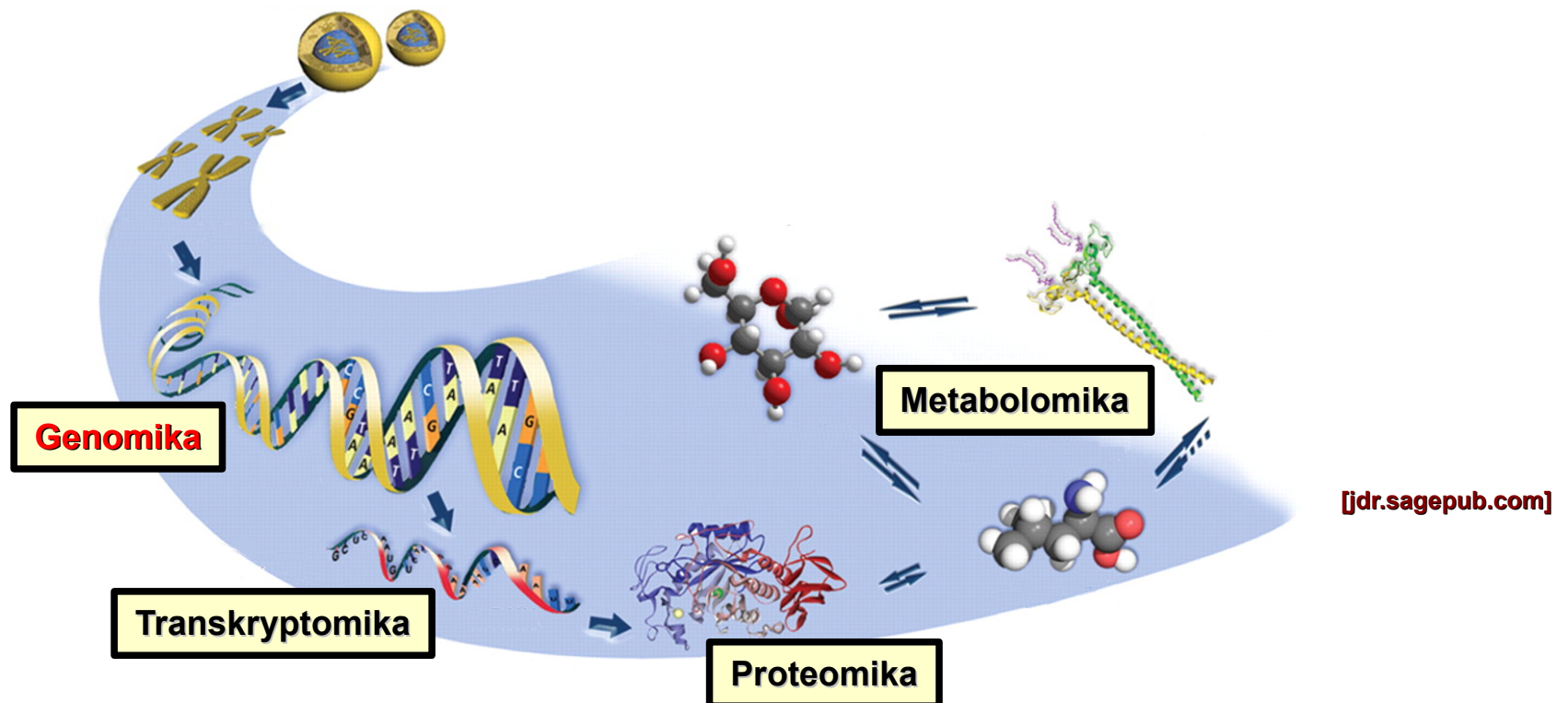
Genomika, **transkryptomika** i **proteomika** są komplementarnymi dziedzinami biologii molekularnej, badającymi różne aspekty mechanizmu, w ramach którego statyczna informacja zawarta w sekwencji nukleotydów genomu jest – w sposób zależny od „potrzeb” komórki – odczytywana i zamieniana na zbiór białek tworzących proteom.

W połączeniu z **metabolomiką** stanowią one podstawę tzw. **biologii systemów**, czyli kompleksowego podejścia do opisu funkcjonowania komórki i organizmu jako sieci powiązanych ze sobą procesów, sterowanych przez aktywnie działające cząstki.

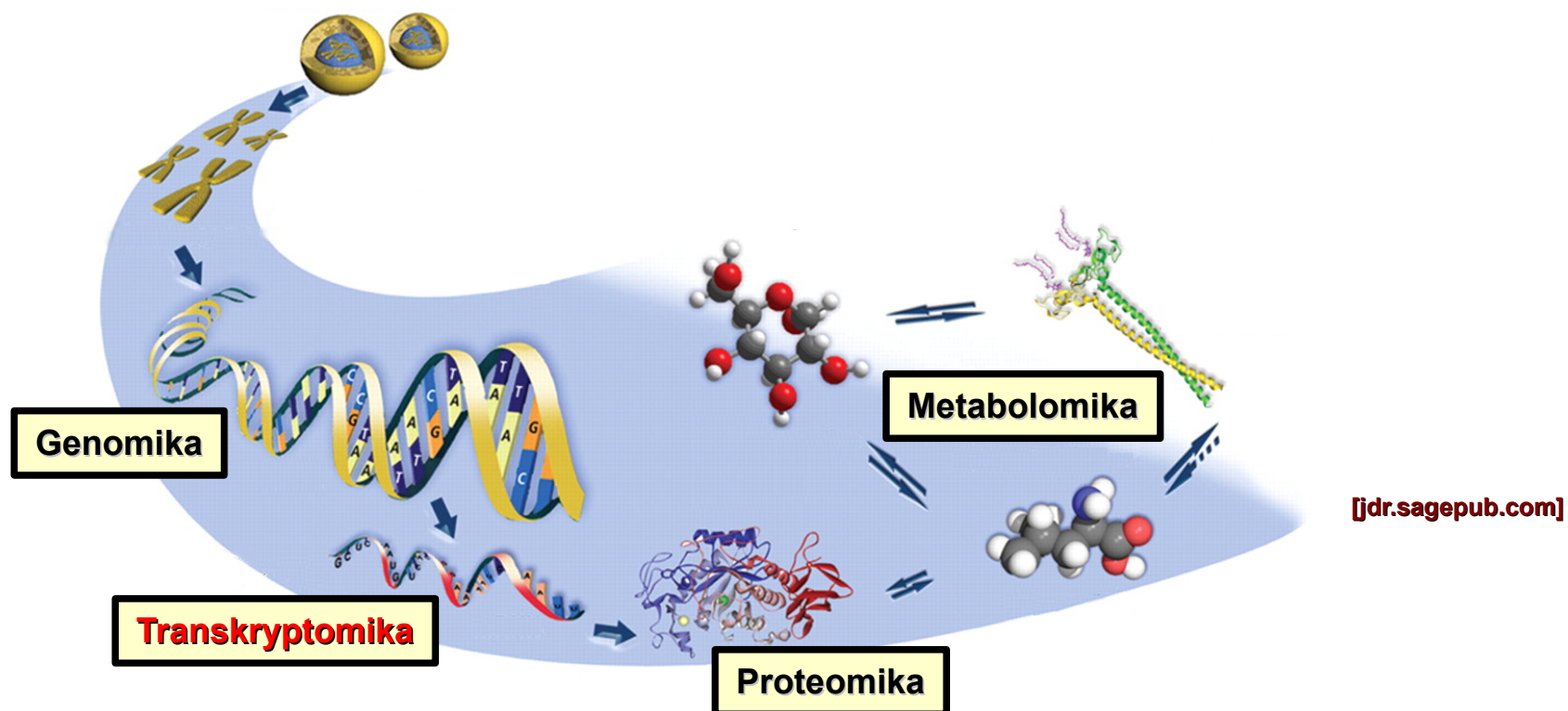


Genomika

Genomika jest dziedziną wiedzy zajmującą się analizą genomów organizmów. Jej głównym celem jest poznanie kompletnej sekwencji genomu, określenie miejsc występowania i funkcji jego elementów (np. genów, sekwencji regulatorowych) oraz badanie występujących pomiędzy nimi zależności. Istotnym jej elementem jest również śledzenie zmian jakim genomy podlegają w czasie.



Transkryptomika bada transkryptomy organizmów w sposób jakościowy i ilościowy. Oznacza to, że zajmuje się ona nie tylko ustalaniem, które geny ulegają ekspresji w danym typie komórek, ale również określaniem, w jaki sposób ekspresja tych genów zmienia się w czasie lub pod wpływem różnorodnych czynników zewnętrznych.



Proteomika

Proteomika jest dziedziną biologii molekularnej skupiającą się na badaniu zbiorów białek (wraz z ich możliwymi modyfikacjami potranslacyjnymi) obecnych w różnych typach komórek, tkanek lub organów. Podobnie jak w transkryptomice, również tutaj analizy mogą mieć zarówno charakter jakościowy, jak i ilościowy. Ważnym obiektem zainteresowania proteomiki są też interakcje zachodzące między białkami.

