



ГЕНОМ (нім. Genom, англ. Genome, від грец. γένος — рід, походження) — повний набір генетичної інформації організму, закодованої в ДНК (чи РНК для деяких вірусів), або повна послідовність ДНК гаплоїдного набору хромосом. До них належать гени та некодуючі послідовності. Вперше термін «Г.» застосував у 1920 Г. Вінклер для позначення гаплоїд. набору хромосом з локалізованими в ньому генами. В такому розумінні Г. є характеристикою виду, а не окремо взятого організму. Нині терміном «Г.» позначають повний набір ядерної ДНК (ядерний Г.), мітохондрій (мітохондріальний Г.) та хлоропластів (Г. хлоропластів). Необхідно відрізнити Г. як матеріал. носій генів від власне тієї інформації, що міститься в послідовності нуклеотидів ДНК організму (послідовність Г.).

Г. характеризують за розміром, кількістю та морфологією хромосом, кількістю та порядком генів, вмістом Г-Ц тощо. Залежність між розміром Г. та кількістю генів не є прямолінійною. Важливе значення для характеристики Г. мають карти Г. з генет. маркерами. У складі Г. виділяють облігатні, факультат. та мобільні елементи — дискретні ділянки ДНК, що відрізняються за функціями, ознаками чи послідовністю нуклеотид. основ. Облігатні елементи — структурні ділянки, кількість та розташування яких постійні в Г. різних особин певного виду. Факультат. елементи — ті ділянки, наявність яких не є обов'язковою. Мобільні елементи Г. можуть відрізнитися у різних особин одного виду як за розміщенням, так і за кількістю. У структур. відношенні Г. характеризується наявністю унікал. послідовностей, які в Г. знаходяться в єдиному екземплярі, та повторів — ділянок ДНК, які повторюються в складі Г. кілька разів. До частих повторів відносять мікросателіти (повтори до 13-ти пар основ (п. о.), заг. довж. — сотні тисяч п. о., в основному в складі прицентромірного гетерохроматину); мінісателіти (чисельні сегменти, 14–500 п. о., заг. довж. — 1000–5000 п. о., характеризуються високою мінливістю та розрізненням, без певного порядку розміщення в Г.); теломери (короткі повтори, як правило, 6 нуклеотидів, від 250 до 1000 копій на теломеру, розміщені в кінц. ділянках кожної хромосоми). До помір. повторів належать дисперговані кластери генів (гени глобіну, актину); тандемні повтори кластерів генів (250 копій генів рибосом. РНК, 50 сайтів по 10–100 копій генів транспорт. РНК, гени гістонів); SINE (short interspersed elements — короткі дисперговані повтори, по 200–300 п. о., бл. 100 000 копій на Г., локалізовані дисперсно, без певного порядку, напр., Alu-повтор, що має 300 000 копій на Г. та впливає на активність генів); LINE (long interspersed elements — довгі дисперговані повтори,

1000–5000 п. о., бл. 10–10 000 копій на Г., локалізовані дисперсно); псевдогени (послідовність нуклеотидів дуже близька до генів, але функція втрачена).

Г. прокаріот невеликі, містять кілька тисяч генів. Як правило, це одна кільцева дволанцюгова молекула ДНК (в середньому бл. 5 млн п. о.), хоч відомі й винятки: Г. збудника холери *Vibrio cholerae* складається з 2-х кільцевих молекул ДНК, а Г. *Borrelia burgdorferi* складається з 1-ї великої ліній. хромосоми та ще 20-ти менших. Інформ. насиченість Г. прокаріот висока: у *E. coli*, напр., до некодуючої відноситься лише бл. 11 % ДНК, а 89 % кодують білки або РНК. Ділянки прокаріот. Г., що кодують білки, не містять інтронів. Часто гени, що кодують білки зі схожими функціями, в Г. розташ. поруч, утворюючи оперони — тандеми генів, які транскрибуються як одне ціле (утворюється одна молекула мРНК) і знаходяться під спільним контролем. Як приклад можна навести триптофановий оперон у бактерії *E. coli*, до складу якого входять 5 генів, що контролюють ферменти для 5-ти послідов. етапів біосинтезу триптофану.

Г. еукаріот значно більші як за кількістю ДНК, так і за кількістю генів, але насиченість генами (кількість генів на 1000 п. о.) у них менша, ніж у прокаріот. Характер. рисою еукаріот є також відсутність прямої залежності між складністю будови організму та розмірами Г. чи кількістю генів. Значну частину Г. еукаріот становлять повтори, більшість яких є похідними транспозонів. Гени теж мають особливості структури: вставки (інтрони) розділяють гени на кілька частин (екзонів), які після трансляції (синтезу матрич. РНК) з'єднуються між собою (сплайсинг), утворюючи інформ. РНК, яка власне і кодує послідовність амінокислот у білках. Це дозволяє з однієї ДНК одержати кілька різних варіантів послідовностей амінокислот в складі білк. молекули (альтернатив. сплайсинг), що дає можливість виду більш гнучко реагувати на зміни умов. Кількість екзонів у складі одного гена змінюється від одного до кількох десятків. Інтрони за розміром значно перевищують екзони, тому заг. розмір гена еукаріот досить значний: у дріжджів середня довж. гена становить 1,6 тис. п. о., у дрозофіли — 11,3 тис. п. о., а у ссавців — 16,6 тис. п. о. У формуванні ядер. Г. значна роль належить дуплікаціям (подвоєнням певних ділянок), від коротких тандемних повторів до подвоєння цілих кластерів генів. Крім змін окремих ділянок Г., спостерігаються також зміни чисельності хромосом у складі Г. Ці зміни в клітині називають геном. мутаціями (поліплоїдія — якщо змінюється кількість всіх хромосом одночасно, та анеуплоїдія — якщо змінюється кількість окремих хромосом).

Г. людини складається з 22-х пар аутосом, 2-х

статевих хромосом (X та Y) та мітохондріал. ДНК (мтхДНК). Хромосоми розділено на 7 груп (A, B, C, D, E, F, G) залежно від розмірів та морфології; мтхДНК в усіх мітохондріях однакова (замкнена в кільце молекула довж. бл. 16 500 п. о.; гомоплазмія), але іноді може бути різною (гетероплазмія). Заг. розмір ядер. ДНК людини становить бл. 3,08 млрд п. о., його еухроматинова частина — бл. 2,88 млрд п. о. Розміри аутосом — в межах від 48 до 279 млн п. о., X-хромосома містить 163 млн п. о., а Y-хромосома — 51 млн п. о. Розшифрована послідовність ДНК Г. людини містить 2,863,476,365 п. о. (99 % еухроматинової частини). Наприкінці 2005 каталог генів людини (NCBI 35) містив 20 134 відомі гени, 1878 нових, раніше невідомих, 1947 псевдогенів та 1015 генів РНК. Ці генет. локуси мають в сумі 245 231 екзон. Довжина ДНК, зайнятої ексонами, складає майже 34 млн п. о., або бл. 1,2 % еухроматинової ділянки Г. Ділянки екзонів, що не транскрибуються (UTR), займають ще біля 21 млн п. о., або 0,7 % еухроматинової частини Г.

Дослідж. властивостей Г. є предметом геноміки, яка вивчає закономірності організації та функціонування сукупностей генів та некодуючих ділянок у складі Г. Осн. проблематика — створення та порівняння цитолог., генет. та фіз. карт Г., анотація послідовностей нуклеотидів ДНК та амінокислот білків, аналіз нестабільності Г. та складних кількіс. ознак. Існує 4 фундам. напрями геноміки: структурна, функціон., порівнял. геноміки та біоінформатика.

Предметом структур. геноміки є секвенування Г. та створення їх карт. Першим повністю секвенованим Г. був розшифрований 1977 Г. бактеріофага ц Х 174 (5386 п. о.). Наприкінці 2005 було повністю розшифровано Г. 332-х видів, проводилось секвенування Г. 843-х прокариот та 559-ти еукариот. Предметом біоінформатики є пошук гомологій послідовностей в базах даних, аналіз та порівняння послідовностей (ДНК, РНК

та білків), що мають певне значення (гени, їх структурні та регуляторні ділянки). Основу біоінформатики складають комп'ютерні методи аналізу послідовностей ДНК, РНК та білків. Це дозволяє локалізувати в Г. гени за відомою амінокислот. послідовністю білків та прогнозувати функції раніше невідомих генів. Функціон. геноміка об'єднує дослідж. особливостей експресії та взаємодії комплексів генів у нормі та при патологіях. Важливим її напрямом є вивчення біол. функцій продуктів активності генів — РНК та білків. Використання ДНК мікроматриць дозволяє простежити за зміною активності великої кількості генів (зокрема й онкогенів), вивчати перебіг патол. процесів та прогнозувати можливі наслідки. Функціон. геноміка тісно пов'язана з такими напрямками, як онко-, фармакогеноміка та нестабільність Г. Порівняння структури та функціонування Г. різних видів є предметом порівнял. геноміки. Дані із секвенування дозволяють виявити особливості Г. різних системат. груп та встановити філогенет. зв'язки між ними. Спільність походження та наявність ідентич. ділянок в Г. різних видів дає можливість прогнозувати функції генів у одного виду, якщо ці функції відомі у близьких чи навіть віддалених видів. Велике значення має статист. геноміка, присвяч. аналізу залежності фенотипу від генотипу з використанням генет. маркерів.

Рекомендована література

1. Сингер М., Берг П. Гены и геномы: В 2-х т. / Пер. с англ. Москва, 1998;
2. C. R. Cantor, C. L. Smith. Genomics. 1999;
3. G. Gibson, S. Muse. A primer of genome science. 2004;
4. R. J. Reece. Analysis of genes and genomes. 2004;
5. The evolution of the genome. 2005.

В. Ф. Безруков

Бібліографічний опис:

Геном / В. Ф. Безруков // Енциклопедія Сучасної України [Електронний ресурс] / Редкол.: І. М. Дзюба, А. І. Жуковський, М. Г. Железняк [та ін.] ; НАН України, НТШ. — К. : Інститут енциклопедичних досліджень НАН України, 2006. — Режим доступу: <https://esu.com.ua/article-29086>

2001-2025 © Ця енциклопедична стаття захищена авторським правом згідно з чинним законодавством України ([докладніше](#)).