

університету імені Володимира Гнатюка є сонячно-морозні опіки, монільоз, полістигмоз і клястероспоріоз, що вимагає впровадження ефективної системи захисту рослин фунгіцидами та запровадження побілки вапняною сумішшю штампів і основ скелетних гілок дерев.

Список використаних джерел

1. Куян В. Г. Плодівництво : для студ. вузів аграрних спец. / за ред. Т. В. Партіна. Київ : Аграрна наука, 1998. 472 с.
2. Косилович Г. О., Коханець О. М. Інтегрований захист рослин : навч. посіб. Львів : Львівський національний аграрний університет, 2010. 165 с.
3. Пересипкін В. Ф. Сільськогосподарська фітопатологія. Київ : Аграрна освіта, 2000. 416 с.
4. Сільськогосподарська фітопатологія : підручник для підгот. студ. зі спец. 202 «Захист і карантин рослин» у вищ. аграрних закл. / І. Л. Марков, О. В. Башта, Д. Т. Гентош та ін.; за ред. І. Л. Маркова. Київ : Інтерсервіс, 2017. 574 с.

ГЕНОМ ЛЮДИНИ: СТАН ТА ПЕРСПЕКТИВИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Горячова О. А., Чень І. Б.

*Тернопільський національний педагогічний університет
імені Володимира Гнатюка*

Реалізація однієї з найбільших і найважливіших в історії науки міжнародної програми «Геном людини», основна мета якої полягала у вивченні послідовності нуклеотидів у всіх молекулах ДНК з одночасним встановленням локалізації всіх генів, почалася у 1988 році. У лютому 2001 року у наукових журналах «Nature» [1, с. 860] і «Science» [2, с. 1305] опубліковано майже повні нуклеотидні послідовності ДНК людини, а остаточний варіант з'явився у 2003 році, після чого програма була офіційно завершена.

За даними, отриманими під час секвенування, розмір геному людини становить близько 3 мільярди пар основ. Кожна із 23 пар хромосом містить окрему лінійну двохланцюгову молекулу ДНК. Розмір геному і набір генів у всіх людей практично однаковий,

однак багато генів можуть знаходитися в альтернативних станах (алелях). В структурі геному людини 24 молекули ДНК (22 аутосоми і дві статеві хромосоми X і Y) мають різний розмір. Нумерація хромосом здійснена відповідно до розміру. Найкоротша хромосома (№ 22) містить близько 47 млн. пар нуклеотидів, а найдовша хромосома (№ 1) – близько 250 млн. пар [3, с. 120].

Сформувався новий напрям біологічної науки – геноміка, яка поділяється на такі розділи, як структурна геноміка (досліджує зміст і організацію генетичної інформації), функціональна геноміка (реалізація інформації, записаної в геномі, від гена до ознаки), порівняльна геноміка (порівняльні дослідження змісту і організації геномів різних організмів) [4, с. 157].

Роботи по вивченню молекулярної структури геному людини активно продовжуються, адже розуміння роботи геному не зводиться до опису набору елементів ДНК і визначення їх місцезнаходження. Важливе значення має характер зв'язків між ними, що визначає, як гени будуть функціонувати і як буде відбуватися індивідуальний розвиток в тих чи інших умовах середовища.

Необхідність вивчення процесів кодування генами білків, взаємодія білків в організмі і інших проблем, пов'язаних з протеїнами, стимулювала виникнення ще одного напрямку – протеоміки. Оскільки білковий «портрет» клітини залежить від багатьох факторів і впливів, підлягає постійним трансформаціям, то виникають певні труднощі у його вивченні.

Оптимальним шляхом вирішення цієї проблеми багато науковців бачать вивчення проміжного продукту між генами і білками, а саме – молекул інформаційної РНК, що несуть інструкцію на синтез того чи іншого білка від його гена до рибосом. Процес переписування інформації з ДНК на і-РНК називається транскрипцією, тому даний підхід отримав назву транскриптоміка. Завдання спеціалістів у цьому напрямі – виявити і розшифрувати всі ці молекули.

Поява нових технологій, що дозволяють активно маніпулювати генами і їх фрагментами і забезпечувати адресну доставку нових блоків генетичної інформації в певні ділянки

генома, має істотне прикладне значення.

По суті відбувається перехід медичної науки на принципово новий молекулярний рівень вивчення патології людини – рівень патологічної анатомії геному людини. Відкриваються нові можливості у профілактиці і лікуванні онкологічних захворювань, діабету, хвороби Альцгеймера і ін.

Виникла фармакогеноміка, яка фокусує свою увагу на пошуку нових засобів лікування з врахуванням знань про структуру геному людини і генетичних основ варіабельності відповіді пацієнтів на отримувані лікарства [3, с. 122-125].

Розвинулася генетична інженерія, яка дозволяє робити цілеспрямоване перенесення окремих ланок ДНК і цілих генів від одного організму до іншого. При цьому переносити працюючий ген, долаючи всі бар'єри, які існують між видами, класами, типами живої речовини. Так, гени мікроорганізмів, що кодують захисні білки, працюють в рослинах, забезпечуючи їм стійкість до шкідників, гербіцидів, хвороб [4, с. 165].

З'явилася можливість здійснювати порівняльний аналіз повних геномів живих істот, що дозволяє робити висновки, які мають загально біологічне значення – про механізми і темпи еволюції, варіабельність геномів і ін.

Таким чином, реалізація проекту «Геном людини» об'єднала зусилля різних наукових колективів світу (біологів, математиків, фізиків, інженерів), створила умови для розв'язання багатьох проблем сучасності не тільки теоретичного, але і практичного характеру.

Список використаних джерел

1. International human Genome Sequencing consortium. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*. 2001. № 409. P. 860-921. URL: <https://www.nature.com/articles/35057062.pdf> (дата звернення 15.05. 2020).
2. Venter J.C., Adams M.D., Myers E.W. The sequence of the human genome. *Science*. 2001. № 291. P. 1304-1351. URL: <http://web.stanford.edu/class/cs273a/papers.spr07/09/celera.pdf> (дата звернення 15.05. 2020).
3. Гнатик Е.Н. Расшифровка генома человека: успехи, проблемы, перспективы. *Вестник РУДН, серия Философия*, 2016, № 1. С. 118-127.
4. Созінов О. Нова сторінка в розвитку біології. *Україна, наука і культура*. 2008. Вип. 34. С. 156-167.