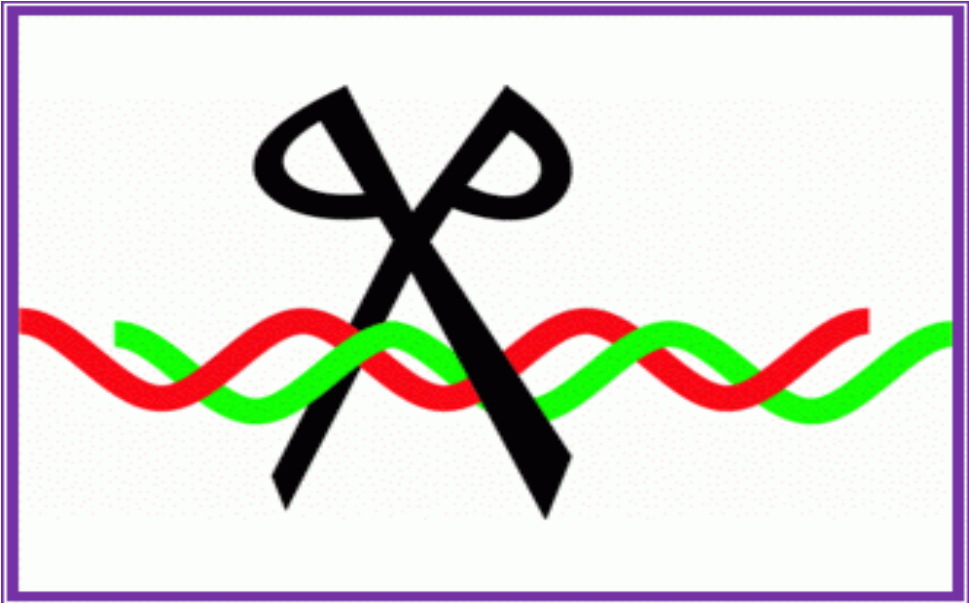
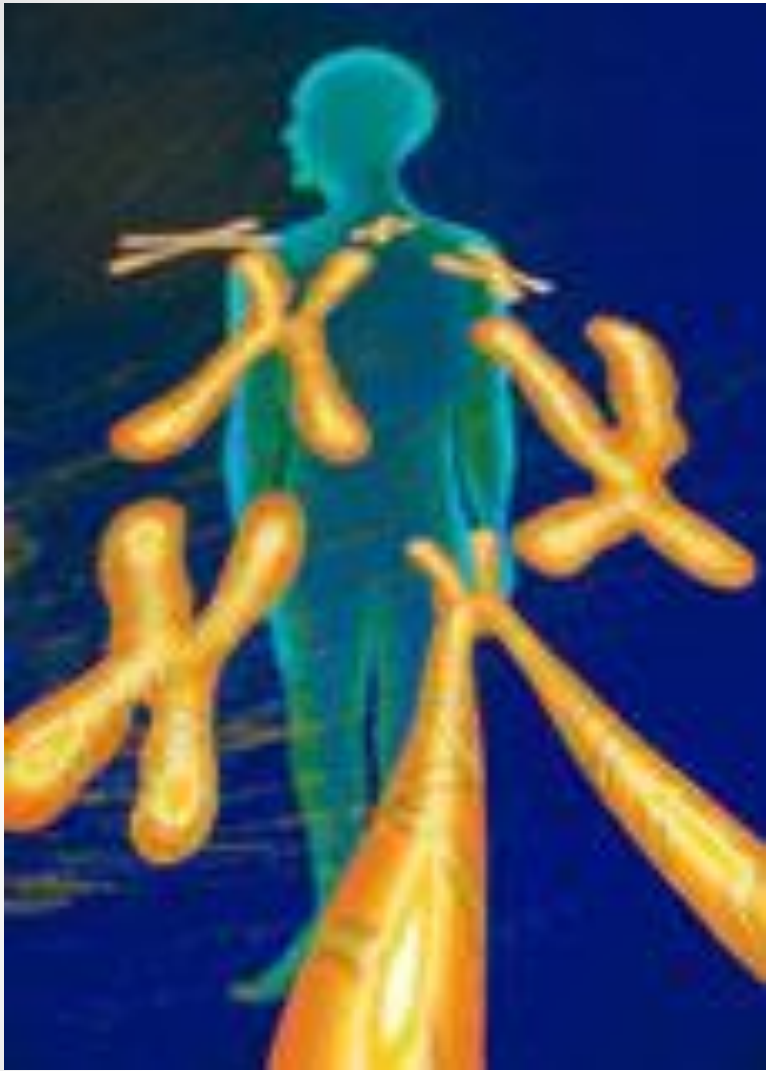


გენეტიკურ დარღვევათა
დიაგნოსტიკასა და მკურნალობაში
გამოყენებული
მოლეკულურ-გენეტიკური ტექნოლოგიები

ნანა დვალიშვილი

Applied Biosciences and Biotechnology 2019 - 2nd International School/Conference
April 1-5, 2019, Tbilisi, Georgia

Tbilisi State University (TSU), Caucasus International University (CIU)



სამედიცინო გენეტიკის მიზნები:

- გენეტიკურ დაავადებათა გამომწვევი დარღვევების **იდენტიფიკაცია**
- ჯანმრთელობაზე მათი **ზეგავლენის** შესწავლა
- დიაგნოსტიკისა და მკურნალობის **მეთოდების** **შემუშავება** და **სრულყოფა** ამ ინფორმაციაზე დაყრდნობით

ტრადიციული და უახლესი ტექნოლოგიების გამოყენებით ტარდება

- გენომის კვლევა გენომური მუტაციების გამოვლენის მიზნით
- ინდივიდუალური ქრომოსომების კვლევა მათი სტრუქტურის დაზიანების გამოვლენის მიზნით
- ნორმალური და დაზიანებული გენების დეტალური ანალიზი
- გენტა ექსპრესიის კვლევა ნორმასა და პათოლოგიაში

მემკვიდრული
აპარატის
ცვლილებები

გენომური

ქრომოსომული

გენური



ადამიანის
ქრომოსომათა
კომპლექტი

სასქესო
ქრომოსომები

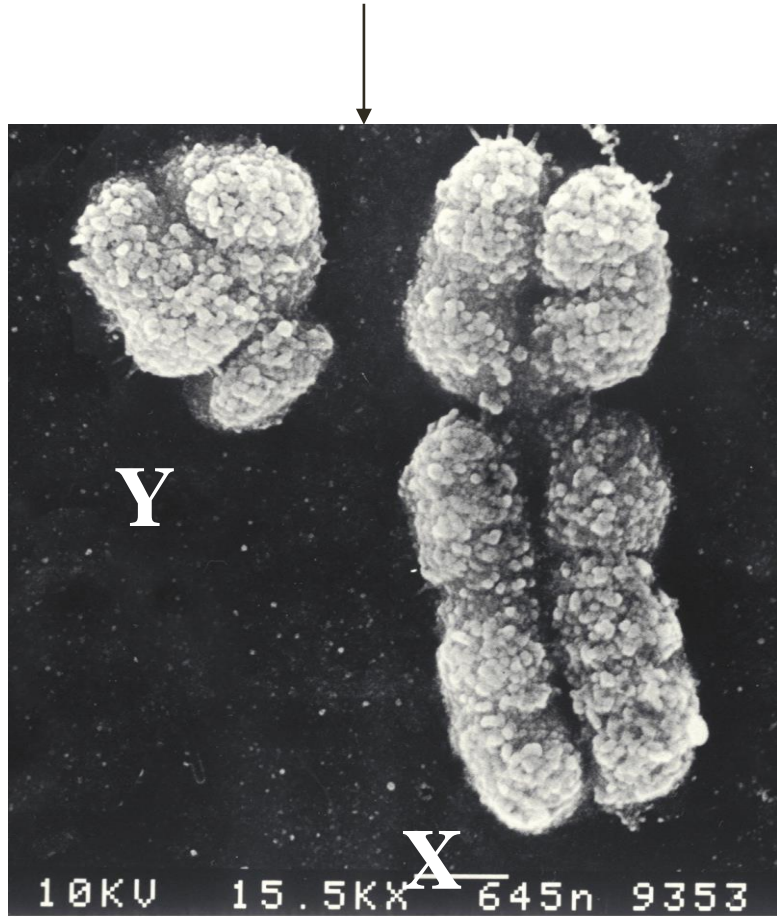
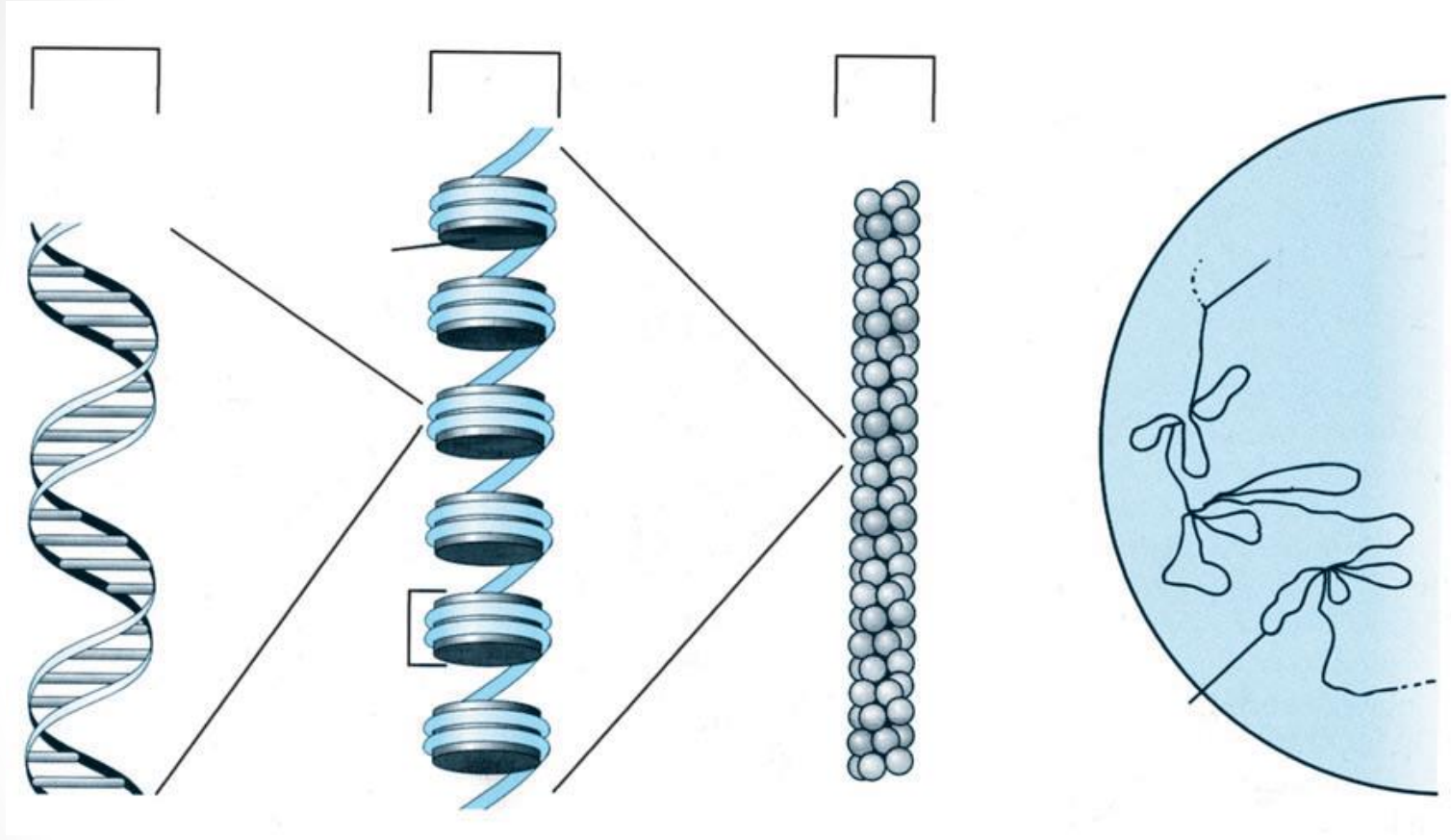
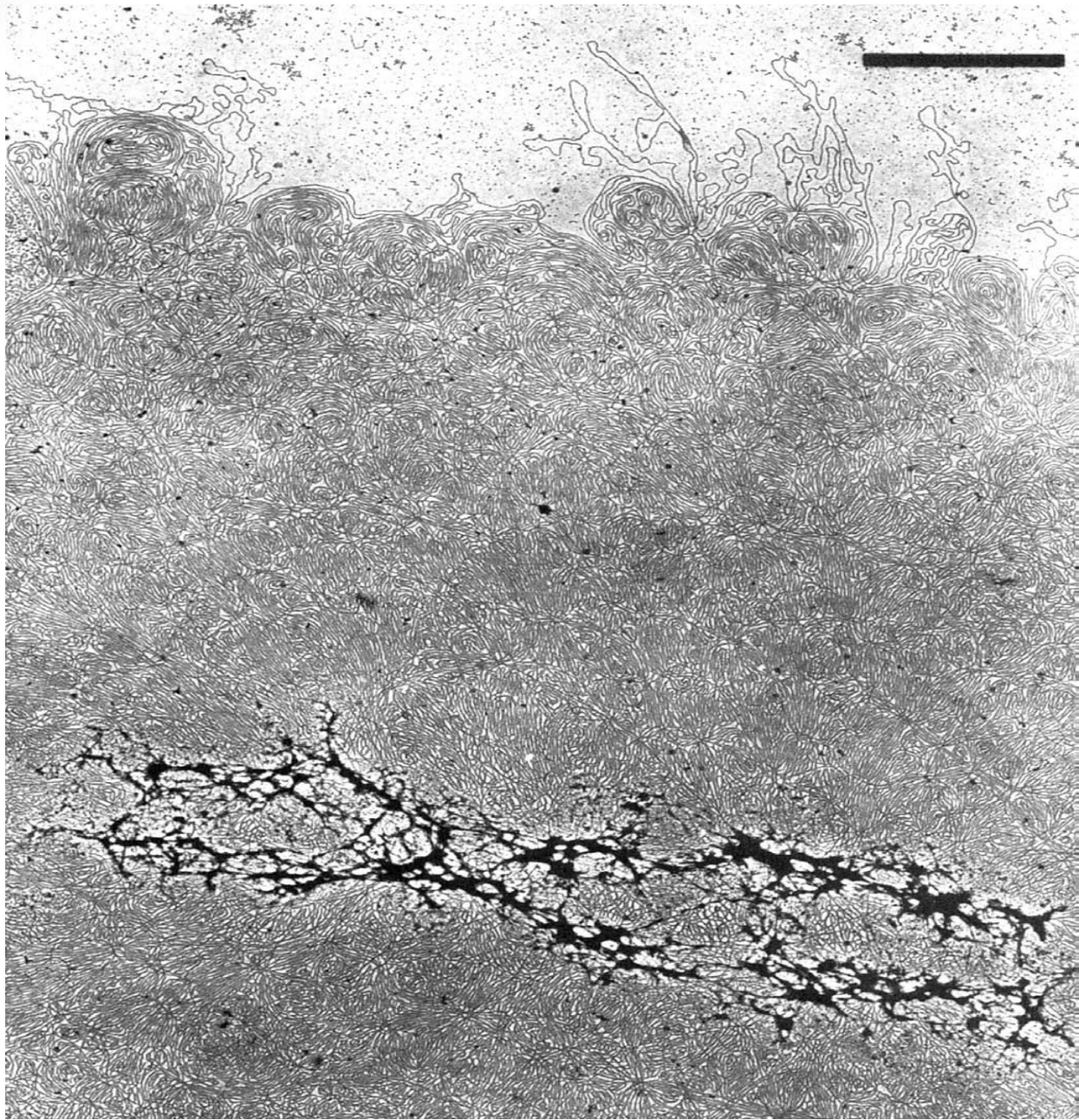
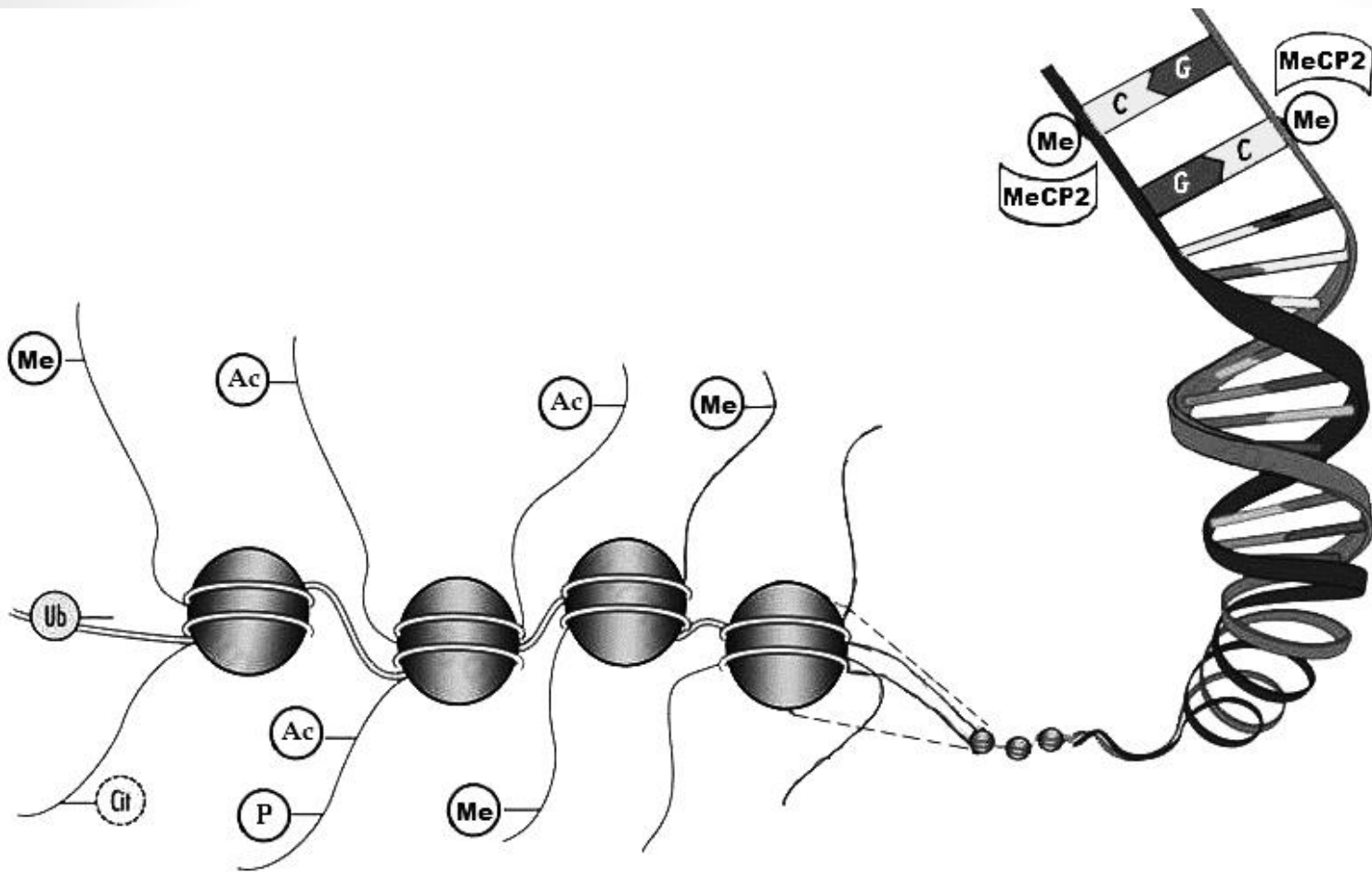


Image courtesy Indigo Instruments (www.indigo.com)

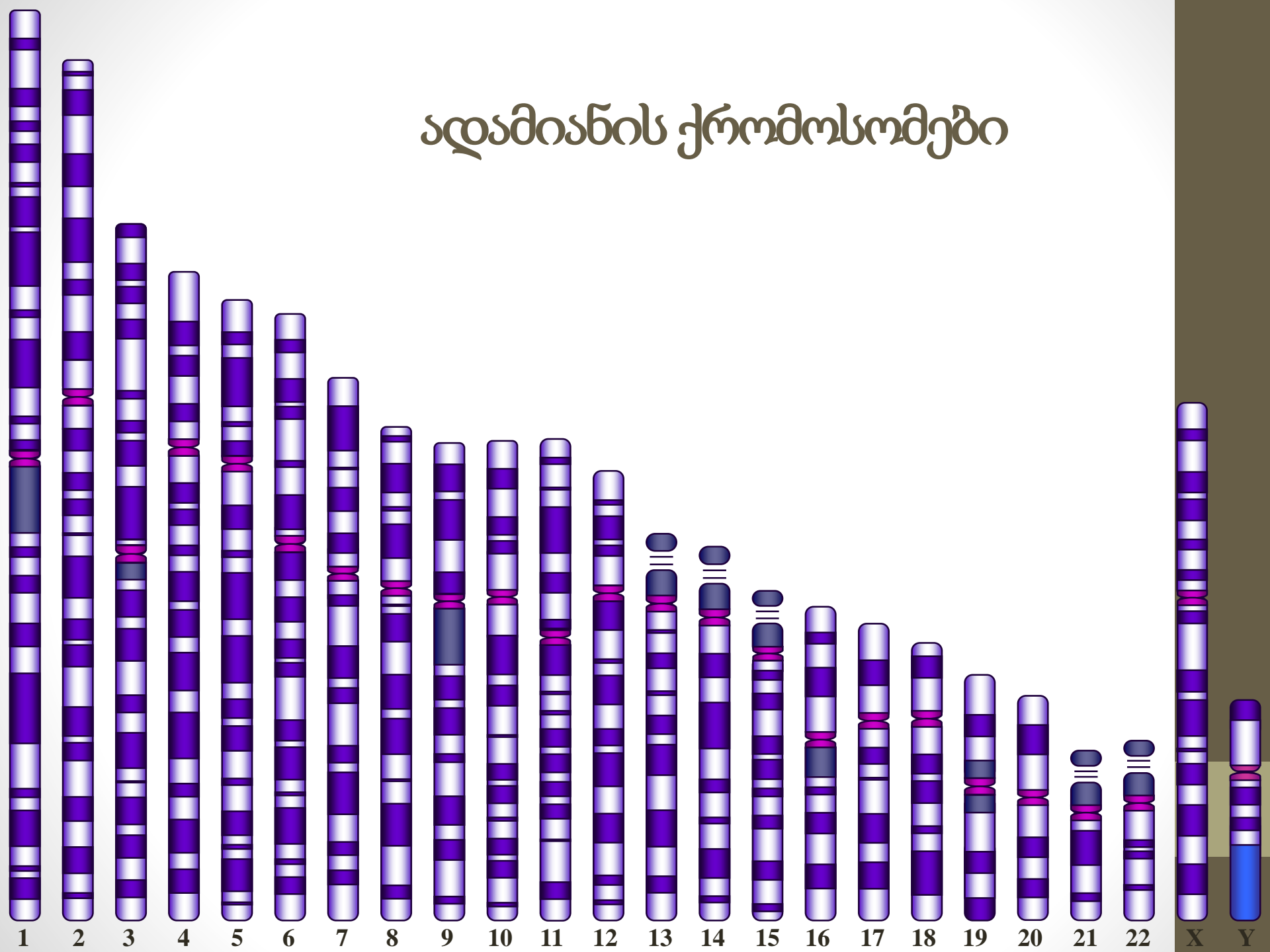


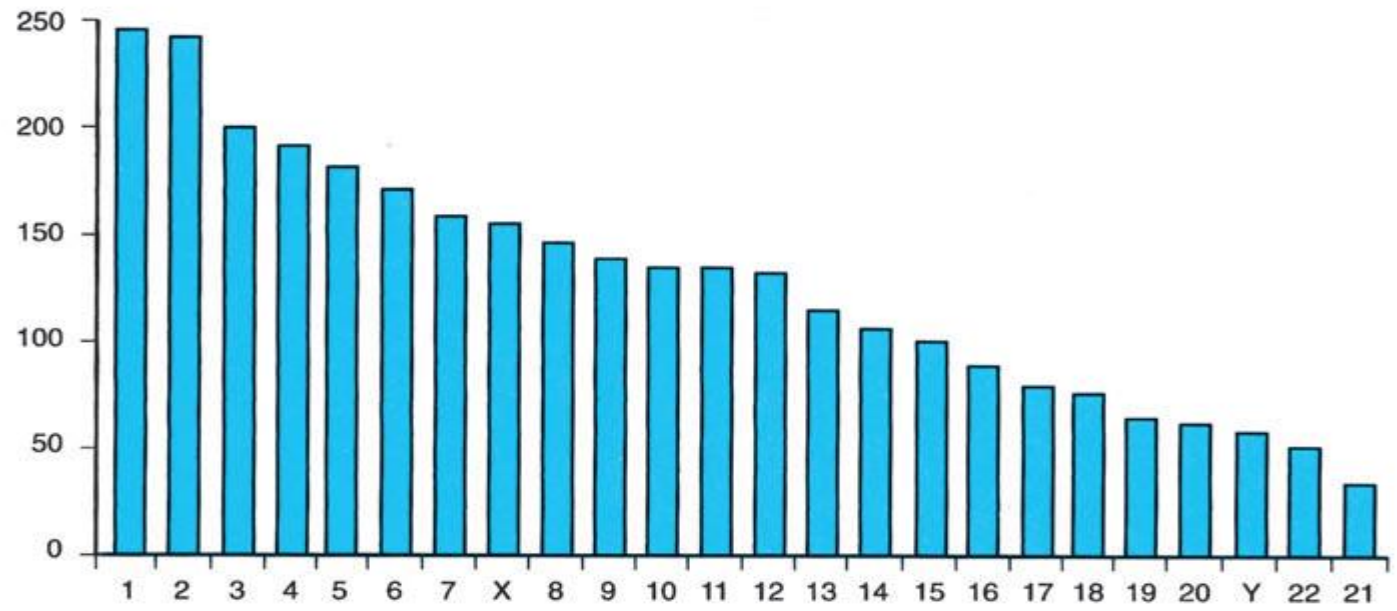
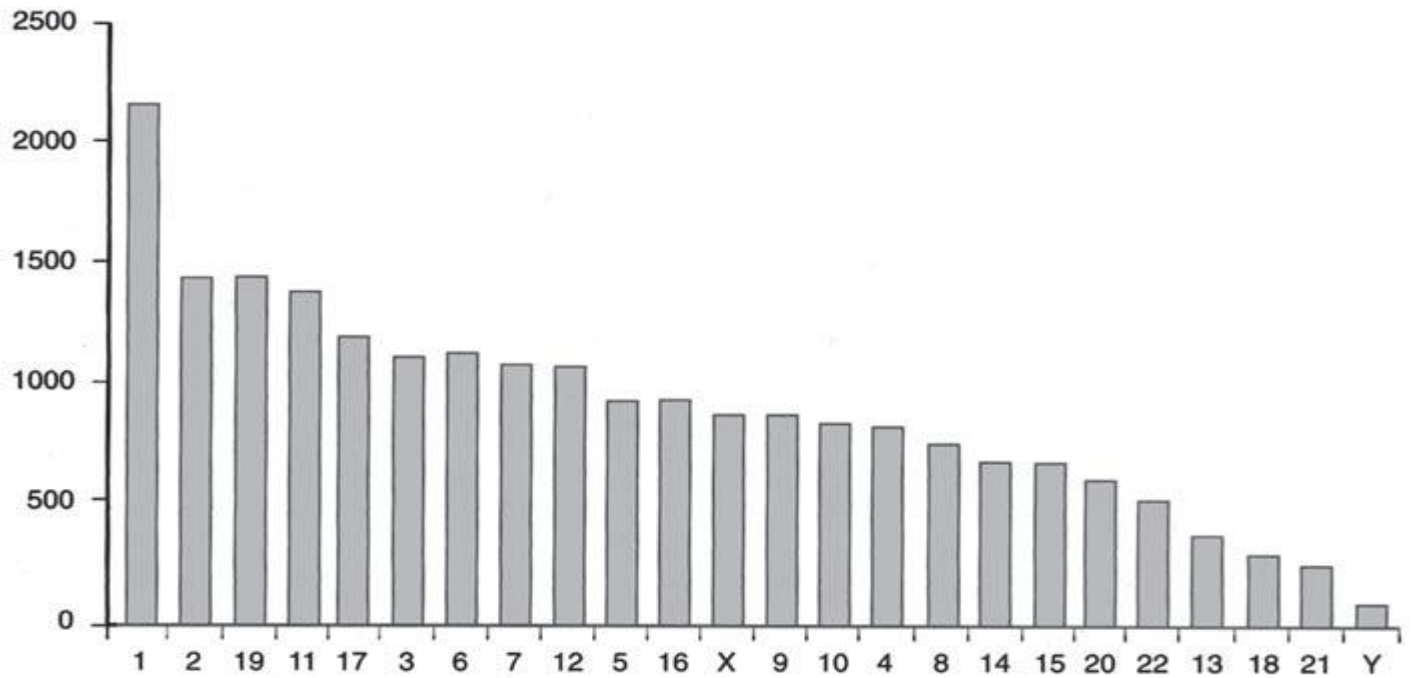




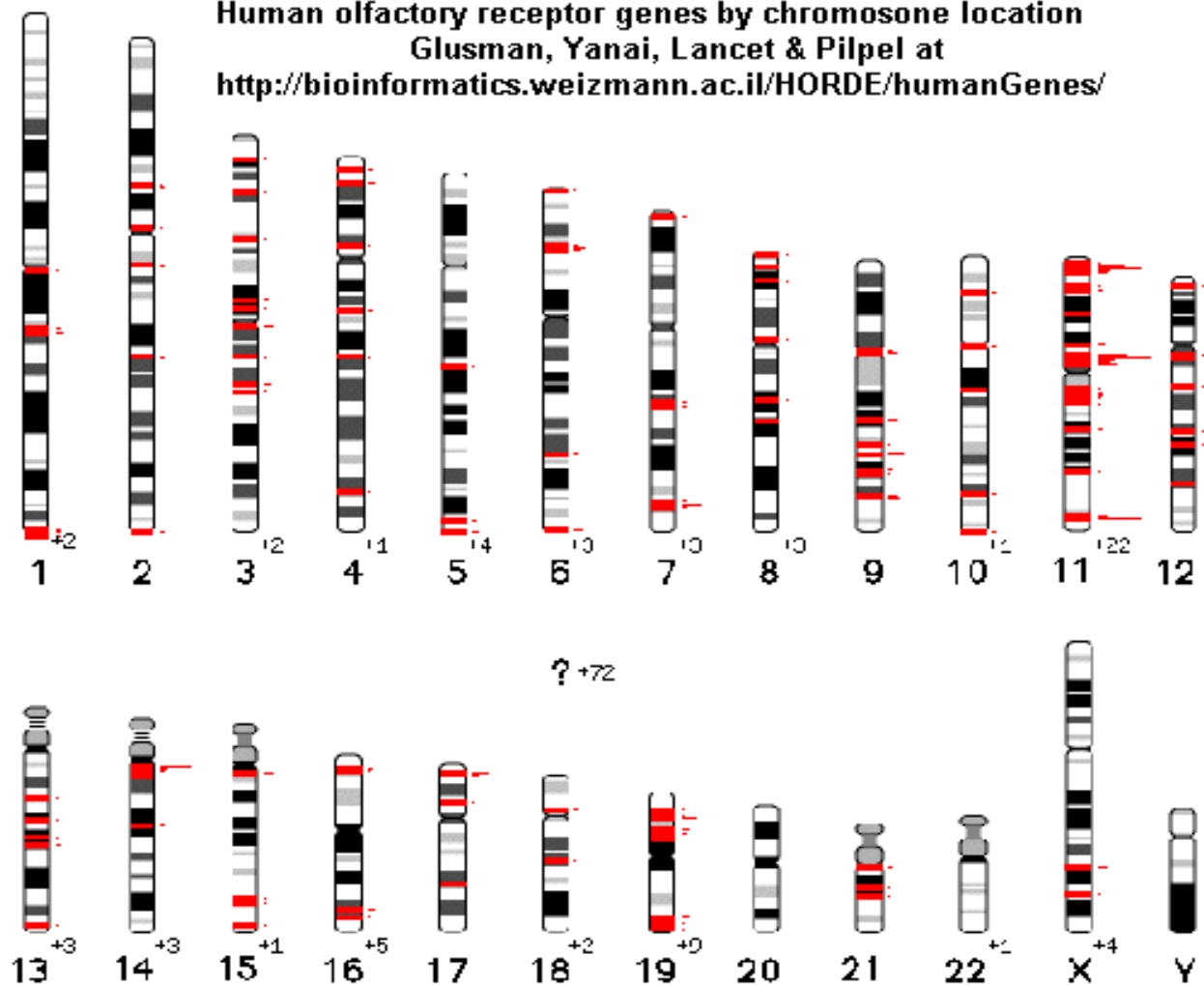
ჰისტონების და დნმ-ის კოვალენტური მოდიფიცირება. Ac – აცეტილირება; Cit– ციტრულინაცია (დეამინაცია); Me – მეთილირება; MeCP2 – მეთილ-CpG-ბმული ცილა; P – ფოსფორილირება; Ub – უბიქვინიზაცია

ადამიანის ქრომოსომები



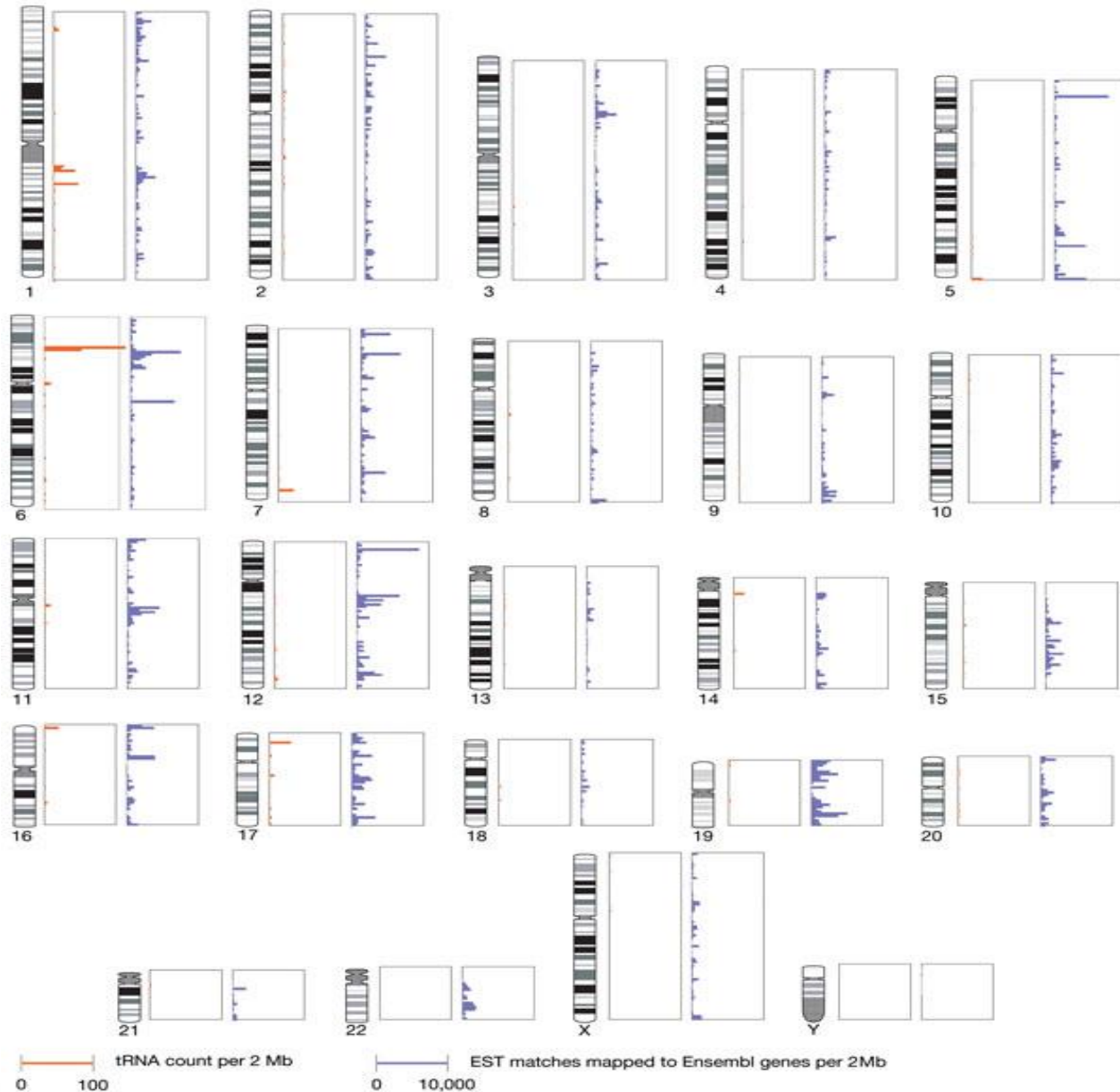
A**B**

Human olfactory receptor genes by chromosome location
Glusman, Yanai, Lancet & Pilpel at
<http://bioinformatics.weizmann.ac.il/HORDE/humanGenes/>



CLICK ON GRAPH TO JUMP TO ORIGINAL SOURCE

სატრანსკრიპტო რნმს გენების განაწილება ადამიანის ქრომოსომებში

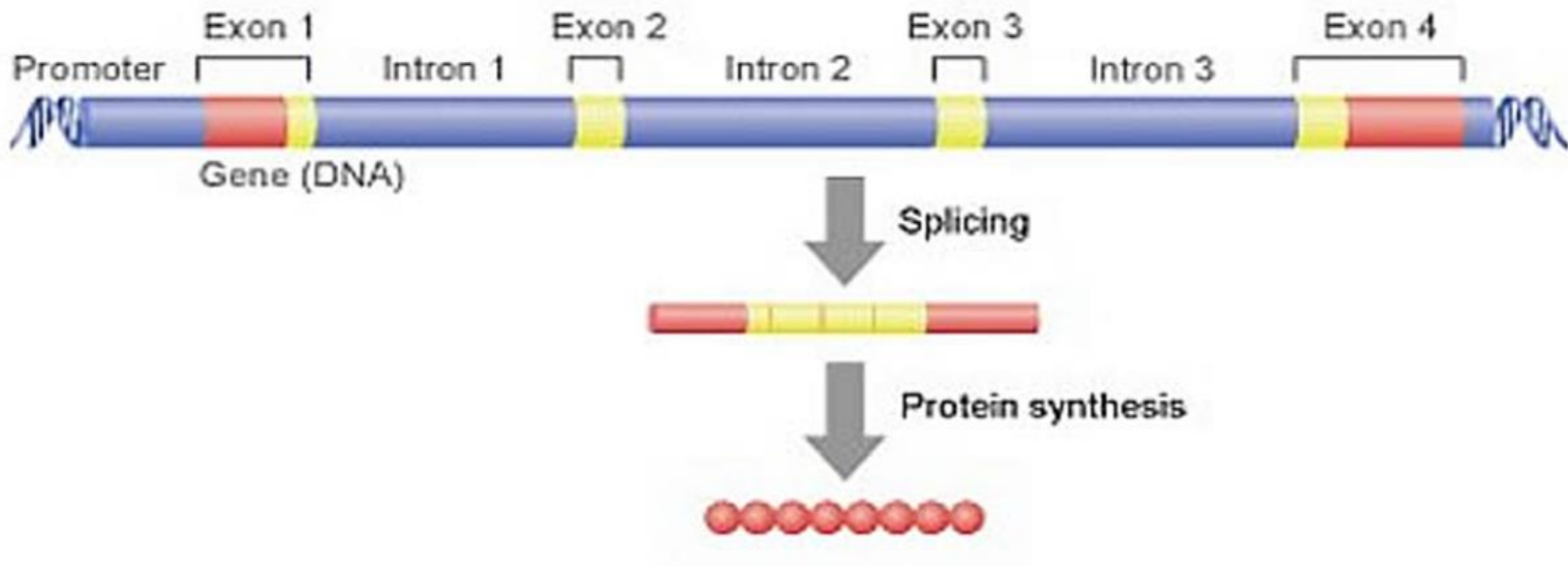


რა კომპონენტები შედის გენში?

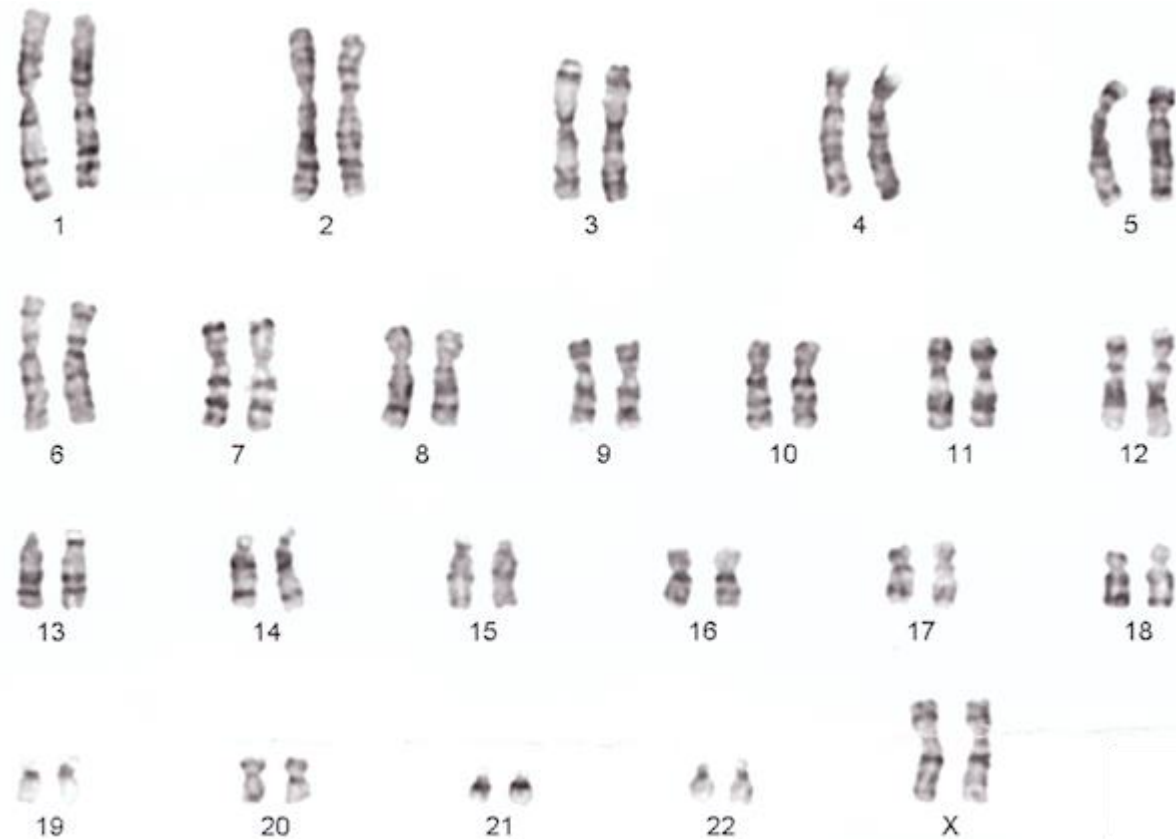
გენები შეიცავს.....

ეგზონებს: მაკოდირებელ უბნებს

ინტრონებს: არამაკოდირებელ უბნებს, რომლებიც სპლაისინგით ამოიჭრება.



ტრადიციული ციტოგენეტიკური კვლევა - კარიოტიპირება
ბენდირების მეთოდების გამოყენებით



ადამიანის (ქალის) ქრომოსომების დიპლოიდური ნაკრები

MetaSystems Ikaros

File Edit View Karyogram Filter Objects Help

1 2 3 4 5

6 7 8 9 10 11 12

13 14 15 16 17 18

19 20 21 22 X Y

Assign

Rotate 180° / 90°

Rotate X°

Shift

Clean

Reduce

Magnify

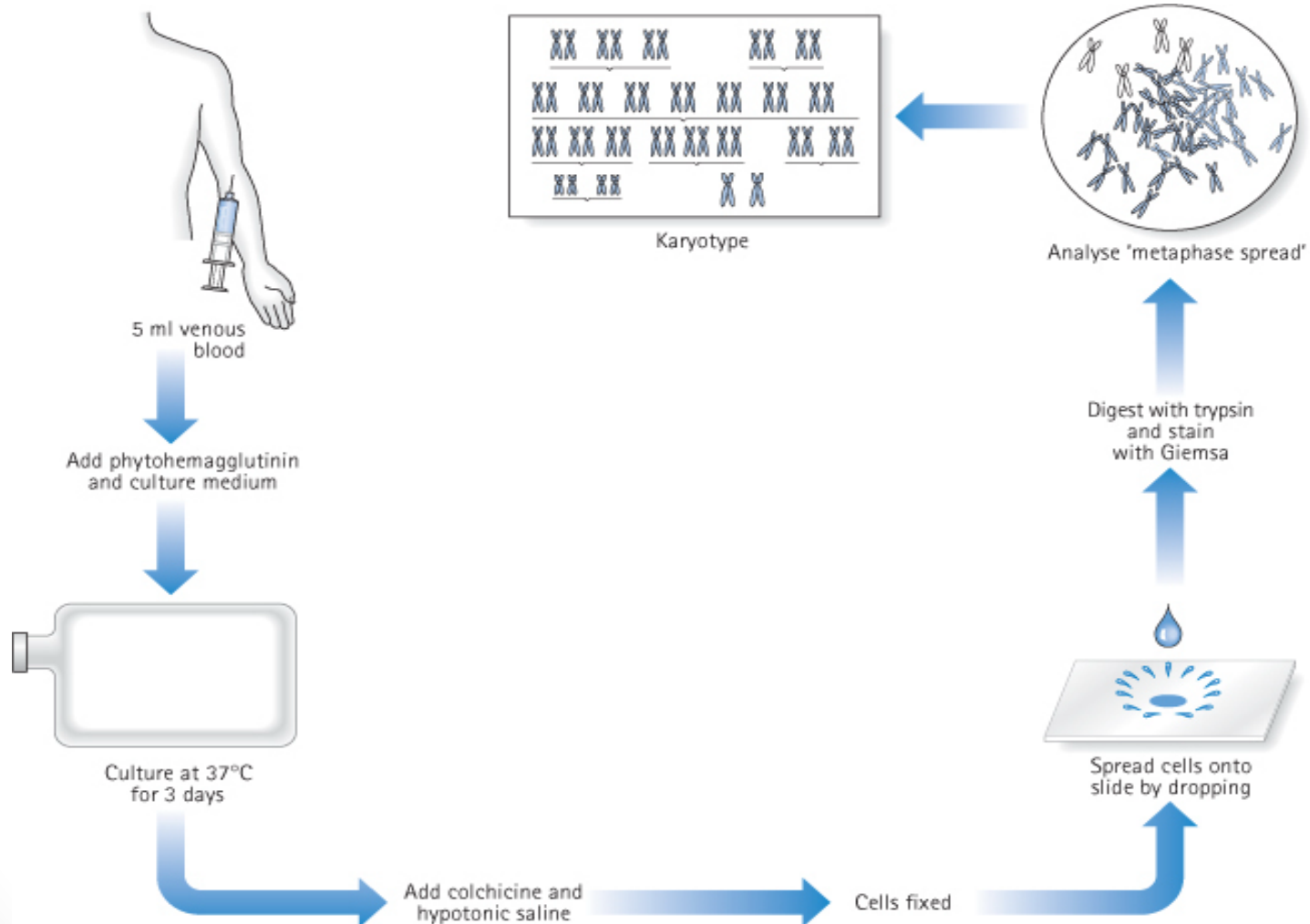
Staining

Annotate

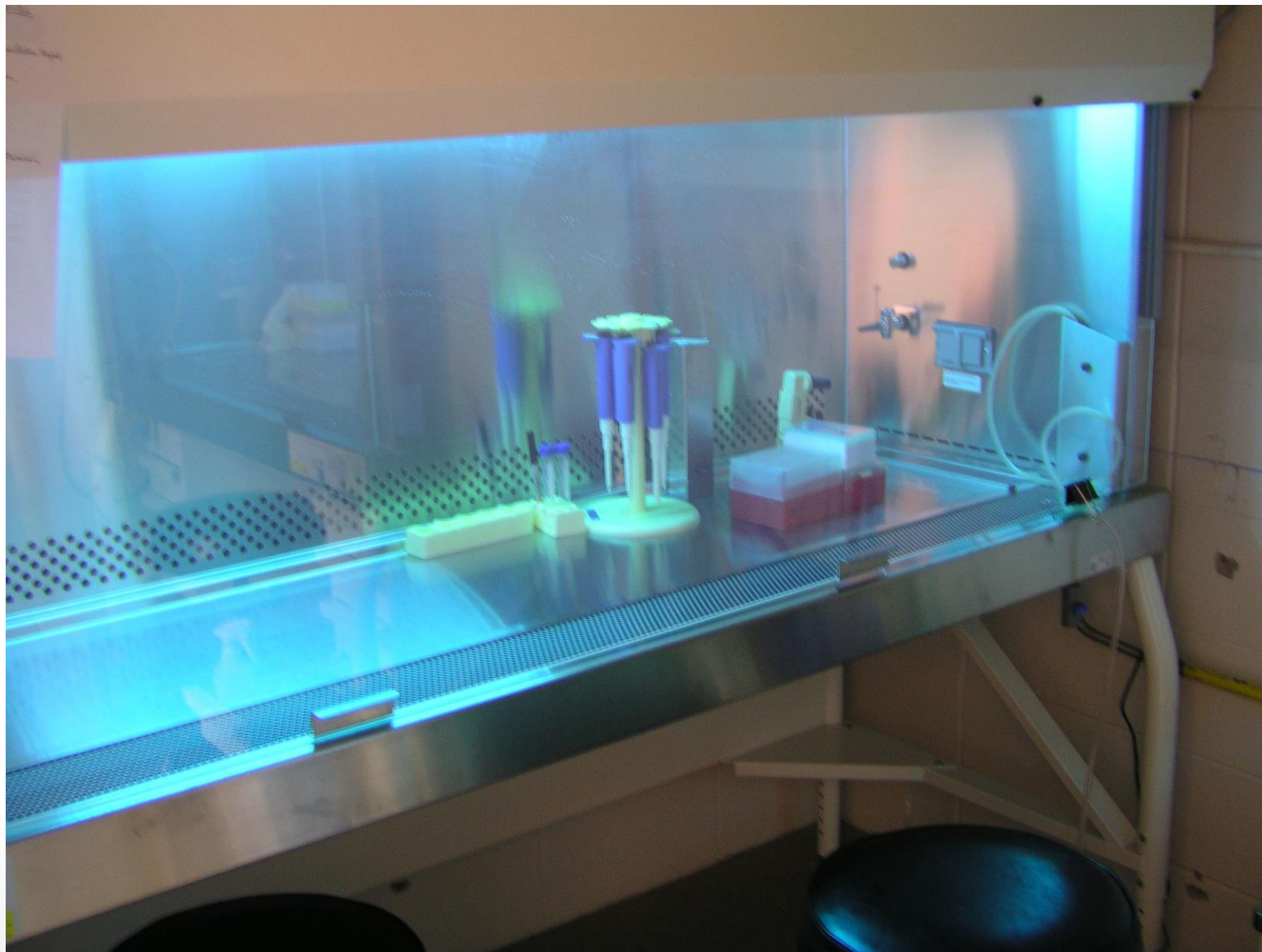
3-7C Δ 001 ▽ Δ A ▽ 46,XX 46 Global Lympho-2

104/14.5 IKS-1733 GBand

მეტაფაზური ქრომოსომების მომზადება საანალიზოდ



ღამინარული ბოქსი (სტერილური გარემო უჯრედული კულტურებისთვის)



კლინიკურ ციტოგენეტიკაში ყველაზე ხშირად გამოიყენება:

- G- ბენდირება - მუქად იღებება ჰეტეროქრომატინული უბნები
- Q- ბენდირება - პრეპარატი ქუანაკრინით მუშავდება. მუქად იღებება ჰეტეროქრომატინული უბნები (ფლუორესცენტული მიკროსკოპი)
- R - ბენდირება - მუქად იღებება ეუქრომატინული უბნები (საპირისპირო სურათი)
- **მეტაფაზის** სტადიაზე ქრომოსომებზე 450-მდე ზოლი იკვეთება
- **პრომეტაფაზური ბენდირებით** 850-მდე ზოლი იდენტიფიცირდება (მოსახერხებელია სტრუქტურული დარღვევების საიდენტიფიკაციოდ)

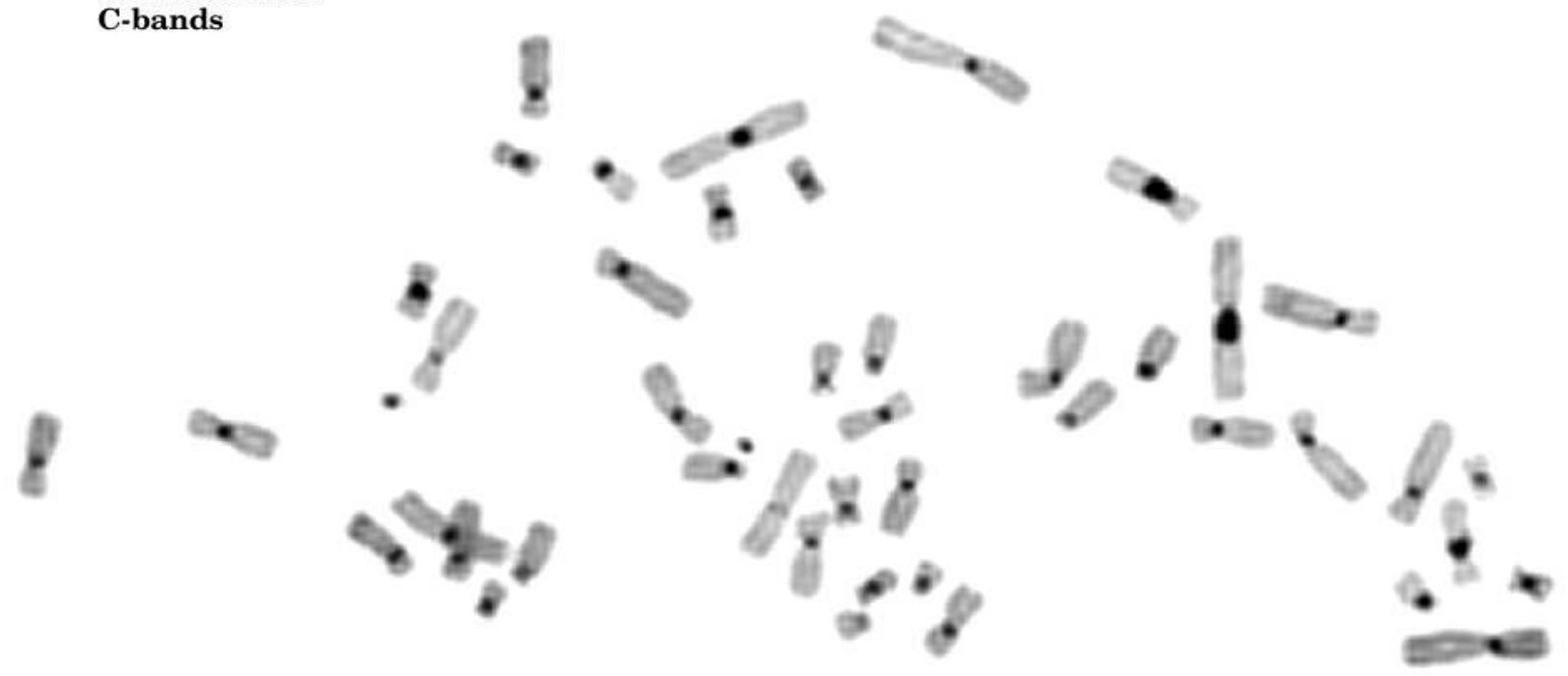
C- ბენდირება

- მუქად იღებება ცენტრომერის მიმდებარე კონსტიტუციური ჰეტეროქრომატინული უბნები - 171 ნუკლეოტიდის მომცველი გრძელი ინერტული უბნები
- ვლინდება დიდი ბლოკები 1- ლ, მე-9, მე-16 და Y ქრომოსომებზე - მოკლე (5-ნუკლეოტიდიანი) უკიდურესად გრძელი მწკრივები

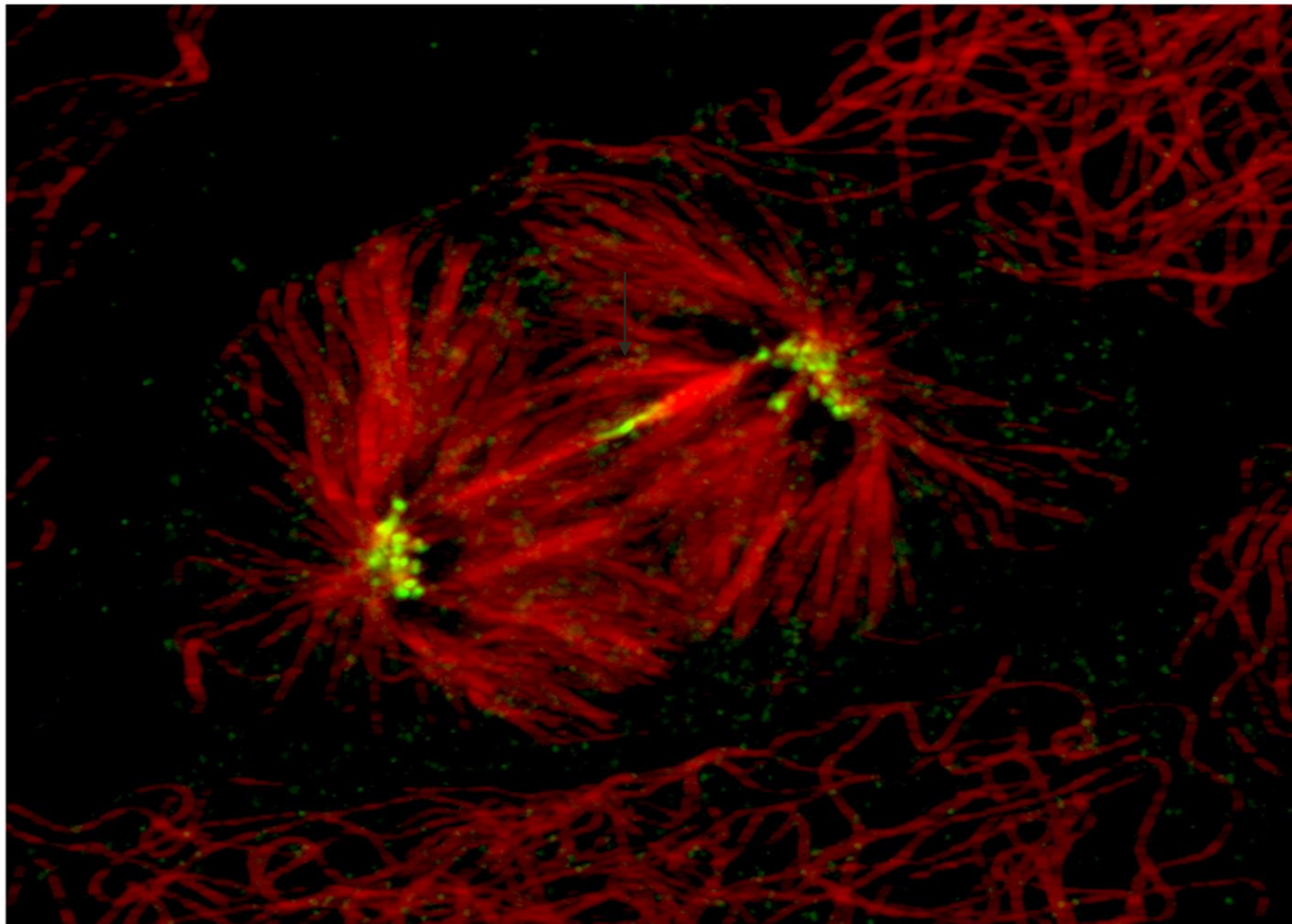
ფრაგილური საიტების დეტექცია დნმ-ის სინთეზის ინჰიბიტორებით

- ფრაგილური X სინდრომი (ციტოგენეტიკური მარკერი Xq27.3)

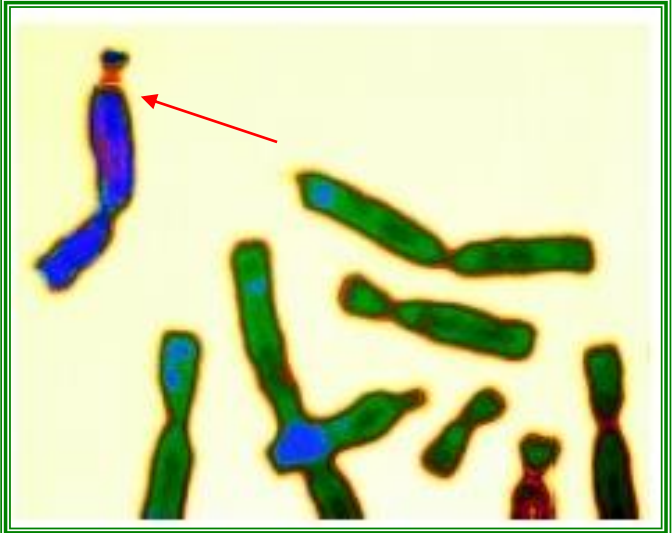
**Human female
C-bands**



მეიოზი: „ჩამორჩენილი“ ქრომოსომა



ფრაბილური X-ქრომოსომის სინდრომი



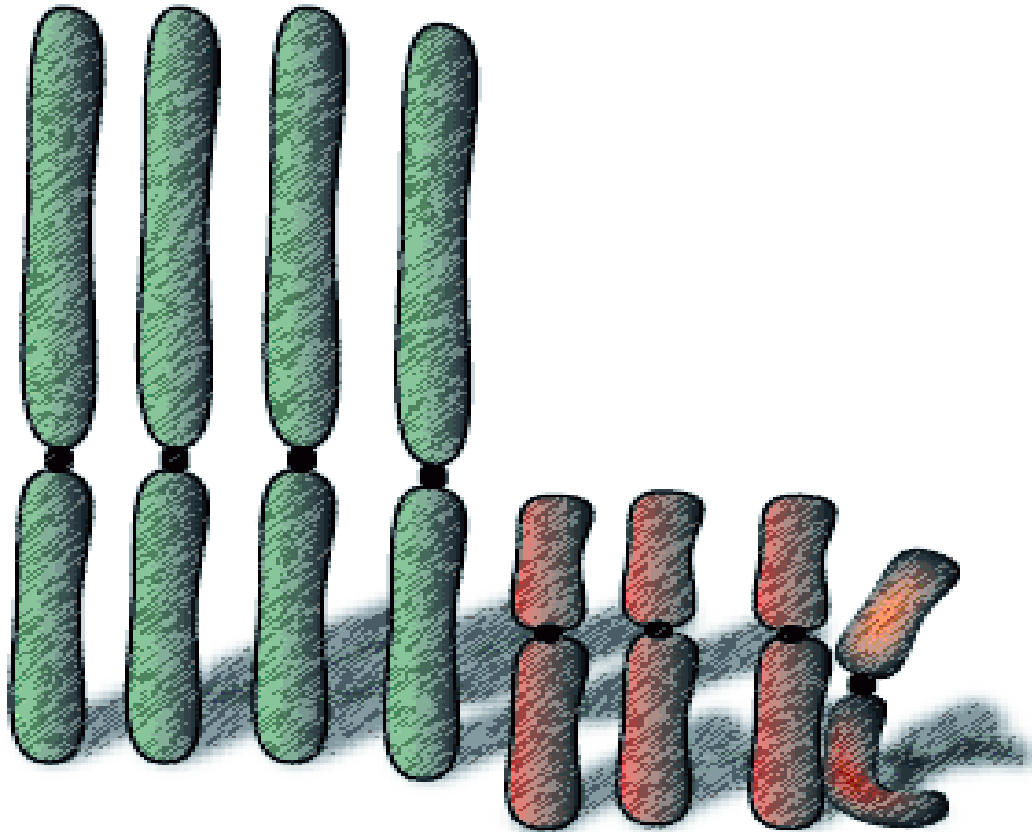
ვრეაბილუარი X-ქრომოსომის სინდრომი

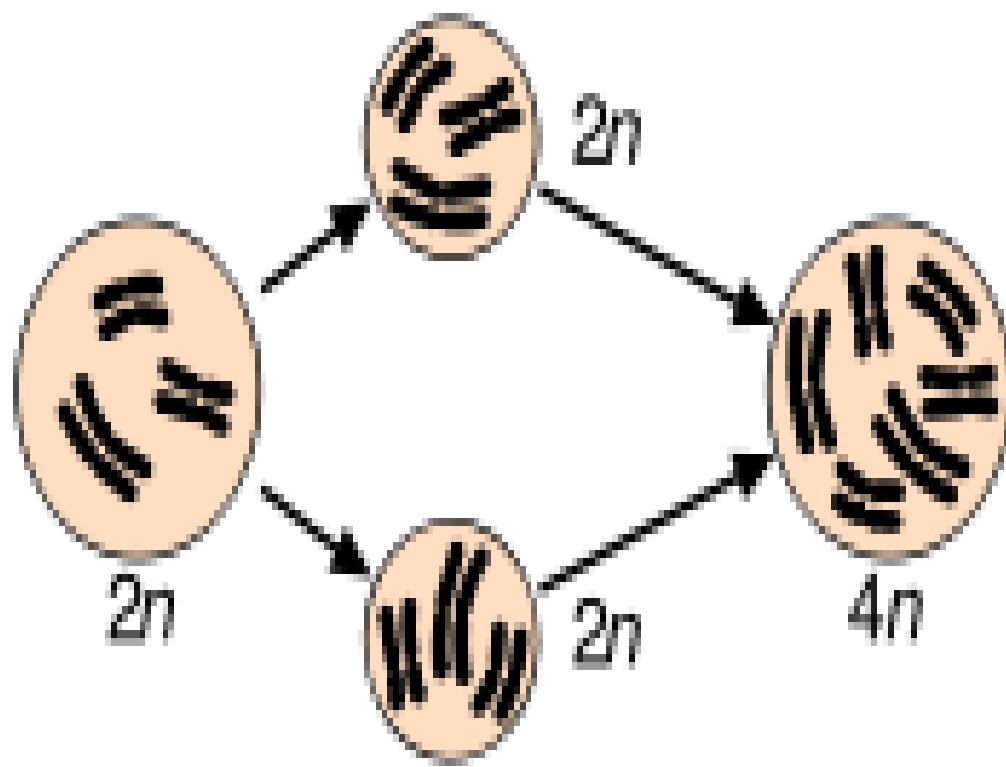


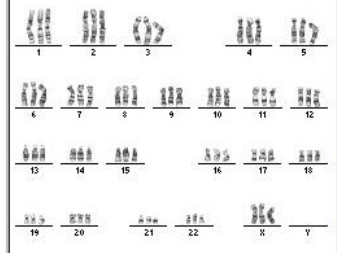
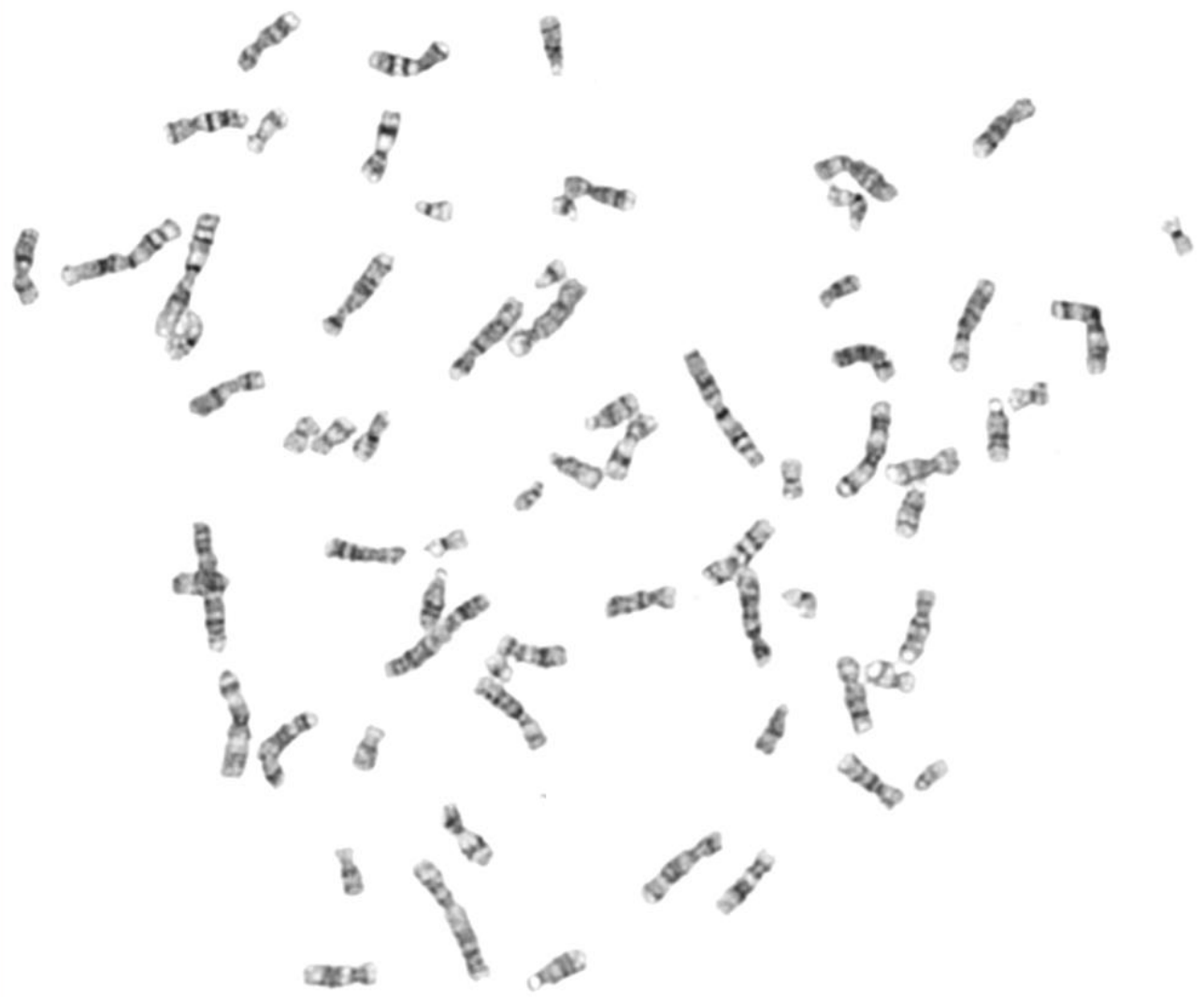
- დღესდღეობით ფრაგილური X სინდრომის დიაგნოსტიკაში იყენებენ **CGG განმეორებადობების ექსპანსიის** გამოსავლენ მოლეკულურ-გენეტიკურ მეთოდებს **FMR1** გენში.
- ვაჟებში გონებრივი ჩამორჩენილობის მეორე ყველაზე ხშირი მიზეზი (დაუნის სინდრომის შემდეგ) – 1 : 4000 ვაჟი.
- ნორმაში **CGG**-ის 60-მდე განმეორება გვხვდება, დაავადების მძიმე ფორმებში - ასობით და ათასობით. ეს იწვევს პრომოტორში ციტოზინის ჭარბ **მეთილირებას**. შედეგად, **ქრომატინი კონდენსირებულია, რეპლიკაცია შეფერხებული.**
- **ექსპანსია არ ხდება სპერმატოგენეზში, მხოლოდ ოოგენეზში.**
- **ექსპანსია შეიძლება იყოს მოზაიკური ხასიათის.**

კარიოტიპირებით დგინდება გენომური მუტაციების არსებობა-
არარსებობა

- **კლოიდობის** დარღვევა







Capture

Add. Capture

Obj. Threshold

Mask Meta.

Delete

Separate

Check Objects

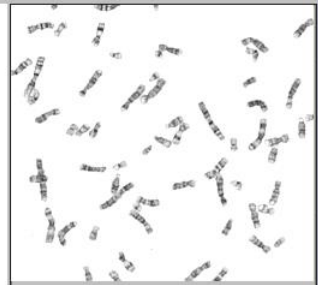
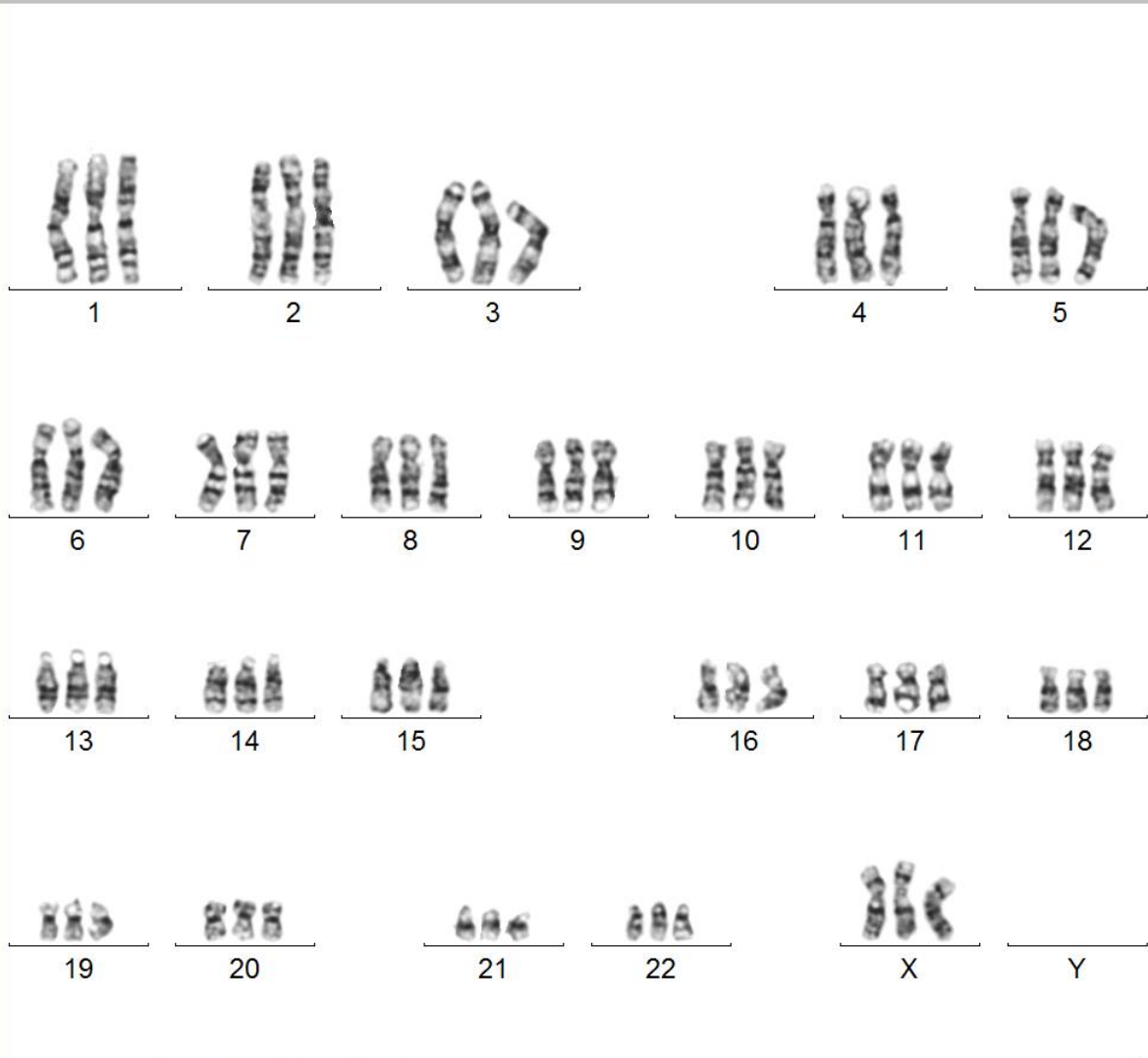
Save

Image Processing



08.10.3-4 ▲ 001 ▼ ▲ A ▼ 69,XXX 69

Global Amniocytes
IKS-1733 GBand



Assign

Rotate 180° / 90°

Rotate X°

Shift

Clean

Reduce

Magnify

Staining

Annotate

08.10.3-4 ▲ 001 ▼ ▲ A ▼ 69,XXX 69

66.7/13.9

Global Amniocytes

IKS-1733 GBand

გენომური მუტაციებით გამოწვეული სპონტანური აბორტების სიხშირე

დარღვევები

პროცენტული სიხშირე

ტრიპლოიდია

10%

ტეტრაპლოიდია

5%

ტრისომია

30%

მონოსომია (45 X)

10%

სხვა

5%

ჯამურად

60%

ადამიანის 15-კვირიანი ნაყოფი 21-ე ქრომოსომის ტრისომიით

MetaSystems Ikaros

File Edit View Karyogram Filter Objects Help

1 2 3 4 5

6 7 8 9 10 11 12

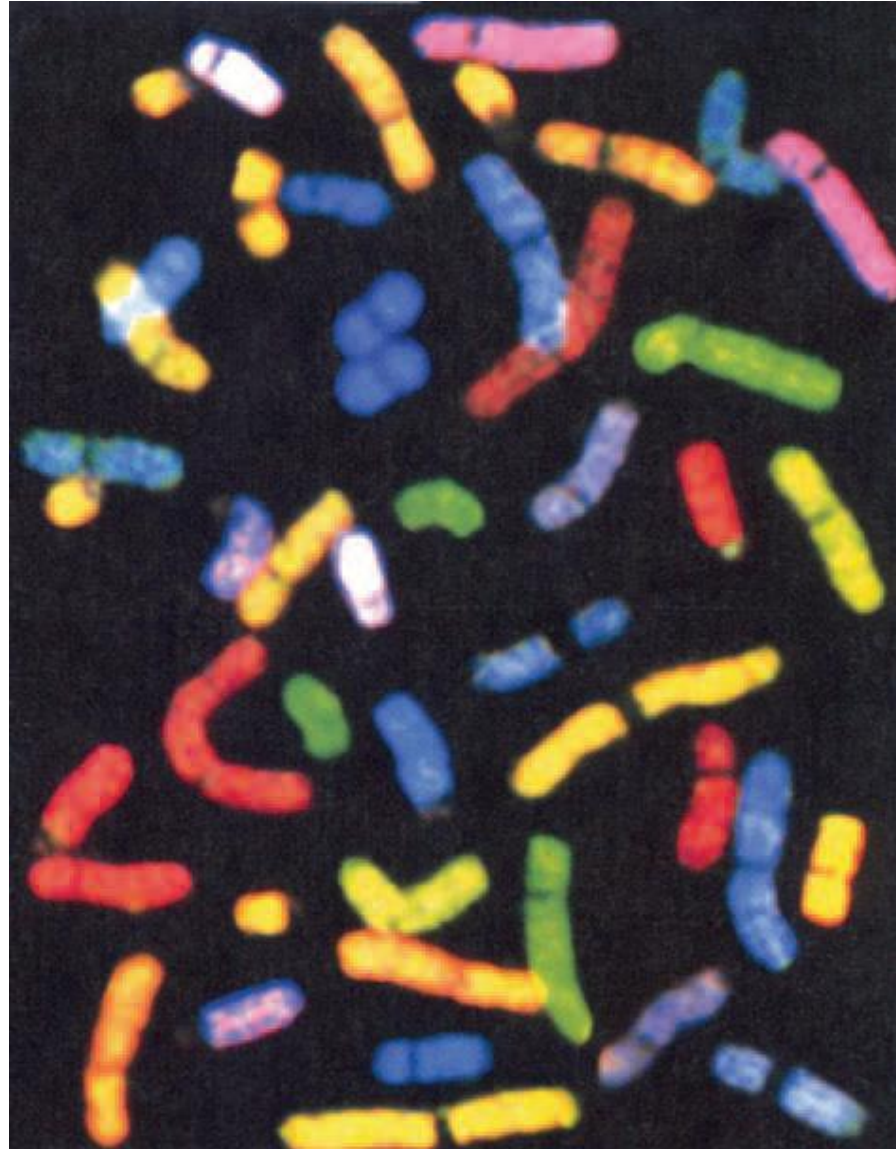
13 14 15 16 17 18

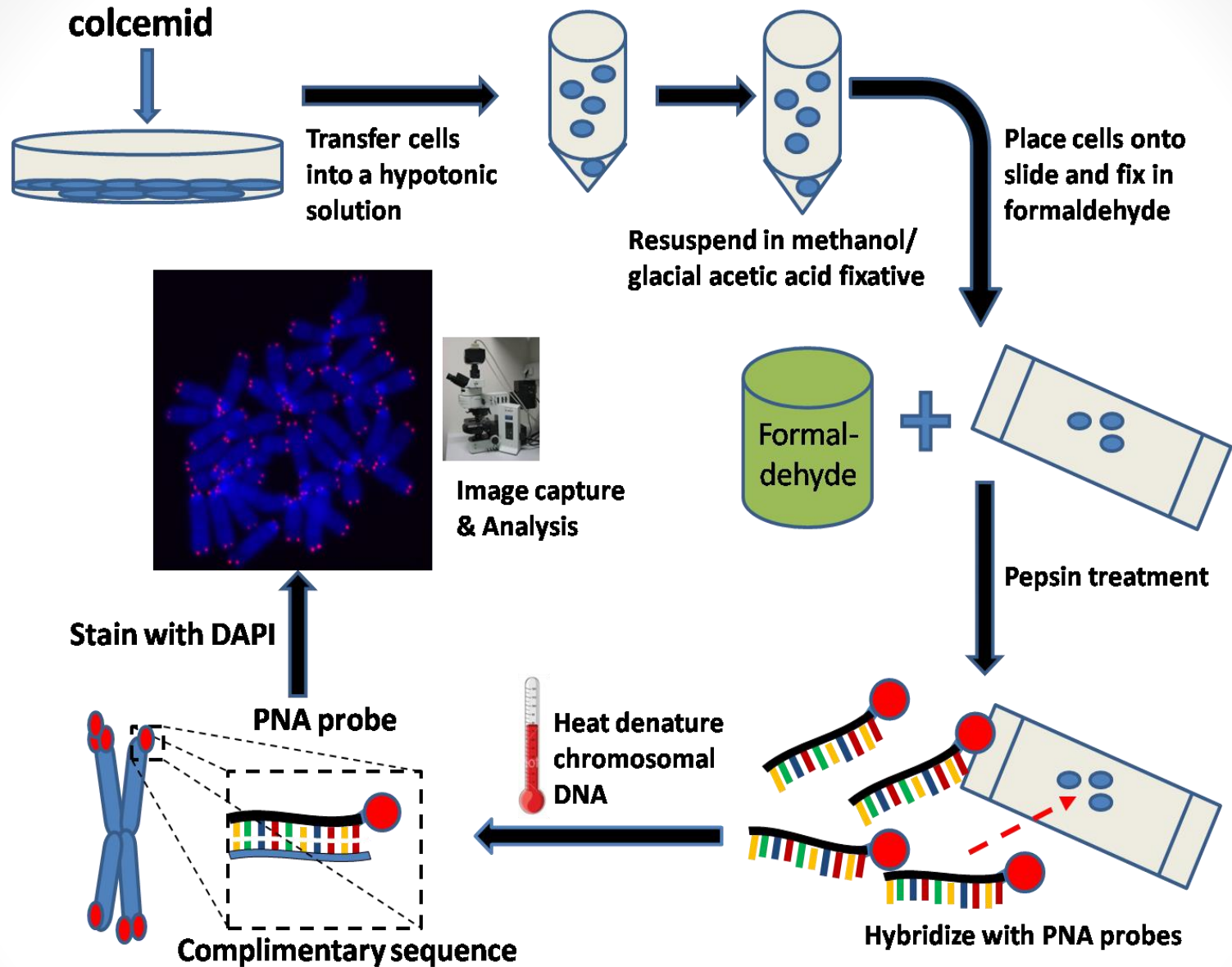
19 20 21 22 X Y

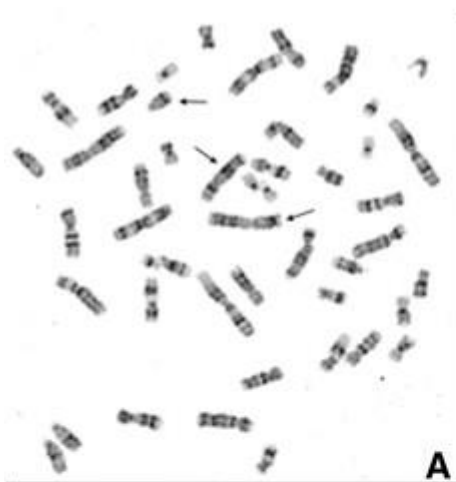
Assign
 Rotate 180° / 90°
 Rotate X°
 Shift
 Clean
 Reduce
 Magnify
 Staining
 Annotate

08.02.1-4A Δ 005 ▾ Δ A ▾ 47 Global Amniocytes
 69.5/2.2 IKS-1733 GBand

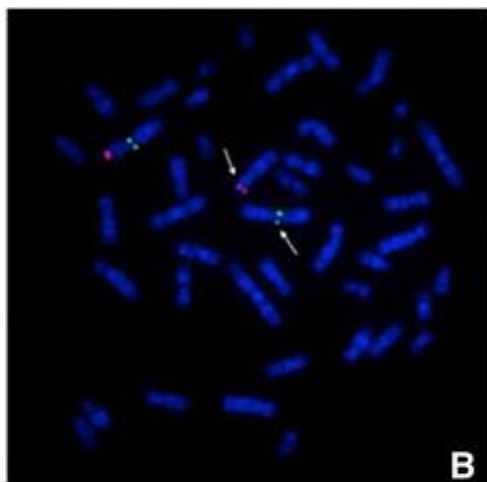
ქრომოსომათა სტრუქტურული დარღვევების გამოსაკვლევად იყენებენ **სპექტრული კარიოტიპირებას**. 24 ინდივიდუალური ქრომოსომა მონიშნულია სხვადასხვა ფერის ფლუოროსცენტული საღებავით



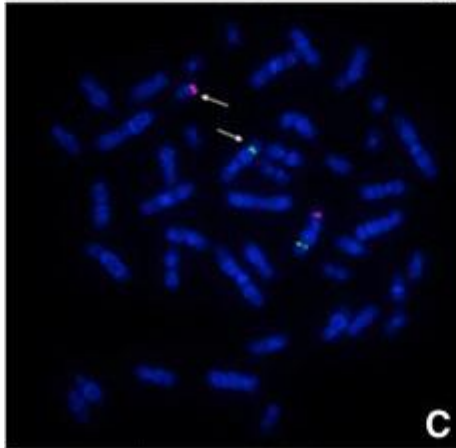




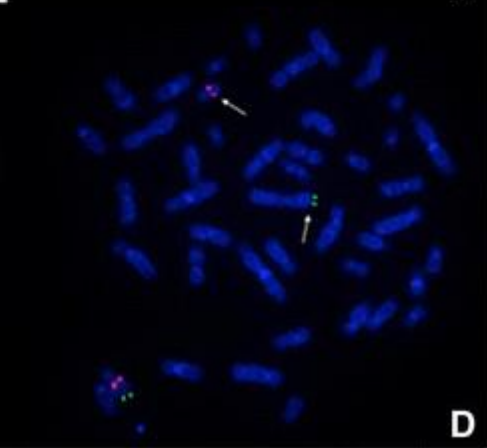
A



B

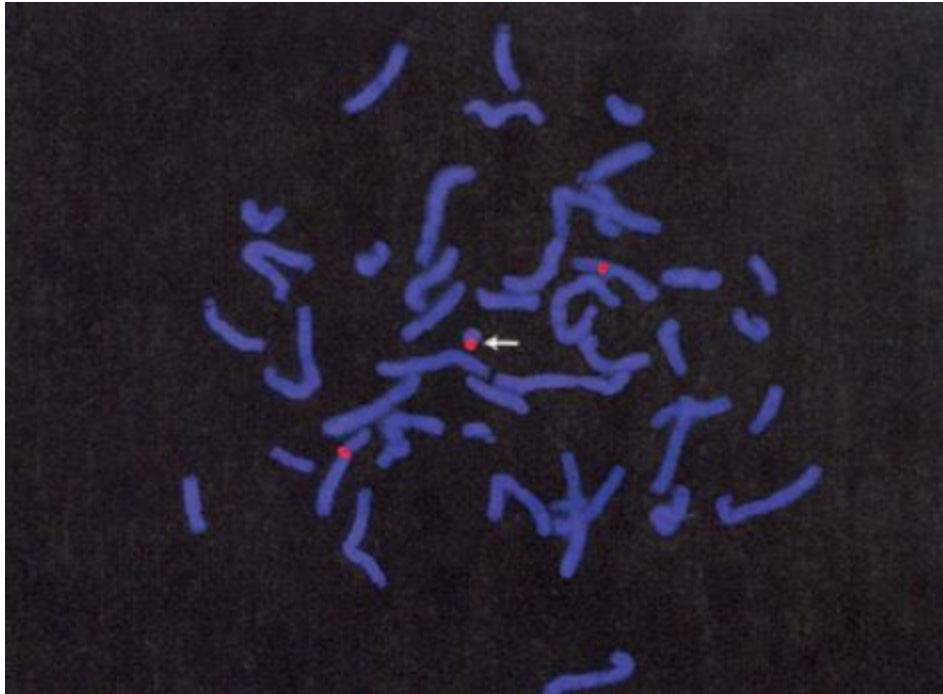


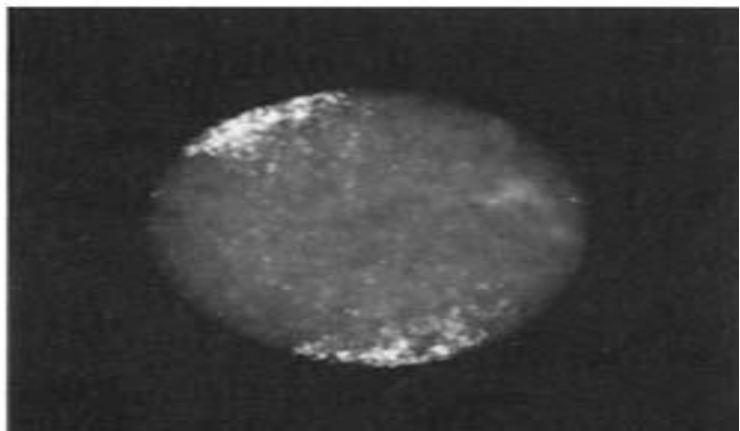
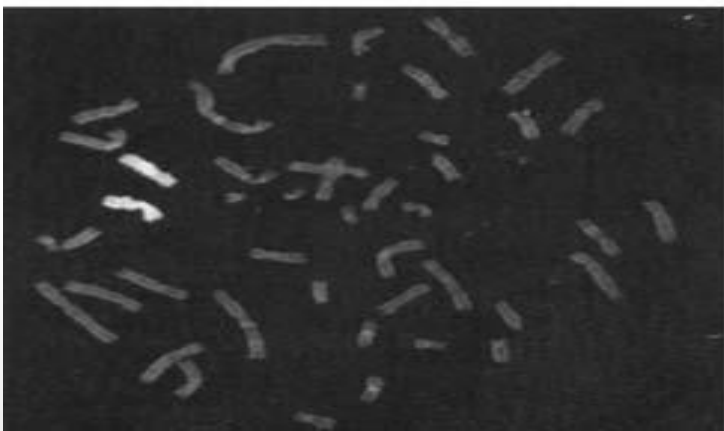
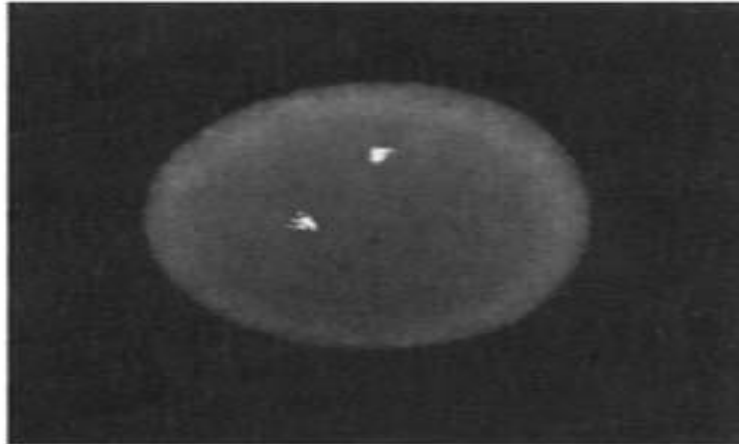
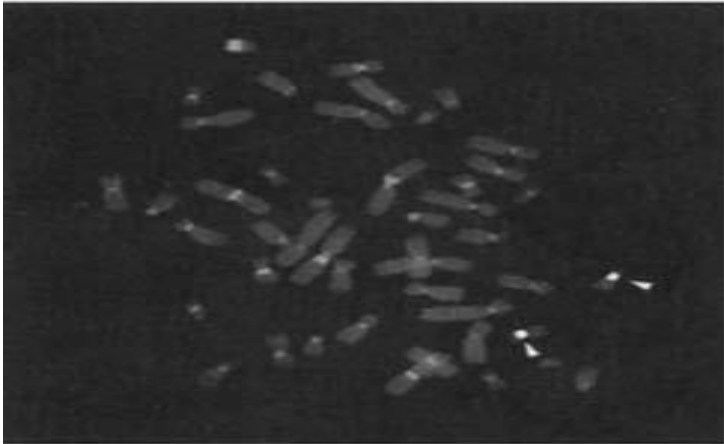
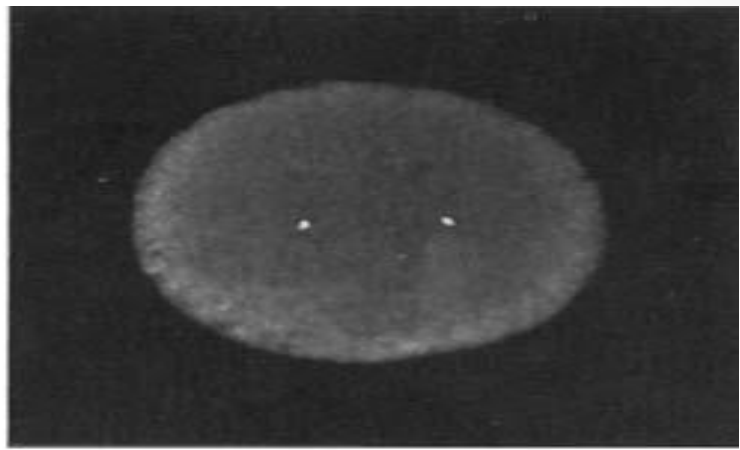
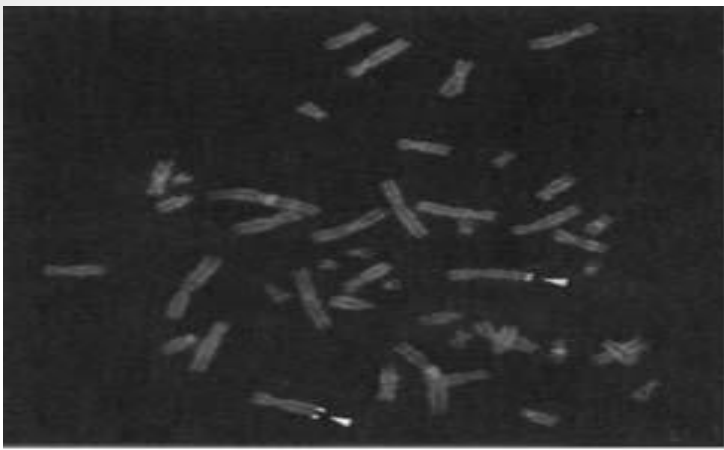
C



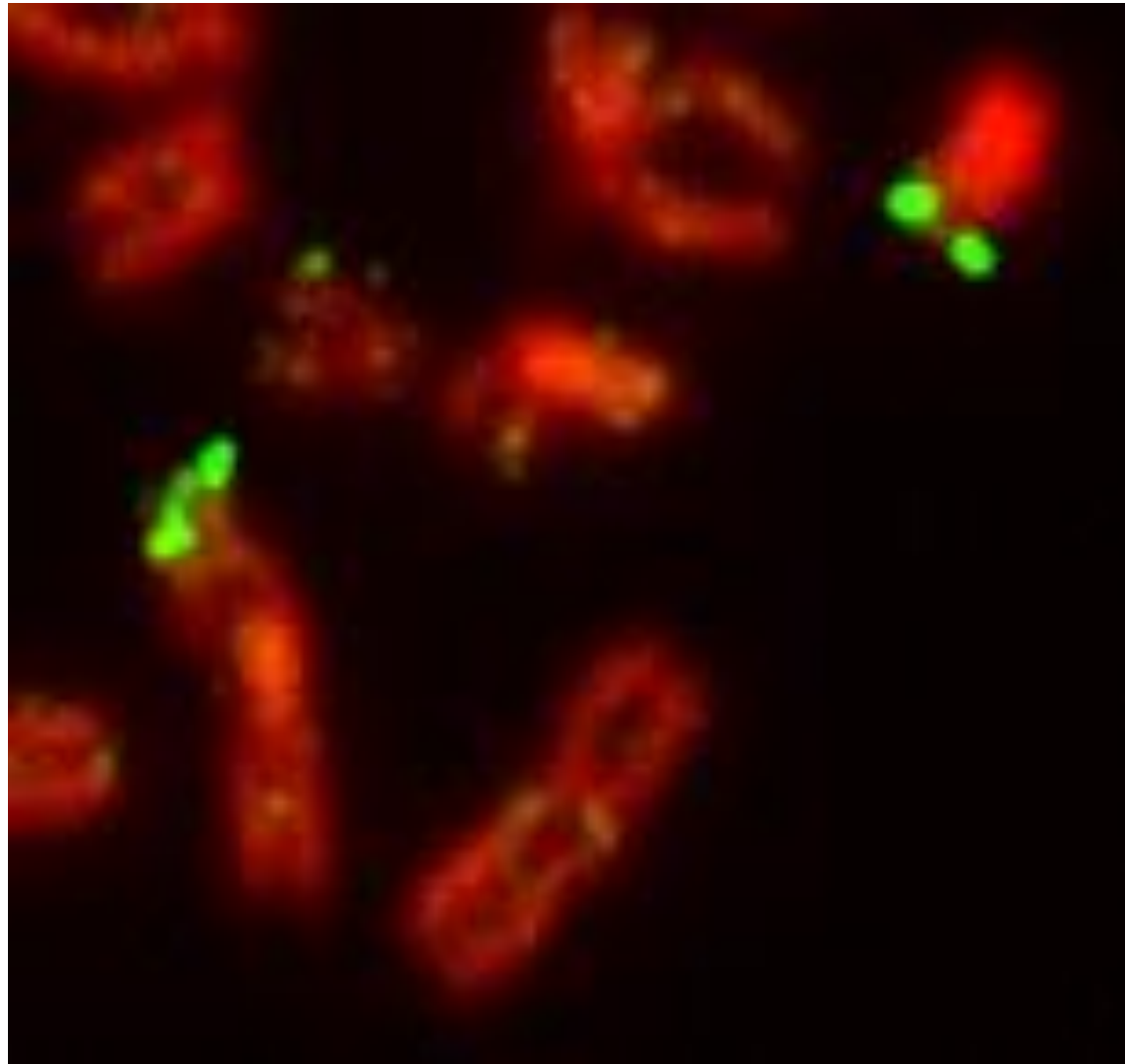
D

ფლოუორესცენტული *in situ* ჰიბრიდიზაცია: მონიშნულია სპეციფიკური უბნები.

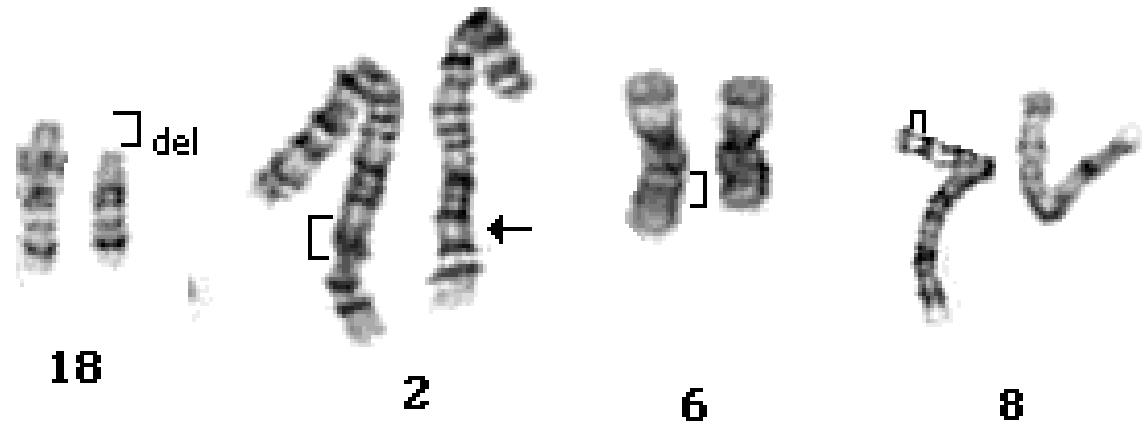
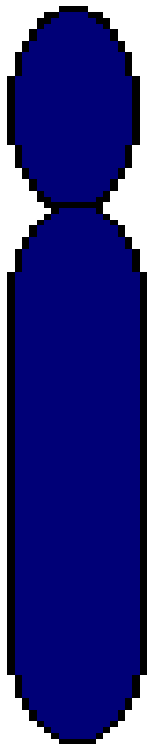




შსევიდოაუტოსომური უბნები X და Y ქრომოსომებზე

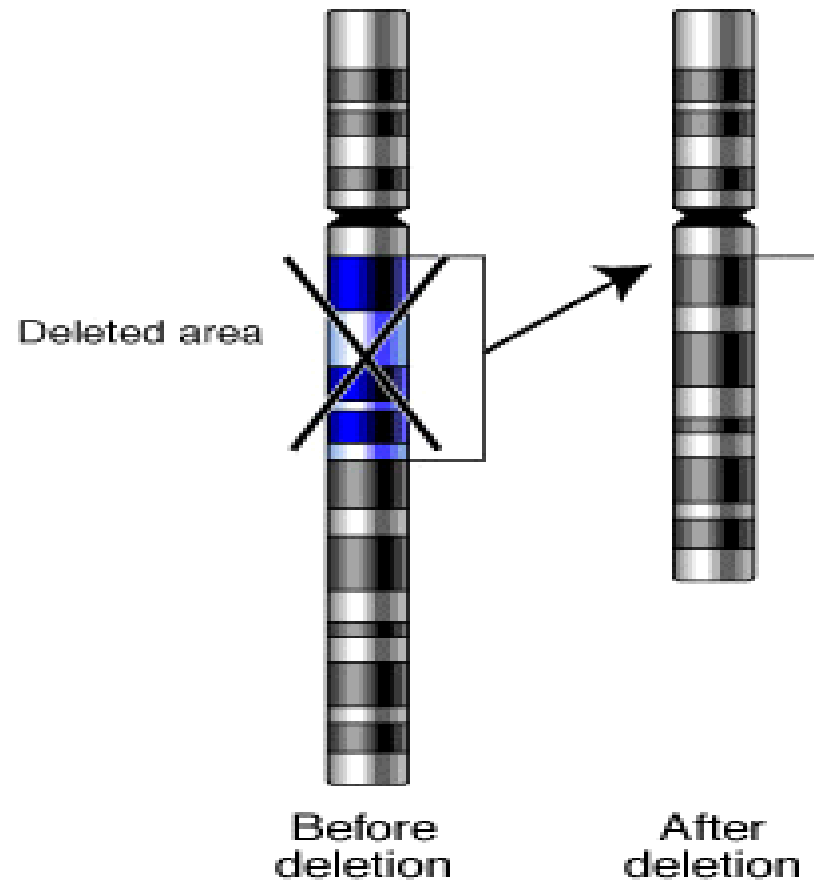


დელეციები



დელეცია - ქრომოსომის უბნის დაკარგვა

ინსტერსტიციული დელეცია



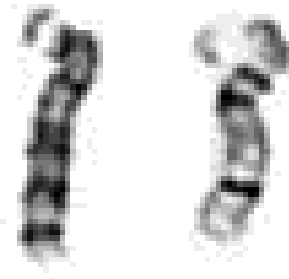
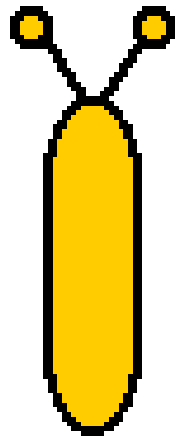
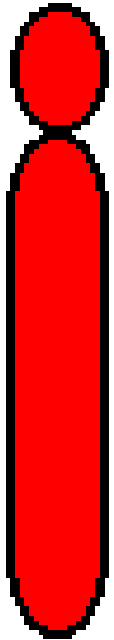
FISH მეთოდით გამოვლინდა, რომ მე-4 ქრომოსომის მოკლე მხარს აქვს დელეცირებული უბანი (ვოლოფ-ჰირშჰორნის სინდრომი)



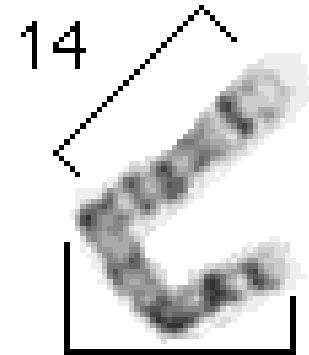
ვოლფ-ჰირშჰორნის სინდრომი



ტრანსლოკაციები



13 14
normal



13
t(13;14)

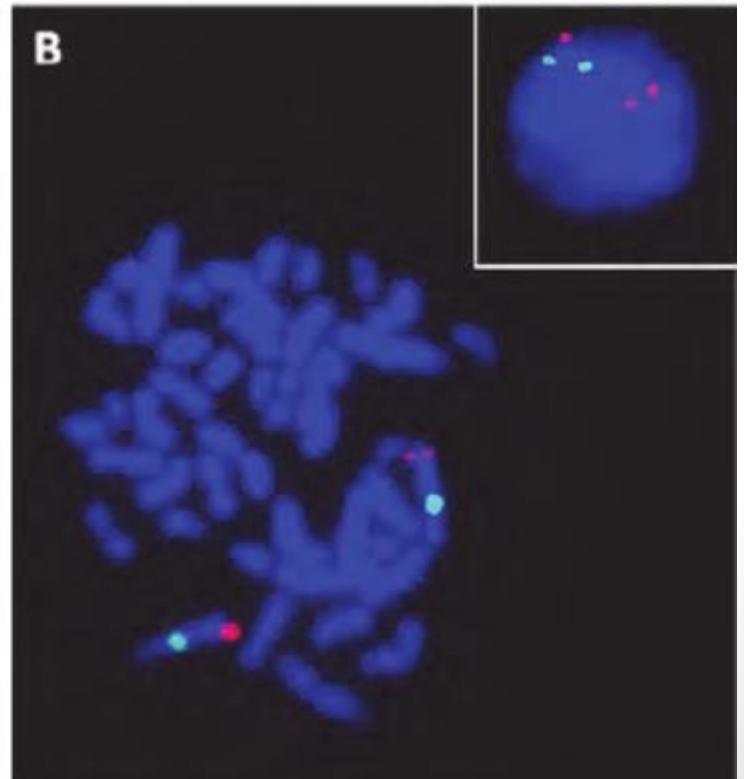
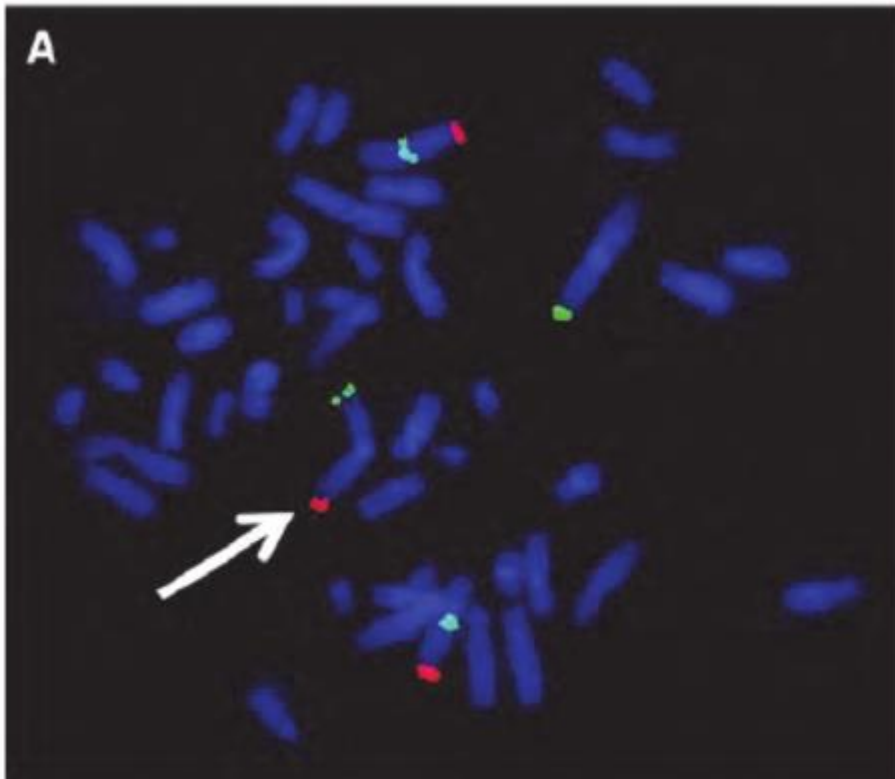
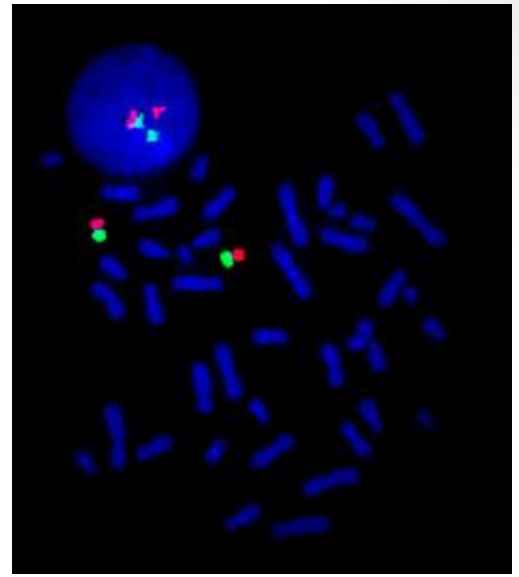
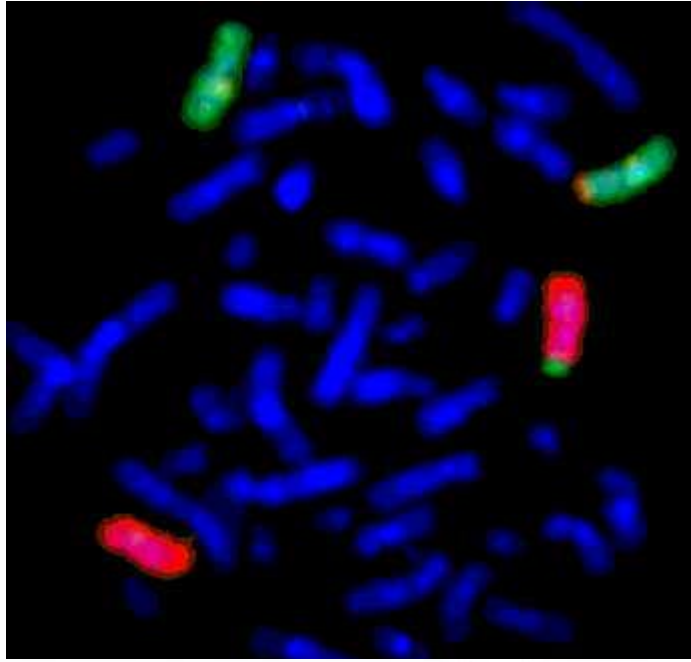
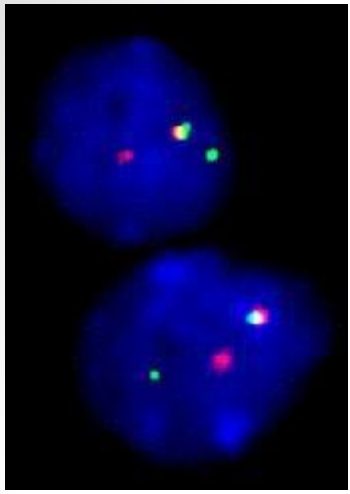


6

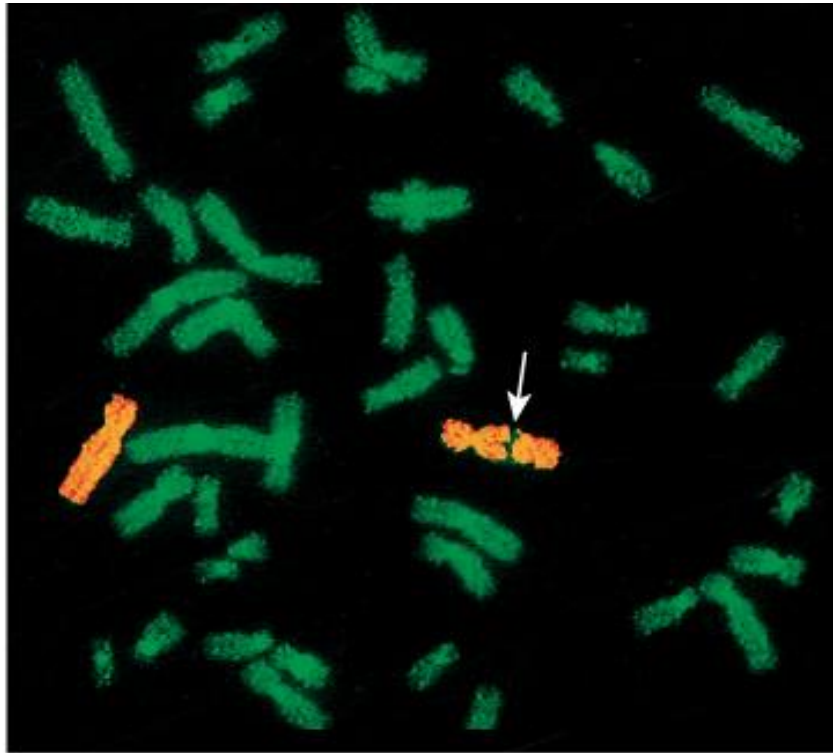


9

ტრანსლოკაცია - ქრომოსომის უბნიების გადატანა (გაცვლა) ერთი ქრომოსომიდან სხვაზე



მე-5 ქრომოსომის გრძელი მხარი შეიცავს ინსერციულ უბანს (ნაჩვენებია ისრით).



რეციპროკული ტრანსლოკაცია (უბნების მიმოცვლა) - ქრონიკული
მიელოგენური ლეიკემიის გამომწვევი დარღვევა

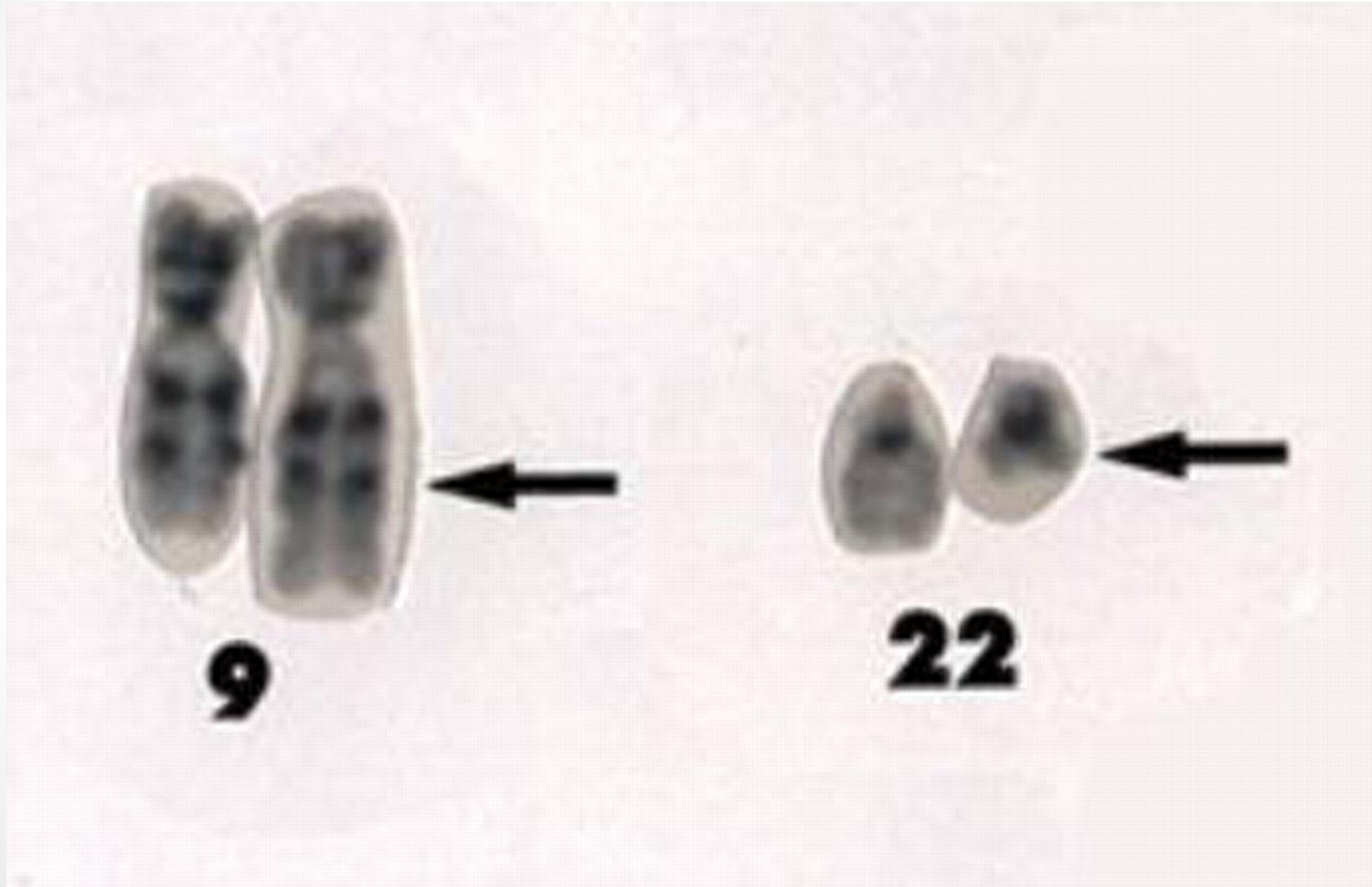
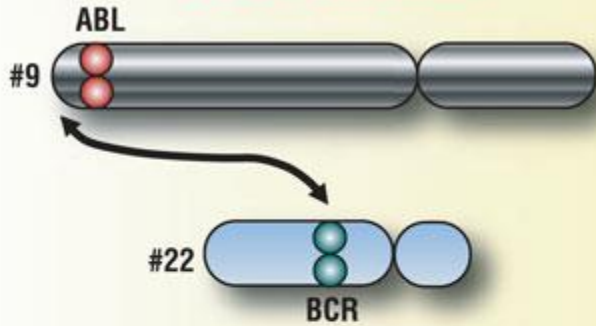
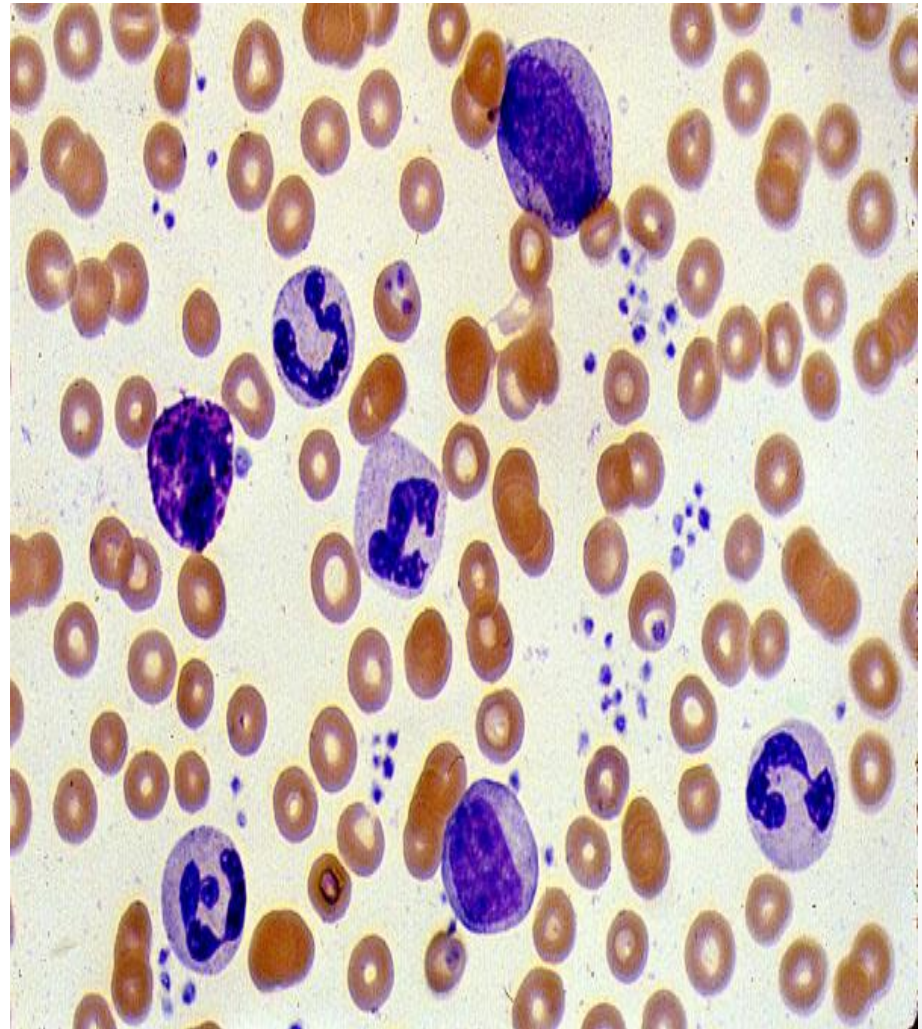
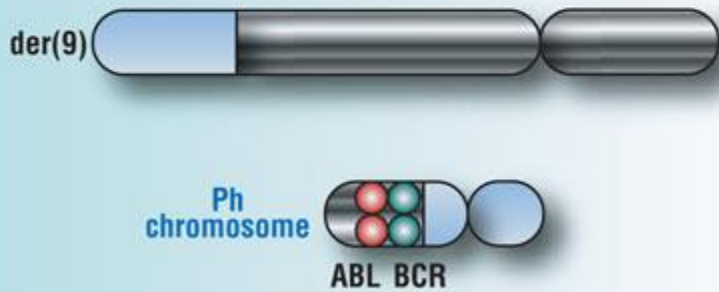


Figure 1: The Philadelphia (Ph) Chromosome

Before translocation

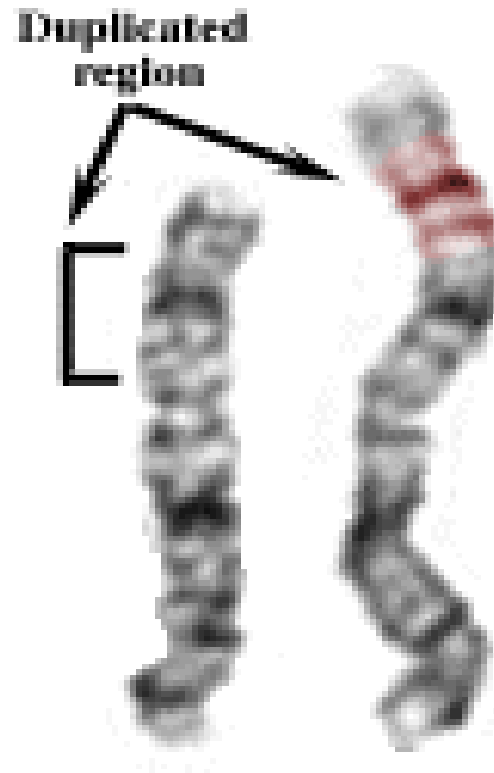
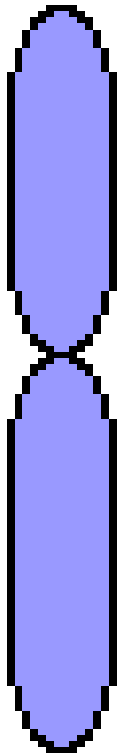


After translocation



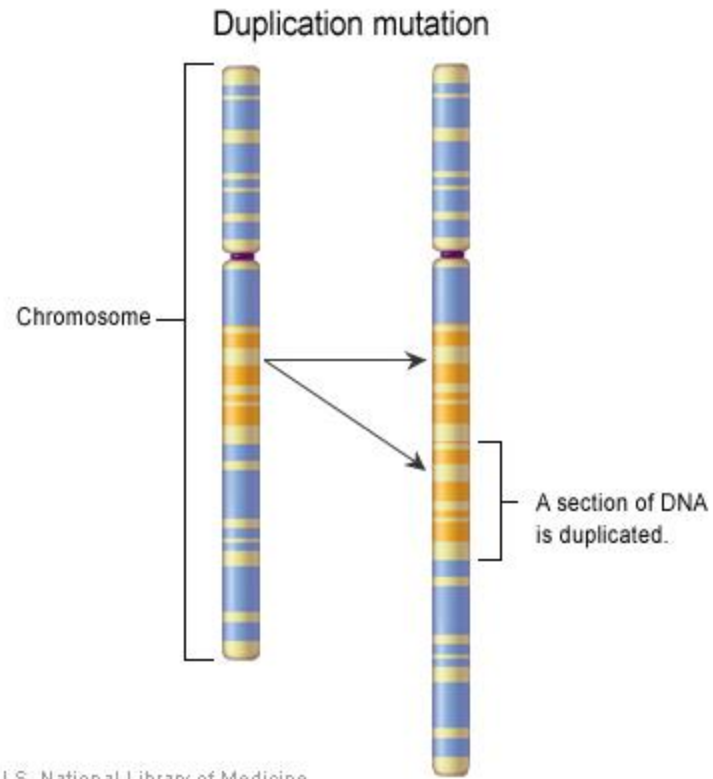
When chromosomes 9 and 22 exchange portions of their genetic material, this translocation results in the formation of der(9), an elongated chromosome 9, and the Ph chromosome, which contains the hybrid BCR-ABL gene.

დუპლიკაცია

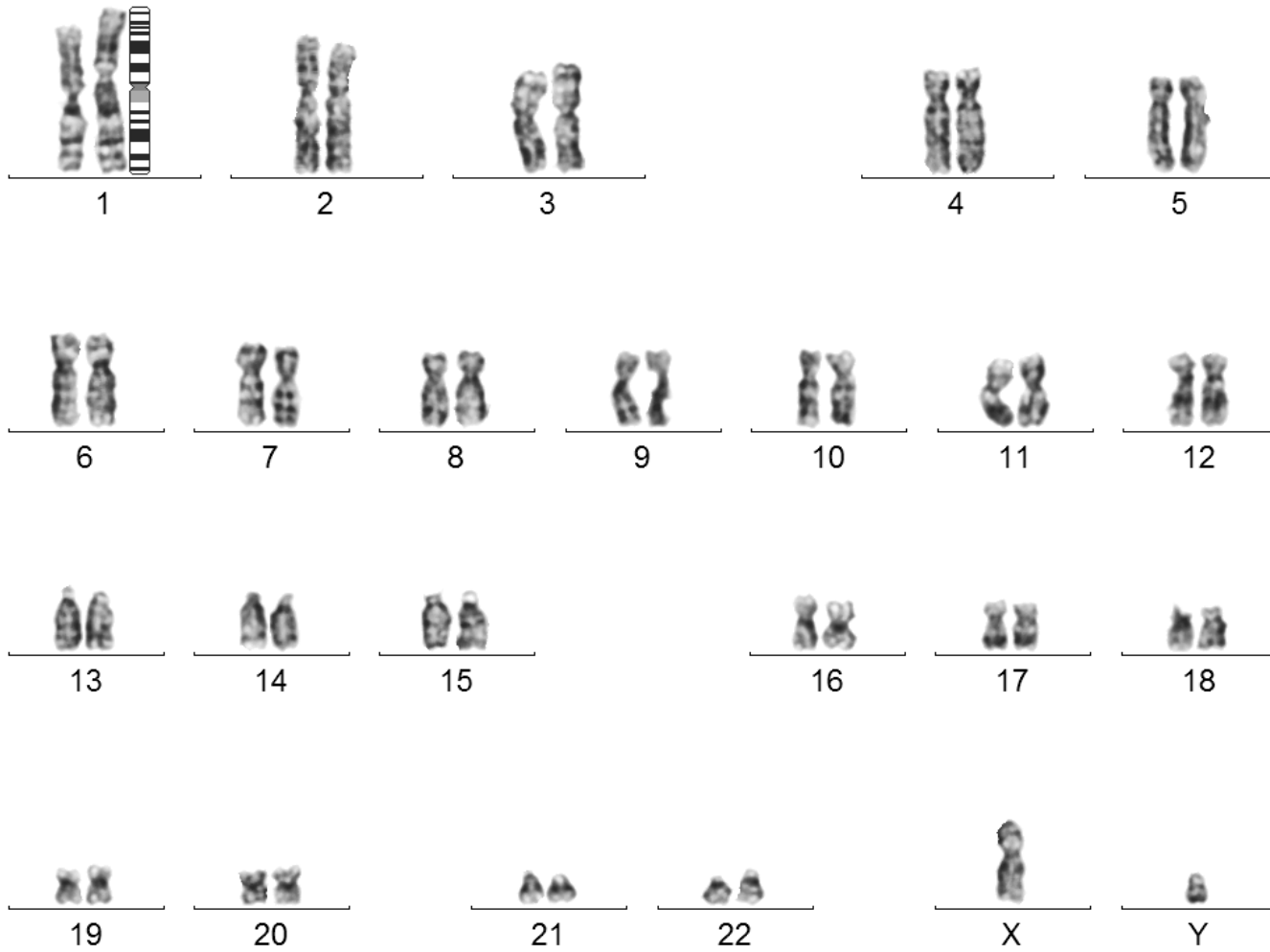


ქრომოსომის გარკვეული უბნის გაორმაგება
(რამდენიმე ასლის წარმოქმნა)

დუბლიკაცია



U.S. National Library of Medicine



n l l [μm] p:q

1 114 **7.4 μm 57:57**
1 128 **8.3 μm 55:73**
2 108 7.0 μm 46:62
2 101 6.5 μm 36:65
3 80 5.2 μm 37:43
3 86 5.5 μm 39:47
4 81 5.2 μm 24:57
4 83 5.4 μm 25:58
5 76 4.9 μm 21:55
5 76 4.9 μm 23:53
6 74 4.8 μm 26:48
6 74 4.8 μm 28:46
7 67 4.3 μm 25:42
7 64 4.1 μm 26:38
X 66 4.3 μm 27:39
8 59 3.8 μm 20:39
8 61 3.9 μm 21:40
9 60 3.9 μm 25:35
9 61 3.9 μm 22:39
10 61 3.9 μm 21:40
10 60 3.9 μm 18:42
11 54 3.5 μm 27:27
11 59 3.8 μm 27:32
12 59 3.8 μm 25:34
12 58 3.7 μm 19:39

13 51 3.3 μm 8:43
13 47 3.0 μm 33:14
14 47 3.0 μm 7:40
14 45 2.9 μm 33:12
15 48 3.1 μm 30:18
15 48 3.1 μm 12:36
16 45 2.9 μm 19:26
16 40 2.6 μm 19:21
17 41 2.6 μm 15:26
17 38 2.5 μm 12:26
18 38 2.5 μm 16:22
18 36 2.3 μm 11:25
19 29 1.9 μm 12:17
19 32 2.1 μm 14:18
20 28 1.8 μm 13:15
20 32 2.1 μm 15:17
21 27 1.7 μm 0:27
21 25 1.6 μm 0:25
22 24 1.5 μm 0:24
22 29 1.9 μm 17:12
Y 26 1.7 μm 10:16

Microscope Magnification: 100 \times

2003 წელს სახეივოდ გამოცხადდა, რომ დასრულდა
'აღამიანის გენომის პროექტის' პირველი ეტაპი:

გაიშვივრა 'აღამიანის ცხოვრების წიგნი'.



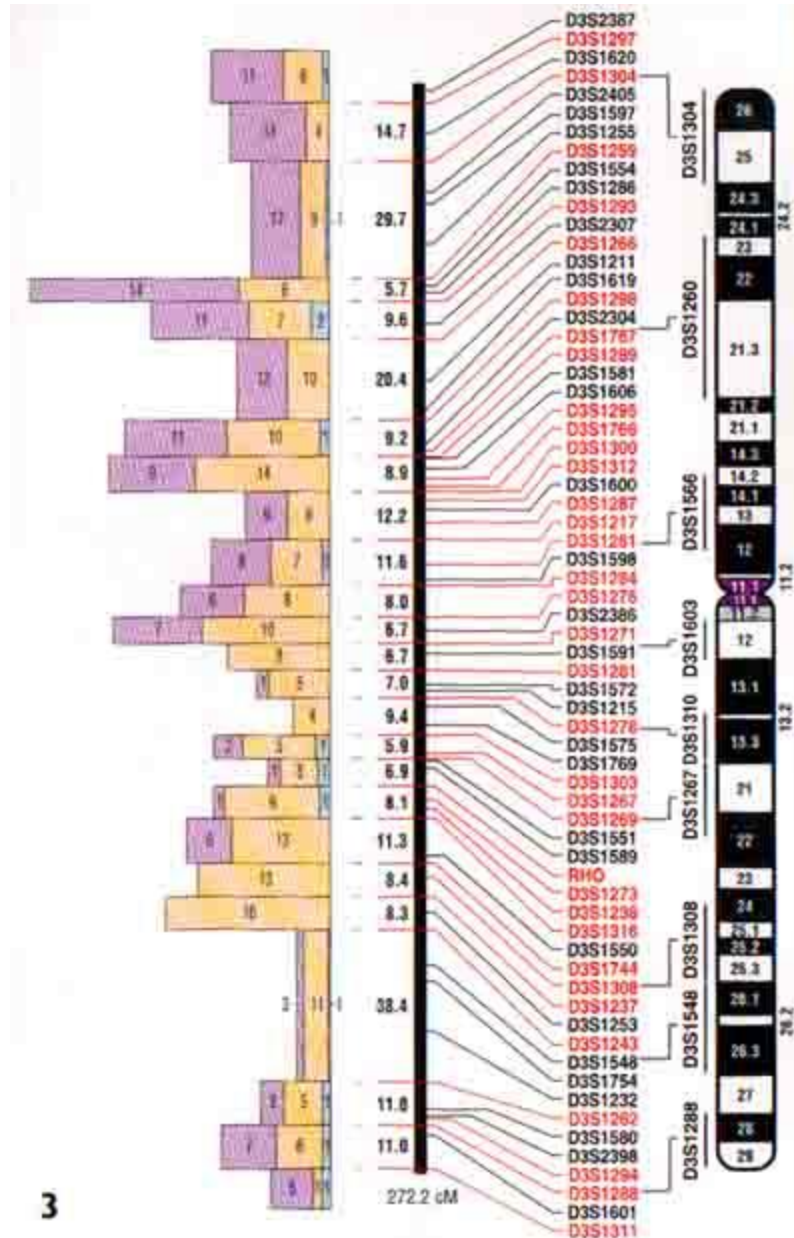
President Clinton and geneticists J. Craig Venter (left) and Francis Collins (right) celebrate.

ადამიანის გენომის სეკვენირება

- პირველ ეტაპზე **გაიშიფრა** მოხალისეთაგან შერჩეული 10 პირის **გენომი**.
- განსაზღვრულ იქნა **ინდივიდუალური ქრომოსომების ნუკლეოტიდური შენება**.

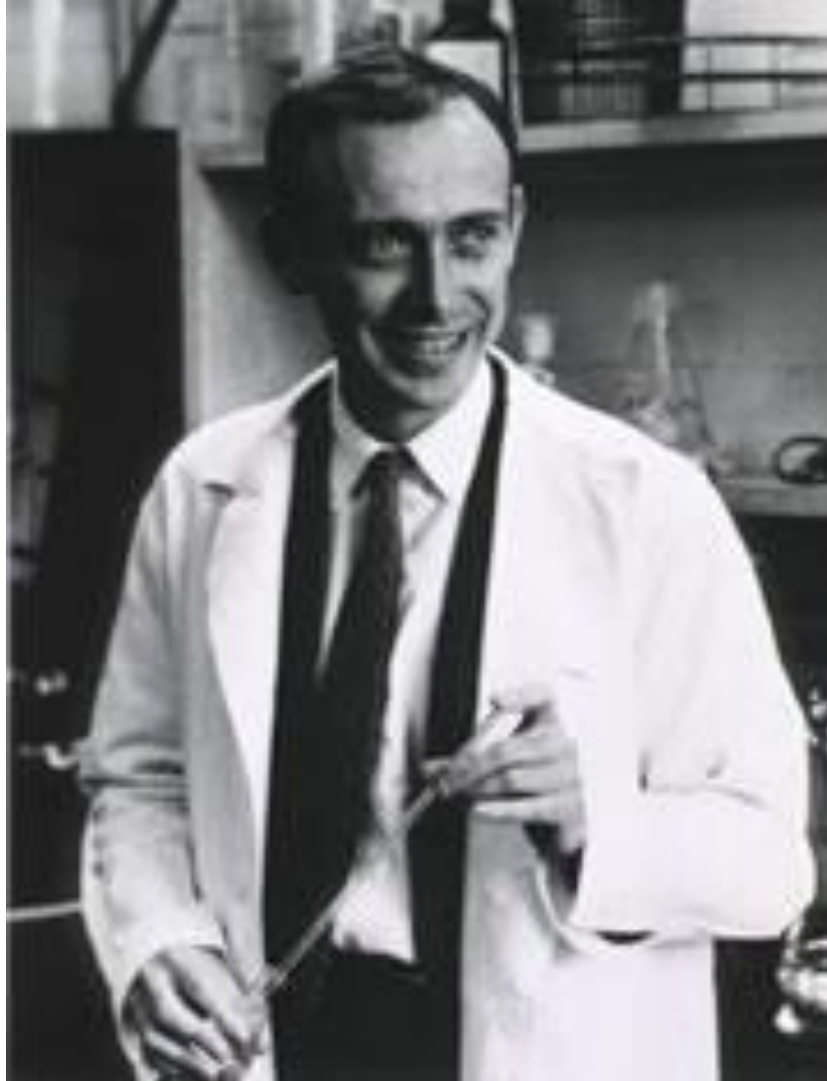
•

ადამიანის გენომის პროექტი
 ადამიანის მე-3 ქრომოსომის რუკა



1 June 2007 | Nature | doi:10.1038/news070528-10 News

ჯეიმს უოტსონის **გენომი სეკვენირებულია** (ღირებულება - 800 000-
მდე დოლარი; დღეს 1000 დოლარად არის ხელმისაწვდომი)



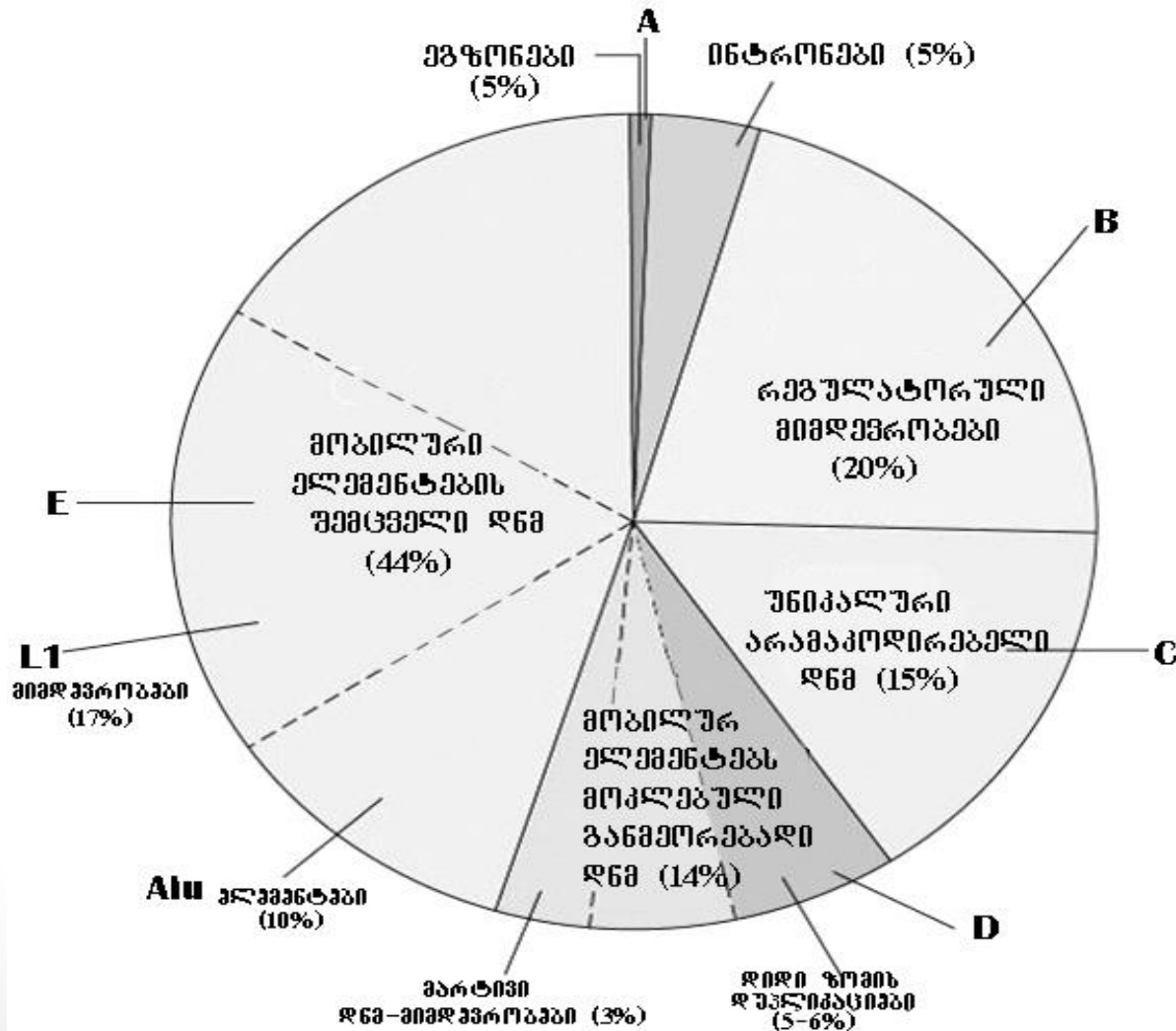
რა გვამცნო ადამიანის გენომის პროექტმა?

- ადამიანის გენომი მხოლოდ 25000-30000 გენს შეიცავს....
- ...სავარაუდო რაოდენობის მხოლოდ 1/3-1/4-ს
- ...მათი რიცხვი მხოლოდ 2-ჯერ-3-ჯერ აღემატება მწერებისა და ჭიების გენების რიცხვს!

რა გვამცნო ადამიანის გენომის პროექტმა?

- ადამიანებს ერთნაირი აღმოგვაჩნდა გენომის 99.9 %....
- ...არ დადასტურდა პირდაპირი კავშირი გენომის ზომასა და ორგანიზაციის სირთულეს შორის...
- ...აღმოჩნდა, რომ ადამიანის გენების უმეტესობას ერთზე მეტი ცილოვანი პროდუქტის წარმოება შეუძლია (მაგ., ალტერნატიული სპლაისინგის გზით)...

რა გვამცნო ადამიანის გენომის პროექტმა?



ორგანიზმებს

შორის

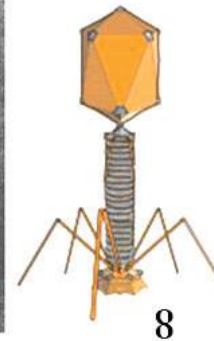
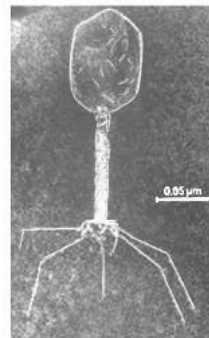
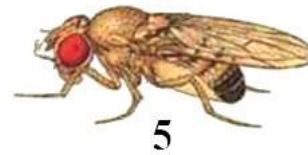
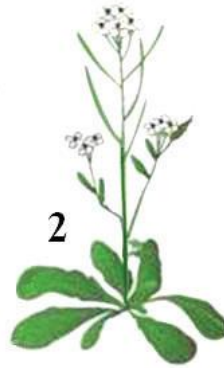
მსგავსება

- ბევრი გენი საზიარო აღმოგვაჩნდა სხვა ორგანიზმებთან.
- ადამიანის გენომის 50%-ზე მეტი გვხვდება სხვა ორგანიზმებშიც...

მოდელური
ჯანმრთელობის

ობიექტები
სამსახურში

ადამიანის







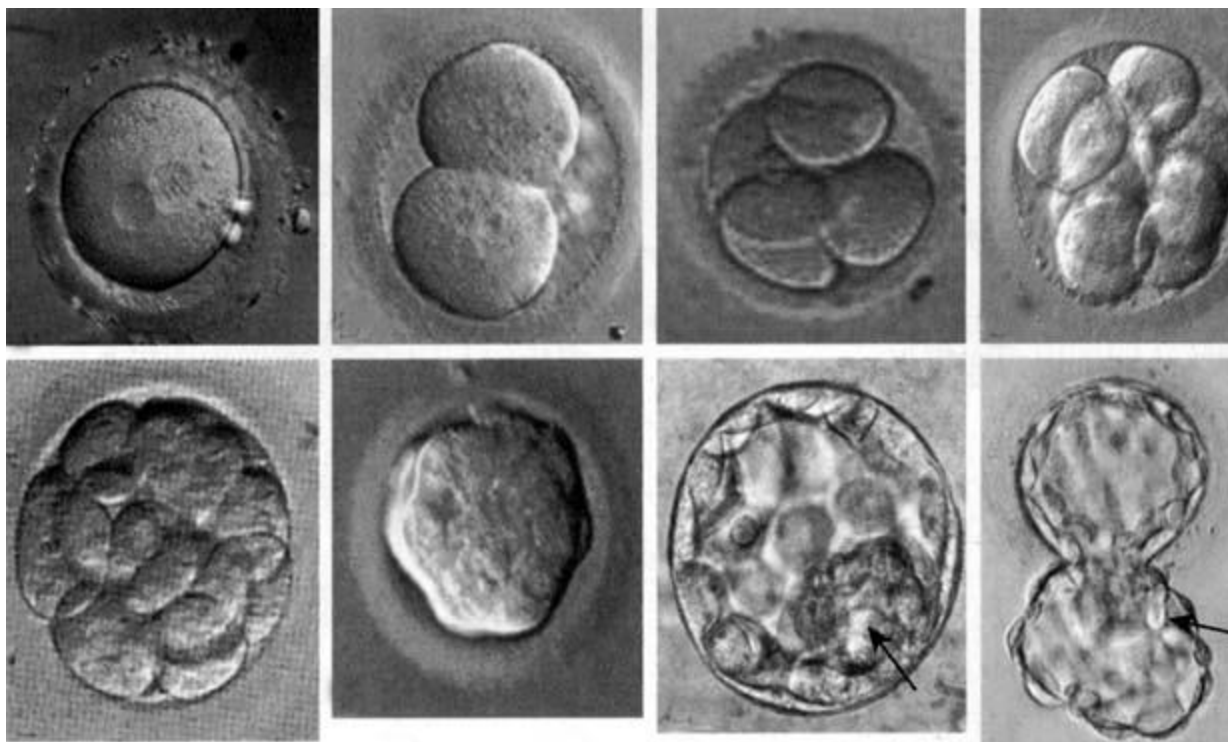
ცილა ლეპტინის დეფიციტი



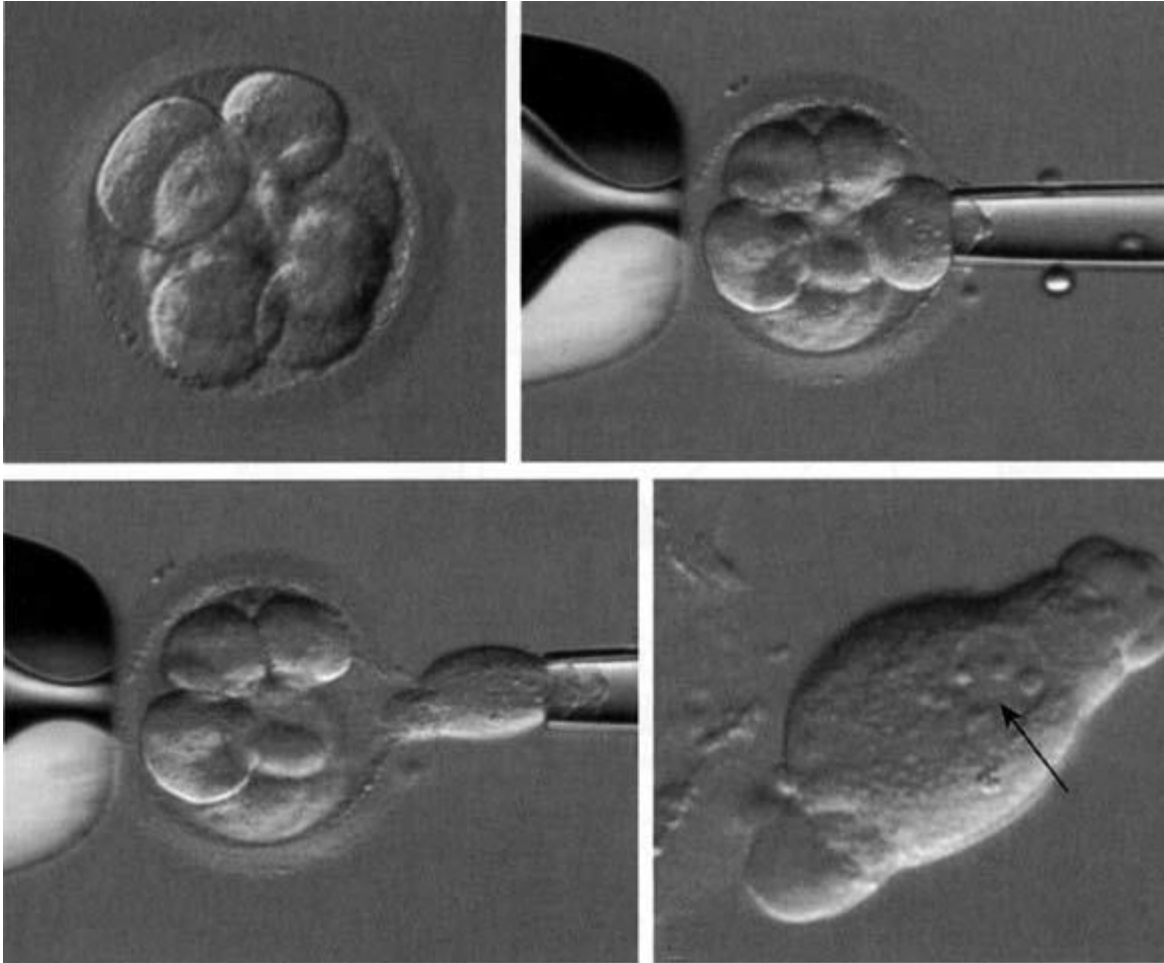
თავი (მარცხნივ) ცილა ლექტინის დეფიციტით



კვერცხუჯრედი ორი პრონუკლეუსითა და პოლარული სხეულით; ორუჯრედიანი ემბრიონი განაყოფიერების 1-ელ დღეს; ოთხუჯრედიანი ემბრიონი მე-2 დღეს; რვაუჯრედიანი ემბრიონი მე-3 დღეს; 16-უჯრედიანი ემბრიონი მე-3 დღის ბოლოს, ამას შემდგომ მოსდევს კომპაქტიზაცია და ამ პერიოდის ემბრიონი უკვე მორულაა (მე-4 დღე); გამოსახულია ბლასტოციტის ფორმირება მე-5 დღეს, ისრით ნაჩვენებია შიდაუჯრედული მასა. ემბრიონის გამოსვლა ზონა პელლუციდადან



მანიპულირება ემბრიონულ უჯრედებზე



რეკომბინანტული
დნმ
ტექნოლოგია

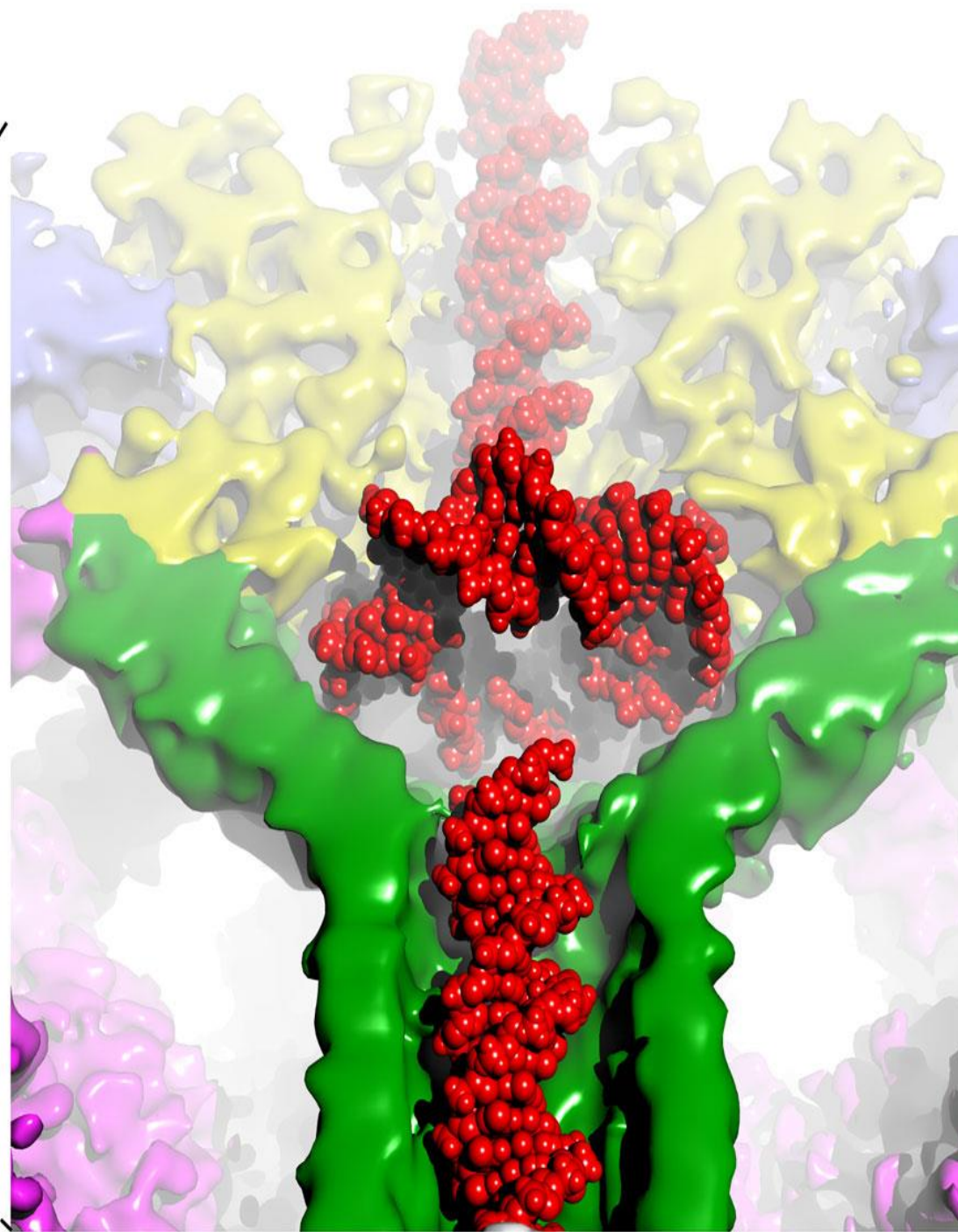
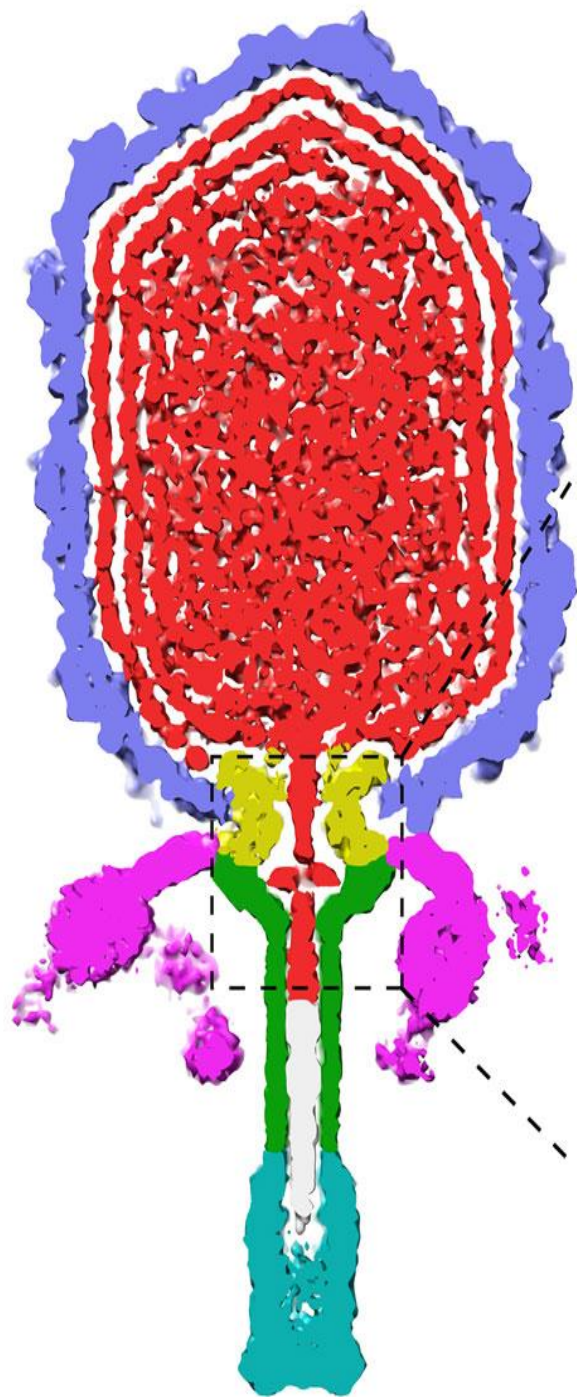




ინ ვიტრო
რეკომბინაცია

გენეტიკური
ინჟინერია

გენეტიკური
„ქირურგია“

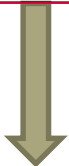


გენის კლონირების სტრატეგია:-

კლონი არის ერთი, **საერთო წარმომავლობის** ორგანიზმების, უჯრედების, მოლეკულების ჯგუფი. კლონი და კოლონია ფაქტობრივად სინონიმებია.



Generation of DNA fragments



რესტრიქტაზით დაჭრა

Insertion into a cloning vector



ჩლუნგი ან კოჰეზური ბოლოების ლიგაცია

Introducing into host cells



ტრანსფორმაცია, ტრანსფექცია, ტრანსდუქცია

Selection for screening


ჰიბრიდიზაცია, პჯრ, იმუნოქიმიური მეთოდები

უჯრედული დნმ-ის გამოყოფა და პურიფიკაცია:-

ნუკლეინის მჟავების პურიფიკაცია 3 ეტაპისაგან შედგება....

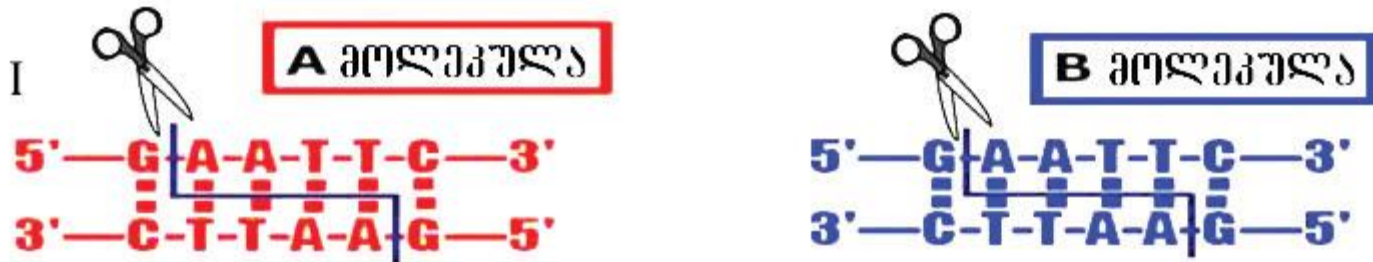
- 1) უჯრედის დაშლა დნმ-ის მოპოვების მიზნით
- 2) ნუკლეინის მჟავას გამოცალკეება სხვა უჯრედული კომპონენტებისაგან
- 3) ნუკლეინის მჟავას მიღება სუფთა სახით.

უჯრედული დნმ-ის პურიფიკაცია:-

- ❖ 1-ლი ნაბიჯი  უჯრედის გახსნა და დნმ-ის გამონთავისუფლება.
- ❖ მეთოდი ძალზე ნატიფია: არ უნდა დაზიანდეს ნატივური დნმ.
- ❖ უჯრედის გახსნა სხვადასხვა მეთოდით შეიძლება...

გენეტიკური ინჟინერიის ფუნდამენტური ტექნოლოგიები

- ❖ რეკომბინანტული დნმ-ის ტექნოლოგიაში და გენებით მანიპულირების მიზნით მრავალრიცხოვანი მეთოდები გამოიყენება.
- ❖ ყველაზე ხშირად იყენებენ შემდეგ მეთოდებს:
 1. ნუკლეინის მჟავების გამოყოფა და პურიფიკაცია
 2. ნუკლეინის მჟავების ბლოტინგი
 3. დნმ-ის სეკვენირება
 4. გენის ტრანსფერი
 5. პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქცია
 6. გენების ბიბლიოთეკის შექმნა



რესტრიქტაზით „გაჭრა“



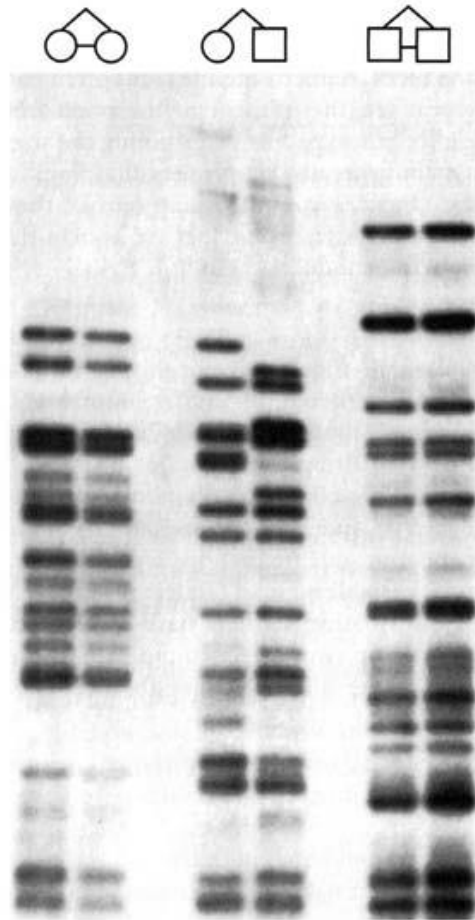
შერევა

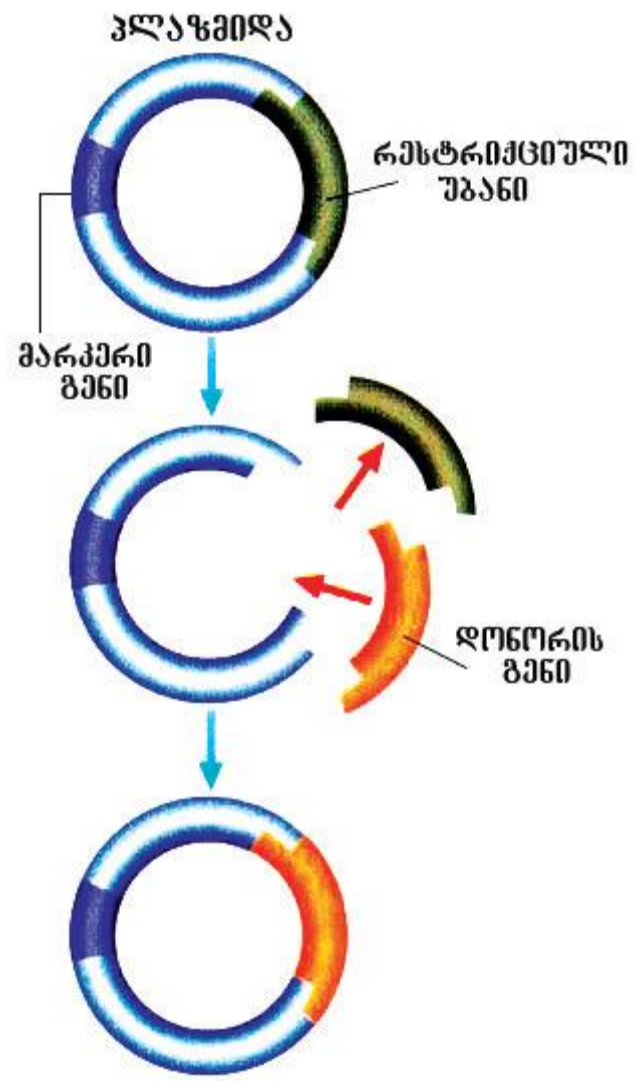


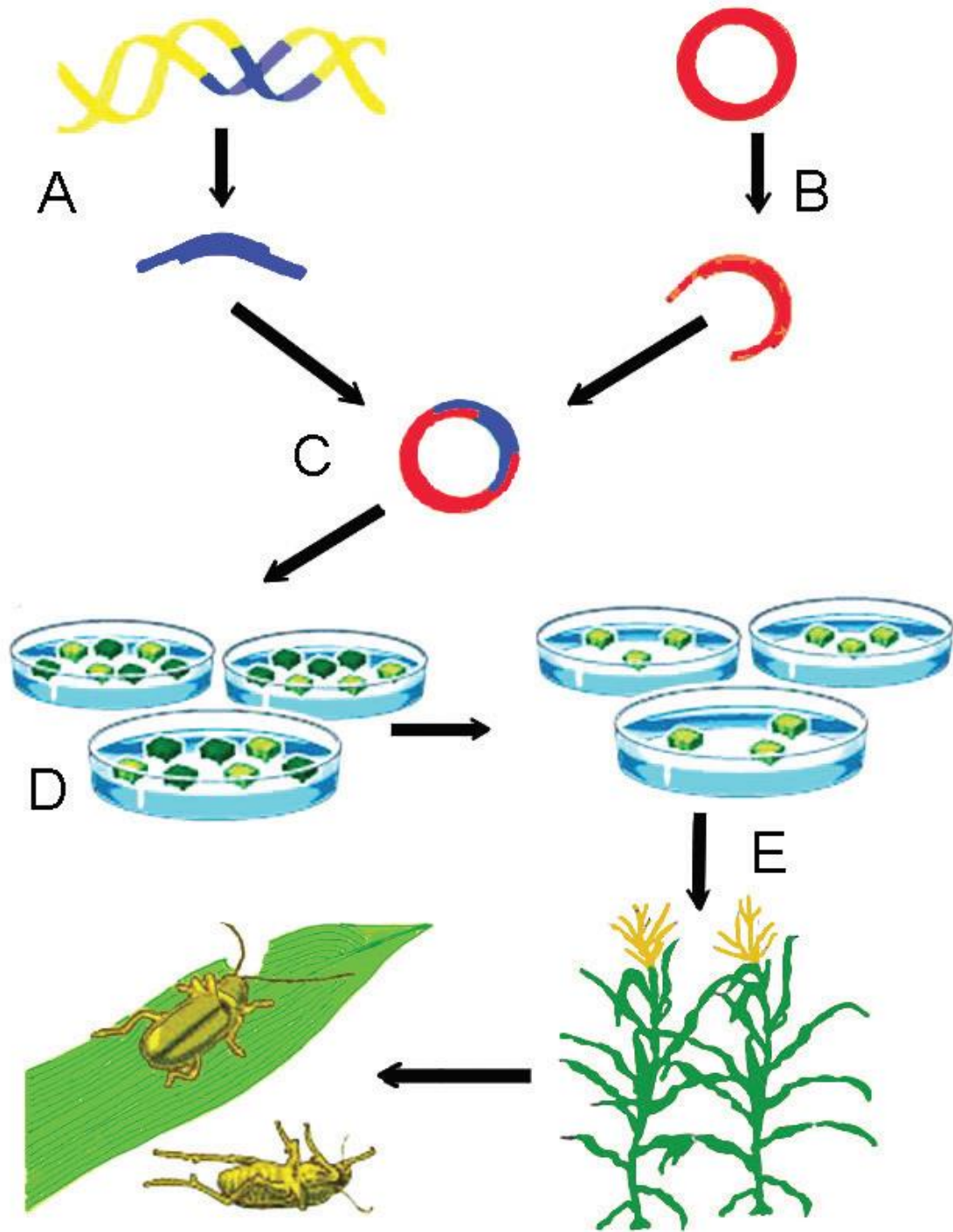
↓



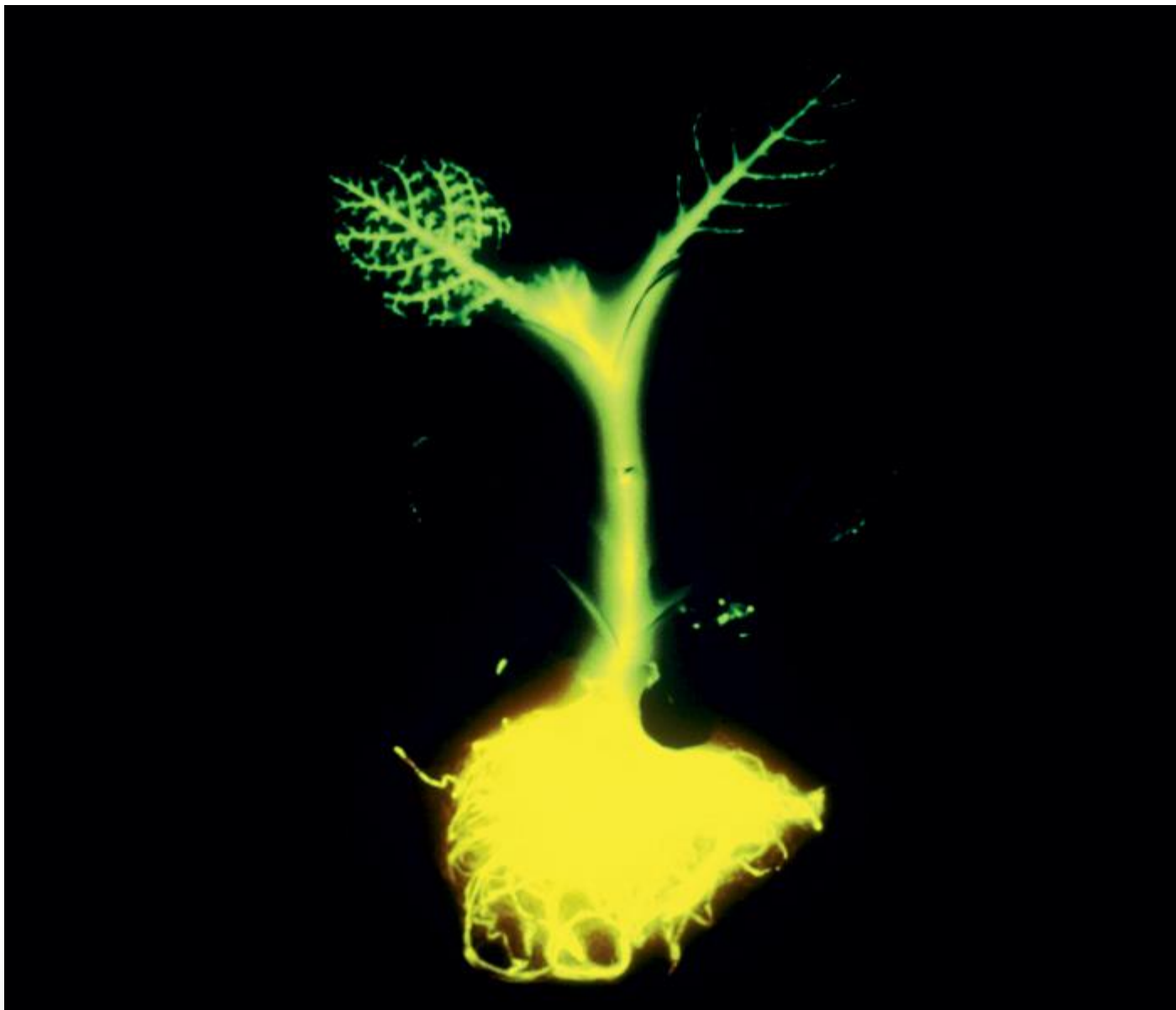
ტყუპების პირველ წყვილს და მესამე წყვილს აქვს იდენტური თითის ანაბეჭდები, რაც მათ მონოზიგოტურობაზე მიუთითებს. შუაში გამოსახულ ნიმუშებს აქვს აშკარად განსხვავებული თითის ანაბეჭდები, რაც ტყუპების დიზიგოტურობაზე მიანიშნებს.

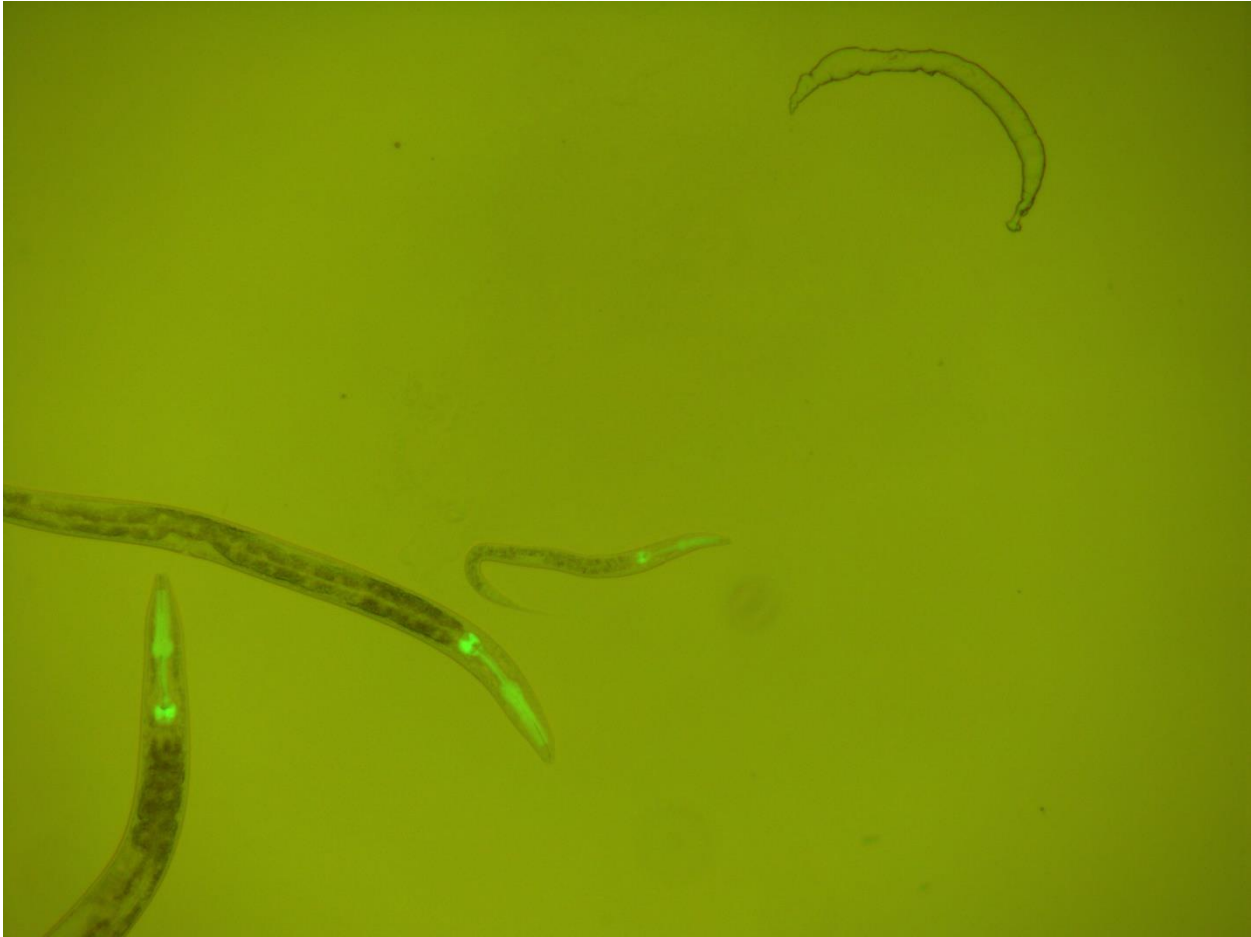


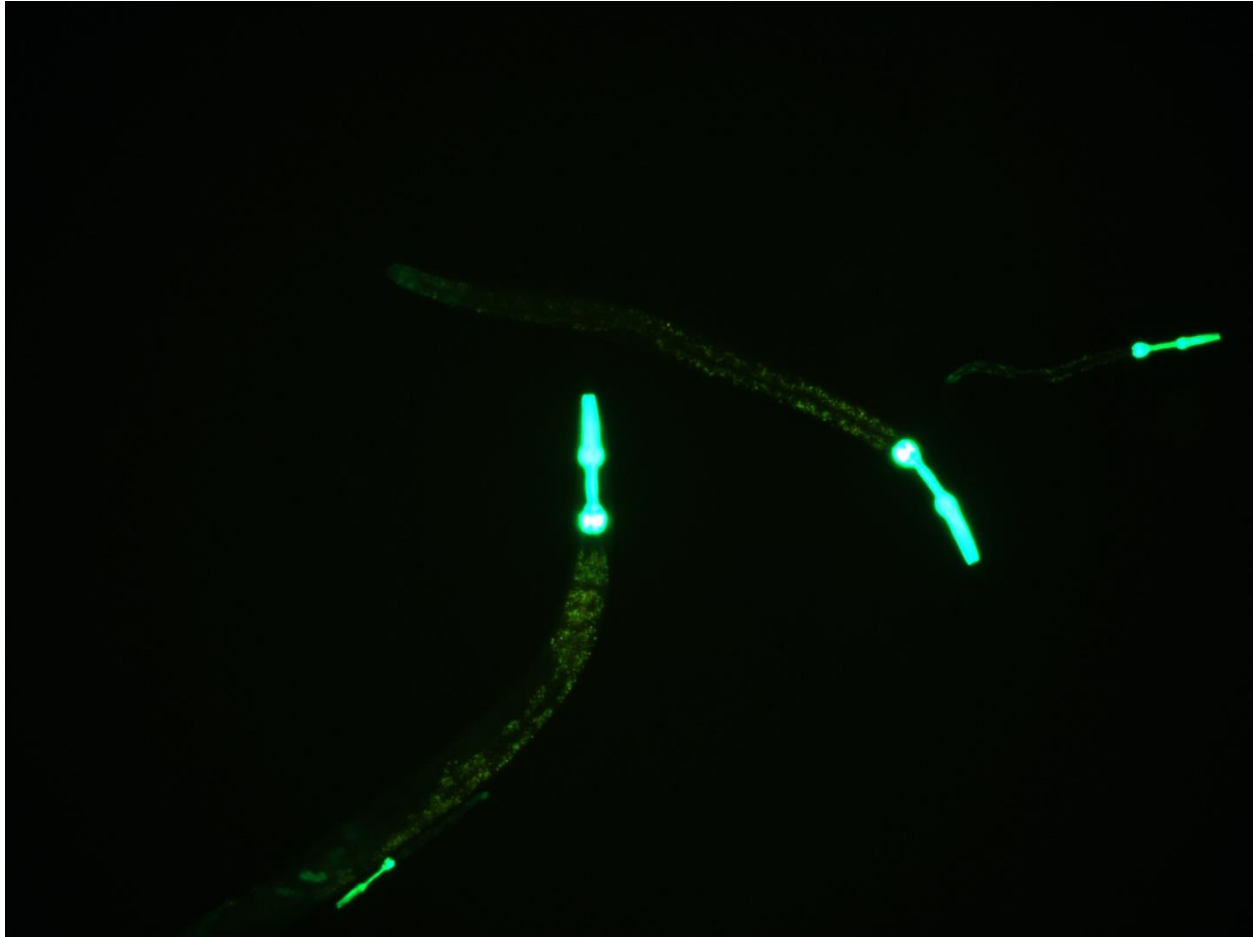




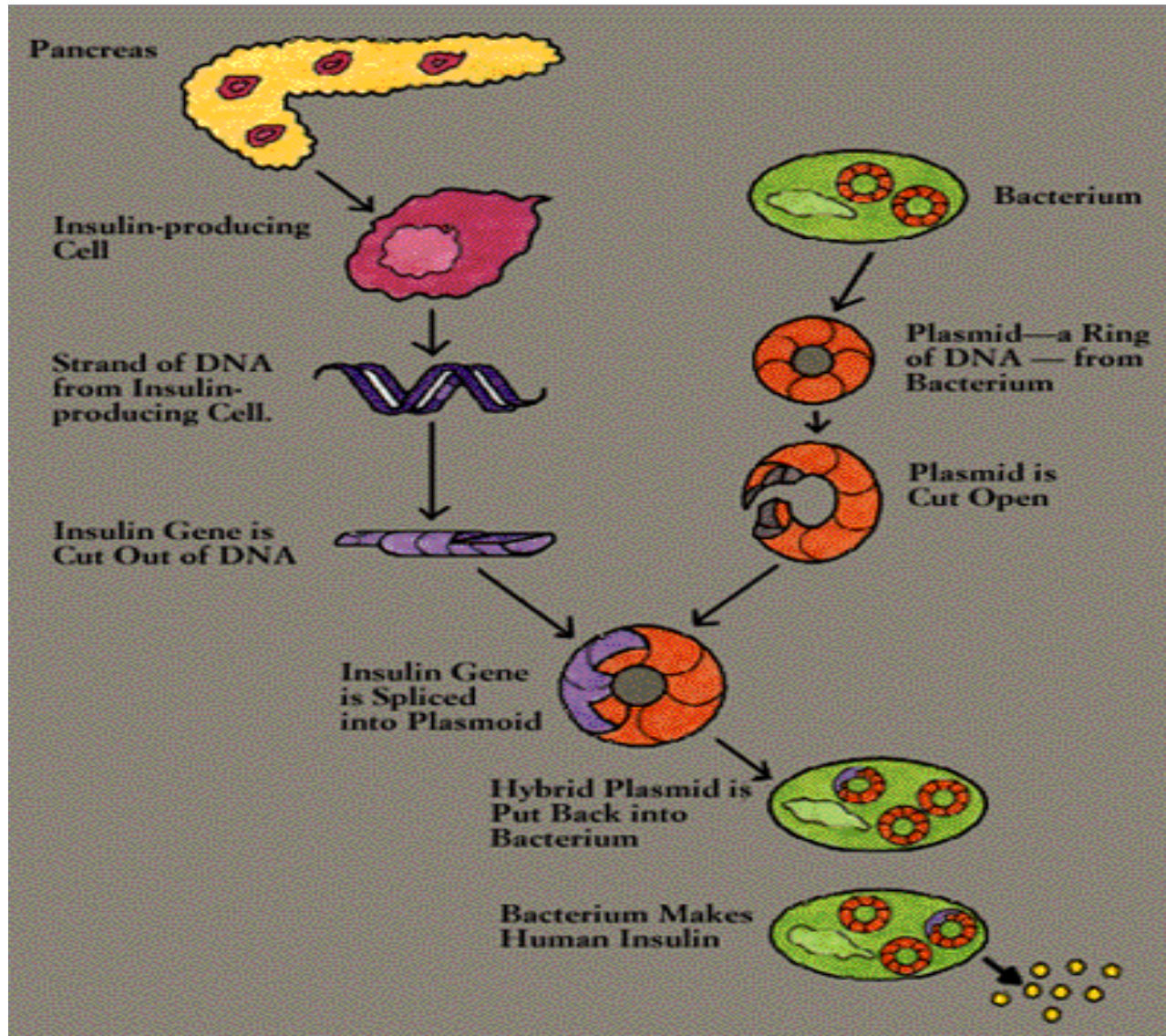
ტრანსგენური მცენარე







ინსულინის წარმოება გენეტიკური ინჟინერიის მეთოდებით

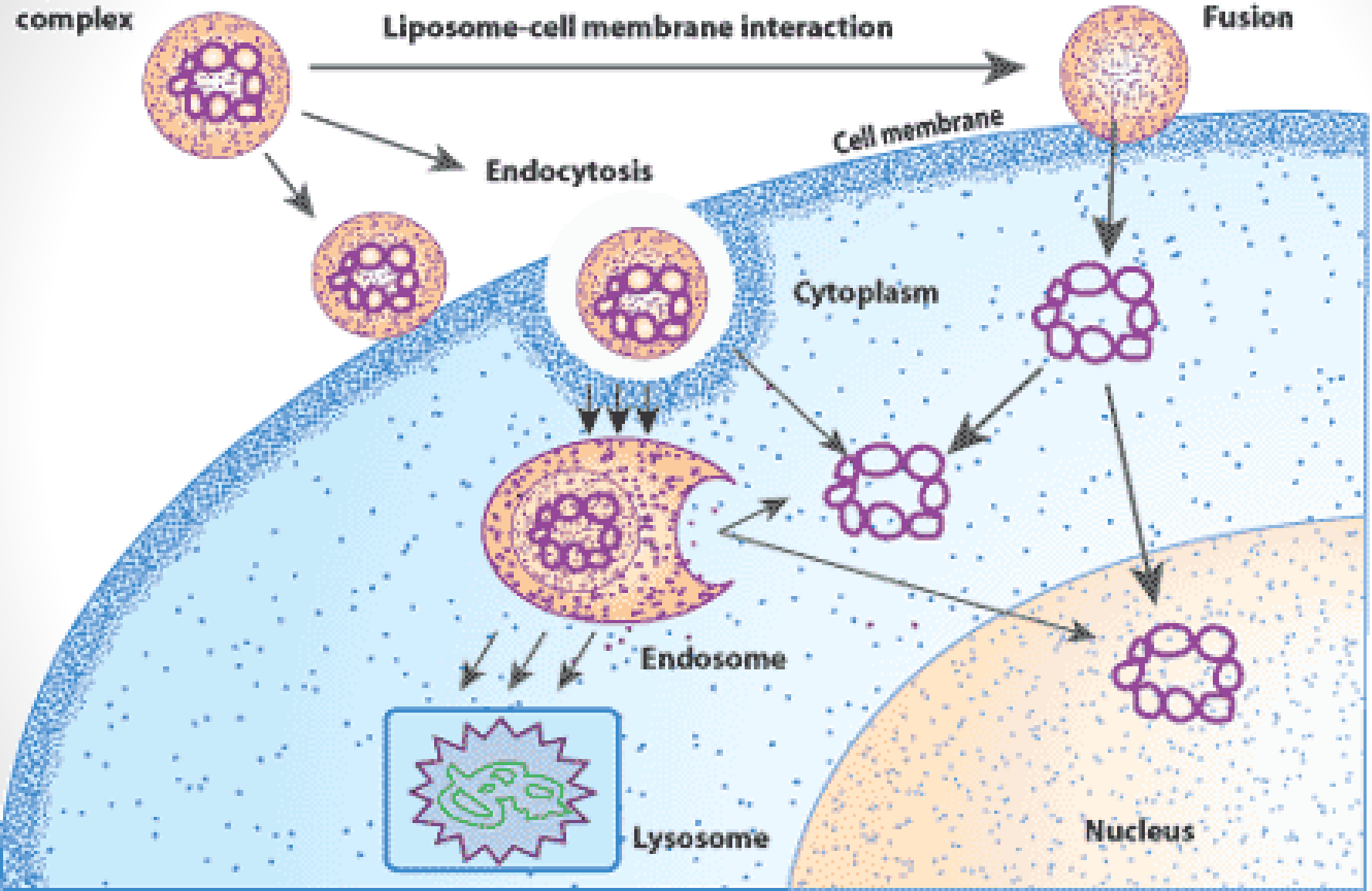


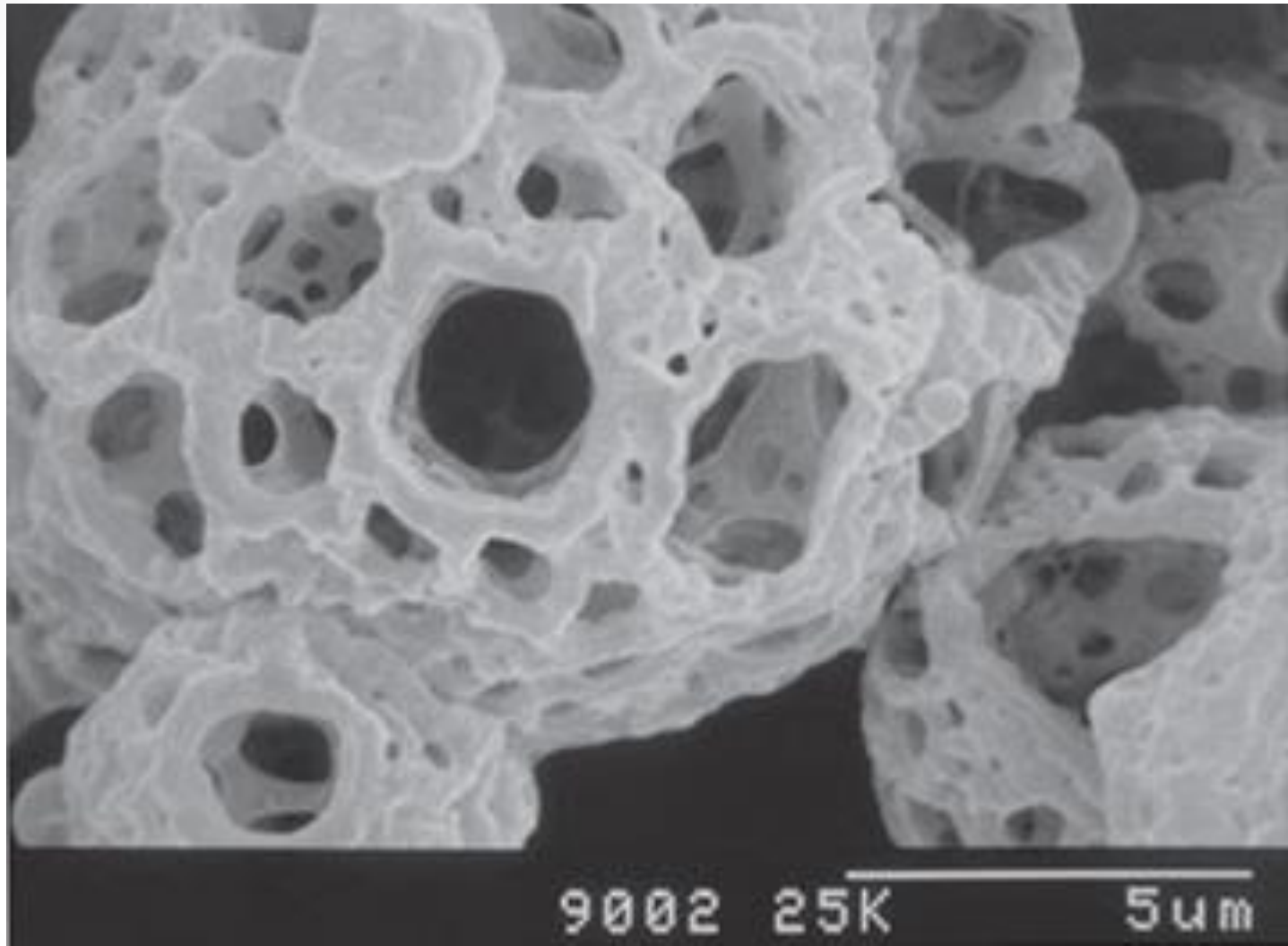
გენის გადატანა ლიპოსომის მეშვეობით:-

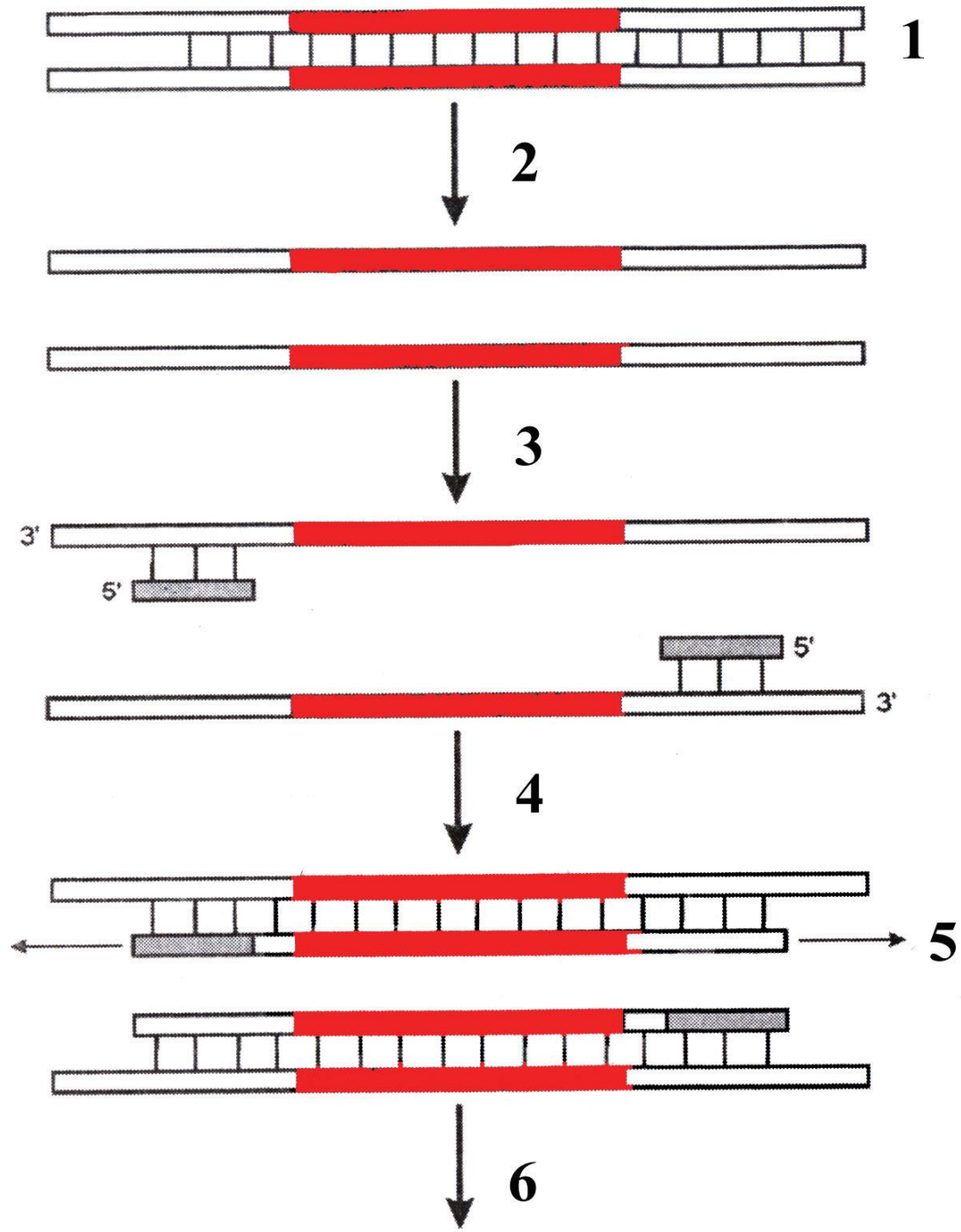
Liposome-DNA complex

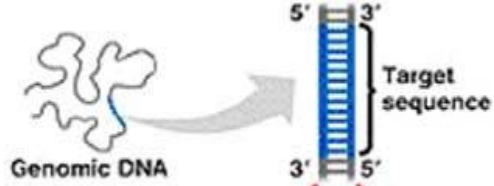
Liposome-cell membrane interaction

Fusion

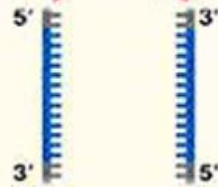




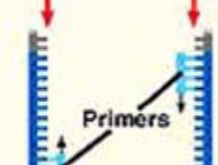




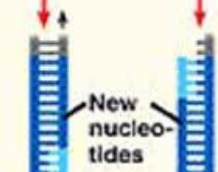
1 Denaturation:
Heat briefly
to separate DNA
strands



2 Annealing:
Cool to allow
primers to form
hydrogen bond
with ends of
target sequence



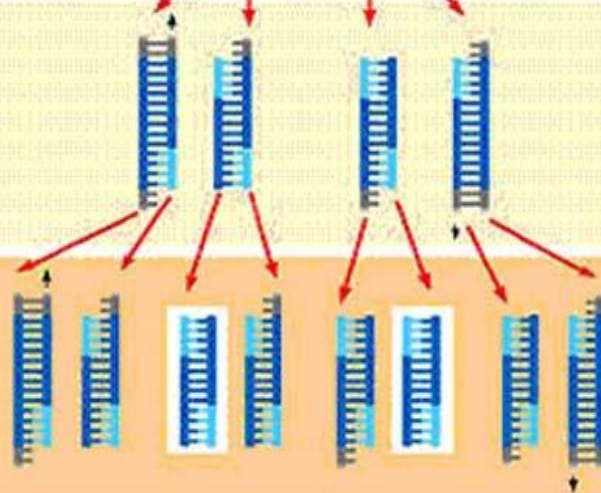
3 Extension:
DNA polymerase
adds nucleotides to
the 3' end of each
primer



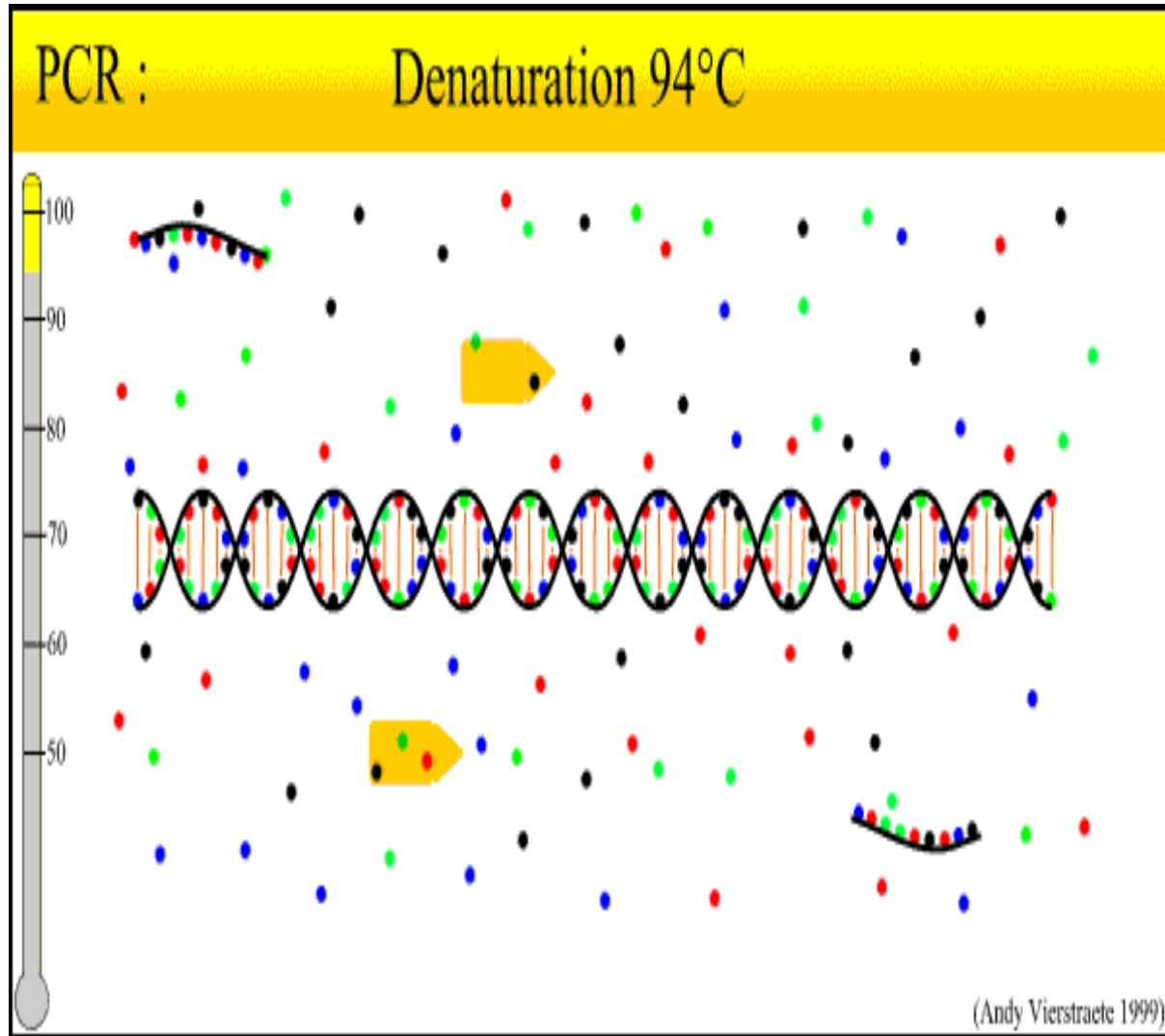
Cycle 1
yields
2
molecules

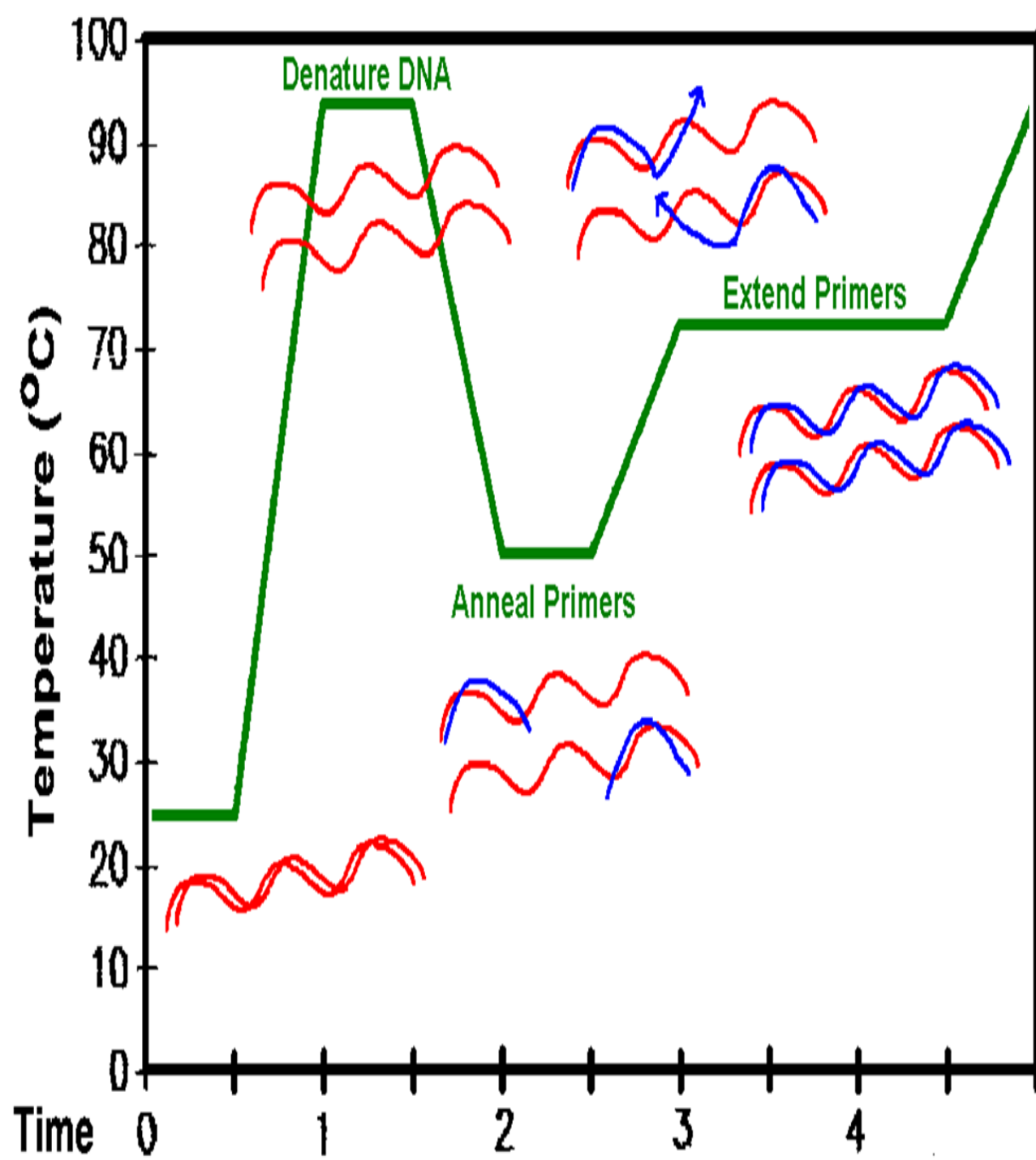
Cycle 2
yields
4
molecules

Cycle 3
yields 8
molecules;
2 molecules
(in white boxes)
match target
sequence



PCR მეთოდი

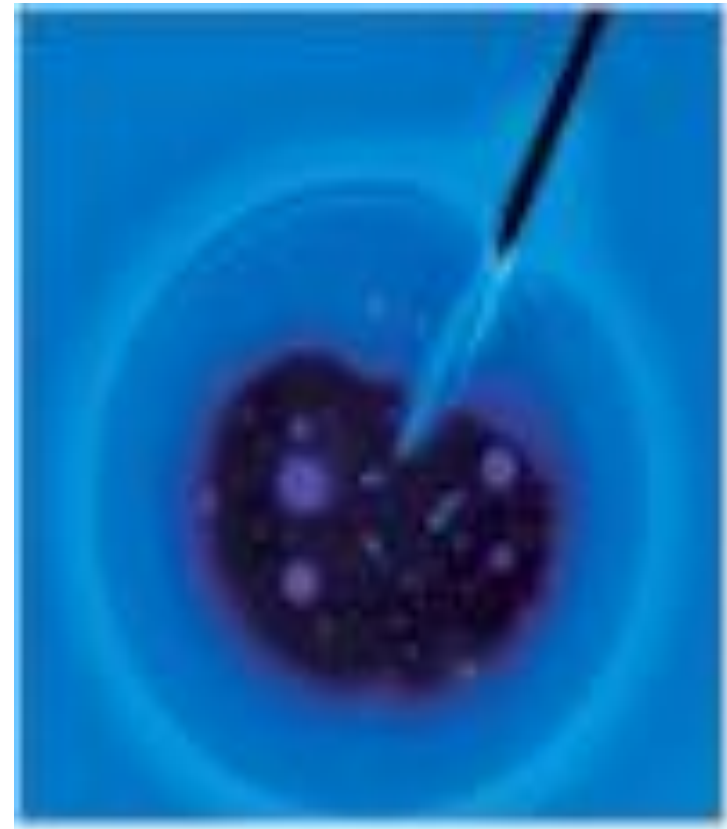
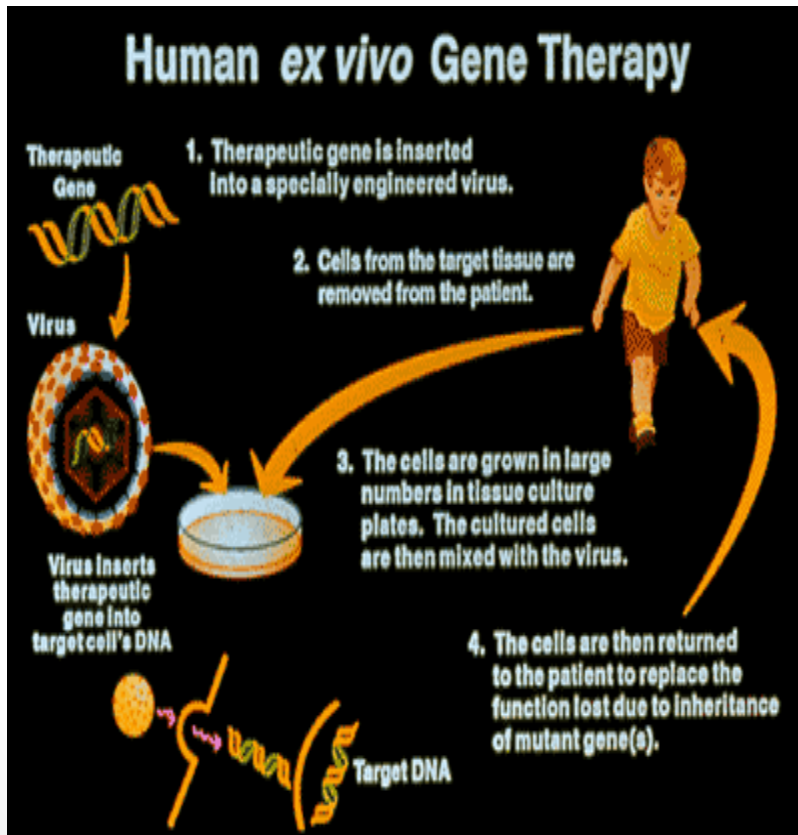


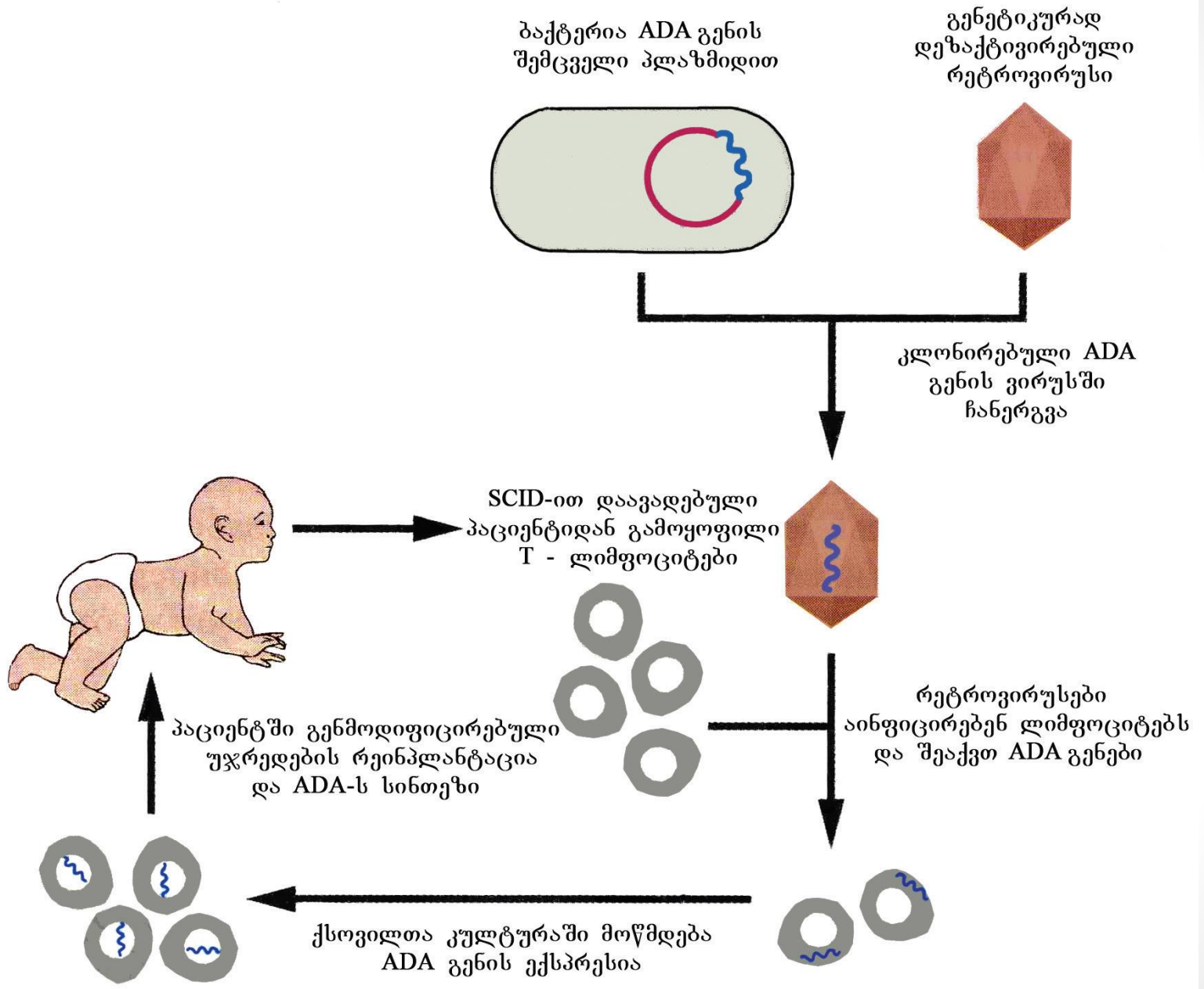


გენური თერაპია

- ვირუსული ვექტორების გამოყენებით

- ღერო უჯრედების გამოყენებით





ადამიანის კლონირება იკრძალება!



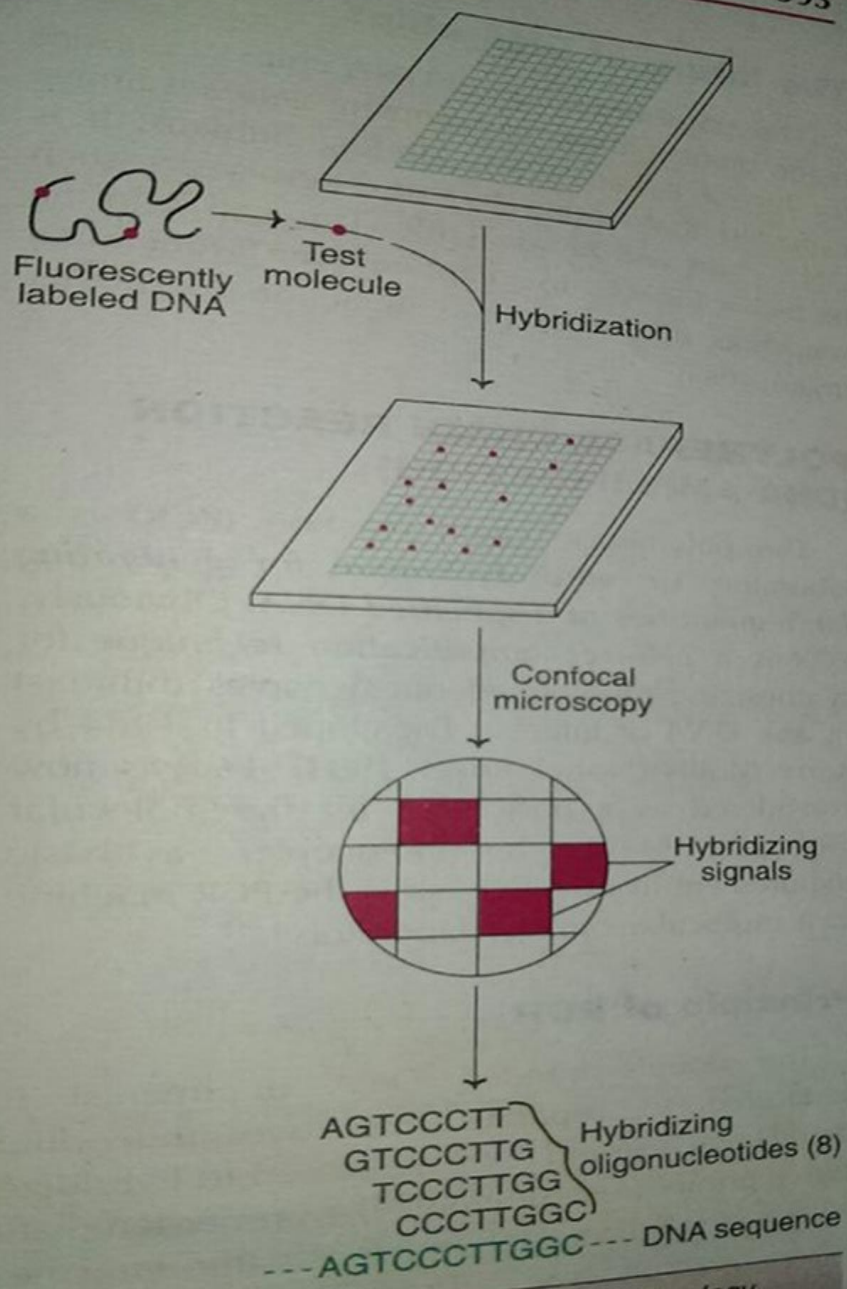


Fig. 27.14 : Microarray (or chip) technology in DNA sequencing.

მიკრომასტრივის ტექნოლოგია

Prepare cDNA Probe



RT / PCR

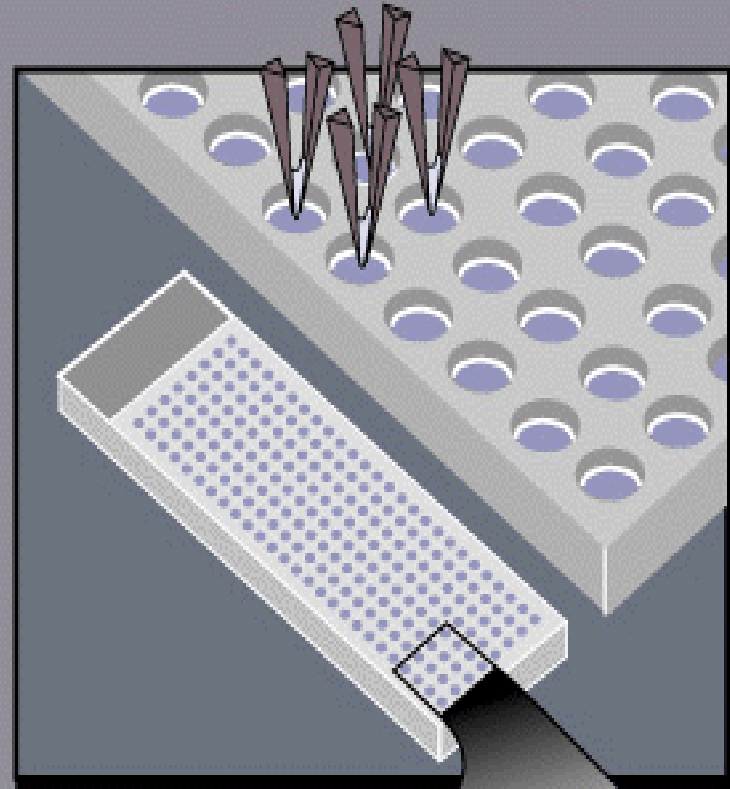
Label with
Fluorescent Dyes



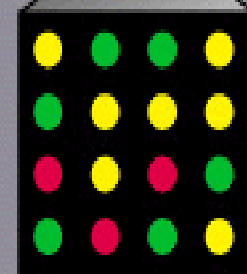
Combine
Equal
Amounts

Hybridize
probe to
microarray

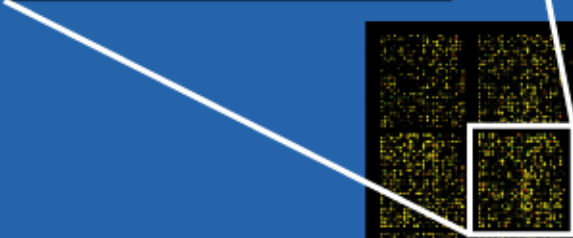
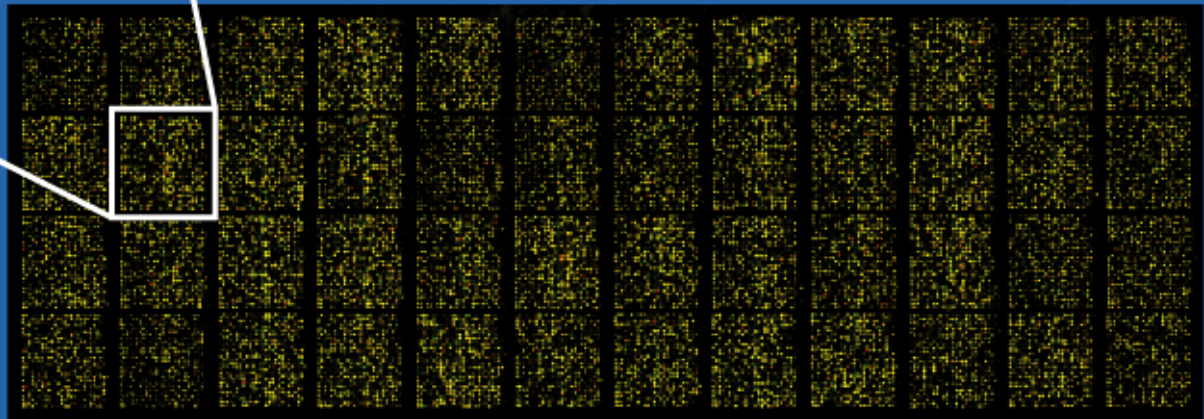
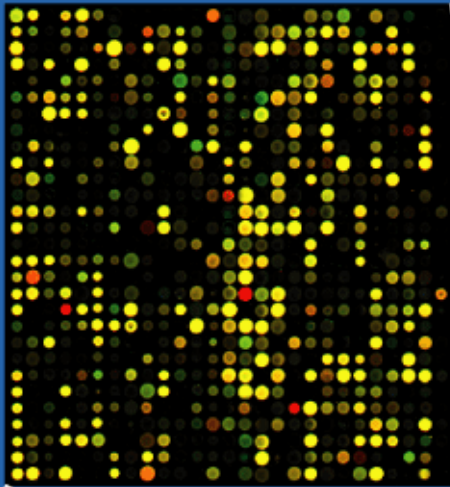
Prepare Microarray

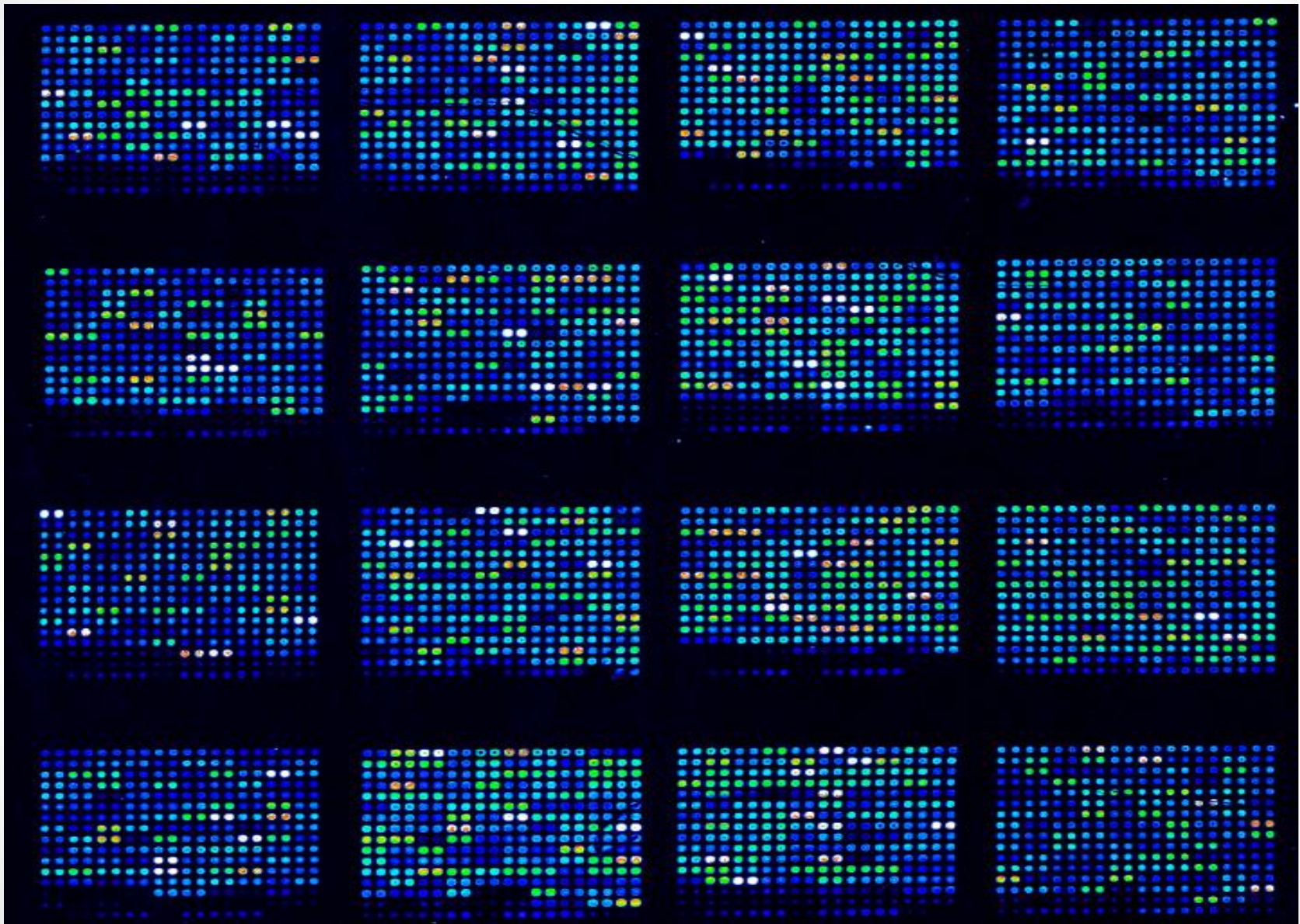


SCAN



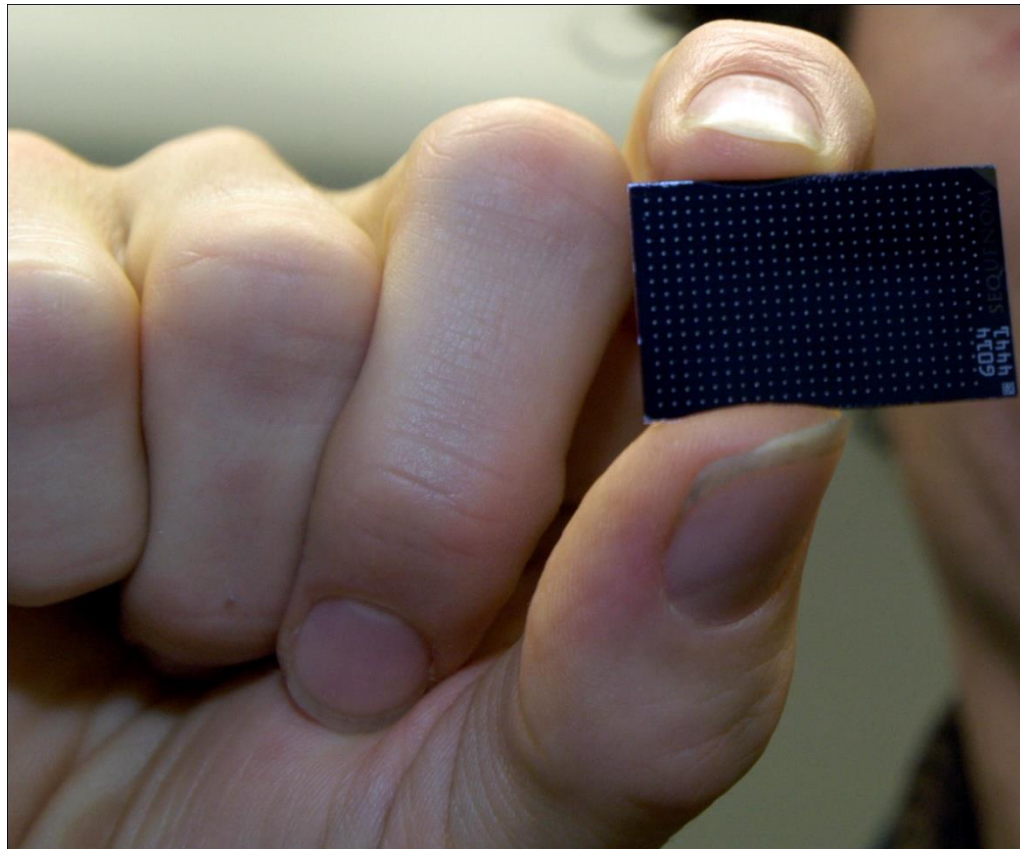
Microarray Technology







მკურნალობა ჩვენზე მორგებული „თარგით“:
დნმ-ჩიპით შევიტყობთ გენების აქტივობის
ხასიათს საკვლევ ქსოვილებში.





გმადლობთ ყურადღებისთვის !