

Analiza obecności trójnukleotydowych sekwencji powtórzonych (TRS) w genomach szczepów

SPIS TREŚCI

I. WSTĘP

1. LUDZKIE SEKWENCJE POWTÓRZONE DNA

1.1. Sekwencje rozproszone

1.1.1. Sekwencje SINE

1.1.2. Sekwencje LINE

1.2. Sekwencje tandemowe (satelitarne)

1.2.1. Sekwencje mikrosatelitarne (STR)

1.2.1.a. Częstość występowania mikrosatelitów

1.2.1.b. Funkcje mikrosatelitów

1.2.1.c. Mikrosatelity w diagnostyce i medycynie sądowej

1.2.2. Sekwencje minisatelitarne (VNTR)

1.2.3. Sekwencje midi- i makrosatelitarne

1.3. Sekwencje powtarzające się centromerowego i telomerowego DNA

1.3.1. Centromerowy DNA

1.3.2. Telomerowy DNA

2. LUDZKIE CHOROBY GENETYCZNE ZWIĄZANE Z NIESTABILNOŚCIĄ SEKWENCJI POWTÓRZONYCH

II. CEL PRACY

III. MATERIAŁY I METODY

IV. WYNIKI

V. DYSKUSJA

BIBLIOGRAFIA

WSTĘP

Trójnukleotydowe sekwencje powtórzone (TRS) odgrywają istotną rolę w genomach różnych organizmów, w tym bakterii i wirusów. W ludzkim genomie

występują w formie **sekwencji mikrosatelitarnych (STR)** oraz innych powtórzeń tandemowych, które mogą wpływać na ekspresję genów, stabilność chromosomów i regulację procesów biologicznych.

Sekwencje powtórzone dzielą się na **rozproszone (SINE, LINE)** oraz **tandemowe (mikrosatelitarne, minisatelitarne, makrosatelitarne)**. Szczególną uwagę zwracają **mikrosatelity**, które charakteryzują się wysoką zmiennością i szerokim zastosowaniem w **diagnostyce genetycznej oraz medycynie sądowej**. Niektóre powtórzenia występują również w regionach **centromerowych i telomerowych**, odgrywając kluczową rolę w stabilności genomu.

Nieprawidłowa ekspansja TRS może prowadzić do poważnych **chorób genetycznych**, takich jak **zespół łamliwego chromosomu X, choroba Huntingtona czy dystrofia miotoniczna**. Mechanizmy niestabilności tych sekwencji obejmują błędy replikacyjne, rekombinację oraz interferencję z mechanizmami naprawy DNA.

Analiza obecności TRS w genomach szczepów pozwala na lepsze zrozumienie ich ewolucji, adaptacji oraz potencjalnej roli w patogenezie. Badania oparte na metodach **bioinformatycznych i eksperymentalnych** umożliwiają identyfikację i klasyfikację tych sekwencji, co ma zastosowanie zarówno w **biotechnologii, jak i medycynie**.

Dalsza analiza wyników pozwoli na określenie **znaczenia TRS w funkcjonowaniu i stabilności genomów**, a także na zidentyfikowanie potencjalnych biomarkerów związanych z chorobami genetycznymi i wirulencją patogenów.

Liczba stron	46
Nazwa Szkoły Wyższej	Akademia Świętokrzyska
Rodzaj pracy	licencjacka
Rok oddania	2003

To jest gotowa, obroniona praca. Gdyby chcieli Państwo zlecić napisanie zupełnie nowej pracy, to zapraszamy na stronę [pisanie prac](#) - sprawdzony serwis!