

CG020 Genomika

Přednáška 8

Struktura a organizace genomů

Markéta Pernisová

Funkční genomika a proteomika rostlin,
Mendelovo centrum genomiky a proteomiky rostlin,
Středoevropský technologický institut (CEITEC), Masarykova univerzita, Brno
pernisov@sci.muni.cz, www.ceitec.muni.cz



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

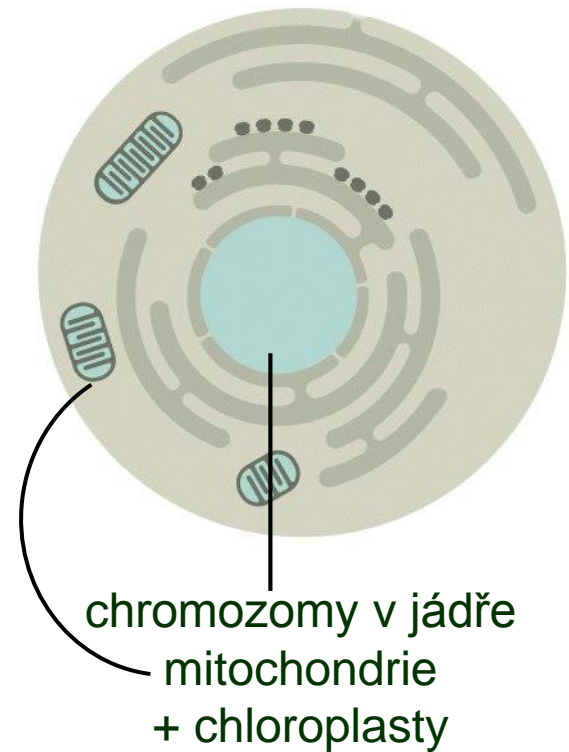
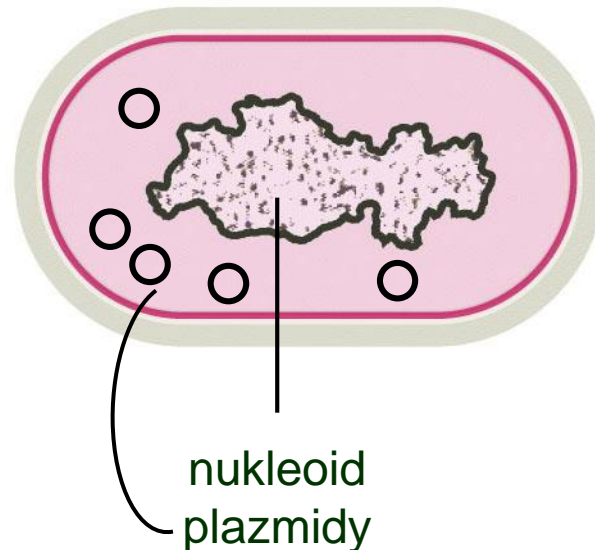
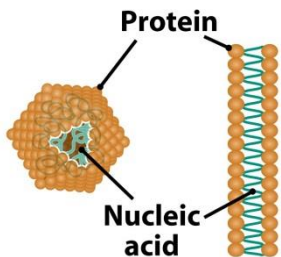
Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

GENOM

Genom – soubor genetické informace organismu

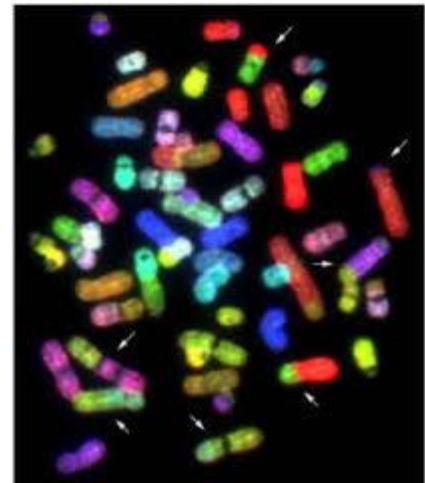
- biologická informace k sestavení a přežití živého jedince

- eukaryotický
- prokaryotický
- viry



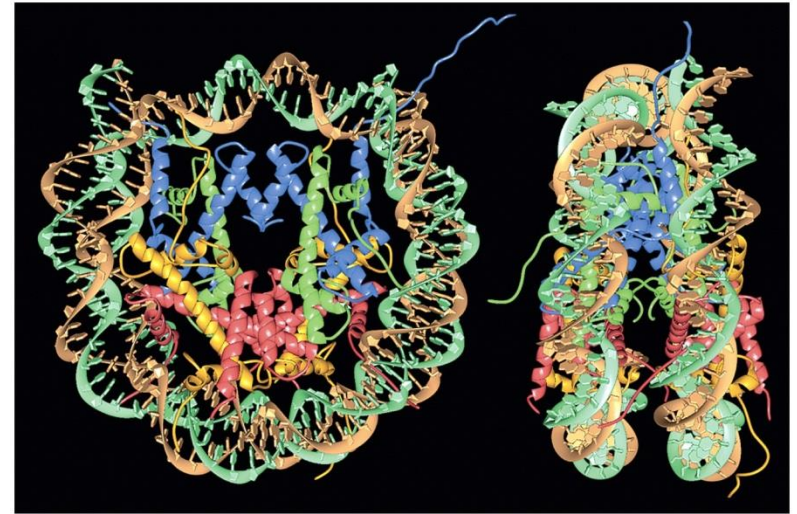
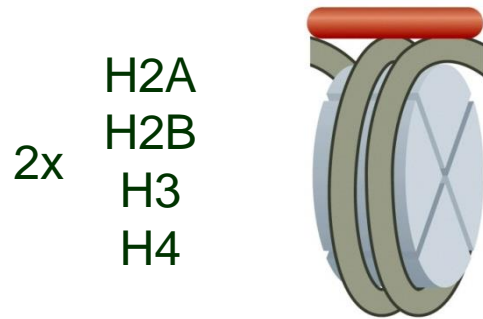
EUKARYOTICKÝ JADERNÝ GENOM

= sada lineárních molekul DNA, bez výjimky,
minimálně dvě

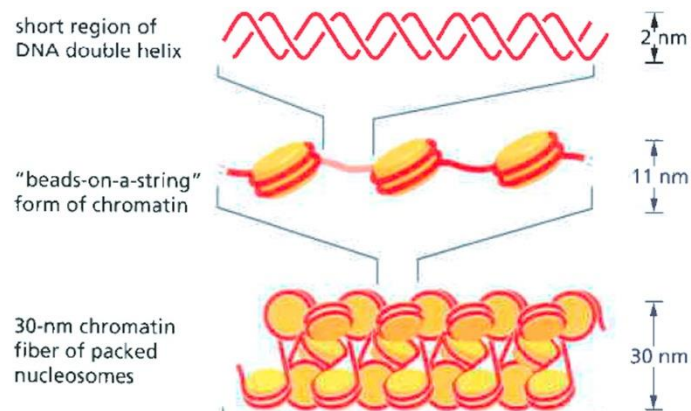


STRUKTURA CHROMOZOMŮ

DNA + histony = nukleozom



„korálková“ forma chromatinu – 11 nm



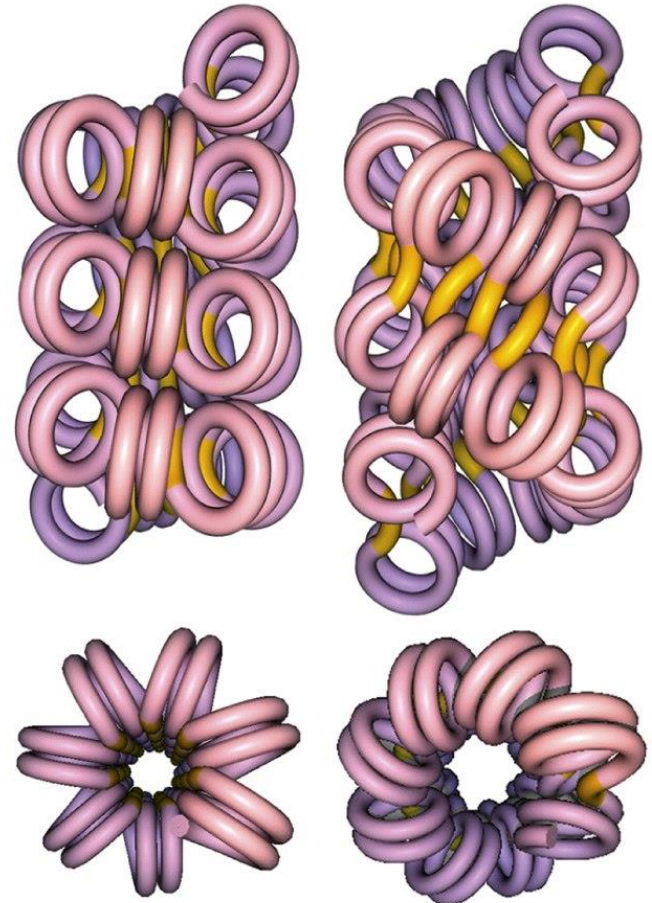
STRUKTURA CHROMOZOMŮ

30 nm chromatinové vlákno
interfázní chromozomy

- několik teorií, 2 modely:
 - solenoidový model – pouze spojovací histony (např. H1)
 - helikální model – spojovací histony + konce histonů tvořících jádro nukleozomu – chemické modifikace konců histonů otevírají 30 nm vlákno

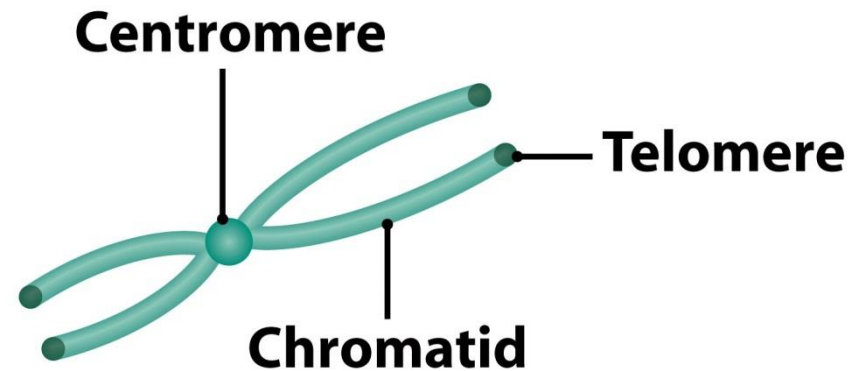
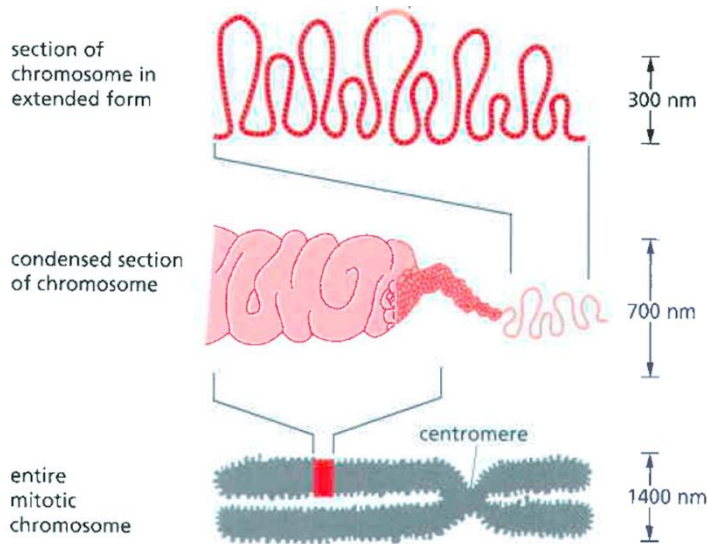
(A) The solenoid model

(B) The helical ribbon model

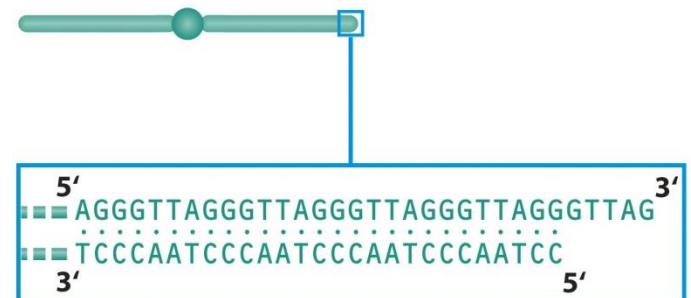


STRUKTURA CHROMOZOMŮ

Kondenzované mitotické chromozomy: 1400 nm
jedna chromatida: 700 nm



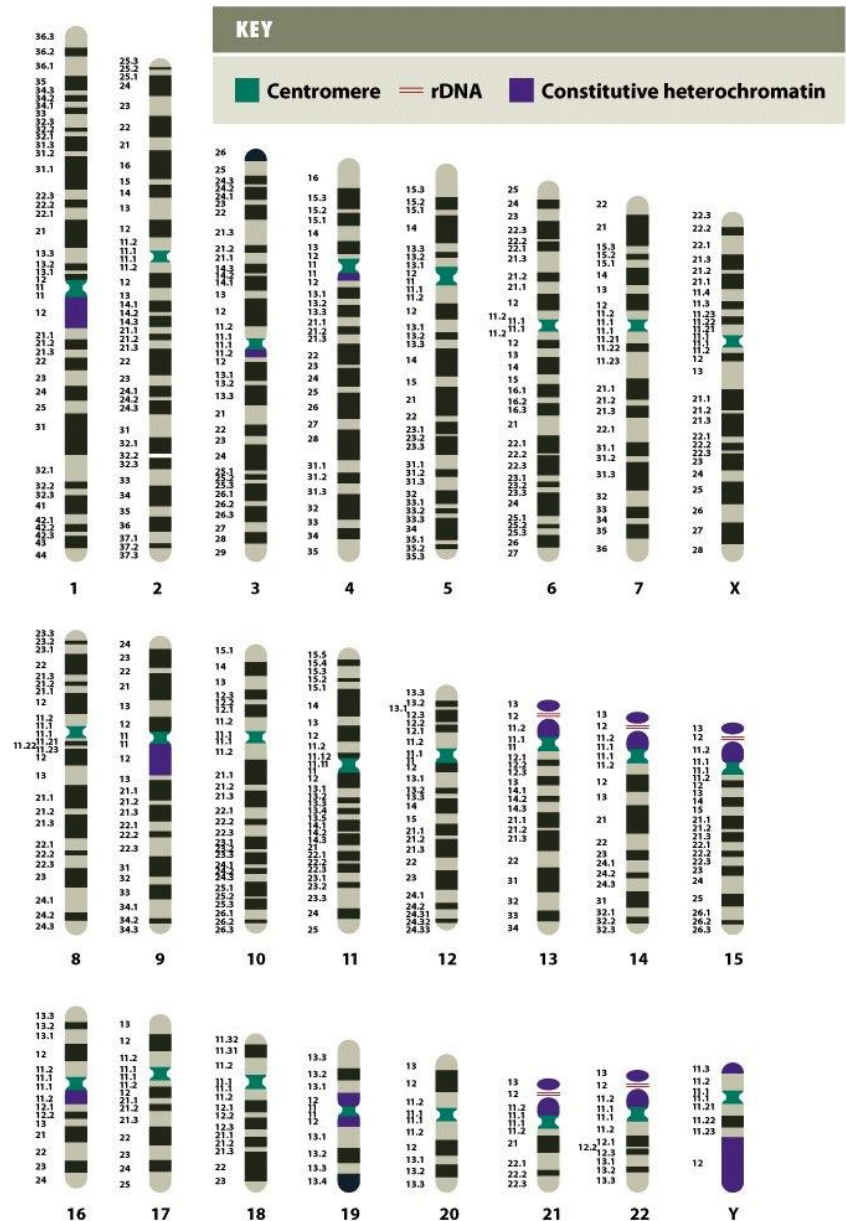
Centromery, telomery –
repetitivní sekvence



MITOTICKÉ CHROMOZOMY

Lidský karyogram

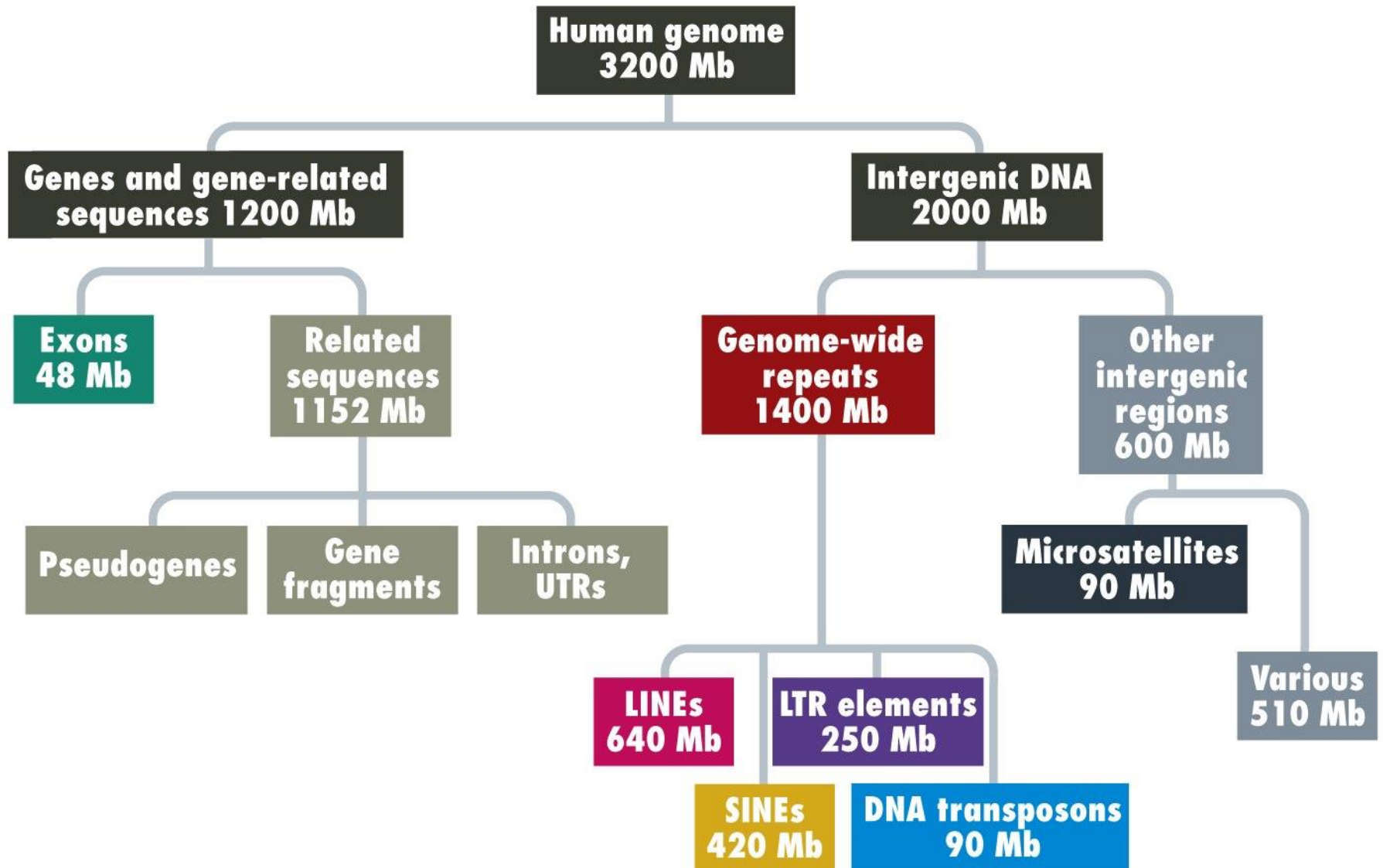
Technique	Banding pattern
G-banding	Dark bands are AT-rich Pale bands are GC-rich
R-banding	Dark bands are GC-rich Pale bands are AT-rich
Q-banding	Dark bands are AT-rich Pale bands are GC-rich
C-banding	Dark bands contain constitutive heterochromatin



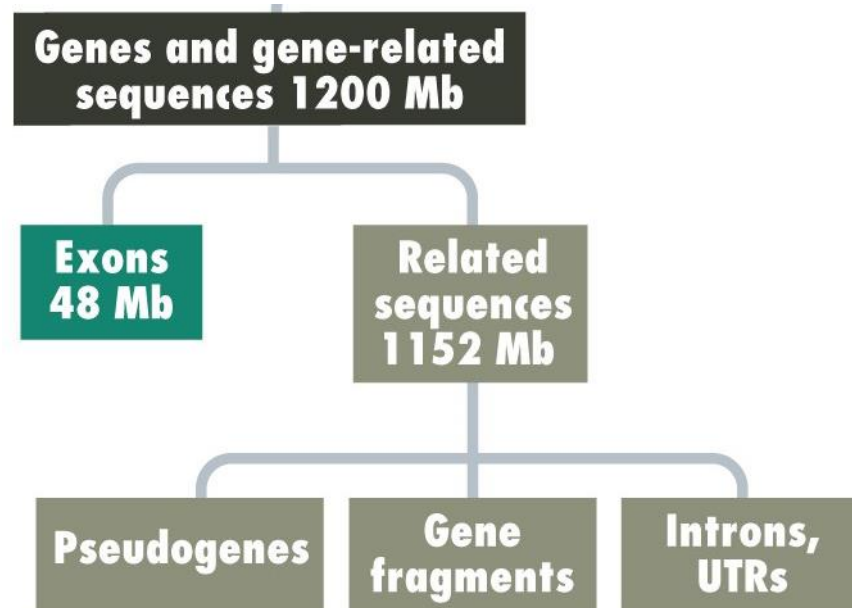
NETYPICKÉ CHROMOZOMY

- Minichromozomy
 - krátké, vysoká hustota genů (až 6x)
 - např. kuře
- B chromozomy
 - individuální, nevyskytují se u celé populace
 - fragmenty normálních chromozomů, zřejmě pozůstatek chyb v průběhu dělení jádra
 - běžné u rostlin, snižují životaschopnost
 - i houby, hmyz, živočichové
- Holocentrické chromozomy
 - ne jedna centromera, ale několik podobných struktur podél chromozomu
 - např. *Caenorhabditis elegans*

ORGANIZACE GENOMU



GENY A PŘÍBUZNÉ SEKVENCE



GENY

Geny

- UTR – nepřekládaná oblast genu
- Introny – sestřih
- Exony – funkční produkty

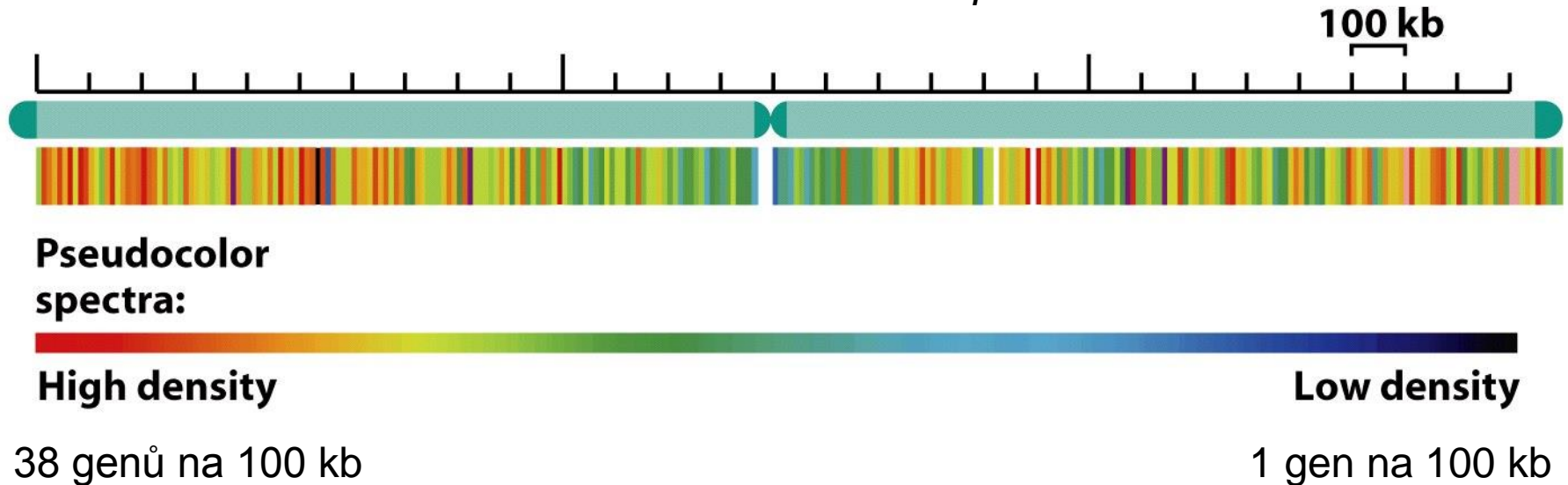
Genové rodiny - skupiny genů se stejnou nebo podobnou sekvencí

- jednoduché
 - vznikly pravděpodobně duplikací genů
 - např. geny pro lidskou ribozomální RNA:
 - 2000 genů pro 5S rRNA – všechny v jedné skupině lokalizované na chromozomu 1
 - 280 kopií genů pro 28S, 5.8S a 18S rRNA – pět skupin po 50-70 kopiích na pěti chromozomech
- komplexní
 - podobné sekvence (ale ne stejné), odlišné vlastnosti
 - např. savčí globiny – exprimované v různých vývojových stádiích

ROZLOŽENÍ GENŮ NA CHROMOZOMU

- Nehomogenní
- Geny i v centromere, nižší hustota

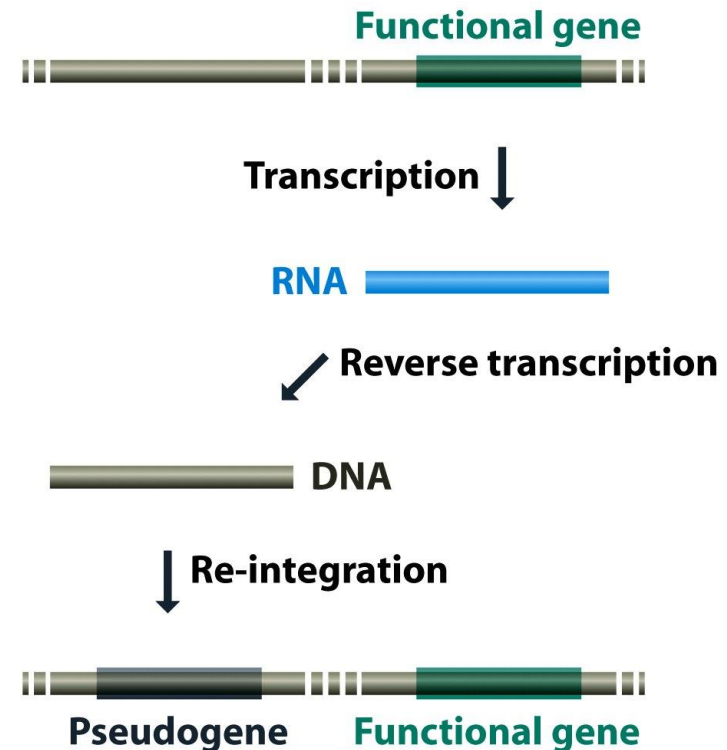
Chromozom 1 u *Arabidopsis*



Člověk: 1-64 genů na 100kb

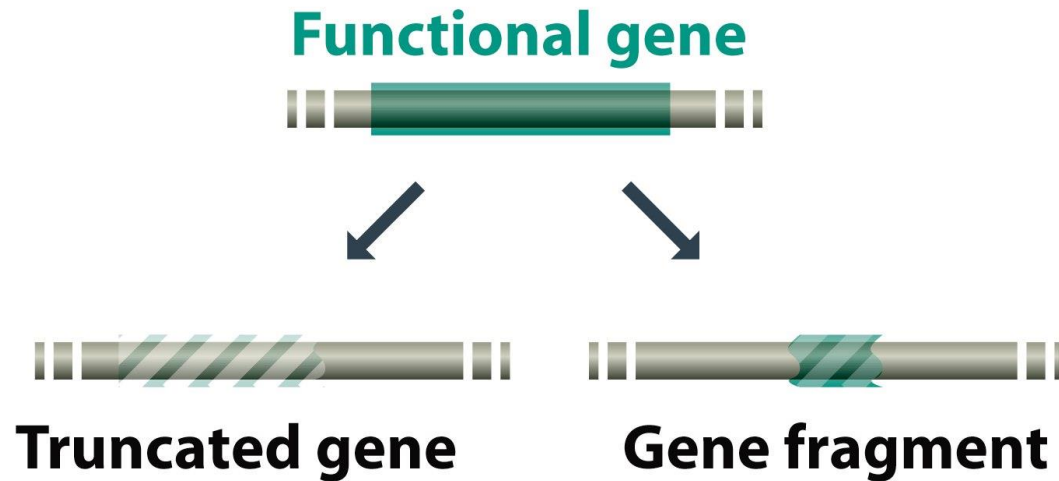
PSEUDOGENY

- evoluční relikv
- 2 skupiny
 - konvenční – vznikly mutací
 - částečně funkční nebo nefunkční
 - procesované – odvozené z mRNA
 - nemají introny
 - chybí jim regulační sekvence před genem
 - nefunkční



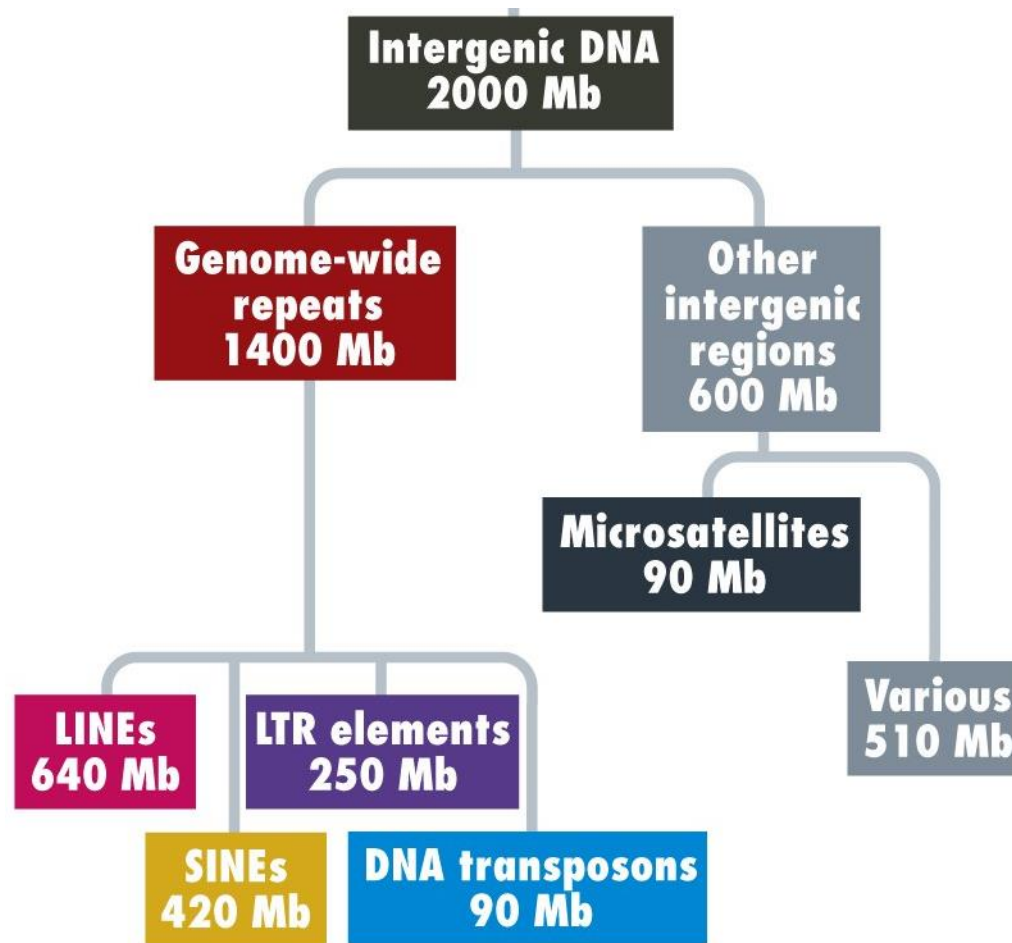
FRAGMENTY GENŮ

- Zkrácené geny
- Genové fragmenty

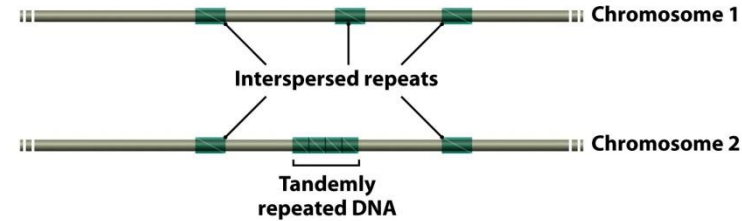


INTERGENOVÁ DNA

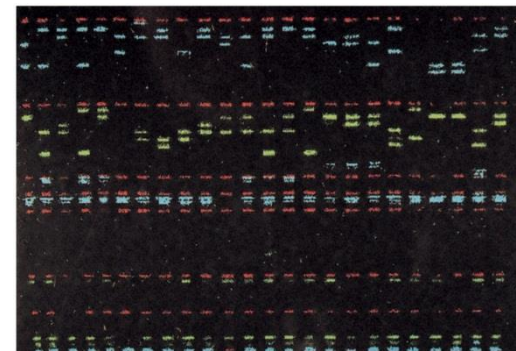
- „junk“ (= veteš, haraburdí) DNA – není pravda



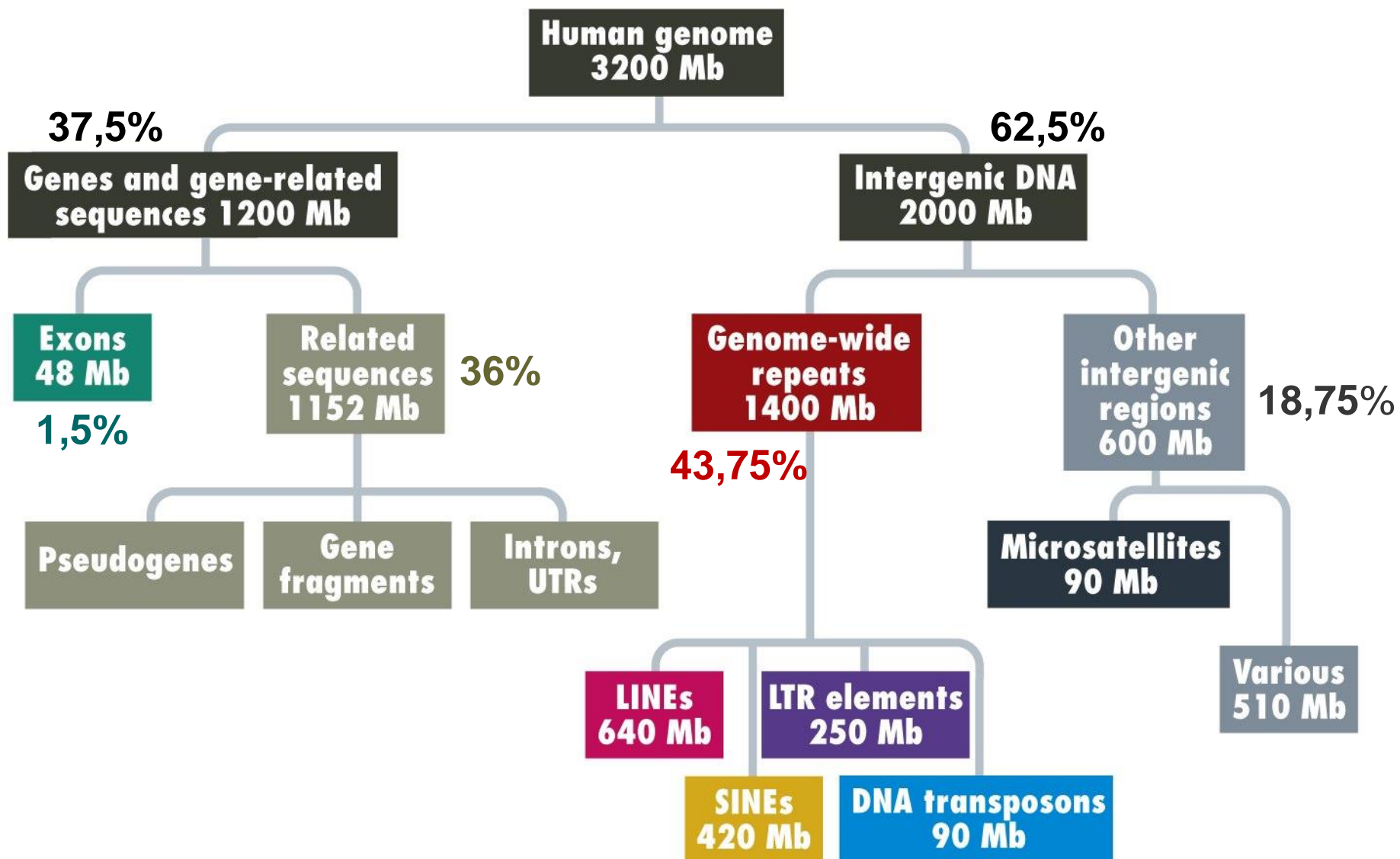
REPETICE



- Rozptýlené repetice
 - vznikají transpozicí
 - LINEs (long interspersed nuclear elements) – nad 300 bp
 - SINEs (short interspersed nuclear elements) – přibližně 300 bp
- Tandemové repetice - satelity
 - LTR (long terminal repeat) elementy, v centromerách
- Minisatelity („variable number of tandem repeats“ - VNTRs)
 - jednotka repetice do 25 bp, délka do 200 kb
 - telomery
- Mikrosatelity („simple tandem repeats“ - STRs)
 - jednotka repetice do 13 bp, délka do 150 bp
 - vznikají chybami při replikaci genomu
 - funkce není známá
 - využití: genetické profilování



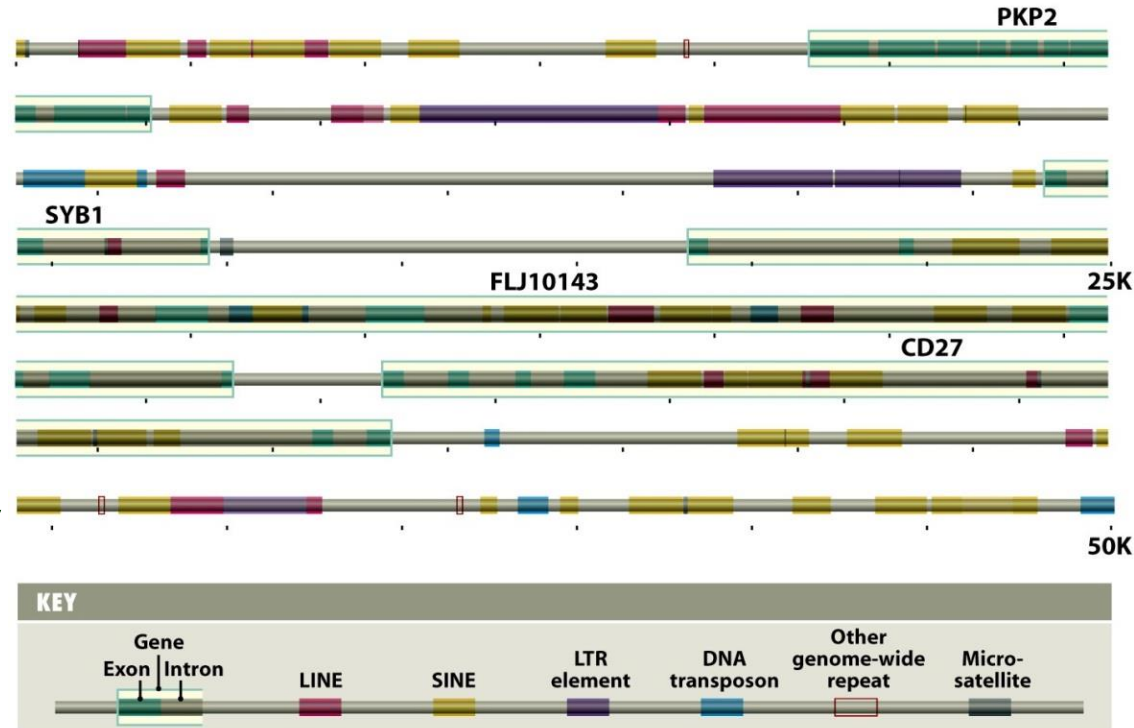
ORGANIZACE LIDSKÉHO GENOMU



ORGANIZACE JADERNÉHO GENOMU

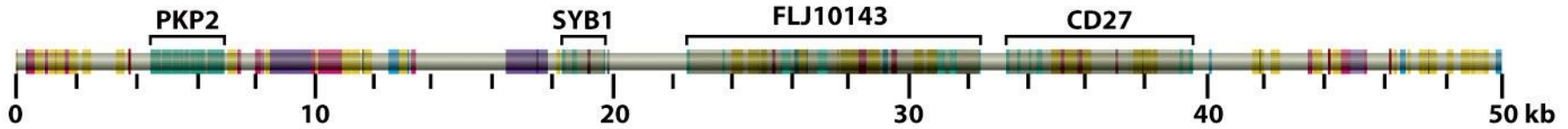
Lidský genom – 50 kb

- 4 geny
- 88 repetitivních prvků
 - LINEs
 - SINEs
 - LTRs
 - DNA transpozony
- 7 mikrosatelitů (z toho 4 v intronech)
- 30% nekódující DNA bez repetitivních prvků a známé funkce

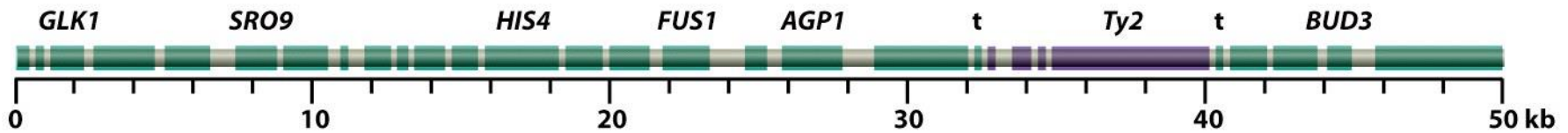


ORGANIZACE GENOMŮ

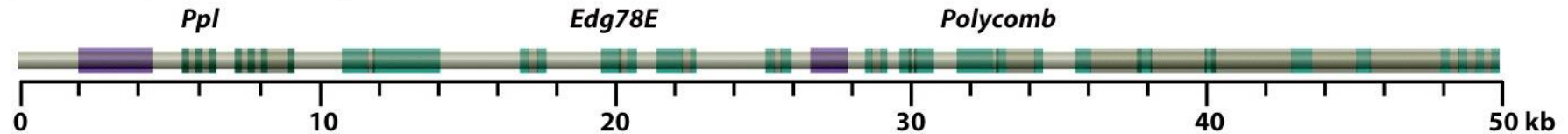
(A) Human



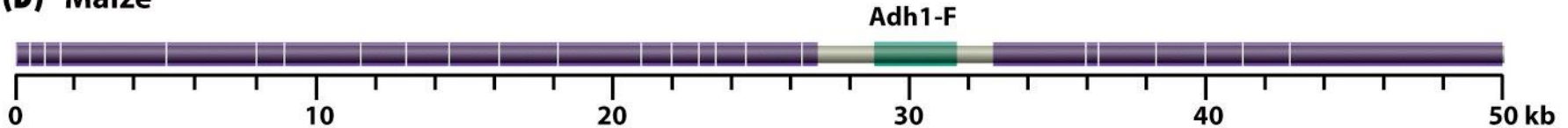
(B) *Saccharomyces cerevisiae*



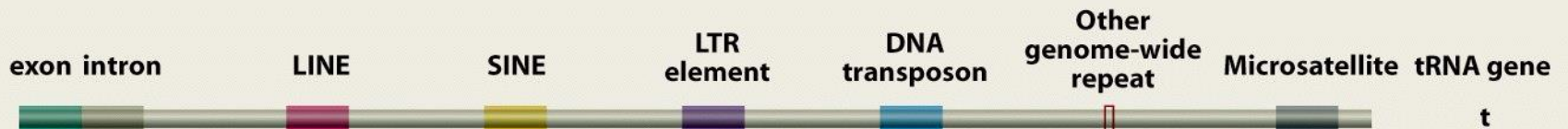
(C) *Drosophila melanogaster*



(D) Maize

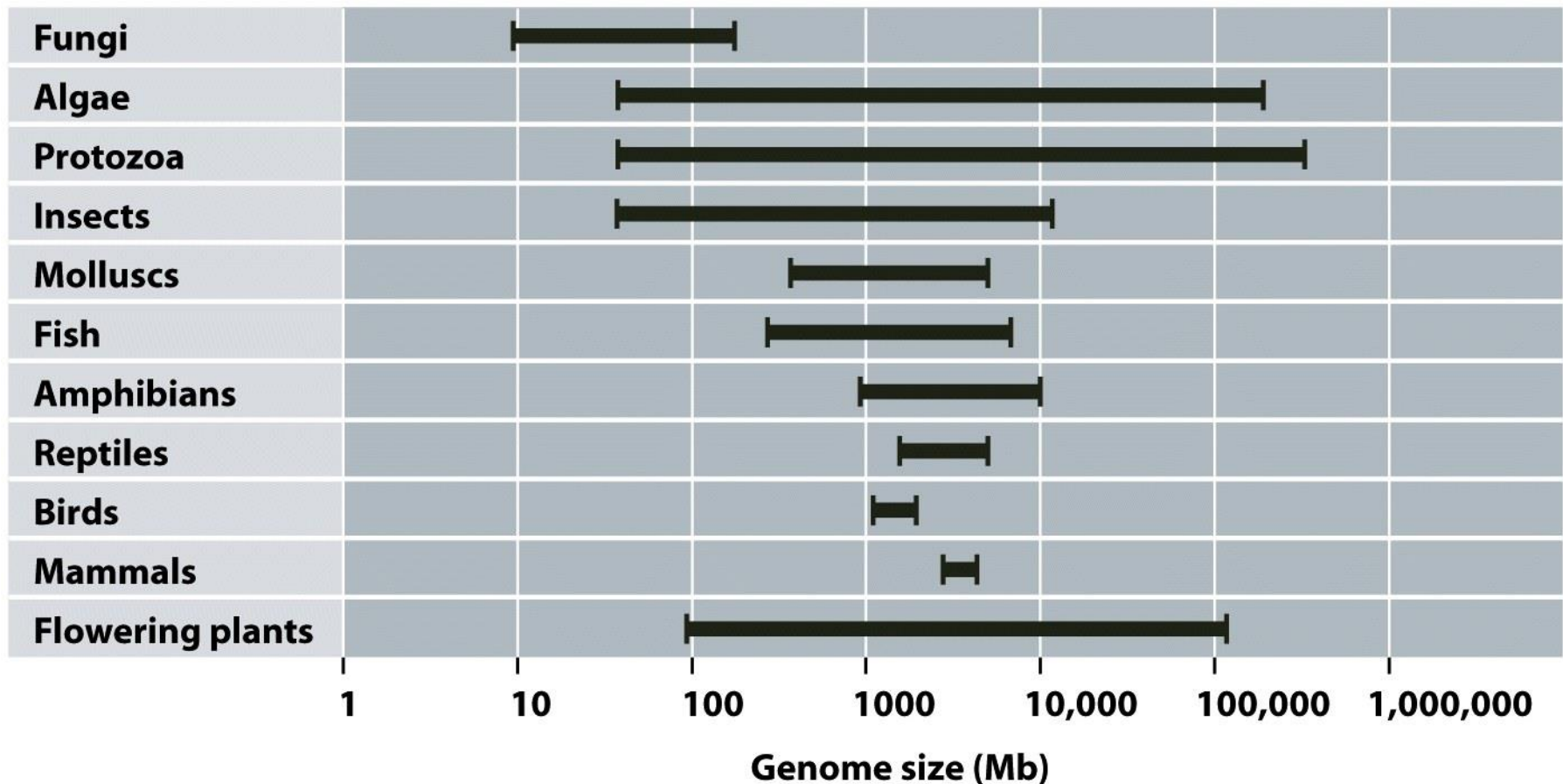


KEY



ORGANIZACE GENOMŮ

- C-value paradox (C-value enigma) – složitost organismu nekoreluje s velikostí genomu



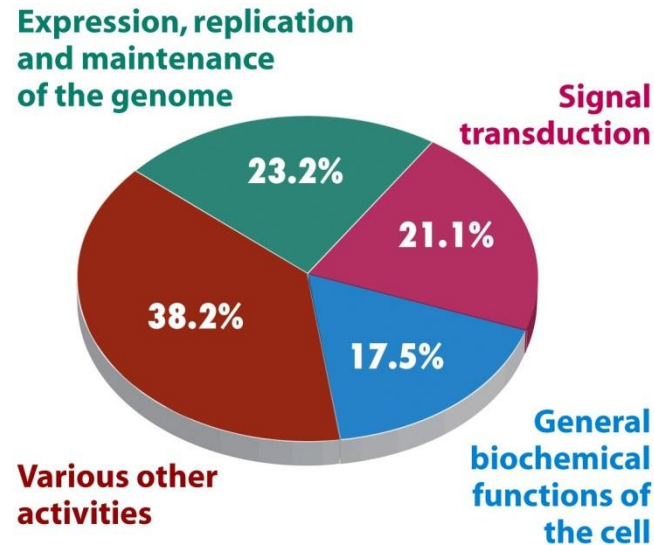
ORGANIZACE GENOMŮ

- Velikost genomu a počet genů nekoreluje

Species	Size of genome (Mb)	Approximate number of genes
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> (budding yeast)	12.1	6100
<i>Schizosaccharomyces pombe</i> (fission yeast)	12.5	4900
<i>Caenorhabditis elegans</i> (nematode worm)	97	19,000
<i>Arabidopsis thaliana</i> (plant)	125	25,500
<i>Drosophila melanogaster</i> (fruit fly)	180	13,600
<i>Oryza sativa</i> (rice)	466	40,000
<i>Gallus gallus</i> (chicken)	1200	20,000–23,000
<i>Homo sapiens</i> (human)	3200	30,000–40,000

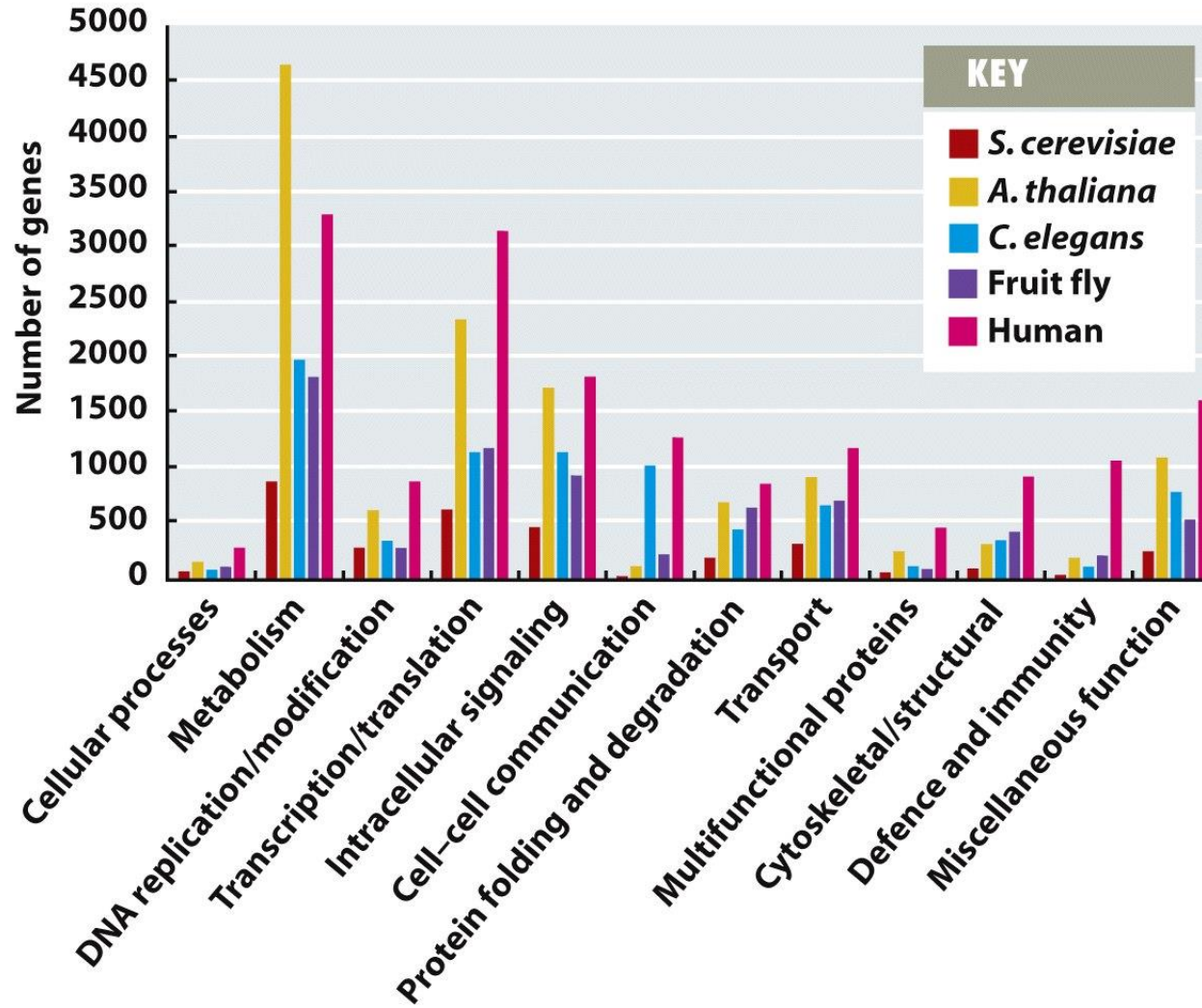
KATALOG GENŮ

- Organizmy se sekvenovaným genomem
- Lidský katalog genů:



- co nevyčteme: Co dělá člověka člověkem?

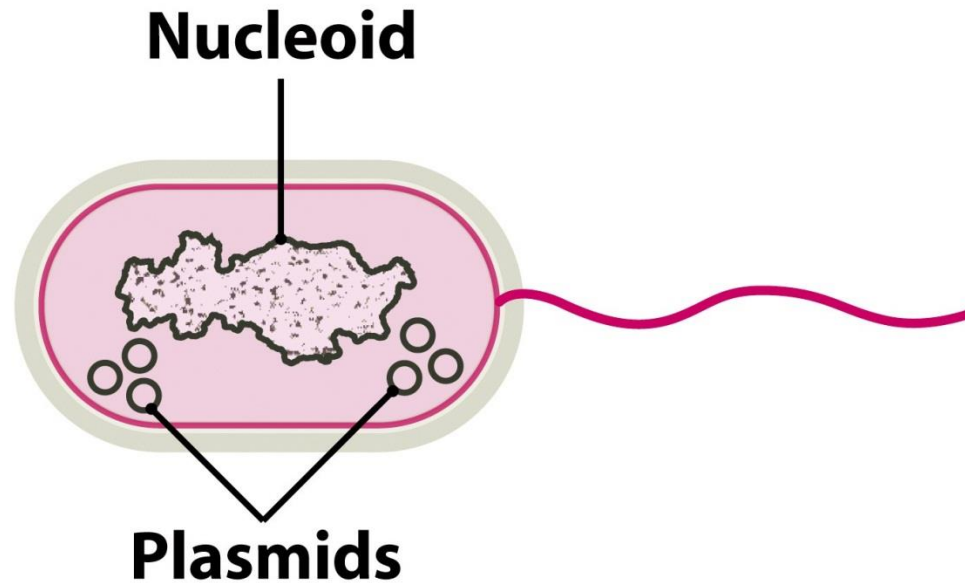
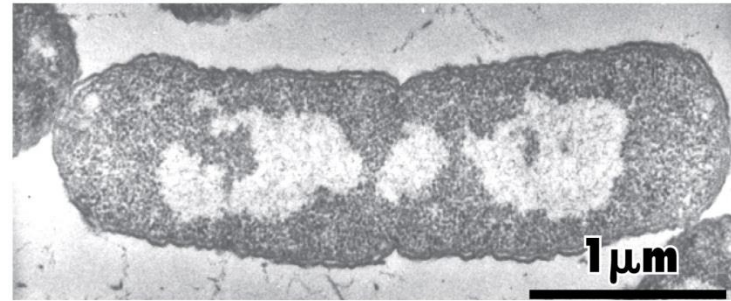
KATALOG GENŮ



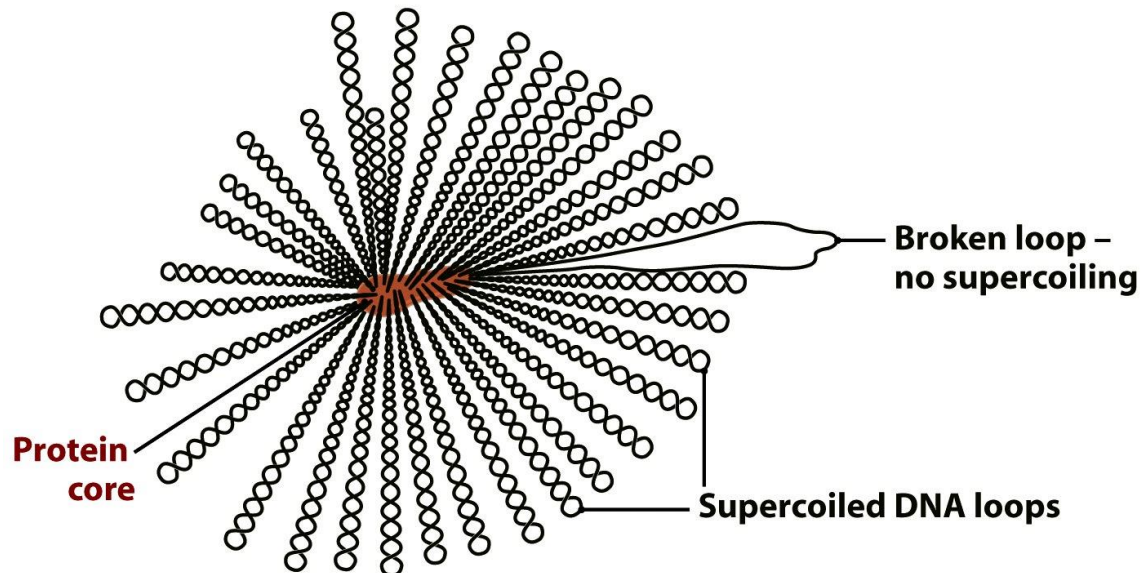
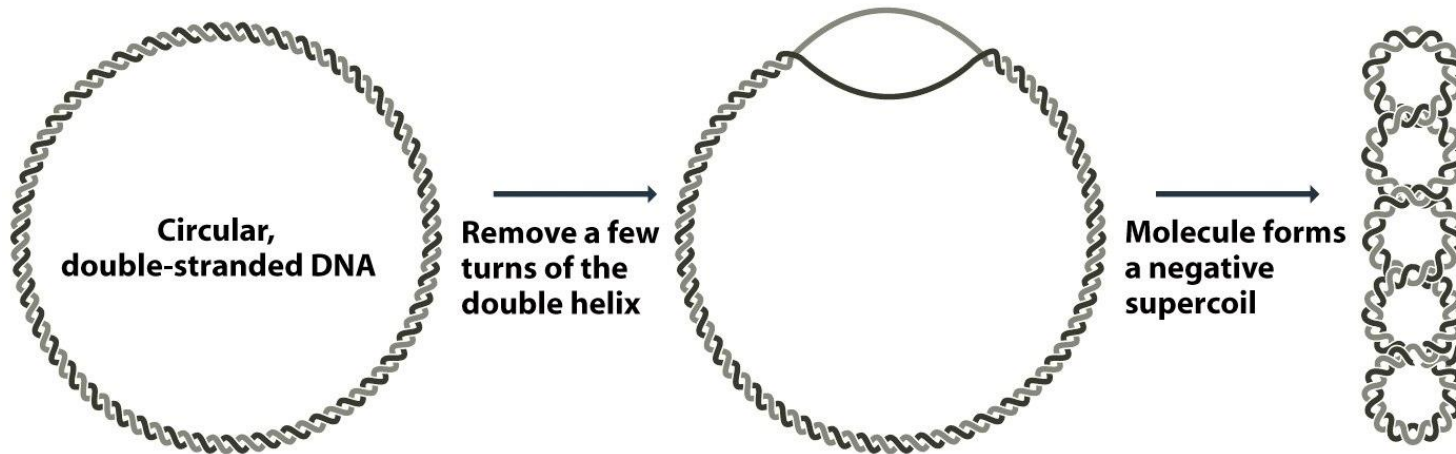
PROKARYOTICKÝ GENOM

PROKARYOTICKÝ GENOM

- Prokaryota
 - bacteria
 - archea

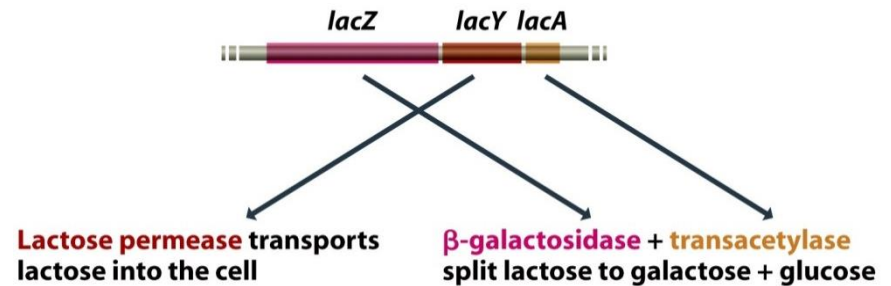


PROKARYOTICKÝ GENOM

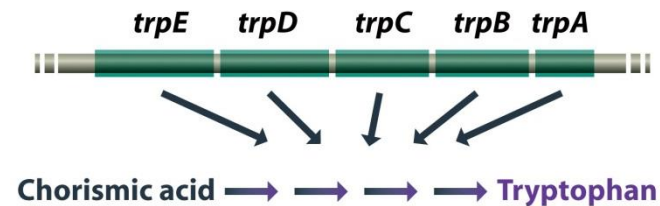


OPERON

- laktózový operon
 - využití laktózy



- tryptofanový operon
 - stejná biochemická dráha



- *Methanococcus jannaschii* (archaea) and *Aquifex aeolicus* (bakterie)
 - rozdílné funkce



PLAZMIDY

- dodatečná genetická informace
- adaptace na podmínky prostředí
- zvýhodnění nositele
- některé se včleňují do hlavního genomu

Type of plasmid	Gene functions	Examples
Resistance	Antibiotic resistance	Rbk of <i>Escherichia coli</i> and other bacteria
Fertility	Conjugation and DNA transfer between bacteria	F of <i>E. coli</i>
Killer	Synthesis of toxins that kill other bacteria	Col of <i>E. coli</i> , for colicin production
Degradative	Enzymes for metabolism of unusual molecules	TOL of <i>Pseudomonas putida</i> , for toluene metabolism
Virulence	Pathogenicity	Ti of <i>Agrobacterium tumefaciens</i> , conferring the ability to cause crown gall disease on dicotyledonous plants

PROKARYOTICKÝ GENOM

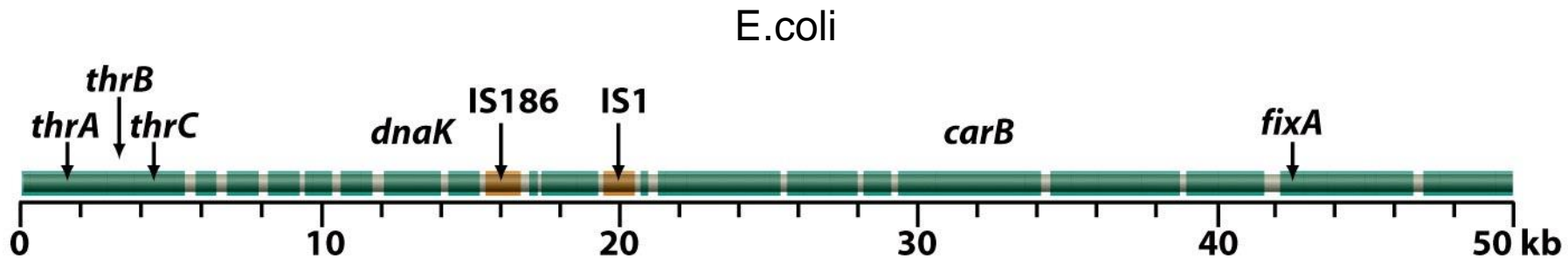
Species	Genome organization		
	DNA molecules	Size (Mb)	Number of genes
<i>Escherichia coli</i> K12	One circular molecule	4.639	4405
<i>Vibrio cholerae</i> El Tor N16961	Two circular molecules		
	Main chromosome	2.961	2770
	Megaplasmid	1.073	1115
<i>Deinococcus radiodurans</i> R1	Four circular molecules		
	Chromosome 1	2.649	2633
	Chromosome 2	0.412	369
	Megaplasmid	0.177	145
	Plasmid	0.046	40
<i>Borrelia burgdorferi</i> B31	Seven or eight circular molecules, eleven linear molecules		
	Linear chromosome	0.911	853
	Circular plasmid cp9	0.009	12
	Circular plasmid cp26	0.026	29
	Circular plasmid cp32*	0.032	Not known
	Linear plasmid lp17	0.017	25
	Linear plasmid lp25	0.024	32
	Linear plasmid lp28-1	0.027	32
	Linear plasmid lp28-2	0.030	34
	Linear plasmid lp28-3	0.029	41
	Linear plasmid lp28-4	0.027	43
	Linear plasmid lp36	0.037	54
	Linear plasmid lp38	0.039	52
	Linear plasmid lp54	0.054	76
Linear plasmid lp56	0.056	Not known	

VELIKOST PROKARYOTICKÉHO GENOMU

- většinou velikost genomu koreluje s počtem genů
- průměr: 950 genů na 1Mb

Species	Size of genome (Mb)	Approximate number of genes
Bacteria		
<i>Mycoplasma genitalium</i>	0.58	500
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	2.16	2300
<i>Vibrio cholerae</i> El Tor N16961	4.03	4000
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv	4.41	4000
<i>Escherichia coli</i> K12	4.64	4400
<i>Yersinia pestis</i> CO92	4.65	4100
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PA01	6.26	5700
Archaea		
<i>Methanococcus jannaschii</i>	1.66	1750
<i>Archaeoglobus fulgidus</i>	2.18	2500

PROKARYOTA vs. EUKARYOTA



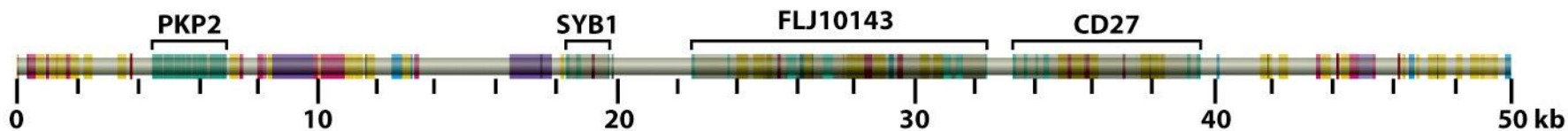
KEY

Gene



Genome-wide repeat

člověk



KEY

exon intron

LINE

SINE

LTR element

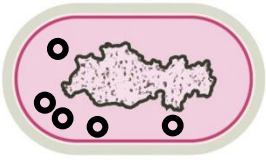
DNA transposon

Other genome-wide repeat

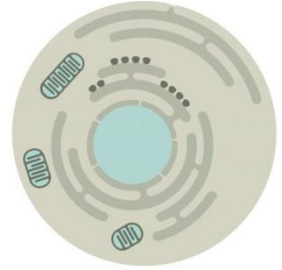
Microsatellite tRNA gene



PROKARYOTA vs. EUKARYOTA



- nukleoid
- volně v cytoplasmě
- -
- plazmidy
- kompaktní
- většina genomu kódující sekvence
- **operony**
- málo repetitivních sekvencí
- -



- chromozomy
- v jádře
- **introny**
- -
- **C-value paradox**
- většina genomu nekódující sekvence
- -
- velké množství repetitivních sekvencí
- mitochondrie a chloroplasty

GENOM ORGANEL

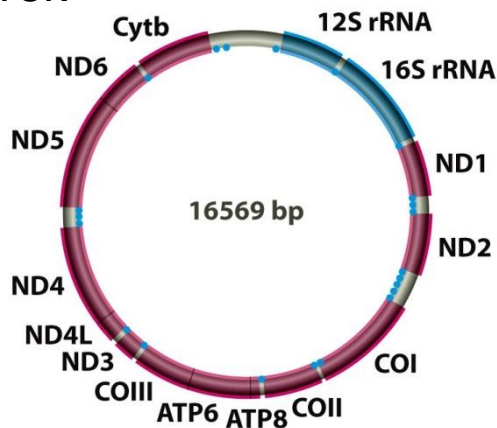
GENOM ORGANEL

- endosymbiotická teorie vzniku organel
 - volné bakterie
 - symbióza s předchůdci eukaryotických buněk
 - endosymbióza
- 1 až 100 kopií v jedné mitochondrii
- dědičnost – jako jedna kopie ???
- transfer DNA z organel do jádra i mezi organelami
 - *Arabidopsis*
 - mitochondriální genom obsahuje jadernou DNA i chloroplastovou
 - jaderný genom obsahuje části chloroplastové i mitochondriální DNA
 - obratlovci
 - mitochondriální DNA v jaderném genomu

MITOCHONDRIÁLNÍ GENOM

- cirkulární, ale i lineární (např. Chlamidie)
- 1 mitochondrie – 10 identických molekul = přibližně 8000 v jedné buňce (u člověka)
- rRNA, tRNA, proteiny dýchacího řetězce, ribozomální proteiny, transkripce, translace, transportní proteiny ...

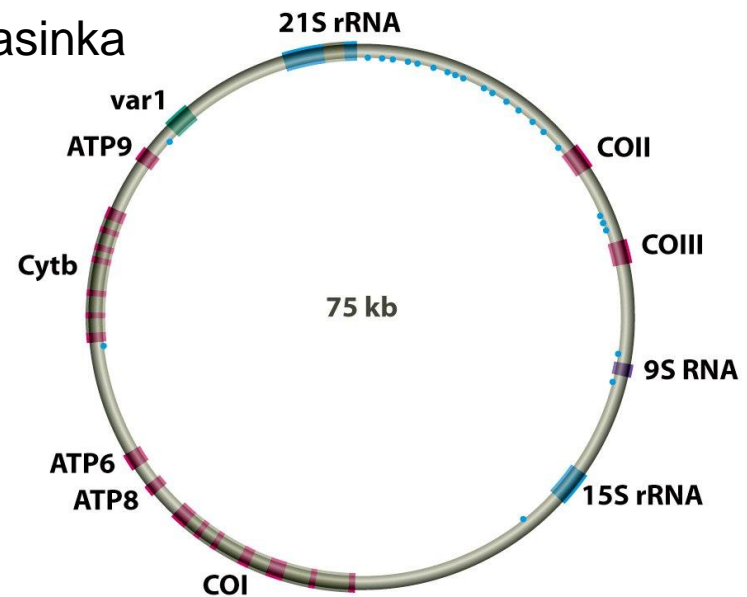
člověk



KEY

- Respiratory complex gene
- Ribosomal RNA gene
- Transfer RNA gene

kvasinka



KEY

- Respiratory complex gene
- Ribosomal RNA gene
- Ribosomal protein gene
- Transfer RNA gene
- Intron
- Other RNA gene

VELIKOST GENOMŮ ORGANEL

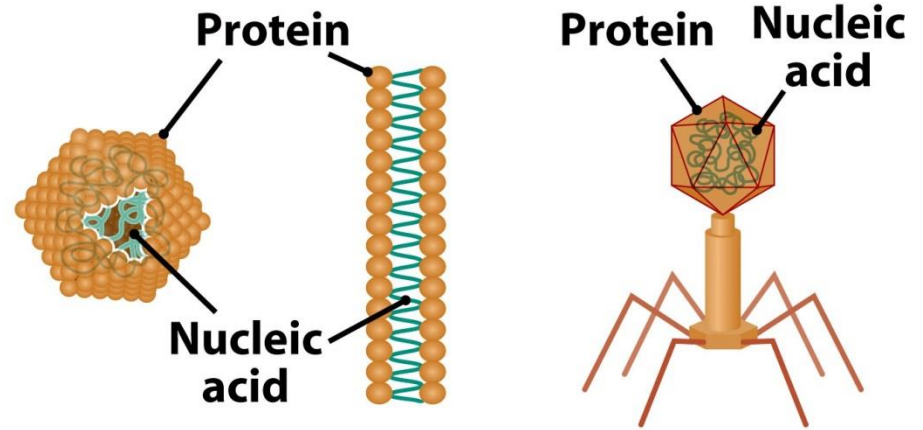
Species	Type of organism	Genome size (kb)
Mitochondrial genomes		
<i>Plasmodium falciparum</i>	Protozoan (malaria parasite)	6
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	Green alga	16
<i>Mus musculus</i>	Vertebrate (mouse)	16
<i>Homo sapiens</i>	Vertebrate (human)	17
<i>Metridium senile</i>	Invertebrate (sea anemone)	17
<i>Drosophila melanogaster</i>	Invertebrate (fruit fly)	19
<i>Chondrus crispus</i>	Red alga	26
<i>Aspergillus nidulans</i>	Ascomycete fungus	33
<i>Reclinomonas americana</i>	Protozoa	69
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Yeast	75
<i>Suillus grisellus</i>	Basidiomycete fungus	121
<i>Brassica oleracea</i>	Flowering plant (cabbage)	160
<i>Arabidopsis thaliana</i>	Flowering plant (vetch)	367
<i>Zea mays</i>	Flowering plant (maize)	570
<i>Cucumis melo</i>	Flowering plant (melon)	2500
Chloroplast genomes		
<i>Pisum sativum</i>	Flowering plant (pea)	120
<i>Marchantia polymorpha</i>	Liverwort	121
<i>Oryza sativa</i>	Flowering plant (rice)	136
<i>Nicotiana tabacum</i>	Flowering plant (tobacco)	156
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	Green alga	195

GENOM VIRŮ A MOBILNÍ ELEMENTY



VIROVÝ GENOM

- virus – nukleoproteinová částice
- závislé na hostiteli = parazité – potřebují ribozomy a translační aparát pro syntézu proteinového obalu viry
 - bakterií: bakteriofágy (fágy)
 - eukaryot
- virový genom
 - DNA nebo RNA
 - cirkulární nebo lineární
 - ss nebo ds
 - segmentovaný nebo nesegmentovaný



Icosahedral

MS2

Filamentous

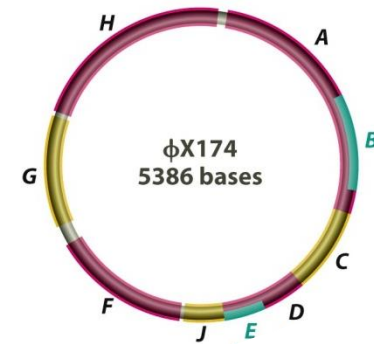
M13

Head-and-tail

T4, λ

GENOMY FÁGŮ

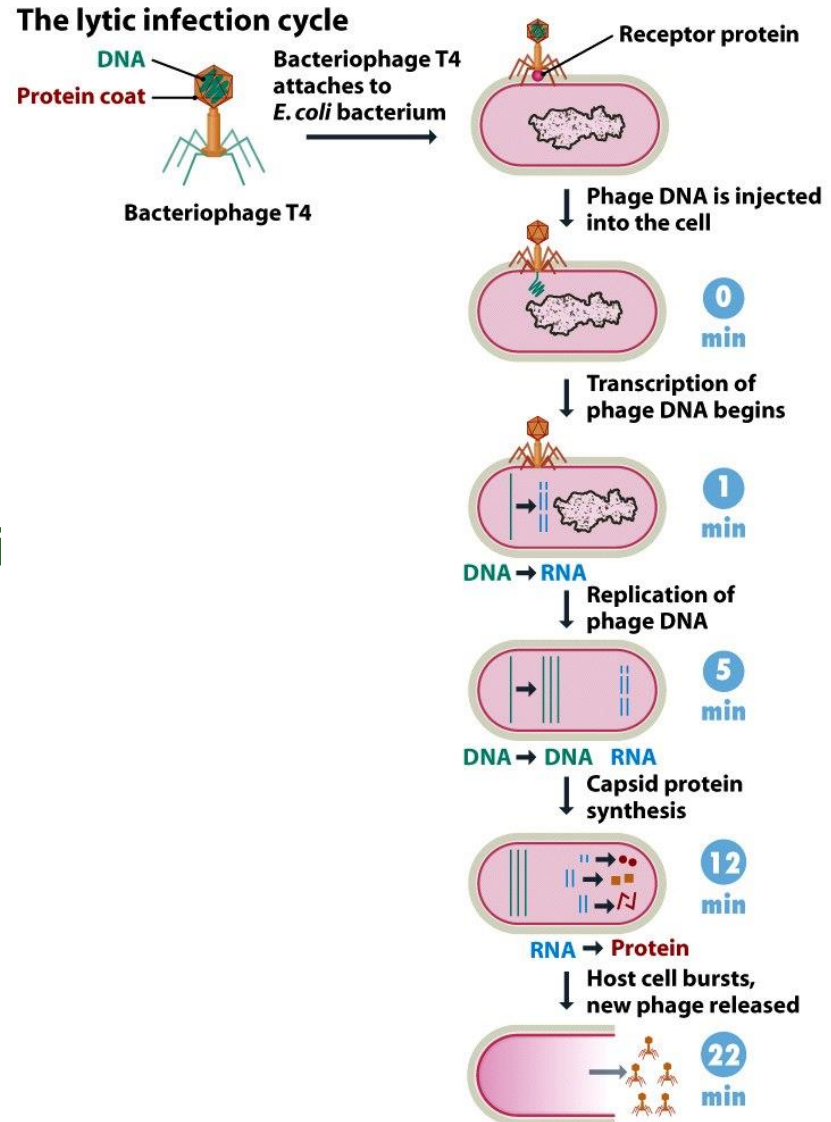
- počet genů: 3-200
- překrývající se geny
- fágy
 - lytické (virulentní), např. T4
 - lyzogenní (mírné), např. fág λ



Phage	Host	Capsid structure	Genome structure	Genome size (kb)	Number of genes
λ	<i>Escherichia coli</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	49.5	48
ϕ X174	<i>E. coli</i>	Icosahedral	Single-stranded circular DNA	5.4	11
f6	<i>Pseudomonas phaseolicola</i>	Icosahedral	Double-stranded segmented linear RNA	2.9, 4.0, 6.4	13
M13	<i>E. coli</i>	Filamentous	Single-stranded circular DNA	6.4	10
MS2	<i>E. coli</i>	Icosahedral	Single-stranded linear RNA	3.6	3
PM2	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Icosahedral	Double-stranded linear DNA	10.0	approx. 21
SPO1	<i>Bacillus subtilis</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	150	100+
T2, T4, T6	<i>E. coli</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	166	150+
T7	<i>E. coli</i>	Head-and-tail	Double-stranded linear DNA	39.9	55+

LYTICKÁ INFEKCE

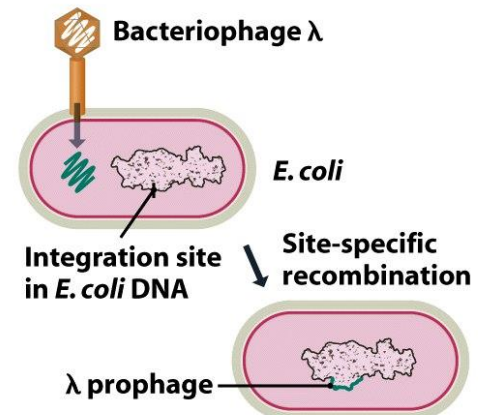
- = virulentní, produktivní
- např. T4
- dochází k lyzi buněk
- doba latence – 22 minut
 - čas potřebný k reprodukci fága



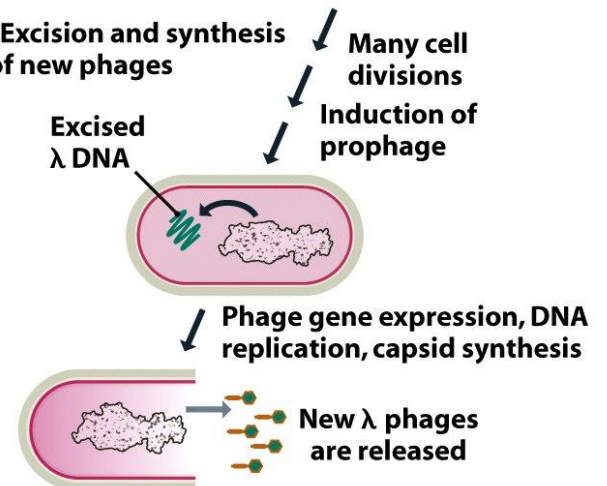
LYZOGENNÍ INFEKCE

- = mírná, skrytá
- např. fág λ
- okamžitě po proniknutí fágové DNA - integrace virového genomu do genomu hostitele místně specifickou rekombinací – profág
- indukce excize profága – chemické nebo fyzikální faktory – zřejmě vázané na poškození DNA

(A) Integration into the host DNA



(B) Excision and synthesis of new phages



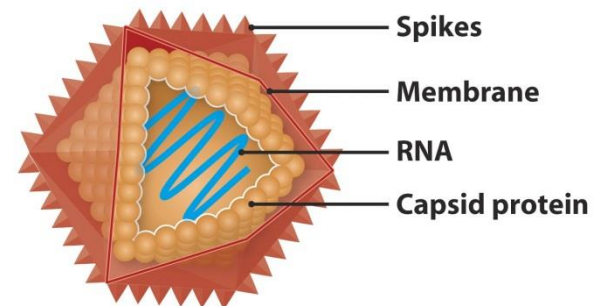
VIRY EUKARYOT

- genomy variabilní
 - DNA, RNA; ds, ss; cirkulární, lineární; segmentované nesegmentované
- velikost genomů: 1,5-240 kb

Virus	Host	Genome structure	Genome size (kb)	Number of genes
Adenovirus	Mammals	Double-stranded linear DNA	36.0	30
Hepatitis B	Mammals	Partly double-stranded circular DNA	3.2	4
Influenza virus	Mammals	Single-stranded segmented linear RNA	22.0	12
Parvovirus	Mammals	Single-stranded linear DNA	1.6	5
Poliovirus	Mammals	Single-stranded linear RNA	7.6	8
Reovirus	Mammals	Double-stranded segmented linear RNA	22.5	22
Retroviruses	Mammals, birds	Single-stranded linear RNA	6.0–9.0	3
SV40	Monkeys	Double-stranded circular DNA	5.0	5
Tobacco mosaic virus	Plants	Single-stranded linear RNA	6.4	6
Vaccinia virus	Mammals	Double-stranded circular DNA	240	240

VIRY EUKARYOT

- kapsid – ikozaedr nebo filamentární
- lipidická membrána – odvozená z hostitelské buňky
- rostlinné viry – většinou RNA
- lytická i lyzogenní infekce
- dlouhodobá infekce – genom viru se nezačlení do genomu hostitele
- příklad: virové retroelementy
 - retroviry – RNA genom
 - pararetroviry – DNA genom



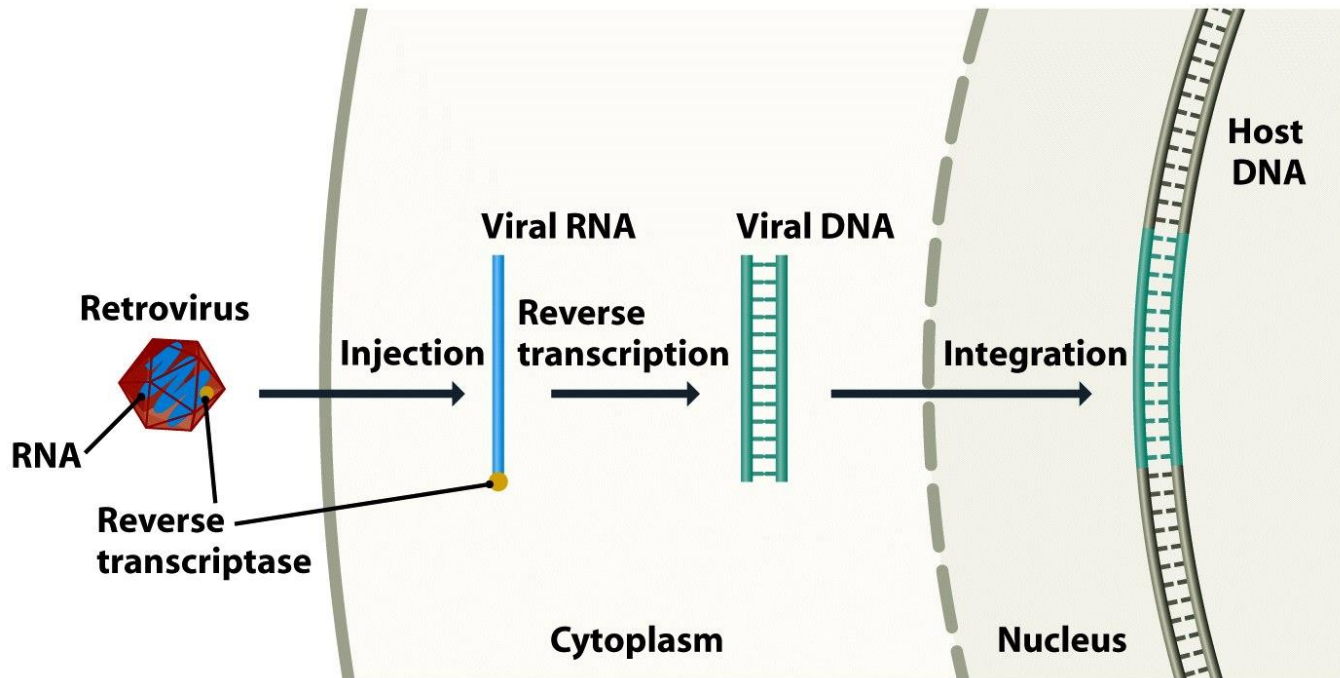
RETROVIRY

- genom retrovirů – každý ze tří genů kóduje polyproteiny, které jsou po translaci štěpeny na dva nebo více funkčních produktů
 - *gag* - proteiny kapsidu
 - *pol* – reverzní transkriptáza, integráza, proteáza
 - *env* – proteiny kapsidu
 - LTR – důležité regulační oblasti pro transkripci a replikaci



RETROVIRY

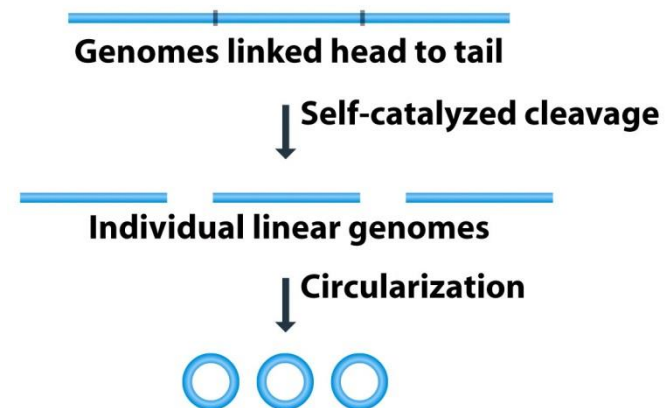
- začlenění retrovirového genomu do genomu hostitele



VIRUSOIDY A VIROIDY

- satelitní RNA, virusoid – zejména v rostlinách
 - RNA molekula, 320-400 bází
 - satelitní RNA - nekóduje vlastní kapsid, využívá genom pomocného viru
 - virusoid – kóduje vlastní kapsid
- viroid
 - RNA molekula, 240-375 bází, nemá kapsid = nahá RNA
- replikace pomocí enzymů hostitele nebo pomocného viru
- schopnost samosestřihu
- zřejmě evolučně souvisí se sestřihem RNA

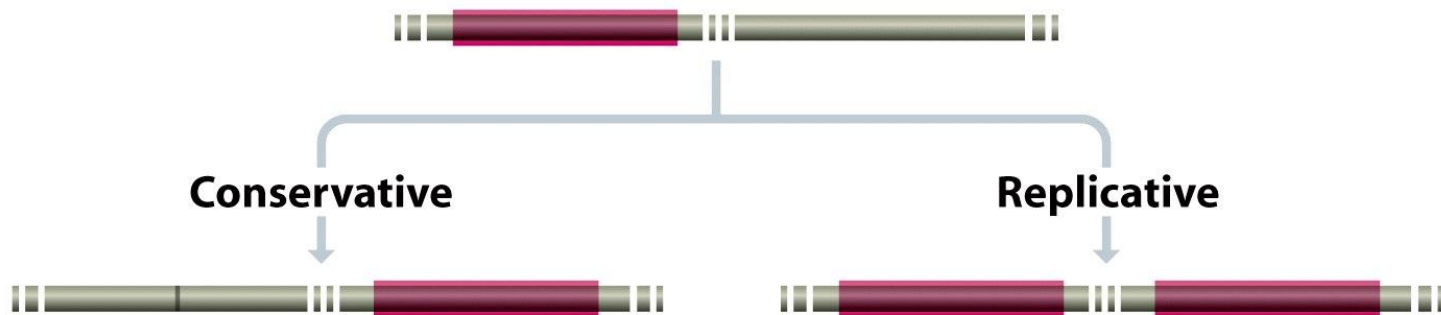
Self-catalyzed cleavage of viroid and virusoid RNAs



MOBILNÍ ELEMENTY

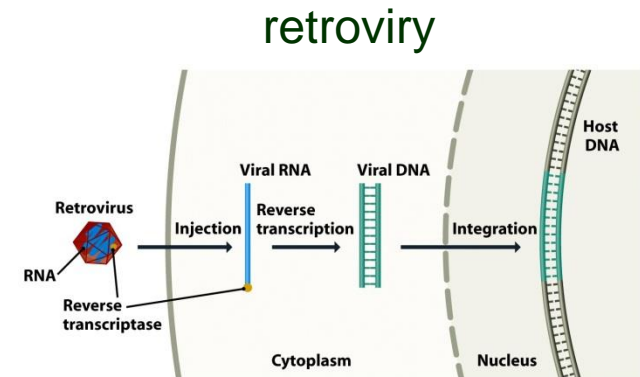
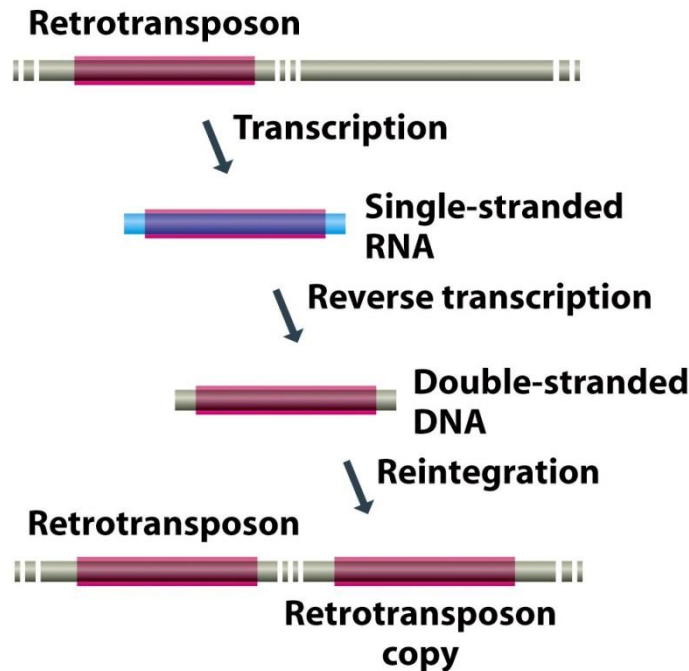
MOBILNÍ ELEMENTY

- = transpozony
- transpozice – schopnost segmentu DNA přesouvat se v genomu z místa na místo
 - pomocí rekombinace
 - konzervativní
 - replikativní



RETROTRANSPOZONY

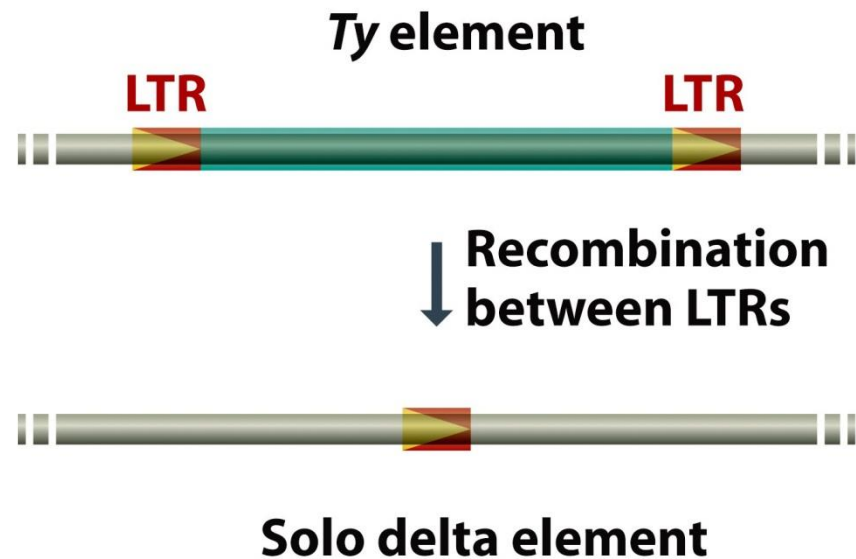
- transpozice přes RNA meziprodukt



- retrotranspozony
 - obsahující LTR sekvence
 - bez LTR sekvence

RETROTRANSPOZONY s LTR

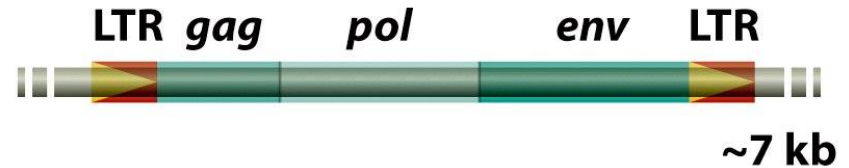
- *Ty* element
 - první objevený
 - v kvasinkách
 - 6.3 kb, 25-35 kopií
- „delta“ element
 - LTR sekvence
 - 330 bp
 - přibližně 100 kopií



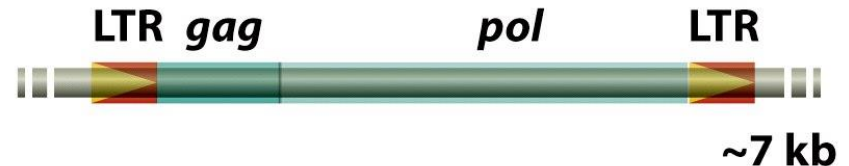
RETROTRANSPOZONY s LTR

- *Ty1*
 - nejčastější
 - chybí *env* gen
 - schopen tvořit částice podobné virům
 - neschopen se dostat z buňky
- *Ty3*
 - ekvivalent *env*
 - některé schopny tvořit infekční viry
- ERV
 - endogenní retroviry
 - u člověka a savců

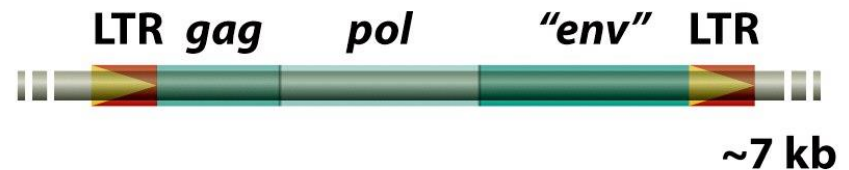
(A) Viral retroelement



(B) *Ty1/copia* retroelement



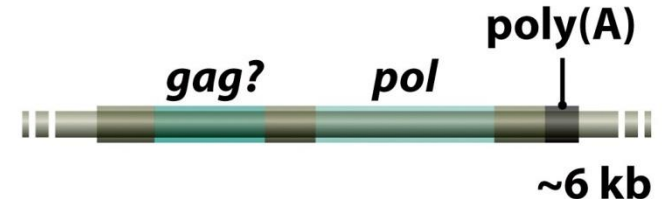
(C) *Ty3/gypsy* retroelement



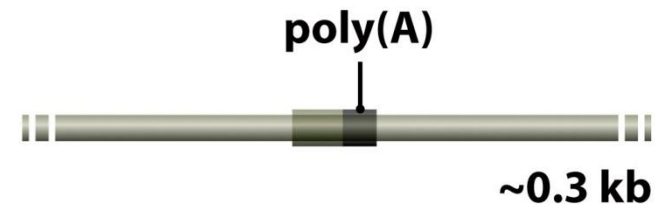
RETROTRANSPOZONY bez LTR

- retropozony
 - LINEs (long interspersed nuclear elements)
 - *pol* gen
 - funkční reverzní transkriptáza
 - SINEs (short interspersed nuclear elements)
 - 100-400 bp
 - žádný gen
 - „půjčují“ si reverzní transkriptázu od LINE

(A) LINE



(B) SINE



DNA TRANSPOZONY U PROKARYOT

- nepotřebují RNA meziprodukt
- méně časté než retrotranspozony
- IS – inzerční sekvence
 - konzervativní i replikativní transpozice
- složený transpozon
- Tn3
 - nemá IS
 - replikativní transpozice
- Transpozibilní fág
 - replikativní transpozice

(A) Insertion sequence



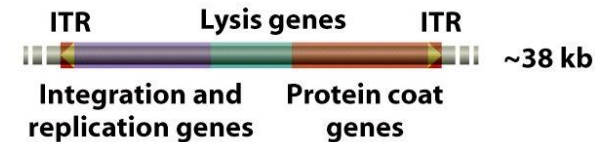
(B) Composite transposon



(C) Tn3-type transposon

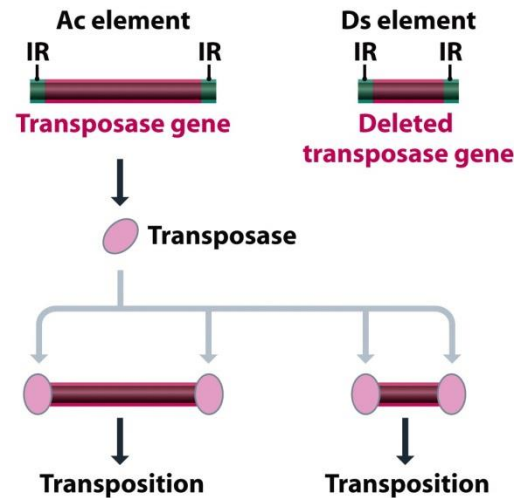


(D) Transposable phage

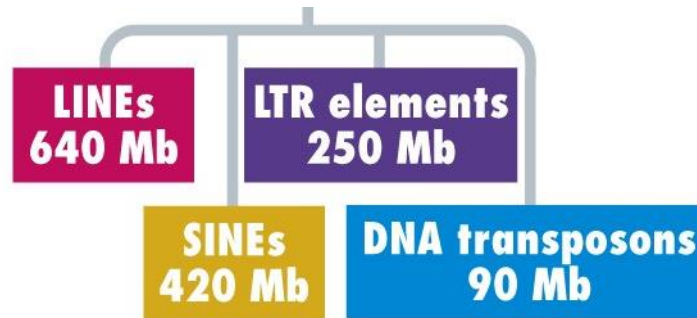


DNA TRANSPOZONY U EUKARYOT

- Lidský genom
 - 350 000 transpozonů
 - invertované koncové repetice (ITR)
 - gen pro transponázu
 - většinou nefunkční
- Kukuřice
 - Ac/Ds elementy
 - Spm element
- *Drosophila*
 - P element



MOBILNÍ ELEMENTY V LIDSKÉM GENOMU



Class	Family	Approximate number of copies	Fraction of genome (%)
SINE	Alu	1,200,000	10.7
	MIR	450,000	2.5
	MIR3	85,000	0.4
LINE	LINE-1	600,000	17.3
	LINE-2	370,000	3.3
	LINE-3	44,000	0.3
LTR retroelements	ERV	240,000	4.7
	MaLR	285,000	3.8
DNA transposons	MER-1	213,000	1.4
	MER-2	68,000	1.0
	Others	60,000	0.4

SHRNUTÍ

- Eukaryotický jaderný genom
 - chromozomy
 - geny
 - intergenové sekvence
 - katalog genů
- Prokaryotický genom
 - nukleoid
 - plazmidy
- Genom mitochondrií a chloroplastů
- Virové genomy
 - viry bakterií – fágy
 - viry eukaryot
- Mobilní elementy
 - RNA transpozony
 - DNA transpozony

INTERNETOVÉ ZDROJE A LITERATURA

INTERNETOVÉ ZDROJE



[JGI/IMG Gold User Log in](#)

[Home](#) [Search](#) [Distribution Graphs](#) [Biogeographical Metadata](#) [Statistics](#) [References](#) [Team](#) [Help](#) [News](#)

Welcome to the Genomes OnLine Database

GOLD Release v.5

GOLD: Genomes Online Database, is a World Wide Web resource for comprehensive access to information regarding genome and metagenome sequencing projects, and their associated metadata, around the world.

Studies [?]	20354
Biosamples [?]	59036
Sequencing Projects [?]	59171
Analysis Projects [?]	44919

[Download Excel Data file](#)

Studies

- Metagenomic [545](#)
- Non-Metagenomic [19809](#)

Biosamples

- Classification
- Ecosystems
 - Host-associated [11813](#)
 - Engineered [1655](#)
 - Environmental [6740](#)

Projects

- Complete Projects [6649](#)
- Permanent Drafts [23552](#)
- Incomplete Projects [26572](#)
- Targeted Projects [1404](#)

Organisms

- Organisms [53794](#)
- Archaea [935](#)
- Bacteria [39183](#)
- Eukarya [9250](#)

1. Register



Register your project information and Metadata in the Genomes Online Database

[Register](#)

2. Annotate



Annotate your microbial genome or metagenome with IMG/ER or IMG/MER

[Annotate](#)

3. Publish



Standards in Genomic Sciences

Publish your genome or metagenome in open access standards-supportive journal.

[Publish](#)

<https://gold.jgi-psf.org/index>

INTERNETOVÉ ZDROJE



Genomes Online Database

Home Search Distribution Graphs Biogeographical Metadata Statistics References Team Help News

Studies ⁱ	20354
Biosamples ⁱ	59036
Sequencing Projects ⁱ	59171
Analysis Projects ⁱ	44919

Select Fields

GOLD Project ID +	Project Name +	Project Status Complete and Published [remove]
Go0000002	Dictyoglomus turgidum DSM 6724	Complete and Published
Go0000003	Methanosphaerula palustris E1-9c, DSM 19958	Complete and Published
Go0000005	Paenibacillus sp. Y412MC10	Complete and Published
Go0000007	Erwinia pyrifoliae Ep1/98	Complete and Published
Go0000008	Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum DSM 571	Complete and Published
Go0000009	Starkeya novella DSM 508	Complete and Published
Go0000013	Corynebacterium kroppenstedtii DSM 44395	Complete and Published
Go0000014	Petrogala mobilis SJ95	Complete and Published
Go0000015	Delftia acidovorans SPH-1	Complete and Published
Go0000016	Clostridium phytofermentans ISDg	Complete and Published
Go0000017	Shewanella baltica OS195	Complete and Published
Go0000018	Hemiselmis andersenii CCMP 644 (nucleomorph)	Complete and Published
Go0000019	Prochlorococcus marinus MIT 9211	Complete and Published
Go0000020	Methanococcus maripaludis C8	Complete and Published
Go0000021	Herpetosiphon aurantiacus DSM 785	Complete and Published
Go0000023	Sorangium cellulosum So ce 58	Complete and Published
Go0000024	Candida albicans SC5314	Complete and Published
Go0000025	Caldivirga maquilingensis IC-167	Complete and Published
Go0000026	Salinispora arenicola CNS-205	Complete and Published
Go0000027	Desulfococcus oleovorans Hxd3	Complete and Published
Go0000030	Azorhizobium caulinodans ORS 571	Complete and Published
Go0000033	Acaryochloris marina MBIC11017	Complete and Published
Go0000034	Alkaliphilus oremlandii OhLAs	Complete and Published
Go0000037	Shewanella pealeana ANG-SQ1, ATCC 700345	Complete and Published
Go0000038	Rickettsia massilliae MTU5	Complete and Published

RESET

[1 - 25] of 6649 [NEXT](#) Show results.

INTERNETOVÉ ZDROJE

Genomes Pages - At the EBI

- Complete genomes
- Archaea
- Archaeal virus
- Bacteria
- Eukaryota
- Organelle
- Phage
- Plasmid
- Viroid
- Virus
- Links
 - WGS info
 - EnsemblGenomes
 - Genome Reviews
 - Integr8 (proteomes)
 - Fasta33 Server
 - Ensembl

Databases > Nucleotide > The European Nucleotide Archive > Complete Genomes

Access to Completed Genomes

The first completed genomes from [viruses](#), [phages](#) and [organelles](#) were deposited into the EMBL Database in the early 1980's. Since then, molecular biology's shift to obtain the complete sequences of as many genomes as possible combined with major developments in sequencing technology resulted in hundreds of complete genome sequences being added to the database, including [Archaea](#), [Bacteria](#) and [Eukaryota](#). These web pages give access to a large number of complete genomes, [help](#) is available to describe the layout.

Whole Genome Shotgun Sequences (WGS)

Methods using whole genome shotgun data are used to gain a large amount of genome coverage for an organism. WGS data for a growing number of organisms are being submitted to DDBJ/EMBL/GenBank.

[More information about WGS projects...](#)

Last 40 Genome Entries

Date	Accession	Description
08-NOV-2014	KM390013.1	Corallorhiza bulbosa plastid
08-NOV-2014	KM390014.1	Corallorhiza maculata var. maculata voucher Freudenstein 2919 (OS) plastid
08-NOV-2014	KM390015.1	Corallorhiza maculata var. mexicana voucher Barrett 232b (OS) plastid
08-NOV-2014	KM390016.1	Corallorhiza maculata var. occidentalis voucher Freudenstein 2095 (OS) plastid
08-NOV-2014	KM390017.1	Corallorhiza macrantha voucher Salazar A (OS) plastid
08-NOV-2014	KM390018.1	Corallorhiza mertensiana voucher Freudenstein 1999 (OS) plastid
08-NOV-2014	KM390019.1	Corallorhiza trifida voucher Freudenstein 2787a MI plastid
08-NOV-2014	KM390020.1	Corallorhiza wisteriana voucher Freudenstein 2482 (OS) plastid
08-NOV-2014	KM390021.1	Corallorhiza odontorhiza plastid
08-NOV-2014	LC009435.1	Andinoacara rivulatus mitochondrion
08-NOV-2014	AB859014.1	Equus caballus mitochondrion, strain: trotter
08-NOV-2014	CP008741.1	Bifidobacterium longum subsp. longum GT15
08-NOV-2014	CP007241.1	Streptococcus pyogenes strain 1E1
08-NOV-2014	CP009811.1	Bacillus subtilis strain Bs-916
08-NOV-2014	CP009812.1	Streptococcus pyogenes strain HKU380
08-NOV-2014	CP009748.1	Bacillus subtilis strain ATCC 13952
08-NOV-2014	CP009749.1	Bacillus subtilis strain ATCC 19217
08-NOV-2014	CP009754.1	Streptomyces sp. CCM_MD2014



<http://www.ebi.ac.uk/genomes/>

INTERNETOVÉ ZDROJE

FEATURE



Genomes of the World

A pufferfish, a boxer, and a parasite that frequents swimming pools are among the organisms whose genomes have recently been sequenced. For more sequenced genomes visit GNN's [Quick Guide](#).

NEWS STORIES

Bioterrorism, Cloning, and Stem Cells

Diseases and Personalized Medicine

Alzheimer's; Cancer; Cystic Fibrosis; Depression and Bipolar Disorder; Diabetes; HIV/AIDS; Heart Disease; Huntington's; Multiple Sclerosis; Obesity; Parkinson's; SARS; Schizophrenia; more...

Drugs and Gene Tests

Antibiotics; Drug Development; Vaccines

Energy and the Environment

Extremophiles; Oceans; Toxic Cleanup

Genes and Genomes

Biobanks; Evolution; Human Genome; Sex and Reproduction

Microbes

Technology

Microarrays; Movies and Imaging; Nanotechnology

Weird Science

A Quick Guide to Sequenced Genomes



What's a Genome?



Art Gallery

Glossary

Bioethics Central

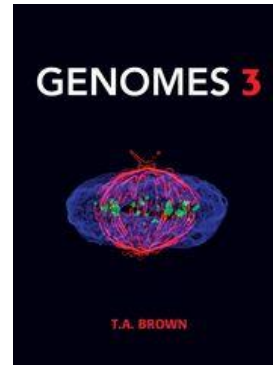
Stem Cells: Policies and Players

Book Reviews

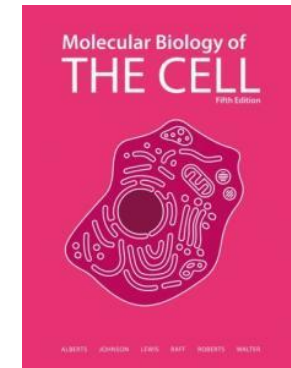
Timeline

LITERATURA

- T.A.Brown: Genomes



- Alberts and col.:
Molecular Biology of the Cell



- G.Gibson and S.V.Muse:
A Primer of Genome Science



+ internet, odborné články ...