



МГ <https://youtu.be/tKDhdsqTWKg>

Л7. СРАВНЕНИЕ ГЕНОМОВ

Геном

повторение с дополнениями

Определения

- Геном клетки - совокупность молекул дцДНК содержащейся в клетке. Есть уточнения
- У многоклеточных геномы всех клеток в первом приближении одинаковы
- Различия могут возникать при репликации (делении клеток) из-за мутаций. Соматические мутации.
- Мутации редки, к тому же есть системы репарации ДНК.

Последовательность оснований молекулы оцДНК

- Химическая формула молекулы дцДНК полностью определяется последовательностью одной цепочки ДНК.
- Последовательность любой оцДНК всегда пишется от 5' конца к 3' концу
- Последовательность оснований второй цепочки дцДНК однозначно определяется по последовательность выбранной оцДНК
- Выбор оцДНК произволен как для людей, так и для клеточных систем. Цепочки полностью равноправны.

Геном человека

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/genome/guide/human/index.shtml

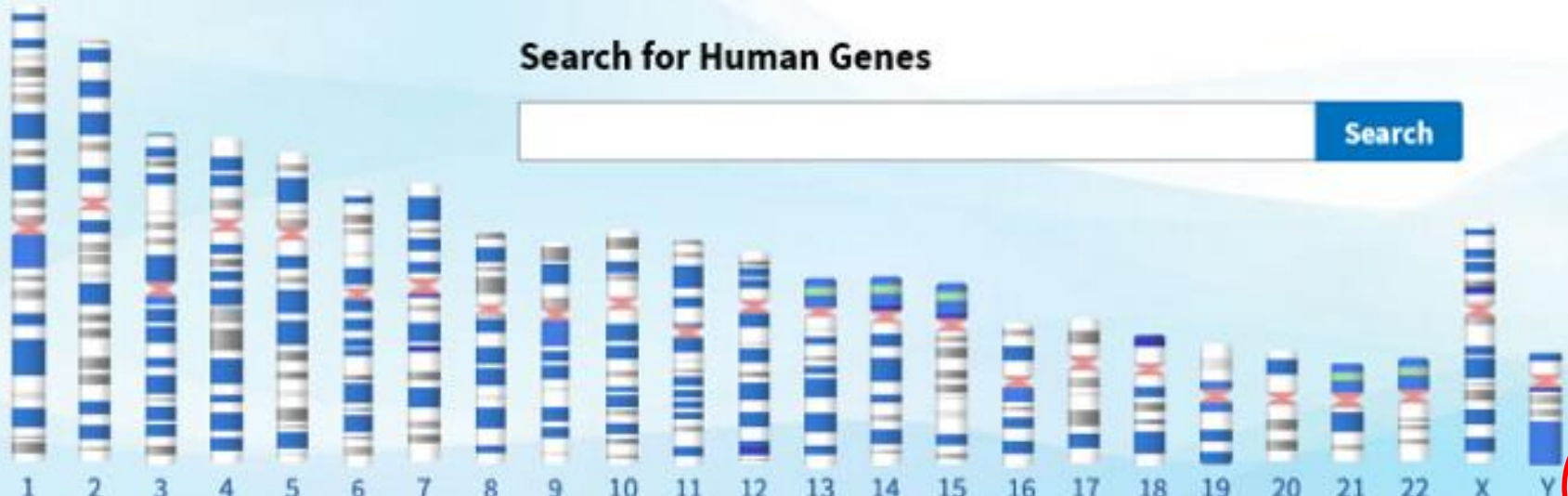
NIH U.S. National Library of Medicine NCBI National Center for Biotechnology Information

Human Genome Resources

Find View Download

Search for Human Genes

Search



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 X Y MT

Select a chromosome to access the genome data viewer

Референсный геном человека лежит в банке данных

- двадцать две аутосомы
- две половые хромосомы X и Y митохондриальная ДНК
- Митохондриальная ДНК

Итого 25 последовательностей дцДНК

около 3 миллиардов букв А, Т, G, С, т.е. пар оснований

В ядре клетки содержится такой набор хромосом

М 22 аутосомы от мамы, 22 аутосомы от папы, X, Y = 46

Ж 22 аутосомы от мамы, 22 аутосомы от папы, X, X = 46

Так выглядит в референсном геноме человека
5' конец хромосомы X

NN
NN
NN
NN
NN
NN
CCCTAACCCTAACCCTAACCCTAACCCTCTGAAAGTGGACCTATCAGCAGGATGTGGGTGGGAGCAGATT
AGAGAATAAAAGCAGACTGCCTGAGCCAGCAGTGGCAACCCAATGGGGTCCCTTTCCATACTGTGGAAGC

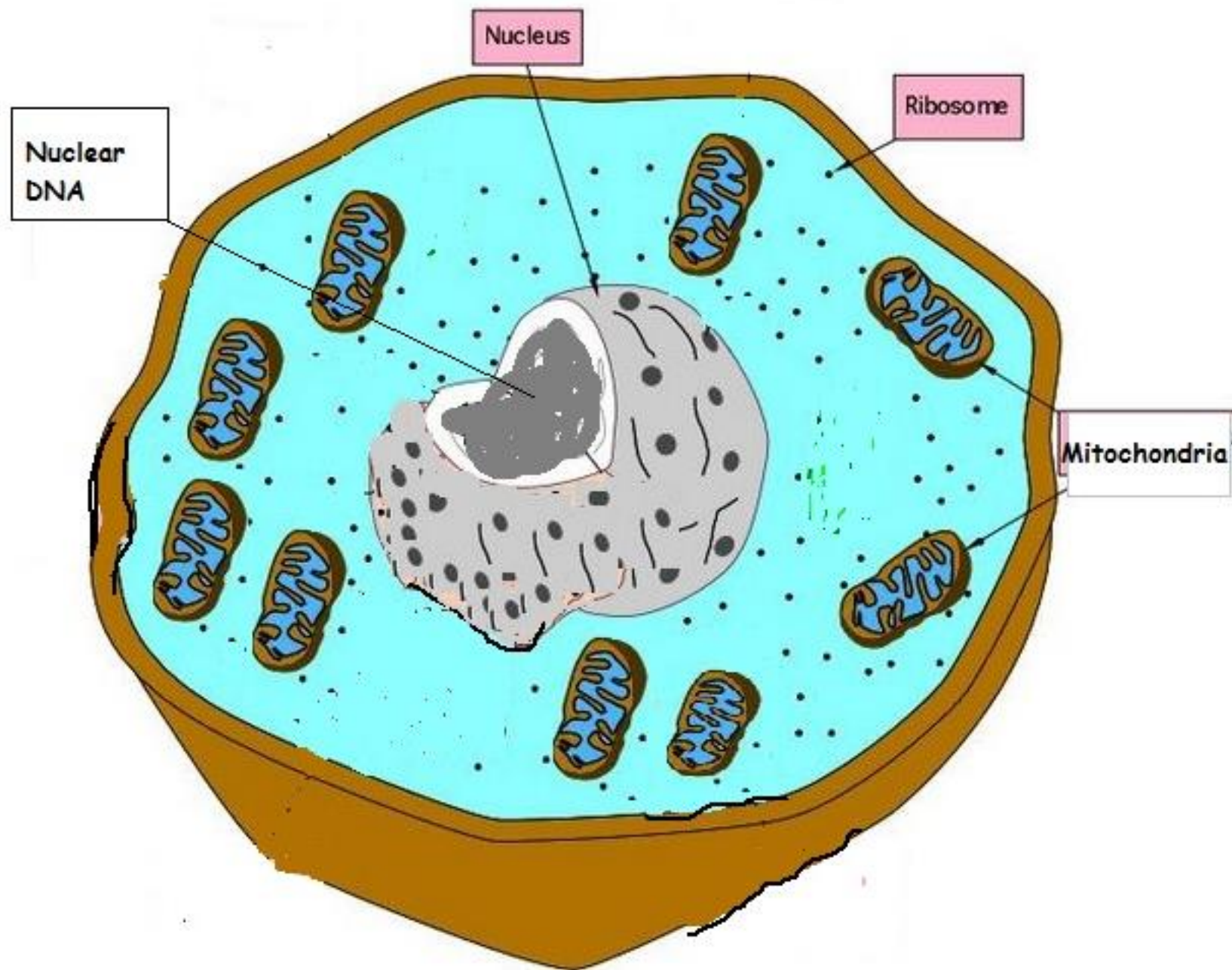
Последовательность оснований молекулы оцДНК

- Химическая формула молекулы дцДНК полностью определяется последовательностью одной цепочки ДНК.
- Последовательность любой оцДНК всегда пишется от 5' конца к 3' концу
- Последовательность оснований второй цепочки дцДНК однозначно определяется по последовательность выбранной оцДНК
- Выбор оцДНК произволен как для людей, так и для клеточных систем. Цепочки полностью равноправны.

Уточнения

В клетке человека двойной набор хромосом – от папы и от мамы

- двадцать две аутосомы, всего 44 дцДНК (в ядре)
- две половые хромосомы X и Y у мужчины (в ядре)
- две половые хромосомы X и X у женщины (в ядре)
- много митохондриальных дцДНК человека, в каждой митохондрии по одной (митохондрии не в ядре, а в цитоплазме клетки)



Где что?

Репликация ДНК в ядре

- При делении клетки происходит **репликация ДНК**. Двойная спираль расплетается, и к каждой из двух цепей пристраивается новая комплементарная цепь. Получаются **две** копии исходной двойной спирали.
- Работает комплекс белков (бригада) под названием ДНК полимераза
- К новой цепи ДНК нуклеотид может добавляться только с 3' конца

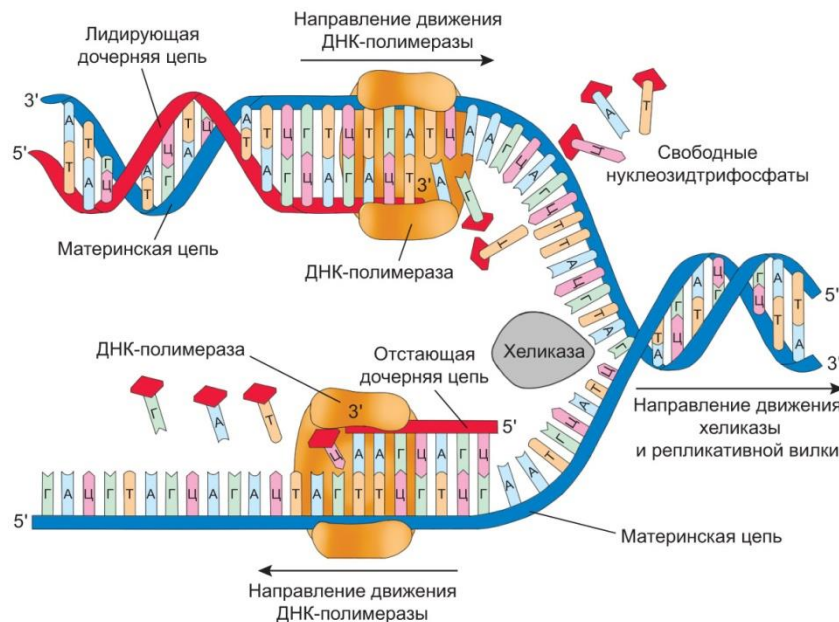
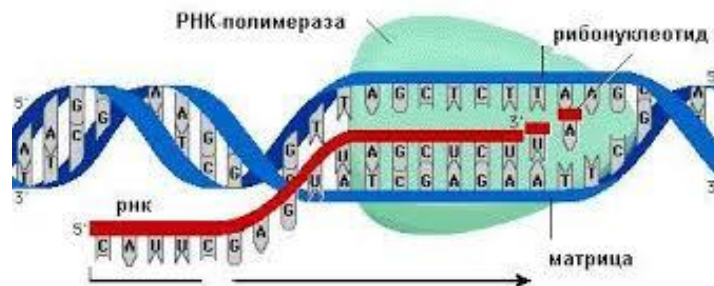
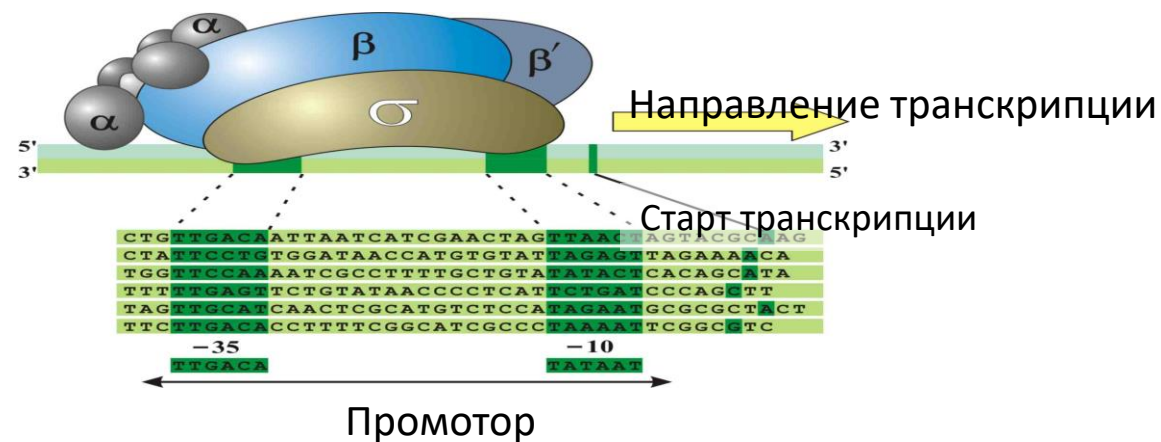
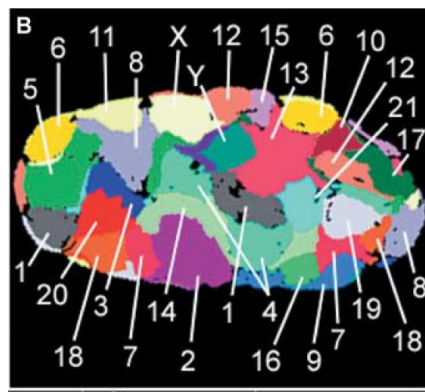


Рис. 16.4. Схема процесса репликации ДНК

http://profil.adu.by/pluginfile.php/4323/mod_book/chapter/11948/16.4.jpg

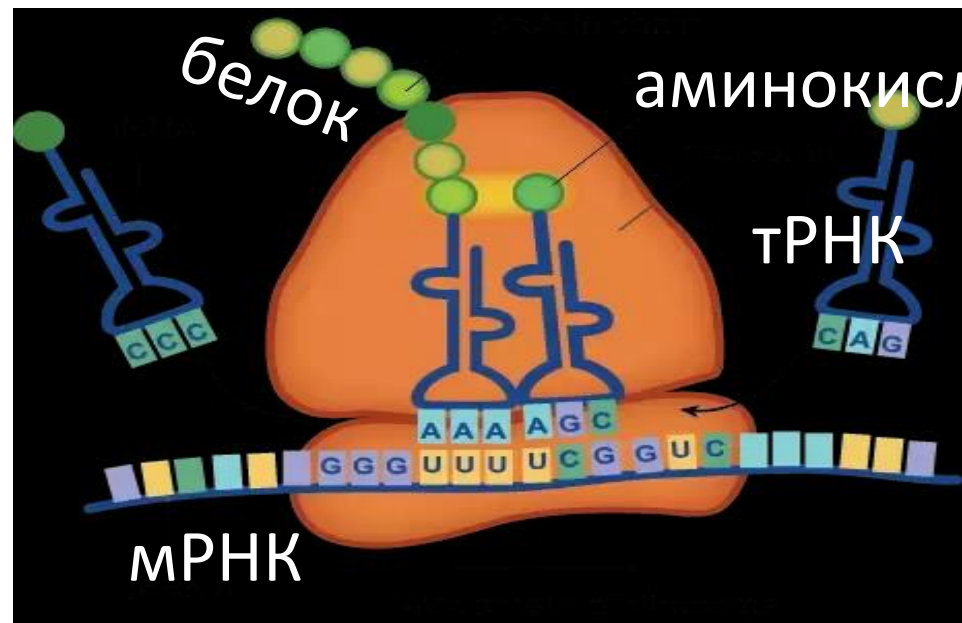
Транскрипция в ядре

- Хромосомы плотно упакованы в ядре клетки
- **Транскрипция** – переписывание гена с ДНК на мРНК происходит в ядре. Работает комплекс белков (бригада) под названием РНК-полимераза



Трансляция – синтез белка по мРНК

- Работает Рибосома – комплекс белков и РНК



Регуляция

- Из одного генома в зиготе вырастают организмы с похожими фенотипами (и психотипами!) (На лекции 1 слайд с однойцовыми близнецами)
- Можно ли зная геном предсказать фенотип человека?
- **Цвет глаз определен**, в основном двумя генами OCA2 и HERC2 на хромосомах родителей, можно предсказать, но не 100%.
Brancato et al. 2023 Forensic DNA Phenotyping: Genes and Genetic Variants for Eye Color prediction Genes (Basel).
- Мало что еще можно предсказать. Скажем, форму носа???
- Инспектор Мэгре не отказался бы.
- Когда какие клетки образуют те или иные ткани и органы. Синтезируют какие белки и в каком количестве определяется сигналами, закодированными в геноме ...
- Тема II в интервью М.Гельфанда <https://youtu.be/tKDhdsqTWKg>



Носители сигналов

- Последовательность ДНК, РНК
(-35) TTGACA (-10) TATAAT (слайд 4)
- Множественные сигналы
ориджин у бактерий
- Модификации ДНК, РНК
Метилирование цитозина в динуклеотиде CpG - эпигеномика
- Особые структуры ДНК
G-квадруплекс, Z-DNA
- Вторичная и пространственная структура РНК
- Доступность сигнала ДНК для получателя – белков (и РНК)

Кому адресованы

- Белкам
- РНК
- Комплексам белков (бригадам)
- Комплексам белков и РНК

Разнообразие геномов

От человека до вируса

Геном человека

Референсный геном человека

- двадцать две [аутосомы](#) (в ядре)
- две [половые хромосомы](#) X и Y (в ядре)
- митохондриальная ДНК человека (не в ядре – в цитоплазме клетки)
- содержат вместе около 3 миллиардов букв А, Т, Г, С, т.е. пар оснований

В ядре клетки содержится такой набор хромосом

М 22 аутосомы от мамы, 22 аутосомы от папы, X, Y = 46

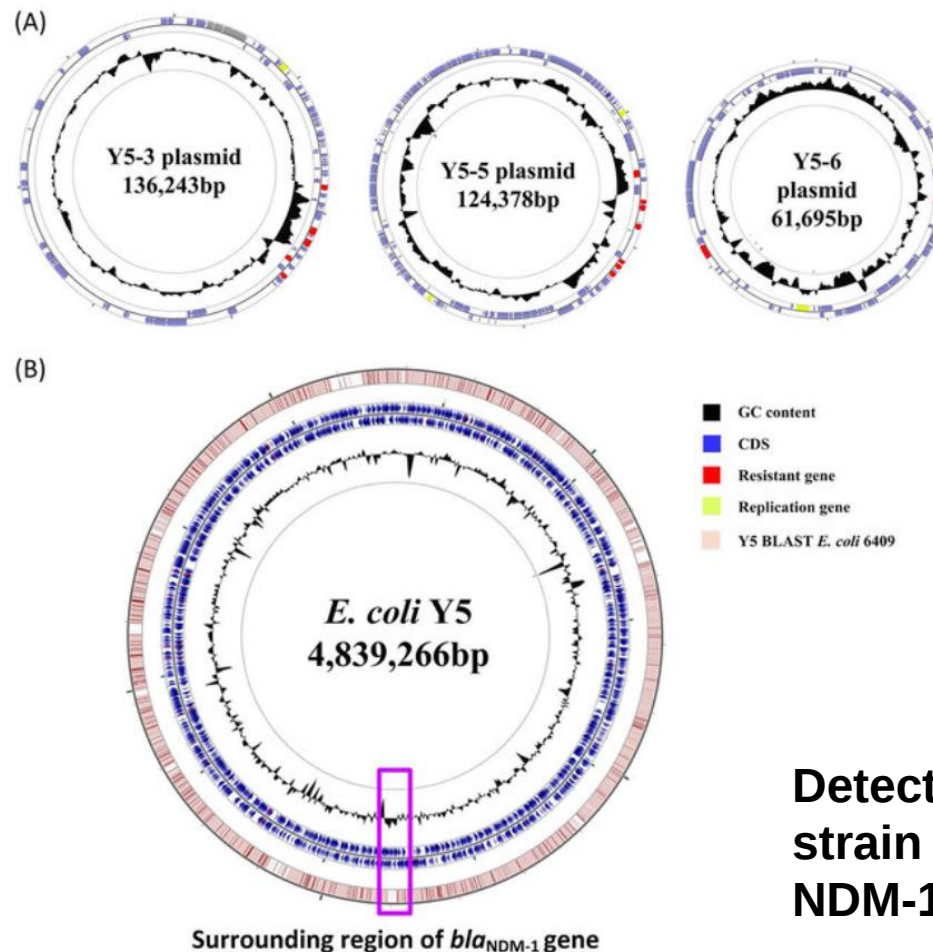
Ж 22 аутосомы от мамы, 22 аутосомы от папы, X, X = 46

Размеры генома

- палочки Коха – возбудитель туберкулеза (*Mycobacterium tuberculosis*)
 - Одна кольцевая хромосома, примерно 4,5 **миллиона** букв - пар нуклеотидов (п.н.)
- человека
 - 24 разных хромосомы 3,3 **млрд** п.н.
- ладанной сосны (*Pinus taeda*)
 - 22 **млрд** п.н.

Хромосома – одна молекула геномной ДНК вместе с белками, служащими для поддержания ее структуры (у эукариот)

Геном кишечной палочки E.coli штамм Y5. Одна хромосома 3 плазмиды



Figure

Caption

FIG 1 Circular maps of the E. coli Y5 genome and its plasmids. (A) Circular graphs of three plasmids. (B) Circular graph of the Y5 genome sequence and genome alignment. Blue arrows denote coding sequences, red arrows denote resistance genes, and replication genes are denoted by green arrows. Genome alignment between Y5 ... [Read more](#)

This figure was uploaded by [Zhi Ruan](#)

Content may be subject to copyright.

Detection of an Escherichia coli ST167 strain with two tandem copies of bla NDM-1 encoded in the chromosome

Геном бактерии

- Одна или несколько кольцевых молекул ДНК – хромосом
- Размер хромосомы порядка 1 млн п.н.
- Ноль или несколько маленьких ДНК, называемых плазмидами.
- Бактерии обитающие в одном микробиоме обмениваются плазмидами и фрагментами хромосом. Для эволюции – это неполовой способ обмена генетическим материалом
- Пример – обмен плазмидами, несущими устойчивость к антибиотикам

Геномы вирусов

Вирусы содержат инструкции на языке, понятном клеткам их хозяина. Инструкции записаны на ДНК или РНК

По этим инструкциям белки клетки хозяина создают новые вирусные частицы

Вне клеток хозяина вирусы не могут размножаться – у них нет белков, способных это сделать

Размеры геномов

- герпесвируса человека 1-го типа – 154 746 пар нукл ДНК
- вируса грипа – 13 158 нуклеотидов РНК
- вируса Эбола – 18 959 нуклеотидов РНК
- вириона веретеновидности клубней картофеля – 359 (!) нуклеотидов РНК



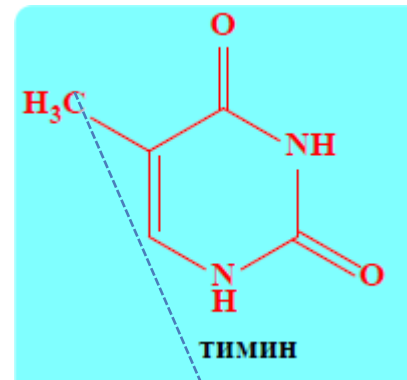
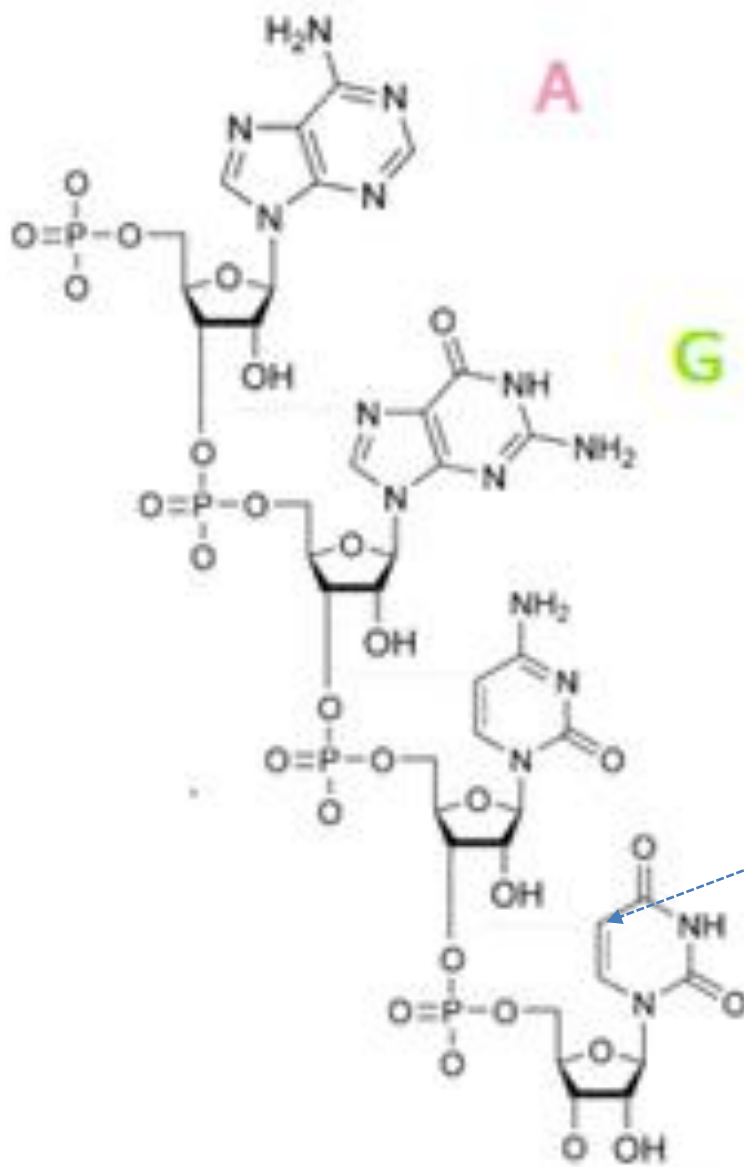
**Вот полная инструкция
вирида.**

Он даже не вирус –
только кольцевая
молекула РНК,
оболочки нет!

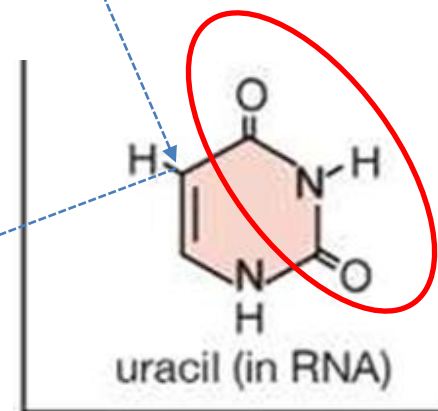
>NC_002030 Potato spindle tuber viroid, complete genome

```
CGGAAC TAAACT CGTGGT TCCTGT GGTTCACACCTGACCTCCTGAGCAGA  
AAAGAAAAAAGAAGGCGGCTCGGAGGAGCGCTTCAGGGATCCCCGGGGAA  
ACCTGGAGCGAACTGGCAAAAAAGGACGGTGGGGAGTGCCCAGCGGCCGA  
CAGGAGTAATTCCCGCCGAAACAGGGTTTTTCACCCTTCCTTTCTTCGGGT  
GTCCTTCCTCGCGCCCGCAGGACCACCCCTCGCCCCCTTTGCGCTGTCGC  
TTCGGCTACTACCCGGTGGAAACAAC TGAAGCTCCCGAGAACCGCTTTTT  
CTCTATCTTACTTGCTTCGGGGCGAGGGTGTTTAGCCCTTGGAACCGCAG  
TTGGTTCCT
```

РНК Урацил вместо тимина

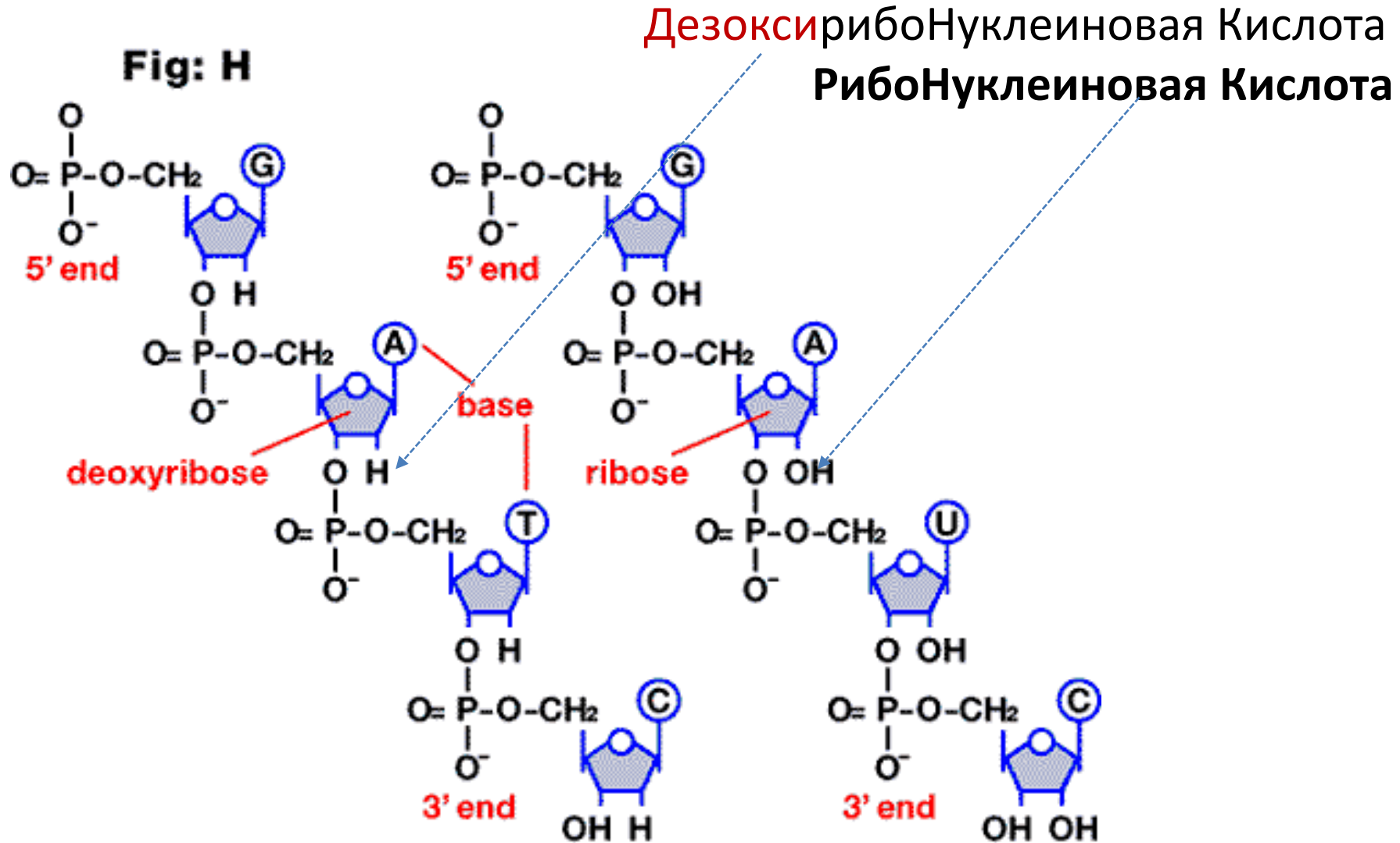


U урацил
вместо Т



U:
атоы участвующие в
образовании водородных
связей те же, что у Т !!!

РНК отличия от ДНК



Все возможные комплементарные двойные цепочки из ДНК и РНК образуются в клетках

Потому, что урацил сохраняет способность образовывать две водородные связи с аденином, так как отсутствующая у него CH_3 группа (метильная группа) не участвует в образовании водородных связей.

- ДНК-ДНК = dsDNA
- ДНК-РНК гибриды
- РНК-РНК = dsRNA

Геномы близких видов

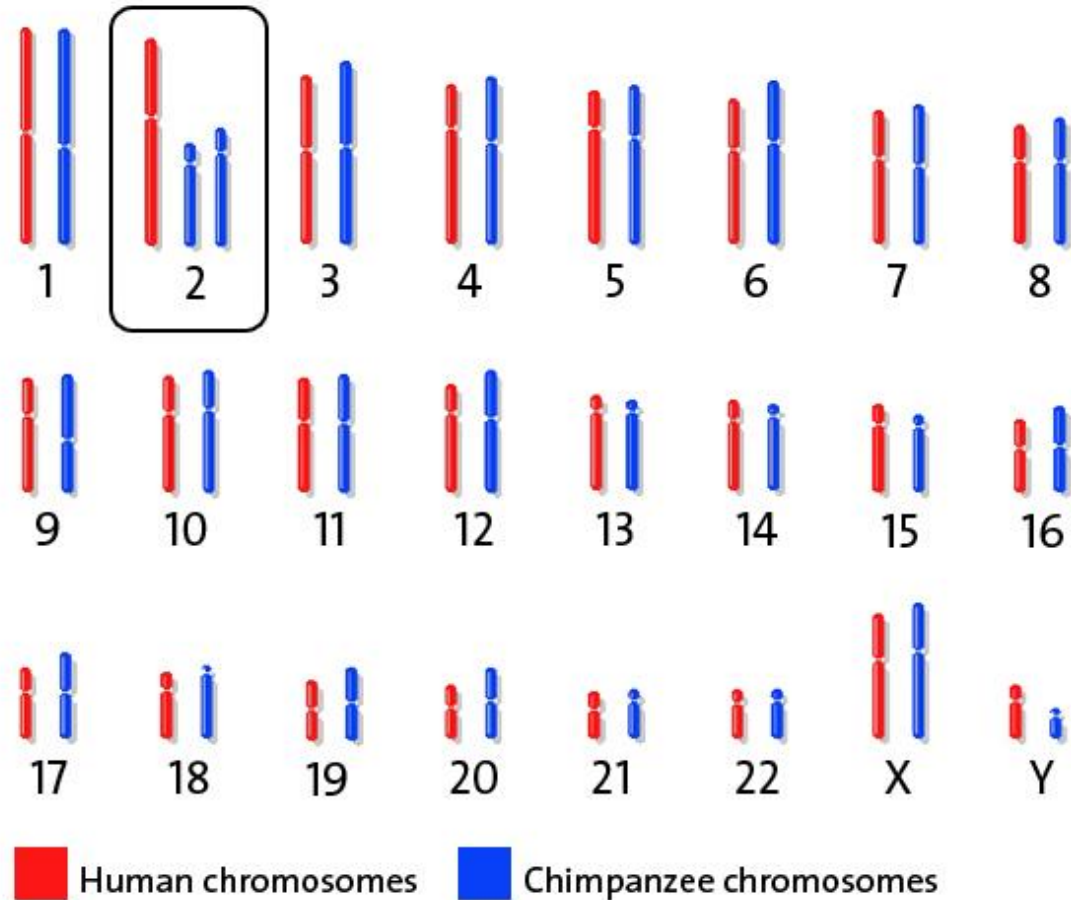
Человек

Эволюция

- Геном потомка отличается немножко от генома родителей
- Это происходит из-за случайных мутаций в ДНК
- Мутации бывают **точечными** (например, вместо С у предка стоит Т у потомка) и **крупными** (например, потеря сотни нуклеотидов у потомка)
- У эукариот отличие генома потомка получается также за счет получения ДНК и от папы и от мамы
- Вредные и слабо вредные мутации теряются в поколениях из-за отбора



Человек – шимпанзе: две хромосомы объединились в одну





Человек – шимпанзе: сравнение последовательностей

Human/1-27893

Chimp/1-27866

1939 ATTAATTTGCCCTTCTACATTTCCCTCGATG 1966
1936 ATTAATTTGCCCTTCTACATTTCCCTCGATG 1963

Human/1-27893

Chimp/1-27866

1967 AATTTTCAGGGTTGTGTTTGTTCCTTGAATCT 1994
1964 AATTTTCAGGGTTGTGTTTGTTCCTTGAATCT 1991

Human/1-27893

Chimp/1-27866

1995 TTAAATGAATTAAATAATACTTCACATAT 2022
1992 TTAAATGAATTAAATAATACTTCACATAT 2019

Human/1-27893

Chimp/1-27866

2023 CACTGTACCAAAGGCCCCAAAGGCAGGT 2050
2020 CACTGTACCAAAGGCCCCAAAGGCAGGT 2047



Человек - шимпанзе

7893
Chimp/1-27866

1734 CGTCTCAAAAAAAAAAAAAA1750
1710 CGTCTCAAAAAAAAAAAAAA1726

Human/1-27893
Chimp/1-27866

1751 A - - - - -
1727 AGAAAAGAAAAGAAAAA1743

Human/1-27893
Chimp/1-27866

1752 - - - - AGAAAAGAA AAAA1764
1744 GAAAAGAAAAGAGAAAAA1760

Human/1-27893
Chimp/1-27866

1765 AAG - TTAGGTCTTGGGT1780
1761 AAGGTTAGGTCTTTGGT1777



Человек - шимпанзе

Human/1-27893	893	9233	AAGCACAAAGGAAGCTGG	9250
Chimp/1-27866		9227	AAGCACAAAGGAAGCTGG	9244
Human/1-27893		9251	TCTCAACCTTGAGAAAACC	9268
Chimp/1-27866		9245	TCTCAACCTTGAGAAAACC	9262
Human/1-27893		9269	AATTCAACCTTTGTAAAA	9286
Chimp/1-27866		9263	AATTTAGCCTTTGTAAAA	9280
Human/1-27893		9287	CCCTCCCTACACCCCCAC	9304
Chimp/1-27866		9281	CCCTCCCTACACCCCCAC	9298

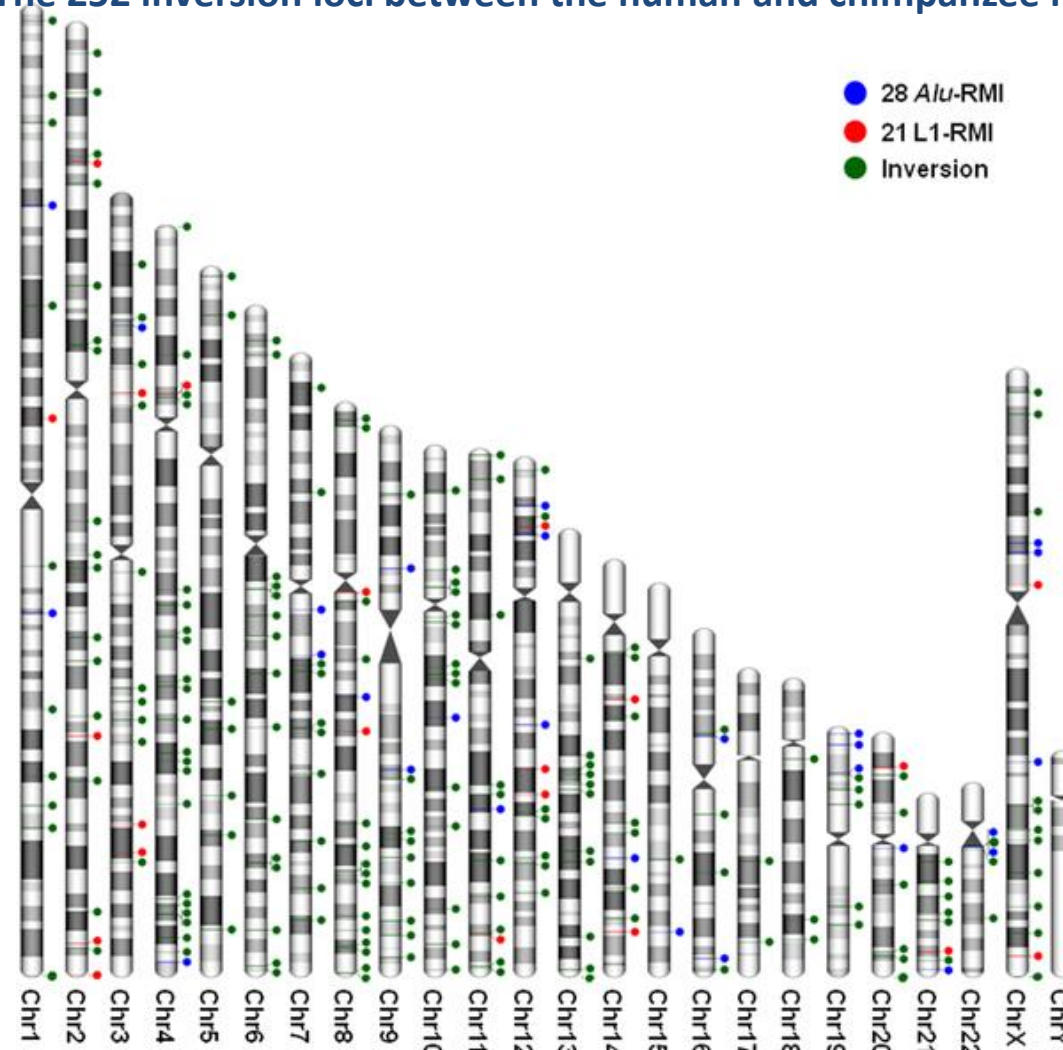


Comparison to Human Genome

	Chimp	Mouse
<i>Overall identity</i> Процент одинаковых букв	95%	28%
<i>Aligned bases</i> Процент выравниваемых участков	97%	40%
<i>Identity at aligned bases</i> Процент одинаковых букв в выровненных участках	99%	69%
<i>Identity in genes</i> Процент одинаковых букв в генах	99%	85%

Из презентации **Katherine S. Pollard**

Figure 1. The 252 inversion loci between the human and chimpanzee lineages.



Lee J, Han K, Meyer TJ, Kim H-S, et al. (2008) Chromosomal Inversions between Human and Chimpanzee Lineages Caused by Retrotransposons. PLoS ONE 3(12): e4047. doi:10.1371/journal.pone.0004047

<http://www.plosone.org/article/info:doi/10.1371/journal.pone.0004047>



Человек - шимпанзе

- Сходство **ортологичных** последовательностей ДНК - **97,7%**
- **30%** белков имеют полностью одинаковые последовательности

“Человек отличается от шимпанзе воспитанием!

Автор: ????????

Сравнение: человек - человек

- 40 млн (**40 349 879**) документированных точечных полиморфизмов (различий в геноме в выборке из 1 000 человек)
- Различие между гомологичными хромосомами (от папы и от мамы) – порядка 1 на 500-1 000 п.н.
- У С.Venter'а – **3 855 193** различий ДНК “от папы и от мамы”
- У J.Watson'а (тот, который Watson&Crick) – **3 451 328**
- Несколько десятков совсем новых мутаций у каждого новорожденного
- Различия по повторам
 - Вариабельное число простых повторов (АТТТАТТТАТТТ...) – микросателлитов
 - Вставки “живых” длинных – сотни пар нуклеотидов – повторов (примерно одна на 100 рождений)

Число нуклеотидов в геноме человека,
в которых наблюдали различие между
людьми меньше - но того же порядка! -
что и число различий между геномом
одного человека и одного шимпанзе! 😊

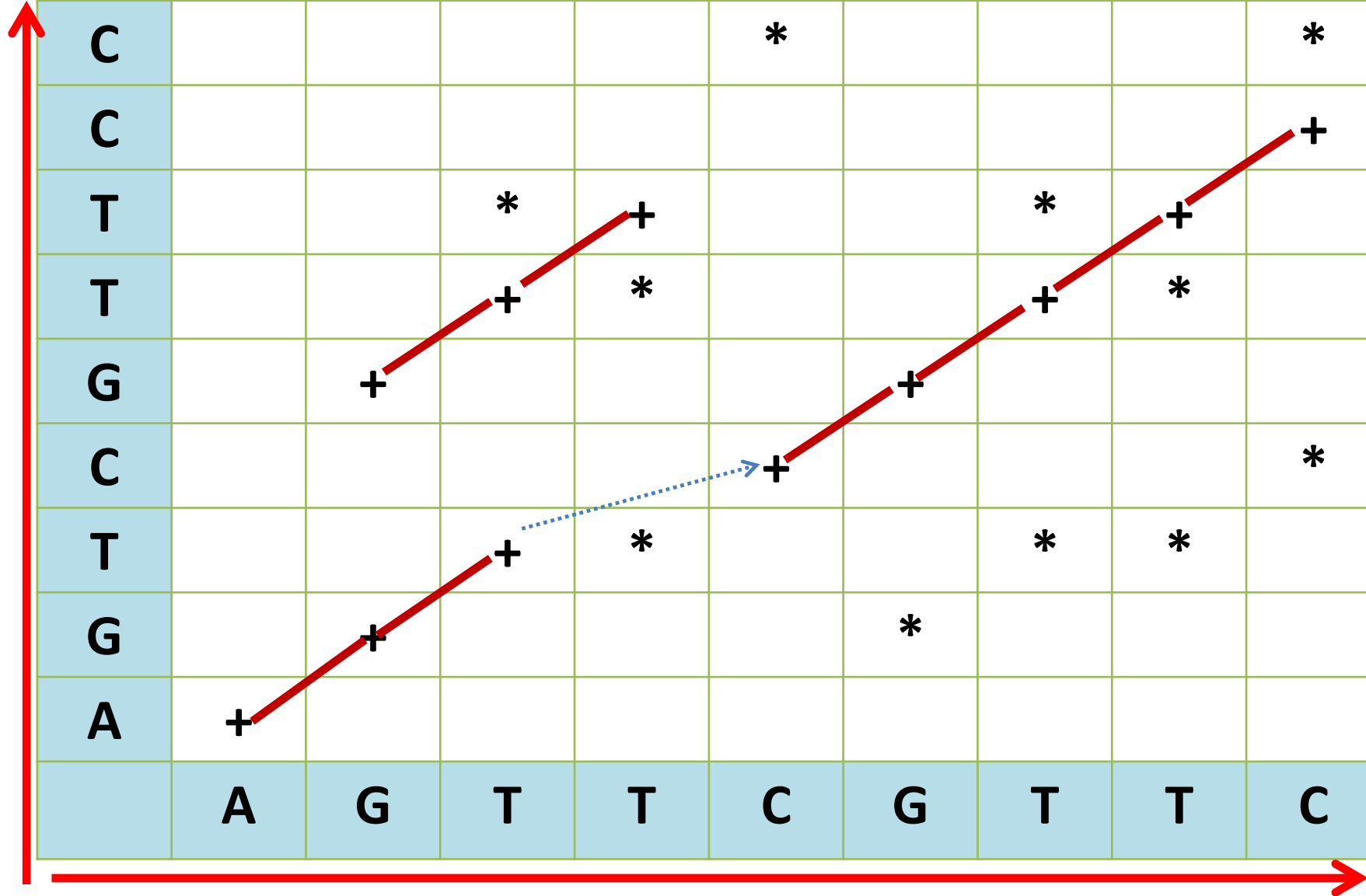
Геномы близких видов

бактерий

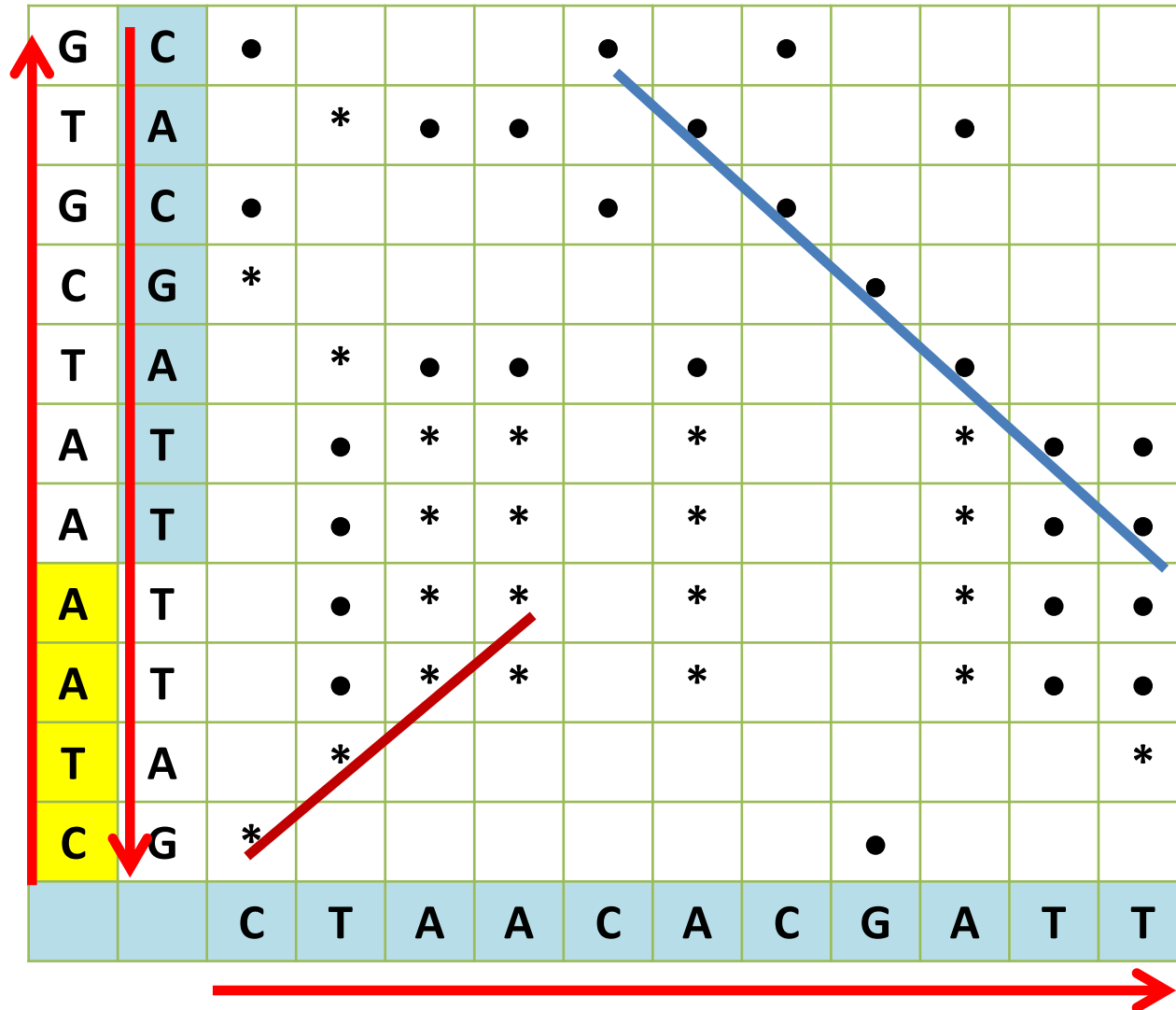
Карта локального сходства двух последовательностей ДНК

Визуализация парного выравнивание ДНК
(Dotplot)

Линии – совпадение ≥ 3 п.н.

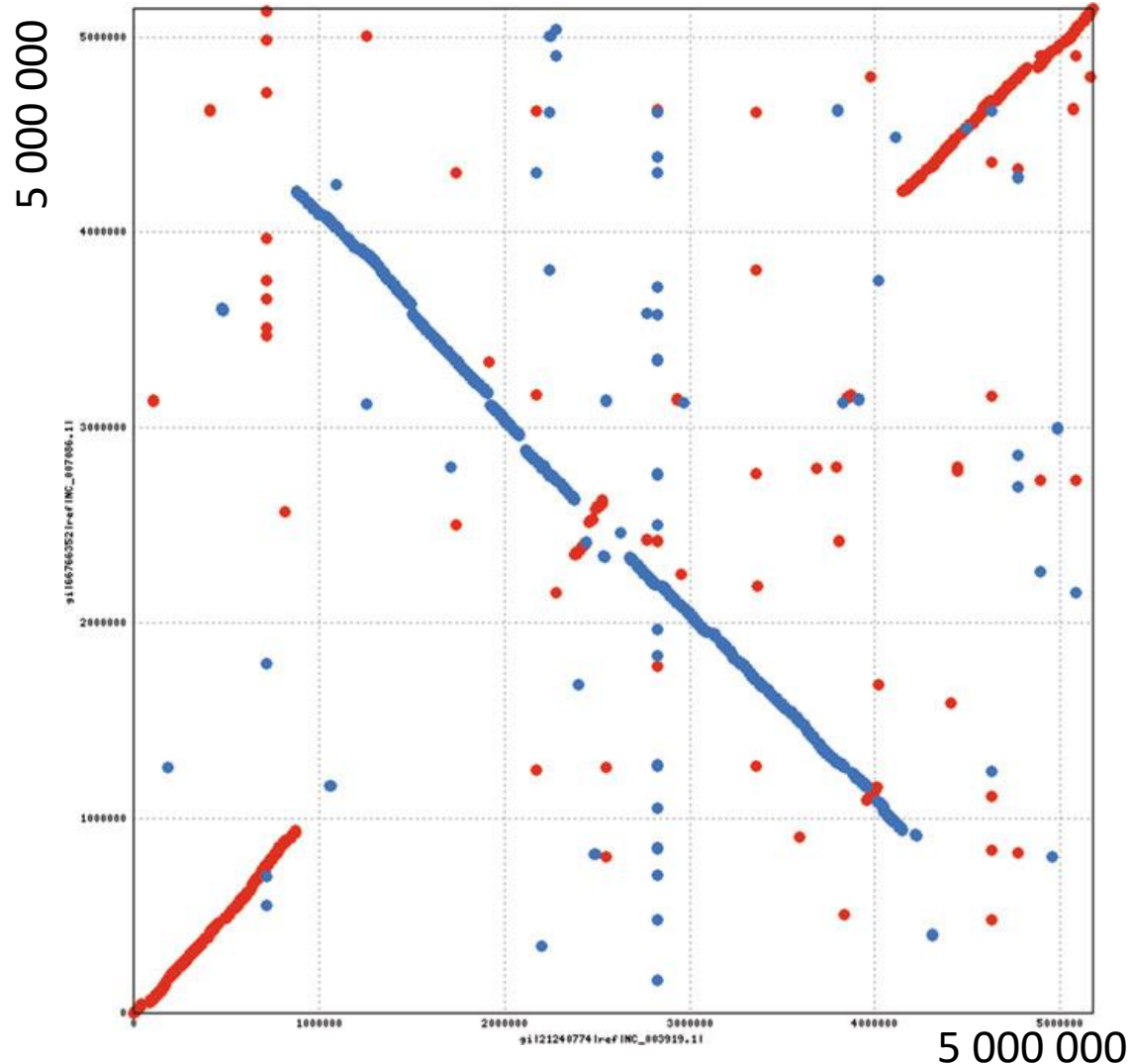


Карта сходства 2х последовательностей с учетом комплементарной цепочки (≥ 3 х совпадений)



* - совпадение буквы
на оси X с буквой на
оси Y идущей вверх

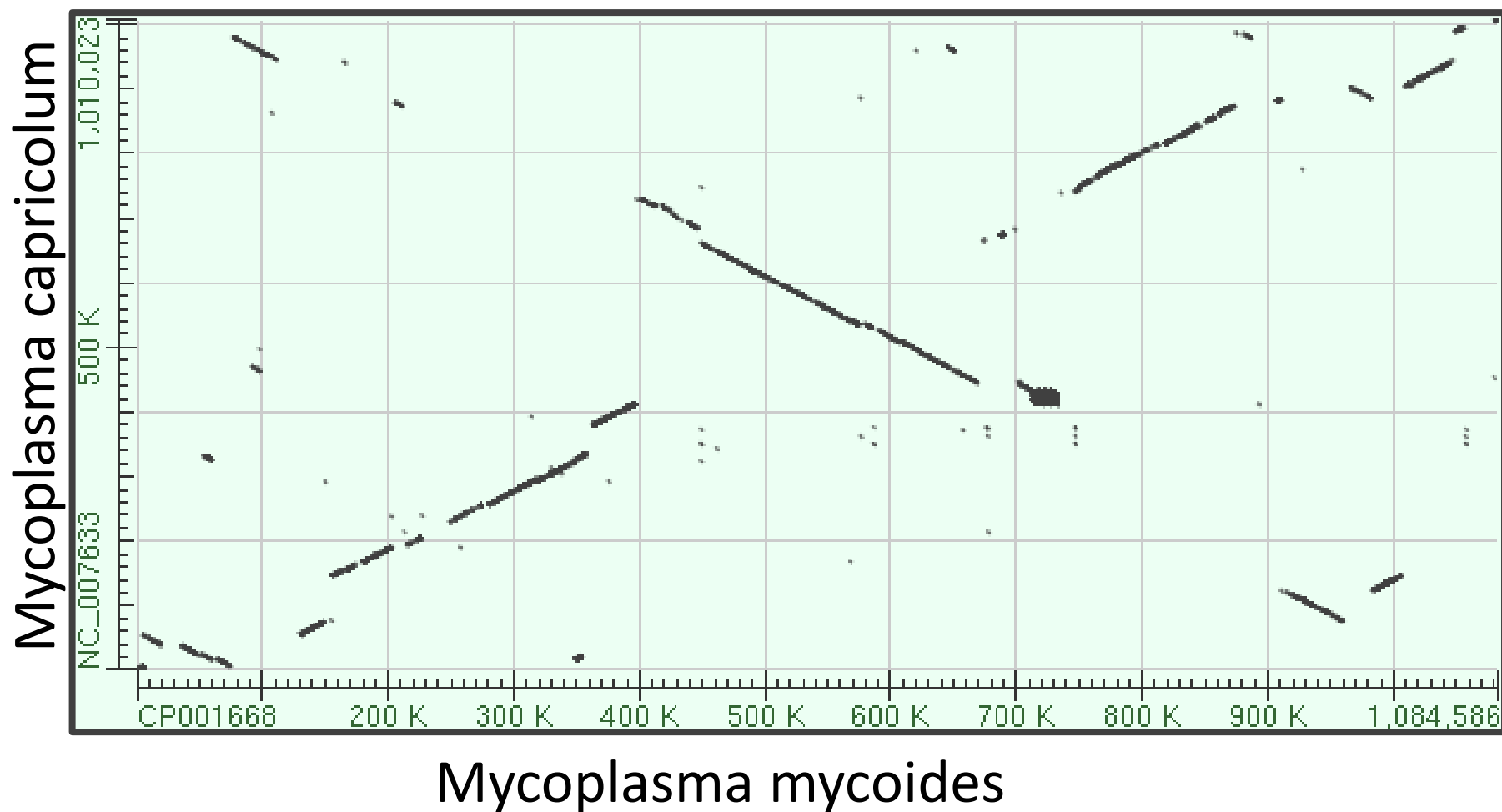
• - совпадение буквы
на оси X с буквой на
оси Y идущей вниз



Setubal JC, Almeida NF, Wattam AR.
Comparative Genomics for Prokaryotes.
Methods Mol Biol. 2018; Chapter 3

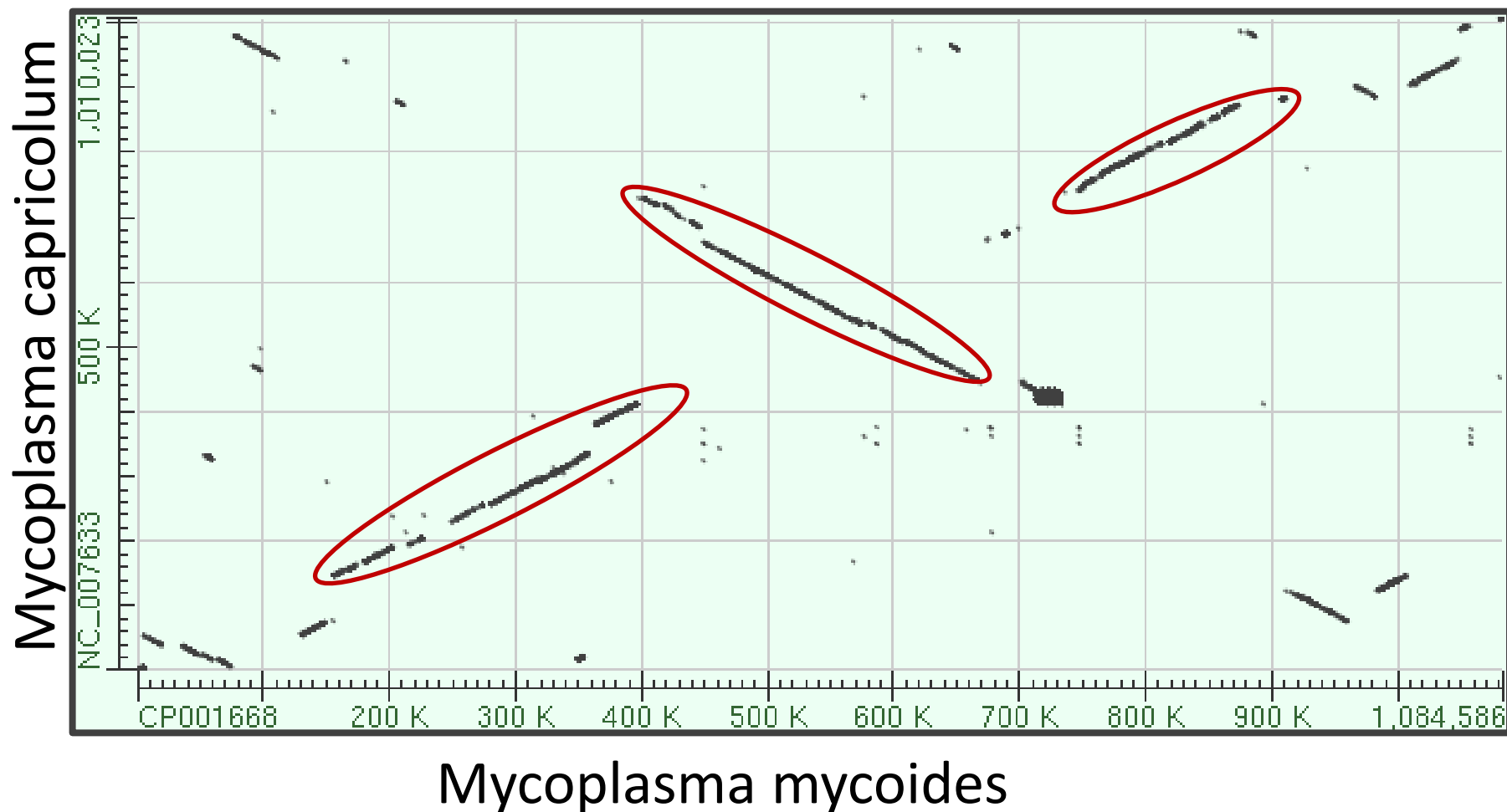
Выравнивание полных хромосом геномов двух штаммов A306 по оси X и 8084 по оси Y **бактерии** ***Xanthomonas campestris*** **Красные** точки и отрезочки показывают похожие последовательности идущие в одном и том же направлении. **Синие** показывают похожие последовательности идущие в разных направлениях в двух геномах.
Точки – не буквы а участки достоверных выравниваний найденные программой BLAST

Карта локального сходства геномов *M. capricolum* и *M. mycoides*

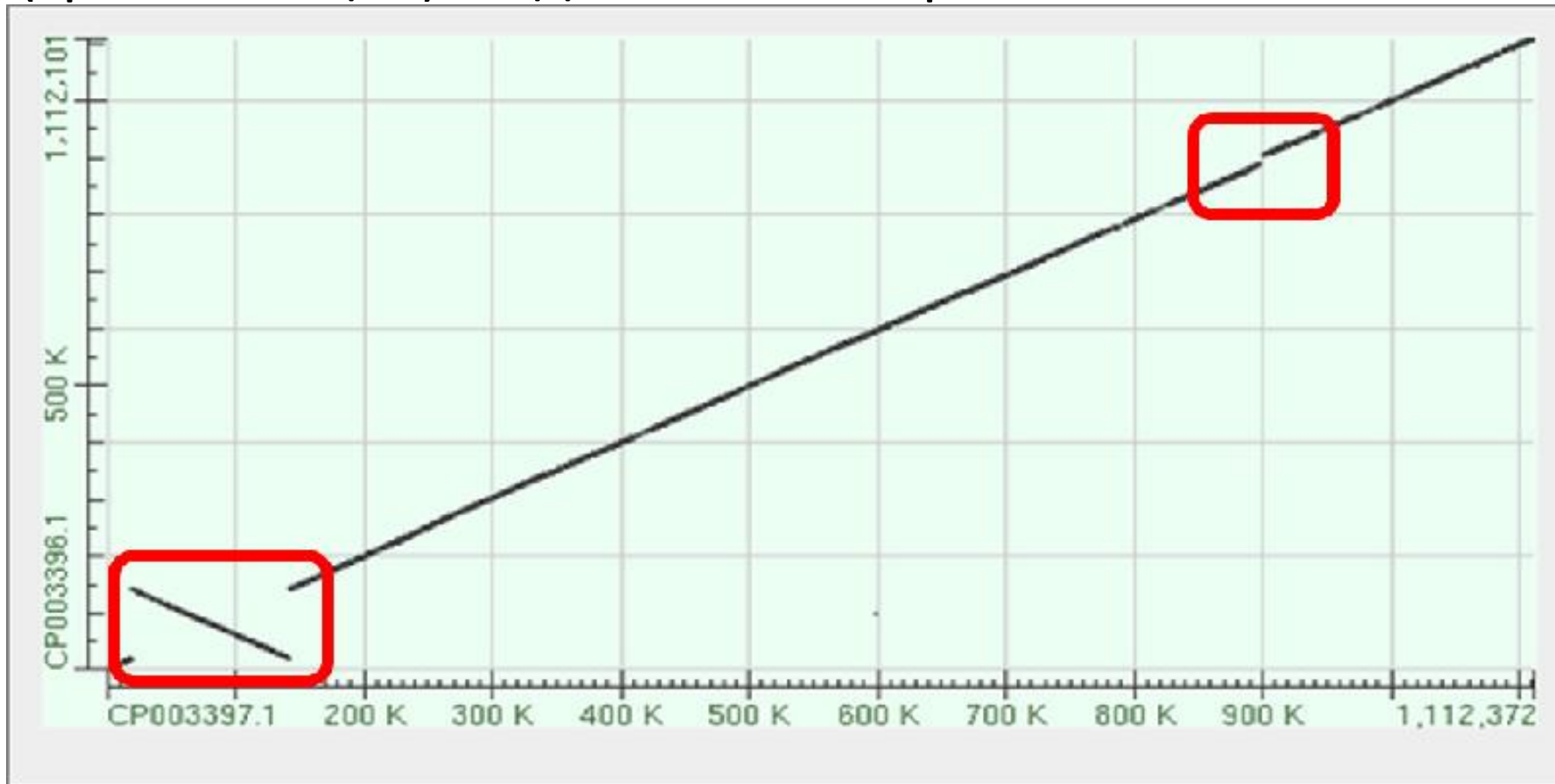


Карта локального сходства геномов *M. capricolum* и *M. mycoides*.

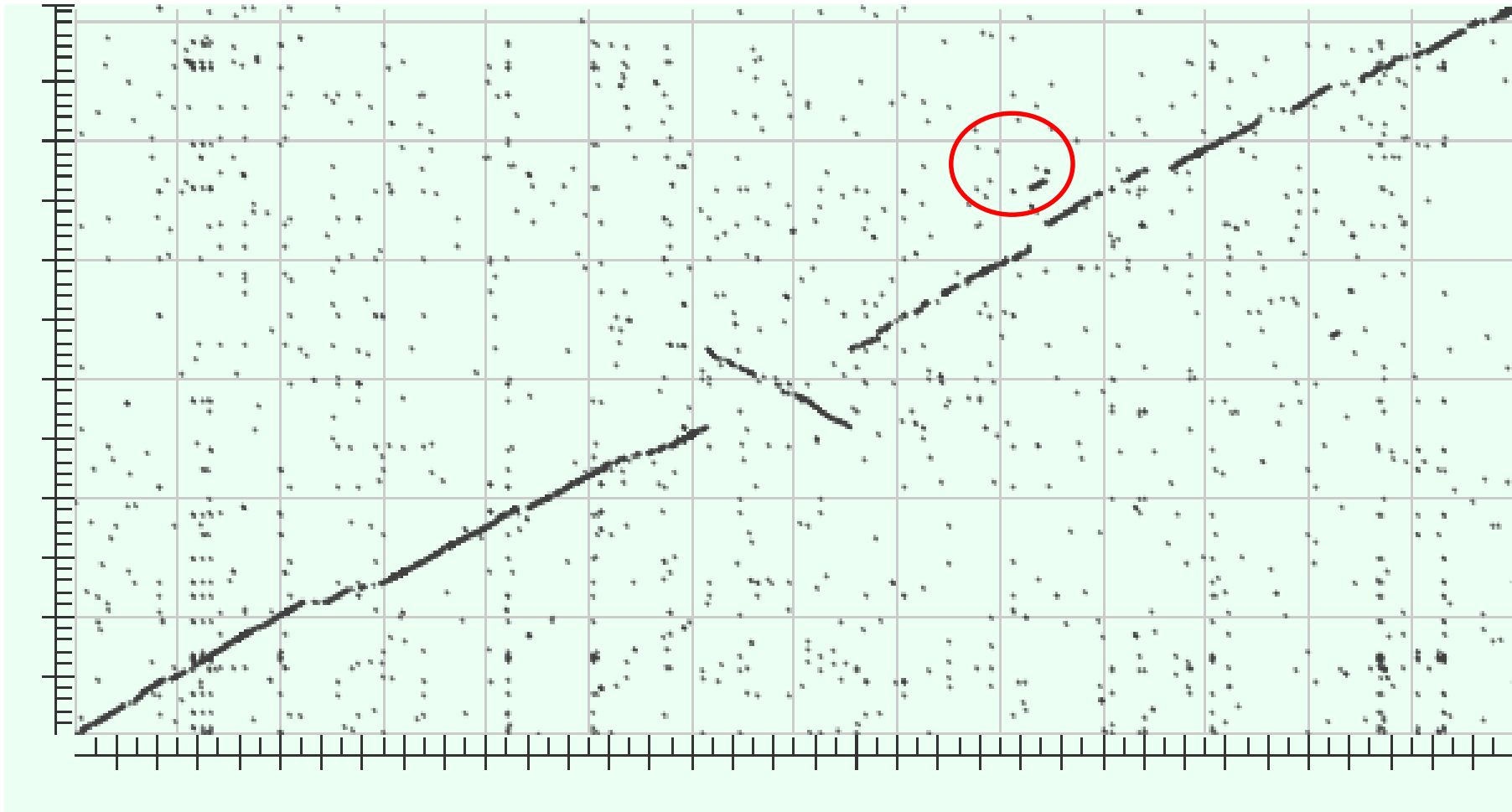
Инверсия



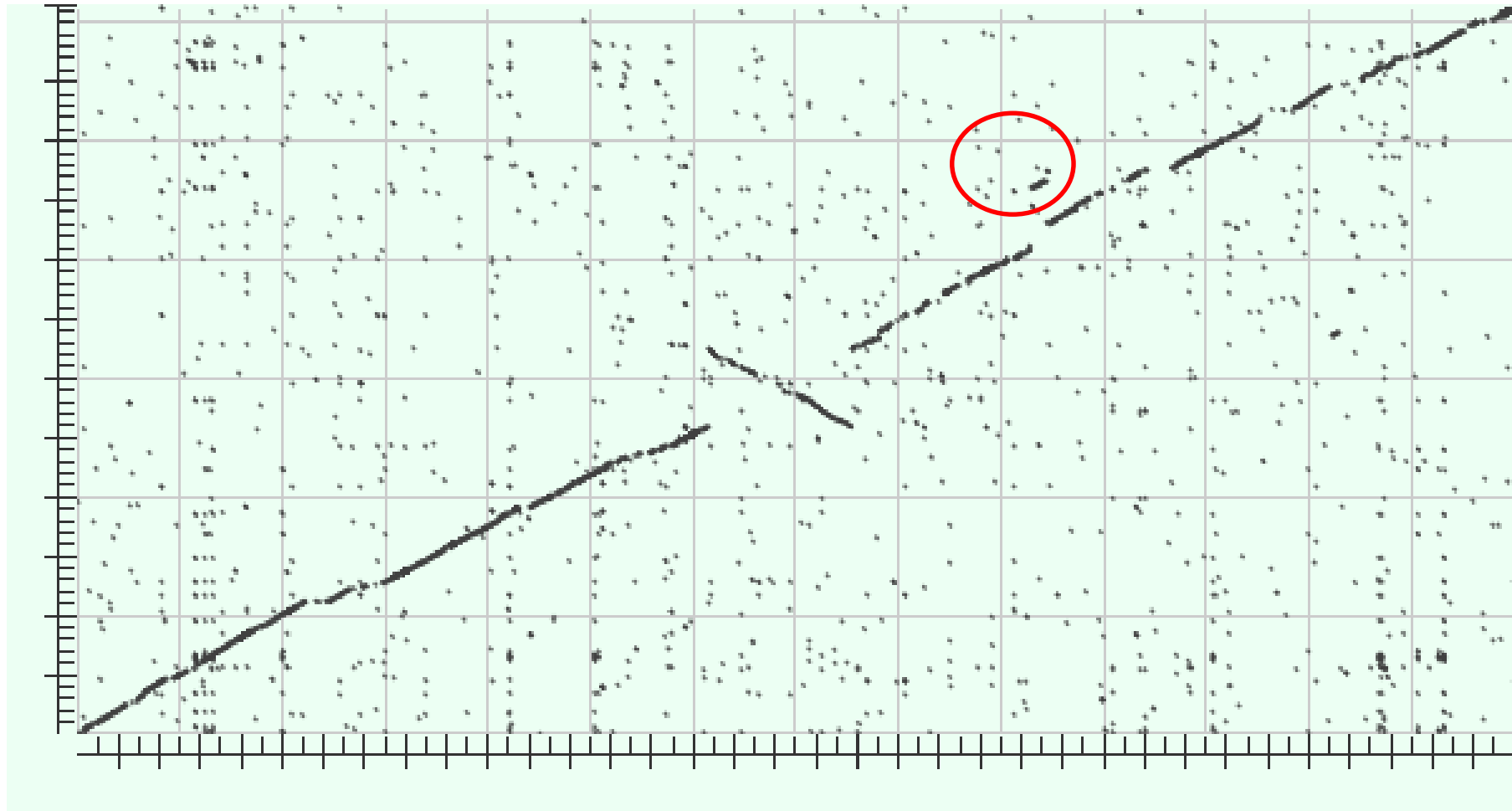
События: Инверсия на месте (*in situ*); делеция в одной из бактерий; перемещение участка ДНК в другое место (транслокация) в одной из бактерий



События: ... перемещение участка ДНК в другое место (транслокация) в одной из бактерий



События: ... перемещение участка ДНК в другое место (транслокация) в одной из бактерий



В нашей группе есть инструмент для
множественного сравнения геномов бактерий
и поиска единовременных крупных
изменений геномов

NPGeXplorer (Б.Нагаев) строит нуклеотидный
пангеном (НПГ)

Normal blocks

N NPG-explorer

Search:

43	44	45	46	
s6x3889 >	r9x105 <	-	-	
s6x3889 >	r9x105 <	-	-	
s6x3889 >	r9x105 <	h3x117 <	r9x105 <	
s6x3889 >	r9x105 <	-	-	
s6x3889 >	r9x105 <	h3x117 <	r9x105 <	
s6x3889 >	r9x105 <	h3x117 <	r9x105 <	

ce01&chr1&c_50790_51058
ce02&chr1&c_50759_51018
mi01&chr1&c_1952309_1952050
pi01&chr1&c_1537437_1537696
pi02&chr1&c_1974075_1973816

[illegible]

☐ only blocks of >= 2 fragments Search:

Clear

Global blocks

Normal blocks

	fragment	column	% ident	% GC	genes	split par	low sim	% low si	^
s6x136	6	136	100	55.14	4	0	0	0	
s6x244	6	244	99.79	63.49	4	0	0	0	
s6x313	6	313	99.04	58.99	6	0	0	0	
s6x364	6	364	99.45	50.68	5	0	0	0	
s6x376	6	376	99.73	55.54	6	0	0	0	
s6x104	6	104	99.03	36.37	6	0	0	0	
m6x15	6	15	100	66.66	5	0	0	0	
m6x1n2	6	1	0	33.33	0	0	0	0	
m6x1n5	6	1	0	83.33	5	0	0	0	
r6x128	6	128	96.48	45.34	8	1	0	0	
m6x35n1	6	35	100	65.71	5	0	0	0	
m6x5	6	5	100	40	6	0	0	0	
m6x1n1	6	1	0	83.33	3	0	0	0	
m6x1n4	6	1	0	0	0	0	0	0	
m6x1n7	6	1	0	66.66	0	0	0	0	
m6x1	6	1	0	83.33	2	0	0	0	

	2	3	4	5	6
-ce01&chr2&c	h5x119 <	s6x7434 >	h5x4355 <	s6x5318 <	-
-ce02&chr2&c	h5x119 <	s6x7434 >	h5x4355 <	s6x5318 <	-
+mi01&chr2&c	h5x119 <	s6x7434 >	h5x4355 <	s6x5318 <	h4x1245 >
+ov01&chr2&c	-	s6x7434 >	-	s6x5318 <	h4x1245 >
-pi01&chr2&c	h5x119 <	s6x7434 >	h5x4355 <	s6x5318 <	h4x1245 >
+pi02&chr2&c	h5x119 <	s6x7434 >	h5x4355 <	s6x5318 <	h4x1245 >

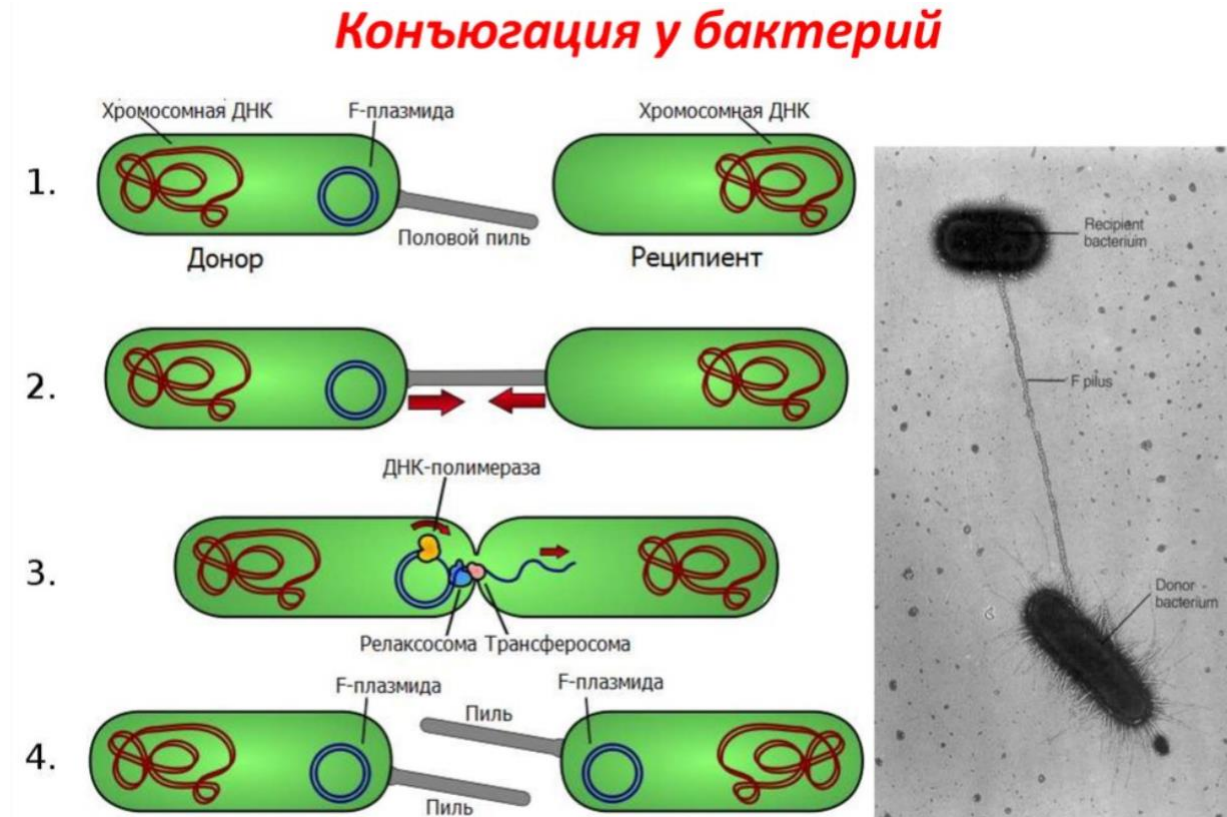
☒ show genes

	1 0				2 0				3 0				4 0				5 0				6 0																																							
	A	A	G	A	A	G	G	C	T	G	G	A	A	G	A	A	C	A	G	A	I	C	A	G	A	A	A	G	G	C	C	A	A	G	C	G	I	G	A	G	C	A	A	I	A	G	G	C	I	I	I	C	G	A	A	C	G	T	A	G
ce01&chr2&c_742942_742807	A	A	G	A	A	G	G	C	T	G	G	A	A	G	A	A	C	A	G	A	I	C	A	G	A	A	A	G	G	C	C	A	A	G	C	G	I	G	A	G	C	A	A	I	A	G	G	C	I	I	I	C	G	A	A	C	G	T	A	G
ce02&chr2&c_743268_743133	A	A	G	A	A	G	G	C	T	G	G	A	A	G	A	A	C	A	G	A	I	C	A	G	A	A	A	G	G	C	C	A	A	G	C	G	I	G	A	G	C	A	A	I	A	G	G	C	I	I	I	C	G	A	A	C	G	T	A	G
mi01&chr2&c_531771_531906	A	A	G	A	A	G	G	C	T	G	G	A	A	G	A	A	C	A	G	A	I	C	A	G	A	A	A	G	G	C	C	A	A	G	C	G	I	G	A	G	C	A	A	I	A	G	G	C	I	I	I	C	G	A	A	C	G	T	A	G
ov01&chr2&c_504718_504853	A	A	G	A	A	G	G	C	T	G	G	A	A	G	A	A	C	A	G	A	I	C	A	G	A	A	A	G	G	C	C	A	A	G	C	G	I	G	A	G	C	A	A	I	A	G	G	C	I	I	I	C	G	A	A	C	G	T	A	G
pi01&chr2&c_1058577_1058712	A	A	G	A	A	G	G	C	T	G	G	A	A	G	A	A	C	A	G	A	I	C	A	G	A	A	A	G	G	C	C	A	A	G	C	G	T	G	A	G	C	A	A	T	A	G	G	C	T	T	T	C	G	A	A	C	G	T	A	G
pi02&chr2&c_517939_517804	A	A	G	A	A	G	G	C	T	G	G	A	A	G	A	A	C	A	G	A	I	C	A	G	A	A	A	G	G	C	C	A	A	G	C	G	T	G	A	G	C	A	A	T	A	G	G	C	T	T	T	C	G	A	A	C	G	T	A	G

Эволюция бактерий

- Мутации
- DGR
- Горизонтальный перенос

Один из способов обмена ДНК между бактериями



Слайд из презентации <https://ppt-online.org/388476>, посвященной генетике бактерий.
Автор мне неизвестен. Понятная подача материала

Откуда взялась dsDNA как носитель генома?

- Носителем генома у всех живых клеточных организмов – эукариот и прокариот (архей и бактерий) является dsDNA
- Поэтому считается, что геном **LUCA = Last Universal Common Ancestor** также был записан на dsDNA.
- Носителем генома вирусов бывает и РНК, и ДНК. Но вирусы анекдот а не живые организмы. У них нет клеток с клеточной стенкой

Абсолютно у всех
клеточных организмов
геном состоит
из двуцепочечной ДНК.
А у вирусов –
что угодно!
Любые варианты,
РНК любых форм
и ДНК любых форм.



Евгений Кунин

Откуда возникла ДНК (или РНК) первого живого организма на Земле?

- НИКТО НЕ ЗНАЕТ
- Есть гипотезы
- Читайте **Евгения Кунина “Логика случая”** и его интервью последних лет
Он умный и пытается рационально подойти к решению этого вопроса.

Пока данных маловато

Из Кунина

Интервью: Что нового после издания книги?

“Эпигенетика, метагеномика. Что-то еще нового и важного?

<https://nplus1.ru/material/2018/12/04/kunin>

«Я бы остановился на этом. Для меня это два крайне важных, фундаментальных направления, получивших неожиданно большое развитие за последние семь лет. Способные сильно повлиять на будущую науку и жизнь (на самом деле они уже влияют)»

Эпигеномика это

описание химических модификаций ДНК в клетке (метилирование CpG динуклеотидов) и их наследования при делении клеток.

Одна из самых частых, и хорошо изученных модификаций – присоединение метильной группы к определенному основанию в определенной последовательности.

В геноме человека – метилирование цитозина в последовательности из двух букв **CG**
(**CpG острова**)

Метагеномика это

Секвенирование тотальной ДНК из образца, чтобы определить какие микроорганизмы обитают в определенном месте.

Делают метагеномы микробных сообществ почвы, кишечного тракта или полости рта человека, проб воды и многих-многих других микробиот.

Двойная спираль ДНК

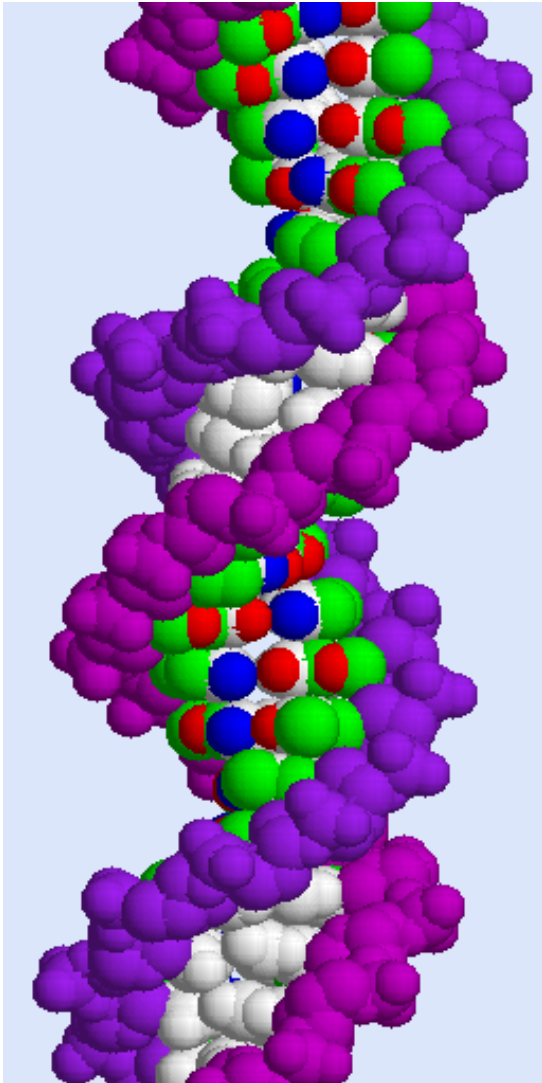


Рис. 3D структура фрагмента ДНК *in vitro*.

Получена с помощью рентгеноструктурного анализа (РСА).

Шарик = атом

Водороды не видны, т.к. маленькие и РСА их не видит

Атомы остова – фиолетовые двух оттенков чтобы различать цепочки.

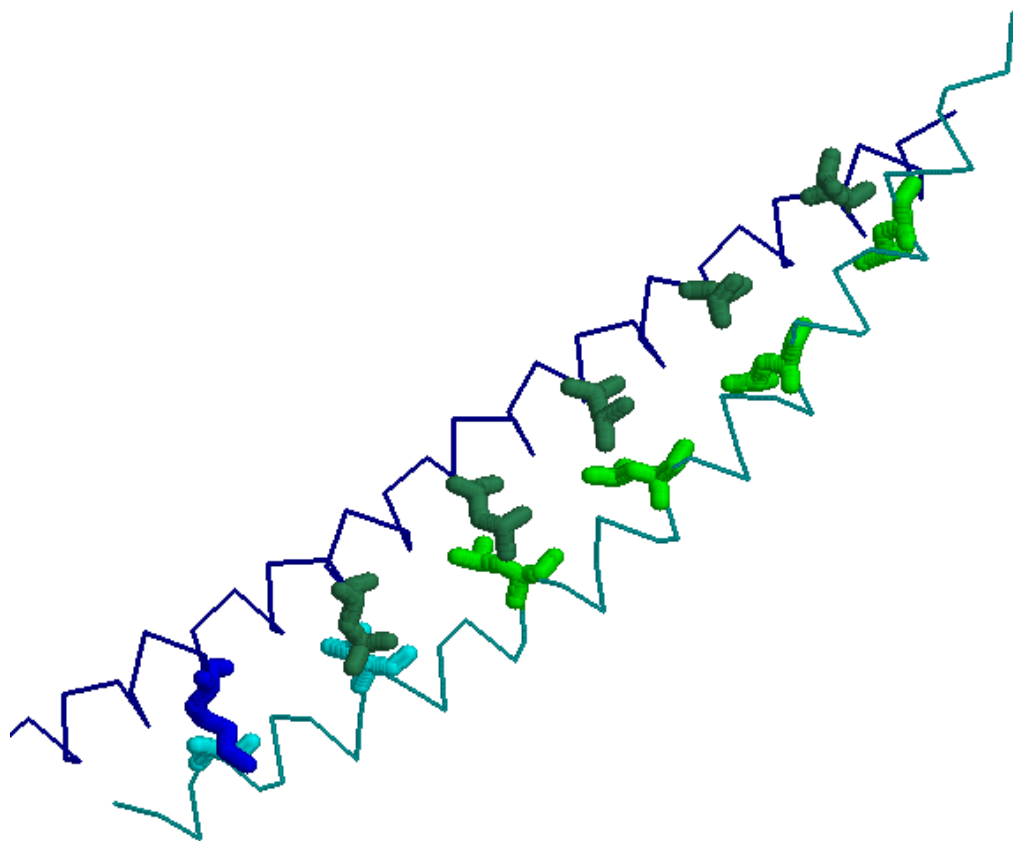
В большой бороздке **красный – кислород**, **синий – азот**, **зеленый – углерод**. Малая бороздка не окрашена

БЕЛКИ (некоторые) МОГУТ УЗНАТЬ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ УЧАСТКА ДНК по расположению N, O, C в большой бороздке. СИГНАЛЫ!



Как- то так

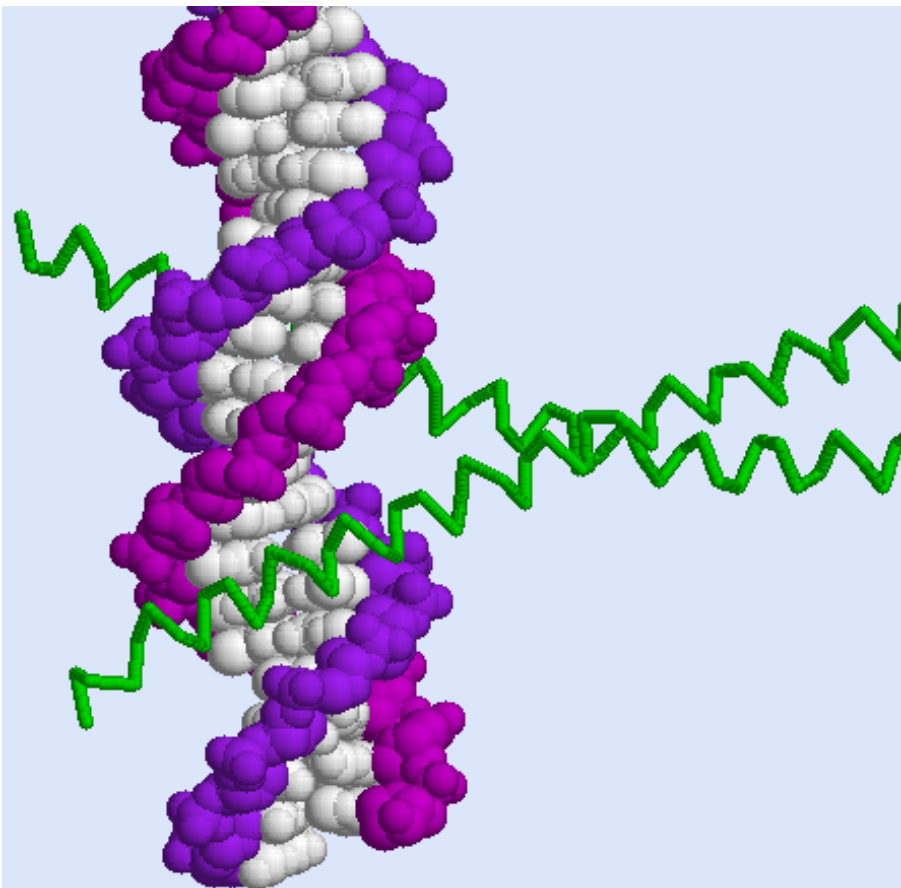
Лейциновая молния (Leucine zipper)



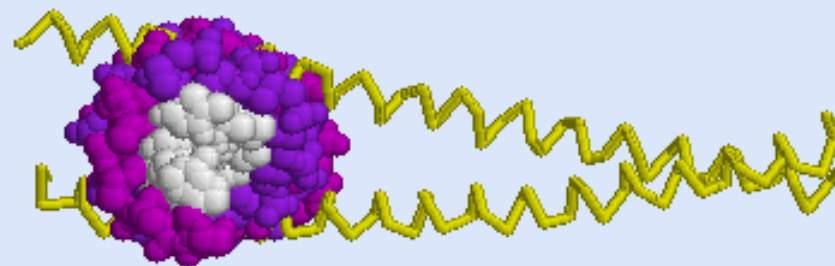
Лейциновая молния
PDB код 1ci6

Показаны каждый седьмой
остаток цепей A и B;
Leu – зеленые (A) и
темнозеленые (B)

Как 'лейциновая молния'
связывает ДНК



1NWQ: транскрипционный фактор
CCAAT/enhancer-binding protein (C/EBPs)



Как НТН, так и лейциновая молния довольно надёжно определяются по последовательности.

Лейциновая молния определяется по лейцинам в определённых позициях.

	400	*	420
SCP1_HUMAN	: LLRTEQQRL	LEKNEDQLKIL	TMELQKKSSEL : 419
SCP1_MOUSE	: LLRTEQQRL	LEKNEDQLKL	ITVELQKKSSEL : 416
SCP1_RAT	: LLRTEQQRL	ENNEDQLKL	ITMELQKKSSEL : 420
SCP1_MESAU	: LLRTEQQRL	VKNEDQLKIL	TMELQKKSSEL : 272

	*	440	*
SCP1_HUMAN	: EEMTKL	TNNKEVELEEL	LKKVLGEKETLLYE : 449
SCP1_MOUSE	: EEMTKFK	NNKEVELEEL	LKNILAEDQKLLDE : 446
SCP1_RAT	: EEMTKFK	NNKEVELEEL	LKTILAEDQKLLDE : 450
SCP1_MESAU	: DEMTKFK	NNNEVKLEEL	LKKILAEDQKLLDE : 302