

Постгеномные биотехнологии

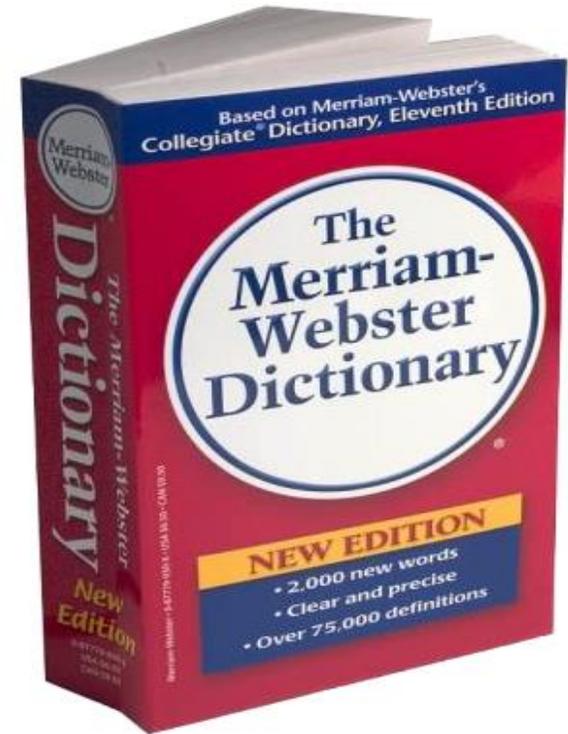


Геномика: история, направления,
тренды, востребованность

Геномика определения

Геномика – раздел биотехнологии, связанный с применением методов генетики и молекулярной биологии к генетическому картированию и секвенированию ДНК наборов генов или полных геномов выбранных организмов, с организацией результатов в базах данных и с применением данных (как в медицина или биология).

«Геномика». Словарь Merriam-Webster.com , Merriam-Webster, <https://www.merriam-webster.com/dictionary/genomics>. По состоянию на 22 января 2023 г.



Геномика - это междисциплинарная область биологии, изучающая структуру, функции, эволюцию, картирование и редактирование геномов.

Геномика». World Health Organization.
<https://www.who.int/news-room/questions-and-answers/item/genomics>



World Health Organization

WHO Science Council
Workshop Series



Accelerating Access to
Genomics Technologies for
Global Health



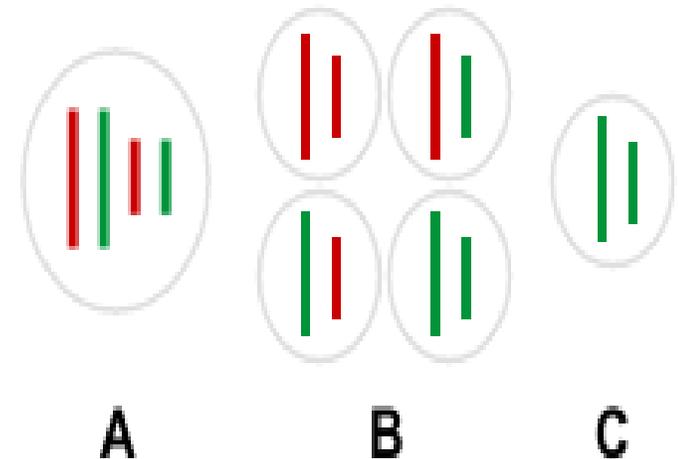
Workshop 1:
Global Health
Benefits of
Genomics
14:15h-16:00h CET, 18 Nov
2021

Workshop 2:
Technical and
Financial
Considerations
13:30-17:30h CET, 19 Nov
2021

Workshop 3:
Historical,
Ethical, Legal,
and Regulatory
Considerations
13:30-17:30h CET, 2
Dec 2021

Геномика - это изучение всей или части информации о генетической или эпигенетической последовательности организмов и попытки понять структуру и функцию этих последовательностей и последующих биологических продуктов.

«Геномика». Wikipedia.
<https://en.wikipedia.org/wiki/Genomics>

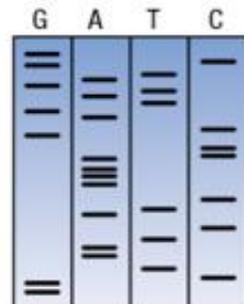
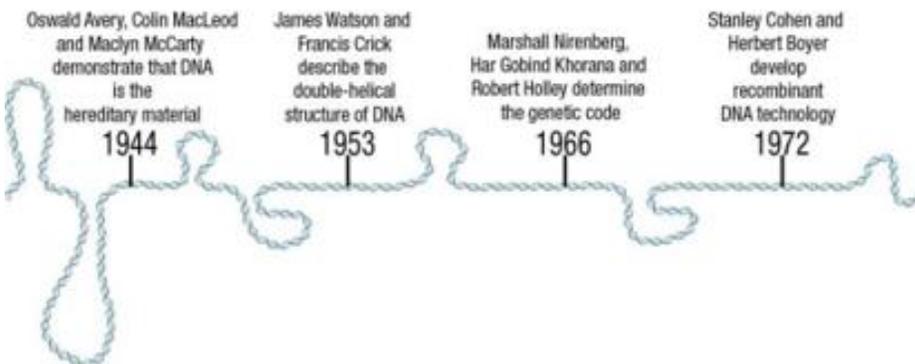
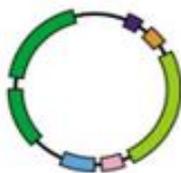


Разработка метода секвенирования

Открытие функции и структуры ДНК,
расшифровка генетического кода,
молекулярное клонирование

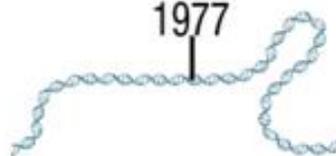


	U	C	A	G	
U	Phe Leu	Ser	Tyr sec iso	Cys cys Trp	U C A G
C	Leu	Pro	His Gln	Arg	U C A G
A	Ile Met	Thr	Asn Lys	Ser Arg	U C A G
G	Val	Ala	Asp Glu	Gly	U C A G



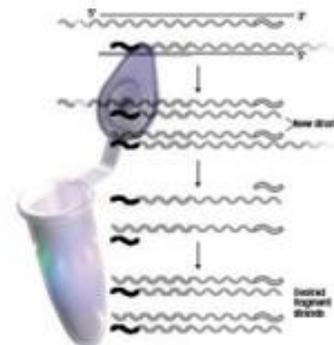
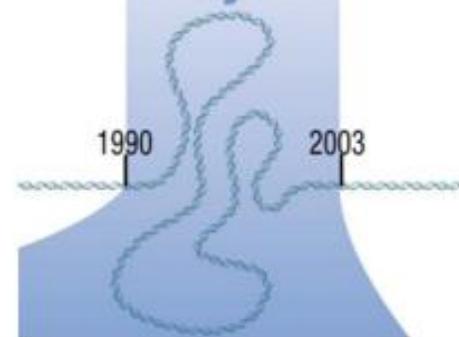
Frederick Sanger,
Allan Maxam
and Walter Gilbert
develop DNA-sequencing
methods

1977



Секвенирование геномов

Human
Genome
Project



The polymerase
chain reaction (PCR) is invented

1985



Изобретение полимеразной цепной реакции

Эксперимент Освальда Эвери, Колина Маклауда и Маклина Маккарти, 1944 год.

Эксперимент доказал, что веществом, вызывающим трансформацию бактерий, является ДНК. Это явилось первым материальным доказательством роли ДНК в наследственности.

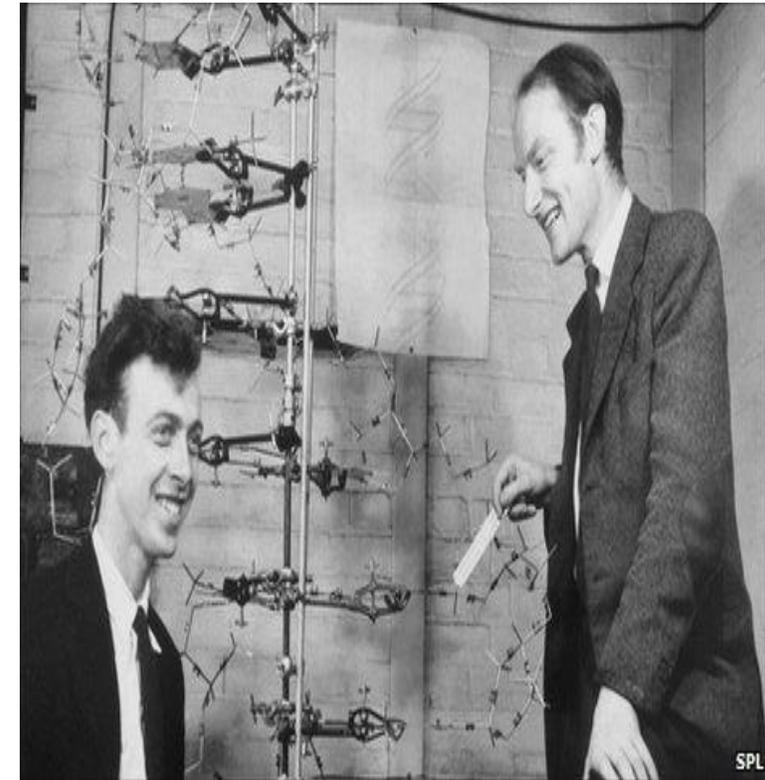
Химический анализ показал, что соотношение углерода, водорода, азота и фосфора в полученном осадке соответствует соотношению этих же элементов в молекуле ДНК. Для подтверждения того, что действующим началом трансформации является именно ДНК, а не РНК, белки или другие компоненты клетки, Эвери с сотрудниками обработали смесь трипсином, химотрипсином, рибонуклеазой, но эта обработка никак не влияла на трансформирующие свойства. Лишь обработка ДНКазой приводила к разрушению трансформирующего начала. Таким образом было установлено, что действующим началом бактериальной трансформации является дезоксирибонуклеиновая кислота (ДНК).



Открытие Джеймсом Уотсоном и Фрэнсисом Криком двойной спирали ДНК, 1953 год.

Открытие стало важной вехой в истории науки и дало начало современной молекулярной биологии, которая в значительной степени занимается изучением того, как гены контролируют химические процессы внутри клеток. Помогло создать новые научные методы, в частности исследования рекомбинантной ДНК, генную инженерию, быстрое секвенирование генов и моноклональные антитела, методы, на которых основана сегодняшняя биотехнология.

Крик и Уотсон на раннем этапе своей карьеры осознали, что получение подробных знаний о трехмерной конфигурации гена является центральной проблемой молекулярной биологии. Это означало выполнение трудной интеллектуальной задачи по погружению во все задействованные области науки: генетику, биохимию, химию, физическую химию и рентгеновскую кристаллографию. Опираясь на результаты экспериментов других (они не проводили собственных экспериментов с ДНК).



Расшифровка генетического кода Робертом Холли, Харом Кораной и Маршаллом Ниренбергом, 1966 год.

Экспериментально доказана связь между генами, хранящими информацию о структуре белка и процессом сборки этих белков.

Раскрыта роль РНК - главного посредника, переносящего информацию о структуре белка из ядра клетки в цитоплазм.

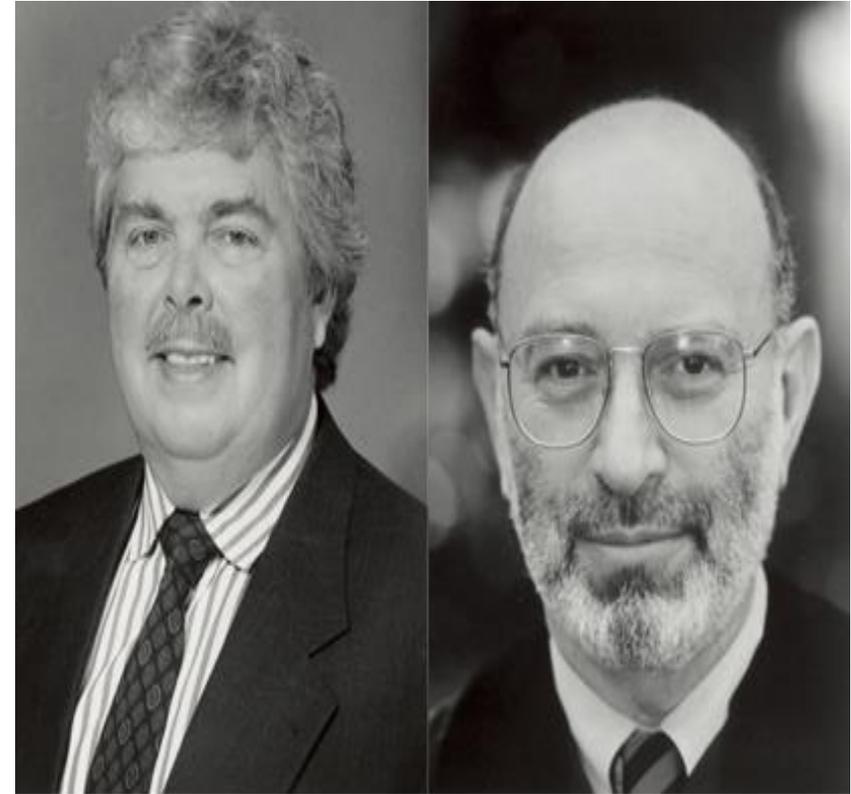
Р.Холли, Х.Корана и М.Ниренберг синтезировали цепи ДНК и РНК, и выявили триплеты, служащие сигналом к началу и концу биосинтеза специфического белка. Им удалось установить, что транспортная РНК имеет две структуры: первичную и вторичную, а также выяснить что они из себя представляют. Именно эта система обеспечивает правильное расположение аминокислот в составе белка.



Герберт Бойер и Стэнли Норман Козн получили первый организм, содержащий рекомбинантную ДНК, 1973 год.

Успешно перенесены гены инсулина человека кишечной палочке (*Escherichia coli*). Инсулин оказался первым белком, полученным для коммерческих целей, с использованием технологии рекомбинантной ДНК.

Исследования Козна в 1972 году, в сочетании с исследованиями Пола Берга и Герберта Бойера, привели к разработке методов для объединения генов и генной трансплантации. Это открытие ознаменовало рождение генной инженерии.



Секвенирование Максама-Гилберта, 1977 год.

Секвенирование Максама-Гилберта было первым широко распространенным методом секвенирования ДНК и, наряду с дидезокси-методом Сэнгера, представляет собой первое поколение методов секвенирования ДНК.

Секвенирование Максама-Гилберта больше не используется широко. его заменили методы секвенирования следующего поколения.



Allan Maxam



Walter Gilbert

Геномная эра vs постгеномная эра

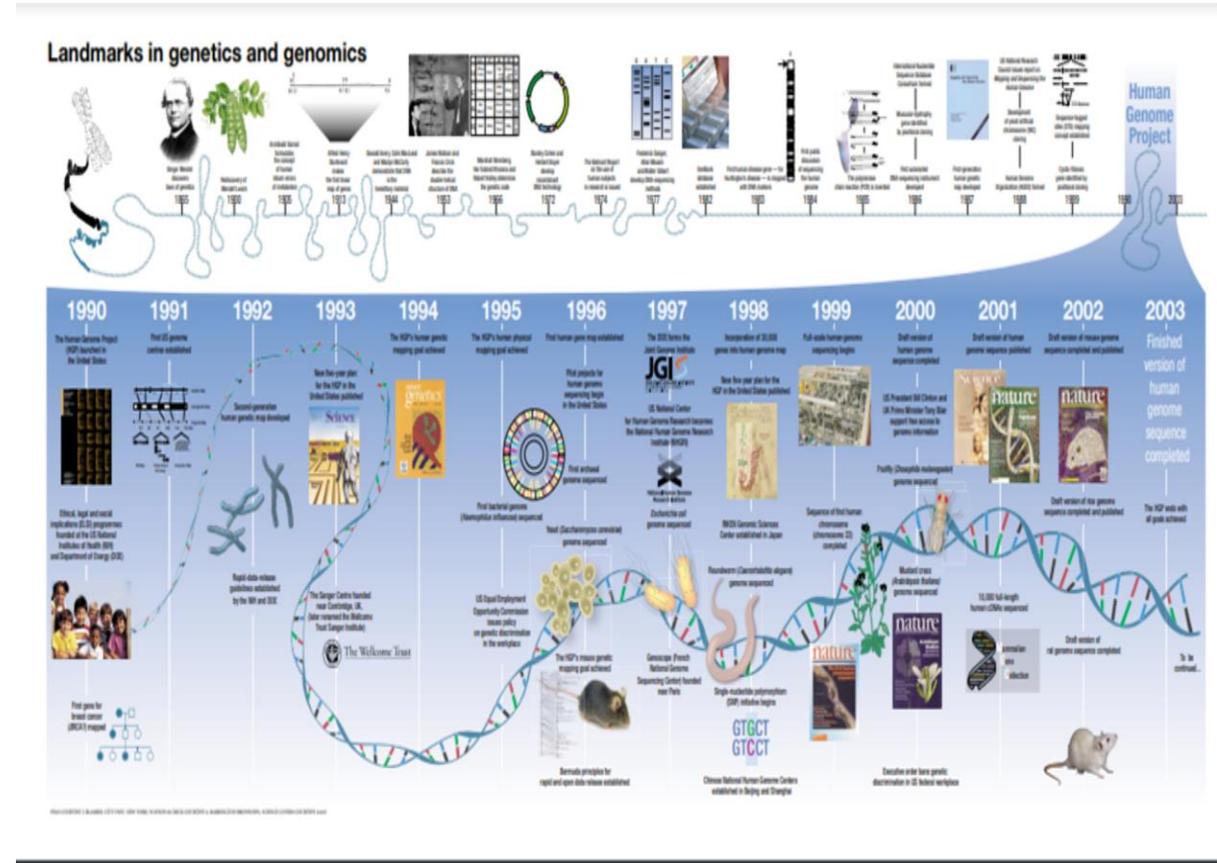
В зависимости от развития геномики выделяют геномную эру и постгеномную эру.

1986 год.

Геномная эра отмечена секвенированием организмов, пониманием болезней на молекулярном уровне, производством специфических и безопасных лекарств, ранней диагностикой генетических нарушений и геномным анализом.

2003 год.

Постгеномная эра отмечена наличием базы данных геномов для определения функций генов и лучшего понимания регуляторных механизмов.

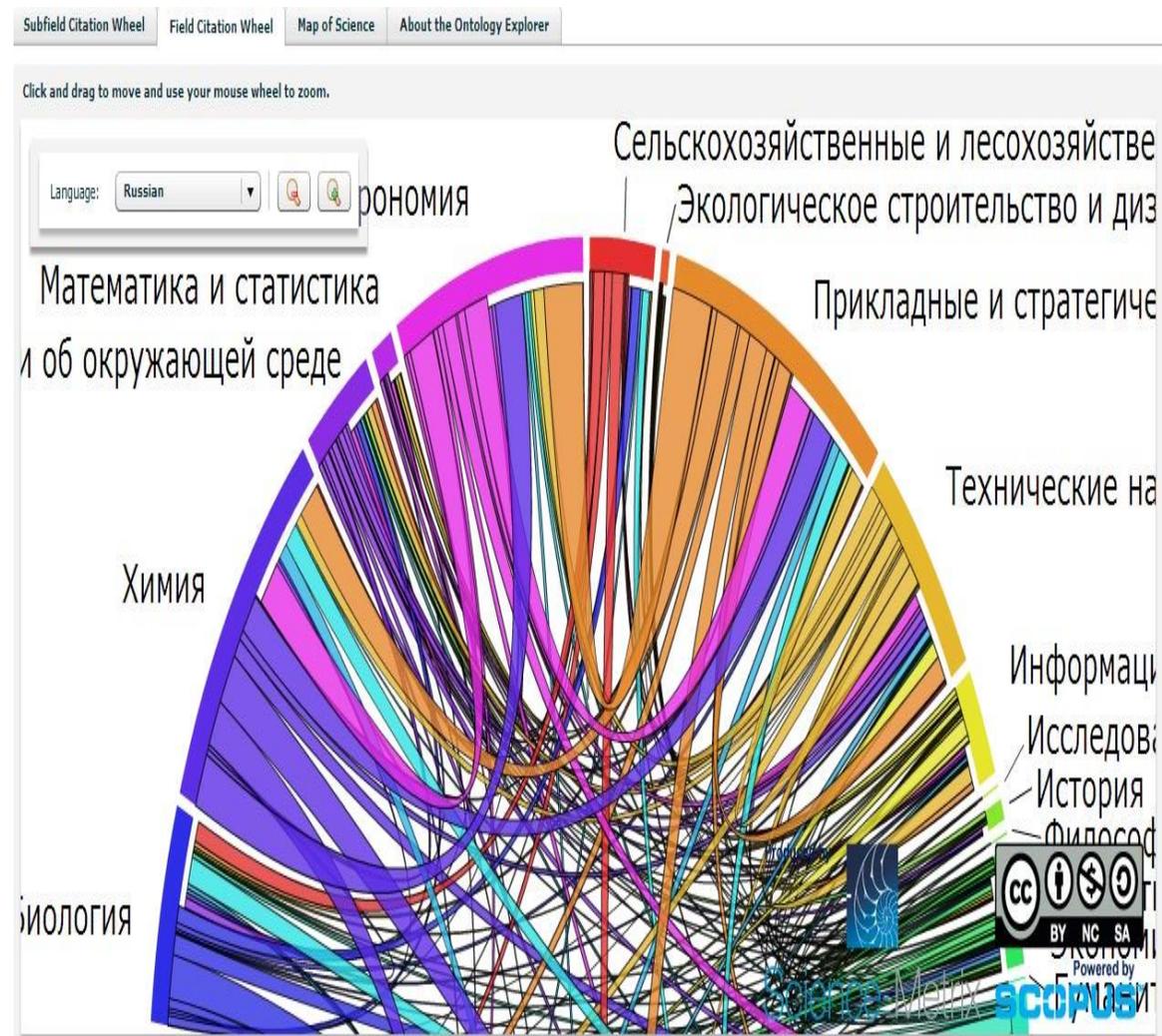


Генетика vs геномика

Генетика	Геномика
Генéтика - раздел биологии, занимающийся изучением генов, генетических вариаций и наследственности в организмах.	Геномика - раздел биологии, посвященный изучению полного генома организма при помощи определения последовательности, сборки и анализа функций и структуры его ДНК.
Генетика изучает наследственность.	Геномика — это изучение всех генов организма.
«Ген» относится к определенной последовательности ДНК на одной хромосоме.	«Геном» относится ко всей генетической структуре организма.
Генетика включает изучение функций и состава одного гена.	Геномика изучает функции всех генов организма в их взаимодействии.

Связь геномики с другими науками

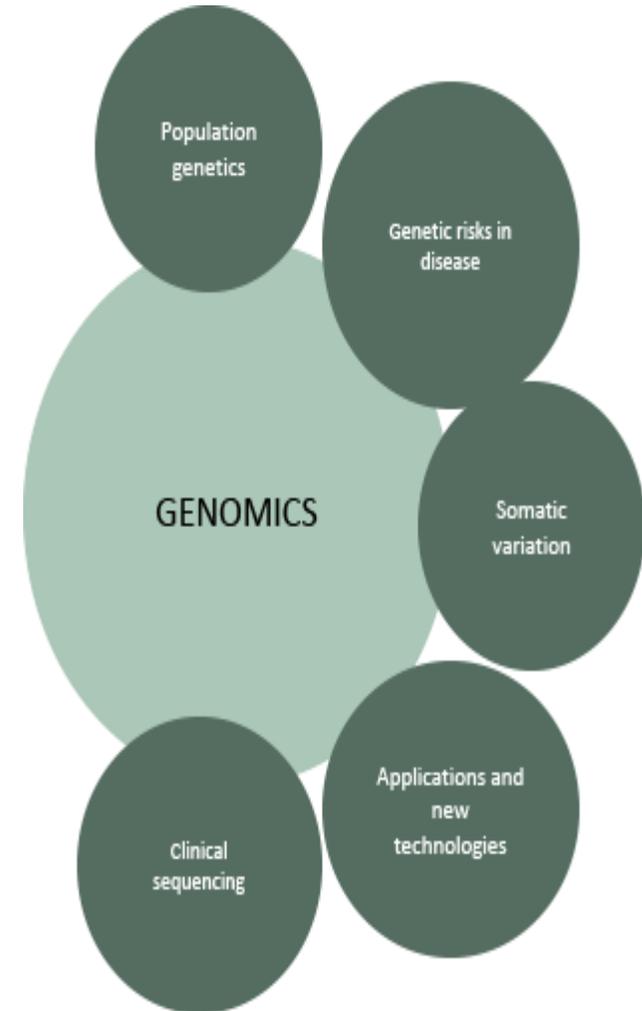
- С медициной (в частности, в том, что касается изучения наследственных заболеваний, физических аномалий, физиологии человека и животных и т.д.).
- С психологией (изучение влияния наследственности, врожденных поведенческих реакций).
- С химией и физикой (биохимия, заимствованы некоторые методы исследования).
- С математикой и информатикой (передача наследственной информации, моделирование, расшифровка генома человека и других живых организмов, методы статистики).
- С экологией (прогнозирование и предотвращение возможных нежелательных последствий вмешательства человека в эволюционные процессы, охрана природы, изучение генетики популяций, сохранение генофонда и т.д.).
- С прикладными исследованиями и производством (селекция, создание и изучение ГМО, технологии переработки продукции, создание новых материалов, криминалистика, генетическая дактилоскопия и т.д.).



Разделы геномики

□ Геномика

- Функциональная геномика
- Структурная геномика
- Сравнительная геномика
- Фармакогеномика
- Когнитивная геномика
- Экологическая геномика
- Экотоксигеномика
- Патогеномика
- Эпигеномика
- Токсикогеномика
- Нутригеномика



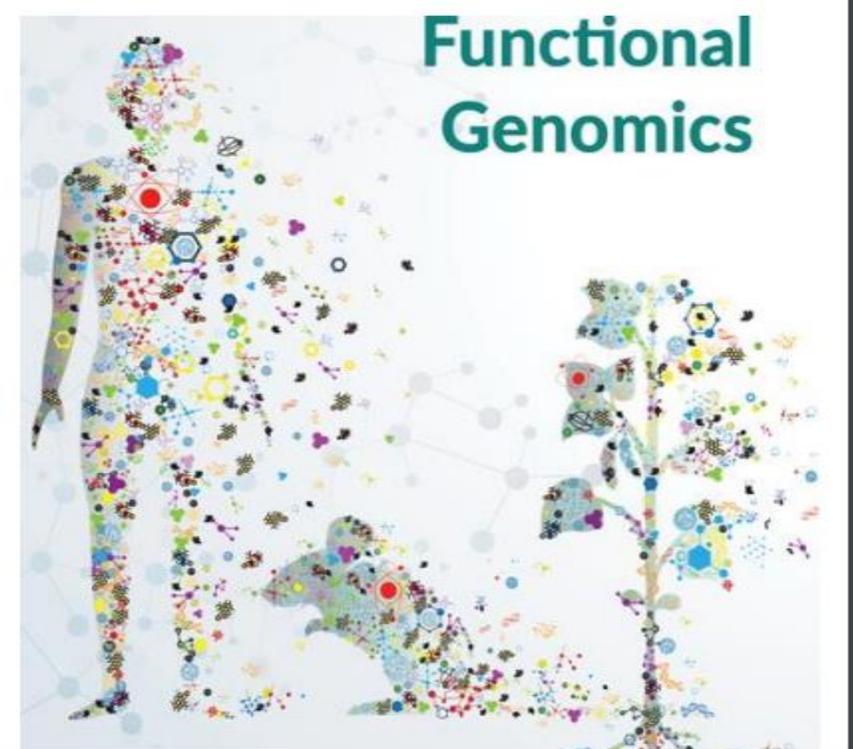
Функциональная геномика

Функциональная геномика является частью геномики, изучающей работу и функционирование геномов в различных клетках, тканях и организмах в динамике, то есть реализацию генетической информации, записанной в геноме.

Целью функциональной геномики является понимание взаимосвязи между геномом организма и его фенотипом.

Термин функциональная геномика часто используется в широком смысле для обозначения множества возможных подходов к пониманию свойств и функций генов и генных продуктов организма в целом.

Предмет исследования функциональной геномики включает изучение естественных изменений генов, РНК и белков во времени (например, при развитии организма) или в пространстве (например, в различных частях его тела), а также исследования естественных или экспериментальных функциональных нарушений, влияющих на гены, хромосомы, РНК или белки.

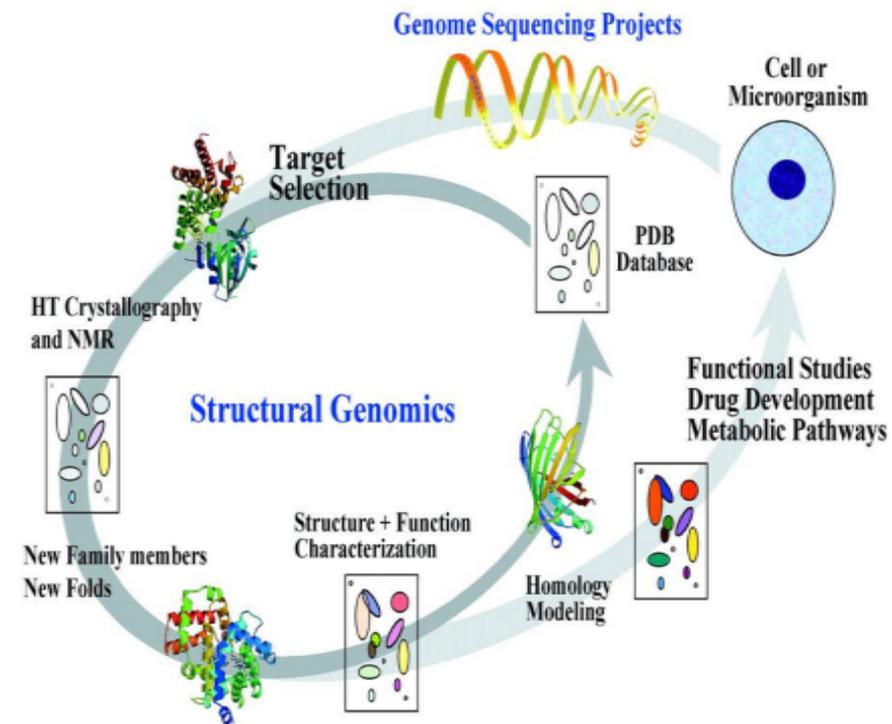


Структурная геномика

Структурная геномика — содержание и организация геномной информации. Имеет целью изучение генов с известной структурой для понимания их функции, а также определение пространственного строения максимального числа «ключевых» белковых молекул и его влияния на взаимодействия.

Структурная геномика стремится описать трёхмерную структуру каждого белка, закодированного данным геномом. Используется комбинация экспериментальных и моделирующих подходов. Принципиальное различие между структурной геномикой и традиционным структурным предсказанием — это то, что структурная геномика пытается определить структуру каждого белка, закодированного геномом, вместо того, чтобы сосредоточиться на одном определенном белке. С доступными последовательностями полного генома предсказание структуры может быть сделано более быстро используя комбинацию экспериментальных и моделирующих подходов, особенно потому что доступность большого количества упорядоченных геномов и ранее решенных структур белка позволяет учёным основываться на структурах ранее решенных гомологов.

Поскольку структура белка близко связана с функцией белка, структурная геномика позволяет узнать функции белка. В дополнение к объяснению функций белка структурная геномика может использоваться, чтобы идентифицировать новые сгибы белка и потенциальные цели для изобретения лекарства.



Сравнительная геномика

Сравнительная геномика - это область биологических исследований, в которой геномные особенности различных организмов сравниваются.

Геномные признаки могут включать последовательность ДНК, гены, порядок генов, регуляторные последовательности и другие структурные ориентиры генома. В этой ветви геномики целые или большие части геномов, полученные в результате геномных проектов, сравниваются для изучения основных биологических сходств и различий, а также эволюционных отношений между организмами.

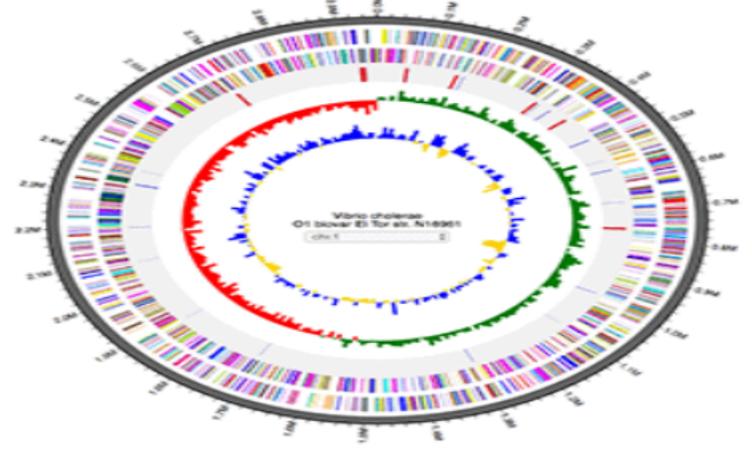
Главный принцип сравнительной геномики состоит в том, что общие черты двух организмов часто кодируются внутри ДНК, которая эволюционно консервативна между ними. Следовательно, сравнительные геномные подходы начинаются с выполнения некоторой формы выравнивания последовательностей генома и поиска ортологических последовательностей (последовательностей, которые имеют общее происхождение) в выровненных геномах. и проверка, в какой степени сохраняются эти последовательности. На основании этого делается вывод о геноме и молекулярной эволюции, и это, в свою очередь, может быть помещено в контекст, например, фенотипической эволюции или популяции.

Comparative Genomics

NHGRI FACT SHEETS genome.gov

- Researchers choose the appropriate time-scale of evolutionary conservation for the question being addressed.
- Common features of different organisms such as humans and fish are often encoded within the DNA evolutionarily conserved between them.
- Looking at closely related species such as humans and chimpanzees shows which genomic elements are unique to each.
- Genetic differences within one species such as our own can reveal variants with a role in disease.

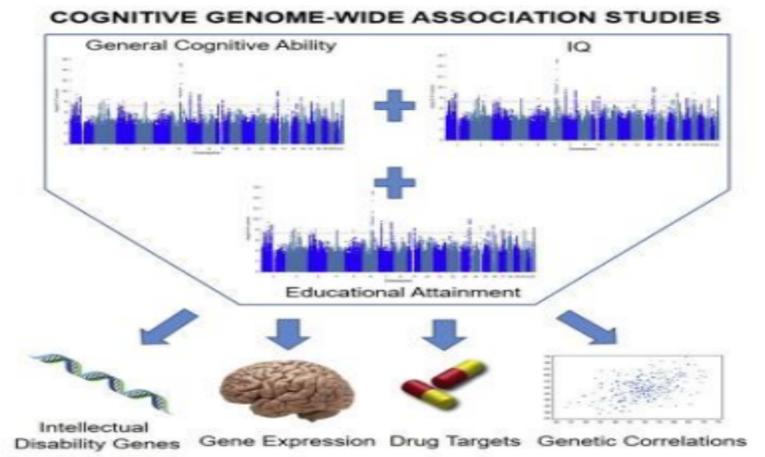
NIH National Human Genome Research Institute



Когнитивная геномика

Когнитивная геномика — область геномики, относящаяся к когнитивной функции, в которой изучаются гены и некодирующие последовательности генома, связанные с активностью мозга. Применяя сравнительную геномику, сравнивают геномы нескольких видов, чтобы выявить генетические и фенотипические различия между видами.

Наблюдаемые фенотипические характеристики, связанные с неврологической функцией, включают поведение, личность, нейроанатомию и невропатологию. Теория когнитивной геномики основана на элементах генетики, эволюционной биологии, молекулярной биологии, когнитивной психологии, поведенческой психологии и нейрофизиологии.



Распределенный волоконно оптический мониторинг Реклама
Системы контроля температуры, акустических сигналов, напряжения высокой точности.

ecogeo.kz

Фармакогеномика

Фармакогеномика — отрасль фармацевтики и фармакологии, которая исследует влияние генетической вариации каждого человека в его ответе на лекарственное средство. Фармакогеномика связывает экспрессию конкретного гена или однонуклеотидного полиморфизма в геноме человека с эффективностью или токсичностью лекарства, для того, чтобы разработать рациональные средства оптимизации фармакотерапии.

Фармакогеномика учитывает генотипы людей для обеспечения максимальной эффективности при минимальных побочных действиях. Подобный подход в будущем может привести к созданию «персонализированной медицины», в которой лекарственные средства и их сочетания будут оптимизированы для генетических характеристик конкретного человека. Фармакогеномика — это прикладное применение всего генома человека, в котором фармакогенетика исследует взаимодействия отдельного гена с лекарствами.



Pharmacogenomics

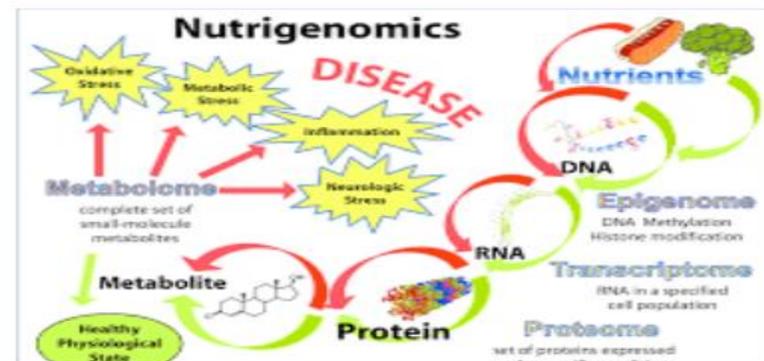
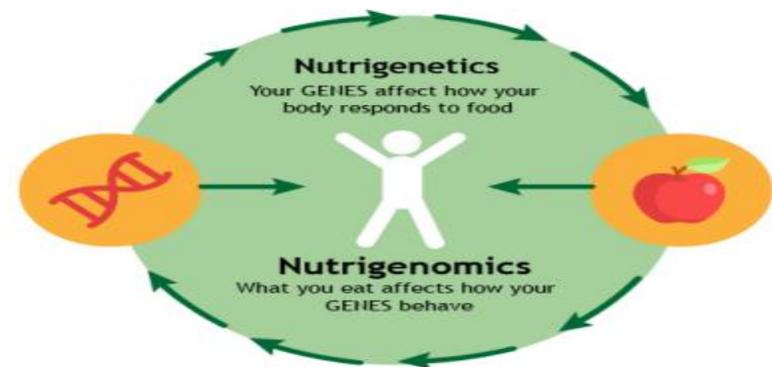
Нутригеномика

Нутригеномика — наука о влиянии питания человека (или иных живых существ, например, домашних животных) на экспрессию генов.

Собственно нутригеномика, которая исследует эффекты нутриентов и их связь с характеристиками экспрессии генома, протеомикой, метаболомикой и результирующие изменения в метаболизме.

Нутригеномика пока представляет собой не вполне сформировавшуюся отрасль науки, но её конечной целью объявляется разработка научно обоснованных персонализированных рекомендаций для оптимального питания на основании генетической информации.

Нутригенетика исследует эффекты генетической variability во влиянии диеты на здоровье, с привлечением данных относительно чувствительных групп населения (например, лиц, имеющих диабет, целиакию, фенилкетонурию и т. д.)



ЖК АКВАРЕЛЬ в Алматы. Новая очередь Реклама 1-, 2-комнатные квартиры от 37 до 60 м². Собственный детский сад. Скидки до 9%

akvarel.bazis.kz

Роль геномики в борьбе с COVID-19

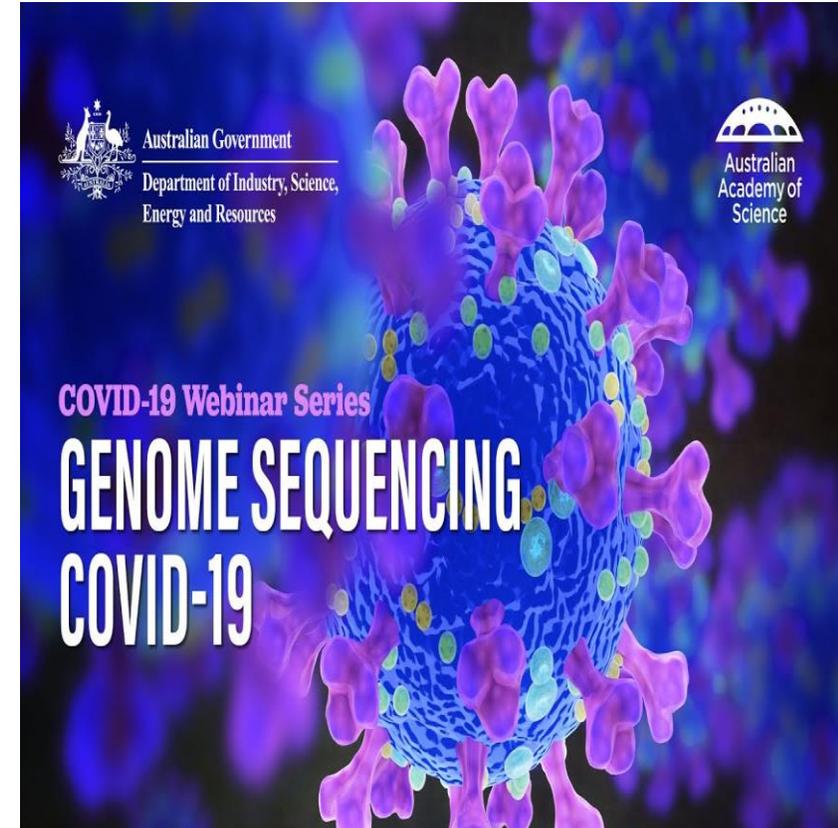
Коронавирусная болезнь 2019 года (COVID-19) быстро охватила весь мир, став одной из самых разрушительных вспышек в истории человечества.

Достижения в области геномики, ставшие первой пандемией в постгеномную эпоху, внесли значительный вклад в научное понимание и реакцию общественного здравоохранения на COVID-19.

Геномные технологии использовались исследователями во всем мире, чтобы лучше понять биологию SARS-CoV-2 и его происхождение, геномное разнообразие и эволюцию. Мировые геномные ресурсы очень помогли в расследовании пандемии COVID-19.

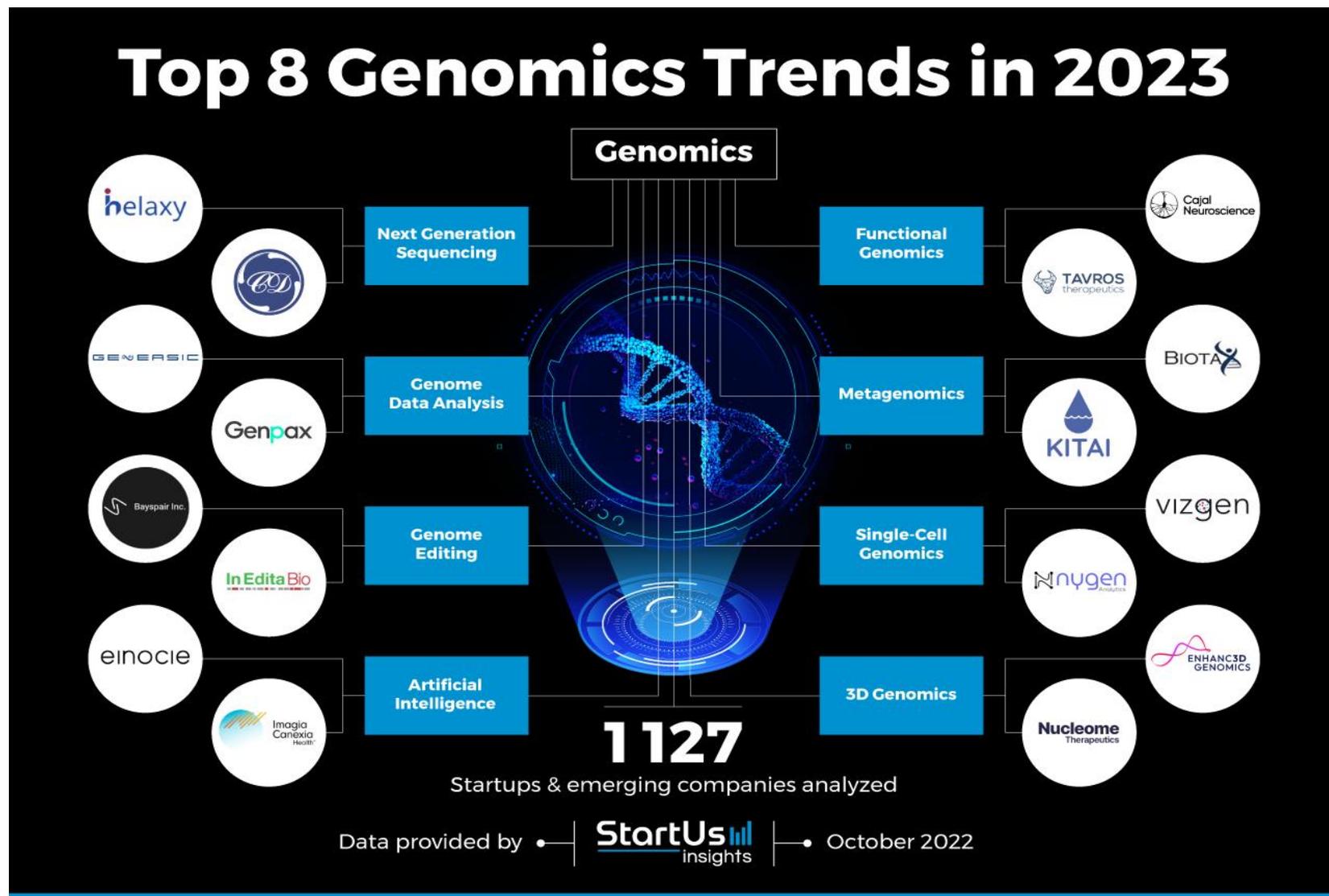
Пандемия открыла новую эру геномного наблюдения, когда ученые отслеживают изменения генома SARS-CoV-2 в режиме реального времени на международном и национальном уровнях.

Доступность геномной и протеомной информации делает возможным быстрое развитие молекулярной диагностики и терапии.



Основные тренды современной геномики

- Секвенирование нового поколения (Next Generation Sequencing (NGS))
- Анализ геномных данных
- Редактирование генома
- Искусственный интеллект
- Функциональная геномика
- Метагеномика
- Одноклеточная геномика
- 3D-геномика



Impact of 8 Genomics Trends

Next Generation Sequencing
33 %

Genome Editing
15 %

Artificial
Intelligence
11 %

Genome Data Analysis
25 %

Functional Genomics
6 %

Metagenomics
4 %

Single-Cell Genomics
4 %

3D Genomics
2 %

This tree map illustrates the top 8 innovation trends
& their impact on Genomics

StartUs
insights

Copyright © 2022 StartUs Insights. All rights reserved
October 2022

Востребованность на рынке геномики

Глобальный рынок геномики с 2014 года, и ожидается, что рынок вырастет на **17,23 миллиарда** долларов США в течение 2020-2024 годов, при среднегодовом росте почти на 13% в течение прогнозируемого периода.

Рынок обусловлен растущим спросом на создание и обновление баз данных генома. Кроме того, ожидается, что растущее внедрение геномного анализа на основе отдельных клеток будет способствовать росту рынка геномики.

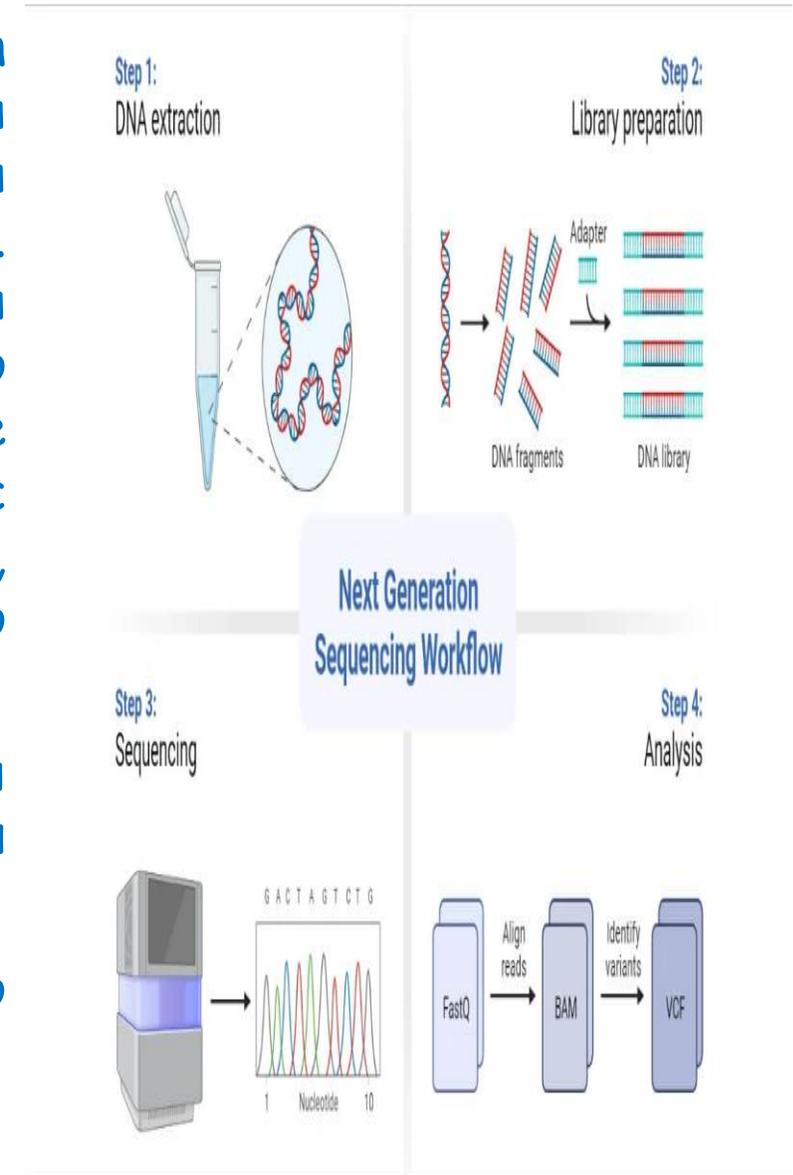


Секвенирование нового поколения (NGS),

Секвенирование нового поколения (next generation sequencing, NGS) — группа методов определения нуклеотидной последовательности ДНК и РНК для получения формального описания её первичной структуры. Технология методов секвенирования нового поколения позволяет «прочитать» одновременно сразу несколько участков генома, что является главным отличием от более ранних методов секвенирования. NGS осуществляется с помощью повторяющихся циклов удлинения цепи, индуцированного полимеразой, или многократного лигирования олигонуклеотидов.

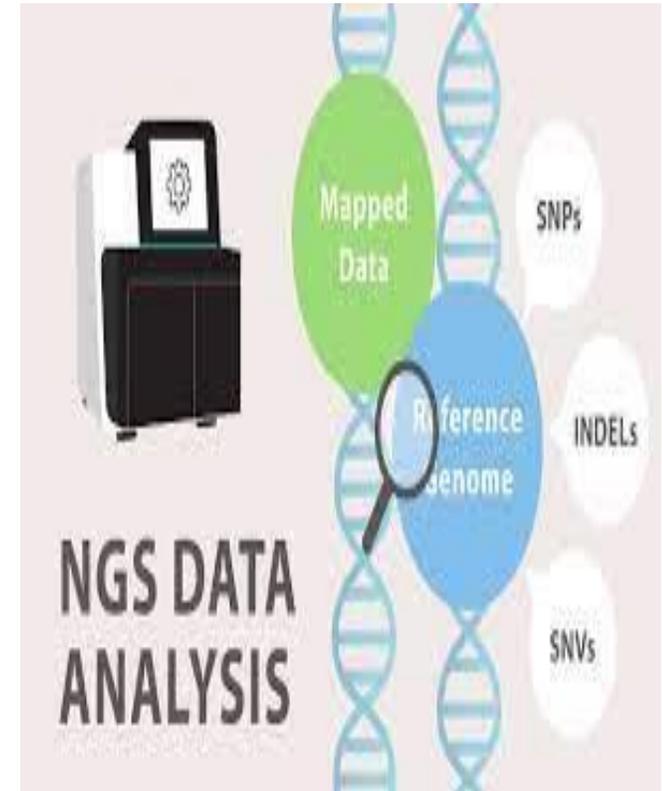
В ходе NGS могут генерироваться до сотен мегабаз и гигабаз нуклеотидных последовательностей за один рабочий цикл.

Используя NGS, весь человеческий геном можно секвенировать в течение одного дня.



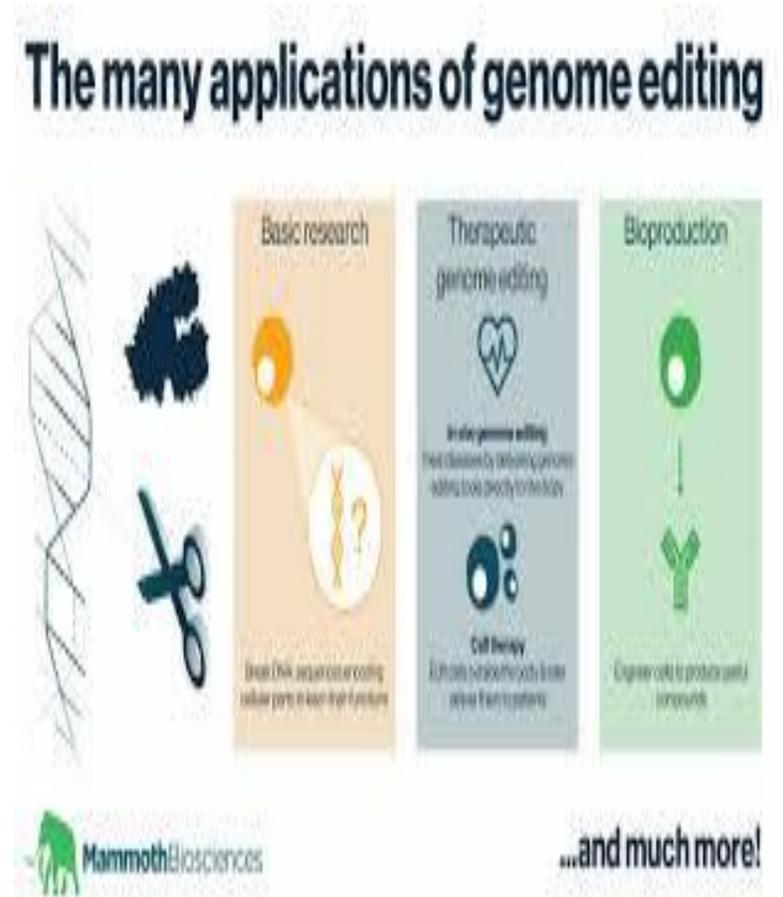
Анализ геномных данных

Эффективное управление данными необходимо для сведения к минимуму ошибок при анализе данных генома. В то же время содержание внутренних хранилищ данных является затратным и трудоемким для биотехнологических компаний. Чтобы решить эту проблему, создаются сервисные платформы для анализа данных генома. Эти платформы позволяют исследовательским учреждениям и компаниям упростить сложную ИТ-инфраструктуру и централизовать анализ данных. Решения для анализа геномных данных также интегрируют защиту данных для предотвращения утечек конфиденциальной информации и других проблем кибербезопасности.



Редактирование генома

Нецелевые эффекты и мозаицизм являются основными проблемами безопасности при редактировании генома. Благодаря достижениям в разработке генома **CRISPR-Cas9** стартапы и масштабные компании преодолевают эти проблемы. Исследователи также используют биоинформатику для разработки более надежных механизмов редактирования генома. Более того, эффективность CRISPR стимулирует инновации в редактировании эпигенома. Растет интерес к агентам генной терапии для лечения инфекционных и генетических заболеваний, включая рак. Они позволяют фармкомпаниям и учреждениям здравоохранения обеспечивать безопасность пациентов и повышать эффективность лечения.



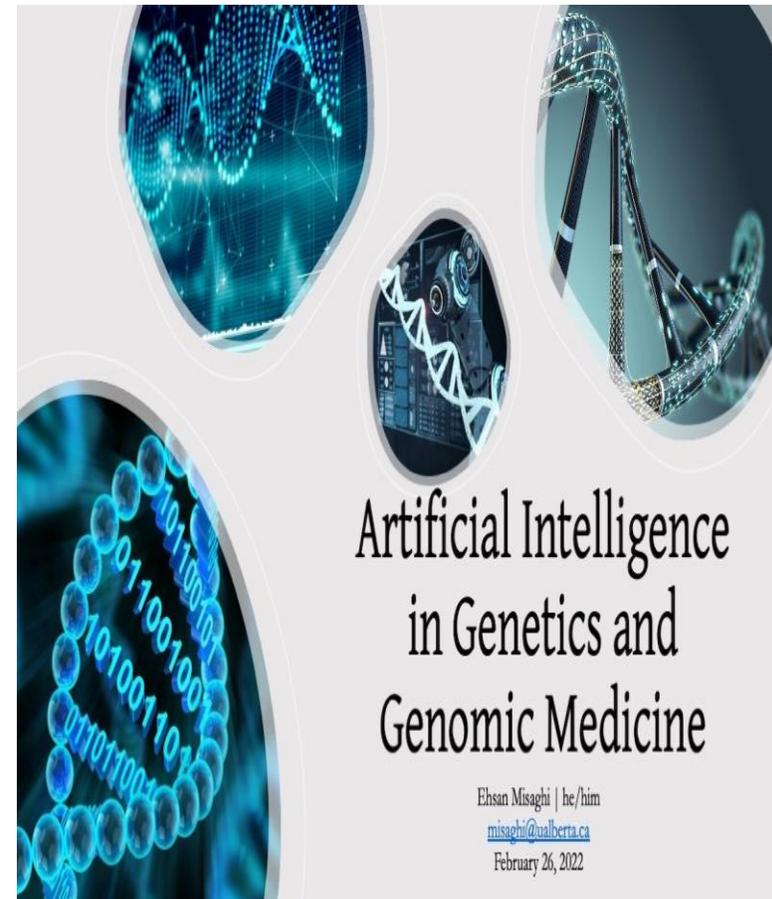
Востребованность на рынке редактирования генома

Объем рынка редактирования геномов в 2021 году превысил **5,4 млрд.** долларов США. Ожидается что в период с 2022 по 2030 годы он будет расти на 15,5 % в год благодаря растущему технологическому прогрессу, обусловленного быстро развивающейся технологии CRISPR и ее широким спектром приложений для редактирования генома и к 2030 году достигнет размера **19,9 млрд.** долларов США.



Искусственный интеллект

Искусственный интеллект обрабатывает массивные наборы геномных данных, чтобы расшифровать скрытые тенденции и закономерности. Вот почему исследователи используют технологии искусственного интеллекта, такие как машинное обучение и глубокое обучение, для ускорения анализа данных. В клинических и медицинских приложениях геномики ИИ улучшает рабочие процессы поиска лекарств и диагностики заболеваний. Решения для геномного анализа растений и животных используют искусственный интеллект для ускорения идентификации конкретных генов, ответственных за определенные признаки и заболевания. Усилия компаний по централизации реальных доказательств (RWE) также делают анализ генома с помощью ИИ более эффективным.



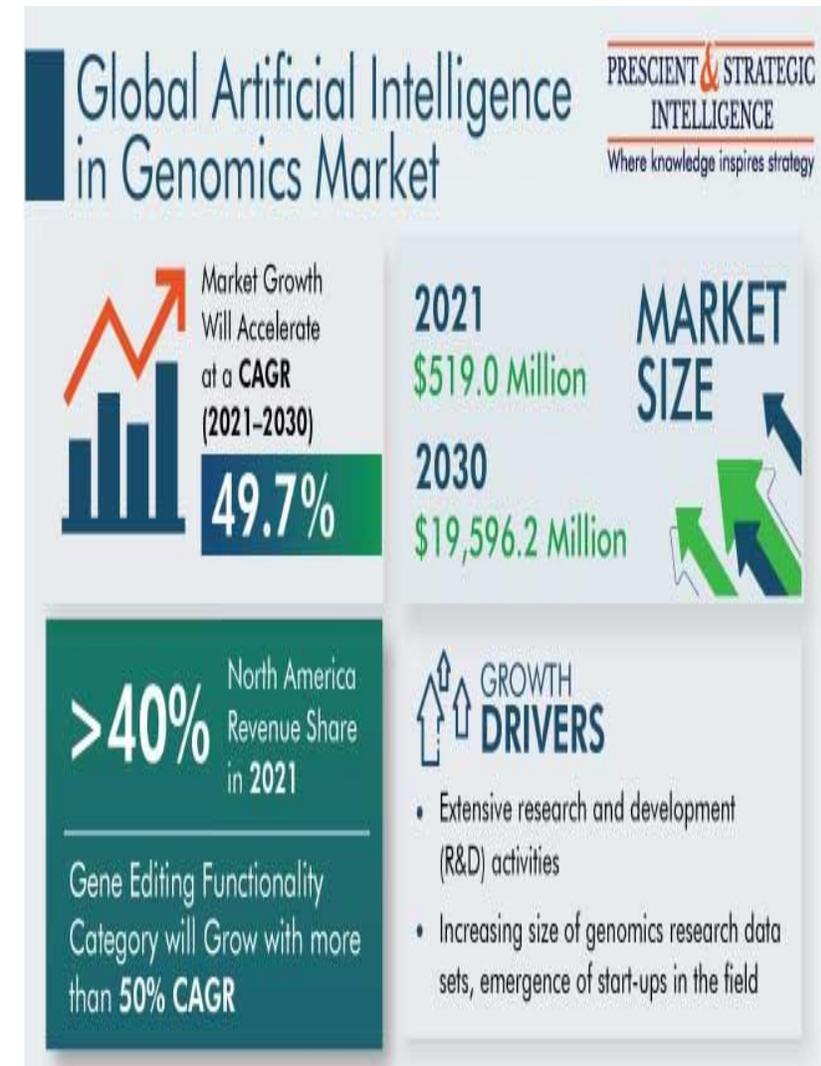
Мировой рынок искусственного интеллекта в геномике

Рынок ИИ в геномике оценивался примерно в 519,0 млн долларов в 2021 году, и ожидается, что среднегодовой темп роста этого рынка составит 49,7% в течение 2021-2030 годов.

Основные факторы, ведущие к продвижению на рынке, включают увеличение размера наборов данных для исследований в области геномики, появление стартапов в этой области и обширные исследования и разработки (НИОКР).

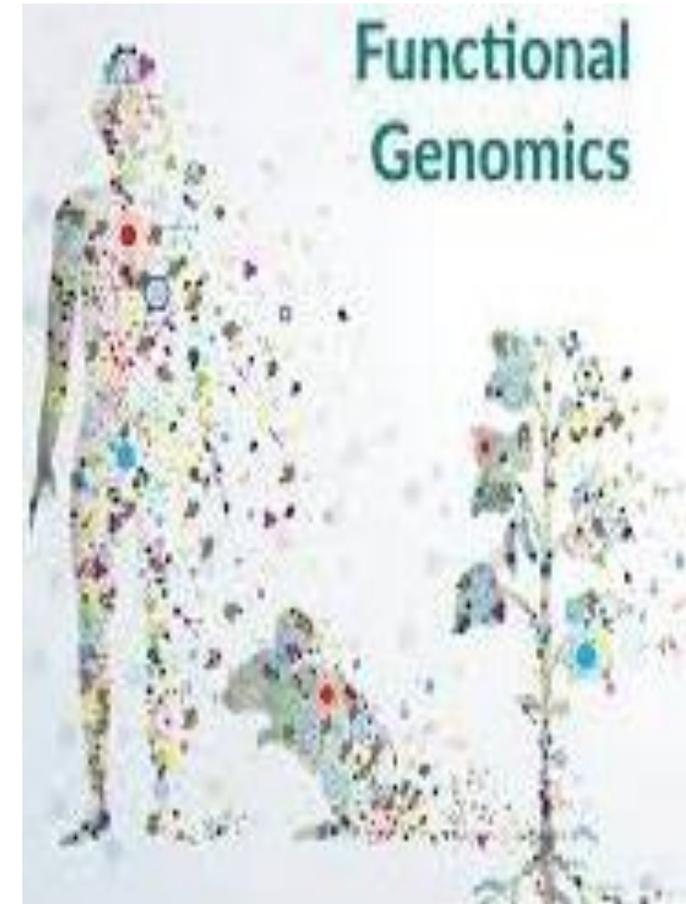
Увеличение размера и сложности секвенирования ДНК и других наборов биомедицинских данных привело к необходимости вычислительных инструментов ИИ для их анализа и выявления генетических заболеваний у пациентов.

Пандемия COVID-19 подстегнула индустрию ИИ в целом; однако в секторах, тесно связанных с COVID-19, наблюдался значительный рост инвестиций: годовой рост составил 44% в 2020 году по сравнению с 12% годовым ростом в 2019 году. Таким образом, инвестиции в НИОКР в внедрение ИИ в геномику также увеличилось. Первоначально ИИ использовался для идентификации последовательности SARS-COV-2, а также его вариантов Delta и Omicron.



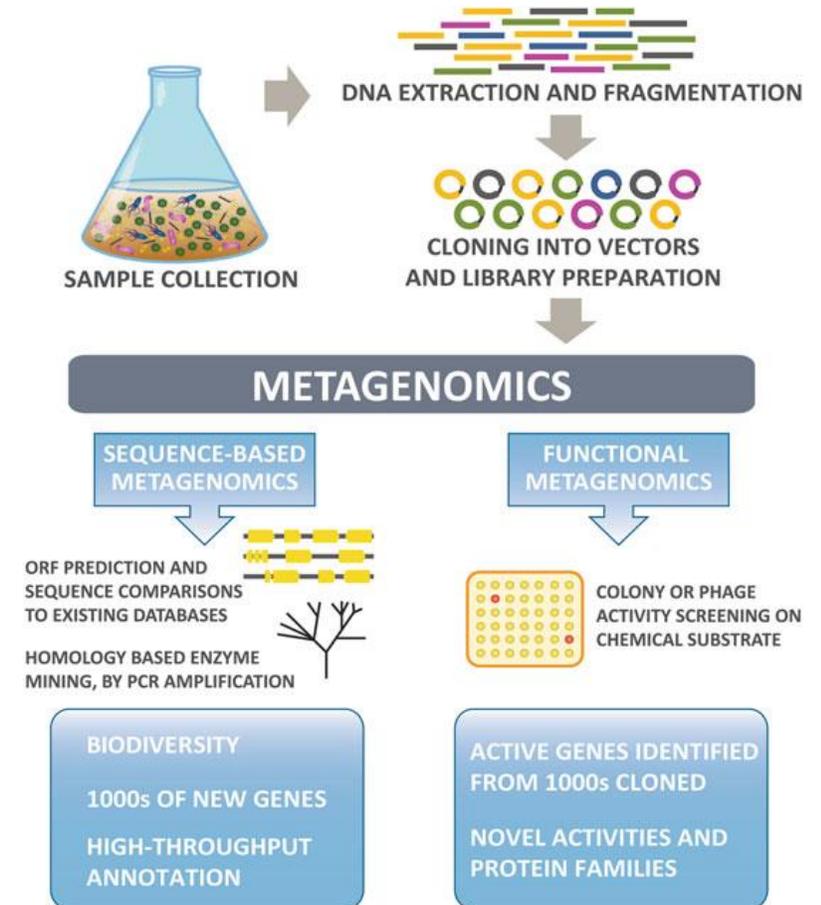
Функциональная геномика

Нарушение регуляции генов вызывает такие заболевания, как диабет, аутоиммунные заболевания и рак. Поэтому для исследователей крайне важно понять, как межгенные области влияют на биологические процессы. Функциональная геномика использует омикские технологии, NGS и редактирование эпигенома для описания функций и взаимодействий генов. Это улучшает понимание картирования генетических взаимодействий и взаимодействий ДНК/белков на уровне ДНК и улучшает глубокое секвенирование мутаций на уровне белков. Следовательно, функциональная геномика улучшает моделирование заболеваний и идентификацию мишеней для лекарств.



Метагеномика

Обычные культуры, основанные на культивировании, не могут сохранить микробное биоразнообразие из образцов окружающей среды. Метагеномика позволяет исследователям изучать генетические материалы, извлеченные из образцов окружающей среды. Для этого в метагеномных решениях используются инструменты геномики и биоинформатики. Инновации, улучшающие метагеномику, включают NGS, секвенирование третьего поколения (TGS) и функциональную метагеномику. Функциональная метагеномика позволяет исследователям идентифицировать ферменты с желаемыми свойствами, открывать новые биологически активные вещества и анализировать развитие устойчивости к антибиотикам. Таким образом, метагеномика находит применение в восстановлении окружающей среды, производстве биотоплива, анализе почвенных микробов и многом другом.

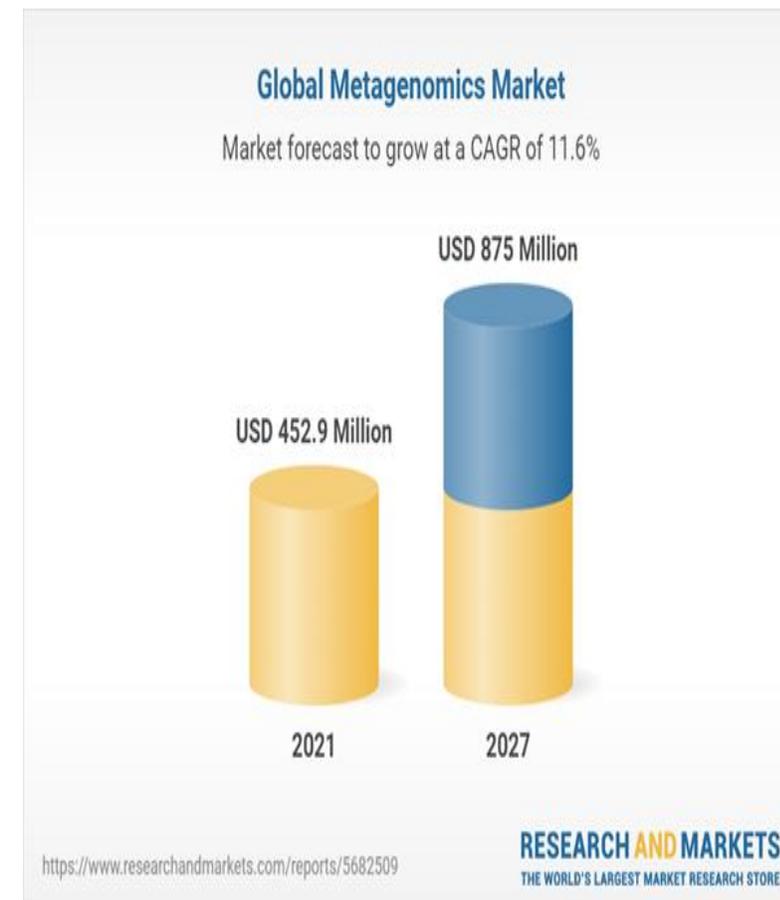


Востребованность на рынке метагеномики

Размер мирового рынка метагеномики достиг **452,9 млн долларов США** в 2021 году. Заглядывая вперед, издатель ожидает, что к 2027 году рынок достигнет **875 млн долларов США**, демонстрируя среднегодовой темп роста 11,6% в течение 2021-2027 годов.

Тенденции рынка метагеномики:

Увеличение распространенности вирусных инфекций, таких как диарея, грипп, гепатит В и ВИЧ/СПИД, во всем мире является одним из ключевых факторов роста рынка. Более того, растущий спрос на эффективные решения для своевременной диагностики нейроинфекционных заболеваний, таких как менингит и энцефалит, дает толчок росту рынка. В соответствии с этим метагеномика также помогает идентифицировать бактериальные патогены, которые могут привести к вспышкам болезней пищевого происхождения, что еще больше способствует росту рынка.

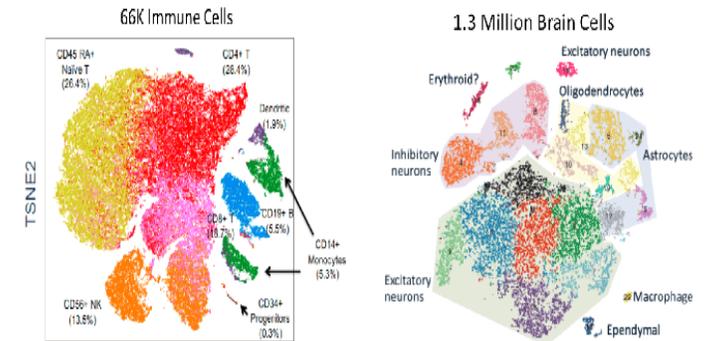
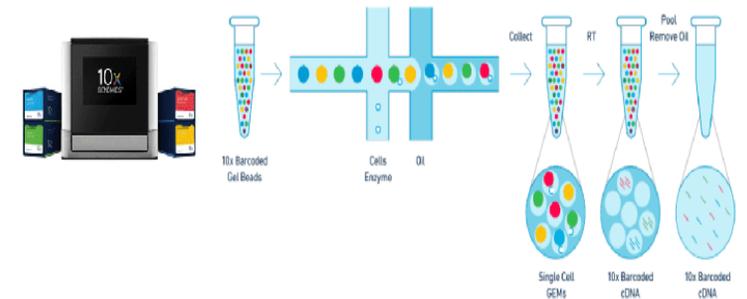


Одноклеточная геномика

Геномика отдельных клеток анализирует отдельные клетки в контексте их микроокружения с использованием NGS. Это сужает анализ транскриптома до входных уровней одной клетки и выявляет клеточные различия, в противном случае отмеченные при массовой выборке. Например, исследователи могут изучать свойства клеток и геномную гетерогенность во время нормального развития и болезней, что ускоряет разработку лекарств. Одноклеточная геномика также находит применение, среди прочего, в изучении пренатальной диагностики, тканевого мозаицизма, органогенеза и эмбриогенеза.

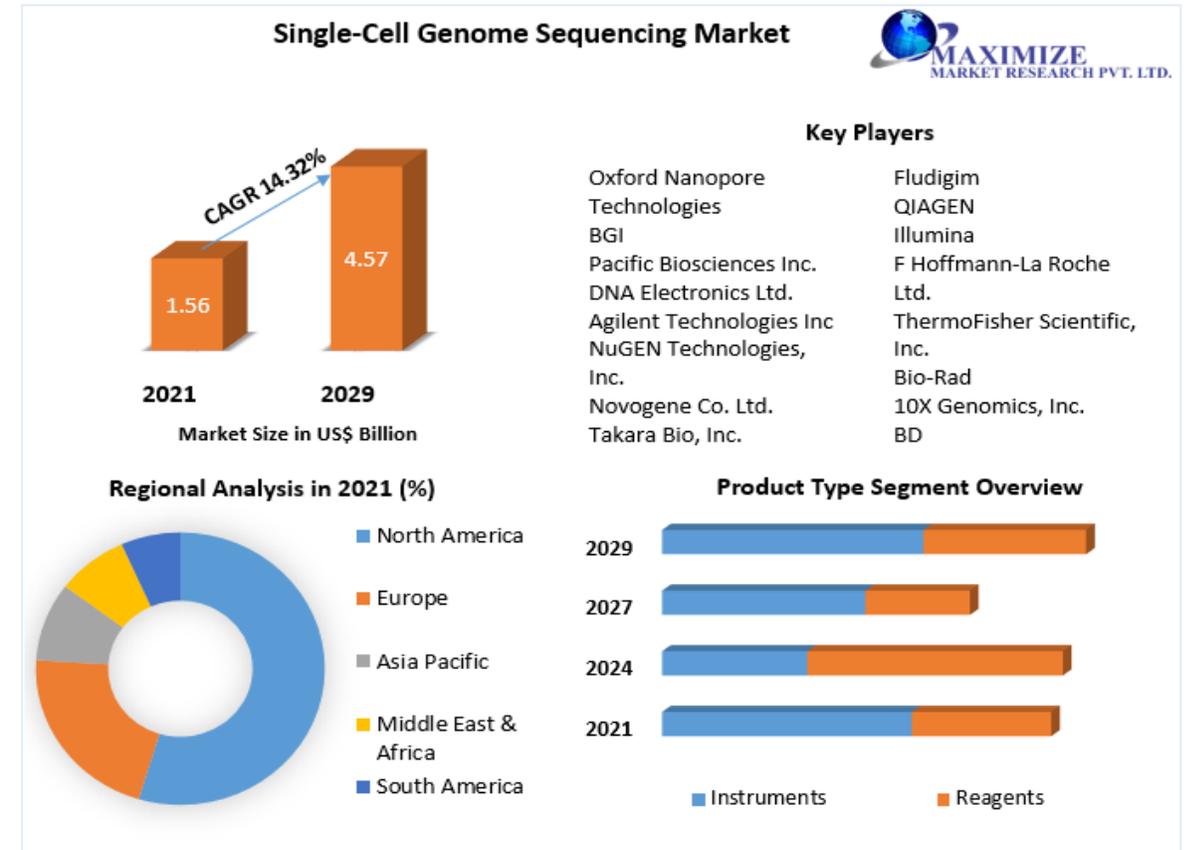
Одноклеточная геномика позволяет понять гетерогенность тканей и органов при нормальном развитии и функционировании. Это также позволяет изучать болезненные процессы в определенных типах клеток. Одной из последних тенденций на рынке одноклеточной геномики стало сочетание множественных молекулярных считываний с тысяч отдельных клеток. Применение комбинаторной индексации отдельных клеток позволило проводить одновременный анализ профилей открытого хроматина и РНК отдельных клеток. С другой стороны, ожидается, что высокая стоимость и аналитические проблемы при измерении одной молекулы ДНК ограничат рост мирового рынка секвенирования генома одной клетки.

Single Cell Genomics



Востребованность на рынке одноклеточного секвенирования генома

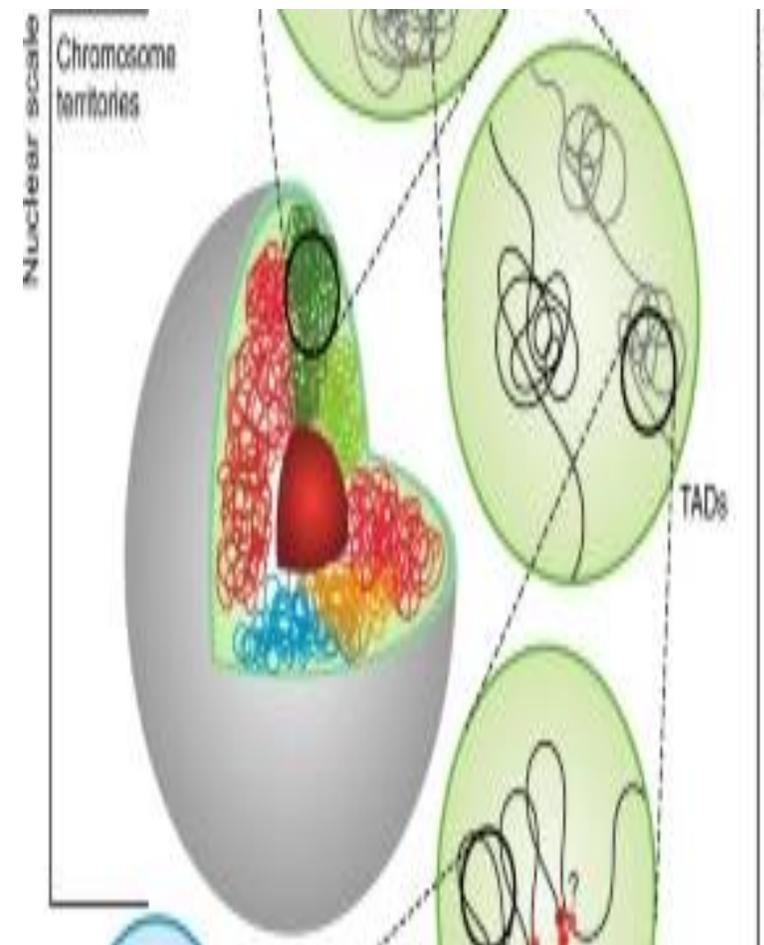
Рынок одноклеточного секвенирования генома оценивался в 1,56 млрд долларов США в 2021 году и, как ожидается, достигнет 4,57 млрд долларов США к 2029 году при среднегодовом темпе роста 14,32% в течение прогнозируемого периода.



3D-геномика

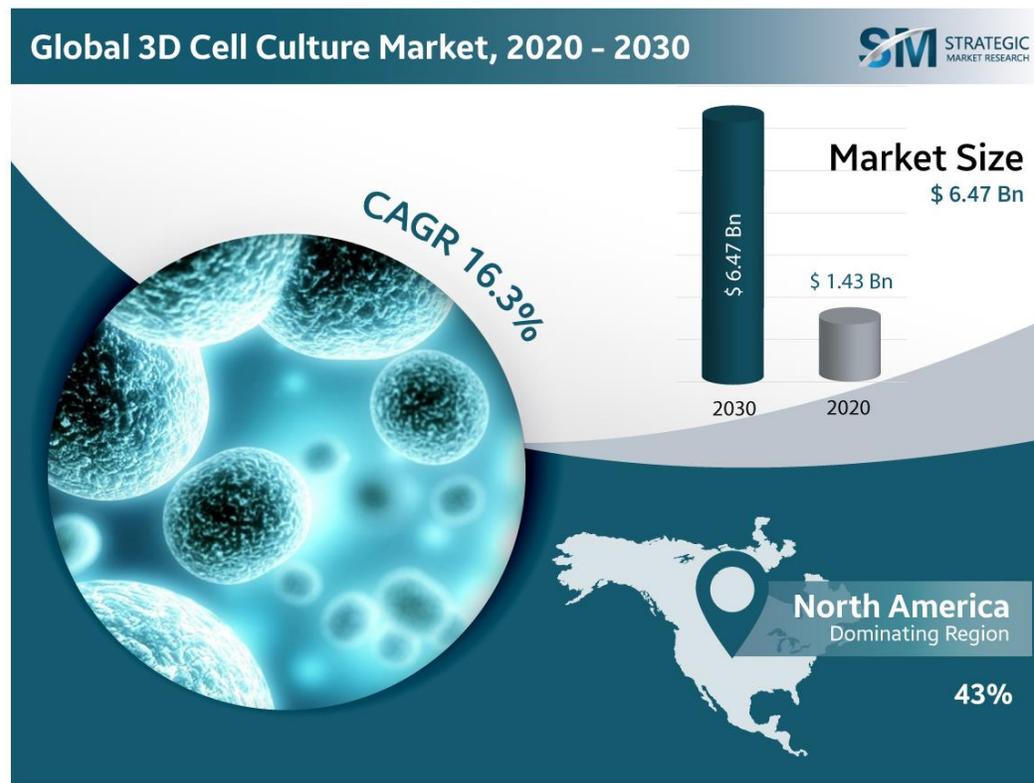
Область на стыке клеточной биологии и биоинформатики, занимающаяся изучением пространственной организации хроматина, называют 3D-геномикой.

Хромосомные взаимодействия и топологические изменения из-за стимулов развития или окружающей среды влияют на экспрессию генов. Трехмерная геномика позволяет ученым изучать, как архитектура хроматина управляет репликацией ДНК, экспрессией генов и целостностью генома. Исследователи также продвигают трехмерную геномику за счет инноваций в технологиях, основанных на захвате конформации хромосом (3C). Это включает в себя полногеномный захват конформации хромосом (Hi-C) и анализ взаимодействия хроматина с использованием секвенирования парных концевых меток (ChIA-PET). Эти решения обеспечивают лучшее понимание пространственной организации генома, паттернов взаимодействия хромосом и многого другого.



Востребованность на рынке 3D-культур клеток

Рынок 3D-культур клеток в 2020 году оценивался в **1,43** миллиарда долларов США и, вероятно, достигнет ориентира в почти **6,47** миллиарда долларов США в 2030 году при стабильном среднегодовом темпе роста в 16,3%.



Задания на 3 неделю

Тема семинара 3: Методы геномики. Виды секвенирования.

Тема СРМ 1: Особенности строения геномов различных организмов (вирусы, прокариоты, эукариоты). Реферат. Презентация по реферату.