

Sekwencjonowanie DNA

Sekwencjonowanie DNA – technika odczytywania, sekwencji czyli kolejności par_nukleotydowych w cząsteczce DNA. Szybkie i wydajne procedury sekwencjonowania kwasów nukleinowych powstały dopiero w drugiej połowie lat 70 – tych zeszłego stulecia. Niemalże równocześnie zostały opublikowane dwie techniki umożliwiające poznanie sekwencji zasad w DNA. Jedna zwana metodą chemicznej degradacji łańcucha DNA zaproponowana przez Maxama i Gilberta i druga, metoda terminacji łańcucha stworzona przez zespół Sangera. Początkowo obie te metody cieszyły się jednakową popularnością i obie do tej pory stosowane są w wielu laboratoriach. Jednakże po latach to metoda Sangera stała się powszechniej stosowaną, m. in. ze względu na możliwość jej automatyzacji [2,3]. Metoda ta, niedługo po jej opublikowaniu pozwoliła na zsekwencjonowanie całego genomu faga Φ X174 o długości 5,4 tysiąca nukleotydów, ludzkiego genomu mitochondrialnego (16,6 kpz), czy faga λ (48,5 kpz), były to ogromne osiągnięcia biologii lat 70 – tych i 80 – tych. W latach 80 – tych sekwencjonowanie niewielkich genomów stało się stosunkowo szybkie i proste, natomiast nieustannie problem stanowiły duże genomy. Jednakże obecnie, dzięki rozwojowi innowacyjnych metod sekwencjonowania, jak i ich automatyzacji poznawanie sekwencji nukleotydowej DNA stało się znacznie łatwiejsze i szybsze, dzięki czemu ukończono sekwencjonowanie wielu genomów organizmów prokariotycznych, jak i eukariotycznych, także w 2001 roku została opublikowana pełna sekwencja genomu człowieka.

Źródło:<http://www.e-biotechnologia.pl/>