

عنوان مقاله:

An Overview of the Second and Third-Generation of DNA Sequencing Technologies

محل انتشار:

مجله علوم پیشرفته زیست پزشکی، دوره 7، شماره 4 (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

نویسندگان:

فاطمه قربانی پارسا - Department of Animal Biology, Faculty of Natural Sciences, University of Tabriz, Tabriz, Iran

محمد علی حسینیور فیضی - Department of Animal Biology, Faculty of Natural Sciences, University of Tabriz, Tabriz, Iran

خلاصه مقاله:

تعیین توالی DNA از مهم ترین دستاوردهای بشر محسوب می شود. امروزه روش های متفاوتی جهت تعیین توالی نوکلئوتیدها به کار می رود. آشنایی با این دانش از ارکان اجتناب ناپذیر پژوهش های مرتبط با علم زیست شناسی است. تعیین توالی نوکلئوتیدها در گرایش های پژوهشی و کاربردی گسترده مانند تشخیص بیماری، زیست فناوری، زیست شناسی جنایی و زیست شناسی سیستماتیک استفاده می شود که به طور چشمگیری پژوهش و کشفیات در این زمینه را سرعت بخشیده است. تاکنون چندین نسل از فناوری تعیین توالی به وجود آمده که بر اساس ماهیت عملکرد و اطلاعات خروجی طبقه بندی می گردند. درحالی که روش تعیین توالی ختم زنجیره که توسط سنجر معرفی شد بیش از ۳۰ سال متداول بود و در پروژه ژنوم انسان نیز این روش استفاده شد اما در سال های اخیر تغییرات در فناوری تعیین توالی شتاب گسترده ای یافته است. در سال ۲۰۰۵ نخستین روش تعیین توالی نسل دوم معرفی شد که خروجی بسیار بالاتر و هزینه های فوق العاده کمتری نسبت به روش سنجر داشت و هم اکنون شاهد آغاز فعالیت نسل سوم فناوری تعیین توالی هستیم. از آنجاکه پژوهشگران علم ژنتیک در ایران نیز از این فناوری ها استفاده می نمایند و با توجه به نیاز به منابع فارسی قابل فهم در این زمینه، مولفان مقاله حاضر بر آن شدند تا به ترجمه و نگارش مجموعه ای از مقالات مروری در این زمینه بپردازند. مقاله حاضر به معرفی مختصر مرسوم ترین روش های تعیین توالی نسل دوم و سوم پرداخته است.

کلمات کلیدی:

DNA sequencing, High Throughput Nucleotide Sequencing, second generation sequencing, third generation sequencing, تعیین توالی DNA,

تعیین توالی با توان عملیاتی بالا، نسل دوم فناوری تعیین توالی، نسل سوم فناوری تعیین توالی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1805089>

