

عنوان مقاله:

مبانی و روش های توالی یابی نسل جدید

محل انتشار:

دومین همایش بین المللی و سومین همایش ملی کشاورزی، محیط زیست و امنیت غذایی (سال: 1397)

تعداد صفحات اصل مقاله: 9

نویسندگان:

نسرين سیدی - گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت

امیررضا امیرمیجانی - گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت

خلاصه مقاله:

در سال های اخیر تلاش های زیادی برای رمزگشایی ژنوم موجودات مختلف صورت گرفته است. یکی از جدیدترین روش های دستیابی به ژنوم موجودات توالی یابی نسل بعد یا (Next Generation Sequencing) (NGS) است. گرچه در چندین سال گذشته ژنوم چندین گونه و همچنین ژنوم انسان با استفاده از روش خودکار سانگر (توالی یابی سنتی) توالی یابی شده است، اما محدودیت های این روش از جمله استفاده زیاد از مواد شیمیایی سمی و رادیوایزوتوپ ها، زمانبر بودن، هزینه زیاد تعیین توالی، نیاز به یک تکنولوژی بهتر برای توالی یابی جمعیت بیشتری از ژنوم های انسانی و سایر موجودات مختلف را آشکار کرده است. از سال 1996 تاکنون تکنولوژی های از جمله Illumina/Solex, Complete Genomics, Life Sciences, Roche/454, ABI/SOLiD و Helicos، به عنوان روش های توالی یابی نسل دوم معرفی و به بازار عرضه شده اند. مقاله حاضر مروری اجمالی بر تاریخچه توالی یابی ژنوم با تمرکز ویژه بر روش های مختلف توالی یابی نسل دوم است.

کلمات کلیدی:

Helicos, Illumina, SOLiD، توالی یابی، ژنوم انسان

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/906759>

