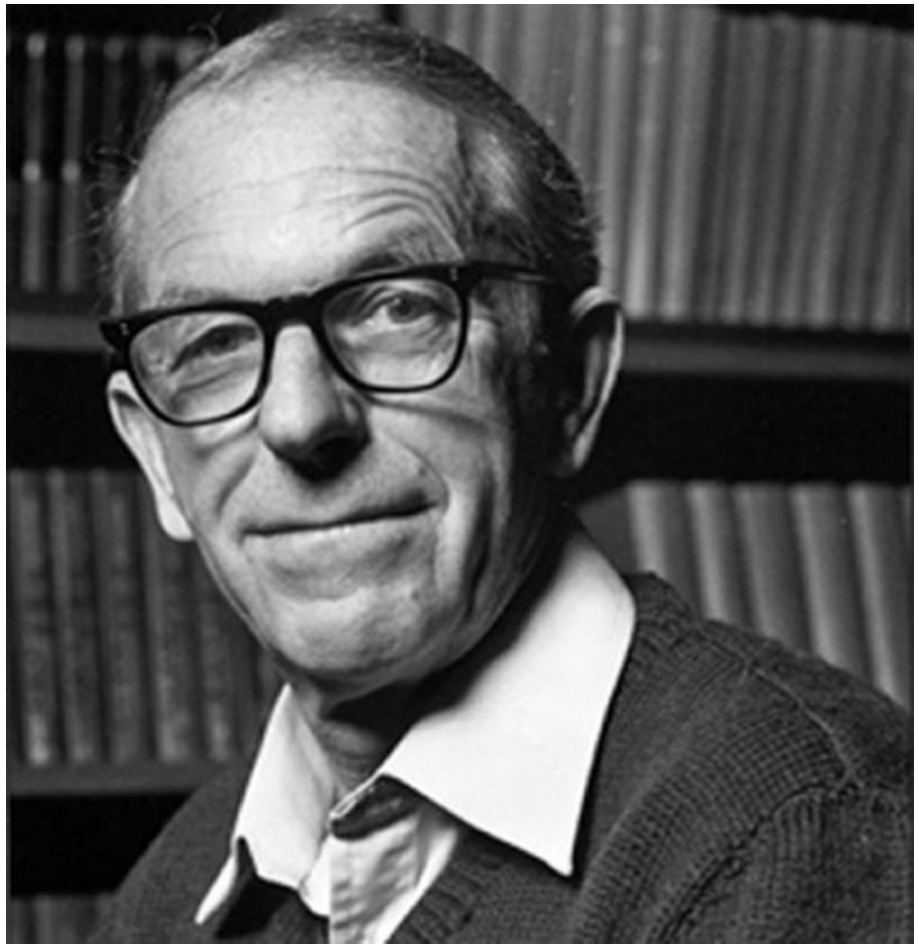
Современные технологии секвенирования белков, РНК и ДНК.

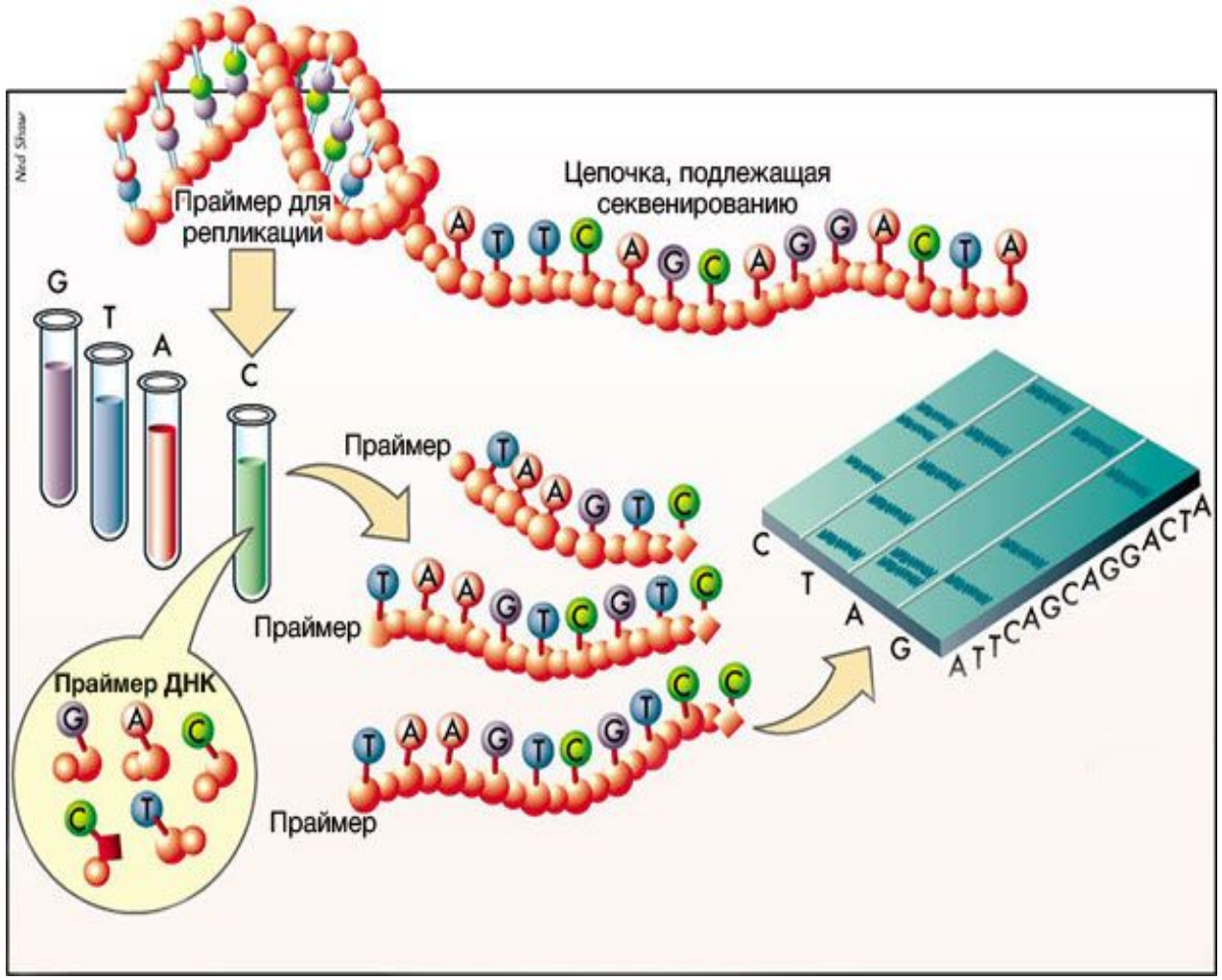
Выполнил студент 2 курса 31 группы лечебного факультета

Горячкин Даниил Сергеевич

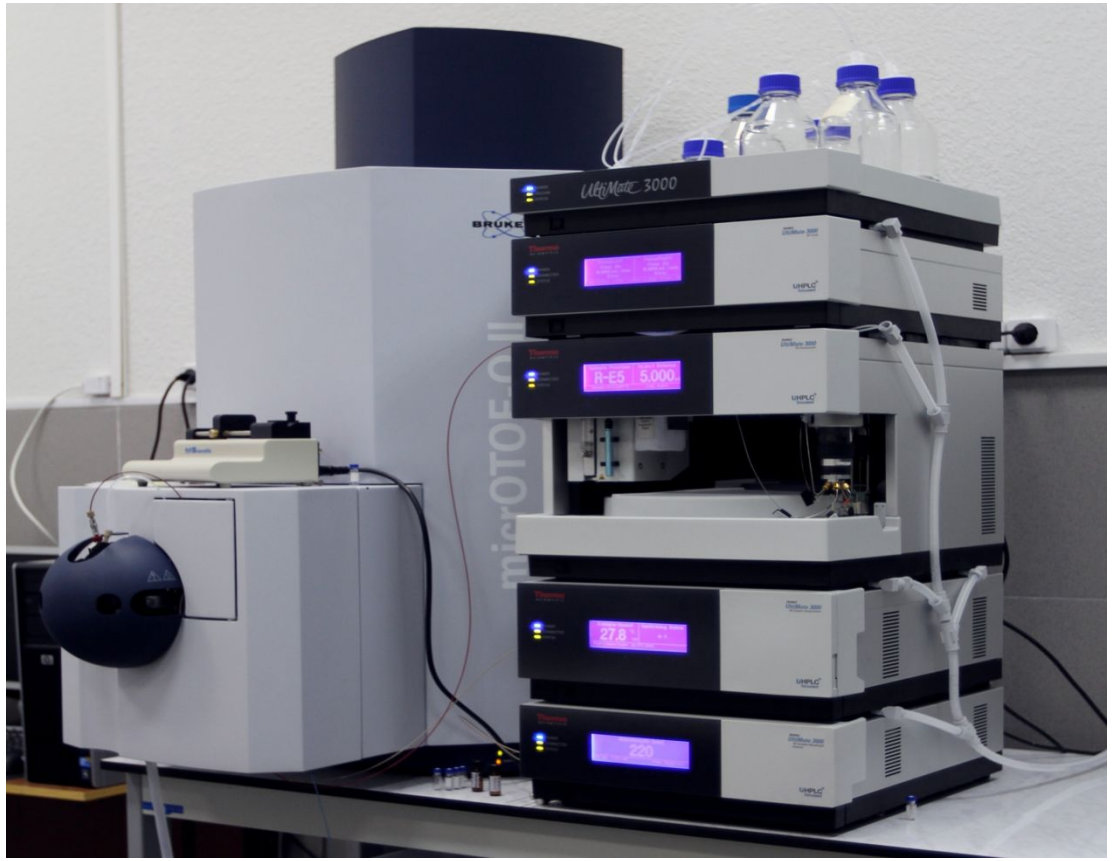
Секвенирование биополимеров (белков и нуклеиновых кислот — ДНК и РНК) — определение их аминокислотной или нуклеотидной последовательности.

Первый метод секвенирования ДНК был предложен английским биохимиком Фредериком Сенгером в 1975 году.





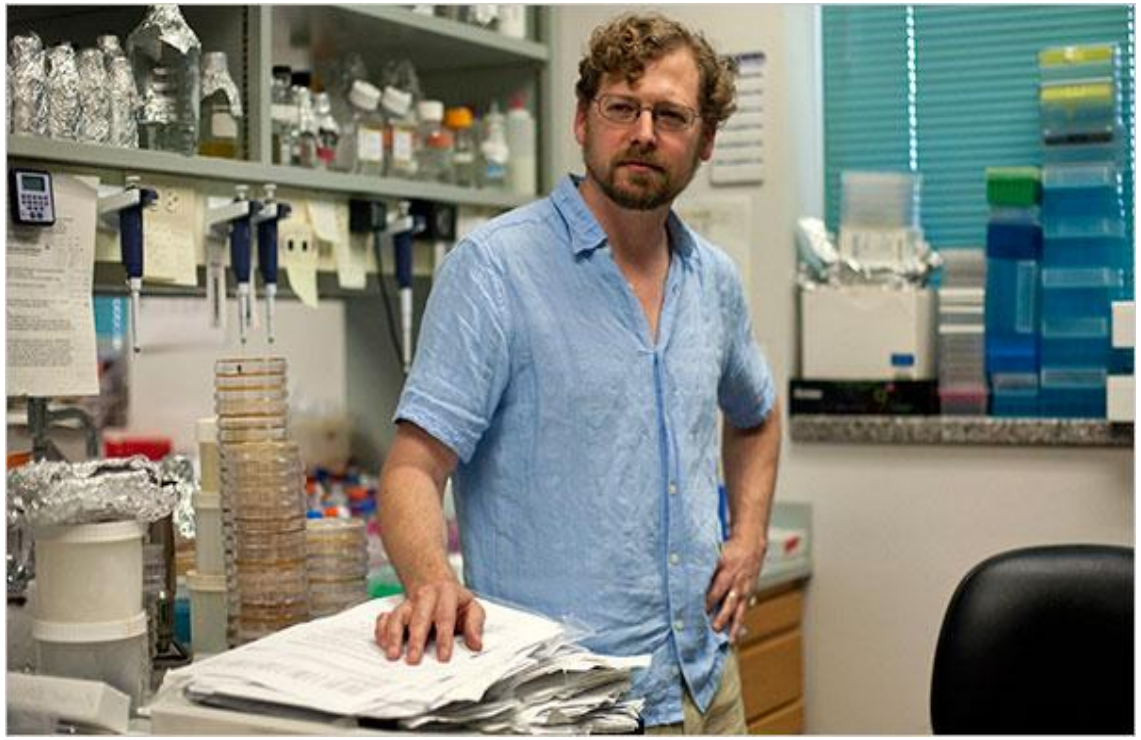
Суть самого распространенного из таких методов заключается в следующем. Нуклеиновые кислоты режутся в произвольных местах на небольшие одноцепочечные кусочки, которые потом достраиваются специально помеченными нуклеотидами по принципу комплементарности так, что присоединение каждого сопровождается флуоресцентной вспышкой. Эти вспышки фиксируются и переводятся в генетический код. После этого уникальные перекрывающиеся фрагменты кода при помощи компьютерного анализа объединяют в более крупные и восстанавливают исходные последовательности.

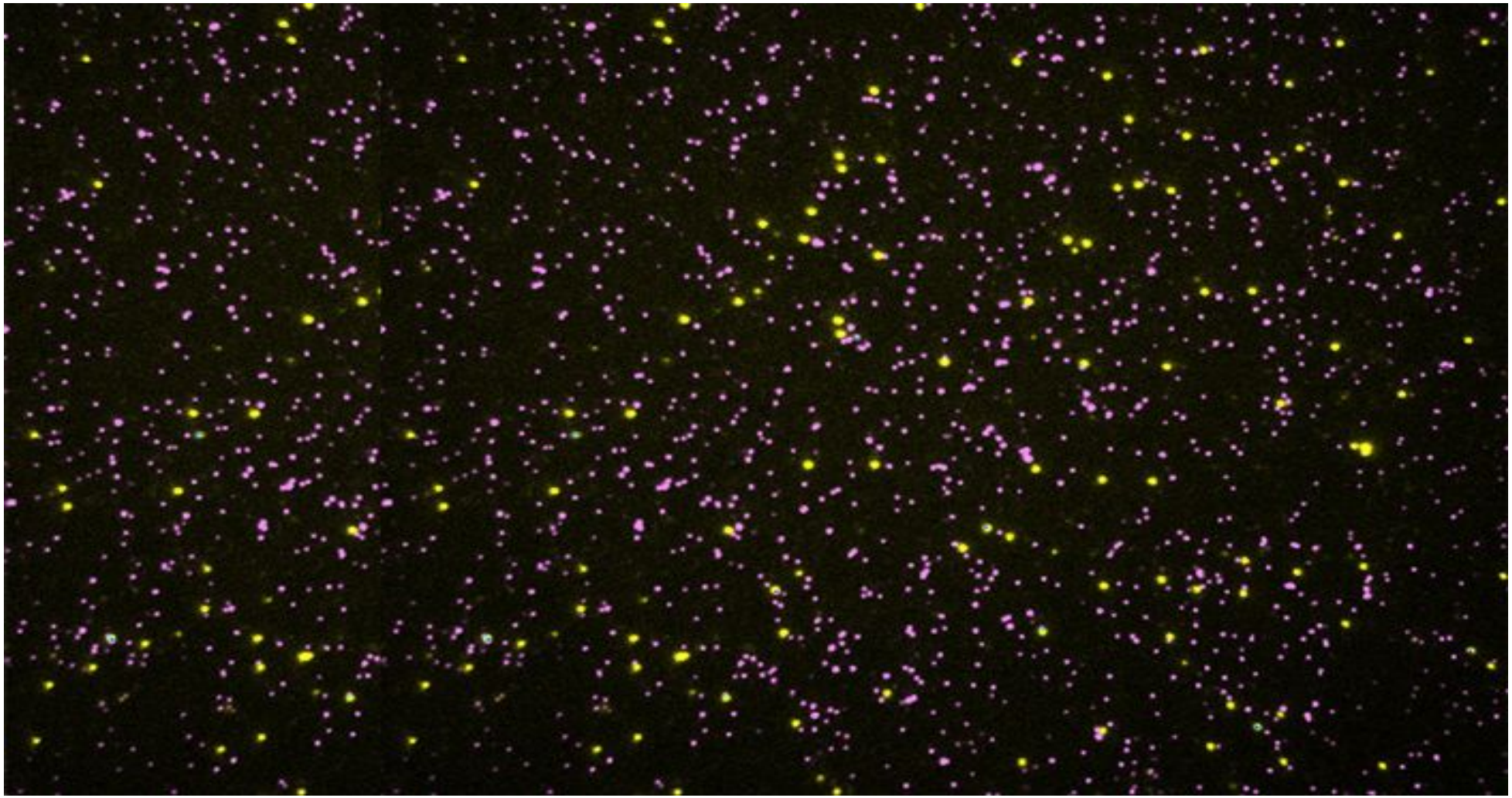


Масс-спектрометр

Масс-спектрометрия позволяет разделить молекулы по массе, «взвесить» и предсказать их первичную структуру, сравнив молекулярный вес с рассчитанными по геномным данным «табличными значениями».

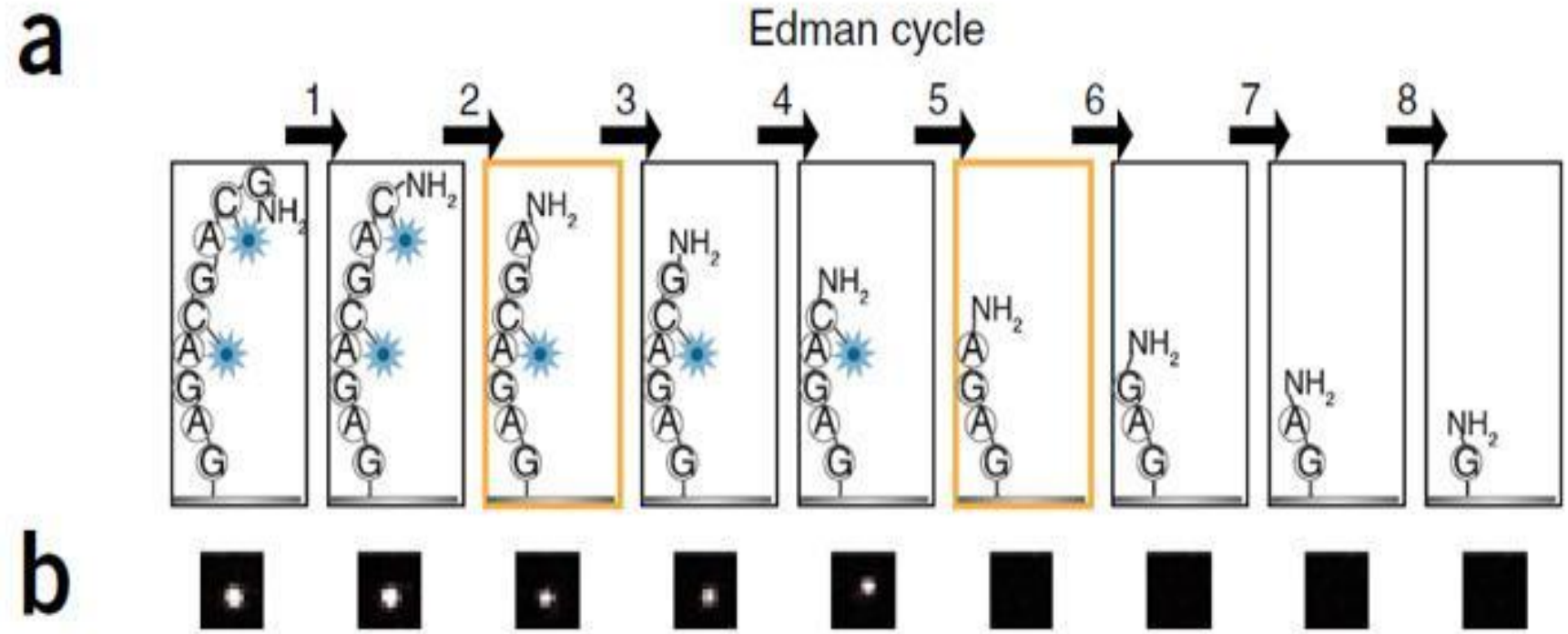
Эдвард Маркотт и его коллеги из Техасского университета в Остине предложили альтернативу существующим решениям и адаптировали методы секвенирования нового поколения для прямого секвенирования белков.





По изменению свечения при постепенной деградации белков исследователи научились определять их первичную структуру.

Для эксперимента взяли TIRF-микроскоп с высоким разрешением, позволяющим разглядеть каждую светящуюся точку-пептид.



Пример результатов, полученных для смеси 1695 молекул пептидов с двумя мечеными цистеинами в разных положениях. Изменение структуры одной из молекул на протяжении восьми циклов реакции (a) и ее фотографии для каждого цикла (b).

БЛАГОДАРЮ ЗА ВНИМАНИЕ.

Современные технологии секвенирования белков, РНК и ДНК.

Выполнил студент 2 курса 31 группы лечебного факультета

Горячкин Даниил Сергеевич