Введение.

Все организмы состоят из белков, липидов, углеводов и нуклеиновых кислот. Липиды выполняют энергетическую функцию, углеводы – запасную, белки – строительную, а нуклеиновые кислоты отвечают за хранение и передачу наследственной информации, ее реализацию. Иными словами, строение организма определяется белками. Информация о структуре белков зашифрована в молекулах ДНК. ДНК представляет собой две спирально закрученные цепей. Остов цепи образован остатками фосфорной кислоты и дезоксирибозы. Внутрь спирали направлены азотистые основания, они соединяются между собой с помощью водородных связей по принципу комплементарности. Участок молекулы ДНК, содержащий информацию о структуре одной молекулы белка-фермента, называется геном. Совокупность наследственного материала организма, называется геномом. В белках встречаются 20 аминокислот, их последовательность определяет структуру и свойства белков. Правила перевода нуклеотидной последовательности в нуклеиновой кислоте в аминокислотную последовательность белка называют генетическим кодом. Он был расшифрован в 60-х годах XX века в результате ряда экспериментов и математических расчетов. Если прочитать этот код, можно понять индивидуальные особенности организма. Если прочитать его у разных организмов, можно понять насколько близки разные этнические группы, как люди расселялись по планете, причины наследственных заболеваний. Секвенирование – это общее название методов, которые позволяют установить последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК. Первое секвенирование человеческого генома продолжалась в течении 10 лет, в 2003 году эта задача была решена. С совершенствованием технологии секвенирования, этот процесс пошел быстрее.

**Актуальность моего исследования:** С генетической точки зрения все люди одинаковы более чем на 99%, разница в 1% делает людей уникальными. Этим числом определяются наши физические возможности, предрасположенность к болезням и реакции на лекарства и т.д. Из-за этой разницы одно лекарство подходит одним пациентам, а другим – нет. Поэтому, в будущем будет развиваться персональная медицина, основанная на данных генома пациента. Однако, чтобы узнать, как работает весь организм в целом нужно смотреть протеом – совокупность всех белков организма, ткани или органа. С помощью знаний, полученных от секвенирования ДНК можно понять насколько близки разные этнические группы, как люди расселялись по планете, причины наследственных заболеваний.

**Проблема моего исследования:** Раньше секвенирование ДНК было долгим и трудоемким процессом, сейчас технология усовершенствовалась, цена упала, но она все еще остается высокой, а процесс – трудозатратным. Ученые стремятся сделать медицину более персонализированной, для чего им нужны данные, полученные от секвенирования ДНК.

**Цель моего исследования:** познакомиться с методами секвенирования ДНК и выделить образец ДНК из биоматериала, который в дальнейшем может быть отсеквенирован.

**Задачи моего исследования:**

* изучить методы расшифровки ДНК (современные и новейшие);
* узнать о свойствах и применении полученных в результате секвенирования данных;
* узнать о методах выделения ДНК и сравнить разные методики;
* выделить образец ДНК, который в дальнейшем может быть отсеквинирован.