Департамент образования города Москвы

Государственное бюджетное общеобразовательное учреждение города Москвы «Гимназия №1505

«Московская городская педагогическая гимназия-лаборатория»»

**РЕФЕРАТ**

на тему

**Расшифровка ДНК**

Выполнила :   
Пашинцева Анастасия Валерьевна

Руководитель:  
Шалимова Елена Георгиевна

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ (подпись руководителя)

Рецензент:   
\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ (подпись рецензента)

Москва

2017/2018 уч.г.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | ОГЛАВЛЕНИЕ |  |
| 1 | Введение………………………………………………. | 3 |
| 2 | 1 Методы секвенирования старого поколения…………………………………………….. | 5 |
|  | 1.1 ДНК-проба, или ядерная проба…………………………………………………... | 5 |
|  | 1.2 Метод Сэнджера………………………………….. | 8 |
|  | 1.3 МетодМаксама**-**Гилберта………………………... | 9 |
|  | 1.4 Словарь терминов первой главы………………… | 10 |
| 3 | 2 Проект «Геном человека»………………………… | 12 |
|  | 2.1 Типы карт…………………………………………. | 13 |
|  | 2.2 Два подхода к картированию геномов………….. | 15 |
|  | 2.3Банкиданных……………………………………... | 16 |
|  | 2.4 Краткая характеристика результатов……………. | 16 |
|  | 2.5 Будущее проекта………………………………….. | 18 |
|  | 2.6 Словарь терминов второй главы………………… | 18 |
| 4 | 3 Новые методы секвенирования и применение знаний расшифрованного генома человека на практике………………………………………… | 19 |
|  | 3.1 Новые методы секвенирования. Секвенирование «нового поколения»…………………………… | 19 |
|  | 3.1.1 Пиросеквенирование | 20 |
|  | 3.2 Практическое применение знаний расшифрованного генома человека………… | 21 |
|  | 3.3 Словарь терминов третьей главы………………... | 26 |
| 5 | Заключение…………………………………….…. |  |
| 6 | Список литературных источников……………………………………….... |  |

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. Первая расшифровка человеческого генома продолжалась в течении 10 лет, в 2003 году эта задача была решена. С совершенствованием технологии определения порядка нуклеотидов, то есть 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 расшифровки 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 расшифровки ДНК и применением полученных данных на практике.

**Задачи моего исследования:**

* изучить методы расшифровки ДНК (современные и новейшие);
* узнать о свойствах применении полученных в результате секвенирования данных.