

*Косцов М. А.*

## **МЕТОДЫ СЕКВЕНИРОВАНИЯ НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ**

*Научный руководитель канд. биол. наук, доц. Мезен Н. И.*

*Кафедра биологии*

*Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск*

На сегодняшний день всё больше направлений в биологии и медицине, которые используют в своей практике методы анализа нуклеотидной последовательности ДНК и РНК. В первую очередь это связано с возникновением относительно недорогостоящих и точных методов секвенирования данных молекул. Если пару десятков лет назад возможность получить нуклеотидную последовательность генома какого-либо организма могли себе позволить только избранные, то сегодня такая возможность есть у большинства лабораторий мира. Секвенирование ДНК используется для полногеномного анализа (ресеквенирования и секвенирования *de novo*), анализа ДНК-белковых взаимодействий (ChIP-Seq), т. е. изучения влияния транскрипционных факторов и ДНК-связывающих белков на экспрессию генов, и многих других исследований. Секвенирование РНК позволяет качественно и количественно оценивать экспрессию генов, различие в активности генома клеток разных тканей и органов.

Данные методы активно применяются в области медицины. С возможностью просматривать геном каждого пациента появилась надежда создания «персонализированной медицины». Она подразумевает проведения персональной терапии и подбора методов лечения на основе анализа индивидуальных генетических характеристик.

Работа посвящена анализу литературных данных о новейших существующих методах секвенирования ДНК и РНК, так называемых методах секвенирования «нового поколения» или NGS (next generation sequencing), освещению «эволюции» данных методов, а также применению их в биологии и медицине. Рассматриваемые технологии секвенирования подразделяются на технологии «второго поколения» и технологии «третьего поколения». К первой группе относятся методы, которые позволяют проводить секвенирование небольших фрагментов ДНК или РНК и дающие высокую точность. Это такие технологии, как «Roche 454» (пиросеквенирование), использующая измерение уровня пирофосфата при встраивании нового нуклеотида в цепь, Ion Torrent (ионное полупроводниковое секвенирование) – модификация предыдущего метода, использующая как маркер не пирофосфат, а ион водорода, SOLiD (циклическое лигазное секвенирование), позволяющая добиться высокой точности, и Illumina/Solexa (секвенирование на молекулярных кластерах с использованием флуоресцентно меченых нуклеотидов) – наиболее распространённая на сегодняшний момент технология, предоставляющая лучшее соотношение цены и качества. К технологиям «третьего поколения» относятся такие методы, как PacBio (одномолекулярное секвенирование в реальном времени) и Nanopore sequencing (нанопоровое секвенирование), которые позволяют «прочитывать» большие фрагменты ДНК и РНК, что является очень важным при секвенировании геномов *de novo*.

Данные технологии позволяют выяснить причину многих наследственных заболеваний, как моногенных, так и полигенных, а затем использовать полученные данные для их диагностики. Особое значение принадлежит возможности изучения механизмов возникновения и развития онкологических заболеваний, разработке новых лекарственных препаратов, действующих только на определённые мишени, и точная диагностика различных разновидностей онкологических заболеваний с целью назначения эффективного лечения. Также исследуя большие клинические выборки возможно получить данные о генетических характеристиках конкретных групп людей.

Сегодня в биомедицинской науке происходит геномная революция: каждый день появляются новые данные, биотехнологические компании предлагают свои услуги населению, что значительно облегчает диагностику заболеваний и приближает мир к такому понятию, как «персонализированная медицина».