

تحلیل همزمان ژن‌ها با فناوری بارکدگذاری

دانشمندان آمریکایی، فناوری جدیدی را برای تحلیل همزمان ژن‌ها ابداع کرده‌اند که مبتنی بر روش بارکدگذاری است.



دانشمندان آمریکایی، فناوری جدیدی را برای تحلیل همزمان ژن‌ها ابداع کرده‌اند که مبتنی بر روش بارکدگذاری است.

به گزارش ایسنا و به نقل از مدیکال&ژنومیکس، دانشمندان بیمارستان "مونت سینا" (Mount Sinai) آمریکا، فناوری جدیدی برای تحلیل همزمان عملکرد صدها ژن در سطح سلول ابداع کرده‌اند. این فناوری، مبتنی بر روش بارکدگذاری است و در آن از یک پروتئین جدید استفاده شده است.

از زمان کدگذاری نخستین ژنوم انسانی در اوایل سال 2000، مجموعه&ژنومیکس شامل 20 هزار ژن کدگذاری شده مشخص شدند که دانشمندان هنوز نتوانسته&ژنومیکس؛ وند عملکردهای انفرادی آنها را مشخص کنند. بدون وجود این اطلاعات، درک چگونگی عملکرد ژنوم&ژنومیکس؛ وند های انسان و نحوه استفاده از آنها برای پیش&ژنومیکس؛ وندی، پیشگیری و حتی درمان بیماری، محدود می&ژنومیکس؛ وند می‌شود.

دانشمندان در سال&ژنومیکس؛ وند های 2012 و 2013، روش جدیدی برای ویرایش ژن&ژنومیکس؛ وند های موسوم به "کریسپر" ابداع کردند که می&ژنومیکس؛ وند توان از آن برای تعیین عملکرد ژن استفاده کرد. کریسپر توانست جهان را متحول کند اما پژوهشگران هنوز در استفاده از این روش برای بررسی ژن&ژنومیکس؛ وند ها و نقش احتمالی آنها، با چالش&ژنومیکس؛ وندی روبرو هستند.

روش جدید دانشمندان مونت سینا، چالش&ژنومیکس؛ وند های تحلیل ژنوم را در مقیاس بی&ژنومیکس؛ وند سابقه&ژنومیکس؛ وند ای مورد بررسی قرار می&ژنومیکس؛ وند دهد. این پژوهش، ابزار جدیدی را برای بارکدگذاری و ردیابی ژن&ژنومیکس؛ وند های متفاوت کریسپر با استفاده از پروتئین&ژنومیکس؛ وند هایی موسوم به "اپیتوپ" (epitope) ارائه می&ژنومیکس؛ وند دهد. بارکدهای اپیتوپ، این امکان را فراهم می&ژنومیکس؛ وند کنند که از ژن&ژنومیکس؛ وند های کریسپر به همراه هم استفاده شود.

اگرچه فناوری&ژنومیکس؛ وند هایی برای ردیابی ژن کریسپر وجود دارد اما این روش&ژنومیکس؛ وند ها بر DNA به عنوان یک بارکد تکیه می&ژنومیکس؛ وند کنند و امکان بررسی عملکرد ژن را با دقت کمتری فراهم می&ژنومیکس؛ وند کنند. پژوهشگران با این روش جدید توانستند روش جامع&ژنومیکس؛ وندی را برای مشخص کردن اثرات زیستی هر ژنوم نشان دهند.

پژوهشگران از این فناوری برای بررسی ژن&ژنومیکس؛ وند های مورد نیاز سیستم ایمنی استفاده کردند تا آنها را در برابر سرطان حفظ کنند.

"برایان براون" (Brian Brown)، استادیار علوم ژنتیک و یکی از نویسندگان این پژوهش گفت: هنوز باید کارهای بسیاری در مورد این پژوهش انجام شوند تا به درک کامل ژنوم انسان کمک کنند. ما هنوز عملکرد و نحوه ارتباط بسیاری از ژن&ژنومیکس؛ وند ها را نمی&ژنومیکس؛ وند دانیم. روش ما، می&ژنومیکس؛ وند تواند به اهداف مرتبط با این حوزه سرعت دهد و به کشف ژن&ژنومیکس؛ وند های عامل بیماری و داروهای جدید کمک کند.

مقاله این پژوهش، در مجله "Cell" به چاپ رسید.