



ODREĐIVANJE REDOSLEDA NUKLEOTIDA MOLEKULA DNK KOD VEĆEG BROJA LJUDI – Sekvenciranje genoma

MULTI-GENOME SEQUENCING

Zorica Lepšanović, Vojnomedicinska akademija, Bograd

Početak 2008. godine u Pekingu je najavljena realizacija projekta tokom kojeg će se sekvencirati celi genomi 100 Kineza starijih od tri godine, a nakon toga i mnogo veći broj genoma. Nazvan je Yanhuang projekat, prema dvojici vladara za koje se smatra da su potomci najvećih etničkih grupa u Kini. (Nature 2008;451: 234)

Sekvenciranje, odnosno određivanje redosleda nukleotida molekula DNK, ovako velikog broja genoma, moguće je zahvaljujući tehnologiji brzog sekvenciranja, koja je unapređena tokom realizacije prvog projekta sekvenciranja humanog genoma. Iz ovako obimnog posla očekuje se veliki broj podataka koji će omogućiti upoređivanje unutar i između populacija. Naučnici se nadaju da će, proučavajući genome, dobiti podatke koji su vezani za istoriju čoveka i da će moći da kažu koliko je bilo genetičkih razmena između kontinenata od najranijih migracija čoveka van Afrike.

Podaci koji će se dobiti realizacijom ovog projekta, a koji će moći da se primene u medicini, odnose se na genetičku raznovrsnost ljudi. Tokom poslednje velike studije ispitivanja raznovrsnosti („HapMap“ ispitivanje), analiziran je samo polimorfizam pojedinačnih nukleotida („single-nucleotide polymorphism“ ili SNP). To su mesta na molekulu DNK na kojima se „genetički kod“ različitih osoba razlikuje samo u po jednom nukleotidu i to su relativno česte genetičke varijante. Međutim, sve su češći nalazi retkih varijanti koje su vezane za pojedina oboljenja i upravo one bi bile detektovane tokom projekta.

Detekcija raznovrsnosti između genoma doprinela bi i razumevanju genetike mnogih osobina čoveka koje ne moraju biti u vezi sa oboljenjima, npr. boja očiju i kose, struktura lobanje i lica i druge.

Sekvenciranje prvog humanog genoma uradile su grupe „Human Genome Project“ i „Celera Genomics“ uz učešće preko 2000 istraživača iz dvadesetak zemalja celog sveta. Nakon toga je urađeno sekvenciranje genoma naučnika Craiga Venter-a i Jamesa Watson-a, koji je učestvovao

u otkrivanju strukture DNK. U toku je sekvenciranje delova DNK desetak osoba u jednoj laboratoriji u SAD. Kinški projekat je prvi koji će ispitivati veliki broj celih genoma privatnih osoba. Ovakvih projekata će uskoro biti više, a jedan internacionalni bi uskoro trebalo da počne da se realizuje u SAD, tokom kojeg bi se sekvencirali genomi oko 1000 osoba.

Rad je primljen 08. 09. 2008.

