

В последнее время все большей популярностью пользуются [надувные кровати](#) различных фирм. Они практичны и удобны, а в сложенном виде не занимают много места.

Сравнение генов в рамках нескольких видов, как бы там ни было, со всей вероятностью может продемонстрировать отношения между видами и сходство функциональных характеристик белков. С другой стороны, в связи с постоянным возрастанием объема данных давно стало невозможным анализировать вручную эти сложные последовательности. В наши дни для этих целей используют компьютерные программы, которые совершают относительно быстрый поиск по геномам организмов, которые состоят из миллиардов спаренных нуклеотидов. Программы однозначно сопоставляют, то есть, иными словами, выравнивают, похожие последовательности в ДНК геномов различных видов. Зачастую такие последовательности имеют сходные функции. Различия же возникают из-за мелких мутаций, например, таких, как вставки нуклеотидов и их делеции. Еще один вариант такого выравнивания применяют при процессе секвенирования.

Техника дробного секвенирования, использованная Институтом Генетических Исследований, например, для секвенирования бактериального генома под названием *Haemophilus influenzae*, вместо абсолютной последовательности нуклеотидов, приподносит последовательности только коротких фрагментов ДНК. Концы фрагментов накладывают друг на друга и при совмещении определенным образом они дают полный геном. Этот метод дает результаты достаточно быстро, однако сборка фрагментов может быть слишком сложной задачей. В проектах по расшифровке геномов человека сборка, к примеру, заняла несколько месяцев компьютерной работы. Сейчас же этот метод применяют почти для всех геномов, при этом алгоритмы сборки геномов – это одна из острейших проблем всей биоинформатики.

Другой пример применения компьютерного анализа – это автоматический поиск генов, а также регуляторных последовательностей геномов. Ведь далеко не все нуклеотиды используются в построении последовательностей белков. Так, в геномах высших организмов, некоторые сегменты ДНК не кодируют белки, а их функциональная роль до сих пор неизвестна. Биоинформатика же помогает связать протеомные и геномные проекты. В таком случае наука развивается в аспекте дальнейшего использования

Начало аналитических исследований белковых структур

Автор: Administrator
19.07.2013 18:16 -

последовательностей ДНК для правильной идентификации белков.