



سمینار هفتگی ماده چگال نرم

معرفی و کاربرد روش های توالی یابی نسل بعد (NGS) در بیولوژی

Abstract

خوانش تک تک نوکلئوتیدهای تشکیل دهنده ژنوم و مو شکافی از رمزهای نوکلئوتیدی چنان شوقی را در محققان ایجاد کرد که از دهه هفتاد میلادی تا کنون تکنیک های توالی یابی هر ساله دست خوش تغییر و جایگزینی با روش های نوین تر قرار می گیرند. این روش ها که امروزه به عنوان توالی یابی نسل بعدی (NGS) شناخته می شوند، عمدتاً از فناوری توالی یابی موازی استفاده کرده که از توان و سرعت فوق العاده بالایی برخوردار می باشد. NGS انقلابی در علوم زیستی ایجاد کرده است و به آزمایشگاه ها اجازه می دهد تا طیف وسیعی از کاربردها را انجام داده و سیستم های بیولوژیکی را در سطحی که قبلاً امکان پذیر نبود مطالعه کنند. در این گفتار مرور کوتاهی درباره پلتفرم های NGS و کاربردهای وسیع آن در زمینه های مربوط به ژنوم (Genomics)، رونویسی (Transcriptomics) و اپی ژنوم (Epigenomics) خواهیم داشت.

Mahsa Hatami

Shahid Beheshti University, Geniran

زمان: شنبه ۱۴۰۲/۰۲/۲۳ ساعت ۱۵:۳۰

مکان: اتاق ۵۱۲ دانشکده فیزیک دانشگاه صنعتی شریف - کلاس مجازی دکتر اجتهادی

<https://vc.sharif.edu/ch/ejtehadi>