Детальное изучение генома гориллы

В последнем номере журнала Science опубликованы результаты секвенирования генома гориллы по технологии «выравнивания длинных последовательностей» (Long-read sequence assembly). Такая технология дала возможность гораздо точнее картировать расположение генов, полиморфных участков и повторов. Были секвенированы 87% пропущенных ранее экзонов (кодирующих белки участков). Это важный шаг к исследованию генетического разнообразия и структурных вариаций генома гориллы. Задача исследователей состоит в том, чтобы геномы наших ближайших родственников были проанализированы с той же степенью подробности, что и геном человека.

Источник:

Long-read sequence assembly of the gorilla genome

David Gordon et al. http://science.sciencemag.org/content/352/6281/aae0344