

اطلاعات به افراد این اجازه را می‌دهد که کشفی صحیح و دقیق داشته باشند و محل ژنها را علامت‌گذاری کنند، دانشمندان به این فرایند انوتیشن می‌گویند. «بهترین روشهای رایانه‌ای می‌توانند روشهای دستی و سنتی را فقط ۴۰ تا ۵۰ درصد از لحاظ زمان تکرار کنند».

امید گفت: تیم کدگذاری ژنها کارش تمام نشده است، چندین کروموزم هنوزم نیاز به بررسی دارند. شمارش جدید تیم کدگذاری ژنها، در رابطه با ژنهای انسانی ۱۲/۶۷۱ ژن بوده است. «قطعاً این تعداد بیشتر خواهد شد». وی افزود: قبلاً این تیم به کمک اطلاعات پروژه زنجیره RNA چندین ژن جدید را در کروموزم شماره چهار قرار داده است.

بر تون گراولی از دانشگاه مرکز سلامتی «کنیتیکت» در فارمینگتون می‌گوید: حدس هر فرد اینگونه است که به وسیله زنجیره RNA، به جای DNA، چه تعداد ژن جدید ممکن است قرار گرفته باشد. دانشمندانی که RNA ی مگس میوه را به صورت زنجیره درآوردند، ۱۹۳۸ ژن جدید کشف کردند.

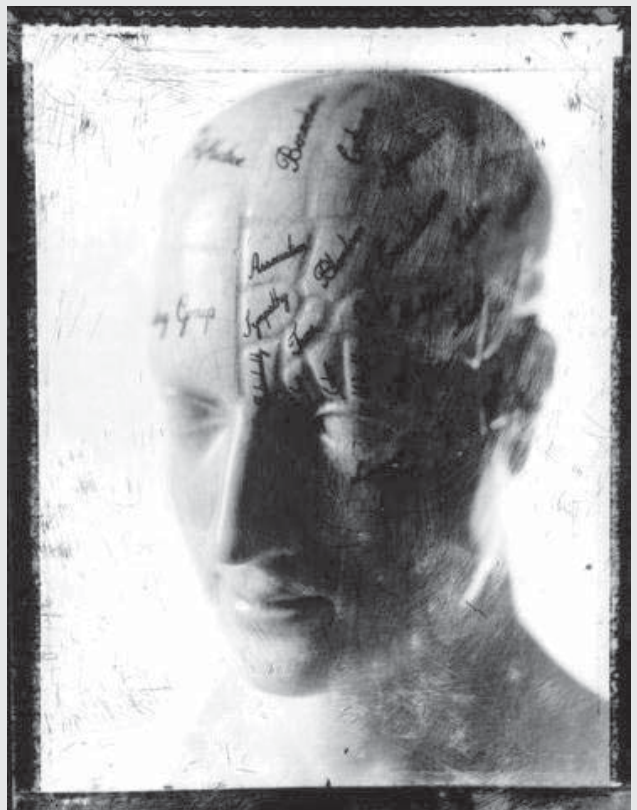
سالزبرگ گفت: نهاد گردآوری ژنهای پستانداران که تلاش می‌کند تا تمام نمونه‌های RNA که زنجیره‌ای کامل دارند را بصورت کاتالوگ در بیاورد، رقم ژنهای انسانی را ۱۸۸۷۷ اعلام کرده است. این رقم احتمالاً نزدیک به شمارش قبلی ژنها می‌باشد.

سالزبرگ افزود: اگر روش زنجیره‌ای جدید RNA همان مقیاس از ژنهای جدید را در افراد به همان شکل که در مگس میوه دیده شد پیدا کند، ۳/۰۰ ژن دیگر علاوه بر آنچه که قبلاً به وسیله رفسک به تأیید رسیده به ژنوم انسانی افزوده می‌شود. «این یک نتیجه شگفت‌انگیز خواهد بود». «من غافلگیر خواهم شد، اما غافلگیری‌های علمی را دوست دارم».

منبع: Suiencenews online

پی‌نوشت‌ها:

- ۱- مرکز ایالت ماساچوست در آمریکا است، که بیش از ۶۵ دانشگاه و کالج دارد.
- ۲- مجموعه کاملی از کروموزومها یا مجموع ژنها
- ۳- یک منبع اطلاعات پزشکی
- ۴- در هسته هر سلول مولکولهایی قرار دارند که اساسی‌ترین اطلاعات حیات را در خود ذخیره کرده‌اند. این مولکول‌ها، دئوکسی‌ریبونوکلئیک‌اسید (DNA) نام دارند. DNA از چهار نوع مولکول ساخته شده است، که به آنها «نوکلئوتید» می‌گوییم. این چهار نوکلئوتید عبارتند از: ادنین (A)، گوانین (G)، سیتوزین (C) و تیمین (T). اگرچه DNA اطلاعات ژنتیکی جاندار زنده را در خود دارد، اما برای عملکرد موفق به وجود ریبونوکلئیک‌اسید (RNA) نیاز دارد. RNA هم مانند DNA از رشته‌های اسید نوکلئیکی تشکیل شده که با پیوندهای مشابهی به هم متصل شده‌اند؛ اما دو تفاوت عمده با DNA دارد. یکی اینکه در ساختار آن به جای تیمین، از اوراسیل (U) استفاده شده است و دوم اینکه مارپیچی نیست و فقط از یک رشته تنها ساخته شده است.



در هینگستون انگلیس می‌گوید: در گذشته دانشمندان از برنامه‌های کامپیوتری جهت بررسی دقیق میلیاردها رمز DNA و نشان دادن محل ژنها استفاده می‌کردند. با گذشت سالها برنامه‌ها بهتر شده‌اند اما هنوز به این حد نرسیده‌اند که افراد، اکسن‌ها را از دریایی از اینترونها تفکیک کنند و دریابند چگونه تکه‌های پروتئین کدگذاری شده به همدیگر متصل می‌شوند.

امید در پروژه کدگذاری ژنها شرکت کرده است، این خود تلاشی جهت مشخص کردن تمام ژنهای انسانی و بسیاری از اقدامات پس و پیش‌سازی ژنها است که می‌تواند رقم سرسام‌آوری از پروتئینهای را تولید کند. وی و یکی از همکارانش اقدام به جداسازی و مشخص کردن ژنها به سبک قدیمی و دستی کردند. محققین تعداد زیادی سرخ که اطلاعاتی همچون منشاء ژنها طبق ژن‌بانی رایانه‌ای، که خود دانشی درباره تولید زنجیره RNA به وسیله ژنها می‌باشد، و مقایسه DNA انسانی با ژنوم دیگر حیوانات را بدست آوردند.

امید در جلسه‌ای بعد از کنفرانس ژنوم در ۱۲ اکتبر گفت: آمیختن این

