

۱۴۵۴۹۹

از ژن تا ژنوم

مفاهیم و کاربردهای فناوری DNA

ویرایش سوم

تألیف: جرمدیل - مالکوم فون شنتر - نیک پلنت

دانشگاه سوری، انگلستان

مترجمین به ترتیب حروف الفبا:

ام البنین اسدیور (دانشجوی دکتری زیست فناوری پزشکی دانشگاه تربیت مدرس)

فاطمه سلیمی (دانشجوی دکتری زیست فناوری پزشکی دانشگاه تربیت مدرس)

فاطمه نافیان دهکردی (دانشجوی دکتری زیست فناوری پزشکی دانشگاه تربیت مدرس)

زهرالسادات هاشمی (دانشجوی دکتری زیست فناوری پزشکی دانشگاه علوم پزشکی

تهران)

نام کتاب: از ژن تا ژنوم *From Genes to Genomes*

ناشر: سنگ فرش

مؤلفین: جریمی دبلیو دیل، مالکوم فون شنتز، نیک پلنت

مترجمین به ترتیب حروف الفبا: ام البنین اسدیپور، فاطمه سلیم

فاطمه نافیان دهکردی، زهرالسادات هاشمی

نوبت چاپ: اول ۱۳۹۵

تیراژ: ۲۰۰ جلد

قیمت: ۳۸۰۰۰ تومان

شابک: ۹۷۴-۶۰۰-۷۷۹۷-۳۳-۴

فهرست

فصل اول: از ژن تا ژنوم.....	۲۵
۱-۱ مقدمه	۲۵
۱-۲ زیست شناسی یا مولکولی.....	۳۱
۱-۲-۱ اسکلت (backbone) DNA.....	۳۱
۱-۲-۲ جفت های بازی.....	۳۳
۱-۲-۳ ساختار RNA.....	۳۸
۱-۲-۴ سنتز اسید نوکلئیک.....	۴۰
۱-۲-۵ مارپیچ (Coiling) و ابر مارپیچ (Super Coiling).....	۴۱
۱-۳ ژن چیست.....	۴۳
۱-۴ جریان اطلاعات (Information Flow) : بیان ژن.....	۴۶
۱-۴-۱ رونویسی.....	۴۸
۱-۴-۲ ترجمه.....	۵۲
۱-۵ ساختار و سازماندهی ژن.....	۵۴
۱-۵-۱ اپرونها.....	۵۴

- ۵-۲-۱ آگزونها و اینترونها..... ۵۵
- ۶-۱ اصلاحات مدل ۵۷
- فصل دوم: چگونگی کلون یک ژن..... ۵۹
- ۱-۲ کلونینگ چیست؟..... ۵۹
- ۲-۲ م. ری. بر فرآیندها..... ۶۱
- ۳-۲ استخراج (Extraction) و خالص سازی (Purification) اسیدهای نوکلئیک..... ۶۵
- ۳-۳-۱ شکستن (Breaking up) سلولها و بافتها..... ۶۶
- ۳-۳-۲ واسرشت سازی قلیایی..... ۶۹
- ۳-۳-۳ ستون تخلیص..... ۶۹
- ۴-۲ تشخیص و غلظت سنجی اسیدهای نوکلئیک..... ۷۱
- ۵-۲ الکتروفورز ژلی..... ۷۲
- ۵-۲-۱ الکتروفورز ژل تجزیه ای (Analytical gel electrophoresis)..... ۷۳
- ۵-۲-۲ الکتروفورز ژلی آماده (Preparative gel electrophoresis)..... ۷۶
- ۶-۲ اندونوکلیئازهای محدودالایر (Restriction endonucleases)..... ۷۷
- ۶-۱ اختصاصیت..... ۷۹
- ۶-۲ انتهاهای کور و چسبنده..... ۸۲

۸۷.....۷-۲ الحاق (Ligation)

۹۰.....۱-۷-۲ بهینه سازی شرایط الحاق

۲-۷-۲ پیشگیری از الحاق ناخواسته : آکالین فسفاتاز و برشهای مضاعف

۹۳.....(double digests)

۹۶.....۳-۲ سایر روشهای اتصال قطعات DNA

۹۷.....۸-۲ تغییرات انتهایی قطعات بریده شده

۹۸.....۱-۸-۲ رابطها (Linkers) و بارش دهندهها (Adaptors)

۱۰۲.....۲-۸-۲ امتداد یافتن با پیمره ها و سان

۱۰۴.....۹-۲ وکتورهای پلاسمیدی

۱۰۶.....۱-۹-۲ همانندسازی پلاسمید

۱۰۸.....۲-۹-۲ جایگاههای کلونینگ (cloning site)

۱۱۱.....۳-۹-۲ نشانگرهای انتخاب پذیر (Selectable markers)

۱۱۲.....۴-۹-۲ غیر فعال سازی الحاقی (Insertional inactivation)

۱۱۴.....۵-۹-۲ تراریختی (Transformation)

۱۱۸.....۱۰-۲ وکتورهای مبتنی بر باکتریوفاژ لامبدا

۱۱۸.....۱-۱۰-۲ بیولوژی لامبدا

۱۲۳.....۲-۱۰-۲ بسته بندی آزمایشگاهی (In vitro packaging)

۱۲۵.....(Insertion vectors) ۳-۱۰-۲ حاملین الحاقی

۱۲۹..... ۴-۱۰-۲ حاملین جایگزینی

۱۳۲..... ۱۱-۲ کاسمیدها

۱۳۳..... ۱۲-۲ سوپر حاملها: BACs و YACs

۱۳۶..... ۱۳-۲ ملایمه

۱۳۷..... فصل ۲: کتابخانه های ژنومی و cDNA

۱۴۰..... ۱-۳ کتابخانه های ژنی

۱۴۲..... ۱-۱-۳ هضم جزئی (Partial digestion) DNA

۱۴۶..... ۲-۱-۳ انتخاب حاملها

۱۵۰..... ۳-۱-۳ ساخت و ارزیابی یک کتابخانه ژنومی

۱۵۳..... ۲-۳ بزرگ کردن و ذخیره کتابخانه

۱۵۵..... ۳-۳ کتابخانه های cDNA

۱۵۷..... ۱-۳-۳ جداسازی mRNA

۱۵۹..... ۲-۳-۳ سنتز cDNA

۱۶۵..... ۳-۳-۳ cDNA باکتریایی

۱۶۵..... ۴-۳ غربالگری کتابخانه با پروب های ژنی

۱۶۶..... ۱-۴-۳ هیبریداسیون

- ۱۷۱..... ۲-۴-۳ نشاندار کردن پروب ها.
- ۱۷۲..... ۳-۴-۳ مراحل آزمایش هیبریداسیون
- ۱۷۵..... ۴-۴-۳ روند غربالگری.....
- ۱۷۷..... ۴-۳ انتخاب و تولید پروب.....
- ۱۸۱..... ۵-۳ غربالگری.....^۴ -انخانه های بیانی به وسیله آنتی بادی.....
- ۱۸۴..... ۶-۳ تعیین ویژگی کلون های پلاسمیدی.....
- ۱۸۵..... ۱-۶-۳ ساترن بلات.....
- ۱۸۶..... ۲-۶-۳ PCR و تجزیه و تحلیل توالی.....
- فصل ۴ : واکنش زنجیری پلیمراز (PCR-Polymerase Chain Reaction)..... ۱۸۹
- ۱۹۱..... ۱-۴ واکنش PCR.....
- ۱۹۷..... ۲-۴ واکنش زنجیری پلیمراز در عمل.....
- ۱۹۸..... ۱-۲-۴ بهینه سازی واکنش زنجیری پلیمراز.....
- ۱۹۹..... ۲-۲-۴ طراحی آغازگر.....
- ۲۰۱..... ۳-۲-۴ تجزیه و تحلیل محصولات واکنش زنجیری پلیمراز.....
- ۲۰۴..... ۴-۲-۴ آلودگی.....
- ۲۰۵..... ۳-۴ کلون کردن محصولات PCR.....
- ۲۰۹..... ۴-۴ long-range.....



۲۱۰.....	Reverse-transcription PCR ۵-۴
۲۱۱.....	Quantitative و Real-time PCR ۶-۴
۲۱۱.....	SYBER Green ۱-۶-۴
۲۱۴.....	TaqMan ۲-۶-۴
۲۱۵.....	Molecular beacons ۳-۶-۴
۲۱۷.....	PCR کاربردها ۷-۴
۲۱۷.....	۱-۷-۴ پروب طراحی و ساخت و اصول تغییر یافته
۲۱۸.....	۲-۷-۴ استراتژی های کلون سازی PCR
۲۲۰.....	۳-۷-۴ آنالیز کلون های نوترکیب مورد نیاز
۲۲۱.....	۴-۷-۴ کاربردهای تشخیصی
۲۲۳.....	فصل ۵: تعیین توالی ژن کلون شده
۲۲۴.....	۱-۵ توالی یابی DNA
۲۲۴.....	۱-۱-۵ اصول توالی یابی DNA
۲۲۹.....	۲-۱-۵ تعیین توالی خودکار
۲۳۱.....	۳-۱-۵ بسط توالی
۲۳۳.....	۴-۱-۵ تعیین توالی به روش شات گان (Shotgun) سرهم کردن قطعات کانتیگ (contig)

۲-۵ اطلاعات موجود در بانک‌های اطلاعاتی و حاشیه‌نویسی (annotation) ۲۳۷

۳-۵ تجزیه و تحلیل توالی ۲۴۴

۱-۳-۵ شناسایی ناحیه کد کننده ۲۴۴

۳-۵ سیگنال‌های بیان ۲۴۵

۴-۵ مقایسه توالی ۲۴۸

۱-۴-۵ توالی BLAST ۲۴۸

۲-۴-۵ مقایسه توالی پروتئین ۲۵۲

۳-۴-۵ هم‌ردیفی توالی: از «دانشگاه» ۲۶۲

۵-۵ ساختار پروتئین ۲۶۶

۱-۵-۵ پیش‌بینی ساختار ۲۶۶

۲-۵-۵ دامین‌ها و موتیف‌های پروتئین ۲۶۹

۶-۵ تأیید عملکرد ژن ۲۷۵

۱-۶-۵ اِجانشینی آله‌ها و ناک‌اوت ژن (gene knockout) ۲۷۵

۲-۶-۵ متمم‌گیری ۲۷۸

فصل ۶: آنالیز بیان ژن ۲۸۱

۱-۶ آنالیز رونویسی ۲۸۲

۱-۱-۶ Northern blots ۲۸۲

۲۸۴.....	reverse transcription-PCR ۲-۱-۶
۲۸۸.....	هیبریداسیون در محل (ISH) ۳-۱-۶
۲۸۹.....	روش های مطالعه پروموتور ۲-۶
۲۹۰.....	۱-۲-۶ تعیین محل قرارگیری پروموتور
۲۹۳.....	۲-۶ رز های گزارشگر
۲۹۶.....	۳-۶ عناصر تنظیف و پروتیین های متصل شونده به DNA
۲۹۶.....	yeast one-hybrid assay ۱-۳-۶
۲۹۸.....	DNAse footprinting ۲-۳-۶
۲۹۹.....	gel retardation assays ۳-۳-۶
۳۰۱.....	Chromatin immunoprecipitation (ChIP) ۴-۳-۶
۳۰۳.....	۴-۶ آنالیز ترجمه
۳۰۴.....	western blots ۱-۴-۶
۳۰۶.....	immunohistochemistry و immunocytochemistry ۲-۴-۶
۳۰۹.....	فصل ۷: فرآورده ها از ژنهای طبیعی و ژنهای کلون دستکاری شده
۳۱۱.....	۱-۷ عوامل موثر بر بیان ژنهای همسانه شده
۳۱۲.....	۱-۱-۷ رونویسی
۳۱۴.....	۲-۱-۷ آغاز ترجمه

۳-۱-۷ رمز قابل استفاده ۳۱۵

۴-۱-۷ طبیعت فرآورده پروتئینی ۳۱۷

۲-۷ بیان ژن همسانه سازی شده (cloned genes) در باکتری ۳۱۸

۲-۷-۲ الحاق رونویسی (Transcriptional fusions) ۳۱۹

۲-۷-۲ متعادل سازی (Stability): بیان شرطی ۳۲۴

۳-۲-۷ بیان ژنهای کشته شده ۳۲۸

۴-۲-۷ الحاق ترجمه ۳۲۹

۳-۷ سیستم مخمر ۳۳۲

۱-۳-۷ حاملهای همسانه سازی برای مخمر ۳۳۴

۲-۳-۷ سیستمهای بیان در مخمر ۳۳۷

۴-۷ بیان در سلولهای حشرات: سیستمهای باکولوویر (baculovirus)

(systems) ۳۳۸

۵-۷ سلولهای پستانداران ۳۴۱

۱-۵-۷ حاملین همسانه سازی سلولهای پستانداران ۳۴۱

۲-۵-۷ بیان در سلولهای پستانداران ۳۴۷

۶-۷ افزودن دنباله (tag) و علامت (signal) ۳۴۹

۱-۶-۷ پروتئینهای برچسب دار (Tagged proteins) ۳۴۹

۳۵۲..... (Secretion signals) ۲-۶-۷ علایم ترشحی

۳۵۳..... (In vitro mutagenesis) ۷-۷ جهش زایی مصنوعی

۳۵۳..... (site directed mutagenesis) ۱-۷-۷ جهش زایی در مکان مشخص

۳۶۰..... (Synthetic genes) ۲-۷-۷ ژن‌های مصنوعی

۳۶۱..... (Assembly PCR) ۷-۷ PCR تجمعی

۳۶۱..... ۴-۷-۷ ژنوم‌های مصنوعی

۳۶۲..... ۵-۷-۷ مهندسی پیر

۳۶۳..... ۸-۷ واکسن‌ها

۳۶۳..... ۱-۸-۷ واکسن‌های زیرواحد

۳۶۵..... ۲-۸-۷ DNA واکسن‌های

۳۶۷..... فصل ۸. آنالیز ژنومیکس

۳۶۷..... ۱-۸ بررسی اجمالی توالی‌یابی ژنوم

۳۶۹..... ۱-۱-۸ استراتژی‌ها

۳۷۰..... Next Generation Sequencing (NGS) ۲-۸

۳۷۱..... Pyrosequencing (454) ۱-۲-۸

۳۷۴..... SOLiD (بیوسیستم‌های کاربردی) ۲-۲-۸ توالی‌یابی

۳۷۷..... (Solexa/Illumina) ۳-۲-۸ توالی‌یابی تکثیر پل

- ۳۸۱..... ۴-۲-۸ سایر فناوری ها
- ۳۸۱..... ۳-۸ سرهم بندی توالی De novo
- ۳۸۲..... ۱-۳-۸ عناصر تکراری و شکاف ها
- ۳۸۵..... ۴-۸ آلیز و حاشیه نویسی
- ۳۸۵..... ۱-۴-۸ شناسایی ORF ها
- ۳۹۴..... ۲-۴-۸ شناسایی نابهنجاری ها و محصولات آنها
- ۳۹۶..... ۳-۴-۸ جواب دیگران توالی های نوکلئیک اسیدی
- ۴۰۲..... ۵-۸ مقایسه ژنوم
- ۴۰۲..... ۱-۵-۸ BLAST
- ۴۰۲..... ۲-۵-۸ synteny
- ۴۰۵..... ۶-۸ مرورگرهای ژنوم
- ۴۰۶..... ۷-۸ عملکردها و ژن های مشابه: نقشه های ژنتیکی و فیزیکی
- ۴۰۸..... ۱-۷-۸ آنالیزهای ارتباطی
- ۴۰۹..... ۲-۷-۸ کتابخانه های سفارشی و قدم زدن کروموزومی
- ۴۱۱..... ۸-۸ ترانسپوزون های جهش زا و سایر روش های غربال گری
- ۴۱۱..... ۱-۸-۸ ترانسپوزون ها در باکتری
- ۴۱۵..... ۲-۸-۸ Drosophila در جابجایی

۴۱۸..... ۳-۸-۸ جابجایی در سایر ارگانیزم ها

۴۱۹..... Signature-tagged mutagenesis ۴-۸-۸

۴۲۲..... gene silencing و gene knockdowns, Gene knockouts ۹-۸

۴۲۵..... ۱۰-۸ متاژنومیکس

۴۲۶..... ۱۱-۸ میجه گیری

۴۲۷..... فصل ۹ بررسی تنوع ژنتیکی

۴۲۹..... ۱-۹ چندشکلی ریکل کلوئید

۴۳۲..... ۱-۱-۹ توالی یابی مستقیم

۴۳۲..... ۲-۱-۹ آرایه SNP (SNP arrays)

۴۳۳..... ۲-۹ تنوع در سطوح وسیع تر

۴۳۶..... ۱-۲-۹ ریزآرایه و indels

۴۳۷..... ۳-۹ سایر روشهای مطالعه تنوع

۱-۳-۹ بررسی لکه برداری سادرن ژنومی: چندشکلی طولی قطعات برشی

۴۳۸..... محدودالانتر (restriction fragment length polymorphism -RFLP)

۴۴۲..... ۲-۳-۹ VNTR (variable number tandem repeat) و ریزماهواره ها

۴۴۳..... ۳-۳-۹ الکتروفورز بر روی ژل Pulsed-field

۴۴۵..... ۴-۹ تنوع ژنتیکی انسان: ارتباط ژنوتیپ با فنوتیپ

۴۴۶.....۱-۴-۹ بررسی لینکاژی (Linkage analysis).....

۴۵۰.....۲-۴-۹ مطالعات پیوستگی کامل ژنومی GWAS.....

۴۵۳.....۳-۴-۹ منابع موجود در پایگاه اطلاعاتی.....

۴۵۳.....۴-۹ تشخیص‌های ژنتیکی.....

۴۵۵.....۵-۹ رده بندی مولکولی (Molecular phylogeny).....

۴۵۸.....۱-۵-۹ روشهای پیچیده.....

۴۶۷.....فصل ۱۰: تحلیل و بررسی پس-ژنومی (Post-Genomic).....

۴۶۷.....۱-۱۰ تحلیل و بررسی رونویسی: ترانسکرپتوم.....

۴۶۹.....۱-۱-۱۰ غربالگری افتراقی.....

۴۷۱.....۲-۱-۱۰ روشهای دیگر: ترانسپوزونو گزارشگر.....

۴۷۲.....۲-۱۰ روشهای مبتنی بر آرایه.....

۱-۲-۱۰ آرایه‌های EST (برحسب توالی بیان شده Expression Sequence).....

۴۷۴.....Tag.....

۴۷۶.....۲-۲-۱۰ آرایه‌های محصول PCR.....

۴۷۹.....۳-۲-۱۰ آرایه‌های الیگونوکلوئید سنتتیک.....

۴۸۱.....۴-۲-۱۰ عوامل مهم در هیبریداسیون آرایه.....

۴۸۴.....۳-۱۰ توالی یابی ترنسکرپتوم.....

۴-۱۰ تجزیه و تحلیل ترجمه‌های: پروتئومیکس..... ۴۸۶

۴-۱۰-۱ الکترو فورز دو بعدی..... ۴۸۶

۴-۱۰-۲ طیف سنجی جرمی..... ۴۸۹

۵-۱۰ تجزیه و تحلیل پس - ترجمه‌های (post-translational) : برهمن کَشهای

پروتئین..... ۴۹۱

۵-۱۰-۱ غربالگری هیبرید دوتایی (two-hybrid screening)..... ۴۹۲

۵-۱۰-۲ کتا خانه‌های نمایش فاژی..... ۴۹۴

۶-۱۰ اپی ژنتیک..... ۴۹۶

۷-۱۰ مطالعات یکپارچه: زیست‌شناسی سیستمها (systems biology)..... ۴۹۹

۷-۱۰-۱ تجزیه و تحلیل متابولومیک (metabolomics)..... ۵۰۰

۷-۱۰-۲ تجزیه و تحلیل مسیر بیوشیمیایی و زیست‌شناسی سیستمها..... ۵۰۱

فصل ۱۱: موجودات تغییر یافته: تراریخته..... ۵۰۳

۱-۱۱ تراریختی و شبیه سازی..... ۵۰۴

۱-۱۱-۱ گونه‌های رایج مورد استفاده در تراریختی..... ۵۰۴

۱-۱۱-۲ کنترل بیان ژن خارجی..... ۵۰۷

۲-۱۱ تراریختی جانوران..... ۵۱۱

۲-۱۱-۲ روش های پایه..... ۵۱۱

۱۱-۲-۲ تزریق مستقیم..... ۵۱۲

۱۱-۲-۳ وکتورهای رتروویروسی..... ۵۱۳

۱۱-۲-۴ فناوری سلول های بنیادی جنینی..... ۵۱۶

۱۱-۲-۵ ماکوت ژنی (Gene knockouts)..... ۵۲۱

۱۱-۲-۶ فناوری Knock-down ژن: RNA تداخلی..... ۵۲۲

۱۱-۲-۷ فناوری knock-in ژن..... ۵۲۴

۱۱-۳-۱ کاربردهای حیوانات تراریخت..... ۵۲۵

۱۱-۴-۱ پیشگیری و درمان بیماری..... ۵۲۶

۱۱-۴-۲ تولید واکسن های زنده: دست رزی باکتری ها و ویروس ها..... ۵۲۶

۱۱-۴-۳ ژن درمانی..... ۵۳۰

۱۱-۴-۴ وکتورهای ویروسی برای ژن درمانی..... ۵۳۱

۱۱-۵-۱ گیاهان تراریخت و کاربرد آنها..... ۵۳۴

۱۱-۵-۲ وارد کردن ژن های خارجی..... ۵۳۴

۱۱-۵-۳ تفريق ژنی (Gene subtraction)..... ۵۳۷

۱۱-۵-۴ کاربردها..... ۵۳۹

۱۱-۶-۱ ترایخته: حرف آخر..... ۵۴۱

پیش‌گفتار

اولین ویرایش این کتاب در سال ۲۰۰۲، چاپ رسید. هنگام چاپ ویرایش دوم تاکید مطلق کتاب از کلون کردن ژن‌ها خارج شد و گستره‌ی وسیع‌تری از فناوری‌ها، خصوصا توالی‌یابی ژنوم، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز و تکنولوژی ریزآرایه، را دربرگرفت. روند تحول کتاب با ظهور توالی‌یابی ژنومی با توان بالا، بی‌رنجه، دامه یافت، در واقع حتی سرعت بیشتری به خود گرفت. در این ویرایش تلاش کردیم تا خوانندگان را با شور هیجان بوجود آمده توسط پیشرفت‌های اخیر آشنا کنیم، ولی این امر به تنهایی قابل توجهی را پیش روی قرار می‌دهد. هدف ما این بوده که کتاب را در اندازه‌ای قابل دست‌یافتن نگه داریم، بنابراین در بر گرفتن فناوری‌های جدید به شکل اجتناب‌ناپذیری به معنی حذف کردن برخی فناوری‌های قدیمی می‌باشد. شاید برخی بر این عقیده باشند که حتی ما می‌توانستیم بیشتر در این جهت پیش برویم. برخی روش‌ها که هنوز در کتاب نگه داشته شده‌اند به اندازه‌ای که در گذشته مهم بوده‌اند اهمیت ندارند و احتمالا عاملی احساسی منجر به حفظ آنها در کتاب شده است، اما حفظ تعادل نیز ارزشمند است و بدین روش می‌توانیم تا حدودی دیدگاهی تاریخی را در کتاب حفظ کنیم. تا حدودی نیاز است تا بدانیم که چگونه به موقعیتی که هم‌اکنون در آن هستیم دست یافته‌ایم و در عین حال تلاش کنیم تا بدانید به کدام سو در حال حرکت هستیم.

عنوان اصلی کتاب *From Genes to Genomes* برگرفته از پیشرفت‌های ایجاد شده در این زمینه انقلابی است. این عنوان هم‌چنین نشان دهنده‌ی موضوعی است که به طور مکرر در کتاب یافت می‌شود، به گونه‌ای که فصل‌های ابتدایی به بررسی و تحقیق در سطح ژن‌های منفرد می‌پردازد و سپس در فصل‌های بعدی ما به سمت مطالعات در سطح ژنومی پیش می‌رویم و در نهایت با فصلی در زمینه‌ی یک موجود کامل خاتمه می‌دهیم.

معرفی تکنیک‌ها بدون در نظر گرفتن کاربردهای آنها روندی بی‌روح به نظر می‌رسد. برخی از کارها واضح می‌باشند - مانند تولید محصول نوترکیب، تشخیص مولکولی، حیوانات و گیاهان تراریخته و بسیاری دیگر - و ما تلاش کردیم تا این کاربردها را معرفی کنیم تا ماهیت پیشرفت‌هایی که در حال وجود آمدن هستند را به شما ارائه دهیم. موضوع دیگری که از اهمیت مشابه و یا حتی بیشتر برخوردار است کمک‌هایی می‌باشد که برای پیشرفت دانش پایه در مورد مباحثی مانند مطالعات تکاملی و تبارشناسی مولکولی صورت گرفته است.

هدف این کتاب فراهم آوردن مقدمه‌ای برای مفاهیم و کاربردهای این حوزه‌ی جذاب و سریعاً در حال رشد می‌باشد. به هنگام نگارش سودمند بودن آن برای دانش‌جویان دوره‌ی کارشناسی در علوم زیستی و زیست‌پزشکی را در نظر گرفته‌ایم (که فرض داریم پیش زمینه‌ی پایه در مورد زیست مولکولی دارند). با این حال، این کتاب برای طیفی گسترده از مخاطبین دیگر هم مورد استفاده خواهد بود. از جمله محققین و معلمینی که می‌خواهند دانش خود را در حوزه‌های مرتبط به روزرسانی کنند، افرادی که می‌خواهند پس زمینه‌ی اختلافاتی که در زمینه‌ی کاربردهای برخی از این روش‌ها وجود دارد را بیشتر درک کنند.

Jeremy W. Dale
Malcolm van Schantz
Nick P

پیش‌گفتار مترجمین

دانش زیست‌شناسی، هرچند از کهن‌ترین دانش‌هایی بوده که بشر به آن توجه داشته‌است، اما از حدود یک سده پیش از این دانش زیرشاخه تازه‌ای پدید آمد که آن را ژنتیک نامیدند و انقلابی در دانش زیست‌شناسی بوجود آورد. در سده هجدهم، گروهی از پژوهشگران بر آن شدند که چگونگی انتقال جایی برخی صفات و ویژگی‌ها را از نسلی به نسل دیگر بررسی کنند. نخستین کسی که توانست فاهن‌های حاکم بر انتقال صفات‌های ارثی را شناسایی کند، کشیشی اتریشی به نام گریگور مندل بود که در سال ۱۸۶۵ این قانون‌ها را که نتیجه آزمایش‌هایش روی گیاه نخودفرنگی بود، ارائه کرد. اما متأسفانه جامعه علمی آن زمان به دیدگاه‌ها و کشف‌های او اهمیت چندانی نداد و نتیجه کارهای مندل به دست فراموشی سپرده شد. در سال ۱۹۰۰ میلادی کشف دربارهٔ این قانون‌ها، توسط درویس، شرماک و کورنر باعث شد که دیدگاه‌های مندل به گونه‌ای جدی‌تر مورد توجه و پذیرش قرار گیرد. هم‌اینک، مندل به عنوان «پدر دانش ژنتیک» شناخته می‌شود. در سال ۱۹۵۳ با کشف ساختمان جایگاه ژن‌ها از سوی جیمز واتسون و فرانسیس کریک، رشته‌ای نو در دانش زیست‌شناسی بوجود آمد که زیست‌شناسی مولکولی نام گرفت. با گذشت حدود یک سده از کشف‌های مندل در سالهای ۱۹۷۱ و ۱۹۷۳ در رشته زیست‌شناسی مولکولی ژنتیک، که اولی به بررسی ساختمان و چگونگی کارکرد ژن‌ها و دومی به بررسی بیماری‌های ژنتیک و پیدا کردن درمانی برای آنها می‌پرداخت، این دو رشته با هم درآمیختند و رشته‌ای به نام مهندسی ژنتیک را پدید آوردند که طی اندک زمانی توانست در رشته‌های گوناگون دیگری مانند پزشکی، صنعت، کشاورزی، و... بسیار اثرگذار باشد. پژوهش‌های ژنتیکی هم‌چنین به سهم خود موجب شده است که آدمی به جهان و دنیای پیرامون خود، بصیرت به مراتب بیشتری پیدا کرده و نگاهی نو بر خویش بیندازد. تمام ویژگی‌های فیزیکی ما و تمام موجودات زنده‌ای که روی زمین زیست می‌کنند تحت نفوذ و متأثر از DNA موجود در

سلول یا تغییرات ژنتیکی است که اتفاقی یا اجباری در ناحیه‌ای از ژنوم بوقوع می‌پیوندد. در این تغییرات معمولاً یک یا چند باز زنجیره اسیدنوکلئیک تعویض شده و اطلاعات ژنتیکی ژنوم تغییر می‌کند و بطور پایدار به نسل‌های بعدی منتقل می‌گردد. ژن واحد مولکولی وراثت از یک ارگانیسم زنده است. اکثر صفات بیولوژیکی اثر ترکیبی از اقدامات بسیاری از ژن‌ها هستند. آرایش ژنتیکی یک موجود زنده (ترکیب ژن‌های آن)، تعیین کننده مشخصات آن، مانند رنگ چشم‌های یک جانور یا بوی گل یک گیاه است. ژنوم (Genome) انسان همه ماده ژنتیکی یک فرد است. ژنوم دستورالعمل‌های ارثی برای ساخت، پیشبرد و نگهداری یک موجود زنده را دارا می‌باشد. بدن آدم به طور نسبی از پنجاه تا صد میلیارد یاخته تشکیل شده است که در هر یاخته تمام دستورالعمل‌های کد گذاری شده لازم برای هدایت تمامی فعالیت‌های ساخت و ساخت پروتئین‌های لازم، موجود می‌باشد. به هر گروه کامل از این دستورالعمل‌ها ما ژنوم گفته می‌شود. در سال ۱۹۸۸ مهندسين ژنتیک در ایالات متحده آمریکا موفق به کپی کردن تا نقشه و توالی ژنوم انسان را مشخص کنند. این تلاش بزرگ که پروژه ژنوم انسان نام گرفت به سرعت به یک تحقیق جهانی مبدل شد. پروژه ژنوم انسان در ابتدا برنامه ده ساله بود اما سرعت پیشرفت فناوری سبب کاهش زمان مربوطه به ۱۳ سال شد و سرانجام در سال ۲۰۰۳ این پروژه به پایان رسید.

کتاب حاضر بعنوان یک کتاب بسیار موفق به معرفی فناوریهای کلیدی و مفاهیم درگیر در کلونینگ ژن‌ها، مطالعه بیان و تنوع آنها می‌باشد. آخرین ویرایش کتاب حاوی پوشش کامل فناوریهای توالی‌یابی کل ژنوم و مباحث بی‌نظیرماتریک پیشرفته که برای ترکیب پیشرفت‌های اخیر از جمله توالی‌یابی ژنوم، واکنش زنجیره‌ای (PCR) و تکنولوژی ریزآرایه‌ها کاملاً ضروری است می‌باشد.

در آخر لازم می‌دانیم متذکر شویم که بدلیل ترجمه کتاب توسط تعداد اندکی افراد برخی کلمات یکسان در بخش‌های مختلف به صورت متفاوت ترجمه شده است که به منظور پیشگیری از اتلاف وقت خوانندگان محترم معادل انگلیسی کلمات در فهرست آورده شده است، هرچند امید است کمبودهای ترجمه حاضر در چاپ‌های بعدی کتاب به نحو احسن برطرف گردد.

مترجمین