

بیوانفورماتیک و ژنومیکس کاربردی

ویرایش سوم

نویسنده:

جاناگان پودینو

مترجمین:

دکتر سمیه رئیسی

عضو هیئت علمی گروه ژنتیک دانشگاه شهرکرد

فروغ طاهری

کارشناس ارشد ژنتیک

سرشناسه	پوسنر، جاناتان، ۱۹۶۱ - م.
عنوان و نام پدیدآور	evsner, Jonathan
مشخصات نشر	بیوانفورماتیک و ژنومیکس کاربردی / نویسنده جاناتان پوسنر؛ مترجمین سمیه رئیسی، فروغ طاهری. شهر کرد: جهاد دانشگاهی، واحد استان چهارمحال و بختیاری، انتشارات، -۱۳۹۸
مشخصات ظاهری	ج. ۱: (صور (رنگی).
شابک	دوره: ۶-۴-۹۷۸-۹۵۵۳۰-۵-۱؛ ج. ۱: ۹۷۸-۶۲۲-۹۵۵۳۰-۵-۲؛ ج. ۲: ۹۷۸-۶۲۲-۷۲۰۵۱۴-۵-۱
وضعیت فهرست نویسی	فپا
یادداشت	عنوان اصلی: Bioinformatics and functional genomics, 3rd ed, 2015.
یادداشت	کتابنامه.
موضوع	ژنگان شناسی
موضوع	Genomics
موضوع	زیست انفورماتیک
موضوع	Bioinformatics
موضوع	پروتئومیک
موضوع	Proteomics
شناسه افزوده	رئیس، سمیه، ۱۳۶۳ -، مترجم
شناسه افزوده	طاهری، فروغ، مترجم
شناسه افزوده	جهاد دانشگاهی. واحد استان چهارمحال و بختیاری. انتشارات
رده بندی کنگره	HG۴۴۱/۲
رده بندی دیویی	۷۲۸۶
شماره کتابشناسی ملی	۶۱۰۱۰۶

انتشارات جهاد دانشگاهی / واحد استان چهارمحال و بختیاری
 شهر کرد، میرآباد شرقی، نبش دانشگاه جهاد دانشگاهی،
 ساختمان ستاد جهاد دانشگاهی استان چهارمحال و بختیاری
 ۰۳۸۳۲۲۲۰۰۷۰-۰۳۸۳۲۲۲۰۳۲۳
 www.jchb.ir



- نام کتاب: بیوانفورماتیک و ژنومیکس کاربردی
- نویسنده: جاناتان پوسنر
- مترجمین: دکتر سمیه رئیسی - فروغ طاهری
- نوبت چاپ: اول
- تاریخ نشر: ۱۳۹۹
- تیراژ: ۵۰۰
- تعداد صفحات: ۵۹۲ / رحلی
- صفحه آرا و طراح جلد: محمدعلی نریمانی
- قیمت: ۱۵۰۰۰۰ تومان
- شابک: ۹۷۸-۶۲۲-۷۲۰۵۱۴-۵-۱ / ۹۷۸-۶۲۲-۹۵۵۳۰-۵-۲ / ۹۷۸-۶۲۲-۷۲۰۵۱۴-۵-۱

این اثر مشمول قانون حمایت مؤلفان و مصنفان و هنرمندان مصوب ۱۳۴۸ است، هر کس تمام و یا قسمتی از این اثر را بدون اجازه مؤلف (ناشر) نشر، پخش یا عرضه کند مورد پیگرد قانونی قرار خواهد گرفت.

فهرست مطالب

بخش دوم: آنالیز DNA، RNA و پروتئین در سراسر ژنوم

۸۷	مدل‌هایی برای ساخت خانواده‌های ژنی
۸۸	دگرگونی‌های کروموزومی در هر ژنوم: SNPها
۸۹	روش‌های سنجش دگرگونی‌های کروموزومی
۹۱	هیبریداسیون مقایسه‌ای ژنومی آرایه‌ای (aCGH)
۹۳	ریزآرایه‌های SNP
۹۵	شناسایی توالی نسل بعدی
۹۶	چشم‌انداز
۹۶	اشتباه‌های رایج
۹۷	پیشنادهایی برای دانشجویان
۹۸	منابع وب
۹۸	پرسش‌های تشریحی
۹۹	تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر
۱۰۶	آزمون خود-ارزیابی
۱۰۹	منابع برای مطالعه
۱۰۹	منابع
۱۲۳	فصل ۱۰: پرسش داده‌های توالی نسل بعدی
۱۲۴	مقدمه
۱۲۶	فناوری‌های شناسایی توالی DNA
۱۲۷	روش سنگر برای شناسایی توالی‌ها
۱۲۹	روش‌های نسل بعدی برای شناسایی توالی‌ها
۱۳۲	خاتمه قابل بازگشت چرخه‌ای: Illumina
۱۳۳	Pyrosequencing (توالی‌یابی با سنتز)
۱۳۶	توالی‌یابی به روش پیوند با لیگاند: فضای رنگ با ABI SOLID
۱۳۸	روش جریان یونی (Ion Torrent): توالی‌یابی ژنوم با اندازه‌گیری pH
۱۳۸	Pacific Biosciences: توالی‌یابی تک‌مولکولی با خوانش‌های بلند
۱۳۹	Complete Genomics: آرایه‌های مقیاس نانو از DNA خود-سامان‌دهنده
۱۳۹	آنالیز توالی‌های نسل بعدی از DNA ژنومی
۱۳۹	نگاه سراسری به آنالیز داده‌های توالی‌یابی نسل بعدی
۱۴۳	موضوع ۱: طراحی آزمایش و آماده‌سازی نمونه‌ها
۱۴۴	موضوع ۲: از تولید داده‌های توالی‌ها تا FASTQ
۱۴۷	یافتن و دیدن فایل‌های FASTQ
۱۴۹	ارزیابی کیفیت داده‌های FASTQ
۱۵۰	FASTG: یک الگوی نمایش غنی‌تر از FASTQ
۱۵۱	موضوع ۳: سرهم کردن ژنوم

۱۹	فصل ۸: DNA: کروموزوم در جانداران یوکاریوت
۲۰	مقدمه
۲۱	تفاوت‌های اصلی میان جانداران یوکاریوت، باکتری‌ها و آرکئی‌ها
۲۴	ویژگی‌های سراسری ژنوم و کروموزوم: یوکاریوتی
۲۴	پارادوکس مقدار C: چرا اندازه ژنوم یوکاریوت تا این حد متفاوت است
۲۶	سازمان‌دهی ژنوم‌های یوکاریوت‌ها به صورت کروماتین
۲۸	بررسی کروموزوم‌ها با استفاده از مرورگرهای ژنوم
۳۰	بررسی کروموزوم‌ها با استفاده از BioMart و biomaRT
۳۸	بررسی کروموزوم‌ها در پروژه ENCODE
۴۰	منتقدان ENCODE: بازبینی پارادوکس مقدار C و تعریف کارکرد
۴۲	محتوای تکراری DNA در کروموزوم‌های جانداران یوکاریوت
۴۵	تکرارهای پراکنده (تکرارهای سرچشمه گرفته از ترانسپوزون)
۵۰	شباهت‌های فراوری شده
۵۳	تکرار توالی‌های ساده
۵۴	تکثیرهای مقطعی
۵۶	بلوک‌های توالی‌های تکرار شده پشت سرهم
۵۸	محتوای ژنی کروموزوم‌ها در جانداران یوکاریوت
۵۸	تعریف ژن
۶۱	یافتن ژن‌ها در ژنوم جانداران یوکاریوت
۶۶	یافتن ژن‌ها در ژنوم‌های جانداران یوکاریوت: رقابت EGASP
	سه منبع برای بررسی ژن‌های کد کننده پروتئین UCSC Genes، RefSeq و
۶۸	GENCODE
۷۰	ژن‌های کد کننده پروتئین‌ها در جانداران یوکاریوت یک تناقض تازه
۷۰	منطقه‌های تنظیمی در کروموزوم‌های جانداران یوکاریوت
۷۰	پایگاه‌های داده فاکتورهای تنظیم ژنومی
۷۳	عناصر فوق حفاظت‌شده
۷۶	عناصری که حفاظت‌شده نموده‌اند
۷۶	مقایسه DNA در جانداران یوکاریوت
۷۸	تفاوت‌ها در DNA کروموزومی
۷۹	ماهیت بویای کروموزوم‌ها: تکثیر سراسر ژنوم
۸۱	دگرگونی‌های کروموزومی در ژنوم یک جاندار
۸۳	دگرگونی ساختاری: شش حالت
۸۴	وارونگی
۸۵	سازوکارهای ایجاد کپی‌ها، حذف‌ها و وارونگی‌ها

ترکیب نمونه‌های پرچسب‌گذاری شده با ریزآرایه‌های DNA	۲۵۳
به دست آوردن داده‌ها در روش RNA-seq	۲۵۵
گام ۴: آنالیز داده‌ها	۲۵۵
گام ۵: تأیید زیست‌شناختی	۲۵۵
پایگاه‌های داده روش‌های ریزآرایه‌ها و RNA-seq	۲۵۶
آنالیزهای بیشتر	۲۵۶
تفسیر آنالیزهای RNA	۲۵۷
رابطه میان DNA، mRNA و میزان پروتئین‌ها	۲۵۷
ماهیت فراگیر رونویسی	۲۵۸
eQTL: شناخت اساس ژنتیکی تغییرات در بیان ژن‌ها با روش RNA-seq و	
DNA-seq ترکیبی	۲۶۰
چشم‌انداز	۲۶۲
اشتباه‌های رایج	۲۶۲
پیشنهادهایی برای دانشجویان	۲۶۳
منابع وب	۲۶۳
پرسش‌های تشریحی	۲۶۴
تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر	۲۶۴
آزمون خود-ارزیابی	۲۶۵
پیشنهاد برای مطالعه	۲۶۷
منابع	۲۶۷

فصل ۱۱: بیان ژن‌ها آنالیز داده‌های ریزآرایه‌ها و RNA-seq... ۲۷۷

مقدمه	۲۷۷
روش ۱ در آنالیز ریزآرایه‌ها: GEO2R در NCBI	۲۸۱
GEO2R یک سری از اسکریپت‌های R را اجرا می‌کند	۲۸۲
کاربرد GEO2R برای یافتن سرچشمه کسروموزومی رونوشت‌های	
تنظیم شده	۲۸۵
نرمال‌سازی داده‌ها به وسیله GEO2R	۲۸۷
ناربرد نرمال‌سازی RMA برای افزایش دقت در GEO2R	۲۹۰
تعبیر ضریب (نسبت بیان ژن‌ها)	۲۹۲
انجام بیش از ۲۲,۰۰۰ آزمون آماری در GEO2R	۲۹۳
مواد اصلاحی برای مقایسه‌های چندگانه در GEO2R	۲۹۷
روش ۱ در آنالیز ریزآرایه‌ها: PARTEK	۲۹۹
وارد کردن داده‌ها به برنامه	۳۰۰
کنترل کیفیت	۳۰۱
افزودن اطلاعات نمونه	۳۰۳
نمودار هیستوگرام	۳۰۳
نمودارهای پراکندگی و PCA	۳۰۳
کارکردن با داده‌های ریزآرایه تبدیل شده به فرم log2	۳۰۴
آنالیز اکتشافی داده‌ها با روش پرسازمه‌های اصلی (PCA)	۳۰۴
انجام ANOVA در نرم‌افزار Partek	۳۰۸
از آزمون t به آنالیز ANOVA	۳۱۰
روش ۳ در آنالیز ریزآرایه‌ها: آنالیز یک مجموعه داده‌های GEO با استفاده	
از R	۳۱۳
آماده‌سازی آزمایش	۳۱۳
خواندن فایل‌های CEL و نرمال‌سازی با RMA	۳۱۴
شناسایی ژن‌هایی که میزان بیان آنها تغییر کرده (Limma)	۳۱۸
آنالیز ریزآرایه‌ها و تکرارپذیری نتایج	۳۲۰
آنالیز داده‌های ریزآرایه‌ها: آمار توصیفی	۳۲۱
کادر ۱-۱۱ ضریب همبستگی Pearson	۳۲۲
آنالیز خوشه‌ای سلسله‌مرانی برای داده‌های ریزآرایه‌ها	۳۲۳
کادر ۲-۱۱ فاصله اقلیدسی	۳۲۴
روش‌های افراز برای خوشه‌ها: خوشه‌بندی k میانگین	۳۲۹
مقیاس‌بندی چند-بعدي در مقایسه با آنالیز سازه‌های اصلی	۳۳۰
راهبردهای خوشه‌بندی: نقشه‌های خود-سازمان‌دهنده	۳۳۰

رقابت‌ها و ارزیابی‌های دارای اهمیت حیاتی در کارایی برای سرهم کردن	
ژنوم‌ها	۱۵۴
پایان سرهم کردن: استانداردهای تکمیل فرایند	۱۵۷
موضوع ۴: هم‌ردیفی توالی	۱۵۷
هم‌ردیفی DNA تکرار شونده	۱۶۰
روال کار در جعبه ابزار آنالیز ژنوم (GATK): هم‌ردیفی با BWA	۱۶۱
موضوع ۵: الگوی نمایش SAM/BAM و نرم‌افزار SAMtools	۱۶۲
محاسبه عمق خوانش	۱۶۷
یافتن و نمایش دادن فایل‌های BAM/SAM	۱۶۹
هم‌ردیفی‌های فشرده‌سازی شده: الگوی فایل CRAM	۱۷۱
موضوع ۶: تشخیص واریانت‌ها: واریانت‌های تک-نوکلئوتیدی و موارد	
indel	۱۷۱
موضوع ۷: شناسایی واریانت‌ها: واریانت‌های ساختاری	۱۷۲
موضوع ۸: خلاصه واریانت‌ها: الگوی نمایش VCF و VCFtools	۱۷۵
یافتن و نمایش فایل‌های VCF	۱۷۹
موضوع ۹: نمودارها و جدول‌های داده‌های توالی‌یابی نسل بعدی	۱۷۹
موضوع ۱۰: تفسیر اهمیت زیست‌شناختی واریانت‌ها	۱۸۵
موضوع ۱۱: نگه‌داری داده‌ها در ابراباس داده	۱۹۱
کاربردهای ویژه روش‌های توالی‌یابی نسل بعدی	۱۹۲
چشم‌انداز	۱۹۳
اشتباه‌های رایج	۱۹۴
پیشنهادهایی برای دانشجویان	۱۹۵
منابع وب	۱۹۵
پرسش‌های تشریحی	۱۹۶
تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر	۱۹۶
آزمون خود-ارزیابی	۱۹۸
پیشنهاد برای مطالعه	۱۹۹
منابع	۱۹۹

فصل ۱۰: رویکردهای بیوانفورماتیک برای ریبونوکلئیک اسید

(RNA)	۲۰۷
مقدمه‌ای بر RNA	۲۰۸
RNA غیر کد کننده	۲۱۱
RNAهای غیر کد کننده در پایگاه داده‌های Rfam	۲۱۲
RNA انتقال دهنده	۲۱۵
کادر ۱-۱۰	۲۱۸
RNA ریبوزومی	۲۲۰
RNA هسته‌ای کوچک	۲۲۴
RNA هستیکی کوچک	۲۲۴
MicroRNA	۲۲۵
RNA مداخله کوتاه	۲۲۷
RNA بلند غیر کد کننده (lncRNA)	۲۲۸
RNAهای غیر کد کننده دیگر	۲۲۹
RNAهای غیر کد کننده در مرورگرهای ژنوم و جدول UCSC	۲۲۹
مقدمه‌ای بر RNA پیام‌رسان	۲۳۱
lncRNA: موضوع پژوهش‌ها درباره بیان ژن‌ها	۲۳۳
فناوری‌هایی با بازدهی پایین و بالا برای بررسی mRNAها	۲۳۶
آنالیز بیان ژن‌ها در کتابخانه‌های cDNA	۲۳۹
کادر ۲-۱۰ آزمون دقیق Fisher	۲۴۵
پروژه‌های cDNA با طولی کامل	۲۴۵
BodyMap 2 و GTEx: اندازه‌گیری بیان ژن‌ها در سراسر بدن	۲۴۷
روش ریزآرایه‌ها (microArray) و RNA-seq: سنجش بیان ژن‌ها در سراسر	
ژنوم	۲۴۷
گام ۱: طراحی آزمایش برای روش ریزآرایه‌ها و RNA-seq	۲۴۹
گام ۲: آماده‌سازی RNA و آماده‌سازی پروب	۲۵۳
گام ۳: به دست آوردن داده‌ها	۲۵۳

طبقه‌بندی ژن‌ها و نمونه‌ها.....	۳۳۱	ساختر دوم.....	۴۴۲
روش RNA-seq.....	۳۳۴	ساختر سوم پروتئین‌ها: مسئله چین‌خوردگی پروتئین.....	۴۴۸
تنظیم یک دستور کار نمونه در TopHat و Cufflinks.....	۳۳۸	کادر ۱-۱۳: بلورنگاری پرتوی X.....	۴۴۹
نقشه‌برداری خوانش‌ها به روی ژنوم مرجع با استفاده از TopHat.....	۳۴۰	ژنوم‌شناسی ساختاری، پروژه اقدام ساختار پروتئین و انتخاب هدف.....	۴۵۲
کاربرد Cufflinks برای سرهم کردن رونوشت‌ها.....	۳۴۱	بانک داده‌های پروتئینی.....	۴۵۵
کاربرد Cuffdiff برای تعیین تفاوت در میزان بیان.....	۳۴۲	دسترسی به موارد ثبتی PDB در وب‌سایت NCBI.....	۴۶۰
کاربرد CommaRbund برای نمایش نموداری نتایج RNA-seq.....	۳۴۲	دیدگاه‌های یکپارچه نسبت به جهان چین‌خوردگی‌های پروتئین‌ها.....	۴۶۴
پروژه ارزیابی تفسیر ژنوم RNA-seq (RGASP).....	۳۴۴	سامانه رده‌بندی برای ساختارهای پروتئینی: پایگاه داده‌های SCOP.....	۴۶۶
تفسیر کارکردهای داده‌های روش ریزآرایه‌ها.....	۳۴۵	کادر ۱۳-۲: اطلاعات VAST.....	۴۶۷
چشم‌انداز.....	۳۴۷	پایگاه داده‌های CATH.....	۴۷۰
اشتباه‌های رایج.....	۳۴۸	واژه‌نامه ذمین‌های Dali.....	۴۷۳
پیشنهادهایی برای دانشجویان.....	۳۴۹	مقایسه منابع.....	۴۷۶
پرسش‌های تشریحی.....	۳۵۰	پیش‌بینی ساختار پروتئین‌ها.....	۴۷۶
تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر.....	۳۵۱	مدل‌سازی فرم همولوگ (مدل‌سازی مقایسه‌ای).....	۴۷۸
آزمون خود-ارزیابی.....	۳۵۲	تشخیص چین‌خوردگی‌ها (ریسمان‌بندی).....	۴۷۹
پیشنهاد برای مطالعه.....	۳۵۴	پیش‌بینی با روش از نو (مدل‌سازی آزاد الگو).....	۴۸۱
منابع.....	۳۵۵	رقابتی برای ارزیابی پیشرفت‌ها در پیش‌بینی ساختارها.....	۴۸۲
		پروتئین‌هایی که به‌طور ذاتی نامرتب هستند.....	۴۸۳
		ساختار پروتئین‌ها و بیماری.....	۴۸۴
		چشم‌انداز.....	۴۸۷
		اشتباه‌های رایج.....	۴۸۸
		پیشنهادهایی برای دانشجویان.....	۴۸۸
		پرسش‌های تشریحی.....	۴۸۸
		تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر.....	۴۸۹
		آزمون خود-ارزیابی.....	۴۹۱
		پیشنهاد برای مطالعه.....	۴۹۳
		منابع.....	۴۹۴
فصل ۱۲: آنالیز پروتئین و پروتئومیکس.....	۳۶۳	فصل ۱۴: ژنومیکس کاربردی.....	۵۰۳
مقدمه.....	۳۶۴	مقدمه‌ای بر ژنومیکس کاربردی.....	۵۰۳
پایگاه‌های داده پروتئینی.....	۳۶۵	رابطه میان ژنوتیپ و فنوتیپ.....	۵۰۷
استانداردهای جامعه پژوهشی برای پروتئومیکس.....	۳۶۸	هشت چالنده مدل برای ژنومیکس کاربردی.....	۵۰۸
ارزیابی حالت بی‌نقص: چالش‌های آنالیز ABRF.....	۳۶۹	۱. بازی اشرفی کلای.....	۵۰۹
تکنیک‌هایی برای شناسایی پروتئین‌ها.....	۳۶۹	۲. چشم‌داریومیس سرویزه.....	۵۱۱
شناسایی مستقیم توالی‌ها.....	۳۶۹	۳. گیاه آرکسوس تالیانا.....	۵۱۵
الکتروفورز ژل.....	۳۷۱	۴. کرم <i>Caenorhabditis elegans</i>	۵۱۶
طیف‌سنجی جرمی.....	۳۷۶	۵. مگس میوه <i>Drosophila melanogaster</i>	۵۱۸
چهار دیدگاه درباره پروتئین.....	۳۷۸	۶. گورخرماهی <i>Danio rerio</i>	۵۱۹
دیدگاه ۱: ذمین‌ها و موتیف‌های پروتئینی: ماهیت پیمانه‌ای پروتئین‌ها.....	۳۸۳	۷. موش <i>Mus musculus</i>	۵۲۰
پیچیدگی بیشتر به دلیل پروتئین‌های چند ذمینی.....	۳۸۴	۸. <i>Homo sapiens</i> : گوناگونی انسان‌ها.....	۵۲۳
الگوهای پروتئینی: موتیف‌ها و ویژگی‌های اثرانگشت پروتئین‌ها.....	۳۹۱	ژنومیکس کاربردی با استفاده از رویکردهای ژنتیک مستقیم و وارونه.....	۵۲۳
دیدگاه ۲: ویژگی‌های فیزیکی پروتئین‌ها.....	۳۹۲	ژنتیک وارونه: از کار انداختن ژن‌های موش در ژن B-گلوبین.....	۵۲۶
دقت پیش‌بینی نرم‌افزارها.....	۳۹۸	ژنتیک وارونه: از کار انداختن ژن‌ها در مخمر با استفاده از بارکدهای مولکولی.....	۵۳۲
رویکردهای پروتئومیکس برای پیوند با فسفوپروتئین.....	۳۹۸	ژنتیک وارونه: ایجاد جهش داخل شونده تصادفی (به دام انداختن ژن‌ها).....	۵۳۸
رویکردهای پروتئومیکس برای منطقه‌های گذرنده از غشاء.....	۴۰۰	ژنتیک وارونه: ایجاد جهش insertional در مخمر.....	۵۴۱
مقدمه‌ای بر دیدگاه‌های ۳ و ۴: ائتلاف ماهیت‌شناسی ژن‌ها.....	۴۰۳	ژنتیک وارونه: گزینش ژن‌ها با ایجاد آشفتگی RNA.....	۵۴۳
رویکردهای پروتئومیکس برای منطقه‌های گذرنده از غشاء.....	۴۰۵	ژنتیک مستقیم: ایجاد جهش با روش‌های شیمیایی.....	۵۴۸
مقدمه‌ای بر دیدگاه‌های ۳ و ۴: ائتلاف ماهیت‌شناسی ژن‌ها.....	۴۰۸	مقایسه ژنتیک وارونه و ژنتیک مستقیم.....	۵۴۹
دیدگاه ۳: مکان‌یابی پروتئین‌ها.....	۴۱۱	ژنومیکس کاربردی و اصل محوری.....	۵۵۰
دیدگاه ۴: کارکرد پروتئین‌ها.....	۴۱۳	رویکردها نسبت به کارکرد و تعریف کارکردها.....	۵۵۰
چشم‌انداز.....	۴۱۷	ژنومیکس کاربردی و DNA: یکپارچه‌سازی اطلاعات.....	۵۵۲
اشتباه‌های رایج.....	۴۱۸	ژنومیکس کاربردی و RNA.....	۵۵۳
پیشنهادهایی برای دانشجویان.....	۴۱۹	ژنومیکس کاربردی و پروتئین.....	۵۵۵
منابع وب.....	۴۱۹	رویکردهای پروتئین‌شناسی در ژنومیکس کاربردی.....	۵۵۵
پرسش‌های تشریحی.....	۴۲۲		
تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر.....	۴۲۲		
آزمون خود-ارزیابی.....	۴۲۴		
پیشنهاد برای مطالعه.....	۴۲۵		
منابع.....	۴۲۶		
فصل ۱۳: ساختار پروتئین.....	۴۳۵		
نگاه سراسری به ساختار پروتئین‌ها.....	۴۳۶		
توالی و ساختار پروتئین.....	۴۳۷		
پرسش‌های زیست‌شناختی در زیست‌شناسی ساختاری: خانواده گلوبین.....	۴۳۸		
پایه‌های تئوری ساختار پروتئین.....	۴۳۸		
ساختار اول.....	۴۳۹		

۵۵۸	پروتئین.....
۵۵۹	برهم کنش های پروتئین-پروتئین.....
۵۶۰	سیستم دو-ترکیبی مخمر.....
۵۶۲	کادر ۱-۱۴ سیستم دو-ترکیبی مخمر.....
۵۶۳	ترکیب های پروتئینی: کروماتوگرافی تمایلی و طیف نگاری جرمی.....
۵۶۵	پایگاه های داده برهم کنش های پروتئین-پروتئین.....
۵۶۸	از برهم کنش های جفتی تا شبکه های پروتئینی.....
۵۷۰	ارزیابی دقت.....
۵۷۰	انتخاب داده ها.....
۵۷۱	چالندار مورد آزمایش.....
۵۷۱	دگرگونی در مسیرها.....
۵۷۲	دسته بندی نقشه های فرایند.....
۵۷۳	مسیرها، شبکه ها و یکپارچه سازی: چشمه های بیوانفورماتیک.....
۵۷۷	چشم انداز.....
۵۷۸	اشتباه های رایج.....
۵۷۸	پیشنهاد برای دانشجویان.....
۵۷۸	منابع وب.....
۵۷۹	پرسش های تشریحی.....
۵۷۹	تمرین ها / آزمایشگاه کامپیوتر.....
۵۷۹	آزمون خود-ارزیابی.....
۵۸۲	پیشنهاد برای مطالعه.....
۵۸۲	منابع.....

پیشگفتار ویرایش سوم

هنگامی که نخستین ویرایش از این کتاب درسی در سال ۲۰۰۳ به چاپ رسید، پروژه ژنوم انسان به تازگی و با هزینه نزدیک به ۳ میلیارد دلار تکمیل شده بود. وقتی که ویرایش دوم در سال ۲۰۰۹ چاپ شد، اولین توالی ژنوم کامل از یک فرد مشخص (J. Craig Venter) به تازگی با هزینه ۸۰ میلیون دلار منتشر شده بود.

بگذارید یک داستان جالب توجه را برای شما بگویم. حالا سال ۲۰۱۵ است و برای به دست آوردن توالی کامل ژنوم یک انسان فقط چند صد هزار دلار هزینه می‌شود. سندروم Sturge-Weber یک ناهنجاری نادر پوستی عصبی^۱ است (که مغز و پوست را درگیر می‌کند) و گاهی موجب ناتوانی فرد می‌شود؛ برخی از بیماران مجبور هستند عمل جراحی «برداشتن یک نیمکره مغز»^۲ را انجام دهند تا از حمله‌های شدید جلوگیری شود. ما نمونه‌های جفتی را فقط از سه نفر که دارای سندروم Sturge-Weber بودند دریافت کردیم؛ نمونه‌های بیوشیمیایی از قسمت‌های درگیر بیماری (مانند لکه‌های شراب پورت که در صورت، گردن و شانه ظاهر می‌شوند) یا از مناطقی که فرض می‌شد تحت تأثیر بیماری قرار ندارند گرفته شد. ما DNA را تخلیص نمودیم و این شش مورد ژنوم کامل را توالی‌یابی کردیم؛ سپس جفت‌های موردنظر را با هم مقایسه نمودیم و تنها یک جهش در یک جفت باز در ژن GNAQ را شناسایی کردیم که به عنوان «این سندروم Sturge-Weber شناخته شد؛ این جهش از نوع سوماتیک، موزاییکی و فعال‌کننده بود؛ سوماتیک از این جهت که در زمان تولد ایجاد می‌شود اما از سلول‌های والد به فرزند منتقل نمی‌شود؛ موزاییکی از این لحاظ که فقط برخی بخش‌های بدن را درگیر می‌کند؛ و فعال‌کننده به این دلیل که GNAQ یک پروتئین را کدگذاری می‌کند که در حالت جهش یافته منجر به آغاز یک آبشار پیام‌رسانی سلولی می‌شود. ما دریافتیم که جهش در این ژن همچنین موجب ماه‌گرفتگی‌های مادرزادی به رنگ شراب پورت می‌شود (که در حدود ۱ در هر ۳۰۰ نفر را تحت تأثیر قرار می‌دهد یا در حدود ۲۳ میلیون نفر در سراسر جهان). Shirley در آن زمان یکی از دانشجویان کارشناسی ارشد در آزمایشگاه من بود، آنالیزهای بیوانفورماتیک را انجام داد که منجر به این کشف شدند. او نزدیک به ۷۰۰ میلیارد جفت باز DNA را بررسی نمود و پس از یافتن این جهش، آن را با تعیین توالی دوباره ده‌ها نمونه که معمولاً تا عمق ۱۰،۰۰۰ برابری را پوشش می‌دادند تأیید کرد. ما این یافته‌ها را در «ژورنال پزشکی New England» در سال ۲۰۱۰ گزارش کردیم.

این داستان چندین جنبه از زمینه بیوانفورماتیک و ژنومیکس را نشان می‌دهد. نخست اینکه، ما در دورانی قرار داریم که رشد انفجاری در زمینه توالی‌های DNA در دسترس ما ایجاد شده است. این به ما امکان می‌دهد با روش‌های بی‌سابقه‌ای به بررسی پرسش‌های زیست‌شناسی بپردازیم. دوم اینکه، اگرچه هزینه زیادی برای به دست آوردن توالی‌های DNA لازم نیست، اما اهمیت اساسی دارد که بدانیم چطور آنها را آنالیز کنیم. یکی از هدف‌های این کتاب معرفی روش آنالیز توالی‌هاست. سوم اینکه، بیوانفورماتیک در خدمت زیست‌شناسی قرار دارد؛ ما تنها می‌توانیم اهمیت تغییرات در توالی‌های DNA را در درون برخی فرایندهای زیستی (مانند حالت بیماری) تفسیر کنیم. در مورد جهش GNAQ، ژن یک پروتئین را کد می‌کند (به نام Gαq) که می‌توانیم آن را با جزئیات بسیار زیاد با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیک بررسی کنیم؛ می‌توانیم ساختار سه‌بعدی، پروتئین‌ها و پیام‌رسان‌های شیمیایی که با آنها میانکشی دارند و همچنین مسیرهای سلولی که در آنها شرکت دارد را ارزیابی نماییم. چهارم اینکه، بیوانفورماتیک و ژنومیکس به ما امید می‌دهند. در مورد بیماران با سندروم Sturge-Weber و افرادی که دارای لکه‌های ماه‌گرفتگی مادرزادی شراب پورت هستند، امیدواریم که شناخت مولکولی این شرایط منجر به درمان آنها گردد.

¹ Neurocutaneous

² Hemispherectomy