

بیوانفورماتیک و ژنومیکس کاربردی

ویرایش سوم

نویسنده:

جانانان پوسنر

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	: Bioinformatics and functional genomics, 3rd d, 2015. عنوان اصلی:
مشخصات نشر	: بیوانفورماتیک و ژنومیکس کاربردی / نویسنده جاناتان پوسنر؛ مترجمین سمیه رئیسی، فروغ طاهری.
مشخصات ظاهری	: شهر کرد: جهاد دانشگاهی، واحد استان چهارمحال و بختیاری، انتشارات، ۱۳۹۸
شابک	: ج.: ۳ (صور (رنگی)).
وضعیت فهرست نویسی	: دوره: ۶-۴-۹۷۸-۶۲۲-۷۲۰۵۲۲-۰ / ج.: ۱-۵-۹۷۸-۶۲۲-۹۵۵۳۰-۴-۶ / ج.: ۲-۵-۹۷۸-۶۲۲-۷۲۰۵۲۲-۰۳-۳
یادداشت	: فیفا
یادداشت	: Bioinformatics and functional genomics, 3rd d, 2015. عنوان اصلی:
یادداشت	: ج.: ۳ (چاپ اول: ۱۳۹۹) (فیفا).
موضوع	: کتابنامه.
موضوع	: ژنگان شناسی
موضوع	: Genomics
موضوع	: زیست انفورماتیک
موضوع	: Bioinformatics
موضوع	: پروتئومیک
موضوع	: Proteomics
شناسه افزوده	: رئیسی، سمیه، ۱۳۶۳ - مترجم
شناسه افزوده	: طاهری، فروغ، مترجم
شناسه افزوده	: جهاد دانشگاهی. واحد استان چهارمحال و بختیاری. انتشارات
رده بندی کنگره	: HG441/2
رده بندی دیویی	: 572/86
شماره کتابشناسی ملی	: ۶۱۰۱۹۵۶

www.kotab.ir

انتشارات جهاد دانشگاهی واحد چهارمحال و بختیاری
شهر کرد، میرآباد شرقی، نبش میدان جهاد دانشگاهی
ساختمان ستاد جهاد دانشگاهی استان، طبقه دوم
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: ۵۸۶ / رحلی
- صفحه آرا و طراح جلد: محمدعلی نریمانی
- قیمت: ۱۹۵۰۰۰ تومان
- شابک: ۹۷۸-۶۲۲-۷۲۰۵۲۲-۰ / جلد سوم / ۹۷۸-۶۲۲-۹۵۵۳۰-۴-۶ دوره ای

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 سوم: آنالیز ژنوم

۵۰	۲۰۱۱: چشم‌اندازی برای ژنومیکس آینده	۲۳	فصل ۱۵: ژنوم‌ها در سراسر درخت زندگی
۵۱	۲۰۱۲: ژنوم Denisovan، بونوبو و پروژه 1000 Genomes	۲۴	مقدمه
۵۱	۲۰۱۳: ساده‌ترین جانور و یک اسب ۷۰۰,۰۰۰ ساله	۲۵	پنج دیدگاه نسبت به ژنوم‌ها
	۲۰۱۴: ENCODE برای موش، آرکشی‌ها، گیاهان و انسان‌نماهای	۲۷	تاریخچه کوتاه روش رده‌بندی جانداران
۵۱	آرکشی	۳۱	تاریخ زندگی بر روی سیاره زمین
۵۲	۲۰۱۵: گوناگونی در آفریقا	۳۲	توالی‌های مولکولی به عنوان پایه درخت زندگی
۵۲	پروژه‌های آنالیز ژنوم: مقدمه	۳۷	نقش بیوانفورماتیک در رده‌بندی جانداران
۵۴	پروژه‌های ژنومیکس در مقیاس بزرگ	۳۷	منابع برجسته در شبکه وب
۵۵	شرط‌های گزینش ژنوم‌ها برای شناسایی توالی	۳۸	Ensembl Genomes
۵۵	اندازه ژنوم	۳۸	NCBI Genome
۵۶	هزینه	۳۸	درگاه داده‌های ژنوم DOE JGI و ژنوم‌های میکروبی
۵۷	اهمیت برای بیماری‌های انسانی	۳۸	پایگاه داده‌های Genomics On Line (GOLD)
۵۷	اهمیت برای پرورش‌های پایه زیست‌شناسی	۳۹	UCSC
۵۷	اهمیت برای کشاورزی	۳۹	پروژه شناسایی توالی‌های ژنوم: تاریخچه
۵۸	تعیین توالی یک فرد یا تعداد زیادی از افراد از یک گونه	۴۰	تاریخچه کوتاه
۵۸	نقش ژنومیکس مقایسه‌ای	۴۰	۱۹۷۶ تا ۱۹۷۸: نخستین ژنوم‌های باکتریوفاژها و ویروس‌ها
۶۰	پروژه‌های تعیین دوباره توالی‌ها (Resequencing)	۴۱	۱۹۸۱: نخستین ژنوم اندامک یوکاریوت
۶۰	پروژه‌های DNA آرکشی	۴۴	۱۹۸۶: نخستین ژنوم‌های کلروپلاست
۶۲	پروژه‌های متاژنومیکس	۴۴	۱۹۹۲: نخستین کروموزوم یک جاندار یوکاریوت
۶۳	پروژه‌های آنالیز ژنوم: شناسایی توالی‌ها	۴۵	۱۹۹۵: ژنوم کامل یک جاندار مستقل
۶۳	مرکزهای تعیین توالی‌های ژنوم	۴۵	۱۹۹۶: نخستین ژنوم از یک جاندار یوکاریوت
۶۴	Trace Archive: انبار داده‌های توالی ژنوم‌ها	۴۵	۱۹۹۷: اشرشیا کلی (Escherichia coli)
۶۶	بایگانی HTGS: انبار داده‌های توالی‌های تکمیل‌نشده ژنوم‌ها	۴۶	۱۹۹۸: نخستین ژنوم از یک جاندار چند سلولی
۶۷	پروژه‌های آنالیز ژنوم: سرهم کردن	۴۶	۱۹۹۹: کروموزوم انسان
۶۷	چهار رویکرد برای سرهم کردن ژنوم	۴۶	۲۰۰۰: مگس، گیاه و کروموزوم ۲۱ انسان
۷۲	سرهم کردن ژنوم: از FASTQ تا تکه‌های هم‌جوار با Velvet	۴۷	۲۰۰۱: پیش‌نویس توالی‌های ژنوم انسان
	سرهم کردن مقایسه‌ای ژنوم: نقشه‌برداری تکه‌های هم‌جوار به روی	۴۸	۲۰۰۲: افزایش روند تکمیل ژنوم‌ها
۷۴	ژنوم‌های شناخته‌شده	۴۸	۲۰۰۴: مرغ، موش صحرایی و توالی‌های کامل انسان
	تکمیل: چه هنگام می‌توان گفت توالی‌های ژنوم به‌طور کامل تعیین	۴۹	۲۰۰۵: شامپانزه، سگ، فاز I از HapMap
۷۶	شده‌اند؟	۴۹	۲۰۰۶: خارپوست دریایی، زنبور عمل، dbGap
۷۶	سرهم کردن ژنوم: معیارهای موفقیت	۴۹	۲۰۰۷: میمون Rhesus Macaque، نخستین ژنوم فردی انسان، پروژه
۷۷	سرهم کردن ژنوم: چالش‌ها	۴۹	اولیه ENCODE
۷۹	پروژه‌های آنالیز ژنوم: تفسیر	۴۹	۲۰۰۸: پلاتیپوس، نخستین ژنوم سرطان، نخستین ژنوم فردی انسان با
۸۰	تفسیر ژن‌ها در جانداران یوکاریوت: روش کار Ensembl	۵۰	NGS
۸۲	تفسیر ژن‌ها در جانداران یوکاریوت: دستور کار NCBI	۵۰	۲۰۰۹: ژنوم گاو، نخستین نقشه متیلوم انسان
۸۳	رویکرد نقشه مجموعه ژن‌های اصلی یوکاریوت (CEGMA)	۵۰	۲۰۱۰: پروژه اولیه 1000 Genome، انسان Neandertal
۸۵	سرهم کردن‌های «اتلاف مورد توافق ژنوم»		

قطب‌ها و جابه‌جایی‌های سرهم کردن‌ها در UCSC، Ensembl و

NCBI	۸۵
تفسیر ژن‌ها در باکتری‌ها و آرکئی‌ها	۸۶
استانداردهای تفسیر ژنوم	۸۶
چشم‌انداز	۸۷
اشتباه‌های رایج	۸۸
پیشنهاد برای دانشجویان	۸۸
پرسش‌های تشریحی	۸۹
تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر	۸۹
آزمون خود-ارزیابی	۹۱
پیشنهاد برای مطالعه	۹۲
منابع	۹۳

فصل ۱۶: ژنوم‌های تکمیل‌شده: ویروس‌ها ۱۰۷

مقدمه	۱۰۸
کمیته بین‌المللی رده‌بندی ویروس‌ها (ICTV) و گونه‌های	
ویروسی	۱۰۹
دسته‌بندی ویروس‌ها	۱۱۱
دسته‌بندی ویروس‌ها بر پایه ریخت‌شناسی	۱۱۱
دسته‌بندی ویروس‌ها بر پایه ترکیب اسیدهای نوکلئیک	۱۱۲
دسته‌بندی ویروس‌ها بر پایه اندازه ژنومی	۱۱۲
دسته‌بندی ویروس‌ها در پایه ارتباط با بیماری‌ها	۱۱۵
گوناگونی و تکامل ویروس‌ها	۱۱۸
متاژنومیکس و گوناگونی ویروس‌ها	۱۲۰
رویکردهای بیوانفورماتیک برای مسائل ویروس‌شناسی	۱۲۱
ویروس نقص ایمنی انسان (HIV)	۱۲۳
منابع NCBI و LANL برای HIV-1	۱۲۷
ویروس آنفولانزا	۱۳۰
ویروس سرخک	۱۳۵
ویروس ابولا (Ebola)	۱۳۷
ویروس تب‌خال: از تبارزایش تا بیان ژن‌ها	۱۳۸
ابزار مقایسه دوتایی توالی‌ها (PASC)	۱۴۵
ویروس‌های غول‌آسا	۱۴۷
مقایسه ژنوم‌ها با استفاده از MUMmer	۱۴۹
چشم‌انداز	۱۵۳
اشتباه‌های رایج	۱۵۳
پیشنهاد برای مطالعه	۱۵۴
منابع وب	۱۵۴
پرسش‌های تشریحی	۱۵۵
تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر	۱۵۵
آزمون خود-ارزیابی	۱۵۷
پیشنهاد برای مطالعه	۱۵۸
منابع	۱۵۹

فصل ۱۷: ژنوم‌های تکمیل‌شده: باکتری‌ها و آرکئی‌ها ۱۶۹

مقدمه	۱۷۰
طبقه‌بندی باکتری‌ها و آرکئی‌ها	۱۷۱
کادر ۱۷-۱ طبقه‌بندی باکتری‌ها و پریمات‌ها	۱۷۲
طبقه‌بندی باکتری‌ها با استفاده از شرط‌های ریخت‌شناسی	۱۷۴
طبقه‌بندی باکتری‌ها و آرکئی‌ها بر پایه اندازه و هندسه ژنوم	۱۷۶

کادر ۱۷-۲ اندازه کوچک ژنوم‌ها، کمترین اندازه ژنوم‌ها و ژن‌های

اصلی	۱۸۲
طبقه‌بندی باکتری‌ها و آرکئی‌ها بر پایه شبکه زندگی	۱۸۴
طبقه‌بندی باکتری‌ها بر پایه اهمیت برای بیماری‌های انسانی	۱۸۸
طبقه‌بندی باکتری‌ها و آرکئی‌ها بر پایه توالی‌های RNA	
ریبوزومی	۱۸۹
طبقه‌بندی باکتری‌ها و آرکئی‌ها بر پایه توالی‌های مولکولی دیگر	۱۹۱
مجموعه میکروبی در انسان	۱۹۳
آنالیز ژنوم‌های باکتری‌ها و آرکئی‌ها	۱۹۷
ترکیب نوکلئوتیدها	۲۰۲
یافتن ژن‌ها	۲۰۴
مدل زمینه درون‌یابی شده (ICM)	۲۰۸
GLEMMER3	۲۱۰
چالش‌ها در پیش‌بینی ژن‌های باکتری‌ها و آرکئی‌ها	۲۱۲
تفسیر (حاشیه‌نویسی) ژن‌ها	۲۱۳
جابه‌جایی جانبی ژن‌ها	۲۱۶
مقایسه ژنوم‌های باکتریایی	۲۲۰
TaxPlot	۲۲۱
MUMmer	۲۲۵
چشم‌انداز	۲۲۵
اشتباه‌های رایج	۲۲۶
پیشنهاد برای دانشجویان	۲۲۶
منابع وب	۲۲۷
پرسش‌های تشریحی	۲۲۷
تمرین‌ها / آزمایشگاه کامپیوتر	۲۲۷
آزمون خود-ارزیابی	۲۲۸
پیشنهاد برای مطالعه	۲۲۹
منابع	۲۳۰

فصل ۱۸: ژنوم جانداران یوکاریوت: قارچ‌ها ۲۴۳

مقدمه	۲۴۴
توصیف و طبقه‌بندی قارچ‌ها	۲۴۵
آشنایی با مخمر <i>Saccharomyces</i> سرویزیه	۲۴۷
کادر ۱۸-۱ رده‌بندی قارچ‌ها	۲۴۷
تعیین توالی ژنوم مخمر	۲۴۸
ویژگی‌های ژنوم مخمر جوانه	۲۵۰
بررسی یک کروموزوم معمولی در مخمر	۲۵۴
منابع وب برای آنالیز کروموزوم	۲۵۴
کادر ۱۸-۲ روش نامگذاری ژن‌ها در <i>Saccharomyces</i> سرویزیه	۲۵۸
بررسی دگرگونی‌ها در کروموزوم با استفاده از ابزارهای خط	
فرمان	۲۵۹
کادر ۱۸-۳ چندین مرورگر ژنوم برای مخمر	۲۵۹
یافتن ژن‌ها در کروموزوم با استفاده از ابزارهای خط فرمان	۲۶۱
ویژگی‌های کروموزوم XII در مخمر	۲۶۲
مضاعف شدن ژن‌ها و مضاعف شدن سراسر ژنوم در <i>Saccharomyces</i>	
سرویزیه	۲۶۳
آنالیز مقایسه‌ای شاخه <i>Hemiascomycete</i>	۲۷۱
آنالیز مقایسه‌ای در مضاعف شدگی سراسر ژنوم	۲۷۱
شناسایی سازه‌های ژنومیکس	۲۷۵
آنالیز ژنوم قارچ‌ها	۲۷۸
قارچ‌ها در مجموعه میکروبی بدن انسان	۲۷۸