

تجزیه داده‌های زیستی

(ابزارهای داده‌پردازی زیستی)

Bioinformatics Analysis

نویسندگان:

دکتر اصغر میرزائی اصل

عضو هیات علمی گروه بیوتکنولوژی دانشگاه بوعلی سینا

مهندس صمد گودرزی

و

دکتر بابا حدائی

عضو هیات علمی دانشگاه پیام نور همدان

مرکز نشر دانشگاه

۱۳۹۳

QH

۳۲۴/۲

الف ۹ م

۱۳۹۴

میرزایی اصل، اصغر

تجزیه داده‌های زیستی (ابزارهای داده‌پردازی زیستی) / نویسندگان: اصغر

میرزایی اصل، صمد گودرزی، لیلا خدائی.

همدان: مرکز نشر دانشگاه بوعلی سینا ۱۳۹۴.

۳۲۰ ص.

شابک: ۸-۱۸۰-۱۲۸-۶۰۰-۹۷۸

۱. زیست انفورماتیک. ۲. زیست شناسی کامپیوتری. ۳. انفورماتیک پزشکی.

الف. گودرزی، صمد. ب. خدائی، لیلا. ج. عنوان

رده دیوئی ۵۷۲/۸۰۲۸۵

عنوان:

تجزیه داده‌های زیستی (ابزارهای داده‌پردازی زیستی)

مولفان:

دکتر اصغر میرزایی اصل، صمد گودرزی، لیلا خدائی

داوران علمی:

دکتر مسرو میری، علیرضا زبرجدی، دانیال کهریزی

طراح جلد:

سارایری

صفحه آرا:

مژگان جمشیدی

ناشر:

مرکز نشر دانشگاه بوعلی سینا

مدیر مرکز نشر:

محمدجواد یداله‌ای

چاپخانه:

پیام رسانه

صفحه و قطع:

۳۲۰- وزیر

نوبت چاپ:

اول

تیراژ:

۱۰۰۰

قیمت:

۱۷۰۰۰ تومان

تاریخ انتشار:

۱۳۹۴

شماره کتاب:

الف / ۳۰۶

شابک:

۸-۱۸۰-۱۲۸-۶۰۰-۹۷۸

کلیه حقوق برای مرکز نشر دانشگاه بوعلی سینا محفوظ است

مراکز فروش در همدان: ۱. دانشگاه بوعلی سینا، اداره انتشارات تلفکس: ۳۸۹۱۲۷۶-۰۸۱

۲. خیابان شهید حسین فهمیده، روبروی پارک مردم، فروشگاه اداره انتشارات

۳. خیابان مهدیه روبروی خانه معلم- انتشارات دانشجو

نمایندگی فروش در تهران ۱. موسسه کتابیران، میدان انقلاب، خیابان لبافی نژاد غربی (بعد از چهار راه کارگر جنوبی)،

بعد از فروشگاه شیلات، پلاک ۲۳۷، تلفن: ۶۶۴۲۳۴۱۶-۶۶۲۶۶۸۷

۲. نوبردازان، میدان انقلاب، خیابان لبافی نژاد، بین ۱۲ فروردین و اردیبهشت، پلاک ۲۰۶، تلفن: ۶۶۴۴۴۰۹-۶۶۴۱۱۷۳

پیشگفتار

بیوانفورماتیک اهمیت زیادی در پیشرفت علوم مختلف نظیر کشاورزی، پزشکی و زیست‌شناسی داشته است. با توجه به اهمیت این دانش، خوشبختانه در سال‌های اخیر، منابع متعددی به زبان فارسی ارایه شده است که در مورد مفاهیم اولیه، پایگاه‌های اطلاعاتی و نحوه دسترسی به آنها به خوبی شرح داده شده و خوانندگان محترم می‌توانند به کتاب‌هایی نظیر بیوانفورماتیک (داده‌پردازی زیستی) انتشارات دانشگاه تهران و راهنمای عملی داده‌پردازی زیستی و پروژه‌های ژنوم انتشارات مرحوم استاد ملبوبی مراجعه کنند. اما برای تجزیه و تحلیل نتایج آزمایشگاه‌های زیست‌شناسی مولکولی، به‌کارگیری نرم‌افزارهای داده‌پردازی زیستی مورد نیاز است. فقدان منبع فارسی در این زمینه و ضرورت آموزش نرم‌افزارهای داده‌پردازی زیستی به دانشجویان مقاطع مختلف دانشگاه‌ها و استفاده از آنها در مراکز تحقیقاتی، ما را بر آن داشت که کتاب حاضر را معرفی نماییم. در این فہم بہتر آموزش‌های مربوط به شبیه‌سازی روش‌های همسانه-سازی با نرم‌افزارها و نبودن منابع فارسی در این زمینه، فصل اول این کتاب در مورد انواع روش‌های همسانه‌سازی اختصاص داده شده است. این کتاب به پژوهشگران و دانشجویانی که با مفاهیم اولیه داده‌پردازی زیستی آشنا نیستند، توصیه می‌گردد. نرم‌افزارهایی که در این کتاب معرفی شده‌اند، مهمترین نرم‌افزارهای داده‌پردازی زیستی هستند که در اغلب آزمایشگاه‌های دنیا مورد استفاده قرار می‌گیرند.

فصل ۱: همسانه سازی DNA

۱-۱- آنزیم های برشی اندونوکلازی	۳
۱-۲- اتصال مولکول های DNA	۶
۱-۲-۱- آنزیم DNA لیگاز	۶
۱-۳- همسانه سازی با انتهای چسبنده	۸
۱-۴- همسانه سازی با انتهای صاف	۹
۱-۴-۱- اتصال دهنده ها	۱۰
۱-۴-۲- سازگارها	۱۱
۱-۴-۳- ایجاد دنباله هموپلیمر	۱۲
۱-۵- همسانه سازی قطعات حاصل از واکنش زنجیره ای پلیمرز	۱۳
۱-۵-۱- اضافه کردن تگ به قطعات حاصل از تکثیر	۱۳
۱-۶- روش همسانه سازی T ₄	۱۴
۱-۷- روش های همسانه سازی بدون استفاده از آنزیم لیگاز	۱۵
۱-۷-۱- همسانه سازی با آنزیم توپیزاسوم (Topoisomerase)	۱۶
۱-۷-۲- فن آوری گیت وی	۱۷
۱-۷-۳- فن آوری یوزر فرندلی	۲۳

فصل ۲: مبانی داده پردازی زیستی

۱-۲- پروتئین ها ماشین های حیات	۲۹
۲-۲- سلسله مراتب ساختاری پروتئین ها	۲۹
۳-۲- پیش بینی ساختمان پروتئین ها	۳۱
۱-۳-۲- روش های پیش بینی ساختار پروتئین	۳۲
۴-۲- نمایش ساختارهای مولکولی	۳۶
۱-۴-۲- مدل های فضا پر کن	۳۶
۲-۴-۲- مدل گوی و میله ای	۳۷
۳-۴-۲- مدل اسکلتی	۳۷
۴-۴-۲- مدل روبانی	۳۸
۵-۲- هم ردیفی توالی های DNA و پروتئین	۳۸
۶-۲- تفاوت بین همولوژی و مشابهت توالی	۴۱

۴۲	۷-۲- تفاوت شباهت توالی و همسانی توالی
۴۳	۸-۲- تقسیم بندی همردیفی
۴۳	۱-۸-۲- همردیفی کلی
۴۳	۲-۸-۲- همردیفی موضعی
۴۴	۳-۸-۲- همردیفی جفتی
۴۴	۴-۸-۲- الگوریتم‌های همردیفی جفتی
۷۰	۵-۸-۲- همردیفی چندگانه
۷۰	۱-۵-۸-۲- الگوریتم‌های همردیفی چندگانه

فصل سوم: نرم‌افزار Vector NTI

۷۹	۱-۳- ویرایش مولکول
۸۰	۱-۱-۳- ویرایش اطلاعات عمومی PBR322
۸۳	۲-۱-۳- بازگشت به دنباله با My PBR322 داده
۸۳	۳-۱-۳- قراردادن یک قطعه توالی جدید
۸۵	۴-۱-۳- ویرایش علامت ژن $C(k)$
۸۶	۵-۱-۳- پاک کردن علامت P2-P و اضافه کردن یک علامت جدید
۸۶	۶-۱-۳- تغییر موقعیت شروع توالی در مولکول My PBR322
۸۷	۲-۳- استفاده از پایگاه داده موضعی
۸۷	۱-۲-۳- بررسی پنجره پایگاه داده موضعی
۸۸	۲-۲-۳- انتخاب گزینه‌های نمایش
۸۹	۳-۲-۳- ایجاد یک زیر مجموعه جدید
۹۰	۴-۲-۳- جستجوی یک پایگاه داده
۹۲	۵-۲-۳- تغییر سر ستون‌های فهرست مولکول‌ها
۹۳	۳-۳- طراحی و بررسی آغازگر
۹۹	۱-۳-۳- انجام PCR
۱۰۰	۲-۳-۳- باز کردن پوشه PCR Analysis
۱۰۰	۳-۳-۳- بررسی آغازگر پیشرو
۱۰۱	۴-۳-۳- ذخیره آغازگر PCR در پایگاه داده
۱۰۲	۵-۳-۳- اضافه کردن محل آنزیم‌های برشی به آغازگر
۱۰۵	۴-۳- همردیفی چند توالی با استفاده از Alignx
۱۰۶	۱-۴-۳- پنجره نمایش Alignx
۱۰۷	۲-۴-۳- اضافه کردن مولکول به همردیفی

۱۰۷	۳-۴-۳- رسم درخت راهنما
۱۰۸	۳-۴-۴- مشاهده پارامترهای همردیفی و ماتریس
۱۰۹	۳-۴-۵- بررسی همردیفی
۱۱۰	۳-۴-۶- ویرایش همردیفی
۱۱۱	۳-۴-۷- ایجاد و رسم ماتریس نقطه‌ای
۱۱۲	۳-۵-۵- ایجاد یک مولکول نوترکیب (روش اول)
۱۱۳	۳-۵-۱- تعیین قطعه اول از مولکول PUC19
۱۱۵	۳-۵-۲- تعیین قطعه دوم از مولکول PBR322
۱۱۶	۳-۵-۳- بررسی فهرست قطعات مولکولی جدید
۱۱۶	۳-۵-۴- وارد کردن اطلاعات عمومی درباره مولکول جدید
۱۱۷	۳-۵-۵- ساخت مولکول نوترکیب
۱۱۸	۳-۵-۶- پرکردن محل برش AvaI از قطعه PBR322 و ایجاد انتهای صاف
۱۲۰	۳-۶-۶- ایجاد مولکول نوترکیب (روش دوم)
۱۲۲	۳-۶-۱- تعیین قطعه دریافت کننده
۱۲۳	۳-۶-۲- تعیین قطعه بخشد
۱۲۴	۳-۶-۳- بررسی فهرست قطعات مولکول مدف
۱۲۴	۳-۶-۴- وارد کردن اطلاعات عمومی برای مولد جدید
۱۲۵	۳-۶-۵- آماده‌سازی برای طراحی مولکول جدید
۱۲۵	۳-۶-۶- تنظیم اولویت‌ها برای طراحی مولکول
۱۲۶	۳-۶-۷- ساخت مولکول جدید
۱۲۶	۳-۶-۸- بررسی مولکول جدید
۱۲۷	۳-۶-۹- بررسی نقشه طراحی
۱۲۸	۳-۷-۷- همسانه سازی با روش گیتوی
۱۲۸	۳-۷-۱- ایجاد ناقلهای ورودی با واکنش نوترکیبی BP
۱۲۹	۳-۷-۱-۱- ایجاد یک ناقل ورودی در واکنش BP از ناقل بیانی
۱۳۲	۳-۷-۱-۲- ایجاد یک ناقل ورودی با تکثیر PCR و نوترکیبی BP
۱۳۵	۳-۷-۲- ایجاد ناقل بیانی با واکنش نوترکیبی LR
۱۳۸	۳-۸-۸- بررسی توالی برای نگاره‌ها (motifs) با استفاده از Bioannotator
۱۴۰	۳-۸-۱- باز کردن Bioannotator از پنجره نمایش
۱۴۱	۳-۸-۲- پنجره نمایش Bioannotator
۱۴۱	۳-۸-۲-۱- بررسی و تغییر خصوصیات نمودار (Plot)

۱۴۲	۳-۸-۲-۲- تغییر آرایش نمودار (Plot layouts).....
۱۴۳	۳-۸-۳- تغییر شکل توالی DHFR.....
۱۴۳	۳-۸-۳- باز کردن پروژه DNA در Bioannotator.....
۱۴۴	۳-۸-۴- اضافه کردن آنالیز جدید به Bioannotator.....
۱۴۴	۳-۹-۹- نمایش قطعات هضم شده DNA و RNA بر روی ژل.....
۱۴۵	۳-۹-۱- باز کردن پنجره ژل.....
۱۴۵	۳-۹-۲- اضافه کردن یک نمونه ژل.....
۱۴۶	۳-۹-۳- اضافه کردن مارکر ژل.....
۱۴۸	۳-۹-۴- تغییر نمایش ژل.....
۱۴۹	۳-۹-۵- هیپ ژل در الکتروفورز.....
۱۴۹	۳-۱۰-۱۰- دسترسی به داده های سفید در زمینه داده پردازی زیستی.....
۱۴۹	۳-۱۰-۱- جستجوی Blast.....
۱۵۳	۳-۱۰-۲- نمایش نتایج جستجو در پنجره نمایش مولکول.....
۱۵۳	۳-۱۰-۳- انتقال نتایج جستجو به استندarde از دکمه Save.....
۱۵۳	۳-۱۰-۴- همردیفی چندتایی و ابزارهای بنگ آنالیز.....

فصل چهارم: نرم افزار UCSF Chimera

۱۵۷	۴-۱- مشاهده ساختار سه بعدی یک مولکول.....
۱۶۱	۴-۲- تغییر نمایش ساختار سه بعدی.....
۱۶۴	۴-۳- شیوه های نمایش برای مولکول DNA.....
۱۶۶	۴-۴- بررسی شباهت ساختاری گلیکوزید هیدرولازها.....
۱۶۹	۴-۵- انطباق ساختارها.....
۱۷۴	۴-۶- محل های اتصال مشابه در پروتئین ها.....

فصل پنجم: نرم افزار لیزرژن (Lasergene)

۱۷۸	۵-۱- تنظیمات نرم افزار.....
۱۷۸	۵-۱-۱- تعیین آدرس سرویس دهنده آنلاین.....
۱۷۹	۵-۱-۲- تعیین پوشه دانلود.....
۱۸۰	۵-۲- برنامه EditSeq.....
۱۸۰	۵-۲-۱- باز کردن یک فایل توالی.....
۱۸۲	۵-۲-۲- جستجوی مکان های چارچوب های خواندن باز.....
۱۸۲	۵-۲-۳- اضافه کردن یک مستند ترجمه به توالی.....
۱۸۳	۵-۲-۴- کپی کردن و ترجمه توالی.....

۱۸۴	۵-۲-۵- ذخیره کردن یک توالی
۱۸۴	۵-۲-۶- جستجوی Blast
۱۸۷	۵-۲-۶-۱- نتایج جستجوی Blast
۱۸۷	۵-۲-۶-۲- جستجوی توالی Tethis21 در پایگاه NCBI
۱۸۸	۵-۲-۶-۳- مشاهده توالی‌های بدست آمده از جستجوی آنلاین
۱۸۹	۵-۲-۶-۴- ذخیره‌سازی توالیهای نتایج جستجو آنلاین
۱۸۹	۵-۲-۷- جستجوی توالی‌ها از طریق واژه‌ها
۱۹۲	۵-۲-۸- وارد کردن یا خارج کردن توالی‌ها از برنامه NCBI
۱۹۳	۵-۳-۳- برنامه SeqBuilder
۱۹۳	۵-۳-۱- باز کردن فایل توالی و مستندسازی
۱۹۶	۵-۳-۲- نمایش محاسباتی آنزیم‌های برشی در یک توالی
۱۹۷	۵-۳-۳- وارد کردن توالی از پایگاه NCBI
۱۹۸	۵-۳-۴- نمایش فراوانی محل برش آنزیم‌ها
۲۰۲	۵-۳-۵- اجرای پروژه‌های دسانساز با برنامه SeqBuilder
۲۰۲	۵-۳-۱- شروع یک پروژه جدید دسانساز
۲۰۳	۵-۳-۲- ایجاد ناقل‌های همسانه‌سازی برای یک پروژه
۲۰۵	۵-۳-۳- انتخاب ناقل از فهرست ناقل‌های همسانه‌سازی
۲۰۶	۵-۳-۴- ایجاد یک همسانه با آنزیم برشی
۲۱۰	۵-۳-۵- ایجاد یک همسانه TA
۲۱۴	۵-۳-۶- ایجاد یک همسانه گیتوی (Gateway)
۲۱۷	۵-۳-۷- ایجاد یک همسانه توپو (Directional TOPO)
۲۱۸	۵-۴- برنامه SeqMan
۲۱۹	۵-۴-۱- اضافه کردن چندین توالی در یک پروژه
۲۲۱	۵-۴-۲- آماده کردن توالی برای سرهم بندی
۲۲۳	۵-۴-۳- مشاهده سابقه اطلاعات پیرایش توالی
۲۲۵	۵-۴-۴- سرهم بندی و بررسی همپوشانی
۲۲۸	۵-۴-۵- مقایسه توالی‌های توافقی و بازیابی انتهای توالی‌ها
۲۳۲	۵-۴-۶- پیدا کردن تفاوت‌های احتمالی توالی‌ها یا محل‌های SNP
۲۳۳	۵-۴-۷- ویرایش توالی‌ها و توالی توافقی
۲۳۵	۵-۴-۸- سرهم بندی داده‌های دو انتهای (dual-end data) یک قطعه توالی
۲۳۷	۵-۴-۹- استفاده از پارامترهای تعیین کننده دو انتهای توالی (dual-end)

۲۳۹	۵-۴-۱۰- الحاق چند کانینگ داخل یک کانینگ
۲۴۰	۵-۴-۱۱- یافتن SNP ها
۲۴۲	۵-۴-۱۲- بررسی SNP ها
۲۴۵	۵-۴-۱۳- بررسی SNP های احتمالی
۲۵۳	۵-۵- برنامه Primer Select
۲۵۴	۵-۵-۱- تعریف پارامترهای طراحی آغازگر
۲۵۶	۵-۵-۲- جستجو برای جفت آغازگرها
	۵-۵-۳- بررسی اطلاعات مربوط به ساختار آغازگرها و بررسی احتمال تشکیل ساختارهای
۲۵۸	سنجاق
۲۵۹	۵-۵-۴- تعیین طول آغازگر
۲۶۰	۵-۵-۵- آشنایی با جهش آغازگر
۲۶۱	۵-۵-۶- ایجاد یک آغازگر جدید نهش یافته
۲۶۳	۵-۶- برنامه Protean
۲۶۳	۵-۶-۱- ارتباط دادن مستندها با ساختارها، پیش بینی شده پروتئین
۲۶۵	۵-۶-۲- به کارگیری روشهای تجزیه امانت‌ها و متفاوت
۲۶۷	۵-۶-۳- پیش بینی محل‌های برشی پروتئین - سبیه‌سازی SDS PAGE
۲۶۹	۵-۶-۴- کاربردهای دیگر برنامه Protean
۲۷۰	۵-۷- برنامه MegAlign
۲۷۱	۵-۷-۱- وارد کردن توالی
۲۷۲	۵-۷-۲- انتخاب قسمتی از توالیها برای همردیفی
۲۷۳	۵-۷-۳- اجرای همردیفی جفتی
۲۷۵	۵-۷-۴- اجرای همردیفی جفتی به روش Dot Plot
۲۷۶	۵-۷-۵- اجرای همردیفی چندتایی
۲۸۰	۵-۷-۶- تغییر گزارش همردیفی
۲۸۲	۵-۸- برنامه GeneQuest
۲۸۲	۵-۸-۱- باز کردن پروژه‌های موجود و روش‌های سازماندهی
۲۸۳	۵-۸-۲- اجرای روش‌های تجزیه بیشتر بر روی توالی
۲۸۴	۵-۸-۳- پیش بینی نواحی رمز کننده با روش برودوسکی
۲۸۹	۵-۸-۴- پیش بینی و مستند سازی نواحی رمز کننده
۲۹۴	۵-۸-۵- تایید پیش بینی‌ها از طریق جستجوی Blast
۲۹۶	۵-۸-۶- مقایسه پیش بینی‌ها با سایر منابع

۲۹۷ GeneQuest سایر کاربردهای برنامه ۵-۸-۷

۳۰۱ منابع مورد استفاده

www.ketab.ir