
بیوانفورماتیک پروتئین‌ها

زیر نظر:

دکتر اسماعیل صدرالدینی

(عضو هیئت علمی گروه بیوتکنولوژی پزشکی علوم

پزشکی تهران)

ترجمه:

علی اعتمادی

حیث دارایی

داوود رسی

سرشناسه	: پائوس، فلورنسیو - Pazos, Florencio
عنوان و نام پدیدآور	: بیوانفورماتیک پروتئین‌ها/ فلورنسیو پائوس، مونیکا چاگوین؛ ترجمه علی اعتمادی، داوود ربیعی، حدیث دارابی؛ ترجمه زیر نظر اسماعیل صدرالدینی
مشخصات نشر	: تهران: رویان پژوه، ۱۳۹۵
مشخصات ظاهری	: ۱۳۲ ص: مصور، جدول
شابک	: ۹۷۸-۶۰۰-۴۰۸-۰۸۹-۷
وضعیت فهرست نویسی	: فیبا
یادداشت	: عنوان اصلی: Practical protein bioinformatics [۲۰۱۵]
موضوع	: زیست‌انفورماتیک
موضوع	: پروتئین - تجزیه و آزمایش
موضوع	: پروتئین - تجزیه و آزمایش - داده‌پردازی
شناسه افزوده	: چاگوین، مونیکا
شناسه افزوده	: Chagoyen, Mónica
شناسه افزوده	: اعتمادی، علی، ۱۳۶۸ - مترجم
شناسه افزوده	: ربیعی، داوود، ۱۳۶۲ - مترجم
شناسه افزوده	: دارابی، حدیث، ۱۳۶۸ - مترجم
شناسه افزوده	: صدرالدینی، اسماعیل، ۱۳۵۲ -
رده بندی - خره	: ۱۳۹۵ پ.۹/۲ QH۲۲۴
رده بندی دیو،	: ۵۷۲/۸۰۲۸۵
شماره کتابشناسی ملی	: ۴۱۸۹۴



بیوانفورماتیک پروتئین‌ها

ترجمه: علی اعتمادی، داوود ربیعی، حدیث دارابی

زیرنظر: دکتر اسماعیل صدرالدینی

ناشر: رویان پژوه
نوبت چاپ: اول - ۹۵
مدیر تولید: سید امین امامی‌زاده
گرافیک: شادی حمیدی
چاپ: بهمن
قطع و تعداد صفحات: وزیری-۱۳۲
شمارگان: ۱۰۰۰ نسخه
بها: ۱۶۸۰۰ تومان



شابک: 978-600-408-089-7

دفتر نشر و نمایشگاه دائمی: تهران، خیابان انقلاب، رویروی دبیرخانه دانشگاه تهران، ساختمان امیرکبیر، طبقه سوم
تلفن: ۶۶۴۸۶۳۷۳ - ۶۶۹۷۰۷۴۰

خرید آنلاین www.RPpub.ir

فهرست

۹	مقدمه
۱۱	فصل اول: توالی‌ها (Sequences)
۱۱	۱-۱ مقدمه
۱۱	۱-۲ نمایش توالی‌های پروتئینی در کامپیوتر
۱۲	۱-۲-۱ فرمت‌های فایل توالی
۱۲	فرمت FASTA
۱۳	۱-۲-۲ ابزارهای تبدیل فرمت توالی‌ها
۱۴	۱-۳ پایگاه‌های اصلی مربوط به توالی پروتئین
۱۵	UniProt Knowledge base (UniProtKB)
۱۵	۱-۳-۱ توالی‌ها و ورودی‌های پایگاه‌های اطلاعاتی
۱۶	حاشیه‌نویسی
۱۸	جستجوی UniProt
۱۹	۱-۴ مشخصات پایه‌ای مبتنی بر توالی
۲۲	۱-۵ مقایسه دو توالی پروتئینی
۲۴	۱-۵-۱ انواع انطباق توالی بصورت دو سویه
۲۶	۱-۶ پیدا کردن توالی‌های مشابه در یک پایگاه اطلاعاتی (اصول پایه)
۲۷	۱-۶-۱ کدام پایگاه اطلاعاتی جهت جستجوی توالی؟
۲۸	۱-۶-۲ BLAST
۳۰	تفسیر خروجی BLAST
۳۴	۱-۷ مقایسه بیش از دو توالی

۳۷	۱-۷-۱ انطباق توالی‌های چندگانه: فرمت‌ها و تبدیل آنها به یکدیگر
۳۸	۱-۷-۲ اصلاح و نمایش انطباق‌ها
۴۲	۱-۷-۳ خلاصه کردن MSA ها
۴۲	توالی مورد توافق
۴۳	لوگوی توالی
۴۵	۱-۸ پیدا کردن توالی‌های مشابه در یک پایگاه اطلاعاتی (پیشرفته)
۴۵	۱-۸-۱ پروفایل‌های توالی
۴۶	۱-۸-۲ ساخت پروفایل تکراری
۴۷	۱-۸-۳ جستجوی پروفایل HMM بر علیه یک پایگاه اطلاعاتی توالی
۴۹	۱-۸-۴ جستجوی پروفایل HMM بر علیه یک پایگاه اطلاعاتی پروفایل
۵۰	۱-۹ خانواده‌ها، دامپ‌ها و موتیف‌های پروتئینی
۵۵	۱-۱۰ اصول تکامل، نزاد
۶۳	فصل دوم: ساختارها
۶۳	مقدمه
۶۳	۲-۲-۱ ذخیره سازی ساختارها: پروتئینی-ساختار فایل PDB
۶۶	۲-۲ پایگاه‌های داده اصلی ساختار پروتئین
۷۰	۲-۲-۱ طبقه‌بندی دمین‌های ساختاری
۷۴	۲-۳ مشاهده، دست‌ورزی و مقایسه ساختارها
۷۴	۲-۳-۱ مشاهده و دست‌ورزی ساختارها
۷۷	۲-۳-۱ مقایسه ساختار
۷۷	انطباق جفتی ساختارهای پروتئینی (مقایسه‌ی دو ساختار)
۸۰	جستجوی تشابهات ساختاری در پایگاه‌های داده
۸۴	انطباق چند گانه ساختارهای پروتئینی (مقایسه بیش از دو ساختار پروتئینی)
۸۴	۲-۴ پیش‌بینی خصوصیات یک بعدی ساختار پروتئین‌ها
۸۵	۲-۴-۱ ساختار دوم پروتئینی و سطح در دسترس حلال
۸۸	۲-۴-۲ قطعات غشا گذر
۹۱	۲-۴-۳ پیچ در پیچ‌ها
۹۴	۲-۴-۴ نواحی بی‌نظم
۹۷	۲-۴-۵ سیگنال‌های دسته بندی (چینش) پروتئینی

۲-۵. پیش‌بینی ساختار سه بعدی پروتئین	۹۹
۲-۵-۱. روش‌های بر پایه‌ی الگو (رویکرد اتکاء بر همولوژی)	۱۰۱
۲-۵-۲. روش‌های بر پایه‌ی الگو (رویکرد اتکاء بر قطعات)	۱۰۳
۲-۵-۳. ارزیابی کیفیت مدل	۱۰۶
آنالیز ساختار پروتئین	۱۰۶
۲-۶-۱. جایابی مناطق حفاظت شده	۱۰۷
۲-۶-۲. میانکنش پروتئین و لیگاند	۱۰۸
۲-۶-۳. شکاف‌های سطحی، پاکتهای اتصال، کانالها و حفره‌های داخلی	۱۱۰
فصل سوم: سیستم	۱۱۵
۳-۱. مقدمه	۱۱۵
۳-۱-۱. حاشیه‌ها- عملکدها (Functional annotations) پروتئین‌ها و ژن‌ها	۱۱۵
۳-۱-۲. تبدیل شناسه ID	۱۱۸
۳-۲. آنالیز غنی‌سازی حاشیه مجموعه پروتئینی	۱۱۸
۳-۳. شبکه‌های میانکنش پروتئین	۱۲۱
۳-۴. شبکه‌های متابولیک	۱۲۴
۳-۴-۱. بازیابی اطلاعات متابولیک مربوط به پیرین مورد نظر	۱۲۵
۳-۴-۲. جانمایی مجموعه بزرگی از پروتئین‌ها در متابولزم	۱۲۶
۳-۵. سایر شبکه‌های بیولوژیکی	۱۳۱

مقدمه

روش‌های بیوانفورماتیکی در حال تبدیل شدن به بخشی از جعبه ابزار استاندارد آزمایشگاه‌های علوم زیستی است. اگر بصورت هوشمندانه اعمال شوند، این روش‌ها بطور کارآمدی می‌توانند تعداد کارهای تجربی را محدود کنند و نتایج به دست آمده با این روش‌های تجربی را تکمیل کنند. در حالیکه بسیاری از محققان و پروتکل‌های بیوانفورماتیک به اندازه‌ی کافی روشی مناسب برای استفاده توسط افراد ناآشنا با بیوانفورماتیک نمی‌باشد بسیاری دیگر از این متدها می‌توانند توسط غیرمتخصصین مورد استفاده قرار گیرند. اما می‌توانند از طریق رابط وب استاندارد از هر کامپیوتری صرف نظر از سخت افزار خود و یا سیستم عامل قابل دسترسی می‌باشند، نیاز به نصب و راه‌اندازی / تعمیر و نگهداری از نرم‌افزار خاص ندارند و سایر آن‌ها به آسانی قابل تفسیراند و به طور کلی در یک روش تعاملی گرافیکی ارائه شده‌اند. با وجود این، تجربه ما نشان می‌دهد که بسیاری از آزمایشگاه‌ها از بسیاری از ابزارهایی که آزادانه در دسترس‌اند آگاه نیستند.

این کتاب ابزارهایی را که مربوط به پروتئین‌اند را پوشش می‌دهد. تنها ابزارهایی که مرتبط با موارد ذکر شده در بالا است را شامل می‌شوند. به عنوان مثال، ابزارهای نمایش‌دهنده به نصب و راه‌اندازی نرم‌افزار و یا دارای مشکل قبل / بعد از پردازش و یا تجزیه ورودی است. در نظر گرفته نشده‌اند. در حالی که کتاب تلاش می‌کند تا تمام جنبه‌های مربوط به پروتئین (از توالی پروتئین به شبکه‌های پروتئین، نمایش توالی پروتئین کامل و ساختارهای سه بعدی) را پوشش دهد، تعداد ابزارهای در نظر گرفته شده در هر رده به موارد ضروری محدود شده است و ابزارهای مشابه گنجانده نشده است. این موارد انتخاب شده، بر مبنای تجربه ما در یک ارگان تجزیه و تحلیل پروتئین در مرکز پژوهش‌های زیست‌شناسی مولکولی است.

این کتاب از نقطه نظر کاملاً عملی به موضوع نگاه می‌کند. این کتاب بعنوان یک کتاب مقدماتی بیوانفورماتیک در نظر گرفته نشده است. ما سعی می‌کنیم استفاده از این ابزارها را در یک روش مشابه پروتکل‌ها موجود در کتاب‌های زیست‌شناسی مولکولی توضیح دهیم. نمونه‌های عملی کار با

پروتئین‌های واقعی در بخش‌های مختلف گنجانده شده است.

از آنجا که این رشته بسیار سریع در حال حرکت است و بسیاری از ابزار دائماً در حال بهبوداند و به سرعت پیشرفت می‌کنند و یا آدرس وب‌ها تغییر می‌کند و یا ناپدید می‌شوند، این کتاب یک وب سایت معرفی می‌کند که دائماً تغییرات در این سایت‌ها را بروزرسانی می‌کند. این سایت یک لیست به روز از ابزارها را ارائه می‌دهد و شامل اطلاعات مربوط به آخرین نسخه بروز برنامه‌ها و تغییرات احتمالی آن‌ها است. این موارد در <http://csbg.cnb.csic.es/PB/> قابل دسترسی است.

Tool name and description	Original URL	QR code
ReadSeq Conversion between various sequence file formats	http://www.ebi.ac.uk/Tools/sfc/readseq/ http://csbg.cnb.csic.es/PB/E1010	
	Permanent URL	

برای هر کدام از برنامه‌های معرفی شده در این کتاب اطلاعات زیر در قالب یک جدول گنجانده شده است:

جدول شامل نام و شرح کوتاهی از ابزار و همچنین آدرس اینترنتی فعلی (URL) آن‌ها می‌باشد. یک URL دائم نیز گنجانده شده است. در نهایت، جدول شامل یک کد پاسخ سریع (QR) است که می‌تواند اسکن گردد تا به طور خودکار مرورگر دستگاه به آدرس دائمی ابزار منتقل گردد.

در نهایت، از تمام توسعه‌دهندگان این ابزارها، که زمان و منابع زیادی برای ایجاد و حفظ چنین مجموعه‌ای از برنامه‌های کاربردی وب صرف کرده‌اند نهایت تشکر را داریم که کارهای روزانه زیست‌شناسان و بیوتکنولوژیست‌های مولکولی را تسهیل کرده‌اند.

بی‌شک این کتاب خالی از نقص نمی‌باشد و صمیمانه از تمام کسانی که ما را در بهبود این اثر کمک می‌کنند پیشاپیش تشکر می‌کنیم و هرگونه انتقاد و پیشنهاد و اصلاحات لازم را به این ایمیل A-catemadi@razi.tums.ac.ir ارسال فرمایید.