

۱۸۲ ۴۱۱۵

اومیکس

رهیافتی نوین به زیست شناسی مدرن

نویسندگان:

فریبا فتحی

(دکتری شیمی فیزیک از دانشگاه صنعتی شریف)

فاطمه اکتفا

(دانشجوی دکتری شیمی فیزیک دانشگاه تربیت مدرس)

احمد مانی ورنوسفادرانی

(عضو هیئت علمی دانشگاه تربیت مدرس)

- سرشناسه : فتحی، فریبا، ۱۳۶۳ -
- عنوان و نام پدیدآور : اومیکس، رهیافتی نوین بر زیست‌شناسی مدرن / نویسندگان فریبا فتحی، فاطمه اکتفا، احمد مانی ورنوسفادرائی.
- مشخصات نشر : تهران: اندیشه‌های گوهربار، ۱۳۹۴.
- مشخصات ظاهری : ۱۲۴ ص.: مصور، جدول؛ ۱۴/۵×۲۱/۵ س.م.
- شابک : ۸۰۰۰۰ ریال ۹۷۸-۹۶۴-۸۲۵۰-۶۸-۸
- وضعیت فهرست نویسی : فیپا
- موضوع : زیست‌شناسی -- روش‌شناسی
- شناسه افزوده : اکتفا، فاطمه، ۱۳۶۴ -
- شناسه افزوده : مانی ورنوسفادرائی، احمد، ۱۳۶۳ -
- رده بندی کنگره : ۱۳۹۴۲۰۲۰۱۱۸ الف ۲ف /
- رده بندی دیویی : ۵۷۴ ۰۷۱
- شماره کتابشناسی ملی : ۹۹۳۲۵۷



تلفن مرکز پخش: ۴۸۱۶۱۸۵

نام کتاب: اومیکس

نام نویسندگان: احمد مانی ورنوسفادرائی، فاطمه اکتفا، فریبا فتحی

ناشر: اندیشه‌های گوهربار

چاپ: گوهربار

صفحه آرا: آزاده سلیمانی

طراح جلد: آزاده سلیمانی

نوبت چاپ: اول - پاییز ۱۳۹۴

تیراژ: ۲۰۰۰ جلد

قیمت: ۸۰۰۰۰ ریال

شابک: ۹۷۸-۹۶۴-۸۲۵۰-۶۸-۸

سخن نویسنده

حمد و سپاس خدای متعال را که توفیق خدمتگزاری به رهجویان علم و دانش را به گروه نویسندگان این کتاب اعطا فرمود تا بتوانند قدم بسیار کوچکی در راستای دانش‌افزایی هم‌میهنان خود بردارند. کتاب «اومیکس»، مجموعه‌ای گردآوری شده از دانش بشری در حیطه‌ی زیست‌شناسی نوین می‌باشد. تالیف این کتاب تلاشی برای توضیح و تفسیل رهیافت‌ها و ابزارهای بشر امروز برای سفر به دنیای پیچیده‌ی زیست‌شناسی است. به عقیده‌ی نویسنده، بشر امروز با نگرش ذهنی و عملکردی متفاوتی نسبت به گذشته‌های نزدیک به حل مسایل خود می‌پردازد. ظهور تکنولوژی‌های جدید مانند نانوتکنولوژی، بیوتکنولوژی، فناوری اطلاعات و علوم کامپیوتر بجره‌های جدیدی را به روی بشر برای نگاه به دنیای اطراف باز کرده است. همگرایی این علوم قابلیت‌های بسیار ویژه‌ای را برای بشر بوجود آورده است. اگر روزی ناباروری یک معضل لاینحل بود، امروزه با تئولوژی تقریباً آن را ریشه کن کرده است. اگر روزی واژه‌ی سرطان ترجمه‌ی غیر مستقیم پاپا، زندگی بود، امروزه اما اغلب بیماران سرطانی برای سال‌های زیاد زندگی می‌کنند. حل مسئله‌ی نابینایی توانمندسازی اعصاب آسیب دیده، افزایش طول عمر انسان، اصلاح ژنتیکی گیاهان و حرکات، صدور مثال دیگر نمونه‌هایی از قدرتی است که بشر در اثر همگرایی علوم به دست آورده است. گذشته از زیست‌شناسی و عرصه‌ی پزشکی، در سایر فعالیت‌های روزمره نیز نوع نگاه بشر به دنیا تغییر کرده است. ظهور تلفن‌های همراه، اینترنت، وسایل ارتباط جمعی، شبکه‌های اجتماعی و کلیپ‌های با قدرت پردازندگی بالا، این امکان را برای بشر بوجود آورده است تا حجم بسیار زیادی از اطلاعات را در زمان بسیار کوتاهی پردازش کند. این موضوع، نوع و روش حل مسئله را در ذهن بشر امر را تغییر داده است. اگر روزی از بر کردن مطالب کتاب‌ها ارزش علمی فوق‌العاده به حساب می‌آمد، امروز دیگر اینگونه نیست و هر مطلبی با صرف چند ثانیه زمان به راحتی از طریق اینترنت قابل دسترسی است. آنچه امروزه ارزش علمی به حساب می‌آید، تولید اطلاعات، پردازش اطلاعات و قدرت دسترسی سریع به آن است. این موضوع مسیر حرکت علم را تا حدودی تغییر داده است. این کتاب به توضیح روش‌های نوین امروزی برای تولید اطلاعات، جمع‌آوری، و پردازش آن در عرصه‌ی زیست‌شناسی می‌پردازد. امید است خواننده با مطالعه‌ی این کتاب با نوع نگاه جدید بشر به زیست‌شناسی آشنا شده و زیر بنای کلی آن را دریابد.

فهرست مطالب

۱	فصل اول
۱	ژنومیکس و ترانسکریپتومیکس
۲	۱-۱ مقدمه
۶	۲-۱ ساختمان DNA و RNA
۱۶	۳-۱ تکنیک‌های تعیین توالی
۲۱	۴-۱ ریز آرایه
۲۳	۵-۱ نقشه ژنوم
۲۳	۶-۱ ریزچپ
۲۵	۷-۱ ریزبرد
۳۱	منابع
۳۳	فصل دوم: پروتئومیکس
۳۴	۱-۲ تاریخچه و مفهوم پروتئومیکس
۳۶	۲-۲ ویژگی در آمدن یک خط واکه شدن ژن‌ها و پروتئین‌ها
۳۶	۳-۲ پروتئین توالی از اسید آمینه‌ها
۳۸	۴-۲ شناسایی پروتئین
۳۹	۵-۲ آماده سازی پروتئین‌ها برای الکتروفرز
۴۰	۱-۵-۲ استخراج پروتئین‌ها از نمونه‌های سرطانی
۴۱	۲-۵-۲ جداسازی پروتئین‌ها قبل از هضم
۴۲	۳-۵-۲ جداسازی پروتئین بعد از هضم
۴۷	۴-۵-۲ تکنیک‌های هضم پروتئین
۵۳	۶-۲ انگشت نگاری جرم پپتید
۵۶	۷-۲ رویکرد تحلیلی اثر انگشت جرم پپتید
۵۹	۸-۲ کاربردهای پروتئومیکس
۶۰	۹-۲ کاربرد پروتئومیکس در پزشکی
۶۱	۱۰-۲ دی‌بایوم (diseasome)
۶۳	۱۱-۲ پروتئومیکس برهمکنش پروتئین با پروتئین
۶۳	۱۲-۲ پروتئومیکس پزشکی
۶۵	منابع
۶۶	فصل سوم: متابولومیکس و متابونومیکس
۶۷	۱-۳ تاریخچه و مفهوم متابونومیکس و متابولومیکس

۷۲	۲-۳ اندازه‌گیری طیف NMR
۷۶	۳-۳ کاربرد CPMG در متابونومیک
۷۶	۴-۳ پدیده اسپین اکو
۷۷	۵-۳ اکوی کار - پلاس
۸۰	۶-۳ پردازش داده‌ها
۸۱	۱-۶-۳ تصحیح خط پایه
۸۱	۲-۶-۳ تقسیم کردن
۸۱	۳-۶-۳ نرمال کردن
۸۲	۱-۳-۶-۳ ناخالص جمع ثابت (CS)
۸۲	۲-۶-۳ هم‌رکز کردن
۸۳	۵-۶-۳ مقیاس گذاری
۸۵	۱-۵-۶-۳ واریانس واحد
۸۵	۲-۵-۶-۳ مقیاس گذاری پارت
۸۶	۷-۳ ماتریس کانفیوژن
۸۸	۸-۳ منحنی ROC
۹۱	۹-۳ مساحت زیرزمینی ROC (AUC)
۹۳	منابع
۹۴	فصل چهارم: کمومتریکس
۹۵	۱-۴ کمومتریکس
۹۵	۱-۱-۴ روش‌های یادگیری نظارتی
۹۵	۲-۱-۴ روش‌های یادگیری غیر نظارتی
۹۶	۲-۴ درخت‌های طبقه‌بندی و رگرسیون (CART)
۹۷	۱-۲-۴ مزایای و معایب روش CART
۹۹	۳-۴ جنگل تصادفی (RF)
۱۰۱	۱-۳-۴ مزیت‌های استفاده از RF
۱۰۲	۴-۴ آنالیز مؤلفه‌های اصلی (PCA)
۱۰۳	۱-۴-۴ اولین و دومین مؤلفه اصلی
۱۰۵	۲-۴-۴ تفسیر نمودار رتبه
۱۰۶	۳-۴-۴ قدرت تشخیص PCA
۱۰۷	۵-۴ کمترین مربعات جزئی (PLS)
۱۰۷	۱-۵-۴ تاربخچه حداقل مربعات جزئی (PLS)
۱۰۸	۲-۵-۴ مدل‌سازی با استفاده از PLS

۱۰۹	۳-۵-۴ تفسیر مدل PLS
۱۰۹	۴-۵-۴ تفسیر هندسی PLS
۱۱۰	۵-۵-۴ تعداد مؤلفه‌های PLS
۱۱۰	۶-۴ آنالیز جدا کننده کمترین مربعات جزئی (PLS-DA)
۱۱۲	منابع

www.ketab.ir

کتاب حاضر تلاشی برای برده برداری از سیر تغییر و تحول زیست‌شناسی نوین در حدود بیست سال اخیر، می‌باشد. این کتاب به بررسی روش‌های نوین در زیست‌شناسی می‌پردازد. همانطور که بسیاری از دانشجویان زیست‌شناسی می‌دانند، اصول اولیه زیست‌شناسی را می‌توان به صورت زیر خلاصه نمود:

ساختار و عملکرد دی-ان-دی، رونویسی از دی-ان-ای، ساختار و عملکرد آر-ان-ای، ساختار ساختمان پروتئین‌ها و نهایتاً ویژگی‌های فیزیکی موجودات زنده

از این چهار چارچوب کلی به اصول زیربنایی زیست‌شناسی یاد می‌شود. تا قبل از سال ۱۹۸۰، رویکرد زیست‌شناسی بیشتر به صورت کلاسیک بود و دانشمندان در این زمینه به صورت همزمان به کشف اطلاعات جدید و همینطور به پردازش آن می‌پرداختند. اما کم‌کم نقش دانشمندان تمایز یافت و نظریه پردازان عرصه پردازش اطلاعات و تولید اطلاعات از هم منفک شدند. پس از کشف ساختار دی-ان-ای، این ایده به ذهن دانشمندان رسید که از توالی دی-ان-ای انسانی پرده برداری کنند. این برورای بود که در ابتدا به صورت یک رویا به نظر می‌رسید، ولی در سال‌های ابتدایی قرن بیستم و یکم به حقیقت پیوست. پس از کشف توالی ژنوم انسان، این اطلاعات عظیم در پایگاه‌های اطلاعاتی بزرگی ذخیره شد. کم‌کم دسترسی سریع و آسان به این اطلاعات، موضوعی شد که ذهن دانشمندان و کاربران را به خود مشغول کرد. روش‌های نوین ریاضی، آمار و کامپیوتر برای دسترسی سریع و بهینه به این اطلاعات ابداع شد. پس از آن با توسعه مدل‌های ریاضی یا استفاده از این توالی‌ها در شبیه‌سازی‌هایی در مورد احتمال وقوع انواع بیماری‌های خاص در افراد مختلف با استفاده از اطلاعات توالی ژنوم آن‌ها انجام شد. به علم بررسی توالی و ساختار ژنوم موجودات زنده، ژنومیک گفته می‌شود. ژنومیکس به طور کلی به دو دسته ساختاری و عملکردی تقسیم بندی می‌شود. به تازگی توالی‌های تنظیم کننده‌ی بیان ژن‌ها در اینترون‌ها کشف شدند و نقش تاثیر ساختار دی-ان-ای بر تنظیم بیان دی-ان-ای پذیرفته شد. دنیای آر-ان-ای به عنوان دنیای رمز آلود با ابهامات بسیار زیاد مورد بررسی قرار گرفت و انواع و اقسام آر-ان-ای کشف و بررسی شدند. به روش‌های بررسی ساختار و عملکرد آر-ان-ای، ترانسکریپتومیکس گویند. این شاخه از علم تنوع بسیار بالایی داشته و همچنان سوالات بی‌پاسخ در آن بسیار زیادند. پس از آن بسیاری از صفات انسان به پروتئین‌ها ربط داده شد و بشر به تعیین توالی و شناخت ساختار پیچیده‌ی پروتئین‌ها پرداخت. به سبب تنوع اجزای سازنده، دنیای پروتئین‌ها دنیای بسیار بسیار پیچیده‌تر و

گسترده‌تر از دنیای ژنوم و ترانسکریپتوم بود. به روش‌های تعیین توالی، بررسی ساختار و عملکرد پروتئین‌ها، روش‌های پروتئومیکس گویند. از آنجایی که از نظر ریاضی، تنوع پروتئین‌ها می‌تواند خیلی زیاد باشد، بررسی پروتئین‌های همه‌ی موجودات زنده، فرایند علمی است که هنوز به پایان نرسیده است و همچنان ادامه دارد. همانطور که می‌دانید پروتئین‌ها مولکول‌های بسیار بزرگی هستند و بررسی آن‌ها و بیان نحوه‌ی ارتباط فعالیت آن‌ها به توالی آمینو اسیدی آن‌ها کار دشواری است. در اوایل قرن بیست و یکم دانشمندان متوجه شدند علاوه بر پروتئین‌ها مولکول‌های ریزی را می‌توان در بدن افراد مختلف یافت که با ویژگی‌های فیزیکی - ذاتی - اکسیداتی افراد در ارتباط مستقیم می‌باشند. به این مولکول‌های ریز واژه‌ی بیومارکر اطلاق گردید. جهت توصیف مجموعه‌ی همه‌ی این مولکول‌ها واژه‌ی متابولوم انتخاب گردید. نظر بر این بود که این مولکول‌های ریز در چرخه‌های متابولیتی موجودات دارای نقش عملکردی مهمی می‌باشند و با زندگی و سلامت و غلظت این متابولیت‌ها موجب بروز بیماری‌ها یا ویژگی‌های فیزیکی - ذاتی خاصی می‌گردند. به علم بررسی متابولوم‌ها در موجودات زنده، متابولومیکس گویند.

به طور کلی واژه‌ی «ایکس» به معنی بررسی یک سیستم پیچیده است. با این تعریف، این کتاب بیشتر به بررسی روش‌های تعیین توده‌ی لازم برای بررسی ژنوم، ترانسکریپتوم، پروتئوم و متابولوم خواهد پرداخت. از سرخیب ارائه‌ی مطالب نویسنده در صدد رعایت ترتیب رعایت شده در طبیعت در رابطه با ژنوم، ترانسکریپتوم، پروتئوم و متابولوم خواهد بود. از این رو فصل اول به توضیح و تفسیل روش‌های ژنومیکس، ترانسکریپتومیکس پرداخته خواهد شد. فصل دوم کتاب به بیان روش‌های پروتئومیکس خواهد پرداخت و در فصل سوم نیز روش‌های متابولومیکس شرح داده خواهد شد. در فصل چهارم نیز متامیکس در مورد کمومتریکس بحث خواهد شد.

امید است این کتاب بتواند قدم کوچکی در راستای توضیح استفاده از ژنوم و تکنولوژی نوین در رابطه با آنچه از ژنوم تا متابولوم در بدن موجودات زنده اتفاق می‌افتد، بردارد.