

بیوانفورماتیک در محیط R

سیداسماعیل رضوی

گروه گیاه پزشکی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

ماهرخ شربت خواری

بخش تحقیق و توسعه شرکت تحقیقاتی آریا تینا ژن

وحید عربانی مقدم

گروه بیوانفورماتیک پزشکی دانشگاه علوم پزشکی گلستان

سیدجواد صانع

گروه گیاه پزشکی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

www.ketab.ir

عنوان و نام پدیدآور	: بیوانفورماتیک در محیط R / نویسندگان: سیداسماعیل رضوی [و دیگران].
مشخصات نشر	: گرگان: پیک ریحان، ۱۳۹۷.
مشخصات ظاهری	: ۴۱۶ ص.
شابک	: ۹۷۸-۶۲۲-۶۱۵۱-۰۳-۰۰
وضعیت فهرست نویسی	: فیبا
یادداشت	: سید اسماعیل رضوی، ماهرخ شربت‌خواری، وحید عرفانی‌مقدم، سید جواد صانعی
موضوع	: آر (زبان برنامه‌نویسی کامپیوتر)
موضوع	: R (Computer program language)
موضوع	: زیست‌انفورماتیک - نرم‌افزار
موضوع	: Bioinformatics -- Software
موضوع	: زیست‌انفورماتیک - منابع شبکه کامپیوتری
موضوع	: Bioinformatics -- Computer network resources
شناسه افزوده	: ر. وی، سید اسماعیل، ۱۳۴۳-
رده بندی کنگره	: QA ۲۷۶ / ۴۵ : ۱۲۹۷ / ۱۴۰۲
رده بندی دیویی	: ۵۱۹ / ۸۰۲۸۵ : ۰۳۳
شماره کتابشناسی ملی	: ۵۲۲۱۹۸۳

نام کتاب: بیوانفورماتیک در محیط R

نویسندگان: سید اسماعیل رضوی، ماهرخ شربت‌خواری، وحید عرفانی‌مقدم و سید جواد صانعی

ناشر: پیک ریحان

چاپ: اعتماد (قم)

نوبت چاپ: اول: ۱۳۹۷

تعداد: ۱۰۰۰ نسخه

بهاء: ۴۰۰۰۰۰ ریال

شابک: ۹۷۸-۶۲۲-۶۱۵۱-۰۳-۰۰

همه‌ی حقوق محفوظ است.



فهرست

بخش ۱- آشنایی با محیط R

۳	فصل ۱- مفاهیم اولیه در محیط R
۴	نصب و پیکربندی نرم افزار
۵	کنسول R
۶	بسته های نرم افزاری
۸	مسیر جاری و فهرست فایل ها
۹	متغیر (ابجکت یا شیء)
۱۰	راهنمای بسته های نرم افزاری

۱۳	فصل ۲- معرفی داده ها در R
۱۴	بُردار
۲۰	ماتریس
۲۲	داده های چارچوب دار
۲۵	معرفی داده از یک فایل اکسل

۲۹	فصل ۳- رسم نمودار
۲۹	نمودار پراکنش
۳۵	نمودار هیستوگرام (بافت نگار)
۳۶	نمودار جعبه ای
۳۸	نمودار دایره ای
۳۹	نمودار میله ای
۳۹	نمودار دامنه خطی
۴۰	نمودارهای چندتایی
۴۲	ذخیره نمودار

۴۵	فصل ۴- مقدمه ای بر داده کاوی
۴۶	خلاصه سازی داده

۴۶	محاسبات عددی بردارها
۴۷	معیارهای پراکنندگی
۴۸	تابع ()table
۵۰	رگرسیون
۵۵	فصل ۵- برنامه‌نویسی در محیط R
۵۶	ساختار کلی تابع در نرم‌افزار R
۵۷	ساختارهای کنترلی
۶۰	توابع خانواده‌ی apply

بخش ۲- پایگاه‌داده‌های زیستی

۶۵	فصل ۶- رویکردهای پایگاه داده‌های زیستی
۶۶	انواع پایگاه‌داده
۶۸	پایگاه‌داده‌های زیستی
۷۱	ساختار پایگاه‌داده
۷۳	فرمت‌های توالی
۸۳	پایگاه‌داده‌ی توالی‌های پروتئین
۸۷	فصل ۷- بازیابی اطلاعات از پایگاه داده‌های زیستی
۸۸	دریافت اطلاعات از پایگاه‌داده‌های NCBI
۹۴	دریافت اطلاعات از پایگاه‌داده‌ی Genebank
۹۶	دریافت اطلاعات از پایگاه‌داده‌های NR و SWISSPLOT/UNIPROT
۹۶	دریافت اطلاعات از پایگاه‌داده‌ی Ensemble
۹۸	دریافت اطلاعات از پایگاه‌داده‌ی ACNUC
۱۰۳	دسترسی به اطلاعات توالی‌های پروتئین

بخش ۳- مقایسه‌ی توالی‌ها

۱۱۱	فصل ۸- هم‌ریف‌سازی توالی‌های اسیدهای نوکلئیک و پروتئین
۱۱۱	اساس تکامل
۱۱۴	هم‌ریف کردن کلی و هم‌ریف کردن موضعی
۱۱۶	الگوریتم‌های ردیف‌سازی
۱۲۸	معنی‌دار بودن آماری ردیف‌سازی توالی‌ها
۱۳۷	درصد یکسانی توالی
۱۵۳	فصل ۹- جستجو تشابه در پایگاه‌های داده‌ی زیستی
۱۵۵	انواع BLAST

۱۵۶	 معنی‌دار بودن آمارى BLAST
۱۵۷	 فرمت خروجی
۱۵۹	 جستجوی توالی در NCBI و نمودار آمارى نتایج بازیابی شده
۱۶۲	 بسته‌ی نرم‌افزارى BOSSA

۱۶۳	 فصل ۱۰- پرو فایل‌ها و مدل‌های مخفی مارکوف
۱۶۴	 مدل مارکوف
۱۶۸	 مدل مخفی مارکوف

بخش ۴ بیوانفورماتیک ساختاری

۱۷۵	 فصل ۱۱- سیدنوکلئیک
۱۷۶	 توالی سیدنوکلئیک
۱۸۱	 ویژگی‌ی فیزیکی DNA
۱۸۷	 پیشگویی ساختار RNA

۱۹۳	 فصل ۱۲- ساختار پروتئین
۱۹۳	 ویژگی‌های پروتئین
۱۹۵	 اسیدآمینه
۱۹۹	 تشکیل پپتید
۲۰۰	 ترجمه‌ی توالی کُدکننده به پروتئین
۲۰۲	 ساختار اول پروتئین
۲۰۴	 ساختار دوم پروتئین
۲۰۶	 ساختار سوم پروتئین
۲۰۷	 تجزیه و تحلیل مُد نرمال
۲۱۰	 اثر متقابل پروتئین- پروتئین

۲۱۵	 فصل ۱۳- ژن‌یابی محاسباتی
۲۱۶	 کُدهای ژنتیکی
۲۱۶	 شناسایی کدون‌های آغازین و متوقف‌کننده
۲۱۹	 تعیین قالب خوانش
۲۲۷	 پیش‌بینی توالی پروتئینی برای یک ORF
۲۲۸	 یافتن ORF روی توالی رشته‌ی معکوس DNA

بخش ۵- فیلوژنتیک و تکامل مولکولی

۲۳۳	 فصل ۱۴- خوشه‌بندی (انواع و روش‌ها)
۲۳۴	 خوشه‌بندی با روش سلسه‌مراتبی

۲۴۲	خوشه‌بندی با روش افزایشی
۲۴۸	ارزیابی گرایش‌های خوشه‌بندی
۲۵۷	خوشه‌بندی فازی
۲۵۸	خوشه‌بندی مبتنی بر چگالی
۲۶۰	خوشه‌بندی SOM

فصل ۱۵- ترسیم درخت فیلوژنتیک

۲۶۴	ساختار درخت فیلوژنتیک
۲۶۷	انواع متغیرهای درخت فیلوژنتیک
۲۷۰	روش‌های ساخت درخت فیلوژنتیک
۲۷۵	فرمت‌های مرتبط با درخت فیلوژنتیک
۲۷۶	ترسیم درخت فیلوژنتیک
۲۸۳	مقایسه‌ی درخت‌های فیلوژنتیک
۲۸۸	ارزیابی درخت‌های فیلوژنتیکی
۲۹۱	مدیریت برجسپ‌ها در دناگرام

فصل ۱۶- هیت‌مپ

۲۹۷	هیت‌مپ ساده
۳۰۰	برش دادن هیت‌مپ
۳۰۲	هیت‌مپ متقابل
۳۰۳	شرح‌نویسی برای هیت‌مپ
۳۰۴	هیت‌مپ مرکب

بخش ۶ تجزیه و تحلیل توالی‌های ژنوم

فصل ۱۷- تجزیه و تحلیل داده‌های ریزآرایه (میکروآرای)

۳۱۲	بارگذاری بسته‌های نرم‌افزاری
۳۱۲	فن‌آوری آفی ماتریکس
۳۱۴	خوانش فایل‌های CEL
۳۱۷	پراکنش مکانی شدت سیگنال
۳۱۸	داده‌های پروب
۳۱۹	ارزیابی و کنترل کیفیت
۳۴۱	نرمال‌سازی داده‌ها
۳۴۴	فن‌آوری ایلومینا
۳۴۵	داده‌های Bead-summary
۳۴۸	کنترل کیفیت داده‌های خام
۳۵۲	تصحیح پس‌زمینه

۳۵۳	 تبدیل برای پایداری سازی واریانس
۳۵۴	 نرمال سازی داده ها
۳۵۵	 مراحل پردازش
۳۵۷	 تشخیص ژن هایی با بیان متفاوت
۳۵۸	 اصل و نسب ژنی
۳۵۹	 تجزیه ی داده های ریزآرایه به مولفه های اصلی
۳۶۱	 گروه بندی داده های ریزآرایه به روش خوشه بندی
۳۶۴	 گروه بندی داده های ریزآرایه با استفاده از نمودار هیتمپ
۳۶۶	 شبکه ی هم پیمانی
۳۷۲	 نسب شناسی ژنی
۳۷۵	 فصل ۱۸ - جزوه تحلیل داده های RNA-seq
۳۷۷	 کاربرد داده های حاصل از RNA-seq
۳۷۸	 نصب و بارگذاری بسته های نرم افزاری و فایل ها
۳۸۰	 ارزیابی کیفیت
۳۹۲	 بیان نسبی اگزون
۴۰۷	 منابع
۴۰۹	 بسته های نرم افزاری و توابع
۴۱۳	 نمایه ی انگلیسی