

ژنتیک کلاسیک

کرم C.elegans

مولف:

David S. Fay

ترجمین:

امیر حسین علی محمدیان

وحید شجاعی نا، یحانی

زیر نظر :

دکتر محمد ضعیفی زاده (استادیار ژنتیک دانشگاه آزاد اسلامی اردبیل)

سرشناسه	:	فی ، دیوید اس.
عنوان و نام پدید آور	:	Fay, David S
مشخصات نشر	:	ژنتیک کلاسیک : کرم C.elegans / مؤلف [دیوید اس. فی] ؛ مترجمین امیر حسین علیمحمدیان ، وحید شجاعی کادیجانی
مشخصات ظاهری	:	زیر نظر محمد ضعیفی زاده ، اردبیل : شیران نگار ، ۱۳۹۶ .
شابک	:	۱۳۰ ص.
وضعیت فهرست نویسی	:	978-600-8603-18-4
یادداشت	:	فیبا
موضوع	:	کتاب حاضر ترجمه ی مقاله ای تحت عنوان "Classical genetic methods, 2013" است.
موضوع	:	کرم الگاس -- ژنتیک
موضوع	:	genetics -- Caenorhabditis elegans
موضوع	:	ژنتیک
شناسه افزوده	:	genetics
شناسه افزوده	:	علیمحمدیان ، امیرحسین ، ۱۳۷۴ - ، مترجم
شناسه افزوده	:	شجاعی کادیجانی ، وحید ، ۱۳۷۴ - ، مترجم
شناسه افزوده	:	ضعیفی زاده ، محمد
رده بندی-کنگره	:	۳۹۶ - ۳۳۴ - ۳۹۱ QL۳۹۱
رده بندی دیویی	:	۳ / ۸۱۲۵
شماره کتابشناسی ملی	:	۱۵۷۸

ژنتیک کلاسیک (کرم C.elegans)

مؤلف: David S. Fay

مترجمین: امیرحسین علیمحمدیان - وحید شجاعی کادیجانی

طراحی روی جلد: شبنم شیدایی

صفحه آرایي: بهمن طهماسبی پور

لیتوگرافی، چاپ و صحافی: شیران نگار

شمارگان: ۱۰۰۰ جلد

ناشر: انتشارات شیران نگار

طراح جلد : شبنم شیدایی

شابک: 978-600-8603-18-4

بهاء: ۱۴۰۰۰۰ ریال

هوالعلیم پیش‌گفتار مترجمان

سپاس فراوان به درگاه خداوند متعال داریم که فرصتی به ما اعطا گردید تا بتوانیم گامی در راه گسترش دانش و اعتلای علمی کشور عزیزمان برداریم. با توجه به جوان بودن علم ژنتیک و سرمایه‌گذاری بسیاری که اخیراً در توسعه آن به عمل آمده است، پیشرفت‌های زیادی نیز در آن ایجاد شده است و هرساله میزان چشمگیری بر حجم دانش ژنتیک افزوده می‌شود. از آنجایی که کرم الگانس بعنوان موجود باارزش در مطالعات زیماشت ژنتیکی بحساب می‌آید، ارایه و انتقال یافته‌های مربوطه، به دانشجویان و محققان لازم و ضروری به نظر می‌رسید. کتاب حاضر ترجمه‌ای است از یکی از کتاب‌های ژنتیک به کاربرد در جهان که امید است مورد توجه علاقمندان قرار گیرد. در این کتاب به کلیه مباحث نظری و عملی ژنتیک به طور مختصر و مفید اشاره شده است و این یکی از خصوصیات منحصر به فرد این کتاب می‌باشد که خواننده کتاب با مطالعه آن با تمام مفاهیم مهم در رشته ژنتیک آشنا می‌گردد. استفاده از جداول و شکل‌های مناسب که به فهم مطالب کمک موثری می‌کند در ترجمه این کتاب امانت‌داری رعایت شده و تمامی مطالب ارائه شده توسط نویسندگان به طور کامل و بی‌کم و کاست به زبان ساده و شیوا بیان گردیده است. با توجه به دقت و تلاش همه جانبه‌ای که صرف پرهیز از هرگونه اشتباه به کار گرفته شده است، با این وجود، ترجمه حاضر نمی‌تواند عاری از اشتباه باشد. لذا از اساتید بزرگوار و صاحب‌نظران ارجمند و دانشجویان محترم تقاضا می‌شود که ما را از نقطه نظرات خود مطلع سازند. مطالعه آن به عنوان یک کتاب درسی ساده و روان به دانشجویان رشته‌های مرتبط توصیه می‌گردد. در پایان از تمام عزیزانی که ما را در چاپ این کتاب یاری نمودند کمال تشکر و قدردانی را داریم و برایشان توفیق روزافزون آرزو مندیم.

فهرست

صفحه

عنوان

۱	۱- مروری بر ژنتیک کرم‌های الگاس
۱	۱-۱- مقدمه
۲	۲- مفاهیم بنیادی
۴	۳-۱- چند کلمه درباره نامگذاری اصطلاحات
۵	۱-۳-۱- اسامی ژن‌ها
۶	۲-۳-۱- اسامی جهش‌ها و آلل‌ها
۶	۳-۳-۱- پروتئین‌ها
۷	۴-۳-۱- فنوتیپ
۷	۴-۱- انواع جهش‌ها
۱۰	۵-۱- اختصارنویسی ژنتیکی
۱۱	۶-۱- تغذیه، رشد و نگهداری کرم‌ها
۱۴	۷-۱- کروموزم‌های کرم
۱۷	۸-۱- بهینه‌سازی تلاقی‌ها
۲۲	۱-۸-۱- چند تفسیر دیگر درباره‌ی ایجاد تلاقی‌ها
۲۳	۲-۸-۱- چند تفسیر دیگر درباره‌ی انتخاب نتایج حاصل از تلاقی‌ها
۲۴	۹-۱- طرح بزرگ
۲۷	۱۰-۱- آیا روش‌های ژنتیک کلاسیک هنوز هم کارکرد دارند؟
۲۹	۲- نقشه‌برداری با نشانگرهای ژنتیکی
۲۹	۱-۲- مقدمه
۳۰	۲-۲- مبانی نقشه‌برداری دونقطه‌ای

۳۵	۱-۲-۲ محاسبه‌ی فاصله‌ی ژنتیکی با ترسیم نقشه‌ی دو نقطه‌ای
۳۹	۲-۲-۲ ملاحظات دیگر در مورد نقشه‌برداری دونقطه‌ای
۴۰	۳-۲ مبانی نقشه‌برداری سه‌نقطه‌ای
۴۴	۱-۳-۲ حفظ نوترکیب‌ها
۴۵	۲-۳-۲ چند کلام جهت احتیاط
۴۶	۳-۳-۲ یافتن و انتخاب نوترکیب‌ها
۵۱	۱-۳-۳-۲ ملاحظات دیگر که باید به یاد داشته باشید
۵۲	۲-۳-۲ استراتژی‌های خروج
۵۴	۳- نقشه‌برداری با پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی
۵۴	۱-۳ مقدمه
۵۵	۲-۳ پایگاه داده‌های SNP
۵۶	۳-۳ استفاده از انواع مختلفی از SNP ها
۵۸	۴-۳ نقشه‌برداری ۲ نقطه‌ای با SNP ها
۶۳	۱-۴-۳ رسیدن به نقطه‌ی پایانی از نقشه‌برداری دونقطه‌ای SNP
۶۵	۵-۳ اصول نقشه‌برداری SNP سه نقطه‌ای
۶۸	۱-۵-۳ مثال‌هایی از نقشه‌برداری SNP سه نقطه‌ای
۷۲	۶-۳ استراتژی‌های کلی نقشه‌برداری SNP
۷۴	۷-۳ پروتکل Worm PCR
۷۴	۱-۷-۳ معرفی‌ها
۷۴	۲-۷-۳ PCR نقشه‌برداری SNP
۷۸	۴- نقشه‌برداری با نقایص و تکرارها
۷۸	۱-۴- نقایص نقشه‌برداری
۷۹	۱-۱-۴- تنظیم تلاقی‌ها با نقایص
۸۱	۲-۴- نقشه‌کشی با تکرارها

- ۵- جهش‌های مصنوعی، سرکوبگر، و تقویت‌کننده ۸۲
- ۵-۱- معرفی ۸۳
- ۵-۲- جهش‌های سرکوبگر ۸۳
- ۵-۲-۱- ملاحظات و هشدارها برای سرکوبگران ۸۴
- ۵-۲-۲- استراتژی شناسایی سرکوبگر ۸۷
- ۵-۲-۳- نقشه‌برداری کلاسیک و کلون‌سازی جهش‌های سرکوبگر ۸۸
- ۵-۳- جهش‌های تقویت‌کننده و سنتتیک یا مصنوعی ۹۰
- ۵-۳-۱- ساخت سویه‌های ناهم‌برداری برای تقویت‌کننده‌ها ۹۲
- ۵-۳-۲- نقشه‌برداری دو نقطه‌ای تقویت‌کننده‌ها به همراه مارکرهای ژنتیکی ۹۴
- ۵-۳-۳- نقشه‌برداری سه نقطه‌ای تقویت‌کننده‌ها به همراه مارکرهای ژنتیکی ۹۶
- ۵-۳-۴- نقشه‌برداری نقایص جهش‌های تقویت‌کننده ۹۹
- ۵-۳-۵- نقشه‌برداری SNP جهش‌های تقویت‌کننده ۱۰۰
- ۵-۳-۶- نقشه‌برداری اصلاح‌کننده‌های ژنتیک در آینده ۱۰۳
- ۶- جهش‌های غالب ۱۰۳
- ۶-۱- معرفی ۱۰۳
- ۶-۲- جداسازی آلل‌های غالب ۱۰۴
- ۶-۳- نقشه‌برداری و کلونی‌سازی جهش‌های غالب ۱۰۵
- ۶-۴- انواع متفاوت جهش‌های غالب ۱۱۰
- ۶-۴-۱- کارایی‌های پلویینی ۱۱۰
- ۶-۴-۲- آلل‌های منفی-غالب ۱۱۱
- ۶-۴-۳- آلل‌های غالب-حاصل-کارکرد (GOF) ۱۱۲
- ۶-۴-۴- آلل‌های نیمه‌غالب ۱۱۲
- ۶-۵- آزمایشات ژنتیک برای طبقه‌بندی‌های غالب ۱۱۳
- ۷- ایجاد جهش‌های ترکیبی ۱۱۴

- ۱-۷- مقدمه ۱۱۴
- ۲-۷- ایجاد جهش‌های دوگانه ۱۱۵
- ۱-۲-۷- جهش‌های ناپیوسته ۱۱۵
- ۲-۲-۷- جهش‌های پیوسته ۱۱۷
- ۳-۷- استفاده قدرت گزینشی متضاد ۱۱۸
- ۴-۷- آمیزش جهش یافته‌ها همراه با گزارش گر ۱۲۰

www.ketab.ir