

ژنوم ۴

۲۰۴۰۷۹۳۲
دیسٹر

مؤلف:

T.A. BROWN

مترجمین: (به ترتیب حروف الفبا)

دکتر فاطمه ابرقوئی کهکی

فارغ تحصیل بیوتکنولوژی پزشکی دانشگاه علوم پزشکی شهیدبهبشتی

افسانه توسلی

رشناسی ارشد بیوتکنولوژی پزشکی

ماژده شجاعی

دانشجوی دکتری پزشکی دانشگاه علوم پزشکی شهیدبهبشتی

آرمینا سلاقبند به می

دانشجوی دکتری بیوتکنولوژی پزشکی دانشگاه علوم پزشکی شهیدبهبشتی

مریم مرادی

دانشجوی دکتری پزشکی مولکولی دانشگاه علوم پزشکی شهیدبهبشتی

دکتر مریم موسوی

فارغ التحصیل بیوتکنولوژی پزشکی دانشگاه علوم پزشکی شهیدبهبشتی

ویراستاران علمی:

دکتر بهرام کاظمی

استاد و مدیر گروه بیوتکنولوژی پزشکی دانشگاه علوم پزشکی شهیدبهبشتی

دکتر اسحاق بندانی

دکتری بیوتکنولوژی دارویی پزشکی دانشگاه علوم پزشکی شهیدبهبشتی

براون، ترنس اوستین، ۱۹۵۳ - م. Brown, Terence Austen

ژنوم چهار / [ترنس اوستین براون]؛ مترجمان فاطمه ابرقوئی کهکی... (و دیگران).

تهران: اطمینان راد، ۱۳۹۷.

۶۷۷ ص: مصور (رنگی).

۸-۵۸-۶۰۳-۶۲۲-۹۷۸

وضعیت فهرست نویسی: فیبا

مترجمان فاطمه ابرقوئی کهکی، افسانه توسلی، سمانه شجاعی، آرمینا علاقه‌بند بهرامی، مریم مرادی، مریم‌السادات موسوی.

Genomes ۳, ۲۰۱۷, ۴th ed, اصلی:

کتاب حاضر نخستین بار تحت عنوان «ژنوم ۴: کاملترین مرجع در ژنتیک و زیست مولکولی» با ترجمه پژمان فرداصفهان‌ی،

مژگان اله‌یاری توسط انتشارات خسروی و سپس توسط ناشران و مترجمان متفاوت در همین سال فیبا گرفته است.

یادداشت: واژه نامه.

ژنوم ۴: کاملترین مرجع در ژنتیک و زیست مولکولی.

ژنوم

Genomes:

۱۳۶۵ - مترجم: ابرقوئی، فاطمه.

۱۳۹۷ پ/۳۶۸۶/۴۴۷/۴ QH

۵۷۲/۸۶:

۵۴۰۱۲۰۱:

سرشناسه

عنوان و نام پدیدآور

مشخصات نشر

مشخصات ظاهری

شابک

وضعیت فهرست نویسی

یادداشت

یادداشت

یادداشت

یادداشت

یادداشت

عنوان دیگر

موضوع

موضوع

شناسه افزوده

رده بندی کنگره

رده بندی دیویی

شماره کتابشناسی

EP
انتشارات اطمینان

نام کتاب: ژنوم ۴

ترجمه: دکتر فاطمه ابرقوئی کهکی، افسانه توسلی، سمانه شجاعی، آرمینا علاقه‌بند

بهرامی، مریم مرادی، دکتر مریم موسوی

ویراستاران علمی: دکتر بهرام کاظمی، دکتر اسحاق پندانی

ناشر: انتشارات اطمینان

نوبت ویرایش: چاپ سال اول ۹۸

تیراژ: ۵۰۰ نسخه

چاپ و صحافی: پاسارگاد

شابک: ۸-۵۸-۶۰۳-۶۲۲-۹۷۸

طراح جلد و صفحه آرا: آتلیه نشر اطمینان

بها: ۵۵۰۰ تومان

با ارسال پیامک به شماره ۰۲۱۶۶۵۶۲۲۴۷ در جریان تازه‌های نشر ما قرار می‌گیرید.

ارسال عدد ۱ پیوستن به گروه مشترکین

ارسال عدد ۲ دریافت تازه‌های کلیه کتب ناشران پزشکی، پرستاری، مامایی، پیراپزشکی و دندانپزشکی

ارسال عدد ۳ ارسال تازه‌های نشر به صورت پست الکترونیکی

www.etminanpub.com

توجه: تمامی حقوق مادی و معنوی این اثر برای ناشر محفوظ است.

این کتاب مشمول قانون حمایت از مولفان، مصنفان و هنرمندان مصوب ۱۳۴۸/۱۱/۱۱ و قانون ترجمه و تکثیر کتب، نشریات و آثار صوتی

مصوب ۱۳۵۰/۱۰/۶ می‌باشد.

بازنویسی، خلاصه برداری یا برداشت بخشی از متن، شکل‌ها یا جدول‌های کتاب و انتشار آن در قالب کتاب‌های ترجمه، تالیف، خلاصه،

جزوه، تست یا نرم افزار بدون اجازه کتبی از ناشر، غیرقانونی و شرعاً حرام بوده و موجب پیگرد قانونی می‌شود.

دفتر مرکزی انتشارات: خیابان جمهوری، خیابان پیروز، پلاک ۴۱، طبقه اول تلفن: ۶۶۵۶۲۲۴۷ - ۶۶۹۰۲۰۲۸

شعبه ۱: تهران، ضلع جنوب شرقی میدان انقلاب، پلاک ۲۰، فروشگاه بیات، واحد پزشکی، تلفن: ۶۶۹۶۸۰۶۴

فهرست مطالب

فصل اول: ژنوم ترانسکریپتوم و پروتئوم

۵۷	۲-۳ کلونینگ DNA	۱۳	DNA ۱-۱
۵۷	چرا کلونینگ ژن مهم است؟	۱۳	ژن‌ها از DNA ساخته شده‌اند
۵۸	ساده‌ترین و کمترین کلونینگ بر پایه پلاسمیدهای E.coli هستند	۱۵	DNA پلی‌مری از نوکلئوتیدها است
۶۰	باکتریوفورها نیز می‌توانند بعنوان وکتورهای کلونینگ به کار روند	۱۹	ماریج دوتایی با جفت شدن بازی و انباشت بازی پایدار می‌شود
۶۴	وکتورهای برای قطعات DNA بزرگ‌تر	۱۹	ماریج دوتایی اتمطاف پذیری ساختاری دارد
۶۶	DNA می‌تواند در اراگنیم‌هایی بجز E.coli کلون شود	۲۳	۱-۲ RNA و ترانسکریپتوم
۶۷	خلاصه	۲۳	RNA دومین نوع از نوکلئو نهاست
۶۸	پرسش‌های کوتاه	۲۴	محتوای RNA حولی
۶۹	مسائل عمیق	۲۵	بسیاری از RNA جنوان مولکول‌های پیش ساز سنتز می‌شوند
۷۱	نقشه‌یابی ژنوم	۲۸	تعاریف متفاوتی از ترانس کریپتو جود دارد
	فصل سوم: نقشه‌یابی ژنوم	۲۸	۱-۳ پروتئین و پروتئوم
۷۱	نقشه‌یابی ژنوم	۲۸	چهار سطح سلسله مراتبی از ساختار پروتئو جود دارد
۷۱	۳-۱ چرا نقشه‌های ژنی اهمیت دارند	۳۰	تنوع اسید آمینهای زمینه‌ساز تنوع پروتئین است
۷۱	نقشه‌های ژنومی به منظور توالی‌یابی ژنوم‌های پیچیده‌تر مورد نیاز هستند	۳۳	پیوند بین ترانسکریپتوم و پروتئوم
۷۴	نقشه‌های ژنومی تنها کمک کننده توالی‌یابی نیستند	۳۳	کد ژنتیکی عمومی (کلی) نیست
۷۴	۳-۱ مارکرهای نقشه‌یابی ژنومی	۲	پیوند بین پروتئوم و بیوشیمی سلول
۷۵	اولین مارکرهای مورد استفاده ژن‌ها بودند		خلاصه
۷۶	۴LP ها و SSI P ها نمونه‌هایی از مارکرهای DNA هستند	۳۶	پرسش‌های کوتاه
۷۹	۵-۱ تک‌نژات کلونیدی، مفیدترین نوع مارکر DNA هستند	۳۷	مسائل عمیق
۸۲	۳-۳ اسید آمینه‌ها رتئیکی		فصل دوم: مطالعه DNA
۸۲	اصول وراثت و کد ژنتیکی	۴۰	۲-۱ آنزیم‌هایی برای دستکاری DNA
۸۵	پیوستگی جزئی با رفتار کمپوزیسیون می‌شود	۴۱	طرز عمل DNA پلیمراز وابسته به الگو
۸۷	از پیوستگی جزئی تا نقشه‌یابی ژنی	۴۳	انواع DNA پلیمرازهای مورد استفاده در تحقیقات
۸۹	۳-۴ آنالیز پیوستگی در انواع اراگنیم‌ها مختار		اندونوکلئازهای محدودکننده قادر به برش مولکول‌های DNA در نقاط معینی هستند
۸۹	آنالیز پیوستگی زمانی که آزمایش‌های آمی‌رسی برنامه‌ریزی شده امکان‌پذیر است	۴۵	الکتروفورز ژل برای بررسی نتایج یک هضم محدودکننده بکار می‌رود
۹۲	نقشه‌یابی ژنی با آنالیز شجره‌نامه	۴۷	قطعات جالب توجه DNA می‌توانند توسط هیبریداسیون ساترن شناسایی شوند
۹۴	نقشه ژنتیکی در باکتری‌ها	۵۱	لیگازها قطعات DNA را بهم متصل می‌کنند
۹۶	محدودیت‌های آنالیز پیوستگی	۵۲	آنزیم‌های اصلاح انتها
۹۷	۳-۵ نقشه‌یابی فیزیکی بر بررسی مستقیم مولکول‌های DNA	۵۳	۲-۲ واکنش زنجیره پلیمراز
	نقشه‌یابی محدودکننده مرسوم فقط بر روی مولکول‌های DNA کوچک قابل به کارگیری است	۵۳	انجام یک PCR
۹۷	نقشه‌یابی نوری می‌تواند جایگاه محدودکننده در مولکول‌های DNA بلندتر را هم موقعیت‌یابی کند	۵۵	سرعت تشکیل محصول را می‌توان طی PCR پیگیری کرد
۹۹		۵۶	PCR کاربردهای زیاد و متنوعی دارد

نقشه‌یابی نوری را می‌توان برای نقشه‌یابی دیگر خصوصیات هم در مولکول DNA به کار برد	۱۰۲
۳-۶ نقشه‌یابی فیزیکی با اختصاص دادن مارکرها به قطعات DNA	۱۰۴
هر توالی منحصر به فرد را می‌توان به عنوان یک STS استفاده کرد	۱۰۵
قطعات DNA برای نقشه‌یابی STS را می‌توان به صورت هیبریدهای radiation به دست آورد	۱۰۶
یک کتابخانه کلون را می‌توان به عنوان یک عامل نقشه‌یابی استفاده کرد	۱۰۸
پرسش‌های کوتاه	۱۱۰
مسائل عمقی	۱۱۰

فصل چهارم: تعیین توالی ژنوم

۱-۴ تعیین توالی خاتمه‌ی ژنوم	۱۱۱
روش تعیین توالی خاتمه‌ی ژنوم	۱۱۱
همه‌ی DNA پلیمرها نه‌اند برای تعیین توالی به کار گرفته شوند	۱۱۴
تعیین توالی به روش خاتمه‌ی ژنوم	۱۱۴
مزایا و محدودیت‌های تعیین توالی به روش خاتمه‌ی ژنوم	۱۱۶
۲-۴ تعیین توالی نسل جدید	۱۱۷
آماده‌سازی یک کتابخانه‌ی توالی ویژگی رایج روش‌های نسل جدید	۱۱۸
چندین روش تعیین توالی نسل جدید طراحی شده است	۱۲۰
روش‌های نسل سوم و چهارم توالی‌یابی را بدون درنگ ممکن می‌کند	۱۲۳
۳-۴ چگونه یک ژنوم تعیین توالی می‌شود	۱۲۵

فصل ششم: شناسایی عملکردهای ژن

۱-۶ آنالیزهای کامپیوتری از عملکرد ژن‌ها	۱۷۱
همولوژی نشان دهنده‌ی روابط تکاملی است	۱۷۱
آنالیزهای همولوژی می‌تواند اطلاعاتی را در مورد عملکرد ژن‌ها فراهم کند	۱۷۲
شناسایی ویمین‌های پروتئین می‌تواند در تعیین عملکرد یک ژن ناشناخته کمک کند	۱۷۴
تفسیر فعالیت ژن نیازمند یک اصطلاح رایج است	۱۷۵
۲-۶ تعیین عملکرد غیرفعال سازی و افزایش بیان ژن	۱۷۷
بررسی‌های عملکردی با استفاده از سازای ژن‌ها	۱۷۷
ژن‌های جداگانه می‌توانند و ترکیب همولوگ غیرفعال شوند	۱۷۸
غیرفعال کردن ژن‌ها به‌طور تدریجی همولوگ	۱۸۰
افزایش بیان ژن همچنین می‌تواند برای بررسی عملکرد استفاده شود	۱۸۳
تشخیص تأثیرات ظاهری غیرفعال سازی و بیان ژن ممکن است دشوار باشد	۱۸۴
۳-۶ درک فعالیت ژن با مطالعه‌ی الگوی بیانی و محصولات پروتئینی	۱۸۶
ژن‌های گزارشگر و ایمونوسیتوشیمی می‌توانند برای تعیین زمان و مکانی که ژن در آن بیان می‌شود استفاده شوند	۱۸۶
ایجاد موتاسیون به صورت مستقیم می‌تواند برای بررسی عملکرد ژن با جزئیات استفاده شود	۱۸۷
۴-۶ استفاده از بررسی‌های ژنتیکی مرسوم برای شناسایی فعالیت ژن	۱۹۱
شناسایی ژن‌های انسانی مسئول در بیماری‌های ژنتیکی	۱۹۱
مطالعات انجمن ژنتیک همچنین می‌تواند ژن‌های مسئول بیماری‌ها و دیگر صفات را شناسایی کند	۱۹۲

فصل پنجم: حاشیه‌نویسی ژنوم

۱-۵ تفسیر ژنوم از طریق بررسی کامپیوتری از توالی‌های DNA	۱۴۹
نواحی کدکننده‌ی ژنوم قاب‌های باز خوانند هستند	۱۴۹
بررسی‌های ORF ساده در مورد ژنوم یوکاریوت‌های پیشرفته کمتر موثر است	۱۵۰
قرار دادن ژن‌ها برای rRNA غیر کدکننده	۱۵۳

۱۹۴	خلاصه	۲۴۲	اندازه ژنوم و تعداد ژنها در بین گونه‌های منحصر به فرد، متغیر است
۱۹۴	سوال و جواب‌های کوتاه	۲۴۵	تمایز بین گونه‌های پروکاریوتی توسط انتقال افقی ژن تضعیف می‌شود
۱۹۵	مشکلات عمیق	۲۴۷	مناژنوم‌ها اعضای یک جامعه را توصیف می‌کند
		۲۴۸	ژنوم‌های اندامک‌های یوکاریوتی
		۲۴۹	نظریه درون همزیستی منشأ ژنوم‌های اندامک‌های یوکاریوتی را توضیح می‌دهد
۱۹۷	۱.۷ ژنوم‌های هسته‌ای در کروموزوم‌ها قرار گرفته‌اند	۲۵۰	ژنوم اکثریت اندامک‌ها حلقوی است
۱۹۸	کروموزوم‌ها بسیار کوتاه‌تر از مولکول‌های DNA موجود در آنها هستند	۲۵۲	فهرست ژنی اندامک‌های ژنومی
۲۰۰	ویژگی‌های خاص کروموزوم‌های متافازی	۲۵۴	خلاصه
۲۰۲	تفاعلات DNA-پروتئین در سانترومرها و تلومرها	۲۵۵	سوالات پاسخ کوتاه
۲۰۵	۲-۷ زن‌ها چگونه در ژنوم‌های هسته‌ای آرایش یافته‌اند (سازمان‌یابی شده‌اند؟)	۲۵۶	مسایل مهم‌تر و عمیق‌تر
۲۰۵	ژن‌ها به طور تصادفی در یک ژنوم توزیع نشده‌اند		
۲۰۸	یک بخش از ژنوم انسان		
۲۰۹	ژنوم مخمر بسیار مرده‌اند		
۲۱۱	سازمان‌یابی ژنتیکی، سایر یوکاریوت‌ها		
۲۱۳	۲.۷ چه تعداد ژن وجود دارد و نحوه عملکرد، با گونه است؟		
۲۱۴	تعداد ژن‌ها می‌تواند گمراه‌کننده باشد		
۲۱۶	فهرست‌های ژنی ویژگی‌های متمایز از دانسی مختلف، آشکار می‌کنند		
۲۱۹	خانواده ژن‌ها		
۲۲۱	ژن‌های کاذب و سایر آثار تکاملی باقیمانده		
۲۲۴	۳.۷ محتوای DNA تکراری ژنوم‌های یوکاریوتی		
	DNA تکراری متوالی (پشت سرهم) در سانترومرها و نقاط دیگر سر روم‌های		
۲۲	یوکاریوتی یافت می‌شوند		
۲۱۰	مینی ماهواره‌ها و میکرو ماهواره‌ها		
۲۲۶	توالی‌های تکراری پراکنده		
۲۲۷	خلاصه		
۲۲۸	سوالات پاسخ کوتاه		
۲۲۸	مسایل مهم‌تر و عمیق‌تر		

فصل نهم: ژنوم‌های ویروسی و عناصر ژنتیکی متحرک

۲۵۷	۱.۹ ژنوم‌های باکتریوفازها و ویروس‌های یوکاریوتی
۲۵۸	ژنوم‌های باکتریوفازها ساختارها و سازمان‌یابی‌های متنوعی دارند
۲۵۹	استراتژی‌های همانندسازی برای ژنوم‌های باکتریوفازها
۲۶۲	ساختارها و استراتژی‌های همانندسازی در ژنوم‌های ویروس‌های یوکاریوتی
۲۶۴	برخی از رترو ویروس‌ها سبب بروز سرطان می‌شوند
۲۶۵	ژنوم‌ها در مرزهای زیستی
۲۶۷	۲.۹ عناصر ژنتیکی متحرک
	ترانسپوزون‌های RNA دارای توالی‌های تکراری انتهایی، خوشاوندان عناصر
۲۶۸	رترو ویروس‌ها هستند
۲۷۱	بعضی از ترانسپوزون‌ها فاقد تکرارهای بلند انتهایی هستند
۲۷۳	DNA تکراری میوزون‌ها در ژنوم‌های پروکاریوتی متداول هستند
۲۷۴	۳.۱۱ RNA تکراری در ژنوم‌های یوکاریوتی کمتر شایع هستند
۲۷۷	خلاصه
۲۷۸	سوالات پاسخ کوتاه
۲۷۸	مسایل مهم‌تر و عمیق‌تر

فصل هشتم: ژنوم‌های پروکاریوتی اندامک‌های

یوکاریوتی

۲۷۹	دسترس‌ی به ژنوم	۲۷۹	۱.۸ ویژگی‌های فیزیکی ژنوم‌های پروکاریوتی
۲۸۰	۱-۱۰ داخل هسته	۲۷۹	فصل ۸
۲۸۰	هسته دارای یک ساختار درونی (داخلی) منظم است	۲۳۰	دیدگاه سنتی در مورد کروموزوم پروکاریوتی
۲۸۲	محتوای DNA یک هسته تقسیم نشده، درجات مختلفی از بسته‌بندی (فشردگی) را نشان می‌دهد	۲۳۳	بعضی از باکتری‌ها دارای ژنوم خطی یا چند بخشی هستند
	تصور می‌شود که ماتریکس هسته‌ای تقاطی را برای اتصال DNA کروموزومی	۲۳۶	۲-۸ ویژگی‌های ژنتیکی ژنوم‌های پروکاریوتی
۲۸۳	فراهم می‌کند		سازمان‌یابی ژن در ژنوم
۲۸۵	هر کروموزوم دارای قلمرو خود، درون هسته است	۲۳۹	اپرون‌ها ویژگی‌های متمایز کننده ژنوم‌های یوکاریوتی هستند
	هر کروموزوم از مجموعه‌هایی از <u>دین‌های وابسته به یکدیگر از لحاظ توپولوژی</u>		اندازه ژنوم‌های پروکاریوتی و تعداد ژن‌های آنها بر حسب پیچیدگی‌های زیست
۲۸۶	(مکانی) تشکیل شده است	۲۴۱	شناختی آنها متغیر است

۳۷۶	مقایسه ترکیب دو پروتئوم	۳۷۶	اساس ژنتیکی اطلاعات موقعیتی و تعیین سرنوشت
۳۷۸	آرایه‌های پروتئین تحلیلی به عنوان جایگزینی برای پروفایلینگ پروتئین	۳۷۸	سلول
۳۷۹	۱۳-۲ شناسایی پروتئین‌هایی که با یکدیگر میانکشی دارند	۳۷۹	مگس سرکه: تبدیل اطلاعات موقعیتی به یک طرح بدن قطعه بندی شده
۳۷۹	شناسایی جفت پروتئین‌های میانکشی دهنده	۳۷۹	ژن‌های انتخابگر هوموتیک و ویژگی‌های عمومی تکامل یوکاریوت‌های عالی
۳۸۲	شناسایی اجزا کمپلکس‌های چند پروتئینی	۳۸۲	هستند
۳۸۵	نقشه‌های میانکشی پروتئین، میانکشی‌های درون پروتئوم را نشان می‌دهد	۳۸۵	ژن‌های هوموتیک زمینه‌ساز تکامل گیاهان نیز هستند
۳۸۷	۱۳-۳ ساخت و تجزیه اجزا پروتئوم	۳۸۷	خلاصه
۳۸۷	ریبوزوم‌ها ماشین‌های مولکولی ساخت پروتئین هستند	۳۸۷	مسائل عمیق

فصل پانزدهم: همانندسازی و تکثیر ژنوم

۳۹۰	کم کنند	۳۹۰	۱۵-۱ توبولوژی همانندسازی ژنوم
۳۹۲	فاکتورهای آغاز تغییر حجم بالای پروتئوم‌های یوکاریوتی را باعث می‌شوند	۳۹۲	ساختار مارپیچ دوتایی فرآیند همانندسازی را پیچیده می‌کند
۳۹۳	ترجمه mRNAهای: هم: تواند تنظیم شود	۳۹۳	آزمایش مزلسون - استال ثابت کرد که همانندسازی به صورت نیمه حفاظتی
۳۹۵	تجزیه اجزا پروتئ	۳۹۵	است.
۳۹۷	۱۳-۴ تاثیر پردازش پروتئین بر روی ترکیب پروتئوم	۳۹۷	DNA توبو ایزومراز راه حلی برای مشکل توبولوژیکی ارائه می‌دهد
۳۹۷	توالی اسید آمینه شامل ستاره‌ها برای تا پروتئین است	۳۹۷	تغییرات در زمینه همانندسازی نیمه حفاظتی
۴۰۰	بعضی از پروتئین‌ها توسط شکست پروتئین فعال می‌شوند	۴۰۰	۱۵-۲ مرحله آغازین همانندسازی ژنوم
۴۰۲	تغییرات مهم در فعالیت پروتئین می‌تواند ناشی از تغییرات بیماری باشد	۴۰۲	راه اندازی همانندسازی در E. coli
۴۰۵	۱۳-۵ فراتر از پروتئوم	۴۰۵	مبدأهای همانندسازی در مخمر به وضوح تعریف شده است
۴۰۵	متابولوم مجموعه کاملی از متابولیت‌های موجود در، اما نه	۴۰۵	شناسایی مبدأ همانندسازی در یوکاریوت‌های عالی دشوار است
۴۰۶	زیست‌شناسی سامانه‌ای توصیف کاملی از فعالیت سلولی فراهم می‌کند	۴۰۶	۱۵-۳ پلیمرها ماشین‌های مولکولی برای ساخت (و تخریب) DNA هستند
۴۰۹	خلاصه	۴۰۹	محدودیت‌های DNA پلیمرها همانندسازی ژنوم را پیچیده می‌کند
۴۱۰	سوالات پاسخ کوتاه	۴۱۰	قطعات راکی برای تکمیل همانندسازی رشته پیرو باید به یکدیگر متصل شوند
۴۱۱	مسائل عمیق	۴۱۱	۱۵-۴ خاتمه همانندسازی ژنوم

فصل چهارم: بیان ژنوم در چهار چوب سلول و ارگانیسم

۴۱۳	فصل ۱۴	۴۱۳	۱۴-۱ پاسخ ژنوم به پیام‌های خارجی
۴۱۴	انتقال پیام از طریق ورود ترکیب پیام رسان خارج سلولی	۴۱۴	پرونتین‌های گیرنده پیام‌ها را از طریق غشاهای سلولی منتقل می‌کنند
۴۱۵	بعضی از مسیرهای انتقال پیام تعداد کمی مرحله بین گیرنده و ژنوم دارند	۴۱۵	بعضی از مسیرهای انتقال پیام از طریق پیام برای ثانویه عمل می‌کنند
۴۱۸	بعضی از مسیرهای انتقال پیام از طریق پیام برای ثانویه عمل می‌کنند	۴۱۸	۱۴-۲ تغییرات در فعالیت ژنوم منجر به تمایز سلولی می‌شود
۴۱۹	نوع جفت گیری مخمر توسط رویدادهای تبدیل ژن تعیین می‌شوند	۴۱۹	بازارایی‌های ژنی مسئول تنوع گیرنده ایمونوگلوبولین و سلول T هستند
۴۲۳	۱۴-۳ تغییرات در فعالیت ژنوم زمینه ساز تکامل	۴۲۳	۱۴-۳ تغییرات در فعالیت ژنوم زمینه ساز تکامل
۴۲۴	باکتریوفاز از یک تمویض ژنتیکی یک انتخاب بین مسیرهای تکاملی متناوب را	۴۲۴	امکان پذیر می‌سازد
۴۲۶	از این سیستم مدل چه آموختیم؟	۴۲۶	اسپورزایی باسیلوس: هماهنگی فعالیت‌ها در دو نوع سلول متمایز
۴۲۸		۴۲۸	
۴۳۱		۴۳۱	
۴۳۲		۴۳۲	
۴۳۴		۴۳۴	
۴۳۴		۴۳۴	

خطاهای همانندسازی یکی از منابع جهش‌های نقطه‌ای هستند

خطاهای همانندسازی همچنین می‌تواند منجر به جهش‌های درجی و حذفی شود ۴۹۳ همچنین، بسیاری از درج‌ها و حذف‌ها در خارج از چهارچوب باز خوانش، درون اینترون‌ها و یا در مناطق intergenic از یک ژنوم رخ می‌دهد. ۴۹۳

۲-۱۶ ترمیم جهش‌ها و دیگر انواع آسیب‌های DNA

سیستم‌های ترمیم مستقیم، شکاف‌ها را پر و برخی از انواع نوکلئوتیدهای تغییر یافته را تصحیح می‌کنند ۵۰۱

برش بازی بسیاری از انواع آسیب‌های نوکلئوتیدی را ترمیم می‌کند

ترمیم برش نوکلئوتیدی بر اصلاح انواع گسترده‌تری از آسیب استفاده می‌شود

سیستم ترمیم عدم تطابق خطاهای همانندسازی را اصلاح می‌کند

شکستگی تک و دو رشته می‌تواند ترمیم شود

در صورت لزوم، آسیب DN۰۱ می‌تواند در همانندسازی و تکثیر ژنوم نادیده گرفته (bypass) شود ۵۱۱

خلاصه

سوالات پاسخ کوتاه

سوالات مفهومی

فصل هفدهم: نوترکیبی و جابه‌جایی

۱۷.۱ نوترکیبی همولوگ

مثل‌های هالیدی و مزلسون رادینگ برای نوترکیبی همولوگ

مثل شکست دو رشته ای برای نوترکیبی همولوگ

RecBCD مهم‌ترین مسیر نوترکیبی همولوگ در باکتری‌ها است

RecBCD در امتداد مولکول DNA با سرعت تقریبی ۱ kb در ثانیه، به پیش می‌رود تا به اولین نسخه از توالی ثابت هشت نوکلئوتیدی ۵۲۴

E.coli همچنین می‌تواند نوترکیبی همولوگ را توسط مسیر RecFOR انجام دهد ۵۲۶

مسیرهای نوترکیبی همولوگ در یوکاریوت‌ها

به نظر می‌رسد نقش اصلی نوترکیبی همولوگ، ترمیم DNA است

۲-۱۷ نوترکیبی جایگاه اختصاصی

نوترکیبی جایگاه اختصاصی به ساخت گیاهان اصلاح شده ژنتیکی کمک می‌کند. ۵۳۱

۳-۱۷ جابه‌جایی

جابه‌جایی همراه با همانندسازی و جابه‌جایی محافظه کارانه DNA ترانسپوزون‌ها ۵۳۳

رتروالمنت‌ها، همراه با همانندسازی از طریق یک RNA واسط جابجا می‌شوند ۵۳۳

خلاصه

سوالات پاسخ کوتاه

سوالات مفهومی