

# مبانی اومیکس

امیر اسحاقیان

دانشجوی دکتری تخصصی ژنتیک

فرزانه عمادی

کارشناسی ارشد ژنتیک

سرشناسه : اسحاقیان، امیر، ۱۳۷۰ -  
عنوان و نام پدیدآور : مبانی اومیکس / امیر اسحاقیان، فرزانه عبادی.  
مشخصات نشر : اصفهان: نصوص، ۱۴۰۰.  
مشخصات ظاهری : ۲۲۲ ص.: جدول ۵/۱۴ × ۵/۲۱ س م.  
شابک : ۵۰۰۰۰ ریال ۶۷-۰-۵۰۸۸-۶۰۰-۹۷۸

وضعیت فهرست نویسی : فیبا  
یادداشت : کتابنامه ص. ۲۰۸ - ۲۲۲.  
موضوع : ژنگان شناسی  
Genomics  
شناسه افزوده : عمادی، فرزانه، ۱۳۵۴ -  
رده بندی کنگره : QH۴۳۱ :  
رده بندی دیویی : ۵۷۶/۵ :  
شماره کتابشناسی ملی : ۸۶۸۹۴۵۸ :  
اطلاعات رگر دکابشناسی : فیبا

---

عنوان : مبانی اومیکس  
نویسنده گان : امیر اسحاقیان، فرزانه عبادی  
مدیر تولید : غلامحسین نصوصی  
ناشر : نشر نصوص ۰۹۱۳۳۱۱۹۲۴۰ Em:pub\_nosoooh@yahoo.com  
شمارگان : ۱۰۰۰ جلد  
قیمت : ۵۰۰۰۰ تومان  
چاپ و صحافی : گاندی  
تاریخ چاپ : ۱۴۰۰  
نوبت چاپ : اول  
شابک : ۶۷-۰-۵۰۸۸-۶۰۰-۹۷۸

حق چاپ محفوظ است

## پیشگفتار

علم برای یک ملت مهم‌ترین ابزار آبرو و پیشرفت و اقتدار است  
(رهبر معظم انقلاب حضرت آیت الله علی خامنه‌ای).

در این کتاب به بررسی فناوری‌های Omics پرداخته شده است و موضع جدیدی را برای خوانندگان معرفی می‌کند. این موضوع به ویژه برای فارغ‌التحصیلان فوق‌لیسانس و دکتری، دانشمندان علوم تحلیلی و تکنسین‌های علوم آزمایشگاهی می‌تواند مناسب و عملکردی باشد. سعی شده است با بهره‌گیری از بررسی‌های سایر دانشمندان و محققین مختلف در این زمینه اطلاعات کافی در بررسی قدرت و کاربردهای این فناوری و همچنین محدودیت‌های فناوری Omics جمع‌آوری شود. Omics یک موضوع مورد مطالعه جدید است، در تمام رشته‌های بیولوژیکی قرار دارد و به همه علوم زیستی مربوط می‌باشد. این سیستم سعی می‌کند به سیستم‌های بیولوژیکی به صورت جامع نگاه کند و تمام فعل و انفعالات بین ژن‌ها، پروتئین‌ها، RNA و متابولیت‌ها را در نظر بگیرد. Omics به رشته‌های مختلفی تقسیم می‌شود که در این کتاب مورد بحث قرار گرفته است.

فصل‌های مربوطه به Genomics که ساختار و عملکرد کل ژنوم موجودات را مطالعه می‌کند، Proteomics توصیف پروتئین‌های بیان شده در یک سلول یا بافت، Transcriptomics با RNA موجود در یک سلول یا بافت منجر به درک در مورد تمایز بیان ژن تحت شرایط خاص می‌شود و Metabolomics که نگاهی اجمالی به محصولات نهایی متابولیسم دارد، بیشتر در فنوتیپ‌ها نقش دارند. این کتاب همچنین به درک عمیق Microbiome کمک می‌کند که شامل ژن‌های کل همه میکروارگانیسم‌ها

در یک طاقچه اکولوژیکی<sup>۱</sup> خاص است. انسان Microbiome مخصوص به خود را دارد و تعداد سلول‌های میکروبی در انسان بیشتر از سلول‌های انسانی است. میکروبیوم اخیراً توجه علمی زیادی را برای بهره‌برداری از ارتباط درمانی آن در انسان، سایر حیوانات و گیاهان جلب کرده است. بنابراین، گاهی اوقات به عنوان یک رشته جداگانه در نظر گرفته می‌شود. به منظور احترام به حقوق سایر نویسندگان گرامی سعی بر آن شده است تمامی منابع مورد استفاده در گردآوری این اثر ذکر گردد. در پایان امیدواریم ما را از نقطه نظرات و انتقادات سازنده خود از طریق آدرس الکترونیک [amireashaghiyan@gmail.com](mailto:amireashaghiyan@gmail.com) آگاه سازید.

www.ketab.ir

---

<sup>۱</sup> Ecological Niche

## فهرست مطالب

|                                                           |    |
|-----------------------------------------------------------|----|
| پیشگفتار.....                                             | ۵  |
| مقدمه.....                                                | ۱۴ |
| فصل ۱.....                                                | ۱۵ |
| مقدمه ای بر Omics.....                                    | ۱۵ |
| بررسی اجمالی Omics.....                                   | ۱۸ |
| ژنومیکس.....                                              | ۱۸ |
| ترانسکریپتومیکس.....                                      | ۱۹ |
| پروتئومیکس.....                                           | ۱۹ |
| متابولومیکس.....                                          | ۲۰ |
| مروری بر سیستم‌های بیولوژیکی.....                         | ۲۰ |
| تکنیک‌های درگیر در سیستم‌های بیولوژیکی.....               | ۲۱ |
| تکنیک Microarray.....                                     | ۲۱ |
| انواع Microarray.....                                     | ۲۴ |
| High density array یا In situ (on chip) synthe sized..... | ۲۴ |
| محدودیت روش Microarray.....                               | ۲۵ |
| کاربردهای Microarray.....                                 | ۲۶ |
| تحلیل داده‌ها.....                                        | ۲۸ |
| زبان R در تجزیه و تحلیل Omics.....                        | ۲۹ |
| cpma.....                                                 | ۳۱ |
| mlm.....                                                  | ۳۱ |
| MixOmics.....                                             | ۳۱ |

|    |                                                  |
|----|--------------------------------------------------|
| ۳۲ | .....IntegrOmics                                 |
| ۳۲ | .....SupraHex                                    |
| ۳۳ | .....OmicCircos                                  |
| ۳۵ | .....فصل ۲                                       |
| ۳۵ | .....Genomics                                    |
| ۳۷ | .....پروژه ژنوم انسان                            |
| ۳۹ | .....نقشه برداری از ژنوم انسان                   |
| ۴۰ | .....تعیین توالی تفنگ ساچمه‌ای                   |
| ۴۱ | .....توالی‌یابی کل ژنوم                          |
| ۴۲ | .....تعیین توالی ژنوم هابلوتیب                   |
| ۴۳ | .....توالی‌یابی DNA                              |
| ۴۴ | .....توالی‌یابی نسل اول                          |
| ۴۴ | .....روش Sanger                                  |
| ۴۶ | .....توالی‌یابی نسل دوم                          |
| ۴۶ | .....Emulsion PCR                                |
| ۴۸ | .....Bridge PCR                                  |
| ۴۹ | .....454 Sequencing                              |
| ۵۱ | .....Sequencing by Ligation (SOLiD)              |
| ۵۲ | .....Reversible Terminator Sequencing (Illumina) |
| ۵۴ | .....توالی‌یابی نسل سوم                          |
| ۵۴ | .....Ion Torrent Semiconductor Sequencing        |

|    |                                                               |
|----|---------------------------------------------------------------|
| ۵۶ | Single-Molecule Real-Time Sequencing                          |
| ۵۹ | True Single-Molecule Sequencing                               |
| ۵۹ | Genome Annotations                                            |
| ۶۰ | Nucleotide Annotation                                         |
| ۶۰ | نام‌گذاری ژن‌ها                                               |
| ۶۱ | Nongene DNA تفسیر دنباله‌های                                  |
| ۶۲ | ژنومیکس کاربردی                                               |
| ۶۲ | qPCR                                                          |
| ۶۳ | Two-Hybrid System                                             |
| ۶۳ | RNA-seq                                                       |
| ۶۴ | پروژه ENCODE                                                  |
| ۶۶ | ژنومیکس مقایسه‌ای                                             |
| ۶۹ | ای‌ای ژنوم و ای‌ای ژنتیک                                      |
| ۷۱ | مکانیسم‌های ای‌ای ژنتیک                                       |
| ۷۱ | متیلاسیون DNA                                                 |
| ۷۲ | تغییرات هیستونی                                               |
| ۷۵ | RNAهای غیرکدکننده                                             |
| ۷۷ | میانکنش متقابل ncRNA، تغییرات هیستون و متیلاسیون DNA در سرطان |
| ۷۷ | روش‌های ژنومی برای مطالعه بیماری‌های پیچیده                   |
| ۷۸ | ChIP و ChIP-on-Chip                                           |
| ۷۹ | ژنومیکس بالینی                                                |

|                                        |     |
|----------------------------------------|-----|
| فصل ۳.....                             | ۸۳  |
| Transcriptomics.....                   | ۸۳  |
| Transcriptomics و Transcriptome.....   | ۸۵  |
| Transcriptomics اصول.....              | ۸۶  |
| Transcriptomics برای مطالعه.....       | ۸۶  |
| برچسب به توالی بیان شونده (ESTs).....  | ۸۷  |
| آنالیز سریالی بیان ژن (SAGE/CAGE)..... | ۸۸  |
| SAGE روش کار.....                      | ۸۸  |
| SAGE کاربردهای.....                    | ۹۰  |
| SAGE محدودیت‌های روش.....              | ۹۱  |
| RNA sequencing.....                    | ۹۱  |
| RNA sequencing روش کار.....            | ۹۲  |
| RNA-Seq چالش‌های.....                  | ۹۴  |
| RNA-Seq کاربردهای.....                 | ۹۵  |
| RNA-Seq جایگزین برای.....              | ۹۶  |
| Metatranscriptome.....                 | ۹۶  |
| تجزیه و تحلیل بیان ژن.....             | ۹۸  |
| تنوع فعالیت ژنی.....                   | ۹۹  |
| Transcriptomics کاربردهای.....         | ۱۰۰ |
| پروفایل بیماری.....                    | ۱۰۰ |
| اکولوژی.....                           | ۱۰۲ |



## مقدمه

قرار گرفتن در معرض دنیای omics در طول دوره دکترای پایه و اساس این کتاب را ایجاد کرده است. این بحث در ابعاد مختلف از جمله پیش آگاهی بیماری، درمان، داروهای شخصی و کشف داروها شتاب گرفته است. بنابراین ضروری است که متبعی را طراحی کنیم که نه تنها برای مبتدیان بلکه برای متخصصانی که به دنبال پیشرفت دانش خود در این زمینه هستند مفید باشد. کتاب حاضر به هفت فصل تقسیم شده است تا بتواند به سوالات اساسی مخاطبان مختلف در زمینه بین رشته‌ای omics بپردازد. فصل اول دامنه omics، طراحی تجربی در تحقیقات omics، کاربردهای آن و استفاده از زبان R برای تجزیه و تحلیل داده‌های omics با توان بالا را توضیح می‌دهد. فصل دوم یک دیدگاه منسجم از معماری ژنوم انسان، رویکردهای توالی‌یابی DNA و پیشرفت‌های فن‌آوری جدید در ژنومیکس را ترسیم می‌کند. فصل سوم اصل رونویسی، فن‌آوری‌ها (برچسب توالی بیان، آنالیز بیان ژن، ریزآرایه، RNA-seq) مورد استفاده برای مطالعه ترانسکریپتومیکس و کاربردهای ترانسکریپتومیکس شناسی در پروفایل بیماری، اکولوژی، تکامل و حاشیه‌نویسی عملکرد ژن را مورد بحث قرار می‌دهد. فصل چهارم انواع مختلف پروتئومیکس و تکنیک‌های پیشرفته پروتئومیکس مانند الکتروفورز دو بعدی، برچسب‌گذاری با ایزوتیپ، طیف‌سنجی جرمی و تکنیک شناسایی پروتئین چند بعدی را شرح می‌دهد. فصل پنجم متابولوم، کاربردهای آن و پلتفرم‌های یکپارچه برای تجزیه و تحلیل و تفسیر داده‌های متابولومیکس را شرح می‌دهد. فصل ششم بینشی از میکروبیوم خاک، گیاه، دریا و انسان ارائه می‌دهد. تاکید ویژه‌ای بر روی هم نشینان انسان است که در آن میکروبیوم مختلف مانند روده، پوست، دهان به تفصیل مورد بحث قرار می‌گیرد. فصل آخر در مورد منابع بیوانفورماتیک توضیحات عمیقی در مورد رویکردهای مختلف بیوانفورماتیک موجود برای تجزیه و تحلیل داده‌های ژنومیکس، ترانسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس ارائه می‌دهد.