

NGS

توالی‌یابی نسل بعدی

(روش‌ها و پروتکل‌های کاربردی)

مترجم:

علی زمان‌وریزی

(کارشناسی ارشد، دپارتمان ژنتیک مولکولی، دانشکده علوم و فناوری‌های نوین، دانشگاه آزاد علوم پزشکی تهران)

فرزانه فخاریان

(دانشجوی دکتری تخصصی میکروبی‌شناسی، دانشکده علوم و فناوری‌های زیستی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی)

سمیه محمدی

(کارشناسی ارشد فیزیولوژی جانوری، دانشکده علوم دانشگاه فردوسی مشهد)

احسان قدرتی‌شاتوری

(کارشناسی ارشد، دپارتمان ژنتیک مولکولی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه علم و هنر یزد)

زیرنظر: دکتر شبنم رضوی

(هیئت علمی و دکتری تخصصی بیوتکنولوژی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ایران)

IQ3

الکمیتم
میانبر

IQ3

پایه

کتابخانه
دکتر خایلی

سرشناسنامه	هد. استیون آر / Head, Steven R.
عنوان و نام پدیدآور	NGS: توالی‌یابی نسل بعدی (روش‌ها و پروتکل‌های کاربردی); اوپراساناران استیون آک هد، فیس اردوخانیان، دانیل آر، سالومون / ترجمه علی زمان‌وزیری، احسان قدرتی‌شاتوری، سمیه محمدی، فرزانه فخاریان / زیرنظر شبنم رضوی
مشخصات نشر	تهران: گروه تألیفی دکتر خلیلی، ۱۴۰۰.
مشخصات ظاهری	۲۹۷ص.
شابک	978-600-422-627-1
وضعیت فهرست‌نویسی	فیا
یادداشت	عنوان اصلی: [2018]. Next Generation Sequencing: methods and protocols.
موضوع	ژنتیک پزشکی / موضوع
موضوع	ژنتیک انسانی / موضوع
نسخه افزوده	اردوخانیان، فیلیپ
نسخه افزوده	سالومون، دانیل آر. ۱۹۵۳-۲۰۱۶م.
نسخه افزوده	زمان‌وزیری، علی، ۱۳۷۴-، مترجم / نسخه افزوده
نسخه افزوده	محمدی، سمیه، ۱۳۶۷-، مترجم / نسخه افزوده
نسخه افزوده	رضوی، شبنم، ۱۳۵۱-
رده‌بندی کنگره	RB۱۵۵
رده‌بندی دیویی	۶۱۶/۰۴۲
شماره کتابشناسی	۳۶۶۹۵۶۳

نام کتاب: NGS توالی‌یابی نسل بعدی (روش‌ها و پروتکل‌های کاربردی)

مترجمین: علی زمان‌وزیری - فرزانه فخاریان - سمیه محمدی - احسان قدرتی‌شاتوری

ناشر: گروه تألیفی دکتر خلیلی

نوبت و سال چاپ: اول، ۱۴۰۰

شمارگان: ۱۰۰۰

چاپ و صحافی: شتاب

مدیر تولید: اقبال شرقی

مدیر فنی و هنری: مریم آزده

تایپ و صفحه‌آرایی: الهام عربی

بهاء: ۸۵۰۰۰ تومان

آموزشگاه دکتر خلیلی (دفتر مرکزی): ۰۲۱-۶۶۵۶۸۶۲۱

آموزشگاه دکتر خلیلی (شعبه شریعتی): ۰۲۱-۲۲۸۵۶۶۲۰

فروشگاه: تهران - خیابان انقلاب - روبه‌روی درب اصلی دانشگاه تهران - پاساژ فروزنده - طبقه همکف - پلاک ۳۳۱

تلفن: ۰۲۱-۶۶۵۸۹۳۷۵ - ۰۲۱-۶۶۵۸۹۳۴۹

مرکز بخش: ضلع جنوب غربی میدان انقلاب - جنب سینما پارس - مجتمع نجاری پارس - طبقه اول

مدیر فروش: ۰۹۱۲-۵۵۰۸۵۸۹

مرکز فروش: ۰۲۱-۶۶۵۶۹۲۱۶

طلیحه سخن نویسنده:

تحول در فناوری توالی‌یابی با توان عملیاتی بالا^۱ توالی‌یابی نسل جدید^۲ (NGS) - علم ژنتیک را در دهه‌ی اخیر تغییر داده‌است. پروتکل‌ها و راه‌های جدید برگرفته از این فناوری برای پاسخ‌گویی به پرسش‌های اساسی در زیست‌شناسی، استراتژی‌های بسیار موثری را برای حل مسائل مربوط به DNA، RNA و تعاملات آن‌ها با پروتئین‌ها فراهم کرده‌است. هر فصل این کتاب، وضعیت فعلی کاربرد NGS را شرح می‌دهد و برای محققان با هر سطح تجربه NGS که می‌خواهند دانش و مهارت‌های عملی خود را در توالی‌یابی highthroughput توسعه دهند منبع مناسبی است. علاوه بر این، نمونه‌هایی از چالش‌های کاربرد NGS در تجزیه و تحلیل داده‌های پروتکل‌های تحقیقات پایه‌ای و همچنین کاربردهای بالینی گنجانده شده‌است.

این کتاب طیف وسیعی از زمینه‌های مختلف تحقیق را در بر می‌گیرد که موضوع مشترک آن روش‌ها و برنامه‌های مربوط به NGS و همچنین تجزیه و تحلیل و تفسیر داده‌های به دست آمده است. دو فصل اول به فرایندهای بسیار پویای پروفایل ترجمه و رونویسی یک سلول می‌پردازد. در فصل اول، جداسازی پلی زوم و ریبوزوم توسط گرادیان ساکارز، برای بررسی عمل ترجمه استفاده می‌شود، هر دو رویکرد شرح داده شده است و اطلاعات به دست آمده از هر کدام مورد بحث قرار می‌گیرد. در فصل دوم، جداسازی هسته سلول و رونوشت‌های RNA نوپا^۳ در آن اجازه می‌دهد تا نگاهی به رونوشت نوپای یک سلول داشته باشیم. فصل سوم به روشی برای شناسایی تغییرات تعداد نسخه‌های کروموزومی^۴ (CNAs) با استفاده از تکثیر کل ژنوم و توالی‌یابی پایین‌گذر کل ژنوم، می‌پردازد. فصل‌های ۴ و ۵ به برنامه‌های توالی‌یابی هدفمندتر^۵ اشاره دارد. در فصل ۴، استفاده از الیگونوکلئوتیدهای کوچک طعمه^۶ به منظور «گیرانداختن»^۷ قطعات بلند DNA مرکب از خوانش‌های بلند (~ ۲ kb)، با استفاده از Oxford Nanopore, Inc) MinION، امکان شناسایی نواحی ناشناخته‌ی کنار قطعه‌ی طعمه را فراهم می‌کند. فصل ۵ با روشی بسیار کارآمد و مقرون به صرفه به نام «هاپلکس»^۸ سروکار دارد که شناسایی لوکوس‌های پلی‌مرفیک شناخته‌شده را با رویکرد مبتنی بر «آمپلیکون بسیار تکثیر یافته»^۹ برای جستجوی واریانت‌های ژنتیکی، فراهم می‌کند.

1. high-throughput
2. Next generation sequencing
3. Nascent RNA transcript
4. transcriptome
5. copy number alterations
6. more targeted sequencing applications
7. bait
8. fish out
9. Hi-Plex
10. highly multiplexed amplicon

فصل ۱۵ بر روی بازاریابی ساختاری DNA با استفاده از روشی به نام «Hi-C» تمرکز دارد که با استفاده از NGS، تعاملات کروماتین در هسته را نقشه برداری می‌کند. به منظور مطالعه بازاریابی ساختاری ناشی از فعال‌سازی کروماتین، کتابخانه‌های NGS برای سلول‌های در حال استراحت و فعال CD۴ انسان ایجاد شدند. فصل دیگر (فصل ۱۳) با تغییرات کروموزومی کتابخانه‌های ناک اوت بر پایه CRISPR در کل ژنوم، برای بررسی سیستماتیک عملکرد ژن در سیستم‌های بیولوژیکی سروکار دارد. در این فصل به‌طور خاص، از کتابخانه‌های ناک اوت بر پایه کریسپر کل ژنوم^۱ (GeCKO v۲) استفاده شده است و روش‌هایی برای ایجاد کتابخانه‌های NGS و توالی‌یابی و مورد بحث قرار گرفته است.

فصل‌های متعددی (فصل‌های ۷، ۸، ۱۰ و ۱۴) در رابطه با DNA NGS یا RNA سلول منفرد وجود دارد. فصل ۷ یک استراتژی برجسته‌گذاری post bisulfite آداپتر را برای تولید داده‌های سلول منفرد به منظور مشاهده‌ی وضعیت متیلاسیون سیتیدین* در ژنوم توصیف می‌کند. فصل ۱۰ استفاده از آداپترهای اصلاح‌شده را برای آماده‌سازی کتابخانه‌های NGS در یک پروتکل کوچک RNA به نام «CleanTag» (TriLink Biotechnologies Inc) توضیح می‌دهد. استفاده از این آداپترها مانع تشکیل دی دایمر، محصول عمده خطا در آماده‌سازی یک کتابخانه‌ی کوچک استاندارد RNA می‌شود. مولفان نشان دادند که این تکنیک می‌تواند با ورودی‌های بسیار پایین تا سطح سلول واحد (۱۰ pg) کار کند. فصل ۱۴ روش آنالیز سلول واحد برای شناسایی و تشخیص نوعی از T سل‌های CD۴ نادر در گردش خون با استفاده از Biomark HD، پروفایل ۹۶ ژن مختلف با استفاده از qPCR کمی (qPCR) و ایجاد کتابخانه‌های NGS با استفاده از Biomark HD Access Array را توصیف می‌کند. فصل ۸ پروتکلی را برای جداسازی، استخراج و توالی‌یابی سلول‌های منفرد باکتریال و آرکئال با استفاده از FACS، MDA، rRNA ۱۶s و یک رویکرد محاسباتی را برای تضمین کیفیت شرح می‌دهد.

دو فصل دیگر (فصل‌های ۹ و ۱۲) بیش‌تر تمرکز محاسباتی دارند. فصل ۹ با استفاده از تعیین توالی low pass whole genome و اجتماع ارگانسیم‌های غیر مدل با راهنمایی مرجع برای اکتشاف SNP‌ها امکان تهیه ژنوتیپ جمعیت را فراهم می‌کند. فصل ۱۲ یک مسیر محاسباتی را برای آنالیز RNAseq از نمونه‌های بافت حاوی جمعیت ناهمگون و مرکب از چند سلول (به‌عنوان مثال نمونه خون) توصیف می‌کند. این سیر محاسباتی قادر به برآورد ترکیب نوع سلول و سایر اطلاعات آنالیز آماری تولیدشده از پروفایل‌های مجموع RNAseq است.

یکی دیگر از مؤلفه‌های مهم برای تقریباً تمام کارهای مربوط به NGS، به‌ویژه مطالعات مربوط به میکروبیوم، آلودگی است. برای این منظور فصل ۱۱ بر روی بهترین شیوه‌ها و روش‌های دستکاری نمونه، استخراج DNA و یا RNA و تهیه‌ی کتابخانه از نمونه‌های میکروبی و ویروسی برای ایجاد کتابخانه‌های

NGS متمرکز است. فصل ۶، درباره‌ی یک روش جدید برای تولید کتابخانه‌های تعیین توالی از RNA ویروسی است که «Clickseq» خوانده می‌شود؛ این روش از کلیک شیمی^۱ برای اتصال یک از آداپترهای NGS استفاده می‌کند که از خطاهای ناشی از ایجاد کایمر جلوگیری می‌کند و در نتیجه به شدت توانایی تشخیص رویدادهای نوترکیب نادر در RNA ویروسی را افزایش می‌دهد. فصل آخر کتاب (فصل ۱۶) یکی دیگر از روش‌های تهیه‌ی کتابخانه RNAseq برای پروفایل جایگاه‌های خاتمه رونویسی معکوس را شرح می‌دهد. این یک روش کارآمد است و کتابخانه‌های NGS خوبی را از ورودی‌های کم RNA تولیدشده از پروتکل‌هایی نظیر توالی‌یابی RNA نوپدید، رسوب ایمنی^۲ RNA (RIPseq) و پروب ساختاری RACE-^۳ ۵' ایجاد می‌کند.

فن‌آوری توالی‌یابی نسل جدید^۴ (NGS) مطالعات باکتریایی و ویروسی را به مطالعات مربوط به گیاهان و موجودات غیرمدل و البته بیماری‌های انسان پیوند زده است. این نیاز به همکاری بین کاربران داده‌های NGS و کسانی است که برای طراحی و انجام روش‌های آنزیمی برای آماده‌سازی کتابخانه‌های توالی‌یابی و اطمینان از این‌که توالی مورد نظر به‌درستی هدف‌گیری^۵، ضبط^۶ و تکثیر شده است مورد نیاز هستند. دیگر افراد مورد نیاز، مهندسان هستند که microfluidics و دستگاه‌های سخت‌افزاری توالی‌یابی را توسعه می‌دهند، یا نقش کارشناسان بیوانفورماتیک برای اطمینان از آنالیز صحیح داده‌های تولیدشده و تبدیل آن‌ها به آنالیزهای بامعنی ضروری است. امیدواریم از این کتاب لذت ببرید و آن را حاوی اطلاعات و مرجع مفید بیابید.

La Jolla, CA, USA

1. Click Chemistry
2. Immunoprecipitation
3. Next Generation Sequencing
4. target
5. Captur

فهرست مطالب

عنوان

صفحه

فصل اول: بررسی محصول ترجمه به وسیله‌ی پروفایل هم‌زمان پلی‌ژوم و ریبوزوم در محیط زنده.....	۱۱
فصل دوم: اندازه‌گیری رونوشت‌های نوپدید با روش توالی‌یابی RNA نوپدید.....	۳۰
فصل سوم: شناسایی تغییرات تعداد نسخ‌ی ژنوم در تشخیص ژنتیکی پیش از لانه‌گزینی.....	۴۰
فصل چهارم: توالی‌یابی هدفمند چندمنظوره برای Oxford Nanopore MinION یک شیوه‌ی دقیق تهیه‌ی کتابخانه.....	۵۹
فصل پنجم: Hi-Plex روشی ساده، دقیق و مقرون به صرفه تعیین توالی هدفمند DNA مبتنی بر آمپلیکون.....	۷۰
فصل ششم: ClickSeq استفاده از Click-Chemistry به جای قطعه‌قطعه کردن و اتصال انزیمی به منظور اجتناب از کایمرهای توالی.....	۸۹
فصل هفتم: تجزیه و تحلیل متیلاسیون DNA کل ژنوم با استفاده از رویکرد Post-bisulfite Adapter Tagging در سلول‌های منفرد.....	۱۰۷
فصل هشتم: تعیین توالی ژنوم‌ها از سلول‌های منفرد محیطی.....	۱۱۹
فصل نهم: کشف SNP از مونتاژ تک ژنوم‌ها و ژنوم‌های چندتایی از گائوسهای غیرمدل.....	۱۳۹
فصل دهم: آداپتورهای CleanTag روند آماده‌سازی کتابخانه توالی‌یابی نسل بعد RNA کوچک را با کاهش دایمرهای آداپتور بهبود می‌بخشد.....	۱۷۸
فصل یازدهم: روش‌های نمونه‌برداری، استخراج و روش توالی‌یابی با توان عملیاتی بالا برای جوامع ویروسی و میکروبی محیطی.....	۱۹۵
فصل دوازدهم: برایمر خونی: تجزیه و تحلیل RNA-Seq از ترکیبات بافت.....	۲۰۸
فصل سیزدهم: توالی‌یابی نسل بعد غربالگری CRISPR گسترده‌ی ژنومی.....	۲۳۶
فصل چهاردهم: مشخصه‌سازی ژن و توالی‌یابی گیرنده‌ی سلول T از سلول‌های TCD خاص آنتی‌ژنی.....	۲۵۳
فصل پانزدهم: بررسی برهمکنش کروموزومی کلی با Hi-C در سلول‌های TCD خام انسانی.....	۲۶۹
فصل شانزدهم: بسط برایمر، اکتساب و الحاق cdNA روی مهره: یک روش آماده‌سازی کتابخانه مؤثر RNASeq کارآمد برای تعیین سایت‌های خاتمه رونویسی معکوس.....	۲۸۶