

رویکردهای ژنومیک در محیط زیست

مؤلف

گرگوری دیک

مترجم

ایوب ترکیان

نیاز دانش

فهرست مطالب

عنوان	شماره صفحه
فصل ۱ / مقدمه	۱۱
۱.۱ سیری در دنیای میکروارگانیسم‌ها	۱۱
۲.۱ انقلاب توالی‌سنجی DNA: دیدگاه‌های تاریخی	۱۵
فصل ۲ / معماری ژنوم‌های میکروبی	۱۹
مقدمه	۱۹
۱.۲ اندازه، سازمان، و تکثیر ژنوم	۱۹
۲.۲ ترکیب نوکلئوتید	۲۳
۳.۲ جوانب اکولوژیکی و تکاملی ژنوم‌های میکروبی	۲۴
۱.۳.۲ نقش ویروس‌ها در ترویج تنوع ژنومیکی	۲۷
۴.۲ تنوع ژنومی در جوامع میکروبی	۲۸
۵.۲ اهمیت تنوع ژنومی	۳۰

فصل ۳ / کاربرد نگرش‌های اومیک در محیط‌زیست ۳۱

مقدمه ۳۱

۱.۳ دیدگاه‌های جدید در بیوژنوشیمی میکروبی ۳۱

۱.۱.۳ بازتعریف چرخه‌های کربن و نیتروژن ۳۱

۲.۱.۳ نقش اومیک در ردیابی فرایندهای بیوژنوشیمیایی ۳۳

۳.۱.۳ داده‌های اومیک در مدل‌های بیوژنوشیمیایی ۳۳

۴.۱.۳ پاسخ و بازخورد حیات به تغییرات اقلیم جهانی ۳۴

۲.۳ رکورد ژنومی تکامل بیولوژیکی و ژنوشیمیایی ۳۵

۳.۳ چالش‌ها و محدودیت‌های نگرش‌های اومیک ۳۶

۴.۳ اومیک به‌عنوان مکمل دیگر نگرش‌ها ۳۸

فصل ۴ / مرور کلی رویکردها ۴۱

مقدمه ۴۱

۱.۴ انتخاب رویکرد مناسب ۴۱

۱.۱.۴ رویکردهای جامع‌نگر ۴۱

۲.۱.۴ رویکردهای هدف‌نگر ۴۳

۳.۱.۴ ژنومیک تک‌سلولی ۴۴

۲.۴ ملاحظات طراحی آزمایش و نمونه‌برداری ۴۵

۱.۲.۴ تکرار ۴۶

۲.۲.۴ تخمین میزان توالی‌سنجی ۴۶

۳.۲.۴ از نمونه تا داده‌ها ۴۸

۴.۲.۴ تخمین وفور مطلق با استانداردهای داخلی ۴۹

۳.۴ مرور کلی فن‌آوری‌های توالی‌سنجی DNA ۵۰

۴.۴ کنترل کیفیت و پردازش توالی ۵۱

۱.۴.۴ تکرارزدایی توالی ۵۲

۲.۴.۴ هرس کردن ۵۳

۵۵	فصل ۵ / ژنومیک تک‌گونه و تک‌سلول
۵۵	مقدمه
۵۷	۱.۵ الگوریتم سرهم‌سازی ژنوم
۵۸	۲.۵ چالش‌های سرهم‌سازی ژنوم
۵۸	۳.۵ داریست‌سازی
۶۱	۴.۵ برنامه‌ها و مراحل سرهم‌سازی ژنوم
۶۲	۵.۵ ارزیابی سرهم‌سازی‌های ژنوم
۶۴	۶.۵ ژنومیک تک‌سلولی

۶۷	فصل ۶ / متاژنومیک
۶۷	مقدمه
۶۸	۱.۶ سرهم‌سازی یا عدم سرهم‌سازی
۷۰	۲.۶ رویکردهای وابسته به پایگاه داده
۷۳	۳.۶ رویکردهای مستقل از پایگاه داده
۷۶	۴.۶ ارزیابی سرهمی‌های متاژنومی
۷۷	۵.۶ فلسفه سرهمی‌های متاژنوم

۷۹	فصل ۷ / سببندی متاژنومی
۷۹	مقدمه
۸۰	۱.۷ امضاءهای ژنومی ترکیب نوکلئوتید
۸۲	۲.۷ برنامه‌های سببندی
۸۴	۳.۷ سیگنال و گام‌های اضافی برای سببندی
۸۶	۴.۷ شناسایی، ارزیابی، و برآورد کامل بودن سبدهای ژنومی

فصل ۸ / حاشیه‌نویسی ۸۹

مقدمه ۸۹

۱.۸ ژن کاوی ۹۰

۲.۸ تعیین ترکیب گروه‌بندی ۹۱

۳.۸ حاشیه‌نویسی وظیفه‌ای ۹۴

۱.۳.۸ رویکرد کلی به حاشیه‌نویسی وظیفه‌ای ۹۵

۲.۳.۸ پیش‌بینی مسیرهای متابولیکی ۹۶

۳.۳.۸ اهمیت حاشیه‌نویسی تجربی ۹۷

فصل ۹ / ترانسکریپتومیک ۹۹

مقدمه ۹۹

۱.۹ جمع‌آوری نمونه ۱۰۰

۲.۹ استخراج RNA و آماده‌سازی کتابخانه‌های cDNA ۱۰۱

۱.۲.۹ حذف tRNA قبل از آماده‌سازی کتابخانه و توالی‌سنجی ۱۰۱

۳.۹ تخصیص ترانسکریپت‌ها به ژن‌ها یا دیگر ویژگی‌ها ۱۰۲

۴.۹ سرهم‌سازی از سر نو ۱۰۲

۵.۹ وفور مطلق و نسبی و نرمال‌سازی ۱۰۴

۶.۹ آشکارسازی بیان دیفرانسیل ۱۰۹

فصل ۱۰ / متاپروتئومیک ۱۱۱

مقدمه ۱۱۱

۱.۱۰ متدولوژی‌های پروتئومیک پایه ۱۱۲

۲.۱۰ اهمیت پایگاه داده ژنومی در تفسیر داده‌های پروتئومی ۱۱۳

۱۱۵ پروتئومیک کمی	۳.۱۰
۱۱۷ ترکیب سنجش ایزوتوپ پایدار با پروتئومیک	۴.۱۰
<hr/>		
۱۱۹ فصل ۱۱ / لیپیدومیک و متابولومیک	
<hr/>		
۱۱۹ مقدمه	
۱۲۰ ۱.۱۱ لیپیدومیک	
۱۲۱ ۲.۱۱ متابولومیک	
<hr/>		
۱۲۳ فصل ۱۲ / رویکردهای پایین دستی و یکپارچه و افق آینده	
<hr/>		
۱۲۳ مقدمه	
۱۲۴ ۱.۱۲ اومیک تطبیقی	
۱۲۴ ۲.۱۲ رویکردهای آماری	
۱۲۵ ۳.۱۲ مصورسازی	
۱۲۶ ۴.۱۲ زیرساخت‌های سایبری برای اومیک محیط‌زیستی	
۱۲۷ ۱.۴.۱۲ پلاتفرم‌های نرم‌افزاری	
۱۲۸ ۵.۱۲ آرشیو داده‌ها و نمونه	
۱۲۸ ۶.۱۲ مدل‌سازی	
۱۳۰ ۷.۱۲ روندهای جدید و افق آینده	

پیوست‌ها

۱۳۳	پیوست ۱ / میکروبیولوژی صنعتی و بیوتکنولوژی سلولی
۱۳۳	۱.۱ ویژگی‌های فراگیر سلول‌ها
۱۳۴	۲.۱ غشاهای سلولی، موانع، و حامل‌ها
۱۳۶	۳.۱ منابع انرژی سلول‌ها
۱۳۷	۱.۳.۱ طبقه‌بندی میکروارگانیسم‌ها بر اساس منبع انرژی
۱۳۹	۴.۱ بنیاد مواد و اطلاعات سیستم‌های حیاتی
۱۳۹	۱.۴.۱ استفاده سلول‌ها از واحد ساختمانی مولکولی مشابه
۱۴۰	۲.۴.۱ ژن‌ها
۱۴۲	۳.۴.۱ پردازش اطلاعات ژنتیکی
۱۴۲	۵.۱ سلول‌های دارای اهمیت صنعتی
۱۴۳	۱.۵.۱ پروکاریوت‌ها
۱۴۵	۲.۵.۱ یوباکتری‌ها
۱۴۵	۱.۲.۵.۱ دیواره سلولی و غشای سلولی
۱۴۸	۲.۲.۵.۱ غشا و تبدیل انرژی
۱۵۰	۳.۲.۵.۱ تخصصی‌شدن
۱۵۰	۳.۵.۱ آغازی‌ها
۱۵۲	۴.۵.۱ یوکاریوت‌ها
۱۵۳	۱.۴.۵.۱ هسته
۱۵۴	۲.۴.۵.۱ میتوکندری
۱۵۶	۳.۴.۵.۱ شبکه آندوپلاسمی و دستگاه گلژی
۱۵۷	۴.۴.۵.۱ دیگر اندامک‌ها
۱۵۸	۵.۴.۵.۱ سیتوزول
۱۶۰	۶.۱ سلول‌های مشتق از موجودات چندسلولی
۱۶۱	مسائل

۱۶۵	پیوست ۲ / فن آوری نوین DNA نو ترکیب
۱۶۵	۱.۲ مقدمه
۱۶۶	۲.۲ پرداخت کاری و آنالیز مولکول های DNA
۱۷۲	۳.۲ کلون سازی DNA در باکتری ها
۱۸۵	۴.۲ کلون سازی DNA توسط PCR
۱۹۰	۴.۲ کاوش و بهره برداری از فعالیت ژن
۲۱۸	سوالات
۲۳۰	پاسخ ها