

مبانی فیلوژنومیک

ویراست دوم

جلد اول - مبانی و پایگاه‌های داده

رابرت دی‌ساله - مایکل تسلر - جفری روزنفلد

دکتر ایوب ترکیان

نیازدانش

سرشناسه	: دسال، راب، ۱۹۴۵ - م.	De Salle, Rob
عنوان و نام پدیدآور	: مبانی فیلوژنومیک/ رابرت دی‌ساله، مایکل تسلر، جفری روزنفلد؛ [مترجم] ایوب ترکیان.	
مشخصات نشر	: تهران: نیاز دانش، ۱۴۰۰ -	
مشخصات ظاهری	: ج: مصور، جدول، نمودار.	
شابک	: 978-622-7790-02-3 دوره: 978-622-7790-01-6 ج: ۱	
وضعیت فهرست نویسی	: فیپا	
یادداشت	: عنوان اصلی:	.Phylogenomics : a primer, 2nd. ed, 2021
مندرجات	: ج. ۱. مبانی و پایگاه‌های داده	
موضوع	: تکامل انواع -- جنبه‌های مولکولی	Phylogeny -- Molecular aspects
موضوع	: ژنگان‌شناسی	Genomics
موضوع	: ژنتیک تکاملی	Evolutionary genetics
شناسه افزوده	: تسلر، مایکل	Tessler, Michael
شناسه افزوده	: روزنفلد، جفری	Rosenfeld, Jeffrey
شناسه افزوده	: ترکیان، ایوب، ۱۳۳۷ - مترجم	
رده بندی کنگره	: QH۳۶۷/۵	
رده بندی دیویی	: ۵۷۲/۸۳۸	
شماره کتابشناسی ملی	: ۸۴۹۱۲۷۸	
اطلاعات رکورد کتابشناسی	: فیپا	



نام کتاب	: مبانی فیلوژنومیک (جلد اول - مبانی و پایگاه‌های داده)
مؤلفین	: رابرت دی‌ساله - مایکل تسلر - جفری روزنفلد
مترجم	: دکتر ایوب ترکیان
مدیر اجرایی - ناظر بر چاپ	: حمیدرضا محمد شیرازی - محمد شمس
ناشر	: نیاز دانش
صفحه‌آرا	: واحد تولید انتشارات نیازدانش
نوبت چاپ	: اول - ۱۴۰۰
شمارگان	: ۱۰۰
قیمت	: ۶۶۰۰۰۰ ریال

شابک جلد اول : ۹۷۸-۶۲۲-۷۷۹۰-۰۱-۶ ISBN:978-622-7790-01-6
 شابک دوره : ۹۷۸-۶۲۲-۷۷۹۰-۰۲-۳ ISBN:978-622-7790-02-3

هرگونه چاپ و تکثیر (اعم از زیراکس، بازنویسی، ضبط کامپیوتری و تهیه‌ی CD) از محتویات این اثر بدون اجازه کتبی ناشر ممنوع است، متخلفان به موجب بند ۵ از ماده ۲ قانون حمایت از مؤلفان، مصنفان و هنرمندان تحت پیگرد قانونی قرار می‌گیرند.

کلیه حقوق این اثر برای ناشر محفوظ است.

آدرس انتشارات: تهران، میدان انقلاب، خیابان ۱۲ فروردین، تقاطع وحید نظری، پلاک ۲۵۵، طبقه ۱، واحد ۲

۰۲۱-۶۶۴۷۸۱۰۶-۶۶۴۷۸۱۰۸-۰۹۱۲۷۰۷۳۹۳۵

www.Niaze-Danesh.com

مشاوره جهت نشر: ۰۹۱۲-۲۱۰۶۷۰۹

فهرست

صفحه

عنوان

۱	فصل اول: فیلوژنومیک چیست؟
۱۵	فصل دوم: بیولوژی و توالی‌یابی اطلاعات ژنتیکی
۳۹	فصل سوم: قواعد تکامل
۵۷	فصل چهارم: مبانی ذخیره داده‌ها
۷۱	فصل پنجم: ترازیبی توالی
۹۳	فصل ششم: ترازیبی‌های چندگانه
۱۰۳	فصل هفتم: توالی‌یابی و توضیح ژنوم
۱۱۴	فصل هشتم: پایگاه‌های داده ژنومی
۱۳۰	فصل نهم: پایگاه‌های داده Amplicon
۱۴۵	فصل دهم: مبانی ساخت درخت
۱۶۳	فصل یازدهم: فاصله و خوشه‌بندی
۱۷۷	فصل دوازدهم: شایدهی آماری
۱۸۸	فصل سیزدهم: راهبردهای جستجو و ستبری
۲۰۳	فصل چهاردهم: مشکلات پردازش داده‌ها

فصل ۱

فیلوژنومیک چیست؟

فیلوژنومیک یک روش ابداعی بررسی اطلاعات بیولوژیکی بوده، که با استفاده از اطلاعات سطح ژنوم به عنوان منبع داده اصلی، روی تقاطع زیست‌شناسی مولکولی، سیستماتیک، زیست‌شناسی جمعیت، زیست‌شناسی تکاملی، محاسبه، و بیوانفورماتیک تمرکز دارد. با توجه به اینکه مقدار اطلاعات از ژنوم چندین مرتبه بیشتر از مقادیر قبلاً موجود بوده از توالی‌یابی تک‌محلی سنتی است، رویکردهای ابداعی و مهارت‌های جدید برای درک این داده‌ها نیاز است. برای شناخت اطلاعات زیست‌شناسی در منظومه فیلوژنومیک، ابتدا نیاز است نسبت به شناخت ماهیت اطلاعات بیولوژیکی و علت و شیوه سازمان‌دهی آنها اقدام شود. در رابطه با اطلاعات بیولوژیکی، نیاز است که ایده مناسبی در مورد سوالات مولکولی و تکاملی مهم مورد مواجهه زیست‌شناسی مدرن وجود داشته، تا سوالات جالب فرموله شوند. در رابطه با سازمان مورد نیاز برای فیلوژنومیک، شناخت جوانب محاسباتی اجتناب‌ناپذیر است.

فیلوژنومیک و بیوانفورماتیک

در سال ۱۹۷۶، ژنوم RNA وپروس MS_2 توالی‌یابی شد. کل ژنوم فقط ۳۵۶۹ نوکلئوتید طول داشت، که کمتر از اندازه بسیاری از ژن‌های انسانی است. سال بعد، اولین توالی ژنوم کامل یک ویروس DNA-پایه، باکتریوفاج $\phi X174$ ، رمزگشایی شد (۵۳۸۶ نوکلئوتید). این ژنوم فتح‌بابی برای توالی‌یابی دیگر ژنوم‌های DNA-پایه دیگر شد. در عین حال، دو دهه طول کشید تا فناوری به حد کافی برای توالی‌یابی ژنوم کامل یک موجود زنده بتواند استفاده شود. در ۱۹۹۵، اولین موجود زنده توالی‌یابی شد: باکتری عامل آنفلوانزا. در ادامه، به سرعت ژنوم‌های باکتریایی و موجودات مدل یوکاریوتی شامل مخمر، مگس میوه، یک گیاه، یک موش، و یک کرم روده، توالی‌یابی شدند. با بهبود فناوری، تعداد بخش DNA، و نهایتاً ژنوم کامل توالی‌یابی شده، سریعاً افزایش یافت.