

# مبانی فیلوژنومیک

ویراست دوم

جلد اول - مبانی و پایگاه‌های داده

رابرت دی‌ساله - مایکل تسلر - جفری روزنفلد

دکتر ایوب ترکیان

نیازدانش

## 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 <b>Amplicon</b>
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 ویروس MS۲ 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  $\phi$ X۱۷۴، 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.