

پیشگفتار مؤلف

با توجه به تعداد زیاد ژنوم‌های پروکاریوتی و یوکاریوتی تعیین توالی شده و ژنوم‌های بیشتر در حال تعیین توالی، دسترسی به اطلاعات ژنومی و تلفیق آن‌ها برای کشف دانش جدید به موضوع اساسی تحقیقات مدرن زیست‌شناسی تبدیل شده است. کاوش در اطلاعات ژنومی به استفاده از ابزارهای محاسباتی پیچیده نیاز دارد. بنابراین ضروری است که نسل جدید زیست‌شناسان با بسیاری از برنامه‌های بیوانفورماتیکی و پایگاه داده‌ها آشنا باشند. موسسات زیادی در سرتاسر جهان برای رسیدن به این هدف، درس بیوانفورماتیک را برای دانشجویان دوره‌های کارشناسی و تحصیلات تکمیلی ارائه می‌دهند تا آنها را با ابزارهای محاسباتی آشنا سازند که برای تحقیقات ژنومی ضروری هستند. این کتاب برای چنین منظوری نوشته شده تا بیوانفورماتیک را بصورتی جامع و واضح ارائه دهد.

ایده نوشتن کتاب درسی بیوانفورماتیک از تجربه تدریس بیوانفورماتیک در دانشگاه تکزاس شروع شد. من به کتابی نیاز داشتم که به اندازه کافی جامع باشد و همه جنبه‌های اساسی این موضوع را در بر داشته باشد و نیز به میزان کافی به روز باشد که شامل اکثر الگوریتم‌های رایج بوده و در عین حال درک آن ساده باشد. فقدان چنین کتابی من را بر آن داشت که درس‌نامه‌های مفصل‌تری را برای این منظور بنویسم. این یادداشت‌ها مورد توجه دانشجویان قرار گرفت و مورد تقاضای کسانی نیز بود که این درس را نگذرانده بودند. برای آنکه افراد بیشتری از این درس‌نامه‌ها استفاده کنند تصمیم گرفتم که آن‌ها را جمع‌آوری و همراه با سایر تجربیاتم از بیوانفورماتیک در قالب یک کتاب ارائه دهم.

این کتاب برای دانشجویان رشته زیست‌شناسی نوشته شده است که پیش‌زمینه‌ای در الگوریتم‌های کامپیوتری ندارند اما علاقه‌مندند که اصول بنیادی بیوانفورماتیک را درک کرده و این دانش را در مسائل تحقیقاتی‌شان بکار ببندند. کتاب، اکثر پایگاه‌داده‌ها و نرم‌افزارهای آنالیز داده‌های ژنومی را همراه با تاکید بر مبنای نظری و کاربرد عملی این ابزارها در بردارد. با مطالعه این کتاب، خواننده با امکانات محاسباتی مختلفی برای تحقیقات زیست‌شناسی مولکولی مدرن آشنا شده و از نقاط قوت و ضعف این ابزارها مطلع می‌شود.

فرض می‌شود که خواننده دانش پایه‌ای لازم از زیست‌شناسی مولکولی و بیوشیمی را دارد. بنابراین بسیاری از اصطلاحات زیست‌شناختی مثل اسید نوکلئیک، اسید آمینه، ژن، رونویسی و ترجمه بدون توضیح اضافی مورد استفاده قرار گرفته است. ساختار پروتئین یک استثناء است که در یک فصل به مفاهیم بنیادی آن پرداخته شده تا الگوریتم‌ها و استدلال‌های بیوانفورماتیک ساختار پروتئین بهتر درک شود. ترجیحاً داشتن اطلاعات قبلی از آمار، نظریه احتمال و حساب دیفرانسیل مفید است اما ضروری نیست.

این کتاب در شش بخش سازماندهی شده است: پایگاه داده‌های زیستی، انطباق توالی، پیش‌گویی ژن و پروموتور، فیلوژنتیک مولکولی، بیوانفورماتیک ساختاری و ژنومیک و پروتئومیک. در کل نوزده فصل وجود دارد که هر کدام از آنها نسبتاً مستقل است. هر گاه که اطلاعات یک فصل برای درک فصل دیگری ضروری باشد ارجاع متقابل داده شده است. هر فصل شامل تعاریف و مفاهیم کلیدی و همچنین راه حل‌هایی برای مسائل محاسباتی مربوطه است. در مواردی، جعبه‌هایی در بعضی فصل‌ها دیده می‌شود که مثال‌های کاربردی برای نوع مشخصی از محاسبات است. از آنجائیکه این کتاب اساساً برای زیست‌شناسان مولکولی نوشته شده، از فرمول‌های ریاضی کمتر استفاده شده است. تعداد کمی فرمول به دقت انتخاب شده‌اند که برای درک مفاهیم کاربردی ضروری

هستند. مباحث پیش‌زمینه‌ای مسائل محاسباتی با معرفی برنامه‌های کامپیوتری مرتبط که بصورت آنلاین در دسترس هستند دنبال می‌شود. در انتهای هر فصل یک خلاصه بحث ارائه می‌شود.

اکثر برنامه‌هایی که در این کتاب توصیف شده‌اند ابزارهای آنلاین هستند که به صورت رایگان در دسترس می‌باشند و برای استفاده به مهارت خاصی نیاز ندارند. استفاده از اکثر آنها بسیار آسان است و کاربر فقط نیاز دارد که ساختار یا توالی را به عنوان ورودی فراهم کند و نتیجه بصورت اتوماتیک برگردانده می‌شود. در بسیاری از موارد دانستن آنکه کدام برنامه برای کدام مقصود در دسترس است کافی می‌باشد هر چند که گاهاً تفسیر نتایج به مهارت نیاز دارد. به‌هرحال در بعضی موارد دانستن نام برنامه و کاربرد آن فقط نیمی از کار است. کاربر نیز باید تلاش کند تا ریزه‌کاری‌های استفاده از برنامه را یاد بگیرد. به‌هرحال در این کتاب غیرممکن بود که برای هر برنامه‌ای راهنمای کامپیوتری ارائه دهد. این موضوع هدف من در نوشتن این کتاب نبود.

در تهیه این کتاب، از تعداد بسیار زیادی مقالات اصلی و کتاب‌های مرتبط با موضوعات خاص در بیوانفورماتیک استفاده کردم. از اینکه به‌دلیل محدودیت صفحات نمی‌توانم از همه آنها قدردانی کنم عذرخواهی می‌کنم. به‌هرحال تعداد کمی از مقالات (عموماً مقالات مروری جدید) و کتاب‌های مرتبط با هر موضوع در پایان هر فصل تحت عنوان «مطالعه بیشتر»، برای کسانی که در جستجوی اطلاعات تخصصی هستند لیست شده‌اند. همچنین تعداد بسیار زیادی برنامه برای هر کدام از کارهای خاص در دسترس است که اگر در انتخاب آنها تمایلات شخصی اعمال شده است عذرخواهی می‌کنم.

یکی از چالش‌ها در نوشتن این کتاب فراهم کردن پیش‌زمینه فنی لازم از روش‌های محاسباتی بدون به‌کار بردن زیاد فرمول‌های ریاضی بود. من کوشیدم که بین توصیف الگوریتم‌ها و بکارگیری جزئیات ریاضی که ممکن است برای دانشجوی تازه‌کار و افراد غیرمتخصص در زیست‌شناسی محاسباتی کمی ترساننده باشد موازنه ایجاد کنم. گاهی اوقات این کار برای من سخت بود، چرا که باید بین قربانی کردن محتوی اصلی یا از دست دادن خواننده خطر می‌کردم. برای کم کردن این مشکل، در بسیاری از موارد برای رساندن یک مفهوم، از نمایش گرافیکی به جای فرمول‌ها استفاده کردم.

من مایلیم که از گروه زیست‌شناسی دانشگاه تکزاس تشکر کنم که فرصت تدریس بیوانفورماتیک را در اختیار من گذاشتند و باعث شد تا نوشتن این کتاب ممکن شود. از همه دوستان و همکارانم در گروه زیست‌شناسی و گروه بیوشیمی تشکر می‌کنم که به من اجازه دادند در پروژه‌های تحقیقاتی‌شان مشارکت داشته باشم که این موضوع، مرا با مسائل تحقیقاتی متنوعی آشنا ساخت و توانستم مهارت آنالیز بیوانفورماتیکی خودم را افزایش دهم. بویژه از لیزا پرز (Lisa Peres) در آزمایشگاه شبیه‌سازی مولکولی در دانشگاه تکزاس تشکر می‌کنم که به من کمک کرد تا بخش آزمایشگاهی درس بیوانفورماتیک را راه‌اندازی کنم. بویژه مدیون کارل بوئر (Carl Bauer) استاد دوره فوق‌دکتری من در دانشگاه ایندیانا هستم که فرصت بی‌نظیری برای آموختن عمیق تکامل و فیلوژنتیک برایم فراهم نمود و مرا به مسیر بیوانفورماتیک هدایت کرد. همچنین مایلیم از کاترینا هالییدی (Katrina Halliday) ویراستار انتشارات دانشگاه کمبریج تشکر کنم که ویرایش این کتاب را پذیرفت و پیشنهادات زیادی برای اصلاح نسخه اولیه ارائه داد. کار کردن با او بسیار لذت بخش بود. همچنین از سیندی فولرتون (Cindy Fullerton) و ماریل پوس (Marielle Poss) برای زحماتی که در مقابله نسخه ویرایش شده کتاب کشیدند تا از کیفیت آن مطمئن شوند سپاسگزارم.

جین شیونگ

دانشگاه تکزاس

فهرست مطالب

بخش اول: مقدمه و پایگاه‌داده‌های زیستی

۱۷	فصل اول - مقدمه
۱۹	بیوانفورماتیک چیست؟
۱۹	اهداف
۲۰	قلمرو
۲۰	کاربردها
۲۲	محدودیت‌ها
۲۳	موضوعات جدید

فصل دوم - مقدمه‌ای بر پایگاه‌داده‌های زیستی

۲۵	پایگاه‌داده چیست؟
۲۶	انواع پایگاه‌داده
۲۶	پایگاه‌داده رابطه‌ای
۲۸	پایگاه‌داده شی‌گرا
۲۹	پایگاه‌داده‌های زیستی
۳۰	پایگاه‌داده‌های اولیه
۳۲	پایگاه‌داده‌های ثانویه
۳۳	پایگاه‌داده‌های اختصاصی
۳۳	پیوستگی بین داده‌های زیستی
۳۴	ضعف‌های پایگاه‌داده‌های زیستی
۳۵	بازایی اطلاعات از پایگاه‌داده‌های زیستی
۳۶	آنتره
۳۸	GenBank
۳۸	فرمت توالی در GenBank
۴۱	فرمت‌های دیگر توالی
۴۱	تبدیل فرمت‌های توالی
۴۳	خلاصه

بخش دوم: انطباق توالی

فصل سوم - انطباق دوتایی توالی‌ها

۴۷	مبنای تکاملی
۴۸	هومولوژی توالی‌ها در برابر تشابه توالی‌ها
۵۰	تشابه توالی در برابر یکسانی توالی
۵۱	روش‌ها
۵۱	انطباق سرتاسری و انطباق محلی
۵۲	الگوریتم‌های انطباق

۵۲	روش ماتریس نقطه‌ای.....
۵۵	روش برنامه نویسی پویا.....
۵۶	جریمه شکاف.....
۵۷	برنامه‌نویسی پویا برای انطباق سرتاسری.....
۵۹	برنامه‌نویسی پویا برای انطباق محلی.....
۶۰	ماتریس‌های نمره دهی.....
۶۲	ماتریس‌های PAM.....
۶۴	ماتریس‌های BLOSUM.....
۶۵	مقایسه بین PAM و BLOSUM.....
۶۶	معنی دار بودن آماری انطباق توالی‌ها.....
۶۸	خلاصه.....
۷۱	فصل چهارم - جستجوی تشابه در پایگاه داده.....
۷۱	ملزومات جستجوی پایگاه‌داده.....
۷۲	جستجوی مکاشفه‌ای پایگاه‌داده.....
۷۳	BLAST.....
۷۴	انواع BLAST.....
۷۶	معنی‌دار بودن آماری.....
۷۷	مناطق با پیچیدگی کم.....
۷۸	فرمت خروجی.....
۷۸	FASTA.....
۸۲	مقایسه FASTA و BLAST.....
۸۲	جستجوی پایگاه‌داده با روش اسمیت-واترمن.....
۸۳	خلاصه.....
۸۵	فصل پنجم - انطباق چندگانه توالی‌ها.....
۸۶	تابع نمره دهی.....
۸۶	الگوریتم‌های همه‌جانبه.....
۸۷	الگوریتم‌های مکاشفه‌ای.....
۸۷	روش انطباق پیش‌رونده.....
۹۰	نقاط ضعف و راه حل‌ها.....
۹۳	انطباق تکرار شونده.....
۹۳	انطباق بر پایه بلاک.....
۹۵	موضوعات کاربردی.....
۹۶	ویرایش.....
۹۷	تبدیل فرمت.....
۹۷	خلاصه.....
۹۹	فصل ششم - پروفایل‌ها و مدل‌های مارکف مخفی.....
۹۹	ماتریس نمره‌دهی اختصاصی جایگاه PSSM.....
۱۰۲	پروفایل‌ها.....

۱۰۲.....	PSI-BLAST
۱۰۴.....	مدل مارکف و مدل مارکف مخفی
۱۰۵.....	مدل مارکف مخفی HMM
۱۰۸.....	محاسبه نمره
۱۱۰.....	کاربردها
۱۱۰.....	خلاصه

فصل هفتم - پیش‌گویی دُمین و موتیف در پروتئین

۱۱۴.....	تعیین موتیف‌ها و دُمین‌ها با استفاده از انطباق چندگانه توالی
۱۱۴.....	استفاده از پایگاه‌های دُمین و موتیف از طریق بیان‌های منظم
۱۱۶.....	پایگاه‌های داده موتیف و دُمین براساس مدل‌های آماری
۱۱۸.....	هشدارها
۱۱۹.....	پایگاه‌داده خانواده پروتئین
۱۲۰.....	کشف موتیف در توالی‌های انطباق نیافته
۱۲۰.....	بیشینه‌سازی انتظار (EM)
۱۲۱.....	نمونه‌برداری موتیف گیس
۱۲۲.....	لوگوی توالی
۱۲۳.....	خلاصه

بخش سوم: پیش‌گویی ژن و پروموتور

فصل هشتم - پیش‌گویی ژن

۱۲۷.....	دسته بندی برنامه‌های پیش‌گویی ژن
۱۲۸.....	پیش‌گویی ژن در پروکاریوت‌ها
۱۲۹.....	تعیین ORF
۱۳۰.....	پیش‌گویی ژن با استفاده از مدل‌های مارکف و مدل‌های مخفی مارکف
۱۳۴.....	سنجش عملکرد
۱۳۵.....	پیش‌گویی ژن در یوکاریوت‌ها
۱۳۷.....	برنامه‌های پیش‌گویی ژن
۱۳۷.....	برنامه‌های مبتنی بر ازابتدا
۱۳۸.....	پیش‌گویی با استفاده از شبکه‌های عصبی
۱۳۹.....	پیش‌گویی با استفاده از آنالیز تفکیک‌کننده
۱۴۰.....	پیش‌گویی با استفاده از HMM
۱۴۱.....	برنامه‌های مبتنی بر هومولوژی
۱۴۲.....	برنامه‌های مبتنی بر توافق
۱۴۳.....	سنجش عملکرد
۱۴۵.....	خلاصه

فصل نهم - پیش‌گویی پروموتور و عناصر تنظیم کننده

۱۴۸.....	پروموتور و عناصر تنظیمی در پروکاریوت‌ها
۱۴۹.....	پروموتور و عناصر تنظیمی در یوکاریوت‌ها

۱۵۰	الگوریتم‌های پیش‌گویی
۱۵۰	الگوریتم‌های از ابتدا
۱۵۱	پیش‌گویی در پروکاریوت‌ها
۱۵۳	پیش‌گویی در یوکاریوت‌ها
۱۵۵	روش جای پا نگاری فیلوژنی
۱۵۷	روش‌های مبتنی بر پروفایل‌سازی بیان ژن‌ها
۱۵۸	خلاصه

بخش چهارم : فیلوژنتیک مولکولی

فصل دهم - اصول فیلوژنتیک

۱۶۳	تکامل مولکولی و فیلوژنتیک مولکولی
۱۶۳	فرضیات اصلی
۱۶۴	واژه‌شناسی
۱۶۵	فیلوژنی ژنی در مقابل فیلوژنی گونه‌ای
۱۶۸	انواع نمایش درخت‌ها
۱۶۸	چرا یافتن یک درخت واقعی و صحیح، دشوار است؟
۱۷۰	روش کار
۱۷۱	انتخاب نشانگرهای مولکولی
۱۷۲	انطباق
۱۷۶	جانشینی‌های چندگانه
۱۷۶	انتخاب مدل‌های جانشینی
۱۷۷	مدل ژوکو - کانتور
۱۷۷	مدل کیمورا
۱۷۸	تنوع در بین مکان‌ها
۱۷۹	خلاصه
۱۸۰	

فصل یازدهم - برنامه‌ها و روش‌های ساخت درخت فیلوژنتیک

۱۸۳	روش‌های مبتنی بر فاصله
۱۸۳	روش‌های خوشه‌ای
۱۸۴	گروه‌های جفتی بدون وزن با استفاده از میانگین حسابی (UPGMA)
۱۸۴	اتصال همسایه (NJ)
۱۸۸	اتصال همسایه عمومی
۱۹۲	روش‌های بهینه
۱۹۲	فیج - مارگولیش (FM)
۱۹۲	تکامل حداقلی (ME)
۱۹۳	مزیت‌ها و محدودیت‌ها
۱۹۳	روش‌های بر پایه کاراکتر
۱۹۴	حداکثر صرفه‌جویی (MP)
۱۹۴	چگونه یک درخت MP بسازیم؟
۱۹۴	صرفه‌جویی وزن دار
۱۹۵	روش‌های جستجوی درخت
۱۹۶	

۲۰۱	مزیت‌ها و محدودیت‌ها
۲۰۳	کشش شاخه‌های بلند (LBA)
۲۰۴	روش حداکثر شانس (ML)
۲۰۴	روش حداکثر شانس چگونه کار می‌کند؟
۲۰۶	مزیت‌ها و محدودیت‌ها
۲۰۶	پازل چهارتایی
۲۰۷	NJML
۲۰۷	الگوریتم ژنتیکی (GA)
۲۰۸	آنالیز بیزی
۲۰۹	ارزیابی درخت‌های فیلوژنتیکی
۲۱۰	خودراه‌اندازی چیست؟
۲۱۰	خودراه‌اندازی پارامتری و غیرپارامتری
۲۱۲	احتیاط
۲۱۲	چاقوی قلم‌تراشی
۲۱۲	شبیه‌سازی بیزی
۲۱۳	تست Kishino-Hasegawa
۲۱۴	تست Shimodaira-Hasegawa
۲۱۴	برنامه‌های فیلوژنتیکی
۲۱۶	خلاصه

بخش پنجم: بیوانفورماتیک ساختاری

۲۲۰	فصل دوازدهم - اساس ساختار پروتئین
۲۲۰	اسیدهای آمینه
۲۲۱	تشکیل پپتید
۲۲۳	زوایای دوسطحی
۲۲۴	نمودار رامانچانداران
۲۲۴	سلسله‌مراتب
۲۲۵	نیروهای تثبیت‌کننده
۲۲۶	ساختارهای دوم
۲۲۶	ماریچ α
۲۲۷	صفحات β
۲۲۸	پیچ‌ها و حلقه‌ها
۲۲۹	پیچ‌درپیچ‌ها
۲۲۹	ساختار سوم
۲۲۹	پروتئین‌های کروی
۲۳۰	پروتئین‌های غشایی سراسری
۲۳۰	تعیین ساختار سه‌بعدی پروتئین
۲۳۰	کریستالوگرافی اشعه X
۲۳۱	اسپکتروسکوپی رزونانس مغناطیسی هسته، NMR
۲۳۱	پایگاه‌داده ساختار پروتئین
۲۳۲	فرمت PDB

۲۳۴.....	فرمت‌های MMDB و mmCIF.....
۲۳۵.....	خلاصه.....
۲۳۷.....	فصل سیزدهم - طبقه‌بندی، مقایسه و نمایش ساختار پروتئین.....
۲۳۷.....	نمایش ساختار پروتئین.....
۲۴۱.....	مقایسه ساختار پروتئین.....
۲۴۱.....	روش بین‌مولکولی.....
۲۴۴.....	روش درون‌مولکولی.....
۲۴۴.....	روش ترکیبی.....
۲۴۴.....	انطباق چندگانه ساختار.....
۲۴۶.....	طبقه‌بندی ساختار پروتئین.....
۲۴۶.....	SCOP.....
۲۴۷.....	CATH.....
۲۴۷.....	مقایسه SCOP و CATH.....
۲۴۹.....	خلاصه.....
۲۵۱.....	فصل چهاردهم - پیش‌گویی ساختار دوم در پروتئین.....
۲۵۲.....	پیش‌گویی ساختار دوم در پروتئین‌های کروی.....
۲۵۲.....	روش‌های از ابتدا.....
۲۵۵.....	روش‌های بر پایه همولوژی.....
۲۵۵.....	پیش‌گویی با استفاده از شبکه‌های عصبی.....
۲۵۹.....	پیش‌گویی با چندین روش.....
۲۶۰.....	مقایسه صحت پیش‌گویی.....
۲۶۱.....	پیش‌گویی ساختار دوم برای پروتئین‌های تراغشایی.....
۲۶۱.....	پیش‌گویی پروتئین‌های غشایی ماریچی.....
۲۶۳.....	پیش‌گویی پروتئین‌های غشایی بشکه β
۲۶۴.....	پیش‌گویی پیچ‌درپیچ.....
۲۶۵.....	خلاصه.....
۲۶۷.....	فصل پانزدهم - پیش‌گویی ساختار سوم پروتئین.....
۲۶۸.....	روش‌ها.....
۲۶۸.....	مدل‌سازی همولوژی.....
۲۶۹.....	انتخاب الگو.....
۲۷۰.....	انطباق توالی.....
۲۷۰.....	ساخت مدل اسکلت.....
۲۷۱.....	مدل‌سازی حلقه.....
۲۷۲.....	پردازش زنجیره جانبی.....
۲۷۳.....	بهبود مدل با استفاده از تابع انرژی.....
۲۷۴.....	ارزیابی مدل.....
۲۷۷.....	برنامه‌های مدل‌سازی جامع.....
۲۷۸.....	پایگاه داده مدل همولوژی.....
۲۷۸.....	بندکشی و تشخیص فولد.....

۲۷۹.....	روش انرژی جفتی.....
۲۸۰.....	روش پروفایل.....
۲۸۳.....	پیش‌گویی ساختار پروتئین با استفاده از روش زابتدا.....
۲۸۴.....	CASP.....
۲۸۵.....	خلاصه.....

فصل شانزدهم - پیش‌گویی ساختار RNA..... ۲۸۷

۲۸۷.....	مقدمه.....
۲۸۸.....	انواع ساختارهای RNA.....
۲۹۱.....	روش‌های پیش‌گویی ساختار دوم RNA.....
۲۹۱.....	روش ازابتدا.....
۲۹۲.....	ماتریس‌های نقطه‌ای.....
۲۹۳.....	برنامه نویسی پویا.....
۲۹۳.....	تابع تفکیک.....
۲۹۴.....	رویکرد مقایسه‌ای.....
۲۹۵.....	الگوریتم‌هایی که از انطباق آماده استفاده می‌کنند.....
۲۹۶.....	ارزیابی کارایی.....
۲۹۷.....	خلاصه.....

بخش ششم: ژنومیک و پروتئومیک

فصل هفدهم - نقشه ژنومی، سرهم‌سازی و مقایسه..... ۳۰۱

۳۰۲.....	نقشه ژنی.....
۳۰۴.....	توالی‌یابی ژنوم.....
۳۰۶.....	سرهم‌سازی ژنوم.....
۳۰۸.....	فراخوانی باز و برنامه‌های سرهم‌سازی.....
۳۱۰.....	شرح نویسی ژنوم.....
۳۱۱.....	هستی‌شناسی ژن.....
۳۱۲.....	شرح‌نویسی خودکار ژنوم.....
۳۱۳.....	شرح‌نویسی پروتئین‌های فرضی.....
۳۱۴.....	چند ژن در ژنوم وجود دارد؟.....
۳۱۵.....	اقتصاد ژنومی.....
۳۱۷.....	ژنومیکس مقایسه‌ای.....
۳۱۷.....	انطباق کل ژنوم.....
۳۱۹.....	یافتن یک ژنوم حداقلی.....
۳۲۰.....	انتقال عرضی ژن.....
۳۲۰.....	روش درون ژنومی.....
۳۲۱.....	مقایسه ترتیب ژن‌ها.....
۳۲۲.....	خلاصه.....

فصل هیجدهم - ژنومیکس عملکردی..... ۳۲۵

۳۲۶.....	روش‌های مبتنی بر توالی.....
----------	-----------------------------

۳۲۶	برچسب‌های توالی بیان شده
۳۲۷	ساخت نمایه EST
۳۳۰	SAGE
۳۳۴	نگرش‌های مبتنی بر ریزآرایه
۳۳۴	طراحی الیگونوکلئوتیدها
۳۳۷	گردآوری داده‌ها
۳۳۷	پردازش تصویر
۳۳۸	تبدیل و نرمال‌سازی داده‌ها
۳۴۱	بررسی‌های آماری جهت تعیین ژن‌های با بیان متفاوت
۳۴۲	طبقه‌بندی داده‌های ریزآرایه
۳۴۲	مقیاس فاصله
۳۴۳	طبقه‌بندی با ناظر و بدون ناظر
۳۴۷	برنامه‌های خوشه‌بندی
۳۴۷	مقایسه SAGE و ریزآرایه DNA
۳۴۸	خلاصه

فصل نوزدهم - پروتئومیکس

۳۵۱	تکنولوژی بررسی بیان پروتئین‌ها
۳۵۲	2D-PAGE
۳۵۳	تعیین پروتئین‌ها با استفاده از طیف‌سنجی جرمی
۳۵۴	شناسایی پروتئین از طریق جستجوی پایگاه‌های داده
۳۵۵	الکتروفورز درون ژلی تفریقی
۳۵۶	ریزآرایه پروتئین‌ها
۳۵۷	تغییرات پس از ترجمه
۳۵۸	پیش‌بینی پل‌های دی‌سولفید
۳۵۹	تشخیص تغییرات پس از ترجمه در بررسی‌های پروتئومیکی
۳۶۰	مرتب‌سازی پروتئین‌ها
۳۶۲	میان‌کنش‌های پروتئین - پروتئین
۳۶۲	تعیین تجربی
۳۶۳	پیش‌بینی میان‌کنش‌های بین پروتئینی
۳۶۳	پیش‌بینی میان‌کنش‌ها بر پایه‌ی هم‌جوشی دشین
۳۶۴	پیش‌بینی میان‌کنش‌ها براساس همسایه‌های ژن
۳۶۴	پیش‌بینی میان‌کنش‌ها براساس هومولوژی توالی‌ها
۳۶۵	پیش‌بینی میان‌کنش‌ها براساس اطلاعات فیلوژنتیکی
۳۶۷	پیش‌گویی میان‌کنش با استفاده از روش‌های ترکیبی
۳۶۸	خلاصه

ضمیمه تصاویر رنگی

۳۷۱