



University of Isfahan

Faculty of Biological Science and Technology

Department of Cell and Molecular Biology and Microbiology

Farzaneh Forouharfar

بیوانفورماتیک در مهندسی ژنتیک
(Bioinformatics in Genetic Engineering)

اهداف آزمایش:

- ✓ اصول و کاربرد بیوانفورماتیک
- ✓ آشنایی با پایگاه‌های بانک‌های ژنی
- ✓ چگونگی دسترسی به ساختمان ژن‌ها
- ✓ تعیین نقشه ژن‌ها بر اساس هضم آنزیمی
- ✓ ترجمه ژن‌ها به پروتئین‌ها



مقدمه

با گسترش دانش ژنتیک و افزایش یافته‌های حاصل از بررسی ساختمان ژنتیک موجودات، حجم بسیار زیادی از اطلاعات ژنتیک بدست آمده است. نگهداری اطلاعات مزبور و امکان دسترسی به آنها مستلزم وجود پایگاه‌های اطلاعاتی قوی و مطمئن می‌باشند. این امر با کمک کامپیوتر و الکترونیک میسر شده است. در حال حاضر پایگاه‌های اطلاعاتی بزرگی در دنیا ایجاد شده‌اند که اطلاعات مختلف مربوط به ژنوم انسان و سایر موجودات را ذخیره نموده و با ارائه نرم افزارهای مناسبی امکان دسترسی به آنها را برای محققین فراهم نموده‌اند. این همکاری در قالب رشته علمی جدیدی بنام بیوانفورماتیک مطرح شده است. متخصصین این علم با ابداع روش‌های جدید امکان هر چه بهتر ذخیره نمودن اطلاعات ژنتیک و دسترسی به آنها را فراهم می‌نمایند. مزیت مهم این پایگاه‌ها این است که عموماً به صورت مجانی و ۲۴ ساعته آماده دریافت اطلاعات ژنتیک مربوط به ژن‌های جدیداً شناسایی شده و همینطور ارائه خدمات به کاربران می‌باشند.

در این پایگاه ها علاوه بر اطلاع رسانی در خصوص ساختار ژنوم موجودات (ژنومیکس) اطلاعات مربوط به پروتئین ها (پروتئومیکس) و رونوشت های ژنی (ترانسکریپتوم) موجود می باشد. محققین با وارد شدن به این پایگاه ها، با استفاده از نرم افزارهای موجود در پایگاه امکان آنالیز ژن ها و پروتئین ها را پیدا می نمایند. همینطور امکان جستجو و دستیابی به مقالات منتشره در زمینه های مختلف علوم زیستی و غیره وجود دارد. مهمترین این پایگاه ها مربوط به انستیتوی بهداشت آمریکا (NIH) میباشد که در زیر به معرفی آن می پردازیم.

پایگاه NIH (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

پایگاه مزبور که توسط انستیتوی بهداشت آمریکا (National Institute of Health) ارائه شده است دارای بخش های مختلفی میباشد که بخشهای Pub Med، Nucleotide و Genome آن به ترتیب برای جستجوی اطلاعات مربوط به مقالات نوکلئوتیدها (ژنها) و ساختمان ژنوم موجودات می باشند.

همینطور بخش OMIM (Online Mendelian Inheritance in Man) آن مجموعه ای از اطلاعات پیرامون بیماریها مختلف ژنتیک شناخته شده در انسان را ارائه می نماید.





Health Information

Grants & Funding

News & Events

Research & Training

Institutes at NIH

About NIH

COVID-19

[COVID.gov](#)

[NIH Research information](#) | [Español](#)

[NIH staff guidance \(NIH Only\)](#)



Rare Disease Day at NIH is Feb. 28.

The hybrid in-person and virtual event will feature panel discussions, personal stories, exhibits, scientific posters, and more.

[Learn more »](#)



In the News

تصویر صفحه اول پایگاه NIH

Farzaneh Forouharfar

وسائل مورد نیاز:

- کامپیوتر متصل به اینترنت، برای هر دو نفر حداقل یک کامپیوتر نیاز می باشد.



روش کار:

ژن مربوط به پروتئین بتاگلوبین را در پایگاه NIH جستجو نموده و عملیات زیر را انجام دهید.

الف) توالی نوکلئوتیدی ژن مزبور را استخراج نمایید.

ب) با استفاده از پایگاه زیر نقشه ژنی هضم آنزیمی ژن مزبور را برای کلیه آنزیم‌های محدود کننده و برخی از آنزیم‌های انتخابی نظیر BamHI و EcoRI تعیین نمایید.

ج) ترجمه ژن مزبور به پروتئین مربوطه را انجام دهید.

د) ترجمه حاصله را با ترجمه ژن مقایسه و قاب خواندن اصلی ژن را مشخص نمایید.

سوالات:

- ۱- کاربرد بیوانفورماتیک در ژنتیک چیست؟
- ۲- چگونه می توان توالی یک ژن را پیدا نمود؟
- ۳- موقعیت کروموزومی ژن های شناخته شده انسانی بر روی کروموزوم ۲۱ را چگونه می توان بدست آورد؟
- ۴- چگونه می توان یک توالی نوکلئوتیدی را با توالی نوکلئوتید دیگر مقایسه نمود؟ حداقل یک پایگاه اینترنتی معرفی نمایید.