استفاده از نرم افزار MapViewer فصل چهلودوم از سری کتب الکترونیکی رایگان سرتال سبه انفورماتیک اسرانیان www.ibp.ir <mark>درج کننده مطلب زبابک باباعباسی</mark> منبع زکارگاه الکترونیکی بیوانتورمائیک ،انجمن بیونکتولوزی به مدیریت دکتر ملبوبی استفاده از نرمافزار MapViewer

توس واتسون و كريك (۱۹۵۳ م)، پروژه ژنوم انسان به عنوان بزگتري پروژه پژوهشي بشر با صرف بيش از ۲ ميليارد دلار و ۱۲ سال (در سال ۲۰۰۳ م) به اتمام رسيد (شكل ۳-۱). در حال حاضر، بدون احتساب ويروسها، بيش از ۴۵۰۰ پروژه ژنوم گونههاي مختلف پروكاريوتي و يوكاروتي در حال انجام است. تا كنون بيش از ۳۰۰ پروژه ژنوم (بجز ويروسها) اتمام يافته است و تقريبا هر ماه پايان دو پروژه اعلام می شود. با در اختيار داشتن فناوری های جديدتر (ادامه اين بخش را ببينيد)، سرعت انجام پروژه های ژنوم به مراتب بيشتر خواهد شد.

اندازه کُوچُکُترینُ ژنوم یک مُوجود تك سلولي مثل مایكوپلاسما ژنیتالیوم ۶۰۰ هزار جفت باز و ژنوم موجوداتي مثل موش و انسان حدود 3 میلیارد جفت باز است .این ژنومها به صورتهاي مختلف حلقوي و خطي ميباشـند كه به حالت بسـته بندي شـده در داخل سـلول در سـاختارهايي به نام كروموزمها قرار دارند. بنا به اندازهي ژنومها، شـكل ژنوم و چرخه زندگي موجود، راهبردهاي متفاوتي براي تهيه توالي ژنومها به كار گرفته ميشـود .



اعلام اختتام پروژه ژنوم انسان ۵۰ سال پس از ارائه مدل واتسون و کریك .

از نظر ماهيت، اطلاعات حاصل از پروژههاي ژنوم در سه گروه قابل تقسيم هستند: -1نقشههاي و تواليهاي مربوط به ژنومهاي كه به ژنوميكس (Genomics) مشهور است. -2ژنهاي قابل رونويسي و توالي آنها كه به ترانس كريپتوميكس (Transcriptomics) مشهور است . -3پروتئينهاي ابراز شده و توالي آنها به پروتئوميكس (Proteomics) مشهور است . در اين بخش سعي شده است تصويري عمومي از پروژههاي ژنوم و نحوه دسترسي به اطلاعات گروه اول آورده شود. گروه دوم وسوم در بخشهاي بعدي به تفصيل تشريح شدهاند. اطلاعات مربوط به ژنوميكس خود در دو دسته مربوط به هم تقسيم ميشود كه به طور جداگانه توليد شدهاند. نقشههاي ژنومي و تواليهاي و توالي آنها به پروتئوميكس (تورههاي ژنوم و نحوه دسترسي به اطلاعات گروه اطلاعات مربوط به ژنوميكس خود در دو دسته مربوط به هم تقسيم ميشود كه به طور جداگانه توليد شدهاند. نقشههاي ژنومي و تواليهاي ژنومي در اين بخش، پس از بحث در مورد نقشههاي ژنتيكي و چگونگي توليد تواليهاي ژنومي و اتصال آنها به هم با كمك نقشههاي ژنتيكي خواهيم پرداخت.

پروژههاي ژنوم مينمايد .

### استفاده از نرمافزارMapViewer

اين برنامه توسط مركز اطلاعات علمي بيوانفورماتيك آمريكا (NCBI) از طريق آدرس زير در اختيار پژوهشگران جهان قرار گرفته است: //.www.ncbi.nlm.nin.gov/cgi-bin/Entrez/map-search برنامه Wap Viewer امكانات زير را فراهم ميآورد: -1نمايش كروموزوم و چندين نقشه به طور همزمان -2بزرگنمايي نقشه به صورت مرحله به مرحله از نقشه كرموزومي تا حد نشان دادن توالي و بالعكس -3انتخاب نقشههاي در حال نمايش -4جستجو با توالي و استفاده از نرمافزارهايBLAST -6ارتباط با ساير پايگاههاي اطلاعاتي ديگر مربوط

### جستجو درMapViewer

جستجو با استفاده از كليد واژههايي مانند نام ژن، نام لوكوس، شمارههاي دسترسي (Accession numbers)نام نشانگرها و هر گونه كليد واژه ديگر قابل انجام است. برای ورود به اين پايگاه به آدرس <u>/http://www.ncbi.nlm.nih.gov/mapview</u> مراحعه كنيد. شكل زير صفحه اصلى اين پايگاه را نشان مى دهد. در اين صفحه اطلاعات ژنومى موجودات زير قابل دسترسى است .

idress 2 http://www.ndbi.nim.nih.gov/	mapviewij				<u> </u>	3 GO L
EBSHOTS -	• O Search	My Homepage 🚔 Upload				
Search web	P - + E	• 📢 • 🤺 Favorites • 🖊 🔽	🛃 Maps 🔹 📑 Blog It 🔹 🔜	🔹 🙀 Spaces 🔹 🚵	00	
5	10000	R				
S NCBI		NCBI Map	Viewer			
Map Viewer Home		<u> </u>			100	Help
	The Map	Viewer provides a wide variety of ge	nome mapping and sequencing d	ata More.		
Search		▼ Vertebrates				(15)
e la	1381	<ul> <li>Mammals</li> </ul>				(13)
Search: Select Group or Organism	M	▼ Primates				(3)
for		Scientific name	Common name	Build	Tools	
	Go	Homo sapiens	human	Build 36.2	989	
*****				Build 35.1	98	
Tools Legend		Mecaca mulatta	rhesus macaque	Build 1.1	989	
Search or Browse the Ge	nome	Pan troplodytes	chimpanzee	Build 2.1	980	
BLAST		▼ Rodents				(2)
Genome Resources page	5%	Scientific name	Common name	Build	Tools	
News	*	Mus musculus	laboratory mouse	Build 37.1	989	
Annotation update plans for Human				Build 36.1	98	
Genome build 36	Oct1, 2007	Ratus norvegicus	rat	ROSC v3.4	989	
ICBI is planning to update its annot: uman genome more	ation of the	<ul> <li>Monofremes</li> </ul>				(1)
Sho	ner all	<ul> <li>Marsupials</li> </ul>				(1)
Related Resources		Other Mammals				(6)
		Other Vertebrates				(2)
<ul> <li>NCBI Home</li> <li>NCBI Wah Sarah</li> </ul>		Invertebrates				(7)
NCBI Site map		Protozoa	8			(7)
<ul> <li>Genome Biology</li> </ul>		► Plants ④				(42)
Taxnoomy	10	.▼ Funni Q	8			(16)

با استفاده از ابزارهای زیر می توان این پایگاه را مورد جستجو قرار داد: باز کردن صفحه جستجوی موجود مورد نظر که در صفحه با علامت ذره بین مشخص می شود؛

باز کردن صفحه جستجوی BLAST موجود مورد نظر؛

باز کردن منابع اطلاعات ژنومی آن موجود .



وارد صفحه جسـتجوی موجود زن*د*ه مورد نظر خود شـوی*د* ( برای مثال گیاه *thaliana* ..(*Arabidopsis* 

Flowering Plants B			
Monocots 9			
Eudicots 🛞			
Sciencific name	Common name	Build	Tools
Arabidopsis thaliana	urare cress	0000 2.0	🔶 🥹 🛞
Beta vulgans	beet		9 3
Brassica juncea	brown mustard		9 B
Brassica napus	rapeseed		9.8
Brassica nigra	black mustard		9 0
Brassica oleracea			9 8
Brassica rapa	field mustard		9 8
Capsicum annuum	pepper		9 B
Glycine max	soybean		9 8
Lotus japonicus	birdsfoot deervetch		9 8
Manihot esculenta	cassava		93 (0)

روی کلید دارای تصویر ذره بین کلیک کنید. وارد صفحه ای خواهید شد که در زیر آمده است: در این صفحه ۵ کروموزوم ، میتوکندری و کلروپلاست گیاه نشـان داده شـده است. دو جعبه برای جسـتجو در این مکان در نظر گرفته شـده اسـت که می توانید با اسـتفاده از نام ژن و شـماره دسـترسـی آن در تمام ژنوم یا در یک کروموزوم خاص جسـتجو کنید. بعلاوه با کلیک کردن روی شـماره کروموزوم می توانید به اطلاعات موجود روی یک کروموزوم دسـترسـی پیدا کنید .

FukMed	hudestate	Protein	Genote	Gen	ie .	Studier	FopSet.	Taxonomy	Hep
Search for		n chromoto	mt(1)		Find				dvanced Search
Map Viewer Map Viewer Home Map Viewer Heip Anatioceus Maos Heip Esech all päets NCBI Resources Ownere Preset	Arabidopsis Build 7.8 statis	thaliana (thi	elo cross) ge	nome view	>				BLAST search
Tailliot Flant Central	Lineage corr suffer	Eskarrota. Ve styledons: cond	ofinlantier, Str. 1. euroride II, I	stoslota. En Iratocales, B	ubrusslata. ranicactat.	Tracheoplota Arabidopoix	Spermatophyta. I Arabidopna thaka	Magnolioshtta, i 18	tulicatricians.

در این قسمت جستجو برای ژن های اسید فسفاتاز موجود در کروموزوم ۵ آرابیدوپسیس انجام می شود. پس از وارد کردن کلید واژه مورد نظر در محل مناسب و فشار دادن کلید find جستجو انجام شده و نتیجه به شکل زیر نشان داده می شود. خطوط کوتاه قرمز رنگ و اعداد قرمز زیر هر کروموزوم مکانهای یافت شده توسط کلید واژه را نشان میدهد.

S NCBI			NCBI M	lap Viewer				
Pated	Histoctide	Protein	Denome	Cerve	Structure	PopSet	Taxonomy	Help
Search for acid phosp	ohatase	on chromosome	5	Find			Adva	nced Search
Map Viewer Map Viewer Home Map Viewer Holp Arabidopsis Maps Help Swatch all plants NCBI Resources Genome Project TasPiet Plant Central	Arabidopsi Build 7.0 sta Hitas Search	s thaliana (thale c listics	ress) genome via	ew E Fita 43 kies				BLAST search

همانطور که در شکل نشان داده شده است در کروموزوم ۵ این گیاه ۴۳ مورد در ارتباط با کلید واژه مورد نظر وجود دارد. این پاسخ به این معنی نیست که در روی این کروموزوم ۴۳ ژن فسفاتاز وجود دارد بلکه نشان میدهد در ۴۳ نقطه (مثلا اگزونها) توالی وجود دارد که در نام آ» این کلید واژه ذکر شده است. در این صفحه علاوه بر شکل مورد نظر جزئیات دیگری نیز قابل مشاهده است که ۴۳ یافته را توضیح می دهد.

#### **!Error**

erons.	Chr	Match	Map sirment	Туре	Маря	Quick Filter
	5	silmaiches				Tuneciet :
denomin		ATPAP27/PAP27 (puple acid phosphutase 27); acid phosphatase	A1.59712	At_EST_CI	ALUDI2	[]
		ATPAP28/PAP28 (puple acid phosphatese 20); acid phosphatese	At 49181	At_EST_CI	At UniO	<u> </u>
		Acid phosphatase, putative	A1.29683	At_EST_CI	Sau to	RetSeq
		Acid phosphetase class B family protein	61,22442	At_EST_CI	61.Uni2	Unigene
		VSP2 (VEGETATIVE STORAGE PROTEIN _acid phosphalase	A123647	At_EST_CI	At Uni2	
in account on these		Acid phusphatase	A1,23,566	At_EST_CI	At Uni2	Ether
		VSP1 (VEOETATIVE STORAGE PROTEIN_acid phosphatase	A1.23512	At_EST_CI	At Up/2	(Filler
		ATPAP26/PAP26 (purple acid phosphatase 26), acid phosphatase.	A1.20058	At_EST_CI	ALUD/2	
		ATPAP29/FAP29 (prople acid phosphatase 29); acid phosphatase .	A1.8836	A1_EST_CI	At UniQ	
		EST00020 Arebidopois 3-dicyle. Arid Subtracted Library	CE185407.1	TRANSCRIPT	ALENA	
HANGENER		AB06A09 AB Arabidopeis thalians. acid phosphatase protein	EE034732.1	TRANSCRIPT	ALENA	
Contra Cont		Arabidopsis thahana ATPAP29_acid phosphatase 29); acid	NIM_125709.4	TRANSCRIPT	Betteg ENA	
		Arabidopsis thalians ATPAP28. arid phosphatase 28); acid	NIM_125096.2	TRANSCRIPT	Refleg RNA	
		Arabidopsis thalana acid phosphatase, putative (AT\$051260	NM_124505.4	TRANSCRIPT	Refleg ENA	
Pr Civingun		Arabidopeis thaliana ATPAP27 acid phosphatase 27); acid.	NM_124422.3	TRANSCRIPT	RedSeg ENA	
		Arabidopsis thabana acid phosphatase class E family protein	NM_123769.3	TRANSCRIPT	Realizen RNA	
IAK SI		Arabidopsis thalians ATPAP26. acid phosphatase 26); acid	NIM_122874.3	TRANSCRIPT	Reffing SNA	
		Asubidopsis thabana 93P1 arid phosphatase (V3P1) mF21A	NM_122387.3	TRANSCRIPT	Retting ENA	
		Arabidopsis thahana VSP2_acid phosphatase (VSP2) mRNA	NM_172386.3	TRANSCRIPT	Reffing RNA	
		Arabidopsis thalana acid phosphatase (AT5015070) pF04A.	NM_121511.1	TRANSCRIPT	Bridge ENA	
success insiects		Azabidopeis thahana V3P2_acid phosphatase (VSP2) mF01A_	NM_001036860.1	TRANSCRIPT	Refleg RNA	
Val-depart Geneme		Arabidopsis thaliana putative. acid phosphatase (PAP29	AY0820611	TRANSCRIPT	ALENA	
FD40VE		Arabidopeis thahana putativearid phoephatase (PAF22	AY882560.1	TRANSCRIPT	ALENA	
		Arabidopsis thalians putetive_arid phosphatase (PAP27_	AY540027.1	TRANSCRIPT	ALENA	
		Arabidonsis thaliana nutative and showhatass (PAP26.	A Y2400061	TRANSCRIPT	ALBNA	

همچنین در این صفحه شـما قادرید اطلاعات مربوط به مکان ژنی یاmap element ، نوع توالی گزارش شـده EST) یا رونوشـت و...) و نیز موقعیت هر یافته روی کرموزوم ها را پیدا کنید.





اگر توسط بلست در مپ ويور به اين قسمت رسيديد به تصوير زير توجه کنيد

3 NCBI	Entrez Ge	ne 📲		My NCB Sign Ini (Regis
Ali Databares	PubMed Nucleotid	le Protein Ganome S	tracture PMC 1	avanomy Baska GMIM
arch Gene	V tor	Go	Clear	
Limits Preview/Inde	x History Clipboard	Details		
splay Full Report	<b>~</b> 56	www 20 💌 Send to 💌		
All: 1 Current Only	1 Genes Genomes 1 S	NP GeneView 0 🛠		
1: ATPAP29/PAP29 erine/threonine pho	ATPAP29/PAP29 (purple sphatase [ Arabidopsis II	e acid phosphatase 29); acid phosphat baliana ]	ase/ protein	Table Of Contents
Summary			opuated 13-Nov-2007	Summary
				Genomic regions, transcript
Gene name	ATPAP29/PAP29	مارم B منگم ( 6 ای ژن		Bibliography
Primary source	TAIR: AT5063140			General protein information Reference Sequences
Locus tag	AT5G63140			Related Sequences
Gene type	protein coding			Additional Links
RefSeq status	Provisional			Links Expla
Organism	Arabidopsis thaliana (eco	otype: Columbia)		Conserved Domains
Lineage	Eukaryota; Viridiplantae, Spermatophyta; Magnol eurosids II; Brassicales;	; Streptophyta; Embryophyta; Tracheo lophyta; eudicotyledons; core eudicoty Brassicaceae; Arabidopsis	phyta; ledons; rosids;	GEO Profiles HomoloGene Map Viewer
Also known as	ATPAP29; MDC12.10; M	DC12_10; PAP29; purple acid phosphata	ise 29	CoreNucleotide Nucleotide
Also known as	ATPAP29; MDC12.10; M	IDC12_10; PAP29; purple acid phosphata	se 29	CoreNucleotide Nucleotide Probe
Genomic regions, t	ranscripts, and products		\$2	Protein
Go to reference ser	the states	- 11-5	our new Sequence Viewer	PubMed Taxonomy
do to teneralize an				KEGG
ں رونو شت ژ <sup>ن</sup>	س س	ی پروتئین	توالج	TAIR
T.	SLATING >	[16]11.4		TIGR
MLUNN	ht and	1010 - 00100000000 - 001000000000000000	the Levenness	LinkOut
_	- uniting region - unitrated	Tapes tablitu		V Entrez Gene Info
				Feedback
Genomic context			12	V Subscriptions
chromosome: 5		See ATP	AP29/PAP29 in MagViever	
caronosome. s				
[ 2504x 500 P			( 252480.74 )	
ersout ie -	471043135	#156401+6-}		
		#T04.315#		

			ادامه صفحه نتایج: Error!
Bibliography	<b>NERRER</b>	مقاله مرتبط با ژن	
Related Articles	in PubMed	)	• 1
PubMed links			
GeneRIFs: Gene	References	s Into Function	What's a GeneRIF2
Submit: New	GeneRIE		
General protein i	nformation		• 2
Names ATPAP29/P/ phosphatas	4P29 (purple e	acid phosphatase 29);	acid phosphatase/ protein serine/threonine
NP_201119.1 similar to A1 thaliana] (T contains Int domain Met	FPAP14/PAP AIR: AT2G46 terPro domai allophosphoi	14, acid phosphatase/ pi 1880.1); similar to putati in Phosphoesterase At2g esterase; (InterPro:IPRO	rotein serine/threonine phosphatase [Arabidopsis ve PTS protein [Cicer arietinum] (GB:CAB76911.1); 46880; (InterPro:IPR011230); contains InterPro 04843)
NCBI Reference	Sequences	(RefSeq)	12
mRNA and Prote	in(s)	و توالی مرجع ژن	
1. NM 125 phosphat UniProt	709.4→NP ase/protein KB/TrEMBL	201119.1 ATPAP29/PA serine/threonine phosp <u>Q9FMK9</u>	P29 (purple acid phosphatase 29); acid hatase [Arabidopsis thaliana]
200 Ammana		pfam00149 Location:47-205	Metallophos; Calcineurin-like phosphoesterase.
		Blast Score:120	
5505-5505/-6744	evicesedised s		
Related Sequence	های <sub>es</sub>	، های مرتبط با شماره مستحسب متفاقت	<b>۵ ()</b>
Nucleotide			
Conomia	0000065 1	Protein	
Genomic A	AB008265.1	Protein BAB10556.1	
Genomic 2 mRNA	AB008265.1 1015022.1	BAB10556.1 AAT70473.1	

-6از مهمترين قابليتهاي اين نرم افزار انجام جستجوي) BLAST بخشهاي قبل را ببينيد) با توالي DNA يا پروتئين مورد نظر است. برای دسترسی به اين نوع توانايی مجددا به صفحه اول برگرديد و کليد B يا BLAST را فعال کنيد. صفحه جستجوی زير قابل مشاهده می شود: برای انجام اين جستجو توالی مورد نظر را در جعبه مربوطه وارد کنيد. پايگاه اطلاعاتی و برنامه را انتخاب کنيد. پارامترهای جستجوی BLAST اختياری است .

Search M	× Genomic Biology⊁ B ap Viewer 💌	LAST	Go) Cle	K
BLAST Overview FAQs News Manual References	BLAST A	rabidops es	sis thaliana	توالی خود را در این جعبه وارد کنید.
Retrieve results Genome Project	. O The brater	ann, yr, ar a seque	//////////////////////////////////////	
	O or, choose a file i	to upiliad Decimite		
حدود توالی خود را در صورت نیاز تعیین کنید.	Set subsequence: From:	(optional) To:		
نوع برنامه BLAST را انتخاب کنید.	megaBLAST: megaBLAST: ( cross-species BLASTN: Com BLASTP: Com BLASTX: Com TBLASTN: Cor	Compare highl Compare highly megaBLAST: C pare nucleotide pare protein se pare a nucleoti mpare a protein	y related nucleotide sequences y related nucleotide sequences compare nucleotide sequences equences de sequence against a protein n sequence against a nucleotide	for other species to this genome database database
Optional par	ameters			
6.01 ¥	Filter default 💌	100 Y	Alignments	امترهای اختیاری
Advanced o	ptions:			<del>kunse</del>
Begin Sea با کلیک کنید.	rch Clear I روی اینج	nput		

در صفحه حدواسط، پارامترهای خروجي جستجو یادآوری می شود. اگر قصد تغییر آنها را دارید می توانید از این صفحه استفاده کنید

!Error
--------

BLAST Basic Local Alignment Search Tool Home Recent Results Saved Strategies Help	My NCBI 12 [Sign In] [Register]
NCBI/BLAST/Format Request	
Query       Nucleotide sequence (1401 letters)         Database       at_refg         Job title       Nucleotide sequence (1401 letters)         Request ID       UDFT3YUK01R         Fermat	برای نمایش نتیجه حستج روی این قسمت کلیک کنی esults in a new window
Show Alignment S 35 HTML C Advanced View Reset form	to defaults
Alignment View Pairwise 🗸	9
Display 🔽 Graphical Overview 🔽 Linkout 🔽 Sequence Retrieval 🥅 NCBI-gi 🧮	CDS feature
Masking Character: Lower Case Masking Color: Grey 💌	<b> </b> Ø
Limit results Descriptions: 100 💙 Graphical overview: 100 💙 Alignments: 100 💙	9
Organism Type common name, binomial, taxid, or group name. Only 20 top taxa will be Enter organism name or id-completions will be suggested	shown.
Entrez query:	19
Expect Mix Expect Max	<b>@</b>

# انواع خروجيهاي برنامه MapViewer 1- Genome view

در اين بخش كروموزوم و نقشـههاي متعددي باضافه نقاط ارتباط با توالي و ... ديده ميشود .

File Edit View Fav	orites Tools Help	piorer						
Sack Forward	Stop Refresh	Mome S	Q G	a 🧿 rites History	Mail Print	Edit Discuss		
Address 🙋 http://www.r	ncbi.nlm.nih.gov/ogi-bi	n/Entrez/maps.	cgi?org=hum	Bichr=22	anitmutsice of think tees			- 200
Links 🙋 Customize Links	EFree Hotmail	Windows	Query Tra	nspath	Eddalar Soldalar eg			
Map Meser Help Human Maps Help FTP	22+13 -				KCNMB3L	t EX EX - SET PUP	c	22q11
Chr. 22 Resource					ATPOE	<ul> <li>ex ex hm seg mm</li> </ul>	C	22q11.1
Outa As Table Meis	22912				HIRA	<ul> <li>ex ex pro sed mun</li> </ul>	c	22q11.2
Maps&Options	22+11+2-				HUMZDS8002	• <u>62.62</u> - 663 mm	С	22q11.2:
Requirement			- I		AF060262	<ul> <li>EX.6X - 563 (000)</li> </ul>	C	22q11.2
	22911+1 -	NT_428095.1	E		GSTT2	+ sv ev hm seg mm	С	22q11.2
Go	2241-1-	-87_811519-1		413	LOC57168	+ av ev hm seg mm	C	22q11.2
		1	3 1:11	111 1	NEEH	• ex ex hin eng mm	С	22q12.2
eut a	2241-21 -			125	SI	• ex ex hm seg mm	с	22q12.2
in	22411-22 -				YWHAH	+ sy ey hin seg min	с	22q12.3
	22411-23 -		-	1923	APOL3	* <u>ev ev</u> - seg mm	c	22q13.1
22+13	22-12-1 -	1.0000000000000000000000000000000000000	3	1953	-OGAL	• 52 52 - 859 mm	с	22q13.3
22+11+2 -	22412-2 -	-NT_911529.0		188 19	- KIAA1660	* SY 6Y - Sta Ditt	с	22q12
22+11-1-200	22412+3 -		-	559	CBX6	t sy ey - sea mm	c	22913.1
2241-2-			3	751	MKLI	* SY CY - 200 mm	C	22q13
22-62		1	3 8:11	193	PIPPIN	+ 5V eV - 500 mm	c	22:13.2
	22413+2 -					·		

كاربر ميتواند نقشـههاي در حال نمايش را از طريق دكمه Map and Options تغيير دهد. زدن اين دكمه باعث باز شـدن پنجرهاي جديد ميشـود كه در آن ميتوان نقشـههاي دلخواه را انتخاب كرد. سـپس با زدن دكمه دسـتورات در پنجره قبلي اجرا ميشود . Error!

Chromosome: 20	Region Shown:	
Available Maps:	Maps Displayed (left نقش	یرای نمایش (in right):
Hs_UniGene	[] Ideogram	Move UP
Mm_UniGene	[] Contig [] Hs UniGene	Move DOWN
-cytogen maps-   ADD>	> [] Gene	Make Master/Move to Bottom
Ideogram	EMOVE SAGE_tag	
Gene Ovtogenetic	LISTS LIESH Clone	
Mitelman Breakpoint		Toggle Ruler
Morbid/Disease		([R] before map means 'ruler set')
آیا ارتباط بین انواع		
نقشه ها نشان داده		
More Options: شبود؟		
Show connections Nerbose Me	ode	
Pam Length: 20		
r dre Lenkul 140		

در این صفحه کاربر پس از انتخاب نقشـههاي مورد نظر در سـمت چپ و زدن دکمه Delete/Addنقشـههاي انتخاب شـده در سـمت راست نوشـته ميشود. در آخر با زدن دکمهApply ، نقشـههاي انتخاب شـده در پنجره اول نمايش داده ميشـود.

# 2- SV) Sequence viewer)

اين صفحه به طور گرافيكي توالي انتخاب شده و مناطق اطراف آن را نمايش ميدهد. در بالاي اين صفحه نمايشـي كلي، در سطوح بزرگنمايي مختلف براي منطقه مورد نظر و در پايين صفحه توالي نوكلئوتيدي و پروتئيني براي ژن انتخابى نشـان داده ميشود. خطوط گرافيكي در ذيل تواليها مناطق رونويسـي شـده، اگزونها و اينترونها و حروف توالي اسـيد آمينهاي در مناطق رمز كننده را نشـان ميدهند. دكمههايي نيز براي جلو و عقب بردن توالي در حال نمايش تعبيه شـده است .



در اين صفحه نمايش كلي از منطقه اطراف ژن مورد نظر كه در آن منطقه انتخابي بزرگنمايي شـده وجود دارد. در پايين صفحه توالي نوكلئوتيدي و اسـيد آمينهاي باضافه مناطق رونويسـي شـده شـامل اگزونها (خطوط ضخيم) و اينترون (خطوط نازك) نمايش داده ميشـود .

#### **3- Evidence viewer**

همانطور كه در شكل ۸ ديده ميشود، اين صفحه جدولي از شواهد و قرايني كه به پيشنهاد ژن (منطقه قابل رونويسي) و اطلاعات مربوط به آن ژن به خصوص تواليهاي اگزوني واينتروني ميانجامد را نشان ميدهد. اهميت اين صفحه آن است كه امكان ارتباط با دادههاي ديگر اين بانك و يا بانكهاي ديگر را به راحتي در اختيار كاربر ميگذارد.

				PTPNZ
Publied	Nackosse	Protein OHIH	Gesome	Taxonomy Roose
Coy for disp by o	fmR.RAs aligning in t	this region:		Marking Fullance Manar Halo
Genomic requests (C) model enous, ringh (M) model enous, our kaysing (M) C = config M = model mBMA; R = Ref		Bullia anaz, cinda (G. L) Bullia anaz, cardarning (G. L) Sag milia (G. Canbani milia Ada		
TTT desicks have	<b>*</b>			
1 ESI	2-3 2534			
3 <u>DC001744</u>				
G- <u>DC001744</u> G- <u>D11327</u> G- <u>M44322</u>				
G- <u>DC001744</u> G- <u>D01327</u> G- <u>M64322</u> R. <mark>MM 092832</mark>				
G-D0001744 G-D01327 G- <u>M44322</u> R. <u>MM 002832</u> R. <u>MM 080388</u>				
G- <u>EC001744</u> G- <u>E011327</u> G- <u>M44322</u> R. <u>MM 002832</u> R. <u>MM 080388</u> R. <u>MM 080389</u>				
G <u>RC00174 4</u> G <u>D41327</u> G <u>M44322</u> R. <u>MM 002832</u> R. <u>MM 030388</u> R. <u>MM 030389</u> E <b>ZSI</b> 4.				
G <sup>*</sup> <u>EC00174 4</u> G <sup>*</sup> <u>EC01327</u> G <sup>*</sup> <u>M44322</u> R. <u>b7M 002832</u> R. <u>b7M 002838</u> R. <u>b7M 000588</u> R. <u>b7M 000589</u> E 2534. micmatchet;				
52 <u>170001744</u> 52 <u>1011327</u> 52 <u>1144522</u> 52 <u>1144522</u> 52 <u>1146522</u> 52 <u>114652</u> 52 <u>516</u> 52 <u>516</u>				
G <u>20001744</u> G <u>2011327</u> G <u>M14322</u> E <u>M1M 002832</u> E <u>M1M 000388</u> E <u>M1M 000388</u> E <u>M1M 000388</u> E <u>555</u> mis mak ber; mis mak ber; mis mak ber; mis mak ber; mis mak ber;				

نمايشي از صفحه Evidence Viewer جدولي از اطلاعات وشواهد كه براي پيشـنهاد مدل ژني به كار رفته اسـت در اين صفحه ديده ميشـود. هر يك از كلمات و يا علايم رنگي ارتباط به دادهاي ديگر را امكانپذير ميسازد .

# 4- seq) Sequence Download)

اين صفحه توالي موجود در منطقه كروموزومي مورد نظر را به صورت متني نشـان ميدهد (شـكل ۹) كه قابل انتقال به پنجرههاي ديگر در برنامههاي ويراسـتاري متن و مانند آن ميباشـد. با وجود انتخاب قبلي، كاربر ميتواند در همين صفحه منطقه مورد نمايش را تغيير دهد.

Region to retrieve (in chromosome coordinates):	
Chromosome: 1	
from: 212796269 adjust by -0K	موقعيت مورد نظر روف
	کروموزوم را می توانید
to: 212803877 adjust by +0K Change Region	تغيير بدهيد. 🕺
Sequence Format FASTA	
This chromosome region corresponds to the contig re	gion(s):
	•(-)-
Contig start stop strand	
NT 004612 11 2019574 2033182 - Ditolay Save to Dide	View Evidence ModelMaker
>gij20537790:c2033182-2019574 Homo sapiens chromosome	1 working draft sequence segme
>gi;20537790:c2033182-2019574 Homo sapiens chromosome GCCTTCTCAGCCCTCAAAGACAGACCGGACAGACAGACAG	1 working draft sequence segme schocctososocchch
>gij20537790:c2033182-2019574 Komo sapiens chromosome GCCTTCTCAGCCTCALAGACAGACGGCAGACAGACAGACAGCTGGCAAGAG GCTGCTTCAGTAAGTATCTGAAGGGGGGACTGGGAGTCCTGTGGCCCCGGGG	1 working draft sequence segme schoccrossscchch stocshkctccsscht
>g1;20537790:c2033182-2019574 Bomo sapiens chromosome GCCTTCTCLGCCCTCLALGACLGLCCGACLGLCLGLCLGCLGCCGGCG GCCTTCLGTLLGTLTCTGLLGGGGGGACTGGGLGTCCTGTGGCCCCGGGG LTLLGLGGGCLTCTLGGLGGGAGTGCGGGLGGGCGLGTGGGCCGCGLGTG	: 1 working draft sequence segme GCAGCCTGGGGGGCACA GTGGGAACTCCGGGGAT GCCTGGCTGGGTATGG
>g1120537790:c2033182-2019574 Ecmo sapiens chromosoms GCCTTCTCAGCCCCLALAGACAGACGGCAGACAGACAGACAGCTGGCAAGAC GCTGCTTCAGTALGTATCTGAAGGGGGACTGGGAGCGGGAGTGGGCGCGCACAG TLAGAGGCLATCTCAGAGGGAGTCCGGGAGGCGGTGGGCGCGCACAGG GTGCTCACAGACCTGATGTCCCCAAGACGGGGGGTGAGCAGGGAAGCCACAGGG	1 working draft sequence segme GCAGCCT000000CACA GTGCGAACTCC0000AT GCCT00CT0000TAT00 GAGCTACAACGAAAGCAG
>gij20537790:c2033182-2019574 Ecmo sapiens chromosome gccTrCTCAGCCTCALACACACACACACACACACAGCAGACAGCTOGCAGAGA gcTGCTTCAGTAAGTATCTGAAGGGGGGACTOGGAGTCCGGGGGGGCACAGG ATLAGAGGCATCTCTAGGAGGGAGTCGGGGAGGCGCAGTCGGCACCAGG GTGCTCACAGACCTGATGTCCCCCAAGACACCCTCGCTCTACCACCACAGG AGCTGALAGGGACCTTTTCTGCTACCACAGACACCTCGCTCTACCACCACACG	1 working draft sequence segme GCAGCCTGGGGGCCACA GTGCGAACTCCGGGGAT GCCTGCGTGGGGGAGGAG GAGCTACAAGGAGAGCAG TGGTCCLAGGCCCATTCT
>gij20537790:c2033182-2019574 Ecmo sepiens chromosome cctrctcAsccctcAlAcAscAscCascAscAscAscAscToscAscAs GCTCTTCASTASTATETCALOSOGGACTOSSACTOSCACTOSCACCOSGG ATAASASGGCATCTCTASGAGGGAGTGCGSGAGGGCGAGTGGGGCGCCACAST GTGCTCACASACCTCATGTCCCCAASACGGGGGTGAGCASGGAGTGGGGCGCCACAGG ASGCTGAASGGACCTTTTTCTGCTCCCASGACGGCGTCATCAACACCCCCGCCCCCCC	1 working draft sequence segme GCAGCCTGGGGGGCACA GCTGGGAACTCCGGGGAT GCCTGGCTGGGGGATATGG AGCTACAAGGACAGCAG TGTGCCAGGCCCATTCT GCCCCCTGTGACCCTGG
>gi;20537790:c2033182-2019574 Homo sepiens chromosome occrrcrcAscectcAAAGAcAGAcCAGACAGACAGACAGACAGCAGCAGCAGCAGGCAG	1 working draft sequence seque GCAGCCTGGGGGCGCACA GCTGCGAACTCCGGGGGAT GCCTGGCTGGGCTATOG AGCTACAAGGAGAGCAG TGTGCCAGGCCCATTCT GCCCACTGGACCCCGG GCCCACTGTGACCCTGG GCCCACTGTGTTGCCCCCA
>g1;20537790:c2033182-2019574 Bomo sapiens chromosoms GCCTTCTCAGCCTCAAAGACAGACGGCAGACAGACAGACA	1 working draft sequence segme GCACCCT00050CACA GTGCGAACTCC00050AT GCCT05CT0050TAT05 GCCT05CT0505CACA TGTGCCA5GCCATTCT GCCCACTGTGACCCT05 GCCCACTGTGACCCCCA TGAC6GTTACA6A6655
>gij20537790:c2033182-2019574 Bomo sepiens chromosome gctrctrchcocctrchlachchcchcchchchchchchachgrige gctrctrchchocctrchhangeage htthshogechtrtrthschagedagteregeage gtgctchchagechtrtrtrtctgchagedagteregeage gccoctrchchghcotroctroctrocthcchctchchc gccoctrchcctecgtectroctroctrogtattchchcctcctcctrc gtgctcccchagedattsgchcoccccalagedagtere gtgctccctchcctrcctroctroctroctroctroctroct gtgctoctrchcchtgegeage gtgctocctchcctrogecettaggadattgtcchcgchcctcctroct gtgctocctchcctrogecettaggadattgtcchcgccccccct gtgctocctchcctrogecettaggadattgtcchcgccccccct gtgctocctchccttggccttgecttgtchtgtgattgtcchcgcccct gtgctocctchccctrogecettaggadattgtcchcgccccccct gtgctocctchccctrogecettaggadattgtcchcgcccccccccct gtgtcccctchccctrogecettaggadattgttcchcctccct gtgtbtcgggadattgggadaga	1 working draft sequence sequence scacecrososscaca screesaactecosscat sccreescasscass acctacaacsacacas acctacaacsacacas acctacaacacacas creess creess accea
>g1;20537790:c2033182-2019574 Bomo sepiens chromosome occtrctcAsccctcAAAGAcAGACCGACAGACAGACAGACAGCAGCTGGCAAGAC GCTCTCCAGACCTCAAGACAGACGGGGGGGGGCGAGTGGGGGGCGCCACAGG ATAAGAGGGCATCTCTAGGAGGGGGGGGGG	: 1 working draft sequence seque GCAGCCTGGGGGGCACA GCTGGGAGCTCGGGGGAT GCCTGGCTGGGGGGAAGCAG AGCTACAAGGAGAGCAG TGGCCACTGGACCCTGG GCCCACTGTGACCCTGG GCCCACTGCTGGACCCCAG TGGACGGTTACAGAGGGG TGGACAGAGACCCAGA
>gi;20537790:c2033182-2019574 Homo sepiens chromosome octrettckgeettekkakekgeeggekakekgeeggekgeeggekakek getgettekgekgeeggeggeggeggeggeggeggeggeegge	1 working draft sequence seque scacccrososoccaca sorsceaactecesosat soccrosorrosoratos acctacatosocccatter socccactorsaccecatter socccactorsaccecat stoacostacasocccas stoacostacasocccas sosoccasocccas sosoccasocasocccas sosoccasocasocccas
>gij20537790:c2033182-2019574 Bomo sepiens chromosome gccTrCTCAGCCTCALACACACACGCCACACACACACAGCAGCAGCTOGCAGAGA GCTGCTCACAGACTTCTAGAGGGAGTCGGGGAGGCCAGGGCACGGGCACAGG ATALAGAGGCATCTCTAGGAGGAGTCCGGGGAGGCCACGGCACAGGCACAGGCACAGG GTGCTCACAGACCTGATGTCCCCAAGACGGGGGGGCAGGCA	1 working draft sequence sequence scaccergoogscaka screegaactecogggat sceregaactecogggat sceracaaggacag agertacaaggacage corectorscerga creetstracaaggacag scaccage scerega regacagacagacceaga scocggatagacecacte caggggatagacecacte scagggataggeceacte caggggataggeceacte scagggataggeceacte scagggataggeceacte scagggataggeceacte
>gij20537790:c2033182-2019574 Ecmo sepiens chromosome gccTrCTCAGCCTCALAGACAGACGGCAGACAGACAGACAGCAGCAGCAGCAGCAG	1 working draft sequence segme GCAGCCTGGGGGGCACA GCTGGCTACAGGGGGAT GCCTGGCTGGGGGATGG GCCCAGCCCA
>g1;20537790:c2033162-2019574 Bomo sepiens chromosome occtretclacectclalacaccoccacacacacacacacacacacacacacac	: 1 working draft sequence seque GCACCTCGGGGCCACA GTGCGAACTCCGGGGGAT GCCTGCGTGGGCTATGG AGCTACAAGGAGAGCAG TGTGCCAGCCCATTCT GCCCACTGTGACCCTGG GCCCACTGTGACCCTGG GCCCACTGTTACAGAGGCG TGGACAGAGACCCCAGA GGGGTCCAGGACCCCACTG ATATTTCTGTTCCCTC GCCCTCTCCCCCTCTC
>g1120537790:c2033182-2019574 Bomo sepiens chromosome gcCTTCTCAGCCTCALACACACACGCCACACACACACACAGCAGCAGCAGCAGGCAGG ATALAGAGGCATCTCTAGAGGCAGTGGGGAGGCCAGGGGGGGCACAGG ATALAGAGGCATCTCTAGCAGGCAGTGGGGAGGCAGGGGCACAGGCACAGG GTGCTCACAGACCTGATGTCCCCCAAGAGCAGGGCAGG	* 1 working draft sequence segme isckscrtgoogscckck strocgActecogggt iscrtgotackagecoggt isgcckageccatter isgccckgeccatter isgccckgeccatter isgccckgeccatter isgccckgeccatter isgscckgeccate isgscckgeccate isgsccckgeccate isggschageccckeg isggstckgecccate isgester isgeste
>g1;20537790:c2033182-2019574 Bomo sepiens chromosome gccTrCTCAGCCTCALAGACAGACGGCAGACAGACAGACAGCAGCAGCAGCAGCAG	1 working draft sequence segme GCAGCCTGGGGGGGCACA GCTGGCTACAGGAGGGGAT GCCTGGCTGGGGGGATGG GCCCACTGGGGCCATCG GCCCACTGGACCCTGG CCCCACTGGACCCTGG CCCCACTGGACCCCAGA GGGGTCCAGGAGCCCCAGA GGGGGCAGGAGCCCCACG CAGGGGAAGGCCCCACTG ATATTTTCTGTTTCCTC GCCTCCTCCCCCCTCTCT ICTTGCCGTTACTGTAC
>g1;20537790:c2033182-2019574 Bomo sepiens chromosome gccTtCTLAGCCTCLALAGACAGACGACAGACAGACAGACAGCAGCTGGCAAGAC GCTCTTCLAGTAGTATCTCAAGGGGGGACTGGGACGGCAGTGGGGCGCCACAGG ATAAGAGGGCATCTCTLGGAGGGGGGGGGGGGGGGGAGTGGGGGGGCCACAGG GTGCTCLACAGACCTGATGTCCCCAAGACGGGGGTGAGCAGGAAGCCACAGG GGGCTGAAGGGACCTGTTCTGCTCCCAAGACGGGGGTGAGCACGGCACACAGG GTCCTCLACCTCCGTTCCTGCCTGCTTGGTGATTCAACACCCCCGCCACCTG GTCGCTCACCACGTGCCTGCCTGCTTCAAGGGCTTGGTGAGGCCCACTTGCT GCGGGGGGGGGATGGGCAGGGGGGGGGAACGGTCCAACCACCCCCCCTGC GGGCGGGGGGGGATGGGCAGGGGGGGGGG	: 1 working draft sequence segme GCASCCTGSGGGCCACA GTGCGAACTCCGGGGGAT GCCTGCGTGGGCAGCAG AGCTACAAGGAGAGCAG TGTGCCAGCCCATTCT GCCCACTGTGACCCTGG GCCCACTGTGACCCTGG GCCCACTGCAGAGCCCAGA GGGGTCCAGGAGCCCCAGA GGGGTCCAGGAGCCCCGC ATATTTTCTGTTTCCTC GCCCTCCTCCCCTTCT TCTGCCGTTACTGAGGCCAC GGGGAAAGCCCCAC GGGGAAAAATGAGGCCAC GGGGAAAAATGAGGCCAC
>gii20537790:c2033182-2019574 Bomo sepiens chromosome gccTrCTCAGCCCTCALACACACACCGACAGACAGACAGACAGCGCAGCG	* 1 working draft sequence segme isckscrtgoogscckck strocgAttecogggt iscrtgotachagescat iscrtgotachagescatter iscrchagescatter iscrchagescatter iscrchagescatter isgacedasseccchage isggstabaseccchage isggstabaseccchage isggstabaseccchage isggstabaseccchage isggstabaseccchage isggstabaseccchage isggstabaseccchage isggstabaseccchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasecchage isggstabasechage
>g1;20537790:c2033182-2019574 Bomo sepiens chromosome scctrctcAsccctAAAGACAGACGACAGACAGACAGACAGCAGACGACGACAGACAGCAG	1 working draft sequence segme GCAGCCTG00GGCCACA GCTGCCAGCCGGGGAT GCCCGGCTGGGGGATGG GCCCACTGCGGGCCATTCT GCCCCACTGTGACCCTGG CCCCCTGTCTTGCCCCCA GCCCCCTGTCTGCCCCCAG GGGGTCCAGGAGCCCCAGA GGGGGCCAGGAGCCCCCCG CAGGGGAAGGCCCCCCCC

نمايشي از صفحه Sequence Download پس از نهايي شـدن منطقه مورد نظر با اسـتفاده از امكانات انتخاب در بالاي صفحه، كاربر ميتواند توالي نشـان داده شـده در قسـمت پايين صفحه را به پنجرههاي ديگر انتقال دهد .

# 5-mm) Model Maker)

اين صفحه اجازه ميدهد كاربر مدل ژني مورد نظر خود را براي يك توالي ژنومي تهيه كند. همان طور كه در شـكل زير ديده ميشود، معمولا تعدادي مدل قابل انتخاب در اين صفحه نمايش داده ميشوند كه كاربر ميتواند از آنها براي سـاختن مدل خود اسـتفاده كند .

