

استفاده از نرم افزار MapViewer
فصل چهل و دوم از سری کتب الکترونیکی رایگان
پرتال به انفوداتک ایران، www.ibp.ir

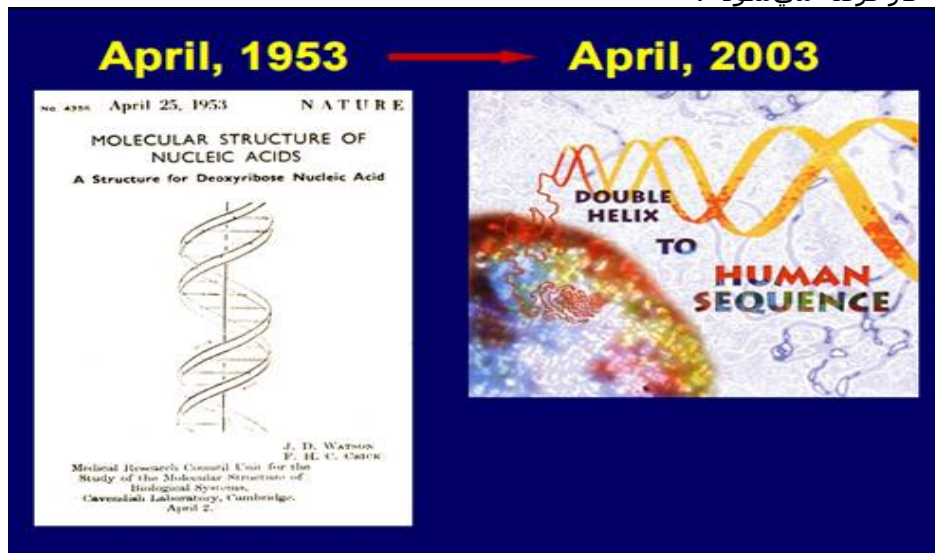
درج کننده مطلب: بابک باباعیسی

منبع: کارگاه الکترونیکی بیوانفورماتیک، انجمن بیوتکنولوژی به مدیریت دکتر ملوبی

استفاده از نرم افزار MapViewer

توس واتسون و کریک (۱۹۵۳ م)، پروژه ژنوم انسان به عنوان بزرگترین پروژه پژوهشی بشر با صرف بیش از ۳ میلیارد دلار و ۱۲ سال (در سال ۲۰۰۳ م) به اتمام رسید (شکل ۱-۳). در حال حاضر، بدون احتساب ویروس‌ها، بیش از ۴۵۰۰ پروژه ژنوم گونه‌های مختلف پروکاریوتی و یوکاریوتی در حال انجام است. تا کنون بیش از ۳۰۰ پروژه ژنوم (بجز ویروس‌ها) اتمام یافته است و تقریباً هر ماه پایان دو پروژه اعلام می‌شود. با در اختیار داشتن فناوری‌های جدیدتر (ادامه این بخش را ببینید)، سرعت انجام پروژه‌های ژنوم به مراتب بیشتر خواهد شد.

اندازه کوچکترین ژنوم یک موجود تک سلولی مثل مایکوپلاسما ژنیالیوم ۶۰۰ هزار جفت باز و ژنوم موجوداتی مثل موش و انسان حدود ۳ میلیارد جفت باز است. این ژنوم‌ها به صورت‌های مختلف حلقوی و خطی می‌باشند که به حالت بسته بندی شده در داخل سلول در ساختارهایی به نام کروموزم‌ها قرار دارند. بنا به اندازه‌ی ژنوم‌ها، شکل ژنوم و چرخه زندگی موجود، راهبردهای متفاوتی برای تهیه توالی ژنوم‌ها به کار گرفته می‌شود.



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

از نظر ماهیت، اطلاعات حاصل از پروژه‌های ژنوم در سه گروه قابل تقسیم هستند:
1- نقشه‌های و توالی‌های مربوط به ژنوم‌ها که به ژنومیکس (Genomics) مشهور است.
2- ژن‌های قابل رونویسی و توالی آنها که به ترانس کریپتومیکس (Transcriptomics) مشهور است .
3- پروتئین‌های ابراز شده و توالی آنها به پروتئومیکس (Proteomics) مشهور است .
در این بخش سعی شده است تصویری عمومی از پروژه‌های ژنوم و نحوه دسترسی به اطلاعات گروه اول آورده شود. گروه دوم و سوم در بخش‌های بعدی به تفصیل تشریح شده‌اند.
اطلاعات مربوط به ژنومیکس خود در دو دسته مربوط به هم تقسیم می‌شود که به طور جداگانه تولید شده‌اند. نقشه‌های ژنومی و توالی‌های ژنومی در این بخش، پس از بحث در مورد نقشه‌های ژنتیکی و چگونگی تولید توالی‌های ژنومی و اتصال آنها به هم با کمک نقشه‌های ژنتیکی خواهیم پرداخت. دانستن این مفاهیم کمک زیادی به دسترسی، درک و تجزیه و تحلیل اطلاعات به دست آمده از پروژه‌های ژنوم می‌نماید .

استفاده از نرم افزار MapViewer

این برنامه توسط مرکز اطلاعات علمی بیوانفورماتیک آمریکا (NCBI) از طریق آدرس زیر در اختیار پژوهشگران جهان قرار گرفته است:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/cgi-bin/Entrez/map-search>

برنامه Map Viewer امکانات زیر را فراهم می‌آورد:

- 1- نمایش کروموزوم و چندین نقشه به طور همزمان
- 2- بزرگنمایی نقشه به صورت مرحله به مرحله از نقشه کروموزومی تا حد نشان دادن توالی و بالعکس
- 3- انتخاب نقشه‌های در حال نمایش
- 4- جستجو با کلید واژه‌ها
- 5- جستجو با توالی و استفاده از نرم‌افزارهای BLAST
- 6- ارتباط با سایر پایگاه‌های اطلاعاتی دیگر مربوط

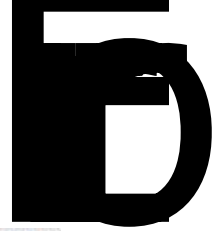
جستجو در MapViewer

جستجو با استفاده از کلید واژه‌هایی مانند نام ژن، نام لوکوس، شماره‌های دسترسی (Accession numbers) نام نشانگرها و هر گونه کلید واژه دیگر قابل انجام است. برای ورود به این پایگاه به آدرس <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/mapview/> مراجعه کنید. شکل زیر صفحه اصلی این پایگاه را نشان می‌دهد. در این صفحه اطلاعات ژنومی موجودات زیر قابل دسترسی است.

Scientific name	Common name	Build	Tools
<i>Homo sapiens</i>	human	Build 36.2 Build 35.1	🔍 📄 🌐
<i>Macaca mulatta</i>	rhesus macaque	Build 1.1	🔍 📄 🌐
<i>Pan troglodytes</i>	chimpanzee	Build 2.1	🔍 📄 🌐
<i>Mus musculus</i>	laboratory mouse	Build 37.1 Build 36.1	🔍 📄 🌐
<i>Rattus norvegicus</i>	rat	R03C.v3.4	🔍 📄 🌐

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

باز کردن صفحه جستجوی BLAST موجود مورد نظر؛
باز کردن منابع اطلاعات ژنومی آن موجود .



▼ Vertebrates	(15)		
▼ Mammals	(13)		
▼ Primates	(3)		
Scientific name	Common name	Build	Tools
<i>Homo sapiens</i>	human	Build 36.2	Q B G
		Build 35.1	Q B
<i>Macaca mulatta</i>	rhesus macaque	Build 1.1	Q B G
<i>Pan troglodytes</i>	chimpanzee	Build 2.1	Q B G

Open Organism Search page

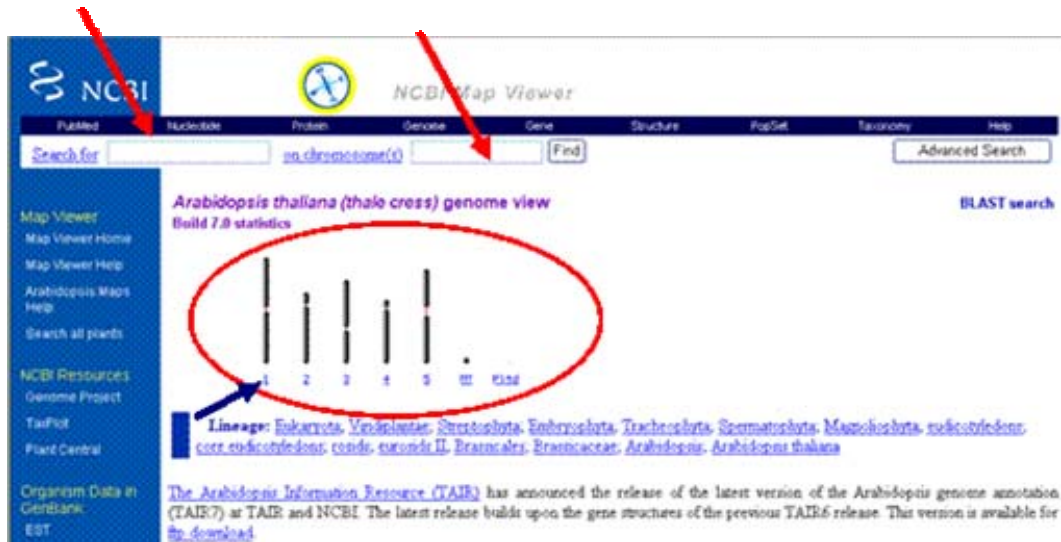
Open BLAST page for the organism

Open genome resources page for the organism

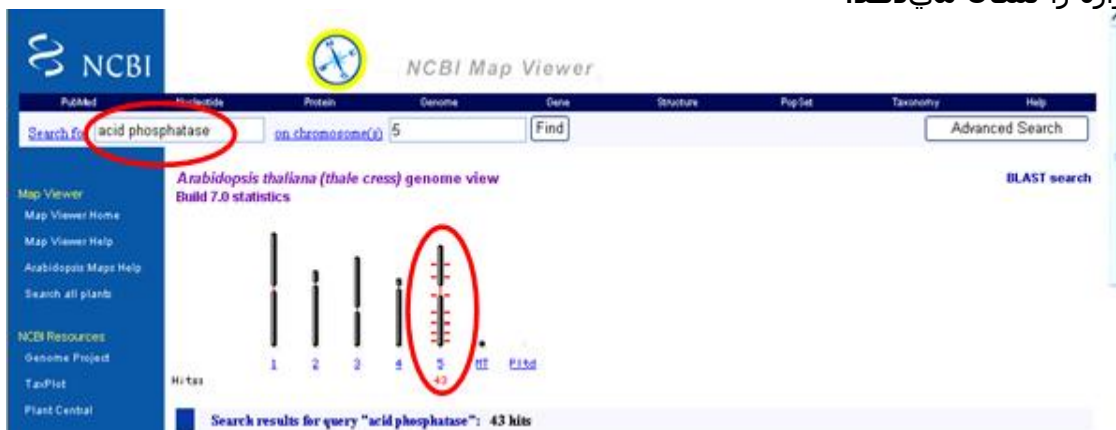
وارد صفحه جستجوی موجود زنده مورد نظر خود شوید (برای مثال گیاه *thaliana* *Arabidopsis*).

▼ Plants	(42)		
▼ Flowering Plants	(41)		
▼ Monocots	(16)		
▼ Eudicots	(25)		
Scientific name	Common name	Build	Tools
<i>Arabidopsis thaliana</i>	thale cress	Build 2.10	Q B
<i>Beta vulgaris</i>	beet		Q B
<i>Brassica juncea</i>	brown mustard		Q B
<i>Brassica napus</i>	rapeseed		Q B
<i>Brassica nigra</i>	black mustard		Q B
<i>Brassica oleracea</i>			Q B
<i>Brassica rapa</i>	field mustard		Q B
<i>Capsicum annuum</i>	pepper		Q B
<i>Glycine max</i>	soybean		Q B
<i>Lotus japonicus</i>	birdsfoot deervetch		Q B
<i>Manihot esculenta</i>	cassava		Q B

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 نشان داده شده است. دو جعبه برای جستجو در این مکان در نظر گرفته شده است که می توانید با استفاده از نام ژن و شماره دسترسی آن در تمام ژنوم یا در یک کروموزوم خاص جستجو کنید. بعلاوه با کلیک کردن روی شماره کروموزوم می توانید به اطلاعات موجود روی یک کروموزوم دسترسی پیدا کنید.



در این قسمت جستجو برای ژن های اسید فسفاتاز موجود در کروموزوم ۵ آرآبیدوپسیس 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 مکان های یافت شده توسط کلید واژه را نشان می دهد.



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 می دهد در ۴۳ نقطه (مثلا اگزونها) توالی وجود دارد که در نام آن «*acid phosphatase*» 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

Chr	Match	Map element	Type	Maps
5	ATPAP27/PAP27 (purple acid phosphatase 27), acid phosphatase...	Δ1.53715	At_EST_C1	Δ1.1m2
	ATPAP26/PAP26 (purple acid phosphatase 26), acid phosphatase...	Δ1.49131	At_EST_C1	Δ1.1m2
	Acid phosphatase, putative	Δ1.29633	At_EST_C1	Δ1.1m2
	Acid phosphatase class B family protein	Δ1.25449	At_EST_C1	Δ1.1m2
	VSP1 (VEGETATIVE STORAGE PROTEIN acid phosphatase	Δ1.23647	At_EST_C1	Δ1.1m2
	Acid phosphatase	Δ1.23566	At_EST_C1	Δ1.1m2
	VSP1 (VEGETATIVE STORAGE PROTEIN acid phosphatase	Δ1.23512	At_EST_C1	Δ1.1m2
	ATPAP26/PAP26 (purple acid phosphatase 26), acid phosphatase...	Δ1.20088	At_EST_C1	Δ1.1m2
	ATPAP29/PAP29 (purple acid phosphatase 29), acid phosphatase...	Δ1.8536	At_EST_C1	Δ1.1m2
	EST00020 <i>Arabidopsis thaliana</i> Acid Subtracted Library...	CE115497.1	TRANSCRIPT	Δ1.RNA
	AB06A09 AB <i>Arabidopsis thaliana</i> acid phosphatase protein...	BB039732.1	TRANSCRIPT	Δ1.RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> ATPAP29 acid phosphatase 29), acid...	NM_125709.4	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> ATPAP26 acid phosphatase 26), acid...	NM_125096.2	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> acid phosphatase, putative (AT5G51260)...	NM_124301.4	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> ATPAP27 acid phosphatase 27), acid...	NM_124422.3	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> acid phosphatase class B family protein...	NM_123749.3	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> ATPAP26 acid phosphatase 26), acid...	NM_122734.3	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> VSP1 acid phosphatase (VSP1) mRNA...	NM_122387.3	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> VSP2 acid phosphatase (VSP2) mRNA...	NM_122386.3	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> acid phosphatase (AT5G15070) mRNA...	NM_121511.1	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> VSP2 acid phosphatase (VSP2) mRNA...	NM_001068800.1	TRANSCRIPT	RefSeq RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> putative acid phosphatase (PAP29)...	AY362861.1	TRANSCRIPT	Δ1.RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> putative acid phosphatase (PAP28)...	AY36280.1	TRANSCRIPT	Δ1.RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> putative acid phosphatase (PAP27)...	AY36202.1	TRANSCRIPT	Δ1.RNA
	<i>Arabidopsis thaliana</i> putative acid phosphatase (PAP26)...	AY36206.1	TRANSCRIPT	Δ1.RNA

همچنین در این صفحه شما قادرید اطلاعات مربوط به مکان ژنی یا map element ، نوع توالی گزارش شده (EST) یا رونوشت (...) و نیز موقعیت هر یافته روی کروموزوم ها را پیدا کنید.

روی شاخصه یک map element کلیک کنید و اطلاعات موجود در آن را مشاهده کنید.

Gene Entrez Link

نام ژن

رونوشت ژن

NM_125709.4 ATPAP29/PAP29 * [gg](#) [rv](#) [er](#) [er](#) [BLink](#) external ATPAP29/PAP29 (purple acid phosphatase 29), acid p...

NM_125710.2 ATPG63150 * [gg](#) [rv](#) [er](#) [er](#) [BLink](#) external unknown protein

روی دکمه که به Entrez ارتباط دارد کلیک کنید. صفحه زیر قابل مشاهده خواهد شد :

اگر توسط بلست در مپ ویور به این قسمت رسیدید به تصویر زیر توجه کنید

اینجا همون قسمتی را که شما در نتیجه بلست کلیک کردید را نشان میده روی سکوئنس میبورد

اینجا را کلیک کنید

با کلیک روی این وارد اینتر جن میشوید

71160K	Blast hit	Identity=100% 865..1020
71170K	Blast hit	Identity=100% 1019..1157
71180K	Blast hit	Identity=100% 1155..1312
71190K	Blast hit	Identity=100% 1313..1433
71200K	NT 010194.16 +	
71210K	Blast hit	Identity=100% 1433..1594
71220K	Blast hit	Identity=100% 1592..1748
71230K	Blast hit	Identity=100% 1748..1898
71240K	Blast hit	Identity=100% 1898..2048
71250K	Blast hit	Identity=100% 2048..2200
71260K	Blast hit	Identity=100% 2200..2350
71270K	Blast hit	Identity=100% 2350..2500
71280K	Blast hit	Identity=100% 2500..2634..2859
71290K	Blast hit	Identity=100% 2634..2859
71300K	Blast hit	Identity=100% 2859..2999
71310K	Blast hit	Identity=100% 2859..2999
71320K	Blast hit	Identity=100% 2997..3109
71330K	Blast hit	Identity=100% 2997..3109
71340K	Blast hit	Identity=100% 3104..3302
71350K	Blast hit	Identity=100% 3104..3302
71360K	Blast hit	Identity=100% 3301..3335
71370K	Blast hit	Identity=100% 3301..3335
71380K	Blast hit	Identity=100% 3334..3405
71390K	Blast hit	Identity=100% 3334..3405
71400K	Blast hit	Identity=100% 3404..3553
71410K	Blast hit	Identity=100% 3404..3553

Symbol: **NEO1**
 Origin: +
 Mendelian Inheritance in Man: [OMIM](#)
 The Nomenclature Committee: [HGNC](#)
 RefSeq: [NM_002499](#)
 RefSeq Viewer: [sv](#)
 RefSeq Sequences: [pr](#)
 RefSeq Sequence Download: [dl](#)
 RefSeq Evidence Viewer: [ev](#)
 RefSeq Model Maker: [mm](#)
 RefSeq HomoloGene: [hm](#)
 UniSTS: [NM_002499](#)
 JCVI: [NM_002499](#)
 Consensus CDS: [CCDS](#)
 SNP: [SNP](#)
 Evidence code: best RefSeq
 Cytogenetic coordinates: 15q22.3-q23
 Description: neogenin homolog 1 (chicken)

۵- رکورد یافت شده و جزئیات آن را به صورت زیر ملاحظه خواهید نمود.

Gene name ATPAP29/PAP29

Primary source TAIR:AT5G63140

Locus tag AT5G63140

Gene type protein coding

RefSeq status Provisional

Organism *Arabidopsis thaliana* (ecotype: Columbia)

Lineage Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons; rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis

Also known as ATPAP29; MDC12.10; MDC12_10; PAP29; purple acid phosphatase 29

Genomic regions, transcripts, and products

Go to [reference sequence details](#) **توالی ژن** [To see new Sequence Viewer](#)

توالی رونویسی ژن **توالی پروتئین**

NC_003076.4

AT5G63140.1

Genomic context

chromosome: 5

See ATPAP29/PAP29 in MapViewer

AT5G63134 AT5G63135 ATPAP29.P... AT5G63145 AT5G63154

خلاصه ویژگی های ژن

موقعیت ژن روی کروموزوم و برخی همسایگان ژن مورد نظر

ادامه صفحه نتایج:
!Error

Bibliography مقاله مرتبط با ژن

Related Articles in PubMed

[PubMed links](#)

GeneRIFs: Gene References Into Function [What's a GeneRIF?](#)

Submit: [New GeneRIF](#)

General protein information

Names
ATPAP29/PAP29 (purple acid phosphatase 29); acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase

NP_201119.1
similar to ATPAP14/PAP14, acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase [Arabidopsis thaliana] (TAIR:AT2G46880.1); similar to putative PTS protein [Cicer arietinum] (GB:CAB76911.1); contains InterPro domain Phosphoesterase At2g46880; (InterPro:IPR011230); contains InterPro domain Metallophosphoesterase; (InterPro:IPR004843)

NCBI Reference Sequences (RefSeq)

mRNA and Protein(s) توالی مرجع ژن

1. [NM_125709.4](#)→[NP_201119.1](#) ATPAP29/PAP29 (purple acid phosphatase 29); acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase [Arabidopsis thaliana]
UniProtKB/TrEMBL [Q9FMK2](#)

Conserved Domains (1) [summary](#)

pfam09149	Metallophos; Calneurin-like phosphoesterase.
Location:47-205	
Blast Score:128	

Related Sequences: توالی های مرتبط با شماره های دسترسی متفاوت

Nucleotide	Protein
Genomic AB008265.1	BAB10556.1
mRNA BT015022.1	AAT70473.1
mRNA BT014894.1	AAT44970.1
mRNA AY882861.1	AAW80661.1

6- از مهمترین قابلیت‌های این نرم‌افزار انجام جستجوی BLAST بخش‌های قبل را ببینید) با توالی DNA یا پروتئین مورد نظر است. برای دسترسی به این نوع توانایی مجدداً به صفحه اول برگردید و کلید B یا BLAST را فعال کنید. صفحه جستجوی زیر قابل مشاهده می‌شود: برای انجام این جستجو توالی مورد نظر را در جعبه مربوطه وارد کنید. پایگاه اطلاعاتی و برنامه را انتخاب کنید. پارامترهای جستجوی BLAST اختیاری است .

NCBI Home > Genomic Biology > BLAST

Search

BLAST Arabidopsis thaliana Sequences

[Overview](#)
[FAQs](#)
[News](#)
[Manual](#)
[References](#)
[Retrieve results](#)
[Genome Project](#)

توالی خود را در این جعبه وارد کنید.

Or, choose a file to upload

Set subsequence: (optional)
 From: To:

Database:
 genome (reference only) 7 sequences

Program:
 megaBLAST: Compare highly related nucleotide sequences
 megaBLAST: Compare highly related nucleotide sequences
 cross-species megaBLAST: Compare nucleotide sequences for other species to this genome
BLASTN: Compare nucleotide sequences
 BLASTP: Compare protein sequences
 BLASTX: Compare a nucleotide sequence against a protein database
 TBLASTN: Compare a protein sequence against a nucleotide database

Optional parameters

Expect	Filter	Descriptions	Alignments
0.01	default	100	100

 Advanced options:

پارامترهای اختیاری جستجو

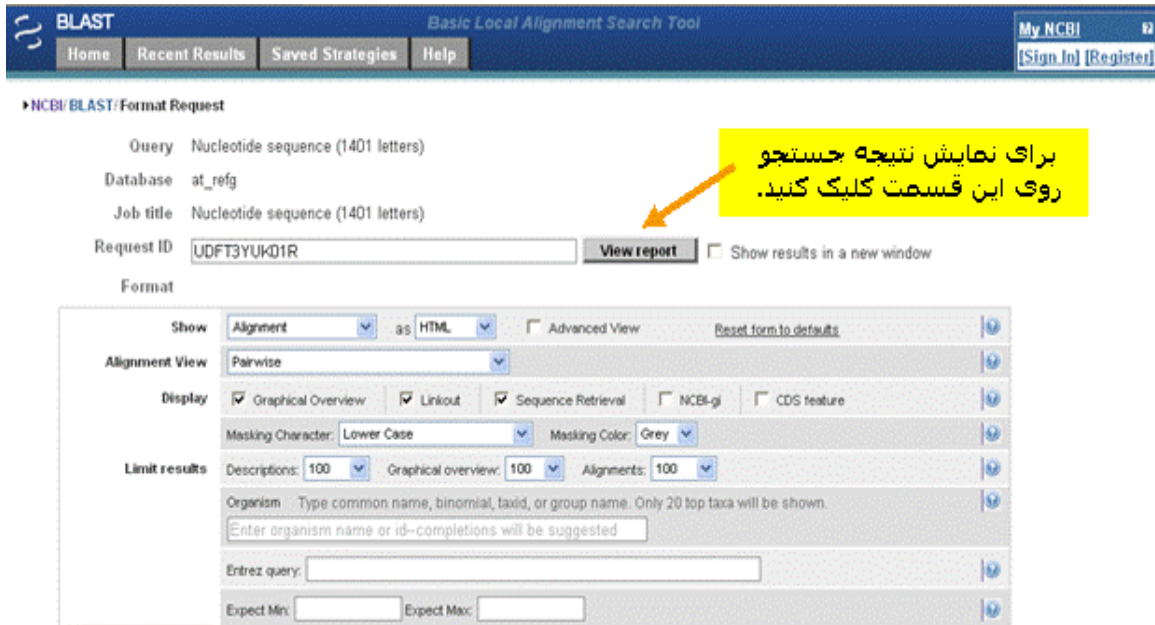
روی اینجا کلیک کنید.

حدود توالی خود را در صورت نیاز تعیین کنید.

نوع برنامه BLAST را انتخاب کنید.

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

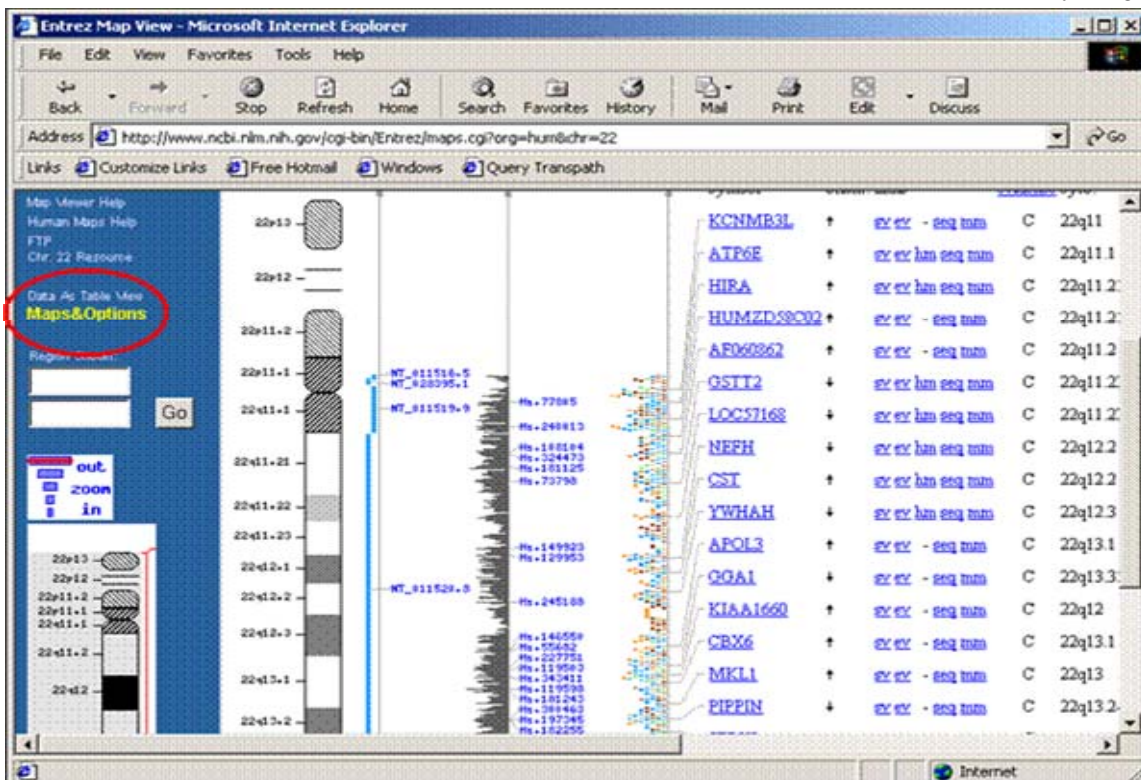
!Error



انواع خروجی‌های برنامه MapViewer 1- Genome view

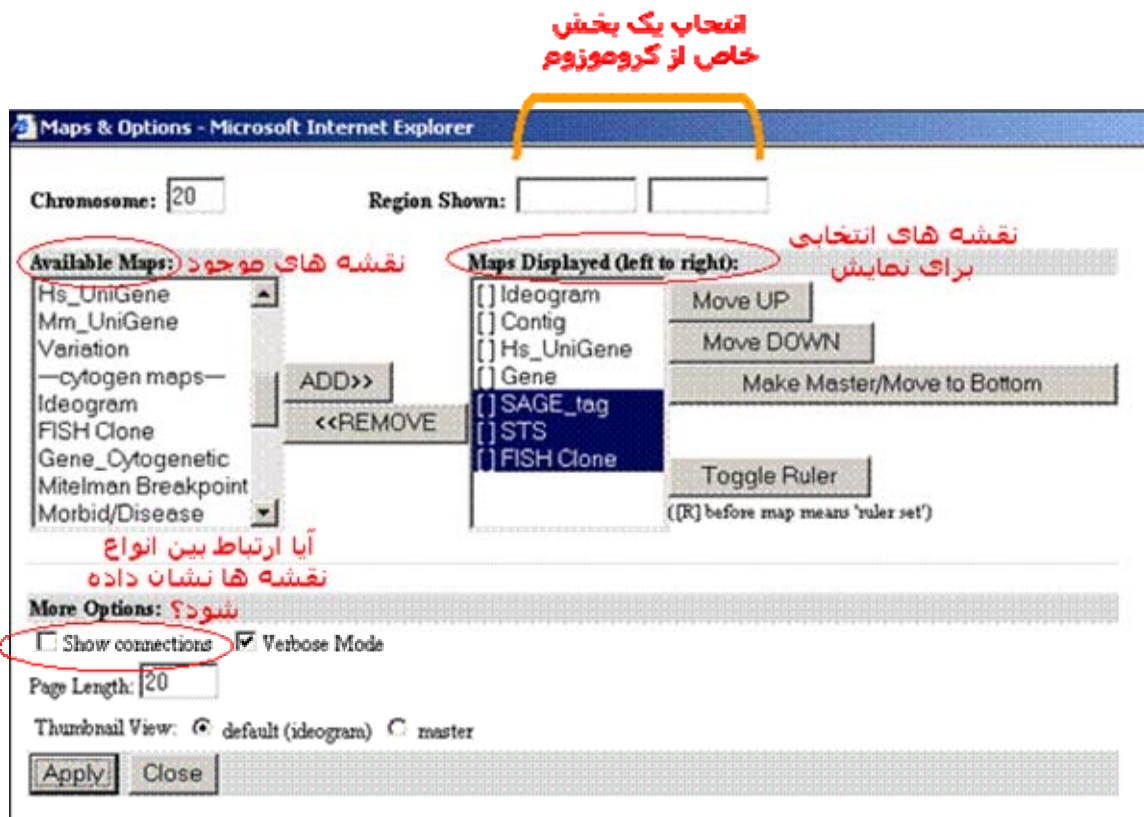
در این بخش کروموزوم و نقشه‌های متعددی با اضافه نقاط ارتباط با توالی و ... دیده می‌شود .

!Error



کاربر می‌تواند نقشه‌های در حال نمایش را از طریق دکمه Map and Options تغییر دهد. زدن این دکمه باعث باز شدن پنجره‌ای جدید می‌شود که در آن می‌توان

نقشه‌های دلخواه را انتخاب کرد. سپس با زدن دکمه دستورات در پنجره قبلی اجرا می‌شود .
!Error



در این صفحه کاربر پس از انتخاب نقشه‌های مورد نظر در سمت چپ و زدن دکمه Delete/Add نقشه‌های انتخاب شده در سمت راست نوشته می‌شود. در آخر با زدن دکمه Apply ، نقشه‌های انتخاب شده در پنجره اول نمایش داده می‌شود.

2- SV) Sequence viewer)

این صفحه به طور گرافیکی توالی انتخاب شده و مناطق اطراف آن را نمایش می‌دهد. در بالای این صفحه نمایش کلی، در سطوح بزرگنمایی مختلف برای منطقه مورد نظر و در پایین صفحه توالی نوکلئوتیدی و پروتئینی برای ژن انتخابی نشان داده می‌شود. خطوط گرافیکی در ذیل توالی‌ها مناطق رونویسی شده، آگزونها و اینترون‌ها و حروف توالی اسید آمینه‌ای در مناطق رمز کننده را نشان می‌دهند. دکمه‌هایی نیز برای جلو و عقب بردن توالی در حال نمایش تعبیه شده است .

View on plus strand Protein coding genes Hide Toolbar

Search for gene Find Refresh

CDS with gene and mRNA
 gene, tRNA, promoter...
 Other features
 Hide sequence

Legend:
 --- segment boundaries --- CDS --- other feature
 --- region --- other feature
 --- sequence fragment shown

Sequence:

2032220 AGCAGGGAGG GCGGGAGGGA GGAGGCTGGC TTCTGGAGCC CTCTCGACC CTCAGAGCA PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

2032160 GAGCCACACA CAGACACACA CCTGGGACCA GGCAGCCTGG GGGCCACAGC TGCTTCAGTA PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

2032100 AGTATCTGAA GCGGGGACTG GGACTCTGTG GCGCCCGGGG GGTCCCAACT CCGGGGATAT PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

2032040 AAGAGGGCAT CTCTAGGAGG GAGTGGGGGA GGGCAGTGG GCGCCACAGC TGCTTGCTG PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

2032980 GGCTATGGGT GCTCACAGAC CTGATGTCCC CAGACCGGGG GTGACCAGGG AAGCCACAGG PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

2032920 GAGCTACAGC GAGAGCAGAG GCTGAGGGGA CTTTTTCTGC TACCAGAGAC CCTCGCTCTA PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

2032140 GAGGCCACCT CTTGGGGAGC AGAGAGCGCC CCACTGAAA CAGAGTCAAA ACCTGGCCTG PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

2032080 GCATGGGAGC CTCCTTCTGC CCAATERAGC AGGCCAGAGA ACAGCAGGGG AGGGCCCTGT PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

H G A S F W P I R Q A R E Q R R A L

2032020 CTTTCAGGCA GAGCTCATGG CTGAGTGAGC CTCCTCTGGG CCCAGCAGCC CACCTCAGCA PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

S F R Q T S W L S E P P L G P A P H L S
 protein in tyrosine
 protein in tyrosine

2031960 TGCTCGAGC CCATGGGGGG CGCTCGACAG CACAGCCCTT GACCTGTCTT TTGGGGGAG PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

H V Q A H G G R S R A Q P L T L S L G A
 protein in tyrosine
 A
 protein in tyrosine

H V Q A H G C R S R A Q P L T L S L G A
 protein in tyrosine
 A
 protein in tyrosine

H V Q A H G G R S R A Q P L T L S L G A
 protein in tyrosine
 A
 protein in tyrosine

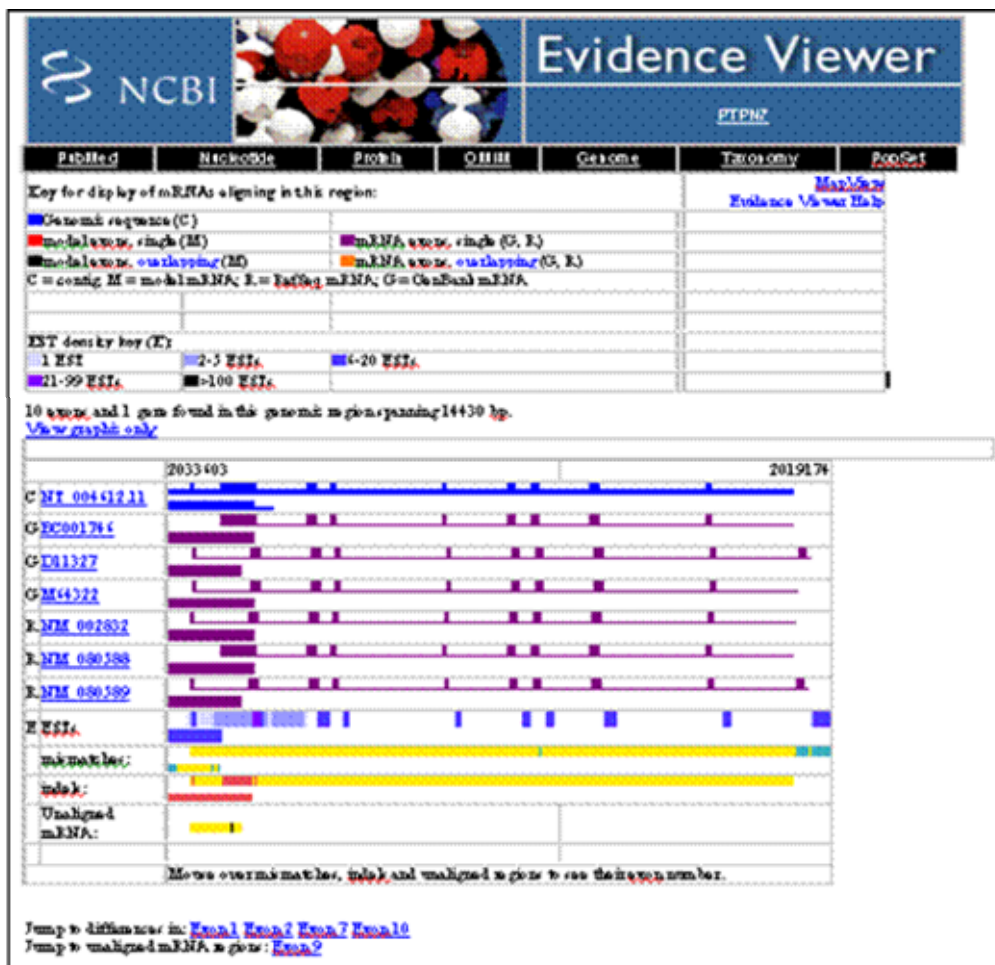
2031900 CCATGACCCA GCCTCCGCTT GAAWWAGCC CAGCCACAAA GCATGTGGCA CTGACAGAGA PTPN7
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr
 mRNA-protein in tyr

A R T Q P P P E K T P A K K H V R L Q E
 protein in tyrosine
 A R T Q P P P E K T P A K K H V R L Q E
 protein in tyrosine

در این صفحه نمایش کلی از منطقه اطراف ژن مورد نظر که در آن منطقه انتخابی بزرگنمایی شده وجود دارد. در پایین صفحه توالی نوکلئوتیدی و اسید آمینه‌ای باضافه مناطق رونویسی شده شامل آگزونها (خطوط ضخیم) و اینترون (خطوط نازک) نمایش داده می‌شود.

3- Evidence viewer

همانطور که در شکل ۸ دیده می‌شود، این صفحه جدولی از شواهد و قراینی که به پیشنهاد ژن (منطقه قابل رونویسی) و اطلاعات مربوط به آن ژن به خصوص توالی‌های آگزونی و اینترونی می‌انجامد را نشان می‌دهد. اهمیت این صفحه آن است که امکان ارتباط با داده‌های دیگر این بانک و یا بانک‌های دیگر را به راحتی در اختیار کاربر می‌گذارد.



نمایشی از صفحه Evidence Viewer جدولی از اطلاعات و شواهد که برای پیشنهاد مدل ژنی به کار رفته است در این صفحه دیده می‌شود. هر یک از کلمات و یا علائم رنگی ارتباط به داده‌ای دیگر را امکان‌پذیر می‌سازد.

4- seq) Sequence Download)

این صفحه توالی موجود در منطقه کروموزومی مورد نظر را به صورت متنی نشان می‌دهد (شکل ۹) که قابل انتقال به پنجره‌های دیگر در برنامه‌های ویراستاری متن و مانند آن می‌باشد. با وجود انتخاب قبلی، کاربر می‌تواند در همین صفحه منطقه مورد نمایش را تغییر دهد.

Homo sapiens Genome (build 29)
 Region to retrieve (in chromosome coordinates):
 Chromosome:
 from: adjust by
 to: adjust by
 Sequence Format:

موقعیت مورد نظر روگ
گروهوزوم را می توانید
تغییر بدهید.

This chromosome region corresponds to the contig region(s):

Contig	start	stop	strand
NT_004612.11	2019574	2033182	- Display Save to Disk View Evidence ModelMaker

```

>gi|20537790:c2033182-2019574 Homo sapiens chromosome 1 working draft sequence segment
GCCTTCTCAGCCCTCAAAGACAGACCCGACAGACAGACAGACAGCTGGCAAGAGGCAGCCTGGGGGCCACA
GCTGCTTCAGTAAGTATCTGAAAGGGGGGACTGGGAGTCCGTGGGCCCCGGGGGGTGGGAACTCCGGGGAT
ATAAGAGGCCATCTCTAGGAGGGAGTGGGGGAGGCGGAGTGGGGCGCCACAGTGCCTGGCTGGGGTATGG
GTGCTCACAGACCTGATGTCCC CAAGACGGGGGTGAGCAGGGAGGCCACAGGGAGCTACAAGGAGAGCAG
AGGCTGAAAGGGACCTTTTCTGCTACCAGAGACCCCTCCCTCTACCCTCACACCTGTGCCAGGGCCATTCT
GTCCCTCACTCCGTCCTGCTGCTGCTTGGTGATTCAACACCCCGCCACCTGGCCACATGTGACCTGG
CTCTGGGAGATAGGGACTGCCCCCAAGAGGAGATGGTCCACCCACTCCATGGCTCCTGTCTTGGCCCCA
GCTGTCCCTCACCATGGCTGTGCTTCAAGGGCTTGGTGAGGCCATTTCTGTGACGGTTACAGAGGG
GGAGACGGGGGGATGGGCAGGAGGAGGAAAGAAACACCTCCAGCCCTACCTCCCTGGACAGAGACCCCAAG
AGCCAGAAACAGACCTGGGAGTGGAAACAGCAGCAGTTAGGAGAGGACCCCTGCTGGGGTCCAAGGAGCCCG
CTGCTGGCTGCCAACCAGCTCCAACTGCTGGAGGCCCTCCATTCTGTGTTGAGGGAAAGGCCACCTG
GTTAGCTCAGAGATGGCTTCTGCTGCTTCTCCCTTCCCTGCTAGAGAACACATATTTCTGTTTTCTC
CCTTGCCTTCTCCCACTTGGACCTGCTCAGAGCCCTGTGTACTCTGGTGTGTGGCCCTCTCTCCCTCTCT
CTTTTCTCTCTGATTCTTTCTATCTTCAATCCAAATCTCTACCCCTTATATGTTGGCGTTACTCTAG
CCCGAGACTGCCCTTCTGCCCTGGTCCACCAAAATAGATCCTGTCTTCCCTTAGTGAAAATGAGGCCAC
CTCTTGGGGAAACAGAAAGACGCCCCAGTGAAAACAGAGTGCAAACTGGCCCTGGCATGGGAGCCCTCTCT
GGCCAAATCAAGGCAGGCCAGAGAACAGCAGCGGAGGGCCCTGTCTTTCAAGGCAGACCTCATGGCTGAGTGA
GCTTCCCTGGGCCAGCACCCACTCAGCATGGTCCAGGCCATGGGGGGCGCTCCAGAGCACAGCCG
TTGACCTTGTCTTGGGGGACGCCATGACCCAGCCCTCCCGCTGAAAAAAGCCGAGCCAGAGAAGCATGTGC
  
```

نمایشی از صفحه Sequence Download پس از نهایی شدن منطقه مورد نظر با استفاده از امکانات انتخاب در بالای صفحه، کاربر می‌تواند توالی نشان داده شده در قسمت پایین صفحه را به پنجره‌های دیگر انتقال دهد .

5- mm) Model Maker)

این صفحه اجازه می‌دهد کاربر مدل ژنی مورد نظر خود را برای یک توالی ژنومی تهیه کند. همان طور که در شکل زیر دیده می‌شود، معمولاً تعدادی مدل قابل انتخاب در این صفحه نمایش داده می‌شوند که کاربر می‌تواند از آنها برای ساختن مدل خود استفاده کند .

Model Maker (*Make Your Own Model by selecting an evidence [help](#) [legend](#) exon "set" and/or add/remove individual putative exons for inclusion in your model*)

Evidence:

2019574<<< [NT_004612.11 mv sv ev](#) >>>2033182 [change strand](#)

[add ESTs](#)

Putative exons (graphic view):

Your model: [clear](#)