

آشنایی با برخی سایت‌های بیوانفورماتیک

مهدیه منتظری، دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه باهنر کرمان

بیوانفورماتیک شاخه‌ای از علم است که از کامپیوتر بهره می‌گیرد تا اطلاعات بیولوژی مولکولی توالی‌های DNA یا پروتئین‌ها را در کامپیوتر ذخیره نماید و با ابزارهای کامپیوتری و الگوریتم‌های قدرتمند ریاضی تجزیه و تحلیل نماید و شامل زیر مجموعه‌هایی از قبیل ژنومیکس و پروتئومیکس می‌باشد. می‌توان شاخه بیوانفورماتیک را به دو قسمت تقسیم نمود. قسمت اول سایت یا نرم‌افزاری که اطلاعاتی را آنالیز می‌نمایند مانند SPSS و SAS. قسمت دوم شامل مطالعاتی است که روی توسعه اطلاعات کار می‌کنند. در کل سه پایگاه اصلی جهت ذخیره و بازیابی اطلاعات توالی نوکلئوتیدی وجود دارد که شامل پایگاه GenBank (توسط مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی آمریکا ایجاد شده است)، پایگاه EMBL (آزمایشگاه زیست‌شناسی مولکولی اروپا) و DDBJ (ژاپن) می‌باشند که با یکدیگر جهت تبادل داده‌های روزانه خود همکاری دارند.

۱- سایت NCBI (National Center for Biotechnology Information)

www.ncbi.nlm.nih.gov

سایت NCBI در قسمت دوم قرار می‌گیرد که شامل ترکیبی از اطلاعات بیولوژی (علم مطالعه جانوران) و انفورماتیک (مجموعه اطلاعات جمع‌آوری شده در مورد موجودات زنده) می‌باشد. در واقع اطلاعاتی جامع از ژن، پروتئوم، ترانسکریپتوم و ... گونه‌های به ثبت رسیده در این سایت مانند گاو، گوسفند، سگ و ... را در اختیار محقق می‌گذارد. هدف این سایت به عنوان منبع اطلاعات مولکولی ملی آمریکا، ایجاد و توسعه‌ی تکنولوژی‌های جدید به منظور درک فرآیندهای مولکولی و ژنتیکی است. به طور دقیق‌تر این سایت وظیفه‌ی خلق سیستم‌های اتوماتیک برای ذخیره و آنالیز داده‌ها را دارد. داده‌های موجود در Genbank از دو طریق تحقیقات پژوهشگران دنیا و مراکز توالی‌یابی ژنوم در دنیا به شکل‌های مختلف EST، STS، GSS و HTC تامین می‌گردد. ابزارهای موجود در GenBank شامل BLAST، Pubmed، map viewer و ... می‌باشد که در ذیل توضیح مختصری از هر کدام آورده شده است.

اطلاعاتی را که با این سایت می‌توان به آنها رسید:

(۱). کشف اطلاعات یک ژن در یک گونه خاص مثلاً ژن DMD در گوسفند

(۲). پیدا کردن توالی ژن و موقعیت آن روی کروموزوم

۳. پیدا کردن نشانگرها و توالی آن

۴. پیدا کردن نواحی بالا دست ژن

۵. پیدا کردن طول ژنوم

۶. پیدا کردن mRNA یک توالی

۷. تعداد نسخه‌های ژن یک گونه خاص در ژنوم و مقایسه آن با سایر گونه‌ها

۸. طراحی پرایمر

۹. جستجو کردن مقاله و...

۱-۱) جستجوی توالی ژن یا نشانگر

جهت مشاهده ژن و یا توالی نشانگر در قسمت Search سایت گزینه Nucleotide را انتخاب و در باکس دیگر واژه مورد نظر

تایپ می‌گردد. برای مثال Dmd gene Cattle

نکته: هر کدام از موارد آبی رنگ در سایت NCBI حاوی اطلاعات جدیدی می‌باشند که با کلیک بر روی گزینه مورد نظر

امکان دسترسی به آن ایجاد می‌گردد.

The screenshot shows the NCBI website interface. At the top, there is a navigation bar with 'NCBI Resources' and 'How To' dropdown menus, and a 'Sign' link. Below this is the NCBI logo and the text 'National Center for Biotechnology Information'. A search bar contains the text 'Dmd gene cattle' with a dropdown menu set to 'Nucleotide' and a 'Search' button. On the left side, there is a vertical menu with links to 'NCBI Home', 'Resource List (A-Z)', 'All Resources', 'Chemicals & Bioassays', 'Data & Software', 'DNA & RNA', 'Domains & Structures', 'Genes & Expression', 'Genetics & Medicine', 'Genomes & Maps', 'Homology', 'Literature', and 'Proteins'. The main content area features a 'Welcome to NCBI' message, a brief description of the center's mission, and links to 'About the NCBI', 'Mission', 'Organization', 'Research', and 'NCBI News'. Below this is a 'Get Started' section with links to 'Tools', 'Downloads', 'How-To's', and 'Submissions'. On the right side, there is a 'Popular Resources' section listing 'PubMed', 'Bookshelf', 'PubMed Central', 'PubMed Health', 'BLAST', 'Nucleotide', 'Genome', 'SNP', 'Gene', 'Protein', and 'PubChem'. At the bottom, there is a 'NCBI Facebook page' link with a Facebook icon.

خواندن داده ها با فرمت

PREDICTED: Bos taurus dystrophin (DMD), transcript variant X4, mRNA
 NCDI Reference Sequence: XM_005228318.1
[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to: (v)

LOCUS XM_005228318 1125 bp mRNA linear MAM 05-AUG-2013
 DEFINITION PREDICTED: Bos taurus dystrophin (DMD), transcript variant X4, mRNA.
 ACCESSION XM_005228318
 VERSION XM_005228318.1 GI:529015710
 DBLINK BioProject: PRJNA33843
 KEYWORDS RefSeq.
 SOURCE Bos taurus (cattle)
 ORGANISM [Bos taurus](#)
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia; Pecora; Bovidae; Bovinae; Bos.
 COMMENT MODEL [REFSEQ](#): This record is predicted by automated computational analysis. This record is derived from a genomic sequence (NW_003104745.1) annotated using gene prediction method: Gnomon, supported by EST evidence.
 Also see:
[Documentation](#) of NCBI's Annotation Process
 ##Genome Annotation Data START##
 Annotation Provider :: NCBI
 Annotation Status :: Full annotation
 Annotation Version :: Bos taurus Annotation Release 103
 Annotation Pipeline :: NCBI eukaryotic genome annotation pipeline

Header

FEATURES	Location/Qualifiers	
source	1..1125 /organism="Bos taurus" /mol_type="mRNA" /db_xref="taxon:9912" /chromosome="X" /base="HiseLvad"	RefSeq alternative splicing See 5 reference mRNA sequence splice variants for the DMD gene.
gene	1..1125 /gene="DMD" /note="dystrophin; Derived by automated computational analysis using gene prediction method: Gnomon. Supporting evidence includes similarity to: 2 ESTs, 1 Protein, and 100% coverage by RNAseq alignments, including 7 samples with support for all introns" /db_xref="GeneID:389733"	RefSeq protein product See the reference protein sequence for PREDICTED: dystrophin isoform X4 (XP_005228375.1).
CDS	103..1125 /gene="DMD" /codon_start=1 /product="dystrophin isoform X4" /protein_id="XP_005228375.1" /db_xref="GI:529015711" /db_xref="GeneID:540758" /translation="MREQLGHEHTQITTCWDFPMTELYQLADLNVRFSAYRTAGLLRLKALCLDLLSLAACDLDLQNLKQNDQPMIILQINCLITTYDRLEQERNLVMVFLCVDMCLNMLNLYYDTGRIGRIKRVLSFRIGIISLCKAHLDEKRYVLFKQVASSTGFCDQRRLLGLLLHDSIQIFRQLGEVASPFGSMIEPFSVRSQFANNRFEIEAALFLDMMRLEPQSMWLPVLRVVAALETAKHQAKCNICKPCPIIGFRVRSLEKHFNYDIOQCFFSGKVARSHRGGIVPRVICTFTTOSGDVRFDFARVLRGRTTRATVAFIRFMSYILFVQVLLGDMMET"	More about the gene DMD NM_ gene Also known As: BOS_26179
STS	470..537 /gene="DMD" /standard_name="DMD" /db_xref="IMR:STS-00128"	Homologs of the DMD gene The DMD gene is conserved in chimpanzee, rat, and zebrafish.
ORIGIN	1 cggcggcagc gacggcggcg ctgcacttbc agggagcccg ggggtctggy gaagctcaat 61 tctctgtctca cgcctctccc tgaccggcga gcoctagcag coactgagga acagctcaaa 121 ggccacgaga cccaacaac ttgctgggac catctcaaaa tgcacagct ctaccagct 181 ttagctgacc tgaataatgt caggtctctg gcttatagga ctgcctgaa actccgaag 241 ctgcagaag ccccttctgt ggatcttttg agctcttgcg cgcgatgga tgccttggc 301 cagcacaac toagacaaa gaccagccc atgacatcc tgcagatcat taactgttg 361 accactatc atgaccgccc gtagcgaag cacaacaac tggcacaag cactctctg 421 gtttatatg ctctcaatg ctctctctct ctctctctca cctctctctc cctctctctc	Sequences

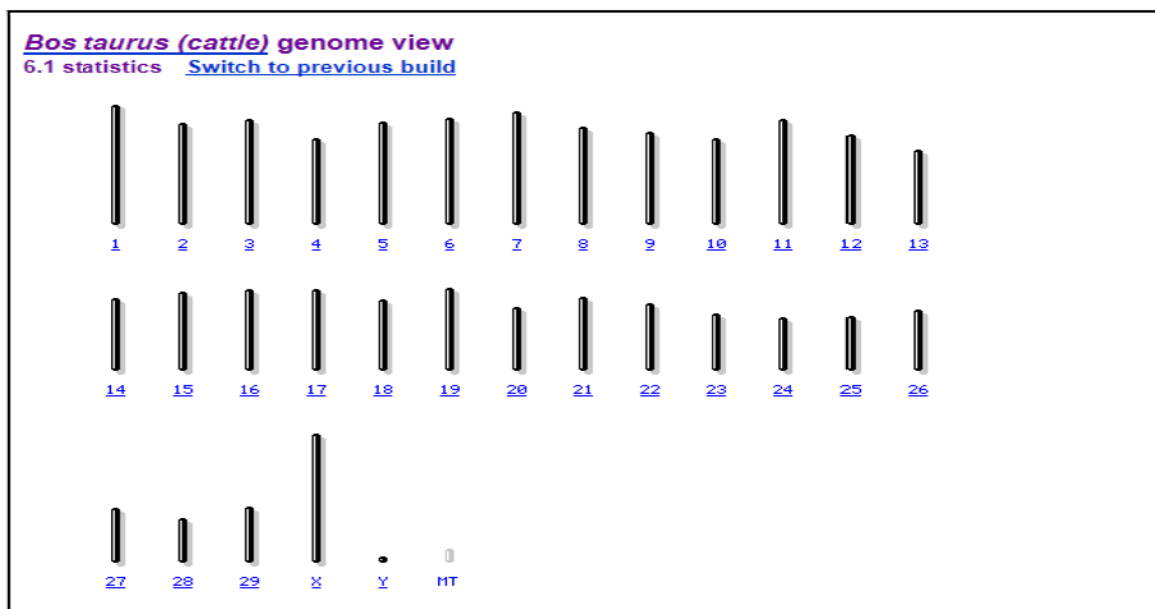
رکود در پایگاه اطلاعاتی یکسری اطلاعات کلی و جزئی در مورد ژن ثبت شده می دهد که شامل سه قسمت header, feature و sequence می باشد.

رکورد	گزینه	مفهوم	توضیحات
	Shotgun Sequence	توالیها حاوی چندین ژن که روی یک کروموزوم هستند	
Header	Locus	اطلاعات کلی جایگاه	شامل: اسم جایگاه، طول توالی، محل دقیق توالی و تاریخ ثبت
	Accession Number	شماره شناسه ژن	
	Version Number	شماره نسخه	تعداد دفعات اصلاح شده
	Authors	اسامی نویسندگان	نویسندگانی که در این زمینه پژوهش نموده‌اند
	Title	عنوان مقاله	
	Journal	نام ژورنال	
Feature	Gene	اندازه ژن	
	mRNA join	توالیهای آگزون و اینترون	1...107, 6207...6267 توالی مشخص شده آگزون (۱ تا ۱۰۷) و توالی نامشخص اینترون (ویرگولها)
	CDS	توالیهای کد کننده (Coding)	88...107 یعنی ناحیه کد کننده روی ژن از ۸۸ شروع می-شود
Sequence	Origin	اطلاعات مربوط به توالی	
فرمت های نوشتن توالی	Genbank	توالیهای را دسته بندی شده نشان می دهد	<pre> 1 cgggcggcagc gacggcggcg ctcgactttc 61 tctctgctca cgccctcccc tgaccggcga 121 ggccacgaga cccaacaac ttgctgggac 181 ttagctgacc tgaataatgt caggttctcg 241 ctgcagaagg ccctttgctt ggatcttttg 301 cagcacaacc tcaagcaaaa cgaccagccc </pre>
	FASTA	توالیهای را به صورت متوالی نشان می دهد.	<pre> CGGCGGCAGCGACGGCGGCGCTCGACTTTCAG CGCCCTCCCCTGACCGCGGAGCCCTAGCAGCC TTGCTGGGACCATCCTAAAATGACAGAGCTCT GCTTATAGGACTGCCATGAACTCCGAAGACT CCGCATGTGATGCCTTGGACCAGCACAACTC TAACTGTTTGACCACTATTTATGACCGCCTGG GTGGATATGTGTCTCAATTGGCTGCTGAATGT </pre>

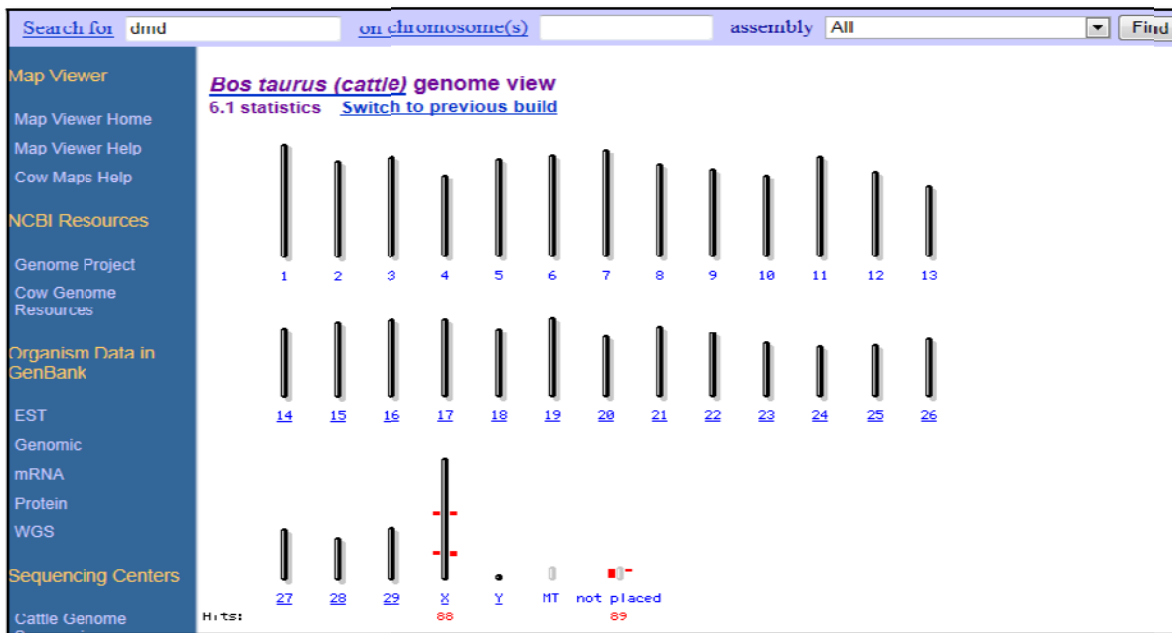
۱-۲) Map Viewer

یک نوع از پایگاه اطلاعات ژنومی می باشد که اطلاعات نقشه فیزیکی حیوانی که اطلاعاتش کامل شده را به ما می دهد. این برنامه دسترسی به مطالبی از قبیل نمایش نقشه کروموزوم، نمایش نقشه کروموزومی تا نمایش توالی، ارتباط با سایر پایگاههای اینترنتی و... را برای محقق فراهم می نماید. با کلیک روی علامت ذره بین نقشه فیزیکی گونه مورد نظر قابل مشاهده است.

Vertebrates (36)			
Mammals (27)			
Primates (11)			
Scientific name	Common name	Build	Tools
<i>Callithrix jacchus</i>	white-tufted-ear marmoset	Annotation Release 101	Q B
<i>Gorilla gorilla</i>	western gorilla	Annotation Release 100	Q B Cr G
<i>Homo sapiens</i>	human	Annotation Release 104 Build 36.3	Q B Cr G
<i>Macaca mulatta</i>	rhesus macaque	Build 1.2	Q B R Cr G
<i>Nomascus leucogenys</i>	northern white-cheeked gibbon	Annotation Release 101 Build 1.1	Q B
<i>Otlemur garnettii</i>	small-eared galago	Annotation Release 100	Q B
<i>Pan paniscus</i>	pygmy chimpanzee	Annotation Release 100	Q B
<i>Pan troglodytes</i>	chimpanzee	Annotation Release 102 Build 2.1	Q B R Cr G
<i>Papio anubis</i>	olive baboon	Annotation Release 100	Q B
<i>Pongo abelii</i>	Sumatran orangutan	Annotation Release 101	Q B
<i>Saimiri boliviensis</i>	Bolivian squirrel monkey	Annotation Release 100	Q B
Rodents (4)			
Scientific name	Common name	Build	Tools
<i>Cavia porcellus</i>	domestic guinea pig	Build 1.1	Q B
<i>Cricetulus griseus</i>	Chinese hamster	Build 1.1	Q B
<i>Mus musculus</i>	laboratory mouse	Annotation Release 103 Build 37.2	Q B Cr G
<i>Rattus norvegicus</i>	rat	Build 5.1 (Annotation Release 103) RGSC v3.4	Q B Cr G



جستجو با استفاده از نام جایگاه، شماره دسترسی و یا نام ژن قابل انجام است. با جستجو موارد ذکر شده می توان مشاهده نمود که روی کدام کروموزومها وجود دارد. همچنین با کلیک روی شماره کروموزوم می توان به اطلاعات موجود بر روی کروموزوم دسترسی پیدا نمود. شکل زیر نشان می دهد که ژن DMD در گاو روی کروموزوم X موجود است. همانطور که در شکل زیر قابل مشاهده است ۸۸ مورد در ارتباط با کلید واژه DMD وجود دارد (البته لازم به ذکر است که بدین معنی نیست که ۸۸ ژن DMD روی کروموزوم X وجود دارد بلکه نشان می دهد در ۸۸ نقطه توالی وجود دارد که در نام آنها این کلید واژه می-باشد). امکان دارد برخی ژنها روی چندین کروموزوم باشند.



(Basic Local Alignment Search Tool) BLAST(۱-۳)

وقتی یک توالی را داشته باشیم اما ندانیم که مربوط به کدام ژن یا گونه است و هم‌چنین قصد پیدا کردن توالی مشابه در حیوان دیگر را داشته باشیم از این ابزار استفاده می‌شود. در واقع هدف پیدا کردن جفت قطعات مشابهی از توالی است که امتیاز هم‌ردیفی (مشخص کردن رابطه‌ی بین نوکلئوتیدهای یک توالی با توالی دیگر) آنها از یک حد آستانه مشخص بالاتر باشد. اگر گونه خاصی مد نظر باشد از باکس بالا انتخاب می‌شود سپس با توجه به هدف خود روی گزینه مورد نظر در قسمت پایین کلیک شود.

مکان جستجو	کاربرد	انواع blast
پایگاه توالی نوکلئوتید	پیدا کردن نوکلئوتید در برابر نوکلئوتید بر اساس شاخص‌ها آماری	Nucleotid blast
پایگاه توالی پروتئین	پیدا کردن پروتئین در برابر پروتئین بر اساس شاخص‌ها آماری	Protein blast
پایگاه توالی پروتئین	پیدا کردن نوکلئوتید ترانسلیت در برابر پروتئین	Blastx
پایگاه توالی نوکلئوتید	پیدا کردن پروتئین در برابر نوکلئوتید ترانسلیت	Tblastn
پایگاه توالی نوکلئوتید	پیدا کردن نوکلئوتید ترانسلیت در برابر نوکلئوتید ترانسلیت	Tblastx

BLAST Assembled RefSeq Genomes

Choose a species genome to search, or [list all genomic BLAST databases](#).

- [Human](#)
- [Mouse](#)
- [Rat](#)
- [Arabidopsis thaliana](#)
- [Oryza sativa](#)
- [Dros taurus](#)
- [Danio rerio](#)
- [Drosophila melanogaster](#)
- [Gallus gallus](#)
- [Pan troglodytes](#)
- [Microbes](#)
- [Apis mellifera](#)

Basic BLAST

Choose a BLAST program to run.

nucleotide blast	Search a nucleotide database using a nucleotide query <i>Algorithms:</i> blastn, megablast, discontinuous megablast
protein blast	Search protein database using a protein query <i>Algorithms:</i> blastp, psi-blast, phi-blast, delta-blast
blastx	Search protein database using a translated nucleotide query
tblastn	Search translated nucleotide database using a protein query
tblastx	Search translated nucleotide database using a translated nucleotide query

Nucleotid BLAST

کپی کردن توالی مورد نظر

ORIGIN

```
1  gtggatcctt ttttacctgg tgcacctgat aattgtcgag ggtgttaaaa taatcgaagc
61  cacagactgt ctctccaat atctctgga tgcggctcta caaacacagt gccctgttta
121  taatcaagag acaatacggg gctctctgga catcacccaa ggggacagcc ccaactagaaa
181  ctgtgttctc tagttaatgt cacaggggca gctgaagaaa catctggcaa ggaggaagcc
241  agatgaaaga gactcctggg cttatgatta acttattgga agttgagctt ggtccttagc
301  actcacgttc tcactttgcc tgtcatgacc tggggttga acacaaagat gtgtcaatct
361  tccaacatct ggcagctggt ttctgcctg gaagtgtata ttctctaat tttccctct
421  acacacacac acacacacac acacatacac acacagatac acacacaatg atgggtaaaq
481  ggtctcactc cactcagctg tgatggtagt gtggtctgct caccagtgaq ctgccccaaq
541  ttgccttgct gtacctgttg atgtctctg acacataaca agaagcttca gagaagaggg
601  tcgagcaggc gtacaatgac atgaaaatcc tcattctgga cttttctgca cccagagcac
661  ctgaaagaag gaaaccagca acagagcaac ctottctctt aaccatggtg agttaaatga
```

کپی کردن توالی مورد نظر

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)

Clear Query subrange

From

To

Or, upload file

Browse...

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search

Align two or more sequences

Choose Search Set

Database

Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):

Nucleotide collection (nr/nt)

Organism

Optional

Enter organism name or id—completions will be suggested

Exclude

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown.

Exclude

Optional

Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

Entrez Query

Optional

Enter an Entrez query to limit search

Program Selection

Optimize for

Highly similar sequences (megablast)

More dissimilar sequences (discontiguous megablast)

Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm

BLAST

Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Blastn (Optimize for somewhat similar sequences)

Show results in a new window

ابزار BLAST در واقع توالی‌های مشابه با توالی اولیه ما را در بانک‌های اطلاعاتی جستجو می‌کند. معمولاً در بین توالی‌های جستجو شده، اولین توالی نسبت به بقیه موثقتر و شباهت بیشتری با توالی مورد نظر دارد. این مرحله شامل سه قسمت است: **قسمت اول:** شامل توضیحاتی در مورد الگوریتم blast، نویسندگان این الگوریتم و ویرایش‌هایی است که در گذشته و حال مورد استفاده هستند. این قسمت توضیحاتی در مورد پایگاه داده‌ای که ما برای جستجوی خود انتخاب کرده‌ایم نیز می‌دهد.

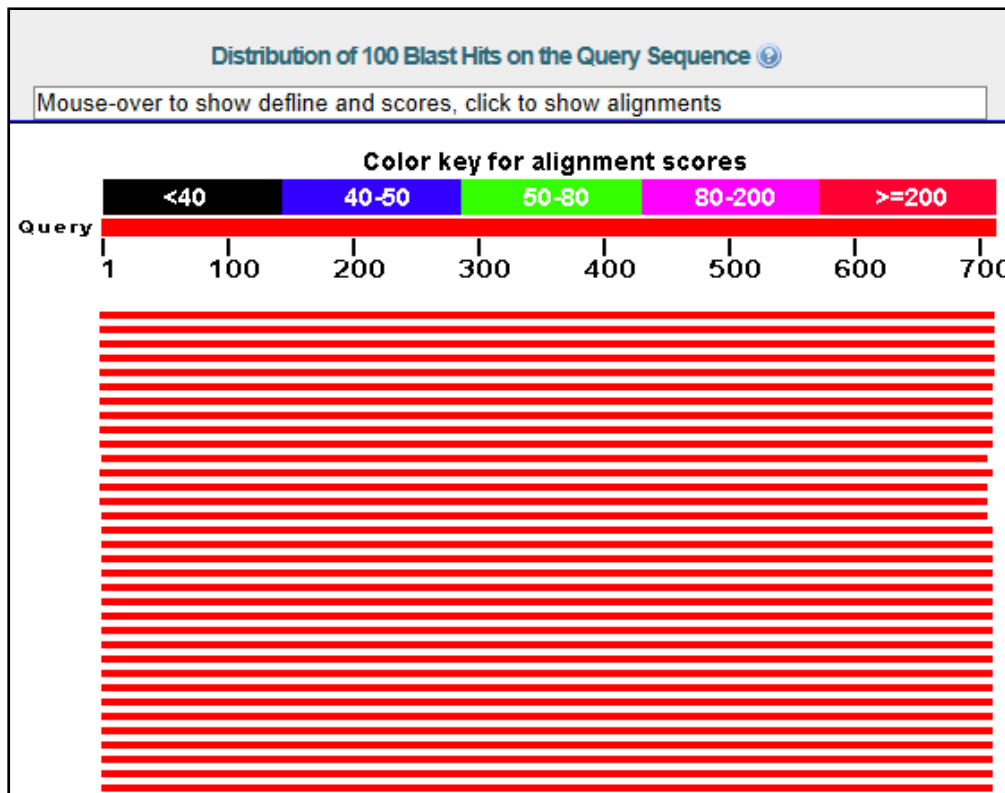
[Edit and Resubmit](#) [Save Search Strategies](#) [Formatting options](#) [Download](#)

Nucleotide Sequence (230 letters)

Query ID	ld 219149	Database Name	nr
Description	None	Description	Nucleotide collection (nt)
Molecule type	nucleic acid	Program	BLASTN 2.2.28+ Citation
Query Length	230		

Other reports: [Search Summary](#) [Taxonomy reports](#) [Distance tree of results](#)

قسمت دوم: نمایش گرافیکی از نتایج blast است به طوری که ۱۰۰ توالی اولی که در جستجوی blast به دست آمده‌اند به صورت خطوط رنگی نشان داده می‌شوند. هر توالی بر اساس میزان شباهت خود دارای یک طیف رنگی است. هر چه قدر جور شدن توالی یافت شده با توالی در حال جستجو بیشتر باشد با رنگ قرمز نمایش داده می‌شوند.



قسمت سوم: این قسمت شامل شماره دسترسی و نام توالی‌های بدست آمده می‌باشد. روبه‌روی هر توالی دو عدد هست، اولین عدد (Score) امتیاز هم‌ردیفی توالی یافت شده و توالی در حال جستجو است که اطلاعات بعدی بر اساس آنها مرتب می‌شوند. دومین عدد، ارزش مورد انتظار (e value) است یعنی اینکه چه قدر احتمال دارد که توالی جفت شده باشد و هیچ رابطه‌ی معنی‌داری بین آنها وجود نداشته باشد. اگر شاخص مورد انتظار صفر باشد، ایده‌آل‌ترین حالت ممکن است.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

[Alignments](#) [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Canis familiaris, clone XX-13001, complete sequence	577	577	95%	8e-161	78%	AC197468.12
<input type="checkbox"/> Canis familiaris chromosome 5, clone XX-293F17, complete sequence	374	374	62%	1e-99	77%	AC188147.18
<input type="checkbox"/> Canis familiaris chromosome 34, clone XX-496O22, complete sequence	285	347	39%	6e-73	80%	AC183551.14
<input type="checkbox"/> Adalia bipunctata microsatellite DNA, clone Ab13	91.6	91.6	5%	1e-14	93%	AJ427936.1
<input type="checkbox"/> Human DNA sequence from clone RP6-113J7 on chromosome Xp11.22-11.4, complete sequence	89.8	89.8	5%	5e-14	96%	AL023574.1
<input type="checkbox"/> Mus musculus targeted KO-first, conditional ready, lacZ-taqged mutant allele Trim65.tm1a(KOMP)Wtsi; transgenic	87.9	87.9	4%	2e-13	98%	JN950713.1
<input type="checkbox"/> Mus musculus targeted non-conditional, lacZ-taqged mutant allele Mrpl38.tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic	87.9	87.9	4%	2e-13	98%	JN948341.1
<input type="checkbox"/> Mus musculus targeted KO-first, conditional ready, lacZ-taqged mutant allele Mrpl38.tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic	87.9	87.9	4%	2e-13	98%	JN946410.1
<input type="checkbox"/> Cerithium lividulum clone X7 microsatellite sequence	87.9	87.9	6%	2e-13	91%	AF301497.1
<input type="checkbox"/> Mus musculus chromosome 18, clone RP24-252J16, complete sequence	87.9	358	5%	2e-13	100%	AC157576.4
<input type="checkbox"/> Mus musculus chromosome 1, clone RP23-393C3, complete sequence	87.9	508	4%	2e-13	100%	AC154872.10
<input type="checkbox"/> Human DNA sequence from clone RP11-167C5 on chromosome 9, complete sequence	87.9	87.9	5%	2e-13	95%	AL137069.15

قسمت چهارم، همردیفی تک توالی‌ها با توالی اولیه آورده شده است. وقتی توالی با توالیهای دیگر حیوانات همولوژی باشد، فقط می‌توان آن قسمت از توالی که توسط توالیهای دیگر کاملاً محافظت شده است برای طراحی پرایمر استفاده نمود. قسمت حفاظت شده قسمتی است که توالی آن کاملاً مشابه توالی مورد نظر باشد. برای موفقیت در طراحی پرایمر قسمت همولوژی را سر پرایمر و قسمت غیر همولوژی را در وسط یا انتهای پرایمر می‌اندازیم که تکثیر موفق باشد. علامت I یعنی مشابه بودن با توالی مورد نظر و قسمت خالی حاکی از آن است که gap وجود دارد.

Alignments

Download [GenBank](#) [Graphics](#)

PREDICTED: *Oreochromis niloticus* dystrophin (DMD), mRNA
Sequence ID: [reflXM_003454744.1](#) Length: 1959 Number of Matches: 1

Range 1: 1640 to 1922 [GenBank](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
298 bits(330)	2e-77	236/283(83%)	0/283(0%)	Plus/Plus
Query 1	ATTCCAAGGTGAACGGCACGGCCCTCTCTTCCCCTCCACATCCTCCCAGCGCTCCGACT	60		
Sbjct 1640	ATTCCAAGGTAAACGGCACAGCTCTGTCTCCCCTCCACCTCCTCTCAGCGTTCGGACT	1699		
Query 61	CGTCTCTGCCACTGCTGCGTGTGGCAGCCAACCCAGACTACTGACACAATGGGCGATGACG	120		
Sbjct 1700	CCTCTCTCCCTCTGCTTCGTGTGGCTGCCAGCCAAACTACTGATACAATGGGTGATGATG	1759		
Query 121	AGTTTTCCAGTCCCTCCCAAGATGCATCTGGCCCTGGAGGAAGTGGTGGAGCAGCTCAACA	180		
Sbjct 1760	AGCTGTCCAGCCCATCCCAAGATGCAGCTGGGCTGGAGGAAGTGAAGGAACAGCTCAACA	1819		
Query 181	ACACTTTCCTCACAGCCAGGGTCTCGGCATCGGCAGCCCTGTTCCACATGGCGGACGATC	240		
Sbjct 1820	ATTCTTTCCTCAAAGTCAAGGTCCCAGCATTGGCAGTTTGTTCACATGGCTGATGATC	1879		
Query 241	TGGGCCGCGCCATGGAATCGCTGGTCAAGCCATGACCGTCCA	283		

EST(۱-۴)

توالی‌هایی هستند که به mRNA و در نهایت به پروتئین تبدیل می‌شوند. در واقع نماینده آگزونها هستند. اگر بتوان ESTها را پیش‌بینی نمود، می‌توان روی آگزون پرایمر طراحی کرد. در این قسمت می‌توان از اطلاعات ژنومی انسان و موش که کامل هستند برای پیش‌بینی قسمتی از ژنوم حیوانات دیگر استفاده کرد. برای پیدا کردن ژنوم کامل گونه مد نظر، توالیهای مختلفی که مشاهده می‌شود بر اساس یکسری اطلاعات کنار هم قرار می‌دهیم تا توالی ژنوم با آگزون و اینترونهای متفاوت بدست آید. اگر دو توالی هم پوشانی داشته باشند و به صورت ناقص باشند، قسمت هم‌پوشانی را حذف و توالیها را به هم متصل کرده تا به توالی مد نظر برسیم.

برای مچ کردن توالی در BLAST، به جای انتخاب گزینه Nucleotide گزینه EST را انتخاب کرده تا جستجو را اختصاصی‌تر کنیم. در واقع به جای جستجو در کل ژنوم، فقط قسمت‌های کد شده (پروتئین) را پیدا می‌کند.

PubMed(۱)–۵

مجموعه‌ای از مقالات بانک اطلاعاتی مدلاین است که توسط مرکز ملی اطلاعات بیولوژی در کتابخانه ملی پزشکی آمریکا (NLM) تاسیس گردیده است.

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

PubMed.gov PubMed dmd gene in cattle Search

US National Library of Medicine National Institutes of Health RSS Save search Advanced Help

Show additional filters Display Settings: Summary, Sorted by Recently Added Send to: Filters: Manage Filters

Article types More ...

Text availability
Abstract available
Free full text available
Full text available

Publication dates
5 years
10 years
Custom range...

Species
Other Animals

Clear all Show additional filters

Results: 5

- [Loss of methylation at H19 DMD is associated with biallelic expression and reduced development in cattle derived by somatic cell nuclear transfer](#)
Suzuki J Jr, Therrien J, Fillon F, Lefebvre R, Goff AK, Perecin F, Meirelles FV, Smith LC. Biol Reprod. 2011 May;84(5):947-56. doi: 10.1095/bioreprod.110.087833. Epub 2011 Jan 19. PMID: 21248292 [PubMed - indexed for MEDLINE]
- [Effect of sward dry matter digestibility on methane production, ruminal fermentation, and microbial populations of zero-grazed beef cattle](#)
Hart KJ, Martin PG, Foley PA, Kenny DA, Boland TM. J Anim Sci. 2009 Oct;87(10):3342-50. doi: 10.2527/jas.2009-1786. Epub 2009 Jun 19. PMID: 19542500 [PubMed - indexed for MEDLINE]
- [Increased puroindoline levels slow ruminal digestion of wheat \(Triticum aestivum L.\) starch by cattle](#)
Swan CG, Bowman JG, Martin JM, Giroux MJ. J Anim Sci. 2006 Mar;84(3):641-50. PMID: 16478956 [PubMed - indexed for MEDLINE]

مفهوم

بدون متن کامل و بدون چکیده

فقط حاوی چکیده مقاله

دارای متن کامل مقاله

حاوی متن کامل مقاله در سایتهای دیگر

آیکون



برای دریافت فایل کامل مقاله روی گزینه سمت راست کلیک کنید.

Display Settings: Abstract Send to:

Genet Sel Evol. 2013 Sep 3;45(1):32. [Epub ahead of print]

On estimation of genetic variance within families using genome-wide identity-by-descent sharing.

Hill WG

Abstract

BACKGROUND: Traditionally, heritability and other genetic parameters are estimated from between-family variation. With the advent of dense genotyping, it is now possible to compute the proportion of the genome that is shared by pairs of sibs and thus undertake the estimation within families, thereby avoiding environmental covariances of family members. Formulae for the sampling variance of estimates have been derived previously for families with two sibs, which are relevant for humans, but sampling errors are large. In livestock and plants much larger families can be obtained, and simulation has shown sampling variances are then much smaller.

METHODS: Based on the assumptions that realised relationship of sibs can be obtained from genomic data and that data are analyzed by restricted maximum likelihood, formulae were derived for the sampling variance of the estimates of genetic variance for arbitrary family sizes. The analysis used statistical differentiation, assuming the variance of relationships is small.

RESULTS: The variance of the estimate of the additive genetic variance was approximately proportional to $1/(f n^2 \sigma^2)$, for f families of size n and variance of relationships σ^2 .

CONCLUSIONS: Because the standard error of the estimate of heritability decreased in proportion to family size, the use of within-family information becomes increasingly efficient as the family size increases. There are however, limitations, such as near complete confounding of additive and dominance variances in full sib families.

Read full text in BioMed Central

Save items
Add to Favorites

Related citations in PubMed

Estimation of heritability from limited family data using genome-wide identity [Genet Sel Evol. 2012]

Assumption-free estimation of heritability from genome-wide identity-by-descent [PLoS Genet. 2006]

Use of reproductive technology to estimate variances and predict effects of [J Dairy Sci. 1992]

Review Familial resemblance and heritability. [Adv Genet. 2001]

Review Familial resemblance and heritability. [Adv Genet. 2008]

See reviews.

۲-آزمایشگاه زیست شناسی مولکولی اروپا (European Molecular Biology Laboratory, EMBL)

<http://www.embl.de/training/events/2012/GMX12-02/>

یک سازمان ملی و موسسه تحقیقاتی است که با ۵ مجموعه سراسر اروپا فعالیت می کند. در این سازمان آنالیز داده های توالی - یابی شده صورت می گیرد. احتمالاً جهت یافتن تنوع اسپیلیس و کشف واحدهای جدید رونویسی استفاده می شود. هم چنین برای مشاهده پایین دست ژن نواحی غنی از توالی chip استفاده خواهد شد که موجب تمرکز روی آنالیز فاکتور رونویسی (TF) در نواحی غنی و کشف موتیف های عملکردی و الگوهای TF می شود.

ماموریت های ویژه این آزمایشگاه عبارتند از:

۱- ارائه تحقیقات پایه در زیست شناسی ملکولی

۲- آموزش دانشمندان، دانشجویان و مراجعین در تمامی سطوح، ارائه خدمات حیاتی به دانشمندان کشورهای عضو

۳- توسعه ابزارها و روش های جدید در علوم حیاتی و فعالیتهای انتقال فن آوری

موسسه اروپایی بیو انفورماتیک EBI بخشی از EMBL است و اکنون در پردیس هینگستون در نزدیکی کمبریج قرار دارد و مسئولیت ارائه و آماده کردن بانکهای اطلاعاتی زیست شناسی برای جامعه علمی را بر عهده دارد. این موسسه میزبان مهمترین بانکهای اطلاعاتی زیست شناسی است که شامل موارد زیر است:

اطلاعات توالی های DNA (EMBL-Bank)

اطلاعات توالی های پروتئینی (UniProt)

ساختارهای سه بعدی (The Protein Databank in Europe)

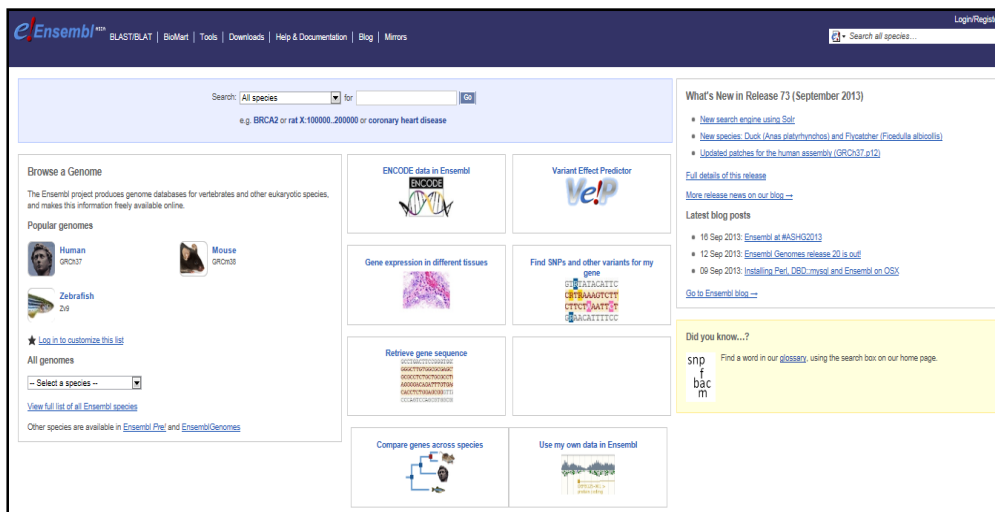
اطلاعات آزمایش بیان ژنها (Array Express)

تداخلات پروتئین-پروتئین (IntAct)

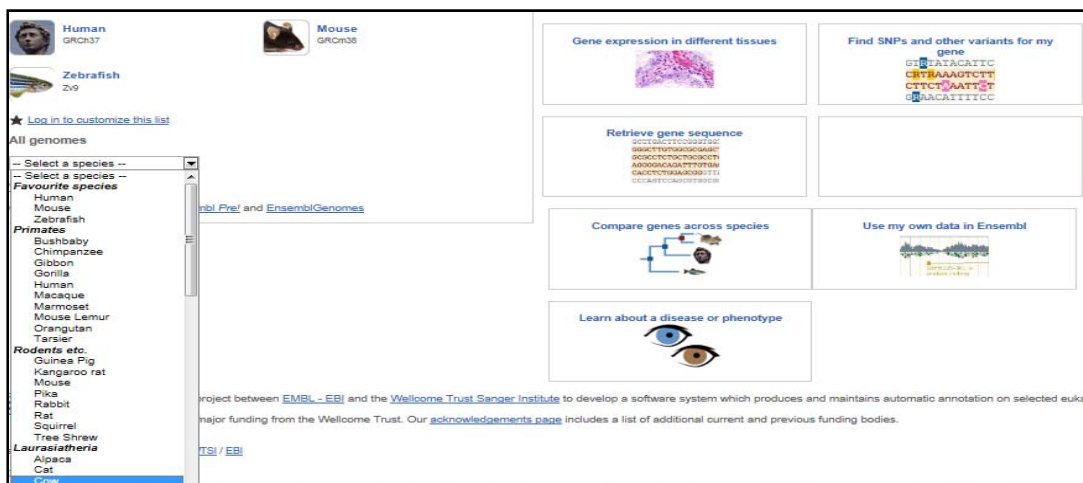
اطلاعات گذرگاه (Reactome)

ژنومهای حیوانی (Ensembl): در این پایگاه که حاصل پروژه مشترک بین EMBL و انستیتوی سانگر است، اطلاعات ژنومی موجودات مختلفی از قبیل انسان، موش، گاو، گربه و ... قابل دسترسی می باشد.

www.ensembl.org



پس از کلیک بر روی گونه مورد نظر اطلاعات زیادی قابل مشاهده است مانند: نمایش کروموزومها با اطلاعات ژنی قابل دستیابی، اطلاعاتی نحوه اجرای پروژه ژنوم و اطلاعات کلی در مورد ژنها.



Cow (UMD3.1) **Cow**
Bos taurus

Search all categories
Search Cow:
Go

e.g. KGF1R_BOVIN or 21:6734975-6922968 or prion

Genome assembly: UMD3.1 (GCA_000003055.3)

More information and statistics
Download DNA sequence (FASTA)
Display your data in Ensembl

Other assemblies
Blau_4.0 (Ensembl release 63)

Comparative genomics
What can I find? Homologues, gene trees, and whole genome alignments across multiple species.
More about comparative analysis
Download alignments (EMF)

Regulation
What can I find? Microarray annotations.
More about the Ensembl microarray annotation strategy

What's New in Cow release 73

- Import of genotyping chip assay lists
- New search engine
- Ensembl 73 mart databases

More news...

Gene annotation
What can I find? Protein-coding and non-coding genes, splice variants, cDNA and protein sequences, non-coding RNAs.
More about this genebuild
Download genes, cDNAs, ncRNA, proteins (FASTA)
Update your old Ensembl IDs

Variation
What can I find? Short sequence variants and longer structural variants: disease and other phenotypes.
More about variation in Ensembl
Download all variants (GVF)
Variant Effect Predictor

Example transcript

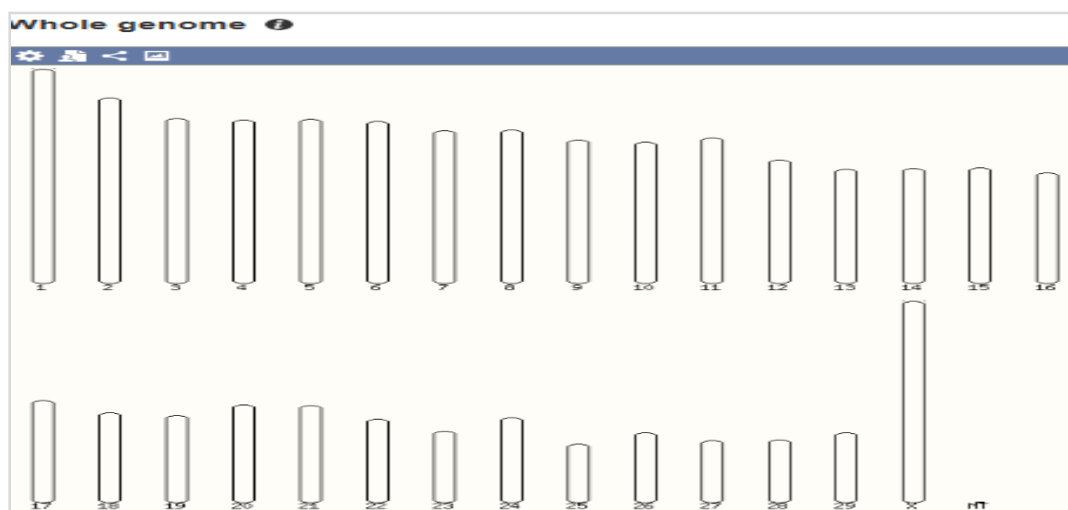
Example gene tree

Example variant

Example phenotype

نمایش کاریوتیپ

نمایش کرووزوم‌های گاو



Summary

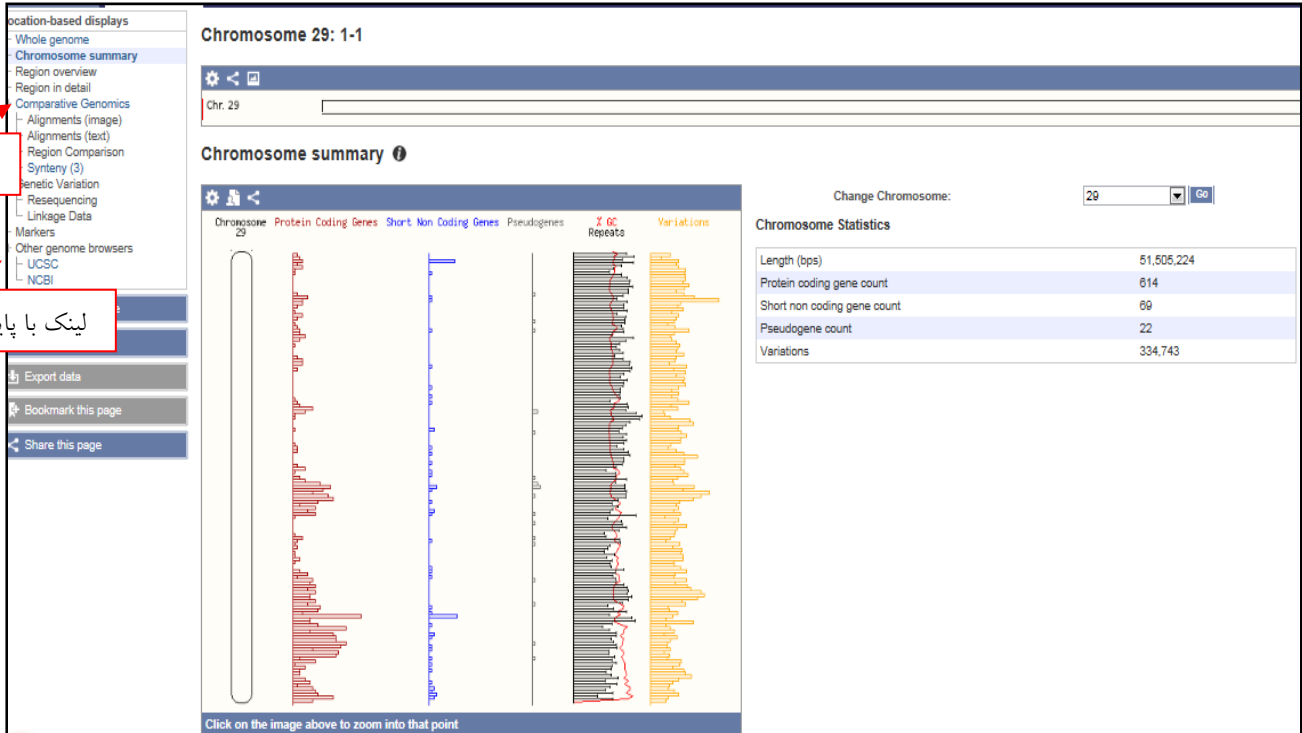
Assembly:	UMD3.1, Nov 2009
Database version:	73.31
Base Pairs:	2,649,685,036
Golden Path Length:	2,670,422,299
Genebuild by:	Ensembl
Genebuild method:	Full genebuild
Genebuild started:	Apr 2011
Genebuild released:	Sep 2011
Genebuild last updated/patched:	Sep 2011

Gene counts

Coding genes:	19,894
Short Non coding genes:	3,825
Pseudogenes:	797
Gene transcripts:	26,740

با کلیک روی شماره کروموزوم مشخصات کلی از آن بدست می آید.

Summery



Example (اطلاعات کلی در مورد ژنهای موجود بر روی کروموزوم)



eEnsembl ASTB BLAST/BLAT | BioMart | Tools | Downloads | Help & Documentation | Blog | Mirrors

Cow (UMD3.1) Location: 29:1-1

Location-based displays

- Whole genome
- Chromosome summary
- Region overview
- Region in detail
- Comparative Genomics**
 - Alignments (image)
 - Alignments (text)
 - Region Comparison
 - Synteny (3)
- Genetic Variation
 - Resequencing
 - Linkage Data
- Markers
- Other genome browsers
 - UCSC
 - NCBI

Configure this page

Add your data

Export data

Bookmark this page

Chromosome 29: 1-1

Chr. 29

Comparative Genomics

NOT AVAILABLE Alignments (image)

NOT AVAILABLE Alignments (text)

NOT AVAILABLE Region Comparison

Synteny

Additional comparative genomics views are available for individual genes.

Ensembl release 73 - September 2013 © WTSI / EBI

[Permanent link](#) - [View in archive site](#)

