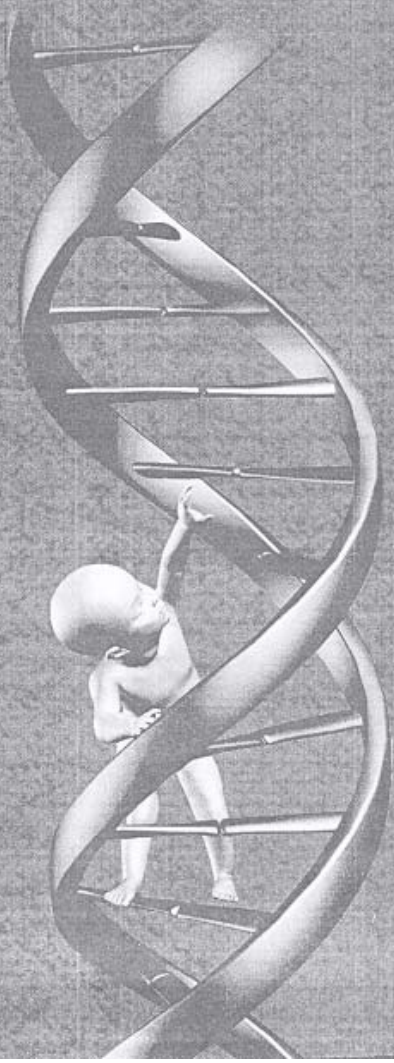
وزارت علوم، تحقیقات و فنّاوری

بنیاد دانشنامهٔ بزرگ فارسی

پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

دانشنامه

زیست فنّاوری و ژنتیک



جلد اوّل

وزارت علوم، تحقیقات و فنّاوری

بنیاد دانشنامهٔ بزرگ فارسی

پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

*دانشنامهٔ زیست‌فنّاوری و ژنتیک

شورای علمی: دکتر محمدحسین صنعتی؛ دکتر علیرضا زمردی‌پور؛ دکتر عباس شجاع‌الساداتی؛ دکتر علی فرازمند؛ دکتر بهروز قابوسی؛ دکتر بهمن یزدی صمدی

دبیران طرح: دکتر کامبیز بنی‌هاشمی، دکتر فرهاد مهدی‌پور دستجردی

ویراستاران ادبی: اصغر اسمعیلی تازه‌کندی، شیده شهریاری

ویراستاران صوری: سعیده سلامت، سریر کریمی

نمونه‌خوانها: سعیده سلامت، نسترن گلریز

استخراج فهرست موضوعی و واژه‌نامه: سعیده سلامت

صفحه‌آرا و کارشناس دبیرخانه: ربابه ابوطالبی

واژه‌نگاران: نسترن حاجی‌زاده سابق، سهیلا شمس‌الله، گوهر نصرتی، فرشته اسدی جوزانی

ناشران: بنیاد دانشنامهٔ بزرگ فارسی، پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

چاپخانه: آثار برتر چاپ

لیتوگرافی: شمیم

چاپ اول: ۱۳۸۷

شمارگان: ۳۰۰۰

شابک: ۹۷۸-۹۶۴-۵۵۱۵-۰۳۲ (۲ج.) ISBN: 978-964-5515-032 (2 vol.set)

شابک: ۹۷۸-۹۶۴-۵۵۱۵-۰۶۳ (ج.۱) ISBN: 978-964-5515-063 (vol.1)

بهای دوره دوجلدی: ۴۵۰٫۰۰۰ ریال

حق چاپ محفوظ است.

دانشنامهٔ زیست‌فنّاوری و ژنتیک/ شورای علمی محمدحسین صنعتی [و دیگران]؛ دبیران طرح کامبیز بنی‌هاشمی، فرهاد مهدی‌پور دستجردی.- تهران: بنیاد دانشنامهٔ بزرگ فارسی، پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری، ۱۳۸۷.
۲ج.: مصور، جدول، نمودار؛ ۲۲×۲۹ س‌م.
۴۵۰۰۰۰ ریال
شابک: (دوره) ۹۷۸-۹۶٤-۵۵۱۵-۰۳-۲
(ج.۲) ۹۷۸-۹۶٤-۵۵۱۵-۰۷-۰ و (ج.۱) ۹۷۸-۹۶٤-۵۵۱۵-۰۶-۳
فیپا
شورای علمی: محمدحسین صنعتی، علیرضا زمردی‌پور، عباس شجاع‌الساداتی، علی فرازمند، بهروز قابوسی، بهمن یزدی‌صمدی
پشت جلد به انگلیسی: Encyclopedia of Biotechnology and Genetics
نمایه.
واژه‌نامه.
۱. تکنولوژی زیستی- دایرةالمعارفها ۲. ژنتیک- دایرةالمعارفها
الف- صنعتی، محمدحسین، ۱۳۳۷- ب- بنی‌هاشمی، کامبیز، ۱۳٤۷-
ج. مهدی‌پور دستجردی، فرهاد، ۱۳٤۶- د- پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری
هـ. بنیاد دانشنامهٔ بزرگ فارسی
Tp۲٤۸/۱۶/د۲ ۶۶۰/۶۰۳ شماره کتابشناسی ملّی ۱۲۶۴۳۶۶

○ **بنیاد دانشنامهٔ بزرگ فارسی:** تهران، خیابان ولی‌عصر، سه‌راه زعفرانیه، ساختمان دکتر محمود افشار، شماره ۱۷۵۳، طبقه سوم

تلفن: ۱۹ و ۲۲۷۱۷۱۱۷ **دورنگار:** ۲۲۷۱۱۳۱۱ **کد پستی:** ۱۹۶۱۷-۳۳۱۷۱

نشانی الکترونیکی: www.bdbf.org.ir

○ **پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری:** تهران، کیلومتر ۱۷ اتوبان تهران- کرج، شهرک پژوهش

تلفن: ۴۴۵۸۰۳۰۱-۱۰ **دورنگار:** ۴۴۵۸۰۳۹۹ **کد پستی:** ۴۷۹۸۱۱۰۸۷۲

صندوق پستی: ۱۴۹۶۵/۱۶۱ **نشانی الکترونیکی:** www.nigeb.ac.ir

اعضای شورای علمی

دکتر صنعتی، محمدحسین
مدیر طرح و عضو هیئت علمی پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری و ویراستار علمی بخش مهندسی ژنتیک و ژنتیک پزشکی

دکتر یزدی‌صمدی، بهمن
عضو هیئت علمی دانشگاه تهران و ویراستار علمی بخش زیست‌فنّاوری کشاورزی

دکتر قابوسی، بهروز
عضو هیئت علمی مؤسسه سرم‌سازی رازی و ویراستار علمی بخش مهندسی زیست‌فنّاوری دام و آبزیان

دکتر شجاع‌السادائی، سیدعباس
عضو هیئت علمی دانشگاه تربیت مدرس و ویراستار علمی بخش زیست‌فنّاوری صنعت و معدن و محیط زیست

دکتر فرازمند، علی
عضو هیئت علمی دانشگاه تهران و ویراستار علمی بخش ژنتیک انسانی و فنون زیست‌فنّاوری

دکتر زمردی‌پور، علیرضا
عضو هیئت علمی پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و فنّاوری زیستی و ویراستار علمی بخش علوم پایه زیست‌فنّاوری

دکتر اربابی قهرودی، مهدی
عضو هیئت علمی پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

مؤلفان و مترجمان

الف- اعضای هیئت علمی

دکتر ابراهیم‌زاده، حسن
دانشگاه تهران

دکتر احمدیان تهرانی، پریچهره
دانشگاه تهران

دکتر احمدیان، غلامرضا
پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

دکتر اکبرزاده، عظیم
انستیتو پاستور ایران

دکتر بنی‌هاشمی، کامبیز
بنیاد دانشنامهٔ بزرگ فارسی

دکتر جلال، راضیه
دانشگاه فردوسی مشهد

دکتر جهانشاهی، محسن
دانشگاه مازندران

دکتر جوان نیکخواه، محمّد
دانشگاه تهران

دکتر حجارود، قربانعلی
دانشگاه تهران

دکتر حیدری، علی‌احسان
بنیاد دانشنامهٔ بزرگ فارسی

دکتر خدابنده، مهوش
پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

دکتر درخشنده‌پیکر، پوپک
دانشگاه علوم پزشکی تهران

دکتر رحیم، گلاره
پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

دکتر رحیمیان مشهدی، حمید
دانشگاه تهران

دکتر رضایی، عبدالمجید
دانشگاه صنعتی اصفهان

دکتر رضوان، حوری
سازمان انتقال خون ایران

دکتر زمردی‌پور، علیرضا
پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

دکتر سرمد نبوی، محمد
دانشگاه پیام نور مشهد

دکتر سهیلی، زهرا- سهیلا
پژوهشگاه ملّی مهندسی ژنتیک و زیست‌فنّاوری

دکتر شجاع‌السادائی، سیدعباس
دانشگاه تربیت مدرس

دکتر شریعت‌زاده، سیدمحمدعلی
دانشگاه اراک

دکتر شریفی تهرانی، عباس
دانشگاه تهران

سلسله واکنشها را با درجه حرارتهای مختلف و در زمانهای متغیر به انجام می‌رساند. این مجموعهٔ تغییرات حرارتی و زمانی، به عنوان یک چرخه یا دورهٔ تکثیر نامیده می‌شود. در هر چرخه واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، مواد ژنتیکی اولیه مورد نظر برای تکثیر دو برابر می‌شود. از دیدگاه نظری، در هر ۱۰ چرخه حدود ۱،۰۰۰ نسخه و هر ۲۰ چرخه حدود یک میلیون نسخه از قطعه دی.ان.ای مورد نظر تکثیر می‌شود. هر چرخه تکثیر واکنش زنجیره‌ای پلیمراز از چند مرحله تشکیل شده است که طی آن از هر یک از دو تک‌رشته دی.ان.ای الگوی دارای آغازگر الیگونوکلئوتیدی، با برپا کردن واکنش بسپارش یک نسخه تولید می‌شود. این مراحل باید برای هر ترکیب رشته الگو و آغازگر هماهنگ و بهینه شود.

در اولین مرحله چرخه واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، با افزایش درجه حرارت محیط آزمایش تا ۹۵ درجه سانتی‌گراد برای مدت ۱۵ ثانیه تا دو دقیقه، عمل جدا شدن دو رشته دی.ان.ای الگوی مورد نظر صورت می‌گیرد. در جریان این عمل، دو رشتهٔ به هم پیچیده دی.ان.ا، از یکدیگر جدا می‌شوند و تک‌رشته‌ایهای دی.ان.ا، الگوی لازم برای آنزیم پلیمراز پایدار در مقابل حرارت را ایجاد می‌کنند. در مرحله دوم، درجه حرارت به عددی در محدودهٔ ٤٠ - ٦٠ درجه سانتی‌گراد کاهش می‌یابد. در این درجه حرارت، آغازگرهای الیگونوکلئوتیدی، می‌توانند با رشته‌های جداشده دی.ان.ا، ارتباط و اتحاد پیدا کنند و به صورت آغازگر برای ساخت دی.ان.ا توسط آنزیم پلیمراز به کار روند. این مرحله حدود ۳۰-٦۰ ثانیه طول می‌کشد. در مرحله نهایی، تولید و ساخت دی.ان.ای جدید با بهینه شدن درجه حرارت برای آنزیم دی.ان.ا پلیمراز، شروع می‌شود. درجهٔ حرارت بهینه برای بیشتر این نوع پلیمرازها حدود ۷٤ درجه سانتی‌گراد است. ادامه فعالیت آغازگر توسط آنزیم پلیمراز، حدود ۱-۲ دقیقه طول می‌کشد. با پایان این مرحله، یک چرخه تکثیر دی.ان.ا به روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به پایان می‌رسد و چرخه بعدی با افزایش درجهٔ حرارت تا ۹۵ درجه سانتی‌گراد برای جدا شدن دو رشته دی.ان.ا، آغاز می‌شود. بعد از ۲۰-٤۰ چرخه، نوکلئیک‌اسید حاصل ممکن است برای بررسی مقدار، کمّیت و ترتیب بازهای آن مورد تجزیه قرار گیرد و یا برای مراحل آزمایشی بعدی نظیر همسانه‌سازی به کار رود.

در RAPD، آغازگرهای کوچک و تصادفی با طول تقریبی ۱۰ جفت باز برای تکثیر بخشهایی از دی.ان.ای ژنومی مورد استفاده قرار می‌گیرند.

الکتروفورز محصولات واکنش زنجیره‌ای پلیمراز روی ژل، نوارهای مختلفی تولید می‌کند که می‌توانند معرف افراد، نژادها، و گونه‌های مختلف باشند. در RAPD، تغییرات جزئی در روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز داده می‌شود که به شرح زیر است:

- اولین تغییر، استفاده از آغازگرهای ۱۰ نوکلئوتیدی به جای آغازگرهای ۱۷ -۲۳ بازی است؛
- به دلیل طول کوتاه‌تر آغازگر، درجهٔ حرارت واکنش جدا شدن رشته‌ها باید به زیر ٤۰ درجه سانتی‌گراد کاهش یابد؛
- در روش RAPD همچون واکنش زنجیره‌ای پلیمراز میزان نیاز به مواد اولیه ژنتیکی برای تکثیر اندک است و انجام این روش حجم زیاد این مواد را نمی‌طلبد و از دیگر سو میزان حساسیت روش نسبت به تمامیت و بی‌عیبی مواد نسبتاً کم است؛
- برخلاف سایر روشهای تجزیهٔ ژنتیکی، در RAPD نیازی به روشهای لکه‌گذاری نیست، لذا برای اخذ نتایج از فسفر۳۲ استفاده نمی‌شود و تولید کاوشگر و زمان کاسته می‌شود.

(← لکه‌گذاری نورترن؛ لکه‌گذاری ساترن)

کتابشناسی:

Congress (Training Programe) Crop Sci. (August 2000)

پرویز وجدانی

تجزیه و تحلیل بیان ژن

بیان ژن نتیجه یک فرایند بسیار منظم و تنظیم‌شده است که دربرگیرنده تجمع و تفکیک ماشینهای مولکولی درون‌یاخته‌ای است. به منظور تجزیه و تحلیل بیان ژنها باید ابتدا مواد و اهداف مشخص و سپس فنّاوری مناسب برای بررسی بیان ژن مورد نظر انتخاب شود.

بافتها در قالب برشهای پارافینی، برشهای منجمد و یا گسترشهای خونی، یاخته‌های جداشده از بافتها و دودمانهای یاخته‌ای اولین مواد انتخابی برای تجزیه و تحلیل بیان ژنها هستند. گاه برای تجزیه و تحلیل بیان ژن نیاز به مجموعه‌های یاخته‌ای همگن است. مجموعه‌های یاخته‌ای همگن را می‌توان از مجموعه‌های ناهمگن مانند بافت پا خون پا استفاده از روشهای تخلیص ایمنی، سانتریفوژ با شیب غلظت، فلوسیتومتری و برشهای ریز بافتی تهیه کرد. در بعضی موارد مانند تهیه بافت از انسان زنده تهیه بافت مورد نظر با محدودیتهای خاص همراه است. در این موارد مطالعات بیان ژن روی دودمانهای یاخته‌ای مشتق‌شده از بافتهای سالم و یا آسیب‌زا صورت می‌گیرد. چنین دودمانهای یاخته‌ای در حکم مدلهای کشت یاخته‌ای برای تجزیه و تحلیل بیان ژن در خارج از بدن و مطالعه آسیب‌زایی برخی از بیماریها قابل استفاده هستند؛ برای مثال چندین مدل کشت یاخته‌ای از یاخته‌های سالم و آسیب‌زا برای مطالعه ایمنی‌شناسی سرطان و کم‌خونی، اختلالهای دستگاه عصبی و تولید مثل و بیماریهای عفونی تولید شده است. به‌علاوه تعدادی دودمانهای

یاخته‌ای با نقص ژنی یا دودمانهای آلوده‌شده به طور پایدار، به منظورهای مطالعاتی قابل دسترسی‌اند. نظر به اینکه فنوتیپ یاخته‌ها احتمالاً طی کشت تغییر می‌کند ضروری است، هویت و خلوص دودمانهای یاخته‌ای، مکرر و در فواصل خاص بررسی شود. علی‌رغم مشکلات موجود در انتقال نتایج حاصل از آزمایشهای صورت‌گرفته روی یاخته‌های کشت داده‌شده به بدن موجود زنده، چنین کشتهایی به دلیل سهولت حصول، اولین انتخاب برای مطالعه بیان ژن هستند. به منظور غلبه بر مشکلات و معایب آزمایشهای مدلهای کشت یاخته‌ای از روش برشهای ریزبافتی با بهره‌گیری از پرتو لیزر برای جدا کردن یاخته‌های تک یا مجموعه‌های یاخته‌ای از کل نمونه بافت استفاده می‌شود. روشهای کمّی و تکثیری در خارج از بدن امکان استفاده از آر.ان.ای این نمونه‌ها را برای دستیابی و طبقه‌بندی اطلاعات بیان ژن فراهم می‌کند. دستیابی و طبقه‌بندی اطلاعات بیان ژن فرایند تعیین ژنهای فعال در یک یاخته خاص یا گروهی از یاخته‌هاست که تغییر در آن می‌تواند به عنوان نشانه‌ای مهم برای یک بیماری خاص در نظر گرفته شود. این فرایند به افزایش اطلاعات مرتبط با تمایز و تکامل، اصلاح و اعمال بافت نظیر فرایندهای رشد یا انتقال کمک می‌کند و وسیله مهمی برای طبقه‌بندی فرایندهای پاتوفیزیولوژیک از طریق تعیین ژنهای فعال، مسیرها و شبکه‌های ژنی است.

نوکلئیک‌اسیدها و پروتئینها اهداف تجزیه و تحلیل بیان ژن در بافتها، یاخته‌های جداشده از بافتها و دودمانهای یاخته‌ای هستند. آر.ان.اها و پروتئینها باید به طور دقیق و مؤثر از نمونه جدا شوند و خلوص و کیفیت بالایی داشته، از نظر ساختار سالم باشند. مطالعه بیان ژن دربرگیرنده مقایسه مجموعه‌های آر.ان.ای پیک و پروتئین بین دو مجموعه تیمارشده و تیمارنشده، بیمار و سالم، مرحله A و B تکامل است. اولین مرحله در ترجمه اطلاعات ژنتیکی به حالت فیزیولوژیک یا پاتوفیزیولوژیک، نسخه‌برداری است. تنظیم نسخه‌برداری تقریباً با استخراج نوکلئیک‌اسیدها از یاخته‌ها یا بافتها مورد بررسی قرار می‌گیرد. از روشهای مورد استفاده در تجزیه و تحلیل آر.ان.ای پیک می‌توان روشهای براساس دورگه‌گیری مانند لکه‌گذاری نورترن و فنون مرتبط، ریزآرایی دی.ان.ا، آزمون حفاظت ریبونوکلئاز و آزمون بدون وقفه هسته‌ای، روشهای براساس واکنش زنجیره‌ای پلیمراز مانند واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با آنزیم نسخه‌برداری معکوس رقابتی، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با آنزیم نسخه‌برداری معکوس زمان واقعی و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آنزیم نسخه‌برداری معکوس نمایش افتراقی و روشهای براساس تعیین توالی مانند تحلیل سلسله‌وار بیان ژن و دنباله‌های توالیهای بیان‌شده در چارچوب قرائت آزاد را نام برد. در برخی از این روشها مانند واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به وسیله آنزیم نسخه‌برداری معکوس نمایش افتراقی و نوآرایی دی.ان.ا می‌توان بروز صدها ژن را به طور همزمان بررسی کرد.

در یاخته‌های هسته‌دار هر ژن می‌تواند چندین محصول پروتئینی را تولید کند. این نه تنها به دلیل پیرایش متنوع و تولید چندین نسخه از یک پیش‌ساز آر.ان.ای پیک است، بلکه هر نسخه می‌تواند شکسته شود و یا تحت تغییرات کوئوولانت قرار گیرد. تغییرات پس از ترجمه مانند فسفریله شدن، گلیکوزیله شدن و شکست نیز باعث تولید چندین محصول پروتئینی از یک ژن می‌شوند. نوکلئیک‌اسیدها از نظر شیمیایی نسبتاً همگن هستند، درحالی‌که پروتئینها از نظر خواص شیمیایی بسیار متنوع‌اند. تجزیه و تحلیل پروتئینها در خیلی موارد از بررسی بیان نوکلئیک‌اسیدها مشکل‌ترست. تکیه‌گاه اصلی جداسازی پروتئینها الکتروفورز دوبعدی ژل پلی‌آکریلامید است و به همین دلیل به منظور بررسی بیان پروتئین، توجه بیشتری بر استفاده از آرایشهای دوبعدی متمرکز شده است که نیازمند مراحل مقدماتی زیادی نیست. یکی از روشهای تجزیه و تحلیل پروتئینها پروتئومیکس است که با استفاده از این فن می‌توان طبقه‌بندی اطلاعات پروتئین یاخته را به کمک ژل الکتروفورز دوبعدی مشخص کرد. اسپکتروسکوپی جرمی فن دیگری است که امکان نمایان کردن و تعیین مقادیر کم پروتئینهای خیلی بزرگ را فراهم می‌کند. تجزیه و تحلیل بیان ژنها به طور گسترده‌ای با به کارگیری فنون ریزآرایه، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز یا تجزیه و تحلیل سلسله‌وار بیان ژن (SAGE) و فنّاوریهای مرتبط با آنها صورت می‌گیرد. چنین روشهایی اطلاعات زیادی در زمینهٔ بیان ژن و اطلاعات کمی دربارهٔ توپولوژی بیان ژن عرضه می‌کنند. در این روشها طبیعت بیان ژن در موجود زنده غالباً به طور ضعیفی نشان داده می‌شود. روشهای قوی برای تجزیه و تحلیل بیان ژن در شرایط خاص مانند یاختهٔ زنده یا حتی کل موجود زنده وجود دارد. با این روشها می‌توان بیان فقط یک یا تعداد کمی از ژنها را تجزیه و تحلیل کرد. مزیت این روشها شرح واقعی از پویایی فرایندهای زنده و تعیین موقعیت بیان ژنها درون بافتها و یاخته‌هاست. دورگه‌گیری در جا یا روش ISH و مطالعات ایمنی- شیمیایی از این دست روشها هستند. با استفاده از این فنون می‌توان موقعیت یک آر.ان.ای پیک و یا پروتئین خاص را داخل یاخته یا بافت مشخص کرد. روش ISH برای مشخص کردن آر.ان.ای پیک، روشهای ایمنی- بافتی- شیمیایی یا IHC و ایمنی- یاخته‌ای- شیمیایی یا ICC برای مشخص کردن پروتئین، روش بافتی- شیمیایی آنزیم برای تعیین فعالیت کاتالیتکی آنزیمهای درون بافتها و روش خودپرتونگاری با اتصال لیگاند برای مطالعه مکانیکی لیگاند-گیرنده استفاده می‌شوند. روشهای تجزیه و تحلیل بیان ژن براساس نور مانند برش‌نگاری رایانه‌ای ساطع شدن تک‌فوتون یا SPECT امکان تجزیه و تحلیل پویا و غیرمهاجمی بیان ژن در موجودات زنده را فراهم می‌کند. مزیت اصلی این روش مشخص کردن غیرتهاجمی هدفهایی مانند

آر.ان.ا، گیرنده‌ها، انتقال‌دهنده‌ها و پادگنها با استفاده از مولکولهای زیستی نشان‌دار درون بدن است. روش SPECT حساسیت بالایی دارد و با این روش می‌توان مقادیر کم پروتئینها را در هدفهای مورد نظر مشخص کرد. در مرحله اول روش SPECT هدف و مولکولی زیستی که به طور اختصاصی به آن متصل می‌شود، مشخص می‌شود. در مرحله بعد، براساس مولکول زیستی، یک مولکول ردیاب ساخته می‌شود، سپس مولکول ردیاب توسط روشی ساده و سریع با رادیوایزوتوپی که پرتو گاما با انرژی ۶۰-۴۴۰ هزارالکترون ولت را منتشر می‌کند، نشان‌دار می‌شود. پس از تزریق ردیاب نشان‌دارشده به داخل هدف، تجمع رادیواکتیو که متناسب با تجمع مولکول است با استفاده از دوربین گاما کنترل و توسط رایانه بازسازی می‌شود. فنون بیان تصویری ژن به صورت مستقیم یا غیرمستقیم موجودند. در فن بیان تصویری ژن مستقیم مولکولهای ضد معنی در حکم ردیاب عمل می‌کند و پس از نشان‌دار شدن و تزریق با مولکولهای سنس موجود در هدف، دورگه می‌شوند. در فنون بیان تصویری ژن غیرمستقیم پادتنها یا پپتیدها به عنوان ردیاب مورد استفاده قرار می‌گیرند و بیان پروتئینهای هدف را مشخص می‌کنند. تجزیه و تحلیل بیان آر.ان.ا و پروتئین با رادیوتوکلئیدها زمینه‌ای در حال رشد است که از آن برای نمایان کردن بیان ژن استفاده می‌شود.

در طراحی مطالعات بیان ژن و انتخاب روش تجربی باید با دقت زیادی صورت گیرد. در انتخاب یک فن مناسب برای تجزیه و تحلیل بیان ژن نیز باید حساسیت و دامنه روش، مقدار ماده آغازی و هزینه آن روش، در نظر گرفته شود. به‌علاوه باید تعداد نمونه‌های شاهد وکنترل در این نوع مطالعات مناسب و کافی باشد. از آنجا که همهٔ فرایندهای زیستی در طبیعت پویا هستند و تقریباً تمام آنها بخشی از شبکه‌های تنظیمی‌اند؛ بنابراین باید توجه خاصی در انتخاب زمان نمونه‌برداری و اندازه‌گیری صورت گیرد.

باید دانست بیان پروتئینها فرایندی بسیار تنظیم‌شده است، در طی زندگی یاخته مجموعه‌های بزرگ چندپروتئینی تشکیل و شکسته شده، یونهای فلزی متصل یا آزادشده و پروتئینها از یک قسمت به قسمت دیگر حرکت می‌کنند.

روش اصلی که اکنون برای مشخص کردن بیان یک ژن جدید مختص یک بافت خاص مورد استفاده قرار می‌گیرد، روش لکه‌گذاری نورترن اختصاصی بافتی است.

(← بیان ژن در هسته‌داران؛ به کارگیری جدید ژن)

کتاب‌شناسی:

Lorkowski, S.; and Cullen, P. *Analysing Gene Expression.* WILLEY-VCH, 2003.

راضیه جلال

تحلیل شجره‌نامه

تحلیل شجره‌نامه بیشتر از طریق ارزیابی نمودار درخت خانوادگی و در خانواده‌هایی صورت می‌پذیرد که تعداد اعضای آنها کم و امکان بررسی معنی‌دار رویدادهای ژنتیکی فراهم است. در نمودار درخت خانواده رگهٔ نسلی در بین منسوبین نزدیک بین اعضای خانواده نمایش داده می‌شود. در این نمودار جنس ماده با دایره، نر با مربع، و چنانچه جنسیت فرد نامعلوم باشد به جای این دو نشان، یک لوزی قرار می‌دهند. در این نمودار نشانه‌هایی برای نمایش مرده‌زایی یا سقط در نظر گرفته شده است و سقطهای خودبه‌خود را با مثلث نشان می‌دهند. همچنین نمایش بروز صفت یا بیماری در اعضای خانواده با ایجاد هاشور و یا سیاه کردن نشان مربوط انجام می‌پذیرد. چنانچه این صفت با الگوی صفت ناهمجور ظاهر شده باشد، تنها نیمی از نشان مربوطه را سیاه ترسیم می‌کنند. همچنین در این درخت، ناقلین ماده یک بیماری را با گذاردن نقطه در میان دایره نمایش می‌دهند. خطوط افقی (خط ازدواج) والدین را به یکدیگر مرتبط می‌سازد و درصورتی‌که والدین نسبت خویشاوندی نزدیک داشته باشند، از دو خط موازی استفاده می‌شود. فرزندان در این نمودار با خطوط عمودی به والدین متصل می‌شوند و نسلهای متوالی را با اعداد رومی معلوم می‌سازند. دوقلوها را نیز در این نمودار به یک نقطه متصل می‌کنند و درصورتی‌که دوقلو همسان باشند، خطی افقی آن دو را نیز به یکدیگر متصل می‌کند. ترتیب تولد از چپ به راست است و گاهی عددگذاری ذیل نشان هر فرد این ترتیب را نمایش می‌دهد. ضمناً در این نمودار فرد شاخص (پروباند) را با قرار دادن پیکان در کنار نشان مربوطه نمایش می‌دهند. پروباند فردی است که مطالعه و ارزیابی توارث صفت در خانواده از وی آغاز شده است. باید دانست معمولاً ارزیابی پروباند و سپس اعضای خانواده و دسته فرزندی او یعنی کودکان طبیعی متولد از یک پدر و مادر، در اختلالات ارثی به کشف الگوی توارث در خانواده منتهی می‌شود.