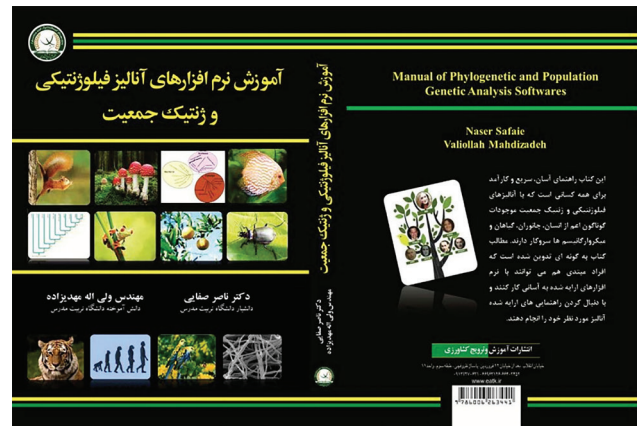


آشنایی با کتاب «آموزش نرم افزارهای آنالیز فیلوژنتیکی و ژنتیک جمعیت»

محدثه شمسیان / دانشجوی کارشناسی ارشد بیماری شناسی گیاهی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران



تألیف: دکتر ناصر صفایی (دانشیار دانشگاه تربیت مدرس) و مهندس ولی اله مهدیزاده (دانش آموخته دانشگاه تربیت مدرس)



این کتاب در سال ۱۳۹۲ توسط انتشارات آموزش و ترویج کشاورزی به چاپ رسیده است.

اگرچه پژوهشگران علوم زیستی نرم افزارهای فراوان و گوناگونی را به کار می گیرند اما منبع فارسی جامعی برای استفاده از آن ها وجود ندارد. یک گروه از این نرم افزارها مربوط به تجزیه و تحلیل های فیلوژنتیکی و ژنتیک جمعیت است. در این کتاب تلاش شده است که این کمبود پوشش داده شود تا پژوهشگران و دانشجویان بتوانند کار با این نرم افزارها را به آسانی آغاز نمایند.

کتاب نام برده دارای دو بخش است که در بخش اول نرم افزارهای آنالیز فیلوژنتیکی آموزش داده می شود. بخش اول دارای پنج فصل است. در فصل اول از این بخش به آموزش نرم افزارهای هم ردیف سازی توالی پرداخته می شود. جهت انجام تجزیه و تحلیل فیلوژنتیکی رابطه بین ژن ها با استنباط تاریخچه ای مشترک بین آن ها لازم است تا توالی های همولوگ مورد مطالعه، هم ردیف (Alignment) شوند. بدین منظور از نرم افزارهایی که الگوریتم های خاصی را به کار می گیرند استفاده می شود. از جمله نرم افزارهای آموزش داده شده در این فصل Clustal X، BioEdit، MegAlign و GeneDoc است. در فصل دوم کتاب به آموزش نرم افزار Mega پرداخته می شود. نرم افزاری جامع برای انجام مراحل آنالیز فیلوژنتیکی اعم از هم ردیف سازی، آنالیز فیلوژنتیکی و ترسیم درخت است. فصل سوم به آموزش نرم افزار PAUP پرداخته شده است که در این نرم افزار برای اولین بار انجام آنالیزهای فیلوژنتیکی با استفاده روش پارسیمونی طراحی شده است. بخش دوم از این کتاب، نرم افزارهای مربوط به آنالیز ژنتیک

جمعیت آموزش داده می شود و شامل هفت فصل است. امروزه مطالعات مربوط به ژنتیک جمعیت به آنالیزهای متعدد و پیچیده ای نیاز دارد که با توجه به حجم داده ها، انجام این آنالیزها بدون استفاده از کامپیوتر و نرم افزارها غیرممکن است. در فصل ششم کتاب به آموزش نرم افزار GenAlex یا آنالیز ژنتیکی در اکسل می پردازد و برای آنالیز داده های جمعیت است. فصل هفتم مربوط به نرم افزار NTSYS است که به کمک آن آنالیزهای مختلفی در ارتباط با ژنتیک جمعیت انجام می شود. در فصل هشتم نرم افزار Arlequin آموزش داده شده است که یک بسته نرم افزاری تلفیقی برای آنالیز داده های ژنتیک جمعیت است. این نرم افزار داده های مختلفی از جمله توالی های DNA، داده های RFLP، داده های میکروستلایت، داده های استاندارد و داده های فراوانی آلی را آنالیز می کند.

فصل نهم به آموزش نرم افزار POPGENE پرداخته است، برای بررسی تنوع ژنتیکی در میان و داخل جمعیت های طبیعی با استفاده از نشانگرهای هم بارز و غالب و صفات کمی است. فصل دهم نرم افزار PowerMarker را آموزش می دهد. یک مجموعه ای جامعی از روش های آماری برای آنالیز داده های نشانگرهای فیلوژنتیکی است و خصوصاً برای داده های SNP/SSR طراحی شده است. در فصل یازدهم به آموزش نرم افزار MVSP پرداخته شده است. این نرم افزار تعدادی از آنالیزهای مرتبط با ارتباط فضایی جدایه ها، شامل تجزیه خوشه ای با ۲۳ نوع روش محاسبه فاصله یا تشابه و هفت استراتژی خوشه بندی، تجزیه به اجزای اصلی (PCA)، تجزیه به مختصات اصلی (PCO) و CA/ DCA را انجام می دهد؛ و در نهایت در فصل دوازدهم این کتاب نرم افزار Winboot آموزش داده شده است. این نرم افزار برای اجرای آنالیز بوت استرپ داده های دوتایی برای تعیین حدود اطمینان دندروگرام های میتنی بر UPGMA است.

این کتاب راهنمای آسان، سریع و کارآمد برای همه ی کسانی است که با آنالیزهای فیلوژنتیکی و ژنتیک جمعیت موجودات گوناگون اعم از انسان، جانوران، گیاهان و میکروارگانیسم ها سروکار دارند. مطالب کتاب به گونه ای تدوین شده است که افراد مبتدی هم می توانند با نرم افزارهای ارائه شده به آسانی به انجام فعالیت بپردازند و با دنبال کردن راهنمایی های ارائه شده، آنالیز مورد نظر خود را انجام دهند.

