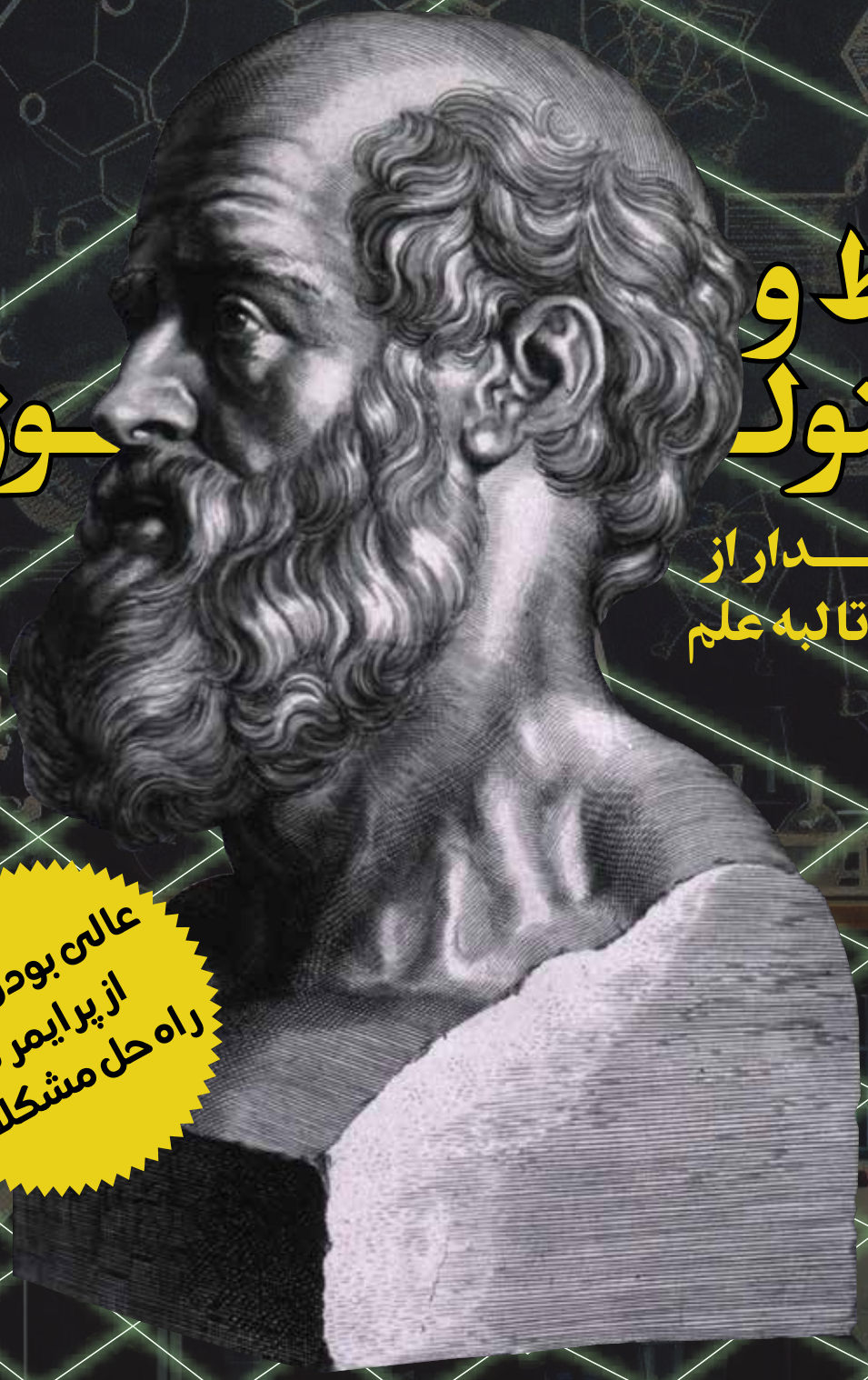
مجله اطلاع رسانی، علمی شرکت بایومیکس شماره صفر مهر ۱۴۰۳

بایومیکس



بقراط و بیوتکنولوژی

پیوندی پایدار از عهد باستانی تا لبه علم

صفحه ۱۰

عالی بودن PCR از پرایمر تا راه حل مشکلات

زنی که جهان را واکسینه کرد
صفحه ۲۲

تازه ها: راز تکامل ژن جدید
صفحه ۹

در آزمایشگاه بایومیکس گزارش تصویری
صفحه ۲۳

گر کسی را رغبت دانش بود گو دم مزن
زآن که من دم درکشیدم تا به دانایی زدم

سعدی

ByMICs

بایومیکس

سد لفور، مازندران

فهرست

تازه ها: کشف کلیدی برای کنترل تکثیر انگل مالاریا.....۵
تازه ها: اثر نیرو بر رونویسی.....٦
تازه ها: اثر میکروبیوم گوارشی بر سطح هورومون در موش.....۷
تازه ها: راز تشکیل ژن جدید.....۹
مقاله: بقراط و بیوتکنولوژی پزشکی.....۱۰
در آزمایشگاه: آغازگر تکثیر.....۱۳
در آزمایشگاه: نسخه PCR.....۱۵
مقایسه: CLC یا SnapGene.....۲۰
معرفی نرم افزار: Jalview.....۲۱
ستارگان دانش: کاتالین کاریکو.....۲۲
در بایومیکس.....۲۳

آغاز این مسیر به قلم شماست ...

در بایومیکس، همواره به علم و دانش فکر کرده ایم، دانشی که راهگشا باشد و بتواند از دیتای خام روی کاغذ، به راه حلی با کیفیت، کاربردی و همه جانبه برای مطالعات اومیکس پژوهشگران تبدیل شود.
صفحات پیش رو، شماره صفر، از مجله بایومیکس است. یک نسخه آزمایشی برای راهی که در نهایت، به بستری برای به اشتراک گذاری دانش و تجربه و کاربرد منتهی شود. طراحی، مطالب و سرفصل های این پیش شماره، صرفا نمایشی از یک ایده است تا بتوانیم نظرات و پیشنهاد های مخاطبین و همراهان بایومیکس را سرلوحه طراحی و انتشار مطالب شماره ۱ و نسخه های بعدی این مجموعه کنیم. از این رو، صمیمانه پذیرای تمام نظرات و نکات شما همراهان گرامی هستیم، تا در کنار هم، به کمک هم و با قلم هم، راهی را برای اشتراک دانش مان آغاز کنیم. پیشاپیش از لطف شما برای به اشتراک گذاری نظرتان، ممنونیم.

دانشمندان کشف کلیدی برای کنترل تکثیر انگل مالاریا انجام دادند

یک تیم تحقیقاتی بین‌المللی به رهبری پروفسور ریتا تِواری از دانشگاه ناتینگهام، موفق به کشف مکانیسم‌های کلیدی تنظیم تکثیر سلولی انگل مالاریا شده‌اند. این تحقیق، که در PLOS Biology منتشر شده است، می‌تواند به توسعه روش‌های جدید درمانی برای مبارزه با این بیماری کمک کند.

مالاریا یک بیماری جدی است که توسط پشه‌های ماده منتقل می‌شود. انگل پلاسمودیوم عامل بیماری مالاریا به سلول‌های کبد و گلبول‌های قرمز خون حمله می‌کند و سالانه جان صدها هزار نفر را می‌گیرد. این تحقیق جدید با هدف درک بهتر نحوه تکثیر غیرمعمول انگل مالاریا و یافتن اهداف درمانی جدید انجام شده است.

تیم تحقیقاتی به رهبری پروفسور تِواری، دو آنزیم کیناز به نام‌های ARK۲ و NEK۱ را شناسایی کرده‌اند که نقش مهمی در تکثیر سلولی انگل پلاسمودیوم به ویژه در مراحل انتقال در پشه ها دارند. این آنزیم ها می‌توانند به عنوان اهداف بالقوه برای طراحی داروهای جدید مورد استفاده قرار گیرند.

پروفسور تِواری می‌گوید: "کنترل تکثیر انگل مالاریا به اندازه کنترل خود بیماری مهم است. درک بهتر نحوه تکثیر انگل در پشه‌ها می‌تواند به ما کمک کند تا راه‌های جدیدی برای جلوگیری از انتقال بیماری پیدا کنیم."

این تحقیق نشان می‌دهد که آنزیم NEK۱ نقش مهمی در مراحل مختلف توسعه انگل مالاریا دارد و می‌تواند به عنوان یک هدف بالقوه برای داروهای ضد مالاریا مورد استفاده قرار گیرد.

ScienceDaily

همنشینی فیزیک و زیست شناسی

اثر نیرو بر رونویسی

محققان دانشگاه کِلمسون برای اولین بار نشان دادند که نیروی مکانیکی می‌تواند بر رونویسی ژن‌ها تأثیر بگذارد. این کشف می‌تواند به درک بهتر مکانیسم‌های تنظیم فعالیت ژنومی و توسعه روش‌های درمانی جدید کمک کند.

رونویسی فرآیندی است که طی آن سلول یک نسخه RNA از یک قطعه DNA ایجاد می‌کند. یکی از انواع RNA، به نام mRNA، اطلاعاتی را برای ساخت پروتئین‌های مورد نیاز برای ساختار و عملکرد سلول‌ها یا بافت‌ها ایجاد می‌کند.

آنزیم RNA پلیمراز (RNAP) نوعی پروتئین است که mRNA تولید می‌کند. این آنزیم روی مارپیچ DNA دو رشته‌ای حرکت می‌کند، آن را باز می‌کند تا توالی جفت‌های باز فقط یک رشته را بخواند و یک mRNA مکمل با آن را سنتز کند. رونویسی یک ژن زمانی شروع می‌شود که RNAP به یک توالی DNA به نام "پروموتر" متصل می‌شود و در یک توالی "ترمیناتور" به پایان می‌رسد که در آن نسخه mRNA آزاد می‌شود. دیدگاه متعارف پایان‌دهی این است که پس از آزاد کردن mRNA، RNAP از DNA جدا می‌شود.

تیمی از محققان به رهبری فینزی و شامل دیوید دانلاپ، برای اولین بار نشان دادند که نیرو چگونه می‌تواند در یک روش جایگزین برای پایان‌دهی رونویسی نقش داشته باشد.

با استفاده از پنس‌های مغناطیسی برای کشیدن آنزیم RNA پلیمراز در امتداد یک DNA الگو، محققان توانستند نشان دهند که پس از رسیدن به یک ترمیناتور، آنزیم RNA پلیمراز باکتریایی ممکن است روی الگوی DNA باقی بماند و به سمت عقب، یعنی به روی پروموتر قبلی، یا به سمت جلو، یعنی پروموتر مجاور، کشیده شود تا چرخه بعدی رونویسی را آغاز کند. بنابراین، جهت نیرو تعیین می‌کند که آیا یک قطعه DNA ممکن است چندین بار رونویسی شود یا فقط یک بار. فینزی و دانلاپ گزارش می‌دهند که این مکانیسم بازیافت که توسط نیرو جهت می یابد، می‌تواند فراوانی نسبی ژن‌های مجاور را تغییر دهد.

علاوه بر این، آن‌ها دریافتند که توانایی RNAP در لغزندگی به دومین C-Terminal زیر واحد آلفای آن بستگی دارد، بخشی که یک پروموتور را در جهت مخالف لغزش تشخیص می دهد. این زیر واحدها به آنزیم اجازه می‌دهند تا روی مسیر بماند، بچرخد و رشته دیگر از دو رشته DNA را بگیرد که ممکن است در آن یک پروموتور دیگر باشد. در واقع، با حذف زیر واحدهای آلفا، چرخش به سمت پروموترهای جهت مخالف رخ نداد.

درک کامل مکانیسم‌های مولکولی که فعالیت رونویسی را در ژنوم تنظیم می‌کنند ممکن است به کشف روش های درمانی جدیدی مبتنی بر اصلاح RNAP برای سرکوب بیان پروتئین‌های عامل بیماری منتهی شود.

فینزی گفت ممکن است مکان‌هایی در ژنوم وجود داشته باشد که در آن‌ها این روند بازیافت بیشتر از سایر مکان‌ها اتفاق می‌افتد، اما این هنوز ناشناخته است.

ScienceDaily

اثر میکروبیوم گوارشی بر سطح هورومون در موش

محققان در پژوهشی که در PLOS Genetics منتشر شده، نشان دادند که آسپیرین می‌تواند علائم کمبود هورمونی را در موش‌های مبتلا به کم کاری هیپوفیز بهبود بخشد.

افرادی که دارای جهش در ژن Sox۳ هستند، دچار کم کاری هیپوفیز می‌شوند، موقعیتی که غده هیپوفیز هورمون کافی تولید نمی‌کند و می‌تواند منجر به مشکلات رشد، ناباروری و پاسخ ضعیف بدن به استرس شود.

در این تحقیق، دانشمندان در موسسه فرانسیس کریک ژن Sox۳ را از موش‌ها حذف کردند که باعث شد در سن از شیر گرفته شدن، دچار کم کاری هیپوفیز شوند.

آن‌ها دریافتند که جهش‌ها در Sox۳ عمدتاً بر هیپوتالاموس در مغز تأثیر می‌گذارند، که به غده هیپوفیز دستور می‌دهد تا هورمون‌ها را آزاد کند. با این حال، این ژن معمولاً در سلول مغزی متفاوتی فعال است، بنابراین سوال مهم این بود که کدام سلول ها بیشترین تأثیر را از نبود این ژن دریافت می‌کنند.

دانشمندان کاهش تعداد در سلول‌هایی به نام گلیای NG۲ را مشاهده کردند، که نشان می‌دهد این سلول‌ها نقش حیاتی در القای بلوغ سلول های غده هیپوفیز در زمان از شیر گرفتن دارند، که قبلاً شناخته نشده بود. این موضوع می‌تواند تأثیر مرتبط با تولید هورمون را توضیح دهد.

سپس تیم تحقیقاتی موش‌ها را به مدت ۲۱ روز با دوز پایین آسپیرین درمان کردند. این کار باعث افزایش تعداد گلیای NG۲ در هیپوتالاموس و کاهش شدن علائم کم کاری هیپوفیز در موش‌ها شد.

اگرچه هنوز مشخص نیست که آسپیرین چگونه این اثر را داشته است، یافته‌ها نشان می‌دهند که می‌توان آن را به عنوان یک درمان بالقوه برای افرادی با جهش‌های Sox۳ یا سایر مواردی که در آن گلیای NG۲ آسیب دیده است، بررسی کرد.

یک کشف تصادفی در این پژوهش نقش باکتری‌های روده را در تولید هورمون نشان داد.

هنگامی که موسسه ملی تحقیقات پزشکی (NIMR) در سال ۲۰۱۵ با موسسه فرانسیس کریک ادغام شد، جنین های موش از ساختمان سابق به ساختمان جدید منتقل شدند و این شامل موش‌هایی با جهش در Sox۳ بود.

هنگامی که این موش‌ها به مرحله از شیر گرفتن رسیدند، محققان با کمال تعجب دریافتند که آن‌ها دیگر کمبودهای هورمونی مورد انتظار را ندارند.

پس از بررسی چندین علت احتمالی، پژوهشگر کریستوف گالیچه، میکروبیوم معده شامل باکتری‌ها، قارچ‌ها و ویروس‌هایی که در گوارشی زندگی می‌کنند - را در موش‌های کریک و موش‌های NIMR مقایسه کرد و چندین تفاوت در ترکیب و تنوع آن را مشاهده کرد که ممکن است به دلیل تغییر در رژیم غذایی، محیط، آب یا عوامل دیگری باشد که همراه با جابجایی رخ داده است.

او همچنین تعداد گلیای NG۲ را در موش های کریک را بررسی کرد و دریافت که این سلول ها نیز در سطح طبیعی هستند، که

نشان می‌دهد میکروبیوم موجود در موش های کریک به نوعی در برابر کم کاری هیپوفیز نقش محافظتی داشته است.
برای تأیید این نظریه، کریستوف مدفوع موش‌های NIMR را به موش‌های کریک پیوند زد و مشاهده کرد که موش‌های کریک این بار علائم کم کاری هیپوفیز را نشان دادند و تعداد گلیای NG۲ کمتری داشتند.
با اینکه مکانیسم دقیق این فرایند ناشناخته است، دانشمندان نتیجه گرفتند که ترکیب میکروبیوم گوارشی یک مثال از تاثیر عوامل محیطی بر پیامدهای یک جهش ژنتیکی است، که در این مورد بر عملکرد هیپوتالاموس و غده هیپوفیز تأثیر می‌گذارد.
کریستوف گالیچه، دانشمند ارشد سابق تحقیقات آزمایشگاهی در موسسه فرانسیس کریک و مدیر فعلی عملیات تحقیقاتی در مرکز Sainsbury Wellcome، گفت: "باعث شگفتی بود که متوجه شدیم تغییرات در میکروبیوم گوارشی، کم کاری هیپوفیز را در موش‌های بدون Sox۳ معکوس می‌کند. این موضوع برای من اثبات شده که چقدر مهم است که هنگام کار با حیوانات در تحقیق از همه عوامل متغیر، از جمله میکروبیوم، آگاه باشیم و بدانیم چگونه پرورش حیوانات بر ماهیت و طبیعت آن ها تاثیر دارد."

ScienceDaily

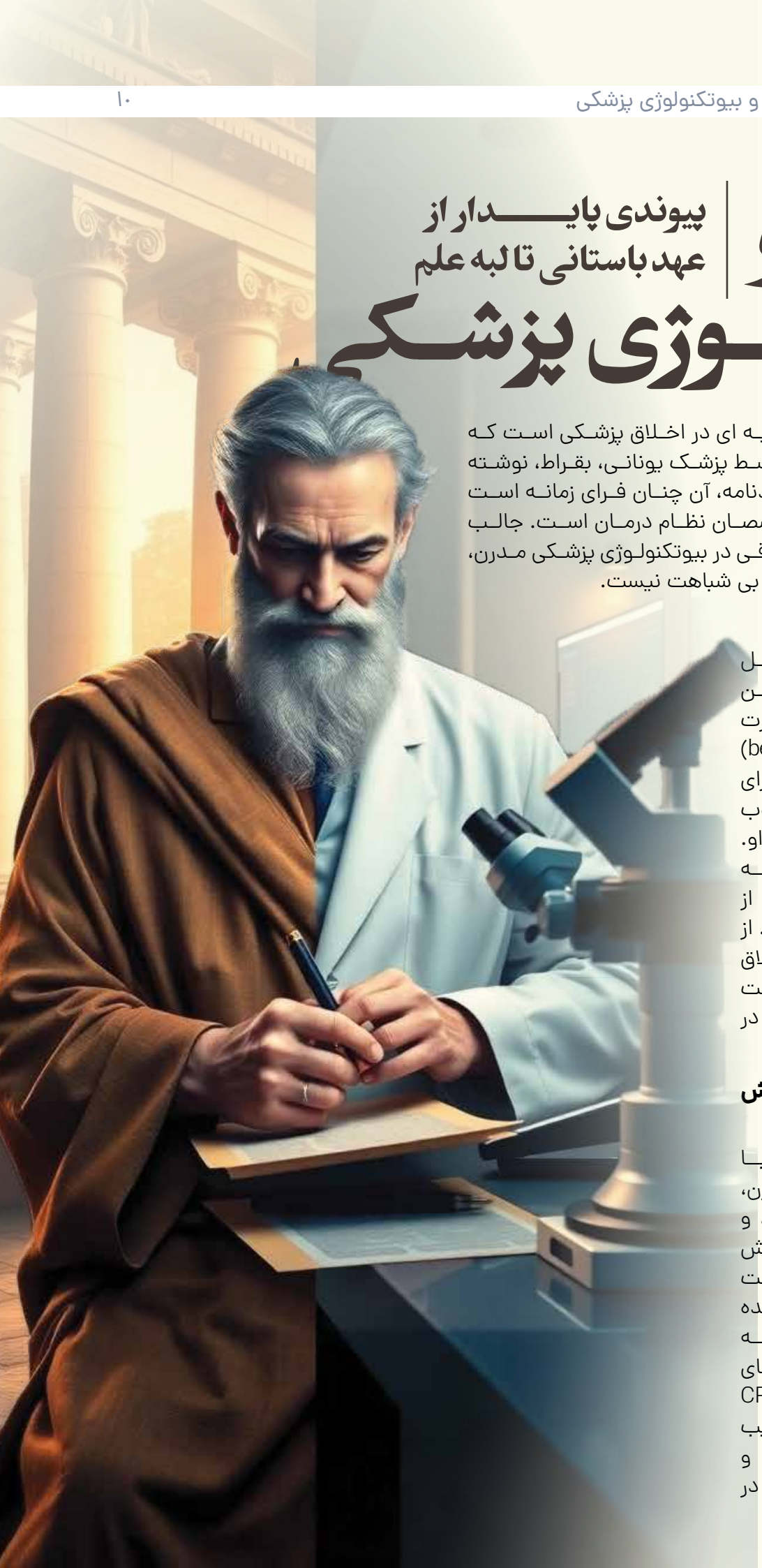
راز تشکیل ژن جدید

دانشمندان کشف کردند که ژن‌های جدید چگونه می‌توانند از ژن‌های قدیمی به وجود آیند.
محققان دانشگاه آریزونا در یک مطالعه جدید، به بررسی تکامل پروتئین‌های ضد یخ در ماهی‌ها پرداختند تا بفهمند ژن‌های جدید از کجا می‌آیند.
آن‌ها این پروتئین‌ها را در سه گونه غیرمرتبط ماهی بررسی کردند و نتایج شگفت‌انگیزی به دست آوردند. در حالی که پروتئین‌ها در هر گونه از نظر عملکرد و ساختار مشابه هستند، به طور مستقل از منابع ژنتیکی مختلف تکامل یافته‌اند. این پدیده، که به تکامل همگرا معروف است، یک مورد نادر از همگرایی توالی پروتئین است. این پدیده نشان می‌دهد که چگونه ویژگی‌های تطبیقی مشابه، و حتی توالی‌های پروتئینی تقریباً یکسان، می‌توانند از طریق مسیرهای تکاملی کاملاً متفاوت تولید شوند.
این مطالعه مثال های واضحی از مکانیسم‌های تکاملی مختلف را ارائه می‌دهد که می‌تواند منجر به تولد ژن‌های جدید شود. یافته‌ها نشان می‌دهند که ژن‌های جدید می‌توانند با استفاده مجدد از قطعات ژن های اجدادی در حالی که مناطق کدگذاری کاملاً جدید (بخش‌های کدکننده پروتئین DNA) را ترکیب می کنند، تشکیل شوند. این مفهوم نوآورانه، می تواند شکاف موجود بین شکل‌گیری ژن کاملا جدید از مناطق غیر کدکننده و مدل قدیمی که در آن عملکردهای جدید را حاصل ژن‌های تکثیر شده می دانست پر می کند.
این مطالعه، در مجله Molecular Biology and Evolution منتشر شد. کار این گروه همچنین یک مدل جدید را معرفی می‌کند که درک مکانیسم‌های پشت تکامل ژن جدید را پیش می‌برد: تکثیر، تخریب، تفاوت. این مدل توضیح می‌دهد که چگونه عملکردهای جدید می‌توانند از سودوژن های تخریب شده، ژن‌های عملکردی سابق که نقش اصلی خود را از دست داده‌اند، ایجاد شوند. این مدل همچنین نشان می دهد که چگونه ژن‌هایی که به نظر می‌رسد غیرعملکردی یا "Junk" هستند می‌توانند به چیزی کاملاً جدید تکامل یابند، مفهومی که پیامدهای قابل توجهی برای درک سازگاری در استرس محیطی شدید دارد.
این پژوهش یک گام قابل توجه به جلو در درک نحوه تولد و تکامل ژن‌های جدید است و چشم‌اندازهای جدیدی را در مورد نوآوری عملکردی یا بازیافت و سازگاری ژن ارائه می‌دهد.

ScienceDaily

بقراط و بیوتکنولوژی پزشکی

پیوندی پایدار از عهد باستانی تا لبه علم



سوگندنامه بقراط، یک سند پایه ای در اخلاق پزشکی است که بیش از دوهزار سال پیش، توسط پزشک یونانی، بقراط، نوشته شده است. اصول این سوگندنامه، آن چنان فرای زمانه است که حتی امروزه راهنمای متخصصان نظام درمان است. جالب اینجاست که دوراهی های اخلاقی در بیوتکنولوژی پزشکی مدرن، با چالش های اخلاقی زمانه بقراط، بی شباهت نیست.

اصول اصلی سوگند بقراط

سوگندنامه بقراط چند اصل اساسی و مهم دارد. از جمله این اصول خیرخواهی و عدم شرارت (beneficence and nonmaleficence) است: انجام دادن آنچه برای بیمار و بهبود سلامت او خوب است و پرهیز از آسیب زدن به او. رعایت عدالت و برابری در ارائه خدمات پزشکی یکی دیگر از موارد مورد تاکید بقراط است. از جمله موارد دیگری که در اخلاق پزشکی مهم است، رعایت استقلال بیمار در تصمیم گیری در مورد وضعیت خود است.

بیوتکنولوژی مدرن و چالش های اخلاقی

بیوتکنولوژی پزشکی مدرن، با پیشرفت‌هایش در ویرایش ژن، درمان با سلول‌های بنیادی، و پزشکی شخصی‌شده، با چالش های اخلاقی فراوانی مواجه است که به نوعی منعکس‌کننده چالش‌های بقراط است. به عنوان مثال، فناوری های ویرایش ژن مانند CRISPR-Cas۹ سوالاتی را در مورد ایجاد آسیب های احتمالی ناخواسته و پیامدهای اخلاقی کاربرد آن در

اصلاح جنین انسان ایجاد می کند. تحقیقات سلول های بنیادی، در حالی که برای درمان بیماری های مختلف امیدوار کننده است، مملو از بحث هایی در مورد استفاده از سلول های بنیادی جنینی بوده است.

نقش سوگندنامه بقراط در پزشکی مدرن

علیرغم پیشرفت های فراوان در تکنولوژی های پزشکی مدرن، اصول مندرج در سوگند بقراط همچنان کاربردی هستند. این اصول چارچوبی برای طی مسیر در چشم انداز پیچیده اخلاقی بیوتکنولوژی پزشکی ارائه می دهند. به عنوان مثال، اصل خیرخواهی محققان را در حصول اطمینان از اینکه کارشان به نفع بیماران است راهنمایی می کند، در حالی که عدم شرارت و سواستفاده، آن ها را بر آن می دارد تا خطرات و آسیب های بالقوه مرتبط با فناوری های جدید را در نظر بگیرند.

> در هر خانه‌ای که باید داخل شوم برای مفید بودن به حال بیماران وارد خواهم شد و از هر کار زشت ارادی و آلوده کننده به خصوص اعمال ناهنجار، با زنان و مردان، خواه آزاد و خواه برده باشند، اجتناب خواهم کرد.
>
> -بخشی از متن سوگندنامه بقراط

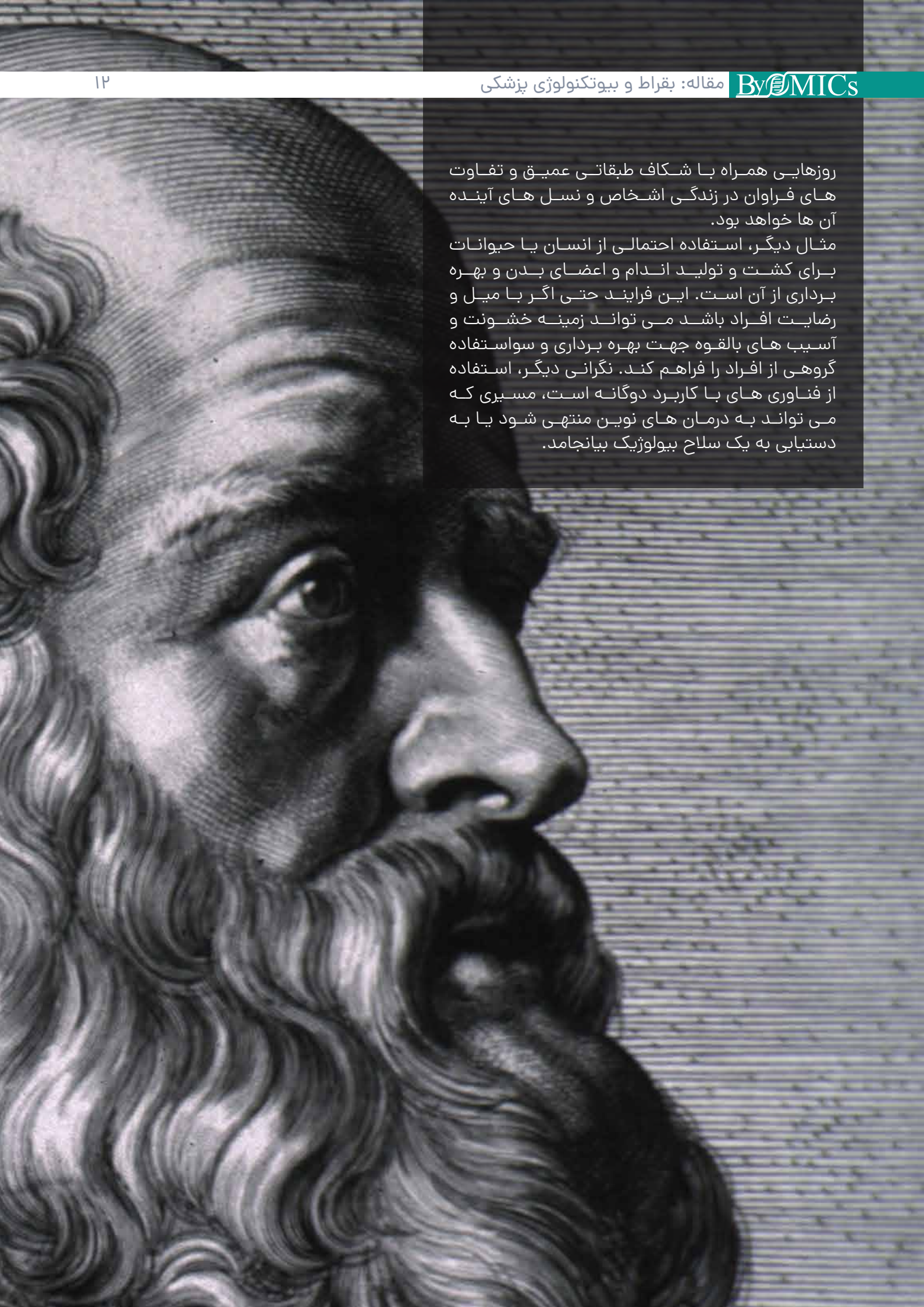
میراثی فرای زمان

میراث ماندگار سوگند بقراط در توانایی آن برای انطباق با چشم انداز در حال تکامل پزشکی نهفته است. با ادامه پیشرفت بیوتکنولوژی پزشکی، متخصصان مراقبت های بهداشتی باید با معضلات اخلاقی جدید دست و پنجه نرم کنند. با بازگشت به اصول بنیادین مندرج در سوگند بقراط، آنها می توانند اطمینان حاصل کنند که اقدامات آنها با شفقت، احترام و تعهد به رفاه بیمارانشان هدایت می شود.

بیوتکنولوژی سوگند بقراط را به چالش می کشد

در حالی که بیوتکنولوژی این پتانسیل را دارد که مراقبت های بهداشتی را متحول کند، اما سوالات اخلاقی را نیز مطرح می کند که می تواند اصول ذکر شده در سوگند بقراط را به چالش بکشد.

برای مثال، در مورد کاربرد مهندسی ژنتیک در بهبود ویژگی های یک ارگانیسم، این پرسش مطرح می شود که آیا این فرایند برای ارگانیسم کاملا بی خطر است یا عوارضی ناخواسته در پی خواهد داشت؟ با اینکه مهندسی ژنتیک در میکروارگانیسم ها، گیاهان و برخی مهره داران انجام میشود اما این پرسش در مورد کاربرد مهندسی ژنتیک در انسان حساسیت های بسیار بیشتری را بر می انگیزد. استفاده از روش های نوین مهندسی ژنتیک برای طراحی نوزادی با ویژگی های صد در صد مطلوب و گزینش شده توسط والدین، اصل سودمندی را زیر سوال می برد و همچنین عدالت و برابری را در جامعه به چالش می کشد. آینده با افرادی که به تکنولوژی طراحی یک جنین مطلوب دسترسی دارند، احتمالا



روزهایی همراه با شکاف طبقاتی عمیق و تفاوت های فراوان در زندگی اشخاص و نسل های آینده آن ها خواهد بود.
مثال دیگر، استفاده احتمالی از انسان یا حیوانات برای کشت و تولید اندام و اعضای بدن و بهره برداری از آن است. این فرایند حتی اگر با میل و رضایت افراد باشد می تواند زمینه خشونت و آسیب های بالقوه جهت بهره برداری و سواستفاده گروهی از افراد را فراهم کند. نگرانی دیگر، استفاده از فناوری های با کاربرد دوگانه است، مسیری که می تواند به درمان های نوین منتهی شود یا به دستیابی به یک سلاح بیولوژیک بیانجامد.

آغازگر تکثیر

نکات کاربردی برای طراحی پرایمر

آزمایش واکنش زنجیره ای پلیمراز یا همان PCR، یک فرایند مهم در آزمایشگاه های زیست شناسی محسوب می شود. آزمایشی که کاربردهای بسیار زیادی دارد: از تشخیص آلودگی به ویروس یا دوز ناچیز گرفته، تا ایجاد تغییرات و جهش در قطعه ژنی برای اهداف مهندسی ژنتیک. اما اگر طراحی پرایمر به خوبی انجام نشود، رسیدن به این اهداف غیر ممکن خواهد بود.

پرایمر همانطور که از نامش پیداست، یک آغازگر است: آغازگر واکنش زنجیره ای پلیمراز. در واقع این قطعه DNA کوتاه و تک رشته، انتهای ′۳ OH آزاد را برای آغاز فرایند سنتز DNA از رشته الگو توسط آنزیم DNA پلیمراز فراهم می کند. پرایمر با هدف اتصال به دو طرف قطعه ژنی که قصد تکثیر آن را داریم طراحی می شود. اتصال مناسب و دقیق پرایمر به جایگاه هدف در رشته الگو، می تواند بسیاری از خطاهای احتمالی در فرایند PCR را از بین ببرد. اما دقیق بودن این اتصال به چه عواملی بستگی دارد؟

طول پرایمر

طول ایده‌آل معمولاً بین ۱۸ تا ۲۴ نوکلئوتید است. پرایمرهای کوتاه‌تر، ممکن است به نواحی غیر اختصاصی متصل شوند. در واقع ممکن است برای یک پرایمر با تعداد نوکلئوتید اندک، الگوهای تصادفی زیادی در رشته الگو پیدا شود و تکثیر غیراختصاصی صورت بگیرد. هرچند این موضوع می تواند بسته به هدف ما از انجام PCR مفید و مورد استفاده باشد، برای مثال Random hexamer ها که در سنتز cDNA کاربرد دارند. علاوه براین، پرایمرهای بلندتر هم ممکن است به دلیل دمای ذوب بالا، کارایی کمتری داشته باشند.

دمای ذوب

دمای ذوب یا Melting temperature دمایی است که در آن نیمی از پرایمرها از رشته الگو جدا می شوند. این دما در تنظیم دمای مرحله اتصال یا Annealing در سیکل های PCR کاربرد دارد. فرمول های متفاوتی برای محاسبه Tm پرایمر وجود دارد که توسط نرم افزارهای مختلف طراحی پرایمر استفاده می شود. Tm مناسب برای پرایمرها بین ۵۲ تا ۵۸ درجه سانتی‌گراد است. همچنین باید به این نکته توجه کرد که اختلاف Tm بین دو پرایمر حداکثر ۳ درجه سانتی‌گراد باشد. Tm پایین پرایمر احتمال اتصال غیر اختصاصی را افزایش می‌دهد. Tm بالا هم ممکن است به دلیل عدم هیبریداسیون مناسب، کارایی PCR را کاهش دهد.

درصد G/C

نسبت نوکلئوتید با بازهای G و C به نوکلئوتیدهای دارای A و T در پرایمر مهم است. بازهای G و C با سه پیوند هیدروژنی با هم جفت می شوند و اتصالی محکم تر نسبت به جفت شدن بازهای T و A با دو پیوند هیدروژنی برقرار می کنند. با توجه به این موضوع درصد GC مناسب در پرایمر بین ۴۰ تا ۶۰ درصد است. درصد GC بسیار پایین یا بسیار بالا ممکن است باعث تشکیل ساختارهای ثانویه در پرایمر یا اتصال غیر اختصاصی به DNA الگو شود. بهتر است انتهای ′OH۳ پرایمر به یکی از دو نوکلئوتید C یا G ختم شود تا اتصال محکمی در این ناحیه مهم داشته باشیم. با این وجود بهتر است در ۵ نوکلئوتید آخر این ناحیه بیش از ۲ یا ۳ نوکلئوتید G/C نداشته باشیم.

ساختارهای ثانویه

در طراحی پرایمر باید دقت کرد که توالی طراحی شده تا حد امکان ساختارهای ثانویه مانند دایمرهای پرایمر یا سنجاق‌سر تشکیل ندهد. ساختارهای سنجاق سری، بر اثر مکمل شدن نوکلئوتید های یک پرایمر با خود اتفاق می افتد. ایجاد حالت دایمر نیز بین دو پرایمر یکسان یا بین پرایمر های متفاوت در یک واکنش ممکن است رخ دهد. در همه این حالات، احتمال اتصال پرامر به رشته الگو کم می شود. در هر حال، گاهی تشکیل ساختارهای ثانویه اجتناب ناپذیر است، مخصوصا وقتی به دنبال تکثیر دقیق یک قطعه مشخص هستیم. در این حالت باید تلاش کرد تا حدالامکان انتهای ′OH۳ پرایمر آزاد باشد و به خوبی به الگو متصل شود. همچنین باید به دمایی که ساختارهای ثانویه در آن شکل می گیرند توجه کرد. برای بررسی این موارد استفاده از نرم‌افزارهای پیش‌بینی کننده ساختار ثانویه کمک کننده است.

پرهیز از تکرار

برای جلوگیری از اتصال غیر اختصاصی پرایمر، باید از تکرار متوالی یک باز در توالی پرایمر پرهیز شود.

در نهایت اگر نمونه مورد نظر شما، ژنوم یک سلول است، به کمک دیتابیس های مربوطه، پرایمر را در طول ژنوم بلاست کنید تا از اتصال اختصاصی آن به الگو مطمئن شوید.

برای طراحی پرایمر می توانید از نرم افزارهای تخصصی زیادی کمک بگیرید از جمله OligoV و Beacon Designer

BIO-RAD

نسخه پیچی بایو-رد برای PCR ما

مشکلات احتمالی PCR و راه حل آن ها

بعد از محاسبه غلظت ها و تهیه میکس PCR و قراردادن میکروتیوب ها در ترموسایکلر و تنظیم مراحل PCR، با امیدواری نمونه ها را در ژل الکتروفورز می بریم. گاهی نتیجه مطلوب نیست و از دیدن باندهای به دست آمده نا امید می شویم. در این موارد، توصیه BIO-RAD چیست؟

باندی وجود ندارد یا باند ضعیف است

دلایل مرتبط با زمان و دمای سیکل ها

تعداد کم سیکل ها

استفاده از تعداد سیکل های کم، می تواند به تکثیر ضعیف قطعه منتهی شود. از ۲۰-۳۵ سیکل استفاده کنید. وقتی غلظت قطعه الگو کم است، از تعداد سیکل بیشتر و وقتی غلظت قطعه الگو زیاد است از تعداد سیکل کمتری استفاده کنید.

کوتاه بودن زمان Extension

اگر زمان طویل سازی بیش از حد کوتاه باشد، تکثیر قطعه به صورت کامل انجام نخواهد شد. به صورت کلی، به ازای هر 1kb مدت یک دقیقه را در نظر بگیرید.

کوتاه بودن زمان Annealing

اگر زمان اتصال پرایمرها کم باشد، پرایمر فرصتی برای اتصال به الگو پیدا نمی کند. حداقل ۳۰ ثانیه برای این مرحله لحاظ کنید.

زیاد بودن دما ی Annealing

اگر دمای درنظر گرفته شده برای این مرحله زیاد باشد، پرایمر قادر به اتصال به الگو نخواهد بود. به عنوان یک قانون کلی، دمای مرحله Annealing را ۵درجه سانتی گراد کمتر از Tm پرایمرها تنظیم کنید. برای محاسبه Tm پرایمرها از نرم افزارهای مربوطه (مانند Oligocalc) با وارد کردن غلظت پیش فرض نمک و غلظت مناسب پرایمر (بسته به واکنش شما) استفاده کنید. هنگام تنظیم دمای مرحله Annealing از کمترین Tm محاسبه شده برای پرایمرها استفاده کنید. اگر ۵درجه سانتی گراد کمتر از Tm پرایمر، به دمای مرحله Extension (۷۲ درجه) نزدیک است، استفاده از PCR دو مرحله ای را در نظر بگیرید. دمای Annealing نباید از دمای Extension بیشتر باشد.

کم بودن دمای Denaturation

اگر دمای این مرحله کم باشد، DNA الگو به خوبی از هم باز نمی شود و تکثیر قوی صورت نمی گیرد. از دمای ۹۵ درجه سانتی گراد برای این مرحله استفاده کنید.

طولانی بودن زمان Denaturation

اگر زمان این مرحله طولانی باشد، احتمال تخریب DNA بالا می رود. برای تنظیم زمان این مرحله از ۳ دقیقه برای Denaturation اولیه و زمان ۳۰ ثانیه برای Denaturation در هر سیکل استفاده کنید.

کوتاه بودن زمان Denaturation

کوتاه بودن زمان این مرحله باعث می شود دو رشته الگو به خوبی از هم باز نشده و تکثیر مناسبی صورت نگیرد.

باندی وجود ندارد یا باند ضعیف است

دلایل مرتبط با ترکیبات PCR

زیاد بودن غلظت dNTP

اگر غلظت dNTP خیلی زیاد باشد، یون منیزیم از محیط تخلیه می شود. هر کدام از نوکلئوتیدها باید با غلظت در ۲۰۰ میکرومولار در واکنش نهایی وجود داشته باشند.

کم بودن غلظت dNTP

هر کدام از نوکلئوتیدها باید با غلظت در ۲۰۰ میکرومولار در واکنش نهایی وجود داشته باشند.

درصد زیاد GC (بیش از ۶۵درصد)

در محصول PCR: تکثیر محتوای غنی از GC دشوار است. برای بهینه کردن تکثیر، دمای Annealing را بیشتر کنید. برای نتیجه دقیق تر، دمای Annealing را با استفاده از شیب دمایی (Thermal gradient) بهینه کنید. از DMSO یا سایر ناپایدارکننده های ترکیب ثانویه استفاده کنید.

آسیب، تخریب یا آلودگی به محدودکننده ها در قطعه الگو

قطعه الگو ممکن است شکسته یا حاوی مهارکننده های PCR باشد. در صورت احتمال آلودگی به مهارکننده ها، الگوی موجود را رقیق کنید. در غیر این صورت، از الگوی تازه استفاده کنید و چرخه ها را افزایش دهید. یک واکنش کنترلی را امتحان کنید که در آن از یک پلاسمید خالص در کنار الگو استفاده می‌کنید تا مشخص کنید آیا اثرات مهارکننده وجود دارد یا خیر.

وجود ناخالص ی در پرایمرها

وجود آلودگی در پرایمرها ممکن است PCR را مهار کند. از پرایمرهای نمک زدایی شده یا پرایمرهای با خلوص بالا استفاده کنید. برای تعیین وجود اثر مهاری می توانید پرایمرها را رقیق کنید، اما مقدار پرایمرها کمتر از ۰/۰۲ میکرومولار نشود.

کافی نبودن مقدار الگو

اگر مقدار اولیه الگو کم باشد، نتیجه مطلوب حاصل نمی شود. تعداد ۵ سیکل به PCR اضافه کنید یا در صورت امکان از الگوی بیشتری استفاده کنید.

استفاده از dNTP ناخالص

وجود آلودگی در مخلوط dNTP می تواند به نتیجه نامطلوب در تکثیر یا مهار PCR منتهی شود. از dNTP با کیفیت استفاده کنید.

زیاد بودن غلظت پرایمرها

غلظت بیش از حد پرایمرها می تواند احتمال اتصال غیر اختصاصی پرایمرها به مکان های غیراختصاصی روی الگو یا به یکدیگر را افزایش دهد. علاوه بر توجه به طراحی خوب پرایمر، در واکنش نهایی از پرایمرهایی با غلظت ۰/۲-۱ میکرومولار استفاده کنید. به علاوه مطمئن شوید که غلظت اعلام شده توسط سازنده پرایمر صحیح باشد.

کم بودن غلظت پرایمرها

در صورت کم بودن غلظت پرایمرها، اتصال مناسبی با الگو برقرار نمی شود. علاوه بر توجه به طراحی خوب پرایمر، در واکنش نهایی از پرایمرهایی با غلظت ۰/۲-۱ میکرومولار استفاده کنید. به علاوه مطمئن شوید که غلظت اعلام شده توسط سازنده پرایمر صحیح باشد.

کم بودن غلظت آنزیم

اگر غلظت پلیمراز کم باشد، تمام محصولات PCR به صورت کامل تکثیر نمی شوند. غلظت بهینه آنزیم، به طول الگو و پیچیدگی آن بستگی دارد.

طراحی یا سنتز نادرست پرایمر

مطمئن شوید که پرایمرها توالی درستی دارند و مکمل الگو هستند. برای جلوگیری از خطاهای احتمالی نظیر تکرار نوکلئوتید، از نرم افزارهای طراحی پرایمر استفاده کنید. پرایمر را BLAST کنید تا از دقیق بودن پرایمر نسبت به توالی هدف خود مطمئن شوید. برای محاسبه Tm پرایمرها از نرم افزارهای مربوطه (مانند Oligocalc) با وارد کردن غلظت پیش فرض نمک و غلظت مناسب پرایمر (بسته به واکنش شما) استفاده و از کمترین Tm محاسبه شده برای پرایمرها استفاده کنید.

طولانی بودن قطعه هدف

غلظت ترکیبات مورد استفاده یا شرایط سیکل ها ممکن است برای توالی های طولانی کافی نباشد. مراحل PCR را مجددا بهینه سازی کنید و مراحل هر سیکل، مخصوصا زمان Extension را طولانی کنید.

باندی وجود ندارد یا باند ضعیف است

دلایل مرتبط با ترکیبات PCR

ناخالصی آب

آب مورد استفاده ممکن است در استفاده های قبلی و حین پیپتینگ آلوده شده باشد. از آب عاری از نوکلئاز تازه استفاده کنید.

کافی نبودن یون منیزیم

منیزیم ناکافی یا حذف شده منجر به عدم تولید محصول PCR یا کاهش آن می شود. در واکنش نهایی از ۱/۵ میلی مولار منیزیم استفاده کنید.

باندی وجود ندارد یا باند ضعیف است

دلایل مرتبط با اضافه نکردن ترکیبات

اضافه نکردن هریک از ترکیبات به مخلوط واکنش باعث جواب ندادن آزمایش می شود. از اضافه کردن ترکیبات در غلظت های مناسب مطمئن شوید. در مورد آنزیم، اگر فکر می کنید آنزیم مورد استفاده غیرفعال شده، از آنزیم جدید استفاده کنید.

وجود باند غیراختصاصی یا باند پرایمر-دایمر

دلایل مرتبط با زمان و دمای سیکل ها

زیاد بودن تعداد سیکل ها

تعداد بیش از حد سیکل ها می تواند احتمال تکثیر غیر اختصاصی یا خطا را بیشتر کند. از ۲۰-۳۵ سیکل استفاده کنید. وقتی غلظت قطعه الگو کم است، از تعداد سیکل بیشتر و وقتی غلظت قطعه الگو زیاد است از تعداد سیکل کمتری استفاده کنید.

طولانی بودن زمان Extension

اگر زمان طویل سازی بیش از حد طولانی باشد، احتمال تکثیر غیراختصاصی زیاد می شود. به صورت کلی، به ازای هر 1kb مدت یک دقیقه را در نظر بگیرید.

طولانی بودن زمان Annealing

اگر زمان اتصال پرایمرها زیاد باشد، احتمال آغاز غیراختصاصی واکنش زیاد می شود. زمان ۳۰ ثانیه برای این مرحله لحاظ کنید.

کم بودن دمای Annealing

اگر دمای درنظر گرفته شده برای این مرحله کم باشد، اتصال پرایمر به الگو اختصاصی نخواهد بود. به عنوان یک قانون کلی، دمای مرحله Annealing را ۵درجه سانتی گراد کمتر از Tm پرایمرها تنظیم کنید. برای محاسبه Tm پرایمرها از نرم افزارهای مربوطه (مانند Oligocalc) با وارد کردن غلظت پیش فرض نمک و غلظت مناسب پرایمر (بسته به واکنش شما) استفاده کنید. هنگام تنظیم دمای مرحله Annealing از کمترین Tm محاسبه شده برای پرایمرها استفاده کنید. برای نتیجه دقیق تر، دمای Annealing را با استفاده از شیب دمایی (Thermal gradient) بهینه کنید. از DMSO یا سایر ناپایدارکننده های ترکیب ثانویه استفاده کنید.

آهسته بودن سرعت تغییر دمای Thermal cycler

آهسته بودن سرعت تغییر دمای دستگاه، می تواند باعث طولانی شدن دمای کم، و افزایش احتمال غیر اختصاصی پرایمرها شود. سرعت تغییر دما را در بیشترین حالت ممکن تنظیم کنید.

نادرست بودن Tm محاسبه شده برای پرایمر

اگر غلظت پرایمر به درستی محاسبه نشود، محاسبه Tm و دمای Annealing نیز درست نخواهد بود. برای محاسبه Tm پرایمرها از نرم افزارهای مربوطه (مانند Oligocalc) با وارد کردن غلظت پیش فرض نمک و غلظت مناسب پرایمر (بسته به واکنش شما) استفاده کنید. هنگام تنظیم دمای مرحله Annealing از کمترین Tm محاسبه شده برای پرایمرها استفاده کنید.

وجود باند غیراختصاصی یا باند پرایمر-دایمر

دلایل مرتبط با ترکیبات PCR

وجود ناخالصی در پرایمرها

وجود آلودگی در پرایمرها ممکن است PCR را مهار کند. از پرایمرهای نمک زدایی شده یا پرایمرهای با خلوص بالا استفاده کنید. برای تعیین وجود اثر مهاری می توانید پرایمرها را رقیق کنید، اما مقدار پرایمرها کمتر از ۰/۰۲ میکرومولار نشود.

زیاد بودن غلظت پرایمرها

غلظت بیش از حد پرایمرها می تواند احتمال اتصال غیر اختصاصی پرایمرها به مکان های غیراختصاصی روی الگو یا به یکدیگر را افزایش دهد. علاوه بر توجه به طراحی خوب پرایمر، در واکنش نهایی از پرایمرهایی با غلظت ۰/۲-۱ میکرومولار استفاده کنید. به علاوه مطمئن شوید که غلظت اعلام شده توسط سازنده پرایمر صحیح باشد.

طراحی یا سنتز نادرست پرایمر

مطمئن شوید که پرایمرها توالی درستی دارند و مکمل الگو هستند. برای جلوگیری از خطاهای احتمالی نظیر تکرار نوکلئوتید، از نرم افزارهای طراحی پرایمر استفاده کنید. پرایمر را BLAST کنید تا از دقیق بودن پرایمر نسبت به توالی هدف خود مطمئن شوید. برای محاسبه Tm پرایمرها از نرم افزارهای مربوطه (مانند Oligocalc) با وارد کردن غلظت پیش فرض نمک و غلظت مناسب پرایمر (بسته به واکنش شما) استفاده و از کمترین Tm محاسبه شده برای پرایمرها استفاده کنید.

استفاده از dNTP ناخالص

وجود آلودگی در مخلوط dNTP می تواند به نتیجه نامطلوب در تکثیر یا مهار PCR منتهی شود. از dNTP با کیفیت استفاده کنید.

زیاد بودن غلظت یون منیزیم

منیزیم باعث اتصال غیراختصاصی پرایمر و تولید محصولات غیراختصاصی می شود. غلظت منیزیم در مخلوط نهایی را کاهش دهید.

ناخالصی آب

آب مورد استفاده ممکن است در استفاده های قبلی و حین پیپتینگ آلوده شده باشد. از آب عاری از نوکلئاز تازه استفاده کنید.

وجود باند اسمیر

دلایل مرتبط با زمان و دمای سیکل ها

زیاد بودن تعداد سیکل ها

تعداد بیش از حد سیکل ها می تواند احتمال تکثیر غیر اختصاصی یا خطا را بیشتر کند. از ۲۰-۳۵ سیکل استفاده کنید. وقتی غلظت قطعه الگو کم است، از تعداد سیکل بیشتر و وقتی غلظت قطعه الگو زیاد است از تعداد سیکل کمتری استفاده کنید.

طولانی بودن زمان Extension

اگر زمان طویل سازی بیش از حد طولانی باشد، احتمال تکثیر غیراختصاصی زیاد می شود. به صورت کلی، به ازای هر ۱kb مدت یک دقیقه را در نظر بگیرید.

طولانی بودن زمان Annealing

اگر زمان اتصال پرایمرها زیاد باشد، احتمال آغاز غیراختصاصی واکنش زیاد می شود. زمان ۳۰ ثانیه برای این مرحله لحاظ کنید.

کم بودن زمان Annealing

اگر دمای درنظر گرفته شده برای این مرحله کم باشد، اتصال پرایمر به الگو اختصاصی نخواهد بود. به عنوان یک قانون کلی، دمای مرحله Annealing را ۵درجه سانتی گراد کمتر از Tm پرایمرها تنظیم کنید. برای محاسبه Tm پرایمرها از نرم افزارهای مربوطه (مانند Oligocalc) با وارد کردن غلظت پیش فرض نمک و غلظت مناسب پرایمر (بسته به واکنش شما) استفاده کنید. هنگام تنظیم دمای مرحله Annealing از کمترین Tm محاسبه شده برای پرایمرها استفاده کنید. برای نتیجه دقیق تر، دمای Annealing را با استفاده از شیب دمایی (Thermal gradient) بهینه کنید. از DMSO یا سایر ناپایدارکننده های ترکیب ثانویه استفاده کنید.

وجود باند اسمیر

دلایل مرتبط با زمان و دمای سیکل ها

آهسته بودن سرعت تغییر دمای Thermal cycler

آهسته بودن سرعت تغییر دمای دستگاه، می تواند باعث طولانی شدن دمای کم، و افزایش احتمال غیر اختصاصی پرایمرها شود. سرعت تغییر دما را در بیشترین حالت ممکن تنظیم کنید.

نادرست بودن Tm محاسبه شده برای پرایمر

اگر غلظت پرایمر به درستی محاسبه نشود، محاسبه Tm و دمای Annealing نیز درست نخواهد بود. برای محاسبه Tm پرایمرها از نرم افزارهای مربوطه (مانند Oligocalc) با وارد کردن غلظت پیش فرض نمک و غلظت مناسب پرایمر (بسته به واکنش شما) استفاده کنید. هنگام تنظیم دمای مرحله Annealing از کمترین Tm محاسبه شده برای پرایمرها استفاده کنید.

وجود باند اسمیر

دلایل مرتبط با ترکیبات PCR

زیاد بودن الگو

زیاد بودن الگو می تواند باعث ایجاد اثر مهاری بر پلیمراز شود یا اینکه باز شدن رشته ها از هم به خوبی صورت نگیرد. تعداد سیکل ها را کاهش دهید. غلظت الگو را کاهش دهید. زمان یا دمای Denaturation را افزایش دهید.

وجود اگزونوکلئاز در الگو یا تخریب شدن آن

از الگوی تازه استفاده کنید.

وجود ناخالصی در پرایمرها

وجود آلودگی در پرایمرها ممکن است PCR را مهار کند. از پرایمرهای نمک زدایی شده یا پرایمرهای با خلوص بالا استفاده کنید. برای تعیین وجود اثر مهاری می توانید پرایمرها را رقیق کنید، اما مقدار پرایمرها کمتر از ۰/۰۲ میکرومولار نشود.

طراحی یا سنتز نادرست پرایمر

مطمئن شوید که پرایمرها توالی درستی دارند و مکمل الگو هستند. برای جلوگیری از خطاهای احتمالی نظیر تکرار نوکلئوتید، از نرم افزارهای طراحی پرایمر استفاده کنید. پرایمر را BLAST کنید تا از دقیق بودن پرایمر نسبت به توالی هدف خود مطمئن شوید. برای محاسبه Tm پرایمرها از نرم افزارهای مربوطه (مانند Oligocalc) با وارد کردن غلظت پیش فرض نمک و غلظت مناسب پرایمر (بسته به واکنش شما) استفاده و از کمترین Tm محاسبه شده برای پرایمرها استفاده کنید.

استفاده از dNTP ناخالص

وجود آلودگی در مخلوط dNTP می تواند به نتیجه نامطلوب در تکثیر یا مهار PCR منتهی شود. از dNTP با کیفیت استفاده کنید.

ناخالصی آب

آب مورد استفاده ممکن است در استفاده های قبلی و حین پیپتینگ آلوده شده باشد. از آب عاری از نوکلئاز تازه استفاده کنید.

مقایسه سریع
SnapGene یا CLC

در دنیای زیست‌شناسی مولکولی، تحلیل توالی‌های زیستی یا بررسی و طراحی نقشه سازه های ژنی، یکی از مراحل مهم تحقیقات است. این بررسی ها تقریبا در تمام مراحل مهندسی ژنتیک و کلونینگ به کار می آید: ناحیه هدف برای PCR کجای سازه ژنی است؟ آیا پرایمرها به درستی متصل می شوند؟ برای خارج کردن یک قطعه، از کدام آنزیم های محدود کننده استفاده کنیم؟ آیا توالی های تنظیمی برای بیان پروتئین به درستی انتخاب شده اند؟ پاسخ تمام این پرسش ها از طریق بررسی سازه ژنی به دست می آید.
نرم‌افزارهای متعددی برای این منظور توسعه یافته‌اند که هر کدام مزایا و معایب خاص خود را دارند. دو نرم‌افزار پرکاربرد در این زمینه، SnapGene و CLC هستند. در این مقاله، به مقایسه ویژگی‌ها، کاربردها و تفاوت‌های این دو نرم‌افزار می‌پردازیم. در نهایت انتخاب نرم افزار مناسب با شماست.

CLC محصول کمپانی بزرگ و مطرح QIAGENE است	Snapgene محصول GSL Biotech است که در حیطه نرم افزارهای بیوتکنولوژی فعالیت می کند.
رابط کاربری نسبتا سخت تر و مراحل پیچیده تر نیاز به آموزش در برخی کاربردها	رابط کاربری ساده تر، محیط کاربرپسندتر
تصاویر ایجاد شده با ظاهر گرافیکی ساده تر	تصاویر گرافیکی جذاب مناسب برای ارائه ها
تحلیل جامع داده های NGS، آنلیز بیان ژن، متاژنومیکس، مسیرهای بیوشیمیایی، آنالیز جوامع میکروبی	رابط کاربردی آسان برای طراحی و شبیه سازی کلونینگ، ویراش نقشه های سازه ژنی
امکان شبیه سازی ژل الکتروفورز برای مواردی همچون PCR و هضم آنزیمی	آسان تر برای تصویر سازی ژل الکتروفورز برای هضم آنزیمی یا PCR
امکان طراحی سازه های CRISPR-Cas۹ و شبیه سازی نتایج ویرایش ژنوم	ابزارهای محدودتر برای شبیه سازی ویرایش ژنوم
در مجموع، ابزارهایی حرفه ای تر با قابلیت های بیشتر و جزئیات دقیق تر دارد، هرچند مراحل کار پیچیده تر بوده و ممکن است نیاز به آموزش باشد	رابط کاربری ساده تر و امکان به نتیجه رسیدن طی مراحل کمتر پیچیده، مناسب برای افراد با سطوح تجربه مختلف

Jalview یکی از نرم‌افزارهای قدرتمند و پرکاربرد در زمینه بیوانفورماتیک است که برای ویرایش، نمایش و تحلیل هم‌ردیفی‌های چندگانه توالی‌ها به کار می‌رود. این نرم‌افزار با رابط کاربری کاربرپسند و قابلیت‌های متنوع، ابزاری ارزشمند برای پژوهشگران در حوزه زیست‌شناسی مولکولی به شمار می‌آید. در این مقاله، به معرفی برخی ویژگی های کلیدی Jalview می پردازیم. هرچند این نرم افزار قابلیت هایی فراتر از موارد ذکر شده دارد.

معرفی نرم افزار Jalview

ویرایش و نمایش هم‌ردیفی‌های چندگانه

Jalview امکان ویرایش دستی هم‌ردیفی‌ها، تغییر رنگ‌های پس‌زمینه، اضافه کردن یادداشت‌ها و همچنین نمایش انواع مختلف هم‌ردیفی‌ها (مانند Clustal، FASTA) را فراهم می‌کند.

تحلیل فیلوژنی

با استفاده از Jalview می‌توان درخت‌های فیلوژنی را محاسبه و نمایش داد و روابط تکاملی بین توالی‌ها را بررسی کـــــرد.

نمایش ساختارهای سه‌بعدی

Jalview دارای پلاگین‌های مختلفی است که قابلیت‌های آن را گسترش می دهند، مانند پلاگین‌هایی برای پیش‌بینی ساختار ثانویه پروتئین‌ها، شناسایی دامنه‌های پروتئینی و ... .

پلاگین‌های متنوع

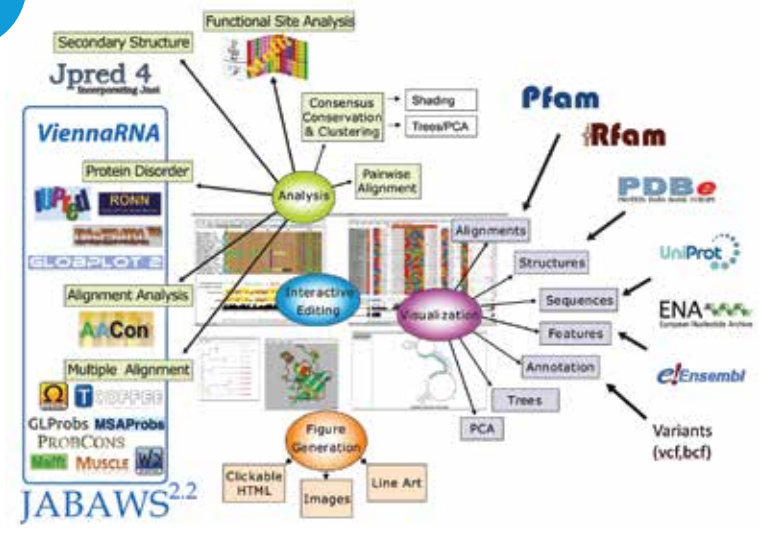
Jalview قابلیت نمایش همزمان هم‌ردیفی‌های توالی و ساختارهای سه‌بعدی پروتئین‌ها را دارد که به درک بهتر رابطه بین توالی و ساختار کمک می‌کند.

رابط کاربری مناسب

Jalview دارای رابط کاربری گرافیکی ساده و روانی است که استفاده از آن را برای کاربران آسان می‌کند.

پشتیبانی از فرمت‌های مختلف فایل

Jalview از فرمت‌های مختلف فایل شامل FASTA، Clustal، Phylip و بسیاری دیگر پشتیبانی می‌کند.



زنی که جهان را واکسینه کرد

کاتالین کاریکو، پیشگام عصر جدید پزشکی

کاتالین کاریکو، نامی که شاید تا چند سال پیش برای بسیاری ناشناخته بود، اما امروزه به عنوان یکی از درخشان‌ترین ستارگان عرصه علم شناخته می‌شود. داستانی که او رقم زد، داستانی از پشتکار، اراده و نوآوری است که چشم انداز دانش سلامت را توسعه داد.

کاتالین، زنی مجارستانی با روحیه‌ای جستجوگر، در دنیای پیچیده RNA قدم گذاشت. در دنیایی که برخی از محققان آن را بن‌بستی برای تحقیقات می‌دانستند، او به دنبال رازهایی بود که می‌توانست انقلابی در درمان بیماری‌ها ایجاد کند. سال‌ها تلاش بی‌وقفه، روبرو شدن با تردیدها و حتی شکست‌ها، او را از مسیرش باز نداشت.

درست زمانی که بسیاری از همکارانش تحقیقات روی RNA را رها کردند، کاتالین همچنان به کاوش در ژرفای دانش بیومولکول ها ادامه داد. او به همراه همکارش درو وایسمن، به کشفی شگفت انگیز دست یافتند: با اصلاح ساختار RNA می‌توان از واکنش های ایمنی ناخواسته جلوگیری کرد و به این ترتیب، از این مولکول کوچک برای تولید واکسن های کارآمد استفاده کرد.

این کشف، نقطه‌عطفی در تاریخ پزشکی بود. با شیوع همه‌گیری کووید-۱۹، فناوری mRNA که کاتالین و وایسمن توسعه داده بودند، به سرعت برای تولید واکسن‌های موثر به کار گرفته شد. واکسن‌هایی که جهان را از چنگال یک بیماری کشنده نجات دادند.

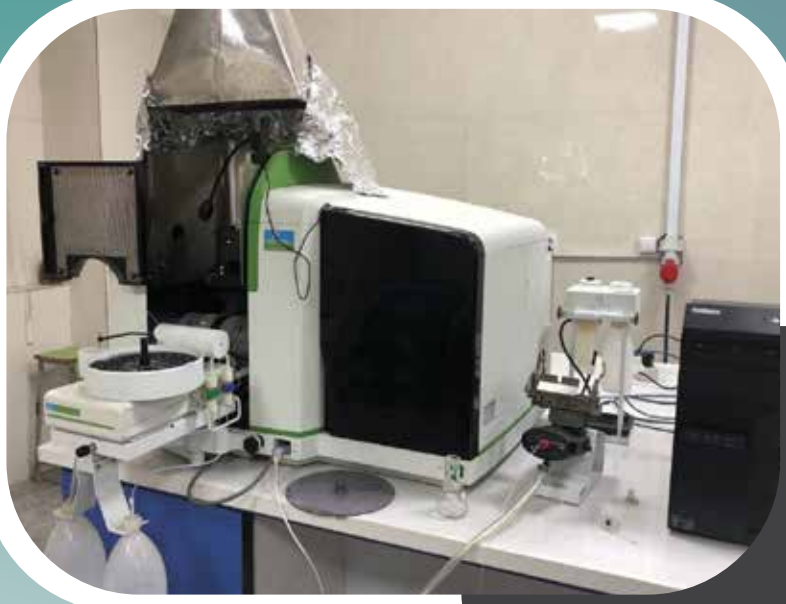
کاتالین کاریکو نه تنها به عنوان یک دانشمند برجسته، بلکه به عنوان الگویی برای نسل‌های آینده شناخته می شود. زنی که با پشتکار و اراده، مرزهای دانش را گسترش داد و به بشریت خدمت کرد.

دستاورد کاتالین یک روایت جذاب است از تبدیل ایده به واقعیت، او ایده‌هایی داشت که بسیاری آن‌ها را غیرممکن می‌دانستند. اما با اراده ای راسخ و تلاش بی وقفه، این ایده‌ها را به واقعیت تبدیل کرد. ماجرایی الهام بخش که نشان می دهد، اراده راسخ لازمه رسیدن به اهداف و پشت سر گذاشتن چالش هاست.

کاریکو اثبات کرد که حتی کوچک‌ترین مولکول‌ها می توانند بزرگ‌ترین تاثیرها را بر روی زندگی انسان‌ها داشته باشند. داستان او، داستانی است که باید به نسل‌های آینده گفته شود تا آن‌ها نیز به دنبال رویاهای بزرگ خود بروند.

در بایومیکس

خدمات آزمایشگاهی متنوع با استفاده از تجهیزات دقیق و نوین انجام می شود. در این گزارش تصویری برخی از دستگاه های موجود در آزمایشگاه بایومیکس را با هم می بینیم.



Atomic absorption

اسپکترومتری جذب اتمی، روشی برای آنالیز غلظت عناصر مختلف در یک نمونه است و در صنایع غذایی، داروسازی، کشاورزی و ... کاربرد دارد.

FTIR

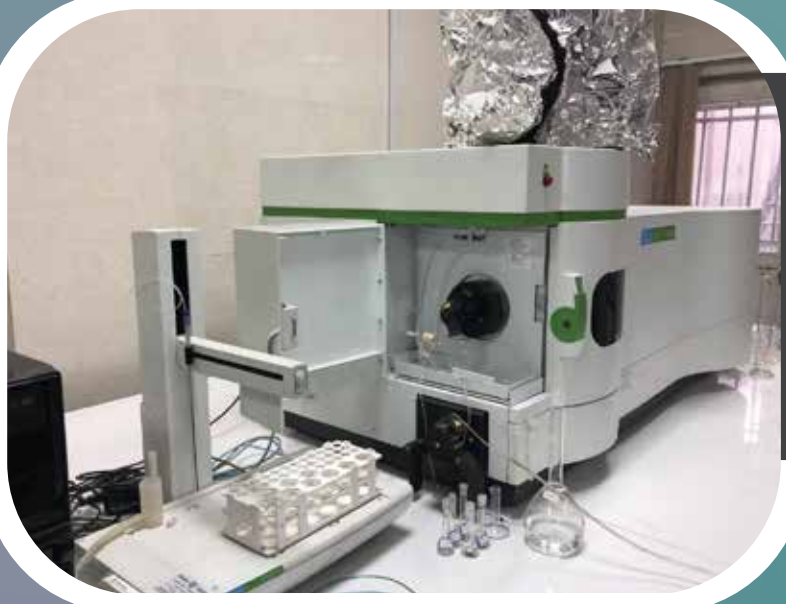
قابلیت آنالیز نمونه ها در فاز جامد، مایع و گاز، برای شناسایی مواد ناشناخته و تائید ترکیب آن ها را دارد. کاربرد های مختلفی برای این دستگاه قابل ذکر است از جمله: آنالیز بیومولکول ها و ... .

این فرایند در آنالیزهای دارویی، سم شناسی، صنایع غذایی و بررسی نمونه های پیچیده کاربرد دارد.

GC-MS

فرایندی برای آنالیز نمونه های مایع، که ترکیبات مختلف آن را شناسایی می کند، با نتایجی قابل استناد برای فرایندهای کنترل کیفی

HPLC



فرایندی با قابلیت شناسایی چند عنصر به صورت همزمان، از جمله شناسایی عناصر غیر فلزی با کاربرد در حیطه های مختلف از جمله تشخیص پزشکی، آنالیز دارویی، فرایندهای زیست محیطی، غذایی و ... .

ICP-OES

آنالیز کمی و دقیق غلظت مواد حتی با غلظت اندک، سریع و بدون تخریب نمونه، کاربرد در حیطه های مختلف و فرایندهای کنترل کیفی.

UV-Vis

آنالیز و مشخصه یابی خواص فیزیکی و شیمیایی نمونه هایی همچون پودر، کریستال، فیلم، مایعات و ...

Fluorescence Spectrometer

ByOMICs

راه حل همه جانبه برای مطالعات اومیکس شما

شرکت "زیست پروتئین پژوه تهران " یک شرکت دانش بنیان در حوزه بیولوژی اومیکس مخصوصا پروتئومیکس، ژنومیکس و متابولومیکس است. این شرکت در سال ۱۳۹۹ به همت تعدادی از اساتید بیوتکنولوژی دانشگاه علوم پزشکی تهران شروع به فعالیت نمود. هدف اولیه این شرکت تولید مواد و محصولات و ارایه خدمات مرتبط با حوزه پروتئومیکس و بیوتکنولوژی پروتئین می‌باشد. در عین حال، در حال حاضر این خدمات به سایر حوزه های اومیکس نیز توسعه یافته است. محصولات این شرکت با نام تجاری ByOMICs در حال توزیع می‌باشد. این شرکت با تکیه بر دانش فنی و تخصص نیروهای انسانی خود و نیز ارتباطات بین المللی و داخلی با شرکت ها و دانشگاه ها و مراکز علمی معتبر در صدد است تا تامین کننده بخشی از نیازهای جامعه علمی به مواد و محصولات و خدمات حوزه اومیکس باشد. همچنین، این شرکت، با در اختیار داشتن تیم علمی و اجرایی مجرب می تواند مجری طرح های تحقیقاتی بوده و نقش واحد R&D برای شرکت‌ها و کارخانجات تولیدی را بازی کند.

info@byomics.com
www.byomics.com
تهران، خیابان ایتالیا، آزمایشگاه جامع دانشگاه علوم پزشکی تهران، طبقه 8، مرکز نوآوری سلول‌های بنیادی
0992 5757 961
0992 5757 962
0992 5757 861
0992 5757 862

ByoMICs

بایومیکس

تپه ماهورهای خالد نبی، گلستان

ByOMICs

خدمات تخصصی اومیکس

- LC-MS/MS
- Real time PCR
- HPLC
- ICP-OES
- FTIR
- GC-MS
- Atomic absorption
- Flow cytometry

تولیـــدات و محصـــولات

- کیت‌های مولکولی
- کیت‌های آنالیز
- تجهیزات
- مواد شیمیایی و بیولوژیک

خدمات بیوانفورماتیـــک

- طراحی‌های مولکولی و مدلسازی
- آنالیز دیتا
- خدمات آموزشی جهت استفاده از نرم افزارهای خاص

شتاب‌دهنده بایـــومیکس

- تبدیل ایده به واقعیت
- تبدیل دانش فنی به محصول
- تجاری سازی محصول
- کمک به جذب گرنت

خدمات آزمایشگاهـــــی

- طراحی آزمون
- انجام آزمایشات تخصصی
- آزمایشات حیوانی و کشت سلول
- مشاوره و تفسیر نتایج

خدمات آموزشـــــــــی

- کارگاه‌های آموزشی
- ارائه آموزش‌های تخصصی
- دوره‌های اینترنشیپ پژوهشی