انتشارات
۵۴۵

ژنتیک مولکولی باکتری‌ها

جرمی دیل- سیمون پارک

ترجمه:
دکتر منصور مشرقی

Press.um.ac.ir

سرشناسه: جرمی دیل- سیمون پارک Dale, Jeremy (Jeremy W.)
عنوان و نام پدیدآور: ژنتیک مولکولی باکتریها/ تألیف جرمی دیل، سیمون پارک؛ ترجمع منصور مشرقی.
مشخصات نشر: مشهد: دانشگاه فردوسی مشهد، ۱۳۸۸.
مشخصات ظاهری: ۴۸۶ ص. : مصور، جدول، نمودار.
فروست: انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد؛ شماره ۵۴۵.
شابک: ISBN: 978-964-386-214-5
وضعیت فهرست‌نویسی: فیپا.
یادداشت: عنوان اصلی: Molecular Genetics of Bacteria, 4th ed. 2004.
یادداشت: این کتاب در همین سال با ترجمه کامران قائدی ...[و دیگران] توسط دانشگاه اصفهان نیز منتشر شده است
یادداشت: چاپ دوم: تابستان ۱۳۹۳.
یادداشت: واژه نامه.
موضوع: ژنتیک باکتری‌ها
موضوع: ژنتیک مولکولی
موضوع: ژنتیک - - مهندسی
شناسه افزوده: پارک سایمون، ۱۹۶۴ – م. Park, Simon
شناسه افزوده: مشرقی، منصور، مترجم.
شناسه افزوده: دانشگاه فردوسی مشهد.
رده‌بندی کنگره: الف ۱۳۸۸ ۹ ژ ۹ د / QH ۴۳۴
رده‌بندی دیویی: ۵۷۲ / ۸۲۹۳
شماره کتابشناسی ملی: ۱۸۹۴۷۵۳

انتشارات
۵۴۵

ژنتیک مولکولی باکتری‌ها

پدیدآورنده: جرمی دیل، سیمون پارک
ترجمه: دکتر منصور مشرقی
ویراستار علمی: دکتر فرهنگ حداد- دکتر عزت عسگرانی
مشخصات: وزیری، ۱۰۰۰ نسخه، چاپ سوم، پاییز ۹۵
چاپ و صحافی: چاپخانه دانشگاه فردوسی مشهد
بها : ۲۴۰۰۰۰ ریال

مراکز پخش:

فروشگاه و نمایشگاه کتاب پردیس: مشهد، میدان آزادی، دانشگاه فردوسی مشهد، سازمان مرکزی، جنب سلف یاس تلفن: ۳۸۸۳۳۷۲۷ (۰۵۱)
مؤسسه کتابیران: تهران، میدان انقلاب، خیابان نصرت، خیابان دکتر قریب، نرسیده به خیابان فرصت، پلاک ۷ تلفن: ۱۵-۶۶۵۶۶۵۱۰ (۰۲۱)
مؤسسه دانشیران: تهران، خیابان انقلاب، خیابان منیری جاوید (اردیبهشت) نبش خیابان نظری، شمارهٔ ۱۴۲ تلفکس: ۶۶۴۰۰۲۲۰ – ۶۶۴۰۰۱۴۴ (۰۲۱)

http://press.um.ac.ir Email: press@um.ac.ir

Press.um.ac.ir

فهرست مطالب

فصل۱: ساختار و عمل اسید نوکلئیک ۱۵
۱- ۱ ساختمان اسیدهای نوکلئیک ۱۵
۱ -۱- ۱ DNA ۱۵
۱ - ۱ - ۲ RNA ۱۷
۱ -۱- ۳ کنش‌های متقابل آب گریزی ۱۷
۱ -۱- ۴ اشکال مختلف مارپیچ دو رشته ای ۱۹
۱ -۱ -۵ تشکیل ابر مارپیچ ۱۹
۱ -۶-۱ دناتوره شدن و هیبریداسیون ۲۴
۱ -۱ -۷ جهت قرار گرفتن رشته‌های اسید نوکلئیک ۲۶
۱- ۲ همانندسازی DNA ۲۷
۱ -۱-۲ باز شدن پیچ و پیچ خوردگی مجدد ۲۸
۱ -۲-۲ صحت همانند سازی: ویرایش ۳۰
۱- ۳ همانند سازی کروموزوم و تقسیم سلولی ۳۱
۱-۴ ترمیم DNA ۳۶
۱ -۴- ۱ ترمیم بازهای ناجور ۳۶
۱ - ۴ - ۲ ترمیم برشی ۳۶
۱ -۴- ۳ ترمیم نوترکیبی (پس از همانند سازی) ۳۷
۱ -۴-۴ ترمیم SOS ۳۸
۱-۵ بیان ژن ۳۹
۱ -۱-۵ نسخه برداری ۴۰
۲-۵-۱ ترجمه ۴۵
۵-۱- ۳ رویدادهای بعد از ترجمه ۵۲
۱ - ۶ سازمان بندی ژن ۵۵
فصل۲: جهش و تنوع ۵۹
۲- ۱ تغییرات و تکامل ۶۰

Press.um.ac.ir

۱-۲- ۱ آزمایش نوسان ۶۱
۲- ۲-۱ جهش مستقیم در باکتریها؟ ۶۳
۲-۲ انواع جهش ۶۴
۲- ۲- ۱ جهش نقطه‌ای ۶۴
۲- ۲-۲ جهش یافته‌های شرطی ۶۶
۲- ۳-۲ تنوع به علت تغییرات در DNA در مقیاس وسیع ۶۷
۲-۲- ۴ عوامل خارج کروموزومی و انتقال افقی ژن ۶۸
۲- ۳ فنوتیپ‌ها ۶۸
۲-۴ بازیابی فنوتیپ ۷۱
۲-۴-۱ برگشت و ممانعت ۷۱
۲ -۴ -۲ مکمل سازی ۷۵
۲- ۵ نوترکیبی ۷۶
۲- ۶ سازوکار جهش ۷۷
۲ - ۶ -۱ جهش خودبخودی ۷۷
۲- ۲-۶ عوامل جهش زای شیمیایی ۷۹
۳-۶-۲ پرتو فرابنفش ۸۳
۲- ۷ جداسازی و شناسایی جهش یافته‌ها ۸۷
۲- ۱-۷ جهش و انتخاب ۸۷
۲- ۷- ۲ کشت مکرر ۸۹
۲- ۳-۷ غنی سازی با پنی سیلین ۹۱
۴-۷-۲ جداسازی دیگر جهش یافته‌ها ۹۱
۲- ۷- ۵ روشهای مولکولی ۹۳
فصل ۳: تنظیم بیان ژن ۱۰۱
۱-۳ تعداد نسخه ژن ۱۰۴
۲-۳ کنترل نسخه برداری ۱۰۴
۱-۲-۳ پروموترها ۱۰۴
۲-۲-۳ خاتمه دهنده‌ها، خفیف سازها و ضد خاتمه دهنده‌ها ۱۱۵
۳-۲-۳ القا و سرکوب: پروتئین‌های تنظیم کننده ۱۱۶
۴-۲-۳ خفیف سازی: اپرون trp ۱۲۷
۵-۲-۳ سیستم‌های تنظیمی دوجزئی ۱۳۱
۳-۲- ۶ سیستم‌های تنظیمی فراگیر ۱۳۴

Press.um.ac.ir

۳-۲-۷ فراوانی یا کمبود و ریگلون Rpos ۱۳۶
۳-۲-۸ Quorum sensing ۱۳۶
۳- ۳ کنترل ترجمه ۱۴۱
۳-۳-۱ اتصال به ریبوزوم ۱۴۱
۳-۳-۲ به کارگیری کدون ۱۴۳
۳-۳-۳ پاسخ محکم ۱۴۴
۳-۳-۴ تنظیمی RNA ۱۴۵
۳-۳-۵ تنوع فازی ۱۴۶
فصل ۴: ژنتیک باکتریوفاژها ۱۴۷
۴-۱ باکتریوفاژهای دارای DNA تک رشته ۱۵۲
۴-۱-۱ فاژ φx174 ..... ۱۵۲
۴-۱- ۲ فاژ M13 ..... ۱۵۵
۴ -۲ فاژهای RNA دار: MS2 ..... ۱۵۶
۴-۳ فاژهای DNA دار دو رشته‌ای ۱۵۶
۴- ۱-۳ باکتریوفاژ T4 ..... ۱۵۷
۴-۳-۲ باکتریوفاژ لامبدا ۱۶۰
۴-۳-۳ تنظیم مسیر لیتیک و لیزوژنی در باکتریوفاژ λ ۱۶۷
۴-۴ محدود شوندگی و تغییرات ۱۷۶
۴- ۵ مکمل سازی و نوترکیبی ۱۸۰
۴-۶ چرا باکتریوفاژها مهم هستند؟ ۱۸۳
۴-۶-۱ تیپ بندی فاژ ۱۸۴
۴-۶-۲ فاژ درمانی ۱۸۵
۴-۶-۳ نمایش فاژ ۱۸۶
۴-۶-۴ بیماری زایی باکتریایی و تغییر فاژ ۱۸۸
فصل ۵: پلاسمیدها ۱۹۳
۵-۱ بعضی از خصوصیات باکتری که توسط پلاسمید تعیین می گردد ۱۹۴
۵-۱-۱ مقاومت به آنتی بیو تیک ۱۹۴
۵-۱-۲ کلی سین‌ها و باکتریویسن‌ها ۱۹۵
۵-۱-۳ فاکتورهای ویرولانس ۱۹۵
۵-۱-۴ پلاسمیدها در باکتریهای همراه گیاه ۱۹۶
۵-۱-۵ فعالیتهای متابولیکی ۱۹۷

Press.um.ac.ir

۲-۵ ویژگی‌های مولکولی پلاسمیدها ۱۹۹
۱-۲-۵ همانند سازی پلاسمید و کنترل ۲۰۳
۳-۵ پایداری پلاسمید ۲۱۵
۵- ۳- ۱ تمامیت پلاسمید ۲۱۷
۳-۵- ۲ تقسیم شدگی ۲۱۹
۵- ۳- ۳ میزان رشد متفاوت ۲۲۳
۴-۵ روشهای مطالعه پلاسمیدها ۲۲۳
۵- ۱-۴ رابطه پلاسمید با فنوتیپ سلول ۲۲۳
۲-۴-۵ طبقه بندی پلاسمیدها ۲۲۶
فصل ۶: انتقال ژن ۲۲۹
۱-۶ ترانسفورماسیون ۲۳۰
۲-۶ هم یوغی یا کانجوگاسیون ۲۳۳
۱-۲-۶ سازوکار هم یوغی ۲۳۶
۲-۲-۶ پلاسمید F ۲۴۰
۳-۲-۶ هم یوغی در دیگر باکتریها ۲۴۲
۳-۶ ترانسداکسیون ۲۴۷
۶- ۱-۳ ترانسداکسیون اختصاصی ۲۴۹
۴-۶ نوترکیبی ۲۵۰
۱-۴-۶ نوترکیبی عمومی (هملوگ) ۲۵۰
۲-۴-۶ نوترکیبی غیرهمولوگ اختصاصی جایگاه ۲۵۸
۵-۶ ژنهای موزائیک و پلاستیسته کروموزوم ۲۵۸
فصل ۷: نقش پذیری ژنومیک : ژنهای متحرک و تنوع مرحله‌ای (فازی) ۲۶۱
۱-۷ توالی‌های درون جاگیری ۲۶۱
۱-۱-۷ ساختار توالی‌های درون جاگیری ۲۶۲
۲-۱-۷ میزان وقوع توالی‌های درون جاگیری ۲۶۴
۲-۷ ترانسپوزون‌ها ۲۶۵
۱-۲-۷ ساختار ترانسپوزون‌ها ۲۶۸
۲-۲-۷ اینتگرون‌ها ۲۷۰
۳-۷ سازوکار ترانسپوزیشن ۲۷۲
۱-۳-۷ ترانسپوزیشن همانند ساز ۲۷۲
۲-۳-۷ ترانسپوزیشن غیر همانند ساز (محافظه کارانه) ۲۷۷

Press.um.ac.ir

۷-۳-۳ تنظیم عمل ترانسپوزیشن ۲۷۹
۷-۳-۴ فعال شدن ژنها به وسیله عناصر قابل ترانسپوز ۲۸۰
۷-۳-۵ Mu: باکتریوفاژ قابل ترانسپوز ۲۸۱
۷-۳-۶ ترانسپوزون‌های کونژوگاتیو ودیگر عناصر قابل ترانسپوز ۲۸۲
۷-۴ تنوع مرحله‌ای ۲۸۲
۷-۴-۱ تنوع در اثر معکوس شدگی ساده DNA ۲۸۴
۷-۴-۲ تنوع ایجاد شده در اثر معکوس شدن nested DNA ۲۸۶
۷-۴-۳ تنوع آنتی ژنتیک در گنوکوک ۲۸۸
۷-۴-۴ تنوع مرحله‌ای به وسیله جفت شدن ناجور رشته لغزنده ۲۹۰
۷-۴-۵ تنوع مرحله‌ای ایجاد شده به وسیله متیلاسیون DNA افتراقی ۲۹۲
فصل ۸: تغییرات ژنتیکی: توانایی کاربرد باکتریها ۲۹۵
۸-۱ بهینه سازی سویه باکتری ۲۹۵
۸-۱-۱ ایجاد تنوع ۲۹۶
۸-۱-۲ انتخاب واریانت‌های دلخواه ۲۹۶
۸-۲ تولید مازاد متابولیتهای اولیه ۲۹۷
۸-۲-۱ مسیرهای ساده ۲۹۸
۸-۲-۲ مسیرهای متابولیکی منشعب ۳۰۰
۸-۳ تولید مازاد متابولیت‌های ثانویه ۳۰۳
۸-۴ کلون سازی ژن ۳۰۴
۸-۴-۱ برش و به هم پیوستگی DNA ۳۰۴
۸-۴-۲ ناقلهای پلاسمیدی ۳۰۶
۸-۴-۳ ترانسفورماسیون ۳۰۸
۸-۴-۴ ناقلان باکتریوفاژی لامبدا ۳۱۰
۸-۴-۵ کلون ساز قطعات بزرگ تر ۳۱۲
۸-۴-۶ ناقلهای باکتریوفاژی M13 ..... ۳۱۳
۸-۵ کتابخانه‌های ژنی ۳۱۴
۸-۵-۱ ساخت کتابخانه ژنومیک ۳۱۴
۸-۵-۲ غربالگری کتابخانه ژنی ۳۱۶
۸-۵-۳ ساخت کتابخانه cDNA ۳۱۹
۸-۶ محصولات به دست آمده از ژنهای کلون شده ۳۲۰
۸-۶-۱ ناقلهای بیانی ۳۲۰

Press.um.ac.ir

۸-۶-۲ ساخت ژنهای جدید ۳۲۳
۸-۶- ۳ دیگر باکتریهای میزبان ۳۲۶
۸-۶-۴ واکسن‌های جدید ۳۲۹
۸-۷ کاربردهای دیگر فناوری ژن ۳۳۱
فصل۹: روشهای ژنتیکی برای بررسی باکتریها ۳۳۳
۹-۱ مسیرهای متابولیکی ۳۳۳
۹-۱-۱ مکمل سازی ۳۳۴
۹-۱-۲ Cross Feeding ۳۳۴
۹-۲ فیزیولوژی میکروبی ۳۳۶
۹-۲-۱ ژنهای گزارشگر ۳۳۸
۹-۲- ۲ لیزوژنی ۳۴۰
۹-۲-۳ تقسیم سلولی ۳۴۱
۹-۲-۴ تحرک و شیمیوتاکسی ۳۴۳
۹- ۲-۵ تمایز سلولی ۳۴۵
۹-۳ بیماری زایی باکتریایی ۳۵۰
۹-۳-۱ طیف گسترده سازوکارهای بیماری زایی باکتریایی ۳۵۰
۹-۳-۲ شناسایی ژنهای بیماری زا ۳۵۲
۹-۴ جهش زایی اختصاصی ۳۵۶
۹-۴-۱جایگزینی ژن ۳۵۷
۹-۴-۲ RNA آنتی سنس ۳۵۹
۹-۵ تاکسونومی، تکامل و اپیدمیولوژی ۳۶۰
۹-۵-۱ تاکسونومی مولکولی ۳۶۰
۹-۵-۲ کاربرد روش PCR در تشخیص ۳۶۳
۹-۵-۳ اپیدمیولوژی مولکولی ۳۶۴
فصل ۱۰: رسم نقشه ژنی تا ژنومیکس ۳۷۱
۱۰-۱ رسم نقشه ژنی ۳۷۱
۱۰-۱-۱ تجزیه و تحلیل هم یوغی ۳۷۲
۱۰-۱-۲ ترانسفورماسیون مشترک و ترانسداکسیون مشترک ۳۷۴
۱۰-۱-۳ روشهای مولکولی تعیین نقشه ژنی ۳۷۶
۱۰-۲ تعیین توالی ژن ۳۷۹
۱۰-۲-۱ تعیین توالی DNA ۳۸۱

Press.um.ac.ir

۱۰-۲-۲ تعیین توالی ژنوم ۳۸۴
۱۰-۲-۳ ژنومیکس مقایسه‌ای ۳۸۶
۱۰-۲-۴ بیوانفورماتیک ۳۹۱
۱۰-۳ نقشه‌های ژنتیکی و فیزیکی ۳۹۲
۱۰-۳-۱ حذف و اضافه ۳۹۳
۱۰-۳-۲ جهش زایی ترانسپوزونی ۳۹۴
۱۰-۳-۳ جایگزینی ژن ۳۹۴
۱۰-۳-۴ جهش زایی هدفمند در جایگاه ۳۹۶
۱۰-۴ تجزیه و تحلیل بیان ژن ۳۹۶
۱۰-۴-۱ تجزیه و تحلیل نسخه برداری ۳۹۷
۱۰-۴-۲ تجزیه و تحلیل ترجمه ۴۰۱
۱۰-۴-۳ تجزیه و تحلیل سیستماتیک عمل ژن ۴۰۵
۱۰-۵ نتیجه گیری ۴۰۶
ضمیمه A ۴۰۷
ضمیمه B ۴۱۲
ضمیمه C ۴۱۵
ضمیمه D ۴۵۲
ضمیمه E ۴۵۹
ضمیمه F ۴۶۲
ضمیمه G ۴۶۳

Press.um.ac.ir

مقدمه مترجم

باکتریها مدتها است که به عنوان یک ابزار بسیار مناسب برای مطالعات مختلف خصوصا در زمینه بیولوژی مولکولی و ژنتیک مورد استفاده قرار می گیرند به طوریکه کشف بسیاری از فرآیندها و سازوکارهایی که در سلول اتفاق می افتد در اثر تحقیقاتی بوده است که بر روی این موجودات انجام شده است. ساده و کم هزینه بودن کشت این گروه از میکروارگانیسم ها به همراه مدت زمان کوتاهی که برای رشد آنها لازم است سبب شده است تا روشهای نوینی در مطالعات سلولی و مولکولی با استفاده از باکتریها ابداع گردد. امروزه پیشرفتهای شگرفی در زمینه دستکاری ها ی ژنتیکی صورت گرفته است که نتیجه آن در بخش های مختلف صنایع داروسازی، پزشکی و محیط زیست نمایان گردیده است و هر روز به این دانش افزوده می گردد.

اگرچه اصول ژنتیک وبیولوژی مولکولی پروکاریوتها را در کتابهای مختلف می توان به طور پراکنده و در لابلای فصل ها و بخش های مختلف آن کتاب جستجو نمود، اما دسترسی به دسته ای از این اطلاعات بصورت یک مجموعه و در یک حالت طبقه بندی شده می تواند بسیارمفید بوده و مورد استفاده افراد مختلف در تمامی سطوح علمی از دانشجویان کارشناسی، کارشناسی ارشد، دکتری و همچنین اعضای محترم هیئت علمی در گرایش های مختلف زیست شناسی، کشاورزی و پزشکی قرار گیرد. لذا ازتمامی این عزیزان خواهشمند چنانچه نظر، پیشنهاد یا انتقادی داشتند یا در طول مطالعه کتاب با اشکالاتی روبرو شدند حتما اینجانب را مطلع فرمایند تا در چاپهای بعدی یا در کتابهای دیگری که ممکن است دراین زمینه در دست ترجمه یا تألیف باشد در نظر داشته باشم.

در اینجا لازم است تشکر خود را از مساعدتهای فراوان معاونت محترم پژوهشی دانشگاه و همچنین تمامی دست اندرکاران در موسسه چاپ و انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد ابراز نمایم.

Press.um.ac.ir

از ویراستاران محترم ادبی و علمی که در بالا بردن کیفی کتاب نقش مهمی داشته اند نیز بسیار سپاسگزارم.

در خاتمه از همسر و فرزندم که در طول ترجمه و تدوین کتاب با صبر و تحمل خود مرا پشتیبانی نمودند بی نهایت قدردانی می نمایم.

منصور مشرقی
فروردین ۱۳۸۸

Press.um.ac.ir

مقدمه مولفان

زمانی که اولین چاپ این کتاب در سال ۱۹۸۹ منتشر گردید تعیین توالی DNA تنها به شناسایی ژنهای کلون شده خاصی محدود بود؛ و اگرچه ژنوم بعضی از ویروسها به طور کامل تعیین توالی گردیده بود ولی تعیین توالی کامل ژنوم باکتری هنوز نیازمند زمان بود. حتی در زمان چاپ دوم (۱۹۹۴) پیشرفت دانش در این زمینه به حدی بود که این گونه مطرح شده بود: "پروژه تعیین توالی ژنوم در مورد چندین گونه باکتری در دست اقدام است..." . اولین ژنوم باکتری که به طور کامل تعیین توالی شده بود در سال ۱۹۹۵ گزارش گردید. در چاپ سوم (۱۹۹۸) امکان ارائه فهرستی از باکتریهایی که ژنوم آنها به طور کامل تعیین توالی شده بود به وجود آمد، اگرچه مشخص بود که این فهرست به زودی قدیمی خواهد شد. اکنون دیگر حساسیت زیادی در مورد تهیه چنین فهرستی وجود ندارد. کاربرد گسترده روشهای خودکار و روباتیک سبب شده است که بتوان به توالی یک ژنوم جدید اگر چه نه در یک روز ولی حداقل در مدت یک هفته دست پیدا نمود. به موازات این موضوع می توان از ابداع روش واکنش زنجیره پلیمراز (PCR) در چاپ اول و روشهای پیشرفته اخیر مانند ریزآرایه و پروتئومیکس نام برد که در این روشها از داده های تعیین توالی ژنوم در جهت آنالیز فراگیر بیان ژن استفاده شده است.

این گونه پیشرفتهای شگرف تکنولوژیکی سبب شده است که بسیاری از روشهای کلاسیک در ژنتیک باکتری به صفحات تاریخ سپرده شود. همچنین این موضوع مشکلات زیادی در نوشتن و به روز نمودن کتابهایی مانند این کتاب به وجود آورده است. کنار گذاشتن روشهای قدیمی به معنی از دست دادن تمامی ادراکاتی است که نحوهٔ پیشرفت مراحل تا رسیدن به موقعیت کنونی را به ما یاد آور می شود. به علاوه محدودیت تکنیکهای صرفاً مولکولی نیز باید در نظر گرفته شود. دیر زمانی نخواهد گذشت که به منظور درک کامل از نقشی که ژنهای اختصاصی در بیولوژی یک موجود زنده بازی می کنند فرد به جای این که فقط توالی DNA آن را در یک رایانه آنالیز کند، باید به مطالعه خود آن موجود زنده بپردازد. بنابر این روش مناسبی که ما به آن دست یافتیم تشریح مختصر روشهای کلاسیک می باشد ولی هنوز به اندازه کافی در مورد این روشها مطلب

Press.um.ac.ir

وجود دارد که جنبه تاریخی آنها حفظ شده باشد. این موضوع به ما اجازه می دهد که به شرح کاملی از دنیای ژنومیکس و بعد از ژنومیکس (مطالعه توالی ژنوم و به کارگیری این داده ها برای بررسی بیان ژن و دیگر خصوصیات باکتری) بپردازیم. این بینش همچنین سبب گستردگی مباحث مربوط به روشهایی شده است که به وسیله آن دانش ما از ویژگی های بیولوژیکی موجودات زنده از طریق مطالعه ژنتیک باکتریها (با روشهای کلاسیک یا مولکولی) توسعه یابد.

مسلما این روش یک نوع مصالحه است و ممکن است خوشایند برخی افراد نباشد. چرا ما بعضی از موضوعات را اضافه نموده و بعضی را حذف کردیم؟ انتخاب این مسأله یک موضوع شخصی است. باید به خاطر داشت که سعی بر این نبوده است که کتاب حاضر یک کتاب جامع ژنتیک باکتریها باشد، بلکه تلاش گردیده تا مجموعه ای با اندازه متن مناسب ارائه گردد و حاوی موضوعات پایه برای دانشجویانی که واحد ژنتیک باکتریها را انتخاب نموده اند، باشد. این کتاب می تواند برای افرادی که مطالعه کتابهای حجیم ژنتیک برای آنها یک معضل است، نیز مفید باشد. بهرحال امیدواریم موضوعات ارائه شده در این کتاب به اندازه کافی جالب باشد (واقعاً چنین است) که شما را به مطالعه بیشتر در این زمینه ترغیب نماید.

ژرمی دال
سیمون پارک

Press.umac.ir