دانشکده پزشکی

طرح درس ترمی

عنوان درس: بیوانفورماتیک **مخاطبان:** دانشجویان کارشناسی ارشد هماتولوژی آزمایشگاهی و بانک خون
تعدادواحد:(یا سهم استاد از واحد) ۱ واحد (۰/۵ واحد نظری- ۰/۵ واحد عملی) (۱,۷۵ واحد معادل سازی شده)- سهم دکتر یداله بهرامی ۰,۴۴ واحد (۱ جلسه تئوری، ۲ جلسه عملی)؛ سهم دکتر بهمن اکبری ۰,۸۷ واحد (۲ جلسه تئوری-۴ جلسه عملی)؛ سهم دکتر سارا محمدزاده صادق ۰,۴۴ واحد (۱ جلسه تئوری و ۲ جلسه عملی جلسه)
ساعت پاسخگویی به سوالات فراگیر: ۸ الی ۱۲ یکشنبه ها و ۱۳ الی ۱۵ دوشنبه ها
زمان ارائه درس: شنبه ها ۱۳ الی ۱۵؛ نیمسال دوم سال تحصیلی۱۴۰۳-۱۴۰۲
مدرسین: ، دکتر یداله بهرامی، دکتر بهمن اکبری، دکتر سارا محمدزاده صادق
درس و پیش نیاز: ندارد

هدف کلی درس :
آشنایی دانشجویان کارشناسی ارشد هماتولوژی آزمایشگاهی و بانک خون با جنبه‌های علمی و کاربردی بیوانفورماتیک

اهداف کلی جلسات : (جهت هر جلسه یک هدف)
۱- مقدمه ای بر بیوانفورماتیک و آشنایی با پایگاه داده های زیستی
۲- آشنایی با پایگاه داده های ژنومی
۳- آشنایی با پایگاه داده های پروتئین
۴- آشنایی با انواع RNA ها و پایگاه داده های RNA
۵- انطباق دوتایی و چندگانه توالی ها و جستجوی تشابه در پایگاه داده ها
۶- فیلوژنی
۷- طراحی پرایمر
۸- آشنایی با نرم افزارهای ChemDraw و PDQuest

اهداف ویژه به تفکیک اهداف کلی هر جلسه:
هدف کلی جلسه اول: مقدمه ای بر بیوانفورماتیک و آشنایی با پایگاه داده های زیستی
اهداف ویژه جلسه اول:
در پایان دانشجو قادر باشد
۱-۱- مفهوم بیوانفورماتیک و اجزاء تشکیل دهنده‌ی آن را شرح دهد.
۱-۲- اهمیت فراگیری و استفاده از بیوانفورماتیک را در رشته‌ی هماتولوژی بداند.
۱-۳- کاربردهای بیوانفورماتیک در طراحی پروپوزال، جستجوی مقالات، ژنها و پروتئین ها را توضیح دهد.
۱-۴- سایتهای مهم در بیوانفورماتیک از جمله بانکهای اطلاعاتی NCBI، EMBL, DDJB, EBI, OMIM و بخشهای مختلف آن را بشناسد.

هدف کلی جلسه دوم: آشنایی اولیه با بانک اطلاعاتی GenBank و بخشهای مختلف آن

اهداف ویژه جلسه دوم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۲-۱- مفهوم و اهمیت Annotated sequence را شرح دهد.

۲-۲- نحوه ی دسترسی به بانک اطلاعاتی GenBank را بداند.

۲-۳- اجزاء و بخشهای مختلف بانک اطلاعاتی GenBank را بشناسد.

۲-۴- قسمتهای مختلف شرح داده شده برای هر ژن و توالی ارائه شده در بانک اطلاعاتی GenBank را توضیح دهد.

۲-۵-فرمت‌های مختلف توالی نوکلئوتیدی را نام ببرد.

هدف کلی جلسه سوم: آشنایی با پایگاه داده های پروتئین

اهداف ویژه جلسه سوم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۳-۱- پایگاه داده های UniProt و EMBL-EBI را بشناسد و بتواند اطلاعات مربوط به توالی های پروتئینی را از این پایگاه داده ها استخراج کند.

۳-۲- با بانک داده پروتئین یا PDB آشنا شود و بتواند ساختمان سوم را مورد مشاهده و بررسی قرار دهد.

۳- ۳- قادر به Alignment توالی های پروتئینی و بررسی خانواده و دمین های پروتئینی باشد.

۳-۴-قادر به بررسی برهم کنش‌های پروتئینی در شبکه های ژنی و شرکت پروتئین در مسیرهای سلولی و بیماری های مختلف باشد.

هدف کلی جلسه چهارم: آشنایی با انواع RNA ها و پایگاه داده های RNA

اهداف ویژه جلسه چهارم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۴-۱- تعریف کلی از انواع مختلف RNA، ساختار و عملکرد آن ارائه دهد.

۴-۲- پایگاه داده هایRNAcentral و Rfam را بشناسد و بتواند اطلاعات مربوط به توالی های پروتئینی را از این پایگاه داده ها بازیابی کند.

۴-۳- مطالعه و مقایسه ساختار و عملکرد RNA ها را به کمک پایگاه داده ها انجام دهد.

۴-۴- قادر به پیشگویی ساختار دوم RNA با استفاده از نرم افزارهای آنلاین mfold و RNAstructure باشد.

۴-۵- قادر به استفاده از پایگاه داده‌های miRNA و یافتن ژن های هدف miRNAها باشد.

هدف کلی جلسه پنجم: انطباق دوتایی و چندگانه توالی ها و جستجوی تشابه در پایگاه داده ها

اهداف ویژه جلسه پنجم:

در پایان دانشجو قادر باشد

در پایان دانشجو قادر باشد

۵-۱- اهمیت BLAST توالی های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی را بداند.

۵-۲- پایگاه داده NCBI قسمت BLAST را بشناسد.

۵-۳- سایر پایگاههای موجود در زمینه BLAST توالی ها را نام ببرد.

۵-۴- انواع BLAST را نام ببرد.

۵-۵- blastN و blastP را شرح دهد.

تکلیف: دانشجویان به صورت گروههای دونفره توالی DNA مجهول الهویه‌ای دریافت می‌کنند. آنها باید با جستجو در NCBI (BLAST) دریابند که این توالی مربوط به چه ژن و پروتئینی است و از چه موجودی به دست آمده است (این تکلیف باعث می شود دانشجویان با موضوع قرابت و دوری توالی‌ها از هم و نحوه‌ی رسیدن به پاسخ برای یک توالی مجهول آشنا شوند).

هدف کلی جلسه ششم: فیلوژنی

اهداف ویژه جلسه ششم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۶-۱-اصول اصلی کار با نرم افزار مگا شامل وارد کردن داده‌ها، مرتب کردن انها Align و سپس آنالیز کردن داده ها حاصل از سکانس مستقیم توالی DNA را بشناسد.

۶-۲- توالی‌های نمونه های خود را با سایر توالی های گزارش شده توسط دیگران در سامانه NCBI مقایسه نماید.

۶-۳- داده ها و توالی ها را مرتب کند: نوکلئوتیدهای خوانده (سکانس) نشده که به صورت N نشان داده می شوند را حذف کند.

۶-۴- توالی‌ها را align کند.

۶-۵- توالی ها را انالیز کند: رسم درختچه، محاسبه ضرایب تشابه و ...

۶-۶- با استفاده از نرم افزار مگا ۱۰ (MEGA X) و توالی های نوکلئوتیدی، درخت فیلوژنتیکی را ترسیم کنند.

۶-۷- توالی‌ها را در پایگاه داده NCBI بلاست (blast) کند.

۶-۸- نوع، کلاد، استرین و ... نمونه های ناشناخته را با استفاده از ترسیم درخت فیلوژنتیکی تعیین نمایند

همچنین

- ترسیم درخت فیلوژنتیک و تحقیق در خصوص روابط خویشاوندی
- ترسیم درخت فیلوژنتیک و تحقیق در خصوص روابط خویشاوندی بر اساس توالی پروتئین
- ترسیم درخت فیلوژنتیکی با روش های neighbor joining ، maximum likelihood، پارسیمونی (parsimony)،
- محاسبه ضرایب فاصله ای بین افراد و جمعیت های مختلف با روش های مختلف
- محاسبه میزان صحت درخت فیلوژنتیک با روش های bootstrap وbranch swapping
- استفاده از سایت NCBI و پیدا کردن ژن های خاص
- خوانش فایل های توالی یابی شدهabi
- خوانش داده با فرمتFASTA
- هم ردیف نمودن توالی های DNA و پروتئین با روش کلاستال W (clustal W) را می آموزند

Student will learn:

- Edit sequences by MEGA X software
- Configuration by CAP3 program, CAP3 (CONTIG ASSEMBLY PROGRAM Version 3) is a sequence assembly program for small-scale assembly with or without quality values.
- Blast sequences by NCBI (GenBank)
- Analyze sequences by MEGA software
- Change file types
- Align DNA by MEGA software
- Drawing phylogenic tree

هدف کلی جلسه هفتم: آشنایی با طراحی پرایمر

اهداف ویژه جلسه هفتم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۷-۱- مفاهیمی مانند ژن، پرایمر، جهش و CDSرا شرح دهد.

۷-۲- خصوصیات یک پرایمر مناسب را بیان کند.

۷-۳- دمای annealing دو پرایمر را محاسبه کند.

۷-۴- چگونگی دسترسی به توالی ژن مورد نظر از سایت NCBI را شرح دهد.

۷-۵- نرم افزارهای موجود در طراحی پرایمر را نام ببرد.

۷-۶- چگونگی کار با نرم افزار Primer 3 در طراحی پرایمر برای یک توالی DNA را توضیح دهد.

۷-۷- توالی DNA مربوط به یک ژن خاص را از NCBI به دست آورد.

۷-۸- با جستجو در اینترنت، وارد سایت Primer 3 شود.

۷-۹- توالی DNA مربوط به یک ژن خاص را که از NCBI گرفته وارد Primer 3نموده معیار های لازم را وارد نماید و پرایمر مربوطه را دریافت نماید.

۷-۱۰- پرایمرهای به دست آمده را جهت بررسی های بیشتر ذخیره نماید.

هدف کلی جلسه هشتم: آشنایی با نرم افزارهای ChemDraw وPDQuest

اهداف ویژه جلسه هشتم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۸-۱- اهمیت نرم افزارهای ChemDraw و PDQuest در طراحی دارو را بداند.

۸-۲- نرم افزار ChemDraw را بشناسد و نحوه کار با آن را به طور عملی شرح دهد.

۸-۳- ساختار شیمیایی ترکیبات مختلف را با کمک نرم افزار ترسیم کند.

۸-۴- آنالیز اشکال ترکیبات مختلف با نرم افزار ChemDraw را انجام دهد.

۸-۵- ژل های الکتروفورز دو بعدی را با کمک نرم افزار PDQuest آنالیز نماید.

۸-۶- نرم افزار PDQuest را جهت آنالیزکیفی وکمی داده ها الکتروفورز شرح و تفسیر نماید.

۸-۷- مزیت ها و کمبود های PDQuest و ChemDraw را بداند.

منابع:

1- بیوانفورماتیک به زبان ساده، انتشارات خانه ی زیست شناسی

1. Mount DW. Bioinformatics: sequence and genome analysis. 2nd. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press. Last Edition.
2. Baxevanis AD, Ouellette BF. Bioinformatics: a practical guide to the analysis of genes and proteins. John Wiley & Sons. Last Edition.
3. Pevsner J. Bioinformatics and functional genomics. John Wiley & Sons; Last edition.

روش تدریس: سخنرانی، نمایش اسلاید و فیلم، پرسش و پاسخ و کار عملی با اینترنت و نرم افزار در سایت کامپیوتر

وسایل آموزشی مورد نیاز : سالن سخنرانی وکامپیوتر، اینترنت پرسرعت، نرم افزار های اختصاصی بیوانفورماتیک، ویدئو پروژکتور، ماژیک و تخته سفید، Electronic books, PowerPoint.

سنجش و ارزشیابی

آزمون	روش	سهم از نمره کل(بر حسب درصد)	تاریخ	ساعت
کوئیز	تشریحی و تستی- عملی	٪۵	طول ترم	//////////////////////
آزمون میان ترم	سؤالات تشریحی و تستی	٪۲۰		
آزمون پایان ترم	سوالات تشریحی و تستی	٪۳۰	برنامه امتحانی	
	عملی	٪۳۰		
حضور فعال در کلاس	حضور در کلاس درس و مشارکت در بحث و گفتگو	٪۵	طول ترم	
بررسی تکالیف	انجام پروژه	٪۱۰		

مقررات کلاس و انتظارات از دانشجو:

- حضور مستمر و منظم در کلاس درس
- توجه کامل به کلاس در حین تدریس و پرهیز از ایجاد اختلال در امر یاددهی و یادگیری
- مطالعه ی مطالب هر جلسه قبل از حضور در کلاس
- **موارد ممنوعه**: استفاده از تلفن همراه، خوردن و آشامیدن، حرف زدن با همدیگر.

نام و امضای مدرس: **نام و امضای مدیر گروه:**

نام و امضای مسئول EDO دانشکده:

تاریخ تحویل: **تاریخ ارسال:**

تاریخ ارسال :

جدول زمانبندی درس بیوانفورماتیک

روز و ساعت جلسه : چهارشنبه ها ۱۳ الی ۱۵

جلسه	تاریخ	موضوع هر جلسه	مدرس
۱	۴۰۳/ ۰۱/۱۸	مقدمه ای بر بیوانفورماتیک و آشنایی با پایگاه داده های زیستی	دکتر بهمن اکبری
۲	۴۰۳/ ۰۱/۲۵	آشنایی با پایگاه داده های ژنومی	دکتر بهمن اکبری
۳	۴۰۳/ ۰۲/۰۱	آشنایی با پایگاه داده های پروتئین	دکتر سارا محمدزاده
۴	۴۰۳/ ۰۲/۰۸	آشنایی با انواع RNA ها و پایگاه داده های RNA	دکتر سارا محمدزاده
۵	۴۰۳/ ۰۲/۲۲	انطباق دوتایی و چندگانه توالی ها و جستجوی تشابه در پایگاه داده ها	دکتر بهمن اکبری
۶	۴۰۳/ ۰۲/۲۹	فیلوژنی	دکتر یداله بهرامی
۷	۴۰۳/ ۰۳/۰۵	طراحی پرایمر	دکتر بهمن اکبری
۸	۴۰۳/ ۰۳/۱۲	آشنایی با نرم افزارهای ChemDraw وPDQuest	دکتر یداله بهرامی

جدول بلوپرینت آزمون: درس بیوانفورماتیک نیمسال تحصیلی : نیمسال دوم ۴۰۳-۴۰۲ دانشکده: پزشکی
گروه آموزشی: بیوتکنولوژی پزشکی

ردیف	عنوان محتوای آموزشی	مدت زمان آموزش (ساعت)	درصد زمان اختصاص داده شده	تعداد سؤالات	تعداد سؤالات مربوط به هر یک از سطوح اهداف یادگیری		
					حیطه ی شناختی	حیطه ی مهارتی	حیطه ی نگرشی
۱	مقدمه ای بر بیوانفورماتیک و آشنایی با پایگاه داده های زیستی	۲	۱۲/۵	۵	۳	۱	۱
۲	آشنایی با پایگاه داده های ژنومی	۲	۱۲/۵	۵	۲	۲	۱
۳	آشنایی با پایگاه داده های پروتئین	۲	۱۲/۵	۵	۲	۲	۱
۴	آشنایی با انواع RNA ها و پایگاه داده های RNA	۲	۱۲/۵	۵	۲	۲	۱
۵	انطباق دوتایی و چندگانه توالی ها و جستجوی تشابه در پایگاه داده ها	۲	۱۲/۵	۵	۲	۲	۱
۶	فیلوژنی	۲	۱۲/۵	۵	۲	۲	۱
۷	طراحی پرایمر	۲	۱۲/۵	۵	۳	۲	-
۸	آشنایی با نرم افزارهای ChemDrawو PDQuest	۲	۱۲/۵	۵	۲	۳	-

جدول بلوپرینتEDC

رتبه علمی: - نام گروه آموزشی: **بیوتکنولوژی پزشکی** تعداد سوال: **۴۰ سوال**