دانشکده پزشکی

طرح درس ترمی

عنوان درس : بیوانفورماتیک

مخاطبان: دانشجویان نیمسال تحصیلی دوم کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی پزشکی

تعدادواحد:(یا سهم استاد از واحد) ۲ (۱ واحد نظری- ۱ واحد عملی) (۳,۵ واحد معادل سازی شده)- سهم دکتر یداله بهرامی ۰,۴۲ واحد (۱ جلسه تئوری، ۲ جلسه عملی)؛ سهم دکتر بهمن اکبری ۱,۳۸ واحد (۳ جلسه تئوری، ۷ جلسه عملی)؛ سهم دکتر سارا محمدزاده صادق ۰,۸۴ واحد (۲ جلسه تئوری و ۴ جلسه عملی جلسه) ، دکتر رضا خدارحمی ۰,۴۲ واحد (۱ جلسه تئوری و ۲ جلسه عملی) دکتر کمال ویسی ۴۲/. واحد (۱ جلسه تئوری و ۲ جلسه عملی)

ساعت پاسخگویی به سوالات فراگیر: یکشنبه ها ۸ الی ۱۲؛ دوشنبه ها ۱۳ الی ۱۵

زمان ارائه درس: شنبه ها ۱۰ الی ۱۲؛ یکشنبه ها ۱۳ الی ۱۵ ؛ نیمسال دوم سال تحصیلی۱۴۰۳-۱۴۰۲

مدرسین: ، دکتر یداله بهرامی، دکتر رضا خدارحمی، دکتر بهمن اکبری، دکتر سارا محمدزاده صادق و دکتر کمال ویسی

تدوین: سرفصل های این درس توسط دکتر یداله بهرامی، دکتر سارا محمدزاده و دکتر بهمن اکبری تحت بازنگری و تدوین قرار گرفته است.

درس و پیش نیاز: ندارد

هدف کلی درس :

درس بیوانفورماتیک پزشکی جزء دروس اختصاصی اجباری (Core) کوریکولوم دوره کارشناسی‌ارشد ناپیوسته بیوتکنولوژی پزشکی می‌باشد. به جهت کاربرد مطالب این درس در تمامی زمینه‌های تحقیقاتی بیوتکنولوژی پزشکی از قبیل طراحی و مهندسی پروتئین‌های نوترکیب و داروهای جدید، ژن درمانی، طراحی پرایمر و یافتن ژنها یا پروتئین ها از میان انبوهی از اطلاعات، آموزش و یادگیری مطالب این درس برای دانشجویان ارشد بیوتکنولوژی پزشکی بسیار مفید و لازم بوده و به همین دلیل در دوره کارشناسی ارشد و دکتری تخصصی این رشته، درس بیوانفورماتیک جزء دروس اجباری قرار داده شده است.

اهداف کلی جلسات : (جهت هر جلسه یک هدف)

۱- مقدمه ای بر بیوانفورماتیک و کاربرد های آن

۲- آشنایی اولیه با بانکهای اطلاعاتی NCBI، EMBL, DDJB, EBI, OMIM و بخشهای مختلف

۳- آشنایی با نرم افزارهای ChemDraw و PDQuest

۴- آشنایی با پایگاه داده های ژنومی

۵- آشنایی با پایگاه داده های پروتئین (ساختار اول و دوم)

۶- آشنایی با پایگاه داده ساختار سوم پروتئین (PDB) و نرم افزارهای بررسی و پیشگویی ساختار

۷- آشنایی با انواع RNA ها و پایگاه داده های RNA

۸- انطباق دوتایی توالی ها و جستجوی تشابه در پایگاه داده ها

۹- انطباق چندگانه توالی ها

۱۰- فیلوژنی

۱۱- طراحی پرایمر

۱۲- طراحی پرایمر و آنالیز داده های Real Time PCR
۱۳- شبیه سازی فرایند کلونینگ
۱۴- طراحی واکسن
۱۵- آشنایی با نرم افزار Sigma Plot و نحوه ی استفاده از آن
۱۶- Whole genome analysis
۱۷- آنالیز پرایمرهای طراحی شده

اهداف ویژه به تفکیک اهداف کلی هر جلسه:

هدف کلی جلسه اول: مقدمه ای بر بیوانفورماتیک و کاربرد های آن
اهداف ویژه جلسه اول:
در پایان دانشجو قادر باشد
۱-۱- مفهوم بیوانفورماتیک و اجزاء تشکیل دهنده‌ی آن را شرح دهد.
۱-۲- تاریخچه‌ی این علم را بیان کند.
۱-۳- اهمیت فراگیری و استفاده از بیوانفورماتیک را در رشته‌ی بیوتکنولوژی پزشکی بداند.
۱-۴- کاربردهای بیوانفورماتیک در طراحی پروپوزال، جستجوی مقالات، ژنها و پروتئین ها را توضیح دهد.

هدف کلی جلسه دوم: آشنایی اولیه با بانکهای اطلاعاتی NCBI، EMBL, DDJB, EBI, OMIM و بخشهای مختلف
اهداف ویژه جلسه دوم:
در پایان دانشجو قادر باشد
۲-۱- سایتهای مهم در بیوانفورماتیک از جمله NCBI و EMBL را بشناسد.
۲-۲- پایگاههای داده NCBI را براساس نوع محتوا دسته بندی کند.
۲-۳-آشنایی لازم با فرمت توالی‌ها و تجزیه و تحلیل نتایج را در سایر پایگاههای اطلاعاتی توالی EMBL، DDBJ داشته باشد.

هدف کلی جلسه سوم: آشنایی با نرم افزارهای ChemDraw وPDQuest
اهداف ویژه جلسه سوم:
در پایان دانشجو قادر باشد
۳-۱- اهمیت نرم افزارهای ChemDraw و PDQuest در طراحی دارو را بداند.
۳-۲- نرم افزار ChemDraw را بشناسد و نحوه کار با آن را به طور عملی شرح دهد.
۳-۳- ساختار شیمایی ترکیبات مختلف را با کمک نرم افزار ترسیم کند.
۳-۴- آنالیز اشکال ترکیبات مختلف با نرم افزار ChemDraw را انجام دهد.
۳-۵- ژل های الکتروفورز دو بعدی را با کمک نرم افزار PDQuest آنالیز نماید.
۳-۶- نرم افزار PDQuest را جهت آنالیزکیفی وکمی داده ها الکتروفورز شرح و تفسیر نماید.
۳-۷- مزیت ها و کمبود های PDQuest و ChemDraw را بداند.

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

اهداف ویژه جلسه چهارم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۴-۱- مفهوم و اهمیت Annotated sequence را شرح دهد.

۴-۲- نحوه ی دسترسی به بانک اطلاعاتی GenBank را بداند.

۴-۳- اجزاء و بخشهای مختلف بانک اطلاعاتی GenBank را بشناسد.

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

۴-۵-فرمت‌های مختلف توالی نوکلئوتیدی را نام ببرد.

هدف کلی جلسه پنجم: آشنایی با پایگاه داده های پروتئین (ساختار اول و دوم)

اهداف ویژه جلسه پنجم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۵-۱ -سایتها و نرم افزارهای مرتبط با پروتئین را بشناسد.

۵-۲ -در سایت ExPASy یک پروتئین خاص را جستجو کند.

۵-۳ -در مورد Swiss Data Bank و کاربرد های آن توضیح دهد.

۵-۴ -از Swiss Data Bank اطلاعات ساختاری یک پروتئین خاص را گرداوری و تفسیر کند.

۵-۵ -نرم افزارهای پیش بینی ساختار پروتئین و آنزیم را نام برده شرح دهد.

هدف کلی جلسه ششم:

اهداف ویژه جلسه ششم: آشنایی با پایگاه داده ساختار سوم پروتئین (PDB) و نرم افزارهای بررسی و پیشگویی ساختار

اهداف ویژه جلسه نهم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۶-۱- با پایگاه داده ساختار سوم پروتئین (PDB) آشنا شود و پروتئین مد نظر خود را در آن جستجو نماید.

۶-۲- یک ساختار سه بعدی از سایت PDB را بازیابی و نمایش دهد.

۶-۳- نرم افزارهای بررسی ساختمان سوم پروتئین ها را بشناسد و با آنها کار کند.

۶-۴- پروتئین‌هایی با شکل فضایی مشابه را پیدا نماید.

۶-۵- با کمک نرم افزار، تغییر در ساختار پروتئین در اثر تغییر اسید آمینه را پیش بینی کند.

۶-۶- نقاط حساس و کلیدی پروتئین و آنزیم را به کمک نرم افزار شناسایی کند.

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

اهداف ویژه جلسه هفتم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۷-۱- تعریف کلی از انواع مختلف RNAهای غیرکدکننده، ساختار و عملکرد آنها را ارائه دهد.

۷-۲- پایگاه داده هایRNAcentral و Rfam را بشناسد و بتواند اطلاعات مربوط به توالی ها را از این پایگاه داده ها بازیابی کند.

۷-۳- مطالعه و مقایسه ساختار و عملکرد RNA ها را به کمک پایگاه داده ها انجام دهد.

۷-۴- قادر به پیشگویی ساختار دوم RNA با استفاده از نرم افزارهای آنلاین mFold و RNAstructure باشد.

۷-۵- قادر به استفاده از پایگاه داده‌های miRNA و یافتن ژن های هدف miRNAها باشد.

هدف کلی جلسه هشتم:

اهداف ویژه جلسه هشتم:

در پایان دانشجو قادر باشد

در پایان دانشجو قادر باشد

۸-۱- اهمیت BLAST توالی های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی را بداند.

۸-۲- پایگاه داده NCBI قسمت BLAST را بشناسد.

۸-۳- سایر پایگاههای موجود در زمینه BLAST توالی ها را نام ببرد.

۸-۴- انواع BLAST را نام ببرد.

۸-۵- blastN و blastP را شرح دهد.

تکلیف: دانشجویان به صورت گروههای دونفره توالی DNA مجهول الهویه‌ای را 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 نهم: انطباق چندگانه توالی ها

اهداف ویژه جلسه نهم:

در پایان دانشجو قادر باشد

هدف کلی جلسه دهم: فیلوژنی

اهداف ویژه جلسه دهم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۱۰-۱-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.

۱۰-۲- توالی‌های نمونه های خود را با سایر توالی های گزارش شده توسط دیگران در سامانه NCBI مقایسه نماید.

۱۰-۳- داده ها و توالی ها را مرتب کند: نوکلئوتیدهای خوانده (سکانس) نشده که به صورت N نشان داده می شوند را حذف کنید

۱۰-۴- توالی‌ها را align کند.

۱۰-۵- توالی ها را انالیز کند : رسم درختچه، محاسبه ضرایب تشابه و ...

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

۱۰-۷- توالی‌ها را در پایگاه داده NCBI بلاست (blast) کند.

۱۰-۸- 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 شده abi
- خوانش داده با فرمت FASTA
- 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 یازدهم: آشنایی با طراحی پرایمر

اهداف ویژه جلسه یازدهم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۱۱-۱- مفاهیمی مانند ژن، پرایمر، جهش و CDSرا شرح دهد.

۱۱-۲- خصوصیات یک پرایمر مناسب را بیان کند.

۱۱-۳- دمای annealing دو پرایمر را محاسبه کند.

۱۱-۴- چگونگی دسترسی به توالی ژن مورد نظر از سایت NCBI را شرح دهد.

۱۱-۵- نرم افزارهای موجود در طراحی پرایمر را نام ببرد.

۱۱-۶- چگونگی کار با نرم افزار Primer 3 در طراحی پرایمر برای یک توالی DNA را توضیح دهد.

۱۱-۷- توالی DNA مربوط به یک ژن خاص را از NCBI به دست آورد.

۱۱-۸- با جستجو در اینترنت، وارد سایت Primer 3 شود.

۱۱-۹- توالی DNA مربوط به یک ژن خاص را که از NCBI گرفته وارد Primer 3 نموده معیار های لازم را وارد نماید و پرایمر مربوطه را دریافت نماید.

۱۱-۱۰- پرایمرهای به دست آمده را جهت بررسی های بیشتر ذخیره نماید.

هدف کلی جلسه دوازدهم : طراحی پرایمر و آنالیز داده های Real Time PCR

اهداف ویژه جلسه دوازدهم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۱۲-۱- مفاهیم تخصصی در تکنیک RT-qPCR را بشناسد.

۱۲-۲- با طراحی پرایمر برای سنتز cDNA عمومی و اختصاصی برای ژن‌ها و میکروآرناها آشنایی یابد.

۱۲-۳- طراحی پرایمر برای بررسی بیان با RT-qPCR را انجام دهد.

۱۲-۴- روش‌های بررسی کمی بیان ژن و محاسبه سطح بیان و Fold Change برای داده های RT-qPCR را بشناسد.

هدف کلی جلسه سیزدهم: شبیه سازی فرایند کلونینگ

اهداف ویژه جلسه سیزدهم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۱۳-۱- با محیط و نرم افزارهای رایج جهت شبیه سازی فرایند کلونینگ آشنایی یابد.

۱۳-۲- مراحل کلونینگ و ساب کلونینگ را با استفاده از نرم افزارهایی مانند CLC و SnapGene انجام دهد.

۱۳-۳- توالی ها را وارد و با ابزارهای مناسب مورد بررسی قرار دهد و در فرایند کلونینگ بکار گیرد.

۱۳-۴- با نحوه طراحی پرایمر برای کلونینگ آشنایی یابد.

۱۳-۵- از محصول شبیه سازی نقشه تهیه کند و با نحوه حاشیه نویسی (annotation)، تفسیر و ارزیابی کلونینگ آشنایی یابد.

هدف کلی جلسه چهاردهم: طراحی واکسن

اهداف ویژه جلسه چهاردهم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۱۴-۱- با پایگاه‌های داده‌های ایمونوانفورماتیک آشنایی یابد.

۱۴-۲- آنتی‌ژنیسیتی پروتئین مورد نظر را بررسی نماید.

۱۴-۳- اپی‌توپ‌های سلول T را انتخاب کند.

۱۴-۴- اپی‌توپ‌های سلول B را انتخاب کند.

۱۴-۵- اتصال اپی‌توپ به مولکول MHC I, II را بررسی کند.

۱۴-۶- پوشش جمعیتی پپتید طراحی شده را بررسی کند

هدف کلی جلسه پانزدهم: آشنایی با نرم افزار Sigma Plot و نحوه ی استفاده از آن

اهداف ویژه جلسه پانزدهم: در پایان دانشجو قادر باشد

۱۵-۱- کاربردهای نرم افزار Sigma Plot در بیوتکنولوژی را بیان کند.

۱۵-۲- نرم افزار Sigma Plot را در کامپیوتر نصب و راه اندازی نماید.

۱۵-۳-قسمتهای مختلف موجود در نوار ابزار نرم افزار Sigma Plot را نشان دهد و نحوه‌ی کار با هر قسمت را شرح دهد.

۱۵-۴- یک صفحه‌ی جدید در نرم افزار Sigma Plot رسم کند و داده‌های مربوط به یک واکنش دو متغیره را در آن وارد نموده نام گذاری نماید.

۱۵-۵- انواع نمودارهایی را که می‌توان با این نرم افزار رسم کرد روی داده‌های وارد شده پیاده نماید و آنها را وارد نرم افزار Word نموده و تفسیر کند.

وسایل آموزشی مورد نیاز : سالن سخنرانی وکامپیوتر، ویدئو پروژکتور، ماژیک و تخته سفید و PowerPoint نرم افزار Sigma Plot

هدف کلی جلسه شانزدهم:

اهداف ویژه جلسه شانزدهم :

در پایان دانشجو قادر باشد

هدف کلی جلسه هفدهم: آشنایی با نحوه ی ارزیابی پرایمر طراحی شده (تئوری)

اهداف ویژه جلسه هفدهم:

در پایان دانشجو قادر باشد

۱۷-۱- پرایمرهای به دست آمده از Primer 3 را وارد سایت Primer BLAST نماید.

۱۷-۲- پرایمرها را از نظر طول قطعه و حضور محصولات مزاحم ارزیابی کند.

۱۷-۳- پرایمر را از لحاظ ساختارهای ثانویه و میزان پایداری بررسی نماید.

تکلیف: دانشجویان به صورت گروه‌های دونفره، یک ژن خاص را انتخاب نموده برای تکثیر آن یک جفت پرایمر طراحی نموده و پس از بررسی‌های کامل، آنها را به کلاس ارائه دهند. (انجام این تکلیف دانشجویان را با نحوه‌ی طراحی پرایمر با نرم افزار آنلاین Primer 3 و سایتهای اینترنتی ارائه دهنده‌ی توالی ژن آماده می‌کند و نحوه‌ی کارکردن گروهی را به آنها آموزش می‌دهد).

منابع:

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

2-Hooman Rashidi, Lukas K. Buehler. Bioinformatics Basics: Applications in Biological Science and Medicine, (last edition)

3- Internet

4- NCBI

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	٪۵	طول ترم	

	مشارکت در بحث و گفتگو			
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 مسئولEDO دانشکده:

تاریخ تحویل: **تاریخ ارسال:**

تاریخ ارسال :

جدول زمانبندی درس بیوانفورماتیک

روز و ساعت جلسه : شنبه ها ۱۰ الی ۱۲

جلسه	تاریخ	موضوع هر جلسه	مدرس
۱	۴۰۲/۱۱/۲۸	مقدمه ای بر بیوانفورماتیک و کاربرد های آن	دکتر بهمن اکبری
۲	۴۰۲/ ۱۲/۱۲	آشنایی اولیه با بانکهای اطلاعاتی NCBI، EMBL, DDJB, EBI, OMIMو بخشهای مختلف	دکتر بهمن اکبری
۳	۴۰۲/ ۱۲/۱۹	آشنایی با نرم افزارهای ChemDraw و PDQuest	دکتر یداله بهرامی
۴	۴۰۳/ ۰۱/۱۸	آشنایی با پایگاه داده های ژنومی	دکتر بهمن اکبری
۵	۴۰۳/ ۰۱/۲۵	آشنایی با پایگاه داده های پروتئین (ساختار اول و دوم)	دکتر رضا خدارحمی
۶	۴۰۳/ ۰۲/۰۱	آشنایی با پایگاه داده ساختار سوم پروتئین (PDB) و نرم افزارهای بررسی و پیشگویی ساختار	دکتر رضا خدارحمی
۷	۴۰۳/ ۰۲/۰۸	آشنایی با انواع RNA ها و پایگاه داده های RNA	دکتر سارا محمدزاده
۸	۴۰۳/ ۰۲/۲۲	انطباق دوتایی توالی ها و جستجوی تشابه در پایگاه داده ها	دکتر بهمن اکبری
۹	۴۰۳/ ۰۲/۲۹	انطباق چندگانه توالی ها	دکتر کمال ویسی
۱۰	۴۰۳/ ۰۳/۰۵	فیلوژنی	دکتر یداله بهرامی
۱۱	۴۰۳/ ۰۳/۱۲	طراحی پرایمر	دکتر بهمن اکبری
۱۲	۴۰۳/ ۰۳/۱۹	طراحی پرایمر و آنالیز داده های Real Time PCR	دکتر سارا محمدزاده
۱۳	۴۰۳/ ۰۳/۲۶	شبیه سازی فرایند کلونینگ	دکتر سارا محمدزاده
۱۴	۴۰۳/ ۰۴/۰۲	طراحی واکسن	دکتر سارا محمدزاده
۱۵	۴۰۳/ ۰۴/۰۹	آشنایی با نرم افزار Sigma Plot و نحوه ی استفاده از آن	دکتر بهمن اکبری
۱۶	۴۰۳/ ۰۴/۱۶	Whole genome analysis	دکتر کمال ویسی
۱۷	۴۰۳/ ۰۴/۲۳	آنالیز پرایمر طراحی شده	دکتر بهمن اکبری

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 کاربرد های آن	۲	۳/۹۲	۲	۱	-	۱
۲	آشنایی اولیه با بانکهای اطلاعاتی NCBI، EMBL, DDJB, EBI, وOMIM بخشهای مختلف	۴	۷/۸۴	۵	۲	۳	-
۳	آشنایی با نرم افزارهای ChemDrawو PDQuest	۳	۵/۸۸	۵	۲	۳	-
۴	آشنایی با پایگاه داده های ژنومی	۳	۵/۸۸	۴	۲	۱	۱
۵	آشنایی با پایگاه داده های پروتئین (ساختار اول و دوم)	۳	۵/۸۸	۴	۱	۲	۱
۶	آشنایی با پایگاه داده ساختار سوم پروتئین (PDB) و نرم افزارهای بررسی و پیشگویی ساختار	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱
۷	آشنایی با انواع RNA ها و پایگاه داده های	۳	۵/۸۸	۵	۳	۲	-

	RNA						
۸	انطباق دوتایی توالی ها و جستجوی تشابه در پایگاه داده ها	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱
۹	انطباق چندگانه توالی ها	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱
۱۰	فیلوژنی	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱
۱۱	طراحی پرایمر	۳	۵/۸۸	۵	۳	۲	-
۱۲	طراحی پرایمر و آنالیز داده های Real Time PCR	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱
۱۳	شبیه سازی فرایند کلونینگ	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱
۱۴	طراحی واکسن	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱
۱۵	آشنایی با نرم افزار Plot Sigma و نحوه ی استفاده از آن	۳	۵/۸۸	۵	۲	۳	-
۱۶	Whole genome analysis	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱
۱۷	آنالیز پرایمر طراحی شده	۳	۵/۸۸	۵	۲	۲	۱

جدول بلوپرینتEDC

رتبه علمی: - نام گروه آموزشی: **بیوتکنولوژی پزشکی** تعداد سوال: **۸۰ سوال**