

دانشکده پزشکی
طرح درس بیوانفورماتیک - پاییز ۹۸

عنوان درس: بیوانفورماتیک
مخاطبان: دانشجویان ترم اول رشته کارشناسی ارشد بیوشیمی بالینی
تعداد واحد: ۲ (سهم هر استاد ۰/۵ واحد، مجموعاً یک واحد)
ساعت پاسخگویی به سوالات فراگیر: تا یک ساعت پس از اتمام جلسات درس
زمان ارائه درس: (روز، ساعت و نیمسال تحصیلی) روز یکشنبه ساعت ۸ تا ۱۱
مدرس: دکتر هادی مظفری و دکتر نازنین جلیلیان
درس و پیش نیاز: -

هدف کلی درس:

اهداف کلی جلسات: (جهت هر جلسه یک هدف)

- ۱- مقدمه ای بر بیوانفورماتیک
- ۲- پایگاههای داده زمیسی
- ۳- معرفی پایگاههای داده و یافتن توالی های مرجع
- ۴- طراحی پراچر، BLAST و بررسی تئوریک پاتوژنیسیته
- ۵- آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی بیان ژن
- ۶- آشنایی با آنالیز بیوانفورماتیکی مسیرهای بیوشیمیایی
- ۷- آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی بررسی miRNA
- ۸- آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی در بررسی عملکردی lncRNAها

اهداف ویژه به تفکیک اهداف کلی هر جلسه:

هدف کلی جلسه اول: مقدمه ای بر بیوانفورماتیک

اهداف ویژه جلسه اول:

- ۱- معرفی علم بیوانفورماتیک، سیر تاریخی آن و موضوعات اصلی مطرح شده
- ۲- توضیح فواید بیوانفورماتیک
- ۳- توضیح کلی الفبای ژنوم، نوکلئوتیدها و نمایش داده ها
- ۴- معرفی ژنومیک و الفبای پروتئینها و داده های مختص آنها و منافع این دو شاخه از داده ها
- ۵- معرفی سایر حوزه های زیست شناسی، ژنتیک و سیستم بیولوژی
- ۶- توضیح دستاوردهای بیوانفورماتیک، پیش بینی ساختارها و تعامل آنها
- ۷- توضیح فواید پایگاه داده و نرم افزارهای مورد استفاده در پایگاههای داده
- ۸- توضیح کاربردهای بیوانفورماتیک در پزشکی و تفاوت آن با انفورماتیک، جایگاه بیوانفورماتیک در ایران و تعریف پایگاه داده

هدف کلی جلسه دوم: پایگاههای داده زیستی

اهداف ویژه جلسه دوم:

- ۱- تشریح اهمیت پایگاههای داده و استفاده های آنها
- ۲- توضیح طبقه بندی پایگاههای داده بر اساس محتوا و نحوه دسترسی
- ۳- توضیح کلیدهای کمک کننده عمومی جستجو در پایگاه داده
- ۴- معرفی پایگاههای داده اصلی اطلاعات اسیدهای نوکلئیک و پایگاههای اولیه و ثانویه و مشخصات آنها و الگوریتم ارتباطی آنها
- ۵- معرفی برترین پایگاههای داده و عملکرد کلی آنها و مراجعه تمرینی به برخی پایگاهها
- ۶- معرفی موتورهای جستجوی اصلی و تمرین جستجو در آنها پایگاههای داده پروتئینی در زمینه توالی، ساختار و عملکرد
- ۷- معرفی پایگاه مرکزی بیوانفورماتیک ایران (IBC) و نرم افزارهای مفید پایگاههای داده
- ۸- تشریح اجزاء یک رکورد در پایگاه داده و انواع فرمتهای آن و معرفی کتابهای مفید در زمینه بیوانفورماتیک و تمرین عملی درباره تغییر فرمتهای مختلف

هدف کلی جلسه سوم: معرفی پایگاه های داده و یافتن توالیهای مرجع

اهداف ویژه جلسه سوم:

- ۱- معرفی پایگاه NCBI، محتوا و اجزاء آن شامل: BLAST، Structure، dbGaP، EST، MeSH، OMIM، Genbank، dbSNP، Bookshelf، PMC و تمرین بررسی و نحوه استفاده از اطلاعات این پایگاهها
- ۲- معرفی موتور سرچ Entrez و بخش Pubmed و تشریح نحوه سرچ و اعمال محدودیتهای جستجو در آن
- ۳- توضیح اختصارات مفید در جستجو و تمرین آنها
- ۴- مرور کلی چگونگی دستیابی به اطلاعات توالیهای اسید نوکلئیک در آزمایشگاه و تمرین عملی
- ۵- تشریح بخشهای مختلف بانک ژن: EST، dbSTS، WGS، TPA، SNP، HTGs، HTC، TPA و Refseq و اختصارات مفید توالیهای مختلف
- ۶- معرفی و تمرین ثبت نام در سایت HGMD و نحوه استفاده از اطلاعات و محتوای آن شامل جهشهای ثبت شده در ژنهای مختلف انسان
- ۷- معرفی سایت Scopus تواناییها و سرویسهای آن شامل: جستجوی چکیده ها، نویسنده ها، آدرسها، نحوه جمع بندی رزومه پژوهشی محققین با تمام آدرسها و اسامی احتمالی، مفهوم و تمرین عملی محاسبه H-index و ارزیابی اطلاعات و کیفیت مجلات مختلف نمایه در این پایگاه
- ۸- توضیح نحوه یافتن توالیهای مرجع DNA و RNA

هدف کلی جلسه چهارم: طراحی پراچر، BLAST و بررسی تئوریک پاتوزیستی

اهداف ویژه جلسه چهارم:

- ۱- توضیح تئوریک طراحی پراچر و مقدمات لازم آن. تمرین عملی یافتن توالیهای مرجع DNA و RNA.
- ۲- توضیح Align کردن Global و Local و چگونگی نمایش در مقایسه دو رکورد
- ۳- توضیح نحوه سیستم نمره دهی به توالیهای DNA و پروتئین در همردیفی
- ۴- معرفی و تشریح BLAST و الگوریتم آن و معیارهای قضاوت در نتایج مقایسه، توصیف انواع BLAST و نحوه آنالیز نتایج و توضیح اجزاء مختلف داده در صفحه نتایج

- ۵- انتخاب یک توالی مثال و طراحی پرایمر عملی در نرم افزار 3 Primer و توضیح و اعمال تنظیمات مختلف.
- معرفی، توضیح تئوریک و بررسی تمرینی ارزیابی پایداری و کیفیت پرایمرها و ساختارهای مزاحم احتمالی در نرم افزارهای Oligoanalyzer و Generunner
- ۶- چک کردن عملی پرایمرها و تکراری نبودن توالی آنها در بخش BLAST پایگاه NCBI
- ۷- تمرین عملی BLAST کردن توالی اسید نوکلئیک در BLAST پایگاه NCBI
- ۸- آشنایی با پایگاه های Polyphen و SIFT (یا پایگاههای مشابه دیگر) و نحوه استفاده از آنها در بررسی پتانسیل بیماریزایی جهشها در این دو پایگاه و تمرین عملی

هدف کلی جلسه پنجم: آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی بیان ژن

اهداف ویژه جلسه پنجم

- ۱ - توضیح اهمیت آنالیز بیوانفورماتیکی بیان ژن
- ۲ - معرفی پایگاه های داده موجود در حیطه بیان ژن
- ۳ - معرفی پایگاه genecards.org و بخش های مختلف آن
- ۴ - آموزش نحوه جستجو در genecards.org و تفسیر نتایج
- ۵ - معرفی پایگاه RefEX و بخش های مختلف آن
- ۶ - آموزش نحوه جستجو در RefEX و تفسیر نتایج
- ۷ - معرفی پایگاه Fantom CAGE viewer و بخش های مختلف آن
- ۸ - آموزش نحوه جستجو در Fantom CAGE viewer و تفسیر نتایج
- ۹ - معرفی پایگاه Expression ATLAS و بخش های مختلف آن
- ۱۰ - آموزش نحوه جستجو در Expression ATLAS و تفسیر نتایج

هدف کلی جلسه ششم: آشنایی با آنالیز بیوانفورماتیکی مسیرهای بیوشیمیایی

اهداف ویژه جلسه ششم

- ۱ - ضرورت و اهمیت نیاز به آنالیز بیوانفورماتیک مسیرهای ترانسسانی سلولی
- ۲ - آشنایی با پایگاه KEGG
- ۳ - فراگیری نحوه جستجو در KEGG و توضیح هر یک از کاربردها و آیتم ها
- ۴ - توضیح ویژگی ها، قابلیت ها و نحوه کار کردن با signalink.org
- ۵ - معرفی The Human Reference Protein Interactome Mapping Project، مشخصات و کاربرد آن
- ۶ - معرفی و آموزش نحوه کار کردن با پایگاه CancerNET و استخراج اطلاعات مرتبط از آن

هدف کلی جلسه هفتم: آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی بررسی miRNA

اهداف ویژه جلسه هفتم

- ۱ - تعریف miRNA و اهمیت آن، مسیر بیوسنتز و نحوه عملکرد
- ۲ - توضیح مختصری در خصوص اساس برنامه‌های پیش بینی miRNA
- ۳ - ورود به پایگاه miRBASE و آشنایی با نحوه عملکرد آن و چگونگی دریافت اطلاعات
- ۴ - ورود به پایگاه miRDB و آشنایی با نحوه عملکرد آن و چگونگی دریافت اطلاعات
- ۵ - آشنایی با ابزارهای پیش بینی ژن‌های هدف miRNA، ویژگی‌ها و تمرین عملی

هدف کلی جلسه هشتم: آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی در بررسی عملکردی lncRNAها

اهداف ویژه جلسه هشتم

- ۱ - تعریف و بیان نقش lncRNAها
- ۲ - دسته بندی lncRNAها
- ۳ - معرفی مهم‌ترین پایگاه‌های بیوانفورماتیکی مرتبط با lncRNAها
- ۴ - توضیح روش بدست آوردن توالی یک lncRNA
- ۵ - تعیین الگوی بیان lncRNAها
- ۶ - معرفی نحوه یافتن miRNAهایی که با lncRNAها میانکنش دارند

در پایان دانشجوی قادر باشد:

- ۱- با علم بیوانفورماتیک آشنا شود و عملکردها و کاربردهای آن را بشناسد . حوزه های طبقه بندی شده بیوانفورماتیک را آشنا شود و با استفاده های گوناگون بیوانفورماتیک در بیولوژی ساختاری و عملکردی و علوم مختلف پزشکی آشنا شود.
- ۲- با پایگاه‌های مختلف داده در علم بیوانفورماتیک آشنا شود . با چگونگی استفاده از داده ها و نحوه دسترسی به اطلاعات پایگاه‌های داده آشنا شود . با چگونگی جستجو و نکات کمکی سرچ در موتورهای جستجو آشنا شود . با عملکردهای مختلف پایگاه‌های داده و روند منطقی تثبیت اطلاعات در آنها آشنا شود . با مهم‌ترین پایگاه‌های داده در زمینه های مختلف آشنا شود . با رکوردهای ثبت شده در پایگاه‌های داده آشنا شود و بداند چگونه فرمته ا به یکدیگر قابل تبدیل اند.
- ۳- با استفاده ها و زی بخشهای اصلی پایگاه NCBI آشنا شود. و درباره نحوه استفاده از آنها تمرین کند. با موتور سرچ Entrez و Pubmed و نحوه سرچ و تنظیمات آن آشنا شود. با اختصارات مفید و کمک کننده در سرچ آشنا شود و تمرین کند. با پایگاه داده بانک ژن آشنا شود و محتوای آن درباره DNA و RNA را بشناسد و مرور کند. با ترتیب و اجزاء رکورد داده با فرمت بانک ژن آشنا شود . با انواع داده ثبت شده در بانک ژن آشنا شده و سطح اعتبار و Curation آنها را بداند. با پایگاه داده HGMD آشنا شود؛ نحوه ثبت نام برای استفاده از خدمات سایت را بخشد و نحوه دسترسی به جهشهای طبقه بندی شده در سایت را فرا گیرد . با سایت Scopus و اطلاعات مفید آن و نحوه سرچ و استفاده در سایت آشنا شود و تمرین کند. با نحوه محاسبه H-index و انواع مختلف سرچ داده و یکسان کردن نتایج سرچ افراد در اینترنتی واحد آشنا شده و تمرین کند. نحوه یافتن توالی‌های

مرجع ژری را تمرین کند.

۴- برای طراحی پرایمر بتواند توالی مرجع اصلی ژن هدف را بجهد. با نحوه طراحی پرایمر در نرم افزار Primer 3 آشنا شده و تمرین کند و در آن پرایمر طراحی کند. نهایتاً پرایمرها را از لحاظ اختصاصیت در ژنوم BLAST کند و سپس پرایمرها و ساختارهای مزاحم آن را در نرم افزار Oligoanalyzer ارزیابی نماید. پرایمرهای طراحی شده را در نرم افزار GeneRunner ارزیابی کند و امکان تشکیل ساختارهای مزاحم و پایداری آنها را در نرم افزار چک کند. با معیارهای بورسی تشابه در توالی DNA یا پروتئین آشنا شود. با روشهای استاندارد و الگوریتمهای همدیفی آشنا شود. با نحوه امتیاز دهی تشابه سنجی آشنا شود. با جداول ماتریسی همدیفی آشنا شود. بداند BLAST چیست و چه کاربردهایی دارد. با انواع BLAST آشنا شود و بتواند توالیهای DNA را BLAST نماید. با نحوه بررسی صحیح بودن یک جهش کلی تأثیر آن بر توالی پروتئین حاصل در Polyphen و SIFT آشنا شود.

۵- در پایان این جلسه دانشجو باید: با ابزارهای بیوانفورماتیکی طبق ژن آشنا شود. با محیط برنامه و ویژگی‌های genecards.org آشنا شود. با محیط برنامه، و ویژگی‌ها و نحوه جستجو در RefEX آشنا شود. با محیط برنامه، ویژگی‌ها و نحوه جستجو در Fantom CAGE viewer آشنا شود. با محیط برنامه، ویژگی‌ها و نحوه جستجو در Expression ATLAS آشنا شود.

۶- ضرورت رتول به آنالیز بیوانفورماتیک مسرعه‌ها را بداند و قادر باشد یک مسرعه‌تراساری را با جزئیات استخراج کند. دانشجو در پایان این جلسه باید قادر باشد مسرعه‌های مختلفی را که یک ژن می‌تواند در آن نقش داشته باشد را تعیین کند. همچنین بتواند ویژگی‌ها، قابلیت‌ها و نحوه کار کردن با KEGG pathway database را توصیف کند. با ویژگی‌ها، قابلیت‌ها و نحوه کار کردن با signalink.org آشنا شود. مشخصات و اهمیت The Human Reference Protein Interactome Mapping Project را ذکر کند و نیز قادر باشد با پایگاه CancerNET کار کرده و اطلاعات مرتبط را از آن استخراج کند

۷- تعریف miRNA را بداند، مسرعه‌سنتز miR را توصیف کرده و نحوه عملکرد miRها را تشریح کند. اساس برنامه‌های پیش‌بینی اهداف miRها را تشریح کند و نیز قادر باشد توالی یک miR را به دست آورد. برای یک miR مشخص، اهداف پیش‌بینی شده را مشخص و نتایج را تفسیر کند و بتواند برای یک ژن مشخص، miRهایی که احتمالاً آن ژن را هدف قرار می‌دهند را مشخص و نتایج را تفسیر کند.

۸- در پایان جلسه دانشجو باید قادر باشد: تعریف و نقش lncRNAها را بیان کند، دسته بندی lncRNAها را بیان کند، بتواند مهم‌ترین پایگاه‌های بیوانفورماتیکی مرتبط با lncRNAها را فهرست کند و همچنین قادر باشد توالی یک lncRNA را بدست آورد. الگوی طبق lncRNAها را بتواند تعیین کند و قادر باشد miRهایی که با lncRNAها می‌توانند درگیرند را تعیین کند

منابع: بیوانفورماتیک به زبان ساده (Jean-Michel Claverie , Cedric Notredame , Bioinformatics)
(For Dummies, 2006, Wiley, ISBN: 978-0-470-08985-9) و راهنمای کامل و کاربردی NCBI تالیف

ولی الله مهدی زاده

روش تدریس: ارائه به صورت سخنرانی و کار با اینترنت و نرم افزار

وسایل آموزشی: ویدئو پروژکتور، اینترنت و نرم افزار Power Point و نرم افزارهای مورد استفاده در موضوع درس

سنجش و ارزشیابی

آزمون	روش	سهم از نمره کل (بر حسب درصد)	تاریخ	ساعت
پروژه طراحی پرایمر	انتخاب توالی ژن و طراحی پرایمر توسط دانشجو	۳۰	۳۰ دی	-
معرفی سایت یا نرم افزار	سمینار	۲۰	۵ بهمن	۱۰ صبح
حضور فعال در کلاس	پرسش شفاهی و عملی	۱۰	به صورت مستمر	به صورت مستمر

مقررات کلاس و انتظارات از دانشجو:

دانشجویان بایستی حضور به موقع و منظم در کلاس داشته باشند. در صورت تعداد غیبت بیش از حد مجاز درس آنها حذف خواهد شد. در زمان حضور در کلاس بایستی جو همراه با احترام متقابل و توجه کامل به مطالب ارائه شده حاکم باشد.

در تمام جلسات کلاس، بایستی قبلاً مطلب جلسه بعد را مطالعه کنند و در ارزیابی کلاسی شرکت فعال نمایند. همچنین دانشجویان موظف اند، پروژه های خود را قبل از آزمون پایان ترم تحویل دهند.

نام و امضای مدیر گروه:

نام و امضای مدرس: دکتر هادی مظفری و دکتر نازنین جلیلیان

پروفسور زهره رحیمی

نام و امضای مسئول EDO دانشکده: دکتر ماریا شیروانی

تاریخ ارسال:

تاریخ تحویل: ۹۸/۷/۱۰

جدول زمانبندی درس بیوانفورماتیک (رشته کارشناسی ارشد بیوشیمی بالینی)

روز و ساعت جلسه: یکشنبه ها ساعت ۸ تا ۱۱

جلسه	تاریخ	موضوع هر جلسه	مدرس
۱	۹۸/۷/۱۴ یکشنبه	مقدمه ای بر بیوانفورماتیک	دکتر هادی مظفری
۲	۹۸/۷/۲۱ یکشنبه	پایگاههای داده زیستی	دکتر هادی مظفری
۳	۹۸/۸/۲۸ یکشنبه	معرفی پایگاه های داده و یافتن توآلهای مرجع	دکتر هادی مظفری
۴	۹۸/۸/۵ یکشنبه	طراحی پرایمر، BLAST و بررسی تئوریک پاتوژنیسیته	دکتر هادی مظفری
۵	۹۸/۸/۱۲ یکشنبه	آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی بیان ژن	دکتر نازنین جلیلیان
۶	۹۸/۸/۱۹ یکشنبه	آشنایی با آنالیز بیوانفورماتیکی مسیرهای بیوشیمیایی	دکتر نازنین جلیلیان
۷	۹۸/۸/۲۶ یکشنبه	آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی بررسی miRNA	دکتر نازنین جلیلیان
۸	۹۸/۹/۳ یکشنبه	آشنایی با ابزارهای بیوانفورماتیکی در بررسی عملکردی lncRNAها	دکتر نازنین جلیلیان