

دانشکده
قالب نگارش طرح درس ترمی

عنوان درس: بیوانفورماتیک

مخاطبان: دانشجویان ترم اول رشته کارشناسی ارشد بیوشیمی بالینی

تعداد واحد: ۱/۵

ساعت پاسخگویی به سوالات فراگیر: تا یک ساعت پس از اتمام جلسات درس

زمان ارائه درس: (روز، ساعت و نیمسال تحصیلی) روز دوشنبه ساعت ۱ تا ۴

مدرس: دکتر مظفری

درس و پیش نیاز: -

هدف کلی درس:

اهداف کلی جلسات: (جهت هر جلسه یک هدف)

- ۱- تعریف مقدماتی و بیان اهمیت بیوانفورماتیک، اهداف و معرفی داده ها در پایگاه های زیستی
- ۲- پایگاههای داده زیستی
- ۳- معرفی پایگاه NCBI، Pubmed، Scopus و اختصارات مفید
- ۴- معرفی پایگاه Genbank و جستجوی توالیهای مرجع DNA و RNA، بعلاوه DDBJ و EMBL
- ۵- معرفی پایگاههای UCSC، HGNC، HGMD، KEGG، Genecards بررسی پتانسرلی بهارنایی یک جهش با پایگاه Polyphen و SIFT
- ۶- معرفی سایت Scopus و آشنایی با اصول و روش های طراحی پراچر با نرم افزارهای اینترنتی 3 Primer، Oligoanalyzer
- ۷- ادامه آشنایی با روشهای طراحی پراچر و نرم افزار 1 Primer، 7 Oligo، GeneRunner و طراحی پراچر برای بررسی تپن ژن و ارزطبی نرم افزاری برنامه PCR مناسب
- ۸- آشنایی با BLAST و نحوه استفاده از آن

اهداف ویژه به تفکیک اهداف کلی هر جلسه:

هدف کلی جلسه اول: تعریف مقدماتی و بیان اهمیت بیوانفورماتیک، اهداف و معرفی داده ها در پایگاه های زیستی

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 حوضه 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 NCBI, Pubmed, Scopus و اختصارات مفید

اهداف ویژه جلسه سوم:

- ۱- معرفی پایگاه NCBI، محتوا و اجزاء آن شامل : BLAST, Structure, dbGaP, EST, MeSH
- 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

هدف کلی جلسه چهارم: معرفی پایگاه Genbank و جستجوی توالیهای مرجع DNA و RNA، بعلاوه EMBL و DDBJ

اهداف ویژه جلسه چهارم:

- ۱- معرفی بانک داده Genbank اجزاء و ساختار و ویژگیهای آن
- ۲- مرور کلی چگونگی دستیابی به اطلاعات توالیهای اسید نوکلئیک در آزمایشگاه و تمرین عملی
- ۳- تشریح کامل رکوردهای داده موجود در Genbank و شناسه ها
- ۴- تشریح بخشهای مختلف بانک ژن: EST, dbSTS, WGS, TPA, SNP, HTGs, HTC, TPA, Refseq و اختصارات مفید توالیهای مختلف
- ۵- معرفی کلی پایگاههای داده EMBL و DDBJ و اجزاء و داده های آنها و نیز بررسی تمرینی این پایگاههای داده

هدف کلی جلسه پنجم: معرفی پایگاه های UCSC, HGNC, HGMD, KEGG, Genecards بررسی پتانسیل بیماریزایی یک جهش با پایگاه Polyphen و SIFT

اهداف ویژه جلسه پنجم:

- ۱- توضیح و معرفی پایگاه UCSC و نحوه استفاده از اطلاعات آن و تمرین عملی
- ۲- معرفی و تمرین استفاده از دایره المعارف پایگاه HGNC
- ۳- معرفی و تمرین ثبت نام در سایت HGMD و نحوه استفاده از اطلاعات و محتوای آن شامل جهشهای ثبت شده در ژنهای مختلف انسان
- ۴- آشنایی و بررسی صفحات و بخشهای مختلف پایگاه KEGG

۵- معرفی و بررسی پایگاه Genecards و توانایی های مختلف ارایه اطلاعات آن
۶- آشنایی با پایگاه های Polyphen و SIFT و نحوه استفاده از آنها در بررسی پتانسیل بیماریزایی جهشها در این دو پایگاه و تمرین عملی

**هدف کلی جلسه ششم: معرفی سایت Scopus و آشنایی با اصول و روش های طراحی پرایمر با نرم افزارهای
ابجترنتی 3.Primer, Oligoanalyzer.**
اهداف ویژه جلسه ششم:

- ۱- 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
- ۲- توضیح تئوریک طراحی پرایمر و مقدمات لازم آن. تمرین عملی یافتن توالیهای مرجع DNA و RNA.
- ۳- انتخاب یک توالی مثال و طراحی پرایمر عملی در نرم افزار 3.Primer و توضیح و اعمال تنظیمات مختلف.
- ۴- چک کردن عملی پرایمرها و تکراری نبودن توالی آنها در بخش BLAST پایگاه NCBI
- ۵- بررسی تمرینی ارزیابی پایداری و کیفیت پرایمرها و ساختارهای مزاحم احتمالی در نرم افزار Oligoanalyzer

هدف کلی جلسه هفتم: ادامه آشنایی با روش های طراحی پرایمر و نرم افزار 1.Primer, Oligo 7.
GeneRunner و طراحی پرایمر برای بررسی تان ژن و ارزیابی نرم افزاری برنامه PCR مناسب
اهداف ویژه جلسه هفتم:

- ۱- تشریح چگونگی طراحی پرایمرهای لازم برای تکنیک ARMS و طراحی عملی پرایمرها با نرم افزار 1.Primer
- ۲- توضیح و معرفی نرم افزار Oligo7 و آموزش نحوه طراحی پرایمر با این نرم افزار.
- ۳- تمرین طراحی پرایمر با نرم افزار Oligo 7
- ۴- معرفی و آموزش نحوه استفاده از نرم افزار GeneRunner برای ارزیابی کیفیت پرایمرها و امکان تشکیل ساختارهای ثانویه در پرایمرها
- ۵- ارزیابی تئوریک و تمرینی امکان تکثیر قطعه هدف با پرایمرهای طراحی شده در پایگاه UCSC و Optimase ProtocolWriter

هدف کلی جلسه هشتم: آشنایی با BLAST و نحوه استفاده از آن
اهداف ویژه جلسه هشتم:

- ۱- تشریح مفهوم تشابه و Alignment و اهمیت آن در داده های بیولوژیک
- ۲- توضیح Align کردن Global و Local و چگونگی نمایش در مقایسه دو رکورد
- ۳- توضیح دو الگوریتم اصلی Align کردن و توضیح مفاهیم کلیدی در مقوله همردیفی توالیها
- ۴- توضیح نحوه سیستم نمره دهی به توالیهای DNA و پروتئین در همردیفی
- ۵- معرفی دو نوع ماتریس نمره دهی
- ۶- معرفی و تشریح BLAST و الگوریتم آن و معیارهای قضاوت در نتایج مقایسه
- ۷- توصیف انواع BLAST و نحوه آنالیز نتایج و توضیح اجزاء مختلف داده در صفحه نتایج
- ۸- تمرین عملی BLAST کردن توالی اسید نوکلئیک در BLAST پایگاه NCBI

در پایان دانشجو 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 فرمتها به یکدیگر قابل تبدیل اند

۳- با استفاده ها و ز ی 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.

۴- با پایگاه داده بانک ژن آشنا شود و محتوا ی 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 و نحوه یافتن توالیهای مرجع ژنی را تمرین کند. با پایگاههای داده EMBL و DDBJ آشنا شود و بخشهای مختلف آنها را بشناسد

۵- با پایگاه UCSC و اجزاء آن و نحوه استفاده از خدمات آن آشنا شود و تمرین کند. با پایگاههای داده HGNC، HGMD، KEGG و Genecards آشنا شود؛ نحوه ثبت نام برای استفاده از خدمات برخی ساختها را یاد بگیرد. با چگونگی یافتن مترادف علمی معرری واژه های تخصصی ژنی در دایره المعارف HGNC آشنا شود. با نحوه بررسی چهارمیان بودن یک جهش علمی تانسی آن بر توالی پروتئین حاصل در Polyphen و SIFT آشنا شود.

۶- 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 لایسنس واحد آشنا شده و تمرین کند. برای طراحی پرایمر بتواند توالی مرجع اصلی ژن هدف را بخشد. 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.

۷- با تئوری و کاربرد تکنیک ARMS آشنا شود. با نرم افزار Primer 1 آشنا و نحوه طراحی پرایمر با آن و تنظیم محدودیات اعمال شده بر طراحی را یاد بگیرد. با نرم افزار Oligo 7 آشنا و نحوه طراحی پرایمر با آن را یاد بگیرد. پرایمرهای طراحی شده را در نرم افزار GeneRunner ارزیابی کند و امکان تشکیل ساختارهای مزاحم و پایداری آنها را در نرم افزار چک کند. بتواند امکان تکثیر تئوریک و برنامه پیشنهادی تکثیر محصول در UCSC و Optimase ProtocolWriter را ارزیابی کند.

۸- با معیارهای بررسی تشابه در توالی DNA یا پروتئین آشنا شود. با روشهای استاندارد و الگوریتمهای همردیفی آشنا شود. با نحوه امتیاز دهی تشابه سنجی آشنا شود. با جداول ماتریسی همردیفی آشنا شود. بداند BLAST چیست و چه کاربردهایی دارد. با انواع BLAST آشنا شود و بتواند توالیهای DNA را BLAST نماید.

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 تألیف 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
آزمون تشریحی پایانترم	آزمون کتبی	۴۰	۳۰ بهمن (شنبه)	۱۰ صبح

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: پروفسور زهره رحیمی

نام و امضای مدرس: دکتر هادی مظفری

نام و امضای مسئول EDO دانشکده: دکتر کریم خوش گرد

تاریخ ارسال:

تاریخ تحویل: ۹۶/۷/۵

جدول زمانبندی درس بیوانفورماتیک (رشته کارشناسی ارشد بیوشیمی بالینی)

روز و ساعت جلسه : دوشنبه ها ساعت ۱۳ تا ۱۶

مدرس	موضوع هر جلسه	تاریخ	جلسه
دکتر هادی مظفری	تعریف مقدماتی و بیان اهمیت بیوانفورماتیک، اهداف و معرفی داده ها در پایگاه های زیستی	۹۶/۷/۱۷ دوشنبه	۱
دکتر هادی مظفری	پایگاه های داده زیستی	۹۶/۷/۲۴ دوشنبه	۲
دکتر هادی مظفری	معرفی پایگاه NCBI، Pubmed و Scopus و اختصارات مفید	۹۶/۸/۱ دوشنبه	۳
دکتر هادی مظفری	معرفی پایگاه Genbank و جستجوی توابع DNA و RNA، بعلاوه DDBJ و EMBL	۹۶/۸/۸ دوشنبه	۴
دکتر هادی مظفری	معرفی پایگاه های UCSC، HGNC و HGMD، KEGG، Genecards بررسی پتانسیل چهار تایی یک جهش با پایگاه SIFT و Polyphen	۹۶/۸/۱۵ دوشنبه	۵
دکتر هادی مظفری	معرفی سایت Scopus و آشنایی با اصول و روش های طراحی پرایمر با نرم افزارهای اینترنتی 3 Primer، Oligoanalyzer	۹۶/۸/۲۲ دوشنبه	۶
دکتر هادی مظفری	ادامه آشنایی با روش های طراحی پرایمر و نرم افزار 1 Primer، 7 GeneRunner، Oligo و طراحی پرایمر برای بررسی تپن ژن و ارزیابی نرم افزاری برنامه PCR مناسب	۹۶/۸/۲۹ دوشنبه	۷
دکتر هادی مظفری	آشنایی با BLAST و نحوه استفاده از آن	۹۶/۹/۶ دوشنبه	۸