

دانشکده پزشکی
طرح درس بیوانفورماتیک - بهمن ۹۹

عنوان درس: بیوانفورماتیک

مخاطبان: دانشجویان ترم اول دکترای تخصصی بیوشیمی بالینی

تعداد واحد: ۲

ساعت پاسخگویی به سوالات فرآگیر: تا یک روز پس از اتمام هر جلسه
زمان ارائه درس: (روز، ساعت و نیمسال تحصیلی) روز دوشنبه ساعت ۱۰ تا ۱۲
مدرس: دکتر هادی مظفری، دکتر ابراهیم برزگری و دکتر سجاد امامی آل آقا
درس و پیش نیاز: -

هدف کلی درس:

اهداف کلی جلسات: (جهت هر جلسه یک هدف)

- ۱- مقدمه ای بر بیوانفورماتیک
- ۲- پایگاههای داده زیستی
- ۳- معرفی پایگاه های داده مختلف با تاکید بر پایگاه داده ژنومی
- ۴- طراحی پرایمر برای PCR-RFLP، مLEN ژن، ARMS و BLAST نتایج تعیین توالی نوکلئوتیدها
- ۵- تمرین عملی و ویدیو آموزشی (سرویسهای پایگاههای داده، یافتن توالی رفرنس، طراحی پرایمر و بررسی پاتوژنیسیتی)
- ۶- معرفی ابزار BLAST
- ۷- پیشگویی ساختار سه بعدی پروتئین
- ۸- انجام پیشگویی ساختار سه بعدی پروتئین
- ۹- پیشگویی برهمکنش پروتئین-پروتئین
- ۱۰- انجام داکتینگ ملکولی پروتئین-پروتئین
- ۱۱- پیشگویی برهمکنش پروتئین-لیگاند
- ۱۲- انجام داکتینگ پروتئین-لیگاند
- ۱۳- مروری بر ساختار پروتئین و آشنایی اولیه با پایگاه داده UniProt
- ۱۴- آشنایی با پایگاه داده UniProt (بخش اول)
- ۱۵- آشنایی با پایگاه داده UniProt (بخش دوم)
- ۱۶- دانلود ساختار سوم پروتئینها و مشاهده آنها - ساخت درخت فلوجنتیکی پروتئینهای همولوگ به کمک نرم افزار MEGA-X
- ۱۷- پیش بینی و صحه گذاری ساختار دوم و سوم پروتئین

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 نمائش 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 تمرينی به برخی پایگاهها
- ۶- معرفی موتورهای جستجوی اصلی و تمرين 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 تمرين عملی درباره تغییر فرمتهای مختلف

هدف کلی جلسه سوم: معرفی پایگاه های داده مختلف با تاکید بر پایگاه داده ژنومی

اهداف ویژه جلسه سوم:

- ۱- معرفی پایگاه NCBI، محتوا و اجزاء آن شامل : کلیت EST، dbGaP، Structure، BLAST، OMIM، MeSH، Genbank، dbSNP، Bookshelf، PMC
- ۲- معرفی موتور سرچ Entrez و بخش Pubmed و تشریح نحوه سرچ و اعمال محدودیتهای جستجو در آن
- ۳- توضیح اختصارات مفید در جستجو
- ۴- مرور کلی چگونگی دستیابی به اطلاعات توالیهای اسید نوکلئیک در آزمایشگاه
- ۵- تشریح بخش‌های مختلف بانک ژن : EST، dbSTS، TPA، SNP، WGS، HTCs، HTGs و Refseq و TPA

اختصارات مفید توالیهای مختلف

- ۶- معرفی ثبت نام در سایت HGMD و نحوه استفاده از اطلاعات و محتوای آن شامل جهش‌های ثبت شده در ژنهای مختلف انسان
- ۷- معرفی سایتها: KEGG، HGNC و GeneCards و توضیح کلی خدمات و سرویس‌های رایگان آنها
- ۸- معرفی سایت Scopus تواناییها و سرویس‌های آن شامل: جستجوی چکیده‌ها، نویسنده‌ها، آدرسها، نحوه جمع‌بندی رزومه پژوهشی محققین با تمام آدرسها و اسمای احتمالی، مفهوم و توضیح نحوه محاسبه H-index و ارزیابی اطلاعات و کیفیت مجلات مختلف نمایه در این پایگاه
- ۹- توضیح نحوه یافتن توالیهای مرجع DNA و RNA

هدف کلی جلسه چهارم: طراحی پرایمر برای PCR-RFLP، بیان ژن، ARMS و BLAST نتایج تعیین

توالی نوکلئوتیدها

اهداف ویژه جلسه چهارم:

- ۱- توضیح تئوریک طراحی پرایمر و مقدمات لازم آن. نحوه یافتن توالیهای مرجع DNA و RNA.
- ۲- توضیح Align کردن Local و Global و چگونگی نمایش در مقایسه دو رکورد
- ۳- توضیح نحوه سیستم نمره دهی به توالیهای DNA و پروتئین در هم‌دیفی
- 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 Primer 3 و توضیح و اعمال تنظیمات مختلف.
- ۶- معرفی، توضیح تئوریک و بررسی تمرینی ارزیابی پایداری و کیفیت پرایمرها و ساختارهای مزاحم احتمالی در نرم افزارهای Oligoanalyzer و Generunner
- ۷- نکات و نحوه چک کردن پرایمرها و تکراری نبودن توالی آنها در بخش BLAST پایگاه NCBI
- ۸- توضیح نحوه یافتن آنزیم مناسب برای تعیین ژنوتیپ در بررسی جهش با RFLP
- ۹- تشریح طراحی پرایمر با هدف بررسی بیان ژن (با نرم افزار آنلاین NCBI Primer Blast) و تکنیک ARMS با نرم افزار Primer1
- ۱۰- توضیح انجام BLAST توالی اسید نوکلئیک در BLAST پایگاه NCBI

هدف کلی جلسه پنجم: تمرین عملی و ویدیو آموزشی (سرویس‌های پایگاه‌های داده، یافتن توالی رفرنس، طراحی پرایمر و بررسی پاتوژنیستی)

اهداف ویژه جلسه پنجم:

ارایه فایلهای ویدیویی نحوه کار و استفاده از خدمات مختلف پایگاه‌های داده: NCBI، UCSC، HGNC و KEGG و GeneCards و HGMD و BLAST، طراحی پرایمر، بررسی تئوریک پاتوژنیستیه جهش

هدف کلی جلسه ششم: معرفی ابزار BLAST

اهداف ویژه جلسه ششم:

- ۱- آموزش مفهوم alignment بین توالی‌های پروتئین یا اسید‌نوکلئیک
- ۲- آموزش انواع alignment از لحاظ طول توالی
- ۳- آموزش انواع alignment از لحاظ تعداد توالی
- ۴- آموزش روش‌های alignment جفتی و چندگانه

- ۵- آموزش الگوریتم های alignment
- ۶- آموزش نرم افزارهای مورد استفاده برای alignment
- ۷- آموزش عملی چگونگی کار با ابزار BLAST برای جستجوی توالی های پروتئینی

هدف کلی جلسه هفتم: پیشگویی ساختار سه بعدی پروتئین

اهداف ویژه جلسه هفتم:

- ۱- آموزش اهمیت پیشگویی ساختار
- ۲- آموزش روش های موجود برای پیشگویی ساختار پروتئین ها
- ۳- آموزش اهمیت اعتبارسنجی ساختار پیشگویی شده

هدف کلی جلسه هشتم: انجام پیشگویی ساختار سه بعدی پروتئین

اهداف ویژه جلسه هشتم:

- ۱- آموزش عملی پیشگویی ساختار سه بعدی پروتئین با استفاده از SWISS-MODEL
- ۲- آموزش عملی اعتبارسنجی ساختار پیشگویی شده

هدف کلی جلسه نهم: پیشگویی برهمکنش پروتئین - پروتئین

اهداف ویژه جلسه نهم:

- ۱- آموزش اهمیت برهمکنشهای پروتئینی و پیشگویی آنها
- ۲- آموزش روش های تعیین برهمکنش بین پروتئین ها
- ۳- آموزش روش های پیشگویی ساختار کمپلکس پروتئینی

هدف کلی جلسه دهم: انجام داکتینگ ملکوای پروتئین - پروتئین

اهداف ویژه جلسه دهم:

- ۱- آموزش عملی تعیین آمنتواسیدهای سطح پروتئین
- ۲- آموزش عملی انجام داکتینگ پروتئین - پروتئین با استفاده از ابزار HADDOCK
- ۳- آموزش چگونگی تفسیه نتایج HADDOCK

هدف کلی جلسه یازده ام: پیشگویی برهمکنش پروتئین - لیگاند

اهداف ویژه جلسه یازده ام:

- ۱- آموزش اهمیت بررسی برهمکنش های پروتئین - لیگاند
- ۲- آموزش روش های مطالعه برهمکنش پروتئین - لیگاند
- ۳- آموزش روش های جستجوی کنفورماسیون های لیگاندی
- ۴- آموزش الگوریتم های سرج و توابع امتلازده دی
- ۵- آموزش روشهای ارزیابی کارایی داکتینگ ملکوای

هدف کلی جلسه دوازده ام: انجام داکتینگ پروتئین - لیگاند

اهداف ویژه جلسه دوازده ام:

- ۱- آموزش عملی آماده سازی ایگاند برای انجام داکنگ
- ۲- آموزش عملی استفاده از ابزار AutoDock برای داکنگ پروتئین-ایگاند
- ۳- آموزش عملی آنالیز خروجی داکنگ پروتئین-ایگاند
- ۴- آموزش عملی تفسیر نتایج داکنگ پروتئین-ایگاند

هدف کلی جلسه سیزده ام: مروری بر ساختار پروتئین و آشنایی اولیه با پائگاه داده UniProt

اهداف ویژه جلسه سیزده ام:

- ۱- مروری بر ساختار اولیه، ثانویه ابرثانویه ساختار سوم و چهارم پروتئین ها
- ۲- مرور اختصارات تک حرفی اسیدهای آمنه معمول و غیر معمول در ساختهای بیوانفورماتیک
- ۳- اصطلاحات راجع در بیوانفورماتیک از جمله Annotation, Curation و Gene ontology
- ۴- آشنایی با بخش های مختلف سایت UniProt و معرفی قابایتهای سایت مذکور

هدف کلی جلسه چهاردهم: آشنایی با پائگاه داده UniProt (بخش اول)

اهداف ویژه جلسه چهاردهم:

- ۱- آشنایی با پائگاه های داده UniRef و UniProtKB, UniParc و Swiss-Prot و TrEMBL
- ۲- آشنایی با نحوه دست آوردن توالی FASTA پروتئینها
- ۳- آشنایی با نحوه جست و جوی اطلاعات پروتئینی و تفسیر اطلاعات به دست آمده
- ۴- آشنایی با مفاهیم Annotation, Curation و Gene Ontology
- ۵- آشنایی با نحوه جست و جوی اطلاعات پروتئینی و تفسیر اطلاعات به دست آمده

هدف کلی جلسه پانزدهم: آشنایی با پائگاه داده UniProt (بخش دوم)

اهداف ویژه جلسه پانزدهم:

- ۱- آشنایی با Supporting Data در سایت UniProt
- ۲- آشنایی با اصول هم رفتگی توالی های پروتئینی به کمک سایت UniProt (Alignment)
- ۳- آشنایی با نحوه انجام BLASTp در سایت UniProt
- ۴- استفاده از سایت STRING جهت بررسی برهمکنش پروتئین ها (PPI)

هدف کلی جلسه شانزدهم: دانلود ساختار سوم پروتئین ها و مشاهده آنها - ساخت درخت فیلوجنتیکی پروتئین های همولوگ به کمک نرم افزار MEGA-X

اهداف ویژه جلسه شانزدهم:

- ۱- آشنایی با ساختهای مرتبط با ساختار سوم پروتئین ها از جمله PDB
- ۲- مشاهده ساختار سوم پروتئین ها، به کمک نرم افزار
- ۳- آشنایی با بخش های مختلف و کاربرد نرم افزار RasMol
- ۴- ساخت درخت فیلوجنتیکی پروتئین های همولوگ به کمک نرم افزار MEGA-X

هدف کلی جلسه هفدهم: پیش بینی و صحه گذاری ساختار دوم و سوم پروتئین ها

اهداف ویژه جلسه هفدهم:

- ۱- پیش بینی ساختار دوم پروتئین ها به کمک نرم افزار آنلاین PSIPRED

- ۲- بیش عینی ساختار سوم پروتئینها بر اساس روش همولوژی و به کمک نرم افزار SWISS-MODEL
- ۳- بیش عینی ساختار سوم پروتئینها بر اساس روش Threading و Ab initio به کمک نرم افزار RaptorX
- ۴- استفاده از نرم افزار WHAT IF جهت صحه گذاری بیش عینی ساختار سوم پروتئینها
- ۵- استفاده از ابزار MOLPROBITY جهت صحه گذاری بیش عینی ساختار پروتئینها (نمودار راماچاندران)

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 بیوان فورماتیک 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 سرج در موتورهای جستجو آشنا شود. با عملکردهای مختلف پایگاههای داده و روند منطقی تثبیت اطلاعات در آنها آشنا شود . با مهمنتین 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 زی بخشهای اصلی پایگاه NCBI آشنا شود. و درباره نحوه استفاده از آنها تمرن کند. با موتور سرج Entrez و رکو Pubmed و نحوه سرج و تنظیمات آن آشنا شود. با اختصارات مفعه و کمک کننده در سرج آشنا شود و تمرن کند. با پایگاه داده بانک ژن آشنا شود و محتوا ای 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 شد و سطح اعتبار و Curation آنها را بداند. با پایگاه داده HGMD آشنا شود؛ نحوه ثبت نام برای استفاده از خدمات سایت را مطابق و نحوه دسترسی به جهشها طبقه بندی شده در سایت را فرا گیرد . با سایت Scopus و اطلاعات مفعه آن و نحوه سرج و استفاده در سایت آشنا شود و تمرن کند. با نحوه محاسبه H-index و انواع مختلف سرج داده و یکسان کردن نتایج سرج افراد در لیستی واحد آشنا شده و تمرن کند. نحوه طفتن توالیهای مرجع ژئی را تمرن کند.
- ۴- برای طراحی پرایمر بتواند توالی مرجع اصلی ژن هدف را بعید. با نحوه طراحی پرایمر در نرم افزار Primer 3 آشنا شود. 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 پایدا ری آنها را در نرم افزار چک کند . سپس، بتواند برای پروتوكل RFLP جهت تعیین ژنتیپ جهش مدنظر، با استفاده از نرم افزار مناسب اقدام نماید. همچنین در نرم افزار NCBI Primer Blast برای بررسی بیان ژن پرایمر طراحی نماید . یا در صورت لزوم با نرم افزار ARMS Primer1 تکیک ARMS برای مطالعه فایلهای ویدیویی راهنمای بتواند از خدمات مختلف پایگاههای داده ذکر شده در جلسه سوم و
- ۵- پس از مطالعه فایلهای ویدیویی راهنمای بتواند از خدمات مختلف پایگاههای داده ذکر شده در جلسه سوم و

- چهارم استفاده کند. توالی رفانس ژنها را بباید. پرایمرهای مناسب طراحی، اختصاصیت و مناسب بودن پرایمرهای طراحی شده را در نرم افزار الیگوآنالیزر یا GeneRunner ارزیابی نماید. سپس، بصورت تئوریک تکنیک ARMS، طراحی پرایمر برای بررسی بیان ژن و BLAST کردن پرایمر یا توالیهای طویل نوکلئوتیدی را انجام دهد.
- ۶- دانشجو بتواند مفهوم alignment را توضیح دهد. بتواند دسته بندی و انواع alignment را ذکر کند. بتواند روش های alignment را شرح دهد. بتواند الگوریتم ها و نرم افزارهای مربوطه را ذکر کند. بتواند به صورت عملی، یک توالی پروتئینی را در محیط برنامه BLAST جستجو کند. بتواند تفسیر صحیحی از نتایج BLAST را ارائه نماید.
- ۷- دانشجو بتواند اهمیت پیشگویی ساختار را شرح دهد. بتواند درباره روش های موجود برای پیشگویی ساختار پروتئین ها توضیح دهد.
- ۸- دانشجو بتواند با دریافت یک توالی پروتئینی، ساختار سه بعدی مربوط به آن را با استفاده از برنامه SWISS-MODEL به دست آورد. بتواند ارزیابی اعتبار و صحبت ساختار پیشگویی شده را انجام دهد.
- ۹- دانشجو بتواند اهمیت برهمکنشهای پروتئینی در سلول و روند اهمیت پیشگویی آنها را شرح دهد. بتواند روش های تعیین برهمکنش های پروتئین-پروتئین را ذکر کند. بتواند روش های پیشگویی ساختار کمپلکس پروتئینی را شرح دهد.
- ۱۰- دانشجو بتواند به صورت عملی آمنواسیدهای سطح پروتئین را تعیین نماید. بتواند داکننگ یعنی دو پروتئین را با استفاده از برنامه HADDOCK انجام دهد. بتواند خروجی نرم افزار HADDOCK را تفسیر نماید.
- ۱۱- دانشجو بتواند اهمیت مطالعه برهمکنش های پروتئین-لیگاند را شرح دهد. بتواند روش های بررسی این برهمکنش ها را ذکر کند. بتواند روش های جستجوی کنفورماتیون های لیگاندی را ذکر کند. بتواند درباره الگوریتم های سرج و توابع امثلزده ای در داکننگ توضیح دهد. بتواند روش های ارزیابی داکننگ ملکولی را ذکر نماید.
- ۱۲- دانشجو بتواند به طور عملی، مراحل آماده سازی لیگاند را انجام دهد. بتواند به صورت عملی با استفاده از نرم افزار اتودادک، داکننگ یک پروتئین با یک لیگاند را انجام دهد. دانشجو بتواند فایل خروجی نهایی داکننگ را آنالیز نماید. بتواند نتایج به دست آمده از داکننگ پروتئین-لیگاند را تفسیر نماید.
- ۱۳- دانشجو بتواند ساختارهای اولیه، ثانوی، ابرثانوی سوم و چهارم را توصیف نماید. اختصارات و اصطلاحات راج و مفهی در پیوند فرمائیک را بشناسد. خدمات و سرویسهای مفهی Uniprot را بشناسد.
- ۱۴- دانشجو با قسمتهای مختلف پایگاههای داده UniProtKB، UniParc، UniRef و TrEMBL آشنا شود. بتواند توالیهای FASTA پروتئینها را ذخیره و استفاده نماید. مفاهیم تخصصی حاشیه نویسی توالیها را بشناسد. با نحوه جستجوی اطلاعات پروتئینی و تفسیر آن آشنا شود.
- ۱۵- با نحوه استفاده از Supporting Data در سایت UniProt آشنا شود. اصول همردیفی را بیاموزد و با نحوه انجام BLASTp آشنا شود. بتواند در پایگاه داده STRING برهمکنش پروتئینها را ارزیابی نماید.

۱۶- با پایگاههای داده تحلیل کننده ساختار سوم و نحوه بررسی ساختار سوم آشنا شود . بتواند در نرم افزارهای مختلف ساختار سوم پروتئینها را بررسی کند . با نرم افزار RasMol و نحوه استفاده از قسمتها و عملکردهای آن آشنا شود. بتواند با استفاده از نرم افزار MEGA-X درختهای مختلف شجره نامه ای را ترسیم نماید.

۱۷- با نرم افزار PSIPRED پیش بینی ساختارهای ثانویه را انجام دهد. قادر باشد ساختار سوم پروتئینها را با روش همولوژی با نرم افزار SWISS-MODEL پیش بینی نماید. قادر باشد ساختار سوم پروتئینها را با روش Ab initio و RaptorX پیش بینی نماید. در نهایت ساختار سوم پیش بینی شده را در نرم افزار WHAT IF و ابزار MOLPROBITY تایید کند

منابع: بیوانفورماتیک به زبان ساده (Jean-Michel Claverie , Cedric Notredame , Bioinformatics) For Dummies, 2006, Wiley, ISBN: 978-0-470-08985-9
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: نرم افزار Power Point و نرم افزارهای مورد استفاده در موضوع درس و نیز نرم افزار AnyMP4 Screen Recorder

سنجدش و ارزشیابی

ساعت	تاریخ	سهم از نمره کل (بر حسب درصد)	روش	آزمون
-	تا ۳۰ اردیبهشت تحویل گردد.	۵٪ سهم نمره دکتر مظفری	انتخاب توالی زن و طراحی پرایمر توسط دانشجو	پروژه طراحی پرایمر
	تا ۳۰ اردیبهشت تحویل گردد.	۵٪ سهم نمره دکتر مظفری	سمینار	معرفی سایت یا نرم افزار

مقررات کلاس و انتظارات از دانشجو:
دانشجویان بایستی تکالیف و پروژه‌ها را به موقع انجام و ارسال نمایند.

نام و امضای مدرس: دکتر هادی مظفری، دکتر سجاد امامی آل آقا و دکتر ابراهیم بروزگرانی
نام و امضای مدیر گروه: پروفیسور زهره رحیمی

نام و امضای مسئول EDO دانشکده: دکتر ماریا شیروانی

تاریخ ارسال:

تاریخ تحويل: ۹۹/۱۱/۲۵

جدول زمانبندی درس بیوانفورماتیک (دکترای بیوشیمی بالینی)

روز و ساعت جلسه: دوشنبه ها ساعت ۱۰ تا ۱۲

جلسه	تاریخ	موضوع هر جلسه	مدرس
۱	۹۹/۱۱/۶ دوشنبه	مقدمه ای بر بیوانفورماتیک	دکتر مظفری
۲	۹۹/۱۱/۱۳ دوشنبه	پایگاههای داده زیستی	دکتر مظفری
۳	۹۹/۱۱/۲۰ دوشنبه	معرفی پایگاه های داده مختلف با تاکید بر پایگاه داده ژنومی	دکتر مظفری
۴	۹۹/۱۱/۲۷ دوشنبه	طراحی پرایمر برای PCR-RFLP، طلن ژن، ARMS و BLAST نتایج تعیین توالی نوکلئوتیدها	دکتر مظفری
۵	۹۹/۱۲/۴ دوشنبه	تمرین عملی و ویدیو آموزشی (سرویسهای پایگاههای داده، یافتن توالی رفرنس، طراحی پرایمر و بررسی پاتوژنیستی)	دکتر مظفری
۶	۹۹/۱۲/۱۱ دوشنبه	معرفی ابزار BLAST	دکتر برزگری
۷	۹۹/۱۲/۱۸ دوشنبه	پیشگویی ساختار سه بعدی پروتئین	دکتر برزگری
۸	۹۹/۱۲/۲۵ دوشنبه	انجام پیشگویی ساختار سه بعدی پروتئین	دکتر برزگری
۹	۰۰/۱/۱۶ دوشنبه	پیشگویی برهمکنش پروتئین - پروتئین	دکتر برزگری
۱۰	۰۰/۱/۲۳ دوشنبه	انجام داکتیگ ملکوایی پروتئین - پروتئین	دکتر برزگری
۱۱	۰۰/۱/۳۰ دوشنبه	پیشگویی برهمکنش پروتئین - لیگاند	دکتر برزگری
۱۲	۰۰/۲/۶ دوشنبه	انجام داکتیگ پروتئین - لیگاند	دکتر برزگری
۱۳	۰۰/۲/۱۳ دوشنبه	مروری بر ساختار پروتئین و آشنایی اولیه با پایگاه داده UniProt	دکتر آل آقا
۱۴	۰۰/۲/۲۰ دوشنبه	آشنایی با پایگاه داده UniProt (بخش اول)	دکتر آل آقا
۱۵	۰۰/۲/۲۷ دوشنبه	آشنایی با پایگاه داده UniProt (بخش دوم)	دکتر آل آقا
۱۶	۰۰/۳/۳ دوشنبه	دانلود ساختار سوم پروتئینها و مشاهده آنها - ساخت درخت فلورزنیکی پروتئینهای همولوگ به کمک نرم افزار MEGA-X	دکتر آل آقا
۱۷	۰۰/۳/۱۰ دوشنبه	پیش‌بینی و صحه گذاری ساختار دوم و سوم پروتئینها	دکتر آل آقا

