

بیوانفورماتیک

مقطع PhD بیوتکنولوژی دارویی

گروه بیوتکنولوژی دارویی دانشکده داروسازی

دانشگاه علوم پزشکی شیراز

تهیه و تنظیم: دکتر شیوا همتی-استادیار گروه بیوتکنولوژی دارویی

دانشکده داروسازی

تعداد واحد: 2 واحد	نام درس: بیوانفورماتیک
مدت زمان ارائه درس: 17 جلسه دو ساعته (34 ساعت)	مقطع: دکترای تخصصی بیوتکنولوژی دارویی
پیش نیاز: ندارد	
مسئول برنامه: دکتر شیوا همتی	

اهداف کلی:

با توجه به پیشرفت علم بیوتکنولوژی، این درس شامل اصول و روشهای آنالیز ژنوم، ترانسکریپتوم و پروتئوم می باشد. اهداف کلی درس به شرح زیر است:

- دانشجو باید تعریف و اصول زیست شناسی محاسباتی را بداند.
- دانشجو باید کار با پایگاههای اطلاعاتی و توالیهای نوکلئوتیدی را بشناسد.
- دانشجو باید کار با پایگاههای اطلاعاتی و توالیها و ساختارهای پروتئینی را بداند.
- دانشجو باید چگونگی جستجوی تشابه در پایگاههای اطلاعاتی توالی را بداند.
- دانشجو باید ایجاد و ویرایش انطباق توالی دو تایی و چند تایی را بداند.
- دانشجو باید کار با توالی RNA را بشناسد.
- دانشجو باید رسم و تفسیر درختهای تکامل ژنتیکی را بداند.
- دانشجو باید روش آنالیز ژنوم های پروکاریوتی و یوکاریوتی را بشناسد.

اهداف اختصاصی:

در پایان هر کدام از مباحث زیر دانشجو باید بتواند دانش کافی و قابل ارزیابی در خصوص هر یک از مفاهیم ذیل هر مبحث را فرا گرفته باشد:

1- مقدمه ای بر زیست شناسی محاسباتی

- 1-1- بیوانفورماتیک و کاربردهای آن را در علوم مولکولی، سلولی و صنایع داروسازی تشریح کند.
- 2-1- مفهوم پایگاه اطلاعاتی را تعریف کند.
- 3-1- انواع پایگاههای اطلاعاتی جهت یافتن توالی، ساختار، مسیرهای متابولیکی و نقشه برداری ژنومی را تشریح کند.
- 4-1- تفاوت پایگاه اطلاعاتی مخزنی و پایگاه اطلاعاتی مشتق شده را توضیح دهد.
- 5-1- خواندن توالیهای DNA و توالی های پروتئینی را به روش صحیح انجام دهد.
- 6-1- توالیهای DNA رمز دهنده و تبدیل DNA به پروتئین را تشریح کند.

2- کار با پایگاههای اطلاعاتی نوکلئوتیدی

- 1-2- بانک ژنی و قوانین حاکم بر آن را تعریف کند.
- 2-2- ورودی ژن مورد نظر خود را در بانک ژنی پیدا کند.
- 3-2- کلید واژه های بانک ژنی پروکاریوتی و یوکاریوتی را بشناسد.
- 4-2- محتویات صفحات بانک ژنی را تفسیر کند.
- 5-2- ورودی صفحات بانک ژنی را بدون شماره دستیابی جستجو کند.
- 6-2- سایر صفحات ژن محور از جمله پایگاههای اطلاعاتی ژنومی کامل را جستجو و تفسیر کند.

3- کار با توالیهای نوکلئوتیدی

- 1-3- روش حذف توالی حامل را تشریح کند.
- 2-3- روش محاسبه و تائید نقشه محدود کننده را تشریح کرده، اجرا کند.
- 3-3- نرم افزارهای طراحی پرایمر را معرفی کند.
- 4-3- طراحی پرایمر بهینه را برای یک قطعه ژن اجرا کند.
- 5-3- نواحی رمز دهنده پروتئین را بیابد.
- 6-3- چهار چوب های خواندن باز را برای یک ژن پیدا کند.

4- کار با پایگاه‌های اطلاعاتی پروتئینی

- 1-4- پایگاه اطلاعاتی Swiss-Prot و توالی‌های TrEMBL را بشناسد.
- 2-4- یک صفحه Swiss-Prot را بخواند.
- 3-4- کلید واژه‌های یک صفحه Swiss-Prot را تشریح کند.
- 4-4- پروتئین مورد نظر خود را در Swiss-Prot بیابد.
- 5-4- خصوصیات پروتئین مشاهده شده در Swiss-Prot را تفسیر کند.

5- کار با توالی‌های پروتئینی

- 1-5- با استفاده از ارائه دهنده Expasy، خصوصیات فیزیکی‌وشیمیایی پروتئین مورد نظر را محاسبه و تفسیر کند.
- 2-5- با استفاده از برنامه TMHMM قسمت‌های درون غشایی پروتئینها را یافته و نتایج حاصل را تفسیر کند.
- 3-5- با ابزارهای پیش بینی تغییرات پس ترجمه ای در توالی پروتئین کار کرده، نتایج آن را تفسیر کند.
- 4-5- دمن‌های شناخته شده در پروتئینها را با InterProScan، CD و Motif Scan یافته و نتایج آن را تفسیر کند.
- 5-5- دیتابیس‌های اولیه، متا دیتا بیس‌ها و دیتا بیس‌های پیش بینی کننده را در بر هم کنش پروتئین‌ها با یکدیگر مقایسه کند.
- 6-5- پایگاه‌های پیش بینی کننده عملکرد پروتئین‌ها را معرفی کند.

6- کار با ساختارهای پروتئینی

- 1-6- ساختار دوم یک توالی پروتئینی را با استفاده از الگوی مخفی مارکوف و شبکه‌های عصبی پیش بینی کند.
- 2-6- سیستم‌های ارائه دهنده ساختار دوم پروتئین‌ها را معرفی کند.
- 3-6- نتایج حاصل از ارائه دهنده‌های PSIPRED و PredictProtein را تفسیر کند.
- 4-6- ساختارهای سه بعدی را از سایت PDB بیابد.
- 5-6- نمایشگرهای قدرتمند PDB را در شبکه بیابد.
- 6-6- ویژگی‌های توالی در ساختارهای سه بعدی را تشریح کند.

7- جستجوی تشابه در پایگاه‌های اطلاعاتی توالی

- 1-7- اهمیت تشابه را تعریف کند.

- 2-7 تفاوت تشابه با همولوژی را توضیح دهد.
- 3-7 بلاست را تعریف کند.
- 4-7 انواع بلاست را بصورت عملی اجرا کند.
- 5-7 معیارهای درست را در BLAST انتخاب کند.
- 6-7 خروجی انواع BLAST را تفسیر کند.

8- ایجاد انطباق توالی دو تایی و چند تایی

- 1-8 توالی های درست و روش مناسب برای انطباق دو تایی را انتخاب کند.
- 2-8 معیارهای اصلی برای ایجاد یک انطباق توالی چند تایی را تشریح کند.
- 3-8 کاربردهای اصلی انطباق توالی چند تایی را فهرست کند.
- 4-8 روش مناسب جهت انجام انطباق توالی چند تایی را انتخاب کند.
- 5-8 خروجی برنامه های Clustal، T-Coffee و Muscle را تفسیر کند.

9- ویرایش و انتشار انطباق توالی ها

- 1-9 قالبهای انطباق توالی را تشریح کند.
- 2-9 انطباق توالی چند تایی را به قالب صحیح تبدیل کند.
- 3-9 ابزارهای تبدیل کننده برای گرفتن قالب دلخواه را بشناسد.
- 4-9 با برنامه Jalview برای ویرایش انطباق چند تایی کار کند.

10- کار با RNA

- 1-10 پیش بینی، مدل سازی و ترسیم ساختارهای RNA را اجرا کند.
- 2-10 در پایگاههای اطلاعاتی، توالی های RNA را بیابد.
- 3-10 جستجوی tRNA را در ژنوم انجام دهد.
- 4-10 یافتن miRNA و siRNA ها را اجرا کند.
- 5-10 جستجوی RNAهای غیر رمزدهنده کوچک را انجام دهد.
- 6-10 تکامل را با استفاده از RNA ریپوزومی توضیح دهد.

11- درختهای تکامل ژنتیکی

- 11-1- توالی های درست را برای ایجاد درخت صحیح انتخاب کند.
- 11-2- بهترین روش انطباق را برای رسم درخت فیلوژنی انتخاب نماید.
- 11-3- روشهای مبتنی بر فاصله و روشهای مبتنی بر کاراکتر را در رسم درخت فیلوژنی مقایسه کند.
- 11-4- برنامه هایی را که برای رسم درخت فیلوژنی بکار می روند، توضیح دهد.
- 11-5- کاربردهای درخت تکامل ژنتیکی را در جهش ها، حذف ها، دوبرابر شدن ها و گونه زائی ها تشریح کند.

12- آنالیز ژنوم های یوکاریوتی

- 12-1- موارد مورد بررسی در آنالیز ژنی کامل یوکاریوتها را تشریح کند.
- 12-2- تعیین جایگاه ژنها روی کروموزومها را توضیح داده و اجرا کند.
- 12-3- نواحی کد کننده آگزون و اینترون را شناسایی کند.
- 12-4- انواع transcript variant های یک ژن را بیابد.
- 12-5- پایگاههای اطلاعاتی Array Express و GEO را معرفی کرده، داده های مرتبط با ژنوم مورد نظر را جستجو کند.
- 12-6- گایدلاین های MIAME و MINISEQE را تشریح کند.
- 12-7- نرم افزارهای آنالیز و مدیریت اطلاعات Micoarray را معرفی کند.
- 12-8- اطلاعات مربوط به بیان یک خانواده ژنی را با نرم افزار TM4 نشان داده، همراه با آنالیز آماری، تشریح کند.

روش آموزش:

بصورت سخنرانی کلاسیک استاد و کار عملی همزمان دانشجویان با لپ تاپ می باشد.

شرایط اجرا

امکانات آموزشی:

شبکه اینترنت، لپ تاپ انفرادی در کلاس یا حضور در مرکز کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت بورد، ماژیک

آموزش دهنده:

اعضای هیات علمی گروه بیوتکنولوژی دارویی

منابع اصلی درسی:

- **Bioinformatics for Beginners: Genes, Genomes, Molecular Evolution, Databases and Analytical Tools.** Choudhuri S. Elsevier. 2014.
- **Fundamentals of Bioinformatics.** Harisha S. I.K. International Pvt Ltd. 2007.
- **Protein Bioinformatics: From Sequence to Function.** Gromiha M.M. Elsevier. 2010.
- **Nucleic Acid Research:** Oxford Journals

ارزشیابی

نحوه ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر و فعال دانشجو در پرسش و پاسخ ها و فعالیت های کلاسی

پروژه عملی

امتحان کتبی پایان ترم بصورت تشریحی

نحوه محاسبه نمره کل:

فعالیت دانشجو در پرسش و پاسخ و فعالیت برخط در کلاس (30 درصد کل نمره)

پروژه عملی (30 درصد کل نمره)

امتحان پایان ترم (40 درصد کل نمره)

مقررات:

حداقل نمره قبولی: 10

تعداد دفعات مجاز غیبت در کلاس: حداکثر 4 جلسه موجه

جدول زمان بندی درس: بیوانفورماتیک

سرفصل مطالب	ساعت تدریس	نحوه ارائه	منابع درسی	امکانات مورد نیاز	روش ارزشیابی
مقدمه ای بر زیست شناسی محاسباتی - آشنایی با بیوانفورماتیک و کاربردهای آن - مفهوم پایگاه اطلاعاتی	2 ساعت	سخنرانی	Choudhuri & Harisha	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور،	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه

	وایت برد، ماژیک				<p>- انواع پایگاههای اطلاعاتی جهت یافتن توالی، ساختار، مسیرهای متابولیکی و نقشه برداری ژنومی</p> <p>- تفاوت پایگاه اطلاعاتی مخزنی و پایگاه اطلاعاتی مشتق شده</p> <p>- خواندن توالیهای DNA و توالی های پروتئینی</p> <p>- توالیهای DNA رمز دهنده و تبدیل DNA به پروتئین</p>	
	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی	2 ساعت	<p>کار با پایگاههای اطلاعاتی نوکلئوتیدی</p> <p>- آشنایی با بانک ژنی و قوانین حاکم بر آن</p> <p>- آشنایی با ورودی ژن مورد نظر در بانک ژنی</p> <p>- شناسایی کلید واژه های بانک ژنی و تفسیر محتویات صفحات بانک ژنی</p> <p>- جستجوی ورودی صفحات بانک ژنی بدون شماره دسترسی جستجو</p> <p>- جستجو و تفسیر سایر صفحات ژن محور از جمله پایگاههای اطلاعاتی ژنومی</p>
	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی	2 ساعت	<p>کار با توالیهای نوکلئوتیدی</p> <p>- چگونگی حذف توالی حامل</p> <p>- روش محاسبه و تائید نقشه محدود کننده</p> <p>- نرم افزارهای طراحی پرایمر و طراحی پرایمر بهینه</p> <p>- یافتن نواحی رمز دهنده پروتئین</p>
	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Choudhuri & Gromiha	سخنرانی	2 ساعت	<p>کار با پایگاههای اطلاعاتی پروتئینی</p> <p>- آشنایی با پایگاه اطلاعاتی Swiss-Prot و TrEMBL</p> <p>- خواندن یک صفحه Swiss-Prot</p> <p>- تشریح کلید واژه های یک صفحه Swiss-Prot</p> <p>- یافتن پروتئین مورد نظر در Swiss-Prot</p> <p>- تفسیر خصوصیات آن</p>
	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Choudhuri & Gromiha	سخنرانی	4 ساعت	<p>کار با توالیهای پروتئینی</p> <p>- محاسبه و تفسیر خصوصیات فیزیکیوشیمیایی پروتئین ها</p> <p>- یافتن و تفسیر نتایج قسمت‌های درون غشایی پروتئینها</p> <p>- یافتن و تفسیر نتایج تغییرات پس ترجمه ای در توالی پروتئین</p> <p>- یافتن دمین های شناخته شده در پروتئینها</p> <p>- مقایسه دیتابیس های اولیه، متا دیتا بیس ها و دیتا بیس های پیش بینی کننده در بر هم کنش پروتئین ها با یکدیگر</p> <p>- معرفی پایگاههای پیش بینی عملکرد پروتئین ها</p>

ازمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	Choudhuri & Gromiha	سخنرانی	2 ساعت	<p>کار با ساختارهای پروتئینی</p> <ul style="list-style-type: none"> - پیش بینی ساختار دوم توالی پروتئینی با استفاده از الگوی مخفی مارکوف و شبکه های عصبی - آشنایی با سیستم های ارائه دهنده ساختار دوم پروتئینها - تفسیر نتایج حاصل از ارائه دهنده PredictProtein و PSIPRED - آشنایی با نمایشگرهای قدرتمند PDB در شبکه - یافتن ساختارهای سه بعدی از سایت PDB - ویژگیهای توالی در ساختارهای سه بعدی
ازمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی	2 ساعت	<p>جستجوی تشابه در پایگاههای اطلاعاتی توالی</p> <ul style="list-style-type: none"> - اهمیت تشابه و تفاوت تشابه با همولوژی - آشنایی با انواع بلاست - انتخاب معیارهای درست در BLAST - تفسیر خروجی انواع BLAST
ازمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی	2 ساعت	<p>ایجاد انطباق توالی دو تایی و چند تایی</p> <ul style="list-style-type: none"> - توالی های درست و روش مناسب برای انطباق دو تایی - معیارهای اصلی برای ایجاد یک انطباق توالی چند تایی - کاربردهای اصلی انطباق توالی چند تایی - روش مناسب جهت انجام انطباق توالی چند تایی - تفسیر خروجی برنامه های Clustal، T-Muscle و Coffee
ازمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی	2 ساعت	<p>ویرایش و انتشار انطباق توالی ها</p> <ul style="list-style-type: none"> - تشریح قالبهای انطباق توالی - تبدیل انطباق توالی چند تایی به قالب صحیح - ابزارهای تبدیل کننده برای گرفتن قالب دلخواه - آشنایی با برنامه Jalview برای ویرایش انطباق چند تایی
ازمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی	4 ساعت	<p>کار با RNA</p> <ul style="list-style-type: none"> - پیش بینی، مدل سازی و ترسیم ساختارهای RNA - آشنایی با پایگاههای اطلاعاتی توالی های RNA - جستجوی tRNA در ژنوم - یافتن miRNA و siRNA ها - جستجوی RNAهای غیر رمزدهنده کوچک - توضیح تکامل با استفاده از RNA ریپوزومی

<p>آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه</p>	<p>کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، ایت برد، ماژیک</p>	<p>Choudhuri & Harisha</p>	<p>سخنرانی</p>	<p>4 ساعت</p>	<p>درختهای تکامل ژنتیکی - انتخاب توالی های درست برای ایجاد درخت صحیح - بهترین روش انطباق برای رسم درخت فیلوژنی - روشهای مبتنی بر فاصله و روشهای مبتنی بر کاراکتر در رسم درخت فیلوژنی - برنامه های رسم درخت فیلوژنی - کاربردهای درخت تکامل ژنتیکی در جهش ها، حذف ها، دوبرابر شدن ها و گونه زائی ها</p>
<p>آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه</p>	<p>کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، ایت برد، ماژیک</p>	<p>Choudhuri & Harisha</p>	<p>سخنرانی</p>	<p>6 ساعت</p>	<p>آنالیز ژنوم های یوکاریوتی - موارد مورد بررسی در آنالیز ژنی کامل یوکاریوتها - تعیین جایگاه ژنها روی کروموزومها - نواحی کد کننده آگزون و اینترون - انواع transcript variant های یک ژن - آشنایی با پایگاههای اطلاعاتی Array Express و GEO - آشنایی با نرم افزارهای آنالیز و مدیریت اطلاعات Micoarray - آنالیز اطلاعات مربوط به بیان یک خانواده ژنی با نرم افزار TM4 - آشنایی با گایدلاین های MIAME و MINISEQE</p>