

طرح دوره

درس: بیوانفورماتیک

مقطع PhD بیوتکنولوژی دارویی

دانشکده داروسازی شیراز، گروه بیوتکنولوژی دارویی

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

دانشگاه علوم پزشکی شیراز

دانشکده داروسازی

تعداد واحد: ۲ واحد	نام درس: بیوانفورماتیک
مدت زمان ارائه درس: ۱۷ جلسه دو ساعته (۳۴ 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:

۱- مقدمه ای بر زیست شناسی محاسباتی

- ۱-۱- بیوانفورماتیک و کاربردهای آن را در علوم مولکولی، سلولی و صنایع داروسازی تشریح کند.
- ۲-۱- مفهوم پایگاه اطلاعاتی را تعریف کند.
- ۳-۱- انواع پایگاههای اطلاعاتی جهت یافتن توالی، ساختار، مسیرهای متابولیکی و نقشه برداری ژنومی را تشریح کند.
- ۴-۱- تفاوت پایگاه اطلاعاتی مخزنی و پایگاه اطلاعاتی مشتق شده را توضیح دهد.
- ۵-۱- خواندن توالیهای DNA و توالی های پروتئینی را به روش صحیح انجام دهد.
- ۶-۱- توالیهای DNA رمز دهنده و تبدیل DNA به پروتئین را تشریح کند.

۲- کار با پایگاههای اطلاعاتی نوکلئوتیدی

- ۱-۲- بانک ژنی و قوانین حاکم بر آن را تعریف کند.
- ۲-۲- ورودی ژن مورد نظر خود را در بانک ژنی پیدا کند.
- ۳-۲- کلید واژه های بانک ژنی پروکاریوتی و یوکاریوتی را بشناسد.
- ۴-۲- محتویات صفحات بانک ژنی را تفسیر کند.
- ۵-۲- ورودی صفحات بانک ژنی را بدون شماره دستیابی جستجو کند.
- ۶-۲- سایر صفحات ژن محور از جمله پایگاههای اطلاعاتی ژنومی کامل را جستجو و تفسیر کند.

۳- کار با توالیهای نوکلئوتیدی

- ۱-۳- روش حذف توالی حامل را تشریح کند.
- ۲-۳- روش محاسبه و تائید نقشه محدود کننده را تشریح کرده، اجرا کند.
- ۳-۳- نرم افزارهای طراحی پرایمر را معرفی کند.
- ۴-۳- طراحی پرایمر بهینه را برای یک قطعه ژن اجرا کند.
- ۵-۳- نواحی رمز دهنده پروتئین را بیابد.
- ۶-۳- چهار چوب های خواندن باز را برای یک ژن پیدا کند.

۴- کار با پایگاه‌های اطلاعاتی پروتئینی

- ۱-۴- پایگاه اطلاعاتی Swiss-Prot و توالیهای TrEMBL را بشناسد.
- ۲-۴- یک صفحه Swiss-Prot را بخواند.
- ۳-۴- کلید واژه های یک صفحه Swiss-Prot را تشریح کند.
- ۴-۴- پروتئین مورد نظر خود را در Swiss-Prot بیابد.
- ۵-۴- خصوصیات پروتئین مشاهده شده در Swiss-Prot را تفسیر کند.

۵- کار با توالیهای پروتئینی

- ۱-۵- با استفاده از ارائه دهنده Expasy، خصوصیات فیزیکوشیمیایی پروتئین مورد نظر را محاسبه و تفسیر کند.
- ۲-۵- با استفاده از برنامه TMHMM قسمتهای درون غشایی پروتئینها را یافته و نتایج حاصل را تفسیر کند.
- ۳-۵- با ابزارهای پیش بینی تغییرات پس ترجمه ای در توالی پروتئین کار کرده، نتایج آن را تفسیر کند.
- ۴-۵- دمین های شناخته شده در پروتئینها را با InterProScan، CD و Motif Scan یافته و نتایج آن را تفسیر کند.
- ۵-۵- دیتابیس های اولیه، متا دیتا بیس ها و دیتا بیس های پیش بینی کننده را در بر هم کنش پروتئین ها با یکدیگر مقایسه کند.
- ۶-۵- پایگاههای پیش بینی کننده عملکرد پروتئین ها را معرفی کند.

۶- کار با ساختارهای پروتئینی

- ۱-۶- ساختار دوم یک توالی پروتئینی را با استفاده از الگوی مخفی مارکوف و شبکه های عصبی پیش بینی کند.
- ۲-۶- سیستم های ارائه دهنده ساختار دوم پروتئین ها را معرفی کند.
- ۳-۶- نتایج حاصل از ارائه دهنده های PSIPRED و PredictProtein را تفسیر کند.
- ۴-۶- ساختارهای سه بعدی را از سایت PDB بیابد.
- ۵-۶- نمایشگرهای قدرتمند PDB را در شبکه بیابد.
- ۶-۶- ویژگیهای توالی در ساختارهای سه بعدی را تشریح کند.

۷- جستجوی تشابه در پایگاههای اطلاعاتی توالی

- ۱-۷- اهمیت تشابه را تعریف کند.
- ۲-۷- تفاوت تشابه با همولوژی را توضیح دهد.
- ۳-۷- بلاست را تعریف کند.

۴-۷- انواع بلاست را بصورت عملی اجرا کند.

۵-۷- معیارهای درست را در BLAST انتخاب کند.

۶-۷- خروجی انواع BLAST را تفسیر کند.

۸- ایجاد انطباق توالی دو تایی و چند تایی

۱-۸- توالی های درست و روش مناسب برای انطباق دو تایی را انتخاب کند.

۲-۸- معیارهای اصلی برای ایجاد یک انطباق توالی چند تایی را تشریح کند.

۳-۸- کاربردهای اصلی انطباق توالی چند تایی را فهرست کند.

۴-۸- روش مناسب جهت انجام انطباق توالی چند تایی را انتخاب کند.

۵-۸- خروجی برنامه های Clustal، T-Coffee و Muscle را تفسیر کند.

۹- ویرایش و انتشار انطباق توالی ها

۱-۹- قالبهای انطباق توالی را تشریح کند.

۲-۹- انطباق توالی چند تایی را به قالب صحیح تبدیل کند.

۳-۹- ابزارهای تبدیل کننده برای گرفتن قالب دلخواه را بشناسد.

۴-۹- با برنامه Jalview برای ویرایش انطباق چند تایی کار کند.

۱۰- کار با RNA

۱-۱۰- پیش بینی، مدل سازی و ترسیم ساختارهای RNA را اجرا کند.

۲-۱۰- در پایگاههای اطلاعاتی، توالی های RNA را بیابد.

۳-۱۰- جستجوی tRNA را در ژنوم انجام دهد.

۴-۱۰- یافتن miRNA و siRNA ها را اجرا کند.

۵-۱۰- جستجوی RNAهای غیر رمز دهنده کوچک را انجام دهد.

۶-۱۰- تکامل را با استفاده از RNA ریپوزومی توضیح دهد.

۱۱- درختهای تکامل ژنتیکی

۱-۱۱- توالی های درست را برای ایجاد درخت صحیح انتخاب کند.

۲-۱۱- بهترین روش انطباق را برای رسم درخت فیلوژنی انتخاب نماید.

۳-۱۱- روشهای مبتنی بر فاصله و روشهای مبتنی بر کاراکتر را در رسم درخت فیلوژنی مقایسه کند.

- ۱۱-۴- برنامه هایی را که برای رسم درخت فیلوژنی بکار می روند، توضیح دهد.
- ۱۱-۵- کاربردهای درخت تکامل ژنتیکی را در جهش ها، حذف ها، دوبرابر شدن ها و گونه زائی ها تشریح کند.

۱۲- آنالیز ژنوم های یوکاریوتی

- ۱۲-۱- موارد مورد بررسی در آنالیز ژنی کامل یوکاریوتها را تشریح کند.
- ۱۲-۲- تعیین جایگاه ژنها روی کروموزومها را توضیح داده و اجرا کند.
- ۱۲-۳- نواحی کد کننده آگزون و اینترون را شناسایی کند.
- ۱۲-۴- انواع transcript variant های یک ژن را بیابد.
- ۱۲-۵- پایگاههای اطلاعاتی Array Express و GEO را معرفی کرده، داده های مرتبط با ژنوم مورد نظر را جستجو کند.
- ۱۲-۶- گایدلاین های MIAME و MINISEQ را تشریح کند.
- ۱۲-۷- اطلاعات مربوط به بیان یک خانواده ژنی را با نرم افزار TM4 نشان داده، همراه با آنالیز آماری، تشریح کند.

۱۳- آشنایی با مفاهیم نرم افزار R

- ۱۳-۱- برنامه R را نصب کند.
- ۱۳-۲- قانون نامگذاری در R را بشناسد.
- ۱۳-۳- تعریف مجموعه در R را انجام دهد.
- ۱۳-۴- فرمانهای ساده در R را بنویسد.
- ۱۳-۵- فرمانهای پیشرفته در R را تفسیر کند.
- ۱۳-۶- فرمت انواع داده در R را توضیح دهد.

۱۴- آنالیز داده های پیش پردازش شده در محیط R

- ۱۴-۱- پکیج های لازم را از بیوکاندکتور بیاید و نصب کند.
- ۱۴-۲- نرمال کردن داده ها در R را اجرا کند.
- ۱۴-۳- تعریف گروه برای سمپل ها را انجام دهد.
- ۱۴-۴- فرمانهای لازم برای محاسبه Fold change را اجرا کند.
- ۱۴-۵- مقادیر adjusted p-value را محاسبه کند.
- ۱۴-۶- ژنهایی که بیستترین تغییر بیان را داشته اند استخراج کند.

۱۵- آنالیز داده های میکرواری

- ۱۵-۱- آنالیز داده های تک کاناله با روش Affymetrix را انجام دهد.

۱۵-۲- آنالیز داده های تک کاناله با روش Agilent را اجرا کند.

۱۵-۳- داده های دوکاناله را بشناسد.

۱۵-۴- آنالیز داده با روش Illumina را اجرا کند.

۱۶- داکینگ مولکولی

۱۶-۱- انواع داکینگ از دیدگاه rigidity و flexibility بشناسد.

۱۶-۲- نرم افزارهای لازم برای انجام داکینگ را بشناسد و نصب کند.

۱۶-۳- آماده سازی لیگاند و رسپتور را انجام دهد.

۱۶-۴- روش کار با نرم افزار اتوداک وینا را بشناسد.

۱۶-۵- خروجی دیسکاویری استودیو را تفسیر کند.

۱۶-۶- از نرم افزار ligplot در تفسیر نتایج استفاده کند.

۱۷- طراحی واکسنهای پروتئینی

۱۷-۱- اپی توپ پیوسته، ناپیوسته، آنتی ژن و ایمونوژن را بشناسد.

۱۷-۲- بپنیدهایی که توانایی شناخته شدن توسط T-cell ها را دارند، بیابد.

۱۷-۳- اپی توپ های خطی و فضایی که توانایی شناخته شدن توسط B-cell ها را دارند، بیابد.

۱۷-۴- پوشش جمعیتی بپنید طراحی شده را آنالیز کند.

۱۷-۵- سازه واکسن را مدل سازی کرده با پروتئین هدف داک 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 برد، 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.

- **Fundamentals of Bioinformatics.** Harisha S. I.K. International Pvt Ltd.
- **Protein Bioinformatics: From Sequence to Function.** Gromiha M.M. Elsevier.
- **R Programming for Bioinformatics:** Gentleman R; CRC Press
- **Microarray Bioinformatics:** Stekel D; Cambridge University Press
- **Molecular Modeling: Basic Principles and Applications:** Holtje D; Wiley-VCH
- **Vaccine Design:** Thomas S; Springer Protocols

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 (۳۰ درصد کل نمره)

پروژه عملی (۳۰ درصد کل نمره)

امتحان پایان ترم (۴۰ درصد کل نمره)

مقررات:

حداقل نمره قبولی: ۱۰

تعداد دفعات مجاز غیبت در کلاس: حداکثر ۴ جلسه موجه

جدول زمان بندی درس: بیوانفورماتیک

سرفصل مطالب	ساعت تدریس	نحوه ارائه	منابع درسی	امکانات مورد نیاز	روش ارزشیابی
<p>مقدمه ای بر زیست شناسی محاسباتی</p> <p>- آشنایی با بیوانفورماتیک و کاربردهای آن - مفهوم پایگاه اطلاعاتی - انواع پایگاههای اطلاعاتی جهت یافتن توالی، ساختار، مسیرهای متابولیکی و نقشه برداری ژنومی - تفاوت پایگاه اطلاعاتی مخزنی و پایگاه اطلاعاتی مشتق شده - خواندن توالیهای DNA و توالی های پروتئینی - توالیهای DNA رمز دهنده و تبدیل DNA به پروتئین</p>	۲ ساعت	سخنرانی	Choudhuri & Harisha	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه
<p>کار با پایگاههای اطلاعاتی نوکلئوتیدی</p> <p>- آشنایی با بانک ژنی و قوانین حاکم بر آن - آشنایی با ورودی ژن مورد نظر در بانک ژنی - شناسایی کلید واژه های بانک ژنی و تفسیر محتویات صفحات بانک ژنی - جستجوی ورودی صفحات بانک ژنی بدون شماره دستیابی جستجو - جستجو و تفسیر سایر صفحات ژن محور از جمله پایگاههای اطلاعاتی ژنومی</p>	۲ ساعت	سخنرانی	Choudhuri & Harisha	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه
<p>کار با توالیهای نوکلئوتیدی</p> <p>- چگونگی حذف توالی حامل - روش محاسبه و تأیید نقشه محدود کننده نرم افزارهای طراحی پرایمر و طراحی پرایمر بهینه - یافتن نواحی رمز دهنده پروتئین</p>	۲ ساعت	سخنرانی و حل تمرین	Choudhuri & Harisha	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه
<p>کار با پایگاههای اطلاعاتی پروتئینی</p> <p>- آشنایی با پایگاه اطلاعاتی Swiss-Prot و توالیهای TrEMBL - خواندن یک صفحه Swiss-Prot - تشریح کلید واژه های یک صفحه Swiss-Prot - یافتن پروتئین مورد نظر در Swiss-Prot - تفسیر خصوصیات آن</p>	۲ ساعت	سخنرانی و حل تمرین	Choudhuri & Gromiha	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، مازیک	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه
<p>کار با توالیهای پروتئینی</p> <p>- محاسبه و تفسیر خصوصیات فیزیکیوشیمیایی پروتئین ها</p>	۲ ساعت	سخنرانی و حل تمرین	Choudhuri & Gromiha	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور،	آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه

	وایت برد، ماژیک				<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>
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Choudhuri & Gromiha	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>کار با ساختارهای پروتئینی</p> <p>- پیش بینی ساختار دوم توالی پروتئینی با استفاده از الگوی مخفی مارکوف و شبکه های عصبی</p> <p>- آشنایی با سیستم های ارائه دهنده ساختار دوم پروتئینها</p> <p>- تفسیر نتایج حاصل از ارائه دهنده PredictProtein و PSIPRED</p> <p>- آشنایی با نمایشگرهای قدرتمند PDB در شبکه</p> <p>- یافتن ساختارهای سه بعدی از سایت PDB</p> <p>- ویژگیهای توالی در ساختارهای سه بعدی</p>
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>جستجوی تشابه در پایگاههای اطلاعاتی توالی</p> <p>- اهمیت تشابه و تفاوت تشابه با همولوژی</p> <p>- آشنایی با انواع بلاست</p> <p>- انتخاب معیارهای درست در BLAST</p> <p>- تفسیر خروجی انواع BLAST</p>
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>ایجاد انطباق توالی دو تایی و چند تایی</p> <p>- توالی های درست و روش مناسب برای انطباق دو تایی</p> <p>- معیارهای اصلی برای ایجاد یک انطباق توالی چند تایی</p> <p>- کاربردهای اصلی انطباق توالی چند تایی</p> <p>- روش مناسب جهت انجام انطباق توالی چند تایی</p> <p>- تفسیر خروجی برنامه های Clustal، T- Muscle و Coffee</p>
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>ویرایش و انتشار انطباق توالی ها</p> <p>- تشریح قالبهای انطباق توالی</p> <p>- تبدیل انطباق توالی چند تایی به قالب صحیح</p> <p>- ابزارهای تبدیل کننده برای گرفتن قالب دلخواه</p> <p>- آشنایی با برنامه Jalview برای ویرایش انطباق چند تایی</p>

آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو، پروژکتور، وایت برد، مازیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی و حل تمرین	۲ 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 رمز دهنده کوچک - توضیح تکامل با استفاده از RNA ریپوزومی
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو، پروژکتور، وایت برد، مازیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>درختهای تکامل ژنتیکی</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو، پروژکتور، وایت برد، مازیک	Choudhuri & Harisha	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>آنالیز ژنوم های یوکاریوتی</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو، پروژکتور، وایت برد، مازیک	Gentleman	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>آشنایی با مفاهیم نرم افزار R</p> <ul style="list-style-type: none"> برنامه R را نصب کند. قانون نامگذاری در R را بشناسد. تعریف مجموعه در R را انجام دهد. فرمانهای ساده در R را بنویسد. فرمانهای پیشرفته در R را تفسیر کند. فرمت انواع داده در R را توضیح دهد.
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو	Gentleman	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>آنالیز داده های پیش پردازش شده در محیط R</p>

	پروژکتور، وایت برد، ماژیک				<p>پکیج های لازم را از بیوکنداکتور بیاید و نصب کند.</p> <p>نرمال کردن داده ها در R را اجرا کند.</p> <p>تعریف گروه برای سمپل ها را انجام دهد.</p> <p>فرمانهای لازم برای محاسبه Fold change را اجرا کند.</p> <p>مقادیر adjusted p-value را محاسبه کند.</p> <p>ژنهایی که بیسترین تغییر بیان را داشته اند استخراج کند.</p>
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Stekel	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>آنالیز داده های میکرواری</p> <p>آنالیز داده های تک کاناله با روش Affymetrix را انجام دهد.</p> <p>آنالیز داده های تک کاناله با روش Agilent را اجرا کند.</p> <p>داده های دوکاناله را بشناسد.</p> <p>آنالیز داده با روش Illumina را اجرا کند.</p>
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Stekel	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>داکینگ مولکولی</p> <p>انواع داکینگ از دیدگاه rigidity و flexibility بشناسد.</p> <p>نرم افزارهای لازم برای انجام داکینگ را بشناسد و نصب کند.</p> <p>آماده سازی لیگاند و رسپتور را انجام دهد.</p> <p>روش کار با نرم افزار اتوداک وینا را بشناسد.</p> <p>خروجی دیسکآوری استودیو را تفسیر کند.</p> <p>از نرم افزار ligplot در تفسیر نتایج استفاده کند.</p>
آزمون کتبی، پرسش و پاسخ، پروژه	کلاس، کامپیوتر، ویدئو پروژکتور، وایت برد، ماژیک	Thomas	سخنرانی و حل تمرین	۲ ساعت	<p>واکسنهای پروتئینی</p> <p>اپی توپ پیوسته، ناپیوسته، آنتی ژن و ایمونوژن را بشناسد.</p> <p>پپتیدهایی که توانایی شناخته شدن توسط T-cell ها را دارند، بیابد.</p> <p>اپی توپ های خطی و فضایی که توانایی شناخته شدن توسط B-cell ها را دارند، بیابد.</p> <p>پوشش جمعیتی پپتید طراحی شده را آنالیز کند.</p> <p>سازه واکسن را مدل سازی کرده با پروتئین هدف داک کند.</p>

