دانشکده پزشکی

طرح درس بیوانفورماتیک – بهمن ۹۹

عنوان درس: بیوانفورماتیک
مخاطبان: دانشجویان ترم اول دکترای تخصصی بیوشیمی بالینی
تعدادواحد: ۲
ساعت پاسخگویی به سوالات فراگیر: 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، بیان 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 داکینگ ملکولی پروتئین-پروتئین
۱۱- پیشگویی برهمکنش پروتئین-لیگاند
۱۲- انجام داکینگ 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 فیلوژنتیکی پروتئینهای همولوگ به کمک نرم افزار MEGA-X
۱۷- پیش بینی و صحه گذاری ساختار دوم و سوم پروتئین ها

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 مختلف با تاکید بر پایگاه داده ژنومی

اهداف ویژه جلسه سوم:

۱- معرفی پایگاه NCBI، محتوا و اجزاء آن شامل: کلیت BLAST، Structure، dbGaP، EST، MeSH، OMIM، PMC، Bookshelf، dbSNP، Genbank و 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

۴- مرور کلی چگونگی دستیابی به اطلاعات توالیهای اسید نوکلئیک در آزمایشگاه

۵- تشریح بخشهای مختلف بانک ژن: EST، dbSTS، WGS، TPA، SNP، HTGs، HTC، TPA و Refseq و 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 سایتهای: UCSC، HGNC، KEGG و GeneCards و توضیح کلی خدمات و سرویسهای رایگان آنها

۸- 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 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 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 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 Generunner و Oligoanalyzer

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.

10- 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 پاتوژنیسیتی)

اهداف ویژه جلسه پنجم:

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

هدف کلی جلسه ششم: معرفی ابزار BLAST

اهداف ویژه جلسه ششم:

۱- آموزش مفهوم alignment بین توالی های پروتئین یا اسیدنوکلئیک

۲- آموزش انواع alignment از لحاظ طول توالی

۳- آموزش انواع alignment از لحاظ تعداد توالی

۴- آموزش روش های 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 داکینگ ملکولی پروتئین-پروتئین

اهداف ویژه جلسه دهم:

۱- آموزش عملی تعیین آمینواسیدهای سطح پروتئین
۲- آموزش عملی انجام داکینگ پروتئین-پروتئین با استفاده از ابزار HADDOCK
۳- آموزش چگونگی تفسیر 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 سرچ و توابع امتیازدهی
۵- آموزش روشهای ارزیابی کارایی داکینگ ملکولی

هدف کلی جلسه دوازده ام: انجام داکینگ پروتئین-لیگاند

اهداف ویژه جلسه دوازده ام:

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

هدف کلی جلسه سیزده ام: مروری بر ساختار پروتئین و آشنایی اولیه با پایگاه 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 آمینه معمول و غیر معمول در سایتهای بیوانفورماتیک
۳- اصطلاحات رایج در بیوانفورماتیک از جمله Annotation، Curation و Gene ontology
۴- آشنایی با بخشهای مختلف سایت UniProt و معرفی قابلیتهای سایت مذکور

هدف کلی جلسه چهارده ام: آشنایی با پایگاه داده UniProt (بخش اول)

اهداف ویژه جلسه چهارده ام:

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

هدف کلی جلسه پانزده ام: آشنایی با پایگاه داده UniProt (بخش دوم)

اهداف ویژه جلسه پانزده ام:

۱- آشنایی با Supporting Data در سایت UniProt
۲- آشنایی با اصول همردیفی توالیهای پروتئینی به کمک سایت UniProt (Alignment)
۳- آشنایی با نحوه انجام BLASTp در سایت UniProt
۴- استفاده از سایت STRING جهت بررسی برهمکنش پروتئینها (PPI)

هدف کلی جلسه شانزده ام: دانلود ساختار سوم پروتئینها و مشاهده آنها - ساخت درخت فیلوژنتیکی پروتئینهای همولوگ به کمک نرم افزار MEGA-X

اهداف ویژه جلسه شانزده ام:

۱- آشنایی با سایتهای مرتبط با ساختار سوم پروتئینها از جمله PDB
۲- مشاهده ساختار سوم پروتئینها، به کمک نرم افزار
۳- آشنایی با بخشهای مختلف و کاربرد نرم افزار RasMol
۴- ساخت درخت فیلوژنتیکی پروتئینهای همولوگ به کمک نرم افزار MEGA-X

هدف کلی جلسه هفده ام: پیش بینی و صحه گذاری ساختار دوم و سوم پروتئینها

اهداف ویژه جلسه هفده ام:

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

۲- پیش بینی ساختار سوم پروتئینها بر اساس روش همولوژی و به کمک نرم افزار SWISS-MODEL
۳- پیش بینی 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 پیش بینی ساختار سوم پروتئینها
۵- استفاده از ابزار MOLPROBITY جهت صحه گذاری پیش بینی 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 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 زیر بخشهای اصلی پایگاه NCBI آشنا شود. و درباره نحوه استفاده از آنها تمرین کند. با موتور سرچ Entrez و نیز 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 یاد بگیرد 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 لیستی واحد آشنا شده و تمرین کند. نحوه یافتن توالیهای مرجع ژنی را تمرین کند.

۴- برای طراحی پرایمر بتواند توالی مرجع اصلی ژن هدف را بیابد. 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 پایداری آنها را در نرم افزار چک کند. سپس، بتواند برای پروتوکل RFLP جهت تعیین ژنوتیپ 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 Primer1 تکنیک ARMS طراحی کند. 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. با نحوه بررسی بیماریزا بودن یک جهش یا تاثیر آن بر توالی پروتئین حاصل در Polyphen و SIFT آشنا شود.

۵- پس از مطالعه فایلهای ویدیویی راهنما بتواند از خدمات مختلف پایگاههای داده ذکر شده در جلسه سوم و

چهارم استفاده کند. توالی رفرانس ژنها را بیابد. پرایمرهای مناسب طراحی، اختصاصیت و مناسب بودن پرایمرهای طراحی شده را در نرم افزار الیگوآنالیزر یا GeneRunner ارزیابی نماید. سپس، بصورت تئوریک تکنیک RFLP، 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 ذکرکند. 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 صحت ساختار پیشگویی شده را انجام دهد.

۹- دانشجو بتواند اهمیت برهمکنشهای پروتئینی در سلول و نیز 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 آمینواسیدهای سطح پروتئین را تعیین نماید. بتواند داکینگ بین 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 کنفورماسیون های لیگاندی را ذکر کند. بتواند درباره الگوریتم های سرچ و توابع امتیازدهی در داکینگ توضیح دهد. بتواند روشهای ارزیابی کارایی داکینگ 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 اتوداک، داکینگ یک پروتئین با یک لیگاند را انجام دهد. دانشجو بتواند فایل خروجی نهایی داکینگ را آنالیز نماید. بتواند نتایج به دست آمده از داکینگ پروتئین-لیگاند را تفسیر نماید.

۱۳- دانشجو بتواند ساختارهای اولیه، ثانویه، ابرثانویه، سوم و چهارم را توصیف نماید. اختصارات و اصطلاحات رایج و مفید در بیوانفورماتیک را بشناسد. خدمات و سرویسهای مفید Uniprot را بشناسد.

۱۴- دانشجو با قسمتهای مختلف پایگاههای داده UniParc، UniProtKB، UniRef، TrEMBL و Swiss-Prot 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 Threading و Ab initio به کمک نرم افزار RaptorX پیش بینی نماید. در نهایت ساختار سوم پیش بینی شده را درنرم 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) 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: نرم افزار Power Point و نرم افزارهای مورد استفاده در موضوع درس و نیز نرم افزار AnyMP4 Screen Recorder

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	٪۵۰ سهم نمره دکتر مظفری	تا ۳۰ اردیبهشت تحویل گردد.	-
معرفی سایت یا نرم افزار	سمینار	٪۵۰ سهم نمره دکتر مظفری	تا ۳۰ اردیبهشت تحویل گردد.	

مقررات کلاس و انتظارات از دانشجو:

دانشجویان بایستی تکالیف و پروژها ها را به موقع انجام و ارسال نمایند.

نام و امضای مدرس: دکتر هادی مظفری، دکتر سجاد امامی آل آقا و دکتر ابراهیم برزگری

نام و امضای مدیر گروه: پروفسور زهره رحیمی

نام و امضای مسئول EDO دانشکده: دکتر ماریا شیروانی

تاریخ تحویل: ۹۹/۱۱/۲۵ **تاریخ ارسال:**

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، بیان 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 پاتوژنیسیتی)	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 داکینگ ملکولی پروتئین-پروتئین	دکتر برزگری
۱۱	۰۰/۱/۳۰ دوشنبه	پیشگویی برهمکنش پروتئین-لیگاند	دکتر برزگری
۱۲	۰۰/۲/۶ دوشنبه	انجام داکینگ 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 فیلوژنتیکی پروتئینهای همولوگ به کمک نرم افزار MEGA-X	دکتر آل آقا
۱۷	۰۰/۳/۱۰ دوشنبه	پیش بینی و صحه گذاری ساختار دوم و سوم پروتئینها	دکتر آل آقا