

نام و کد درس: بیوانفورماتیک مقدماتی - ۱۴۳۸۹۹۳۰ رشته و مقطع تحصیلی: میکروبیولوژی - کارشناسی ارشد ترم: دوم
نیمسال دوم ۱۴۰۱ روز و ساعت برگزاری: شنبه (ساعت ۱۷-۱۵) محل برگزاری: دانشکده پزشکی
تعداد و نوع واحد (نظری / عملی): ۲ واحد (۱ واحد و ۱ واحد عملی) دروس پیش نیاز
مدرس یا مدرسین: دکتر وحدت پورطهماسبی شماره تماس دانشکده: ۰۴۱-۳۳۳۶۴۶۶۱، گروه باکتری شناسی و ویروس شناسی

جلسه اول - اصول بیوانفورماتیک و پایگاه داده های زیستی

اهداف کلی: آشنایی با بیوانفورماتیک و انواع پایگاه های داده های زیستی (NCBI, DDBJ, EBI)

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
در این قسمت تعریف بیوانفورماتیک و تفاوت های آن با زیست شناسی محاسباتی ارائه می شود. همچنین در این قسمت پایگاه داده های اولیه (Primary database) (نظیر NCBI, EBI-EMBL و DDJB)،	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی

							پایگاه داده‌های ثانویه (Secondary database) و پایگاه داده‌های اختصاصی (Specific database) ارائه می‌شود.
--	--	--	--	--	--	--	--

جلسه دوم - بررسی انطباق دوگانه و چندگانه توالی‌ها

اهداف کلی: آشنایی با توالی‌های ژن و پروتئین و الگوریتم‌های انطباق توالی‌ها

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
در این فصل دانشجویان با اصول انطباق دوگانه توالی‌ها (PSA) و انطباق چندگانه (MSA) توالی‌ها از قبیل انطباق سرتاسری (Global alignment) و انطباق موضعی (Local alignment) آشنا می‌شوند. در این بخش به ارائه الگوریتم‌هایی از قبیل برنامه‌نویسی پویا و شیء گرا برای انطباق توالی-	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی

							های نوکلئوتیدی پرداخته می‌شود و در ادامه الگوریتم‌های انطباق توالی-های پروتئینی و مفهوم PAM (Point accepted mutation) و (Blocks Amino BLOSUM Acid Substitution Matrices) شرح داده می‌شود. همچنین الگوریتم‌های انطباق چندگانه توالی-ها از قبیل Clustal و اصول عملکرد آن در این بخش ارائه می‌شود.
--	--	--	--	--	--	--	--

جلسه سوم - نحوه جستجو در پایگاه NCBI و آشنایی با موتور جستجوی Entrez

اهداف کلی: آشنایی با نحوه جستجوی ژن‌ها در پایگاه NCBI و نحوه تفسیر خروجی جستجو

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
در این بخش دانشجویان با موتور جستجوی Entrez آشنا شده و در ادامه نحوه جستجوی اطلاعات ژنی	شناختی	سخنرانی	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت	آزمون شفاهی

	آموزشی			سؤالات استاد	کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان		به ویژه ژن‌های میکروبی در پایگاه NCBI آشنا می‌شوند. انواع پایگاه-ها و خدمات متنوع ارائه شده در NCBI در این بخش آموزش داده می‌شود. همچنین در این بخش دانشجویان با عملگرهای بولی (Boolean operators) برای جستجوی ژن‌ها، نوکلئوتید و پروتئین‌ها آشنا خواهند شد.
--	--------	--	--	--------------	--	--	--

جلسه چهارم - معرفی و نحوه استفاده از ابزار پایه‌ای برای جستجوی انطباق موضعی (BLAST)

اهداف کلی : آشنایی با نحوه انجام BLAST و انواع آن (BLASTX, BLASTN, BLASTP و TBLASTN)

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
---------------	----------------	--------------	---------------	--------------	------	------------------	-------------

در این بخش دانشجویان با اصول BLAST و الگوریتم‌های آن آشنا شده و در ادامه با نحوه کار با این ابزار آموزش می‌یابند. علاوه بر BLAST با ابزار FASTA نیز برای این منظور آشنا می‌شوند. در این بخش دانشجویان روش‌های عملی برای انجام انواع BLAST از قبیل BLASTN، BLASTX، BLASTP و TBLASTN را آموزش می‌بینند.	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی
---	--------	--	---	------------------------	--------	--	-------------

جلسه پنجم- اصول توالی‌یابی و آنالیز توالی‌ها و یافتن موتاسیون

اهداف کلی : آشنایی با اصول توالی‌یابی ژنی به روش Sanger و آنالیز توالی‌ها و یافتن موتاسیون

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
در این قسمت مقدمه‌ای بر اصول تجربی توالی‌یابی (از قبیل توالی‌یابی Sanger) ارائه می‌شود تا	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از	کلاس دارای امکانات	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه	آزمون شفاهی

پاورپوینت آموزشی		خاص	استاد، پاسخ به سؤالات استاد	و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	دانشجویان با روش‌های متعدد آزمایشگاهی توالی‌یابی آشنا شوند. دانشجویان در ادامه با نرم افزارهای فرآوری توالی‌های سکانس شده با نرم‌افزار Chromas و ChromasPro آشنا می‌شوند. در این بخش آموزش تشخیص همپوشانی‌ها در توالی‌های نوکلئوتیدی، ویرایش توالی سکانس شده برای استفاده از داده‌های با کیفیت، مشاهده ORF ها، مشاهده، GeneScan ، BLAST توالی‌ها در نرم‌افزار، ترجمه توالی و بررسی و چاپ کروماتوگرافی‌ها ارائه می‌شود. برای بررسی بروز جهش نرم افزار BioEdit و CLC Sequence Viewer آموزش داده خواهد شد.
---------------------	--	-----	--------------------------------	---------------------------------------	---

جلسه ششم - مراحل ثبت ژن در GenBank (Gene submission)

اهداف کلی: آشنایی با مراحل ثبت ژن های توالی یابی شده در پایگاه GenBank

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
در این بخش نحوه ثبت و ارسال توالی های ژنی به GenBank ارائه می شود. همچنین نحوه شرح نویسی ژن ها (Gene annotation) در این بخش آموزش داده می شود. دانشجویان در این قسمت با ابزار BankIt برای ثبت ژن آشنا خواهند شد.	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی

جلسه هفتم - اصول طراحی پرایمر و پروب برای PCR استاندارد و Real-time PCR

اهداف کلی : آشنایی با اصول PCR و روش های طراحی پرایمر و پروب برای PCR

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی

در این بخش در ابتدا اصول علمی و عملی Conventional PCR، SYBR Green Real-time PCR، TaqMan Real-time PCR و Multiplex Real-time PCR شرح داده می‌شود. در ادامه اصول طراحی پرایمر و پروب (Primer/probe) با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیکی بر پایه Web (از قبیل NCBI primer design و Primer3) و نرم افزار بر پایه دسک تاپ (نظیر Oligo) آموزش داده می‌شوند. همچنین نحوه انجام BLAST و ویژگی‌های یک پرایمر و پروب مناسب برای دانشجویان ارائه خواهد شد.	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی
---	--------	--	---	------------------------------	--------	--	-------------

جلسه هشتم - پیش‌گویی ساختار RNA و طراحی siRNA جهت مطالعه در کشت سلولی

اهداف کلی: آشنایی با اصول ساختار RNA و پیش‌گویی ساختار RNA و روش‌های طراحی siRNA

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
---------------	----------------	--------------	---------------	--------------	------	---------------------	-------------

در این بخش نرم افزارهای تعیین ساختار RNA شرح داده می‌شود. همچنین در این بخش نرم افزارهای اختصاصی طراحی siRNA جهت مطالعات کشت سلولی آموزش داده می‌شود.	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی

جلسه نهم - رسم درخت فیلوژنتیک

اهداف کلی: آشنایی با انواع درخت فیلوژنتیک و انواع الگوریتم‌های ترسیم درخت فیلوژنتیک و تفسیر نتایج

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
در این بخش اصول و مقدمات درخت فیلوژنتیک و آشنایی با توپولوژی درخت ارائه می‌شود. در ادامه انواع ماتریس‌های جانشینی (ژوکز-کانتور، کیمورا، تامورا و ...) برای دانشجویان آموزش داده می‌شود. انواع روش‌ها و اصول رسم درخت فیلوژنتیک که بر	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت	آزمون شفاهی

	آموزشی						پایه فاصله (Distance-based) (از قبیل روش UPGMA و روش Neighbor joining) و بر پایه کاراکتر (Character-based) (از قبیل Maximum Parsimony و Maximum likelihood) آموزش داده می‌شود. در نهایت روش‌های آماری برای تعیین کیفیت درخت فیلوژنی رسم شده و اصول Bootstrapping شرح داده می‌شود. در این بخش نرم افزار MEGA به طور کامل شرح داده می‌شود.
--	--------	--	--	--	--	--	---

جلسه دهم - روش تایپینگ باکتری‌ها بر اساس توالی

اهداف کلی : آشنایی با روش‌های تایپینگ باکتری‌ها و نحوه آنالیز بیوانفورماتیک روش تایپینگ توالی چند لوکوسی (MLST)

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
---------------	----------------	--------------	---------------	--------------	------	------------------	-------------

در این بخش اصول تایپینگ باکتری‌ها شرح داده می‌شود. همچنین اصول آنالیز انگشت نگاری کروموزم با بکارگیری تکنیک‌های تکثیر اولیگونوکلوئوتید (RAPD و REP)، قطعات حاصل از آنزیم محدود کننده (RE) کروموزم باکتری (RFLP) و آنالیز توالی‌های بعدی محصولات PCR ایجاد شده آموزش داده می‌شود. در این بخش همچنین جایگاه‌ها برش آنزیم محدود کننده آموزش داده می‌شود (نرم افزارهای NEBcutter و Webcutter). در نهایت اصول روش MLST (Multilocus sequence typing) و نحوه آنالیز توالی‌ها برای MLST آموزش داده می‌شود. آنالیز فیلوژنی MLSA یکی از روش‌های	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی

							فیلوژنی است که از بیش از دو قطعه ژنومی برای محاسبه و ارزیابی ارتباطات کلادها در آنالیز فیلوژنی استفاده می‌نماید.
--	--	--	--	--	--	--	--

جلسه یازدهم - آنالیز توالی‌یابی امپلیکون 16S rRNA برای اهداف متاژنومیک و میکروبیوم

اهداف کلی: آشنایی با اصول NGS و روش‌های آنالیز داده‌های میکروبیوم

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
در این بخش در ابتدا اصول روش (Next Generation NGS Sequencing)، انواع پلتفرم‌های آن و کاربرد آن‌ها شرح داده می‌شود. با توجه به اینکه توالی 16S rRNA روش نسبتاً دقیق و قابل اعتماد برای شناسایی و تاکسونومی باکتری‌هاست، اصول استفاده از این مارکر برای تعیین توالی به روش NGS شرح داده می‌شود. در این	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی

							بخش مفاهیمی از قبیل Alpha diversity, Shannon, و Chao1 و Beta diversity آموزش داده می-شوند. همچنین پایگاه‌های داده‌های میکروبیوم برای استفاده در تحقیقات میکروبیولوژی معرفی شده و نحوه ثبت داده‌های میکروبیوم آموزش داده می‌شود.
--	--	--	--	--	--	--	---

جلسه دوازدهم - ترانسکریپتومیک و پروتئومیک

اهداف کلی: آشنایی با اصول ترانسکریپتوم و پروتئوم و مروری روش‌های بررسی بیوانفورماتیکی آن‌ها

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
در این قسمت اصول ترانسکریپتوم و پروتئوم شرح داده شده و کاربرد آن در میکروبیولوژی مورد بحث قرار می‌گیرد. برای آنالیزهای پروتئوم انواع پایگاه داده از قبیل UniProt و Expasy شرح داده خواهد شد.	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی

					دانشجویان	برای آنالیز داده‌های ترانسکریپتومیک در ابتدا پایگاه داده‌های بیان ژنی (Gene GEO SRA و Expression Omnibus) (Sequence Read Archive) معرفی می‌شوند و نحوه استفاده از داده‌های بیان ژنی مستخرج از پایگاه‌های مذکور (میکرواری و RNA-seq) با استفاده از نرم افزارها و سرورهای مختلف آموزش داده می‌شود. در این قسمت همچنین شبکه برهم‌کنش پروتئین-پروتئین (PPI)، آنالیز توپولوژی و Gene ontology آموزش داده می‌شود.
--	--	--	--	--	-----------	--

جلسه سیزدهم - اساس ساختاری پروتئین

اهداف کلی : اصول ساختار پروتئین و روش‌های بیوانفورماتیکی آنالیز ساختار پروتئین و پیش‌گویی ساختار پروتئین‌ها

اهداف اختصاصی	حیطه های اهداف	فعالیت استاد	فعالیت دانشجو	عرصه یادگیری	زمان	رسانه کمک آموزشی	روش ارزیابی
---------------	----------------	--------------	---------------	--------------	------	------------------	-------------

در این بخش پایگاه‌های داده‌های پروتئین (PDB) و پایگاه ثانویه UniProt شرح داده می‌شود. نرم افزارها و سرورهای مختلف تعیین ساختار پروتئین‌ها (از قبیل Phyre2 و I-TASSER) معرفی شده و نحوه کار با آن‌ها آموزش داده می‌شود. نرم افزارهای مورد استفاده برای پیش‌گویی ساختار دوم و سوم، بررسی خاصیت فیزیکوشیمیایی پروتئین‌ها، ویژگی‌های آنتی‌ژنیک پروتئین‌ها، پایداری پروتئین‌ها و اصول داکینگ مولکولی (Molecular docking) آموزش داده می‌شوند. همچنین نرم افزارهای مرتبط با پیش‌گویی دُمین و موتیف در پروتئین در این بخش ارائه می‌گردد. در این بخش انواع مختلف نرم افزارها و سرورهای	شناختی	سخنرانی کردن، پرسش و پاسخ دادن به سؤالات دانشجویان	مرور جلسه تدریس شده، سؤال کردن از استاد، پاسخ به سؤالات استاد	کلاس دارای امکانات خاص	۲ ساعت	کامپیوتر، ویدیو پروژکتور، ارائه پاورپوینت آموزشی	آزمون شفاهی
--	---------------	---	--	---------------------------------------	---------------	---	--------------------

							بیوانفورماتیکی آموزش داده می- شوند.
--	--	--	--	--	--	--	--

❖ سیاست مسئول دوره در مورد برخورد با غیبت و تاخیر دانشجو در کلاس درس: بر اساس قوانین آموزشی و بخشنامه‌های ابلاغی حضور و غیاب دانشجویان ثبت و در پایان دوره به مسئولین دانشکده اعلام می‌گردد.

❖ نحوه ارزشیابی دانشجو و بارم مربوط به هر ارزشیابی :

الف) در طول دوره (کوئیز ، تکالیف، امتحان، میان ترم)
 ب) پایان دوره
 بارم: ۱/۵ نمره فعالیت کلاسی و ۳/۵ نمره آزمون میان ترم
 بارم : ۱۵ نمره آزمون پایان ترم

📖 منابع اصلی درس (فرانس): Introduction to Bioinformatics و Essential Bioinformatics (Jin Xiong, Cambridge University Press)
 inMicrobiology (Henrik Christensen, Springer)