

نام فارسی درس: مبانی بیوانفورماتیک

نام انگلیسی درس: Principles of Bioinformatics

تعداد و نوع واحد: ۲ واحد نظری

تعداد ساعت: ۳۲

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: دارد (درس بیوشیمی و ژنتیک)

آموزش تکمیلی: ندارد

هدف درس:

هدف کلی این درس آشنایی دانشجویان دوره کارشناسی علوم گیاهی با روشهای تحلیل و استنباط از اطلاعات و مدیریت آنها را در زیست‌شناسی است. توسعه منابع اطلاعاتی زیست‌شناسی مولکولی به ویژه اطلاعات مربوط به ژنومیکس و پروتئومیکس، نیاز مبرم به روشهای تحلیل و استنباط از اطلاعات و مدیریت آنها را در زیست‌شناسی موجب شده است. نتایج علمی مهمی که امروزه از مطالعات زیست‌شناسی مولکولی حاصل می‌شود، بدون آشنایی با علم بیوانفورماتیک میسر نیست. خوشبختانه امروزه بانکهای اطلاعاتی سرشار از اطلاعات مفیدی هستند که بسته به زمینه تحقیقاتی محققین تولید شده، در اختیار عموم قرار گرفته و قابلیت استفاده در پردازش فرضیه‌ها، آزمون آنها و ارائه فرضیه‌های جدید را دارند. این درس برای کلیه گرایشهای زیست‌شناسی می‌تواند مفید واقع شود.

سرفصل درس:

- ۱- مقدمه‌ای بر درس، اهداف، تعاریف مقدماتی، ساختار درس، بانکهای اطلاعاتی، کاربردها
- ۲- آشنایی با NCBI و نحوه استفاده از منابع مختلف آن، Blast و Entrez
- ۳- استخراج اطلاعات مربوط به ژنوم و تحلیل آن: تعیین توالی DNA، پروژه ژنوم انسانی، بانکهای اطلاعاتی SNP، GOG، STS، ESTها
- ۴- استخراج اطلاعات پروتئینی: تحلیل توالی پارامتریک، آشنایی با ابزارهای Expasy/Protscale و (PSI-Blast, EBI/SignalP)



- ۵- پروتئومیکس (Proteomics)، دیداری‌سازی (visualization) ساختارهای پروتئینی و محاسبه ویژگیهای ساختاری آنها، بلوکهای پایه‌ای ساختاری (آمینو اسیدها)، ساختار ثانوی، نیروهای رانش تاخوردگی، بن‌مایه‌ها (motifs) یا ساختارهای ابرثانویه، حوزه‌ها (domains)، دیداری‌سازی مولکولها با VMD، ویرایش پرونده‌های بانکهای اطلاعاتی پروتئینی
- ۶- پیشگویی ساختار پروتئینی و عملکرد با استفاده از توالی: بیوانفورماتیک ساختاری، فرضیه ترمودینامیکی آنفینسن، ارزیابی CASP و EVA، مدل‌سازی هم‌ساخت (homology modeling)
- ۷- تحلیل توالیها، ردیف‌خوانی دوتایی، کاوش در بانکهای اطلاعاتی، ردیف‌خوانی کلی (global alignment)، پارامترهای ردیف‌خوانی توالیها (Gap penalty، ماتریسهای ارزش‌گذاری پروتئین)
- مقدمه‌ای بر ریزآرایه‌ها (microarrays): مفاهیم تکنیک ریزآرایه، نرم‌افزارهای تحلیل ریزآرایه‌ها، مثالهای انتخابی
- ۸- مروری بر تحلیل‌های تبارزایی (Phylogenetic analysis)

منابع:

1. Campbell, A.M. and Heyer, L.J. (2006) Discovering genomics, proteomics, & bioinformatics. Pearson Higher Education. USA.
2. Jambeck, A.P. and Gibas, C. (2001) Developing bioinformatics computer skills. O'Reilly series.

