

دروس پیشنهادی: ندارد	<input type="checkbox"/> نظری	<input type="checkbox"/> جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲ تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به فارسی: أمیکس
	<input type="checkbox"/> عملی				
	<input type="checkbox"/> نظری	<input type="checkbox"/> پایه			
	<input type="checkbox"/> عملی				
	<input type="checkbox"/> نظری	<input type="checkbox"/> الزامی			
	<input type="checkbox"/> عملی				
	<input checked="" type="checkbox"/> نظری	<input checked="" type="checkbox"/> اختیاری			
	<input type="checkbox"/> عملی				
آموزش تکمیلی عملی: دارد <input checked="" type="checkbox"/> ندارد <input type="checkbox"/> سفر علمی <input type="checkbox"/> کارگاه <input type="checkbox"/> آزمایشگاه <input type="checkbox"/> سمینار <input checked="" type="checkbox"/>					
					عنوان درس به انگلیسی: Omics

اهداف کلی درس:

آشنایی با نحوه جمع آوری اطلاعات وسیع و همه جانبه و روش‌های نمایه برداری کامل از وضعیت سلول به روش‌های ژنومیکس، ترانسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس

اهداف رفتاری:

دانشجو پس از گذراندن این درس می‌تواند روش‌های ژنومیکس، ترانسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس کاربردهای آنها را توصیف نموده و در پژوهش‌های مرتبط با آنها مورد استفاده عملی قرار دهد.

سرفصل یا رئوس مطالب:

۱- مقدمه ای بر أمها (-omes) و أمیکس (-Omics)

۲- ژن، ژنوم و ژنومیکس؛ بررسی آنلاین ژنومیکس و بانک داده‌ها و نرم‌افزارهای مرتبط

۱-۲- آنالیز بیوانفورماتیکی اطلاعات ژنومیک و کاربرد آنها

۲-۲- پروژه توالی‌یابی ژنوم (تکنولوژی‌های توالی‌یابی و اسمبلی اطلاعات، کاریابی توالی‌های ژنومیک (Annotation)، و وضعیت جدید پروژه‌های ژنوم)

۲-۳- مرورگرهای ژنومیک و دیتابیس‌ها

۲-۴- پیش‌بینی آرتولوژی (ژنومیکس مقایسه‌ای)

۲-۵- بررسی جایگاه‌های اتصال فاکتورهای رونویسی (TFBS)

۲-۶- پیش‌بینی کامپیوتری جایگاه‌های هدف microRNA ها

۲-۷- پیش‌بینی موتیف‌های تنظیمی در ژنوم

۲-۸- بررسی تک نوکلئوتید پلیمرفیسم (SNP) ها

۳- ترانسکریپتومیکس، میکرواری، EST، SAGE، روش‌های بیوانفورماتیکی در ترانسکریپتومیکس، کاربردهای ترانسکریپتومیکس

۳-۱- روش‌های آزمایشگاهی: میکرواری، EST، SAGE



- ۳-۲- اطلاعات میکروآرای؛ نرمال سازی اطلاعات و آنالیز اطلاعات خام
- ۳-۳- آشنایی با مرورگرهای Genvestigator و oncoMine
- ۴-۳- جستجوی پروفایل های بیان ژن حاصل از میکروآرای: دیتابیس GEO
- ۵-۳- نرم افزار TM4 برای آنالیز آرای
- ۶-۳- اسمبلی EST: برنامه CAP3
- ۴- پروتئومیکس، اهداف و روش ها
- ۴-۱- اهداف و راهکارها و چالش ها در پروتئومیکس
- ۴-۲- روش های مرتبط با پروتئومیکس: الکتروفورز دوبعدی، MALDI-TOF mass spectrometry و سیستم yeast 2-hybrid
- ۴-۳- برهمکنش پروتئین-پروتئین: روش های آزمایشگاهی و کامپیوتری
- ۵- متابولومیکس: روش ها، و دیگر omic ها
- ۵-۱- منابع مسیرهای متابولومیکس: KEGG, Biocarta
- ۵-۲- نوتریژنومیکس و متابولیک سلامت



روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
*	-	آزمون های نوشتاری *	*
		عملکردی *	

فهرست منابع:

- 1- The Human Genome: Book of Essential Knowledge; by: John Quackenbush and John Sulston, 2012
 - 2- Introducing Proteomics: From concepts to sample separation, mass spectrometry and data analysis; by: Josip Lovric, Wiley, 2011
 - 3- Proteomics in Practice: A Guide to Successful Experimental Design; by: Reiner Westermeier, Tom Naven, Hans-Rudolf Höpker, Wiley-Blackwell; 2nd, 2008.
- فهرست مطالعات (کتاب ها):
- 1- Introduction to Proteomics: Principles and Applications; by: Nawin C. Mishra, Günter Blobel, Wiley, 2010.
 - 2- Data Mining for Genomics and Proteomics: Analysis of Gene and Protein Expression Data; by: Darius M. Dziuda, Wiley-Interscience, 2010.
 - 3- Transcriptomics; by: Virendra S Gomas, Somnath Tagore; Anshan Publishers, 2009.
 - 4- Metabolomics: The Frontier of Systems Biology; by: M. Tomita, T. Nishioka, Springer, 2010.