

دوره بیوانفورماتیک

فصل های آموزشی

مقدمه ایی بر بیوانفورماتیک

- مقدمه
- حوزه های علم بیوانفورماتیک
- کاربردها
- محدودیت ها

ساختار و اصول توالی یابی DNA و پروتئین

- انواع نوکلئوتید ها و ساختار اسید های نوکلئیک
- اصول توالی یابی DNA
- روش پایاندھی زنجیره
- روش تجزیه شیمیایی
- تعیین توالی اسید های نوکلئیک بوسیله پیروسکوئنسینگ
- انواع اسید های آمینه و ساختار پروتئین ها
- انواع ساختار های دوم پروتئین ها
- اصول توالی یابی پروتئین
- تعیین توالی پروتئین به روش سنگر
- تعیین توالی پروتئین با روش ادمن
- تعیین توالی پروتئین با روش نو ترکیبی DNA
- تعیین ساختار پروتئین

نقشه یابی ژنوم و ژنومیکس مقایسه ای

- نقشه یابی ژنوم
- توالی یابی ژنوم

- شات گان روشی برای توالی یابی ژنوم ها
- روش توالی یابی سلسله مراتبی
- سرهم کردن توالی های بدست آمده
- برنامه های سرهم بندی ژنوم
- تفسیر (مستند سازی) ژنوم
- انتولوژی ژنوم
- مستند سازی خود کار ژنوم
- مستند سازی پروتئین های فرضی
- ساختار ژنوم
- گروه های پروتئینی اورتولوگ
- نواحی رمز کننده
- نواحی غیر رمز کننده
- چه تعداد ژن در ژنوم وجود دارد؟
- اقتصاد ژنوم
- ژنومیکس مقایسه ای
- همردیفی کل ژنوم
- یافتن یک ژنوم حداقل
- انتقال افقی ژن
- روش درون ژنومی
- مقایسه ترتیب ژنی

ژنومیکس عملکردی

- EST ها و ترسیم شاخص آنها
- تجزیه ترتیبی بیان ژن یا روش SAGE
- ریزآرایه
- چرا آزمایش ریز آرایه انجام میدهیم؟
- ریز آرایه چیست؟
- ساخت ریز آرایه
- از کجا میتوان به ریز آرایه دسترسی پیدا کرد؟
- کاربردهای تحقیقاتی معمول ریز آرایه

پروتئومیکس

- روش های مختلف تفکیک پروتئین ها
- شناسایی پروتئین ها در پروتئومیکس
- شناسایی پروتئین ها به کمک روش های مبتنی بر راهبرد Bottom-up
- شناسایی پروتئین ها به وسیله ی روش های مبتنی بر راهبرد Top-down
- شاخه های مختلف پروتئومیکس
- پروتئومیکس الگوی ظاهر
- پروتئومیکس ساختاری
- پروتئومیکس عملکردی
- اثرات متقابل پروتئین-پروتئین

- پیشبینی اثرات متقابل بین پروتئین ها بر اساس ترکیب دمینی
- پیش بینی اثرات متقابل بین پروتئین ها براساس همسایگی ژنی
- پیش بینی اثرات متقابل بین پروتئین ها بر اساس همولوژی توالی ها
- پیش بینی اثرات متقابل پروتئین ها بر اساس اطلاعات فیلوژنی
- پیش بینی اثرات متقابل بین پروتئین ها بر اساس روش های ترکیبی
- بررسی تغییرات بعد از ترجمه
- بررسی تغییرات بعد از ترجمه (PTM) بوسیله طیف سنج جرمی
- پیش بینی مکان های متحمل تغییرات بعد از ترجمه در بیوانفورماتیک
- دسته بندی و جابجایی پروتئین

متابولومیکس

- بیولوژی سیستمی
- تجزیه و تحلیل مقایسه ای متابولیکی
- KEGG
- پایگاه اطلاعاتی مولکول های شیمیایی
- Pubchem
- Pubchem Substance
- Pubchem Compound
- PubChem bioassay
- بانک اطلاعاتی طیف جرمی ترکیبات شیمیایی
- بانک اطلاعاتی MassBank

- توالی های پیمایش ژنوم یا GSS
- چند شکلی های تک نوکلئوتیدی یا SNP
- نقاط نشانمند از ردیف یا STS
- توالی های پروتئین
- اطلاعات ساختاری
- اطلاعات رده بندی
- اطلاعات ژن ها
- اطلاعات تظاهر ژن ها
- پایگاه اطلاعات ژنوم
- ابزار های موجود در پایگاه های اطلاعاتی
- ابزارهای تجزیه ی توالی های نوکلئوتید
- **ابزار های تجزیه توالی پروتئین و پروتئومیکس**
- ابزارهای ساختاری
- ابزار های تجزیه ژنوم
- ابزار های بیان ژن

- جستجوی اسپکتروم
- جستجوی سریع
- جستجوی زیر ساختارها
- جست و جوی پیشرفته
- **اطلاعات و ابزارهای موجود در پایگاه های اطلاعاتی**
- اطلاعات موجود در پایگاه های اطلاعاتی
- پایگاه اطلاعات منابعی
- MEDLINE
- PUBMED
- PUBMED Central(PMC)
- OMIM
- OMIA
- Books
- JoUrns
- MeSH
- پایگاه اطلاعات مولکولی
- توالی های نوکلئوتید
- ردیف تظاهر یافته برچسب دار(EST)

- CATH
- PDBsum
- پایگاه های اطلاعاتی ثانویه پروتئین
- PROSITE
- ProDom
- Profiles
- PRINTS
- Blocks
- Pfam
- eMOTIF
- پایگاه اطلاعاتی الگوی مرکب پروتئینی
- پایگاه های اطلاعاتی دیگر خانواده ی پروتئینی
- شناسایی موتیف ها در توالی های همردیف نشده
- EM
- نمونه برداری موتیف Gibbs

معرفی پایگاه های اطلاعاتی

- موتور های جست و جو گر در پایگاه های اطلاعاتی NCBI, EBI
- تشریح یک رکورد در پایگاه های اطلاعاتی توالی ها
- تقسیم بندی پایگاه های اطلاعاتی
- پایگاه های اطلاعاتی اولیه ی توالی اسید نوکلئیک
- EMBL
- GENE Bank
- DDBJ
- INSD
- پایگاه های اطلاعاتی توالی پروتئین
- PIR
- MIPS
- Swiss-prot
- TrEMBL
- PIR-NRL3D
- Uniprot
- پایگاه های اطلاعاتی ساختار پروتئین
- PDB
- SCOP

تجزیه و تحلیل راه انداز ها و عناصر تنظیمی
الگوریتم های وابسته به الگو
روش های مبتنی بر Ab initio
الگوریتم های وابسته به توالی
روش های مبتنی بر انگشت نگاری فیلوژنتیکی
روش مبتنی بر پروفایل بیان ژن
پایگاه های اطلاعاتی عناصر تنظیمی

- PLACE
- PlantCARE
- TRANSFAC
- ALIBaba
- F-Match
- Match-1.0public
- P-Match-public1.0public
- Patch1.0
- MatrixCatch
- Composite Module Analyst

انواع دیگر پایگاه های اطلاعاتی زیستی

- پایگاه های اطلاعاتی پروتئین های آلرژیک
- نمایش ساختار پروتئین
- فرمت PDB
- فرمت های mm
- نمایش گرافیکی ساختار پروتئین

همردیفی توالی های DNA و Pro

پیشبینی و تنظیم بیان ژن

- چارچوب قرائت باز (ORFs)

پیشبینی مقایسه ای ژن

- ابزارهای پیشبینی ژن

Gene Mark

- GRAIL

- FGENEH/FGES

- GeneID

- GENSCAN

- GENWISE([https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/p/](https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/p/sa/genewise)
[sa/genewise](https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/p/sa/genewise))

- مقایسه روش های مختلف پیشبینی ژن

نکات مهم در پیشبینی ژن

پیشبینی ساختار RNA

انواع ساختارهای RNA

روش های پیشبینی ساختار ثانویه RNA

پایگاه های اطلاعاتی میکرو RNA

نامگذاری میکرو RNA

شناسایی میکرو RNA

پیشبینی ساختار و تعیین عملکرد پروتئین

تجزیه های فیلوژنتیکی