



باسمه تعالی

معاونت آموزشی

طرح درس

دانشکده: کشاورزی	گروه: بیوتکنولوژی کشاورزی
رشته / گرایش: بیوتکنولوژی کشاورزی	مقطع: دکتری
نام درس: بیوانفورماتیک پیشرفته	تعداد واحد: 2
نوع درس: تخصصی کامل	سال تحصیلی و نیمسال تحصیلی: 1402-1403 نیمسال دوم
نام مدرس: دکتر سجاد رشیدی منفرد	مرتبه علمی مدرس: دانشیار
پیش نیاز: ندارد	

شرح درس

با پیشرفت تکنولوژی صورت پذیرفته در توالی‌یابی نسل جدید NGS، تغییرات چشمگیری در دنیای توالی‌یابی صورت گرفت. امروزه هر دانشمند می‌تواند مقادیر بیشتری از نوکلئوتیدهای ژنوم انسان و هر ژنوم دیگر یوکاریوتی را در مدت زمان کمتر از یک هفته و با قیمتی مناسب و معقول در اختیار داشته باشد. این پیشرفت بزرگ توالی‌یابی و حجم بسیار بالای داده‌های حاصل، موجب شد مشکلات پایین‌دست، ازجمله سرهم‌بندی، آنالیزها و ذخیره‌سازی داده‌ها پر رنگ‌تر شود. به منظور فهم آنچه که از خروجی دستگاه‌های توالی‌یابی حاصل می‌شود تجزیه و تحلیل این حجم بالای داده (Big Data Analysis) با کمک روش‌های بیوانفورماتیکی که امروزه در حال توسعه روز افزون هستند، گریز ناپذیر می‌نماید.

در این درس تلاش می‌شود که دانشجویان با روش‌های توالی‌یابی نسل جدید RNA و تجزیه داده‌های آنها با کمک برنامه‌های پیشرفته بیوانفورماتیکی آشنا شوند.

هدف کلی

تجزیه داده‌های RNA-seq

اهداف جزئی

- * مقایسه روش‌های توالی‌یابی نسل جدید
- * تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از NGS

فعالیت‌های یادگیری دانشجویان

از دانشجویان انتظار می‌رود:

- * شناخت کافی در خصوص مبانی روش‌های نوین توالی‌یابی RNA و اهمیت به‌کارگیری آنها در تحقیقات پیش‌رو را به دست آورند.
- * چگونگی کار با داده‌های حاصل از NGS ازجمله بررسی کیفیت داده‌ها و سرهم کردن خوانش‌ها و بررسی بیان ژن‌ها و شناسایی عملکرد توالی‌های حاصله.

برنامه پیشنهادی استاد جهت ارائه در کلاس (براساس سرفصل مصوب)

هفته	سرفصل مطالب مورد بحث
هفته اول	اهمیت مطالعه ترانسکریپتوم و روش‌های نسل جدید توالی‌یابی آن
هفته دوم	روش‌های نسل جدید توالی‌یابی IonTorrent, ILLUMINA
هفته سوم	مبانی تجزیه داده‌های حاصل از NGS
هفته چهارم	روش‌های توالی‌یابی نسل جدید RNA و DNA
هفته پنجم	مبانی سرهم کردن خوانش‌ها
هفته ششم	راهبردها و الگوریتم‌ها سرهم کردن خوانش‌ها
هفته هفتم	روش‌های کمی سنجی بیان RNA
هفته هشتم	معرفی و نصب برنامه NGSQC Tool Kits به منظور تجزیه بالا دستی داده‌های حاصل از NGS
هفته نهم	اجرای برنامه NGSQC Tool Kits به منظور کنترل کیفی
هفته دهم	Trimming داده‌ها و تبدیل فرمت آنها
هفته یازدهم	نصب و اجرای برنامه Codon Code Aligner به منظور سرهم کردن (assembly de novo) خوانش‌ها پس از کنترل کیفیت و Mapping خوانش‌های حاصل روی کروموزوم با کمک برنامه Bowtie (Reference Mapping)
هفته دوازدهم	محاسبه TPM و RPKM
هفته سیزدهم	تبدیل فرمت داده‌های NGS ذخیره شده در پایگاه SRA به منظور انجام تجزیه‌های پایین دست با کمک برنامه SRA Tool Kits
هفته چهاردهم	مبانی هم‌ردیفی اجرای پکیج‌های مختلف برنامه Blast به صورت off-line با استفاده از برنامه NCBI BLAST Tool Kits
هفته پانزدهم	شناسایی SSRs به صورت in silico
هفته شانزدهم	بررسی بیان ژن با استفاده از برنامه EdgeR

شیوه ارزشیابی

ارزیابی گزارش کار تکالیف دانشجویان در طول ترم: تا 30٪ نمره کل.

حضور فعال و پاسخ به سوالات: تا 20٪ نمره کل.

آزمون نهایی: تا 70٪ نمره کل.

منابع و مآخذ

- Frédéric Dardel and François Képès, Bioinformatics Genomics and post-genomics. 2006 John Wiley & Sons Ltd The Atrium, Southern Gate, Chichester, West Sussex PO19 8SQ, England. 25-50, 131-166
- McGettigan, P. A. (2013). Transcriptomics in the RNA-Seq era. *Current Opinion in Chemical Biology*, 17, 4–11.
- Mutz, K. O., Heilkenbrinker, A., Lönne, M., Walter, J. G., & Stahl, F. (2013). Transcriptome analysis using nextgeneration sequencing. *Current Opinion in Biotechnology*, 24, 22–30.
- Mardis, E. R. (2008). The impact of next-generation sequencing technology on genetics. *Trends in Genetics: TIG*, 24, 133–141.
- Mardis, E. R. (2011). A decade's perspective on DNA sequencing technology. *Nature*, 470, 198–203.
- Metzker, M. L. (2010). Sequencing technologies—the next generation. *Nature Reviews. Genetics*, 11, 31–46.