



باسمه تعالی

معاونت آموزشی

طرح درس

گروه: بیوتکنولوژی کشاورزی

دانشکده: کشاورزی

مقطع: کارشناسی ارشد

رشته / گرایش: بیوتکنولوژی کشاورزی

تعداد واحد: 2

نام درس: بیوانفورماتیک

سال تحصیلی و نیمسال تحصیلی: 99-1398 نیمسال دوم

پیش نیاز: ندارد

نوع درس تخصصی مشترک

مرتبه علمی مدرس: استادیار

نام مدرس: دکتر سجاد رشیدی منفرد

شرح درس

مطالعه پدیده‌های زیستی سالهاست که به وسیله دانشمندان مختلف بررسی می‌شود و در دهه‌های اخیر این مطالعات با سرعت بسیار زیادی در حال انجام است. با پیشرفت‌های صورت گرفته در زیست‌شناسی مولکولی و ژنومیکس تعداد توالی‌های DNA و پروتیین و ساختارهای پروتیینی افزایش یافته و به موازات آن تعداد ژنوم‌های یوکاریوتی و پروکاریوتی (بیشتر) توالی‌یابی شده نیز افزایش پیدا کرده است. اما چالش پیش‌رو سازماندهی، تفسیر، تجزیه و تحلیل داده‌ها و فهم عملکرد ژنوم می‌باشد که در نتیجه باعث ظهور شاخه‌ای از علم زیست‌شناسی به نام بیوانفورماتیک در اوایل دهه 1990 شد. در این درس تلاش می‌شود دانشجویان با کمک ابزارهای مختلفی که به آنها آموزش داده می‌شود بتوانند در زمینه شناسایی عملکرد ژن‌های ناشناخته، شناسایی ساختار پرتیین‌ها و بررسی بیان ژن‌ها شناخت مناسبی پیدا کنند.

هدف کلی

شناسایی عملکرد ژن‌های و بررسی بیان آنها

اهداف جزئی

- * فیلوژنی مولکولی
- * مطالعه بیان ژن‌ها
- * توالی‌یابی پرتیین با استفاده از روش‌های مبتنی بر طیف جرمی و شناسایی تغییرات پس از ترجمه و هدف‌گذاری درون سلولی پروتیین‌ها
- * شناسایی مسیرهای متابولیکی

فعالیت‌های یادگیری دانشجویان

از دانشجویان انتظار می‌رود:

- * شناخت مناسبی در خصوص فیلوژنی مولکولی و شناسایی عملکرد ژن‌های ناشناخته کسب کنند.
- * شناسایی ساختارهای ثانویه و ثالثیه و تغییرات پس از ترجمه و هدف‌گذاری درون سلولی پروتیین‌ها.
- * شناسایی مسیرهای متابولیکی مختلف در گیاهان و محاسبه بیان ژن‌ها.

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

هفته	سرفصل مطالب مورد بحث
هفته اول	مبانی فیلوژنی مولکولی
هفته دوم	فیلوژنی مولکولی با کمک برنامه‌های Clustal Omega و MEGA
هفته سوم	مبانی بررسی بیان ژن‌ها و معرفی روش‌های مختلف کمی (qPCR) و نیمه کمی
هفته چهارم	اندازه‌گیری بیان ژن‌ها به صورت کمی با استفاده از برنامه REST
هفته پنجم	شناسایی ساختار دوم و سوم پروتئین با استفاده از برنامه‌های بیوانفورماتیکی
هفته ششم	شناسایی تغییرات پس از ترجمه و سورتینگ پروتئین‌ها با استفاده از برنامه‌های بیوانفورماتیکی
هفته هفتم	معرفی پایگاه اطلاع رسانی مسیرهای متابولیکی KEGG
هفته هشتم	بررسی مسیرهای متابولیکی ثانویه در پایگاه KEGG
هفته نهم	
هفته دهم	
هفته یازدهم	
هفته دوازدهم	
هفته سیزدهم	
هفته چهاردهم	
هفته پانزدهم	
هفته شانزدهم	

* لازم به ذکر است که در حین ارائه مطالب فوق، متناسب با هر مبحث و به منظور تکمیل آن، دانشجویان تکالیف درسی خود را بر اساس زمان‌بندی از قبل مشخص شده و زیر نظر استاد درس ارائه می‌کنند.

شیوه ارزشیابی

ارزیابی گزارش کار تکالیف دانشجویان در طول ترم: تا 50٪ نمره کل.

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

آزمون نهایی: تا 50٪ 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
 Andrzej Polanski • Marek Kimmel, Bioinformatics. Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2007. 154-184, 187-212, 261-296, 299-311
 Jonathan Pevsner, Bioinformatics and functional genomics. Printed in the United States of America 2003. 357-397, 3-127
 Eng, J.K., A.L. McCormack, J.R., Yates (1994) An approach to correlate tandem mass-spectral data of peptides with amino-acid-sequences in a protein database. J. Am. Soc. Mass Spectrom., 5: 976-989.