

به نام آنکه جان را فکرت آموخت



دانشگاه علوم پزشکی لرستان
مرکز مطالعات و توسعه آموزش علوم پزشکی
واحد برنامه‌ریزی آموزشی
طرح درس (Lesson Plan)

دانشکده: پزشکی

مقطع و رشته تحصیلی: ارشد ایمونولوژی

گروه آموزشی: ایمونولوژی

نیمسال تحصیلی و سال تحصیلی: اول ۱۴۰۰

تعداد واحد: ۱ واحد نوع واحد: ۱ واحد نظری

نام واحد درسی: بیوانفورماتیک

پیش نیاز: ندارد

مکان برگزاری کلاس: دانشکده پزشکی، اتاق کنفرانس

زمان برگزاری کلاس: روز یکشنبه ۱۰-۱۲

اساتید: دکتر شمس

تعداد دانشجویان: ۳ مسئول درس: دکتر محمدحسین شمس

ساعات مشاوره با دانشجو: روز دوشنبه ۱۳-۱۴

شرح دوره:

در این واحد درسی پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف (NCBI, Ensemble, UCSC) مربوط به دست آوردن توالی ژنومی، همچنین معرفی کردن annotation مربوط به توالی ژن و پروتئین توضیح داده می‌شود. همچنین پایگاه‌های مشخص کردن ویژگی یک پروتئین مانند Uniprot, ProtPartom, PDB و معرفی و توضیح داده می‌شود. نحوه BLAST کردن توالی اسید نوکلئوتید، پروتئین، و پرایمر نیز توضیح داده می‌شود. علاوه بر این موارد ترسیم درخت فیلوژنی توالی ژنی یک پروتئین، پیش بینی ساختار سه بعدی پروتئین و همچنین ویژگی‌های مناسب برای پرایمرها جهت انجام واکنش PCR و نحوه طراحی و چگونگی ارزیابی پرایمرهای طراحی شده ارائه داده می‌شود.

هدف کلی:

در پایان دانشجو باید با مباحث بیوانفورماتیکی به ویژه در زمینه ایمونولوژی بر اساس فصل‌های ارائه شده آشنا باشد و بتواند کاربرد این روشها در تحقیقات را بیان کند.

اهداف بینابینی: (اهداف را با توجه به حیطه‌ها و سطوح مختلف بنویسید)

(منظور، شکستن هدف کلی به اجزای تخصصی است که نسبت به اهداف کلی روشن تر و شفاف تر است و محورهای اصلی برنامه را نشان می‌دهد. اهداف بینابینی قابل تقسیم شدن به اجزای اختصاصی تری به نام اهداف ویژه است که در واقع همان اهداف رفتاری اند.)

دانشجو باید:

- دانشجو باید نحوه بدست آوردن توالی ژنی و پروتئینی را از پایگاه‌های اطلاعاتی بداند.
- دانشجو باید بتواند توالی اگزون، اینترون و mRNA ژن را مشخص کند.
- دانشجو باید نحوه بدست آوردن مشخصات یک پروتئین را از پایگاه‌های داده Uniprot, ProtPartom و .. بداند.
- دانشجو باید میانکنش بین پروتئین‌ها و مسیره‌های پیام رسان را از طریق پایگاه‌های اطلاعاتی KEGG، و .. بداند.
- دانشجو باید ترسیم درخت فیلوژنی برای توالی ژنی یک پروتئین را از طریق نرم افزار MEGA و Vector NTI بداند.

- ۶) دانشجو باید بتواند ساختار سه بعدی پروتئین را ترسیم و کیفیت آن را مورد بررسی قرار دهد.
 ۷) دانشجو باید نحوه هم ردیفی (Alignment) و BLAST کردن توالی ژنی و پروتئینی را بداند.
 ۸) دانشجو باید نحوه طراحی و BLAST کردن پرایمر را بداند.

شیوه های تدریس:

- سخرانی: سخرانی برنامه ریزی شده: پرسش و پاسخ: *
- بحث گروهی: یادگیری مبتنی بر مسئله (PBL) یادگیری مبتنی بر تیم (TBL)

سایر موارد (لطفا نام ببرید) انجام کار عملی توسط دانشجو،

استفاده همزمان استاد و دانشجو از کامپیوتر متصل به شبکه و جستجو و معرفی پایگاههای اطلاعاتی ژن و پروتئین

وظایف و تکالیف دانشجو:

دانشجو موظف است به طور منظم در کلاس درس حضور داشته باشد، و همچنین به طور هماهنگ با استاد در در بستر اینترنت در پایگاههای اطلاعاتی فعالیت داشته باشد.

وسایل کمک آموزشی:

- کامپیوتر: تخته و گچ: پروژکتور اسلاید:

سایر موارد (لطفاً نام ببرید)-----

نحوه ارزشیابی و درصد نمره: (از نمره کل)

آزمون میان ترم درصد نمره
 انجام تکالیف و آزمونهای مستمر درصد نمره
 سایر موارد (لطفاً نام ببرید)---

نوع آزمون:

استفاده از کامپیوتر متصل به شبکه اینترنت و بدست آوردن اطلاعات خواسته شده در مورد یک ژن و یا یک پروتئین *

منابع پیشنهادی برای مطالعه: (لطفا نام ببرید):

1-Lund O, Immunological bioinformatics, Latest edition

2-The latest original and review bioinformatic articles

جدول هفتگی کلیات ارائه درس ایمنی شناسی یک (۲ واحد تئوری)

جلسات	تاریخ	ساعت	موضوع	مدرس
اول	۰۰/۰۶/۲۸	۱۰-۱۲	معرفی علم بیوانفورماتیک و تاریخچه آن	دکتر شمس
دوم	۰۰/۰۷/۰۴	۱۰-۱۲	معرفی پایگاه داده NCBI و نحوه بدست آوردن توالی ژنی و ...	دکتر شمس
سوم	۰۰/۰۷/۱۱	۱۰-۱۲	معرفی پایگاه داده Ensemble و UCSC نحوه بدست آوردن توالی ژنی و ...	دکتر شمس
چهارم	۰۰/۰۷/۲۵	۱۰-۱۲	معرفی پایگاه داده Uniprot و نحوه کار کردن با آن	دکتر شمس
پنجم	۰۰/۰۸/۹	۱۰-۱۲	معرفی پایگاه‌های داده PIR و Pfam و KEGG و نحوه کار کردن با آنها	دکتر شمس
ششم	۰۰/۰۸/۱۶	۱۰-۱۲	پیش بینی مشخصات فیزیکوشیمیایی پروتئین و ساختار ثانویه آن به ترتیب از طریق پایگاه‌های داده PSIPRED و ProtParam	دکتر شمس
هفتم	۰۰/۰۸/۲۳	۱۰-۱۲	پیش بینی ساختار سوم پروتئین از طریق SWISS-MODEL و بررسی کیفیت ساختار پیش بینی شده از طریق پایگاه‌های داده PROCHEK و ERRAT	دکتر شمس
هشتم	۰۰/۰۸/۳۰	۱۰-۱۲	ترسیم درخت فیلوژنی یا تکاملی یک پروتئین با استفاده از نرم افزار Vector NTI و MEGA	دکتر شمس
نهم	۰۰/۰۹/۰۷	۱۰-۱۲	نحوه BLAST کردن توالی اسید نوکلئیک و پروتئین با استفاده از پایگاه‌های داده NCBI و Uniprot	دکتر شمس
دهم	۰۰/۰۹/۱۴	۱۰-۱۲	ویژگی‌های پرایمر مناسب برای انجام PCR و نحوه طراحی پرایمر با استفاده از NCBI و نرم افزار Oligo	دکتر شمس
یازدهم	۰۰/۰۹/۲۱	۱۰-۱۲	نحوه BLAST کردن توالی پرایمرهای طراحی شده و ارزیابی کیفیت آنها از طریق NCBI و نرم افزار Oligo analyzer	دکتر شمس