



دانشگاه تهران

مشخصات کلی، برنامه درسی و سرفصل دروس

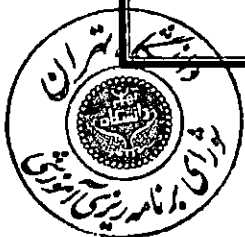
دوره : دکتری (Ph.D)

رشته : بیوانفورماتیک

مرکز تحقیقات بیوشیمی - بیوفیزیک

مصوب جلسه مورخ ۹۵/۳/۴ شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه

این برنامه بر اساس آیین نامه وزارتی تفویض اختیارات برنامه ریزی درسی به دانشگاههای دارای هیات ممیزه توسط اعضای هیات علمی گروه بیوانفورماتیک مرکز تحقیقات بیوشیمی - بیوفیزیک بازنگری شده و در دویست و نود و هفتمین جلسه شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه مورخ ۹۵/۳/۴ به تصویب رسیده است.



مصوبه شورای برنامه ریزی، گسترش و نظارت آموزشی دانشگاه تهران در خصوص برنامه درسی

رشته : بیوانفورماتیک

مقطع : دکتری

برنامه درسی دوره دکتری رشته بیوانفورماتیک که توسط اعضای هیات علمی گروه بیوانفورماتیک مرکز تحقیقات بیوشیمی - بیوفیزیک بازنگری شده است با اکثریت آراء به تصویب رسید.

- این برنامه از تاریخ تصویب لازم الاجرا است.
- هر نوع تغییر در برنامه مجاز نیست مگر آنکه به تصویب شورای برنامه ریزی، گسترش و نظارت آموزشی دانشگاه برسد.

فرزانه شمیرانی

دبیر شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه

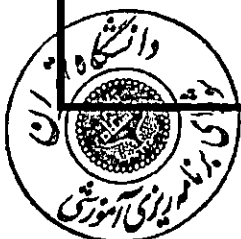
سید حسین حسینی

معاون آموزشی دانشگاه

رای صادره جلسه مورخ ۹۵/۳/۴ شورای برنامه ریزی آموزشی دانشگاه در مورد بازنگری برنامه درسی رشته بیوانفورماتیک در مقطع دکتری صحیح است، به واحد ذیربط ابلاغ شود.

محمود نیلی احمد آبادی

رئیس دانشگاه تهران



فصل اول: مشخصات کلی برنامه درسی

دوره دکتری بیوانفورماتیک Ph.D Bioinformatic

تعریف

بیوانفورماتیک شاخه‌ای جدیدی از دانش بشری است که در آن علوم زیست‌مولکولی، علوم رایانه، علوم آمار و احتمالات، و علوم اطلاعات در هم ترکیب شده و روش‌ها و ابزار نوینی را برای درک و کشف اطلاعات نهفته در دنیای موجودات زنده فراهم می‌آورند. برنامه دکتری بیوانفورماتیک یک برنامه آموزشی و پژوهشی میان‌رشته‌ای است که در طی آن دانشجویان با گذراندن تعدادی واحد درسی، ارائه سمینارها، انجام یک پژوهش و ارائه یک رساله با اصول و روش‌های بیوانفورماتیک آشنا گشته و آمادگی لازم جهت تحقیق و تدریس در این رشته را پیدا می‌کنند.

هدف

هدف از تاسیس دوره دکتری بیوانفورماتیک تربیت متخصصینی است که دارای آموزش‌های لازم در زمینه‌های علوم زیستی، علوم رایانه، آمار و احتمالات، ریاضیات، و علوم اطلاعات باشند. این افراد باید با بکارگیری مهارت‌های کسب شده بتوانند در کشف پدیده‌های مولکولی مؤثر در حالات بیماری و سلامت، کشف ژن‌های جدید و پروتئین‌های جدید، طراحی و کشف داروهای جدید، تعیین روابط تکاملی مابین موجودات زنده، تعیین ساختارهای ژنومیک، ترنسکریپتومیک، پروتئومیک و بسیاری از پدیده‌های دیگر، خدمات ارزنده‌ای به جامعه بشری به طور کلی و به جامعه علمی کشور به طور خاص انجام دهند.

ضرورت و اهمیت

اندکی پس از تکمیل مرحله نخست پروژه عظیم و بین‌المللی تعیین ژنوم انسانی، مشخص گردید که اطلاعات خام حاصل شده از این پروژه به خودی خود قابل درک و استفاده مستقیم نیست. لذا وجود افرادی که دارای دانش لازم در جهت تجزیه و تحلیل توالی‌ها و کشف اطلاعات نهفته در آنها باشند، ضرورت خود را در سطح جامعه علمی بین‌المللی نشان داد. از زمان تدوین این برنامه حدود چندین میلیون توالی اسیدهای نوکلئیک تعیین و در پایگاه‌داده‌های مربوط ذخیره گشته است. در همین زمان فقط در حدود چند صد هزار توالی پروتئینی تعیین و در پایگاه‌داده‌های مربوط ذخیره گشته است. هم‌چنین در حال حاضر فقط در حدود بیست هزار پروتئین توسط روش‌های تجربی تعیین ساختمان گشته و اطلاعات آن در دسترس است. وجود چنین خلاء عظیمی در سطوح اطلاعاتی دانش بشر از ملکول‌های زیستی ضرورت و اهمیت استفاده از بیوانفورماتیک را در پرنمودن این خلاء بیش از هر زمان نشان می‌دهد.

طول دوره و شکل نظام

طول دوره دکتری بیوانفورماتیک حد اکثر ۵ سال می‌باشد. ابتدا دانشجویان با گذراندن دروس کمبود، آماده شرکت در دروس اصلی برنامه می‌گردند. دروس اصلی از دو بخش دروس اصلی و اختیاری تشکیل یافته است. پس از با موفقیت گذراندن برنامه‌های درسی و امتحان جامع، دانشجویان وارد مرحله پژوهش می‌گردند. در طی مرحله پژوهش، دانشجویان تحت نظارت اساتید راهنما و مشاور، یک پروژه تحقیقاتی را انجام می‌دهند. دوره پس از تدوین یک پایان‌نامه و دفاع دانشجویان از تحقیق انجام شده خاتمه می‌یابد.



تعداد و نوع واحدها

تعداد و نوع واحدها در جدول ۱ نشان داده شده است. دروس کمبود بر حسب رشته ورودی دانشجوی تعیین گشته است. هدف از ارائه دروس کمبود برطرف کردن کمبودهای درسی برای گذراندن دوره دکتری با موفقیت است. حداکثر واحدهای در نظر گرفته شده کمبود ۶ واحد است که می‌تواند در طی یک نیم سال ارائه و گذرانده شود. تعیین دروس کمبود و نحوه ارائه این دروس مطابق نظر گروه مربوطه است. تعداد واحدهای دروس اصلی ۹ واحد با احتساب یک واحد سمینار است. همچنین دانشجوی می‌تواند ۸ واحد از دروس اختیاری را انتخاب کند. جداول دروس در فصل بعد توضیح داده شده است.

تعداد و نوع واحدهای درسی برنامه		
ردیف	نوع واحدها	تعداد واحد
۱	دروس کمبود	۶
۲	دروس اصلی	۱۰
۳	دروس اختیاری	۸
۴	پایان‌نامه	۱۸
	جمع واحدهای اصلی و اختیاری و پایان‌نامه	۳۶

نقش و توانایی فارغ التحصیلان

فارغ‌التحصیلان این دوره دارای توانایی بکارگیری علوم رایانه، ریاضی، آمار و احتمالات و اطلاعات در حل و درک مسائل زیست‌ملکولی می‌باشند. با توجه به اینکه روش‌های علوم تجربی قادر به پر نمودن خلاء عظیم در دانش ملکولی بشری در طی یک زمان قابل قبول نمی‌باشند، لذا فارغ‌التحصیلان این رشته در آینده از جایگاه ویژه‌ای در جامعه علمی دنیا برخوردار خواهند بود. همچنین، تمامی زمینه‌های اقتصادی و صنعتی مدرن مانند صنایع داروسازی، صنایع غذایی، کشاورزی، بیوتکنولوژی و بهداشتی نیازمند به اطلاعاتی هستند که از تجزیه و تحلیل داده‌های بیولوژی ملکولی توسط متخصصین بیوانفورماتیک ارائه خواهند گردید. فارغ‌التحصیلان این رشته اساتید مناسب و لازم برای آموزش نسل جدیدی از متخصصین این رشته در سطوح مختلف برای کشور خواهند بود.

شرایط و ضوابط ورود به دوره

شرایط ورود به دوره دکتری بیوانفورماتیک مطابق ضوابط و مقررات وزارت علوم، تحقیقات و فناوری است. با توجه به ماهیت کاملاً بین رشته‌ای بودن این برنامه فارغ‌التحصیلان تمامی رشته‌های زیستی، کشاورزی، پزشکی، ریاضی و فنی و بقیه رشته‌های مربوطه می‌توانند در امتحان این برنامه شرکت کنند. در صورت وجود امتحانات متمرکز توسط وزارت علوم، تحقیقات و فناوری می‌بایست دانشجویان هر رشته تعدادی از دروس مربوط به همان رشته را امتحان دهند.



فصل دوم: جداول دروس



جدول شماره ۱. جدول دروس کمبود*

مقطع دکتری

رشته بیوانفورماتیک

ردیف	نام درس	تعداد واحد			تعداد ساعات			پیشنیاز
		نظری	عملی	جمع	نظری	عملی	جمع	
۱	مبانی بیوشیمی	۲	۰	۲	۳۲	۰	۳۲	ندارد
۲	مباحث پیشرفته در زیست شناسی مولکولی	۲	۰	۲	۳۲	۰	۳۲	ندارد
۳	بیوانفورماتیک	۲	۰	۲	۳۲	۰	۳۲	ندارد
۳	آمار و احتمال	۲	۰	۲	۳۲	۰	۳۲	ندارد
۴	مبانی ترکیبیات	۲	۰	۲	۳۲	۰	۳۲	ندارد
۵	ساختمان داده و الگوریتم	۳	۰	۳	۴۸	۰	۴۸	ندارد
۶	مبانی کامپیوتر و برنامه نویسی	۲	۰	۲	۳۲	۰	۳۲	ندارد
۷	بیوفیزیک مولکولی	۲	۰	۲	۳۲	۰	۳۲	ندارد

* دانشجو می تواند حداکثر ۶ واحد از مجموعه دروس ارائه شده در جدول فوق را با توجه به نظر استاد راهنما انتخاب نماید.



جدول شماره ۲. جدول دروس اصلی

مقطع دکتری

رشته بیوانفورماتیک

پیشنیاز	تعداد ساعات			تعداد واحد			نام درس	ردیف
	جمع	عملی	نظری	جمع	عملی	نظری		
ندارد	۶۴	۳۲	۳۲	۳	۱	۲	بیوانفورماتیک پیشرفته	۱
ندارد	۴۸	۰	۴۸	۳	۰	۳	الگوریتم های بیوانفورماتیک	۲
ندارد	۶۴	۳۲	۳۲	۳	۱	۲	داده پایگاه های بیولوژیکی	۳
ندارد	۱۶	۰	۱۶	۱	۰	۱	سمینار بیوانفورماتیک	۴
	۱۹۲	۶۴	۱۲۸	۱۰	۲	۸	جمع کل	



جدول شماره ۳. جدول دروس اختیاری

رشته بیوانفورماتیک

مقطع دکتری

پیشنیاز	تعداد ساعات			تعداد واحد			نام درس	ردیف
	جمع	عملی	نظری	جمع	عملی	نظری		
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	بیوشیمی علائم سلولی	۱
ندارد	۴۸	۳۲	۱۶	۲	۱	۱	ژنومیک محاسباتی	۲
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	بیوانفورماتیک ساختاری	۳
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	طراحی محاسباتی دارو	۴
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	کمونفورماتیک	۵
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	کومتریکس	۶
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	یادگیری ماشین	۷
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	شبکه های پیچیده	۸
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	مدل سازی شبکه های متابولیک	۹
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	تکامل مولکولی و تبارزایی	۱۰
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	مدل سازی مولکولی	۱۱
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	مدلهای تصادفی گسسته	۱۲
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	مقدمه ای بر سیستم های دینامیکی	۱۳
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	محاسبات مولکولی	۱۴
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	الگوریتم های تکاملی	۱۵
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	آمار بیزی	۱۶
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	بازشناخت الگو	۱۷
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	نظریه الگوریتم	۱۸
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	آنالیز چند متغیره پیوسته	۱۹
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	سینتیک آنزیمی	۲۰



ادامه جدول شماره ۳. جدول دروس اختیاری

مقطع دکتری

رشته بیوانفورماتیک

پیشنیاز	تعداد ساعات			تعداد واحد			نام درس	ردیف
	جمع	عملی	نظری	جمع	عملی	نظری		
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	ژنومیک و تنظیم ژنی	۲۱
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	بازشناخت زیست مولکولی	۲۲
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	مباحث ویژه در بیوانفورماتیک	۲۳
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	داده کاوی پیشرفته	۲۴
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	سازوکارهای ملکولی سرطان	۲۵
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	داده کاوی در سیستم سلامت	۲۶
ندارد	۳۲	۰	۳۲	۲	۰	۲	مدلسازی سیستم های زیستی	۲۷

* دانشجو می تواند حداکثر ۸ واحد از مجموعه دروس ارائه شده در جدول دروس اختیاری را با نظر استاد راهنما انتخاب نماید.



فصل سوم:
شناسنامه و سرفصل دروس



نام درس: بیوانفورماتیک پیشرفته (Advanced Bioinformatics)

تعداد واحد: ۳ واحد

تعداد ساعت: ۶۴

نوع واحد: ۲ واحد نظری و ۱ واحد عملی

نوع درس: اصلی

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه ■ سمینار ■

هدف:

هدف از این درس اصلی آشنایی دانشجو با مباحث جدید مطرح در زمینه دانش بیوانفورماتیک و اصول اساسی بکار رفته در آن است. در پایان این درس دانشجو یک تصویر کلی از مهم‌ترین تکنیک‌هایی که در زمینه‌های مختلف دانش بیوانفورماتیک وجود دارد پیدا می‌کند. با بررسی هفتگی مقالات چاپ شده در این زمینه دانشجویان با موضوعات در مرز دانش آشنا خواهند شد

سرفصل:

- ۱- مقدمه و تاریخچه بیوانفورماتیک
- مروری بر جمع‌آوری و ذخیره‌سازی توالی‌های بیولوژیکی، پایگاه‌داده‌های بیولوژیکی، انطباق دو توالی بیولوژیکی با همدیگر، انطباق چند توالی بیولوژیکی با همدیگر، جستجوی و پیدا نمودن توالی‌های مشابه (همولوژی و BLAST)، پیشگونی‌های فیلوژنتیک
- ۲- پایگاه داده‌های ثانویه بیولوژیکی
- ۳- پایگاه داده‌های دانش بنیان (Knowledge Based)
- ۴- داده‌های شبکه‌های برهم کنش پروتئین-پروتئین
- ۵- داده‌های شبکه‌های سیگنالینگ
- ۶- داده‌های شبکه‌های سرطان
- ۷- داده‌های شبکه‌های تنظیمی
- ۸- تعیین ساختار ژنوم و توالی یابی دی ان ای نسل جدید (Next Generation Sequencing)
- ۹- آنالیز داده‌های RNA-Seq
- ۱۰- میکرواری و آنالیز داده‌های مربوط به آن
- ۱۱- مقدمه‌ای بر شبکه‌های بیولوژیک
- ۱۲- مقدمه‌ای بر سیستم بیولوژی
- ۱۳- مقدمه‌ای بر سینتیک بیولوژی
- ۱۴- مقدمه‌ای بر شبکه‌های مغزی
- ۱۵- مرور و بررسی هفتگی مقالات جدید بیوانفورماتیک و پروژه درسی

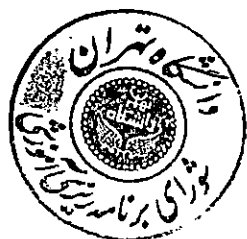


روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۱۰	آزمون های نوشتاری ۳۰ عملکردی	۳۰	۳۰

فهرست منابع:

- 1-Bioinformatics and Functional Genomics, 3rd Edition, Jonathan Pevsner, 2015, Wiley-Blackwell, USA
- 2-Bioinformatics for Biologists, Pavel Pevzner, Ron Shamir, 2014, Cambridge University Press, UK
- 3-Bioinformatics: An Introduction, Jeremy Ramsden, 2015, Springer, USA
- 4-Essential Bioinformatics, Jin Xiong, 2006, Cambridge University Press, UK



نام درس: الگوریتم های بیوانفورماتیک (Algorithms in Bioinformatics)

تعداد واحد: ۳ واحد

تعداد ساعت: ۴۸

نوع واحد: ۳ واحد نظری

نوع درس: اصلی

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

در این درس دانشجو با روش های مختلف تولید و پردازش توالی های بیولوژیک آشنا خواهد شد. همچنین الگوریتم های روزآمد تحلیل داده های توالی یابی با توان گذردهی بالا را فرا خواهد گرفت. یادگیری الگوریتم های مبتنی بر گراف برای درک بهتر شبکه های زیستی و آمادگی دانشجو برای طراحی الگوریتم های کارآمد جدید از اهداف مهم درس به شمار می روند. در پایان دوره دانشجو قادر خواهد بود تا برای حل مسائل مختلف ضمن انتخاب یک استراتژی کارآمد الگوریتم های مناسب را پیاده سازی نماید و یا از الگوریتم های موجود استفاده نماید.

سرفصل:

- ۱- معرفی درس و مفاهیم مقدماتی
- ۲- پردازش و تحلیل توالی های زیستی شامل کاربرد برنامه نویسی پویا، همترازی دوتایی و چندگانه، زنجیره های مارکوف و مدل مخفی مارکوف و کاربردهای آن در توالی های زیستی، روش های مختلف جستجو در داده پایگاه های توالی، یافتن موتیف هاو ...
- ۳- معرفی روش های توالی یابی نسل بعد در حوزه های ژنوم، ترنسکریپتوم، متاژنوم، و متا ترنسکریپتوم
- ۴- الگوریتم های مرتبط با اسمبلی از نو و اسمبلی مبتنی بر نقشه برای داده های مختلف توالی یابی
- ۴- کاربرد الگوریتم های مبتنی بر گراف و درخت در بیوانفورماتیک، ساخت و تفسیر درخت ها و روابط فیلوژنتیکی
- ۵- الگوریتم های مختلف قابل اجرا بر روی شبکه های زیستی مانند پیشگوئی لینک، یافتن موتیف، یافتن اجتماع، خوشه بندی گره ها، و ...



روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۳۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۲۰	۲۰
	عملکردی -		

فهرست منابع:

- 1-Algorithms in Computational Molecular Biology, M. Elloumi, A. Y. Zomaya, Wiley, 2011.
- 2-An Introduction to Bioinformatics Algorithms (Computational Molecular Biology), N. C. Jones and P. A. Pevzner, MIT Press, 2004.
- 3-Algorithmic Aspects of Bioinformatics, Hans-Joachim Bockenhauer and D. Bongartz, Springer, 2007.
- 4-<http://bioinformatics.msu.edu/ngs-summer-course-2014>
- 5-Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology, D. Gusfield, Cambridge University Press, 1997.
- 6-Biological sequence analysis Probabilistic models of proteins and nucleic acids, R. Durbin, S. R. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison, Cambridge University Press, 1998.



نام درس: داده پایگاه های بیولوژیکی (Biological Databases)

تعداد واحد: ۳ واحد

تعداد ساعت: ۶۴

نوع واحد: ۲ واحد نظری و ۱ واحد عملی

نوع درس: اصلی

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

یکی از اهداف این درس ایجاد آشنا نمودن دانشجویان با داده پایگاه های زیستی مختلف، آشنایی با روش های دستیابی به اطلاعات مورد نیاز ذخیره شده، و ایجاد توان جمع داده های زیستی پراکنده در پایگاه های مختلف می باشد. همینطور دانشجویان باید نحوه ایجاد بانک های اطلاعاتی برای نگهداری کارآمد داده های زیستی را فراگیرند. ایجاد توان طراحی و پیاده سازی واسط کاربر مناسب برای ذخیره و بازیابی اطلاعات از بانک های اطلاعاتی مختلف از اهداف دیگر درس می باشد.

سرفصل:

- ۱- معرفی درس و مفاهیم پایه ای پایگاه داده
- ۲- معماری پایگاه داده، معرفی مدل های پایگاه های اطلاعاتی (تخت، سلسله مراتبی، شبکه ای، رابطه ای، شیء گرا، نیمه ساخت یافته)
- ۳- سیستم های مدیریت پایگاه داده ها، طراحی داده پایگاه های رابطه ای و مدل ER، نرمال سازی و بهینه سازی
- ۴- جمعیت داده پایگاه های ناهمگن
- ۵- آشنایی با داده پایگاه های ژنوم و توالی های ژنتیکی (GenBank, Ensemble, ...). مرورگرها، فرمت های فایل متداول، داده پایگاه های پروتئینی
- ۶- آشنائی با داده پایگاه های ترنسکریپتوم، مسیرهای زیستی، تنظیم ژنی، داده پایگاه های برهم کنش پروتئینی
- ۷- آشنائی با داده پایگاه های متازنوم و متا ترنسکریپتوم
- ۸- آشنائی با داده پایگاه های مختص فنوتیپ ها و بیماری ها در انسان و سایر موجودات
- ۹- مقدمات ایجاد و برنامه نویسی داده پایگاه های زیستی
- ۱۰- آشنایی با API های پایگاه داده های زیستی و نحوه استفاده از آنها
- ۱۱- SQL مقدماتی و پیشرفته (MySQL, SQLite)
- ۱۲- نحوه اتصال به پایگاه داده از زبان های برنامه سازی
- ۱۳- کار با داده پایگاه های NoSQL
- ۱۴- نحوه ذخیره سازی و مدیریت Big Data، آشنایی با روش های پردازش Big Data مانند MapReduce
- ۱۵- مقدمه ای بر محاسبات ابری و ذخیره سازی و مدیریت اطلاعات در فضای ابر



روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۳۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۲۰	۲۰
	عملکردی -		

فهرست منابع:

- 1-Marketa Zvelebil, Jeremy O. Baum, "Understanding Bioinformatics", Garland Science, 2008.
- 2-Peter Revesz, "Introduction to Databases: From Biological to Spatio-Temporal", Springer London, 2012.
- 3-Abraham Silberschatz, Henry F. Korth, S. Sudarsham, "Database System Concepts", 6th h ed. , McGraw-Hill, 2011.
- 4-Baoying Wang, Ruowang Li, William Perrizo, "Big Data Analytics in Bioinformatics and Healthcare", Medical information science, 2015.
- 5-Jake Chen and Amandeep S. Sidhu, "Biological Database Modeling", Artech House , 2007.
- 6-Remez Elmasri and Shamkant B. Navathe, "Fundamentals of Database Systems", Addison Wesley, 5th ed , 2003.
- 7-John V. Carlis, Joseph Maguire, "Mastering Data Modeling: A User-Driven Approach", Addison Wesley, 2000.
- 8-C.J. Date, "Relational Database", Writings 1994-1997, Addison Wesley, 1998.



نام درس: سمینار بیوانفورماتیک (Seminar in Bioinformatics)

تعداد واحد: ۱ واحد

تعداد ساعت: ۱۶

نوع واحد: ۱ واحد نظری

نوع درس: اصلی

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس اصلی آشنایی دانشجو با چگونگی ارائه یک کار تحقیقاتی به صورت سخنرانی، پوستر و مقاله است.

روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
	آزمون های نوشتاری		
	عملکردی ۱۰۰		



نام درس: بیوشیمی علائم سلولی (Biochemistry of Cellular Signaling)

تعداد واحد: ۲

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیش نیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس شرح خصوصیات ساختمانی و بیوشیمیایی علائم سلولی و تنظیمشان است. همچنین ابزاری که در انتقال پیام استفاده می شود و به اساس تشکیلات پیام رسانی و اثر متقابل مسیرهای پیام رسانی خواهیم پرداخت.

سرفصل:

- مروری بر مکانیسم های علامت دهی سلولی
- گیرنده های درگیر در علامت دهی سلولی
- گیرنده های داخل سلولی (structure/function , coactivator/corepressor) و مسیر مستقیم به هسته (JAK/STAT).
- گیرنده های سطح سلولی
- G-protein –coupled receptor
- Receptors with Tyrosine- specific protein kinase activity
- Ligand gated ion channel receptor
- پیامبر های ثانویه
 - cAMP
 - Calcium
 - Lipophilic
 - Reactive oxygen species, reactive nitrogen species
- علامت دهی بوسیله Ser/Thr-specific protein kinases and protein phosphataes
- علامت دهی بوسیله Ras proteins
- علامت دهی سلولی در بیماری و سلامت
- تکثیر سلولی (MAP ها) و مسیرهای علامت دهی بوسیله فاکتورهای رشد مرگ سلولی (پروتئولیز تنظیم شده در آپوپتوز و علامت دهی بوسیله TNF و NF-K β و تنظیم آپوپتوز) سرطان



روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
	آزمون های نوشتاری ۶۰	۲۰	۲۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1-Cell signaling Edited by B.D. Gomperts, I. M. Kramer and P.E.R. Tatham, 2009
- 2-Biochemistry of Signal Transduction and Regulation 4th Edition, Edited by G. Krauss 2008



نام درس: ژنومیک محاسباتی (Computational Genomics)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۴۸

نوع واحد: ۱ واحد نظری و ۱ واحد عملی

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار ■

هدف:

این درس اصلی یک برخورد تجربی با مطالب ارائه شده در دروس اصلی است و در طی آن پروژه‌های عملی در زمینه‌های مختلف بیوانفورماتیک انجام خواهد شد. هدف از این درس آماده نمودن دانشجو جهت انجام تحقیقات مربوط به پایان نامه خویش است.

سرفصل:

- ۱- اصول تعریف و ایده پردازی پروژه های در سطح ژنوم
- ۲- اصول بررسی و جمع آوری داده های مناسب پروژه های در سطح ژنومی
- ۳- اصول اولیه پالایش داده های ژنومی ذخیره شده در بانکهای اطلاعاتی اولیه
- ۴- آنالیز و گروه بندی داده های ژنومی و ایجاد داده های مناسب محاسبات
- ۵- اصول انجام محاسبات پروژه های در سطح ژنوم
- ۶- اصول آنالیز و نتیجه گیری داده های پروژه های در سطح ژنوم
- ۷- سمینارهای هفتگی (هر دانشجو دو سمینار در طول ترم)
- ۸- تعریف و انجام پروژه برای هر دانشجو

روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۸۰	آزمون های نوشتاری عملکردی ۲۰		

فهرست منابع:

- 1-Cristianini N., Hahn M.W. Introduction to Computational Genomics: A Case Studies Approach, Cambridge University Press, London 2007.
- 2-Introduction to Genomics, Arthur M. Lesk, 2012, Oxford University Press; UK
- 3-Computational Genomics, Srinivas Aluru, 2016, 2nd edition, Chapman & Hall, USA



نام درس: بیوانفورماتیک ساختاری (Structural Bioinformatics)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

آشنایی دانشجویان با روش‌های تحلیل و پیشگویی ساختارهای زیست مولکول‌ها و پایگاه داده‌های مهم مرتبط با اطلاعات ساختاری

سرفصل:

- ۱- مقدمه تاریخی در مورد سیر تحول روش‌ها و مسائل مطرح در زمینه بیوانفورماتیک ساختاری
- ۲- سطح انرژی پتانسیل، روش‌های کمینه سازی انرژی یا بهینه سازی ساختارهای مولکولی
- ۳- مبانی ساختار پروتئین‌ها و اسیدهای نوکلئیک
- ۴- آشنایی با روش‌های تجربی تعیین ساختار زیست مولکول‌ها
- ۵- مروری بر مساله تاخوردگی پروتئین و مدل‌های مطرح در توصیف و تبیین این پدیده
- ۶- فرمت‌های مهم در بیان، ثبت و ذخیره سازی ساختارهای زیست مولکولی از جمله فرمت های PDB، XML و mmCIF
- ۷- پایگاه داده‌های مهم در ثبت و ذخیره سازی اطلاعات ساختاری پروتئین‌ها و اسیدهای نوکلئیک
- ۸- روش‌ها و الگوریتم‌های تحلیل ساختارهای زیست مولکولی از جمله مقایسه ساختار، سنجش شباهت ساختارها، برهم نهی ساختارها و طبقه بندی ساختارها
- ۹- روش‌های نسبت دهی و پیشگویی ساختارهای نوع دوم در پروتئین‌ها و اسیدهای نوکلئیک
- ۱۰- روش‌های نسبت دهی و پیشگویی دامنه‌های ساختاری پروتئین‌ها
- ۱۱- روش‌های تحلیل و پیشگویی برهمکنش پروتئین- پروتئین و پروتئین - لیگاند و شبکه‌های توصیف کننده آنها
- ۱۲- روش‌های پیشگویی ساختار پروتئین‌ها شامل روش‌های Fold recognition, homology modeling و روش‌های Ab initio
- ۱۳- رویکردهای دانش- بنیان و فیزیک- بنیان در طراحی توابع امتیازدهی و میدان‌های نیرو



روش ارزیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
	آزمون های نوشتاری ۳۰	۳۰	۴۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1-Structural Bioinformatics, Jenny Gu, Philip E. Bourne, John Wiley & Sons, 2011.
- 2-Computational Methods for Protein Structure Prediction and Modeling, Ying Xu, Dong Xu, Jie Liang, John Wooley, Springer, 2007.
- 3-Protein Structure Prediction, Daisuke Kihara, Springer (Humana Press), 2014.



نام درس: طراحی محاسباتی دارو (Computational Drug Design)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس آشنایی با طراحی دارو با استفاده از انواع روشهای محاسباتی است.

سرفصل:

- ۱- تعریف دارو و گیرنده آن
- ۲- تاریخچه و کشف داروهای جدید
- ۳- مراحل توسعه یک داروی جدید
- ۴- مشکل عمده در فرآیند کشف دارو
- ۵- فرایند طراحی دارو
- ۶- طراحی دارو بر اساس لیگاند
- ۷- طراحی دارو بر اساس ساختار هدف
- ۸- ابزارها و تکنیک های محاسباتی: (مدلسازی همولوژی، مکانیک مولکولی، تاخوردگی پروتئین، داکینگ، مدل های فارماکوفور، QSAR، 3D-QSAR، شیمی انفورماتیک)
- ۹- ADMET
- ۱۰- غربالگری مجازی (Virtual screening).
- ۱۱- طراحی دارو بر اساس قطعات مولکولی (Fragment-based drug design)

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
۲۰	۲۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۳۰
		عملکردی	



فهرست منابع:

- 1-Young D.C. Computational Drug Design: A Guide for Computational and Medicinal Chemists. Wiley-Interscience. 2009
- 2-Bultinck P., Tollenaere J.P., Langenaeker W., Winter H.D. Computational Medicinal Chemistry for Drug Discovery. CRC. 2003.
- 3-Zheng, Y., Rational Drug Design Methods and Protocols, Springer. 2012.
- 4-Tari, L. W. Structure-Based Drug Discovery, Springer. 2012.



نام درس: کموانفورماتیک (Chemoinformatics)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس اصلی آشنایی دانشجویان با اصول کلی شیمی انفورماتیک، مدل سازی فعالیت مولکول های شیمیایی و بیولوژیکی است.

سرفصل:

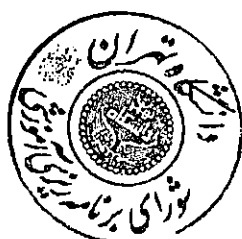
- ۱- مفاهیم مولکولی و نمایش مولکول ها
- ۲- پایگاه داده های اطلاعاتی ترکیبات شیمیایی و دارویی
- ۳- جستجو در ساختارهای شیمیایی و دارویی (Searching chemical structures)
- ۴- بهینه سازی ساختارهای ترکیبات شیمیایی و بیولوژیکی و جستجوی کنفورماسیون
- ۵- محاسبه ویژگیهای فیزیکی و شیمیایی ترکیبات شیمیایی و بیولوژیکی
- ۶- محاسبه ویژگی های ساختاری (Calculation of structure descriptors)
- ۷- بررسی رابطه کمی ساختار و فعالیت ترکیبات شیمیایی و بیولوژیکی
- ۸- روش های آنالیز داده های شیمیایی و بیولوژیکی (Methods for data analysis)
- ۹- روش های طبقه بندی داده های شیمیایی و بیولوژیکی
- ۱۰- ارزیابی آماری نتایج مطالعات شیمی انفورماتیک
- ۱۱- کاربردهای مطالعات شیمی انفورماتیک در بیوانفورماتیک

روش ارزیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
۳۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۲۰	۲۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1-Gastiger, J. Cheminformatics, WILEY-VCH Verlag GmbH & Co., Germany, 2003.
- 2-Leach, A.R., An introduction to cheminformatics, Springer, Netherlands, 2007.
- 3-Bunin, B. A., Siesel, B., Morales, G. A., Bajorath, J., Cheminformatics: Theory, practice, & Products, Springer, Netherlands, 2007.
- 4-Bajorath, J., Cheminformatics and Computational Chemical Biology, Springer, London, 2011.



نام درس: کمومتریکس (Chemometrics)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار ■

هدف:

هدف این درس آشنایی دانشجویان با انواع روشهای کمومتریکس است که برای پردازش و استخراج اطلاعات از داده های آزمایشگاهی مورد استفاده قرار می گیرند.

سرفصل:

معرفی کمومتریکس، نحوه ارتباط آن با سایر علوم، معرفی شاخه های مختلف کمومتریکس
تعاریف و مفاهیم توزیع نرمال - تست F و t و χ^2 - آنالیز واریانس یک طرفه و دو طرفه
جبر خطی، بردار ها و ماتریس ها، انواع مختلف اعمال ریاضی بر روی بردارها و ماتریس ها
روش نیوتن - روش مارکواد - لونیبرگ

روش های کالیبراسیون چند متغیره (MVC)، حداقل مربعات کلاسیک (CLS)، حداقل مربعات معکوس
(ILS)، روش رگرسیون خطی چندگانه (MLR)، روش رگرسیون جزء اصلی (PCR) و روش ارزیابی متقاطع
(Cross Validation) مدل

روش های کار با Excel شامل استفاده از F- (Regression, Correlation, Data Analysis Add-in
کار با نرم افزار Matlab شامل مفاهیم و دستورات اجرایی اولیه در Matlab - استفاده از Toolbox های
متعدد و اجرای روش های کمومتریکس با آن ها - برنامه نویسی در Matlab
روش های مدل سازی داده های شیمیایی شامل روش های عاری از مدل (Hard-modeling) و بر پایه
مدل (Soft-modeling)، روش های تفکیک منحنی چند متغیره (MCR)
آنالیز فاکتوری (FA)، مراحل FA، آنالیز فاکتوری هدف (TFA)، آنالیز فاکتور تکاملی (EFA)
روش های طراحی آزمایش

طراحی های فاکتوری کامل (Full FD) و برهمکنش پارامترها
طراحی فاکتور جزئی (Fractional FD) و تفکیک طراحی
روش طراحی مرکب مرکزی (CCD) و روش سطح پاسخ (RSM)



روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۳۰	آزمون های نوشتاری ۴۰	۲۰	
	عملکردی ۱۰		

فهرست منابع:

- 1-Richard G. Brereton. Chemometrics. John Wiley 2003
- 2-Howard Mark, Jerry Workman Jr. Chemometrics in Spectroscopy. Elsevier, 2007
- 3-James N. Miller, Jane C. Miller. Statistics and Chemometrics for Analytical Chemistry, 2010



نام درس: یادگیری ماشین (Machine Learning)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

در این درس دانشجو با رویکردهای مختلف یادگیری ماشینی آشنا خواهد شد و در پایان دوره قادر خواهد بود تا برای حل مسائل مختلف ضمن انتخاب یک استراتژی کارآمد ابزارهای مناسب را پیاده سازی نماید و یا از ابزارهای موجود استفاده نماید.

سرفصل:

- ۱- معرفی درس و مفاهیم مقدماتی
- ۲- تئوری یادگیری، طبقه بندی با سرپرستی، طبقه بندی بدون سرپرستی، طبقه بندی نیمه نظارتی
- ۳- روش های یادگیری با سرپرستی و رگرسیون
- ۴- روش های مختلف تخمین پارامتر
- ۵- شبکه های عصبی مصنوعی و یادگیری عمیق
- ۶- ارزیابی کارایی ماشین های یادگیرنده
- ۷- روش های مختلف استخراج و انتخاب ویژگی
- ۸- روش های مختلف یادگیری بدون سرپرستی و ارزیابی آنها
- ۹- روش های یادگیری نیمه نظارتی
- ۱۰- مدل های گرافیکی و شبه های بیزی
- ۱۱- روش های تجمیع تصمیم

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)
۲۰	۲۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۳۰
		عملکردی -	



فهرست منابع:

- 1-Sergios Theodoridis, Konstantinos Koutroumbas, "Pattern Recognition", 3rd Edition, Elsevier Academic Press, 2006.
- 2-Cristopher M. Bishop, "Pattern Recognition and Machine Learning", Springer, 2006.
- 3-Richard O. Duda, Peter E. Hart, David G. Stork, "Pattern Classification", 2nd Edition, John Wiley & Sons, 2001.
- 4-Ethem Alpaydin, "Introduction to Machine Learning", The MIT Press, 2004.



نام درس: شبکه های پیچیده (Complex Networks)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

این درس نظریه های ریاضی شکل گیری و تکامل شبکه ها را با تمرکز بر شبکه های زیستی مورد بحث و بررسی قرار می دهد. کاربردهای تحلیل شبکه ها در شناخت عمیق تر پدیده های زیستی از اهداف اصلی درس می باشد. مطالعه تجربی شبکه های موجود (زیستی، اجتماعی، کامپیوتری)، مطالعه برهم کنش گره ها بر یکدیگر، مدل های مختلف ایستا و پویای شکل گیری شبکه ها در درس پوشش داده خواهند شد. دانشجو در این درس نحوه مدلسازی سیستم های پیچیده و طراحی الگوریتم های جدید برای تحلیل داده های شبکه را فرا خواهد گرفت.

سرفصل:

- ۱- معرفی درس و مفاهیم پایه
- ۲- سیستم های پیچیده، ساختارهای سلسله مراتبی، نظریه نفوذ، قدم زدن تصادفی بر روی شبکه
- ۳- معرفی شبکه های زیستی و درون سلولی و ویژگی های آنها
- ۴- مدل های مختلف شبکه های دینامیک پیچیده، معرفی مفهوم انتقال فاز
- ۵- شبکه های تصادفی، مدل واتز اشتروگاتز، مدل شبکه های دنیای کوچک و بسیار کوچک
- ۶- مدل های تکامل محلی و سراسری شبکه
- ۷- رویت پذیری و کنترل پذیری شبکه های پیچیده
- ۸- معرفی پدیده هممنوع دوستی و غیرهممنوع دوستی، روش های مختلف تشخیص جوامع و ارزیابی آنها
- ۹- آسیب پذیری شبکه و مقاوم بودن در برابر خطا، مفهوم آنتروپی در شبکه
- ۱۰- معرفی سایر شبکه های پیچیده (شبکه های اجتماعی، شبکه های بین اتمی، شبکه های ترافیکی، شبکه های کامپیوتری، وب، شبکه های اقتصادی، شبکه های توزیع انرژی و ...)

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
۲۰	۲۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۳۰
		عملکردی -	



فهرست منابع:

- 1-Networks: An Introduction, M. E. J. Newman, Oxford University Press, Oxford (2010)
- 2-Reuven Cohen and Shlomo Havlin, Complex Networks: Structure, Robustness and Function, Cambridge University Press, Cambridge (2010). Quite a short book, but it covers most of the topics of the course, at least to some extent, and some others that are not in the book by Newman.
- 3-S. N. Dorogovtsev, Lectures on Complex Networks, Oxford University Press, Oxford (2010).
- 4-R. K. Ahuja, T. L. Magnanti, and J. B. Orlin, Network Flows: Theory, Algorithms, and Applications, Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ (1993)
- 5-A. Barrat, M. Barthelemy, and A. Vespignani, Dynamical Processes on Complex Networks, Cambridge University Press, Cambridge (2008)
- 6-G. Caldarelli, Scale-Free Networks: Complex Webs in Nature and Technology, Oxford University Press, Oxford (2007)
- 7-C. D. Meyer, Matrix Analysis and Applied Linear Algebra, SIAM, Philadelphia, PA (2000)
- 8-M. E. J. Newman, A.-L. Barabasi, and D. J. Watts, The Structure and Dynamics of Networks, Princeton University Press (2006)



نام درس: مدل سازی شبکه های متابولیک (Modeling Metabolic Networks)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

آشنایی با روشهای مختلف مدلسازی شبکه های متابولیک و کاربردهای عملی آن در زیست شناسی و زیست فناوری

سرفصل:

- ۱- مروری بر زیست شناسی شبکه ای (network biology)
- ۲- مروری بر جبر خطی و آنالیز محدب
- ۳- مروری بر مفاهیم پایه در متابولیسم (متابولیت، واکنش، شار متابولیک، برگشت پذیری واکنشها...)
- ۴- بازسازی (reconstruction) شبکه های متابولیک
- ۵- اصول مدلسازی مبتنی بر قید (constraint-based modeling) در شبکه های متابولیک
- ۶- آنالیز موازنه شار (flux balance analysis)
- ۷- آنالیز همراهی شار (flux coupling analysis) و آنالیز همبستگی شارها (flux correlation analysis)
- ۸- آنالیز تغییرپذیری شار (flux variability analysis) و آنالیز حالت‌های بهینه چندگانه (alternative optima)
- ۹- بررسی اثرات جهش (آنالیزهای MOMA و ROOM)
- ۱۰- طراحی سویه (strain design)
- ۱۱- آنالیز مسیر در شبکه های متابولیک
- ۱۲- مدلسازی تنظیم شبکه های متابولیک
- ۱۳- آنالیز کنترل متابولیسم (metabolic control analysis)
- ۱۴- آنالیز شارهای متابولیک (metabolic flux analysis)
- ۱۵- اصول مهندسی متابولیک

روش ارزیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
	آزمون های نوشتاری ۳۰	۳۰	۴۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

1-Palsson, B. O. (2006) Systems Biology: Properties of Reconstructed Networks. Cambridge University Press.



نام درس: تکامل مولکولی و تبارزایی (Molecular Evolution and Phylogenetics)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس آشنایی دانشجویان با فرایندهای اصلی تکامل مولکولی، مفاهیم و روش‌های مطالعات تبارزایی و استفاده از آنها در تحلیل داده‌های مرتبط با فرایندهای تکامل مولکولی است.

سرفصل:

۱- مقدمه ای بر ارتباط میان ژنتیک جمعیت، تکامل مولکولی و بیوانفورماتیک

۲- انتخاب طبیعی

۳- اساس مولکولی تکامل

۴- تغییرات تکاملی توالی‌های DNA و پروتئین

۵- ساعت مولکولی

۶- درخت‌های فیلوژنتیک

۷- استنتاج فیلوژنتیک (Phylogenetic inference)

۸- کاربرد‌های فیلوژنتیک مولکولی

۹- تکامل مولکولی و ژنتیک جمعیت

۱۰- تکامل ژنوم

۱۱- سمینارهای هفتگی

روش ارزیابی:

پروژه	آزمون‌های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
	آزمون‌های نوشتاری ۳۰	۳۰	۴۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1-Molecular Evolution and phylogenetics by Masatoshi Nei and Sudhir Kumar, 2000.
- 2-Evolution by Carl T. Bergstrom and Lee Alan Dugatkin, 2012.
- 3-The Logic of Chance: The Nature and Origin of Biological Evolution by Eugene V. Koonin, 2011.



نام درس: مدل سازی مولکولی (Molecular Modeling)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

آشنایی دانشجویان با مباحث پایه در زمینه مدل سازی مولکولی با تاکید بر سیستم های زیستی

سرفصل:

- ۱- مقدمه تاریخی در مورد سیر تحول روش ها و مسایل مطرح در مدل سازی مولکولی
- ۲- بیان ریاضی ساختارهای مولکولی، دستگاه های مختصات برای توصیف حرکات مولکولی، مختصات و متغیرهای درونی
- ۳- مقدمه ای بر روش های کوانتومی در مدل سازی مولکولی از جمله روش هارتری-فاک روش های تابعی چگالی و روش های نیمه تجربی
- ۴- مفاهیم مرتبط با سطح انرژی پتانسیل مولکول های ساده و پیچیده، نقاط کمینه و زینی، مسیر ذاتی واکنش، بردار گرادیان، ماتریس هسین
- ۵- روش ها و الگوریتم های کمینه سازی انرژی و بهینه سازی ساختار از جمله روش های Steepest Descent، Conjugate Gradients
- ۶- روش های مکانیک مولکولی و میدان های نیرو
- ۷- میدان های نیروی تخصصی سیستم های زیستی مانند میدان های نیروی Amber و Charmm
- ۸- روش ها و الگوریتم های تحلیل و جستجوی کانفورماسیون از جمله الگوریتم Simulated Annealing و الگوریتم های تکاملی
- ۹- مبانی شبیه سازی دینامیک مولکولی
- ۱۰- مفاهیم و روش های تحلیل ساختار مولکولی، سنجش شباهت های ساختاری، برهمنهی ساختارها، محاسبه مختصات دسته جمعی از جمله شعاع ژیراسیون، RMSD، تعداد تماس های اتمی، سطح در دسترس و ...
- ۱۱- روش های توصیف حلال و اثر آن در مدل سازی مولکولی شامل مدل های ضمنی و صریح حلال مانند مدل تعمیم یافته ی بورن و مدل های چند مرکزی
- ۱۲- روش های تحلیل و پیشگویی نحوه اتصال پروتئین و لیگاند از جمله روش های داکینگ مولکولی



روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
	آزمون های نوشتاری ۳۰	۳۰	۴۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1-Molecular Modeling Principles and Applications, Andrew R. Leach, Pearson Education, 2001.
- 2-Molecular Modeling of Proteins, Andreas Kukol, Springer (Humana Press), 2008.
- 3-New Algorithms for Macromolecular Simulation, T. J. Barth, M. Griebel, D. E. Keyes, R. M. Nieminen, D. Roose, T. Schlick, Springer, 2006.



نام درس: مدل‌های تصادفی گسسته (Stochastic Processes)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

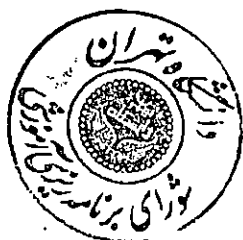
هدف از این درس اختیاری آشنایی با فرآیندهای تصادفی با اندیس زمان گسسته و فضای وضعیت گسسته است. مدل‌های مارکف و مارکف پنهان امروزه بسیار مورد استفاده محققین قرار می‌گیرند. در این درس تلاش می‌شود این مفاهیم مورد بحث و بررسی قرار گیرد.

سرفصل:

- ۱- مقدمه: دوره‌ای کوتاه از مفاهیم و خواص متغیرهای تصادفی و توابع توزیع - تعریف فرآیند تصادفی.
- ۲- زنجیرهای مارکف: تابع انتقال - محاسبات توسط تابع انتقال - زمانهای اصابت - ماتریس‌های انتقال - وضعیتهای گذرا و بازگشتی - احتمال‌های جذب - مارکینگ‌ها - زنجیرهای زاد و مرگ - زنجیرهای شاخه‌ای.
- ۳- توزیع‌های ایستا برای یک زنجیر مارکف: خواص ابتدائی یک توزیع ایستا - مثال‌هایی از توزیع‌های ایستا - متوسط تعداد ملاقات از یک وضعیت بازگشتی - وضعیتهای بازگشتی مثبت و پوچ - زنجیرهای تحویل ناپذیر - زنجیر صف‌بندی.
- ۴- فرآیندهای جهشی مارکف: فرآیندهای زاد و مرگ - فرآیندهای پواسن - خواص فرآیندهای جهش محض مارکف - فرآیندهای مرتبه دوم - فرآیندهای گوسی - فرآیندهای ویزی.

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون‌های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)
۲۰	۲۰	آزمون‌های نوشتاری ۳۰	۳۰
		عملکردی	



فهرست منابع:

- 1- Stochastic Processes: Theory for Applications, Robert G. Gallager, 2014, Cambridge University Press.
- 2- Pierr Bremond, (1999) Markov Chains, Monte Carlo Simulations and Queues.
- 3- Karlin, S. and Taylor, M.H. (1975) A first course in Stochastic Process



نام درس: مقدمه ای بر سیستمهای دینامیکی (Introduction to Dynamical Systems)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس آشنا نمودن دانشجویان با اصول سیستمهای دینامیکی می باشد.

سرفصل:

دینامیک خم های همزمان-لا گرانژی ها و معادلات اویلر-میدان برداری-مفهوم انشعاب چند مثال استاندارد از فیزیک و بیو ریاضی- دستگاه لورنتس-دستگاه لوجستیک-تغییرنا پذیرها (نقاط ایستا)-منیفولدهای پایا- حلقه های حدی-مجموعه های آلفا و بتا-حدی و چند قضیه اساسی مانند قضیه منیفولدهای پایا-قضیه بتدیکن-پوانکاره ها رتمن-گرومنو قضیه های لیپانف-نظریه انشعاب و هم بعدی های ۱ و ۲-قضیه فرم های نرمال-پایداری ساختاریو هایپرپولیسیتی-نمودارهای انشعاب و انشعاب بدون پارامتر-روشهای لیپانفو رمیانستف و اصل لازال- چند مسئله تحلیلی در زمینه روشهای عددی مطالعه دستگاههای دینامیکی

روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۳۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۲۰	۲۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1- Applications of Dynamical Systems in Biology and Medicine, Trachette Jackson and Ami Radunskaya, 2015, Springer, USA
- 2- Differential Equations, Dynamical Systems, and an Introduction to Chaos, Third Edition, 2012, Morris W. Hirsch and Stephen Smale, Academic Press, USA
- 3- y.a. kuzenetsav, elements of applied bifurcation theory, springer, 1998.
- 4- h, khalili, nonlinear systems and control-hall, 1996
- 5- v.i. arnold, ordinary differential equations, the mit press, 1998



نام درس: محاسبات مولکولی (DNA Computing)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس اختیاری یادگیری الگوریتم‌هایی است که بر اساس مدل محاسبات مولکولی طراحی شده‌اند.

سرفصل:

- ۱- محاسبات مولکولی.
- ۲- مقدمه بر محاسبات مولکولی.
- ۳- مبانی زیست مولکولی.
- ۴- عملیات مجاز مولکولی.
- ۵- آزمایش آدلمن.
- ۶- الگوریتم‌های مولکولی برای حل مسئله‌های NP.
- ۷- الگوریتم‌های مولکولی مدارهای هامیلتونی و فروشنده دوره گرد.
- ۸- الگوریتم‌های مولکولی برای مسئله P کوتاه‌ترین مسیر.
- ۹- پتانسیل محاسباتی مدل‌های مولکولی.
- ۱۰- مدل‌سازی حافظه.
- ۱۱- الگوریتم‌های مولکولی برای عملگرهای منطقی و محاسباتی.
- ۱۲- مدل‌سازی اتوماتها.
- ۱۳- مدل‌سازی ماشین تورینگ.
- ۱۴- اجزاء الگوریتم‌های Dynamic Programming بر روی DNA رایانه‌ها.

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون‌های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)
۲۰	۲۰	آزمون‌های نوشتاری ۳۰	۳۰
		عملکردی	



فهرست منابع:

- 1- Paun, G., Rosenberg, G. and Saloma, A., DNA computing, Springer Verlag, 1998
- 2- DNA Computing and Molecular Programming, Satoshi Murata and Satoshi Kobayashi, 2014, Springer, USA
- 3- Theoretical and Experimental DNA Computation, Martyn Amos, 2010, Springer, USA



نام درس: الگوریتم های تکاملی (Evolutionary Algorithms)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد ■ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس اختیاری طراحی الگوریتم‌هایی بر اساس روش تکاملی است که برای مسائلی بکار می‌رود که در زمان چندجمله‌ای حل نمی‌شوند.

سرفصل:

۱- بررسی الگوریتم‌های بهینه‌سازی ترکیبی.

۲- مقدمه‌ای بر الگوریتم‌های ژنتیک.

۳- الگوریتم‌های ژنتیک در تکامل طبیعی.

۴- شبیه‌سازی Tabu search Annealing.

۵- شبکه‌های عصبی مصنوعی.

۶- تکامل شبکه‌های عصبی، پیاده‌سازی الگوریتم‌های ژنتیک.

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)
۲۰	۲۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۳۰
		عملکردی	

فهرست منابع:

- 1- Evolutionary Optimization Algorithms, Dan Simon, 2013, Wiley, USA
- 2- A Field Guide to Genetic Programming, Riccardo Poli and William B. Langdon, 2008, Wiley, USA
- 3- Multimodal Optimization by Means of Evolutionary Algorithms, Mike Preuß, 2016, Springer, USA
- 4- Goldberg, "Genetic Algorithms", in Search, Optimization and Machine Learning. Addison Wesley 1989.
- 5- Mitchell, "An introduction to genetic algorithms", MIT Press 1998.



نام درس: آمار بیزی (Bayesian Statistics)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس اختیاری آشنایی با فلسفه بیزی در مقابل روش‌های بسامدگرا است. تلاش می‌شود روش‌های محاسباتی مانند MCMC ارائه شود تا دانشجو بتواند از دیدگاه بیزی که امروزه مورد استفاده محققین قرار می‌گیرد، بهره‌برداری کند.

سرفصل:

- ۱- مقدمات.
- ۲- احتمال و قضیه بیز: مثال‌ها - متغیرهای تصادفی - میانگین‌ها و واریانس‌ها.
- ۳- استنباط بیزی برای توزیع نرمال: چگالی پیشین نرمال و تابع درستنمایی - HDR یا ناحیه‌های با بزرگترین چگالی - واریانس توزیع نرمال - چگالی‌های مزدوج - توزیع نرمال با میانگین و واریانس ناشناخته - توزیع پیشین مزدوج برای توزیع نرمال.
- ۴- توزیع‌های دیگر آماری: دوجمله‌ای - توزیع پیشین مرجع برای تابع درستنمایی دو جمله‌ای - قانون جفری - توزیع یکنواخت.
- ۵- آزمون فرض‌ها: آزمون‌های یک طرفه - روش لیندلی - فرض‌های صفر نقطه‌ای با اطلاعات پیشین - فرض‌های صفر نقطه‌ای برای توزیع نرمال.

روش ارزیابی:

پروژه	آزمون‌های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
	آزمون‌های نوشتاری ۶۰	۲۰	۲۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1- Kendall's Advance theory of Statistics. (1994) Bayesian Inference, Vol.2B.
- 2- Bayesian Data Analysis, Andrew Gelman and John B. Carlin, 2013, Third Edition, Chapman & Hall/CRC, USA
- 3- Introduction to Bayesian Statistics, William M. Bolstad, 2007, 2nd Edition Aug 15, Wiley-Interscience, USA
- 4- Doing Bayesian Data Analysis, John Kruschke, 2014, 2nd Edition, Academic Press, USA



نام درس: بازشناخت الگو (Pattern Recognition)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف این درس آشنایی با شناخت الگو در سیستمها می باشد.

سرفصل:

- معرفی شناخت الگو، مسائل طبقه بندی (Classification) و خوشه یابی (Clustering) برخوردهای آماری و فازی با مسائل طبقه بندی و خوشه یابی، شبکه عصبی به عنوان ابزاری برای شناخت الگوی غیرخطی
- شناخت الگوی آماری
 ۱. نظریه تصمیم بیزی (Bayes)، طبقه بندی کننده بهینه بیزی با حداقل احتمال خطا/حداقل ریسک
 ۲. طبقه بندی کننده بهینه در حالت گوسی، ارزیابی کیفیت طبقه بندی کننده و ماتریس Confusion
 ۳. تخمین تابع چگالی احتمال به روشهای پارامتری و ناپارامتری
 ۴. طبقه بندی کننده های خطی و روش کوچکترین مربعات خطا
 ۵. مقدمه ای بر طبقه بندی به کمک Support Vector Machines و روش های مبتنی بر هسته
- شناخت الگوی به کمک شبکه های عصبی مصنوعی
 - طبقه بندی کننده های غیرخطی و روش k - نزدیکترین همسایه (k -NN)
 - شبکه های عصبی مصنوعی MLP و RBF به عنوان ابزار طبقه بندی و خوشه یابی
 - مسائل NN: یادگیری، تعداد (نرون در) لایه میانی، همگرایی، نرمالیزه کردن، تقسیم Data به Training و Test، انتخاب وزن های اولیه، Drift، وزن ها، زمان قطع آموزش، تابع تحریک خوشه یابی
 - مقدمه ای بر خوشه یابی، انواع خوشه و معیارهای تفکیک روشهای Sequential، Hierarchical و C-means در خوشه یابی
 - خوشه یابی فازی: روش های Fuzzy C-means، Gustafson-Kessel و Gath-Geva
 - انتخاب تعداد خوشه ها (Cluster Validity)
 - مقدمه ای بر استخراج ویژگی (Feature Selection) و انتخاب ویژگی (Feature Extraction)
 - PCA به کمک SVD بر اساس ماتریس کوواریانس و یا ماتریس Separability



روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
	آزمون های نوشتاری ۶۰	۲۰	۲۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1-Pattern Recognition, Sergios Theodoridis (Author), Konstantinos Koutroumbas, 2008, 4th Edition, Academic Press, USA
- 2-Introduction to Pattern Recognition, Sergios Theodoridis, Aggelos Pikrakis, Konstantinos Koutroumbas, Dionisis Cavouras, 2010, Academic Press, USA
- 3-Statistical Pattern Recognition, Andrew R. Webb, Keith D. Copsy, 2011, 3rd Edition, Wiley, USA



نام درس: نظریه الگوریتم (Design and Analysis of Algorithms)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس اختیاری یادگیری روش‌های مختلف برای طراحی الگوریتم‌هایی برای حل مسائل در زمان چندجمله‌ای و غیرچندجمله‌ای است.

سرفصل:

- ۱- طراحی الگوریتم.
- ۲- روش‌های محاسبه پیچیده الگوریتمی.
- ۳- تکنیک‌های مختلف حل مسائل
 - a. Divide and Conquer
 - b. Dynamic Programming
 - c. Greedy
 - d. Backtrack
 - e. Branch and Bound
 - f. و شناخت آن‌ها به کمک الگوریتم‌های مختلف.
- ۴- مسائل P, NP, NP-hard, و NP-complete.
- ۵- شناخت چند مسئله وابسته به NP از قبیل دوره‌های هامیلتونی و SAT.
- ۶- روش‌های حل مسئله به وسیله الگوریتم‌های تقریبی و مکاشفه‌ای و حل چند مسئله وابسته.
- ۷- روش‌های حل مسئله به وسیله الگوریتم‌های موازی و حل چند مسئله وابسته.

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون‌های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)
۲۰	۲۰	آزمون‌های نوشتاری ۳۰	۳۰
		عملکردی	



فهرست منابع:

- 1- Corman. Liserson and Reivest, Introduction to algorithms, Academic Press.Brassard, G. and Bratley, G., Algorithms: Theory and Practice, Prentice Hall, 1988.
- 2- Introduction to the Design and Analysis of Algorithms, Anany Levitin, 2011, 3rd Edition), Pearson publisher, USA
- 3- Algorithms, Robert Sedgewick and Kevin Wayne, 2011, 4th Edition, Addison-Wesley Professional, USA



نام درس: آنالیز چند متغیره پیوسته (Multivariate Analysis)

تعداد واحد: ۲

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیش نیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد ■ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

سرفصل:

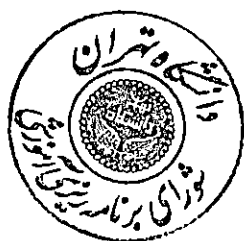
توزیع های چند متغیری و توزیع های کناری، خانواده های معروف چند متغیره (نمائی- کروی، بیضوی) توزیع نرمال چند متغیره و ویژگیهای آن، توزیع های یک یا چند متغیره حاصل از توزیع نرمال چند متغیره (ویشارت، توزیع های حاصل از توزیع ویشارت، توزیع ویژه مقادیر ماتریس هائی که توابعی از توزیع ویشارت هستند، اصول آزمون فرض چند متغیره، اصول برآورد پارامترهای چند متغیره، انواع فواصل و بازه های اطمینان، طرح های با اندازه گیری تکراری رگرسیون چند متغیره، آزمون فرض نرمال چند متغیره و سایر توزیع ها.

روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۳۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۲۰	۲۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1-Anderson, T.W. (1984), An Introduction to Multivariate Analysis, John Wiley, New York
- 2-Bilodeau, M. and Brener, D. (1999), Theory of Multivariate Statistics, Springer.
- 3-Mardia, K., Kent, J.T. and Bibby, J. (1979), Multivariate Analysis, Academic Press



نام درس: سینتیک آنزیمی (Enzyme Kinetics)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعدد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشیناز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

- آشنا کردن دانشجویان با سینتیک واکنش های آنزیمی ساده و پیچیده
- کاربرد تئوری های سینتیک آنزیمی در مطالعه پیوند یون یا مولکول کوچک به آنزیم و بررسی تأثیر این پیوند در فعالیت کاتالیزور حیاتی آنزیم
- طراحی مهارکننده ها و فعال کننده های آنزیمی

سرفصل:

- فصل اول: سینیک ساده واکنشهای آنزیمی
- الف) سینتیک آنزیمهای با یک جایگاه فعال
- ب) روش تعادل سریع و حالت یکنواخت
- ج) سرعت اولیه و معادله میکائلیس - منتن
- د) سنجشهای آنزیمی
- ه) تعیین ثابتهای سینتیکی آنزیم: روشهای لاینویور-برک، هانز-ولف، ادی-هافستی و ...
- و) محدودیتهای معادله میکائلیس - منتن
- ز) روش دیکسون در تعیین ثابتهای سینتیکی آنزیم
- ح) ثابتهای میکائلیس سوبسترا و محصول و سرعت کلی (غیراولیه) واکنش آنزیمی
- ط) آنزیمهای دو شکلی و عمل دو آنزیم بر روی یک سوبسترا
- فصل دوم: سینیک مهارشدن آنزیمی
- الف) مهارکننده های برگشت پذیر و برگشت ناپذیر
- ب) مهارکننده های جزئی و کامل
- ج) مهارکننده های رقابتی، غیررقابتی، ضدرقابتی و مختلط
- د) تئوری عمومی مهارکنندگی
- ه) درجه مهارکنندگی
- فصل سوم: سینیک واکنشهای آنزیمی چند جایگاهی
- الف) آنزیمهای چند جایگاهی غیرمتعاون
- ب) آنزیمهای چند جایگاهی متعاون و آلوستریک: معادله هیل
- ج) آنزیمهای دو سوبسترای تصادفی و ترتیبی



- د) آنزیمهای دو سوبسترای با مکانیسم پینگ پنگ
 فصل چهارم: سینتیک فعال شدن آنزیمی
 الف) فعال کننده های غیرضروری آنزیم
 ب) فعال کننده های ضروری آنزیم
 ج) فعال کننده های سوبسترای
 د) رقابت مهارکننده و فعال کننده با یکدیگر
 ه) ضد مهارکننده و ضدفعال کننده آنزیم
 فصل پنجم: اثرات عوامل محیطی بر سینتیک آنزیمی
 الف) اثر دما بر فعالیت آنزیم
 ب) انرژی فعال کنندگی و معادله آرنیوس
 ج) اثر pH بر فعالیت آنزیم
 د) سینتیک غیرفعال شدن آنزیم تحت تأثیر تغییر pH
 ه) نمودارهای لگاریتمی دیکسون - وب
 و) تأثیر pH بر گروههای یونیزه شونده مؤثر در فعالیت آنزیم
 ز) تأثیر نوع بافر و قدرت یونی در فعالیت آنزیم
 ح) تأثیر یونهای فلزی بر فعالیت و ساختار آنزیم

روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۳۰	آزمون های نوشتاری ۳۰	۲۰	۲۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

1. Enzyme Kinetics, I. H. Segel, John Wiley & Sons, New York, 1993
2. Biochemical Calculations, I. H. Segel, John Wiley & Sons, New York, 1976
3. Enzyme Kinetics: Principles and Methods, H. Bisswanger (Translated by L. Bubenheim), Wiley, Weinheim: Germany, 2002
4. Enzyme Kinetics, V. Leskovic, Plenum Pub., New York, 2003
5. Enzymes & Their Inhibitory: Drug Development, H. J. Smith and C. Simons, CRC Press, Boca Raton, 2005



نام درس: ژنومیک و تنظیم ژنی (Genomics and Gene Regulation)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

هدف از این درس اختیاری آشنایی دانشجویان با مباحث پایه در زمینه ژنوم موجودات زنده و نقش بخش‌های مختلف ژنومها در بیان ژن‌ها است.

سرفصل:

- ۱- ژنومیک ساختاری: اندازه ژنوم در جانداران، مکانیسم‌های تغییر اندازه ژنومها، سازمان‌یابی ژنومها، نوآرایی ژنومها.
- ۲- اپی‌ژنومیک: اصول و مفاهیم اپی‌ژنتیک در بیان ژن‌ها.
- ۳- ژنومیک عملکردی: عناصر سیس و ترانس در تنظیم بیان ژن، گوناگونی‌های زیست‌شناختی در بیان ژنوم، اختلالات ژنومی
- ۴- سمینار دانشجویان (دو هفته) در مباحث منتخب: ژنومیک فردی و ژنتیک پزشکی، فارماکوژنومیک، تکامل ژنومها و ...
- ۵- آزمایشگاه: تکنیک‌های پایه در استخراج DNA و RNA، واکنش زنجیره‌ای پلیمرز، چندشکلی‌های طولی قطعات.

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون‌های نهایی	پروژه
۲۰	۲۰	آزمون‌های نوشتاری ۳۰	۳۰
		عملکردی	

فهرست منابع:

- 1-Human molecular genetics (2003), Read & Astrachan, Bios.
- 2-The evolution of the genome (2005), T. Ryan Gregory (editor), Elsevier.
- 3-Genoms (2007), Brown.
- 4-Gene Expression Aug, G. S. Miglani, 2013, Alpha Science, USA
- 5-Gene Expression and its Regulation: Laying the Foundation for Molecular Biology, Werner Maas, 2013, XLIBRIS, USA



نام درس: بازشناخت زیست مولکولی (Biomolecular Recognition)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد □ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

آشنایی دانشجو با قواعد حاکم بر برهمکنش و اتصال هدفمند ماکرومولکول‌های زیستی و سایر مولکول‌های مرتبط با آنها

سرفصل:

- ۱- اهمیت بازشناخت مولکولی در فرایندهای زیستی.
- ۲- مبانی فیزیکی برهمکنش مولکول‌ها و خواص مولکولی مرتبط با آن.
- ۳- انواع نیروهای مولکولی شامل واندروالس، الکترواستاتیک، هیدروژنی، هالوژنی، هیدروفوب و غیره.
- ۴- اثر حلال در بازشناخت مولکولی و روش‌های محاسبه آن.
- ۵- بازشناخت مولکولی در برهمکنش پروتئین- پروتئین، پروتئین- نوکلئیک اسید و نوکلئیک اسید- نوکلئیک اسید.
- ۶- بازشناخت مولکولی در سیستم‌های پذیرنده- لیگاند.
- ۷- طراحی پپتید و طراحی دارو بر اساس اصول بازشناخت مولکولی.
- ۸- نقش بازشناخت مولکولی در سیستم ایمنی و برهمکنش‌های آنتی ژن- آنتی بادی.
- ۹- مکانیسم‌های بازشناخت مولکولی ایستا و دینامیک.
- ۱۰- نقش بازشناخت مولکولی در شبکه‌های زیستی.
- ۱۱- پایگاه داده‌های مرتبط با بازشناخت زیست مولکولی.

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون‌های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)
۴۰	۳۰	آزمون‌های نوشتاری ۳۰	
		عملکردی	



فهرست منابع:

1. Principles of Molecular Recognition, A.D. Buckingham, A.C. Legon, S.M. Roberts, Springer, 2012.
2. Molecular recognition mechanisms, Michel Delaage, VCH Publishers, 1991.
3. Protein-Ligand Interactions: From Molecular Recognition to Drug Design, Hans-Joachim Böhm, Gisbert Schneider, Wiley, 2003.
4. Cellular and Biomolecular Recognition, Raz Jelinek, John Wiley & Sons, 2009.
5. Pharmacological Aspects of Molecular Recognition, F. S. Dukhovich, Nova Publishers, 2005.



نام درس: مباحث ویژه در بیوانفورماتیک (Special Topics in Bioinformatics)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار □

هدف:

این درس به منظور ارائه مطالب جدید و بروز در زمینه بیوانفورماتیک می باشد که هنوز به صورت یک درس استاندارد مطرح نشده اند. در این درس سعی خواهد شد که مطالب جدید در این زمینه در قالب ارائه سمینارهایی بر اساس مقالات چاپ شده به دانشجویان معرفی گردد. همچنین با ارائه سمینار توسط دانشجویان و پروژه های مقدماتی در این زمینه سعی خواهد شد که دانشجویان را با ماهیت اینگونه تحقیقات آشنا کرد

روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۴۰	آزمون های نوشتاری		۳۰
	عملکردی ۳۰		



نام درس: داده کاوی پیشرفته (Advanced Data Mining)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار ■

هدف:

برای تحلیل داده هایی مانند متون، گراف ها (شبکه های زیستی، شبکه های اجتماعی، وب و ...)، داده های مکانی (spatial)، زمانی (temporal)، و سری های زمانی روش های به مراتب پیچیده تری در مقایسه با روش های معمول داده کاوی مورد نیاز است. در این درس روش های کاوش در داده های پیچیده مطرح و بحث می-گردند. همچنین، در این درس مروری کامل بر روش های خوشه بندی صورت خواهد گرفت. علاوه بر این، مفروض مباحث مطرح شده کار روی داده های بزرگ است.

سرفصل:

۱-مقدمه

۲-مروری بر تئوری های احتمالات، تصمیم گیری و اطلاعات

۳-یادگیری بی نظارت (خوشه بندی)

۴-خوشه بندی مبتنی بر مرکز ثقل (K-means, K-medoids, ...)

۵-خوشه بندی مبتنی بر توزیع (EM)

۶-خوشه بندی مبتنی بر اتصال (سلسله مراتبی)

۷-خوشه بندی مبتنی بر چگالی

۸-خوشه بندی مبتنی بر گراف (Chameleon, ...)

۹-خوشه بندی مبتنی بر ابعاد بزرگ (Subspace clustering, ...)

۱۰-روش های ارزیابی کیفیت خوشه بندی

۱۱-کاهش ابعاد (Dimensionality Reduction) و مروری بر تکنیک هایی نظیر:

Filter-type methods, F-test, mutual information

Max-relevance min-redundancy algorithm, feature stability algorithms

Wrapper methods, search methods, floating search methods

۱۲-کاوش دنباله ها و سری های زمانی (مدل هایی برای داده های سری زمانی و دنباله ها)

۱۳-روش های کاوش در شبکه های زیستی

۱۴-روش های کاوش در گراف ها درخت ها

۱۵-کاربردهایی در وب (مانند تبلیغات در وب، بازاریابی ویروسی، سیستم های توصیه گر و ...)



روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۳۰	نوشتاری-۳۰٪	۲۰	۲۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

- 1-Anand Rajaraman, Jure Leskovek, Jeffery D. Ullman, Mining of massive Datasets, Cambridge University Press, 2012.
- 2-Jiawei Han, Micheline Kamber, Jian Pei, Data Mining: Concepts and Techniques, Third Edition, The Morgan Kaufmann Series in Data Management Systems, 2011.
- 3-Lei Tang, Huan Liu, Community Detection and Mining in Social Media, Morgan and Claypool Publishers, 2012.
- 4-Mehryar Mohri, Afshin Rostamizadeh, and Ameet Talwaker. Foundations of Machine Learning. MIT Press, 2012.
- 5-Kevin Murphy, Machine Learning: a Probabilistic Perspective, 2012.
- 6-Christopher M. Bishop, Pattern Recognition and Machine Learning, Springer



نام درس: سازوکارهای ملکولی سرطان (Cell and Molecular Mechanism of Cancer)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار ■

هدف:

آشنایی با مکانیسم‌های سلولی و ملکولی سرطان و واقف شدن کامل از سرطان و مکانیسم‌های سلولی و ملکولی آن

سرفصل:

۱. مقدمه: شامل مراحل ترانسفورم و سرطانی شدن سلولها با ذکر خصوصیات ملکولی سرطان بافت کلورکتال
۲. مکانیسم ملکولی عبور سلولها از حالت اپی تلیوئید به حالت مزانشیمی
۳. اتصالات بین سلولی و رابطه آنها با سرطان
۴. برهم خوردن تنظیم فاز $G1 \rightarrow S$ چرخه سلولی در سرطان (۱) Deregulation of G1 S Transition in cancer
۵. برهم خوردن $G2 \rightarrow M$ چرخه سلولی سرطان (۲) Deregulation of phases, G2 \rightarrow M Transiti in cancer
۶. پیری سلول سرطان (Cou Senescence , cancer)
۷. مرگ برنامه ریزی شده سلول و سرطان (Apoptosis, Cancer)
۸. انکوژن‌ها و مکانیسم‌های فعال شدن آنها در سرطانهای انسانی
۹. تومور سوپر سورژن‌ها و مکانیسم‌های غیرفعال شدن آنها در سرطانهای انسانی
۱۰. معرفی مهمترین روش‌های انتقالی پیام و مکانیسم‌های بهم خوردن تنظیم آنها در سرطانهای انسانی
۱۱. ناپایداری ژنتیکی در سرطان
۱۲. مکانیسم‌های سلولی و ملکولی مرگ‌زایی در تومورها (Angiogenesis)
۱۳. مکانیسم‌های سلولی و ملکولی متاستاز (Metastasis)
۱۴. روشهای جدید در درمان سرطانهای انسانی
۱۵. سمینار دانشجویی



روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۲۰٪	نوشتاری - ۷۰٪	-	۱۰
	عملکردی		

فهرست منابع:

1-Volgelstein B and kinzler, KW The Genetic Basis of Human cancer. Mc Graw Hill, 2nd edition.

2-Research and Review articles. (Nature Review cancer)



نام درس: داده کاوی در سیستم سلامت (Data Mining in Medical Systems)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار ■

هدف:

هدف از این درس اصلی آشنایی دانشجو با مباحث جدید مطرح در زمینه داده کاوی در سیستم های پزشکی و سلامتی میباشد

سرفصل:

- ۱- معرفی Association rule و classification rule
- ۲- ساخت درخت تصمیم با استفاده از الگوریتم OneR
- ۳- آنروپی
- ۴- رگرسیون
- ۵- تابع لجستیک
- ۶- روش Naive Bayes
- ۷- محاسبات likelihood
- ۸- معیارهای Recall و Precision در classification
- ۹- الگوریتم Apriori برای پیدا کردن Frequent Item set
- ۱۰- الگوریتم A_close
- ۱۱- الگوریتم GSP
- ۱۲- روش K_means، BDSCAN و hierarchical برای clustering
- ۱۳- الگوریتم CLIQUE
- ۱۴- محاسبه میزان closeness و interconnectivity بین خوشه ها

روش ارزیابی:

پروژه (بصورت درصد مشخص گردد)	آزمون های نهایی (بصورت درصد مشخص گردد)	میان ترم (بصورت درصد مشخص گردد)	ارزشیابی مستمر (بصورت درصد مشخص گردد)
۱۰	آزمون های نوشتاری ۳۰ عملکردی	۳۰	۳۰



فهرست منابع:

- 1-Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques Third Edition. Ian H. Witten, Eibe Frank Mark A. Hall .2011. Elsevier. USA
- 2-Data Mining and Medical Knowledge Management: Cases and Applications. Petr Berka, Jan Rauch, Djamel Abdelkader Zighed . 2009. IGI Global. USA



نام درس: مدل سازی سیستم های زیستی (Modeling of Biological Systems)

تعداد واحد: ۲ واحد

تعداد ساعت: ۳۲

نوع واحد: ۲ واحد نظری

نوع درس: اختیاری

پیشنیاز: ندارد

آموزش تکمیلی عملی: دارد ■ ندارد □ سفر علمی □ کارگاه □ آزمایشگاه □ سمینار ■

هدف:

در این درس ابتدا انواع روشها و ابزارهای ریاضی متداول در مدلسازی سیستمهای فیزیولوژیکی مطرح شده و به روشهای نوین مدلسازی سیستمهای پیچیده زیستی نیز اشاره می گردد.

سرفصل:

۱-مقدمه: نیاز، مفهوم، اهمیت و کاربرد، و انواع رویکردهای مدلسازی.

۲- روند مدلسازی در سیستمهای زنده

۳-مدلسازی سیستمها و دادههای زیستی، روشها و کاربردها

۴-روشهای شناسایی سیستم: مدل‌های پارامتری و غیر پارامتری

۵-اعتبارسنجی مدل

۶- مثالهایی از مدلسازی سیستمهای زنده: سلول، سیستم عصبی، گردش خون، تنفس و ماهیچه

۷-روشها و مفاهیم نوین در مدلسازی سیستمهای زنده: روشهای مبتنی بر هوش محاسباتی، ماشینهای

خودکار سلولی، سیستمهای خیره و ساختارهای مدولار

روش ارزیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
۲۰	-	آزمون های نوشتاری ۵۰	۳۰
		عملکردی	

فهرست منابع:

- 1-C. Cobelli, E. Carson, Introduction to Modeling in Physiology and Medicine, Academic Press (Elsevier), 2008.
- 2- J. Keener, J. Sneyd, Mathematical Physiology, Springer, 2009.
- 3- J. Haefner, Modeling of Biological System: Principles and Application, Springer, 2005.
- 4- U. Alon, An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits, Chapman & Hall/CRC, 2006.
- 5- MCK Khoo, Physiological Control Systems: Analysis, Simulation and Estimation, Willey-Black Well, 1999.

