



جمهوری اسلامی ایران

وزارت علوم، تحقیقات و فناوری

برنامه درسی

دوره: دکتری

رشته: بیوانفورماتیک

گروه: میان رشته ای

کمیته: زیست فناوری



مصوبه جلسه شماره ۸۶۰ مورخ ۹۴/۲/۱۹ شورای عالی برنامه ریزی آموزشی

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

برنامه درسی دوره دکتری رشته بیوانفورماتیک

گروه: میان رشته ای

رشته: بیوانفورماتیک

گرایش: -

دوره: دکتری

شورای عالی برنامه‌ریزی آموزشی، در هشتصد و شصتیمین جلسه مورخ ۹۴/۲/۱۹، با برنامه درسی دوره دکتری رشته بیوانفورماتیک موافقت کرد.

این برنامه به مدت ۵ سال در کلیه دانشگاه‌ها و مؤسسات آموزشی عالی قابل اجرا می‌باشد.


مجتبی شریعی نیاسر

نایب رئیس شورای عالی برنامه‌ریزی آموزشی

عبدالرحیم نوه‌ابراهیم

دبیر شورای عالی برنامه‌ریزی آموزشی





بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



فهرست

.....	مشخصات کلی دوره دکتری بیوانفورماتیک	۴
.....	مقدمه	۴
.....	تعریف و هدف	۴
.....	حوزه بیوانفورماتیک را میتوان به دو دسته تقسیم بندی نمود:	۴
.....	مشخصات دوره دکتری بیوانفورماتیک	۷
.....	طول دوره، شکل و نظام	۷
.....	واحدهای درسی	۷
.....	شرایط و ضوابط ورود به دوره	۷
.....	جدول دروس دوره دکتری بیوانفورماتیک	۸
.....	مقایسه برنامه پیشنهادی	۱۱
.....	سرفصل دروس	۱۴



بسمه تعالی

مشخصات کلی دوره دکتری بیوانفورماتیک

مقدمه

برای درک مکانیسم های پیچیده در سلول، بیوانفورماتیک با ترکیب رشته های گسترده ای از زیست شناسی نقش مهمی را بازی می کند. به تعبیری دیگر میتوان گفت که بیوانفورماتیک در تحقیقات زیستی نقش چراغ یا نقشه راهی را دارد که کمک میکند این تحقیقات با سرعت و اطمینان بیشتر به پیش رود. بیوانفورماتیک در زمره علوم کلیدی قرن ۲۱ قرار دارد و گسترش، پیشبرد و ارتقای علمی این دانش از اهمیت خاصی برخوردار است.

بیوانفورماتیک دانش استفاده از علوم کامپیوتر و آمار و احتمالات در شاخه علوم زیستی است. در چند دهه اخیر، با توجه به رشد تمامی بانک های اطلاعاتی بیولوژیکی، لزوم ذخیره سازی، سامان دادن و فهرست دار کردن دقیق اطلاعات ضروری به نظر می رسد. با پیشرفت چشم گیر فناوری اطلاعات و کاربردهای آن، ادغام دو علم زیست شناسی و فناوری اطلاعات راه گشای این امر شد. به این ترتیب رشته بیوانفورماتیک با هدف استفاده از رایانه ها، نرم افزارها و بانک های اطلاعاتی جهت ذخیره سازی و بازبانی اطلاعات در مطالعات بیولوژیکی شکل گرفت. با پیشرفت بیوانفورماتیک حضور سایر رشته ها نیز ضروری شد. برای تحلیل داده ها و نتیجه گیری از آن ها حضور علم آمار لازم شد. حجم بالای اطلاعات و پردازش آن ها نیز وجود رایانه های پیشرفته تری را می طلبد. بنابراین، بیوانفورماتیک به عنوان تخصص میان رشته ای با ادغام زیست شناسی، ریاضیات به ویژه آمار، علوم کامپیوتر و فناوری اطلاعات به وجود آمد. بیوانفورماتیک در برگرفته علمی همچون زیست شناسی محاسباتی، ریاضی کاربردی، بیوانفورماتیک، آمار، علوم کامپیوتر، هوش مصنوعی، شیمی و بیوشیمی است تا مسائل زیست شناختی را که معمولا در سطح مولکولی هستند حل کند. تلاش های پژوهشی اصلی در این رشته عبارتند از: تحلیل توالی های ژنوم، آنالیز ساختار دو بعدی و سه بعدی پروتئینی، آنالیز فعالیت در سطح ژنوم، ایجاد و مدیریت پایگاه داده، مدل سازی ریاضی و فرآیند های حیاتی، بررسی میزان ترجمه ژن ها با استفاده از تکنولوژی میکروآرایه، طراحی پروتئین، دارو و تعیین رابطه بین ساختار و فعالیت مولکول های دارویی.



تعریف و هدف

حوزه بیوانفورماتیک را میتوان به دو دسته تقسیم بندی نمود:

- (۱) کاربرد ابزارهای بیوانفورماتیکی برای حل مسائل زیستی و یا تحلیل پدیده های زیستی (مربوط به کلیه محققین علوم زیستی)
- (۲) تولید ابزارهای بیوانفورماتیکی، پایگاه داده زیستی و الگوریتم جدید برای استفاده دیگر کاربران علوم زیستی (مربوط

به متخصصین بیوانفورماتیک)

هدف از تاسیس دوره دکتری بیوانفورماتیک تربیت متخصصینی است که قادر باشند با تسطّ روی ابزارهایی که علوم ریاضیات، کامپیوتر و آمار در اختیار آنها قرار می دهد و با آشنایی کاملی که بر مسائل زیستی کسب نموده اند ابزارهای نوین برای تحلیل داده ها و حل مسائل زیستی برای دیگر محقّقین این حیطه تولید نمایند.

اهداف اصلی از تعریف رشته بیوانفورماتیک:

۱. انجام تحقیقات بنیادی در جهت گسترش، پیشبرد و ارتقای علمی دانش بیوانفورماتیک که در زمره علوم کلیدی قرن ۲۱ قرار دارد.
۲. ایجاد بستر مناسب جهت انجام تحقیقات بنیادی و کاربردی
۳. تربیت و توسعه کیفی نیروهای متخصص
۴. بهبود بخشیدن به امور آموزشی و پژوهشی در زمینه های بیوانفورماتیک و بیولوژی محاسباتی در جهت رفع وابستگی تحقیقاتی و صنعتی جامعه اسلامی



مشخصات دوره دکتری بیوانفورماتیک

طول دوره، شکل و نظام

دوره دکتری بیوانفورماتیک حداکثر پنج سال می باشد. دانشجویان ورودی با توجه به نوع رشته در مقطع کارشناسی ارشد دروس جبرانی را خواهند گذراند. با گذراندن دروس جبرانی دانشجویان آماده خواهند شد که دروس اصلی و اختیاری را دریافت کنند. پس از پایان دوره آموزشی و موفقیت در امتحان جامع دانشجو وارد مرحله پژوهشی می گردد. دوره پژوهشی با راهنمایی دو استاد راهنما (متخصص در علوم زیستی و متخصص در یکی از علوم ریاضیات، آمار و یا کامپیوتر) و استاد مشاور انجام خواهد شد. دانشجو پس از تکمیل رساله و انتشار نتایج تحقیق در مجلات معتبر بین المللی اجازه دفاع خواهد داشت.

واحدهای درسی

دروس جبرانی برای دانشجویانی که با پیشینه علوم کامپیوتر و ریاضی وارد دوره میشوند یا دانشجویانی که پیشینه علوم زیستی دارند متفاوت می باشد که جزئیات آن در فصول بعد داده خواهد شد. حداکثر تعداد واحدهای دروس جبرانی ۶ واحد خواهد بود. تعیین و نحوه ارائه این دروس به تشخیص گروه می باشد. تعداد واحد های دروس الزامی ۱۰ واحد می باشد. همچنین هر دانشجو با صلاح دید استاد راهنمای مربوطه می تواند ۸ واحد از دروس اختیاری را انتخاب نماید. تعداد و نوع واحدها در جدول ۴ نشان داده شده است.

جدول ۱: نوع و تعداد واحدهای برنامه دکتری بیوانفورماتیک

ردیف	نوع واحد	تعداد واحد
۱	دروس جبرانی	۶
۲	دروس الزامی	۱۰
۳	دروس اختیاری	۸
۴	رساله	۱۸
	جمع واحدهای اصلی و اختیاری و پایان نامه	۳۶



شرایط و ضوابط ورود به دوره

برنامه دکتری بیوانفورماتیک یک برنامه آموزش و پژوهشی میان رشته ای می باشد که فارغ التحصیلان طیف وسیعی از رشته های علوم زیستی و علوم غیر زیستی (رشته های مرتبط با ریاضی، کامپیوتر و آمار) قادر به ورود به این مقطع خواهند بود. شرایط ورود به دوره دکتری بیوانفورماتیک مطابق ضوابط و مقررات وزارت علوم، تحقیقات و فناوری است.

جدول دروس دوره دکتری بیوانفورماتیک

جدول دروس در سه بخش شامل دروس جبرانی، دروس الزامی و دروس اختیاری تنظیم شده است که هر کدام به شکل جداگانه توضیح داده خواهد شد.

دروس جبرانی

از آنجایی که ورودی های رشته بیوانفورماتیک از رشته های متفاوتی می باشند، دروس جبرانی برحسب رشته ورودی دانشجوی تعیین گشته است. حداکثر واحدهای در نظر گرفته شده دروس جبرانی ۶ واحد می باشد که می تواند در طی یک نیمسال تحصیلی ارائه و گذرانده شود.

الف) دروس جبرانی برای دانشجویان با سابقه تحصیلی در رشته های غیر علوم زیستی دانشجویانی که از رشته هایی غیر از رشته های مرتبط با زیست شناسی به این مقطع راه پیدا کرده اند لازم است که ۶ واحد دروس جبرانی که در جدول ۵ از آنها نام برده شده است را با صلاح دید گروه بگذرانند

جدول ۲: فهرست دروس جبرانی برای دانشجویان غیر علوم زیستی

ردیف	نام درس	تعداد واحد		
		نظری	عملی	جمع
۱	زیست شناسی سلولی و مولکولی	۲	-	۲
۲	ساختمان ماکرومولکولها	۲	-	۲
۳	عیانی ژنتیک	۲	-	۲
۴	کاربرد آمار در بیوانفورماتیک	۲	-	۲

ب) دروس جبرانی برای دانشجویان با سابقه تحصیلی در رشته های علوم زیستی دانشجویانی که از رشته های مرتبط با زیست شناسی به این مقطع راه پیدا کرده اند لازم است که ۶ واحد دروس جبرانی که در جدول ۶ از آنها نام برده شده است را با صلاح دید گروه بگذرانند.



جدول ۳: فهرست دروس جبرانی برای دانشجویان علوم زیستی

ردیف	نام درس	تعداد واحد		
		نظری	عملی	جمع
۱	ساختمان داده و الگوریتم	۲	-	۲
۲	مبانی رایانه و برنامه نویسی	۲	-	۲
۳	ریاضیات گسسته	۲	-	۲
۴	آمار در بیوانفورماتیک	۲	-	۲

سبد دروس الزامی

فهرست دروس الزامی، تعداد واحد ها و بیش نیازها در جدول ۷ آمده است. دانشجوی حداقل ۱۰ واحد درس الزامی را از سبد دروس الزامی که قبلا نگذرانده است را با نظر گروه اخذ می نماید.

جدول ۴: سبد دروس الزامی دوره دکتری بیوانفورماتیک

ردیف	نام درس	تعداد واحد			پیشنیاز
		نظری	عملی	جمع	
۱	بیوانفورماتیک	۲	۱	۳	
۲	آنالیز توالی پروتئین ها و اسیدهای نوکلئیک	۲	۰	۲	
۳	ژنومیک محاسباتی	۲	۰	۲	• بیوانفورماتیک • مدل سازی و پیشگویی ساختمان ماکرومولکول ها
۴	مدلسازی و پیشگویی ساختمان ماکرومولکولها	۲	۱	۳	• زیست شناسی سلولی و مولکولی
۵	الگوریتمهای ترکیباتی در بیوانفورماتیک	۲	۰	۲	• بیوانفورماتیک
۶	مباحث نوین در بیوانفورماتیک	۲	۰	۲	

سبد دروس اختیاری

فهرست دروس اختیاری پیشنهادی در جدول ۸ آمده است. از میان این فهرست دانشجوی حداکثر ۸ واحد را با نظر گروه می تواند اخذ نماید.



جدول ۵: فهرست دروس اختیاری دوره دکتری بیوانفورماتیک

ردیف	نام درس	تعداد واحد			پیشنیاز
		نظری	عملی	جمع	
۱	نظریه الگوریتم ها	۲	-	۲	
۲	ریاضیات زیستی	۲	-	۲	
۳	الگوریتم های تکاملی	۲	-	۲	• ریاضیات گسسته
۴	نظریه اطلاعات و کد گذاری	۲	-	۲	

۵	ریاضیات گسسته پیشرفته	۲	-	۲	• ریاضیات گسسته
۶	مدلهای تصادفی گسسته	۲	-	۲	
۷	کاربرد نظریه گراف در بیوانفورماتیک	۲	-	۲	
۸	درخت ها و شبکه های فیلوژنتیک	۲	-	۲	• کاربرد نظریه گراف در بیوانفورماتیک
۹	فرایندهای تصادفی ۱	۲	-	۲	
۱۰	فرایندهای تصادفی ۲	۲	-	۲	• فرایندهای تصادفی ۱
۱۱	آنالیز داده ها و کاربرد آن	۲	-	۲	
۱۲	الگوریتم های فرا - اکتشافی در بیوانفورماتیک	۲	-	۲	
۱۳	یادگیری ماشین	۲	-	۲	
۱۴	داده کاوی	۲	-	۲	
۱۵	برنامه نویسی پیشرفته و پایگاه داده ها	۲	-	۲	
۱۶	آمار بیزی	۲	-	۲	
۱۷	زیست شناسی سامانه ای	۲	-	۲	• زیست شناسی سلولی و مولکولی
۱۸	زیست شناسی سلکولی پیشرفته	۲	-	۲	
۱۹	زیست شناسی مولکولی محاسباتی	۲	-	۲	
۲۰	تنظیم علائم سلولی (در سلامت و ناخوشی)	۲	-	۲	• زیست شناسی سلولی و مولکولی



مقایسه برنامه پیشنهادی

جدول ۶: جدول مقایسه ای دروس جبرانی برنامه فعلی و پیشنهادی

برنامه پیشنهادی			برنامه فعلی		
تعداد واحد	نام درس	ردیف	تعداد واحد	نام درس	ردیف
۲	زیست شناسی سلولی و مولکولی	۱	۴	زیست شناسی سلولی و مولکولی	۱
۲	ساختمان ماکرومولکولها	۲	۲	ساختمان ماکرومولکولها	۲
۲	مبانی ژنتیک	۳	۲	ژنتیک و تکامل	۳
۲	کاربرد آمار در بیوانفورماتیک	۴	۳	آمار و احتمال	۴
۲	ریاضیات گسسته	۵	۲	ریاضیات گسسته	۵
۲	ساختمان داده و الگوریتم	۶	۳	ساختمان داده و الگوریتم	۶
۲	مبانی رایانه و برنامه نویسی	۷	۲	برنامه نویسی پیشرفته	۷
			۲	برنامه نویسی شی گرا و پایگاه داده (پرل و پیتون)	۸
۱۴	جمع		۲۰	جمع	
۶	جمع تعداد واحد جبرانی		۱۳	جمع تعداد واحد جبرانی	



جدول ۷: جدول مقایسه ای دروس الزامی برنامه فعلی و پیشنهادی

برنامه پیشنهادی			برنامه فعلی		
تعداد واحد	نام درس	ردیف	تعداد واحد	نام درس	ردیف
۳	بیوانفورماتیک	۱	۳	بیوانفورماتیک	۱
۲	آنالیز توالی پروتئین ها و اسیدهای نوکلئیک	۲	۲	آنالیز توالی پروتئین ها و اسیدهای نوکلئیک	۲
۲	ژنومیک محاسباتی	۳	۲	ژنومیک محاسباتی	۳
۳	مدلسازی و پیشگویی ساختمان ماکرومولکولها	۴	۳	مدلسازی و پیشگویی ساختمان ماکرومولکولها	۴
۲	الگوریتمهای ترکیبیاتی در بیوانفورماتیک	۵	۲	داده پایگاه های بیولوژیکی	۵
۱	سمینار ۱	۶	۱	سمینار ۱	۶
۱	سمینار ۲	۷	۱	سمینار ۲	۷
۱۴	جمع		۱۴	جمع	
۱۳	جمع تعداد واحد الزامی		۱۴	جمع تعداد واحد الزامی	

جدول ۸: جدول مقایسه ای دروس اختیاری برنامه فعلی و پیشنهادی

برنامه پیشنهادی			برنامه فعلی		
تعداد واحد	نام درس	ردیف	تعداد واحد	نام درس	ردیف
۲	نظریه الگوریتم ها	۱	۳	نظریه الگوریتم ها	۱
۳	آمار بیزی	۲	۲	آمار بیزی	۲
۳	الگوریتم های تکاملی	۳	۳	الگوریتم های ژنتیک	۳
۲	نظریه اطلاعات و کد گذاری	۴	۳	نظریه اطلاعات و کد گذاری	۴
۲	ریاضیات گسسته پیشرفته	۵	۲	ریاضیات گسسته پیشرفته	۵
۲	مدلهای تصادفی گسسته	۶	۲	مدلهای تصادفی گسسته	۶
۲	زیست شناسی مولکولی پیشرفته	۷		مباحثی در زیست شناسی مولکولی پیشرفته	۷
۲	زیست شناسی مولکولی محاسباتی	۸	۲	زیست شناسی مولکولی محاسباتی	۸
			۲	مباحث پیشرفته در بیوشیمی پروتئین ها و اسیدهای نوکلئیک	۹
			۲	مباحثی در ساختار پروتئین ها	۱۰
			۲	DAN Computing	۱۱
۲	کاربرد نظریه گراف در بیوانفورماتیک	۹			
۲	درخت ها و شبکه های فیلوژنتیک	۱۰			
۳	فرایندهای تصادفی ۱	۱۱			
۲	فرایندهای تصادفی ۲	۱۲			
۲	آنالیز داده ها و کاربرد آن	۱۳			
۲	الگوریتم های فرا - اکتشافی در بیوانفورماتیک	۱۴			
۲	یادگیری ماشین	۱۵			
۲	داده کلوی	۱۶			
۳	برنامه نویسی پیشرفته و پایگاه داده ها	۱۷			
۲	زیست شناسی سامانه ای	۱۸			
۲	تنظیم علائم سلولی (در سلامت و ناخوشی)	۱۹			
۳	ریاضیات زیستی	۲۰			
۴۳	جمع		۲۳	جمع	
۸	جمع تعداد واحد اختیاری		۱۴	جمع تعداد واحد اختیاری	



جدول ۱۲: جدول مقایسه ای واحدهای تحقیق و پژوهش و کل واحدهای برنامه فعلی و پیشنهادی

برنامه پیشنهادی			برنامه فعلی		
تعداد واحد	نام درس	ردیف	تعداد واحد	نام درس	ردیف
۱۸	رساله	۱	۲۴	رساله	۱
۳۸	کل واحدها	۲	۴۶	کل واحدها	۲



سرفصل دروس



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری*	جبرانی*	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: زیست شناسی سلولی و مولکولی عنوان درس به انگلیسی: Cell and Molecular biology	
	عملی					
	نظری	پایه				تعداد ساعت: ۳۲
	عملی					
	نظری	الزامی				
	عملی					
	نظری	اختیاری				
	عملی					
آموزش تکمیلی عملی:						
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -						

هدف:

در این درس دانشجویان با خواص اساسی سلول و اندامک های آن و همچنین ویژگی تمایز سلول ها و بافت ها آشنا خواهند شد. هدف اصلی از برگزاری این دوره ارائه دانش پایه از خواص ساختاری و عملکردی سلول به دانشجویان می باشد. از این منظر اساسی، دانشجویان با متون مهم علمی در زمینه زیست شناسی سلولی آشنا خواهند شد.



سرفصل:

- ۱- ساختار سلول ها
- ۲- DNA، کروموزوم و ژنوم
- ۳- کنترل بیان ژن
- ۴- روش های دستکاری پروتئین ها و DNA
- ۵- مشاهده سلول ها
- ۶- انتقال مواد از غشا

۷- میتوکندری و میکروپلاست

۸- مکانیسم رد و بدل کردن اطلاعات توسط سلول ها

۹- اسکلت سلولی

۱۰- چرخه سلولی

۱۱- تکوین موجودات پرسلولی

۱۲- سلول های بنیادی

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	*	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. H. Lodish et al.. "Molecular Cell Biology", 7th Ed. W.H Freeman and Company, 2012
2. Karp, Gerald. "Cell and Molecular Biology", 5th ed. John Wiley & Sons, 2007



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری *	جبرانی *	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی			۲	ساختمان ماکرومولکولها
	نظری	پایه			
	عملی				
	نظری	الزامی		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی			۳۲	Structure of Macromolecules
	نظری	اختیاری			
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					



هدف:

در این دوره دانشجویان با ساختمان درشت مولکولها زیستی همچنین نقش آنها در حیات آشنا میشوند.

سرفصل:

۱. مقدمه بر ساختمان کربوهیدراتها، پروتئین ها، لیپیدها و اسیدهای نوکلئیک
۲. روشهای تشخیص ساختمان مولکولها شامل کریستالوگرافی اشعه ایکس، طیف سنجی NMR و روشهای میکروسکوپی
۳. ساختمان پروتئین ها شامل ساختمانهای اول، دوم، سوم و چهارم پروتئینها، تاخوردگی پروتئینها و نیروهای موثر بر آن، تکامل ساختمان پروتئین و دینامیک پروتئین

۴. تنظیم ساختمان و عملکرد شامل مکانیسم های تنظیم، فسفریله شدن و سوئیچ های پروتئینی
۵. مرزهای زیست شناسی ساختمانی شامل آخرین موضوعات مطرح در زیست شناسی مولکولی

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Albert L. Lehninger, *Lehninger Principles of Biochemistry*, W. H. Freeman and Company, 2013
2. Voet, D., J.G. and Pratt, C.W., *Fundamental of Biochemistry, Life at the Molecular Level*, J. Wiley, New York, NY. 2013
3. Introduction to Protein Structure by Branden & Tooze, Garland Pub., 1999
4. Jeremy M. Berg, John L. Tymoczko, Lubert Stryer, *Biochemistry*, W.H. Freeman and Company, 2010



ندارد دروس پیشنهادی:	نظری *	جبرانی *	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی			۲	
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری	الزامی		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری	اختیاری		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					



هدف:

این دوره به مفاهیم پایه ژنتیک و بررسی نحوه توارث می پردازد. هدف این دوره این است که دانشجویان قادر شوند با بینشی که از ژنتیک کلاسیک و مدرن به دست آورده اند به درک چگونگی ایجاد گونه، حفظ شدگی و توزیع در جمعیت ها بپردازند.

سرفصل:

۱. مقدمه ای بر ژنتیک

۲. جایگاه ماده ژنتیک در سلول
۳. ژنتیک مندلی و غیر مندلی
۴. پیوستگی و کراسینگ اور
۵. تنوع ژنتیکی، اندازه گیری آن و نیروهای موثر بر تنوع
۶. مفاهیم اکولوژیکی و تکاملی انتخاب طبیعی و نیروهای موثر در تنوع ژنتیکی
۷. درخت های فیلوژنی
۸. ژنتیک جمعیت
۹. آلل ها و تواتر ژنوتیپ

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. E.J. Gardner, "Principals of genetics", John Wiley and Sons, 2011.
2. 4.U.W. Goodenough, "Genetics," Saunders College Publishing, Latest Eition.
3. Freeman, S. and J.C. Herron, *Evolutionary Analysis*, Prentice-Hall, Upper Saddle River, NJ. 2013
4. Conner JK & DL Hartl, *A Primer of Ecological Genetics*. Sinauer Associates, 2004
5. Gibson G & SV Muse, *A Primer of Genome Science*, Sinauer Associates, 2009



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری *	جبرانی *	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: کاربرد آمار در بیوانفورماتیک			
	عملی							
	نظری	پایه				تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی: Statistical methods in bioinformatics	
	عملی							
	نظری	الزامی						آموزش تکمیلی عملی: سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -
	عملی							
	نظری	اختیاری						
	عملی							

هدف:

هدف از این درس اختیاری آشنایی دانشجویان با مفاهیم پیشرفته علم آمار به همراه کاربردهای آن در بیوانفورماتیک می باشد. در پایان این درس دانشجویان با مفاهیم کاربردی علم آمار در بیوانفورماتیک آشنا می شود.

سرفصل

۱. مقدمه ای بر استنباط آماری
 - ۱ روش های برآورد
 - روش ML
 - روش بیز
 - ۲ ویژگی های برآوردگرها
 - ۳ آزمون های فرض
 - ۴ آزمون های نا پارامتری
۲. تئوری کلاسیک برآورد
 - ۱ معرفی برآوردگرهای خوب



- ۲ روش های دیگر برآورد
 ۳. تئوری کلاسیک آزمون های فرض
 ۱ آزمون نسبت درست نمایی
 ۲ آنالیز واریانس
 ۴. معرفی روش های کلاس بندی

روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
*	آزمون های نوشتاری *	*	-
	عملکردی -		

منابع:

1. W. Ewens, G. Grant, "Statistical methods in bioinformatics". Springer, 2001
2. J. K. Lee, "Statistical bioinformatics for biomedical and life science researchers", wiley-blackwell, 2010



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری *	جبرانی *	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: ساختمان داده و الگوریتم عنوان درس به انگلیسی: Data structures and Algorithms	
	عملی					
	نظری	پایه				تعداد ساعت: ۳۲
	عملی					
	نظری	الزامی				
	عملی					
	نظری	اختیاری				
عملی						
آموزش تکمیلی عملی:						
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه - سمینار: -						

هدف:

آشنایی با ساختارهای اطلاعاتی - تاثیر ساختارها بر روی برنامه های تولید شده - انتخاب ساختارهای بهینه درون حافظه ای - سازماندهی حافظه بر اساس نیازها.



سرفصل مطالب:

- ۱- آرایه ها، بردارها، ماتریس ها مانند MAZE، ماتریس های خلوت و کاربرد آن در پردازش تصویر
- ۲- پشته ها، صفها
- ۳- لیست ها، لیست های پیوندی (خطی، حلقه ای، پیوند مضاعف، چند پیوندی) و کاربرد آنها،
- ۴- تعاریف و اصول مقدماتی درخت ها، درخت های دودویی، نمایش و کاربرد (درخت های تصمیم گیری، بازی، جستجو، ..) روش های ایجاد درخت های تسبیح و اره (THREADED TREES)، درخت های متوازن، Trie،
- ۵- گراف ها، (نمایش، روش های پیمایش کاربرد) درخت های پوشا،
- ۶- روشهای تخصیص حافظه ای پویا و مقایسه آن ها،
- ۷- الگوریتم های جستجو و مرتب کردن داخلی (حداقل ۴ روش) و ادغام.

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون‌های نهایی	پروژه
-	*	آزمون‌های نوشتاری *	*
		عملکردی -	

منابع:

1. E Horowitz and S.Sahani , *Fundamentals of Data Structure and Computer Algorithms*, Computer Science Press, 1995.
2. A.M. Tenenbawn , *Data Structure Using Pascal*, Prentice-Hall, 1986.
3. N.Wirth , *Algorithms + Data structure = Programs*, Prentice-Hall, 1988.



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری*	جبرانی*	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: مبانی رایانه و برنامه نویسی عنوان درس به انگلیسی: Introduction to Computer & Programming
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	
	عملی				
	نظری	الزامی			
	عملی				
	نظری	اختیاری			
	عملی				
<p>آموزش تکمیلی عملی: بصورت حل تمرین</p> <p>سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -</p>					

هدف:

هدف این درس آشنایی با مبانی رایانه معرفی مفاهیم مرتبط با ویژگی ها و طراحی زبان های برنامه نویسی و بحث در مورد الگوهای برنامه نویسی ، خصوصیات جبری و پیاده سازی انواع داده ها است.



سرفصل:

آشنایی با مبانی رایانه و سیستم های عامل

مبانی برنامه نویسی:

۱- مبانی C++

۲- توابع با مقادیر پیش فرض و سربار گذاری توابع

۳- متغیرهای رفرنس

۴- معرفی Enum و Union

۵- معرفی حوزه بیتی و کار با بیت ها

۶- کلاس ها

۷- سربارگذاری عملگرها

۸- وراثت

۹- توابع و کلاس های مجرد

۱۰- تعریف Template

۱۱- ماکروها و پیش پردازنده ها

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	*	آزمون های نوشتاری *	*
		عملکردی -	

منابع:

1. Andrew Hunt and David Thomas "The Pragmatic Programmer: From Journeyman to Master", Addison Wesley, 2010
2. Steve Oualline, "Practical C++ Programming", 2nd Edition, O'Reilly Media, 2033
3. Paul Deitel, C++ How to Program" 9th Edition, pearson education, 2009



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری*	جبرانی*	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی:
	عملی				پایه
	نظری	الزامی		تعداد ساعت: ۳۲	
	عملی				اختیاری
	نظری	آموزش تکمیلی عملی:			
	عملی			سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -	
	عملی				

هدف:

هدف از این درس درک و به کارگیری ساختارهای گسسته می باشد که جزء اصلی علوم کامپیوتر میباشد. به طور خاص ، معرفی منطق ، دسته ها ، روابط، توابع، احتمال با تاکید بر کاربرد آن مد نظر است.

سرفصل:

- ۱- مقدمه ای بر منطق ریاضی
- ۲- روش های اثبات
- ۳- نظریه مجموعه ها
- ۴- روابط
- ۵- نظریه گراف
- ۶- اعداد و ترکیب ها



روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
-	آزمون های نوشتاری*	*	-
	عملکردی -		

1. Baugh, R. J., "*Discrete Mathematics*", Mac Millan Pub. Company, 1997
2. Epp, S.s., "*Discrete Mathematics with Applications*" , 2nd ed., PWS publishing company, 1990
3. Ronald L. Graham, Donald E. Knuth, Oren Patashnik, "*Concrete Mathematics: A Foundation for Computer Science*", 2nd Edition 1994
4. Kenneth H. Rosen, "*Discrete Mathematics and Its Applications*" 5th Edition, William C Brown Pub, 2003



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۳	عنوان درس به فارسی: بیوانفورماتیک			
	عملی							
	نظری	پایه				تعداد ساعت: ۶۴	عنوان درس به انگلیسی: Bioinformatics	
	عملی							
	نظری * ۲ واحد	الزامی *						آموزش تکمیلی عملی: سفر علمی: - کارگاه: * آزمایشگاه: - سمینار: *
	عملی * ۱ واحد							
	نظری	اختیاری						
	عملی							

هدف:

هدف از این درس آشنایی دانشجویان با تعریف و تاریخچه دانش بیوانفورماتیک و اصول اساسی به کار رفته در آن است. در پایان این درس دانشجویان یک تصویر کلی از مهم ترین تکنیک هایی که در زمینه های مختلف دانش بیوانفورماتیک وجود دارد پیدا می کنند.

سرفصل:

۱- مقدمه و تاریخچه بیوانفورماتیک



- ۲- جمع آوری و ذخیره سازی توالی های بیولوژیکی
 - ۳- پایگاه داده های بیولوژیکی
 - ۴- انطباق دو توالی بیولوژیکی با همدیگر
 - ۵- انطباق چند توالی بیولوژیکی با همدیگر
 - ۶- جستجوی پایگاه داده های ثانویه بیولوژیکی
 - ۷- پیشگویی های فیلوزنتیک
 - ۸- جستجوی و پیدا نمودن توالی های مشابه (همولوژی و BLAST)
 - ۹- پیشگویی ژن ها
 - ۱۰- میکروآرایه و آنالیز آن
 - ۱۱- تعیین ساختار ژنوم و توالی یابی
 - ۱۲- طبقه بندی و پیشگویی ساختمان پروتئین ها
 - ۱۳- آنالیز ژن ها
 ۱۴. پروتئومیک
- روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-		آزمون های نوشتاری	-
-		عملکردی *	-

منابع:

1. Jonathan Pevsner, *Bioinformatics and Functional Genomics*, John Wiley & Sons, Inc., 2013
2. Lesk, A.M., *Introduction to Bioinformatics*, Oxford, 2013
3. Baxevanis, A.D. and Ouelette, F.F.F., *Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins*, Wiley-Interscience, New York, 2004
4. Xiong Jin. *Essential Bioinformatics*, Cambridge University Press 2006

دروس پیشنهادی: بیوشیمی	نظری	جبرانی	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: آنالیز توالی پروتئین ها و اسید های نوکلئیک		
	عملی					
	نظری	پایه			تعداد ساعت: ۳۲	
	عملی					
	نظری*	الزامی*				عنوان درس به انگلیسی: Protein and Nucleic acid Sequence Analysis
	عملی					
	نظری	اختیاری				
	عملی					
آموزش تکمیلی عملی:						
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -						

هدف:

در این درس دانشجویان با مفاهیم اولیه و روشهای آماری برای آنالیز داده های توالی آشنا خواهند شد. همچنین ابزارها و الگوریتم های متداول برای آنالیز و پی بردن به روابط خویشاوندی از روی توالی به آن ها آموزش داده خواهد شد.

سرفصل:

- ۱- مقدمه و تاریخچه
- ۲- روش های آمار و احتمالاتی جهت انطباق توالی ها
- ۳- انطباق دو توالی
- ۴- الگوریتم های انطباق دو توالی
- ۵- زنجیرهای مارکوف و مدل های پنهان مارکوف (HMM)
- ۶- انطباق چندین رشته
- ۷- الگوریتم های تکاملی جهت انطباق چندین رشته
- ۸- روش های ساخت درخت فیلوژنتیک
- ۹- سایر نگرش های به مسئله انطباق توالی ها



روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون‌های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
-	آزمون‌های نوشتاری *	*	-
	عملکردی -		

منابع:

1. D. Mount, "Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis", 2nd edition , Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004
2. Xiong Jin. "Essential Bioinformatics", Cambridge University Press 2006



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: ژنومیک محاسباتی عنوان درس به انگلیسی: Computational Genomics
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	
	عملی				
	نظری*	الزامی*			
	عملی				
	نظری	اختیاری			
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی: سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: دارد					

هدف:

هدف از این درس اختیاری آشنا شدن دانشجویان با جنبه های عملی و کاربردی بیوانفرماتیک در قالب آشنایی با پایگاه های داده و وب سرورهای بیوانفرماتیکی است.

سرفصل:

- ۱- مقدمه
- ۲- تکنیک های تعیین توالی ژنوم
- ۳- نقشه های فیزیکی ژنوم
- ۴- نقشه های ژنتیکی ژنوم
- ۵- اسمبل کردن ژنوم
- ۶- پایگاه داده های بیولوژیکی
- ۷- مقدمه ای بر آنالیز ژنوم
- ۸- روش های مقایسه توالی ها
- ۹- انطباق دوگانه و چندگانه
- ۱۰- اکتشاف ژن



۴. تنظیم ساختمان و عملکرد شامل مکانیسم های تنظیم، فسفریله شدن و سوئیچ های پروتئینی
۵. مرزهای زیست شناسی ساختمانی شامل آخرین موضوعات مطرح در زیست شناسی مولکولی

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Albert L. Lehninger, *Lehninger Principles of Biochemistry*, W. H. Freeman and Company, 2013
2. Voet, D., J.G. and Pratt, C.W., *Fundamental of Biochemistry, Life at the Molecular Level*, J. Wiley, New York, NY. 2013
3. Introduction to Protein Structure by Branden & Tooze, Garland Pub., 1999
4. Jeremy M. Berg, John L. Tymoczko, Lubert Stryer, *Biochemistry*, W.H. Freeman and Company, 2010



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری *	جبرانی *	نوع واحد	تعداد واحد:	مبانی ژنتیک	عنوان درس به فارسی:
	عملی			۲		
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	Essential of Genetics	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی			۳۲		
	نظری	الزامی		آموزش تکمیلی عملی:	سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -	
	عملی					
	نظری	اختیاری				
	عملی					



هدف:

این دوره به مفاهیم پایه ژنتیک و بررسی نحوه توارث می پردازد. هدف این دوره این است که دانشجویان قادر شوند با بینشی که از ژنتیک کلاسیک و مدرن به دست آورده اند به درک چگونگی ایجاد گونه، حفظ شدگی و توزیع در جمعیت ها بپردازند.

سرفصل:

۱. مقدمه ای بر ژنتیک

۲. جایگاه ماده ژنتیک در سلول
۳. ژنتیک مندلی و غیر مندلی
۴. پیوستگی و کراسینگ آور
۵. تنوع ژنتیکی، اندازه گیری آن و نیروهای موثر بر تنوع
۶. مفاهیم اکولوژیکی و تکاملی انتخاب طبیعی و نیروهای موثر در تنوع ژنتیکی
۷. درخت های فیلوژنی
۸. ژنتیک جمعیت
۹. آلل ها و تواتر ژنوتیپ

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. E.J. Gardner, "Principals of genetics", John Wiley and Sons, 2011.
2. 4.U.W. Goodenough, "Genetics," Saunders College Publishing, Latest Eition.
3. Freeman, S. and J.C. Herron, *Evolutionary Analysis*, Prentice-Hall, Upper Saddle River, NJ. 2013
4. Conner JK & DL Hartl, *A Primer of Ecological Genetics*. Sinauer Associates, 2004
5. Gibson G & SV Muse, *A Primer of Genome Science*, Sinauer Associates, 2009



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری *	جبرانی *	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: کاربرد آمار در بیوانفورماتیک			
	عملی							
	نظری	پایه				تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی: Statistical methods in bioinformatics	
	عملی							
	نظری	الزامی						آموزش تکمیلی عملی: سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -
	عملی							
	نظری	اختیاری						
	عملی							

هدف:

هدف از این درس اختیاری آشنایی دانشجویان با مفاهیم پیشرفته علم آمار به همراه کاربردهای آن در بیوانفورماتیک می باشد. در پایان این درس دانشجویان با مفاهیم کاربردی علم آمار در بیوانفورماتیک آشنا می شود.

سرفصل

۱. مقدمه ای بر استنباط آماری
 - ۱ روش های برآورد
 - روش ML
 - روش بیز
 - ۲ ویژگی های برآوردگرها
 - ۳ آزمون های فرض
 - ۴ آزمون های نا پارامتری
۲. تئوری کلاسیک برآورد
 - ۱ معرفی برآوردگرهای خوب



- ۲ روش های دیگر برآورد
 ۳. تئوری کلاسیک آزمون های فرض
 ۱ آزمون نسبت درست نمایی
 ۲ آنالیز واریانس
 ۴. معرفی روش های کلاس بندی

روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
*	آزمون های نوشتاری *	*	-
	عملکردی -		

منابع:

1. W. Ewens, G. Grant, "Statistical methods in bioinformatics". Springer, 2001
2. J. K. Lee, "Statistical bioinformatics for biomedical and life science researchers", wiley-blackwell, 2010



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری *	جبرانی *	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: ساختمان داده و الگوریتم عنوان درس به انگلیسی: Data structures and Algorithms	
	عملی					
	نظری	پایه				تعداد ساعت: ۳۲
	عملی					
	نظری	الزامی				
	عملی					
	نظری	اختیاری				
	عملی					
آموزش تکمیلی عملی:						
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه - سمینار: -						

هدف:

آشنایی با ساختارهای اطلاعاتی - تاثیر ساختارها بر روی برنامه های تولید شده - انتخاب ساختارهای بهینه درون حافظه ای - سازماندهی حافظه بر اساس نیازها.



سرفصل مطالب:

- ۱- آرایه ها، بردارها، ماتریس ها مانند MAZE، ماتریس های خلوت و کاربرد آن در برنامه های آموزشی.
- ۲- پشته ها، صفها
- ۳- لیست ها، لیست های پیوندی (خطی، حلقه ای، پیوند مضاعف، چند پیوندی) و کاربرد آنها،
- ۴- تعاریف و اصول مقدماتی درخت ها، درخت های دودویی، نمایش و کاربرد (درخت های تصمیم گیری، بازی، جستجو، ..) روش های ایجاد درخت های تسبیح و اره (THREADED TREES)، درخت های متوازن، Trie.
- ۵- گراف ها، (نمایش، روش های پیمایش کاربرد) درخت های پوشا،
- ۶- روشهای تخصیص حافظه ای پویا و مقایسه آن ها،
- ۷- الگوریتم های جستجو و مرتب کردن داخلی (خداقل ۴ روش) و ادغام.

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	*	آزمون های نوشتاری *	*
		عملکردی -	

منابع:

1. E Horowitz and S.Sahani , *Fundamentals of Data Structure and Computer Algorithms*, Computer Science Press, 1995.
2. A.M. Tenenbawn , *Data Structure Using Pascal*, Prentice-Hall, 1986.
3. N.Wirth , *Algorithms + Data structure = Programs*, Prentice-Hall, 1988.



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری*	جبرانی*	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: مبانی رایانه و برنامه نویسی عنوان درس به انگلیسی: Introduction to Computer & Programming
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	
	عملی				
	نظری	الزامی			
	عملی				
	نظری	اختیاری			
	عملی				
<p>آموزش تکمیلی عملی: بصورت حل تمرین - کارگاه: - سفر علمی: - آزمایشگاه: - سمینار: -</p>					

هدف:

هدف این درس آشنایی با مبانی رایانه معرفی مفاهیم مرتبط با ویژگی ها و طراحی زبان های برنامه نویسی و بحث در مورد الگوهای برنامه نویسی ، خصوصیات جبری و پیاده سازی انواع داده ها است.



سرفصل:

آشنایی با مبانی رایانه و سیستم های عامل

مبانی برنامه نویسی:

۱- مبانی C++

۲- توابع با مقادیر پیش فرض و سربارگذاری توابع

۳- متغیرهای رفرنس

۴- معرفی Union و Enum

۵- معرفی حوزه بینی و کار با بیت ها

۶- کلاس ها

۷- سربار گذاری عملگرها

۸- وراثت

۹- توابع و کلاس های مجرد

۱۰- تعریف Template

۱۱- ماکروها و پیش پردازنده ها

روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
*	آزمون های نوشتاری *	*	-
	عملکردی -		

منابع:

1. Andrew Hunt and David Thomas "The Pragmatic Programmer: From Journeyman to Master", Addison-Wesley, 2010
2. Steve Oualline, "Practical C++ Programming", 2nd Edition, O'Reilly Media, 2033
3. Paul Deitel, C++ How to Program" 9th Edition, pearson education, 2009



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری*	جبرانی*	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی:			
	عملی				ریاضیات گسسته			
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی:			
	عملی				Discrete Mathematics			
	نظری	الزامی						
	عملی							
	نظری	اختیاری						
	عملی							
آموزش تکمیلی عملی:								
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -								

هدف:

هدف از این درس درک و به کارگیری ساختارهای گسسته می باشد که جزء اصلی علوم کامپیوتر میباشد. به طور خاص، معرفی منطق، دسته ها، روابط، توابع، احتمال با تاکید بر کاربرد آن مد نظر است.

سرفصل:

- ۱- مقدمه ای بر منطق ریاضی
- ۲- روش های اثبات
- ۳- نظریه مجموعه ها
- ۴- روابط
- ۵- نظریه گراف
- ۶- اعداد و ترکیب ها



روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	*	آزمون های نوشتاری*	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Baugh, R. J., "*Discrete Mathematics*", Mac Millan Pub. Company, 1997
2. Epp, S.s., "*Discrete Mathematics with Applications*" , 2nd ed., PWS publishing company, 1990
3. Ronald L. Graham, Donald E. Knuth, Oren Patashnik, "*Concrete Mathematics: A Foundation for Computer Science*", 2nd Edition 1994
4. Kenneth H. Rosen, "*Discrete Mathematics and Its Applications*" 5th Edition, William C Brown Pub, 2003



ندارد دروس پیشنهادی:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۳	عنوان درس به فارسی: بیوانفورماتیک
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۶۴	عنوان درس به انگلیسی: Bioinformatics
	عملی				
	نظری * ۲ واحد	الزامی *		آموزش تکمیلی عملی:	
	عملی * ۱ واحد				
	نظری	اختیاری		سفر علمی: - کارگاه: * آزمایشگاه: - سمینار: *	
	عملی				

هدف:

هدف از این درس آشنایی دانشجویان با تعریف و تاریخچه دانش بیوانفورماتیک و اصول اساسی به کار رفته در آن است. در پایان این درس دانشجویان یک تصویر کلی از مهم ترین تکنیک هایی که در زمینه های مختلف دانش بیوانفورماتیک وجود دارد پیدا می کنند.

سرفصل:

۱- مقدمه و تاریخچه بیوانفورماتیک



- ۲- جمع آوری و ذخیره سازی توالی های بیولوژیکی
 - ۳- پایگاه داده های بیولوژیکی
 - ۴- انطباق دو توالی بیولوژیکی با همدیگر
 - ۵- انطباق چند توالی بیولوژیکی با همدیگر
 - ۶- جستجوی پایگاه داده های ثانویه بیولوژیکی
 - ۷- پیشگویی های فیلورنتیک
 - ۸- جستجوی و پیدا نمودن توالی های مشابه (همولوژی و BLAST)
 - ۹- پیشگویی ژن ها
 - ۱۰- میکروآرایه و آنالیز آن
 - ۱۱- تعیین ساختار ژنوم و توالی یابی
 - ۱۲- طبقه بندی و پیشگویی ساختمان پروتئین ها
 - ۱۳- آنالیز ژن ها
 ۱۴. پروتئومیک
- روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-		آزمون های نوشتاری	-
-		عملکردی *	-

منابع:

1. Jonathan Pevsner, *Bioinformatics and Functional Genomics*, John Wiley & Sons, Inc., 2013
2. Lesk, A.M., *Introduction to Bioinformatics*, Oxford, 2013
3. Baxevanis, A.D. and Ouelette, F.F.F., *Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins*, Wiley-Interscience, New York, 2004
4. Xiong Jin. *Essential Bioinformatics*, Cambridge University Press 2006

دروس پیشنهادی: بیوشیمی	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: آنالیز توالی پروتئین ها و اسید های نوکلئیک عنوان درس به انگلیسی: Protein and Nucleic acid Sequence Analysis
	عملی				
	نظری	پایه			
	عملی				
	نظری*	الزامی*		تعداد ساعت: ۳۲	
	عملی				
	نظری	اختیاری			
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					

هدف:

در این درس دانشجویان با مفاهیم اولیه و روشهای آماری برای آنالیز داده های توالی آشنا خواهند شد. همچنین ابزارها و الگوریتم های متداول برای آنالیز و پی بردن به روابط خویشاوندی از روی توالی به آن ها آموزش داده خواهد شد.

سرفصل:

- ۱- مقدمه و تاریخچه
- ۲- روش های آمار و احتمالاتی جهت انطباق توالی ها
- ۳- انطباق دو توالی
- ۴- الگوریتم های انطباق دو توالی
- ۵- زنجیرهای مارکوف و مدل های پنهان مارکوف (HMM)
- ۶- انطباق چندین رشته
- ۷- الگوریتم های تکاملی جهت انطباق چندین رشته
- ۸- روش های ساخت درخت فیلوژنتیک
- ۹- سایر نگرش های به مسئله انطباق توالی ها



روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون‌های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
-	آزمون‌های نوشتاری *	*	-
	عملکردی -		

منابع:

1. D. Mount, "*Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*", 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004
2. Xiong Jin. "*Essential Bioinformatics*", Cambridge University Press 2006



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: ژنومیک محاسباتی عنوان درس به انگلیسی: Computational Genomics
	عملی				
	نظری	پایه			
	عملی				
	نظری*	الزامی*		تعداد ساعت: ۳۲	
	عملی				
	نظری	اختیاری			
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی: سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: دارد					

هدف:

هدف از این درس اختیاری آشنا شدن دانشجویان با جنبه های عملی و کاربردی بیوانفرماتیک در قالب آشنایی با پایگاه های داده و وب سرورهای بیوانفرماتیک است.

سرفصل:

- ۱- مقدمه
- ۲- تکنیک های تعیین توالی ژنوم
- ۳- نقشه های فیزیکی ژنوم
- ۴- نقشه های ژنتیکی ژنوم
- ۵- اسمبل کردن ژنوم
- ۶- پایگاه داده های بیولوژیکی
- ۷- مقدمه ای بر آنالیز ژنوم
- ۸- روش های مقایسه توالی ها
- ۹- انطباق دوگانه و چندگانه
- ۱۰- اکتشاف ژن



۱۱- سمینارهای هفتگی (هر دانشجو یک سمینار در طول ترم)

۱۲- تعریف و انجام پروژه برای هر دانشجو (در اختیار استاد)

روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون‌های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
*	آزمون‌های نوشتاری *	*	-
	عملکردی -		

منابع:

1. Zupan, J., Gasteiger, J.(1993) Neural Network for Chemist, VHC,. Weinheim.
2. Mandoiu, I.I, Zelikovsly, A.Z. Bioinformatics Algorithms: Techniques and Applications, John Wiley & Sons. 2008
3. Baxevanis, A. D., Ouellette B. F.F., Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, 3rd Edition, Wiley, 2004



دروس پیشنهادی: زیست شناسی سلولی و مولکولی	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۳	عنوان درس به فارسی: مدلسازی و پیش گویی ساختار ماکرومولکول ها
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۶۴	عنوان درس به انگلیسی: Macromolecules Structure Prediction and Modeling
	عملی				
	نظری*	الزامی*		سفر علمی: -	
	عملی*				
	نظری	اختیاری		کارگاه: * -	
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی: سمینار: -					
آزمایشگاه: -					

هدف:

آشنایی با اصول ساختاری پروتئین ها و اسیدهای نوکلئیک. همچنین شامل اطلاعاتی در مورد پیشگویی ساختارهای پروتئینها، اسیدهای نوکلئیک و بررسی میانکنش ماکرومولکولها در اختیار دانشجو قرار خواهد گرفت.

سرفصل:

- ۱- مروری بر ساختمان ماکرومولکول ها
- ۲- طبقه بندی فولدهای پروتئینی و پایگاه داده های اطلاعاتی مربوطه
- ۳- نمایش ساختمان های مولکولی
- ۴- آنالیز توالی های بیولوژیک
- ۵- انطباق ساختمان های پروتئین و توالی با ساختمان
- ۶- پیشگویی ساختمان دوم
- ۷- مدلسازی مقایسه ای ساختمان پروتئین ها
- ۸- میدان های نیرو و مینیمم کردن
- ۹- تشخیص فولد
- ۱۰- فولدینگ معکوس



۱۱- داکینگ

۱۲- پیشگویی ساختمان دوم RNA

روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
-	آزمون های نوشتاری *	*	-
	عملکردی -		

منابع:

1. Bourne, P.E., Weissig, H., "Structural Bioinformatics", Wiley-Liss., 2003
2. Branden, C.I., "Introduction to Protein Structure", 2nd Ed. Garland Publishin. 1999
3. Lesk, A. M., "Introduction to Protein Archetecture: The Structural Biology of Proteins", Oxford University Press. 2001



دروس پیشنهادی: بیوانفورماتیک	نظری	جبرائی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی				
	نظری	پایه		۲	الگوریتم های ترکیبیاتی در بیوانفورماتیک
	عملی				
	نظری *	الزامی *		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری	اختیاری		۳۲	Combinatorial algorithms in bioinformatics
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					

هدف:

هدف این درس آشنایی دانشجویان با جنبه های کاربردی و عملی انواع مختلف الگوریتم ها در مسایل بیوانفورماتیک و به کارگیری میسر علوم محاسباتی و کامپیوتر در علم زیست شناسی است.



سرفصل:

۱. مقدمه
۲. الگوریتم و پیچیدگی محاسباتی الگوریتم ها

۳. استفاده از الگوریتم های جستجو کامل (Exhaustive Search) در مسایلی چون پیدا کردن موتیف در توالیها
۴. استفاده از الگوریتم های حریصانه (Greedy Algorithms) در مساله بازچینی ژنوم
۵. استفاده از الگوریتم های پویا (Dynamic Programming Algorithms) در مقایسه توالیها، تراز کردن توالیها و پیشگویی ژنها
۶. استفاده از الگوریتم های تقسیم و حل (Divide and Conquer Algorithms) در مسئله تراز کردن توالیها
- استفاده از الگوریتم های گراف در سکانس کردن DNA
۷. الگوریتم های پیدا کردن تکرار در توالیها
۸. الگوریتم هایی بر درخت های کلیدی و پیشوندی
۹. الگوریتم های جستجوی شهودی و کاربردهای آن
۱۰. الگوریتم های دسته بندی و کاربردهای آن در درخت های تکاملی
۱۱. مدل مارکوف
۱۲. الگوریتم های تصادفی (Randomized Algorithms)

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner, *An introduction to bioinformatics algorithms*, The MIT Press, 2004



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی:
	عملی				مباحث نوین در بیوانفورماتیک
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				Advanced Topics in Bioinformatics
	نظری*	الزامی*		آموزش تکمیلی عملی: سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -	
	عملی				
	نظری	اختیاری			
	عملی				

هدف:

مباحث پیشرفته و یا جدید در حیطه بیوانفورماتیک که با نظر استاد درس و کمیته تحصیلات تکمیلی گروه مجری ارائه می گردد.

سرفصل:

در اختیار گروه

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری + عملکردی -	-

منابع:

در اختیار گروه



دروس پیشنهادی: تعداد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری	اختیاری *			
	عملی				
	نظری *				
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: =					

هدف:

هدف از این درس اختیاری یادگیری روش های مختلف برای طراحی الگوریتم هایی برای حل مسائل در زمان چندجمله ای و غیر چندجمله ای است.

سرفصل:



- ۱- طراحی الگوریتم
 - ۲- روش های محاسبه پیچیده الگوریتمی
 - ۳- تکنیک های مختلف حل مسائل
- Divide and Conquer
Dynamic Programming
Greedy
Backtrack

Branch and Bound

شناخت آن به کمک الگوریتم های مختلف

۴- مسائل NP, P, NP-hard و NP-complete

۵- شناخت چند مسئله وابسته به NP از قبیل دوره های هامیلتونی و SAT

۶- روش های حل مسئله به وسیله الگوریتم های تقریبی و مکاشفه ای و حل چند مسئله وابسته

۷- روش های حل مسئله به وسیله الگوریتم های موازی و حل چند مسئله وابسته

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Thomas H. Cormen, *Introduction to algorithms*, Academic Press, 2014
2. Brassard, G. and Bratley, G., *Algorithmics: Theory and Practice*, Prentice Hall, 1988



ندارد دروس پیشنهادی:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی: ریاضیات زیستی عنوان درس به انگلیسی: Mathematical Biology
	عملی			۲	
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	
	عملی			۳۲	
	نظری	الزامی			
	عملی				
	نظری*	اختیاری*			
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					

هدف:

هدف از این درس آشنایی با کاربرد های ریاضیات برای حل مشکلات مختلف بیولوژیکی، زیست محیطی، فیزیولوژیکی و پزشکی است. در پایان این دوره دانشجو قادر به استنتاج، تفسیر، حل، شبیه سازی، بحث و نقد مدل معادله گسسته و دیفرانسیل از سیستم های بیولوژیکی خواهد بود.

سرفصل:

۱. پویایی جمعیت
۲. ژنتیک جمعیت



۳. اپیدمیولوژی

۴. مدل‌های واکنش-انتشار: مکانیسم‌های تورینگ برای الگوی شکل‌گیری

۵. کینتیک آنزیم و واکنش‌های شیمیایی: تئوری مکائلیس منتون؛ چرخه‌های هورمونی، شلیک نورونی

۶. انتقال مواد

۷. بیومکانیک: گردش خون، نقل و انتقال حیوانات: شنا، پرواز

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون‌های نهایی	پروژه
-	-	آزمون‌های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Jeffrey R. Chasnov, *Mathematical Biology*, the Hong Kong University of science and technology, 2010
2. Claudia Neuhauser, *Calculus for Biology and Medicine*, Pearson, 2009
3. Raina Robeva, Terrell Hodge, *Mathematical Concepts and Methods in Modern Biology*, Academic Press, 2013
4. Lee A. Segel, Leah Edelstein-Keshe, *A Primer in Mathematical Models in Biology*, SIAM, 2013
5. Brauer F, Driessche P, Wu J, *Mathematical Epidemiology*, 2008
6. Capasso V, *Mathematical structures of epidemic Systems*, Springer , 2008
7. Leah Edelstein-Keshet, *Mathematical Models in Biology*, Magraw-Hill, 1988



دروس پیشنیاز: ریاضیات گسسته	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی:		
	عملی				پایه	الگوریتم های تکاملی	
	نظری	الزامی		تعداد ساعت: ۳۲		عنوان درس به انگلیسی:	
	عملی				اختیاری *	Evolutaionary algorithms	
	نظری *						
	عملی						
	آموزش تکمیلی عملی:						
	سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -						

هدف:

آشنایی با الگوریتم و مفاهیم آن با تاکید بر الگوریتم های کاربردی در زیست محاسباتی و بیوانفورماتیک و حل مقال های زیستی با الگوریتم های آموزش داده شده.

سرفصل:

۱. مفهوم الگوریتم در ریاضیات ، رایانه و علوم زیستی

۲. الگوریتم های بهینه سازی

الگوریتم ژنتیکی

الگوریتم مورچه

الگوریتم زنبور

پرنده

رقابت استکباری



۳. الگوریتم های یادگیری ماشین:
 الگوریتم سیستم ایمنی عصبی
 الگوریتم شبکه عصبی

روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
-	آزمون های نوشتاری *	-	-
	عملکردی -		

منابع:

1. Pavel A. Pevzner, *Computational Molecular Biology: An Algorithmic Approach*, The MIT Press, 2000
2. Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner, *An introduction to bioinformatics algorithms*, The MIT Press, 2004
3. David E. Goldberg, *Genetic Algorithms*, Pearson Publishing, 2006
4. S. N. Sivandam, S. N. Deepa, *Introduction to genetic algorithms*, Springer, 2010



ندارد دروس پیشنهادی:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی:
	عملی				نظریه اطلاعات و کدگذاری
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				Information Theory and Coding
	نظری	الزامی		*	اختیاری *
	عملی				
	نظری *	*		*	*
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					

هدف:

هدف از این درس اختیاری یادگیری نظریه اطلاعات و چگونگی استفاده از آن در حل مسائل واقعی است. دانشجویان با یادگیری این مفاهیم توانایی کاربرد آنها را در حل مسائل مختلف از جمله مسائل بیوانفورماتیک را پیدا می کنند.



سرفصل:

۱. مقدمه
۲. آنتروپی و اطلاعات

۳. منابع گسسته
۴. قضیه شانون-مک میلمن
۵. قضیه های کدگذاری بدون نویز (نوفه)
۶. کانال های با نوفه و نرخ انتقال اطلاعات
۷. ظرفیت کانال
۸. کد های خطی
۹. کدهای تصحیح خطا
۱۰. پیام ها و کانال های پیوسته

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع :

1. Thomas M. Cover and Joy A. Thomas, *Elements of Information Theory*, Wiley New Yourk, 2012



دروس پیشنهادی: ریاضیات گسسته	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	ریاضیات گسسته پیشرفته	عنوان درس به فارسی:
	عملی			۲		عنوان درس به انگلیسی:
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	Advanced Discrete Mathematics	
	عملی			۳۲		
	نظری	الزامی		آموزش تکمیلی عملی:	سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -	
	عملی					
	نظری*	اختیاری*				
	عملی					

هدف:

آشنایی با زمینه های مختلف ریاضیات گسسته و جبر با کاربرد در علوم کامپیوتر، انتقال سیگنال و ارتباطات دیجیتالی. توانایی با آنالیز و حل مشکلات در ارتباط با محدوده وسیعی از کاربردها.



سرفصل:

۱. مقدمه
۲. سیستم های صوری
۳. نتیجه گیری ریاضی

۴. منطق ریاضی و اثبات
۵. نظریه مجموعه ها و روابط و توابع
۶. ساختارهای ریاضی و یکریختی
۷. نظریه گراف
۸. ماشین های حالت منتهایی
۹. تشخیص الگو
۱۰. زبان های منظم و قضیه کلین
۱۱. ماشین های تورینگ

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Susana S.Epp, *Discrete Mathematics with Applications*, DePaul university, Brooks/Cole CENGAGE Learning, 2010
2. Kenneth Rosen, *Discrete Mathematics and Its Applications*, McGraw-Hill, 2012
3. David Hunte, *Essentials of Discrete Mathematics*, Jones & Bartlett Learning , 2012



ندارد دروس پیشنهادی:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی				
	نظری	پایه		۲	مدل های تصادفی گسسته
	عملی				
	نظری	الزامی		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری *	اختیاری *		۳۲	Discrete stochastic models
عملی					
آموزش تکمیلی عملی:					
- سمینار:		- آزمایشگاه:		- کارگاه:	
				- سفر علمی:	



هدف

هدف از این درس اختیاری آشنایی با فرآیندهای تصادفی با اندیس زمان گسسته و فضای وضعیت گسسته است. مدل های مارکف و مارکف پنهان امروزه بسیار مورد استفاده محققین قرار می گیرند. در این درس تلاش می شود این مفاهیم مورد بحث و بررسی قرار گیرد.

سرفصل:

۱. مقدمه: دوره کوتاه از مفاهیم و خواص متغیرهای تصادفی و توابع توزیع - تعریف فرآیند تصادفی

۲. زنجیره های مارکف: تابع انتقال - محاسبات توسط تابع انتقال - زمان های اصابت - ماتریس های انتقال - وضعیت های گذرا و بازگشتی - احتمال های جذب - مارتینگلها - زنجیره های زاد و مرگ - زنجیره های شاخه ای

۳. توزیع های ایستا برای یک زنجیر مارکف: خواص ابتدایی یک توزیع ایستا - مثال هایی از توزیع های ایستا - متوسط تعداد ملاقات از یک وضعیت بازگشتی - وضعیت های بازگشتی مثبت و پوچ - زنجیره های تحویل ناپذیر - زنجیر صف بندی

۴. فرآیندهای جهشی مارکف: فرآیندهای زاد و مرگ - فرآیندهای پواسن - خواص فرآیندهای جهش محض مارکف - فرآیند مرتبه دوم - فرآیندهای گوسی - فرآیندهای وزیری

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. David A. Levin, Yuval Peres, *Markov Chains and Mixing Times*, AMS, 2008
2. Pierr Bremoud, *Markov Chains, Monte Carlo Simulations and Queues*, Springer, 1999
3. Richard Durrett, *Essentials of Stochastic Processes*, Springer, 2012



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: کاربرد نظریه گراف در بیوانفورماتیک
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی: Applications of graph theory in bioinformatics
	عملی				
	نظری	الزامی		سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -	
	عملی				
	نظری *	اختیاری *		آموزش تکمیلی عملی:	
	عملی				

هدف:

نظریه گراف و روش های موجود در آن در زمینه های گوناگون مربوط به زیست شناسی مانند تشریح درختها و شبکه های گونه ها، تحلیل ها و بررسیهای فیلوژنتیکی، هستی شناسی ژنومها (Ontology) و پروتئومیکس کاربرد دارد. این درس کاربردهای گوناگون نظریه گراف در زیست شناسی را با تکیه بیشتر بر روی شبکه های برهمکنش پروتئینی، شبکه ها و درخت های فیلوژنتیک و مونتاژ تکه های DNA و RNA معرفی می کند.



سرفصل:

۱. مفاهیم ابتدایی نظریه گراف
۲. الگوریتم های نظریه گراف
۳. انواع شبکه ها

- ۴. شبکه های سلولی
- ۵. تحلیل شبکه ها در زیست شناسی سلولی
- ۶. مونتاژ قطعه ها
- ۷. فیلوژنتیک
- ۸. مباحث تکمیلی

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Ion Măndoiu, Alexander Zelikovsky, *Bioinformatics algorithms: techniques and applications*, 2008.
2. Trudeau, R.J., *Introduction to Graph Theory*, 2nd ed., 1993, New York: Dover
3. Alan M. Gibbons, *Algorithmic graph theory*, 1999.
4. Haiyan Fu, *Protein-protein interactions: methods and applications*, 2004.
5. C. Semple, M. Steel, *Phylogenetics*, Oxford University Press, Oxford, 2003.
6. D. H. Huson. *ISMB-Tutorial: Introduction to Phylogenetic Networks*. Center for Bioinformatics, Tübingen University, 2005.
7. ES Allman, JA Rhodes. *Lecture Notes: The Mathematics of Phylogenetics*. IAS/Park City Mathematics Institute, 2005.
8. Simons, Robert W. *Advanced Molecular Genetic Course*, UCLA, 2002.
9. Batzoglou, s. *Computational Genomics Course*, Stanford University, 2004.



دروس پیشنهادی: کاربرد نظریه گراف در بیوانفورماتیک	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی:
	عملی				درخت ها و شبکه های فیلوژنتیک
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				Phylogenetics trees and networks
	نظری*	اختیاری*		آموزش تکمیلی عملی:	سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -
	عملی				



هدف:

فیلوژنتیک به بررسی روابط بین گونه ها می پردازد. تشابه و تفاوت بین گونه های زیستی اغلب توسط درختهای فیلوژنتیکی نمایش داده می شوند. الگوریتم ها و روش های متفاوتی نیز برای ساختن درختهای فیلوژنتیکی ارائه شده است ولی در برخی موارد، درختهای فیلوژنتیک ابزار مناسبی برای نمایش این روابط نیست. یکی از این موارد زمانی اتفاق می افتد که پدیده های زیستی مانند جفتگیری بین گونه ها، پیوند بین آنها یا انتقال افقی ژن رخ می دهند. بعضی موارد نیز اطلاعات یا داده ها مربوط به یک درخت است ولی خطاهایی در اطلاعات موجود هستند که نمایش درختی آنها را مشکل می سازد. در چنین مواردی بحث شبکه های فیلوژنتیک مطرح است که تعمیمی از درخت های فیلوژنتیکی هستند. به همین دلیل آشنایی با انواع شبکه های فیلوژنتیک و روش های ساخت آنها برای متخصصین بیوانفورماتیک امری ضروری محسوب میشود.

سرفصل:

۱. گراف و درخت
۲. تطبیق توالبها
۳. معرفی درخت های فیلوژنتیک
۴. معرفی شبکه های فیلوژنتیک
۵. اسپلیتها و شبکه های فیلوژنتیکی بدون ریشه
۶. دسته ها و شبکه های فیلوژنتیکی ریشه دار
۷. ساختن شبکه های فیلوژنتیک از توالبها، فاصله ها، دسته ها، اسپلیتها و درختها
۸. ساختن شبکه های فیلوژنتیک از ۳-تایی ها و ۴-تایی ها
۹. رسم شبکه های فیلوژنتیک
۱۰. برنامه ها

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	



منابع:

1. Daneil H. Huson, *Phylogenetic Networks: Concepts, Algorithms and Applications*, Tubingen University, 2010-2011.
2. Barry G. Hall, *Phylogenetic Trees Made Easy: A How To Manual*, Sinauer Associates, Inc.; 2011
3. E. O. Wiley, *Phylogenetics: Theory and Practice of Phylogenetic Systematics*, Wiley-Blackwell; 2011
4. Dan Gusfield, *ReCombinatorics: The Algorithmics of Ancestral Recombination Graphs and Explicit Phylogenetic Network*, The MIT Press, 2014
5. Steven Haddock, Casey Dunn, *Practical Computing for Biologists*, Sinauer Associates, Inc.; 2010

ندارد دروس پیشنهادی:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی				
	نظری	پایه		۲	فراایندهای تصادفی ۱
	عملی				
	نظری	الزامی		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری *	اختیاری *		۳۲	Random processes I
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					

هدف:

هدف از این درس آشنایی دانشجویان با تعاریف الگوهای مارکف، الگوهای مارکف پنهان و کاربردهای این مباحث می باشد. از آنجایی که برآورد پارامترهای الگوی مارکف (الگوی مارکف پنهان) یکی از مباحث مهم در بیوانفورماتیک می باشد، در فصل آخر دانشجویان پس از یادگیری مفاهیم مارکف، مارکف پنهان و پاسخ به سوالات اساسی در الگوهای مارکف پنهان، به کاربرد این مفاهیم در الگوهای مارکف پنهان پروفایل می پردازد. در پایان این درس، دانشجویان با کاربرد عملی این مفاهیم در زمینه های مختلف دانش بیوانفورماتیک آشنایی پیدا می کنند.

سرفصل:

۱. مقدمه ای بر الگوهای مارکف



فرایندهای تصادفی
 فرایند مارکف
 فرایند مارکف زمان گسسته
 فرایند مارکف زمان پیوسته
 زنجیر مارکف
 تناوب زنجیر مارکف

۲. الگوهای مارکف
 ۳. الگوهای مارکف پنهان
 ساختار الگوهای مارکف پنهان
 سوالات اساسی در الگوهای مارکف پنهان
 الگوریتم پیشرو
 الگوریتم پسرو
 الگوریتم ویتربی
 الگوریتم بام ولش
 ۴. الگوهای مارکف پنهان پروفایل

ساختار الگوهای مارکف پنهان پروفایل
 سوالات اساسی در الگوهای مارکف پنهان پروفایل



روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون‌های نهایی	پروژه
-	-	آزمون‌های نوشتاری ≡	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Richard Durbin, Sean R Eddy, Anders Krogh and Graeme Mitchison, *Biological Sequence Analysis: Probabilistic models of proteins and nucleic acids*, Cambridge University Press, 1998
2. W. Ewens, G. Grant, *Statistical Methods in Bioinformatics*, Springer, 2001
3. Karlin, S., Taylor, H. M., *A first Course in Stochastic Processes*, Academic Press, 1975
4. Rich Neapolitan, *Probabilistic Methods for Bioinformatics: with an Introduction to Bayesian Networks*, Elsevier Inc. 2009



دروس پیشنهادی: فرایندهای تصادفی ۱	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی			۲	
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری	الزامی		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری*	اختیاری*		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				

آموزش تکمیلی عملی:

سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -



هدف:

هدف از این درس آشنایی دانشجویان با تعاریف روش های زنجیر مونت کارلو و قدم زدن تصادفی می باشد. روش های زنجیر مونت کارلو مجموعه ای از تکنیک ها، برای استخراج نمونه های تصادفی از توزیع های احتمال می باشد. علت اینکه این روش ها، زنجیر مونت کارلو نام گذاری شدند این است که برای تولید نمونه تصادفی بعدی از مقادیر نمونه قبلی استفاده می شود در نتیجه یک زنجیر مارکف تولید می شود. کاربردهای مشخص روش های زنجیر مونت کارلو در زمینه های آماری و ... سال ها استفاده شده است، به ویژه روش های زنجیر مونت کارلو در زمینه کاربرد استنباط بیزی انقلابی به وجود آورده است. در پایان این درس دانشجویان با نرم افزار WINBUGS آشنا می شود و با کاربرد عملی این مفاهیم آشنایی پیدا می کند.

سرفصل:

۱. روش های زنجیر مونت کارلو
انتگرال مونت کارلو
الگوریتم متروپلیس هستینگ
نوردیدن شبیه سازی شده
نمونه بردار گیبز
۲. قدم زدن تصادفی
۳. آشنایی با نرم افزار WINBUGS

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Richard Durbin, Sean R Eddy, Anders Krogh and Graeme Mitchison, *Biological Sequence Analysis: Probabilistic models of proteins and nucleic acids*, Cambridge University Press, 1998
2. W. Ewens, G. Grant, *Statistical Methods in Bioinformatics*, Springer, 2001
3. Karlin, S., Taylor, H. M., *A first Course in Stochastic Processes*, Academic Press, 1975
4. Rich Neapolitan, *Probabilistic Methods for Bioinformatics: with an Introduction to Bayesian Networks*, Elsevier Inc. 2009
5. P.Robert and George Castella, *Monte Carlo Statistical Methods*. Springer. 2004
6. Ingvar Eidhammer, Inge Jonassen and William R. Taylor., *Protein Bioinformatics: An algorithm Approach to Sequence and Structure Analysis*, J. Wiley & Sons, 2004



ندارد دروس پیشنیاز:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی:		
	عملی				آنالیز داده ها و کاربرد آن		
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی:		
	عملی				Data analysis and application		
	نظری	الزامی		اختیاری *	آموزش تکمیلی عملی:		
	عملی						
	نظری *	اختیاری *		سفر علمی: -	کارگاه: -	آزمایشگاه: -	سمینار: -
	عملی						



هدف:

هدف از این درس اختیاری آشنایی دانشجویان با مفهوم داده گمشده و کاربردهای آن در بیوانفورماتیک می باشد. از آنجایی که در داده های زیستی معمولاً با داده های گمشده سروکار داریم این مبحث در بیوانفورماتیک اهمیت خاصی دارد. به علاوه در این درس دانشجویان با نرم افزار R آشنا می شود که در مباحث مختلف بیوانفورماتیک کاربرد فراوانی دارد. با استفاده از این نرم افزار برای درک مفاهیم داده های گمشده روی داده های استفاده خواهد شد. در پایان یکی از کاربردهای داده های گمشده در داده های زیستی مورد بحث و مطالعه قرار خواهد گرفت. در مبحث بیان ژن معمولاً با داده های گمشده مواجه می شویم که دانشجویان با کمک این درس با راه های جایگذاری داده های گمشده آشنا می شوند.

سرفصل

مفاهیم اولیه

مفهوم داده های گمشده

ساختار داده های گمشده

داده های گمشده چند متغیره

۲. داده های گمشده در آزمای

بیان روش LS با داده های کامل و ناکامل

۳. روش های برخورد با داده های چندمتغیره با مقادیر گمشده

۴. جایگذاری داده های گمشده در مبحث بیان ژن

۵. آشنایی با نرم افزار R و به کارگیری این نرم افزار در برخورد با داده های گمشده

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. S. K. Mathur, *Statistical bioinformatics with R*, Elsevier, 2010.
2. Roderick J. A. Little, Donald B. Rubin, *Statistical Analysis with Missing Data*, 2002
3. Bain K. Mallick, David Lee gold and Veerabhadran Baladandayuthapani. *Bayesian Analysis of gene expression data*, J. Wiley & Sons ,2009.



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: الگوریتمهای فرا-اکتشافی در بیوانفورماتیک
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی: Metaheuristic Algorithms in Bioinformatics
	عملی				
	نظری	الزامی		نظری *	
	عملی				
	نظری *	اختیاری *		عملی	
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					

هدف:

هدف این درس آشنایی دانشجویان با روشهای فرا - اکتشافی در مسایلی از بیوانفورماتیک است که با بهینه سازی در ارتباط می باشد.

سرفصل:

۱. بررسی الگوریتم های بهینه سازی ترکیبی
۲. الگوریتم های ژنتیک و کاربرد آن در مسایل بیوانفورماتیک
۳. الگوریتم های شبیه سازی تبرید (Simulated Annealing)
۴. الگوریتم های مورچگان (Ant Colony)



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:	
	عملی			۲		یادگیری ماشین
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:	
	عملی			۳۲		Machine Learning
	نظری	الزامی		آموزش تکمیلی عملی:		
	عملی					
	نظری*	اختیاری*		سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -		
	عملی					

هدف:

هدف از این درس معرفی روشهای عددی و تکنیک های یادگیری ماشین در حوزه بیوانفورماتیک می باشد. مفاهیم عمومی از جبر خطی، بهینه سازی و نظریه اطلاعات توضیح داده خواهد شد و با مثالهایی بکارگیری این مفاهیم را برای حل مسائل بیوانفورماتیکی نشان داده خواهد شد.

سرفصل:

۱. انواع یادگیری
۲. یادگیری استقرائی با مثال
۳. کمپایل آگاهی
۴. یادگیری بر اساس تشریح
۵. عمل گرایی (Operationalization)
۶. استدلال قیاسی

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون‌های نهایی	پروژه
-	-	آزمون‌های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Zheng Rong Yang, *Machine Learning Approaches to Bioinformatics*, World Scientific Publishing, 2010.
2. R.S. Michalski and T.H. Mitchell, *Machine learning: An artificial intelligence approach*, Vol I & II, Morgan Kaufmann Publishers, 1989.
3. J. Shavlik and T. Dietterich, *Reading in machine learning*, Morgan Kaufmann Publishers, 1990.



دروس پیشنهادی:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:	
	عملی					
	نظری	پایه		۲		عنوان درس به انگلیسی:
	عملی					
	نظری	الزامی		تعداد ساعت:		Data Mining
	عملی					
	نظری*	اختیاری*		۳۲		
	عملی					
آموزش تکمیلی عملی:						
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -						

هدف:

هدف این درس آشنایی دانشجویان با روشها و تکنیکهای مختلف داده کاوی (استخراج دانش از داده) و نحوه کاربرد آنها می باشد.

سرفصل:

- ۱- پردازش داده ها.
- ۲- مقدمه‌های بر انبار داده (Data Warehouse) و تکنولوژی OLAP.
- ۳- پردازش داده های چند بعدی و تعمیم داده ها.
- ۴- استخراج الگوهای رایج و همبستگی ها.
- ۵- طبقه بندی و پیشگویی.
- ۶- آنالیز خوشه (Cluster Analysis).
- ۷- استخراج دنباله های داده و سریهای زمانی.
- ۸- استخراج گراف و شبکه های اجتماعی.
- ۹- استخراج متن و داده های وب.
- ۱۰- مسائل کاربردی در داده کاوی.



روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون‌های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
-	آزمون‌های نوشتاری*	*	-
	عملکردی -		

منابع :

1. Jiawei Han and Micheline Kamber, "Data Mining: Concepts and Techniques", Elsevier, 2011.
2. See-Kiong Ng, "Biological Data Mining in Protein Interaction Networks", Medical Information Science Reference. 2009
3. Jake Y. Chen, Stefano Lonardi, "Biological Data Mining", Chapman and Hall/CRC. 2009
4. Ted Dunstone, Neil Yager, "Biometric System and Data Analysis: Design, Evaluation, and Data Mining", Springer. 2008
5. Daniel T. Larose, "Data Mining Methods and Models", Wiley-IEEE Press. 2006
6. Giannopoulou E. "Data mining in medical and biological research". 2008
7. Jason T. L. Wang, Mohammed J. Zaki, Hannu Toivonen, Dennis E. Shasha, "Data Mining in Bioinformatics", Springer. 2004
8. Kamber and Jian Pei, "Data Mining: Concepts and Techniques", Third Edition, Morgan Kaufmann. 2011



دروس پیشنهادی: مبانی برنامه نویسی	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: برنامه نویسی پیشرفته و پایگاه داده ها
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۳	عنوان درس به انگلیسی: Advanced Programming and Database
	عملی				
	نظری	الزامی		آموزش تکمیلی عملی: سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -	
	عملی				
	نظری*	اختیاری*			
	عملی				

هدف:

هدف این درس آشنایی دانشجویان با یکی از زبانهای برنامه نویسی پرل (Perl) یا پیتون (Python) و مفاهیم پایگاههای داده، به منظور ایجاد توانایی در به کار بردن آن ها در مسائل بیوانفورماتیک می باشد.

سرفصل:

۱. معرفی زبان پرل یا پیتون و کاربرد آن در مسائل بیوانفورماتیک
۲. مفاهیم اولیه پایگاه داده
۳. مدل پایگاه داده رابطه ای و زبان های آن
۴. تکنولوژی پایگاه داده شی گرا و پایگاه داده رابطه ای پیشرفته
۵. روش طراحی پایگاه داده



روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری* عملکردی -	-

منابع:

1. James Tisdall, *Beginning Perl for Bioinformatics*, O'Reilly, 2001
2. James Tisdall, *Mastering Perl for Bioinformatics*, O'Reilly, 2003
3. Mitchell L Model, *Bioinformatics Programming Using Python*, O'Reilly, 2010
4. Ramez Elmasri, Shamkant B. Navathe, *Fundamentals of Database Systems*, Addison Wesley, 2000



ندارد دروس پیشنهادی:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	آمار بیزی	عنوان درس به فارسی:	
	عملی			۲			
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	Bayesian Statistics	عنوان درس به انگلیسی:	
	عملی			۳۲			
	نظری	الزامی		اختیاری *	کارگاه:	سفر علمی:	آموزش تکمیلی عملی:
	عملی						
	نظری *	اختیاری *		آزمایشگاه:	کارگاه:	سفر علمی:	آموزش تکمیلی عملی:
	عملی						
						سمینار: -	

هدف:

در این درس دانشجویان با روش بیزی و با مفاهیم بکار رفته در این روش که یکی از روش‌های معروف و کاربردی برای برآورد پارامترها می‌باشد، آشنا می‌شوند. در ادامه دانشجویان با شبکه‌های بیزی که دارای اهمیت بالایی در بیوانفورماتیک است، آشنایی پیدا می‌کنند. در پایان این درس پس از یادگیری شبکه‌های بیزی با یکی از کاربردهای این مسئله در بیوانفورماتیک که بیان ژن می‌باشد آشنا می‌شوند.

سرفصل:

۱. استنباط بیزی برای توزیع‌های گوناگون
۲. طبیعت استنباط بیزی
۳. توزیع پیشین و تابع درست‌نمایی
۴. نواحی با بلندترین چگالی (HDR)



۵. توزیع های مزدوج
۶. برآورد از دیدگاه بیزی
۷. آزمون فرض آماری از دیدگاه بیزی
۸. اساس شبکه های بیزی
- مفهوم شبکه های بیزی
- ویژگی های شبکه های بیزی
- استنتاج در شبکه های بیزی
- شبکه های hybrid
- یادگیری پارامترهای شبکه های بیزی
- یادگیری ساختار شبکه های بیزی

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون های نهایی	پروژه
-	-	آزمون های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Rich Neapolitan, *Probabilistic methods for Bioinformatics: with an introduction to Bayesian Networks*, Morgan Kaufmann, 2009
2. Lee, P, *Bayesian Statistics, an Introduction*, J. Wiley & Sons, 2012
3. W. Ewens, G. Grant, *Statistical methods in bioinformatics*, Springer. 2001
4. Bain K. Mallick, David Lee gold and Veerabhadran Baladandayuthapani. *Bayesian Analysis of gene expression data*, Wiley & Sons, 2009



دروس پیشنهادی: زیست شناسی سلولی و مولکولی	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی: زیست شناسی سامانه ای	
	عملی			۲		
	نظری	پایه		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی: System Biology	
	عملی					
	نظری	الزامی			۳۲	
	عملی					
	نظری*	اختیاری*				
	عملی					
آموزش تکمیلی عملی:						
سمینار:	-	آزمایشگاه:	-		کارگاه:	-
سفر علمی: -						
دارد						

هدف:

هدف از این درس آشنایی با شبکه های زیستی و اصول طراحی سامانه های زیستی همراه با آشنایی با روش های عملی و نظری در بررسی مدارهای زیستی می باشد.

سرفصل:

- ۱- مفاهیم اولیه شبکه ها و توپولوژی شبکه
- ۲- شبکه های رونویسی
- ۳- خودتنظیمی و موتیف در شبکه
- ۴- لوپ های feedforward موتیف شبکه
- ۵- برنامه زمانی و ساختار کلی شبکه رونویسی
- ۶- موتیف شبکه در تکوین، انتقال پیام و شبکه عصبی
- ۷- توانایی و قدرت مدارهای پروتئینی و کموتاکسی
- ۸- سنتیک غلط گیری
- ۹- اصول تنظیم ژن ها و اصل کاهش خطا
- ۱۰- آشنایی با نرم افزارها و حل تمرین



روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون‌های نهایی	میان ترم	ارزشیابی مستمر
*	آزمون‌های نوشتاری *	*	-
	عملکردی -		

منابع:

1. Uri Alon, "An introduction to systems biology: design principles of biological circuits", Chapman & Hall/CRC. 2007
2. Luonan Chen, "Biomolecular Networks: Methods and Applications in Systems Biology", (Wiley Series in Bioinformatics), Springer, 2009
3. Luonan Chen, "Modeling Biomolecular Networks in Cells: Structures and Dynamics", Springer. 2010
4. Igor Goryanin, "Advances in systems biology", Springer. 2012
5. Edda Klipp, "Systems Biology", Wiley-Blackwell, 2009
6. Francois Kupos, "Biological Networks (Complex Systems and Interdisciplinary Science)", World Scientific Publishing Company. 2007



ندارد دروس پیشنهادی:	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی				
	نظری	پایه		۲	زیست شناسی مولکولی پیشرفته
	عملی				
	نظری	الزامی		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری*	اختیاری*		۳۲	Advanced Molecular Biology
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					

هدف:

آموزش ژنتیک مولکولی در سطحی پیشرفته‌تر از ژنتیک مولکولی مقطع کارشناسی (سرفصل‌های مشترک با درس ژنتیک مولکولی مقطع کارشناسی در اینجا در حد معرفی ارائه می‌شود و میزان پرداختن به آن، بستگی به اطلاعات مخاطبان دارد).



سرفصل:

۱. ساختار مولکولی ژن ها و کروموزوم ها: (تعریف مولکولی ژن، واحدهای رونویسی در پروکاریوت ها و یوکاریوت ها، سازماندهی کروموزوم ها، سازماندهی ساختاری کروموزوم های یوکاریوت ها، پروتئین های هیستونی و غیرهیستونی).
۲. همانندسازی DNA: (مدل همانندسازی نیمه حفاظتی، DNA پلیمرازهای I، II و III، نقش DNA پلیمرازها در همانندسازی، همانندسازی پیوسته و ناپیوسته، قطعات اوکازاکی، فعالیت ویرایش DNA پلیمراز، نقش توپوایزومرازها، DNA لیگاز، هلیکاز، پروتئین SSB، پریماز همانندسازی در یوکاریوت ها، جایگاه های شروع چندگانه، همانندسازی یک سویه و دو سویه، تلومراز، مدل های همانندسازی حلقه غلطان و تتا (یافته های Cairns)، همانندسازی DNA میوکندری).
۳. رونویسی: (ساختار و کارکرد RNA پلیمراز، ساختمان ظریف ژن، آغاز، انجام و پایان رونویسی، پادپایانش (Antitermination)، تغییرات پس از ترجمه (Post-Translational Modification)، انواع RNA (mrRNA, rRNA, tRNA, snRNA, hnRNA)، رونویسی در یوکاریوت ها، عوامل رونویسی، افزایشگرها (Enhancer Elements)، عایق ها (Insulator Elements)، مراحل پیرایش RNA، رنازیم ها (Ribozymes)، رناهمتاژها (RNA Replicase)، وارونوشتازها (Reverse Transcriptases).
۴. رمز ژنتیکی: (ویژگی های اصلی رمز ژنتیکی، فرضیه وابل (Wobble Hypothesis)، رمزگشایی از رمز ژنتیکی، یافته های Nirenberg, Matthaei and Khorana، تغییرات طبیعی در رمز ژنتیکی).
۵. ترجمه: (نقش RNA ناقل (tRNA) و کارکرد آن به عنوان رابط، فعال شدن اسیدهای آمینه، Aminoacyl tRNA Synthetase، ریبوزوم ها، tmRNA، تشکیل کمپلکس آغازی، انجام و پایان ساخت پروتئین، تغییرات پس از ترجمه، تجزیه mRNA با رمز بی معنی (Nonsense-Mediated mRNA Decay, NMD)، مهارکننده های ترجمه، ترجمه در شیشه (in vitro)).
۶. تنظیم بیان ژن (عوامل پایه ای در تنظیم بیان ژن ها، ژن های ساختاری و تنظیمی، سازوکارهای فعال شدن بیان ژن، مدل های اپرون: لاکتوز، آرابینوز و تریپتوفان، تضعیف (Attenuation)، تنظیم رونویسی در پروکاریوت ها: موتیف های انگشت روی (Zn)، زیپ لوسین، گیرنده های استروئیدی، تنظیم بیان ژن ها در فاژ لامبدا، طرح ENCODE، نقش RNA در تنظیم بیان ژن (RNA تداخلگر کوچک-siRNA، MicroRNA، ویرایش RNA).
۷. تغییرات DNA و ژنوم: (جهش ها، آسیب DNA و ترمیم، نوترکیبی: مدل Holliday، Meselson-Radding، پروتئین RecA، RecBCD، نوترکیبی مکان ویژه Site-Specific (Site-Specific Recombination)، ساز و کارهای مولکولی در تنظیم چرخه سلولی: نقش CDK ها و Cyclin ها، پیام رسانی سلولی، آبشارهای انتقال پیام به سلول).



۸. سازوکارهای مولکولی سرطان: (نقش ژن‌های سرطان‌زا (Oncogenes) و سرکوبگر تومور (Tumor-Suppressor Genes)، نقش ویروس‌ها، نقش عوامل جهش‌زا و سرطان‌زای محیطی، نقش خودکشی با برنامه (Apoptosis) سلول در ایجاد سرطان)).

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان‌ترم	آزمون‌های نهایی	پروژه
-	-	آزمون‌های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. Krebs, J.E., Goldstein, E.S., Kilpatrick, S.T., *Lewin's Genes XI*, 11th Ed., Oxford University Press, New York, 2013.
2. Watson, J.D., Gann, A., Baker, T.A., Levine, M., Bell, S.P., Losick, R., Harrison, S.C., *Molecular Biology of the Gene*, 7th Ed., Cold Spring Harbor, New York, 2014.



دروس پیشنهادی: ندارد	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد:	عنوان درس به فارسی:
	عملی				
	نظری	پایه		۲	زیست شناسی ملکولی محاسباتی
	عملی				
	نظری	الزامی		تعداد ساعت:	عنوان درس به انگلیسی:
	عملی				
	نظری*	اختیاری*		۳۲	Computational Molecular Biology
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: * - آزمایشگاه: - سمینار: *					

هدف:

هدف از این درس اختیاری آشنا شدن دانشجویان با جنبه های عملی و کاربردی بیوانفورماتیک در قالب آشنایی با پایگاه های داده و وبسروورهای بیوانفورماتیکی است.



سرفصل:

۱. مقدمه
۲. تکنیک های تعیین توالی ژنوم
۳. نقشه های فیزیکی ژنوم

۴. نقشه های ژنتیکی ژنوم
۵. اسمبل کردن ژنوم
۶. پایگاه داده های بیولوژیکی
۷. مقدمه ای بر آنالیز ژنوم
۸. روش های مقایسه توالی ها
۹. انطباق دوگانه و چندگانه
۱۰. اکتشاف ژن
۱۱. تعریف و انجام پروژه برای هر دانشجو (در اختیار استاد)
۱۲. مقدمه ای بر لینوکس

روش ارزشیابی:

پروژه	آزمون های نهایی	میان نمر	ارزشیابی مستمر
*	آزمون های نوشتاری *	-	-
	عملکردی -		

منابع:

1. David W.Mount, *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*, Cold Spring Harbor Laboratory Press , 2013
2. Baxevanis, A.D. and Ouelette, F.F.F., *Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins*, Wiley-Interscience, New York, 2004
3. Jonathan Pevsner, *Bioinformatics and Functional Genomics*, John Wiley & Sons, Inc.,2013



دروس پیش‌تیاژ: زیست‌شناسی سلولی و مولکولی	نظری	جبرانی	نوع واحد	تعداد واحد: ۲	عنوان درس به فارسی: تنظیم علائم سلولی (در سلامت و ناخوشی)
	عملی				
	نظری	پایه		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی: Regulation of signal transduction pathways (In health and diseases)
	عملی				
	نظری	الزامی		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی: Regulation of signal transduction pathways (In health and diseases)
	عملی				
	نظری *	اختیاری *		تعداد ساعت: ۳۲	عنوان درس به انگلیسی: Regulation of signal transduction pathways (In health and diseases)
	عملی				
آموزش تکمیلی عملی:					
سفر علمی: - کارگاه: - آزمایشگاه: - سمینار: -					

هدف:

سرفصل مورد تأکید کلاس، ضمن تأمین بنیه علمی گسترده در زمینه چگونگی مکاتبات سلولی تحت شرایط خوشی و ناخوشی، راه حل‌های مؤثر و مدرن تشخیص و مقابله با بیماریها را به دانش پژوهان بصورت کاربردی می‌آموزند.



سرفصل

۱. مقدمه: ساختار و عملکرد مسیرهای علائم سلولی
۲. چگونگی انتقال پیام بین سلول‌ها
۳. علائم سلولی خوب و بد
۴. واسطه‌های علائم سلولی: گیرنده‌های هسته‌ای، گیرنده‌های غشاء سلولی، پیامبرهای ثانویه، G-

پروتئین‌ها و غیره

۵. مسیرهای سیگنالینگ بقاء سلولی
۶. اصول بیوشیمیایی مسیرهای سیگنالینگ در حیات و مرگ سلول، کاربرد هر یک در درمان سرطان
۷. ساختار و عملکرد آپتوزوم و اهمیت آن بعنوان یک هدف درمانی در سرطان
۸. تغییر عملکرد لیزوزیم در سرطان: هدف درمانی جدید برای سرطان

روش ارزشیابی:

ارزشیابی مستمر	میان ترم	آزمون‌های نهایی	پروژه
-	-	آزمون‌های نوشتاری *	-
		عملکردی -	

منابع:

1. K. M. Debatin, S. Fulda, *Apoptosis and cancer therapy*, wiley-VCH, Vol 1, 2006.
2. Francesco. Cececoni, Marcello D'Amelio, *Apoptosome: and up-and-coming therapeutical tool*, Springer, 2010.
3. Papers from relevant Journals.

