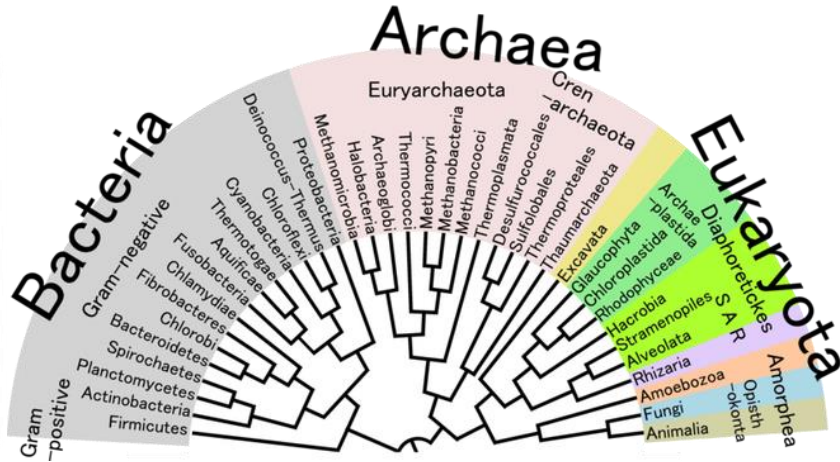
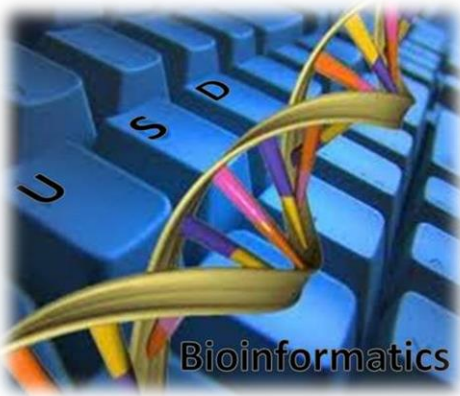


طرح درس بیوانفورماتیک

دکتر بهزاد خوانساری نژاد

نیمسال دوم سال 97-98





بسمه تعالی

معاونت آموزش و تحقیقات

دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی و درمانی اراک

مرکز مطالعات و توسعه آموزش علوم پزشکی

فرم طرح درس

بخش الف:

نام و نام خانوادگی مدرس: دکتر بهزاد خوانساری نژاد	آخرین مدرک تحصیلی: Ph.D	رشته تحصیلی: ویروس شناسی پزشکی	مرتبہ علمی: دانشیار
گروه آموزشی: میکروب شناسی و ایمنی شناسی	نام دانشکده: پزشکی	رشته تحصیلی فراگیران: بیوتکنولوژی	مقطع: کارشناسی ارشد
نیمسال تحصیلی: دوم 1397-1398	تعداد فراگیران: 3	عنوان واحد درسی به طور کامل: بیوانفورماتیک	تعداد واحد: 2 (تدریس بصورت مشترک با دکتر هادی کرمی)
تعداد جلسات 7	محل تدریس: دانشکده پزشکی	عنوان درس پیش نیاز: آشنایی با کامپیوتر	تاریخ آخرین بازنگری: بهمن 1397

بخش ب:

منابع تدریس	شیوه ارزشیابی		فعالیت های یاددهی	محل تدریس	وسایل آموزشی	روش یاددهی	اهداف ویژه رفتاری (بر اساس سه حیطه اهداف آموزشی: شناختی، عاطفی، روان حرکتی)	هدف کلی جلسه	تاریخ و زمان جلسه	جلسه
	متد	درصد								
1. BIOINFORMATICS A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins 2. Bioinformatics For Dummies, 3 rd Edition	طول ترم 50٪ پروژه 50٪ (سوالات تئوری و اکار بانرم افزار)		1- پاسخ گویی به سؤالات کوتاه پاسخ ارزشیابی ورودی 2- پی گیری فعالیتهای یادگیری 3- پاسخ به سؤالات استاد	کلاس	- کامپیوتر و اینترنت - اسلایدهای پاورپوینت - وایت برد	سخنرانی - کار با کامپیوتر اسلایدهای پاور پوینت	1- آشنایی دانشجویان با اهمیت بیوانفورماتیک و کاربردهای عملی آن در بیولوژی (نگرشی-عاطفی). 2- مروری بر تاریخچه بیوانفورماتیک و تشریح اینکه چگونه دانش بشری در زمینه بیوانفورماتیک بدست آمده و توسعه یافته است (شناختی-دانش). 3. آشنایی با پایگاههای داده های ژنومی و اسید نوکلئیکی (شناختی-دانش). 4- معرفی پایگاهها EMBL، NCBI و DDBJ و بکارگیری آنها توسط دانشجویان و نحوه جستجو در آنها (شناختی - روان حرکتی).	مقدمه ای بر بیوانفورماتیک و آشنایی با پایگاههای داده های اولیه و ثانویه اسید نوکلئیک	اول	1

						<p>5- بررسی و توضیح رکوردهای هر یک از پایگاههای فوق و توضیح قسمتهای مختلف یک رکورد بصورت عملی (شناختی- روان حرکتی).</p> <p>6- آشنایی با فرمت های FATA و Genebank در نمایش اسیدهای نوکلئیک (شناختی-دانش).</p>			
<p>ویروس شناسی جاوتز 2014</p>	<p>طول ترم 50٪ پروژه 50٪ (سوالات تئوری و اکار بانرم افزار و دیتا بیس پروژه عملی)</p>	<p>1- پاسخ گویی به سؤالات کوتاه پاسخ ارزشیابی ورودی 2- پی گیری فعالیتهای یادگیری 3- پاسخ به سؤالات استاد</p>	<p>کلاس</p>	<p>- کامپیوتر و اینترنت - اسلایدهای پاورپوینت - وایت برد</p>	<p>سخنرانی- کار با کامپیوتر اسلایدهای پاور پوینت</p>	<p>1- درک مفهوم همردیفی توالی های اسیدنوکلئیکی و پروتئینی (عاطفی). 2- آشنایی، توضیح و تاریخچه تکامل ماتریکسهای همردیفی PAM و BLusum (شناختی-دانش). 3- نحوه شناخت و بکارگیری هریک از ماتریکسهای فوق در شرایط متفاوت مطالعاتی (نگرشی-عاطفی). 4- توضیح Multiple Alignment و کاربردهای آن (شناختی-دانش). 5- توضیح الگوریتمهای BLAST و درک انجام آن جهت Local Alignment (شناختی-دانش).</p>	<p>آشنایی با مفاهیم پایه ای و پیشرفته همردیفی و تشریح و بکارگیری همردیفی چندگانه و BLAST</p>	دوم	2
<p>ویروس شناسی جاوتز 2014</p>	<p>طول ترم 50٪ پروژه 50٪ (سوالات تئوری و اکار بانرم افزار و دیتا بیس پروژه عملی)</p>	<p>1- پاسخ گویی به سؤالات کوتاه پاسخ ارزشیابی ورودی 2- پی گیری فعالیتهای یادگیری 3- پاسخ به سؤالات استاد</p>	<p>کلاس</p>	<p>- کامپیوتر و اینترنت - اسلایدهای پاورپوینت - وایت برد نرم افزار</p>	<p>سخنرانی- کار با کامپیوتر</p>	<p>1- انجام یک جستجوی BLAST در NCBI جهت شناسایی توالی مجهول اسیدنوکلئیکی و توضیح پارامترهای مختلف صفحه جستجو (روان حرکتی-شناختی). 2- توضیح و شناخت نتایج رکوردهای BLAST در نمای Graphical . Short Report و Full Report و تکمیل شناختی پارامترهای ارائه شده (شناختی-دانش). 3- انجام یک Multiple Alignment با استفاده از نرم افزار MEGA4 و توضیح پارامترهای Clustal W و Nearest Neighbor (روان حرکتی-شناختی). 4- آموزش نحوه تفسیر نتایج و بکارگیری آنها جهت انجام مقدماتی رسم درخت فیلوژنتیکی (شناختی-دانش).</p>	<p>انجام عملی BLAST و Multiple Alignment</p>	سوم	3

<p>ویروس شناسی جاوتز 2014</p>	<p>طول ترم 50٪ پروژه 50٪ (سوالات تئوری و اکار بانرم افزار و دیتا بیس پروژه عملی)</p>	<p>1- پاسخ گویی به سؤالات کوتاه پاسخ ارزشیابی ورودی 2- پی گیری فعالیتهای یادگیری 3- پاسخ به سؤالات استاد</p>	<p>کلاس</p>	<p>- کامپیوتر و اینترنت - اسلایدهای پاورپوینت - نرم افزارهای تخصصی</p>	<p>سخنرانی - کار با کامپیوتر</p>	<p>1- بیان مقدمات و اصول طراحی پرایمرهای مناسب واکنش های PCR (شناختی-دانش). 2- نحوه بدست آوردن توالی های مناسب DNA و RNA از پایگاه های ژنومی Gene و Nucleotide در NCBI، به منظور طراحی های مختلف. (شناختی - روان حرکتی). 3- آموزش طراحی پرایمر های PCR معمولی (Conventional) با استفاده از نرم افزار Generunner (شناختی - روان حرکتی). 4- آشنایی با منوهای مختلف و پارامترهای طراحی در نرم افزار Generunner (شناختی-دانش). 5- آموزش طراحی پرایمر های PCR معمولی با استفاده از نرم افزار Primer-Blast (شناختی - روان حرکتی). 6- تبیین تفاوت های پارامترهای طراحی و کارایی آنها در نرم افزارهای Generunner و Primer_blast (شناختی - دانش).</p>	<p>آشنایی با اصول اولیه طراحی پرایمرهای PCR و بکارگیری نرم افزارهای Generunner و Primer-Blast NCBI</p>	<p>چهارم</p>	<p>4</p>
<p>ویروس شناسی جاوتز 2014</p>	<p>طول ترم 50٪ پروژه 50٪ (سوالات تئوری و اکار بانرم افزار و دیتا بیس پروژه عملی)</p>	<p>1- پاسخ گویی به سؤالات کوتاه پاسخ ارزشیابی ورودی 2- پی گیری فعالیتهای یادگیری 3- پاسخ به سؤالات استاد</p>	<p>کلاس</p>	<p>- کامپیوتر و اینترنت - اسلایدهای پاورپوینت - وایت برد</p>	<p>سخنرانی - کار با کامپیوتر</p>	<p>1- آشنایی با منوهای اختصاصی طراحی نرم افزار AlleleID (شناختی-دانش). 2- آموزش عملی طراحی پرایمر های اختصاصی mRNA (Exon-Exon) با استفاده از نرم افزار Allele ID (شناختی - روان حرکتی). 3- آموزش طراحی پرایمر های مناسب در روش SYBR Green I برای واکنش Real-time PCR با استفاده از نرم افزار Allele ID (شناختی - روان حرکتی). 4- آموزش عملی طراحی ست پرایمر و پروب FRET، TaqMan و Molecular Beacon (شناختی - روان حرکتی). 5- آموزش طراحی پرایمر های Species Specific جهت Allelic Discrimination و Taxaspecific جهت شناسایی میکروارگانیزم ها (شناختی - روان حرکتی).</p>	<p>طراحی پرایمرهای مورد نیاز در واکنشهای Real-time PCR با استفاده از نرم افزار AlleleID</p>	<p>پنجم</p>	<p>5</p>

<p>ویروس شناسی جاوتز 2014</p>	<p>طول ترم 50٪ پروژه 50٪ (سوالات تئوری و اکار بانرم افزار و دیتا بیس پروژه عملی)</p>	<p>1- پاسخ گویی به سؤالات کوتاه پاسخ ارزشیابی ورودی 2- پی گیری فعالیتهای یادگیری 3- پاسخ به سؤالات استاد</p>	<p>کلاس</p>	<p>- کامپیوتر و اینترنت - اسلایدهای پاورپوینت - وایت برد</p>	<p>سخنرانی - کار با کامپیوتر نرم افزار</p>	<p>1- معرفی نرم افزار DNASTar و شناخت اجزا و منوهای مختلف این نرم افزار (شناختی-دانش). 2- نحوه وارد کردن داده ها به روش دستی و Online در نرم افزار و در Moduleهای مختلف آن (شناختی- روان حرکتی). 3- آموزش نحوه انتخاب وکتور مناسب جهت کلونینگ و آماده سازی Insert با تعبیه RE site های موجود در بانگ نرم افزار (شناختی- روان حرکتی). 4- انجام واکنش کلونینگ و تهیه نقشه الکتریکی محصول و نیز تهیه featureهای مختلف (شناختی- روان حرکتی). 5- آموزش نحوه تفسیر و ارزیابی کلونینگ و Export در نرم افزارهای متنی یا نمایشی (شناختی-دانش).</p>	<p>کلونینگ الکترونیک با استفاده از نرم افزار DNASTar</p>	<p>ششم</p>	<p>6</p>
<p>ویروس شناسی جاوتز 2014</p>	<p>طول ترم 50٪ پروژه 50٪ (سوالات تئوری و اکار بانرم افزار و دیتا بیس پروژه عملی)</p>	<p>1- پاسخ گویی به سؤالات کوتاه پاسخ ارزشیابی ورودی 2- پی گیری فعالیتهای یادگیری 3- پاسخ به سؤالات استاد</p>	<p>کلاس</p>	<p>- کامپیوتر و اینترنت - اسلایدهای پاورپوینت - وایت برد</p>	<p>سخنرانی - کار با کامپیوتر نرم افزار</p>	<p>1- آشنایی با مفاهیم Epitope Mapping و خصوصیات اپیتوپها (عاطفی). 2- معرفی و انجام پیشبینی اپیتوپهای T-CTL با استفاده از نرم افزارهای CTL-pred و SYFPEITHI (شناختی- روان حرکتی). 3- معرفی و انجام پیشبینی اپیتوپهای لنفوسیت B با استفاده از نرم افزارهای DiscoTope و Parker (شناختی- روان حرکتی). 4- آشنایی و نحوه کار با نرم افزار Protean و تعیین نواحی اپینویی مختلف با استفاده از این نرم افزار (شناختی- روان حرکتی). 5- معرفی لینکرهای مختلف و نحوه استفاده از آنها در هنگام اتصال نواحی اپیتویی متفاوت (شناختی-دانش).</p>	<p>Epitope Mapping آنتی ژنها جهت تولید واکسن یا تحریک سیستم ایمنی</p>	<p>هفتم</p>	<p>7</p>

پایان